

강원도 영월에서 발견된 고려시대 사람 뼈에 대한 유전학적 분석

오창석¹, 홍종하¹, 신동훈^{1,2}

¹서울대학교 의과대학 해부학교실, ²서울대학교 의과대학 법과학연구소

Mitochondrial DNA Analysis of the Human Skeletons from Goryeo Dynasty Graves Discovered at Youngwol, Gangwon-do

Chang Seok Oh¹, Jong Ha Hong¹, Dong Hoon Shin^{1,2}

¹Department of Anatomy & Cell Biology, Seoul National University College of Medicine

²Institute of Forensic Science, Seoul National University College of Medicine

Abstract : In archaeological excavation sites in Korea, human skeletal remains of various periods were discovered. However, there have been very few studies on skeletal cases of Goryeo period so far. Therefore, in order to obtain the genetic profiles of Goryeo period Korean people at that time, we tried to reveal haplogroups by mtDNA analysis of four skeletons from Goryeo period graves. In this study, the haplogroup identified from them were D4b2b, D4e1a1, D4 and N9a1'3, respectively. This study is invaluable because it is one of the rare reports of genetic information of Korean people of Goryeo Dynasty.

Keywords : Physical anthropology, Goryeo period, Ancient DNA, Gangwon-do, Mitochondrial DNA

서 론

우리나라의 고고학 발굴 현장에서는 청동기시대부터 근세까지 다양한 시대의 옛사람 뼈가 출토되고 있으며, 이들을 대상으로 성별 확인, 혈액형 분석 등과 같은 체질인류학적 분석[1]과 미토콘드리아 DNA(mtDNA) 및 핵 DNA(nuclear DNA)를 이용한 개체 식별[2-4], 염기서열 다양성 분석을 통한 유전적 질환 분석[5], 질병을 일으키는 미생물의 감염 유

무 확인[6] 등 다양한 유전학적 연구가 진행되어 왔다. 이와 같이 옛사람 뼈에 대한 연구는 과거 사람들을 대상으로 생물학적 또는 병리학적인 정보를 얻을 수 있다는 점뿐만 아니라 옛사람들의 이주, 지역에 거주하는 집단의 특징, 문화의 전파 등 인류학 연구를 위한 많은 기초자료로 활용될 수 있기 때문에[7], 옛사람 뼈를 수집, 정리하여 옛사람 뼈대 모음을 구축할 필요성이 있다[8].

우리나라에서는 나주 복암리 유적에서 발굴된 옛사람 뼈를 이용한 유전자분석이 진행된 이후로 경산 임당유적, 김포 장기도 유적 등 다양한 시대의 옛사람 뼈에 대한 연구가 진행되어왔다[9]. 그러나 전국적으로 다양한 시대의 사람 뼈가 출토되더라도 불구하고 유전자 분석의 보고가 많지 않은 이유는 오랜 시간 동안 땅속에 매장되어 있으면서 화학적 물리적 손상에 의해 사람 뼈에 남아있는 DNA가 유전

*이 연구는 2017년 교육부 이공학개인지초연구 지원사업(NRF-2017R1D1A1B03030127)의 지원을 받아 수행되었음.

저자(들)는 '의학논문 출판윤리 가이드라인'을 준수합니다.

저자(들)는 이 연구와 관련하여 이해관계가 없음을 밝힙니다.

Received: June 9, 2019; **Revised:** June 21, 2019; **Accepted:** June 21, 2019

Correspondence to: 오창석(서울대학교 의과대학 해부학교실)

E-mail: oxman@snu.ac.kr

자 분석을 할 수 없을 정도로 손상을 받았기 때문이다[10]. 그럼에도 불구하고 조선시대 유적에서 출토되는 옛사람 뼈를 이용한 유전자 분석은 많이 진행되었는데, 이는 조선시대 사람 뼈에서 확인되는 DNA의 보존상태가 유전자 분석을 할 수 있을 정도로 좋고 전국적으로 다량 출토되었기 때문이다[11,12].

한편, 고려시대 옛사람 뼈에 대한 연구는 다른 시대 사람 뼈에 대한 연구에 비하여 극히 적은 편인데, 강원도 영월지방에서 발굴된 고려시대 사람 뼈에 대한 체질인류학적 연구[8]와 청주 오송 지구에서 발견된 고려시대 화장 사람 뼈에 대한 연구[13] 등이 대표적인 정도로 관련 연구를 찾아보기 힘들다. 고려시대는 석실묘, 토광묘, 목관묘 등 다양한 무덤양식이 있어 발굴된 옛사람 뼈의 보존 상태도 무덤 형식에 따라 다양할 것으로 추정되지만, 해당 시기의 발굴된 사람 뼈를 정리한 뼈대모음이 제대로 구축되지 않아 단편적인 연구만 진행되었을 뿐이다[8]. 더욱이, 고려시대 사람 뼈에 대한 유전학적 연구 보고는 전혀 이루어지지 않았다.

이에 본 연구진은 고려시대인을 대상으로 수행된 유전자 연구 결과를 처음으로 보고하고자 한다. 이 보고를 통해 현재까지 많이 미흡한 고려시대 사람들에 대한 인류학적 자료를 보완하고 고려시대 사람들의 유전적 특징을 연구하는 분야에 기초적인 정보를 제공하고자 한다.

재료 및 방법

고DNA 연구를 위한 샘플이 발굴 현장에서 현장 작업자에 의해 오염되는 것을 막기 위하여, 사람 뼈 출토 시 작업자가 사람 뼈에 접촉하지 못하도록 발굴 현장을 통제하였으며, 사람 뼈에 대한 인류학적 검사를 진행하는 연구자가 직접 발굴 현장에서 사람 뼈를 수습하여 연구소로 이송하였다[4]. 고DNA 연구를 위해 실험 도구 중 금속성 기구는 200°C에서 8시간 이상 고온건열 멸균시킨 것을 사용하였으며, 건열 멸균할 수 없는 도구는 멸균된 1회용 제품을 구입하여 사용하였다. 외부의 오염을 차단하기 위하여 일반 연구실과 분리된 장소에 설치된 고DNA 연구를 진행하였다. 고DNA 연구실의 유지는 Hofreiter 등[14]이 제시한 방식대로 하였으며 Willerslev와 Cooper [15]가 제시한 고DNA 연구방법에 따라 실험이 진행되었다. 오래된 사람 뼈를 이용한 본 실험은 서울대학교병원 임상연구윤리센터(IRB)의 심의를 거친 후 진행되었다(exemption No. 2017-001).

고DNA 분석을 위한 시료는 강원도 영월 동강 리조트 조성부지에서 발굴된 고려시대 토광묘 출토 사람 뼈 4개체(토광 1호, 3호, 7호 9호)를 사용하였다(Fig. 1). 이에 대한 인류학적 검토 사항은 이미 본 연구진에 의해 보고된 바 있다[8]. 실험방법을 요약하면 유전자 분석을 위해 넓다리 뼈

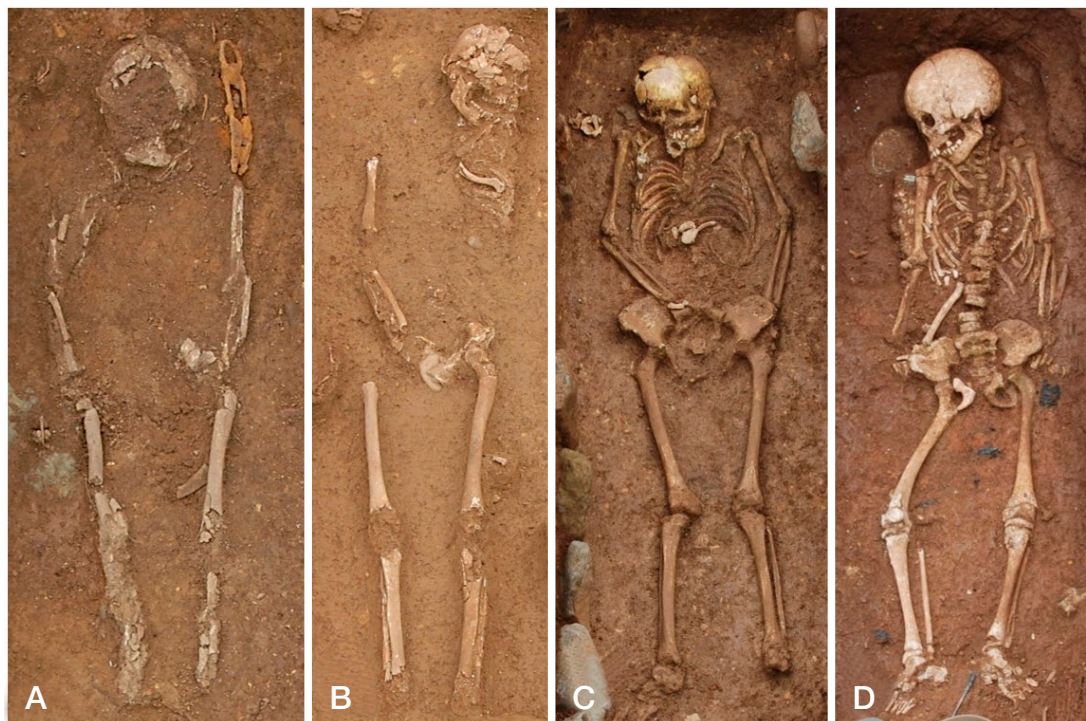


Fig. 1. The skeletal remains of the Koryeo period discovered in Youngwol, Gangwon-do. (A) Skeletal Remain No. 1, (B) Skeletal Remain No. 3, (C) Skeletal Remain No. 7, and (D) Skeletal Remain No. 9.

Table 1. PCR primer set used in this study

Set	Primer	Sequence (5' to 3')	Amplicon size (bp)
HV1A	F15971 R16237	TTA ACT CCA CCA TTA GCA CC TGT GTG ATA GTT GAG GGT TG	267
HV1B	F16144 R16410	TGA CCA CCT GTA GTA CAT AA GAG GAT GGT GGT CAA GGG AC	267
HV2A	F15 R240	CAC CCT ATT AAC CAC TCA CG TAT TAT TAT GTC CTA CAA GCA	226
HV2B	F155 R389	TAT TTA TCG CAC CTA CGT TC CTG GTT AGG CTG GTG TTA GG	235
VR2	F403 R569	TCT TTT GGC GGT ATG CAC TTT GGT GTA TTT GGG GTT TGG TTG	167
MPS2A	F16190 R16322	CCC CAT GCT TAC AAG CAA GT TGG CTT TAT GTA CTA TGT AC	133
MPS2B	F16268 R16410	CAC TAG GAT ACC AAC AAA CC GAG GAT GGT GGT CAA GGG AC	143

를 일부 잘라낸 후 조각 뼈의 표면을 멸균된 톱날과 손 드릴을 이용하여 일부 깎아내고 0.5% 치아염소산나트륨을 이용하여 멸균 및 표백 처리를 한 후 클린벤치에서 자외선을 조사하며 건조시켰다. 건조시킨 뼈는 UVB를 20분간 조사한 후 Spex 6700 Freezer mill (Spex Industries Inc., Edison, NJ, USA) 장비를 사용하여 분말로 만들었다.

고DNA추출을 위해, 0.5 g의 뼈 분말을 lysis buffer (50 mM EDTA, 1% SDS, 1 mg/mL Proteinase K, 0.1 M DTT)에 넣고 56°C에서 24시간 동안 반응하여 용해시켰다. 반응이 끝난 후 lysis buffer와 같은 양의 phenol:chloroform:isoamylalcohol (25:24:1) 용액을 넣고 혼합한 후 원심분리기를 이용하여 DNA가 용해되어 있는 상층액을 분리하였다. 분리된 상층액은 동량의 chloroform:isoamylalcohol (24:1)과 혼합하고 다시 원심분리하여 페놀이 제거된 상층액을 회수한 후 PCR purification kit (Qiagen, Germany)를 이용하여 상층액에 포함된 DNA를 분리 및 정제하고, 3차 증류수를 이용하여 회수하였다. 회수된 고DNA는 spectrophotometer를 이용하여 정량한 후 -20°C 냉동실에 보관하였다.

미토콘드리아 DNA (mtDNA)의 hypervariable region (HVR) 서열을 증폭하기 위하여 추출한 고DNA (40 ng)를 primer [16]와 함께 AmpliTaq Gold[®] 360 Master Mix (Thermo Fisher Scientific, Massachusetts, USA)와 혼합한 다음, PTC-200 DNA Engine (Bio-Rad, Laboratories, Hercules, CA) PCR machine을 이용하여 중합효소연쇄반응(PCR)을 진행하였다(Table 1). PCR 반응은 95°C에서 10분간 변성 전 처리(pre-denaturation)를 한 후, 95°C에서 30초간 변성(denaturation), 50°C에서 30초간 결합(annealing), 72°C에서 30

초간 연장(extension) 반응을 1회로 하여 총 40회 반복하였다. PCR 반응을 마친 후 2.5% agarose gel을 이용하여 전기영동 하고 Ethidium Bromide를 이용해 agarose gel을 염색한 후 UV transilluminator와 CCD 카메라를 이용하여 증폭 산물을 확인하였다.

확인한 증폭산물은 gel extraction kit (Qiagen, Germany)를 이용하여 agarose gel에서 추출하여 pGEM-T easy vector system (Promega, USA)를 이용하여 벡터에 삽입하며 이후 ECOS101 competent cell (YB Biotech, Taipei, Taiwan)에 형질전환(transformation)하였다. 박테리아는 X-gal이 혼합된 고체배지에서 선별 배양한 후 다시 액체 배지에 옮겨 12시간 배양하며 plasmid mini kit (Qiagen, Germany)를 이용해 플라스미드(plasmid)를 추출하였다.

염기서열분석은 DNA Sequencing kit (BigDye Terminator, Applied Biosystems, USA)과 ABI PRISM 3130 Genetic Analyzer를 사용하여 진행하였으며, 분석결과는 MEGA7 [17]를 이용하여 공통서열(consensus sequence)을 확인한 후 revised Cambridge Reference Sequence (rCRS; accession number: NC_012920)와 비교하여 haplotype을 확인하고, mtDNA 분석 소프트웨어인 MitoTool [18]과 Jameslick [19], mtManager [20] 이용하여 haplogroup을 추정하였다(Fig. 2).

결 과

강원도 영월지방에서 출토된 고려시대 사람 뼈 4 개체의 넙다리뼈에서 추출한 유전자를 이용하여 mtDNA의 HVR

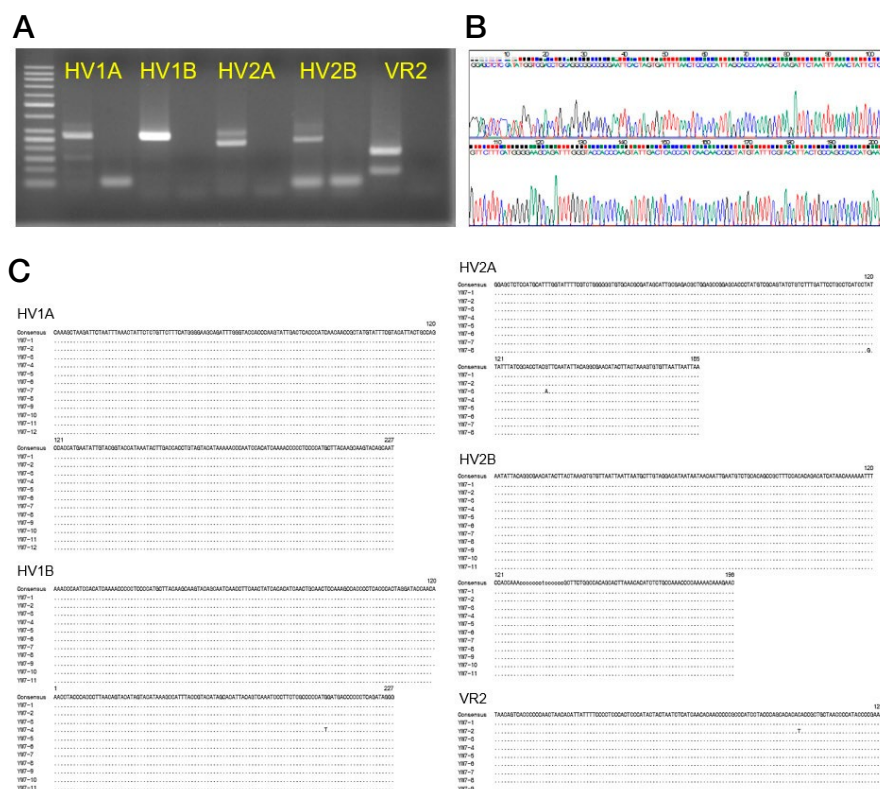


Fig. 2. A brief example of the genetic analysis procedure. (A) PCR result, (B) Conformation of electropherogram result, (C) Determination of consensus sequence by aligning nucleotide sequences.

Table 2. mtDNA Haplotype and haplogroup

Subject	Hypervariable region			Haplogroup (Control region)
	HVR (15991-16390)	HVR2 (35-369)	HVR3 (424-548)	
YW-1	16223T 16362C	73G 194T 263G 309.1C 315.1C	489C 522del 523del	D4b2b
YW-3	16093C 16176T 16223T 16362C	73G 94A 194T 263G 309.1C 315.1C	489C	D4e1a1
YW-7	16223T 16362C	73G 263G 315.1C	489C 522del 523del	D4
YW-9	16129A 16223T 16257A 16261T	73G 150T 171A 263G 309.1C 315.1C	rCRS	N9a1'3
Researcher 1	16172C 16174T 16223T 16362C	73G 263G 309.1C 315.1C		N10
Researcher 2	16183C 16189C 16220C 16254G 16298C 16362C	73G 249d 263G 315.1C		F3b
Researcher 3	16129A 16182C 16183C 16189C 16232A 16249C 16304C 16311C 16344T	73G 152C 249d 263G 315.1C		F1b1a

서열 증폭을 실시하였다. HVR 서열 중 일부 구간을 증폭한 결과 133 bp에서 267 bp까지의 증폭 산물을 모든 샘플에서 확인할 수 있어, 성공적으로 유전자 증폭이 이루어진 것을 확인할 수 있었다(Fig. 2A).

증폭산물을 이용한 클로닝과 시퀀싱 작업에서는 총 264 개의 콜로니(colony)로부터 플라스미드를 추출하여 염기서열 분석작업이 진행되었다. 분석된 염기서열은 전기영동도(electropherogram)를 확인하여 이중 오염이 되지 않은 205개의 염기서열을 확보할 수 있었고(Fig. 2B), 이 서열을 정렬하

여 각 증폭 부위에 해당하는 공통서열을 확보할 수 있었다(Fig. 2C).

이러한 방법으로 확보된 공통서열은 사람 mtDNA의 참고서열인 rCRS와 비교하였고, 이러한 과정을 통하여 각 개체의 고려시대 사람 뼈에서 확인된 haplotype은 모두 서로 같지 않았으며, 연구자 haplotype과 비교해서도 일치된 결과가 없어 연구자 및 샘플 상호 간의 오염은 없는 것으로 확인되었다(Table 2). Haplotype을 기초로 판정된 haplogroup은

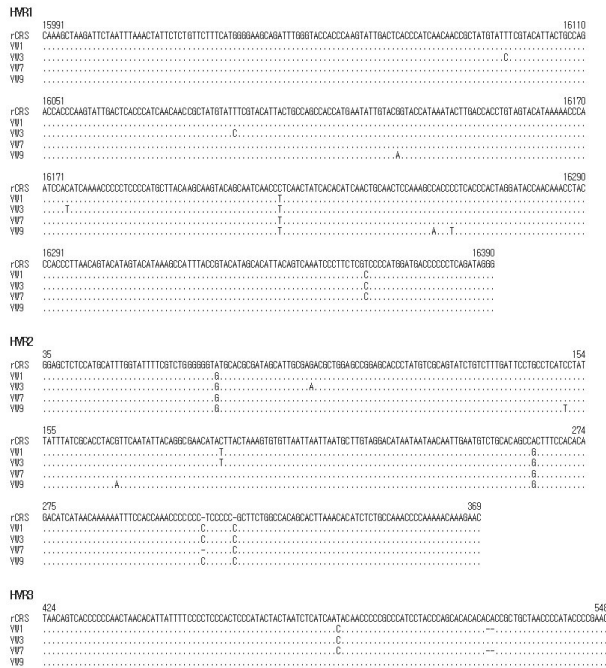


Fig. 3. Comparison of mtDNA Sequences between rCRS and HVR sequences obtained from skeletal remains.

영월 1호가 D4b2b, 3호는 D4e1a1, 7호는 D4, 그리고 9호는 N9a1'3로 동아시아인에서 많이 확인되는 haplogroup이었다 (Table 2).

고 찰

고고학 현장에서 발견된 사람 뼈 등 이전 시대에 살았던 사람들의 유해에 대한 연구는 피장자가 살았던 동시대의 환경과 매장풍습, 식생활 등 인류학적 연구에 많은 도움이 되었다[2,4,21]. 특히 이 중 고DNA 연구는 피장자의 성별, 혈액형, 모발의 특징과 같은 개인의 유전적 특징뿐만 아니라 [1,22,23], 유전자와 관련된 질환 검사[5,24], 박테리아 또는 바이러스와 같은 감염성 미생물의 분석 등 고병리학적 연구 [6,25] 등 다양한 분야에서 활용되어 왔다. 하지만 대부분의 경우 이러한 연구가 조선시대에 국한되어 있어, 이전시대에 대한 생활상을 이해하는 데에는 어려움이 많았다.

이러한 상황에서 본 연구진은 부족한 고려시대 사람에 대한 유전자 정보를 얻기 위하여 고려시대 사람 4개체분의 사람 뼈에서 미토콘드리아DNA (mtDNA)의 hypervariable region을 분석을 진행하였고 이들의 유전정보를 획득하는 성과를 올릴 수 있었다. 특히 다형성(polymorphism)을 나타내는 부위인 hypervariable region에서 나타나는 염기서열의 다

양성을 분석하여 haplogroup을 구분할 수 있었다. mtDNA를 이용한 haplogroup의 구분은 사람의 이주 및 기원을 연구할 때 일반적으로 많이 이용되고있다. 계통발생학적으로 가장 오래된 haplogroup은 아프리카에서 발견된 haplogroup L이며, 이 group의 sub-haplogroup L3가 아프리카 지역을 벗어나 유럽 및 아시아로 이동했을 것으로 추정한다[26-28]. sub-haplogroup L3는 다시 macrohaplogroup인 M과 N으로 나뉘어지며[29,30], macrohaplogroup M, N은 동아시아에서 haplogroup D, E, G, Q, A, N9 등으로 나누어진단다[31]. 본 연구결과에서 확인된 고려시대인의 haplogroup은 D4b2b, D4e1a1, D4, N9a1'3로 판정되었는데, 특히 haplogroup D4의 경우 한국을 포함한 동아시아 지역에서 높은 빈도로 확인되는 그룹이다[7,32]. 고려시대 사람 뼈 4개중 3개체가 haplotype D4에 속한 것을 생각한다면, 비록 이 연구결과로 통계 분석을 수행하기에는 어렵다고 할지라도 고려시대에서도 D4의 비율이 현대의 동아시아인과 같이 높다는 것을 가정해 볼 수 있으며, 이는 향후 더 많은 고려시대 사람 뼈에 대한 유전자 분석을 통해 확인될 수 있을 것이다.

본 연구는 고려시대인을 대상으로 하여 국내에서 매우 드물게 수행한 유전자 분석결과이지만 본 연구에서 이용된 샘플이 강원도 영월지방에서 출토된 것에 한정되어 있고, 샘플의 수도 적기 때문에 유전형에 대한 시대적, 지리적 분석 등 추가 분석은 진행할 수 없었다. 하지만 본 연구를 통해 확보된 고려시대 사람의 고DNA 자료를 바탕으로 향후 더 많은 유전자 정보가 모인다면 한국인의 기원 연구와 유전적 특성 및 그 역사적 변천에 대해 보다 다양하고 풍부한 해석을 가능케 할 것으로 기대된다.

REFERENCES

- Oh CS, Shin DH, Hong JH, Lee SD, Lee E. Single-nucleotide polymorphism analyses on ABCC11, EDAR, FGFR2, and ABO genotypes of mummified people of the Joseon Dynasty, South Korea. *Anthropol Sci.* 2018; 126:67-73.
- Oh CS, Koh BJ, Yoo DS, Park JB, Min SR, Kim YS, et al. Joseon funerary texts tested using ancient DNA analysis of a Korean mummy. *Anat Rec.* 2015; 298:1191-207.
- Oh CS, Lee SD, Kim YS, Shin DH. The use and effectiveness of triple multiplex system for coding region single nucleotide polymorphism in mitochondrial DNA typing of archaeologically obtained human skeletons from premodern Joseon tombs of Korea. *Biomed Res Int.* 2015 Aug 6. doi: 10.1155/2015/850648.
- Lee WJ, Woo EJ, Oh CS, Yoo JA, Kim YS, Hong JH, et al. Bio-anthropological studies on human skeletons from the

- 6th century tomb of ancient Silla kingdom in South Korea. PLoS One. 2016 Jun 1. doi: 10.1371/journal.pone.0156632.
5. Shin DH, Oh CS, Hong JH, Kim Y, Lee SD, Lee E. Paleogenetic study on the 17th century Korean mummy with atherosclerotic cardiovascular disease. PLoS One. 2017 Aug 16. doi: 10.1371/journal.pone.0183098.
6. Shin DH, Oh CS, Hong JH, Lee H, Lee SD, Lee E. *Helicobacter pylori* DNA obtained from the stomach specimens of two 17th century Korean mummies. Anthropol Anz. 2018; 75:75-87.
7. Jee SH, Kim YJ, Jung YJ, Seo MS, Park YJ. A paleogenetic analysis of human skeletal remains from the Myeongam-ri site, Asan in Korea. J Conserv Sci. 2008; 23:81-93. Korean.
8. Kim YS, Oh CS, Lee SJ, Kim MJ, Choi SG, Min SR, et al. Construction of medieval skeleton collections with human remains from tombs of Goryeo dynasty, Korea. Korean J Phys Anthropol. 2010; 23:113-23. Korean.
9. Kim YJ, Kim SH, Jo EM, Lee JW. Mitochondrial DNA analysis of human skeletal remains excavated from Myungam-ri site in Asan, Korea. J Conserv Sci. 2015; 36:33-48. Korean.
10. Dabney J, Meyer M, Pääbo S. Ancient DNA damage. Cold Spring Harb Perspect Biol. 2013 Jul 1. doi: 10.1101/cshperspect.a012567.
11. Oh CS, Lee SJ, Park JB, Lee SD, Seo SB, Kim HY, et al. Autosomal short tandem repeat analysis of ancient DNA by coupled use of mini- and conventional STR kits. J Forensic Sci. 2012; 57:820-5.
12. Oh CS, Lee SD, Shin KJ, Shin DH. Effectiveness of coupled application of AmpFISTR Yfiler Kit and reduced size Y-chromosomal short tandem repeat analysis for archeological human bones. J Forensic Sci. 2016; 61:430-8.
13. Woo EJ, Jung HW, Oh JH. A study of human skeletal remains from a cremation burial of the Koryo period. Yaeogogohag. 2017; 29:71-96.
14. Hofreiter M, Serre D, Poinar HN, Kuch M, Pääbo S. Ancient DNA. Nat Rev Genet. 2001; 2:353-9.
15. Willerslev E, Cooper A. Ancient DNA. Proc Biol Sci. 2005; 272:3-16.
16. Holland MM. Molecular analysis of the human mitochondrial DNA control region for forensic identity testing. Curr Protoc Hum Genet. 2012 Jul. doi: 10.1002/0471142905.hg1407s74.
17. Kumar S, Stecher G, Tamura K. MEGA7: Molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. Mol Biol Evol. 2016; 33:1870-4.
18. Fan L, Yao YG. MitoTool: a web server for the analysis and retrieval of human mitochondrial DNA sequence variations. Mitochondrion. 2011; 11:351-6.
19. Aulicino ED. Genetic Genealogy: The Basics and Beyond. Arlington, Virginia: National Genealogical Society; 2013. p. 32.
20. Lee HY, Song I, Ha E, Cho SB, Yang WI, Shin KJ. mtDNAmanager: a Web-based tool for the management and quality analysis of mitochondrial DNA control-region sequences. BMC Bioinformatics. 2008 Nov 17. doi: 10.1186/1471-2105-9-483.
21. Yu JA, Oh CS, Hong JH, Min SR, Oh SW, Kim YS, et al. Stable isotope analysis of Joseon people skeletons from the cemeteries of Old Seoul City, the capital of Joseon Dynasty. Anat Cell Biol. 2014; 47:244-52.
22. Kim NY, Lee HY, Park MJ, Yang WI, Shin KJ. A genetic investigation of Korean mummies from the Joseon Dynasty. Mol Biol Rep. 2011; 38:115-21.
23. Kim YS, Oh CS, Lee SJ, Park JB, Kim MJ, Shin DH. Sex determination of Joseon people skeletons based on anatomical, cultural and molecular clues. Ann Anat. 2011; 193:539-43.
24. HersHKovitz I, Spigelman M, Lim DS, Lee IS, Oh CS, May H, et al. A possible case of Cherubism in a 17th-century Korean female mummy. PLoS One. 2014 Aug 5. doi: 10.1371/journal.pone.0102441.
25. Kahila BG, Kim MJ, Klein A, Shin DH, Oh CS, Kim JW, et al. Tracing hepatitis B virus to the 16th century in a Korean mummy. Hepatology. 2012; 56:1671-80.
26. Macaulay V, Hill C, Achilli A, Rengo C, Clarke D, Meehan W, et al. Single, rapid coastal settlement of Asia revealed by analysis of complete mitochondrial genomes. Science. 2005; 308:1034-6.
27. Kivisild T, Tolk HV, Parik J, Wang Y, Papiha SS, Bandelt HJ, et al. The emerging limbs and twigs of the East Asian mtDNA tree. Mol Biol Evol. 2002; 19:1737-51.
28. Torroni A, Achilli A, Macaulay V, Richards M, Bandelt HJ. Harvesting the fruit of the human mtDNA tree. Trends Genet. 2006; 22:339-45.
29. Salas A, Carracedo A, Macaulay V, Richards M, Bandelt HJ. A practical guide to mitochondrial DNA error prevention in clinical, forensic, and population genetics. Biochem Biophys Res Commun. 2005; 335:891-9.
30. Kivisild T, Tolk HV, Parik J, Wang Y, Papiha SS, Bandelt HJ, et al. The emerging limbs and twigs of the East Asian mtDNA tree. Mol Biol Evol. 2002; 19:1737-51.
31. Metspalu M, Kivisild T, Metspalu E, Parik J, Hudjashov G, Kaldma K, et al. Most of the extant mtDNA boundaries in south and southwest Asia were likely shaped during the initial settlement of Eurasia by anatomically modern humans. BMC Genet. 2004; 5:26.
32. Tanaka M, Cabrera VM, González AM, Larruga JM, Takeyasu T, Fuku N, et al. Mitochondrial genome variation in eastern Asia and the peopling of Japan. Genome Res. 2004; 14:1832-50.

간추림 : 고고학 발굴 현장에서는 다양한 시대의 사람 뼈가 출토되고 있으며, 이를 이용한 다방면의 연구가 진행되고 있다. 하지만 다른 시대의 사람 뼈에 대한 연구에 비하여 고려시대 사람 뼈는 확인되는 사례도 많지 않아 이에 대한 유전학적 연구가 거의 전무한 실정이다. 이에 본 연구진은 강원도 영월에서 발굴된 4개체의 고려시대 사람 뼈를 대상으로 유전학적 검사를 시도하여 mtDNA haplogroup을 분석하였고, 이를 통해 확인된 고려시대인의 haplogroup은 D4b2b, D4e1a1, D4, N9a1'3였다. 이 연구 결과는 고려시대 사람 뼈를 유전학적으로 분석한 매우 드문 사례이기 때문에 우리나라 옛사람 뼈를 대상으로 유전적 특징을 검토하는 연구자들에게는 좋은 기초자료가 될 것이다.

찾아보기 낱말 : 체질인류학, 고려시대, 고DNA, 강원도, 미토콘드리아 DNA