

# 세포막 단백질구조 및 기능 연구실

Membrane Protein  
Structural and Functional  
Biology Lab



## 진미선

교수

[misunjin@gist.ac.kr](mailto:misunjin@gist.ac.kr)

062-715-3562

<https://life.gist.ac.kr/mpsf/>

## Education

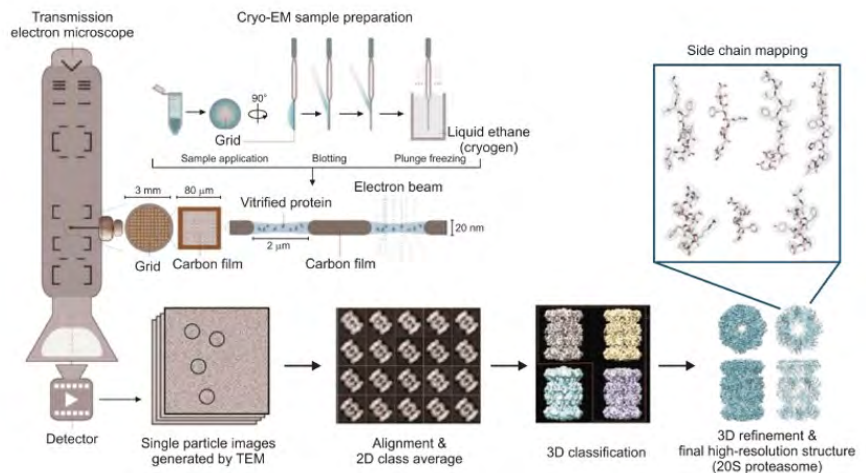
- 2008 Ph.D. in Chemistry, KAIST
- 2004 M.S. in Chemistry, KAIST
- 2002 B.S. in Chemical Engineering & Chemistry, Sogang University

## Experience

- 2020 ~ Associate Professor, School of Life Sciences, GIST
- 2014 ~ 2020 Assistant Professor, School of Life Sciences, GIST
- 2013 ~ 2014 Research Specialist in Purdue University
- 2009 ~ 2013 Postdoctoral Associate in Purdue University
- 2008 ~ 2009 Postdoctoral Associate in KAIST

## 연구실 소개

인간 전체 유전자의 30% 이상을 차지하고 있는 세포막 단백질(membrane protein)은 세포막 내외로의 물질 수송(transporter) 및 전위차 유지 (ion channel)에 중요한 역할을 수행할 뿐만 아니라 세포와 외부 환경의 상호 작용을 매개하는 신호 전달 수용체 (receptor)로서 기본적인 생명 현상에 광범위하게 관여하고 있다. 또한 세포막 단백질의 기능 이상은 곧바로 생명을 위협할 수 있는 심각한 질병으로 이어지기 때문에 현재 상용 중이거나 개발되고 있는 화합물 신약의 50-60%는 세포막 단백질을 타겟으로 하고 있다. 2013년, cryo-EM의 resolution revolution 이후로 인해 결정화된 샘플을 필요로 하지 않으며 미량의 샘플로도 구조를 규명할 수 있는 cryo-EM을 결정 생성이 어렵고 상대적으로 대량 발현이 어려운 세포막 단백질 구조 연구에 응용하기 위한 시도가 꾸준히 진행되고 있다. 실제로 2013년 이후 Cryo-EM을 이용하여 규명된 단백질 입체 구조 수가 급격하게 증가하고 있으며, cryo-EM은 향후 X-ray Crystallography와 더불어 구조생물학의 핵심 기술이 되어가고 있다. Cryo-EM을 이용한 단백질 구조 분석은 균일한 단백질 샘플을 일정한 간격으로 구획되어있는 그리드 위 필름에 퍼뜨리는 것으로 시작된다. 이 그리드를 cryo-TEM을 이용하여 타겟 단백질의 random oriented 2D projection 이미지를 얻을 수 있으며, 이를 기반으로 컴퓨터적 연산을 통해 3D 구조를 재구축 할 수 있다.



## 연구 성과

### 수행중인 주요 연구과제 (주요과제경력)

- 차세대바이오의료기술개발사업 2021-2024
- 바이오의료기술개발사업 2021-2025
- 중견연구 2017-2020
- 삼성미래기술육성재단 2017-2021

### 주요논문 (대표실적)

- The lysosomal transporter TAPL has a dual role as peptide translocator and phosphatidylserine floppase [Nat. Commun., 2022]
- Structural Insights into Porphyrin Recognition by the Human ATP-Binding Cassette Transporter ABCB6 [Mol Cells, 2022]
- Crystal Structure of  $\beta$ -Carbonic Anhydrase CafA from the Fungal Pathogen *Aspergillus fumigatus* [Mol Cells, 2020]
- Structural insights into novel mechanisms of inhibition of the major  $\beta$ -carbonic anhydrase CafB from the pathogenic fungus *Aspergillus fumigatus* [J stcut Biol, 2021]
- Crystal Structure of a Highly Thermostable  $\alpha$ -Carbonic Anhydrase from *Persephonella marina* EX-H1 [Mol. Cells, 2019]
- Ciclopirox inhibits Hepatitis B Virus secretion by blocking capsid assembly [Nat. Commun., 2019]
- Crystal structure of the multidrug transporter P-glycoprotein from *C. elegans* [Nature, 2012]
- Recognition of lipopeptide patterns by TLR2-TLR6 heterodimer [Immunity, 2009]
- Crystal structure of the TLR1-TLR2 heterodimer induced by binding of a triacylated lipopeptide [Cell, 2007]

### 주요연구장비

- HPLC
- Vitrobot
- Glow discharge
- Linux workstations

## 융합연구 및 비전

융합연구가능 분야 목록 반영



### 세포막단백질 구조 및 기능 연구

- XFEL
- Cryo-EM
- Homology Modelling
- Single molecule dynamics

### 생명현상 이해

- Molecular Biology
- Cell Biology
- Biophysics

### 바이오의약품 개발 인류건강증진

- Biochemistry
- Medicinal Biology