

2026.8.14.(금) 00:00

(국제엠바고)

보도시점

(2026.8.14.(금) 조간)

배포 2026.8.13.(목) 09:00

바이러스의 'RNA 보호 전략'에서 mRNA 치료제 해법 찾았다

- IBS, 대규모 바이러스 분석해 RNA 안정성, 단백질 생산 높이는 조절 원리 규명
- 새로 찾은 RNA 조절 요소 'Pt1', mRNA 수명 약 3배 연장... Cell誌 게재

바이러스가 수백만 년의 진화 과정에서 터득한 '생존 전략'이 드러났다. RNA의 수명을 늘리고 단백질 생성을 획기적으로 높이는 데 적용할 수 있어 mRNA 백신과 치료제의 성능을 높이는 데 활용될 것으로 기대된다.

과학기술정보통신부(부총리 겸 과학기술정보통신부 장관 배경훈, 이하 '과기정통부')는 기초과학연구원(원장 장석복, 이하 'IBS') RNA 연구단 김빛내리 단장(서울대 석좌교수) 연구팀이 337종에 달하는 척추동물 감염 바이러스를 대규모로 분석해 RNA의 안정성과 단백질 생성을 높이는 다양한 조절 요소를 발굴하고, 이들의 작동 원리를 규명했다고 밝혔다.

이번 연구는 과기정통부의 IBS 기초과학연구단 지원 사업 및 교육부의 BK21 사업 등을 통해 수행됐다. 연구 결과는 세계 최고 권위의 학술지인 『셀(Cell)』에 8월 14일 0시(한국시간) 게재됐다.

바이러스는 아주 작은 유전체로 자신의 유전정보를 효율적으로 작동시키기 위해 숙주 세포의 RNA 조절 시스템을 정교하게 활용하도록 진화해 왔다. 특히 단백질 생산에 필요한 mRNA 말단의 'poly(A) 꼬리*'가 짧아지면 mRNA가 쉽게 분해되는데, 바이러스는 숙주 세포의 RNA 조절 효소를 이용해 꼬리를 보호하는 다양한 전략을 발달시켜 왔다.

* poly(A) 꼬리(tail): RNA를 구성하는 4가지 종류의 염기 중 하나인 아데닌(A)이 연속적으로 이어진 구조로, mRNA의 안정에 기여

연구진은 바이러스가 RNA를 조절하는 전략을 활용해 mRNA 백신과 RNA 치료제의 안정성을 높이려 했다. 이에, 지난 2023년(Cell), 2025년(Nature Biotechnology) 연구를 통해 바이러스의 RNA 안정화 요소를 발굴하고, 이를

치료용 mRNA에 적용해 안정성과 단백질 생산을 높일 수 있음을 밝힌 바 있다. 이러한 안정화 요소들은 TENT4* 효소와 결합해 mRNA의 꼬리를 강화하는 방식으로 작동한다.

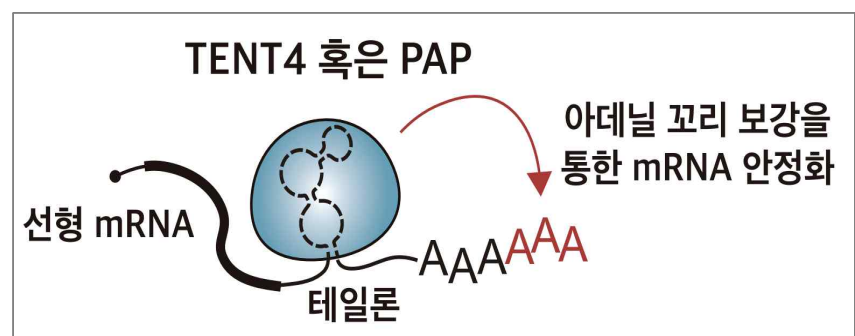
* TENT4(Terminal Nucleotidyltransferase 4): RNA 말단에 '혼합 꼬리(mixed tail)'를 형성해 분해를 억제하고 수명을 늘려주는 세포 내 RNA 조절 효소

그러나 지난 연구는 일부 바이러스와 개별 조절 요소 중심으로 이뤄져 다양한 바이러스가 진화시킨 RNA 조절 전략을 체계적으로 파악하는 데 어려움이 있었다.

이번 심화 연구에서는 척추동물 감염 바이러스 297개 속(genera), 337종에 달하는 바이러스의 유전체를 약 20만 개의 RNA 조각(타일)으로 나눠 합성하고, 대량 병렬 분석법을 활용해 바이러스 RNA 조절 요소의 다양성과 작동 기전, 진화적 특징을 체계적으로 분석했다.

분석 결과, 기존에 알려졌던 TENT4 조절 효소 활용 전략이 예상보다 훨씬 다양한 바이러스에 폭넓게 존재한다는 사실을 확인했다. 연구진은 TENT4를 이용해 RNA의 안정성과 단백질 생성을 높이는 조절 요소 23개를 찾아냈으며, 이들은 19개 바이러스 속에 걸쳐 분포했다. 서열과 구조적 특징에 따라서는 최소 6가지 유형으로 구분됐다. 이는 계통적으로 서로 먼 바이러스들이 동일한 숙주 RNA 조절 시스템을 활용하는 유사한 전략을 각각 독립적으로 진화시켜 왔음을 보여준다.

한편, 이번 분석에서는 TENT4를 이용하지 않는 새로운 조절 요소들이 다수 발견됐는데, 연구진은 이 가운데 강력한 효과를 보인 조절 요소 'Pt1*'에 주목



했다. Pt1은 기존 TENT4 기반 방식과 달리 poly(A) 꼬리를 합성하는 효소인 PAP**를 직접 끌어들이어 짧아지는 poly(A) 꼬리를 다시 연장했다. 즉, Pt1이 RNA 꼬리를 지속적으로 보충함으로써 mRNA의 분해를 늦추는 것이다.

* Pt1: 연구진이 뱀장어 피코르나바이러스(Potamipivirus)의 유전체 3'(말단) UTR(조절구간) 부위에서 발견된 RNA 조절 요소

** PAP(Poly(A) Polymerase): RNA 말단에 아데닌(A)이 반복된 poly(A) 꼬리를 합성하는 효소

연구진은 이러한 연구 결과를 바탕으로 숙주의 RNA 꼬리 조절 효소를 활용해 RNA 안정성과 단백질 생성을 높이는 바이러스 RNA 조절 요소들을 ‘테일론(tailon)’으로 명명했다.

아울러, 연구진은 Pt1이 실제로 RNA 안정성을 높이는지 확인하기 위해 일반적인 ‘선형 mRNA’에 적용하는 실험을 수행했다. 선형 mRNA는 양 끝이 열려 있어 세포 내 분해 효소에 의해 쉽게 파괴되는 한계가 있다. 그러나 실험 결과, Pt1을 붙인 선형 mRNA 꼬리(아데닌 염기)가 60개에서 194개까지 늘어나며 세포내 수명(반감기)이 7.6시간에서 23.1시간으로 약 3배 증가했으며 가장 안정적이라고 알려진 ‘원형 RNA*’ 수준으로 안정성이 크게 향상됐다.

이번 연구에서 발굴한 Pt1은 선형 mRNA의 형태를 그대로 유지하면서도 원형 RNA에 버금가는 안정성을 확보할 수 있다는 점에서 활용 가능성이 크다. 상대적으로 제조가 용이한 선형 mRNA의 장점을 살리면서 RNA의 수명과 단백질 생산을 높일 수 있어, mRNA 백신과 치료제의 성능을 높이는 새로운 혁신기술 확보의 발판이 될 것으로 기대된다.

김빛내리 IBS 연구단장은 “이번 연구는 바이러스가 숙주 세포의 RNA 조절 시스템을 이용하는 정교한 전략을 대규모로 밝혀낸 성과”라며, “발굴한 조절 요소들은 기존 mRNA 치료 기술의 한계를 극복하고 약효 지속성을 대폭 높일 수 있는 강력한 분자 도구가 될 것”이라고 성과의 의의를 밝혔다.

과기정통부 김성수 연구개발실장은 “첨단 바이오 연구 주도를 위해서는 결국 생명에 대한 근본적인 이해가 가장 중요하다”라며, “국가 과학 경쟁력 강화와 인류 공영에 기여할 수 있도록 미지의 원리를 규명하는 기초과학 연구를 꾸준히 지원해 나가겠다”고 밝혔다.

담당 부서	과학기술정보통신부 기초연구진흥과	책임자	과장	박시정 (044-202-4530)
		담당자	사무관	최승현 (044-202-4532)
연구 기관	기초과학연구원(IBS) RNA연구단	교신저자	단장	김빛내리 (02-880-9120)
		공동 제1저자	박사후연구원	서제니 (02-880-6697)
		공동 제1저자	학생연구원	이채민 (02-880-6697)
	기초과학연구원(IBS) 홍보팀	팀장	팀장	김혜민 (042-878-8227)
		담당자	행정원	이승언 (042-878-8091)



내일을 만드는 과학기술
내일을 채우는 디지털·AI

대한민국
지적브리핑



.*

연구 추가 설명

논문/저널 /저자	Functional atlas of vertebrate viral RNA elements that stabilize RNA and enhance translation / Cell (2026) 서제니(공동 제1저자, IBS/서울대), 이채민(공동 제1저자, IBS/서울대), 임동빈(IBM/서울대), 정민석(IBM/서울대), 정수진(IBM/서울대), 김빛내리(교신저자, IBM/서울대)
연구내용 보충설명	이번 연구는 수백 종의 바이러스가 자신의 RNA를 어떻게 보호하고 안정적으로 유지하는지를 보여준다. 연구진은 바이러스에서 유래한 RNA 조각들이 RNA 안정성과 단백질 생산에 미치는 영향을 대용량 분석법으로 조사하고, 여기서 발굴한 RNA 서열의 기능과 작동 원리를 검증·비교함으로써 바이러스의 유전자 조절 전략에 대한 이해를 넓혔다. 또한 이번 연구는 그동안 주로 세포핵에서 여러 RNA에 광범위하게 작용하는 것으로 알려졌던 PAP 단백질이 세포질에서 특정 RNA를 선택적으로 조절할 수 있음을 밝혔다. 이는 바이러스 RNA의 안정화 원리를 밝힌 데서 나아가, 숙주세포에도 아직 알려지지 않은 RNA 조절 기전이 존재할 가능성을 제시했다는 점에서 의미가 있다
연구 이야기	[연구 과정] 이번 연구는 2023년 수행한 인간 감염 바이러스 RNA 스크리닝에서 출발했다. 당시 연구진은 143종의 바이러스에서 유래한 약 3만 개의 RNA 서열을 분석해 RNA 안정성과 단백질 생산 효율을 높이는 RNA 서열들을 발굴했다. 그러나 일부 바이러스에서 발견한 조절 기전이 바이러스 전반에서 얼마나 널리 활용되는지는 알 수 없었다. 이에 연구진은 분석 대상을 척추동물을 감염시키는 바이러스 337종으로 확대하고, 총 19만 6,277개의 RNA 서열을 포함하는 대규모 라이브러리를 구축했다. 이어 각 서열이 RNA 안정성과 단백질 생산 효율, 최종 단백질 발현량에 미치는 영향을 상호 보완적인 여러 분석법으로 측정하고, 활성이 뛰어난 후보들을 개별적으로 검증했다. 연구진은 단백질 생산을 크게 증가시킨 상위 서열 중 다수가 TENT4 단백질에 의존한다는 사실을 발견했다. 이를 바탕으로 TENT4의 기능을 억제했을 때 각 바이러스 RNA 서열의 활성이 어떻게 달라지는지를 대규모로 분석하는 후속 스크리닝을 진행했다. 그 결과 TENT4에 의존하는 23개의 조절 서열을 찾아냈으며, 이들이 이용하는 보조 단백질과 RNA 염기서열 및 구조를 분석해 6개 유형으로 분류했다. 이는 TENT4를 이용한 RNA 안정화가 일부 바이러스에 국한된 현상이 아니라, 서로 다른 바이러스 계통에서 반복적으로 나타나는 광범위한 조절 전략임을 보여준다. 한편, 상위 후보 가운데 Pt1은 TENT4의 기능을 억제해도 활성이 유지됐다. 연구진은 Pt1에 결합하는 단백질을 찾기 위한 질량분석과 mRNA 꼬리 길이 측정, 정제 단백질을 이용한 시험관 실험 등을 수행했다. 이를 통해 Pt1이 PAP 단백질과

직접 결합해 세포질에서 RNA의 아데닌 꼬리를 연장하고, 선형 mRNA를 안정화한다는 작동 원리를 규명했다.

연구진은 상위 후보 서열을 치료용 mRNA에 적용해 추가 스크리닝도 진행했다. 그 결과 발굴된 서열들은 치료용 mRNA에 널리 사용되는 변형염기인 메틸수도 유리딘(N1-methylpseudouridine)이 포함된 경우에도 활성을 유지했다. 메틸수도 유리딘은 RNA에 대한 세포의 면역반응을 줄이고 단백질 생산을 높이는 데 기여하는 변형염기로, 코로나19 mRNA 백신 개발에도 활용됐다. 이러한 변형염기와 함께 사용할 수 있는 테일론은 향후 mRNA 백신과 치료제의 성능을 높이는 데 활용될 가능성이 있다.

[어려웠던 점]

가장 큰 어려움은 약 20만 개에 이르는 바이러스 RNA 서열을 동일한 조건에서 정확하게 비교할 수 있는 실험 체계를 구축하는 일이었다. 이를 위해서는 바이러스에 대한 이해뿐만 아니라 RNA와 유전자를 다루는 분자생물학적 기술, 대용량 서열 데이터를 처리하는 생물정보학적 분석 기술이 함께 필요했다.

연구진은 서로 다른 원리를 이용하는 여러 스크리닝을 병행하고, 이들 분석에서 공통적으로 활성을 보이는 서열을 선별했다. 이후 각 후보를 개별 실험으로 다시 검증해 대규모 분석에서 발생할 수 있는 오류를 줄였다.

Pt1의 경우 PAP 단백질이 주로 세포핵에서 작동하는 것으로 알려져 있었기 때문에, 이 단백질이 세포질에서 특정 mRNA의 꼬리를 연장한다는 결과를 해석하고 검증하는 데 특히 많은 실험이 필요했다. 연구진은 세포 내 단백질 제거 실험과 시험관 생화학 실험을 반복해 PAP 단백질이 Pt1을 직접 인식하고, 별도의 보조 인자 없이 아데닌 꼬리를 연장한다는 사실을 확인했다.

[성과 차별점]

기존 연구는 주로 개별 바이러스나 이미 알려진 조절 서열을 중심으로 이루어졌다. 이번 연구는 297개 속에 걸친 척추동물 감염 바이러스 337종을 대상으로 RNA 서열의 기능을 동시에 스크리닝함으로써, 바이러스의 RNA 조절 기전을 계통과 유전체 수준에서 분석할 수 있는 대용량 플랫폼을 제시했다. 또한 이 플랫폼은 배양이 어렵거나 위험성이 높아 직접 연구하기 어려운 바이러스도 실제 감염 실험 없이 대규모로 조사할 수 있다는 장점이 있다.

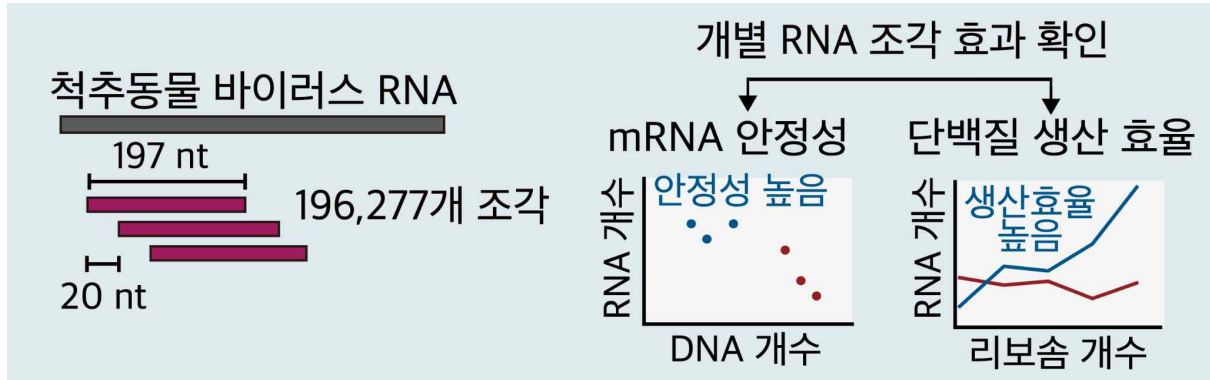
또한 Pt1을 통해 기존에는 주로 세포핵에서 RNA 가공에 관여하는 것으로 알려졌던 PAP 단백질이 세포질에서 특정 RNA를 선택적으로 조절할 수 있음을 밝혔다. 이는 바이러스 RNA 조절에 대한 이해를 넓힌 데서 나아가, 숙주세포에도 아직 알려지지 않은 세포질 RNA 안정화 기전이 존재할 가능성을 제시한다.

[향후 연구계획]

이번 연구를 통해 다양한 테일론을 발견했지만, 대부분은 아직 구체적인 작동 원리가 밝혀지지 않았다. 앞으로 각 유형의 테일론이 어떤 단백질과 결합해 작동하는지 분자적 기전을 규명할 계획이다.

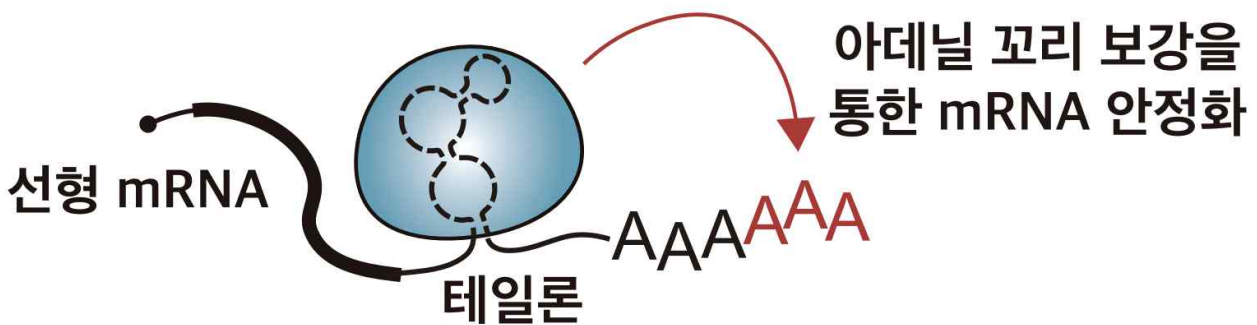
또한 테일론이 mRNA 치료제의 성능을 개선할 수 있는지를 추가로 검증하고, 향후 희귀질환 및 암 치료제 개발에 적용할 계획이다.

그림 설명



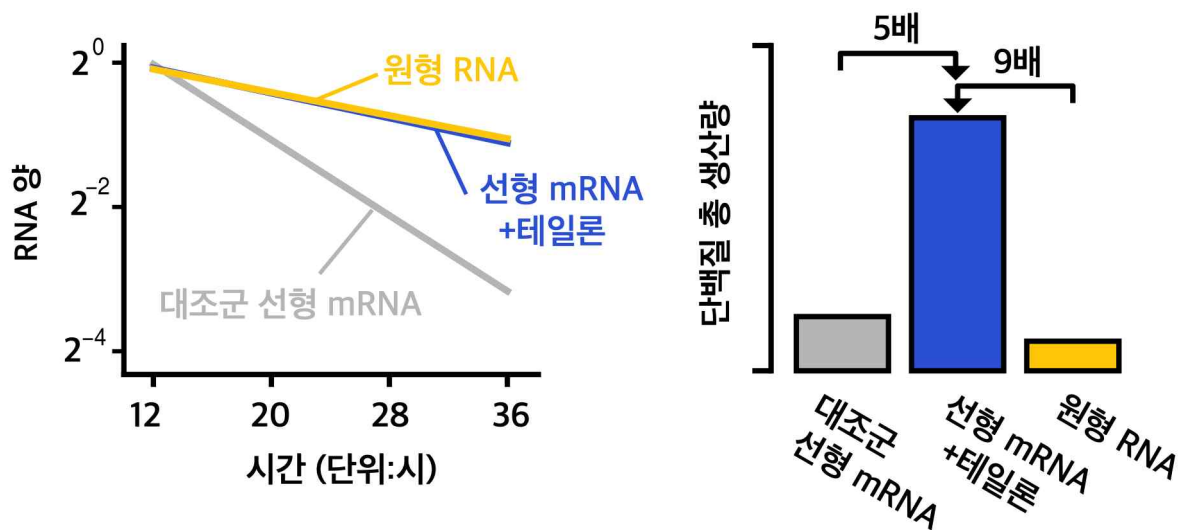
[그림1] 바이러스에서 mRNA 안정성과 단백질 생산 효율 높이는 조절 서열 스크리닝 연구진은 척추동물을 감염시키는 바이러스 337종의 유전체를 약 200개 염기 길이로 나눠 약 20만 개의 서열 조각을 제작했다. 각 조각을 mRNA에 포함시킨 리포터를 제작 후 세포에 넣어 mRNA의 안정성에 미치는 효과와 단백질 생산 효율에 미치는 효과를 각각 측정했다.

TENT4 혹은 PAP



[그림2] 테일론 작용 메커니즘

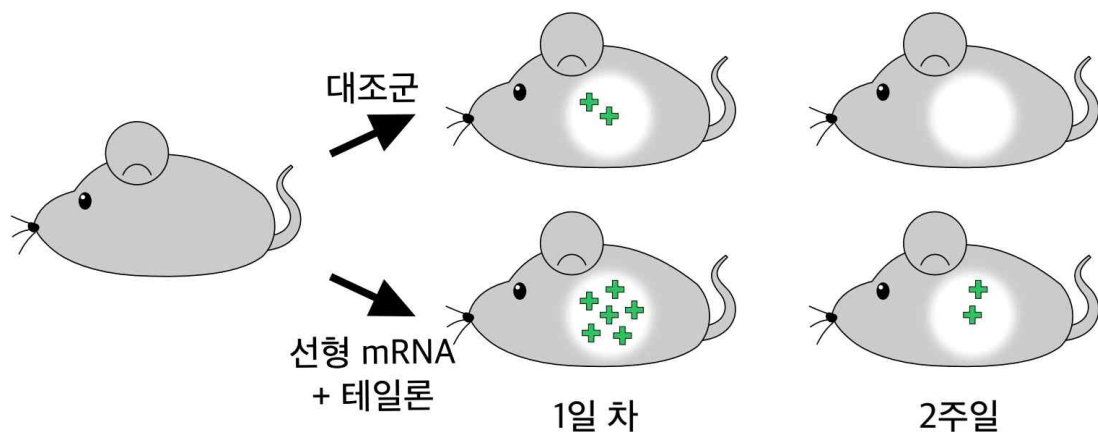
mRNA에 존재하는 테일론 서열은 TENT4 또는 PAP 단백질과 결합한다. 결합한 효소는 mRNA의 아데닐 꼬리(poly(A) tail)를 보강하여 mRNA를 안정화시킨다.



[그림3] 테일론 선형 mRNA의 RNA 안정성과 단백질 생산 측정

(왼쪽) RNA가 시간에 따라 세포에 얼마나 남아 있는지 측정한 결과이다. 대조군 선형 mRNA는 빠르게 분해되고, 테일론 서열을 포함한 선형 mRNA는 원형 RNA 수준으로 유지된다.

(오른쪽) 단백질의 총 생산량을 측정한 결과이다. 테일론 서열을 포함하는 선형 mRNA의 경우, 일반 선형 mRNA에 비해 5배, 원형 RNA(circular RNA)에 비해 약 9배의 단백질을 생산한다.



[그림4] 생쥐를 이용한 테일론 치료용 mRNA의 효과 검증

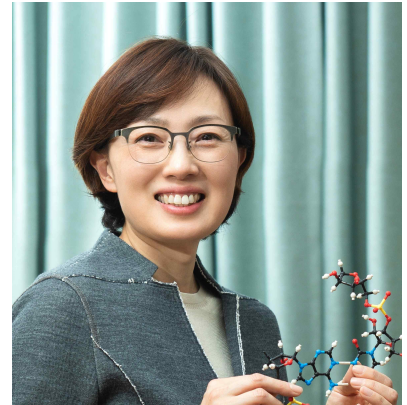
테일론을 포함하는 선형 mRNA와 대조군(테일론이 없는 선형 RNA나 원형 RNA)을 각각 생쥐에 투여한 뒤 단백질 생산을 관찰하였다. 테일론을 포함하는 선형 mRNA는 투여 2주 후에도 신호가 남아 있었지만, 대조군 RNA에서는 1일이 지나면 신호가 거의 나타나지 않았다.

연구진 이력사항

<김빛내리 IBS RNA 연구단장, 교신저자>

1. 인적사항

- 소 속 : 기초과학연구원(IBS) RNA 연구단장
서울대학교 생명과학부 석좌교수
- 전 화 : 02-880-9120
- e-mail : narrykim@ibs.re.kr / narrykim@snu.ac.kr



2. 학력

- 1988 - 1992 : 서울대학교 미생물학과 학사
- 1992 - 1994 : 서울대학교 미생물학과 석사
- 1994 - 1998 : Oxford University 생화학 박사

3. 경력사항

- 1999 - 2001 : 美 University of Pennsylvania 박사후연구원
- 2001 - 2004 : 서울대학교 연구조교수
- 2004 - 현재 : 서울대학교 생명과학부 조교수, 부교수, 교수
- 2006 - 2008 : 국가과학기술자문회의 위원
- 2010 - 2012 : 교육과학기술부·한국연구재단 지정 국가과학자
- 2010 - 2016 : 서울대학교 중견 석좌교수
- 2010 - 현재 : Cell 편집위원
- 2011 - 2012 : International RNA Society 디렉터
- 2012 - 현재 : IBS RNA 연구단장
- 2013 - 2014 : 국가과학기술자문회의 위원
- 2013 - 현재 : 유럽분자생물학기구(EMBO) 외국인 회원
- 2014 - 현재 : 미국 국립과학원(NAS) 외국인 회원
- 2014 - 현재 : 한국과학기술한림원 회원
- 2015 - 현재 : Science 편집위원
- 2017 - 현재 : 서울대학교 석좌교수
- 2021 - 현재 : 영국 왕립학회(Royal Society) 외국인 회원

4. 수상실적

- 2007 : 과학기술정보통신부 젊은과학자상
- 2007 : Thompson Scientific Citation Award
- 2008 : 로레알-유네스코 여성과학자상
- 2009 : 호암상 의학 부문
- 2010 : 아모레퍼시픽 여성과학자상
- 2013 : 에쓰오일 선도과학자 펠로십
- 2013 : 대한민국 최고과학기술인상
- 2017 : Chen Award
- 2019 : 아산의학상 기초의학 부문
- 2021 : 제4회 라이나50+어워즈 대상
- 2024 : 제3회 임성기연구자상 대상
- 2025 : 제24회 한국분자·세포생물학회 생명과학상
- 2026 : 과학기술훈장 창조장
- 2026 : 2027년 HFSP 나카소네상 선정

<서제니 IBS RNA 연구단 박사후연구원, 공동 제1저자>

1. 인적사항

- 소 속 : 기초과학연구원(IBS) RNA 연구단
- 전 화 : 02-880-6697
- e-mail : rjenny204@gmail.com



2. 학력

- 2015 - 2018 : 서울대학교 학사 (생명과학부)
- 2019 - 2024 : 서울대학교, 석박통합과정 (생명과학부)
- 2024 - 2025 : 서울대학교 박사후연구원 (생명과학부)

3. 경력사항

- 2024 - 2025 : 서울대학교 RNA 연구단 박사후연구원
- 2025 - 현재 : Harvard Medical School 박사후연구원

<이채민 IBS RNA 연구단 학생연구원, 공동 제1저자>

1. 인적사항

- 소 속 : 기초과학연구원(IBS) RNA 연구단
- 전 화 : 02-880-6697
- e-mail : cmlee1260@snu.ac.kr



2. 학력

- 2019 - 2023 : 서울대학교 학사 (생명과학부)
- 2023 - 현재 : 서울대학교 생명과학부 석박사통합과정 (수료)