

아산 명암리 출토 인골의 유전자 분석

서민석 · 이규식 · 정용재 · 박양진* · 김경규**

국립문화재연구소 보존과학연구실

*충남대학교 고고학과, **충남대학교 박물관

A Genetic Analysis of Human Remains from the Myeongam-ri Site, Asan City

Min-Seok Seo, Kyu-Shik Lee, Yong-Jae Chung, Yang-Jin Pak*
and Kyung-Kyu Kim**

Conservation Science Division, National Research Institute of Cultural Properties

**Department of Archaeology, Chung-Nam National University*

***Chung-Nam National University Museum*

이번 실험은 아산 명암리 출토 인골의 치아에서 DNA를 추출하여 유전자 분석을 실시하였다. 다량의 인골이 명암리에서 출토되었지만, 인골 상태와 치아의 존재 유무에 따라 총 21구의 인골을 이용하여 실험하였다. 치아에서 추출된 DNA를 통해 유전자 분석을 수행하였는데, 여기서는 특히 STRIII 유전자 좌위(D16S539, D7S820, D13S317)가 중합효소 연쇄 반응으로 증폭되었다. 6% acrylamide-urea sequencing gel을 이용하여 증폭된 11개의 치아 DNA를 전기 영동하여 확인한 결과, 서로 다른 유전자 길이를 가지고 있음을 알 수 있었으며, 특히 M-28(좌측)과 M-29 치아 시료는 유사한 유전자 길이를 나타내는 것으로 봐서 유사한 혈연관계를 가지고 있는 것으로 생각 되었다. 미토콘드리아 DNA는 치아에서 추출된 DNA를 이용하여 표준 Anderson sequence에 맞는 primer를 가지고 중합효소 연쇄 반응을 수행하였다. 이용된 시료중, M-25, M-29, 그리고 M-38(우측)의 미토콘드리아 DNA만이 DNA sequencing에서 결과를 얻을 수 있었다. 미토콘드리아 DNA sequence가 나온 3개의 치아 시료는 모두 표준 Anderson sequence에 일치하는 미토콘드리아 DNA라는 것을 확인 할 수 있었으며, DNA sequence data 분석 프로그램인 Vector NTI suite (InforMax, USA)를 통해 M-29와 M-38(우측)은 모계가 일치하는 것을 확인 할 수 있었다. 이처럼 100여 미터 이상 떨어진 두 무덤의 인골이 모계 유전자를 공유하고 있는 것으로 보아서 명암리 묘지는 일정 혈연 집단이 비교적 장기간 사용하면서 형성되었을 가능성이 높다. 앞으로 이루어질 유전자 추가 분석을 통해 다른 인골 및 치아 DNA에서 여러 미토

콘드리아 DNA 염기서열이 밝혀진다면, 아산 명암리 출토 인골들의 매장 습성을 쉽게 이해하는데 도움이 될 것이며, 고려에서 조선시대의 매장 문화 및 과거 한반도 인류의 유전자 자료 추적에도 도움이 될 것으로 여겨진다.