

ILS 생명과학연구소 Institute of Life Sciences

2010학년도 1학기



7

이

ILS 생명과학연구소

Institute of Life Sciences

2010학년도 1학기



7

101

생명과학연구소보

제 7호

Vol. 7
Institute of
Life Sciences

발행인 생명과학연구소
주소 강원도 춘천시 효자 1동 192-1번지,
강원대학교 미래관 7층 (200-160)
홈페이지 www.kangwon.ac.kr/~inlis

연구소 설립 목표

생명과학연구소는 1979년 4월 본교에서는 자연계열 연구소로서 가장 먼저 설립되었다. 대학교 부설 연구소가 지향할 목표, 여러 가지 여건에 근거한 발전방향, 그리고 이를 달성하기 위한 연구소의 활동 내용 및 이의 시행 방법은 명확해야 한다. 특히 기초 생명과학을 근본으로 의학, 약학, 환경·생물공학 등의 응용 생명과학을 망라한 전공교수들이 참여하는 생명과학 연구소는, 교내에 유사 연구소가 여럿 존재할 뿐만 아니라 활동이 저조한 연구소들이 새로운 이름으로 변경하는 사례가 빈번하므로 차별화 및 특성화라는 양면성을 동시에 추구해야 한다. 국내 수많은 대학 부설 연구소들이 정부의 연구비 창구 역할이 중단된 후 거의 활동이 없는 상태가 된 것이 현실이며, 이에 따라 많은 연구소들이 실효성 없는 논문집 발간이 가장 큰 사업이 되었다. 그렇다면 생명과학 연구소가 추구하는 목표는 무엇이고, 발전방향은 무엇인가?

생명과학연구소는 기초 및 응용생명과학을 연구하고 이를 학생들에게 가르침은 물론 유명 학술지에 발표함과 동시에 지역사회의 기업과 관공서에게 도움이 되는 연구를 수행하고자 한다. 이는 본교의 이념인 “실사구시(實事求是)”에 근거하여 참으로 우리에게 절실하게 요구되는 것을 연구함으로써 대학 부설 연구소가 이름으로만 그치는 수준이 아닌 참된 역할을 발휘하는 연구소가 되기 위한 것이다.

강원대학교 생명과학연구소가 지향하는 목표는 다음 세 가지로서, 1) 본교에 재직하면서 연구소 활동에 적극 참여하는 교수들에게 다양한 연구 활동을 지원하는 것, 2) 연구·학술활동을 통하여 춘천 및 강원도를 망라하는 지역사회에 기여하는 것이다. 나아가 이를 근거로 생명과학연구소가 발전하고자 하는 방향은 3) 다양한 방법으로 연구소 자체적인 연구비를 확보하여 연구 활동을 수행하는 것이다.

이러한 세 가지 목표를 달성하기 위하여 연구소는 다음과 같은 활동을 수행함으로써 “실사구시”에 근거한 연구소의 설립목표 및 발전방향을 추구한다. ① 매 학기 6 회 전 후의 초청세미나를 통하여 최신 연구동향 및 연구기법에 대한 정보를 교수와 대학원생들에게 전달한다. ② 국내외 정상급 과학자들을 초청하는 연 1 회 이상의 심포지엄을 주관하여 강원대학교 생명과학연구소의 차별화 및 특성화를 추구한다. 세미나 및 심포지엄의 지원에 대한 사항은 별도로 정한다. ③ 소속 연구원들이 수행하는 연구과제의 귀속연구비를 해당 교수는 물론 소속 연구원들의 연구 활동을 지원하는 용도로 적극 활용한다. 귀속연구비의 활용에 대한 사항은 별도로 정한다. ④ 정부가 공모하는 각종 연구비는 물론 다양한 기업과의 용역연구를 위한 다양한 정보를 확보하고 비록 장기간의 시일이 요구되더라도 연구소가 활용할 수 있는 독자적 예산을 확보할 수 있도록 최대한 노력한다.

이번 소보에는 운영위원회의 결정사항, 세미나 등 학술 교류 내용을 포함하였습니다.

2009 년 2 학기 동안 3 회의 운영위원회의를 개최하여 연구소 운영 방안, 연구소 홈페이지 제작, 최우수연구소 선정 기념품, 세미나 일정, 연사료 조정 등을 의논하였습니다. 또한 5 회의 정기 세미나와 1 회의 심포지엄을 통하여 많은 연구정보의 교류가 있었습니다.

[생명과학연구소 운영위원회]

일시: 2009년 8월 19일 정오

장소: 태백관 교직원 식당

참석자: 김경훈, 김근철, 김영명, 송홍규, 이정형, 이한수, 정두일, 정유진, 최종선
(위임장 제출 최형태, 한장희, 가나다 순, 존칭생략)

안건: 2009년도 2학기 연구소 운영 방안

1. 2008년도 연구소 평가 보고

2. 연구소 지원금 집행 방법 변경 보고

가. 평가지원금: 연구소에서 집행하던 것을 2009년부터 중앙관리

나. 귀속연구소 지원금: 아래

3. 귀속연구소 지원금 사용 원칙 결정

연도	지원비율	현금 인센티브	생명과학연구소 지원
2008	간접비의 35%	0	지원금의 60%
2009	간접비의 35%	지원금의 40%를 연구소에서 연구자에게 지급	지원금의 20%*
2010	간접비의 15%	간접비의 20%를 산단에서 연구자에게 지급	내년에 결정

* 일반 연구비 집행 항목 내에서 신청 (영수증 원본 첨부, 책임자 인센티브 제외)

4. 학술대회 지원 계획

연구소원의 학술대회 및 심포지엄 개최 지원

학술대회 후원 (한일혈관생물학심포지엄, 강원생명과학심포지엄 등)

5. 세미나 일정 및 연사 추천 요청

[생명과학연구소 운영위원회]

일시: 2009년 9월 30일

장소: 전자메일로 의견수렴.

생명과학연구소원께,

안녕하십니까?

운영위원회에서 아래 사항이 결정되어 이를 알려드립니다.

특히 홈페이지에 들어갈 내용에 대한 아이디어를 주시기를 요청합니다.

1. 연구소 홈페이지 제작
내년 초까지 완성을 목표로 추진
2. 최우수연구소 선정 기념품
10월 초순에 배포

풍성한 명절이 되시기를 기원합니다.

감사합니다.

연구소장 최종선 올림

[생명과학연구소 운영위원회]

일시: 2010년 2월 23일 (화) 정오

장소: 황씨보쌈 (애막골)

참석: 김경훈, 김근철, 송홍규, 이정형, 정유진, 최종선, 최형태 (가나다 순, 존칭생략)

안건:

1. 연구소 홈페이지 재구축 진행 상황

소장 인사말
연구소 소개
연혁
연구원 소개 (개인 홈페이지 연결)
세미나/학술대회 개최 실적
운영위원회 결과
연구소보
자유게시판/질문란

2. 연구소 재물 현황

현재 135건을 점진적으로 불용처분할 예정

3. 1학기 세미나 일정 확정

- * 이번 1학기 세미나는 신입 교수를 연사로 섭외하기로 함.
- * 연구소원이 요구하는 경우 추가로 세미나 개최하기로 함.
- * 심포지엄 개최 환영

일시 (목요일 오후 5 시)	연사	소속
3 월 11 일	황병준 박사	의생명 분자생명과학전공
4 월 15 일	신정임 박사	의대 미생물학교실
5 월 13 일		섭외 중
6 월 10 일	홍효정 박사	의생명 시스템면역과학전공

4. 연사료 조정

구분	조정 전	조정 후
교내	15	20
춘천권	20	25
기타 강원/서울/해외 연사	25	30
충청	30	35
전라/경상	35	40
제주	40	45

(만 원)

[연구소 세미나]

[428회] 2009년 9월 3일

TITLE: New Disturbing Trend in Antimicrobial Resistance of Gram-Negative Pathogens

NAME: 이상희 박사 (명지대학교)

ABSTRACT

Gram-negative pathogens producing extended-spectrum β -lactamases (ESBLs) are found to be truly multidrug-resistant pathogens causing severe clinical problems. In the present investigations, fifteen class C β -lactamases with extended substrate spectra have been reported in Gram-negative pathogens. Here I wish to draw attention to a new disturbing trend (the recently emerging class C ESBLs [cESBLs]) and the antimicrobial drug development for cESBLs. How do the cESBLs extend the substrate spectrum? The crystallographic structures can answer this question. Until now, there are two only resolved crystallographic structures of cESBLs: (i) GC1 [1]; and (ii) CMY-10 [2-3]. The sequence alignment of natural (clinically-isolated) cESBLs showed that the R2-loop included all regions responsible for the extended substrate spectrum in most (11 of total 15) cESBLs: Ω -loop in three cESBLs; H-2 helix in a 520R cESBL (not natural); H-11 helix in a KL cESBL. These natural mutations in the R2-loop can change the architecture of the active site in cESBLs, thereby affecting their hydrolyzing activity. Owing to a three amino acid deletion (amino acid residues 303-305) in CMY-10 (a cESBL), the R2-loop in the R2 active site displays noticeable structural alterations: the significant widening of the R2 active site. Therefore, the bulky R2 side-chain of oxyimino-cephalosporins could fit snugly into the significant widening of the R2 active site in this way. To decrease the selective pressure of antimicrobial drugs and minimize antimicrobial resistance, it is necessary for health-care professionals to recognize the presence of emerging cESBLs as a new disturbing trend in antimicrobial resistance of Gram-negative pathogens. In view of no drug developments against cESBL-producing Gram-negative pathogens, new β -lactams (or β -lactamase

inhibitors) need to be developed by the structure-based drug design (SBDD) method using a similar mechanism (the significant widening of the R2 active site) of the extended substrate spectrum shown in most cESBLs. SBDD against CMY-10 cESBL has been performed and some lead compounds were found.

References

- [1] Crichlow, G.V., *et al.* Structure of the extended-spectrum class C β -lactamase of *Enterobacter cloacae* GC1, a natural mutant with a tandem tripeptide insertion. *Biochemistry* **38**, 10256 (1999).
- [2] Kim, J.Y., *et al.* Structural basis for the extended substrate spectrum of CMY-10, a plasmid-encoded class C β -lactamase. *Mol Microbiol* **60**, 907 (2006).
- [3] Lee, J.H., S.H. Jeong, S.-S. Cha, and S.H. Lee. A lack of drugs for antibiotic-resistant Gram-negative bacteria. *Nature Rev Drug Discov* **6**, 938 (2007).

*본 세미나는 (재)춘천바이오산업진흥원에서 후원하였습니다.

[429회] 2010년 10월 15일

TITLE: *Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis* and *M. abscessus*:
Emerging pathogenic mycobacteria as representatives of slowly growing and
rapidly growing nontuberculous mycobacteria

NAME: 신성재 박사 (충남대학교)

ABSTRACT

As general features of mycobacterial infections, the following are well known: (1) The incubation period between infection and disease is variable, challenging epidemiological delineation of exposure; (2) disease is less common than asymptomatic infection; (3) clinical disease is chronic; and (4) host factors (genetic and acquired) are critical in determining the progression from infection to clinical disease. In Korea, the next most commonly isolated mycobacterial pathogens after *M. tuberculosis* are *M. avium* complex (MAC) as and *M. abscessus*. Out of MAC, *M. paratuberculosis* has been mostly focused due to its zoonotic potentiality in relation to Crohn's disease. The etiology of Crohn's disease still remains elusive but enticingly near to resolution. Consensus opinion is that Crohn's disease results from the interplay of host genetics and one or more environmental triggers. *M. abscessus* is rapidly growing mycobacterium (RGM) that has emerged as a significant pathogen in humans as well. This microorganism causes skin and soft tissue infections as well as pulmonary infections.

Evidence regarding the role of *M. paratuberculosis* in Crohn's disease is complex and controversial due in part to the difficulty of detecting the organism, and the fact the humans likely are not its normal host, potentially resulting in abnormal pathogen behavior. Here, the contributions of *M. paratuberculosis* to Crohn's disease and recently raising *M. abscessus*-infections in Korea will be discussed epidemiologically by comparisons with other mycobacterial pathogens.

*본 세미나는 (재)춘천바이오산업진흥원에서 후원하였습니다.

[430회] 2009년 11월 12일

TITLE: R/BCD (Research/Business & Connective Development)에 의한 바이오 연구

NAME: 오태광 박사 (KRIBB, 한국생명공학연구원)

ABSTRACT

The new millenium is the era of biotechnology and life sciences. With the development of high throughput technologies, systematic approaches and related fusion technologies such as BIT, BNT, BET, BMT and BCT and so on, the capacity to decipher genome sequences and to make the useful informations rapidly increased during the last decade. In addition, new technologies including microarray chips, microfluidics and system biological analysis are enabling us to study expression of all the genes and proteins in a cell, thus resulting in new research areas and terms often ending with "-ome" and "-omics". For the industrial use of genome technologies such as gene manipulations, genomic designs, and redesigned microbes, GMO controls for the environmental safety is focusing on obstacles of bioindustrial developments.

Currently, more than 1,112 microbial genomes have been published complete genomes and 3,000 more are being analyzed. The sequence information of a newly determined genome is often not released to the public anymore due to intellectual property issues and possible industrial applications. The future of biotechnology research and development will depend upon an integrative approach, combining an understanding of the genetic makeup of living cells (genomics) along with the diversity of proteins (proteomics), as well as the function and interaction of these biomolecules and their contribution to the phenotypic outcome (phenomics), including their involvement in metabolic pathway regulation and control (metabolomics).

From these view, Biodiversities including new living cells and metagenomics will trigger to open gates of future biotechnology. These "-omics" investigations will lead to an understanding of the molecular basis of the cell, how its different components interact and influence the cell's biological pathways, physiology, and structure, and how the cell's genes and proteins operate in real time to regulate and control development and differentiation, as well as cell death. Understanding how these processes interact to form a living cell will require a unified "systems biology" effort that incorporates: the

cataloging, annotation, and curation of all "-omic" information, in a format that allows interoperative queries (bioinformatics); the identification and characterization of all molecular constituents (function); the measurement and statistical analysis of all molecular processes (physiometrics); and the quantification of the relationships between phenotypes and genotype (modeling). And finally, all "-omics" technologies will promise new generation of biotechnologies including Biotechnology based IT, NT,ET,MT and CT fusion technologies in the future.

The Microbial Genomics and Applications Center (MGAC) sponsored by Korean Ministry of Education, Science and Technology is focused on developing a technology platform to utilize the information on genomic functions resulting from the analyses of microbial genomes isolated from diverse natural environments to promote the discovery of novel genes, valuable biomolecules, engineered microbes, and innovative bioprocesses. For the effective research in our fields, Research and Business Connective Development (R/BCD) was adapted by analysis of papers, patents, and market based on technical evaluations.

***본 세미나는 (재)춘천바이오산업진흥원에서 후원하였습니다.**

[431회] 2009년 12월 3일

TITLE: 우주개척시대의 생명과학 (Life science for the coming space era)

NAME: 최인호 박사 (연세대학교)

ABSTRACT

인류는 21 세기 들어 본격적인 우주개척 시대로 접어들 전망이다. 2010 년 국제우주정거장(ISS) 완공, 화성이나 토성 탐사, 중국의 선저우 유인우주선, 유럽, 일본, 브라질 등의 우주선 개발 경쟁, 달 분화구 내 수분 확인 및 우주전진기지 건설 구상, 우리나라 첫 우주인의 ISS 임무, 나로우주센터 준공 등 수많은 사업들이 숨 가쁘게 추진되고 있다. 정부 주도 사업과는 별도로, Space Adventure, Scaled Composite, Biglow Aerospace, XCOR, SpaceX 등 많은 민간기업들의 우주호텔 건설, 우주관광 상품 개발, 개인 우주선 개발 등은 향후 30 - 50 년 이내의 화려한 우주시대를 예고하고 있다.

이러한 미래 우주탐사 계획들이 성공하기 위해서는 우주환경 문제를 극복할 생명지원시스템이 완벽하게 갖추어져야 한다. 우주 미소중력권(microgravity)에서 우리 신체는 무부하(unloading) 상태에 놓이게 되고, 근위축과 골연화, 신경계 교란 등 다양한 기능적 변화가 유발된다. 본 강연에서는 이러한 생리적 변화 중에서도 근위축(muscle atrophy)과 관련된 최근의 국내외 연구동향을 살펴보고, 국가우주연구실 과제의 일환으로 진행되고 있는 근위축 억제 대응방안에 대해 살펴보고자 한다.

근세포는 액틴과 미오신 필라멘트로 채워진 근원섬유의 수축작용으로 근력을 발생하며, 운동 요구량에 따라 근단백질 관련 유전자의 발현이 조절된다. 지금까지 무부하 상태에서 발생하는 근위축의 세포-생화학적 기전에 대해서는 국제적으로 많은 연구성과를 이루어 왔다. 하지만 근위축을 억제할 방법으로 물리적 자극(예, 운동) 외에 달리 대응기술을 확보하는 데는 아직도 실마리를 찾지 못하고 있다. 본 강연에서는 근위축 관련 신호전달 경로를 제어할 생리활성물질의 활용 가능성을 탐색하는 한편, 미래 우주시대를 선도할 학생들에게 우주의 꿈과 도전 정신을 심어주고자 한다.

***본 세미나는 (재)춘천바이오산업진흥원에서 후원하였습니다.**

[432회] 2010년 2월 1일

TITLE: Regulation of CD4 T Helper Subset Differentiation by Dendritic Cells

NAME: 이승우 박사 (La Jolla Institute for Allergy and Immunology)

ABSTRACT

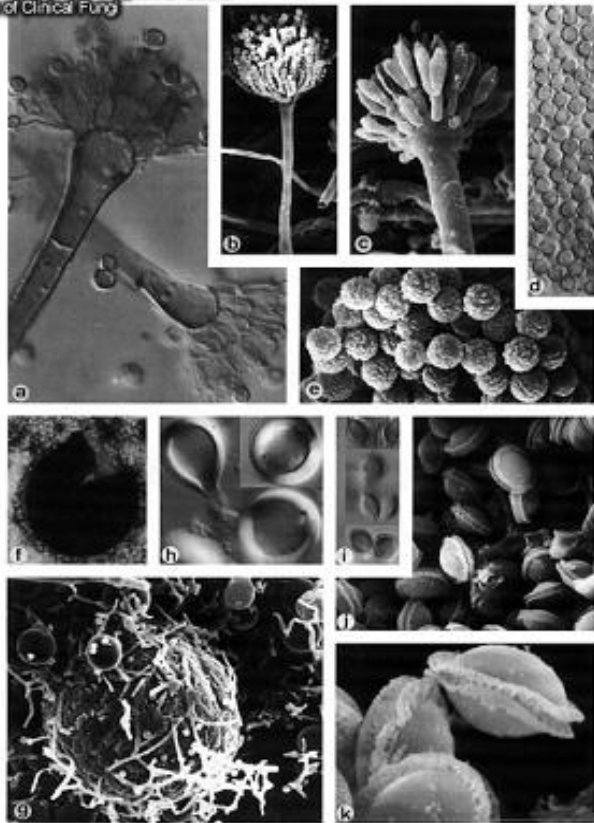
TGF- β can direct the induction of Foxp3⁺ Treg and also synergize with IL-6 and IL-4 to induce distinct Th17 and Th9 effector subsets. In contrast, TGF- β has generally been considered suppressive for Th1 differentiation. We now report that nitric oxide (NO), a metabolite of L-arginine, reprograms TGF- β signals to support development of Th1 cells in an IL-12-independent manner. Furthermore, IL-6 and NO compete in synergizing with TGF- β to determine the balance between Foxp3⁺ Treg, Th17, and Th1 cells. These data illustrate that TGF- β can direct development of many lineages of Th cells, and suggest a new mechanism by which NO production, which is associated with protection against intracellular pathogens, ensures effective maintenance of Th1 immunity.

Tolerance mechanisms at mucosal surfaces are critical for maintaining host integrity. We found that 4-1BB, a member of the TNFR family, plays a crucial role in controlling homeostasis in the mucosal organs and gut-associated lymphoid tissues. 4-1BB-deficient mice developed spontaneous autoimmunity, gut and lung inflammation, and lymphomas, associated with deregulation toward a Th1 phenotype with reduced accumulation of Foxp3⁺ Treg. Th lineage studies showed that mucosal dendritic cells from 4-1BB^{-/-} mice were impaired in generating adaptive Foxp3⁺ Treg, due to reduced expression of retinal dehydrogenase and an imbalance in production of IL-12 and nitric oxide favoring Th1 differentiation. Thus, 4-1BB controls mucosal regulatory dendritic cells and promotes immune tolerance.

Proceedings for the 12th Life Science Symposium

Molecular Physiology of Higher Fungi

Courtesy G.S. de Hoog and J. Guiso
Atlas of Clinical Fung



Aspergillus nidulans (*Emmericella nidulans*), CBS 100.26. a-c. Conidiophores and conidia; d-h. asexual spores and vegetative hyphae; i-l. asexual spores and vegetative hyphae.



일시: 2009년 11월 27일 (금) 오후 1:00 - 6:20

장소: 강원대학교 자연과학대학 세미나실 (자연과학대학 5호관 101호)

주관: 강원대학교 생명과학연구소 <미생물자원 개발연구회 >

후원: (재)춘천바이오산업진흥원, 한국미생물학회 강원지회, 강원대학교

Program at- a-Glance

PM 1:00~1:10	연구소장 인사 및 일정 소개	
PM 1:10~1:30	Session I	떡물버섯에서 빛에 의하여 조절되는 laccase 연구 최형태 교수 (강원대학교)
PM 1:30~2:00	Chair: 김경훈 교수 (강원대학교)	<i>Aspergillus nidulans</i> 에서 forkhead 유전자의 구조 및 기능 분석 김현영 교수 (우석대학교)
PM 2:00~2:45		Filamentous growth related to histone modification 강사욱 교수 (서울대학교)
PM 2:45~3:00		Coffee Break
PM 3:00~3:40	Session II	<i>Schizosaccharomyces pombe</i> 의 LAMMER kinase 에 의한 전사억제인자 박희문 교수 (충남대학교)
PM 3:40~4:20	Chair: 송홍규 교수 (강원대학교)	A homeoprotein, NrsA, controls development of <i>Aspergillus nidulans</i> 한동민 교수 (원광대학교)
PM 4:20~4:30		Coffee Break
PM 4:30~5:10	Session III	Role of iron permeases and ferroxidases in iron uptake and virulence of <i>Cryptococcus neoformans</i> 정원희 교수 (중앙대학교)
PM 5:10~5:50	Chair: 김희서 교수 (전북대학교)	Exploiting stress-activated signaling pathways for development of novel antifungal therapeutic methods 반용선 교수 (연세대학교)
PM 5:50~6:20	종합토론 Chair: 최종선 교수 (강원대학교)	