

Part 2. DNA와 설계도 강의안

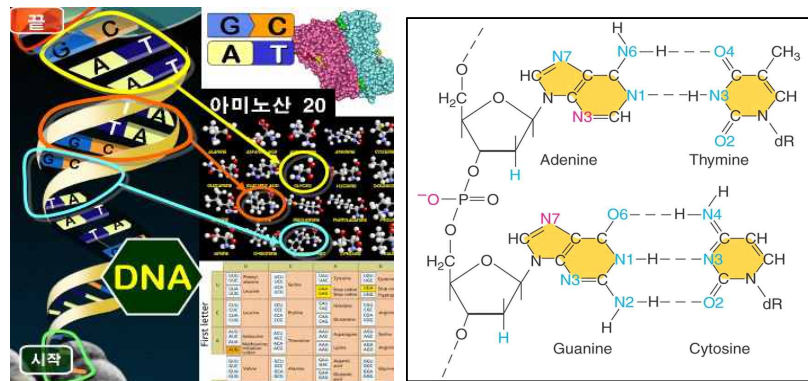
1. 생명체의 설계도, DNA와 지적설계

1) 생명체의 설계도, DNA

잠자리(Dragonfly)와 같은 생명체를 누군가가 만든 것인지 아니면 오랜 시간을 통해 진화과정을 통해 우연히 발전되어온 것인지에 대해서 생각해 볼 때 반드시 고려해야 하는 사실은 잠자리 안에 숨겨져 있지만 분명하게 존재하는 잠자리 몸체에 대한 설계도이다. 인간의 몸과 마찬가지로 잠자리는 분명히 자신의 설계도를 가지고 있다. 우리의 눈으로 직접 보이지 않는다고 하여, 또한 수치화되어 있지 않다고 해서 설계도가 없다고 말할 수는 없다.

고즈넉한 전원주택과 같은 건축물이 누군가에 의해 만들어진 것이라는 확신을 뒷받침하는 가장 직접적인 증거는 여러 가지가 있을 것이다. 재료의 존재, 복잡한 집의 구조, 그 집의 쓰임 용도 등이 있지만 그 중에서도 결정적인 증거는 설계도의 존재이다. 이러한 설계도가 있음으로 인해 사람들이 갖고 있는 ‘전원주택은 만들어졌다’라는 믿음이 구체적으로 증명될 수 있는 것이다.

하지만 ‘생명체가 누군가에 의해 설계된 증거가 있는가?’라는 동일한 질문에 대해서는 그저 ‘우연히 존재했던 물질로부터 발생한 최초의 단세포가 오랜 시간을 거쳐 진화하였다’라는 대답이 주를 이루는 것을 볼 수 있다. 이는 생명체에 대한 설계도가 존재한다는 사실에 대한 인식의 부족을 보여주는데 이에 대한 원인을 여러 가지로 살펴볼 수 있지만 대표적인 원인은 진화론적인 세계관 교육 때문이라고 생각된다. 이는 일반 대중들이 생명체가 창조되었을 가능성을 생각하지 못하는 중요한 원인이라 할 수 있다. 모든 사람들이 자신만의 고유한 설계도가 존재한다는 과학적 사실을 인식하는 것은 생명체의 창조자를 인식하게 하는 중요한 징검다리가 된다.



생명체의 설계도는 각 생명체마다 가지고 있는 DNA(deoxyribonucleic acid)이다.¹⁾

1) Robert F. Weaver, 『Molecular Biology』. A Brief History, 1999. 3-17: DNA의 구조 연구는 1871년, 미이셔(Johann Friedrich Miescher, 1844~95)가 핵산(核酸)이라는 물질을 발견함으로써 시작되었다. 그러나 핵산이 발견된 후에도 오랫동안 이것의 화학구조는 베일에 싸여 있었는데 1944년, 아베리(Oswald Theoder Avery, 1877~1955)가 폐렴쌍구균(肺炎雙

DNA의 구조와 기능이 자세히 밝혀지기 전에는 생명체 속에 내재되어 있는 설계도의 존재에 대해서는 전혀 인식할 수 없었다. 그러나 오늘에 와서 분자생물학적 연구에 의해 DNA의 구조와 기능이 상세하게 밝혀지면서 드러난 사실이 바로 생명체마다 설계도가 존재한다는 사실이다. DNA는 생물체 특유의 세포분열과 자기복제(Replication), 유전현상, 생식현상에 있어서 중심 물질이다. DNA가 생명체의 설계도인 이유는 그 기본적인 원리를 통해 이해할 수 있는데 유전물질인 DNA 구조가 자기복제를 명령하고 있기 때문에 똑같은 세포를 만들 수 있고 더 나아가 생식을 통하여 똑같은 정보를 가진 생명체를 만들 수 있다(엄밀히 말하면 부모의 유전자를 반씩 가진). 자동차나 집과 같은 구조물도 설계도가 있다면 똑같은 것을 만들 수 있다. 이 때문에 DNA를 설계도라고 부르는 것이다.

아미노산 (Amino Acid)			
이름	상징	이름	상징
Alanine	Ala/A	Leucine	Leu/L
Arginine	Arg/R	Lysine	Lys/K
Asparagine	Asn/N	Methionine	Met/M
Aspartic acid	Asp/D	Phenylalanine	Phe/F
Cysteine	Cys/C	Proline	Pro/P
Glutamic acid	Glu/E	Serine	Ser/S
Glutamine	Gln/Q	Threonine	Thr/T
Glycine	Gly/G	Tryptophan	Trp/W
Histidine	His/H	Tyrosine	Tyr/Y
Isoleucine	Ile/I	Valine	Val/V

표 1 20개 아미노산의 각각의 이름과 상징

예를 들어 어떤 건물을 만드는데 어떤 벽돌을 어떻게 쌓아올리느냐에 따라서 건물의 구조와 모양과 기능이 달라질 수 있다. 그런데 어떤 벽돌을 어떻게 쌓아올리느냐에 대한 내용(정보)을 그림으로 그려놓거나 글로 상세하게 표현해 놓은 것이 있다면 우린 그것을 설계도라고 부른다. 생명체에도 이와 유사하게 20종류의 아미노산을 어떤 순서로 어떻게 배열하는가를 기록해 놓은 정보물질이 있는데 이것이 바로 모든 세포마다 들어있는 DNA라 할 수 있으며 좀 더 정확하게는 유전자라고 부르는 부분이다. 유전자란 DNA 중에 단백질을 만드는데 사용되는 DNA의 염기순서²⁾를 말하며 결국 DNA는 우리 몸을 이루는데 필요한 모든 종류의 단백질을 합성할 수 있는 정보가 구조화되어 있는 유전물질이다. DNA의 분자구조는 언어의 원리로 되어있는데 이러한 이유로 생명언어라고 불리며 그래서 DNA는 그 누구도 부인할 수 없는

球菌)의 형질전환을 일으키는 물질이 DNA라는 사실을 발견하였다. 그리고 10여 년 후인 1953년, 윌킨스(Maurice H. F. Wilkins, 1916~)와 프랭클린(Rosalind E. Franklin, 1920~50)은 DNA의 X선 회절 사진 촬영에 성공하였으며 이 사진을 근거로 같은 해, 미국의 왓슨(James Dewey Watson, 1928~)과 그의 영국인 지도교수 크릭(Francis Harry Compton Crick, 1916~)은 DNA의 분자구조, 즉 이중 나선구조를 발견하였다.

2) DNA의 이중나선 사다리의 가로막대를 이루는 것은 쌍으로 결합되어 있는 염기들인데 염기에는 4종류가 있으며 아데닌(Adenine), 티민(Thymine), 구아닌(Guanine), 및 시토신(Cytosine)이다. 네 가지 염기 A, T, G, C는 유전정보의 알파벳이라고 할 수 있으며 A는 T 하고만 결합되어 **[A=T]** 이중결합을 이루며 G 는 C 하고만 결합하여 **[G≡C]** 삼중결합을 이룬다.

생명체의 설계도라고 부르는 것이다.

오늘날 첨단 과학기술은 점점 고도로 발달하여 컴퓨터 하드 디스크와 반도체의 메모리 칩, 광학 디스크 등과 같은 곳에 많은 정보들을 고밀도로 집적시킬 수 있게 되었다. 그러나 이 모든 것들은 기본적으로 물체의 표면(surface)에 정보들을 저장하고 있는 반면에 생명체의 DNA는 정보를 3차원적인 구조로 저장하고 있다.³⁾ DNA는 이 우주 내에서 지금까지 알려진 바로는 최고의 집적도로 저장되어있는 정보 저장 메커니즘의 결정체인 것이다. 이러한 고집적 정보저장 시스템의 설계는 뛰어난 지성을 가진 지적설계자의 존재를 우리에게 주장하고 있는 것이다. 그리고 이러한 DNA에 저장된 엄청난 양의 생명체에 관한 정보들이 그들의 세대와 세대를 통해 계속 복사되어 다음 세대로 그대로 전달되어진다는 것은 정보를 만든 자와 이 정보를 통하여 생명체를 보존하고자 의도하는 지성을 가진 설계자에 대하여 충분히 생각해 볼 수 있게 만든다.

DNA						RNA					
SECOND BASE											
FIRST BASE	T	C	A	G			U	C	A	G	
	TTT: Phe TTC: Phe TTA: Leu TTG: Leu	TCT: Ser TCC: Ser TCA: Ser TCG: Ser	TAT: Tyr TAC: Tyr TAA: Stop TAG: Stop	TGT: Cys TGC: Cys TGA: Stop TGG: Trp	T C A G		UUU: Phe UUC: Phe UUA: Leu UUG: Leu	UCU: Ser UCC: Ser UCA: Ser UCG: Ser	UAU: Tyr UAC: Tyr UAA: Stop UAG: Stop	UGU: Cys UGC: Cys UGA: Stop UGG: Trp	U C A G
	CTT: Leu CTC: Leu CTA: Leu CTG: Leu	CCT: Pro CCC: Pro CCA: Pro CCG: Pro	CAT: His CAC: His CAA: Gln CAG: Gln	CGT: Arg CGC: Arg CGA: Arg CGG: Arg	T C A G		CUU: Leu CUC: Leu CUA: Leu CUG: Leu	CCU: Pro CCC: Pro CCA: Pro CCG: Pro	CAU: His CAC: His CAA: Gln CAG: Gln	CGU: Arg CGC: Arg CGA: Arg CGG: Arg	U C A G
	ATT: Ile ATC: Ile ATA: Ile ATG: Met	ACT: Thr ACC: Thr ACA: Thr ACG: Thr	AAT: Asn AAC: Asn AAA: Lys AAG: Lys	AGT: Ser AGC: Ser AGA: Arg AGG: Arg	T C A G		AUU: Ile AUC: Ile AUA: Ile AUG: Met	ACU: Thr ACC: Thr ACA: Thr ACG: Thr	AAU: Asn AAC: Asn AAA: Lys AAG: Lys	AGU: Ser AGC: Ser AGA: Arg AGG: Arg	U C A G
	GTT: Val GTC: Val GTA: Val GTG: Val	GCT: Ala GCC: Ala GCA: Ala GCG: Ala	GAT: Asp GAC: Asp GAA: Glu GAG: Glu	GGT: Gly GGC: Gly GGA: Gly GGG: Gly	T C A G		GUU: Val GUC: Val GUA: Val GUG: Val	GCU: Ala GCC: Ala GCA: Ala GCG: Ala	GAU: Asp GAC: Asp GAA: Glu GAG: Glu	GGU: Gly GGC: Gly GGA: Gly GGG: Gly	U C A G
						THIRD BASE					

표 2 일반적인 유전암호

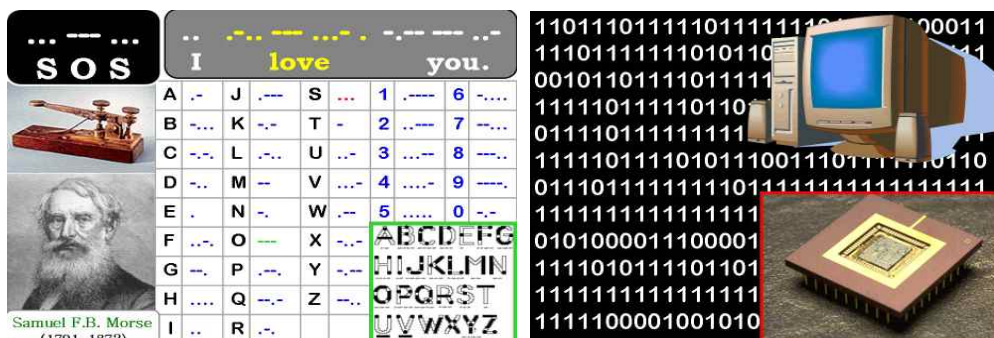
생명체가 우연히 무기물로부터 생겨났고, 그리고 그 안에 존재하는 엄청난 양의 정보들도 우연히 생겨났다는 생각을 지지하는 어떠한 과학적 법칙이나 실험은 없다. 그와는 반대로 모든 생물체들 안에서 발견할 수 있는 정보는 그것을 만들고 보낸 지적설계자가 존재하고 있다는 것을 가리키고 있음을 충분히 생각해볼 수 있다.

2) 생명체언어와 컴퓨터언어의 비교

이와 같은 과학적 사실들과 원리들을 근거로 하여 생명체의 기원에 대한 문제를 제기해 보자. 과연 생명체의 유전부호는 누가 고안한 것인가? 여기서 우리는 생명체의 설계도가 어떻게 존재하게 되었는가에 대해 창조론적인 관점에서는 ‘누군가가 고안했을 것이다’라고 믿

3) Rohs, R., West, S. M., Sosinsky, A., Liu, P., Mann, R. S., & Honig, B. (2009). The role of DNA shape in protein - DNA recognition. *Nature*, 461(7268), 1248.

을 수 있으며 한편 ‘오랜 시간동안의 물리화학적 과정을 거쳐 자발적으로 생겨난 것이다’ 라고 하는 진화론적 관점으로 믿을 수도 있다. 그러나 우리는 무선 부호와 2진법의 원리를 이용한 컴퓨터를 누가 고안한 것인지를 잘 알고 있다. 즉 우연의 산물이 아닌 지적설계능력을 가진 인간에 의한 설계되었다고 보는 인식이 일반적인 인식일 것이다. 이는 다른 말로 한다면 창조론적인 인식이다. 이렇듯 지적설계능력은 오늘날 과학기술을 통해 개발되는 모든 발명품을 존재하게 하는 원인이 되고 있으며 우리가 사용하는 언어들도 모두 지적설계능력의 결과들인 것이다.



우리가 첫 번째로 특별히 관심을 가져야 할 부분은 무선 부호(-, .)와 컴퓨터 부호(0, 1)가 모두 두 개의 구별된 신호로서 다양한 조합으로 메시지가 기록되어 있듯이 생명체 속에도 생명언어 알파벳(A, T, G, C)인 네 개의 DNA 염기 중 세 개가 모여 구별된 암호로 작용한다는 것이다.

두 번째로 눈여겨 볼 것은 생명언어인 세포내의 DNA와 컴퓨터내의 반도체 재료가 둘 다 흙이라는 점이다. 반도체는 실리콘이라 불리는 규소가 중요한 성분인데 고운 모래로부터 추출된다. 생명체도 흙으로 구성되어있기에 죽으면 흙의 성분으로 돌아간다.

세 번째로 공통점은 둘 다 거대한 정보를 가지고 있다는 점으로 두 개의 용량의 차이를 비교해보자. 용량의 차이가 어느 정도 나는데 생명언어인 DNA는 세포 하나당 30억 개의 염기인 (A, T, G, C)가 존재하여 그것이 하나의 문자처럼 사용되므로 30억 bit가 10마이크로미터 안에 존재한다. 이를 책으로 환산하면 그 염기배열을 ATGCAGTCATG...와 같이 기록할 경우 대략 A4 용지에 3,000자 정도로 쓸 수 있다고 했을 때 약 1백만 페이지를 쓸 수 있다. 이는 1,000 페이지 정도의 단행본 1천권을 가득 채울 수가 있는 것으로, 2007년 기준으로 반도체 용량을 보았을 때 64기가비트 용량이므로 손톱만한 크기의 반도체 안에 640억 개의 비트가(0, 1)이 존재한다. 이를 성경책으로 환산하면 약 20,000권을 저장할 수 있는 용량이다. 정보량이 반도체 칩이 훨씬 많아 보이지만 이는 크기의 차이를 간과하고 계산한 결과이다. 크기에 있어서 세포가 1,000배나 작기에 부피를 따져보면 두 가지의 정보 집적도를 살펴본 결과 세포내의 DNA가 반도체칩보다 10억 배나 더 많이 정보를 담을 수 있게 된다. 그러므로 정보 용량은 1천권 대 2만권이 아니라 1조권 대 2만권이라는 것이다. 이는 생명체가 집적도에서 5천만배 이상의 우위를 가진다.

최근 연구결과에 의하면 미래의 데이터 저장 장치로 DNA가 떠오르고 있다.⁴⁾ 미래에

4) The ScienceTimes, "늘어나는 데이터, DNA에 간편 저장" 2017년 3월 28일자 뉴스,

인류의 데이터 저장 장치가 생물들이 갖고 있었던, DNA가 될 수 있다는 사실을 생각해 본다면 생명체의 존재가 우연이라는 생각하기가 쉽지 않을 것이다. 오늘날 빠르게 변화되는 정보화 시대에서, 서버 관리 회사들이 사용하는, 데이터 속도에 중요한 핵심 메모리들은 쓸모없는 것이 될 수도 있어 보인다. 현대 인류는 막대한 양의 정보를 생산해내고 있다. 기업과 정부는 정보의 이해와 조작을 통해, 사람이 더 읽기 쉽고, 관리하기 쉬우며, 제어도 가능한 것처럼 보이는, 데이터의 활용 방법을 찾기 위해 노력하고 있다. 현재 존재하는 물리적 도서관, 물리적 기록보관소, 물리적 서가를 통해서는 계속 증가하는 정보의 저장에 한계가 있어 보인다. 엄청난 양의 전력을 사용하고 있고, 온라인 인프라 구축은 비용이 많이 들고, 많은 에너지가 필요하며, 취약하다. 그것의 수명 또한 한정되어있다. 이러한 하드디스크는 한 번의 전자기 펄스(electromagnetic pulse, EMP)에 의해서, 이 모든 데이터들은 접근할 수 없게, 쓸모없게 될 수 있다.

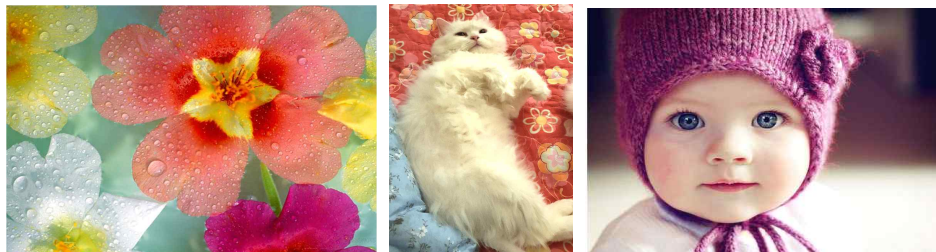
	세포내 DNA	반도체
원리	언어(A,G,T,C)	언어(0,1)
재료	흙(C,H,O,P,N,...)	흙(Si, Ge,...)
용량	30억bit/cell	640억bit/chip
성서	1,000권	20,000권
크기	세포=1~10 μ m	칩=1cm

이러한 문제들을 해결할 수 있는 효과적인 저장 장치가 있는데, 그것은 바로 DNA이다. NAM(Nucleic Acid Memory)으로 요약되고 있는 핵산메모리는 오랫동안 안전하게 정보를 저장할 수 있는 정보저장장치로 부상하고 있다. DNA는 다른 어떤 저장장치보다도 내구성이 있고, 그것의 인위적인 생산과 정보의 판독이 점점 더 쉬워지고 있다. 적절한 보관 조건하에서는 수천 년 동안에도 유지가 가능하다. 또한 고도의 직접도를 가지고 있기에 DNA는 적은 공간을 차지하며 환경의 영향을 그다지 받지 않는다. 이러한 기술은 아직은 초기 단계이지만, 나노기술과 유전자 분석기술의 발전으로 인해 핵산을 이용한 정보저장장치의 발전에 있어 놀라운 결과를 가져올 것이다. 즉, 정보의 고밀도의 집적 저장장치로서 DNA가 중요한 역할을 하게 될 것이다. 이러한 초고도의 복잡성과 집적능력을 가진 DNA가, 엄청난 규모를 자랑하는 유전정보를 포함하고 있다는 것을 무작위적인 과정을 통하여, 우연히 생겨났다고 생각하는 것은 합리적이지 않아 보인다.

3) 생명체의 창조자에 대한 자연과학적 인식

DNA가 생명체의 설계도라는 사실이 밝혀지기 전까지는 생명체 속에 설계도가 들어 있을 것이라는 예상을 하기 어려웠을 것이다. 따라서 DNA에 대한 연구가 어느 정도 이루어지기까지는 생명체의 창조자가 존재하였을 것이라는 주장은 과학적인 근거 보다는 교리적 설명 내지는 성경의 기록에만 의존할 수밖에 없었다. 그러나 생명체마다 설계도가 내재되어 있다는 것이 확인된 시점부터는 성경의 기록에만 의존하던 창조에 대한 믿음의 근거가 과학적인 증거

들에 의해 좀 더 구체적으로 뒷받침될 수 있게 되었다.



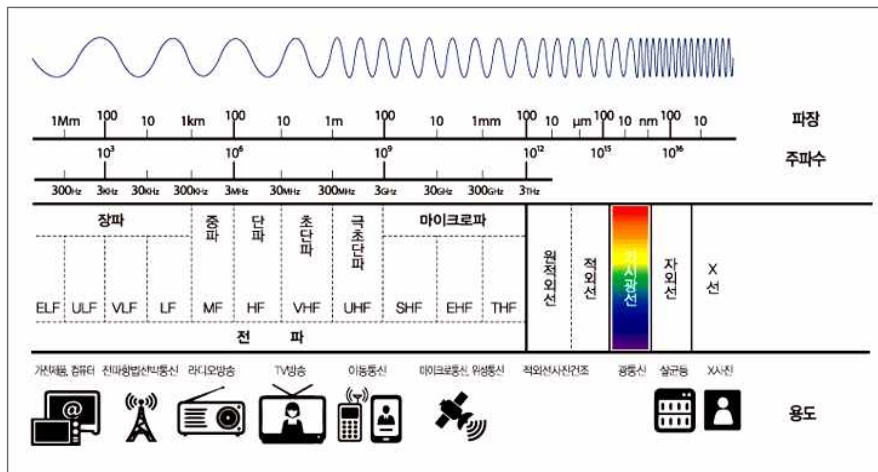
이전까지는 생명체의 구조와 기능이 정교하다는 사실을 들어서 창조자의 존재를 매우 어렵풋하게 인식할 수 있었다면 이제는 생명체마다 설계도인 DNA가 내재되어 있다는 사실을 근거로 하여서 창조자의 존재를 보다 분명하게 인식할 수 있게 된 것이다. 반도체칩보다도 더 뛰어난 작품인 생명체의 칩이라 할 수 있는 DNA는 ‘인간보다 뛰어난 지적설계능력을 가진 존재가 만들었다’라고 생각하는 것이 우리의 이성적인 판단이며 합리적인 인식일 것이라고 본다. 그 지적설계자가 바로 생명체의 창조자일 것이다.

4) SETI프로젝트와 만물의 창조주

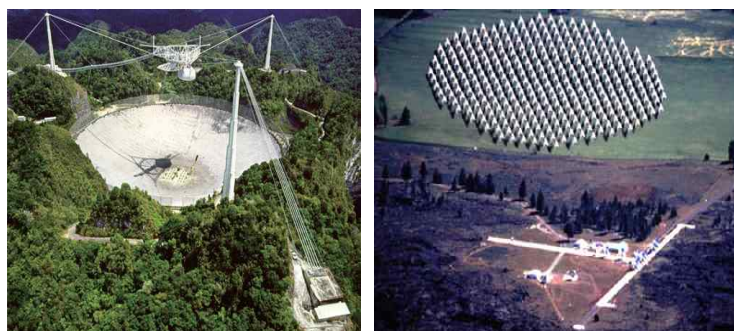
우주 어딘가에는 혹시 우리와 비슷한 모습과 지능을 가진 외계 지적 생명체가 살아 가고 있을까라는 질문에 대해 그동안 많은 과학자들은 대체로 부정적인 입장을 취해왔다. 생명체의 존재 가능성이 있는 지구형 행성은 많지 않으며 그나마 그 지구형 행성들조차 생명체가 살기에는 너무나 극단적인 온도와 희박한 공기 등의 환경을 지녔다는 이유에서다.

하지만 지구 밖 외계에 고도의 문명과 과학의 발전을 이룬 지적인 생명체가 존재할 가능성을 믿는 사람들은 여전히 많이 있는데 우주로부터(pan/all) 진화된 생명체의 씨앗(sperma)이 지구로 날아와 수많은 종으로 진화되었다는 범균비래설을 주장하는 학자들도 있다. 그들에 의해 진행되는 프로젝트가 전파로 외계 지적 생명체를 탐사하는 프로젝트이다.

외계의 지적생명탐사(영어: Search for Extra-Terrestrial Intelligence; SETI)는 외계 지적생명체를 찾기 위한 일련의 활동을 부르는 말이다. 외계 행성들로부터 오는 전자기파를 찾거나 그런 전자기파를 보내서 외계 생물을 찾는 것을 목적으로 한다. 최초에는 미국 연방 정부의 후원을 받는 국가지원 프로젝트였으나 별다른 성과가 없자 예산 낭비라는 비판을 받아 지원이 축소되었다. 미국 내의 SETI 프로젝트는 분산 컴퓨팅 프로젝트 SETI@home 등을 통한 개인 및 수많은 과학자와 기업, 대학의 지원으로 수행되고 있으며 이외에도 다양한 나라에서 연합 및 개별적인 SETI 프로젝트가 진행되고 있다. SETI 프로젝트는 전파망원경을 통한 과학적인 방법으로 외계생명체의 존재를 찾고자 하는 노력의 일환으로 시행되고 있다. 즉 자연발생 전파와 인공전파의 구분을 통하여 외계로부터 오는 전파의 지적생명체의 유무를 아는 것이다.



자연 발생 전파는 주기성이 없고, 전파 강도나 파장 분포가 종을 거꾸로 엮어 놓은 것 같은 모양을 지니고 있다.⁵⁾ 인공 전파는 주기성이 있고 파형이 변화할 수 있으며, 특정 주파수대에 국한 되는 협대역일 가능성이 높다. 이 차이는 전파를 보내거나 받을 때 자연 전파와의 구분을 가능하게 해준다. 여기서 전자파란 주파수가 높은 순서대로 분류하여 감마선 (Gamma ray), X선, 자외선, 가시광선(빛), 적외선, 전파(초고주파, 고주파, 저주파, 극저주파) 등이 있다. 전파(電波)는 전자파의 일종으로서 그 주파수가 3000GHz(1초에 3조번 진동)이하의 것을 말하며, 그 주위에는 여러 가지 형태로 이용 되고 있으며 일상생활에 꼭 필요한 존재이다.⁶⁾ 최근에는 인공지능(A.I.)을 이용한 외계에서 오는 전파들 속에 수상한 신호들을 찾아내는 시도들이 늘어나고 있다.



- 5) 전파천문학(電波天文學, radio astronomy)은 전파 주파수대에서 천체를 연구하는 천문학의 하위분야이다. 천체에서 나오는 전파를 처음으로 탐지한 것은 1930년대의 칼 젠스키가 우리 은하에서 오는 전파를 받아낸 것이 처음이다. 그 뒤를 이은 관측 결과, 수많은 서로 다른 전파 방출원들이 발견되었다. 항성이나 은하는 물론, 전파은하, 퀘이사, 펄서, 메이저 등 완전히 새로운 부류의 천체들이 발견되기도 하였다. 대폭발 이론에 강력한 근거를 제공한 우주 마이크로파 배경의 발견이 바로 전파천문학을 통해 이루어진 것이다. 전파천문학은 전파망원경이라고 하는 거대한 전파 안테나를 사용하여 수행된다. 단일한 전파망원경이 사용되기도 하고, 다수의 전파망원경을 연결하여 전파 간섭계를 만들고 개구합성을 하기도 한다. 간섭계를 사용하면, 간섭계를 구성하는 개개의 망원경 사이의 거리에 의해 분해능이 결정되므로, 개개의 망원경보다 좋은 분해능을 얻을 수 있다. Jansky, Karl G. (1933). "Radio waves from outside the solar system". Nature 132 (3323):

- 6) <https://namu.wiki/w/전파>

외계에서 들어오는 전파 중에 전파망원경으로 'I am a boy.'라는 우리가 해독할 수 있는 어떤 정보가 발견된다면 그것은 지적능력을 가진 존재가 보내온 것이라고 믿고자 하는 것이다. 즉 정보라고 하는 것은 복잡성을 가지고 있고 특수성을 가지고 있으며, 불확정성을 가지고 있어야 설계를 함축하고 있는 것이다.⁷⁾

외계 지적 생명체 탐사는 1960년 미국 프랭크 드레이크 박사의 '오즈마 프로젝트 (Ozma Project)'가 시작점으로 볼 수 있다. 이 프로젝트에서 드레이크 박사는 직경 25m의 전파망원경을 미국 웨스트버지니아 그린뱅크 인근에 설치하고 고래자리 타우별과 에리다누스자리 엡실론 별 사이를 오가는 고도문명을 가진 외계인이 보내온 전파를 잡아보려는 시도를 하였다. 이러한 전파를 포착하여 응답신호가 온다면 이는 곧 외계에 살고 있는 지적 생명체의 존재를 알려주는 확실한 근거로 믿었다. 하지만 결과적으로 오즈마 프로젝트를 통해 규칙성을 가진 인공전파를 수신하지는 못했다. 그럼에도 이러한 시도들은 외계지적 생명체 탐색(SETI) 프로젝트가 세워지는 중요한 기초가 되었다.

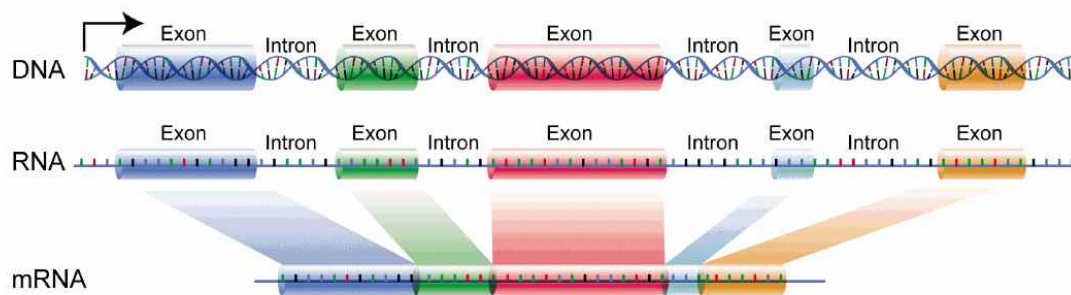
과학자들이 지적생명체의 존재를 지구 밖으로 눈을 돌려 많은 연구들을 하고 있지만 오히려 현재 지구상에는 놀랄 만큼 많은 생명체의 유전정보가 포착되었다. SETI와 동일한 원리를 생명체에 적용하면 생명체는 분명히 인간 이상의 지적설계능력을 가진 존재를 강하게 암시한다. 그러므로 모든 생명체가 지적설계자에 의해 만들어졌으며 그 창조주가 생명체보다 선재한다고 인식하는 것이 보다 합리적이라고 생각해도 논리적으로 합리적이다.

7) 윌리엄 템스키. 『지적설계』. 서울대학교 창조과학연구회 역. (서울: IVP, 2002). 164-169.

2. DNA의 재발견과 지적설계의 증거

1) 정보를 가진 정크DNA와 지적설계증거

DNA중에는 mRNA(메신저 RNA)와 같은 유전자로 사용되는 엑손(exon)부분과 반복되어 나타나며 의미 없어 보이는 것으로 여겨졌던 인트론(intron, intervening noncoding pieces of genes)부분으로 나누어져 있다.



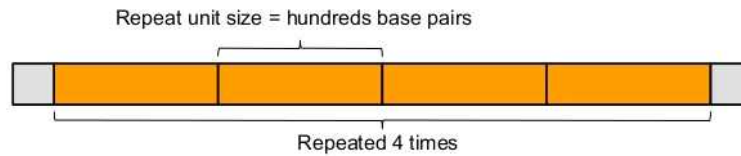
그래서 유전자로 사용되지 않는 부분을 정크(junk, 쓰레기) DNA라고도 불리었었다. 이러한 내용 때문에 쓰레기와 같이 필요 없는 부분이 진화의 증거로 이야기하곤 했었다. 그러나 생물의 DNA가 어떻게 작동되는지가 점점 더 많이 알려지면서, DNA에 쓸모없는 쓰레기(정크) 부분이 있다는 주장은 잘못된 주장이었다는 것이 밝혀졌다. 그리고 이제 정크 DNA를 주장하던 사람들이 자주 예를 들던, 인트론(intron)이 쓸모없는 부분이라는 주장도 완전히 쓰레기통에 들어가야 하는 시대이다.

사람의 염색체에 들어있는 30억 개의 염기서열을 분석해 보면, 계속해서 반복되고 있는 '단어(word)'가 절반 이상이나 된다는 것을 알게 되었다.⁸⁾ 보통 언어에서 반복되는 단어는 마치 컴퓨터에서 자판을 눌러서 오타나 실수 등으로 간주하듯 오류로 보고 있기 때문에, 단순한 생각으로 보면 이러한 DNA 염기서열을 쓰레기DNA(junk DNA)라는 이름으로 의미 없는 염기서열로서 간주해왔던 것이 사실이다.

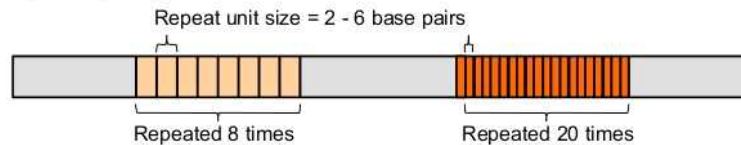
일부 과학자들은 오랜 시간이 흐르면서 개체변이를 넘어 생명체의 유전자에 변이들이 자연스럽게 생기고 이러한 오류들이 우연히 중복이 되어 쓸모없는 쓰레기와 같은 염기서열이 유전체에 남게 되었다고 가정하였다. 하지만 이러한 반복적인 패턴을 가진 것은 오히려 유전자의 번역과정 중에 나타나는 단백질의 구조에 영향을 미치거나 생화학적인 다양한 기능에 영향을 미치는 것으로 최근 연구에 의해 밝혀지고 있다. 또한 여러 번씩 규칙적으로 반복되는 염기서열을 직렬반복(tandem repeats, TRs-ttacttacttacttacttac)이라 부르는데 이들은 모티프(motif)라고 부르는 4개의 염기 'ttac'가 하나의 단위가 되어 5번씩 반복되어 나타나고 있다.

8) Quilez, J., Guilmatre, A., Garg, P., Highnam, G., Gymrek, M., Erlich, Y., ... & Sharp, A. J. (2016). Polymorphic tandem repeats within gene promoters act as modifiers of gene expression and DNA methylation in humans. *Nucleic acids research*, 44(8), 3750-3762.

Minisatellite: Variable Number Tandem Repeats (VNTR)



Microsatellite: Short Tandem Repeats (STR) – Simple Sequence Repeats (SSR)



이러한 직렬반복 염기서열TRs는 사람의 염색체 모든 부분에서 발견되며 사람마다 이러한 염기서열의 빈도나 반복되어 나타나는 길이가 다양하다. 이러한 특징은 개인의 고유한 신원을 나타내는 지문과도 같은 역할을 하게 되어 실제로 친자확인이나 범인을 확인하는 데에 매우 효과적인 유전자 표지자(DNA marker)로서 사용되고 있다.

과학자들은 이러한 훌륭한 유전자 표지자로서 직렬반복 염기서열TRs를 사용해왔음에도 불구하고 그것의 생화학적인 기능에 대하여는 알지 못한 관계로 이 염기서열TRs를 비정상적으로 반복되는 쓸모없는 염기서열, 즉 쓰레기 DNA(Junk DNA)라고 불려 왔었다. 그러나 최근의 연구에서는 이러한 반복된 염기서열이 생명체에 중요한 목적을 가지고 있을 수도 있다는 가설을 세워 실험을 시행하였다. 그들의 연구는 유전자의 염기서열은 변화시키지 않고 DNA의 끝부분에 반복된 TRs 꼬리표를 추가하여 그로 인한 영향을 살펴보는 실험을 하였다. 결과적으로 유전자로부터 단백질의 발현이 변경되는 것이 관측이 된다. 이러한 결과는 DNA의 후성유전학적 변화(epigenetic modification)에 염기서열TRs의 역할이 중요하다는 것을 보여주는 데, 즉 TR의 변이가 유전자의 변화와 유전질환을 야기하는 것을 생각해 볼 때에 인트론(Intron) 안에 있는 반복된 염기서열 TRs이 유전자의 단백질 발현과 같은 기능적으로 중요한 역할을 하는 것으로 생각해 볼 수 있다.

이러한 연구결과들은 인간의 질병과 관련하여 반복된 염기서열TRs의 기능적 역할에 대한 이전의 연구들을 지지해주며 인간의 유전질환들 중에 많은 질환들이 유전체의 단백질 암호 부위나 또는 비암호 부위에 커다란 반복적인 염기서열의 증가와 관련이 있다는 것을 보여주고 있다.⁹⁾ 염기서열 TRs의 반복이 정해진 길이를 넘어서게 되면 유전질환이 생긴다는 것을 볼 때에 이는 확실한 유전적인 조절 하에 있다는 것을 보여준다. 이처럼 정밀한 유전자의 조절은 설계의 한 예이다.

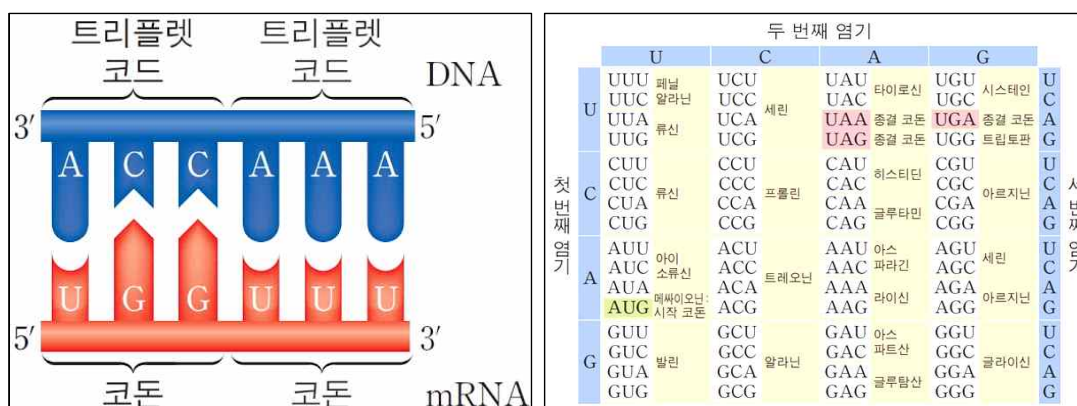
이처럼 인간의 유전체에서 그 기능을 잘 알지 못한다는 사실 때문에, 쓸모없어 보이는 정크(쓰레기)라고 불렀던 DNA의 부분들이 오히려 분명한 기능과 조절의 모습을 가지고 있다는 사실을 확인할 수 있었다. 이러한 결과들이 유전자부분 뿐만 아니라 모든 염색체와 염기

9) Gemayel, R., Vincens, M. D., Legendre, M., & Verstrepen, K. J. (2010). Variable tandem repeats accelerate evolution of coding and regulatory sequences. *Annual review of genetics*, 44, 445-477.

서열 등과 같이 모든 부분이 아무런 목적이 없이 만들어진 것은 없기에 지성을 가진 지적설계자의 개입이 오히려 합리적이라고 생각해 볼 수 있다.

2) 유전자의 이중암호와 지적설계의 증거

최근 연구들에 의하면 무의미해 보였던 중복 코돈의 3번째 염기는 단백질의 구조를 만드는 접힘(folding)과 관련되어 있었다. 단백질의 기능은 구조가 제대로 만들어져야 기능을 하기 때문에 단백질의 접힘은 아주 중요한 과정(process)이기도 하다. 그런데 놀랍게도 여러 가지 목적과 기능을 가진 이중 DNA 염기서열의 발견은 유전자의 기본 단위이자 세 개의 염기로 이루어진 코돈(codon) DNA의 세 번째 염기가 단백질의 구조와 생산에 매우 중요한 역할을 하고 있다는 것으로 밝혀진 것이다. 한때 여분의 이중 암호 또는 중복 암호(redundant code)로 여겨졌던 세 번째의 염기가 단백질 생산에 있어서 매우 중요하고 핵심적인 요소로 점차 밝혀지고 있는 것이다.¹⁰⁾

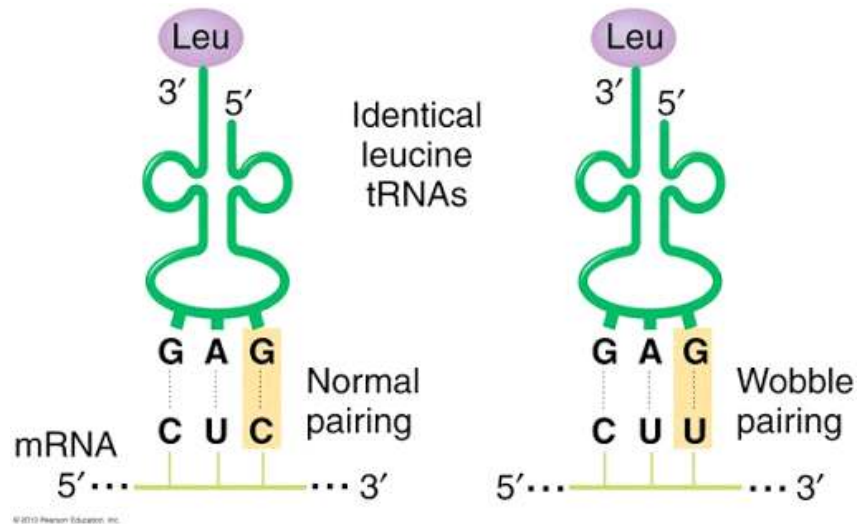


인간의 몸을 구성하는 주요 성분인 단백질(proteins)은 수백, 수천 개의 아미노산들이 사슬처럼 연결되어 구성되어 있는데, 아미노산과 아미노산의 정확한 순서에 대한 정보는 유전자의 아미노산 암호 영역과 단백질을 합성하도록 돕는 전사인자 단백질에 대한 염기서열 영역에 모두 암호화되어 있다. 3개의 염기서열로 이루어진 코돈(codon)이라 불리는 암호는 아미노산에 대한 암호라는 것이 이미 연구들을 통하여 밝혀졌었다.

그런데 새로운 발견이 있었는데 그것은 코돈의 염기순서에 더 많은 기능이 있다는 것이 밝혀진 것이다. 즉, 3개의 염기가 하나의 단위인 코돈(codon)은 4개의 중복을 가지고 나타난다. 코돈(codon) 구조에서 처음 두 개의 염기는 동일하지만, 세 번째 염기는 다를 수 있다. 예를 들어, 코돈 GGU, GGC, GGA, GGG는 모두 동일한 글리신(glycine)이라 불리는 아미노산에 대한 암호를 나타내는데 모두 처음 두 개의 염기는 구아닌(G)으로 시작하고 세 번째는 4개의 염기인 A,G,U,C가 대신 자리를 하고 있다. 류신(leucine)은 CUU, CUC, CUA, CUG을, 발린(valine)은 GUU, GUC, GUA, GUG을, 아르기닌(arginin)은 UCU, UCC, UCA, UCG와 같이 두 개의 공통된 염기 이후에 세 번째는 모두 다른 염기서열을 나타내고 있다. 처음 이러한 염기배열을 발견했을 때에는 세 번째 염기를 필요 없는 변이 정도로 생각하여 이러한 변이현상을 ‘동요(wobble)’라고 불렀고¹¹⁾, 단순히 중복되어 나타난 다양성으로 여겼다. 다시 말하

10) D’Onofrio, D. J., & Abel, D. L. (2014). Redundancy of the genetic code enables translational pausing. *Frontiers in genetics*, 5, 140.

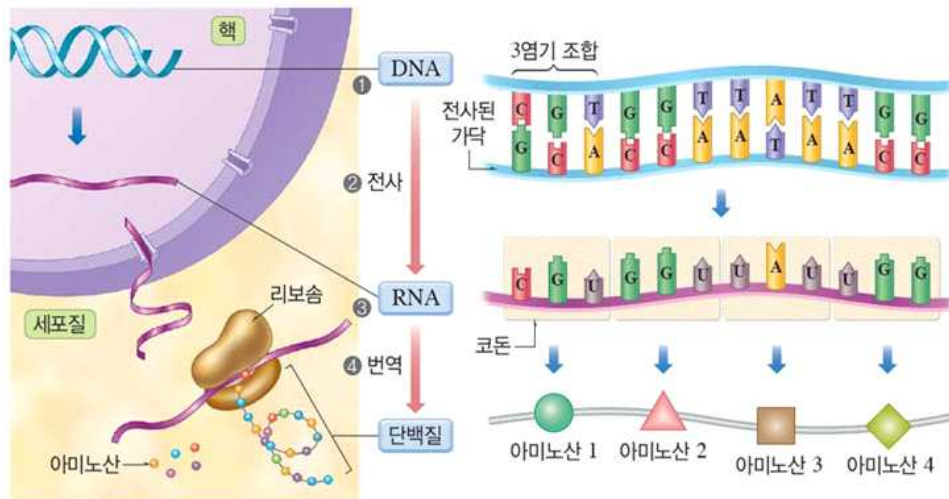
자면, 같은 아미노산에 대한 3번째 염기로 인한 다양한 코돈들이 기능적으로 동일한 것으로 가정하였던 것이다.



인간의 유전정보를 가진 mRNA 전사체가 세포내 단백질을 합성하는 소기관인 리보솜에서 아미노산의 합성과 연결을 통하여 단백질을 생산해 낼 때에, 단백질은 소포체와 같은 터널 구조를 거치면서 단백질 구조가 만들어지게 되고, 밖으로 보내지는데 이 때에 주기적인 일시적인 멈춤(periodic pauses)이 일어나게 된다. 이러한 일시적 정지의 특별한 순서와 정확한 속도는 단백질의 제조 과정 중에서 단백질을 3차원적 입체적인 구조로 적절하고 정확하게 모양을 갖게 하는데 접힘이라는 용어를 사용한다. 이러한 단백질의 접혀지는(folding) 과정은 단백질의 기능에 아주 중요한 역할을 또한 하게 된다.

mRNA 전사체로부터 아미노산 및 단백질을 만드는 번역과정과 단백질의 구조와 관련된 접힘 과정은 서로 연관되어 있기 때문에, 그러한 과정을 동시번역과정(co-translational process)이라고 부르고 있다.

11) 위블 가설은 Crick이 제시한 가설로, 생화학 수준에서의 분자간 힘으로 보아 anticodon이 codon을 인식하는 과정에서 tRNA의 anticodon loop에 위치한 3개의 염기 중 3번째의 자리에 있는 염기가 둘 이상의 염기를 인식할 수 있을 것이며, 따라서 두 가지 이상의 codon이 같은 아미노산을 암호화할 것이라는 가설이다. 각각의 tRNA는 1개의 아미노산을 운반하므로 20개의 아미노산을 운반하기 위하여 적어도 20개의 tRNA가 필요하다. 반면 암호화된 코돈 조합은 64개이기에 어떤 아미노산은 1개 이상의 코돈이 있을 수 있다. 실제로도 세포 속 tRNA 코돈은 64개가 아닌 31~33개 이다. 그래서 어떤 tRNA는 1개 이상의 코돈을 인식할 수 있고 또한 모두는 하나의 아미노산을 암호화 할 수 있는 것이다.



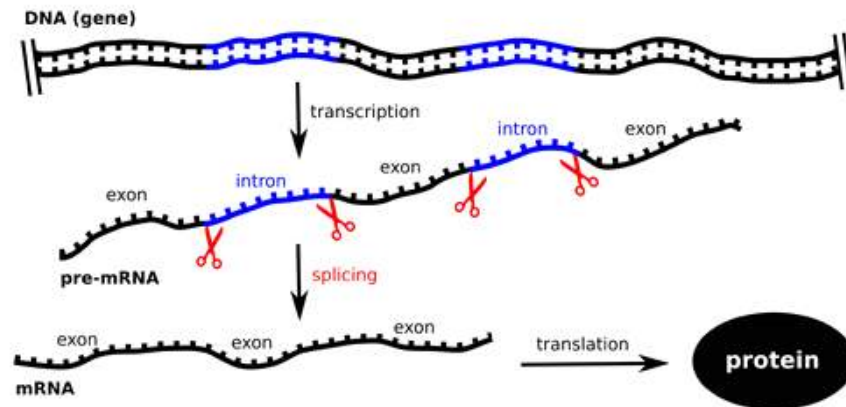
위에서 언급한 이중암호와 관련된 새로운 연구에서 연구자들은 코돈(codon)의 3번째 염기의 다양성(variability)이 실은 중복된 것이 아니라 각각 중요한 역할을 하는 기능성(functionality)을 보여주었다. 3번째 염기의 다양성은 단백질의 구조가 만들어지는 속도를 적절하게 조절하며, 일시적인 멈춤의 시점을 담당하고 있는 매우 중요한 세포내 명령 또는 정보(information)인 것이다. 결국 이러한 이중암호는 단백질의 3차원적인 접힘을 통하여 기능을 하도록 만드는 단백질 제조 과정에 중요한 역할을 하고 있는 것이었다.

하나의 기본적인 코돈은 특정 아미노산에 대한 기본 정보를 드러내고 있을 뿐만 아니라, 그 코돈의 여러 다양성을 가진 변형체들은 아미노산이 연결되어 만들어지는 단백질이 어떻게 접히고 구조를 만들어야 하는 지에 대한 정보와 그로 인해 생기는 단백질의 기능이 제대로 작동하는 지에 대한 명령 또는 정보를 드러내고 있었던 것이다. 따라서 두 개의 다르게 보이는 DNA 정보가 서로 다른 언어로 암호화되어 있었지만 결국 같은 아미노산과 단백질의 접힘과 같은 구조에 영향을 미치고 있었던 것이다. 연구자들은 말한다. “이중 해석(dual interpretations)은 단백질 일차 구조의 조립을 가능하게 하면서, 번역 과정의 일시적 중지를 통해 추가적 접힘 제어를 가능하게 한다.” 이러한 사실은 정교한 지적설계를 가리킨다고 말하고 있었다. 분명히 DNA 염기의 다양성에 들어있는 이중 언어 프로그램은 무작위적인 자연발생과정의 결과가 아니라 코돈의 3번째 염기는 다 계획이 있었던 것이다. 무작위적인 자연발생과정의 결과로 여겨졌던 유전체의 다른 많은 부분들도 나름대로 각각 중요한 기능들이 있었고, 높은 수준의 지성을 나타내는 지적설계에 의한 것임이 앞으로도 계속 밝혀질 것이다.

3) 원형 인트론 RNAs의 발견과 지적설계증거

유전자를 암호화하지 않는 DNA 염기서열인 인트론(Intron)의 영역에 있는 원형모양의 RNA(circular RNAs)의 발견은 인간 유전학(human genetics)에 큰 영향을 미쳤다. 이 원형 RNA는 직렬반복 염기서열인 TR(tandem repeats, TRs-ttacttacttacttactac)이 한때 아무런 기능이 없는 것으로 여겨졌던 것처럼 원형 RNA도 정크 DNA로 불리어왔다.

동물이나 식물의 유전자들은 긴 DNA 염기서열 중에서 약 5% 정도를 차지하는 엑손이라고 불리는 영역이 메신저 RNA(mRNAs) 분자들로 전사(transcript)가 되고, 이 mRNA 전사체를 리보솜이 읽어서 아미노산이 연결된 결합체를 만드는 번역을 하게 되는데(translation), 접힘 과정을 거쳐 최종 기능을 하는 단백질이 되는 것이다.



이 때에 메신저 RNA를 암호화하지 않는 95%의 DNA 염기서열을 인트론이라고 부르는데 이 부위는 따로 잘려나가게 되는데(splicing) 이 인트론 영역에서 원형 RNA를 암호화하는 부위를 ‘원형 인트론 RNA(circular intronic RNAs, ciRNA)’라고 부른다.

이러한 인트론 영역에서 잘려진 작은 원형 RNA 분자들이 놀랍게도 유전자의 전사를 증가시키는 역할을 하는 것을 세포 내에 있는 원형 인트론 RNA(ciRNAs)의 활동을 염기서열에 변이를 주어 그들의 기능을 방해시켰을 때, 유전자의 발현에 영향을 미치는 것을 관측함으로써 입증되었다.¹²⁾

또한 원형인트론 RNA(ciRNAs)가 DNA를 RNA로 복사하는 RNA 합성효소와 전사와 관련된 세포내 소기관들과 연결되어 유전자의 발현과 그것의 기능을 촉진시키고 있다는 것을 실험을 통하여 입증되었다.¹³⁾

엑손(exon) 영역에 존재하는 원형 RNAs와는 달리, 원형인트론 RNA(ciRNAs)는 세포 내 핵 안에서 전사를 효과적으로 증가시키는 유전자 발현 도우미(enhancers)로서의 역할을 하고 있었다. 분명히 전체 인간의 유전체(genome) 중의 대부분을 차지하는 인트론(intron) 부위가 인간 유전체의 5% 이하를 차지하면서 단백질을 발현하는 암호가 들어있는 엑손(exons) 영역만큼 세포 내에서 매우 중요한 역할을 가지고 있다는 것이 사실인 것이다. 새롭게 연구된 내용들은 어떤 유전정보들도 의미 없는 정보가 없다는 것을 분명하게 알려주고 있으며 정크-쓰레기 DNA가 아닌 완벽한 정보라는 것을 분명하게 보여주고 있다.

4) 과학수사와 유전자 지문 분석법

최근에 ‘살인의 추억’이라는 영화의 실제 주인공(범인)이 잡혔다는 뉴스를 볼 수가 있는데 이것의 결정적인 역할을 한 것이 유전자 검사이다. 드라마에서도 친자 확인을 위한 유전자 검사 이야기가 자주 튀어나오고, 뉴스에서도 폭력범이나 성범죄자의 식별에 대한 유전자감식 내용이 자주 보도되곤 한다.

유전자검사에는 ‘DNA 지문(DNA fingerprinting)’이 이용되고 있다. DNA 지문이란

12) Zhang, Y., Zhang, X. O., Chen, T., Xiang, J. F., Yin, Q. F., Xing, Y. H., ... & Chen, L. L. (2013). Circular intronic long noncoding RNAs. *Molecular cell*, 51(6), 792-806.

13) Yang, L., Duff, M. O., Graveley, B. R., Carmichael, G. G., & Chen, L. L. (2011). Genomewide characterization of non-polyadenylated RNAs. *Genome biology*, 12(2), R16.

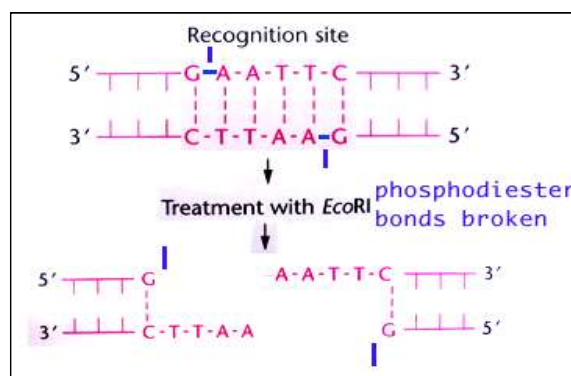
말은 1985년에 영국 레스터(Leicester) 대학의 발생유전학자인 제프리스(Alec Jeffreys)에 의해 처음 사용된 용어로 사람에 따라 다르게 나타나는 손가락의 지문(指紋, fingerprinting)에 대비해 붙여진 이름이다.

DNA 지문이 개인별로 차이를 보이는 것은 우리가 가진 유전자가 어머니의 난자와 아버지의 정자로부터 각각 반씩 받은 것이기 때문에 나타나는 현상이며 개인에 따라 DNA 분자의 염기 배열순서가 다르게 나타나고, 세계 70억 인구에서 염기 배열이 똑같은 사람은 없으며 일란성 쌍둥이의 경우에도 인트론(Intron)이라고 하는 염기 배열에서 차이를 보이기 때문에 나타난다. 인간과 원숭이의 유전자 염기배열의 차이는 인트론이 아닌 mRNA가 될 엑손(Exon)이라고 하는 부분의 염기배열의 차이를 비교하는 것이다. DNA 분자를 비교 분석하는 유전자검사는 범죄자의 식별이나 친자 확인뿐만 아니라 비행기 추락사건이나 대형 교통사고, 쓰나미 피해 희생자들의 신원 확인 등에 널리 이용되고 있다.

현재 지문을 남기지 않는 지능형 범죄 현장에서 범인이 흘린 침이나 혈액, 정액이나 머리카락 등이 아주 소량으로 발견되어도 이를 증폭시킬 수 있는 기술인, PCR(중합효소 연쇄 반응, Polymerase Chain Reaction)이 개발되어 과학수사에 이용되고 있다. 이렇게 과학적 분석 방법을 이용하여 사건의 수사나 판결에 필요한 지식이나 자료를 제공하는 분야가 법과학(또는 법의학)이다.

DNA 지문 분석(DNA fingerprinting)이란

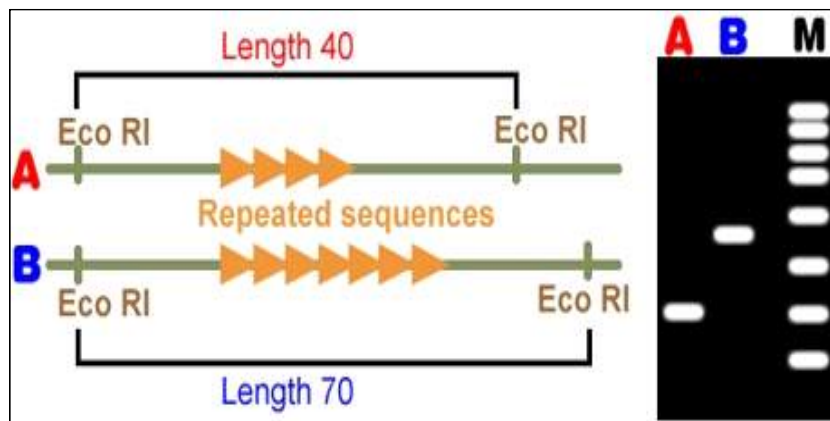
생물의 DNA는 A, T, C, G 네 가지의 염기 배열에 의해 유전 정보를 담게 된다. DNA염기 서열은 특정 아미노산을 지정하게 되고 이 아미노산들의 배열에 의해 단백질을 만들게 됨으로써 생물체를 구성하게 된다. 하지만 사람과 같은 진핵생물의 DNA는 모두가 단백질을 만드는 정보를 담고 있는 것이 아니다. 대부분은 "쓸모없는 것처럼 보이는" **정크junk DNA**로 이루어져 있다. 이 정크junk DNA는 단백질 정보를 담고 있지 않으므로 이 부분에 변이가 일어난다고 해서 생물체의 생존에 크게 영향을 주지 않는다. 이 정크junk DNA가운데 특정한 염기 서열이 반복적으로 나타나는 구간이 있다. 'AATG'와 같이 2~7개의 염기가 반복해서 나타나는 특징을 보이는 것을 STR(짧은 염기반복, short tandem repeat)이라 하고 이 보다 조금 더 긴 반복적인 구간을 VNTR(variable number tandem repeat)이라고 한다.



세포로부터 DNA를 추출해 그 양을 증폭시킨 다음 제한효소(制限酵素, Restriction Enzyme)¹⁴⁾로 처리해 잘라주는데, 이때 사람마다 뉴클레오타이드의 배열순서가 다르기 때문에

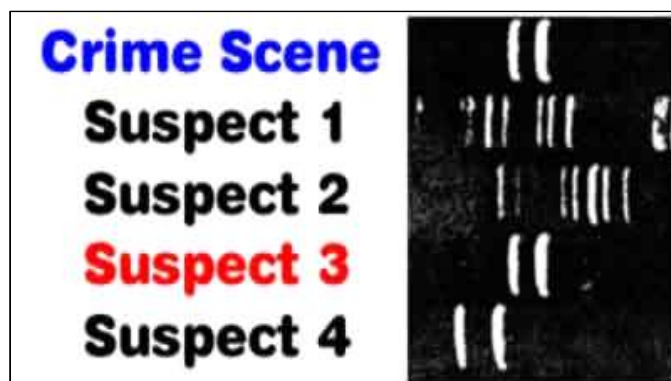
14) 제한효소란 DNA 가닥에서 특정한 배열을 인식하여 잘라주는 효소

특정 제한효소에 의해 잘린 DNA 절편의 크기가 다양하게 나타나며, 이런 절편들을 길이에 따라 분리해 나타낸 것이 'DNA 지문'이다. 이 반복구간의 반복 횟수에 개인적인 차이가 있기 때문에 이 반복구간(STR이나 VNTR)의 길이를 비교함으로써 DNA 지문(fingerprinting)이 이루어지게 된다.

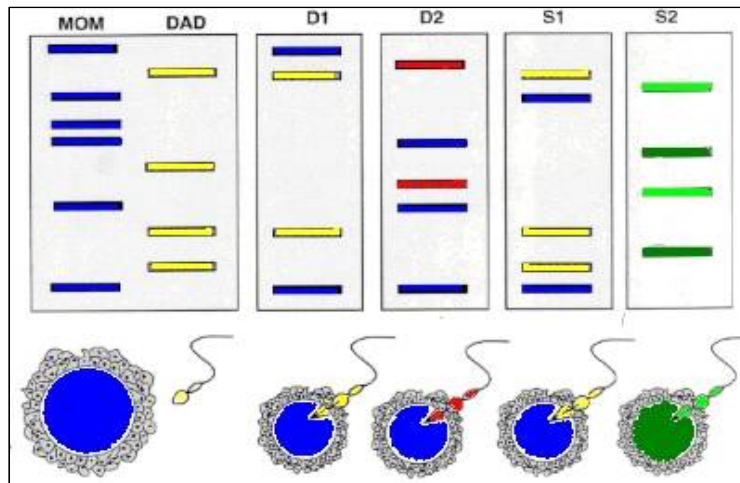


그림에서 보면 노란 삼각형이 VNTR이다. DNA를 EcoRI이라는 제한효소(특정한 염기 서열을 인식해서 DNA를 자르는 가위)로 자른 뒤 DNA 전기영동을 한다. 전기영동은 DNA가 (-)전하를 띠는 성질을 이용하는 방법이다. DNA를 agarose로 만든 gel에 놓고 전기장을 걸어주면 길이가 작은 DNA조각은 gel속을 빨리 이동하게 되고 큰 조각은 천천히 이동하게 되므로 DNA 조각의 크기에 따라 분리가 됩니다. 오른쪽 검은 바탕에 흰줄 쳐진 그림이 전기영동 사진이다. M(marker) 이라고 표시된 줄은 DNA크기를 알 수 있도록 도와주는 이미 크기를 알고 있는 DNA들이다. A와 B는 반복서열의 반복횟수가 다르므로 잘린 DNA조각의 길이에 차이가 생긴다. 따라서 전기영동을 하면 다른 위치에서 보이게 된다. 이 조각의 길이가 A와 B를 구분 짓는 특징이 된다.

다음 그림은 DNA fingerprinting을 이용해 범인을 어떻게 찾는가를 나타낸 그림이다. 범행 현장에서 발견된 범인의 세포 조각이 남아 있는 흔적(머리카락이나 혈액, 정액, 침 등등)로 부터 DNA를 추출한 후 DNA fingerprinting을 실시하고 용의자 네 사람으로 부터 DNA를 확보한 후 DNA fingerprinting을 실시하였다.



위의 그림에서 누가 범인인지 쉽게 알 수 있다.



다음 그림은 엄마, 아빠의 DNA 지문과 4명의 아이들의 DNA지문을 분석한 그림이다. 파란색은 엄마로 부터 온 DNA조각이고 노란색은 아빠로 부터 DNA조각이다. D1(첫째 딸), S1(첫째 아들)의 DNA조각은 엄마 혹은 아빠로 부터 온 DNA 만으로 이루어져 있으므로 이들은 두 부부사이의 친자임을 확인할 수 있다. 그러나 D2의 경우 아빠에는 없는 붉은색으로 표시된 DNA조각과 엄마로 부터 온 파란색 DNA조각을 갖고 있다. 이 아이의 경우 엄마는 친엄마가 맞지만 아버지는 다른 사람임을 의미한다. 그리고 둘째 아들을 보면 엄마 아빠에는 없는 녹색과 연두색 DNA조각들로 이루어져 있다. 이 아이의 경우 부부가 낳은 친자식이 아님을 의미한다.

이처럼 유전자 지문의 존재는 유전자의 내용도 정보이지만 쓰레기(정크)라 부르며 쓸모 없어보였던 DNA 염기배열의 인트론 부분도 중요한 정보로의 가치를 지닌 것을 지지하며 이러한 모든 것들이 지적인 설계를 뒷받침한다.

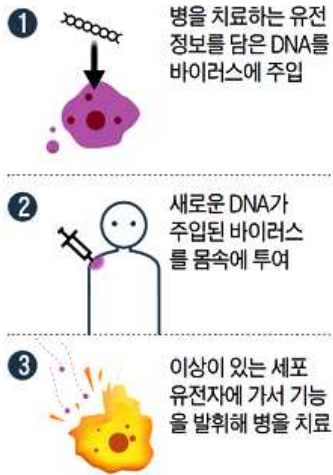
5) 유전자 치료와 지적설계증거

유전병이란 유전자의 본체인 DNA 염기서열에 이상이 발생하여 일어나는 질환의 총칭으로 좁은 의미로는 특정 유전자가 양친에게서 물려져 내려와서 '유전되는 병'(hereditary disease)을 의미한다. 그리고 유전자 치료란 염기서열의 순서가 바뀌거나 빠져있는 결함이 있는 유전자를 정상인 유전자로 원위치 시키어 유전적인 문제를 해결하거나 새로운 기능을 추가하는 치료법을 말한다. 유전자를 치료하는 치료법은 환자의 유전자를 포함한 유전체 전체 구성에 변화를 초래하여 몸을 치료하는 모든 의료절차를 유전자 치료로 간주하기도 한다. 기본적으로 생각해보면 유전자 치료의 주요한 목적은 유전자의 오류로 인해 생기는 유전병을 앓고 있는 사람의 유전자의 결함을 교정하여 치료하는 데 있다.

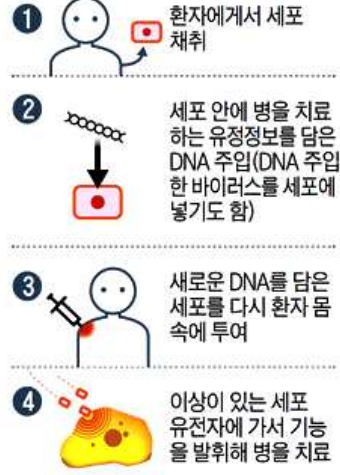
유전자 치료법에는 두 종류의 치료법이 있는데, 체세포 유전자 치료법과 생식 세포 유전자 치료법이 그것이다. 체세포 유전자 치료법은 몸에 있는 특정 기관이나 세포 조직에 생긴 유전적인 결함을 치료하는 방법이라면 생식 세포 유전자 치료법이란 난자와 정자 또는 수정란 안에 원하는 염기서열로 교정되어진 유전자를 가진 개체를 만드는 방법이다. 또한 체내 유전자 치료법과 체외 유전자 치료법이 있다.

유전자 치료 방법

체내 유전자 치료



체외 유전자 치료



유전자 가위



유전자 치료법의 간단한 원리는, 바이러스 안에 존재하는 원형 플라스미드 DNA를 운반체로 사용하여 환자에게 필요한 유전자 염기배열을 운반체에 삽입하여 환자의 세포 안에 있는 유전체에 넣어주는 것이다. 일반적으로 정맥에 교정된 유전자를 포함하는 바이러스 운반체를 주사하여 몸 안에 있는 각 세포 내로 유도하는 방법을 이용한다. 인간의 몸에 최소한의 피해를 주는 바이러스를 사용하여 유전자를 교정하여 세포내에 삽입 하였음에도 불구하고, 유전자 변형식물이나 동물과 마찬가지로 유전자 변형에 의한 피해가 인간에게 적용된 유전자 치료의 문제점으로 볼 수 있다.

유전자 치료법이 만들어진 초기에는 발현시키기 원하는 단백질의 유전자를 직접 세포 내에 투여하는 데에 중점을 두었다면, 기술이 점점 발전함에 따라 크리스퍼(CRISPR)¹⁵⁾와 같은 3세대 유전자 가위¹⁶⁾등을 사용하여 직접 원하는 교정된 유전정보를 인간 유전체에 직접 편집을 시도하는 쪽으로 연구가 진행되고 있다.

이러한 유전자 치료를 통하여 알 수 있는 것은 오류를 가진 설계도를 수정하면 정상적으로 몸이 회복된다는 것으로 설계도의 존재와 역할을 유전자가 하고 있다는 것과 그것(온전한 정보)을 제공한 지성을 가진 설계자가 있다는 점, 그리고 ‘유전자는 설계도’라는 개념을 지지하고 있는 것이다.

15) ko.wikipedia.org/wiki/크리스퍼: 크리스퍼(CRISPR, Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats)라는 용어는 박테리아와 세균과 같은 원핵생물 유기체의 게놈에서 발견되는 DNA 서열을 말한다. 또한 Cas9은 크리스퍼 염기서열에 상보적인 DNA의 특정 줄기를 인식하고 절단하기 위하여 RNA로 된 가이드(Guide)를 사용하며 크리스퍼 서열을 사용하는 효소이다.

16) 위와 동일. 3세대 유전자 가위인 크리스퍼(CRISPR)는 교정하고자 하는 DNA 염기서열을 찾아내는 가이드 RNA(guide RNA)와 DNA를 잘라내는 카스9(Cas9)를 결합하여 만든 것이다. 크리스퍼는 크리스퍼 캐스9라고도 불린다. 이 크리스퍼는 세균의 천적인 바이러스를 막기 위해 구축한 일종의 면역 체계로 볼 수도 있다.

3. 인간과 침팬지 게놈 분석 비교

인간과 침팬지의 유전자 차이가 1% 밖에 안한다고 주장한 논문-(Evolution at two levels in humans and chimpanzees, 1975년도 Science)

인간과 침팬지 단백질 단지 13개의 서열분석으로 결론 내림...

Jon Cohen의 “Relative Differences: The Myths of 1 %” 논문1에 따르면, 인간과 침팬지의 DNA 서열은 DNA 삽입 및 삭제를 고려할 때, 인간과 침팬지는 96%의 서열 일치도를 가지고 있다.

우리가 [침팬지와 인간 게놈의] 정렬을 수행할 때, 우리는 인간 게놈의 31억 6,470만 개의 "문자" 중 24억 개만이 침팬지 게놈과 일치, 즉 76%만 비교가능

ICR 연구진 Jeffrey Tomkins 의 분석 (ARJ)-유사성 70%, [논문](#): Comprehensive Analysis of Chimpanzee and Human Chromosomes Reveals Average DNA Similarity of 70%

Big CHASM(단절) in Y chromosome(Y염색체)! 인간과 침팬지 염기서열의 유사성 분석에서 침팬지Y염색체(37유전자) vs 인간Y염색체(78유전자) 53% 차이발견