creative commons

COMMONS DEED

저작자표시-비영리-변경금지 2.0 대한민국

이용자는 아래의 조건을 따르는 경우에 한하여 자유롭게

- 이 저작물을 복제, 배포, 전송, 전시, 공연 및 방송할 수 있습니다.

다음과 같은 조건을 따라야 합니다:

저작자표시. 귀하는 원저작자를 표시하여야 합니다.

비영리. 귀하는 이 저작물을 영리 목적으로 이용할 수 없습니다.

변경금지. 귀하는 이 저작물을 개작, 변형 또는 가공할 수 없습니다.

- 귀하는, 이 저작물의 재이용이나 배포의 경우, 이 저작물에 적용된 이용허락조건을 명확하게 나타내어야 합니다.
- 저작권자로부터 별도의 허가를 받으면 이러한 조건들은 적용되지 않습니다.

저작권법에 따른 이용자의 권리는 위의 내용에 의하여 영향을 받지 않습니다.

이것은 이용허락규약(Legal Code)을 이해하기 쉽게 요약한 것입니다.

Disclaimer

dCollection

의학석사 학위논문

서울시내 청계천 유적에서 수집한 조선시대 소 뼈 추출 미토콘드리아 DNA D-loop 서열에 대한 유전학적 분석

Mitochondrial DNA D-loop Analysis of *Bos taurus* bones collected from *Cheonggyecheon* Archaeological site of Joseon Dynasty

2016년 8월

서울대학교 대학원

의학과 해부학 전공

홍 종 하

서울시내 청계천 유적에서 수집한 조선시대 소 뼈 추출 미토콘드리아 DNA D-loop 서열에 대한 유전학적 분석

지도교수 신 동 훈

이 논문을 의학석사 학위논문으로 제출함

2016 년 6 월

서울대학교 대학원

의학과 해부학 전공

홍 종 하

홍종하의 의학석사 학위논문을 인준함

2016 년 6 월

위 원 장_____(인)

부위원장_____(인)

위　　원_____(인)

Mitochondrial DNA D-loop Analysis of *Bos taurus* bones collected from *Cheonggyecheon* Archaeological site of Joseon Dynasty

by

Jong Ha Hong

A Thesis Submitted to the Department of Anatomy in Partial Fulfillment of the Requirements for Master Degree in Medicine at the Seoul National University

June 2016

Approved by Thesis Committee:

Professor _____ Chairman

Professor _____ Vice chairman

Professor _____

국문 초록

서론: 현재 사육되는 소는 약 10,000~15,000년 이전 전 세계 넓은 지역에 분포했던 야생소(*Bos promogenius*)가 가축화되어 유래하였을 것으로 추정되는데, 크게 혹이 있는 소(*Bos indicus*)와 혹이 없는 소(*Bos taurus*) 두 가지 종류로 나눌 수 있다. *Bos taurus* 에 속하는 우리나라 소는 현존하는 개체에 연구가 대부분 집중되어 있기 때문에 과거 역사적으로 우리나라에 존재했던 토종 소에 대한 유전학적 연구는 찾아보기 힘들다. 이에 본 연구에서는 우리나라 소 기원과 변천에 대한 보다 포괄적 이해를 얻기 위해 20세기 이전 한반도에서 사육되던 소 뼈를 고고학 발굴현장에서 얻어 이를 유전학적으로 분석하고자 하였다.

방법: 청계천에서 발굴된 조선시대 소 뼈에서 DNA를 추출한 후 중합효소연쇄반응을 통해 미토콘드리아 DNA D-loop 서열을 증폭시켰다. 증폭산물을 ligation한 후 Escherichia coli 세포 내로 형질전환하고, 이를 통해 복제된 DNA를 추출하여 공통서열을 결정한 다음 BLAST 프로그램을 이용해 유사한 서열을 가진 종을 최종 확인함으로써 실험결과를 검증함과 동시에 다른 소 유전형과의 유사성을 살펴보았다. 청계천 출토 소에서 추출한 미토콘드리아 DNA서열은 한우, 일본 흑소, 중국 소 등 GenBank에서 얻은 총 243개체의 유사서열과 함께 계통분석을 시도하였는데 Maximum Composite Likelihood법으로 지역 간 유전적 거리를 계산하였고, Neighbor-Joining 및 Maximum likelihood 법을 이용하여 계통수를 작성하였다.

결과 및 고찰: GenBank에 등록된 서열 중 청계천 조선 소에서 확인한

서열과 가장 유사한 것은 오스트리아에서 보고된 *Bos taurus*(AF022924.1)이고 한국 소(AY337535.1)를 포함 한 기타 다양한 지역 소에서도 매우 높은 유전적 유사성을 볼 수 있었다. 청계천 출토 소는 *Bos taurus* Reference Sequence(BRS)와 비교해 봤을 때 모두 여덟 곳에서 (16138, 106, 169, 221, 587+C, 2536A, 9682C, 13310C) 차이를 보였는데 이로부터 이 소의 하플로그룹을 *Bos taurus* T3형으로 결정할 수 있었다. 청계천 소 미토콘드리아 DNA 서열을 기존 보고된 동아시아 각국의 소 서열과 함께 분석하여 그린 계통수를 보면 Neighbor-Joining 및 Maximum likelihood 법 모두에서 비슷한 양상을 보여주었다. 전체적으로 *Bos taurus*는 크게 두 집단으로 나뉘는데 청계천 출토 소와 함께 한우, 일본 및 일부 중국 소가 한 집단을 이루고, 나머지 중국 소들이 또 다른 집단을 이루는 모습을 볼 수 있었다. 이번 연구에서 얻어진 청계천 조선시대 소 DNA는 한반도 본토에서 출토된 20세기 이전 소 뼈에서 최초로 확인한 유전형인데 분석 결과 매우 다양한 유전학적 배경을 가진 품종이 역사적으로 한반도에 유입되어 장기간에 걸쳐 한우 품종 확립에 기여했을 가능성을 부정하기 어렵다.

주요어: 미토콘드리아 DNA D-loop, **한우, 조선시대,** *Bos taurus*

학 번: 2014-21098

목 차

국문초록.....4

목차.....6

표 목록.....7

그림목록.....8

서론.....9

실험목적.....13

실험재료 및 방법.....14

결과.....24

고찰.....51

참고문헌.....63

초록(영문).....68

표 목록

표 1. 청계천 유적에서 수습된 목재의 탄소연대측정 결과

표 2. 중합효소연쇄반응(PCR)에 사용된 primer 정보

표 3. 중합효소연쇄반응(PCR) 조건

표 4. 소 미토콘드리아 DNA 기준서열(BRS)과 청계천 출토 소 미토콘드리아 서열비교

표 5a. Maximum Composite Likelihood 계산법을 이용하여 구한 청계천 조선시대 소와 현대 한우 간의 미토콘드리아 DNA 거리

표 5b. Maximum Composite Likelihood 계산법을 이용하여 구한 소 미토콘드리아 DNA 각 그룹 (지역별) 간 거리

표 6. 한반도 소 과 동물출토 유적 일람

표 7. 고려시대/조선시대 소 무역에 대한 대표적인 기록

그림 목록

그림 1. *Bos taurus* 의 Phylogenetic Tree (Achilli 등, 2009)

그림 2a. 중합효소연쇄반응을 통한 D-loop primer DNA 증폭산물 확인결과

그림 2b. 중합효소연쇄반응을 통한 coding region primer DNA 증폭산물 확인결과

그림 3. 형전환으로 확인된 서열과 공통서열

그림 4. 청계천에서 발굴된 소 뼈에서 추출한 미토콘드리아 DNA D-loop 및 coding region 공통서열

그림 5. *Bos taurus* 의 Phylogenetic Tree (Achilli 등, 2009)에서 하플로그룹 T 형 부분을 확대 발췌한 모습

그림 6. 연구에 사용된 중국 소 미토콘드리아 DNA 서열의 수집위치

그림 7a. Neighbor-Joining Method로 작성한 한우와 청계천 출토 조선시대 소 Phylogenetic Tree (Circular)

그림 7b. Neighbor-Joining Method로 작성한 한우와 청계천 출토 조선시대 소 Phylogenetic Tree (Radiation)

그림 8a. Maximum Likelyhood Method 로 작성한 한우와 청계천 출토 조선시대 소 Phylogenetic Tree (Circular)

그림 8b. Maximum Likelyhood Method 로 작성한 한우와 청계천 출토 조선시대 소 Phylogenetic Tree (Radiation)

그림 9a. Neighbor-Joining Method 로 작성한 동아시아 지역 소 Phylogenetic Tree (Circular)

그림 9b. Neighbor-Joining Method 로 작성한 동아시아 지역 소 Phylogenetic Tree (Radiation)

그림 10a. Maximum Likelihood Method로 작성한 동아시아 지역 소 Phylogenetic Tree (Circular)

그림 10b. Maximum Likelihood Method로 작성한 동아시아 지역 소 Phylogenetic Tree (Radiation)

서 론

현재 우리가 사육하고 있는 소는 약 10,000~15,000 년 전 아시아, 유럽, 아프리카 북부 등 세계 각 지역에 넓게 분포했던 야생소(*Bos promogenius*) 중 일부가 가축화하여 성립되었던 것으로 추정하고 있다(Mannen 외, 1998). 오늘날 전 세계적으로 소는 혹이 있는 것(*Bos indicus*)과 혹이 없는 것(*Bos taurus*) 두 가지 종류로 나눌 수 있는데(Mannen 외, 1998), 이 중 혹이 있는 소는 인도대륙과 아프리카, 동남아시아 및 남중국에 주로 분포하는 반면, 혹이 없는 소는 유럽 아프리카 아시아 등지에서 사육되고 있다(Lai 등, 2006; Jia 등, 2007, 2010; 신동훈, 2015).

우리나라 한우는 이 중 혹이 없는 소에 속하는데, 형태학적으로 몸집이 작고 이마가 넓고 콧등이 길고 눈이 크며 뿔이 외하방 (外下方)을 향하는 등 특징이 있다고 한다(진충우, 2007)[1]. 하지만 이는 20 세기 이후 확립된 개념으로, 품종으로서의 한우에 대한 개념이 성립하기 이전 한반도에 존재했던 전통 소 또한 비슷하거나 같은 형태적 특징을 지녔을지는 알 수 없다. 이는 근대에 들어와 한우라 하는 품종 개념이 성립하면서 소 외형 통일을 시도했기 때문이다. 특히 소 털 색의 경우 20 세기 들어 같은 계통으로 단일화 되었는데, 1938 년에 제정되고 1970 년에 개정된 한우 심사표준에 털 색을 각각 적색과 황갈색으로만 규정하여 이외의 색은 모두

---

[1] 품종으로서의 한우에 대한 개념은 20세기에 성립한 것으로, 그 이전 한반도에 존재했던 전통 소를 모두 아우르는 개념은 아니다. 본 연구는 조선시대 소 뼈를 시료로 하여 진행하였기 때문에 그 시료를 현대 한우와 구별할 필요가 있으며, 이에 20 세기 이전의 소를 '전통 소'로 구별하여 표기하기로 하였다.

공식적으로 도태시켰기 때문이다(진충우, 2007). 이러한 이유로 해방 전 권업모범장보고(勸業模範場報告, 1928)에 의하면 우리나라 토종 갈색 털 소는 77.8% 였으나 1970 년대 농협중앙회(한우심사표준, 1974) 자료에는 황갈색 털 소가 96.4%로 털 색이 거의 하나로 통일되게 되었다. 이러한 점을 고려해 보면 20 세기 이전에는 우리나라에 좀 더 다양한 털 색을 가진 소가 있었던 것으로 추정되며 고려시대 처음 편찬된 신편집성마의방우의방(新編集成馬醫方牛醫方) 이나 일제강점기 권업모범장보고(勸業模範場報告) 등 자료에는 실제로 그런 역사 기록이 보이기도 한다(최태정, 2009; 서상원 등, 2014).

종래 소를 식별할 때는 형태학적 판별이 주로 사용되었지만, 현대에 들어와서는 deoxyribonucleic acid(DNA)를 사용한 연구가 많이 시도되고 있다. 현재 핵 DNA 를 이용, Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) 방법, micro-satellite 분석법이나 미토콘드리아 DNA 분석법 등을 통해 계통분석을 하고 있는데(진충우, 2007) 이 중 미토콘드리아 DNA 는 핵 DNA 에 비해 돌연변이율이 높고(Haag-Liautard, 2008) 모계유전 (maternal transmission)을 하는 특성이 있어 유전학적 연구에 중요하게 활용된다(Brown, 1979). Anderson 등(1982)은 16,338bp 에 달하는 소 미토콘드리아 DNA 전부를 분석하는 데 처음으로 성공하였는데 이후 많은 연구자들이 다양한 지역 소를 대상으로 하여 염기서열 분석을 추가로 시도하여 보고하였다(Xuan 등, 2010; 신동훈, 2015).

현재까지 얻어진 소에 대한 유전계통학적 연구결과를 살펴보면 혹 없는 소(*Bos taurus*)의 경우 미토콘드리아 하플로그룹이 대부분 T형이며 하부유형으로 T1-T5까지로 나눌 수 있다(Troy등, 2001; Achilli등, 2008, 2009; 신동훈, 2015). 미토콘드리아 서열 다양성은 중동지역에서 가장 높기

때문에 이 지역에서 *B. taurus*의 가축화가 시작되었을 가능성이 높다고 한다(Edwards등, 2004). 한편 혹 있는 소(*B. indicus*)의 경우에는 인도대륙에서 가축화되었다고 하는데 대부분 I형의 미토콘드리아 하플로그룹에 속하고 하부유형으로 I1형과 I2형으로 나뉜다(Lai등, 2006). 이 중 특히 I1형의 소는 인더스 강 유역에서 가축화되어 동쪽으로 확산되었을 것으로 추정되어 동남아지역을 포함하여 현재 중국 남부지방에서도 그 혼혈종이 확인되고 있다(Achilli등, 2009; Chen 등, 2010; 신동훈, 2015)

이러한 연구를 통해 축적된 미토콘드리아 DNA 서열정보를 분석하면 소의 유전학적 계통을 좀 더 과학적으로 확인하는 것이 가능하다. 우리나라의 경우에도 한우는 *B. taurus* 계통의 소와 유전적 유사도가 높은 반면 *B. indicus* 및 북아메리카 소와는 상대적으로 유사도가 떨어지는 것으로 보고되었다(정의룡 등, 2002; Kim 등, 2003; Kim 등, 2010). 하지만 이는 어디까지나 현재의 한우에 국한된 연구에 바탕한 것으로 과거 한반도에 존재했던 전통 소의 모계 미토콘드리아 유전형에 대한 직접적 연구는 현재로서는 찾아보기 매우 힘들다.

이에 대한 거의 유일한 예외로 8-9 세기대 우리나라 옛 소에 관한 Kim 등(2005)의 연구가 있는데 이는 고고학 발굴현장에서 수습한 제주도 옛 소 뼈를 시료로 하여 미토콘드리아 DNA D-loop 서열을 분석하고 이를 기존 보고된 현대 소 DNA와 비교한 연구이다. 이 보고에서 확인된 제주도 옛 소 DNA는 현재 해당지역에서 아직도 사육되고 있는 흑소와 가장 유사하다는 결과를 얻었는데 이는 제주도 고고학 현장에서 발굴한 옛 소 뼈가 현재 제주흑소의 직접 조상일 가능성이 높다는 것을 의미한다. 다만 그 학술적 중요성에도 불구하고 이 연구는 한반도 본토가 아니라

지리적으로 고립된 제주도 옛 소 뼈에 대해 연구를 수행하였기 때문에 이를 통해 본토의 고대 소 유전형을 유추하기는 쉽지 않다고 판단된다.

이에 본 연구는 한우의 유전학적 기원과 변천을 이해하는 데 있어 우리나라 옛 소의 유전적 특징을 직접 규명하는 것이 매우 중요하다는 점에 착안하여 20 세기 이전 한반도에서 사육되던 소 뼈를 고고학 발굴 현장에서 얻어 이에 대한 유전학적 분석을 시행하고 그 결과를 현재까지 보고된 소 유전자 정보와 함께 생명정보학적 분석을 수행하여 우리나라 소의 기원에 대한 정보를 얻고자 하였다.

실험 목적

이 연구에서는 청계천에서 발굴된 조선시대 소 뼈에서 추출한 미토콘드리아 DNA D-loop 서열에 대한 유전학적 분석을 통하여 조선시대 사육소의 유전적 특징을 규명하고 이를 동아시아 지역 소 미토콘드리아 DNA 해당 서열과 비교하여 현재 한국 소의 기원과 변천에 대한 과학적 근거를 얻고자 하였다.

재료 및 방법

시료

실험에는 지난 2009년 서울역사박물관에 의해 발굴조사된 종묘광장 회동, 제생동천지구 1차 조사구간 북안석축 조선시대 전기층에서 출토된 소 넙다리뼈를 사용하였다. 공반유물의 편년결과 및 연관된 목재 AMS 분석결과(표1)로 보아 15-16세기 소 뼈로 추정하고 있다(서울역사박물관, 2012)

시료의 준비 및 세척

DNA분석을 위해 멸균시킨 톱날을 사용하여 뼈 표면을 갈아낸 후, 20분간 UV를 조사하여 표면의 오염을 제거하였다. 잘라낸 뼈를 5.4% Sodium hypochlorite에 20분간 담궈 세척한 다음, 멸균증류수로 5회 반복 세척하여 Sodium hypochlorite를 제거하고 99.8% Ethanol을 사용해 내부의 수분을 제거한 후 멸균된 클린벤치에서 12시간 건조시켰다.

시료의 분쇄 및 용해

건조시킨 뼈는 SPEX 6750 Freezer / Mill (SPEX SamplePrep, Metuchen, NJ)를 사용해 분쇄한 후 0.5g을 덜어 10 ml의 lysis buffer(EDTA 50 mM, pH 8.0; 1 mg /mL of proteinase K; SDS 1%; 0.1 M DTT)를 넣은 후 56℃에서 48시간 용해하였다.

DNA 추출

DNA추출에는 lysis buffer(10 ml)과 동량의 phenol / chloroform / isoamyl alcohol (25:24:1)을 사용하여 용해액 내부의 단백질을 제거한 후, chloroform / isoamyl alcohol (24:1)으로 phenol을 제거하였다. DNA의 분리와 정제에는 QIAmp PCR purification kit (Qiagen, Hilden, Germany)를 사용하였고, 추출한 DNA는 NanoDropTM ND-1000 Spectrophotometer (Thermo Fisher Scientific, MA, USA)을 이용하여 정량을 측정하였다.

중합효소연쇄반응(Polymerase Chain Reaction)

해당 유전자 서열을 증폭하기 위하여 중합효소연쇄반응(PCR)을 시행하였다. 1X AmpliTaq Gold® 360 Master Mix (Life Technologies, USA)와 각각 10 pmol의 primer쌍, 40 ng의 청계천 출토 소 DNA를 사용하였으며 *Bos taurus* mitochondria D-loop primer 24쌍의 정보 및 PCR 조건은 표 2와 표 3에 각각 요약하였다.

전기영동을 통한 표적 유전물질 검출

증폭된 DNA에서 표적 유전물질을 검출하기 위해 2.5% Agarose Gel (Invitrogen, USA)를 사용해 전기영동한 후, ethidium bromide(EtBr)로 10분간 염색하였다. 각 primer 크기에 맞는 밴드를 잘라내어 QIAquick Gel Extraction Kit (Qiagen, Hilden, Germany)를 사용하여 증폭된 유전물질을

정제하였다.

형질전환(Transformation)

정제된 표적 유전물질을 pGEM®-T Easy Vector (Promega Corporation, USA)를 사용하여 16시간 (ligation, 결찰) 반응시킨 후 Escherichia coli(HIT Competent Cells, RBC, Taiwan)세포 내로 형질전환하여 고체배지 (LB Agar 20ml, Ampicillin, X-GAL/IPTG)에 접종, 12시간 배양하였다. 배양이 끝난 후 각각의 colony를 액체배지(LB Broth 5ml, Ampicillin)에서 12시간 배양하였다.

Plasmid 추출

배양한 colony가 들어있는 액체배지 튜브를 2000g의 압력으로 10분간 원심분리하여 pellet을 제외한 배양액을 제거한 후, QIAprep® Miniprep kit(Qiagen, Hilden, Germany)를 사용하여 plasmid를 추출하였다.

DNA Sequencing

추출한 plasmid를 SP6 Universal primer, BigDye terminator v3.1 sequencing kit 와 3730xl automated sequencer (Applied Biosystems, Foster City, CA)를 이용하여 Sanger Sequencing 하였고(Macrogen Inc, Seoul, Korea), 이를 통해 청계천 출토 소의 미토콘드리아 DNA D-loop 서열을 확인하였다.

DNA 서열 분석

사람 미토콘드리아 하플로그룹을 결정할 때는 샘플을 표준염기서열 (revised Cambridge Reference Sequence)과 비교하여 유전적 변이를 찾아낸 후 phylogenetic tree 위의 표준염기서열 위치에서 출발하여 변이의 양상을 따라감으로써 찾을 수 있다(Torroni 등, 1993). 소 역시 마찬가지로 표준염기서열(*Bos taurus* Reference Sequence)를 가지고 있으며, 동일한 방법으로 하플로그룹 결정이 가능하다. 이 연구에서는 청계천에서 출토된 소 뼈에서 확인한 미토콘드리아 DNA D-loop 서열을 Anderson(1982)의 *Bos taurus* Reference Sequence(BRS)와 비교하여 그 하플로그룹을 결정하였다. 또한 National Center for Biotechnology Information(NCBI)에서 제공하는 Basic Local Alighnment Analysis Search Tool(BLAST, http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/)를 이용하여 GenBank에 등록된 다른 서열들과의 비교검토를 실시, 실험의 유효성을 검증함과 동시에 다른 소 서열들과의 유사성을 살펴보았다.

Phylogenetic Analysis

실험을 통해 확인된 미토콘드리아 DNA D-loop 서열을 바탕으로 하여 계통분석을 시도하였다. 분석에 사용된 미토콘드리아 DNA 서열은 한우 55개체, 일본 소 19개체, 중국 소 163개체 및 BRS를 사용하였고 이 외에 *B. indicus* 3개체와 B. primigenius 서열을 outgroup으로 하였다(신동훈, 2015). 수집한 미토콘드리아 DNA D-loop 서열은 MEGA6 프로그램의 ClustalW 패키지를 통해 정렬하였다(Thompson 등, 1994). 정렬된 서열 중 먼저 한우와 청계천 출토 조선시대 소 서열 간의 Phylogenetic distance를

계산하여 그 결과를 본 후, 동아시아에서 수집된 230개의 서열 중 동일 지역에서 수집된 것들을 그룹화하고 이를 바탕으로 Phylogenetic distance를 계산하였다. Phylogenetic distance 계산에는 Maximum Composite Likelihood법을 사용하였으며 설정 값은 Subsitutions to Include (d:Transitions + Transversions), Rates among Site (Uniform rates), Pattern among Lineages (Same; Homogeneous), Gaps/Missing Data Treatment (Complete Deletion)로, Bootstrap은 1000회 실시하여 검증하였다.

정렬된 서열을 이용하여 계통수(Phylogenetic Tree)를 작성하였는데 MEGA6 Tree Explorer 의 Neighbor-Joining (NJ) 및 Maximum Likelihood (ML) 방법을 이용하였다(Hall, 2013). Phylogenetic distance 계산과 마찬가지로 현대 한우와 청계천 출토 소의 계통수, 청계천 출토 소를 포함한 동아시아에서 수집된 소 계통수를 각각 작성하였다. NJ Tree 를 작성하기 전 Jukes-Cantor 거리를 계산하여 분석에 사용할 서열이 각각의 계통수를 그리기에 적합한지 확인하는 과정을 거쳤고, ML Tree 의 경우 MEGA6 Models 의 Find Best-Fit Subsitution Model(ML) 항목을 이용하여 가장 알맞은 Tree Model 을 확인하였다. NJ 법 Tree Model 은 Maximum Composite Likelihood 로 진행하였는데 설정 값을 Substitutions to Include (d:Transitions + Transversions), Rates among Site (Uniform rates), Gaps/Missing Data Treatment (Complete Deletion)으로 하여 진행하였다. ML Tree 는 Hasegawa-Kishino-Yano model 을 사용하여 작성하였으며 설정 값을 Rates among Site (Gamma Distributed), *No. of Discrete Gamma Categories* (5), Gaps/Missing Data Treatment (Complete deletion), HL Heuristic Method (Nearest-Neighbor-Interchange), Initial Tree for ML

(Make initial tree auromatically; Default – NJ/BioNJ), Branch Swap Filter (Very Strong)로 하여 진행하였다.

계통수를 그릴 때 Bootstrap 반복 횟수를 보면 NJ Tree 의 경우 100-2000 사이에서 결정하며, 90%이상의 Bootstrap 값을 신뢰도가 높다고 판단하는 반면 25% 이하의 결과는 신뢰성일 담보할 수 없다고 한다(Hall, 2011). ML 의 경우는 이와 달리 일반적으로 100 회 정도의 Bootstrap 만 실행하는데, 이는 NJ 법과 비교할 때 일반적으로 계산에 매우 오랜 시간이 걸리는 점을 감안한 것이다(Hall, 2011). 본 연구에서는 ML 의 경우 500 회의 Bootstrap 을, NJ 의 경우 1000 회의 Bootstrap 을 실시하였으며, Bootstrap 결과 상 50% 미만은 Cut off 하였다.

(표 1)

소 뼈를 얻은 청계천 유적에서 수습된 목재의 탄소연대측정 결과[2]

시료번호	연륜번호	추정연대 (보정연대 : A.D.)
1	1A	1395~1420
	1B	1400~1430
	1C	1410~1435
21	21A	1430~1455
	21B	1435~1460
	21C	1445~1470

[2] 각 시료에서 3개씩의 샘플을 채취하여 연대를 측정하였으며, 연륜번호 A-C는 시료 내부에서 샘플을 채취한 위치를 의미함(A-C : 중심부-주변부).

(표 2)

중합효소연쇄반응(PCR)에 사용된 primer 정보

Primer	position	Sequence (5' to 3')	Annealing Temp.(℃)	Length (bp)
T-1	Forward	CGG CAC AAT CGA AAA CAA T	61	116
	Reverse	TCT TCC TTG AGT CTT AGG GAG GTT		
T-2	Forward	CAA CCC CCA AAG CTG AAG TT	61	118
	Reverse	TGT GTT GAG TTA TTG GGA TTT TTG A		
T-3	Forward	GTT CCA TAA ATA CAA AGA GCC TTA TCA	61	129
	Reverse	GGT CTG TGT ATG GGC GTG TT		
T-4	Forward	TCA ACA CAG AAT TTG CAC CCT A	61	100
	Reverse	ACC CCT TGC GTA GGT AAT TCA		
T-5	Forward	AAC ACG CCC ATA CAC AGA CC	61	115
	Reverse	GCA TGG GGC ATA TAA TTT AAT GTA CT		
T-5-1	Forward	ACC TAC GCA AGG GGT AAT GT	58	171
	Reverse	TCA AGA ATG AAT TTG ACA TAA TGT ACT		
T-5-2	Forward	CCC CAT GCA TAT AAG CAA GTA CA	58	138
	Reverse	AGC TCG TGA TCT AAT GGT AAG GAA		
T-5-3	Forward	CAT TAT GTC AAA TTC ATT CTT GAT AG	58	100
	Reverse	TAG CGG GTT GCT GGT TTC		
T-6	Forward	TCC TTA CCA TTA GAT CAC GAG CTT	61	104
	Reverse	GAC CCC CAC GGT TTA TGG		
T-7	Forward	AAA CCA GCA ACC CGC TAG G	61	109
	Reverse	GGC CCT GAA GAA AGA ACC AG		
T-8	Forward	GTG GGG GTC GCT ATC CAA T	62	137
	Reverse	ATG TGT GAG CAT GGG CTG AT		

T-9	Forward	AAA ACG GTC CAT TCT TTC CTC TT	62	135
	Reverse	GCC ATA GCT GAG TCC AAG CA		
T-9-1	Forward	TAA TCA GCC CAT GCT CAC AC	58	115
	Reverse	CAA TAG ATG CTC CGG GTC AG		
T-10	Forward	TTA TTT TGG GGG ATG CTT GG	62	100
	Reverse	TTA TGC TGG TGC TCA AGA TGC		
T-11	Forward	CCT GAC CCG GAG CAT CTA TT	62	100
	Reverse	ATT TAT GTC CTG TGA CCA TTG ACT G		
T-12	Forward	GAG CAC CAG CAT AAT GAT AAG CA	62	109
	Reverse	GGT GGT AGA TAT TTA AGG GGG AAA		
T12-1	Forward	ACA GTC AAT GGT CAC AGG ACA	58	137
	Reverse	TTG AGT ATT GAA AGC GTG AAA AA		
T-13	Forward	TCC CCC TTA AAT ATC TAC CAC CAC	62	122
	Reverse	GGG GCC TGC GTT TAT ATA TTG		
T-14	Forward	TTT TTC ACG CTT TCA ATA CTC AAT TT	62	108
	Reverse	TTT TCA GTG CCT TGC TTT GG		
12158	Forward	AAA ATT GGT GCA ACT CCA AA	62	134
	Reverse	CGT AGA GTG GGT AGT TGG AAG G		
587	Forward	CAC ACC CTG TAG CTC ACG A	62	129
	Reverse	GTG GCT GGC ACG AGA TTT		
2536	Forward	AGG CGG GAA TGC ACA AAT	55	123
	Reverse	CCC CAA CCG AAA CTA CCA		
9682	Forward	TCT GCT TCT TCC GCC AAT	62	105
	Reverse	GGA AAA GTC AGA CTA CGT CTA CGA		
13310	Forward	GGA ATA CCC TTC CTC ACA GG	62	133
	Reverse	TAC GGG TGC TGT AAA TAG CTG		

(표 3)

중합효소연쇄반응(PCR) 조건

		Temperature (℃)	Time (min)	
1	Pre-Denaturation	94	10	
2	Denaturation	94	0.5	2-4 과정을 42 회 반복
3	Annealing	(표 2) 참조	0.5	
4	Extension	72	0.5	
5	Post-extention	72	10	

결 과

청계천에서 발굴된 조선시대 소 뼈에서 DNA 를 추출한 후 총 18 쌍의 primer 를 이용하여 미토콘드리아 DNA D-loop 서열을 확인하였고, 샘플의 하플로그룹을 확실히 하기 위해 총 5 쌍의 primer 를 이용하여 coding region 염기서열변이를 추가로 확인하였다. 중합효소연쇄반응 후 전기영동을 통해 확인한 DNA 증폭 결과는 그림 2a, 그림 2b 와 같다. 확인된 증폭산물의 크기를 각 Primer 증폭산물 예상 정보에서 유추 가능한 크기(표 2)와 비교하면 결과가 모두 바르게 얻어졌을 가능성이 높다는 것을 알 수 있었다.

전기영동에서 확인된 중합효소연쇄반응 산물을 추출하여 pGEM®-T Easy Vector를 이용, 형전환을 진행하였는데 이에서 얻어진 각 클론 DNA 서열로부터(그림 3) 공통서열(consensus sequence)을 결정하였다(그림 4). 이를 소 미토콘드리아 DNA BRS 서열 (15773-16338, 1-351, 587+C, 2536A, 9682C, 13310C)과 비교하면 모두 8 곳에서 변이가 관찰되었다(표 4). 최종적으로 미토콘드리아 DNA D-loop 및 coding region 분석을 통해 조선시대 청계천 출토 소 뼈 유전자 하플로그룹은 T3 형으로 결정되었다.

다음으로 청계천 출토 소 미토콘드리아 DNA D-loop 서열을 National Center for Biotechnology Information (NCBI)에서 제공하는 Basic Local Alighnment Analysis Search Tool(BLAST, http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/)을 이용하여 GenBank에 등록된 다른 서열들과 비교검토를 실시하였다. 분석결과 이 연구에서 얻어진 조선시대 소 미토콘드리아 DNA 서열은 기존에 보고된 소 해당 부위 서열과 대체로 일치한다는 점을 확인하였다.

GenBank에 등록된 서열 중 이번 실험에서 확인한 서열과 가장 유사한 등록서열을 정리한 결과는 부록 1과 같다.

GenBank 서열과 비교한 결과를 보면 청계천에서 출토된 소 미토콘드리아 DNA와 유사한 서열은 모두 *B. taurus* 미토콘드리아 DNA에 속했다. 다만 기존 보고된 *B. taurus* 서열과 완전히 일치하는 경우는 없었으며, 오스트리아에서 보고된 *B. taurus*(AF022924.1) 가 총 918개의 서열 중 2곳에서 차이를 보여 그 중 가장 유전적으로 가까웠고(Coverage=100%; Identity=99%), 그 다음으로 청원에서 보고된 한우(AY337535.1, Coverage=100%; Identity=99%) 및 오스트리아(AF022916, Coverage=100%; Identity=99%), 캐나다(AF034443.1, Coverage=100%; Identity=99%), 중국(EU281536.1, Coverage=100%; Identity=99%), 쿠바(JQ014659.1, Coverage=100%; Identity=99%), 뉴질랜드(AF389181.1, Coverage=100%; Identity=99%)등 다양한 지역에서 보고된 *B. taurus*가 높은 유전적 유사성을 보여주었다.

다음으로 GenBank에서 수집한 현대 한우 미토콘드리아 DNA 염기서열 55개체와 이번 연구에서 밝혀진 청계천 출토 소 미토콘드리아 DNA 염기서열을 MEGA6 ClustalW로 정렬하고 각 염기서열 간의 Maximum Composite Likelihood 거리를 계산하였다(표5a). 청계천 출토 소와 현대 한우와의 유전거리는 14개체가 0.003, 13개체가 0.005의 거리 값을 보이는 등 상당히 가까운 양상을 나타내었으나, 0.010 이상의 거리를 보이는 개체도 7개체나 존재하는 등 현대 한우 내에서도 유전적 거리가 다양하게 나타나는 모습을 보여주었다.

다음으로 현대 한국, 일본, 중국 및 인도 소 미토콘드리아 DNA염기서열 240개체와 청계천 출토 소 미토콘드리아 DNA 염기서열을 해당 지역별로 그룹화하여 Maximum Composite Likelihood 거리를 계산하였다(표5b). 청계천 출토 소의 경우 일본 소(0.003), 한우(0.004) 와 높은 유사성을 보인 반면 *B. primigenius*(0.044)나 *B. indicus*(0.041)등 과는 매우 먼 유전적 거리를 확인하였다. 한편 표 5b를 보면 중국 소는 조선시대 청계천 소 뼈와 비교하면 유전적 거리가 집단에 따라 극심한 차이를 보여주었는데, 한우나 일본 소처럼 청계천 소 뼈와 매우 가까운 거리를 보여주는 경우도 있지만 Guangfeng(0.047), Wenling(0.048), Dabieshan(0.048)등과 같이 조선시대 청계천 소와 유전적 거리가 먼 중국소도 있었다(그림 6).

마지막으로 MEGA6 Tree Explorer 를 이용, Neighbor-Joining(NJ) 및 Maximum Likelihood(ML) 법에 기초하여 현대 한우와 조선시대 청계천 소, 동아시아 소와 청계천 소 계통수를 각각 그렸다. 먼저 NJ Tree 를 그리기 위해 Jukes-Cantor 거리를 계산하였는데 계통수 작성에 적합하다고 판단 가능한 값 (0.023)을 얻었다(Hall, 2013). 계통수는 각각 radiation 과 circular 형으로 표시할 수 있었는데(그림 7 ~ 그림 10) 보다 재현성 높은 결과를 얻기 위하여 condensed tree 설정값은 〉50%로 하였다.

NJ 및 ML 법 모두 계통분석 결과는 비슷한 양상을 보여주었는데, outgroup 인 *B. indicus* 의 경우 모든 경우에서 *B. taurus* 와는 뚜렷이 구분되었다. 한우와 청계천 출토 소의 계통수를 보면 대부분의 소는 크게 구별되지 않고 군집하나, 청계천 출토 소와의 유전적 거리가 0.010 이상이었던 일부 개체가 작은 집단을 이루는 모습을 보여주었다(그림 7, 그림 8). 동아시아 지역의 소 계통수의 경우 전체 양상을 보면 크게 두

집단으로 나뉘는데, 청계천 출토 소와 함께 한우, 일본 소 및 일부 중국 소가 한 집단에 속하고, 나머지 중국 소들이 또 다른 집단에 속하는 모습을 볼 수 있었는데 여기에는 한국과 일본 소는 전혀 보이지 않았다. 중국 소의 경우 Diqing, Nandan (광서성), Enshi (호북성), Zhaotong (운남성), Yanjiang (요령성), Rikaze, Longlin, Changbaidifang, Mongoliad, Tibet, Yanbian(티벳), Kazakh 등이 청계천 출토 소와 같은 집단에 속했다.

(표 4)

소 미토콘드리아 DNA 기준서열(BRS)과

청계천 출토 소 미토콘드리아 서열비교

	변이의 위치	기준서열(BRS)	청계천 소 뼈
D-loop	16138	T	C
	106	T	C
	169	A	G
	221	C	CC (insert)
Coding region	587	C	CC (insert)
	2536	C	A
	9682	G	C
	13310	A	C

(표 5a) Maximum Composite Likelihood 계산법을 이용하여 구한 청계천 조선시대 소와 현대 한우 간의 미토콘드리아 DNA 거리

	Distance
Cheonggye_D-157	
HanWoo_AF499238	0.003
HanWoo_AF499239	0.003
HanWoo_AF499240	0.003
HanWoo_AF499241	0.005
HanWoo_AF499242	0.005
HanWoo_AF499243	0.006
HanWoo_AF499244	0.007
HanWoo_AF499245	0.010
HanWoo_AF499246	0.007
HanWoo_AF499247	0.007
HanWoo_AF499248	0.003
HanWoo_AF499249	0.003
HanWoo_AF499250	0.003
HanWoo_AF499251	0.005
HanWoo_AF499252	0.005
HanWoo_AF499253	0.006
HanWoo_AF499254	0.006
HanWoo_AF499255	0.003
HanWoo_AF499256	0.005

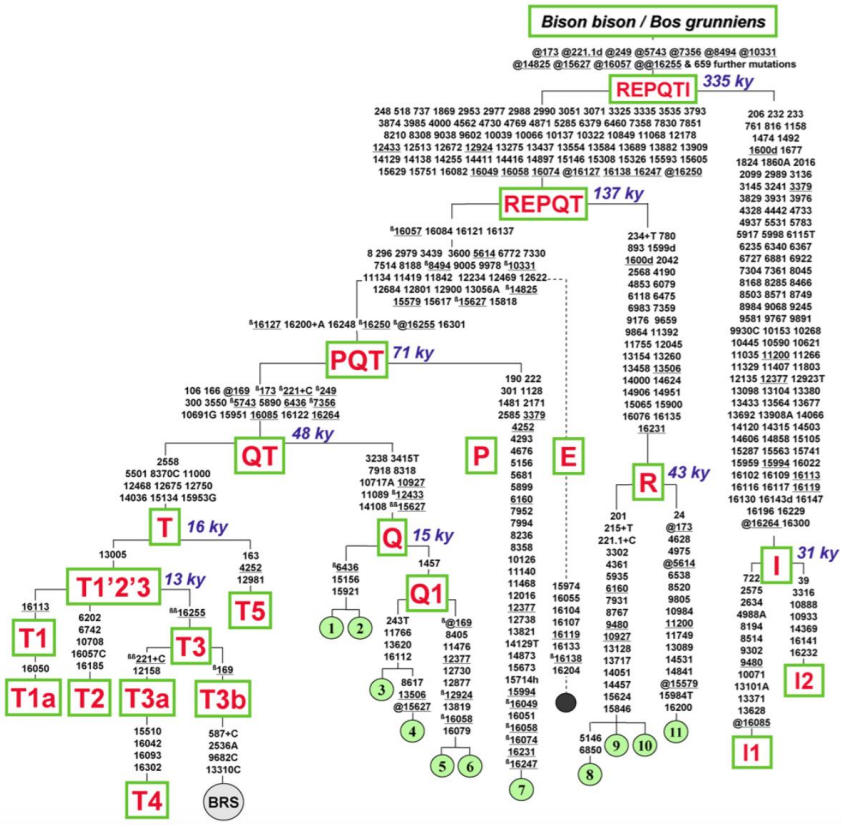
HanWoo_AF499257	0.006
HanWoo_AF499258	0.005
HanWoo_AF499259	0.005
HanWoo_AF499260	0.003
HanWoo_AF499261	0.003
HanWoo_AF499262	0.003
HanWoo_AF499263	0.011
HanWoo_AF499264	0.010
HanWoo_AY337520	0.010
HanWoo_AY337521	0.009
HanWoo_AY337522	0.006
HanWoo_AY337523	0.011
HanWoo_AY337524	0.005
HanWoo_AY337525	0.007
HanWoo_AY337526	0.009
HanWoo_AY337527	0.024
HanWoo_AY337528	0.005
HanWoo_AY337529	0.005
HanWoo_AY337530	0.006
HanWoo_AY337531	0.003
HanWoo_AY337532	0.005
HanWoo_AY337533	0.006
HanWoo_AY337534	0.005
HanWoo_AY337535	0.003

HanWoo_AY337536	0.006
HanWoo_AY337537	0.008
HanWoo_AY337538	0.003
HanWoo_AY337539	0.007
HanWoo_AY337540	0.006
HanWoo_AY337541	0.006
HanWoo_AY337542	0.009
HanWoo_AY337543	0.013
HanWoo_AY337544	0.003
HanWoo_AY337545	0.008
HanWoo_AY337546	0.007
HanWoo_DQ124371	0.005

(표 5b) Maximum Composite Likelihood 계산법을 이용하여 구한 소 미토콘드리아 DNA 각 그룹 (지역별) 간 거리

		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
1	Cheonggye																				
2	Korea_HanWoo	0.004																			
3	Japanese_Black	0.003	0.005																		
4	China_Kazakh	0.002	0.004	0.002																	
5	China_Tibet	0.002	0.004	0.003	0.002																
6	China_Changbaidifang	0.003	0.005	0.003	0.003	0.003															
7	China_Mongoliad	0.004	0.006	0.004	0.004	0.004	0.005														
8	China_Yanjiang	0.004	0.006	0.004	0.004	0.004	0.005	0.005													
9	China_Yanbian	0.006	0.007	0.006	0.006	0.006	0.006	0.007	0.007												
10	China_Diqing	0.006	0.008	0.006	0.006	0.006	0.007	0.007	0.008	0.009											
11	China_Zhaotong	0.019	0.021	0.020	0.020	0.019	0.020	0.021	0.021	0.022	0.020										
12	China_Rikaze	0.022	0.024	0.023	0.023	0.022	0.024	0.024	0.024	0.025	0.023	0.025									
13	China_Longlin	0.028	0.030	0.030	0.030	0.029	0.030	0.030	0.031	0.031	0.028	0.026	0.027								
14	China_Nandan	0.032	0.034	0.033	0.033	0.032	0.034	0.034	0.034	0.034	0.031	0.027	0.027	0.024							
15	China_Enshi	0.034	0.036	0.035	0.035	0.034	0.036	0.036	0.036	0.036	0.033	0.028	0.028	0.024	0.023						
16	China_Guangfeng	0.047	0.050	0.049	0.050	0.048	0.050	0.050	0.050	0.049	0.045	0.031	0.029	0.021	0.018	0.016					
17	China_Weizhou	0.047	0.050	0.049	0.050	0.048	0.050	0.050	0.050	0.049	0.045	0.031	0.029	0.021	0.018	0.016	0.000				
18	China_Wenling	0.048	0.050	0.050	0.050	0.048	0.050	0.050	0.051	0.050	0.045	0.031	0.030	0.021	0.018	0.016	0.001	0.001			
19	China_Dabieshan	0.048	0.050	0.050	0.050	0.049	0.051	0.051	0.051	0.050	0.045	0.031	0.030	0.021	0.019	0.016	0.000	0.001	0.001		
20	Bos_indicus	0.041	0.044	0.043	0.044	0.042	0.044	0.044	0.044	0.044	0.040	0.030	0.029	0.023	0.021	0.019	0.008	0.008	0.009	0.009	
21	Bos_primigenius	0.023	0.023	0.022	0.023	0.022	0.022	0.023	0.023	0.024	0.024	0.031	0.033	0.036	0.037	0.039	0.046	0.046	0.047	0.046	0.044

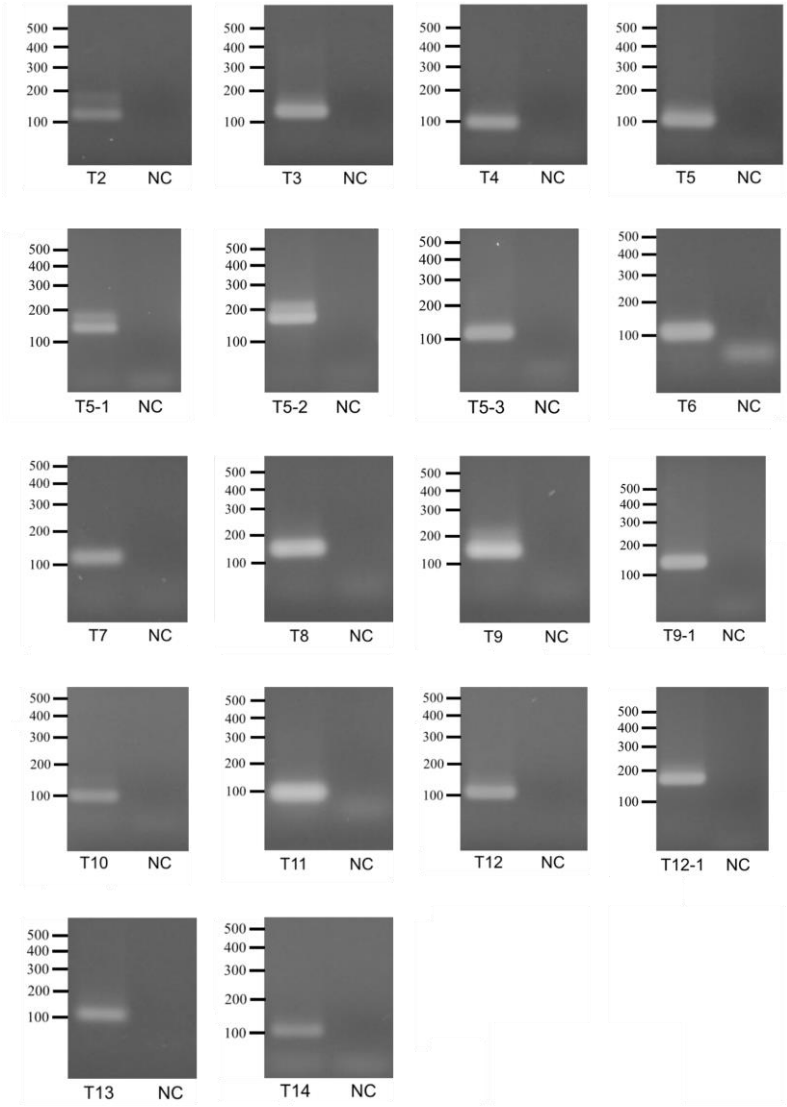
(그림 1) *Bos taurus* 의 Phylogenetic Tree (Achilli 등, 2009)



(그림 2a)

중합효소연쇄반응을 통한 D-loop primer DNA 증폭산물 확인결과

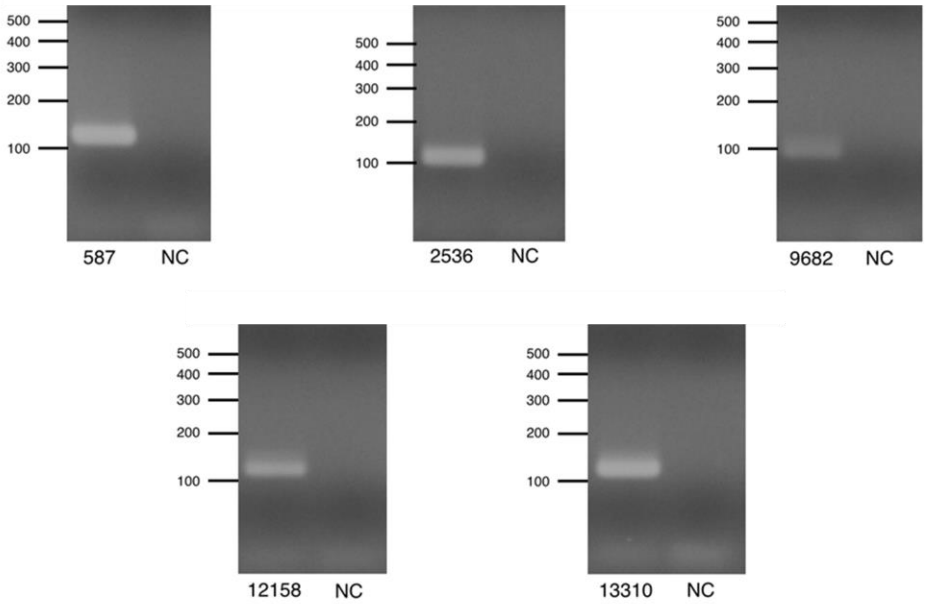
NC; Negative Control



(그림 2b)

중합효소연쇄반응을 통한 coding region primer DNA 증폭산물 확인결과

NC; Negative Control



(그림 3) 형질전환으로 확인된 서열과 공통서열

청계천에서 출토된 소 뼈에서 추출한 DNA의 미토콘드리아 D-loop sequence (15773-16338, 1-352)

```
           15773                                                                  15845
Consensus  CTATTTAAACTATTCCCTGAACACTATTAATATAGTTCCATAAATACAAAGAGCCTTATCAGTATTAAATTTA
T2(1)      ......................................................................
T2(2)      ......................................................................
T2(3)      ......................................................................
T2(4)      ......................................................................
T2(5)      ......................................................................

           15835                                                                  15915
Consensus  TATTAAATTTATCAAAAATCCCAATAACTCAACACAGAATTTGCACCCTAACCAAATATTACAAACACCACTAGCTAACAT
T3(1)      ............T.........................................................
T3(2)      ......................................................................
T3(3)      ......................................................................
T3(4)      ......................................................................
T3(5)      ......................................................................

           15885                                                  15941
Consensus  ACCAAATATTACAAACACCACTAGCTAACATAACACGCCCATACACAGACCACAGAA
T4(1)      ......................................................
T4(2)      ......................................................
T4(3)      ......................................................
T4(4)      ......................................................
T4(5)      ......................................................

           15937                                                                  15996
Consensus  CAGAATGAATTACCTACGCAAGGGGTAATGTACATAACATTAATGTAATAAAGACATAATATGTATAT
T5(1)      ......................................................................
T5(2)      ......................................................................
T5(3)      ......................................................................
T5(4)      ......................................................................
T5(5)      ......................................................................

           15969                                                                                                                                  16057
Consensus  CATAACATTAATGTAATAAAGACATAATATGTATATAGTACATTAAATTATATGCCCCATGCATATAAGCAAGTACATGACCTCTATAG
T5-1(1)    ......................................................................................................................................
T5-1(2)    ......................................................................................................................................
T5-1(3)    ......................................................................................................................................
T5-1(4)    ......................................................................................................................................
T5-1(5)    ......................................................................................................................................

           16058                                  16091
Consensus  CAGTACATAATACATATAATTATTGACTGTACAT
T5-1(1)    ...................................
T5-1(2)    ...................................
T5-1(3)    ...................................
T5-1(4)    ...................................
T5-1(5)    ...................................

           16047                                                                                                                                  16136
Consensus  GACCTCTATAGCAGTACATAATACATATAATTATTGACTGTACATAGTACATTATGTCAAATTCATTCTTGATAGTATATCTATTATATA
T5-2(1)    ......................................................................................................................................
T5-2(2)    ......................................................................................................................................
T5-2(3)    ......................................................................................................................................
T5-2(4)    ......................................................................................................................................
T5-2(5)    ......................................................................................................................................

           16123                                                  16177
Consensus  ATATCTATTATATATCCCTTACCATTAGATCACGAGCTTAATTACCATGCCGCGT
T5-3(1)    ......................................................
T5-3(2)    ......................................................
T5-3(3)    ......................................................
T5-3(4)    ......................................................
T5-3(5)    ......................................................

           16163                                                  16222
Consensus  ATTACCATGCCGCGTGAAACCAGCAACCCGCTAGGCAGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGC
T6(1)      ...........................T..........................................
T6(2)      ........................T.............................................
T6(3)      ......................................................
T6(4)      ......................................................
T6(5)      ......................................................

           16199                                                  16267
Consensus  AGGGATCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATAAACCGTGGGGGTCGCTATCCAATGAATTTTACCAGGCAT
T7(1)      ......................................................
T7(2)      ......................................................
```

```
T7(3)      ............................................................
T7(4)      ............................................................
T7(5)      ............................................................

           16253                                                   16327
Consensus  AATTTTACCAGGCATCTGGTTCTTTCTTCAGGGCCATCTCATCTAAAACGGTCCATTCTTTCCTCTTAAATAAGA
T8(1)      ............T...............................................................
T8(2)      ............................................................................
T8(3)      ............................................................................
T8(4)      ............................................................................
T8(5)      ............................................................................

           16328              11
Consensus  CATCTCGATGGACTAATGGCTA
T8(1)      .......................
T8(2)      .......................
T8(3)      .......................
T8(4)      .......................
T8(5)      .......................

           16319              1                                                                73
Consensus  AAATAAGACATCTCGATGGACTAATGGCTAATCAGCCCATGCTCACACATAACTGTGCTGTCATACATTTGGTATTTTTTTATTTTGGGGGA
T9(1)      ..................................................................................
T9(2)      ..................................................................................
T9(3)      ..................................................................................
T9(4)      ..................................................................................
T9(5)      ..................................................................................

           31                                                      104
Consensus  TAACTGTGCTGTCATACATTTGGTATTTTTTTATTTTGGGGGATGCTTGGACTCAGCTATGGCCGTCAAAGGCC
T9-1(1)    ......................................................................
T9-1(2)    ......................................................................
T9-1(3)    ......................................................................

           82                                                  139
Consensus  CTCAGCTATGGCCGTCAAAGGCCCCGACCCGGAGCATCTATTGTAGCTGGACTTAACT
T10(1)     ........................................................
T10(2)     ........................................................
T10(3)     ........................................................
T10(4)     ........................................................
T10(5)     ........................................................

           125                                             178
Consensus  TAGCTGGACTTAACTGCATCTTGAGCACCAGCATAATGATAAGCGTGGACATTA
T11(1)     ...................................................
T11(2)     ...................................................
T11(3)     ...................................................
T11(4)     ...................................................
T11(5)     ...................................................

           171                                                 231
Consensus  GGACATTACAGTCAATGGTCACAGGACATAAATTATATTATATATCCCCCCCTTCATAAAAA
T12(1)     A..........................................................
T12(2)     ...........................................................
T12(3)     ...........................................................
T12(4)     ...........................................................
T12(5)     ...........................................................

           200                                                                              291
Consensus  AAATTATATTATATATCCCCCCCTTCATAAAAATTTCCCCCTTAAATATCTACCACCACTTTTAACAGACTTTTCCCTAGATACTTATTTAAA
T12-1(1)   ..................................................................................
T12-1(2)   ..................................................................................
T12-1(3)   ..................................................................................
T12-1(4)   ..................................................................................
T12-1(5)   ..................................................................................

           259                                                     334
Consensus  TTTAACAGACTTTTCCCTAGATACTTATTTAAATTTTTCACGCTTTCAATACTCAATTTAGCACTCCAAACAAAGT
T13(1)     ..........................................................................
T13(2)     ..........................................................................
T13(3)     ..........................................................................
T13(4)     ..........................................................................
T13(5)     ..........................................................................

           319                                 352
Consensus  GCACTCCAAACAAAGTCAATATATAAACGCAGGC
T14(1)     ...................................
T14(2)     ...................................
T14(3)     ...................................
T14(4)     ...................................
T14(5)     ...................................
```

청계천에서 출토된 소 뼈에서 추출한 DNA의 coding region sequence
(587+C, 2536A, 9682C, 12158, 13310C 변이 확인을 위한 실험)

```
           567                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                
Consensus  CGCCTTGCTTAACCACACCCCCACGGGAAACAGCAGTGACAAAAATTAAGCCATAAACGAAAGTTTGACTAAGTTATATTAATTAGGGTTGGT
BRS 587(1) ..............................................................................................
BRS 587(2) ..............................................................................................
BRS 587(3) ..............................................................................................
BRS 587(4) ..............................................................................................
BRS 587(5) ..............................................................................................

           2509                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                2595
Consensus  AAGACGAGAAGACCCTATGGAGCTTTAACTAACCAACCCAAAGAGAATAGATTTAACCATTAAGGAATAACAACAATCTCCATGAGT
BRS 2536(1) ...........A..................................................................................
BRS 2536(2) ..............................................................................................
BRS 2536(3) ..............................................................................................
BRS 2536(4) ..............................................................................................
BRS 2536(5) ...........................................G..................................................

           9637                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                
Consensus  TAAAATTTCATTTTACTTCTAACCACCACTTCGGCTTTGAAGCCGCTGCCTGATACTGACATT
BRS 9682(1) ..............................................................
BRS 9682(2) ..............................................................
BRS 9682(3) ..............................................................
BRS 9682(4) ..............................................................
BRS 9682(5) ..............................................................

           12101                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                12192
Consensus  TAAAAGTAATAAACATATTCTCCTCACTCTCACTAGTTACTTTACTCTTACTAACTATACCCATTATAATAATAAGCTTTAACACCTAC
BRS 12158(1) ..............................................................................................
BRS 12158(2) ..............................................................................................
BRS 12158(3) ..............................................................................................
BRS 12158(4) ..............................................................................................
BRS 12158(5) ..............................................................................................

           13272                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                13363
Consensus  ATTCTACTCCAAAGACCTAATCATCGAAGCCGCCAACACGTCTTATACCAACGCCTGAGCCCTTCTAATAACATTAATTGCCACCTCTTTCA
BRS 13310(1) ..............................................................................................
BRS 13310(2) ..............................................................................................
BRS 13310(3) ..............................................................................................
BRS 13310(4) ..............................................................................................
BRS 13310(5) ..............................................................................................
```

(그림 4)

청계천에서 발굴된 소 뼈에서 추출한 미토콘드리아 DNA D-loop 및

coding region 공통서열

D-loop

15773
CTATTTAAAC TATTCCCTGA ACACTATTAA TATAGTTCCA TAAATACAAA GAGCCTTATC AGTATTAAAT
15843
TTATCAAAAA TCCCAATAAC TCAACACAGA ATTTGCACCC TAACCAAATA TTACAAACAC CACTAGCTAA
15913
CATAACACGC CCATACACAG ACCACAGAAT GAATTACCTA CGCAAGGGGT AATGTACATA ACATTAATGT
15983
AATAAAGACA TAATATGTAT ATAGTACATT AAATTATATG CCCCATGCAT ATAAGCAAGT ACATGACCTC
16053
TATAGCAGTA CATAATACAT ATAATTATTG ACTGTACATA GTACATTATG TCAAATTCAT TCTTGATAGT
16123
ATATCTATTA TATATCCCTT ACCATTAGAT CACGAGCTTA ATTACCATGC CGCGTGAAAC CAGCAACCCG
16193
CTAGGCAGGG ATCCCTCTTC TCGCTCCGGG CCCATAAACC GTGGGGGTCG CTATCCAATG AATTTTACCA
16263
GGCATCTGGT TCTTTCTTCA GGGCCATCTC ATCTAAAACG GTCCATTCTT TCCTCTTAAA TAAGACATCT
16333
CGATGG

1
ACTAATGGCT AATCAGCCCA TGCTCACACA TAACTGTGCT GTCATACATT TGGTATTTTT TTATTTTGGG
71
GGATGCTTGG ACTCAGCTAT GGCCGTCAAA GGCCCCGACC CGGAGCATCT ATTGTAGCTG GACTTAACTG
141
CATCTTGAGC ACCAGCATAA TGATAAGCGT GGACATTACA GTCAATGGTC ACAGGACATA AATTATATTA
211
TATATCCCCC CCTTCATAAA AATTTCCCCC TTAAATATCT ACCACCACTT TTAACAGACT TTTCCCTAGA
281
TACTTATTTA AATTTTTCAC GCTTTCAATA CTCAATTTAG CACTCCAAAC AAAGTCAATA TATAAACGCA GG

Coding region

567
CGCCTTGCTT AACCACACCC CCACGGGAAA CAGCAGTGAC AAAAATTAAG CCATAAACGA AAGTTTGACT
637
AAGTTATATT AATTAGGGTT GGT

2509
AAGACGAGAA GACCCTATGG AGCTTTAACT AACCAACCCA AAGAGAATAG ATTTAACCAT TAAGGAATAA
2579
CAACAATCTC CATGAGT

9637
TAAAATTTCA TTTTACTTCT AACCACCACT TCGGCTTTGA AGCCGCTGCC TGATACTGAC ATT

12101
TAAAAGTAAT AAACATATTC TCCTCACTCT CACTAGTTAC TTTACTCTTA CTAACTATAC CCATTATAAT
12171
AATAAGCTTT AACACCTAC

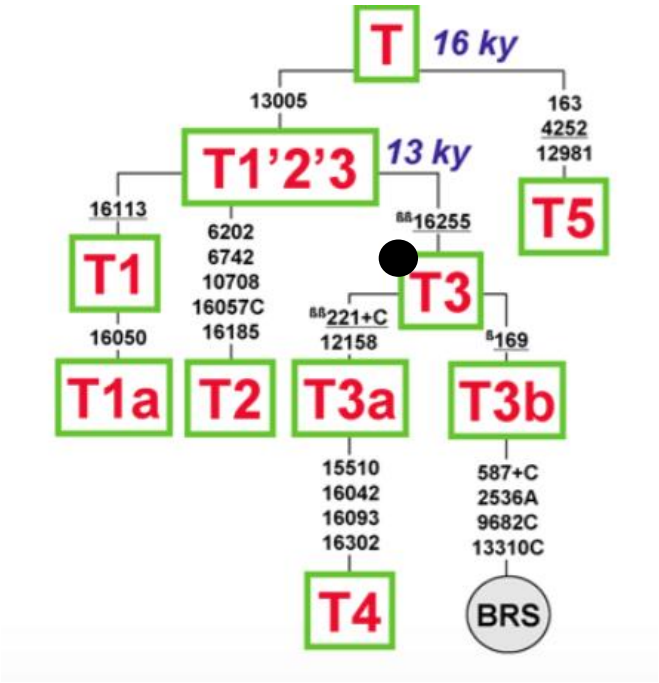
13272
ATTCTACTCC AAAGACCTAA TCATCGAAGC CGCCAACACG TCTTATACCA ACGCCTGAGC CCTTCTAATA
13342
ACATTAATTG CCACCTCTTTCA

(그림 5)

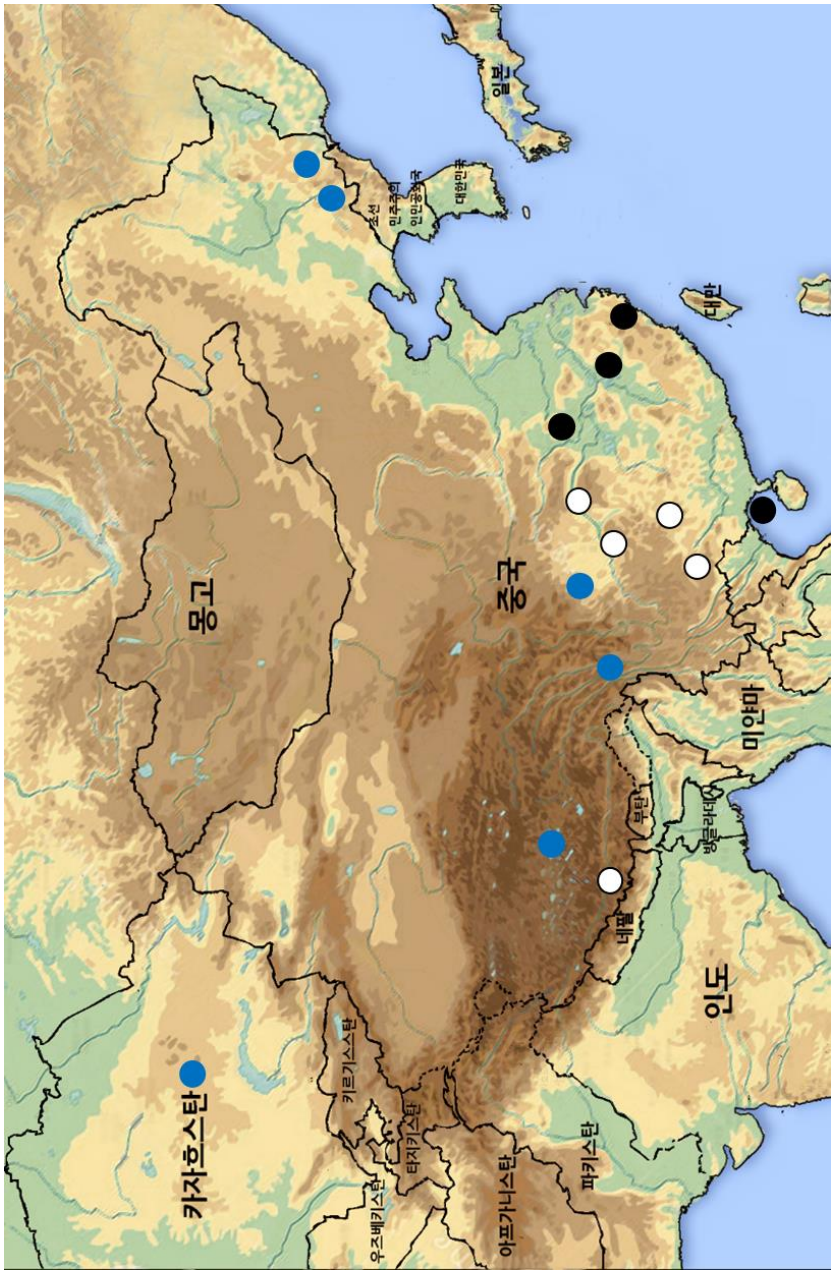
Bos taurus 의 Phylogenetic Tree (Achilli 등, 2009)에서

하플로그룹 T 형 부분을 확대 발췌한 모습

● ; 청계천 출토 소 하플로그룹

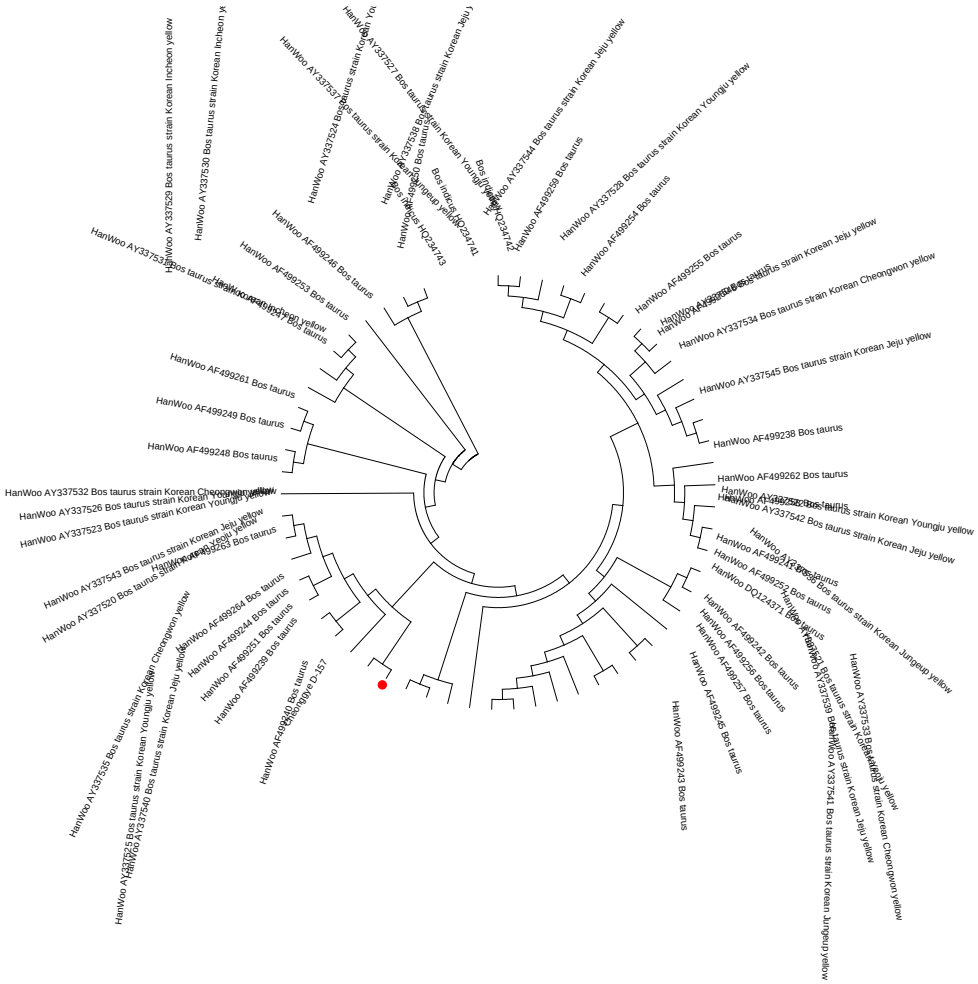


(그림 6) 연구에 사용된 중국 소 미토콘드리아 DNA서열의 수집위치
청색; 0.010 미만, 흰색; 0.010-0.040, 흑색; 0.040 이상
(수치는 청계천 출토 소와의 phylogenetic distance)



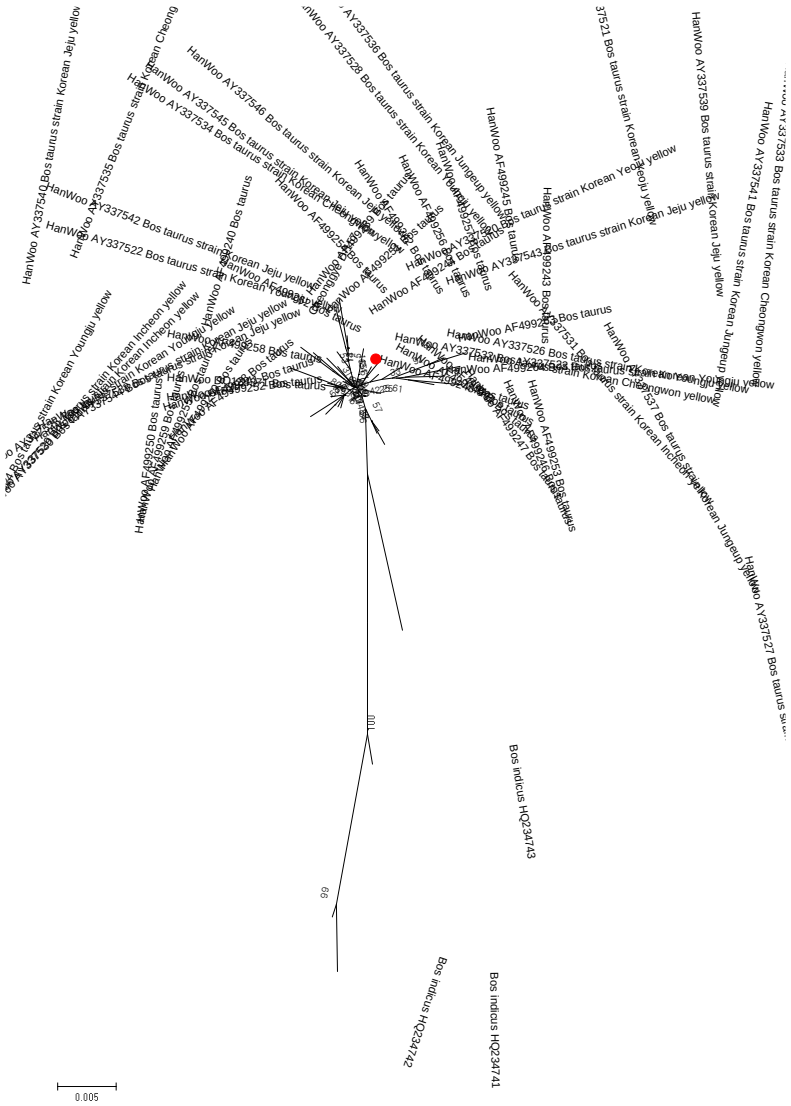
(그림 7a) Neighbor Joining Method 로 작성한 한우와 청계천 출토 조선시대 소 Phylogenetic Tree.

적색; 청계천 출토 조선시대 소



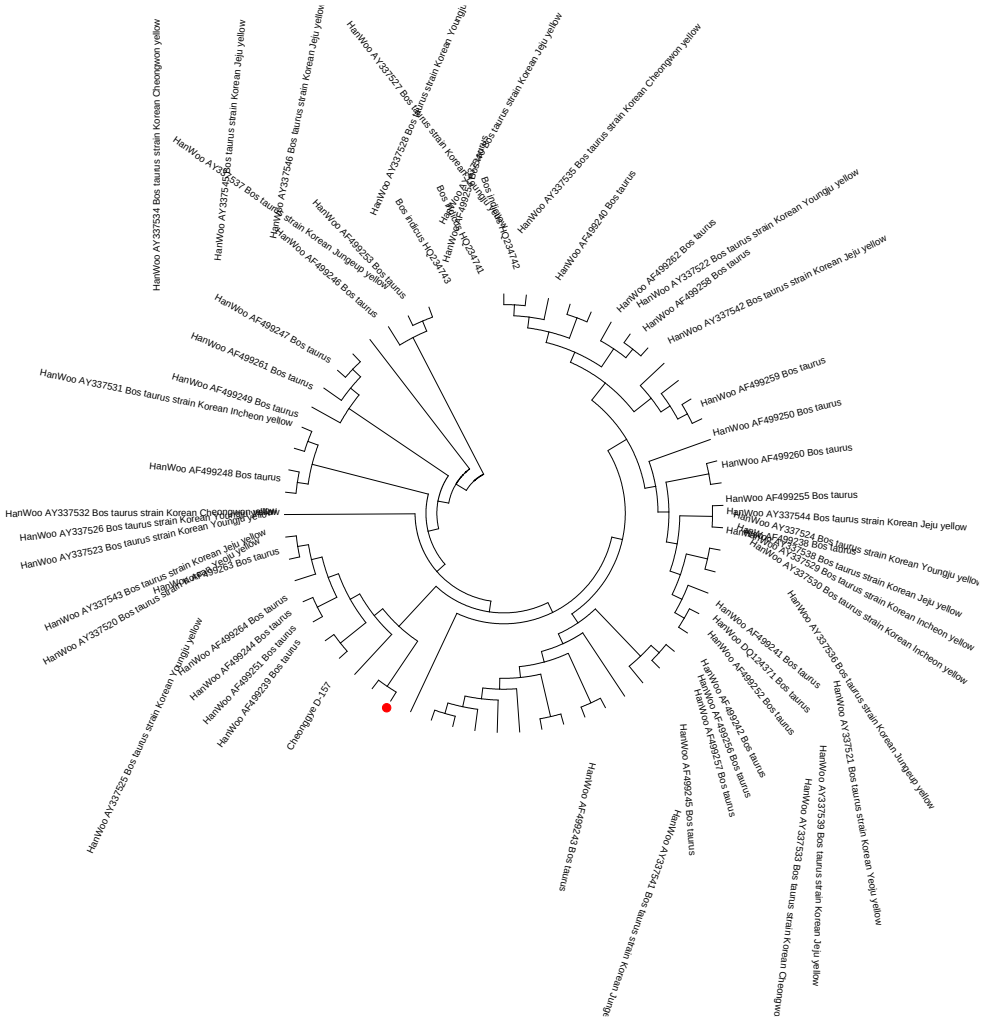
(그림 7b) Neighbor Joining Method 로 작성한 한우와 청계천 출토 조선시대 소 Phylogenetic Tree.

적색; 청계천 출토 조선시대 소



(그림 8a) Maximum Likelihood Method 로 작성한 한우와 청계천 출토 조선시대 소 Phylogenetic Tree.

적색; 청계천 출토 조선시대 소



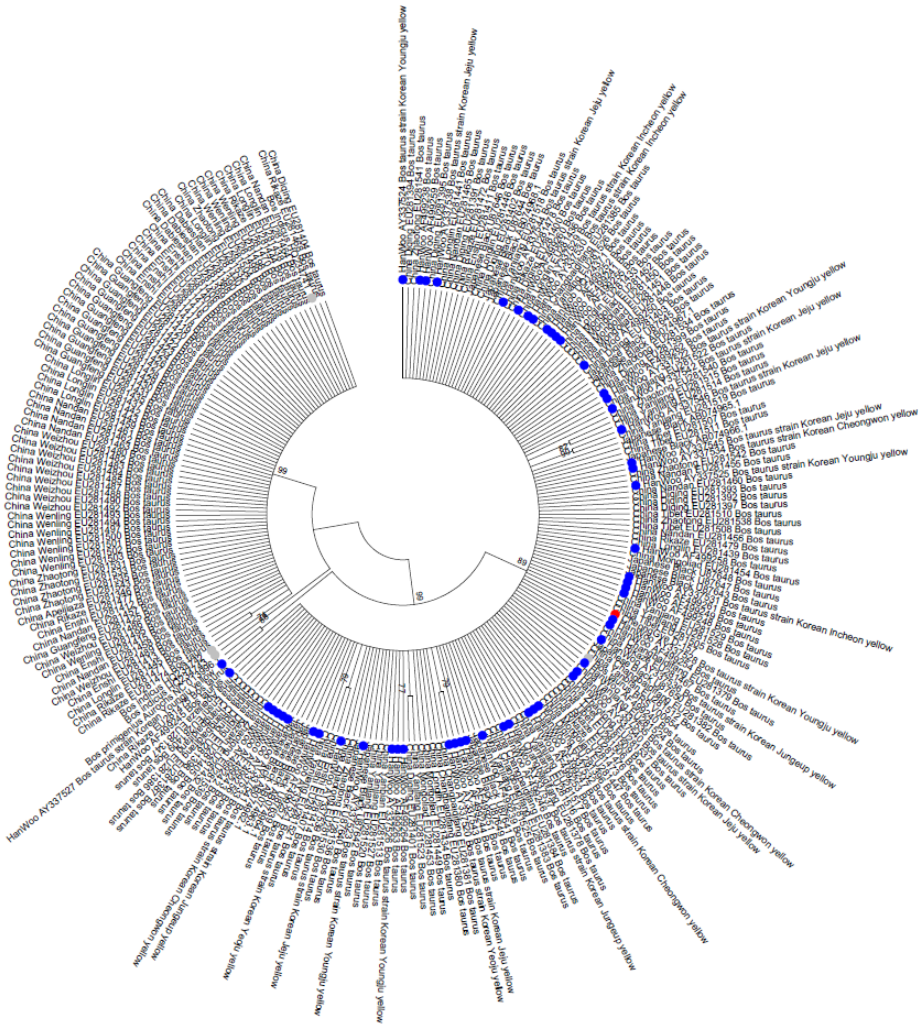
(그림 8b) Maximum Likelihood Method 로 작성한 한우와 청계천 출토 조선시대 소 Phylogenetic Tree.

적색; 청계천 출토 소

(그림 9a)

Neighbor Joining Method 로 작성한 Phylogenetic Tree.

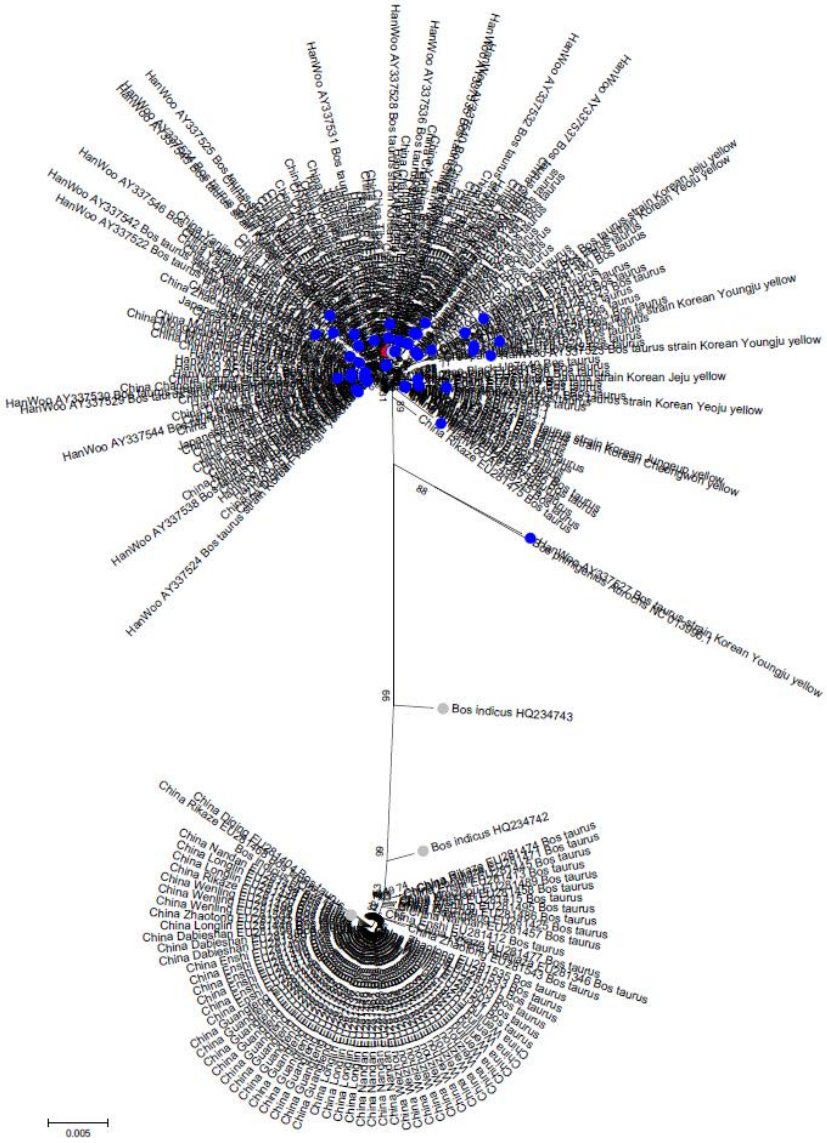
적색; 청계천 출토 소, 청색; 한우, 회색; *Bos indicus*



(그림 9b)

Neighbor Joining Method 로 작성한 Phylogenetic Tree.

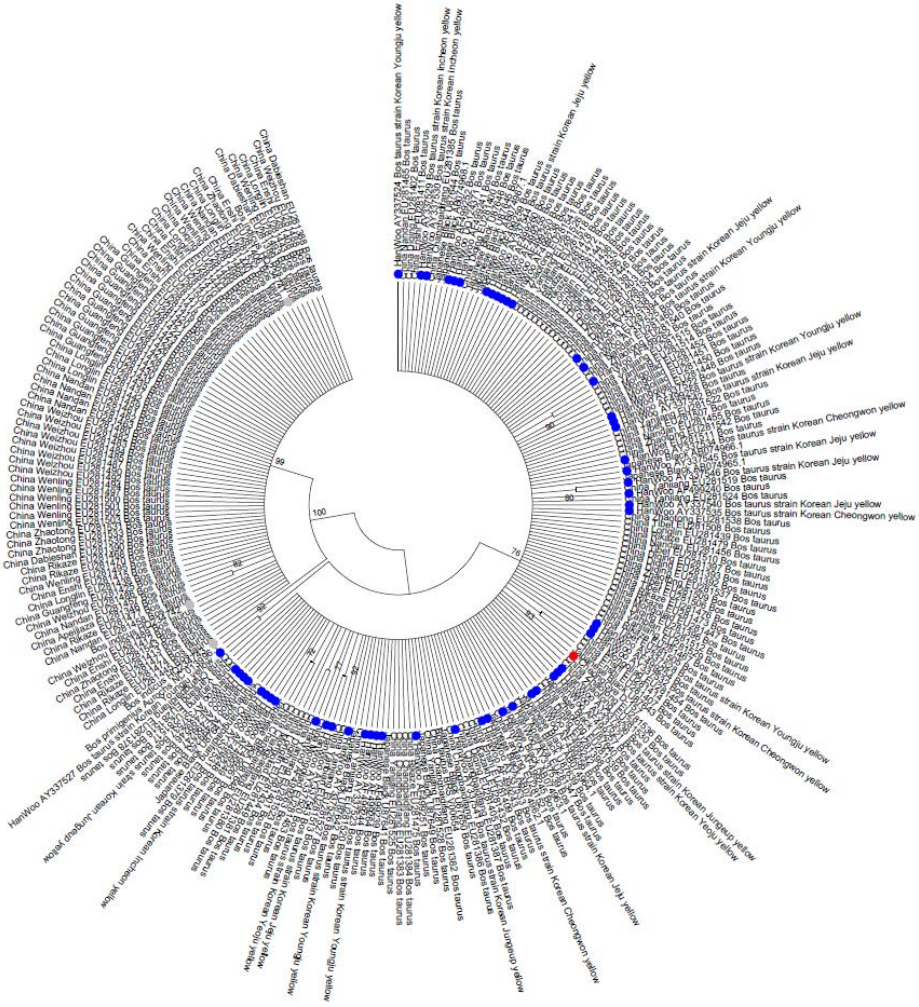
적색, 청계천 출토 소; 청색, 한우; 회색, *Bos indicus*



(그림 10a)

Maximum Likelihood Method 로 작성한 Phylogenetic Tree.

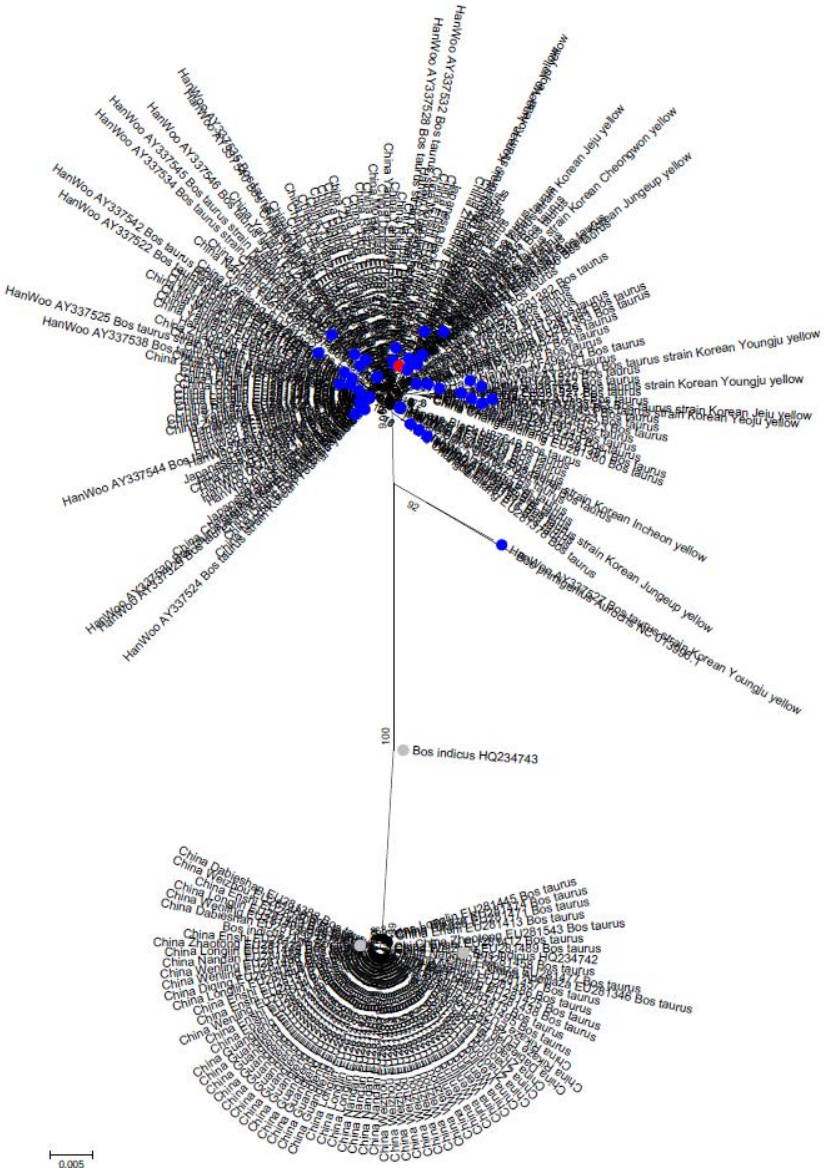
적색, 청계천 출토 소; 청색, 한우; 회색, *Bos indicus*



(그림 10b)

Maximum Likelihood Method 로 작성한 Phylogenetic Tree.

적색, 청계천 출토 소; 청색, 한우; 회색, *Bos indicus*



고　　찰

미토콘드리아 유전자형 결정

이 연구에서는 청계천 발굴유적 출토 조선시대 소 뼈에 대한 고 DNA 연구를 통해 얻어진 유전변이 정보를 분석하여 해당 소 미토콘드리아 DNA 하플로그룹을 확정하고 이를 현재까지 보고되어 있는 다양한 지역 소 DNA 정보와 함께 분석하여 그 유전적 계통을 알아보고자 하였다.

Achilli 등 (2009)이 확인한 소 계통수를 보면 (그림 5) 소 미토콘드리아 DNA 표준서열인 BRS 는 T3b 형 가까이 위치하고 있고 모두 4 곳의 염기에서 차이를 보이는 것을 알 수 있다. 상기한 4 곳 유전자변이는 모두 D-loop 바깥의 coding region 에 위치하고 있기 때문에 청계천 출토 소 미토콘드리아 하플로그룹을 확실히 하기 위해 이 부분 변이를 추가로 확인할 필요가 있었다. 결과적으로 본 연구에서는 D-loop (16138C, 106C, 109C, 221+C) 및 coding region (587+C, 2536A, 9682C, 13310C)에서 확인된 총 8 곳의 관련 염기서열 변이가 확인 가능하였는데 이를 통해 청계천 출토 소 미토콘드리아 하플로그룹은 T3 형으로 최종 결정할 수 있었다.

이번 연구결과에서 청계천 소 뼈의 BRS 221번 유전자와 222번 유전자 사이에 C 유전자가 삽입 (insertion) 되어 있는 것을 보면 하플로그룹이 T3a일 가능성도 있지만 coding region인 12158번 유전자에서 상응한 변이가 확인되지 않았기 때문에 청계천 출토 소는 T3a형이 아니라고

판단된다. 한편 청계천 출토 소 DNA 서열에서 16255번 유전자의 변이가 추가적으로 확인된다면 T1'2'3형의 하플로그룹이 될 수 있으며, D-loop에 특정 유전자 변이(15510, 16042, 16093, 16302)가 존재한다면 T4형으로 결정할 수도 있지만 두 하플로그룹에 해당하는 유전자 변이가 모두 관찰되지 않아 결과 해석에서 배제할 수 있었다.

조선시대 청계천 소 뼈가 속한 T3 유전자형은 오늘날 유럽에 분포하는 소에서 가장 많이 발견되는 것이지만 동아시아 지역에서도 쉽게 찾아볼 수 있는 유전자형으로 현재 한우에서도 가장 많이 보이는 유전자형이기 때문에(Lenstra 등, 2014) 이 유전자형이 발견된 것 자체를 이례적이라 할 수는 없다.

기존에 보고된 현대 소 DNA 유전자 서열과의 비교 고찰

GenBank 에 등록된 유사서열과의 비교를 통해 볼 때(부록1) 청계천에서 출토된 조선시대 소 뼈는 *B. taurus* 그룹에 속한다는 것을 확인할 수 있었다. 하지만 청계천 조선 소 뼈와 가까운 서열에는 한우나 중국, 일본 등 동아시아에서 보고된 것만 있는 것은 아니었고 유럽 등 다른 대륙에서 보고된 소가 다수 포함되어 있었다. BLAST에 등록된 서열 중 청계천 출토 소와 유사한 상위 50개의 서열을 살펴보면 한우가 6개체, 중국 소가 18개체로 동아시아 지역 소가 높은 비율을 차지하고 있었지만 오스트리아(14개체), 러시아(1개체), 아일랜드(1개체) 등 유럽 지역 소 및 캐나다(5개체), 뉴질랜드(3개체), 쿠바(2개체) 등 아메리카, 오세아니아 지역 소도 상당한 비율을 차지하고 있음을 알 수 있었다.

청계천 조선시대 소가 한우 및 다른 나라 소와 유전적으로 어떤 관계가 있는지를 좀 더 명확하게 확인하기 위하여 최근 신동훈 (2015)에 의해 밝혀진 현대 동아시아 소 계통에 대한 생명정보학적 연구 기법을 적용하였다. 우선 조선시대 청계천 소 뼈에서 얻은 미토콘드리아 DNA 염기서열을 현대 한우 해당 서열과 함께 정렬하여 유전학적 거리 정보를 획득하였고, 다음으로 한국, 일본, 중국 및 인도에서 얻어진 소 미토콘드리아 DNA 염기서열 (n=240)을 청계천 소와 함께 정렬하여 이로부터 유전학적 거리를 얻었다. 이에 의하면 현대 한우의 경우 일본 (0.006), 중국 (0.027), 인도 (0.045)의 순으로 유사하며 그 중에서도 특히 일본 소와의 유사성이 매우 높았다. 다만 중국의 경우 지역별 그룹간 거리 (evolutionary distance ever sequence pairs within groups) 편차가 다른 나라보다 상당히 커서 중국 내 그룹을 보다 세분하여 계산할 필요가 있었다. 이를 고려하여 유전학적 거리를 다시 계산하였을 때 Yanjiang (0.006), Yanbian (0.008), Tibet (0.005), Mongoliad (0.007), Kazakh (0.006), Diqing (0.009), Changbaidifang (0.006) 등 일부 중국 내 소 집단은 우리나라 한우와 매우 가까운 모습을 보여주었다(신동훈, 2015).

이러한 양상은 계통수를 그렸을 때 보다 분명히 드러나는데 특히 중국 소의 경우 계통수에서 두 그룹으로 크게 나누어지는 현상이 두드러져 한 쪽 집단에는 Diqing, Nandan (광서성), Enshi (호북성), Zhaotong (운남성), Yanjiang (요령성), Rikaze, Longlin, Changbaidifang, Mongoliad, Tibet, Yanbian (티벳), Kazakh 등 중국 동북부 및 서부 변방 지역 소가 포함 되고 또 다른 집단에는 Zhaotong, Enshi, Rikaze, Longlin, Weizhou (광서성), Nandan, Guangfeng, Wenling, Dabieshan (안휘성), Diqing 등 중국 양자강 유역 소가 주로 포함되었다. 이 중 한국과 일본의 소는 전자인 중국 동북부

및 서부 변방 지역 소 집단에만 포함되어 있고 후자에서는 전혀 볼 수 없어 특이한 양상으로서 지적되었다 (신동훈, 2015).

본 연구에서 유전적 거리와 계통수 분석을 위해 신동훈 (2015)의 선행 연구와 동일한 자료군을 다수 사용하였으므로 전체적으로 도출되는 결과 양상은 거의 유사하였다. 즉, 계통수에서 한우 서열은 중국 동북지역, 서부 외곽지역, 일본 전통 흑우 등과 함께 묶여 양자강 유역의 소와 뚜렷한 차이를 보이지만 같은 집단에 묶여 있는 중국 및 일본 소와 특별히 구분되지 않고 뒤섞인 양상을 보이고 있다는 것을 알 수 있었다. 요약하면 한우는 자기들끼리 따로 모여 군집하는 양상으로는 나타나지 않았고 일본 및 일부 중국 소와 유전적으로 큰 차이를 보이지 않았다는 점이 확인되었다. 이는 이번에 확인한 청계천 조선시대 소 DNA 서열에 대한 BLAST 검색 결과 유전적으로 매우 유사한 모습을 보이는 소 개체가 한국에서 보고된 경우 (AY337535.1) 외에도 생각보다 훨씬 먼 나라 보고에서도 있었던 사실과도 일치한다.

소에 대한 역사기록 및 고고학 보고 검토

조선시대 소 뼈에서 DNA를 추출하여 최근까지 보고된 여러 지역 소 뼈와 비교하는 작업은 우리나라 소의 기원과 변천에 관련하여 많은 생각할 거리를 주는 것은 사실이지만 이를 보다 풍부하고 정확하게 만들기 위해서는 우리 역사 기록 및 고고학 발굴 결과에 대한 검토가 필수적이다.

우리나라 선사시대 소에 대해서는 현재로서는 고고학적 발굴 보고에 의존할 수 밖에 없는데 이르게는 구석기 유적부터 소 과 (family *Bos*) 로

추정되는 동물 뼈의 발굴 보고가 있었다(이양수, 2015)(표6). 신석기 및 청동기 시대에는 “옛 소” 라고 명명 된 소 뼈의 발굴이 다수 보고되어 있는데 이 경우 생물학적으로 볼 때 “옛 소”가 무엇을 의미하는 것인지 불확실한 측면이 있다. 고고학적으로 볼 때 소가 우리 사회에 확고부동한 가축으로 자리 잡은 것은 청동기시대라고 보는 것이 일반적이기 때문에 신석기 시대 이전에 확인되는 “옛 소”는 야생 소라고 해석하는 것이 일반적으로 보인다. 만약 이 옛 소라는 것이 야생 소=원우(*B. primigenius*)를 가리키는 것이라면 아마도 동아시아 지역에서 가장 후대까지 남아 있는 원우 뼈가 될 것이지만 그렇지 않다면 사육 소가 신석기시대에도 존재했다는 의미가 될 수 있어 어느 쪽에 해당하건 학술적으로 상당한 화제가 될 소지가 있다.

이른 시기 고고학적 발굴 보고를 제외하면 우리나라 역사에서 소에 관한 최초의 기록은 삼국지 위서 동이전에 등장하는데 부여의 풍습에 俗尤惡妒者, 殺之尸於國南山上, 至腐, 女家輸牛馬, 及與之. (투기하는 것을 더욱 미워하여 죽이고 나서 그 시체를 나라의 南山 위에 버려서 썩게 한다. 친정집에서 [그 부인의 시체를] 가져가려면 소와 말을 바쳐야 내어준다)라는 기록이 있어 이미 소를 사유재산으로 생각하고 있음을 알 수 있다(三國志 魏書 30 東夷傳, 夫餘). 또한 삼국사기에는 눌지마립간 22년(438)에 牛車之法을 백성에게 가르쳤다고 기록되어 있으며, 지증왕 3년 (502)에는 始用牛耕하였다는 기록이 있다(차순철, 2014). 이 기록을 보면 삼국 이전 원삼국 시대에 한반도 (마한)와 남만주 (부여)에 소가 있었던 사실은 분명하지만 실제로 어떤 역할이 사회적으로 이 동물에 부여되어 있었는지는 확실하지 않다. 다만 삼국시대에 들어가면 신라에서 소를 밭갈이에 이용하기 시작하였다는 기록이 나오고(차순철, 2014), 고구려 벽화에서도 소가 수레를

끄는 상황이 그려져 있어(신채경, 2006) 이 시기에 이르면 소의 노동력이 농사와 물건 운반 등에 다양하게 이용되는 상황으로 완전히 이행한 것으로 판단된다.

고려와 조선시대에 이르면 이전 시기에 확립된 소 사육이 고기와 노동력을 사람들에게 안정적으로 제공해 줄 수 있게 되어 이후 큰 변화 없이 20세기까지 이어졌다고 생각된다. 다만 이 기간 중에도 좋은 품종의 소를 얻기 위한 국가간 교섭으로 우리 소가 끊임없이 개량되었을 가능성은 배제할 수 없다. 사육 소가 최초로 한반도에 들어와 정착하게 된 과정은 중국 대륙으로부터의 전래 가능성이 가장 높다고 생각하지만 그 후 소가 대량으로 사육되어 우리 전통사회의 일부분으로 완전히 자리잡은 이후에는 거꾸로 주변국가에 우리 소가 퍼져나갔음을 보여주는 고고학 보고 및 문헌 기술이 상당히 많다.

우선 한반도에서 주변 다른 지역으로 소가 이동해 간 가장 이른 사례는 일본 야요이 시기 한반도에서 농경의 전래와 함께 이루어졌을 가능성이 높다(Mannen 외, 1998, Kim 외, 2005). 일본의 경우 한우와 유전적 거리도 매우 가까워 그 친연 관계가 매우 높은 것으로 보이지만 구체적인 사실의 규명은 좀 더 많은 자료의 축적을 기다려야 한다고 본다.

시기가 좀 더 내려오면 농경생활이 완전히 자리 잡은 한반도 국가에서 남만주 지역의 주민들에게 농기구와 함께 농사 소가 제공된 사례가 많이 눈에 띈다. 고려시대와 조선시대를 통틀어 보면 한반도 국가에서 농사 소를 사여하는 경우도 많았지만 양 지역의 주민이 모여 교역하는 시장에서 고려/조선 측 주민이 가지고 나가 파는 상품에는 언제나 농사 소가 중요한 품목의 하나였다(표 7). 본 연구에서도 남만주 일대의 소가 우리 소와 매우

유전적으로 가까운 관계에 있음이 확인되었는데 이는 역사적으로 우리측에서 압록강/두만강 북쪽으로 소가 끊임없이 제공되었던 역사와 무관하지 않다고 생각한다.

현재로서는 역사문헌상으로 볼 때 한반도 안의 소 품종 개량을 위해 외부에서 어느 정도로 많은 우량 품종의 소가 정책적으로 수입되었는지 분명하지가 않다. 하지만 처음 한반도에 소가 정착한 이후에도 많은 품종이 새로 도입되어 기존의 개체와 교배가 있었을 가능성은 충분한데 이 때문인지 확언할 수는 없지만 20세기 이전 한반도에는 꽤 다양한 형질을 가진 소 품종이 공존하였음을 시사하는 기록이 있다.

고려시대에 집필된 新編集成馬醫方牛醫方을 보면 누런색의 황우(黃牛), 검은색의 흑우(黑牛), 흰색의 백우(白牛), 검푸른색의 청우(靑牛), 얼룩색의 리우(离牛), 사슴 같은 녹반자(鹿班者) 등의 그림으로 한우를 구분해 놓고 있으며(최태정, 2009; 서상원 외, 2014), 1912년 간행된 권업모범장 축산연구 사업보고서에 의하면 조선소의 털 색깔은 적갈색이 가장 많고 다음으로 흑색, 흑갈색, 호랑이무늬 색, 흑갈색에 흰 반점, 흑회색 등이 있다고 하였다. 또한 1920년 조선농회보에는 조선우 8,051두에 대한 모색을 조사한 결과가 수록되어 있는데 갈색 66.69%, 흑색 11.72%, 백색 1.33%, 반색 13.26%, 렴색 6.06%, 잡색 0.91% 였다고 기록되어 있다(서상원, 2014).

유전학적 연구에서도 한우 미토콘드리아 DNA가 생각보다 상당히 다양한 유전적 배경을 가지고 있어 다른 지역 소 서열과 구분되는 군집화가 뚜렷하지 않음을 확인 할 수 있었고 조선 전기에 이 땅에 살던 청계천 출토 소 뼈에 대해 유전적 분석을 수행한 금번 연구에서도 오늘날 우리나라를 비롯 한 동아시아 지역 소는 물론 멀리는 유럽 소와도 매우 유사한

유전형을 보여 20세기 이전 상당히 다양한 유전적 배경을 가진 소가 이미 우리나라에 들어와 있었을 가능성을 생각 해 볼 수 있다. 그 원인으로는 다양한 경우가 제시될 수 있겠지만 결국 소가 이 땅에 들어 온 후 품종개량이 활발히 시도된 결과로 보는 것이 가장 합리적 설명이 아닐까 한다. 이렇게 본다면 한우는 결국 오랜 세월 동안 농경과 식육에 보다 적합한 소 품종을 얻고자 하는 우리 조상들의 끊임없는 노력에 의해 만들어진 역사적 결정체였다고 볼 수 있다.

표 6. 한반도 소과 동물출토 유적 일람(이양수 2015 년 정리)

시대	유적	종류	출토품	최소 개체수	비고
구석기	검은모루	물소	아래어금니 2, 위어금니 1, 옆니 4, 뿔달린 머리뼈 1	2	
	중리		위이빨 2, 아랫니빨 2, 앞축뼈 5, 손등뼈 3 등 총 16 점	3	
	랭정 동굴		아래턱 2, 아랫니빨 5, 위이빨 8, 앞축뼈 10 등 총 31 점	5	
	대현동		이빨 4, 앞팔뼈 1, 앞축뼈 9, 뒤축뼈 3, 등뼈 3 등 총 23 점	7	
	화천동		아래 세 번째 어금니 1	1	
	굴재덕 2 호동굴		이빨, 앞축뼈 등 총 18 점	3	
	승리산		이빨 7, 위팔뼈 4, 앞팔뼈 2, 정강뼈 3 등 총 29 점	6	
	로동리		앞축뼈, 뒤축뼈 등		
	룡곡 1 호동굴		이빨 2	2	
신석기	궁산		뿔 2, 위이빨 1, 아래턱 1, 갈비뼈 4, 앞축뼈 1 등	2	
	목도		손등뼈 1, 발등뼈 1, 뒤축뼈 1, 발목뼈 1, 발가락뼈 3		
	황성동 267		이빨 1	1	
	비봉리		이빨 2, 앞축뼈 1, 발가락뼈 1		
	쌍굴		손등뼈 1		추정
구석기	중리	들소	손등뼈 1, 발등뼈 2, 앞축뼈 2	1	
	랭정		위이빨 3, 아랫니빨 1, 앞축뼈 5, 손등뼈 3	6	
	대현동		앞팔뼈 2, 손등뼈 4, 앞축뼈 12, 뒤축뼈 8 등	6	
	승리산		위팔뼈 3, 앞팔뼈 3, 손등뼈 2, 발등뼈 1, 발목뼈 2	3	
	청파대		위어금니 1, 아래어금니 1, 발가락뼈 1, 정강뼈 1	3	
	점말 동굴		-	-	
	동관진		뿔을 포함한 머리뼈 1, 손등뼈 1	1	
구석기	대현동	옛소	이빨 5, 앞팔뼈 1, 손등뼈 1	2	
	승리산		위팔뼈 1, 앞팔뼈 2, 뒤팔뼈 1, 허벅지뼈 1, 정강뼈 2	2	
	만달		정강뼈 2, 첫째목등뼈 1, 위팔뼈 1, 손등뼈 1 등		

	금옥 동굴		위이빨 2, 아랫니빨 2, 앞축뼈 1, 첫째발가락뼈 1	2	
	동관진		셋째어금니를 가진 아래턱 1, 뿔 1, 손등뼈 1	1	
	두루봉제 2 굴		정강이뼈, 손목뼈, 발목뼈 등	2	
	금굴		–	–	
	쌍굴		–	–	
신석기	만달리위층	현생소	발가락뼈	–	
	금굴 6 문화층		–	–	
	상시 3 암음		–	–	
	동삼동		위어금니 1	–	
	비봉리		위두번째 어금니 1, 위 넷째 옆니 1	–	
	수가리		위팔뼈, 옆니 1	–	
청동기	오동 5 호 주거지		–	–	
	범의구석 8 호		주걱뼈 1	–	
	토성리		위팔뼈 3, 주걱뼈 1	–	
	입석리		아래턱, 이빨 등 총 9 점	2	
	조동리		–	1	
철기시대	오동		총 1 점	1	
	늑도		뿔 1, 아래턱가지 1, 위팔뼈 2, 허벅지뼈 1 등 총 22 점	2	
	낙민동		아래턱 등 총 35 점	–	
	수안동		위팔뼈 2, 엉덩뼈 1 등	1	
	회현동		손등뼈 6 등 총 26 점	–	

표 7. 고려시대/조선시대 소 무역에 대한 대표적인 기록

시대	내용	기록
고려시대	夏四月. 東女眞大相吳於達請耕牛. 乃賜東路屯田司牛十頭 (동여진의 상인에게 소 10 마리를 하사하다).	高麗史節要 靖宗 八年 4 월
	癸酉 鳳州經略司, 以絹一萬二千三百五十匹來, 市農牛(몽고의 관리가 농우를 사가다).	高麗史 원종 12 년 3 월
	遼東遣人來, 買農牛. 於是, 置點牛色, 聽西北面民得自互市, 得牛五百頭, 都巡問使烙印以送(요동에서 사람을 보내어 거래소를 통해 소를 사가다).	고려사절요 우왕 11 년 4 월
조선시대	遣大護軍梅原渚, 押初運牛一千隻赴遼東(소 1 천 필을 요동으로 보내다).	조선왕조실록 태종 4 년 4 월 28 일
	參贊官李濟奏曰: "會寧開市時, 北民以牛換馬, 其數甚多(會寧에서 開市 할 적에 북도(北道)의 백성들이 소로써 말을 바꾸었다).	조선왕조실록 영조 3 년 9 월 22 일
	蓋此中江春秋之市, 粤自順治三年, 謹依戶部咨會, 官辦農牛、鏵、鹽, 到境設市, 臺站軍民等持小青布和買, 以資其耕作物種(中江에서 열리는 開市에 官에서	조선왕조실록 영조 13 년 1 월 27 일

	農牛)·가래·소금을 이용하여 무역을 하였는데, 대참(臺站)의 군민(軍民)들이 소청포(小青布)를 가지고 와 바꾸었다).	
	六鎭淸市, 牛犂、鹽價穀布參半事, 依回啓施行(淸나라가 開市에서 사가는 소·쟁기·소금의 값을 곡식과 布로 절반씩 참작하여 받는 일은 회계한 대로 시행하라).	조선왕조실록 정조 8 년 11 월 5 일

참고문헌

Achilli, A., Olivieri, A., Pellecchia, M., Uboldi, C., Colli, L., Al-Zahery, N., Accetturo, M., Pala, M., Hooshiar Kashani, B., Perego, U.A., Battaglia, V., Fornarino, S., Kalamati, J., Houshmand, M., Negrini, R., Semino, O., Richards, M., Macaulay, V., Ferretti, L., Bandelt, H.J., Ajmone-Marsan, P., Torroni, A. (2008). Mitochondrial genomes of extinct aurochs survive in domestic cattle. *Curr Biol*, 18(4), R157-158.

Achilli, A., Bonfiglio, S,. Olivieri, A., Malusa, A., Pala, M., Hooshiar Kashani, B., Perego, U.A., Ajmone-Marsan, P., Liotta, L., Semino, O., Bandelt, H.J., Ferretti, L., Torroni, A. (2009). The Multifaceted Origin of Taurine Cattle Reflected by the Mitochondrial Genome. *PLoS One*, 4(6), e5753.

Anderson, S., de Bruijn, M.H., Coulson, A.R., Eperon, I.C., Sanger, F., Young, I.G. (1982). Complete sequence of bovine mitochondrial DNA. Conserved features of the mammalian mitochondrial genome. *J Mol Biol*, 156(4), 683-717.

Brown, W.M., Wright, J.W. (1979) Mitochondrial DNA analysis and the origin and relative age of parthenogenetic lizards (genus *Cnemidophorus*). Science, 4386, 1247-1249.

Chen, S., Lin, B.Z., Baig, M., Mitra, B., Lopes, R.J., Santos, A.M., Magee, D.A., Azevedo, M., Tarroso, P., Sasazaki, S., Ostrowski, S., Mahgoub, O., Chaudhuri, T.K., Zhang, Y.P., Costa, V., Royo, L.J., Goyache, F., Luikart,

G., Boivin, N., Fuller, D.Q., Mannen, H., Bradley, D.G., Beja-Pereira, A. (2010). Zebu cattle are an exclusive legacy of the South Asia Neolithic. *Mol Biol Evol*, 27(1), 1-6.

Haag-Liautard, C., Coffey, N., Houle, D., Lynch, M., Charlesworth, B., Keightley, P.D. Direct Estimation of the Mitochondrial DNA Mutation Rate in Drosophila melanogaster. *PLoS Biol*, 6(8), e204.

Edwards, C.J., MacHugh, D.E., Dobney, K.M., Martin, L., Russell, N., Horwitz, L.K., McIntosh, S.K., MacDonald, K.C., Helmer, D., Tresset, A., et al. (2004). Ancient DNA analysis of 101 cattle remains: Limits and prospects. *J Archaeol Sci*, 31, 695-710.

Hall, B.G. (2011). Phylogenetic Trees Made Easy: A How To Manual, Fourth Edition. Sinauer Associates.

Hall, B.G. (2013). Building phylogenetic trees from molecular data with MEGA. *Mol Biol Evol*, 30(5), 1229-1235.

Jia, A., Chen, H., Zhang, G., Wang, Z., Lei, C., Yao, R. (2007). Genetic Variation of Mitochondrial D-loop Region and Evolution Analysis in Some Chinese Cattle Breeds. Journal of Genetics and Genomics, 34(6), 510-518.

Jia, S., Zhou, Y., Lei, C., Yao, R., Zhang, Z., Fang, X., Chen, H. (2010). A new insight into cattle's maternal origin in six Asian countries. Journal of Genetics and Genomics, 37(3), 173-180.

Kim, K.I., Lee, J.H., Lee, S.S., Yang, Y.H. (2003). Cattle to Other Cattle Populations Determined Using Mitochondrial DNA D-loop Sequence

Polymorphism. Biochemical Genetics, 41(3/4), 91-98.

Kim, J.H., Oh, J.H., Song, J.H., Jeon, J.T., Han, S.H., Jung, Y.H., Oh, M.Y., (2005). Molecular Genetic Analysis of Ancient Cattle Bones Excavated from Archaeological Sites in Jeju, Korea. *Mol Cells*, 20(3), 325-330.

Kim, E., Cheong, H.S., Bae, J.S., Chun, J., Park, T.J., Lee, K., Yun, Y., Shin, H.D. (2010). Identification of genetic polymorphisms in bovine mitochondrial deoxyribonucleic acid. Journal of animal science, 88, 2551-2555.

Lai, S.J., Liu, Y.P., Liu, Y.X., Li, X.W., Yao, Y.G. (2006). Genetic diversity and origin of Chinese cattle revealed by mtDNA D-loop sequence variation. *Mol Phyogenet Evol*, 38(1), 146-154.

Lenstra, J.A., Ajmone-Marsan, P., Beja-Pereira, A., Bollongino, R., Bradley, D.G., Colli, L., De Gaetano, A., Edwards, C.J., Felius, M., Ferretti, L., Ginja, C., Hristov, P., Kantanen, J., Liron, J.P., Magee, D.A., Negrini, R., Radoslavov, G.A. (2014). Meta-Analysis of Mitochondrial DNA reveals Several Population Bottlenecks during Worldwide Migrations of Cattle. Diversity, 6(1), 178-187.

Mannen, H., Tsuji, S., Loftus, R.T., Bradley, D.G. (1998). Mitochondrial DNA variation and evolution of Japanese black cattle (*Bos taurus*). Genetics, 150(3), 1169-1175.

Thompson, J.D., Higgins, D.G., Gibson, T.J. (1994). CLUSTALW: Improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. Nucleic

Acids Research, 22, 4673-4680.

Torroni, A., Schurr, T.G., Cabell, M.F., Brown, M.D., Neel, J.V., Larsen, M., Smith, D.G., Vullo, C.M., Wallace, D.C. (1993). Asian affinities and continental radiation of the four founding Native American mtDNAs. The American Journal of Human Genetics, 53, 563-590.

Troy, C.S., MacHugh, D.E., Bailey, J.F., Magee, D.A., Loftus, R.T., et al. (2001). Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle. Nature, 410, 1088-1099.

Xuan, T.P., Georgescu, S.E., Manea, M.A., Hermenean, A.O., Costache, M. (2010). Phylogenetic relationships of Romanian cattle to other cattle populations determined by using mitochondrial DNA D-loop sequence variation. Romanian Biotechnological Letters, 15(3), 5287-5292.

서상원. (2014). Microsatellite marker를 이용한 한국 가축유전자원의 분자유전학적 고찰. 경상대학교 대학원 박사논문.

서울역사박물관. (2012). 종묘광장 발굴조사보고서. 서울역사박물관.

신동훈. (2015). 미토콘드리아 DNA D-loop 유전 정보 서열에 대한 계층적 군집화 분석에 의한 동아시아 소의 계통 연구. 국립한국방송통신대학교대학원 석사논문.

신채경. (2006). 고구려 안악 3호분 묘주 연구 : 분묘구조와 행렬도를 중심으로. 영남대학교 대학원 석사논문.

이양수, 박근태. (2015). 한국 신석기시대 환경 변화와 물소, 소의 의미.

2015년 국립김해박물관 연구회 발표문.

정의룡, 김우태, 김연수, 이정구, 한상기. (2002) 한우 Mitochondrial DNA D-loop 영역의 염기서열 및 유전변이. 동물자원지, 44(2), 181-190.

진충우. (2007). 한우, 육우 및 수입우의 DNA 비교 : 미토콘드리아DNA control region 및 cytochrome b 유전자의 염기서열과 핵DNA의 RAPD(Randomly Amplified Polymorphic DNA)분석. 충북대학교 대학원 석사논문.

차순철. (2014). 포항지역의 농지개간과 지역사회 변화 –포항 초곡리유적을 통해 본 신라의 농지개간 문제-. 한국고대사연구. 2014. 16: 87-117.

최태정. (2009). 한국 전래 소품종(한우, 호반우 및 흑우)에 대한 계통유전체학적 특성 구명. 전북대학교 대학원 박사논문.

三國志 魏書 30 東夷傳, 夫餘

Abstract

Although genetic information of *Bos taurus* has been successfully elucidated by a number of studies, there were very few researches on the ancient DNA of the cattle, especially made upon the historical cases that were raised in South Korea. In this study, we tried to analyze the mitochondrial DNA D-loop and coding region sequences of 15th century cattle bone obtained from *Cheonggyecheon* ruins of Joseon period. The consensus sequence was determined by the alignment of individual clone sequences. Consensus mitotype of the *Cheonggyecheon* cattle was 16138C, 106C, 109C, 221+C, 587+C, 2536A, 9682C, 13310C (Haplogroup=T3). Comparing the current result with the sequences available in GenBank, *Cheonggyecheon* cattle mtDNA was similar to modern *Bos taurus* raised in South Korea, Japan, China (of northern provinces) and a few even in Europe, America and Oceania. Phylogenetic analysis also revealed that *Cheonggyecheon B. taurus* was genetically different from the cattle raised in and around Southern Chinese provinces. Although more studies on aDNA are still needed for enriching our genetic knowledge about the history of genus *Bos*, this report can be an important stepping stone for our future studies on the cattle of historical societies in East Asia.

Keywords: Mitochondrial DNA, D-loop, Korea, Joseon, *Bos taurus*

Student number: 2014-21098

부록

No.	organism	Location	Max score	Total score	Query cover	Accession
1	*Bos taurus*	Austria	1685	1685	100%	AF022924.1
2	*Bos taurus*	Korea	1679	1679	100%	AY337535.1
3	*Bos taurus*	Austria	1679	1679	100%	AF022916.1
4	*Bos taurus*	Canada	1679	1679	100%	AF034443.1
5	*Bos taurus*	Canada	1679	1679	100%	AF034438.1
6	*Bos taurus*	Austria	1679	1679	100%	U92242.1
7	*Bos taurus*	China	1677	1677	100%	EU281536.1
8	*Bos taurus*	Austria	1677	1677	100%	AF022918.1
9	*Bos taurus*	Cuban Creole	1676	1676	99%	JQ070359.1
10	*Bos taurus*	Cuban Creole	1676	1676	99%	JQ014659.1
11	*Bos taurus*	China	1674	1674	100%	EU281508
12	*Bos taurus*	New Zealand	1674	1674	100%	AF389187.1
13	*Bos taurus*	Austria	1674	1674	100%	AF022921.1

14	*Bos taurus*	Austria	1674	1674	100%	AF022920,1
15	*Bos taurus*	Austria	1674	1674	100%	AF022919.1
16	*Bos taurus*	Canada	1674	1674	100%	AF034445.1
17	*Bos taurus*	Canada	1674	1674	100%	AF034442.1
18	*Bos taurus*	Austria	1674	1674	100%	U92238.1
19	*Bos taurus*	Austria	1674	1674	100%	U92235.1
20	*Bos taurus*	China	1672	1672	100%	EU281538.1
21	*Bos taurus*	China	1672	1672	100%	EU281529.1
22	*Bos taurus*	China	1672	1672	100%	EU281511.1
23	*Bos taurus*	China	1672	1672	99%	EU281505.1
24	*Bos taurus*	China	1672	1672	100%	EU281403.1
25	*Bos taurus*	China	1672	1672	100%	EU281391.1
26	*Bos taurus*	China	1672	1672	100%	EU281382.1
27	*Bos taurus*	China	1672	1672	100%	EU281379.1
28	*Bos taurus*	Korea	1672	1672	100%	AY337544.1
29	*Bos taurus*	Korea	1672	1672	100%	AY337531.1

30	*Bos taurus*	Austria	1672	1672	100%	AF022922.1
31	*Bos taurus*	Ireland	1672	1672	99%	L27719.1
32	*Bos taurus*	China	1670	1670	99%	EU281530.1
33	*Bos taurus*	China	1670	1670	99%	EU281349.1
34	*Bos taurus*	Austria	1670	1670	100%	U92232.1
35	*Bison bonasus*	Russia	1668	1668	100%	HQ437666.1
36	*Bos taurus*	China	1668	1668	99%	EU281509.1
37	*Bos taurus*	China	1668	1668	99%	EU281507.1
38	*Bos taurus*	China	1668	1668	99%	EU281506.1
39	*Bos taurus*	China	1668	1668	99%	EU281450.1
40	*Bos taurus*	China	1668	1668	99%	EU281371.1
41	*Bos taurus*	China	1668	1668	99%	EU281348.1
42	*Bos taurus*	Korea	1668	1668	100%	AY337536.1
43	*Bos taurus*	Korea	1668	1668	100%	AY337534.1
44	*Bos taurus*	Korea	1668	1668	100%	AY337522.1

45	*Bos taurus*	New Zealand	1668	1668	100%	AF389179.1
46	*Bos taurus*	Canada	1668	1668	100%	AF034446.1
47	*Bos taurus*	New Zealand	1668	1668	100%	AF034444.1
48	*Bos taurus*	Austria	1668	1668	100%	U92239.1
49	*Bos taurus*	Austria	1668	1668	100%	U92236.1
50	*Bos taurus*	Austria	1668	1668	100%	U92230.1