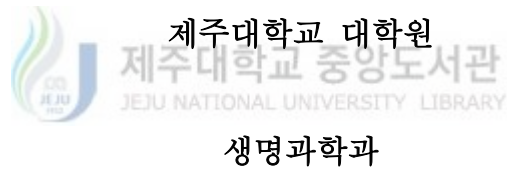


석 사 학 위 논 문

제주도 고대 유적지에서 발굴된 사슴과 (Cervidae)  
동물 뼈 화석의 Mitochondrial DNA의 유전학적 분석



강 민 철

2005년 12월

제주도 고대 유적지에서 발굴된 사슴과 (Cervidae)  
동물 뼈 화석의 Mitochondrial DNA의 유전학적 분석

지도교수 : 오 문 유

강 민 철

이 논문을 이학 석사학위 논문으로 제출함



강민철의 이학 석사학위 논문을 인준함

심사위원장 \_\_\_\_\_

위 원 \_\_\_\_\_

위 원 \_\_\_\_\_


제주대학교 대학원

2005년 12월

**Genetic Analysis of Mitochondrial DNA from the  
Bones of Cervidae Excavated from  
Archaeological Sites on Jeju Island, Korea**

**Min-Chul Kang**

(Supervised by Professor Moon-You Oh)

 제주대학교 중앙도서관  
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**

2005. 12

## ABSTRACT

This study analyzed the molecular identity and phylogenetic relationships between extant Cervidae and ancient remains excavated from two archaeological sites, Kimnyung and Kumsung, on Jeju Island, Korea. Both sites were estimated to date from about 1,100 to 2,000 years before the present (YBP). Of the animal bones excavated, those identified as Cervidae were used for DNA extraction and subsequent determination of the sequences of the mitochondrial DNA (mtDNA) control region. The extracted DNA was used as the template for PCR amplification of the mtDNA control region. The resulting DNA sequences were compared with reported sequences, and a phylogenetic tree based on nucleotide similarity was constructed. A similarity search showed that the ancient DNAs were closest to Cervidae. On the phylogenetic tree constructed using the nucleotide similarity of the control region sequences of Cervidae, including those of the ancient remains, the ancient DNA sequences were found in two distinct clusters containing the Capreolinae and Hydropotinae. The Hydropotinae sequences were divided into two subclusters the ancient sequences were on subcluster I, and were closely related to the sequences of water deer from China and Korea (Hi, Hi-2), while the sequences in subcluster II were specifically related to Korean water deer (Hi-1). This result showed that two water deer maternal populations existed on Jeju Island from about 1,100 to 2,000 YBP. Of the ancient sequences located in the Capreolinae cluster, three ancient sequences were closely related to those of roe deer (Cck-1, Cck-2, Cpk) from Jeju Island and the Korean Peninsula. Unexpectedly, the other three sequences (KS-14, KS-15, KS-19) were more closely related to European and Siberian roe deer, suggesting that these sequences originated from another maternal lineage. Consequently, the results of this study suggest that roe deer and water deer were present on Jeju Island in ancient times. Unfortunately, there is no evidence for the existence of Cervinae, including Sika deer, which are described in historical records. Our results contribute to studies on the origin and phylogenetic relationships of extant and ancient Cervidae.

Key words : ancient remains, Cervidae, identified, mtDNA control region, origin, phylogenetic relationships.

# 목 차

ABSTRACT .....	i
목 차 .....	ii
LIST OF FIGURES .....	iii
LIST OF TABLES .....	iv
I. 서 론 .....	1
II. 재료 및 방법 .....	3
1. 실험재료	
2. DNA 추출 및 정제	
3. 미토콘드리아 DNA 조절부위의 증폭	
4. 클로닝 및 DNA Sequencing	
5. 미토콘드리아 DNA 조절부위의 염기서열 결정	
6. 계통유전학적 분석	
III. 결 과 .....	12
1. DNA 추출 및 증폭	
2. 미토콘드리아 DNA 조절부위의 염기서열 결정	
3. 계통유전학적 분석	
IV. 고 찰 .....	27
V. 인 용 문 헌 .....	30
VI. 적 요 .....	50

## LIST OF FIGURES

<b>Figure 1.</b> Two archaeological sites for the ancient animal remains used in this study ...	4
<b>Figure 2.</b> Photographs of the four ancient remains from Kimnyung archaeological site .....	6
<b>Figure 3.</b> Photographs of the eleven ancient remains from Kumsung archaeological site .....	7
<b>Figure 4.</b> Nucleotide sequences of the mtDNA D-loop region in DNA from the <i>Cervus nippon</i> .....	10
<b>Figure 5.</b> Agarose gel electrophoresis patterns of total DNAs isolated from the ancient animal remains .....	13
<b>Figure 6.</b> Agarose gel electrophoresis patterns of the amplified fragments of the mtDNA control region from the ancient animal remains .....	14
<b>Figure 7.</b> Sequence variation in the control region observed in 15 Cervidae animal remains and 23 extant Cervidae animals .....	18
<b>Figure 8.</b> A neighbor-joining tree constructed from the sequences of 15 Cervidae animal remains and 23 extant Cervidae animals .....	25
<b>Figure 9.</b> A strict consensus tree derived from the sequences of the Cervidae remains and the extant Cervidae animals .....	26

## LIST OF TABLES

<b>Table 1.</b> Characteristics of remains of Cervidae animal bones used in this study .....	<b>5</b>
<b>Table 2.</b> Oligonucleotide sequences of primers used in this study .....	<b>9</b>
<b>Table 3.</b> Comparison of the partial sequences of the control region from the Cervidae animal bones and other Cervidae animals .....	<b>17</b>
<b>Table 4.</b> Genetic distance of the control region for the 15 Cervidae animal bones and 25 extant Cervidae animal .....	<b>20</b>



## 서 론

현재 세계 곳곳의 여러 유적지에서는 인류 화석을 포함한 여러 종류의 동물 유골들이 발굴되고 있다. 1980년대부터 PCR (polymerase chain reaction) 및 DNA sequencing 등 분자생물학적 기법의 발달로 인해 멸종된 동·식물이나 화석들에 대한 분자유전학적 연구들이 가능하게 되었다. 1984년 Higuchi 등은 현재 멸종된 Quagga (*Equus quagga*)의 조직으로부터 DNA를 추출하고, 미토콘드리아 DNA의 염기서열을 분석한 결과 현존하는 Zebra와 가까운 유연관계임을 밝혔다. 또한 Pääbo (1985)는 2,400년 전의 이집트 미이라로부터 DNA를 추출하여 염기서열을 분석하는데 성공하였다. 그 후 인류 화석을 비롯한 말, 사슴, 토끼, 돼지, 물고기, 메머드 등 다양한 고대 생물들의 뼈, 치아 그리고 뇌 등 여러 조직으로부터 DNA의 추출 및 분석을 통한 계통유전학적 연구들이 수행되어 왔다 (Doran *et al.*, 1986; Merriwether *et al.*, 1996; Faerman *et al.*, 1998; Nabata *et al.*, 2004; Yang *et al.*, 2005).

미토콘드리아 DNA는 특이적으로 모계유전을 하고 (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). 또한 세포내에 single-copy로 존재하는 핵 DNA보다 수백 copy로 존재하여 고대유골의 분자유전학적 분석에 있어 큰 이점을 제공하고 있다. 이러한 여러 이유들 때문에 미토콘드리아의 조절부위는 현존하는 인간 및 동물 집단 사이에서 진화적, 계통유전학적 유연관계의 분석뿐만 아니라, 특히 고대 동물유골의 분자유전학적인 분석에서도 표지유전자로써 널리 사용되어지고 있다 (Oh *et al.*, 1994; Cook *et al.*, 1999). 현재, 미토콘드리아 DNA의 분석을 통한 종간의 계통유전학적 연구들이 진행되었으며 (Randi *et al.*, 1998; Cook *et al.*, 1999; Polziehn *et al.*, 2002), 유적지에서 출토된 동물유골과 현존하는 동물들과의 계통유전학적 유연관계를 밝힘으로써 모계혈통의 이동경로 및 기원 등을 추정하는 연구 결과들이 많이 보고되었다 (Troy *et al.*, 2001; Watanobe *et al.*, 2001, 2002, 2004). 특히 Jung 등 (2002) 과 Kim 등 (2005)은 고대유적지에서 출토된 말과 소 유골들로부터 mtDNA의 염기서열을 분석



하였으며, 제주재래마와 제주재래흑우의 기원에 대한 재조명의 필요성을 시사하였다.

제주도내에는 구석기, 신석기, 청동기 및 철기시대에 이르기까지 다양한 시기에 형성된 여러 유적지들이 발견되었다. 특히 제주도에서 발굴된 유적지 중에서 김녕 켜네기동굴과 금성 유적지는 초기 철기시대 (B.C. 100)부터 삼국시대를 거쳐 통일신라시대의 유물들이 층위별로 발굴됨으로써 상고문화의 변천과정을 연구하는데 중요한 자료를 제공하고 있다 (제주도민속자연사박물관, 1995, 2001). 이들 각각의 유적지에서 우제목 (*Artiodactyla*)에 속하는 소, 멧돼지, 사슴류 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).

사슴과 (*Cervidae*) 동물은 우제목 (*Artiodactyla*), 녹우아목 (*Pecora*)에 속하며 (Janis and Scott, 1987), 유럽, 아메리카, 아프리카, 아시아 등에 넓게 분포하고 있다. 아시아 지역 중 한반도를 비롯하여 제주도에 서식하고 있는 사슴과 동물에는 사향노루 (Korean musk deer), 고라니 (Korean water deer), 우수리사슴 (*Dybowski's deer*), 대륙사슴 (Manchurian sika deer), 백두산사슴 (Duke of bedford's deer), 큰노루 (Siberian roe deer), 노루 (Roe deer) 등이 있다. 현재 제주도 한라산에서 발견되는 사슴과 (*Cervidae*) 동물은 노루 (*Capreolus capreolus*) 1종이 유일하지만, 제주도 선사 유적지에서 출토된 사슴과 동물 뼈 화석에 대한 비교형태학적 연구에서는 다양한 크기의 골편들이 서로 다른 사슴과 동물의 것들로 동정되었고, 종류도 다양하여 여러 종의 사슴류 (*Cervus spp.*)가 존재했을 가능성을 보여주고 있다 (Shin *et al.*, 1992; Shin, 2001; Kim *et al.*, 2002). 하지만 출토된 동물 뼈 화석에 대한 정확한 종 동정 및 분류에 있어 단지 형태학적, 골학적 연구만이 수행되어 명확한 종 동정이 이루어지지 않았다. 따라서 기존에 출토된 동물 뼈 화석의 명명되어진 학명도 분자유전학적 차원에서 종 동정이 필요한 실정이며, 이를 수행하여 당시 제주도 사슴류의 생물상이나 기원을 재검토해 볼 필요가 있다.

따라서, 본 연구에서는 제주도의 김녕 (켄네기동굴), 금성유적지에서 발굴된 사슴과 (*Cervidae*) 동물 뼈 화석으로부터 DNA를 추출하여, 미토콘드리아 조절부위의 부분 염기서열을 결정하였다. 또한, 실험결과를 바탕으로 현존하고 있는 사슴과 동물들과 비교·분석함으로써 종에 대한 정확한 동정 및 이미 보고 되어 있는 종들 사이에서의 계통유전학적 유연관계를 분석하였다.

## 재료 및 방법

### 1. 실험재료

본 연구에서 사용된 실험재료는 제주도 김녕 (퀘네기 동굴)과 금성 유적지 (약 A.D. 0 to A.D. 900)에서 발굴된 사슴과 (Cervidae) 동물 뼈 화석으로서 제주도민속 자연사박물관으로부터 제공 받았다 (Fig. 1). 또한 사슴과 동물에 대한 비교 분석을 위해 현재 한라산에 서식하는 노루 (*Capreolus capreolus*) 2개체 와 한반도에 서식하는 사슴과 동물의 DNA 확보를 위해 서울대학교 야생동물유전자원은행에서 고라니 (*Hydropotes inermis*) 2개체, 대륙사슴 (*Cervus nippon*) 1개체의 DNA 시료를 분양 받아 실험재료로 사용하였다 (Fig. 2-3, Table 1).

### 2. DNA 추출 및 정제

실험재료의 오염을 최소화하기 위해 뼈 또는 치아를 얇게 조각내어 7~10 시간 동안 자외선을 쬐었다. 또한 석회질을 제거하기 위하여 0.5M EDTA (pH 8.0)를 첨가 후, 37°C에서 72 시간동안 반응시켰으며, 12시간마다 새로운 EDTA로 교체하였다. DNA 추출은 Graham (1978)과 Maniatis 등 (1982)의 방법을 변형한 Jung 등 (2002)의 방법에 따라 수행하였다. 시료 0.5~1 g에 10배의 extraction buffer (0.5M EDTA, pH 8.0; 0.1% SDS; 50 µg/ml proteinase K; 0.5% *N*-lauroylsarcosine)를 첨가하여 37°C에서 17 시간 동안 shaking incubator 에서 반응하였다. 여기에 같은 양의 phenol을 처리하여 원심분리한 후 상정액을 회수하였고, 회수된 상정액에 같은 양의 phenol/chloroform (1:1)과 phenol/chloroform/isoamyl alcohol (25:24:1)을 각각 처리한 후 상정액을 회수하였다. 그 후 같은 양의 isopropanol을 첨가하고 -20°C에서 24시간 동안 보관하여 DNA를 침전시켰으며, 70% ethanol을 이용하여 세척하였다. 여기에 150 µl의 TE buffer를 첨가하여 아가로오스 겔 상에서 100 V, 30분간 전기영동 하였고, ethidium bromide (EtBr)로 염색한 후 자외선 조사기에서 일차적으로 확인하였다.



Figure 1. Two archaeological sites for the ancient animal remains used in this study.

Table 1. List of the ancient animal bones used in this study.

Species	Specimens	Archaeological sites	Age (suspected*)
Cervidae spp.	Humerus	Kimnyung	A.D. 0-500
	Tibia	Kimnyung	A.D. 0-500
	Horn	Kimnyung	A.D. 0-500
	Tooth	Kimnyung	A.D. 0-500
	Mandible-1	Kumsung	A.D. 500-900
	Mandible-2	Kumsung	A.D. 500-900
	Mandible-3	Kumsung	A.D. 500-900
	Mandible-4	Kumsung	A.D. 500-900
	Mandible-5	Kumsung	A.D. 500-900
	Tooth-6	Kumsung	A.D. 500-900
	Mandible-7	Kumsung	A.D. 500-900
Mandible-8	Kumsung	A.D. 500-900	
Mandible-9	Kumsung	A.D. 500-900	
Mandible-10	Kumsung	A.D. 500-900	
Mandible-11	Kumsung	A.D. 500-900	

\* By Ko jae-won ( Jeju-do Folklore & Natural History Museum., 1995, 2001)



Figure 2. Photographs of the four ancient remains. (A)-(D) humerus, tibia, horn and tooth from Kimnyung archaeological site. Ancient remains used in this study were kindly provided by the Jeju-do Folklore & Natural History Museum (Jeju, Korea).

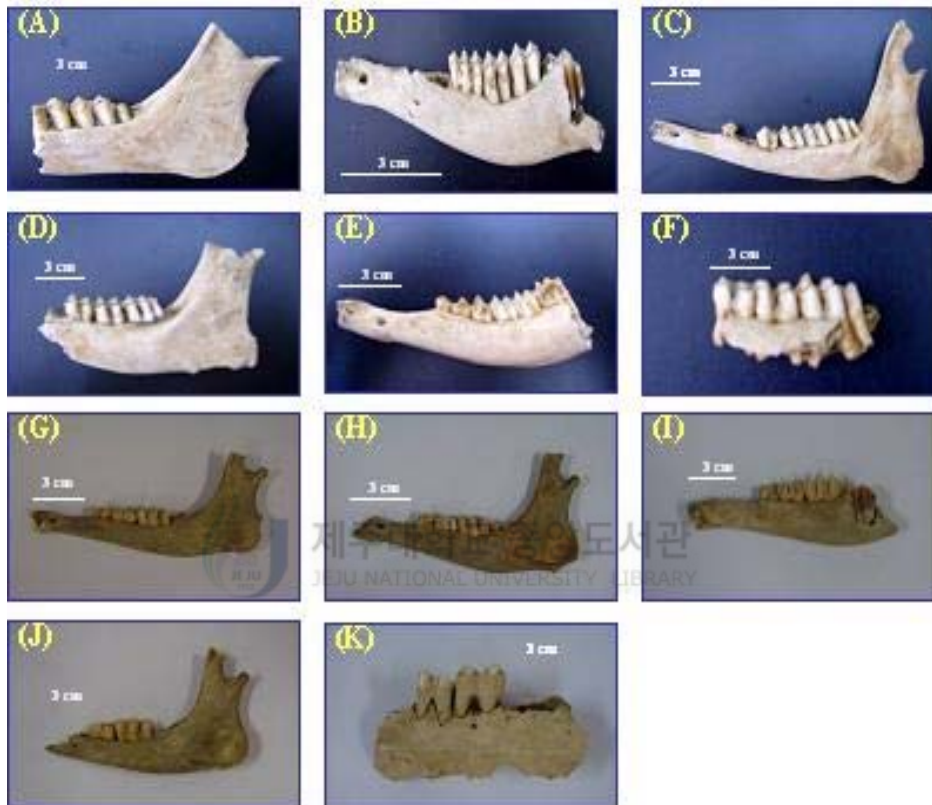


Figure 3. Photographs of the eleven ancient remains. (A)-(K) mandibles and tooth from Kumsung archaeological site. Ancient remains used in this study were kindly provided by the Jeju-do Folklore & Natural History Museum (Jeju, Korea).

추출된 DNA는 QIAquick Gel Extraction Kit (QIAGEN, Germany)를 사용하여 정제하였다. 정제된 DNA는 PCR 증폭을 위한 주형으로 사용하였다.

### 3. 미토콘드리아 DNA 조절부위의 증폭

미토콘드리아 DNA 조절부위를 증폭하기 위해서 대륙사슴 (*Cervus nippon*)의 미토콘드리아 조절부위의 염기서열 (Feng *et al.*, 1995; GenBank accession number U12868)을 바탕으로 3쌍의 primer를 고안하였다 (Table 2, Fig. 4). 각각의 PCR 반응은 *i-Taq* DNA 중합효소 (iNtRON, Korea) 2.5 unit, dNTPs 0.2 mM, 10×PCR buffer (100 mM Tris-HCl, pH 8.3, 500 mM KCl, 20 mM MgCl<sub>2</sub>) 2.5  $\mu$ l, PCR primer 20 pmol, 주형 DNA 2  $\mu$ l에 3차 증류수를 첨가하여 전체 25 $\mu$ l 반응액으로 수행하였다. 반응 과정에서의 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 30초, 55°C에서 45초, 72°C에서 45초를 1회전으로 하여 35회 반복하였다. 그 후 72°C에서 5분간 신장시켰다. PCR 산물은 1% 아가로오스 겔 상에서 전기영동하고 EtBr로 염색한 후 자외선 조사기에서 확인하였다. 원하는 크기의 절편만을 회수하기 위해 녹는점이 낮은 아가로오스 겔 상에서 전기영동한 후 QIAquick Gel Extraction Kit (QIAGEN, Germany)를 사용하여 정제하였다.

### 4. 클로닝 및 DNA Sequencing

정제한 PCR 산물은 TOPO TA Cloning Kit (Invitrogen, USA)를 사용하여 vector에 삽입시킨 후 *Top 10 F'* competent cell 내부로 형질전환 시켰다. 연결은 PCR 산물 0.5  $\mu$ l (50 ng), TOPO vector 0.4  $\mu$ l, salt solution (1.2 M NaCl, 0.06 M MgCl<sub>2</sub>) 0.4  $\mu$ l에 멸균수를 첨가하여 총 반응액이 2  $\mu$ l가 되게 한 후 상온에서 15분 동안 반응시켰다. 형질전환 및 클로닝 과정은 제조사의 방법에 따라 수행하였다. 플라스미드의 추출 및 정제는 Wizard Plus SV Minipreps DNA purification System (Promega, USA)을 이용하였다.

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

Primers	Sequences
CerD-F	5'-GGATCCCTCTTCTCGCTCC-3'
CerD-R	5'-CCTACCATTATGGGGATGCTCA-3'
CerD1-F	5'-TCACCTAAAATCGCCCACTC-3'
CerD1-R	5'-CCAGCTACAATTCATGCTCC-3'
CerD2-F	5'-GCCCCATGCTTATAAGCATG-3'
CerD2-R	5'-CGGAGCGAGAAGAGGGATC-3'



```

ACGCTTATTAATATAGTTCATAAAAATCAAGAAGCTTTATCAGTATTAATCTCCAAAAATTTAATATTTAATACAG      80
CTTTCTACTCAACACCCAATTTACATTCTATGTCCTATTAATCACACAACAAAGCACGTGATATAACCCCTATGTGCTTGT      160
AGTACATAAAATTAATGCATCAAGACATACTATGCACAGCGGTACATGAAACCGGTATATAGGACATATTATGTATAATA      240
GTACATAAAATTAATGTATTAGAACATATTATGTATAATAGTACATTATATATATGCCCCATGCTTATAAGCATGTATTT      320
TCTATTATTTATAGTACATAGTACATGATGTTATTTGTGCTACATAGCACATTAAGTCAAATCAGTCCTTGTCAACATGC      400
GTATCCCGTCCCTAGATCACGAGCTTAATTACCATGCCGCGTGAAACCAGCAACCGCTGGGCAGGGATCCCTCTTCTCG      480
CTCCGGGCCATAAATTGTGGGGGTAGCTATTTAATGAATTTTATCAGACATCTGGTTCTTTTTTCAGGGCCATCTCACC      560
TAAAAATCGCCCACTCCTTGCAATTATAAGACATCTCGATGGACTAATGACTAATCAGCCCATGCTCACACATAACTGTG      640
TGTACATACATTGGTATTTTAATTTTGGGGGGATGCTTGGACTCAGCAATGGCCGTCTGAGGCCCGTCCCGGAGCATG      720
AATGTAGCTGGACTTAACTGCATCTTGAGCATCCCCATAATGGTAGGCATGGGGCATTGCAGTCAATGGTCACAGGACA      800
TAGTTATTATTTTCATGAGTCAACCCTAAGATCTATTTTCCCCCCTTCTTATTTTTTCCCCCTTATATAGTTACCATCAT      880
TTTTAACACACTTTTCCCTAGATATTATTTTAAATTTTATCACATTTCCAATACTCAAATTAGCACTCCAGAGGGAGGTAA      960
GTATATAAACGCCAATTTTCCCTAATTATGCATA      1040

```

Figure 4. Nucleotide sequences of the mtDNA D-loop region in DNA from the *Cervus nippon*. Lines above and below the sequence denote the position of the PCR primers that were used in this study. The primers were designed using nucleotide sequences of the control region of *Cervus nippon* mtDNA (Feng *et al.*, 1995; GenBank accession No. U12868).

염기서열의 분석은 ALFexpress DNA sequencer (Pharmacia, USA) 상에서 Cy5<sup>TM</sup> AutoCycle<sup>TM</sup> Sequencing Kit (Pharmacia, USA)를 이용하여 제조사의 방법에 따라 수행하였다. 이 때 7 M 요소-6% 아크릴아마이드 겔 상에서 1500 V에서 700 분간 전기영동을 실시하였다.

## 5. 미토콘드리아 DNA 조절부위의 염기서열 결정

미토콘드리아 DNA조절부위 부분서열은 NCBI의 GenBank database에 등록되어 있는 사슴과 동물들의 서열과 비교하여 결정하였으며, 결정된 염기서열은 기존에 보고된 다양한 종들과 비교/분석하였다. 여기서 유사성이 높은 염기서열을 검색하기 위해 GenBank에서 운영하는 web search program인 BLAST를 이용하여 database에 보고된 염기서열과의 유사성을 비교하고 유사성이 높은 서열들을 채택하여 계통분석에 이용하였다. 본 연구에서 얻어진 염기서열은 SEQUIN program을 이용하여 각각의 유전자를 database에 등록하였다 (Table 3).

## 6. 계통유전학적 분석

결정된 염기서열 정렬은 CLUSTAL W program (Thompson *et al.*, 1994)을 이용하여 수행하였으며, 염기서열간 유사도에 따른 유전적 거리지수 (genetic distance index)는 PHYLIP program package (Felsenstein, 1993; ver. 3.572)의 DNADIST를 이용하였고, Kimura (1980)의 two-parameter method를 근거로 염기치환에서 transition과 transversion의 비율을 2:1로 가정하여 산출하였다. 계통수는 산출된 유전적 거리지수를 토대로 하여 PHYLIP program package의 neighbor-joining (NJ) method (Saitou and Nei, 1987)를 이용하여 작성하였으며, 계통수의 분지에 대한 신뢰도를 얻기 위한 bootstrap (1000회 반복)은 parsimony 분석에서 나온 결과를 모두 채택, SEQBOOT, DNAPARS 및 CONSENSE 프로그램을 이용하여 consensus tree를 작성하였다.



## 결 과

### 1. DNA 추출 및 증폭

제주도내 김녕 퀘내기 동굴과 금성 유적지에서 출토된 사슴과 (Cervidae) 동물 뼈 화석으로부터 total DNA를 추출하였다. Figure 4는 사슴과 동물 뼈 화석으로부터 추출된 각각의 고대 DNA로서, 오랜 세월이 지나는 동안 DNA가 분해되어 그 분해된 DNA절편들이 밴드 밑으로 끌리듯이 보이고, 그 밑으로 보라색 형광이 관찰되었다. 이것은 토양 부식물 내에 존재하는 fulvic acid, humic acid, 그리고 핵산을 포함한 거대분자의 당 환원 결과로 생성되는 Maillard product 등으로 고대 시료로부터 DNA 추출 시에 나타나는 현상이다. 이들에 의해 DNA 추출물이 갈색을 띠게 되는 원인이 되고, PCR 반응을 저해하는 주된 저해제로 작용 한다 (Tuross, 1994; Hanni *et al.*, 1995; Kolman and Tuross, 2000). 따라서 이들을 제거하기 위하여 겔 상의 DNA 밴드를 용출시켰다. Figure 5는 사슴과 동물 뼈 화석으로부터 추출된 genomic DNA를 주형으로 미토콘드리아 DNA 조절부위를 증폭한 결과이다. 각각 190 bp와 267 bp를 증폭하는데 성공하였다.

### 2. 미토콘드리아 DNA 조절부위의 염기서열 결정

유적지에서 출토된 사슴과 동물들의 뼈 화석으로부터 증폭된 각각의 DNA 절편을 cloning 및 DNA sequence 과정을 통하여 염기서열을 분석하였다. 각각 증폭된 부분서열을 토대로 서로 합친 서열 결과를 GenBank에서 운영하는 web search program인 BLAST를 이용하여 database에 보고된 염기서열과의 유사성을 비교한 결과 대부분 노루 (*Capreolus capreolus*) 또는 고라니 (*Hydropotes inermis*)와 96 ~ 98% 이상의 상동성을 보였다. 조절부위의 부분염기서열은 Koh and Randi (2001)에 의해 보고된 노루 (Korean roe deer) mtDNA의 D-loop 서열 (GenBank accession No. AJ3118) 과 Douzery 와 Randi (1997)에 의해 보고된 고라니 (Chinese water deer)의 mtDNA의 D-loop 부분 서열 ( GenBank accession No. Y08208)을 바탕으로 결정하였다.

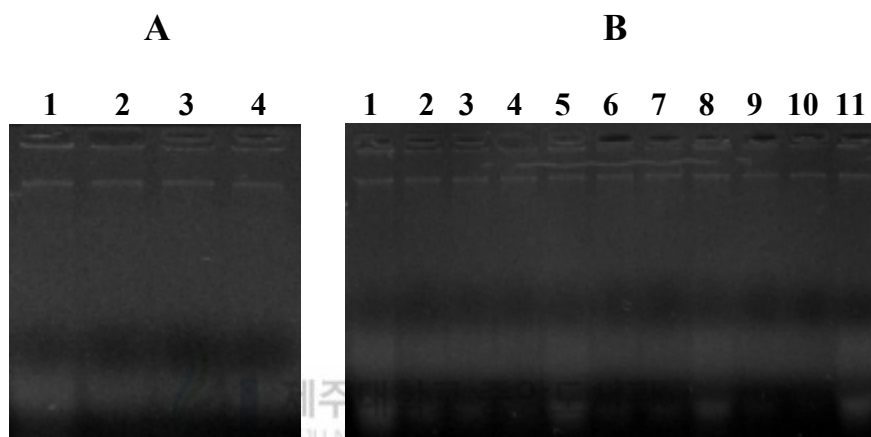


Figure 5. Agarose gel electrophoresis patterns of total DNAs isolated from the ancient animal remains. A, ancient DNA from four Cervidae animal bones (Kimnyung sites); B, ancient DNA from eleven Cervidae animal bones (Kumsung sites).

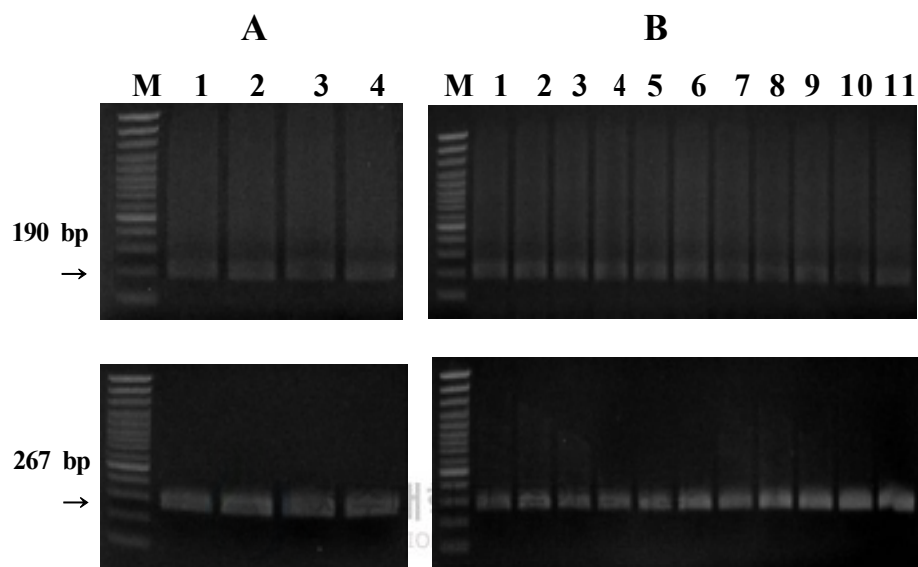


Figure 6. Agarose gel electrophoresis patterns of amplified fragments of the mtDNA control region from ancient animal remains. A, four amplified fragments (190 and 267 bp) from the Cervidae animal bones (Kimnyung sites); B, eleven amplified fragments (190 and 267 bp) from the Cervidae animal bones (Kumsung sites). M is size-markers, GeneRuler 100 bp DNA Ladder.

부분 염기서열의 크기는 각각 440 bp 와 441 bp로 결정되었으나 이 외의 438 bp (KS-11), 439 bp (KNG-1, KS-12, KS-14), 442 bp (KS-18, KS-21), 444 bp (KS-19) 로 결정된 염기서열에서 염기결실 및 염기삽입이 확인되었다 (Table 3).

결정된 염기서열과 비교하기 위하여 GenBank database에 보고 된 사슴과 18종의 염기서열을 선정하였으며, 본 연구에서 밝혀진 노루2개체, 고라니2개체, 대륙사슴 1개체의 염기서열을 포함 시켰다 (Table 3). 현존하는 23종들의 염기서열과 15개체의 사슴과 동물뼈 화석의 서열을 정렬한 결과, 135개의 염기변이가 나타났으며, 15개체의 뼈 화석으로부터 57개의 염기변이가 관찰되었다. 그중 20개는 새로 발견한 형태로서, 4개는 염기결실, 6개는 염기삽입이며, 나머지 10개는 염기치환으로 나타났다 (Fig. 6).

### 3. 계통유전학적 분석

모든 개체의 분석된 염기서열을 기초로 two-parameter method (Kimura, 1980)를 이용하여 15개체의 사슴과 동물 뼈 화석과 현존하는 사슴과 동물들 간의 유전적 거리지수 (genetic distance value)를 산출하였다 (Table 4). 사슴과 동물 뼈 화석과 현존하는 사슴과 동물들 간의 유전적 거리지수는 0.0068 - 0.1165로 나타났으며, 전체 사슴과 동물과 outgroup간의 유전적 거리지수는 0.1421 - 0.3364로 나타났다. 각각의 사슴과 동물 뼈 화석 중 KS-11, KS-13, KS-14, KS-15, KS-16, KS-19는 한라산에 서식하는 노루 (Cck-1, Cck-2), 한반도 노루의 서열 (Cpk)과 0.0115 - 0.0280으로 가장 낮은 거리지수를 나타냈으며, KNG-1, KNG-2, KNG-3, KNG-4 와 KS-12, KS-17, KS-18, KS-20, KS-21은 한반도 고라니 (Hi-1, Hi-2)와 0.0045 - 0.0233으로 가장 낮은 거리지수를 나타내어 가장 가까운 유연관계를 보였다. 반면에 유럽과 시베리아 노루 (Cc, Cp)와 중국 고라니 (Hi)와는 상대적으로 낮은 유연관계를 나타내었다.

계통유전학적인 분석을 위해서 NJ method (Saitou and Nei, 1987)를 이용하여 NJ tree (Fig. 7)와 분지도 내에서 각각의 branch에 대한 신뢰도를 얻기 위하여 parsimony 분석에 의한 consensus tree (Fig. 8)를 작성하였고, outgroup으로 말 (*Equus caballus*) 과 소 (*Bos taurus*)를 포함시켰다 (Fig. 7, 8). NJ tree에서 크게 7 아과 (subfamily), 즉 고라니아과 (Hydropotinae), 노루아과 (Capreoleinae), 순록아과(Rangiferinae), 키용아

과 (Muntiacinae), 사슴아과 (Cervinae), 말코손바닥사슴아과 (Alcinae) 그리고 흰꼬리사슴아과 (Odocoileinae)로 나뉘어졌다. 그 중에서 사슴과 동물 뼈 화석들은 고라니아과 와 노루아과 2집단에 속하였다. 고라니아과에 속한 뼈 화석들은 2개의 아집단으로 형성되었는데, 아집단 I에 속한 뼈 화석 KNG-1, KNG-13, KS-12, KS-20은 중국 고라니, 한반도 고라니 (Hi-2)와 가까운 유연관계를 보이며, 아집단 II에 속한 뼈 화석 KNG-2, KNG-4, KS-17, KS-18, KS-21는 한반도 고라니 (Hi-1)와 가장 가까운 유연관계를 보여 주었다. 노루아과 집단에 속한 뼈 화석 KS-11, KS-13, KS-16들은 한라산에 서식하는 노루 (Cck-1, Cck-2), 한반도 노루의 서열 (Cpk)과 가장 가까운 유연관계를 보여주었으나, KS-14, KS-15, KS-19는 유럽노루, 시베리아노루와 가까운 유연관계를 보여주었다.



Table 3. Comparison of the partial sequences of the control region from the Cervidae animal bones and other Cervidae animals

Species (common name)	Abbreviation	Length (bp)	Accession No.	Reference
<b>Cervidae spp.</b>				
Humerus	KNG-1	439	DQ323047	This study
Tibia	KNG-2	441	AF958277	This study
Horn	KNG-3	439	AF958278	This study
Tooth	KNG-4	440	AF958279	This study
Tooth (mandible)-1	KS-11	438	AF958266	This study
Tooth (mandible)-2	KS-12	440	AF958267	This study
Tooth (mandible)-3	KS-13	441	AF958268	This study
Tooth (mandible)-4	KS-14	440	AF958269	This study
Tooth (mandible)-5	KS-15	441	AF958270	This study
Tooth-6	KS-16	441	AF958271	This study
Tooth (mandible)-7	KS-17	439	AF958272	This study
Tooth (mandible)-8	KS-18	442	AF958274	This study
Tooth (mandible)-9	KS-19	444	AF958273	This study
Tooth (mandible)-10	KS-20	441	AF958275	This study
Tooth (mandible)-11	KS-21	442	AF958276	This study
<b>Hydropotinae</b>				
<i>Hydropotes inermis</i> (Chinese water deer)	Hi	439	Y08208	Douzert <i>et al.</i> (1997)
<i>Hydropotes inermis</i> (Korean water deer)	Hi-1	441	DQ323048	This study
<i>Hydropotes inermis</i> (Korean water deer)	Hi-2	441	DQ323049	This study
<b>Muntiacinae</b>				
<i>Muntiacus crinifrons</i> (black muntjac)	Mc	443	AY239042	Li <i>et al.</i> unpublished
<i>Muntiacus reevesi</i> (Chinese muntjac)	Mr	443	AF527537	Zhang <i>et al.</i> unpublished
<i>Muntiacus muntjak</i> (muntjac)	Mm	442	AY225986	Shi <i>et al.</i> unpublished
<b>Cervinae</b>				
<i>Cervus elaphus canadensis</i> (red deer)	Ce	438	AY970666	Lee <i>et al.</i> unpublished
<i>Cervus nippon yakushimae</i> (sika deer)	Cn	440	AB218689	Wada <i>et al.</i> unpublished
<i>Cervus nippon</i> (sika deer)	Cn1	438	DQ323052	This study
<i>Elaphurus davidianus</i> (Pere David's deer)	Ed	442	AF291894	Randi <i>et al.</i> (2001)
<i>Cervus eldi siamensis</i> (brow-antlered deer)	Ces	442	AF291894	Randi <i>et al.</i> (2001)
<i>Cervus dama</i> (fallow deer)	Cd	441	AF291895	Randi <i>et al.</i> (2001)
<i>Axis porcinus</i> (hog deer)	Ap	441	AF291897	Randi <i>et al.</i> (2001)
<b>Odocoileinae</b>				
<i>Odocoileus virginianus</i> (white-tailed deer)	Ov	441	AF421853	Moscarella <i>et al.</i> (2003)
<i>Odocoileus hemionus</i> (black-tailed deer)	Oh	441	AF016952	Polziehn, R.O. (1999)
<i>Mazama gouazoupira</i> (gray brocket)	Mg	440	Y08570	Douzery <i>et al.</i> (1997)
<b>Capreolinae</b>				
<i>Capreolus capreolus</i> (western roe deer)	Cc	441	AY625874	Randi <i>et al.</i> (2004)
<i>Capreolus pygargus</i> (eastern roe deer)	Cp	440	Z70317	Douzery <i>et al.</i> (1997)
<i>Capreolus pygargus ochracea</i> (Korean roe deer)	Cpk	440	AJ311189	Koh and Randi (2001)
<i>Capreolus capreolus</i> (Korean roe deer)	Cck-1	440	DQ323050	This study
<i>Capreolus capreolus</i> (Korean roe deer)	Cck-2	441	DQ323051	This study
<b>Alcinae</b>				
<i>Alces alces</i> (moose)	Aa	443	U12866	Jianwei Feng unpublished
<b>Rangiferinae</b>				
<i>Rangifer tarandus</i> (caribou)	Rt	441	AF096419	Dueck <i>et al.</i> unpublished
<b>Outgroup</b>				
<i>Bos taurus</i> (Cattle)	Bt	441	AY521136	Lai <i>et al.</i> unpublished
<i>Equus caballus</i> (Jeju native horse)	Ec	441	AY049719	Oh and Jung (2001)







Table 4. Genetic distance of the control region for the 15 Cervidae animal bones and 23 extant Cervidae animal.

	1	2	3	4	5	6	7	8
1 Cp	-							
2 KNG-1	0.0627	-						
3 KNG-2	0.0596	0.0400	-					
4 KNG-3	0.0550	0.0258	0.0255	-				
5 KNG-4	0.0623	0.0377	0.0046	0.0232	-			
6 KS-11	0.0303	0.0502	0.0353	0.0379	0.0379	-		
7 KS-12	0.0574	0.0139	0.0350	0.0210	0.0327	0.0452	-	
8 KS-13	0.0472	0.0552	0.0526	0.0503	0.0501	0.0210	0.0551	-
9 KS-14	0.0472	0.0453	0.0327	0.0304	0.0304	0.0162	0.0451	0.0281
10 KS-15	0.0398	0.0476	0.0255	0.0280	0.0279	0.0092	0.0425	0.0257
11 KS-16	0.0373	0.0549	0.0473	0.0450	0.0449	0.0115	0.0497	0.0232
12 KS-17	0.0448	0.0401	0.0185	0.0377	0.0209	0.0304	0.0351	0.0475
13 KS-18	0.0622	0.0376	0.0068	0.0231	0.0046	0.0378	0.0279	0.0500
14 KS-19	0.0471	0.0500	0.0326	0.0303	0.0302	0.0162	0.0449	0.0280
15 KS-20	0.0523	0.0186	0.0207	0.0069	0.0184	0.0378	0.0138	0.0500
16 KS-21	0.0648	0.0401	0.0091	0.0255	0.0069	0.0403	0.0351	0.0526
17 Hi	0.0698	0.0425	0.0255	0.0279	0.0232	0.0525	0.0376	0.0627
18 Hi-1	0.0571	0.0400	0.0091	0.0255	0.0068	0.0402	0.0350	0.0526
19 Hi-2	0.0498	0.0233	0.0254	0.0115	0.0230	0.0427	0.0185	0.0550
20 Mc	0.1065	0.0991	0.0798	0.0905	0.0827	0.0909	0.1040	0.1098
21 Mr	0.1088	0.0958	0.0818	0.0874	0.0847	0.0932	0.1008	0.1121
22 Mm	0.1118	0.0883	0.0747	0.0854	0.0775	0.0910	0.0933	0.1099
23 Ce	0.1050	0.0949	0.0832	0.0861	0.0861	0.0919	0.0999	0.1110
24 Cn	0.1047	0.0920	0.0830	0.0807	0.0859	0.0916	0.0970	0.1107
25 Cn1	0.0919	0.0975	0.0832	0.0886	0.0861	0.0841	0.1025	0.1030
26 Ed	0.1014	0.0885	0.0772	0.0724	0.0825	0.0885	0.0909	0.0994
27 Ces	0.1097	0.0940	0.0774	0.0827	0.0828	0.0913	0.0964	0.1077
28 Cd	0.1165	0.0957	0.0895	0.0797	0.0899	0.0982	0.0955	0.1093
29 Ap	0.0856	0.0757	0.0722	0.0649	0.0749	0.0729	0.0806	0.0913
30 Ov	0.0775	0.0729	0.0620	0.0649	0.0623	0.0727	0.0778	0.0885
31 Oh	0.0827	0.0938	0.0770	0.0775	0.0774	0.0804	0.0907	0.0883
32 Mg	0.0822	0.0754	0.0569	0.0597	0.0571	0.0699	0.0725	0.0802
33 Cc	0.0419	0.0651	0.0522	0.0599	0.0524	0.0351	0.0598	0.0400
34 Cpk	0.0301	0.0602	0.0474	0.0501	0.0500	0.0115	0.0549	0.0280
35 Cck-1	0.0325	0.0602	0.0474	0.0501	0.0500	0.0115	0.0549	0.0280
36 Cck-2	0.0301	0.0601	0.0473	0.0500	0.0499	0.0115	0.0548	0.0280
37 Aa	0.0772	0.0727	0.0594	0.0573	0.0621	0.0699	0.0725	0.0882
38 Rt	0.0823	0.0654	0.0571	0.0575	0.0598	0.0674	0.0702	0.0856
39 Bt	0.1702	0.1602	0.1557	0.1506	0.1564	0.1656	0.1597	0.1714
40 Ec	0.2638	0.2698	0.2677	0.2664	0.2679	0.2517	0.2646	0.2649

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

Table 4. (Continued)

	9	10	11	12	13	14	15	16
1 Cp								
2 KNG-1								
3 KNG-2								
4 KNG-3								
5 KNG-4								
6 KS-11								
7 KS-12								
8 KS-13								
9 KS-14	-							
10 KS-15	0.0069	-						
11 KS-16	0.0232	0.0208	-					
12 KS-17	0.0475	0.0401	0.0376	-				
13 KS-18	0.0303	0.0279	0.0448	0.0209	-			
14 KS-19	0.0091	0.0068	0.0231	0.0474	0.0301	-		
15 KS-20	0.0303	0.0279	0.0448	0.0303	0.0183	0.0302	-	
16 KS-21	0.0327	0.0303	0.0473	0.0233	0.0068	0.0325	0.0207	-
17 Hi	0.0449	0.0424	0.0597	0.0400	0.0231	0.0447	0.0231	0.0255
18 Hi-1	0.0327	0.0303	0.0473	0.0233	0.0068	0.0326	0.0207	0.0091
19 Hi-2	0.0351	0.0326	0.0497	0.0351	0.0230	0.0350	0.0045	0.0254
20 Mc	0.0880	0.0850	0.1036	0.0907	0.0825	0.0928	0.0875	0.0852
21 Mr	0.0903	0.0873	0.1059	0.0927	0.0845	0.0951	0.0845	0.0872
22 Mm	0.0882	0.0852	0.1037	0.0854	0.0774	0.0930	0.0824	0.0801
23 Ce	0.0890	0.0859	0.1047	0.0916	0.0859	0.0938	0.0833	0.0887
24 Cn	0.0887	0.0857	0.1045	0.0914	0.0857	0.0936	0.0806	0.0885
25 Cn1	0.0812	0.0782	0.0968	0.0916	0.0859	0.0860	0.0859	0.0887
26 Ed	0.0856	0.0826	0.1012	0.0905	0.0849	0.0878	0.0748	0.0876
27 Ces	0.0885	0.0854	0.1041	0.0908	0.0851	0.0932	0.0800	0.0879
28 Cd	0.1008	0.0951	0.1083	0.0951	0.0897	0.1004	0.0846	0.0925
29 Ap	0.0701	0.0673	0.0854	0.0803	0.0748	0.0749	0.0648	0.0775
30 Ov	0.0674	0.0671	0.0826	0.0725	0.0621	0.0697	0.0621	0.0647
31 Oh	0.0801	0.0747	0.0904	0.0878	0.0772	0.0798	0.0747	0.0799
32 Mg	0.0620	0.0592	0.0798	0.0725	0.0570	0.0642	0.0570	0.0596
33 Cc	0.0424	0.0374	0.0397	0.0497	0.0523	0.0422	0.0572	0.0549
34 Cpk	0.0280	0.0209	0.0185	0.0328	0.0499	0.0280	0.0499	0.0524
35 Cck-1	0.0280	0.0209	0.0185	0.0328	0.0499	0.0280	0.0499	0.0524
36 Cck-2	0.0280	0.0208	0.0184	0.0327	0.0498	0.0279	0.0498	0.0524
37 Aa	0.0722	0.0644	0.0823	0.0698	0.0619	0.0719	0.0570	0.0645
38 Rt	0.0647	0.0619	0.0798	0.0675	0.0596	0.0694	0.0547	0.0623
39 Bt	0.1679	0.1616	0.1679	0.1505	0.1560	0.1676	0.1531	0.1592
40 Ec	0.2605	0.2540	0.2424	0.2575	0.2672	0.2631	0.2605	0.2672

Table 4. (Continued)

	17	18	19	20	21	22	23	24
1 Cp								
2 KNG-1								
3 KNG-2								
4 KNG-3								
5 KNG-4								
6 KS-11								
7 KS-12								
8 KS-13								
9 KS-14								
10 KS-15								
11 KS-16								
12 KS-17								
13 KS-18								
14 KS-19								
15 KS-20								
16 KS-21								
17 Hi	-							
18 Hi-1	0.0161	-						
19 Hi-2	0.0184	0.0160						
20 Mc	0.0958	0.0826	0.0902					
21 Mr	0.0876	0.0846	0.0871	0.0587	-			
22 Mm	0.0855	0.0775	0.0851	0.0395	0.0491	-		
23 Ce	0.0995	0.0886	0.0886	0.0936	0.1060	0.0860	-	
24 Cn	0.0992	0.0884	0.0858	0.0934	0.0954	0.0858	0.0446	-
25 Cn1	0.1047	0.0886	0.0912	0.0936	0.0956	0.0963	0.0446	0.0470
26 Ed	0.0829	0.0825	0.0749	0.1028	0.0844	0.0875	0.0844	0.0817
27 Ces	0.0857	0.0827	0.0802	0.1028	0.0869	0.0926	0.0746	0.0795
28 Cd	0.0928	0.0924	0.0898	0.0922	0.0967	0.0744	0.0895	0.0995
29 Ap	0.0752	0.0724	0.0649	0.0720	0.0691	0.0622	0.0671	0.0645
30 Ov	0.0673	0.0546	0.0571	0.0800	0.0796	0.0852	0.0912	0.0861
31 Oh	0.0748	0.0695	0.0695	0.0930	0.1001	0.0879	0.1074	0.1097
32 Mg	0.0572	0.0496	0.0520	0.0902	0.0874	0.0777	0.0992	0.0938
33 Cc	0.0574	0.0449	0.0522	0.1009	0.0979	0.0932	0.1019	0.0965
34 Cpk	0.0550	0.0425	0.0449	0.1013	0.1035	0.1014	0.1050	0.1047
35 Cck-1	0.0574	0.0449	0.0474	0.1013	0.1035	0.1014	0.1050	0.1047
36 Cck-2	0.0549	0.0425	0.0449	0.1011	0.1034	0.1012	0.1048	0.1046
37 Aa	0.0597	0.0545	0.0520	0.0745	0.0816	0.0673	0.1016	0.1014
38 Rt	0.0574	0.0571	0.0546	0.0693	0.0768	0.0548	0.0728	0.0701
39 Bt	0.1565	0.1501	0.1501	0.1749	0.1656	0.1614	0.1894	0.2009
40 Ec	0.2827	0.2677	0.2644	0.3106	0.3176	0.3115	0.3364	0.3209

Table 4. (Continued)

	25	26	27	28	29	30	31	32
1 Cp								
2 KNG-1								
3 KNG-2								
4 KNG-3								
5 KNG-4								
6 KS-11								
7 KS-12								
8 KS-13								
9 KS-14								
10 KS-15								
11 KS-16								
12 KS-17								
13 KS-18								
14 KS-19								
15 KS-20								
16 KS-21								
17 Hi								
18 Hi-1								
19 Hi-2								
20 Mc								
21 Mr								
22 Mm								
23 Ce								
24 Cn								
25 Cn1	-							
26 Ed	0.0769	-						
27 Ces	0.0872	0.0515	-					
28 Cd	0.1048	0.0760	0.0938	-				
29 Ap	0.0746	0.0616	0.0615	0.0566	-			
30 Ov	0.0915	0.0825	0.0930	0.0901	0.0674	-		
31 Oh	0.1127	0.1061	0.0983	0.0877	0.0750	0.0546	-	
32 Mg	0.1071	0.0852	0.0880	0.1003	0.0751	0.0597	0.0645	-
33 Cc	0.0941	0.0907	0.0987	0.1082	0.0802	0.0672	0.0748	0.0622
34 Cpk	0.0971	0.0962	0.0991	0.1112	0.0805	0.0749	0.0827	0.0722
35 Cck-1	0.0971	0.0988	0.1017	0.1112	0.0830	0.0775	0.0852	0.0747
36 Cck-2	0.0969	0.0961	0.0990	0.1110	0.0804	0.0748	0.0825	0.0721
37 Aa	0.1069	0.0927	0.1004	0.0722	0.0573	0.0618	0.0646	0.0721
38 Rt	0.0855	0.0747	0.0622	0.0769	0.0546	0.0645	0.0669	0.0548
39 Bt	0.2106	0.1928	0.1935	0.1775	0.1752	0.1682	0.1593	0.1421
40 Ec	0.3182	0.3112	0.3232	0.2982	0.3029	0.3076	0.3070	0.2910



Table 4. (Continued)

	33	34	35	36	37	38	39	40
1 Cp								
2 KNG-1								
3 KNG-2								
4 KNG-3								
5 KNG-4								
6 KS-11								
7 KS-12								
8 KS-13								
9 KS-14								
10 KS-15								
11 KS-16								
12 KS-17								
13 KS-18								
14 KS-19								
15 KS-20								
16 KS-21								
17 Hi								
18 Hi-1								
19 Hi-2								
20 Mc								
21 Mr								
22 Mm								
23 Ce								
24 Cn								
25 Cn1								
26 Ed								
27 Ces								
28 Cd								
29 Ap								
30 Ov								
31 Oh								
32 Mg								
33 Cc	-							
34 Cpk	0.0325	-						
35 Cck-1	0.0349	0.0069	-					
36 Cck-2	0.0325	0.0046	0.0068	-				
37 Aa	0.0744	0.0722	0.0747	0.0721	-			
38 Rt	0.0670	0.0747	0.0747	0.0746	0.0568	-		
39 Bt	0.1445	0.1616	0.1611	0.1613	0.1385	0.1539	-	
40 Ec	0.2644	0.2572	0.2530	0.2568	0.2994	0.2901	0.3332	-



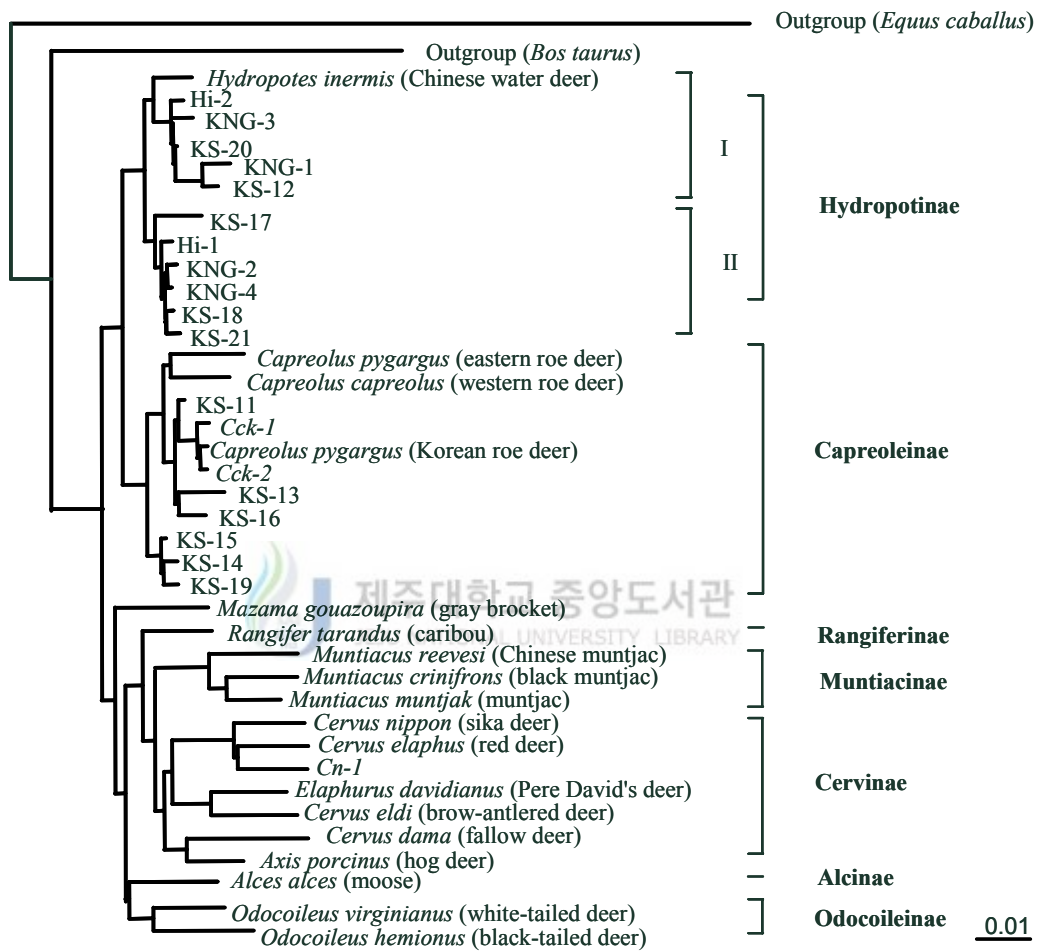


Figure 8. A neighbor-joining tree constructed from the sequences of 15 Cervidae animal remains and 23 extant Cervidae animals. The tree was generated using genetic distances calculated by Kimura's 2-parameter method. *E. caballus* (AY049719) and *B. taurus* (AY521136) were used as the outgroup.



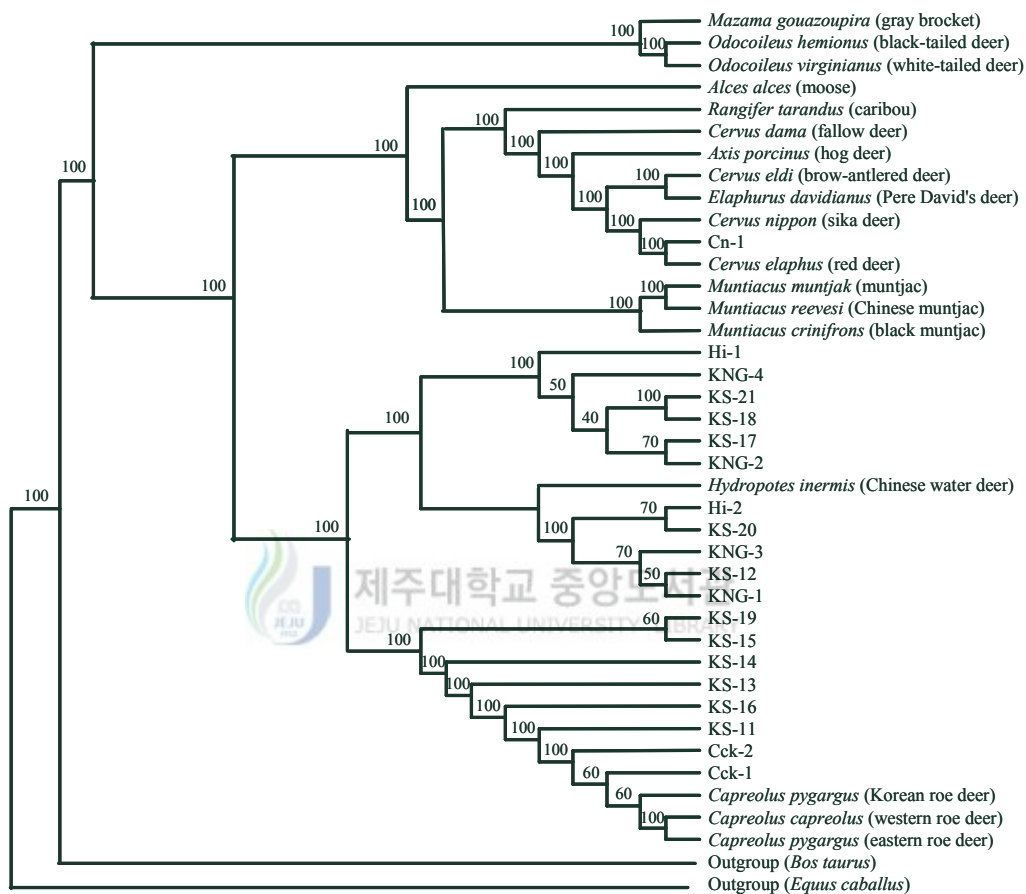


Figure 9. A strict consensus tree derived from the sequences of the Cervidae Remains and the extant Cervidae animals. This tree was constructed using the SEQBOOT, DNAPARS, and CONSENSUS programs in the PHYLIP package. Bootstrap values (1,000 replicates) are shown above the nodes on the strict consensus tree. *E. caballus* and *B. taurus* were used as the outgroup taxon.

## 고 찰

본 연구는 지금으로부터 약 1,100-2,000년 전에 형성된 것으로 추정되는 제주도 내의 김녕 켜내기동굴 및 금성유적지에서 발굴된 사슴과 (Cervidae) 동물 뼈 화석의 정확한 분자유전학적 종동정과 현존하는 사슴과 동물들과의 계통유전학적인 유연관계를 밝히고자 본 실험을 수행하였다.

유적지에서 출토된 사슴과 동물 뼈 화석으로부터 생물학적 오염을 배제하면서 total DNA를 추출하였고, total DNA를 주형으로 미토콘드리아 DNA 조절부위 (mtDNA D-loop)를 증폭하였다. 증폭된 산물을 cloning 및 DNA sequencing 기법을 이용하여 염기서열을 분석하였다. 사슴과 동물 뼈 화석에서 분석된 미토콘드리아 DNA 조절부위 서열을 web search program인 BLAST를 이용하여 GenBank database에 보고된 염기서열들과의 유사성을 비교한 결과, 분석한 시료들은 모두 사슴과 동물들과 가장 유사하였고, 고대 사슴과 동물의 DNA 서열은 고라니 (*Hydropotes inermis*), 노루 (*Capreolus capreolus*) 등과 가장 높은 상동성 (96 ~ 98%)을 나타내었다. 유사도 검색에서 95% 이상의 유사성을 나타낸 서열들과 본 연구결과에서 얻어진 서열들을 종합하여 계통유전학적 비교분석을 수행하였다. 15개체의 사슴과 동물 뼈 화석 간의 유전적 거리지수를 산출한 결과 각각의 사슴과 동물 뼈 화석 중 KNG-1, KNG-2, KNG-3, KNG-4 와 KS-12, KS-17, KS-18, KS-20, KS-21은 한반도 고라니 (Hi-1, Hi-2)와 0.0068 - 0.0254로 가장 낮은 거리지수를 나타냈으며, KS-11, KS-13, KS-14, KS-15, KS-16, KS-19는 한라산에 서식하는 노루 (Cck-1, Cck-2), 한반도 노루 (Cpk)와 0.0115 - 0.0280로 가장 낮은 거리지수를 나타내어 가장 가까운 유연관계를 보였다. 반면에 유럽과 시베리아 노루 (Cc, Cp) 그리고 중국 고라니 (Hi)와는 상대적으로 낮은 유연관계를 나타내었다. 이러한 결과는 한국 노루와 시베리아 노루의 mtDNA 조절부위와 cytochrome b 유전자 서열을 분석한 Koh 등 (2000)의 연구결과와 일치하였다. NJ tree에서 사슴과 동물 뼈 화석은 고라니아과와 노루아과 2집단을 형성하면서 가장 가까운 유연관계를 보여주었다. 고라니아과에 속한 화석 뼈들은 2개의 아집단으로 형성되었는데, 아집단 I에 속한 화석 뼈 KNG-1, KNG-13, KS-12, KS-20은 중국 고라니와 한반도 고라니 (Hi-2)에 가까운 유연관계를 보였으며, 아집단 II에 속한 화석 뼈 KNG-2, KNG-4, KS-17, KS-18, KS-21은 한반

도 고라니 (Hi-1)와 가장 가까운 유연관계를 보여 주었다. 이상의 결과를 볼 때 고대 유적지에서 아집단 I type과 아집단 II type과 같은 서로 다른 모계집단이 다수 발견되었다는 면에서 과거에 고라니들이 제주도 내에 다수 서식하였을 가능성을 시사해주고 있다. 노루아과 집단에 속한 뼈 화석들 중에서도 KS-11, KS-13, KS-16은 현재 한반도 및 한라산에 서식하는 사슴과 동물인 노루 (Cck-1, Cck-2, Cpk)들과 근연관계인 것으로 확인되었다. 반면 KS-14, KS-15, KS-19는 한라산 및 한반도 노루 보다 유럽과 시베리아산 노루에 더 가까운 계통유연관계에 있는 것으로 확인되었다. 이와 같은 결과를 토대로 노루 종과 근연인 고대 제주도 유적지 유존체들은 적어도 두 가지 이상의 모계선조에서 기원한 것임을 보여줌과 동시에 이들 중 하나는 현재의 한반도 노루들과 유연관계가 먼 모계선조에서 유래되었을 가능성을 시사해주고 있다. 위의 결과 들은 Shin 등 (1996)과 Kim 등 (2002)이 보고한 골형태학적 분석 결과와 비슷함을 보였다. 그들은 사슴유골의 크기를 토대로 체형을 분석한 결과 현존하는 꽃사슴 (*Cervus nippon*)보다 작은 체형의 사슴과 체격이 큰 사슴 그리고 노루가 서식하였다고 보고하였다.

제주도 내의 유적지 발굴에 관한 기록 역시 멸종된 고라니와 노루의 존재 가능성을 뒷받침해준다. 빌레못 동굴 유적지 (중기 구석기)에서는 대륙성 동물인 황곰뼈와 적록, 노루 등의 뼈가 발견되었고 (제주도, 1989), 기원전 · 후 약 100년 경의 유적지인 종달리 패총 1지구에서는 사슴, 멧돼지, 소, 말 및 식육목의 뼈가 출토되었으며 (Shin, 2001), 김녕리 퀘내기동굴 유적 (A.D. 0 - A.D. 500)에서도 소, 사슴류, 멧돼지 및 말의 뼈가 확인되었다 (Shin 등, 1996). 또한 고내리 유적 (A.D. 500 - A.D. 1300)에서도 멧돼지, 소, 사슴류 뼈가 출토된 점 (Kim 등, 2002)으로 미루어 보아 기원전 · 후 시기부터 A.D. 1300년 사이에 노루와 고라니가 계속 존재했었을 가능성을 시사해 주고 있다. 또한 현재까지 제주도 포유류상을 기록하고 있는 역사적 자료인 제주풍토록, 남사록, 탐라지 역시 노루, 사슴, 고라니, 돼지 등 야생동물들이 살았다는 기록 (탐라문헌집, 1976)을 통해 적어도 위의 동물들의 존재 가능성을 뒷받침해주고 있다.

본 연구의 결과를 토대로 유적지발굴기록과 고대 문헌상의 기록들을 종합해 볼 때, 적어도 약 1,100-2,000년 전에 2 종류의 고라니집단과 한반도 및 한라산의 모계 혈통인 노루집단, 그리고 유럽, 시베리아, 한반도 노루와 전혀 다른 모계형태의 노

루가 제주도내에 존재 했을 것이라 사료된다. 이는 고라니와 노루에 대한 조상의 추정 및 그 당시에 제주도 내에 존재했으나 현재는 제주에서 멸종된 것으로 보이는 고라니와 노루에 관한 연구에 기초적인 자료로 활용할 수 있을 것으로 사료된다.

문헌기록에서 알려지고 있는 사슴아과 (Cervinae) 동물 (사슴)은 확인되지 않아, 향후 여러 유적지에서 발굴되는 사슴과 동물들을 대상으로 많은 연구가 수행되어야 할 것이며, 형태학적, 골학적 분류에 있어서 새로운 분류 및 명명체계를 따라 재분류하고 수정하는 작업이 필요할 것으로 사료된다. 또한 현재 한반도 내의 사슴과 동물들에 대한 분자유전학적, 계통학적 분석이 거의 이루어지지 않는 실정이다. 따라서 한반도 내의 사슴과 동물들을 바탕으로 microsatellite DNA를 이용한 DNA 지문분석법(DNA fingerprinting)과 핵 DNA의 분석 등 다양한 유전자들에 대한 분석이 뒷받침되어야 할 것으로 사료된다.



## 인용문헌

- 김녕리 켜내기 동굴 유적 발굴조사보고서. 제주도민속자연사박물관, 1995.
- 김정(홍정표역), 탐라문헌집, 제주도교육위원회, 1976. 11쪽.
- 빌레못동굴학습조사서. 제주도, 1989
- 신태균 (2001) 제주 종달리 패총유적에서 출토된 동물유물의 해부학적 연구. 대한수의학회지. 41: 275-279.
- 제주김녕리유적. 제주도민속자연사박물관, 2001.
- 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.
- 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.
- 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.

- 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.
- Douzery E and Randi E (1997) The mitochondrial control region of Cervidae: evolutionary patterns and phylogenetic content. *Mol. Biol. Evol.* 14(11): 1154-1166.
- 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.
- Feng J, Li Y, Rittenhouse KD and Templeton JW (1995) Evolutionary relationships of Artiodactyla families based on D-loop DNA sequencing.
- Giles RE, Blanc H, Cann HM and Wallace DC (1980) Maternal inheritance of human mitochondrial DNA. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 77: 6715-6719.
- Graham DE (1978) The isolation of high molecular weight DNA from whole organisms or large tissue masses. *Analyt. Biochem.* 85: 609-613.
- 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.
- Janis CM and Scott KM (1987) The interrelationships of higher ruminant families with special reference on the members of the Cervidea. *Am. Mus. Novit.* 2893: 1-85.
- 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 Dovc P (1999) Mitochondrial D-loop sequence variation among the 16 maternal lines of the Lipizzan horse breed. *Anim. Genet.* 30: 102-108.
- 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 JH, Oh JH, Song JH, Jeon JT, Han SH, Jung YH, and Oh MY (2005) Molecular Genetic Analysis of Ancient Cattle Bones Excavated from Archaeological Sites in Jeju, Korea. *Mol. Cells* 20: 325-330.
- 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.
- Koh HS and Randi E (2001) Genetic distinction of the roe deer (*Capreolus pygargus* Pallas) in Korea.
- Koh HS, Yang BG, You HS and Chun TY (2000) Diversity of mitochondrial DNA cytochrome b gene in roe deer (*Capreolus pygargus tianschanicus* Satunin) from Jeju Island, Korea. *Korean J. Syst. Zool.* 16(2): 169-176.
- Kolman CJ and Tuross N (2000) Ancient DNA analysis of human populations. *Am. J. Phys. Anthropol.* 111: 5-23.

- Maniatis T, Frisch EF and Sambrook J (1982) *Molecular cloning: A Laboratory Manual*. Cold Spring Harbor: Cold spring Harbor University Press.
- 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.
- Moscarella, R. A., Aguilera, M. and Escalante, A. A (2003) Phylogeography, population structure, and implications for conservation of white-tailed deer (*Odocoileus virginianus*) in Venezuela. *J. Mammal.* 84 (4), 1300-1315.
- Nabata D, Masuda R and Takahashi O (2004) Bottleneck Effects on the Sika Deer *Cervus nippon* Population in Hokkaido, Revealed by Ancient DNA Analysis. *Zool. Sci.* 21: 473-481.
- 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.
- Oh MY and Jung YH (2001) Mitochondrial DNA polymorphism in Cheju and Tsushima native horses using SSCP analysis. *Korean J. Genet.* 23(1), 35-43.
- Pääbo S (1985) Molecular cloning of ancient Egyptian mummy DNA. *Nature* 314: 644-645.
- Polziehn RO and Strobeck C (1998) Phylogeny of wapiti, red deer, sika deer, and other North American cervids as determined from mitochondrial DNA. *Mol. Phylogenet. Evol.* 10: 249-258.
- Polziehn RO and Strobeck C (2002) A phylogenetic comparison of red deer and Wapiti using mitochondrial DNA. *Mol. Phylogenet. Evol.* 22: 342-356.
- Randi E, Mucci N, Pierpaoli M and Douzery E (1998) New phylogenetic perspectives on the Cervidae (Artiodactyla) are provided by the mitochondrial cytochrome *b* gene.



Proc. R. Soc. Lond. B. 265: 793-801.

Randi E, Mucci N, Claro-Hergueta F, Bonnet A and Douzery E (2001) A mitochondrial DNA control region phylogeny of the Cervinae: speciation in Cervus and implications for conservation Anim. Conserv. 4, 1-11.

Randi E, Alves PC, Carranza J, Milosevic-Zlatanovic S, Sfougaris A and Mucci N (2004) Phylogeography of roe deer (*Capreolus capreolus*) populations: the effects of historical genetic subdivisions and recent nonequilibrium dynamics Mol. Ecol. 13 (10), 3071-3083.

Saitou N and Nei M (1987) The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. Mol. Biol. Evol. 4: 406-425.

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.

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.

- Watanobe 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.
- Watanobe 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.
- Watanobe T, Ishiguro N, Nakano M, Takamiya H, Matsui A, Hongo H, Yamzaki K and Takahashi O (2004) Prehistoric Sado Island Populations of *Sus scrofa* Distinguished from Contemporary Japanese Wild Boar by Ancient Mitochondrial DNA *Zool. Sci.* 21: 219-228.
- 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.
- Yang DY, Woiderski JR and Driver JC (2005) DNA analysis of archaeological rabbit remains from the American Southwest. *Journal of Archaeological Science.* 32: 1-12.



LOCUS AY958277 441 bp DNA linear MAM 04-APR-2005  
 DEFINITION Cervidae sp. Jeju isolate KNG2 D-loop, partial sequence:  
 mitochondrial.  
 ACCESSION AY958277  
 VERSION AY958277.1 GI:62002094  
 KEYWORDS .  
 SOURCE mitochondrion Cervidae sp. Jeju  
 ORGANISM Cervidae sp. Jeju  
 Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;  
 Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Ruminantia;  
 Pecora; Cervidae.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 441)  
 AUTHORS Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
 Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
 TITLE Molecular genetic analysis of ancient animal bones excavated from  
 the archaeological sites in Jeju Island, Korea  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 441)  
 AUTHORS Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
 Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (10-MAR-2005) Department of Life Science, College of  
 Natural Sciences, Cheju National University, 66 Jejudaehakno, Jeju,  
 Jeju 690-756, Republic of Korea  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..441  
 /organism="Cervidae sp. Jeju"  
 /organelle="mitochondrion"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /isolate="KNG2"  
 /isolation\_source="ancient animal bone excavated from  
 Kumsung archaeological site"  
 /db\_xref="taxon:320556"  
 /tissue\_type="tibia"  
 /country="South Korea: Jeju Island"  
 D-loop <1..>441  
 /note="similar to Hydropotes inermis D-loop of GenBank  
 Accession Number Y08208"  
 ORIGIN  
 1 gccccatgct tataagcatg tacatatcat tattaacatt acatagtaca tgttattatt  
 61 gatogtacct agcgcattaa gtcaaatctg tccttgtaa catgogtacc cegtcccta  
 121 gatcagcagc ttaatcacca tgcogctga aaccagcaac cegtggca tggatccctc  
 181 ttctogctcc gggccatga atogtgggg tagctattta atgaacttta tcagacatct  
 241 ggttctttct tcaggccat ctcacctaa atgcccact cttcccctt aaataagaca  
 301 tctogatgga ctaatgacta atcagccat gtcacacat aactgtggtg tcatacattt  
 361 ggtattttta tttttgggg ggatgcttg actcagctat gaccgtcaaa ggccccgacc  
 421 cggagcatga attgtagctg g

LOCUS AY958278 439 bp DNA linear MAM 04-APR-2005  
 DEFINITION Cervidae sp. Jeju isolate KNG3 D-loop, partial sequence:  
 mitochondrial.  
 ACCESSION AY958278  
 VERSION AY958278.1 GI:62002095  
 KEYWORDS .  
 SOURCE mitochondrion Cervidae sp. Jeju  
 ORGANISM Cervidae sp. Jeju  
 Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;  
 Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Ruminantia;  
 Pecora; Cervidae.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 439)  
 AUTHORS Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
 Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
 TITLE Molecular genetic analysis of ancient animal bones excavated from  
 the archaeological sites in Jeju Island, Korea  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 439)  
 AUTHORS Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
 Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (10-MAR-2005) Department of Life Science, College of  
 Natural Sciences, Cheju National University, 66 Jejudaehakno, Jeju,  
 Jeju 690-756, Republic of Korea  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..439  
 /organism="Cervidae sp. Jeju"  
 /organelle="mitochondrion"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /isolate="KNG3"  
 /isolation\_source="ancient animal bone excavated from  
 Kumsung archaeological site"  
 /db\_xref="taxon:320556"  
 /tissue\_type="skull"  
 /country="South Korea: Jeju Island"  
 D-loop <1..>439  
 /note="similar to Hydropotes inermis D-loop of GenBank  
 Accession Number Y08208"  
 ORIGIN  
 1 gccccatgct tataagcatg tacatggtat tattaatatt acatagtaca tattattatt  
 61 aatogtacat agcgcattaa gtcaaatccg tccttgtaa catgctatc cctgcccta  
 121 gatcagcagc ttaatcacta tgcgcgtga aaccagcaac ccgctagcaa ggcctcctct  
 181 tctogctccg gccccatcaa tctgtggggg agctatttaa tgaactttat cagacatctg  
 241 gttctttctt cagggccatc tcacctaata tcgcccactc tttcccctta aataagacat  
 301 ctogatggac taatgactaa tcagcccatg ctcacacata actgtggtgt catacattg  
 361 gtatttttat ttttggggg gatgcttga ctcagctatg gccgtcaaag gcccgaccgg  
 421 gacatgaat tgtagctgg

**LOCUS** AY958279 440 bp DNA linear MAM 04-APR-2005  
**DEFINITION** Cervidae sp. Jeju isolate KNG4 D-loop, partial sequence:  
mitochondrial.  
**ACCESSION** AY958279  
**VERSION** AY958279.1 GI:62002096  
**KEYWORDS** .  
**SOURCE** mitochondrion Cervidae sp. Jeju  
**ORGANISM** Cervidae sp. Jeju  
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;  
Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Ruminantia;  
Pecora; Cervidae.  
**REFERENCE** 1 (bases 1 to 440)  
**AUTHORS** Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
**TITLE** Molecular genetic analysis of ancient animal bones excavated from  
the archaeological sites in Jeju Island, Korea  
**JOURNAL** Unpublished  
**REFERENCE** 2 (bases 1 to 440)  
**AUTHORS** Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
**TITLE** Direct Submission  
**JOURNAL** Submitted (10-MAR-2005) Department of Life Science, College of  
Natural Sciences, Cheju National University, 66 Jejudaehakno, Jeju,  
Jeju 690-756, Republic of Korea  
**FEATURES** Location/Qualifiers  
source 1..440  
/organism="Cervidae sp. Jeju"  
/organelle="mitochondrion"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/isolate="KNG4"  
/isolation\_source="ancient animal bone excavated from  
Kumsung archaeological site"  
/db\_xref="taxon:320556"  
/tissue\_type="tooth"  
/country="South Korea: Jeju Island"  
D-loop <1..>440  
/note="similar to Hydropotes inermis D-loop of GenBank  
Accession Number Y08208"  
**ORIGIN**  
1 gccccatgct tataagcatg tacatatcat tattaacatt acatagtaca tgttattatt  
61 gatogtacct agcgcattaa gtcaaatctg tccttgtaa catgogtacc cegtcccta  
121 gatcagcagc ttaatcacca tgccogctga aaccagcaac ccgcttgcca tggatccctc  
181 ttctogctcc gggccatca atogtgggg tagctattta atgaacttta tcagacatct  
241 ggttctttct tcaggccat ctcacctaas atgcccact cttcccctt aaataagaca  
301 ttctgatgga ctaatgacta atcagcccat gtcacacat aactgtggtg tcatacattt  
361 ggtattttta tttttgggg ggatgcttgg actcagctat gccgtcaaag gccccgacc  
421 ggagcatgaa ttgtagctg

LOCUS AY958266 438 bp DNA linear MAM 04-APR-2005  
 DEFINITION Cervidae sp. Jeju isolate KS11 D-loop, partial sequence:  
 mitochondrial.  
 ACCESSION AY958266  
 VERSION AY958266.1 GI:62002083  
 KEYWORDS .  
 SOURCE mitochondrion Cervidae sp. Jeju  
 ORGANISM Cervidae sp. Jeju  
 Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;  
 Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Ruminantia;  
 Pecora; Cervidae.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 438)  
 AUTHORS Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
 Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
 TITLE Molecular genetic analysis of ancient animal bones excavated from  
 the archaeological sites in Jeju Island, Korea  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 438)  
 AUTHORS Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
 Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (10-MAR-2005) Department of Life Science, College of  
 Natural Sciences, Cheju National University, 66 Jejudaehakno, Jeju,  
 Jeju 690-756, Republic of Korea  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..438  
 /organism="Cervidae sp. Jeju"  
 /organelle="mitochondrion"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /isolate="KS11"  
 /isolation\_source="ancient animal bone excavated from  
 Kumsung archaeological site"  
 /db\_xref="taxon:320556"  
 /tissue\_type="mandible"  
 /country="South Korea: Jeju Island"  
 D-loop <1..>438  
 /note="similar to Capreolus pygargus D-loop of GenBank  
 Accession Number AJ311188"  
 ORIGIN  
 1 gccccatgct tataagcatg tacataaagt cattaatatt acatagtaca ttatattgtt  
 61 aatogtacat agcgcattaa gtcaaatctg tcttgtcaa catgegtac cgtccccta  
 121 gatcagcagc ttaatcacca tgcogcgtga aaccagcaac cegttggca aggatccctc  
 181 ttctogctcc gggccatgaa tegtgggggt agctatttaa tgaactttat cagacatctg  
 241 gttctttctt cagggccatc tcacctaataa tcgcccactc tttcccctta aataagacat  
 301 ctogatggac taatgactaa tcagcccatg ctacacata actgtggtgt catgcattg  
 361 gtatttttaa atttcgggg atgcttggac tcagctatgg cgtcaaagg cccgaccogg  
 421 agcatgaatt gtagctg

**LOCUS** AY958267 440 bp DNA linear MAM 04-APR-2005  
**DEFINITION** Cervidae sp. Jeju isolate KS12 D-loop, partial sequence:  
mitochondrial.  
**ACCESSION** AY958267  
**VERSION** AY958267.1 GI:62002084  
**KEYWORDS** .  
**SOURCE** mitochondrion Cervidae sp. Jeju  
**ORGANISM** Cervidae sp. Jeju  
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;  
Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Ruminantia;  
Pecora; Cervidae.  
**REFERENCE** 1 (bases 1 to 440)  
**AUTHORS** Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
**TITLE** Molecular genetic analysis of ancient animal bones excavated from  
the archaeological sites in Jeju Island, Korea  
**JOURNAL** Unpublished  
**REFERENCE** 2 (bases 1 to 440)  
**AUTHORS** Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
**TITLE** Direct Submission  
**JOURNAL** Submitted (10-MAR-2005) Department of Life Science, College of  
Natural Sciences, Cheju National University, 66 Jejudaehakno, Jeju,  
Jeju 690-756, Republic of Korea  
**FEATURES** Location/Qualifiers  
source 1..440  
/organism="Cervidae sp. Jeju"  
/organelle="mitochondrion"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/isolate="KS12"  
/isolation\_source="ancient animal bone excavated from  
Kumsung archaeological site"  
/db\_xref="taxon:320556"  
/tissue\_type="mandible"  
/country="South Korea: Jeju Island"  
D-loop <1..>440  
/note="similar to Capreolus pygargus D-loop of GenBank  
Accession Number AJ311188"  
**ORIGIN**  
1 gccccatgct tataagcatg tacatgttat tattaatatt acatagtaca tattattatt  
61 aatogtacat agcgcattaa gtcaaatccg tccttgtcaa catgctatc cctgcccta  
121 gatcacgagc ttaatcacca tgcgcgtga aaccagcaac ccgctcggca tggatccctc  
181 ttctogctcc gggccatca atogtgggg tagctattta atgaacttta tcagacatct  
241 ggttctttct tcaggccat ctcacctaas atcggccact cttcccctt aaataagaca  
301 tctogatgga ctaatgacta atcagcccat gtcacacat aactgtggtg tcatacattt  
361 ggtatttctt aatttccgg gatgcttga ctcagctatg gccgtcaaag gccccgacc  
421 ggagcatgaa ttgtagctg

LOCUS AY958268 441 bp DNA linear MAM 04-APR-2005  
 DEFINITION Cervidae sp. Jeju isolate KS13 D-loop, partial sequence:  
 mitochondrial.  
 ACCESSION AY958268  
 VERSION AY958268.1 GI:62002085  
 KEYWORDS .  
 SOURCE mitochondrion Cervidae sp. Jeju  
 ORGANISM Cervidae sp. Jeju  
 Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;  
 Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Ruminantia;  
 Pecora; Cervidae.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 441)  
 AUTHORS Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
 Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
 TITLE Molecular genetic analysis of ancient animal bones excavated from  
 the archaeological sites in Jeju Island, Korea  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 441)  
 AUTHORS Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
 Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (10-MAR-2005) Department of Life Science, College of  
 Natural Sciences, Cheju National University, 66 Jejudaehakno, Jeju,  
 Jeju 690-756, Republic of Korea  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..441  
 /organism="Cervidae sp. Jeju"  
 /organelle="mitochondrion"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /isolate="KS13"  
 /isolation\_source="ancient animal bone excavated from  
 Kumsung archaeological site"  
 /db\_xref="taxon:320556"  
 /tissue\_type="mandible"  
 /country="South Korea: Jeju Island"  
 D-loop <1..>441  
 /note="similar to Capreolus pygargus D-loop of GenBank  
 Accession Number AJ311188"  
 ORIGIN  
 1 gccccatgct tataagcatg tacataasgt cattaatatt acatagtaca ttatattgtt  
 61 aatogtacat agcgcattaa gtcaaatctg tcttgtcaa catgctatc cggcccccta  
 121 gatcagcagc ttaatcacca tgcogcgtga aaccagcaac ccgcttgcca aggatccctc  
 181 ttctogctcc gggcccatca atogtggggg tagctattta atgaacttta tcagacatct  
 241 ggttctttct tcagggccat ctcacctaas atcgcccact cttccctct taaataagac  
 301 atctogatgg actaatgact aatcagccca tgctctcaca taactgtgct gtcatacatt  
 361 tggatttttt taattggcgg ggatgcttgg actcagctat ggccgtcaaa gggcccgcac  
 421 cggagcatga attgtagctg



**LOCUS** AY958269 440 bp DNA linear MAM 04-APR-2005  
**DEFINITION** Cervidae sp. Jeju isolate KS14 D-loop, partial sequence:  
mitochondrial.  
**ACCESSION** AY958269  
**VERSION** AY958269.1 GI:62002086  
**KEYWORDS** .  
**SOURCE** mitochondrion Cervidae sp. Jeju  
**ORGANISM** Cervidae sp. Jeju  
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;  
Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Ruminantia;  
Pecora; Cervidae.  
**REFERENCE** 1 (bases 1 to 440)  
**AUTHORS** Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
**TITLE** Molecular genetic analysis of ancient animal bones excavated from  
the archaeological sites in Jeju Island, Korea  
**JOURNAL** Unpublished  
**REFERENCE** 2 (bases 1 to 440)  
**AUTHORS** Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
**TITLE** Direct Submission  
**JOURNAL** Submitted (10-MAR-2005) Department of Life Science, College of  
Natural Sciences, Cheju National University, 66 Jejudaehakno, Jeju,  
Jeju 690-756, Republic of Korea  
**FEATURES** Location/Qualifiers  
**source** 1..440  
/organism="Cervidae sp. Jeju"  
/organelle="mitochondrion"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/isolate="KS14"  
/isolation\_source="ancient animal bone excavated from  
Kumsung archaeological site"  
/db\_xref="taxon:320556"  
/tissue\_type="mandible"  
/country="South Korea: Jeju Island"  
**D-loop** <1..>440  
/note="similar to Capreolus pygargus D-loop of GenBank  
Accession Number AJ311188"  
**ORIGIN**  
1 gccccatgct tataagcatg tacataasgt cattaatatt acatagtaca ttatattgtt  
61 aatogtacct agcgcattaa gtcaaatctg tcttgtcaa catgegtatc cegtcccta  
121 gatcagcagc ttaatcacca tgcogctga aaccagcaac cegtggca aggatccctc  
181 ttctogctcc gggccatca atogtgggg tagctattta atgaacttta tcagacatct  
241 ggttctttct tcaggccat ctcacctaa atgcccact cttcccctt aaataagaca  
301 tctogatgga ctaatgacta atcagccat gcgcacacat aactgtggtg tcatacattt  
361 ggtattttta tttttggg gatgcttga ctcagctatg gccgtcagag gccccagcc  
421 ggagcatgaa ttgtagctg

**LOCUS** AY958270 441 bp DNA linear MAM 04-APR-2005  
**DEFINITION** Cervidae sp. Jeju isolate KS15 D-loop, partial sequence:  
mitochondrial.  
**ACCESSION** AY958270  
**VERSION** AY958270.1 GI:62002087  
**KEYWORDS** .  
**SOURCE** mitochondrion Cervidae sp. Jeju  
**ORGANISM** Cervidae sp. Jeju  
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;  
Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Ruminantia;  
Pecora; Cervidae.  
**REFERENCE** 1 (bases 1 to 441)  
**AUTHORS** Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
**TITLE** Molecular genetic analysis of ancient animal bones excavated from  
the archaeological sites in Jeju Island, Korea  
**JOURNAL** Unpublished  
**REFERENCE** 2 (bases 1 to 441)  
**AUTHORS** Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
**TITLE** Direct Submission  
**JOURNAL** Submitted (10-MAR-2005) Department of Life Science, College of  
Natural Sciences, Cheju National University, 66 Jejudaehakno, Jeju,  
Jeju 690-756, Republic of Korea  
**FEATURES** Location/Qualifiers  
source 1..441  
/organism="Cervidae sp. Jeju"  
/organelle="mitochondrion"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/isolate="KS15"  
/isolation\_source="ancient animal bone excavated from  
Kumsung archaeological site"  
/db\_xref="taxon:320556"  
/tissue\_type="mandible"  
/country="South Korea: Jeju Island"  
D-loop <1..>441  
/note="similar to Capreolus pygargus D-loop of GenBank  
Accession Number AJ311188"  
**ORIGIN**  
1 gccccatgct tataagcatg tacataasgt cattaatatt acatagtaca ttatattgtt  
61 aatogtacat agcgcattaa gtcaaatctg tcttgtcaa catgegtatc cegtcccta  
121 gatcacgagc ttaatcacca tgcogctga aaccagcaac cegtggca aggatccctc  
181 ttctogctcc gggccatga atogtgggg tagctattta atgaacttta tcagacatct  
241 ggttctttct tcaggccat ctcacctaa atgcccact cttcccctt aaataagaca  
301 tctogatgga ctaatgacta atcagccat gtcacacat aactgtggtg tcatacattt  
361 ggtattttta tttttgggg ggatgcttg actcagctat ggccgtcaaa ggccccgacc  
421 cggagcatga attgtagctg g

LOCUS AY958271 441 bp DNA linear MAM 04-APR-2005  
 DEFINITION Cervidae sp. Jeju isolate KS16 D-loop, partial sequence:  
 mitochondrial.  
 ACCESSION AY958271  
 VERSION AY958271.1 GI:62002088  
 KEYWORDS .  
 SOURCE mitochondrion Cervidae sp. Jeju  
 ORGANISM Cervidae sp. Jeju  
 Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;  
 Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Ruminantia;  
 Pecora; Cervidae.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 441)  
 AUTHORS Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
 Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
 TITLE Molecular genetic analysis of ancient animal bones excavated from  
 the archaeological sites in Jeju Island, Korea  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 441)  
 AUTHORS Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
 Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (10-MAR-2005) Department of Life Science, College of  
 Natural Sciences, Cheju National University, 66 Jejudaehakno, Jeju,  
 Jeju 690-756, Republic of Korea  
 FEATURES  
 Location/Qualifiers  
 source 1..441  
 /organism="Cervidae sp. Jeju"  
 /organelle="mitochondrion"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /isolate="KS16"  
 /isolation\_source="ancient animal bone excavated from  
 Kumsung archaeological site"  
 /db\_xref="taxon:320556"  
 /tissue\_type="tooth"  
 /country="South Korea: Jeju Island"  
 D-loop <1..>441  
 /note="similar to Capreolus pygargus D-loop of GenBank  
 Accession Number AJ311188"  
 ORIGIN  
 1 gccccatgct tataagcatg tacataaagt cattaatatt acatagtaca ttatattgtt  
 61 aatogtacat agcgcattaa gtcaaatctg tccttgtaa catgogtacc cggcccccta  
 121 gatcagcagc ttaatcacca tgccgogtga aaccagcaac ccgcttgcca aggatccctc  
 181 ttctogctcc gggcccatca atogtggggg tagctattta atgaacttta tcaggcatct  
 241 gattctttct tcaggcccat ctcacctaas atgcccact cttcccctt aaataagaca  
 301 tctogatgga ctaatgacta atcagcccat gtcacacat aactgtggtg tcatgcattt  
 361 ggtatttttt aatttcggg ggatgctttg actcagctat ggccgtcaaa ggccccgacc  
 421 cggagcatga attgtagctg

LOCUS AY958272 439 bp DNA linear MAM 04-APR-2005  
 DEFINITION Cervidae sp. Jeju isolate KS17 D-loop, partial sequence:  
 mitochondrial.  
 ACCESSION AY958272  
 VERSION AY958272.1 GI:62002089  
 KEYWORDS .  
 SOURCE mitochondrion Cervidae sp. Jeju  
 ORGANISM Cervidae sp. Jeju  
 Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;  
 Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Ruminantia;  
 Pecora; Cervidae.  
 REFERENCE 1 (bases 1 to 439)  
 AUTHORS Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
 Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
 TITLE Molecular genetic analysis of ancient animal bones excavated from  
 the archaeological sites in Jeju Island, Korea  
 JOURNAL Unpublished  
 REFERENCE 2 (bases 1 to 439)  
 AUTHORS Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
 Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
 TITLE Direct Submission  
 JOURNAL Submitted (10-MAR-2005) Department of Life Science, College of  
 Natural Sciences, Cheju National University, 66 Jejudaehakno, Jeju,  
 Jeju 690-756, Republic of Korea  
 FEATURES Location/Qualifiers  
 source 1..439  
 /organism="Cervidae sp. Jeju"  
 /organelle="mitochondrion"  
 /mol\_type="genomic DNA"  
 /isolate="KS17"  
 /isolation\_source="ancient animal bone excavated from  
 Kumsung archaeological site"  
 /db\_xref="taxon:320556"  
 /tissue\_type="mandible"  
 /country="South Korea: Jeju Island"  
 D-loop <1..>439  
 /note="similar to Capreolus pygargus D-loop of GenBank  
 Accession Number AJ311188"  
 ORIGIN  
 1 gccccatgct tataagcatg tacatatcat tattaacatt acatagtaca tgttattatt  
 61 gatogtacct agcgcattaa gtcaaatctg tccttgtaa catgegtatc cegtcccta  
 121 gatcagcagc ttaatcacca tgcgcgtga aaccagcaac ccgtcggca tggatccctc  
 181 ttctogctcc gggccatga atogtgggg tagctattta atgaacttta tcagacatct  
 241 ggttctttct tcaggccat ctcacctaa accgccact cttcccctt aaataagaca  
 301 tctogatgga ctaatgacta atcagccat gtcacacat aactgtggtg tcatgcattt  
 361 ggtatttttt aatttcggg gatgcttga ctcagctatg gccgtcaaag gcccgaccgg  
 421 gagcatgaat tgtagctg

**LOCUS** AY958274 442 bp DNA linear MAM 04-APR-2005  
**DEFINITION** Cervidae sp. Jeju isolate KS18 D-loop, partial sequence:  
mitochondrial.  
**ACCESSION** AY958274  
**VERSION** AY958274.1 GI:62002091  
**KEYWORDS** .  
**SOURCE** mitochondrion Cervidae sp. Jeju  
**ORGANISM** Cervidae sp. Jeju  
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;  
Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Ruminantia;  
Pecora; Cervidae.  
**REFERENCE** 1 (bases 1 to 442)  
**AUTHORS** Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
**TITLE** Molecular genetic analysis of ancient animal bones excavated from  
the archaeological sites in Jeju Island, Korea  
**JOURNAL** Unpublished  
**REFERENCE** 2 (bases 1 to 442)  
**AUTHORS** Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
**TITLE** Direct Submission  
**JOURNAL** Submitted (10-MAR-2005) Department of Life Science, College of  
Natural Sciences, Cheju National University, 66 Jejudaehakno, Jeju,  
Jeju 690-756, Republic of Korea  
**FEATURES** Location/Qualifiers  
source 1..442  
/organism="Cervidae sp. Jeju"  
/organelle="mitochondrion"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/isolate="KS18"  
/isolation\_source="ancient animal bone excavated from  
Kumsung archaeological site"  
/db\_xref="taxon:320556"  
/tissue\_type="mandible"  
/country="South Korea: Jeju Island"  
D-loop <1..>442  
/note="similar to Hydropotes inermis D-loop of GenBank  
Accession Number Y08208"  
**ORIGIN**  
1 gccccatgct tataagcatg tacatatcat tattaacatt acatagtaca tgttattatt  
61 gatogtacct agcgcattaa gtcaaatctg tccttgtaa catgogtacc cegtcccta  
121 gatcagcagc ttaatcacca tgcogogtga aaccagcaac cegttggca tggatccctc  
181 ttctogctcc gggccatca atogtgggg tagctattta atgaacttta tcagacatct  
241 ggttctttct tcaggccat ctcacctaas atgcccact cttcccctt aaataagaca  
301 tctogtgga ctaatgacta atcagcccat gtcacacat aactgtggtg tcatacattt  
361 ggtatttcta tttttgggg gggatgcttg gactcagcta tggccgtcaa aggcccogac  
421 cggagcatg aattgtagct gg

**LOCUS** AY958273 444 bp DNA linear MAM 04-APR-2005  
**DEFINITION** Cervidae sp. Jeju isolate KS19 D-loop, partial sequence:  
mitochondrial.  
**ACCESSION** AY958273  
**VERSION** AY958273.1 GI:62002090  
**KEYWORDS** .  
**SOURCE** mitochondrion Cervidae sp. Jeju  
**ORGANISM** Cervidae sp. Jeju  
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;  
Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Ruminantia;  
Pecora; Cervidae.  
**REFERENCE** 1 (bases 1 to 444)  
**AUTHORS** Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
**TITLE** Molecular genetic analysis of ancient animal bones excavated from  
the archaeological sites in Jeju Island, Korea  
**JOURNAL** Unpublished  
**REFERENCE** 2 (bases 1 to 444)  
**AUTHORS** Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
**TITLE** Direct Submission  
**JOURNAL** Submitted (10-MAR-2005) Department of Life Science, College of  
Natural Sciences, Cheju National University, 66 Jejudaehakno, Jeju,  
Jeju 690-756, Republic of Korea  
**FEATURES** Location/Qualifiers  
source 1..444  
/organism="Cervidae sp. Jeju"  
/organelle="mitochondrion"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/isolate="KS19"  
/isolation\_source="ancient animal bone excavated from  
Kumsung archaeological site"  
/db\_xref="taxon:320556"  
/tissue\_type="mandible"  
/country="South Korea: Jeju Island"  
D-loop <1..>444  
/note="similar to Capreolus capreolus D-loop of GenBank  
Accession Number AY625891"  
**ORIGIN**  
1 gccccatgct tataagcatg tacataasgt cattaatatt acatagcaca ttatattgtt  
61 aatcatacat agcgattaa gtcaaatctg tccttgtaa catgctatc cctgcccta  
121 gatcagcagc ttaatcacca tgcgcgtga aaccagcaac ccgcttgca aggatccctc  
181 ttctogctcc gggcccatc aatcgtggg gtagcctatt taatgaactt tatcagacat  
241 ctggttcttt cttcagggcc atctcaccta aaatgcacca ctctttcccc ttaaataaga  
301 catctogatg gactaatgac taatcagccc atgctcacac ataactgtgg tgtcatacat  
361 ttggtatttt tattttttgg ggggatgct tggactcagc tatggccgtc aaaggccccc  
421 acccgagaca tgaattgtag ctg

**LOCUS** AY958275 441 bp DNA linear MAM 04-APR-2005  
**DEFINITION** Cervidae sp. Jeju isolate KS20 D-loop, partial sequence:  
mitochondrial.  
**ACCESSION** AY958275  
**VERSION** AY958275.1 GI:62002092  
**KEYWORDS** .  
**SOURCE** mitochondrion Cervidae sp. Jeju  
**ORGANISM** Cervidae sp. Jeju  
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;  
Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Ruminantia;  
Pecora; Cervidae.  
**REFERENCE** 1 (bases 1 to 441)  
**AUTHORS** Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
**TITLE** Molecular genetic analysis of ancient animal bones excavated from  
the archaeological sites in Jeju Island, Korea  
**JOURNAL** Unpublished  
**REFERENCE** 2 (bases 1 to 441)  
**AUTHORS** Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
**TITLE** Direct Submission  
**JOURNAL** Submitted (10-MAR-2005) Department of Life Science, College of  
Natural Sciences, Cheju National University, 66 Jejudaehakno, Jeju,  
Jeju 690-756, Republic of Korea  
**FEATURES** Location/Qualifiers  
source 1..441  
/organism="Cervidae sp. Jeju"  
/organelle="mitochondrion"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/isolate="KS20"  
/isolation\_source="ancient animal bone excavated from  
Kumsung archaeological site"  
/db\_xref="taxon:320556"  
/tissue\_type="mandible"  
/country="South Korea: Jeju Island"  
D-loop <1..>441  
/note="similar to Hydropotes inermis D-loop of GenBank  
Accession Number Y08208"  
**ORIGIN**  
1 gccccatgct tataagcatg tacatgttat tattaatatt acatagtaca tattattatt  
61 aatogtacat agcgcattaa gtcaaatccg tccttgtaa catgctatc cctgcccta  
121 gatcagcagc ttaatcacca tgcgcgtga aaccagcaac ccgctcggca tggatccctc  
181 ttctogctcc gggccatca atcgtgggg tagctattta atgaacttta tcagacatct  
241 ggttctttct tcaggccat ctcacctaas atcgcacct cttcccctt aaataagaca  
301 tctogatgga ctaatgacta atcagcccat gtcacacat aactgtggtg tcatacattt  
361 ggtattttta tttttgggg ggatgcttgg actcagctat ggccgtcaaa ggccccgacc  
421 cggagcatga attgtagctg g

**LOCUS** AY958276 442 bp DNA linear MAM 04-APR-2005  
**DEFINITION** Cervidae sp. Jeju isolate KS21 D-loop, partial sequence:  
mitochondrial.  
**ACCESSION** AY958276  
**VERSION** AY958276.1 GI:62002093  
**KEYWORDS** .  
**SOURCE** mitochondrion Cervidae sp. Jeju  
**ORGANISM** Cervidae sp. Jeju  
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;  
Mammalia; Eutheria; Laurasiatheria; Cetartiodactyla; Ruminantia;  
Pecora; Cervidae.  
**REFERENCE** 1 (bases 1 to 442)  
**AUTHORS** Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
**TITLE** Molecular genetic analysis of ancient animal bones excavated from  
the archaeological sites in Jeju Island, Korea  
**JOURNAL** Unpublished  
**REFERENCE** 2 (bases 1 to 442)  
**AUTHORS** Kang, M.-C., Ch, J.-H., Hwang, J.-H., Kim, Y.-J., Han, S.-H.,  
Jung, Y.-H., Ko, J.-W. and Ch, M.-Y.  
**TITLE** Direct Submission  
**JOURNAL** Submitted (10-MAR-2005) Department of Life Science, College of  
Natural Sciences, Cheju National University, 66 Jejudaehakno, Jeju,  
Jeju 690-756, Republic of Korea  
**FEATURES** Location/Qualifiers  
source 1..442  
/organism="Cervidae sp. Jeju"  
/organelle="mitochondrion"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/isolate="KS21"  
/isolation\_source="ancient animal bone excavated from  
Kumsung archaeological site"  
/db\_xref="taxon:320556"  
/tissue\_type="mandible"  
/country="South Korea: Jeju Island"  
D-loop <1..>442  
/note="similar to Hydropotes inermis D-loop of GenBank  
Accession Number Y08208"  
**ORIGIN**  
1 gccccatggt ataagcatgt acatatacatt attascatta catagtacat gttattattg  
61 atogtacata ggcattaag tcaaatctgt ccttgtaac atogtatcc cgtcccctag  
121 atcaogagct taatcaccat gcoggtgaa accagcaacc cgcttggcat ggatccctct  
181 tctogctccg ggccatcaa tegtgggggt agctatttaa tgaactttat cagacatctg  
241 gttctttctt cagggcctgc tcacctaaga tcgcccactc tttcccctta aataagacat  
301 ctogatggac taatgactaa tcagcccatg ctacacata actgtggtgt catacattg  
361 gtatttttat ttttggggg ggatgcttgg actcagctat ggccgtcaaa ggccccgacc  
421 cggagcatg aattgtagct gg



## 적 요

본 연구는 제주도 고대유적지 중 김녕과 금성유적지에서 출토된 사슴과 (Cervidae) 동물 유존체에 대해 분자유전학적 기법으로 종을 동정하고 현존하는 사슴과 동물들과의 계통유연관계를 규명하고자 수행하였다. 김녕 유적지와 금성 유적지는 지금으로부터 약 1,100-2,000년 전에 형성된 것으로 추정되며, 유적지에서 출토된 동물 뼈들 중에서 형태학적 특성 분석을 통해 사슴과로 동정된 시료의 하악 골과 치아에서 DNA를 추출하여 모계유전의 특성을 보이는 미토콘드리아 DNA의 조절부위 (control region)에 대한 염기서열을 결정하였다. 결정된 DNA 서열들을 염기유사도 검색을 통해 유전자 database 상에서 기존에 보고된 자료들과 확인한 결과, 분석한 시료들은 모두 사슴과 동물들과 가장 유사하였고, 고대 사슴과 동물의 DNA 서열은 고라니 (*Hydropotes inermis*), 노루 (*Capreolus capreolus*) 등과 가장 높은 상동성 (96 ~ 98%)을 나타내었다. 유사도 검색에서 고도의 유사성을 나타낸 서열들과 본 연구결과에서 얻어진 서열들을 종합하여 계통유전학적 비교분석을 수행하였다. 유존체 DNA 서열들은 각각 현존 고라니아과, 노루아과의 서열들과 함께 독립적인 2개의 계통집단을 형성하였다. 고라니아과와 같은 집단에서 발견된 화석 뼈 서열들은 2개의 아집단으로 세분되었다. 아집단 I은 중국 고라니와 한반도 고라니 (Hi-2)에 가까운 유연관계를 보였으며, 아집단 II는 한반도 고라니 (Hi-1)와 가장 가까운 유연관계를 나타내었다. 현재까지 제주도 포유류상을 기록하고 있는 역사적 자료에 근거해 볼 때, 고라니에 대한 기록은 많지 않으나, 본 연구결과에서 나타난 고라니아과에 해당하는 유존체 서열들이 다수 발견되었다는 면에서 과거에 제주도에 고라니가 다수 서식하였을 가능성을 시사해주고 있다. 계통수 상에서 노루아과 서열들과 함께 나타난 유존체 서열 중 3개 (KS-11, KS-13, KS-16)는 현재 한반도 및 한라산에 서식하는 사슴과 동물인 노루 (Cck-1, Cck-2, Cpk)들과 근연관계인 것으로 확인되었다. 반면, 다른 3개의 서열들 (KS-14, KS-15, KS-19)은 우리나라에서 보고된 노루의 서열보다는 유럽과 시베리아산 노루의 서열과 더 가까운 계통 유연관계에 있는 것으로 확인되었다. 이와 같은 결과를 토대로 노루 종과 근연인 고대 제주도 유적지 유존체 서열들은 적어도 두 가지 이상의 모계선조에서 기원한 것임을 보여줌과 동시에 이들 중 하나는 현재의 한반도 노루들과 유연관계가 먼 모계선조에서 유래되었을 가능성을 시사해주고 있다. 본 연구 결과는 제주도에 과거에 존재했던 사슴과 동물들에 대한 정확한 종의 동정과 집단의 유입 및 현존 동물과의 계통유연관계 분석을 위한 유용한 기초적인 자료가 될 것이다.

## 감사의 글

지난 2년 동안의 석사학위연구가 이 논문으로 결실을 맺게 되었습니다. 본 논문을 완성하는데 제게 많은 도움을 주신 분들께 이 지면을 빌어 감사의 말씀을 드립니다.

우선, 본 연구를 수행하고 논문이 완성되기까지 부족한 저를 아낌없는 지도와 사랑으로 보살펴주신 오문유 교수님께 진심으로 감사의 말씀을 드리고, 지금처럼 항상 건강하시길 바랍니다.

늘 격려와 사랑으로 바쁘신 중에도 심사를 맡아 미흡한 논문을 세심하게 지적하시고 다듬어주신 김세재 교수님, 제주생물종다양성연구소 정용환 박사님께 깊은 감사를 드립니다. 그리고 학부시절부터 가르침을 주시며, 생물학의 길을 열어주신 오덕철 교수님, 이용필 교수님, 김원택 교수님, 김문홍 교수님, 이화자 교수님, 고석찬 교수님, 이선령 교수님께도 더불어 감사의 마음을 전합니다.

본 논문을 위한 연구의 실험재료를 선뜻 제공해주신 제주문화예술재단 문화재연구소 고재원 학예연구사님께 감사드립니다.

항상 학부시절부터 대학원 석사과정동안의 연구를 수행함에 있어 아낌없는 관심과 조언을 주신 한상현 박사님께 감사를 드리며, 유전학실험실 출신인 김기욱 박사님, 고미희 박사님, 오유성 박사님, 오주형 선배, 김재환 선배, 정용욱 선배, 송지훈 선배들께 감사의 마음을 전합니다. 또한 김윤정, 부혜진 후배 및 그 동안 유전학실험실을 거쳐 간 여러 선후배들에게도 감사를 드립니다.

학부시절부터 생물학도의 꿈을 함께 꾸었고, 기쁨과 슬픔을 항상 같이 했던 오대주, 양경식 그리고 대학원 생활을 함께 했던 대학원 선후배 여러분들께도 감사드립니다. 또한 1년여 동안 같이 학과조교를 하면서 늘 옆에서 격려해주신 정형복 선배, 이승석 선배, 자연과학대학 행정실 선생님들께 그리고 늘 바쁘다는 이유로 그동안 함께 하지 못했던 친구들과 후배들에게도 감사의 마음을 전합니다.

무엇보다도 지금까지 저를 낳아 길러주시고 무한한 사랑과 믿음으로 저를 지켜봐주신 사랑하는 아버지, 어머니께 깊은 감사를 드립니다. 또한 깊은 관심으로 지켜봐주신 매형, 사랑하는 누나들, 조카 준혁, 그리고 친지분들께도 깊은 감사의 마음을 전합니다.