

오골계의 기원과 유전적 다양성

이유주¹, 전열¹, 정행진¹, 정우영¹, 장병귀², 백운기³, 최강덕⁴, 이준현¹
 충남대학교 동물자원과학부¹, 축산연구소 가금과², 국립중앙과학관 자연사연구소³,
 환경대학교 생물정보통신대학원⁴

Abstract

Korean Ogol Chicken is a natural treasure in Korea and expected to be a valuable genetics resource in the world. As an initial step to investigate the genetic structures of this breed, phylogenetic analysis has been performed using mitochondrial DNA (mtDNA) sequence variations. Total 30 Korean Ogol Chickens were investigated in this study and they were grouped into 4 haplotypes, consisting 11 birds in the largest haplotype.

Based on the phylogenetic analysis, chicken breeds were divided into three major groups and Korean Ogol Chicken were appeared all of these three groups indicating their large genetic mtDNA diversity. These results will be used for making breeding and conservation strategies for this breed.

▶ **Key words** : Korean Ogol Chicken, mtDNA, phylogeny

서론

한국에서 사육되고 있는 오골계는 천연기념물 265호로 지정이 되어 있으며 이 품종을 보존하려는 연구가 계속되고 있다. 본 연구는 오골계의 분자유전학적, 계통분류학적 연구를 통해 오골계의 육종체계를 설정하고, 보전대책을 수립하여 과학적이고 체계적으로 보호, 관리하기 위하여 본 연구를 수행하였다.

재료 및 방법

본 실험에서는 축산연구소에서 제공하는 오골계 30수를 임의로 선발하여 혈액으로부터 Genomic DNA를 추출하였다.

이 Genomic DNA를 PCR 반응의 template로 이용하여 위와 같이 mtDNA의 D-loop 부위를 증폭하였다. PCR 조건에 있어서 최초 denature는 94°C에서 10분 한 후, 94°C에서 30초, 61°C에서 30초, 72°C에서 40초에서 35회 반복하였으며, 72°C에서 10분간 final extension 후 4°C에서 종료하였다.

PCR 증폭산물은 PCR Purification Kit(Bioneer, Korea)을 사용하여 정제하였으며 염기서열 분석은 Big Dye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction kit (v3.0, Applied Biosystems, CA, USA)을 사용하였다.

각 염기서열은 NCBI에서 BLAST search를 하였으며 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast>), Clustalw program을 이용하여 alignment한 후 비교 분석하였다 (<http://www.ebi.ac.uk/clustalw>).

결과

오골계의 mtDNA D-loop region을 PCR 증폭한 후 sequencing하여 497 bp 염기서열을 관찰하였다. 오골계의 염기서열은 총 4개의 haplotype으로 분리되었으며, haplotype 2의 경우 가장 많은 개체수인 11개의 개체가 이 haplotype에 속하였다 (Table 1).

오골계의 mtDNA D-loop sequence를 alignment한 결과 기존에 보고된 바와 같이 오골계에서도 반복되는 염기서열이 60bp 차이로 나타나는 것을 확인할 수 있었다 (Niu et al., 2002). 이 오골계의 sequence를 바탕으로 하

Table 1. Sequence variations among Korean Ogol Chicken

Haplotype (No)	Nucleotide Position (bp)																
	164	177	182	187	207	208	211	221	226	246	275	280	295	307	328	332	411
Type 1 (6)	T	G	C	G	G	C	C	C	T	A	T	C	T	A	C	T	T
Type 2 (11)	C	G	C	A	G	C	C	C	T	A	T	C	C	A	C	T	T
Type 3 (8)	T	G	T	A	A	C	C	C	C	G	T	C	C	G	T	C	C
Type 4 (5)	T	A	T	A	G	T	T	T	C	A	C	T	C	A	C	T	C

여 다른 품종과의 연관관계를 알아보기 위하여 Phylogenetic tree를 작성하였다 (Fig 1). 그 결과 닭은 A, B, C 3개의 그룹으로 크게 나누어짐을 알 수 있으며, 오골계는 3개의 group 모두에서 나타남을 알 수 있었다. 이 결과는 앞으로 한국 오골계의 종 보존을 위한 기초자료 및 육종 계획을 세우는데 중요하게 이용될 것으로 사료된다.

적 요

오골계는 중요한 유전자원으로 보존할 가치가 있어 천연기념물로 보호를 받고 있다. 이 품종의 유전적인 조성을 살펴보기 위하여 mitochondrial DNA (mtDNA) 염기서열을 이용하여 계통분석을 실시하였다. 본 연구에 이용된 30마리의 오골계는 4개의 haplotype으로 분

리가 되었으며 가장 많은 haplotype에는 11개의 개체가 속해 있었다. 계통 유전학적 분석 결과를 볼 때, 닭은 3개의 그룹으로 나누어지며 오골계는 3개의 그룹 모두에서 관찰됨을 알 수 있었다. 이 결과는 오골계의 보존 및 육종 계획을 수립하는데 중요하게 이용될 것으로 사료된다.

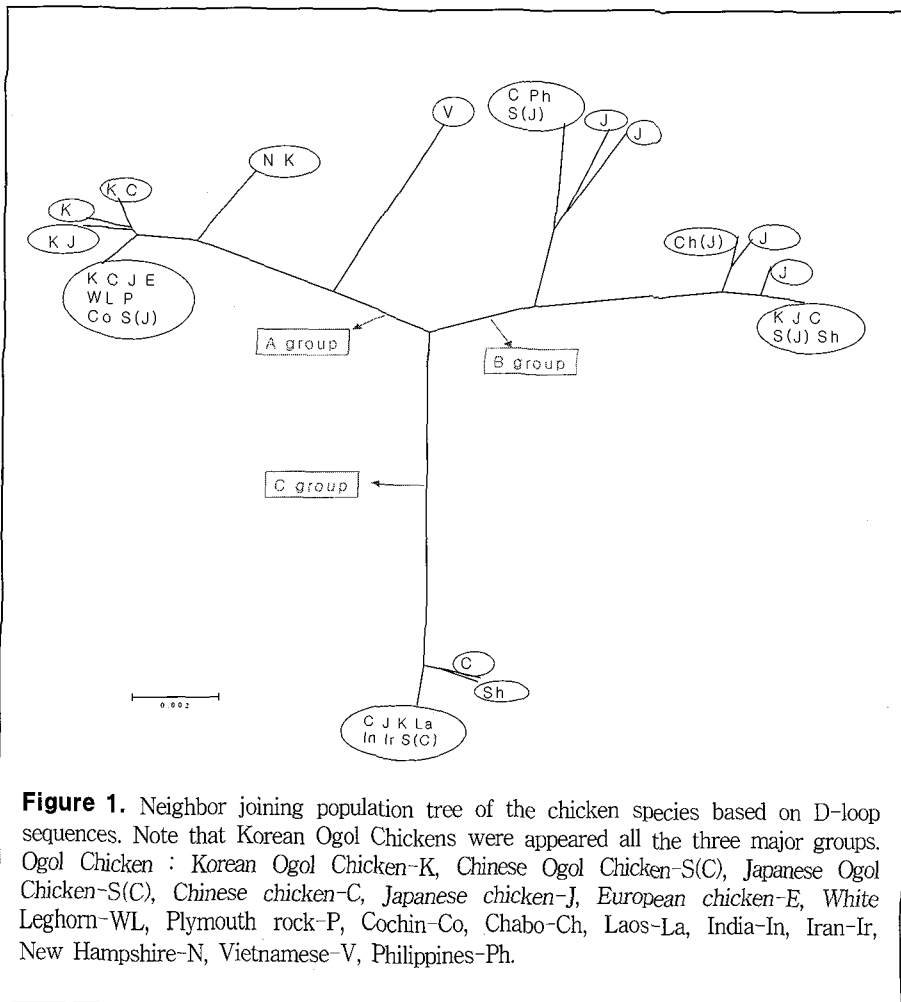


Figure 1. Neighbor joining population tree of the chicken species based on D-loop sequences. Note that Korean Ogol Chickens were appeared all the three major groups. Ogol Chicken : Korean Ogol Chicken-K, Chinese Ogol Chicken-S(C), Japanese Ogol Chicken-S(C), Chinese chicken-C, Japanese chicken-J, European chicken-E, White Leghorn-WL, Plymouth rock-P, Cochin-Co, Chabo-Ch, Laos-La, India-In, Iran-Ir, New Hampshire-N, Vietnamese-V, Philippines-Ph.

참고 문헌

1. Niu et al., 2002. The origin and genetic diversity of Chinese native chicken breeds.
2. Biochemical Genetics 40:163-174.