

유전자지문법을 이용한 사상체질의 유전적 분석 연구

趙東郁*·李昌洙**·高炳熙***·趙晃晟*

요 약

VNTR 및 STR 분석은 유전자지문법(DNA fingerprinting)에서 사용되는 방법으로 개체의 식별 등을 목적으로 하는 범죄수사 및 기타 유전적 분석 연구에서 많이 쓰이고 있는 유전적 분석 방법이다. 본 연구는 사상체질의 판별에 의해서 분류된 각 체질들이 유전적으로 차이가 있는지를 조사하기 위하여 각 체질인의 제놈 DNA를 대상으로 VNTR 및 STR의 분석을 실시하여서 사상체질의학의 객관화 및 그 임상활동에 관한 유용한 자료를 제공함을 목적으로 추진되었다. 본 연구에서 실시한 MCT118, YNZ22 locus를 이용한 VNTR 분석에서는 체질별로 나타난 allele의 분포 양상이 다양할 뿐만 아니라 각 체질에서 나타난 allele의 분포빈도가 체질별로 유의적인 차이를 보이지 않았다. 따라서 VNTR의 분석을 이용하여서는 사상체질의 네 가지 체질 그룹에 대한 유전적 동질성 및 그룹간 유전적 상이성을 유추해 내기가 어려운 것으로 사료되었다. 한편 allele의 종류가 적고 따라서 그 분포 양상이 VNTR에 비해서 다양하지 않은 STR 중에서 본 연구에서는 TH01과 vWA locus에 대한 분석을 실시하였는데 그 결과 vWA locus에서는 각 allele No.의 분포 양상이 체질별로 다소 다르게 나타났다.

* 韓國韓醫學研究所
** 建國大學校 生化學科
*** 慶熙大學校 韓醫科大學 四象醫學科

I. 서 론

1894년 등무 이제마선생에 의하여 창안된 사상의학은 사람의 체질을 태양, 소양, 태음, 소음의 네가지로 분류하고 각 체질에 대한 생리, 병리, 진단감별법, 치료와 약물에 이르기까지 서로 연계를 갖고 이를 임상에 응용할 수 있는 새로운 방향을 제시하고 있다(1). 한편 사람의 모든 형질은 유전자의 정보에 따라 나타나는 것이며, 사상의학에서 제시하는 체질적 속성 역시 유전자가 지닌 형질에 내재되어 있는 속성이라 할 수 있다. 사상의학에서 사용되는 체질진단의 방법은 거시적인 방법으로서 다양한 방법이 제시되어 있으나 객관성과 정확성이 떨어진다고 할 수 있다. 본 연구는 각 체질을 인체유전학적인 면에서 검토하고 조사하여 체질별 상이성 및 상관성을 찾아 보고, 체질분류의 객관화를 위한 기초를 마련하고자 시도되었다.

이러한 연구를 위한 유전적 분석 방법 중에는 DNA fingerprinting법(2)에서 대표적으로 사용하는 Amp-FLP(Amplified fragment length polymorphism)법(3)이 있는데 이 방법은 중합효소연쇄반응법인 PCR(Polymerase chain reaction)기법을 이용하는 것으로 인체 유전자의 intervening sequence내에 존재하는 tandem repeat의 길이 다형성을 분석하는 방법이다. 이 tandem repeat는 일정한 core sequence의 repeating unit로 이루어져 있는데 이 core sequence의 반복횟수에 따라 길이 다형성을 나타낸다. 이런 종류로 VNTR(Variable number of tandem repeats)과 STR(Short tandem repeats)을 들 수 있는데 본 연구에서는 각 체질을 유전학적인 면에서 검토하기 위해서 사상체질진단법에 의하여 분류된 태음, 소양, 소음인 그룹에 대해서 Amp-FLP법을 이용한 VNTR 및 STR 분석을

실시하였다.

II. 재료 및 방법

1. 사상체질의 판별 및 혈액 샘플의 채취

사상체질의 판별은 경희의료원 동서종합건강진단 센터에 1996년 4월부터 7월까지 내원한 남·녀를 대상으로 한국한의학연구소 임상연구부와 경희대학교 한의과대학의 사상의학교실이 공동으로 수행하였다. 유전적 분석 연구에 사용된 혈액샘플은 한국한의학연구소의 임상연구부와 경희대학교 한의과대학의 사상의학교실에서 실시한 체질 판별이 일치한 경우의 개인들로 부터 각 2ml씩 채취하여 사용하였다.

2. 혈액으로부터 제능 DNA의 분리

혈액 2ml에 4ml의 RBCL 완충용액(Red blood cell lysis buffer ; 10mM Tris-Cl(pH 8.0), 10mM NaCl, 10mM MgCl₂)을 넣고 잘 섞은 다음 3,000 rpm에서 원심분리하여 적혈구를 제거하고 침전물인 백혈구를 취하였다. 백혈구 침전물에 lysis buffer(10mM Tris-Cl(pH 8.0), 1mM EDTA, 100mM NaCl, 1% SDS, 200 μ g/ml proteinase K) 1ml를 넣고 56 $^{\circ}$ C에서 2-3 시간 배양하였다. 1ml의 phenol을 첨가하여 잘 흔들어 준 다음 8,000rpm에서 원심분리하여 상층액을 취하고, 여기에 phenol 대신 phenol-chloroform을 첨가하고 위의 방법을 반복하였다. 그 결과 얻어진 상층액에 2ml의 cold ethanol을 넣고 섞은 다음 DNA의 침전물이 생기는 것을 확인하였다. DNA 침전물을 유리 막대로 잘 건어 eppendorf tube에 옮긴 다음 건조시켜서 100-200 μ 의 3차 증류수에

용해시켰다. 추출된 DNA는 Minifluorometer (Hoefler Inc., TK0100 model)를 사용하여 정량하였다.

3. Amp-FLP법에 의한 분석 방법

(1) VNTR typing

본 연구에서는 VNTR 분석을 위하여 MCT118 (D1S80)과 YNZ22(D17S5) locus의 allele을 조사하였다.

1) 전기영동을 위한 PCR 증폭 조건

MCT118의 증폭을 위하여 사용된 primer의 서열은 다음과 같다 :

5'-GAA ACT GGC CTC CAA ACA CTG CCC GCC G-3' (forward)

5'-GTC TTG TTG GAG ATG CAC GTG CCC CTT GC-3' (reverse)

Reaction mixture는 10ng의 blood DNA를 template로 사용하고 총 20 μ l의 reaction volume으로 다음과 같이 만들었다 :

10mM Tris-Cl (pH 8.3), 50mM KCl, 1.5mM MgCl₂, 0.2mM dNTP, 0.3 μ M each primer, 1 unit AmpliTaq polymerase (Perkin Elmer Co.)

PCR 조건은 다음과 같다 :

사용기기 : Thermalcycler (Perkin Elmer model 2400)

Cycle condition : 95 $^{\circ}$ C 10 sec, 67 $^{\circ}$ C 10 sec, 70 $^{\circ}$ C 30 sec, 27 cycles

Genotype 결정에 표지 DNA로 쓰이는 allelic ladder는 Perkin Elmer의 D1S80 Allelic ladder를 구입하여 사용하였다.

YNZ22의 증폭을 위하여 사용된 primer의 서열은 다음과 같다 :

5'-CGA AGA GTG AAG TGC ACA GG-3' (forward)

5'-CAC AGT CTT TAT TCT TCA GCG-3' (reverse)

Reaction mixture는 10ng의 blood DNA를 template로 사용하고 총 20 μ l의 reaction volume으로 다음과 같이 만들었다 :

10mM Tris-Cl (pH 8.3), 50mM KCl, 1.5mM MgCl₂, 0.2mM dNTP, 0.3 μ M each primer, 1 unit AmpliTaq polymerase (Perkin Elmer Co.)

PCR 조건은 다음과 같다 :

사용기기 : Thermalcycler (Perkin Elmer model 2400)

Cycle condition : 95 $^{\circ}$ C 15 sec, 63 $^{\circ}$ C 10 sec, 72 $^{\circ}$ C 2 min 30 sec, 30 cycles

Genotype 결정에 표지 DNA로 쓰이는 allelic ladder는 sample DNA로 부터 수집하여 사용하였다.

2) 전기영동 및 염색

전기영동은 다음과 같이 vertical gel system을 사용하였다.

Gel : 7%T, 2%C (MCT118), 9%T, 3%C (YNZ22) 60mM Tris-formate polyacrylamide gel, 1mm thick

Running Buffer : Tris-Borate buffer

Gel Apparatus : Hoefler Model SE400 (16cm long)

전기영동이 끝난 후 gel은 silver staining으로 염색, DNA band를 관찰하였다. 즉 gel을 증류수에 washing 한 후 1% 질산용액에서 5분간 처리하고,

다시 증류수 세척을 한 후 silver nitrate 용액(2g/l)에서 15분간 흔들어 준 후에, 증류수로 세척하고 sodium-carbonate-formalin 용액(30g/l-0.5ml/l)으로 발색시켜 DNA band가 보일 때까지 흔들어 주었다. 10% acetic acid로 반응을 멈추고 증류수로 세척 후 gel dryer로 말려 gel을 보관하였다.

(2) STR tying

본 연구에서는 STR 분석을 위하여 TH01 (TC11)과 vWA(vWF) locus의 allele을 조사하였다.

1) 전기영동을 위한 PCR 증폭 조건

TH01의 증폭을 위하여 사용된 primer의 서열은 다음과 같다 :

5'-GTG GGC TGA AAA GCT CCC GAT TAT-3' (forward)

5'-AAT CAA AGG GAT TCT GGG CTC TGG-3' (reverse)

Reaction mixture는 10ng의 blood DNA를 template로 사용하여 총 20μl의 reaction volume으로 다음과 같이 만들었다 :

10mM Tris-Cl(pH 8.3), 50mM KCl, 1.5mM MgCl₂, 0.01% Gelatin, 0.2mM dNTP, 0.5μM each primer, 0.1-0.2 unit AmpliTaq polymerase(Perkin Elmer Co.)

PCR 조건은 다음과 같다 :

사용기기 : Thermalcycler(Perkin Elmer model 2400)

Cycle condition : 94℃ 10 sec, 59℃ 10 sec, 72℃ 30 sec, 30 cycles

Genotype 결정에 표지 DNA로 쓰이는 allelic ladder는 Promega의 TH01 Allelic ladder를 구입하여 사용하였다.

vWA의 증폭을 위하여 사용된 primer의 서열은 다음과 같다 :

5'-CCC TAG TGG ATG ATA AGA ATA ATC-3' (forward)

5'-GGA CAG ATG ATA AAT ACA TAG GAT GGA TGG-3' (reverse)

Reaction mixture의 제조 및 PCR의 조건은 TH01과 동일하였다.

Genotype 결정에 표지 DNA로 쓰이는 allelic ladder는 sample DNA로 부터 수집하여 사용하였다.

2) 전기영동 및 염색

TH01, vWA의 전기영동은 다음과 같이 discontinuous vertical gel system을 사용하였다.

Gel : 8%T, 5%C, 60mM Tris-formate polyacrylamide gel, 0.8mm thick

Running Buffer : Tris-Borate buffer

Gel Apparatus : Gibco-BRL Model SA32(32cm long)

전기영동이 끝난 후 gel은 VNTR의 경우와 동일하게 silver staining법에 의해 염색, DNA band를 관찰하였다.

Ⅲ. 결과 및 고찰

1. MCT118(D1S80)

MCT118 locus는 1번 염색체에 위치하며 Nakamura등(4)에 의해 존재가 밝혀진 이후 많은 사람들을 대상으로 이 locus에 대한 연구가 이루어져 왔다. MCT118 locus는 5' GAAGA CCACC GGAAA G 3'의 16bp(염기)를 기본 repeating

unit로 하는 대표적인 VNTR의 locus로서 본 연구에서 태음, 소양, 소음인으로 분류된 각 그룹별 12인에 대해서 MCT118에 대한 VNTR typing을 실시하여 체질 그룹별 유전적 상관성을 조사하였다. 일반적으로 MCT118은 16bp의 core repeating unit가 14번 반복하는 것과 16번 부터 41번 반복하는 것을 합쳐 총 27종의 allele가 존재하는 것으로 알려져 있고 따라서 allelic ladder도 위 27종을 일반적으로 사용하고 있다.

그림 1, 그림 2, 그림 3에는 태음, 소양, 소음인에 대한 MCT118의 allele No. (repeating unit의 반복횟수)가 나타나 있고, 도표 1에는 태음, 소양, 소음인의 allele No.의 분포와 그 빈도를 표시하였다. 도표에서 observed No.는 태음, 소양, 소음 각 체질 별 조사 대상인 12명에서 관찰된 MCT118 locus의 allele No.의 분포를 나타낸 것이고, 빈도를 나타내는 frequency는 소수 셋째 자리에서 반올

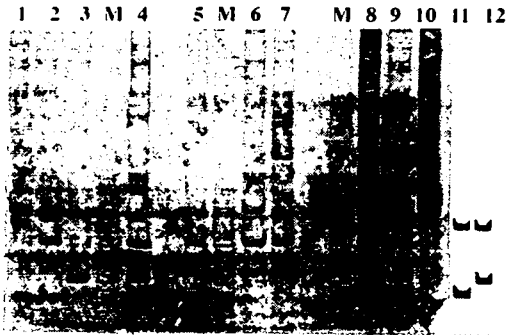


Figure 1. Results of PCR amplification of MCT118 locus of Taeum group (Silver stained gel)

Lane 1-12 from left to right
M : Allelic ladder(Repeat Number 14, 16-41 from the bottom)
example) lane 1 : repeat number 30, 31

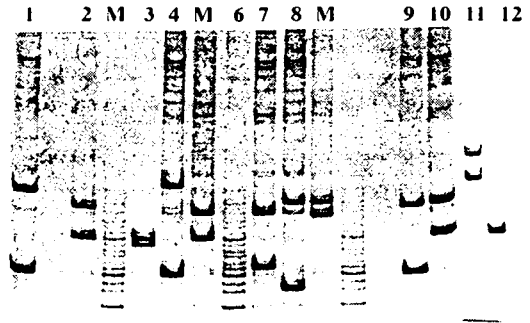


Figure 2. Results of PCR amplification of MCT118 locus of Soyang group(Silver stained gel)

Lane 1-12 from left to right
M : Allelic ladder(Repeat Number 14, 16-41 from the bottom)
example) lane 1 : repeat number 18, 34

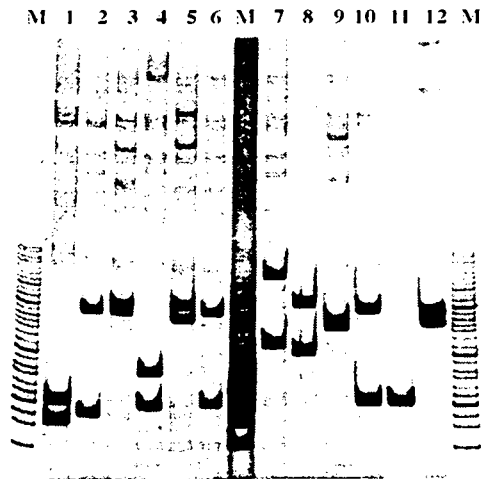


Figure 3. Results of PCR amplification of MCT118 locus of Soum group(Silver stained gel)

Lane 1-12 from left to right
M : Allelic ladder(Repeat Number 14, 16-41 from the bottom)
example) lane 1 : repeat number 16, 18

Table 1. MCT118 allele distribution of Taeum, Soyang and Soum group

allele	태음(1-12)		소양(1-12)		소음(1-12)	
	observed No.	frequency(%)	observed No.	frequency(%)	observed No.	frequency(%)
16	1	4.17	1	4.17	1	4.17
17					1	4.17
18	6	25.00	3	12.50	6	25.00
19			1	4.17		
20						
21					1	4.17
22						
23			1	4.17		
24	5	20.83	6	25.00	1	4.17
25					1	4.17
26						
27	2	8.33			1	4.17
28			1	4.17	2	8.33
29	1	4.17	1	4.17	1	4.17
30	5	20.83	3	12.50	4	16.67
31	3	12.50	3	12.50	4	16.67
32						
33						
34			1	4.17		
35			1	4.17		
36						
37			1	4.17	1	4.17
41	1	4.17	1	4.17		
total	24	100.00	24	100.03	24	100.03

림한 % 값으로 나타내었다. 이 후 모든 도표는 체질별로 조사된 각 locus에 대해서 위와 같은 방식으로 작성되었다. 그림 및 도표에 나타난 바와 같이 태음, 소양, 소음인의 allele의 분포는 한국인에게서 많이 나타나는 allele No. 18에서 공통적으로 그 빈도가 비교적 높은 것으로 나타났지만 그 이외에 각 체질별로 유의성있게 다른 분포 양상을 보이지는 않은 것으로 나타났다. MCT118의 경우 allele의 종류 및 분포양상이 다양하기 때문에 MCT118의

typing을 통해서 실제 사상체질의 네가지 체질 그룹에 대한 유전적 동질성 및 그룹간 유전적 상이성을 유추해 내기가 어려운 것으로 사료되었다.

2. YNZ22(D17S5)

YNZ22는 17번 염색체에 위치하는 locus로서 Horn 등(5)에 의해서 다형성 연구가 본격화 된 이후 genetic linkage 연구, 친자 감별, 법의학 분야

에서 많이 이용되어 왔다. 기본 repeating unit는 70bp로서 본 연구에서 태음, 소양, 소음인으로 분류된 각 그룹별 12인에 대해서 YNZ22에 대한 VNTR typing을 실시하여 체질 그룹별 유전적 상관성을 조사하였다. YNZ22는 70bp의 core repeating unit가 1번 반복부터 12번 반복까지인 12종과 14번 반복을 합쳐 총 13종의 allele가 존재하는 것으로 알려져 있고 따라서 allelic ladder도 위 13종을 일반적으로 사용하고 있다.

그림 4, 그림 5, 그림 6 및 도표 2에 나타난 바와 같이 태음, 소양, 소음인의 YNZ22의 allele의 분포는 MCT118와 비슷하게 각 체질별로 특징적인 분포 양상을 보이지는 않았다. YNZ22의 경우 allele의 종류가 MCT118의 27종에 비해 적은 13종이어서 상대적으로 MCT118에 비해 체질별로 유의적으로 차이가 있는 allele 분포를 보일 가능성이

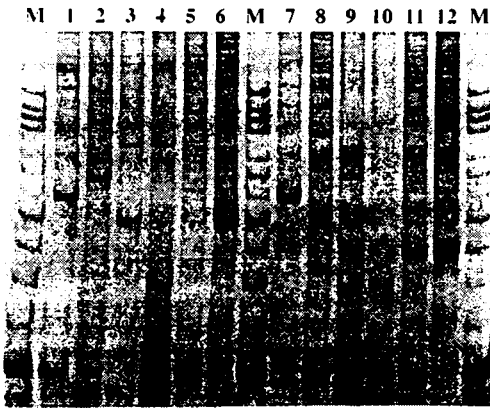


Figure 4. Results of PCR amplification of YNZ22 locus of Taeum group(Silver stained gel)

Lane 1-12 from left to right

M : Allelic ladder(Repeat Number 1-12, 14 from the bottom)

example) lane 1 : repeat number 1, 6

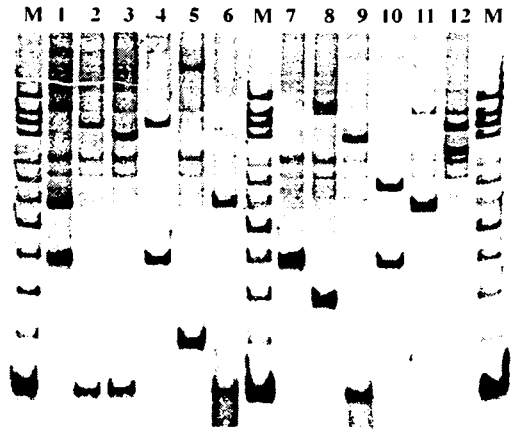


Figure 5. Results of PCR amplification of YNZ22 locus of Soyang group(Silver stained gel)

Lane 1-12 from left to right

M : Allelic ladder(Repeat Number 1-12, 14 from the bottom)

example) lane 1 : repeat number 4, 6

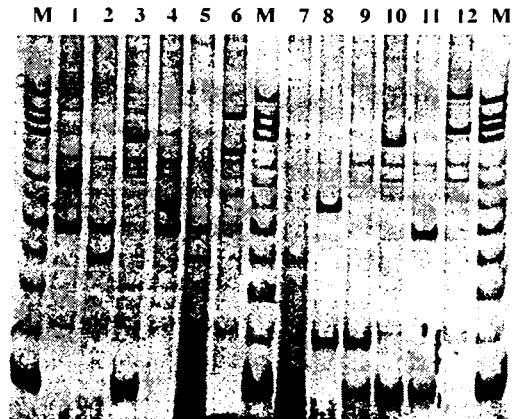


Figure 6. Results of PCR amplification of YNZ22 locus of Soum group(Silver stained gel)

Lane 1-12 from left to right

M : Allelic ladder(Repeat Number 1-12, 14 from the bottom)

example) lane 1 : repeat number 5, 7

Table 2. YNZ22 allele distribution of Taeum, Soyang and Soum group

allele	태음(1-12)		소양(1-12)		소음(1-12)	
	observed No.	frequency (%)	observed No.	frequency (%)	observed No.	frequency (%)
1	4	16.67	4	16.67	5	20.83
2	1	4.17	1	4.17	2	8.33
3	3	12.50	1	4.17		
4	3	12.50	5	20.83	3	12.50
5	3	12.50			5	20.83
6	3	12.50	4	16.67	2	8.33
7	1	4.17	1	4.17	1	4.17
8						
9	2	8.33	1	4.17	1	4.17
10	1	4.17	2	8.33	2	8.33
11	2	8.33	3	12.50	1	4.17
12	1	4.17	1	4.17	1	4.17
14			1	4.17	1	4.17
total	24	100.01	24	100.02	24	100.00

있는 것으로 기대하였으나 역시 네가지 체질에 대한 분류로 압축되기에는 allele의 종류 및 그 분포양상이 다양한 것으로 나타났다. 대부분의 VNTR loci 경우와 같이 MCT118 및 YNZ22는 allele의 종류가 많고 각 allele의 분포 양상이 다양하여 개체간의 식별을 위한 유전적 분석법으로는 적합하나, 4개의 그룹으로 나뉘어지는 체질간 유전적 차이를 유추해 내기에는 allele이 종류 및 그 분포가 너무 다양하여 VNTR의 typing을 이용하여서는 사상체질의 네가지 체질 그룹에 대한 유전적 동질성 및 그룹간 유전적 상이성을 유추해 내기가 어려운 것으로 사료되었다.

3. TH01(TC11)

TH01 locus는 11번 염색체 Human tyrosine hydroxylase gene에 위치하는 것으로 밝혀졌으며, Puers 등(6)을 포함해서 많은 사람들에 의해서 연구되어 왔다. TH01 locus는 5' AATG 3'의

4bp(염기)를 기본 repeating unit로 하는 대표적인 STR의 locus로서 본 연구에서 태음, 소양, 소음인으로 분류된 각 그룹별 12인에 대해서 TH01에 대한 STR typing을 실시하여 체질 그룹별 유전적 상관성을 조사하였다. 일반적으로 TH01은 4bp의 core repeating unit가 5번 반복부터 11번 반복까지인 7종의 allele가 존재하는 것으로 알려져 있고 따라서 allelic ladder도 7종을 일반적으로 사용하고 있다.

그림 7, 그림 8, 그림 9에는 태음, 소양, 소음인에 대한 TH01의 allele No.가 나타나 있고, 도표 3에는 태음, 소양, 소음인의 allele No.의 분포와 그 빈도를 표시하였다. 그림 및 도표에 나타난 바와 같이 태음, 소양, 소음인의 allele의 분포는 allele No. 9에서 공통적으로 그 빈도가 아주 높은 것으로 나타났지만 그 이외에는 각 체질별로 유의성있게 다른 분포 양상을 보이지는 않은 것으로 나타났다.

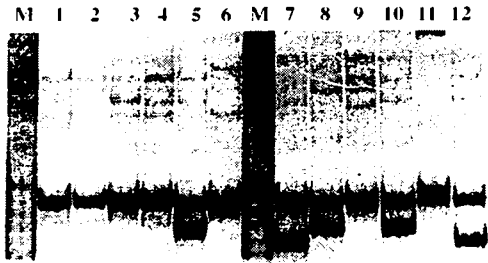


Figure 7. Results of PCR amplification of TH01 locus of Taeum group(Silver stained gel)

Lane 1-12 from left to right

M : Allelic ladder(Repeat Number 5-11 from the bottom)

example) lane 1 : repeat number 9, 9

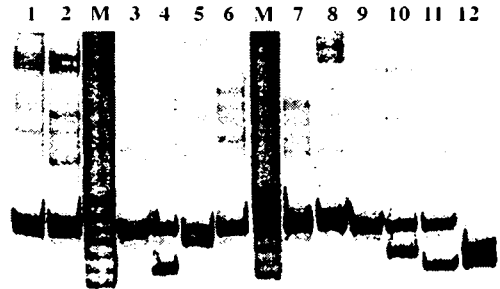


Figure 8. Results of PCR amplification of TH01 locus of Soyang group(Silver stained gel)

Lane 1-12 from left to right

M : Allelic ladder(Repeat Number 5-11 from the bottom)

example) lane 1 : repeat number 9, 10

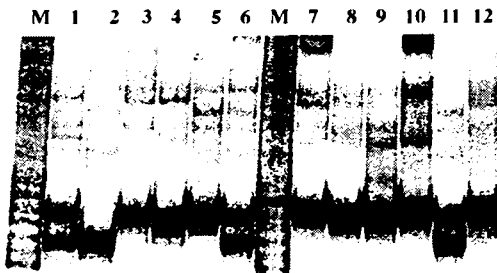


Figure 9. Results of PCR amplification of TH01 locus of Soum group(Silver stained gel)

Lane 1-12 from left to right

M : Allelic ladder(Repeat Number 5-11 from the bottom)

example) lane 1 : repeat number 7, 9

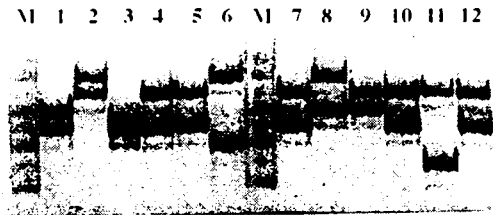


Figure 10. Results of PCR amplification of vWA locus of Taeum group(Silver stained gel)

Lane 1-12 from left to right

M : Allelic ladder(Repeat Number 13-20 from the bottom)

example) lane 1 : repeat number 16, 17

4. vWA(vWF)

vWA locus는 12번 염색체 Human von Willebrand factor gene의 intron에 위치하는 것으로 밝혀졌으며, Kimpton 등(7)을 포함해서 많은 사람들에게 의해서 그 polymorphism이 연구되어 왔

다. vWA locus는 5' ATCT 3'의 4bp(염기)를 기본 repeating unit로 하는 STR의 locus로서 본 연구에서 태음, 소양, 소음인으로 분류된 각 그룹별 12인에 대해서 vWA에 대한 STR typing을 실시하여 체질 그룹별 유전적 상관성을 조사하였다. 일반적으로 vWA는 4bp의 core repeating unit가

Table 3. TH01 allele distribution of Taeum, Soyang and Soum group

allele	태음(1-12)		소양(1-12)		소음(1-12)	
	observed No.	frequency (%)	observed No.	frequency (%)	observed No.	frequency (%)
5						
6	2	8.33	3	12.50		
7	3	12.5	2	8.33	5	20.83
8			1	4.17	1	4.17
9	18	75.00	15	62.50	18	75.00
10	1	4.17	3	12.50		
11						
total	24	100.00	24	100.00	24	100.00

Table 4. vWA allele distribution of Taeum, Soyang and Soum group

allele	태음(1-12)		소양(1-12)		소음(1-12)	
	observed No.	frequency (%)	observed No.	frequency (%)	observed No.	frequency (%)
13						
14	1	4.17	8	33.33	3	12.50
15	1	4.17			1	4.17
16	8	33.33	4	16.67	6	25.00
17	3	12.50	5	20.83	10	41.67
18	8	33.33	5	20.83	3	12.50
19	3	12.50	2	8.33	1	4.17
20						
total	24	100.00	24	99.99	24	100.01

13번 반복부터 20번 반복까지인 8종의 allele가 존재하는 것으로 알려져 있고 따라서 allelic ladder 도 8종을 일반적으로 사용하고 있다.

그림 10, 그림 11, 그림 12에는 태음, 소양, 소음인에 대한 vWA의 allele No.가 나타나 있고, 도표 4에는 태음, 소양, 소음인의 allele No.의 분포와 그 빈도를 표시하였다. 그림 및 도표에 나타난 바와 같이 vWA의 경우는 태음, 소양, 소음인의 allele 분포가 각 체질별로 비교적 다른 분포 양상을 보였다. 태음인에서는 allele No. 16 빈도가 높은 것으로 나타났지만 소양인의 경우는 allele No. 14와 소

음인의 경우는 allele No. 17이 그 빈도가 가장 높은 것으로 각각 나타났다. 이외에도 각 allele No.의 분포 양상이 체질별로 다소 다르게 나타났다.

VNTR 및 STR 분석은 DNA fingerprinting 법에서 사용되는 방법으로 개체의 식별 등을 목적으로 하는 범죄수사 및 기타 유전적 분석 연구에서 많이 쓰이고 있다. 본 연구는 사상체질의 판별에 의해서 분류된 각 체질들이 유전적으로 차이가 있는지를 조사하기 위하여 VNTR 및 STR의 분석을 실시하여서 사상의학의 객관화 및 그 임상활동에 관한 유용한 자료를 제공함을 목적으로 추진되었다. 그 결

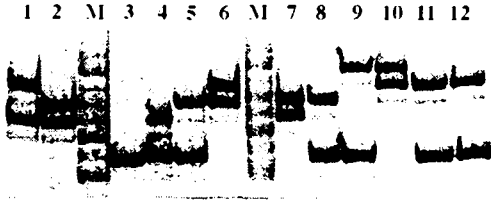


Figure 11. Results of PCR amplification of vWA locus of Soyang group (Silver stained gel)

Lane 1-12 from left to right

M : Allelic ladder(Repeat Number 13-20 from the bottom)

example) lane 1 : repeat number 16, 18

과 VNTR의 경우는 allele의 종류가 많고 각 allele의 분포 양상이 다양하여 VNTR의 typing을 이용하여서는 사상체질의 네가지 체질 그룹에 대한 유전적 동질성 및 그룹간 유전적 상이성을 유추해 내기가 어려운 것으로 사료되었고, 상대적으로 allele의 종류가 적고 따라서 그 분포 양상이 VNTR에 비해서 다양하지 않은 STR 중에서 vWA와 같이 각 allele No.의 분포 양상이 체질별로 다소 다르게 나타나는 STR locus를 사용하여 체질별 sample 수를 100개 이상 선정하여 STR typing을 실시한 후에 그 결과를 통계처리 하여 heterozygosity(이형접합도) 및 유전정보에 의한 다형성을 나타내는 PIC(Polymorphism Information Content)값 등을 각 체질별로 산출하여 비교함으로써 체질간 유전적 차이를 조사할 수 있을 것으로 기대된다.

감사의 말씀

본 연구를 위하여 많은 도움을 주시고 협조를 해주신 대검찰청 과학수사운영과 유전자감식실 여러분

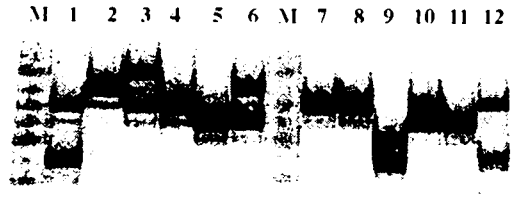


Figure 12. Results of PCR amplification of vWA locus of Soum group(Silver stained gel)

Lane 1-12 from left to right

M : Allelic ladder(Repeat Number 13-20 from the bottom)

example) lane 1 : repeat number 14, 17

들에게 감사드립니다.

참 고 문 헌

1. 조황성 : 동양의학의 새로운 가능성, 한국의 사상체질의학 연구. 제 1 차 한의학과 중의학 학술 세미나 초록집. pp. 1~40 (1996)
2. Kuhnlein D., Dawe Y., Zadworny D. and Gavora J. S. : DNA fingerprinting : a tool for determining genetic distances between strains of poultry. Ther Appl Genet., 77, 669(1992)
3. James L. W. and Paula E. M. : Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. Am. J. Hum. Genet. 44, 388(1989)
4. Nakamura Y., Leppert M., O'Connell P., Wolff R., Holm T., Culver M., Martin C., Fujimoto E., Hoff M.,

- Kumlin E. and White R. : Variable number of tandem repeat(VNTR) markers for human gene mapping. Science 235, 616(1987)
5. Horn T. G., Brenda R. and Katherine W. K. : Amplification of highly polymorphic VNTR segment by the polymerase chain reaction. Nucl. Acids Res. 17, 2140(1989)
6. Puers C., Holly A. H., Li J., Caskey C. T. and James W. S. : Identification of repeat sequence heterogeneity at the polymorphic short tandem repeat locus HUMTH01(AATG)_n and reassignment of alleles in population analysis by using a locus-specific allelic ladder. Am. J. Hum. Genet. 53, 953(1993)
7. Kimpton C., Walton A. and Gill P. : A further tetranucleotide repeat polymorphism in the vWF gene. Hum. Mol. Genet. 1, 287(1992)

Abstract

Genetic Analysis study of Sasang Constitution Classification by DNA-fingerprinting methods

DongWuk Cho, HwangSung Cho

Korea Institute of Oriental Medicine

ChangSoo Lee

Department of Biochemistry, Kon-Kuk University

ByungHee Ko

Department of Oriental Medicine, Kyung-Hee University

VNTR and STR DNA typings are typical genetic analysis methods which are widely used in DNA-fingerprinting for forensic science and other genetic research purposes. In this study, genomic DNA of different constitutions(Taeum, Soyang and Soum) were analyzed by VNTR and STR DNA typing to provide scientific and objective references for Sasang Medicine. It was found out in this study that VNTR-MCT118 and YNZ22 loci showed too many different variation of allele distribution and numbers for each constitution. Therefore, it is thought that VNTR typing can not be used for genetic classification study for Sasang Constitution which classifies human body into 4 groups. However, vWA locus, one of the STR loci investigated in this study, showed slight difference in allele distribution for each different constitution.