

석사학위논문

제주도 고대 유적지로부터 발굴된
동물 뼈의
mitochondria DNA의 유전분석



제주대학교 중앙도서관
JEJU NATIONAL UNIVERSITY LIBRARY

제주대학교 대학원
생명과학과

김 재 환

2003년 12월

제주도 고대 유적지로부터 발굴된
동물 뼈의
mitochondria DNA의 유전분석

지도교수 : 오 문 유

김 재 환

이 논문을 이학 석사학위 논문으로 제출함



김재환의 이학 석사학위 논문을 인준함

심사위원장 _____ 인

위 원 _____ 인

위 원 _____ 인

제주대학교 대학원

2003년 12월

**Genetic Analysis of the Mitochondrial DNA
of Animal Bones
Excavated from Archaeological Sites
in Jeju, Korea**

Jea-Hwan Kim

(Supervised by Professor Moon-You Oh)



**A THESIS SUBMITTED IN PARTIAL FULFILLMENT
OF THE REQUIREMENTS FOR THE DEGREE OF
MASTER OF SCIENCE**

**DEPARTMENT OF LIFE SCIENCE
GRADUATE SCHOOL
CHEJU NATIONAL UNIVERSITY**

December, 2003

ABSTRACT

Ancient DNA was extracted from cattle and wild boar bones and compared with the sequences of extant cattle and pig breeds in a phylogenetic analysis. The animal bones were collected from four archaeological sites on Jeju Island which were estimated to date from between A.D. 0 to A.D. 900. The extracted DNA was used as template for PCR amplification of the mtDNA control region. We determined the nucleotide sequences of the mitochondrial DNA (mtDNA) control region using cloning and sequencing, and obtained the complete sequence from the cattle bones and a partial sequence (305 bp) from the wild boar remains. In addition, we determined the nucleotide sequences of Jeju native black cattle, Korean cattle, and Korean wild boar. The ancient sequences of the mtDNA control region were compared with previously reported sequences. The cattle bones were compared with 12 Asian, 8 European, and 3 African breeds. The wild boar bones were compared with 10 Asian breeds (including 3 wild boars) and 8 European breeds (including 2 wild boars). In the phylogenetic analysis, the four cattle bones formed a monophyletic group with Jeju native black cattle. However, the pattern of sequence variation and reports from the archaeological sites suggest that a few wild cattle that possessed a distinct maternal lineage existed on Jeju Island. The bones of the eight wild boars were more closely related to the Meishan pig and to Korean and Japanese wild boars than to any other pig breeds, including the Jeju native black. This relationship suggests that in the past two maternal lineages existed on Jeju Island, wild and domestic forms. Our results will contribute to further studies on the origin of Jeju native cattle and pigs and the existence of local wild cattle and wild boar.

Key word : ancient DNA, archaeological, cattle, control region, mitochondrial DNA, monophyletic, origin, phylogenetic, wild boar

목 차

ABSTRACT	i
목 차	ii
LIST OF FIGURES	iii
LIST OF TABLES	v
I. 서 론	1
II. 재료 및 방법	4
1. 실험재료	
2. 실험재료의 전 처리	
3. DNA 추출 및 정제	
4. 미토콘드리아 DNA 조절부위의 증폭	
5. 클로닝 및 염기서열분석	
III. 결 과	12
1. DNA 추출 및 증폭	
2. 미토콘드리아 DNA 조절부위의 염기서열 결정	
3. 계통유전학적 분석	
IV. 고 찰	29
V. 인 용 문 헌	33
VI. 적 요	42

LIST OF FIGURES

Figure 1. Four archaeological sites where the ancient animal remains used in this study were excavated	5
Figure 2. Photographs of the ancient cattle remains	7
Figure 3. Photographs of the ancient wild boar remains	8
Figure 4. Agarose gel electrophoresis patterns of total DNA isolated from the ancient animal remains	13
Figure 5. Agarose gel electrophoresis patterns of the amplified fragments of the mtDNA control region from the ancient animal remains	14
Figure 6. Sequence variation in the control region observed in cattle remains and modern cattle breeds	17
Figure 7. Sequence variation in the partial control region from wild boar remains and modern pig breeds	19
Figure 8. A neighbor-joining tree constructed from the sequences of the cattle remains and the extant cattle breeds	22
Figure 9. A strict consensus tree derived from the sequences of the cattle remains and the extant cattle breeds	23

Figure 10. A neighbor-joining tree constructed from the sequences of the wild boar remains and the extant pig breeds 27

Figure 11. A strict consensus tree derived from the sequences of the wild boar remains and the extant pig breeds 28



LIST OF TABLES

Table 1. Characteristics of the animal remains used in this study	8
Table 2. Oligonucleotide sequences of the primers used in this study	11
Table 3. Comparison of the sequences of the mtDNA control region from the cattle remains and other cattle breeds	17
Table 4. Comparison of the partial sequences of the mtDNA control region from the wild boar remains and other pig breeds	18
Table 5. Genetic distances of the control region for the cattle remains and modern cattle breeds	21
Table 6. Genetic distances of the control region for the wild boar remains and modern pig breeds	23

서 론

소와 돼지는 아시아를 포함한 유럽, 아메리카, 아프리카 등에 넓게 분포하고 있으며, 현재 전 세계적으로 인간생활과 밀접하게 연관되어 있는 가축들 중에 가장 중요한 위치를 차지하고 있다. 이들은 우제목 (Artiodactyla)에 속하는데, 소는 소과 (Bovidae), *Bos* 속에 속하며, 크게 *B. taurus* 와 *B. indicus* 2종으로 분류되고, 돼지는 멧돼지과 (Suidae)에 속하며, *Sus* 속이 아시아 및 유럽에 분포하고 있다. 이 중에서 돼지는 멧돼지 (*S. scrofa*)와 집돼지 (*S. scrofa domestica*)로 나뉘는데, 집돼지의 기원을 멧돼지로 추정하고 있다 (Bökönyi, 1974). Darwin (1868)은 유럽의 가축화된 돼지의 기원을 유럽 멧돼지라고 추정했지만, 아시아에 분포하고 있는 가축화된 돼지의 기원에 대한 연구결과는 보고 되어 있지 않다. 또한, 현재 제주도에는 제주재래흑우, 제주재래황우 및 제주재래흑돈이 사육되고 있으나, 이들의 기원에 관한 분자생물학적인 연구가 거의 이루어지지 않았다.

세계 곳곳의 여러 유적지에서 인간 유골을 포함한 여러 종류의 동물 유골들이 발굴되고 있으며, PCR (polymerase chain reaction), DNA Sequencing과 같은 분자생물학적인 기법을 이용하여 종의 동정과 현존하는 생물들과의 진화적인 연관성 및 계통유전학적인 분석 등이 이루어지고 있다. 1984년 Higuchi 등은 현재는 멸종된 quagga (*Equus quagga*)의 조직으로부터 DNA를 추출하였고, 그것으로부터 mtDNA의 염기서열을 분석한 결과 현존하는 zebra와 가까운 유연관계임을 밝혔다. 또한 Pääbo (1985)는 2,400년 전의 이집트 미라로부터 DNA를 추출하여 염기서열을 분석하는데 성공하였다. 그 후 다양한 고대 생물들의 뼈, 치아 그리고 뇌 등 여러 조직으로부터 DNA 분석을 통한 연구들이 수행되었다 (Doran *et al.*, 1986; Merriwether *et al.*, 1994; Faerman *et al.*, 1998).

고대유골로부터 DNA를 추출하고 분석하는 연구에는 많은 어려움이 존재한다. 첫째, 미생물 혹은 다른 생물체의 DNA에 의해서 오염될 가능성이 매우 높다. 따라서 오염가능성을 줄이기 위한 여러 방법들이 시도되고 있다 (Handt *et al.*, 1994; Richards and Sykes, 1995). 둘째, 고대 유골의 DNA는 물, 산소, 온도 등에 의한 분해 및 산화에 의해 절편화되거나 염기구조에 변화가 발생한다 (Lindahl, 1993;

Hoss *et al.*, 1996). 이런 이유로 한 세포내에 single-copy로 존재하는 핵 DNA보다는 수백 copy로 존재하는 미토콘드리아 DNA (mtDNA)의 분석이 고대유골의 분자유전학적 분석에 널리 사용되고 있다.

미토콘드리아 DNA는 특이적으로 모계유전 형태를 보이고 (Giles *et al.*, 1980; Kavar *et al.*, 1999), 재조합 현상이 발생하지 않으며, 핵 DNA보다 10배 이상 빠른 염기변이율을 나타낸다 (Brown *et al.*, 1979; Wilson *et al.*, 1985; Avise, 1986). 특히 조절부위의 염기치환율은 미토콘드리아 DNA 내부의 다른 부위에 비해서 더욱 높다고 알려져 있다 (Aquadro and Greenberg, 1982; Cann *et al.*, 1984). 이러한 여러 이유들 때문에 미토콘드리아의 조절부위는 현존하는 인간 및 동물 집단 사이에서 진화적, 계통유전학적 유연관계의 분석뿐만 아니라 고대유골의 분자유전학적인 분석에서도 유용한 표지유전자로 사용되고 있다 (Oh *et al.*, 1994; Cook *et al.*, 1999; Jung *et al.*, 2002).

미토콘드리아 DNA의 분석을 통한 품종들 간의 계통유전학적 연구 (Okumura *et al.*, 1996; Mannen *et al.*, 1998; Huang *et al.*, 1999)와 모색과 연관된 핵 DNA 내 MC1R (melanocortin receptor 1) 유전자의 염기서열을 토대로 각각의 품종들 간의 표지인자의 규명을 위한 연구 (Klungland *et al.*, 1995; Kijas *et al.*, 1998; 2001; Lee *et al.*, 2000) 등, 소와 돼지에 대한 많은 연구들이 수행되었다. 특히 유적지에서 발굴되는 동물유골과 현존하는 동물들과의 계통유전학적 유연관계를 밝힘으로써 모계 혈통의 이동경로 및 기원 등을 추정하는 연구결과들이 보고 된 바 있다 (Troy *et al.*, 2001; Watanobe *et al.*, 2001, 2002).

한편, 보고에 의하면 구석기시대로부터 신석기, 청동기 및 철기 시대에 이르기 까지 다양한 시기에 형성된 여러 유적지들이 제주도의 여러 곳에서 발견되었다. 특히, 광지 유적지는 초기 철기시대 (B.C. 200)부터 고려, 조선시대의 유물들이 층위별로 발굴됨으로써 상고문화의 변천과정을 연구하는데 중요한 자료를 제공하고 있다 (Cheju National University Museum, 1997). 이들 각각의 유적지에서 우제목 (Artiodactyla)에 속하는 소, 멧돼지, 사슴 등의 뼈, 치아, 뿔 등 다양한 부위의 유골들이 다량으로 발굴, 보고 되었다 (Shin *et al.*, 1992, 1996; Kim *et al.*, 2002; Kim *et al.*, 2002). 특히 Jung 등 (2002)은 광지 유적지로부터 발굴된 말뼈로부터 mtDNA의 염기서열을 분석하였으며, 현재까지 제시된 제주재래마의 기원에 대한 제조명의 필

요성을 시사하였다. 하지만 이를 제외한 거의 모든 연구는 형태학적, 골학적 연구에 의존하고 있을 뿐 유전자 분석을 포함한 분자유전학적인 연구는 전무한 실정이다.

본 연구에서는 제주도의 금성, 고내, 광지 및 김녕 유적지에서 발굴된 동물 뼈 대한 골학적 분석을 바탕으로 동정된 소와 멧돼지의 유골로부터 DNA를 추출하여 미토콘드리아 조절부위의 염기서열을 결정하였다. 이를 바탕으로 하여 현존하고 있는 제주재래흑우, 제주재래황우 및 제주재래흑돈을 포함한 여러 재래동물들과 비교, 분석함으로써 제주도의 재래가축과의 연관성 분석 및 이미 보고 되어 있는 종들과의 계통유전학적 유연관계를 분석하였다.



재료 및 방법

실험재료

제주도 내 금성, 고내, 광지 및 김녕 유적지 (0-9C A.D.)에서 발굴되어 학자들에 의해 형태학적으로 분석, 확인된 소의 뼈 및 치아와 멧돼지의 하악골 및 치아를 제주대학교 박물관과 제주 민속 자연사 박물관으로부터 제공받아 실험재료로 사용하였다 (Fig. 1-3, Table 1).

실험재료의 전 처리

실험재료의 오염을 최소화하기 위해 송곳, 칼 혹은 드릴을 이용하여 표면층과 흙을 제거한 후 뼈는 얇게 조각내어 7-10 시간 동안 자외선 (UV)을 쬐었다. 또한 석회질을 제거하기 위하여 10배의 0.5 M EDTA (pH 8.5)를 첨가 후, 37°C에서 72시간 동안 반응시켰으며, 24 시간마다 새로운 EDTA로 교체하였다.

DNA 추출 및 정제

DNA 추출은 Graham (1978)과 Maniatis 등 (1982)의 방법을 변형하여 사용하였다. 시료 1-1.5 g에 10배의 DNA 추출 용액 (0.5 M EDTA, pH 8.0; 0.1% SDS; 100 μ g/ml proteinase K; 0.5% N-lauroylsarcosine)을 첨가하여 37°C에서 17 시간 동안 shaking incubator (150 rpm)에서 진탕 배양하였다. 여기에 같은 양의 페놀을 처리하여 원심 분리한 후 상정액을 회수하였고, 회수된 상정액에 같은 양의 페놀/클로로포름 (1:1)과 페놀/클로로포름/이소아밀알코올 (25:24:1)을 각각 처리한 후 상정액을 회수하였다. 그 후 동량의 이소프로판올을 첨가하고 -20°C에서 24 시간 동안 보관하여 DNA를 침전시켰으며, 70% 에탄올을 이용하여 세척하였다. 여기에 300 μ l의 TE 완충액을 첨가하여 DNA를 용해하였다. 아가로오스 겔에서 전기영동 하고, ethidium bromide로 염색한 후 자외선 조사기에서 일차적으로 확인하였다. 추출된 DNA는 밀도구배 원심분리 방법 (Sambrook *et al.*, 1989)과 QIAquick Gel Extraction

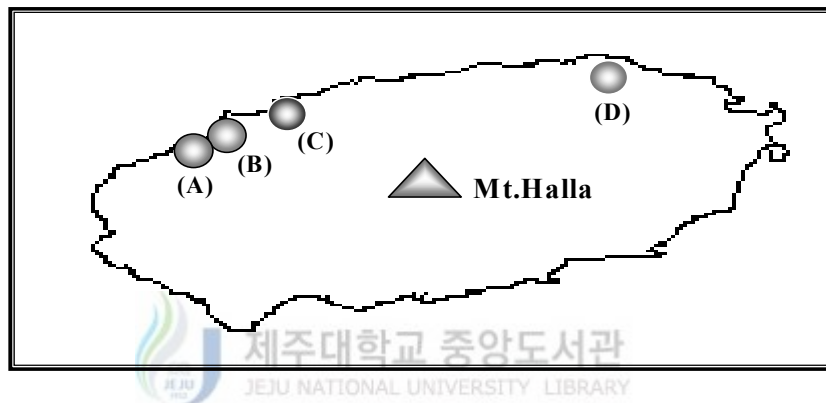


Figure 1. Four archaeological sites where the ancient animal remains in this study were excavated. (A)-(D) indicate the positions of Kumsung, Kwakji, Gonae and Kimnyung site in Jeju Island, respectively.

Table 1. Characteristics of the animal remains used in this study

Species	Specimens	Archaeological sites	Age (suspected)
<i>Bos spp.</i>	Humerus	Gonae	A.D. 700-800
	Radius-1	Kwakji (IV*)	A.D. 800-900
	Radius-2	Kwakji (IV*)	A.D. 800-900
	Tooth	Kwakji (II*)	A.D. 0-200
<i>Sus spp.</i>	Tooth (mandible)-I	Kwakji (II*)	A.D. 0-200
	Tooth-1	Kumsung	A.D. 0
	Tooth (mandible)-2	Kumsung	A.D. 0
	Tooth-3	Kumsung	A.D. 0
	Tooth (mandible)-4	Kumsung	A.D. 0
	Tooth (mandible)-5	Kumsung	A.D. 0
	Tooth-A	Kimnyung	A.D. 0-500
	Tooth-B	Kimnyung	A.D. 0-500

*II and IV indicate the positions in Kwakji archaeological site where animal remains were found.

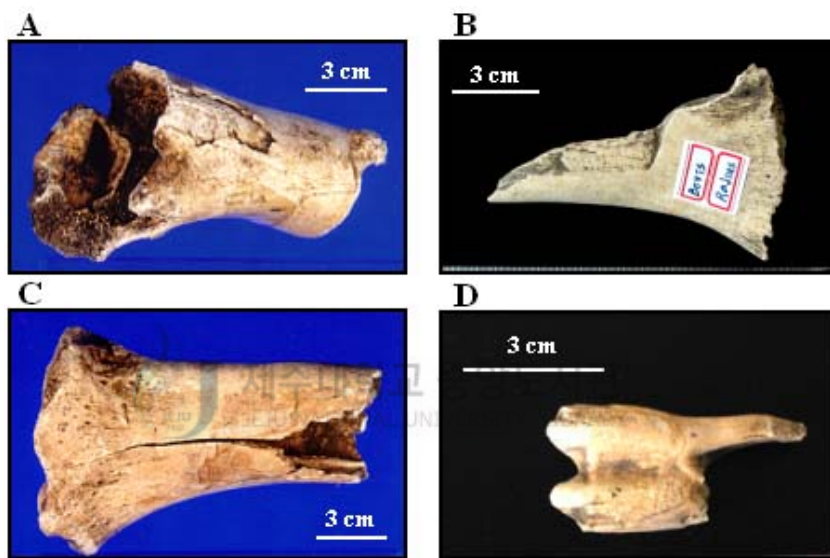


Figure 2. Photographs of the ancient cattle remains. Humerus fragment from Gonae (A); radius fragment (B), (C) and a tooth from Kwakji (D).

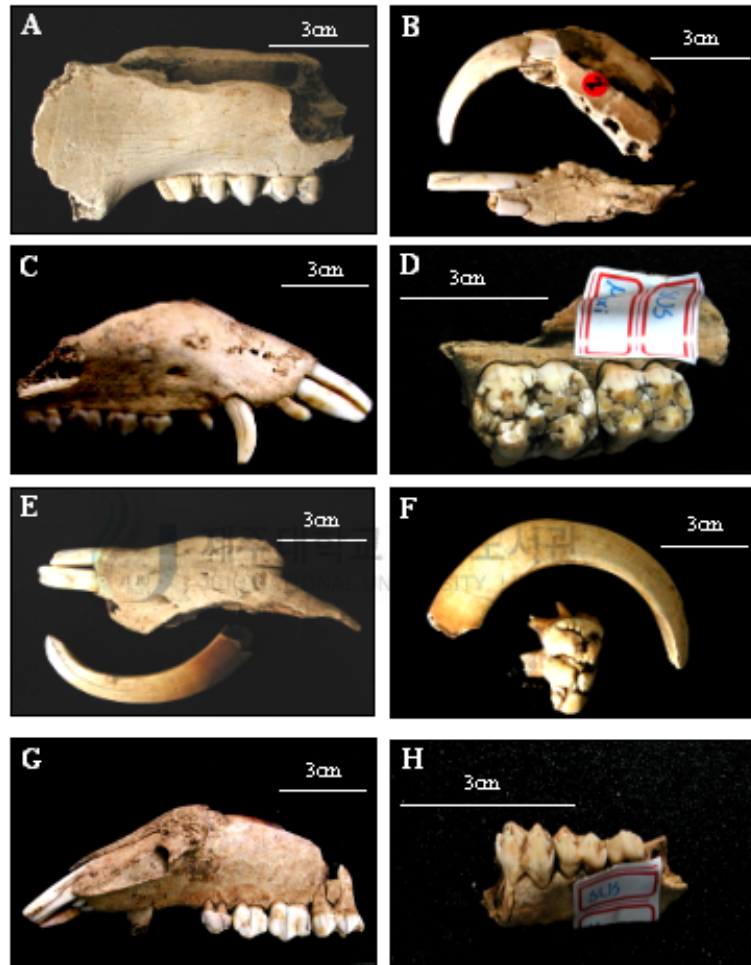


Figure 3. Photographs of the ancient wild boar remains. (A) mandible from Kwakji; (B)-(F) teeth and mandibles from Kumsung; (G) and (H) teeth and mandibles from Kimnyung.

Kit (QIAGEN, Germany)를 각각 사용하여 정제하였다. 정제된 DNA는 아가로오스 겔에서 5 μ l 전기영동 후 최종 확인하였으며, PCR을 위한 주형으로 사용하였다.

미토콘드리아 DNA 조절부위의 증폭

미토콘드리아 DNA의 조절부위를 증폭하기 위해서, 소를 위한 시발체는 이미 보고 되어 있는 소의 염기서열을 토대로 제작하였으며 (Anderson *et al.*, 1982), 돼지는 앞서 Watanobe 등 (2001)이 제작한 시발체를 사용하였다 (Table 2). 각각의 PCR 반응은 *Taq* DNA 중합효소 (Promega, USA) 2.5 unit, dNTP 0.2 mM, MgCl₂ 1.5 mM, 10× 반응 완충액 (20 mM Tris-HCl, pH 8.0 at 25°C, 100 mM KCl, 0.1 mM EDTA) 2.5 μ l, PCR 시발체 20 pmol, 주형 DNA 2 μ l에 3차 증류수를 첨가하여 전체 25 μ l 반응액으로 실험을 수행하였다. 반응과정에서의 오염을 확인하기 위해 DNA를 첨가하지 않은 반응액을 대조구로 이용하였다. PCR 반응은 GeneAmp PCR System 9600 Thermal Cycler (Perkin-Elmer, USA)를 사용하였으며, 반응조건은 94°C에서 2분간 변성시킨 후 94°C에서 30 초, 55°C에서 45 초, 72°C에서 45 초를 1 회전으로 하여 35 회 반복하였다. 그 후 72°C에서 5 분간 신장시켰다. PCR 산물은 1% 아가로오스 겔 상에서 전기영동하고 ethidium bromide로 염색한 후 자외선 조사기에서 확인하였다. 원하는 크기의 절편만을 회수하기 위해 녹는점이 낮은 아가로오스 겔 상에서 전기영동한 후 GeneClean II System (Bio 101, USA)을 사용하여 겔을 용출시켰다.

클로닝 및 염기서열 분석

PCR 산물은 TOPO TA Cloning Kit (Invitrogen, USA)를 사용하여 vector에 삽입시킨 후 Top 10 F' competent cell 내부로 형질전환 시켰다. 연결은 PCR 산물 0.7 μ l (50 ng), TOPO vector 0.5 μ l, 식염수 용액 (1.2 M NaCl, 0.06 M MgCl₂) 0.5 μ l에 멸균수를 첨가하여 총 반응액이 3 μ l가 되게 한 후 상온에서 15 분 동안 반응시켰다. 형질전환 및 클로닝과정은 제조사의 방법에 따라 수행하였다. 플라스미드의 추출 및 정제는 Minipreps DNA Purification System (Promega, USA)을 이용하였다. 염기서열의 분석은 ALFexpress DNA Sequencer (Pharmacia Biotech, USA) 상에서 Cy5™ AutoCycle™ Sequencing Kit (Pharmacia Biotech, USA)를 이용하여 제조사의 방법

Table 2. Oligonucleotide sequences of the primers used in this study

Species	Names	Sequences	References
<i>Bos spp.</i>	BD-1F*	5'-GACAGGTCTTTGTAGTACAT-3'	This study
	BD-1R*	5'-GTAATTCATTCTGTGGTCTGTG-3'	This study
	BD-2F*	5'-CACAGACCACAGAATGAATTAC-3'	This study
	BD-2R*	5'-GCCCCGAGCGAGAAGAGGGA-3'	This study
	BD-3F*	5'-TCCCTCTTCTCGCTCCGGGC-3'	This study
	BD-3R*	5'-CATTATGCTCCTGCTCAAGATGC-3'	This study
	BD-4F*	5'-GCATCTTGAGCACCAGCATAATG-3'	This study
	BD-4R*	5'-ATGTGTTTATGGAGTTGGGA--3'	This study
<i>Sus spp.</i>	SD-1F	5'-CAGTCAACATGCATATCACC-3'	Watanobe <i>et al.</i> , 2001
	SD-1R	5'-ATGGCTGAGTCCAAGCATCC-3'	Watanobe <i>et al.</i> , 2001

*The primers were designed on the basis of nucleotide sequences of the control region of bovine mtDNA (Anderson *et al.*, 1982).

에 따라 수행하였다. 이 때 7 M 요소-6% 아크릴아마이드 겔 상에서 1500V에서 700 분간 전기영동을 실시하였다. 조절부위 전체서열 및 부분서열은 GenBank database 에 등록되어 있는 *Bos taurus* 및 *Sus scrofa* 종들의 서열들과 비교해서 결정하였다. 결정된 염기서열은 기존에 보고 된 다양한 계통들과 비교/분석하였다. 염기서열 정렬은 CLUSTAL W program (Thompson *et al.*, 1994)을 이용하여 수행하였으며, 유전 적 거리지수 (genetic distance value)는 PHYLIP의 DNADIST program (Felsenstein, 1993; ver. 3.572)에서 transition/transversion의 비율을 2:1로 가정하여 two-parameter method (Kimura, 1980)로 측정하였다. 계통수는 PHYLIP program package의 neighbor-joining method (Saitou and Nei, 1987)를 이용하여 작성하였으며, 계통수의 분지에 대한 신뢰도를 얻기 위한 bootstrap (1000회 반복)은 parsimony 분석에 서 나온 결과를 모두 채택하여 consensus tree를 작성하였다.



결 과

DNA 추출 및 증폭

고내, 광지, 김녕 (괘내기 동굴) 그리고 금성 유적지에서 발굴된 동물 뼈로부터 total DNA를 추출하였다. Figure 4는 소 및 멧돼지로부터 추출된 각각의 ancient DNA로서, 오랜 세월이 지나는 동안 DNA가 분해되어 그 분해된 DNA 절편들이 밴드 밑으로 끌리듯이 보이고, 그 밑으로 보라색 형광이 관찰되었다. 이것은 토양 부식물 내에 존재하는 부식산 (humic acid), 풀빅산 (fulvic acid), 그리고 핵산을 포함한 거대분자의 당 환원의 결과로 생성되는 Maillard product 등으로 고대 시료로부터 DNA 추출 시에 나타나는 현상이다. 이들에 의해서 DNA 추출물이 갈색을 띠게 되는 원인이 되고, PCR 반응을 저해하는 주된 저해제로 작용한다 (Tuross, 1994; Hanni *et al.*, 1995; Kolman and Tuross, 2000). 따라서 이들을 제거하기 위하여 겔 상의 DNA 밴드를 용출시켰다. Figure 5는 소 및 멧돼지 뼈로부터 추출된 total DNA를 주형으로 Table 2에서 제시된 시발체를 사용하여 조절부위를 증폭한 결과이다.

미토콘드리아 DNA 조절부위의 염기서열 결정

1. 소

4개의 화석 뼈로부터 증폭된 각각의 DNA fragment를 cloning 및 DNA sequencing 과정을 통하여 염기서열을 분석하였다. 이들의 서열들을 GenBank database 내에 등록되어 있는 서열들과 비교한 결과 *B. taurus* 종들과 99% 이상의 상동성을 보였다. 조절부위의 염기서열은 Anderson 등 (1982)에 의해서 보고된 소 mtDNA 유전체 서열 (15792-363 사이의 서열)을 바탕으로 결정하였다. ANC-1과 ANC-2는 910 bp, ANC-3은 911 bp, ANC-4는 907 bp로 결정되었다. 특이적으로 ANC-4에서 4개의 염기결실이 확인되었다.

결정된 염기서열과의 비교를 위하여 기존에 보고된 *B. taurus* 종에 속하는 15 품

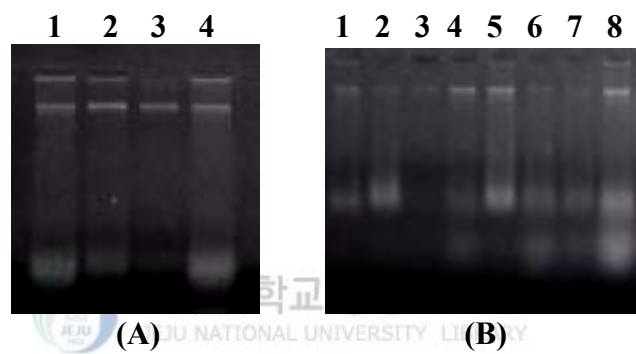
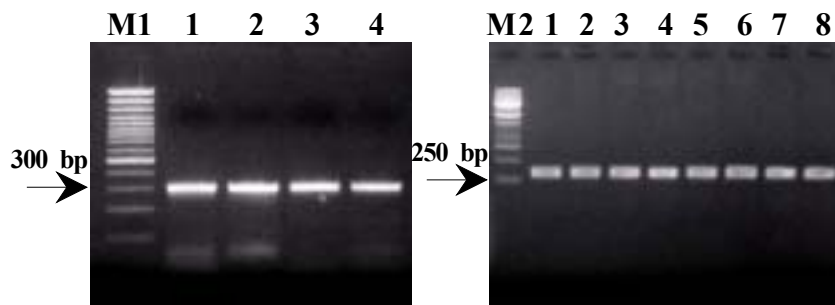


Figure 4. Agarose gel electrophoresis patterns of total DNA isolated from the ancient animal remains. (A) ancient DNA from four cattle remains; (B) ancient DNA from eight wild boar remains.



(A) 제주대학교 중앙도서관 (B)

Figure 5. Agarose gel electrophoresis patterns of the amplified fragments of the mtDNA control region from the ancient animal remains. (A), four amplified fragments (297, 296, 298 and 294 bp) from the cattle remains; (B), eight amplified fragments (305 bp) from the wild boar remains. M1 and M2 are the DNA size-markers, GeneRuler DNA Ladder Mix and GeneRuler 1 kb DNA Ladder.

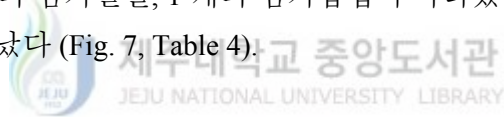
Table 3. Comparison of the sequences of the mtDNA control region from the cattle remains and other cattle breeds

Species	Breeds	Length (bp)	Accession No.	References	Continents
<i>Bos spp.</i>	Humerus (ANC-1)	890	AY298746	<i>This study</i>	
	Radius-1 (ANC-2)	890	AY298747	<i>This study</i>	
	Radius-2 (ANC-2)	891		<i>This study</i>	
	Tooth (ANC-4)	887		<i>This study</i>	
<i>B. taurus</i>	Jeju native black-1 (Jnb-1)	889	AY298748	<i>This study</i>	Asia
	Jeju native black-2 (Jnb-2)	888	AF409046	Kim <i>et al.</i> (2003)	
	Jeju native black-3 (Jnb-3)	888	AF409047	Kim <i>et al.</i> (2003)	
	Jeju native black-4 (Jnb-4)	891	AF409048	Kim <i>et al.</i> (2003)	
	Jeju native brown-1 (Jnb-1)	888	AF409050	Kim <i>et al.</i> (2003)	
	Jeju native brown-2 (Jnb-2)	889	AF409051	Kim <i>et al.</i> (2003)	
	Korean cattle-1 (KC-1)	888	AY298749	<i>This study</i>	
	Korean cattle-2 (KC-2)	889	AF409055	Kim <i>et al.</i> (2003)	
	Korean cattle-3 (KC-3)	889	AF409056	Kim <i>et al.</i> (2003)	
	Korean cattle-4 (KC-4)	889	AF409057	Kim <i>et al.</i> (2003)	
	Japanese black-1 (Jb-1)	888	U87903	Mannen <i>et al.</i> (1998)	
	Japanese black-2 (Jb-2)	889	U87904	Mannen <i>et al.</i> (1998)	
	Holstein (Hol)	888	J01394	Anderson <i>et al.</i> (1982)	Europe
	Limosine (Lim)	889	AF034446	Smith and Moquin (unpublished)	
	Charolais (Cha)	888	L27716	Loftus <i>et al.</i> (1994)	
	Friesian (Fri)	889	L27719	Loftus <i>et al.</i> (1994)	
	Hereford (Her)	889	L27724	Loftus <i>et al.</i> (1994)	
	Simmental (Sim)	888	L27734	Loftus <i>et al.</i> (1994)	
	Jersey (Jer)	888	L27726	Loftus <i>et al.</i> (1994)	
	Aberdeen Angus (Ang)	890	L27713	Loftus <i>et al.</i> (1994)	
Butana (But)	889	L27714	Loftus <i>et al.</i> (1994)	Africa	
Kenana (Ken)	889	L27728	Loftus <i>et al.</i> (1994)		
N'Dama (Dda)	888	L27730	Loftus <i>et al.</i> (1994)		
<i>B. indicus</i>	Hariana (Har)	889	L27722	Loftus <i>et al.</i> (1994)	India

종 (23 개체)을 선정하였으며, *B. indicus* 종인 Hariana를 분석에 포함시켰다 (Table 3). *Bos* 속에 해당하는 대부분의 품종에서 조절부위 양쪽 말단에 22-23 bp가 누락된 채 보고 되어 있기 때문에 그 부분을 제외한 나머지 부분만을 계통유전학적 분석에 사용하였다. 현존하는 24 품종들의 서열과 4 개의 화석 뼈의 서열을 정렬한 결과, 87 개의 염기변이가 나타났으며, 4 개의 화석 뼈로부터 24개의 염기변이가 관찰되었다. 그 중 18 개는 새로 발견한 형태로서, 4 개는 염기결실, 1 개는 염기삽입이며, 나머지 13 개는 염기치환으로 나타났다 (Fig. 6).

2. 멧돼지

증폭된 절편의 서열 분석 결과를 GenBank database 내에서 BLAST search를 수행한 결과, 대부분의 *S. scrofa* 품종들과 99% 이상의 상동성을 보였다. 분석된 염기서열을 기준에 보고 된 18 품종의 서열과 비교한 결과, 전체적으로 36 개의 염기변이가 관찰되었다. 멧돼지 화석 뼈의 서열로부터 17 개가 관찰되었는데, 이 중에서 9 개의 염기치환, 7 개의 염기결실, 1 개의 염기삽입이 나타났다. T-3와 T-4의 염기서열은 동일하게 나타났다 (Fig. 7, Table 4).



계통유전학적 분석

1. 소

Two-parameter method (Kimura, 1980)를 이용하여 4개의 소 화석 뼈와 현존하는 소 품종들 간의 유전적 거리지수 (genetic distance value)를 산출하였다 (Table 5). 각각의 소 화석 뼈는 *B. taurus* 품종들과 0.003에서 0.016 범위의 유전적 거리지수를 나타내었다. 소 품종들 중에서 제주재래흑우-1, 4와 0.003-0.007 범위를 나타내며 가장 가까운 유연관계를 보였다.

여러 품종들 사이에서 소 화석 뼈의 계통유전학적인 위치를 결정하기 위해서 유전적 거리지수를 토대로 neighbor-joining (NJ) tree (Fig. 8)와 분지도 내에서 각각의 branch에 대한 신뢰도를 얻기 위하여 parsimony 분석에 의한 consensus tree (Fig. 9)를 작성하였으며, *B. indicus* 종에 속하는 품종 중에서 Hariana를 outgroup으로 첨가시켰다 (Fig. 8, 9). NJ tree에서 두 개의 집단, 즉 아시아 품종과 유럽 품종을

Breeds	Sequence
Hol	AACCTCGTAAATAGCATGACTGCTGCTGGGCTTTGTGTTCTTTATAG*CAACCTCCTACGTTAAG*CTAAATAT***TTTCTATGC
ANC-1	-T-----GG-----G-----CC-A-----*-----A-----*---G---CC*-----
ANC-2	-----G-----C-----*-----A-G---*---G---CC*-----
ANC-3	-----G---CC-----C-----*-----C---G---G---CC*-----G
ANC-4	-T**-----*-----C-----**---C-----G---G---CC*-----
Jnb-1	-----C-----*-----G---C**-----
Jnb-2	-----C-----A-----*-----A---*---G---***-----
Jnb-3	-----*-----*---G---***-----
Jnb-4	-----C-----*-----*---G---CCC-----
Jnw-1	-----A-----*-----*---G---C**-----
Jnw-2	-----A-----*-----*---G---C**-----
KC-1	-----G---G---C-----*---G---*---G---GG***-----
KC-2	-----C-T-----*-----*---G---C**-----
KC-3	-----C-----A-----*-----*---G---C**-----
KC-4	-----A-----*-----*---G---C**-----
Jb1	-----T-----C-----*-----**---G---***-----
Jb2	-----C-----A-T-----*-----C-----**---G---C**-----
Agu	-----C---T-----*-----*---G---CC*-----
Fri	-----*-----*---C**---C-----
Cha	-----*-----*---G---***-----
Sim	-----*-----*---G---***-----
Lim	-----*-----C*---C**---G---
Her	-----*-----*---C**-----
Jer	-----CA-C-----C-----*-----T-----A*---G---C**-----
Nda	-----A---T-----C-----G-*---C---G---C**-----
Ken	-----A---T-----C-----G-*---C---G---C**-----
But	-----A---T-----C-----*---T-C-----*---C---G---C**-----
Har	G---CGA---G---A-----ATCATC--A-CCCACAC--CCC*C-AA--GTT---GT---A*-CG-G---CC**CC-TC-CA-

Figure 6. Sequence variation in the control region observed in cattle remains and modern cattle breeds. The nucleotide position corresponds to the complete mtDNA sequence described by Anderson *et al.* (1982). The dashes indicate nucleotide identity to the Holstein (Hol), and asterisks denote gaps.

Table 4. Comparison of the partial sequences of the mtDNA control region from the wild boar remains and other pig breeds

Species	Breeds	Accession No.	References	Continents
<i>Sus spp.</i>	Tooth (mandibula)-M (T-M)		<i>This study</i>	
	Tooth-1 (T-1)		<i>This study</i>	
	Tooth (mandibula)-2 (T-2)		<i>This study</i>	
	Tooth-3 (T-3)		<i>This study</i>	
	Tooth (mandibula)-4 (T-4)		<i>This study</i>	
	Tooth (mandibula)-5 (T-5)		<i>This study</i>	
	Tooth-A (T-A)		<i>This study</i>	
	Tooth-B (T-B)		<i>This study</i>	
<i>S. scrofa</i>	Jeju native black-1 (JN-1)	AF276935	Kim <i>et al.</i> (2002)	Asia
	Jeju native black-2 (JN-2)	AF276934	Kim <i>et al.</i> (2002)	
	Korean wild boar (Kwb)		<i>This study</i>	
	Okinawa (Oki)	AB015092	Okumura <i>et al.</i> (1996)	
	Japanese wild boar (Jwb)	AB015086	Okumura <i>et al.</i> (1996)	Europe
	Wanhua (Wan)	AF276932	Kim <i>et al.</i> (2002)	
	Putian (Put)	AF276931	Kim <i>et al.</i> (2002)	
	Jinghua (Jin)	AF276930	Kim <i>et al.</i> (2002)	
	Meishan (Mei)	AY230821	Yue (unpublished)	
	Landrace (Lan)	NC_000845	Lin <i>et al.</i> (1999)	
	Duroc (Dur)	AY232881	Ovilo <i>et al.</i> (2003)	
	Swedish (Swe)	AJ002189	Ursing and Arnason (1998)	
	European wild boar-1 (Ewb-1)	AB015095	Okumura <i>et al.</i> (1996)	
	European wild boar-2 (Ewb-2)	AB015094	Okumura <i>et al.</i> (1996)	
	Large white (Lwh)	AY232883	Ovilo <i>et al.</i> (2003)	
	Berkshire (Ber)	AF276936	Kim <i>et al.</i> (2002)	
	Pietrain (Pei)	AY230820	Yue (unpublished)	

Breeds	2333333333333333333333333333333333334444444444444444444555555555555555555 900112344488899244445801124456666777 416583323434709502342115642770588356
Landrace	ACGCCGCGAGCCACTTAGACCTACAAATTGG*TAG
Duroc	-----T-----*---
Swedish	-----T-----*---
European wild boar-1	G-----G-----C--*-G-
European wild boar-2	G---T-----G-----C--*-G-
Large white	G-T--T-----T-----G-----C--*-G-
Berkshire	G-T--T-----T-----CG-----*-G-
Pietrain	-----T-----*---
Wanhua	G-T--T-----T-----*-G-
Putian	G-T--T-----T-----*CG-
Jinghua	G-T--T-----T-----G-----*-G-
Meishan	--T--T-----T---GGT-----*---
Okinawa	G-T--T-----T-----*-G-
Japanese wild boar	G-T--T-----T-----T-G---G--C--*-G-
Jeju native black-1	G-TA-T-----T-----*-G-
Jeju native black-2	G-T--T-----T-G-----*-G-
Korean wild boar	G-T--T-----T---T-G-----C--*-G-
T-M	G-T--T-----*---T-----T---G-----*-G-
T-1	G-T--T-----T-----T---*-----G-G-
T-5	G-T--T-----T-C---T-----*---*---G*
T-3	G-T--TA-----TC-----T-----*-G-
T-4	G-T--TA-----TC-----T-----*-G-
T-2	G-T-GT-T-C---T-----T-G----*-C--G-G-
T-A	G-T--T-----T---T---*---T-G-----CT-*---G-
T-B	G-T--T-----T---*---T---G-----*---G*

Figure 7. Sequence variation in the partial control region from wild boar remains and modern pig breeds. The nucleotide position corresponds to the complete mtDNA sequences described by Lin *et al.* (1999). Nucleotide identity and deletions are indicated using dashes and asterisks, respectively.

Table 5. Genetic distances of the control region for the cattle remains and modern cattle breeds. The numbers below the diagonal are the divergence values corrected for multiple substitutions using the two-parameter model (Kimura, 1980). The abbreviations are given in Table 3

Breeds	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1. Hol	-													
2. ANC-1	0.009	-												
3. ANC-2	0.005	0.010	-											
4. ANC-3	0.007	0.012	0.009	-										
5. ANC-4	0.005	0.007	0.006	0.009	-									
6. Jnb-1	0.002	0.006	0.003	0.005	0.003	-								
7. Jnb-2	0.004	0.011	0.007	0.010	0.008	0.004	-							
8. Jnb-3	0.001	0.007	0.004	0.006	0.004	0.001	0.003	-						
9. Jnb-4	0.002	0.006	0.003	0.005	0.003	0.000	0.004	0.001	-					
10. Jnw-1	0.002	0.009	0.005	0.007	0.005	0.002	0.004	0.001	0.002	-				
11. Jnw-2	0.002	0.009	0.005	0.007	0.005	0.002	0.004	0.001	0.002	0.000	-			
12. KC-1	0.007	0.014	0.011	0.013	0.011	0.007	0.010	0.006	0.007	0.007	0.007	-		
13. KC-2	0.003	0.010	0.006	0.009	0.006	0.003	0.005	0.002	0.003	0.003	0.003	0.009	-	
14. KC-3	0.004	0.011	0.007	0.010	0.008	0.004	0.000	0.003	0.004	0.004	0.004	0.010	0.005	-
15. KC-4	0.002	0.009	0.005	0.007	0.005	0.002	0.004	0.001	0.002	0.000	0.000	0.007	0.003	0.004
16. Jb1	0.003	0.010	0.006	0.009	0.006	0.003	0.005	0.002	0.003	0.003	0.003	0.006	0.004	0.005
17. Jb2	0.006	0.013	0.010	0.012	0.010	0.006	0.002	0.005	0.006	0.006	0.006	0.012	0.007	0.002
18. Agu	0.003	0.012	0.009	0.011	0.009	0.005	0.007	0.004	0.005	0.005	0.005	0.009	0.006	0.007
19. Fri	0.001	0.010	0.006	0.009	0.006	0.003	0.005	0.002	0.003	0.003	0.003	0.009	0.004	0.005
20. Cha	0.001	0.007	0.004	0.006	0.004	0.001	0.003	0.000	0.001	0.001	0.001	0.006	0.002	0.003
21. Sim	0.001	0.010	0.006	0.009	0.006	0.003	0.005	0.002	0.003	0.003	0.003	0.009	0.004	0.005
22. Lim	0.002	0.011	0.007	0.010	0.008	0.004	0.006	0.003	0.004	0.004	0.004	0.010	0.005	0.006
23. Her	0.000	0.009	0.005	0.007	0.005	0.002	0.004	0.001	0.002	0.002	0.002	0.007	0.003	0.004
24. Jer	0.007	0.015	0.013	0.015	0.013	0.010	0.010	0.009	0.010	0.010	0.010	0.015	0.009	0.010
25. Nda	0.007	0.014	0.011	0.013	0.009	0.007	0.010	0.006	0.007	0.007	0.007	0.013	0.009	0.010
25. Ken	0.007	0.014	0.011	0.013	0.009	0.007	0.010	0.006	0.007	0.007	0.007	0.013	0.009	0.010
27. But	0.006	0.013	0.010	0.012	0.008	0.006	0.009	0.005	0.006	0.006	0.006	0.012	0.007	0.009

Table 5. (Continued)

Breeds	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27
1. Hol													
2. ANC-1													
3. ANC-2													
4. ANC-3													
5. ANC-4													
6. Jnb-1													
7. Jnb-2													
8. Jnb-3													
9. Jnb-4													
10. Jnw-1													
11. Jnw-2													
12. KC-1													
13. KC-2													
14. KC-3													
15. KC-4	-												
16. Jb1	0.003	-											
17. Jb2	0.006	0.007	-										
18. Agu	0.005	0.004	0.010	-									
19. Fri	0.003	0.004	0.007	0.004	-								
20. Cha	0.001	0.002	0.005	0.004	0.002	-							
21. Sim	0.003	0.004	0.007	0.004	0.002	0.002	-						
22. Lim	0.004	0.005	0.009	0.005	0.003	0.003	0.003	-					
23. Her	0.002	0.003	0.006	0.003	0.001	0.001	0.001	0.002	-				
24. Jer	0.010	0.011	0.012	0.011	0.009	0.009	0.006	0.010	0.007	-			
25. Nda	0.007	0.009	0.012	0.011	0.009	0.006	0.009	0.010	0.007	0.015	-		
25. Ken	0.007	0.009	0.012	0.011	0.009	0.006	0.009	0.010	0.007	0.015	0.000	-	
27. But	0.006	0.007	0.011	0.010	0.007	0.005	0.007	0.009	0.006	0.014	0.003	0.003	-



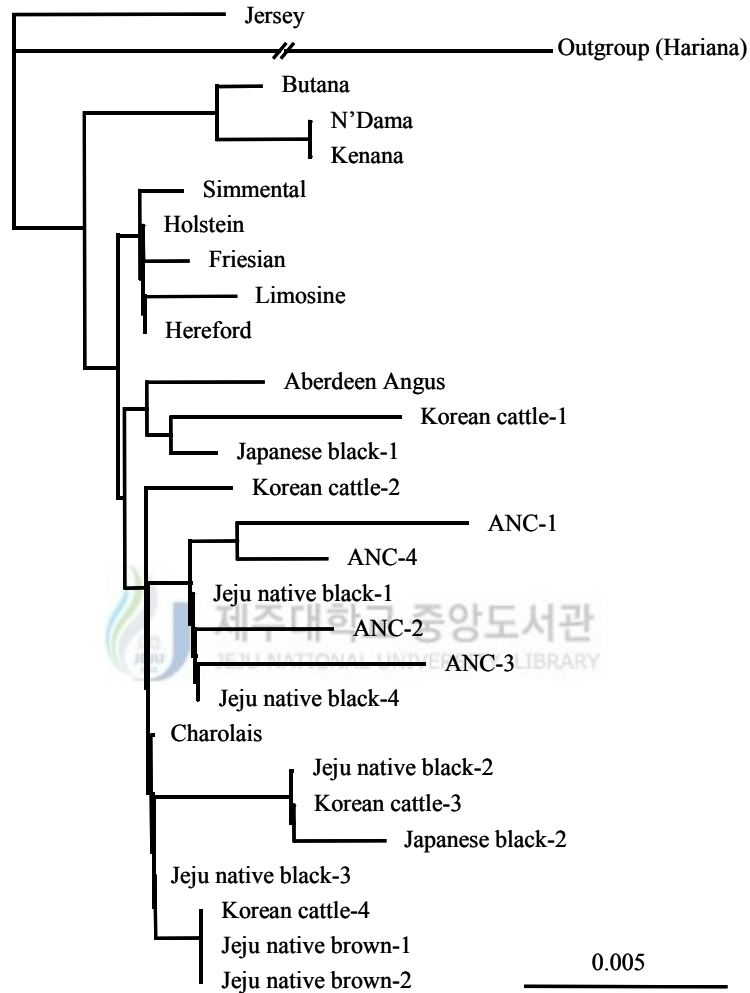


Figure 8. A neighbor-joining tree constructed from the sequences of the cattle remains and the extant cattle breeds. The tree was generated using genetic distances calculated by Kimura's 2-parameter method. Hariana was used as the outgroup.

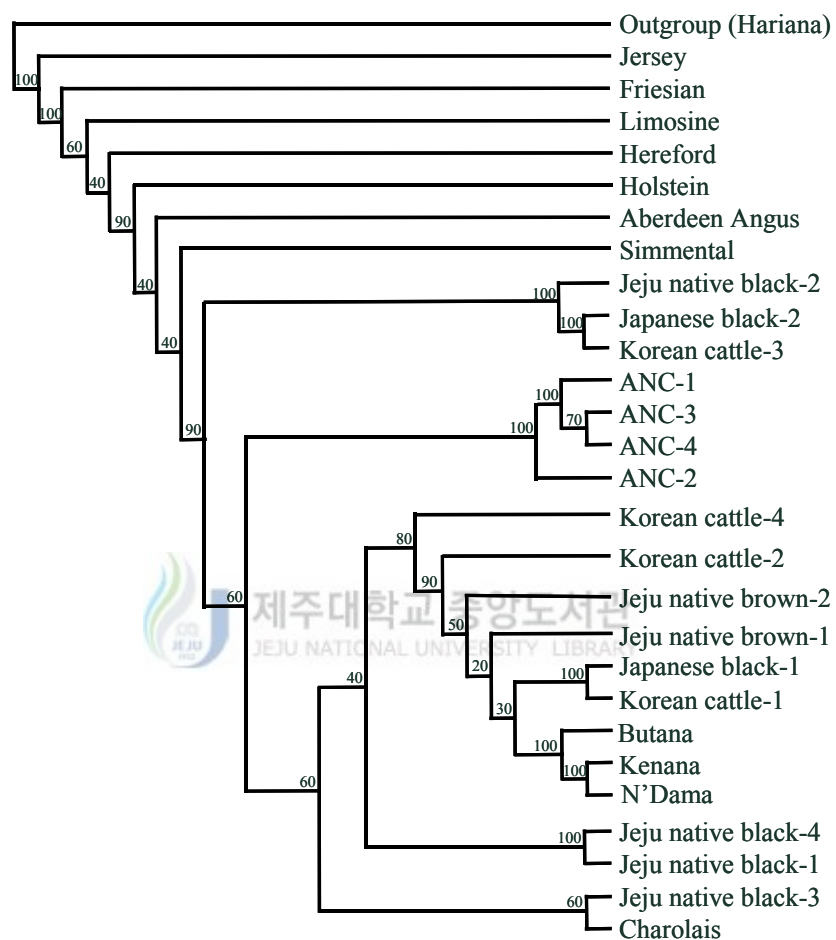


Figure 9. A strict consensus tree derived from the sequences of the cattle remains and the extant cattle breeds. This tree was constructed using the SEQBOOT, DNAPARS, and CONSENSUS programs in the PHYLIP package. Bootstrap values (1,000 replicates) are shown above the nodes on the strict consensus tree. Hariana was used as the outgroup.

포함하는 하나의 집단과 아프리카 품종을 포함하는 집단으로 구분되었다. 소 유골들은 특이적으로 아시아 품종들과 함께 아집단을 형성하였으며, 제주재래흑우와 단일계통 (monophyletic) 집단을 형성하며 가장 가까운 유연관계를 보여주었다. Consensus tree 상에서는 4개의 소 유골들이 제주재래흑우가 포함되지 않은 단일계통 집단을 형성하였으며 (Fig. 9), 제주흑우와는 동일한 집단에 속하지 않았다.

2. 멧돼지

분석된 염기서열을 기초로 유전적 거리지수를 산출한 결과 T-2는 한국산 멧돼지, 일본산 멧돼지와 0.009, 0.013으로, T-A는 한국산 멧돼지, 일본산 멧돼지와 0.006, 0.009로 가장 낮은 거리지수를 나타냈으며, 이들을 제외한 멧돼지 화석 뼈는 Wanhua pig, Okinawa pig와 0.003-0.009로 가장 낮은 거리지수를 나타내어 가장 가까운 유연관계를 보였다 (Table 6). 반면에 제주재래흑돈-1, 2와는 상대적으로 높은 수치를 나타내었다.

계통유전학적인 분석을 위해서 NJ tree와 consensus tree를 작성하였고, out group으로 멧돼지과 (Suidae)에 속하는 *Phacochoerus aethiopicus*를 포함시켰다 (Fig. 10, 11). NJ tree와 consensus tree 모두에서 크게 두 집단, 즉 아시아 품종들과 유럽 품종들로 나뉘어졌으며, 유럽품종인 Berkshire와 Large white는 특이적으로 아시아 품종과 같은 집단에 속해있음을 확인하였다. Huang 등 (1999)과 Giuffra 등 (2000)은 아시아 품종과 유럽 품종은 각각 특이적인 두개의 모계혈통 (maternal lineage)을 갖는다고 보고하였으며, 서로 독립적인 가축화의 과정을 거쳤을 것이라고 추정하였다. 또한 Watanabe 등 (1985), Jones (1998) 그리고 Giuffra 등 (2000)은 Berkshire 및 Large white 품종의 가축화 과정에서 아시아 품종과 교잡되거나 그들의 영향을 받았다고 보고하였다.

NJ tree와 consensus tree에서 8개의 멧돼지 화석 뼈들은 동일하게 두개의 소집단으로 나뉘어졌다. 즉, 소집단 I에는 멧돼지 화석 뼈 중 T-2, T-A와 한국산 멧돼지, 일본산 멧돼지가 속하였고, 소집단 II에는 T-2, T-A를 제외한 나머지 멧돼지 화석 뼈와 중국의 가축돼지인 Meishan pig가 속하였다.

Table 6. Genetic distances of the control region for the wild boar remains and modern pig breeds. The numbers below the diagonal are the divergence values corrected for multiple substitutions using the two-parameter model (Kimura, 1980). The abbreviations are given in Table 4

Breeds	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1. Lan	-													
2. Lwh	0.023	-												
3. Ber	0.023	0.006	-											
4. Dur	0.003	0.019	0.019	-										
5. Swe	0.003	0.019	0.019	0.000	-									
6. Ewb-1	0.013	0.016	0.023	0.016	0.016	-								
7. Ewb-2	0.016	0.013	0.019	0.013	0.013	0.003	-							
8. Kwb	0.026	0.003	0.009	0.023	0.023	0.019	0.016	-						
9. JN-1	0.019	0.009	0.009	0.016	0.016	0.019	0.016	0.013	-					
10. JN-2	0.019	0.009	0.009	0.016	0.016	0.019	0.016	0.013	0.006	-				
11. Mei	0.019	0.023	0.023	0.016	0.016	0.026	0.023	0.019	0.019	0.019	-			
12. Jin	0.019	0.009	0.009	0.016	0.016	0.019	0.016	0.013	0.006	0.006	0.019	-		
13. Pie	0.003	0.026	0.026	0.006	0.006	0.016	0.019	0.030	0.023	0.023	0.023	0.023	-	
14. Wan	0.016	0.006	0.006	0.013	0.013	0.016	0.013	0.009	0.003	0.003	0.016	0.003	0.019	-
15. Put	0.019	0.009	0.009	0.016	0.016	0.019	0.016	0.013	0.006	0.006	0.019	0.006	0.023	0.003
16. Rwb	0.026	0.016	0.023	0.023	0.023	0.013	0.009	0.019	0.019	0.019	0.026	0.019	0.030	0.016
17. Jwb	0.030	0.006	0.013	0.026	0.026	0.023	0.019	0.003	0.016	0.016	0.023	0.016	0.033	0.013
18. Oki	0.016	0.006	0.006	0.013	0.013	0.016	0.013	0.009	0.003	0.003	0.016	0.003	0.019	0.000
19. T-M	0.023	0.013	0.013	0.019	0.019	0.023	0.019	0.009	0.009	0.009	0.016	0.009	0.026	0.006
20. T-1	0.019	0.009	0.009	0.016	0.016	0.019	0.016	0.006	0.006	0.006	0.013	0.006	0.023	0.003
21. T-2	0.037	0.013	0.020	0.033	0.033	0.030	0.026	0.009	0.023	0.023	0.030	0.023	0.040	0.020
22. T-3	0.026	0.016	0.016	0.023	0.023	0.026	0.023	0.013	0.013	0.013	0.019	0.013	0.030	0.009
23. T-4	0.026	0.016	0.016	0.023	0.023	0.026	0.023	0.013	0.013	0.013	0.019	0.013	0.030	0.009
24. T-5	0.023	0.013	0.013	0.020	0.020	0.023	0.020	0.010	0.010	0.010	0.016	0.010	0.026	0.006
26. T-A	0.033	0.009	0.016	0.030	0.030	0.026	0.023	0.006	0.020	0.020	0.026	0.020	0.037	0.016
26. T-B	0.023	0.013	0.013	0.020	0.020	0.023	0.020	0.010	0.010	0.010	0.016	0.010	0.026	0.006

Table 6. (Continued)

Breeds	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26
1. Lan												
2. Lwh												
3. Ber												
4. Dur												
5. Swe												
6. Ewb-1												
7. Ewb-2												
8. Kwb												
9. JN-1												
10. JN-2												
11. Mei												
12. Jin												
13. Pie												
14. Wan												
15. Put	-											
16. Rwb	0.019	-										
17. Jwb	0.016	0.023	-									
18. Oki	0.003	0.016	0.013	-								
19. T-M	0.009	0.023	0.013	0.006	-							
20. T-1	0.006	0.019	0.009	0.003	0.003	-						
21. T-2	0.023	0.030	0.013	0.020	0.020	0.016	-					
22. T-3	0.013	0.026	0.016	0.009	0.009	0.006	0.023	-				
23. T-4	0.013	0.026	0.016	0.009	0.009	0.006	0.023	0.000	-			
24. T-5	0.010	0.023	0.013	0.006	0.006	0.003	0.020	0.010	0.010	-		
26. T-A	0.020	0.026	0.009	0.016	0.016	0.013	0.016	0.020	0.020	0.016	-	
26. T-B	0.010	0.023	0.013	0.006	0.000	0.003	0.020	0.010	0.010	0.006	0.016	-



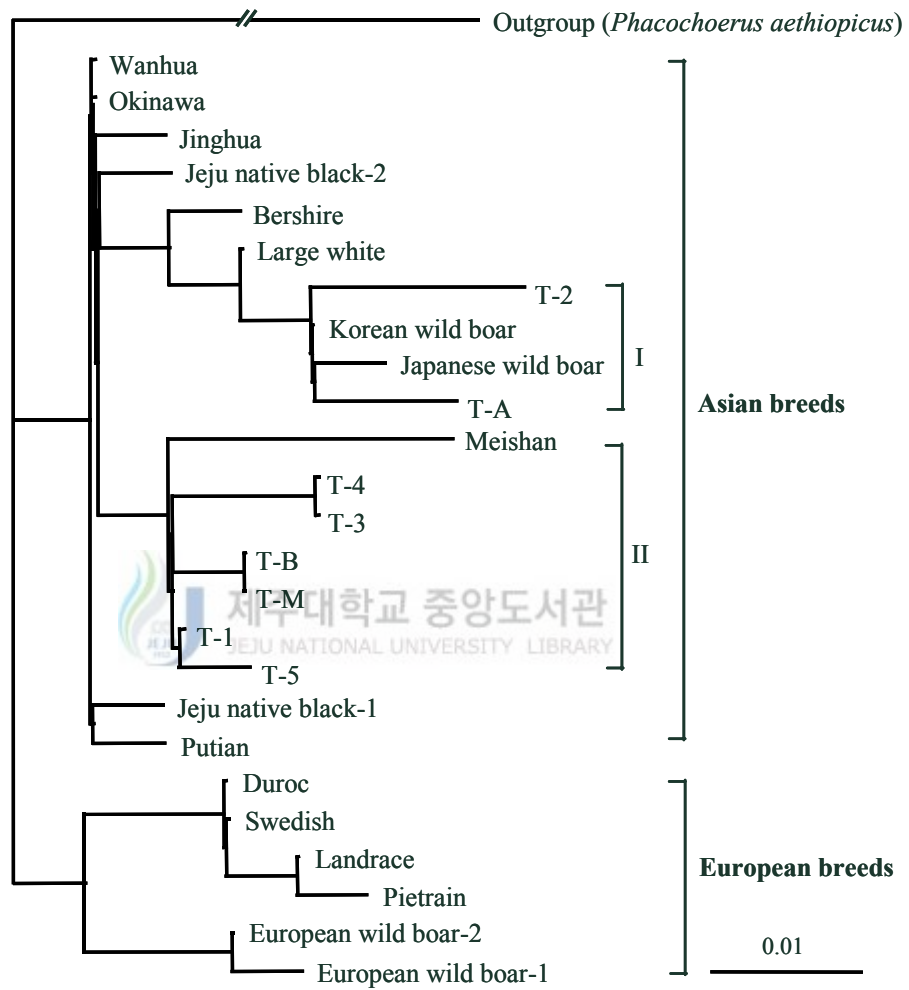


Figure 10. A neighbor-joining tree constructed from the sequences of the wild boar remains and the extant pig breeds. The tree was generated using genetic distances calculated by Kimura's 2-parameter method. *Phacochoerus aethiopicus* (AB046876) was used as the outgroup.

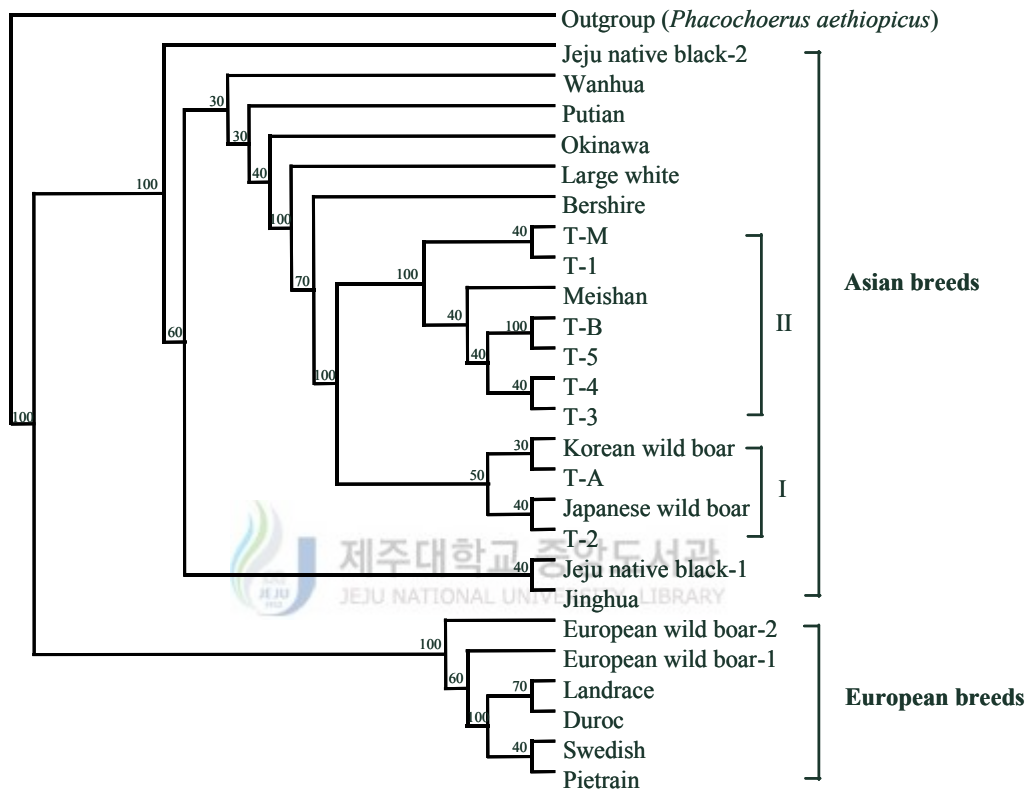


Figure 11. A strict consensus tree derived from the sequences of the wild boar remains and the extant pig breeds. This tree was calculated using the SEQBOOT, DNAPARS, and CONSENSUS programs in the PHYLIP package. Bootstrap values (1,000 replicates) are shown above the nodes on the strict consensus tree. *Phacochoerus aethiopicus* (AB046876) was used as the outgroup.

고 찰

1. 소 (*Bos spp.*)

본 연구는 지금으로부터 약 1,100-2,000 년 전에 형성된 것으로 추정되는 제주도의 고내 및 광지 유적지로부터 발굴된 소 화석 뼈의 분자유전학적 동정과 계통유전학적인 분석을 위하여 수행하였다.

미토콘드리아 조절부위의 전체 염기서열을 분석한 후 GenBank database의 BLAST search를 수행한 결과 *B. taurus*와 99% 이상의 상동성을 보였다. 이는 Phillips (1961)가 동북아시아 (몽고, 중국 북부지역, 한국, 일본) 지역 내에 분포하고 있는 거의 모든 소가 흑이 없는 *B. taurus* 종이라고 보고한 내용과 일치하는 결과이다. 따라서 본 연구에서 분석한 4개의 소 화석 뼈가 *B. taurus*의 유골일 것으로 사료된다.

염기서열 정렬과 계통유전학적 분석 결과를 토대로 현존하는 품종들과의 유연관계 분석 결과 2 가지의 가능성을 제시할 수 있었다. 첫째, 4개의 소 화석 뼈는 현존하는 제주재래흑우의 조상일 가능성을 제안한다. 염기서열 정렬 결과에서, 16122 번째 염기 T가 C로 치환되어 있으며, 이런 현상은 제주재래흑우와 유골을 제외한 나머지 품종들에서는 관찰되지 않았다. 또한 각각의 품종들 간의 유전적 거리치수 산출 결과에서 역시 제주재래흑우와 상대적으로 가장 낮은 수치를 나타내었다. Neighbor-joining tree에서 4개의 소 유골들은 제주재래흑우와 단일계통(monophyletic) 집단을 형성하면서 가장 가까운 유연관계를 보여주었다. 이런 결과는 형태학적, 골학적 분석을 보고한 신 등 (1992)의 연구결과와 일치한다. 그들은 유골의 크기를 토대로 체형을 분석한 결과, 현존하는 한우 혹은 제주재래황우보다 몸집이 큰 반면, 제주재래흑우와는 유사하다고 보고하였다.

둘째로, 현재는 확인되지 않은 모계혈통(maternal lineage)을 갖는 소가 그 당시에 존재했을 가능성을 제안한다. 염기서열 정렬 결과, 소 유골들의 염기변이는 다른 품종들에 비해서 다소 다른 양상을 보였다. 즉, 19개의 염기변이 중에서 10개(52%)가 15849-16040 사이에서 발생하였다. 기존의 보고에 의하면 이 부위는 *B. taurus* 종

에서는 상대적으로 잘 보존된 부분으로 알려져 있다 (Mannen *et al.*, 1998; Chung *et al.*, 2002; Kim *et al.*, 2002). 소 유골들은 consensus tree 상에서 제주재래흑우를 포함하지 않고 단일계통 집단을 형성하였다. 제주도 내의 유적지 발굴에 관한 기록 역시 멸종된 소의 존재 가능성을 뒷받침해준다. 종달 유적지 내에서 제 1지구는 기원전 후 약 100년경의 유적으로, 소의 중수골 (metacarpus) 1점만이 발굴된 반면, 기원 후 6-7세기에 형성된 것으로 보이는 제 4지구에서는 중수골 6점을 포함해서 180여 점이 발굴되었다 (Cheju National University Museum, 1997; Kim *et al.*, 2002). 또한 고대, 광지, 김녕 유적지를 포함한 기원 후 약 500-900년경에 형성된 유적지에서도 100-250점이 발굴되었다 (Shin *et al.*, 1992, 1996; Kim *et al.*, 2002). 기원전 약 200년 경부터 가축을 이용한 농경문화가 중국에서부터 우리나라를 거쳐 일본으로 전파되었고, 이 과정에서 소가 함께 유입되었을 것이라는 역사적인 해석에 근거해서 볼 때, 본 연구에서 발견된 특이한 모계형의 소가 제주도에 이미 사육되었다는 가능성을 시사한다. 또한 한반도에서 신석기 유적지의 발굴기록에는 현재는 멸종된 다양한 동물상들이 보고 되어 있다 (Sohn, 1990; Bae, 1992; Norton, 2000). 특히, 유럽산 들소 (aurochs, *B. primigenius*), 들소 (bison, *Bison priscus*), 아메리카산 들소 (buffalo, *Bubalus sp.*)의 유골이 발견되었지만, 이들은 현재 제주도뿐만 아니라 한반도에서도 존재하지 않는다. 이런 결과들로 미루어볼 때 현존하는 소들과는 다른 모계혈통을 갖는 소가 그 당시에 제주도 내에 존재했을 가능성을 뒷받침해준다.

유적지로부터 발굴되는 소 유골의 정확한 동정과 선사시대 동물상의 정립을 위해서, 핵 DNA를 포함한 더 많은 유전자들에 대한 분석과 함께 한반도를 포함한 동북아시아의 유적지로부터의 발굴되는 연구재료의 수집이 절실히 요구된다. 또한 제주재래흑우를 포함한 현존하는 소 품종들과의 계통유전학적 유연관계를 분석하기 위해서는 nuclear DNA를 이용한 연구가 행해져야 할 것이다. 특히 제주재래흑우와의 유연관계에는 모색의 결정과 관련된 *MSHR* (melanocyte-stimulating hormone receptor) 유전자의 분석이 수반되어야 할 것으로 사료된다.

2. 멧돼지 (*Sus spp.*)

광지, 금성 및 김녕 유적지로부터 발굴된 멧돼지의 유골에 대한 분자 유전학적인 분석을 수행하였다.

미토콘드리아 DNA의 조절부위를 분석한 후, GenBank database에서 BLAST search 결과 *S. scrofa* 종들과 99% 이상의 상동성을 보임으로써 본 연구에서 사용한 멧돼지 유골이 *S. scrofa* 종일 것으로 추정된다.

멧돼지 유골과 현존하는 여러 품종들의 염기서열과 비교한 결과, 조절부위의 501번째와 560 번째 서열에서 T-2, T-A는 한국 멧돼지, 일본 멧돼지, 그리고 유럽산 멧돼지와 동일한 염기변이의 양상을 보였다. 또한, 유전적 거리지수와 계통유전학적 분석 결과, T-2, T-A는 한국멧돼지 및 일본멧돼지와 가장 낮은 유연관계가 가장 가까운 것으로 나타났다. 이런 결과는 현재 우리나라와 일본에 서식하고 있는 멧돼지와 유사한 모계혈통을 갖는 멧돼지가 유적지 형성시기에 제주도에 존재했을 가능성을 보여주는 것이다. 또한, 유적지에서 발굴되는 멧돼지 유골의 형태학적, 골학적 분석의 결과가 이를 뒷받침해주고 있다 (Shin *et al.*, 1992,1996; Cheju National University Museum, 1997).

그러나 그 당시에 야생 멧돼지뿐만 아니라 가축화 초기 단계의 멧돼지가 존재했을 가능성도 배제할 수 없다. 돼지의 가축화에 관하여 Bökönyi (1974)는, 지금부터 약 9,000년 전에 극동아시아에서 멧돼지를 순화시켜 가축화가 이루어졌으며, 유적지 보고에 근거한 중국의 가축화 시점은 약 6,000-8,000년 전으로 추정하고 있다 (Xu, 1950). Watanobe 등 (2002)은 1,700-2,000년 전 Okinawa에 형성된 여러 유적지에서 유래된 *S. scrofa* 유골에 대한 mtDNA 분석결과, 유골들이 중국 재래종을 포함한 동아시아에 분포하는 가축화된 돼지와 가까운 모계혈통임을 입증하였다. 유적지 형성시기의 유사성과 중국의 재래돼지와 높은 연관성을 토대로, 본 연구의 결과는 Watanobe 등 (2002)의 연구결과와 일치하였고, 우리나라와 일본의 가축화된 돼지가 중국을 포함한 동아시아에서 유입되었을 가설을 뒷받침 해주고 있다. 또한, 기원 후 약 300-500년경에 저술된 후한서 (後漢書)와 삼국지 (三國誌)에는, 당시 제주도에 살던 사람들이 소와 돼지 기르기를 좋아했었다고 기록하고 있으며, 신당서 (新唐書)는 기원 후 약 1,000년경의 문헌으로서, 돼지가죽을 이용하였다고 전하고 있다. 이런 기록들로 미루어 적어도 기원 전후에 제주도에서도 이미 멧돼지의 가축화가 이루어졌을 것으로 추정할 수 있다.

본 연구의 결과들과 고대 문헌상의 기록들을 종합해 볼 때, 약 1,000-2,000년 전에 중국을 포함한 동아시아로부터 유입된 가축화된 멧돼지와 기존의 야생 멧돼지가

공존했을 것이라고 추정할 수 있다. 결국, 한국 멧돼지, 일본 멧돼지와 높은 연관성을 보이는 T-I와 T-A인 경우는 그 당시에 야생형 멧돼지이고, 나머지 멧돼지유골들은 중국을 포함한 동아시아로부터 유입된 가축화 초기단계의 멧돼지일 것으로 추정된다. 당시의 돼지의 가축화 과정이 초기단계임을 감안한다면 가축화된 멧돼지와 야생 멧돼지와의 형태학적, 골학적 차이는 크지 않을 것으로 사료된다. 이에 따라 현재 제주도 유적지에서 발굴되고 있는 거의 모든 *S. scrofa* 종이 멧돼지로 동정, 보고 되고 있다.

제주도 내의 유적지에서 발굴되는 멧돼지 유골에 대한 좀 더 명확한 분석을 위해서는 우리나라를 포함한 동아시아에 위치하는 여러 유적지로부터의 유골 수집과 다양한 유전자의 분석이 필요하다. 또한 아직까지는 분석이 미비한 한국 멧돼지와 한반도 재래돼지의 분자유전학적, 진화적 분석이 뒷받침되어야 할 것으로 사료된다.



인 용 문 헌

- Alves E, Ovilo C, Rodriguez MC and Silio L (2003) Mitochondrial DNA sequence variation and phylogenetic relationships among Iberian pigs and other domestic and wild pig populations. *Anim. Genet.* 34: 319-324.
- Anderson S, Bruijn D, Coulson MHL, Eperon AR, Sanger IC and Young IG (1982) Complete sequence of bovine mitochondrial DNA. Conserved feature of the mammalian mitochondrial genome. *J. Mol. Evol.* 156: 683-717.
- Aquadro CF and Greenberg BD (1982) Human mitochondrial DNA variation and evolution: analysis of nucleotide sequences from seven individuals. *Genetics* 103: 287-312.
- Avise JC (1986). Mitochondrial DNA and the evolutionary genetics of higher animals. *Philos. Trans. R. Soc. Lond. B* 312: 325-342.
- Bae KD (1992) Pleistocene environment and paleolithic stone industries of the Korean peninsula. In *Pacific Northeast Asia in prehistory*, C.M. Aikens and S.N. Rhee, eds., Washington State University Press, Pullman, pp. 13-23.
- Bökönyi S (1974) *History of Domestic Mammals in Central and Eastern Europe*. Akademiai Kiado, Budapest.
- Brown WM, George M and Wilson AC (1979) Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 76: 1967-1971.
- Cann RL, Brown WM and Wilson AC (1984) Polymorphic sites and the mechanism of evolution in human mitochondrial DNA. *Genetics* 325: 31-36.
- Cheju National University Museum (1997) *Jeju Jongdalri Shell-Mount*, Bukjeju County (Jeju, Korea), pp. 101-108.

- Cheju National University Museum (1997) *Jeju Kwakji Shell-Mount*, Bukjeju County (Jeju, Korea), pp. 252-255.
- Chung ER, Kim WT, Kim YS, Lee JK and Han SK (2002) Sequence and genetic variation of mitochondrial DNA D-loop region in Korean cattle. *J. Anim. Sci. Technol. (Kor.)* 44: 181-190.
- Cook CE, Wang Y, and Sensabaugh G (1999) A mitochondrial control region and cytochrome b phylogeny of Sika Deer (*Cervus Nippon*) and report of tandem repeats in the control region. *Mol. Phylogenet. Evol.* 12: 47-56.
- Darwin C (1868) *The Variation of Animals and Plants under Domestication*. John Murray, London.
- Doran GH, Dickel DN, Ballinger WE, Agee OF, Laipis PJ and Hauswirth WW (1986) Anatomical, cellular and molecular analysis of 8,000-yr-old human brain tissue from the Windover archaeological site. *Nature* 323: 803-805.
- Faerman M, Bar-Gal GK, Filon D, Greenblatt CL, Stager L, Oppenheim A and Smith P (1998) Determining the sex of infanticide victims from the late Roman era through ancient DNA analysis. *J. Arch. Sci.* 25: 861-865.
- Felsenstein J (1993). *PHYLIP (Phylogeny Inference Package) ver. 3.572*, Computer program distributed by the author, Dept. of Genetics, University of Washington, Seattle, WA.
- Giles RE, Blanc H, Cann HM and Wallace DC (1980) Maternal inheritance of human mitochondrial DNA. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 77: 6715-6719.
- Giuffra E, Kijas JMH, Amarger V, Carlborg O, Jeon JT and Andersson L (2000) The origin of the domestic pig: Independent domestication and subsequent introgression. *Genetics* 154: 1785-1791.

- Graham DE (1978) The isolation of high molecular weight DNA from whole organisms or large tissue masses. *Analyt. Biochem.* 85: 609-613.
- Handt O, Hoss M, Krings M and Pääbo S (1994) Ancient DNA: methodological challenges. *Experientia* 50: 524-529.
- Hanni C, Brousseau T, Laudet V and Stehelin D (1995) Isopropanol precipitation removes PCR inhibitors from ancient bone extractions. *Nucleic Acids Res.* 23: 881-882.
- Higuchi R, Bowman B, Freiberger M, Ryder OA and Wilson AC (1984) DNA sequences from the quagga, an extinct member of the horse family. *Nature* 312: 282-284.
- Hoss M, Jaruga P, Zastawny TH, Dizdaroglu M and Pääbo S (1996) DNA damage and DNA sequence retrieval from ancient tissues. *Nucleic Acid Res.* 24: 1304-1307.
- Huang Y, Shi X and Zhang Y (1999) Mitochondrial genetic variation in Chinese pigs and wild boars. *Biochem. Genet.* 37:335-343.
- Jones GF (1998) Genetic aspects of domestication, common breeds and their origin. In *The Genetics of the Pig*, M.F. Rothschild and A. Ruvinsky, eds., CAB International, Wellingford, Oxon, UK, pp. 17-50.
- Jung YH, Han SH, Shin TK and Oh MY (2002) Genetic characterization of horse bone excavated from the Kwakji archaeological site, Jeju, Korea. *Mol. Cells* 14: 224-230.
- Kavar T, Habe F, Brem G and Dovic P (1999) Mitochondrial D-loop sequence variation among the 16 maternal lines of the Lipizzan horse breed. *Anim. Genet.* 30: 102-108.
- Kijas JMH, Wales R, Törnsten A, Chardon P, Moller M and Andersson L (1998) Melanocortin receptor 1 (*MC1R*) mutations and coat color in pigs. *Genetics* 150: 1177-1185.

- Kijas JMH, Moller M, Plastow G and Andersson L (2001) A frameshift mutation in *MC1R* and a high frequency of somatic reversions cause black spotting in pigs. *Genetics* 158: 779-785.
- Kim HL, Kang CH and Shin TK (2002) Comparative anatomical study on animal bones excavated from the Jongdal-Ri Shell Mound archaeological site IV on Jeju Island. *Korean J. Vet. Res.* 42: 309-320.
- Kim HC, Jung KS, Lee KH, Kang CH, Ahn MJ, Kang JC, Lee YD and Shin TK (2002) Comparative anatomical study of animal bones excavated from the Konaeli archaeological site on Jeju Island. *Subtropical Agri. & Biotech., Cheju Nat'l Univ.* 18: 129-141.
- Kim KI, Lee JH, Li K, Zhang YP, Lee SS, Gongora J and Moran C (2002) Phylogenetic relationships of Asian and European pig breeds determined by mitochondrial DNA D-loop sequence polymorphism. *Anim. Genet.* 33: 19-25.
- Kim KI (2003) Phylogenetic relationships of northeast Asian cattle to European and African cattle breeds determined using mtDNA D-loop sequence polymorphism. *Biochem. Genet.* 41: 91-98.
- Kimura M (1980) A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparable studies of nucleotide sequences. *J. Mol. Evol.* 16: 111-120.
- Klungland H, Våge L, Gomez-Raya L, Adalsteinsson S and Lien S (1995) The role of melanocyte-stimulating hormone (MSH) receptor in bovine coat color determination. *Mamm. Genome* 6:636-639.
- Kolman CJ and Tuross N (2000) Ancient DNA analysis of human populations. *Am. J. Phys. Anthropol.* 111: 5-23.

- Lee SS, Yang YH, Kang SY, Oh WY, Yang BS, Ko SB, Oh SJ and Kim KI (2000) Comparison of the genotypes and frequencies of MSH receptor (*MC1R*) gene in Koean cattle, Cheju native black cattle, Japanese black and Japanese brown cattle. *J. Anim. Sci. & Technol.* 42: 253-260.
- Lin CS, Sun YL, Liu CY, Yang PC, Chang LC, Cheng IC, Mao SJ and Huang MC (1999) Complete nucleotide sequence of pig (*Sus scrofa*) mitochondrial genome and dating evolutionary divergence within Artiodactyla. *Gene* 236: 107-114.
- Lindahl T (1993) Instability and decay of the primary structure of DNA. *Nature* 362: 709-715.
- Loftus RT, MacHugh DE, Bradley DG, Sharp PM and Cunningham P (1994) Evidence for two independent domestications of cattle. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 91: 2757-2761.
- Maniatis T, Frisch EF and Sambrook J (1982) *Molecular cloning: A Laboratory Manual*. Cold Spring Harbor: Cold spring Harbor University Press.
- Mannen H, Tsuji S, Loftus RT and Bradley DG (1998) Mitochondrial DNA variation and evolution of Japanese black cattle (*Bos taurus*). *Genetics* 50: 1169-1175.
- Merriwether DA, Rothhammer F and Ferrell RE (1994) Genetic variation in the new world: ancient teeth, bone, and tissue as sources of DNA. *Experientia* 50: 592-601.
- Norton CJ (2000) The current state of Korean paleoanthropology. *J. hum. Evol.* 38: 803-825.
- Oh MY, Ko MH, Kim GO, Oh YS, Kim SJ and Hong SS (1994) Phylogenetic relationship of Cheju native horses by mitochondrial DNA analysis. *Mol. Cells* 4: 13-20.

- Okumura N, Ishiguro N, Nakano M, Katsuya H, Matsui A, Sahara M (1996) Geographic population structure and sequence divergence in the mitochondrial DNA control region of the Japanese wild boar (*Sus scrofa leucomystax*), with reference to those of domestic pigs. *Biochem. Genet.* 34: 179-189.
- Pääbo S (1985) Molecular cloning of ancient Egyptian mummy DNA. *Nature* 314: 644-645.
- Phillips W (1961) World distribution of the major types of cattle. *J. Hered.* 52: 207-213.
- Richards MB and Sykes BC (1995) Authenticating DNA extracted from ancient skeletal remains. *J. Arch. Sci.* 22: 291-299.
- Saitou N and Nei M (1987) The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.* 4: 406-425.
- Sambrook J, Fritsch EF and Maniatis T (1989) *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. 2nd ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, pp. 9.14-9.23.
- Shin TK, Lee CK, Kim SH, Yang KC, Ko CH, Lee BM, Ahn SH, Jin SW and Ko EM (1992) An anatomy study of animal bones excavated in the Kwakji archaeological site in Cheju Island. *Go-Moon-Wha* 40: 31-42.
- Shin TK, Jin JK and Lee CS (1996) Archaeological study of animal bones excavated from Cheju Kimnyungri cave site. *Korean J. Vet. Res.* 36: 757-761.
- Sohn PK (1990) *Paleolithic sites in Korea*. Seoul: Korea Prehistory Institute.
- Thompson JD, Higgins DG and Gibson TI (1994) CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting,

- position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Res.* 22: 4673-4680.
- Troy CS, MacHugh DE, Bailey JF, Magee DA, Loftus RT, Cunningham P, Chamberlain AT, Sykes BC and Bradley DG (2001) Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle. *Nature* 410: 1088-1091.
- Tuross N (1994) The biochemistry of ancient DNA in bone. *Experimenta* 50: 530-535.
- Ursing BM and Arnason U (1998) The complete mitochondrial DNA sequence of the pig (*Sus scrofa*). *J. Mol. Evol.* 47: 302-306.
- Watanabe T, Hayashi Y, Ogasawara N and Tomita T (1985) Polymorphism of mitochondrial DNA in pigs based on restriction endonuclease cleavage patterns. *Biochem. Genet.* 23: 105-113.
- Watanabe T, Ishiguro N, Okumura N, Nakano M, Matsui A, Hongo H and Ushiro H (2001) Ancient mitochondrial DNA reveals the origin of *Sus scrofa* from Rubun Island, Japan. *J. Mol. Evol.* 52: 281-289.
- Watanabe T, Ishiguro N, Nakano M, Takamiya H, Matsui A and Hongo H (2002) Prehistoric introduction of domestic pigs onto the Okinawa Islands: ancient mitochondrial DNA evidence. *J. Mol. Evol.* 55: 222-231.
- Wilson AC, Cann L, Carr SM, George M and Gyllensten UB (1985) Mitochondrial DNA and two perspectives on evolutionary genetics. *Biol. J. Linn. Soc.* 26: 375-400.
- Xu ZY (1950) *The Animal Husbandry of China*, Ghanghai Yongxiang, Shanghai.

LOCUS AY298747 913 bp DNA linear MAM
01-SEP-2003

DEFINITION Bos taurus mitochondrial D-loop, complete sequence.

ACCESSION AY298747

VERSION AY298747.1 GI:34106248

KEYWORDS .

SOURCE mitochondrion Bos taurus (cow)

ORGANISM [Bos taurus](#)

Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
Mammalia; Eutheria; Cetartiodactyla; Ruminantia; Peccora; Bovidae;
Bovidae; Bovinae; Bos.

REFERENCE 1 (bases 1 to 913)

AUTHORS Kim, J., Han, S., Oh, J., Song, J., Jung, Y. and Oh, M.

TITLE Molecular genetic analysis of the ancient remains excavated from archaeological sites, Jeju, Korea

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 913)

AUTHORS Kim, J., Han, S., Oh, J., Song, J., Jung, Y. and Oh, M.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (14-MAY-2003) Department of Life Science, Cheju National University, 1-1 Ara-Dong, Jeju, Jeju 690-756, South Korea

FEATURES Location/Qualifiers

source

1..913

/organism="Bos taurus"

/organelle="mitochondrion" LIBRARY

/mol_type="genomic DNA"

/isolation_source="ancient bone (radius)"

/db_xref="taxon:9913"

/country="South Korea: Kwakji"

[D-loop](#)

1..913

ORIGIN

```
1 aacactatta atatagttcc ataatataca aagaaccttat cagtattaaa tttatcaaaa
61 atccaataa ctcaacacag aatttgcacc ctaaccaaat attacaaaca ccactagcta
121 acataacacg ccatacaca gaccacagaa tgaattacct acgcaagggg taatgtacat
181 aacattaatg taataaagac ataatatgta tatagtacat taaattatat gccccatgca
241 tataagcagc tacatgacct ctatagcaqt acataatata tataattatt gactgtacat
301 agtacattat gtcaaattca ttcttgatag catatctatt atatattoet taccattaga
361 tcacgagcct aattaccatg ccgcgtgaaa ccagcaaccc gctaggcagg gatccctctt
421 ctgcctcccg qccataaac cgtgcccgtc gctatccaat gaattttacc agccatctcg
481 ttctttcttc agggccatct catctaaaac ggtccatact ttctcttag ataagacatc
541 tcgatggact aatggctaata cagcccatgc tcacacataa ctgtgctgtc atacatttgg
601 tattttttta ttttggggga tgccttgact cagctatggc cgtcaaaggc cctgacccgg
661 agcatctatt gtagctggac ttaactgcat cttgagcacc agcataatga taagcctgga
721 cattacagtc aatggtcaca ggacataaat tatattatat atccccccc ttcataaaaa
781 tttcccctt aatatctac caccactttt aacagacttt tcctagata cttattttaa
841 tttttcacgc tttcaatact caatttagca ctccaaacaa agtcaatata taaacgcagg
901 ccccccccc ccg
```


LOCUS AY298746 911 bp DNA linear MAM
01-SEP-2003

DEFINITION Bos taurus mitochondrial D-loop, complete sequence.

ACCESSION AY298746

VERSION AY298746.1 GI:34106247

KEYWORDS .

SOURCE mitochondrion Bos taurus (cow)

ORGANISM [Bos taurus](#)

Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
Mammalia; Eutheria; Cetartiodactyla; Ruminantia; Peccora; Bovidae;
Bovidae; Bovinae; Bos.

REFERENCE 1 (bases 1 to 911)

AUTHORS Kim, J., Han, S., Oh, J., Song, J., Jung, Y. and Oh, M.

TITLE Molecular genetic analysis of the ancient remains excavated from archaeological sites, Jeju, Korea

JOURNAL Unpublished

REFERENCE 2 (bases 1 to 911)

AUTHORS Kim, J., Han, S., Oh, J., Song, J., Jung, Y. and Oh, M.

TITLE Direct Submission

JOURNAL Submitted (14-MAY-2003) Department of Life Science, Cheju National University, 1-1 Ara-Dong, Jeju, Jeju 690-756, South Korea

FEATURES Location/Qualifiers

source

1..911
/organism="Bos taurus"
/organelle="mitochondrion"
/mol_type="genomic DNA"
/isolation_source="ancient bone (humerus)"
/db_xref="taxon:9913"
/country="South Korea: Gonae"

[D-loop](#)

1..911

ORIGIN

```
1 aacactatta atatagttcc ataatataca aagaaccttat cagtattaaa tttatcataa
61 atccaataa ctcaacacag aatttgcacc ctaaccaaat attacaaaca ccactagcta
121 acataacacg ccatacaca gaccacagaa tgaattacct acgcaagggg taatgtacat
181 aacattaatg tgataaagac gtaatatgta tatagtacat taaattatat gccccatgca
241 tataagcaag tacatgacct ctatagcaqt acataatata tataattatt gactgtacat
301 agtacattat gtcaaattca ttcttgatag catacctaata atatatctct taccattaga
361 tcacgagcct aattaccatg ccgctgaaa ccagcaaccc gctaggcagg gatccctctt
421 ctccctccgq qccataaac cgtcccgctc gctatccaat gaattttacc agccatctcg
481 ttctttctta agggcatctc catctaaaac ggtccattct ttctcttaa ataagacatc
541 tcgatggact aatggctaata cagcccatgc tcacacataa ctgtgctgtc atacatttgg
601 tattttttta ttttggggga tctttggact cagctatggc cgtcaaaggc cctgacccgg
661 agcatctatt gtagctggac ttaactgcat cttagccacc agcataatga taagcctoga
721 cattacagtc aatggtcaca ggacataaat tatattatat atccccccc ttcataaaaa
781 tttccccctt aaatatctac caccactttt aacagacttt tccttagata cttattttaa
841 tttttcacgc tttcaatact caatttagca ctccaaacaa agtcaatata taaacgcagg
901 ccccccccc g
```

적 요

본 연구는 제주도에서 발견된 4곳의 유적지 (금성, 김녕, 고내, 광지)에서 발굴되어 형태학적, 골학적 분석에 의해서 소와 멧돼지로 동정된 동물 뼈로부터 ancient DNA를 추출하였고, DNA 증폭 기술과 염기서열 분석 기술을 이용하여, 현존하는 동물들과의 분자유전학적 유연관계를 규명하기 위해 제주재래흑우, 황우 및 흑돈을 포함한 현존하는 동물들과의 계통유전학적 분석을 수행하였다.

화석 뼈에서 추출된 DNA를 주형으로 사용하여 미토콘드리아 DNA의 조절부위를 증폭하였으며, 클로닝과 DNA 염기서열 분석 방법을 통하여 염기서열을 분석하였다. 소뼈인 경우 조절부위 전체 서열을 분석하였고, 멧돼지 뼈로부터는 염기변이율이 높은 부분서열 (305-bp)을 분석하였다. 이 과정에서 제주재래흑우와 한우 그리고 한국산 멧돼지 각각 1개체를 염기서열 분석에 포함시켰다. 결정된 염기서열은 앞서 이미 보고된 서열들과 비교하였으며, 이를 토대로 염기변이율 산출 및 계통유전학적 분석을 수행하였다. 소 화석 뼈와의 비교를 위해서 아시아품종 12개체, 유럽품종 8개체 그리고 아프리카품종 4개체를 선택하였으며, 멧돼지 화석 뼈와의 비교에는 아시아품종 10개체와 유럽품종 8개체를 포함시켰다. 계통유전학적 분석과 염기변이율 산출 결과 4개의 소 화석 뼈는 제주재래흑우와 상대적으로 낮은 염기변이율을 나타냈으며, 단일계통 (monophyletic) 집단을 형성하였다. 하지만 염기변이 (sequence variation)의 형태와 몇몇 유적지에 관한 보고들은 현재는 나타나지 않는 모계혈통 (maternal lineage)를 갖는 들소의 존재가능성을 뒷받침해준다. 또한 8개의 멧돼지 화석 뼈는 한국산 멧돼지, 일본산 멧돼지 그리고 Meishan pig와 동일한 집단 내에 속하였으나, 제주재래흑돈과는 상대적으로 먼 유연관계를 보였다. 이 결과로 미루어볼 때 서력 기원 전후에 제주도에 두 형태의 모계혈통, 즉 야생 형태의 멧돼지와 가축화과정의 멧돼지가 존재했을 것으로 추정된다.

본 연구 결과는 제주재래흑우 및 흑돈에 대한 조상의 추정 및 그 당시에 제주도 내에 존재했으나 현재는 멸종된 것으로 보이는 들소와 멧돼지의 존재에 관한 연구에 기초적인 자료로 활용할 수 있을 것으로 사료되며, 제주재래가축의 보존과 보급을 위한 보다 많은 연구와 논의가 이루어져야 할 것이다.

Key word : ancient DNA, archaeological, cattle, control region, mitochondrial DNA, monophyletic, origin, phylogenetic, wild boar

감사의 글

지난 2년 동안의 연구가 이 논문으로 나오게 되었습니다. 본 논문을 완성하는데 많은 도움을 주신 분들께 이 지면을 빌어 감사의 말씀을 전합니다.

우선, 연구를 수행하고 논문이 완성되기까지 부족한 저로 하여금 아낌없는 지도와 사랑으로 보살펴주셨던 오문유 교수님께 진심으로 감사의 말씀을 드리고, 지금처럼 항상 건강하시길 바랍니다.

바쁘신 중에도 미흡한 논문을 세심하게 지적하시고 다듬어주신 김원택 교수님, 김기옥 박사님께 깊은 감사의 말씀을 드립니다. 그리고 학부시절부터 가르침을 주시며, 생물학의 길을 열어주신 오덕철 교수님, 이용필 교수님, 김문홍 교수님, 이화자 교수님, 고석찬 교수님, 김세제 교수님께도 더불어 감사의 마음을 전합니다.

본 논문을 위한 연구의 실험재료를 선뜻 제공해주신 제주대학교박물관 강창화 선생님과 제주도 민속자연사박물관 고재원 과장님께 감사를 드립니다. 유전자 분석을 수행하는데 있어 도움을 주신 농업진흥청 제주농업시험장 김성철 선배님과 많은 관심을 갖고 지켜봐주신 제주농업기술원 박영철 선배님, 김성철 연구사님께도 감사의 마음을 전합니다.

대학원 과정동안의 연구를 수행함에 있어 아낌없는 관심과 조언을 주신 정용환 선배님께 감사를 드리며, 유전학실험실 오유성 선배님, 한상현 선배님, 오주형 선배님께 감사의 마음을 전합니다. 또한 강민철, 오대주, 장재영, 강성일, 황준호, 김동철, 김윤정 후배들 및 그 동안 유전학실험실을 거쳐간 여러 선후배들에게도 감사를 드립니다.

학부시절부터 생물학도의 꿈을 함께 꾸었고, 기쁨과 슬픔을 항상 같이 했던 진영준, 송지훈, 정용욱 그리고 대학원 생활을 함께 했던 대학원 선후배 여러분들께도 감사드립니다. 또한 늘 바쁘다는 이유로 그동안 함께하지 못했던 여러 벗들과 후배들에게도 감사의 마음을 전합니다.

무엇보다도 지금까지 저를 낳아서 길러주시고 무한한 사랑과 믿음으로 저를 지켜봐주신 어머님과 하늘에서 항상 저를 지켜보고 계실 아버님께 깊은 감사를 드립니다. 또한 깊은 관심으로 지켜봐주신 매형, 사랑하는 누나들과 동생에게도 감사의 마음을 전합니다.