

mtDNA D-loop의 염기서열에 의한 제주견과 우리나라 재래견 및 외국견 품종과의 유연관계

김미경¹ · 김남영² · 이성수² · 김규일¹ · 양영훈^{1*}

¹제주대학교 생명공학부, ²농촌진흥청 난지축산시험장

Phylogenetic Relationships of Jeju Dogs to Other Domestic and Foreign Dog Breeds Determined by Using mtDNA D-loop Sequences

Mi Gyoung Kim¹, Nam Young Kim², Sung Soo Lee², Ky IL Kim¹ and Young Hoon Yang^{1*}

¹Faculty of Biotechnology, Jeju National University, Jejudaekakno 66, Jeju-si, Jeju 690-756, Korea, ²National Institute of Animal Science RDA, O-deung Dong 175-6, Jeju 690-150, Korea

ABSTRACT

Phylogenetic relationships of Jeju dogs to other domestic and foreign dog breeds were assessed using mtDNA D-loop sequences. Neighbor-joining trees were constructed using complete sequences (970 bp excluding the tandem repeat region) determined for five Cheju, four Jindo, four Sapsaree, five Pungsan, two of each East and West Laika dogs (*Canis familiaris*), two gray wolves (*Canis lupus*) and two coyotes (*Canis latrans*) and also published complete sequences for dogs. Coyote sequences were used as outgroups. In addition, a total of 214 haplotypes of 598bp D-loop sequences from 30 dog breeds were collected from GenBank and used to investigate genetic structure of population. In the analyses of full D-loop sequence variation and the phylogenetic trees constructed by neighbor-joining method, neither haplotypes nor clades specific for any domestic dog breeds were observed. The inter-species sequence variation (4.51%) between domestic dogs and wolves was much higher than the intra-species sequence variation within domestic dogs (1.63%) and wolves (3.64%). The divergence of the dog and wolf occurred approximately 1~2 million years ago based on these values. The taxa of Jeju dog breed in the phylogenetic tree are clustered separately and intermingled with other taxa of breeds, suggesting that active crossbreeding of Jeju dogs with other domestic breeds.

(Key words : Dogs, Mitochondrial DNA, D-loop, Polymorphism, Phylogeny)

서 론

제주도에서 개의 사육 기원은 알 수 없으나 유사이전부터 시작되어 제주도의 역사와 함께 오래 전부터 사육되었을 것으로 짐작하고 있다. 이용가치 하락으로 사육두수의 격감과 함께 방치되어 제주견은 자연적인 도태압력을 받게 되었고, 현재는 거의 사라져가는 상태로, 제주도축산진흥원과 제주견협회가 보유한 소수의 두수가 혈통번식으로 그 명맥이 유지되고 있다. 제주견의 특징으로는 체중이 13~17 kg, 체고 45~46 cm, 체장 50~56 cm 정도로 소형이며, 주인을 잘 따르면서도 작지만 민첩하여 한라산의 산간지대에 서식하는 노루, 오소리, 꿩 등 야생 짐승을 사냥하기에 적합한 사냥개로도 이용되었을 것으로 설명되고 있다(제주특별자치도, 2007).

우리나라의 토종개는 구석기시대 말기 또는 초기 신석기 전후로 북방으로부터 유목민과 함께 한반도로 유입되어 정착된 것으로 보는 견해가 있다. 물론 유입된 원시품종도 그 후 시대의 흐름과 함께 새롭게 유입된 혈통들과의 교류되면서 한반도의 토종개로 자리

잡게 된 것으로 보고 있다. 오랜 세월 동안 다양한 형태의 토종개들이 형성과 멸종이 반복되었을 것으로 추측되는데, 토종개의 형태와 특성에 대한 설명이 가능한 현존하는 품종은 풍산개, 삼살개, 진도개, 제주개, 오수개, 거계개 등이 알려지고 있다(하지홍, 2003).

오늘날 개의 조상은 형태학적으로나 mtDNA D-loop 영역의 다형성 조사에 의해서도 늑대를 조상으로 하고 있다는 것이 일반적인 학설이다. 특히 늑대 가운데에도 회색늑대(Gray wolf)를 직계조상으로 하고 있으며, 조상 개의 출현은 D-loop DNA의 다형현상으로 미루어 복수기원설로 설명되고 있다(Vila 등, 1997; Tsuda 등, 1997).

우리나라 토종개의 품종들은 극동아시아의 북부지역으로부터 유입되어서 에스키모견 및 사할린견과 밀접한 관계가 있다고 보고된 바 있다(하와 김, 1998). Tanabe(1991)에 의하면 고대 일본 개의 조상은 동남아시아에서 유입된 집단과 그 후 한반도를 경유하여 유입된 아시아대륙의 집단과의 교잡에 의해 형성된 것으로 추정된 바

* Corresponding author : Yang Young-Hoon, Faculty of Animal Biotechnology, College of Applied Life Sciences, Jeju National University, Jejudaehakno 66, Jeju-si, Jeju-do 690-756, Korea. Tel: 064-755-3338, E-mail: yhyang@jejunu.ac.kr

있다

제주 토종견으로 제주견의 조상과 기원에 대하여 많은 관심이 보이고 있으나 과학적으로 비교분석한 결과는 찾아보기 어렵다. 이에 본 연구는 모계조상 추적과 품종들간에 유전적인 유연관계에 대한 연구에 흔히 이용되고 있는 mtDNA D-loop의 염기서열을 이용하여 제주견과 다른 품종들과의 관계를 추정하고자 한다.

재료 및 방법

1. 공시집단의 DNA 확보와 D-loop 염기서열 분석

본 연구에는 이용된 제주견 집단은 제주도 축산진흥원에서 관리되고 있는 집단에서 모계가 서로 다른 개체 6두, 제주견협회에서 관리되고 있는 집단에서 서로 다른 모계의 18두로부터 채혈을 한 후 이용되었다. 국내 재래집단으로는 전남대학교 수의과대학 연구실로부터 진도견(15두), 경북대학교 유전공학연구실로부터 삼사리(10두), 사육농가로부터 풍산견(5두)에 대한 혈액과 DNA 시료를 수집했으며, 또한 국내에 사육되고 있는 외래품종인 이스트라이카종(3두)과 웨스트라이카(5두)종의 혈액을 수집하여 이용되었다. 개의 조상으로 알려진 북아메리카 회색늑대(*Canis lupus*)와 외집단(outgroup)의 분류군으로 코요테(*Canis latrans*)에 대한 DNA를 추가로 확보하여 분석에 이용하였다.

수집한 혈액에서 Miller 등(1988)의 방법을 변형하여 DNA를 추출하였으며, D-loop의 염기서열에 대한 PCR(PTC-100™, MJ Research Inc, Watertown, MA, USA)은 시발체를 제작하고 이용

하였다. 제작된 L-strand의 시발체는 5'-GAA GAA GCT CTT GCT CCA CC-3' (시발체 부착위치, 유전자은행 등록번호 U96639의 개 mtDNA 염기서열 위치 15,397-15,416) 이었고, H-strand 는, 5'-GTC GTG CGA CTC ATC TTG GC-3' (시발체 부착위치, 40-59)이었다.

PCR 반응은 500 ng 주형 DNA, 50 mM KCl, 10 mM Tris-HCl (pH 8.3), 0.5 mM MgCl₂, 각각의 시발체 0.2 μM, 각 dNTP 100 μM, Taq polymerase 1 단위를 첨가하여 총 50 μl를 반응액으로 하여 94℃에서 4분간 변성(denaturation) 처리 후, 결합(annealing)–확장(extension)–변성의 과정을 54℃–72℃–92℃에서 각각 1분–2분–1분으로 하여 30회 반복으로 반응시킨 후 최종 72℃에서 10분간 확장 처리 후 반응을 종료하였다.

PCR 반응산물의 클로닝과 염기서열 분석은 Bresa-Clean DNA purification kit (GeneWorks Pty LTD, Adelaide, South Australia)와 TOPO TA Cloning kit (Invitrogen, San Diego, CA, USA)를 이용하였으며, 염기서열은 ABI PRISM™ Dye Terminator Cycle Sequencing kit (Applied Biosystems Division, Perkin-Elmer Cetus, Emeryville, CA, USA)로 분석하였다.

염기서열의 확인은 Applied Biosystems 377 DNA sequencer와 SeqEd software (Perkin-Elmer, Applied Biosystems)를 이용하여 클론에 삽입된 D-loop 부위를 양방향으로 두 개의 범용 벡터 시발체와 2개의 내부시발체 (L2-5'-ACT GTG GTG TCA TGC ATC TG-3', 시발체 부착위치 15895-15914; H2-5'-GTT AGA GTT AGT GCC GTT GC-3', 시발체 부착위치 15964-15983,

Table 1-1. Sequence data from Asian breeds used for AMOVA

Breed	no. of sequences	GenBank accession number
Korean Cheju	5	AY177644, AY177645, AY177646, AY177647, AY177648
Korean Jindo	4	AY177649, AY177650, AY177651, AY177652
Korean Pungsan	5	AY177653, AY177654, AY177655, AY177656, AY177657
Korean Sapsalee	5	AY177658, AY177659, AY177660, and U96639
Kishu	3	D83611, D83612, D83613
Shiba	8	D83627, D83628, D83629, D83630, D83631, D83632, D83633, AB055045
Akita	3	AB055010, D83600, D83601
Hokkaido	3	D83607, D83608, D83609
Ryukyuu	8	D83604, D83618, D83619, D83621, D83623, D83624, D83622, D83620
ChowChow	3	AB055020, AY240067, AY240043
Shitzu	7	AB048590, D83634, D83635, AB055046, AB055047, AB055048, AB055049
LhasaApso	3	AY240041, AY240070, AY240076
Eskimo	4	D83605, AY240091, AY240077, AY240031
Husky	7	D83637, D83638, DQ480499, AY240054, AY240089, AY240030, AY240032
Laika	4	two East Laikas, AY172678, AY172679, and two West Laikas, AY172680, AY172681

유전자은행 염기등록 번호 U96639)를 이용하여 정-역방향의 염기서열이 증폭되도록 하여 염기서열을 확인하였다.

품종들간에 유연관계 분석은 MEGA 4(Kumar 등., 2001)를 이용하였고, 코요테를 외집단으로 하여 neighbor-joining method(Saitou 와 Nei, 1987)와 Tamura-Nei distance(Tamura 와 Nei, 1993)로 계통수 분석을 하였다. 계통수에서 각 교점의 통계적 신뢰도는 1,000

2. 제주견의 유연관계 및 견종집단의 AMOVA 분석

Table 1-2. Sequence data from European breeds used for AMOVA

Breed	no. of sequences	GenBank accession number
Retriever Labrador	33	AB055026, AB055027, AB055028, AB055029, AY240062, AY240085, AY240086, AY240132, AY240133, AY240134, AY240135, AY240136, AY240137, AY240138, AY240139, AY240140, AY240141, AY240142, AY240143, AY240144, AY240145, AY240146, AY240147, AY240148, AY240149, AY240150, AY240151, AY240152, AY240153, AY240154, AY240156, AY240157, AY240093
Retriever Golden	37	AY240127, AY240128, AY240129, AY240130, AY240131, AY240095, AY240096, AY240097, AY240098, AY240099, AY240100, AY240101, AY240102, AY240103, AY240104, AY240105, AY240106, AY240107, AY240108, AY240109, AY240110, AY240111, AY240112, AY240113, AY240114, AY240115, AY240116, AY240117, AY240118, AY240119, AY240120, AY240121, AY240122, AY240123, AY240124, AY240125, AY240126
Maltese	8	AB055030, AB055031, AB055032, AB055033, AB055034, AB055035, AB055036, AB055037
Sheepdog	4	AY240060, AY240071, AY240081, AY240037
Spaniel	8	AY240038, AY240040, AY240057, AY240078, AY656744, AY656745, AY656747, DQ480495,
Terrier	13	AB055052, AB055053, AB055054, AB055055, AY240039, AY240052, AY240055, AY240065, AY240066, AY240074, AY240075, AY240082, AY240088
Collie	3	D83603, AY240033, AY240034
Cavalier	6	D83602, AB055015, AB055016, AB055017, AB055018, AB055019
Beagle	3	AY240061, AB055011, AB055012
Poodle	6	AB055041, AB055042, AB055043, AY240046, AY240047, AY240050
Pointer	6	D83616, EF380218, EF380219, EF380224, EF380225, AY240079
Dachshunds	4	AB055021, AB055022, AB055023, AY240056
Doberman Pinscher	4	D83622, AY240051, AY240042, D83604
Great Dane	3	AB055024, AY240059, AY240072
Shepherd	4	AB055025, DQ480489, AY240069, AY240068

Table 1-3. Sequence data of Wolf and Coyote used for AMOVA

Breed	no. of sequences	GenBank accession number
Wolf Indian	4	AY289973, AY289974, AY289975, AY289976,
Wolf Iran	4	AY570178, AY570179, AY570180, AY570181
Wolf Himalayan	19	AY289977, AY289978, AY289979, AY289980, AY289981, AY289982, AY289983, AY289984, AY289985, AY289986, AY289987, AY289988, AY289989, AY289990, AY289991, AY289992, AY289993, AY289994, AY289995
Wolf Mongolian	2	NC010340, EU442884
Wolf Gray	6	AF008135, NC008092, AY240073, AY240155, and 2 our sequences (AY172676, AY172677)
Coyote	7	AF008158, AF098153, AF098154, NC008093, AY240094, AY172674, AY172675

random bootstrap resampling 방법으로 추정하였다.

또한 제주견이 집단으로써 균일도와 타품종들과의 집단유전학적 관계는 GenBank에 보고된 D-loop 가운데 D-loop 가운데 추가변 영역의 598 bp (U96639의 D-loop 15,458-16,055 부위)를 만족하는 염기서열을 추가하여 분석에 이용하였다. 본 연구에서 얻어진 염기서열 26종(개의 단상형 24개, wolf 2개, coyote 2개)을 포함하여 총 30종의 품종에서 214개의 단상형을 기본자료로 Arlequin 3.11 (Excoffier 등, 2005) 소프트웨어를 이용하여 집단간 Analysis of Molecular Variance (AMOVA) 분석으로 이질성, 유전적 거리, 유연관계를 분석하였다. 자료의 내용은 Table 1-1, 1-2, 1-3과 같다.

결 과

D-loop 970 bp (이질적인 반복염기서열부위 제외, ‘TAC ACG TA (or G)CG’)의 염기서열을 확인한 결과 제주견에서 5종류, 진도견 4종류, 삼사리 4종류, 풍산견 5종류, 이스트라이카와 웨스트라이카 (*Canis familiaris*) 각각 2종류, 회색늑대 (*Canis lupus*) 2종류, 코요테 (*Canis latrans*) 2종류의 단상형 (haplotype)을 얻었다. 이들 염기서열은 GenBank에 보고된 개의 D-loop 38종류의 단상형들과 함께 GeneDoc version 2.6 (Nicholas 등, 1997)을 이용하여 염기서열을 비교하였다. 새롭게 얻어진 mtDNA D-loop 단상형 (haplotype)의 염기서열들은 NCBI GenBank (유전자은행 등록번호, AY172674-81, AY177644-61, AY172676-77)에 수록하였다.

mtDNA D-loop 970 bp의 염기서열 분석결과 제주견, 진도견, 삼사리, 풍산견, 라이카견종, 회색늑대, 코요테의 집합에서 총 96개 (9.9%)의 다형성 부위가 관찰되었고, 코요테를 제외하면 5.9%의 다형성을 보이고 있었다 (Fig. 1).

그중 단일염기의 삽입/결실 변이가 15개 부위였으며, 82개 부위는 염기치환이 있었는데 그 중 6개는 교차형 염기전이 변이를 보이고 있었다. 제주견의 mtDNA D-loop 염기서열의 다형성에는 5종류의 단상형이 관찰되어 현존하는 제주견의 모계조상은 적어도 5종류 이상인 것으로 나타났다.

전체 D-loop (970 bp, 반복염기서열부위 제외) 염기서열의 neighbor-joining 계통수에 의하면 강하지는 않지만 두 개의 계통분기 (clades)를 보여주고 있었다 (Fig. 2). 계통분기 A는 일본견에서 18개, 우리나라견 17개, 이스트라이카 2개, 기타 8개의 표본들이 위치해서 총 42개의 단상형들이 소속되고 있었다. 반면에 계통분기 B에는 일본견 12개, 진도견 2개, 웨스트라이카 2개, 시베리안 허스키, 도베르만, 2종류의 회색늑대가 소속되었다. 진도견의 2개의 단상형만 제외한다면 우리나라의 제주견, 진도견, 삼살견, 풍산견의 단상형들은 모두 계통분기 A에 소속되고 있음을 보여주었다. 제주견은 단상형 5개 가운데 1개 (Cheju_3)는 진도견의 단상형 (Jindo_J4)과 가까운 유연관계를 보여주고 있었고, 나머지 4개 가운데 1개 (Cheju_1)은 풍산견 (Pungsan_Pr4)과, 3개의 단상형 (Cheju_2, Cheju_4, Cheju_5)은 삼살견 (U96639)과 가까운 유연

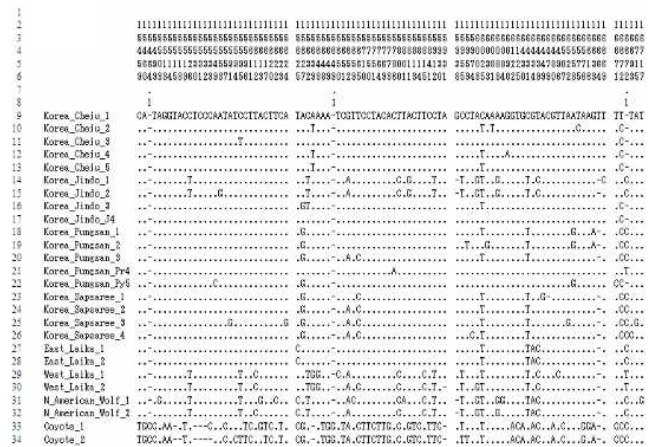


Fig. 1. Nucleotide substitutions and gaps in mtDNA D-loop of five Cheju, four Jindo, four Sapsaree, five Pungsan, two of each East and West Laika dogs (*Canis familiaris*), two gray wolves (*Canis lupus*) and two coyotes (*Canis latrans*). Dots (.) and dashes (-) indicate matching with sequence of Korean Cheju 1 and gaps, respectively. Nucleotide position numbers on the top of the figure correspond to those in U96639.

관계를 보이고 있었다 (Fig. 2). 계통분기 A는 다시 2개의 하위집단으로 분지되고 있는데, 그 중 한 집단은 3종 (Akita, Kishu 및 Ryukyu breed)의 일본재래견과 우리나라 재래견 (삼사리와 풍산견)의 단상형이 소속되어 있으며, 계통분기 B에서 2개의 진도견 단상형은 일본의 시바견 (Siba breed)과 밀접한 유연관계 (bootstrap value 89%)를 보여주고 있다. 이 결과는 우리나라와 일본의 재래종간의 상호작용이 있었음을 말해주는 것이다.

D-loop 염기서열 가운데 추가변영역의 598 bp를 이용한 AMOVA 분석에 의하면 우리나라 토종견인 제주견, 진도견, 삼살견, 풍산견의 4품종의 전체의 염기서열의 변이 가운데 84.1%가 품종내의 변이였고, 15.9%가 품종간의 변이로 분석되었으며, 품종내 분산성분에 대한 유의성은 없었으나, 제주견, 진도견, 삼살견, 풍산견 품종간 분산성분에 대한 유의성 ($p < 0.05$)이 인정되고 있었다. 제주견의 모계집단의 개체간 유전적 차이는 진도견 다음으로 크게 나타나고 있으며, 풍산견에서 가장 작은 변이성을 보여주고 있다. 또한 염기서열의 차이에 의한 유전적 거리에 의해서도 제주견은 진도견과 비교적 가까운 것으로 나타나고 있으며, 삼살견은 풍산견과 유전적 거리가 비교적 가까운 것으로 나타나고 있다 (Table 2, 3).

우리나라 재래견집단 (제주견, 진도견, 풍산견, 삼살이)과 이웃하고 있는 일본견집단 (아키타견, 호카이도견, 류꾸견), 중국-티벳견 (쉹우쉹우견, 시쉹견, 라자압소견) 집단, 북방-러시아견 (하스키견, 라이카견, 에스키모견) 집단의 AMOVA 분석에서는 전체 분산성분 가운데 지리적 집단간 분산성분이 4.1% ($p > 0.05$), 지리적 집단내에 품종간 분산성분이 13.4% ($p < 0.01$), 품종내에 개체간 분산성분이

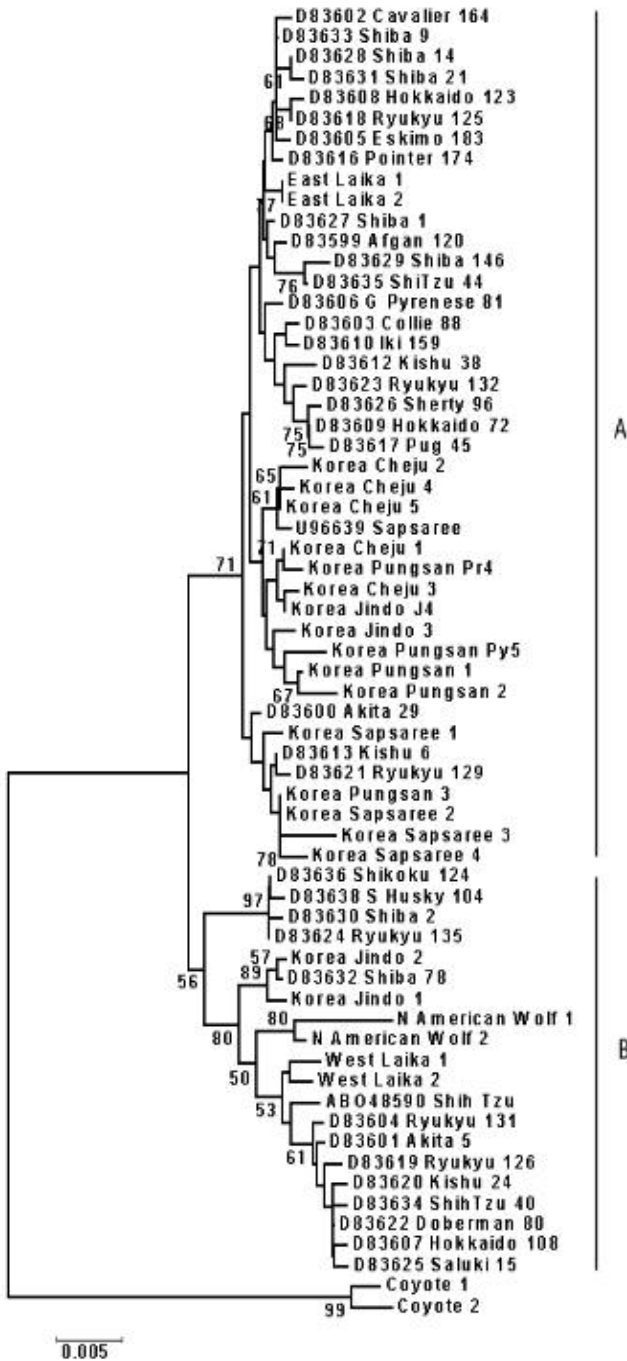


Fig. 2. Phylogenetic trees of 62 dogs, 2 gray wolves and 2 coyotes constructed on the basis of the complete D-loop sequences (970 bp excluding the tandem repeat region). Tamura-Nei distances and the neighbor-joining method were used to construct the tree and coyote sequences were used as outgroups. Figures shown in the internodes are bootstrap values (%) estimated by 1,000 random resampling. Two major clades, A and B were noted with vertical bars.

Table 2. AMOVA analysis of the mtDNA D-loop sequence variation of 4 populations (Jeju, Jindo, Pungsan, Sapsalee) of Korean dog breeds

Source of Variation	d.f.	Variance component	Percentage of variation
Among population	3	0.531 * Va	15.88
Within population	15	2.812 Vb	84.12
Fixation index:	FST = 0.159*		
Population specific FST indices:	Jeju:	0.117	
	Jindo:	0.125	
	Sapsalee:	0.179	
	Pungsan:	0.224	

(* p< 0.05; ** p< 0.01)

Table 3. Population average pairwise differences among Korean dog breeds

Breed	Jeju	Jindo	Sapsalee	Pungsan
Jeju	<u>6.667</u>	6.143	7.629	6.114
Jindo	-0.857	<u>7.333</u>	8.500	7.200
Sapsalee	1.795	2.333*	<u>5.000</u>	4.760
Pungsan	1.081	1.833	0.560	<u>3.400</u>

Above diagonal: Average number of pairwise differences between populations (PiXY). Diagonal elements: Average number of pairwise differences within population (PiX). Below diagonal: Corrected average pairwise difference (PiXY-(PiX+PiY)/2). (* p< 0.05; ** p< 0.01)

82.4% (p<0.01)에 달하고 있었다. 즉 전체변이 가운데 품종내 개체변이가 가장 크게 (82%) 나타나고 있으며, 지리적 차이에 의한 변이는 매우 작고 유의성도 보여주지 않고 있다. 이와 같은 결과는 유럽 품종집단을 포함하여 분석한 결과와도 유사한 것으로 나타났다 (Table 4, 5).

현존하는 개의 조상으로 알려진 늑대집단(인도늑대, 이란늑대, 히말라얀늑대, 몽고늑대, 북미 회색늑대)을 포함하여 pairwise distances를 이용한 아시안 품종들과의 유연관계에서 제주견은 회색늑대와 분리되면서 아래의 계통교점에는 일본의 규수견과 중국의 시츄견을 하위 계통교점을 지니고 있으며, 진도견은 인도늑대와 분리되면서 하위에 샵살견과 티벳으로부터 기원된 라자얍소견 계통교점과 유연관계를 보이고 있다. 풍산견은 몽고늑대로부터 분리되면서 하위의 계통분기에서 일본의 호카이도견과 유연관계를 보여주고 있었다 (Fig. 3).

개의 조상으로 받아들여지고 있는 늑대집단과 가축화 된 개의 집단으로 구분한 분석에서는 전체변이 가운데 두 집단간 분산성분이 47.1% (p<0.01)로 높게 나타났고, 집단내 품종들 사이의 분산성분은 18.7% (p<0.01), 그리고 동일품종 내에 개체들간의 분산성분이

Table 4. AMOVA results for populations of Asian dog breeds

Source of Variation	d.f.	Variance component	Percentage of variation
Among groups (Korean, Japanese, China, Russ)	3	0.206 Va	4.15
Among populations within groups	11	0.667** Vb	13.42
Within population	59	4.096** Vc	82.44

Fixation indices¹⁾: FSC = 0.140**
 FST = 0.176**
 FCT = 0.041

¹⁾ FSC = Vb/(Vb+Vc); FST = (Va+Vb)/(Va+Vb+Vc);
 FCT = Va/(Va+Vb+Vc)
 (* p< 0.05; ** p< 0.01)

Table 5. AMOVA results for populations of Korean, Japanese, China, Russian, European dog breeds

Source of Variation	d.f.	Variance component	Percentage of variation
Among groups (Korean, Japanese, China, Russian, European)	4	0.069 Va	1.38
Among populations within groups	25	0.807** Vb	16.17
Within population	186	4.116** Vc	82.45

Fixation indices¹⁾: FSC : 0.164**
 FST : 0.175**
 FCT : 0.014

¹⁾ FSC = Vb/(Vb+Vc); FST = (Va+Vb)/(Va+Vb+Vc);
 FCT = Va/(Va+Vb+Vc)
 (* p< 0.05; ** p< 0.01)

34.1%(p<0.01)를 차지하고 있었다(Table 6). 개와 늑대 집단간 분산성분은 5.3으로 동일집단내의 품종간 분산성분 2.1보다도 2배 이상으로 뚜렷한 차이를 보이고 있었다.

고찰

오늘날 개는 7~10백만년 전에 늑대로부터 분리되었으며(Wayne 등, 1987a, 1987b; Vila 등, 1997), 인간과 가장 밀접한 동물로

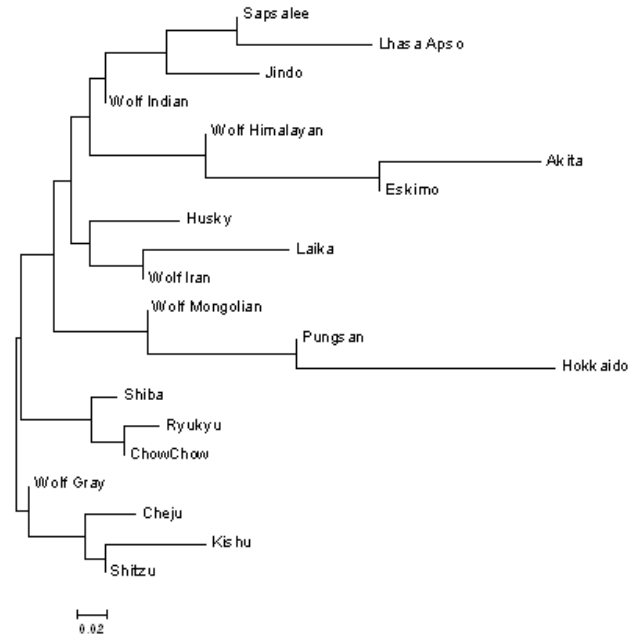


Fig. 3. N-J Tree by population average pairwise differences between Asian dog and wolf breeds.

Table 6. AMOVA results for populations between dog and wolf breeds

Source of Variation	d.f.	Variance component	Percentage of variation
Among groups (Dog breeds vs. Wolf)	1	5.313** Va	47.16
Among populations within groups	33	2.107** Vb	18.71
Within population	216	3.845** Vc	34.13

Fixation indices¹⁾: FSC = 0.354**
 FST = 0.659**
 FCT = 0.472**

¹⁾ FSC = Vb/(Vb+Vc); FST = (Va+Vb)/(Va+Vb+Vc);
 FCT = Va/(Va+Vb+Vc)
 (* p<0.05; ** p<0.01)

가축화는 10,000~14,000년 전부터 시작된 것으로 알려져 있다. 가축화 시점에 대해서는 mtDNA D-loop에 의한 연구로 이보다 훨씬 먼저 시작되었을 것이라는 보고도 있었다(Yang 등, 2004). 어쨌든 개는 여타 가축에 비하여 가축화가 일찍 진행되었고, 축화가 진행되는 과정에서 다양한 집단간 상호 교잡과 인위적인 선발로 인하여 오늘날에 400여종의 체형이 서로 상이한 품종이 탄생한 것으로 알려지고 있다(Tsuda 등, 1997).

제주견의 기원에 대해 체계적으로 확립된 정설은 없다. 일설에 의하면 3,000~5,000년 전에 중국의 절강전에서 기원되었다는 절강

견설, 몽고의 지배에 있을 때 몽고마와 함께 목마견으로 도입된 몽고견의 후손이라는 몽마견설, 또는 우리나라의 토종견인 진도견이 유입되어 토착화되었다는 진도견설 등 다양하게 추측하고 있다. 약 4,000~6,000년 전 신석기시대의 유물로 우리나라의 대연평도까지 산패층에서 개뼈가 출토된 것으로 미루어 볼 때 당시에 이미 제주도를 포함하여 우리나라 전역에서 가축화 되어 사육되었을 것으로 생각된다.

현재 제주도에 있는 다양한 견종들이 있다. 그 가운데에 제주견이라고 격리되어 있는 집단은 제주도의 축산진흥원과 제주견연구회에서 보유한 100여 두 내외가 전체다. 현존하는 제주견의 기원에 대하여 모계유전을 하는 mtDNA D-loop을 이용한 분자유전학적 또는 집단유전학적인 연구는 제주견의 보호동물 또는 문화재적 차원에서 그 만큼 흥미로운 사항이 되고 있다.

본 연구에 의하면 우리나라의 토종 재래견인 제주견, 진도견, 삼살견, 풍산견의 mtDNA D-loop의 염기서열을 이용한 유연관계 분석에서는 어떠한 품종에서도 품종을 구분 할 수 있는 고유한 계통분기를 형성하는 집단은 없는 것으로 나타나고 있다 (Fig. 1). 집단 구성의 특성을 짐작케 하는 AMOVA 분석에서도 품종내의 염기서열의 변이(84.1%)가 품종들 사이의 염기서열 변이(15.9%)보다도 크게 나타나고 있는 점으로 보면 품종의 성립초기에 다양한 품종간에 상당한 교류가 있었을 것으로 추정된다. 이와 같이 품종내의 변이가 크게 나타나는 점은 Tsuda 등(1997)이 개와 늑대 집단간의 비교연구에서 개의 품종에서 관찰된 결과와도 비슷하였다. 우리나라 토종개의 품종들이 지니고 있는 고유한 특성과 특징(하 등, 1998)과는 대조적으로 각 품종이 지니고 있는 mtDNA D-loop의 특이성은 확인할 수 없었는데, 이는 오랜 세월이 경과되면서 지리적으로 격리된 유전적 혼성집단에 체형과 외모에 대한 인위적 선발로 고정되어 형성된 결과로 생각된다.

염기서열의 유연관계에 의하면 제주견은 삼살이와 상당히 가까운 개체들도 있으나, 풍산견이나 진도견과 유연관계를 보여주는 개체도 확인할 수 있었는데 (Fig. 1), 이는 현존하는 제주견의 모계조상도 국내 재래종들의 모계조상과 상호 가까운 공통조상들에 기원을 두고 있다는 것을 의미한다.

한국, 일본, 중국, 유럽의 견종들 사이에 지역의 차이로부터 오는 변이성(1.4%)은 동일 지역에 서로 다른 품종들 사이의 변이(16.2%)보다도 매우 적은 변이를 보이고 있었는데, 이는 개의 품종들은 지역적인 격리의 효과가 매우 적고, 지역간 이동이 심하다는 것으로 보여주고 있다.

개의 집단과 늑대의 집단간 AMOVA 분석에서 집단간 변이(47.2%)가 집단내의 변이보다 크게 나타나고 있어서 공통조상으로부터 분리된 현재의 개와 늑대 사이에는 많은 진화의 과정이 있었음을 추측할 수 있겠으며, 개와 늑대의 두 종(Interspecies)간 사이에 변이성이 종내(Intraspecies)의 변이성(18.7%)의 2배 이상으로 나타난 것으로 볼 때 개와 늑대의 교류는 가능하지만 서로 독특한 각각의 집단으로 생물학적인 격리 상태가 유지되고 있는 것으로 생각되었다 (Table 5).

일반적으로 mtDNA 염기서열의 유전적 발산속도(divergence rate)는 백만년에 2~4%인 것으로 추정되고 있다(Brown 등, 1979). 이 값에 의하면 개와 늑대의 유전적 분기시기는 100~200만 년 전으로 추정되고 있는데, 이는 Wayne 등(1987a,b)이 고고학적으로 개의 유물로 추정된 700~1,000만 년 전으로 추정된 것에 비하여 본 연구에서가 보다 가까운 시기에 진행되었던 것으로 분석되었다.

제주견의 위치는 회색늑대집단에서 파생된 후 일본의 큐슈견, 중국-티베트의 시츄견과 분리되는 계통관계를 보여주었는데 (Fig. 3), 각 집단들의 품종내 염기서열 개체간의 변이가 매우 크게 나타나는 현상을 볼 때, 집단의 단순한 평균 염기서열 거리로 수백 만년 전에 분리가 시작된 늑대 품종집단과의 유연관계를 연결하여 현재의 제주견 집단의 계통분화과정을 확정적으로 추정하기에는 어려웠다.

결론적으로 제주견의 집단은 진도견, 풍산견, 삼살견과 마찬가지로 품종의 고유 염기서열의 특성을 구성하고 있지 못하며, 집단의 축소과정에서 자연적 또는 인위적인 선발에 의해 지금의 제주견의 체형과 외모가 보존되어 있는 것으로 사료되었다. 또한 제주견 염기서열의 유연관계에 의하면 단일계통의 분기점을 형성하지는 못했으나, 5 종류의 단상형(haplotype)에서 한 개는 진도견과 가까운 유연관계를 보였고, 한 개는 풍산견과, 그리고 3개는 삼살견과 가까운 유연관계를 보임으로 제주견의 집단의 모계조상도 우리나라 토종들의 모계조상과 교류도 있었던 것으로 사료되었다.

요 약

mtDNA D-loop 970 bp의 염기서열을 이용하여 제주견과 우리나라의 토종견인 진도견, 풍산견, 삼살견과의 관계와 외국 품종들과의 유연관계를 분석하였다. 또한 초가변영역인 598 bp의 D-loop 부위가 보고된 염기서열들은 추가로 GenBank에서 수집하여 전체 30개의 품종으로부터 214종의 단상형들을 이용하여 AMOVA 분석을 하였다.

염기서열 분석결과 제주견에서 5종류, 진도견 4종류, 삼살견 4종류, 풍산견 5종류, 이스트라이카와 웨스트라이카(*Canis familiaris*) 각 2종류, 회색늑대(*Canis lupus*) 2종류, 코요테(*Canis latrans*) 2종류의 단상형을 얻었다.

한국, 일본, 중국, 유럽의 견종들 사이에 지역의 차이로부터 오는 변이성(1.4%)은 동일 지역에 서로 다른 품종들 사이의 변이(16.2%)보다도 매우 적은 변이를 보이고 있었다.

개의 조상으로 여기는 늑대와 오늘날 개의 집단과의 염기서열 분산성분 분석에서 개(1.63%)와 늑대(3.64%)의 집단내 변이보다는 개와 늑대 사이의 집단간 변이(4.51%)가 높게 나타난 것으로 나타났다. 이 값을 근거로 하면 개와 늑대사이에 유전적 분기시기는 약 1~2백 만년 전인 것으로 추정되었다.

염기서열의 변이성과 유연관계분석에서 제주견, 진도견, 풍산견, 삼살견 모두 독특한 계통분기를 형성하지 못했다. 즉 이러한 결과는 국내 토종견들 사이와 또는 유입된 외래품종들 사이에 오랜 세

월 동안 서로 상당한 교류가 있었을 것으로 생각되었다.

제주견에서는 삼살이, 진도견, 풍산견의 염기서열과 가까운 유연 관계를 보이는 단상형들이 산포되어 있는 것으로 확인되어 제주견 집단이 우리나라 재래종들과의 모계조상에 있어서 구분은 어려운 것으로 확인되었다.

제주견이 집단으로 고정정도를 가늠하는 Fixation index인 Fst 값은 진도견, 풍산견, 삼살견 가운데 가장 낮게 나타났다.

(주제어: 제주견, 토종견, mtDNA D-loop 다형성, 유연관계)

인 용 문 헌

- Brown, W. M., George, M. Jr. and Wilson, A. C. 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 76:1967-1971.
- Excoffier, L. G. Laval, and S. Schneider. 2005. Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online* 1:47-50.
- Kumar, S., Tamura, K., Jakobson, I. B. and Nei, M. 2001. MEGA2: Molecular Evolutionary Genetics Analysis software. *Bioinformatics* 17, 1244-1245.
- 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 Res.* 16,1215.
- Nicholas, K. B. and Nicholas H. B. Jr. 1997. GeneDoc: A tool for editing and annotating multiple sequence alignments. <http://www.psc.edu/med/genedoc>.
- Saitou, N. and Nei, M. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstruction of phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.* 4,406-425.
- Tamura, K. and Nei, M. 1993. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in human and chimpanzees. *Mol. Biol. Evol.* 10,512-526.
- Tanabe, Y. 1991. The origin of Japanese dogs and their association with Japanese people. *Zool. Sci.* 8, 639-651.
- Tsuda K., Kikkawa Y., Yonekswa H. and Yanabe, Y. 1997. Extensive interbreeding occurred among multiple matriarchal ancestors during the domestication of dogs: Evidence from inter- and intraspecies polymorphisms in the D-loop region of mitochondrial DNA between dogs and wolves. *Genes Genet. Syst.* 72:229-238.
- Vila, C., Savolainen, P., Maldonado, J. E., Amorim, I. R., Rice, J. E., Honeycutt, R. L., Crandall, K. A., Lundeberg, J. and Wayne, R. K. 1997. Multiple and ancient origins of the domestic dog. *Science.* 276:1687-1689.
- Wayne, R. K., Nash, W. G. and O'Brien, S. J. 1987a. Chromosome evolution of the Canidae. I. Species with high diploid numbers. *Cytogenet. Cell Genet.* 44:123-133.
- Wayne, R. K., Nash, W. G. and O'Brien, S. J. 1987b. Chromosome evolution of the Canidae. II. Divergence from the primitive carnivore karyotype. *Cytogenet. Cell Genet.* 44:134-141.
- Yang, Y. H., Kim, N. Y. and Kim, K. I. 2004. Phylogenetic relationships of Korean dogs to other dog breeds determined by using mitochondrial DNA D-loop sequence polymorphism. *Proceeding vol. II. p54. Proceedings of the 5th Animal Congress, Korean Society of Animal Sciences and Technology.*
- 하지홍. 2003. 한국의 개. 경북대학교 출판부.
- 하지홍, 김경석. 1998. 한국 토종개의 기원에 관한 고찰. *한국동물자원과학회지* 40(6) 701-710.
- 하지홍, 이성은, 탁연빈, 김종복. 1998. 한국 토종개 집단의 형태특징과 혈액 단백질. *한국동물자원과학회지*, 40(6) 711-720.
- 제주특별자치도. 2007. 제주축산사, 가축의 기원-한국개의 조상. 제주특별자치도, 제주대학교 아열대농업생명과학연구소.

(Received Mar. 3, 2011; Revised Jul. 12, 2011; Accepted Jul. 26, 2011)