

발표문 안내

본 발표문은 논문 결과의 요약에 포함하고 있는 것으로, 논문의 핵심 주장과 연구 개요를 담고 있습니다. 실험의 상세 방법 및 연구 결과는 당일 기초 강연과 향후 출판될 학술 논문을 통해 공유될 예정입니다.

들어가며: 창조론 연구자의 고백

필자는 과학적 방법론에 입각하여 창조론적 기원연구를 수행하는 생명과학자이다. 이 말이 누군가에게는 모순처럼 들릴 수 있다. 창조론은 과학적 이론인가? AI 시대에 창조론적 관점이 진화론보다 현재 관찰되는 다양한 생명현상을 설명하는 더 나은 대안이 될 수 있는가? 그에 대한 의견을 논하는 것이 이번 강연의 목적이다.

본인은 연구자로서 관찰 가능하고 객관적 실험으로 확인한 모든 과학적 사실을 수용한다. 돌연변이, 환경적응, 유전적 부동(genetic drift), 격리 등에 의한 계통 내 다양화(variation within kinds)를 인정하며, 화석 기록, 유전체 서열 데이터 등에 대한 객관적 분석 방법론 역시 적극 활용한다. 필자의 연구 관심사는 최초의 생명체들이 어떻게 현재의 다양한 생명 군집들로 적응·분화하였는가, 그리고 생명체 안에 유전자 단위로 저장된 유전 정보들은 어떻게 보존되고 변형되어 왔는가이다. 이는 창조론적 관점에서 타당한 질문들이며, 과학적 방법론이 적용될 수 있는 질문들이다.

유전자 기원에 대한 연구는 이제 철학적 논쟁과 계통 간 비교 분석 영역을 넘어, 실험적 검증이 가능한 시대로 진입하고 있다. 그리고 그 검증의 무대에서, 창조론적 관점이 제기하는 질문들은 매우 날카롭고 생산적인 과학적 탐구를 이끌 수 있다고 생각한다.

1. 유전자: 생명 정보의 정밀 구조체

유전자는 단순한 DNA 서열이 아니다. 프로모터(promoter), 인핸서(enhancer), 코딩 서열(CDS), 비번역 영역(UTR) 등 다수의 기능 요소가 정교하게 협력하는 정보 복합체이다[1]. 현존하는 가장 단순한 독립 생존 세균(*Mycoplasma* 계열)도 약 500여 개의 단백질 유전자를 가지며, 인간은 20,000여 개에 달한다.

진화론적 관점에서 공통 계통수(common phylogenetic tree)를 성립시키려면, 이 고도로 구조화된 유전자들이 무생물 또는 단순한 선조 서열로부터 자연적으로 생성되고 그 종류와 복잡성이 증가해야 한다. 이것이 바로 ‘de novo 유전자 탄생(de novo gene origination)’ 이론이 해결해야 할 핵심 과제이다.

De novo 유전자 이론은 비유전자적(non-genic) DNA 서열로부터 기능적 유전자가 새롭게 출현한다고 설명한다[2,3]. 이 과정에는 ORF-first 모델과 transcription-first 모델이 제안되었고[5], 최근에는 이를 단계적 성숙(stepwise maturation) 과정으로 통합하여 이해하는 추세이다[4,5]. 그러나 실제 가능성에 대한 계산적·실험적 검증은 여전히 초기 단계에 머물러 있다. 예컨대 Vakirlis 박사팀의 연구는 효모 자연 계통의 유전자간 서열로부터 단순 소형 막 삽입 펩타이드가 출현할 가능성을 제시하였으나, 이 실험은 자연적 조건에서는 달성되기 어려운 인위적 과발현 시스템을 결합시켜 관찰하였으며, 저자들 스스로 이를 명시하고 있다[21]. 나아가, 대표적 *de novo* 유전자 사례로 거론되던 *FLJ33706*, *BSC4* 등이 역전사 복제(retrotransposition) 또는 유사유전자(pseudogene)의 재활성화로 더 적절히 설명될 수 있다는 비판적 재검토도 제기되고 있다[6].

인류가 직접 관찰한 장기 진화 연구의 대표적 사례는 Lenski의 대장균 장기 진화 실험(LTEE: Long Term Evolution Experiment)이다. 1988년 시작된 이 실험은 12개의 대장균 계통을 수만 세대에 걸쳐 추적하면서, 특히 약 33,000세대 시점에서 한 계통이 호기성 조건에서 구연산염을 탄소원으로 이용하는 능력(Cit+)을 점진적 돌연변이의 누적을 통해 획득하는 과정을 직접 기록하였다[22]. 기존에 알려지지 않았던 대사적 표현형이 직접 관찰을 통해 확인된 이 사례는 주목할 만한 관찰이다. 그러나 이 직접 관찰의 결과와 진화론이 설명해야 하는 대규모 유전 정보 증가 사이에는 커다란 간극이 존재한다.

이러한 관찰이 보여준 것은 세대를 거쳐 누적된 일부 돌연변이와 기존에 존재하던 citT 유전자와 기존에 존재하던 호기성 프로모터가 염색체 재배열을 통해 새로운 조절 관계로 연결된 것으로, 서열 조성 수준에서는 기존 유전 정보의 변형에 해당한다. 이는 새로운 생물 계통을 창출할 수 있는 대규모 유전 정보 집합의 자연발생적 출현의 증거가 되지 못한다. 오히려 이 관찰은 환경 변화에 적응하는 과정에서 핵심적인 유전 정보들을

보존·운영하는 유전 정보 체계의 강건성(robustness)을 드러낸다. 다양한 생명체들이 가지고 있는 유전 정보 체계 자체의 기원—그것이 어디서, 어떻게 출현하였는가—에 대한 물음은 여전히 열린 채로 남아 있다.

이 장기 진화 연구는 실험의 시간 규모와 조건이 거시진화적 스케일과 직접 비교되기 어렵다는 점을 감안하더라도, 이 결과는 무작위 돌연변이가 완전히 새로운 유전 정보가 대규모로 생성되기 용이하지 않다는 주장과 배치되지 않으며 유전자 풀 내에 이미 존재하는 유전 정보가 재조합·변형되어 다양성을 산출하는 과정과, 전례 없는 유전적 특징이 우연히 출현하는 과정 사이에 상당한 수준의 격차가 있음을 시사한다[12,13].

2. 과거 사건 연구의 본질적 한계

인류가 스스로 관찰한 결과를 남기기 시작한 순간부터 지금까지, 관찰된 기록으로만 보면 사실 생명체는 크게 변하지 않았다. 대장균은 여전히 대장균이며, 멧돼지는 멧돼지였고, 코뿔소는 코뿔소였다. 우리가 직접 관찰한 것은 종 또는 계통 내의 다양화와 멸종이다. 수십억 년 동안 진행되어 온 것으로 주장하는 생명체의 진화와 관련된 사건을 우리는 직접 본 적이 없다.

진화론과 창조론 모두가 씨름하는 핵심 문제가 여기 있다:

우리는 과거를 관찰할 수 없다. 우리는 오직 과거의 흔적을 해석할 뿐이다.

화석, 지층, 유전체 서열 — 이것들은 모두 과거의 흔적이 담긴 증거들이다. 이 증거들이 무엇을 의미하는지 알기 위해서는 해석이 필요하고, 해석에는 여러 전제(presuppositions)와 가정(assumptions)이 들어간다. 진화 연구에서 사용하는 전제들과 가정들은 모두 검증이 완료된 사실일까?

3. AI와 빅데이터: 이론에서 검증으로

단일 세포 단위의 유전체 분석과 AI 기반 알고리즘은 분자진화 연구의 핵심 가정들이 얼마나 제한된 조건 아래서 성립하는지를 드러내고 있다. 평균적 돌연변이율, 단일 계통수 가정, 무한사이트 가정, 선형적 클론 진화 모델 등이 실제 유전체 데이터에서 반복적으로 깨지는 것이 확인되었다[7,8]. 유전체 위치에 따라 신생 돌연변이율이 최대 수십 배까지 차이가 날 수 있음이 보고되었으며[9], 유전체 전체의 역사가 하나의 계통수로 표현되기 어렵다는 사실도 밝혀지고 있다[10,11].

즉, 진화론적 연구에 사용되는 가정들도 검증이 완료된 사실이 아니라, 실험 데이터에 의해 진위를 판단받아야 하는 대상이다. 고전적 분자시계, 무한사이트 모형, 단일 계통수 모형은 특정 조건에서 유용한 근사로 기능하지만, 실제 생물현상을 설명하는 종착점은 아니라는 사실이 분명해지고 있다[7,8,9,10,11]. 물론 창조론적 연구의 가정들도 마찬가지다.

빅데이터-AI 기반 연구는 거기에 그치지 않는다. 단백질 구조 예측 모델(AlphaFold 등)과 DNA 빅데이터의 결합은 유전자 기원 연구에서 결정적인 전환을 가능하게 한다. 이제 우리는 특정 초기 조건에서 기능하는 유전자의 자연적 출현 가능성을 컴퓨터 시뮬레이션으로 직접 탐색할 수 있다. 그리고 어떤 모델이 실제 관찰되는 유전체 다양성과 복잡성을 더 잘 설명하는지, 그 모델의 가정들이 현실적으로 타당한지를 보다 심층적으로 검증할 수 있는 시대가 된 것이다.

4. 연구 사례: 꿀벌 Apisimin의 *de novo* 기원 시뮬레이션

연구 요약

꿀벌 계통 특이 단백질 Apisimin을 모델로, 유전 알고리즘 기반 시뮬레이션을 통해 *de novo* 유전자 탄생의 진화 가능성을 탐색하였다. 핵심 발견은 시뮬레이션 결과가 **적응도 함수(fitness function)의 형태에 근본적으로 민감**하다는 것이며, 빅데이터-AI 모델을 통해 추정된 생물학적으로 현실적인 적응도 함수 하에서는 돌연변이와 자연선택만으로 유전정보가 증가하는 것이 극도로 어렵다는 증거를 제시한다.

4.1 왜 Apisimin인가?

본 연구팀은 학계 표준 방법론을 통해 선별된 89개의 꿀벌 계통 특이 고아 유전자 후보군 중 Apisimin을 선정하였다[14]. 특정 꿀벌속(*Apis*)의 로열젤리에서만 발견되는 Apisimin은 세린·발린이 풍부한 펩타이드로, 로열젤리 주요 단백질 복합체(MRJP1)의 코어 및 브리지 역할을 한다[15,16]. 로열젤리의 점도 형성에 핵심적인 기능을 하며, 이 점도가 여왕벌 발달(queen development)에 필요한 물리적 환경을 만든다[17]. Apisimin은 꿀벌 집단 생존의 핵심적 역할을 수행하면서도 그 크기가 작고, 구조와 기능이 비교적 잘 알려져 있어 *de novo* 기원 가능성을 연구하는 컴퓨터 기반 모델 유전자로 적합하다고 판단했다.

중요한 구별

Apisimin은 현재 증거만으로 확정된 *de novo* 유전자라 단정할 수는 없으며, '꿀벌 계통 제한 고아 유전자 후보(honeybee-restricted orphan-gene candidate)'로 다루는 것이 정확하다[18,19]. 다른 계통에서 상동 유전자가 발견되지 않는다는 사실만으로는 진정한 *de novo* 기원인지, 상동성 탐지 실패인지 구분할 수 없기 때문이다[18,19]. 본 연구의 목적은 Apisimin의 기원을 확정하는 것이 아니라, 이러한 후보 유전자를 모델로 *de novo* 진화 이론의 실효성을 계산적으로 탐색하는 것이다.

4.2 시뮬레이션 설계

생명체에서 관찰되는 유전적 변형(substitution, indels, recombination)을 모사한 유전 알고리즘(genetic algorithm) 기반 시뮬레이터를 구성하였다. 또한 시뮬레이션에 사용한 돌연변이율은 꿀벌에서 실제 관측한 값을 적용하였다. Apisimin 형성 토대가 되는 초기 집단은 두 가지 방식으로 구성하였다:

초기 집단 유형	설명
무작위 서열 (random DNA)	완전히 무작위한 DNA 서열에서 출발
문맥 유지 서열 (syntenic context)	Apisimin 주변의 유전체 인접 서열에서 출발

이 비교를 통해 *de novo* 출현이 완전히 무질서한 서열에서 시작하는 경우와, 특정 유전체 맥락을 가진 서열에서 시작하는 경우의 차이를 분석하고자 하였다.

본 시뮬레이션 연구에 적용된 주요 가정들 (Assumptions)은 다음과 같다.

- 꿀벌 내의 돌연변이 속도는 과거에도 지금과 동일했다고 가정
- Apisimin의 결합 대상인 MRJP1의 구조는 시뮬레이션 기간 동안 변하지 않는다고 가정
- Apisimin 야생형 서열과의 유사도가 Apisimin 유전자 진화의 적응도 함수를 근사한다고 가정

4.3 핵심 발견: 적응도 함수의 결정적 역할

이 연구에서 가장 중요한 변수는 **적응도 함수**였다. 자연에서 어떤 중간 서열이 선택 이점을 얻는가에 대한 생물학적 가정이 시뮬레이션 결과를 근본적으로 결정하기 때문이다.

적응도 함수	가정	시뮬레이션 결과
선형 적응도 (linear fitness)	표적 서열에 조금이라도 가까워지면 선택 이득 부여	점진적 수렴 관찰
단계별 적응도 (stepwise fitness)	임계치 이상의 기능적 유사성을 갖춰야만 선택 이득	목표 도달 실패 또는 극히 비효율적 탐색

선형 적응도는 단순화된 모델이다. 기능적으로 의미 없는 중간 서열들에도 지속적 선택 이득을 부여한다는 점에서, 실제 생물학적 현실을 제대로 반영하지 못한다. 단계별 적응도는 특정 수준 이상의 구조와 기능이 갖춰진 서열만이 유의미한 자연선택을 받는다는 생물학적 현실을 더 잘 반영한다고 판단했다. 다만, 특정 생물에 대한 실제 적응도의 구체적 형태는 관련 데이터의 부재로 인해 추정할 수 없으며, 논문에 표기된 형태의 적응도 함수를 사용하였다.

4.4 AI 모델을 통한 적응도 함수 추정

실제 생물학적 적응도 함수는 어떤 형태를 가지는가? 이를 추정하기 위해 인간 세포에서 합성 인헨서의 대규모 변이가 유전자 발현에 미치는 효과를 정량 측정한 MPRA(Massively Parallel Reporter Assay) 데이터[20]를 합성곱 신경망(Convolutional Neural Network)

모델에 학습시켜 적응도 함수를 도출하였다. 이렇게 도출된 적응도 함수는 흥미롭게도 단계별 적응도에 더 가까운 형태를 보였다.

이것은 제한된 세포 환경과 인간 인핸서라는 특정 조건에서의 결과이지만, 생물학적 빅데이터와 AI 모델을 결합하여 적응도 함수를 정량적으로 도출한 시도라는 점에서 의미를 가진다. 만약 Apisimin의 적응도 함수가 단계별 적응도와 유사한 형태를 가진다면, 자연발생 확률은 극도로 낮아진다. 이는 Apisimin과 같이 상대적으로 단순한 기능을 수행하는 단백질조차 자연적으로 형성되기 어려울 수 있음을 시사한다.

5. 결론

5.1 연구의 의의

본 연구는 꿀벌속의 고아 유전자인 Apisimin을 모델로, *de novo* 유전자 탄생의 진화 가능성을 유전 알고리즘 기반 시뮬레이션으로 탐색한 초기 결과를 제시하였다. 이 연구의 의의는 Apisimin의 기원에 대한 최종 해답이 아닌, *de novo* 유전자 시뮬레이션에서 어떤 생물학적 가정이 결정적인지를 드러냈다는 데 있다. 오랜 시간 동안 돌연변이와 자연선택이라는 메커니즘이 주어진다고 해서 특정 기능을 수행하는 서열이 쉽게 출현하는 것은 아니며, 어떤 적응도 함수를 가정하느냐에 따라 결과가 근본적으로 달라진다는 발견은 중요한 함의를 지닌다.

이는 진화론적 *de novo* 유전자 모델이 단순히 “무작위 돌연변이 + 자연선택 = 새 유전자”라는 도식으로 설명될 수 없음을 시사한다. 독립적 중간 서열 상태에 대한 지속적 자연선택의 보상 여부라는 생물학적 가정이 명시적으로 검증되어야 하는 것이다.

5.2 창조론의 과학적 탐구

창조론은 진리 탐구를 목표로 한다. 관찰 가능한 과학적 사실들을 부정하지 않는다. 자연선택, 격리, 유전적 부동 등에 의한 계통 내 다양화를 인정한다. 유전체 서열 데이터를 적극적으로 활용하며, 화석 기록 등에 대한 객관적 분석 방법론도 수용한다.

차이는 직접 관찰하거나 검증할 수 없는 과거 사건들에 대한 해석의 틀, 즉 가정과 전제에 있다.

- **진화론**은 아래에서 위로, 단순한 형태의 단일 공통 조상에서 출발해 다양화가 이루어졌다고 가정한다.
- **창조론**은 위에서 아래로, 처음부터 고도의 정보와 구조를 갖춘 다양한 생명체 원형(종류)들이 환경에 적응하며 분화하였다고 가정한다.

창조론은 생명의 최초 기원에 있어서, 고도로 복잡한 정보체계와 구조를 가진 생명체는 오랜 시간을 통한 자연적 형성보다 지적 존재의 개입으로 보는 것이 더 타당하다고 본다. 이로 인해 그동안 창조론 연구는 초자연적 개입을 가정하기 때문에 과학적 방법론을 적용할 수 없다는 비판을 받아왔다. 우리는 최초 생명 탄생의 문제에 대해서는 과학적 방법론 적용이 제한적임을 인정한다. 그러나 **진화론 또한 최초 생명체의 탄생이 어떻게 이루어진 것인지 명확히 설명하지 못한다는 사실은 잘 알려져 있지 않다**. 다양한 가설들에 기반한 Abiogenesis 연구가 현재 매우 활발히 진행되고 있으나, 아직 생명이 어떻게 탄생했는지 실험적으로 입증된 경로가 없다.

한가지 주목할 것은 생명에 대한 창조론적 연구 범위는 그보다 훨씬 넓다는 것이다. **최초의 생명체들 이후 일어난 일들**—어떻게 현재의 다양한 생명군집에 이르게 되었는가, 유전 정보는 어떻게 환경에 따라 적응·변형되었는가—은 **과학적 방법론이 적용될 수 있는 영역**으로 진화론뿐만 아니라 **창조론의 탐구 대상에 해당한다**.

정리하면, 창조론적 연구 또한 Lakatos가 제시한 과학적 연구 프로그램의 정의에 부합한다[23]. 핵심 가정(hard core)은 다르되, 동일한 과학적 방법으로 검증 가능한 예측을 생성한다면 하나의 과학적 연구 프로그램으로 인정된다 (아래 표 참조).

	진화론	창조론
핵심가정	단순한 형태의 공통조상에서 출발	현 생물의 원형(종류)들이 이미 존재
연구 대상	최초 생명체 출현 이후 사건들	동일
연구 방법론	비교/기능 유전체학, 분자시계 등	동일
반증 가능성	있음	있음

창조론적 연구는 생명 발생 이후의 변화·분화·멸종을 탐구한다는 점에서 진화론적 연구와 같이 과학적 방법론을 공유하되, 출발점에서의 가정을 달리한다—즉, 현존 생물 계통의 원형이 이미 존재했다는 전제에서 출발한다. 어느 가정이 더 타당한가는 궁극적으로 각

연구 프로그램이 생성하는 예측들이 실제 관찰 증거와 얼마나 부합하는지에 의해 판단될 것이다.

5.3 연구의 질로 경쟁할 수 있길

모든 과학 이론의 배경에는 명시적으로 선언되지 않는 가정과 전제가 존재할 수 있으며, 이것들은 새로운 발견에 의해 수정, 폐기될 수 있다. 창조론과 진화론 모두 예외가 아니다. 반론의 여지가 있는 진화론적 가정들을 마치 사실인 것처럼, 그리고 창조론적 대안 가정들을 그저 창조론이라는 이유로 배척하고 그 제안자를 비난하는 일은 과학적 담론의 중립성을 해친다. 일련의 가능성과 과학적 방법론에 근거한 증거들이 있다면 다양한 이론들이 논의되고, 연구되고, 출판될 수 있어야 한다. 어떤 관점이 현재 관찰되는 생명현상을 설명하는 더 나은 대안인지, 연구의 내용으로 평가받고 함께 경쟁하길 제안한다.

5.4 앞으로의 연구

유전자 기원 연구는 논쟁의 영역에서 검증의 영역으로 이행하고 있다. 창조론적 관점이 제기하는 질문들이 빅데이터-AI 시대에 어떠한 새로운 과학적 통찰을 제시할지 앞으로의 연구들을 통해 확인하게 될 것이다.

본 연구의 향후 연구 방향은 다음과 같다:

- Apisimin의 실제 생물학적 맥락을 반영하는 적응도 함수 추정 고도화
- 코딩 서열 외 프로모터·인핸서 등 조절 총까지 포함한 모델 확장
- 다수 유전자의 동시 출현 가능성과 유전체 수준의 정보 생성 확률을 정보이론적 관점에서 탐구
- 계통 특이적 유전자들의 생물학적 기능 규명
- 가유전자(Pseudogene)의 형성과정에 대한 연구

본 연구는 최근 결성된 **생성형 유전체학(Generative Genomics) 프로젝트**[24]의 일환으로, 한동대학교를 포함한 KAIST, 연세대, 경희대, 서울대, 고려대 등 국내 여러 대학의 학자들이 함께 참여하고 있다.

Generative Genomics 프로젝트는 과학적 방법론에 입각한 창조론적 대규모 연구로서 다음과 같은

연구 주제들이 활발히 연구되고 있으며, 해당 분야에 전문성을 갖춘 기독 학자들의 관심과 참여를 부탁드립니다.

- Framework of Generative Genomics (Lee, J. *et al.*)
- Generative Gene Founder and Mutation Pathway Simulation (Kim, W. *et al.*)
- Annotation of Generative Genes: Mapping with Unique Phenotypic Traits for *Drosophila* and *Apis* Cases (Chung, D. *et al.*)
- Orphan Gene Origination: A Computational Simulation of the Honeybee *Apis Mellifera* (Kim, A. *et al.*)
- Identification of Generative Genes and their Functional Analyses in *C. elegans* (Kim, K. *et al.*)
- Alignment-free Search Methodology for Investigating the Origins of Orphan Genes (Chuck Yoo)
- Data and AI Management of Multi-omics Databases with Generative Genes Perspective (Kwon, O. *et al.*)
- Domain-aware Protein Caption Generation by LLM-based Fusing Domain Annotation and Protein Sequence (Kim, W. *et al.*)

참고문헌

1. Alberts B, Johnson A, Lewis J, et al. *Molecular Biology of the Cell*. 7th ed. New York: W. W. Norton & Company; 2022.
2. Tautz D, Domazet-Lošo T. The evolutionary origin of orphan genes. *Nat Rev Genet*. 2011;12(10):692-702.
3. Van Oss SB, Carvunis AR. De novo gene birth. *PLoS Genet*. 2019;15(5):e1008160.
4. Carvunis AR, Rolland T, Wapinski I, et al. Proto-genes and de novo gene birth. *Nature*. 2012;487(7407):370-374.
5. Schmitz JF, Bornberg-Bauer E. Fact or fiction: updates on how protein-coding genes might emerge de novo from previously non-coding DNA. *F1000Res*. 2017;6:57.

6. Bozorgmehr JEH. Four classic “de novo” genes all have plausible homologs and likely evolved from retro-duplicated or pseudogenic sequences. *bioRxiv*. 2024.
7. Zafar H, Tzen A, Navin N, Chen K, Nakhleh LK. SiFit: inferring tumor trees from single-cell sequencing data under finite-sites models. *Genome Biol*. 2017;18:190.
8. Park S, Mali NM, Kim R, et al. Clonal dynamics in early human embryogenesis inferred from somatic mutation. *Nature*. 2021;597:393-397.
9. Halldórsson BV, Pálsson G, Stefánsson OA, et al. Characterizing mutagenic effects of recombination through a sequence-level genetic map. *Science*. 2019;363:eaau1043.
10. Speidel L, Forest M, Shi S, Myers SR. A method for genome-wide genealogy estimation for thousands of samples. *Nat Genet*. 2019;51:1321-1329.
11. Good BH, McDonald MJ, Barrick JE, Lenski RE, Desai MM. The dynamics of molecular evolution over 60,000 generations. *Nature*. 2017;551:45-50.
12. Spetner L. Information transmission in evolution. *IEEE Trans Inf Theory*. 1968;14(1):3-6.
13. Spetner L. Natural selection versus gene uniqueness. *Nature*. 1970;226(5248):948-949.
14. Johnson BR, Tsutsui ND. Taxonomically restricted genes are associated with the evolution of sociality in the honey bee. *BMC Genomics*. 2011;12:164.
15. Bíliková K, Hanes J, Nordhoff E, et al. Apisimin, a new serine-valine-rich peptide from honeybee (*Apis mellifera* L.) royal jelly: purification and molecular characterization. *FEBS Lett*. 2002;528(1-3):125-129.
16. Tian W, Li M, Guo H, et al. Architecture of the native major royal jelly protein 1 oligomer. *Nat Commun*. 2018;9:3373.
17. Buttstedt A, Ihling CH, Pietzsch M, Moritz RFA. How honeybees defy gravity with royal jelly to raise queens. *Curr Biol*. 2018;28(7):1095-1100.e3.
18. Weisman CM, Murray AW, Eddy SR. Many, but not all, lineage-specific genes can be explained by homology detection failure. *PLoS Biol*. 2020;18(11):e3000862.
19. Vakirlis N, Carvunis AR, McLysaght A. Synteny-based analyses indicate that sequence divergence is not the main source of orphan genes. *eLife*. 2020;9:e53500.
20. Melnikov A, Murugan A, Zhang X, et al. Systematic dissection and optimization of inducible enhancers in human cells using a massively parallel reporter assay. *Nat Biotechnol*. 2012;30(3):271-277.

21. Vakirlis N, Acar O, Hsu B, Coelho NC, Van Oss SB, Wacholder A, Medetgul-Ernar K, Bowman RW 2nd, Hines CP, Iannotta J, Parikh SB, McLysaght A, Camacho CJ, O'Donnell AF, Ideker T, Carvunis AR. De novo emergence of adaptive membrane proteins from thymine-rich genomic sequences. *Nat Commun.* 2020;11(1):781.
22. Blount ZD, Barrick JE, Davidson CJ, Lenski RE. Genomic analysis of a key innovation in an experimental *Escherichia coli* population. *Nature.* 2012;489(7417):513-8.
23. Lakatos I. *The methodology of scientific research programmes.* Worrall J, Currie G, editors. Cambridge: Cambridge University Press; 1978.
24. Generative Genomics [Internet]. Available from: <https://ggenomics.org/>

논찬문		기독교학문연구회	
주제 강연	AI 시대, 유전자 기원의 난제에 도전하다: 논쟁에서 검증으로	발표자	김아람
		논찬자 (소속)	강윤희 (백석대 교수)

(과학적 연구의 전제) 자연과학 연구는 관찰가능하고 객관적 실험 결과를 통한 검증과 가설에 대한 수용을 기반으로 한다. 현대 과학은 자연 현상을 오직 '자연적인 원인'으로만 설명한다는 전제를 기반으로 한다.

(과학연구에서 유리된 창조론) 이러한 이유로 초자연적 존재 및 세상의 창조에 대한 명제를 기반으로 한 창조론은 과학적 방법론으로 수용되지 못하고 다른 세계관으로 다루어진다. 창조론은 과학적으로는 '반증 불가능성(falsifiability)' 기반의 과학 연구 밖에 머물고 있다.

(과학연구에서 진화론의 제약) 진화론(생명기원론)은 최초 생명체가 원시 지구의 화학적 환경에서 자연적으로 출현했다고 설명하고 있으나 비생물에서 생물로의 완전한 전환 과정은 과학적으로 완전히 규명되지 않은 한계를 갖는 과학적 방법론이다.

(논문의 기여점) 본 논문에서는 생명체에 유전정보의 보존과 변형에 대한 진화론의 핵심 주장인 “무작위 돌연변이(random mutation)”와 “자연선택(natural selection)”을 통한 신규 유전자 생성이 설명될 수 없음을 시뮬레이션 결과로 제시하는 기여점을 갖는다. 즉, 실험을 통해 유전을 위한 체계적 프레임워크 및 이를 위한 지적 설계가 요구됨을 보인다.

(문제 정의) 진화론에서 생명체는 정보 복합체인 유전자가 단순한 생명체로부터 자연적으로 생성되고 진화 과정을 통해 복잡성이 증가하여야 하는 생명체(이미 존재)의 변화를 설명한다. 이러한 De novo 유전자 이론은 새로운 유전자의 출현의 근거로서 사용된다. De novo은 연속적 진화과정에 대한 시계열적 이산사건을 관찰하고 검증할 수 있는 객관적 증거 제시에는 한계를 갖는다.

(AI와 빅데이터 활용) 계산과학의 발전은 단백질 구조 예측 분야에서 유전자 기원 연구의 전환을 이루게 된다. 이는 AI 기술 활용이 유전자의 자연적 출현 가능성을 모사할 수 있음을 의미한다.

(꿀벌 Apisimin 시뮬레이션 결과) 이 논문의 유전 알고리즘을 활용한 시뮬레이션은 사전적 돌연변이 확률을 반영하여 무작위 서열과 문맥유지 서열의 집단 유형을 구분하여 유전자 돌연변이가 무작위 기반의 단순 조건이 아닌 특정 수준이상의 구조와 기능을 보유한 환경에서 유의미한 자연선택이 이루어짐을 보였다.

(꿀벌 Apisimin 시뮬레이션 분석) 유전 알고리즘을 사용한 시뮬레이션의 결과는 유전자 변형에 의해 돌연변이가 단순한 사건에 의하지 않고 구조적 강건성을 갖고 있는 생명체의 유전자에서 발생함을 관찰한다. 이는 진화론의 자연현상에 의한 무작위 확률에 의해서는 진화가 진행되기 어려움을 제시한다.

(정리) 창조론에 대한 진리탐구 영역은 논리와 신학의 영역에 한정되어 있다. 이는 초자연적인 창조의 역사에 대한 과학적 방법론에 대한 확장 한계이다. 그러나 생명체의 유전 정보는 생명과학의 주요한 주제로서 “하향식 접근”의 창조론에 “과학적 근거” 마련을 위한 분야로서 적절해 보인

다. AI 와 빅데이터는 생명과학 분야를 포함한 과학 전반에 관찰 가능한 객관적 결과 도출에 활용되고 있다. 이 논문 역시 “상향식 접근”을 통한 창조론의 과학적 방법론의 동인으로 연구 가치를 갖을 것으로 판단된다.

(향후과제) 창조론의 근거로서 논문 연구결과에 대한 과학계의 수용을 위해서는 창조론을 지지하는 연구 결과에 대한 학계의 지속적인 비판과 토론에서 객관적인 연구결과를 제시하는 노력이 요구된다.

2026년 기독교학문연구회 춘계학술대회