

# 웹 기반 종자 표현체 특성 가시화 지원시스템 구현<sup>+</sup>

## (Implementing a Web-based Seed Phenotype Trait Visualization Support System)

양 오 석<sup>1)</sup>, 최 상 민<sup>2)</sup>, 서 동 우<sup>3)</sup>, 최 승 호<sup>4)</sup>, 김 영 옥<sup>5)</sup>, 이 창 우<sup>6)</sup>,  
이 은 경<sup>7)</sup>, 백 정 호<sup>8)</sup>, 김 경 환<sup>9)</sup>, 이 흥 로<sup>10)\*</sup>

(OhSeok Yang, SangMin Choi, DongWoo Seo, SeungHo Choi, YoungUk Kim, ChangWoo Lee, EunGyeong Lee, JeongHo Baek, KyungHwan Kim, and HongRo Lee)

**요 약** 본 논문에서는 콩/벼 종자의 이미지에서 표현체 정보인 종피색, 길이, 면적, 둘레, 응집도 등의 데이터를 추출하고 가시화하는 웹 기반 종자 표현체 가시화 지원시스템을 제안한다. 본 시스템은 종자에서 추출된 데이터를 체계적으로 데이터베이스에 저장하고, 데이터테이블과 차트를 이용하여 연구자의 데이터 분석을 용이하게 하는 웹 기반 사용자 인터페이스를 제공한다. 기존의 종자 특성 연구는 사람이 수작업으로 종자의 특성을 측정하였지만, 본 논문에서 개발한 시스템을 이용하여 간단히 연구자가 분석할 종자 이미지를 업로드하고 영상 처리 후 종자의 수치 데이터를 얻을 수 있다. 제안된 시스템이 종자 특성 연구에 활용이 되면 시간적 효율성을 얻을 수 있고 공간적 제약을 제거할 수 있을 것으로 기대되며, 표현체의 특성 분석 과정에서 연구 성과의 체계적인 관리와 특성의 가시화를 통한 분석이 용이할 것이다.

**핵심주제어:** 종자, 표현체, 웹, 사용자 인터페이스, 가시화

**Abstract** In this paper, a web-based seed phenotype visualization support system is proposed to extract and visualize data such as the surface color, length, area, perimeter and compactness of seed, which is phenotype information from the image of soybean/rice seeds. This system systematically stores data extracted from seeds in databases, and provides a web-based user interface that facilitates the analysis of data by researchers using data tables and charts. Conventional seed characteristic studies have been manually measured by humans, but the system developed in this paper allows researchers to simply upload seed images for analysis and obtain seed's numerical data after image processing. It is expected that the proposed system will be able to obtain time efficiency and remove spatial restriction, if it is used in seed characterization research, and it will be easy to analyze through systematic management of research results and visualization of the phenotype characteristics.

**Keywords:** Seed, Phenotype, Web, User interface, Visualization

\* Corresponding Author: boiselee@kunsan.ac.kr

+ 이 논문은 농촌진흥청 차세대 바이오그린21사업(PJ01451202)의 지원에 의해 이루어진 것임

Manuscript received September 18, 2020 / accepted September 28, 2020

1) 군산대학교 컴퓨터정보공학과, 제1저자  
2) 군산대학교 컴퓨터정보공학과, 제2저자  
3) 군산대학교 컴퓨터정보공학과, 제3저자

4) 군산대학교 컴퓨터정보공학과, 제4저자

5) 군산대학교 컴퓨터정보공학과, 제5저자

6) 군산대학교 컴퓨터정보공학과, 제6저자

7) 국립농업과학원 유전자공학과, 제7저자

8) 국립농업과학원 유전자공학과, 제8저자

9) 국립농업과학원 유전자공학과, 제9저자

10) 군산대학교 컴퓨터정보공학과, 교신저자

## 1. 서론

식물의 육종 관점에서 종자의 모양이나 종피색과 같은 형태적 형질들을 명확하게 정의하기 어렵다. 연구자들이 이 형질들을 적절하게 연구하기 위해서는 대량의 종자의 샘플에 대한 측정과 정량화가 필요하기 때문에 많은 시간과 노동력이 필요하다. 또한, 연구자가 직접 캘리퍼와 같은 도구를 이용하여 길이, 면적, 둘레, 응집도, 등을 측정하는 과정에서 오차가 발생할 수 있고, 종피색을 사람의 눈에 의존하여 특정한 색으로 범주화하기에는 어렵다 (Baek et al., 2020; Lee, 2020).

이러한 한계 때문에 사람이 수작업으로 종자의 형질을 정확히 파악하기에는 무리가 있다. 종자의 영상 이미지를 구축된 웹 기반의 표현체 정보 가시화 시스템으로 분석함으로써 대량의 종자 이미지에 대한 측정과 정량화의 정확도, 객관성이 높은 데이터를 추출할 필요가 있다. 또한, 연구자가 종자의 특성이 추출된 데이터를 쉽게 볼 수 있는 웹 기반 가시화 지원시스템이 필요하다.

최근 웹 시스템에 관한 연구로 식물체 사진을 업로드하면 딥러닝을 이용하여 해당 사진의 식물체가 어떤 식물인지 분류하여 사용자에게 알려주는 웹 시스템과 DNA 단백질을 시각화 및 데이터 탐색하기 위한 웹 시스템 등 많은 분야에서 웹 시스템이 활용되고 있다 (Rose and Hildebrand, 2015; Sagendorf et al., 2020; Shin et al., 2020).

가뭄과 홍수와 같은 특정 환경에 잘 적응하는 유전자를 찾기 위해 선진국과 다국적 기업들은 첨단기술과 생명공학 기술 활용을 통해 기후변화에 대응하는 내재해성의 유전자 개발연구가 진행되고 있다. 따라서 종자의 형태와 색상과 같은 표현체 특성을 유전자와 연관하여 탐색 및 분석하는 연구가 있으며, 표현체 특성을 이용하여 주요 환경 스트레스에 대한 생리적 반응을 조기 진단하고 이러한 진단 방법과 결과를 이용하여 환경 스트레스 내성 계통이나 품종선발에 얼마나 효율적으로 활용할 수 있는지 평가하는 등 표현체 특성에 관하여 그동안 연구에 한계점

이 있었던 농업 형질들에 대해 IT 기술을 활용한 연구 방식을 육종의 효율성과 정확성을 높이기 위한 시도가 있었다 (Herridge et al., 2011; Vollmann et al., 2011; Kim et al., 2015; Baek et al., 2019; Jo et al., 2019; Joo, 2020; Kim et al., 2020).

본 논문에서는 웹 기반 종자 표현체 특성 가시화 지원시스템을 설계하기 위하여 시스템 구조도, 흐름도, 시퀀스 다이어그램을 활용하여 시스템 설계를 한다.

본 논문 구성으로 2장에서 웹 기반 종자 표현체 특성 가시화 지원시스템의 개요 및 설계에 관한 설명을 하며, 3장에서 본 논문의 시스템 구현에 관한 내용을 서술한다. 4장에서는 본 논문에 대하여 검토를 하고, 5장에서는 본 논문에 대하여 결론을 맺는다.

## 2. 웹 기반 종자 표현체 특성 가시화 지원 시스템 개요

### 2.1 웹 기반 종자 표현체 특성 가시화 지원 시스템 구성

제안된 웹 기반 가시화 시스템 (Web-based visualization system) 구조는 Fig. 1과 같다. 사용자가 PC를 이용하여 웹 클라이언트에 접속한다. 클라이언트는 HTML, CSS를 사용하여 UI (User interface)를 생성하고 사용자에게 UI를 제공한다. 자바스크립트 (Javascript)를 이용하여 사용자의 각종 이벤트를 처리해준다. 이를 도와주는 프레임워크로 jQuery, Bootstrap을 사용하였다. 서버는 클라이언트를 통해서 입력 이벤트를 처리하기 위해서 계산 및 처리한다. 이를 도와주는 프레임워크로 Node.js의 Express를 사용한다. 이후 서버에서 처리한 데이터를 체계적으로 데이터베이스에 저장 및 관리하기 위한 데이터베이스 관리 시스템으로 MySQL을 사용한다.

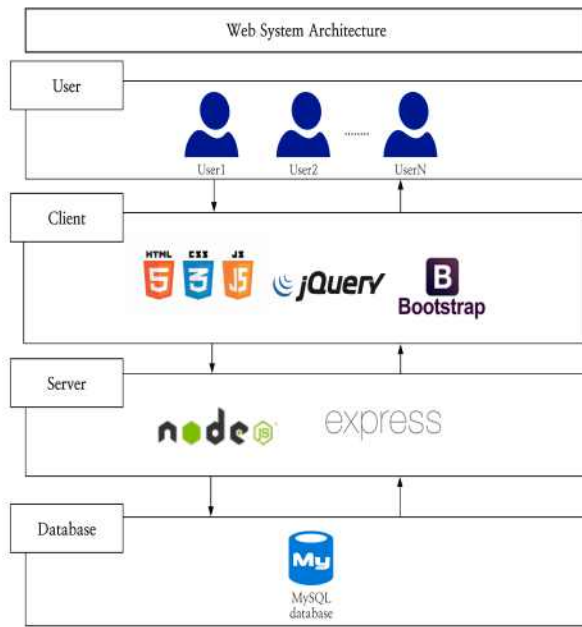


Fig. 1 Architecture of Web-based Seed Phenotype Trait Visualization System

## 2.2 웹 기반 종자 표현체 특성 가시화 지원 시스템 설계

Fig. 2는 이미지를 규격화하기 위한 맞춤형 디지털카메라로 찍은 종자 이미지의 표현체 특성을 가시화하는 웹 서비스 시스템을 흐름도로 표시한 것이다. 웹 클라이언트는 HTML5를 이용하며, 웹 서버는 Node.js를 이용하고, 영상 처리를 위한 파이썬 (Python) 모듈을 Node.js에서 호출하여 처리한다.

Fig. 2의 이미지 업로드 및 정보 입력 모듈에서는 특성을 추출할 종자 이미지와 연구 정보를 웹 클라이언트에 입력한다. 정보 입력 후 이미지에 사용자가 관심 영역 (Region Of Interest: ROI)를 지정하면 해당 ROI 정보와 앞에서 입력한 이미지, 연구 정보를 웹 서버로 전송한다. ROI 이미지 저장 모듈에서는 웹 클라이언트에서 전송한 ROI 정보, 이미지, 연구 정보를 웹 서버가 수신 후 이미지를 저장한다. 원본 이미지에 ROI를 생성하여 ROI가 지정된 이미지를 저장하고 파일명, 이미지 파일명, 종자 종류를

종자 이미지 영상 처리 모듈에 전송한다. 종자 이미지 영상 처리 모듈에서는 종자 이미지를 이진화 후 일정 범위 안의 윤곽선을 탐색하여 종자를 추출한다. 추출된 개별 종자에 대한 표현체 특성 정보를 추출한다. 이미지 정보 저장 모듈에서는 추출된 종자와 종자의 표현체 정보를 웹 서버에서 데이터베이스에 저장하고 웹 클라이언트에 전송한다. 데이터 가시화 모듈은 웹 클라이언트에서 개별 종자의 이미지 리스트를 생성하고 종자 대표 색상, 히스토그램 차트, 개별 종자 정보를 데이터테이블에 표시하여 가시화한다.

Fig. 3은 웹 기반 종자 표현체 특성 가시화 지원시스템의 시퀀스 다이어그램으로 사용자는 맞춤형 디지털카메라의 영상을 처리하기 위하여 웹 클라이언트에 접속하며, 웹 클라이언트는 해당 영상을 처리하고 저장하기 위하여 웹 서버에 요청한다. 웹 서버는 영상을 처리하고 추출된 데이터를 저장 및 관리를 하기 위해서 데이터베이스에 접속하고, 데이터를 조작하는 기능을 담당한다.

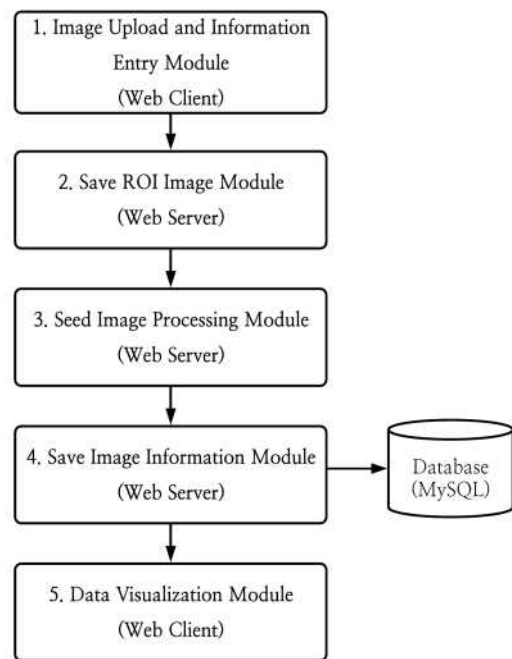


Fig. 2 Process Model of Proposed Web-based Seed Phenotype Trait Visualization Support System

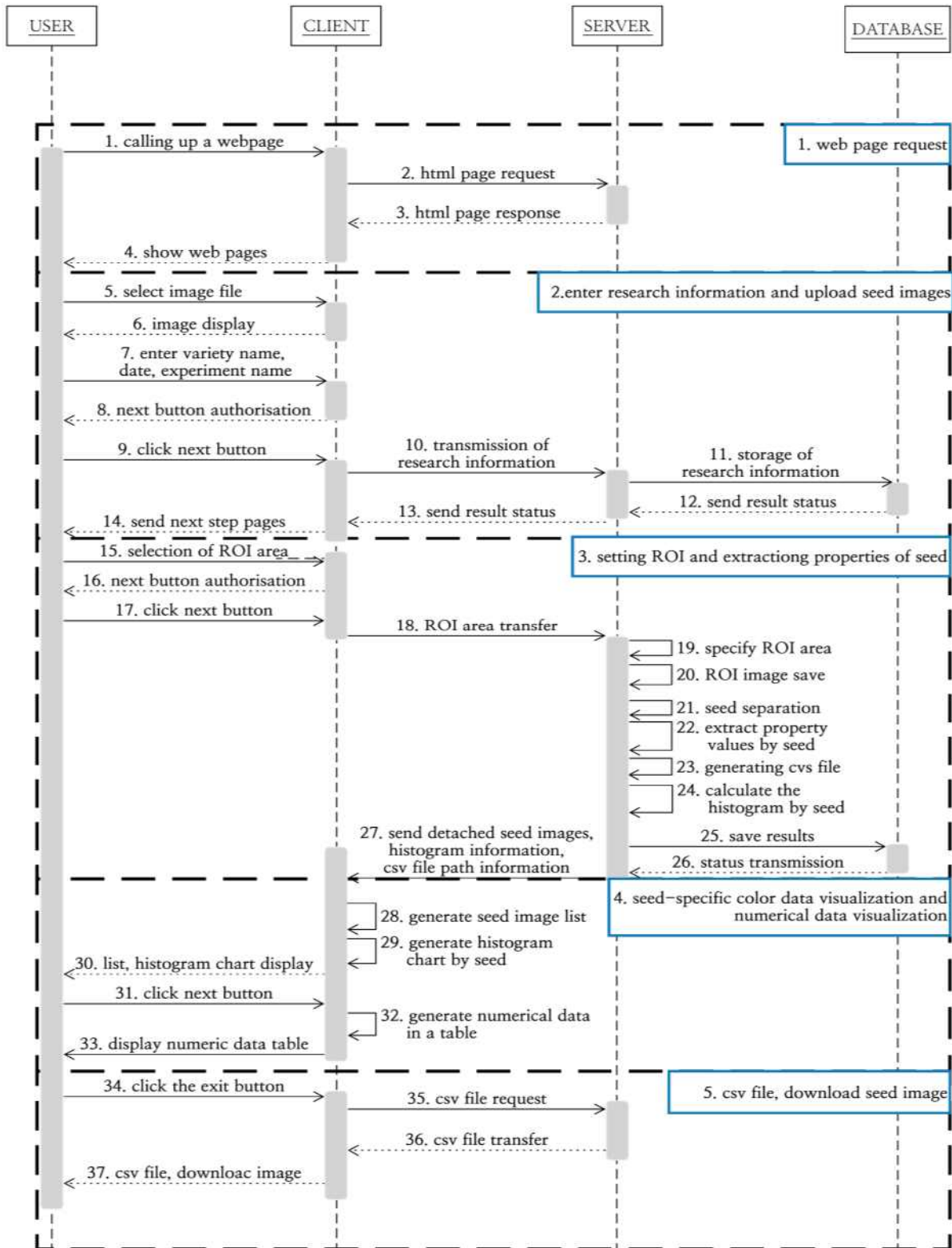


Fig. 3 Sequence Diagram of Proposed Web-based Seed Phenotype Trait Visualization support System

### 3. 웹 기반 종자 표현체 특성 가시화 지원 시스템 시스템 구현

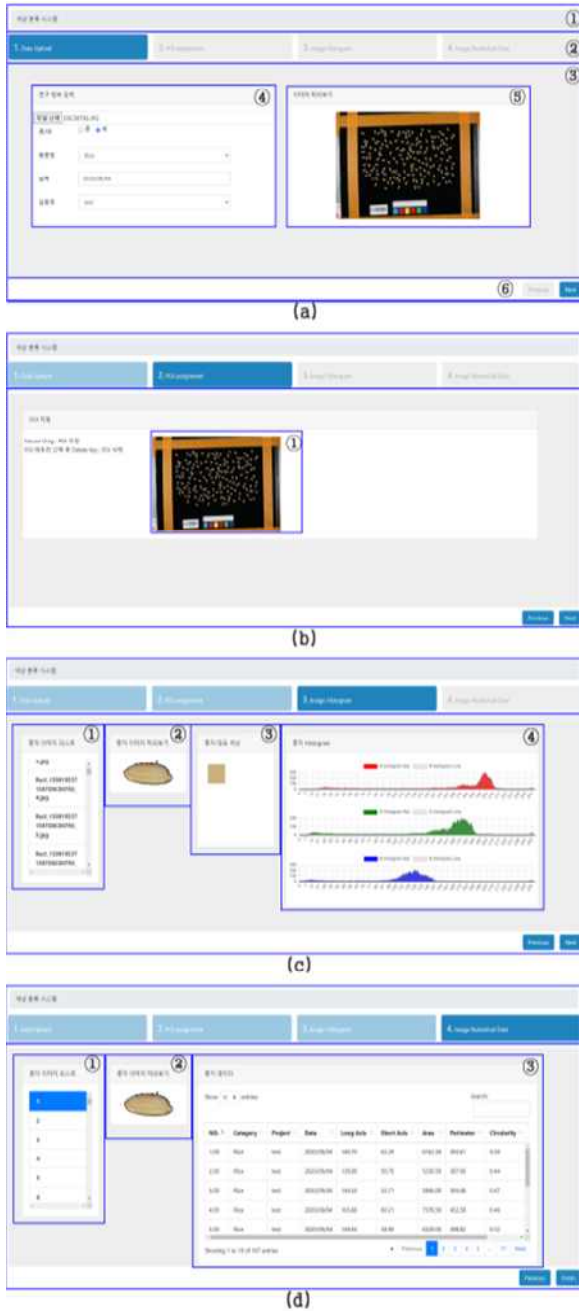


Fig. 4 UI of Proposed Web-based Seed Phenotype Trait Visualization Support System

Fig. 4는 웹 기반 종자 표현체 특성 가시화 지원시스템 UI로 총 4단계로 구성된다. Fig. 4 (a)는 연구 정보 및 이미지 업로드 UI이다. ①

구역은 페이지의 제목을 표시한다. ②구역은 현재 작업 상태를 표시한다. ③는 작업 구역으로 ④,⑤구역으로 구성된다. ④구역은 이미지 파일 업로드, 품종 선택, 날짜 등 연구 정보를 입력한다. ⑤구역은 업로드 이미지를 미리보기 형식으로 나타낸다. ⑥구역은 모든 정보를 입력하고 다음 페이지로 이동하기 위한 버튼을 표시한다.

Fig. 4 (b)는 사용자가 직접 ROI를 지정하는 UI이다. (a)의 ④구역에서 지정한 이미지를 (b)의 ①구역에 보여주며 사용자가 직접 ROI를 지정하는 화면으로 ROI 지정 후 Next 버튼을 클릭하면, 웹 서버에서 이미지와 ROI 정보를 서버에 전송한다. Fig. 4 (c)는 추출된 종자의 색상 정보를 보여주는 UI이다. ①와 ②구역은 개별 추출된 종자 이미지의 리스트와 선택한 개별 종자 이미지이다. ③와 ④구역은 해당 종자의 대표 색상과 RGB 색상의 히스토그램을 표현한 구역이다. Fig. 4 (d)는 전체 종자의 수치 데이터(면적, 장/단축 길이, 둘레 길이, 둥글기, 진원도)를 보여주는 UI이다. ①구역은 각 종자의 리스트와 번호를 보여준다. ②구역은 ①구역에서 사용자가 선택한 종자의 개별 이미지를 보여주게 된다. ③구역은 실험 정보와 개별 종자 특성의 수치 데이터를 테이블 형식으로 보여준다.

### 4. 검토

본 논문의 시스템을 활용하여 콩 종자의 사진에서 개별 종자를 추출하면 평균적으로 15개의 콩 종자가 검출되며, 벼 종자 사진에서 개별 종자를 추출하면 평균적으로 125개의 벼 종자가 검출된다. 해당 개별 종자 사진의 RGB 색상 영역을 이용하여 추출한 대표색상이 Microsoft Paint를 이용하여 수작업으로 추출한 대표색상과 약간의 오차가 발생한다. 향후 다른 색상의 영역을 이용하여 좀 더 정확도를 높일 수 있을 것으로 본다.

본 논문의 웹 기반 종자 표현체 특성 가시화 지원시스템은 종자 이미지에서 종자의 수치 데이터를 추출할 때 시스템에서 정의하는 규격화된 이미지 크기를 활용하기 때문에 규격화되지

많은 이미지를 사용하면 오류가 발생한다. 또한, 종자 이미지를 영상 처리하여 추출된 수치 데이터를 데이터베이스에 저장되고, 저장된 데이터를 연구자가 확인할 수 있도록 가시화 부분에 중점을 두었다. 그래서 데이터 수정, 삭제 등 연구자의 직접적인 데이터 관리 부분에 한계성을 가지고 있다.

## 5. 결론

본 논문의 웹 기반 종자 표현체 특성 가시화 지원시스템은 종자 분석의 연구적인 공간적 제약을 줄일 수 있는 웹 기반 도구를 이용하여 촬영된 종자 이미지에서 종피색, 길이, 면적, 둘레 등 연구자가 직접 측정할 때 오차가 발생할 확률이 높은 개별적인 정보를 추출하고 추출한 정보에 대한 종자 데이터를 가시화하기 위해 개발된 지원시스템이다.

제안된 시스템을 활용하여 추출된 종자의 특성 정보와 종자의 유전체 정보를 연관 분석하여 기후변화나 자연재해 등에 대응하는 종자의 내재해성에 관한 연구에 이용할 수 있다. 또한, 빅데이터를 활용하여 대량의 데이터를 일괄처리하고 분석하여 종자에 대한 자동화된 분류체계를 개발할 수 있을 것으로 기대한다.

## References

- Baek, J. H., Lee, E. Y., Kim, N. H., Lee, H. S., Kim, S. L., Choi, I. C., Ji, H. S., and Kim, K. H. (2019). Development of Seed Traits Information Extraction Program, *The 46th Annual Conference of the Korean Association of Information and Communication*, Oct, 24-26, Busan, Korea, 23(2), pp. 569-571
- Baek, J. H., Lee, E. Y., Kim, N. H., Kim, S. L., Choi, I. C. Ji, H. S., Chung, Y. S., Choi, M. S., Moon, J. K., and Kim, K. H. (2020). Development of Seed Traits Information Extraction Program, *Sensors*, 20(248), <https://doi.org/10.3390/s20010248>
- Herridge, R.P., Day, R.C., Baldwin, S., and Macknight, R. C. (2011). Rapid Analysis of Seed Size in Arabidopsis for Mutant and QTL Discovery, *Plant Methods*, 7(3), <https://plantmethods.biomedcentral.com/articles/10.1186/1746-4811-7-3>
- Jo, J. W., Lee, M. H., Lee, H. R., Chung, Y. S., Baek, J. H., Kim, K. H., and Lee, C. W. (2019). LeafNet: Plants Segmentation using CNN, *Journal of the Korea Industrial Information Systems Research*, 24(4), 1-8
- Joo J. Y. (2020). *Potentiality in Plant (seed)*, Pohang, BRIC.
- Kim, D. S., Lee, T. Y., and Kim, J. W. (2015). Improving Crop Breeding Efficiency using Plant Expression Technology, *2015 Joint Symposium on the Korea Seed Society, Next Generation BG21 Project Group and Golden Seed Project Group*, Jul, 1-3, Gwangju, Korea,
- Kim, S. L., Kim N. H., Lee, H. S., Lee. E. Y., Cheon, K. S., Kim. M. S., Baek J. H., Choi, I. C., Ji, H. S., Yoon, I. S., Jung, K. H., Kwon, T. R., and Kim, K. H. (2020). High Throughput Phenotyping Platform for Analyzing Drought Tolerance in Rice, *Planta* 252(38), <https://doi.org/10.1007/s00425-020-03436-9>
- Lee, S. W. (2020). An Image Analysis-based Study of Soybean Seed Expressions. *News of the Korea Soybean Society*, 345(0), 5-7.
- Rose, A. S., and Hildebrand, P. W. (2015) NGL Viewer: A Web Application for Molecular Visualization, *Nucleic Acids Res*, 43, W576 - W579.
- Sagendorf, J. M., Markarian, N., Berman, H. M., and Rohs, R. (2020). DNAProDB: An Expanded Database and Web-based Tool for Structural Analysis of DNA - protein Complexes, *Nucleic Acids Research*, 48(D1), D277-D287.

Shin, H. J., Lee, S. I., Chung, H. W., and Park, J. W. (2020). Indoor Plants Image Classification using Deep Learning and Web Application for Providing Information of Plants, *Journal of the Korean Association of Knowledge Information Technology*, 15(2), 167-175

Vollmann, J., Walter, H., Sato, T., and Schweiger, P. (2011). Digital Image Analysis and Chlorophyll Metering for Phenotyping the Effects of Nodulation in Soybean, *Computers and Electronics in Agriculture*, 75(1), 190-195.



**양 오 석 (OhSeok Yang)**

- 학생회원
- 군산대학교 컴퓨터정보공학과 공학사
- (현재) 군산대학교 컴퓨터정보공학과 석사과정
- 관심분야: 데이터베이스 시스템, 객체지향시스템, GIS, IoT, Big Data, Smart Farm



**최 상 민 (SangMin Choi)**

- (현재) 군산대학교 컴퓨터정보통신공학부 학부
- 관심분야: 데이터베이스 시스템, 객체지향시스템, GIS, IoT, Big Data, Smart Farm



**서 동 우 (DongWoo Seo)**

- (현재) 군산대학교 컴퓨터정보통신공학부 학부
- 관심분야: 데이터베이스 시스템, 객체지향시스템, GIS, IoT, Big Data, Smart Farm



**최 승 호 (SeungHo Choi)**

- 학생회원
- (현재) 군산대학교 컴퓨터정보통신공학부 학부생
- 관심분야: 데이터베이스 시스템, 객체지향시스템, 딥러닝, 영상처리, Big Data, Smart Farm



**김 영 옥 (YoungUk Kim)**

- 군산대학교 컴퓨터정보공학과
- 군산대학교 컴퓨터정보공학과 석사과정
- (현재) 농촌진흥청 국립농업과학원 농업연구원
- 관심분야 : 딥러닝, 데이터베이스 시스템, 객체지향시스템, 영상처리, GIS, IoT, Big Data 처리, Smart Farm



**이 창 우 (ChangWoo Lee)**

- 정회원
- 경일대학교 컴퓨터공학과 공학사
- 경북대학교 컴퓨터공학과 공학석사
- 경북대학교 컴퓨터공학과 공학박사
- (현재) 군산대학교 공과대학 컴퓨터정보통신공학부 정교수
- 관심분야 : 컴퓨터비전, 머신러닝, 패턴인식



**이 은 경 (EunGyeong Lee)**

- 가톨릭대학교 생명공학과 공학사
- 전북대학교 농학과 농학석사
- 전북대학교 농학과 농학박사과정
- (현재) 농촌진흥청 국립농업과학원 연구원
- 관심분야 : 표현체, 유전자기능, 빅데이터



**백 정 호 (JeongHo Baek)**

- 정회원
- 군산대학교 컴퓨터정보과학과 공학사
- 군산대학교 컴퓨터정보공학과 공학석사
- 군산대학교 컴퓨터정보공학과 공학박사
- (현재) 농촌진흥청 국립농업과학원 농업연구사
- 관심분야 : 표현체, 유전자기능, 빅데이터



**김 경 환 (KyungHwan Kim)**

- 경북대학교 미생물학과 이학사
- 경북대학교 미생물학과 이학석사
- 경북대학교 미생물학과 이학박사
- (현재) 농촌진흥청 국립농업과학원 농업연구관
- 관심분야 : 표현체, 유전자기능, 지방산생합성



**이 흥 로 (HongRo Lee)**

- 정회원
- 전북대학교 전기공학과(공학사)
- 전북대학교 전북대학교 대학원 전자계산기전공(석사)
- 전북대학교 대학원 전산응용공학전공(공학박사)
- (현재) 군산대학교 공과대학 컴퓨터정보통신공학부 교수
- 관심분야: 데이터베이스시스템, 객체지향시스템, 위성/드론 영상처리, GIS, IoT, Big Data 처리, Smart-City, Smart Farm, 딥러닝 등