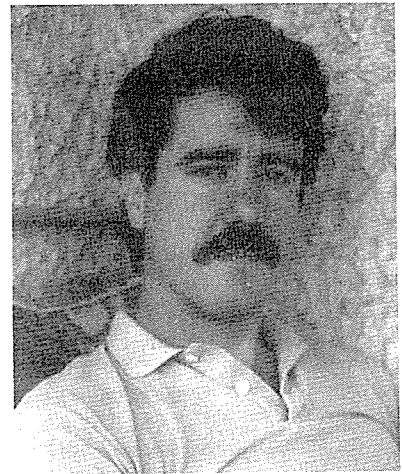


## 분자구조생물학

- 논문제목 : Three Dimensional structure of the human class II histocompatibility antigen HLA-DR1
- 저자 : J.H. Brown, T.S. Jardetzky, J.C. Gorga, L.J. Stern, R.G. Urban, D.C. Wiley, J.L. Storminger
- 게재지 : Nature, 364 : 33~39, 1993
- 인용빈도 : 1994년 12월까지 235회



▲제리 브라운은 포착하기 어려운 클래스 II 조직적 합성항원의 구조발견을 도왔다.

### 클래스 II 인간백혈구 항원 3차원 구조를 최초로 설명

이 논문은 클래스 II 인간 백혈구 항원(HLA)의 3차원구조를 최초로 설명한 것이다. 조직적합성 항원으로도 알려진 HLA 분자는 면역조직의 백혈구가 표적을 인식하고 이에 반응하는 것을 돕기 위해 각종 세포표면에 존재한다. 저자들은 이런 분자의 구조적 설명은 면역인식과 같은 과정의 분자 메커니즘을 이해하는 바탕을 제공한다. 이 과학자그룹은 1987년 첫번째 클래스 I HLA 분자의 결정구조를 발표했다.(P.J. Bjorkman et al., Nature, 329 : 506~512, 1987 ; P.J. Bjorkman et al., Nature, 329 : 512~518, 1987).

그러나 대식세포( 결합조직 내에서 아메바모양의 식작용을 하는 큰 혈구)와 B 임파세포와 같은 특화된 항원이 존재하는 세포의 표면에서 주로 발현되는 클래스II HLA의 구조는 파악하기가 보다 힘들어서 그로부터 거의 5년이나 지난 뒤에야 출판하게 되었다. 미국 하버드대학 하워드 휴즈의학연

구소에서 돈 윌리 밑에서 대학원생과 박사후 수련생으로서 이 문제를 연구한 제리 브라운은 이 논문에서 보고된 중요한 사실은 클래스I과 클래스II는 양자간 아미노산배열의 상동(相同)성이 낮음에도 불구하고 매우 닮은 3차원구조를 갖고 있다고 말하고 있다.

그러나 브라운은 HLA분자의 3차원 배열이 비슷하지만 2종의 분자의 펩티드결합부의 끝에는 구조적인 상이점이 나타나는데 이것은 클래스II 항원이 클래스I 항원과 어떻게 다른 방법으로 펩티드와 결합한 것인가를 보여준다고 말하고 있다.

그는 이어 “우리는 생의학연구를 통해 클래스II 분자가 더 길고 다양한 펩티드와 결합한다는 사실을 알고 있다”고 밝혔다. 브라운은 이 논문이 주목을 받고 있는 한가지 이유는 이것은 널리 연구된 분자에 관한 최초의 설명이라는 점을 들고 있다. 더욱이 이런 분자들은 면역조직에서 핵심적인 역할을 하고 있고 클래스 II HLA 대립유전자는 류머티스 관절염과 당뇨병과 같은 질병발생과 관련이 있기 때문이라고 브라운은 덧붙였다.

‘핫 페이퍼’란에서는  
지난 2년내에 발표된  
세계의 과학기술논문중에서  
가장 많이 인용된 논문들을  
저자의 설명과 함께 소개합니다.  
선정기준은  
SCI(미국 과학정보연구소  
과학인용지표)자료에  
따랐습니다.  
(편집자)

## 분자그래픽

- 논문제목 : SECTOR : hardware-lighted three dimensional solid model representations of macromolecules
- 저자 : S.V. Evans
- 게재지 : Journal of Molecular Graphics, 11 : 134~138, 1993
- 인용빈도 : 1994년 12월현재 32개 출판물

### 복잡한 분자의 3차원 영상 컴퓨터 프로그램 「섹터」 설계

캐나다 온타리오의 오타와대학 의학부의 생화학조교수인 스티븐 이반즈는 교육 배경이 X선 결정학자인데 복잡한 분자의 3차원 영상을 표현하기 위해 이 논문에서 설명한 컴퓨터 프로그램을 설계했다.

‘섹터’(SECTOR)라는 이름을 붙인 이 소프트웨어는 결정학과 핵자기공명(NMR)과 같은 기법으로 얻은 데이터에 바탕을 둔 거대분자의 간편한 도식(圖式)영상을 만들어 낸다.

“이 프로그램은 원자전체나 또는 분자의 핵심모델을 보여 줄 수 있고 단백질의 2차적인 구조의 특징을 돋보이게 특별히 설계되었다”고 이반즈는 설명하고 있다.

이반즈는 “거대분자구조분야에서 일하는 사람은 누구나 분자의 그림을 보여 주어야 한다”고 말하고 “「섹터」는 어떤 거대분자이든 여러 다른 모습을 그릴 수 있게 설계되었다”고 덧붙였다.

그런데 ‘섹터’는 미국 캘리포니아주 마운틴뷰소재 실리콘 그래픽스사가 제작한 기계에 사용하게 특별히 작성

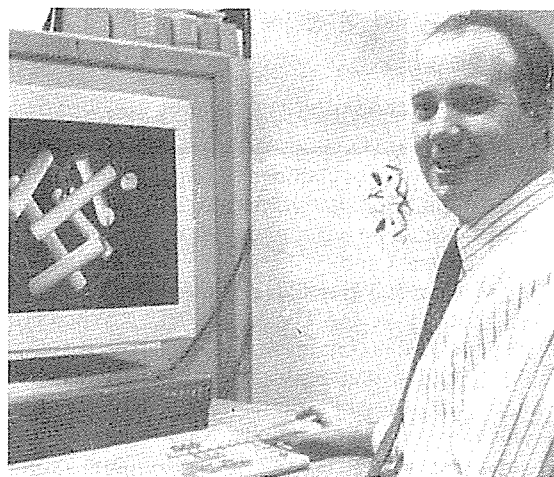
되었다.

이반즈는 이 소프트웨어가 그렇게 많은 인기를 모으게 된 이유를 “사용하기 쉽고 누구나 쓸 수 있는 인터페이스를 갖는 외에도 광범위한 기능을 가졌기 때문이다”고 지적하고 있다.

이반즈는 대부분의 다른 프로그램은 분자의 정지(靜止)한 모습만을 제공하는데 비해 ‘섹터’는 처음으로 과학자들에게 실시간으로 영상을 조작할 수 있게 만들었다고 말하면서 “누구든지 스크린위에서 분자를 회전시켜 다른 여러 각도에서 관찰할 수 있다”고 덧붙였다.

한편 이 프로그램의 광범위한 기능때문에 결정학과 NMR 실험에서 나온 데이터를 시각화할 수 있을 뿐 아니라 분자의 모델링 등 많은 분야에 응용할 수 있다.

이반즈에 따르면 다음 단계는 여러 이용자들의 제의에 바탕을 두고 현재의 소프트웨어 프로그램의 기능을 확장하는 일이다. 예컨대 그는 이 프로그램의 기능을 개선하여 핵산(核酸)의 구조를 표현할 계획이다. ⑤7



◇스티븐 이반즈는 섹터라는 컴퓨터 프로그램을 사용하여 단백질의 3차원구조를 얻는데 성공했다.

# HOT PAPER

핫페이퍼