

닭의 기원을 구명하는 계통유전체학 연구사례



허 강 녕

국립축산과학원 가금연구소
농업연구관

머리말

생물을 분류하고 유연관계를 파악하는 계통분류학은 기원 전부터 연구되었던 기초생물학으로 그 역사가 매우 깊다. 형태학적인 특징만을 가지고 생물을 분류했던 시대에서 시작하여, 현재 21세기에서는 각 종(species), 주(strain) 또는 군집(population)이 가지는 유전체정보를 바탕으로 이들을 분류하고 진화의 궤적을 추론해보고자 하는 계통유전체학(phylogenomics)이 활발하게 연구되고 있다.

닭은 인류에게 중요한 농축산물로서 역사적으로 가축화되어 온 조류 중 하나로 가축화 과정에서 닭의 유전체는 중요한 변화를 겪었으며, 이러한 변화를 이해하고자 하는 연구자들은 닭 계통유전체학 분야에서 활발하게 연구를 수행하고 있다.

본문에서는 조류 계통유전체학 연구 동향, 닭의 가축화 시기, 우리나라 재래닭의 기원 구명 연구 사례를 소개하고자 한다.

조류(Avian) 계통유전체학 연구 동향과 닭의 가축화 시기 추정

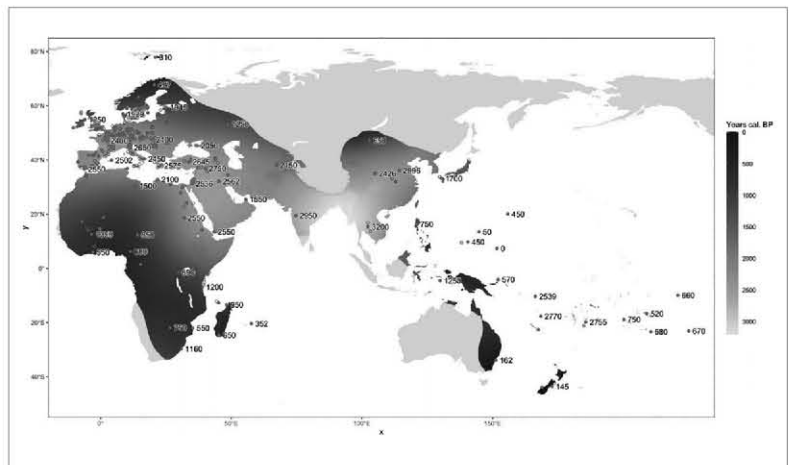
계통유전체학이란 몇 개의 유전자가 아닌 유전체정보 전체를 활용하여 주어진 분류군의 계통분류를 연구하고 이들이 어떠한 과정으로 분화되어 왔는지 그 진화의 역사를 추론하는 학문이다. 동물계의 대형 분류군 중 새(Birds)도 계통유전체학 연구가 매우 활발히 진행되고 있다. 새는 네 개의 발을 가지는 척추동물그룹(tetrapod vertebrates) 중 가장 많은 1만여 종 이상이 보고되어 있다. 이는 신조류(Neoavian) 그룹 출현 전 후로 ‘조류 빅뱅(avian big bang)’ 이라고 불릴 만큼 폭발적이고 급속하게 종의 다양성이 확보된 진화적 이벤트와 연계되었다고 알려져 있어 새의 종 다

양성 발생과정에 대한 관심이 끊이지 않고 있다. 그리하여 이를 더욱 체계적으로 연구하기 위한 글로벌 프로젝트인 ‘Avian Phylogenomics Project’ (<http://avian.genomics.cn/en/index.html>)가 진행되고 있을 정도이다. 이 프로젝트의 가장 큰 연구결과가 2014년 사이언스지에 발표되었는데, 이 연구에서도 역시 새(Birds) 분류군의 초기분화 그룹의 유연관계와 진화적 과정에 집중하였다. 또한, 날지 못하는 새 중 하나인 펭귄이 육상과 바다 환경에 적응하게 된 과정을 연구하는 데에 있어서도 계통유전체학 연구가 이루어졌고 다양한 펭귄 종들 사이에서 일어난 유전자이입(introgression)을 확인한 연구도 보고되었다.

또 다른 연구사례로 영국 옥스퍼드대 연



〈그림1〉 조류의 계통유전체학의 초대형 글로벌 프로젝트



〈그림2〉 유라시아, 아프리카, 오세아니아에 걸쳐 닭의 도착 시기를 공간적으로 보간하고 가장 초기에 확실하게 지정된 닭 유적지를 함께 표시한 지도

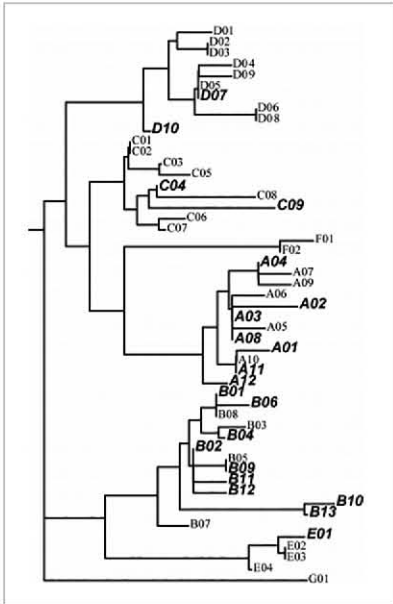
구진은 전 세계 89개국 600개 이상의 지점에서 발견된 닭 뼈들을 방사성 탄소 연대 측정기법으로 분석하여 닭이 가축으로 변하기 시작한 시기를 추정하였으며, 닭의 가축화가 불과 3,500년 전에 시작되었다는 사실을 발표하기도 하였다. 인류가 닭을 가축으로 만들기 위해 시도한 노력은 기원전인 BC 1500년경 동남아시아 일대의 벵농사가 계기가 된 것으로 나타났으며, 가장 오래된 닭 뼈가 태국의 신석기 시대 유적지인 ‘반나와트’에서 발견됐는데, 그 뼈가 묻힌 시기가 기원전 1650년~1250년 사이였던 것으로 확인됐다.

우리나라 재래닭의 기원 구명

현존하는 가금 닭의 기원이 되는 야생종에 대해서는 아직까지 불명확한 점이 많아 계통분류학자들의 논쟁 대상이 되고 있다. 최근에 발전하고 있는 분자생물학적 기법을 이용하여 연구에서 그 기원에 논의가 활발하게 진행되고 있다. 닭에 있어서 분자생물학적 기법을 이용하여 기원을 계통분류학적으로 접근한 연구는 후미히토(Fumihito)와 그 연구자들에 의해서 1994년도 처음으로 시도되었으며, 그 후 계속적으로 발전을 하였다. 미토콘드리아 DNA(mt-DNA)는 모계유전을 하며, 유전

적 다양성이 풍부한 D-loop영역은 계통분류학적인 해석을 하는데 매우 유용한 도구로 활용되고 있다. 국내 재래닭의 기원을 구명하기 위해 재래닭 황갈색계통, 흑색계통, 적색계통 및 오골계, 제주 재래닭, 긴꼬리닭 등 재래종과 외래 토착종인 코니쉬, 로드아일랜드레드 및 백색레그혼을 시료를 이용하며, mt-DNA D-loop 영역에 대하여 전 염기서열을 분석하여 외래종과의 유전적 특성을 추정하고, 우리나라 재래닭의 기원 및 타 집단과의 유전적 유연관계를 구명하였다.

mtDNA D-loop 영역을 분석한 결과, 1,231~1,232개의 염기로 구성되어 있으며, 35개소에서 변이가 관찰되었다. 변이 부위를 이용하여 반수체형(haplotype)을 분류한 결과, 21종으로 분류되었으며 이중 9개는 GenBank에 미등록된 것으로 밝혀졌다. 반수체형 다양성으로 추정한 한국 재래닭의 유전적 변이성은 중국의 재래닭과 유사한 것으로 추정되었고, 반수체형에 대한 Network 분석 결과, 재래닭은 5개의 계통군(clade)으로 분류되었다. 이들 계통군에 대한 각 집단의 분포 현황으로 한국 재래닭은 운남성 및 중국 재래닭이 보인 결과와 유사하나, 일본의 재래닭과는 약간 상이한 것으로 밝혀졌다. 이상의 결과로 우리나라 재래닭은 공통선조가 다른 5개

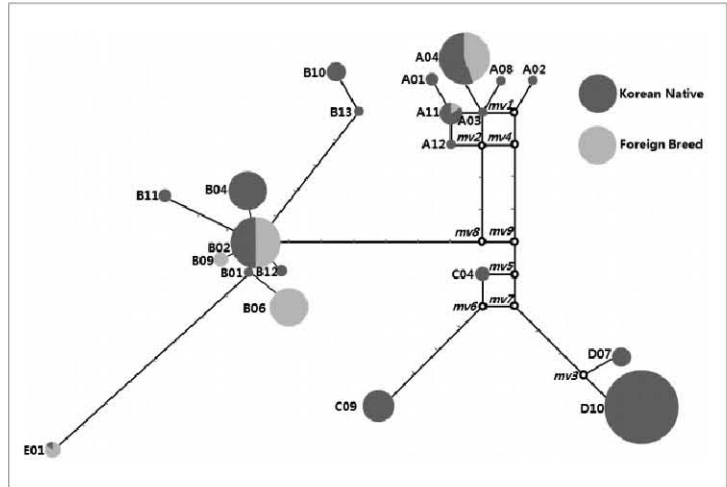


〈그림3〉 반수체형(haplotype) 분류를 NJ (neighbor-joining)법으로 작성한 계통수

이상의 모계가 중국을 통하여 유래되었으며, 일본에도 전파된 것이 확인되었다. 한편, 일본은 한반도를 유래하지 않은 닭의 유입이 있었던 것으로 추정된다.

맺음말

계통유전체학 연구는 현재 유전체학의 한 분야로 자리매김하여 수많은 생물 분류군의 분류 역사를 다시 써 내려가고 있으며, 다양한 생명의 기원과 진화를 연구함에 있어 새로운 패러다임을 불러일으키고 있다. 닭 계통유전체학은 계속해서 발전하고 있는 분야로 닭의 진화, 유전 다양성,



〈그림4〉 mtDNA D-loop 반수체형(haplotype)을 기반으로 한 네트워크 분석 결과

가축화, 번식, 계통학, 비교 유전체학 및 다양한 유전체 도구의 개발과 활용을 통해 닭의 생물학적 이해를 확장하고 있다. 앞으로 더 많은 혁신적인 기술과 방법론의 도입을 통해 연구 분야를 더욱 발전시킬 것으로 기대된다. **양계**

참고문헌

1. 조지훈. (2023). 분류학적 난제 해결을 위한 계통유전체학(Phylogenomics) 연구동향. 생물학연구정보센터 (BRIC)
2. Julia Best 등. (2022). Redefining the timing and circumstances of the chicken's introduction to Europe and north-west Africa. *Antiquity* Vol. 96 (388): 868-882
3. Joris Peters 등. (2022). The biocultural origins and dispersal of domestic chickens. *PNAS*. 119(24), e2121978119
4. Cho, C.Y. 등. (2011). Multiple Maternal Origins of Korean Native Chicken Based on the mtDNA D-loop Variation. *Korean J. Poult.Sci.*, 38(1), 5-12.