

mtDNA D-loop 서열로 본 한국 토종닭의 유전적 다양성 및 유연관계

노희중*, 김관우*, 김승창*, 김재환*, 이재영*, 이진욱*, 조창연*

*국립축산과학원 가축유전자원센터

e-mail:nhj1513@korea.kr

Genetic Diversity and Relationship of Korea Native Chicken Using mtDNA D-loop Sequence

Hee-Jong, Roh*, Kwan-Woo, Kim*, Seung-Chang, Kim*, Jae-Hwan, Kim*, Jaeyeong, Lee*, Jinwook. Lee*, Chang-Yeon, Cho*

*Animal Genetic Resources Center, National Institute of Animal Science, RDA

요약

본 논문에서는 우리나라 토종닭 5품종 12계통의 유전적 다양성 및 유연관계를 살펴보기 위해 mtDNA D-loop 서열을 활용하여 분석하였다. 개체별 Haplotype 결정을 위한 참조집단으로는 Oka 등의 논문(2007)에서 사용한 48개의 샘플을 이용하였다. 다양성 분석 결과 Reference data 48수를 포함한 총 244수에서 69개의 변이부위가 관찰되었으며, 이중 81%(56개)가 시작 부위에서 500bp사이에서 나타난 것을 확인할 수 있었다. 집단간 다양성 지표(변이부위, Haplotype 수, Haplotype diversity, Nucleotide diversity)의 경우 외래토착종에서 각각 평균 11, 3 0.343, 0.00218로 재래종(각각 19.5, 5.17, 0.742, 0.0056)보다 낮은 수치를 보이는 것을 확인할 수 있었다. 각 집단별 Haplogroup 분포의 경우 대부분이 A와 B에 속해있는 것을 확인할 수 있었지만 재래닭 집단의 경우 Haplogroup C,D에서도 상당한 분포(32.5%)를 보이는 것으로 보아 우리나라 재래닭은 공통선조가 다른 복수의 모계에 의해 집단이 형성되었다는 결론을 내릴 수 있었다.

1. 서론

현존하는 닭의 기원에 대해서는 1원설과 다원설로 아직도 논쟁중에 있지만, 아시아 지역에서 닭이 가축화되어 전세계로 확산되었다는 것에 대해서는 이견이 없다. mtDNA region은 모계유전을 하며, 그 중 유전적 다양성이 풍부한 D-loop region은 계통분류학적 해석을 하는데 유용한 마커로 이용되고 있다. 본 연구에서는 우리나라 토종닭의 mtDNA D-loop 서열을 활용하여 집단간 다양성을 추정하고, 타집단과의 유전적 유연관계 및 모계기원을 구명하는 것을 목적으로 수행하였다.

2. 재료 및 방법

공시재료로는 국립축산과학원 가축유전자원센터에서 보유하고 있는 토종닭(재래종 및 외래토착종) 5품종 12계통 196수를 이용하였다. 각 개체별 익하정맥에서 혈액을 채취한 후 DNA를 추출하였으며, mtDNA D-loop 영역을 증폭하였다. 개체별 Haplotype 명명은 Oka 등(2007)이 사용한 명명법을 기준으로 하였다. 변위 부위 탐색 등 유전적 변이성 추정 및 Haplotype 결정을 위해서 DNAsp Software를 이용하였으며, 계통수 작성에는 MEGA7, Network 모식도는 Network software를 이용하여 작성하였다.

3. 결론 및 고찰

3.1 집단별 유전적 다양성

총 1,236bp 중 missing data를 제외한 1,229bp를 분석에 이용하였다. Reference data 48수를 포함하여 분석한 결과 총 69개의 변이 부위가 관찰되었으며, 49개의 Haplotype이 관찰되었다. 69개의 변이 부위중 56개의 변이(81%)가 시작 부위에서 500bp사이에서 나타난 것을 확인할 수 있었다. 각 집단별 추정된 유전적 다양성 지표는 표1에 제시하였다.

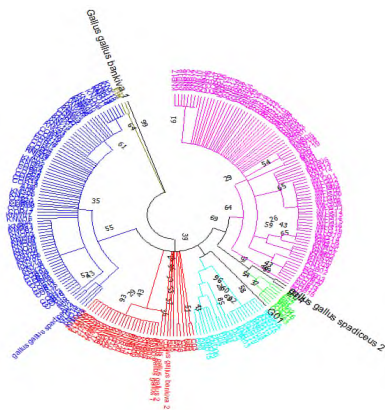
[표 1] 집단별 mtDNA D-loop 다양성 지표

Type	POP	N	N. of polymorphic site	N. of haplotype	Haplotype diversity	Nucleotide diversity
Exotic	RIR	20	8	2	0.100	0.00065
	WLG	19	9	2	0.105	0.00077
	COB	20	11	4	0.668	0.00429
	COR	20	16	4	0.500	0.00299
	AVE	79	11	3	0.343	0.00218
Native	KNR	20	19	6	0.763	0.00430
	KNY	20	24	7	0.837	0.00658
	KNG	23	23	6	0.794	0.00649
	KNW	16	11	3	0.642	0.00469
	KNB	19	19	4	0.626	0.00640
	KNO	19	21	5	0.789	0.00511
AVE	117	19.5	5.17	0.742	0.00560	

집단별 다양성 분석 결과 외래토착종(Exotic breeds)이 재래닭(Native breeds) 집단에 비해 모든 지표에서 낮은 다양성을 나타내고 있는 것을 확인할 수 있었다. 이는 외래토착종의 경우 수십 년 전 국내에 도입된 이후 각 품종의 사육목적에 따라 지속적인 선발을 통한 유전적 고정화 작업이 이루어졌기 때문인 것으로 사료된다.

3.2 집단별 유연관계 및 Haplogroup 분포

mtDNA D-loop 서열을 바탕으로 DNAsp software를 통해 계산된 각 집단별 Dxy 유전적 거리분석 결과, 레그혼집단(WLG)와 흰색재래종 집단(KNW)사이에서 가장 먼(0.0097) 결과를 레그혼(WLG)집단과 로드아일랜드레드(RIR) 집단에서 가장 가까운 유전거리(0.0022)를 형성하고 있었다. 각 개체별 유전거리를 바탕으로 Phylogenetic tree를 작성한 결과를 그림1에 제시하였다. Oka 등(2007)의 명명법에 따라 Haplogroup을 나누어 본 결과 그림의 색깔로 표시된 바(Blue: Haplogroup A, Purple: Haplogroup B, Red: Haplogroup C, Mint: Haplogroup D, Green: Haplogroup E)와 같이 그룹별 명확하게 구분이 되는 것을 확인할 수 있었다.



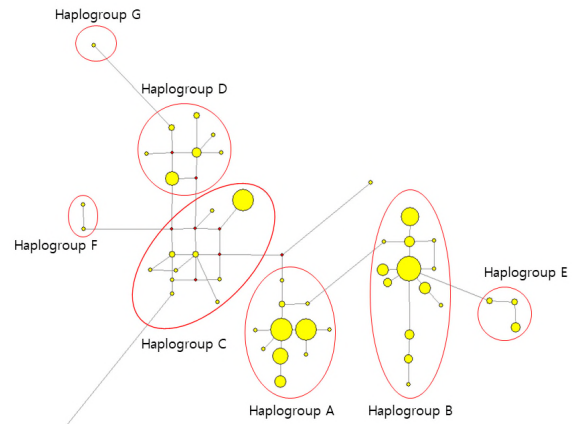
[그림 1] 분석에 이용된 모든 개체별 Phylogenetic Tree

각 집단별 Haplogroup 분포도 및 모식도는 표2와 그림2에 제시하였다. 공시된 196수 중 대부분이 Haplogroup A 또는 B에 속해 있는 것을 확인할 수 있었다. Haplogroup A에는 72수가, B에는 82수가 속해있었으며, C에는 24수, D에는 14수, E에는 4수가 속해있었다. 외래토착종의 경우 로드아일랜드레드(RIR) 및 화이트레그혼(WLG) 집단은 대부분이 Haplogroup B에 속해있었으며, 코니시 집단(COB, COR)의 경우 대부분 A에 속해있었다. 반면 재래닭 집단의 경우 외래토착종에 비해 다양성이 큰 만큼 A, B, C, D에서 다양한 분포를 보이고 있는 것을 확인할 수 있었다.

Oka 등(2007)의 분석 결과에 따르면 Haplogroup A 및 B, E의 경우 주로 중국에서 유래하였으며, C, D, F의 경우에는 동남아시아에서 직접 유래된 것이라고 보고한 바 있다. 이를 바탕으로 우리나라 재래닭 집단의 경우 Haplogroup A, B, E에 67.5%를 C, D, F에서 32.5%를 보이고 있는 것으로 보아 중국 및 동남아시아 모두의 영향을 받은 것으로 판단되며 공통선조가 다른 복수의 모계에 의해 집단이 형성되었다는 결론을 내릴 수 있었다.

[표 2] 집단별 Haplogroup 분포도

Hap	RIR	WLG	COB	COR	KNR	KNY	KNG	KNW	KNB	KNO
A		1 (3%)	13 (63%)	16 (80%)		11 (53%)	7 (32%)	9 (53%)	1 (3%)	14 (74%)
B	19 (93%)	18 (93%)	7 (33%)	3 (13%)	16 (80%)	6 (30%)	4 (17%)		9 (47%)	
C					1 (3%)	3 (13%)	4 (17%)	7 (44%)	9 (47%)	
D					3 (13%)		8 (33%)			3 (16%)
E	1 (3%)			1 (3%)						2 (11%)
Total	20	19	20	20	20	20	23	16	19	19



[그림 2] 개체별 Network 모식도

참고문헌

- [1] 조창연 등 “mtDNA D-loop 변이로 확인된 한국재래닭의 다양한 모계기원”, 한국가금학회지, 제38권 1호, pp. 5-12, 2011
- [2] Oka et al, “Analysis of mtDNA sequences shows Japanese native chickens have multiple origins”, Animal Genetics, 38, pp. 287-293, 2007
- [3] Liu et al, “Multiple maternal origins of chickens: Out of the Asian jungles”, Molecular Phylogenetics and Evolution, 38, pp. 12-19, 2006