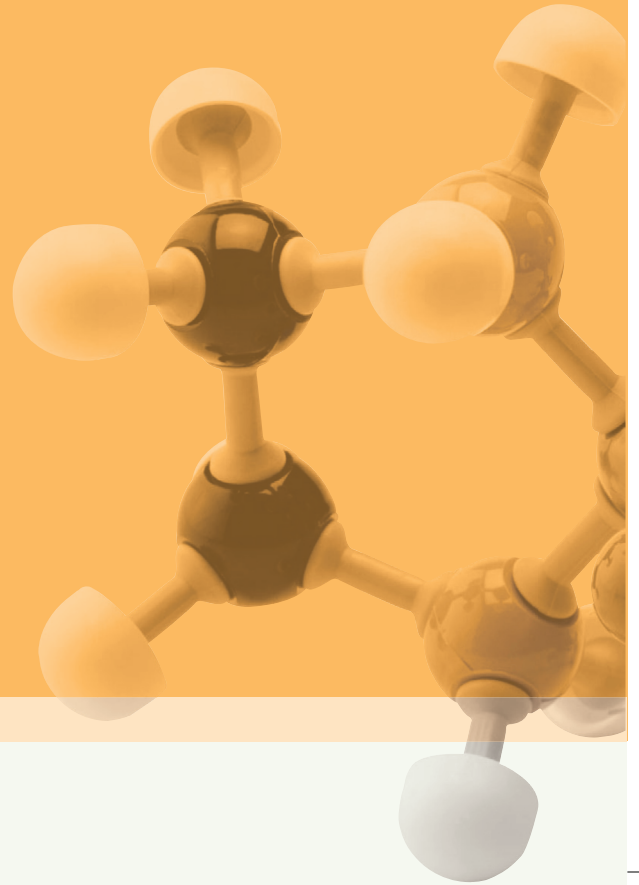


V 생명의 다양성과 생태계

- 01 생명의 다양성
- 02 생태계
- 03 생물의 다양성과 보전

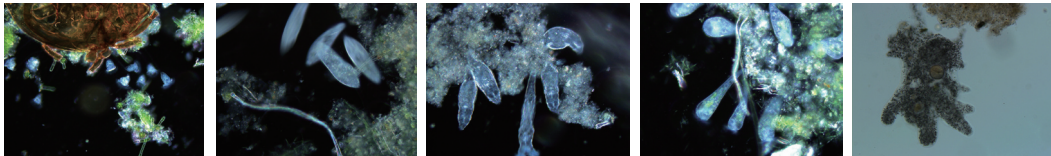


단원안내

원시 지구에 생명체의 태동이 시작된 후 역동적인 진화의 과정을 통해 수많은 생명체가 지구상에 나타나고 사라졌다. 그 진화의 결과 현재에도 매우 다양한 생명체가 지구상에 살아가고 있다. 그 생명체들은 매우 다양한 환경에서 그들만의 생태계를 이루고 있다. 하지만 최근 환경오염으로 인해 생물의 다양성이 위협받고 있어 그 대책이 시급하다.

1. 생명의 다양성

- 01. 생명의 기원
- 02. 진화론의 등장
- 03. 집단 유전과 진화
- 04. 인류의 진화



지구의 역사는 얼마나 되었을까? 옛날 많은 사람들은 지구의 나이가 겨우 수천 년쯤 이라고 생각했다. 또한 지구가 신에 의해 만들어진 불변의 존재라고 생각했다.

이런 고정관념은 생물의 연구 역사에도 그대로 영향을 주었다. 이런 기존의 생각에 변혁을 가져온 과학자가 다윈이다. 다윈은 지구의 역사가 알려진 것보다 훨씬 오래되었으며 생명체는 그 역사의 과정에서 변할 수 있다고 주장한다. 그의 진화론은 그 후 비약적으로 발전하여 이제는 우리 문화의 한 부분이 되어가고 있다.

진화론은 생명이 왜 다양할 수 있는지 설명하고 있다. 지구의 역사에서 어떻게 생명체가 시작되었는지 생각해 보고, 진화는 어떤 과정을 통해 일어나는지 알아보자.

01

생명의 기원

학·습·목·표

- 생명의 기원을 논리적으로 설명할 수 있다.
- 세포내 공생설에 대해 설명할 수 있다.
- 생명 진화의 역사를 설명할 수 있다.

1) 유기물의 생성

우주의 나이는 110억~160억 년쯤일 것으로 추정되며, 우리 태양계는 약 46억 년 전에 생성되었을 것으로 추정된다. 46억 년 전 태양은 갓 태어난 신생 별이었다. 지구가 둥근 형태를 갖춘 후에도 지표면은 6억년 동안 굳지 않았고, 아주 과열되어 있었을 것으로 추정된다. 유성이나 소행성들이 무차별적으로 원시지구를 공격했을 것이다. 이런 환경에서는 분명 생명체가 존재하지 못했을 것이다. 지구가 점점 냉각되고 수증기가 비가 되어 내리면서 지표면도 굳어지고 지각이 형성되었다. 만약 생명이 탄생할 수 있는 여건이 만들어졌다면, 생명은 어떻게 시작했을까?

최초의 생명체에 대한 의문을 풀기 위해서는 우선 생명을 이루는 유기물이 어떻게 생성되었는가에 답해야 한다. 유기물은 자연적으로 만들어질 수 있는 것일까?



〈그림 V-1〉 블록 장난감으로 조립하기 위해 조립식 장난감이 필요하듯, 생명체에는 유기물이 필요하다.

탐구 활동 1

유기물의 생성과 밀러의 실험

영국의 화학자 홀데인은 1929년 그의 논문에서 “지구의 원시 바다는 뜨거운 묽은 스프”라고 설명하고 있다. 그는 유기물로 가득한 원시의 바다에서 생명체가 스스로 발생했다고 주장한다. 오파린과 홀데인은 생명의 기원에 대한 다음과 같은 3가지 가설을 주장했다.

첫째, 원시대기에는 산소가 없었고 단지 성간물질과 화산 가스 등의 성분으로 채워져 있었으며 이들 가스의 성분은 수소, 수증기, 메탄, 암모니아, 이산화탄소 등이었을 것이다.

둘째, 당시 오존층이 없었기 때문에 지구가 자외선에 노출됐으며 화산활동이나 번개 등의 고에너지 활동이 빈번했을 것이다.

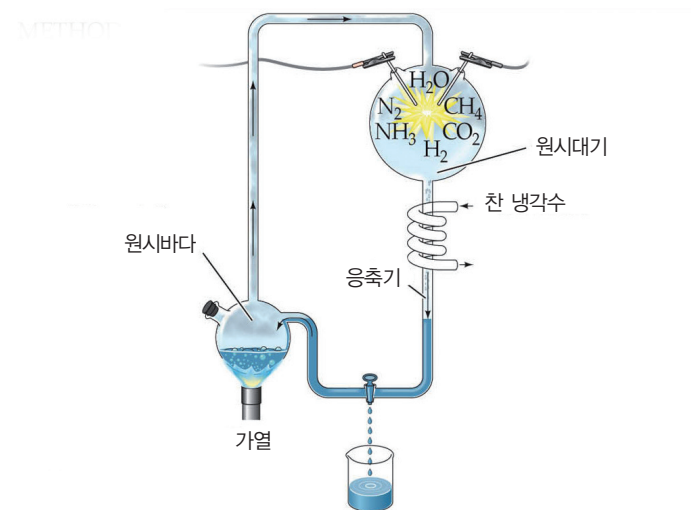
셋째, 원시대기에 화산활동이나 번개 등의 열에너지가 가해져 생명체를 구성하는 기본 단위인 단백질의 구성분자가 만들어졌을 것이다.

이런 조건에서 유기물이 합성될 수 있다면 생명의 기원에 대한 실마리가 될 수 있을 것인가?

자료

- 밀러의 실험 결과, 생명의 기원에 대한 내용

1953년 스탠리 밀러는 오파린과 홀데인 가설을 검증하기 위해 실험실에서 지구의 바다를 상징하는 약간의 물과 원시지구의 대기 성분으로 생각하는 수소(H_2), 암모니아(NH_3), 메탄(CH_4)을 플라스크에 넣었다. 이것들을 고무관으로 연결한 후 지구의 바다를 끓게 하고, 불안정한 대기에서 발생했을 번개를 만들기 위해 전기 방전을 일으켰다. 며칠이 지나자 원시 바다에는 아미노산, 유기산, 시안화수소(HCN), 요소 등과 같은 여러 유기물이 뒤섞여 녹색을 띄었다.



〈그림 V-2〉 밀러의 실험

해석 및 논의

- (1) 밀러의 실험 결과를 통해 생명의 기원에 대한 결론을 내려 보자.

(2) 밀러의 실험 결과가 오파린과 홀데인의 가설을 지지하는지 판단해 보자. 만약 지지한다면 오파린과 홀데인의 가설은 과학적으로 어떤 의미가 있는 말해 보자.

연구과제

(1) 현재는 밀러의 실험은 여러 측면에서 부정되고 있다. 어떤 점에서 오류가 있었는지 알아보자.

엄청난 시간이 흐른 지금에 와서 원시지구에서 생명체가 어떻게 탄생하였는가를 확인하는 것은 불가능에 가까운 일이다.

과학자들은 생명의 기원에 대한 두 가지 학설을 주장한다. 하나는 외계 포자설이며, 다른 하나는 화학적 진화설이다. 외계 포자설은 우주 공간에 존재하는 많은 운석, 혜성 등에서 생명의 기원이 될 수 있는 생명의 포자가 존재한다는 가설이다.

화학적 진화설은 밀러의 실험에서 볼 수 있듯이 생명체에 게 필요한 유기 물질들이 자연적으로 발생할 수 있다는 것이다. 이처럼 과학자들은 생명체가 자연적으로 발생할 수 있다고 주장한다.

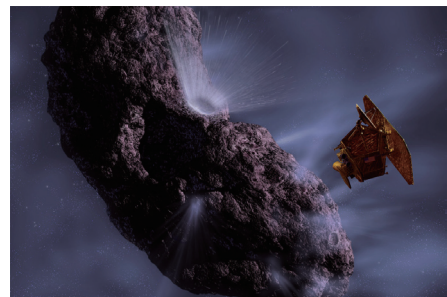
2) 원시 생명체의 기원

1920년 러시아의 과학자 알렉산더 오파린(A. I. Oparin)은 큰 단백질과 다당류의 혼합물을 흔들어 주면 코아세르베이트라는 원시 생명체가 만들어진다고 주장하였다. 코아세르베이트라는 이 원시 생명체 모델은 물과 약간의 물질 교환이 일어났으며, 매우 안정적이었으며, 여러 개가 합쳐지거나 분리하기도 했다.

폭스(S. W. Fox 1963)는 산성과 염기성 아미노산을 다량 함유한 혼합액을 가열하면 아미노산들이 중합하여 폴리펩티드가 생긴다는 사실을 발견하였다. 이것은 원시 단백질과 비슷한 것이었다. 이 원시 단백질을 묽은 염 용액에 용해



〈그림 V-3〉 외계 포자설 화성에서 떨어져 나와 남극에 떨어진 운석 속에서 생명체의 흔적으로 추정되는 유기물



〈그림 V-4〉 NASA의 딥 임팩트 계획 우주에 생명의 포자가 퍼져 있을 것이라는 외계 포자설을 증명해 줄 것이다.

한 뒤에 냉각하면 희고 탁해지며 지름이 $0.5\sim 2\ \mu\text{m}$ 의 균일한 지름을 가진 마이크로스피어(microsphere)가 생긴다. 이 원시 단백질성 마이크로스피어는 자연 조건하에서 발생할 수 있는 원시세포 모델이다. 이것은 코아세르베이트에 비해 더욱 안정적인 구조이며, 효모와 비슷하게 출아 현상을 보인다. 다양한 유기화합물을 혼합한 찬물에서도 형성되며, 막은 세포의 이중층과 비슷하게 형성된다. 이러한 설명을 통해 세포라고 하는 독특한 공간적 구조가 쉽게 이루어질 수 있다는 것을 보여주었다.

또한, 가시광선이나 근자외선을 흡수하는 분자들이 있는데, 이것을 발색단이라고 한다. 이 발색단은 지질막에 내재되거나 결합되어 있는데, 이것에 빛을 비추어주면 막을 경계로 전기적인 차를 발생시킨다. 이러한 특성은 미토콘드리아의 내막에서 일어나는 전자 전달계와 같은 것으로 진화되었을 것이다. 세포가 독자적으로 생체 에너지를 생성할 수 있는 기능이 자연적으로 발생할 수 있는 가능성을 설명하고 있는 것이다.

3) 유전정보의 시작

생명의 기원에서 가장 중요한 질문 중 하나는 유전 정보가 어떻게 자연적으로 만들어질 수 있는가 하는 것이다. 거의 모든 생명체는 DNA라는 물질을 이용하여 유전 정보를 가지고 있다. 하지만 바이러스와 같은 일부 생물들은 RNA를 유전정보로 가지고 있다. 과학자들은 단순한 구조인 RNA가 원시세포의 유전정보이었을 것으로 생각한다. RNA는 단일가닥이고 짧은 구조를 하고 있지만, DNA는 이중가닥으로 상보적인 결합과 길고 보다 복잡한 구조를 가지고 있기 때문이다.

DNA와 RNA의 성분인 뉴클레오타이드의 퓨린과 피리미딘은 밀러의 실험에서 자연적으로 발생될 수 있음이 증명되었지만, 문제는 생물체 내의 모든 조절은 단백질로 구성된 효소에 의해 일어난다는 것이다. 이어지는 문제는 효소가 DNA와 RNA가 없이는 만들어질 수 없다는 것이다. 이 문제는 마치 '닭이 먼저인가, 알이 먼저인가'와 같은 맥락이었으므로 해결이 쉽지 않아 보였다.

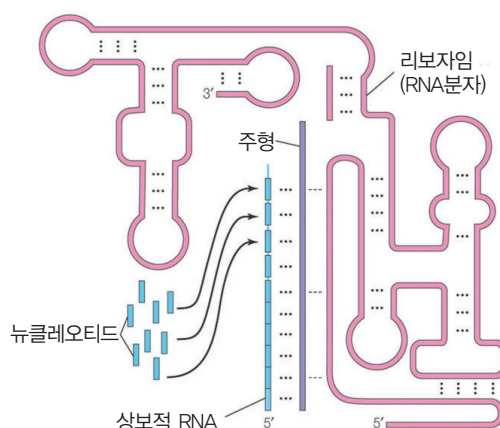
1970년대에 비로소 이 문제를 해결하기 위한 실마리가 보였는데, RNA 분자를 퓨린과 피리미딘이 함유된 용액에 첨가하면 5~10개의 뉴클레오타이드 서열이 형성되었던 것이다. 1981년, 과학자들은 RNA 스스로가 단백질 효소와 비슷한 촉매 역할을 통해 400개의 뉴클레오타이드 서열로 된 인트론을 잘라내고 엑손을 결합하는 과정을 수행한다는 사실을 발견하였다. 이런 촉매작용을 하는 RNA

를 ‘리보자임’이라고 부른다. 이러한 사실들은 스스로 복제할 수 있으면서, 촉매의 역할을 할 수 있는 RNA가 최초의 유전 물질일 수 있음을 보여 준다.

시간이 지나면서 RNA를 가진 원시세포 사이에서 보다 안정된 분자인 DNA를 가진 세포가 등장하였고 진화 과정을 통해 발전하였다고 생각된다.

토론하기

화학적 진화설은 논리적 비약과 한계가 존재한다. 그럼에도 과학자들이 생명의 기원에 대해 지속적으로 연구를 해야 하는 지에 대해 토론해 보자.



〈그림 V-5〉 리보자임

과학자들은 생물의 기원과 관련된 대부분의 질문에 대한 해답을 제시하지 못한다. 생명의 기원에 관한 우리들의 물음에 대한 답은 과학이 발전하면 할수록 자꾸 멀어져만 가는 듯하다.

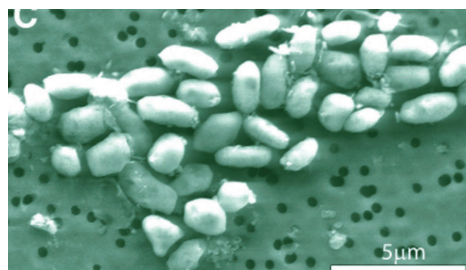
4) 원시 생명체의 진화

어느 순간부터 원시지구의 바다에 원시 생명체가 등장했을 것이다. 그렇다면 이 원시 생명체는 핵의 구조를 가지지 않은 원핵생물이었을 것이다. 그리고 이 원시 생명체는 유기물의 바다에서 유기물을 섭취하고 살아가는 종속영양생물이었을 것이다. 종속영양생물의 긴 변성은 원시 바다 속에서 무한할 것 같았던 유기물을 이내 고갈시켰을 것이다. 이로 인해 언젠가 유기물을 스스로 합성할 수 있는 독립영양생물이 발생했을 것이다. 약 35억 년 전에 발생한 이 생물들은 독특한 화석인 스트로마톨라이트로 그 흔적이 남아 있다. 남세균들은 햇빛과 황화수소를 이용해 광합성을 할 수 있었다. 현재의 많은 원핵생물은 독립영양생물로 자신에게 필요한 에너지를 햇빛이나 황화수소, 황, 또는 철분 등의 화합물을 통해 얻는다.

시아노박테리아는 빛을 이용하여 에너지를 얻는 광 독립 영양 생물이다. 남세균과 같은 시아노박테리아의 번



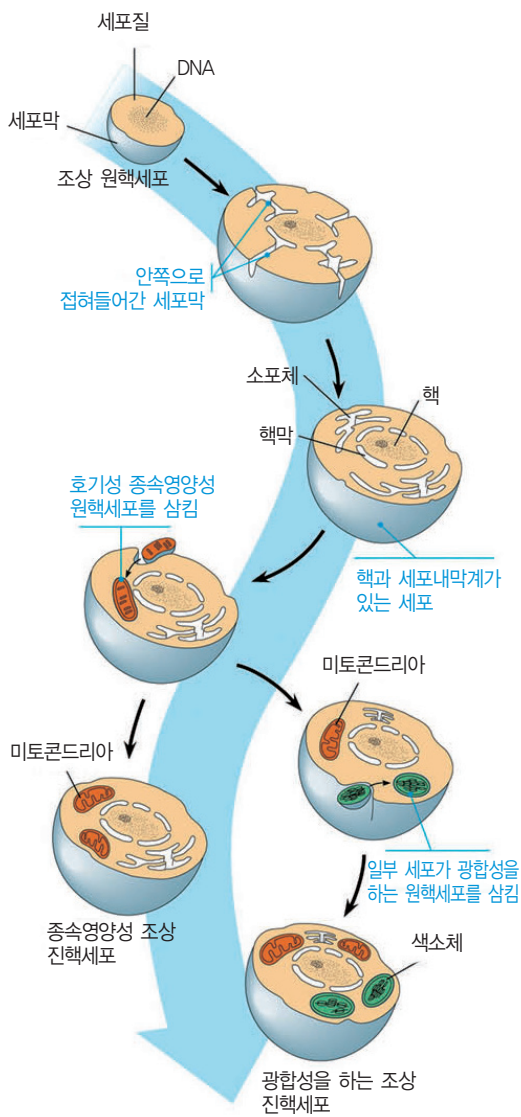
〈그림 V-6〉 강원 영월군 북면 소재 스트로마톨라이트 천연기념물 제413호



〈그림 V-7〉 생명체가 도저히 이용할 수 없을 것 같은 비소로 사는 미생물

성으로 대기 중에 산소의 양이 점점 증가했다. 약 27억 년 전 산소가 대기 중에 많아지면서 점점 오존층이 형성되었을 것이다. 대기 중 산소의 양이 증가함에 따라 산소를 이용하여 유기물을 분해하는 종속 영양 생물이 출현했을 것이다. 산소를 이용하는 유기호흡은 무기호흡에 비해 많은 양의 에너지를 생성할 수 있었기 때문에 유기호흡 생물은 빠르게 진화할 수 있었을 것이다. 생물들이 육지로 진출하면서 호기성 생물들에게 더 많은 삶의 터전이 제공되었다.

5) 진핵생물의 출현



〈그림 V-8〉 세포내 공생설

최초의 생명체는 오늘날의 원핵세포처럼 단순한 세포구조를 하고 있었을 것이다. 그렇다면 이들은 어떻게 복잡한 진핵구조를 가지게 되었을까?

화석기록에 의하면 진핵생물은 약 20억 년 전쯤에 나타난다. 진핵생물의 독특한 구조는 막중첩설과 세포내 공생설로 설명되어진다. 막중첩설은 세포의 원형질막이 안쪽으로 접혀 들어가면서 소포체와 핵막과 같은 구조가 만들어졌다는 가설이다. 또한 세포내 공생설은 독립적으로 존재하던 호기성세균과 시아노박테리아가 세포내로 들어와 공생적인 관계를 가지고 각각 미토콘드리아와 엽록체로서 살아간다는 가설이다.

세포내 공생설의 증거로 많은 것들이 제시되었다. 첫째, 미토콘드리아와 엽록체의 경우 자신만의 DNA를 가지고 있다. 이 DNA는 대장균의 플라스미드와 같은 환형 DNA이다. 둘째, 미토콘드리아와 엽록체는 자신만의 DNA를 복제하고 이분법을 통해 분열할 수 있다. 물론 이러한 분열은 진핵생물의 핵 속 DNA와 긴밀한 관계 속에서 이루어진다. 셋째, 원핵생물 리보솜과 미토콘드리아, 엽록체 리보솜 간의 유사성을 들 수 있다. 리보솜을 원심분리기로 침강시킬 경우 진핵생물의 침강계수는 80S이지만 미토콘드리아와 엽록체는 70S로 나타나는데, 이는 원핵생물들의 침강계수와 일치한다. 세균의 리보솜에 작용하는 항생제는 미토콘드리아나 엽록체에도 작용하여 단백질 합성을 저해할 수 있다. 넷째, 리보솜 RNA의 염기배열이 세균의 것과 유사하다.

6) 생명 진화의 역사

원시의 바다에서 태어난 생명체는 지속적인 진화과정을 통해서 오늘날 다양한 생명체를 만들었다. 그 진화의 과정을 시간적으로 표현하면 어떻게 나타날까?

탐구 활동 2

진화 역사 그리기

지구에 생명체가 출현하고 오늘날과 같이 진화하기까지 매우 오랜 시간이 필요했다. 지구의 역사를 한 눈에 보면 어떤 특징이 있을까? 어떻게 표현하면 지구의 역사를 한 눈에 볼 수 있을까? 진화 역사를 표현할 수 있는 방법을 고안해 보자.

실험 기구 및 재료

- 재료: 지질학적 기록 자료 및 자신이 고안한 것을 표현하기 위한 재료

실험 방법

- (1) 자신이 표현하고 싶은 방식에 맞도록 연대의 비율을 잘 맞춘다.
- (2) 연대를 구분 짓고, 각 시기별 특성을 기록한다.

실험 결과 및 논의

- (1) 학급에서 가장 잘 표현한 산출물은 무엇이고, 어떤 특징이 있는가?
- (2) 지구의 역사를 한 눈으로 보면 어떤 특징을 찾을 수 있는지 말해보자.

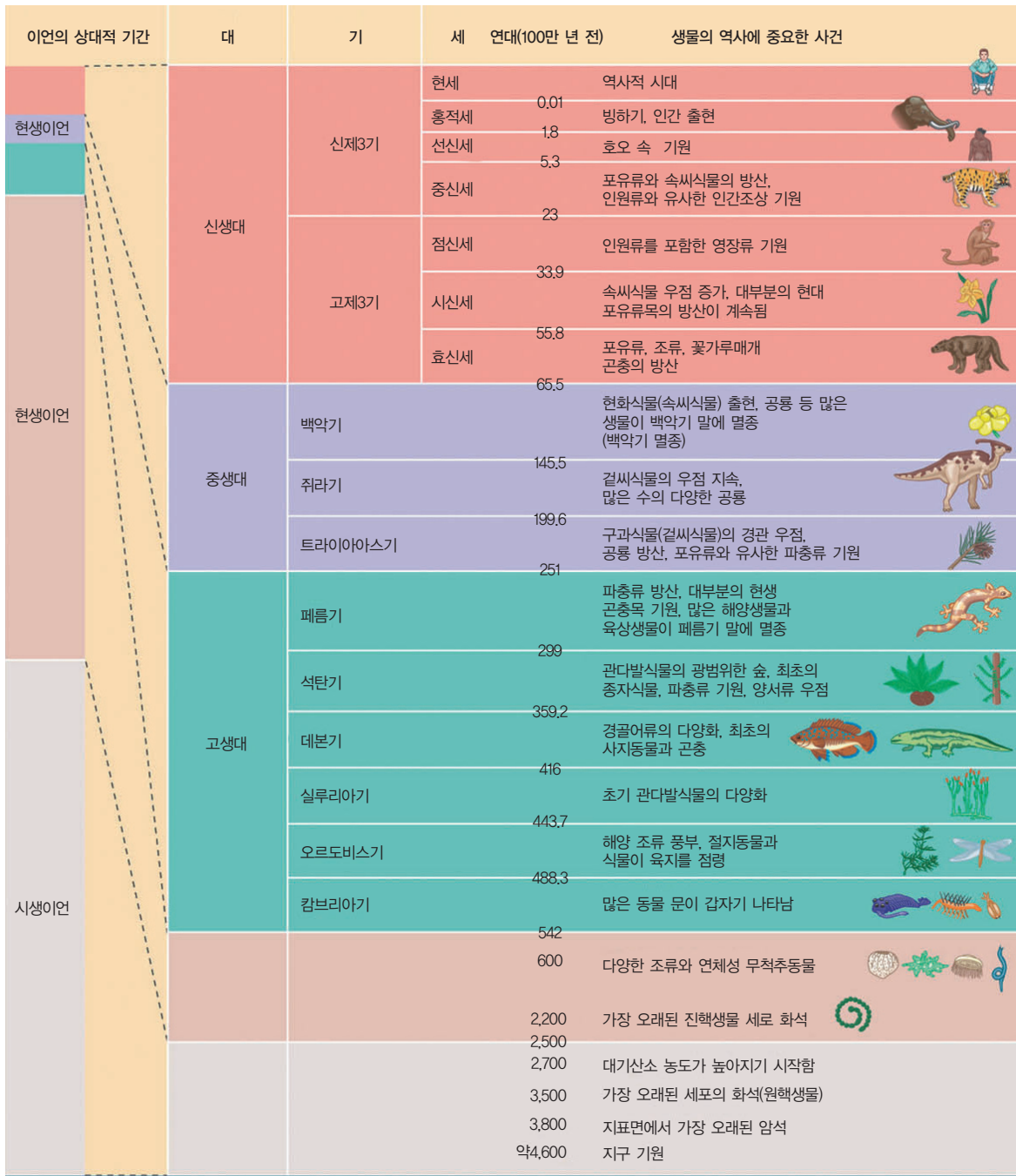
연구 과제

- (1) 지질 역사에서의 환경 변화를 조사해 보자.

진화의 첫 번째 사건은 최초의 생명체의 등장이었다. 그로부터 20억 년 뒤 진핵생물이 출현하였다. 진핵생물은 유성생식을 통해 진화의 속도를 가속화한다.

6억 년 전쯤 생물들은 폭발적으로 진화하였다. 고생대의 전 시대인 선캄브리아기 에디아카라 동물군에서 발견되는 화석들은 운동성이 없는 생물들을 많이 포함하고 있다. 이 동물들은 딱딱한 조직이 없고, 외부와 물질교환을 통해 살아가고 있었다. 그러던 동물들이 갑자기 폭발적으로 진화한다.

캄브리아기에는 현재의 모든 문 분류에 해당하는 동물들이 모습을 드러낸다.



〈그림 V-9〉 지질학적 자료

이 시기의 생물들은 지금은 볼 수 없는 매우 독특한 형태를 가지고 있었다.

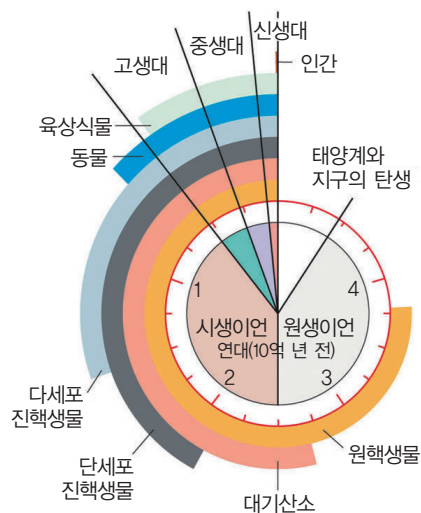
고생대의 데본기에 육상으로 올라온 생물체들은 다양한 진화적 양상을 보였는데, 바다 속의 조류에 의해 생성된 오존층으로 인해 최초의 육상식물이 나타

나게 된 것은 약 4억 년 전이다. 화석기록에서 초기의 관다발식물로 추정되는 리니아(Rhynia)라는 양치식물이 발견된다. 실루리아기에는 유관속 식물의 조상이라고 생각되는 실로피톤(Psilophyton)이라는 고생물이 출현한다. 이 식물은 데본기에 대형 나무 형태인 양치류로 진화한다. 양치식물은 많은 양의 수분을 필요로 한다. 환경의 변화로 습기가 줄어들게 되면서 이런 환경에 적응하는 식물이 등장하는데, 종자양치식물이 바로 그것이다. 이 식물은 석탄기에 번성하다가 페름기에 멸종한다. 석탄기에는 종자양치식물에서 진화된 소철류와 은행나무류가 등장한다. 또한 이 무렵 침엽수의 조상도 등장한다.

최초의 육상동물은 거미와 노래기류와 같은 무척추동물이다. 이 시기에 물속에서는 폐어와 같은 동물이 나타난다. 데본기의 중기에는 유스테노프테론(Eusthenopteron)이라는 발달한 골격과 지느러미를 지닌 어류가 나타난다. 이 물고기는 육상에서도 움직일 수 있게 되고 양서류로 진화한다.

2억 3천만 년 전에서 6천 5백만 년 전까지의 중생대에서 공룡이 번성한다. 약 2억 8천만 년 전의 유파르케리아(Euparkeria)라는 공룡의 직접적인 조상은 거대한 공룡과 익룡 등으로 진화하게 된다. 지구를 군림하던 공룡은 어느 날 대격변을 맞게 된다. 약 6천 5백만 년 전 중생대 백악기 말의 어떤 사건으로 인하여 공룡과 암모나이트는 자취를 감춘다. 이런 생물의 대규모 멸종은 지질시대에 여러 번 존재한다. 고생대 말의 삼엽충류와 방추충의 종류들도 대규모로 멸종한 적이 있다.

공룡이 사라진 이후, 진화의 역사는 포유류에게로 넘어온다. 약 6천 5백만 년 전부터 4만 년 전까지의 신생대는 포유류와 피자식물의 번성시대이다. 포유류의 조상은 중생대에 이미 그 모습을 드러냈다. 약 2억 년 전 포유류의 조상들은 공룡들 속에서 근근이 존재하다가 중생대 말 공룡들의 멸종과 함께 모든 지역에 적응하면서 번성하게 된다. 인류가 지구상에 나타난 것은 극히 최근의 일이다.



〈그림 V-10〉 지구 역사의 핵심 사건을 시계에 비유해 표현할 수 있다.

조사하기

우리나라에서 진화의 흔적을 볼 수 있는 화석과 그 특성을 조사해 보자.

02

생명의 다양성

학·습·목·표

- 물속의 다양한 원생생물을 찾을 수 있다.
- 짚신벌레의 관찰을 통해 원생생물의 특성을 설명할 수 있다.
- 계통수를 통해 다양한 생물들이 특징을 공유하고 있음을 설명할 수 있다.

1) 생명의 다양성

지구상에는 매우 다양한 생명체가 살고 있다. 우리 주변에도 수많은 생물들이 우리가 인식하든 인식하지 못하든 늘 함께 살고 있다. 주변에서 볼 수 있는 생물들은 어떤 것이 있을까?

❖ 원생생물 채집

- 논이나 습지에서 바닥의 물을 찌꺼기와 함께 채집
- 여러 포기의 물품을 비커에 넣고 흔들어 섞어 채집
- 플랑크톤 네트를 이용해 채집
- 물속의 돌을 꺼내어 칫솔로 문질러 채집

❖ 실험 어항의 준비

물을 넣고 한 동안 청소하지 않고 햇빛이 잘 드는 곳에 둔 것을 사용한다.

❖ 콩고레드로 염색된 효모액

50mL의 물에 건조 효모를 1g 정도 넣어 풀고 24시간 놓아 둔 다음, 이것을 가열하여 거의 끓는 온도로 8분간 두었다가 0.1g의 콩고 레드 가루를 넣는다.

탐구 활동 ②

원생생물의 다양성

물은 생명의 근원이다. 물속에는 우리가 생각하지 못하는 세계가 있다. 원생생물은 지구상에 가장 먼저 출현했을 진핵생물이다. 주변에서 찾을 수 있는 원생생물에는 어떤 것이 있을까?

실험 기구 및 재료

- 기구: 현미경, 받침 유리, 덮개 유리, 비커, 스포이트, 어항, 면도날
- 재료: 숨, 짚신벌레 배양액, 메틸셀룰로오스, 콩고 레드 가루

실험 방법-다양한 원생 생물 관찰

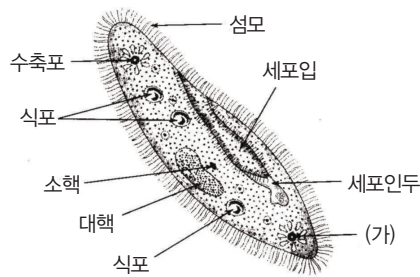
- (1) 면도날을 어항의 유리 벽면에 붙이고, 유리 벽면을 따라 밀면서 유리 벽면에 붙어 있는 원생생물을 채취한다.
- (2) 현미경을 저배율에서 고배율로 높이며 다양한 원생생물을 찾아보자.
- (3) 특정 원생생물을 찾으며, 그 특징이 잘 드러나도록 기록으로 남긴다.

실험 방법-짚신벌레 관찰

- (1) 이쑤시개로 메틸셀룰로오스 용액을 펴서 반침 유리 중앙에 작은 원을 그린다.
- (2) 원 안에 짚신벌레 배양액을 한 방울 떨어뜨리고 덮개 유리를 덮는다.
- (3) 현미경의 저배율로 짚신벌레를 찾은 다음, 서서히 움직이는 짚신벌레를 찾아 고배율로 관찰한다.
- (4) 짚신벌레의 운동 모습, 수축포 활동, 섬모 운동 등을 관찰한다.
- (5) 반침 유리 위에 숨을 조금 떼어 놓고 그 위에 콩고 레드로 염색한 효모액을 조금 떨어뜨린 다음, 짚신벌레 배양액을 한 방울 떨어뜨리고 덮개 유리를 덮는다.
- (6) 현미경으로 관찰하면서 짚신벌레의 섭식운동과 소화과정을 관찰한다.

실험 결과 및 논의

- (1) 짚신벌레의 특징이 잘 드러날 수 있도록 관찰 결과(사진, 그림, 기록 등)를 전시하고 가장 좋은 산출물을 골라보자. 그리고 고른 산출물이 짚신벌레의 어떤 특징을 잘 드러내고 있는지 설명해 보자.



〈그림 V-11〉 짚신벌레의 구조

- (2) 짚신벌레가 효모를 섭취하여 소화하는 과정을 설명해 보자.
- (3) 관찰한 생물 중 원생생물인 것과 아닌 것은 어떻게 구별할 수 있는지 설명해 보자.

연구과제

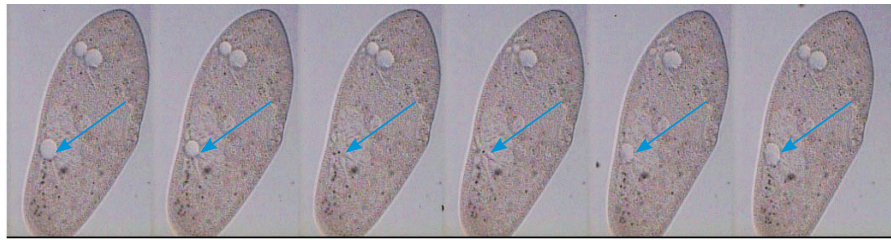
- (1) 다양한 원생생물의 특징이 잘 드러나도록 찍은 사진이나, 그림 등에 원생생물의 특징을 기록하여 전시용 판넬을 제작해 보자.
- (2) 도감을 활용하여 관찰한 원생생물의 이름을 조사해 보자.
- (3) 각종 원생생물이 자유롭게 움직이는 원리에 대해 탐구해 보자.

❖ 수축포의 관찰 방법

수축포를 쉽게 관찰하기 위해서는 짚신벌레의 운동을 최소화시켜야 한다. 이를 위해 메틸셀룰로오스를 사용한다. 또 다른 방법은 덮개 유리와 반침 유리를 압착시키는 것이다. 프레 파라트를 만들고 일정 시간을 두면 물이 마르기 시작하는데 물이 마르면 덮개 유리와 반침 유리가 밀착되어 그 사이에 짚신벌레가 압착된다. 이 상태에서 짚신벌레의 내부 구조를 쉽게 관찰할 수 있다. 하지만 시간이 좀 더 지나면 짚신벌레가 터져 죽기 때문에 관찰하는데 유의해야 한다. 아 상태에서 짚신벌레가 식포를 형성하는 과정도 관찰할 수 있다.

원생생물은 원핵세포와 달리 핵이 핵막으로 둘러싸여 있으며, 미토콘드리아, 소포체, 골지체, 등의 세포 소기관을 가지고 있는 대부분 단세포 되어 있는 진핵 생물이다. 원생생물이라는 분류는 최근 계통학의 발전으로 원생 생물계의 존재가 사라지고 있다.

원생생물은 그 특징을 한두 가지로 설명할 수 없다. 그 이유는 원생생물에 속하는 종은 그 구조와 기능이 다양하기 때문이다. (대부분의 원생생물은 비록 군체이거나 다세포성이 있기는 하지만 단세포 생물이다.) 단세포 원생생물은 간단한 진핵 세포가 아니다. 원생생물은 우리 몸의 세포들 보다 훨씬 복잡한 구조를 가지고 있다. 원생생물은 삼투 조절을 위해 일반적 세포와는 달리 수축포를 가지고 있다.



〈그림 V-12〉 짚신벌레의 수축포 운동

❖ 원생생물계
원생생물의 어떤 종은 다른 원생생물보다 식물, 균류, 동물에 더 가깝다. 이런 이유로 원생 생물계는 폐기되고 있다.

원생생물은 다른 진핵생물보다 다양한 영양방식을 취한다. 일부 원생생물에는 엽록체를 가지는 광독립 영양 생물, 유기물을 섭취하거나 큰 먹이입자를 섭취하는 종속 영양 생물, 이 두 가지 형태가 혼재되어 있는 혼합 영양 생물이 있다.

원생생물의 생활사도 매우 다양하다. 무성생식만 하는 종이 있는 반면에 유성생식을 하거나 감수분열과 유성생식을 하는 과정을 거치는 종도 있다.

조사하기

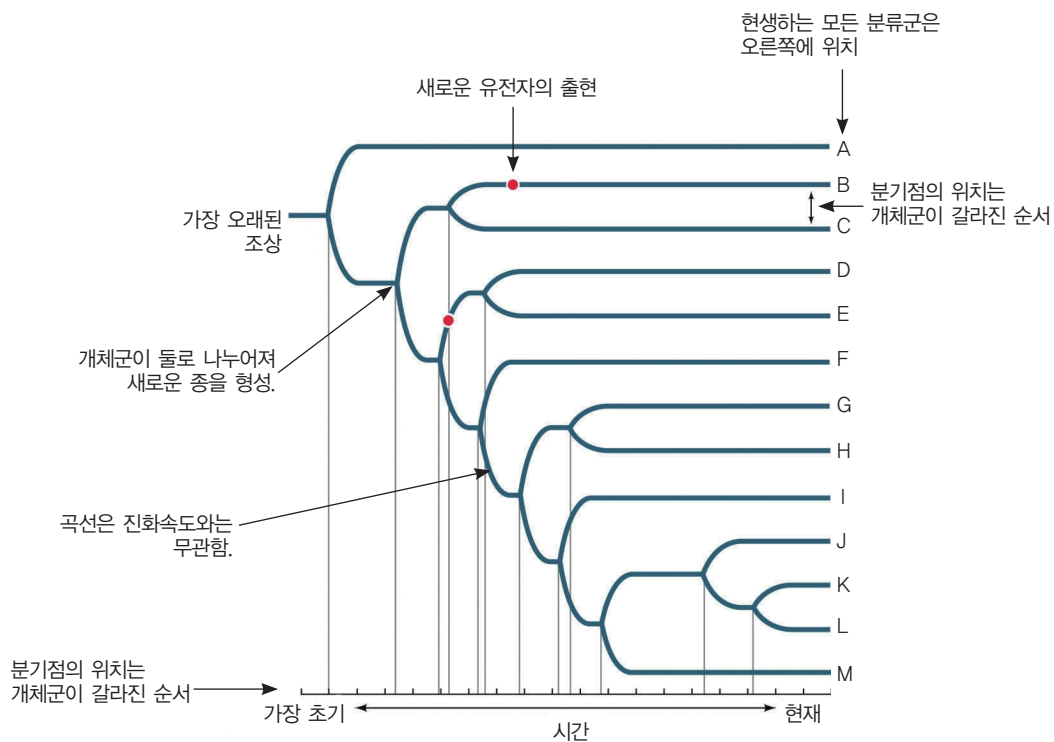
원생생물에 속하는 한 종을 선택하여 생물에 대한 구조, 특성, 생활사 등에 대해 자세히 조사해 보자.

원생생물은 식물, 동물, 균류와 같은 수많은 생물들과 진화적 관련성을 맺고 있다. 이런 관련성을 어떻게 쉽게 볼 수 있을까?

2) 계통수

계통은 공통조상으로부터 내려오는 생물체 집단의 전승을 기록하는 계통분류 학자에 의해 제안된 하나의 가설이다. 계통수는 그 역사를 그려 보는 하나의 방법이다. 그 속에서 하나의 혈통이 각각의 마디나 갈라짐이 종분화 사건을 나타내는 가치를 낸 ‘나무’로서 표현된다. 그래서 계통수는 혈통이 분열된 것을 가정하는 정도를 보여 준다. 계통수를 재구성하기 위해 계통분류학자들은 생물체의 형질의 진화적 변화를 분석한다. 그들은 변형의 대물림이라는 다윈의 기본 생각에 따르는데, 그것은 모든 종은 공통조상으로부터 내려온다는 설명이다.

계통수 속에서 시간은 왼쪽에서 오른쪽으로 흘러간다. 계통수는 생물체 계통 사이의 상대적 분리시기를 보여준다. 그러나 수직 거리는 별다른 의미를 가지지 않는다. 종간의 분리는 특정 형질에 의해 일어난다.



〈그림 V-13〉 계통수의 구조

탐구 활동 4

계통수 그리기

지구상에는 다양한 생물들이 살고 있다. 그리고 그 생물들은 공통의 특징들을 가지고 있다. 그 공통의 특징으로 계통수를 그릴 수 있다. 계통수를 만들면 어떤 것을 알 수 있을까?

자료

〈생물의 특성 자료〉

분류군	파 생 형 질							
	턱	폐	발톱과 손톱	모래 주머니	깃털	털 가죽	젖샘	각질 비늘
먹장어	-	-	-	-	-	-	-	-
농어	+	-	-	-	-	-	-	-
도롱뇽	+	+	-	-	-	-	-	-
도마뱀	+	+	+	-	-	-	-	+
악어	+	+	+	+	-	-	-	+
비둘기	+	+	+	+	+	-	-	+
생쥐	+	+	+	-	-	+	+	-
침팬지	+	+	+	-	-	+	+	-

해석 및 논의

(1) 다음의 자료는 생물들의 형질 특성을 기록한 표이다. 이를 이용해 계통수를 그려보자.

(2) 그려진 계통수에서 알 수 있는 것은 무엇인지 말해보자.

연구과제

(1) 원생생물계의 계통수를 조사해 보고, 각 생물들의 특징에 대해 알아보자.

(2) 다양한 생물군의 계통수를 조사해 그 생물군의 특징에 대해 알아보자.

지구상에는 존재하는 다양한 생명체들은 서로 비슷한 특성을 공유하고 있다. 과학자들은 이런 생물들의 특성을 이용해 분류하고 그 관계를 계통수로 나타낸다. 계통수의 가장 근본적인 가설은 공통조상이 있을 것이라는 것과 그것이 진화했을 것이라는 데 있다. 지금의 계통수는 생물의 외부적인 특성뿐만 아니라 유전자의 관련성을 고려하고 분류하고 있다.

계통수를 구성하는데 있는 과학자들은 최절약원리를 사용한다. 가장 일반적인 형식으로 최절약원리는 관찰된 자료를 설명할 수 있는 가장 간단한 가설을 설정하는 것이다.

생물의 가장 큰 분류군은 계단계이다. 1960년 이전에는 생물을 2계로 생각했으며, 1906년 후반부터 모네라계, 원생생물계, 식물계, 동물계, 균계의 5계 체계가 최근까지 널리 받아들여지고 있었다. 하지만 유전적 자료의 연구를 통해 최근 세균영역, 고세균역, 진핵생물역의 3역이 받아들여지고 있다.

조사하기

2계에서 3역으로 분류 방식이 어떻게 변화되어 왔는지 조사해 보자.

03

진화론의 등장

학·습·목·표

- 진화론이 등장하기까지의 역사적 배경을 찾을 수 있다.
- 다윈의 진화론을 설명할 수 있다.
- 진화론을 지지하는 증거들을 찾아 설명할 수 있다.

진화론은 생물학사에서 가장 위대한 결과물이라고 말할 수 있다. 20세기 생물학뿐만 아니라 사회 문화 전반에 영향을 주었으며, 철학적 변화를 주도했다. 그런데 이런 위대한 업적은 다윈 혼자만의 연구에서 나타난 것이 아니다. 진화론이 대두되기까지 역사적으로 어떤 일들이 있었을까?

탐구 활동 5

다윈의 생애와 사상의 역사적 배경

다윈의 진화론이 대두되는 과정에는 어떤 일들이 있었으며, 그 이론들은 직간접적으로 진화론에 어떤 영향을 주었을까? 역사적 배경은 어떠했을까?

실험 기구 및 재료

- 기구: 컴퓨터, 빔프로젝트, 진화론 배경 자료, 자
- 재료: 각종 필기구, 그림 도구, 전지

실험 방법

- (1) 진화론에 영향을 미친 자료를 수집하고 정리한다.
- (2) 역사적 시기에 따라 한 눈에 잘 알아 볼 수 있는 연대표를 고안하고 제작한다.
- (3) 빔프로젝트나 전시 등을 통해 발표한다.

실험 결과 및 논의

- (1) 다윈의 진화론에 영향을 준 학자들은 누구이며 어떤 영향을 주었는지 알아보자.

(2) 라마르크의 진화 가설은 어떤 역사적 의미를 가지고 있는지 알아보자.

연구과제

(1) 멘델 이후 현대의 진화론까지 진화론의 변천사를 알아보자.

몇몇 그리스 철학자들은 생명체가 시간이 지나면서 점점 변화할 수 있다고 제안했다. 하지만 아리스토텔레스(Aristotle, 384~322 B. C.)는 생명체를 고정된 것으로 바라보았으며, 이는 후대에 오랫동안 영향을 주었다. 생명체가 신에 의해 개별적으로 설계되어 창조되었으며, 그런 만큼 완전하여 변하지 않는다는 생각은 오랫동안 지속되었다.

1700년대 과학자들은 생물들이 자신의 환경에 맞추어 잘 적응하고 있다는 것을 알았지만, 이는 신의 완벽한 설계로 해석되었다. 생물의 분류체계를 확립한 린네 역시 분류체계가 창조된 양상일 것이라고 생각했다. 하지만 분류체계는 결국 진화론의 중요한 역할을 하게 되었다.

지질학자인 허튼과 라이엘은 지구의 지질학적 특징들이 현재와 비슷한 속도로 점진적으로 변한다고 주장하였다. 그들의 주장이 맞는 것이라면 지구의 나이는 성서에 의거한 수천 년으로부터 상당히 늘어나게 된다. 강이 침식되고 계곡이 만들어지고 흙이 퇴적되는 것이 상당히 오랜 시간이 걸렸다면 이런 유사한 과정이 생물에게도 일어날 수 있을 것이라고 과학자들은 생각하기 시작하였다.

라마르크는 현재 살아 있는 종과 화석의 형태를 비교하면서 상대적으로 최근의 화석이 현재의 종과 비슷하다는 사실을 알았고, 종이 변한다는 생각을 하였다. 그는 두 가지 원리로 그의 이론을 설명하였다. 하나는 용불용설로, 잘 사용하는 부위는 강화되고 잘 사용하지 않는 부위는 퇴화된다는 것이었다. 그 예로 기린의 목을 들 수 있는데, 라마르크는 기린의 목이 긴 이유를 높은 가지에 있는 나뭇잎을 먹기 위해 목을 계속 늘이기 위해 노력했기 때문이라고 서술했다. 다른 하나는 획득 형질의 유전인데, 이 원리의 핵심은 후천적으로 얻은 생물적인 특성이 자손에게도 물려진다는 것이다.

라마르크의 생각이 모두 옳은 것은 아니었으나, 최초로 생물의 변화에 대한 체계적인 설명이었다는 점에서 큰 의의를 가진다. 라마르크의 이러한 설명에도 불구하고 생물이 변할 수 있다는 생각이 널리 받아들여지기까지는 많은 시간이 필요했다.

1) 진화론

다윈은 1831년 비글호를 타고 5년간 탐험 여행을 하면서 남미의 여러 지역에 살고 있는 생물들과 화석을 채집하고 관찰하였다. 특히, 갈라파고스 군도의 생물상을 연구하면서 생물이 진화한다는 생각을 갖게 되었다.

다윈은 자연선택 메커니즘으로 진화과정을 설명하고자 하였다. 그는 자신의 주장에 설득력을 부여하기 위해 잘 알려진 식물과 가축의 품종 개량 사례를 논의하였다. 인간은 좋은 형질을 가진 개체들을 오랜 세대 동안 선택하고 교배시키는 인위선택으로 다른 종들을 변화시켰다.

인위선택으로 인하여 조상과 전혀 다른 종이 생겨난다. 그는 인위선택과 비슷한 과정으로 자연선택이 일어날 수 있다는 것을 여러 가지 예를 들어 설명하였다.

또한 다윈은 맬서스의 인구론을 인용하며, 자원의 한계에 의해 인구의 수가 제한될 수 밖에 없는 것처럼 자연에서도 이런 일이 일어난다고 설명하였다. 먹이 자원의 한계, 자손의 과잉생산 등에 의해 생존경쟁이 일어난다는 것이다.

다윈의 자연선택설을 요약하면 다음과 같다.

- 대부분의 생물은 실제 생존할 수 있는 것보다 더 많은 자손을 생산하는 경향이 있으며, 과잉생산된 개체들은 살아남기 위해 경쟁을 하게 된다.
- 대부분의 개체군 내에서 개체들 사이에는 형태나 기능이 조금씩 다른 변이가 존재한다.
- 환경에 보다 잘 적응하는 변이를 가진 개체는 더 높은 확률로 살아남아 더 많은 자손을 낳는다.
- 살아남은 개체의 변이는 자손에게 전달되며 이러한 과정이 오랫동안 계속 되면 생물의 진화가 일어난다.

진화론에서 중요한 점은 자연선택이 개체들에게 일어나지만 진화의 대상은 개체가 아니라 종 자체라는 점, 자손에게 전해지는 형질은 유전되는 형질이며 획득된 형질이 아니라는 점, 환경 요인은 시간과 장소에 따라 변하며 때에 따라 같은 형질에 대해서도 유리할 수도 불리할 수도 있다는 점이다.

다윈의 진화론은 계속해서 진화하고 있다. 현재 모든 생물학 분야에 진화론이 사용되고 있다. 특히 유전자가 발견되면서 진화의 본질에 좀 더 접근할 수 있었으며, 진화의 단위가 개체에서 유전자로 받아들여지고 있다.

그런데 생물이 진화한다는 증거들에는 어떤 것이 있을까?

2) 진화의 증거

생물의 진화에는 시간이 필요하다. 진화는 매우 긴 시간 동안 서서히 일어나기 때문에 그 증거를 쉽게 찾아내기 힘들다. 그렇다면 생물의 진화는 무엇으로 확인할 수 있을까? 진화의 증거들에는 무엇이 있을까?

조사하기

진화의 증거들을 조사해 보자.

(1) 관찰된 증거

일상생활에서도 진화과정은 직접 관찰된다. 예를 들어 신형 독감이 유행하여 많은 사람들이 고통 받기도 하고, 항생제의 과용으로 기존의 항생제에 내성을 가진 슈퍼박테리아가 등장하기도 한다.

구피라는 작은 열대어는 암컷을 유혹하기 위해 화려한 색을 띠고 있다. 하지만 화려한 색은 포식자의 눈에 띌 염려가 커지게 하므로 위험 요인이기도 하다. 그 결과 포식자가 없는 물웅덩이에는 화려한 구피가 많아지고, 포식자가 있는 물웅덩이에는 덜 화려한 색을 가진 구피가 많아진다. 만약 포식자가 많은 물웅덩이에 화려한 구피를 넣으면 어떻게 될까? 시간이 지나면서 구피 개체군은 덜 화려한 색으로 변해 간다. 화려한 색을 가진 어린 개체들은 포식자에게 빨리 먹혀 생식의 기회를 가지지 못하는 것이다.

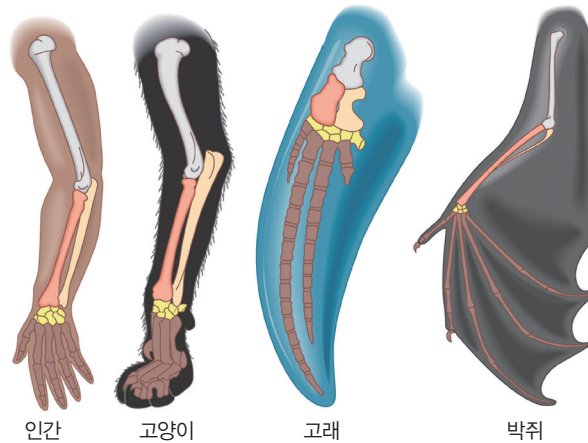
(2) 화석 증거

화석의 기록은 중요한 증거를 제시한다. 화석은 시간에 따라 지구상의 생명체가 어떻게 변화해왔는지의 양상을 설명해 줄뿐만 아니라 다른 증거들로부터 나온 진화에 관한 가설을 검증하는 데 도움을 준다. 예를 들어 양서류가 육상 척추동물의 조상이라는 가설이 맞는다면, 시간적으로 양서류의 화석이 육상 척추동물 화석 이전에 존재해야 한다.

(3) 해부학적 증거

생물의 형태나 구조와 같은 해부학적 특성들을 비교하면 생물이 진화해 온 과정을 알 수 있다. 사람의 팔, 고양이 앞다리, 고래의 가슴지느러미, 박쥐와

새의 날개와 같이 그 기능이 모두 다르지만 해부학적 기본 구조가 같은 기관을 상동기관이라고 한다. 이는 하나의 공통 조상에서 기원했을 것이라는 것을 보여 준다.



〈그림 V-14〉 포유류의 앞다리(팔)의 상동구조

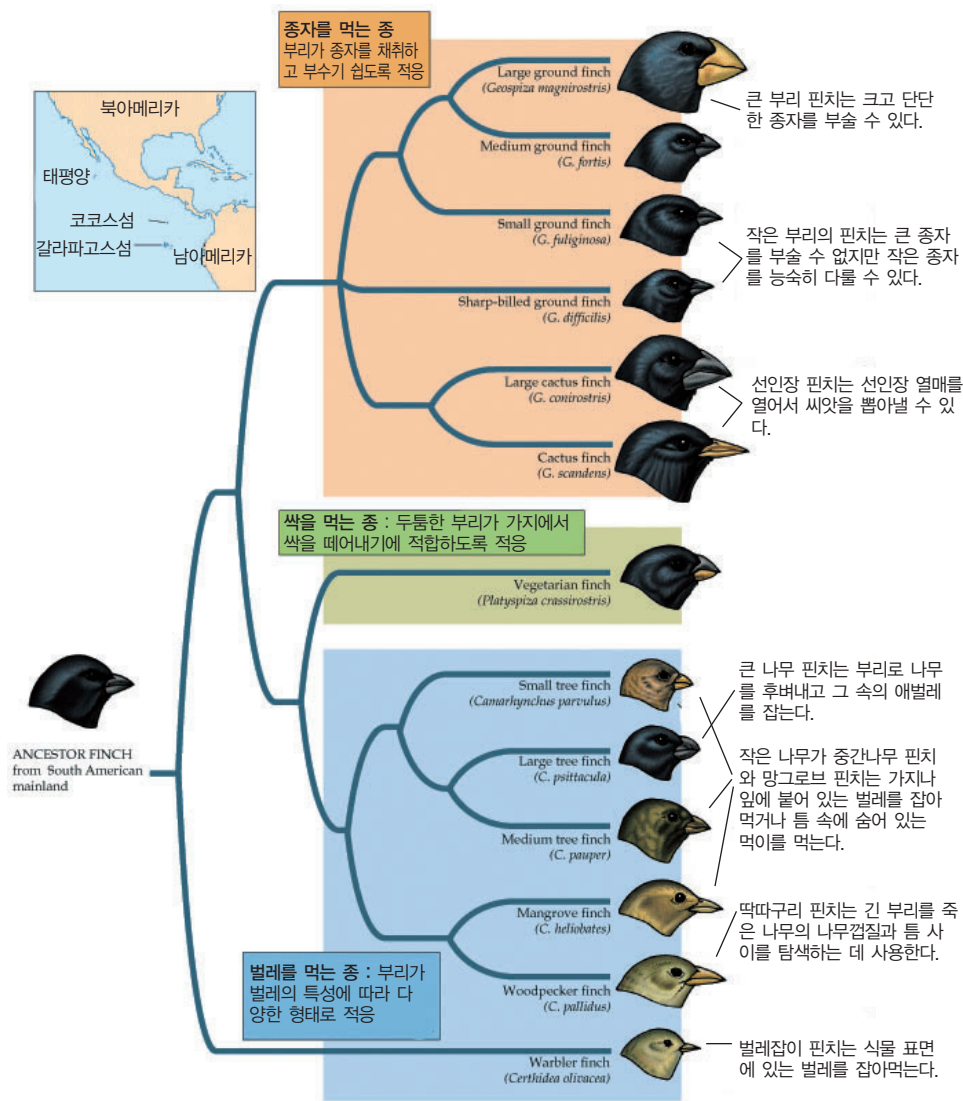
상동기관은 계통적으로 유연관계가 있는 종에서 나타난다. 그러므로 상동성을 이용하면 진화의 계통수를 그릴 수 있다.

반면에 유연관계가 먼 종들이 비슷한 환경에서 비슷한 방식으로 적응할 수도 있다. 새의 날개와 곤충의 날개를 그 예로 들 수 있는데, 같은 기능을 수행하지만 그 기원과 구조가 다른 기관을 상사기관이라고 한다. 상사기관은 하나의 특성으로 수렴 진화한 예이다.

요즘은 생물 정보학의 발전으로 분자를 이용해 유연관계와 진화과정을 밝힐 수 있다. 생물의 형질을 결정하는 유전 정보는 DNA에 존재하고, 이 유전 정보는 A, T, G, C 네 종류의 염기배열을 통해 결정된다. DNA의 유전자는 진화의 단위가 된다. 그러나 유전자 단위에서 상동성과 상사성을 구분하는 것은 쉽지 않다.

(4) 지리적 분포상의 증거

약 2억 5000만 년 전 판게아라는 대륙판이 움직이면서 약 2000만 년 전 비로소 오늘날과 비슷한 대륙 분포가 형성되었다. 그 결과 생물의 분포는 대륙별로 많은 차이점이 나타난다. 오스트레일리아에는 다른 대륙에서는 거의 발견되지 않은 유대류가 서식하고 있으며, 포식자가 없는 환경에서 날지 못하는 독특



〈그림 V-15〉 핀치의 부리

한 새가 발견되었다.

생물의 지리적 분포는 다윈의 진화론에 중요한 증거를 제공하였다. 다윈은 갈라파고스 군도에서 각 섬마다 분포하는 핀치새가 조금씩 다르다는 것을 발견하였다. 갈라파고스 섬은 멀리 떨어져 있는 다른 열대 지역과 환경이 비슷하지만 섬에 서식하는 핀치새들은 남아메리카 대륙의 새들과 계통적으로 더 가까웠다. 다윈은 이를 토대로 남미 대륙에서 이주해 온 새들이 섬에 정착하여 대륙의 새들과는 다른 과정을 거쳐 진화하였다고 결론지었다.

04

집단 유전과 진화

학·습·목·표

- 실험을 통해 하디-바인베르크의 법칙을 설명할 수 있다.
- 하디-바인베르크의 법칙이 가지는 의미를 인식할 수 있다.
- 집단 유전에서 유전자 풀의 변화 요인을 설명할 수 있다.

자연 상태에서 교배가 가능한 개체로 이루어진 무리를 집단이라고 한다. 이 집단의 모든 개체가 가진 유전자 전체를 유전자 풀이라고 한다. 즉 유전자 풀은 한 집단 내에 있는 개체들이 가진 모든 대립 유전자이다. 유전자 풀은 집단의 유전적 특징을 나타내며 집단이 다르면 유전자 풀도 달라진다.

생각하기

한강 수계와 낙동강 수계의 동일한 어류 종은 같은 집단일지 다른 집단일지 생각해 보자.

1908년에 영국의 수학자 하디는 케임브리지 대학에서 유전학자인 퍼넛을 만났다. 퍼넛은 하디에게, 짧고 땅딸막한 손가락의 대립 유전자가 우성이고, 정상 길이 손가락의 대립 유전자가 열성인데도 불구하고 대부분의 영국 사람들이 정상적인 길이의 손가락을 가진 것에 대한 의문을 들려주었다. 왜 우성형질을 가진 사람들이 점점 더 많아지지 않는 것일까?

탐구 활동 6

하디-바인베르크의 법칙

하디-바인베르크의 법칙을 알아보기 위해 작은 구슬을 이용해 실험하고자 한다. 주머니 속 구슬은 유전자가 되고, 색이 다른 구슬은 서로 대립 유전자가 된다. 이 실험을 통해 어떻게 하디-바인베르크의 법칙을 설명할 수 있을까?

실험 기구 및 재료

- 기구: 불투명한 주머니, 두 가지 색 구슬 각각 100개

실험 방법

- (1) 주머니에 100개의 구슬을 넣는다. 이 때 색과 개수를 기록한다.
A: ()색 ()개, a: ()색 ()개,
- (2) 주머니 속을 들여다보지 않고 무작위로 2개를 골라낸다.
- (3) 골라낸 2개의 유전자 형(AA, Aa, aa)을 기록한 후 2개를 다시 주머니 속으로 넣는다.
- (4) 방법 2, 3을 다음 세대인 50개의 개체를 기록할 때까지 계속한다.

실험 결과 및 논의

- (1) 대립 유전자 A의 빈도를 p, 대립 유전자 a의 빈도를 q라고 할 때, $p+q=1$ 이다. 이 실험의 이론값을 구해보자.

부모 세대		자손 세대				
대립 유전자 빈도		유전자형 수			대립 유전자 빈도	
A	a	AA	Aa	aa	A	a

- (2) 실험 결과를 이용해 얻은 자료를 이용해 대립 유전자 빈도를 알아보자.

부모 세대		자손 세대				
대립 유전자 빈도		유전자형 수			대립 유전자 빈도	
A	a	AA	Aa	aa	A	a

- (3) 예상 결과와 실험 결과를 비교하기 위해 통계 분석인 chi-square를 수행하여야 한다. 다음의 결과를 기록하고 분석해 보자.

구분	AA	Aa	aa
관찰 결과(o)			
예상 결과(e)			
분산(o-e) = d			
d^2			
d^2/e			
chi-square(X^2) = $\sum d^2/e$			

자유도(Degree of freedom=2), 유의수준(Level of significance) $p<0.05$

- (4) 골라낸 구슬을 다시 주머니에 넣은 이유는 무엇일지 말해 보자.

(5) 위의 결과들은 하디-바인베르크의 법칙을 따른다고 볼 수 있는지 말해 보자.

(6) 만약 50세대를 거친다면 어떤 결과를 얻을 수 있을 것으로 기대하는지 말해 보자.

연구과제

(1) 컴퓨터 프로그래밍을 통해 하디-바인베르크의 법칙을 검증하는 프로그램을 만들어 보자.

1) 하디-바인베르크 법칙

❖ 멘델 집단 조건

1. 돌연변이가 없어야 한다.
2. 교배가 무작위로 이루어져야 한다.
3. 집단의 크기가 충분히 커야 한다.
4. 개체군 간의 이동이 없어야 한다.
5. 특정한 대립 유전자에 대해 자연선택이 작용하지 않아야 한다.

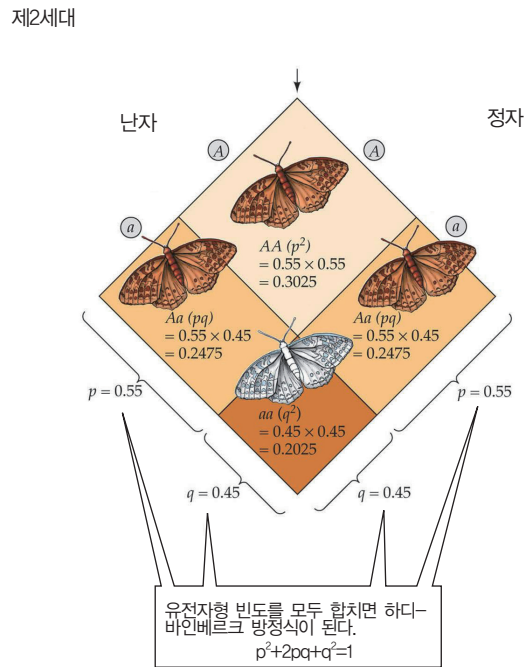
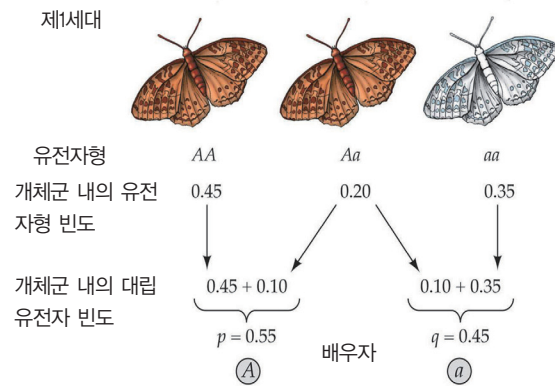
지리적 개체군 내에서 국지적으로 교배가 일어나는 집단을 멘델 집단이라고 한다. 멘델 집단이 되기 위해서는 여러 조건을 만족해야 한다. 이런 조건에서는 두 가지 결과가 나타난다.

하나는 한 유전자에서 대립 유전자의 빈도는 세대를 거치면서 일정하게 유지된다. 둘째는 한 세대 동안 무작위로 교배 후에 유전자형 빈도는 다음의 비율로 유지된다.

유전자형	AA	Aa	aa
빈도	p^2	$2pq$	q^2

다른 방식으로 나타내면, $p^2 + 2pq + q^2 = 1$ 이 된다.

A의 대립 유전자의 빈도(p)가 0.55인 개체군 1세대를 생각해 보자. 개체가 무작위로 배우자를 선택한다고 가정하면, 무작위로 100개의 난자를 선택하면 그 중 55개가 대립 유전자 A가 된다. 당연히 대립 유전자 a의 빈도 q 는 $1-p$ 이므로 q 는 0.45가 된다.



〈그림 V-16〉 하디-바인베르크의 법칙

수정을 할 경우 $(p+q)(p+q)$ 가 되므로

동형접합자가 될 경우

$$p \times p = p^2 = (0.55)^2 = 0.3025$$

$$q \times q = q^2 = (0.45)^2 = 0.2025$$

이형접합자가 될 경우

$$p \times q + p \times q = 2pq = 2 \times (0.55 \times 0.45) = 2 \times (0.2475)$$

하디-바인베르크 법칙은 역설적으로 진화가 일어날 수밖에 없음을 시사한다. 하디-바인베르크 법칙이 성립되는 개체군은 사실상 없기 때문이다. 유전자 풀은 늘 변화한다. 그렇다면 어떤 요인이 유전자 풀을 변화시킬 수 있을까?

2) 유전자 풀의 변화 요인

(1) 돌연변이

돌연변이는 유전물질의 복제과정에서 자연적으로 발생하거나 전자기파, 방사선이나 화학물질 등과 같은 외부적인 요인에 의해 발생한다.

돌연변이는 1개의 염기가 다른 염기로 치환되거나, 1개 또는 그 이상의 염기가 유전자에 삽입 또는 결실되어 일어난다. 이런 돌연변이로 새로운 대립 유전자가 생겨 유전자 풀이 변화한다.

(2) 자연선택

하디-바인베르크의 평형이 유지되기 위해서는 서로 다른 대립 유전자를 가진 개체들의 번식력이나 생존율이 같아야 한다. 그러나 자연선택에 의하여 어떤 유전자를 가진 개체들은 잘 적응하여 많은 자손을 남기고 어떤 개체들은 많은 자손을 남기지 못한다. 그 결과 집단 내의 대립 유전자 빈도가 변하게 된다.

탐구 활동

자연선택과 유전자 풀의 변화

다윈의 자연선택설은 진화론에 가장 기본이 되는 원리이다. 자연선택에 따라 유전자 풀은 어떻게 달라질 수 있을까?

실험 기구 및 재료

- 기구: 전자 저울
- 재료: 콩 100개

실험 방법

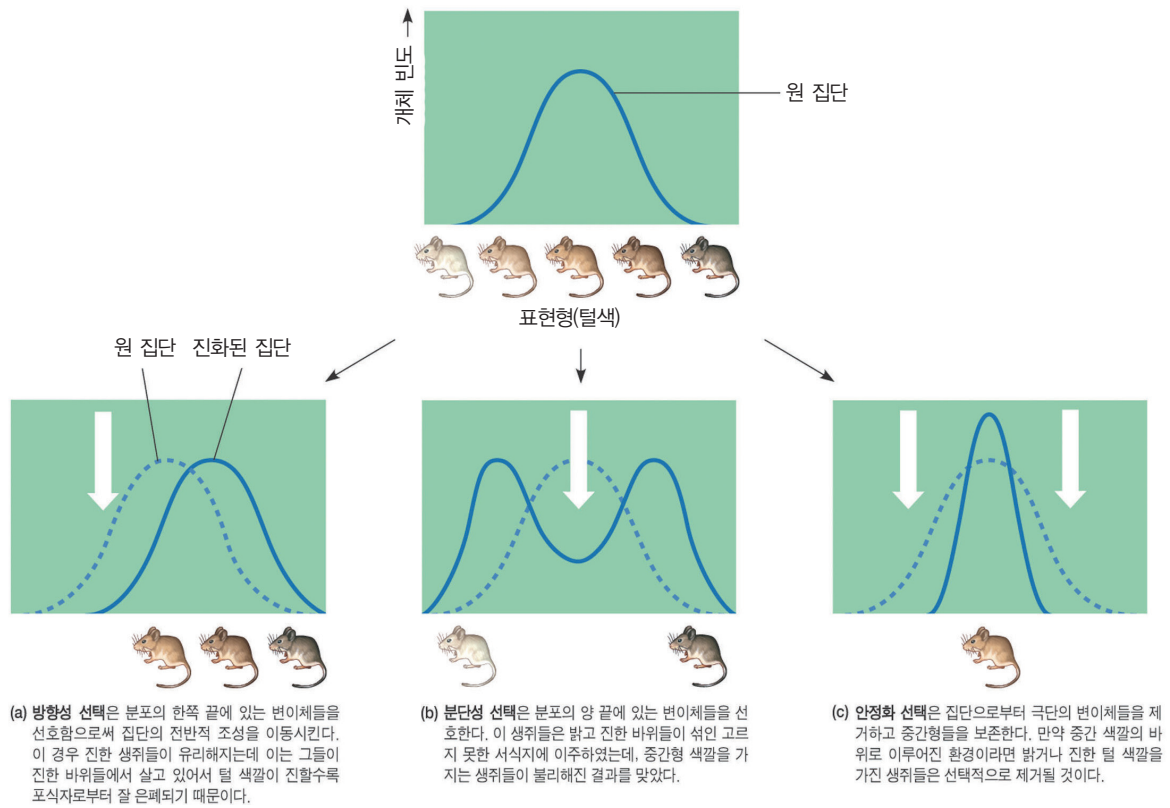
- (1) 전자 저울을 이용해 콩 100개의 무게를 각각 달아 기록한다.
- (2) x축을 무게, y축을 개수로 하는 그래프를 그려보자.

실험 결과 및 논의

- (1) 콩의 무게 분포가 어떻게 나타나는지 말해보자.
- (2) 만약 사람들이 인위적으로 무게가 나가는 콩만을 선별한다면 분포곡선은 어떻게 변하게 되는지 말해보자.

연구과제

(1) 자연선택에 의한 진화의 예를 찾아보자.



〈그림 V-17〉 자연선택

자연선택은 선택압이 어떻게 작용하는가에 따라 안정화 선택, 방향성 선택, 분단성 선택으로 나타난다.

안정화 선택은 중간 정도의 형질을 선호하는 선택이다. 그 예로 신생아의 몸무게를 들 수 있다. 사람의 출생 시 몸무게는 너무 많이 나가도 출산하기 어렵고, 너무 적어도 태어난 후 생존하기 어렵다. 그 결과 태어나는 아이들의 무게는 평균에 많이 몰려 있다.

방향성 선택은 분포의 한 쪽 끝에 있는 형질을 선호하는 선택이다. 예를 들어 극지방에 사는 북극토끼의 경우 털이 희면 흰수록 포식자의 눈에 띄지 않는다. 따라서 북극토끼는 흰 털을 갖게 되었다.

분단성 선택은 분포의 중간형이 아닌 양 극단에 있는 개체들이 선호되는 선

택이다. 그 예로 카메룬의 핀치새를 들 수 있다. 작은 부리의 새는 작고 부드러운 씨앗을 쪼아 먹고 살며 큰 부리의 새는 딱딱한 씨앗을 먹는다. 중간 부리의 새는 두 씨앗 중 무엇도 제대로 먹을 수 없다.

3) 유전적 부동

집단의 크기가 작을 때 집단의 유전자 풀이 우연에 의해 변하는 현상이 나타날 수 있다. 이를 유전적 부동이라고 한다. 유전적 부동에는 병목 효과와 창시자 효과가 있다.

탐구 활동 8

유전적 부동과 유전자 풀의 변화

유전적 부동은 대립 유전자의 빈도를 변화시킨다. 동전을 던져 앞면이 나올 확률은 50%이지만, 10번을 연달아 던졌을 때에도 정확히 앞면이 5번 나오기는 어렵다. 앞면이 나올 확률이 50%라는 것은 수백 번, 수천 번 정도 충분히 많은 횟수만큼 던져야 알 수 있다. 이 실험을 통해 병목 효과와 창시자 효과에 대해 알아보자. 이 두 효과는 대립 유전자의 빈도를 어떻게 변화시키는가?

실험 기구 및 재료

- 기구: 불투명한 주머니, 컴퓨터 혹은 전자계산기
- 재료: 두 종류의 색 구슬 100개

실험 방법

- (1) 주머니에 각각 50개의 다른 색 구슬을 넣는다.
- (2) 구슬 2개씩을 5번 꺼내 1세대의 유전자형을 기록하고 대립 유전자의 빈도를 기록한다.
- (3) 1세대의 결과를 바탕으로 기대되는 유전자형 빈도를 계산하여 기록한다.
- (4) 1세대의 대립 유전자 빈도에 따라 다시 주머니에 50개체에 해당하는 구슬을 넣는다.
- (5) 각각의 세대 결과를 바탕으로 새로운 유전자 풀을 만들어 실험한다. 만약 하나의 대립 유전자로 고정되면 실험을 끝마쳐도 된다.

실험 결과 및 논의

- (1) 실험 결과를 다음의 표에 기록하자.

세대	실험 결과					기대되는 유전자형 빈도		
	유전자형 빈도			대립 유전자 빈도				
	AA	Aa	aa	A(p)	a(q)	p ²	2pq	q ²
0	—	—	—	0.5	0.5	0.25	0.50	0.25
1								
2								
3								
4								
5								
6								
7								
8								
9								
10								

(2) 얼마나 많은 세대를 거쳤는지 말해 보자.

(3) 각각 대립 유전자의 빈도 p 와 q 가 세대에 따라 어떻게 변했는지 그래프를 그려보자.

(4) 두 대립 유전자 중 하나만 남았다면 그 과정에 어떤 작용이 일어났는지 말해보자.

(5) 다른 조와 결과를 비교해 보자. 어떤 차이점이 있는지 말해보고, 그 이유를 설명해 보자.

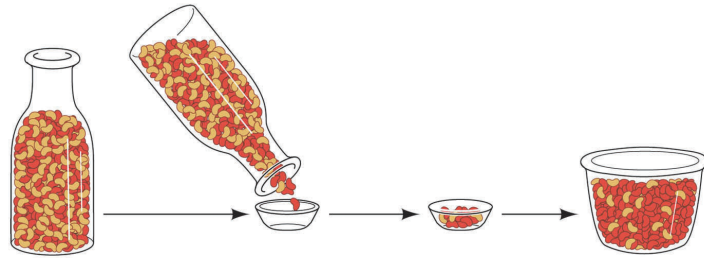
연구과제

(1) 유전적 부동의 예를 찾아 설명해 보자.

(2) 실험을 시뮬레이션 할 수 있는 프로그램을 컴퓨터로 설계해 보자.

(3) 창시자 효과에 관련된 실험을 구상해 보자.

병목 효과는 홍수, 산불, 질병 등의 자연 재해로 인해 집단의 크기가 급격히 줄어들면서 나타난다. 본래 집단이 다양한 대립 유전자를 갖고 있었어도 재난을 거치면서 특정 대립 유전자들이 사라질 수 있다. 1890년 미국 북부 바다코끼리는 남획으로 거의 멸종의 위기에 몰렸다. 미국 정부의 보존 노력으로 개체 수는 3만 마리로 다시 증가되었지만 유전적 다양성은 매우 낮다.



〈그림 V-18〉 병목 효과

창시자 효과는 집단의 일부가 모집단에서 떨어져 나와 다른 곳에 정착하게 되는 경우 나타난다. 새 집단의 유전자 풀은 모집단과 매우 달라진다.

4) 이주와 격리

방사를 통해 한강 수계에 낙동강 수계에서 서식하는 쉬리를 풀어 놓으면 기존의 유전자 풀이 변하게 된다. 강에 사는 같은 종의 물고기라도 서식지에 따라 유전자 풀은 다르기 때문이다.

산맥, 협곡, 강 등으로 서식지가 분리되어 오랜 시간이 지나면 초기에 동일한 유전자 풀을 가지고 있었다고 할지라도 유전자 풀이 여러 조건에 따라 바뀔 수 있어 시간이 지나면 각 집단은 교배가 불가능한 상태가 될 수 있다. 이를 생식적 격리라고 한다. 생식적 격리가 생기면 각 집단 사이에 생식이 불가능해져 서로 다른 종으로 분화하게 된다.

조사하기

1. 유전자 풀의 변화와 관련된 예를 조사해 보자.
2. 실질적으로 무작위적인 교배는 이루어지지 않는다. 동물은 우수한 형질의 짝을 고르는 데에 매우 발달해 있다. 이를 성선택이라고 한다. 성선택에 대해 알아보자.

05

인류의 진화

학·습·목·표

- 계통분석을 위한 프로그램을 설명할 수 있다.
- 유전정보를 찾을 수 있다.
- 인류의 진화과정을 설명할 수 있다.

인류는 어디에서 시작되었을까? 인간은 현존하는 다른 종 중 어느 종과 가장 가까운가? 이러한 물음은 생물학에 조금만 관심이 있는 사람이라면 한번쯤 품어봤을 것이다. 인류의 진화에 관하여 연구하는 학자들 역시 1990년대부터 이러한 물음에 대한 답을 얻기 위하여 꾸준히 노력해 오고 있다. 1990년대 이후 분자 생물학이 발달하면서 세포에서 DNA를 직접 추출하고 PCR이나 염기서열 분석기법 등을 통하여 DNA 분자의 직접적인 염기서열을 얻을 수 있게 되면서 이에 대한 실마리가 조금씩 풀려가고 있다.

현생 인류의 기원에 대한 가설은 대표적으로 두 가지가 있는데, 다지역 가설과 아프리카 기원 가설이 그것이다. 다지역 가설은 지구상의 여러 지역에 존재하던 고전적인 인류 진화군이 개별적으로 현대의 인류로 진화했다는 가설이며, 아프리카 기원 가설은 아프리카에서 현대의 인류 집단이 나타났으며 이 집단이 세계로 퍼져나가 현재의 인류 집단을 만들었다는 가설이다.

미토콘드리아와 같은 세포 소기관들은 모체의 난자로부터 유래한다. 그러므로 우리 몸 안에 있는 모든 미토콘드리아는 어머니로부터 물려받은 것이다. 이에 착안하여 미토콘드리아 DNA를 계속 거슬러 올라가며 현존 인류의 가계도를 추정하여 밝힌 가상의 공통조상을 ‘미토콘드리아 이브’라 부른다.

탐구 활동의

MEGA프로그램을 이용한 미토콘드리아 이브 찾기

MEGA프로그램을 이용해 미토콘드리아의 이브를 찾아보자. 인류의 조상은 어디에서 온 것일까?

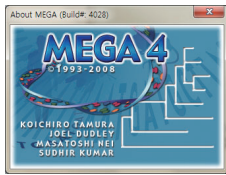
실험 기구 및 재료

- 기구: 컴퓨터(인터넷 연결)

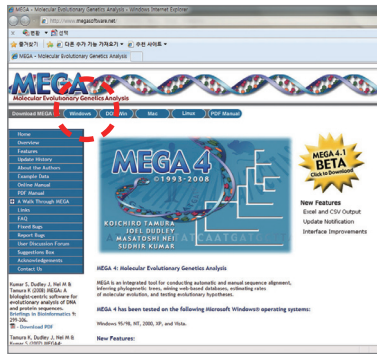
MEGA 프로그램 설치

- (1) <http://www.megasoftware.net>에 접속하여 홈페이지 상단의 Download MEGA 탭 Windows를 클릭한다.

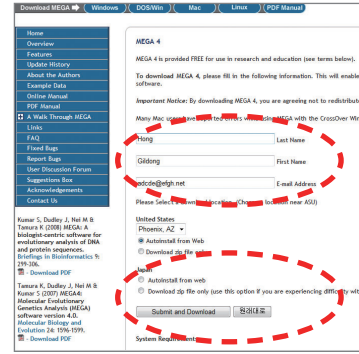
❖ MEGA프로그램이란?



〈그림 V-19〉 MEGA Molecular Evolutionary Genetics Analysis, 실험을 통하여 얻어진 DNA와 단백질 서열을 이용하여 진화적 분석을 수행하는 프로그램이다. 다른 분석 프로그램과 달리 대부분 GUI(Graphic User Interface)로 이루어져 있어 사용이 편리하다.



〈그림 V-20〉 과정 1

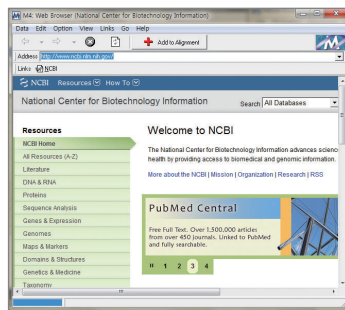


〈그림 V-21〉 과정 2

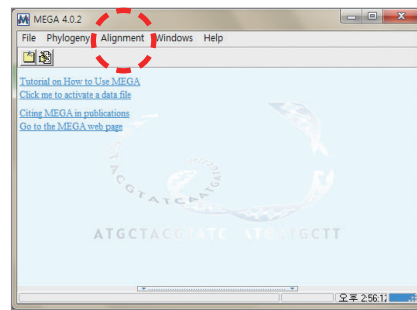
- (2) 다운로드를 받고자 하는 사람의 이름을 입력한 뒤 Submit and Download 버튼을 클릭한 후 MEGA를 다운받아 설치한다. 프로그램은 무료이다.

실험 방법

- (1) <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>의 NCBI 사이트 접속하거나, MEGA의 메인 창에서 Alignment 탭을 클릭한 후 Show Web Browser를 클릭하여 NCBI에 접속한다. MEGA program은 Show Web Browser 클릭 시 자동으로 NCBI 메인 창으로 연결하여 준다.

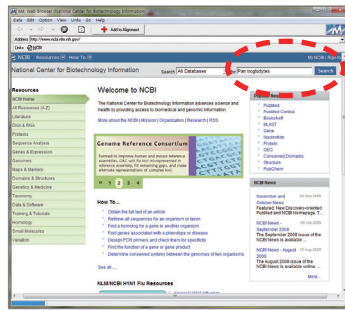


〈그림 V-22〉 NCBI 메인 화면

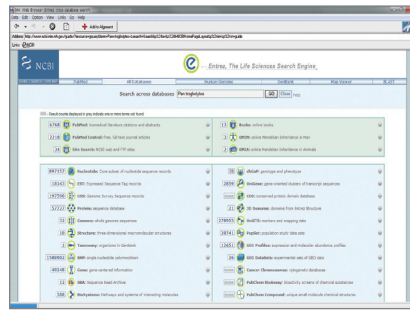


〈그림 V-23〉 과정 1

(2) NCBI에 연결이 되었으면, 염기서열을 검색한다. 예를 들어 침팬지의 미토콘드리아 염기서열을 획득하고자 할 때에는 침팬지의 학명인 *Pan troglodytes*를 입력한 후 Search를 클릭한다. Search를 클릭하게 되면 침팬지(*Pan troglodytes*)의 NCBI Database 안의 모든 정보들이 검색된다.



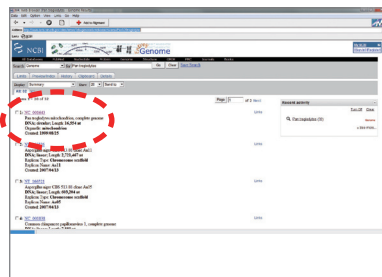
〈그림 V-24〉 과정 2(학명으로 유전자 찾기)



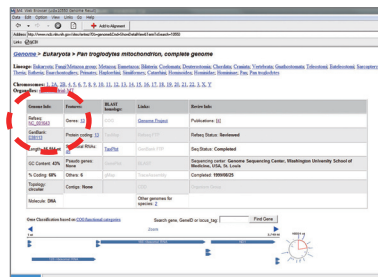
〈그림 V-25〉 과정 2의 검색 결과

❖ NCBI(미국국립생물정보센터)는 1988년 설립되었다. DNA 및 단백질의 서열 데이터베이스인 GenBank 및 입력한 DNA 또는 단백질의 서열에 대한 유사성을 검색할 수 있는 Blast 등으로 이루어져 있다. 현재 가장 보편적으로 쓰이는 데이터베이스이다.

(3) PubMed의 경우 침팬지와 관련된 논문이 검색되며 아래의 Nucleotide Genome 등에는 침팬지와 관련된 DNA 염기서열들이 검색된다. 이번 과정의 목표인 미토콘드리아 염기서열을 획득하기 위해 우리는 〈Genome〉 아이콘을 클릭한다. 〈Genome〉 아이콘 앞의 32라는 숫자는 침팬지와 관련된 〈Genome〉의 수가 32개라는 것을 의미한다. 〈Genome〉아이콘을 클릭하게 되면, 우리가 획득하고자 하는 미토콘드리아의 게놈 뿐만 아니라 염색체 게놈까지 입력이 되어 있는 것을 확인할 수 있다. 이 중 침팬지의 미토콘드리아 전체 게놈인 NC_001643을 클릭한다.



〈그림 V-26〉 과정 3 유전자 검색과정 2

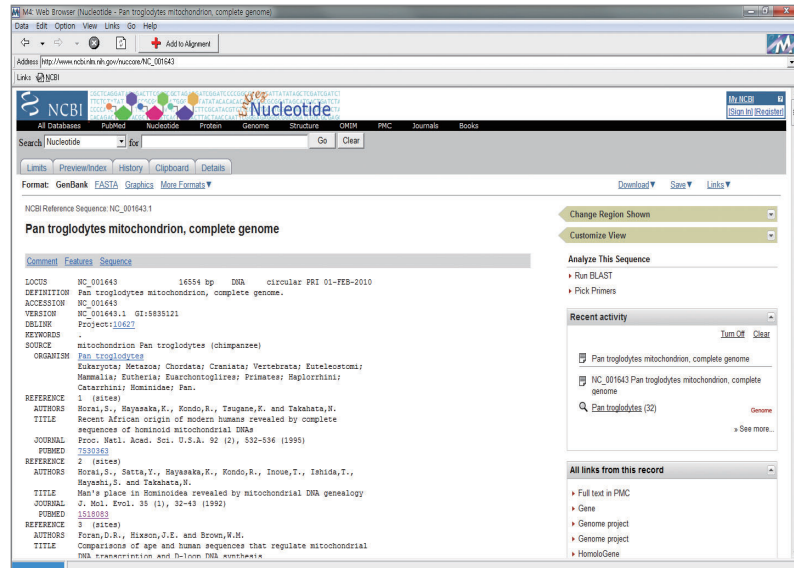


〈그림 V-27〉 과정 3의 검색 결과

(4) 이어지는 창에서도 다시 한 번 더 NC_001643을 클릭한다.

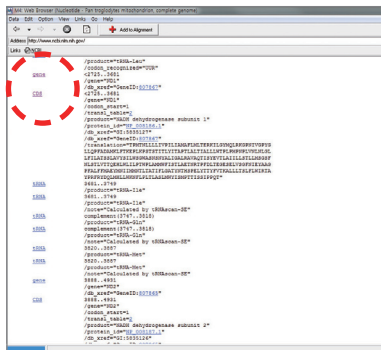
❖ 침팬지 유전자가 필요한 이유
유전자의 비교를 위해서는 대조구가 될 수 있는 그룹이 필요하다.

- (5) NC_001643을 클릭하게 되면 침팬지(*Pan troglodytes*)의 미토콘드리아 전체 염기서열이 나오게 된다. NCBI data base에서 염기서열은 각각의 유전자별로 나뉘어져 있다. 미토콘드리아 유전자의 경우 13개의 단백질 유전자와, 22개의 tRNA 유전자 그리고 2개의 rRNA 그리고 하나의 번역되지 않는 Control region으로 이루어져 있다. 이 각각의 유전자는 유전자 종류에 따라 tRNA, rRNA, Gene 등으로 표시된다.

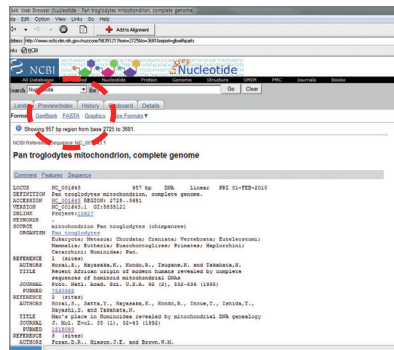


〈그림 V-28〉 침팬지의 미토콘드리아 게놈

- (6) 미토콘드리아 이브를 찾기 위한 연구(Ingman et al., 2000)에서는 전체 유전자에서 Control region을 제외한 나머지 영역을 모두 이용하였다. 하지만 이 실험에서는 미토콘드리아 유전자 중 ND1(NADH dehydrogenase subunit 1)유전자만을 이용하기로 한다. 계통분석을 위한 유전자를 선택하는 것은 매우 신중해야 하며, 또한 매우 중요한 일이다. 계통분석에 잘못된 유전자를 사용할 경우 사실과는 다른 결과가 도출될 수 있다.
- (7) 위 화면에서 아래로 드래그하게 되면, 몇 개의 tRNA 이후에 ND1 유전자가 존재한다. ND1 유전자의 왼쪽의 gene 또는 CDS를 클릭하게 되면, ND1 유전자만을 확인 할 수 있다. 이 후 다시 뜬 화면에서 Format 탭의 〈FASTA〉를 클릭한다.

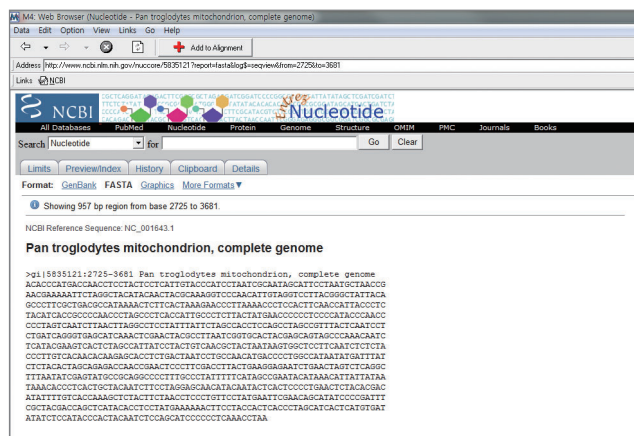


〈그림 V-29〉 침팬지의 ND1 유전자 검색



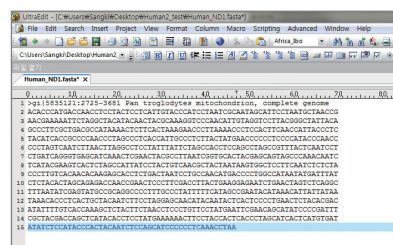
〈그림 V-30〉 과정 7~8

(8) Format 탭의 〈FASTA〉를 클릭한다. FASTA를 클릭하게 되면 ND1 유전자의 DNA 염기서열 만이 나타난다. 나타난 DNA 염기서열을 > 이후의 것을 드래그 하여 마우스 오른쪽 클릭을 한 뒤 복사를 한다.

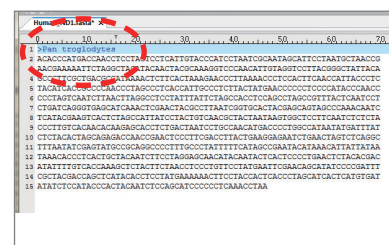


〈그림 V-31〉 미토콘드리아에 존재하는 ND1 유전자

(9) 검색한 염기서열을 FASTA 형태로 저장한다.
(10) 이후에 내용을 알아보기 쉽게 > 이후를 Pan troglodytes로 수정한다.



〈그림 V-32〉 과정 9



〈그림 V-33〉 과정 10

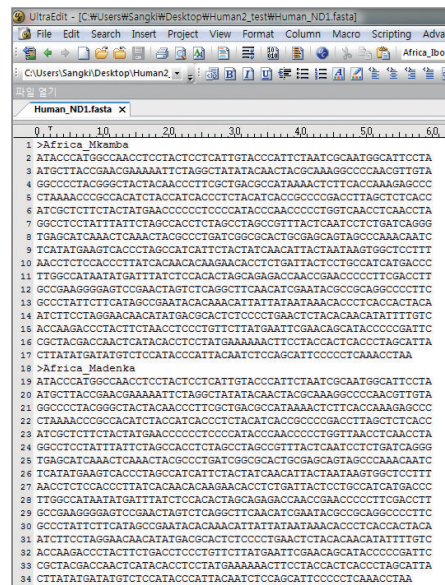
❖ FASTA 형태
염기서열의 분석을 위한 저장형태로서 각 개체의 염기서열을 > 표시로 구분한다. 검색한 염기서열을 메모장을 연 다음에 Ctrl+v를 하여 붙여 넣는다.

- (11) 위의 과정을 반복하여 미토콘드리아 이브를 찾기 위한 나머지 종과 인간 개체의 미토콘드리아 DNA의 ND1 유전자를 다운받아 FASTA 형태로 저장한다. 단, 검색을 빠르게 하기 위하여 나머지 개체들의 GenBank accession number는 아래의 표에 나타내었다. 사람(Homo sapiens)의 경우 검색창에서 GenBank accession number를 입력한 후 검색 결과 창에서 Nucleotide를 클릭하는 것 이외에는 모든 과정이 동일하다. 메모장에 아래표의 아프리카를 비롯한 다양한 지역 사람들의 미토콘드리아 ND1 유전자를 저장한다.

〈표 V-1〉 분석대상 인간의 Mitochondrial Genome GenBank accession number

Species (Homo sapiens)		GenBank accession number
아프리카	Mkamba	AF347000
아프리카	Madenka	AF346995
아프리카	Ibo	F346986
아프리카	Kikuyu	AF346992
아프리카	San	AF347008
아메리카(North)	Native_American	AY195748
아메리카(South)	Guarani	AF346984
아시아	Chinese	AF346972
아시아	Japanese	AF346989
아시아	Korean	AF346993
아시아	Vietnam	DQ981470
오스트레일리아	Aborigine	AF346963
유럽	France	AF346981
유럽	Italy	AF346988

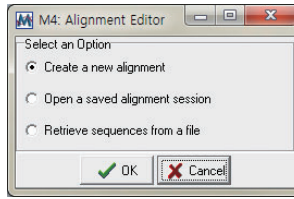
- (12) 검색한 모든 염기서열을 FASTA 형태로 만든 후 Human_ND1.txt이름으로 저장한다.



〈그림 V-34〉 과정 11

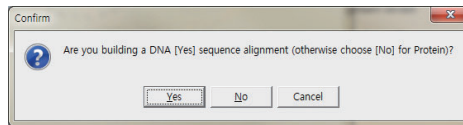
(13) 염기서열의 정렬 및 MEGA form으로의 전환.

(13-1) 저장한 염기서열을 Align 과정을 통하여 재정렬한다. MEGA의 메인 창에서 Alignment 탭을 클릭한 뒤 Alignment Explorer /CLUSTAL을 클릭한다. 그러면 Alignment Editor라는 창이 뜨게 된다. Create a new alignment를 체크하고 OK 버튼을 클릭한다.



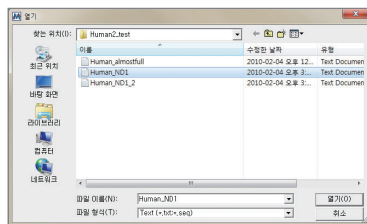
〈그림 V-35〉 과정 13-1

(13-2) 이 후 DNA 염기서열인지 아미노산서열인지 묻는 창에서 우리가 분석하려는 Data는 DNA 염기서열이므로 Yes를 클릭한다.

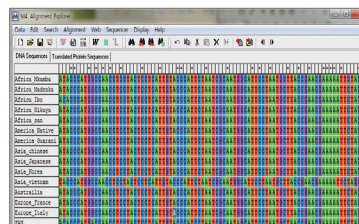


〈그림 V-36〉 과정 13-2

(13-3) Alignment Explorer창이 새롭게 뜨고, 위의 여러 메뉴 중 Edit 탭을 클릭한 후 Insert Sequence from file을 클릭하여 저장한 미토콘드리아 ND1파일을 불러들인다. 그러면 DNA 염기서열이 차례대로 화면에 보이게 된다. 왼쪽 칼럼에는 유전자의 이름이 그리고 그 종이 가진 유전자가 한 줄로 늘어선다.

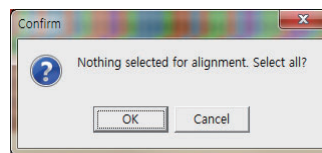


〈그림 V-37〉 과정 13-3 파일 삽입하기



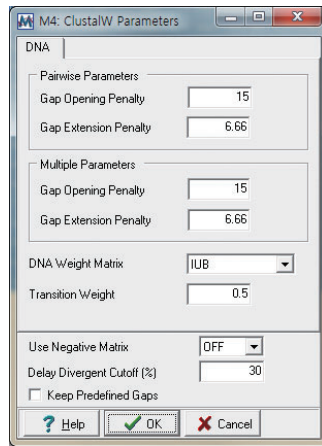
〈그림 V-38〉 과정 13-3 Alignment된 모습

(13-4) Alignment 탭에서 Align by clustal W를 클릭한다. 이후 나오는 창에서 select all이 나오면 YES를 클릭한다.

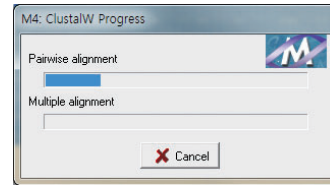


〈그림 V-39〉 과정 13-4

(13-5) Clustal W parameter 창이 나오게 되는데 기본 값으로 두고 OK를 클릭한다.

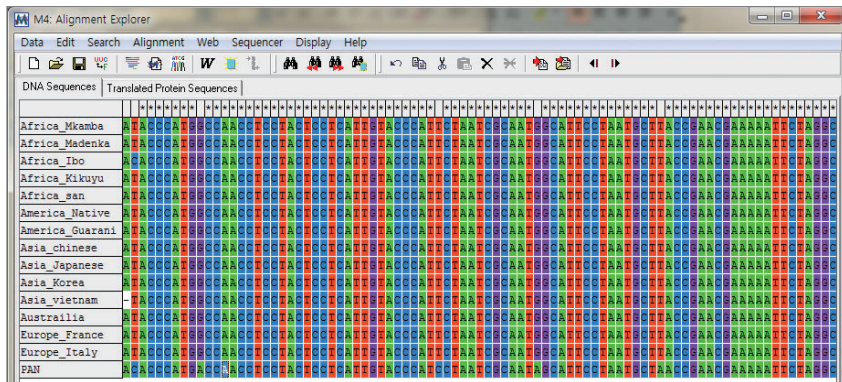


〈그림 V-40〉 과정 13-5



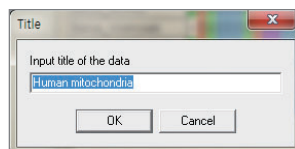
〈그림 V-41〉 과정 13-6

(13-6) MEGA 프로그램은 Align(정렬)과정을 수행하게 된다.

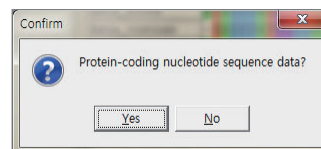


〈그림 V-42〉 과정 13-6 결과 정렬된 유전자

(13-7) 정렬이 수행된 염기서열을 확인하여 보면 흐트러져 있던 염기서열들이 동일한 염기끼리 뭉쳐 있는 것을 확인할 수 있다. 이 후 정렬이 수행된 미토콘드리아 ND1 염기서열을 저장한다. 저장을 위하여 DATA 탭을 클릭한 후 Export Alignment - MEGA format을 클릭한다. Human_ND1.meg 로 저장한다. 이 후 나오는 Title 입력창에는 Human mitochondria라고 입력하고, 이 후 나오는 단백질 번역 유전자인지 묻는 질문에 YES를 클릭한다.

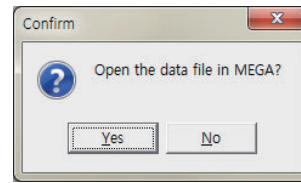


〈그림 V-43〉 과정 13-7



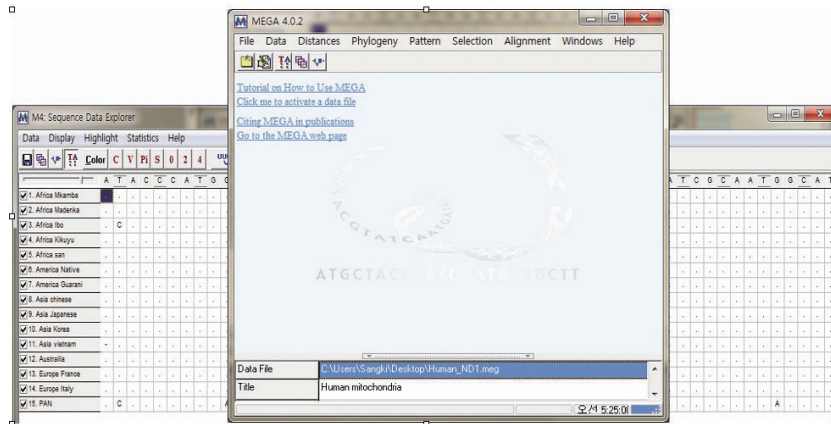
〈그림 V-44〉 과정 13-7

- (13-8) Alignment Explorer 창을 닫는다.
창을 닫고 나면 MEGA 프로그램에서 저장한 파일을 열 것인지 묻게 되는데, 이때 YES를 클릭한다.



〈그림 V-45〉 과정 13-8

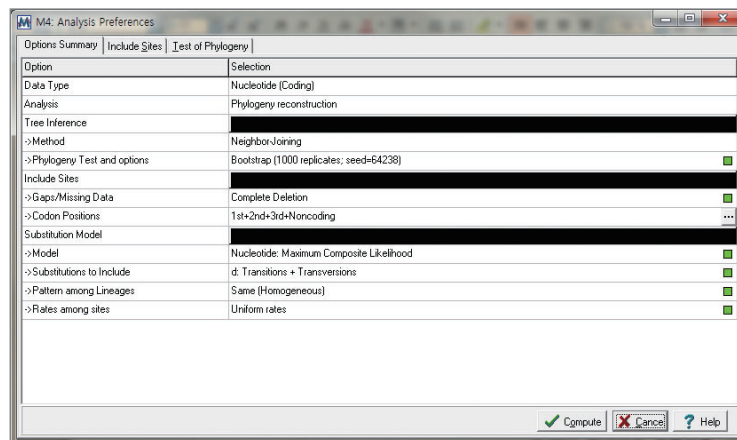
- (13-9) 저장한 DATA 파일을 열게 되면 MEGA 프로그램 메인창과 Sequence Data explorer 창이 동시에 뜨게 된다.



〈그림 V-46〉 과정 13-9

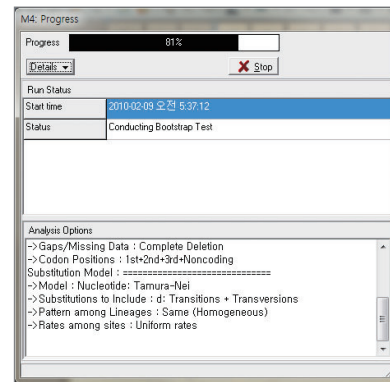
- (14) 염기서열 정보를 이용한 계통수 그리기

- (14-1) DATA를 이용하여 사람 미토콘드리아 ND1 유전자의 계통수를 그린다. 메인창에서 Phylogeny 탭을 클릭한 후 Bootstrap Test of phylogeny - Neighbor joining을 클릭한다.



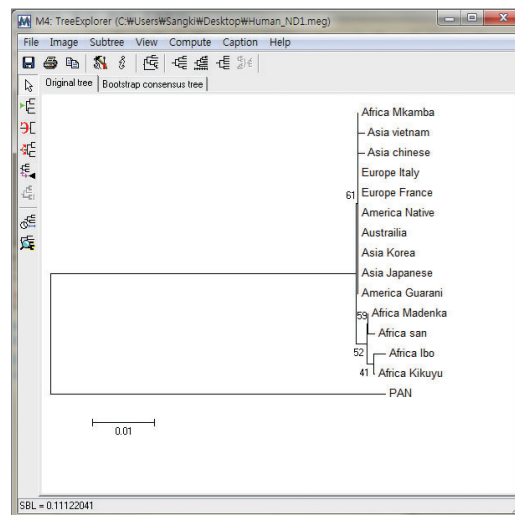
〈그림 V-47〉 과정 14-1

(14-2) 나머지 값은 그대로 두고 Model tap을 클릭 - Nucleotide - Tamura-nei를 선택한 후 COMPUTE를 클릭한다.



〈그림 V-48〉 과정 14-2

(14-3) MEGA 프로그램은 MODEL을 바탕으로 계통수를 작성하고, 작성된 계통수를 보여준다.



〈그림 V-49〉 과정 14-3

실험 결과 및 논의

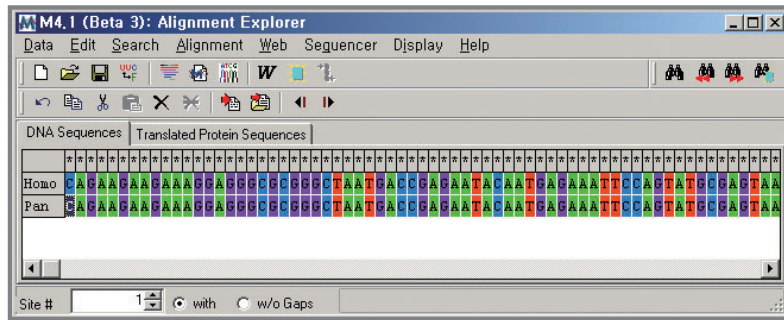
(1) 이 실험 결과 만들어진 계통수는 어떤 가설을 지지하는지 말해보자.

(2) 이 실험 결과가 가지는 한계는 무엇인지 말해보자.

연구과제

1. 자신이 관심 있는 주제를 설정하고 유전자를 찾아 분석해보자.

인류는 약 400~800만 년 전 사이에 인류와 유인원의 공통조상에서 갈라져 나와 진화했을 것이라고 추정하고 있다. 인류의 조상은 300만 년 전 살았던 오스트랄로피테쿠스로 키가 1~1.5 m 정도였을 것으로 추정된다. 사람과에 속하는 최초의 화석 인류는 약 200만 년 전 살았던 호모하빌리스이다. 이들은 뇌용량이 평균 650 mL 정도였다. 그 후 현대인에 가까운 호모에렉투스가 진화되었다고 여겨진다. 이들의 뇌는 약 900 mL 정도였으며, 석기도구로 사냥을 하며 불을 사용했을 것으로 추정된다.

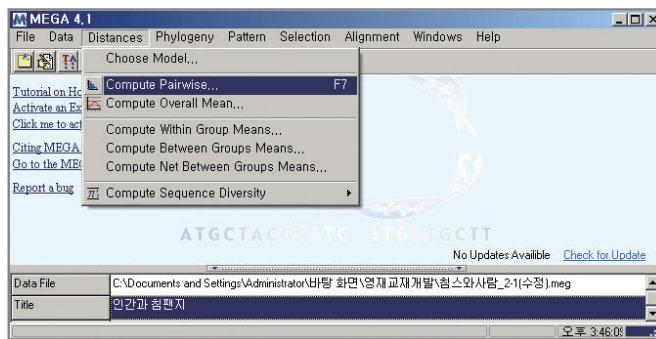


〈그림 V-50〉 인간과 침팬지의 ATPase관련 유전자를 불러온다.

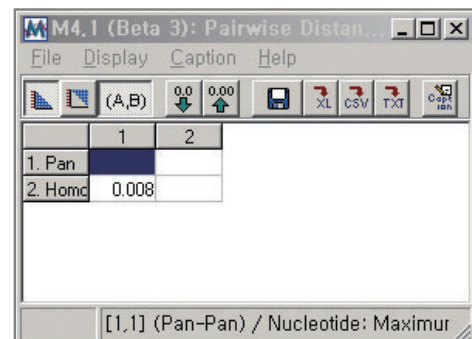
현대인과 비슷한 인류의 조상은 네안데르탈인과 크로마뇽인이다. 그들의 뇌용량은 현대인과 비슷했으며, 불과 무기를 사용했을 것을 추정된다. 크로마뇽인들은 동굴에 살며 정교한 석기와 여러 벽화를 남기기도 했다.

그럼 현존하는 생물 중 인간에 가장 가까운 유인원은 누구일까?

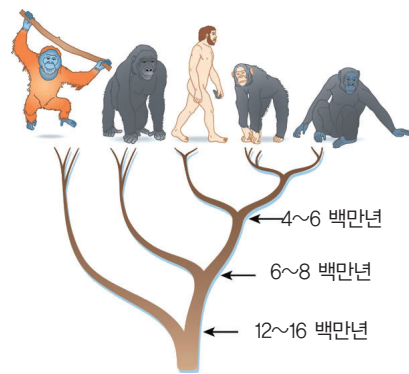
물질대사에 관여하는 효소인 ATPase를 사용해 침팬지와 인간을 비교하면 99%이상 동일한 배열을 가지고 있다는 것을 알 수 있다. 그렇다면 4속 7종의 유인원들은 어떤 유연관계를 가지고 있을까?



〈그림 V-51〉 저장 후 MEGA로 나가면 메인 화면 아래쪽에 파일이 실행 중임을 알 수 있다. 이 메인 화면에서 Compute Pairwise를 실행한다. 이어지는 팝업 창에서 Compute를 실행시킨다. 그 결과 두 유전자의 다른 정도가 결과로 나오게 된다.



〈그림 V-52〉 인간과 침팬지의 비교 결과 0.008 즉 0.8%가 다르다.



사람과(Hominidae) : 4속 7종
 오랑우탄속(Pongo)
 고릴라속(Gorilla)
 침팬지속(Pan)
 사람속(Homo)

〈그림 V-53〉 사람과의 계통수

탐구 활동 10

유인원의 계통도 그리기

MEGA프로그램을 이용해 유인원의 계통도를 그려보자. 유인원의 유연관계에 대해 어떤 이론들이 있는지 조사해 보고 자신이 생각하는 가설을 설정해 보자.

실험 기구 및 재료

- 기구: 컴퓨터(인터넷 연결)

실험 방법

- (1) 자신이 생각하기에 적절한 유전자를 선정해 보자. 어떤 유전자를 선택하는 것이 좋을까? 선택한 후 선정 이유를 적어보자.
- (2) NCBI에서 유전자를 찾아보자.
- (3) 찾은 유전자를 저장하고 MEGA프로그램을 이용해 계통도를 그려보자.

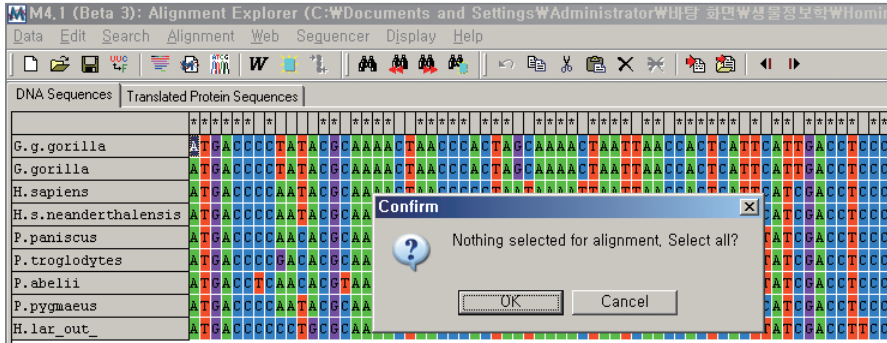
실험 결과 및 논의

- (1) 이 실험 결과 만들어진 계통수가 자신의 가설을 지지하는지 설명해 보자.
- (2) 이 실험 결과가 가지는 한계는 무엇인지 말해 보자.

연구과제

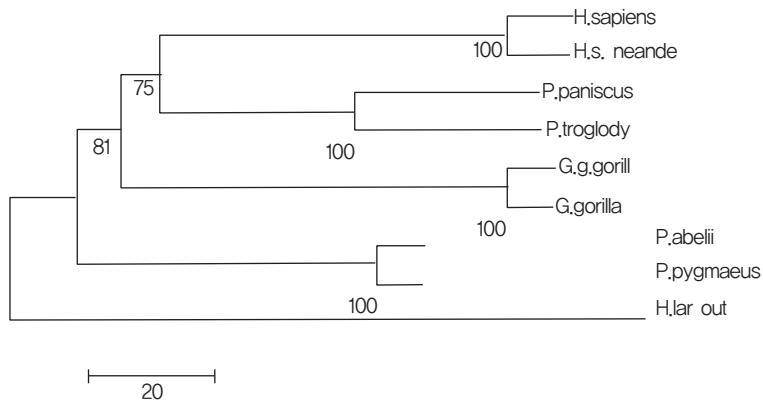
- (1) 인간 게놈에는 어떤 정보들이 들어 있는지 알아보자.

NCBI에서는 다양한 유전자를 찾을 수 있다. 시토크롬 b 유전자를 찾아보면 유인원 및 네안데르탈인의 유전자도 찾을 수 있다.



〈그림 V-54〉 시토크롬 b 유전자를 정렬한 결과

이를 이용해 계통수를 그리면 다음과 같은 결과를 얻을 수 있다. 이 결과는 유인원들 중 인간과 침팬지가 가장 가깝고, 오랑우탄이 가장 먼 것으로 나타났다.



〈그림 V-55〉 시토크롬 b를 이용한 계통수

정리하기

생명의 기원

- 원시지구 : 메탄(CH_4), 암모니아(NH_3), 수증기(H_2O), 수소(H_2) 등으로 구성되어 있었을 것이다.
- 유기물의 생성 : 원시 환경에서 유기물의 합성이 일어났을 것이다.
- 원시 생명체의 탄생 : 원시지구에서 합성된 유기물은 스프와 같은 바다를 이루고 그 속에서 유기물이 코아세르베이트와 같은 복합체를 이루면서 원시 생명체가 시작되었을 것이다.
- 생명체의 출현과 환경변화 : 최초의 생명체는 종속 영양 생물이었으나 원시지구에 유기물이 고갈되면서 독립 영양 생물이 나타나 지구에 오존층을 만들고 환경을 변화시켰을 것이다.
- 진핵생물의 출현 : 간단한 세포가 막의 막중첩과 세포내 공생으로 인해 진핵생물로 진화하게 되었을 것이다.

진화론의 등장

- 다윈의 진화론 : 다윈의 진화론이 태동되기까지 많은 학자들에 의해 지구의 역사가 매우 길다는 것과 생물이 변할 수 있다는 의견이 대두되었다. 다윈은 많은 생물을 관찰하고 인위 선택의 예를 들어 자연선택의 타당성을 설명하며 조심스럽게 진화론을 발표한다.
- 진화의 증거 : 진화의 증거는 지금도 발견되고 있으며, 화석, 해부학상의 증거, 분자 생물학상의 증거, 지리적 분포 등을 통해 제시될 수 있다.

집단 유전과 진화

- 유전자 풀과 진화 : 한 생물 집단이 갖는 유전자 전체를 유전자 풀이라고 한다. 이 유전자 풀을 구성하는 대립 유전자 빈도가 변하면서 진화가 일어난다.
- 하디-바인베르크의 법칙 : 이 법칙은 어떤 변인이 작용하지 않을 경우 대립 유전자 빈도가 매 세대마다 동일하게 유지되는 것을 설명해 준다.
- 진화의 요인 : 유전자 풀을 변화시키는 요인에는 돌연변이, 자연선택, 유전적 부동, 이주와 격리 등이 있다.

인류의 진화

- 인류의 진화 : 인류는 지속적으로 진화되어 왔으며, 계통분석을 통해 유인원들과 유연관계가 있음을 알 수 있다.

1. 지구상에 진핵생물이 발생하기까지의 과정을 설명하고, 그 설명과정에서 있을 수 있는 논리적 비약을 지적해 보자.
2. 하나의 종이 여러 종으로 진화되는 과정을 설명해 보자.
3. 진화의 비교해부학적 증거가 되는 상동기관과 상사기관적 특성이 ATGC의 4가지 염기로 구성된 유전자 상에서는 어떻게 나타날 수 있을지 설명해 보자.
4. 식물원에 있는 어떤 식물의 유전자형을 조사하였더니, 유전자형으로 AA를 갖는 개체가 200그루, Aa를 갖는 개체가 100그루, aa를 갖는 개체가 100그루이었다. 이들을 자유롭게 교배시켜 다음 F1에서 640그루의 개체를 얻었다.
 - 1) 이 식물 집단에서 유전자 A와 a의 유전자 빈도를 구하라.
 - 2) F1 중에서 유전자형으로 Aa를 갖는 개체는 이론상 몇 그루인가?