

총기 흔적흔에서의 low copy number(LCN) DNA 검출에 관한 연구

전충현 · 박성우★

충남대학교 과학수사학과
(2010. 12. 24. 접수, 2011. 1. 25. 승인)

Research on the detection of LCN DNA from traces on firearms

Chung-Hyun Jeon and Sung-Woo Park★

Dept. of Scientific Criminal Investigation, Chungnam National University, Daejeon, 305-764, Korea
(Received December 24, 2010; Accepted January 25, 2011)

요 약: 유전자 감식은 다양한 범죄현장에서 발견되는 생체시료의 분석을 통해 신원을 식별하는 중요한 법과학적 수사과정으로 자리 잡았다. 최근에는 범인이 사용했던 펜, 뺑소니 차량에서의 핸들, 기어, 각종 버튼스위치 등에 남겨져 있는 touch evidence-type sample로 알려져 있는 low copy number (LCN) DNA에서의 A-STR분석을 위해 의뢰되는 감정물들이 증가하는 추세에 있다. 본 연구에서는 총기의 몽개진 지문 등에 남겨져 있는 touch evidence-type의 LCN DNA를 추출하고 유전자형의 분석 성공률을 확인하고자 하였다. 4종류의 총기(M16, K1A, COLT 45 권총, M29 리볼버)를 각각 격발한 후 총기별로 4곳의 부위에서 시료를 채취한 다음 LCN DNA의 추출을 위해 Microkit과 Prepfilerm 등 2종류의 시약을 이용하여 DNA 검출량과 유전자형 분석 성공률을 비교 분석하였다. 분석결과 Prepfilerm가 Microkit에 비해 평균 1.7배 DNA검출량이 많았으며, 유전자형 분석 성공률에 있어서도 Microkit은 0%인데 비해 Prepfilerm에서는 평균 24.9%의 성공률을 보였으며, K1A의 손잡이 부위에서 50.6%의 성공률을 나타냈다.

Abstract: Genetic Identification has become an important forensic investigation method which discerns identity through analysis of physical samples discovered in various crime scenes. Recently more samples are being requested to undergo A-STR analysis of low copy number (LCN) DNA, which is known as touch evidence-type sample and left on various objects such as a pen briefly used by the criminal, the gear of the car used for driving, the handle, and various buttons inside a car. This research attempted to extract the LCN DNA of the touch evidence-type left on crushed fingerprints on firearms, etc. and examine the genotyping success rate. Four types of firearms (M16, K1A, COLT 45 Pistol, M29 Revolver) were fired individually and physical samples were gathered from four parts of each firearm. Subsequently, in order to extract the LCN DNA, Microkit and Prepfilerm were used to compare and analyze the quantity of DNA extracted and the genotyping success rate. Analysis results showed that the quantity of DNA extracted by Prepfilerm was on average 1.7 times higher than that of Microkit, and in genotype analysis success rate Prepfilerm also demonstrated 24.9% on average in contrast to 0% for Microkit. In regards to the grip part of the K1A, Prepfilerm's success rate was as high as 50.6%.

Key words: LCN DNA, short tandem repeat, genotyping success rate

★ Corresponding author

Phone : +82-(0)42-821-5240 Fax : +82-(0)42-822-5236

E-mail : swpark05@cnu.ac.kr

www.kci.go.kr

1. 서 론

유전자 감식은 각종 범죄의 해결에서 신원확인 등에 효과적으로 사용되고 있다. 특히 총기가 사용된 범죄의 현장에서 발사자를 식별하는 것은 범인 검거와 직결되는 대단히 중요한 증거적 의미를 갖는다. 총기 범죄현장에서 범인을 식별하는 trace evidence를 확인하는 방법에는 용의자 손등에서 채취한 뇌관화약의 미연소 원소성분인 Pb, Sb, Ba 원소를 SEM-EDX에 의해 분석하는 것이 현재 보편적으로 사용되는 기법이다.¹ 때때로 총기에 남겨져 있는 지문을 확보하여 신원을 확인하기도 하지만 대부분의 경우 총기의 금속 및 거친 표면 재질에는 완전한 지문이 남아있는 경우가 거의 없이 뭉개진 지문이나 신원확인이 불가능한 쪽지문만이 남겨져 있는 경우가 많아 이의 활용가치는 별로 없었다. 그러나 최근에는 유전자 감식 방법의 개발로 다양한 종류의 감정물이 유전자 분석을 위해 의뢰되고 있는바, 그 중에는 범인이 잠시 사용했던 펜이나, 도주차량의 기어봉, 운전대, 차량 내부의 각종 버튼을 닦은 면봉 및 지문의 일부만 남겨져 지문인식에 실패한 감정물 등, touch evidence-type sample이라고 일컫는 low copy number (LCN) DNA가 존재하는 감정물의 의뢰가 점차 많아지고 있으며^{2,3} 이러한 LCN DNA를 통해 범인을 검거하는 경우가 종종 보고된다. 유전자 분석은, 사건 현장에서 수거한 다양한 물질에 혈흔, 정액, 타액, 소변 등이 존재하는지 확인하기 위한 면역학적, 혈청학적 또는 화학적 검사를 거쳐 DNA를 추출하고, 증폭한 후, 증폭산물의 길이 또는 염기서열의 차이를 비교하고, 이를 데이터베이스화하여 신속하게 검색하는 일련의 과정을 일컫는다.⁴ 하지만 LCN DNA가 존재하는 touch evidence-type sample의 경우에는 극미량의 DNA를 얼마나 효과적으로 회수하는가가 유전자 감식을 통한 용의자 식별의 가능여부를 결정한다고 하여도 과언이 아니다. 총기가 이용된 범죄현장에서 발견되는 용의총기의 경우 실탄을 발사하기 위해서는 필히 거쳐야 하는 총을 잡고 장전손잡이나 공이치기를 후퇴하거나, 안전모드에서 사격모드로 바꾸거나, 방아쇠를 당기거나 하는 단계가 있다. 이러한 단계를 거치는 과정에서 필연적으로 touch evidence-type의 fingerprint DNA가 남겨지게 된다. 본 연구에서는 총의 종류에 따라 남겨지는 touch evidence-type의 fingerprint DNA를 회수하는 방법으로서 최근 상용화된 DNA 추출 kit 중에서 회수율이 우수한 것으로 알려진 PrepfilTM Forensic

DNA Extraction kit (Applied Biosystems, 이하 PrepfilTM)과 기존에 사용되던 QIAamp[®] DNA Micro kit (Qiagen, Germany, 이하 Microkit)을 이용하여 총기의 각 부위별에 따른 DNA의 회수율과 유전자형확인 가능성을 비교하고 이를 통해 발사자 식별여부의 가능성을 확인해 보고자 하였다.

2. 실험

2.1. 시료 준비

외부적 요인과 실험적 오차를 방지하기 위해 실내 사격장에서 온도 27 °C, 습도 58%의 환경조건에서 1회 격발시마다 실험자가 비누로 손을 씻고 건조시킨 후 50회 손을 비벼 일상적인 손의 상태로 유지토록 하였으며, 총기에 대해 손이 접하는 부위를 증류수를 이용하여 오염을 제거한 다음 실탄을 발사하는 절차인 ①총기를 잡고 ②장전손잡이를 당기며 ③안전모드 변환 장치를 단발모드로 옮긴 다음 ④방아쇠로 격발하는 절차를 실시한 후 면봉에 증류수를 묻힌 다음 위의 4가지 단계에서 touch evidence-type의 fingerprint DNA가 남겨진 각각의 부위에 대해 swab을 이용하여 채취하였다. 이때 권총은 장전손잡이 대신에 권총 윗몸뚱이에서, 안전모드 변환장치 대신에 권총 윗몸뚱이 멈치 부위에서 채취하였으며, 리볼버는 장전손잡이 대신에 공이치기부위, 안전모드 변환장치 대신에 탄창 멈치 부위에서 채취하였다. 이와 같은 방법으로 3회씩 실시한 결과는 Table 1과 같다.

2.2. 실험방법

2.2.1. 실험기구 및 조건

채취한 touch evidence-type sample에서부터 DNA를 회수하고 유전자형을 분석하기 위한 조건은 다음과 같다.

Table 1. Touch evidence-type sample by type of gun

| Types of firearms | DNA sampling parts | | | | |
|-------------------|-------------------------|------|----------------------|---------|-------|
| | Cocking handle (Hammer) | Grip | Selector/Thumb catch | Trigger | Total |
| M16 | 6 | 6 | 6 | 6 | 24 |
| K1A | 6 | 6 | 6 | 6 | 24 |
| Colt45 Pistol | 6 | 6 | 6 | 6 | 24 |
| M29 Revolver | 6 | 6 | 6 | 6 | 24 |
| Total | 24 | 24 | 24 | 24 | 96 |

(1) DNA extraction kit :

QIAamp® DNA micro kit (Qiagen, Germany)

PrepFiler Forensic DNA extraction kit (Applied Biosystems, UK)

(2) Human DNA quantification kit :

Quantifiler human DNA quantification kit (Applied Biosystems, UK)

7500 real-time PCR system (Applied Biosystems, UK)

(3) STR kit : AmpF/STR identifier kit (Applied Biosystems, UK)

(4) Analyzer : AB 3130 Genetic analyzer, GeneMapper ID software (Applied Biosystems, UK)

2.2.2. DNA extraction

1) Silica-binding method 1

QIAamp DNA micro kit (Qiagen, Germany) 을 이용하여 제조사의 설명서에 따라 DNA extraction 및 purification을 수행하였다. 180 µL의 ATL buffer와 20 µL의 proteinase K를 시료에 첨가한 후 56 °C 항온 수조에서 1 시간동안 배양한 후 200 µL의 AL buffer를 첨가하고, 70 °C 항온 수조에서 10 분간 배양 한 후 상층액을 silica-membrane column으로 옮긴 후 8,000 r/min에서 1분간 원심분리하고, 500 µL의 AW1 buffer를 첨가하고 8,000 r/min에서 1분간 원심분리한 후 500 µL의 AW2 buffer를 첨가하고 8,000 r/min에서 1 분간 원심분리 하였으며, 각각의 시료는 12 µL의 elution buffer를 이용하여 elution하였다. Total DNA extract 중 2 µL를 정량에, 10 µL를 PCR 반응에 사용하였다.

2) Silica-binding method 2

PrepFiler forensic DNA extraction kit (Applied Biosystems, UK)을 이용하여 제조사의 설명서에 따라 DNA extraction 및 purification을 수행하였다. 300 µL의 Lysis buffer와 3 µL의 1 M DTT (dithiothreitol)를 시료에 첨가하고 70 °C 항온 수조에서 90 분간 배양한 후 15 µL의 magnetic particle를 첨가하고 5 초간 vortexing 하였으며, 180 µL의 isopropanol을 첨가한 후 1000 r/min에서 10 분간 binding reaction을 진행하였다. DNA가 결합된 magnetic particle을 300 µL의 wash buffer를 이용하여 세 번 반복하여 세척한 후 buffer를 제거하고 실온에서 7 분간 건조시켰다. 건조된 각각의 시료는 20 µL의 elution buffer를 이용하여 elution 하였으며 total DNA extract중 2 µL를 정량에,

10 µL를 PCR 반응에 사용하였다.

2.3. Human DNA quantification

시료로부터 extraction된 human DNA의 양은 Quantifiler human DNA quantification kit (Applied Biosystems, UK)을 이용하여 제조사의 설명서에 따라 7500 real-time PCR system (Applied Biosystems, UK)을 이용하여 측정하였다.

2.4. PCR amplification 및 STR 유전자형 분석

시료로부터 추출된 10 µL의 DNA를 template로 하여 AmpF/STR identifier kit (Applied Biosystems, UK)을 이용하여 제조사의 설명서 (25 µL reaction, 28 cycles)에 따라 PCR amplification을 수행하여 15 개의 STR 좌위(D19S433, D3S1358, D8S1179, D5S818, THO1, vWA, D21S11, D13S317, TPOX, D7S820, D16S539, CSF1PO, D18S51, FGA, D2S1338)를 동시에 증폭하였으며, 1 µL의 PCR product에 9.25 µL의 HiDi-formamide (Applied Biosystems, UK)와 0.25 µL의 Internal standard genescan 500 LIZ (Applied Biosystems, UK)를 첨가한 후 95 °C에서 3 분간 denaturation 한 후 3130 Genetic analyzer (Applied Biosystems, UK)를 이용하여 capillary electrophoresis하여 분리하였다. 각각의 시료에 대한 STR 유전자형은 GeneMapper ID software (Applied Biosystems, UK)를 이용하여 분석하였으며 15개 STR 좌위와 amelogenin 좌위는 RFU (relative fluorescence unit) 값을 기준으로 유전자형을 결정하였다.

3. 결과 및 고찰

3.1. 추출방법에 따른 분석

Silica-binding method 1인 QIAamp® micro kit (Qiagen, Germany)에 의한 방법은 Fig. 1과 같이 ①Lyse ②Bind ③Wash ④Elute의 4단계로 이루어져 있는바 이 방법은 QIAamp MinElute column의 silica-membrane에 DNA를 결합 시킨 후 membrane을 washing하여 DNA를 회수하는 방법인 반면, Silica-binding method 2인 PrepFiler Forensic DNA extraction kit (Applied Biosystems, UK)에 의한 방법은 DNA손실을 줄이는 magnetic bead 방식을 채택하고, 기존의 magnetic bead 방식의 DNA extraction kit의 magnetic bead 보다 크기를 현저하게 줄여 DNA 가닥과 접촉할 수 있는 표면적을 늘림으로써 DNA 회수율을 개선하고 기존의

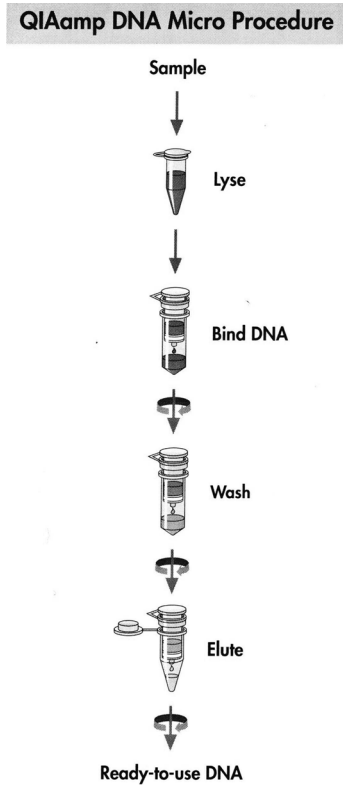


Fig. 1. QIAamp DNA micro procedure.

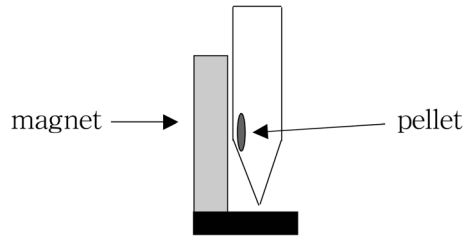


Fig. 2. The pellet forms against the magnet at the back of the tube.

kit과 같이 PCR inhibitor 등의 불순물을 효과적으로 제거할 수 있는 reagent를 사용하였다. 또한 PrepfilTM는 Fig. 2와 같이 magnetic stand에 tube를 삽입했을 때, 자석이 tube의 측면에 위치하게 되어 있는바 tube의 측면에 bead pellet이 형성되며, 이는 세척과정 중 DNA가 흡착되어 있는 magnetic bead와 pipette tip의 접촉을 최소화하여, 불순물이 포함되어 있는 세척액을 완벽히 회수할 수 있다. 이는 pipette 작업 중 DNA가 흡착되어 있는 magnetic bead의 손실을 막을 수 있고, 불순물에 의해 DNA의 증폭이 불안정하게 되는 것을 방지할 수 있는 이점을 가지고 있다.⁴

3.2. 추출방법에 따른 DNA검출량 분석

Silica-binding method 1, 2에 의한 DNA 검출량은

Table 2. Comparison of DNA amount of each weapon

| Types of firearms | Sampling parts | Microkit | | Prepfil TM | | Ratio(P/M) |
|---------------------|----------------|---------------------|-------|-----------------------|-------|------------|
| | | Mean DNA Yield (ng) | S.D. | Mean DNA Yield (ng) | S.D. | |
| M16 | Cocking handle | 0.115 | 0.009 | 0.243 | 0.048 | 2.1 |
| | Selector | 0.086 | 0.010 | 0.139 | 0.056 | 1.6 |
| | Trigger | 0.061 | 0.005 | 0.069 | 0.032 | 1.1 |
| | Grip | 0.068 | 0.010 | 0.209 | 0.070 | 3.1 |
| K1A | Cocking handle | 0.091 | 0.018 | 0.237 | 0.028 | 2.6 |
| | Selector | 0.088 | 0.013 | 0.177 | 0.094 | 2.0 |
| | Trigger | 0.064 | 0.007 | 0.069 | 0.020 | 1.1 |
| | Grip | 0.072 | 0.011 | 0.270 | 0.067 | 3.7 |
| Colt45 Pistol | Slide | 0.102 | 0.016 | 0.178 | 0.053 | 1.7 |
| | Slide Stop | 0.137 | 0.023 | 0.099 | 0.017 | 0.7 |
| | Trigger | 0.069 | 0.012 | 0.066 | 0.014 | 1.0 |
| | Grip | 0.076 | 0.016 | 0.135 | 0.079 | 1.8 |
| M29 Revolver | Hammer | 0.126 | 0.018 | 0.203 | 0.039 | 1.6 |
| | Thumb Catch | 0.137 | 0.014 | 0.125 | 0.042 | 0.9 |
| | Trigger | 0.095 | 0.015 | 0.052 | 0.015 | 0.5 |
| | Grip | 0.105 | 0.016 | 0.226 | 0.038 | 2.1 |
| Mean DNA Yield (ng) | | 0.093 | | 0.156 | | 1.7 |

values = mean, ± S.D. (n=3)

Table 2에 제시된 바와 같이 Silica-binding method 1 (Microkit)의 경우 전체 평균 검출량이 0.093 ng인 반면 Silica-binding method 2 (PrepfilTM)의 경우에는 평균 검출량이 0.156 ng으로서 1.7배 정도 Silica-binding method 2 (PrepfilTM)에서 더 많이 검출되었다. Silica-binding method 1 (Microkit)에서는 소총인 M16과 K1A의 경우 장전손잡이>안전모드 변환장치 > 손잡이>방아쇠 순으로 검출되었으며, 권총인 Colt45와 리볼버인 M29의 경우 권총 윗몸 멍치 멍치 (탄창멍치) > 권총 윗몸 멍치(공이치기) > 손잡이 > 방아쇠 순으로 검출량이 결정되었다.

Silica-binding method 2 (PrepfilTM)에서는 소총인 M16은 장전손잡이 > 손잡이 > 안전모드변환장치 > 방아쇠 순으로 검출된 반면 K1A의 경우 손잡이 > 장전손잡이 > 안전모드변환장치 > 방아쇠 순으로 검출되었다. 권총인 Colt45는 권총 윗몸 멍치 > 손잡이 > 권총 윗몸 멍치 멍치 > 방아쇠 순인 반면, M29 리볼버에서는 손잡이 > 공이치기 > 탄창멍치 > 방아쇠 순으로 검출되었다. 총기 종류에 따른 시료채취 부위별 평균 검출량에 있어서 소총의 경우 Silica-binding method 2 (PrepfilTM)가 모든 부위에서 Silica-binding method 1 (Microkit)보다 높은 검출량을 보였다. 그러나 권총인 Colt45의 경우 Silica-binding method 1 (Microkit)이

권총 윗몸 멍치 멍치, 방아쇠 부위에서 Silica-binding method 2 (PrepfilTM)보다 약간 높은 검출량을 보였고, 리볼버인 M29에서는 Silica-binding method 1 (Microkit)이 탄창 멍치, 방아쇠부위에서 Silica-binding method 2 (PrepfilTM) 보다 높게 검출되었다. 이것은 극소량의 시료를 채취하는 과정에서 나타난 편차로 추정되며, t-test 결과 p value가 0.05 이상으로 나타나 통계적으로 유의미한 차이는 보이지 않았다.

3.3. 추출방법에 따른 유전자형 성공률 분석

앞서 두가지 추출방법에 의해 검출된 DNA를 이용한 A-STR 유전자형 분석 성공률은 Table 3에서 보는 바와 같이 Silica-binding method 1 (Microkit)에 의해 검출된 DNA의 경우 A-STR 유전자형 분석 성공률은 평균 0%인 반면 Silica-binding method 2 (PrepfilTM)에 의해 검출된 DNA의 A-STR 분석 성공률은 평균 24.9%를 나타내었다. 이 분석성공률은 검출된 대립유전자수를 전체대립유전자수로 나눈 다음 100을 곱한 퍼센트를 나타낸다. M16에서는 장전손잡이에서 46.0%, 손잡이 33.3%, 안전모드 변환장치 14.9%, 방아쇠 2.3%의 평균 성공률을 나타냈으며, K1A에서는 손잡이 50.6%, 장전손잡이 37.9%, 안전모드 변환장치 25.3%, 방아쇠 9.2%의 평균성공률을, 권총인 Colt45에서는

Table 3. Comparison of A-STR genotyping success rate

| Types of firearms | Sampling parts | Microkit | | Prepfil TM | |
|----------------------|----------------|-----------------|------|-----------------------|------|
| | | Success Rate(%) | S.D. | Success Rate(%) | S.D. |
| M16 | Cocking handle | 0.0 | | 46.0 | 17.7 |
| | Selector | 0.0 | | 14.9 | 14.4 |
| | Trigger | 0.0 | | 2.3 | 4.0 |
| | Grip | 0.0 | | 33.3 | 4.0 |
| K1A | Cocking handle | 0.0 | | 37.9 | 18.2 |
| | Selector | 0.0 | | 25.3 | 20.2 |
| | Trigger | 0.0 | | 9.2 | 10.0 |
| | Grip | 0.0 | | 50.6 | 19.9 |
| Colt45 Pistol | Slide | 0.0 | | 28.7 | 12.1 |
| | Slide Stop | 0.0 | | 14.9 | 10.5 |
| | Trigger | 0.0 | | 3.4 | 3.4 |
| | Grip | 0.0 | | 33.3 | 26.8 |
| M29 Revolver | Hammer | 0.0 | | 40.2 | 23.0 |
| | Thumb Catch | 0.0 | | 11.5 | 5.3 |
| | Trigger | 0.0 | | 1.1 | 2.0 |
| | Grip | 0.0 | | 44.8 | 12.4 |
| Mean Success Rate(%) | | 0.0 | | 24.9 | |

values = mean, ± S.D. (n=3)

손잡이 33.3%, 권총 윗몸 문치 28.7%, 권총윗몸 문치
 멈치 14.9%, 방아쇠 3.4%의 평균 성공률을, 리볼버인
 M29에서는 손잡이 44.8%, 공이치기 40.2%, 탄창 멈
 치 11.5%, 방아쇠 1.1%의 평균성공률을 나타내었다.

3.4. 성공한 유전자형에 대한 분석

유전자 감식을 하는 가장 근본적인 이유는 감정물
 의 신원을 확인하는데 있다. 그러므로 앞서 언급된 유
 전자의 성공률을 실제 수사에서 활용하기 위해서는

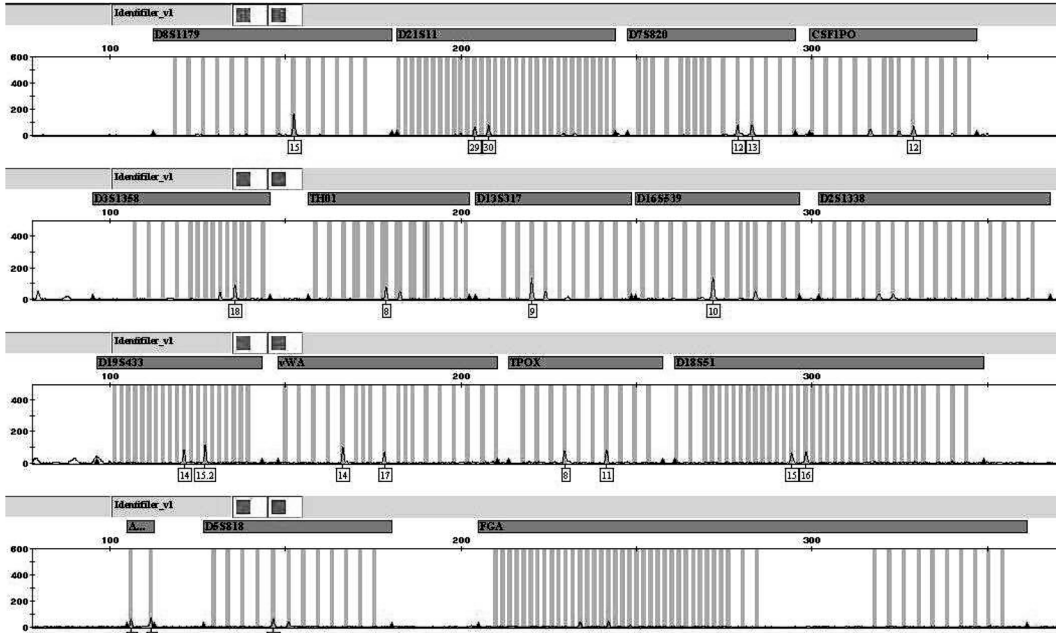


Fig. 3. Genotyping and electropherogram of M16 parts.

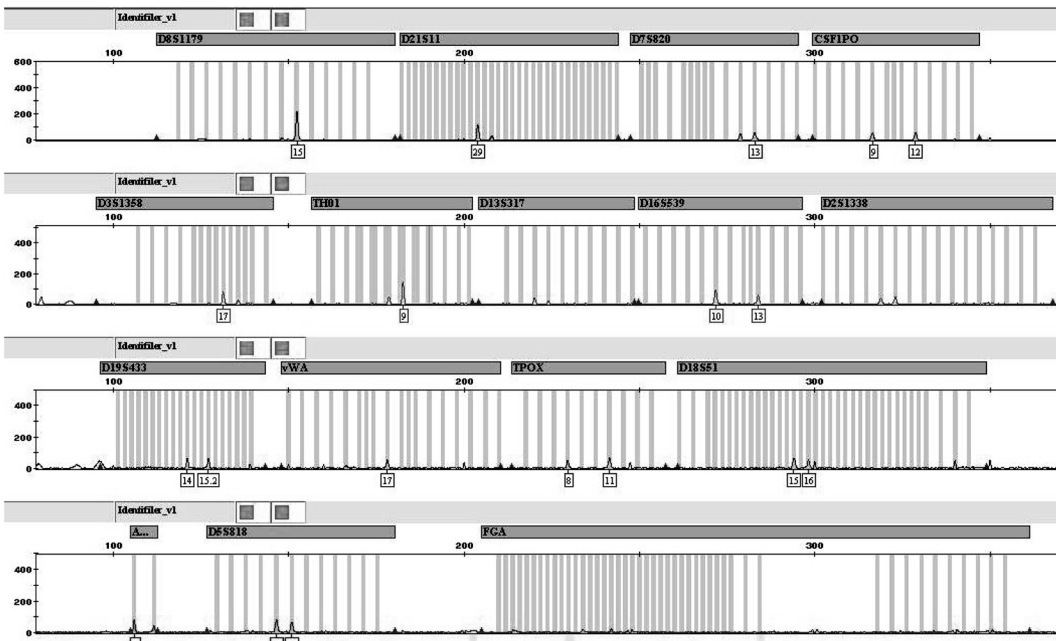


Fig. 4. Genotyping and electropherogram of K1A parts.

성공한 유전자형을 통해 용의자와의 신원식별이 가능할 수 있는가에 달려있다. 본 연구에서 각 총기별 평균성공률을 살펴보면 M16은 장전손잡이에서 46%, K1A는 손잡이에서 50.6%, 권총인 Colt45는 손잡이에서 33.3%, 리볼버인 M29에서도 손잡이에서 44.8%의 성공률을 나타내었다. 실험자의 대립유전자형은 1개의 동형접합체와 14개의 이형접합체로 구성되어 있으나 M16의 장전손잡이 부위에서 검출된 대립유전자형은 14개의 이형접합체 중 6개에서 하나의 대립유전자가 소실되어 동형접합체의 형태로 나타났으며 2개는 완전 소실되어 검출되지 않았다(Fig. 3).

K1A의 손잡이 부위에서는 14개의 이형접합체 중 5개에서 하나의 대립유전자가 소실되어 동형접합체로 나타났으며 3개는 완전 소실되어 검출되지 않았다. 또한 Amelogenin 좌위의 Y염색체상의 대립유전자가 소실되어 여성형 유전자형이 나타났(Fig. 4).

권총인 Colt45의 손잡이 부위에서 14개의 이형접합체 중 좌위 중 7개에서 하나의 대립유전자가 소실되어 동형접합체로 나타났으며 5개는 완전 소실되어 검출되지 않았다. 특히 Amelogenin 좌위는 소실되어 성별을 판단할 수 없는 결과를 보여주었다(Fig. 5).

리볼버인 M29의 손잡이 부위에서 14개의 이형접합체 중 7개에서 하나의 대립유전자가 소실되어 동형접합체로 나타났으며 4개는 모두 소실되어 유전자형이 나타나지 않았다(Fig. 6).

각각의 총기에서 검출된 유전자형을 살펴보면 검출된 DNA의 양이 매우 소량이기 때문에 증폭된 대립유전자의 peak height가 매우 낮고 한 좌위 내의 대립유전자간 peak height의 unbalance도 심하게 나타나 하나의 대립유전자가 소실되어 원래의 유전자형이 이형접합체임에도 불구하고 동형접합체의 형태로 나타나는 경우가 빈번하였다. 즉 각 총기별로 가장 높은 성공률을 보인 부위에서의 12~14개 좌위에서 유전자형이 나타났으나 그 중 대립유전자형이 정확하게 나타난 좌위는 3~6개에 불과하였다. 이러한 현상으로 인해 실제 유전자형과는 다른 유전자형이 검출됨으로써 범인의 식별에 상당한 어려움을 초래하게 될 것으로 판단된다. 따라서 이러한 성공률로는 범인을 식별할 수 있는 통계적인 유의미성을 갖는다고 말하기는 어려울 수 있을 것이다. 그러나 선정되어져 있는 용의자를 배제할 수 있는 수사증거 자료로는 의미를 가질 수 있다고 판단된다.

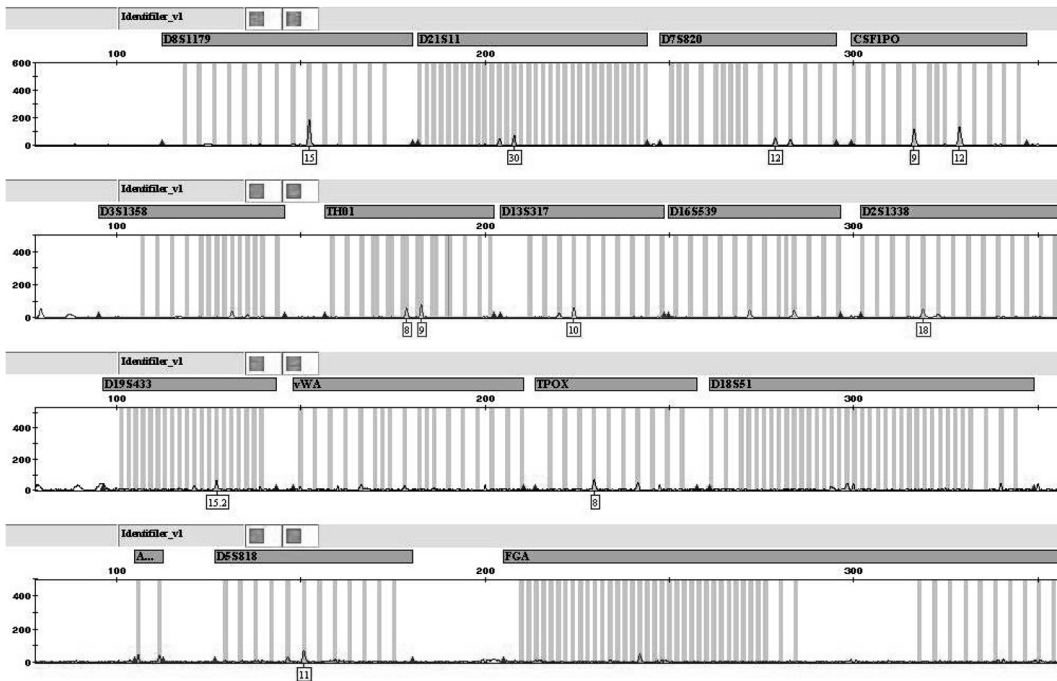


Fig. 5. Genotyping and electropherogram of Colt45 parts.

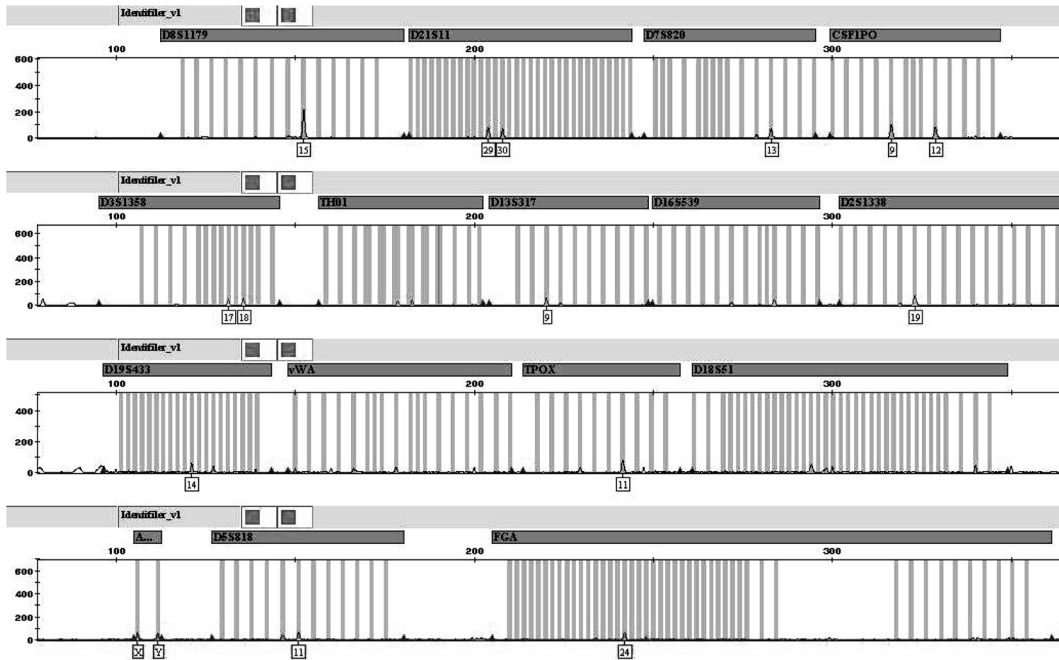


Fig. 6. Genotyping and electropherogram of M29 parts.

4. 결 론

본 연구에서 실탄을 발사할 때 총에 남게 되는 touch evidence-type sample에 대한 low copy number DNA에 대해 두 가지 방법인 Microkit과 PrepfilTM을 이용하여 DNA양을 검출하여 비교해 본 결과;

1. 개선된 magnetic bead type의 PrepfilTM를 이용한 방법에서 훨씬 많은 양의 DNA를 검출할 수 있었으며, A-STR 유전자형의 분석에 있어서도 Microkit의 방법에서는 전혀 유전자형이 검출되지 않은 반면 PrepfilTM에서는 평균 24.9%의 성공률을 보였다.

2. 각 총기별로 높게는 50% 정도의 성공률을 보였는데, low copy number DNA 양의 검출과 유전자형의 성공률이 Microkit에 비해 PrepfilTM가 훨씬 우수한 기법임을 알 수 있었다. 이러한 결과는 종전의 magnetic bead 방식에 비해 PrepfilTM에서 bead 크기를 아주 작게 개선한 magnetic bead 방법이 훨씬 많은 양의 DNA 회수하고 PCR inhibitor 등의 불순물을 효과적으로 제거한 것에 기인된 것으로 확인되었다.

3. Low copy number (LCN) DNA sample의 경우 DNA 증폭시 cycle 수를 늘려서 증폭하는 또 다른 방법이 제시되고 있지만⁵⁻⁷ 일부 연구자들은 LCN DNA sample의 cycle수를 증가시키는 분석법은 stutter peak,

allele drop-out, heterozygote imbalance 등의 예상치 못한 allele peak의 형상들이 발생해 오히려 profile 해석에 오류를 범할 가능성이 있다고 제시하고 있는바,⁷ Prepfile와 같이 DNA를 손상하지 않는 상태에서 추출하는 것이 매우 중요하다 할 수 있다.

4. 유전자형의 분석에서도 용의자를 배제할 수 있을 정도의 성공률을 보였으나 이것은 실험을 위해 총기에 묻어있는 모든 오염을 사전에 제거하였으므로 성공률을 높였다고 생각되어진다. 즉 기존에 불순물 의해 오염되어 있거나, 여러 사람이 다루는 총기에서는 연구에서와 같은 결과와는 다소 다를 것으로 여겨진다. 그러나 총기의 장전손잡이 또는 안전모드 변환 장치와 관련된 부위는 총기의 소지자 즉 발사자 외에는 손을 대는 경우가 드물기 때문에 총기사고시 이러한 부위에 대한 LCN DNA sample 채취가 필수적으로 뒤따라야 할 것이다.

5. 또한 총기의 면이 넓고 평평한 개머리판 같은 곳에서의 멍개진 지문, 찍지문 같은 것은 특징인을 지칭하는 좋은 단서이며 오염의 가능성도 줄어들기 때문에 LCN DNA sample로서 채취하여 용의자 식별 또는 배제에 도움이 될 수 있도록 감정의뢰 하는 것이 타당할 것으로 판단된다. 빠른 속도로 발전하는 시험 기법과 시약의 개발은 머지않아 LCN DNA sample에

대해 보다 효율적이고 유용하게 신원식별이 이루어지도록 할 것이라 생각된다.

참고문헌

1. C. H. Jeon and S. W. Park, *Anal. Sci. Tech.*, **23**, 322-329(2010).
2. K. N. Ballantyne, R. A. and Oorschot, R. J. Mitchell., *J. Forensic Sci. Int.*, **166**, 35-41(2007).
3. R. A., Wickenheiser, *J. Forensic Sci.*, **47**, 442-450(2002).
4. G. N. Jin, S. K. Lim, K. S. Kim, S. O. Moon, M. K. Cha, S. N. Han, H. S. Choi, K. L. Lee, E. J. Lee, D. H. Choi and M. S. Han, *Korean Journal of Forensic Science*, **10**, 58-62(2009).
5. P. Gill, J. Whitaker, C. Flaxman, N. Brown and J. Buckleton, *J. Forensic Sci. Int.* **112**, 17-40(2000).
6. J. P. Whitaker, E. A. Cotton and P. Gill, *J. Forensic Sci. Int.* **123**, 215-223(2001).
7. P. Gill, *Croat. Med. J.*, **42**, 229-232(2001).