

제주도 한라산에 서식하는 도입종 야생멧돼지에 대한 분자유전학적 분석^{1a}

한상현² · 오장근³ · 조인철² · 고문석² · 김태욱⁴ · 장민호⁴ · 김병수⁴ · 박수곤⁵ · 오홍식^{5*}

A Molecular Genetic Analysis of the Introduced Wild Boar Species (*Sus scrofa coreanus*) on Mount Halla, Jeju Island, Korea^{1a}

Sang-Hyun Han², Jang-Geun Oh³, In-Cheol Cho², Moon-Suck Ko², Tae-Wook Kim⁴, Min-Ho Chang⁴,
Byoung-Soo Kim⁴, Su-Gon Park⁵, Hong-Shik Oh^{5*}

요약

제주도에서는 절멸된 것으로 간주되었던 멧돼지들이 최근 한라산 인근지역에서 발견되었다. 본 연구는 분자유전학적 실험기법을 바탕으로 한라산 멧돼지들이 가축돼지들과 이종교배된 것들인지를 조사하였다. 또한 동일 종내에서의 유전적 유연관계와 분자 성판별을 시험하였다. 가축돼지 품종들(Landrace, Large White, Berkshire, Hampshire, Duroc)과의 교배여부는 핵 DNA와 미토콘드리아 DNA에서 4 종류의 분자 표지인자(*MC1R*, *KIT*, 조절영역, *ND2*)를 적용하여 시험하였다. 야생멧돼지 집단의 모든 개체들이 동일한 mtDNA 조절영역 서열을 나타내었고, 그 서열들은 중국 동북부 재래돼지들과 동일하였으나 기존에 보고된 한반도 멧돼지의 서열들과는 다른 것으로 확인되었다. 이상의 연구결과는 한라산 멧돼지집단이 중국 재래돼지 품종들과 근연이면서, 기존에 연구되지 않았던 유전적 계통에서 유래한 것으로 사료된다. 분자 성판별 결과 수컷에 비해 암컷이 2 배 이상으로 확인되어, 한라산 야생멧돼지 집단이 팽창하고 있으며, 조절하지 않으면 집단 규모는 극적으로 증가할 것이다.

주요어: 이종교배, 분자 표지인자, 분자 성판별, 유전적 계통

ABSTRACT

An wild boar species which has been known as an extinct species on Jeju Island, was recently observed in the surrounding areas of Mount Halla. Based on the molecular techniques, this study examines whether they are crossbred with domesticated pig breeds. Intraspecific genetic relationships with other wild boar populations and molecular sexing were examined as well. Total of four molecular markers on mitochondrial DNA(control region and *ND2*) and nuclear DNA(*MC1R* and *KIT*) were applied to test crossbreeding between with domesticated pig breeds, such as Landrace, Large White, Berkshire, Hampshire, and Duroc. All individuals of

1 접수 2011년 1월 3일, 수정(1차: 2011년 9월 30일), 게재확정 2011년 10월 1일

Received 3 January 2011; Revised(1st: 30 September 2011); Accepted 1 October 2011

2 농촌진흥청 국립축산과학원 난지축산시험장 Subtropical Animal Experiment Station, National Institute of Animal Science, R.D.A. Jeju(690-150), Korea

3 제주특별자치도 환경자원연구원 Institute of Environmental Resource Research, Jeju(690-815), Korea

4 제주대학교 생물학과 Department of Biology, Jeju National University, Jeju(690-756), Korea

5 제주대학교 과학교육과 Department of Science Education, Jeju National University, Jeju(690-756), Korea

a 본 연구는 환경부 국가환경기술진흥원 차세대 핵심환경기술개발사업 “한반도 생물종의 보전관리기술 개발: 세부2 한반도 포유류 보전관리기술(과제번호 052-082-073)”의 연구비를 일부 지원받아 진행한 것임.

* 교신저자 Corresponding author(sciedu@jeju.ac.kr)

wild boar population had identical mtDNA control region(CR) sequences. In addition, the sequences were the same as those of some native pig breeds which are distributed in Northeast China, but different from those previously reported from the Korean Peninsula up to date. These results suggest that this population may have originated from a genetic lineage had been not previously studied and genetically related to Chinese native pig breeds. Molecular sexing results show that there are twice as many females as male. Thus the population is under expansion and its size will dynamically increase if not controlled.

KEY WORDS: INTERCROSS, MOLECULAR MARKER, MOLECULAR SEXING, GENETIC LINEAGE

서론

야생멧돼지(*Sus scrofa*)는 아시아와 유럽, 북아프리카 지역에 걸쳐 16아종이 분포하는 것으로 알려지고 있고 (Epstein, 1984; Ruvinsky and Rothschild, 1998), 우리나라에 서식하는 야생멧돼지 아종은 *S. scrofa coreanus*으로 분류되며, 제주도를 제외한 한반도 전역에서 관찰되고 있다 (Cho *et al.*, 2009). 제주도에서는 고대 유적지에서 멧돼지로 추정되는 유골, 중국 역사서인 삼국지, 후한서, 조선시대 화서인 탐라순력도의 그림과 기록 등을 미루어 과거에는 적지 않은 수의 집단이 서식했던 것으로 추정되고 있다 (Shin *et al.*, 1996; Kim *et al.*, 2002a; 2002b; Kim *et al.*, 2006).

분자유전학의 발전은 가축뿐만 아니라 야생동물에 대한 DNA 서열 정보를 활용한 종 동정(species identification), 성판별(sex determination)은 물론 집단간 유연관계를 비교하는 수준에 이르고 있다. Cho *et al.*(2009)에서는 한국 내 야생멧돼지들과 한국의 재래돼지인 제주재래흑돼지는 가축화에 대한 직접적인 연관이 없으나, 멧돼지의 한반도 유입이 중국-만주를 거친 대륙로와 인도네시아-일본 류큐지방을 거친 해양로 두 가지로 구분됨을 제안하였다. 또한 한국의 멧돼지의 모계 중 일부는 중국에서 가축화된 중국재래돼지의 모계선조와 근연의 관계임도 확인하였다. Han *et al.*(2007)은 *SRY*, *ZFX-ZFY* 유전자의 증폭양상에 따른 멧돼지의 성별 이형성을 이용하여 분자 성판별이 가능함을 보고하였다. Oh(1999)는 지리산에서 포획한 한국멧돼지와 가축돼지 품종들을 이용하여 PCR-RAPD 분석을 통해 야생멧돼지 특이 마커를 보고한 바 있다. 야생멧돼지의 *KIT* 유전자형이 가축돼지 품종인 Large White, Landrace 등과 전혀 다르며(Johansson Moller *et al.*, 1996; Giuffra *et al.*, 2002; Pielberg *et al.*, 2002), intron 서열상에서도 특이적인 염기변이를 확인하였다(Cho *et al.*, 2006). 돼지의 품종을 구분할 수 있는 분자 표지인자 중 모색 표현형과 연관된 *MC1R* 유전자는 유전양상과 염기변이에 따라 야생형(E^+),

우성 흑색(E^D), 우성 흑모색-반점(E^P), 열성 적색(e) 등으로 구분되며(Kijas *et al.*, 1998; Andersson, 2003), 품종을 식별하는 표지인자로서 개별 품종의 특성을 설명하거나 생산 이력제 등에도 활용되고 있다(Cho *et al.*, 2004; Shi *et al.*, 2006; Xu *et al.*, 2006; D'Alessandro *et al.*, 2007). 이외에도 모계에 의해서만 유전되는 미토콘드리아 DNA(mtDNA) 서열에서 유럽-아시아형 돼지품종들이 서로 구분되는 것으로 알려진 *ND2* 유전자 개시코돈(alternative initiation codon, AIC)의 염기서열 다형성, 조절영역(control region, CR) 내에서 Large White 품종 특이적인 11-bp 중복 양상 등도 확인되어, 품종 구분을 위한 분자 표지인자로서의 활용이 제안되기도 하였다(Han *et al.*, 2004; Seo *et al.*, 2004; Kim *et al.*, 2009).

동물 사회집단 내에서 번식 가능한 성체의 성비를 사회성비(socionomical sex ratio)이라 부르며, 이 중 특정 시공간에서의 성비를 실효성비(operational sex ratio)라 하며, 향후 집단의 규모를 결정하는 가장 중요한 요인 중 하나로 작용하는 것으로 보고되었다(Skogland, 1986). 환경의 변화나 수렵에 의한 한 쪽 성의 일방적인 감소는 번식기간 동안 상호경쟁 발생 등 야생집단의 생활양식 자체를 바꿔게 하는 계기가 된다.

제주도에서 멧돼지는 무분별한 포획과 서식지 파괴 등으로 절멸된 것으로 간주되고 있었으나(Jeju-do and Hallasan-Saengtaemunhwayeonguso, 2006), 1990년대 이후 타 지역으로부터 도입되었고, 일부가 한라산 인근에 서식하는 것이 관찰되기 시작했다(Oh *et al.*, 2007). 현재 한라산 인근의 멧돼지 개체 수는 약 470 여 두로 추정되고 있으나(Oh, personal communication; Oh, unpublished data), 이들의 포식활동, 사회구조 등 생태적 특성은 전혀 예상되지 못하고 있는 실정이다. 또한 멧돼지의 활동에 의한 농경지나 가축방목용 초지 등을 훼손하면서 관리대책 마련이 시급하게 요구되고 있다. 이에 본 연구에서는 제주도 한라산 인근 산간 지역에서 포획 또는 사체로 발견된 멧돼지들에 대하여 분자유전학적 실험기법을 활용하여 가축돼지 품종과

의 교배여부, 한반도 멧돼지들과의 유연관계를 살펴보고, 성판별을 통해 성비조사를 통해 집단규모의 확장성 여부를 분석하고자 수행되었다.

재료 및 방법

1. 실험재료

연구에 이용한 멧돼지 시료는 한라산국립공원 북쪽에 위치한 천왕사, 열안지, 관음사 인근 지역에서 포획 또는 사체로 발견된 11개체를 대상으로 하였고, 가축돼지 품종과의 교잡 여부를 확인하기 위해 농촌진흥청 국립축산과학원 난지축산시험장에서 보유 중인 가축돼지 5품종(Berkshire, Hampshire, Duroc, Landrace, Large White), 한반도 야생 멧돼지의 DNA를 분양받아 분석에 이용하였다(Table 1). 한라산에서 수집한 멧돼지 시료의 DNA 추출에서 개체간 혼동을 피하기 위해 꼬리의 일부만을 절취한 후, 근육 또는 피부 조직을 채취하여 사용하였다. DNA 추출은 sucrose- proteinase K lysis buffer를 이용하였으며, 추출 과정은 일부 변형하여 수행하였다. DNA 추출 후 RNase를 처리하였고, 이후 phenol 추출법과 ethanol 침전으로 다시 회수하고 TE buffer에 용해하여 PCR 증폭을 위한 주형으로 이용하였다.

2. 멧돼지 특이 유전자형의 확인

수집한 멧돼지들이 가축돼지 품종들과 교잡 여부를 확인

하기 위해 기존에 멧돼지 특이적인 서열 및 유전자형을 나타내는 핵 DNA *KIT*, *MC1R*, mtDNA의 *ND2* AIC 다형성과 CR 내 11-bp 중복 양상 등을 조사하였다. 유전자 증폭을 위해 *MC1R*은 Cho *et al.*(2004), *KIT*는 Cho *et al.*(2006), mtDNA *ND2*는 Han *et al.*(2004), mtDNA CR 11-bp 중복 영역은 Kim *et al.*(2009)이 보고한 프라이머 서열을 이용하였다. 유전자 분석을 위한 PCR 증폭은 멧돼지와 가축돼지 품종의 DNA를 주형으로, 10×PCR 반응 완충액, 20 mM dNTP, 각각 10 pmol primer, 2.0 units Taq DNA polymerase(TaKaRa, Japan)에 멸균한 탈이온수를 첨가하여 25 μ l 용량으로 PCR반응을 수행하였다. 유전자 절편의 증폭은 PTC-200(MJ Research, USA)을 이용하여 94°C-2분 열변성 후, 94°C-45초, annealing 온도(*ND2*, 58°C; CR, 55°C; *KIT*, 58°C; *MC1R*, 68°C)-1분, 72°C-1분으로 이어지는 증폭반응을 35회 반복한 후 72°C-10분 최종신장하고, 4°C에서 보관하였다. 증폭한 PCR 산물들은 기존의 보고에 따라 제한효소 *Aci* I (*KIT* exon 19-intron 19), *Nla* III (*KIT* exon 17-intron 17 연결부), *Bsp*HI와 *Acc*II(*MC1R*), *Tsp*509 I (*ND2*)를 각각 처리하여 1-2.5% agarose gel이나 10% polyacrylamide gel, CR 11-bp 중복 양상은 PCR 산물을 직접 3% agarose gel 상에서 전기영동하여 확인하였다.

3. 유전자 성판별

연구에 이용한 멧돼지들의 성판별은 *SRY* 유전자의 증폭 양상에 따라 결정하였고, Cho *et al.*(2005)의 방법에 준하여

Table 1. Genotype distribution and frequencies of mtDNA and nuclear DNA markers found in domestic pig breeds and wild boars collected in Mount Halla, Jeju Island and Korean Peninsula

Breed	n ¹	Genotype														
		mtDNA				<i>MC1R</i>					<i>KIT</i>					
		CR 11-bp duplication ²		<i>ND2</i> AIC							Splice mutation			intron 19 C289A		
		type 1	type 2	<i>ATT</i>	<i>ATA</i>	<i>E⁺E⁺</i>	<i>E^PE^P</i>	<i>E^{D2}E^{D2}</i>	<i>ee</i>	<i>ii</i>	<i>II</i>	<i>I^{Be}I^{Be}</i>	<i>I^PI^P</i>	<i>CC</i>	<i>CA</i>	<i>AA</i>
Wild boar ³	11	-	1.000	-	1.000	1.000	-	-	-	1.000	-	-	-	0.636	0.364	-
Wild boar ⁴	20	-	1.000	-	1.000	1.000	-	-	-	1.000	-	-	-	0.600	0.400	-
Landrace	20	-	1.000	1.000	-	-	1.000	-	-	-	1.000	-	-	1.000	-	-
Large White	20	1.000	-	-	1.000	-	1.000	-	-	-	1.000	-	-	1.000	-	-
Duroc	20	0.200	0.800	0.800	0.200	-	-	-	1.000	1.000	-	-	-	-	-	1.000
Berkshire	20	-	1.000	0.100	0.900	-	-	1.000	-	-	-	1.000	-	-	-	1.000
Hampshire	20	-	1.000	0.600	0.400	-	-	1.000	-	-	-	-	1.000	-	-	1.000

1: the number of animals tested

2: type 1 and 2 are 11-bp duplicated and non-duplicated patterns, respectively

3: the animals collected in Mount Halla, Jeju Island

4: the animals collected in Korean Peninsula. The DNA samples were provided from National Institute of Animals Science, RDA

시험하였다. PCR 증폭은 상기 방법을 따랐으며, 1% agarose gel에서 전기영동한 후, 밴드의 유무에 따라 암수를 판독하였다.

4. MtDNA CR 서열을 이용한 유연관계 분석

계통유연관계 분석을 위한 염기서열 결정을 위해 mtDNA CR 내 5' 말단 679-bp 절편을 PCR로 증폭하고 MegaBace 1000(Amersham Pamacia, USA)을 이용하여 염기서열을 결정하였다. 결정된 염기서열은 GenBank database 상에서 BLAST program을 이용하여 최대 유사 서열을 검출하였다. 검출된 서열들과 Cho *et al.*(2009)에 의해 보고된 한국 야생멧돼지 CR 서열을 CLUSTAL W program(Thompson *et al.*, 1994)으로 다중정렬한 후, PHYLIP package 내에서 neighbor joining(NJ) tree를 작성하였다. 결정된 mtDNA CR 서열은 NCBI GenBank에 등록하였다(JN251947-JN251957).

결과 및 고찰

1. 형태적 특성 및 야생멧돼지 특이 유전자형

최근 한라산국립공원 및 인근 지역에서 출몰하는 멧돼지들이 어디에서 유래한 것이며, 이들이 과연 야생동물인지, 아니면 가축돼지 품종들과 교배되어 사육 중이던 축근 일부가 야생생활을 하고 있는 것인지를 확인하기 위해 한라산 인근 지역에서 포획된 멧돼지들에 대한 연구를 수행하였다.

포획된 멧돼지들의 외부 형태는 흑갈색에 복부는 백색을 나타내었고, 가축돼지에서는 자돈 시기에 제거되는 견치가 그대로 유지되고 있는 모습을 확인할 수 있었다(Figure 1, A와 B). 육안 관찰에 의한 결과만으로 야생멧돼지라고 추정되었고, 가축돼지와 교잡되었을 가능성을 나타내는 형태적 특성 또한 발견되지 않았다. 하지만 포획된 동물들이 가

축화된 돼지 품종들과 교배되었을 가능성 역시 완전히 배제할 수 없어, 기존에 돼지 품종 식별 및 멧돼지에 대한 사전 연구에서 제안된 분자 표지인자들에 대한 유전자형 분포를 분석하였다.

모계유전의 특성을 나타내는 mtDNA ND2 유전자의 선택적 개시코돈은 ATT, ATA 등 2가지 서열로 구분되는데, ATT는 유럽의 멧돼지와 유럽 가축돼지 품종들에서, ATA 서열은 아시아산 재래돼지와 아시아산 멧돼지에서만 공통으로 출현한다고 보고되었다(Han *et al.*, 2004; Seo *et al.*, 2004). ND2 개시코돈에 대한 PCR-RFLP 분석은 한라산 멧돼지들은 모두 ATA 서열을 나타내어 제한효소 *Tsp509I*에 의해 절단되지 않는 형태로 관찰되었다. 반면 유럽 원산인 Landrace 품종은 모두 ATT 서열을 나타내어, 적어도 한라산 멧돼지들이 Landrace와 교배되지 않은 집단임을 보여주고 있다. 이와는 달리 동일한 유럽원산인 Large White의 경우는 ND2 개시코돈이 ATA서열을 나타내었다. 하지만, Large White 품종은 mtDNA CR 내에서 11-bp 중복현상을 품종-특이적으로 나타내는 것으로 알려져 있고(Seo *et al.*, 2004; Kim *et al.*, 2009), 한라산 멧돼지들은 11-bp 절편이 1회 출현하나 Large White는 2회 중복되어 있었다. CR 내 11-bp 중복양상은 유럽 원산 품종 중 Large White에서 매우 흔하게 관찰되며, Landrace 품종에서는 전혀 관찰되지 않는 것으로 보고되었다(Kim *et al.*, 2009). 11-bp 중복 양상에 대한 분석에서 한라산 멧돼지들은 11-bp 중복을 전혀 나타내지 않아, Large White에 의한 교잡이 이루어지지 않은 것으로 추정되었다. 이는 한라산 멧돼지의 기원이 적어도 유럽에서 유래하여 직접 도입된 것은 아니며, 또한 유럽이 원산인 가축돼지와 교배에서 생산된 것은 아니라는 결과로 추정된다.

또 핵 DNA 표지인자인 *KIT* intron 17에 대한 PCR-RFLP 분석 결과, 멧돼지 시료에서는 다형성이 관찰되지 않고, 백색돼지 품종 특이적 유전자 중복은 관찰되지 않았다. 이는 조사에 이용된 멧돼지 시료들이 모두 유색으로 관찰되었다는 사실을 뒷받침해주는 결과라 하겠다. 반대로 Landrace, Large White 등 백색 돼지품종들은 모두 *KIT* 유전자가 중복되어 있음을 보여주는 introm 17의 다형성을 나타내었다(Johansson Moller *et al.*, 1996; Giuffra *et al.*, 2002; Pielberg *et al.*, 2002). 또한 *KIT* intron 19 g.289C/-는 한반도 야생멧돼지에서만 관찰되는 다형성으로(Cho *et al.*, 2006), 이는 유사한 유색 종인 Duroc, Berkshire 등에서도 발견되지 않았다. 또한 돼지의 모색과 관련된 또 다른 표지인자인 *MC1R* 유전자형 분석 결과에서도, 한라산 멧돼지들은 모두 야생형 대립인자인 E^+E^+ 동형접합으로 관찰되었고, 일반 가축돼지 품종에서 출현하는 E^D , E^{Be} , E^P , e 대립인자들은 관찰되지 않았다. Table 1은 mtDNA와 핵 DNA

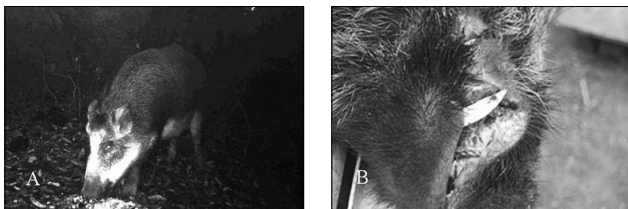


Figure 1. Photographs of wild boars in Mount Halla, Jeju Island. A was obtained by a motion-capturing remote camera. B shows an uncut canine tooth obtained from a captured wild boar in Mount Halla, Jeju Island(kindly provided by collectors)

MC1R, KIT 유전자에 대한 품종별 분석결과를 나타낸 것으로, 한라산 멧돼지 집단과 우리나라에서 양돈업에 많이 이용되고 있는 가축돼지 5품종에 대한 분석 결과는 한라산에서 포획된 멧돼지 집단이 가축화된 돼지 품종들과 교배된 분자적 증거는 없는 것으로 확인되었다. 분자 표지인자의 유전자형에 대한 분석결과와 외부 형태적 특성들을 고려하면, 한라산에서 수집된 멧돼지들은 모계가 아시아형인 야생 멧돼지 집단에서 유래된 것으로 판단된다.

2. MtDNA CR 서열을 이용한 계통유연관계

한라산 멧돼지 집단의 유래를 확인하기 위해 mtDNA CR의 5' 절편 일부를 증폭하여 유전자 서열을 결정하고, 이를 기존에 보고된 database 상에서 유사도 검색을 수행하였다. 그 결과 본 연구에서 결정한 모든 멧돼지 시료의 CR 서열을 다중정렬한 결과 모두 동일한 유전자 서열을 나타내었다 (data not shown). 이는 수집된 11개체의 멧돼지들이 여러 모계에서 유래된 것이 아니라, 모두 동일한 모계선조에서 유래되었을 가능성을 시사해 주는 결과이다. 즉, 하나의 집

단이 정착한 후 개체군 팽창과정을 겪었을 것으로 추정된다.

Cho *et al.*(2009)은 mtDNA CR 서열을 이용한 한반도와 중국, 일본, 동남아시아의 멧돼지의 기원과 이동경로에 대한 분자계통학적 연구결과를 보고하였다. 여기서 한반도 멧돼지의 유입경로는 중국을 경유한 대륙로와 일본의 류큐지방을 경유한 해양로를 제시하였다. 또한 한반도 야생멧돼지가 한국재래돼지들의 가축화에 직접적으로 이용된 분자적 증거는 없으나, 한국재래돼지의 일부가 중국재래돼지 일부 품종들과 함께 중국 야생멧돼지와 같은 haplotype에서 발견됨을 보고하였다. 즉, 한국재래돼지와 중국재래돼지 품종 일부가 중국의 야생멧돼지를 이용하여 가축화되었을 가능성을 보여주는 결과로 제안하였다.

한라산 멧돼지에서 결정한 mtDNA CR 679-bp 서열들을 GenBank database 상에서 BLAST program으로 유사도 검색을 수행한 결과, 중국의 내몽고 지역 He-Tao-Big-ear (FJ601405), 산둥 Lai-Wu black(EF590174, FJ601444-45), 흑룡강 지역 Min(EF590183, FJ601468-69) 품종들에서 보고된 서열들(Larson *et al.*, 2010; Zhao *et al.*, unpublished data)과 일치하였다. 염기서열의 유사도 검색에서 기존에

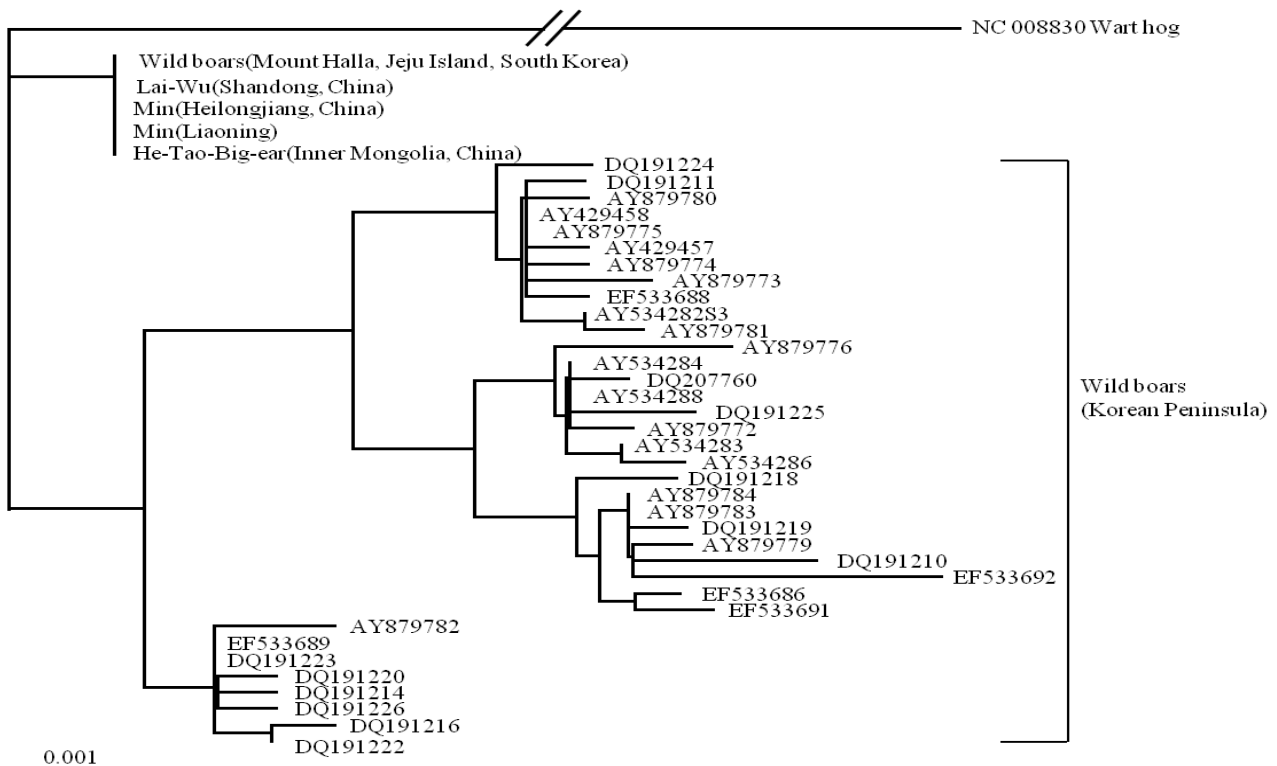


Figure 2. NJ tree constructed using mtDNA CR sequences from wild boars used in this study captured on Mount Halla(n=11), Jeju Island, and previously reported on the Korean Peninsula by Cho *et al.*(2009). Northeast Chinese native pig breeds were obtained from BLAST search results from NCBI database

보고된 한반도 멧돼지의 서열들과 일치하거나 매우 높은 유사도를 나타낼 것으로 예상하였으나, 중국의 동북부 지역의 재래돼지 품종 중인 He-Tao-Big-ear, Min, Lai-Wu 등과 완전히 일치하는 결과를 보였다. Figure 2는 한라산 멧돼지들의 mtDNA CR 서열들과, 기존에 한반도 멧돼지에서 보고된 서열들, 중국재래돼지 He-Tao-Big-ear, Min, Lai-Wu 등의 서열들을 이용하여 NJ tree를 작성한 것이다. BLAST 검색결과 동일한 서열을 나타낸 11개의 한라산 멧돼지 서열들과 중국 재래돼지 3품종의 7개의 서열이 하나의 분지를 형성하면서 한반도 야생멧돼지의 서열들 내에 위치하지 않고 별개의 분지를 형성함을 보여주고 있다. 이는 기존에 Cho *et al.*(2009)에 의해 보고된 개체들과는 직접적인 모계 연관이 되지 않은 집단임을 보여주는 결과라 하겠다. 하지만 Cho *et al.*(2009)이 이용한 한반도 멧돼지들이 대부분 경기도 북부-강원도 북부, 지리산 인근의 경상남도-전라남도-전라북도에서 수집되었다는 점을 감안하면, 한반도 내 산간지역과 일부 도서에까지 널리 분포하는 한국 야생멧돼지 집단은 매우 높은 유전적 다양성을 내포하고 있다고 추정할 수 있다. 또한 현재 한라산의 멧돼지 집단은 Cho *et al.*(2009)의 연구에 이용되지 않았던 집단에서 유래한 모계 집단으로 판단된다. 다시 말해, 한반도 야생멧돼지 모계선 조 중 일부가 과거 Min, Lai-Wu, He-Tao-Big-ear 등 중국 재래돼지 품종의 가축화단계에 기여하였고, 그 멧돼지 집단의 일부가 한반도로 이주해 왔을 것이다. 또한 이들의 후손 중 일부가 다시 1990년대에 제주도 한라산으로 인위적으로 이주되어 현재에 이르게 된 것으로 추정된다. 물론 이상의 가설을 입증하기 위해서는 보다 세밀한 분자유전학적 분석 뿐만 아니라, 형태학, 해부학 및 생태학적 분석 결과 등이 종합적으로 추가되어야 할 것이다.

3. 유전자 성판별

수컷특이 분자 표지인자인 *SRY* 유전자 증폭을 통해 조사 시료의 성판별을 수행하였다. PCR로 증폭한 산물에 대한 전기영동 결과에서 수컷에서는 밴드가 관찰되나, 암컷에서는 밴드가 관찰되지 않았다. 조사된 11두 중 수컷은 4두로 확인되었다(Figure 3). 일반적으로 멧돼지의 배우체계는 일부다처로 수컷 한 마리가 여러 마리의 암컷을 거느린다. 서식환경이 좋은 집단의 성비는 보통 수컷에 치우친다고 하지만, reindeer(*Rangifer tarandus*)의 예(Skogland, 1986)처럼 한라산에 서식하는 멧돼지는 암컷의 비율이 수컷에 비해 2배 이상으로 매우 높게 나타났다. 이는 한라산 멧돼지가 집단규모가 점차적으로 증가하는 추세인 초기형성집단임을 의미한다. 멧돼지의 1회 산자수가 3-10두이며, 1년에 1-2회 번식할 수 있다. 만약 앞으로 인위적인 조절이 없다면,

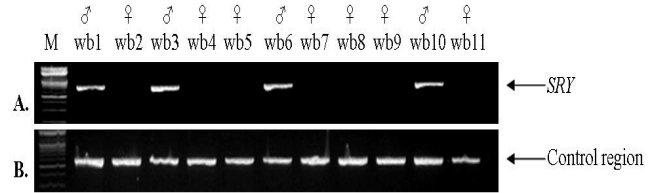


Figure 3. PCR amplification patterns of *SRY*(A) and the mtDNA control region(B) in 11 wild boar DNA samples collected from Mount Halla, Jeju Island. Wb1, wb3, wb6, and wb10 containing *SRY* PCR bands are males, all others are females. M is the DNA size marker, 100-bp DNA Ladder

향후 한라산 멧돼지의 개체군은 역동적으로 증가할 것으로 예상된다.

본 연구에서는 한라산 북쪽 지역에서 포획, 수집된 멧돼지에 대한 가축돼지 품종과의 교잡 여부, 염기서열의 유사도 검색, 분자 성판별 등의 자료를 종합적으로 살펴보았다. 그 결과 수집된 시료들이 가축돼지품종들과 교잡되었다는 직접적인 분자유전학적 증거는 발견되지 않았으며, 과거 중국 북동부 지역에서 가축화에 이용되었던 야생멧돼지 집단에서 한반도로 이주한 집단에서 유입된 것으로 추정되었다. 또한 암컷의 비율의 수컷에 비해 2배 이상으로 확인되어 향후 개체군이 지속적으로 증가하여 집단의 규모는 점차적으로 커질 것으로 추정되었다. 현재 제주도에는 본 연구에서 조사한 한라산 북쪽 지역뿐만 아니라 남쪽에서도 야생멧돼지들이 출몰한다고 확인되고 있어 한라산 남쪽 지역의 멧돼지 집단에 대한 연구 조사가 시급히 요구되고 있으나, 아직까지 한라산 전 지역에 서식하는 멧돼지의 개체 수조차도 확인마저 되지 않는 실정이다. 본 연구에서 결정된 mtDNA 서열이 기존에 한반도 멧돼지에서는 전혀 관찰되지 않았다는 점 등을 감안하면, 연구 결과는 향후 한라산 멧돼지의 실태조사와 대책수립뿐만 아니라 우리나라 야생멧돼지, 재래돼지의 진화 및 가축화에 대한 연구를 위한 중요한 기초자료가 될 것으로 사료된다.

인용문헌

- Andersson, L.(2003) Melanocortin receptor variants with phenotypic effects in horse, pig, and chicken. *Annals of the New York Academy of Sciences* 994: 313-318.
- Cho I.C., S.H. Han, M. Fang, S.S. Lee, M.S. Ko, H. Lee, H.T. Lim, C.K. Yoo, J.H. Lee and J.T. Jeon(2009) The robust phylogeny of Korean wild boar (*Sus scrofa coreanus*) using partial D-loop sequence of mtDNA. *Mol. Cells* 28: 423-430.
- Cho, I.C., S.Y. Kang, S.S. Lee, Y.L. Choi, M.S. Ko, M.Y. Oh and

- S.H. Han(2005) Molecular sexing using *SRY* and *ZF* genes in pigs. Korean J. Anim. Sci. Technol. 47: 317-324. (in Korean with English abstract)
- Cho, I.C. Y.H. Jung, J.K. Jung, P.N. Seong, W.Y. Oh, M.S. Ko, B.W. Kom, J.G. Lee and J.T. Jeon(2004) Detection of novel genetic variations of the *MC1R**3 allele in pig(*Sus scrofa*). Korean J. Anim. Sci. Technol. 46: 1-6. (in Korean with English abstract)
- Cho, I.C., Y.L. Choi, M.S. Ko, J.G. Lee, J.T. Jeon, H. Lee, M.Y. Oh and S.H. Han(2006) Novel mutation and genetic variation of the *KIT* gene in Korean wild boars(*Sus scrofa coreanus*). Korean J. Anim. Sci. Technol. 48(1): 1-8. (in Korean with English abstract)
- D'Alessandro E., L. Fontanesi, L. Liotta, R. Davoli, V. Chiofalo and V. Russo(2007). Analysis of the *MC1R* gene in the Nero Siciliano pig breed and usefulness of this locus for breed traceability. Vet. Res. Commun. 31(Suppl 1): 389-392.
- Epstein, H.(1984) Pig. In: I.L. Mason(eds), Handbook of evolution of domesticated animals. Longman, London, pp. 145-162.
- Giuffra, E., A. Törnsten, S. Marklund, E. Bongcam-Rudloff, P. Chardon, J.M. Kijas, S.I. Anderson, A.L. Archibald and L. Andersson(2002) A large duplication associated with dominant white color in pigs originated by homologous recombination between LINE elements flanking *KIT*. Mamm. Genome 13(10): 569-577.
- Han, S.H., I.C. Cho, Y.L. Choi, C.E. Lee, M.S. Ko, J.H. Kim, B.Y. Seo, J.G. Lee and J.T. Jeon(2004) Characterization and frequencies of alternative initiation codon(AIC) of mtDNA *ND2* in five pig breeds. Korean J. Anim. Sci. Technol. 46(6): 903-908. (in Korean with English abstract)
- Han, S.H., S.S. Lee and I.C. Cho(2007) SINE-like sequence insertion on *Zinc Finger-Y* gene and sexual dimorphism in wild boars. J. Appl. Anim. Res. 32(2): 165-168.
- Johansson Moller M., R. Chaudhary, E. Hellmén, B. Höyheim, B. Chowdhary and L. Andersson(1996) Pigs with the dominant white coat color phenotype carry a duplication of the *KIT* gene encoding the mast/stem cell growth factor receptor. Mamm. Genome 7(11): 822-830.
- Jeju-do and Hallasan-Saengtaemunhwayeonguso(2006) List of animals and Plants in Mount Halla. Gak, Jeju, 349pp. (in Korean)
- Kijas J.M., R. Wales, A. Törnsten, P. Chardon, M. Moller and L. Andersson(1998) *Melanocortin receptor 1 (MC1R)* mutations and coat color in pigs. Genetics 150(3): 1177-1185.
- Kim, H.C., K.S. Jung, K.H. Lee, C.H. Kang, M.J. Ahn, J.C. Kang, Y.D. Lee and T.K. Shin(2002a) Comparative anatomical study of animal bones excavated from the Konaeli archaeological site on Jeju Island. Subtropical Agri. & Biotech., Cheju Nat'l. Univ. 18: 129-141. (in Korean with English abstract)
- Kim, H.L., C.H. Kang and T.K. Shin(2002b) Comparative anatomical study on ancient bones excavated from the Jongdal-ri shell mound archaeological site IV on Jeju Island. Korean J. Vet. Res. 42: 309-320. (in Korean with English abstract)
- Kim, J.H., S.H. Han, M.C. Kang, J.H. Oh, Y.H. Jung, G.O. Kim and M.Y. Oh(2006) Ancient pigs on Jeju Island, Korea: molecular identification and phylogenetic relationship with extant native pigs. Korean J. Genetics 28(4): 385-393.
- Kim J.H., S.H. Han, S.S. Lee, M.S. Ko, J.G. Lee, J.T. Jeon and I.C. Cho(2009) Detection of a Large White-specific duplication in D-loop region of the porcine mtDNA. J. of Life Sci. 19(4): 467-471. (in Korean with English abstract)
- Larson, G., R. Liu, X. Zhao, J. Yuan, D. Fuller, L. Barton, K. Dobney, Q. Fan, Z. Gu, X.H. Liu, Y. Luo, P. Lv, L. Andersson and N. Li(2010) Patterns of East Asian pig domestication, migration, and turnover revealed by modern and ancient DNA. Proc. Nat'l. Acad. Sci. U.S.A. 107(17): 7686-7691.
- Oh, H.J.(1999) The studies on the genetic marker of Korean wild pig (*Sus coreanus*) using RAPD method. Korean J. Anim. Sci. Technol. 41(6): 629-636. (in Korean with English abstract)
- Oh, H.S., M.H. Chang and B.S. Kim(2007) Current status of mammals in Hallasan National Park. Kor. J. Env. Eco. 21(3): 235-242. (in Korean with English abstract)
- Oh, H.S. Jeju National University, Jeju, Jeju-do. (personal communication)
- Oh, J.G. Institute of Environmental Resource Research, Jeju, Jeju-do. (unpublished data)
- Pielberg, G., C. Olsson, A.C. Syvänen and L. Andersson(2002) Unexpectedly high allelic diversity at the *KIT* locus causing dominant white color in the domestic pig. Genetics 160(1): 305-311.
- Ruvinsky, A. and M.F. Rothschild(1998) Systematics and evolution of the pig. In: M.F. Rothschild, and A. Ruvinsky, (eds), Handbook of The Genetics of the Pig, CAB International, Oxfordshire, pp. 1-16.
- Seo, B.Y., J.H. Kim, E.W. Park, H.T. Lim, I.C. Cho, B.W. Kim, S.J. Oh, I.C. Cheong, J.G. Lee and J.T. Jeon(2004) Application of breed-specific DNA markers for the use of identifying major pure pig breeds maintained in Korea. Korean J. Anim. Sci. Technol. 46(5): 735-742. (in Korean with English abstract)
- Shi, K.R., A.G. Wang, X.F. Yuan, X.M. Deng and N. Li(2006) Analysis of the *MC1R*, *KIT* and *ASIP* loci in Chinese and European pigs. Anim. Genet. 37(3): 300-302.
- Shin, T.K., J.K. Jin and C.S. Lee(1996) Archaeological study of animal bones excavated from Cheju Kimnyungrri cave site. Korean J. Vet. Res. 36: 757-761. (in Korean with English abstract)
- Skogland, T.(1986) Sex ratio in relation to maternal condition and parental investment in wild reindeer *Rangifer t. tarandus*. Oikos 43:417-419.
- Thompson, J.D., D.G. Higgins and T.J. Gibson(1994) CLUSTAL

W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting position specific gap penalties and weight matrix choice. Nucl. Acids Res. 22: 4673-4680.

Xu, G.L., J. Ren, N.S. Ding, H.S. Ai, Y.M. Guo, C.Y. Chen and L.S.

Huang(2006) Genetic analysis of the *KIT* and *MC1R* genes in Chinese indigenous pigs with belt-like coat color phenotypes. Anim. Genet. 37(5): 518-519.

Zhao, X., N. Xu, N. Li and X. Zhao. College of Animal Science, Zhejiang University, Zhejiang, China. (unpublished data)