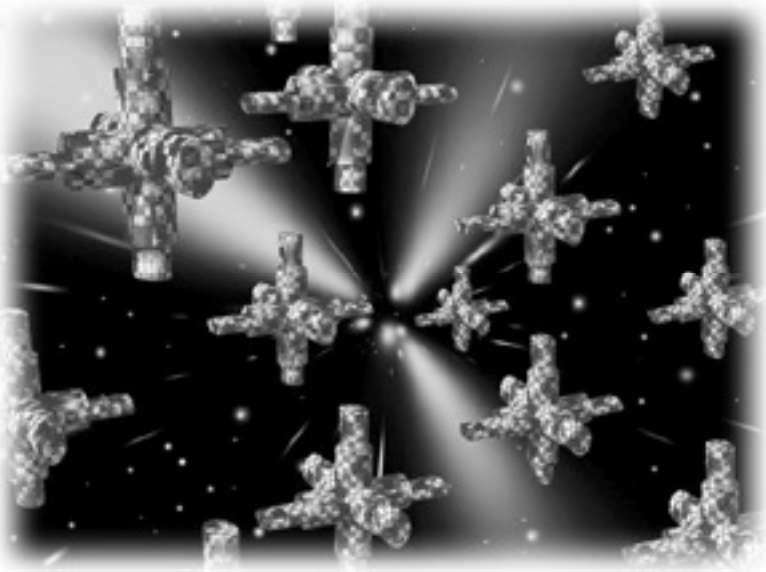


# 살아있는 우주

| 윌리엄 브라운 | 이명수 옮김 |

지구상 생명체들의 분자적 계통 발생 시간을 계산해 보면 지구 자체의 생성나이보다 2배나 많은 80억 년이 나온다고 합니다. 이는 지구상 생명이 외계의 지성에 의해 심어졌을 수도 있다는 의미입니다. 이러한 가능성이 있는 다양한 증거들을 기반으로 저자는 우주의 흐름 자체에 지성과 생명발생의 기반이 내재되어 있음을 설명합니다(편집자 주).



“일찍이 우주 어디에선가 다윈적 수단을 통해 고도로 진화하여 발전한 기술을 가지고, 생명을 설계하여 지구에 전파시킨 어떤 문명이 있었을지도 모른다. 현재 이것은 하나의 가능성일 뿐이지만 매우 흥미로운 가능성이다. 그리고 나는 당신이 생화학과 분자생물학의 일면을 자세히 관찰하게 된다면 그 증거를 찾을 수 있을지도 모른다고 생각한다. 당신은 아마 어떤 설계자의 서명 같은 것을 발견할 수 있을 것이다... 그 설계자는 우주 어딘가에 고도의 지능을 가진 존재일 수도 있다. 그러나 그런 고도의 지능 자체는 다소 불가해한, 아니면 완전히 불가해한 과정을 통해 발생해야만 했을 것이다...”

리처드 도킨스

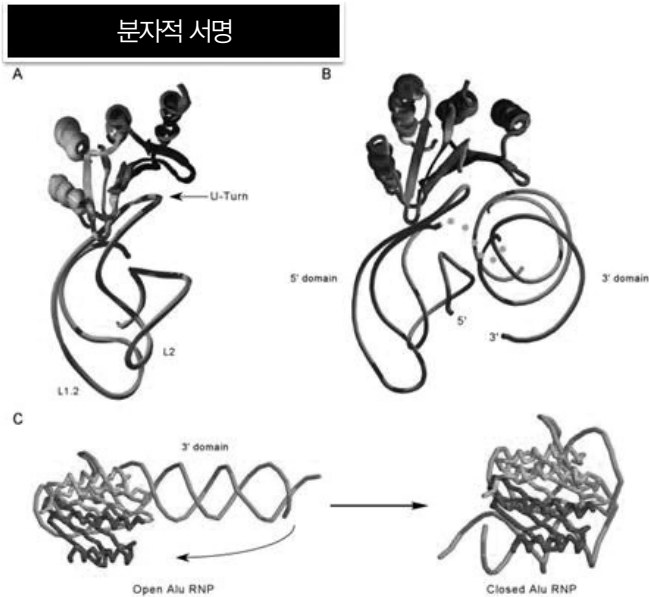


그림 1. Alu RNP의 결정학적 구조(Alu RNA가 단백질에 바인딩)

SINE(Short interspersed element: 300여개의 염기로 구성된 반복염기서열) Alu 계열 역전위요소(Alu Retrotransposon)는 인류가 진화해온 수단이었다. 이 비단백 코딩 유전자 서열은 신경계적 특이기능을 가지고 있으며 인간의 진화계통에 특수한 것으로 보인다. 다른 영장류에서도 발견되지만, 필자는 이것이 수평적 유전자 전이(lateral gene transfer) 때문이라고 믿는다. 왜냐하면 사람을 제외한 다른 모든 영장류에서는 대부분 불활성이기 때문이다. 비코딩 전위요소(transposon)에 대한 예시도 이러한 추측을 뒷받침한다. 비코딩 전위요소는 “이기적 DNA(selfish DNA)”라는 유명한 이론으로 설명되어 왔다. 이기적 유전자 이론은, 염기서열이 유기체와 기능에 선택적 우위를 주지 않으며 단지 “숙주(host)” 유기체에 의해 유전자 내에서 확장될 뿐이라는 생각에서 유래했다. 그러나 이러한 이론은 Alu ncRNA(비코딩 RNA)가 유전자 발현 조절 과정에서, 리보솜 복합체에 mRNA 전사체의 핵 내 과수정(nucleolar hyperediting)부터 번역 조절까지 매우 한정적인 기능을 가진다는 점에서 옳지 않은 것으로 여겨졌다(1, 2).

흔히 이기적이라는 수식어가 붙은 완전히 동일한 DNA를 나는 “이타적 DNA(Altruistic DNA)”라 일컫는다. 이 DNA는 다양한 기능을 통해 유기체에게 선택적 우위를 부여하며 분자적 이타주의의 증거가 된다(종내 및 종간 유전자 공유, [http://www.scienceagogo.com/news/20070029220033data\\_trunc\\_sys.shtml](http://www.scienceagogo.com/news/20070029220033data_trunc_sys.shtml)). 이타적 DNA를 통해 유용한 유전자를 공유할 수 있다. 심지어 바이러스의 기원도 설명할 수 있다. 이것이 유기체가 새로운 대립유전자와 유용한 유전자를 공유하는 분자적 기전이다. 그러나 진화와 더불어 시간이 지남에 따라 숙주의 비용으로 복제되는 여러 가지 변이가 발생했다. 그리고 여

전히 유전자의 일부를 교환한 것 그 이상도 이하도 아닌 바이러스가 있을 수 있다. 그러나 우리는 그들의 존재나 활동을 반드시 알지는 못했을 것이다. 변이체가 질병 상태를 유발할 때만 인식되기 때문이며, 심지어 병인적 인자로 확인해내지 못하는 경우도 있다.

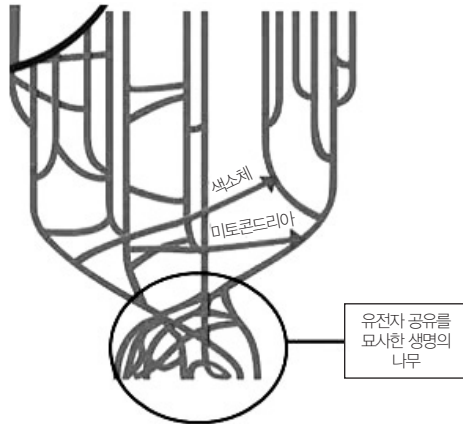


그림 2.

유전자의 공유 성질에 대해 피터 고가르텐 박사의 관점은 다음과 같다.

고가르텐은 생물학자들이 연구 내용을 일반인에게 설명하기 위해 사용하는 은유에 주목했다. 당초 사용했던 나무에 대한 초기 은유는 최근의 유전자 연구에 더 이상 적합하지 않기 때문에 고가르텐은 개별 유전자 속에 조합되어 있는 다양한 지난 이력을 설명하는 모자이크 은유와, 미생물들 간에 일어나는 HGT의 협동 효과와 풍부한 교환을 가시화하기 위해, 그물의 은유를 사용할 것을 생물학자들에게 제안했다. <http://www.esalenctr.org/display/confpage.cfm?confid=10&pageid=1>

05&pgtype=1이 논의에는 다음과 같은 매우 타당성 있는 내용이 포함되어 있다.

유전자의 모자이크적 성질 외에도, 고가르텐은 분자적 진화를 연구하면서 부딪히게 되는 다른 문제들을 논의했다. 만약 분자적 계통을 계산하고 맞추기 위해 동물, 식물, 조류 진화의 화석 기록을 사용한다면, 많은 유전자 집단(gene family)의 가장 최근 공통 조상은 지구 나이의 2배에 달하는 약 80억 살이 된다. 이것은 논리적으로도 확실히 불가능하다. 사실 프란시스 크릭(1953년에 제임스 왓슨과 함께 DNA를 발견한 사람)은 이러한 논리에 힘입어 지구의 생명 기원에 대해 우주의 다른 문명이 의도적으로 지구에 생명의 씨앗을 전달했다는 범종설(panspermia)을 제안했다. 범종설도 일리 있는 한 가지 설명이지만, 또 다른 설명은 분자 서열의 진화는 진화 초기에 훨씬 더 빠른 속도로 일어났다는 것이다.

이 논리는 범종설에 힘을 실어주며 앞서 리처드 도킨스의 의견을 암시하기 때문에 타당하다. 범종설은 외계 생명체 발생 이론으로, 일반적으로는 우주를 통한 우연한 사건과 같은 수동적인 “확산”인 것으로 여기고 있으나 유도된 범종설도 포함시킬 수 있다. 이 우주, 또는 우주를 넘어선 곳에 생명이 공통의 기원을 공유하며, 따라서 동일한 구성요소(우주적인 생명 코드)로 이루어져 있다는 의미일 것이다. 또한 많은 이들이 관찰한 결과, 우주는 특별히 생명이라고 불리는 조건을 생성시키고 유지하도록 정밀하게 조절되어 있는 것처럼 보인다는 견해와도 일치한다.

지능과 생명을, 우주를 구성하는 물질의 부수현상으로 볼지, 아니면 우주 자체의 기본 흐름으로 볼지에 따라, 우주의 기원발생을 ‘지능적 설계’가 얼마나 설명해 낼지가 결정된다. 필자는 지능이 실재의 모든 수준에 존재하며, 따라서 진화는 지능 주도적인 과정이라고 믿는다. 지능적 설계에 대한 이러한 관점은 기존의 매우 제한적인 범위보다 훨씬 확장된 관점이다. 유기체 자체가 자신의 지능적 설계자가 될 수 있다는 의미이기 때문이다. 필자는 이러한 관점을 설명하기 위해 다시 한 번 고가르텐 박사의 의견을 활용하고자 한다.

또한 한때는 변이가 임의적으로만 일어난다고 생각했던 것을 고가르텐은 유도된 방식으로 일어날지도 모른다는 증거를 설명했다. 예를 들어, 일부 세균에 스트레스를 가하면 변이 전에는 소화하지 못했던 영양분을 소화하는 능력을 얻기 위해 훨씬 더 빠른 속도로 변이하는 능력을 보여준다. 그러나 모든 변이가 같은 속도로 일어나는 것은 아니다. 고가르텐은 유익한 돌연변이(beneficial mutation)가 중립적 돌연변이(neutral mutation)보다 더 자주 일어난다는 보고서를 인용했고 이러한 관찰 결과를 “유도 돌연변이(directed mutation)”라는 명칭으로 설명했다.

유도된 진화는 분자 수준부터 유기체 수준까지 확장될 수 있다. 이러한 측면을 생각해 보면 그야말로 우주는 살아있으며, 생명은 아주 흔한 것이 된다. 150억 년의 과정을 거쳐 많은 생명이 우주 전역에서 발생했다. 그리고 확률적일지라도 그들 중 일부는 고등인식기능을 가진 유기체가 된다. 리처드 도킨스가 지적했듯이 충분한 기술을 가진

종들이 다른 생명체의 형태를 조작할 수 있을 정도로 진화했다면 지금 상황에서 일어나는 일들에 대한 명백한 증거가 될 것이다.

그리고 필자는 Alu 요소를 고등 인식 기능을 가진 종들과 특히 영장류를 생성하기 위한 유도된 분자적 가공(directed molecular engineering)의 증거로 생각하고 있다. Alu 요소는 인간 유전자에서 특히 활동성과 기능성을 나타내며, 인간의 뇌 내에 특히 국한되어 있고 기능성이 뛰어나다(하단 참조). Alu 요소는 신호인식입자(Signal Recognition Particle) 장치의 7SL RNA 성분에서 비롯됐다. 그러나 Alu 요소에는 7SL 유전자에서는 발견되지 않는 구조적 모티프와 유전자 서열 모티프가 있다. 그리고 Alu 유전자 자리 내에 정교하게 위치하는 것으로 보아, 유전자 융합으로 우연히 획득한 것이 아니라는 것을 알 수 있다.

인류 기원의 본질에 대한 이해는 우리에게 인류 자체의 본질을 알려준다. 지배적인 과학 이론인 다윈적 진화 이론은 일부 사소한 것을 제외하고는 거의 모든 질문을 자세히 설명하지만, 사실 지배적인 이론과 분자적 증거 사이에는 큰 불일치가 있다(자세한 설명은 [http://williambrownsienceoflife.com/?page\\_id=224](http://williambrownsienceoflife.com/?page_id=224)를 참조할 것). 다윈적 진화 이론은, 수백만 년 동안 유전자 내에서 일어난 임의의 돌연변이가 축적되어, 선택적인 적응성을 가지는 이로운 특질을 생성하는 것이 종 분화라고 가정한다. 이로운 구조적 이성체(isoform)가 출현하기까지 수백만 년이 걸린다. 임의 돌연변이는 거의 불리하거나 중립적이기 때문이다. 현재 단백질 코딩 유전자는 신체적 특질을 생성하는 유전 물질의 일부에 불과한 것으로 여기고 있다.

인간의 종 분화는 수백만 년 동안 선조 영장류의 단백질 코딩 부에 임의적 돌연변이가 생겨 후손들이 새로운 종이 될 만큼 충분히 축적

되었을 때 발생했을 것이며, 주로 환경의 선택압력(selective pressure)이 변이된 이성체 유전자(대립 유전자)를 선택했을 것이다.

침팬지는 인간과 계통학적 근연 관계가 가장 가까운 것으로 알려져 있다. 즉, 영장류가 진화하면서 영장류 선조의 가장 마지막 분기점에서 사람과 침팬지 계열이 갈라져 나왔다는 의미이다. 인간과 침팬지의 유전자에서 단백질 코딩 서열을 비교 분석하면 98~99%가 일치, 또는 상동(homology)이라는 것을 알 수 있다. 이 값은 근사치이다. 단백질 코딩 서열은 2인의 사람보다 1인의 사람과 1마리의 침팬지 사이에서 더 큰 차이가 있기 때문이다. 이러한 차이는 비교하는 각 개인에 따라 다르듯이 2마리의 침팬지를 서로 비교하는 경우에도 마찬가지이다.

표 1. 인간과 다른 영장류 사이의 유전자 서열 차이

위 치	인간 - 침팬지	인간 - 고릴라	인간 - 오랑우탄
Alu 분자	2	-	-
비코딩(Y염색체)	1.68 ± 0.19	2.33 ± 0.2	5.63 ± 0.35
위(偽)유전자 <sup>1)</sup> (상(常)염색체) <sup>2)</sup>	1.64 ± 0.10	1.87 ± 0.11	-
위유전자(X염색체)	1.47 ± 0.17	-	-
비코딩유전자(상염색체)	1.24 ± 0.07	1.62 ± 0.08	3.08 ± 0.11
유전자(K <sub>s</sub> )	1.11	1.48	2.98
비구조무위 <sup>3)</sup>	0.93 ± 0.08	1.23 ± 0.09	-
Xq13.3	0.92 ± 0.10	1.42 ± 0.12	3.00 ± 0.18
X염색체 소계	1.16 ± 0.07	1.47 ± 0.08	-
유전자(K <sub>a</sub> )	0.8	0.93	1.96

1) 유전자 기능을 잃고 있는 RNA

2) 성염색체 이외의 염색체

3) 진핵세포의 DNA에서 발견되는 삽입형 염기배열로 아미노산에 대한 부호가 없다

단백질 코딩 서열의 1.5% 차이는 두 종간에 관찰되는 차이를 만들기에 충분하지 못하다. 따라서 종간 차이는 유전체 내의 비코딩 서열



에서 비롯되어야 한다. 이러한 비코딩 서열은 단백질 코딩 유전자의 발현을 조절할 수 있으므로, 시공간적 발현을 조절함으로써 기능을 증가시키고 새로운 기능을 만든다. 선택적 스플라이싱(alternative splicing) 기전으로 기능적 이성체(isoform)의 범위를 확대할 수 있다 하더라도 누적적으로 5-10%의 기능적 차이를 보일 것이다.

그러나 분자적 증거(구조적 분석과 유전체 비교)에 따르면 실제로으로는 염색체 재배열을 통한 유전자 재구성으로 종 분화가 일어났음을 시사하고 있다(3)([http://www.scienceagogo.com/news/20030205170948data\\_trunc\\_sys.shtml](http://www.scienceagogo.com/news/20030205170948data_trunc_sys.shtml)). 지금까지 DNA 자체의 서열 변화 없이 신속한 종 분화가 일어났음이 입증되어 왔다. 사실상 반전(inversion), 삭제(deletion), 삽입(insertion)은 사람과 다른 영장류 간의 유전적 차이를 나타내는 주된 구조적 모티프이다. 그러면 어떤 방식으로 염색체 재배열이 일어났는가는 질문이 제기된다. 그리고 그 답은 다시 비코딩 DNA, 정확하게는 전위요소(transposon)라고 하는 이동성 유전자요소가 된다.

이동성 요소는 유전체 내에서 염색질 재배열에 영향을 미쳐 새로운 종을 생성시킬 뿐 아니라, 유기체 내에서 후성적 및 전사적인 기능을 가진다. 사람에게서 매우 특이적인 역전위요소(retrotransposon)는 Alu 요소라고 알려져 있다. Alu 요소는 사람의 유전체에서 가장 흔한 요소이며 100만 개 이상의 유전자 자리가 인간 유전체의 10%를 차지한다. 이것은 전사 후 유전자 조절 기능과 단백질 기능을 하는 RNA 이성체를 발현한다.

Alu 요소는 유전체에 임의적으로 분포하는 것이 아니다(4). 실제로는 주로 유전체의 5' 말단의 유전자 조절 부분에 위치하기 때문에 선택적으로 유전자 코딩 부분을 분리하는 데 사용된다. Alu 요소의 이

성체에는 사람 유전체에 특이적인 수많은 하위가족(아형)들이 존재한다(5). 신체 조직 내에서 활발한 역전위(retrotransposition)를 통해 사람의 뇌 형성에 관여한다(6).

우리의 결과는 역전위요소(retrotransposon)가 뇌 내에서 단백질 코딩 유전자에 동원되어 다양하게 발현시키고 활성을 가지게 한다는 것을 증명한다. 따라서, 전위에 의한 체세포 유전체 섞임(mosaicism)이 정상적 및 비정상적인 신경생물학적 과정의 근간을 이루는 유전적 회로의 형태를 재구성했을지도 모른다.

## 사람의 뇌의 유전적 경관을 변화시키는 체세포 유전체 전위

Alu 요소의 기원은 가공 전(nascent) 단백질을 소포체로 이동시키는 신호인식입자 장치를 구성하는 RNA 성분인 7SL 유전자이다. 그러나 Alu 요소는 7SL 유전자에서 발견되지 않는 여러 가지 특징을 가지고 있으며 인간 생물학에서 독특한 역할을 수행하므로 이 요소가 지능적으로 가공되었다는 추정을 강력하게 지지한다. Alu 요소는 7SL 유전자에서 유래하지 않는 반복형 삽입 서열과 그에 관계된 독특한 종료 서열을 가지고 있다(7). 이러한 서열 모티프들은 Alu 요소의 발현과 전달에 매우 중요하며 유전자가 많은 부분(gene rich region)에 특이적으로 삽입되는 등 고도의 기능성을 제공한다. 즉, 우연한 발달의 결과나 유전자 융합의 우연이 아니라 지능적 설계임을 시사한다. 더욱 놀라운 것은 Alu 서열에 레티노산 반응요소(Retinoic Acid Response Element)가 포함되어 있다는 것이다. 레티노산은 세포 발달 및 분화에 관여하는 신호전달분자이다. 레티노산 수용체는 여러 세포 기능에 중요한 전사조절물질이다.

Alu RNA 분자의 구조적 모티프에서 또 다른 지능적 조작의 증거를 찾을 수 있다. Alu 이성체 중 하나는 2개의 Alu 단일체가 서로 결합되어 있는 이합체이며, 연결자(linker) 서열을 통해 구조적으로 안정화된다(그림3). 이 연결자 서열이 Alu ncRNA의 3차 구조 형성을 어떻게 안정화시킬까(그림4)? 이들은 오늘날의 분자 조작에서 융합 단백질의 이합체를 만들 때 사용하는 것과 완전히 같은 기법을 사용한다. 복제(clonning)된 DNA 서열의 전사 부분에 연결자 서열을 삽입하여 번역이 끝난 후 2개의 단백질 도메인이 서로 가까이 위치하며 분자 간 결합을 형성하고 이합체를 이룬다. 이러한 방식을 Alu 요소에서도 똑같이 볼 수 있다.

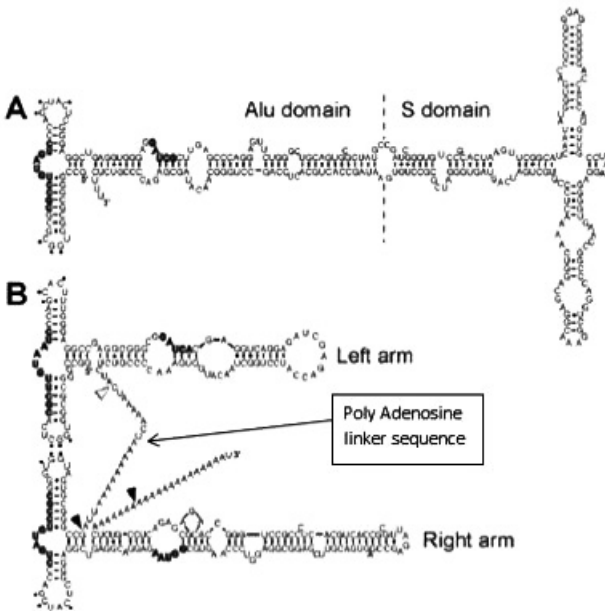


그림 3.

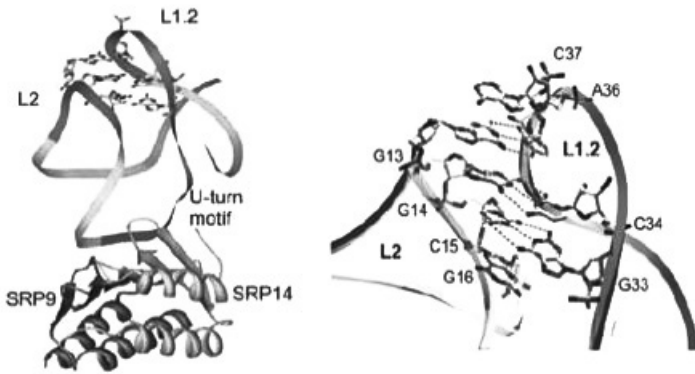


그림 4. 특정 세포핵의 수소결합에서 만들어지는 3차 구조를 보여주는 결정학상 이미지. 이 접합 구조는 폴리 아데노신 연결자 서열에 의해 안정화된다.

Alu 요소가 인간의 진화적 발달과 고등인지능력의 생성에 핵심적인 분자라는 가정을 입증하기 위해서 우리는 기원전 200년의 Alu 유사 RNA를 검사할 것이다. 기원전 200년은 인간 특이적인 Alu족 역전위요소(retrotransposon)가 세포질 내에 발현한 시기이다. 인간 유전체 내의 Alu 서열이 전사적으로 활성화되고 신경 조직에 국한적으로 발현한다. 마티 제 티와 브로시우스의 논문에서 발췌한 그림에서 볼 수 있듯이, 유전자는 사람의 뇌 내에서 기능적 활성을 가지며 인간 종에게 선택적 우위를 준다.

## BC200 RNA: A neural RNA polymerase III product encoded by a monomeric *Alu* element

(recruited retroposon/exaptation/primate-specific/pseudogenes/gene conversion)

JOHN A. MARTIGNETTI AND JÜRGEN BROSIUS\*

Fishberg Research Center for Neurobiology, Box 1065, Mount Sinai School of Medicine, 1 Gustave L. Levy Place, New York, NY 10029

Communicated by I. S. Edelman, September 8, 1993


**ABSTRACT** We demonstrate that the BC200 RNA gene, which encodes a neural small cytoplasmic RNA, is a member of the most prodigious family of interspersed repetitive DNA and that its product represents an example of a primate tissue-specific RNA polymerase III transcript. The BC200 RNA gene is an early monomeric member and one of the few postulated transcriptionally active *Alu* sequences in this family of nearly half a million retropositionally amplified elements dispersed throughout the human genome. Furthermore, the isolation of two pseudogenes, BC200 $\beta$  and BC200 $\gamma$ , demonstrates the gene's transpositional ability. Interestingly, the BC200 $\beta$  pseudogene may have been generated by a conversion-like event after the human/chimpanzee divergence, resulting in an exchange of the left arm of a dimeric *Alu* element with the BC200 RNA coding sequence. Our data on conserved features of the active BC200 $\alpha$  gene suggest that its RNA product has been "exapted" into a function of the primate brain and provides a selective advantage to the species.

transpositionally active *Alu* dimers or monomers have been isolated.

A partial cDNA sequence of BC200 RNA revealed sequence identity with *Alu* Lm sequences (20). BC200 RNA is a small cytoplasmic RNA expressed in a highly defined neural and subcellular distribution in primate brain and cell lines (20, 21). Recently, complete cDNA clones have been isolated (21). Their analysis reveals that BC200 RNA is not the posttranscriptional by-product of *Alu*-containing heterogeneous nuclear RNA but the product of a limited number of genes. The RNA sequence is divided into three domains: a 5' portion homologous to the *Alu* Lm, a central adenosine-rich region, and a terminal 43-nt nonrepetitive domain. A probe complementary to the 3' terminal domain detects only BC200 RNA on Northern blots (21).

We have now isolated and cloned the human BC200 RNA gene and two pseudogenes.<sup>1</sup> The probe used in genomic library screening was designed corresponding to the nonrepetitive 3' end to avoid areas of sequence identity shared

요약하자면, 생명은 존재와 같은 말이고 영원하며, 실재의 가장 근본적인 조직(fabric)은 의식이다. 그것은 순수 추상과 의도의 장(場)이며 자기 상호작용(self-interaction)을 통해 무한한 가능성을 만들어 낸다. 그러므로 우주 자체는 지능적이고 실재의 구조는 지능적 설계의 결과이다. 모든 측면은 지능적으로 설계되었으며 의식이 포함되어 있다. 통제적이라는 의미가 아니라 무작위적이지 않다는 것이다. 자유의지라는 영적 본질은 내재적이기 때문이다. 진실은 무작위 과정이라 여겨지는 것도 숭고한 우주적 의식(Cosmic Consciousness)에 대한 증거이다. 무작위의 과정 안에서 하나의 시스템은 완전히 독립적으로 진화할 수 있다. 아울러 시스템을 이루는 각 요소의 상태를 언제든지 알 수 있고 행동의 영향을 정확하게 예측할 수 있다. 그러나 이러한 용어는 시스템이 지능과 동떨어져 존재한다는 것을 뜻하기 때문에 오해의 소지가 있다. 도리어, 만물은 일체이듯이 통일된 의식(Unified Consciousness) 자체의 일면이다.

- (1) Julien Hässler, Katharina Strub, Alu RNP and Alu RNA regulate translation initiation in vitro. *Nucleic Acids Research*, 2006년, Vol. 34, No. 8 doi:10.1093/nar/gkl246
- (2) Ling-Ling Chen, Joshua N DeCerbo, Gordon G Carmichael, Alu 요소-mediated gene silencing. *The EMBO Journal* (2008년) 27, 1694-1705 | & 2008 European Molecular Biology Organization
- (3) Farre M, Bosch M, Lopez-Girardez F, Ponsa M, Ruiz-Herrera A (2011년) Assessing the Role of Tandem Repeats in Shaping the Genomic Architecture of Great Apes. *PLoS ONE* 6(11): e27239. doi:10.1371/journal.pone.0027239 편집자: David Liberles, 와이오밍 대학, 미국.
- (4) Cooper, David N., Dr. Human Gene Evolution, Oxford: Bios: San Diego, CA: 미국과 캐나다에서 학술 전문 출판사가 공급, 1999년.
- (5) Mark A. Batzer, Prescott L. Deininger. A human-specific subfamily of Alu sequences. *Genomics*. Volume 9, Issue 3, 1991년 3월, 481-487.
- (6) J. Kenneth Baillie. Somatic retrotranspositional alteration of the genetic landscape of the human brain. *Nature, Letter*. 2011년.
- (7) Wen-Ming Chu, Ruth E. Ballard, Carl W. Schmid, Palindromic sequences preceding the terminator increase polymerase III template activity. *Nucleic Acids Research*, 1997년, Vol. 25, No. 11 2077-2082.
- (8) Gordon Vansantr, Ad Wanda F. Reynolds. The consensus sequence of a major Alu subfamily contains a functional retinoic acid response element. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, Vol. 92, 8229-8233, 1995년 8월. *Biochemistry*. (끝) 

- 이 글은 『The Living Universe』에서 발췌하였습니다.
- 이 글은 미내사의 허락 없이 무단 전재나 재배포를 할 수 없습니다.

저자 | **윌리엄 브라운**(William Brown) | 호놀룰루 마노아 하와이 대학교 생물재생연구소의 분자생물학자이다. 그의 스승인 프레데릭 머서는 뇌에 존재하는 세포외 기질 단백질 복합체를 발견하고, 만델브로의 프랙탈 패턴을 본 따 프랙톤(fractone)이라고 명명했다. 그들은 프랙톤과 신경의 유연성, 조직 구조, 생물학적 재생, 줄기세포 분야에서 결합조직 네트워크의 여러 요소들을 집중적으로 연구했다. 연구소는 유기체 내에서 발달과 패턴 형성의 과정, 인간의 손상된 조직과 기관 재생에 응용할 수 있는 방법을 중심으로 한다. 브라운은 이상해 보이는 모든 대상에 대해 연구를 지도하며, 자연과 음악, 무한으로 우리를 연결해주는 내적인 자원을 인식하면서 시간을 보내고 있다. 전자메일 [wdb225@gmail.com](mailto:wdb225@gmail.com)을 통해 브라운에게 연락을 취할 수 있다.

홈페이지: [williambrownscienceoflife.com](http://williambrownscienceoflife.com)

역자 | **이명수** | 한국 한의학 연구원, 「지금여기」 번역위원