



## London DNA Foundry

### 과제

과학 연구에서 통계적 검증력을 심화하기 위해 반복은 필수지만 접근 방식을 안내할 프레임워크가 없다면 시간 소모가 큼니다.

## 생물공학을 혁신하는 로봇

London DNA Foundry, JMP® 실험 자동화의 계기를 열다

David McClymont 박사는 엔지니어링 자동화와 시험 개발 전문지식 이 풍부하지만 이 둘을 적절히 조화시키는 작업이 어떠한 것인지 잘 알고 있습니다. 그는 London DNA Foundry의 자동화 부문 책임자로서 다양한 합성생물학 프로젝트를 지원하기 위해 여러 로봇 시스템을 실행하여 과학자들이 생물학 연구 혁신의 원형을 만들고 상용화하도록 지원합니다. London DNA Foundry는 '합성 DNA의 설계와 조립, 검증, 특성화'를 전문으로 하며, 과학자들은 London DNA Foundry가 아닌 곳에서는 이용할 수 없었을 최첨단 로봇 공학과 자동화된 분석 장비, 멘토십과 훈련 등을 이용합니다. 합성생물학 연구의 상용화를 촉진하는 것이 그 목적입니다.

자동화 부문을 총괄하는 McClymont는 London DNA Foundry를 이용하는 스타트업 기업의 컨설턴트로 활약합니다. "스타트업의 목표는 각각 다르지만 유전자와 유전자 구조를 형성하는 표준화된 방식은 동일합니다." "그래서 우리는 여러 유전자를 한데 모아 거의 모든 기능에 적용할 수 있도록 근본적으로 범용으로 사용 가능한 로봇 플랫폼을 만듭니다. 표준화된 DNA 구축 기법을 이용하는 실험설계법은 다양한 바이오테크 응용 분야의 거의 모든 요구에 부합한다고 생각합니다."

### 자동화로 가능해진 재현성

생물학 연구에서 재현성과 통계적 검증력은 어디에서나 볼 수 있는 쟁점입니다. 이들은 크게 두 가지 문제에서 출발합니다. 1) 수동으로 실험을 실시하고 재현하는 데 걸리는 시간, 2) 생물학자에 대한 통계 교육과 지원이 제한적인 탓에 생물학적 문제에 통계를 적용하기 어렵다는 점.

재현성을 높이려는 목표에 따라 통계적 요건이 엄격해지는 상황에서 McClymont는 이렇게 말합니다. "투자자들과 학술지에서 엄격히 단속하는 경우가 많아졌습니다. 특히 동물 체내 연구의 경우, 검증력 분석을 실시하고 탄탄한 실험 설계를 보장하라는 압력이 있습니다." 심화된 통계 분석을 요구하는 것은 학술지만이 아닙니다. 연구자들 스스로도 복잡한 질문에 답할 수 있도록 더 세심하게 맞춰진 데이터를 추출하는 방식으로 실험을 설계하고 재현할 필요성을 깨닫고 있습니다.

과학자들은 London DNA Foundry에서 이용할 수 있는 최신 자료를 가지고 대형 실험에 자동화 실행을 적용하여 첫 번째 문제를 극복합니다. 여러 사람이 실험을 직접 수행할 경우 편향성과 불일치성이 발생하기 쉽지만 이러한 문제가 사라졌습니다. "자동화란 본질적으로 추가 반복을 무료로 실행하는 과정입니다." 그가 설명합니다. 게다가 자동화를 통해 단조로운 로봇 제어 작업을 건너뛸 수 있으므로 연구 시간을 추가로 확보하고 연구 주제에만 집중할 수 있습니다.

그는 London DNA Foundry의 팀원들과 함께 두 번째 문제를 해결하려고 노력하는 중입니다. DOE 같은 통계 기법을 로봇 설계와 지원 시스템에 바로 통합하여 분석을 사용하는 데 필요한 지식의 문턱을 낮추고 과학자가 연구를 수행하면서 통계를 배우도록 지원합니다.

### 통계 통합을 위한 강력한 프레임워크 구축

다양한 인자가 존재하는 기회 공간에서 인과관계를 수립하는 통계 방법인 DOE를 이용하면 동일한 실험에서 여러 모수를 평가할 수 있으므로 연구 과정을 가속화하고 일관성 있는 고품질 데이터를 생성할 수 있습니다. 이것은 London DNA Foundry의 기업 목표에서 특히 중요한 부분입니다. SynbiCITE의 CEO인 Stephen Chambers는 "[기업가적인 생물학자들]이 생성하는 데이터는 투자자들이 회사에 투자하도록 설득할 수 있어야 합니다. [과학]에 대해 어떤 의구심도 남기면 안 됩니다."라고 강조합니다.

단순히 실험을 최대한 많이 하는 무차별적인 접근 방식 대신, DOE는 연구 설계와 실행을 안내하는 견고한 프레임워크를 추가하므로 시작부터 끝까지 자동화의 막강한 힘을 이용할 수 있습니다. McClymont는 "단지 반복을 더 수행하는 것이 아니라 더욱 스마트한 반복을 진행하여 더 가치 있는 모형을 구축하는 것이 궁극적인 목표입니다."라고 말합니다.



JMP에서 높은 수준의 실험 설계와 통계 분석을 할 수 있는 인터페이스를 얻은 셈입니다. 시스템을 통해 유전자 공학 적용 분야에서 표준, 재현성 및 데이터 해석 등 전반적인 수준을 손쉽게 향상할 수 있습니다.

David McClymont, 자동화 부문 책임자



그렇다면 DOE는 어떻게 로봇 시스템에 통합될까요? McClymont는 이렇게 설명합니다. "우리는 JMP Custom Design에서 만든 실험 설계를 기본적으로 수용할 수 있는 소프트웨어 계층을 구축하고, 이것을 로봇에서 실행될 수 있는 형태로 변환해야 했습니다. JMP는 [로봇에게] 실험이 무엇인지를 설명할 수 있습니다. JMP가 사용하는 언어를 로봇이 사용하는 언어로 번역하고 바로 이 작업을 하는 소프트웨어를 구축하는 것입니다."

DOE와 로봇 공학이 결합하면 그 강력함이 더욱 특별해집니다. 지루하고 반복적인 작업에 시달리며 관리만 하는 실험실 환경이라는 부담에서 벗어나 다른 곳에 에너지를 쓸 수 있기 때문입니다. "몇 주나 소요되는 과정을 말할 때 거기에 필요한 사고와 집중력은 [말할 것도 없고], 이것을 '클릭하여 바로 이동'할 수 있는 작업으로 변환하는 모든 과정 덕분에 우리 과학자들은 엄청난 자유를 누릴 수 있게 되었습니다. 해석이나 모형화, 다음 실험에 대한 고민 같은 더 중요한 일에 정신을 쏟을 수 있습니다. 소프트웨어와 로봇이 이 모든 지루한 작업을 과학자 대신 처리하도록 할 수 있습니다." 자동화된 DOE의 '클릭하여 바로 이동'할 수 있다는 장점 덕분에, 복잡한 통계 전문지식이 부족한 과학자도 통계 지식을 공부하면서 연구를 계속할 수 있습니다.

## 통계에 문외한인 과학자를 위한 직관적 소프트웨어

처음에 London DNA Foundry에서 DOE에 JMP를 쓰겠다는 것은 Chambers의 결정이었습니다. 그러나 McClymont 도 이 방법을 배우는 것에 잠시 관심을 가졌던 적이 있었고 통계 모형화를 로봇 공학에 적용하는 계획에 대한성이었습니다. 그는 "미생물의 역엔지니어링 작업에서 선별만으로는 불충분하며 앞으로 유전자 수준의 DOE 접근방식이 꼭 필요하다고 생각했습니다."라고 말합니다.

McClymont는 예전에 다양한 통계 패키지를 사용해 보았고, JMP 인터페이스는 그가 필요로 하는 것에 매우 적합했습니다. "[JMP]는 과학자나 생물학자가 상호작용하는 방식에 기초를 둡니다. 소프트웨어가 무엇을 하는지 파악하는 데 모든 시간을 들이기보다 정확히 목표를 향해 할 일을 한다는 점이 마음에 들었습니다. [JMP]는 제가 소프트웨어에게 기대하던 작업을 수행했고 덕분에 그 부분을 건너뛰고 진행할 수 있었습니다."

JMP를 통해 실험 공간을 전체적으로 볼 수 있으므로 견고하면서도 단순한 통계적 기반으로 뒷받침하면서도 자신의 연구 접근방식을 새로운 시각으로 상상해 볼 수 있습니다. "JMP만큼 사용하기 간단한 것은 본 적이 없습니다. DOE [응용 프로그램]과 Custom Design은 매우 직관적입니다. 적합 모형 플랫폼 역시 그렇습니다. 전에 사용했던 다른 소프트웨어와 비교해도 JMP만큼 직관적이고 강력한 제품은 없었습니다." London DNA Foundry 연구자들에게 특히 유용한 것은 프로젝트의 수명 주기 전체에 걸쳐 지원 가능한 종합적인 통계 기능 세트입니다. "하나의 소프트웨어 안에서 DOE와 모델링이 가능합니다. 사람들이 JMP를 사용하도록 만드는 가장 큰 장점이 아닐까 합니다."

McClymont는 DOE의 중요도와 JMP의 유틸리티에 대해 강한 믿음을 갖고 있습니다. London DNA Foundry의 모든 스타트업에게도 사용해 볼 것을 강력히 권합니다. JMP 소프트웨어를 실험실의 로봇 공학 시스템에 구축하고 자동화 실험에서 간단히 DOE를 실행할 수 있게 되자 London DNA Foundry의 연구자들이 JMP를 외면하기가 더욱 힘들어지고 있습니다. 바로 이것이 포인트입니다.

McClymont는 "생물학자가 원하는 로봇 시스템의 다양한 사용 방식에 호환되는 인터페이스가 있고 원하는 기능을 훌륭하게 수행하므로 JMP로 높은 수준의 실험 설계와 통계 분석이 가능합니다"면서 다음과 같이 말합니다. "자동화된 시스템을 통해 유전자 공학 적용 분야에서 표준, 재현성 및 데이터 해석 등 전반적인 수준을 손쉽게 향상할 수 있습니다."

## 해결책

실험계획법(DOE)은 효율성이 보장되며 자동화된 반복 연구의 설계와 실행에 집중할 수 있는 통계 구조를 마련해 줍니다.

## 결과

자동화 덕분에 단조로운 작업에서 해방된 연구자들이 재현성을 높이고 높은 수준의 아이디어와 연구 과제에 집중할 시간을 확보합니다.

가까운 JMP 지사에 문의하려면 다음 사이트를 방문하십시오. [jmp.com/offices](http://jmp.com/offices)



SAS와 기타 모든 SAS Institute Inc.의 제품과 서비스 명은 미국과 다른 나라의 SAS Institute Inc.의 상표이거나 등록상표입니다. \*은 미국 등록을 나타냅니다. 다른 브랜드와 상품명은 각 회사의 상표입니다. Copyright © 2018, SAS Institute Inc. All rights reserved. 109481\_G73684.0418

본 문서에 수록된 결과는 제시된 상황과 사업 모델, 데이터, 컴퓨팅 환경에 한정됩니다. SAS 고객의 사례는 사업 변수와 기술적 변수에 따라 저마다 다르며 기술한 내용은 모두 특수하다고 여겨야 합니다. 실제 점검결과 결과, 성과는 각 고객 구성 및 조건에 따라 달라집니다. SAS는 고객 누구나 유사한 실적을 거두리라고 보장하거나 약속하지 않습니다. SAS 제품과 서비스에 대한 보증은 그 제품과 서비스에 대한 서면 약정서상의 보증 조항에 명시된 보증뿐입니다. 본 문서의 어떤 내용도 추가 보증으로 간주하면 안 됩니다. 고객은 SAS 소프트웨어를 성공적으로 구현한 후에 계약에 따라 SAS에게 그 내용을 요약해 제공한 것입니다.