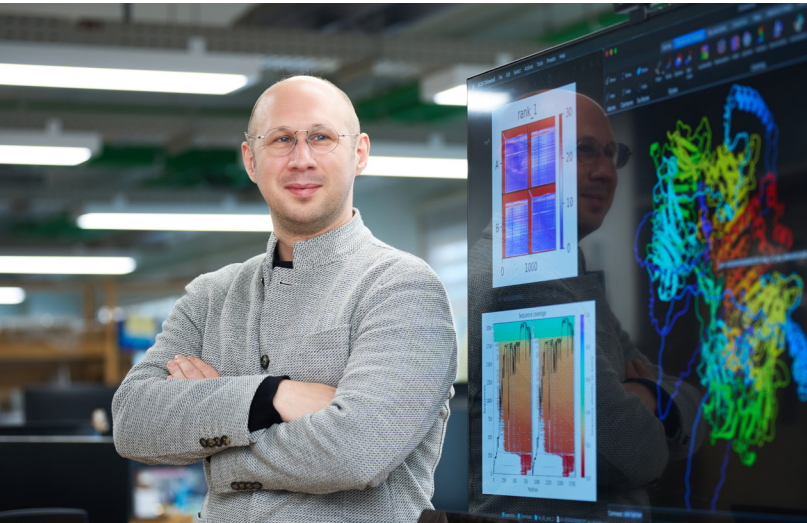




생명의 설계도를 해독하는 생명정보학자



마틴 슈타이네거 교수는 기존보다 수백 배 빠르고 정확하게 단백질 구조를 예측·분석하는 소프트웨어를 개발하는 등 빅데이터와 머신러닝 기술을 활용해 단백질 구조 분석 분야에서 혁신을 이끌었다.

IT 컨설턴트의 눈에 비친 생명 현상은 수억 년간 진화하며 쌓여온 방대한 데이터의 집합 그 자체였다. 그는 이를 해독해 의학적 난제를 해결하고 싶다는 열망으로 생물정보학에 도전했다. 마틴 슈타이네거 서울대학교 생명과학부 교수의 이야기다. 그는 소프트웨어를 도구 삼아 현대 의학이 오랜 시간 풀지 못한 단백질 구조의 수수께끼를 해결하는 토대를 마련했다. 특히 2024년 노벨 화학상을 이끈 알파폴드(AlphaFold) 2 프로젝트에 외부 인사로 유일하게 참여하며 연구 역량을 세계적으로 알렸다.

이후 마틴 슈타이네거 교수가 직접 고안한 알고리즘이 투영된 MMseqs2와 폴드시크(Foldseek), 최근 발표한 폴드메이슨(FoldMason) 기술은 전 세계 기초의학 연구의 효율성을 향상시켰다. 기존 대비 수백 배에서 수만 배 이상 빠르게 단백질의 서열과 입체 구조를 분석한다는 점이 핵심이다. 이를 통해 신약 후보 물질을 발굴하는 데 드는 시간과 비용을 획기적으로 낮추는 것은 기본이고, 우리 몸의 면역 체계 기원

을 밝히는 실마리를 찾을 수 있게 됐다. 그 성과로 마틴 슈타이네거 교수는 2년 연속 글로벌 학술정보기업 클래리베이트 ‘세계 최고 영향력 연구자’에 이름을 올리며 국제 학계에서 활약하고 있다.

오픈 사이언스로 실천하는 연구 대중화

마틴 슈타이네거 교수는 기술적 성취보다 연구 결과를 세상과 공유하는 ‘오픈 사이언스’를 중시한다. 방대한 전산 자원이 필요해 쉽게 접근하기 어려웠던 알파폴드 2를 대중화시킨 코랩폴드(ColabFold) 서버 공개가 대표 사례다. 개인용 컴퓨터로 누구나 단백질 구조를 분석할 수 있도록 돕는 이 플랫폼은 현재까지 8,000만 건 넘는 요청을 처리할 정도로 활발히 활용되고 있다.

그의 철학은 연구실 내부의 수평적 문화로도 이어졌다. 데이터 편향을 극복할 창의적 알고리즘은 다양한 시각에서 나온다고 믿기에, 과학자와 예술가 등 각계 인재를 영입하며 연구 현장의 외연을 넓히는 중이다.

“저는 기꺼이 이상주의자가 되고자 합니다. 기업의 이익보다 과학적 가치를 우선하며 기술의 혜택을 세상과 나누는 연구자가 되고 싶다는 뜻이죠. 우리가 만든 도구가 실제 치료제 개발 현장에서 쓰일 때 가장 큰 보람을 느끼기 때문입니다.”

마틴 슈타이네거 교수는 요즘 개별 단백질을 넘어 세포 속 복합체들의 상호작용을 구현하는 단백질 네트워크 시뮬레이션 연구에 집중하고 있다. 단백질 결합 네트워크를 이해하면 질병 기전을 가상 공간에서 미리 확인하고 대응할 수 있기 때문이다. 국제백신연구소(IVI) 등과 협력해 미래 팬데믹 관련 위험을 차단하고, 환자 특성에 맞춘 정밀 신약 설계 플랫폼을 완성하는 것이 최종 목표다. 데이터를 통해 차근차근 생명의 신비를 풀어나가며 의학의 미래를 위한 혁신을 계속하기를 바라고 있다. 글 최주연