

# 김포 장기동 유적 출토 인골의 유전자 분석 연구

서민석 | 조은민 | 김윤지 | 김수훈 | 강소영<sup>1</sup>

국립문화재연구소 보존과학연구실

## The Genetic Analysis Study of Ancient Human Bones Excavated at Janggi-dong site, Gimpo

Min Seok Seo | Eun Min Cho | Yun Ji Kim | Sue Hoon Kim | So Yeong Kang<sup>1</sup>

Conservation Science Division, National Research Institute of Cultural Heritage, Daejeon, 305-380, Korea

<sup>1</sup>Corresponding Author: [sykang@korea.kr](mailto:sykang@korea.kr), +82-42-860-9268

**초록** 유적지에서 발굴되는 조선시대 인골은 보존 상태가 대부분 양호하여 형질인류학, 유전학, 그리고 화학적 연구를 수행할 수 있다. 본 연구에서는 김포 장기동 유적지에서 발굴된 조선시대 인골 6개체에 대한 DNA 분석을 통하여 미토콘드리아 DNA 변이형을 결정하였으며, 성별 분석결과를 토대로 남성 피장자의 Y 하플로그룹을 동정하였다. 유전자 분석에 앞서 보존상태가 양호한 것으로 판단되는 인골 6구를 대상으로 조직학 지수를 판별하였다. 미토콘드리아 DNA 변이형은 아시아인에서 높은 빈도로 나타나는 G, R11, M7, A5 등의 하플로그룹이 확인되었다. 인골의 성별을 확인하기 위하여 아밀로제닌 유전자 분석을 수행한 결과, 6구의 인골에서 여성 4구와 남성 2구의 성별을 확인할 수 있었다. 남성으로 판명된 인골에 Y 염색체 단일염기다형성 분석을 적용해본 결과, 하플로그룹 O로 확인되었다. 향후 출토 인골의 광범위한 분석을 위하여 인골을 선별한 경우에는 본 연구에서 제시한 조직학 지수를 적용하고, 미토콘드리아 DNA와 핵 DNA의 다양한 분석을 병행하여 출토 인골간의 유연관계를 규명하는 것이 필요하다.

**중심어:** 김포 장기동, 인골, 조직학 지수, 미토콘드리아 DNA, 아밀로제닌, 하플로그룹

**ABSTRACT** Most human bones of Joseon Dynasty period are so good condition that we can do research in physical anthropology, genetics and chemistry with them. In this study, we analyzed DNA typing using 6 human bones of Joseon dynasty period excavated at Janggi-dong, Gimpo. The DNA typing was mitochondrial DNA haplotype, Y-chromosome haplotype and sex determination. Prior to DNA analysis, we distinguished histological index of 6 human bones. As the result of mitochondrial DNA analysis, most of bones were confirmed as haplogroup G, R11, M7, A5, etc. As the result of sex determination, 4 human bones were female and 2 human bones were male. The male haplogroup was confirmed as haplogroup O by the single nucleotide polymorphism analysis of Y chromosome. For extensive ancient human bone analysis, researchers need to apply a histological index to select ancient human bones and explain a relationship among ancient human bones with various analyses of mitochondrial and nuclear DNA.

**Key Words:** Janggi-dong Gimpo, Human bone, Histological index, Mitochondrial DNA, Amelogenin, Haplogroup

## 1. 서론

생물체를 구성하는 기본 구조인 세포에는 한 개의 핵(nucleus)과 핵 DNA(nuclear DNA) 1벌(2n)만이 존재하지만 에너지 대사를 하는 미토콘드리아(mitochondria)에는 수백 개에서 많게는 수만 개의 미토콘드리아 DNA가 존재하기 때문에 뼈의 부패나 변질 등에도 핵 DNA에 비해 세포에 잔존해 있을 확률이 높다. 미토콘드리아 DNA는 보존성이 높은 유전적 특성 때문에 인류의 기원이나 인종의 유전적 경향을 밝히는 데 가장 좋은 유전 표지인자로 사용되고 있다(Pääbo, 1989). 여러 민족의 미토콘드리아 DNA 조절부위를 염기서열 결정에 의해 다형을 분석하여 인종 간의 유연관계를 규명함으로써 미토콘드리아 DNA가 다른 핵 DNA 보다 훌륭한 인류 유전학적 표지인자임이 입증되었으며, 또한 한 민족 집단 내에서 미토콘드리아 DNA 조절부위의 염기서열 다형 조사는 개인 식별을 위한 통계 자료로 활용되고 있다(Horai *et al.*, 1996). 지난 20년 동안 미토콘드리아 DNA의 고변위지역(hypervariable region, HVR), Y 염색체, 그리고 기타 유전자의 염기서열을 대상으로 인간 개체군의 기원과 이동 경로를 규명하기 위한 연구가 진행되어 왔다(Kivisild *et al.*, 2002). 개체군 구성원에 대한 유전자의 단일유형(haplotype)을 분석하여 계통도를 만들고 서로 연관관계가 높은 단일집단(haplogroup)을 확정한 뒤 단일집단의 지리적 분포를 분석함으로써 개체군의 역사를 추적해왔다(Schurr, 2000; Ji and Seo, 2007).

핵 DNA는 양친에게 절반씩 유전되는 것과 달리 미토콘드리아 DNA는 모계로부터만 유전되기 때문에 모계 조상형을 추적하는 계통학적 연구가 가능하다. 미토콘드리아 DNA의 과변이부위는 핵 DNA 보다 10배 정도 돌연변이 발생 비율이 높기 때문에 상대적으로 짧은 기간에 다양한 유전자 변이가 일어날 수 있다. 특히 미토콘드리아의 D-loop에 위치하는 과변이지역에서 다형성이 집중적으로 나타난다(Ji *et al.*, 2008a).

우리나라에서는 조선시대 출토 인골의 보존 상태가 대부분 양호하고 대규모로 출토되는 사례가 많기 때문에 생물·화학적 분석이 용이할 뿐만 아니라 통계적으로 유의미한 결과를 도출하는 것이 가능하다(Ji *et al.*, 2008b; Kang *et al.*, 2010). 따라서 본 논문에서는 발굴지에서 출토된 조선시대 인골 6구에 대한 DNA 분석을 통하여 미토콘드리아 DNA 변이형을 결정하였으며, 성별 분석결과를 토대로 남성 피장자의 Y 하플로그룹을 동정하였다. 이와 같은 결과를 종합하여 피장자간 모계 계통형과 분묘 위치와의 상

관관계에 대하여 고찰하고자 연구를 수행하였다.

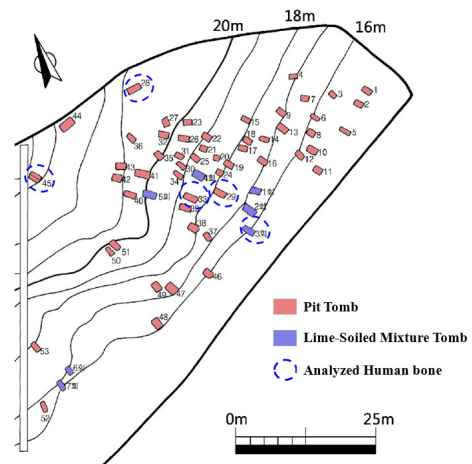
## 2. 시료 및 분석방법

### 2.1. 분석대상 인수 및 보존

김포 장기동 유적지는 경기도 김포시 장기동 일원 158,400m<sup>2</sup>(약 47,916평)에 대한 '김포 장기지구 택지개발 사업 예정부지 문화유적 시굴조사'의 일환으로 조사되었다. 특히, 4지점에서 80기의 근세분묘유구가 발견되었으며 20구의 인골이 회곽묘와 토광묘에서 수습되었다. 수습된 인골은 신문에 포장되어 유물박스에 수납되었으며, 그 중 육안으로 보존상태가 좋은 것으로 판단된 인골 6구를 대상으로 본 실험을 실시하였다.(Figure 1-2, Table 1).

**Table 1.** The list of human bones excavated at Janggi-dong site, Gimpo.

No.	Site	Name	Sample Number
1		lime-soiled mixture tomb 3	KJ-1
2		pit tomb 28	KJ-2
3	Number 4	pit tomb 29	KJ-3
4		pit tomb 33	KJ-4
5		pit tomb 45	KJ-5
6		pit tomb 45	KJ-6
Total			6 samples



**Figure 1.** The excavated tombs of ancient human bones at Janggi-dong site, Gimpo(blue color circle)

**Table 2.** The histological index of ancient human bone surface (Hedges *et al.* 1995).

Index	Preservation of Compact Bone(%)	Definition
0	< 5	No original features identifiable, other than haversian canals
1	< 15	Small areas of well preserved bone present, or lamellar structure preserved by pattern of destructive foci
2	< 33	Clear lamellar structure preserved between destructive foci
3	> 67	Clear preservation of some osteocyte lacunae
4	> 85	Only minor amounts of destructive foci, otherwise generally well preserved
5	> 95	Very well preserved, virtually indistinguishable from fresh bone



**Figure 2.** Ancient human bones excavated at Janggi-dong site, Gimpo.

## 2.2. 출토 인골 전처리

분석을 위한 인골시료는 치과용 핸드피스를 이용하여 2×5cm 크기로 절단하였다. 표면의 토양과 오염물질을 제거하기 위해서 인골 조각의 안쪽, 바깥쪽 껍질 표면을 약 1mm 정도 연마하였다. DNA 분석용 인골의 경우, 표면 미생물과 핵산 오염물을 화학적으로 제거하기 위해 6% 차아염소산나트륨(sodium hypochlorite, Sigma) 수용액을 인골의 상태에 따라 5~15분간 처리 후 세척하였다. 세척한 시편은 1일간 건조한 후 40분간 자외선을 방사하였다. 인골 시편은 동결분쇄기(Freezer Mill 6700, SPEX)를 이용하여 분말상태로 제조된 후 실험 전까지 -20℃에서 보관하였다.

## 2.3. 조직학 분석

인골의 조직학 분석을 위해 대퇴골(femur) 중앙의 수직 단면을 원호(약 5-7mm) 모양으로 절단한 후 에폭시수지로

고착하여 표면을 연마하였으며 실체현미경(Axiotech 100HD, Carl Zeiss)으로 x5, x10, x20 배율에서 관찰하였다. 보존 상태의 기준은 Hedges 등이 제시한 6단계(0~5)의 조직학 지수(histological index, HI) 평가 기준을 근거로 적용하였다(Hedges *et al.* 1995). 조직학지수의 측정은 치밀골(compact bone)을 구성하는 뼈 조직의 기본 단위인 골공동계(haversian system 또는 osteon)를 기준으로 하며, 보존 상태가 양호할수록 지수는 높게 책정한다(Table 2).

## 2.4. 출토 인골 DNA 추출

전처리를 거친 인골 약 0.5g을 lysis buffer(2mg proteinase K, 10% SDS, 0.5M EDTA pH 8.0) 10ml에 섞은 후 상온에서 교반하여 탈칼슘화 반응을 유도하였다. 이 때 인골 시료를 넣지 않은 음성대조군도 함께 준비하였다. 용해가 완료된 시료는 14,000rpm에서 5분간 원심분리한 후 상층액을 제거하였다. 5x PB buffer를 첨가한 후 spin column을

통해 혼합액을 걸러주었다(Yang *et al.* 1998). PE buffer로 washing한 후 최종적으로 100 $\mu$ l의 용액으로 추출하여 다음 실험 전까지 -20 $^{\circ}$ C에 보관하였다.

### 2.5. 미토콘드리아 DNA 하플로그룹 분석

미토콘드리아 DNA의 조절부위에 있는 과변이부위 I, II 지역을 분석하였다. 미토콘드리아 DNA 증폭에 사용된 primer는 증폭 산물의 크기가 185~215bp가 되도록 제작되었다. DNA 중합효소(AmpliTaq Gold DNA polymerase, ABI)를 이용하여 중합효소 연쇄반응을 수행하였으며 자동전기영동장치를 통해 확인된 증폭 산물은 Exo-SAP-IT(Fermentas, USA)로 정제하였다. 미토콘드리아 DNA의 변이형(haplotype)은 자동염기서열분석장치(ABI Prism 3100, Applied Biosystems)를 이용하여 염기서열을 분석한 후, 표준염기서열(revised Cambridge Reference Sequence, rCRS)을 기준으로 결정되었다(Andrews *et al.* 1999).

### 2.6. 아밀로제닌(amelogenin) 유전자 분석을 통한 성별 분석

출토 인골의 성별 분석을 하기 위해서 아밀로제닌 유전자 분석을 수행하였다(Mannucci *et al.* 1994). 미토콘드리아 DNA 증폭과정과 동일하게 중합효소 연쇄반응을 수행하였으며 자동전기영동장치(HDA-GT12, eGene)를 이용

하여 아밀로제닌 증폭 산물의 크기를 비교하였다.

### 2.7. Y 염색체 단일염기다형성(single nucleotide polymorphism, SNP) 및 하플로그룹 분석

Y 염색체의 하플로그룹 분석은 아밀로제닌 분석 결과 남성으로 결정된 인골을 대상으로 진행하였으며 여성으로 성별 판정된 인골은 분석 대상에서 제외하였다. Primer는 한국인과 중국인 등 아시아지역의 남성에게서 많이 나타나는 하플로그룹 인자를 선별하여 인골의 특성에 맞춰 증폭된 산물이 90~210bp가 되도록 제작되었다(Jobling and Tyler-Smith, 2003; Karafet *et al.* 2008). 미토콘드리아 DNA 증폭과정과 동일하게 중합효소 연쇄반응을 수행하였으며 증폭 산물은 정제 후 미토콘드리아 DNA와 동일한 방법에 의해 염기서열 분석을 수행하였다.

## 3. 연구 결과

### 3.1. 인골의 보존 상태

뼈는 사람의 몸을 구성하는 조직 가운데 가장 단단하고 보존성이 뛰어나기 때문에 DNA 분석 시료로 주로 이용된다. 김포 장기동 유적에서 출토된 대퇴골의 경우 식물뿌리 등의 물리적인 피해가 비교적 적은 편이었다. 인골 6구에 대한 DNA 분석에 앞서 뼈 조직의 보존 상태를 확인하기

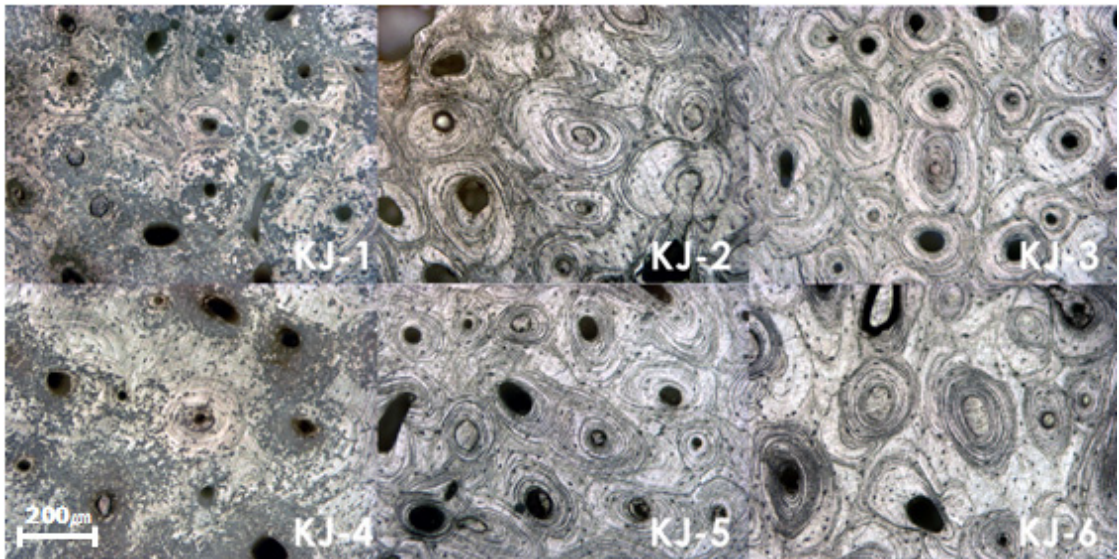


Figure 3. The observation result of human bone tissues by stereomicroscope (x10).

위하여 분석용 시료 일부를 절취하여 시편으로 제작한 후 뼈 골공동계 조직의 보존 상태를 실제 현미경으로 관찰하였다(Figure 3). 골조직 가운데 골세포(osteocyte)가 있는 골소강(lacunae)과 골층판(lamellae)의 구조는 콜라겐 등 뼈 내부에 잔존하고 있는 유기물질의 보존을 겉보기로 판단할 수 있는 최소한의 기준이다. Hedges 등이 제시한 조직학 지수를 평가 기준으로 6점의 뼈 조직의 보존 상태를 실제현미경으로 관찰한 후 6단계의 지수로 구분하였다. 조직 분석 결과 3호 회곽묘와 33호 토광묘, 45호 토광묘(동쪽)는 골세포의 골소강이 잘 남아있기 때문에 조직학 지수 3으로 판별하였다. 28호, 29호 토광묘와 45호 토광묘(서쪽)는 골공동계의 85% 이상이 형태를 유지하고 있었기 때문에 조직학지수를 4로 판별하였다(Table 3).

### 3.2. 피장자의 미토콘드리아 DNA 변이형 분석과 하플로그룹 동정

조직학적 지수를 통해 인골의 보존상태가 양호했던 것을 근거로 DNA 분석을 수행하였다. 6구의 인골 모두 미토콘드리아 DNA HVR I, HVR II의 염기서열을 분석하였으며, 표준염기서열(rCRS)과 비교하여 각각의 변이에 대한 하플로타입과 하플로그룹을 결정하였다(Table 3).

3호 회곽묘, 28호, 29호, 33호 토광묘 피장자들을 분석한 결과, 각각 G2b, R11, M7b2, A5a의 하플로그룹에 속하는 것을 확인하였다. 특히 3호 회곽묘 출토 인골이 속한 G 그룹의 경우 아시아인에서 높은 빈도로 나타나며 R11, M7, A5 그룹의 경우 한국, 중국, 일본 등 동아시아에 널리 분포하는 하플로그룹이다(Tanaka *et al.* 2004). 45호 토광묘에 합장된 피장자들의 미토콘드리아 DNA 변이형은 서

쪽 피장자의 경우 73, 184, 199, 204, 207, 16189, 16223, 16362(261-345 분석불가)가 나타났으며 동쪽 피장자의 경우 73, 152, 263, 309.1C, 315.1C, 16093, 16129, 16223, 16362로 나타나 동일한 모계관계는 성립되지 않았다. 또한 4지점에서 출토된 20개체의 인골 중 실제로 분석이 된 인골은 6구에 지나지 않기 때문에 피장자들 간의 전반적인 혈연관계를 규명하지는 않았다.

### 3.3. 피장자의 성별분석과 Y 염색체 하플로그룹 분석

출토 인골의 성별정은 아밀로제닌 유전자 분석을 통하여 이루어졌다. 아밀로제닌 유전자는 X 염색체와 Y 염색체에 모두 존재하지만, X 염색체 아밀로제닌 유전자는 염기서열 내에 부분결실이 존재한다. 따라서 아밀로제닌 유전자 마커를 중합효소 연쇄반응 시킬 경우 X염색체는 106bp, Y 염색체에서 112bp의 아밀로제닌 유전자 일부가 증폭된다. 따라서 XY의 성염색체를 가지고 있는 남성의 경우 106bp와 112bp의 두 가지 증폭산물이 확인되며, XX의 성염색체를 가지고 있는 여성의 경우 106bp의 산물만이 증폭된다.

아밀로제닌 분석 결과, 3호 회곽묘, 28호, 33호, 45호(동쪽) 토광묘의 피장자는 106bp의 산물만이 확인되어 여성으로 판명하였으며 29호와 45호(서쪽) 토광묘는 106bp와 112bp가 모두 증폭되어 남성으로 확인되었다(Figure 4). 45호 토광묘의 결과를 비교하였을 때 동쪽 피장자는 여성, 서쪽 피장자는 남성으로 분석되어 미토콘드리아 DNA 하플로그룹 분석 결과를 고려했을 때 두 피장자는 동일 모계의 관계는 아닌 것으로 확인되었다.

성별분석 결과 남성으로 판명된 29호 토광묘와 45호 토

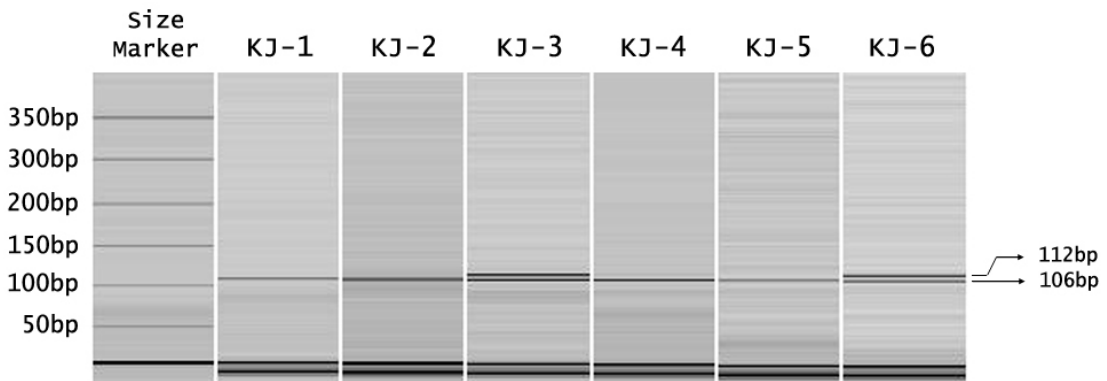


Figure 4. Sex determination of ancient human bones excavated at Janggi-dong site, Gimpo.

**Table 3.** The mitochondrial DNA analysis of ancient human bones excavated at Janggi-dong site, Gimpo.

Sample Number	Histological Index (HI)	Sex	Y Haplogroup	mtDNA Haplogroup	Hypervariable Region of Mitochondrial DNA							No Detection Sequence
					HVR1 (16024-16410)				HVR2 (73-345)			
					16024-16120	16121-16230	16231-16320	16321-16410	73-130	131-230	231-345	
KJ-1	3	F	-	G2b	rCRS	16172C 16223	16257A 16261	16362C	73	150	309.1C 315.1C	-
KJ-2	4	F	-	R11	rCRS	16154 16182 16183C 16189	16311 16319	rCRS	73	185 189	234	260-345
KJ-3	4	M	O	M7b2	16093	16129 16189A 16223	16239 16297 16298	rCRS	73	150 199	309.1C 309.2C 315.1C	-
KJ-4	3	F	-	A5a	rCRS	16187 16223	16290 16319	rCRS	73	186	235 263 309.1C 315.1C	-
KJ-5	4	F	-	D4/G	rCRS	16189 16223	rCRS	16362	73	184 199 204 207	ND	261-345
KJ-6	3	M	O	D4a	16093	16129 16223	rCRS	16362	73	152	263 309.1C 315.1C	-

광묘(동쪽) 피장자를 대상으로 Y 염색체 단일염기다형성 분석을 실시한 결과, 두 피장자 모두 하플로그룹 “O”에 속하는 것으로 나타났다(Table 3). 하플로그룹 “O”는 한국 남성의 약 30% 이상이 나타나는 것으로 보고되고 있다 (Wells *et al.* 2001; Lee *et al.* 2006).

#### 4. 결론 및 고찰

김포 장기동 유적 4지점 내 회곽묘와 토광묘에서 20여 구의 인골이 수습되었으나 그 중 보존상태 양호한 것으로 판단된 인골 6구를 대상으로 조직학 지수 판별과 유전자분석을 수행하였다. 육안으로 선별한 6구의 인골을 실체현미경으로 관찰한 결과, 모든 인골에서 골공동계 형태가 조직학 지수 3과 4로 판별되었다. 조직학 지수의 판별의 중요성은 유전자 분석을 위한 시료로의 적합성을 사전에 검증할 수 있는 주요한 수단으로 활용될 수 있다. 인골 내부에 보존되어 있는 DNA는 인골의 매장 환경에 많은 영향을 받는다. 인골을 육안으로 관찰하거나 손으로 만졌을 때 외형이 잘 보존되어있었다고 골공동계 조직이 잘 보존되어 있지 않는 경우가 많다. 따라서 발굴된 인골의 유전자 또는 안정 동위원소 등 다양한 분석을 수행하기 전에 인골의 조직학

지수 판별 과정이 포함되는 것이 효과적인 분석을 위한 방법으로 사료된다.

미토콘드리아 DNA 변이형에 대한 분석에서는 아시아 인에서 높은 빈도로 나타나는 G, R11, M7, A5 등의 하플로그룹이 확인되었다. Y 염색체 단일염기다형성 분석으로는 하플로그룹 O로 확인되었다. 이는 김포 장기동에서 발굴된 조선시대 인골이 아시아, 특히 동아시아에 퍼져있는 유전자형과 상당부분이 일치하거나 유사한 특징을 나타내고 있다는 것을 보여주는 결과이다. 또한 45호 토광묘에 합장되어있는 2구의 인골을 대상으로 미토콘드리아 DNA 분석 결과 동일한 모계가 아닌 것으로 확인되었다.

이와 같이 김포 장기동 유적지에서 얻어진 인골을 통해 유전적 패턴 연구 자료의 확인이 가능했다. 조선시대 인골에 대한 종합적인 조사와 연구가 진행된다면 그 당시에 한반도에 거주했던 옛 사람들의 형태학적, 문화인류학적, 유전학적 특성에 대한 과학적 자료가 확보될 수 있다. 그러나 현재 우리나라에서는 유적지에서 출토되는 인골의 대다수가 조선시대임에도 불구하고, 매년 발굴되는 인골의 정확한 통계와 연구 결과들이 밝혀지는 경우는 소수에 불과하다. 앞으로는 유적지에서 출토되는 인골에 대한 보다 체계적이며 계획적인 조사, 발굴, 분석 연구가 병행되어야 할

것으로 판단된다.

DNA 분석을 통한 집단 매장지의 성격과 과거 인구통계학적 특징을 해석하기 위해서는 가급적 많은 시료와 다양한 유전좌위의 분석이 동시에 이루어져야 하는데 김포 장기동 유적지 출토 인골 분석은 6구를 대상으로 미토콘드리아 DNA와 Y염색체에 한정된 분석만을 수행하였기에 혈연관계 또는 인골간 상관관계를 규명할 수는 없었다. 향후 현장에서 출토된 인골을 대상으로 육안조사보다는 조직학적 지수를 적용하여 연구 대상을 선별하고 미토콘드리아 DNA와 핵 DNA 분석을 병행하여 유적지 전반에 걸친 인골들의 관계성을 규명하는 것이 필요할 것으로 사료된다.

## REFERENCES

- Andrews, R.M., Kubacka, I., Chinnery, P.F., Lightowlers, R.N., Turnbull, D.M. and Howell, N., 1999, Reanalysis and Revision of the Cambridge Reference Sequence for Human Mitochondrial DNA. *Nature Genetics*, 23, 147.
- Hedges, R.E.M., Millard, A.R. and Pike, A.W.G., 1995, Measurements and Relationships of Diagenetic Alteration of Bone from Three Archaeological Sites. *Journal of Archaeological science*, 22, 201-209.
- Horia, S., Murayama, K., Hayasaka, K., Matsubayashi, S., Hattori, Y., Fucharoen, G., Harihara, S., Park, K.S., Omoto, K. and Pan, I.H., 1996, mtDNA Polymorphism in East Asian Populations, with Special Reference to the Peopling of Japan. *American Journal of Human Genetics*, 59, 579-590.
- Ji, S.H. and Seo, M.S., 2007, Analysis and Verification of Ancient DNA. *Annual Review in Cultural Heritage Studies*, 40, 387-412. (in Korean and English abstract)
- Ji, S.H., Kim, Y.J., Chung, Y.J., Seo, M.S. and Park, Y.J., 2008a, A Paleogenetic Analysis of Human Skeletal Remains from the Myeongam-ri Site, Asan in Korea. *Journal of Conservation Science*, 23, 81-93. (in Korean and English abstract)
- Ji, S.H., Seo, M.S. and Chung, Y.J., 2008b, Archaeogenetic Research of Excavated Human Bones from the Ancient Tombs. *Annual Review in Cultural Heritage Studies*, 41, 99-108. (in Korean and English abstract)
- Jobling, M.A. and Tyler-Smith, C., 2003, The Human Y Chromosome: An Evolutionary Marker Comes of Age. *Nature Review Genetics*, 4, 598-612.
- Kang, S.Y., Kwon, E.S., Mun, E.J., Cho, E.M., Seo, M.S., Kim, Y.J. and Ji, S.H., 2010, Usefulness of Biochemical Analysis for Human Skeletal Remains Assigned to the Joseon Dynasty in Oknam-ri Site in Seocheon, Korea. *Journal of Conservation Science*, 26, 95-107. (in Korean and English abstract)
- Karafet, T.M., Mendez, F.L., Meilerman, M.B., Underhill, P.A., Zegura, S.L. and Hammer, M.F., 2008, New Binary Polymorphisms Reshape and Increase Resolution of the Human Y Chromosomal Haplogroup Tree. *Genome Research*, 18, 830-838.
- Kivisild T., Tolk H.V., Parik J., Wang Y., Papiha S.S., Bandelt H.J. and Villems R., 2002, The Emerging Limbs and Twigs of the East Asian mtDNA Tree. *Molecular Biology and Evolution*, 19, 1737-1751.
- Lee, H.Y., Yoo, J.E., Park, M.J., Chung, U. and Shin, K.J., 2006, Mitochondrial DNA Control Region Sequences in Koreans: Identification of Useful Variable Sites and Phylogenetic Analysis for mtDNA Data Quality Control. *International Journal of Legal Medicine*, 120, 5-14.
- Mannucci, A., Sullivan, K.M., Lvanov, P.L. and Gill, P., 1994, Forensic Application of a Rapid and Quantitative DNA Sex Test by Amplification of the X-Y Homologous Gene Amelogenin. *International Journal of Legal Medicine*, 106, 190-193.
- Pääbo, S., 1989, Ancient DNA: Extraction, Characterization, Molecular Cloning, and Enzymatic Amplification. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 86, 1939-1943.
- Schurr T.G., 2000, Mitochondrial DNA and the Peopling of the New World. *American Scientist*, 88, 246-253.
- Tanaka, M., Cabrera, V.M., González, A.M., Larruga, J.M., Takeyasu, T., Fuku, N., Guo, L., Hirose, R., Fujita, Y., Kurata, M., Shinoda, K., Umetsu, K., Yamada, Y., Oshida, Y., Sato, Y., Hattori, N., Mizuno, Y., Arai, Y., Hirose, N., Ohta, S., Ogawa, O., Tanaka, Y., Kawamori, R., Shamoto-Nagai, M., Maruyama, W., Shimokata, H., Suzuki, R. and Shimodaira, H., 2004, Mitochondrial

- Genome Variation in Eastern Asia and the Peopling of Japan. *Genome Research*, 14, 1832-1850.
- Wells, R.S., Yuldasheva, N., Ruzibakiev, R., Underhill, P.A., Evseeva, I., Blue-Smith, J., Jin, L., Su, B., Pitchappan, R., Shanmugalakshmi, S., Balakrishnan, K., Read, M., Pearson, N.M., Zerjal, T., Webster, M.T., Zholoshvili, I., Jamarjashvili, E., Gambarov, S., Nikbin, B., Dostiev, A., Aknazarov, O., Zalloua, P., Tsoy, I., Kitaev, M., Mirrakhimov, M., Chariev, A. and Bodmer, W.F., 2001, The Eurasian Heartland: A Continental Perspective on Y-chromosome Diversity. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 98, 10244-10249.
- Yang, D.Y., Eng, B., Wayne, J.S., Dudar, J.C. and Saunders, S.R., 1998, Technical Note: Improved DNA Extraction from Ancient Bones Using Silica-based Spin Columns. *American Journal of Physical Anthropology*, 105, 539-544.
-