



Dr. Makoto Shimada 제공

# 아프리카 침팬지 42만년전 분화됐다

글\_ 원용진 이화여대 생명과학과 전임강사 won@ewha.ac.kr

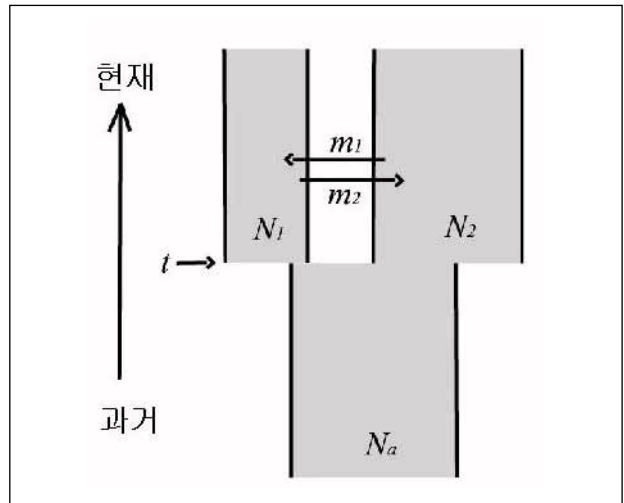
**일** 반적으로 진화 유전학자들은 생물종 분화의 가장 큰 원인을 생물 집단 사이에서 발생한 지리적 격리와 시간의 경과로 본다. 이 가설은 현재 20 가지가 넘게 고안된 생물종 개념 중에서 20세기 초반에 마이어가 주창한 생식적 격리를 통해 형성되는 '생물학적 종' 개념의 근간이 된다. 하나의 집단 혹은 집단과 집단이 모여서 형성한 하나의 종은 오랜 시간을 통해 일어나는 자연선택과 우연적 요소인 유전적 부동 과정을 공유하기 때문에 동질성을 유지하면서 다른 집단 혹은 다른 종과 구별된다. 그런데 지리적으로 집단간에 분리가 일어나게 되면 이들 집단들은 동일한 진화의 압력을 받지 못하고 서로 다른 방향으로 향해 독립적으로 분화되기 시작한다. 더 나아가 오랜 격리 기간에 생긴 생식적 차이가 부수적으로 축적된다면 이 분리 종 사이에는 더 이상 생식을 통해 자손을 남길 수 있는 길이 영영 닫혀 버리게 된다. 진화 유전학자들의 가장 큰 관심은 바로 이러한 종 분리가 언제, 그리고 어떤 과정을 통해서 일어났는가 하는 것이다.

## 사람 DNA와 약 1% 차이밖에 없어

종 분리의 보다 자세한 과정을 알아내기 위해서는 최근에 분화가 일어나고 있는 생물 집단을 대상으로 연구를 해야한다. 대표적인 예는 최근 분화가 일어났거나 현재 진행중인 계통분류적으로 가까운 근연종들이다. 지리적 또는 형태적으로 미묘한 차이를 나타내는 아종(subspecies) 수준에서 분류된 생물 집단들이 초기 분화 과정에 있는 근연종이라고 할 수 있다.

아프리카 침팬지는 아종의 대표적인 사례이다. 아프리카 침팬지는 적도 부근 열대 우림 지역에 서식하고 있고 독특한 사회를 이루어 사는 영장류이다. 침팬지 계통분류는 상당한 변천의 역사를 보여주는데 비교 연구가 충분치 못한 20세기초에는 30여 아종으로 분류되었던 때도 있다. 그리고 눈으로 비교해 볼 때 아종 구분이 상당히 어려운 게 사실이다. 이후 학자들 사이에 합의가 이루어져서 얼마 전까지 아프리카 침팬지들은 세 가지의 아종으로 지역에 따라 크게 분류되어 왔다. 아프리카 기니 지역에 서식하는 서부 아프리카 침팬지(*Pan troglodytes verus*), 카메룬 등지에 서식하는 중앙 아프리카 침팬지(*Pan troglodytes troglodytes*), 그리고 콩고강 이북에 서식하는 동부 아프리카 침팬지(*Pan troglodytes schweinfurthii*)가 바로 그 세 아종이다. 그런데 1997년에 나이지리아 지역 침팬지 집단을 대상으로 수행된 유전학 연구는 이 지역 집단이 이전의 세 아종과는 구분되는 새로운 집단임을 확인하게 해주었고, 그 결과 이 지역 침팬지가 네 번째 아종으로(*Pan troglodytes vellerosus*) 제시되었다. 한편 행동과 형태, 그리고 유전자 정보 모든 측면에서 이들 네 가지 침팬지 아종들과는 확연히 구분되는 침팬지가 중앙 아프리카 콩고강 이남에만 서식하고 있는데, 초기에는 피그미 침팬지로 불려졌지만 현재에는 보노보(*Pan paniscus*)로 명명된 침팬지 종이다.

침팬지와 사람 DNA는 대략 1% 차이만이 있을 정도로 침팬지는 지구상에 생존하는 전체 생물종 가운데서 사람에게 가장 가까운 생물종이다. 아프리카에서 40여 년간 침팬지를 연구해온



유전자 이동 분화 모델

제인 구달 박사의 최초 발견에 의해서 침팬지의 도구 사용 능력이 입증된 이후로 사람만이 도구를 사용할 줄 아는 종이라는 불문가지의 명제가 폐기되었을 정도로 침팬지는 사람과 관계가 깊다. 그렇기 때문에 사람을 이해하기 위한 방편으로서 침팬지 연구는 가장 매력적인 연구 대상이라고 할 수 있다.

행동과 형태분류 연구 외에도 DNA 분자 비교 분석을 통한 침팬지 연구가 1980년대 후반 이후로 계속되어 왔다. DNA 비교 분석의 결과들은 앞에서 열거한 침팬지 분류체계와 대략적으로 유사한 결과들을 보여주었다. 특히, 모계 유전하는 미토콘드리아 DNA 연구 결과는 지역 아종들 사이의 구분을 명료화했다. 다른 유전자보다 미토콘드리아 DNA 변화가 빠르게 일어나기 때문에 종내 개체들간의 상호 비교보다는 세 아종들을 비교할 때 더 많은 차이를 나타내기 때문이다.

그러나 이와는 달리 상동염색체와 성염색체에 들어있는 여러 DNA 비교 분석은 아종간에 명확한 구분을 나타내지 않았다. 특히 동부 침팬지와 중앙 침팬지가 혼합된 유전자형 분포를 많이 나타내었고, 이보다는 작지만 서부 침팬지도 중앙 침팬지와 간혹 혼합된 유전자형을 나타내었다. 이 경우는 여러 측면에서 해석될 수 있다. 먼저 분리 연대가 아주 먼 과거가 아니라 상대적으로 최근이기 때문에 분리 전 조상 집단에 이미 있었던 유전자형들이 아직도 세 아종 집단들에서 공통적으로 전해져 내려온다는 해석이 하나이다. 또 하나의 시나리오는 세 지역 아종들 사이에서 개체 이동을 통한 짝짓기가 이루어지고 있고, 유전자 이동의 결과 혼합된 분포를 가진다는 가설이다. 마지막으로 이

두 가지 요인 모두가 복합적으로 작용하는 상황이다.

### 'IM모델' 이 종분화 과정 연구를 제공

생물종의 진화 과정에 관한 기존 연구는 진화 과정에서 상호 작용하는 여러 요인을 동시에 평가할 수 없는 단점을 가지고 있다. 특히 종분화 과정에서 일어날 가능성이 많은 유전자 이동, 집단 크기, 분리 시기 등의 상호 작용을 정량화할 수 없었다. 한편으로, 그렇기 때문에 자연선택에 의해서 추동되는 변화 강도를 파악하기 어려운 점을 가지고 있다. 그러나 80년대 이후로 눈부시게 발전해온 DNA 분자진화와 집단 유전학 이론은 이러한 한계를 극복할 수 있는 새로운 길을 제시하였다. 대표적인 예로서 최근 필자와 침팬지 연구를 공동으로 수행했던 이론 유전학자인 헤이 박사와 동료인 닐슨 박사가 고안한 종분화 모델의 하나인 IM 모델(Isolation with Migration)이다.

이 모델은 종분화 과정을 연구하기 위한 틀을 제공하기 위해 고안되었는데, 조상 집단에서 갈라져 분화하는 두 집단의 형성 과정으로 종분화를 최대한 단순화시킨 내용이다. 이 과정에서 그림과 같이 조상 집단의 유효집단 크기, 현재 두 집단들 각각의 유효집단 크기, 분리 시기, 그리고 두 분리된 집단간의 유전자 이동 등 모두 6가지 인구 동태적 파라미터를 포함하고 있다. 연구 대상 집단으로부터 확보된 DNA 데이터는 베이시안 통계 방법을 통해 이 IM 모델에 적용된 다음 동시적으로 6가지 파라미터 값들의 사후 확률분포를 구하는데 이용된다. 파라미터 값의 사후 확률분포는 마르코프 연쇄 몬테 카를로(MCMC:

Marcov chain Monte Carlo) 시뮬레이션 방법을 이용한 컴퓨터 프로그램을 작동시켜 구해진다. 헤이 박사는 이 전 과정을 손쉽게 할 수 있는 컴퓨터 프로그램을 제작하였다.

침팬지 연구는 이 IM 모델과 컴퓨터 프로그램을 통해서 가능했다. 한편 1980년대 이후 침팬지 유전체의 서로 다른 유전자 좌위에서 얻어진 집단 유전학 DNA 데이터는 계속해서 유전자 은행에 축적되고 있었기 때문에 이 전체 데이터를 모두 이용한 한편의 종합적 분석을 남겨둔 상황이었다. 특별히 2003년 시카고 대학 리 교수 그룹이 발표한 상동염색체 50 유전자 좌위 집단 유전학 DNA 데이터는 양적, 질적 규모로 보아 매우 귀한 자료였다. 이 두 가지 요인에 크게 고무되어 필자는 새로이 개발된 IM 모델을 리 교수 그룹 데이터에 적용하였다. 이 50 유전자 좌위 데이터뿐만 아니라 기존에 발표되었던 성염색체 X, Y, 미토콘드리아 등의 가능한 모든 데이터를 포함시켜서 최종적으로 세 그룹간의 비교 분석을 완료하였다. 이 세 그룹은 먼저 보노보, 그리고 두 침팬지 아종인 서부 아프리카 침팬지와 중앙 아프리카 침팬지였다. 이 세 그룹의 선정은 DNA 데이터가 최소 5개체, 10개 염색체 이상이었던 때문이었는데, 동부 아프리카 침팬지는 오직 2개체에서만 데이터가 있었기 때문에 분석 대상에서 제외시켰다.

### 서부에서 중앙아프리카로 '한 방향 이동' 확인

연구 결과는 최근 분자생물학진화 저널에 발표되었다. 이전 연구에 비해 정확도가 월등히 높은 측정값들을 얻을 수 있었다. 첫째로 보노보와 침팬지 아종들의 상호 비교는 기존의 학설을 뒷받침하는 결과를 보여주었다. 아프리카 콩고강은 강의 폭이 넓고 지질학적으로 볼 때도 상당히 오랜 기간 존재해온 걸로 밝혀졌기 때문에 침팬지 이동의 주요 장애물로 인식되어왔다. 형태 비교 연구 결과도 이 강을 경계로 해서 두 종 사이에 현격한 차이가 있음을 보여주었다. 연구 결과 보노보와 다른 두 아종들은 86만~89만 년 전에 분리된 것으로 측정되었고, 두 그룹간의 분리 이후 유전자 이동은 이루어지지 않은 것으로 파악되었다. 그리고 보노보와 분리된 두 아종은 서로 비슷한 시기에 분리가 된 것으로 측정되었는데, 이것은 그 당시에 분리한 조상 집단이 두 침팬지 아종들의 공통 조상이기 때문일 것이다.

그 다음으로 서부 아프리카 침팬지와 중앙 아프리카 침팬지의 분리 연대가 계산되었는데, 이 수치는 42만년 전이었다.

1994년 유전학자였던 모린 박사와 제인 구달 박사 팀이 미토콘드리아 연구로 계산한 약 150만 년과는 상당한 차이를 보여주었다. 흥미롭게도 지난 11월에 한국을 방문한 제인 구달 박사는 이 새로운 분리 연대가 훨씬 그럴 듯하다고 말했다. 그도 이전부터 150만 년은 너무 오래된 시기라는 의심이 들었던 것이다.

마지막으로 주목을 받은 결과는 서부 아프리카에서 중앙 아프리카쪽으로 한 방향으로만 유전자 이동이 관찰된 점이다. 이 유전자 이동은 두 세대마다 약 한 마리의 서부지역 침팬지가 중앙 아프리카 침팬지 집단쪽으로 이동한 비율이었는데 이것은 뜻밖의 결과였다. 왜냐하면 서부 아프리카와 중앙 아프리카 지역 사이에는 거대한 간격이 존재하기 때문이었다. 특히 현생 침팬지들의 공백 지역으로 알려진 도호메이 지역은 수백km나 되기 때문에 사회성 행동패턴을 나타내는 침팬지들이 개별적으로 이동하기에는 현실적으로 불가능해 보였다. 그리고 최근 연구 결과에 따르면 아프리카 나이지리아와 카메룬 동부 지역 침팬지는 다른 아종들과는 구분되는 네 번째 침팬지 아종으로 제시되었다. 이 지역이 바로 서부 아프리카 침팬지와 중앙 아프리카 침팬지 서식 지역 중간에 해당된다.

그래서 필자와 헤이 박사는 이번 DNA 비교 분석을 통해 계산된 유전자 이동 수치가 네 번째 침팬지 아종의 영향 때문일 것으로 추측하고 있다. 최근 이 지역 침팬지를 대상으로 집단 유전학 연구를 수행한 곤더 박사에 따르면 네 번째 아종은 다른 어느 지역 침팬지보다도 서부 침팬지와 유사성이 있고, 현재도 카메룬에 있는 사나가 강을 경계로 해서 중앙 아프리카 침팬지와 유전자 교환을 하고 있는 것으로 제시되었다. 그래서 곤더 박사가 제시한 유전자 교환이 이번 연구에서 파악된 한 방향 유전자 이동으로 추측된다. 아쉽게도 이 지역 침팬지로부터 축적된 DNA 데이터는 없는 상황이다. 앞으로 네 번째 침팬지 아종에서 얻는 DNA 데이터를 포함한 비교 연구는 필자의 추측을 밝혀줄 수 있을 것이다.

연구 방법적인 측면에서 판단해보면 이번 침팬지 연구에서 적용된 IM 모델과 컴퓨팅 기법은 이전 연구에서는 알 수 없었던 요소들을 분석해냈기 때문에 다른 생물종들을 대상으로 한 연구에도 활발히 사용되리라 전망된다. ㉔



글쓴이는 서울대 자연대학에서 분자생물학 석사학위를, 뉴저지주립대학에서 생태 및 진화 프로그램 박사학위를 받았다.