

우리나라 긴꼬리닭의 계통분류학적 추정

연성흙, 조창연, 김종대, 진현주, 이승수, 김영근, 상병돈
축산연구소

Abstract

This study was carried out to ascertain phylogenetic status of long-tail chicken which found recently in Korea and was presumed to be a kind of Korean Natives. 10 loci microsatellites were analysed for 449 birds of 11 groups and 2 region of mitochondrial DNA were sequenced for 135 birds of the same groups, that consist of 3 introduced breeds and 8 Korean Natives including 3 long-tail chicken. In mean numbers of alleles per locus(MNA) for microsatellites, long-tail chicken were smaller (2.60~3.20) than the others, but in heterozygosities, were higher (0.4087~0.5375) than others that were the same level of MNA. And in the neighbor joining bootstrap tree drawing by Nei's standard distance, they made a cluster with some Korean Native groups. All of the nucleotide sequences of mitochondrial cytochrome b gene and D-loop were classified into 23 haplotypes. In long-tail chicken, the haplotypes were 3 kinds, and were different among the groups (LTA, LTB and LTD). Resultly, it was supposed that 3 groups of the long-tail chicken be all a kind of Korean Natives.

▶ **key words** : long-tail chicken, microsatellite, cytochrome b gene, D-loop, MNA, heterozygosity

서론

우리나라 재래닭에 대한 최초의 기록으로서 중국 역사서 삼국지 위지 동이전에 의하면 마한지역에는 꼬리 길이가 5척에 이르는 細尾鷄가 있다고 하였고, 조선 후기 서유구(1764~1845)가 쓴 林園十六志에는 우리나라 長尾鷄의 꼬리길이가 3~4척이라고 기록되어 있다. 또한 三田(1910)는 조선의 재래닭 적갈색종 가운데 꼬리깃의 발육이 양호하여 땅에 끌리는 것이 있는데 이것을 長尾鷄라고 부른다고 하였다.

2006년 2월 경기도 고양시에서 발견된 긴꼬리닭 3계통은 우모색, 벼슬모양, 정강이색 등에서 우리나라 재래닭 적갈색 또는 황갈색 계통과 유사한 특징을 보였으며, 수컷의 꼬리깃 길이는 60~100cm 정도로 다른 재래닭과 구별되는 외모를 지니고 있었다. 본 연구는 집단간 Microsatellite 및 Mitochondrial DNA의 다형성 비교를 통하여 이들 긴꼬리닭의 계통분류학적 위치를 밝히고자 수행하였다.

재료 및 방법

본 연구에 사용된 공시축은 경기도 고양시에서 발견된 긴꼬리닭 3계통, 축산연구소의 재래닭 3계통 및 연산오골계, 제주도 농가에서 사육되고 있는 재래닭, 축산연구소의 레그혼, 로드아일랜드레드 및 코니쉬 등 11개 집단 449수였다.

Microsatellite 마커는 ADL0112, LEI0192, MCW0034, MCW0037, MCW0069, MCW0081, MCW0111, MCW0123, MCW0165 및 MCW0206을 사용하였고, Mitochondrial DNA의 Cytochrome b 유전자와 D-loop의 염기서열 분석은 각각 전·후반부 두 쌍의 primer와 Big Dye Terminator

Cycle Sequencing Kit(ABI)를 사용하여 수행한 다음 해당 영역의 전체의 서열을 결정하였다.

결과 및 고찰

11개 집단의 Microsatellite 다형성에서 긴꼬리닭의 평균 유효유전자수는 2.60~3.20으로 매우 적었지만 같은 수준의 유효유전자수를 가지고 있는 다른 품종과 비교하여 볼 때, 더 높은 이형접합도(0.4087 ~ 0.5375)를 나타냈다. 이것은 긴꼬리닭 집단 구성에 관여한 개체군의 규모는 비록 작았지만 후대생산에는 혈연관계를 고려하여 상대적으로 더 많은 가계를 활용한 것으로 판단된다. Fig1은 Nei의 표준유전거리를 산출하여 NJ법으로 군락분석한 결과를 표시하였다. 긴꼬리닭 3계통은 100%의 Bootstrap 값으로 동일 군락으로 분류되었다. 오골계를 포함한 우리나라 재래닭과는 93%의 확률로 동일한 그룹으로 분류되었다. 또한 초위성체 마커중 집단의 유전적 위치판단에 가장 크게 관여하는 3개 주성분을 이용한 분석에서도 긴꼬리닭 3계통은 다른 재래닭이나 오골계와 가까우면서 동시에 그것들과 구분되는 위치를 차지하였다. 이러한 결과로 볼 때, 이들 긴꼬리닭 3계통은 모두 재래닭의 한 종류일 것으로 추정되었다.

긴꼬리닭 3계통을 포함함 11집단 135수에 대하여 Mitochondrial DNA의 Cytochrome b 유전자 1,143개 염기와 D-loop 1,232개 염기의 서열을 분석한 결과, Cytochrome b 유전자에서 16개, D-loop에서 35개 등 모두 51개의 변이를 확인하였다. 이들 염기변이의 양상에 따라 haplotype을 분류한 결과,

23종으로 구분되었다. Mitochondrial DNA는 전적으로 모계로부터 유전되는 것이기 때문에, 그 haplotype은 어떤 집단이 형성되는데 관여한 모계의 유전적 구성을 추정하는 지표가 된다. 본 연구에 공시된 재래닭은 서로 다른 집단으로부터 유사한 외모적 특성을 가지고 있는 것들을 선발하여 조성된 계통이었기 때문에 미토콘드리아 DNA의 Haplotype이 다양하게 나타난 반면, 긴꼬리닭 A계통(LTA)에서 한 종류, B계통(LTB)에서 다른 한 종류, 그리고 D계통(LTD)에서는 B계통과 같은 한 종류와 다른 한 종류를 확인할 수 있었다. 이러한 결과는 A계통과 B계통의 집단 형성에는 각각 서로 다른 근원의 단일 집단이 모계를 구성하였고 D계통의 집단 형성에는 B계통의 근원이 된 모계 이외에 또다른 하나의 집단이 모계 구성에 관여한 것으로 해석된다. 긴꼬리닭 3계통 중에서 B계통과 D계통의 Haplotype은 다른 재래닭에서는 관찰되기도 하였지만 외래품종에서는 관찰되지 않았다는 점, 그리고 A계통의 Haplotype은 다른 어느 집단에서도 관찰되지 않은 독특한 것이었다는 점에 주목할 필요가 있다.

이상의 결과로 Microsatellite 다형성에 근거한 계통수와 Mitochondrial DNA의 haplotype의 차이가 시사하는 집단간 유연관계로 볼 때, 공시된 긴꼬리닭은 모두 재래닭의 한 종류로서 3계통으로 구별될 수 있을 것으로 추정된다.

참고문헌

1. 三田清三郎. 1910. 南朝鮮의 養鷄業(1) 朝鮮農會報 第6卷, 第7輯 8~9

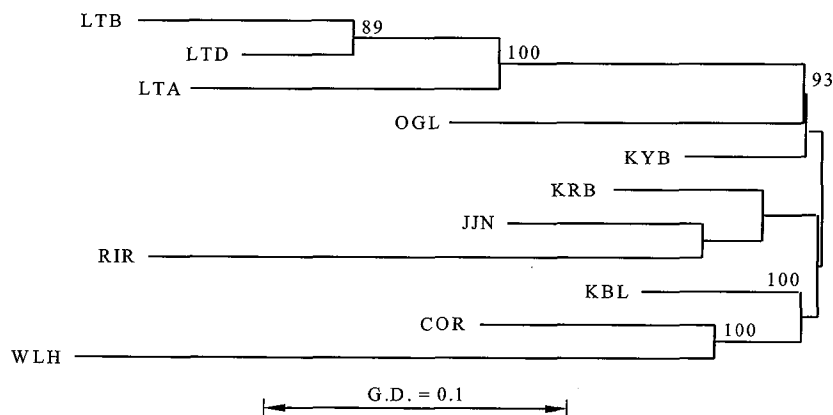


Fig1. The neighbor joining bootstrap tree drawing by Nei's standard distance