

보도자료



미래를 개척하는 지식 공동체

서울대학교
SEOUL NATIONAL UNIVERSITY

보도일	제한 없음(즉시 보도)
	2022. 12. 15.(목)
문의	연구단장/연구책임자 노성훈 교수(02-880-2135) / 교신저자
	연구단/연구진, 박준선 연구원(02-880-6690) / 공동연구자

■ 제목

초저온전자현미경으로 단백질 접힘 과정을 시각화

■ 요약

연구 필요성	<i>잘못된 단백질의 입체구조는 노화와 다양한 질병의 직접적인 원인이 된다. 이에 단백질이 정확한 입체구조를 형성하는 단백질 접힘 과정에 대한 분자 수준의 이해가 필요함.</i>
연구성과/ 기대효과	<i>본 연구팀은 수 밀리 초 안에 발생하는 단백질의 접힘 과정을 초저온 전자현미경 기술을 활용하여 시각화하고 생물리학적 기전을 규명함. 노화와 질병을 유발하는 다양한 단백질들의 접힘 과정을 조절하여 완전히 새로운 형태의 질병 조절 방법을 기대함.</i>

■ 본문

□ 문단 1

○ 선형의 단백질들은 접힘 과정을 통해 정확한 3차원 입체구조를 형성하고 필수적인 생체기능을 수행하게 된다. 이러한 단백질 접힘 과정에서 문제가 발생하면, 퇴행성 뇌질환, 노화와 같은 난치병들을 유발하는 것으로 알려져 있다. 하지만 접힘 과정 자체에 대한 연구는 수 밀리 초의 매우 짧은 시간에 무수히 많은 변수가 존재하여 현대 생물학의 난제로 생각되어 왔다.

□ 문단 2

○ 서울대학교 노성훈 교수 연구팀은 스탠포드 대학과의 공동연구를 통해 단백질의 접힘 단계를 최초로 시각화하여 생물리학적 분자 기작을 밝히는데 성공하였다. 연구결과는 국제 학술지인 Cell에

12월 온라인으로 발표되었다.

- 역사적으로 단백질의 접힘 과정은 단백질 서열에 의해서 열역학적으로 정해진 운명으로 인식되어 왔다. 노성훈 교수 연구팀은 조력자인 샤페론 단백질이 기질 단백질을 정확하게 물리적으로 접어주는 단계를 거쳐 3차원 입체 구조를 가이드 하는 기작을 제시하였다. 특히 해당 연구는 단백질 자체의 접힘 과정뿐만 아니라, 샤페론 단백질의 능동적 기능을 규명하여 기존의 패러다임을 진일보 시켰다는 평가를 받고 있다. 이러한 단백질 접힘 과정의 분자 수준에서의 이해는 **질병 관련 단백질이 기능을 나타내기 전의 접힘 단계에서 초기 조절할 수 있게 하여 다양한 의약학적 목적으로 활용이 가능할 것으로 기대된다.**
- 특히 생체시료를 초저온 상태에서 관찰하는 초저온전자현미경 기술은 2017년 노벨상을 수상한 최신 연구 기법으로 노성훈 교수팀은 관련 분야에서 선도성을 인정받고 있다. 해당 연구는 연구재단과 서경배과학재단의 지원으로 수행되었으며, 서울대 핵심지원센터와 기초과학지원연구원의 초저온 전자현미경 분석 파이프라인을 활용하였고 빅데이터를 분석하기 위해 한국과학기술정보연구원의 전산자원을 이용하여 수행되었다. 마지막으로 노교수는 새로운 연구플랫폼의 크로스오버가 기존에 접근이 불가능했던 생물학적 난제를 해결하는 데 핵심적인 통로가 될 것으로 기대했다.

□ 연구결과



Article

Structural visualization of the tubulin folding pathway directed by human chaperonin TRiC/CCT

Daniel Gestaut,^{1,7} Yanyan Zhao,^{1,7} Junsun Park,² Boxue Ma,³ Alexander Leitner,⁴ Miranda Collier,¹ Grigore Pintilie,³ Soung-Hun Roh,^{5,*} Wah Chiu,^{3,6,*} and Judith Frydman^{1,2,6,*}

¹Department of Biology, Stanford University, Stanford, CA 94305, USA

²Department of Genetics, Stanford University, Stanford, CA 94305, USA

³Department of Bioengineering, Stanford University, Stanford, CA 94305, USA

⁴Institute of Molecular Systems Biology, Department of Biology, ETH Zurich, 8093 Zurich, Switzerland

⁵School of Biological Sciences, Institute of Molecular Biology and Genetics, Seoul National University, Seoul, South Korea

⁶SSRL, SLAC National Accelerator Laboratory, Menlo Park, CA 94025, USA

⁷These authors contributed equally

⁸Lead contact

*Correspondence: shroh@snu.ac.kr (S.-H.R.), wahc@stanford.edu (W.C.), jfrydman@stanford.edu (J.F.)

<https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.11.014>

- 선형의 단백질들은 접힘 과정을 통해 정확한 3차원 입체구조를 형성하고 필수적인 생체기능을 수행하게 된다. 서울대학교 노성훈 교수 연구팀은 스탠포드 대학과의 공동연구를 통해 단백질의 접힘 단계를 최초로 시각화하여 생물리학적 분자 기작을 밝히는데 성공하였다. 연구 결과는 국제 학술지인 Cell에 12월 온라인으로 발표되었다. 노성훈 교수 연구팀은 조력자인 샤페론 단백질이 기질 단백질을 정확하게 물리적으로 접어주는 단계를 거쳐 3차원 입체 구조를 가이드 하는 기작을 제시하

였다. 특히 생체시료를 초저온 상태로 관찰하는 초저온전자현미경 기술은 2017년에 노벨상을 수상한 최신 연구 기법으로 노성훈 교수팀은 관련 분야에서 선도성을 인정받고 있다. 해당 연구는 연구재단과 서경배과학재단의 지원으로 수행되었으며, 서울대학교 핵심지원센터와 기초과학지원연구원의 초저온전자현미경 분석 파이프라인을 활용하였고 빅데이터를 분석하기 위해 한국과학기술정보연구원의 전산자원을 이용하여 수행되었다. 새로운 연구플랫폼의 크로스오버가 기존에 접근이 불가능했던 생물학적 난제를 해결하는 데 핵심적인 통로가 될 것으로 기대했다.