

동아시아 닭 사육의 확립 과정 및 그 역사적 전개

- 동물고고학 최신 분석기법의 적용 사례를 중심으로 -*

김지은** · 홍종하*** · 이양수**** · 신동훈*****

국문초록

동아시아 지역에서 근대 이전 닭 사육이 어떤 과정을 거쳐 성립하고 대중에게 소비되었는지에 대해서는 역사 문헌에 대한 검토를 통해 단편적인 정보를 얻을 수 있지만 구체적인 상황에 대한 전반적 이해는 아직 부족한 면이 많다. 이런 의미에서 볼 때 고고학 발굴현장에서 발견되는 옛 닭 뼈에 대한 동물 고고학적 연구는 동아시아 지역의 닭 사육에 대한 보다 실증적인 연구를 가능하게 하므로 학술적으로 매우 중요하다. 본 고에서는 동아시아 닭의 사육과 관련하여 최근까지 제출된 학계의 통설과 제반 논의를 먼저 검토하고 특히 한국과 일본 고고학계의 닭 유존체 보고 현황을 정리하였다. 고대 닭 사육의 기원과 확산을 정밀하게 연구할 수 있는 최신 기법이 동물고고학 연구에 도입되어 기존의 통설을 재검토 하는 시도가 근래 빈번해졌다는 점을 감안하여 이러한 추세를 추후 한국의 사례에서도 적극 적용할 수 있는 가능성을 함께 검토하였다. 동아시아 지역의 닭 사육은 오랜 역사동안 이 지역의 농경문화와 밀접한 관련을 가지고 발전해 왔는데 이 과정을 역사학적으로 보다 명확히 이해하기 위해서는 앞으로 이 지역 조류 유존체에 대한 동물고고학적 연구가 좀 더 활발하게 수행되어야 할 것이다.

[주제어] 동물고고학, 동아시아, 닭, 청동기시대, 야요이시대

목 차

- | | |
|------------------------------|----------------------------------|
| I. 머리말 | V. 닭 유존체 동정을 위한 새로운 기법 : 형태학적 연구 |
| II. 동아시아 닭 사육 관련 통설의 재검토 | VI. 질량분석법에 기초한 조류 종의 동정 |
| III. 동물고고학으로 추정된 한국 닭 사육의 개시 | VII. 고DNA 분석이 밝힌 사육 닭의 기원과 확산 |
| IV. 일본 야요이 시대 닭 유존체 보고의 현황 | VIII. 맺음말 |

* 본 연구는 과학기술정보통신부(No. 2020R1A2C1010708) 및 교육부(2020R1I1A1A01073501)의 지원을 받아 수행되었음을 밝힘.

** 제1저자, 서울대학교 해부학교실 석사과정 / portrangu@gmail.com

*** 공동저자, 경희대학교 한국고대사고고학연구소 연구교수 / archaev@gmail.com

**** 공동저자, 국립청주박물관 관장 / yiyangsu@korea.kr

***** 교신저자, 서울대학교 법의학 연구소 교수 / cuteminjae@gmail.com

I. 머리말

야생동물의 가축화는 인류 문명 발전사에서 가장 중요한 사건의 하나이다. 다양한 방식으로 인간 사회에 가축으로 편입된 동물들은 오랜 역사 동안 중요한 노동력과 식량원으로 활용되었다. 인류사의 이해에 있어 가축의 도입과 확산은 사회-문화적 의미가 매우 크기 때문에 야생동물이 어떤 방식으로 가축화 되었으며 전 세계로 확산되어 나갔는가 하는 문제는 최근까지도 동물고고학 연구의 중요한 주제가 되었다.¹⁾

역사학적 관점에서 중요한 의미를 갖는 가축으로는 말, 소, 개, 돼지, 닭 등을 들 수 있는데, 이들 종의 사육화 과정과 그 후의 전개 양상에 대해서는 동물고고학적 연구를 통하여 상당히 구체적인 정보가 축적되었다. 간단히 요약하면 야생동물의 가축화는 종에 따라 상이한 과정을 거쳐 이루어졌는데 당나귀(*Equus asinus*), 말(*Equus caballus*) 및 단봉낙타(*Camelus dromedarius*) 등은 인류에게 노동력을 제공하는 데 부합하는 형질로 개량되어 사육되었으며, 소(*Bos taurus*)와 양(*Ovis aries*), 염소(*Capra hircus*) 등은 처음에는 수렵의 대상이다가 점차 보다 안정적인 식량 공급을 목적으로 사육하기 시작하였다고 추정한다. 이 외에도 야생동물 스스로 먹이를 찾아 인간의 생활권에 접근하여 가축화 한 경우도 있었다고 보는데, 닭(*Gallus gallus domesticus*), 개(*Canis familiaris*)와 고양이(*Felis catus*) 등이 이러한 예에 해당한다고 한다.²⁾

한편 가축화가 일어난 시기도 각 종마다 차이가 있었을 것으로 추정된다. 고고학적으로 볼 때 가장 이른 시기에 가축화가 이루어진 종은 회색늑대(*Canis lupus*)에서 유래한 개라고 보는데 지금부터 14,700년 전으로 추정되는 독일의 본 오버카셀(Bonn-Oberkassel) 유적에서 사육종으로 보이는 개 유존체가 확인된 바 있었다. 근래 급속히 발전하고 있는 유전학적 분석에 의하면 개와 늑대의 분화 시기는 대략 20,000~40,000년 전으로 거슬러 올라간다고 하므로 향후 개 사육이 개시된 시기는 지금보다 더욱 소급될 가능성도 있다.³⁾ 다음으로 사육말은 야생마(*Equus ferus*)가 가축화 한 것으로서 남 시베리아 보타이(Botai) 유적에서 지금부터 약 5,500년 전 사육 흔적이 있는 말 유존체가 보고된 것이 가장 오래된 사례이다. 기존의 통설인 단일기원설에 의하면 카자흐스탄 초원 지대에서 최초로 사육화 된 수말들이 전 세계 여러 지역으로 진출하여 현지 암말들과 교배한 결과, 현대 말의 다양한 모계 유전형이 완성되었다고 보았으나,⁴⁾ 보타이 유적에서 출토된 말 뼈 20개체분에 대한 유전형 분석을 수행한 Gaunitz 외(2018)의 보고에 따르면 현대 사육마 중 극히 일부만이 보타이 말 유전형을 포함하고 있는 것으로 확인되었다.⁵⁾ 이 외에도 남시베리아 지역 압나야 문화권(BC

-
- 1) 홍종하·강인욱·신동훈, 「동물 가축화에 대한 분자유전학적 최신 연구 현황」, 『한국의 고고학』, 2020년 48호.
 - 2) Zeder, M., "Pathways to animal domestication", Paul Gepts, Thomas Famula, Robert Bettinger, et al. (eds.), *Biodiversity in Agriculture: Domestication, Evolution, and Sustainability*, Cambridge: Cambridge University Press, 2012.
 - 3) Germonpré, M. · S. Fedorov · P. Danilov et al., "Palaeolithic and Prehistoric Dogs and Pleistocene Wolves from Yakutia: Identification of Isolated Skulls", *Journal of Archaeological Science* 78, 2017, pp.1~19.
 - 4) Lippold, S. · M. Knapp · T. Kuznetsova et al., "Discovery of lost diversity of paternal horse lineages using ancient DNA", *Nature Communications* 2, 2011, p.450; Wutke, S. · E. Sandoval-Castellanos · N. Benecke et al., "Decline of genetic diversity in ancient domestic stallions in Europe", *Science Advances* 4: 4, 2018, pp.1~7. 홍종하 외, 앞의 논문, 89~91쪽에서 국문 인용.

2,000) 유적이거나 이베리아 반도에서 발견된 말 유존체(4,800~3,900 BP)에도 사육화의 흔적이 존재하였으나 현대 사육 말 유전자와 연관성이 낮았다.⁶⁾ 따라서 역사적으로 말 사육은 여러 지역에서 독립적으로 성공했으나 그 중 일부 개체의 유전자만이 현대 사육마에 전달되었다는 주장에 무게가 실리는 추세이다.⁷⁾ 현재까지 유전학적으로 확인된 현대 사육 말의 직접적 조상 중 가장 오래된 것은 헝가리에서 발견된 대략 4천 년 전의 말 유존체인 Dunaujvaros_Duk2_4077이다.⁸⁾

야생소(*Bos primigenius*)는 구대륙 각지에서 번성하였는데, 이 가운데 근동과 인도 지역에 서식하던 개체가 소(*Bos taurus*)와 인도 흑소(*Bos indicus*)로 가축화 된 후 각지로 퍼져 나갔다고 한다.⁹⁾ 돼지의 경우에는 아나톨리아, 동아시아(중국) 및 유럽 등 여러 곳에서 독립적으로 사육이 시작되었을 것으로 추정되는데 초기 신석기 집단의 이동과 밀접한 관련이 있다고 생각된다. 현재까지 발견된 사육종 돼지 유존체 중 가장 오래된 것은 아나톨리아 지역의 신석기시대 차예누(Çayönü) 유적에서 출토된 것으로서, 지금으로부터 대략 9,000년 전의 자료에 해당한다.¹⁰⁾

전술한 가축들처럼 닭도 농경사회의 성립 및 발전과 밀접한 관련을 갖고 오랜 기간에 걸쳐 사육되어 왔는데, 야생 닭의 가금화가 과연 어떠한 과정을 거쳐 처음 이루어졌으며 이후 세계 각지로 확산 되었는지에 대해서는 역사 문헌에 대한 검토만으로는 매우 단편적 정보만 얻을 수 있을 뿐이다. 근대 역사학이 성립하기 이전에는 닭 사육과 소비라는 주제는 지식인들이 애써 기억할 만한 대상이 아니어서 관련 기록에 소홀하였을 것이므로, 역사문헌에 대한 연구만으로는 이에 대한 정보를 충분히 얻기 어려운 것은 어찌 보면 당연하다고 할 수 있다. 이 때문에 고고학적 발굴현장에서 수습한 조류 유존체에 대해 다양한 과학적 분석을 시행하여 닭 사육의 성립과 역사적 전개에 대한 구체적인 정황을 이해하고자 하는 동물고고학 분야의 역할이 매우 중요하게 되었다. 실제로 지난 수십 년 간 구대륙 각지에서 진행된 동물고고학 연구의 성과를 보면 문헌 연구만으로는 미흡하던 닭 사육의 역사적 실상 규명이 매우 구체적으로 이루어지기 시작하였다.

하지만 이 같은 괄목할만한 성과에도 불구하고, 동아시아 지역의 경우 닭 사육의 구체적 양상에 관해 동물고고학적 분석이 충분히 이루어지지 않아 가축의 사육과 관련된 역사적 사실이 아직 충분히 규명되지 못하였다. 특히 최근에는 동물고고학 연구의 수준이 빠르게 발전하고 새로운 분석기법도 많이 도입되면서 가축 사

5) Gaunitz, C. · A. Fages · K. Hanghøj et al., "Ancient genomes revisit the ancestry of domestic and Prezewalski's horses", *Science* 360, 2018, pp.111~114; Orlando, L., "Ancient genomes reveal unexpected horse domestication and management dynamics" *BioEssays* 42, 2020, 1900164.

6) Gaunitz 외, 앞의 논문, pp.111~114; Fages A. · K. Hanghøj · N. Khan et al., "Tracking five millennia of horse management with extensive ancient genome time series", *Cell* 177, 2019, pp.1419~1435; Orlando, 앞의 논문. 홍종하 외, 앞의 논문, 89~91쪽에서 국문 인용.

7) Gaunitz 외, 앞의 논문, pp.111~114; Fages 외, 앞의 논문, pp.1419~1435; Orlando, 앞의 논문.

8) Gaunitz 외, 앞의 논문, pp.111~114.

9) Mannen, H · S. Tsuji · R. Loftus et al., "Mitochondrial DNA variation and evolution of Japanese black cattle(*Bos taurus*)", *Genetics* 150: 3, 1998, pp.1169~1175; Achilli, A. · A. Olivieri · M. Pellecchia et al., "Mitochondrial genomes of extinct aurochs survive in domestic cattle", *Current Biology* 18: 4, 2008, pp.R157~R158; 홍종하 · 신동훈, 「유전학적 연구결과를 중심으로 살펴본 동북아시아 소의 기원과 확산」, 『한국상고사학보』, 2019년 105호.

10) Price, M. · H. Hongo, "The Archaeology of Pig Domestication in Eurasia", *Journal of Archaeological Research* 28, 2019, pp.557~615.

육의 역사에 관련된 통설이 재검토되어 수정 - 보완되는 사례가 점점 증가하고 있지만 동아시아 지역에서는 이러한 발전의 흐름에 적절히 대응하지 못하고 있는 것 같다. 따라서 본고에서는 한국과 중국, 일본 등 동북 아시아 지역 각국에서 닭 사육의 기원과 확산에 대해 그동안 축적된 동물고고학적 연구 성과를 먼저 고찰하고 고고학 발굴 현장에서 수습한 닭 유존체 연구 분야에서 최근 새로이 각광받고 있는 연구기법의 최신지견도 아울러 검토하여 향후 이 분야 연구의 전망에 대해 논의해 보고자 한다.

II. 동아시아 닭 사육 관련 통설의 재검토

야생 닭의 가금화가 언제 어느 곳에서 처음 이루어졌는가 하는 문제는 이르게는 로마 시대에도 관심을 가지고 연구된 기록이 남아 있을 정도로 오랜 기간 학술적 검토의 대상이었다.¹¹⁾ 관심이 지대한 만큼 상이한 주장이 이 주제에 대해 경합하였지만 최근 연구 성과를 종합해보면 대체로 닭 사육은 유라시아 대륙 여러 지역에서 독립적이며 반복적으로 발생하였을 가능성이 높다고 보는 것 같다.¹²⁾ 다만 인류가 야생 닭을 최초로 사육화한 사건은 구대륙의 아무 곳에서도 가능했던 것이 아니라 특정 자연 조건을 갖춘 매우 협소한 지리적 관도 내에서만 발생했을 가능성이 크다.

무엇보다 닭의 사육화가 주변보다 먼저 이루어진 지역에는 반드시 야생 닭이 자연에 서식하고 있었을 것인데 유라시아 대륙 내에서 야생 닭의 지리적 분포는 상당히 제한적이기 때문이다.¹³⁾ 인류가 사육화에 성공한 야생 닭 중 가장 중요한 종은 적색야계(*Gallus gallus*; Red Junglefowl)인데 이들은 동남아시아, 인도 동부 및 중국 남부 등에 주로 분포한다고 한다.¹⁴⁾ 특히 적색야계의 아종(亞種, subspecies) 중에서도 닭의 사육화에 가장 유력하게 관련되어 있는 야생종은 *Gallus gallus spadiceus*라 하는데 이는 태국 북부, 미얀마, 라오스 및 중국 서남부 일대에 주로 서식하고 있다. 따라서 인류사에서 닭 사육이 최초로 일어난 지역을 꼽으려면 적색야계가 자연에 서식하고 있는 동남아시아 일대가 가장 우선적으로 거론되며¹⁵⁾ 이 지역에서 확립

11) Storey, A. · S. Athens · D. Bryant et al., "Investigating the global dispersal of chickens in prehistory using ancient mitochondrial DNA signatures", *PLOS One* 7: 7, 2012, pp.e391717; Huang, X. · Y-J. Wu · Y-W. Miao et al., "Was chicken domesticated in northern China? New evidence from mitochondrial genomes", *Science Bulletin* 63: 12, 2018, pp.743~746.

12) Liu, Y-P. · G-S. Wu · Y-G. Yao et al., "Multiple maternal origins of chickens: out of the Asian jungles", *Molecular Phylogenetics and Evolution* 38: 1, 2006, pp.12~19; Miao, Y-W. · M-S. Peng · G-S. Wu et al., "Chicken domestication: an updated perspective based on mitochondrial genomes", *Heredity* 110: 3, 2013, pp. 277~282.

13) Storey 외, 앞의 논문, 743쪽에 의하면 닭은 원거리 비행이 불가능하고 자력으로 이동할 수 있는 거리가 제한되므로 원거리 확산을 위해서는 닭을 사육하던 인간 집단 자체의 이동이 필수적이었을 것이라 보았다.

14) Lawal, R. · S. Martin · K. Vanmechelen et al., "The wild species genome ancestry of domestic chickens", *BMC Biology* 18: 13, 2020, pp.1~18.

15) Dodson, J. · G. Dong, "What do we know about domestication in eastern Asia?", *Quaternary International* 426: 28, 2016, pp.2~9; 홍종하 외, 앞의 논문, 82~93쪽; Eda, M., "Origin of the domestic chicken from modern biological and zooarchaeological approaches", *Animal Frontiers* 11: 3, 2021, pp.52~61.

된 사육 닭이 주변으로 확산하여 각 지역에 자생하는 다른 야생 닭들과 교배함으로써 오늘날 볼 수 있는 다양한 형태학적-유전적 특성을 가진 품종이 확립되었다고 보는 것이 일반적이다.¹⁶⁾

하지만 정작 닭 사육의 기원과 확산에 대해 세부적인 부분을 거론하게 되면 현재까지도 명확히 규명되지 못한 부분이 있어 새로운 사실이 밝혀질 때 마다 관련된 학설의 내용이 계속 변화하고 있다. 예를 들어 남아시아 인더스 문명의 경우 모헨조다로 유적지에서 닭을 묘사한 인장과 소장(小像) 등 관련 유물과 함께 닭 유존체 실물까지도 확인되었기 때문에 이 지역을 인류사에서 닭 사육이 처음 시작된 기원지의 하나로 보는 시각이 최근까지도 주류적 입장이었다.¹⁷⁾ 그러나 최근 중국, 이란, 시리아, 터키, 루마니아, 우크라이나, 그리스 등 유라시아 각지에서 모헨조다로 출토 자료보다 이른 시기의 닭 유존체 보고가 잇따라 제출되자 고대 인도가 닭 사육의 최초 기원지 중 하나라는 종래의 주장은 크게 흔들리게 되었다.¹⁸⁾ 특히 근래 보고된 닭에 대한 유전학적 연구 결과를 보면 야생 닭이 서식하는 동남아시아 및 중국 남부 등 지역에서 닭 사육이 먼저 시작된 다음, 비로소 인도 현지로도 확산되어 현지 야생 닭과 교배가 이루어진 것으로 추정하는 등, 인도 아대륙을 더 이상 닭 사육 최초 발상지의 하나로 간주하지 않고 다른 지역에서 사육화 한 닭이 이차적으로 도입된 지역으로 보는 시각이 더욱 강화되었다.¹⁹⁾

닭 사육의 기원 및 전개와 관련된 학설 중에는 닭 사육의 기원지의 하나로 중국 화북지역이 새롭게 인식되었던 사실도 특기할 만하다. 화북지역 고고학 발굴을 통해 보고된 사육종 닭 뼈 중에는 알려진 어떤 지역의 보고보다도 시기적으로 이른 것이 있었다. 중국 허북성 우안(武安) 츠산(磁山) 유적에서 발견된 닭 유존체는 방사성 탄소 연대 측정 결과 기원전 5500~5200년 전의 자료로 추정되었는데 이를 지금까지 보고된 닭 관련 유존체 중 가장 오래된 것으로 보았던 바다.²⁰⁾²¹⁾ 하지만 츠산 유적의 닭 유존체가 매우 오래되었다는 사실이 닭의 가금화가 이 지역에서 최초로 이루어졌다는 사실로 직결되는 것은 아니다. 앞에서 언급한 것처럼 사육 닭의 기원지로 인정받으려면 우선 해당 지역에 야생 닭이 서식하고 있어야 하는데 고 기후 분석 결과를 보면 츠산 유적 현지의 자연환경은 야생 닭의 생육에 부적합했다고 보는 시각이 있었기 때문이다.²²⁾ 하지만 이 문제에 대해 상반된 입장의 의견을 보면 츠산 유적이 위치한 지역은 중국 내 적색야계 서식지의

16) Miao 외, 앞의 논문, pp.277~282; Wang, M-S. · M. Thakur · M-S. Peng et al., "863 genomes reveal the origin and domestication of chicken", *Cell Research* 30, 2020, pp.693~701; Eda, 앞의 논문, pp.52~61; Dodson · Dong, 앞의 논문, pp.52~61; Lawal 외, 앞의 논문, pp.1~18.

17) Zeuner, F. E., *A History of Domesticated Animals*, New York: Harper & Row, 1963; Serjeantson, D., *Birds Cambridge manual in archaeology*, Cambridge: Cambridge University Press, 2009; Eda, 앞의 논문, pp.52~61.

18) West, B. · B-X, Zhou, "Did chickens go north? New evidence for domestication", *Journal of Archaeological Science* 15: 5, 1988, pp. 515~533.

19) Wang, M-S. · M. Thakur · M-S. Peng et al., 앞의 논문, pp.693~701.

20) Zhou, B., "Fauna remains of Cishan site, Wuan, Hebei", *Acta Archaeologica Sinica* 3, 1981, pp.339~347; West · Zhou, 앞의 논문, pp.515~533; Storey 외, 앞의 논문.

21) Underhill(1997)은 지금으로부터 12,000년 전 유적인 중국 난좡토우(南庄头)에서 보고된 닭 추정 유존체가 현재까지 보고된 것 중 가장 오래된 사례라고 하였지만 Storey 외, 앞의 논문에서는 난좡토우 조류 유존체의 크기로 보아 사육화 된 것이 아니라고 판단하였다. 최근 Eda 외(2016)도 난좡토우 유적에서 출토된 유존체는 닭이 아니라고 주장하였다.

22) Dodson · Dong, 앞의 논문, pp.52~61; Barton, L. · B. Bingham · K. Sankaranarayanan et al., "The earliest farmers of northwest China exploited grain-fed pheasants not chickens", *Scientific Reports* 10, 2020, p.2556.

사실상 북방한계선에 해당하기 때문에 그 당시도 야생 닭이 자연적으로 존재할 수 있는 환경이었다는 주장이 있다.²³⁾ 특히 Jiang · Piperno(1994) 및 Underhill(1997)이 보고한 용산(龍山) 유적 출토 식물규산체(phytolith) 분석 결과를 보면 홀로세 초기에 화북지역은 현재보다 훨씬 온난하고 습한 기후였기 때문에 이 지역은 야생닭이 충분히 서식할 수 있는 조건이었다는 주장도 제기되었다.²⁴⁾

상술한 츠산 유적 출토의 조류 유존체는 야생종이 아니라 사육된 개체라 하였는데 다음과 같은 이유가 근거로 제시되었다²⁵⁾: 첫째, 츠산 유적 조류 유존체의 부척골 모양으로 보아 수컷의 출토량이 암컷보다 많은 것으로 판단되는데 이는 사육종에서 흔히 관찰되는 수컷 중심의 도축 현상을 시사하고 있다. 둘째, 유적에서 발굴된 닭 유존체의 부척골을 분석한 결과 그 평균 크기가 현대의 사육종 닭보다는 작지만 야생종 닭보다는 크다는 사실을 확인할 수 있었다는 것이다.²⁶⁾

이러한 연구 결과를 종합하여 츠산 유적에서 확인된 조류 유존체는 현재까지의 고고학 보고 중 가장 오래된 사육 닭에 해당한다고 하였으며 이에 따라 화북지역은 동남아시아와 함께 기원전 6,000년경 야생 닭의 가금화가 인류 최초로 이루어진 지역 중 하나라고 추정되었다.²⁷⁾ 츠산 유적 이외에도 북중국 각지에 소재하는 여러 고고 유적에서 그 후에도 사육 닭으로 추정되는 조류 유존체의 출토 보고가 계속되었기 때문에 화북 지역을 전 세계에서 가장 이른 닭 사육 발상지 가운데 한 곳으로 간주하는 학설은 한층 진지하게 검토되기 시작하였다.²⁸⁾ 이처럼 닭 사육의 발상지에서 인도가 제외되고 화북지역이 새로 추가되면서 유럽 사육 닭의 기원에 대한 가설도 함께 조정되었는데 종전에는 인도에서 기원하여 메소포타미아를 거쳐 그리스로 이어지는 경로가 사육 닭의 유입 루트로 제시되었던 반면 근래에는 이 가설 대신 중국으로부터 러시아 스텝 초원을 거쳐 유럽으로 직접 전파되었을 것으로 보는 주장도 제기되었다.²⁹⁾

츠산 유적을 비롯한 화북지역 신석기 유적에서 출토된 닭 유존체의 연구 보고는 동물고고학계에 미친 영향을 부정할 수 없지만 최근 동물 고고학적 분석 기법이 고도화되고 기존에 보고된 화북지역의 사례들이 하나씩 재검토되는 사례가 늘면서 반론이 많이 이루어졌다.³⁰⁾ 우선 츠산 유적 등 중국 유적지에서 발견된 사육 닭 유존체에 대해 육안 해부학적 재검토가 수행되었는데 그 결과 기존 보고와 달리 유존체의 상당수가 닭이 아니라 꿩일 가능성이 제기되었다.³¹⁾ West · Zhou(1988)는 총 19 곳의 중국 신석기-청동기 유적에서 출

23) West · Zhou, 앞의 논문, pp.515-533.

24) Underhill, A., "Current Issues in Chinese Neolithic Archaeology", *Journal of World Prehistory* 11: 2, 1997, pp. 103-160; Xiang, H. · J. Gao · B. Yu et al., "Early Holocene chicken domestication in northern China", *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 111, 2014, pp.17564-17569.

25) Zhou, 앞의 논문, pp.339-347; Eda, 앞의 논문, pp.52-61.

26) West · Zhou, 앞의 논문, pp.515-533.

27) Zhou, 앞의 논문, pp.339-347; West · Zhou, 앞의 논문, pp.515-533.

28) Serjeantson, 앞의 책; Storey 외, 앞의 논문; Eda, 앞의 논문, pp.52-61.

29) West · Zhou, 앞의 논문, pp.515-533.

30) Deng, H. · J. Yuan · G. Song et al., "Reexamination of the domestic chicken in ancient China", *Chinese Archaeology* 14, 2014, pp.189-193; 홍종하 외, 앞의 논문, 82-93쪽에서 국문 인용.

31) Deng 외, 앞의 논문, pp.189-193; Eda 외, 앞의 논문, pp.25-31; Barton 외, 앞의 논문; Deng, H. · J. Li, "Identification of domestic chicken bones in archaeological sites", *Chinese Archaeology* 20: 1, 2020, pp.193-200.

토된 대퇴골, 경족근골, 부적골 등 조류 유존체 자료를 검토하였는데 이 가운데 닭으로 확실히 인정할 수 있는 사례는 단 두 곳에서만 출토되었다고 하였다. 특히, 이 조사에서는 가장 오래된 사육종 닭 뼈로 인정받았던 츠산 유적 출토 닭 유존체에 대해서도 기존의 동정 결과에 오류가 있음을 지적하였으며 다른 중국 내 닭 유존체 자료들에 대해서도 추후 대대적인 재동정 작업이 필요하다고 하였다.³²⁾

이 외에 유전자 및 안정성 동위원소 분석에서도 사육 닭의 화북 지역 기원설과 관련하여 의미 있는 반론이 제기되었다. 우선 신석기 시대 다디완(大地灣) 유적에서 출토된 닭 유존체 추정 자료를 대상으로 한 미토콘드리아 DNA 분석에서는 해당 유존체가 닭이 아니라 꿩이라 판정하였고 동일 시료에 대해 안정성 동위원소 분석을 추가로 수행한 결과 살아 있을 당시 수수 등 농작물을 주로 섭취하고 있었을 것으로 보았다. 이러한 양상은 다디완 유적 뿐 아니라 바이지아(白家), 호우지아짜이(侯家寨) 유적 등 다른 중국 내 신석기시대 유적에서 발견된 유존체에서도 거의 비슷한 양상이 확인되었기 때문에 신석기시대 화북지역 초기 농경민들이 가금으로서 최초로 사육한 것은 닭이 아니라 꿩이었을 가능성이 높다고 하였다.³³⁾

결론적으로 신석기시대 화북 지역을 야생 닭 가금화가 최초로 발생한 지역의 하나로 보는 주장은 처음 제시되었을 때 상당한 학계의 반향이 있었지만 최근 여러 반론에 직면하여 예전처럼 유력한 통설로 간주되지는 않는 상황이다.³⁴⁾ 현재까지 보고된 비교해부학, 고DNA, 안정성 동위원소 등 분석 결과를 종합적으로 검토해보면 중국 내에서 닭 사육의 존재를 확실히 인정할 수 있는 시대적 상한은 대략 商 왕조 후기 정도로서 하남성 은허(殷墟) 유적에서 출토된 닭 유존체가 이에 대해 유력한 동물 고고학적 증거가 될 수 있겠다.³⁵⁾ 야생 닭은 동남아시아나 중국 남부 지역 등에서 최초로 가금화한 후 양쯔강 유역을 경유하여 화북 지역에서도 널리 퍼지게 되었다고 보는데 대체로 진한(秦漢) 시기에 이르면 중국 내 닭 사육이 상당히 보편화 한 상황으로 발전하지 않았을까 추정한다.³⁶⁾

Ⅲ. 동물고고학으로 추정한 한국 닭 사육의 개시

중국이나 동남아시아 지역과는 달리 한국과 일본의 경우 야생 닭이 최초로 가금화된 후보 지역의 하나로써 거론되는 경우는 지금까지 없었다. 한국 신석기시대나 일본 조몽시대(縄文時代) 유적 고고발굴에서는 닭

32) Eda 외, 앞의 논문, pp.25~31; Eda, 앞의 논문, pp.52~61.

33) Barton, L. · S. Newsome · F-H. Chen et al., "Agricultural origins and the isotopic identity of domestication in northern China", *Proceedings of the National Academy of Sciences* 106, 2009, pp.5523~5528; Dai, L. · X. Kan · X. Zhang, "An investigation into the strategy of pig husbandry combining zooarchaeological and stable isotopic approaches at Neolithic Houjiazhai, China", *International Journal of Osteoarchaeology* 29: 5, 2019, pp. 772~785; Barton 외, 앞의 논문.

34) Barton 외, 앞의 논문, pp.5523~5528; Deng 외, 앞의 논문 pp.772~785; Huang 외, 앞의 논문, pp.743~746에 관련 보고가 있으며 홍종하 외, 앞의 논문, 82~93쪽은 이를 국문논문에서 인용하였다.

35) Deng 외, 앞의 논문, pp.189~193; Dodson · Dong, 앞의 논문, pp.2~9.

36) 丁邦友, 『汉代物价新探』, 北京: 中国社会科学出版社, 2009; Deng · Li, 앞의 논문, pp.193~200.

유존체의 보고가 사실상 거의 전무하였기 때문에³⁷⁾ 이 때 까지도 사육 닭은 이 지역에 존재하지 않았다고 보는 것이 일반적이다. 대륙에서 이 지역으로 고도로 발달 된 농경문화가 전파되어 들어올 때가 되어서야 원주지에서 사육되던 닭이 주민들과 함께 이동해 유입된 것으로 추측되는데, 일반적으로 중국 대륙에서 한반도로 먼저 사육 닭이 유입되고 그 후 야요이 시대에 일본으로 다시 전파되어 들어갔다고 보는 것이 통설이다.³⁸⁾

해방 후 남한 지역에서 발굴 조사 중 확인된 동물 유존체에서 닭으로 생각되는 사례가 확인되었다는 보고는 여러 차례 있었다. 하지만 그 대부분은 원삼국(삼한) 시대 이후의 유적에서 보고된 것으로³⁹⁾ 삼한~삼국 시대의 분묘(김해 대성동 고분군 및 고령 지산동 44호분) 및 남해안 패총 유적에서 주로 발굴되었다.⁴⁰⁾ 일본에서 야요이 중기 경의 닭 유존체가 확인되었다는 점을 감안하면⁴¹⁾ 남한 지역의 경우에도 늦어도 서기 원년 경에는 닭 사육이 확립되어 있었을 것이 분명하다. 하지만 구체적으로 어느 시기부터 사육이 개시되었던 것인가에 대해서는 근거가 될 만한 자료가 아직 절대적으로 부족하다. 金子·中山(1995), 서영남(1997), 임학중·황철주(2004) 등도 남한 지역의 삼한~삼국 시대 유적에서 출토된 닭 유존체의 존재는 긍정하였지만 그 이전 시기 유적에 대해서는 명확한 서술을 보류하는 입장인 것으로 보인다.⁴²⁾ 특히 최근에는 남한 지역 발굴 현장에서 보고된 조류 유존체 중 사육 닭으로 판정된 사례에 대해서는 명백히 확신하기 어렵다는 주장도 제기된 바 있어⁴³⁾ 관련 논의의 전개를 매우 신중하게 진행해야 하는 상황이다.

기존에 보고된 우리나라 닭 유존체 출토 현황 중 패총에 대한 부분을 먼저 살펴보고자 한다. 부산의 북정 패총(北亭貝塚)은 낙동강 하류 삼각주 내 단독 구릉에 형성되어 있는 유적으로서 여러 지구에서 조사가 이루어졌는데 그중 한 곳에서는 신석기 시대 초기~전기로 편년 되는 유물과 동물 유존체 등이 확인되었고 또 다른 한 곳에서는 삼국 시대의 유물-유존체가 주로 출토되었다.⁴⁴⁾ 이 중 닭 추정 유존체는 삼국시대 유적인 <2 지구>에서 수습된 것으로서 상완골 (1), 대퇴골 (3) 및 경측근골 (1) 등이 출토된 바 있다(<그림 1>). 북정 패총에서 출토된 조류 유존체는 꿩보다는 몸집이 크고 현대 사육 닭 품종인 레그혼(Leghorn)에 비교적 유사한 크기였기 때문에 닭일 가능성이 높다고 추정되었다.⁴⁵⁾

부산의 동래 패총(東萊貝塚)은 삼한(초기철기) 시대부터 삼국시대에 걸쳐 조성된 생활 유적으로서 철 생산

37) 江田(2018)는 한국 신석기 시대 유적에서 닭 유존체의 발견 보고가 있었다고 하였지만 기존의 우리 측 발굴 보고에서는 이에 정확히 대응하는 내용을 확인하기 어렵다.

38) West·Zhou, 앞의 논문, pp.515~533; 江田, 앞의 논문.

39) 金子浩昌·中山清隆, 「韓國古代遺跡出土の動物遺體資料からみた文化史的研究-南部地域の資料を中心」, 『靑丘學術論集 7』, 東京・韓國文化研究振興財團, 1995; 임학중·황철주, 「신석기시대 새의 위치-남해안 지역 패총 출토 새뼈를 중심으로- 영혼의 전달자」, 국립김해박물관, 2004; 江田, 앞의 논문.

40) 金子·中山, 앞의 논문; 임학중·황철주, 앞의 논문.

41) 江田, 앞의 논문.

42) 金子·中山, 앞의 논문; 徐始男, 「東萊貝塚 出土 動物遺存體」, 『釜山の 三韓時代 遺蹟과 遺物 1-東萊貝塚-』, 釜山: 釜山廣域市立博物館, 1997, 230~239쪽; 임학중·황철주, 앞의 논문.

43) 고은별, 「동아시아 고대사회 닭의 확산과 그 함의: 계림의 흰 닭과 ‘꿩 대신 닭’ 사이의 간극」, 『아시아리뷰』 11: 1, 2021.

44) 부경대학교 박물관, 『北亭貝塚』, 부경대학교 박물관, 1993.

45) 金子浩昌·徐始男, 「北亭貝塚出土 動物遺存體에 대하여」, 부경대학교 박물관(편), 『北亭貝塚』, 부경대학교 박물관, 1993.

유구와 소형 노지 등이 발굴되었는데, 이 유적에서 수습된 동물 유존체 중에 삼한시대 후기로 편년 되는 닭 추정 유존체가 발견되었다. 그 중에는 조구골 1점, 상완골 2점, 요골 3점, 척골 4점, 중수골 2점, 경족근골 2점 등이 확인되었는데 이 가운데 조구골, 척골 각 1점 및 중수골 2점이 완형을 유지하고 있었다.⁴⁶⁾ 서영남(1997)은 이 보고에 근거하여 우리나라의 경우 늦어도 삼한시대에는 닭 사육이 명확히 존재하였다는 학술적 근거가 확보된 것으로 판단하였다.

사천 녹도 유적(勒島遺蹟)에 조성된 패총은 신석기와 삼한시대 유적으로 양분되는데 조사 결과 껍료로 보이는 조류 유존체도 함께 확인되었다. 보고서에 의하면 이 뼈는 닭 유존체일 가능성이 있지만 닭과 꿩의 세부적인 종 동정에 따르는 기술적 난관을 고려하여, 굳이 세분하지 않고 껍료 유존체로 포괄적 서술을 하였다. 이 유적에서 껍료 유존체는 도합 316점이 발견되었으며 그 중에는 사지골이 가장 많았는데 하지골의 발견 빈도가 상지골보다는 높게 나타났다. 경족근골을 기준으로 추정된 최소개체수는 41개체였다. 출토된 유존체에 대해서는 비계측적 분석과 함께 성별의 판정, 각 뼈 부위에 대한 계측 등 분석 작업도 함께 이루어진 바 있었다.⁴⁷⁾

창원 성산 패총(城山貝塚)은 구릉 지역에 장기간에 걸쳐 조성된 것으로 이 지역 초기 철기 시대를 웅변하는 중요한 생활 유적 중 하나이다. 여기서 확인된 동물 유존체 중에 닭 뼈(척골과 견갑골)가 포함되어 있는 것으로 알려졌지만 관련 보고의 내용은 상대적으로 소략하여 자세하지 않다.⁴⁸⁾ 같은 창원 지역에 입지한 남산 유적(南山遺蹟)에서는 패총 외에 환호, 주거지 터, 저장시설 등 다양한 유구가 확인되었는데 닭 유존체가 그 중 <I-나> 구간의 패총에서 출토되었다.⁴⁹⁾ 창원 가음정동(加音丁洞) 유적은 구릉에서 저지대에 이르는 넓은 지역에 조성된 복합유적으로서 고분, 패총, 논 유적, 집 자리 시설 등이 존재하였는데 유적의 추정 연대는 청동기 시대부터 가야 시대까지 이르는 등 시간 폭이 상대적으로 넓은 편이다. 이 중 <I지구 II층>을 중심으로 한 패총에서 상당한 양의 동물 유존체가 수습되었는데, 여기에 중수골, 상완골, 조구골, 대퇴골 등 다양한 부위의 닭 뼈가 포함되어 있는 것으로 알려졌다.⁵⁰⁾

이 밖에도 닭 유존체는 삼국시대 영남지역 고분에서 많이 확인되었다. 우선 김해 대성동 고분군의 1호분에서는 조구골, 경족근골, 척추골, 관골, 대퇴골 및 경족근골 등 다양한 부위의 닭 뼈가 동정된 정황이 있다.⁵¹⁾ 경주 황남대총에서는 닭의 척골, 중수골, 조구골, 부척골, 상완골, 대퇴골 및 경골편 등이 확인된 바 있으며(국립경주박물관 소장품: 황남 4676, 鷄骨), 신라시대 천마총에서는 달갈로 추정되는 완형란 2개와 파편화 된 난각이 장군형 토기 속에서 확인된 바 있다.⁵²⁾ 보고서에 의하면 완형란 동정 결과 하나는 닭 알이며

46) 국립중앙박물관, 『동래낙민동패총(東萊樂民洞貝塚)』, 국립중앙박물관, 1998.

47) 朴廣春·宮崎泰史·安部みき子, 『泗川勒島 CⅡ』, 동아대학교 박물관, 2008.

48) 李柱憲·俞炳一·金良美, 「昌原城山貝塚收拾調査報告」, 昌原文化財研究所, 『昌原加音丁洞遺蹟』, 昌原: 昌原文化財研究所, 1994.

49) 창원대학교 박물관, 『창원 남산유적』, 창원대학교 박물관, 1996.

50) 국립가야문화재연구소, 『창원가음정동유적』, 국립가야문화재연구소, 1994.

51) 해당 유적 출토 동물 유존체에 대한 검토 작업이 진행되던 중 이전에 수행한 종 동정 기록을 확인할 수 있었다고 한다(홍종하, personal communication).

52) 이 발견 이전에도 중국 등의 고고학 발굴 현장에서 닭 난각(卵殼) 자료가 보고된 바는 있었으나, 천마총처럼 완형의 형태로

또 다른 하나는 꿩 알로 추정하였으나 최종적으로 종 동정 결과를 확정하여 기술하지는 않았다. 이 알에 대해서는 난각 내부 물질을 추출하여 세균 동정실험을 수행하는 등 다양한 분석을 함께 시도 하였던 것으로 보이는데 육안검사 이외에서는 성공적인 결과를 얻지 못하였던 것 같다.⁵³⁾

고령 지산동 44호분은 5세기 후반~6세기 초반 경 대가야의 전성기에 축조된 대형 분묘 유적으로서⁵⁴⁾ 최소 32개체 이상의 순장자 인골이 출토되어 당시의 순장 문화를 잘 보여주는 자료로 평가되었다.⁵⁵⁾ 지산동 44호분에서 발굴된 닭 뼈는 분묘 내 석실 주변에 배열된 토기에 부장 되어 출토되었는데 제사용품으로 매장된 것으로 판단된다. 출토된 닭 뼈 추정 유존체는 총 55점으로서 사지골에 해당하는 장골(44), 편평골(扁平骨) 골편(6), 구간골(軀幹骨)(5) 등이 존재하였다. 구체적인 동정 작업은 보존 상태가 양호한 38점에 대해 수행되었는데 재래종 닭과 비교하여 형태와 크기가 매우 유사하며 부장 시에 완형이 아니라 먹기 좋게 토막 낸 상태로 처리한 흔적이 있었다고 한다.⁵⁶⁾

한편 백제시대 유적에서도 닭 유존체 보고가 있었다. 백제 漢城기에 축조된 풍납토성의 <가 지구 2호 수혈>에서 수골, 어골, 조골 및 패류가 발굴되는 등 조사한 면적에 비해 다량의 동물 유존체가 수습된 바 있는데, 이 안에서 나온 조류 유존체 중 닭 뼈가 동정 되어 보고된 바 있다. 출토 보고된 닭 유존체는 척골 2점, 중수골 2점, 경족근골 2점 및 부척골 1점 등으로 총 7점이다.⁵⁷⁾

끝으로 북한 지역에서 출토된 닭 유존체 자료의 경우, 석기시대 유적에서 닭 뼈의 출토가 있었다고 간략히 언급한 자료가 확인되나 그 내용은 매우 소략하다.⁵⁸⁾ 한반도의 닭 사육은 대륙으로부터 북한 지역으로 전파된 후 다시 남한 지역에 확산되었을 가능성이 높기 때문에 분단 이후 북한 지역에서 출토된 닭 유존체의 현황은 향후 확인하는 작업이 반드시 필요할 것으로 사료된다.

이상 닭 유존체에 관련하여 현재까지 이루어진 국내 보고를 보면 신석기 시대 이전의 사육 닭의 존재에 대해서는 대부분 회의적이지만 삼한 시대 이후의 닭 사육은 대체로 긍정적으로 받아들여지고 있는 것으로 보인다. 다만 이제까지 국내 고고학 유적에서 출토된 조류 유존체 중에는 닭이라고 확신할 수 있는 자료를 찾아보기 어렵다는 지적도 최근 제기된 바 있음을 여기서 재차 언급해 두고자 한다.⁵⁹⁾ 해당 논문에서는 닭과 꿩이 형태학적으로 매우 구별하기 어렵고 닭으로 판정되었던 유존체가 최근 꿩으로 수정 보고되는 사례가 국제적으로 빈발하고 있으므로, 우리나라에서도 지금까지 닭 유존체로 보고된 자료 가운데 꿩 뼈가 혼재해 있을 가능성을 배제하기 어렵다고 보았다.⁶⁰⁾ 동물 고고학 분야의 최신 연구 동향을 보면 이 같은 문제의식에는

출토된 사례는 매우 드물다.

53) 李康淳, 『發掘遺物の保存 및 科學的 考察』, 『天馬塚 發掘調査報告書』, 대전: 문화재 관리국, 1974, 246~254쪽.

54) 지산동 44호분의 정확한 조성 연대에 대해서는 연구자들 간 이견이 존재하는데, 본 고에서는 보고서에 기술된 시기를 따르도록 한다.

55) 경북대학교 박물관, 『대가야 고분 발굴 조사 보고서』, 경북대학교 박물관, 1978.

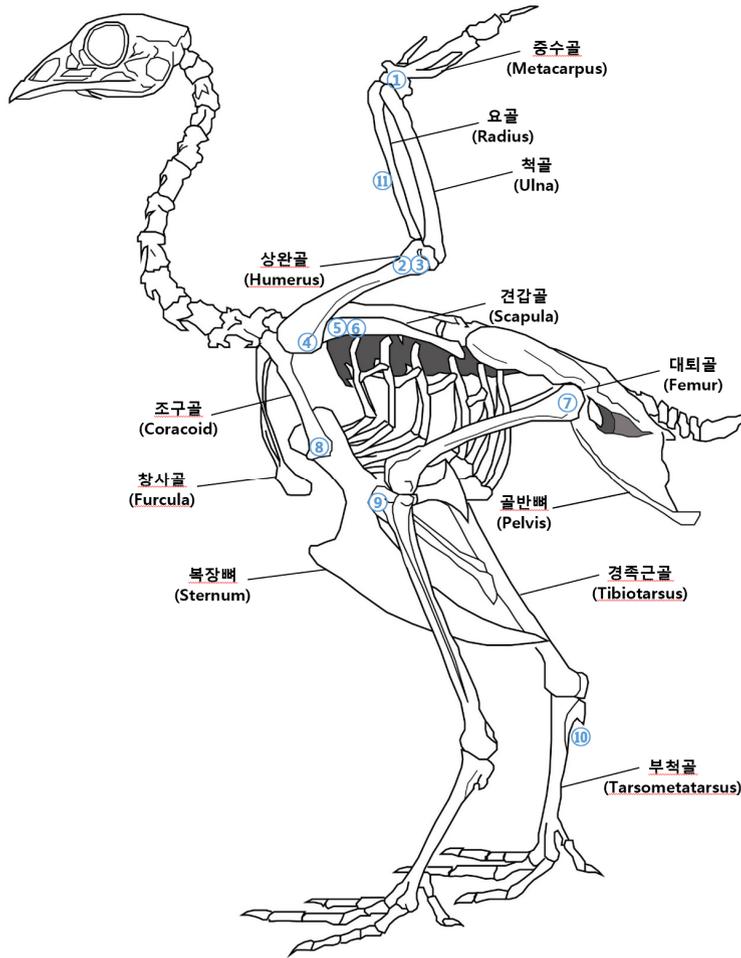
56) 모기철, 『池山洞 44號古墳 出土 動物遺骸에 對한 考察』, 경북대학교 박물관, 『大伽倻古墳發掘調査報告書』, 경북대학교 박물관, 1979.

57) 김진수·양나래, 『풍납토성 경당지구 출토 동물 뼈에 대한 분석』, 한신대학교 박물관(편), 『風納土城 VI』, 한신대학교 박물관, 2009.

58) 홍이섭, 『朝鮮科學史』, 정음사, 1946.

59) 고은별, 앞의 논문, 79~102쪽.

충분히 납득할 만한 측면이 있다. 다만 삼국시대 이전 한반도 남부의 정황을 묘사한 문헌에 이미 닭의 사육을 유추할 수 있는 기록이 존재하기 때문에⁶¹⁾ 국내 이른 시기 발굴 유적에서 사육 닭 유존체가 보고될 가능성을 너무 부정적으로만 볼 필요는 없지 않을까 한다.



〈그림 1〉 닭과 꿩의 골격과 명칭. 본 논문에 언급된 부위를 중심으로 표기하였다. 숫자가 표시된 부위는 닭과 꿩을 구별하는데 유용한 각 뼈의 세부구조물 위치이다.

- (1) 활차(trochlea)의 배측(dorsal)면, (2) 과들기-상과의 연결 부위, (3) 배쪽 말단의 소와(小窩),
- (4) 골두(head)의 특성, (5) 조구골 결절의 유무, (6) 관절와의 융기, (7) 대전자항기와, (8) 배측와,
- (9) 후비골두(後跗骨頭) 인대 부위의 형태 차이, (10) 내측족저름, (11) 근부착면

60) 고은별, 앞의 논문, 79~102쪽에서는 고려 지산동 44호분 및 김해 대성동 고분군에서 출토된 닭 추정 유존체의 경우, 임당 유적의 꿩 유존체 자료 계측치를 기반으로 재검토하여 볼 때 닭이 아니라 꿩일 가능성이 높다고 주장하였다.

61) 『三國志魏志東夷傳』에는 又出細尾雞, 其尾皆長五尺餘라 하여 당시 한반도 남부에 사육 닭으로 보이는 개체가 존재하였음을 시사하는 기록이 있다.

IV. 일본 야요이 시대 닭 유존체 보고의 현황

한반도와 일본 열도 간에 존재하는 지리적, 역사고고학적 근연성을 감안하면 한국에서 닭 사육의 역사를 보다 포괄적으로 이해하기 위해서는 일본의 동물 고고학적 연구 성과를 검토하지 않을 수 없다. 한국과 마찬가지로 일본 역시 야생 닭 사육이 현지에서 자생적으로 시작되었을 가능성은 전무하며, 야요이 시대에 한반도로부터 사육 닭이 최초로 도입되었다고 추정된다. 이러한 견해를 학술적으로 뒷받침하는 발굴 성과로서 대표적인 것이 야요이 시대의 닭 유존체 및 관련 유물(닭을 형상화 한 토제품이나 목제품 등)의 보고이다.⁶²⁾ 이 중 야요이 시대의 닭 유존체 관련 보고는 일본 현지에 관련 자료가 상당히 축적되어 있지만 국내에는 이에 대해 많이 알려져 있지 않다. 야요이시대 닭 유존체는 한반도 닭 사육의 역사를 이해하는데 있어서 매우 중요한 의미가 있기 때문에 본 지면을 빌어 간략히 살펴보고자 한다.

일본의 발굴현장에서 출토된 닭 유존체에 대해서는 육안 해부학적 분석이 체계적이고 반복적으로 이루어져⁶³⁾ 현재 알려진 동정 결과는 비교적 신뢰도가 높다고 판단된다. 현재까지 야요이시대의 확실한 닭 유존체로 인정받고 있는 사례는 총 7례이다. 구체적으로 보면 가라카미 패총(カラカミ貝塚), 하루노쓰지(原の辻) 유적, 사케미 패총(酒見貝塚), 즈카사키히가시하타(塚崎東畑) 유적, 미야노시타(宮ノ下) 유적, 가라코·카기(唐古·鍵) 유적 및 아사히(朝日) 유적 등에서 닭 유존체가 확인되었으며, 이들 모두 야요이 시대 중~후기 유적에서 확인된 것들이다(〈그림 2〉).⁶⁴⁾ 이 7개 유적지에서 확인된 닭 유존체 보고를 근거로 일본 닭 사육의 기원을 야요이시대 중기까지는 소급하여 볼 수 있게 되었다.⁶⁵⁾

닭 유존체가 확인된 야요이시대의 유적을 하나씩 검토해 본다. 먼저 나가사키현 이키섬(壹岐島)에 위치한 가라카미 패총(カラカミ貝塚)은 야요이 시대 중~후기의 유적으로서, 환호 집락, 모지, 주거지 등으로 구성된 복합유적지 내에 존재한다. 이 패총에서 출토된 닭 유존체는 상완골과 부척골로서 여러 명의 연구자가 육안 해부학적 동정을 반복적으로 수행하였기 때문에 신뢰도가 높다.⁶⁶⁾ 상완골에는 주두와복측소와(肘頭窩腹側小窩)가 존재하지 않았는데 이 구조물은 닭에서는 관찰되는 빈도가 낮지만 꿩이나 다른 야생조류에서는 빈번히 발견되므로 이 뼈는 꿩이 아니라 닭의 유존체일 가능성이 크다고 보았다. 한편 부척골에서도 내측족저릉(內側足底稜)이 관찰 되지 않았는데 이 역시 닭 뼈의 특성을 보이는 것으로 판단하였다.⁶⁷⁾

같은 이키섬(壹岐島)에 위치한 하루노쓰지(原の辻) 유적은 삼국지 위지 왜인전(三國志魏志倭人傳)에 기록

62) 西本豊弘・佐藤治・新美倫子, 「朝日遺跡の動物遺体」, 『愛知県埋蔵文化財センター調査報告書 第31集 朝日遺跡自然科学編』, 愛知: 愛知県埋蔵文化財センター, 1992, 207~212쪽; 江田, 앞의 논문.

63) 江田真毅・井上貴央, 「非計測形質によるキジ科遺存体の同定基準作成と弥生時代のニワトリの再評価の試み」, 『動物考古学』 28, 2008, 23~33쪽.

64) 江田, 앞의 논문.

65) 江田真毅・安部みき子・丸山真史・藤田三郎, 「唐古・鍵遺跡第58次調査から出土した動物遺存体」, 『田原本町文化財調査年報』, 奈良県, 2016.

66) 黒田長久, 「壹岐島及び山口県から出土の鳥骨について」, 『日本生物地理学会会報』 21, 1959, 67~74쪽; 江田・井上, 앞의 논문, 23~33쪽.

67) 江田・井上, 앞의 논문, 23~33쪽.

된 일지국(一支国)의 왕도로 추정되는 곳으로서 야요이 시대 중~후기로 편년 된다. 하루노즈지 유적에서는 동검, 골각기, 곡옥과 토기 유물 등이 출토되었는데, 이는 당시 유적지 주변에서 제례가 행해진 흔적으로 추정되었다. 이 유적에서 발굴된 닭 뼈는 처음에는 척골(ulna) 등을 포함하여 총 4점이라고 추정하였으나 재검토 과정에서 그 중 한 점은 제외되어⁶⁸⁾ 닭의 유존체로 최종 확정 된 것은 대퇴골과 좌·우 양측 경족근골이다. 대퇴골에서는 핑 고유구조물인 대전자함기와(pneumatic area, 大転子含氣窩)가 관찰되지 않았는데 경족근골의 후비골두인대(後腓骨頭韌帶) 형태 등을 함께 참고한 결과 최종적으로 닭 유존체라고 판정하였다.⁶⁹⁾

사케미 패총(酒見貝塚)은 후쿠오카 현에 소재하는 야요이 시대 유적으로서, 조리에 사용된 도구들이 패각 및 동물뼈 등과 함께 출토되어 당시 식문화를 복원하는 데 크게 기여하였다. 이 패총에서는 야요이 후기로 편년되는 조류의 조구골(coracoid)과 경족근골(tibiotarsus) 등이 출토되었는데, 그 중 조구골에서는 배측와(背側窩)가 관찰되지 않았고, 경족근골 후비골두인대의 부착부가 장축으로 긴 형태를 보이는 선상(線狀)으로 확인되어⁷⁰⁾ 닭의 유존체로 최종 판정되었다.⁷¹⁾

즈카자키히가시바타(塚崎東畑) 유적에서 출토된 조류 유존체는 경족근골 부위로서 후비골두인대의 부착부가 장축에 가까운 것으로 평가되어 닭 뼈로 동정 된 바 있다.⁷²⁾

미야노시타(宮ノ下) 유적은 가와치 평야(河内平野) 내 히가시오사카(東大阪) 시에 소재한 발굴 유적인데 야요이 시대 중기에서 고훈 시대(古墳時代) 후기로 편년 되는 구역에서 발견된 조류 경족근골의 경우 명백하게 닭 뼈의 해부학적 특성을 가지고 있는 것으로 확인되었고 야요이 시대 중기 포함층에서 출토된 대퇴골의 경우에도 닭의 유존체일 가능성이 높은 것으로 판단되었다.⁷³⁾

가라코·카기(唐古·鍵) 유적은 나라분지(奈良盆地) 중앙부에 위치하고 있으며 지금까지 일본 열도에서 확인된 것 중 가장 대규모로 알려진 야요이시대 취락지이다. 여러 겹의 환호로 둘러싸인 유적지 내부에서는 닭 머리를 형상화한 토기 등 다양한 유물이 확인되었는데, 동물 유존체 자료도 풍부하게 수습되었다.⁷⁴⁾ 가라코·카기 유적에서 발견된 닭 유존체는 야요이 시대 중기의 것으로서 부척골에 해당한다. 해당 자료에서는 거들기(距突起)가 관찰되어 수탉 뼈일 가능성이 높은 것으로 추정하였는데, 여기서 근위단폭(近位端幅)과 전장(全長) 길이를 측정한 후 이를 야생적색야계, 사육적색야계, 현생사육 닭 및 야요이시대의 사육 닭(가라카미 유적과 아사히 유적) 등 다양한 집단(種)의 부척골 측정치와 비교한 결과, 가라코·카기 유적에서 출토된 조류 유존체는 야요이시대 사육 닭과 가장 유사하였다.⁷⁵⁾ 동 유적의 조류 유존체로는 대퇴골과 관골(coxal

68) 黒田, 앞의 논문, 67~74쪽; 江田·井上, 앞의 논문, 23~33쪽.

69) 江田·井上, 앞의 논문, 23~33쪽.

70) 핑에서는 반구상(半球狀)으로 관찰된다고 한다.

71) 江田·井上, 앞의 논문, 23~33쪽.

72) 江田·井上, 앞의 논문, 23~33쪽.

73) 江田真毅·別所秀高·井上貴央, 「大阪府宮ノ下遺跡出土資料からみた先史時代の河内平野における 鳥類利用」, 『動物考古学』 31, 2014, 21~32쪽.

74) 田原本町教育委員会, 『唐古・鍵遺跡』, 奈良: 田原本町教育委員会, 2010.

75) 江田 외, 앞의 논문.

bone)도 보고된 바 있었는데 그 중 대퇴골에는 대전자함기와의 흔적이 없어 닭 유존체일 가능성이 높다고 추정하였다. 다만 질량분석법과 고DNA 분석 등으로 해당 유존체의 닭 뼈 여부를 좀 더 명확하게 규명할 필요성도 함께 제기된 바 있다.⁷⁶⁾

끝으로 아사히(朝日) 유적은 토카이(東海) 지역을 대표하는 야요이 시대 후기의 유적으로서, 서일본과 동일본 지역 야요이 문화를 매개하는 독특한 지리적 위치에 있다. 이 유적에서는 다양한 동물 종을 포괄하는 방대한 양의 유존체가 발견된 바 있는데, 그 중 조류에 대해서는 상당히 면밀한 동정이 이루어졌고 그 결과 닭과 꿩, 오리, 거위, 학, 왜가리 등이 확인된 바 있다. 이 가운데 닭 유존체로는 수탉의 부척골(tarsometatarsus) 한 점이 보고된 바 있는데, 꿩에서만 관찰되는 내측족저름이 이 뼈에서는 확인되지 않아 닭 뼈일 가능성이 높다고 보고되었다.⁷⁷⁾

이상과 같이 일본 야요이 시대 닭 유존체 보고를 종합해보면, 시기적으로는 모두 중기 이후에 해당하며 야요이 전기의 자료로 알려진 것은 없다. 또한 닭 유존체가 발견된 지역은 북큐슈(北九州)를 중심으로 하며 동쪽으로는 노비(濃尾) 평야 이서 지역까지 서일본 지방에 국한되어 있다는 점도 주목할 만하다. 특히 나가사키 현 이키(壹岐) 섬에 위치한 가라카미 패총과 하루노즈지 유적 등은 한반도에서 매우 가까운 지역에 위치한 유적으로 여기서 야요이 시대 닭 유존체가 확인되었다는 사실은 한반도로부터 일본 열도로 닭이 유입된 경로를 구체적으로 추정하는데 있어 매우 의미 있는 보고라고 할 수 있다. 상술한 바와 같이 야요이 시대의 닭이 대륙으로부터 한반도를 거쳐 도래하였다고 본다면 한국에서 닭 사육이 개시된 시기는 일본 열도와 비교하여 통시적으로 앞설 수밖에 없을 것이다. 이런 의미에서 볼 때 사육 닭 유존체가 야요이 중기 유적에서 보고된다는 사실은 최소한 이에 상응하는 시기 이전에 이미 한반도에는 사육 닭이 존재하였을 가능성이 높다는 점을 시사한다.

야요이 시대 발굴 유적에서 출토되는 닭 유존체의 양이 다른 조류에 비해 현저히 적다는 점 또한 매우 주목할 만한 부분이다. 이는 최소한 닭이 처음 도입된 시점에는 일본에서 닭이 대량 사육되지 않고 있었다는 사실을 보여주기 때문이다⁷⁸⁾. 이러한 점을 감안하여, 야요이 시대의 닭 사육은 식용할 육류를 공급하기 위한 목적보다는 모종의 사회문화적 역할을 기대하여 이루어졌을 것이라는 시각이 있다. 닭은 일본 도입 초기에 단순한 식용 가금이 아니라 시간을 알리는 동물로서 존중되어 일종의 살아 있는 위세품처럼 존중되었을 것이라 추정되기도 하는데⁷⁹⁾ 다른 위세품과 마찬가지로 최고 권력자에 의해 하위의 지배자들에게 분배되던 상황이었을 가능성이 있다. 이러한 추정은 닭이 신라의 건국신화와 밀접한 관련을 가지고 있었던 사실에 대해서도 새삼 주목하게 한다. 한국과 일본에서 초창기 닭의 사육은 단순한 식량 공급의 문제가 아니라 양국 고대 권력의 정치적 과시와 오히려 더 연관이 있을지도 모르겠다.

76) 田原本町教育委員会, 앞의 책; 江田 외, 앞의 논문.

77) 西田隆雄·林良博, 「遺跡にみられる雉科鳥類骨格標本の形態学的分析」, 『古文化財に関する保存化学と人文・自然科学総括報告書』, 京都: 同朋舎出版社, 1984; 江田·井上, 앞의 논문, 23~33쪽.

78) 西本 외, 앞의 논문, 207~212쪽.

79) 西本 외, 앞의 논문, 207~212쪽; 西本豊弘, 「塚崎東畑遺跡出土の動物遺体と鹿角加工品」, 福岡県教育委員会, 『塚崎東畑遺跡』, 福岡県教育委員会, 1997.



〈그림 2〉 야요이시대의 닭 유존체가 출토된 것으로 확인된 일본 내 7개 유적의 위치

V. 닭 유존체 동정을 위한 새로운 기법 : 형태학적 연구

동물고고학에서 조류 유존체의 생물학적 종을 정확히 동정하는 작업은 상당히 중요한 의미가 있다. 하지만 같은 꿩 과의 다른 종과 비교하여 닭 유존체를 정확히 구별하는 작업은 결코 쉽지 않아, 분석 과정 중 오류가 있을 가능성이 크다고 알려져 있다. 따라서 발굴 현장에서 입수한 조류 유존체에서 닭을 실수 없이 판별 해내기 위해 전통적인 연구 기법을 보다 정교하게 하거나 최신 분석기법을 적극적으로 도입하고자 하는

시도가 부단히 계속되었다.

닭과 꿩 유존체에 대한 형태학적 분석법은 비교적 간단히 시행할 수 있으므로 종 동정을 위해 지금까지 가장 많이 사용된 기법이라 할 수 있다.⁸⁰⁾ 그러나 순계목(Galliformes)에 속하는 조류의 경우 해부학적 유사성이 종 간에 매우 높아, 육안 분석만으로 이를 감별하고자 할 때의 기술적인 어려움이 매우 크며 그 결과 이미 보고된 닭 유존체 관련 분석 결과에 대한 이견도 상당히 많은 편이다. 하지만 최근 들어 해부학적 분석 기법이 한층 정교해지고 있기 때문에 닭 유존체를 다른 순계목 조류, 특히 꿩과 비교하여 구별하는 작업이 당초 우려만큼 불가능한 일만은 아니라는 점이 밝혀졌다.⁸¹⁾

닭과 꿩 뼈를 형태학적으로 구별하는데 있어 가장 명확한 구분점으로 대퇴골의 대전자합기와 및 부척골의 내측족저릉(hypotarsal calcaneal) 능선의 유무를 들 수 있다. 이 두 구조물은 꿩 뼈에서는 확인되지만 닭에서는 관찰되지 않는다.⁸²⁾ 그 외에도 조구골(coracoid), 상완골(humerus), 중수골(metacarpus), 경족근골(tibiotarsus), 요골(radius)과 견갑골(scapula) 등도 주의하여 관찰하면 종 동정이 가능하다고 알려져 있다. 먼저 조구골에서는 흉골단(胸骨端)의 난형 배측와가 유용하며⁸³⁾ 상완골에서는 과돌기(condyle)와 상과(epicondyle)의 형태,⁸⁴⁾ 배쪽 말단의 소와(小窩)의 존재 유무,⁸⁵⁾ 상완골 골두(head)의 특성 등을 종합적으로 고려하면 닭과 꿩 뼈를 구별할 수 있다고 한다.⁸⁶⁾ 중수골에서는 활차(trochlea)의 배측(dorsal)면 형태가 동정의 대상이 되며⁸⁷⁾ 경족근골에서는 근위단 외측면에 위치하는 후비골두(後腓骨頭) 인대 부위의 형태 차이를 종 구분에 이용할 수 있다.⁸⁸⁾ 요골에서는 골간의 근부착면 형태를 참고할 수 있으며 견갑골의 조구골 결절(coracoidal tubercle)과 관절와용기는 닭에서만 확인되기 때문에 이 역시 동정에 유용한 지표이다.⁸⁹⁾ 이 밖에도 연구자에 따라서는 복장뼈, 척골, 골반뼈 등 부위에 닭과 꿩 동정에 참고할 수 있는 구분점이 있다는 보고도 있었으나 분석 사례가 아직 많지 않아 이를 바로 활용하기에는 아직 불안한 측면이 있다고 보여진다.⁹⁰⁾

조류 뼈에서 각종 계측 값 분석은 개체의 성별 판정과 근연종 간의 동정 등 작업에 있어서 유용하다고 한

80) Cohen, A. · D. Serjeantson, *A Manual for the Identification of Bird bones from archaeological sites*, London: Archetype publications, 1986; Serjeantson, 앞의 책; Deng 외, 앞의 논문, pp.189~193; Watson, J. · S. Ledogar, "A reevaluation of bird taxonomic identifications at Contact- and historic-era North American sites", *International Journal of Osteoarchaeology* 29: 5, 2019, pp.822~830; Deng · Li, 앞의 논문, pp.193~200.

81) 김지은 · 신동훈 · 홍종하 · 이혜진, 「닭과 조류고고학」, 『계간 한국의 고고학』, 2022년 통권 54호, 20~25쪽.

82) Eastham, A., "The Bird Bones", Barry Cunliffe(ed.), *Excavations at Fishbourne 1961-1969, 388-93, Report to the Research Committee of the Society of Antiquaries of London No. 28*, London: Society of Antiquaries of London, 1971; 西田 · 林, 앞의 논문; Cohen · Serjeantson, 앞의 책; Serjeantson, 앞의 책; 江田 · 井上, 앞의 논문, 23~33쪽; Deng 외, 앞의 논문, pp.189~193; Deng · Li, 앞의 논문, pp.193~200.

83) 江田 · 井上, 앞의 논문, 23~33쪽; Deng 외, 앞의 논문, pp.189~193.

84) Deng · Li, 앞의 논문, pp.193~200.

85) 江田 · 井上, 앞의 논문, 23~33쪽.

86) Cohen · Serjeantson, 앞의 책; Deng 외, 앞의 논문, pp.189~193; Deng · Li, 앞의 논문, pp.193~200.

87) Deng · Li, 앞의 논문, pp.193~200.

88) 江田 · 井上, 앞의 논문, 23~33쪽.

89) Cohen · Serjeantson, 앞의 책.

90) 더 구체적인 내용에 대해서는 김지은 외, 앞의 논문, 20~25쪽에 자세하다.

다. 선행연구에 의하면 사육 닭은 야생 닭(적색야계)이나 꿩보다 크기가 보편적으로 큰 경향을 보이며, 사육 닭 중에서도 현대 사육종은 고고유적에서 출토되는 닭 뼈와 비교할 때 더 큰 것이 일반적 경향이라고 한다.⁹¹⁾ 이러한 동정 작업에 주로 활용되는 계측 부위로서는 사지골이 주로 이용되지만 닭과 꿩의 경우 두개골 계측치를 활용하는 것도 효과적이라고 알려져 있다.⁹²⁾ 다만 닭 유존체의 사육화 여부를 판단하거나 종 동정을 수행하는데 있어 계측치 정보에만 전적으로 의존하여 도출한 결론은 완전히 신뢰하기 어렵기 때문에 비정량적 특성의 분석 결과도 가능하다면 함께 고려해야 할 것이다.⁹³⁾

VI. 질량분석법에 기초한 조류 종의 동정

최근에는 질량분석법(mass spectrometry)에 기초하여 닭과 꿩 유존체를 보다 객관적으로 구분하고자 하는 시도가 있었다. 질량 분석을 통한 종 감별은 특정 단백질의 펩타이드를 분석하여 그 절대 질량을 정확히 측정한 다음 유전체 정보로 알 수 있는 여러 단백질의 펩타이드 질량과 비교하여 가장 잘 부합하는 종을 특정함으로써 감별을 수행하는 것이다. 동물고고학 분야에서 질량분석법은 이른바 ZooMS(Zooarchaeology by mass spectrometry)로 통칭되며 지난 십여 년간 포유류뿐 아니라 양서류, 어류 등에게까지 적용되어 급속도로 발전해왔다. 그러나 조강(鳥綱; Class Aves)의 경우 진화에 따른 콜라겐의 변화 속도가 빠르지 않아 이를 이용하여 종 단위로 감별 분석해 내기가 쉽지 않았는데 최근 들어 뼈 유존체를 활용한 질량 분석 연구가 보다 고도화하여 닭과 꿩 감별에 이 기법을 성공적으로 적용한 보고가 있었다.⁹⁴⁾

우선 Buckley(2018)는 조류, 포유류, 양서류, 파충류 및 어류 등을 포괄하는 척추동물의 아미노산 서열 다양성(variability of amino acid sequences)을 분석하였는데, 이를 통해 오리나 닭의 경우에는 질량 분석을 통해 꿩 및 칠면조 등의 종과 구별이 가능하다고 보고하였다.⁹⁵⁾ 한편 Horn 외(2019)도 닭, 공작비둘기(*Columba livia*), 금화조(*Taeniopygia guttata*), 송골매(*Falco peregrinus*), 도도새(*Raphus cucullatus*), 큰바다쇠오리(great auk; *Pinguinus impennis*) 등 다양한 현생 및 고대 조류 유존체 시료에 대해 콜라겐 추출과 펩타이드 질량분석 등을 시도하였는데 그 결과 조류에서 과(family) 수준의 동정은 이 기법으로 충분

91) Zhou, 앞의 논문, pp.339~347; 金子·徐, 앞의 논문; Underhill, 앞의 논문, pp.103~160; 江田 외, 앞의 논문, 49~61쪽.

92) Watson·Ledogar, 앞의 논문, pp.822~830; Deng·Li, 앞의 논문, pp.193~200.

93) Eda, M., P. Lu·H. Kikuchi et al., "Reevaluation of early Holocene chicken domestication in northern China", *Journal of Archaeological Science* 67, 2016, pp.25~31; Deng·Li, 앞의 논문, pp.193~200; Eda, 앞의 논문, pp. 52~61.

94) Eda, M., M. Morimoto·T. Mizuta et al., "ZooMS for birds: Discrimination of Japanese archaeological chickens and indigenous pheasants using collagen peptide fingerprinting", *Journal of Archaeological Science: Reports* 34: A, 2020, p.102635.

95) 이 보고 이전에도 멸종한 조류 유존체를 대상으로 질량 분석법을 활용한 고단백질체학(古蛋白質體學; paleoproteomics) 연구가 가능할 것이라 예측되었지만 실제로 고고학 유적에서 얻어진 조류 유체에 대해 종(species) 수준의 동정 시도가 질량 분석에 의해 이루어진 바는 이 시도가 처음이었다. 이에 대한 자세한 기술이 Cleland 외(2015) 및 Eda 외, 앞의 논문, p.102635에 있다.

히 가능하다는 사실을 확인하였다.

질량 분석 기법을 활용한 닭과 꿩의 성공적 종 동정 사례로는 최근 Eda 외(2020)이 수행한 연구가 있다. 이 연구에서는 일본의 토종 꿩과 닭 27개체 분의 시료와 히로시마 성 유적 발굴에서 출토된 5개체 분의 꿩과(family) 조류 고대 시료를 질량 분석하여 종 단위 동정을 시도하였다. 결과적으로 TOF-MS(Time-of-flight mass spectrometry) 및 LC-MS(Liquid Chromatography-Mass Spectrometry) 분석에서는 펩타이드 A, B, C 피크(peak)를 얻을 수 있었는데 펩타이드 A의 경우는 야생 꿩에, B 및 C의 경우는 닭에서만 국한되어 나타나므로 이렇게 상이한 특성에 착안하면 꿩과 닭의 중간 동정이 가능할 것으로 판단하였다. 다만 질량분석법에서 확인한 이러한 특성이 닭이나 꿩 이외의 조류에서도 동시에 확인될 가능성을 완전히 배제할 수는 없으므로, 다른 종에 대한 후속 질량분석법 연구 보고를 계속 주시할 필요가 있을 것이다.⁹⁶⁾

발굴현장에서 얻어진 조류 유존체를 조사 대상으로 하는 경우 장기간 무덤이나 패총 등에 방치되어 보존 상태가 좋지 않기 때문에 분석을 성공적으로 수행하기 어려운 상황에 자주 놓이게 된다. 질량분석법은 이런 관점에서 본다면 기술적으로 상당한 장점이 있는 기법으로서 우선 시료에서 콜라겐을 추출하는 기법 자체는 비교적 간단한 실험에 속하여 난이도가 높지 않고, 분석 과정 중 오염의 가능성도 다른 기법에 비해 낮으며, 분석에 필요한 시료의 양이 많지 않아도 실험이 가능하다는 점 등을 거론할 수 있다.⁹⁷⁾ 이 밖에도 질량분석법을 시행하는 경우에는 고DNA 분석에 비하여 저렴한 비용으로 시료의 분석이 가능하다는 이점이 있는데, 이 같은 점에 착안해 질량분석과 고DNA 분석법을 병용하여 시료의 종 동정을 수행할 경우 보다 효율적인 연구가 이루어질 수 있다. 예컨대 저렴하고 효율성이 높은 ZooMS 분석을 선제적으로 수행하여 콜라겐이 잘 보존된 시료를 선별하고 동정한 연후에 관심 대상인 종에 대해 고DNA 연구를 집중적으로 시행하면 가장 능률 높은 분석이 가능하다. 이러한 장점을 종합적으로 고려해 볼 때 향후 우리나라 고고학 유적에서 출토되는 조류 유존체를 분석할 시에는 질량분석법을 주요한 연구기법 중 하나로 적극 도입할 필요가 있다고 본다.

VII. 고DNA 분석이 밝힌 사육 닭의 기원과 확산

발굴현장에서 획득한 동물 유존체를 육안 해부학적 관찰로만 분석하는 경우 손상 및 파편화의 정도가 심하여 종 감별이 어려운 상황이 많이 발생하는데 이런 경우에는 고DNA 분석 기법을 활용하면 종을 판별할 수 있는 과학적 근거를 얻을 수 있어 고고학 실무에서 매우 유용하다.⁹⁸⁾ 현재 유전학적 분석은 닭과 꿩을 감별하기 위해 적용할 수 있는 여러 방법 중 가장 신뢰받는 기법으로 발굴 시료의 오염이 심하여 결과에 혼선이 야

96) Eda 외, 앞의 논문, p.102635.

97) Buckley, M. · S. Kansa · S. Howard et al., "Distinguishing between archaeological sheep and goat bones using a single collagen peptide", *Journal of Archaeological Science* 37: 1, 2010, pp.13~20; Eda 외, 앞의 논문, p.102635.

98) 고아라 · 홍중하, 「고조선과 주변지역 옛 사람 및 동물뼈 연구를 위한 고고과학적 연구방법론 검토」, 『백산학보』 120, 2021.

기 되지 않는 한 DNA분석 결과는 종을 구별하는 작업에서 확정적 의미를 갖는 경우가 많다(그림 3)).

동물 고고학 분야에서 DNA 연구는 생물학적 종 감별 이외에도 특정 종의 유전학적 변화를 시간의 흐름에 따라 추적하는데 유용하다. 이러한 연구는 미토콘드리아 DNA를 이용하여 수행하는 경우가 많은데 고대 시료를 조사할 때는 미토콘드리아 DNA가 핵 DNA에 비하여 분석 성공률이 상대적으로 높고 유전자 변이율이 높아 진화 과정 등을 규명하는데 유리한 측면이 있기 때문이다.⁹⁹⁾

최근까지 유전학적 연구를 통해 밝혀낸 닭의 기원과 확산에 관련된 연구 성과를 정리해보면 다음과 같다. 우선 Liu 외(2006)은 유라시아 전역에서 수집된 834 개체의 사육 닭 및 66 개체의 적색야계(4종의 아종 포함)의 미토콘드리아 DNA에 대해 계통분석을 시도하였다. 그 결과 분석 대상이 된 사육 닭과 적색야계는 (1) 인도네시아 수마트라 섬에 주로 서식하는 야생종 적색야계(*G. g. bankiva*) 그룹과 (2) 사육 닭 및 (1)을 제외한 나머지 적색야계 아종을 포함한 그룹 등 크게 두 집단으로 군집화 된다는 사실을 확인할 수 있었다. 이 중 (2)가 사육 닭과 관련이 있는 그룹으로 다시 여러 개의 소그룹(A-I)으로 세분 되었는데 적색야계 아종 중 *G. g. spadiceus*¹⁰⁰⁾와 *G. g. jabouillei*는 주로 A, B, F 그룹에서 관찰된 반면, 또 다른 적색야계 아종인 *G. g. gallus*는 D, H, I 그룹에서 관찰되어 차이를 보였다. 한편 사육종인 *G. g. domesticus*는 A-G 및 I 그룹에 포함되어 있었다. 사육종 닭은 지리적 분포에 따라 유전적 특징이 또 한 번 세분화되었는데 이를 좀 더 자세히 살펴보면 그룹 A, B, E는 유라시아 대륙의 사육 닭 사이에 널리 분포되어 있었고 C 그룹은 중국 남부와 남동부, 일본에 분포하는 사육 닭에서 주로 보였으며 F와 G는 운남(云南)성에 국한되어 분포하는 사육 닭에서 많이 확인되었다. 이렇듯 사육 닭의 유전형이 그 지리적 분포에 따라 확연히 구분되어 나타나는 현상은 역사적으로 볼 때 야생 닭이 여러 지역에서 독립적으로 가금화되었을 가능성을 보여주는 것이라 하겠다.¹⁰¹⁾

사육 닭의 다중 기원설은 또 다른 DNA 연구에서도 추가로 주장 된 바 있었다. Miao 외(2013)은 총 4732 개체의 사육 닭과 206 개체의 적색야계에 대해 미토콘드리아 DNA 하플로그룹(haplogroup)을 분석한 결과 A-G 까지의 하플로그룹은 사육 닭과 적색야계 모두에서 존재가 확인되지만 H-I는 사육 닭에서만, W-Z는 적색야계에서만 각각 발견되었다고 하였다. 이 결과는 전술한 Liu 등(2006)과 비교하면 구체적 내용에는 약간 차이가 있지만 하플로그룹의 지리적 분포 결과를 토대로 닭 사육화가 지리적으로 상이한 여러 지역에서 독립적으로 이루어졌을 가능성이 높다고 보았던 점에서는 유사하다고 할 수 있다.

반면에 최근 Wang 외(2020)은 닭 속(genus *Gallus*)의 조류 863 개체의 DNA를 조사 하여 이에 대한 계통분석 및 주성분분석을 시행한 결과 닭 사육화가 전 세계 여러 곳에서 독립적이고도 반복적으로 일어났을 것이라 주장한 견해¹⁰²⁾를 부정하여 현생 사육 닭에서 보이는 유전적 다양성은 사육화가 반복적으로 일어난

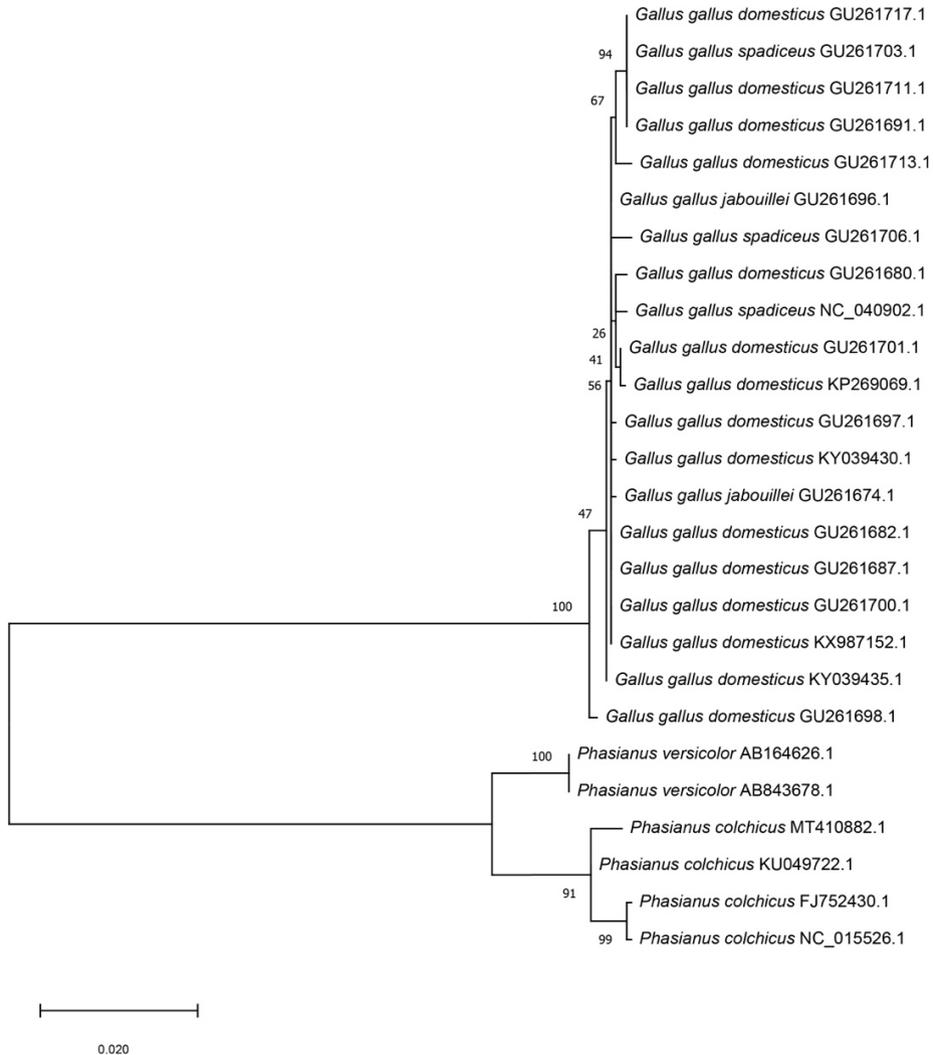
99) 홍중하, 「서울 시내 청계천 유적에서 수집한 조선시대 소 뼈 추출 미토콘드리아 DNA D-loop 서열에 대한 유전학적 분석」, 서울대학교 석사학위논문, 2016.

100) Wang 외, 앞의 논문, pp.693~701에 의하면 *G. g. spadiceus*는 현생 사육닭과 유전적으로 가장 유사하여 후자는 전자에서 기원하였을 가능성이 높다고 하였다.

101) Liu 외, 앞의 논문, pp.12~19.

102) Liu 외, 앞의 논문, pp.12~19; Miao 외, 앞의 논문, pp.277~282.

결과가 아니라 한번 성립한 사육종 닭이 각지로 확산하면서 현지 야생종과 교배가 이루어진 결과로 추정하였다.¹⁰³⁾ Wang 외(2020)의 주장이야말로 동물고고학계에서 현재 일반적으로 받아들여지고 있는 닭의 사육과 확산 과정에 대한 통설에 더 가까운 측면이 있다고 볼 수 있다.



〈그림 3〉 닭과 꿩 간의 명확한 유전적 차이가 드러난 계통수

미국 GenBank에 등록되어 있는 닭(*G. gallus*)과 꿩(*Phasianus spp.*) DNA 서열을 이용한 분석을 100번 반복하여 계산된 결과로 계통수를 작성한 것이다. 각 줄기의 연결점(node)에 쓰여진 숫자는 해당 결과가 나올 확률을 나타낸다. 각 표본 간 거리가 멀수록 유전적 차이가 크다.

103) Wang 외, 앞의 논문, pp.693~701.

지금까지의 동물고고학 연구와 고DNA 분석 결과를 함께 고려하여 사육 닭의 역사적 기원 및 사육화의 전개에 대한 연구 성과를 요약해본다. 동남아시아 일대에 서식하던 적색야계(아마도 *G. g. spadiceus*)가 그 지역에서 최초로 가금화 된 후 주변으로 확산하여 오늘날 볼 수 있는 사육 닭이 되었다. 동아시아의 사육 닭도 바로 이 동남아시아 적색야계의 후손인데 중국 화북 지역은 한국과 일본 등 지역으로 사육 닭을 재차 확산시키는데 기여한 이차적 중심지에 해당한다고 볼 수 있다. Huang 외(2018)은 한국, 일본, 중국 등 동아시아 국가의 닭 미토콘드리아 DNA를 집중 분석하였는데, 이 지역 닭 중에는 하플로그룹 A와 C1이 많다는 사실을 확인하였다. 또 이 가운데 특히 C1은 동남아시아, 중국 남부 등에 서식하는 적색야계나 사육 닭에서는 거의 관찰되지 않고 오직 동아시아 지역 닭에서만 확인되었다고 주장하였다.¹⁰⁴⁾ 따라서 C1형이야말로 동아시아 지역 사육 닭을 대표하는 모계 유전형이라 할 수 있는데, 이는 역사적으로 동남아시아 등 다른 지역에서 먼저 가금화한 닭이 화북 지역으로 이동한 후 그곳에서 번식하다가 주변 지역으로 다시 확산해 나간 사육 닭에 대응할 것이라 판단할 수 있다.

VIII. 맺음말

동아시아 지역에서 근대 이전의 닭 사육과 소비는 단순한 과거 경제 활동의 차원을 넘어 문화적 시각에서도 중요한 측면이 있다. 하지만 닭 사육이 통시적으로 어떻게 확립되었으며 발전하였는지에 대해서는 단순한 문헌검토만으로는 구체적 사실을 확인하기 어려운 것이 사실이다. 이런 점에서 볼 때 고고학 발굴현장에서 발견되는 조류 유존체에 대한 동물 고고학적 분석은 보다 실증적인 연구를 가능하게 하여 닭 사육에 대해 지금까지 규명할 수 없었던 사실의 복원까지 가능하게 한다는 점에서 학술적으로 매우 중요하다.

본 연구에서는 동아시아 닭의 사육과 관련하여 최근까지 학계에 제출된 통설을 검토하고 이와 관련하여 복잡하게 전개되었던 논쟁사를 정리하였다. 특히 한국과 일본 양국은 도작문화의 전파를 계기로 많은 문화적 교류가 있었다는 측면에서 볼 때 농경사회를 구성하는 요소의 하나인 닭 사육과 관련해서도 양자가 서로 긴밀하게 연결되어 있을 가능성을 확인할 수 있었다. 최근에는 닭 사육의 기원과 확산을 연구하는 동물 고고학적 연구기법이 눈부신 발전을 거듭하여 기존의 보고를 재검토하고 통설이 크게 조정되는 사례가 급증하고 있는데 우리 학계의 경우에도 이같은 변화의 추세에 대한 포괄적 이해가 필요하게 되었다. 따라서 본 고에서는 최근 국제학계에서 조류 동정과 관련하여 각광을 받고 있는 유전학적 분석과 질량분석법 등을 소개하였고 이를 통해 새로 알려진 연구 경향과 성과를 소개하고자 하였다.

동아시아의 긴 역사동안 닭 사육은 이 지역에서 성행한 농경문화의 중요한 일부분으로서 정착하고 발전하

104) Quan 외(2020)는 하플로그룹 C형이 중국 운남성, 태국, 미얀마, 베트남 등지에 서식하는 적색야계에서도 발견되기 때문에 이는 동북아시아에 고유한 유형으로 볼수 없다고 하였다. 이에 대해 Weng · Huang(2021)은 Quan 등이 하플로그룹 분류법을 제대로 따르지 않았기 때문에 이들이 C1으로 분류한 236개의 시료 중 33개만 C1으로 판정할 수 있는 등 결론에 문제가 있다고 하였다.

였다. 이 과정을 과학적 증거에 입각하여 보다 명확히 이해하는 작업은 자연과학적 측면에서 뿐 아니라 인문학적 차원에서도 매우 중요하다. 이를 위해 향후 우리나라 고고학 발굴현장에서 얻어지는 조류 유존체에 대해 최근 발전한 동물고고학 분야의 최신기법을 적극 적용하여 동아시아 닭 사육의 기원과 확산에 대한 보다 구체적이고 신뢰성 있는 정보를 획득해야 할 필요성이 있음을 밝혀 두고 싶다.

〈참고문헌〉

『三國誌』 「魏志」, 東夷傳

경북대학교 박물관, 『대기야 고분 발굴 조사 보고서』, 경북대학교 박물관, 1978.

국립가야문화재연구소, 『창원가음정동유적』, 국립가야문화재연구소, 1994.

국립중앙박물관, 『동래낙민동패총(東萊樂民洞貝塚)』, 국립중앙박물관, 1998.

국립중앙박물관, 『풍납토성 6』, 국립중앙박물관, 2009.

동북아역사재단 한국고중세사연구소, 『중국정사동이전교감』, 동북아역사재단, 2018.

朴廣春·宮崎秦史·安部みき子, 『泗川勸島 CⅡ』, 동아대학교 박물관, 2008.

부경대학교 박물관, 『北亭貝塚』, 부경대학교 박물관, 1993.

창원대학교 박물관, 『창원 남산유적』, 창원대학교 박물관, 1996.

홍이섭, 『朝鮮科學史』, 정음사, 1946.

고아라·홍종하, 「고조선과 주변지역 옛 사람 및 동물뼈 연구를 위한 고고과학적 연구방법론 검토」, 『백산학보』 120, 2021.

고은별, 「동아시아 고대사회 닭의 확산과 그 함의: 계림의 흰 닭과 ‘핑 대신 닭’ 사이의 간극」, 『아시아리뷰』 11: 1, 2021.

김건수·양나래, 「풍납토성 경당지구 출토 동물 뼈에 대한 분석」, 한신대학교 박물관(편), 『風納土城 VI』, 한신대학교 박물관, 2009.

김지은·신동훈·홍종하·이혜진, 「닭과 조류고고학」, 『계간 한국의 고고학』, 2022년 통권 54호.

金子浩昌·徐始男, 「北亭貝塚出土 動物遺存體에 대하여」, 부경대학교 박물관(편), 『北亭貝塚』, 부경대학교 박물관, 1993.

金子浩昌·中山清隆, 「韓國古代遺跡出土의動物遺體資料からみた文化史的研究-南部地域の資料を中心」, 『靑丘學術論集 7』, 東京·韓國文化研究振興財團, 1995.

李康淳, 「發掘遺物の保存 및 科學的考察」, 『天馬塚發掘調査報告書』, 대전: 문화재 관리국, 1974.

李柱憲·兪炳一·金良美, 「昌原城山貝塚收拾調査報告」, 昌原文化財研究所, 『昌原加音丁洞遺蹟』, 昌原: 昌原

- 文化財研究所, 1994.
- 모기철, 「池山洞 44號古墳 出土 動物遺骸에 對한 考察」, 경북대학교 박물관, 『大伽倻古墳發掘調査報告書』, 경북대학교 박물관, 1979.
- 徐始男, 「東萊貝塚 出土 動物遺存體」, 『釜山の 三韓時代 遺蹟과 遺物 1 - 東萊貝塚 -』, 釜山: 釜山廣域市立博物館, 1997.
- 임학중 · 황철주, 「신석기시대 새의 위치 - 남해안 지역 패총 출토 새뼈를 중심으로 - 영혼의 전달자」, 국립김해박물관, 2004.
- 홍종하, 「서울 시내 청계천 유적에서 수집한 조선시대 소 뼈 추출 미토콘드리아 DNA D-loop 서열에 대한 유전학적 분석」, 서울대학교 석사학위논문, 2016.
- 홍종하 · 강인옥 · 신동훈, 「동물 가족화에 대한 분자유전학적 최신 연구 현황」, 『한국의 고고학』, 2020년 48호.
- 홍종하 · 신동훈, 「유전학적 연구결과를 중심으로 살펴본 동북아시아 소의 기원과 확산」, 『한국상고사학보』, 2019년 105호.
- 홍종하 · 강인옥 · 신동훈 · 김지은, 「고고학 및 유전학적 연구결과를 중심으로 살펴본 사육 말의 기원과 확산에 관한 검토」, 『대한체질인류학회지』, 2020년 33호.
- 丁邦友, 『汉代物价新探』, 北京·中国社会科学出版社, 2009.
- 江田真毅, 「彌生時代のニワトリ, 再考」, 『季刊考古學』 144, 2018.
- 江田真毅, 「家畜化に伴う骨形態の小進化と弥生時代のニワトリ」, 『動物考古学』 33, 2016.
- 江田真毅 · 別所秀高 · 井上貴央, 「大阪府宮ノ下遺跡出土資料からみた先史時代の河内平野における 鳥類利用」, 『動物考古学』 31, 2014.
- 江田真毅 · 安部みき子 · 丸山真史 · 藤田三郎, 「唐古 · 鍵遺跡第58次調査から出土した動物遺存體」, 『田原本町文化財調査年報』, 奈良県, 2016.
- 江田真毅 · 井上貴央, 「非計測形質によるキジ科遺存體の同定基準作成と弥生時代のニワトリの再評価の試み」, 『動物考古学』 28, 2008.
- 西本豊弘, 「塚崎東畑遺跡出土の動物遺體と鹿角加工品」, 福岡県教育委員会, 『塚崎東畑遺跡』, 福岡県教育委員会, 1997.
- 西本豊弘 · 佐藤治 · 新美倫子, 「朝日遺跡の動物遺體」, 『愛知県埋蔵文化財センター調査報告書 第31集 朝日遺跡自然科学編』, 愛知: 愛知県埋蔵文化財センター, 1992.
- 西田隆雄 · 林良博, 「遺跡にみられる雉科鳥類骨格標本の形態学的分析」, 『古文化財に関する保存化学と人文·自然科学総括報告書』, 京都: 同朋舎出版社, 1984.
- 田原本町教育委員会, 『唐古 · 鍵遺跡』, 奈良: 田原本町教育委員会, 2010.

黒田長久, 「壹岐島及び山口県から出土の鳥骨について」, 『日本生物地理学会会報』 21, 1959.

- Achilli, A. · A. Olivieri · M. Pellecchia · C. Ubaldi · L. Colli · N. Al-Zahery · M. Accetturo · M. Pala · B. Kashani · U. Perego · V. Battaglia · S. Fornarino · J. Kalamati · M. Houshmand · R. Negrini · O. Semino · M. Richards · V. Macaulay · L. Ferretti · H. Bandelt · P. Ajmone-Marsan · A. Torrioni, “Mitochondrial genomes of extinct aurochs survive in domestic cattle”, *Current Biology* 18: 4, 2008.
- Barton, L. · B. Bingham · K. Sankaranarayanan · C. Monroe · T. Ariane · B. Kemp, “The earliest farmers of northwest China exploited grain-fed pheasants not chickens”, *Scientific Reports* 10, 2020.
- Barton, L. · S. Newsome · F-H. Chen · H. Wang · T. Guilderson · R. Bettinger, “Agricultural origins and the isotopic identity of domestication in northern China”, *Proceedings of the National Academy of Sciences* 106, 2009.
- Buckley, M. · S. Kansa · S. Howard · S. Campbell · J. Thomas-Oates · M. Collins, “Distinguishing between archaeological sheep and goat bones using a single collagen peptide”, *Journal of Archaeological Science* 37: 1, 2010.
- Cleland, T. · E. Schroeter · M. Schweitzer, “Biologically and diagenetically derived peptide modifications in moa collagens”, *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 282: 1808, 2015.
- Cohen, A. · D. Serjeantson, *A Manual for the Identification of Bird bones from archaeological sites*, London: Archetype publications, 1986.
- Dai, L. · X. Kan · X. Zhang, “An investigation into the strategy of pig husbandry combining zooarchaeological and stable isotopic approaches at Neolithic Houjiazhai, China”, *International Journal of Osteoarchaeology* 29: 5, 2019.
- Deng, H. · J. Li, “Identification of domestic chicken bones in archaeological sites”, *Chinese Archaeology* 20: 1, 2020.
- Deng, H. · J. Yuan · G. Song · C. Wang · M. Eda, “Reexamination of the domestic chicken in ancient China”, *Chinese Archaeology* 14, 2014.
- Dodson, J. · G. Dong, “What do we know about domestication in eastern Asia?”, *Quaternary International* 426: 28, 2016.
- Eastham, A., “The Bird Bones”, Barry Cunliffe(ed.), *Excavations at Fishbourne 1961~1969, 388-93, Report to the Research Committee of the Society of Antiquaries of London No. 28*, London: Society of Antiquaries of London, 1971.

- Eda, M. · M. Morimoto · T. Mizuta · T. Inoue, “ZooMS for birds: Discrimination of Japanese archaeological chickens and indigenous pheasants using collagen peptide fingerprinting”, *Journal of Archaeological Science: Reports* 34: A, 2020.
- Eda, M. · P. Lu · H. Kikuchi · Z. Li · F. Li · J. Yuan, “Reevaluation of early Holocene chicken domestication in northern China”, *Journal of Archaeological Science* 67, 2016.
- Eda, M., “Origin of the domestic chicken from modern biological and zooarchaeological approaches”, *Animal Frontiers* 11: 3, 2021.
- Erbersdobler, K., *Vergleichend morphologische Untersuchungen an Einzelknochen des postcranialen Skeletts in Mitteleuropa vorkommender mittelgrosser Hühnervogel*, Munich: UNI-Druck, 1968.
- Fages A. · K. Hanghøj · N. Khan · C. Gaunitz · A. Seguin-Orlando · M. Leonardi · C. McCrory Constantz · C. Gamba · K. A. S. Al-Rasheid · S. Albizuri · A. H. Alfarhan · M. Allentoft · S. Alquraishi · D. Anthony · N. Baimukhanov · J. H. Barrett · J. Bayarsaikhan · N. Benecke · E. Bernáldez-Sánchez · L. Berrocal-Rangel · F. Biglari · S. Boessenkool · B. Boldgiv · G. Brem · D. Brown · J. Burger · E. Crubézy · L. Daugnor · H. Davoudi · P. de Barros Damgaard · M. de Los Angeles de Chorro Y de Villa-Ceballos · S. Deschler-Erb · C. Detry · N. Dill · M. do Mar Oom · A. Dohr · S. Ellingvåg · D. Erdenebaatar · H. Fathi · S. Felkel · C. Fernández-Rodríguez · E. García-Viñas · M. Germonpré · J. D. Granada · J. H. Hallsson · H. Hemmer · M. Hofreiter · A. Kasparov · M. Khasanov · R. Khazaeli · P. Kosintsev · K. Kristiansen · T. Kubatbek · L. Kuderna · P. Kuznetsov · H. Laleh · J. A. Leonard · J. Lhuillier · C. L. von Lettow-Vorbeck · A. Logvin · L. Lõugas · A. Ludwig · C. Luis · A. M. Arruda · T. Marques-Bonet · R. M. Silva · V. Merz · E. Mijidodj · B. K. Miller · O. Monchalov · F. A. Mohaseb · A. Morales · A. Nieto-Espinet · H. Nistelberger · V. Onar · A. H. Pálscdóttir · V. Pitulko · K. Pitskhelauri · M. Pruvost · P. R. Sikanjic · A. R. Papeša · N. Roslyakova · A. Sardari · E. Sauer · R. Schafberg · A. Scheu · J. Schibler · A. Schlumbaum · N. Serrand · A. Serres-Armero · B. Shapiro · S. S. Seno · I. Shevnina · S. Shidrang · J. Southon · B. Star · N. Sykes · K. Taheri · W. Taylor · W.-R. Teegen · T. T. Vukičević · S. Trixl · D. Tumen · S. Undrakhbold · E. Usmanova · A. Vahdati · S. Valenzuela-Lamas · C. Viegas · B. Wallner · J. Weinstock · V. Zaibert · B. Clavel · S. Lepetz · M. Mashkour · A. Helgason · K. Stefánsson · E. Barrey · E. Willerslev · A. K. Outram · P. Librado · L. Orlando, “Tracking five millennia of horse management with extensive ancient genome time series”, *Cell* 177, 2019.
- Gaunitz, C. · A. Fages · K. Hanghøj · A. Albrechtsen · N. Khan · M. Schubert · A. Seguin-Orlando · I. J. Owens · S. Felkel · O. Bignon-Lau · P. de Barros Damgaard · A. Mittnik · A. F. Mohaseb · H.

- Davoudi · S, Alquraishi · A, H, Alfarhan · K, A, S, Al-Rasheid · E, Crubézy · N, Benecke · S, Olsen · D, Brown · D, Anthony · K, Massy · V, Pitulko · A, Kasparov · G, Brem · M, Hofreiter · G, Mukhtarova · N, Baimukhanov · L, Lõugas · V, Onar · P, W, Stockhammer · J, Krause · B, Boldgiv · S, Undrakhbold · D, Erdenebaatar · S, Lepetz · M, Mashkour · A, Ludwig · B, Wallner · V, Merz · I, Merz · V, Zaibert · E, Willerslev · P, Librado · A, K, Outram · L, Orlando, “Ancient genomes revisit the ancestry of domestic and Prezewalski’s horses”, *Science* 360, 2018.
- Germonpré, M, · S, Fedorov · P, Danilov · P, Galeta · E-L, Jimenez · M, Sablin · R, Losey, “Palaeolithic and Prehistoric Dogs and Pleistocene Wolves from Yakutia: Identification of Isolated Skulls”, *Journal of Archaeological Science* 78, 2017.
- Hong, J, H, · C, S, Oh · C, W, Cho · Y, M, Shin · T, S, Cho · D, H, Shin, “Mitochondrial DNA analysis of *Bos taurus* bone collected from ruins of the Joseon period in a tributary of the Cheonggyecheon creek, South Korea”, *Journal of Archaeological Science: Reports* 17, 2018.
- Horn, I, · Y, Kenens · M, Palmblad · S, Plas-Duivesteyn · W-B, Langeveld · H, Meijer · H, Dalebout · R, Marissen · A, Fischer · V, Florens · J, Niemann · K, Rijdsdijk · A, Schulp · J, Laros · B, Gravendeel, “Palaeoproteomics of bird bones for taxonomic classification”, *Zoological Journal of the Linnean Society* 186: 3, 2019.
- Huang, X, · Y-J, Wu · Y-W, Miao · M-S, Peng · X, Chen · D-L, He · C, Suwannapoom · B-W, Du · X-Y, Li · Z-X, Weng · S-H, Jin · J-J, Song · M-S, Wang · J-B, Chen · W-N, Li · N, Otecko · Y-P, Zhang, “Was chicken domesticated in northern China? New evidence from mitochondrial genomes”, *Science Bulletin* 63: 12, 2018.
- Jiang, Q, · D, Piperno, “Phytolith analysis of an archaeological site (Longshan Period) in Zhumadian City, Henan Province, China: Palaeoenvironmental and cultural implications”, *Geoarchaeology* 9: 5, 1994.
- Lawal, R, · S, Martin · K, Vanmechelen · A, Vereijken, “The wild species genome ancestry of domestic chickens”, *BMC Biology* 18: 13, 2020.
- Lippold, S, · M, Knapp · T, Kuznetsova · J, Leonard · N, Benecke · A, Ludwig · M, Rasmussen · A, Cooper · J, Weinstock · E, Willerslev · B, Shapiro · M, Hofreiter, “Discovery of lost diversity of paternal horse lineages using ancient DNA”, *Nature Communications* 2, 2011.
- Liu, Y-P, · G-S, Wu · Y-G, Yao · Y-W, Miao · G, Luikart · M, Baig · A, Beja-Pereira · Z-L, Ding · M, Palanichamy · Y-P, Zhang, “Multiple maternal origins of chickens: out of the Asian jungles”, *Molecular Phylogenetics and Evolution* 38: 1, 2006.
- MacDonald, K, “The domestic chicken (*Gallus gallus*) in sub-Saharan Africa: A background to its

- introduction and its osteological differentiation from indigenous fowls (Numidinae and *Francolinus* sp.), *Journal of Archaeological Science* 19: 3, 1992.
- Mannen, H · S. Tsuji · R. Loftus · D. Bradley, “Mitochondrial DNA variation and evolution of Japanese black cattle (*Bos taurus*)”, *Genetics* 150: 3, 1998.
- Miao, Y-W. · M-S. Peng · G-S. Wu · Y-N. Ouyang · Z-Y. Yang · N. Yu · J-P. Liang · G. Pianchou · A. Beja-Pereira · B. Mitra · M. Palanichamy · M. Baig · T. Chaudhuri · Y-Y. Shen · Q-P. Kong · R. Murphy · Y-G. Yao · Y-P. Zhang, “Chicken domestication: an updated perspective based on mitochondrial genomes”, *Heredity* 110: 3, 2013.
- Orlando, L., “Ancient genomes reveal unexpected horse domestication and management dynamics” *BioEssays* 42, 2020.
- Price, M. · H. Hongo, “The Archaeology of Pig Domestication in Eurasia”, *Journal of Archaeological Research* 28, 2019.
- Quan, J. · Y. Cai · T. Yang · Q. Ge · T. Jiao · S. Zhao, “Phylogeny and conservation priority assessment of Asian domestic chicken genetic resources”, *Global Ecology and Conservation* 22, 2020.
- Serjeantson, D., *Birds Cambridge manual in archaeology*, Cambridge: Cambridge University Press, 2009.
- Storey, A. · S. Athens · D. Bryant · M. Carson · K. Emery · S. deFrance · C. Higham · L. Huynen · M. Intoh · S. Jones · P. Kirch · T. Ladefoged · P. McCoy · A. Morales-Muñiz · D. Quiroz · E. Reitz · J. Robins · R. Walter · E. Matisoo-Smith, “Investigating the global dispersal of chickens in prehistory using ancient mitochondrial DNA signatures”, *PLOS One* 7: 7, 2012.
- Underhill, A., “Current Issues in Chinese Neolithic Archaeology”, *Journal of World Prehistory* 11: 2, 1997.
- Wang, M-S. · M. Thakur · M-S. Peng · Y. Jiang · L. Frantz · M. Li · J-J. Zhang · S. Wang · J. Peters · N. Otecko · Y-P. Zhang, “863 genomes reveal the origin and domestication of chicken”, *Cell Research* 30, 2020.
- Watson, J. · S. Ledogar, “A reevaluation of bird taxonomic identifications at Contact-and historic-era North American sites”, *International Journal of Osteoarchaeology* 29: 5, 2019.
- Weng, Z. · X. Huang, “Highlighting the classification of mitochondrial DNA haplogroups C and D in chickens”, *Mitochondrial DNA. Part A, DNA mapping, sequencing, and analysis* 31: 5, 2021.
- West, B. · B-X. Zhou, “Did chickens go north? New evidence for domestication”, *Journal of Archaeological Science* 15: 5, 1988.

- Wutke, S. · E. Sandoval-Castellanos · N. Benecke · H-J. Döhle · S. Friederich · J. Gonzalez · M. Hofreiter · L. Lõugas · O. Magnell · A-S. Malaspinas · A. Morales-Muñiz · L. Orlando · M. Reissmann · A. Trinks · A. Ludwig, “Decline of genetic diversity in ancient domestic stallions in Europe”, *Science Advances* 4: 4, 2018.
- Xiang, H. · J. Gao · B. Yu · H. Zhou · D. Cai · Y. Zhang · X. Chen · X. Wang · M. Hofreiter · X. Zhao, “Early Holocene chicken domestication in northern China”, *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 111, 2014.
- Zeder, M., “Pathways to animal domestication”, Paul Gepts, Thomas Famula, Robert Bettinger, Stephen Brush, Ardeshir Damania, Patrick McGuire, Calvin Qualset(eds.), *Biodiversity in Agriculture: Domestication, Evolution, and Sustainability*, Cambridge: Cambridge University Press, 2012.
- Zeuner, F. E., *A History of Domesticated Animals*, New York: Harper & Row, 1963.
- Zhou, B., “Fauna remains of Cishan site, Wuan, Hebei”, *Acta Archaeologica Sinica* 3, 1981.

* 이 논문은 2021년 11월 2일에 투고되어,
 2021년 12월 22일에 심사위원을 확정하고,
 2022년 1월 3일까지 심사하고,
 2022년 1월 6일에 게재가 확정되었음.

■ Abstract ■

Origin and Expansion of Domesticated Chicken in East Asia based on the Findings of Novel Zooarchaeological Techniques

Kim, Jieun* · Hong, Jongha** · Yi, Yangsu*** · Shin, Donghoon****

Comprehensive research on the establishment and development of chicken domestication in East Asia has been insufficient, even though remnants of information could be retrieved by studies on historical literature. In this regard, zooarchaeological study on chicken remains discovered at archaeological sites becomes exceedingly important, facilitating more evidence-based understanding of domestication process of chicken in East Asian history. In this report, we first review current hypotheses generally accepted and discussions about the domestication of chicken in East Asia, ascertaining reports on archaeological chicken remains in Korea, Japan, and China. Furthermore, in consideration of noteworthy achievements in research on the origin and expansion of chicken domestication attained from recently introduced scientific methods, we also appraise a potential for applications of such advanced methods in related archaeological cases. Domestication of chicken are germane to agrarian culture and has been developed in intimate relations with the civilization flourished in East Asia. Zooarchaeological studies on bird remains should be sustained for more precise understanding of the establishment and historical development of chicken domestication in history.

[Keywords] Zooarchaeology, East asia, *Gallus gallus*, Bronze age, Yayoi period

* First author, Department of Anatomy and Cell Biology, Seoul National University

** Co-author, Institute of Korean Archaeology and Ancient History, Kyunghee University

*** Co-author, Cheongju National Museum

**** Corresponding author, Institute of Forensic and Anthropological Science, Seoul National University

