

개인식별에 있어서 법의치과학적 방법과 유전자 검사법의 활용

연세대학교 치과대학 구강내과학교실

신경진 · 최종훈 · 김종열

목 차

- I. 서 론
- II. 법의치과학적 개인식별
- III. 유전자 검사
- IV. 결 론
- 참고문헌
- 영문초록

I. 서 론

한 개체의 죽음은 그가 속해 있던 가족 또는 사회구성원의 역할이 끝남과 동시에 그가 지녔던 권리와 의무를 주체로 한 법률적 지위와 사회적 관계가 종료된다는 것을 의미하므로 사망자의 신원확인(identity of the dead)은 법의검사에서 가장 기본적이면서 필수적인 과정이다. 개인식별이란 "신원불명의 시체나 생체로부터 채득한 각종의 자료를 실종자로 알려진 사람에 관한 자료와 비교 평가하여 동일 여부를 결정하는 것"이라고 정의할 수 있으며, 신원이란 "어떤 사람을 다른 사람과 구별시켜주는 모든 자료의 총체를 말하는 것"으로 신원을 입증해 주는 자료로는 본적, 출생지, 현주소, 성명, 학력, 경력 등 비신체적인 자료와 인종, 성별, 연령, 골격, 안모, 피부색, 눈동자색, 모발, 혈액형, 지문, 족문, 구순문, 치아 그리고 근래 각국에서 활발히 연구되고 있는 유전자지문 등이 있다.^{1,2)}

부패되지 않은 시신은 얼굴의 생김새, 피부반점, 반흔, 머리카락, 문신 등 육안적 특징들과 치과기록, 지문, 방사선 골격사진 등에 남겨진 해부학적 특징들을 비교하여 신원을 확인할 수 있다. 부패가 진행중인 시신이나 부패로 인해 연조직이 완전히 소실되어 관절이 탈골, 분해되어 시신이 토막난 경우(mutilated or dismembered corpses), 백골화된 유골(skeletalized remains) 등에서는 앞서 언급한 전통적인 방법에 의한 신원확인이 한계를 갖게 되는데, 이때의 개인식별은 내구성이 높은 골격과 치아에 의한 방법에 의존할 수밖에 없다.

치아를 비롯한 악안면 부위는 보존성, 내구성이 높고, 개인식별에 응용될 수 있는 특징이 인체의 다른 어떤 부위보다 많기 때문에 이에 기초한 법의치과학적 개인식별은 법의학 분야에서 매우 중요하다. 한편 골격에 남아있는 DNA를 분석하면 신원확인에 필요한 정보를 얻을 수 있는데, DNA 분자에서 다형성 유전 표식자(polymorphic genetic markers)의 구조적 특징을 분석하는 기법을 유전자검사(DNA typing)라 하며, 그 검사 결과는 민·형사 소송에서 객관적 증거로 인정받고 있다.³⁾

특히 최근 발생한 삼풍백화점 붕괴사고⁴⁾나 KAL 항공기 팜 추락사건과 같은 대형참사에서 골격과 치아에 의존한 법의치과학적 방법과 유전자검사가 희생자의 개인식별에 매우 유용하게 이용되었다. 이에 이러한 방법들이 어떠한 장단

점을 가지고 있는지, 상호 보완할 점들에 대하여 알아보고 실제의 대형참사나 범죄에 의한 희생자의 개인식별에 어떻게 응용할 것인지에 대하여 알아보고자 한다.

II. 법의치과학적 개인식별

법의학 영역에 있어 치아는 인체의 기관 중 가장 견고한 구조 및 성분인 법랑질, 상아질, 백악질 같은 경조직으로 구성되었기 때문에 물리적, 화학적 저항성이 높고 부패 및 열에 가장 오래 견딜 수 있는 특징을 가지므로 법의학 분야에서 개인식별에 매우 중요한 정보를 제공한다. 즉, 치아는 개인식별에 중요한 성별과 연령의 추정은 물론 혈형검사와 유전자형의 검사까지 가능하며, 다양한 치과적 특징을 육안으로도 확인 가능하기 때문에 개인식별을 위한 중요한 법의학 적 자료가 된다.

1. 성별의 판정

체질인류학적으로 남녀별 치아의 크기가 다른 점을 활용하여 치아의 길이, 폭에 대한 길이의 비율 등을 측정하여 표준치와 비교하는 계량통계학적 분석을 함으로써 가능하며 그 외에도 법랑질의 분광투과율, 상아질의 비중 및 상아질과 치조골의 화학적 조성 등을 분석하여 이루어진다. 또한 여자의 체세포의 핵 중에 나타나는 성염색질(sex chromatin)과 남성의 Y염색체의 F-body(Fluorescent body)를 치수, 타액 및 타액반으로부터 관찰하여 성별을 감별할 수 있다. 치아뿐만 아니라 구개 및 치열골의 형태와 두개골에 의해서도 성별판정이 가능하다.

2. 연령추정

치아와 연령은 밀접한 관계가 있으며 치의학적으로 연령을 추정하려는 연구가 상당한 수준에 달하고 있다. 이러한 연구들을 통하여 치아 및 악골을 중심으로 하는 영역은 증령적 변화에 있어 주요 인자들이 많음이 밝혀져 왔다. 특히

치아의 형성과정을 타장기의 발생 및 성장의 경우보다 개인차 내지 다양성이 훨씬 적어 연령추정에 가장 적합한 소견을 가지고 있다.

일반적으로 치아로부터 연령을 추정하는 방법으로는 유년기에서는 유치의 맹출시기 및 영구치의 석회화, 소년기에서는 유치의 타락 및 영구치의 맹출시기, 영구치의 석회화 및 제 3 대구치의 석회화, 청년기에는 제 3 대구치의 석회화 및 영구치의 교모도, 장년기에서는 영구치의 교모도 및 치수강의 크기, 노년기에서는 영구치의 탈락시기, 영구치의 교모도, 치수강의 크기 및 하악골의 변화 등을 참고로 한다.

한편 신원불명인 시체의 신원을 밝히는 방법으로서 6가지의 치아조직 변화를 연마표본에서 관찰하여 연령을 추정하는 Gustafson법이 이용되며, 더불어 악골에 있어서 이공의 위치, 하악각의 변화, 구개융합과 두개융합의 융합소실 등이 연령추정을 위한 관찰 대상이 된다.

최근에 이르러 화석의 연대추정과 같은 지구과학에 쓰이는 아미노산의 라세미화반응을 이용한 추정연령은 실제연령과의 상관관계가 매우 높으며, 특히 고령층에서 보다 정확한 연령감정으로 인정되고 있다.

3. 교흔(bite mark) 검사

많은 범죄사건에서 범인이 피해자의 신체나 음식물에 남긴 교흔으로 범인식별이 되고 있다. 신체에서 교흔을 발견시는 즉시 상세한 기록과 사진촬영이 바람직하며, 석고나 실리콘상에 교흔의 인상(impression)을 조기에 채득하여 두는 것은 조직의 변형 수축 등으로부터 피하여 후이용의 치아와의 대조검사에 매우 유리할 것이다⁵⁾.

최근에는 디지털영상기술의 발전에 따라 이러한 도구들을 이용하여 교흔 검사를 더욱 정밀하게 수행하려는 연구들이 이루어지고 있다⁶⁾.

4. 치아의 특징에 의한 개인식별

치아는 개인식별에 응용될 수 있는 특징이 인체의 다른 어떤 부위보다 많으며 파괴에 대한 저

항력이 강하기 때문에 신원 불명 시체의 개인식별에 매우 중요한 정보를 제공한다. 즉 성인의 구강에는 28 ~ 32개의 치아가 존재하며 각 치아는 형태학적으로 뚜렷이 구분되며 치과치료를 받았을 경우에 치료에 사용된 치과재료의 종류와 치료의 방법이 다양하고, 치아자체에도 구치부에는 5면이, 전치부에는 4면이 있어 치료방법별, 치과재료별, 치면별 및 치아별로 이루어지는 경우의 수를 계산할 경우 그 조합은 수 십억을 상회하게 되어 단순한 생전의 치료기록만 가지고도 개인식별할 수 있는 뚜렷한 지표가 된다. 따라서 법의치과학적 개인식별을 수행함에 있어 검사자는 결손치아, 매복치아, 과잉치아, 해부학적 이상, 치아우식증, 잔존치근, 심한 교모, 치경부 마모, 치아과절, 근관충전 상태, 유치와 영구치의 구별, 충전물의 재료, 형태 및 와동, 보철물의 재료와 형태, 교정치료와 관련된 장치와 치열의 정보 등 치아의 특징을 주의 깊게 관찰하고 기록하여야 한다.

대량사망자가 발생하였을 때 시행되는 법의치과학적 개인식별은 자료수집(data gathering), 자료의 선택과 비교(data selection / comparison), 최종확인(final verification)의 연속적인 3단계 과정으로 볼 수 있다⁷⁾. 자료수집은 알려진 혹은 알려지지 않은 자료를 이용 가능한 형태로 만드는 과정이다. 자료의 선택과 비교는 사체의 특성을 사건의 알려진 자료와 비교하는 과정으로 이 때에는 명확히 일치하지 않는 자료를 제외하고는 일치가 가능한 어떠한 자료라도 고려 대상으로 생각하며, 사전자료를 검색하여 부분적인 사후자료와 일치하는 자료를 선택하는 단계이다. 최종확인은 법의치과학적인 방법뿐만 다른 개인식별 방법에 의하여 수집된 여러 정보들을 통합하여 최종결정을 내리는 과정이다.

법의치과학적 개인식별 단계 중 자료의 선택과 비교의 효율성 및 정확성을 배가시키기 위해 모든 자료는 표준양식으로 변환되어 그 크기와 내용이 유사해야 하고, 자료는 동일한 관점에서 기술되어야 하며, 선택과 비교시에는 동일한 결정논리가 적용되어야 한다. 따라서 자료의 선택과 비교의 과정은 단순 반복적인 과정으로 법의

치과학자가 개인식별을 위해 많은 시간을 소비하는 과정이다. 이러한 법의치과학적 개인식별 과정중 시간이 가장 많이 소요되는 자료의 선택과 비교의 단계를 컴퓨터로 처리함으로써 신속하고, 정확하게 법의치과학적 방법에 의하여 개인식별을 시도하는 연구들이 국내외에서 이루어지고 있다^{8,9)}.

한편 우리나라는 의료보험의 확대, 생활수준의 향상, 구강건강에 대한 관심의 증가로 일반인들이 치과치료를 받는 빈도가 증가하는 추세이며, 병원과 의원에서는 의무기록의 전산화와 더불어 진료비의 보험청구에 따른 치료기록에 대한 정보가 데이터베이스화 되고 있다. 따라서 치아의 특징에 기반한 법의치과학적 개인식별에 필수적인 생전자료의 수집은 더욱 용이해지므로 대량의 사망자를 동반하는 대형참사시 개인식별은 법의치과학적 방법에 의하여 더욱 신속하고 정확하게 이루어질 것으로 기대된다.

5. 슈퍼임포즈법(superimposition), 복안법(facial restoration)

슈퍼임포즈법, 복안법은 두개골이 온전할 경우 동일한 배제나 확인시 매우 유용한 방법들이다. 슈퍼임포즈법은 시체의 생전 사진이 존재할 경우 사진 속의 인물과 시체의 두개골이 동일인인지의 여부를 판별하기 위하여 주로 사용되는 방법으로 1935년 영국의 Glasgrow대학의 Claister, Brash 등이 Ruxaton사건에서 신원확인을 위하여 처음 사용되었다. Helmer와 Grüner¹⁰⁾가 기존의 사진을 이용한 슈퍼임포즈법보다 빠르고 좀 더 빠르고 정확한 새로운 방법을 비디오 카메라를 이용하는 방법을 제시한 이후 최근에는 컴퓨터와 디지털 영상기술을 이용한 첨단적인 수준으로 연구가 진행되고 있다¹¹⁾.

복안법은 두개골에 점토를 사용하여 두부, 안면, 연조직 36개소의 정해진 부위의 두께를 연령별 평균치에 따라서 살을 붙여 생전의 얼굴모양을 복원하여 신원불명 시체의 개인식별을 시행하는 방법으로 슈퍼임포즈법과 더불어 앞으로 많은 발전이 기대되는 분야이다.

III. 유전자검사

인간의 핵게놈의 반배체는 대략 3×10^9 개의 염기쌍으로 이루어져 있다. 이 중 70~80%는 생체가 생명현상을 유지하는데 필요한 단백질 합성, 전사조절 등의 기능을 갖는 coding DNA이며, 나머지 20~30%는 그 기능이 알려져 있지 않은 noncoding DNA로 대부분이 동일한 염기서열이 반복적인 형태로 배열되어 있다¹²⁾. 반복염기서열(tandem repetitive sequence)은 염색체상에서 비평등교환(unequal exchange)과 복제슬립(replication slippage) 등의 유전적 기전으로 생성되어 개인마다 염기서열의 길이다형성(length polymorphism)을 나타내는데 이 부위를 초위성부위(hypervariable mini- or microsatellite)라고 한다¹³⁾.

초위성부위중 반복되는 염기의 수(repeat unit)가 2~5bp(base pair, bp)로 구성된 'microsatellite DNA'는 6~10Kb마다 존재하여 전 게놈상에는 30,000~50,000 부위가 존재하는 것으로 알려져 있고, 또한 반복염기단위가 15~17bp인 'minisatellite DNA'는 주로 염색체상의 끝부위(telomere)에 존재하고 있다. 이들 유전좌위의 반복되는 염기단위의 수에 따라 그 크기가 결정되므로, 'micro- or minisatellite DNA'를 구성하는 염기서열은 그 길이가 각각 100bp에서 수 Kb에 이르기까지 다양하다. 이러한 초위성부위의 길이 다형성은 멘델의 유전법칙에 따라 부와 모로부터 자식에게 유전되어 염색체상에 대립유전자(allele)의 형태로서 존재하게 되므로 각 개체는 특징적인 유전적인 다형성(genetic polymorphism)을 나타내게 된다. 이러한 특징은 법의학 분야에서는 개인식별 및 친생자감정, 의학이나 생물학분야에서는 유전병의 임상적 진단과 인체 연관지도(human linkage map)의 작성 등에 이용되고 있다.

한편 분자생물학의 발전은 인체 게놈상에 존재하는 초위성부위의 다형성을 검색하는 기법의 발달을 가져왔다. 즉 Jeffreys 등은 다좌위탐침(multi-locus probe)과 단좌위탐침(single-locus probe)를 이용하여 염색체 상에 산재되어 있는

초위성 부위들을 검색할 수 있는 유전자검사법을 개발하였다¹⁴⁾. 게놈 DNA를 특정 제한효소로 절단하여 제한효소길이다형성(restriction fragment length polymorphisms, RFLPs)을 갖는 대립유전자들을 탐침으로 이용하여 혼성화(hybridization)등의 방법으로 검색함으로써, 법의학분야에서 친생자감정이나 개인식별 등의 유전적인 의문사항들을 해결하는데 적용하게 되었다. 특히 단좌위탐침에 의해 검색되는 VNTR 유전좌위(variable number of tandem repeats, VNTR locus)는 높은 다형성, 높은 이형접합도 그리고 유전적으로 안정하다는 점에서 유전자검사의 대상좌위로서 선택되어 왔지만, 분해되지 않은 많은 양(500ng~10ug)의 DNA 시료가 요구되고, 혼성화의 과정을 수행하는데 많은 시간과 경비가 소용되는 단점이 있기 때문에 유전자검사는 이러한 단점을 보완하는 방향으로 기술적인 발전이 이루어지게 되었다¹⁵⁾. 여기서는 STR 유전좌위의 검색과 성별 검사, HLA형 검사, 미토콘드리아 DNA 검색에 대하여 알아보자.

1. STR 유전좌위의 검색

Mullis등¹⁶⁾에 의해서 개발된 중합효소반응(polymerase chain reaction, PCR)은 특정 유전좌위의 프라이머를 이용하여 염기서열이 2Kb 이내의 VNTR 유전좌위나 400bp 이하의 STR 유전좌위(short tandem repeat locus)에서 생성되어 증폭길이다형성(amplified fragment length polymorphisms, AMP-FLPs)을 나타내는 대립유전자의 분석을 가능하게 하였다. 특히 2~5bp의 염기서열이 반복된 STR 유전좌위는 크기가 100~400bp 정도이므로 분해가 심한 DNA 시료에서도 증폭이 가능하며, 적은 양(10ng)의 시료 DNA 만으로도 유전자검사를 할 수 있기 때문에 법의학적 개인식별에 이용하게 되었다. 또한 VNTR 유전좌위의 경우 사용하는 전기영동 겔의 제한된 해상력과 많은 수의 대립유전자로 인하여 정확한 크기를 측정하기 어려우나, STR 유전좌위는 대립유전자의 수가 적기 때문에 대립유전자 크기 표지자를 제조하여 정확하고 쉽게

대립유전자를 확인할 수 있다. 비록 STR 유전좌위는 대립유전자의 수가 적어 상대적으로 개인 식별력이 떨어지는 단점이 있으나, 다중중합효소반응(multiplex PCR)을 이용하여 여러 STR 유전좌위들을 동시에 증폭 및 분석함으로써 개인 식별력을 증가시킬 수 있는 장점을 가지고 있다. 또한 STR 유전좌위에서 생성되는 AMP-FLPs, 즉 대립유전자의 분석도 ethidium bromide 염색이나 은염색(silver stain) 법으로부터 형광상을 이용하여 대립유전자를 분석하는 방법으로 전환되고 있다.

형광상측정법(fluorescent-based typing)은 형광색소(fluorescent dye)가 부착된 프라이머를 중합효소반응에 이용하면 형광색소가 부착된 증폭산물(amplified products)인 대립유전자를 생성할 수 있으며, 이 대립유전자를 자동 DNA 분석기(automatic DNA sequencer)로 분석함으로써 다중중합효소반응으로 증폭된 여러 유전좌위의 대립유전자들을 전기영동할 경우 한 lane에서 동시에 분석할 수 있고, 형광색소를 인식하는 예민도가 높기 때문에 1ng 정도의 증폭된 DNA 산물도 분석이 가능하며, DNA 단편의 크기 측정은 내부크기표식자(internal size standard)을 이용하기 때문에 전기영동의 물리적 현상에 의해 야기되는 오차를 제거할 수 있으며, 1bp 혹은 2bp의 차이를 나타내는 DNA 단편의 크기를 정확하게 측정할 수 있는 장점이 있다¹⁷⁾. 따라서 자동화된 DNA 분석기를 이용하는 형광상측정법은 다량의 시료 DNA 분석을 요하는 대형사고 희생자의 신원확인이나 부패 정도가 심한 유골등의 유전자검사 그리고 대립유전자의 크기가 불규칙한 유전좌위의 분석에 이용되고 있다¹⁸⁾.

2. 성별 검사

개인식별의 중요한 한 부분인 성별의 감정은 종래에 골반골, 두개골, 치아와 같은 인체의 해부학적 특징과 같은 복합유전형질(multifactorial inheritance)에 대한 계량통계학적 분석으로 남, 여를 감정하였으나 분자유전학의 발전에 따라

주로 성염색체에 기초한 접근이 가능하게 되었다. 성별은 Y 염색체에 특이성이 있는 탐침을 사용하여 Southern-hybridization법으로 주로 검사하였으나, 최근 치아 발생기에 범랑질을 만드는 amelogenin gene을 남녀가 다르게 나눠 가짐이 밝혀졌으며, 이 유전좌위를 중합효소반응법으로 증폭하면 pg의 소량의 DNA에서도 성별 판별이 가능하고 또한 정확한 방법이다. 성별 결정을 위한 분자유전학적인 접근 방법은 주로 DYZ1 유전좌위와 같은 VNTRs의 Southern-hybridization법에 의한 검사가 주종을 이루어 왔다. 그 중 DYZ1은 Y 염색체상에 존재하는 유전좌위로서 3564 bp의 긴 염기서열이 수천번 반복되어 있는 VNTRs로 pHY10 탐침으로 매우 민감하게 찾을 수 있지만, false-negative를 배제할 수 없는 단점이 있다. 그러나 중합효소반응에 의한 X-Y homologous amelogenin gene의 AMP-FLPs 검사는 X, Y gene의 동시 검사가 가능하며 Y 염색체 특이성 탐침 사용시 발생하는 false-negative를 배제할 수 있어 많이 사용되고 있다. X-homologue의 intron 1에 6 bp 크기의 염기서열이 탈락(deletion)되어 있어 Sullivan 등¹⁹⁾이 제시한 프라이머를 사용하여 중합효소반응으로 증폭하면 X 염색체는 106 bp, Y 염색체는 112 bp 크기의 DNA 띠가 전기영동 상에서 관찰되기 때문이다. 최근에는 형광상측정법을 이용하는 STR 검색 Kit 속에 X-Y homologous amelogenin gene을 동시에 검색할 수 있도록 되어 있어 정확하고 신속하게 이용할 수 있다.

한편 X-Y homologous amelogenin gene과 더불어 sex determining region Y (SRY) gene²⁰⁾을 증폭하여 관찰하면 성별감정의 정확성을 더욱 배가시킬 수 있는 연구도 발표되고 있다.

3. HLA형 검사

HLA-DQA1 유전자는 인간의 6번 염색체의 HLA complex Class II gene 중 HLA α -chain을 발현하는 유전자로서 VNTR과는 달리 개인마다 그 염기서열(sequence)이 다른 대립인자들이 존

재한다. Amplitype™ HLA-DQa Forensic Kit (Perkin Elmer Cetus Co.)로는 1.1, 1.2, 1.3, 2, 3, 4의 6개의 대립인자를 검색할 수 있어 총 21개의 유전자형 표현이 가능하다²¹⁾. HLA-DQA1 유전자좌위의 크기는 242 bp로써 이형접합도는 민족에 따라 약간의 차이는 나타내지만 대략 60~80%이다. 또한 최근에 Amplitype™ PM Kit로 LDLR (Low Density Lipoprotein Receptor), GYPA (Glycophorin A), HBGG (Hemoglobin G Gammaglobin), D7S8, GC (Group Specific Component)의 5개의 대립인자를 동시에 더 검색할 수 있게 되었다²²⁾.

4. 미토콘드리아 DNA 검색

미토콘드리아는 산화적 인산화 반응을 통하여 에너지 발생과 citric acid cycle로 알려진 화학반응이 일어나는 소기관이다. 미토콘드리아는 세포질의 5~15%를 차지하는데 세포의 성장, 증식 및 정상 활동에 없어서는 안될 중요한 기관이다. 다른 기관과는 달리 고유의 유전자(mitochondrial DNA, mtDNA)를 갖고 있으며 스스로 복제하는 능력이 있다고 알려져 있다. 인간 체세포에는 세포 종류에 따라 다소 차이가 있으나 한 개의 세포에는 200~1,700개 정도의 미토콘드리아가 있으며, 한 개의 미토콘드리아에는 16,569bp로 이루어진 circular-duplex chromosome이 10개까지 존재한다²³⁾. 이들 DNA는 2개의 rRNA(12S rRNA, 16S rRNA), 22개의 tRNA 및 respiratory chain과 oxidative phosphorylation에 관여하는 13개의 polypeptides의 유전정보를 전사한다고 알려져 있다.

mtDNA의 법의학적 유용성은 mtDNA에서 삼입이나 소실, 혹은 염기치환에 의한 다형성에 근거한다. 특히 전사조절부위인 1.1kb 크기의 D-loop(displacement loop)지역은 염기치환에 의한 다형성이 심하여 종간의 계통발생학이나 동종에서의 진화연구에 유용한 지표로 사용되어 왔고 인류의 진화 연구에도 중요한 지표로 사용되고 있다²⁴⁾. 또한 한 개의 세포내에 그 숫자가 많을 뿐만 아니라 핵 DNA 보다 안정성이 높아

오랜 기간이 지나도록 파괴되지 않고 남아 있을 수 있어 오래된 유골의 개인식별에 많이 사용되고 있으며, 현재의 mtDNA의 분석은 PCR을 이용하여 과변이 부위에 대한 증폭을 시행하고 증폭산물의 염기서열을 분석하여 개인차이를 검색하고 있다.

IV. 결 론

법의치과학적 방법과 유전자 검사법에 의한 개인식별은 대형참사시 희생자의 신원확인 작업에서 다른 어떤 방법보다도 그 유용하다. 산업화 이전 시대의 대형참사는 태풍과 홍수, 지진이나 화산폭발 등과 같은 자연재해에 의한 것이 대부분이었고 현재에도 이러한 자연재해는 대형참사의 주요한 원인 중의 하나이다. 그러나 복잡한 교통체계와 대규모 주거문화의 특징을 지닌 현대사회에서는 대형건물의 화재, 항공기 추락, 선박의 침몰, 가스폭발 등과 같은 사고에 의한 대형참사의 빈도가 높아지고 있다. 또한 이념 및 정치상황의 변화에 따라 발생하는 테러에 의한 폭발사건, 전쟁 및 대형화살 등의 인위적인 대형참사의 발생도 종종 볼 수 있다.

대형참사시 필연적으로 발생하는 신원 불상자에 대한 개인식별은 법의학 분야에서 중요한 과제일 뿐만 아니라 인도주의적 차원과 더불어 실종자 및 유가족의 법적, 사회적 제반문제를 해결하기 위해서도 필수적으로 시행되어야 한다. 그러나 대형참사시 시체는 부패와 훼손이 심한 경우가 많으며, 최근에는 범죄의 지능화 경향에 따라 희생자의 개인식별이 종종 어려운 상황에 직면하기도 하였다.

그러나 개인식별 방법은 분자생물학의 발전과 더불어 이러한 문제점들을 해결하는 새로운 전환기를 맞이하고 있다. 예전에는 혈액형과 HLA 형에 의존하던 법의학적인 검사방법들은 분자유전학의 유전자지문(DNA fingerprints)으로 대체되고 있으며, 인체의 해부학적 특징과 계량통계학적인 방법에 의존하였던 성별의 판별도 amelogenin gene의 PCR 증폭으로 정확한 감정에 이르게 되었다. 또한 일부세포에 의존하였던

검사들도 PCR에 의해 빠르고 정확하게 수행되게 되었으며, 최근에는 STR의 fluorescent based typing 기술이 가능하게 되어 유전자지문(DNA fingerprints)을 이론에 근접한 이상적인 개인식별 수준까지 향상되었다.

또한 현대의 컴퓨터 기술은 개인식별 방법을 발전시키는데 중요한 역할을 하고 있다. 보다 빠른 연산속도를 가진 컴퓨터와 더불어 주변기와 하드웨어의 발전은 조금은 주관적인 개인식별 인자들의 평가방법을 객관화하려는 노력을 현실화 시켜주기에 충분하다. 법의치과학적 검사의 영역에서는 이러한 컴퓨터 기술을 이용하려는 움직임이 많이 나타나고 있고 특히 슈퍼임포즈법과 복안법에 있어서의 컴퓨터의 응용은 조만간 가시화 되리라 생각된다.

그러나, 분자생물학과 컴퓨터 기술의 발전에 의해 급속한 발전을 하고 있는 유전자 검사법은 만능은 아니다. 일반적으로 사람들은 장기이식이나 친자감별과 같은 특별한 목적이 아니면 생전에 유전자형 검사를 받지 않기 때문에 희생자의 개인식별을 위한 유전자형의 검사를 위해서는 희생자의 부모나 형제, 자녀로 생각되는 사람의 유전자형을 검사하여 친족관계를 확인하여야 하는 불편함이 있다. 또한 시체의 부패가 심하거나 수 십년간 매장되었던 유골의 경우에는 mtDNA 검사가 유용하다고는 하지만 DNA의 추출이 사실상 어려운 경우가 많으며, 현실적으로 법의치과학적인 방법에 의존하여 개인식별을 수행할 수밖에 없다. 한편 대량의 희생자 혹은 한 6·25 전쟁 희생자와 같이 한 희생자에 대한 그 가족이 의심되는 유가족이 많은 경우에 유전자검사로 희생자를 찾을 경우에는 막대한 비용이 소요된다.

치아와 두경부 구조물의 다양성에 기초한 법의치과학적 개인은 대형참사시에 특히 시체의 훼손이 심한 경우에 유용한 방법으로써 생전자료를 유가족 혹은 관련자의 진술이나 사진, 치과 진료기록부에 기초하여 사후자료와 비교하기 때문에 고가의 장비와 비용을 많이 들이지 않고도 수행될 수 있다. 또한 유전자검사로서는 알 수 없는 연령의 추정이나 슈퍼임포즈법, 복안법 등

은 법의치과학만의 독특한 영역으로 발전할 것으로 생각된다. 그리고 치아와 타액반 피검물에서 유전자 검사를 시도하여 그 유용성을 보고한 연구들도 있는데, 법의치과학적 시료의 특징과 유전자 검사법의 장점을 동시에 이용하여 개인식별의 효용성을 증대시키려는 시도도 이루어지고 있다.^{25,26,27)}

개인식별에 있어서 법의치과학적 방법과 유전자 검사법은 과학기술의 발전과 더불어 빠르게 발전하고 있으며 그 유용성도 더욱 증가되고 있다. 그러나 모든 개인식별 감정이 어느 한가지 방법으로만 해결될 수 있는 경우는 많지 않다고 생각되며, 따라서 법의학적 개인식별을 수행함에 있어 각 방법들의 장단점을 숙지하여 각각의 경우에 가장 적절한 방법을 취할 때 신속하고 경제적인 그리고 정확한 개인식별이 이루어질 수 있다고 생각된다.

참 고 문 헌

1. 山本勝一 著 : 김중열, 윤창륙 역 : 법의치과학, 서울, 이우문화사, 1995.
2. 문국진 : 최신법의학, 제3판, 서울, 일조각, 1994.
3. Balding, D. J., Donnelly, P. : How convicting is DNA evidence?, Nature, 368; 285-286, 1994.
4. 정낙은, 이한영, 서재관 외 14명 : 삼풍백화점 붕괴 사고의 개인식별에 대한 보고, 국립과학수사연구원 소년보, 28 : 3-32, 1996.
5. 김중열 : 교상의 개인식별 감정 예, 대한법의학회지, 4(1); 13, 1979.
6. Wood, R. E., Miller, P. A., Blenkinsop, B. R. : Image editing and computer assisted bitemark analysis : a case report, Journal of Forensic Odonto-stomatology, 12(2); 30-36, 1994.
7. Lorton, L., Langley, W. H. : Decision-making concepts in postmortem identification, Journal of Forensic Science, 31(1); 190-196, 1986.
8. Lorton, L., Rethman, M., Friedman, R. : The computer-assisted postmortem identification (CAPMI) system : A computer-based identification program, Journal of Forensic Sciences, 33(4); 977-984, 1988.
9. 신경진, 최종훈, 윤창륙, 김중열 : 대형참사시 컴퓨

- 터를 응용한 법의치과학적 개인식별, 대한구강내 과학회지, 24(1); 81-94, 1999.
10. Helmer, R., Grüner, O. : Vereinfachte Schadelidentifizierung nach dem superprojektion-verfahren mit Hilfe eine Video-Angles, Z. Rechtsmed, 80; 183-187, 1977.
 11. 김하진, 강민구, 최종훈, 김종열 : 컴퓨터 시각 인식 기법을 이용한 영상 증첩법에 의한 개인식별, 대한구강내과학회지, 21(1); 37-54, 1996.
 12. Fowler, J. C. S., Burgoyne, L. A., Scott, A. C., Harding, H. W. J. : Repetitive deoxyribonucleic acid (DNA) and human genome variation - A concise review relevant to forensic biology, Journal of Forensic Sciences, 33(5); 1111-1126, 1988.
 13. Jeffreys, A. J., Wilson, A. and Thein, S. L. : Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA, Nature, 314; 67-73, 1985.
 14. Jeffreys, A. J., Wilson, A. and Thein, S. L. : Individual-specific "fingerprint" of human DNA, Nature, 316; 76-79, 1985.
 15. Edwards, A., Civitello, A., Hammond, H. A., Caskey, C. T. : DNA typing and genetic mapping with trimeric and tetrameric tandem repeats. American Journal of Human Genetics, 49; 746-756, 1991.
 16. Mullis, K. and Faloona, F. : Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase catalyzed chain reaction, Method Enzymol, 155; 335-350, 1987.
 17. Ziegler, J. S. : Application of automated DNA sizing technology for genotyping microsatellite loci, Genomics, 14; 1026-1031, 1992.
 18. Whitaker, J. P., Clayton, T. M., Urquhart, A. J., Millicans, E. S., Downes, T. J., Kimpton, C. P., Gill, P : Short tandem repeat typing of bodies from a mass disaster : High success rate and characteristic amplification patterns in highly degraded samples, BioTechniques, 18; 670-677, 1995.
 19. Sullivan, K. M., Mannucci, A., Kimpton, C. P., Gill, P : A rapid and quantitative DNA sex test : Fluorescent-based PCR analysis of X-Y homologous gene Amelognin, BioTechniques, 15; 636-641, 1993.
 20. 김세연, 안종모, 윤창륙, 신경진 : 사람의 치아 Y 염색체상의 sex determining region Y(SRY) 유전자를 이용한 성별감정, 대한법의학회지, 23(2); 75-81, 1999.
 21. Comey, C. T., Budowle, B., Adams, D. E., Baumstark, A. L., Lindsey, J. A., Presley, L. A. : PCR amplification and typing of HLA DQA gene in forensic samples, Journal of Forensic Sciences, 38(2); 239-249, 1993.
 22. Use of AmpliType PM + HLA DQA1 PCR amplification typing kits for identity testing, Methods in Molecular Biology, 98; 261-277, 1998.
 23. Anderson, S., Bankier, A. T., Barrel B. G., et al. Sequencing and organization of human mitochondrial genome, NATURE, 290; 457-469, 1981.
 24. Aquadro, C. F., Greenberg, B. D. : Human mitochondrial DNA variation and evolution : Analysis of nucleotide sequences from seven individuals, Genetics, 103; 287-312, 1983.
 25. 윤경규, 신경진, 김종열, 황적준 : 타액반 피검물에서 개인식별을 위한 DNA의 유전자형 검사, 대한법의학회지, 19(1); 5-16, 1995.
 26. 윤창륙, 김종열 : 치아에서의 DNA 분석에 의한 개인식별, 대한구강내과학회지, 19(2); 205-217, 1994.
 27. 최종훈, 한면수, 선문숙, 김종열 : 소사체 치아에서의 유전자지문 분석을 위한 실험적 연구, 대한구강내과학회지, 21(1); 351-367, 1996.

- ABSTRACT -

Forensic Odontology and DNA Typing in Individual Identification

Kyoung-Jin Shin, D.D.S., M.S.D., Jong-Hoon Chol, D.D.S., M.S.D., Ph.D.,
Chong-Youl Kim, D.D.S., M.S.D., Ph.D.

Department of Oral Medicine & Oral Diagnosis, College of Dentistry, Yonsei University

Forensic odontology and DNA typing in individual identification have been progressing rapidly and its significance has been increasing. But not all individual identification can be done by one single method solely. Therefore, understanding the advantage and disadvantage of each method is necessary to achieve forensic individual identification properly in each case for it to be applied promptly, economically and precisely.

Key words : forensic odontology, DNA typing, individual identification