

미지 영역에 대한 탐사 복잡한 METABOLOMICS에 대한 연구를 애질런트가 돕고 있습니다



Oliver Fiehn 박사

분자세포생물학과 및 유전체센터 교수
West Coast Metabolomics 센터 소장
캘리포니아 주립대학교 데이비스 분교

Metabolomics는 많은 측면에서 여전히 미지의 영역입니다. 예를 들면, E. coli는 전세계적으로 연구가 가장 잦은 유기체일 것입니다.

Oliver Fiehn 박사는 “이런 유기체일지라도 그 체내의 50%에 달하는 효소 기능은 아직 밝혀지지 않았습니다.”라며 “우리는 이러한 효소가 대사에 작용하는 것은 알고 있지만 정확히 무슨 작용을 발휘하는지는 모릅니다.”라고 말했습니다.

캘리포니아 주립대학교 데이비스 분교 West Coast Metabolomics 센터의 소장으로 재직 중인 Fiehn 박사는 본인과 세계 각국의 동료 연구자들 앞에 놓인 과제가 만만치 않으리라는 점을 잘 알고 있습니다.

박사는 “그러면 인류는 어떨까요?”라고 물으며, “수 조에 달하는 미생물 군체가 우리 체내에 존재하며, 이들은 체내의 신진대사와 긴밀히 연관됩니다.”라고 말했습니다.

미국 캘리포니아 주립대학교 데이비스 분교의 Fiehn 박사팀은 (최첨단 질량 분석기와 최신 가스 및 액체 크로마토그래피 시스템을 포함한) 애질런트 장비의 도움을 받아 이 과제에 대한 답을 찾고 있습니다.

Fiehn 교수는 “저희 연구실은 종합적인 신진대사 연구에 매진하고 있습니다.”라며 “인포매틱스 도구를 개발하고 여러 가지 분리 기법과 질량 분석기를 적용하여 생물학적 시스템의 활동을 전체적으로 확인할 수 있습니다.”라고 지적했습니다.

Fiehn 교수에 따르면 최종 목표는 두 가지입니다. 하나는 신진대사의 근본 메커니즘을 이해하는 것이고, 다른 하나는 이러한 정보를 여러 가지 인간 질병의 조기 진단 테스트에 활용하는 것입니다.

교수는 “애질런트 질량 분석기(GC/MS, LC/MS 시스템 등)의 감도는 갈수록 향상되며, 생체화학 연구에 적용할 수 있는 신호를 포착할 수 있습니다(예컨대 2년 또는 2달 후에 발생할 심장마비에 대한 조기 진단과 같은).”라고 언급했습니다.

Fiehn 교수는 현재 본인과 동료들이 진행하고 있는 연구가 언젠가는 매우 구체적인 조기 진단으로 이어질 것이라고 믿고 있습니다.

Fiehn 교수와 동료들은 질량 스펙트럼 데이터를 최대한 많이 수집하여 과학계가 (국책 연구의 경우 무료로, Fiehn-Agilent GC/MS 라이브러리 같은 민간 연구는 소정의 이용료를 내고) 이용 가능한 데이터베이스를 구축하는데 필요한 기초작업을 벌이고 있습니다.



Agilent Technologies

“유일한 방법은 발견한 모든 물질(예를 들면, 혈장)의 복잡한 구성요소를 파악하는 것입니다. 이러한 물질은 반드시 한 가지 이상의 바이오마커가 있을 것입니다. 특정 암의 종류를 나타내는 것은 단일 분자가 아닌 하나의 패턴일 것입니다. 그러므로 이 패턴을 확인해야 합니다.”

Fiehn 교수는 “작년에 저희는 29가지 지질군을 대표하는, 복합지질 및 중성지질 질량 스펙트럼 20만 개를 포함한 데이터베이스 — LipidBlast를 발표했습니다.” 라고 밝혔습니다.

하지만 이것은 시작에 불과하다고 Fiehn 교수는 말합니다.

“많은 종에서 흔히 발견되는 당류, 아미노산, 하이드록시산 등 일차 대사물질이 존재하지만, 작은 분자의 진정한 다양성은 과량의 터페노이드나 지질, 플라보노이드, 페놀계 화합물을 통해 구현되며, 이들은 종류가 다양하고 수량이 많아 단일 연구실이나 단일 라이브러리가 이 모든 화합물 정보를 포함할 수는 없습니다.”

“그러므로 우리는 스펙트럼을 예측할 필요가 있습니다. 대사의 근본 메커니즘을 파악하려면 질량 스펙트럼을 예측할 수 있어야 합니다. 그것이 저희가 학술회와 함께 수년 간 대대적으로 진행하고 있는 작업입니다. 애질런트 및 기타 회사에서 저희를 지원해 주신 데 대해 감사 드립니다.”

이와 같은 예측을 하기 위하여 과학자들은 기존 데이터와 물리학 제1법칙을 이용하고 있습니다.

Fiehn 교수는 “특정 분자의 파편화 과정을 확인한 즉시 컴퓨터에 화학적 구조를 구축하고, ‘그 분자의 아실 체인을 더 긴 아실 체인으로 대체하거나 그 분자를 해당 메틸화된 변종으로 대체한다고 상상해 볼 수 있습니다. 이는 관찰한 이온과 존재비(Abundance) 측면에서 질량 스펙트럼에 어떤 영향을 미칠까요?’라며 “확인된 화합물의 질량 스펙트럼이 많을수록 이 모델 구축은 더 쉬워집니다.” 라고 말했습니다.

관련정보

Kind T, Liu KH, Lee do Y, DeFelice B, Meissen JK, Fiehn O. **LipidBlast in silico tandem mass spectrometry database for lipid identification.** *Nat Methods.* 2013 Aug;10(8):755-8

Fiehn O, Kim J. **Metabolomics insights into pathophysiological mechanisms of interstitial cystitis.** *Int Neurourol J.* 2014 Sep;18(3):106-14

Kind T, Meissen JK, Yang D, Nocito F, Vaniya A, Cheng YS, Vanderghaynst JS, Fiehn O. **Qualitative analysis of algal secretions with multiple mass spectrometric platforms.** *J Chromatogr A.* 2012 Jun 29;1244:139-47

Barupal DK, Haldiya PK, Wohlgemuth G, Kind T, Kothari SL, Pinkerton KE, Fiehn O. **MetaMapp: mapping and visualizing metabolomic data by integrating information from biochemical pathways and chemical and mass spectral similarity.** *BMC Bioinformatics.* 2012 May 16;13:99

www.agilent.com/chem/academia에서 과학자와 연구자의 복잡다양한 연구요건을 충족하기 위해 애질런트가 어떤 노력을 하고 있는지 확인할 수 있습니다.

연구 용도로만 사용하십시오. 진단 용도로는 사용하지 않습니다. 이 발행물에 포함된 정보, 설명 및 제품사양은 사전 공지 없이 변경될 수 있습니다.

© Agilent Technologies, Inc. 2014
2014년 12월 1일 한국에서 발행
5991-5379KO

경기도 수원시 영통구 광교로 109 9층 (KANC) 우)443-270
서울 강남구 역삼로 542 신사제2빌딩 2층 우)135-848
한국애질런트테크놀로지스(주) 생명과학/화학분석 사업부
고객지원센터 080-004-5090 www.agilent.co.kr



Agilent Technologies