

라카토슈 연구프로그램으로 본 왓슨과 크릭의 DNA구조 발견

김 태 진[†] · 양 경 은[‡]

본 연구는 라카토슈 연구프로그램의 관점에서 왓슨과 크릭의 DNA구조 발견 과정을 분석한다. 연구결과, 왓슨과 크릭의 DNA구조의 발견과정은 핵과 보호대, 부정적 발견법과 긍정적 발견법, 반증과 입증, 세련된 예측 등 라카토슈 연구프로그램의 구성요소들로 분석할 수 있다. 왓슨과 크릭은 실제세계의 실험과 관찰을 통해 얻은 자료를 자신의 모형에 계속적으로 접목해 수정, 보완해 나감으로써, 핵과 보호대를 변화시켰다. 여러 단계에 걸쳐 핵과 보호대로부터 얻어진 예측을 실제세계의 자료와 일치시키는 과정을 통해 DNA구조의 역사적 발견을 이뤄낼 수 있었다. 왓슨과 크릭의 연구프로그램 발전 단계에서 전 단계의 변칙사례라는 오류를 제거하기 위해 다음 단계의 보호대를 수정, 보완시키고 있음을 확인할 수 있다. 본 연구는 왓슨, 크릭의 DNA구조 발견을 라카토슈 연구프로그램을 통해서 분석함으로써 과학발견에서의 오류수정과정의 중요성을 강조한다.

【주요어】 라카토슈 연구프로그램, 왓슨과 크릭의 DNA구조 발견, 모형, 오류수정

[†] 제1저자, 치악중학교, tae2153@naver.com

[‡] 교신저자, 한국교원대학교, newtleib@gmail.com

1. 서론

본 연구는 라카토슈 연구프로그램(Lakatos' Methodology of Scientific Research Programme)의 관점에서 왓슨(James Watson)과 크릭(Francis Crick)의 DNA(deoxyribonucleic acid)구조 발견과정을 분석한다. 본 연구에서 DNA구조의 발견과정은 핵과 보호대, 부정적 발견법과 긍정적 발견법, 반증과 입증, 세련된 예측 등 라카토슈 연구프로그램의 구성요소들로 분석될 수 있다.

왓슨과 크릭은 실제세계의 실험과 관찰을 통해 얻은 자료를 자신들의 모형에 계속적으로 접목해서 수정, 보완해 나감으로써, 보호대를 변화시켰다. 여러 단계에 걸친 보호대의 수정으로부터 얻어진 예측을 실제세계의 자료와 일치시키는 과정을 통해 DNA구조의 역사적 발견을 이뤄낼 수 있었다. 이 과학적 발견과정에서 특히 오류수정과정인 핵심적인 역할을 하고 있다. 왓슨과 크릭의 연구프로그램은 전 단계의 변칙사례라는 오류를 제거하기 위해 다음 단계의 보호대를 수정, 보완시키고 있다. 이러한 보호대의 수정은 라카토슈가 강조한 긍정적 발견법의 연구지침에 의해 진행된 것으로, 과학적 발견에서 오류수정과정의 중요한 역할을 하고 있다.

라카토슈 연구프로그램은 과학사의 사례를 분석하는 하나의 관점으로 연구프로그램 간의 경쟁을 분석하는 데 초점이 맞추어져 있는 데 비해 본 연구는 이러한 경쟁과정보다는 특정 연구프로그램 안에서의 변화과정을 분석한다. 물론 본문에서 지적하듯이 왓슨과 크릭은 DNA구조 발견과정에서 경쟁 연구프로그램과의 차별성에 바탕을 둔 신선한 예측에 관심을 가지고 있었지만 본 연구의 초점은 연구프로그램 내에서의 오류수정과정이다.

라카토슈 연구프로그램은 과학자들의 연구과정에 대한 여러 요소 간의 연관관계를 모형화한다. 본 연구는 이들 여러 요소들 중 왓슨, 크릭의 DNA구조 발견에 대한 합리적인 재구성을 통해 과학적 발견에서의 오류수정과정의 중요성을 부각한다.

2. 라카토슈 연구프로그램으로 본 왓슨, 크릭의 DNA구조 발견

본 절은 왓슨과 크릭의 DNA구조 발견사례를 라카토슈 연구프로그램으로 분석한다.¹⁾ 분석은 2가지 연관된 축을 기조로 진행된다. 첫 번째 축은 왓슨과 크릭의 연구프로그램을 핵, 보호대, 부정적발견법, 긍정적 발견법, 세련된 예측의 구성요소로 분석한다. 이를 바탕으로 두 번째 축에서는 왓슨과 크릭의 DNA구조 발견을 변칙사례의 발견과 이에 상응하는 보호대의 변형을 중심으로 시간의 순서로 분석한다.

왓슨과 크릭의 DNA구조 발견 연구프로그램은 기본적으로 ‘모형’의 구성에 기반을 두고 있다. 두 사람이 제시한 모형은 라카토슈 연구프로그램 방법론으로 재구성함에 있어서, 과학이론을 구성하는 가장 기본적인 도구의 역할을 한다. 왓슨과 크릭이 모형의 구성을 중요하게 생각했다는 점은 왓슨 (1968)의 “분자 모형을 만들어 이리저리 끼워

1) 본 연구는 왓슨과 크릭의 DNA구조 발견을 분석함으로써 이 사례에서는 포퍼, 쿤 등 다른 과학변화 모형보다 라카토슈 연구프로그램의 모형이 적절함을 주장한다. 포퍼의 모형은 추측과 논박이 과학변화의 원동력을 지적한다는 점에서는 본 연구와 궤를 같이 한다. 하지만 포퍼는 한 이론이 어떻게 구조화되어 있는지 그리고 변칙사례가 어떻게 구체적인 과정을 통해서 새로운 가설을 낳게 하는 지에 대한 발견법을 명확하게 제시하고 있지 않다. 이에 비해 라카토슈는 본 연구에서 지적한 바대로 견고한 핵과 보호대로 특정 이론은 구성되며, 부정적 그리고 긍정적 발견법으로 변칙사례에 대해 이론의 구성부분이 차별적으로 반응하는 구체적인 지시사항을 명시하고 있다. 또한 라카토슈 모형에 기반한 오류수정과정은 각 단계의 보호대의 변화에 대한 논리적이며 합리적인 설명을 제시한다는 점에서 쿤의 과학변동 모델보다 이 사례를 분석함에는 용이하다고 볼 수 있다. 물론 본 연구는 라카토슈 연구프로그램에 모형구성의 역할을 강조한 다든(Lindley Darden)의 메커니즘 설명을 연계시키고 있다. 메커니즘의 인과적 설명에 바탕을 둔 과학변동 모형은 왓슨과 크릭의 DNA구조의 부품간의 연관관계가 어떻게 긍정적 발견법에 의해 대체되는지에 대한 중요한 시사점을 제시한다(Darden 2006).

맞추다 보면, 운 좋게 DNA의 구조가 나선형으로 맞아떨어질지도 모르는 일이었다. 나선형이 아닌 구조는 나선형보다 훨씬 더 복잡하다. 우선 간단한 것부터 먼저 해보고 그것이 실패하면 그때 가서 좀 더 복잡한 모형을 다루기로 했다”²⁾는 대목에서 찾아 볼 수 있다. 인용에서 볼 수 있듯이 모형은 실제세계의 요소들 간의 연관관계를 단순화 시킨 구성물로써 왓슨과 크릭의 연구프로그램의 방법론적인 기초를 이루고 있다.

왓슨과 크릭은 이론적 모형과 스케일 모형을 모두 사용하여 과학이론을 진행시켰다. 예를 들어, DNA의 모형은 배열된 염기들과 나선구조로 꼬여 있는 3개의 당, 인산 중추들로 구성된다고 표현하여, 실제 존재 가능한 분자에 대한 기술을 통해 이론적 모형을 사용하고 있다.³⁾ 뿐만 아니라, 세 개 또는 두 개의 사슬구조를 갖는 시각적인 모형을 제작한 것은 스케일 모형을 사용하고 있음을 나타낸다.

왓슨과 크릭은 DNA는 유전물질이며, DNA의 구조는 X선 결정학에 의해 설명될 수 있음을 파악하고, DNA의 구조를 모형으로 만들어야겠다고 생각하였다. 왓슨과 크릭은 라이너스 폴링(Linus Pauling)이 단백질의 나선구조를 밝혀냈을 때, 수학적 계산이 아닌 분자의 모형을 가지고 알파나선을 생각해냈던 것에서 아이디어를 착안하여 DNA모형을 만들고자 하였다.⁴⁾

라카토슈는 신선한 예측의 성공을 기준으로 프로그램 간의 경쟁을 강조한다. 왓슨⁵⁾은 그 당시의 모리스 윌킨스(Maurice Wilkins), 로잘린드 프랭클린(Rosalind Franklin), 라이너스 폴링 등을 DNA의 연구의 주요 경쟁자로 기술하고 있다. 물론 이들 간의 연구 자료와 결과, 지식과 정보의 이동 및 교류는 이들 간의 관계를 경쟁으로만 기술할 수 없게 한다. 하지만 왓슨의 기술과 이들 연구의 목표, 대상, 방법 등의 차이는 라카토슈 연구프로그램에서 기술하는 연구 프로그램 간의 경쟁

2) Watson (1968), pp. 50-1.

3) Giere, Bickle and Maudlin (2006), p. 60.

4) Ibid.

5) Watson (1968), p. 4.

이 이 사례에서도 적용될 수 있음을 확인할 수 있다. 왓슨과 크릭을 제외한 경쟁 과학자들은 유전물질의 후보대상으로 DNA보다는 단백질에 주목하고 있었다. 따라서 본 논문이 지정하는 첫 번째 견고한 핵인 DNA의 기능에 대한 왓슨과 크릭의 가정은 당시의 유전물질에 대한 표준적인 견해와는 차별적이었다. 또한 왓슨과 크릭은 두 번째 견고한 핵인 DNA구조를 탐색하기 위해 다른 과학자들과는 차별적인 방법을 채택한다. DNA구조를 이해하기 위한 연구에서 월킨스와 플랭클린 등은 모형을 제작하는데 주력하지는 않았으며, 모형제작을 시도한 폴링의 경우에도 DNA보다는 단백질에 당시 연구의 초점을 두고 있었다(Judson 1979). 이렇게 왓슨과 크릭의 견고한 핵을 이루는 가정들은 유전물질을 탐색하는 목표, 대상, 방법의 차이에 의해서 그들의 연구프로그램이 유전물질탐색의 경쟁자들과의 차별성을 파악할 수 있다.

왓슨과 크릭의 모형구성 과정은 보호대의 변화단계에 따라 네 단계로 구성될 수 있다. 다음 절에서 논의하듯 이들 연구프로그램의 견고한 핵은 DNA의 기본적인 기능과 구조에 대한 가정으로 구성되며 라카토슈의 부정적 발견법의 지침을 준수하고 있다. 이에 비해 보호대는 일련의 변칙사례, 즉 경험적 하부구조의 증감으로 인해 수정, 보완되는 데 이 과정이 왓슨과 크릭 연구의 핵심을 이룬다. 특히 이들의 DNA모형의 발전단계는 당, 인산, 염기로 구성된 뉴클레오티드의 연결구조에 대한 이론적 가설에 대한 변화가 보호대 변화의 중심에 있다.⁶⁾ 따라서 뉴클레오티드의 연결구조에 대한 가설의 변화에 대한 결정적 계기들을

6) 본문에서 논의하는 바와 같이 왓슨과 크릭은 연구 초기에 DNA가 유전물질이며 당, 염기, 인산기로 구성되었다는 사실만을 알고 있었다. 그리고 월킨스의 X선 회절 사진에 기반한 코크란-크릭 이론은 이러한 규칙적 배열이 나선형 구조를 이룬다고 지정하고 있었다. 이들은 이러한 배경지식을 핵으로 채택하고 이를 바탕으로 당, 염기, 인산기로 구성된 뉴클레오티드의 규칙성을 가정하고 이들의 연결구조를 탐색한다(Watson 2006, p. 67). 견고한 핵의 가정 하에 뉴클레오티드의 연결구조에 대한 가설의 변화는 본 논문의 초점인 보호대 변화의 핵심을 이룬다. 따라서 보호대 변화의 결정적인 계기에 따라 연구프로그램을 1, 2, 3, 4단계로 구분한다.

중심으로 연구프로그램의 진행과정을 보호대의 변화단계(1, 2, 3, 4 단계)로 구분할 것이며, 각 단계를 라카토슈 연구프로그램의 구성요소로 분석한다.

1) 왓슨과 크릭의 연구프로그램의 1단계: 왓슨과 크릭의 연구프로그램의 1단계는 왓슨과 크릭이 모형을 처음 구성한 단계이다. DNA가 유전물질이라는 것을 착안하고, DNA의 3차원 구조가 삼중나선구조일 것으로 가정하였다. 이 내용을 기반으로 모형의 기본 틀을 마련하였다. 이 단계는 모형의 구성에 필요한 핵의 선정과 1단계 보호대의 선정, 그리고 보호대에 대한 변칙사례를 중심으로 설명하겠다. 그리고 긍정적 발견법, 세련된 예측이 명확하지 않은 점을 지적할 것이며, 그 이유를 논의한다.

1-1) 1단계의 핵과 부정적 발견법: 뉴턴-스미스는 “라카토슈 연구프로그램의 견고한 핵은 일련의 이론적 주장들로 구성되며, 연구프로그램이 되는 모든 이론은 이 견고한 핵의 가정들을 공유하여야 한다”⁷⁾고 지적한다. 견고한 핵은 프로그램이 되는 동안 반박되지 않는 핵심 요소이다.

왓슨과 크릭의 연구프로그램은 두 개의 견고한 핵으로 구성된다. 첫 번째 핵은 DNA의 기능을 다루고 있으며, ‘DNA는 유전자의 기본물질’이라는 가정이다. 두 번째 핵은 DNA모형의 구조에 대해 다루고 있으며, ‘DNA는 당, 염기, 인산기로 이루어진 결정적인 나선형구조를 갖는다’는 가정이다. 왓슨과 크릭의 연구프로그램은 DNA의 ‘구조’를 바탕으로 그 ‘기능’을 설명하고 있다. 위에서 말한 2개의 핵은 연구프로그램이 진행되는 동안 프로그램의 지지자들에 의해 반박되지 않음 즉, 유지됨을 본 논문을 통해서 확인하게 될 것이다. 따라서 라카토슈의 부정적 발견법은 왓슨과 크릭의 연구프로그램에서 만족되고 있다.

왓슨과 크릭이 DNA구조를 공동으로 연구하게 되는 계기는 DNA가 유전물질일 것이라는 그들의 공통된 생각 때문이었다. 그 당시 많은

⁷⁾ Newton-Smith (1983), p. 129.

과학자들은 단백질이 유전물질일 것이라는 가설을 중심으로 이론을 구성하고 있었다. 그러나 다른 과학자들의 생각과는 차별적으로 왓슨과 크릭이 DNA가 유전물질이라는 경쟁가설을 세우는데 중요한 역할을 하는 2개의 자료는 에이버리(Oswald Avery)와 동료들의 실험결과와 윌킨스의 X선 사진이었다. 이에 대한 내용은 다음과 같다.

첫째, DNA가 유전물질이라는 가설을 견고한 핵으로 정한 것은 에이버리의 실험결과에서 영향을 받았다. 이는 다음의 인용 문구에서 확인할 수 있다.

“DNA가 모든 세포의 염색체 안에 존재한다는 사실은 이미 널리 알려졌기에 이 실험 결과는 모든 유전자가 DNA로 구성되어 있음을 실험적으로 증명할 수 있다는 것을 예견하는 것이었다. 만일 이게 사실이라면, 진정 생명의 비밀을 풀어주는 로제타석은 단백질이 아닐 것이라는 사실을 크릭은 금방 알아차렸다.” (Watson 1968, p. 14)

왓슨과 크릭은 단백질이 아니라, DNA가 유전물질이라고 판단하는 것이 생명현상을 이해하는 핵심이라고 생각했다. ‘로제타석’으로 비유한 그의 표현은 ‘견고한 핵’에 대한 왓슨 자신의 표현이라고 판단할 수 있다. 에이버리의 연구결과는 열처리한 병원성 S세포(Pathogenic S cell)에서 여러 물질을 순수하게 분리하는 실험을 한 후, 분리한 여러 물질을 R세포에 주입하여 어떤 물질이 R세포의 형질을 S세포의 형질로 변화시키는지 실험한 것이다. 결과적으로 단백질, 탄수화물, 지질, RNA는 형질전환을 시키지 못했으며, DNA만이 비병원성 R세포(Nonpathogenic R cell)를 병원성 S세포로 변화시킨다는 것을 에이버리와 그의 동료들은 알아내었다. 이를 통해 왓슨과 크릭은 기존의 실제 유전자가 단백질 분자의 특별한 형태라는 일반적인 생각이 맞지 않다고 생각하게 되었다. 더 나아가 왓슨과 크릭은 단백질이 아닌 DNA가 유전물질의 기능을 수행한다는 것을 그들의 연구프로그램의 중심인 첫 번째 견고한 핵으로 채택하게 되었다.⁸⁾

8) 에이버리의 연구 뿐만 아니라 허시(Al Hershey)와 체이스(Martha Chase)

둘째, 왓슨과 크릭의 연구프로그램의 두 번째 핵에 해당하는 DNA의 구조에 대한 내용의 선정은 월킨스의 DNA의 X선 회절사진에서 영향을 받았다. 왓슨과 크릭은 X선 연구를 통하여 DNA의 3차원 구조를 밝히는 것이 가능하다는 점을 간파하였다. 왓슨은 “월킨스는 이것이 DNA의 구조를 나타내는 결정적인 사진이라고 짧고 간결하게, 그리고 차분한 어조로 설명했다. 이것으로 이제 DNA의 구조가 밝혀진다면, 유전자가 어떻게 작동하는지를 이해하는 데 아주 유리한 입장을 확보한 셈”⁹⁾이라고 언급하고 있다. 그들이 DNA의 구조를 밝히기 위해서 DNA의 X선 회절사진의 분석이 ‘결정적’이라고 간주한 점에서 DNA구조에 대한 연구가 연구프로그램에서 견고한 핵의 한 부분을 차지하게 됨을 읽을 수 있다. 또한 크릭은 코크런(Bill Cochran)과 함께 나선형 분자에 의해 X선이 회절되는 방식을 이론적으로 설명한다.¹⁰⁾ 코크런-크릭의 나선회절이론은 DNA의 구조가 나선형이라는 가설이 왓슨, 크릭의 연구프로그램의 견고한 핵으로 자리 잡는 데 중요한 역할을 한다. 왓슨과 크릭은 X선 회절사진에 대한 고려를 통해 DNA분자를 수많은 뉴클레오티드가 일렬로 배열된 규칙적인 결정체로 모형화시키는 견고한 핵을 도입하게 된다.

1-2) 1단계의 보호대: 왓슨과 크릭의 연구프로그램은 앞 절에서 제시한 견고한 핵의 내용뿐만 아니라, 핵을 지지하는 보조가설인 보호대로 구성되어 있다. 보호대는 모형을 만들기 위해 용인된 경험적 내용의 증가로 인해 견고한 핵을 대신하여 반증시도에 대해 맞서고 수정, 보완될 수 있는 보조가설이다.¹¹⁾ 따라서 왓슨과 크릭은 연구프로그램

의 박테리아 파지 실험 또한 DNA가 유전물질임을 시사하는 연구이다 (Watson 1968, p. 119).

⁹⁾ Ibid., p. 32.

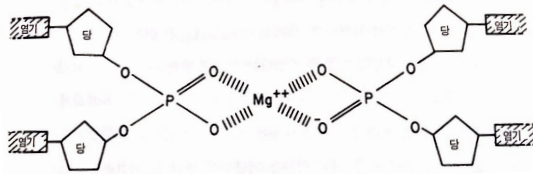
¹⁰⁾ 크릭은 DNA모형 제작과정에서 결정학자 밴드(V. Vand)의 ‘나선분자의 X선 회절에 대한 가설’의 오류를 지적하고 코크런(Bill Cochran)과 함께 X선이 나선분자들에 의한 회절방식에 대한 그들의 이론을 제시한다(Ibid., p. 63).

¹¹⁾ Lakatos (1970), p. 90.

에서 핵으로 선정되기에는 부족한 2개의 가설을 보호대로 선정하였다.

연구프로그램 1단계에서 왓슨과 크릭이 제시한 보호대(이것을 1단계 보호대로 정의하겠다)는 다음과 같이 두 가지로 구성되어 있다. 첫 번째 1단계 보호대는 사슬사이의 결합관계에 대해 제시하고 있고, 두 번째 1단계 보호대는 DNA의 3차원 구조에 대해 제시하고 있다.

첫 번째 1단계 보호대는 [그림 I]과 같이 ‘DNA는 당(Sugar)-인산기(PO_4^-)가 뼈대를 이루며, 인산기가 중앙에 배치되어 사슬사이에 이온결합을 형성하고 있다’는 가설이다.¹²⁾



[그림 I] 마그네슘이온이 복합나선의 중심에서 음전하를 띠고 있는 인산 그룹과 결합하는 구조¹³⁾

사슬과 사슬의 결합력은 [그림 I]과 같이 마그네슘이온(Mg^{++})과 같은 2가 양이온과 둘이상의 인산기의 결합인 이온결합이라고 가정하였다.¹⁴⁾ 즉, 염기(base)를 바깥으로 배치하고 인산기(phosphate)를 사슬의

12) 왓슨과 크릭은 X선 회절에 대한 코크런-크릭의 이론과 왓슨이 플랭클린의 강연에서 얻은 자료를 바탕으로 DNA분자를 구성하는 구체적인 배열, 즉 보호대를 제안한다. 그들은 플랭클린의 자료에 이온결합에 대한 언급이 부재함을 염려하지만 당-인산 뼈대에 Mg^{++} 이온 혹은 Ca^{++} 이온을 끼워보면 다행히도 잘 맞아떨어지기에 이온결합된 당(Sugar)-인산기(PO_4^-) 뼈대를 보조 가설로 채택한다(Watson 1968, p. 88).

13) Ibid., p. 87.

14) 토드(Todd)의 뉴클레오티드의 배열방식에 대한 연구는 당의 탄소원자 5번이 이웃 뉴클레오티드의 당 탄소원자 3번과 결합하는 포스포디에스테르 결합(phosphodiester bonds)이라는 가설을 세웠다. 이 연구결과는 뉴클레오

안쪽으로 배치하여 인산기를 고정해 줄 수 있는 양이온이 필요하다고 생각하여 DNA의 모형을 제작하였다.

두 번째 1단계 보호대는 ‘DNA가 세 가닥(삼중)의 사슬로 이루어진 구조’일 거라는 가설이다. 플랭클린과 윌킨스의 A형 X선 자료를 바탕으로 왓슨과 크릭은 DNA분자가 규칙적으로 배열되어 있을 것이라고 가정했다. 그리고 당과 인산기가 뼈대를 이루고 있는 3가닥의 사슬구조를 모형으로 제작하는 것이 최선의 방법이라고 생각했다.¹⁵⁾ DNA가 한 가닥이라고 가정할 수도 있지만, 이 경우를 배제한 이유에 대해 왓슨은 “한 가닥의 경우는 실험 결과로 볼 때 타당하지 않다고 판정하여 일찍 대상에서 제외했다”¹⁶⁾고 설명하였다.¹⁷⁾

위에서 가정한 2개의 1단계 보호대는 그 당시의 활용 가능한 경험적 내용의 증가에 의해 수정되거나 보완되기 때문에 라카토슈가 말한 보호대로 볼 수 있다. 이 내용은 다음 절에서 확인할 수 있다.

1-3) 1단계의 변칙사례: 연구프로그램이 진행되는 과정에서는 해결

티드의 연결에 당과 인산만 관여한다는 점을 보여준다. 유기화학자인 토드는 DNA의 부분 구조로써 원자 간의 연결에 대한 연구는 왓슨과 크릭의 뉴클레오티드 사이의 3차원적 결합에 기반한 DNA의 구조모형에 재료를 제공한다(Watson 1968, p. 53). 토드가 DNA의 국소적 부분만을 제안하였기 때문에 뉴클레오티드 사이의 3차원 결합을 증명하는 연구 과제는 DNA 모형제작을 목표로 하는 왓슨과 크릭의 연구프로그램으로 이양되었다.

15) Ibid., pp. 89-91.

16) Ibid., p. 88.

17) 왓슨과 크릭은 세 가닥의 사슬이 28Å 주기로 나선의 축에 따라 반복되어 꼬인 삼중나선구조로 보호대 2를 선정하는데는 플랭클린과 윌킨스의 A형 X선 사진 외 다음과 같은 윌킨스의 아이디어가 중요한 역할을 한다. 윌킨스는 크릭에게 “DNA 분자가 한 가닥의 폴리뉴클레오티드(뉴클레오티드의 연결체) 사슬로 되어 있기에는 그 직경이 너무 크다(Ibid., p. 52)”는 정보를 제공하여 폴리뉴클레오티드가 여러 가닥으로 꼬여 있는 복합나선을 가정하는데 기여한다. 또한, 윌킨스는 그 자신의 X선 연구 자료와 동료인 스톱스(Stokes)의 의견을 종합하여 도달한 삼중나선에 대한 추측에 대해서도 언급한다(ibid., p. 56).

될 수 없는 문제와 처리할 수 없는 변칙에 직면하게 된다. 연구프로그램의 모형이 내놓은 예측이 실제세계의 자료를 잘 설명하지 못할 때 변칙사례를 경험하게 된다. 왓슨과 크릭의 연구프로그램에서 출발한 견고한 핵과 1단계 보호대는 다음과 같은 변칙사례를 겪게 되었다.

1단계 보호대의 첫 번째 가설(DNA는 인산기를 중심으로 이온결합을 함)에 대해 플랭클린이 지적한 변칙사례는 마그네슘이온은 물 분자에 둘러싸여 있으므로 튼튼한 구조물이 형성될 수 없다는 것이다. 따라서 플랭클린은 마그네슘이온을 이용한 사슬과 사슬사이의 이온결합은 불가능하다는 지적을 하였다. 왓슨과 크릭은 물 분자로 가득 차 있는 신체 내에서 인산기는 물 분자와 결합하는 것이 인산기 끼리의 결합보다 확률적으로 당연하다는 것을 파악하지 못하였다. 또한, 실제 DNA는 그들의 모델보다 적어도 열 배 이상의 물을 함유해야 한다는 사실을 플랭클린은 지적했다. 여분의 물은 나선의 주변에 있는 빈 공간에 끼워 넣으면 되기는 하지만, 왓슨과 크릭의 가설에 논리적인 근거가 취약하다는 결론은 피할 길이 없었다고 밝히고 있다.¹⁸⁾

1단계 보호대의 두 번째 가설(삼중나선구조)은 DNA의 3차원적 구조를 입증하는 결정적인 자료인 플랭클린의 X선 B형 회절사진([그림 IV])에 의해 반증된다; “[X선 B형 회절사진] 패턴은 이전에 얻은 [A형]보다 믿을 수 없을 만큼 더 간단했다. ... ‘B형’의 X선 사진에는 한 눈에 보아도 나선을 입증하는 결정적인 요소들이 뚜렷이 자리 잡고 있었다. 조금만 더 궁리해보면 DNA 분자에 있는 사슬의 수도 쉽게 알아낼 수 있을 것 같았다.”¹⁹⁾

1-4) 1단계의 정리: 앞의 논의를 다음과 같이 정리할 수 있다. 왓슨과 크릭의 연구프로그램의 1단계는 모형을 만드는 초기단계였다. 기존의 관찰사례를 통해 2개의 핵(DNA가 유전물질, DNA는 결정적인 나선구조)과 2개의 보호대(DNA는 인산기를 중심으로 이온결합, 삼중사슬구조)를 선정하여 모형을 제작해 보았다. 그러나 플랭클린이 지적한

18) Ibid., p. 94.

19) Ibid., pp. 167-9.

변칙사례(마그네슘이온이 사슬사이의 결합력이 될 수 없음)에 직면하면서 라카토슈가 말한 반증을 겪게 되었다.

1단계에서 핵, 보호대, 부정적 발견법, 변칙사례는 발견되지만 왓슨과 크릭의 연구프로그램에서는 긍정적 발견법, 세련된 예측은 드러나고 있지 않다. 모형구성의 초기 단계이기 때문에 모형 변화의 지침을 주는 긍정적 발견법은 찾아볼 수 없으며, 모형을 구성하는데 기존의 관찰사실을 이용하였으므로 세련된 예측은 찾아보기 힘들다. 따라서 과학이론의 발전과정이 전적으로 라카토슈의 설명대로 진행되지 않음을 나타내주고 있다. 그러나 핵과 보호대, 변칙사례, 부정적 발견법이 존재한다는 점에서 라카토슈의 연구방법론을 따르고 있음을 확인하였다. 라카토슈 방법론의 구성요소 6개 중에서 4개의 구성요소는 존재하고 있으며, 2개의 구성요소는 프로그램의 초기단계이므로 존재하지 않는다. 따라서 1단계에서 왓슨과 크릭의 모형구성과정은 라카토슈의 지침을 잘 따르고 있는 것으로 파악할 수 있다. 라카토슈 방법론도 과학자들의 실제 작업에 대한 하나의 모형이므로 일치하지 않는 부분이 있더라도 그것이 소수이고, 중요한 부분이 일치한다면 좋은 모형이라고 할 수 있을 것이다. 다음 절은 왓슨과 크릭의 연구프로그램의 2단계로써, 1단계의 변칙사례를 통해 연구프로그램이 어떻게 진행되는지 살펴볼 것이다.

2) 왓슨과 크릭의 연구프로그램의 2단계: 왓슨과 크릭의 연구프로그램의 2단계에서는 사슬사이의 결합력을 이온결합에서 염기쌍에 의한 수소결합으로 수정하고, 이 염기쌍들 간의 3차원 구조는 DNA가 삼중나선구조에서 이중나선구조로 변형되었다. 2단계는 1단계의 변칙사례를 제거하기 위해서 그들의 DNA구조 발견 연구프로그램이 오류수정 과정을 거치는 첫 단계이다. 위의 내용을 중심으로 연구프로그램의 2단계는 왓슨과 크릭의 1단계 모형이 어떤 변화를 겪는지 볼 수 있을 것이다. 2단계는 1단계의 견고한 핵이 유지되고 있으며, 1단계 보호대를 수정, 보완하여 새로운 2단계 보호대로 연구프로그램을 진행시키고 있다. 그렇지만 왓슨과 크릭의 연구프로그램의 2단계에서도 변칙사례

로 부터 자유롭지는 못하다. 이 단계에서는 왓슨과 크릭의 모형을 구성하는데 연구방법론의 부정적 발견법과 긍정적 발견법이 사용되고 있음을 볼 수 있을 것이다. 그리고 본 단계에서도 세련된 예측이 명확하지 않은 점을 지적할 것이며, 그 이유를 논의할 것이다.

2-1) 2단계의 핵과 부정적 발견법: 왓슨과 크릭의 연구프로그램에서 견고한 핵은 1단계 핵과 동일하다. 핵을 이루는 2개의 가설(DNA가 유전물질, DNA는 결정적인 나선구조)은 변칙사례에 의해 반박되지 않는 견고함을 2단계에서도 유지하고 있다. 따라서 견고한 핵이 잘 유지되고 있다는 것은 라카토슈의 핵에 대한 부정적 발견법의 지침을 잘 따르고 있음을 알려준다.

2-2) 2단계의 보호대와 긍정적 발견법: 1단계의 변칙사례(마그네슘 이온이 사슬사이의 결합력이 아님)에 직면한 왓슨과 크릭은 1단계와는 다른 모형을 제작해야 했으며, 2단계 보호대를 가정해야만 했다. 이것은 라카토슈의 긍정적 발견법에 의해 진행되는 연구지침이다. 긍정적 발견법이란 변칙사례를 잘 설명하기 위해 보호대를 수정, 보완하는 것이다.²⁰⁾ 그들이 제시한 두 개의 1단계 보호대(DNA는 인산기를 중심으로 이온결합, 삼중사슬구조)는 수정, 보완되어 다음과 같은 두개의 2단계 보호대로 대체되고 있다.

첫 번째 2단계 보호대는 사슬사이의 결합에 대한 구조로 ‘DNA는 염기가 중앙에 배치되어 동일염기(인올형)끼리 수소결합을 이룰 것’이라는 가설이다. 위의 보호대는 1단계의 첫 번째 보호대가 DNA는 이

20) 라카토슈는 “긍정적 발견법은 그 연구프로그램의 ‘반박가능한 변항’을 어떻게 바꾸고, 발전시킬 것인가에 대한 ‘반박가능한’ 보호대를 어떻게 수정하고, 정교하게 할 것인가를 부분적으로 명확하게 설명하고 있는 일련의 시사와 암시로 구성되어 있다(Lakatos 1970, p. 135)”고 정의한다. 긍정적 발견법은 연구프로그램이 직면하게 될 변칙사례를 예측하여 보호대를 수정하고 보완하여 변칙사례를 제거하고 입증사례를 가능하게 하는 적극적인 전략이다.

온결합에 의해 사슬을 형성할 것이라는 가설과는 달리, DNA 사슬의 화학적 결합력은 수소결합에 의한 것이라는 차이점을 갖는다. 보호대가 수정된 이유는 플랭클린이 마그네슘과 같은 금속이온은 신체 내에서 물 분자에 둘러싸여 있을 확률이 크기 때문에 DNA 사슬의 결합력으로 사용되기에는 확률적으로 희박하다는 지적에서 기인한다. 두 번째 2단계 보호대는 사슬사이의 ‘3차원 구조’를 나타낸 것으로, ‘DNA는 이중사슬 구조’라는 가설이다. 1단계에서 가정한 삼중사슬 구조는 플랭클린의 ‘B’형 X선 사진([그림 IV])에 의해 반증된다.²¹⁾

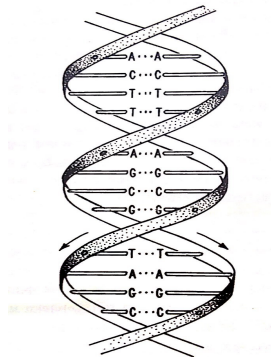
두 부분으로 구성된 2단계 보호대를 설정하게 된 이유는 DNA의 안정된 모형을 만드는 과정에서 서로 연관된 것이다. 우선, 1단계에서 왓슨과 크릭은 염기들이 규칙적인 수소결합을 할 것이라고 생각하지 못했으며, 1단계의 변칙사례를 제거하기 위해 보호대를 수정, 보완하는 과정에서 인체 내에서 염기들이 수소결합이 가능함을 알게 되었다.²²⁾ 이에 대해 왓슨은 “염기들 중 전부는 아니더라도, 대부분이 다른 염기와 수소결합을 형성하고 있다. 또한, 훨씬 더 중요한 점은 이들 수소결합은 농도가 극히 낮은 DNA 용액에서도 나타나므로, 그것이 같은 분자 내의 염기간의 결합임을 강하게 암시하고 있는 점이였다.”²³⁾라고

21) 왓슨은 DNA의 삼중나선구조에서 이중나선구조로 변경하게 되는 결정적 계기로 프랭클린의 ‘B’형 X선 사진을 다음과 같이 기술하고 있다. “그 사진을 보는 순간 나는 입이 딱 벌어지고 심장이 뛰기 시작했다. 그 사진의 패턴은 이전에 얻은 [‘A’형]보다 믿을 수 없을 만큼 더 간단했다. 뿐만 아니라 사진에서 가장 뚜렷한 십자형 검은 회절무늬는 나선구조에서만 생길 수 있는 것이었다. ... 그러나 ‘B’형의 X선 사진에는 한눈에 보아도 나선을 입증하는 결정적인 요소들이 뚜렷이 자리 잡고 있었다. 조금만 더 궁리해보면 DNA분자에 있는 사슬의 수도 쉽게 알아낼 수 있을 것 같았다 (Watson 1968, p. 167).”

22) 왓슨과 크릭은 굴란드(J. M. Gulland)와 조던(D. O. Jordan)의 DNA의 산 · 염기 적정에 대한 연구에서부터 염기 사이의 수소결합에 대한 보호대의 재료를 얻는다. 이 논문은 “수소결합이 농도가 극히 낮은 DNA 용액에서도 나타나며 그것이 같은 분자 내의 염기간의 결합임을 강하게 암시(Ibid., p. 183)”한다.

설명한다. 이것은 인간의 몸속에서 염기사이의 수소결합이 일어나고 있음을 알려주는 것이다. 또한 염기 사이의 화학결합에 대한 보호대의 변경은 경험적으로 적합하며 이론적으로도 모순이 없는 염기쌍들 간의 3차원적 구조에 대한 방향을 제시한다는 점이다. “게다가 이제까지 조사된 어떤 순수 염기는 입체적, 화학적으로 가능한 모든 수소결합을 형성한다는 결정학적 X선 사진도 있었다. 이제 문제의 핵심은 염기들을 뗀해주는 수소결합을 유지하는 법칙을 찾아내는 일이었다.”²⁴⁾ 이를 통해 그들은 나선의 안쪽에 염기를 배치할 수 있다는 이론적 확신을 얻게 되었다.

위의 논의가 염기쌍의 구조를 나타내는 가설이었다면, 왓슨과 크릭은 이에 추가하여 염기쌍 간의 구성에 대한 가설도 보호대에 추가하고 있다. 왓슨은 [그림 II]와 같이 각각의 DNA 분자들이 동일한 염기쌍 사이에 수소결합으로 사슬 두 개를 형성하고 있다는 가설을 제시한다.²⁵⁾



[그림 II] 같은 염기를 상보적으로 배열한 염기쌍을 보여주는 DNA구조의 모식도²⁶⁾

23) Ibid., p. 183.

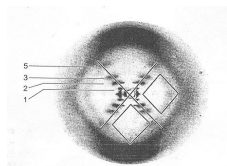
24) Ibid., p. 183.

25) Ibid., p. 184.

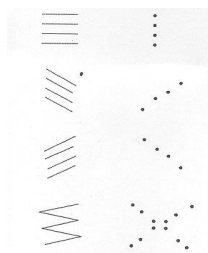
26) Ibid., p. 185.

두 번째 2단계 보호대(DNA는 이중사슬 구조)는 플랭클린의 B형 X선 회절사진을 본 왓슨이 직관적으로 DNA 사슬의 수를 두 가닥으로 하여 모형을 제작해야겠다는 시도에서 만들어졌다. 이 부분은 X선 회절사진에 대해 명확하게 분석하는 기술이 생기면서 이 가설은 타당한 것으로 판명된다.²⁷⁾ 두 번째 보호대를 채택하게 된 더 중요한 이유는 DNA가 유전물질이라는 견고한 핵과 유전에 대한 메커니즘을 설명하

27) 이 후에 플랭클린의 B형 X선 사진은 DNA가 이중나선이라는 내용뿐만 아니라, [그림 IV]와 [그림 V]에서 나타나듯이 많은 부분을 시사해 준다는 것이 밝혀졌다.



[그림 IV] 몰타 십자가를 보여주는 플랭클린이 찍은 DNA X선 회절상(Ibid., p. 112).



[그림 V] 평행선을 통과하는 파동의 회절무늬(Ibid., p. 112).

[그림 V]에 대해 왓슨은 “마지막 회절무늬처럼 지그재그를 통과하는 파동은 서로 교차하는 두 줄의 점들을 생성하게 된다. 이것은 [그림 IV]에서 몰타 십자가가 나타나는 기초가 되며, 그래서 십자가는 DNA가 나선이라는 사실을 말해준다. X선의 파장을 알고 층선 사이의 거리를 측정함으로써 나선이 3.4 nm의 주기를 가진다는 것을 알게 되었다. [그림 IV]에서 4번째 층선이 나타나지 않는다. 4번째 층선의 소실은 DNA가 이중나선이라는 사실을 보여주며 두 나선의 상대적 정렬방식을 말해준다(Ibid., p. 112).”라고 하였다. 왓슨과 크릭이 DNA구조를 발견할 당시에는 X선 사진에 대한 분석은 불가능하였다.

는 신선한 예측과 관련된다. [그림 II]의 모형은 한쪽 사슬이 주형이 되어 다른 쪽 사슬을 합성한 결과라는 것을 시사한다. 왓슨은 “유전자 복제의 근본적인 메커니즘은 한 쪽 사슬의 염기는 상대방 사슬에서 그와 동일한 염기와 수소결합을 형성한다는 데 있는 것이었다”²⁸⁾고 언급하고 있다.

왓슨과 크릭의 연구프로그램은 1단계 변칙사례를 입증사례로 바꾸기 위해 보호대를 수정, 보완하여 세련되게 만드는 작업이 일어나고 있음을 확인하였다. 2개의 1단계 보호대(DNA는 인산기를 중심으로 이온결합, 삼중사슬구조)는 플랭클린이 지적한 변칙사례(마그네슘이온이 사슬사이의 결합력일 수 없음)와 플랭클린의 자료(B형 X선 사진)에 직면하면서 라카토슈가 말한 반증의 위협을 겪게 되었다. 반증을 일으킨 변칙사례를 잘 설명하기 위해, 2단계 보호대(DNA는 염기가 중앙에 배치되어 동일염기-인올형-끼리 수소결합, DNA는 이중사슬 구조)로 수정, 보완하였다. 이것은 라카토슈의 긍정적 발견법을 잘 따르고 있음을 알려준다.

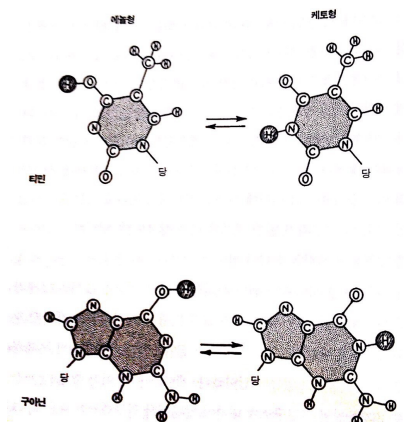
2-3) 2단계의 변칙사례: 2단계 보호대를 이론적 배경으로 하여 모형을 제작하였지만, 이번 모형 역시 실제세계의 자료와 충돌되는 변칙사례가 발견되었다. 2단계 보호대의 첫 번째 가설(DNA는 염기가 중앙에 배치되어 동일염기-인올형-끼리 수소결합)은 도너휴(Jerry Donohue)가 지적한 아래의 변칙사례를 설명하지 못하였다. 인올형의 동일염기끼리 수소결합을 이룰 것이라는 가설이 잘못되었기 때문이다.

왓슨은 “도너휴는 왓슨이 제시한 구아닌 모형은 자연에 존재하기 희박한 구조를 포함하는 자신의 화학적 직관으로 봤을 때, 구아닌(guanine)은 [그림 III]와 같이 케토형(keto form)이 더 적절하다는 것이었다. 또한 티민(thymine)도 인올형(enol form)이 아니라 케토형이라고 확신했다”²⁹⁾라고 설명한다. [그림 III]에서 볼 수 있듯이 “티민과 구아닌은 인올형과 케토형으로 수소원자가 이동이 가능하며, 이렇게

²⁸⁾ Ibid., p. 186.

²⁹⁾ Ibid., p. 190.

원자의 이동이 가능한 인올형과 케토형을 호변이성질체라고 한다. 실제로 티민과 구아닌은 케토형으로 주로 존재한다는 것이다.”³⁰⁾ 이러한 도너휴의 지적은 타당한 것이었으며, 보호대는 긍정적 발견법에 의해 수정, 보완되어야 한다. 이로써 보호대를 변화시켜야 하며, 3단계 보호대의 등장을 예고하는 것이다.



[그림 III] DNA에서 나타날 수 있는 티민과 구아닌의 호변이성질체 비교³¹⁾

2단계 보호대의 두 번째 가설(DNA는 이중사슬 구조이다)은 특별한 변칙사례가 발견되지 않는다. 그 당시 X선 회절사진에 대한 정확한 분석을 할 수 있는 시기가 아니었지만 이 후에 X선 회절사진을 명확하게 분석하는 기술이 가능해졌으며, 왓슨과 크릭이 제시한 2단계 보호대의 두 번째 가설이 정당했음을 확인할 수 있다.

2-3) 2단계의 세련된 예측: 세련된 예측은 왓슨과 크릭의 연구프로 그램이 완성된 4단계에서 명확하게 논의할 수 있다. 그러나 2단계에서 왓슨이 DNA는 이중사슬 구조라는 가설로 부터 DNA복제 메커니즘이

³⁰⁾ Ibid., p. 122.

³¹⁾ Ibid., p. 191.

가능하다는 점을 예상하고 있다는 것은 잠재적인 세련된 예측이 왓슨과 크릭의 모형구성과정에서 중요한 요소가 됨을 확인할 수 있다.

2-4) 2단계의 정리: 2단계의 논의를 다음과 같이 정리할 수 있다. 왓슨과 크릭의 연구프로그램의 2단계는 1단계의 모형의 변칙사례를 통해 두 번째 모형을 제작하는 단계이다. 관찰사례와 1단계 변칙사례를 고려하여 2개의 핵(DNA가 유전물질, DNA는 결정적인 나선구조)과 2개의 보호대(DNA는 염기가 중앙에 배치되어 동일염기-인올형-끼리 수소결합, DNA는 이중사슬 구조)를 선정하여 모형을 제작해 보았다. 그러나 도너휴가 지적한 변칙사례(구아닌과 티민 염기는 케토형으로 기존의 인올형의 염기모형이 부적절함)에 직면하면서 라카토슈가 말한 경험 자료에 의한 반증과정을 겪게 되었다.

2단계에서 핵, 보호대, 변칙사례, 부정적 발견법, 긍정적 발견법을 확인해 보았다. 그러나 왓슨과 크릭의 연구프로그램 2단계에서는 세련된 예측은 명확하게 드러나고 있지 않다. 하지만 DNA는 이중사슬 구조라는 가설을 직관적으로 내놓은 것은 DNA의 복제 메커니즘에 대한 세련된 예측을 내놓기 위해 한 걸음 크게 다가간 것이라고 볼 수 있다.

2단계 보호대의 두 번째 보호대(DNA는 이중나선)는 앞으로의 단계에서 더 이상 수정되지 않는다. 이는 포퍼나 라카토슈의 용어를 사용하면, 위의 가설은 더 이상 반증에 직면하지 않는다고 할 수 있다. 2단계에서는 핵과 보호대, 변칙사례, 부정적 발견법, 긍정적 발견법이 존재한다는 면에서 라카토슈의 연구방법론을 따르고 있음을 확인하였다. 다음 절은 왓슨과 크릭의 연구프로그램의 3단계로써, 2단계의 변칙사례를 통해 연구프로그램이 어떻게 진행되는지 살펴볼 것이다.

3) 왓슨과 크릭의 연구프로그램의 3단계: 왓슨과 크릭의 연구프로그램의 3단계는 티민과 구아닌이 케토형의 동일한 염기쌍 간의 수소결합의 구조를 중심으로 모형을 구성한다. 연구프로그램의 3단계는 왓슨과 크릭의 2단계 모형이 어떤 변화를 겪는지 보게 된다. 3단계는 전 단계

의 견고한 핵이 유지되고 있으며, 2단계 보호대를 수정, 보완하여 새로운 3단계 보호대로 연구프로그램을 진행시키고 있다. 2단계에서의 변칙사례를 제거하는 오류수정과정을 통해 3단계의 보호대가 새롭게 제안됨을 확인할 수 있다. 이 단계에서는 왓슨과 크릭의 모형을 구성하는데 연구방법론의 부정적 발견법, 긍정적 발견법이 사용되고 있음을 볼 수 있을 것이다.

3-1) 3단계의 핵과 부정적 발견법: 왓슨과 크릭의 연구프로그램에서 핵은 변칙사례를 포함한 다른 요인에 의해 반박되지 않음을 전 단계에서도 확인하였다. 핵을 이루는 2개의 가설(DNA가 유전물질, DNA는 결정적인 나선구조)은 변칙사례에 의해 반박되지 않는 견고함을 3단계에서도 유지하고 있다. 따라서 견고한 핵이 잘 유지되고 있다는 것은 라카토슈의 핵에 대한 지침을 잘 따르고 있음을 알려준다.

3-2) 3단계의 보호대와 긍정적 발견법: 모형을 통한 설명과 실제세계의 자료간의 불일치에 의해 제시된 변칙사례를 잘 설명할 수 있도록 보호대를 수정, 보완하여 더욱 세련된 이론을 만드는 것이 긍정적 발견법의 연구지침이다. 2단계 변칙사례(인올형의 염기모형은 드물게 나타나는 모형이다. 특히 구아닌, 티민은 케토형으로 존재함)에 직면한 왓슨과 크릭은 2단계와 다른 모형을 제작해야 했으며, 3단계 보호대를 설정해야만 했다. 그들이 제시한 3단계 보호대는 다음과 같이 두 가지로 구성되어 있다.

첫 번째 보호대는 ‘DNA는 염기가 중앙에 배치되어 동일염기끼리 수소결합을 이루며, 티민과 구아닌은 케토형’이라는 가설이다. 위의 보호대는 2단계의 첫 번째 보호대와 거의 동일하지만, 분자구조면에서는 티민과 구아닌의 염기 모형을 케토형으로 변형시킨 차이점을 갖는다. 보호대가 수정된 이유는 전 단계에서 도너휴가 티민과 구아닌의 분자구조가 주로 자연에서 케토형으로 존재한다는 지적에서 기인한다. 두 번째 보호대는 전 단계와 동일하며, ‘DNA는 이중사슬 구조’라는 가설이다.

3-3) 3단계의 변칙사례: 3단계 보호대의 내용으로 모형을 제작하였지만 이번 모형 역시 실제세계의 자료와 충돌되는 부분이 있었다. 왓슨과 크릭이 직면한 3단계 변칙사례는 다음과 같다.

3단계의 첫 번째 보호대(DNA는 염기가 중앙에 배치되어 ‘동일염기’끼리 수소결합을 이루며, 티민과 구아닌은 케토형)는 크릭이 지적한 “케토형을 포함하고 있는 동일염기끼리의 결합모양은 기존의 모양보다 이중나선의 지름이 더욱 일정하지 않았으며, 일정한 회전각을 형성하지 못한다”는 변칙사례를 설명하지 못하였다. 크릭이 지적한 변칙사례에 대해 왓슨은 “크릭은 각 사슬이 68\AA 마다 완전히 한 바퀴를 돌아야만 34\AA 의 결정학적 반복주기가 나타난다는 것을 알아냈다. 하지만 이 결과는 인접하고 있는 염기들 사이의 회전각이 18° 라는 것을 의미하는 것인데, 이 수치는 최근에 모형을 만들다가 계산한 값과는 너무 차이가 나서 배제시켰던 것이었다. 뿐만 아니라 크릭은 내가 제안한 그 구조는 샤가프의 법칙(Chargaff rules)에도 부합하지 않음을 지적하였다”³²⁾라고 설명하였다.³³⁾

도너휴의 지적에 의해 염기의 화학적 형태를 바꾸는 것은 두 번째 단계의 모형이 갖는 결함, 즉 구조의 불규칙성을 더 증가시키는 치명적인 문제를 가졌는데 왓슨은 이를 폴리뉴클레오티드 골격이 휘어진다고 가정하여 설명하고자 했다. 그러나 이러한 시도마저도 크릭에 의해 좌절되었다. 이러한 설명으로는 크릭이 밝힌 결정학적 반복주기와 샤가프의 법칙 모두에 부합하지 않았기 때문이다. 3단계 변칙사례에 대한 해결과정은 왓슨과 크릭의 연구프로그램을 성공시키는 중요한 역할을 하였다.

3-4) 3단계의 정리: 3단계의 논의를 다음과 같이 정리할 수 있다. 연구프로그램의 3단계는 2단계의 모형의 변칙사례를 통해 세 번째 모형을 제작하는 단계였다. 2단계 변칙사례를 통해 2개의 핵(DNA가 유전

³²⁾ Ibid., p. 193.

³³⁾ 샤가프의 법칙은 DNA를 구성하는 염기의 비율은 생물 종에 따라 차이가 있지만, 퓨린계 염기의 양과 피리미딘계 염기의 양은 동일함을 주장한다.

물질, DNA는 결정적인 나선구조)과 2개의 보호대(DNA는 염기가 중앙에 배치되어 동일염기끼리 수소결합하며 티민과 구아닌은 케토형, DNA는 이중사슬 구조)를 선정하여 DNA구조의 모형을 제작해 보았다. 그러나 크릭이 지적한 변칙사례(케토형을 포함하고 있는 동일염기끼리의 결합모양은 기존의 모양보다 이중나선의 지름이 더욱 일정하지 않았으며, 일정한 회전각을 형성하지 못함)에 직면하게 되었다.

3단계에서는 핵, 보호대, 변칙사례, 부정적 발견법, 긍정적 발견법을 확인해 볼 수 있었다. 따라서 연구프로그램 3단계는 라카토슈의 연구방법론을 따르고 있음을 확인할 수 있다. 다음 절은 연구프로그램의 4단계로써, 3단계의 변칙사례를 통해 연구프로그램이 어떻게 수정, 보완되는지 살펴볼 것이다.

4) 왓슨과 크릭의 연구프로그램의 4단계: 4단계는 연구프로그램의 마지막 단계로서, 아데닌과 티민, 구아닌과 시토신염기가 수소결합을 하며, DNA는 두 사슬이 반대방향을 향하고 있으며 우선행(오른쪽으로 감는 형태)이라는 가설에 바탕을 둔 모형이다. 이렇게 수정된 모형은 DNA의 복제메커니즘에 대한 신선한 예측을 가능케 한다. 4단계는 왓슨, 크릭의 모형이 과학적 발견에서 마지막으로 오류수정과정을 거치는 단계이다. 3단계의 변칙사례를 제거하기 위해 보호대가 수정, 보완됨을 확인할 수 있으며, 보호대를 더욱 견고하게 하기 위해 새로운 가설이 추가됨을 확인하게 될 것이다. 4단계에서는 왓슨과 크릭의 연구프로그램이 견고한 핵, 보호대, 부정적 발견법, 긍정적 발견법, 세련된 예측이라는 구성요소에 의해 어떻게 설명되고 있는지를 최종적으로 살펴볼 것이다. 따라서 그들의 모형이 전체적으로 라카토슈 연구프로그램을 따르고 있음을 보게 될 것이다.

4-1) 4단계의 핵과 부정적 발견법: 견고한 핵은 프로그램이 진행되는 동안 반박되지 않는 핵심요소라고 지적한 것과 같이 왓슨과 크릭의 연구프로그램에서 핵은 변칙사례를 포함한 다른 요인에 의해 반박되지 않음을 모든 단계에서 확인하였다.

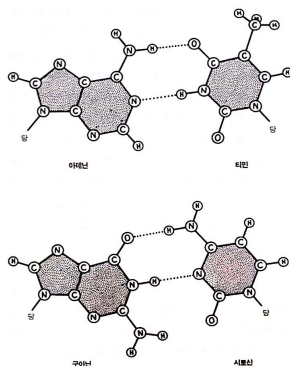
4-2) 4단계의 보호대와 긍정적 발견법: 전 단계의 변칙사례(케토형을 가지는 동일염기끼리의 결합은 DNA의 모양을 일정하지 않게 만들기 때문에 부적절함)에 직면한 왓슨, 크릭은 보호대를 수정, 보완하여 4단계 보호대를 설정하였다. 그들이 제시한 4단계 보호대는 다음과 같이 세 가지로 구성되어 있다.

첫 번째 보호대는 ‘DNA는 염기가 중앙에 배치되며, 아데닌은 티민과 구아닌은 시토신과 수소결합을 이루고, 티민과 구아닌은 케토형이다’라는 가설이다. 첫 번째 보호대는 동일염기끼리 수소결합 한다는 이전 3단계의 보호대를 아데닌은 티민과 구아닌은 시토신과 수소결합을 한다는 내용으로 수정, 보완되었다. 위의 보호대는 크릭이 동일염기끼리의 수소결합은 염기크기가 서로 다르기 때문에 DNA의 사슬이 일정한 지름을 형성하지 못한다는 지적에서 기인한다. 이 변칙사례를 해결하기 위해 염기쌍들을 이리저리 배열하면서 수소결합으로 연결시켜 보던 중, 왓슨은 “수소결합 두 개로 연결된 아데닌-티민 쌍이 적어도 두 개 이상의 수소결합으로 연결된 구아닌-시토신 쌍과 모양이 꼭 같음을 알게 되었다. 그 수소결합들은 모두 자연적으로 형성된 것이어서 두 염기쌍들도 자연스럽게 모양이 같아진 것이었다”³⁴⁾라는 중요한 염기배치의 방법을 알게 되었다.

위의 내용은 [그림 VI]과 같이 피리미딘 염기(티민과 시토신)와 퓨린염기(아데닌과 구아닌)를 1:1로 결합시켜 본 시도를 나타낸다. 이를 통해 아데닌-티민, 구아닌-시토신 쌍의 모양이 똑같아진다는 것을 알게 되었다는 점은 DNA의 3차원 구조에 대한 다른 보호대들을 수정하는 데에도 결정적인 발견이었다.

[그림 VI]에서 구아닌-시토신 사이에는 강한 수소결합으로 되어있다는 것이 나중에 밝혀졌다. 위의 그림처럼 염기가 결합한다는 것을 알아낸 왓슨은 염기의 배열순서가 불규칙해도 두 가닥으로 된 나선의 내부에 이 염기들을 차곡차곡 쌓는 것은 쉬운 일이라는 것을 알아냈다. 이렇게 첫 번째의 보호대의 수정은 두 번째 그리고 세 번째 보호대 수정을 가능케 한다.

34) Ibid., p. 194.



[그림 VI] 이중나선을 만들기 위해 사용된
아데닌(adenine)-티민(thymine), 구아닌(guanine)-시토신(cytosine)
염기쌍들³⁵⁾

두 번째 보호대는 “DNA는 두 사슬이 서로 반대방향을 향하면서, 우선형의 이중사슬 구조이다”³⁶⁾는 가설이다. 두 번째 보호대에서는 3단계의 변칙사례를 극복하여 상이한 염기쌍의 수소결합에 의한 새로운 모형을 제작한 후에 알게 된 것으로, 전 단계의 이중나선구조의 내용이 두 사슬이 서로 반대방향을 향하며, 우선형의 이중나선구조라는 내용이 추가적으로 수정, 보완되었다.³⁷⁾

세 번째 보호대는 ‘각 염기쌍에 있는 두개의 배당결합은 나선축과 수직이 되는 쌍자축으로 연결되어 있다’라는 가설이다. 세 번째 보호대는 두 번째 보호대와 마찬가지로 3단계의 모형을 재구성하는 과정을 통해 보완되었는데 위의 두 보호대의 첨가로 인해 3단계 DNA모형의 회전각 불규칙성을 해결하게 된다. 이로써 DNA의 구조 발견에 대한 왓슨과 크릭의 연구프로그램의 보호대는 완성되었다. 그 이유는 더 이상 변칙사례가 발견되지 않았기 때문이다.³⁸⁾ 마지막으로 왓슨과 크릭

35) Ibid., p. 195.

36) Watson and Crick (1953), p. 737.

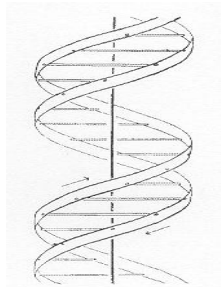
37) Watson (1968), p. 200.

38) Ibid., p. 201.

은 4단계의 핵과 보호대의 내용을 기반으로 DNA의 스케일모형을 제작하였다. 그 모형에 대해 왓슨과 크릭은 “이 구조는 상당히 개방적이며, 수분 함량이 꽤 높다. 만일 수분 함량이 더 낮다면 염기들은 기울고 구조는 더욱 압축될 것이다. 이 구조의 아름다운 특징은 퓨린과 피리미딘 염기에 의해 두 사슬이 결합되는 방식이다.”³⁹⁾라고 설명하였다.

4-3) 4단계의 변칙사례: 왓슨과 크릭의 연구프로그램에서 더 이상의 변칙사례는 발견되지 않았다. 월킨스, 플랭클린, 토드, 폴링, 브래그 등 DNA구조를 규명하던 학자들은 왓슨과 크릭의 모형을 검토하고 모형의 결합이 없음을 확인하였다. 따라서 왓슨과 크릭의 연구프로그램의 견고한 핵과 마지막으로 가정한 3개의 보호대는 더 이상 반증이 일어나지 않았으며, 전진하는 연구프로그램으로 성장할 수 있는 기반이 되었다.

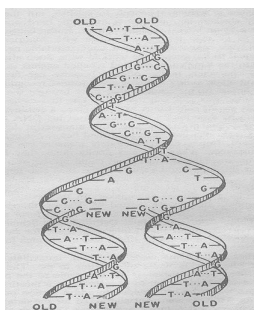
4-4) 4단계의 세련된 예측: 왓슨과 크릭의 연구프로그램의 가장 중요한 성과는 DNA의 구조가 어떻게 유전정보를 다음 세대로 전달하는가에 대한 과정을 설명하고 있다는 것이다. 이는 전형적인 세련된 예측으로 이해할 수 있으며, 그들이 완성한 DNA의 모형은 [그림 VII]과 같이 이중나선의 두 사슬이 서로 반대방향을 향하면서, 오른쪽으로 감는 우선행이었다.



[그림 VII] DNA구조의 모식도.⁴⁰⁾

³⁹⁾ Watson and Crick (1953), p. 737.

[그림 VII]의 DNA의 모식도에 대해 왓슨과 크릭은 “특정한 종류의 염기쌍만이 존재할 수 있다. 이는 한 사슬의 염기 서열이 주어졌다면 다른 한 사슬의 염기 서열도 반드시 결정된다”⁴¹⁾라고 설명하였다. 이 설명은 DNA의 복제 메커니즘을 이론적으로 설명하는 중요한 계기가 되었다. 왓슨과 크릭의 연구프로그램의 모형은 [그림 VIII]에서 볼 수 있듯이 DNA가 상보적으로 복제되는 메커니즘을 예측하였다.



[그림 VIII] 두 사슬의 염기 순서가 상보적이라는 특성에 기인하여
구상된 DNA 복제방식.⁴²⁾

즉, 하나의 DNA가 복제되어 생긴 새로운(new) 2개의 DNA는 주형(old)과 동일한 것으로, 두 사슬의 염기 순서가 상보적이라는 특성에 의해 DNA가 복제되는 중요한 메커니즘을 나타내는 것이었다.

또한, 왓슨의 모형은 3 단계까지 샤가프의 법칙을 설명하지 못하였다. 왓슨과 크릭이 연구프로그램을 진행하면서 그 동안 ‘샤가프의 법칙’에 대해서 크게 신경을 쓰지 못하고 있었던 것이다. 그러나 [그림 VI]과 같이 아데닌-티민, 구아닌-시토신 쌍으로 결합한다는 것을 알게 된 순간, 샤가프의 법칙은 자동적으로 설명되었다.⁴³⁾ 이것은 3단계의

40) Ibid., p. 737.

41) Ibid., p. 737.

42) Watson (1968), p. 211.

43) 아데닌-티민, 구아닌-시토신 쌍으로 결합한다는 보호대를 설정한 순간, 샤가프의 법칙은 이론적으로 설명되었다. 그전까지만 해도 샤가프의 법칙은

세련된 예측이라고 판단할 수 있다.

4-5) 4단계의 정리: 4단계의 논의를 다음과 같이 정리할 수 있다. 왓슨과 크릭의 연구프로그램의 4단계는 3단계 모형의 변칙사례를 극복하여, 최종적으로 DNA구조의 모형을 제작하는 단계였다. 3단계 변칙 사례를 극복하여 3개의 4단계 보호대(DNA는 염기가 중앙에 배치되고, 아데닌은 티민과 구아닌은 시토신과 수소결합을 이루며, 티민과 구아닌은 케토형임, DNA는 두 사슬이 서로 반대방향을 향하면서 우선행의 이중사슬 구조임, 각 염기쌍에 있는 두개의 배당결합은 나선축과 수직이 되는 쌍자축으로 연결됨)를 선정하였다. 이를 통해 완성된 DNA구조의 모형은 더 이상 반증이 일어나지 않았으며, 세련된 예측(DNA의 복제메커니즘과 샤가프 법칙을 예측함)을 가져왔다. 따라서 왓슨과 크릭의 연구프로그램은 성공적인 연구프로그램으로 인식될 수 있을 것이다.

3. 결론: 발견법으로서의 오류수정과정

1~4단계에 걸쳐 왓슨과 크릭의 DNA구조 발견에 대한 모형 구성의 과정을 연구프로그램의 진행과정에 따른 보호대의 시간적 변화로 살펴 보았으며, 라카토슈 연구프로그램의 구성요소로 분석해 보았다. 보호대 변화의 관점에서 보면 1단계에서 2단계로 진행되면서 사슬사이의 결합력이 이온결합에서 수소결합으로 대체되었으며, 삼중나선구조가 이중나선구조로 대체되었다. 2단계에서 3단계로 진행될 때는 모든 염기는 인올형의 구조였지만 티민과 아데닌은 케토형의 구조로 대체되었다. 3단계에서 4단계로 진행될 때는 동일염기의 수소결합이 퓨린과 피

기존의 배경지식으로는 설명되지 않는 것이었다. 그렇지만 왓슨과 크릭이 퓨린계 염기와 피리미딘계 염기사이의 비가 1:1로 나타난다는 것을 확인한 것은 이 모형이 샤가프의 법칙을 정확히 예측해 주고 있다는 것을 알 수 있다.

리미딘염기의 수소결합으로 대체되었고, 단순한 이중나선구조는 두 사슬의 방향이 반대이며 우선행의 이중나선구조로 보완되었으며, 각 염기쌍에 있는 두 개의 배당결합은 나선축과 수직이 되는 쌍자축으로 연결된다는 가설이 추가되었다. 따라서 본 연구프로그램은 라카토슈 연구프로그램에 의해 잘 설명됨을 알 수 있다. 지금까지 살펴본 왓슨과 크릭의 연구프로그램의 내용은 <표 I>과 같이 정리할 수 있다.

<표 I> 왓슨과 크릭의 연구프로그램의 전체적인 개요

	1단계	2단계	3단계	4단계
핵	1) DNA는 유전자의 기본물질이다 2) DNA는 당, 염기, 인산기로 이루어진 결정적인 나선형구조를 갖는다			
부정적 발견법	연구프로그램의 진행과정에서 견고한 핵은 반박되지 않음			
긍정적 발견법	연구프로그램의 진행과정에서 전 단계의 변칙사례를 제거하기 위해 보호대를 단계별로 수정, 보완됨 (과학적 발견은 오류수정과정이다)			
변칙사례	마그네슘이온은 물 분자에 둘러싸여 있으므로 튼튼한 구조물이 형성될 수 없음	티민과 구아닌은 인올형보다는 케토형으로 자연에 주로 존재함	케토형을 포함하고 있는 동일한 염기끼리의 결합모양은 기존의 모양보다 이중나선의 지름이 더욱 일정하지 않았으며, 일정한 회전각을 형성하지 못함	
오류수정 과정	↘	↘	↘	
보호대	1) 인산기가 나선 중앙에 배치 2) 삼중나선구조	1) 동일염기끼리 중앙에서 수소 결합하며, 모든 염기는 인올형 2) 이중나선 구조	1) 동일염기끼리 중앙에서 수소결합하며, 티민과 아데닌은 케토형 2) 이중나선 구조	1) DNA는 염기가 중앙에 배치되어, 아데닌은 티민과 구아닌은 시토신과 수소결합을 이루며, 티민과 구아닌은 케토형

				2) DNA는 두 사슬이로 반대방향을 향하면서, 나선형의 이중사슬 구조 3) 각 염기쌍에 있는 두개의 배당결합은 나선축과 수직이 되는 쌍자축으로 연결
세련된 예측	발견되지 않음	DNA의 상보적 복제의 가능성	발견되지 않음	DNA가 상보적으로 복제, 샤가프의 법칙을 예측

본 연구를 통해 다음과 같은 두 가지 결론에 도달할 수 있다.

첫째, 왓슨과 크릭이 DNA구조의 발견과정은 라카토슈 연구프로그램 방법론의 관점으로 잘 분석됨을 볼 수 있었다. 라카토슈 연구프로그램은 핵, 보호대, 부정적 발견법, 긍정적 발견법, 입증과 반증, 세련된 예측의 구성요소를 가지고 있으며 왓슨, 크릭의 DNA구조의 발견과정도 이들 요소에 의해서 분석됨을 본문에서 확인하였다.

둘째, 라카토슈 연구프로그램으로 분석한 왓슨과 크릭의 DNA구조 발견의 핵심적인 요소는 오류수정과정이다. 라카토슈 연구프로그램의 문맥에서 오류수정과정이라 함은 전 단계의 변칙사례를 제거하기 위해 다음 단계의 보호대를 수정, 보완하는 과정으로 정의할 수 있다. 플랭클린이 지적한 1단계의 변칙사례는 마그네슘이온은 물 분자에 둘러싸여 있으므로 튼튼한 구조물이 형성될 수 없다는 점이다. 이에 대해 왓슨과 크릭은 1단계의 변칙사례를 제거하기 위해 1단계의 보호대(DNA는 당-인산기가 뼈대를 이루며, 인산기가 중앙에 배치되어 사슬사이에 이온결합을 형성하고 있다)를 수정, 보완하여 2단계의 보호대(DNA는 염기가 중앙에 배치되어 동일염기(인올형)끼리 수소결합을 이룰 것이다)를 제안하였다. 왓슨과 크릭의 2단계 보호대 역시 변칙사례에 직면하였다. 도너휴는 티민과 구아닌은 인올형보다는 케토형으로 자연에 주로 존재한다고 지적하였다. 왓슨과 크릭은 2단계의 변칙사례를 제거

하기 위해 2단계의 보호대를 수정, 보완하여 3단계 보호대(DNA는 염기가 중앙에 배치되어 동일염기끼리 수소결합을 이루며, 티민과 구아닌은 케토형이다)를 제안하였다. 3단계의 보호대 역시 변칙사례(케토형을 포함하고 있는 동일염기끼리의 결합모양은 기존의 모양보다 이중나선의 지름이 더욱 일정하지 않았으며, 일정한 회전각을 형성하지 못한다)에 직면하게 되었다. 왓슨과 크릭은 3단계의 변칙사례를 제거하기 위해 4단계(DNA는 염기가 중앙에 배치되며, 아데닌은 티민과 구아닌은 시토신과 수소결합을 이루고, 티민과 구아닌은 케토형이다)의 보호대를 제안한다. 이 보호대는 더 이상 변칙사례를 경험하지 않게 되었으며, 왓슨과 크릭의 모형에 완성을 가져오게 했다.

지금까지 설명한 것처럼 왓슨과 크릭의 DNA구조에 대한 이론의 발견사례는 라카토슈의 연구방법론에 의해서 분석될 수 있었으며, 이 분석에서 특히 오류수정과정이 과학적 발견에서 매우 중요함을 확인할 수 있었다.

참고문헌

- Chalmers, A. F. (1999), *What is this thing called Science?: An assessment of the nature and status of science and its method* (3th ed.), Brisbane: University of Queensland Press.
- Crick, F. H. C. (1988), *What Mad Pursuit: A Personal View of Scientific Discovery*. New York: Basic Books.
- Darden, L. (2006), *Reasoning in Biological Discoveries: Mechanisms, Interfield Relations, and Anomaly Resolution*, Cambridge: Cambridge University Press.
- Giere, R., Bickle, J. and Maudlin, R. F. (2006), *Understanding scientific reasoning* (5th ed.), Belmont, CA: Thomson Wadsworth.
- Hanson, N. R. (1958), *Patterns of Discovery*, Cambridge: Cambridge University Press.
- Hesse, M. (1966), *Models and Analogies in Science*. Notre Dame: University of Notre Dame Press.
- Judson, H. F. (1979), *The Eighth Day of Creation: Makers of the Revolution in Biology*, New York: Simon & Schuster.
- Kuhn, T. S. (1970), *The Structure of Scientific Revolutions* (2nd edition.), Chicago: University of Chicago.
- Lakatos, I. (1978), *The Methodology of Scientific Research Programmes*, Worrall, J. and Currie, G. C. (ed), Cambridge: Cambridge University Press.
- Lakatos, I. and Musgrave, A. (1970), *Criticism and The Growth of Knowledge*, Cambridge: Cambridge University Press.
- Machamer, P., Darden, L., and Craver, C. F. (2000), "Thinking about mechanisms", *Philosophy of Science* 67(10): pp. 1-25.
- Newton-Smith, W. H. (1983), *The Rationality of Science*, London: Routledge.

- Popper, K. R. (1959), *The Logic of Discovery*, London: Hutchinson.
- Watson, J. D. (1968), *The Double Helix*, New York: Atheneum.
- Watson, J. D., Baker, T. A., Bell, S. P., Gann, A., Levine, M. and Losick, R. (2008), *Molecular Biology of the Gene (6th edition.)*, New York: Pearson Education, Inc.
- Watson, J. D., and Crick, F. H. C. (1953), “A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid,” *Nature* 171: pp. 737-8.

논문 투고일	2017. 09. 28.
심사 완료일	2017. 10. 26.
게재 확정일	2017. 11. 20.

Watson and Crick's Discovery of DNA Structure from the Perspective of Lakatos' Methodology Scientific Research Programmes

Kim, Tae-Jin • Yang, Kyoung-Eun

The purpose of this study is to analyze Watson and Cricks' discovery of the structure of DNA from the perspective of Lakatos' methodology of scientific research programmes. Watson and Crick's discovery of the structure of DNA can be analyzed as the elements of Lakatos' the research program involving hard core, protective belt, positive heuristic, negative heuristic, confirmation, disproof and novel predictions. Watson and Crick modified their hardcore and protective belt by means of comparing the data obtained through experiments and laboratory observations of the real world. From the case study employing Lakatos' methodology, we can see the significance of error correction process, which adopts positive heuristic in order to modify the protective belts of the previous stages.

Keywords: Lakatos' methodology of scientific research programmes, Watson and Crick's discovery of the structure of DNA, Model, Error correction