

## Transferrin 유전자빈도에 의한 제주마의 유전적 특성

양영훈\* · 김남영\*\*

제주대학교 아열대농업생명과학연구소\*, 제주도축산진흥원\*\*

### Genetic Features of Cheju Horses based on Transferrin Gene Frequency

Y. H. Yang\* and N. Y. Kim\*\*

Research Institute for Subtropical Agriculture and Biotechnology,  
Cheju National University\*, Jeju Institute\*\*

#### ABSTRACT

To investigate genetic features and the allele distribution of transferrin gene in three Cheju horse groups (group I, 137 horses of Jeju institute; group II, 107 horses of farms; group III, 89 racing horses) and three foreign breeds(103 Thoroughbred, 10 Mongolian and 5 American Quarter horses), transferrin gene exons 13, 15, and 16 were analyzed by SSCP. The allele frequencies of transferrin gene of these groups and breeds were used to calculate genetic distances and to test population differentiations. The Fst values were 0.067 between Cheju horse groups I and II, 0.070 between Cheju horse groups I and group III, 0.091 between Cheju horse group I and Mongolian breed, and 0.189 between Cheju horse group I and Thoroughbred breed. Cheju horse group I showed significant population differentiation from other two Cheju horse groups and three foreign breeds while Cheju horse group III showed significant population differentiation only from Cheju horse group I and Thoroughbred breed( $p < 0.05$ ). Results indicate that three Cheju horse groups showed population differentiation between each other, suggesting genetic heterogeneity of Cheju horses.

(Key words : Transferrin gene, Population differentiation, Cheju horses)

#### I. 서 론

제주마는 체형, 외모 및 모색에 있어서 제주마산의 역사만큼이나 다양하다. 정 등(1990)은 제주마를 체구와 외모로 판정하여 외래품종마와의 교접 정도에 따라 제주마를 5등급으로 구분하였고, 모색에 대하여는 재래적 명칭을 이용하여 32종류의 모색으로 분류한 바 있다. 제주마의 체형은 지역별 또는 혈통 등급에 따라 대부분의 체형측정 형질에서 유의적인 차이를 나타내고 있으며(정 등, 1991; 양 등, 1991), 이에 따라 체형의 발육상태에 의한 제주마의 혈통등급을 판별할 수 있는 연구결과도 보고된

바 있다(양, 1997). 또한 제주마는 혈액 단백질의 유전자와 Transferrin 유전자 상에 있어서도 개체간에 다양한 변이와 특성을 소유한 것으로 보고되었다(오 등, 1995; 양, 1999; 김 등, 2002; Shin 등, 2002). Kim 등(1999)과 Yang 등(2002)은 모계 유전되는 mtDNA D-loop의 분석으로 현존하는 제주마의 모계조상은 적어도 17종류 이상인 것으로 보고하였다. mtDNA D-loop 염기서열 결과에 의하면 현존하는 제주마 가운데에는 몽고마와 유사한 개체들은 물론 Arabian 품종을 비롯하여 다양한 품종의 모계조상과 연계될 수 있는 개체들도 존재하고 있는 것으로 조사되었다.

Corresponding author : Y. H. Yang, Research Institute for Subtropical Agriculture and Biotechnology, Cheju National University, Jeju 690-756, Korea, Tel : 064-754-3338, Fax : 064-725-2403, E-mail : yhyang@cheju.ac.kr

본 연구는 제주마의 유전적 특성에 대한 연구의 하나로 Transferrin 유전자의 Exon 13, 15 및 16 부위의 유전자빈도와 유전자형 빈도를 조사하여 현존하는 제주마 집단의 유전적 조성을 분석하고, 제주마 집단들과 외래 품종들간 유전적 거리에 대한 분석을 시도하였다.

## II. 재료 및 방법

### 1. 표본집단의 구성

연구에 이용된 제주마 집단은 제주도축산진흥원 소속 제주마 137두(group I), 농가소속의 제주마 107두(group II), 경마에 이용되고 있는 제주마 89두(group III)로 3군의 집단이 이용되었다. 외래 품종으로는 제주도내 사육되고 있는 Thoroughbred 103두와 혈액표본으로 보유하고 있는 몽고마 10두 및 American Quarter 품종마 5두가 이용되었다.

### 2. 유전자형 분석

이용된 DNA의 정보는 transferrin 유전자의 exon 13(138 bp), 15(286 bp) 및 16(212 bp)의 부위로 PCR 증폭에 이용된 primer는 Table 1과 같다.

전체 혈액 표본으로부터 genomic DNA의 확보는 Miller 등(1988)의 방법에 준하여 진행되었다. exon 15와 16의 PCR 증폭을 위한 primer는 Carpenter와 Broad(1993)가 보고한 염기서열을 기본으로 하여 새로 제작하여 이용하였으며, exon 13에 대한 primer는 Bradon 등(1999)이 제작하여 이용했던 primer와 동일한 염기서열을

이용하였다. PCR을 위한 혼합반응물은 genomic DNA 50 ng, 5 pM의 primers, 50 mM KCl, 1.9 mM MgCl<sub>2</sub>, 10 mM Tris-HCl, 0.1% Triton X-100, 0.25 mM의 각 dNTP와 *Taq* polymerase 0.75 Unit(Promega, Madison, WI)을 혼합하여 총 20 μl의 반응액으로 실시하였다. exons 13과 16에 대한 PCR 반응은 최초 94°C에서 2 min 동안 denaturation 처리후, 15초간 92°C에서 denaturation, 15초간 54°C에서 annealing, 30초간 72°C elongation step의 순서로 30 cycles을 수행한 후 최종 72°C에서 5분간 추가의 elongation step으로 종료하였다. exon 15에 대한 PCR 반응은 58°C의 annealing step만 제외하면 exons 13 및 16의 처리와 동일한 온도와 시간이 할당되었다. PCR 반응은 PTC-100 thermocycler(MJ Research, MA)로 수행하였다.

Transferrin gene에 대한 유전자형은 SSCP 분석에 의하여 판정하였는데 10% polyacrylamide gels(165 mm × 175 mm × 1 mm)에서 0.5x TBE buffer, 100 volts에서 12 시간(exons 13 and 16) 또는 14°C(exon 15)에서 16시간 전기영동 후 김 등(2002)의 방법에 따라 확인하였다.

### 3. 통계적 방법

유전적 다양성, 대립유전자의 예측, 집단간의 분화도 및 Hardy Weinberg 평형에 대한 검정은 Arlequin(Stefan 등, 2000) software를 이용하여 분석하였는데 유전자 빈도에 대한 유전적 평형은 Markov chain method(Guo and Thompson, 1992) 방법으로 분석되었고 각 집단간의 분화 거리의 측정은 population pairwise Fst 값으로 추정되었으며, 집단간의 분화에 대한 확률은

Table 1. Primers used for PCR of transferrin gene exons 13, 15 and 16

| Transferrin       | Primer                           | Product length |
|-------------------|----------------------------------|----------------|
| exon 13 : forward | 5'-ttt ccg tga agg ctg tgc cc-3' | 138 bp         |
|                   | 5'-ctg aaa gcc cct gtg taa cc-3' |                |
| exon 15 : forward | 5'-cag tga gag agc ctt gac ca-3' | 286 bp         |
|                   | 5'-cac ccg aga aga gaa ggt ag-3' |                |
| exon 16 : forward | 5'-gtc ctc atg cac ttt ctg tc-3' | 212 bp         |
|                   | 5'-gag cac tgt ctc agg tta gc-3' |                |

Markov chain 방법에 의하여 6,000회의 Markov steps으로 추정되었다. 표본집단들간에 유전적 거리에 대한 추정과 계통수의 유연관계는 PHYLIP-Phylogeny Inference Package v.3.2(Felsenstein, 1989)를 이용하여 분석하였다.

### III. 결 과

Transferrin 유전자의 exon 13, 15 및 16의 PCR product에 대한 SSCP 분석결과 exon 13에서는 3종(AA, AB, BB)의 유전자형, Exon 15에서는 6종(AA, AB, AC, BB, BC, CC), Exon 16에서는 5종(AA, AB, AC, BB, BC)의 유전자형이 검출되어 표본집단내에 출현된 유전자는 Exon 13, 15 및 16에서 각각 2종류(A, B), 3종

류(A, B, C), 3종류(A, B, C)인 것으로 조사되었다(Table 2).

유전자들의 출현빈도와 분포양상에서 세 구룹의 제주마 집단(groups I, II and III)은 유전자형 출현빈도에 다소간의 차이는 있었지만 대체적으로 분포양상이 서로 비슷하였다. 제주마집단과 Thoroughbred 품종집단 간에는 출현되는 유전자형의 빈도에 차이가 있었음을 관측할 수 있었으나 Mongol horse 품종과 American Quarter horse에서는 분석에 이용된 표본수가 작은 관계로 단정적으로 빈도양상을 비교할 수는 없었다. 각 표본집단에 있어서 유전자빈도들에 대한 Hardy-Weinberg equilibrium은 유지되고 있었다.

Table 2. Genotype frequencies and Hardy Weinberg equilibrium test for the six groups of equine transferrin gene

|   | Cheju horse |           |           | Thoroughbred | Mongol   | Quarter |
|---|-------------|-----------|-----------|--------------|----------|---------|
|   | Group I     | Group II  | Group III |              |          |         |
| <b>Exon13</b>                                       |             |           |           |              |          |         |
| AA  | 135(0.98)   | 107(1.00) | 87(0.98)  | 94(0.91)     | 10(1.00) | 4(0.80) |
| AB  | 2(0.02)     | -         | 2(0.02)   | 8(0.08)      | -        | 1(0.20) |
| BB  | -           | -         | -         | 1(0.01)      | -        | -       |
| <b>Exon15</b>                                       |             |           |           |              |          |         |
| AA  | 18(0.13)    | 44(0.41)  | 37(0.42)  | 61(0.59)     | 4(0.40)  | 1(0.20) |
| AB  | 61(0.44)    | 40(0.37)  | 33(0.37)  | 21(0.20)     | 5(0.50)  | 2(0.40) |
| AC  | 12(0.09)    | 11(0.10)  | 10(0.11)  | 17(0.16)     | 1(0.10)  | 2(0.40) |
| BB  | 22(0.16)    | 9(0.08)   | 5(0.06)   | 3(0.03)      | -        | -       |
| BC  | 22(0.16)    | 2(0.02)   | 4(0.05)   | -            | -        | -       |
| CC  | 2(0.02)     | 1(0.01)   | -         | 1(0.01)      | -        | -       |
| <b>Exon16</b>                                       |             |           |           |              |          |         |
| AA  | 32(0.23)    | 56(0.52)  | 46(0.52)  | 88(0.85)     | 5(0.50)  | 4(0.80) |
| AB  | 73(0.53)    | 40(0.37)  | 33(0.37)  | 14(0.14)     | 3(0.30)  | 1(0.20) |
| AC  | 10(0.07)    | 2(0.02)   | 5(0.06)   | -            | 2(0.20)  | -       |
| BB  | 17(0.12)    | 6(0.05)   | 3(0.03)   | 1(0.01)      | -        | -       |
| BC  | 5(0.04)     | 3(0.03)   | 2(0.02)   | -            | -        | -       |
| <b>Hardy Weinberg Equilibrium<br/>(probability)</b> |             |           |           |              |          |         |
| Exon13  | 1.000       | -         | 1.000     | 0.209        | -        | 1.000   |
| Exon15  | 0.098       | 0.457     | 0.967     | 0.174        | 1.000    | 1.000   |
| Exon16  | 0.097       | 0.251     | 0.679     | 0.468        | 1.000    | 1.000   |

제주마집단 또는 외래품종에 있어서 출현된 유전자의 종류와 빈도 및 유전자의 다양성을 조사한 결과는 Table 3과 같다.

Heterozygosity의 기대치에 의한 유전자의 다양성(Nei, 1987)을 조사한 결과 평균 유전자의 다양성은 0.331로 나타났으며, 제주마 group I, II, III에서는 각각 0.390, 0.305 및 0.311로 제주마 group I에서 가장 높은 heterozygosity를 보여주고 있었다. 또한 Thoroughbred, Mongolian horse 및 American quarter 품종은 각각 0.203, 0.298 및 0.341을 보여주고 있었다.

EM(Expectation-Maximization algorithm, Excoffier 와 Slatkin, 1995) 방법에 의해 transferrin 유전자 형을 분리한 결과 Exon 13-15-16에서 출현 가능한 haplotype은 8종류의 유전자조합으로 분석되었으며 가장 우점된 haplotype은 A-A-A형으로 그 빈도가 0.602로 나타났다. 그 외 A-A-C(0.002), A-B-A(0.001), A-B-B(0.249), A-B-C(0.299), A-C-A(0.099), B-B-A(0.013) and B-B-B(0.003)의 순으로 haplotype<sup>o</sup> 출현되고 있었다(Table 4). 집단간의 분화거리를 나타내는 Fst 값은 제주마 group I은 제주마 group II와는 0.067, 제

Table 3. Allele frequencies of the exons 13, 15 and 16 of transferrin gene

|                          | Cheju horse |           |           | Thoroughbred | Mongol   | Quarter | Total     |
|--------------------------|-------------|-----------|-----------|--------------|----------|---------|-----------|
|                          | Group I     | Group II  | Group III |              |          |         |           |
| <b>Exon13</b>            |             |           |           |              |          |         |           |
| A                        | 272(0.99)   | 214(1.00) | 176(0.99) | 196(0.95)    | 20(1.00) | 9(0.90) | 887(0.98) |
| B                        | 2(0.01)     | -         | 2(0.01)   | 10(0.05)     | -        | 1(0.10) | 15(0.02)  |
| <b>Exon15</b>            |             |           |           |              |          |         |           |
| A                        | 109(0.40)   | 139(0.65) | 117(0.66) | 160(0.78)    | 14(0.70) | 6(0.60) | 545(0.60) |
| B                        | 127(0.46)   | 60(0.28)  | 47(0.26)  | 27(0.13)     | 5(0.25)  | 2(0.20) | 268(0.30) |
| C                        | 38(0.14)    | 15(0.07)  | 14(0.08)  | 19(0.09)     | 1(0.05)  | 2(0.20) | 89(0.10)  |
| <b>Exon16</b>            |             |           |           |              |          |         |           |
| A                        | 147(0.54)   | 154(0.72) | 130(0.73) | 190(0.92)    | 15(0.75) | 9(0.90) | 645(0.72) |
| B                        | 112(0.41)   | 55(0.26)  | 41(0.23)  | 16(0.08)     | 3(0.15)  | 1(0.10) | 228(0.25) |
| C                        | 15(0.06)    | 5(0.02)   | 7(0.04)   | -            | 2(0.10)  | -       | 29(0.03)  |
| Average allele diversity | 0.390       | 0.305     | 0.311     | 0.203        | 0.298    | 0.341   | 0.331     |

Table 4. Combined allele frequencies of possible haplotypes

|       | Cheju horse |           |           | Thoroughbred | Mongol   | Quarter  | Total      |
|-------|-------------|-----------|-----------|--------------|----------|----------|------------|
|       | Group I     | Group II  | Group III |              |          |          |            |
| A-A-A | 109(0.40)   | 139(0.65) | 115(0.65) | 160(0.78)    | 14(0.70) | 6(0.60)  | 543(0.602) |
| A-A-C | -           | -         | 2(0.01)   | -            | -        | -        | 2(0.002)   |
| A-B-A | -           | -         | -         | 1(0.01)      | -        | -        | 1(0.001)   |
| A-B-B | 110(0.40)   | 55(0.26)  | 40(0.22)  | 16(0.08)     | 3(0.15)  | 1(0.10)  | 225(0.249) |
| A-B-C | 15(0.05)    | 5(0.02)   | 5(0.03)   | -            | 2(0.10)  | -        | 27(0.030)  |
| A-C-A | 38(0.14)    | 15(0.07)  | 14(0.08)  | 19(0.09)     | 1(0.05)  | 2(0.20)  | 89(0.099)  |
| B-B-A | -           | -         | 1(0.01)   | 10(0.05)     | -        | 1(0.10)  | 12(0.013)  |
| B-B-B | 2(0.01)     | -         | 1(0.01)   | -            | -        | -        | 3(0.003)   |
| Total | 274(1.00)   | 214(1.00) | 178(1.00) | 206(1.00)    | 20(1.00) | 10(1.00) | 902(1.00)  |

Table 5. Pairwise Fst values and probabilities of population differentiation between populations

|              | Cheju horse |          |           | Thoroughbred | Mongol | Quarter |
|--------------|-------------|----------|-----------|--------------|--------|---------|
|              | Group I     | Group II | Group III |              |        |         |
| Group I      |             | 0.067*   | 0.070*    | 0.189*       | 0.091* | 0.057   |
| Group II     | 0.000       |          | -0.004    | 0.051*       | -0.007 | 0.001   |
| Group III    | 0.000       | 0.604    |           | 0.040*       | -0.014 | -0.013  |
| Thoroughbred | 0.000       | 0.000    | 0.000     |              | 0.005  | 0.006   |
| Mongolian    | 0.044       | 0.208    | 0.557     | 0.030        |        | -0.025  |
| Quarter      | 0.030       | 0.029    | 0.178     | 0.275        | 0.368  |         |

Above diagonal, pairwise Fst values(\*, p &lt; 0.05).

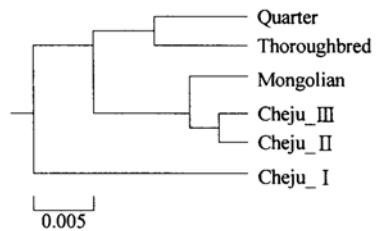
Below diagonal, probability of population differentiation.

Table 6. Genetic distances from gene frequencies of populations

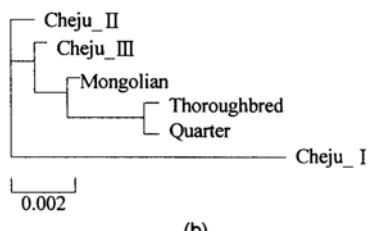
|              | [1] | [2]    | [3]    | [4]    | [5]           |
|--------------|-----|--------|--------|--------|---------------|
| Cheju horse  |     |        |        |        |               |
| Group I      | [1] |        |        |        |               |
| Group II     | [2] | 0.0394 |        |        |               |
| Group III    | [3] | 0.0454 | 0.0004 |        |               |
| Thoroughbred | [4] | 0.1228 | 0.0242 | 0.0193 |               |
| Mongol       | [5] | 0.0642 | 0.0051 | 0.0030 | 0.0144        |
| Quarter      | [6] | 0.0951 | 0.0251 | 0.0207 | 0.0097 0.0214 |

주마 group III와는 0.070으로 매우 가깝게 나타나고 있으나 몽고마 집단과는 0.091, Thoroughbred 집단과는 0.189로 나타나고 있었다(p < 0.05). 경주마로 이용되고 있는 제주마 group III는 순수 재래마로 인정되는 제주마 group I과 외래품종인 Thoroughbred 집단과는 유의적인(p < 0.05) 집단분화의 관계임을 보여주고 있었으나 제주마 group II, 몽고마집단 및 Quarter 품종과는 차별화된 집단관계를 보여주지 못하고 있었다(Table 5).

Nei(1972)의 유전적 거리의 값에 의하면 제주도 축산진흥원에서 사용되고 있는 집단인 제주마 group I은 농가에서 사용되고 있는 제주마 group II(0.0394) 및 제주경주마 집단인 group III(0.0454)와 가깝고 Thoroughbred 품종집단(0.1228)과 가장 먼 거리를 보여주고 있었다(Table 6). 이 유전적 거리의 값을 근거로 집단들간의 분화관계를 추정한 결과 Fig. 1과 같은 계통수를 보여주고 있었다.



(a)



(b)

Fig. 1. Phylogenetic trees using Nei's genetic distance. (a) UPGMA tree. (b) Fitch-Margolias tree with global search option.

#### IV. 고 칠

제주마는 용도에 따라 순수재래마로 등록관리되고 있는 축산진흥원 관리집단, 관광승마장을 중심으로 사육되고 있는 승마집단, 한국마사회 제주경마장에서 경주마로 이용되고 있는 경마집단의 3군으로 구분될 수 있다. 이에 따라 제주마의 분자유전학적인 특성과 제주마 집단간의 차이에 대한 분석은 제주마 보호육성에 많은 의미를 지니고 있다.

Transferrin 유전자형과 유전자형의 빈도가 세구룹(group I, II, III)의 제주마집단과 Thoroughbred, Mongol, Quarter horse에서 분석한 결과 대체적으로 유전자의 출현빈도는 유사한 경향을 보이는 것으로 생각되었다. 유전자형의 heterozygosity에 의한 유전적 다양성은 제주마 group I(0.39)에서 가장 높은 것으로 나타났고 Thoroughbred 집단(0.20)에서 가장 낮은 것으로 분석되었는데 이는 Thoroughbred 집단은 번식에 있어서 강선발된 몇 마리의 종모마에 의하여 비교적 혈연관계가 높은 개체들을 생산하기 때문에 유전적 다양성이 낮아진 것으로 생각되었다.

Exon 13-15-16을 결합한 transferrin allele(combined allele)은 8종류로 조사되었는데 대립유전자 가운데 A-A-C와 B-B-B의 유전자형은 출현빈도는 1% 이내로 낮지만 제주마 집단에서만 출현되고 있었다. 이 유전자형이 제주마 집단에만 출현될 수 있는 고유한 유전자형인지는 비교에 이용된 외래품종의 표본수가 적어서 단정할 수 없었으며 이에 대해서는 외래품종에서 보다 충분한 표본을 조사해서 비교해야 할 것으로 생각되었다(Table 4).

Transferrin 유전자빈도에 의한 제주마의 유전학적 위치는 Fst 값과 Nei의 genetic distance에 의하면 Arab말을 기원으로 하는 Thoroughbred 집단보다는 Mongol 집단에 가깝다고 할 수 있다(Table 5, 6, Fig 1). 이는 집단의 분화관계에 있어서 제주마 집단들은 Thoroughbred 품종보다 몽고마 집단과 훨씬 가까운 시점에서 분화되었다고 할 수 있는데 이 같은 결과는 Kim 등(1999)과 Yang 등(2002)이 제주마의 집단에는

몽고마와 유사한 모계조상을 공유하고 있는 것으로 mtDNA D-loop에 의한 연구 결과와도 상통하는 결과였다.

제주마 집단들(groups I, II and III) 사이에도 어느 정도의 유전적 거리를 보여주고 있었는데 이는 이들 집단에 있어서 인위적 또는 자연적으로 어느 정도 격리된 집단으로 분류될 수 있음을 말해주고 있다. Shin 등(2002)은 제주마집단을 천년기념물로 보호되고 있는 진흥원집단과 경마에 활용되고 있는 집단으로 구분하고 Thoroughbred 품종과 함께 혈액단백질의 유전적 다형현상을 집단간에 비교 분석하면서 경마에 활용되고 있는 제주마집단은 외래품종마에 의한 교접이 의심된다고 하였다. 제주마집단간에 유전자 빈도의 차이가 외래품종 유전자의 도입에 의했다면 몽고마 계통의 유전자가 Thoroughbred 유전자보다 많게 도입되었을 것으로 생각되었다(Fig 1). 집단분화의 확률에 의하면 몽고마집단과 유의적인 분화관계를 보이는 집단은 폐쇄되어 유지되고 있는 축산진흥원집단인 제주마 group I ( $p < 0.05$ )이었고, group II(농가집단)와 group III(경마집단)는 몽고마집단과 집단분화에 유의적인 확률을 나타내주지 못하고 있는 것이 이를 뒷받침해 주고 있다.

생명체의 종(species) 또는 집단(population)의 진화역사에 있어서 집단의 분화는 곧 두 집단이 번식상태가 서로 격리되기 시작했음을 뜻한다. 따라서 유전자빈도의 변화를 초래하는 요인이 유전적 부동이라고 가정하고 추정된 Fst 값 및 집단의 분화 확률에 의존하여 판단한다면 제주마는 대체적으로 여타 품종의 집단과 비교적 격리되어 유지되고 있다고 할 수 있다 (Nei와 Kumar, 2000).

Transferrin 유전자 빈도에 있어서 제주마 집단인 group I, group II 및 group III 간에 차이가 유발되어 서로 이질적인 집단으로 유의적인 분화관계를 보여주고 있는데, 이는 수백 혹은 수십만년의 종 또는 집단의 진화사에 비한다면 오랜 세월을 두고 발생하는 자연적인 집단분화관계로 보기 어렵다. 인위적이든 자연적이든 일시적으로 집단간의 격리상태가 발생하여 유전자 빈도에 차이가 유발되었거나, 또는

제주마의 일부 집단에 제주도내 도입된 외래품종의 유전자 유입으로 인한 기형적인 집단의 분화로 보는 것이 타당하다. 이런 관점으로 본다면 제주도 축산진흥원의 관리하에 있는 등록마집단인 제주마 group I은 제주마 group II 및 group III와는 번식환경적으로 격리되어 유전적으로 차별화된 집단으로 순수하게 유지되고 있다고 생각된다. 또한 제주마 group II 및 group III는 group I에 비해 비교적 번식에 개방적으로 쉽게 외래품종에 노출될 수 있는 원인도 유전자 빈도변화에 일조를 했을 것으로 생각된다.

결론적으로 제주마 집단간에 분화를 몽고마와 Thoroughbred 및 기타 외래품종의 유전자 유입으로 본다면, 제주마의 경마활용에 따라 제주마의 유전자 빈도는 인위적인 선발효과와 함께 보다 빠른 속도로 변할 것이며, 이에 따라 천연기념물로 등록관리되고 있는 제주도축산진흥원의 제주마집단과는 별개로 비교적 짧은 기간에 유전적 특성이 이질적인 제주마 집단도 형성될 수 있을 것으로 판단되었다.

## V. 요 약

제주마의 세 구룹의 집단(group I, 제주도축산진흥원 관리마; group II, 농가사육마; group III, 제주경마장의 경주마)과 외래품종인 Thoroughbred, Mongolian horse 및 Quarter horse에 있어서 transferrin 유전자 분포를 비교하기 위하여 Transferrin 유전자 exon 13, 15 및 16에 대하여 SSCP 분석을 수행하였다. 조사된 유전자의 빈도는 집단간의 유전적 분화거리를 측정하는데 이용되었고 집단분화의 유의성을 검정하였다.

집단분화를 나타내는  $F_{ST}$  값에 의하면 제주마 group I은 group II(0.067) 및 group III(0.070)와는 가깝게 위치하고 있었으나 Mongol 집단과는 0.091로, Thoroughbred 집단과는 0.189의 유전적으로 거리가 다소 먼 분화된 집단관계를 보여주고 있었다. 또한 제주마 group I은 외래품종인 Thoroughbred, Mongolian horse, American Quarter 집단뿐만 아니라 제주마

group II 및 III와도 차별화 되는 집단으로 유지되고 있음을 보여주고 있었다( $p < 0.05$ ). 제주경마장에 경주마로 이용되고 있는 제주마 group III는 제주마 group I 및 Thoroughbred 품종집단에 대해서 집단분화에 유의성이 인정( $p < 0.01$ )되었고 나머지 다른 집단과는 집단분화의 유의성이 없었다( $p > 0.05$ ). 제주마 group II, group III 및 몽고마 사이에는 분화 확률의 유의성이 없어서 이를 집단간에는 유전자 빈도가 매우 유사한 것으로 생각되었다.

이로서 비교적 짧은 기간에 번식환경의 격리 또는 외래품종의 유전자 유입에 의하여 제주마의 transferrin 유전자 빈도는 제주마 집단간에 이질화를 초래하고 있으며, 집단의 분화가 유전자의 유입이 원인이라면 혈통보존되는 축산진흥원의 관리집단 이외의 제주마 집단은 외래품종의 유전자 유입으로 제주마의 고유한 유전적 특성이 빠른 속도로 희석될 것으로 생각된다.

## VI. 인 용 문 헌

- Brandon, R. B., Giffard, J. M. and Bell, K. 1999. Single nucleotide polymorphism in the equine transferrin gene. *Animal Genetics* 30:439-443.
- Carpenter, M. A. and Broad, T. E. 1993. The cDNA sequence of horse transferrin. *Biochimica et Biophysica Acta*. 1173:230-232.
- Excoffier, L. and Slatkin, M. 1995. Maximum-likelihood estimation of molecular haplotype frequencies in a diploid population. *Mol. Biol. Evol.* 12:921-927.
- Felsenstein, J. 1989. PHYLIP-Phylogeny Inference Package(V.3.2). *Cladistics* 5:164-166.
- Guo, S. and Thompson, E. 1992. Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles. *Biometrics* 48:361-372.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *Am. Nat.* 106:283-292.
- Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York, NY, USA.
- Nei, M. and Kumar, S. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press.
- Shin, J. A., Yang, Y. H., Kim, H. S., Yun, Y. M. and Lee, K. K. 2002. Genetic polymorphism of the serum proteins of horses in Jeju. *Journal of Veterinary Science* 3:255-263.
- Stefan, S., David R. and Laurent, E. 2000. Arlequin ver. 2.000, A software for population genetics data

- analysis. University of Geneva, Switzerland.
11. Kim, K. I., Yang, Y. H., Lee, S. S., Park, C., Ma, R., Bouzat, J. L. and Lewin, H. A. 1999. Phylogenetic relationships of Cheju horses to other horse breeds as determined by mtDNA D-loop sequence polymorphism. *Animal Genetics* 30:102-108.
  12. Miller, S. A., Dykes, D. D. and Polesky, H. F. 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Research* 16:1215.
  13. Stefan, S., David, R. and Laurent, E. 2000. Arlequin ver 2.000. A software for population genetics data analysis. Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva, Switzerland.
  14. Yang, Y. H., Kim, K. I., Cothran, E. G. and Flanery, A. R. 2002. Genetic diversity of Cheju horses(*Equus caballus*) determined by using mitochondrial DNA D-loop polymorphism. *Biochemical Genetics* 40: 175-186.
  15. 김남영, 이성수, 양영훈. 2002. 제주마 Transferrin gene exon 13, 15 및 16의 다형현상. *한국동물자원과학회지* 44(4):391-398.
  16. 양영훈. 1997. 제주마 체형 측정치에 의한 혈통 등급 판정에 관한 연구. *제주대학교 동물과학논총* 12:89-98.
  17. 양영훈. 1999. 제주마의 표준체형. 혈액단백질 및 DNA 다형현상을 이용한 특성규명. *제주대학교 동물과학논총* 14:1-11.
  18. 양영훈, 정창조, 이현종, 강태숙. 1991. 제주재래마 혈통정립 및 혈통등록을 위한 조사연구 II. 제주재래마의 체위측정치에 대한 혈통등급의 고정 효과. *한국축산학회지* 33(6):438-443.
  19. 오유성, 오문유, 김세재, 김기옥, 고미희, Kayano Hiroshi, Yang Young-hun. 1995. 제주 재래마와 쓰시마 재래마의 혈액내 단백질의 다형. *Korean J. Zool.* 38:324-329.
  20. 정창조, 이현종, 강태숙, 김중계, 김규일, 강민수, 양영훈, 오문유, 장덕지. 1990. 제주재래마 혈통정립 및 혈통등록을 위한 조사연구 II. *제주대학교 농과대학부설 제주도축산연구소*.
  21. 정창조, 양영훈, 김중계, 강민수. 1991. 제주재래마 혈통정립 및 혈통등록을 위한 조사연구 I. 제주마의 지역별, 성별, 연령별 체형측정치. *한국축산학회지* 33(6):418-422.

(접수일자 : 2003. 11. 4. / 채택일자 : 2004. 1. 9.)