

제 목	출 처	보도일자
한국 단백질 구조 연구팀 CASP11에서 2개 분야 석권 및 5개의 모든 분야에서 초청강연	MBN	2015.01.02



고등과학원(KIAS, 원장 김종해)의 인실리코 단백질 연구단 이주영 교수팀은 12월 7일(일)부터 10일(수)까지 멕시코 칸쿤에서 열린 '제 11회 단백질 구조 예측 학술대회(CASP11: Critical Assessment of Techniques for Protein Structure Prediction; 이하 CASP11 대회)'에서 지난 7-10회 대회에 연이어 초청 강연에 초대받았다.

전 세계 내로라하는 100여개 연구팀들이 힘을 겨룬 CASP11 대회의 단백질 3차원 구조 예측 평가는 올해 다섯 개 부문(주형기반 모델링, 자유 모델링, 거리정보기반 모델링, 구조개선 모델링, 상호작용 모델링)으로 나누어 시행되었는데 이주영 교수팀은 이 중 앞의 세 부문에서 초청받아 강연하였다.

특히, 주형기반 모델링과 거리정보기반 모델링 두 분야에서는 가장 우수한 결과를 낸 것으로 인정받았으며, 자유 모델링 부문에서 초청된 것도 일본, 중국을 비롯한 아시아 국가에서는 처음 있는 쾌거이다.

이주영 교수는 수원대 이승종 교수, 표준과학연구원 이인호 박사와 함께 창의과제 연구를 수행하고 있으며, 같이 공동 연구를 수행했던 서울대학교 화학부의 석차옥 교수팀도 위에서 언급한 구조개선 모델링 부문과 상호작용 모델링 부문에서 처음으로 초청 받는 겹경사의 쾌거를 이루었다.

CASP11 대회에서 이주영 교수팀이 독보적인 단백질 모델링 성과를 보인 거리정보기반 모델링 부문은 핵자기공명 실험 데이터 분석 과정에 상존해 왔었던 병목현상을 체계적으로 해결하기 위해서 특별히 고안된 새로운 단백질 구조 모델링 부문이다.

이렇게 새롭게 고안된 단백질 구조 모델링 부문에서 이주영 교수팀이 이루어낸 최고 성능의 모델링 기법은 완전히 새로운 형식의 단백질 구조 모델링이 가능하다는 것을 사실상 증명하였다.



이주영 교수팀의 이번 쾌거가 전반적인 단백질 연구에서 앞으로 어떤 반향을 불러올지 주목된다.

생명현상의 기본 단위인 단백질의 기능은 단백질 구조를 알 때부터 논리적인 접근이 가능하다.

일반적으로 아미노산 서열 정보 하나에 단백질 구조 하나가 대응된다.

하지만, 단백질 구조를 이론적으로 알아내는 것은 매우 어렵다.

원자간 상호작용을 제대로 기술할 수 있는 방법이 현재로서는 없기 때문이다.

X-선 회절 실험, 핵자기공명 실험 등의 실험적 방법으로 단백질 구조를 알아내는 것은 많은 비용과 시간을 필요로 하는 과정이다.

실험측정으로 충분한 정보를 얻어 내지 못하면 단백질 구조를 알아 낼 수 없는 것이다.

현재 인류가 직면한 생명현상 이해의 원초적인 장벽중 하나로 알려져 있는 것이 단백질 구조 찾기 문제이다.

예를 들어, 실험적으로 신약을 개발하려면 변형된 단백질의 모양을 알아내고 그 구조에 가장 적합한 분자 물질을 찾아내어야 한다.

따라서 단백질 구조 확보는 필수적인 연구단계이다.

단백질 구조 확보로 신약개발에 도달한 널리 알려진 예로서 독감 치료제 타미플루를 들 수 있다.

1994년에 처음 시작하여 2년마다 열리는 CASP 대회는 단백질 구조 모델링 방법 개발을 통해서 단백질 구조 모델링이 실험을 대체하거나 실험을 보완할 수 있는 가능성을 타진해 보는 것을 목표로 한다.

궁극적으로는 단백질 구조에 근간한 생명현상 이해와 신약개발에 목표를 두고 있다.

단백질 구조 모델링 불모지인 한국에서 미국을 비롯한 단백질 구조 모델링 선진국의 연구결과를 뛰어넘는 세계최고의 성과를 낼 수 있었던 데에는 고등과학원을 비롯한 연구재단의 창의과제 등의 적극적인 연구지원이 크게 뒷받침되었다.

한국에서 개발된 단백질 구조 모델링의 방법은 최고의 구조 모델링 성능을 가지고 있다.

보다 더 큰 의미를 가지는 것은 순수하게 한국에서 개발한 단백질 구조 모델링 기법의 우수한 성능을 국제적으로 공인 받은 것이다.

한국이 단백질 구조 모델링에 있어서 핵심 두뇌들과 해당 원천 기술을 동시에 또한 독자적으로 확보했음을 의미한다.

앞으로 실험 과학자들과의 더 많은 공동 응용연구들이 이어질 것으로 기대된다.

CASP11 대회 결과는 세계 최고 수준의 단백질 구조 모델링 기법이 한국에서 독립적으로 개발된 것이고 향후 생명현상 이해를 더욱 가속화시킬 수 있는 분야에서 한국 과학자들의 기여도를 국제적으로 인정받은 것을 의미한다.

한국에서 보다 많은 연구자들이 확보되고 실험 연구와의 공동연구를 통해서 더 많은 생명현상의 이해와 실질적인 신약개발과 같은 과학적 그리고 산업적 성과들을 기대할 수 있게 되었다.