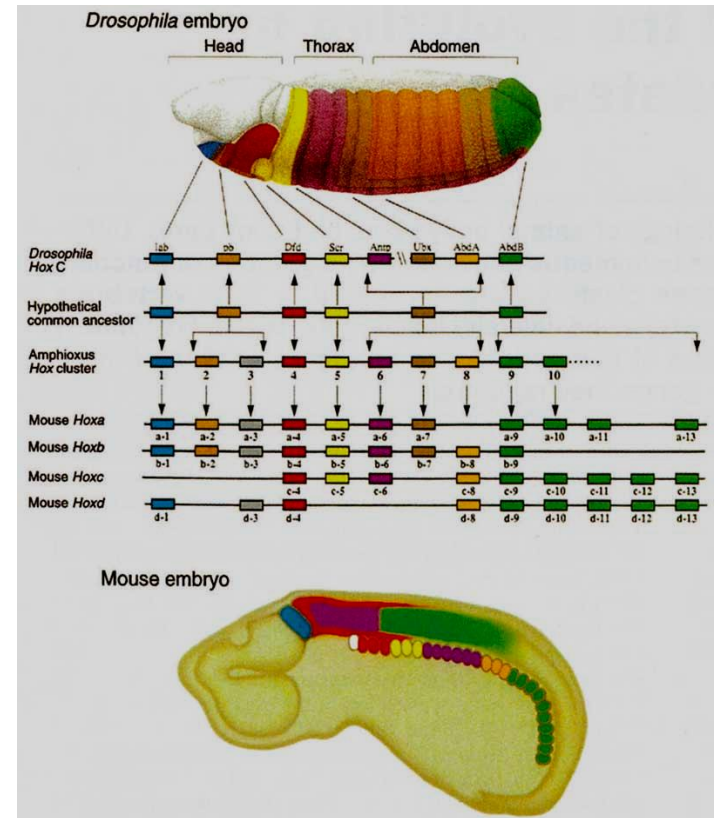
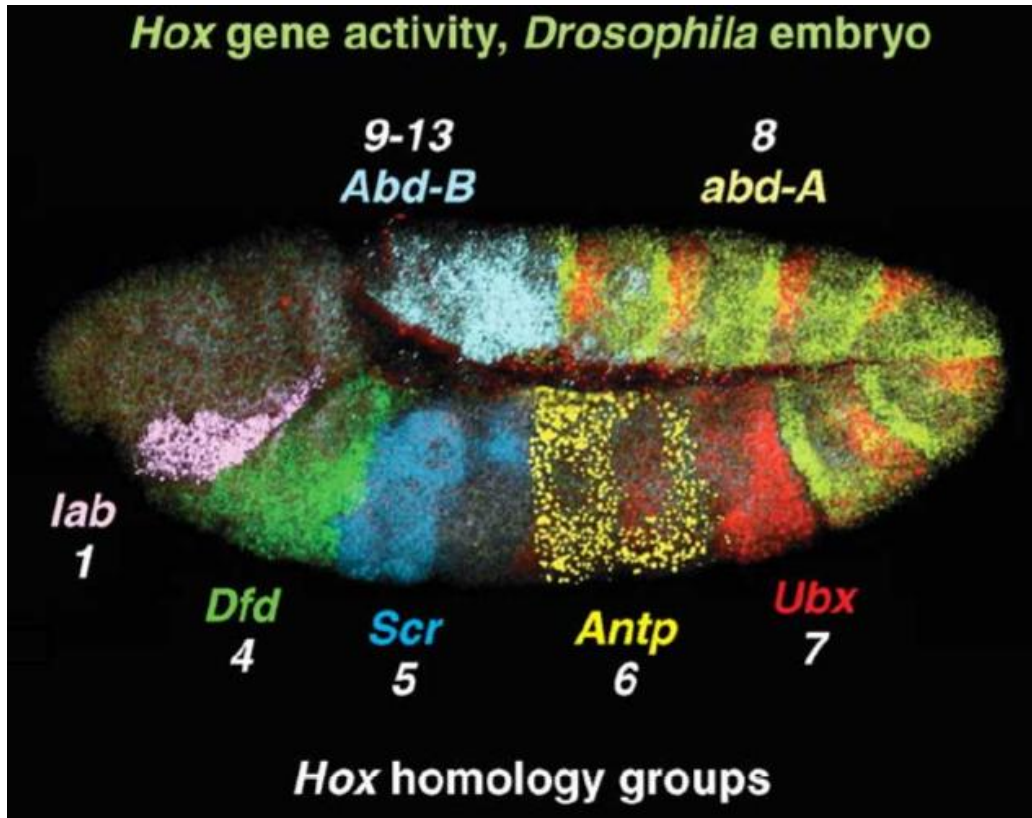


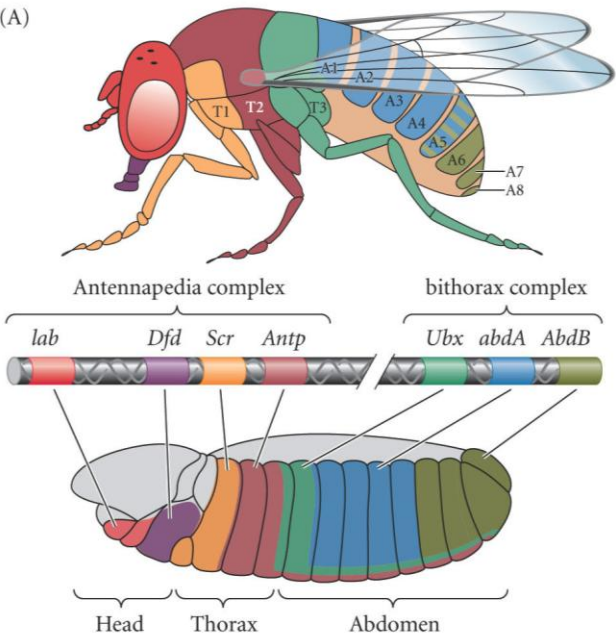
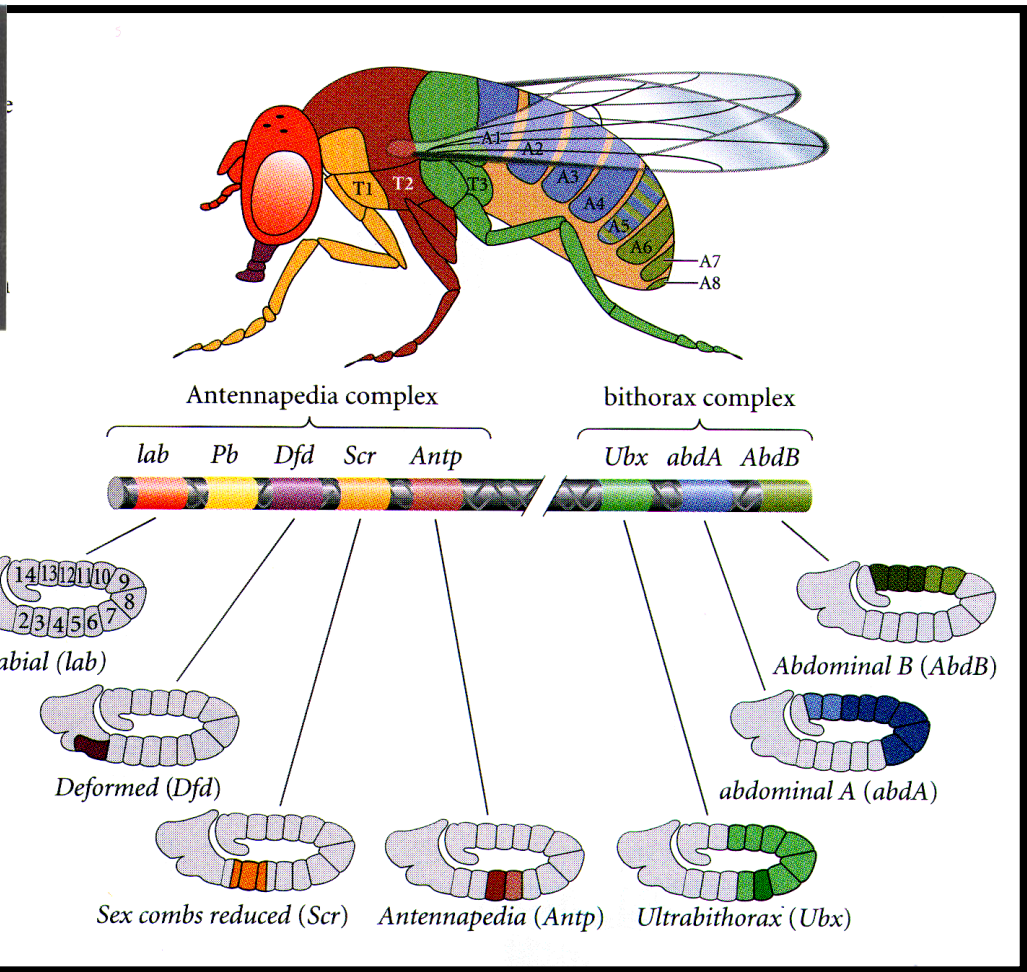
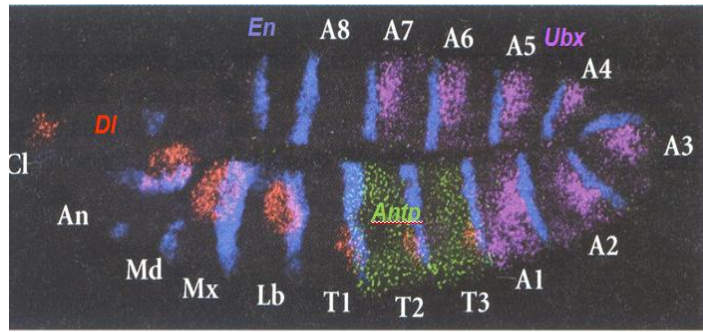
137억년 우주의 진화

제 12강 홈스유전자



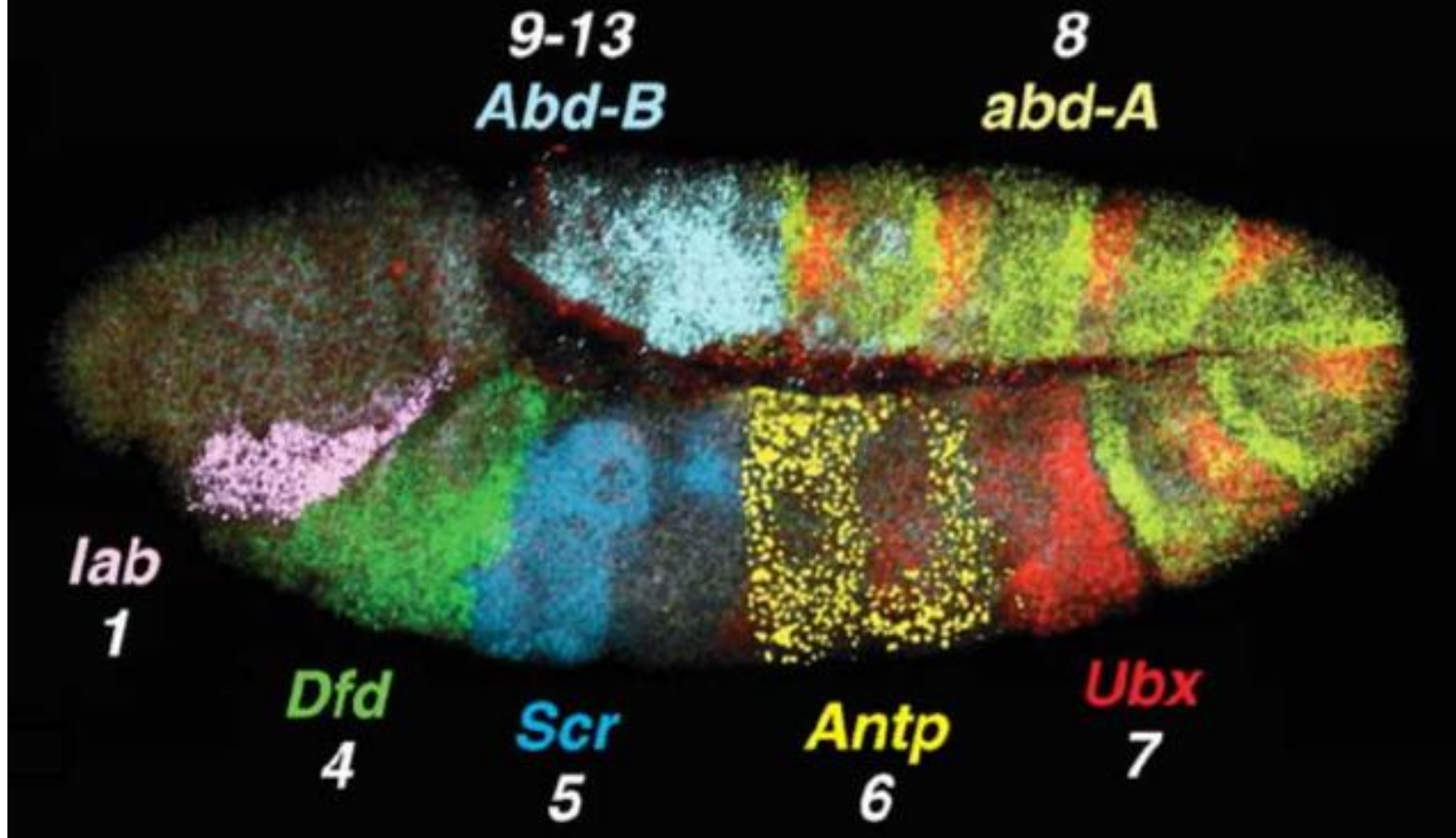
오늘은 홈스(Hox-Homoebox)유전자에 대해 공부하겠습니다.

초파리의 홈스유전자



지난 30여년 간의 연구과정 끝에 초파리에서 8가지 홈스유전자가 발견되었습니다. 초파리의 홈스유전자는 Antennapedia복합체와 bithorax복합체의 두 부분으로 나뉘지는데, 다시 각 5개와 3개의 유전자로 구성되어 총 8개의 유전자로 이뤄집니다

Hox gene activity, *Drosophila* embryo



8개의 홈스유전자 중 lab과 Dfd는 머리체절의 구조를 정하며, Scr과 Antp는 가슴체절의 정체성을 주는데 기여합니다. pb유전자는 성체에서만 작용하며 없는 경우에는 입의 입술 촉수가 다리로 전환됩니다. 또한 Ubx는 세번째 가슴체절의 구조를 정하는데 필요하며, Abd-A와 Abd-B는 복부체절의 정체성을 담당하게 됩니다.

Hox homeodomains in *Drosophila*

lab NNSGRTNFTNKQLTELEKEFHFNRYLTRARRIEIAN TLQLNETQVKIWFQNR RMKQKKRV
pb PRRLRTAYTNTQLLELEKEFHFNKYLCRPRRIEIAASLDLTERQVKVWFQNR RMKHKRQT
Dfd PKRQRTAYTRHQILELEKEFHFNRYLTRRRRIEIAHTLVLSERQIKIWFQNR RMKWKKDN
Scr TKRQRTSYTRYQTLELEKEFHFNRYLTRRRRIEIAHALCLTERQIKIWFQNR RMKWKKEH
Antp RKRGRQTYTRYQTLELEKEFHFNRYLTRRRRIEIAHALCLTERQIKIWFQNR RMKWKKEN
Ubx RRRGRQTYTRYQTLELEKEFHTNHYLTRRRRIEIAHALCLTERQIKIWFQNR RMKLKKEI
abd-A RRRGRQTYTRFQTLELEKEFHFNHYLTRRRRIEIAHALCLTERQIKIWFQNR RMKLKKEI
abd-B VRKKRKPYSKFQTLELEKEFLFNAYVSKQKRWELARNLQLTERQVKIWFQNR RMKNKKNS

consensus -RRGRT-YTR-QTLELEKEFHFNRYLTRRRRIEIAHALCLTERQIKIWFQNRMRK-KKE-
Helix 1
Helix 2
Helix 3

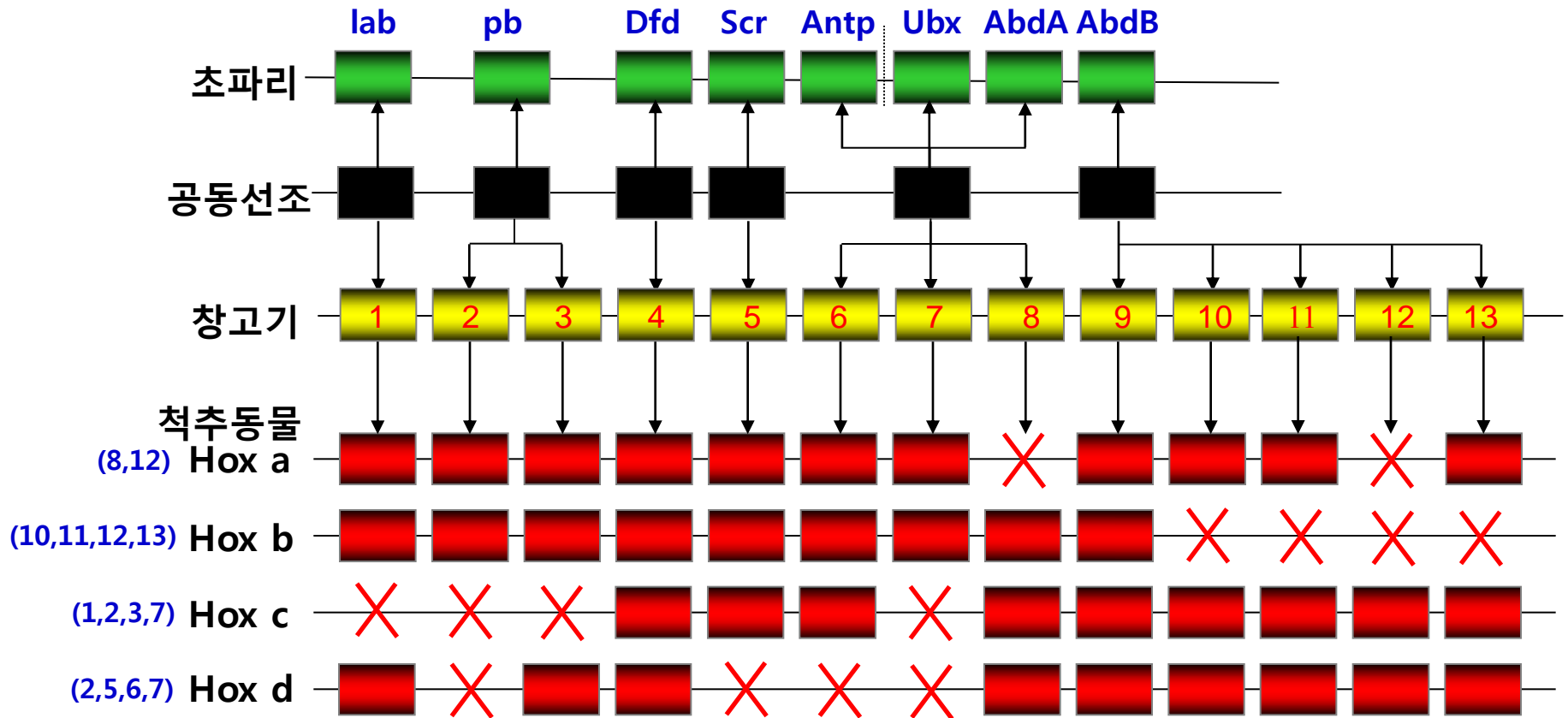
“Homeodomains” – the portions of proteins coded by “homeoboxes”: similar amino acid sequences in different proteins. Each of these from *Drosophila* has 60 highly conserved amino acids that form three alpha helices. (Note Helix 3 is most conserved)

Carroll et al. *From DN*

Carroll et al. *From DNA to Diversity*

호메오박스 : 호메오도메인을 코딩하는 아미노산 서열로 약 180개 뉴클레오티드로 구성
 호메오도메인 : 호메오박스의 180개 DNA 서열에 의해 코딩되는 아미노산 60개의
 도메인(단백질의 구조적 단위)으로 호메오도메인을 가지는 단백질은
 DNA에 붙어서 DNA의 전사를 조절하는 기능을 가질 수 있게 됩니다.
 홈스유전자는 Homeobox를 포함하는 유전자를 의미합니다. (Hox는 Homeobox의 준말)

핵심기억-#25 : 척추동물 후스유전자의 진화



8개의 초파리 유전자로부터 공동선조에 해당하는 생물의 후스유전자를 추적하여 밝히고 그로부터 척추동물의 선조인 창고기 후스유전자를 발견하게 되었습니다. 우리 인간, 즉 척추동물의 후스유전자는 진화과정에서 창고기의 13개 유전자를 4번 Copy하여 만들어 지게되는데 위 그림과 같이 14개의 유전자가 없어져서 현재 38개의 후스유전자만 남게 되었습니다. 암기하는 방법은 각 Hox a~d까지 없어진 유전자 번호만 기억하면 됩니다.

핵심기억-#26 :

“동물은 혹스유전자의 발현이 특수한 공간적 양태를 나타내는 생명체이다 ” (동물의 정의-Slack)

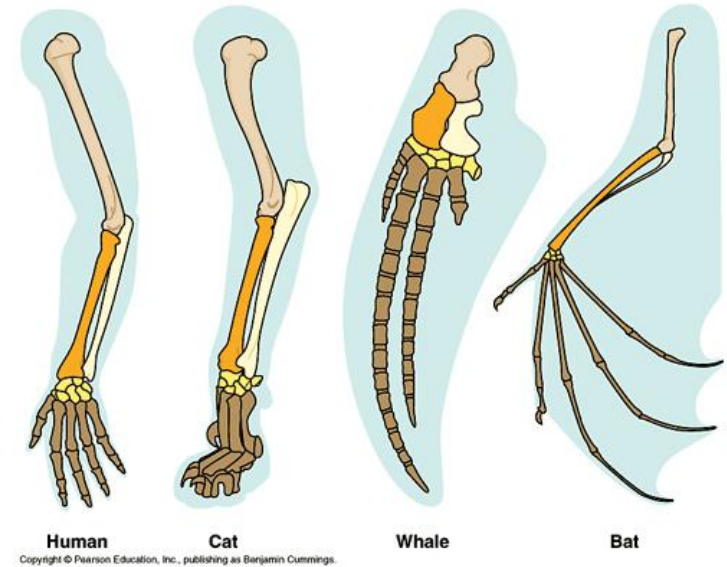
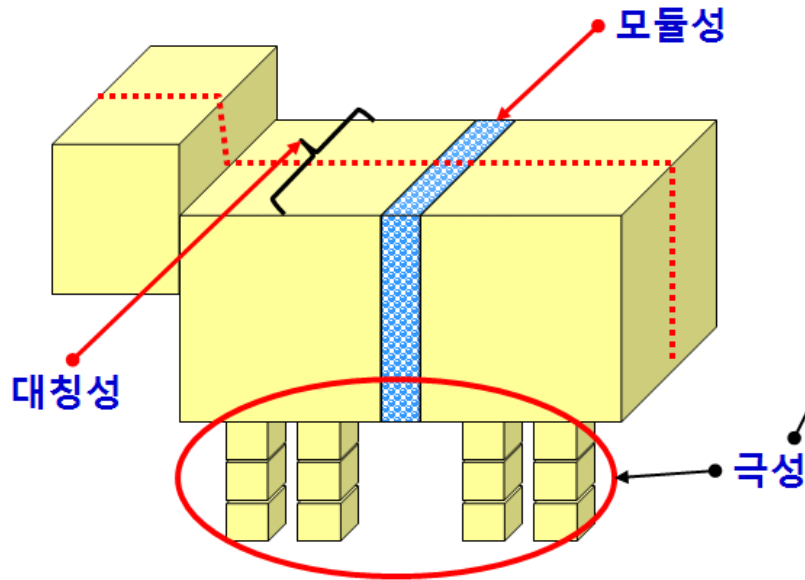
이제까지의 동물의 정의 중에서 가장 정확하게 동물을 설명해 주는 정의라고 생각합니다. 여기서 중요한 핵심적 의미를 살펴보면,

혹스유전자란 **몸의 모양과 형태를 만들어주는 유전자**를 의미합니다. 동물을 분류하는 기준은 몸의 형태인데, 왜냐하면 형태가 곧 기능이기 때문입니다.

발현 : **전사되어 단백질로 번역되는 과정**, 즉 transcription과 translation을 말합니다. 그 결과로 만들어진 단백질 덩어리가 곧 우리이고, 지렁이고, 도마뱀이고 모든 개체들인 것입니다.

특수한 공간적 양태 : 동물은 그 형태가 공간적으로 특수한 모양을 나타나는데, 그것은 곧 **대칭성, 모듈성, 극성**이라는 세 가지 특징인 것입니다. 모든 동물은 이러한 공통적 특징을 가지게되며 그것을 가능하게 해 준 유전자가 곧 혹스유전자인 것입니다.

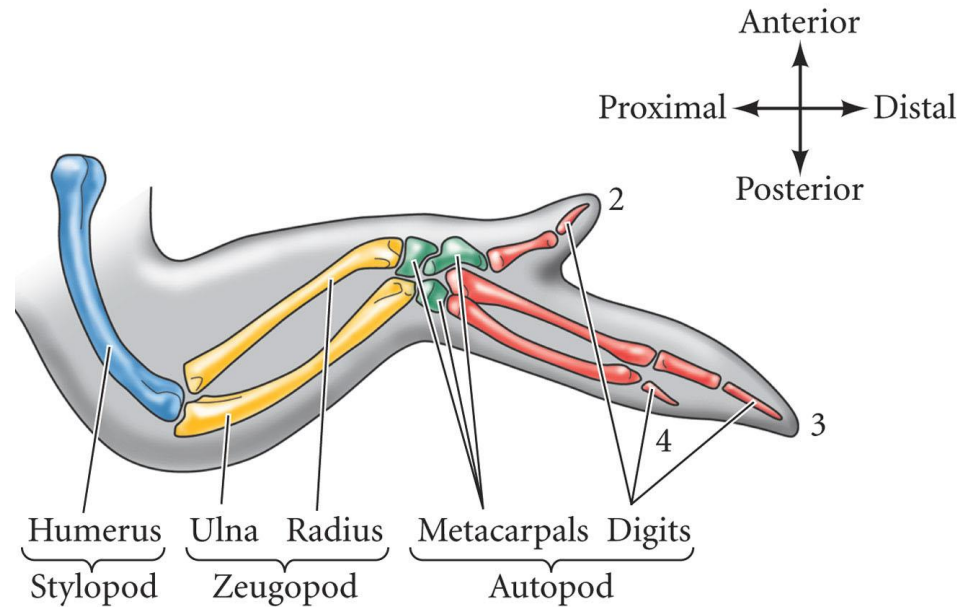
이 세 가지 특징을 좀더 자세히 살펴 보면 아래와 같습니다.



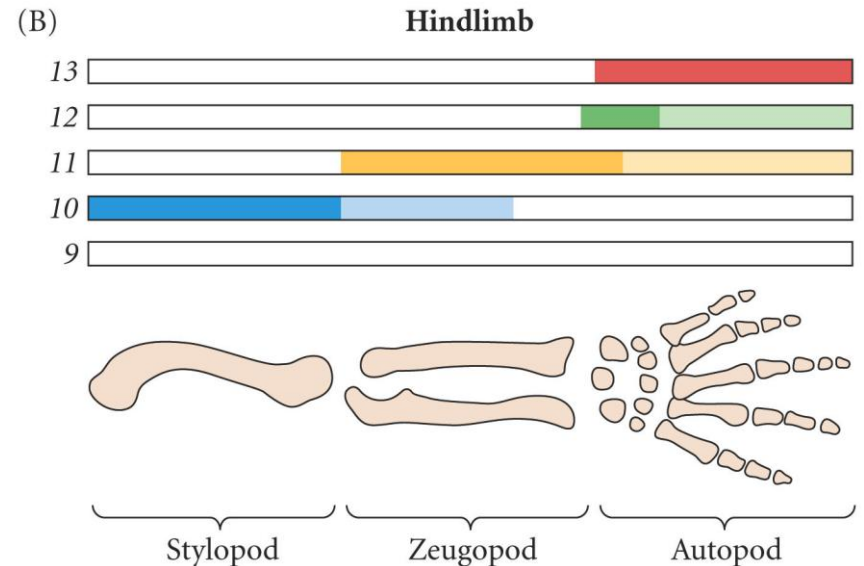
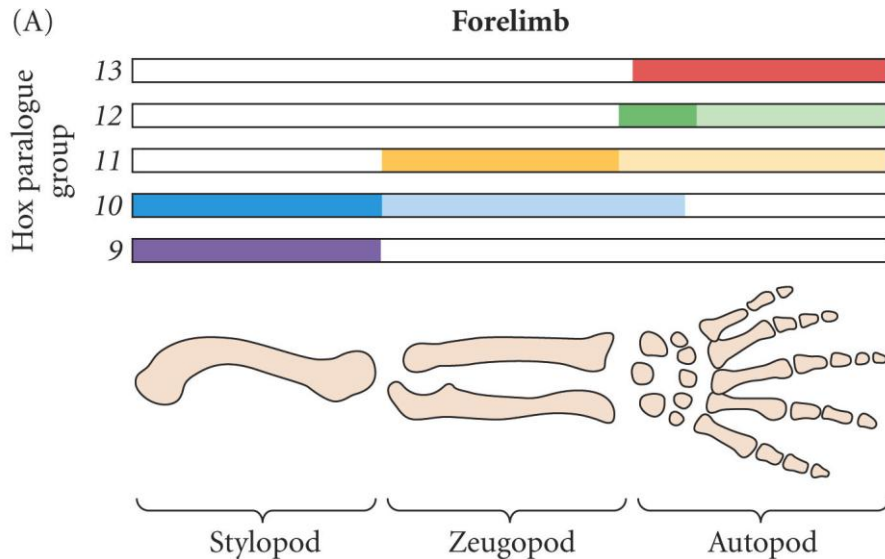
- ① **대칭성**이란 몸체가 서로 대칭을 이루고 있는 성질로서 모든 동물은 대부분 좌우가 대칭의 형태를 이루고 있습니다.
- ② **모듈성**이란 동물이 등뼈를 중심으로 층층이 모듈로 이루어져 있는 것으로 사람 몸의 경우는 31개 척추로 구성되어 있는 것입니다.
- ③ **극성**이란 몸의 진화가 일정한 방향성을 가지는 특징으로 동물의 팔이 상완-하완-손, 그리고 다리가 허벅지-종아리-발의 상동기관의 구조를 세 마디로 구성되어 방향성의 특징을 가진다는 점입니다. 이 세 가지를 주각-액각-자각이라고 하는데, 척추동물의 가장 위대한 발명은 물고기 등에는 없는 자각의 진화라는 점인 것입니다.

주각(Stylopodium) : 위팔/허벅지 부분
 액각(Zeugopodium) : 아래팔/종아리 부분
 자각(Autopodium) : 손/발 부분

자각은 데본기 후기 척추동물에서 처음으로 나타나는데 사지동물의 팔다리는 몸 가까운 쪽으로부터 위팔/허벅지가 먼저 나오고, 손 발가락이 가장 나중 세 번째로 나옵니다. 세 번째의 자각이 나오는데는 2그룹의 Hox 유전자들이 관여하게 됩니다.

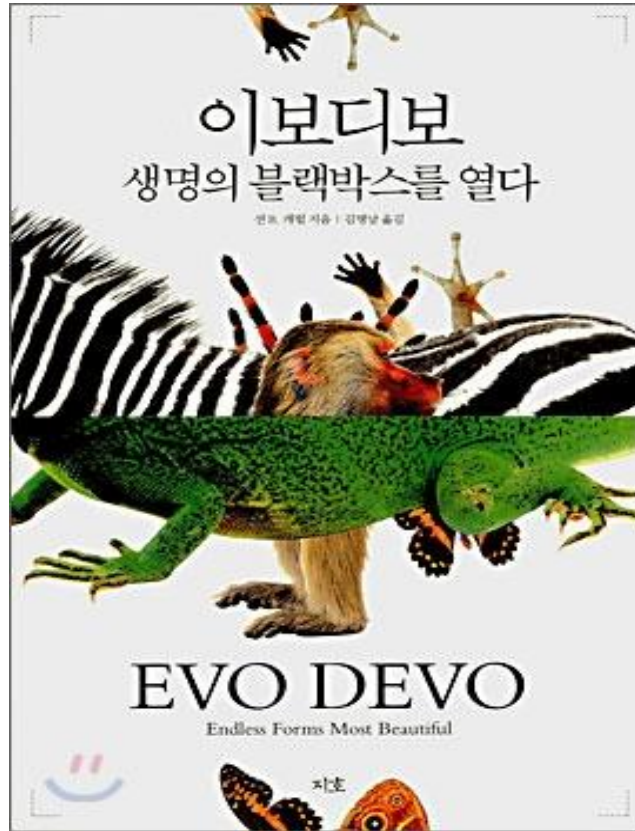


DEVELOPMENTAL BIOLOGY, Eighth Edition, Figure 16.1 © 2006 Sinauer Associates, Inc.



DEVELOPMENTAL BIOLOGY, Eighth Edition, Figure 16.14 (Part 2) © 2006 Sinauer Associates, Inc.

혹스유전자 공부를 위해서 반드시 읽고 넘어가야 할 책을 몇 권 소개해 드리겠습니다.



Sean B. Carroll 하워드 휴즈 의학연구소의 연구자이며 위스콘신-매디슨 대학 유전학과 교수. 이 시대의 가장 선구적인 생물학자 중 한 명으로 꼽히며, 1994년에 「타임」은 그를 주목해야 할 젊은 과학자로 선정했다. 그의 연구는 「네이처」「사이언스」를 비롯한 유수의 학술지에 자주 등재되며, 「타임」「U. S. 뉴스 & 월드 리포트」「디스커버」「뉴욕 타임스」를 비롯한 여러 매체에 소개되었다. 전작『이보디보, 생명의 블랙박스를 열다』는 2005 로스앤젤레스 타임스 도서상 과학기술 부문의 결선까지 올랐으며 2005 「USA 투데이」와 「디스커버」의 최고의 과학책으로 선정되었다.

추천 서문 _ 이보디보 : 미래 생물학의 메가트렌드

1부 동물 만들기

1. 동물의 구조 : 현재의 형태, 고대의 설계
2. 괴물, 돌연변이 그리고 마스터 유전자
3. 대장균에서 코끼리까지
4. 아기 만들기 : 부품은 유전자 2만 5천 개, 약간의 조립 필요함
5. 게놈의 암흑물질 : 유전자 사용 설명서

2부 화석, 유전자, 그리고 동물 다양성의 탄생

6. 동물 진화의 빅뱅
7. 작은 혁명들 : 날개, 그리고 그 밖의 혁명적 발명
8. 나비는 어떻게 점박무늬를 갖게 되었나
9. 검게 칠해요
10. 아름다운 미모 : 호모 사피엔스의 탄생
11. 최고로 아름답고 무수히 다양한 형태들

생물학의 통섭, 이보디보

지금 생물학에는 새로운 바람이 불고 있다. 그동안 서로 다른 전통 속에서 진화해온 생물학의 세부 분야들이 무엇 때문인지 최근 십여 년 전부터 서로에게 적극적으로 손을 내밀고 있다. 이제는 유전학, 세포생물학, 생리학, 내분비학, 면역학, 신경생물학, 생화학, 생물물리학 등의 기능생물학 분야와 행동생물학, 생태학, 진화학, 계통분류학, 고생물학, 집단유전학 등을 포함하는 진화생물학 분야, 그리고 최근에 새롭게 등장한 생물정보학까지도 하나의 카테고리 안에서 이야기할 수 있게 되었다. 바로 이보디보(Evo Devo), 즉 진화발생생물학(evolutionary developmental biology)이 생명과 관련된 이 모든 학문 분야를 하나로 묶어나가고 있기 때문이다. 실제로 외국에서는 이보디보에 자극받은 학자들이 각 생물학 학과들을 통합하여 통합생물학과를 출범시키고 있으며, 국내에서도 생물학의 통합이 서서히 중요한 과제로 떠오르고 있다. 『이보디보, 생명의 블랙박스를 열다』는 오늘날 생물학의 통섭을 이끌고 있는 이보디보를 소개하는 최초의 책이다.

생명의 블랙박스가 열린다

이보디보(진화발생생물학)는 이름 그대로 진화와 발생을 하나로 엮은 학문이다. 다윈 시대에서부터 생물학자들은 진화와 발생의 밀접한 관계를 깨닫고 있었다. 단순한 세포 하나에 불과한 수정란이 복잡한 성체로 발생하는 것과, 단순한 생명체가 세대를 거듭하여 점차 복잡한 생명체로 진화하는 현상은 분명 생명이 펼쳐 보이는 가장 놀라운 두 기적이다. 다윈 역시도 진화를 완벽히 이해하기 위해서는 발생 과정을 알아야 한다고 생각했다. 그렇지만 그 이후 발생은 오랫동안 생물학의 ‘변방’에 머물러 있었다. 발생학을 배제한 집단유전학적 진화론

지금 생물학에는 새로운 바람이 불고 있다. 그동안 서로 다른 전통 속에서 진화해온 생물학의 세부 분야들이 무엇 때문인지 최근 십여 년 전부터 서로에게 적극적으로 손을 내밀고 있다. 이제는 유전학, 세포생물학, 생리학, 내분비학, 면역학, 신경생물학, 생화학, 생물물리학 등의 기능생물학 분야와 행동생물학, 생태학, 진화학, 계통분류학, 고생물학, 집단유전학 등을 포함하는 진화생물학 분야, 그리고 최근에 새롭게 등장한 생물정보학까지도 하나의 카테고리 안에서 이야기할 수 있게 되었다. 바로 이보디보(Evo Devo), 즉 진화발생생물학(evolutionary developmental biology)이 생명과 관련된 이 모든 학문 분야를 하나로 묶어나가고 있기 때문이다. 실제로 외국에서는 이보디보에 자극받은 학자들이 각 생물학 학과들을 통합하여 통합생물학과를 출범시키고 있으며, 국내에서도 생물학의 통합이 서서히 중요한 과제로 떠오르고 있다.

다. 유전자의 작동 영역, 즉 유전자 스위치라 진화도 이루어진다. 스위치가 돌아서면 진화는 또다른 유전자에게 새로운 기회를 제공하는 것"인 셈이다. 그전까지 생물학자들은 실제로 단백질을 만들어내는 '구조 유전자'만 신경 쓰며 그것만이 중요한 정보를 담고 있다고 생각했다. 하지만 이보디보의 성과로 유전자 스위치 기능을 담당하는 '조절 유전자'가 더욱 중요한 주제로 부각되었다. 게다가 이 조절 기능은 아주 세심하게 조정되기 때문에 동물의 복잡성과 다양성을 가능하게 한다. 언제, 어디서, 얼마만큼 유전자를 사용할지 결정하는 유전자 스위치가 무한하리만큼 다양한 동물들의 형태를 만들어내는 것이다.

발생과 진화로 묶은 생물학

동물들의 '오랜된 유전자'와 유전자의 발현을 조절하는 '유전자 스위치'는 모두 배아의 발생을 연구하는 과정에서 밝혀졌다. 그렇지만 이 사실들은 전통적인 발생학 영역을 넘어 생물학 전 분야와 관련된 내용들이다. 우선 유전자 발현 메커니즘에 대한 분자생물학·세포생물학·발생유전학적 지식들이 필수적으로 들어오고, 염기서열을 확인하기 위한 유전체학과 그 발현 과정을 연구하는 단백질학도 필요하며, 상이한 문물(phyla) 간의 상동성을 따져보기 위한 계통학도 개입될 수밖에 없다. 물론 이런 상동성은 진화생물학으로 설명된다. 게다가 고생물학은 생명이 진화의 역사를 거치면서 어떻게 새로운 몸과 새 형질들을 획득하게 되었는지에 초점을 맞추으로써 발생의 수수께끼를 다른 각도에서 바라보게 되었다. 이보다보는 이 모든 분야들을 진화와 발생이라는 키워드로 묶어 생명체의 모든 변화를 통합적으로 설명한다.

이 책은 그간 이보다보가 거둔 성과들을 체계적으로 정리, 소개하면서 이보다보의 힘을 느끼게 해준다. 저자는 여러 환상적인 사례들을 - 외눈박이 양, 더듬이 대신 다리가 난 파리, 발가락이 다섯 개인 병아리 등 - 보여주며, 그런 사례를 바탕으로 기존의 진화 이론을 재정립하고 있다. 이보다보는 캄브리아기에 어떻게 한꺼번에 다양한 종들이 탄생했는지, 곤충의 아가미가 어떻게 날개가 되었는지, 수만 종류의 다양한 나비 날개 무늬는 어떻게 만들어지는지, 어떻게 물고기의 지느러미가 육상동물의 다리와 발가락 그리고 날개가 되었는지 등을 생생하게 보여준다. 동물 형태의 실제 발생 과정을 포함한 저자의 설명은 추론에만 의존한 기존의 설명보다 훨씬 구체적이고 설득력 있다.

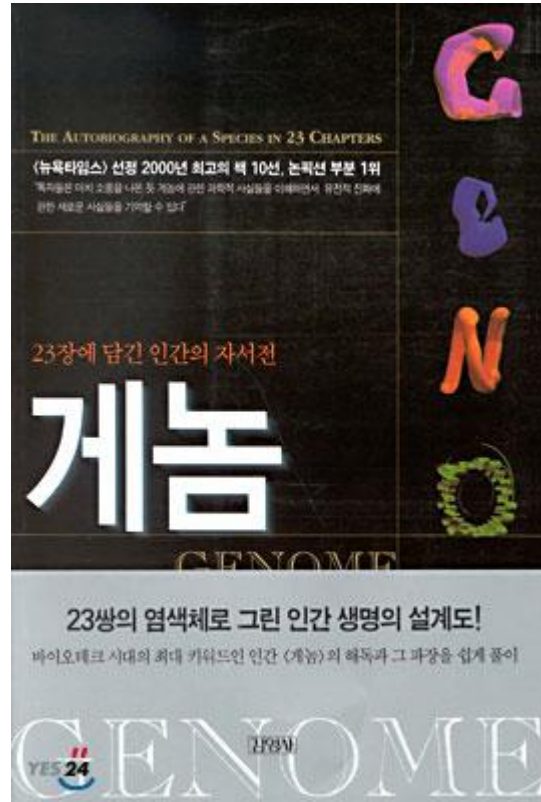
생물학을 뒤흔든 이보다보의 힘

이 책의 저자인 셴 캐럴은 위스콘신 대학의 생물학 교수이며 하워드 휴즈 의학연구소의 대표 연구자로 지난 수년 동안 이보다보 분야의 개척자와 대변인 역할을 해온 탁월한 학자이다. 이 책에서 그는 지난 20년간 축적된 이보다보의 놀라운 연구 성과들을 대중의 눈높이에서 친절하고 정확하게 소개해주고 있다. 말하자면 이 책은 이보다보의 세계적 석학이 그에 관해 쓴 세계 최초의 대중서이다. 석학이 쓴 글답게 이 책은 풍부하고 깊은 과학적 사유로 가득하지만 설명을 찬찬히 따라가면 누구나 이해할 수 있을 만큼 자세하고 친절하다. 생물학에 관심이 있는 독자라면 아주 만족스러운 독서가 될 것이다.

물론 이보다보는 아직 어린, 정확히 말해 스무 살이 채 안 된 학문이다. 하지만 이보다보가 생물학을 새롭게 종합할 수 있는 엄청난 잠재력을 가지고 있다는 사실을 부인하기에는 지금까지의 연구 성과가 너무도 중요한 것들이며, 앞으로의 생물학에서는 분명 이보다보가 중요한 역할을 하게 될 것이다. 이 한 권에서 우리는 거의 모든 생명의 변화에 대한 통합 이론을 만나게 될 것이며, 미래 생물학을 이끌 메가트렌드를 알게 될 것이다. [펼쳐보기](#)

반드시 읽어야 할
책입니다.

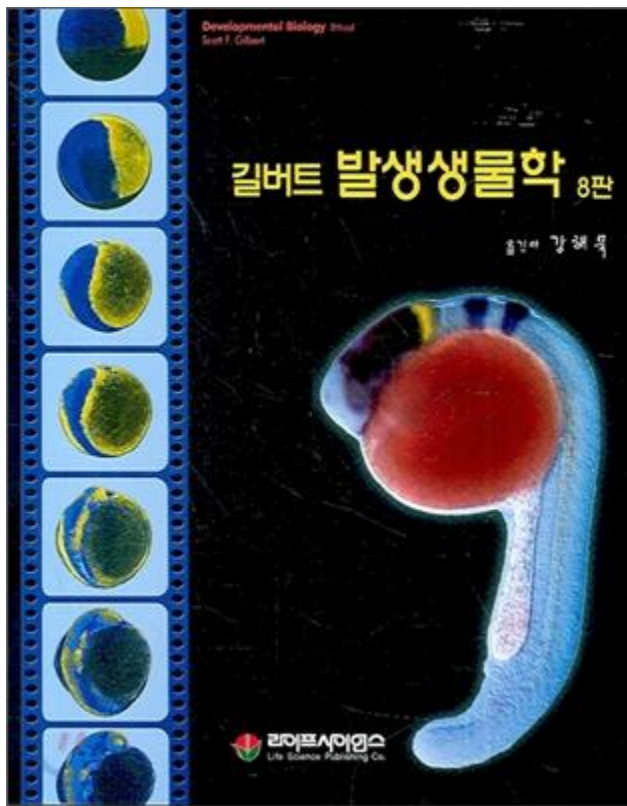
이 책의 내용 중에서
12번 염색체-자가조립
부분이 바로 이보디보
에 대한 부분입니다.



매트 리들리

옥스퍼드 대학에서 Ph.D를 받았으며, 와 에서 과학 저널리스트로 활동하였다. 현재는 생명과학을 주제로 과학공원과 방문센터 설립을 추진하고 있는 국제 생명센터의 회장이다. 신경과학자인 부인 애나 허버 Anya Hurlber와 염색체를 조합하여 완전하게 새로운 개체인 2명의 자녀를 만들어냈다. 저서로는 『붉은 여왕 The Red Queen』, 『덕의 기원 The origins of virtue』 등이 있다.

1. 1번 염색체 - 생명
2. 2번 염색체 - 종
3. 3번 염색체 - 역사
4. 4번 염색체 - 운명
5. 5번 염색체 - 환경
6. 6번 염색체 - 지능
7. 7번 염색체 - 본능
8. X와 Y염색체 - 충돌
9. 8번 염색체 - 이기주의
10. 9번 염색체 - 질병
11. 10번 염색체 - 스트레스
12. 11번 염색체 - 개성
13. 12번 염색체 - 자가조립
14. 13번 염색체 - 유사 이전
15. 14번 염색체 - 영생불멸
16. 15번 염색체 - 성
17. 16번 염색체 - 기억
18. 17번 염색체 - 죽음
19. 18번 염색체 - 치료
20. 19번 염색체 - 예방
21. 20번 염색체 - 정치학
22. 21번 염색체 - 우생학
23. 22번 염색체 - 자유의지



1부 발생생물학의 원리

1장 _ 발생생물학: 해부학적 전통

발생생물학의 목적

발생생물학의 연구 방법

해부학적인 방법

비교발생학

후성설과 전성설

배아조직의 명명: 초기 배엽과 초기 기관

칼 에른스트 폰 베어의 네 가지 원칙

배아의 운명지도

형태발생의 세포학적 기초

세포의 이동

진화발생학

배아의 상동기관

의학발생학과 기형학

유전적 기형과 증후군

방해와 기형유발물질

발생의 수학적 모델화

개체성장의 수학

형태화의 수학

2장 _ 생활사 및 발생 형태의 진화

생활사: 동물 발생의 단계

개구리 생활사

다세포성: 분화와 형태발생의 진화

볼보카인스

점액아메바의 분화와 형태발생

고찰 & 과학탐구: 증거의 법칙 I

현화식물의 발생

후생동물의 발생 유형

이배엽성 동물, 선구동물과 후구동물

고찰 & 과학탐구: 편형동물의 전능성

3장 _ 실험발생학의 원리

환경적 발생생물학

환경적인 성 결정

배아와 유생의 환경적응

세포 운명결정의 발생적인 역동성

자동적 예정화

다핵세포의 예정화

조건부 예정화

형태발생물질 기울기의 재고

고찰 & 과학탐구: 증거의 법칙

이 책의 나이는 대부분의 학생들과 비슷한 21살이다. 술에 취할 나이이다. 이 책은 갑자기 청년이 된 것이 아니라 여러 단계를 거쳐 완성되었다. 1985년 이 책이 처음 출판되었을 때 인해서, 신호전달 연쇄반응 및 국소분인자는 청순한 상태였으며, 혹스 유전자와 BMP가 이 책의 내용에 중요한 한 부분을 차지할 줄 몰랐다. 지난 21년 동안 발생생물학 분야는 엄청나게 발전하였고 이 책도 이에

“혹스 유전자와 BMP가 이 책의 내용에 중요한 한 부분을 차지할 줄 몰랐다.”

이 책은 1985년 출판된 후 현재 8판까지 바뀌어온 책으로 그만큼 새로운 분야의 발전에 따라 발생진화학의 이론이 끊임없이 변화되고 있는 것을 반증하는 것이기도 합니다.

이 책은 교과서로서 앞의 ‘이보디보’, ‘게놈’, 그리고 ‘내 안의 물고기’ 등의 책을 여러번 반복하여 읽으면서 중간 중간에 정리하는 교재로 활용하시면 좋습니다.

야로서 "이 책은 발생생물학, 유전학 및 진화학의 분리된 경계를 흐릿하게 하고자 하는 시도"로서 내가 이 책을 처음 출판할 당시엔 존재하지 않았던 분야이기 때문이다. 1985년도에 내가 그렇게 썼던 것이 자랑스롭다. 웨딩턴(C.H. Waddington)은 이 세 분야를 통시생물학(diachronic biology)이라고 불렀고 통합된 분야로 간주하였다. 진화, 유전 및 발생의 통합은 이제 현실화되었고 이 책에서 21장에 이은 22장 및 23장으로 이 분야를 접근하고 있다.

내 안의 물고기를 찾아서

북극 고생물학을 안내하는 현장 지침서 같은 건 없다. 친구들과 동료들이 갖가지 장비를 추천해주었고, 우리도 많은 참고서적을 읽었지만, 앞으로 겪을 경험에 대비할 방도가 전혀 없다는 사실을 절감할 뿐이었다. 내가 그 점을 가장 뼈저리게 깨달은 시점은, 다름 아니라 헬리콥터가 북극의 어느 외딴 곳에 우리를 처음으로 내려놓은 순간이었다. 나는 맨 먼저 북극곰을 떠올렸다. 그리고 이루 헤아릴 수 없을 정도로 자주 주변을 돌아보며 행여 희끄무레한 얼룩이라도 움직이지 않나 감시했다. 불안에 시달리다 보면 헛것을 본다. 북극에서의 작업 첫 주에, 탐사단원 한 명이 흰 얼룩이 움직이는 것을 목격했다. 0.4킬로미터 밖에 북극곰이 있는 듯했다. 우리는 1920년대의 무성 영화에 등장하는 우스꽝스러운 경찰들처럼 꼴사납게 총이며 조명탄, 호각 등을 앞다투어 집어 들었는데, 자세히 보니 그 곰이란 것은 6미터 밖에 있는 흰 북극 토끼였다. 북극에는 거리를 판별할 나무나 집이 하나도 없기 때문에 원근감을 잃게 된다.

북극은 넓고 텅 비어 있는 공간이다. 우리가 관심을 둔 암석은 무려 1,500킬로미터에 걸쳐 노출되어 있었다. 반면에 우리가 찾으려는 생물의 길이는 1.2미터 정도였다. 어떻게 해서든 화석을 보존하고 있을 작은 암석 덩어리를 꼭 짚어내야 했다. 연구 지원금 신청을 심사하는 사람들은 지독하게 까다롭게 마련이어서, 이런 어려움을 귀신같이 들춰낸다. 예전에 패리시의 북극 탐사 지원금 신청을 심사했던 한 위원이 기막힌 말을 남겼다. 심사위원이 평가서에 쓴 문장을 옮기면(우호적인 태도가 아니었음을 밝혀둔다), 북극에서 새 화석을 발견할 확률은 “건초더미에서 바늘을 찾아낼 확률보다 낮다”.

우리는 6년 동안 네 차례에 걸쳐 엘스미어 섬을 탐사한 후에야 우리의 바늘을 발견했다. 행운이란 그런 것이다.

_38~39쪽

손과 팔을 구성하는 단 하나의 패턴

사람의 팔 골격에는 일정한 패턴이 있다. 즉, 위팔에는 뼈가 한 개 있고, 팔뚝에는 뼈가 두 개 있으며, 손목에는 작은 뼈들이 아홉 개 뭉쳐 있고, 거기서 가지들이 다섯 개 뻗어 나와 손가락을 이룬다는 것이다. 사람의 다리뼈 배열도 이와 같다. 뼈 한 개, 뼈 두 개, 동그란 뼈 여러 개, 발가락 다섯 개. 오언은 이 패턴을 세상의 다양한 동물 골격들과 비교한 결과, 놀라운 사실을 알아냈다.

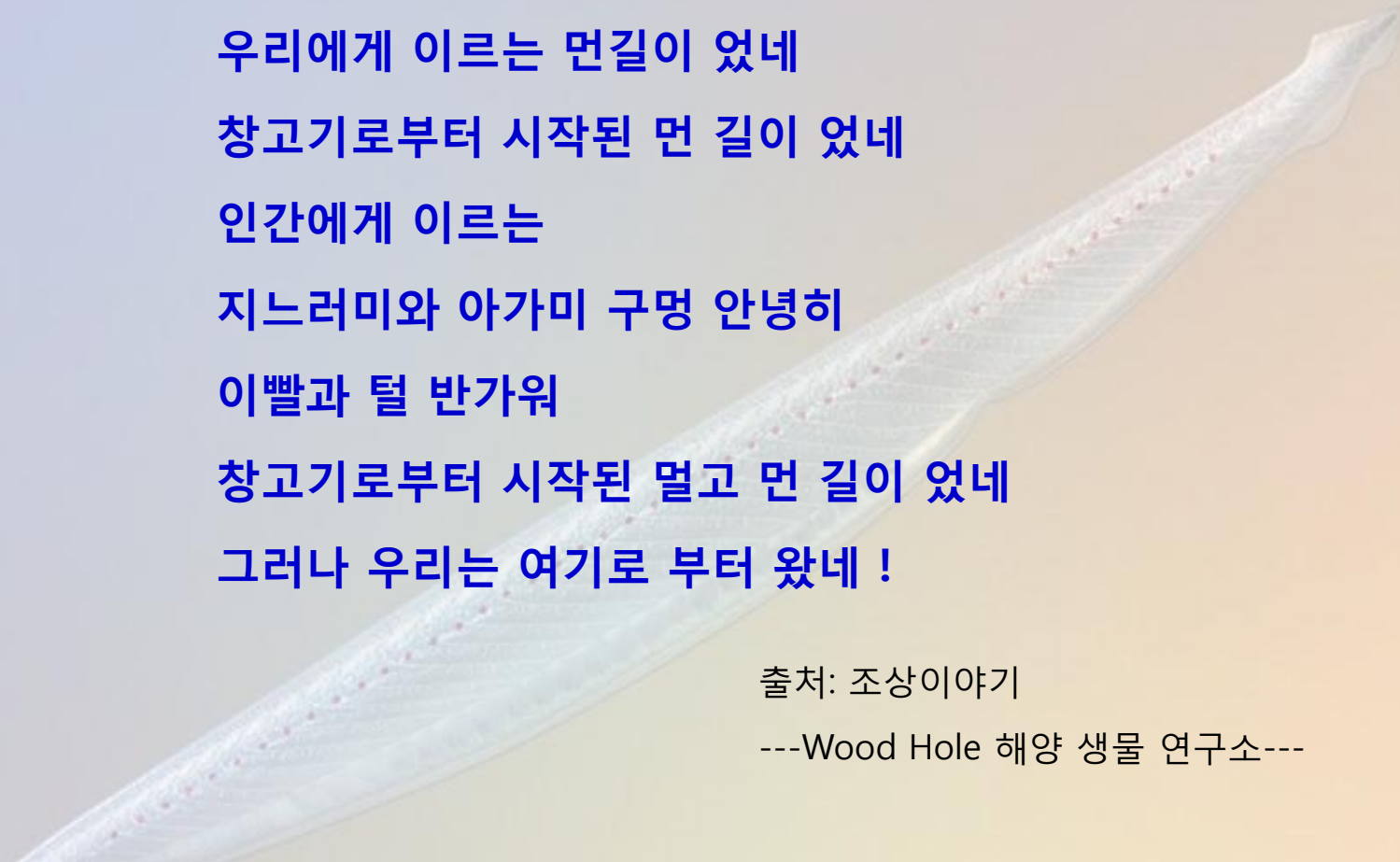
그는 다양한 골격들을 서로 다르게 만드는 차이점에 초점을 맞추지 않았다. 그것이 오언의 천재성이었다. 오언은 개구리와 사람처럼 전혀 다른 생물들 사이에 놀라운 유사성이 존재함을 발견했고, 강연과 책을 통해 줄곧 그 사실을 설파하였다. 생물들의 팔다리는 모두 공통의 설계를 따른다. 팔다리가 날개이든, 물갈퀴이든, 손이든 상관없다. 팔의 상완골이나 허벅지의 대퇴골처럼 먼저 한 개의 뼈가 있고, 거기에 두 개의 뼈가 관절로 연결되며, 거기에 또 작고 둥근 뼈들이 여러 개 붙어 있고, 마지막으로 손가락이나 발가락이 연결된다. 모든 팔다리의 구조에 이 패턴이 깔려 있다. 박쥐의 날개를 만들고 싶은가? 손가락들을 아주 길게 늘이면 된다. 말을 만들고 싶은가? 가운데손가락과 발가락을 길게 늘이고 나머지 것들은 줄이거나 없애면 된다. 그렇다면 개구리 다리는 어떨까? 다리뼈를 잡아 늘인 뒤 여러 뼈들을 한 덩어리로 뭉치면 된다. 생물들 사이의 차이점은 뼈의 모양과 크기, 그리고 둥근 뼈나 손·발가락의 개수 차이에 있다. 팔다리의 생김새와 하는 일이 극단적으로 다를지 몰라도 바탕에 깔린 청사진은 언제나 동일하다.

_57~58쪽

Our camp (top) looks tiny in the vastness of the landscape. My summer home (bottom) is a small tent, usually surrounded by piles of rocks to protect it from fifty-mile-per-hour winds. Photographs by the author.



여름기간 동안 기거했던 찬바람 몰아치는 북극평원속의 웅크린 탐사 야영텐트의 모습(저자 본인이 촬영한 사진)에서 척추동물 진화 과정을 추적하기 위한 저자의 열정과 눈물겨운 노력을 느낄 수 있습니다.



창고기로 부터 시작된 머나먼 길이 있네
우리에게 이르는 먼길이 있네
창고기로부터 시작된 먼 길이 있네
인간에게 이르는
지느러미와 아가미 구멍 안녕히
이빨과 털 반가워
창고기로부터 시작된 멀고 먼 길이 있네
그러나 우리는 여기로 부터 왔네 !

출처: 조상이야기

---Wood Hole 해양 생물 연구소---

Wood Hole 이라는 유명한 해양생물 연구소의 생물학자들이 모여서 하기 Camp를 할 때마다 교가처럼 부르는 노래입니다. 우리의 조상인 창고기의 혹스유전자를 통해 척추동물의 흔적을 찾으면서.. 그 오랜 진화의 과정을 회상케 해 주는 어떤 몽클한 느낌을 가져다 주는 詩인것 같습니다.

우리 척추동물의 선조에 해당하는 창고기입니다. 창고기는 현존의 유일한 두색동물로서 창고기 흑스유전자를 연구함으로써 척추동물 진화와 유전자의 계통을 밝힐 수 있게되며 결국 창고기로부터 13개 흑스유전자가 4번 Copy되면서 지구상에 있는 모든 척추동물로 진화하게 된 것입니다.



The **lancelets** (from [lancet](#)), or known as **amphioxus** are the modern representatives of the subphylum [Cephalochordata](#), usually said to be the sister group of the [craniates](#). They are usually found buried in sand in shallow parts of [temperate](#) or [tropical seas](#). In [Asia](#), they are harvested commercially as [food](#) for [humans](#) and [domesticated animals](#). They are an important object of study in [zoology](#) as they provide indications about the origins of the [vertebrates](#). Lancelets serve as an intriguing comparison point for tracing how vertebrates have evolved and adapted. Although lancelets split from vertebrates more than 520 million years ago, their genomes hold clues about evolution, particularly how vertebrates have employed old genes for new functions.^[2] They are regarded as similar to the archetypal vertebrate form.

유전자라는 것은 간단히 말해 번역을 위해 단백질을 코딩해 주는것을 말하는데, 이것을 담당하는 것이 곧 RNA중합효소입니다. RNA중합효소가 코돈을 읽어 단백질로 번역해 내기 위해서는 혼자 힘으로만은 안되고 수없이 많은 여러 전사조절인자들이 함께 붙어줘야 합니다.

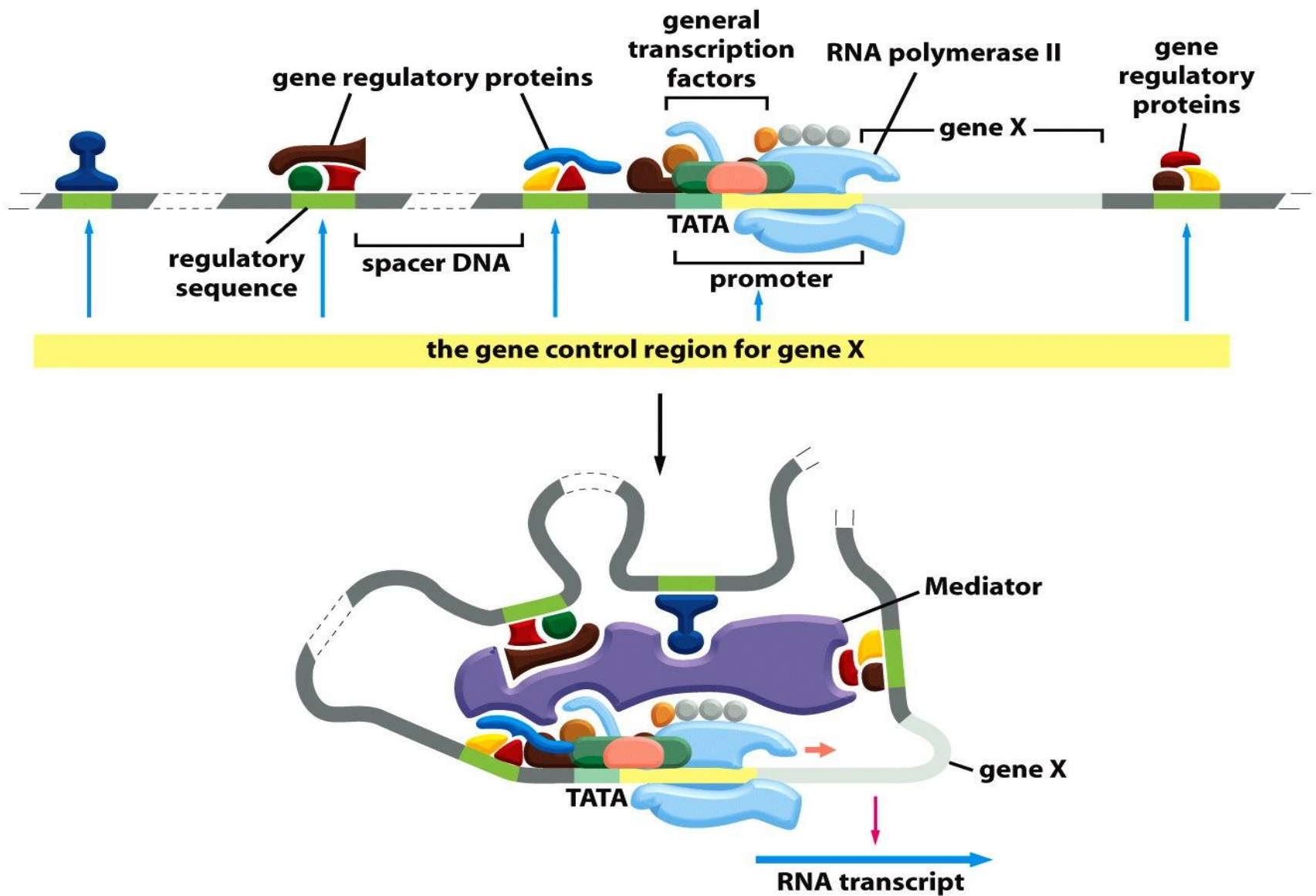
혹스유전자도 역시 단백질을 만들게 되는데, 혹스유전자가 만드는 단백질이 바로 전사인자를 좌우하게되고, 그 전사인자가 RNA중합효소를 Driving시켜서 염기를 읽어내어 단백질을 만들어 주는 것입니다.

인간의 유전자는 약 25,000개입니다. 전체 Genome은 30억개 염기쌍인데 그 중에서 단백질을 지정해 주는 염기인 유전자는 약 1.5%정도에 지나지 않고, 나머지 98.5%의 대부분 염기는 단백질하고 관련이 없는 것입니다.

또한 번역을 위해 중합효소 주위에붙는 전사조절인자에 해당되는 염기는 전체의 약 3%정도로 1억여개의 DNA인데, 유전자의 2배에 이르는 양이 유전자를 읽어내는 부속품에 해당된다는 이야기가 됩니다. 그리고 이 1억 여개에 이르는 전사조절인자 중에서 혹스유전자는 극히 작은 부분으로 한 개의 혹스유전자가 60개 아미노산, 180개 염기로 구성된 것을 생각할 때 기껏해야 1만개 미만의 수가 되는 것입니다.

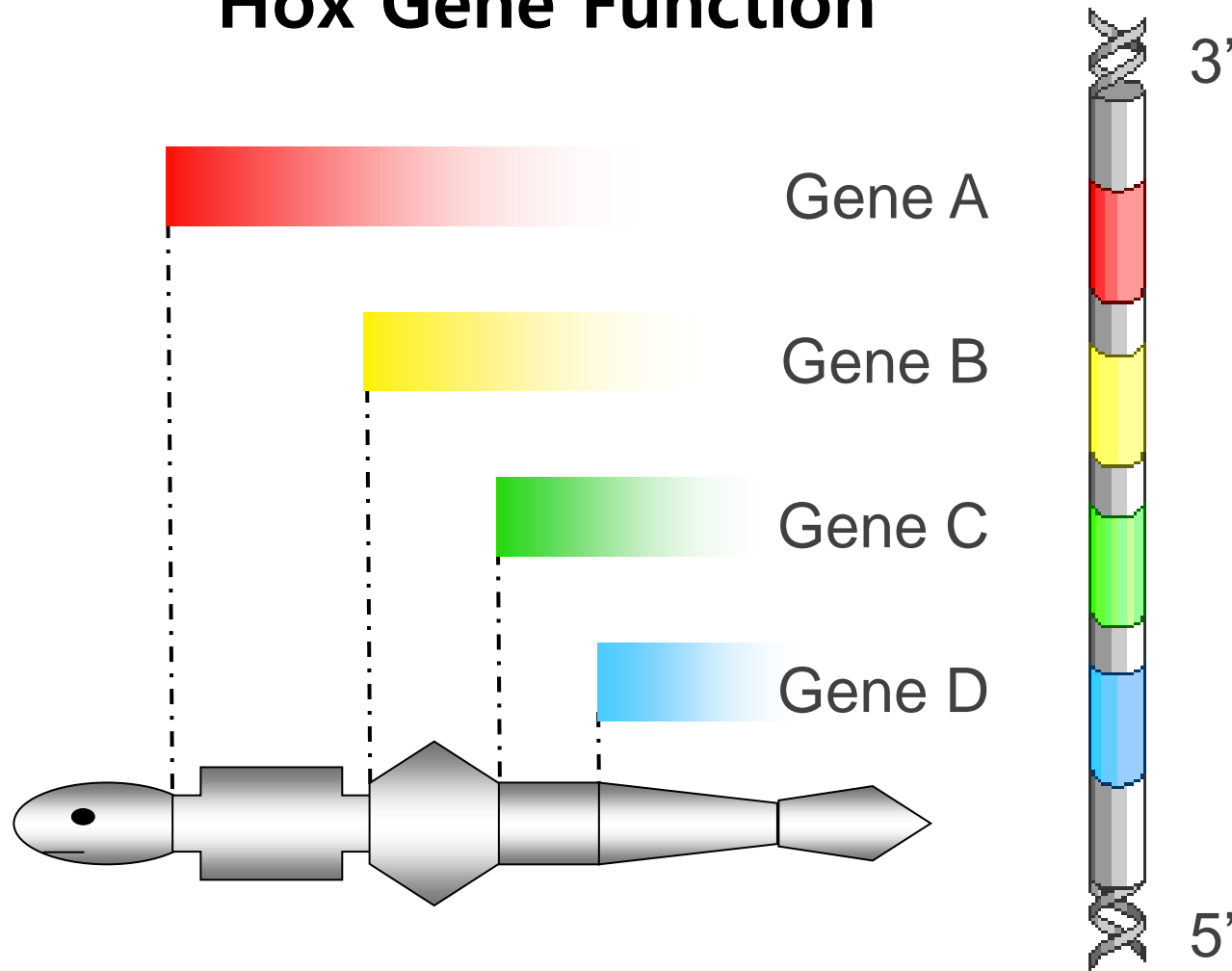
Genomics는 전사조절인자를 연구하는 학문입니다.

분자생물학을 한마디로 표현해 보라고하면 '단백질이 DNA를 만났다.'라고 말할수 있겠는데, 그 'DNA 결합단백질'이 곧 전사조절인자인 것입니다. 세포 1개에 많으면 10만개의 단백질이 있는데, 그 중 수백개 내지 수천개의 0.1% 정도의 단백질만이 DNA와 결합하는 능력을 얻게 되었고(전사조절인자), 그 DNA 결합단백질의 극히 일부가 혹스유전자인 것입니다.



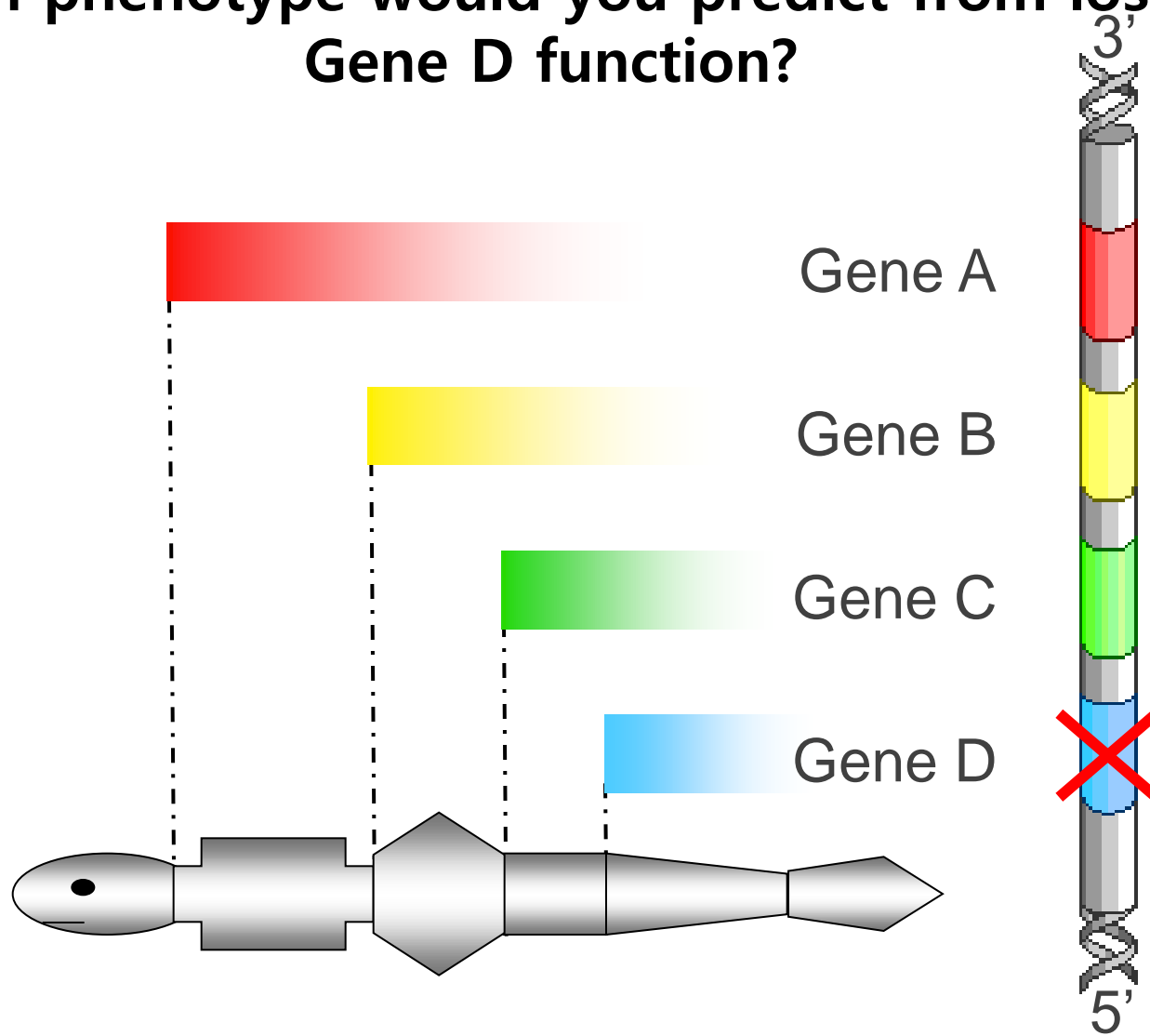
전사를 Start하기 위해 gene X의 영역을 읽으려면 아래의 그림과 같이 수십개의 단백질 덩어리가 빠짐없이 붙어줘야만 비로서 전사가 일어나게 됩니다.

Hox Gene Function



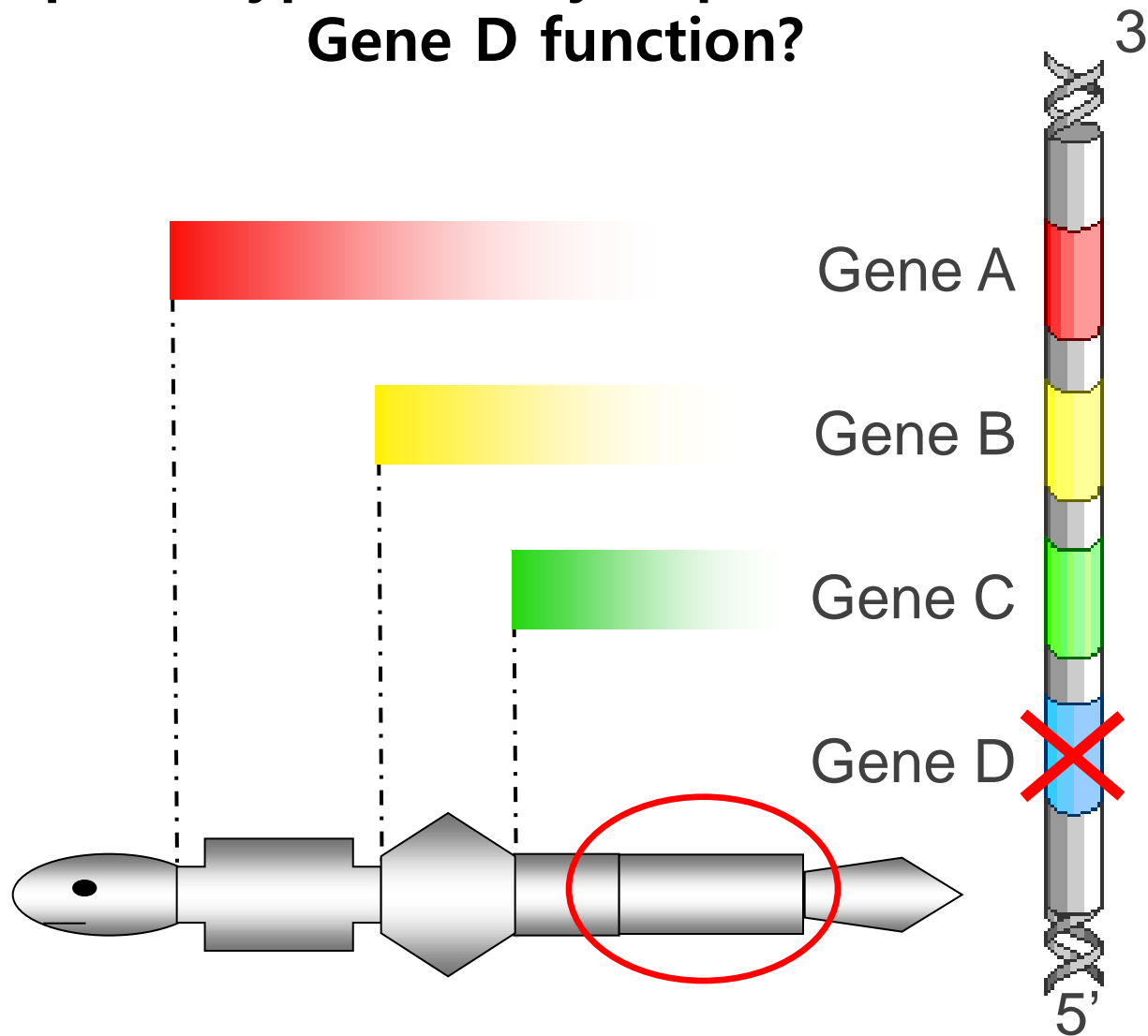
혹스유전자는 일정한 순서를 유지하면서 존재하게 됩니다. 5억년 동안 동물의 유전자가 진화되어 오면서 무수히 섞여졌지만 혹스유전자 만큼은 순서가 바뀌지 않고 일정하게 유지되고 있는 믿을 수 없는 사실이 발견되었습니다. 그러기 때문에 돌연변이나 기형이 발생하더라도 손이 옆구리에 달리는 등의 터무니 없는 기형은 일어나지 않는 이유입니다.

Which phenotype would you predict from loss of Gene D function?



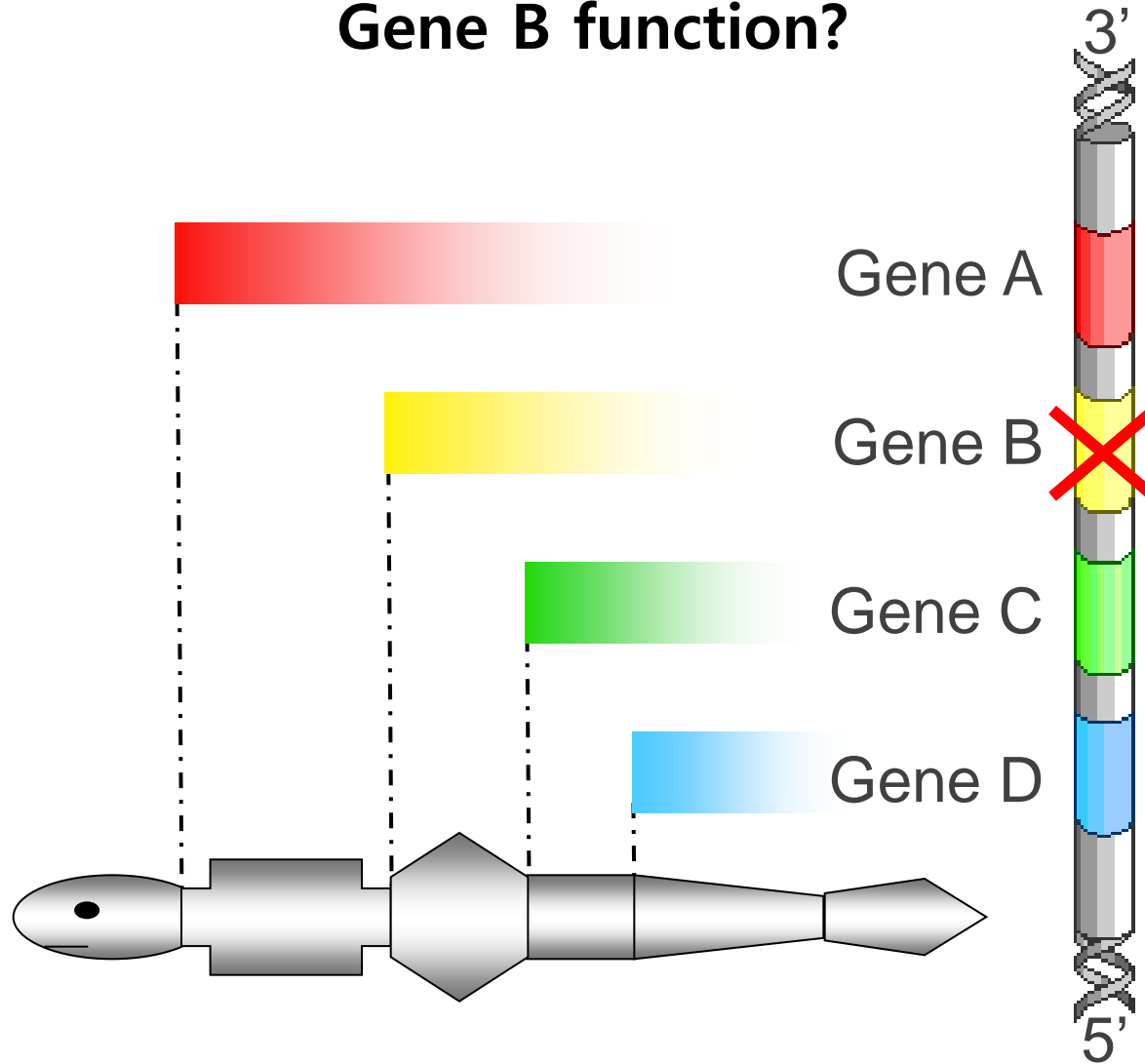
예를 들어서 순서대로 있는 흑스유전자 중에서 유전자 D가 고장이 난 경우....

Which phenotype would you predict from loss of Gene D function?



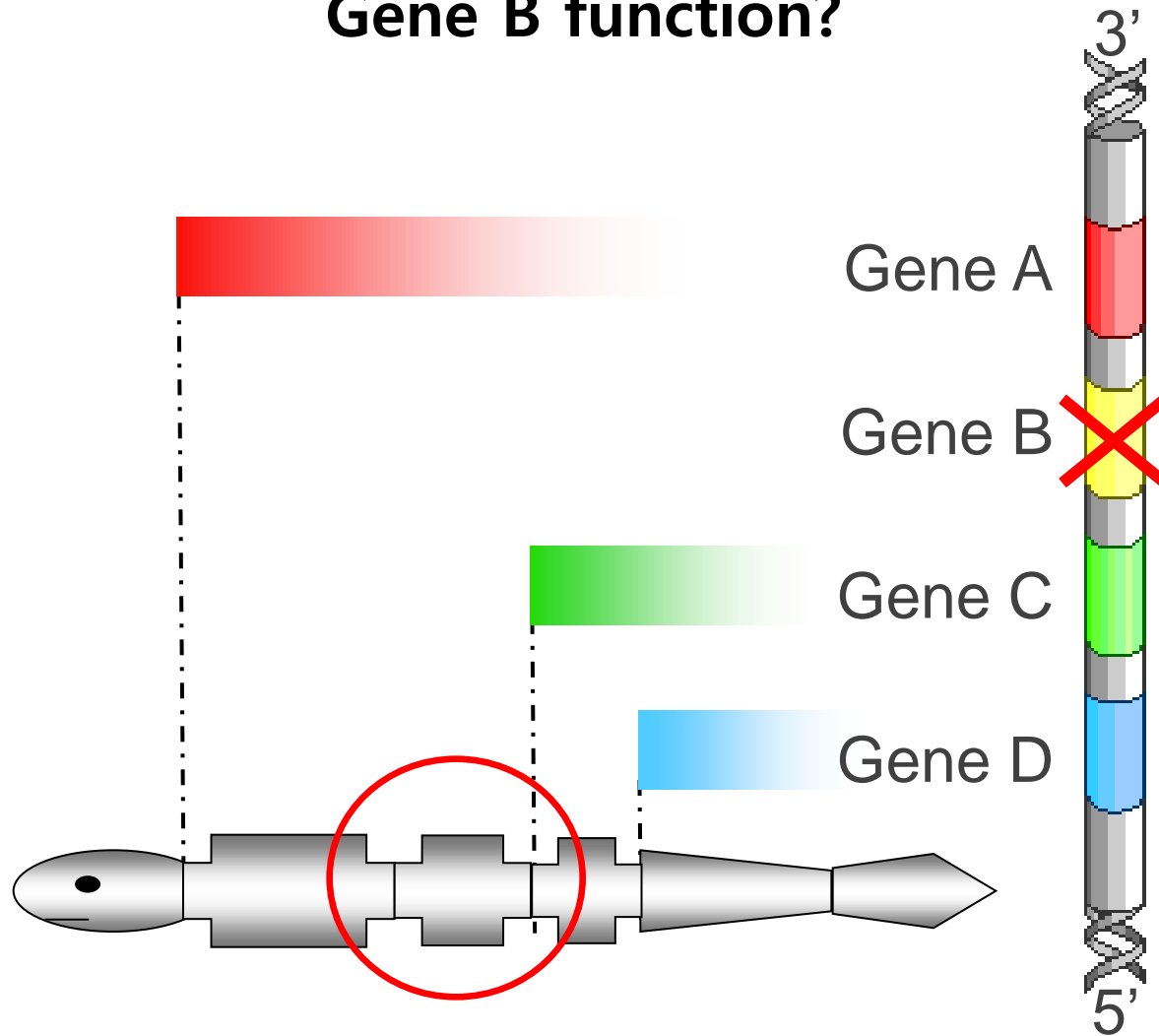
바로 위에 있던 C 유전자가 고장난 D를 대신하여 몸의 형태를 구성하게 되며,

Which phenotype would you predict from loss of Gene B function?



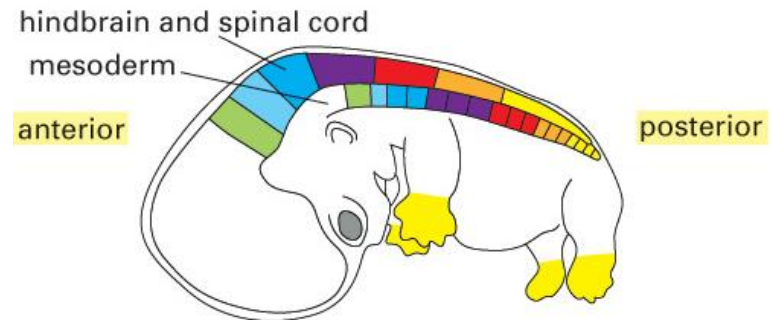
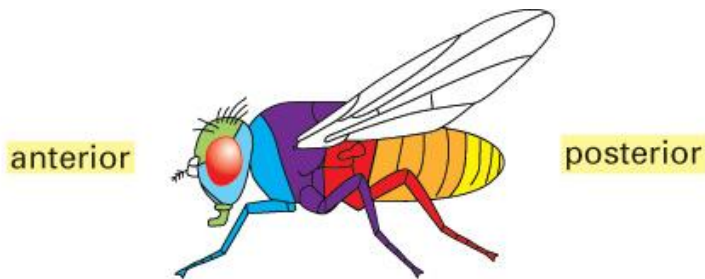
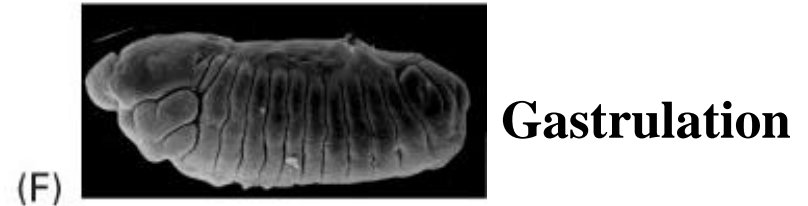
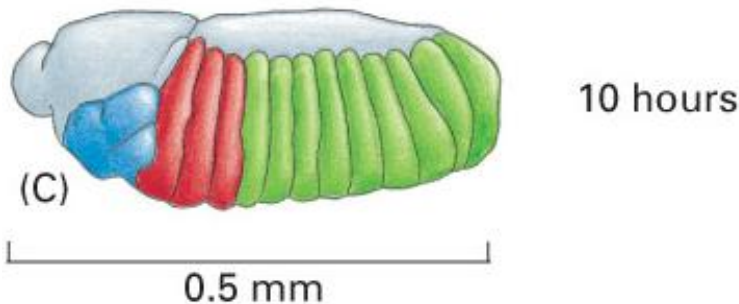
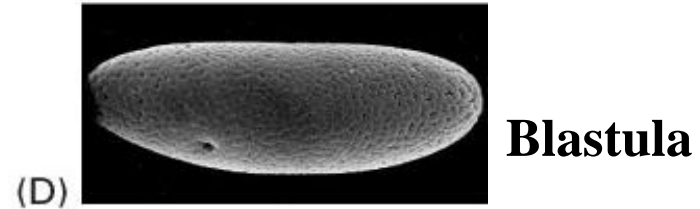
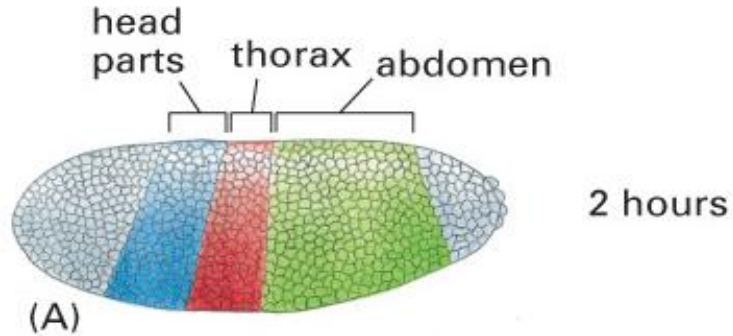
순서대로 있는 홈스유전자 중에서 유전자 B가 고장이 난 경우....

Which phenotype would you predict from loss of Gene B function?

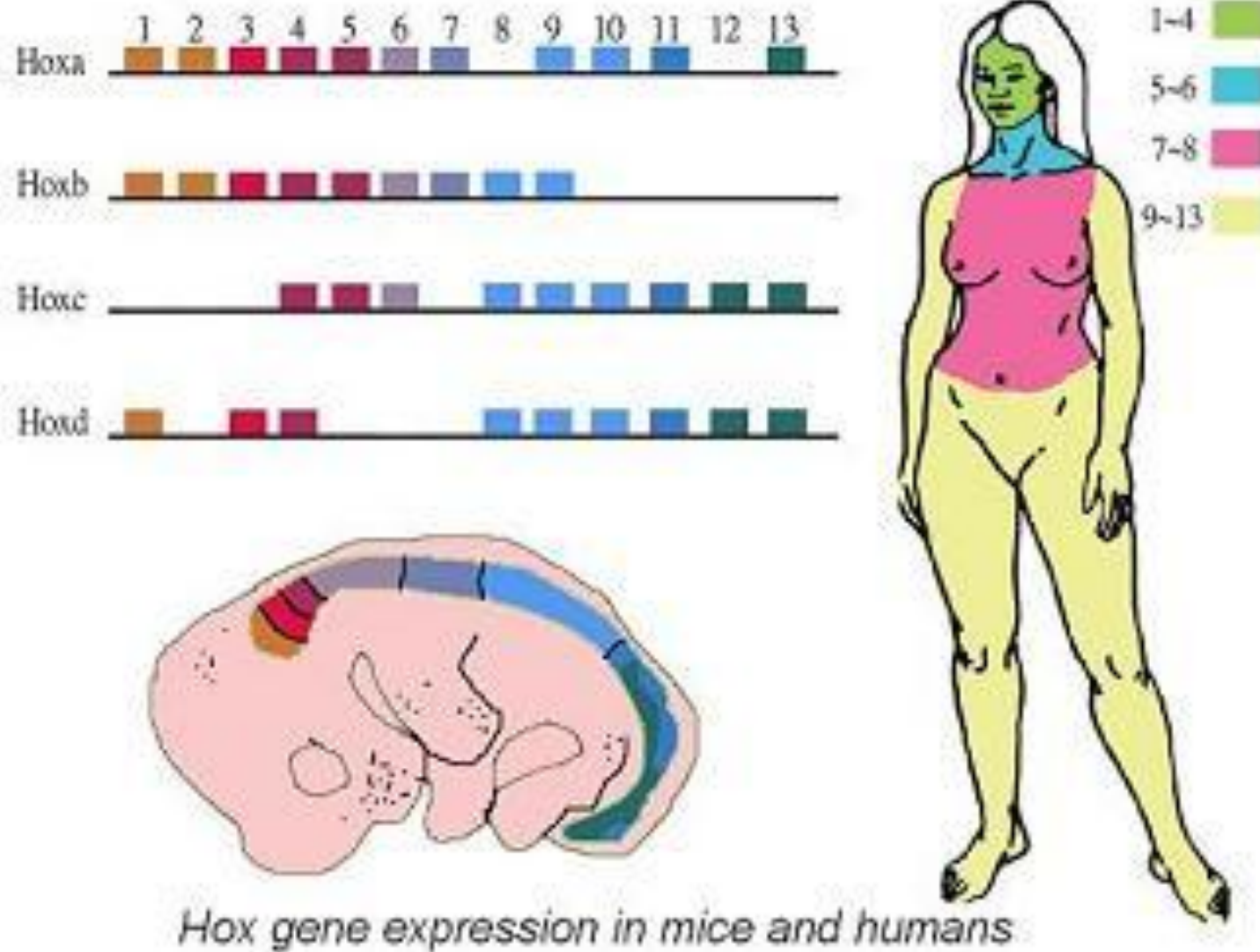


바로 위에 있던 A 유전자가 고장난 B를 대신하여 몸의 형태를 구성하게 되는데 이것이
혹스유전자가 몸을 만드는 기본적인 원칙인 것입니다.

The development of the *Drosophila* body segments



위 그림 C의 세 구역으로 나뉜 초파리 유전자 중에서 가슴부위에서 날개를 만들어주고 거기에서 첫 번째 다리가 나오도록 해주는, 그 체형이 만들고 그 체형의 구체적 기능을 결정해 주는 유전자가 바로 혹스유전자인 것입니다.



위 그림의 쥐와 사람의 혹스유전자를 보면 사람의 경우 1~4가 얼굴을, 5~6까지가 목 부위, 7~8이 몸통, 그리고 9~13이 손과 발인 부속지를 만들어주는데, 쥐의 경우에도 그 만들어진 몸의 부위가 유사한 것을 알 수 있습니다.

위 그림에서 가장 중요한 것은 체통이 있고 그 체통에 4개의 다리가 붙은것이 부속지입니다. '부속지'란 개념이 이보디보의 실질적인 핵심개념 중의 하나입니다.

지구상에 동물문이 10개가 넘는데.. 해면동물, 자포, 강장, 환형, 편형, 연체, 극피, 절지, 선형, 척추동물 등이 있는데 이들 중 가장 많이 번성하여 지구를 정복하여 살고있는 종을 고른다면 절지동물과 척추동물입니다.

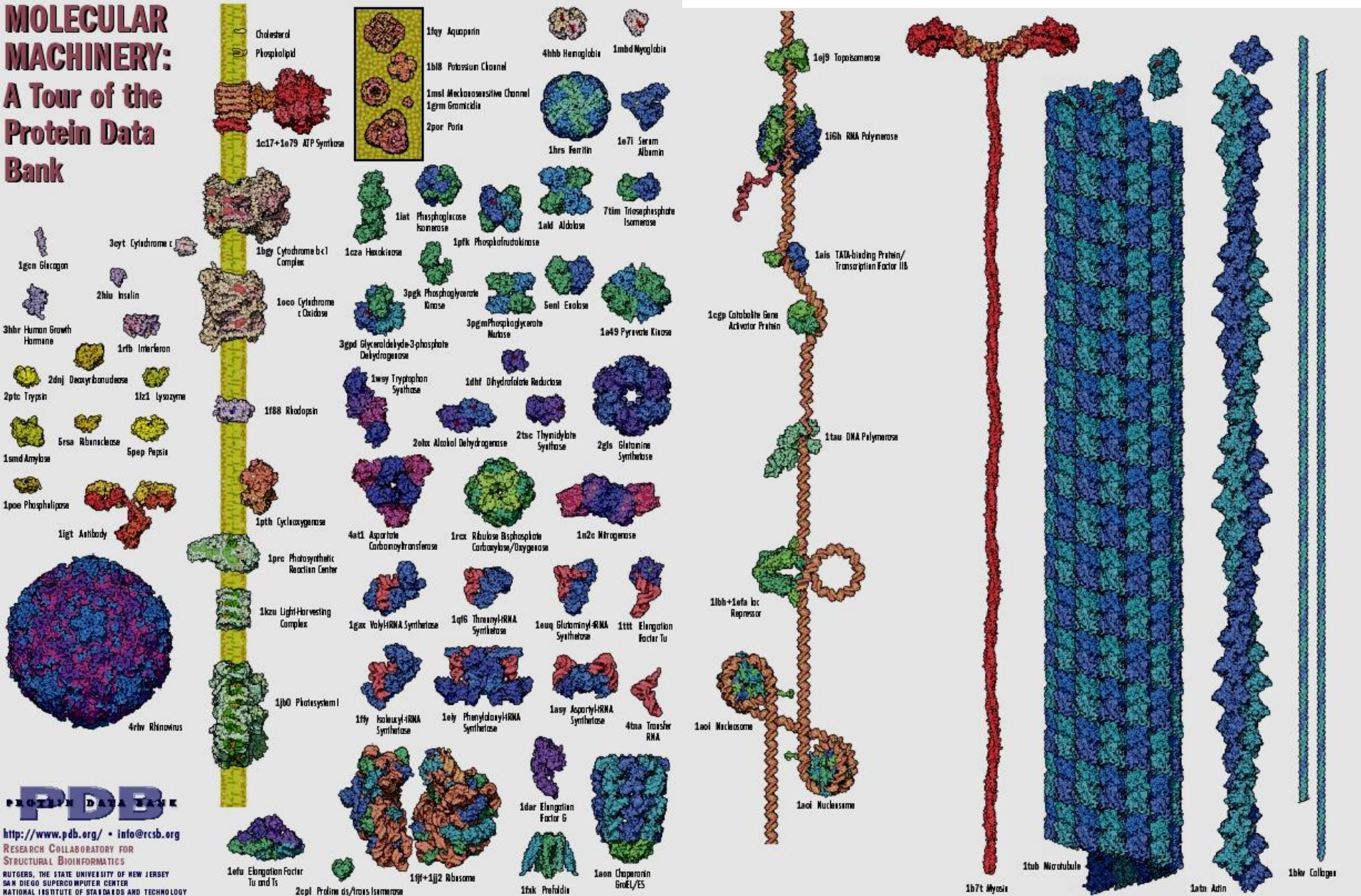
그 이유가 무엇 때문일까요? 두 동물간의 공통점은 바로 부속지에 있는데, 부속지 4개가 모든 것을 다 했다고 보시면 됩니다. 부속지를 이용하여 물에서 헤엄치고, 땅에 걸터다니고 급기야는 하늘을 날게 되었는데 그것도 앞의 2개를 활용하여 그렇게 한 것입니다. 마지막으로 모든 동물의 성기도 변형된 부속지의 일부입니다.

부속지는 절지동물에게 있어서 교미, 섭식, 이동, 방어, 감각, 땅파기, 알품기 ... 등 수 많은 다양한 기능을 담당하여 왔으며, 척추동물의 경우는 4개의 부속지 가운데 2개는 중심을 잡고 물속에서 앞지느러미를 가지고 방향을 잡아 헤엄치고, 땅위에서 걸거나 뛰고, 하늘을 날고 주로 앞쪽의 2개를 가지고 많은 것 들을 해 온 것입니다.

호모사피엔스의 경우는 전 지구적으로 합의를 해서 4년마다 각 부속지들 의 능력을 극대화 하는 콘테스트를 여는것이 곧 올림픽이며 또 다른 4년마다 또다른 부속지의 능력을 테스트 하고 경연을 벌이는 것이 월드컵인 것입니다.

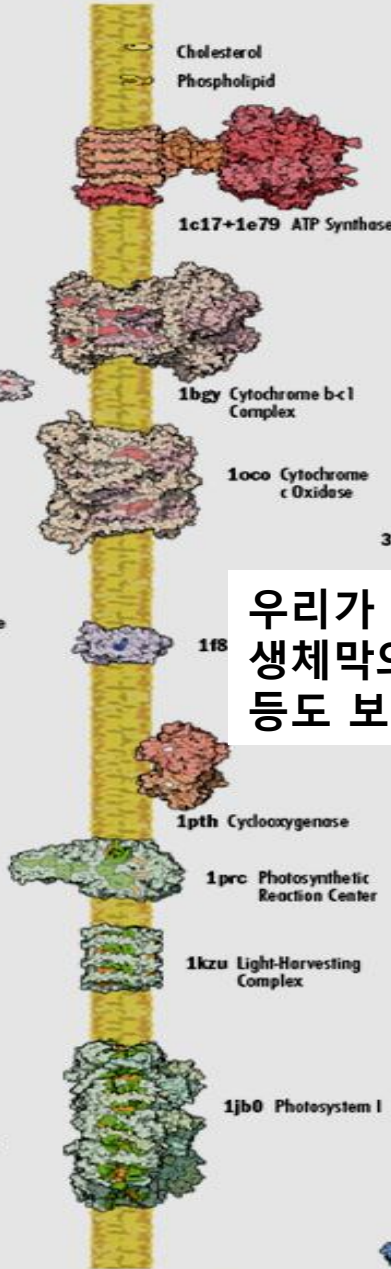
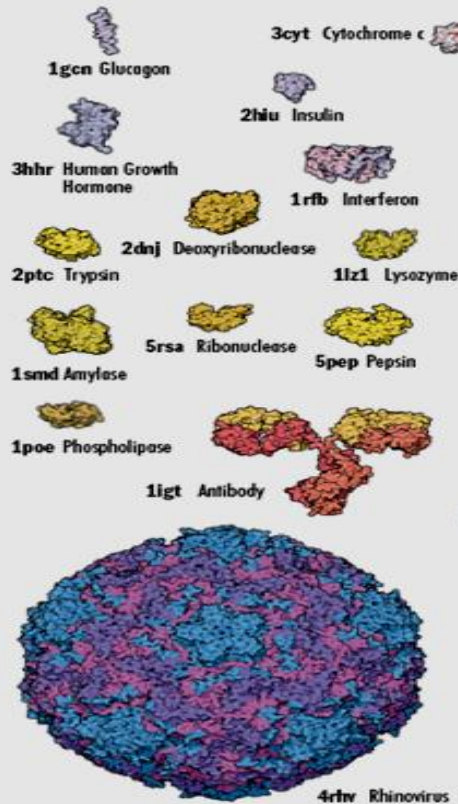
그래서 그 부속지가 어떻게 생겼는지를 보여주는 것이 바로 호스유전자입니다. 이러한 모든 개념을 모두 모아서 달리 이야기한다면 전체 이야기가 곧 '전사조절인자' 로 모아지게 되는데, DNA와 단백질이 만나서 일어나는 모든 현상이 생명현상의 핵심이며 그것을 다루는 핵심이 '전사조절인자'인 것입니다.

MOLECULAR MACHINERY: A Tour of the Protein Data Bank



생명의 드라마를 구성하는 수 많은 종류의 단백질들, 그리고 그 대표적인 등장인물 들입니다.
이들과 DNA가 만나서 일어나는 모든 것이 생명 현상입니다.

MOLECULAR MACHINERY: A Tour of the Protein Data Bank



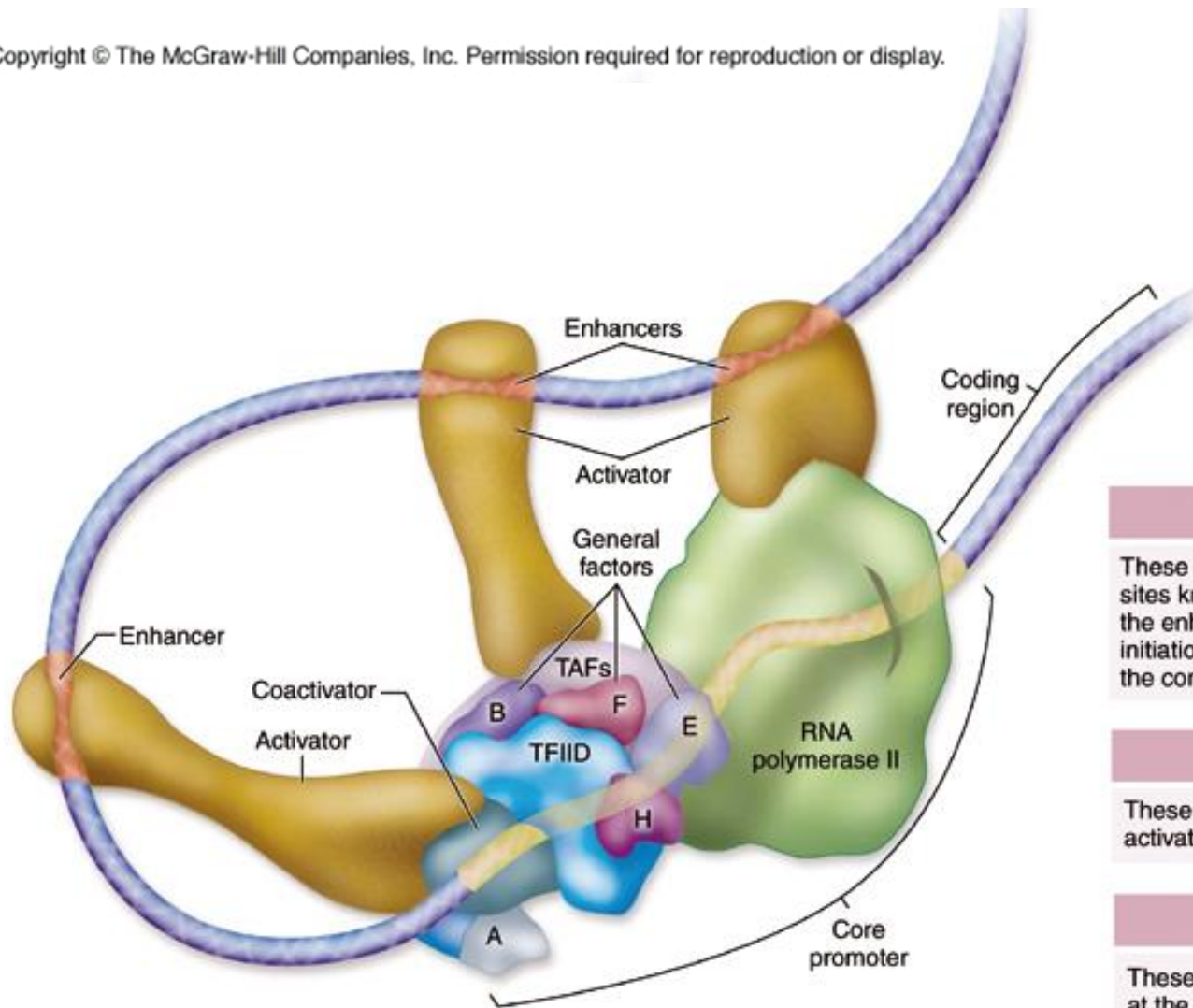
우리가 이전 시간에 그렇게도 공부하였던
생체막의 여러 단백질복합체, ATP합성효소
등도 보입니다...

PROTEIN DATA BANK

<http://www.pdb.org/> • info@rcsb.org

RESEARCH COLLABORATORY FOR
STRUCTURAL BIOINFORMATICS

RUTGERS, THE STATE UNIVERSITY OF NEW JERSEY
SAN DIEGO SUPERCOMPUTER CENTER
NATIONAL INSTITUTE OF STANDARDS AND TECHNOLOGY



Activators

These regulatory proteins bind to DNA at distant sites known as enhancers. When DNA folds so that the enhancer is brought into proximity with the initiation complex, the activator proteins interact with the complex to increase the rate of transcription.

Coactivators

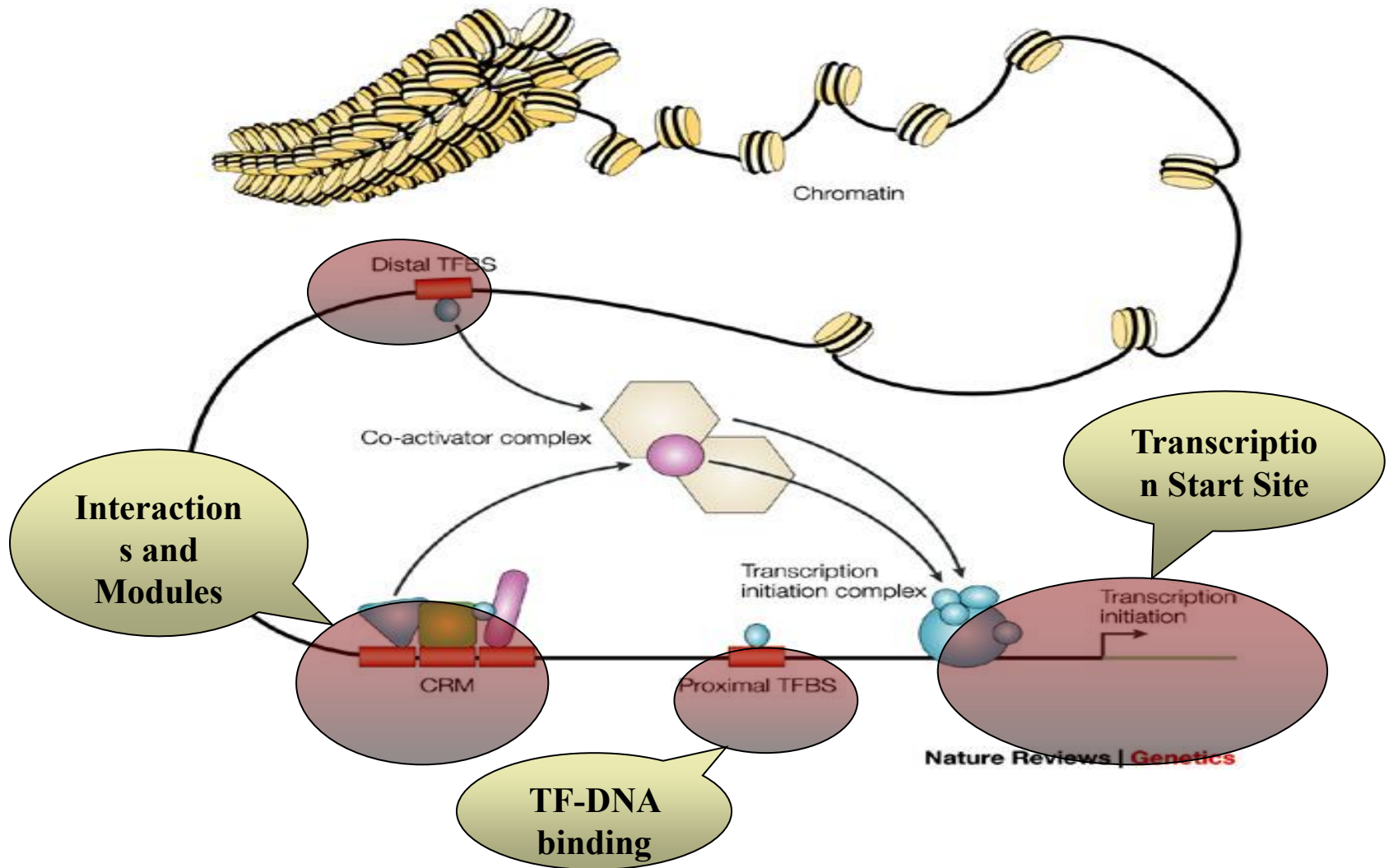
These transcription factors transmit signals from activator proteins to the general factors.

General Factors

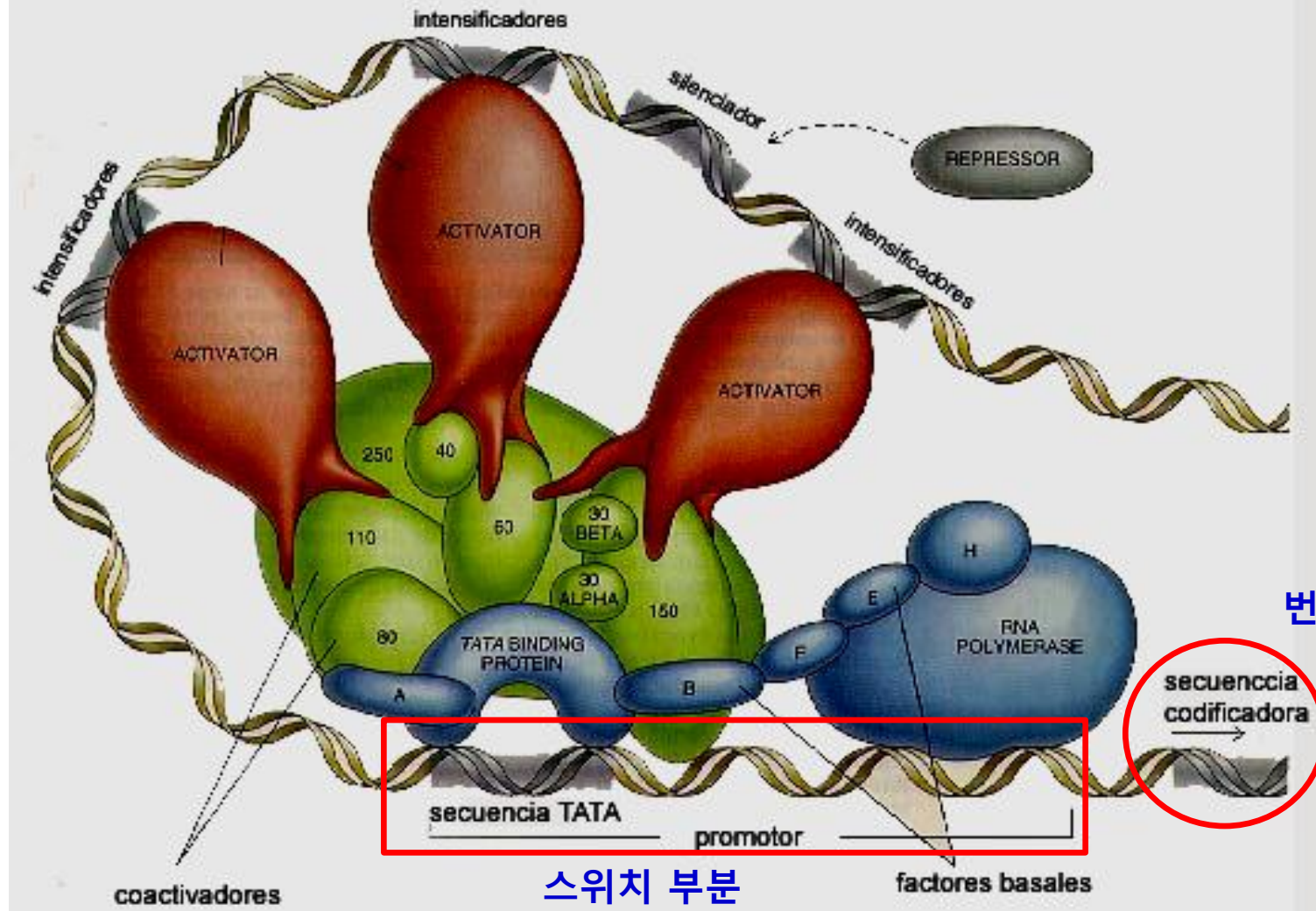
These transcription factors position RNA polymerase at the start of a protein-coding sequence and then release the polymerase to initiate transcription.

DNA 전사를 위해 붙어있는 RNA중합효소II와 여러가지 전사조절인자들, 그리고 인핸서 등등.. 이들이 곧 단백질이고, 그 단백질은 또 다른 곳에서 만들어지고... 꼬리에 꼬리를 물고 연결되어 Network를 이루고 있는 것입니다.

Transcriptional Regulation (전사조절인자)



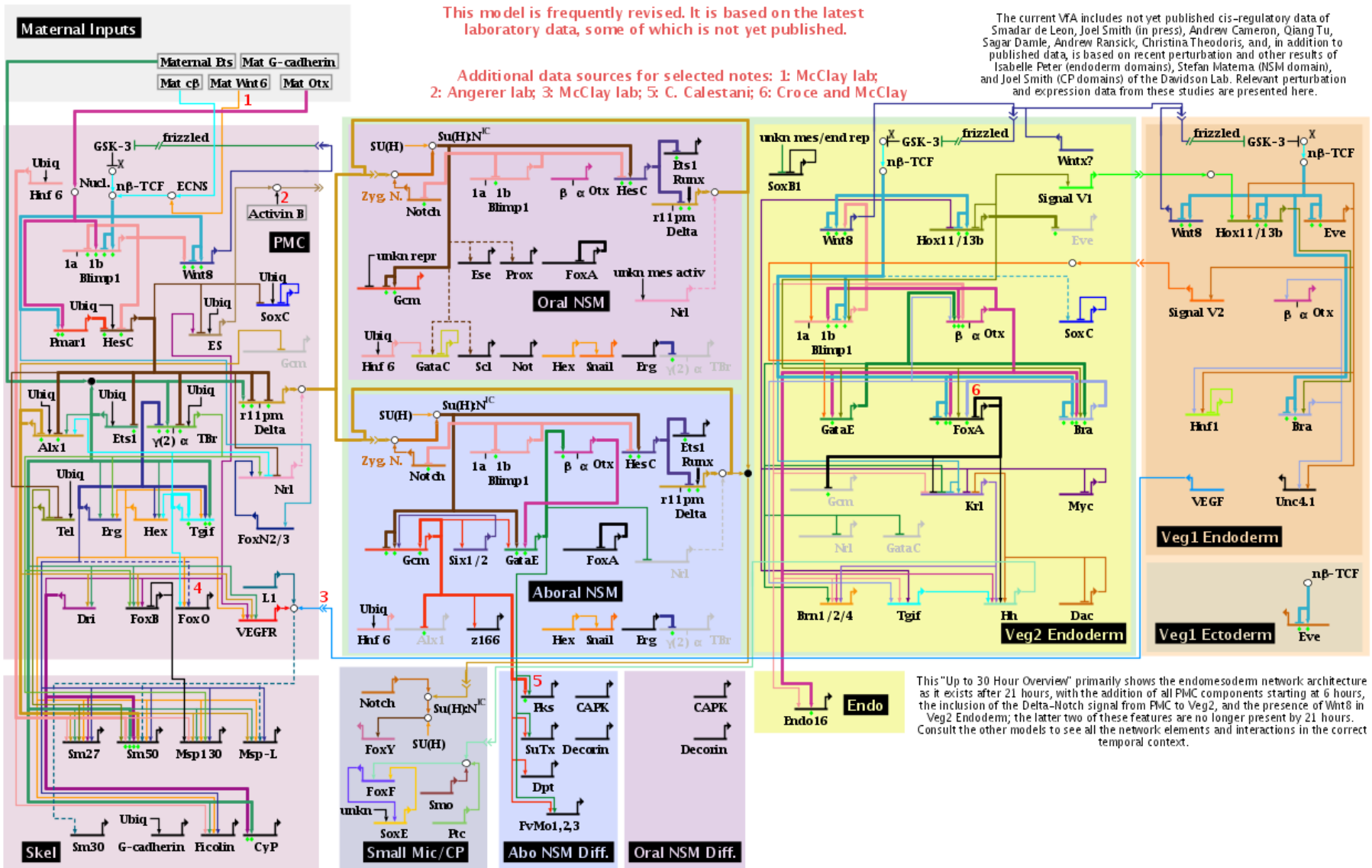
intensificadores y silenciadores



번역되는
부분

스위치 부분

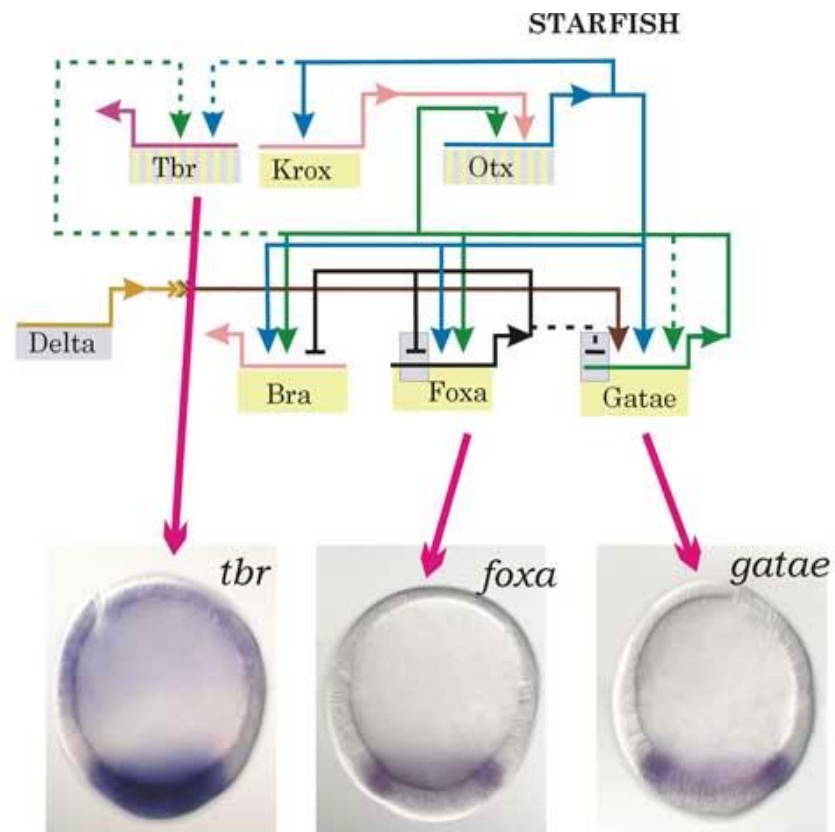
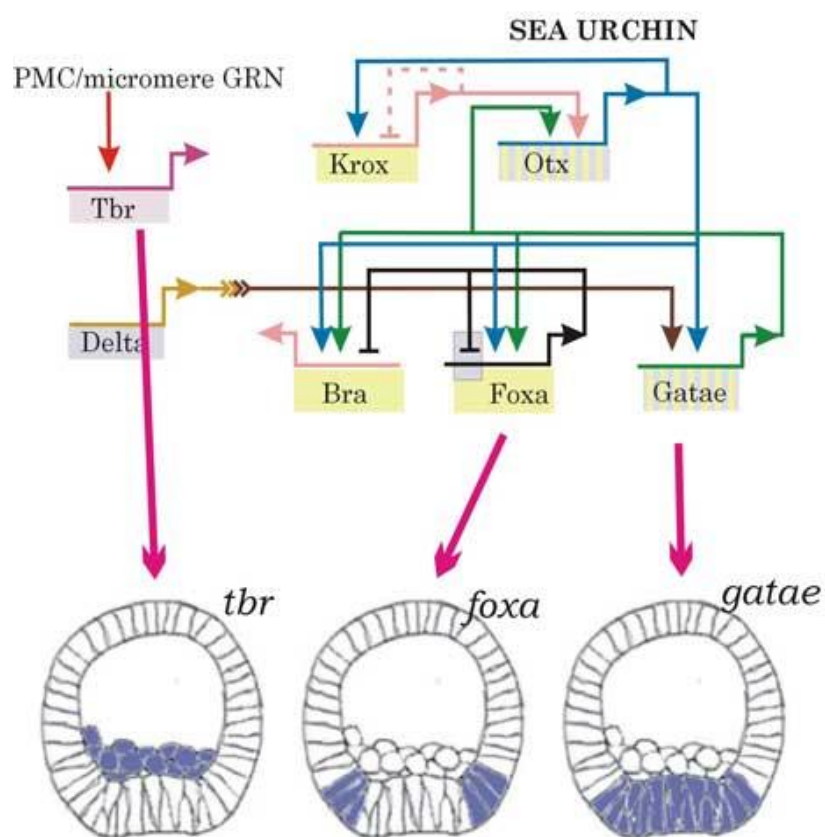
맨 아래 오른쪽에 화살표 부분의 단백질 번역을 위해 앞부분에 수 많은 전사조절인자들이 붙어 있고, 그 붙어있는(promotor라고 표시되어 있는)부분의 DNA 염기서열 전체를 이보디보에서는 '스위치'라고 표현하고 있습니다.



Ubiqu=ubiquitous; Mat = maternal; activ = activator; rep = repressor; unkln = unknown; Nucl. = nuclearization; χ = β -catenin source; n β -TCF = nuclearized b- β -catenin-Tcf1; ES = early signal; ECNS = early cytoplasmic nuclearization system; Zyg. N. = zygotic Notch

Copyright © 2001–2010 Hamid Bolouri and Eric Davidson

성계가 발생하는 전체 과정에 관련되는 스위치들의 연결망을 나타낸 것입니다. 가장 최근의 자료로서 수천개 이상의 스위치들의 연결망이 지금 모두 밝혀졌습니다.



분자생물학은 곧 스위치의 집합입니다.

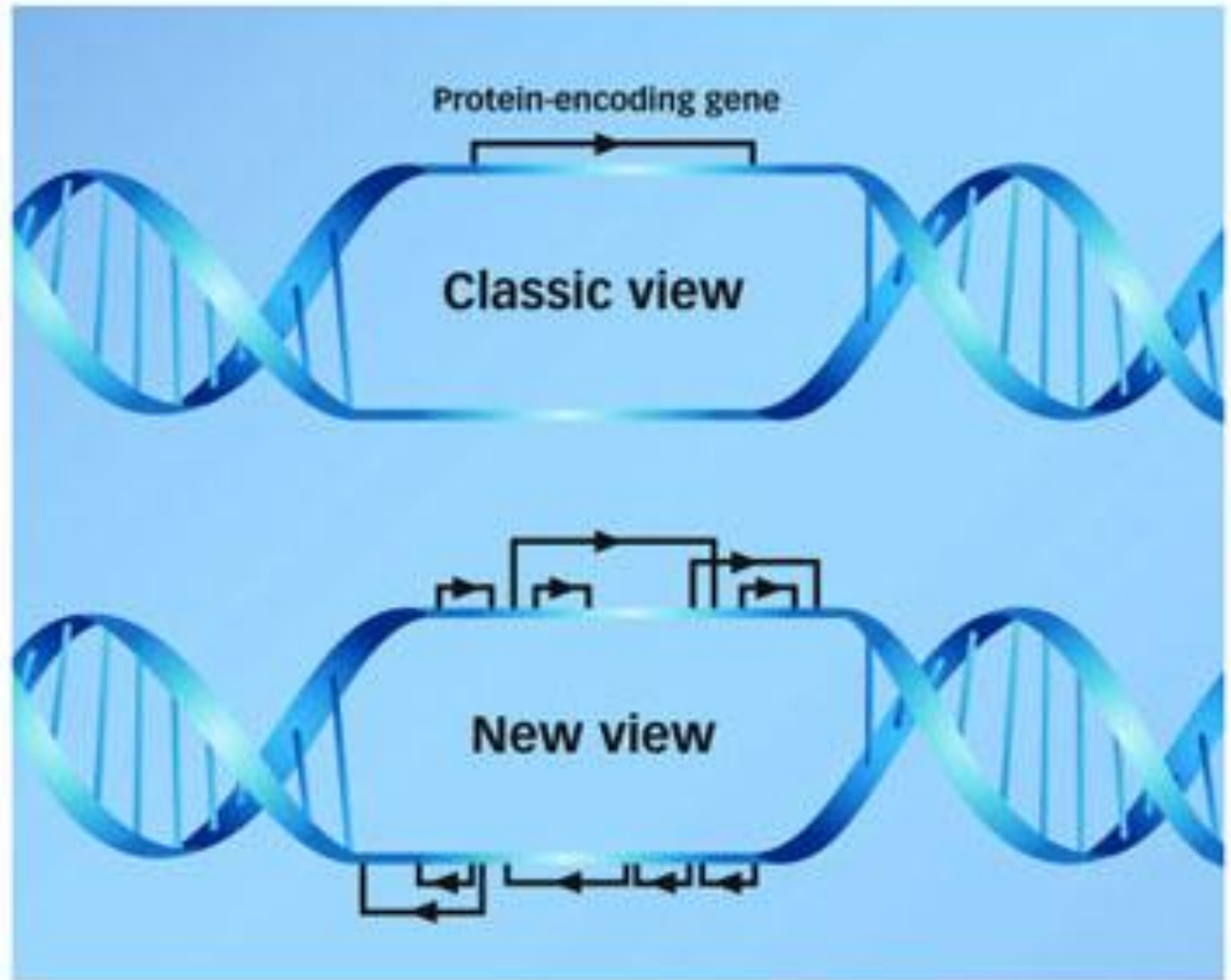
그 스위치가 곧 전사조절인자이고, 그 스위치들의 극히 일부가 호스유전자인 것입니다. 오늘날 생물학이 인공세포를 만드는 수준에 있는 것은 발생에 관련된 스위치 전체를 이해하기 시작하는 단계에 왔음을 의미하는 것입니다. 실로 혁명적인 이야기입니다.

유전자를 바라보는
과거와 현재의 관점의
변화를 나타낸
그림입니다

과거에는 DNA의 일정
부분을 한 방향으로
전사,번역한다는 관점
이었으나..

지금은 다중으로 번역
되기도 하고 방향도
반대로 다양하게 번역
된다는 관점으로 전환이
이뤄지게 되었습니다.

그렇기 때문에 인간의
유전자가 25,000개
이지만 그 갯수가 중요
한것이 아니라 언제,
어디서, 얼마만큼
발현할 것인가를
조절하는
메커니즘이 중요하게
된 것입니다.



TANGLED GENES. In the classic view of the genome (top), individual genes were distinct segments of DNA that a cell transcribed into RNA whole and in one direction. New data show that multiple and overlapping genes can occupy a single strip of DNA that also produces several functional RNAs that don't encode proteins (bottom, not to scale). [Credit: S. Norcross]

전사조절인자의 Network

노란색 부분이 전사조절인자 (TF)의 네트워크를 나타내며, 작은 자주색 점들은 유전자들입니다. 전사조절인자가 유전자들을 조절하는 관계를 나타내는 것입니. 복잡할수록 우리 연구의 Harmonic한 능력이 높다는 것입니다. 예술, 철학...이 이 네트워크에 포함되어 있습니다.

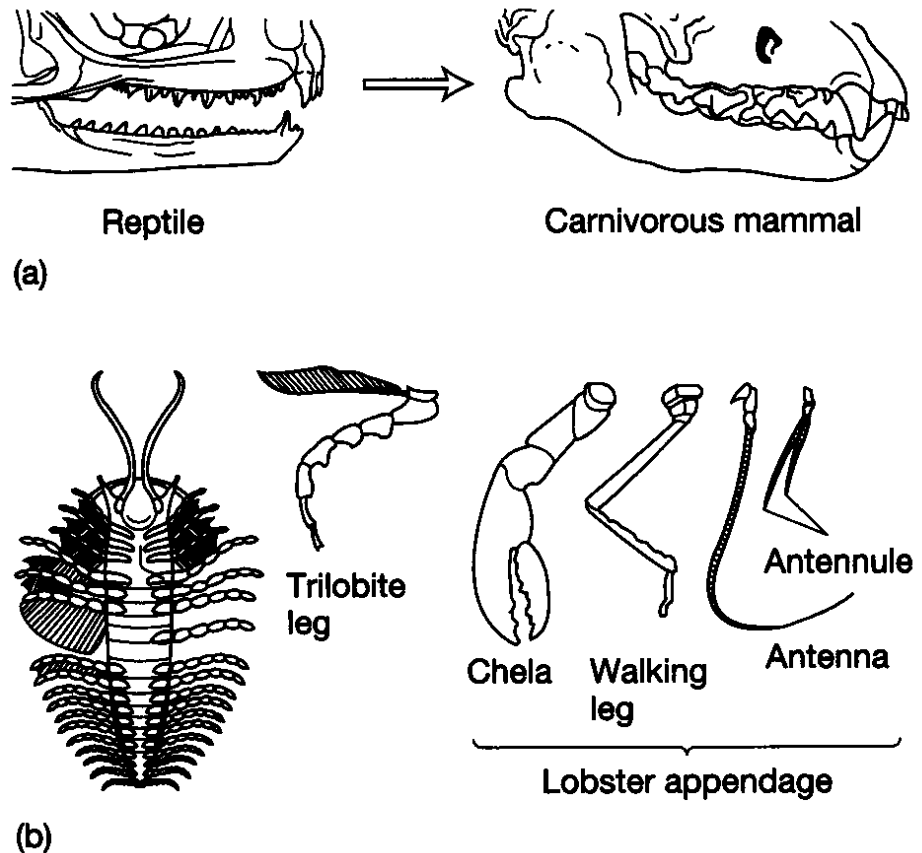
노란색 부분이 전사조절인자이고
작은 자주색 점들이 유전자들인데
전사조절인자가 네트워크를 이루어
개별 유전자를 다중으로 Control
하게 되는 것입니다. 이 시스템이
복잡할수록 우리는 더욱더 놀랍고,
Harmonic한 능력들을 발휘하게
되는 것입니다. 그것이 바로 인문,
예술, 철학...이 아닌가 하고 생각하
고 있습니다

The bHLH regulatory TF network in mouse brain. The graph depicts the inferred regulatory network of bHLH TFs (yellow ellipses) and their target genes (pink dots). Directed lines represent regulation relationship. Directed black connections between a regulator and its target gene are supported by the match analysis of DNA-binding sites. The regulatory relationship between transcription factors is shown by directed red connections.

Li et al. *Genome Biology* 2007 **8**:R244

Williston's Law

- Common evolutionary trends occur in related organisms with serially homologous structures
- Thus structures are reduced in numbers
- Structures become more differentiated



윌리스턴의 법칙 : 유기체는 신체부속들의 수가 줄어드는 방향으로, 줄어든 부위들이 기능면에서는 훨씬 전문화되는 방향으로 진화한다

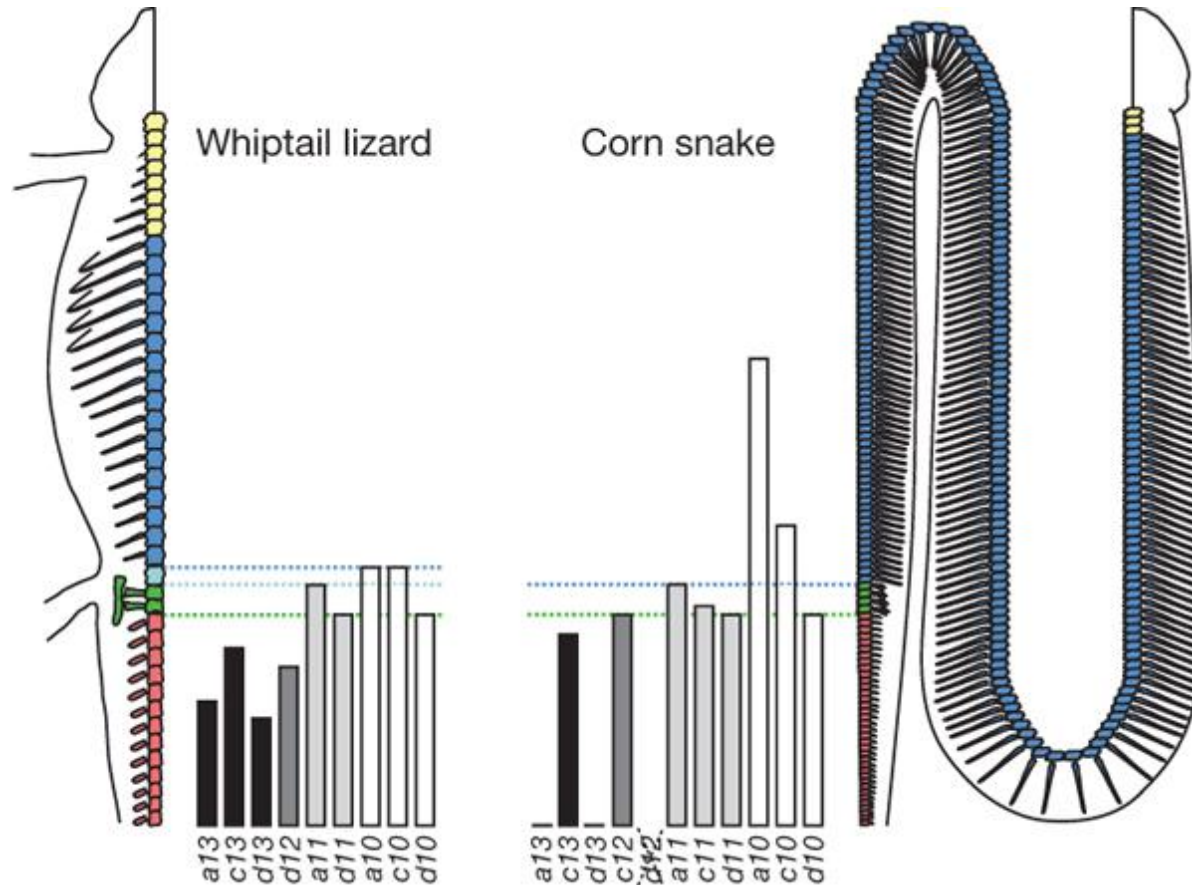
“동물진화의 핵심은 연속상동기관의 숫자가 줄어들고 그 기능이 전문화된다.”



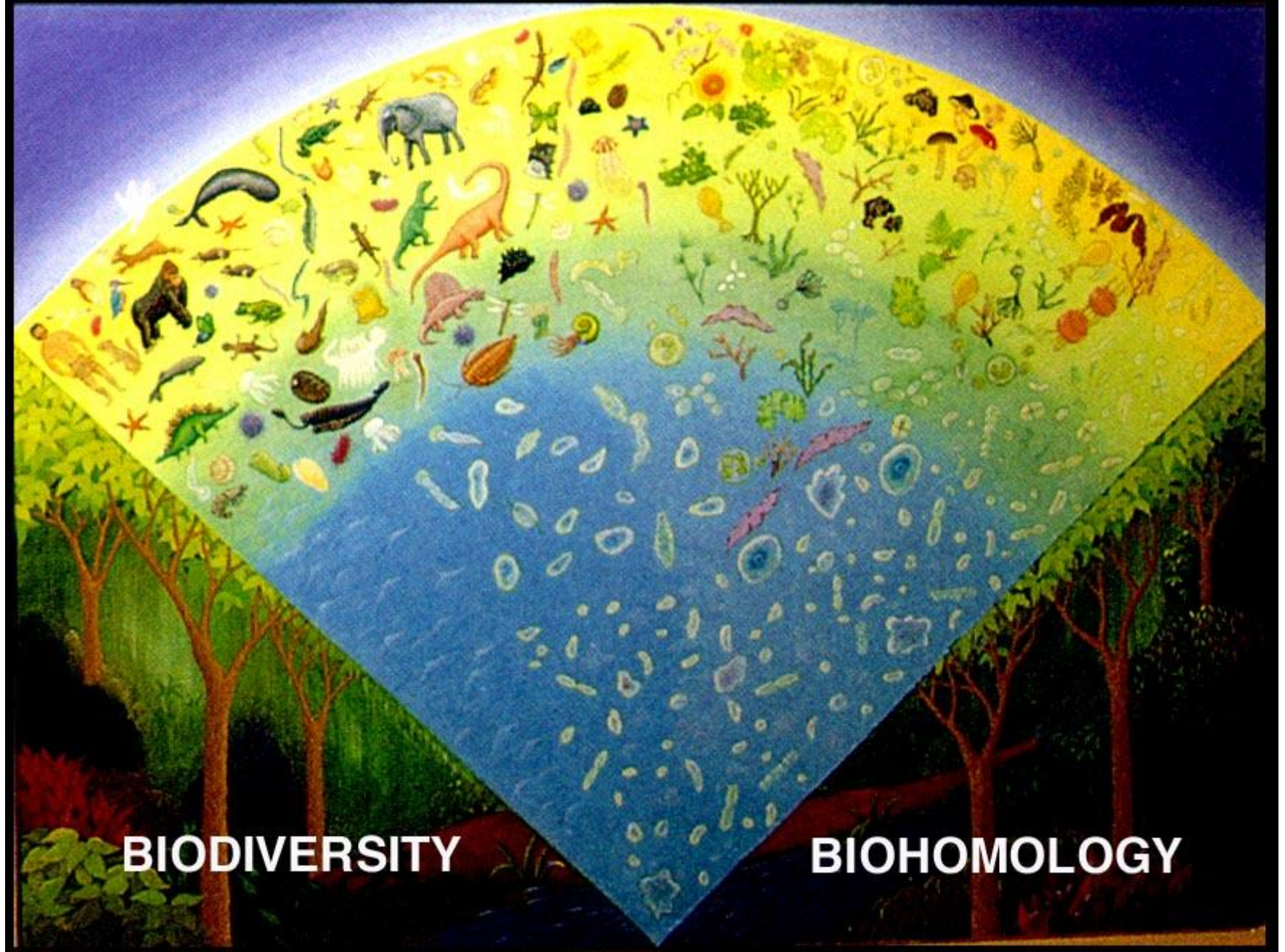
유스테놈테론에서 아칸소스테가를 거쳐 발라네르페톤에 이르기까지 진화 과정의 골격의 비교와 앞지느러미, 다리의 형태 구조 패턴을 보여주는 그림입니다. 푸른색이 상동기관의 변화를 나타내는 것입니다.

FIGURE 10.29. (A) Comparison of skeletal features of early tetrapods. (1) *Eusthenopteron*, (2) *Panderichthys*, (3) *Acanthostega*, (4) *Ichthyostega* (1–4 all Devonian), and (5) *Balanerpeton* (Carboniferous). Not all skeletal features are shown; those that are shown emphasize the retained skeletal features among these genera and clarify their comparison. (B) Pectoral fin and limb patterns of early tetrapods. (1) *Acanthostega* hindlimb, (2) *Ichthyostega* hindlimb, and (3,4) *Tulerpeton* forelimb and hindlimb. Blue indicates homologous structures; dark brown indicates restored structures.

뱀의 후스유전자의 발현인데, 도마뱀의 목,다리의 후스유전자가 가슴의 후스유전자에 의해 밀려나서 기다란 형태로 진화된 것입니다. 체축을 따른 후스유전자의 이동인 것입니다.



Evolutionary modifications of the posterior Hox system in the whiptail lizard and corn snake. The positions of Hox expression domains along the paraxial mesoderm of whiptail lizard (32-40 somites, left) and corn snake (255-270 somites, right) are represented by black (Hox13), dark grey (Hox12), light grey (Hox11) and white (Hox10) bars, aligned with coloured schemes of the future vertebral column. Colours indicate the different vertebral regions: yellow, cervical; dark blue, thoracic; light blue, lumbar; green, sacral (in lizard) or cloacal (in snake); red, caudal. Hoxc11 and Hoxc12 were not analysed in the whiptail lizard. Note the absence of Hoxa13 and Hoxd13 from the corn snake mesoderm and the absence of Hoxd12 from the snake genome.



BIODIVERSITY

BIOHOMOLOGY

생명체의 다양성과 상동성을 보여주는 그림입니다.

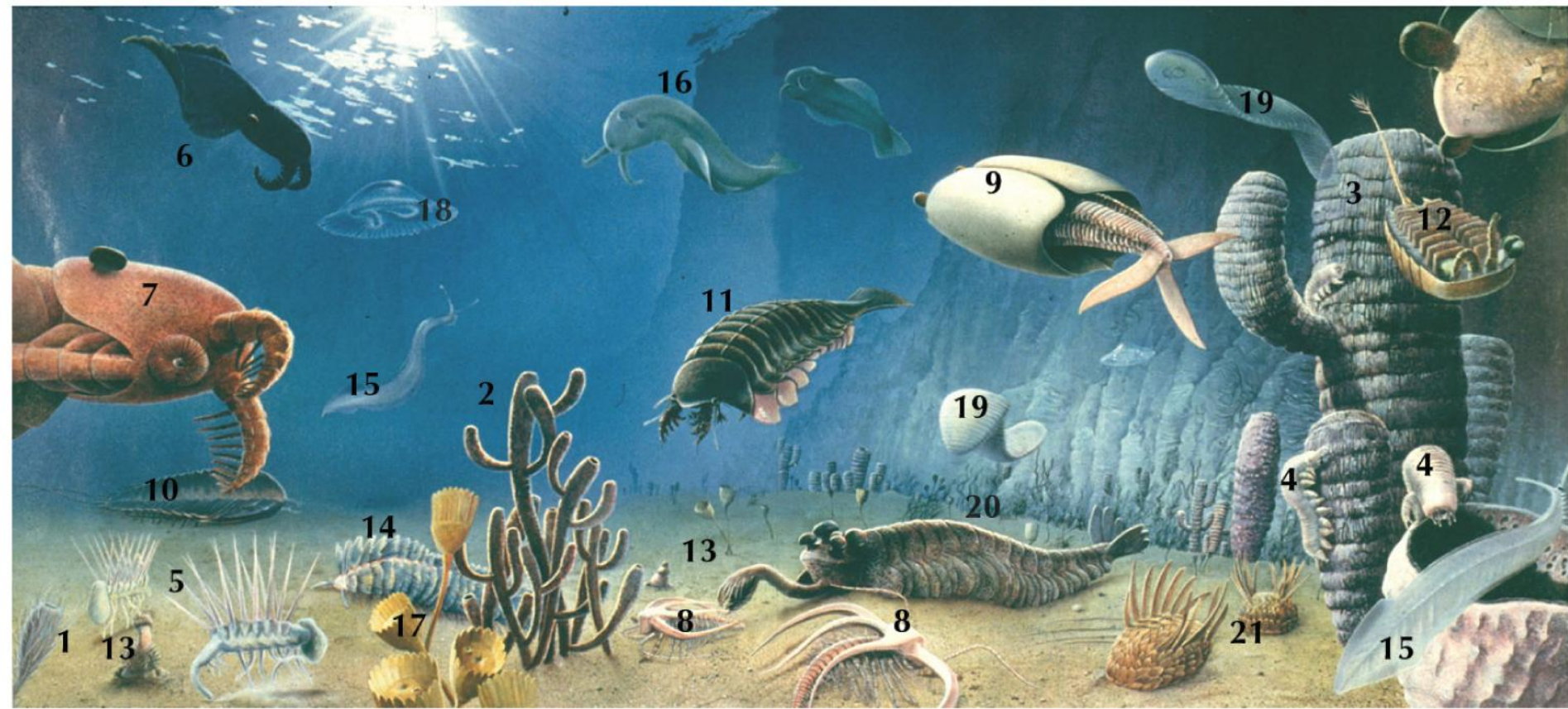


FIGURE 10.15. Restoration of the Burgess Shale fauna. Key to the animals is as follows. Sponges: *Pirania* (1), *Vauxia* (2), *Wapkia* (3). Lobopods: *Aysheaia* (4), *Hallucigenia* (5). Anomalocaridids: *Anomalocaris* (6), *Laggania* (7). Arthropods: *Marrella* (8), *Odaraia* (9), trilobite *Olenoides* (10), *Sanctacaris* (11), *Sarotrocercus* (12). Priapulid: *Ottoia* (13). Polychaete annelid: *Canadia* (14). Chordate: *Pikaia* (15). Animals of disputed or uncertain affinity: *Amiskwia* (16), *Dinomischus* (17), *Eldonia* (18), *Odontogriphus* (19), *Opabinia* (20), *Wiwaxia* (21).

10.15, modified from Briggs D., *Am. Sci.* 19: 130–141, © 1991 Sigma Xi, The Scientific Research Co.

5억4천만년전 캄브리아기 생명의 대폭발 시기에 다양한 생명의 종이 탄생을 하였습니다.

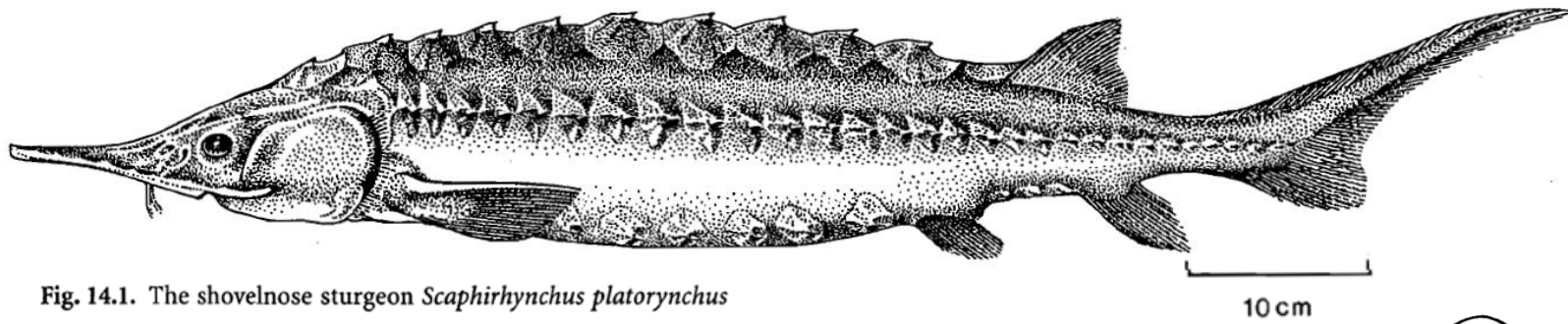


Fig. 14.1. The shovelnose sturgeon *Scaphirhynchus platyrhynchus*

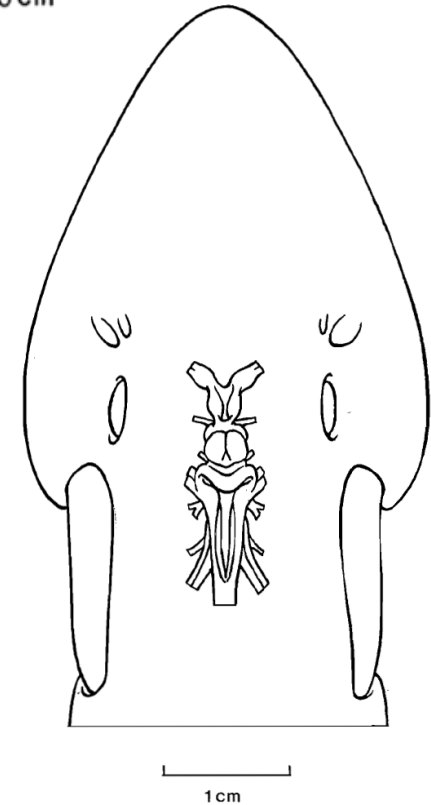
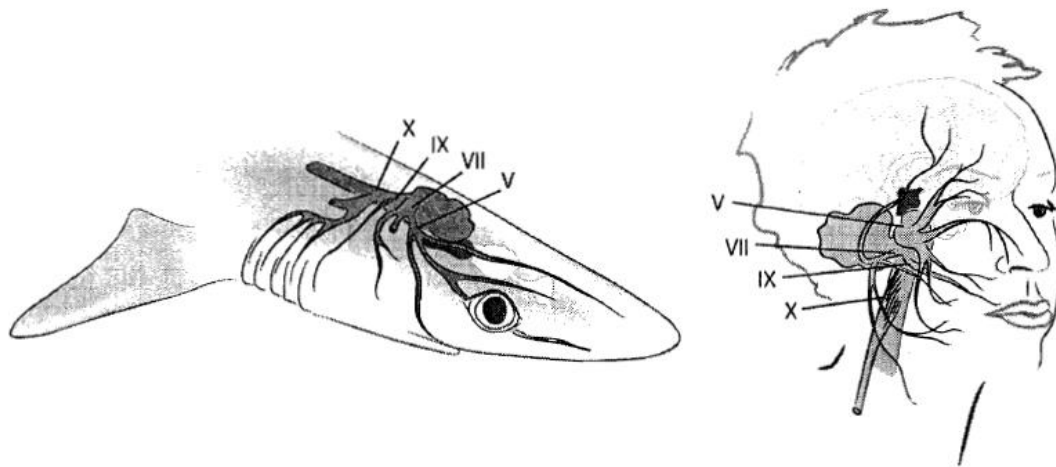
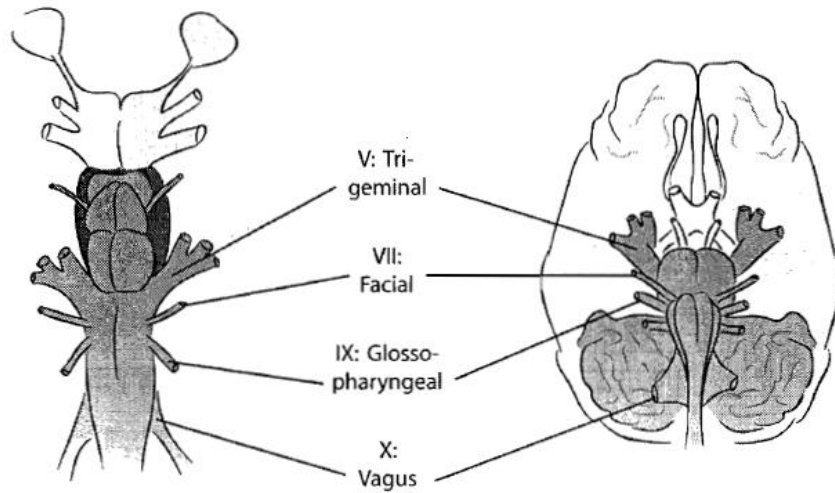


Fig. 14.2. Brain of the shovelnose sturgeon *Scaphirhynchus platyrhynchus* (juvenile specimen) in position

가장 진화를 안한 동물중의 하나인 철갑 상어. 희귀 어종으로 보호를 하고 있는 민물 고기의 일종으로 연어처럼 바다로 나가 자란 후 다시 강으로 돌아오는 회귀성 어종이 아니다. 몸에는 비늘 대신 단단한 가죽과 뽕처럼 생긴 피부가 있으며 철갑 상어의 알은 미식가들로부터 가장 좋은 식품 재료로 알려져 있다.

철갑상어를 잡은 사람이 좋아 아가미를 들고 웃고 있습니다만, 그 웃음을 짓고 있는 얼굴 근육이 정작 물고기의 아가미와 동일한 기원에서 진화되어온 것입니다.



철갑상어의 아가미를 움직이는 근육은 적어도 1억년 이상 바뀌지 않았습니다.

우리가 이전 강의에서 뇌신경 12개의 위치와 기능을 배웠었는데 철갑상어의 아가미를 움직이는 신경은 그 순서까지도 인간의 얼굴을 움직이는 신경과 동일합니다.

(5-삼차신경, 7-안면신경, 9-설인신경, 10-미주신경)

At first glance, our cranial nerves (bottom right) appear different from those of a shark (bottom left). But look closely and you will find profound similarities. Virtually all of our nerves are present in sharks. The parallels go deeper still: equivalent nerves in sharks and humans supply similar structures, and they even exit the brain in the same order (top left and right).

출처: Your inner fish

면 단백질 생성 암호를 갖고 있는지 알아내는 것이었다. 첫번째 발견은 이러했다. 8개의 유전자들이 여러 가지 호메오 단백질들을 암호화하는 1천 개 남짓의 염기서열을 갖고 있는데, 굉장히 유사한 서열 부분이 공통적으로 존재했다. 약 180개 염기쌍으로 이루어진 부분으로서, 단백질로 번역해보면 아미노산 60개에 해당했다. 각각의 호메오 유전자는 특정 신체부위와 부속에 저마다 독특한 영향을 미치지만 한편으로 모든 호메오 단백질들이 모종의 공통적 기능을 갖는다는 뜻이었으므로, 실로 대단히 흥분되는 발견이었다. 분자생물학자들 사이에는 DNA의 모양새를 따서 이름을 붙이는 전통이 있다. 호메오 유전자들에 공통되는 180개 염기쌍 서열이 기다란 DNA 서열에서 유독 두드러지는 작은 '상자' 모양을 하고 있었기에, 생물학자들은 그것을 호메오박스(homeobox) 유전자라고 불렀다. 그것이 암호화하는 단백질 부분이 호메오도메인이다. 나중에는 호메오박스를 가진 호메오 유전자들을 일컬어 혹스(Hox) 유전자라 줄여 부르게 되었다.

그런데 호메오도메인이 하는 일은 무엇이고 어떤 속성을 지니고 있을까? 내 연구실 동료 앨런 로혼은 안테나피디아 복합체에 있는 한 유전자의 서열을 밝혀서 작동방식을 알아보는 연구를 했다. 생물학자가 미지의 것을 연구할 때 취할 수 있는 전략 중 하나는 새로 발견한 분자의 패턴을 읽어낸 뒤 잘 알려진 다른 분자와 얼마나 비슷한지 보는 것이다. 앨런도 생물학계에 널리 알려진 다른 단백질들 가운데 혹 그의 호메오도메인과 비슷한 것이 있나 추적하기 시작했다. 비슷한 구조가 있다면 호메오도메인 기능 연구에 단서가 되어주리라 기대한 것이다.

기 신호를 전달하고, 근육은 신체부속을 움직인다. 다양한 종류의 세포들이 이처럼 전문화할 수 있는 것은 단백질을 선택적으로 생산하기 때문이다. 단백질은 신체 내부에서 온갖 일을 도맡아 하는 분자 집단이다. 적혈구는 산소와 결합하는 단백질인 헤모글로빈을 대량 생산하고, 췌장 세포는 음식을 분해하여 유용한 성분으로 바꾸는 트립신 등 여러 단백질을 뱉어내고, 뉴런은 전위를 조정하는 단백질들을 만들고, 근육 세포는 기다랗게 늘어진 섬유가 되어 수축할 때 힘을 내는 단백질들을 만든다. 세포들은 자신의 전문적 임무에 각기 충실하지만 모두 동일한 유전 정보를 간직하고 있다. 동일한 DNA 분자들을 갖고 있는 것이다. 그런데 서로 다른 종류의 세포가 되는 까닭은 저마다 어떤 단백질은 만들면서 어떤 단백질은 만들지 않기 때문이다. 특정 위치, 특정 시기에만 선택적으로 단백질을 생산하는 현상은 복잡한 유기체의 형성에 바탕이 되는 기법이다.

생물학자들은 어떻게 다양한 세포들이 만들어지는지 알아내기 전에 우선 어떻게 유전 정보가 저장되고 복제되고 채도되는가 하

서로 다른 종류의 세포가 되는 까닭은 저마다 어떤 단백질은 만들면서 어떤 단백질은 만들지 않기 때문이다. 특정 위치, 특정 시기에만 선택적으로 단백질은 생산하는 현상은 복잡한 유기체의 형성에 바탕이 되는 기법이다.

은 법칙들을 가르쳐준 친구이기 때문이다. 연구자들은 이 단순한 박테리아가 알려준 사실들을 탄탄한 기반으로 삼아 후에 더 복잡한 생명체들의 발생과 진화를 탐구할 수 있었다.

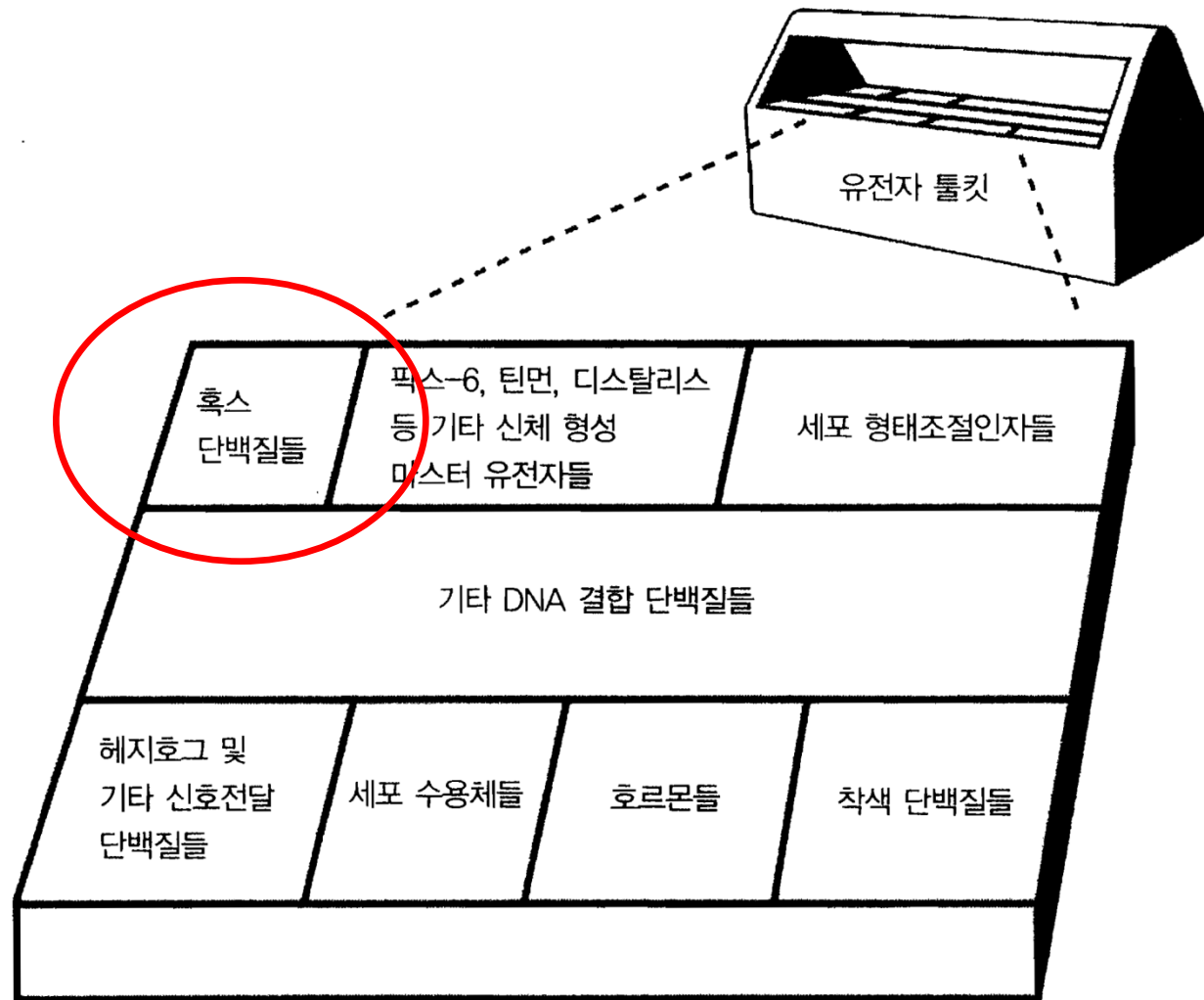
생물학자들이 대장균에 관심을 갖게 된 것은 효소 유도라는 신비

순환계를 갖기 때문에 혈액이 구획을 따라 흐르지 않고 곧바로 조직을 적신다. 사람의 심장과는 차이가 크지만 어쨌든 제 임무를 착실히 수행하는 기관이다. 유전학자들은 파리 심장 형성에 꼭 필요한 유전자를 하나 발견하고 틴먼(tinman, 『오즈의 마법사』에 나오는, 심장이 없는 양철나무꾼의 이름을 따다)이라 이름 붙였다.

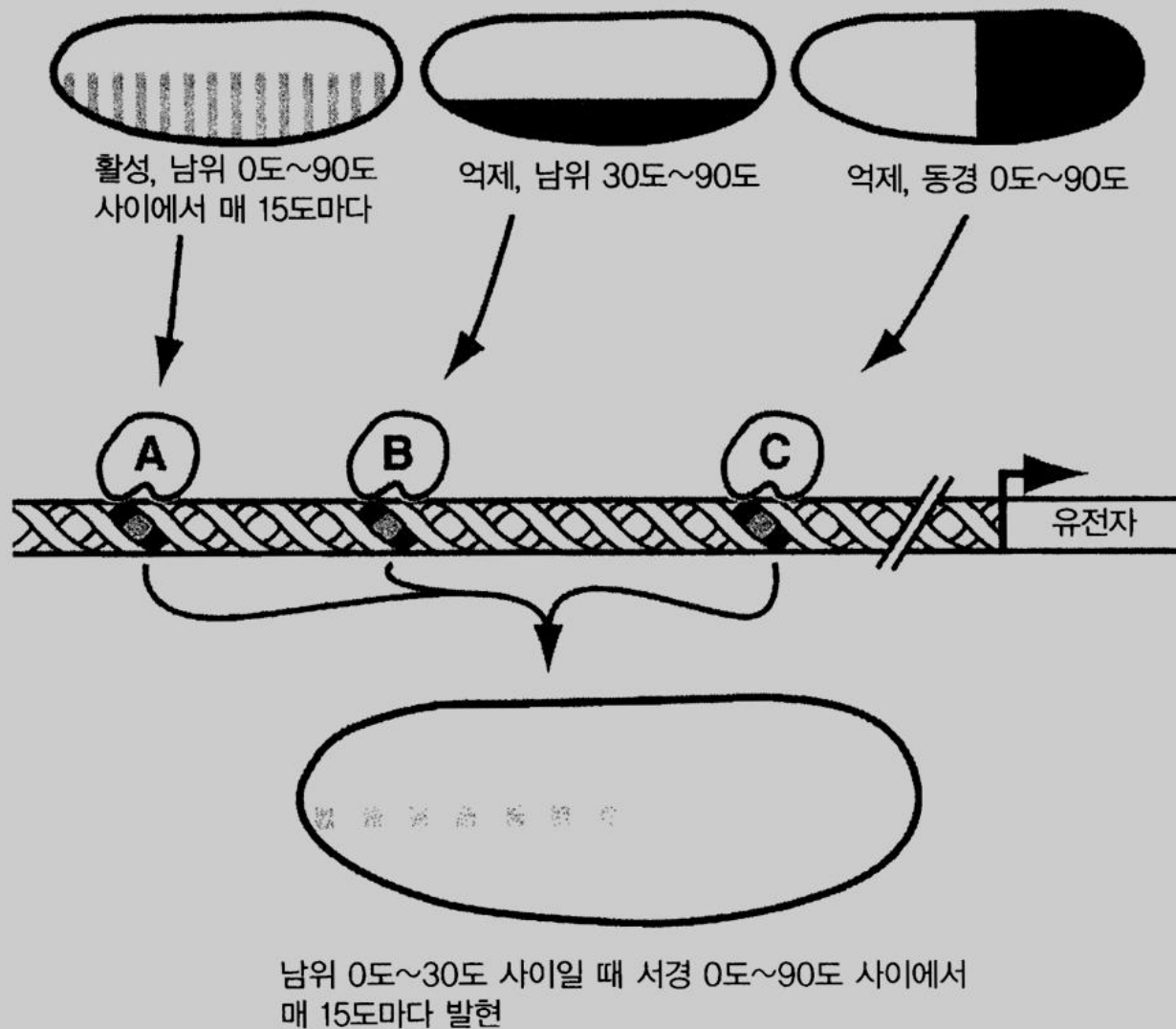
이후 몇몇 포유류에서 틴먼에 해당하는 유전자가 발견되었고, 그다지 신비롭지 않은 NK2족이라는 새 이름이 붙여졌다. 그리고 사람을 포함한 척추동물의 심장 형성에도 이들이 중요한 역할을 한다는 사실이 알려졌다. 파리와 척추동물은 심장이나 순환계 구조가 판이하게 다른데도 각자 심장을 형성하는 데 같은 종류의 유전자에 의지하는 것이다.

파리, 척추동물, 기타 동물들의 팍스-6, 디스탈리스, 틴먼족 단백질들에 공통되는 중요한 사실이 한 가지 더 있다. 그 단백질들이 모두 호메오도메인을 포함한다는 점이다. 죄다 DNA 결합 단백질이라는 뜻이다. 이 호메오도메인들은 앞서 보았던 혹스 단백질 호메오도메인과 유사하기는 하지만 완전히 같지는 않다. 현재 알려진 바에 따르면 호메오도메인에는 약 스물네 가지의 계열이 있는 듯하다. 혹스, 팍스-6, Dll, 틴먼 단백질은 서로 다른 계열에 속한다. 서로 다른 동물들의 팍스-6 단백질끼리가 서로 다른 호메오단백질 계열들끼리보다 더 비슷하다. 혹스 단백질, Dll 단백질, 틴먼 단백질 역시 계열이 다른 호메오도메인 단백질들보다 제 계열 내의 일원들끼리 더 비슷하다. 호메오도메인 종류가 구분되는 것은 전문 기능에 차이가 있기 때문이다(DNA에서 서로 다른 염기서열에 결합한다). 어쨌든 모두 DNA에 결합하고, 기관이나 부속지 발생에 극적인 영향을 미치

이보디보 책속에 나와있는 이보디보의 핵심 개념입니다. 많은 유전자 툴킷 속에
 흑스단백질이 일부로 들어가 있습니다.

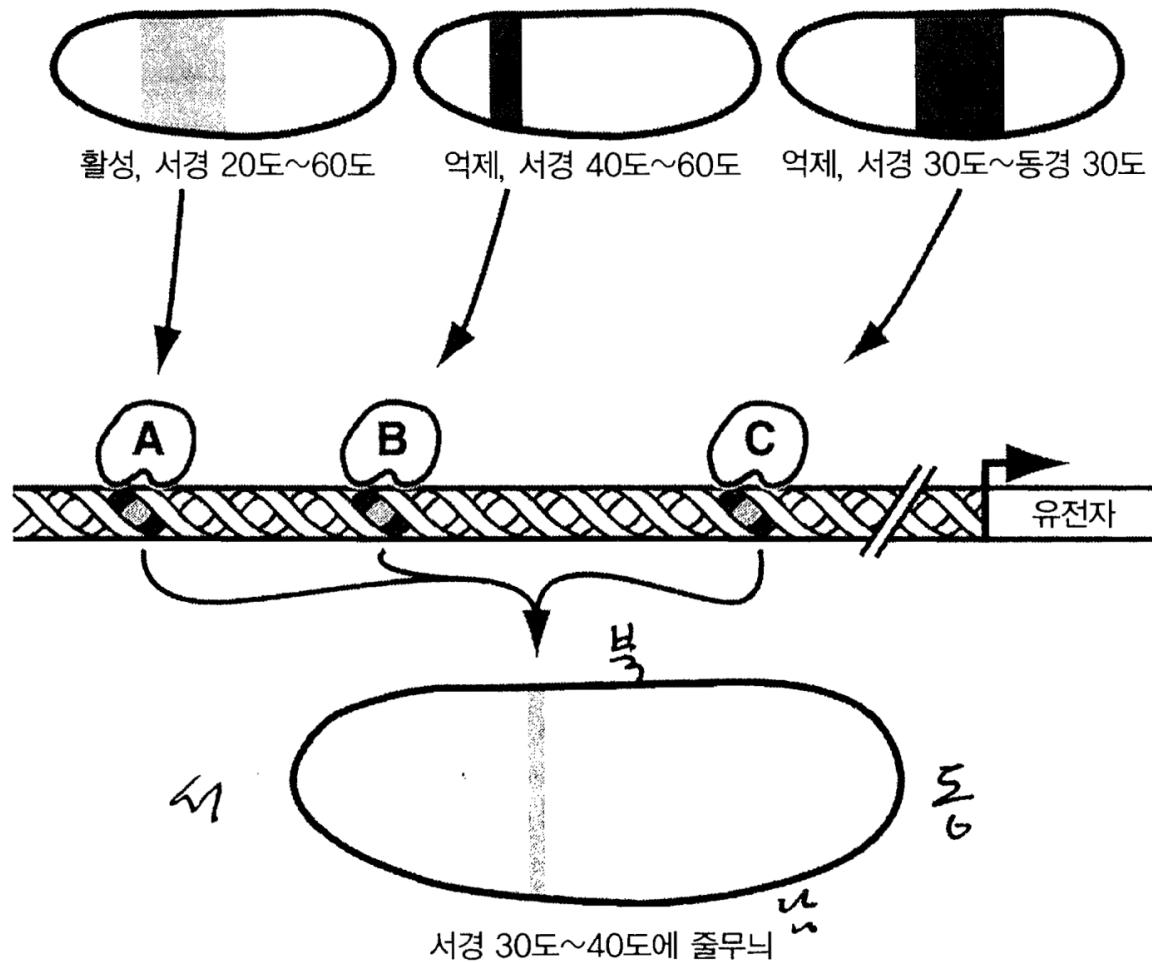


[그림3-7] 동물 발생의 툴킷. 툴킷에 포함된 여러 종류의 단백질들이 동물 신체의 발생과 무늬 형성을 통제한다. 그림_ 조시 클라이스.

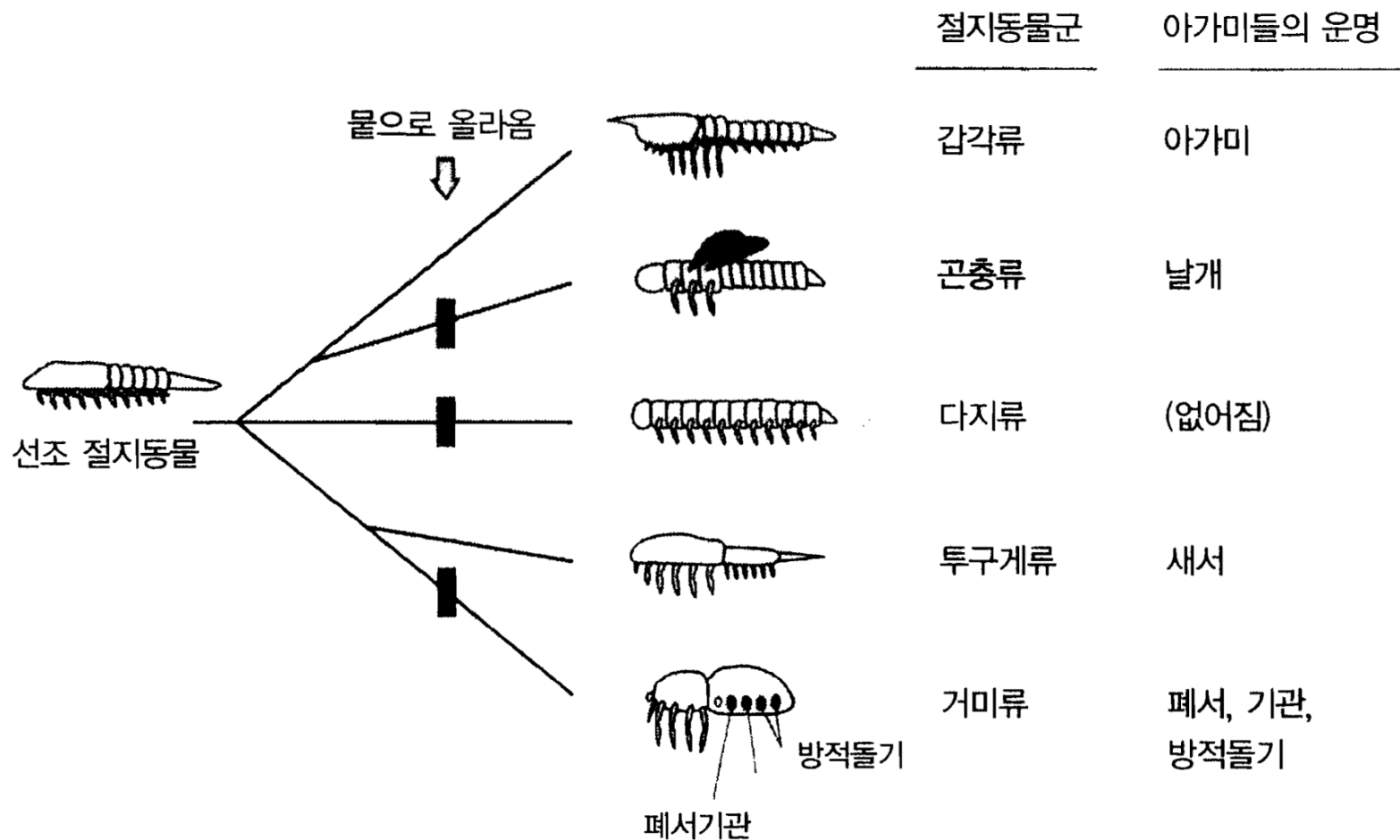


[그림5-3] 경도와 위도 신호를 통합함으로써 사지가 될 세포 집단들의 위치가 정해졌다. 그림_ 조시 클라이스.

스위치의 개념을 설명한 것으로 초파리가 줄무늬를 만들기 위해서는 A,B,C 등의 전사조절인자 단백질이 붙어서 활성과 억제의 조합을 통해 특정 위치에 무늬가 생기도록 조절하는데 이들의 조합이 곧 스위치입니다.



[그림5-2] 스위치는 여러 개의 입력신호를 하나로 통합하여 하나의 유전자 발현 줄무늬를 그린다. 하나의 활성재(A)와 두 개의 억제재(B와 C)가 서로 다른 경도에서 발현되었다. 스위치가 그것을 합산한 결과 하나의 좁은 줄이 그어졌다. 그림_ 조시 클라이스.



[그림7-7] 여러 방향으로 적응해간 절지동물 아가미 분지. 수생 선조동물의 아가미 분지로부터 곤충의 날개, 투구게의 새서, 거미의 갯가지 구조들이 진화했다. 이처럼 놀랍도록 다양한 적응이 일어난 것을 볼 때, 연속 반복 구조를 갖고 있다는 것은 그것들을 저마다의 역할로 전문화시킬 수 있다는 점에서 엄청난 이득이었다. 그림 _ 미할리스 아베로프, 『현대생물학』 12(2002), 1,711쪽에 실린 다멘 등의 논문에서, 엘즈비어 사의 허가로 재인용.

변형을 겪으며 유전되어온 계통에 대하여

동물계를 만드는 도구들은 오래된 것들이다.

이보디보가 최초로 이론, 그리고 아마도 가장 충격적인 발견은 모든 동물을 만드는 유전자들이 동일한 기원을 지녔다는 사실이다(3장 및 6장 참조). 그토록 상이한 형태의 동물들이 그토록 유사한 툫킷 단백질들로 만들어진다는 사실은 누구도 예상치 못한 일이었다. 이 혁명적 발견의 의미는 거대하고도 다층적이다.

무엇보다도 이것은 다윈의 가장 중요한 개념 중 하나, 즉 모든 형태들은 하나의 (혹은 소수의) 공통 선조로부터 유래했다는 생각을 뒷받침하는, 결정적이고 새로운 증거이다. 발생을 조절하는 유전자 툫킷이 동물에 공통이라는 점은 동물군 사이에 깊은 연관이 존재함을 보여준다. 극단적으로 상이한 외형만 볼 때는 깨닫지 못했던 점이다.

둘째, 눈이나 심장이나 사지처럼 동물들이 각기 독립적으로 이뤄낸 발명으로 보였던 기관이나 구조들이 사실 공통 유전자 요인들의 통제를 받아 만들어진 것임이 밝혀짐으로써, 복잡한 구조의 발생에 대한 기존의 시각이 완전히 달라졌다. 여러 종류의 눈이나 사지나 심장은 매번 무로부터 새롭게 발명된 것이 아니었다. 공통의 마스터 유전자 하나, 혹은 공통의 유전자들이 어떤 오래된 조절 체계를 이리저리 변형시킴으로써 다양하게 탄생한 것이다(3장). 공통의 조절 체계 중에는 모든 좌우대칭동물들의 공통 선조(원시좌우대칭동물)로까지 역사가 거슬러 올라가는 것도 있으며 그 이전 형태들에까지 닿는 것도 있다(6장).

출처: 이보디보

셋째, 툫킷의 역사가 이처럼 오래된 것을 볼 때 이 유전자들의 발명 자체가 진화의 촉진제는 아니었다. 좌우대칭 툫킷은 캄브리아기 이전에 이미 존재했고(6장), 포유류의 툫킷은 제3기에 포유류가 급속히 다양해지기 전에 이미 존재했으며, 사람의 툫킷은 유인원 및 기타 영장류들이 등장하기 훨씬 전부터 존재했다(10장). 유전자들 자체가 진화의 '운전자'는 아니었다는 뜻이다. 유전자 툫킷은 가능성을 나타낸다. 잠재력을 실현한 것은 생태 환경의 힘이었다.

복잡성과 다양성에 대하여

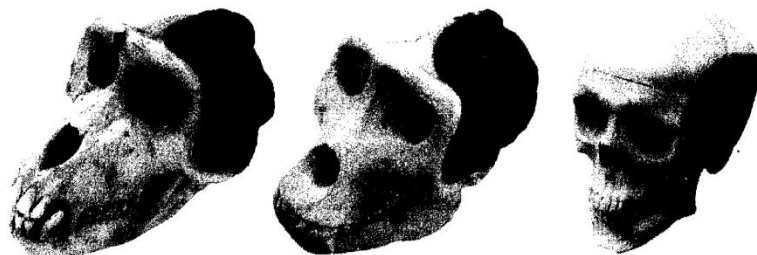
동물 설계 및 진화에 나타나는 대규모 추세들은 공통의 기반을 갖고 있으며, 개념 '암흑물질'의 성격 덕분에 가능한 변화들이다.

나는 동물의 모듈 식 구성이 중요하다고 상당히 강조했다. 연속 반복 부속들과 이들이 점차 전문화되는 진화 경향을 설명했다(1장). 모듈성은 복잡성을 구축하고 다양성을 만들어내는 열쇠다. 동물의 복잡성은 얼마나 많은 종류의 물리적 부속들(세포들, 기관들, 부속지들)이 존재하느냐에 달려 있다. 복잡성은 시간에 따라, 특히 몇몇 동물군에서 두드러지게 증가해왔다. 그것은 반복된 부속들을 전문화하고 새로운 종류의 부속을 만들어내는 작업이었다. 절지동물과 척추동물의 복잡성 증가는 비슷한 방식으로 진행되었다. 연속 반복 구조들마다 혹은 유전자들의 발현 형태가 달랐기 때문에 절지동물 및 척추동물 구조의 형태와 기능이 차별화되었다. 이 동물군들이 성공한 것은 혹은 유전자 발현을 통제하는 체계가 무척 유연하여, 하나의 구조가 다른 구조들을 건드리지 않고 진화할 수 있었기 때문이다.

사람의 턱 근육 진화

사람과 유인원, 사람과 오스트랄로피테쿠스속 같은 초기 사람족을 구분하는 특징으로 사람의 턱 근육 크기가 줄어들었다는 점이 있다. 짧은꼬리원숭이나 고릴라 같은 현생 영장류들은 커다랗고 강력한 턱 근육으로 음식을 부순다. 영장류의 두개골을 보면 하악골을 들어 올리는 근육인 측두근이 두개골 옆면을 거의 다 덮고 있다. 그에 비해 사람의 측두근은 무척 작아진 상태다[그림10-8].

턱 근육 크기 변화가 어떤 유전적 요인에 의해 일어났는지 단서를 밝힌 사람은 펜실베이니아 대학의 한젤 슈테드만과 그의 동료들이다. 그들은 인간 유전자 중 미오신 중사슬 16(줄여서 MYH16)이라는 단백질을 만드는 부분에 돌연변이가 일어나 단백질 대부분이 엉망이 된 것을 발견했다. 미오신 중사슬은 수축할 때 힘을 내는 근육 섬유의 일부로서 중요한 역할을 맡는 단백질이다. 이 단백질이 없거



짧은꼬리원숭이

고릴라

사람

[그림10-8] 영장류 턱 근육 구조의 진화. 짧은꼬리원숭이와 고릴라는 두개골 옆면이 넓다. 이곳에 측두근이 붙어 있다. 커다란 턱을 제대로 움직여서 씹는 압력을 내려면 이처럼 넓은 면적이 필요하다. 사람의 경우 측두근이 훨씬 작아졌다. 이 속성에 관련된 돌연변이로 최소한 한 가지는 확인되었는데, 근섬유 단백질에 일어난 돌연변이다. 사진_한젤 슈테드만 박사, 『네이처』 428(2004), 415쪽에 실린 것을 허가로 재수록.

나 변형되면 보통 근섬유의 크기가 축소된다.

MYH16은 특정 근육들에서만 발견되는 전문화된 미오신이다. 짧은꼬리원숭이의 경우 MYH16은 측두근과 그 옆에 있는 또 하나의 근육에서만 만들어지고, 다른 근육들에서는 만들어지지 않는다. 사람의 MYH16 유전자도 측두근에서 발현하긴 한다. 그러나 유전자에 돌연변이가 일어났기 때문에 단백질의 기능이 방해를 받는다. 사람의 측두근 근섬유 크기는 짧은꼬리원숭이의 8분의 1에 불과하다. 이런 유전적, 해부학적 증거를 볼 때 MYH16 단백질의 비활성화는 어떤 식으로든 사람족 진화의 특정 시기에 측두근 감소에 영향을 미쳤을 것이다.

그 유전자 변화는 언제 발생했을까? 사람과 침팬지의 계통이 분리된 뒤에 일어난 일임은 분명하다. 침팬지의 MYH16 유전자는 돌연변이가 아니라 정상 크기 MYH16 단백질을 생성하기 때문이다(다른 유인원과 원숭이들도 마찬가지다). 인간 유전자의 변화 규모를 다른 종 유전자와 비교해본 결과, 펜실베이니아 연구진은 비활성화 돌연변이가 210만 년 전에서 270만 년 전쯤에 일어났으리라 추정했다. 놀랍게도 호모속의 기원으로 추정되는 시기와 아슬아슬하게 일치하는 시점이다.

턱 근육 구조가 축소하는 방향으로 진화했다는 것은 단지 음식 씹는 방식이 바뀌었다는 의미만 갖지 않는다. 근육 구조는 뼈의 성장에도 지대한 영향을 미치며, 실험에 따르면 턱 근육 성장은 두개 안면 골격의 크기와 모양에 상당한 영향을 준다. 턱 근육이 축소되어 하악에 가해지는 힘이 줄어들면 두개골 뼈들이 받는 압력도 줄어들 것이다. 그러면 두개는 더욱 얇아지고 커질 수 있다. 따라서 턱

출처: 이보디보

근육 변화 및 이에 따른 두개골 속성 변화는 초기 호모속에서 뇌가 커진 현상을 설명하는 한 요인일 수 있다. 게다가 턱 근육 축소 덕분에 하악을 보다 정교하게 통제할 수 있게 되었을 텐데, 이는 말을 하는 데 있어 중요한 조건이다.

참으로 흥미롭기 그지없는 상호연관 관계이다. 하지만 이 해부학적 변화들을 단 한 가지 돌연변이로 설명하려는 실수를 저질러서는 안 되겠다. 이전까지 나뭇의 기능을 해왔던 MYH16 유전자를 비활성화시킨 일은 분명 주목할 만한 변화였다. 하지만 비활성화 돌연변이라는 유전적 변화가 측두근 축소 현상에 앞서 이뤄진 것인지, 순차적이거나 병렬적인 여러 변화들 중 하나로 나란히 이뤄진 것인지, 그도 아니면 측두근에서 MYH16 단백질의 역할이 더 이상 필요하지 않게 된 연후에 일어난 마지막 변화인지, 우리는 알지 못한다. 내 생각을 말하자면 나는 이것이 유일하고도 결정적인 진화적 계기였다고 단언하기는 힘들다고 생각한다. 이유는 뒤에 설명하겠다. 사실 인간 진화에 관련된 어떤 유전자에 대해서도 그런 식으로 단언하기는 힘들다. 이제 소개할 사례도 그렇다. 인간의 언어 진화에 관련된 유전자들이 다음 순서이다.

말에 영향을 미치는 유전자의 진화

사람의 진화를 설명해줄 유전자를 찾는 연구자들에게 한 가지 다행스런 점이 있다면, 지구상에는 현재 약 60억에 달할 정도로 많은 인간들이 있으며, 그들은 몸의 기능이 시원치 않을 때 기꺼이 제 발

로 병원을 찾아간다는 사실이다. 덕분에 가령 10억 명 중 한 명꼴로 일어나는 극히 드문 돌연변이조차 학계에 보고되곤 한다. 매우 드물고도 정보 가치가 있는 돌연변이 중 한 가지로, 삼대에 걸쳐 심각한 언어장애를 지녔던 한 가족이 있었다. 문제가 된 사람들의 상태에서 흥미로운 점은 언어장애의 원인이 말에 관련된 근육 손상이 아니라 언어 처리를 담당하는 신경회로 손상이라는 점이었다. 최첨단 뇌 영상기술을 동원한 결과 환자들 뇌의 여러 영역에서 비정상적인 부분이 감지되었다. 이들이 조용히 있을 때(생각만 할 때), 소리 내어 말할 때 각각 뇌자기 공명영상을 찍어보았더니 브로카 영역을 비롯한 언어 관련 영역들의 활동이 현저히 저하된 상태였다. 환자들은 문장을 말하는 법을 배우고 계획하고 수행하는 데 관련된 신경망에 손상이 있는 듯했다.

결국 이 가문의 증상이 어떤 유전자의 돌연변이 때문인지 밝혀졌다. FOXP2라 불리는 유전자다. FOXP2 단백질은 전사인자로서, DNA에 결합하여 다른 유전자들의 발현을 조절하는 톨킷 단백질이다. 이 가문이 겪은 돌연변이는 FOXP2의 아미노산 하나를 바꾸는 것인데, 그 때문에 FOXP2 단백질의 기능이 막힌 것으로 보인다. 환자들은 정상적인 FOXP2 유전자를 하나 더 갖고 있기 때문에 FOXP2 기능이 완벽히 차단된 건 아니었다. 언어장애가 온 것은 제대로 기능하는 FOXP2 단백질의 총량이 감소했기 때문이지, 아예 없어졌기 때문은 아니었다. 여기까지 읽은 독자의 마음에 제일 먼저 든 생각은 FOXP2가 인간에 고유한 새로운 유전자인가 아닌가 하는 점일 터이다.

바라건대 책을 꼼꼼히 읽은 독자라면 답을 추측할 수 있어야 한다.
출처: 이보디보

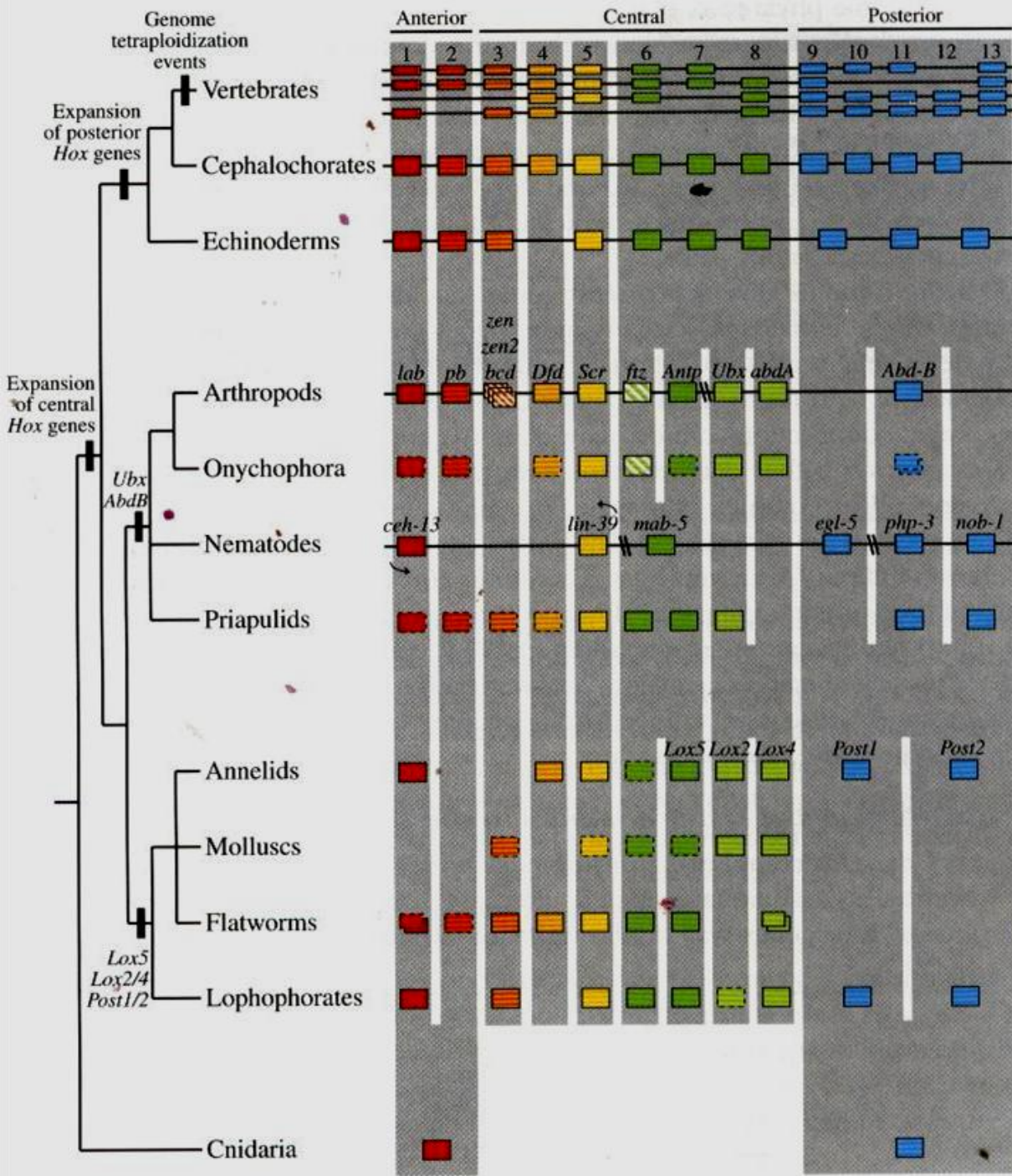
다. 답은 아니오, 이다. FOXP2는 인간만이 가지고 있는 독특한 것이 아니다. 여러 영장류, 설치류, 한 종류의 조류가 이 유전자를 갖고 있는 것으로 확인되었다. 인간 툭킷 유전자들의 전형적인 상황이다. 인간 툭킷 유전자들 중 다수가, 전체는 아니지만, 다른 종에도 대응물이 존재한다. 사실 인간 FOXP2 단백질의 아미노산 716개 중 4개만이 쥐의 FOXP2 단백질과 다를 뿐이다. 오랑우탄과는 3군데, 고릴라 및 침팬지와는 고작 2군데가 다르다. 여타 단백질들의 아미노산 서열 편차를 감안할 때 이는 아주 작은 차이로 할 수 있다. 포유류의 진화에서 FOXP2 단백질을 보존해야 할 절박한 압력이 작용했다는 뜻이다.

FOXP2 유전자의 진화가 말과 언어의 등장에 주요한 역할을 했을까? 참으로 대답하기 어려운 문제다. 인간 FOXP2의 변화는 MYH16 유전자의 비활성화 돌연변이보다도 사소한 규모이다. 그런데 어떤 유전자가 최근의 진화에서 주요한 역할을 했는지 확인하는 방법이 하나 있다. 이른바 '선택적 싹쓸이'라 불리는 현상이 관찰되는지 아닌지 살펴보는 것이다. 자연선택이 유용한 돌연변이를 택하고 나면 DNA 서열의 변이 형태에 흔적이 남는다. 원래 기다란 DNA 서열에 나타나는 변이는 시간이 감에 따라 더 많이 누적되는 법이다. 자연선택이 작용하여 특정 변이만 유독 선호하지 않는 한 말이다. 일단 특정 변이 형태가 선택되면 전반적인 변이 규모가 줄어드는, 이른바 '싹쓸이'가 일어난다. 한 유전자가 이웃 유전자들에 비해 변이 정도가 적다고 확인될 때, 유전학자들은 그 유전자가 선택적 싹쓸이를 겪었다고 추정한다. 인간 FOXP2 유전자와의 선택적 싹쓸이 정도는 어떤 유전자보다도 확연하다. 이것은 우리 종이 진화하던

중 언젠가, 그러니까 지난 20만 년 중의 한 시점에 FOXP2 유전자의 돌연변이 형태가 선호되기 시작함으로써 호모 사피엔스 종 전체로 퍼져나갔다는 뜻이다.

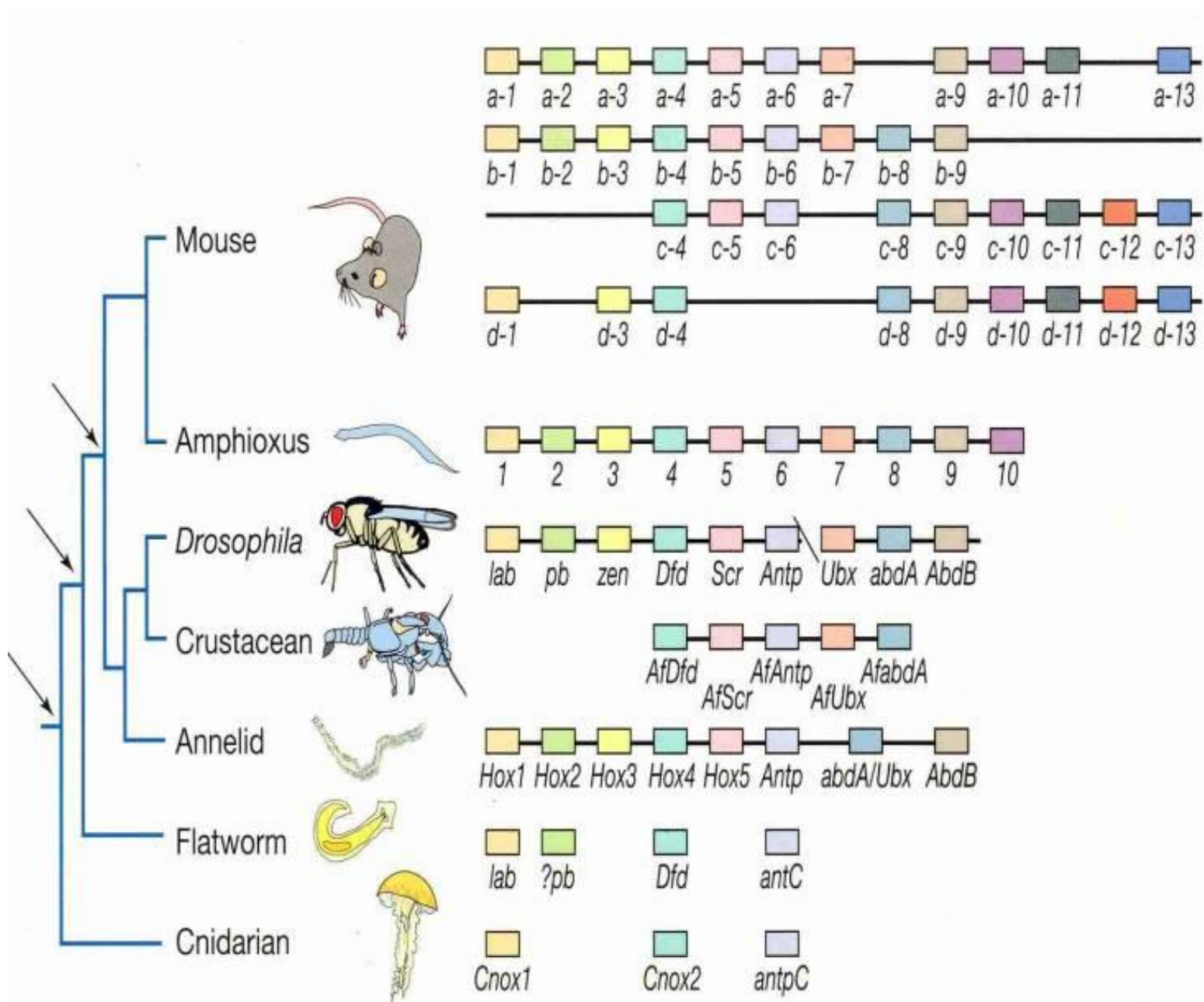
FOXP2의 변화 중 어떤 점이 말의 진화에 기여했을까? 사람과 침팬지의 FOXP2 단백질 암호 차이는 두 군데에 불과하다. 이들이 역할을 했을 가능성도 있다. 그러나 FOXP2 주위의, 암호를 갖지 않은 DNA들을 비교하면, 차이점이 수백 군데로 늘어난다는 것을 염두에 두어야 한다. 즉 FOXP2 발현의 위치와 정도에 영향을 미치는 스위치 및 조절 영역 DNA들도 고려해야 하는 것이다. 현재의 기술로는 어느 영역의 변화가 인간 진화에 보다 의미 있는지 꼭 집어 말하기 어렵다. 하지만 나더러 돈을 걸라면 암호가 없는 영역에 걸겠다. FOXP2 유전자의 스위치들을 다듬는다면 신경망 형성 시에 FOXP2가 발현하는 형태를 미세 조정할 수 있을 것이기 때문이다. FOXP2는 발생 중인 인간의 뇌 여러 부분에서 발현하는 것으로 알려져 있다. 쥐의 뇌에서도 상응하는 부분에서 발현한다. 그러니 FOXP2는 포유류의 뇌 발생에 널리 영향력을 갖고 있다고 보아야 한다. 아직 FOXP2가 발생에 담당하는 역할이 무엇인지는 정확히 밝혀지지 않았지만, 아마도 뇌의 하위영역들이 형성되고 서로 연결되는 방식에 영향을 미치는 듯하다. 거듭 강조한바, 툭킷 단백질 자체를 변화시키면서 단 한 가지 기능, 또는 한 가지 종류의 기능들에만 영향이 미치도록 하기는 무척 어렵다. 그래서 나는 대신 FOXP2 유전자를 통제하는 스위치들이 진화함으로써 뇌 영역들의 미세한 차이가 진화했다고 생각한다.

Evolution of Metazoan *Hox* genes

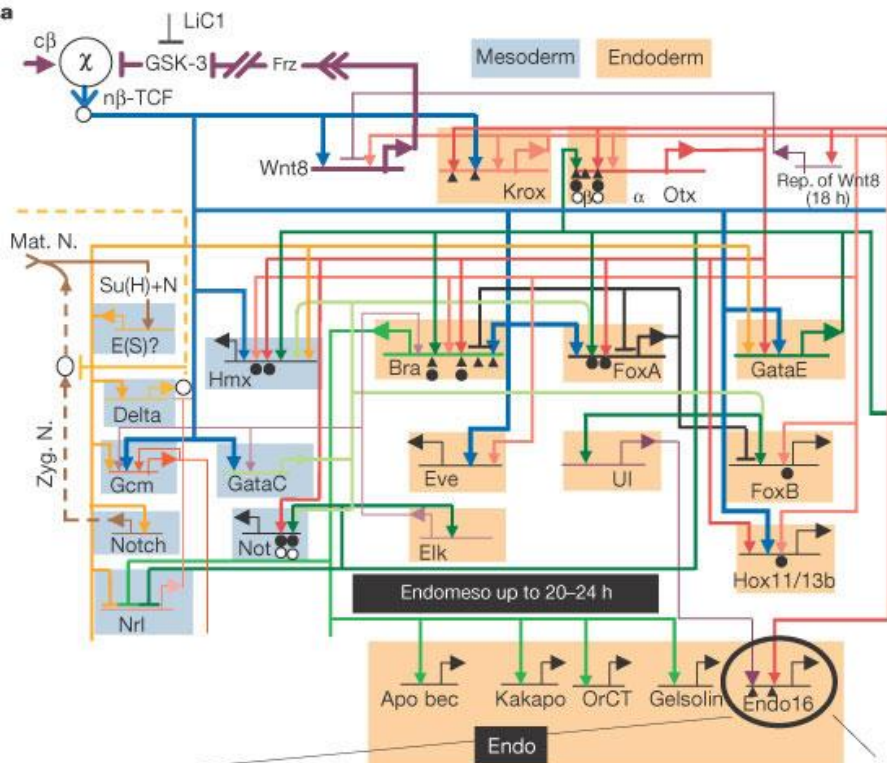


Carroll S.B. et al. From DNA to Diversity (2001) Blackwell Science

Deep Evolution: Hox genes from jellyfish to mice (and humans)

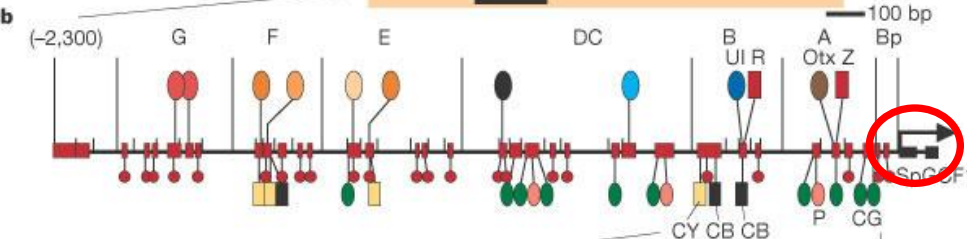


A gene regulatory network involved in sea urchin development

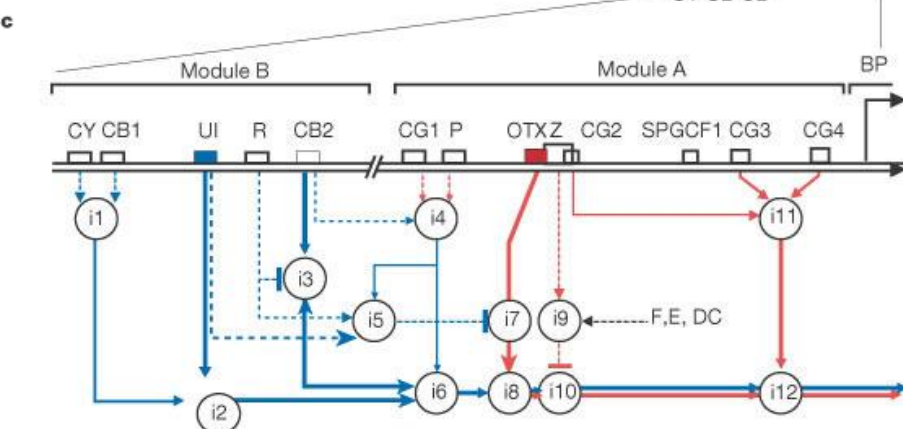


a, Part of the network of transcription factors and their interactions with the control regions of other transcription factors. Genes are indicated by horizontal lines; arrowheads indicate activation; ' ' symbols indicate gene repression.

b, An enlargement of the promoter region of a gene, called *endo 16*, that helps modulate the development of the endoderm. It contains 34 binding sites (rectangles) for 13 different transcription factors and cofactors (illustrated as rectangles or lollipops, respectively). Six modules (A-G) of transcription factors and binding sites carry out discrete functions to developmentally regulate *endo 16*.



c, Diagram depicting the logical structures of the A and B control circuits during sea urchin development.



성계의 진화에 작용한 전사조절인자의 네트워크를 표시한 그림입니다. 뒤쪽의 작은부분의 유전자를 발현시키기 위해 앞쪽에 34개의 영역에 13개의 전사조절인자들이 붙고 복잡한 네트워크를 이루어 조절에 관여하고 있는 것입니다.

늑대에서부터 개의 다양한 종류까지의 분화과정을 보여주는 그림입니다.

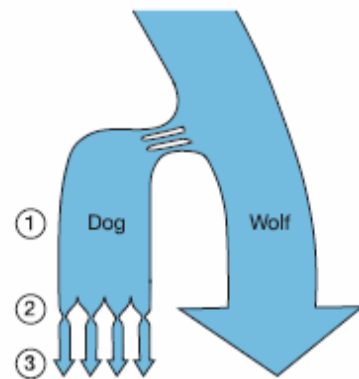
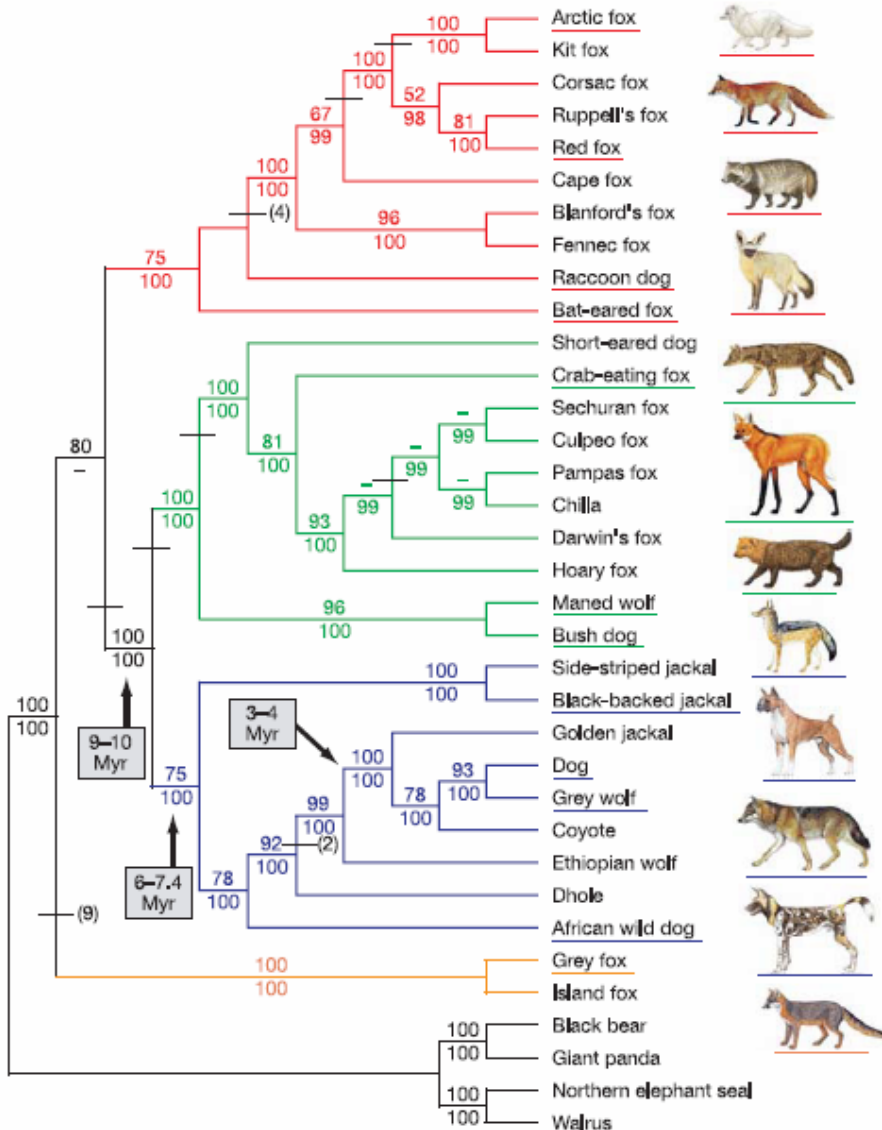
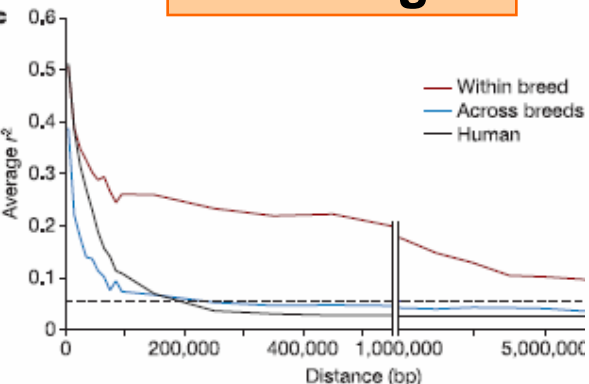
Quality of assemblies—dog

Table 1 | Assembly statistics for CanFam1.0 and 2.0

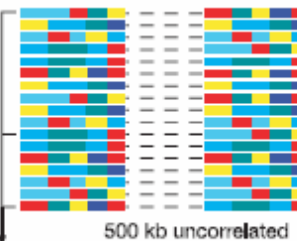
	CanFam1.0
N50 contig size	123 kb
N50 supercontig size	41.2 Mb
Assembly size (total bases)	2.360 Gb
Number of anchored supercontigs	86
Percentage of genome in anchored supercontigs	96
Sequence in anchored bases	2.290 Gb
Percentage of assembly in gaps	0.9
Estimated genome size*	2.411 Gb
Percentage of assembly in 'certified regions', without assembly inconsistency	99.3

*Includes anchored bases, spanned gaps (21 Mb in CanFam1.0, 18 Mb in CanFam2.0 centromeric sequence (3 Mb for each chromosome)).

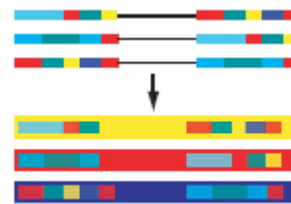
**7.5X
sequence
coverage**



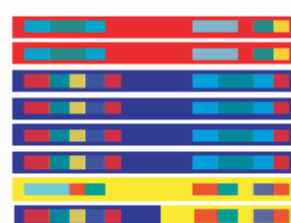
① Pre-breed domestic dogs



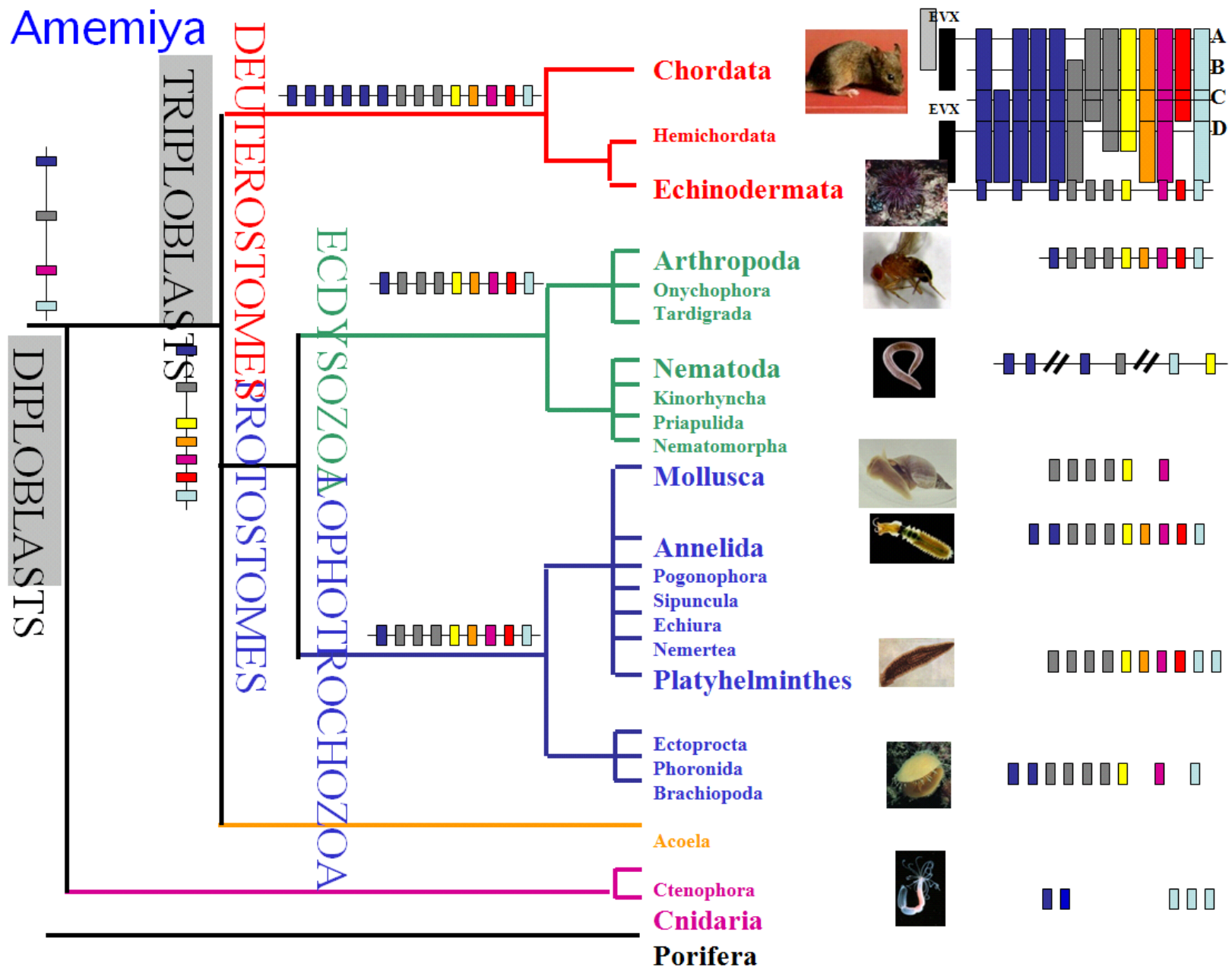
② Breed creation



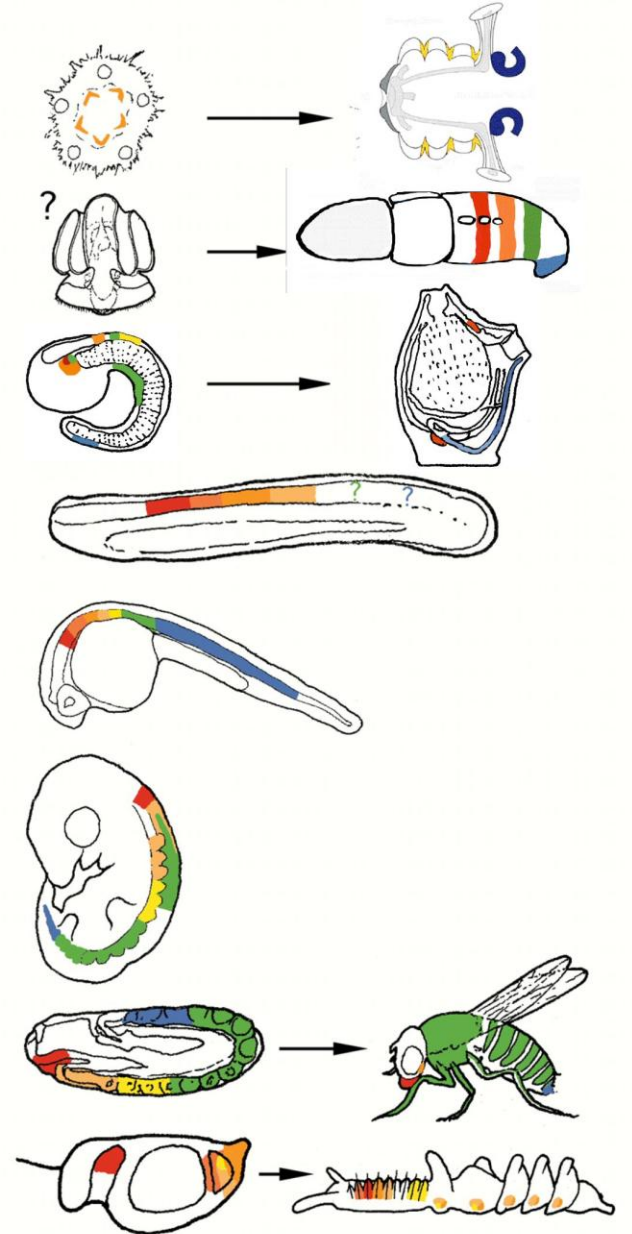
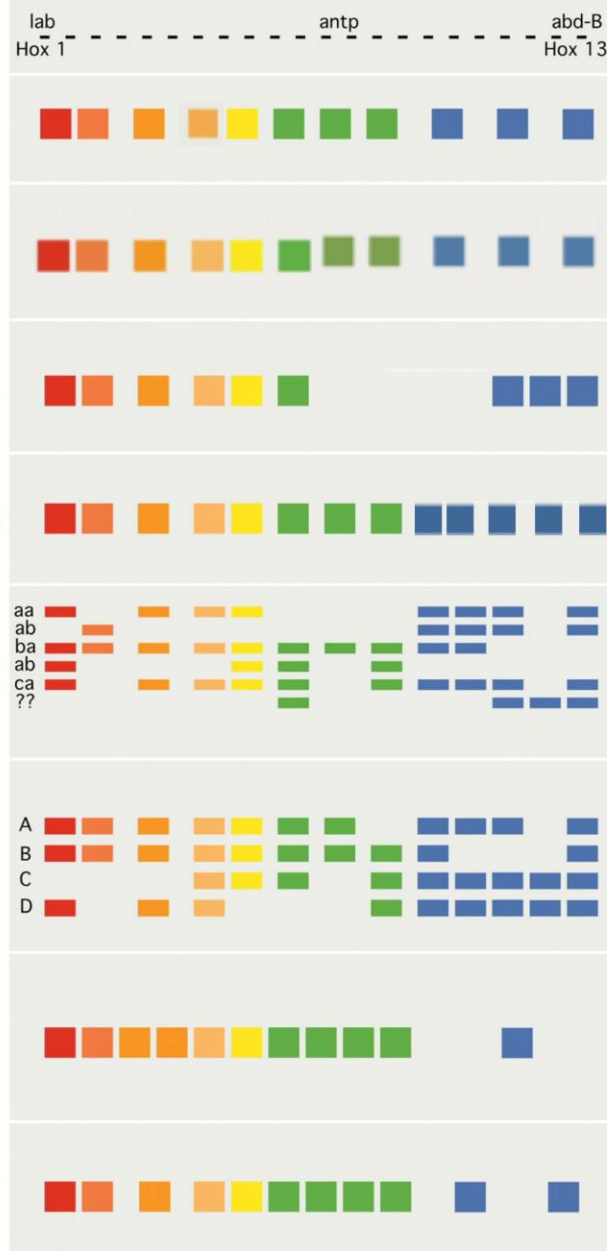
③ Modern breeds



C. Amemiya



호스유전자의 변화에 의해 다양한 동물의 종이 발생한 계통도 그림입니다

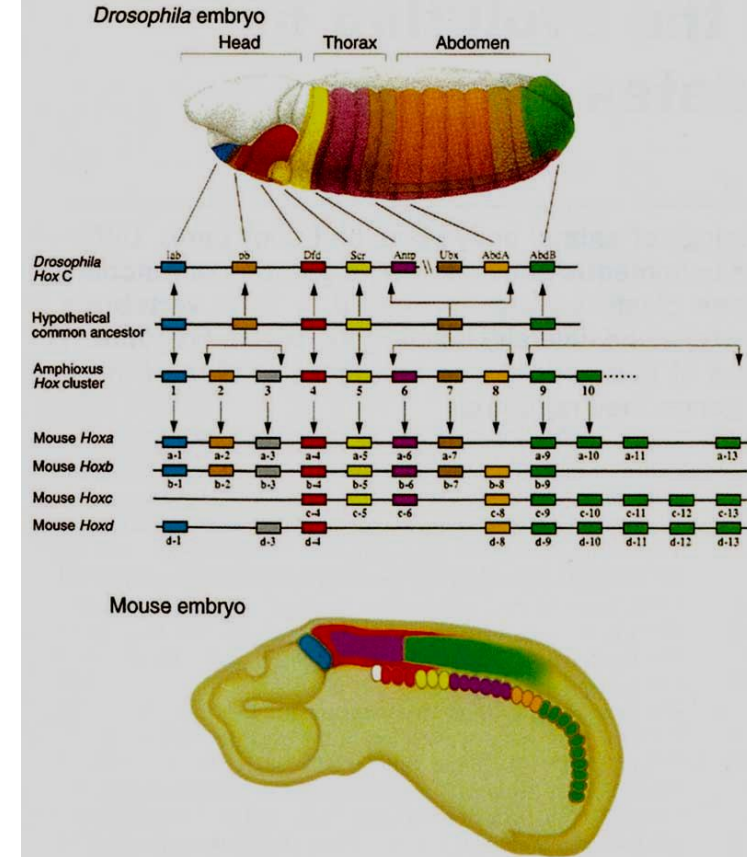
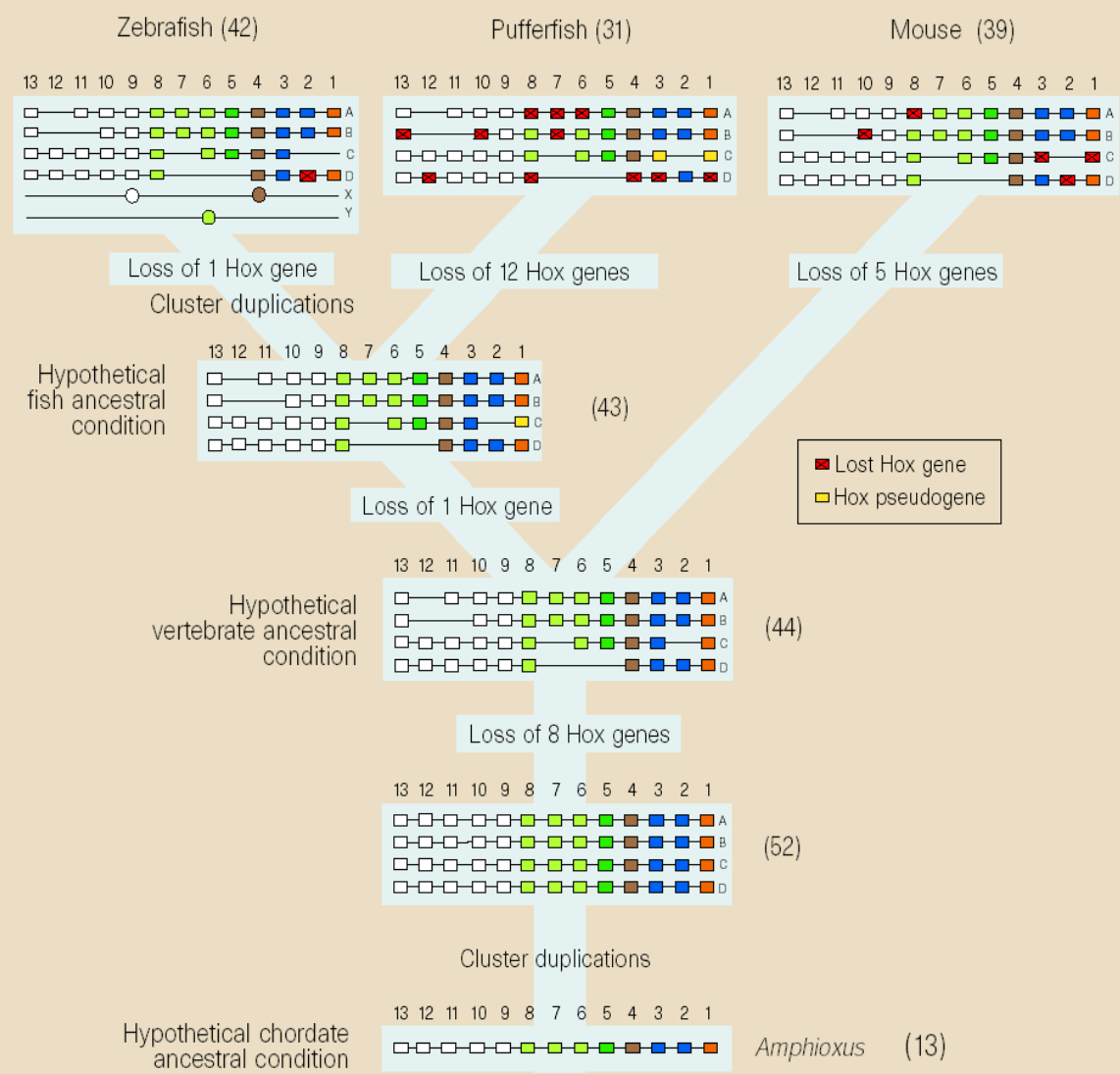


PHYLOGENY

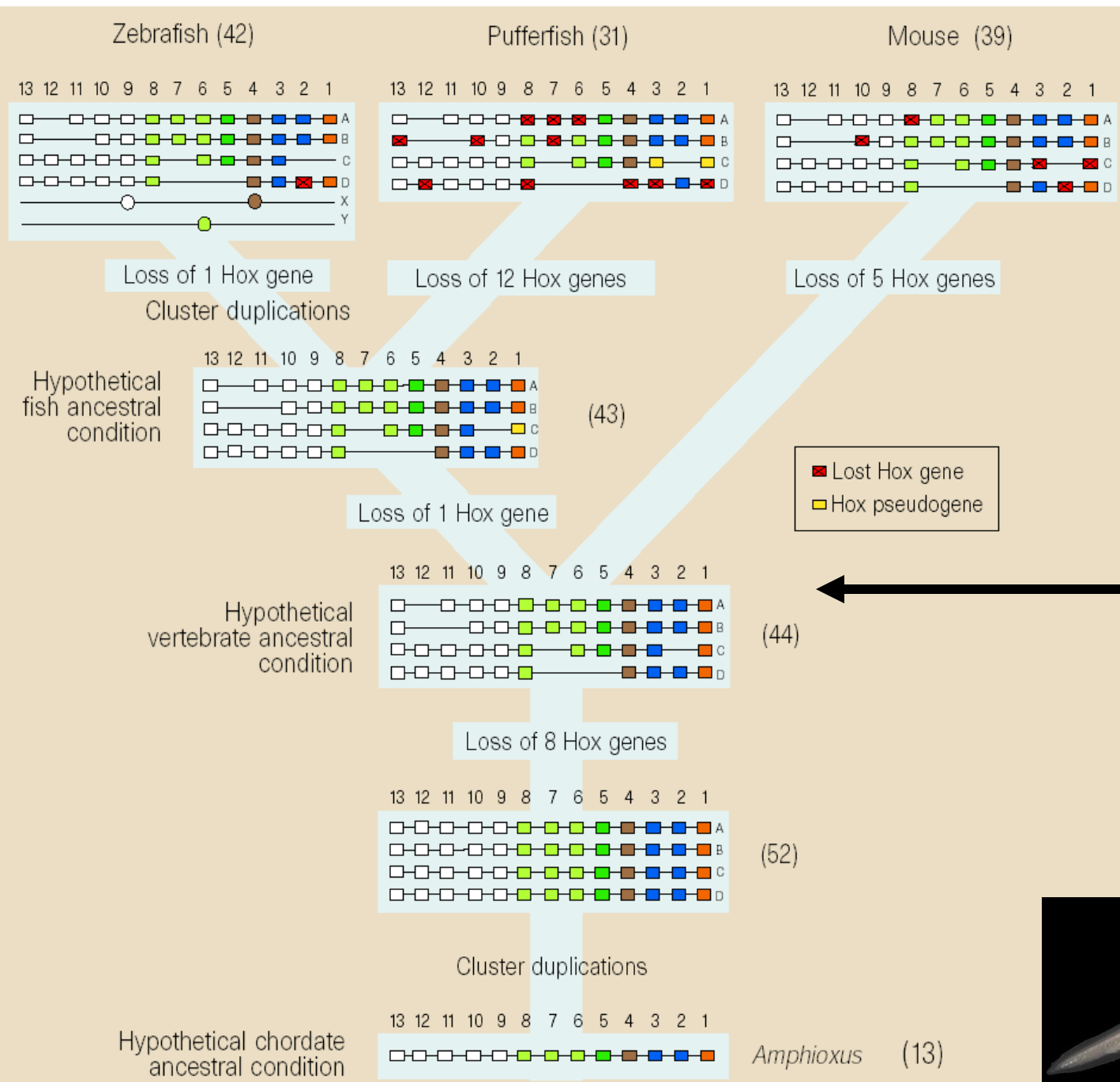
GENES FOUND

KNOWN EXPRESSION

Swalla (2006) Heredity 97: 235-243



창고기의 13개 유전자를 대략 4억년 전에 4번 Copy하면서 일부 유전자가 Loss되고 포유동물인 쥐나 줄무늬 물고기 등 여러가지 동물들이 발생하게된 혹스유전자의 계통도입니다. 과학이 위대한 점은 창고기의 혹스유전자로부터 실제로 존재하지 않는 동물의 공동조상의 혹스유전자가 몇 개인지 하는 것까지도 추측가능하며, 나아가 앞으로 인류가 어떤 방향으로 변화해 나갈 것인지도 예측할수 있게 될 것입니다.

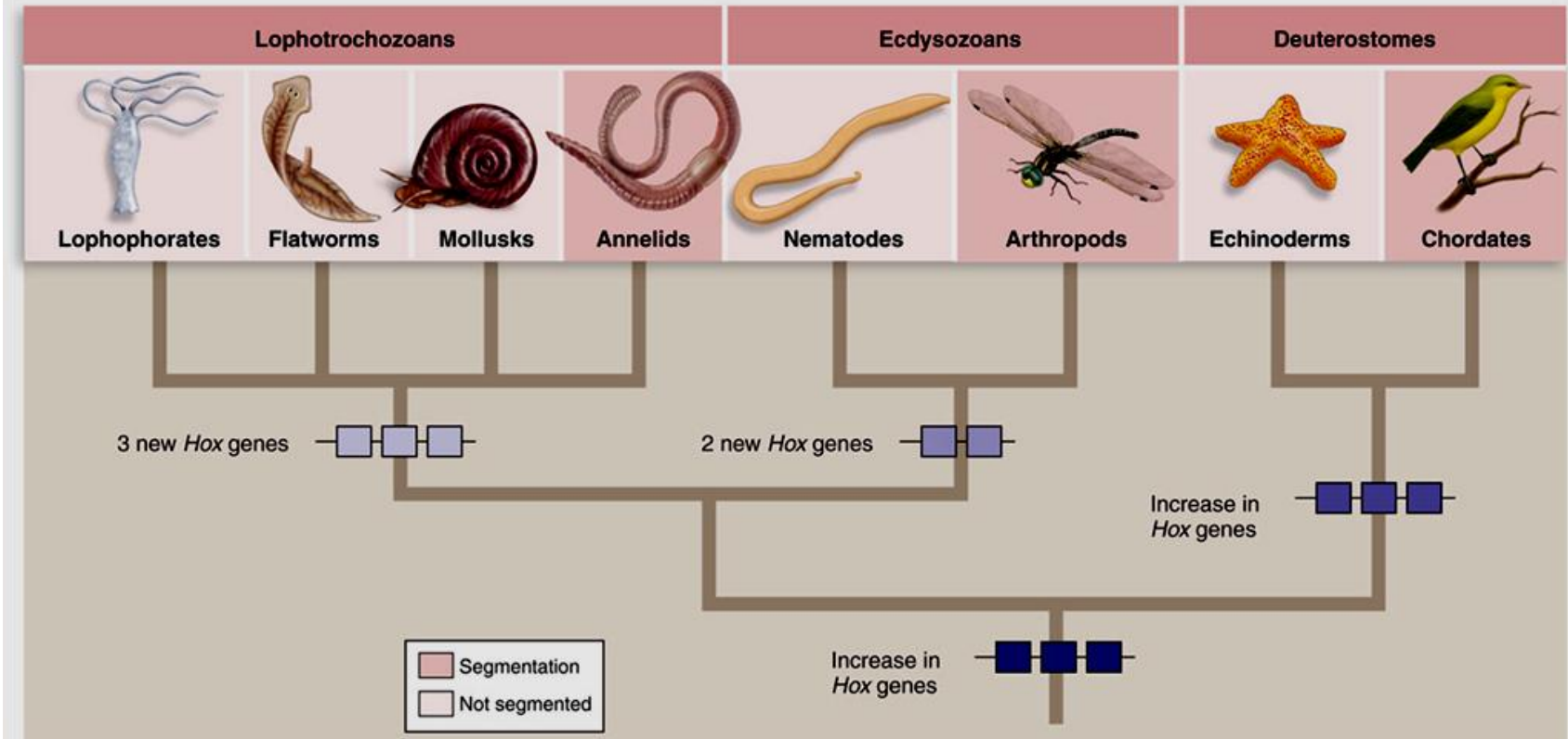


Human-mice
60 MYA



400 MYA

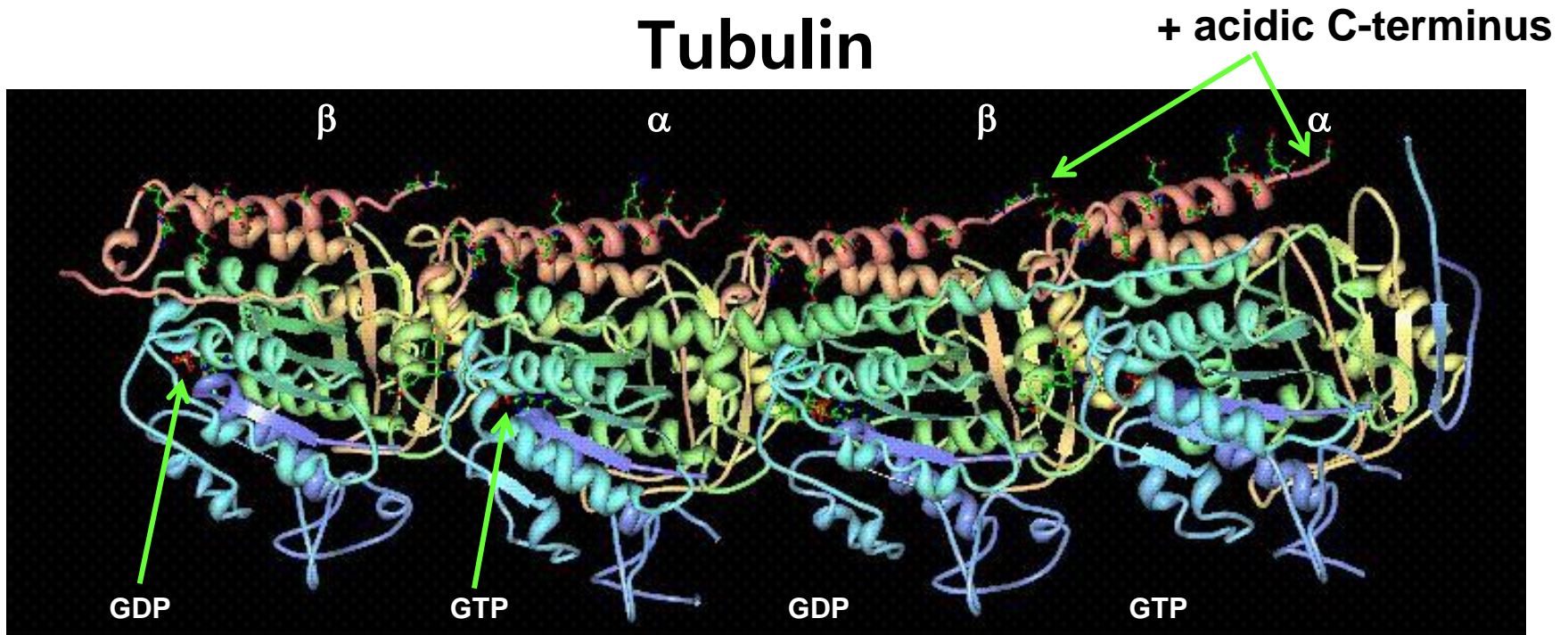




Fly Dfd	PKRQRTAYTRHQILELEKEFHYNRYLTRRRRIEIAHTLVLSERQIKIWFQNRRMKWKKDN
AmphiHox4	TKRSRTAYTRQQVLELEKEFHFNRYLTRRRRIEIAHSLGLTERQIKIWFQNRRMKWKKDN
Mouse HoxB4	PKRSRTAYTRQQVLELEKEFHYNRYLTRRRRVEIAHALCLSERQIKIWFQNRRMKWKKDH
Human HoxB4	PKRSRTAYTRQQVLELEKEFHYNRYLTRRRRVEIAHALCLSERQIKIWFQNRRMKWKKDH
Chick HoxB4	PKRSRTAYTRQQVLELEKEFHYNRYLTRRRRVEIAHSLCLSERQIKIWFQNRRMKWKKDH
Frog HoxB4	AKRSRTAYTRQQVLELEKEFHYNRYLTRRRRVEIAHTLRLSERQIKIWFQNRRMKWKKDH
Fugu HoxB4	PKRSRTAYTRQQVLELEKEFHYNRYLTRRRRVEIAHTLCLSERQIKIWFQNRRMKWKKDH
Zebrafish HoxB4	AKRSRTAYTRQQVLELEKEFHYNRYLTRRRRVEIAHTLRLSERQIKIWFQNRRMKWKKDH

여러가지 동물의 혹스유전자를 비교한 것입니다. 지난 5억년 동안 60개의 혹스유전자 아미노산 중 종에 따라 바뀐것은 극히 일부분인데도 그 미세한 변화에 따라 여러가지 다양한 형태의 동물들이 분화된 것입니다.

Tubulin



Tubulin has two similar subunits of ~450 amino acids.

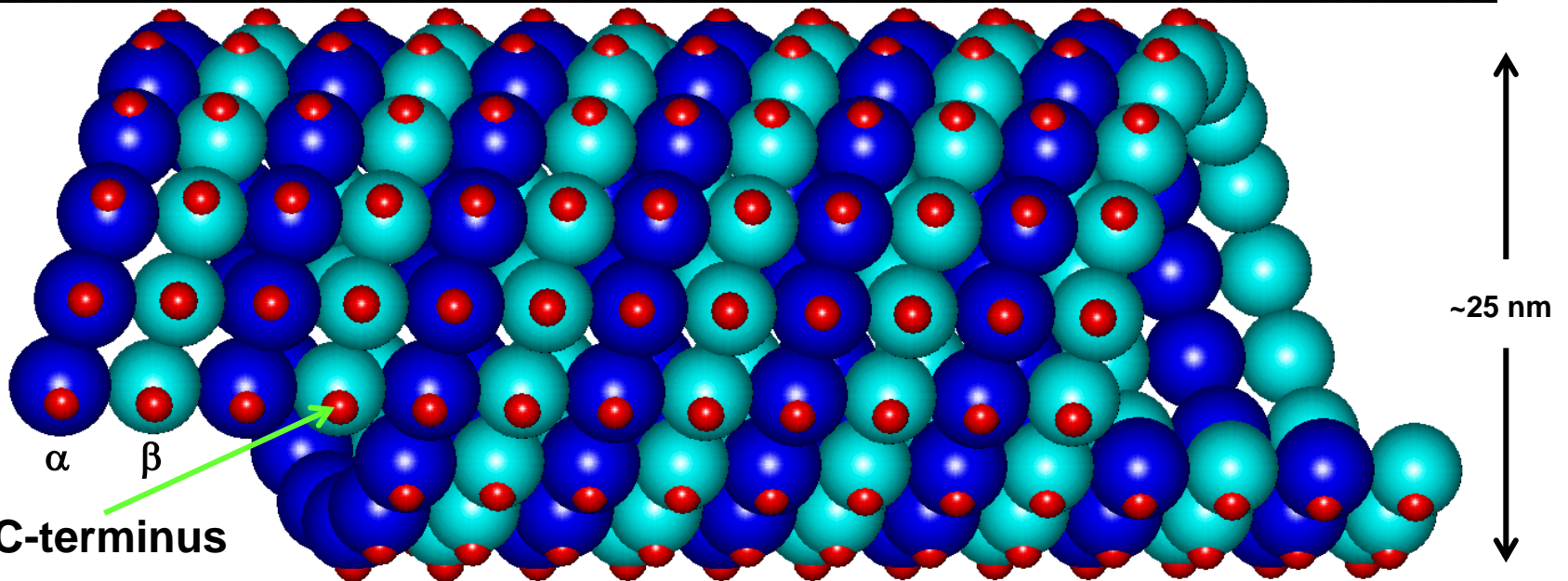
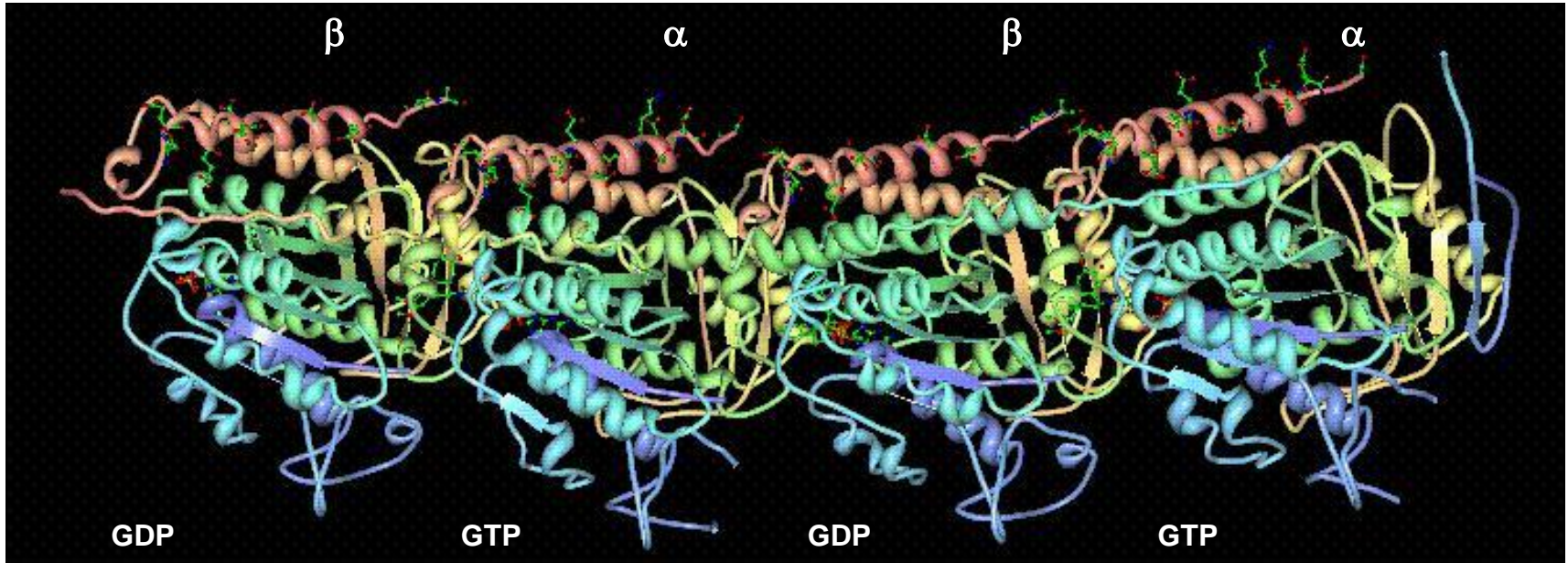
It has a GTP binding domain near the N-terminal, a beta-sheet core and alpha helices. Two antiparallel helices lead to the highly acidic external C-termini.

There is a head to tail arrangement of dimers with the beta-subunit GTP at the open end. Only this GTP is hydrolysed following polymerization.

1Z2B Bovine α/β tubulin colchicine-vinblastine complex, introduces a curve not seen in native tubulin

세포를 구성하고 있는 마이크로튜블린의 450여개 아미노산으로 된 단백질이 2량체로 되어 있는데, α -helix와 β -sheet구조의 N-terminal 근처에 GTP 결합도메인이 있습니다. 이 단백질이 변화되는 것을 종마다 분석함으로써 분자진화의 여러 사실들을 추적할 수 있게됩니다.

Tubulin microtubules



Different numbers of subunits may coil round. The acidic negatively charged C-termini project into the external solution.

tubulin terminus

All known structures from the UniProt Knowledgebase.

The β -tubulins are mostly on the left.

수백가지 동물의 튜블린을 만드는
단백질의 종류를 통계적으로 분석
한 데이터입니다.

이러한 작업이 10여년 전부터 분자생물학 분야에서 정교하고 정확하게 분석되어 그 결과로 많은 새로운 사실들이 밝혀지고 있습니다.

[illegible][illegible]

Potato	A	R	E	D	I	A	A	S	K	O	Y	E	E	G	A	L	E	L	S	D	E	G	G	D	T	V
Cryptosporidium hominis	A	R	E	D	I	A	A	S	K	O	Y	E	E	G	A	L	E	L	S	D	E	G	G	D	T	V
Silk moth	A	R	E	D	I	A	A	S	K	O	Y	E	E	G	A	L	E	L	S	D	E	G	G	D	T	V
Cryptosporidium parvum	A	R	E	D	I	A	A	S	K	O	Y	E	E	G	A	L	E	L	S	D	E	G	G	D	T	V
Tunicate	A	R	E	D	I	A	A	S	K	O	Y	E	E	G	A	L	E	L	S	D	E	G	G	D	T	V
Smut fungus	A	S	A	N	M	H	I	A	E	I	T	Q	A	G	V	L	F	D	A	A	A	A	E	P	Q	
Barley scald fungus	A	S	A	N	M	H	I	A	E	I	T	Q	A	G	V	L	F	D	A	A	A	A	E	P	Q	
Anthraxnose fungus	A	S	A	N	M	H	I	A	E	I	T	Q	A	G	V	L	F	D	A	A	A	A	E	P	Q	
Metarhiziumanisopliae	A	R	E	D	I	A	A	S	K	O	Y	E	E	G	A	L	E	L	S	D	E	G	G	D	T	V
Red alga	A	R	E	D	I	A	A	S	K	O	Y	E	E	G	A	L	E	L	S	D	E	G	G	D	T	V

‘시공을 사유하라.’

‘기원을 추적하라.’

‘패턴을 발견하라.’

대부분의 우리가 하는 사고나 금융, 정치, 문화 ..등의 행위는 모두 패턴에 관한 이야기이고, 다른 표현으로 *modularity*라 말할 수 있을 것입니다. 그래서 그 *modularity*를 확립하고, 모듈성을 학습방법론으로 적용해 보겠다는 것이 저의 생각입니다.