분자생물학적 방법을 통한 출토인골의 개인 동정

-사천 늑도 출토 인골과 민통선 민묘 출토 인골을 중심으로-

Personal identification of the excavated ancient human bone through molecular-biological methods

徐民錫 · 李奎植 · 鄭容在 · 李命憙*

Min Seok Seo, Kyu Shik Lee, Yong Jae Chung, Myeong Hui Lee*

ABSTRACT

DNA typing is often used to determine identity from human remains. Recently, the molecular-biological analysis of ancient deposits has become possible since methods for the recovery of DNA conserved in bones or teeth from archaeological remains have been developed. In the field of archaeology, one of the most promising approaches is to identify the individuals present in a mass burial site.

We performed nuclear DNA typing and mitochondrial DNA sequencing analysis based on PCR from a Korea ancient human remain excavated from Sa-chon Nuk-island and civilian access control line(CACL). A femur bone were collected and successfully subjected to DNA extraction, quantification, PCR amplification, and subsequently typed for several shot tandem repeat(STR) loci. 4 types of STR systems used in this study were CTT multiplex(CSF1PO, TPOX, TH01), FFv multiplex(F13A01, FESFPS, vWA), Silver STRIII multiplex(D16S539, D7S820, D13S317), and amelogenin for sex determination.

This studies are primarily concerned with the extraction, amplification, and DNA typing of ancient human bone DNA samples. Also, it is suggestive of importance about closely relationship between both fields of archaeology and molecular biology.

* 국립해양유물전시관(The Korean National Maritime Museum)

Ⅰ. 서 론

인간의 유전 정보를 담고 있는 염색체를 구성하는 요소가 바로 DNA(디옥시리보핵산)라는 물질이다. 이런 DNA가 유전정보를 가지고 우리가 살아나가고 종족의 번성을 자손 대대로 물려 줄 수 있다는 사실을 알게 된 것은 그렇게 오래된 일이 아니다. DNA를 구성하고 있는 핵산은 뉴클레오티드(nucleotide)라고 하는 단위물질이 많이 연결된 고분자 유기물이다. 이 뉴클레오티드는 염기, 탄수화물의 일종인 펜토오스(pentose), 그리고 인산이 각 한 분자씩 결합하여 구성된 것인데, 펜토오스가 디옥시리보오스(deoxyribose)이면 DNA(디옥시리보핵산)라고 하고, 리보오스이면 RNA(리보핵산)라고 구별하여 부른다. 따라서 DNA를 구성 하는 뉴클레오티드는 염기 · 디옥시리보오스 · 인산 한 분자씩의 연결체이다. 이 중 염기에는 아데닌(adenine:A) · 구아닌(guanine:G) · 시토신(cytosine:C) · 티민(thymine:T)의 네가지가 있다. 따라서, DNA를 구성하는 뉴클레오티드는 A를 가진 것, G를 가진 것, C를 가진 것, 그리고 T를 가진 것의 4종류가 있다. 이 4종의 뉴클레오티드가 무수히 많이 연결된 것이 DNA이므로 4종의 뉴클레오티드 배열 순서에 따라 서로 다른 DNA가 만들어진다(Lee *et al* ., 1999).

이러한 염기순서가 유전정보인 만큼 염기순서의 변화는 쉽게 일어나지 않는다. 생명체는 수많은 유전자들의 상호작용의 산물이며 각각의 유전자들은 각자 알맞게 처신하도록 오랜 진화를 통하여 연마되어 이루어진 것이기 때문에 염기순서에 일어나는 변화는 대개의 경우 기능의 이상으로 돌연변이 또는 유전병 등의 질병을 가져오며 생명체 내부의 균형을 교란하고 궁극적으로는 그 변화된 유전자를 소유한 개체의 생존과 번식에 불리하게 작용하기 때문이다. 하지만, 사람의 총 DNA중에서 95% 이상이, 놀랍게도, 아무런 유전정보를 수록하지 않고 단순히 자리를 차지하고 있는 것으로 이번에 미국주도하에 수행되고 있는 인간 게놈 프로젝트(HGP: human genome project)에서 확실하게 알려졌다. 이러한 유전정보를 담고있지 않은 염기순서들 중 상당 부분은 일정한 염기순서가 반복되어 나타나서 연쇄반복(tandem repeat)이라고 부른다. 이처럼, 인간의 염색체에는 초변이성 단

위반복구조(tandem repeat sequence)가 존재하는데, 반복단위의 반복횟수는 사람에 따라서 적게는 1회에서 많게는 수 십 회까지 이루어져 여러 형태로 나타나는 유전자 좌위가 있다. 반복단위의 염기서열 이 대개 14-70 bp인 것을 VNTR (variable number of tandem repeats), 2-7 bp인 것을 STR (short tandem repeats)이라고 부른다. 즉, VNTR 또는 STR은 일정한 중심염기서열(core sequence)이 직렬반복(tandem repeat)됨으로써 나타나는 반복염기서열(repetitive sequence)로 사람마다 반복되는 횟수가 달라짐으로써 나타나는 길이의 다형성이다(Jeffeys *et al*, 1985).

연쇄 반복되는 염기순서가 통상적인 개념의 유전자는 아니지만 DNA상에서 한 조각의 염기순서임에는 틀림없으며 다른 유전자들과 마찬가지로 부모에게서 자손으로 멘델 (Mendel)의 법칙에 의하여 전해진다. 집단 전체로는 큰 변이 폭을 갖는 연쇄반복이지만, 마치 혈액형이 부모에 의해 결정되듯이 부모와 자식간에는 같은 연쇄반복형을 주고받는다. 친자 확인과 개인 식별 등에 응용되는 분야를 유전자분석(DNA Typing)이라고 하는데, 이런 분석 방법은 최신 생명공학 연구기법을 집약하고 응용하여 사람의 DNA 중 사람마다 다른 형태를 가지고 있는 특정부위(연쇄반복 염기서열) 일부를 중합효소 연쇄반응 (PCR: polymerase chain reaction)을 이용하여 선택적으로 증폭하고 시각화해 비교 · 분석함으로써 친자확인, 혈연확인 및 법의학적으로 이용하는 것을 말한다.

이러한 분자생물학을 기초로한 유전자 분석 방법은 다양한 분야에서 응용될 수 있는 능력을 가지고 있다. 사회 각분야에서 DNA에 대한 제반 지식이 점차 보급되고, 그 중요성이 알려지면서 DNA의 활용분야는 넓어지고 있다. 그 응용 분야들을 살펴보면 현재 진행되고 있는 분야로 미아 · 입양아 · 남북이산가족에 대한 혈육 확인, 강력 범죄(살인이나 강간 등)의 범인 색출, 성도덕의 혼돈, 이혼율의 증가 및 배우자의 부정 등과 관련하여 급증된 친자확인, 손상된 유해에서의 DNA 추출 및 신원확인, 각종 유전병의 유전적 원인에 대한 신속 정확한 진단, 농축산물의 원산지(품종)확인, 형질전환(GMO) 식품의 판정 등에 사용되고 있다. 더욱이, 이러한 유전자 분석 방법이 최근 고고학에서 연구의 새로운 방법으로 각광받

으면서 세계 각국의 고고학에서 여러 사례들이 밝혀지고 있다. 이런 사례들을 통해서 각 나라의 고고학에서 기존에 주장해왔던 그 민족이나 문화의 기원에 대한 기존학설과는 다르게 나타날 수 있기 때문에, 전세계적으로 고고학과 분자생물학의 접목을 중요시하고 있다. 따라서 이런 식의 두 학문을 통한 접근을 학계에서는 ' DNA 고고학 '이라고 부른다.

우리 나라에서도 99년도에 국립문화재연구소와 국립과학수사연구소가 협동으로 사적 제404호 나주 복암리 고분군의 출토인골에 대한 유전자 분석 결과 발표로 이에 대한 관심이 증진되고 있는 상황이다(Lee *et al*., 1999). 따라서, 본 연구는 문화재의 과학적 연구의 한 일환으로 사천 늑도에서 출토된 인골 2점과 민통선 민묘에서 출토된 인골의 유전자 분석을 통한 고대 인골의 유전자 분석 방법의 최적화에 초점을 맞추었다. 이번 연구를 통해 앞으로 발굴되는 인골을 활용하여 그 시대의 풍습과 사회상 등을 알 수 있을 것이며, 더 나아가서는 고고학에서 독자적으로 분자생물학적 접근 방법의 최적화에 그 의의를 두었다.

Ⅱ. 본 론

본 연구에서는 사천 늑도에서 출토된 인골과 민통선에서 출토된 인골을 이용하여 제반 실험에 사용하였다. 사천 늑도의 출토 인골은 부산 동아대박물관의 협조로 얻을 수 있었으며, 민통선 출토 인골은 직접 발굴하여 시료를 확보할 수 있었다. 두 출토 인골 모두 상태가 양호한 것으로 판단되는 대퇴골을 가지고 실험에 사용하였으며, 사용 인골의 사후 보존처리를 위하여 부분 절단 및 파쇄로 인골의 한쪽 면의 극소 부분만을 사용하였다.

1. 출토 인골의 전처리과정

우선 확보된 인골들의 상태를 육안 관찰하여 오염의 원인이 될 만한 부분을 배제한 후 사진 촬영을 하였으며, 무균상자(Clean bench)의 UV등 아래에서 인골을 30분동안 방치하여 표면 오염원을 제거하였다(Fig. 1). 이는 매장당시에 오염되었

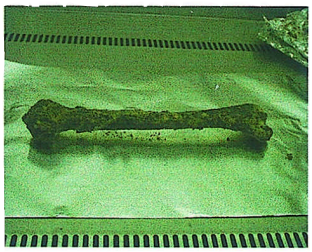
을 표면 미생물의 제거와 동시에 출토시 또는 운반 보관시 발생할 수 있는 다른 사람에 의한 오염을 사전에 방지하고자 시료 전처리 전에 수행하였다. 무균상자에 30분 방치된 인골은 고온 고압 멸균된 전기 드릴의 톱날을 이용하여 약 5x2cm 정도의 크기로 각각 절단하였다. 절단된 인골 시료는 멸균된 50ml 원심분리 시험관에 넣어서 무균 상태를 유지하였다. 절단된 시료가 들어있는 시험관에 멸균된 3차 증류수로 3회 세척하였으며, 세척시 표면의 이물질이 떨어지게 하고자 vortexing을 수행하였다. 표면의 이물질이 쉽게 제거가 안될 시에는 무균상자 안에서 멸균된 칼을 이용하여 인골 시료의 표면을 깎아서 제거하였으며, 단단한 뼈(compact bone)가 나타날 때까지 이 과정을 반복하였다. 단단한 뼈는 오랜 시간이 경과하여도 그 내부에 미세하 나마 안정적으로 보존된 DNA를 가지고 있고 외부의 오염을 최소화할 수 있는 확률이 높기에 이 부분을 제반 실험에 이용하였다. 이와 같이 확보된 단단한 뼈 시료를 액체 질소로 급속 냉각시킨 후 무균 처리된 막자사발을 이용하여 잘고 고르게 부수었다.

2. 인골의 탈칼슘화(Decalcification)

고르게 부수어진 작은 알갱이와 분말들을 1.5ml 원심분리 시험관에 옮겨 놓은 후, 멸균 된 0.5M EDTA 용액 1ml을 첨가하여 10일에서 15일까지 상온에서 회전시켰다. EDTA용액 이 들어간 인골 시료들의 내부에서 칼슘(Ca^{2+})이 빠져나와 인골 시료들은 세포를 포함한 조직만으로 이루어지므로 다음에 수행될 DNA 추출 과정에 유용하게 사용됐다. 실험 과정을 여러 번 반복해본 결과 시간이 오래되면 될수록 인골에서의 탈칼슘화는 많아지게 되었으며, 정기적으로 EDTA용액을 교환해주었을 때, 그 효과가 상승하는 것을 알 수 있었다. 또한, EDTA용액을 처리함으로써, 인골의 DNA가 칼슘과 함께 빠져나와서 DNA 추출 효율을 떨어뜨리는 결과를 생각하여, 탈칼슘화에 사용된 EDTA용액을 시간대별로 모아 DNA 추출과정을 병행하여 보았다. 그 결과, 탈칼슘화에 사용된 EDTA용액에서 미세하나마 DNA가 추출되었지만, 극소량이 포함되어있는 것을 알 수 있었다. 그리고, 초기

Fig. 1. Photographs of samples examined

(A)
Aleft femur bone from
Nuk-island



(B)
A femur bone from
Civilian access control line(CACL)

Fig. 1. Photographs of samples examined

3일 동안 탈칼슘화에 이용된 EDTA용액에서는 약간 많은 양의 DNA가 추출되었지만, 중합효소 연쇄반응을 수행 해본 결과 증폭 산물이 검출되지 않는 것으로 보아, 이는 EDTA에 의한 증폭의 억제 반응이 있었던 것으로 여겨지며, 또한 추출된 DNA가 다른 종(특히 미생물)의 DNA일 수 있다고 판단하였다(그림생략). 15일정도 탈칼슘화가 진행된 인골 시료들은 다음의 제반 실험들을 위해 멸균 3차 증류수를 이용하여 3회 세척되었다.

3. 출토 인골에서 DNA 추출(DNA Extraction)

탈칼슘화가 이루어진 인골 시료는 DNA의 추출 효율을 최대한 높여서 뽑을 수 있게 상품화된 약제(Geneclean for ancient DNA kit, Bio101)와 시간의 소비를 최소화할 수 있는 기계(Fastprep FP120, Bio101)를 이용하여 DNA를 시료에서 추출하였다. 추출된 DNA는 1% agarose gel에서 100volt의 전압을 이용하여 전기영동한 후, EtBr(ethidium bromide)로 염색하여 UV등으로 DNA의 존재 여부를 확인하였다(Fig. 2). 사천 늑도 인골에서 추출된 DNA는 민통선 민묘 인골보다 양적으로 적게 뽑혔지만, DNA의 분해정도가 심하지 않은 상태임을 알 수 있었다. 따라서 두 시료에서 추출된 DNA 모두 다음 실험에 이용하고자 냉동 보관(-20℃) 하

였다.

(A)
Electrophoresis photograph of extracted DNA from Nuk-island human bone

(B)
Electrophoresis photograph of extracted DNA from Civilian access control line(CACL)

Fig. 2. Electrophoresis of DNAs extracted from ancient human bone.

Fig. 2.
Electrophoresis of DNAs extracted from ancient human bone.

4. 중합효소 연쇄 반응(Polymerase Chain Reaction, PCR)

냉동 보관된 추출 DNA는 개인에 따라 다르게 나타나는 연쇄반복서열 부분을 확인하고자 중합효소 연쇄반응(polymerase chain reaction, PCR)을 이용하여 원하는 부위를 증폭하였다. 증폭에 이용된 DNA 부위는 짧은 연쇄반복 서열을 가지는 STR(short tandem repeat) 좌위를 이용하였다. STR 부위 중에서도 미국 Promega회사에서 제품화된 좌위인 CTT, FFv, STRIII, 그리고 성 결정부위인 Amelogenin 좌위를 이용하여 중합효소 연쇄반응을 수행하였다(Technical manual, promega, 1985). 중합효소 연쇄반응에 사용되는 중합효소의 종류는 두 가지로 온도에 민감한 일반적인 중합효소(Taq polymerase)와 고온에 안정적인 중합효소(Gold STR Taq polymerase)를 사용하였으며, 종류에 따라 같은 좌위라도 각각 다른 cycle 온도를 책정하였다(Table 1). 중합효소 연쇄반응으로 각각의 좌위에 따라 증폭된 산물의 확인을 위하여 2% agarose gel에서 100volt의 전압을 흘려주면서 전기 영동한 후, EtBr로 염색하여 UV등에서 확인하였다(Fig. 3). 반복 실험을 통하여 증폭 조건을 잡을 수 있

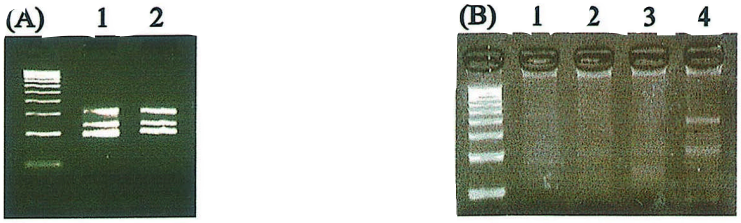
었으며, 이를 통해 증폭된 산물이 예상 좌위 크기와 일치함을 확인할 수 있었다. 따라서, 증폭 산물을 제반 실험에 사용하고자 냉동 보관(-20℃) 하였다.

Table 1. PCR condition for each STR loci of ancient human bone DNA

	Amelogenin/CTT reaction	FFv/STRIII reaction
Initiation condition	95℃ 11min	95℃ 11min
initiational denaturation	96℃ 2min	96℃ 2min
Denaturation(10cycles)	94℃ 1min	94℃ 1min
Annealing	64℃ 1min	60℃ 1min
Extension	70℃ 1.5min	70℃ 1.5min
Denaturation(20cycles)	90℃ 1min	90℃ 1min
Annealing	64℃ 1min	60℃ 1min
Extension	70℃ 1.5min	70℃ 1.5min 60℃ 30min
Holding reaction	4℃ Holding forever	4℃ Holding forever

5. 전기 영동(Acrylamide-Urea Gel Electrophoresis)

다음으로 냉동 보관된 증폭 산물을 이용하여 최종적인 유전자 분석(DNA Typing) 실험을 하고자, 6% acrylamide-urea sequencing gel을 이용하여 45watt 1200volt에서 sequencing용 전기영동을 수행하였다. 4% gel보다 6% gel의 분리능이 STRIII 좌위를 확인하는데 더욱 우수할 뿐 아니라, gel을 다루는데 있어서도 안전하기에 6% gel을 sequencing용으로 사용하였다. 6% gel은 0.5M TBE(Trisma-base, Boric acid, EDTA혼합 용액)용액을 이용하여 30분 정도 사전 전기영동을 수행하여 gel 상태를 안정화 시켰다. 증폭 산물과 좌위 표시자(loci ladder)들이 서로 결합하여 2중 결합이 이루어지는 것을 방지하기 위해 주입 염색약(loading dye)을 첨가하여 95℃에서 2분 동안 중탕시켜 단일결합으로 변형시켰다. 변형된 증폭 산물과 좌위 표시자들은 바로 -4 0℃로 냉각시켰다. 30분 정도의 시간이 흐른 뒤에 gel 표면의 유리온도가 50℃가 될 때, 주사기로 증폭 산물 시료를 주입할 부분을 0.5M TBE용액으로 세척한 후 증폭 산물 시료를 주입하였다. 주입된 시료가 30cm gel의 2/3부분에 염색약이 내려올 때까지 지속적으로 전기를 gel에 공급해 주었다.



(A)
Application system applied to DNA extracted from excavated ancient human bone, CTT multiples(lane 1), FFv multiples(lane 2)

(B)
Application product of DNA from Civilian access control line(CACL) bone, CTT multiplex (lane 1), amelogenin (lane 2), FFv multipelx (lane 3), STRIII(lane 4)

Fig. 3. Multiplex STR amplification system applied to DNA extracted from excavated ancient human bone.

Fig. 3.
Multiplex STR amplification system applied to DNA extracted from excavated ancient human bone.

6. Silver 염색(Silver Staining Detection)

전기 영동이 끝난 후, 전기 영동장치에서 유리판을 제거하여 유리판사이에 들어가 있는 gel을 흐르는 물과 얇은 플라스틱 판으로 조심스럽게 gel을 떼어냈다. 떨어진 gel은 잘 절단 되거나 부서지기 쉬우므로 증류수가 들어있는 넓은 유리용기에 담가두었다. 유리용기에 담겨진 gel을 비닐장갑(polyglove)을 낀 채로 부드럽게 포개놓은 후 증류수를 제거하고, Silver 염색법에 따라 염색을 수행하였다. 증폭 산물과 좌위 표시자가 눈으로 확연히 보일 때까지 Silver 염색을 수행하였는데, 최종 염색까지는 1 2분 정도의 시간만 소모되기 때문에 gel 이 과염색(over staining)되어 검게 변하지 않게 하기 위하여, 염색을 억제하는데 필요한 10% 아세트산(acetic acid)을 사전에 만들어 놓았다.

Silver 염색법으로 염색된 gel에서 보여지는 밴드들의 위치를 통하여 각각의 인골 시료에서 유전자 분석이 이루어졌음을 확인할 수 있었다. 사천 늑도 인골 시료의 경우에는 CTT와 FFv만의 유전 좌위를 밝힐 수 있었고(Fig. 4), 민통선 민묘 인골 시료에서는 FFv, Amelogenin, STRIII 유전 좌위를 동정 할 수 있었다(Fig. 5). 사천 늑도의 인골 시료의 증폭산물은 민통선 민묘 인골 시료의 증폭 산물보다 많

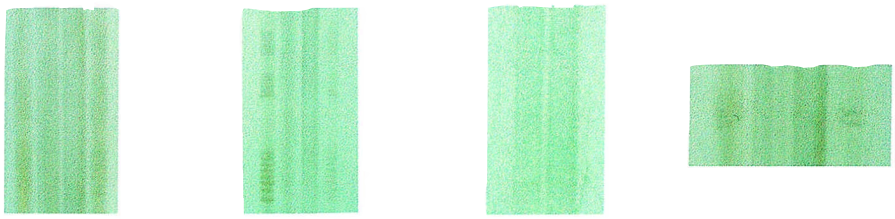
Fig. 4.
4.6% acrylamide-urea gel electrophoresis of PCR products from excavated Nuk-island human bone

(A)
CTT multiplex amplification system

(B)
FFv multiplex amplification system

Fig. 4. 4.6% acrylamide-urea gel electrophoresis of PCR products from excavated Nuk-island human bone

Fig. 5.
6% acrylamide-urea gel electrophoresis of PCR products from excavated civilian access control line(CACL) human bone.



(A)
CTT multiplex amplification system

(B)
FFv multiplex amplification system

(C)
STR III multiplex amplification system

(D)
Amelogenin sex determination

Fig. 5. 6% acrylamide-urea gel electrophoresis of PCR products from excavated civilan access control line(CACL) human bone.

은 양이 증폭된 것을 알 수 있었으며, 두 시료들의 유전 좌위에서의 다형성을 눈으로 쉽게 구분할 수 있었다. 각각의 시료들의 유전 좌위 증폭은 추출 DNA의 손상정도에 따라 달라졌을 수도 있겠지만, 증폭되는 부분의 과밀집을 생각해보면 두 사람간의 관계는 전혀 없는 것을 알 수 있다. 또한, 민통선 민묘 인 골에서 증폭된 유전자분석에서 성 결정 유전 좌위인 amelogenin의 유전자 분석이 X, Y 염색체를 가진 남자라는 사실을 알게 됨에 따라, 골격의 형태학적인 남녀구분의 방법에서 더 나아가 분자생물학적인 방법을 이용해서도 남녀 구분의 신빙성을 제시하고 있다.

7. 미토콘드리아 DNA(Mitochondrial DNA)의 염기 서열 분석 (Base Sequencing Analysis)

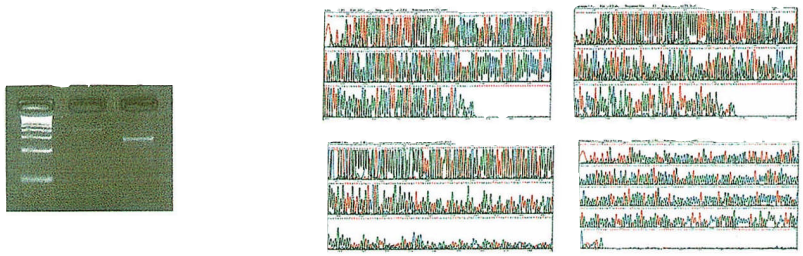
사천 늑도 인골에서 추출된 DNA의 양적인 문제가 제기되어, 민통선 민묘에서 추출된 DNA만을 이용하여 mtDNA sequencing 분석을 실시하였다. 기존에 추출된 민통선 민묘의 DNA중 5ul를 이용하여 mtDNA 중합효소 연쇄반응을 수행하였는데, 사용되어진 primer sequence로써는 mtDNA 염기 서열 중 다변이성이 강한 HV1(15971 16410)부위에서 F15989/R16410과 F15971/R16258부위 두 쌍을 사용하여 실험하였다. 증폭조건은 기존에 사용되어진 STR 중합효소 연쇄반응의 조건과는 다르게 조건을 여러 번 바꾸어가면서 수행하여 가장 알맞은 조건을 선택하였다. 증폭된 산물을 Qiagen PCR purification kit를 이용하여 oligomer를 제거, 순수 정제한 후, Dye Terminator Cycle Sequencing Kit로 반응시켜 Perkin Elmer Prism 377 DNA Sequencer에서 전기영동 시켰고, 염기서열은 Sequence Navigator로 분석하였다(Fig. 6). 분석된 DNA의 forward 및 reverse sequence는 표준 Anderson sequence와 비교하여 mtDNA가 정확한지를 결정하였다(Fig. 7). 비교한 결과, 추출된 DNA는 표준 Anderson sequence와 유사성이 일치하여 올바르게 DNA가 추출되었으며, DNA 중합효소 연쇄반응에 의한 증폭과 염기서열 분석이 이루어졌음을 확인할 수 있었다.

III. 결론

이번에 연구한 분야는 DNA 고고학의 한 측면에서 바라보았을 때, 99년도 나주 복암리 유적의 유전자 분석에 대한 결과를 유도했던 기술적 측면에 중점을 두었다. 실험에 사용된 출토 인골로는 사천 늑도 인골과 민통선 민묘 인골이었는데, 모두 시료의 전처리부터 핵유전자 분석(nuclear DNA Typing)과 mtDNA 분석까지 연구할 수 있었다는데 그 의의가 있겠다.

사천 늑도의 출토 인골은 민통선 민묘의 출토 인골보다 시간적으로 더욱 오래

Fig. 6. MtDNA PCR product electrophoresis and sequence analysis as Perkin Elmer Prism 377 DNA Sequencer

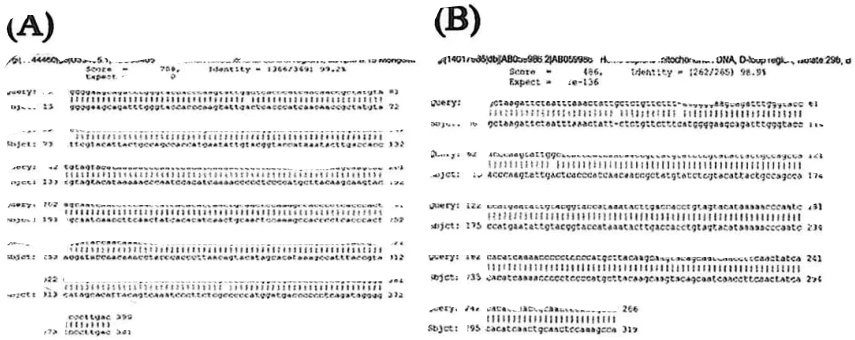


(A) Purified mtDNA PCR product

(B)~(E) FFv multiplex amplification

Fig. 6. MtDNA PCR product electrophoresis and sequence analysis as Perkin Elmer Prism 377 DNA Sequencer

Fig. 7. Sequence homologous analysis between human mtDNA and civilian access control line(CACL) human bone mt DNA as DNAstar Editseq sequence analysis software



(A) Mongolia homologous

(B) Homo sapians homologous analysis

Fig. 7. Sequence homologous analysis between human mtDNA and civilian access control line(CACL) human bone mt DNA as DNAstar Editseq seqence analysis software

되어져 있어서 DNA의 손상도가 더 심하다고 할 수 있었다. 손상도의 심함과 오염된 양의 차이가, 이 후에 수행할 분자 생물학적 분석에 장애요인으로 작용할 수도 있었지만, DNA 추출에서 유전자 증폭, 유전자 분석까지 큰 무리 없이 끝낼 수 있었다. 이와는 좀 다르게, 민통선 민묘의 인골은 시간적으로도 사천 늑도보다 오래되지 않았으며, 예상된 결과대로 다량의 DNA가 추출될 수 있었다. 추출된 DNA는 증폭과정과 유전자 분석까지 다양한 STR 유전 좌위를 이용하여 분석이

가능하였으며, 특히 남녀 성구별에 있어 중요한 STR 유전 좌위인 amelogenin이 분석되었다. 더욱이 민묘 출토 인골에서는 mtDNA의 고변이 부위인 HV1과 HV2 부분 중에서 HV1부분의 primer를 이용하여 중합효소 연쇄반응을 수행하고, 직접적인 자동 염기서열 분석(automatic sequencing analysis)을 수행 할 수 있었다. 따라서 이번 사천 늑도의 인골과 민통선 민묘의 인골의 유전자 분석을 통하여 연구소 자체적인 분자생물학적 기술의 확립과 앞으로 다양한 DNA 고고학 분야에서의 접목을 선도할 수 있는 계기가 마련되었다고 할 수 있다.

전 세계적으로 DNA 고고학이 정립되기 시작한 것은 그리 오래된 일이 아니다. 세계의 고고학자들은 미이라를 비롯한 옛사람의 흔적에서 DNA를 찾고자 노력하였고, 성공과 실패를 거듭하였었다. 가장 중요한 문제는 양적인 문제였는데, 이와 같은 DNA의 양적인 문제를 1980년대 중반이후부터 분자 생물학 및 유전공학과 같은 생물학에서 사용되던 중합효소 연쇄 반응(PCR)을 통하여 해결하였다. 소량의 DNA를 다량으로 증폭시키는 이 방법은 DNA 고고학이 학문으로 정착할 수 있게 만들어준 직접적인 계기가 되어지고 있다. 따라서 고고학의 분야가 분자생물학적인 측면을 받아들이게된 것은 다른 분석분야에서 이미 되어지고 있었던 것보다 시기적으로 늦은 감이 없지 않으나, 현재 발전하고 있는 BT(Bio-Technology) 분야의 발전 속도와 견주어 볼 때, 그 파급 효과는 기존의 접목분야보다 앞으로 더 크게 작용할 것이라는 것은 자명한 사실이다. BT분야의 발전 속도가 가속화되고 있는 이유중의 하나도 인류와의 관계를 생각할 수밖에 없듯이, 고고학분야가 이와 같은 분야에 관심을 가지게 되는 이유도 바로 인류의 기원을 찾고 족보를 만드는데 결정적인 과거사를 과학적으로 규명해줄 수 있기 때문이다. 그런 의미에서 앞으로는 이제 막 태동하기 시작한 DNA 고고학 분야의 기술 축적과 더불어 고대 한국인 특유의 유전자 분석 자료가 모여지게 될 것으로 여겨진다.

참고 문헌

1. Jeffeys AJ., Wilson V., and Thein. SL. Nature 1985; 314; 67-73
2. Technical Manual. GenePrint STR Systems. Promega. 1985
3. Lee KS, Chung YJ, Han SH, Lee MH, Han MS, and Choi DH. Conservation Studies 1999; 20; 5-19
4. Chung YB. DNA Typing. Inje university press. 1996
5. Holland MM. and Parsons TJ. Mitochondrial DNA sequencing analysis-Validation and use for forensic casework. Central police university press. 1999