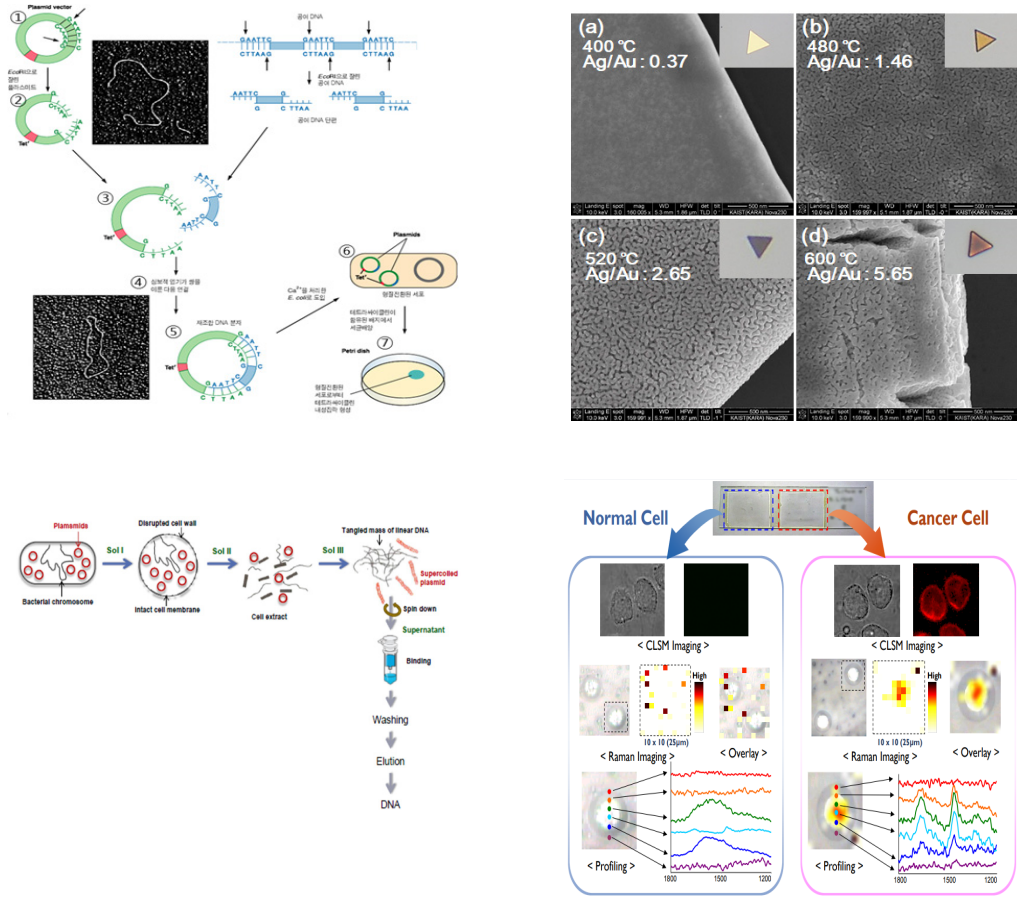
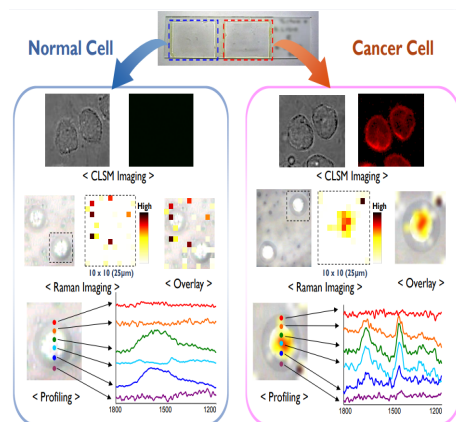
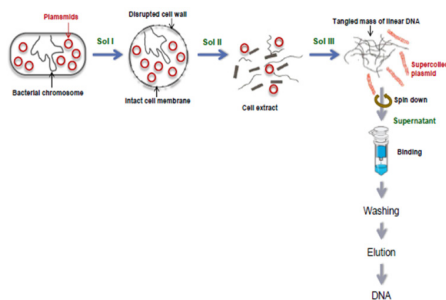
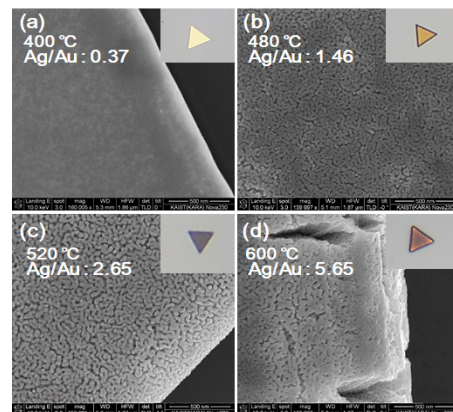
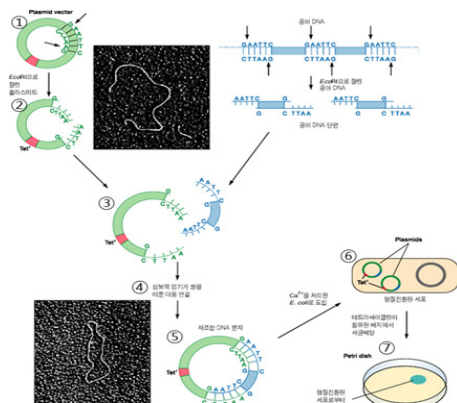


2018 KAIST 글로벌영재교육원 심화과정
연구결과 보고서



2018 KAIST 글로벌영재교육원 심화과정
수학반/ 전산반/ 화학반/ 생명과학반

2018 KAIST 글로벌영재교육원 심화과정 연구결과 보고서



2018 KAIST 글로벌영재교육원 심화과정
수학반/ 전산반/ 화학반/ 생명과학반

CONTENTS

I. 수학반	1
II. 전산반	7
III. 화학반	23
IV. 생명과학반(고등)	29

Part Ⅰ . 수학반

변형된 등주부등식 연구

학 생: 김성현(가오중)

김형석(용전중)

오현서(동화중)

황원준(탄방중)

연구멘토: 김경로(KAIST)

수학심화반 연구 보고서

변형된 등주부등식 연구

지도 교수 : 백형렬

연구 조교 : 김경로

학생 : 김성현, 김형석, 예상우, 오현서, 황원준

초록

길이가 L 인 실이 주어져 있다. 이 실을 둘러서 평면에 두르면 내부에 평면 도형이 하나 생기는데 이를 A 라고 하자. 이때 이 도형 A 가 최대의 넓이를 가질 때는 원일 때라는 것이 잘 알려진 등주부등식 문제이다. 우리는 이번 연구를 통해 등주부등식의 다각형인 경우인 변형된 등주부등식 문제를 해결하려 한다.

변형된 등주부등식은 다음과 같다. 한가지는 둘레의 길이가 L 인 n 각형의 넓이가 최대일 때는 정 n 각형일 때이다. (김형석, 황원준, 예상우) 다른 한 가지는 n 각형에서 둘레의 길이가 L 이고 내각들이 고정되어 있을 때 최대의 넓이를 구하는 것이다. (오현서, 김성현)

첫 번째 문제는 둘레의 길이가 L 인 n 각형의 넓이가 최대일 때는 모든 변의 길이가 서로 같다라는 것까지 해결했고, 모든 각이 같아야 하는 것은 아직 해결하지 못했다. 두 번째 문제는 원을 내접하고 있는 경우를 해결하였다.

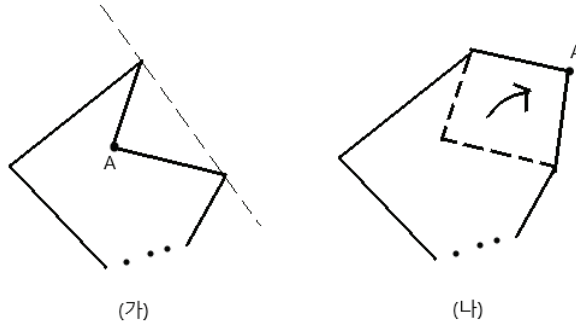
첫 번째 문제

(김형석, 황원준, 예상우)

문제) 둘레의 길이가 L 인 n 각형의 넓이가 최대일 때는 정 n 각형일 때이다.

보조 정리) 둘레의 길이가 L 인 n 각형의 넓이가 최대일 때는 볼록일 때이다.

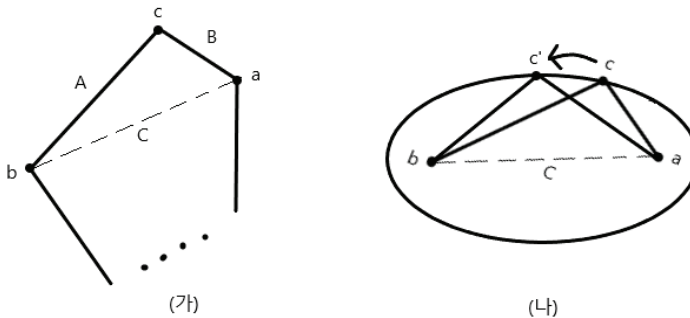
증명) n 각형이 주어져 있고 (가)와 같이 오목한 꼭지점 A 가 있고, A 의 이웃한 두 꼭지점이 볼록한 지점일 때, (가)에 있는 점선을 따라 (나)와 같이 A 를 포함하는 두 선분을 거울 대칭시켜 새로운 n 각형을 만들 수 있다.



(나)에서 만들어진 새로운 다각형은 원래 다각형과 둘레의 길이가 같지만 넓이가 더 넓다. A 의 이웃한 꼭지점들이 볼록이 아닌 경우에도 비슷한 방법으로 더 넓은 다각형을 만들 수 있다. 따라서 최대의 넓이를 가지는 다각형은 볼록이어야 한다. □

정리) 둘레의 길이가 L 인 n 각형의 넓이가 최대일 때는 볼록이고 모든 변의 길이가 같다.

증명) 위의 보조정리에 의해서 최대 넓이일 때는 볼록이다. 만약, 어떤 꼭지점 c 를 포함하는 이웃하는 두 변의 길이가 (가)와 같이 다르다면 가상의 선분 C 를 기준으로 잘라 그림 (나)와



같이 C 의 양 끝점 a, b 를 초점으로 갖고 c 를 지나는 타원을 생각할 수 있다. 이 때, c 를 (나)와 같이 c' 으로 타원을 따라 이동시키면 새로운 삼각형 abc' 을 얻을 수 있는데 이때 타원의 성질에 의해 ac' 와 bc' 의 길이가 같을 때, abc' 의 넓이가 최대가 되고 더 나아가 타원의 정의에 의해 ac' 와 bc' 의 길이 합은 ac 와 bc 의 길이 합과 같아 진다.

따라서 새로 만들어진 삼각형 abc' 를 C 를 따라 원래 다각형에 붙이면 둘레의 길이가 같지만 더 넓은 다각형을 얻을 수 있다. 따라서 넓이가 최대일 때는 모든 변의 길이가 서로 같을 때이다. □

원래 문제를 완전히 풀기 위해서는 다각형의 둘레의 길이가 고정되어 있을 때, 최대의 넓이를 갖을 때, 모든 내각이 서로 같다는 증명해야 한다. 다음과 같은 특수한 경우는 쉽게 증명할 수 있다.

정리(김형석, 황원준, 예상우) 둘레의 길이가 고정된 삼각형의 넓이가 최대일 때는 정삼각형일 때이다.

증명) 헤론의 공식과 산술 기하 부등식을 이용해 쉽게 증명할 수 있다.□

정리(오현서) : 둘레의 길이가 고정된 마름모가 최대의 넓이를 가지는 경우는 정사각형일 때이다.

증명) 마름모의 넓이 공식을 이용해 쉽게 증명할 수 있다.□

두 번째 문제

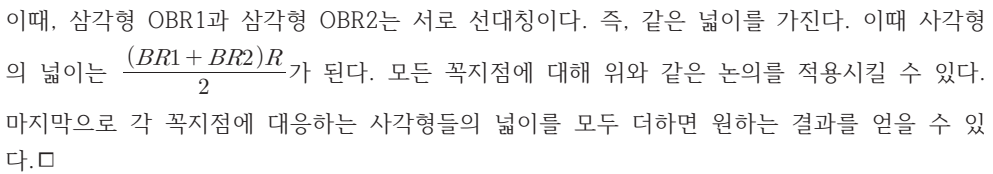
(오현서, 김성현)

문제) n 각형에서 둘레의 길이가 L 이고 내각들이 고정되어 있을 때 최대의 넓이는?

일반적인 경우는 다루기 힘들어 내접하는 원이 있을 때 최대의 넓이를 구해 보았다. 실제로 증명한 것은 반지름의 길이가 R 인 원을 내접하고 있는 둘레의 길이가 L 인 다각형의 넓이는 $\frac{LR}{2}$ 이라는 것이다. 이 결과를 보면 주어진 내각의 크기에 상관없이 넓이가 결정됨을 알 수 있다.

정리(오현서) 둘레의 길이가 L 이고 반지름의 길이가 R 인 원을 내접하고 있는 n 각형의 넓이는 $\frac{LR}{2}$ 이 된다.

증명) 원을 내접하고 있는 n 각형의 한 변 AB 를 살펴보자. 다음 그림과 같이 내접원의 중심 O 에서 AB 에 수선을 내리고 이웃하는 변에 R_2 지점으로 수선의 발을 내린다.



정리(오현서, 김성현) 둘레의 길이가 고정된 사각형의 내각들이 고정되어 있다.

- 6 -

Part II . 전산반

기계학습 알고리즘을 이용한 숫자인식 프로그램

학 생: 김기정(만년중)
김민상(신계중)
김이경(문정중)
신준환(용전중)
이정달(어은중)

연구멘토: 하지수(KAIST)

기계학습 알고리즘을 이용한 숫자인식 프로그램

저자: 김기정, 김민상, 김이경, 신준환, 이정달, 하지수

서론

1. 숫자인식 프로그램의 필요성

숫자인식은 택배 운송물 주소 같은 일상생활과 밀접한 부분부터 고문서 분석이라는 전문적인 부분까지 넓게 필요한 기술이다. 하지만 사람이 쓴 숫자는 사람의 필체에 따라 다르며 이를 인식하기 위해 사람이 직접 숫자를 보고 컴퓨터에 입력하는 작업은 경제적, 시간적으로 비효율적이기 때문에 자동적으로 숫자를 인식할 수 있는 프로그램 개발이 필요하며 지금까지 개발되어 왔고, 앞으로도 지속적으로 더 발전 시켜야 할 분야이다.

2. Python

Python은 1991년 귀도 반 로섬이 발표한 프로그래밍 언어로써, 사람이 이해하기 쉬운 직관적인 프로그래밍 언어이기 때문에 초보자부터 전문가까지 다양한 사용계층들이 자주 사용하는 언어이다 [1]. 기계학습, 수치연산 등 다양한 라이브러리를 보유하고 인터넷 상에 공개되어있는 자료가 많기 때문에 배우기 쉽고 다양한 분야에서 사용 가능하다.

프로그램 언어로서의 기능 외에도 C, C++, Java 등 다른 언어들로 작성된 코드를 연결하는 기능을 제공하기 때문에 Glue Language(언어들을 연결하는 언어)로 이용로도 이용된다. 유니코드 문자열 지원으로 다양한 문자 처리에 능하며 현재 3.7.0 버전까지 출시 된 상황이다. 다른 언어와의 문법 상 가장 큰 차이점은 들여쓰기로 작성한 코드의 영역을 구분하기 때문에 다른 언어에서의 괄호를 대신하여 블록 구조를 형성하는 것이다.

또한 파이썬 프로그램은 공동 작업과 유지 보수가 매우 쉽고 편하다. 그 때문에 이미 다른 언어로 작성된 많은 프로그램과 모듈들이 파이썬으로 재구성되고 있다. 국내에서도 그 가치를 인정받아 사용자층이 더욱 넓어지고 있고, 파이썬을 이용해 프로그램을 개발하는 기업체들 또한 늘어 가고 있는 추세이다 [1].

3. OpenCV

OpenCV는 Open Source Computer Vision의 약자로 주로

카메라로부터 받아들이는 이미지 또는 동영상을 변환하여 필요한 데이터를 추출 또는 변환하기 위해 사용되는 영상처리 라이브러리이다 [2]. OpenCV를 사용하면 이미지 크기변화, 회전, 색깔 변화 등 복잡한 연산 및 프로그램 과정이 필요한 기능을 쉽게 사용하는 것이 가능하다. 물체 인식, 안면 인식, 기계학습 등 다양한 분야에서 사용되고 있으며 C, C++, Java, Python 등 여러 프로그래밍 언어를 이용하여 프로그램을 개발 가능하다.

4. 기계학습

기계학습(機械學習, 머신러닝, Machine Learning)은 인공지능의 한 분야로 컴퓨터가 학습할 수 있도록 하는 알고리즘과 기술을 개발하고, 기계 스스로 대량의 데이터로부터 지식이나 패턴을 찾아 학습하고 예측을 수행하는 것을 말한다 [3]. 기계학습 과정에서 학습을 위해 사용되는 데이터인 학습 데이터 (train data)와 학습된 모델이 새로운 데이터에서도 잘 동작하기 위해 사용하는 학습과정에서 사용되지 않은 데이터인 테스트 데이터 (test data)를 사용하여 내가 필요한 모델을 학습시킬 수 있다.

기계학습은 학습 종류에 따라 크게 지도학습 (Supervised Learning)과 비지도 학습 (Unsupervised Learning)으로 나눌 수 있다.

1) 지도 학습 (Supervised Learning)

학습 데이터로부터 하나의 함수를 유추해내기 위한 기계학습의 한 방법으로, 학습 과정에서 입력값 X 와 결과값 y 를 사용하여 컴퓨터가 학습하도록 하는 것이다. 결과값 y 는 레이블 (label)이라고도 불리며 레이블이 정수와 같이 이산적인 (Discrete) 결과를 원할 경우에는 분류 (Classification), 실수와 같이 연속적인 결과를 원할 경우는 회귀 (Regression)이라고 한다.

2) 비지도 학습 (Unsupervised Learning)

입력값 X 에 대한 결과값 y 가 없이 입력값 X 만 이용해서 학습하는 것을 말한다. 정답이 없는 문제를 푸는 것으로 데이터가 어떻게 구성되었는지를 알아내는 문제의 범주에 속한다. 대표적으로는 유사한 특성을 가진 데이터들을 모으는 군집화 (Clustering)과 데이터의 통계적인 값을 얻는 밀도 추정 (Density Estimation) 등이 있다.

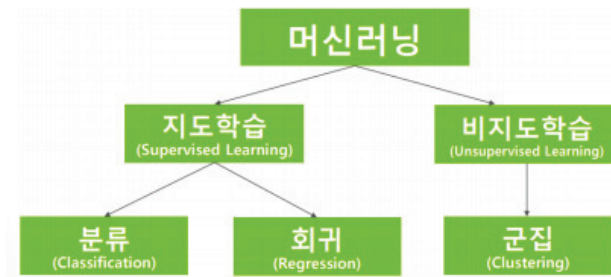


그림 1. 기계학습 분류: 지도학습, 비지도 학습 [4]

5. MNIST

MNIST 데이터베이스는 Modified National Institute of Standards and Technology database의 약자로 손으로 쓴 숫자들로 이루어진 대형 데이터베이스이며, 다양한 영상 처리 시스템을 학습하기 위해 일반적으로 사용된다 [5]. MNIST 데이터베이스는 60,000개의 트레이닝 이미지와 10,000개의 테스트 이미지를 포함하고 있으며 기계학습 분야에서 학습 및 테스트를 위해 널리 사용되고 있다.

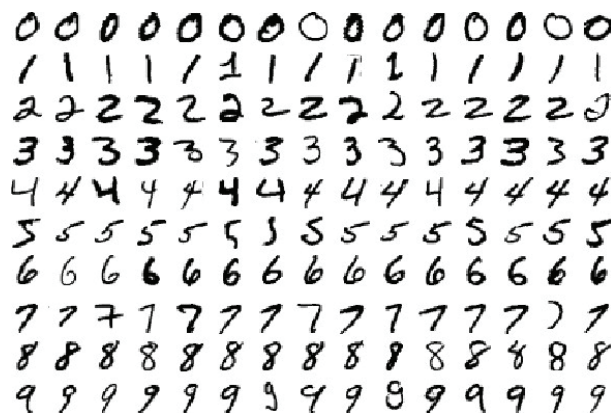


그림 2. MNIST 데이터 예시

6. k-NN

k-최근접 이웃 알고리즘(K-Nearest Neighbor, k-nn)은 지도학습 중 분류 문제에서 사용되고 있는 알고리즘 중의 하나이다 [6]. 근접이웃이라는 말 그대로 데이터 간의 거리(유사도)를 계산하여 가장 가까운 데이터 k개의 이웃의 정보로 새로운 데이터를 예측하는 방법이다. k-NN 알고리즘은 가장 간단한 기계 학습 알고리즘이라서 사용하기 편하지만, 계산하는 데이터의 양이 많을수

록 거리를 계산을 많이 해야 하기 때문에 시간이 많이 걸린다. k-NN 알고리즘에서 가깝다는 개념은 유클리드 거리로 계산한 거리가 가깝다는 뜻이다.

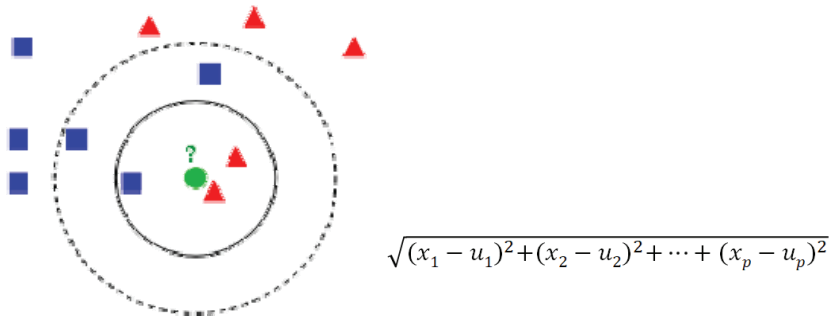


그림 3. (좌) k-NN 알고리즘 개념도 [6]. (우) k-NN 유사도를 비교하기 위해 사용되는 유클리드 거리 계산 공식

7. SVM

서포트 벡터 머신(support vector machine, SVM)은 기계 학습의 분야 중 하나로 패턴 인식, 자료 분석을 위한 지도 학습 모델이며, 주로 분류와 회귀 분석을 위해 사용한다 [7]. 두 카테고리 중 어느 하나에 속한 데이터의 집합이 주어졌을 때, SVM 알고리즘은 주어진 데이터 집합을 바탕으로 하여 새로운 데이터가 어느 카테고리에 속할지 판단하는 비확률적 이진 선형 분류 모델을 만든다. 만들어진 분류 모델은 데이터가 사상된 공간에서 경계로 표현되는데 SVM 알고리즘은 그 중 가장 큰 폭을 가진 경계를 찾는 알고리즘이다. SVM은 선형 분류와 더불어 비선형 분류에서도 사용될 수 있다.

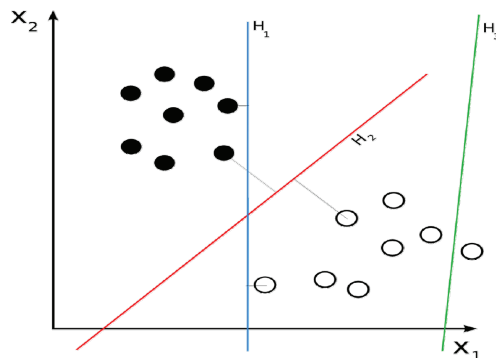


그림 4. SVM 알고리즘 개념도. H2 경계가 H1, H3 경계보다 데이터를 더 잘 구분하는 것을 확인할 수 있다. [7]

본론

1. 프로그램 개요

일상생활에서 숫자를 컴퓨터에 입력해야하는 경우가 많지만, 이를 수작업으로 하기는 인력 소모가 크다. 그래서 숫자를 인식하는 프로그램이 필요한데, 사람마다 글씨체가 다르기 때문에 사전에 학습이 필요하다. 이런 필요성을 만족하기 위해 우리는 두 가지 기계학습 알고리즘 (k-NN, SVM)을 사용하여 숫자의 이미지를 입력하면 학습된 데이터를 바탕으로 숫자인식 프로그램을 만들었고 알고리즘에 따른 성능 비교를 하였다.

2. 개발환경

우리는 기계학습을 이용한 숫자인식 프로그램을 개발하기 위해 아래와 같은 프로그램과 라이브러리를 사용하여 프로그램 개발 환경을 구축하였다.

1) PyCharm

PyCharm은 체코의 소프트웨어 개발 업체 JetBrains에서 만든 Python 프로그래밍을 위한 통합 개발 환경 (統合開發環境, Integrated Development Environment, IDE)이다. 통합 개발 환경은 코딩, 디버깅, 컴파일, 배포 등 프로그램 개발에 관련된 모든 작업을 하나의 프로그램 안에서 처리하는 환경을 제공하는 소프트웨어이다. 이전에는 소프트웨어 개발 시에서는 컴파일러, 텍스트 편집기, 디버거 등을 따로 사용하였었지만, 통합 개발 환경은 이러한 프로그램들을 하나로 묶어 대화형 인터페이스를 제공하기 때문에 보다 편리한 프로그램 개발 환경을 제공한다.

2) Scikit-learn

Scikit-learn은 2007년 구글 썸머 코드에서 처음 구현됐으며 현재 파이썬으로 구현된 가장 유명한 기계 학습 오픈 소스 라이브러리다 [9]. 다양한 기계학습 알고리즘을 사용할 수 있도록 제공하며, 다른 라이브러리와의 호환성이 좋고, 매우 간단하게 여러 기법을 적용할 수 있다는 장점을 가진다. 우리는 k-NN, SVM, 학습 데이터와 테스트 데이터를 분류하는 알고리즘을 scikit-learn에서 가져와서 사용하였다.

3. 사용 데이터

1) 학습 데이터

프로그램을 학습시키기 위해 필요한 학습 데이터는 MNIST

데이터베이스에서 가져와서 사용하였다. MNIST 데이터베이스는 손으로 쓴 숫자들로 이루어진 대형 데이터베이스로 이미지 한 개가 28*28 픽셀로 이루어져 있으며 각 픽셀에는 명도가 입력되어있다. MNIST의 6만개의 데이터 중 42,000개의 데이터를 학습 데이터로 사용했다.

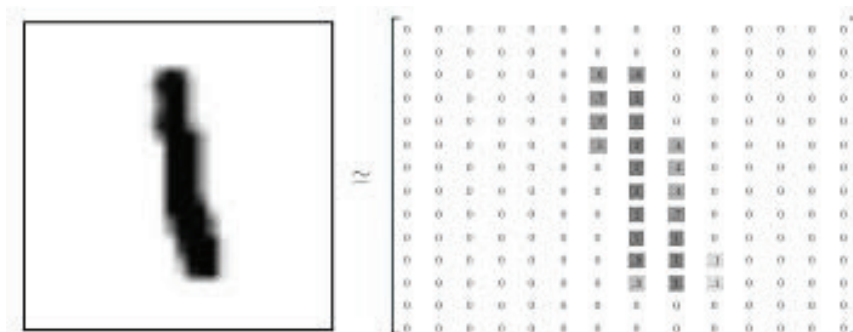


그림 5. MNIST 학습 데이터 예시. 각 학습 데이터는 28 * 28 픽셀의 이미지 형식으로 되어있다.

2) 테스트 데이터

숫자 0부터 9까지 각각 6개씩 총 60개의 숫자가 쓰여 있는 하나의 이미지를 테스트 이미지로 사용했다. 여러 개의 숫자가 있는 이미지에서 숫자를 한 개씩 추출한 다음 각각의 이미지에 대한 정답을 입력해주었다. 테스트 데이터와 학습 데이터의 형식이 같아야하기 때문에 추출한 이미지들을 28*28 데이터로 가공을 했고, 가공된 데이터를 학습된 모델(k-NN, SVM)에 넣어서 성능을 평가했다. 학습된 모델에서 나온 결과와 처음에 입력해준 정답과 비교를 해서 정확도를 구할 수 있다.

4. 테스트 데이터 수집 과정

우리가 개발한 프로그램의 성능을 평가하기 위한 테스트 데이터를 수집하기 위해 다음과 같은 과정으로 테스트 데이터를 얻었다.

1) 이미지 불러옴

여러 개의 숫자가 들어있는 테스트 이미지를 불러온다.

2) 이진화

숫자 구분의 정확도를 높이기 위해 테스트 이미지의 색을 127의 기준값을 중심으로 두 가지 색 (검정색, 흰색)을 가진 이미지로 변환한다.

3) contour기법으로 숫자를 하나씩 인식

conture는 같은 값을 가진 것들을 하나의 선으로 연결하여 표현하는 것이다. 등고선등이 conture의 예시가 될 수 있다. conture처리를 하면 특정 숫자를 구분하기 쉽고, 인식률이 높아져서 하니 씩 인식할 때 conture를 사용한다. 우리는 개별 숫자들의 인식률을 높이기 위해 conture 기법을 사용하여 숫자들의 영역을 구분한다.

4) 숫자를 하나씩 추출하여 사각형으로 구분

학습 데이터는 하나의 28*28정사각형에 숫자 하나씩 있기 때문에 사진에서 숫자를 개별로 구분하고 정사각형으로 잘라서 같은 모양을 만들어주어 비교를 쉽게 할 수 있도록 만든다.

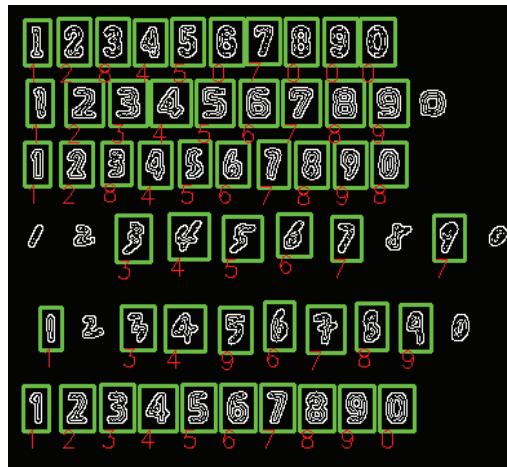


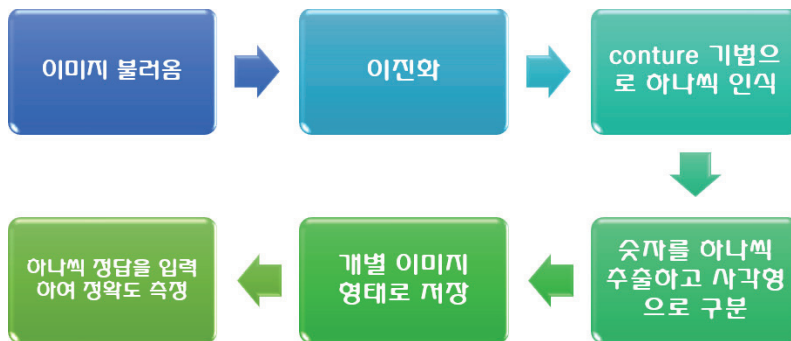
그림 6. 테스트 이미지에서 추출한 테스트 데이터

5) 개별 이미지 형태로 저장

잘라진 숫자들을 테스트 데이터로 사용 및 가공하기 위해 개별적인 이미지 파일들로 저장한다.

6) 하나씩 정답을 입력하여 정확도 측정

프로그램의 정확도를 계산하기 위해 각 저장한 이미지에 정답값을 입력하여 이후 기계학습 모델의 정확도 계산 시 사용할 수 있도록 한다.



순서도 1. 테스트 데이터 수집 과정

5. 프로그램 동작 순서

우리가 개발한 숫자인식 프로그램은 다음과 같은 순서로 동작한다.

1) 프로그램 실행

기계학습 알고리즘을 학습시키기 위한 42,000개의 학습 데이터를 불러온다.

2) 테스트 데이터 추출 과정 실행

‘본문 4. 테스트 데이터 추출 과정’을 통해 테스트 이미지에서 테스트 데이터를 추출한다.

3) 학습 데이터로 숫자 인식 모델 학습 (k-NN, SVM)

Scikit-learn 라이브러리에서 불러온 k-NN과 SVM 코드를 사용하여 학습 데이터로부터 숫자인식을 위한 모델 학습

4) 학습된 모델에서 테스트 데이터로 성능 평가

각 학습에 사용한 데이터양과 알고리즘에 따라 정확도를 계산하여 해당 결과를 저장한다.

6. 결과

기계학습 알고리즘이 잘 학습되었는지를 성능을 평가하기 위해서는 학습에 사용한 학습 데이터와 테스트 데이터를 사용하여 정확도를 평가하는 과정이 필요하다. 정확도는 사용한 데이터 중 학습된 모델로 맞춘 데이터의 비율로써 결정된다. 만약 100개의 데이터 중 80개의 데이터의 정답을 맞출 수 있는 모델이 학습된 경우 0.8의 정확도를 낸다고 한다. 학습이 잘 되었는지 평가하기 위해서는 학습 데이터를 사용하여 학습 데이터 정확도를 계산하고, 새로운 데이터를 잘 맞출 수 있는지 평가하기 위해서는 테스트 데이터의 정확도를 계산한다.

우리는 학습시간 데이터의 양과 각 학습시간, 학습 데이터의 정확도, 데이터 데이터의 정확도 간의 상관관계를 알아보기 위해 학습 시키는 데이터의 개수를 변화시켜가며 결과를 비교해보았다. 또한 기계학습 알고리즘에 따른 성능 차이를 비교하기 위해 k-NN과 SVM 알고리즘을 사용하여 어떻게 성능이 달라지는지 실험해보았다. 해당 실험에 대한 결과는 아래와 같다.

1) k-NN 알고리즘

k-NN 알고리즘을 사용하였을 때에는 데이터가 500개일 때 0.007초, 1000개일 때 0.236초로 짧은 시간이 소요되었다. 그에 비해 데이터가 23500개, 24000개로 늘어나면 시간이 6942.098초, 7742.887로 늘어났다. 학습 데이터 정확도의 경우는 데이터가 500개일 때에는 79.2%, 100개일 때에는 87.4%, 23500개일 때에는 96.5%, 24000개일 때에는 96.4%의 정확도를 보였다. 테스트 데이터의 정확도의 경우는 500개일 때에는 73%, 100개일 때에는 80%, 23500개일 때에는 95.3%, 24000개일 때에는 95.4%의 정확도를 보였다.

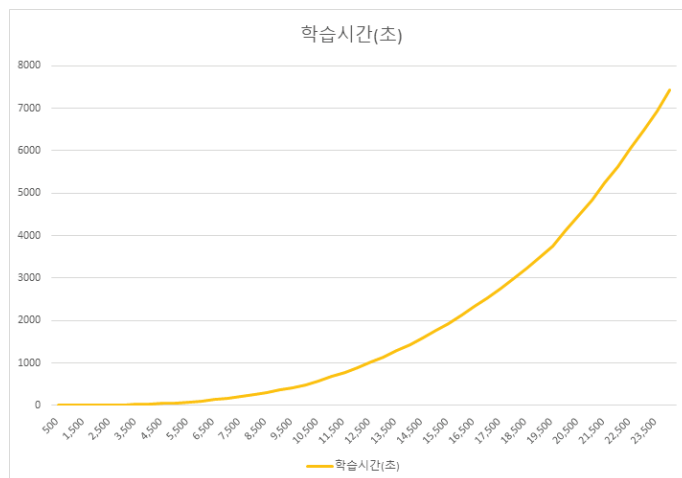


그림 7. k-NN 알고리즘의 데이터양에 따른 학습시간

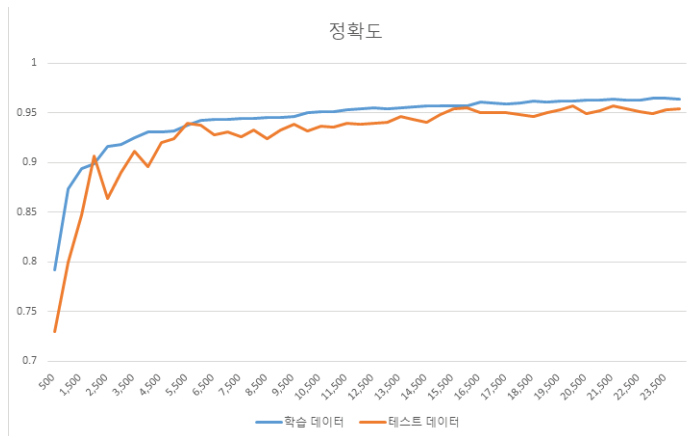


그림 8. k-NN 알고리즘의 데이터양에 따른 학습 데이터 정확도와 테스트 데이터 정확도

2) SVM

SVM 알고리즘에서는 데이터 수가 500개일 때는 0.097초가 걸렸고, 1000개일 때에는 0.443초가 걸렸다. 데이터 수가 23500개일 때에는 1809.345초, 24000개일 때에는 1918.113초가 걸렸다. 학습 데이터의 정확도는 500개, 1000개, 23500개, 24000개일 때 모두 100%였다. 테스트 데이터는 500개일 때 82%, 1000개일 때 88.5%, 23500개일 때 91.1%, 24000개일 때에는 90.7%의 정확도를 보였다.

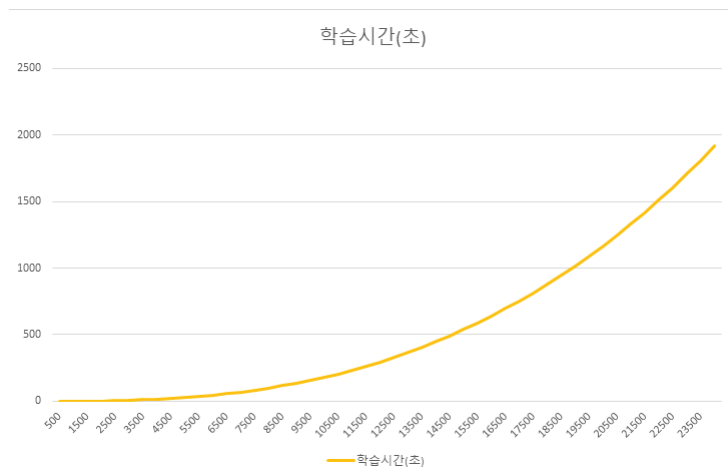


그림 9. SVM 알고리즘의 데이터양에 따른 학습시간

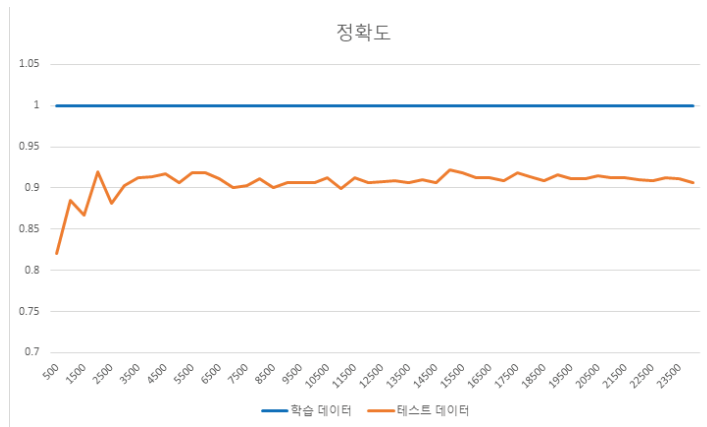


그림 10. SVM 알고리즘의 데이터양에 따른 학습 데이터 정확도와 테스트 데이터 정확도

3) 성능 비교

전반적으로 k-NN과 SVM 알고리즘 모두 학습과정에 사용하는 데이터의 양이 많을수록 정확도가 높아지는 결과를 보였다. k-NN은 쉬운 알고리즘으로 구동되고 정확도가 높으나 학습시간이 오래 걸린다는 단점이 있었다. SVM은 알고리즘이 복잡하고 우리가 만든 프로그램에서는 k-NN보다 정확도가 낮게 나왔지만, 학습시간이 k-NN 보다는 크게 단축되었다.

결론

우리는 기계학습 알고리즘을 이용하여 숫자인식을 할 수 있는 프로그램을 개발하였다. 숫자인식을 위한 기계학습 알고리즘의 학습을 위해 기존에 존재하는 MNIST 데이터와 새로운 이미지에서 추출한 숫자 데이터를 사용하여 각각 학습 데이터와 테스트 데이터로 사용하였다. 프로그램에는 k-NN과 SVM이라는 두 가지 기계학습을 사용하여 숫자인식 정확도와 학습시간을 비교하였고, 결과적으로 대체적으로 학습에 사용되는 데이터의 양이 많을수록 성능이 높아지며, k-NN 알고리즘은 SVM 알고리즘보다 정확도가 높으나 학습시간이 많이 걸린다는 사실을 알 수 있었다.

참고문헌

- [1] Python: 점프 투 파이썬 (<https://wikidocs.net/book/1>)
- [2] OpenCV: <https://ko.wikipedia.org/wiki/OpenCV>
- [3] 기계학습:
https://ko.wikipedia.org/wiki/%EA%B8%B0%EA%B3%84_%ED%95%99%EC%8A%B5
- [4] 지도학습, 비지도 학습 그림:
http://lily.mmu.ac.kr/lecture/18ic/IC10_new2.pdf
- [5] MNIST 데이터베이스:
https://ko.wikipedia.org/wiki/MNIST_%EB%8D%B0%EC%9D%B4%ED%84%B0%EB%B2%A0%EC%9D%B4%EC%8A%A4
- [6] k-NN:
https://ko.wikipedia.org/wiki/K-%EC%B5%9C%EA%B7%BC%EC%A0%91_%EC%9D%B4%EC%9B%83_%EC%95%8C%EA%B3%A0%EB%A6%AC%EC%A6%98
- [7] SVM:
https://ko.wikipedia.org/wiki/%EC%84%9C%ED%8F%AC%ED%8A%B8_%EB%B2%A1%ED%84%B0_%EB%A8%B8%EC%8B%A0
- [8] 통합 개발 환경:
https://ko.wikipedia.org/wiki/%ED%86%B5%ED%95%A9_%EA%B0%9C%EB%B0%9C_%ED%99%98%EA%B2%BD
- [9] Scikit-learn:
<https://github.com/brenden17/blog/blob/master/post/ms.scikit-learn.v.md>

Part III. 화학반

금 나노 입자 전기촉매의 CVD 합성

학 생: 김태운(대덕고)

박도현(문정중)

연구멘토: 양시영(KAIST)

금속 나노입자 전기촉매의 CVD 합성

김태윤, 박도현

서론

금속 나노재료는 벌크가 갖지 않는 다양하고 흥미로운 특성들을 갖는다. 특히, 나노크기에 따라서 반응성이 높아지는데 이에 따라 금속 나노구조가 촉매로 연구될 수 있다. 연료 전지 반응으로서 중요한 화학 반응인 메탄올 산화 반응과 일산화탄소 산화 반응의 촉매를 준비하기 위해 많은 연구가 되었다. 백금은 다양한 반응에 촉매로 이용되어 왔지만, 연료 전지 반응에서는 표면의 불활성화 또는 poisoning이 쉽게 일어나기 때문에 다른 재료로 대체되기 위한 연구가 많이 필요하다. 금은 화학적으로 안정하기 때문에 반응성이 거의 없어 촉매로 사용되지 않는 재료지만, 금이 나노크기가 되면 높은 촉매 활성을 갖는다는 사실이 발견된 이후, 많은 연구자들은 금 나노구조의 크기, 모양, 결정성 등이 촉매 활성에 미치는 영향을 연구하였다. 이와 더불어, 나노구조 표면의 깨끗함이 촉매 활성을 결정하는 결정적인 요인이 되는 것이 밝혀졌다. 따라서 표면이 아주 깨끗한 금 나노구조 촉매를 합성하는 것은 백금을 대체하기 위한 전기 촉매를 준비하기 위해 요구된다.

나노구조는 보통 액체상에서 합성하는데 액체상에서의 합성은 나노재료의 성장을 조절하기 위해서 계면활성제, 환원제, 첨가제 등의 다양한 유기분자들을 사용한다. 이 유기분자는 액체상의 합성에서 많은 발전을 이뤘지만, 나노구조 표면에 강하게 흡착되어 있으며 이후에 나노구조를 응용할 때 부정적인 영향을 미친다. 특히, 촉매 반응의 경우 반응물이 나노구조의 표면으로 확산하는 것과 표면에 접촉하는 것을 방해하여 촉매활성도를 크게 떨어뜨린다. 이들의 제거가 필요하지만, 현재까지는 완벽한 제거는 어렵다고 보고되고 있다.

나노구조를 합성하는 또 다른 방법인 기상합성에서는 표면에 흡착되는 유기분자에 의한 문제가 해결될 수 있다. 기상합성법은 아무런 유기분자의 사용 없이 오직 전구물질의 기화와 응축만을 이용하기 때문에 합성된 나노구조는 깨끗한 표면을 갖는다. 따라서 이들이 촉매로 이용되었을 때는 모든 표면이 촉매 반응에 활성을 가지며, 액체상 합성과 비교하여 유기분자를 제거하는 과정이 필요가 없기 때문에 촉매 준비 과정이 효율적이다.

우리는 이번 연구에서, 금 나노구조와 백금 나노구조를 화학 기상 증착법 (CVD)으로 전기적 전도성 기판 (ITO)에 합성하였다. 이 과정 중에 반응 온도가 이들의 성장에 미치는 영향을 연구하였으며 합성된 나노구조로 전기 촉매적 메탄올 산화반응에 대한 촉매 활성도를 확인해보았다.

실험과정

1. ITO 기판을 다이아몬드 칼로 흠을 내어 자른다.

2. 자른 기판을 튜브 속에 넣는다.
3. 기판이 잠길 만큼 아세톤을 넣고 초음파 세척기에 30초 동안 넣다 뺀다.
4. 아세톤을 버리고 에탄올로 3과 같은 과정을 반복한다.
5. 에탄올을 버리고 증류수로 3과 같은 과정을 반복한다.
6. 튜브에서 기판을 꺼내 물기를 제거 한다.
7. 기판의 전기가 통하는 부분이 위로 오도록 패트리 접시 위에 놓는다.
8. 판의 왼쪽에 PtCl_2 를 0.1g을 올려놓는다.
9. 판의 오른쪽에 ITO기판을 올려놓는다.
10. Furnace에 압력, 상압 밸브를 잠근다.
11. 압력계를 켜고 압력 밸브를 돌려서 9.9×10^{-2} torr로 맞춘다.
12. 기체를 넣어준 뒤 압력 밸브를 돌려서 0.7 torr로 기압을 맞춘다.
13. Furnace 뚜껑을 닫고 Furnace를 켜서 온도를 150~400°C로 올린다.
14. 1시간을 기다린다.
15. Furnace를 끄고 뚜껑을 연 뒤 식기를 기다린 후 진공밸브를 잠근다.
16. 적당한 온도에서 상압 밸브를 열고 기체 공급을 중단하고 압력계를 끈다.
17. 기판을 조심히 꺼낸다.
18. 핀셋으로 합성된 기판을 플레이트에 옮긴다. 그 후 현미경을 이용해 관찰한다.
19. 위의 과정을 반복하나 판의 왼쪽에는 Platinum-chloride를 1mg을 올려놓고 반복한다.

실험결과

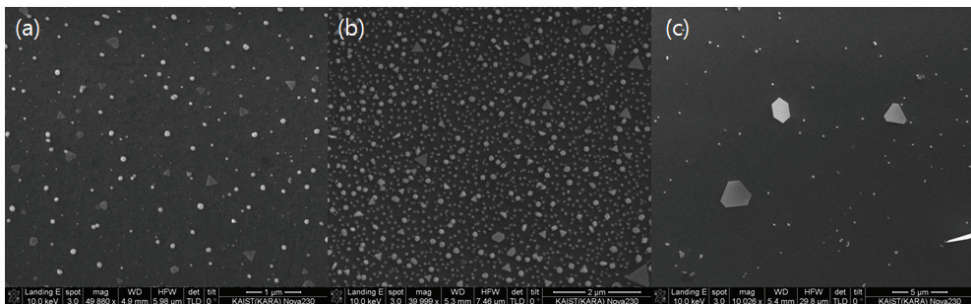


그림 25 금을 합성한 기판의 SEM 사진

우리는 위 실험과정을 통해 다음과 같은 실험결과를 얻었다. 그림 1은 반응 조건에 따라 측정된 ITO 기판 위에 성장된 금 나노구조들의 scanning electron microscope (SEM) 사진이다. 그림1의 a,b,c는 각각 합성 온도를 150°C, 200, 250 으로 하였을 때 합성된 구조들의 SEM 이미지이다. 온도가 증가함에 따라서 입자의 크기가 커지는 것을 확인할 수 있었다. 더

나아가, 온도가 크게 증가함에 따라서 나노입자 뿐만 아니라 판 형태의 큰 나노구조들이 성장하는 것이 관찰되었다.

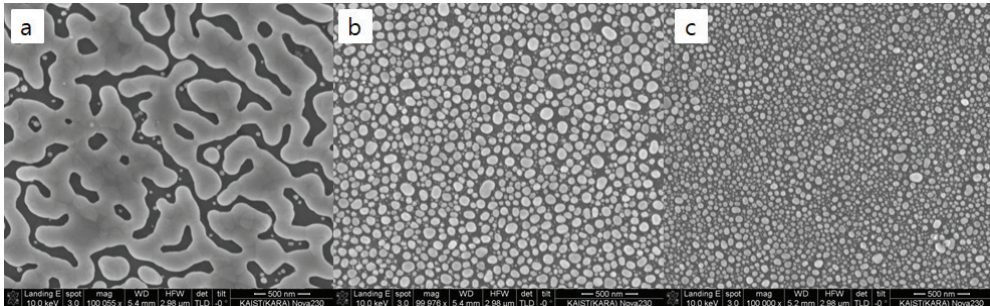


그림 26 백금을 합성한 기판의 SEM 사진

우리는 금에서 더 나아가 백금의 합성도 시도해보았다. 그림 2는 반응 온도에 따라 ITO 기판 위에 성장한 백금의 SEM 사진이다. 그림 2의 a,b,c는 각각 합성 온도를 150, 200, 250 °C로 하였을 때 합성된 구조들의 SEM 이미지이다. 온도에 따라서 성장된 백금 구조가 다르게 성장되는 것을 보았다. 온도가 낮을 때는 나노입자들이 비교적 균일하게 합성되었지만, 온도가 크게 증가함에 따라 나노입자가 성장되기보다 필름으로 증착되는 경향을 보였다.

우리는 합성된 나노구조물을 이용하여 메탄올 산화 반응에 대한 촉매 활성도를 측정해보았다.

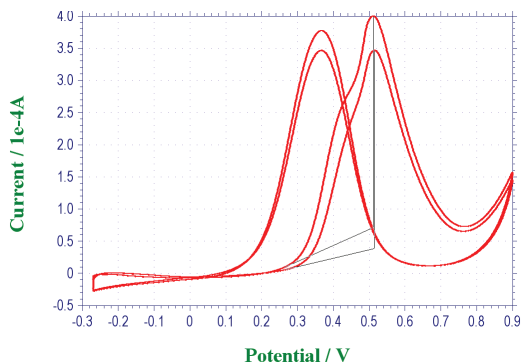


그림 27 백금 촉매와 금 촉매 반응성 그래프

다. 연구 기간의 문제로 백금의 촉매 활성도만을 측정해볼 수 있었다. 그림 3은 ITO 기판 위의 백금 구조체를 이용하여 측정된 전기촉매적 메탄올 산화반응에 대한 전류 vs 전압의 그래프이다. 결과적으로, 합성된 백금 나노구조로부터 메탄올 산화 반응에 대해 아주 큰 촉매활성도를 확인하였다.

결론

백금 나노구조와 금 나노구조를 비교해보았을 때 백금 나노구조의 반응성이 큰 것을 확인하였다.

합성된 백금 나노구조로부터 메탄올 산화 반응에 대해 아주 큰 촉매활성도를 확인하였다.

결과적으로는 백금 나노구조가 금 나노구조에 비해 좋은 촉매라는 것을 알 수 있다.

Part IV. 생명과학반

유전자 재조합을 이용한 T4 유전자 클로닝

학 생: 김민욱(탄방중)
박여리(봉명중)
이연우(탄방중)
이정우(유성중)
임서윤(문정중)
연구멘토: 천유진(KAIST)

I . 초록

우리 심화 과정 생명과학반은 생명과학기술 중 하나인 유전자 조작/편집에 대한 다양한 지식을 쌓았고, 이를 바탕으로 대장균을 활용한 유전자 재조합 실험을 진행하였다. 우리는 이 실험을 통해 대장균으로부터 재조합된 DNA를 추출하고자 하였다. 실험은 PCR, Restriction Enzyme, Ligation, *E.coli* Transformation, Seeding, Mini Prep의 6단계의 과정을 통해 진행되었다. 실험결과 Plasmid가 들어간 대장균을 대량으로 증식시켰고, 증식한 대장균으로부터 Mini Prep를 통해 DNA를 추출하였고 우리의 실험은 성공이었다.

II . 이론적 배경

(1) DNA란?

실험의 이론적 배경을 소개하기에 앞서 먼저 DNA가 무엇인지 정확히 짚고 넘어가자. DNA란 우리 몸에 대한 정보를 담고 있는 유전자 묶음을 말한다. 이중나선 모양인데 이중나선 사이사이에 유전자가 염기서열을 이루며 있다. DNA는 모든 세포의 핵 안에 존재하며 우리 몸에 없어서는 안 되는 중요한 물질이다. 우리가 한 유전자 재조합은 DNA의 한 부분을 자른 후 새로운 유전자를 접합시켜 세포가 새로운 성질을 가지게 한 것이다.

(2) 유전자 재조합이 필요한 이유

현재 유전자 재조합기술을 우리생활 속 많은 분야에서 이용되고 있다. 대표적인 예로 GMO 식품이 있다. GMO 식품은 기존 식품의 생산성을 높이고 품질을 향상시키기 위해 유전자 재조합기술로 변형한 식품이다. 세계인구가 늘어나 식량수요가 급증하는 가운데 유전자 재조합기술이 식량문제 해결에 큰 도움을 줄 것이다. 이 밖에도 유전자 재조합기술은 다양한 분야에 쓰이고 있다.

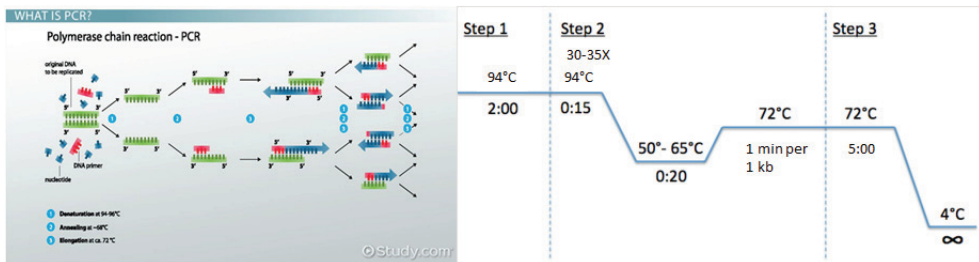
(3) 유전자 재조합의 순서와 과학원리

유전자 재조합은 PCR (Polymerase chain reaction), Restriction Enzyme reaction, DNA Ligation, *E.coli* transformation, Mini-prep, Cloning check 총 7단계로 진행된다.

Ⅲ . 서론

(1) PCR (Polymerase chain reaction)

PCR은 유전자 재조합에 필요한 주형 DNA를 대량으로 복제하는 과정이다. 주형 DNA의 이중나선을 두 가닥으로



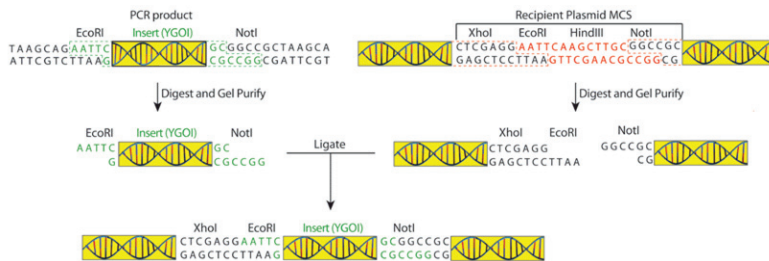
[그림 1] PCR 과정 속 DNA의 변화

[그림 2] PCR 시 온도변화

푼 후 primer 라는 물질을 넣어준다. 이 물질은 분리된 단일 가닥에 각각 한 개씩 붙어 단일 가닥의 염기서열에 맞게 또 하나의 단일 가닥이 된다. 이렇게 되면 주형 DNA 2개를 얻을 수 있게 된다. 같은 과정을 30번 거치면 약 2^{30} 개의 주형 DNA를 얻을 수 있다. PCR 을 할 때 가장 중요한 것이 있다. 바로 적정온도를 맞추는 것이다. 이중나선을 분리할 때, primer와 단일가닥을 붙일 때 각각 적정온도가 있다. 온도가 맞지 않으면 이중나선이 잘 분리되지 않거나, primer가 다른 곳에 붙을 수 있어 적정 온도로 맞추는 것이 무엇보다 중요하다. 오늘날에는 PCR 을 위한 PCR 전용기계가 있어 PCR 을 빠르고 정확하게 할 수 있다.

(2) Restriction Enzyme

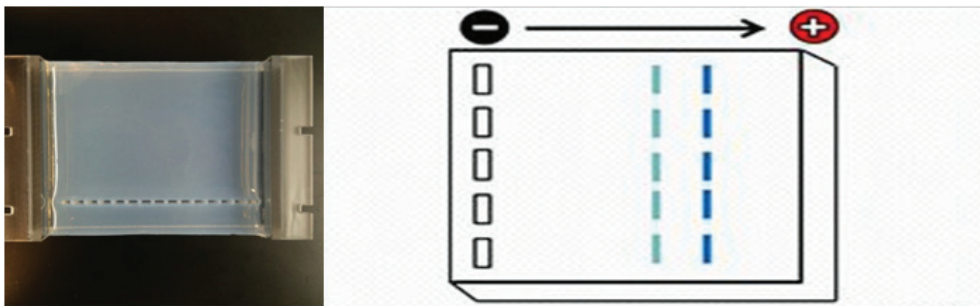
PCR 을 마치면 Restriction Enzyme, 주형 DNA를 자르는 과정을 한다. 물리적인 방법으로 DNA를 자를 수는 없으므로 제한효소 (XhoI, EcoRI), 화학물질을 이용해 자른다. 제한 효소는 DNA 특정 부분의 염기서열을 인지하여 잘라야 하는 곳을 자른다.



[그림 3] Restriction Enzyme 과정

Agarose gel과 전기영동을 이용한 주형 DNA 추출

Restriction Enzyme을 마치면 이제 DNA 튜브에서 주형 DNA만 추출해내야 한다. 그러기 위해서 Agarose gel과 전기영동을 사용한다. Agarose gel은 흰 묵처럼 생긴 고체이다. 다공성 물질이어서 gel 사이사이로 액체가 흐를 수 있다. 이 Agarose gel에 DNA 수용액을 넣어준 후 전기영동 장치에 넣어준다. 전기영동 장치는 전하를 띠는 물질들을 전하세기에 맞게 분리해주는 장치이다. gel을 넣은 전기영동장치에 전기를 흘려주면 DNA조각들이 분류되게 된다. DNA도 부분 음전하를 띠기 때문에 전기영동을 이용해 분리할 수 있다. 이 모든 과정을 거치면 주형 DNA만을 얻을 수 있게 된다.



[그림 4] Agarose gel과 전기영동 과정

(3) DNA Ligation

주형 DNA에 삽입하고자 하는 T4 유전자 DNA를 붙이는 작업인 DNA Ligase를 한다. 이때 앞 Restriction Enzyme 과정에서 주형 DNA를 분리할 때 특정 염기서열을 남기고 잘랐으므로 넣어주고자 하는 T4 유전자의 끝과 끝을 주형 DNA 염기서열과 맞도록 해주어야 한다. T4 유전자를 변환시킨 후 주형 DNA가 담긴 튜브에 넣어준 후 DNA Ligation 과정을 거치면 T4 유전자와 주형 DNA가 붙여진다.

(DNA Ligation 과정은 뒤 실험 과정에서 설명)

(4) *E.coli* transformation

DNA Restriction이 끝나면 T4 유전자를 붙인 주형 DNA를 대장균에 넣어주는 작업인 *E.coli* transformation을 한다. 대장균 안에 주형 DNA를 넣어주기 위해서는 세포막을 유화시키는 과정을 거쳐야 한다. 대장균 세포막은 부분 음전하를 띠기 때문에 똑같이 부분 음전하를 띠는 주형 DNA를 그냥 넣으려고 하면 DNA와 대장균 세포막사이에 반발력이 생겨 쉽게 이루어질 수 없다. 그래서 Ca^{2+} , CaCl_2 이온들을 넣어 세포막을 중성으로 만들어준다. 그리고 단단한 세포막을 뚫기 위해 대장균을 가열해 유화시킨다. 두 과정을 거치면 대장균 안에 주형 DNA가 들어가게 된다. 이로써 *E.coli* transformation이 끝난다.

(5) LA plate seeding

주형 DNA를 대장균 안에 넣기는 했지만, 분명 들어가지 않은 것도 있을 것이다. 그래서 LA plate (페트리 접시)에 대장균을 키워 성장시킴과 동시에 Ampicillin이라는 효소를 넣어준다. Ampicillin은 세포에게 일종의 독약이라 할 수 있는 물질인데 T4 유전자를 가진 세포만 항성을 가지고 있어 세포 안에 주형 DNA (T4 유전자 DNA)를 가지지 않은 세포들은 Ampicillin에 의해 죽게 된다. 이로써 주형 DNA가 포함된 건강한 세포들만 얻을 수 있다.

(6) Mini prep

Mini prep은 세포에서 주형 DNA를 추출해내는 과정이다. 추출해내는 데에는 Solution 1,2,3 총 3가지 약품을 사용한다. Solution 1에는 대장균의 세포벽을 유화시키는 물질이 들어있다. Solution 2,3 에는 각각 강염기, 강산이 들어있는데 강염기로 단백질로 이루어진 세포벽 및 여러 세포 소기관들을 녹인 후 강산으로 중화시키는 작용을 한다. Mini prep을 거치면 많은 주형 DNA를 얻을 수 있다.

(7) Cloning Check

마지막 단계인 Cloning Check 는 주형 DNA안에 T4 유전자가 잘 들어갔는지 확인하는 과정이다. Cloning Check 는 앞에서 설명한 Restriction Enzyme 과정을 다시 한 번 반복해서 확인한다. 앞에서 DNA Ligase를 해서 유전자를 주형 DNA에 넣어주었고, Ampicillin 효소를 넣어주어서 유전자가

잘 접합되어있지 않은 DNA를 모두 제거했지만, 오류가 있을 수 있기 때문에 다시 점검한다. Restriction Enzyme을 하여 유전자를 분리해낸 후 Agarose gel에 넣어 전기영동 시킨 후 자외선을 쬔어 gel을 찍어서 아래 그림과 같이 분리되면 유전자재조합이 완료된다.

IV . 실험 과정

(1) PCR (Polymerase Chain Reaction)

[표 2]

10x ex-taq buffer	2 μ l
2.5mM dNTP	1.6 μ l
주형 DNA (T4 DNA Ligase)	1 μ l
forward primer	1 μ l
reverse primer	1 μ l
ex-taq polymerase	0.2 μ l
distilled water	13.2 μ l
용액의 총 부피	20 μ l

[표 3]

온도	시간	진행 과정
98 $^{\circ}$ C	30초	열변성
98 $^{\circ}$ C	10초	결합 (30회 반복)
55 $^{\circ}$ C	30초	
72 $^{\circ}$ C	60초	
72 $^{\circ}$ C	480초	증폭
4 $^{\circ}$ C	hold	

[표 1]과 같이 시약을 만들고, 이를 튜브에 넣어준다. 이때 ex-taq polymerase를 가장 마지막에 넣는다. 이렇게 만들어진 시약을 피펫으로 잘 섞어준다. 튜브를 PCR 기계에 넣어주면 약 1시간 후에 PCR 과정이 완료된다. 각 과정에서의 온도와 진행 시간은 [표 2]에서 설명하고 있다.

(2) 제한 효소 처리 (Restriction Enzyme Digestion)

[표 4]

주형 DNA (T4 DNA Ligase)	16 μ l
10x restriction buffer	2 μ l
HindIII	1 μ l
Xho I	1 μ l
3' distilled water	-
용액의 총 부피	20 μ l

[표 5]

주형 DNA (백터)	5 μ l
10x restriction buffer	2 μ l
HindIII	1 μ l
Xho I	1 μ l
3' distilled water	11 μ l
용액의 총 부피	20 μ l

제한 효소 처리는 T4 DNA Ligase와, 이를 삽입하고자 하는 벡터에서 각각 진행한다. HindIII는 5`-AAGCTT-3`, Xho I 은 5`-CTCGAG-3`의 DNA 염기서열을 자르는 제한 효소이다. 제한 효소 처리의 모든 과정은 얼음 위에서 진행된다.

[표 3], [표 4]와 같이 필요한 시약을 모두 넣는다. 이 용액을 잘 섞은 후 37 °C Water Bath에서 2시간 반응을 시켜준다.

(3) Agarose Gel 만들기

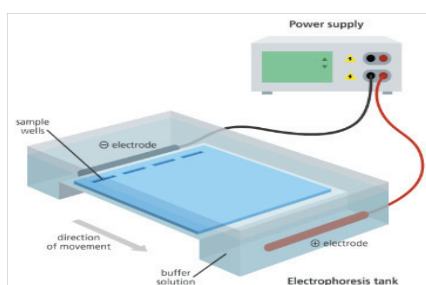
110 ml의 1x TAE buffer를 비커에 담고 1.32g의 Agarose A를 넣는다. 비커를 전자레인지에 3분, 추가로 1분 정도 돌려준다. 5분 정도 shaking하며 식힌 후 5.5 µl의 RedSafe(핵산 염색 시약)를 넣어 섞어준다.

Gel cast에 comb를 넣고 비커의 내용물을 부어 agarose gel을 굳힌다.

(4) Gel Elution

(2)의 과정에서 제한 효소로 처리한 벡터 샘플 (총 20 µl)에 5x loading dye를 4 µl 추가한다. 3의 과정에서 만든 agarose gel에 13 µl씩 2번 loading 해주고, 150V에서 30분 gel running을 진행한다.

[그림 5] gel running



gel running이 끝난 후 UV lamp 위에서 DNA band를 확인하여 gel을 자른 후 gel 조각을 ep-tube에 옮긴다. 자른 조각의 무게를 측정하고 무게의 4배 부피의 Buffer GM을 넣어준다.

37 °C Water Bath에서 15분간 gel을 녹이고, 중간에 vortexing 을 한다.

spin column에 700 μ l 넣어주고 13000 RPM에서 1분간 원심분리하고, 밀의 튜브에 담긴 용액은 버린다. Buffer PW를 700 μ l 넣고 다시 원심분리 해준 후, 밀의 튜브에 담긴 용액을 버린 후 한 번 더 반복한다. 빈 column을 한 번 더 원심분리하고, 위의 column을 분리하여 새로운 ep-tube에 담는다. column에 20 μ l의 3' distilled water를 넣고, 1분 뒤에 원심분리한다.

(5) Ligation

[표 6]

3' distilled water	13 μ l
10x ligation buffer	2 μ l
template 1(백터)	1 μ l
template 2(삽입 DNA)	3 μ l
T4 DNA Enzyme	1 μ l
용액의 총 부피	20 μ l

3' distilled water를 가장 먼저 넣고, [표 5]와 같이 차례대로 나머지 시약을 넣어준다. 가장 마지막에 T4 DNA Enzyme을 넣어준 후, 용액을 잘 섞어서 상온에 2시간 놓아둔다.

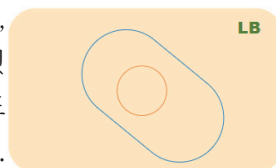
(6) *E.coli* Transformation

영하 80 $^{\circ}$ C에서 꺼낸 대장균은 (5)의 과정의 Ligation 반응물 20 μ l을 넣어주고 ice 위에 박아둔다.

42 $^{\circ}$ C heat block에서 1분 15초, ice 위에서 5분 incubation한다. 1 ml의 LB Media를 넣어주고, 37 $^{\circ}$ C water bath에서 20분 동안 [그림 6]

회복시켜준다. 회복시킨 ep-tube를 원심분리한 후, pellet을 제외한 액체를 따라 버리고 남은 액체를 피펫으로 잘 섞어준다. LA Plate에 유리구슬 5~6개 정도를 넣고 용액의 100 μ l를 따서 LA Plate에 깔아준다.

37 $^{\circ}$ C plate incubator에서 하루 정도 incubation 시켜준다.

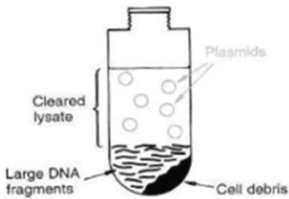


(7) Colony picking (Seeding)

LB Ampicillin 3 ml를 tube에 넣고, colony 중 하나만 이쑤시개로 찍어 tube에 담는다. 37 $^{\circ}$ C에서 하루 동안 대장균을 키운다.

(8) Mini-prep

[그림 7]



대장균 (DH5a) 3 ml 중에 2 ml씩 따서 ep-tube에 옮겨 담은 후, 원심분리 한다. 침전된 대장균에 250 μ l Solution 1을 넣고서 용액에 풀어준다. 250 μ l Solution 2를 넣어준 후에, tube를 조심스럽게 4번 inverting 시켜준다. 뚜껑을 조심스럽게 연 후에, 350 μ l Solution 3을 넣어준 후 5번 inverting 시켜준다.

10분 원심분리 한다.

상층액을 700 μ l 따서 spin column에 넣어준다. 1분 원심분리 하고 밑의 튜브에 담긴 용액은 버린다. 750 μ l Buffer PW를 넣어준 후, 1분 원심분리 하고 다시 밑의 용액은 버린다. 빈 column을 다시 끼우고 원심분리로 남아있는 Buffer를 제거한다. spin column만 새로운 ep-tube로 옮긴다. column에 3' distilled water를 50 μ l 넣어주고 1분 기다린 후, 1분 원심분리 한다.

(9) Restriction Enzyme Check & Gel Running

[표 7]

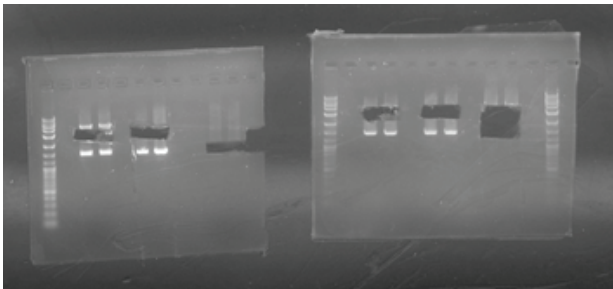
Mini-prep한 벡터	5 μ l
10x restriction buffer	2 μ l
HindIII	0.5 μ l
Xho I	0.5 μ l
3' distilled water	12 μ l
용액의 총 부피	20 μ l

Mini-prep 및 전체적인 과정이 잘 되었는지 보기 위한 단계이다. Mini-prep에서 추출한 벡터를 및 [표 6]에 제시된 시약을 섞어준 후, 한 번 더 Gel running을 한다.

V . 실험결과

(1) PCR과 제한효소 처리의 결과

주로 DNA나 RNA를 크기별로 분류할 때 사용하는 방법인 agarose gel electrophoresis (아가로스 겔 전기영동법)을 통해 결과를 확인할 수 있다.



[그림 8] 크기별로 분류된 DNA가 있는 gel을 UV

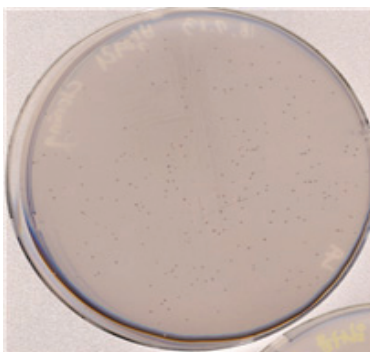
lamp 상에서 본 사진이다

→ 사진을 보면 agarose gel 상에 크기별로 분류된 DNA를 볼 수 있다. 사진 상에서 잘려나간 부분은 다음 과정인 Gel elution을 통해 DNA를 다시 추출해 내기 위해 필요한 부분이다.

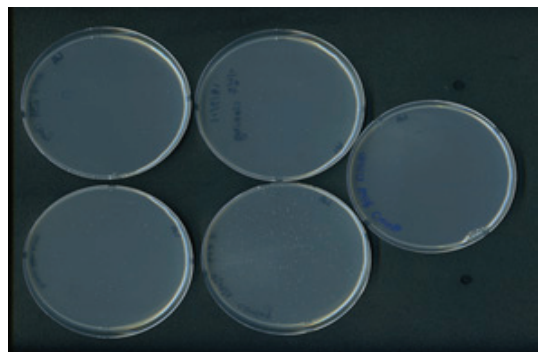
전환)의 결과

제한효소 처리에 의해 잘린 DNA를 결합시키는 DNA ligation과 형질전환을 거쳐 대장균이 재조합된 DNA를 가지고 있는 상태가 된다. 이 대장균을 LA plate에서 배양시킨다.

(2) transformation (형질



[그림 9] 대장균이 가장 뚜렷하게 배양 드러난 plate 결과

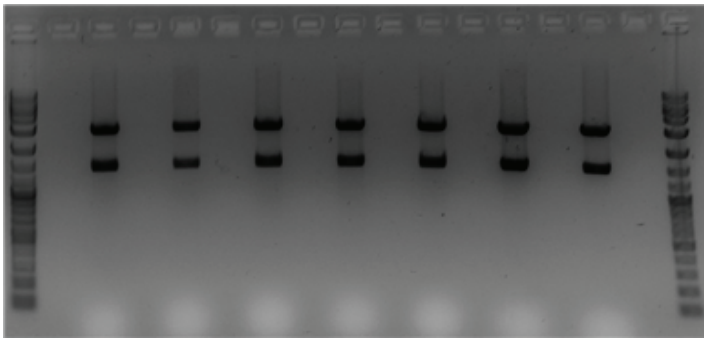


[그림 10] 각각 조원들의 대장균

그림에서 볼 수 있듯이 LA plate에 서 대장균이 배양되어 육안으로 관찰할 수 있을 만큼의 크기와 수가 늘어나게 된다. 그 다음 과정인 LA media seeding에서 대장균의 colony¹⁾를 액체 양분에 배양시켜 mini-prep을 준비하게 된다.

(3) mini-prep의 결과

LA media seeding을 거쳐 DNA를 추출해내기 위해 mini-prep을 거친다. 그 뒤 유전자 재조합의 성공 여부를 확인하기 위해 agarose gel running을 실시한다.



[그림 11] 유전자가 재조합되어 있는 대장균의 gel의 UV lamp상의 사진이다.

UV lamp 위에서 볼 수 있듯이 gel 상에서 두 부분으로 나뉘어져 있다. 위부분은 plasmid(vector)이며, 그 아래 부분은 우리가 재조합시킨 DNA인 것을 알 수 있다. 그림처럼 gel 상에서 분리되었을 경우에 유전자 재조합이 성공적이었음을 도출해낼 수 있다.

이렇게 PCR, 형질전환, mini-prep 등의 여러 실험 과정을 배우고 직접 실험을 실행해보며 순차적으로 얻어낸 위와 같은 결과로 우리의 목적인 유전자 재조합을 통한 T4 유전자 클로닝을 성공시켰다는 것을 확인할 수 있다.

1) colony(집락)-한 종의 미생물이 모여서 눈에 보이는 크기로 자란 덩어리를 집락 'colony'이라고 칭한다
[국내. 저자 없음] 한국미생물학회. "미생물학백과-집락(colony)"

<https://terms.naver.com/entry.nhn?docId=5145093&cid=61232&categoryId=61232>

VI . 결론 및 토의

(1) 실험과정 정리

위 실험은 유전자 재조합이 가능한지 알아보기 위한 목적으로 실행된 실험이며 실험 과정은 다음과 같다. PCR 과정 즉 원래의 유전자를 증폭시키고 제한효소처리를 한다. 여기서 제한효소처리란 원래의 DNA에 일부분을 잘라내는 과정이다. 그다음 ligation 과정을 하는데 이 과정에서는 새롭게 추가될 요소와 잘라낸 부분을 다시 붙이는 과정이다. 그 과정을 한 뒤 *E.coli* Transformation을 한다. 한국어로는 형질전환이라고도 하며 ligation을 한 후 형질을 전환시키기 위해 하는 과정이다. 마지막으로 이 모든 실험이 성공적으로 실행되었는지 확인하기 위해 Mini Prep 이라는 것을 한다.

(2) 자료 분석

위 [그림 9], [그림 11]은 우리가 진행했던 실험에서 나온 그림들이다. [그림 7]은 최종적으로 유전자가 변형된 대장균의 모습이며, [그림 9]는 Agarose gel 이다. 이 [그림 9]는 실험이 성공적으로 실행되었는지를 확인하기 위해 자외선을 쬔서 나온 것이다. 그림을 보면 일렬로 나열되어 있는 두 줄의 선명한 사각형들이 있는데, 윗부분이 기존의 유전자이고 아랫부분이 새로 끼워 넣은 유전자이다. 일렬로 나열한 사각형들의 위치가 높을수록 volume이 더 크다.

(3) 실험 결론

본 실험을 실행한 결과 유전자 재조합을 통해 형질을 전환시키는 것은 가능하다는 결론에 도달하게 되었다. 앞으로 기술이 더 발전하게 된다면 더 큰 단위의 생물도 원활하게 유전자 재조합이 가능할 것이라고 예상하고 있다. 하지만 한편으로는 유전자 재조합이 윤리적으로 옳은 것인지에 대한 고민도 필요할 것 같다.

(4) 실생활에 사용될 수 있는 예

그렇다면 이런 유전자 재조합으로 실생활에 활용되고 응용될 수 있는 부분은 어떤 것이 있을까? 가장 대표적인 것으로는 유전자 변형 식품이 있다. 유전자 변형 식품도 유전자 변형 토마토나 벼, 들깨 등 다양한 분야에서 변형이 되고 있다. 이러한 식품들은 단점을 보완하기 위해서 인위적으로 DNA를 바꾼다. 이러한 식품 덕분에 우리는 더욱 영양물질이 많고 신선한 음식을 섭취할 수 있지만 생태계를 크게 변화시킬 수 있고 유전자 변형이 어떤 화학 반응을 일으킬지 모르기 때문에 우려하는 사람들도 많다. 그렇기 때문에 유전자 재조합 기술은 새로운 분야를 구현하고 대중화시킬 때 이상이 있는지에 대한 수많은 검토가 필요하다고 생각한다.

RR 2018-011

2018 KAIST 글로벌영재교육원 심화과정 연구결과 보고서

발 행	2018년 11월 17일
발행인	이 창 옥
발행처	KAIST과학영재교육연구원
주 소	305-701 대전광역시 유성구 문지로 193 전화: 042-350-6211 팩스: 042-350-8660 http://gifted.kaist.ac.kr
인쇄처	과학문화사 042-863-5095

보고서 내용의 무단 복제를 금함.

