

分子系統學의 最前線

金衝坤

(生命誌研究館: 日本, 大阪)

분자계통학이란, 아미노산이나 DNA의 염기배열과 같은 분자에 대한 자료를 이용하여 생물종간의 계통관계나 진화를 밝히는 학문으로, 지금까지 이 분야에 이용한 화석이나 형태에 따른 연구에 비해 얻은 정보의 양은 이보다 훨씬 많으며 더 객관성이 있고 또한 재현성 있는 해석을 좀더 쉽게 할 수 있다.

이 분야의 연구는 최근 수년간 매우 빠르게 발전하여 생물진화상 놀랄만한 새로운 사실들을 수없이 밝히고 있다. 그 예로서 현대 인류의 직접적인 조상은 14만년전 아프리카에서 출발했다는 “아프리카 단일 기원설”, 그리고 인간의 계통과 침팬지가 공통의 조상으로부터 분기한 것은 화석연구로 알려진 3000만년전 보다 훨씬 이후인 지금으로부터 약 500만년전에 일어났다는 사실이다. 뿐만아니라 각 동식물의 분류군에서 분자에 대한 자료를 이용하여 분류나 계통해석을 재검토하고 있는 생물군이 늘어나고 있는 실정이다.

발표자는 현재 미토콘드리아 DNA의 염기배열을 이용하여 전세계의 딱정벌레(Coleoptera, Carabidae)아과의 분자계통관계를 연구하고 있으며, 이미 한반도의 멧쟁이딱정벌레(*Carabus jankowskii*)와 홍단딱정벌레(*Carabus smaragdinus*)를 비롯한 전세계 딱정벌레속(*Carabus*) 과반수 이상의 종을 분석하였다. 단일생물군으로 이처럼 방대한 양의 DNA 분석으로 계통을 해석한 예는 없으며, 또한 이 연구과정에서 생물진화의 새로운 사실들이 잇달아 밝히고 있다. 이러한 사실들을 구체적인 자료와 함께 소개하고, 분자계통학의 문제점과 전망에 대해 토의하고자 한다.