

한국의 유전적 정보 생산 구조[†]

이정호*

한국에서 중요한 과학적 개념의 형성과 그 사회적 유통에 기여하는 것은 미국과 유럽, 그리고 일본에서 형성, 성숙, 정립된 후에 한국으로 유입되고 수용되는 과학 지식과 한국 사회가 근대화의 과정에 형성한 제도이다. 유전적 정보라는 개념도 이러한 맥락에서 예외일 수는 없다. 유전적 정보 개념은 고전적 유전학의 틀에서 이해되는 유전, 또는 계승성의 개념에서 인간유전체연구사업의 외증에서 등장하여 성숙한 유전체학과 생물정보학에 의해 확대·심화된 것이다. 본 연구는 서구적 개념 및 지식 생산 구조를 모델로 하는 개념적, 과학지식적, 제도적 통합성을 기준으로 한국에서 유전적 정보의 생산 구조가 어떻게 형성되어 있는가에 대한 것이다. 한국에서 1980년대 중반에 나타났던 유전공학 담론은 한국에서 분자생물학의 발달은 촉진시켰지만, 생화학과-생화학교실과 같은 균형성이 없이 유전공학-유전학교실의 불균형성이 존재하게 되었다. 주로 의과대학의 (인간)유전학과 혹은 유전학교실의 수와 질에 있어서의 부족함 때문에 생명과학 전체에 미치는 영향력에서도 크게 성공하지 못했고, 통합적, 거시적 발전을 이루지 못한 것으로 보인다. 유전학의 발전적 재구성이라고 할 수 있는 유전체학은 한국에서는 유럽, 미국, 일본의 인간유전체연구사업의 발전 궤적의 '기초단계' 혹은 '제 1기' 형태에는 거의 인프라, 투자, 연구개발이 없었고, 기능유전체학과 단백체학을 중심으로 하는 '성숙단계' 혹은 '제 2기' 형태를 주축으로 하여 한국의 연구개발이 진행되고 있다. 유전체학과 같이 발달한 생물정보학에는 내적 구조에 이미 정보학과 연결되는 논리와 내용을 가지고 있는데, 한국에서는 정보기술(IT)의 아류 정도로 보는 편협하고 왜곡된 시각이 주도적인 가운데 시작된 것으로 보인다. 결과적으로 한국 생물정보학은 유전학 및 생명과학과의 통합적인 면에서는 결함을 노

* 이 논문은 2004년도 과학기술부 인간유전체기능연구사업비의 지원에 의해 이루어 졌음.

* 고려대학교 생명자원연구소 선임연구원
전자우편 : yicheongho@korea.ac.kr

출하고 있다. 이러한 유전적 정보의 생산 구조가 가지는 문제점으로 인하여 한국에서 유전적 정보는 기초가 부실한 편이며 과편화된 유형으로 생산되어 나을 개연성을 가진다. 개념적, 제도적인 과편화의 사례는 개인식별의 유전학이 기준의 유전공학-유전 학교실 체제로 흡수되지 못하고 의과대학 법의학교실에서 전문성과 연구실천을 확보한 것에서도 확인된다. 유전적 정보의 생산 구조에 영향을 미치는 환경은 한국의 생명공학과 시민사회운동으로 존재한다.

【주제어】 유전적 정보, 개념 및 지식의 생산 구조, 통합성, 개인식별의 유전학

1. 서론

한국에서 중요한 과학적 개념의 형성과 그 사회적 유통에 기여하는 것은 일차적으로 미국과 유럽, 그리고 일본에서 형성, 성숙, 정립된 후에 한국으로 유입되고 수용되는 과학 지식이다. 여기에 더하여 공공 및 기업의 연구개발 사업에서 새롭게 생산, 부가하는 과학기술, 그리고 이에 수반되는 제도 및 담론의 사회적 영향이 기여한다. 이러한 측면은 물리과학이나 다른 과학기술 분야들에서와 마찬가지로 생명과학에서도 비슷한 양상을 보인다. 선진적 과학 지식과 실천의 유입과 수용은 과학의 보편성에 입각하면 당연하기도 하고, 전지구적 추세에 뒤지지 않는 것이기도 하다. 그런데 과거에는 과학기술 연구라는 제도적 측면과 지식 생산의 역사가 짧은 한국에 선진-후진의 틀이 견고하게 형성되어 있었고, 따라서 선진 지식과 기술 수입 및 수용의 논리가 사회 전반적으로 아주 강하게 작동했었다. 그러나 최근에 와서 선진-후진의 틀이 서서히 와해되기 시작하고 있고, 새로운 지식과 기술의 창출에 대한 의지도 몰라볼 정도로 증가되어 있으며, 그러한 의지의 관철을 위한 한국 나름대로의 담론적, 제도적 기반들이 느리지만 서서히 자리 잡고 있다.

유전적 정보(genetic information)라는 개념의 사회적 형성도 이러한 맥락에서 크게 벗어나지 않는다. 유전적 정보 개념은 아주 최근에 형성된 것으로

이전에 고전유전학의 틀에서 이해되는 유전(遺傳), 또는 계승성의 개념이 분자생물학의 발전과 인간유전체연구사업과 함께 등장한 생물정보학의 전산기술의 도입으로 확대·심화된 것이다. 이러한 유전적 정보의 개념적, 과학지식적, 제도적 ‘통합성’(holisticity or integratedness)은 서구적 발전 궤적을 가지고 있다. 현대적인 유전적 정보는 인간이나 비인간적 생명체에 대한 유전학/유전체학과 생물정보학의 혼융적 실천(hybrid practice)을 통해서 생산/구성되어 나온다고 볼 수 있다. 유전적 정보는 전문적 과학기술자들이 생산하고 유통시킬 고차원적인 과학 지식에 핵심적이면서도 한국 사회와 여러 지식과 제도의 수준과 층위에서 상호작용을 거치게 되어 있는 개념이라는 점에서 중요하다. 이러한 통합성을 기준으로 하여 한국에서 유전적 정보의 생산의 구조가 어떻게 형성되어 있는가를 밝히는 것이 이 논문의 주요 목적이다. 주로 과학지식과 제도의 측면에서 유전적 정보 생산 구조를 다루었다.

2. 유전 개념의 구조적 불균형 : 유전공학과 유전학

한국에서 유전(遺傳)이라는 현대적 개념은 서구적 과학의 역사와 한국에서의 수용의 역사를 모두 가지고 있다. 기본적으로 유전성(inheritance) 혹은 계승성(heredity)은 한 세대의 생물체 혹은 인간에서 다음 세대의 자녀에게 일정한 형질이 전달되는 것을 의미한다. 아주 오랜 옛날부터 동서고금을 물론하고 자녀가 부모를 닮는다는 사실, 그리고 새끼가 어미를 닮는다는 사실은 반복적으로 관찰되었다. 한국에도 언제부터인지 정확히 알 수 없으나 ‘부전자전(父傳子傳)’이라 하여 부모를 자녀가 닮는다는 생물학적 이치가 상식으로 형성되어 있다. 이러한 사실의 배경이 되는 생물학적 논리 혹은 법칙을 찾으려는 노력이 많이 이루어 졌지만 서구에서나 동양이나 다른 세계의 지역에서 과학성을 가진 적은 별로 없었다.

1) 서구적 유전학사와 한국의 수용사

유전성의 과학적 실마리는 19세기 말 중부유럽의 수도사 멘델(1822~1884)에 의해서 가장 먼저 발견되었지만 거의 잊혀질 수도 있었다(오렐, 1999; 에델슨, 2002). 20세기로 들어오면서 1900년에 유럽에서 멘델의 유전의 법칙이 재발견되었고, 1906년에 ‘유전학’(genetics)이라는 학문분야의 이름이 붙여졌다. 멘델의 법칙에서 사용되는 인자를 지칭하려는 목적으로 1909년에 ‘유전자’(gene)라는 용어가 제안되었다(폭스-켈러, 2002). 유전자는 용어가 제안된 후로 멘델이 기원을 이룬 지적 체계는 급격한 통합과 발전을 이루게 되었다. 고전 유전학(classical genetics)은 멘델의 법칙이 적용되는 유전자의 전승에 관계된 수학적, 논리적 양태를 분석하고 자료와 데이터를 통합하는 학문으로 발전되었다(Griffith et al., 2000).

수학적, 논리적 함의를 머금고 있던 유전자의 물질성은 지속적으로 논란이 되고 있었는데, 유전자의 물질적 특성이 ‘핵산’(DNA)이라는 거대분자로 밝혀 진 것은 유전학 역사상의 획기적인 발전이었다. 1953년 제임스 와트슨과 프란시스 크릭에 의해서 유전자의 물질적 특성인 디옥시리보핵산(DNA)의 구조가 제시되었다(Watson and Crick, 1953). 이로 인해서 유전학에서 새로운 비전이면서 새로운 연구프로그램이라고 할 수 있는 ‘분자유전학’(molecular genetics)이 열리게 되었다(와트슨, 1973; 뉴톤, 2002). 유전자의 물질성 해명을 기준으로 20세기 전반부는 고전유전학의 시기고 후반부는 유전자의 물질적 특성을 중심으로 한 분자유전학의 시기라고 할 수 있다. 이를 모두 합쳐서 20세기를 ‘유전자의 세기’라고 부르는 과학사가도 있다(폭스-켈러, 2002).

생물학(biology)이라는 이름의 현대적 학문으로 분화된 것을 기점으로 하여 200여년의 생명과학사(Coleman, 1971; Allen, 1975)를 따져 보면 유전학이라는 생물학의 분과학문은 서구적 과학사에서 보아 100여년내지는 120여년의 역사를 가진 굉장히 짧은 학문이라고 할 수 있다. 그러나 유전학에는 생명과학의 여러 세분 분야들에 막대한 영향을 끼칠 수 있는 논리적, 학문적 역량과 능력이 존재한다. 노벨상 수상 물리학자 슈레딩거가 제안한 스타일

(슈레딩거, 1992)의 분자생물학(molecular biology)의 발전을 되짚어 보더라도, 유전학이 생물학 혹은 생명과학 전체에서 차지하는 비중은 유전자가 핵산(DNA)이라는 대전체와 유전자의 정보가 전령-리보핵산(mRNA)과 단백질로 발현되는 중심원리를 기본으로 하여 전개된 것에서 여실히 드러난다. 1950년대 전후의 분자유전학의 열럼은 다른 생물학 분야들에도 분자수준에서의 해명을 요구하는 새로운 방법론과 해석을 가져왔다. 예를 들어 계통분류학에도 유전자나 유전적 표지들을 이용한 ‘분자계통학’(molecular systematics)이 급격하게 발전하였다(Hillis and Moritz, 1990). 생물학 전체에 분자적 수준의 해명을 요구하는 흐름이 생겨나 전통적 생물학의 분과학문들에 확산된 것이다.

한국은 100여 년 전부터 생물학을 포함한 서구과학을 본격적으로 수용하기 시작하였다(유길준, 2004; 전인권, 2004). 전통적인 학문 체계 속에도 현대적 생물학에 해당하는 지식들이 상당히 분포하고 있었으나 서구적 과학으로 치환되어 온 결과 현재에는 그 역사적 단절이 심각한 상태이다. 전통적 학문 속의 생물학적 지식들이 서구적 범주와 지식 생산 모습을 갖추고 있지는 않고 농업시대의 세계관을 가지고 있다. 유전학은 본격적으로 해방이후에 주로 고전유전학과 육종학(breeding)이라는 학문으로 수용되었다(강영선, 1959; 혼신규, 1971; 정용재, 1976). 일제 강점기에 생물학 및 농학 지식의 일부분으로 본격적으로 수용되었다. 그러나 날로 발전을 거듭하는 과학지식으로서의 유전 개념, 현대과학의 입장에서의 유전 개념은 1980년대 중반까지 사회 일반에 잘 알려지지 않았다.

2) 유전공학의 유행

한국 사회에서 ‘유전’이라는 개념이 ‘유전공학’이라는 한국적 양식으로 사회구성원의 의식에 깊이 각인되기 시작한 것은 이제 20여년 정도 되었다. 1980년대 중반은 생물학을 포함한 전반적인 한국의 과학기술이 서구 과학

지식수용과 교육의 단계에 머물러 있다가 '선진국 추종형 연구개발'의 단계로 전환되기 시작한 시기로 평가된다(송성수, 2002; 송위진 외, 2003).

이러한 추세를 반영하는 80년대의 유전공학 담론에는 유전공학으로 새로운 미래를 열어보자는 꿈, 곧 새로운 생명체의 창출과 그 경제성의 추구라는 과학주의가 표상으로 각인되어 있다(남홍길, 1992). 고전유전학의 유전 개념의 수용·소화·확산이 안정적으로 이루어지기 전에 생명체의 인위적 조작과 변형에 무게를 둔 공학적 세계관이 전면에 나타나는 유전공학 담론이 유행하였다. 따라서 한국의 유전공학 담론이 만들어 낸 유전 개념에는 유전성이나 계승성에 대한 이미지보다는 생물체의 '변형'에 대한 이미지가 더욱 강하게 형성되어 있고, 자연 상태에서 일어나는 기초적 원리에 대한 탐구를 주축으로 하는 유전학에서 출발하는 유전 개념과는 달리 인위적 조작을 중요시 하는 '공학적' 세계관 혹은 엔지니어링 만능주의를 반영하고 있다.

유전공학 담론의 제도적 반영은 1980년대 중반(1984년)에 고려대학교에 '유전공학과'가 설립되고 대학입시에서 좋은 성적을 받은 학생들이 대학학부에 들어가면서부터 생겨났다고 할 수 있다. 고려대학교를 필두로 성균관대학교와 한림대학교 등에 전세계에 유래를 찾아보기 힘든 '유전공학과(Department of Genetic Engineering)'가 설립되었다. 반면에 대학 수준의 과학교육의 특성상 유전공학과에서 전수된 지식들은 '분자생물학'으로 묶여질 수 있는 것이다. 분자생물학은 기존의 생화학이라는 배경에 생명현상을 분자의 수준에서 다루고자 하는 연구프로그램을 주축으로 와트슨과 크릭의 핵산구조의 이론적 해명을 중요한 이정표로 삼는다.

한국에도 이전부터 유전공학과가 아닌 '유전학과(Department of Genetics)'가 존재했지만 사회적 담론으로까지 떠오른 적은 거의 없다. 일제 강점기 시대의 예과·본과의 체제를 유지하는 의과대학에 '유전학교실'이 한양대학교 설치되어 운영되었다. 그런데 유전공학과와 유전학과의 큰 흐름이 만들어지지 않고 선진국에서 보이는 제도의 균형적 발전이 이루어지지 않았다. 유럽이나 미국에서는 의과대학원(Medical School)내에 독립된 생명과학

의 제반 학과들이 존재하여 생명과학 연구의 중추적 역할을 담당하고 있고, 의과대학원에 ‘유전학과’가 안정적으로 활성화되어 있다. 의과대학원의 학과는 엄격한 자연과학박사(Ph.D) 학위과정을 마치고 박사후연구과정을 우수하게 이수한 좋은 연구경력을 가진 사람들로 채워져 있다. 기초의학과의 교원들은 일부의 의사교육에 동원되지만 상당부분의 시간과 여력은 새로운 생명과학의 연구와 전문가들을 교육하는 데에 바쳐진다.

일제강점기부터 한국의 의과대학(College of Medicine)은 기초의학이 의료인 양성이 목적인 ‘의학과’내의 한 부서에 불과한 교실체제로만 되어 있다. 교원의 충원은 대부분 의학 교육만을 받은 사람들이거나 극소수가 의학교육 이후에 엄격한 자연과학박사교육을 받은 사람들로 구성되어 있다. 예과·본과의 제도를 때문에 한국의 기초의학실은 의사교육중의 2년의 ‘교육’에만 대부분의 전력이 집중되도록 되어 있었다. 한국 사회의 전반적인 흐름으로 형성된 교육에서 연구로의 이행에 적합한 제도적 개혁은 단과대학 의과대학에는 없었다.

유전공학의 유행으로 1980년대 중반은 정부출연연구소인 한국과학기술원에도 유전공학연구소가 생겨나는 시기였다(권석태 외, 1991). 여러 대학의 유전공학과와 병행하여 서울대학교에는 유전공학연구소가 생겨났다. 또한 새롭게 한국분자생물학회가 발족되고 당시의 교육부의 유전공학 연구비 지원이 ‘한국분자생물학회’를 중심으로 이루어 졌다. 한국분자생물학회가 기존의 한국유전학회나 생화학회들(한국생화학회, 대한생화학회)보다 늦게 창립되었음에도 불구하고 현재 최대의 회원 수의 학회로 발전할 수 있었던 것에는 유전공학 담론과 함께 공공연구비의 지원이 이루어지고 학부제도들이 생겨 난 때문이었다.

3) 제도적 불균형과 생명공학 담론으로의 전환

한국의 1980년대와 1990년대에는 인력으로나 제도적으로나 서구나 일본의

발전과 같거나 비슷한 궤적을 가지는, 전반적인 생명과학 발전을 선도할 만한 ‘기초과학으로서의 유전학’이 형성되기에는 역부족이었다. 한국의 생명과학의 발달사는 1980년대를 전후하여 교육에서 연구로의 이행이라는 거시적 관점으로 이해할 수 있다. 초기의 지식 수용과 교육은 1980년대 이전까지의 과학기술 활동을 묘사하는 데에 적실성을 보이고, 이후는 연구와 지식 생산의 시작으로 묘사할 수 있다. 우선 앞으로 연구되어야 할 알려지지 않은 이 유들로 인해서 유전공학과와 유전학과의 균형적 발전이 이루어지지 않았는데, 이러한 제도적 불균형이 교육의 차원에서 연구로의 차원으로 나아가는 데에 저해 요소가 되었던 것 같다.

오히려 1980년대 중반 이후로 유전공학 담론이 유행하는 추세를 타고 오래전부터 설치되어 있었던 이과대학의 생화학과와 의과대학 의학과의 생화학교실이 학장 내지는 활성화되는 추세를 보였다. 분자생물학을 근대적 유전학과 생화학의 상승적 결합으로 보는 과학자와 과학사가가 많은데(모랑쥬, 2002), 한국에서는 유전공학 담론의 균형추가 주로 생화학적인 측면으로 기울어서 과학적으로 올바른 적실성을 가지는 유전 개념의 형성을 저해했다.

1990년대 후반부터 유전공학 담론은 ‘생명공학 담론’으로 전화(轉化)되었다. 이는 공공 연구비 지원과 교육 및 연구 제도의 변화와 궤적을 같이 한다. 유전학과 유전공학의 쌍이 균형지게 혹은 기초부문이 국가 전체적으로 안정적으로 제도화되지 않은 20여년 정도의 구조적 결함을 그대로 둔 채 생명과학과 생명공학의 쌍의 불균형이라는 구조적 문제를 확대 재생산하게 되었다. 교육부문에서는 고려대학교에서 유전공학과와 생물학과를 중심으로 생명공학원이라는 대학원 체제가 조직되고, 연구부문에서는 한국과학기술원의 유전공학연구소를 중심으로 새로운 정부 출연연구기관으로 한국생명공학연구원(KRIBB)이 분리되어 설립되었고 다른 대학과 기업들에 생명공학 연구조직들이 형성되었다. 산업부문으로는 1990년대 후반이후로 몰아닥친 벤처창업 열풍과 함께 여러 생명공학벤처회사들이 설립되었다.

3. 유전적 정보의 기초 부실과 파편화 : 유전체학, 생물정보학, 개인식별 유전학

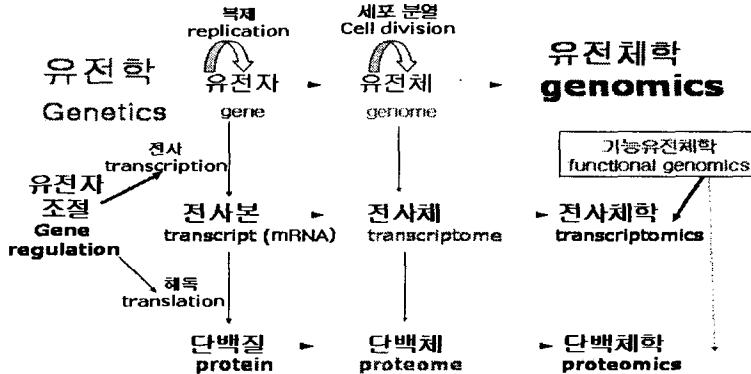
한국에서 유전공학에 대한 담론이 생명공학이라는 새로운 첨단으로 확장, 변형되고 있을 무렵에 미국과 유럽, 그리고 일본을 중심으로 ‘인간유전체연구사업’(Human Genome Project)이 거대 연구사업으로 기획되어 시작되고 있었다(Watson, 1990; 쿡-디간, 1994; 김동광, 2001). 유전체라는 말이 한 세포의 유전자들의 총체를 지칭한다는 사실에서 분명해지는 바와 같이 유럽과 미국의 유전체연구는 지식체계와 전문성의 혼용화(hybridization)라는 측면에서 보아 유전학으로부터 연속성을 확보하면서, 그 범위와 깊이를 다학제적(multidisciplinary) 통합연구로 확대한 거대 연구사업이다(이정호, 2002a). 과거에 유전학이 그려주는 유전 개념은 인간유전체연구사업, 유전체학, 생물정보학의 발전과 더불어 질적으로나 양적으로 큰 변화를 겪었다. 또한 인간 자체의 생물학적 코드라는 측면이 가미되는 현대적 개념의 유전적 정보는 현재 유전체학, 생물정보학, 개인식별 유전학으로 지칭되는 학문들에 의해서 구성되어 나온다.

1) 인간유전체연구사업과 유전체학의 성숙

생물학역사상 초유의 거대연구사업인 인간유전체연구사업을 살펴보면 기반하부구조에 해당하는 생명과학과 기초의학에 소속된 ‘유전학’ 분야의 인력, 실천, 제도들이 주축을 이루면서 전산학(정보학), 생화학, 기계공학, 거대 연구관리와 같은 다른 여러 분야의 전문가들과 그들의 지식과 전문성이 결집, 통합되어 있는 것을 알 수 있다(쿡-디간, 1997[1994]; Cooper, 1994; 보드먼·매카이, 1996[1994]; 코엥, 1997[1993]). 인간유전체 연구사업은 초기부터 이 전향적 과학연구들이 가져 올 윤리적, 법적, 사회적 합의들에 대한 연구도 병행함으로 인해서 과학과 사회의 상호작용을 촉진하는 역할도 일부 담당하였다(쿡-디간, 1994; 박은정, 2000; 윤정로, 2001).

1990년에 시작된 인간유전체연구사업을 통해서 생명과학의 많은 분야들과 측면들이 변모되고 생물학의 여러 과학들이 산업화의 과정에 들어갔다. 과거의 분자유전학은 하나나 소수의 유전자들의 전사(transcription)와 해독(translation)을 다루고 그에 수반되는 세포, 조직, 기관상의 동태적 변화를 다루었다. 그러나 유전체연구가 발전하여 ‘유전체학’¹⁾이 성숙한 과학으로 성립을 본 후에는 유전자들이 모인 총체로서의 유전체를 단위로 하여 세포, 조직, 기관의 생명현상을 해명하려는 움직임이 생겨난 상태이다. 이것은 유전자라는 최소단위로 일정한 생명현상의 원인을 찾으려는 생명과학의 환원주의와는 차별성을 보인다. 세포의 생명현상을 유전자들의 총체인 유전체가 그려내는 오케스트라의 협연 정도로 이해하게 만들고 있다. 따라서 한 세포의 발현을 다루는 데 있어서도 전사본 전체나 단백질 전체를 다루어 그 효과를 분석하려고 노력한다. 이 전사본의 총체를 ‘전사체(transcriptome)’(Pieten et al., 1999)라고 단백질의 총체를 ‘단백체(proteome)’(Kahn, 1995)이라고 한다. 그동안 유전체학이 핵산(DNA)의 구조적인 문제인 염색체상의 유전자의 위치나 서열의 정보를 얻으려는 데에 초점이 맞추어 있었기 때문에 ‘구조유전체학’(structural genomics)으로 지칭되고 이후에 전사본과 단백질의 총체를 다루려는 노력으로 강조점이 이동하여 유전체가 세포, 조직, 기관에서 표현해 내는 ‘기능(function)’에 초점을 맞추려는 연구가 진행되고 있는데 이를 ‘기능유전체학(functional genomics)’이라고 한다(Hieter and Boguski, 1997; Hunter and Livesey, 2000; 유향숙, 2002). 대부분이 전사체의 단계 혹은 전사체의 양과 질의 차이에 의해서 이러한 기능들이 다르게 표현되기 때문에 전사체학을 보통 기능유전체학으로 부르는 경우가 많다. 중심원리에 입각해서 이러한 어휘들의 관계를 <그림 1>에 도식화하였다.

1) 유전체학(genomics)이라는 낱말은 이미 제안되어 있었던 것인데, 학술전문지 유전체학의 창간편집인들이 차용한 것이다. 존스홉킨스대학의 의학유전학자 빅터 맥쿠식(Victor McKusick)이 국제적인 인간유전체기구(Human Genome Organization, HUGO)를 결성하면서 창간한 학술지가 명실상부하게 유전체에 관한 과학 연구를 종체적으로 묶고 논리적, 학술적 차원으로 구체화시킨 계기가 되었다(이정호, 2002a).



<그림 1> 분자유전학의 ‘중심원리’에 입각해서 살펴본 유전학과 유전체학의 관련성

분자생물학 혹은 분자유전학에서 핵심적 구도로 자리잡은 중심원리(central dogma)는 핵산(DNA)인 유전자에 암호화되어 있는 정보가 전시되어 전사본인 전령-리보핵산(mRNA)이 되고 이 전사본에서 탈암호화된 정보가 단백질로 변환(해독)되는 생물체의 정보흐름을 도식적으로 표현한 것이다. 한 유전자는 세포의 분열 시에 어미 세포와 똑같은 딸세포에 똑같은 유전자를 복제하게 된다. 한 유전자에서 전사본과 단백질이 만들어 지는 것을 발현(expression)이라고 하는데, 이렇게 유전자의 정보가 제대로 발현되는 것에 대한 조절은 전사의 단계에서 이루어지는 것이 대부분이고 해독의 수준에서는 현재까지 소수로 알려져 있다. 이러한 유전자의 발현의 조절을 단순히 ‘유전자 조절(gene regulation)’이라고 부르는데, 생명체의 발생단계마다 조직의 분화에 따라 시공간적으로(spatio-temporally)으로 조절이 된다. 이러한 유전자 하나의 수준에서의 조절은 보편적인 전사인자들(transcription factors)과 조직특이적인 전사인자라는 특수한 단백질들에 의해서 이루어진다.

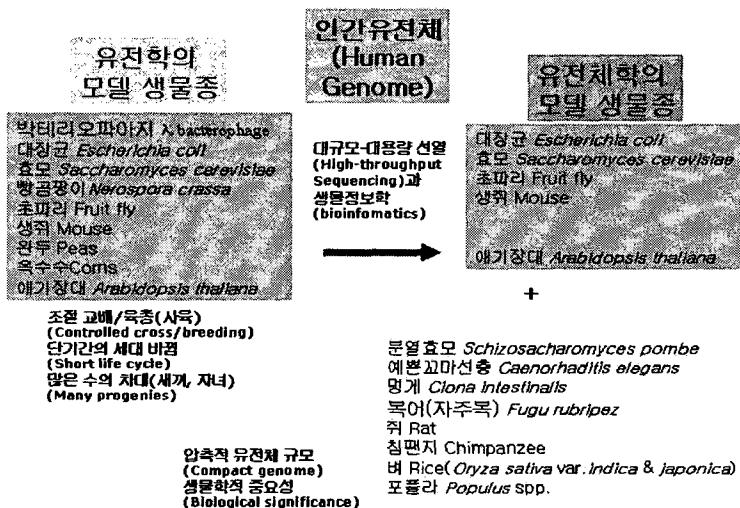
유전자들의 총체로서의 유전체를 대상으로 하면 유전자 하나가 복제되는 수준이 아니라 유전체 전체가 복제되는 세포분열의 차원으로 확대할 수 있다. 혈액 세포와 같이 예외적으로 일정한 유전체의 부분이 분화의 과정에서 결실되거나 배열적 구조조정 되는 수가 있지만 세포분열 시에는 대부분 유전체 전체가 똑같이 복제된다. 유기체를 구성하는 세포가 상이한 모양과 기능을 하는 것은 거의 모든 세포에서 유전체 전체가 거의 대부분 동일하지만 유전체가 발현하는 전사본 전체와 단백질 전체가 그 양과 질에 있어서 다르기 때문이다. 시공간적으로 분화, 발생하는 가운데 세포 전체의 차원에서 유전체는 그 가운데 포함된 유전자의 한 일정한 세트를 전사시키고 해독시켜서 일정한 세포, 조직 고유의 모양과 기능들을 표현하게 된다. 일정한 유기체내의 위치와 시간에 따라서 한 유전체가 전사하는 전사본의 총체는 ‘전사체’(transcriptome)라고 한다. 또한 이 전사체가 시간과 공간의 차이에 따라서 상이한 단백질 세트를 해독하는데 이러한 단백질의 총체를 ‘단백체’(proteome)라고 한다. 다시 말하면 일정한 한 생명체를 구성하는 세포들을 모두 살펴보면 한 개체 혹은 개인의 유전체는 거의 모든 세포에서 같지만 전사체와 단백체는 세포마다 조직마다 다르다.

명칭과는 조금 다르게 인간유전체연구사업은 인간의 유전자들의 총체인 인간 유전체의 핵산기 서열을 다 밝히려한 것뿐만이 아니라 인간이라는 생물종을 생명과학적으로 연구하는 데에 도움을 주는 모델생물종들인 대장균, 효모, 초파리, 예쁜꼬마선충, 생쥐와 같은 동물종이나 애기장대와 같은 식물종의 유전체의 핵산기 서열을 선열²⁾하는 것도 포함하고 있었다. 이러한 모델 생물종의 선택에도 그동안 유전학과 생명과학에서 엄청나게 많이 연구되어서 효모, 초파리, 생쥐 같이 여러 가지 연구의 기반하부구조가 잘 갖추어진 것을 중심으로 발생학이나 신경생물학의 연구를 용이하게 할 수 있는 것으로 판명된 예쁜꼬마선충등이 포함된 것이다. 최근에는 이러한 모델 생물종의 차원을 벗어나서 인간유전체연구 뿐만이 아니라 복어(*Fugu rubripes*)나 벼와 같이 생물학적(유전체학적), 경제적 특성이 있는 생물종들에 대한 연구 기반하부구조가 형성되어 있어서 유전체 선열을 먼저 실행하고, 그 유전체학적 데이터기반을 이용하여 다른 응용연구가 진행되도록 하는 방향으로 유전체 연구가 진전되고 있다(<그림 2>).

1990년에 시작한 인간유전체 연구사업은 와트슨이 주도하던 시기(Watson, 1990)와 콜린즈가 바통을 이어 받은 초기 (Collins and Galas, 1993; Collins et al., 1998)에 인간유전체의 유전적, 물리적 지도를 만드는 ‘지도화’(mapping)와 그에 입각하여 실제로 유전체 핵산기 서열의 ‘선열’을 유전체 연구의 최우선 과제로 삼았다. 이러한 시기는 주로 지도화와 선열에 입각한 ‘유전체학의 성숙기’³⁾라고 할 수 있다. 이러한 시기에 대용량 대규모의

-
- 2) 선열(sequencing)은 유전체의 핵산기(nucleotide) 혹은 염기 서열(sequence)을 생화학적으로 결정하여 일차원적으로 배열하는 것이다. 핵산(DNA)의 핵산기 서열은 선열할 수 있다.
 - 3) 대학 혹은 대학원 교과서의 제목과 내용의 변화에서 유전체학으로의 성숙과정을 살펴볼 수도 있다. 프리모즈가 지은 1995년에 나온 제 1판의 저서는 ‘유전체분석의 원리들(Principles of Genome Analysis)’이고 1998년의 제 2판도 동일한 제목과 부제(A Guide to Mapping and Sequencing DNA from Different Organisms)를 유지하고 있는데, 최근 2003년에 나온 제 3판은 제목이 ‘유전체분석과 유전체학의 원리들(Principles of Genome Analysis and Genomics)’로 바뀌어서 초기에는 지도화와 선열을 중심으로하는 유전체분석, 곧 구조유전체학을 중심으로 하다

실험기자재들이 개발, 상용화되었고, 전산학에서 시작하여 데이터기반을 만들고 관리하고 그 분석기법들을 개발하는 생물정보학의 급속한 발전이 일어났다(쿡-디간, 1997[1994]; Cooper, 1994). 이 시기에는 유전체를 어떻게 나누고 후속 연구를 위한 지도는 어떻게 만드느냐에 초점이 맞추어져 있었기에 여러 가지 연구의 기반하부구조가 확실하게 놓인 시기였다. 인간유전체의 선열이 끝난 2000년 중반에 마무리된 인간유전체서열의 초판본(draft)의 발표가 이러한 시기의 종결을 상징한다(International Genome Sequencing Consortium, 2001; Venter et al., 2001).



<그림 2> 유전학의 모델 생물종과 유전체 연구의 생물종

인간유전체연구사업(Human Genome Project)에서는 전통적으로 유전학에서 가장 많이 연구되어 서 연구의 기반하부구조가 튼튼한 모델생물종들이 지도화와 선열의 대상이 되었다. 이들 모델 생물종들이 차츰 선열되면서 유전체학의 특유성으로 강조할 수 있는 생물종으로 압축적 규모의 유전체를 가지는 복어 같은 생물종이나 벼와 같이 경제적 중요성이 큰 생물종이 유전체 연구의 대상으로 등장하였다.

가 가능유전체학의 정립과 궤를 같이 하여 유전체학이라는 용어를 교과서에 도입하는 변화를 읽을 수 있다(Primrose, 1995, 1998; Primrose and Twyman, 2003).

유전체학의 성숙기에 기능유전체학의 단초도 생겨났다. 기능유전체학은 최근까지 전사체학과 단백체학을 지칭하는 것으로 되어 있는데 무게 중심은 전사체학에 있고, 기능유전체학과 전사체학은 바꾸어서 쓸 수 있다. 1990년대 중반부터 1) 미세행렬(microarray) 혹은 핵산칩(DNA chip)이라고 하는 대용량 실험 기자재의 개발(Schena et al., 1996; Lockhart et al., 1996)이나 2) 유전자 발현의 연속적 분석(SAGE, serial analysis of gene expression)과 같은 기법(Velculescu et al., 1997)의 발전이 이루어 졌다. 이 두 가지 모두는 이후에 전사본의 전체를 다룰 수 있다는 비전이 생겨났고 이론적으로 이러한 전사본 전체를 지칭하는 용어인 전사체도 생겨나게 되었다. 단백체라는 말은 전사체보다 먼저 생겨나 있었는데 이는 주로 세포내의 단백질 전체를 이차원적으로 젤(gel) 전기영동하는 기법이 먼저 존재했기 때문이다.

이러한 생명과학 내부의 혁신들이 그동안 유전체의 유전자 정보를 데이터 기반(database)화하고 있던 생물정보학과 만나서 기능유전체학이라는 지식 체계를 성립하게 만들었다.

2) 생물정보학과 유전적 정보

생물정보학은 1990년대 인간유전체연구사업으로 인해서 엄청나게 발달한 분야이다. 문자유전학의 중심원리가 보여주는 서열 정보의 흐름과 그 정보의 중요성은 정보기술 및 전산학과의 연결성에 기본이 된다. ‘유전적 정보’의 가장 기본적 형태는 이러한 사실에 기초해 있다. 생명체가 가진 유전자들의 핵산기서열들, 단백질의 아미노산서열들에 대한 데이터 혹은 정보들이 지속적으로 축적되면서 처음에는 이러한 서열들의 정보 혹은 데이터의 저장소에 생물정보학 발달의 단초가 있었다. 이후에는 이러한 서열 정보들 혹은 데이터를 전산적으로 집적한 데이터기반을 구축하는 것과 데이터기반으로부터 정보와 데이터들을 검색하고 추출해 내며, 생물학적 논리를 갖추도록 분석하는 것을 중심으로 전산학과 컴퓨터의 능력과 기법들이 결집된 것이다(박스

바니스·올레뜨, 2003). 물론 수학적 알고리듬과 소프트웨어의 개발이 이에 병행하여 발달하였기 때문에 데이터기반과 연결되고 혼용되어 생물정보학의 현재와 같은 모습이 갖추어 지게 된 것이다. 이러한 데이터기반들을 탑재할 하드웨어는 미국과 시간차를 두고 유럽과 일본에서도 대부분 인간유전체연구사업 이전에 준비가 된 상황이었고, 개인용 컴퓨터의 급속한 보급과 소프트웨어의 폭발적인 발전은 생명과학분야 전반에 전산문화를 빠르게 확산시켰다.

인간유전체연구사업을 통해서 그동안 존재하던 인간을 포함한 여러 생명체의 유전체 핵산기 서열 및 아미노산 서열들의 데이터기반들이 양적으로나 질적으로 폭발적인 속도로 발전하였다. 미국 국립보건원군(NIHs)의 하나인 국립의료도서관 소속의 국립생명공학정보센타(NCBI)가 주관하는 유전자은행(GenBank), 유럽분자생물학실험소(European Molecular Biology Laboratory)가 주관하는 이엠비엘(EMBL), 일본의 국립유전학연구소(National Institute of Genetics)가 주관하는 디디비제이(DDBJ), DNA DataBank of Japan)는 유전자, 유전체에 관한 정보를 총체적으로 결집시켜둔 세계 3대 유전체 데이터기반이다.

유전체학의 성숙기인 인간유전체연구사업의 전반기에는 유전체 데이터기반의 형성과 이용자 유용성 증대이외에도 핵산기 서열의 분석의 이론과 소프트웨어의 지속적인 개발, 유전적 지도와 물리적 지도의 작성을 위한 배경 이론과 그에 수반된 소프트웨어의 발전, 단일 유전성 질병들의 데이터기반, 단일 유전성 질병들의 질병유전자의 ‘위치적 분계화’⁴⁾(이정호, 2002a; 2002b)

4) 위치적 분계화(positional cloning)는 단일 유전자에 의한 유전적 질병의 가계들(families or pedigrees)을 이용하여 질병 유전자의 염색체적 위치를 먼저 규명하고, 그 위치에 있는 유전자들이 질병유전자인지를 환자들에게서 유전자의 결합이 나타나는 것으로 찾아내는 것을 말한다. 일종의 연구 및 실험 전략으로 초반부에 해당하는 염색체적 위치 규명에는 아주 가까이에 있는 유전자들끼리는 감수분열 시에 비슷하게 따라서 유전된다는 연관(linkage)의 원리를 이용하며 유전적 표지들의 유전적 지도를 사용한다. 후반부에는 물리적 지도를 이용하고 실제 환자의 유전자를 검사하는 과정이 포함되어 있다.

에 동원되는 유전적 연관 및 물리적 위치지정 관련 수학적 지식의 소프트웨어화 등이 이루어 졌다.

기능유전체학의 시기로 접어들면서 전사체학 연구를 위한 새로운 개념의 데이터기반들의 형성이 요구되었고, 우선 전사체를 분석하는 통계적 소프트웨어들이 만들어지기 시작하였다. 약간의 시차를 띄면서 단백체를 분석하는 생물정보학도 분석실험기계들의 발전과 발을 맞추어 개발되고 있다. 미세행렬을 위시한 여러 기능유전체학 연구기자재에는 이러한 생물정보학적인 부속품들이 반드시 따라가게 되어 있다. 하지만 기능유전체학을 제대로 하기 위해서는 전사체나 단백체를 분석하는 이론적 배경과 인식틀이 적절하게 마련된 것이 아니다.

최근의 한국의 생물정보학 발달을 추적해 보면 생물학과 전산학(정보학)의 잡종(hybrid) 학문내지는 기술이라는 관점에서 유전학적 기반과 생명과학의 전산기술적 확대라는 측면에서 형성되고 있었다기보다는 생물정보학의 발달이 단지 정보기술(IT)의 아류 정도로 보는 편협한 시각과 인식 속에 진행되었다. 생물학 지식과 논리 속으로의 통합성이나 실제적 기여라는 측면에서는 긴요한 기반의 형성이 지체되었다.

3) 개인식별 유전학과 한국적 변형

인간의 유전적 정보에 대해서 개인과 사회에 직접적인 가시성이 있고 서구적 유전학, 유전체학의 발전과 통합되어 있는데도 불구하고 한국에서는 따로 떨어진 분야로 알려져 있는 생명과학의 세분 분야는 ‘개인식별 유전학’으로 부를 수 있다. 이 분야는 원래 영국 레서터대학(University of Leicester)의 유전학자 알렉 제프리가 ‘핵산지문법’(DNA finger-printing)으로 지칭하였던 것으로(Jeffreys et al., 1985; 보드머·매카이, 1996[1994]), 수사과학(forensic science)에 적용된 문자유전학적 방법론에서 유래한다고 할 수 있다(Lander, 1992). 한국에서는 유전자 감식, 핵산 프로필(DNA profile), 핵산타

이핑(DNA typing)으로 불리고(정연보, 1996; 디엔에이 프로필 연구회, 2001), 간단하게 ‘유전자검사’라는 이름으로 생명공학회사도 설립되어 있다(이채열 외, 2002).

개인식별 유전학은 일정한 인간 집단—예를 들어 한국인 집단(이정호, 2003)—가운데 속하는 특정한 개인이나 친족 관계를 유전학의 방법론을 이용하여 식별하는 것을 말한다. 전통적으로는 지문이나 생체 정보, 혹은 다른 다양한 증거를 이용하여 식별하던 것이다. 실제로 개인식별의 유전학에서는 ‘유전자 검사’라는 말로 표현되는 바처럼 유전자를 직접 검사하는 수도 있지만 대부분 유전자를 검사하는 것이 아니고 ‘유전적 표지(genetic marker)’를 식별의 도구로 이용한다.

현대적인 유전적 표지는 유전자 내에서도 존재하지만 대부분 통상적으로 유전자라고 부르는 유전체의 부분, 곧 단백질이나 전령-리보핵산으로 암호된 부위가 아닌 일정 부위에 위치하는 핵산변이(DNA variation)들이다. 이들은 최근까지도 상당수의 분자생물학자들에게 ‘쓰레기핵산(junk DNA)’으로 불리던 부위였다. 이러한 핵산변이들은 집단 내의 개인 간에 차이를 보이고 이러한 차이를 유전자에서와 마찬가지로 대립인자(allele)라 한다. 일정한 수의 유전적 표지들을 검사해 보면 일정한 크기의 인간 집단 내에서 동일한 개인인지 아닌지를 확률적으로 구별할 수 있고, 한 개인과 관련이 있는 친족들과의 관계들도 규명할 수 있다. 이러한 유전적 표지들은 여러 종류가 있는데 인간 유전학에서나 유전체학에서 자주 쓰이는 미위성체(microsatellite) 혹은 짧은 직렬반복(STR, short tandem repeat)이나 최근에 유전체학에서 ‘뜨는’ 단일염기다형(SNP)도 유전적 표지에 포함된다. 미위성체는 수개의 염기서열이 직렬으로 반복된 부위에서 개인 간에 그 반복수가 변이를 보이는 것이고, 단일 염기다형은 유전체의 어느 부위이던지 한 핵산기 서열이 집단에서 동일한 한 가지가 아니고 5%이상의 빈도로 다른 염기서열로 치환되어 있는 경우이다. 미위성체 표지는 인간유전체연구사업 초기에 인간유전체의 유전적 지도(genetic map) 작성에 큰 중심으로 이용되었고, 이후에 물리적 지도(physical

map)을 만드는 데 필요했던 위치계표⁵⁾의 일부로도 사용되었다(이정호, 2002b). 이 유전적 지도와 미위성체 유전적 표지는 단일 유전자성 유전질병의 질병유전자를 찾아내는 대규모 연구인 위치적 분계화에는 없어서는 안 될 주요한 연구자원이다. 개인식별 유전학에서는 개인식별에 용이하면서도 실험이 비교적 간단한 유전적 표지를 이용하는 데, 현재로서는 미위성체 표지가 개인간의 차이를 구별하는데 필요한 대량인자수가 많고 그 빈도도 상당히 균질 분포를 보이며 비교적 실험이 용이하기 때문에 많이 사용된다. 한국에서 개인식별 유전학은 과학적인 범죄수사나 민사소송에 이용되는 친자감별 같은 실용적 목적을 가진 의과대학의 법의학 교실을 중심으로 응용되기 시작하였다. 조금의 시차를 두고 범죄수사를 과학적으로 담당하는 국립 과학수사연구소도 이러한 면에서 법의학 교실과 비슷한 기여를 한 것으로 평가된다. 아이디 진이나 진코텍과 같은 생명공학 벤처회사도 개인식별 서비스의 상업화의 역할을 담당하였다(이채열 외, 2002).

4) 한국의 유전체 관련 연구사업

한국에서의 생명공학 담론이 커지고 있는 가운데에 1990년부터 미국과 유럽, 일본에서 시작되고 있던 거대 연구사업인 인간유전체연구사업에 한국의 생명과학자 공동체도 참여하는 것이 좋겠다는 논의가 생명과학자 집단에서 제기되었고, 한국유전체연구회(회장: 이세영)가 결성되어 당시에 과학기술부의 국가 연구개발로 진행되던 G7과제중의 확실한 큰 연구사업으로 만들기 위한 노력을 기울인 적이 있다. 그러나 과학기술부 관료들이나 국회의원들을

5) 위치계표(STS, sequence tagged site)는 유전체내의 일정 염색체의 특정한 부위에 존재하는 일정한 길이의 고유한 핵산기서열들을 발굴하여 물리적 지도상에 위치시켜 놓은 것들을 말한다. 그런데 이 일정한 길이는 중합효소연쇄반응에 의해서 쉽게 증폭될 수 있는 길이를 의미한다. 미위성체의 반복부위 밖의 인접부위에도 고유한 서열들이 있기 때문에 반복부위를 포함하는 이 고유 핵산기 서열들은 위치계표로 사용될 수 있다.

설득하는 작업에서 실패하여 유전체연구는 과거에 유전공학에 대한 상당한 지원이나 제도적 뒷받침과는 달리 초기에 지원을 받을 수가 없었다. 한국분자생물학회(현재 한국분자세포생물학회)가 한국 최대의 회원 수를 가지는 학회로 발돋움할 수 있었던 것과 현재의 한국유전체학회가 소수집단이라는 것은 이에 비례하는 대조를 보인다. 국가관리형 연구개발 형태를 보이는 당시까지만 해도 대학과 출연연구소의 연구는 국가연구개발과제가 형성되지 않으면 연구자체가 성립이 되지 않을 정도였다는 점에서 당연한 일이다. 그리고 유전체 연구 사업을 주창하기 시작한 한국과학기술원 유전공학연구소가 분리 독립하여 새로이 한국생명공학연구원(KRIBB)으로 조직을 개편해 나온 상황이었기 때문에 자체의 조직과 연구 역량을 제고하는 데에도 어려운 형편이었다고 할 수 있다.

공식적으로 한국의 유전체 연구는 1994년 과학기술부 출연 전체 연구비 총액 10억원(120만 달러)의 수개의 시험적 과제들로 시작되었다. 농림수산부와 농업진흥청 농업과학기술원을 중심으로 한 공동 연구개발로 24억원(300만 달러)의 연구비로 일본이 주도한 다국적 벼 유전체 연구사업에 참가하였다(Kang, 1997).

2000년대에 들어오면서 과학자 출신의 연구사업단 단장이 중점기반연구 경영과 함께 연구비 수주를 관리하는 시스템을 가지는 과학기술부의 ‘21세기 프론티어연구개발사업’ 속에 상당수의 유전체연구사업과 생명공학 연구사업이 형성되었다. 인간유전체기능연구사업단(시작 2000년), 자생식물이용기술개발사업단(2000년), 생체기능조절물질사업단(2001년), 작물유전체기능연구사업단(2001년), 세포응용연구사업단(2002년), 프로테오믹스이용기술개발사업단(2002년), 미생물유전체활용기술개발사업단(2002년)등의 연구사업단이 시작되었다(과학기술부, 한국과학기술기획평가원, 2003). 이중에 광의의 유전체학에 속하는 분야로는 인간유전체기능연구사업단, 작물유전체기능연구사업단, 프로테오믹스이용기술개발사업단, 미생물유전체활용기술개발사업단이 있다. 2003년에는 국책사업으로 ‘한국인 반수형(haplotype)정보 개발사업’이나 ‘동

북아 민족기능성 게놈프로젝트 같은 연구사업'이 시작되었다. 농림부 쪽에서의 유전체 연구개발은 현재 벼와 배추를 중심으로 농업생명과학연구소(개편 2002년)에서 주로 전개하고 있고, 보건복지부 쪽에서는 보건에 관계된 연구를 위해서 국립보건원 유전체연구부(구 국립유전체연구소, 2000년)가 조직되어 국가연구개발을 진행하고 있다.

이러한 소위 '생명공학'연구의 분위기를 타고 엘지(LG)생명과학이나 삼성 종합기술원/삼성생명과학연구소와 같은 재벌의 계열사에서도 각각 암조직의 기능유전체학이나 단일염기다형을 이용한 연구 등에 투자하고 있다. 생명공학국가연구개발 사업과 벤처창업의 분위기를 타고 많은 생명공학 벤처사들이 창업되었으나 새로운 원천기술이나 수익모델에 대한 사전인지가 없이 시작한 경우가 많았기 때문에 현재 주요 상품을 기능성 식품이나 다른 쪽으로 전향시키는 경우가 많다. 국가의 연구개발 사업의 연구비를 '전문적으로' 수주하는 것을 목표로 하는 벤처회사들도 다수 설립되었다. 아직 살아남아 있는 벤처회사들도 국가연구개발비의 수주가 없이는 실제로 별로 살아남을 여력이 없는 것으로 보인다. 마크로젠도 한국인 핵산(DNA)를 이용한 물리적 지도를 완성하였는데, 기술도입차원이 아닌 외국에 수주를 주어 완성한 정도라고 한다.

5) 개념적, 과학지식적 통합성에 필요한 기초 부실과 과편화

최근의 유전체학 성숙기에 있어서의 '유전적 정보'는 한 개인이나 개체의 전체 유전체를 대상으로 하는 정보로 확장되어 있다. 물론 과거의 고전유전학 및 분자유전학 발전을 통해서 이루어진 지식이 그어주는 틀 안에서 밝혀지는 개인의 유전적 질병이나 여러 형질의 유전자들에 대한 정보도 포함한다. 또한 개인의 식별에 관계된 정보도 사회적 함의가 큰 만큼 큰 비중을 차지한다. 이렇게 유전적 정보의 개념은 통합적인 성격을 가지고 있다. 한국에서의 유전적 정보의 생산에 관계된 구조적 측면을 살펴보면 이런 통합성의

측면에서 기초 부실과 과편적 형태의 생산 구조를 가지는 것으로 드러난다.

한국의 유전체 연구사업의 전반을 기술과 학문 발전의 궤적이라는 면에서 살펴보면 유럽과 미국, 그리고 일본의 인간유전체연구사업의 ‘제 1 단계’ 혹은 ‘기초단계’에 해당하는 기존의 구조 유전체학으로 불리던 분야와 그 연구는 별로 연구추적이나 기술의 습득에 대한 적정선의 노력이 없었다. 오히려 ‘제 2 단계’ 혹은 ‘성숙단계’로 볼 수 있는 기능유전체학의 단계로 진입하였음을 주목 할 수 있다(김훈기, 2000; 유향숙, 2001; 2002). 기초단계 혹은 기존의 유전체학이 분자생물학과 생명공학 전반에 가져온 큰 영향은 선열된 유전체 서열 정보라는 생물정보학적인 공공재 뿐 만이 아니라 인간과 다른 생물종의 유전체를 연구하는 연구자원(research resource)들의 축적이었다고 할 수 있다. 이 연구자원들은 기존의 분자생물학자들의 연구에 지대하게 도움이 되는 실험 및 연구 재료로 기능하고 있다.

한국의 유전체 사업은 기초단계 유전체학 분야에는 거의 투자도 없었고 선진국 수준의 기술도 보유한 것이 아니다. 유전체학과 유전체 연구는 첨단의 생명과학과 유전학을 모태로 하는 것임에도 불구하고 공적 연구기획 및 기업의 기술기획이 생명과학의 기초 원천기술의 개발이나 습득의 전문성과는 거리가 먼 사람들에 의해서 이루어 진 것으로 보인다. 유전체학 분야가 대규모, 대용량, 전산화를 지향한다는 고유의 특성에서 살펴보면 ‘국가 전체의 통합적인 운영’과 ‘공적 부문과 기업 부문의 영역 분절’이 제대로 이루어 지지 않아서 각개약진형이나 과편화된 유형의 문제들이 생기는 것으로 보인다. 따라서 현재의 한국의 유전체학은 기존의 과학지식이 아닌 새로운 과학지식의 창출이나 원천 기술개발을 담당할 전문 인력의 수에 있어서나 그 과학기술의 수준에 있어서 수년이 지나면 성장의 한계에 직면할 것으로 예상된다.

한국 생물정보학은 주로 생명과학과는 전혀 다른 배경을 가진 사람들이 다학제적 협동연구의 역사가 일천한 새로운 첨단 분야의 연구에 참여하게 되어 생명기술(BT)과 정보기술(IT)의 융합학문이라는 가치를 내어 걸었지만

지나치게 정보기술 쪽으로만 특화되어 유전체학이나 생명과학과의 통합성에 있어서 큰 문제를 안고 있다.

개인식별 유전학으로 눈을 돌려 보면 유전적 표지들이 일정한 사회속의 개인을 구별하는 데에 사용되며 이러한 유전적 표지들의 이론적 배경은 집단유전학이라는 인식(이정호, 2003)은 한국 사회에 널리 퍼져 있지 않았다. 인간이나 한 사회 전체에서의 유전자(대립인자)의 빈도에 대한 개념이 소수의 전문가들에게 국한되어 있었고, 이러한 대립인자의 빈도와 한국인 집단의 유전 질병과의 관련성에 대한 연구나 기초적 데이터에 대한 인식은 형성되지 않았다. 유전공학이라는 교육 혁신이 의과대학의 유전학 재편성과 맞물리지 않은 결과 중의 하나로 평가된다.

유전적 정보의 생산에 관계되는 구조적 측면들이 이러한 상황에서 벤처기업을 통한 생명공학산업의 도모는 성찰해 보아야 할 여지가 상당하다. 아무런 연계 산업이나 인프라가 없는 한국의 경우는 서구와 일본의 경우와는 아주 다른 환경을 가지고 있기 때문이다.

미국과 유럽, 그리고 일본에서의 생명공학사들의 설립과 그에 동원된 벤처자본의 역사는 한국 보다는 상대적으로 이른 편이고 경험이 깊고 앞선 편이다(언스트 앤 영, 2002; 니끼이 바오테크, 2002; 이채열 외, 2002). 인슐린과 같은 의료에 긴요한 물질을 유전공학에 의해서 생산해 내는 새로운 생명공학사가 거의 1980년대부터 생겨나기 시작했다. 이전에는 주로 효소공학이나 식품산업에 맞는 회사들이 생명공학회사에 해당하는 것이었다.

따라서 특히 미국에는 1990년대에 인간유전체연구사업이 시작되기 이전부터 생명과학을 뒷받침하거나 생명공학을 이용하는 산업들이 존재했고, 자본에 의한 생명공학 연구개발의 역사도 상당히 있었다. 생명과학 연구를 뒷받침하는 시약이나 연구기자재 산업들도 생명공학의 발전에 필요한 기반으로 이미 자리 잡혀 있었다. 인간유전체연구사업은 이러한 산업들에 활기를 불어 넣으면서 광의의 생명공학산업에 새로운 스타일의 사업들을 도입하게 되는 계기를 만들어 준 셈이다. 유전체의 핵산기서열을 선열하는 사업에 여러 생

물종에 대해 진행됨에 따라서 대용량의 전산화, 자동화, 로봇화된 선열기계들이 발전하게 만들었고, 이러한 기자재 개발사업에 필요한 여러 소재와 부품 개발 사업들이 같이 진행된 것이다. 또한 이러한 기자재를 이용하여 실제로 대용량, 대규모 실험을 할 수 있도록 시약(reagent)산업도 활성화되는 계기가 마련되었다. 중합효소연쇄반응(PCR, polymerase chain reaction)이라는 핵산(DNA)을 대량으로 신속히 증폭하는 실험기법이 개발되면서 생명과학 실험실은 근본적으로 큰 변화를 입었다. 중합효소연쇄반응을 중심으로 개별적 실험들 중에서 많은 횟수를 대량으로 실시할 만한 기법들을 묶어서 빠른 시간 안에 정확하게 결과를 낼 수 있도록 만든 실험키트(kit) 제품들의 개발이 촉진되었다.

또한 생물정보학의 발달은 선열이나 다른 방법으로 수확한 여러 가지 서열 정보와 생물학적 정보들을 한 곳에 모으는 컴퓨터 하드웨어와 소프트웨어의 발달을 촉진시켰다. 이러한 기반 산업들이 활성화되는 가운데, 인간이나 다른 동물종에서 얻어지는 인슐린이나 인터페론 같은 생체약품들의 생산에 관계된 생명공학사들이 생겨나고 기존의 제약회사들과 함께 병행 발전하기 시작한 것이다.

2000년대에 가까워지면서 기능유전체학에 필요한 미세행렬(microarray)을 이용한 실험기술들이나 전사체 연구 기법들이 등장하였다. 이러한 새로운 형태의 대규모 실험을 수행하는 기계들의 발달이 촉진되었고, 대규모 대용량 실험자체도 로봇으로 자동화하는 기계공학 기술들이 도입되면서 유전체 연구에 필요한 기자재나 시약의 개발에 관계된 새로운 방향의 산업화가 시도되었는데, 일부는 언제나와 마찬가지로 산업화에 성공하였다.

4. 유전적 정보의 사회적 환경 : 생명공학과 시민사회운동

과학과 사회의 상호작용에 대한 인식이 비교적 낮았던 한국에서는 시민사회단체가 수행해 온 역할이 상당히 큰 중요성을 가진다(이영희, 2001; 김훈

기, 2004). 또한 시민사회단체가 수행하는 역할에는 새로운 과학적 지식이나 정보의 유통과 확산이 일으키는 사회적 문제뿐만이 아니라 그러한 지식과 정보가 생산되는 측면에도 문제제기를 할 수 있다. 과학에는 열광보다는 성찰이 필요하다는 주장(이충웅, 2005)을 빌려 온다면, 한국의 유전적 정보 생산 구조에 열정적 내지는 열광적 영향은 생명공학 담론이 준다고 한다면, 대표적으로 구조에 관한 성찰을 유도하는 영향은 시민사회운동이 준다고 볼 수 있다. 따라서 유전적 정보가 생산되고 유통되는 데에는 한국의 생명공학 담론과 시민사회 운동의 목소리가 사회적 환경을 형성한다(이정호, 2005).

유전 개념이나 유전적 정보의 측면에서 1980년대 중반 유전공학 담론이 생겨났을 때에는 한국의 과학자 공동체가 실제로 유전공학에 의한 작물이나 실험동물의 형성 기술을 완전히 독자적으로 보유하기 이전이고 유전공학 담론을 통해서 한국의 전체 생명과학의 발전이라는 화두가 제시된 정도에 머물러 있었다.

21세기로 들어오는 무렵에 두 주제가 시민사회의 대응을 촉발시켰다. 하나는 소위 복제를 둘러싼 생명체 조작 관련 논쟁이고(권혁찬, 2004; 김명희, 2004; 전방욱, 2004), 다른 하나는 유전자변형생물체(GMO, genetically modified organism)의 식품위험성이다(권영근, 2000). 2004년 제정되어 2005년에 시행된 '생명윤리 및 안전에 관한 법률'(대한민국 국회, 2004)이 제정되기 까지 시민사회단체와 생명윤리관련 학회들의 노력과 수고는 높은 평가를 받을 만하다.

1) 복제 논쟁

영국에서 체세포 핵치환에 의해서 부모의 유전체가 뒤섞인 정상적 차대가 아니라 한 쪽의 성체의 유전체를 그대로 가진 비정상적 개체인 돌리(Dolly)가 이언 윌머트 연구단에 의해서 나타나게 되어(Wilmut et al., 1997), 전세계적인 윤리 논쟁이 촉발되었고 과학(언론)매체 뿐만이 아니라 일반 언론매

체에서 크게 부각되었다. 생명과학적으로 이러한 기술은 발생학에서 세포와 핵이 아주 커서 자주 이용되는 두꺼비종(種)에서는 1962년에 이미 이루어져 있었고(Gurdon, 1962), 포유류에는 가능하지 않다는 것이 그동안의 정설이었는데 이러한 경향을 뒤집고 가축종중의 하나에서 실제로 여러 기초연구결과의 축적 후에 실현시킨 것이었다.

한국에서는 돌리가 생겨나게 만든 방법을 인간배아에도 적용할 수 있다는 위험성이 전문가들이나 언론매체에 먼저 알려 졌고, 윤리적 문제를 일으킬 만한 과학연구에 대한 사회적 통제(Burn and Strachan, 1995)에 대한 경험이 거의 없는 한국 사회에 센세이션을 일으키고 유명세를 타기 위한 일부 발생학 연구자들 혹은 한국적으로 지칭하여 ‘복제연구자들’이 물의를 일으킨 적이 있었다. 이즈음에는 한국의 생명과학자들도 자연적인 생명체의 유전적 조성을 인위적으로 변형하는 기술들을 실제로 일부에서는 보유하고 있었거나 혹은 보유할 수 있는 잠재성을 가진 단계에 있었다.

생명공학 논쟁이 명실상부하게 한국 사회 전면에 나타나기 시작한 것은 이러한 때였다. 논쟁은 주로 두 방향으로 양극화되는 경향을 가지는데, 한쪽은 주로 발생학에 관여하거나 관심이 있는 생명과학자들을 중심으로 시민사회단체들이 제기하는 문제들은 과학발전에 도움이 되지 않고 오히려 걸림돌로만 작용한다는 입장이었다. 다른 쪽은 시민사회단체들에서 과학이 물고 올 윤리적, 사회적, 법적 여파들에 과학자들이 너무나 둔감하며 생명과학기술의 상업화, 기업화에 수반되어 나타날 비가역적 부작용에 대해서는 규제만이 중요하다는 입장으로 정리된다.

이후에 생명공학의 윤리 논쟁은 다시 아주 한국적인 개념인 ‘복제’를 통해서 더욱 가열되었고, 여러 상호작용 혹은 우여곡절을 거쳐서 ‘생명윤리 및 안전에 관한 법률’의 제정으로 까지 이어졌다. 양에서 성공한 방법론을 한우에 적용하여 복제소의 탄생을 성공시키면서 언론매체와 시민사회단체의 여론이 다시 환기되었고 윤리 및 과학연구에 대한 통제를 위한 담론이 형성되기 시작한 것이다.

복제는 영어의 클로닝(cloning)을 끓긴 것이다. 실제로 이전에 한국의 전문적 생명과학 용어로 정리된 것을 보면 복제라는 용어는 유전체인 핵산(DNA) 혹은 염색체들의 한 세트가 세포분열을 할 때 동일하면서 새로운 다른 한 세트를 만들어 내는 세포적 과정인 ‘레플리케이션’(replication)을 지칭하는 낱말이었다(<그림 1> 참조). 클로닝은 그대로 클로닝으로 사용되고 있었고 마땅한 한국어 낱말이 없었다. 클로닝은 일차적으로 동일한 유전적 조성을 가진 세포를 만들어 내는 기술을 의미하고, 클론(clone)은 클로닝에 의해서 만들어진 동일한 유전적 조성의 개체들을 의미한다. 미생물학의 영향이 깊게 드리워진 분자생물학이나 유전공학에서는 주로 인간에 독성이 없는 이종(strain)의 대장균을 자유자재로 이용하는 편인데, 대장균이 아닌 다른 생물종의 유전체에서 새로운 유전자만을 뽑아내어 대장균내부에서 복제되는 형태(플라즈미드)로 대장균 세포 안으로 넣는 것도 클로닝이라고 하였다. 이렇게 뽑아낸 다른 생명체의 유전자가 도입된 균주들이 굉장히 많은 수를 배양할 수 있기 때문이었다. ‘유전자변환된(transformed) 대장균’을 만드는 것이 바로 클로닝과 같은 의미를 가지고 있었다.

한국에서 유통되는 ‘복제’의 개념은 주로 핵치환에 의해서 돌리나 영통이 같은 세포나 개체 수준의 동일한 개체를 만들어 내는 것을 지칭한다. 그런데 복제로 번역된 클로닝이 가진 다의적인 의미를 다 가지고 있는 것이 아니다. 그리고 복제된 개체를 뜻하는 클론이 지칭하는 균주나 개체 모두를 포괄하는 말은 아예 없다.

2) 유전자 변형 생명체 논쟁

‘유전자변환된 대장균’이 이미지화해 주는 또 다른 대상은 ‘유전자변형생물체’(GMO)이다. 대장균의 차원이 아니라 생쥐같은 모델 동물이나 작물과 같은 식물체의 유전체 차원에서 유전자 전이나 유전자 변형이 이루어지면 유전자변형생물체가 된다. 다른 말로 하면 다른 생명체의 유전자가 동식물

본래의 유전체내에 도입되어 들어오든지 아니면 본래의 유전체내의 일부의 유전자가 변형되어 있든지 한 것이 유전자변형생물체가 된다. 자연적으로는 주로 아주 낮은 빈도의 진화적 과정으로 유전체내의 일부의 유전자에 변형이 일어난다(돌연변이). 유전공학과 생명공학에서의 문제는 이러한 변형이 인위적으로 도입되고 이렇게 변형이 일어난 개체들이 다수 만들어 지며, 다시 이러한 다수의 인공적 변이체들이 자연적 변이체들과 섞이게 될 위험성이 상존한다는 점이다. 이러한 인위성이 어떠한 가공할 만한 영향을 가져올지 모르는 불확실성이 있다. 이러한 영향에 대해서 과학자들 뿐 만이 아니라 전체 사회 구성원들의 신중하면서도 사려 깊은 생명과학기술의 통제(김명식, 2001)와 ‘사전예방의 원칙(precautionary principle)’이 적용되어야 한다(Auberson-Huang, 2002).

한국에서는 이러한 유전자변형생물체에 대한 문제제기가 시민사회에서 일찍부터 이루어 져서 주로 농작물에 대한 유전공학을 통해서 제초제 희피성이나 해충구제성 유전자를 도입(변형)시킨 작물에 대한 연구는 농업생명과학자들 중에서 초기에 있었던 연구 열기를 잊어버리게 하였다. 이로 인해서 유전적 변환이 아닌 다른 종류의 다양한 생명공학의 창출에 주목하게 되었으며, 유전자변형작물의 수입과 검역에 대한 사회적 통제에 대한 인식도 많이 생겨나 있다.

3) 유전적 정보의 보호

유전적 정보는 정보통신 바람으로 묘사되는 1990년대의 한국 사회의 정보화가 물고 온 긍정적, 부정적 흐름 모두와 관련성을 지니고 있으며, 새로운 상승효과와 부작용을 만들어 낼 가능성이 있다. 최근에 한국에서 데이터기반에 들어가 있는 개인 정보의 유출과 그로 인한 프라이버시와 인권침해의 위험성은 지속적으로 높아지고 있는데(이영희 외, 2003), 개인의 유전적 정보와 다른 인권 침해적 요소나 과도한 상업성의 악영향을 직접적으로 받을 수 있

는 개인 정보가 중첩 혹은 연동되거나 유출되는 경우에 생길 개인적 피해와 사회적 혼란은 사전에 제도적으로나 여러 다른 차원에서 예방될 필요가 있다. 최근에 범죄자, 미아, 이산가족의 유전적 데이터베이스 형성을 둘러싸고, 과학수사연구소, 검찰, 다른 여러 정부기관과 단체, 그리고 개인 식별 유전학 관련 생명공학회사들의 이해관계가 그물망처럼 얹혀 있다(김병수, 2001, 2004, 2005). 이러한 연구사업은 개인의 사생활이나 소수자 인권보호의 차원에서 논의되어야 하는 만큼 절차와 방향에 있어서 사회적 합의의 창출이 이루어지게 되어야 할 것이다.

5. 개념적, 과학지식적, 제도적 통합성

기초과학과 응용과학으로 양분할 때 유전학과 유전공학의 쌍, 생명과학과 생명공학의 쌍은 한국 사회의 응용과학 편중 혹은 한국 과학기술의 구조적 불균형을 아주 쉽게 가늠할 수 있게 한다. 한국에서의 기초과학과 응용과학의 불균형의 정도는 알려진 대로 일제강점기 이후로 팽배해진 지나친 도구주의적 과학기술관(김영식, 1998)에서 유래하여 공고화된 것이다.

본 논문에서는 우선 고전유전학의 틀이 그어주는 유전 개념을 중심으로 지식생산의 제도적 측면에서 한국의 유전학과 유전공학 쌍이 가진 구조적 불균형을 지적하였다. 또한 한국의 유전공학과 유전학교실 체제의 제도적 불균형은 생화학의 생화학과 생화학교실 체제의 제도적 균형과는 상대적으로 비교가 된다는 것을 밝혔고, 한국의 의과대학 제도에서 일차적으로 그 이유를 찾을 수 있으나 불균형이 초래된 이유와 조건들은 차후에 더욱 심도 깊은 연구가 이루어져야 할 것이다. 두 번째로 1980년 중반의 유전공학 유행은 1990년대 후반으로 와서 생명공학 담론으로 전화(轉化)되었다는 것이 지적되었다. 이것은 현재 생명과학과 생명공학의 쌍에서의 기울기가 생명공학 쪽에 있는 불균형의 주요한 원인인 것으로 보인다.

현재의 유전적 정보 개념은 과거의 유전 개념을 계승한 것이다. 개념적

변화의 원인은 인간유전체연구사업과 그에 의해 성숙된 유전체학의 출현, 전 산학을 생명과학에 도입한 생물정보학의 발달이다. 따라서 유전적 정보는 개개의 유전자의 차원에서 한 인간, 또는 인류 전체의 유전체, 곧 유전자들 전체에 관한 것으로 확대·심화되었다. 서구와 일본에서는 이렇게 심화된 유전적 정보의 생산 구조가 고전유전학의 전통과 함께 나름대로의 개념적, 과학 지식적, 제도적 통합성을 가지고 있다. 또한 기초과학 대(對) 응용과학과 기술의 균형을 유지하고 있는 편이다.

반면에 한국에서는 상대적으로 유전적 정보 개념의 제도적 통합성을 필두로 개념적, 과학지식적 통합성에서 뒤떨어 진 편이다. 유전체학에서는 유럽, 미국, 일본의 인간유전체연구사업의 발전 궤적의 ‘기초단계’ 혹은 ‘제 1기’ 형태에는 거의 인프라, 투자, 연구개발이 없었고, 기능유전체학과 단백체학을 중심으로 하는 ‘성숙단계’ 혹은 ‘제 2기’ 형태를 주축으로 하고 있다. 제 2기 단계에 집중적으로 투자한 것은 경제성 창출이라는 생명공학 담론의 영향을 크게 받은 결과인 것 같다. 유전체학의 기초 부실의 여파는 생명공학 담론을 통해서도 재생산되는 사례로 보게 만든다. 또한 한국에서는 생물정보학을 정보기술(IT)의 아류 정도로 보는 편협하고 왜곡된 시각이 주도적인 가운데 연구사업들이 시작되었다. 결과적으로 한국 생물정보학은 유전학 및 생명과학과의 통합적인 면에서는 결함을 노출하고 있다. 개인 식별의 유전학은 원래 서구에서는 유전학과의 교육자 및 연구자들이 지속적으로 발전시켜 오던 것으로 기존의 유전 개념에 통합되어 있었던 것이었지만, 한국에는 서구적 유전학 전통이 일천하고 의과대학의 유전학교실의 활성화가 없었던 관계로 법 의학교실에서 담당하게 되었고, 이것은 제도적 변형의 한국적 사례이다.

이러한 유전적 정보의 생산 구조가 가지는 문제점으로 인하여 한국에서 유전적 정보는 과편화된 유형으로 생산되어 나올 개연성을 가지고, 그 원인 중의 가장 큰 하나가 유전체학, 생물정보학, 개인식별의 유전학에서 나타난 기초 부실이다. 현재 개인과 사회에 직접적인 가시성을 보이는 유전적 정보로는 개인식별 유전학에서 산출되는 것으로 친자감별과 수사과학에 사용되

고 있다. 앞으로는 이러한 개인식별의 유전학 뿐 만이 아니라 유전질병 (McKusick, 1997)이나 다른 질병에 대한 확률적 예측 등이 증대될 것으로 보이며, 사회적 가시성이 유전체 전체의 정보로도 확대되어 개인 정보 보호 뿐만이 아니라 소수자 인권보호에 관련된 사회적 문제의 예방에 관한 논의와 해결에 관련된 논란이 커질 것으로 예상된다.

그러므로 한국의 유전적 정보 생산 구조에서 나타나는 이러한 문제점들을 해소하는 방향으로 개념적, 과학지식적, 제도적 통합성이 증대되어야 할 것이다. 개념과 과학지식의 통합성이 없는 가운데 각기 상이한 분야의 전문가들의 각개 약진으로 서구적 지식 수용과 연구가 이루어지다 보니 ‘유전적 정보’라는 어구가 서로 ‘관련성이 없는’ 다양한 의미를 가지는 것처럼 인식되기도 한다. 한국에서 유전적 정보는 유전공학이나 생명공학의 ‘막연한’ 어떤 작업에서 나올 것이라는 어긋난 상식, 그리고 인간의 유전적 정보를 아무런 유전학적 전문성도 없는 의사들에게서나 얻을 수 있으리라는 막연한 이미지, 혹은 유전적 정보는 전산적 정보의 일종으로 사이버스페이스 어디엔가 묻혀 있을 것이라는 엉뚱한 상상이 한국 사회의 여러 층위에 부유하고 있다. 그리고 그것이 다시 한 번 더 상업성과 부박성이라는 굴절을 거치면서 일반 사회로 확산되고 유통되고 있다. 유전적 정보를 생산하는 관련 학문과 전문성 사이의 협력이나 통합이 어떤 지적 논리와 제도적 실천으로 이루어져야 하는 지에 대한 인식이나 논의가 턱없이 부족한 때문이다. 한국 과학기술의 과거의 관행의 관점에서 보면 유전학을 계승한 유전체학에서 ‘유전체공학’이라는 담론이 불거져 나올 법도 한데 아직은 다행스럽게도 그런 웃지못할 단계 까지는 진전되지 않았다.

현재에 생명과학과 생명공학이 그려주는 맥락 안에서 필요한 학문적, 제도적 실천은 우선 기존의 유전 개념이 균형있는 무게중심을 갖게 하는 것이다. 이는 여러 생명과학 관련의 학과들에 흩어져서 분산적으로 존재하는 온전한 유전학 지식의 통합과 새로운 분야로 각광을 받고 있는 유전체학 분야와의 연결성을 증대시키는 것으로 상당한 해결을 보일 것이다.

본 논문에서는 서구적 개념 및 지식 생산 구조를 모델로 하는 개념적, 과학지식적, 제도적 통합성을 기준으로 한국의 유전적 정보 생산 구조에 대해서 논의하였다. 아직은 일천한 한국 과학연구의 이론과 실천의 개념적, 과학지식적, 제도적 통합성이 지속적으로 개선될 것으로 예상된다. 앞으로는 한국의 과학 연구 구조가 부정적 측면보다는 긍정적 측면이 증가될 것이고, 한국 나름대로의 전 지구적 수준의 통합성이 나타날 것이라 믿는다.

□ 참고문헌 □

- 강영선 · 김훈수 (1959), 『유전진화학』, 홍지사.
- 과학기술부 · 한국과학기술기획평가원 (2003), 『21세기 프론티어 연구개발사업』, 과학기술부 · 한국과학기술기획평가원.
- 권석태 · 김명희 · 김상호 · 김지영 · 나도선 · 박순희 · 유명희 · 유향숙 · 이대실, 이영익 · 함경수 (1991), 『분자생물학 노트: 유전공학 실험서』, 한국과학기술원 유전공학연구소.
- 권영근 엮음 (2000), 『위험한 미래: 유전자조작식품이 주는 경고』, 당대.
- 권혁찬 (2004), 「국내 줄기세포 연구방향의 문제점과 대안으로 논의되고 있는 성체줄기세포」, 『시민과학』, 제 7권, 2호, 20-27 쪽.
- 김동광 (2001), 「생물공학의 사회적 차원 : HGP 형성을 중심으로」, 『과학기술학연구』 제 1권, 1호, 105-122쪽.
- 김명식 (2001), 「생명복제, 합의회의, 심의민주주의」, 『과학기술학연구』 제 1권, 1호, 123-153쪽.
- 김명희 (2004), 「인간복제 배아, 난자 그리고 여성」, 『시민과학』, 제 7권, 2호, 15-19 쪽.
- 김병수 (2001), 「유전자 은행(DNA bank) 설립을 둘러싼 논의」, 2001년도 한국과학기술학회 학술대회, “생명공학과 사회”, 발표논문집 95-111쪽, 2000년 12월 22일.
- 김병수 (2004), 「신원확인 유전자정보은행 설립을 둘러싼 쟁점 연구」, 『과학기술학연구』, 제 3권, 제 2 호, 83-104쪽.
- 김병수 (2005), 「유전자감식 기술의 사회 윤리적 쟁점」, 2005년 생명윤리 춘계 학술대회“모두를 위한 생명과학” 논문 자료집 78-90쪽. 한림대학교 · 한국생명윤리학회 · 유네스코 한국위원회 주최, 2005년 5월 27일.
- 김영식 (1998), 「한국 과학의 특성과 반성」, 김영식 · 김근배 엮음, 『근현

- 대 한국 사회의 과학』, 창작과 비평사, 342-351쪽.
- 김훈기 (2000), 「유전자가 세상을 바꾼다 : 인간계놈프로젝트, 복제, 유전형 질전환에 관한 논쟁」, 궁리.
- 니끼이 바이오테크 지음, 강승우 옮김 (2002), 「유전자 비즈니스: 최첨단 리포트」, 김영사.
- 남홍길 (1992), 「식물염색체: 유전공학의 새로운 총아로 꽉꽉」, 『과학동아』, 제 7권, 4호, 43-45쪽.
- 데이비드 뉴튼 지음, 한국유전학회 옮김 (2002), 「왓슨과 크릭」, 한국유전학회 총서 8. 전파과학사 [Newton, D. E. (1996), James Watson and Francis Crick: Discovery of the Double Helix and Beyond. Facts on File.]
- 대한민국 국회 (2004), 「생명윤리 및 안전에 관한 법률」, 2004년 1월 29일 제정, 2005년 1월 1일 부 시행.
- 디엔에이(DNA) 프로필연구회 (2001), 「유전자 감식」, 탐구당.
- 안드레아스 박스바니스, 프란시스 올레뜨 편집, 여성생명과학기술포럼 옮김 (2003), 「생물정보학: 유전자와 단백질의 분석에 관한 실용지침서」, 월드사이언스. [Baxevanis, A. and Ouellette, B. F. F. (eds.) (2001), *Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins*, New York: Wiley-Interscience.]
- 미셸 모랑주 지음, 강광일 · 이정희 · 이병훈 옮김 (2002), 「분자생물학, 실험과 사유의 역사」, 몸과 마음. [Michel Morange (1994), *Histoire de la biologie moléculaire*, Paris: Editions La Découverte & Syros.]
- 박은정 (2000), 「생명공학시대의 법과 윤리」, 이화여자대학교 출판부.
- 윌터 보드머 · 로빈 매키 지음, 김태규 옮김 (1996), 「인간의 책」, 김영사. [Walter Bodmer and Robin McKie (1994), *The Book of Man*, A. P. Watt, London, U.K.]

송성수 (2002), 「한국 과학기술정책의 특성에 관한 시론적 고찰」, 『과학기술학 연구』, 제 2권, 1호, 63-83쪽.

송위진 · 이은경 · 송성수 · 김병윤 (2003), 「한국과학기술자 사회의 특성 분석: 탈(脫) 추격 체제로의 전환을 중심으로」, 과학기술정책연구원(STEPI).

에르빈 슈뢰딩거 지음, 서인석 · 황상익 옮김 (1992), 「생명이란 무엇인가?: 물리학자의 관점에서 본 생명현상」, 한울. [Erwin Schrodinger (1994), *What is Life?*, Cambridge University Press]

에드워드 에델슨 지음, 최돈찬 옮김 (2002), 「유전학의 탄생과 멘델」, 바다 출판사. [Edward Edelson (1999), *Gregor Mendel and the Roots of Genetics*, Oxford: Oxford University Press]

비체슬라브 오렐 지음, 한국유전학회 옮김 (1999), 「현대유전학의 창시자 멘델」, 한국유전학회 총서 1. 아카데미서적(초판인쇄: 1989, 전파과학사)[Vitěslav Orel (1984), *Mendel*, Oxford University Press, translated by Finn]

언스트 앤 영 지음, 녹십자벤처투자 · 영화회계법인 옮김 (2002), 「언스트 앤 영 세계생명공학 리포트」, 김영사.

제임스 와트슨 지음, 하두봉 옮김 (1973), 「이중나선: 핵산의 구조를 밝히기 까지」, 전파과학사. [James D. Watson, 1968, *The Double Helix: A Personal Account of the Discovery of the Structure of DNA*, Norton, New York, USA]

유길준 지음, 허경찬 옮김 (2004), 「서유견문」, 서해문집.

유향숙 (2001), 「포스트게놈 프로젝트」, 윤정로, 이인식, 최영락, 황상익 편, 『과학과 사회』, 김영사, 200-214쪽.

유향숙 (2002), 「게놈프로젝트가 제시하는 전망: 생명의 원리를 밝혀낸다」, 김호기, 임경순, 최혜실외 공저, 『지식의 최전선』, 한길사,

- 312-321쪽.
- 윤정로 (2001), 「인간유전체 연구와 인문사회과학적 접근: ELSI 연구의 현황과 과제」, 『과학기술학 연구』, 제 1권, 2호, 423-438쪽.
- 이영희 (2001), 「과학기술의 사회적 통제와 수용성 연구 : 생명공학을 중심으로」, 『과학기술학연구』 제 1권, 1호, 71-103쪽.
- 이영희 · 김명진 · 김병수 (2003), 「인간 유전정보 보호와 시민 참여」, 『과학기술학연구』 제3권, 1호, 41-73쪽.
- 이정호 (2002a), 「유전체학은 유전학에서 나왔다」, 『과학사상』 제 42권, 178-200쪽.
- 이정호 (2002b), 「유전체지도와 질병유전자 찾기」, 『분자세포생물학뉴스』 제14권, 2호, 6-16쪽.
- 이정호 (2003), 「한국의 집단유전학 : 헬리코박터에서 한국인 집단까지」, 『유전체소식』 제 3권, 1호, 12-17쪽.
- 이정호 (2005), 「유전적 정보의 한국적 특성」, 2005년 전기 사회학 대회 “한국 사회의 지구화와 근대성” 논문 자료집, 193-198쪽, 충남 대학교 사회과학대학, 2005년 6월 17일.
- 이채열 외 (2002), 『미래는 바이오다』, 상상미디어.
- 이충웅 (2005), 『과학은 열정이 아니라 성찰을 필요로 한다』, 이제이 북스.
- 전방욱 (2004), 「바람직한 과학커뮤니케이션을 생각하며: 인간배아복제 성공 보도를 접하고」, 『시민과학』, 제 7권, 2호, 28-31 쪽.
- 전인권 엮음 (2004), 『독립신문, 다시 읽기』, 푸른역사.
- 정연보 (1996), 『DNA 타이핑』, 인제대학교 출판부.
- 정용재 (1976), 「유전의 본질 : 이것이 바로 생명의 구현이다」, 전파과학사.
- 다니엘 코엥 지음, 김교신 옮김 (1997), 『휴먼게놈을 찾아서: 다니엘 코엥의 희망의 유전자』, 동녘. [Daniel Cohen (1993), *Les gènes de l'espoir*, Editions Robert Laffont, S. A. Paris, France.]
- 로버트 쿡-디간 지음, 황현숙 · 과학세대 옮김 (1994), 『인간 게놈프로젝트』,

민음사(사이언스북스). [Robert Cook-Deegan (1994), *Gene Wars: Science, Politics and the Human Genome*, New York: Norton.]

이블린 폭스-켈러 지음, 이한음 옮김 (2002), 「유전자의 세기는 끝났다」, 저호. [Evelyn Fox-Keller (2000), *The Century of the Gene*, Cambridge: Harvard University Press]

현신규외 10인(권신한·김양준·김영래·김홍배·박영일·심재욱·임경빈·장권렬·한창렬·현신규·홍기창) (1971), 「신고농업유전학」, 향문사.

Allen, G. E. (1975), *Life Sciences in the Twentieth Century*. Wiely, New York, USA.

Auberson-Huang, L. (2002), "The dialogue between precaution and risk". *Nature Biotech*, Vol. 20, pp. 1076-1078.

Burn, J. and Strachan, T. (1995), "Human embryo use in developmental research", *Nature Genetics*, Vol. 11, pp. 3-6.

Collins F. S. and Galas, D. (1993), "A new five-year plan for the U. S. human genome project". *Science*, Vol. 248, pp. 43-46.

Collins F. S., Patrinos, A., Jordan, E. et al. (1998), "New goals for the U. S. human genome project, 1998-2003", *Science*, Vol. 282, pp. 682-689.

Coleman, W. (1971), *Biology in the Nineteenth Century: Problems of Form, Function, and Transformation*, New York, USA: Wiely.

Cooper, N. G. (ed.) (1994), *The Human Genome Project : Deciphering the Blueprint of Heredity*, Mill Valley, CA, U. S. A: University Science Books.

Griffith, A. J. F., Milller, J. H., Suzuki, D. T., Lewontin, R. C., Gelbart, W. H. (2000), *An Introduction to Genetic Analysis*, 7th Edition, New York, U. S. A: Freeman.

Gurdon, J. B. (1962), "The developmental capacity of nuclei taken from

- intestinal epithelium cells of feeding tadpoles”, *J. Embryol. Exp. Morphol.*, Vol. 10, pp. 622-641.
- Hieter P. & Boguski M. (1997), “Functional genomics: it’s all how you read it”, *Science*, Vol. 278, pp. 601-602.
- Hillis, D. M. and Moritz, C. (eds.) (1990), *Molecular Systematics*, Sinauer Associates, Sunderland, USA.
- Hunter S. P. & Livesey F. J. (2000), *Functional Genomics: A Practical Approach*. Oxford University Press.
- International Human Genome Sequencing Consortium (2001), “Initial sequencing and analysis of the human genome”, *Nature*, Vol. 409, pp. 860-921.
- Jeffreys, A. J., Wilson, V. and Thein, S. L. (1985), “Individual-specific ‘fingerprints’ of human DNA”, *Nature*, Vol. 316, pp. 76-79.
- Kahn P. (1995), “From genome to proteome: looking at a cell’s proteins”, *Science*, Vol. 270, pp. 369-370.
- Kang C. (1997), “The human genome project in Korea”, *Genome Digest*, Vol. 4(1), pp. 5-6.
- Lander, E. (1992), “DNA fingerprinting: Science, law, and the ultimate identifier”, pp. 191-210, In : Daniel J, Kevles and Leroy Hood (eds.), *The Code of Codes: Scientific and Social Issues in the Human Genome Project*, Harvard University Press.
- Lockhart, D. J. (1996), “Expression monitoring by hybridization to high-density oligonucleotide”, *Nature Biotech*, Vol. 14, pp. 1675-1680.
- McKusick, V. (1997), *Mendelian Inheritance in Man*. 12th Edition, Johns Hopkins University Press.
- Pietu G. et al. (1999), “The Genexpress IMAGE knowledge base of the human

- brain transcriptome: A prototype intergrated resource for functional and computational genomics", *Genome Res.*, Vol. 9, pp. 195-209.
- Primrose, S. B. (1995), *Principles of Genome Analysis : A Guide to Mapping and Sequencing DNA from Different Organisms*, Oxford, UK: Blackwell.
- Primrose, S. B. (1998), *Principles of Genome Analysis : A Guide to Mapping and Sequencing DNA from Different Organisms*, 2nd Edition, Oxford, UK: Blackwell.
- Primrose, S. B. and Twyman, R. M. (2003), *Principles of Genome Analysis and Genomics*, 3rd Edition, Oxford, UK: Blackwell.
- Schena, M. et al. (1995), "Quantative monitoring of gene expression patterns with a complementary DNA microarray", *Science* , Vol. 270, pp. 467-470.
- Velculescu, V. E. et al. (1997), "Characterization of the yeast transcriptome", *Cell*, Vol. 88, pp. 243-251.
- Venter, C. et al. (2001), "The sequence of the human genome", *Science*, Vol. 291, pp. 1304-1351.
- Watson, J. D. and Crick, F. H. C. (1953), "A structure for deoxyribose nucleic acid", *Nature*, Vol. 171, pp. 737-738.
- Watson, J. D. (1990), "The human genome project: past, present, and future", *Science*, Vol. 248, pp. 44-49.
- Wilmut, I. Schnieke, A. E., McWhir J., Kind, A. J. and Campbell, K. H. (1997), "Viable offspring derived from fetal and adult mammalian cells", *Nature*, Vol. 385, pp. 810-813.

The Production Structure of Genetic Information in South Korea

Yi, Cheong-Ho

ABSTRACT

The factors contributing to the formation of an important scientific concept in South Korea and its circulation in the society are the scientific knowledge that had been already formed, matured, and established in the U.S.A., Europe and Japan and has been introduced into Korea, and the institutions that have been formed during the recent modernization in South Korea. The concept of "genetic information" cannot be an exception in this context. The concept of genetic information is the one that has been extended and intensified by the genomics and bioinformatics formed and matured through the Human Genome Projects from the former concept of inheritance or heredity within the framework of classical and molecular genetics. The purpose of this study was to find out "how the production structure of genetic information in South Korea has been formed", under the perspective of the conceptual, epistemic, and institutional holisticity or integratedness in the concept and knowledge production structure idealized in Western advanced nations. The discourse of genetic engineering popular in the mid 1980's in South Korea has catalyzed the development of molecular biology.

However, the institutional balance that had been established for the biochemistry departments in Natural Science College and Medical College was not formed between the genetic engineering and genetics departments in South Korea. Therefore, they were unable to achieve the more integrative and macro-level disciplinary impact on life sciences, largely due to institutional lack of the capable (human) genetics departments in some leading Korean colleges of Medicine. In genomics, the cutting-edge reprogramming and restructuring of the traditional genetics in the West, South Korea has not invested, even meagerly, in the infrastructure, fund, and research and development (R & D) for the Basic or First Phase of the research trajectory in the Human Genome Project. Without a minimal Basic Phase, the genomics research and development in Korea has been running more or less for the Advanced or Second Phase. Bioinformatics has started developing in Korea under a narrow perspective which regards it as a mere sub-discipline of information technology (IT). Having developed itself in parallel with genomics, bioinformatics contains its own unique logics and contents that can be both directly and indirectly connected to the information science and technology. As a result, bioinformatics reveals a defect in respect of being synergistically integrated into genetics and life sciences in Korea. Owing to the structural problem in the production, genetic information appears to be produced in a fragmented pattern in the Korean society since its fundamental base is weak and thin. A good example of the conceptual and institutional fragmentedness is that 'the

genetics of individual identification' is not a normal integrated part of the Korean genetics, but a scientific practice exercised in the departments of legal medicine in a few Medical Colleges. And the environment contributing to the production structure of genetic information in South Korea today comprises "sangmyung gonghak"(or life engineering) discourse and non-governmental organization movement.

Key Terms

genetic information, concept and knowledge production structure, holistica, the genetics of individual identification