

RetroScope 사용법 RetroScope Manual

정우근

Chung Woo-Keun

부산대학교 컴퓨터공학과

wkchung@pusan.ac.kr

ABSTRACT

본 보고서는 RetroScope 의 사용방법 및 RetroScope 에서 제공되는 정보가 어떠한 Genomic Data 를 제공하는지 알아보도록 하겠다. 현재 많은 Genomic Browser [10], [1], [8], [7], [14], [12] 가 제공되고 있다. RetroScope 는 역시 Genome Browser 이다. 다른 Browser 와 동일하게 Genomic Data 에 시각화를 제공하고, 특이점 또는 비교 분석이 가능하게 한다. RetroScope 는 Retro Element 에 대한 시각화를 제공하고 있다. RetroElement 에 대한 비교 분석이 가능하고, 검색, 그리고 Exon & Intron 위치 분석이 가능하다. RetroElement 는 전 유전체의 45% 를 차지하고 있다. RetroScope 는 전 Genome 상에 존재하는 Retro Element 데이터 즉, ERV(Endogenous Retro Viruses) 데이터를 시각화하는 Browser 이다. RetroScope 는 ComponentWare 기반환경으로 구성되어 있으므로, 어떠한 환경에서 시각화를 제공한다. 본 보고서에서는 RetroScope 에서 제공되는 시각화 및 사용방법에 대해서 알아보도록 하겠다.

KEYWORDS Genome Browser, RetroElements, ERV, Endogenous, Retro Viruses

1 Introduction

전유전체의 비교를 통하여 인간 특이적인 유전자를 밝혀 내고 있는 실정이다. 이러한 유전체들을 비교하고, 특이적인 유전자의 특징을 밝혀내는 일에 큰 몫을 하는 것이 바로 Genome Browser 이다. 이러한 Genome Browser 는 개인 적인 연구, 또는 한 단체에서의 연구에서 쓰이나 공개된 Browser 도 많은 실정이다. 우리는 이렇게 공개된 Browser 를 통하여 인접한 유전자간의 관계를 중간 전유전체적으로 분석하고 있으며 이러한 Browser 를 통해 사용자 또는 biologist 에게 정보를 제공하고 있다. 이렇게 공개된 Browser 를 통하여 우리는 생물정보학 에 많은 기여를 하고 있다. 하지만 우리는 이러한 Browser, 또는 연구를 통하여 제공되는 유전자간의 관계를 전 유전체적으로 알 수 있으나, 이러한 원인이 되는 DNA 재배열과 retroelement 의 삽입에 대해서는 알 수가 없다. 그리하여 본 논문에서는 이러한 원인이 되는 것중 하나인 RetroElement 에 대하여 시각화를 제공하며 분석하고자 한다. 다양한 유전자들이 진화상에서 DNA 재배열에 의해서 gene family 를 형성하거나, 사라지기도 한다. 이러한 재배열의 가장 큰 요인은 염기서열을 유사성을 가진부분에 의한 것이다. 따라서 유전체 전반에 산재해 있고, 염기서열의 유사성이 높은 레트로 엘리먼트와의 위치규명이 필요하다. 실제로 이러한 현상이 일어나곳에 서의 경계선은 레트로엘리먼트의 비중이 높다고 알려져있다. 이렇듯 우리는 레트로 엘리먼트와의 위치 규명이 필요한 실정에 임하여 각 염색체에 존재하는 RetroElement 들을 시각화 하고자한다. 전 보고서에서는 RetroScope 의 구성 및 제공되는 시각화에 대하여 논의한 바가 있다. 본 보고서에서는 RetroScope 의 사용의 향상성을 위하여 제공되는 UI와 시각화에 대하여 좀 더 자세히 알아 보도록 하겠다.

2 UI & Visualization

본 단락에서는 전 보고서에서 충분한 설명이 부족하였던 UI 와 제공되는 시각화가 무엇을 제공하는지에 대해서 자세히 알아보도록 하겠다. RetroScope 에서 기본적으로 1 처럼 비교 분석이 가능한 시각화를 제공하고 있다.

제공되는 시각화는 창을 2 개로 분할하여 사용자에게 비교 분석이 쉽도록 제공하고 있다. 사용자에게 제공되는 옵션은 종, 염색체, RetroElement Name 을 개별적으로 변경하여서 비교 분석이 되도록 제공된다. 그림 6 에서 보이는 것처럼 기본적으로 제공되는 시각화는 각 염색체에 존재하는 RetroElement 와 각 염색체 Detail 버튼을 활성화 하여서 더 많은 정보를 제공하고자 한다. 그림 6 에 보면 사용자가 선택한 종, 염색체 과 RetroElement 를 시각화해준다. 빨간색은 염색체를 뜻하며, 검은 수직 실선은 Retro Element 을 뜻한다.

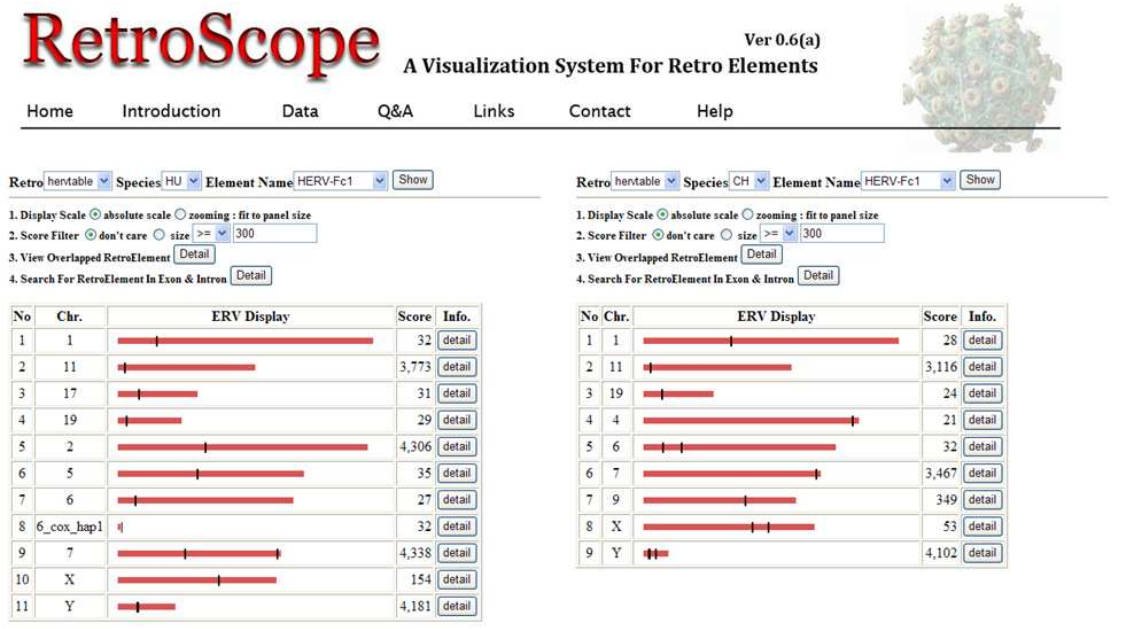


그림 1. RetroScope 에서 제공되는 기본 화면이다. 기본적으로 비교 분석이 가능하도록 프레임 을 나누었다. 사용자는 서로 각기 다른 종, 염색체 그리고 RetroElement 를 선택하여 비교 분석이 가능하다. 각 염색체마다 제공되는 **Detail** 는 각 종에 존재하는 Exon 또는 Intron 위치에 RetroElement 가 존재할 경우 그것에 대한 시각화를 제공하는 것이다. 그림 3 은 Human, 11 번 염색체에 HERV1.LTR 이 Human, 11 번 염색체에 존재하는 Exon 또는 Intron 좌표에 RetroElement 가 존재한다는 것을 나타낸다. 또한 꼭 RetroElement 위치가 Intron 위치 좌표 안에 포함 되는 것이 아닌, 기존의 크기에서 0.5K, 1K, 2K, 3K 의 앞에 존재하는 RetroElement 들도 보여 주고 있다.

앞서 설명한 RetroScope 에서 제공되는 기본적인 시각화를 제외하고 추가적인 시각화 및 사용자에게 제공되는 UI 에 대하여 알아보겠다. RetroScope 에서는 기본적으로 그림 2 과 같이 메뉴를 제공하고 있다. 메뉴는 총 4 가지로 이루어져 있다. 그림 2 에 보이는 1 번 메뉴 **1.Display Scale** 는 기본적으로 제공되는 시각화 즉, 그림 6 에서 염색체의 크기를 제공되는 테이블의 크기에 맞추는 것 **zooming** 옵션, 그리고 각각의 염색체의 크기에 맞게 시각화를 제공하는 것 **absolute scale** 에 해당한다. 2 번 메뉴는 **2.Score Filter** 는 기본적으로 제공되는 시각화 에서 Score 값을 Filtering 을 통하여 사용자가 보고자 하는 정보만을 볼수 있도록 서비스를 제공한다. Filtering 통하여 사용자는 좀더 면밀한 정보를 제공받을수 있을것이다. 3 번 메뉴 **ViewOverlapped RetroElement** 는 각 염색체 동시에 존재하는 RetroElement 를 중첩된 시각화를 제공하여 염색체에 분포되어 있는 RetroElement 를 중첩적으로 볼수가 있다. 염색체 존재하는 RetroElement 들을 사용자가 선택적으로 선택하여서 시각화를 제공 받을 수 있다.

3 번 메뉴인 **3.View Overlapped RetroElements** 그림 9 는 사용자의 선택에 따른 각 염색체에 존재하는

1. Display Scale absolute scale zooming : fit to panel size
 2. Score Filter don't care size
 3. View Overlapped RetroElement
 4. Search For RetroElement In Exon & Intron

그림 2. 기본적으로 제공되는 비교 분석을 제외하고 선택할 수 있는 메뉴이다. **1.Display Sclale** 은 염색체의 크기를 전부 동일한 사이즈로 보여주는 zooming 모드와 absolute 모드가 있다. **2.Score Filter** 는 Retro Element의 Score 크기를 Filtering 하기 위한 메뉴이다. **3.View Overlapped RetroElement** 는 RetroElement 를 Overlapped 으로 시각화를 제공하여 각 염색체에 존재하는 RetroElement 들의 분포도를 알수가 있다. **4.Search For RetroElement In Exon & Intron** 는 RetroElement 가 Intron 또는 Exon 에 존재하는지 여부 판단을 위한 검색 시스템이다. Gene 또는 Retro Element Name 으로 검색이 가능하다.

RetroElements 을 선택하여 시각화를 제공할 결과이다. 각 염색체에 존재하는 RetroElement 을 시각화에 어려움을 없애기 위하여 각 RetroElement 들을 다른 색깔로 구분지어 제공하였다. 제공되는 창에서는 기본적으로 정보도 제공되어있다. 이런 중첩된 RetroElement 들을 선택하는 부분은 그림 10에 해당한다. 해당 조건에 따른 선택을 통하여 제공되는 RetroElement 들을 선택하여 View 버튼을 통하여 그림 9의 결과물을 얻을 수가 있다. 난해한 정보를 피하기 위하여 선택할수 RetroElement 의 갯수는 3개로 조정하였다. 4번 메뉴인 **Search For RetroElements In Exon & Intron** 은 RetroElements 위치가 Intron & Exon 위치에 존재하는지에 대한 여부를 검색을 통하여 알아 볼수 있도록 제공한 서비스이다. 4번 메뉴에서 기본적으로 제공되는 화면은 그림 7에 해당한다. 사용자는 옵션값으로 기본적으로 Gene 또는 RetroElements로 검색할 수 있다. Gene으로 검색할 경우 사용자는 중, Gene Name과 부가적으로 Intron 앞영역에 존재할지도 모르는 RetroElements에 대하여 Range 위치 값도 부가적으로 할당할 수가 있다.

Retro Infomation

Species	HU
Retro Name	HERV1_LTR
Chromosome	11
No. of Copies	6

ID.	score	Similarity	strand	0.0K	0.5K	1.0K	2.0K	3.0K
1	416	92.9	-	None	None	None	None	None
2	28	87.1	+	None	None	None	None	None
3	134	82.4	+	None	None	None	None	None
4	45	84.5	+	None	None	None	None	None
5	193	81.9	+	None	None	None	None	<input type="button" value="View"/>
6	67	78.3	+	None	None	<input type="button" value="View"/>	<input type="button" value="View"/>	<input type="button" value="View"/>

[Close]

그림 3. 그림 1에서 보이는 Detail 버튼을 클릭 했을때 나타나는 정보 창이다. Human, 염색체 11번, HERV41.LTR 이 존재하는 Exon & Intron 를 찾아준다. 또한 단일 위치가 아닌 Intron의 시작지점에서 0K, 1K, 2K, 3K 앞에 존재하는 RetroElement의 위치 좌표도 보여주고있다. 각각의 위치마다 개별로 버튼을 제공하여 시각화를 제공한다. 그림 4의 경우 Intron 좌표앞에 3K에 존재하는 RetroElement를 보여주는것이며, 그림 5의 경우는 기존의 Intron 좌표안에 존재하는 RetroElement를 보여주고 있다.

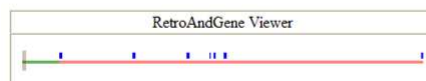
또한 GeneName 을 선택하더라도 선택한 Gene 에 대하여 내포하고 다른 위치 값을 가지고 있는 Gene 또한 존재하여서 사용자가 추가적으로 선택할수도 있다. 사용자가 옵션값을 모두 선택한 뒤 활성화되어 있는 버튼을 이용할 경우 그림 8와 같은 결과 값을 가지게 된다. 해당하는 결과 값은 사용자가 선택한 옵션값에 해당하는 모든 결과값을 다 출력해주고 추가적인 정보는 테이블로 보여준뒤, 해당하는 정보 하나하나에 버튼을 활성화하여서 시각화를 제공할 수 있도록 제공하였다. 예를 들어 중에 다른 염색체 존재하는 RetroElements 의 종류는 여러가지 이므로 이때 해당하는 정보를 전부 제공하여 준다. 여기서 테이블에 존재하는 버튼을 통하여 결과값을 시각화 할 경우 그림 4,5 와 같은 시각화를 얻을 수가 있다.

Information of Retro And Gene

Information of RetroElement

Species	Human
Chr	chr1
RetroName	HERV4_LTR
Start	32856945
End	32857214

No.	Species	Chr	Gene Name	RefSeqName	Pos.	Direct	Direct Color
1	Human	chr1	ZBTB80S	NM_178547_Human_14218	32859893 - 32888772	-	Blue



[Close]

그림 4. 그림 3에서 보이는 3K 에 View 버튼을 클릭했을시 제공되는 시각화이다. 기본적인 정보는 테이블에 제공되며, 빨간선은 Intron 을 뜻하며, 빨간선위에 존재하는 파란점은 Exon 좌표를 뜻한다. 초록색은 Intron 좌표에서 3K 만큼에 대한 시각화를 나타낸것이다. 초록색선 앞에 존재하는 회색 수직선이 RetroElement 에 해당한다.

그림 5 은 그림 6 에서 보이는 **Detail** 에서 제공되는 정보 창이다. 테이블에서는 기본적으로 RetroElement 정보를 테이블로 제공하며, Gene 에 대한 정보도 테이블로 제공하고 있다. 그림 5 에서는 RetroElement 가 속하는 Intron 의 정보가 2개 인 것이다. 빨간색 바는 Intron 을 뜻하며, 빨간색 위에 존재하는 빨간색 점들은 Exon 정보를 나타낸다. 중간에 보이는 회색선이 RetroElement 가 위치하고 있는 좌표를 보여주고있다. 그림 5에서 제공되는 정보는 기본적인 Intron 위치 안에 RetrtoElement 가 존재하는 것이다.

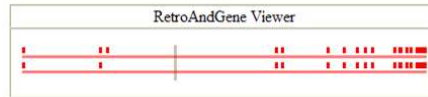
그림 4 은 그림 6 에서 보이는 **Detail** 에서 제공되는 정보 창중 하나이다. 그림 5에서 보이는 버튼중 0.5K, 1K, 2K, 3K 에서 제공되는 창이다. 현재 보이는 그림 4 에서는 3K 버튼에서 제공되는 창이다. Intron 위치에 존재하지 않고 Intron 의 시작 위치에서 3K 안에 존재하는 RetroElement 를 찾는 것이다. 시각화에 보이는 초록색 바가 3K의 길이를 나타내고 있으며 나머지 정보는 그림 5과 동일하다.

Information of Retro And Gene

Information of RetroElement

Species	Human
Chr	chr1
RetroName	HERV4_LTR
Start	6036937
End	6037331

No.	Species	Chr	Gene Name	RefSeqName	Pos.	Direct	Direct Color
1	Human	chr1	KCNAB2	NM_003636_Human_13776	6008966 - 6083110	+	Red
2	Human	chr1	KCNAB2	NM_172130_Human_13777	6008966 - 6083110	+	Red



[Close]

그림 5. 그림 4와는 달리 기본적으로 Intron 좌표에 안에 존재하는 RetroElement에 대한 시각화를 제공하고 있다.

3 Conclusion

최근 전유전체의 비교를 통하여 인간 특이적인 유전자를 밝혀 내고 있는 실정이다. 또한 인접한 유전자간의 관계를 중간 전유전체적으로 분석하고 있으며, Browser를 통하여 biologist 또는 사용자에게 제공되고 있다. 우리는 이러한 브라우저, 또는 연구를 분석하였으나, 이러한 원인이 되는 DNA 재배열과 RetroElement의 삽입에 대해서는 알 수가 없다. 그리하여 전 보고서에서는 RetroElement 데이터를 시각화하는 툴인 RetroScope를 제안 하였다. 전 보고서에서 제안한 RetroScope는 Component Ware 방식으로 어떠한 환경에서도 서비스를 제공할 수 있었다. 본 보고서에서는 전 보고서에서 미비하였던 RetroScope의 UI 그리고 사용법에 관하여 논의 하였다. RetroScope에서는 기본적으로 RetroElement에 대한 비교 분석을 제공하였고, 각각 염색체에 존재하는 RetroElement들에 대하여 Exon & Intron 위치에도 존재하는지에 대한 여부를 판단하여 시각화를 제공하였다. 이러한 시각화를 통하여 Biologist들은 Intron & Exon 정보와 위치하고 있는 RetroElement들을 알아내어, 자신의 연구에 맞도록 이용될 것이다. 또한 각종, 염색체에 존재하는 RetroElement들에 대하여 중첩적인 시각화를 제공하였다. 중첩적인 시각화는 사용자의 편의를 위하여 서로 각기 다른색, 다른 위치를 통하여 가독성을 높이는 시각화를 제공하였다. 이러한 시각화를 통하여 각종, 염색체에 존재하는 RetroElement들의 분포 위치 판단이 가능하다. 또한 Exon & Intron 위치에 존재하는 RetroElement들을 검색할 수 있는 서비스를 만들어 좀더 편한 서비스를 제공하였다. 또한 서비스를 통해 나오는 결과 값에서는 바로 시각화를 제공할 수 있도록 하여 편의를 도모하였다. 향후 연구로는 Exon & Intron 위치에 존재하는 RetroElement에 대한 시각화에 대하여 단계적 시각화를 제공함으로써 좀더 자세한 정보를 제공할 수 있도록 개발되어야 한다. 또한 특정 염색체에 존재하는 RetroElement들에 대한 정보 값을 출력할 수 있거나와 해당 DNA Sequencing도 제공하였으면 한다.본 보고서에서 제공한 RetroScope를 통하여 RetroElement에 대한 연구가 활발히 진행되어 좀더 생물학적인 방면에 많은 기여가 되었음을 바라는 바이다.

참고 문헌

1. Ewan Birney, T. Daniel Andrews, Paul Bevan, Mario Caccamo, Yuan Chen, Laura Clarke, Guy Coates, James Cuff, Val Curwen, Tim Cutts, Thomas Down, Eduardo Eyra, Xose M. Fernandez-Suarez, Paul Gane, Brian Gib-

No	Chr.	ERV Display	Score	Info.
1	1		418	detail
2	10		437	detail
3	11		416	detail
4	12		70	detail
5	13		299	detail
6	14		303	detail
7	15		420	detail
8	16		123	detail
9	19		440	detail
10	2		28	detail
11	21		415	detail
12	22		103	detail
13	3		119	detail
14	4		83	detail
15	5		45	detail
16	6		410	detail
17	7		414	detail
18	8		458	detail
19	X		248	detail
20	Y		265	detail

그림 6. RetroScope 에서 기본적으로 제공되는 시각화이다. 선택된 종, 그리고 RetroElement가 존재하는 영역을 각 염색체마다 보여주고 있다. 빨간색이 염색체의 크기를 뜻하고, 검은 수직 바가 염색체 존재하는 RetroElement 를 뜻한다.

bins, James Gilbert, Martin Hammond, Hans-Rudolf Hotz, Vivek Iyer, Kerstin Jekosch, Andreas Kahari, Arek Kasprzyk, Damian Keefe, Stephen Keenan, Heikki Lehvaslaiho, Graham McVicker, Craig Melsopp, Patrick Meidl, Emmanuel Mongin, Roger Pettett, Simon Potter, Glenn Proctor, Mark Rae, Steve Searle, Guy Slater, Damian Smedley, James Smith, Will Spooner, Arne Stabenau, James Stalker, Roy Storey, Abel Ureta-Vidal, K. Cara Woodwark, Graham Cameron, Richard Durbin, Anthony Cox, Tim Hubbard, and Michele Clamp, An Overview of Ensembl, *Genome research* **14** (2004), 925-928.

2. Kushal Chakrabarti and Lior Pachter, Visualization of Multiple Genome Annotations and Alignments With the K-BROWSER, *Genome research* **14** (2004), 716-720.
3. Andrew B. Conley, Jittima Piriyaongsa, and I. King Jordan, Retroviral promoters in the human genome, *Bioinformatics* **24** (2008), 1563-1567.
4. Robert D. Finn, James W. Stalker, David K. Jackson, Eugene Kulesha, Jody Clements, and Roger Pettett, ProServer, *Bioinformatics* **23** (2007), 1568-1570.
5. Jeffrey Heer, Stuart K. Card, and James A. Landay, prefuse: a toolkit for interactive information visualization, CHI '05: Proceedings of the SIGCHI conference on Human factors in computing systems (New York, NY, USA), ACM, 2005, pp. 421-430.
6. Gregg A. Helt, Suzanna Lewis, Ann E. Loraine, and Gerald M. Rubin, BioViews: Java-Based Tools for Genomic Data visualization, *Genome research* **8** (1998), 291-305.
7. Ela Hunt and Neil Hanlon, SyntenyVista, NordiCHI '04: Proceedings of the third Nordic conference on Human-computer interaction (New York, NY, USA), ACM, 2004, pp. 455-456.

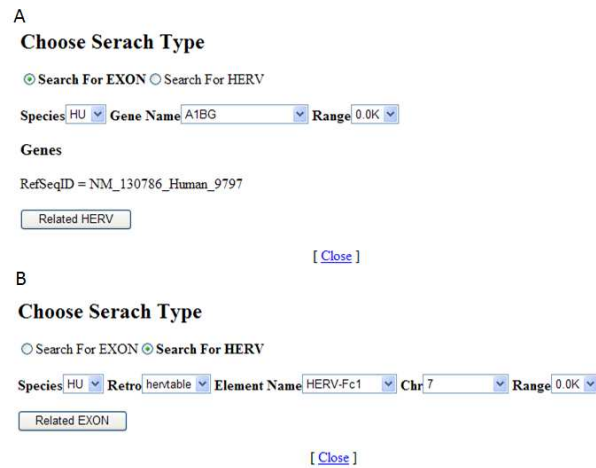


그림 7. RetroScope에서 제공되는 검색 창이다. Gene 또는 RetroElement Name으로 RetroElement가 위치한 곳에 대한 검색 결과를 보여준다. 검색은 Gene 또는 RetroElement Name으로 선택이 가능하며, 세부옵션으로는 Gene으로 검색할 경우, Gene Name, Species, Range(Intron 앞의 영역까지 검색 할 것인지)에 대한 세부 설정이 가능하다. Gene의 경우 같은 Gene이라 하더라도 세부 사항이 있으므로 그 세부사항에 대한 조절까지 가능하다. RetroElement의 경우 종, 염색체, RetroElement Name, 그리고 영역을 포함하여 선택이 가능하다. 검색의 결과로서는 그림 8와 같이 모든 검색의 결과를 보여주며 또한 버튼을 활성화하여 시각화를 제공하고 있다.

8. Joanna Jakubowska, Ela Hunt, Matthew Chalmers, Martin McBride, and Anna F. Dominiczak, *VisGenome, Bioinformatics* **23** (2007), 2641–2642.
9. W. James Kent, BLAT - The BLAST-Like Alignment Tool, *Genome research* **12** (2002), 656–664.
10. W. James Kent, Charles W. Sugnet, Terrence S. Furey, Krishna M. Roskin, Pringle Tom H., Zahler Alan M., Haussler, and David, The Human Genome Browser at UCSC, *Genome research* **12** (2002), 996–1006.
11. Dae-Soo Kim, Chi-Young Cho, Jae-Won Huh, Heui-Soo Kim, and Hwan-Gue Cho, EVOG: a database for evolutionary analysis of overlapping genes, *Nucleic acids res.* **37** (2009), 698–702.
12. SE Lewis, SMJ Searle, N Harris, M Gibson, V Iyer, J Richter, C Wiel, L Bayraktaroglu, E Birney, MA Crosby, JS Kaminker, BB Matthews, SE Prochnik, CD Smith, JL Tupy, GM Rubin, S Misra, CJ Mungall, and ME Clamp, Apollo: a sequence annotation editor, *Genome biology* **3** (2002), research0082.1–0082.14.
13. Feng Lu, Ji Zhang, and Yanhong Zhou, A Computational Framework and Browser for Supporting Automatic Genome Annotation, GCCW '06: Proceedings of the Fifth International Conference on Grid and Cooperative Computing Workshops (Washington, DC, USA), IEEE Computer Society, 2006, pp. 389–396.
14. David Nix and Michael Eisen, GATA: a graphic alignment tool for comparative sequence analysis, *Bmc bioinformatics* **6** (2005), 9.
15. Kim Rutherford, Julian Parkhill, James Crook, Terry Horsnell, Peter Rice, Marie-Adele Rajandream, and Bart Barrell, Artemis: sequence visualization and annotation, *Bioinformatics* **16** (2000), 944–945.
16. Nameeta Shah, Olivier Couronne, Len A. Pennacchio, Michael Brudno, Serafim Batzoglou, E. Wes Bethel, Edward M. Rubin, Bernd Hamann, and Inna Dubchak, Phylo-VISTA: interactive visualization of multiple DNA sequence alignments, *Bioinformatics* **20** (2004), 636–643.
17. Lincoln D. Stein, Christopher Mungall, ShengQiang Shu, Michael Caudy, Marco Mangone, Allen Day, Elizabeth Nickerson, Jason E. Stajich, Todd W. Harris, Adrian Arva, and Suzanna Lewis, The Generic Genome Browser: A Building Block for a Model Organism System Database, *Genome research* **12** (2002), 1599–1610.

HERV Data where in Exon & Intron position

Herv Data

Species	Chr	HervName	Start	End	Score	Similarity	View
---------	-----	----------	-------	-----	-------	------------	------

Alu Data

Species	Chr	AluName	Start	End	Score	Similarity	View
HU	17	AluYb8	32440948	32441236	281	98.7	<input type="button" value="View"/>
HU	17	AluYb9	32440948	32441236	283	99	<input type="button" value="View"/>

SVA Data

Species	Chr	SVAName	Start	End	Score	Similarity	View
---------	-----	---------	-------	-----	-------	------------	------

[\[Close \]](#)

그림 8. 그림 7에서 제공된 검색시스템에서 나온 결과를 보여준다. 조건에 만족하는 모든 결과를 보여주며 해당 결과에서는 버튼 활성화하여서 시각화를 제공하고 있다.

Result of overlapped RetroElement

Informations of RetroElements

Species	HU				
Chr.	1	hervname	HERV-Fc1	HERV-Fc2	HERV-K14CI
Size of Chr.	247,249,719	Copy of No.	1	5	6

Result of RetroElements



[\[Close \]](#)

그림 9. RetroScope 에서 제공되는 메뉴중 3번째의 메뉴에 해당하는 RetroElement 데이터를 중첩시켜 보여줌으로써, 해당 종, 염색체에 존재하는 RetroElement 들의 분포도를 알 수가 있다. 그림 10에 보이는 체크 시스템을 이용하여 RetroElement 들을 택일한후 View 버튼을 통하여 해당 정보를 서비스할 수 있다. RetroElement들의 선택은 너무 많은 정보를 출력할 경우 정보의 혼란을 야기시킬수 있으므로 3가지 이상은 선택할 수 없으며, 3가지의 RetroElement 들은 다른 색깔 다른 위치 값으로 출력하여 사용자의 가독성을 돕는다.

View Overlapped Retro Element

Retro Species Chr

1. Display Scale absolute scale zooming : fit to panel size

2. Score Filter don't care size

Selected Elements

hervname	HERV-Fc1	HERV-Fc2
No.	0	1

Choose Element

No.	hervname	Check
0	HERV-Fc1	<input checked="" type="checkbox"/>
1	HERV-Fc2	<input checked="" type="checkbox"/>
2	HERV-K14C1	<input type="checkbox"/>
3	HERV-K14I	<input type="checkbox"/>
4	HERV15I	<input type="checkbox"/>
5	HERV16	<input type="checkbox"/>
6	HERV17	<input type="checkbox"/>
7	HERV18	<input type="checkbox"/>
8	HERV19I	<input type="checkbox"/>
9	HERV1_I	<input type="checkbox"/>
10	HERV1_ITB	<input type="checkbox"/>

그림 10. 그림 9에 보이는 시각화를 제공하기 위한 사용자의 옵션값을 선택할수 있는 창이다. 사용자는 중, 검색체 또는 Filtering 통하여 정보를 걸러내어 제공되는 RetroElement 중 3가지를 택일할 수 있으며, 선택된 정보로 하여 View 버튼을 통해서 시각화를 그림 9와 같이 제공 받을 수 있다.