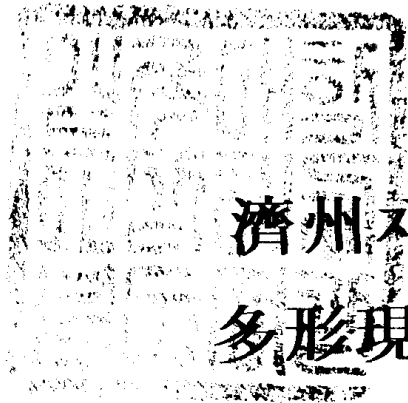


碩士學位 請求論文
指導教授 韓 相 基



濟州재래말의 遺傳的
多形現象에 關한 研究

Studies on Genetic polymorphism of
Che Ju native horses

建國大學校 大學院


酪農學科


金 炯 圭


金炯圭의

農學 碩士學位 請求論文을 認准함

審 查 委 員

委員長 李 廣 田 

委 員 尹 汝 昌 

委 員 韓 相 基 

1999年 11月 日

建國大學校 大學院

목 차

Abstract	1
I. 서론	5
II. 재료 및 방법	9
1. 공시마	9
2. 실험 방법	9
III. 결과 및 고찰	11
1. 혈액형 분석	11
2. 품종간의 유전자 빈도 비교	14
3. 품종간의 近緣關係	19
4. 혈청 단백질 및 효소좌위의 분석	22
5. 유전자 빈도에 의한 품종간의 近緣關係	45
IV. 적 요	49
V. 참고문헌	53

ABSTRACT

7 Blood types and 5 biochemical markers were analyzed for the purpose of preservation and application of Che Ju native horses.

Allele frequencies were calculated and used for the characterization of Che Ju native horses, and compared with other reference breeds. Genetic distance measures were calculated and use for dendrogram construction.

As a result of these analyses, Gene type, gene frequency and genetic distance of Che Ju native horses were presumed.

(1) The alleles of A^{adf} , A^a , A^b , A^c , A^{bc} and A^- were identified in A system. Gene frequencies of each alleles were 0.448, 0.155, 0.086, 0.026 and 0.121, respectively. The A^{adf} showed the highest frequency.

(2) Only one, C^a , in C system was identified.

(3) The alleles of D^{ad} , D^{dk} , D^{adn} , D^{dghm} , D^{de} , D^{dek} , D^{dekm} , D^{bcm} , D^{cgm} and D^{cefgm} were identified in D system. Gene frequencies of each alleles were 0.095, 0.009, 0.103, 0.190, 0.138, 0.035, 0.035, 0.086, 0.267 and 0.026, respectively. The D^{cgm} allele showed the highest frequency. It was remarkable that D^{dekm} allele was founded in 2 horses because that was not identified other breeds.

(4) Only one phenotype, K^- , in K system was identified.

(5) The 3 alleles were founded in P system. Gene frequencies of P^a , P^b and P^- were 0.379, 0.448 and 0.173, respectively. The P^b

allele showed the highest frequency.

(6) The 5 alleles in Q system were identified. Gene frequencies of Q^{abc} , Q^{ac} , Q^b , Q^c and Q^- were 0.017, 0.017, 0.388, 0.388 and 0.190, respectively. The Q^b and Q^c alleles with the frequency of 0.388 showed the highest frequency.

(7) Two alleles in U system were identified. Gene frequencies of U^a and U^- were 0.655 and 0.345.

(8) The genetic distance measure was calculated and constructed dendrogram basis of the gene frequencies. Cheju native horses were found to be close relationship with Clan Alpinel. And divergent were found to be Che Ju native horses and the other breeds. That is a evidence of Cheju native horse's uniqueness.

(9) In the albumin(Alb) locus, three different phenotypes AA, AB and BB which were assumed to be controlled by two codominant alleles, Alb^A and Alb^B , were identified. And their phenotype distributions were 11.7%, 38.3%, 50%, respectively. The frequency of Alb^A and Alb^B were identified 0.3083 and 0.6917. The frequency of Alb^B allele was much higher than that of Alb^A .

(10) As for the Gc protein(Gc) locus, only two different phenotypes FF and FS, were observed and their phenotype

distributions were 0.95 and 0.05. But, the homozygous SS type was not observed. The frequency of Gc^F and Gc^S were identified 0.975 and 0.025. The frequency of Gc^F allele was predominant over that of Gc^S allele.

(11) In the A1B protein locus, only two different phenotypes KK and KS, were observed and their phenotype distributions were 0.967 and 0.033. But, the homozygous FF type was not observed. The frequency of $A1B^K$ and $A1B^S$ were identified 0.9833 and 0.0167, respectively. The frequency of $A1B^K$ allele was predominant over that of $A1B^S$ allele.

(12) In the transferrin(Tf) locus, only 9 different phenotypes DF_1 , DO, DR, F_1F_1 , F_1O , F_1R , F_2O , OR, and RR were identified and their distribution of Tf phenotypes were 10%, 1.7%, 1.7%, 15%, 21.6%, 1.7% and 1.7%, respectively. The frequency of the 5 alleles Tf^{F_1} , Tf^D , Tf^{F_2} , Tf^O and Tf^R were identified 0.4250, 0.0667, 0.0083, 0.2500 and 0.2500, respectively.

(13) In the protease inhibitor(Pi) locus, 24 different phenotypes were identified and assumed to be controlled by 12 autosomal codominant alleles designed Pi^N , Pi^S , Pi^J , Pi^U , Pi^Q , Pi^H , Pi^K , Pi^I , Pi^P , Pi^V , Pi^R and Pi^L . The phenotype distribution of SU was 11% showed the highest percentage. The frequency of 12 alleles Pi^N , Pi^S , Pi^J , Pi^U , Pi^Q , Pi^H , Pi^K , Pi^I , Pi^P , Pi^V , Pi^R and Pi^L were identified 0.1000, 0.3111, 0.1222, 0.0667, 0.0333, 0.0111, 0.0556, 0.0333, 0.0778,

0.0111, 0.0778, and 0.1000, respectively.

(14) As a result of these analyses, the genetic distance values and the dendrogram indicate that there was a close relationship between Cheju native horses and Hokkaido, Kiso and Thailand horses.

I. 서 론

인류의 역사상 가장 중요한 개발 중의 하나는 동물을 인위적으로 순화시킨 가축화 과정으로서 그 결과 얻어진 것이 재래가축이다. 인류의 문화 유산이라고 할 수 있는 재래가축은 현재 멸종위기에 직면하고 있으며, 재래가축의 유전적 다양성이 소멸된다는 것은 돌이킬 수 없는 자원의 고갈을 의미한다. 재래가축은 미래 축산산업에 대한 경제적 측면 및 첨단과학 시대에 대비한 과학적 가치 측면에서 경이적인 활용분야가 될 것이며 문화, 역사적인 측면에서도 귀중한 자료가 된다.(韓, 1992)

재래가축중 한국의 재래말로 대표되는 제주말은 오랜 세월동안 제주도지역의 기후풍토에 순화, 적응하면서 고유한 유전적 특성을 확보한 체질이 강한 소형마로서 그 순도가 대단히 높아 귀중한 학술적 가치를 지닌 순종 재래말로 평가되고 있다.

그러나, 근간에 이르러 말의 경제적 가치하락으로 제주재래말의 사육두수는 급격히 감소되어 현재에는 1,000여두에 불과한 실정이며 그나마도 외국으로부터 수입된 개량종과의 교잡에 의한 잡종화로 혈통이 문란해져 가까운 장래에 재래종의 혈통이 완전히 단절될 위기에 놓여있다(韓과 李, 1982). 다행히도 멸종위기에 직면해 있던 제주재래말의 중요성을 재인식하고 이를 우리 나라 가축문화재로 보존 육성하고자 재래말의 연구, 보존에 노력을 경주해 온 韓과 李(1982)의 건의에 따라 1985년에 천연기념물 제347호(문화공보부)로 지정되어 보존되고 있다.

가축을 보존한다는 개념은 展示的 의미보다는 기능적 특성을 유지하도록 생물학적 차원에서의 보존을 의미하며 즉, 숫자적 개념보다는 그들이 가지고 있는 유전적 다양성을 보존하는 것이 중요하다.(韓,1995)

지금까지의 제주재래말에 관한 연구는 주로 고문헌에 의한 고증(Kang, 1965), 유적의 발굴과 출토품에 의한 고고학적 분석(Mori, 1929; Uemura, 1937), 사회인류역사학적 견지로부터의 검증(Mori, 1929; Kang, 1960, 1961), 생물학적 방법으로 해부학과 체형 등 형태학적인 비교분석 및 모색 등의 유전형질에 대한 통계학적 분석방법(Mori, 1929; Uemura, 1937; Hayashida, 1958, 1968; Lee, 1961, 1970; Kang, 1969; Nozawa & Kondo, 1970)등에 의존하여 진행되어져 왔다.

그러나, 이러한 연구방법을 통한 분석은 가축 보존의 중요한 기반인 개체의 식별과 혈통의 등록에 정확도와 신뢰도를 부여하기에 미흡하기 때문에 각 개체의 유전적 표지가 될 수 있는 혈액형을 이용한 분자생물학적, 면역학적인 분석 방법으로 정확한 혈통등록을 수행하여야만 한다.

생물의 신체를 구성하고 있는 세포와 체액 중에는 유전적으로 지배되는 많은 종류의 유전적 변이체가 존재한다. 이들 중 일부는 적혈구에 존재하는 항원 또는 항원인자들로써 일반적으로 혈액형(Blood groups)이라고 부른다.

혈액형을 간단히 정의하자면 혈액의 유전적인 개체의 차이를 말한다. 이러한 혈액형은 좁은 의미의 혈액형과 넓은 의미의 혈액형으로 나눌 수 있는데, 좁은 의미의 혈액형은 면역학적 방법으로 시험관내에서 분류할 수 있는 혈액형이고, 넓은 의미의 혈액형은 생화학적 방법인 전기영동법(electrophoresis)으로 분류할 수 있는 혈액형이다.

좁은 의미의 혈액형은 적혈구 항원의 형을 의미하는 것으로서, 가축의 혈액 중에 있는 적혈구의 표면구조는 매우 복잡하고 종과 속으로서의 특이성과 개체로서의 특이성을 갖고 있는데 적혈구 항원형이라고 하는 것은 적혈구의 개체간 변이를 나타내는 것으로서 적

혈구 세포막 표면에 존재하는 항원물질을 항체에 의해 면역학적 방법으로 검출하여 일정한 형(type)으로 분류한 것이다.

적혈구 항원형이라고 하는 것은 적혈구 표면에 있는 혈액항원의 유무를 항체에 의해 검출하고 분류한 형을 의미한다. 현재 말의 혈액형 검사는 주로 혈액형 판정용 항혈청을 이용한 응집반응(Agglutination)과 용혈반응(Hemolysis)에 의해 시행되고 있다. 이러한 항혈청은 하나의 항원인자의 특이적으로 반응하는 하나의 항체를 지니고 있어 일반적으로 혈액형 판정용 Reagent라고 하며, 국제동물학회(ISAG)에서 실시하고 있는 비교동정시험에 의해 표준화된 것을 표준항혈청(Standard reagent)이라고 한다.

동물 혈액형의 연구는, Landsteiner(1900)에 의해 사람의 ABO식 혈액형이 발견된 이래, 유전적 표식으로서 연구와 응용의 양면으로 커다란 성과를 보여왔고, 적혈구 항원형에 의한 혈액형의 연구가 발전되어 왔다.

말의 혈액형에 관한 연구는 Klein(1902)이 최초로 보고한 이래 많은 연구자들에 의해 연구가 진행되었으나 초기의 연구는 혈청중의 적혈구를 응집하는 정상항체에 대한 연구로서 이러한 정상항체는 항체가가 낮고 반응이 명확하지 않은 문제점이 발생되어 이종면역(山口, 1941)이나 동종면역(野村, 1942)에 의해 항체가가 높은 항혈청을 이용하는 분석방법이 개발되었으며 이후 많은 연구자들의 국제 비교 동정시험으로 공인된 A, C, D, K, P, Q 및 U system의 표준항혈청의 분류방법이 확립되었다.

넓은 의미의 혈액형인 혈액의 단백질 및 효소의 분자 수준의 연구는 1950년대에 starch와 polyacrylamide gel을 지지매체로 하는 전기영동법이 개발, 보급된 이후 각종 단백질 및 효소의 구조를 지배하는 유전자의 검출이 가능해졌으며, 말의 경우 그 유전적 다형현상

에 대한 국내 연구로서 경주마의 혈구 단백질 및 효소 좌위인 Catalase, Carbonic anhydrase 및 Acid Phosphatase의 유전적 다형 현상에 대한 보고가 있으며(韓 등, 1990) 경주마의 혈청 단백질 및 효소 좌위인 Transferrin, Albumin, Prealbumin, Esterase 및 Xk의 유전적 다형 현상이 보고된 바 있다.(韓 등, 1986, 1989, 1990). 또한 제주 재래말의 유전자 보존 및 활용에 대한 연구로서 혈액 단백질 및 효소 좌위인 Albumin, Vitamin D binding protein(Gc), Post-albumin 및 Esterase에 대한 유전적 다형 현상에 대한 연구(韓 등, 1995), 백혈구의 효소 좌위인 Phosphoglucomutase (PGM), 6-Phosphogluconate dehydrase (PGD), Phosphohexose isomerase (PHI), mannose-6-phosphate isomerase(MPI) 및 glutamic oxaloacetate transaminase 에 대한 유전적 다형 현상에 대한 연구 (韓 등, 1993), 혈청 단백질 좌위인 α -protease inhibitor(Pi), albumin,(Alb), transferrin(Tf), Xk alc Slow α -2-globulin(S α_2) 에 대한 유전적 다형현상에 대한 연구(鄭 등, 1990)등이 보고되었다.

본 연구는 제주 재래말의 생화학적 유전형질을 표지 유전자로 이용하여 제주 재래말 집단의 유전적 구성을 비교, 분석하여 생물다양성을 규명하고, 이를 이용하여 제주재래말의 보존 및 활용을 위한 개체 식별과 혈통등록을 목적으로 표준 항혈청을 이용한 적혈구 항원형 과 전기영동을 통한 혈청 단백질 좌위-Transferrin(Tf), Albumin(Alb), Vitamin D binding protein(Gc), A1B protein (A1B) 및 Protease inhibitor(Pi) - 의 생화학적 유전형질에 대한 표현형, 유전자형 및 유전자 빈도를 분석하였다.

II. 재료 및 방법

1. 공시마

천연기념물로 지정된 제주도 축산진흥원에서 사육중인 제주 조랑말 60두를 공시마로 선정 분석하였다.

2. 실험 방법

1) 적혈구 항원형 분석

공시마 60두중 적혈구의 상태가 양호한 58두로부터 10ml씩의 혈액을 채취하여 2%의 혈구부유액을 제조하여 분석 시료로 사용하였으며, 국제적으로 통용되는 7 system의 23 factor에 대하여 표준 항혈청(standard reagent)을 이용하여 혈액형을 분석하였다.

(1) 응집반응 (Agglutination)

- ① microwell plate (8 X 12)에 A(Ab factor제외), C, D 및 K system 의 표준항혈청을 50 μ l씩 주입한다.
- ② 각각의 혈구를 정확한 실험을 위하여 2~3회 0.9% 생리 식염수로 세정한 후 2% 혈구 부유액을 제조한다.
- ③ 항혈청이 들어있는 microwell plate에 2%의 혈구부유액을 25 μ l씩 주입한다.
- ④ microwell plate를 IBG-Microplate shaker를 이용하여 1차 shaking하고 실온(30℃)에 30분간 방치한다.
- ⑤ 위와 같은 방법으로 microwell plate를 2차 shaking한다.
- ⑥ 2차 shaking후 30분 뒤에 1차 판독을 실시한다.
- ⑦ 1차 판독 후 30분 뒤에 2차 판독을 실시한다.
- ⑧ 응집이 일어난 것을 positive로 판정하고 응집이 일어나지 않은 것은 negative로 판정을 한다.

(2) 용혈반응 (Hemolysis)

- ① microwell plate에 A(Ab factor), P, Q 및 U system 의 항혈청을 50 μ l씩 넣는다.
- ② 각각의 혈구를 정확한 실험을 위하여 2~3회 0.9% 생리 식염수로 세정한 후 2% 혈구 부유액을 제조한다.
- ③ 항혈청이 들어있는 microwell plate에 2%의 혈구부유액을 25 μ l씩 주입한다.
- ④ microwell plate를 1차 shaking한 후 실온(30℃)에 방치한다.
- ⑤ 1차 shaking 후 10~15분 후에 보체를 25 μ l 첨가한 후 2차 shaking을 한다.
- ⑥ 30분 후에 다시 3차 shaking을 한다.
- ⑦ 1시간 후 1차 판독을 실시한다.
- ⑧ 30분 후 2차 판독을 실시한다.
- ⑨ 용혈반응이 일어난 것을 positive로 하고,
용혈반응이 일어나지 않은 것을 negative로 한다.

2)혈청 단백질 및 효소 좌위 분석

혈청 단백질 및 효소 좌위의 분석은 R.Kumar Juneja등(1978)의 방법을 일부 개선한 polyacrylamide gel electrophoresis (PAGE)에 의해 Transferrin(Tf), Albumin(Alb), Gc protein(Gc), 및 A1B protein(A1B)을 분석하였고, C. C. Pollitt 와 K. Bell(1980)의 방법에 의한 Acidic gradient PAGE에 의해 Protease inhibitor(Pi)를 분석하였다.

III. 결과 및 고찰

1. 적혈구 항원형 분석

현재 국제적으로 통용되는 말의 개체식별 및 친자판정용 혈액형의 system과 factor는 <Table 1>과 같다. 이중 A system의 b factor를 제외한 factor들과 C, D 및 K system은 응집반응을 나타내고 A system의 b factor와 P, Q, U system은 용혈반응을 나타낸다.

<Table 1>Internationally recognized Blood type of horse

Systems	Factors	Recognized alleles			
A	a, b, c, d, e f, g	Aa	Aadf	Aadg	Aabdg
		Ab	Abc	Abce	
		Ac	Ace	Ae	A-
C	a	Ca	C-		
D	a, b, c, d, e f, g, h, i, k l, m, n, o, p q, r	Dadl	Dadlnr	Dadlr	
		Dbcmq	Dcefgmq	Dcegimnq	
		Dcfgkm	Dcfmqr	Dcgm	
		Dcgmp	Dcgmq	Dcgmqr	
		Dcgmr	Ddeklqr	Ddeloq	
		Ddelq	Ddfklr	Ddghmp	
		Ddghmq	Ddghmqr	Ddkl	
		Ddlmq	Ddlmqr	Ddlqr	
		Dq			
K	a	Ka	K-		
P	a, b, c, d	Pa	Pac	Pacd	Pad
		Pb	Pbd	Pd	P-
Q	a, b, c	Qa	Qabc	Qac	Qb
		Qbc	Qc	Q-	
U	a	Ua	U-		

본 연구에서는 표준 항혈청을 이용하여 58두의 제주 재래말에 대한 혈액형을 분석하였으며 개체별 혈액형의 분석결과는 <Table 2> 와 <Table 3> 에 나타내었다.

<Table 2> The results of blood group analysis of horse

No	응집반응 (Agglutination)															용혈반응 (Hemolysis)							
	A			C	D											K	A	Q			U	P	
	a	c	f	a	a	b	c	d	e	f	g	h	k	m	n	a	b	a	b	c	a	a	b
1	+		+	+		+	+	+			+	+		+		-	+	+		+	+	+	+
2	+		+	+	+		+	+			+			+		-				+			+
3	+		+	+			+	+			+	+		+		-				+	+		+
4	+		+	+		+	+				+			+		-				+		+	+
5				+			+	+			+	+		+		-			+		+		+
6	+	+	+	+		+	+	+	+				+	+		-	+			+	+		+
7	+		+	+	+			+	+						+	-				+			+
8	+			+			+	+	+	+	+			+		-			+	+	+	+	
9	+		+	+	+			+			+	+		+	+	-				+	+	+	+
10				+			+	+		+	+	+		+		-	+			+			+
11	+			+		+	+				+			+		-				+	+	+	
12	+		+	+				+			+	+		+		-				+		+	
13	+		+	+	+		+	+			+			+		-					+	+	+
14	+		+	+		+	+	+			+	+		+		-				+	+	+	
15		+		+	+			+	+						+	-	+		+		+	+	
16				+	+			+	+							-	+			+	+		+
17				+	+	+	+	+						+		-	+		+				
18				+		+	+				+			+		-					+	+	
19	+			+	+		+	+						+		-				+		+	
20	+		+	+			+	+			+	+		+		-						+	
21				+		+	+				+			+		-	+			+			+
22	+			+	+		+	+			+			+		-	+					+	+
23	+		+	+	+		+	+			+			+	+	-				+			
24				+												-				+	+		

<Table 3> The results of blood group analysis of horse

No	응집반응 (Agglutination)															용혈반응 (Hemolysis)							
	A			C	D											K	A	Q			U	P	
	a	c	f	a	a	b	c	d	e	f	g	h	k	m	n	a	b	a	b	c	a	a	b
25	+			+			+			+	+			+		-					+	+	
26	+		+	+			+				+	+		+		-				+	+		+
27	+		+	+	+		+	+			+			+		-					+	+	+
28	+			+			+	+			+	+		+		-				+	+		
29				+				+	+		+	+		+		-				+	+	+	
30	+		+	+				+	+				+	+		-	+						
31	+		+	+	+			+	+						+	-				+	+		+
32	+		+	+	+			+							+	-				+	+	+	
33				+				+			+	+	+	+		-	+		+		+	+	+
34	+	+	+	+				+	+		+	+		+		-				+	+	+	
35	+		+	+	+	+	+	+						+	+	-				+	+	+	
36		+		+				+	+		+	+		+		-				+			
37	+		+	+	+	+	+	+						+	+	-				+	+	+	
38	+	+		+			+	+	+	+	+			+		-							+
39	+		+	+				+	+		+	+	+	+		-				+	+		
40	+		+	+				+	+		+	+	+	+		-	+			+	+	+	+
41	+		+	+			+	+	+		+			+		-				+	+		+
42	+		+	+	+			+			+	+		+		-				+			+
43				+			+	+	+		+		+	+		-				+	+	+	+
44	+		+	+			+				+			+		-				+		+	
45				+			+				+			+		-				+	+		
46	+			+			+	+			+	+		+		-		+	+	+	+		
47	+	+		+			+	+	+	+	+			+		-				+	+	+	+
48	+		+	+	+		+	+			+			+	+	-			+	+	+		
49	+		+	+	+			+	+						+	-			+	+	+	+	
50				+			+	+			+	+		+		-	+						+
51	+			+	+		+	+			+			+	+	-							+
52				+			+	+	+		+			+		-	+			+	+		+
53	+	+	+	+	+			+			+	+		+		-				+	+		+
54				+			+				+			+		-				+			+
55	+	+		+			+	+	+		+			+		-			+	+	+		+
56	+	+	+	+				+	+		+	+		+		-				+	+		+
57	+	+		+	+		+	+			+			+		-							+
58	+		+	+	+			+	+							-				+	+	+	

2. 품종간의 유전자 빈도 비교

각각의 system과 factor의 분석결과를 유전자 빈도로 나타내고 그 빈도를 다른 품종의 분석 결과와 비교 분석한 결과를 <Table 4>와 <Table 5>에 나타내었다.

<Table 4>와 <Table 5>에서 CJ는 제주 재래말을, TBK는 Thoroughbred Korea, TBUSA는 Thoroughbred USA, AR은 Arabian, ST는 Standardbred, MH는 Morgan Horse, QH는 Quarter Horse, PF는 Paso Fino, PP는 Peruvian Paso, BB는 beaty Butte, CA1은 Clan Alpine, CA2는 Clan Alpine2, F는 Flanigan, W는 Wassuk를 나타낸다. 이중崔 (1998), A. T Bowing and R.S. Clark (1985)의 경우는 개량 품종에 관한 Data이며, A. T. Bowling. (1994)의 경우는 야생종에 대한 Data 이다.

<Table 4> Allelic frequencies of blood group phenogroups

Locus	Allele	Breeds													
		CJ	TBK*	TBU**	AR**	ST**	MH**	QH**	PF**	PP**	BB***	CA1***	CA2***	F***	W***
C	a	1.000	0.908	0.588	0.827	0.588	0.688	0.755	0.369	0.735	0.769	0.660	0.682	0.637	0.463
	C-	0.000	0.092	0.412	0.173	0.412	0.312	0.245	0.631	0.265	0.231	0.340	0.318	0.363	0.537
D	ad	0.095	0.000	0.000	0.000	0.005	0.135	0.050	0.079	0.100	0.084	0.005	0.005	0.238	0.023
	dk	0.009	0.290	0.327	0.455	0.230	0.255	0.285	0.213	0.350	0.067	0.087	0.141	0.006	0.083
	adn	0.103	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	d	0.000	0.011	0.022	0.000	0.030	0.005	0.045	0.027	0.004	0.461	0.072	0.015	0.410	0.174
	dgdm	0.190	0.027	0.063	0.015	0.095	0.085	0.075	0.060	0.006	0.063	0.048	0.010	0.093	0.053
	de	0.138	0.020	0.031	0.125	0.105	0.100	0.155	0.153	0.145	0.102	0.184	0.131	0.060	0.000
	dek	0.035	0.000	0.000	0.000	0.000	0.005	0.005	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.045
	dekm	0.035	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	dtk	0.000	0.014	0.031	0.000	0.070	0.005	0.035	0.065	0.015	0.013	0.000	0.000	0.000	0.311
	bcm	0.086	0.209	0.205	0.260	0.045	0.065	0.185	0.218	0.170	0.103	0.298	0.334	0.017	0.212
	cgm	0.267	0.295	0.214	0.130	0.345	0.300	0.110	0.144	0.100	0.004	0.144	0.263	0.113	0.004
	cegimn	0.000	0.134	0.107	0.015	0.000	0.005	0.050	0.005	0.010	0.103	0.157	0.035	0.049	0.095
	cefgm	0.026	0.000	0.000	0.000	0.000	0.040	0.005	0.037	0.100	0.000	0.005	0.000	0.003	0.000
	cfgkm	0.000	0.000	0.000	0.000	0.075	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
K	a	0.000	0.037	0.025	0.000	0.322	0.006	0.041	0.001	0.025	0.071	0.010	0.000	0.000	0.000
	K-	1.000	0.963	0.975	1.000	0.678	0.994	0.959	0.999	0.975	0.929	0.990	1.000	1.000	1.000

CJ: Cheju native hores, TBK: Thoroughbred Korea, TBU: Thoroughbred USA, AR: Arabian, ST: Standardbred

MH: Morgan Hores, QH: Quarter Horse, PF: Paso Fino, PP: Peruvian Paso, BB: Beaty Butte, CA1: Clan Alpine 1

CA2: Clan Alpine 2, F: Flanigan, W: Wassuk

* 崔 1998 **A. T Bowling and R. S. Clark 1985 ***A. T. Bowling. 1994

<Table 5> Allelic frequencies of blood group phenogroups

Locus	Allele	Breeds													
		CJ	TBK*	TBU**	AR**	ST**	MH**	QH**	PF**	PP**	BB***	CA1***	CA2***	F***	W***
A	adt	0.448	0.934	0.849	0.636	0.566	0.529	0.440	0.263	0.321	0.575	0.491	0.679	0.371	0.509
	adg	0.000	0.000	0.000	0.182	0.000	0.040	0.050	0.233	0.214	0.138	0.005	0.000	0.023	0.228
	a	0.155	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	b	0.164	0.011	0.010	0.055	0.389	0.201	0.150	0.144	0.065	0.116	0.216	0.086	0.083	0.000
	c	0.086	0.001	0.007	0.007	0.000	0.037	0.010	0.042	0.004	0.004	0.000	0.000	0.131	0.000
	e	0.000	0.000	0.000	0.000	0.015	0.055	0.010	0.000	0.000	0.000	0.014	0.061	0.005	0.000
	bc	0.026	0.000	0.000	0.020	0.020	0.006	0.010	0.014	0.000	0.000	0.034	0.000	0.049	0.140
	be	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	ce	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	bce	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P	A-	0.121	0.054	0.134	0.100	0.010	0.122	0.330	0.304	0.396	0.167	0.240	0.174	0.338	0.123
	a	0.379	0.221	0.192	0.405	0.292	0.220	0.260	0.307	0.200	0.213	0.533	0.437	0.323	0.155
	b	0.448	0.117	0.080	0.030	0.045	0.073	0.020	0.069	0.020	0.098	0.100	0.081	0.014	0.261
Q	P-	0.173	0.662	0.728	0.565	0.663	0.707	0.720	0.624	0.780	0.689	0.367	0.482	0.663	0.584
	abc	0.017	0.732	0.612	0.205	0.000	0.006	0.175	0.076	0.020	0.089	0.156	0.045	0.043	0.045
	ac	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	b	0.388	0.001	0.011	0.080	0.000	0.037	0.099	0.082	0.219	0.073	0.018	0.081	0.168	0.125
	c	0.388	0.021	0.022	0.291	0.067	0.296	0.206	0.210	0.250	0.111	0.200	0.185	0.014	0.315
U	Q-	0.190	0.246	0.355	0.424	0.933	0.661	0.520	0.632	0.511	0.727	0.626	0.689	0.775	0.515
	a	0.655	0.152	0.094	0.213	0.340	0.267	0.252	0.347	0.329	0.268	0.307	0.215	0.445	0.539
	U-	0.345	0.848	0.906	0.787	0.660	0.733	0.748	0.653	0.671	0.732	0.693	0.785	0.555	0.461

CJ: Cheju native hores, TBK: Thoroughbred Korea, TBU: Thoroughbred USA, AR: Arabian, ST: Standardbred

MH: Morgan Hores, QH: Quarter Horse, PF: Paso Fino, PP: Peruvian Paso, BB: Beaty Butte, CA1: Clan Alpine 1

CA2: Clan Alpine 2, F: Flanigan, W: Wassuk

* 崔 1998 **A. T Bowling and R. S. Clark 1985 ***A. T. Bowling. 1994

제주 재래말의 경우 <Table 4> 와 <Table 5>에서와 같이

A system의 경우 A^{adf} , A^a , A^b , A^c , A^{bc} , A^- 의 대립유전자(Allele)가 검출되었으며, C system의 경우 a allele만, D system의 경우 ad, dk, **adn**, dghm, de, dek, **dekm**, bcm, cgm, cefgm 대립유전자가 검출되었다. K system의 경우 K^- 대립유전자만 검출되었다. P system은 a, b, P^- 대립유전자, Q system 은 abc, ac, b, c, Q^- 대립유전자 마지막으로 U system 의 경우는 a, U^- 대립유전자가 각각 검출되었다.

A system의 분석결과 adf 대립유전자가 가장 높은 빈도인 0.448을 나타내었고, bc 대립유전자가 0.026으로 가장 낮았다. e, be, ce, bce 대립유전자는 검출되지 않았으며, 또 타 품종에서 발견되지 않은 a 대립유전자가 0.155의 빈도로 검출되었다.

C system의 분석결과는 분석마 전체가 a 대립유전자를 나타냈다. .

D system의 분석결과는 cgm 대립유전자가 0.267로 가장 높은 빈도를 나타내었으며, dk 대립유전자가 0.026으로 가장 낮았다. d, dfk, cegimn, cfgkm 대립유전자는 검출되지 않았으며, 특히 타 품종에서 검출되지 않은 **adn** 좌위가 0.103의 빈도로 검출되었으며, 현재 성립되지 않은 factor들의 조합인 **dekm** 대립유전자가 2두, 0.035의 빈도로 검출되어 새로운 대립유전자 조합의 발견 가능성이 보여진다.

K system의 분석결과는 a 대립유전자와 K^- 의 대립유전자중 K^- 의 대립유전자만이 검출되었으며 a 대립유전자는 검출되지 않았다.

P system의 분석결과는 b 대립유전자가 0.448로 가장 높은 빈도를 나타내었으며, P- 대립유전자가 0.173으로 가장 낮았다.

Q system의 분석결과는 b 대립유전자와 c 대립유전자가 0.388의 빈도로 동일하게 높은 빈도를 나타내었으며, abc, ac 대립유전자가 0.017로 낮게 나왔다.

U system의 분석결과는 a 대립유전자가 0.655, U-가 0.345의 빈도로 검출되었다.

3. 품종간의 近緣關係

이들 Allelic frequencies를 통하여 각 품종간의 Genetic distance를 Nei(1975)의 방법으로 구하였으며, 그 결과를 <Table 6>에 나타내었다. 이러한 유전자 거리에 근거하여 UPGMA에 의해 구성된 계통수는 Fig.1 에 나타내었다.

각 품종간의 Genetic distance를 비교한 결과 제주 재래말과 가장 가까운 유전자 거리를 가진 품종은 CA1(Clan Alpine1)으로 0.1864이었으며, 가장 먼 유전자 거리를 가진 품종은 Thoroughbred USA 품종으로 0.3714였다.

각 품종의 유전자 거리들을 비교해 보았을 때 전반적으로 타 품종과의 유전자 거리는 멀었으며, 이것은 제주재래말이 한국 고유의 품종이라는 사실을 뒷받침하는 증거가 된다.

<Table 6> Standard genetic distance for 14 breed at 7 polymorphic blood system loci

	CJ	TBK*	TBU**	AR**	ST**	MH**	QH**	PF**	PP**	BB***	CA1***	CA2***	F***	W***
CJ														
TBK	0.2915													
TBUSA	0.3714	0.0293												
AR	0.2003	0.0768	0.0737											
ST	0.3470	0.2350	0.1797	0.1479										
MH	0.2121	0.1442	0.1061	0.0515	0.0622									
QH	0.2158	0.1082	0.0797	0.0320	0.1058	0.0273								
PF	0.3144	0.2621	0.1543	0.1135	0.1197	0.0638	0.0636							
PP	0.2236	0.1837	0.1430	0.0570	0.1445	0.0444	0.0192	0.0576						
BB	0.2552	0.1545	0.1274	0.0875	0.1038	0.0595	0.0506	0.1088	0.0790					
CA1	0.1864	0.1532	0.1232	0.0614	0.1094	0.0606	0.0485	0.0710	0.0920	0.0740				
CA2	0.2100	0.1254	0.0942	0.0432	0.0887	0.0366	0.0433	0.0799	0.0801	0.0681	0.0213			
F	0.2506	0.2520	0.1968	0.1537	0.1241	0.0792	0.0773	0.0830	0.0871	0.0414	0.0878	0.0980		
W	0.2288	0.2510	0.1815	0.1405	0.1766	0.1059	0.1131	0.0717	0.1091	0.1033	0.1146	0.1169	0.1078	

CJ: Cheju native hores, TBK: Thoroughbred Korea, TBU: Thoroughbred USA, AR: Arabian, ST: Standardbred,
 MH: Morgan Hores QH: Quarter Horse, PF: Paso Fino, PP: Peruvian Paso, BB: Beaty Butte, CA1: Clan Alpine 1
 CA2: Clan Alpine 2, F: Flanigan, W: Wassuk

* 崔 1998 **A. T Bowling and R. S. Clark 1985 ***A. T. Bowling. 1994

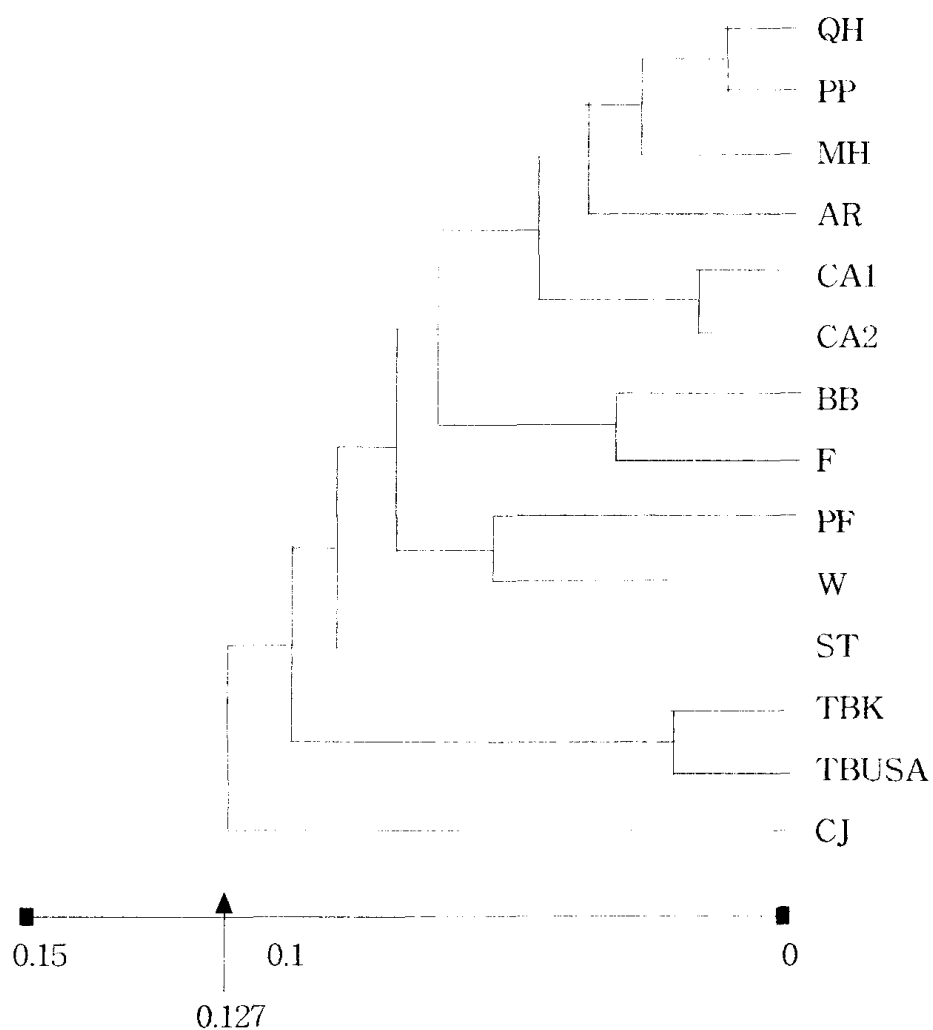


Fig.1. Dendrogram for 14 horses breeds calculated from Nei's D using 7 polymorphic blood system loci

CJ: Cheju native hores, TBK: Thoroughbred Korea,
 TBUSA: Thoroughbred USA, AR: Arabian, ST: Standardbred,
 MH: Morgan Hores, QH: Quarter Horse, PF: Paso Fino,
 PP: Peruvian Paso, BB: Beaty Butte, CA1: Clan Alpine 1
 CA2: Clan Alpine 2, F: Flanigan, W: Wassuk

4. 혈청 단백질 및 효소좌위의 분석

1) 혈청 Albumin(Alb) 좌위의 유전적 다형현상

말에 있어서 albumin(Alb) 유전 변이체에 관한 연구는 Stormont와 Suzuki(1963)에 의해 Alb^A 와 Alb^B 의 공우성 대립 유전자에 의해 지배되는 AA, AB 및 BB의 3가지 표현형이 밝혀졌고, 이후 Sandberg(1970)에 의해 Alb^A 와 Alb^B 의 사이에 존재하는 새로운 대립유전자 Alb^I 가 발견되었다. 본 연구에서는 Alb^A 와 Alb^B 에 의해 지배되는 AA, AB 및 BB의 3가지 표현형만이 검출되었다. Alb의 전기영동상은 Fig 2에 나타내었다.

Alb의 표현형과 그 빈도는 <Table 7>에 나타내었으며 Alb, Gc, A1B protein의 유전자 빈도를 타 품종과 비교하여 <Table 8>에 나타내었다. BB의 경우가 총 60두 중 30두로서 50%의 출현빈도로 가장 높았으며, AB 는 23두로서 38.3%, AA의 경우가 가장 적은 7두로서 11.7%로 가장 낮은 빈도를 나타내었다.

<Table 7> Phenotypes and frequencies of Alb locus in Che Ju horses

Phenotype	Observed	Expected	Gene Freq.
AA	7 (0.117)	5.7042	Alb^A .3083
AB	23 (0.383)	25.5917	
BB	30 (0.500)	28.7042	Alb^B .6917

Chi-square(χ^2): 0.6153 df = 2

0.75> P >0.50

*Figures within parentheses are the frequencies of observed phenotype

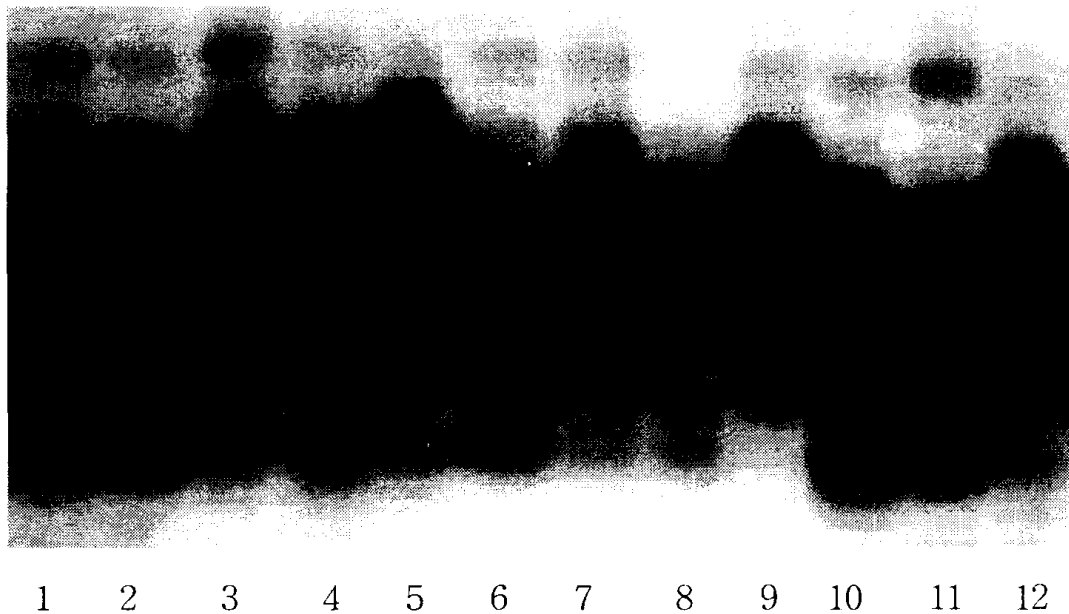


Fig 2. Electrophoregram of Albumin phenotypes in Che Ju native horses.

-Phenotypes-

1: BB 2: BB 3: AB 4: AB 5: AA 6: BB 7: AB 8: BB
9: AA 10: BB 11: BB 12: AB

<Table 8> Gene frequencies in three serum loci of Che Ju native horses and other breeds

Breed	ALB		GC		A1B		
	A	B	F	S	F	K	S
Cj	0.308	0.692	0.975	0.025	0.000	0.983	0.017
Cjr [#]	0.346	0.654	0.950	0.050	0.000	0.986	0.014
Cj9 [*]	0.358	0.642	0.000	0.000	0.034	0.966	0.000
HK [*]	0.390	0.610	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
KI [*]	0.306	0.694	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
TA [*]	0.512	0.488	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
PP [*]	0.230	0.770	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
TL [*]	0.330	0.670	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
AR ^{**}	0.250	0.750	0.940	0.060	0.000	0.980	0.020
BE ^{**}	0.300	0.700	0.980	0.020	0.000	0.910	0.090
BB ^{***}	0.460	0.540	0.951	0.049	0.076	0.781	0.143
CA1 ^{***}	0.514	0.486	0.938	0.062	0.019	0.899	0.082
CA2 ^{***}	0.581	0.419	0.944	0.056	0.010	0.914	0.076
F ^{***}	0.234	0.766	0.951	0.049	0.000	0.994	0.006
SC1 ^{***}	0.280	0.720	0.954	0.046	0.029	0.923	0.048
SC2 ^{***}	0.551	0.449	1.000	0.000	0.000	0.913	0.087
W ^{***}	0.648	0.352	0.985	0.015	0.000	0.833	0.167
TB ^{****}	0.195	0.805	0.939	0.061	0.020	0.980	0.000
ST ^{****}	0.615	0.385	0.760	0.240	0.000	1.000	0.000
MH ^{****}	0.445	0.555	0.877	0.123	0.035	0.910	0.055
QH ^{****}	0.355	0.645	0.878	0.122	0.010	0.940	0.050

[#] 金(1998) ^{*} 鄭亨(1990) ^{**} L Ouragh et al(1994)^{***} A. T. Bowling(1994)
^{****} A. T. Bowling et al(1985)

Cj: Che ju horse recent. Cjr: Che ju racing horse Cj9: Che ju native horse'90 HK: Hokkaido, KI: Kiso, TA: Tsushima, PP: Philippine

TL: Thailand AR: Arabian, Be: Barb, BB: Beaty Butte,

CA1: Clan Alpine 1 CA2: Clan Alpine 2, F: Flanigan,

SC1: Stone Cabin 1, SC2: Stone Cabin 2 W:Wassuk, TB: Thoroughbred,

ST: Standardbred, MH: Morgan horse, QH: Quarter horse

Alb 대립 유전자의 빈도 비교 결과, 타 품종에서의 경우 Alb^A 대립유전자는 미국의 Wassuk 야생마에서 0.648로 가장 높게 나타났으며, Thoroughbred에서 0.195로 가장 낮게 나타났다. Alb^B 대립유전자의 경우 Thoroughbred에서 0.805로 가장 높게 나타났다.

제주 재래말에서는 Alb^A 와 Alb^B 의 유전자 빈도가 각각 0.3083, 0.6917로 나타나 Alb^B 의 유전자 빈도가 2배 이상 나타났으며, 이 결과는 鄭등(1990), 金(1998)이 보고한 제주재래말의 수치와 유사하며 Hokkaido, Kiso말 등의 일본말과도 유사한 결과로 나타났다.

2) 혈청 Gc protein(Gc) 좌위의 유전적 다형현상

말의 혈청 Gc protein (Vitamin D-binding prtein)의 연구는 Juneja, Gahne & Sandberg(1978)에 의해 Gc^F 와 Gc^S 의 공우성 대립유전자에 의해 지배되는 FF, FS, SS의 3가지 표현형이 확인되었으며, Gc^F 유전자의 빈도가 매우 우세하다는 연구가 보고되었다. 본 연구에서는 SS 표현형을 제외한 FF, FS 표현형만이 검출되었고, 전기영동상을 Fig. 3에 나타내었다.

표현형의 출현빈도는 <Table 9>에서와 같이 FF형이 95%, FS 형이 5%의 출현 빈도를 보였으며, Gc 좌위의 유전자 빈도는 Gc^F 와 Gc^S 대립 유전자가 각각 0.975, 0.025로 Gc^F 유전자의 빈도가 월등히 높았다. 타 품종과의 유전자 빈도를 비교하여 <Table 8>에 나타내었다. 타 품종에서는, Gc^F 대립유전자의 경우 미국의 Stone Cabin 2가 1.000으로 가장 높은 빈도를 나타내었고, Standardbred에서 0.760로 가장 낮았다. 또 金 (1998)이 발표한 제주재래말의 유전자 빈도수치는 0.950으로 본 실험의 결과와 유사했다.

<Table 9> Phenotypes and frequencies of Gc locus in Che Ju hores

Phenotype	Observed	Expected	Gene Freq.
FF	57(0.95)	57.0375	Gc^F .9750
FS	3 (0.05)	2.9250	
SS	0 (0.00)	0.0375	Gc^S .0250

Chi-square(χ^2): 0.0394 df = 2

0.90 > P > 0.75

*Figures within parentheses are the frequencies of observed phenotype

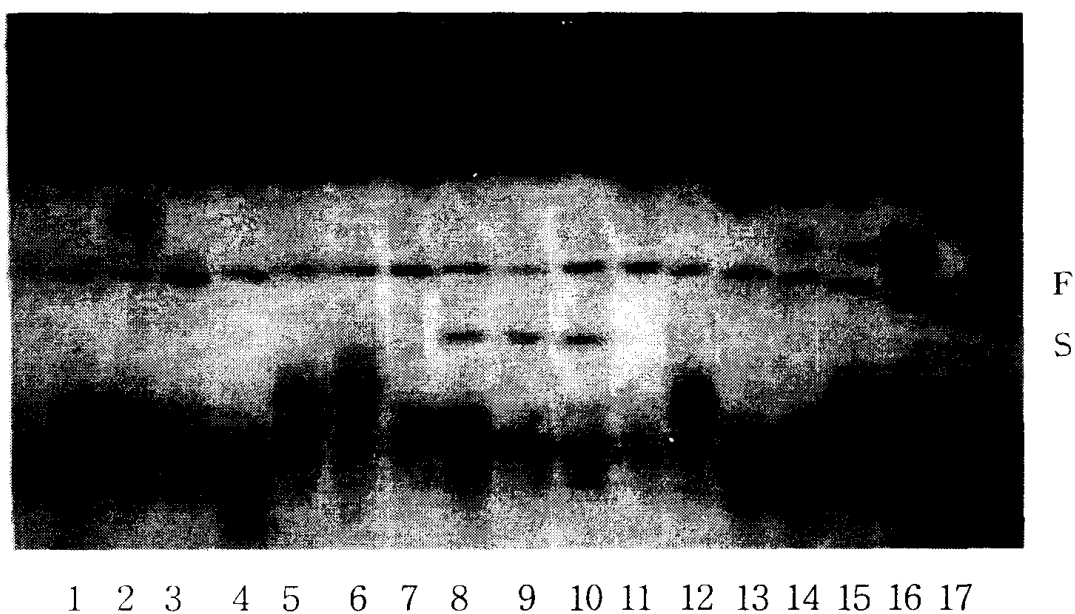


Fig 3. Electrophoregram of Vitamin D binding protein(Gc) phenotypes in Che Ju native horses

-Phenotypes-

1: FF 2: FF 3: FF 4: FF 5: FF 6: FF 7: FF 8: FS 9: FS
10: FS 11: FF 12: FF 13: FF 14: FF 15: FF 16: FF 17: FF

3) 혈청 A1B protein(A1B) 좌위의 유전적 다형현상.

말의 혈청 A1B 단백질의 유전적 다형 현상은 Braend(1967, 1970)가 3개의 공우성 대립 유전자의 $A1B^F$, $A1B^K$ 와 $A1B^S$ 에 의해 지배되는 FF, FK, FS, KK 및 KS 5종류이 A1B 단백질 표현형을 최초로 보고한 바 있다. 본 연구에서는 Fig. 4 의 전기영동상에서 제시한 바와 같이 $A1B^F$ 의 유전자는 검출되지 않았으며, $A1B^K$ 와 $A1B^S$ 유전자에 의한 KK, KS 표현형만이 나타났으며 SS 표현형은 검출되지 않았다.

A1B의 표현형의 출현 빈도는 <Table 10>에서 와 같이 KK 형이 96.7%로 대부분을 차지하였고, KS형은 3.3%로 매우 적은 빈도를 나타내었다. A1B 좌위의 유전자 빈도는 $A1B^K$ 가 0.9833으로 $A1B^S$ 의 0.0167 보다 월등히 우세했다. 타 품종과의 유전자 빈도를 비교하여 <Table 8>에 나타내었다. 타 품종에서 $A1B^K$ 대립유전자는 Standardbred가 1.000으로 가장 높았으며, Beaty Butte에서 0.781로 가장 낮았으나, 대부분의 품종에서 0.900 이상의 높은 빈도를 나타내었다. 동일 품종인 제주말의 수치와 비교결과 鄭등(1990)이 발표한 대립유전자의 빈도는 각각 $A1B^K$ 0.966, $A1B^F$ 0.034 로써 본 연구와 金(1998)이 발표한 결과와는 상이하게 나타났다.

<Table 10> Phenotypes and frequencies of A1B locus in Che Ju horses

Phenotype	Observed	Expected	Gene Freq.
KK	58 (0.967)	58.0167	$A1B^K$.9833
KS	2 (0.033)	1.9667	
SS	0 (0.000)	0.0167	$A1B^S$.0167

Chi-square(χ^2): 0.0172 df = 2

0.95 > P > 0.90

*Figures within parentheses are the frequencies of observed phenotype

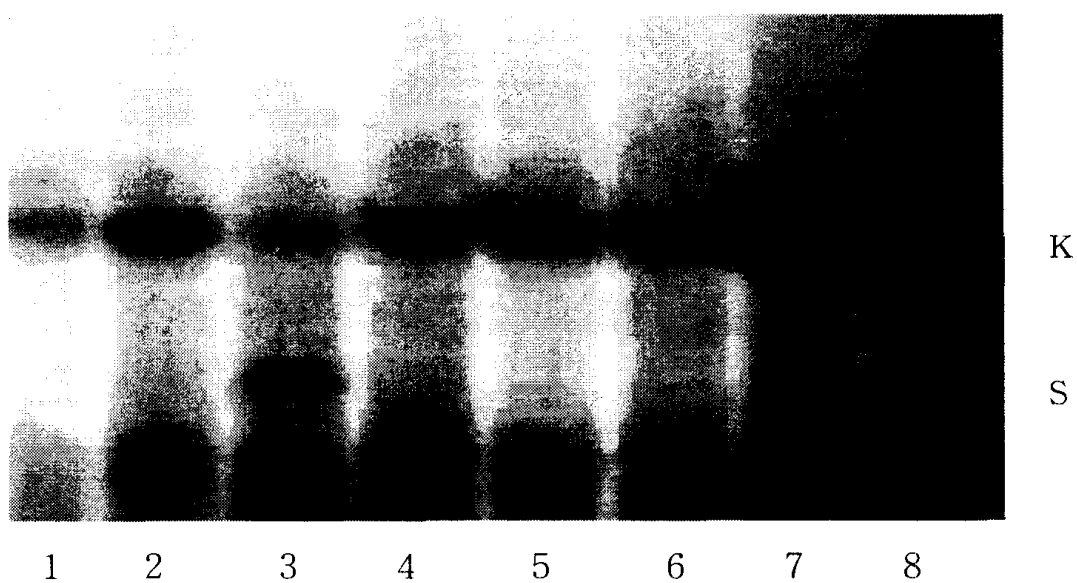


Fig 4. Electrophoregram of A1B protein phenotypes in Che Ju native horses

-Phenotypes-

1: KK 2: KK 3: KS 4: KK 5: KK 6: KK 7: KK 8: KS

4) 혈청 Transferrin(Tf) 좌위의 유전적 다형 현상

혈청 Tf형을 지배하는 유전자는 Tf^D , DD , Tf^{F1} , Tf^{F2} , Tf^{F3} , Tf^G , Tf^H , Tf^J , Tf^M , Tf^O 및 Tf^R 의 10개 변이체가 존재한다고 알려져 있으나 본 연구에 사용된 제주재래말에서는 Tf^D , Tf^{F1} , Tf^{F2} , Tf^O 및 Tf^R 5가지의 변이체 만이 검출되었고, 표현형으로는 DF_1 , DO , DR , F_1F_1 , F_1O , F_1R , F_2O , OR 및 RR 의 9종류가 검출되었다. Tf의 전기영동상은 Fig 5에 제시한 바와 같다.

Tf 표현형의 빈도는 <Table 11>에서와 같이 F_1O 와 OR Type이 14두에서 23%의 비율로 동일하게 높게 나왔으며, DF_1 , DO , DR , F_1F_1 , F_1R , F_2O , RR 이 각각 10%, 1.7%, 1.7%, 15%, 21.6%, 1.7%, 1.7%로 검출되었다.

Tf 좌위의 대립 유전자 빈도는 Tf^{F1} 유전자가 0.4250으로 가장 높았으며, Tf^D 0.0667, Tf^{F2} 0.0083, Tf^O 0.2500, Tf^R 0.2500로 나타났다. 품종과의 유전자 빈도를 비교하여 <Table 12>에 나타내었다.

Tf^D 대립유전자의 경우 Philippine 재래마 품종에서 0.410으로 가장 높게 나타났으며, 鄭등(1990)이 보고한 제주 재래말의 경우 0.065로 본 연구 결과와 매우 유사하게 나타났다. 반면 金(1998)이 보고한 제주재래말의 경우는 유전자빈도가 0.129로 본 연구 결과인 0.0667과 차이가 나타났다.

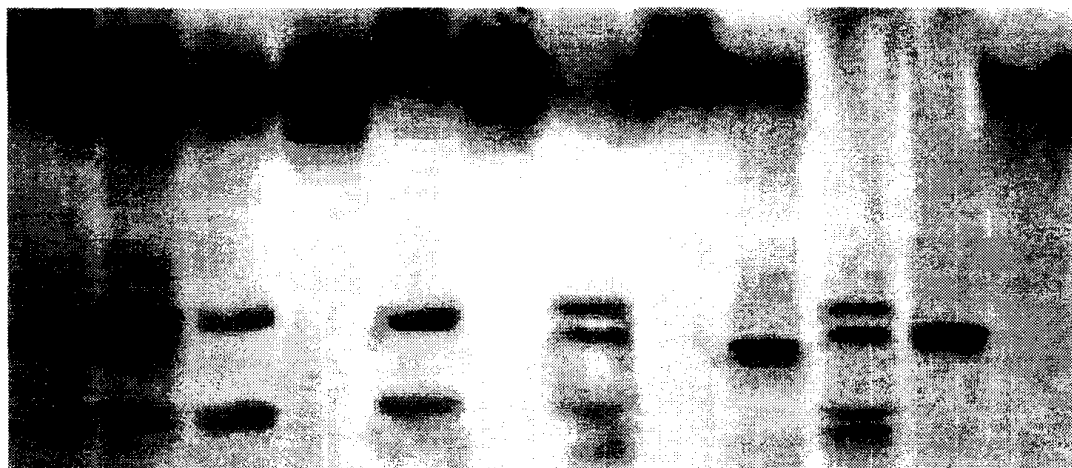
Tf^{F1} 대립유전자의 경우 Thailand 품종에서 0.583으로 가장 높은 유전자 빈도를 나타내었으며, 鄭등(1990)이 보고한 제주 재래말의 경우 0.496으로 본 결과와 유사하게 나왔으며, Hokkaido, Kiso, Tsushima, Philippine 등에서 유사한 결과가 나왔다. 金(1998)이 보고한 제주재래말의 경우 0.007의 매우 낮은 유전자 빈도를 나타내 본 연구 결과인 0.4250와 매우 상이하게 나타났다.

Tf^{F2} 대립유전자의 경우 Arab 품종에서 0.600으로 가장 높은 유전자 빈도를 나타내었으며, 鄭등(1990)의 결과와 Hokkaido, Kiso, Tsushima, Philippine 및 Thailand 품종의 결과들은 각각 0.000, 0.000, 0.052, 0.000, 0.000 및 0.000으로 0.008의 낮은 유전자 빈도를 나타낸 이번 연구결과와 유사하였다. 하지만 金(1998)의 제주재래말 결과는 0.471로 현저히 높게 나타나 본 연구와 그 차이가 상이했다.

Tf^H 대립유전자는 본 연구에서는 전혀 검출되지 않았으며, 타 품종의 경우 Stone Cabin 1에서 0.318로 가장 높게 보고되었다.

Tf^O 대립유전자의 경우 본 연구에서 0.250으로 가장 높게 나타났으며 鄭등(1990)과 金(1998)의 결과는 각각 0.060과 0.082로 본 연구 결과와는 차이가 나타났다.

Tf^R 대립유전자의 경우 Tf^O 와 마찬가지로 0.250으로 동일하게 나타났으며, 鄭등(1990)이 보고한 제주재래말의 수치가 0.345로 가장 높았다. Arab 품종에서는 전혀 검출되지 않아 가장 낮은 빈도를 보였다.



1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12

Fig 5. Electrophoregram of Transferrin phenotypes in Che Ju native horses

-Phenotypes-

1: DR 2: F₂O 3: F₁O 4: F₁F₁ 5: DO 6: DF₁ 7: OR 8: DF₁ 9: F₁R
10: OR 11: RR 12: F₁F₁

<Table 11> Phenotypes and frequencies of Tf locus in Che Ju hores

Phenotype	Observed	Expected	Gene Freq.
DD	0	0.2667	
DF ₁	6 (0.100)	3.4000	
DF ₂	0	0.0667	Tf ^D .0667
DO	1 (0.017)	2.0000	
DR	1 (0.017)	2.0000	Tf ^{F1} .4250
F ₁ F ₁	9 (0.150)	10.8375	
F ₁ F ₂	0	0.4250	Tf ^{F2} .0083
F ₁ O	14 (0.233)	12.7500	
F ₁ R	13 (0.216)	12.7500	Tf ^O .2500
F ₂ F ₂	0	0.0042	
F ₂ O	1 (0.017)	0.2500	Tf ^R .2500
F ₂ R	0	0.2500	
OO	0	3.7500	
OR	14 (0.233)	7.5000	
RR	1 (0.017)	3.7500	

Chi-square(χ^2): 18.0897 df = 14

0.25> P >0.10

*Figures within parentheses are the frequencies of observed phenotype

<Table 12> Gene frequencies in serum Tf locus of Che Ju native horses and other breeds

Breed	Alleles						
	D	F1	F2	H	O	R	Other
Cj	0.067	0.425	0.008	0.000	0.250	0.250	0.000
Cjr [#]	0.129	0.007	0.471	0.036	0.082	0.275	0.000
Cj9 [*]	0.065	0.496	0.000	0.034	0.060	0.345	0.000
HK ^{**}	0.205	0.371	0.000	0.186	0.043	0.195	0.000
KI ^{**}	0.254	0.343	0.052	0.037	0.015	0.299	0.000
TA ^{**}	0.092	0.425	0.000	0.178	0.006	0.299	0.000
PP ^{**}	0.410	0.330	0.000	0.000	0.110	0.150	0.000
TL ^{**}	0.175	0.583	0.000	0.063	0.063	0.116	0.000
AR ^{***}	0.090	0.070	0.600	0.100	0.140	0.000	0.000
BE ^{***}	0.300	0.020	0.360	0.110	0.130	0.070	0.010
BB ^{****}	0.027	0.000	0.179	0.165	0.143	0.237	0.249
CA1 ^{****}	0.317	0.000	0.394	0.034	0.115	0.077	0.063
CA2 ^{****}	0.339	0.000	0.223	0.070	0.091	0.121	0.156
F ^{****}	0.206	0.000	0.517	0.043	0.011	0.160	0.063
SC1 ^{****}	0.115	0.027	0.266	0.318	0.029	0.167	0.078
SC2 ^{****}	0.299	0.000	0.441	0.138	0.000	0.122	0.000
W ^{****}	0.405	0.000	0.292	0.091	0.008	0.204	0.000
TB ^{*****}	0.320	0.310	0.155	0.025	0.055	0.135	0.000
ST ^{*****}	0.245	0.000	0.535	0.005	0.100	0.115	0.000
MH ^{*****}	0.293	0.000	0.543	0.067	0.018	0.024	0.055
QH ^{*****}	0.225	0.185	0.335	0.055	0.070	0.115	0.015

[#] 金(1998) ^{*} 鄭등(1990) ^{**} Nozawa et al.(1976) ^{***} L Ouragh et al(1994)

^{****} A. T. Bowling(1994) ^{*****} A, T. Bowling et al(1985)

Cj: Che ju horse recent. Cjr: Che ju racing horse Cj9: Che ju native horse'90 HK: Hokkaido, KI: Kiso, TA: Tsushima, PP: Philippine

TL: Thailand AR: Arabian, Be: Barb, BB: Beaty Butte,

CA1: Clan Alpine 1 CA2: Clan Alpine 2, F: Flanigan,

SC1: Stone Cabin 1, SC2: Stone Cabin 2 W:Wassuk, TB: Thoroughbred,

ST: Standardbred, MH: Morgan horse, QH: Quarter horse

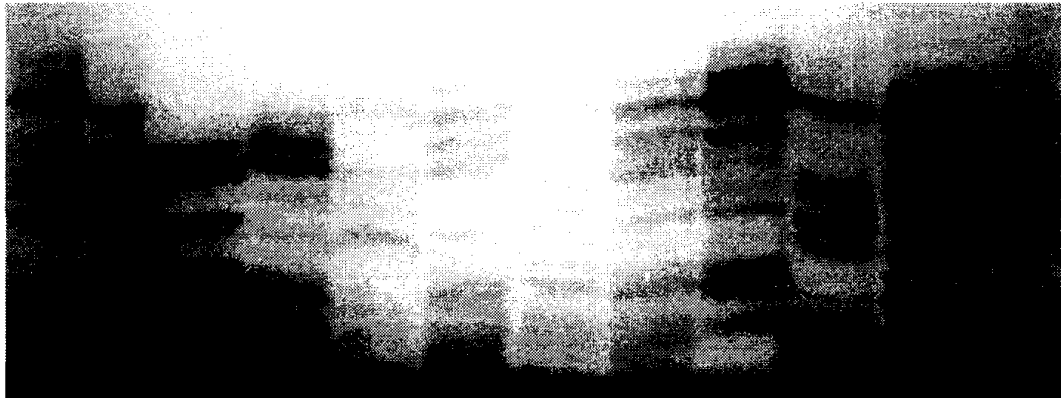
5)혈청 Protease inhibitor(Pi) 효소 좌위의 유전적 다형 현상

Protease inhibitor(Pi)는 과거 Prealbumin(Pr)으로 명명 되어왔으나 Juneja 등 (1979) 과 Matthews(1979)에 의해 사람의 혈청 Pi와 유사한 것으로 입증되어 그 유전자 좌위의 기호가 Pi로 개정되었다.

말의 혈청 Pi 단백질 좌위는 Gahne(1966)의 Acid starch gel electrophoresis에 의해 최초로 Prealbumin(Pr)으로 명명된 F, I, L 및 S 유전자가 보고되었다.

이후 Acid PAGE (Pollitt & Bell, 1980) 의 개발에 의해 새로운 대립유전자들이 확인되었다. Braend에 의해 N, T, U 및 W의 대립 유전자가 밝혀졌고(1970), Scott에 의해 G 대립 유전자(1977)와 Z대립 유전자(1979)가 확인되었다. 지금까지 알려진 Pi 좌위의 대립 유전자는 F, G, I, N, L, S, U, X, Z, P, R, O, K, H, V, J, Q등의 20여 종이다.

본 연구에서 나타난 Pi 좌위의 표현형은 N, S, J, U, Q, H, K, I, P, V, R, L 대립 유전자에 의해서 지배되는 24가지 표현형이 검출 되었으며, 그 표현형과 유전자 빈도를 분석한 결과를 <Table 13>에 나타내었다. 전기영동상은 Fig. 6, 7, 8에 나타난바와 같다.



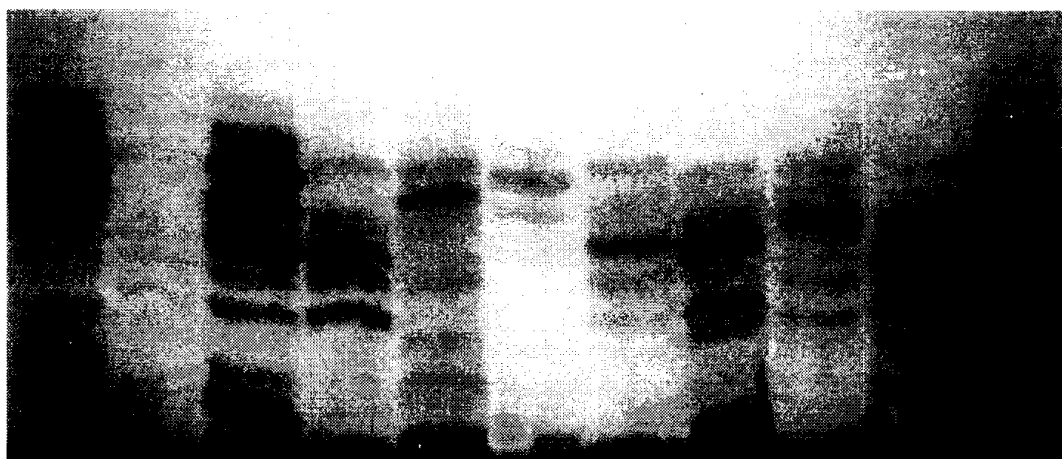
1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12

Fig 6. Electrophoregram of Protease inhibitor(Pi) in Che Ju native horses

-Phenotypes-

1: LL 2: NU(M) 3: NN(M) 4: SS(M) 5: LL(M) 6: IR(M) 7: SU
8: JK 9: SU 10: JP 11: JJ 12: SS

*(M)-Marker



1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11

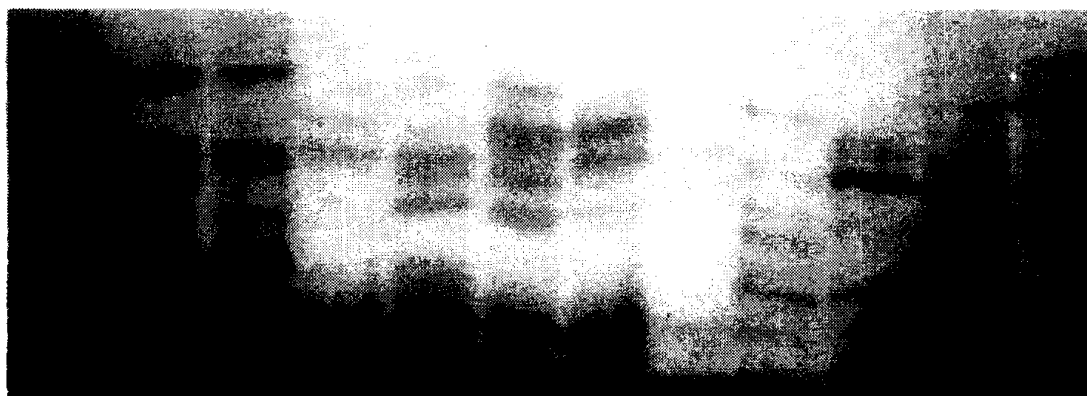
Fig 7. Electrophoregram of Protease inhibitor(Pi) in Che Ju native horses

- Phenotypes -

1: JQ 2: NS 3: JP 4: SP 5: SH 6: JV 7: RS 8: LU 9: SI 10: LS

11: NU(M)

*(M)-Marker



1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12
 Fig 8. Electrophoregram of Protease inhibitor(Pi) in Che Ju native horses

-Phenotypes-

1: NQ 2: NS 3: LN 4: RS 5: LN 6: IN 7: IL 8: NR 9: KS 10: LL
 12: NU(M)

*(M)-Marker

Pi 표현형의 빈도는 SU 가 11%로 가장 높았으며, 유전자 빈도의 경우 N, S, J, U, Q, H, K, I, P, V, R, 및 L 의 빈도가 각각 0.1000, 0.3111, 0.1222, 0.0667, 0.0333, 0.0111, 0.0556, 0.0333, 0.0778, 0.0111, 0.0778, 및 0.1000 으로 검출되었다. 타 품종과의 유전자 빈도를 비교하여 <Table 14>와 <Table 15>에 나타내었다.

본 연구의 결과 Pi^F 대립유전자의 경우 鄭등(1990) 과 金(1998)이 보고한 제주재래말의 유전자 빈도 수치는 각각 0.017과 0.050으로 나왔으나, 이번 연구에 사용된 제주재래말에서는 전혀 검출되지 않았다. 타 품종에서도 Pi^F 대립유전자의 유전자 빈도는 낮았다.

Pi^G 대립유전자는 鄭등(1990)과 金(1998)이 보고한 결과와 동일하게 이번 연구에서도 전혀 검출되지 않았다. 타 품종에서도 매우 낮게 검출되었으며, Arab 품종에서는 0.140의 빈도로 보고되었다.

Pi^I 대립유전자는 본 연구에서는 鄭등(1990)과 金(1998)이 보고한 0.164, 0.100 보다 다소 적은 0.033의 빈도로 검출되었다. 타 품종에서는 Wassuk에서 0.360의 빈도로 가장 높게 보고되었다.

Pi^N 대립유전자의 경우 제주재래말의 결과들 중에서는 金(1998)이 보고한 결과가 0.193의 빈도로 가장 높았고, 본 연구에서는 0.100으로 검출되었으며, 鄭등(1990)의 연구결과에서는 검출되지 않은 것으로 조금씩의 차이가 보여졌다. 타 품종의 경우 Thoroughbred, Morgan horse, Quarter horse에서 각각 0.450, 0.303, 0.379의 빈도로 높게 검출되었다.

Pi^L 대립유전자에서는 鄭등(1990)이 보고한 결과는 0.741로 매우 높은 반면 본 연구에서와 金(1998)이 보고한 결과는 각각 0.100과 0.132의 빈도로 상이하게 나타났다. 또 Hokkaido, Kiso, Tsushima, Philippine, Thailand 등의 품종에서 매우 높게 나타났다.

Pi^S 대립유전자에서도 金(1998)이 보고한 결과와 본 연구결과에서

는 그 유전자 빈도가 각각 0.257과 0.311로 유사하게 나온 반면 鄭 등(1990)이 보고한 결과에서는 0.078의 빈도로 매우 낮게 나와 그 차이가 보여진다. 마찬가지로 Hokkaido, Kiso, Tsushima, Philippine, Thailand 등의 품종에서는 鄭 등(1990)의 결과와 유사하게 그 유전자 빈도가 낮게 보고되었다.

Pi^U 대립유전자의 경우, 본 연구와 金(1998)이 보고한 결과는 각각 0.067과 0.068 의 유사한 유전자 빈도를 나타내었으며, 鄭 등(1990)이 보고한 제주재래말과 Hokkaido, Kiso, Tsushima, Philippine, Thailand 등의 품종에서는 검출되지 않았다.

Pi^X 대립유전자는 대부분의 품종에서 검출되지 않거나 매우 낮은 빈도로 검출되었으며, 제주재래말의 경우 金(1998)의 보고에서만 0.010의 빈도로 나타나있다.

Pi^Z 대립유전자도 대부분의 품종에서 검출되지 않거나 매우 낮은 빈도로 검출되었으며, 제주재래말의 경우 모두 검출되지 않았다.

Pi^P 대립유전자는 본 연구에서는 0.078로 金(1990)의 결과와 유사하였으며, 鄭 등(1990)이 보고한 제주재래말과 Hokkaido, Kiso, Tsushima, Philippine, Thailand 등의 품종에서는 검출되지 않았다.

Pi^R 대립유전자에서도 본 연구에서는 0.078의 유전자 빈도를 나타내었고, 金(1998)의 결과는 0.018의 빈도로, 鄭 등(1990)이 보고한 제주재래말과 Hokkaido, Kiso, Tsushima, Philippine, Thailand 등의 품종에서는 검출되지 않았다.

Pi^O 대립유전자는 제주마의 경우 金(1998)의 결과에서만 0.004로 나타나고 대부분의 타 품종에서도 검출되지 않거나 매우 낮은 빈도로 검출된 것으로 보고되어있다.

Pi^K 대립유전자의 경우, 金(1998)의 보고에서는 0.082, 본 연구에서는 0.056의 빈도로 검출되었고 鄭 등(1990)이 보고한 제주재래말과

Hokkaido, Kiso, Tsushima, Philippine, Thailand 등의 품종에서는 검출되지 않았다.

Pi^H 대립유전자는 제주재래말의 연구 결과중 이번 연구에서만 0.011의 빈도로 나타났으며, 金(1998), 鄭등(1990)과 Hokkaido, Kiso, Tsushima, Philippine, Thailand, Arab, Barb, Beaty Butte 등에서는 검출되지 않았다.

Pi^V 대립유전자는 金(1998)의 제주말 연구 결과에서 0.004를 나타 내었으며, 본 연구에서는 0.011의 빈도를 나타내었다.

Pi^J 대립유전자는 金(1998)의 연구 결과에서 0.025로 나타났고, 본연구에서는 0.122로 차이가 나타났다.

Pi^Q 대립유전자는 金(1998)의 연구에서 0.007, 본연구에서 0.033의 빈도를 나타내었다.

<Table 13> Phenotypes and frequencies of Pi locus in Che Ju hores

Pheno type.	Observ.	Expect	Pheno type.	Observ.	Expect	Allele	Freq.
NS	3 (0.066)	2.8000	SR	4 (0.089)	2.1778	N	0.1000
NQ	2 (0.044)	0.3000	SL	3 (0.066)	2.8000		
NI	1 (0.022)	0.3000	JJ	2 (0.044)	0.6722		
NR	1 (0.022)	0.7000	JQ	1 (0.022)	0.3667		
NL	2 (0.044)	0.9000	JK	1 (0.022)	0.6111		
SS	2 (0.044)	4.3556	JP	3 (0.066)	0.8556	S	0.3111
SJ	1 (0.022)	3.4222	JV	1 (0.022)	0.1222		
SU	5 (0.111)	1.8667	UL	1 (0.022)	0.6000		
SH	1 (0.022)	0.3111	IK	1 (0.022)	0.1389	J	0.1222
SK	2 (0.044)	1.5556	IL	1 (0.022)	0.3000		
SI	1 (0.022)	0.9333	RR	1 (0.022)	0.2722	U	0.0667
SP	4 (0.089)	2.1778	LL	1 (0.022)	0.4500		
NN	0	0.4500	QV	0	0.0333	Q	0.0333
NJ	0	1.1000	QR	0	0.2333		
NU	0	0.6000	QL	0	0.3000	H	0.0111
NH	0	0.1000	HH	0	0.0056		
NK	0	0.5000	HK	0	0.0556	K	0.0556
NP	0	0.7000	HI	0	0.0333		
NV	0	0.1000	HP	0	0.0778	I	0.0333
SQ	0	0.9333	HV	0	0.0111		
SV	0	0.3111	HR	0	0.0778	P	0.0778
JU	0	0.7333	HL	0	0.1000		
JH	0	0.1222	KI	0	0.1667	V	0.0111
JI	0	0.3667	KP	0	0.3889		
JR	0	0.8556	KV	0	0.0556	R	0.0778
JL	0	1.1000	KR	0	0.3889		
UU	0	0.2000	KL	0	0.5000	L	0.1000
UQ	0	0.2000	II	0	0.0500		
UH	0	0.0667	IP	0	0.2333	V	0.0111
UK	0	0.3333	IV	0	0.0333		
UI	0	0.2000	IR	0	0.2333	R	0.0778
UP	0	0.4667	PP	0	0.2722		
UV	0	0.0667	PV	0	0.0778	L	0.1000
UR	0	0.4667	PR	0	0.5444		
QQ	0	0.0500	PL	0	0.7000	V	0.0111
QH	0	0.0333	VV	0	0.0056		
QK	0	0.1667	VR	0	0.0778	R	0.0778
QI	0	0.1000	VL	0	0.1000		
QP	0	0.2333	RL	0	0.7000	L	0.1000

Chi-square(χ^2): 67.2337

df = 77

0.90 > P > 0.75

*Figures within parentheses are the frequencies of observed phenotype

<Table14 > Gene frequencies in serum Pi locus of Che Ju native horses and other breeds

Breed	Allele								
	F	G	I	N	L	S	U	X	Z
Cj	0.000	0.000	0.033	0.100	0.100	0.311	0.067	0.000	0.000
Cjr [#]	0.050	0.000	0.100	0.193	0.132	0.257	0.068	0.010	0.000
Cj9 [*]	0.017	0.000	0.164	0.000	0.741	0.078	0.000	0.000	0.000
HK ^{**}	0.043	0.000	0.062	0.000	0.895	0.000	0.000	0.000	0.000
KI ^{**}	0.008	0.000	0.060	0.000	0.910	0.022	0.000	0.000	0.000
TA ^{**}	0.051	0.000	0.052	0.000	0.747	0.150	0.000	0.000	0.000
PP ^{**}	0.040	0.000	0.090	0.000	0.820	0.050	0.000	0.000	0.000
TL ^{**}	0.029	0.000	0.063	0.000	0.903	0.005	0.000	0.000	0.000
AR ^{***}	0.040	0.140	0.060	0.120	0.270	0.120	0.230	0.000	0.010
BE ^{****}	0.010	0.020	0.030	0.140	0.310	0.200	0.200	0.000	0.010
BB ^{****}	0.000	0.000	0.036	0.154	0.576	0.000	0.109	0.000	0.000
CA1 ^{****}	0.000	0.043	0.024	0.058	0.361	0.164	0.043	0.000	0.000
CA2 ^{****}	0.000	0.020	0.073	0.048	0.283	0.226	0.032	0.000	0.000
F ^{****}	0.000	0.023	0.126	0.057	0.103	0.336	0.105	0.000	0.000
SC1 ^{****}	0.109	0.000	0.008	0.033	0.358	0.251	0.121	0.000	0.000
SC2 ^{****}	0.075	0.000	0.173	0.004	0.394	0.142	0.150	0.000	0.000
W ^{****}	0.000	0.000	0.360	0.000	0.201	0.311	0.008	0.000	0.000
ST ^{*****}	0.021	0.021	0.080	0.080	0.286	0.083	0.359	0.013	0.000
TB ^{*****}	0.030	0.015	0.060	0.450	0.185	0.130	0.130	0.000	0.000
MH ^{*****}	0.019	0.037	0.049	0.303	0.179	0.079	0.291	0.000	0.000
QH ^{*****}	0.005	0.040	0.040	0.379	0.126	0.218	0.177	0.000	0.000

[#] 金(1998) ^{*} 鄭등(1990) ^{**} Nozawa et al.(1976)

^{***}L Ouragh et al(1994) ^{***}A. T. Bowling(1994) ^{*****} K. Bell, et al(1984)

^{*****} A, T. Bowling et al(1985)

Cj: Che ju horse recent. Cjr: Che ju racing horse Cj9: Che ju native horse'90 HK: Hokkaido, KI: Kiso, TA: Tsushima, PP: Philippine

TL: Thailand AR: Arabian, Be: Barb, BB: Beaty Butte,

CA1: Clan Alpine 1, CA2: Clan Alpine 2, F: Flanigan,

SC1: Stone Cabin 1, SC2: Stone Cabin 2, W:Wassuk,

TB: Thoroughbred, ST: Standardbred, TB: Thoroughbred,

MH: Morgan horse, QH: Quarter horse

<Table 15> Gene frequencies in serum Pi locus of Che Ju native horses and other breeds (continued)

Breed	Allele								
	P	R	O	K	H	V	J	Q	Other
Cj	0.078	0.078	0.000	0.056	0.011	0.011	0.122	0.033	0.000
Cjr [#]	0.050	0.018	0.004	0.082	0.000	0.004	0.025	0.007	0.000
Cj9 ^{*U}	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
HK ^{**}	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
KI ^{**}	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
TA ^{**}	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
PP ^{**}	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
TL ^{**}	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
AR ^{***}	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
BE ^{****}	0.010	0.020	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.040
BB ^{****}	0.013	0.000	0.000	0.112	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
CA1 ^{****}	0.082	0.000	0.038	0.029	0.014	0.000	0.043	0.000	0.101
CA2 ^{****}	0.113	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.038	0.000	0.167
F ^{****}	0.057	0.026	0.000	0.000	0.089	0.000	0.000	0.003	0.075
SC1 ^{****}	0.040	0.010	0.019	0.000	0.019	0.000	0.027	0.000	0.005
SC2 ^{****}	0.016	0.008	0.038	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
W ^{****}	0.053	0.000	0.000	0.000	0.004	0.000	0.000	0.000	0.063
ST ^{*****}	0.002	0.001	0.006	0.018	0.015	0.014	0.001	0.000	0.000
TB ^{*****}	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
MH ^{*****}	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.043
QH ^{*****}	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.015

金(1998) * 鄭 등(1990) ** Nozawa et al.(1976)

L Ouragh et al(1994) ***A. T. Bowling(1994) **K. Bell, et al(1984)

***** A, T. Bowling et al(1985)

Cj: Che ju horse recent. Cjr: Che ju racing horse Cj9: Che ju native horse'90 HK: Hokkaido, KI: Kiso, TA: Tsushima, PP: Philippine
TL: Thailand AR: Arabian, Be: Barb, BB: Beaty Butte,
CA1: Clan Alpine 1, CA2: Clan Alpine 2, F: Flanigan,
SC1: Stone Cabin 1, SC2: Stone Cabin 2, W:Wassuk,
TB: Thoroughbred, ST: Standardbred, TB: Thoroughbred,
MH: Morgan horse, QH: Quarter horse

5. 유전자 빈도에 의한 품종간의 近緣關係

혈청 단백질 및 효소좌위-Transferrin(Tf), Albumin(Alb), Vitamin D binding protein (Gc), A1B protein (A1B) 및 Protease inhibitor(Pi)-의 Gene frequencies를 통하여 제주 재래말과 타 품종간의 Genetic distance를 Nei(1975)의 방법으로 구하였으며, 그결과를 <Table 16>과 <Table 17>에 나타내었다. 이러한 유전자 거리에 근거하여 UPGMA에 의해 구성된 계통수는 Fig. 9 에 나타내었다.

각 품종간의 Genetic distance를 비교한 결과 제주 재래말과 가장 가까운 유전자 거리를 가진 품종은 1990년에 鄭등이 발표한 Cj9(CheJu'90) 제주재래말로 0.0317이었으며, 가장 먼 유전자 거리를 가진 품종은 Thoroughbred 품종으로 0.5177였다. 그 밖에 Hokkaido, Kiso, Thailand 등의 품종과 비교적 가까운 유전자 거리를 가졌다. 이러한 결과는 韓등(1990, 1993)이 보고한 제주재래말의 기원 및 일본 재래말의 전래경로에 대한 추론을 입증하는 자료라고 사료된다. 반면 金(1998)이 보고한 제주도내 한국마사회에서 사육중인 동일 품종인 제주재래말과는 그 유전적 거리가 0.2783으로 비교적 먼 것으로 보아 제주재래말의 경주를 위한 잡종화가 이루어졌을 가능성이 보여진다.

<Table 16> Standard genetic distance for 21 breed at Alb, Tf, Pi polymorphic loci

	Cj	Cjr	Cj9	HK	KI	TA	PP	TL	AR	BE	BB
Cj	0.0000	0.2783	0.0317	0.0703	0.0608	0.1097	0.0952	0.0523	0.3500	0.2657	0.2497
Cjr	0.2783	0.0000	0.3060	0.2720	0.2002	0.3355	0.2814	0.3850	0.0639	0.0577	0.1344
Cj9	0.0317	0.3060	0.0000	0.0471	0.0406	0.0450	0.1254	0.0406	0.4415	0.3394	0.2740
HK	0.0703	0.2720	0.0471	0.0000	0.0326	0.0368	0.0763	0.0393	0.3599	0.2107	0.2128
KI	0.0608	0.2002	0.0406	0.0326	0.0000	0.0881	0.0385	0.0581	0.3174	0.1763	0.2354
TA	0.1097	0.3355	0.0450	0.0368	0.0881	0.0000	0.2059	0.0847	0.5052	0.3618	0.2244
PP	0.0952	0.2814	0.1254	0.0763	0.0385	0.2059	0.0000	0.0800	0.3338	0.1588	0.3391
TL	0.0523	0.3850	0.0406	0.0393	0.0581	0.0847	0.0800	0.0000	0.4084	0.3059	0.3677
AR	0.3500	0.0639	0.4415	0.3599	0.3174	0.5052	0.3338	0.4084	0.0000	0.0580	0.2425
BE	0.2657	0.0577	0.3394	0.2107	0.1763	0.3618	0.1588	0.3059	0.0580	0.0000	0.1717
BB	0.2497	0.1344	0.2740	0.2128	0.2354	0.2244	0.3391	0.3677	0.2425	0.1717	0.0000
CA1	0.3817	0.0886	0.4268	0.2814	0.2709	0.3521	0.2903	0.4140	0.1414	0.0649	0.1548
CA2	0.3853	0.1776	0.3982	0.2412	0.2622	0.2783	0.2934	0.4038	0.2970	0.1388	0.1202
F	0.3408	0.0285	0.3831	0.3116	0.2227	0.4517	0.2528	0.3987	0.0379	0.0372	0.1975
SC1	0.2610	0.0936	0.2798	0.1670	0.1756	0.2666	0.2297	0.3013	0.1141	0.0698	0.1021
SC2	0.4674	0.0953	0.4525	0.2889	0.2990	0.3256	0.3697	0.4605	0.1649	0.0972	0.1803
W	0.4961	0.1954	0.4528	0.2877	0.3039	0.2908	0.3748	0.4858	0.3623	0.1910	0.2223
ST	0.1019	0.1779	0.1276	0.0858	0.0387	0.2170	0.0207	0.0877	0.1930	0.0972	0.2898
TB	0.5177	0.1132	0.5369	0.4129	0.4066	0.4177	0.4914	0.5660	0.1818	0.1531	0.2213
MH	0.4706	0.0720	0.5044	0.3468	0.3199	0.4468	0.3454	0.4668	0.0760	0.0556	0.2099
QH	0.1605	0.0519	0.1846	0.1201	0.0948	0.2037	0.1203	0.1690	0.0727	0.0296	0.1517

Cj: Che ju horse recent. Cjr: Che ju racing horse Cj9: Che ju native horse'90 HK Hokkaido, KI: Kiso, TA: Tsushima, PP: Philippine
 TL: Thailand AR: Arabian, Be: Barb, BB: Beaty Butte,
 CA1: Clan Alpine 1, CA2: Clan Alpine 2, F: Flanigan,
 SC1: Stone Cabin 1, SC2: Stone Cabin 2, W:Wassuk,
 TB: Thoroughbred, ST: Standardbred, TB: Thoroughbred,
 MH: Morgan horse, QH: Quarter horse

<Table 17> Standard genetic distance for 21 breed at Alb, Tf, Pi polymorphic loci (continued)

	CA1	CA2	F	SC1	SC2	W	ST	TB	MH	QH
Cj	0.3817	0.3853	0.3408	0.2610	0.4674	0.4961	0.1019	0.5177	0.4706	0.1605
Cjr	0.0886	0.1776	0.0285	0.0936	0.0953	0.1954	0.1779	0.1132	0.0720	0.0519
Cj9	0.4268	0.3982	0.3831	0.2798	0.4525	0.4528	0.1276	0.5369	0.5044	0.1846
HK	0.2814	0.2412	0.3116	0.1670	0.2889	0.2877	0.0858	0.4129	0.3468	0.1201
KI	0.2709	0.2622	0.2227	0.1756	0.2990	0.3039	0.0387	0.4066	0.3199	0.0948
TA	0.3521	0.2783	0.4517	0.2666	0.3256	0.2908	0.2170	0.4177	0.4468	0.2037
PP	0.2903	0.2934	0.2528	0.2297	0.3697	0.3748	0.0207	0.4914	0.3454	0.1203
TL	0.4140	0.4038	0.3987	0.3013	0.4605	0.4858	0.0877	0.5660	0.4668	0.1690
AR	0.1414	0.2970	0.0379	0.1141	0.1649	0.3623	0.1930	0.1818	0.0760	0.0727
BE	0.0649	0.1388	0.0372	0.0698	0.0972	0.1910	0.0972	0.1531	0.0556	0.0296
BB	0.1548	0.1202	0.1975	0.1021	0.1803	0.2223	0.2898	0.2213	0.2099	0.1517
CA1	0.0000	0.0339	0.1151	0.1802	0.0219	0.0555	0.2382	0.0291	0.0253	0.0691
CA2	0.0339	0.0000	0.2266	0.2200	0.0566	0.0341	0.2899	0.0829	0.1029	0.1304
F	0.1151	0.2266	0.0000	0.0843	0.1323	0.2737	0.1397	0.1777	0.0629	0.0539
SC1	0.1802	0.2200	0.0843	0.0000	0.1678	0.2881	0.1473	0.2850	0.1552	0.0857
SC2	0.0219	0.0566	0.1323	0.1678	0.0000	0.0374	0.2930	0.0272	0.0292	0.0917
W	0.0555	0.0341	0.2737	0.2881	0.0374	0.0000	0.3650	0.0653	0.1179	0.1707
ST	0.2382	0.2899	0.1397	0.1473	0.2930	0.3650	0.0000	0.3995	0.2407	0.0622
TB	0.0291	0.0829	0.1777	0.2850	0.0272	0.0653	0.3995	0.0000	0.0469	0.1346
MH	0.0253	0.1029	0.0629	0.1552	0.0292	0.1179	0.2407	0.0469	0.0000	0.0661
QH	0.0691	0.1304	0.0539	0.0857	0.0917	0.1707	0.0622	0.1346	0.0661	0.0000

Cj: Che ju horse recent. Cjr: Che ju racing horse Cj9: Che ju native horse'90 HK: Hokkaido, KI: Kiso, TA: Tsushima, PP: Philippine
 TL: Thailand AR: Arabian, Be: Barb, BB: Beaty Butte,
 CA1: Clan Alpine 1, CA2: Clan Alpine 2, F: Flanigan,
 SC1: Stone Cabin 1, SC2: Stone Cabin 2, W:Wassuk,
 TB: Thoroughbred, ST: Standardbred, TB: Thoroughbred,
 MH: Morgan horse, QH: Quarter horse

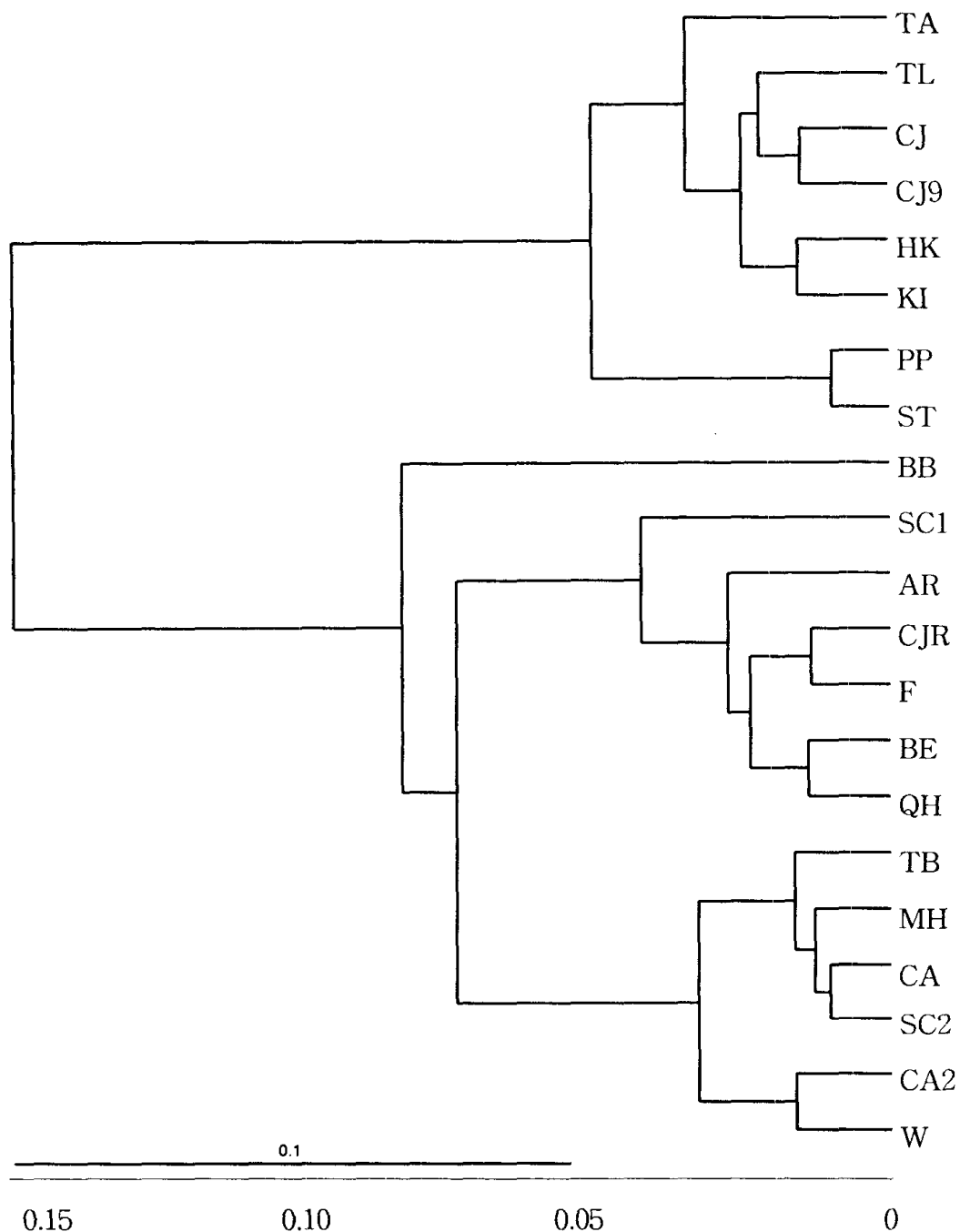


Fig 9\'. Dendrogram for 21 horses breeds calculated from Nei's D using Alb, Tf, Pi polymorphic protein loci

Cj: Che ju horse recent. Cjr: Che ju racing horse Cj9: Che ju native horse'90 HK: Hokkaido, KI: Kiso, TA: Tsushima, PP: Philippine

TL: Thailand AR: Arabian, Be: Barb, BB: Beaty Butte,

CA1: Clan Alpine 1, CA2: Clan Alpine 2, F: Flanigan,

SC1: Stone Cabin 1, SC2: Stone Cabin 2, W:Wassuk,

TB: Thoroughbred, ST: Standardbred, TB: Thoroughbred,

MH: Morgan horse, QH: Quarter horse

IV. 적요

본 연구는 제주재래말의 혈액형을 분석하므로 서 제주재래말의 순수 혈통 보존 및 활용을 위한 목적으로 적혈구 항원형을 표준 항혈청에 의해 7 system 23 factor를 조사하였으며, PAGE 및 Acidic gradient PAGE에 의해 혈청 단백질 좌위인 Alb, GC, A1B, Tf 및 Pi를 분석하여 유전자 형, 유전자 빈도, 타 품종과의 유전자 거리를 추정하였다.

(1) A system의 분석결과 adf, a, b, c, bc, A-의 대립유전자 (Allele)가 검출되었으며, adf 대립유전자가 가장 높은 빈도인 0.448을 나타내었고, bc 대립유전자가 0.026으로 가장 낮았다. e, be, ce, bce 대립유전자는 검출되지 않았으며, 또 타 품종에서 발견되지 않은 a 대립유전자가 0.155의 빈도로 검출되었다.

(2) C system의 분석결과는 분석마 전체가 a 대립유전자를 나타내 빈도가 1.000으로 검출되었다.

(3) D system의 분석결과 ad, dk, **adn**, dghm, de, dek, **dekm**, bcm, cgm, cefgm 대립유전자가 검출되었다. cgm 대립유전자가 0.267로 가장 높은 빈도를 나타내었으며, dk 대립유전자가 0.026으로 가장 낮았다. d, dfk, cegimn, cfgkm 대립유전자는 검출되지 않았으며, 특히 타품종에서 검출되지 않은 **adn** 대립유전자가 0.103의 빈도로 검출되었으며, 현재 성립되지 않은 factor들의 조합인 **dekm** 대립유전자가 2두, 0.035의 빈도로 검출되어 새로운 조합의 대립유전자 발견 가능성이 보여진다.

(4) K system의 분석결과는 a 대립유전자 와 K-의 대립유전자중 K-의 대립유전자만이 검출되었으며 a 대립유전자는 검출되지 않았다.

(5) P system의 분석결과 a, b, P- 대립유전자가 검출되었으며, b 대립유전자가 0.448로 가장 높은 빈도를 나타내었으며, P- 대립유전자가 0.173으로 가장 낮았다.

(6) Q system의 분석결과 abc, ac, b, c, Q- 대립유전자가 검출되었으며, b 대립유전자와 c 대립유전자가 0.388의 빈도로 동일하게 높은 빈도를 나타내었으며, abc, ac 대립유전자가 0.017로 낮게 나왔다.

(7) U system의 분석결과 a, U- 대립유전자가 검출되었으며, a 대립유전자가 0.655, U-가 0.345의 빈도로 검출되었다.

(8) 위와 같은 결과를 통하여, 타 품종과의 유전자 거리를 비교한 결과 제주 재래말과 가장 가까운 유전자 거리를 가진 품종은 CA1(Clan Alpine1)으로 0.1864이었으며, 가장 먼 유전자 거리를 가진 품종은 Thoroughbred USA 품종으로 0.3714였다.

(9) Alb 단백질 좌위의 분석결과 Alb^A 와 Alb^B 에 의해 지배되는 AA, AB 및 BB의 3가지 표현형이 검출되었다. Alb의 표현형과 그 빈도는 BB의 경우가 총 60두 중 30두로서 50%의 출현빈도로 가장 높았으며, AB 는 23두로서 38.3%, AA의 경우가 가장 적은 7두로서 11.7%로 가장 낮은 빈도를 나타내었다. 유전자 빈도의 경우에는

Alb^A 와 Alb^B 의 유전자 빈도가 각각 0.3083, 0.6917로 나타나 Alb^B 의 유전자 빈도가 Alb^A 의 2배 이상으로 나타났다.

(10) Gc 단백질 좌위의 분석결과 SS 표현형을 제외한 FF, FS 표현형만이 검출되었고, 그 표현형의 출현빈도는 FF형이 95%, FS 형이 5%의 출현 빈도를 보였으며, Gc 좌위의 유전자 빈도는 Gc^F 와 Gc^S 대립 유전자가 각각 0.975, 0.025로 Gc^F 유전자의 빈도가 월등히 높았다.

(11) A1B 단백질 좌위의 분석결과 A1B^F의 유전자는 검출되지 않았으며, A1B^K와 A1B^S 유전자에 의한 KK, KS 표현형만이 나타났으며 SS 표현형은 검출되지 않았다.

A1B의 표현형의 출현 빈도는 KK 형이 96.7%로 대부분을 차지하였고, KS형은 3.3%로 매우 적은 빈도를 나타내었다. A1B 좌위의 유전자 빈도는 A1B^K 가 0.9833으로 A1B^S의 0.0167 보다 매우 높았다.

(12) Transferrin 단백질 좌위의 분석결과 Tf^D, Tf^{F1}, Tf^{F2}, Tf^O 및 Tf^R 5가지 의 변이체 만이 검출되었고, 표현형으로는 DF₁, DO, DR, F₁F₁, F₁O, F₁R, F₂O, OR 및 RR의 9종류가 검출되었다.

Tf 표현형의 빈도는 F₁O 와 OR Type이 14두에서 23%의 비율로 동일하게 높게 나왔으며, DF₁, DO, DR, F₁F₁, F₁R, F₂O, RR 이 각각 10%, 1.7%, 1.7%, 15%, 21.6%, 1.7%, 1.7% 로 검출되었다.

Tf 좌위의 대립 유전자 빈도는 Tf^{F1} 유전자가 0.4250 으로 가장 높았으며, Tf^D 0.0667, Tf^{F2} 0.0083, Tf^O 0.2500, Tf^R 0.2500로 나타났다.

(13) Protease inhibitor (Pi) 단백질 좌위의 분석결과 Pi 좌위의 표현형은 N, S, J, U, Q, H, K, I, P, V, R, L 대립 유전자에 의해서 지배되는 24가지 표현형이 검출되었으며, Pi 표현형의 빈도는 SU가 11%로 가장 높았으며, 유전자 빈도의 경우 N, S, J, U, Q, H, K, I, P, V, R, 및 L 의 빈도가 각각 0.1000, 0.3111, 0.1222, 0.0667, 0.0333, 0.0111, 0.0556, 0.0333, 0.0778, 0.0111, 0.0778, 및 0.1000 으로 검출되었다.

(14) 위의 혈청 단백질 및 효소형을 분석하여 유전자 빈도를 타 품종과 비교한 결과 제주재래말과 가장 가까운 유전자 거리를 가진 품종은 鄭등이 보고한 제주재래말로 0.0317이었으며, 가장 먼 유전자 거리를 가진 품종은 Thoroughbred 품종으로 0.5177였다.

(15) 그 밖에 Hokkaido 0.0703, Kiso 0.0608, Thailand 0.0523 등으로 비교적 가까운 유전자 거리를 가졌다.

(16) 한편 金(1998)이 보고한 제주도내 한국마사회에서 사육중인 동일 품종인 제주재래말과는 그 유전적 거리가 0.2783으로 비교적 먼 것으로 보아 제주재래말의 경주를 위한 잡종화가 이루어졌을 가능성이 보여진다.

(17) 이상과 같은 결과 제주 재래말은 타 품종과 상당한 유전적 차이를 나타내 그 품종적 특성이 명확하고, 다양한 유전자를 보유한 귀중한 유전자 자원으로서의 가치가 높다. 따라서 그 보존과 활용에 더욱 많은 노력을 기울여야 할 것이다.

V.참고문헌

1. Augilar, P., de Andres Cara D.F. & Meriaux J.C. 1987. The spanish pure-bred horse. A new combination of factors in the D blood group system. *Animal Genetics* 18 (Supply. 1), 126-127
2. Bailey, E., D. F. Antezak, D. Bernoco, R. W. Bull, R. Fister, G. Guerin, S. Lazary, S. Matthews, J. Mclure, J. Meyer, V. D. Mottironi & J. Templeton, 1984. Joint Report of the Second International Workshop on Lymphocyte Alloantigens of the Horse, held 3-8 October 1982. *Animal Blood Groups and Biochemical Genetics* 15: 123-132
3. Bowling, A. T. 1994. Population genetics of Great Basin feral horses. *Animal Genetics*. 25, 67-74
4. Bowling, A. T. & M. J. Williams, 1985. Expansion of P blood group system of the horse. *Animal Blood Groups and Biochemical Genetics* 16: 145-148
5. Bowling, A. T. 1986. Genetic linkage between loci for red cell alloantigen(U) and serum protease inhibitor (Pi) in the horse. *Animal Genetics* 17, 217-223
6. Bowling, A. T. and Robert S. Clark. 1985. Blood group and protein polymorphism gene frequencies for seven breeds of horses in the United States. *Animal Blood groups and Biochemical Genetics*. 16, 93-108
7. Bowling, A. T., J. Dodd, Y. Suzuki & C. Stormont, 1980. Population and family data on Arabian horses in the United States (abstract). *Animal Blood Groups and Biochemical Genetics* 11: Supplement 1: 19-20

8. Braend, M. & K. E. Johansen, 1983. Haemoglobin types in Norwegian horses. *Animal Blood Groups and Biochemical Genetics* 14: 305-307
9. Bull, R. W. (Ed), 1983. Joint Report of the First International Workshop on Lymphocyte Alloantigens of the Horse, held 24-29 October 1981. *Animal Blood Groups and Biochemical Genetics* 14: 119-137
10. Carol, C. S., E. G. Cothran & K. A. Trembicki. A BC phenotype in the Q blood group system in horses of feral origin.
11. Colling, D. T. 1985. Comparisons of blood group frequencies and effiacy estimates in Canadian Standardbred pacers and trotters. *Animal Blood Groups and Biochemical Genetics* 16(supplement 1)
12. Cothran, E. G., J. W. Maccluer, L. R. Weitkamp, and E. Bailey. 1987. Genetic differentiation associated with gait within American Standardbred horses. 18, 285-296
13. Gilman, M. A., Schwartz A. & Wallerstein H. 1960. Immunohematologic studies of Thoroughbred horses. *American Journal of veterinary Research* 21, 393-396
14. Kang, M. H. 1960. The historical study of the horse husbandry in Korea. Rep. No.1. The horse husbandry in Pre-historical and three Kingdoms age. *Korean J. Anim. Sci.* 2:14-18
15. Kang, M. H. 1961. The historical study of the horse husbandry in Korea. Rep. No.2. The horse husbandry in the Kingdom of Kgoryo age. *Korean J. Anim. Sci.* 3:21-25

16. Kang, M. H. 1965. Systematic studies on the Korean native horse. Korean J. Anim. Sci. 7:92-97
17. Kidd, K. K., Stone W. H., Crimella C., Carenzi C., Casati M. & Rugnoni G. 1980. Immunogenetic and population genetic analysis of Iberian cattle. Animal Blood Groups and Biochemical Genetics 11, 21-38
18. Lubas, G., C. Cristofalo, B. Gugliucci, M. C. Cozzi, A. J. Delgadillo & R. Continanza. Studies on horse population genetics by means of blood markers in some breeds reared in Italy.
19. Miura, N., I. Mitsui, S. Fujii & K. Mogi. Blood group frequencies for seven breeds of native horses in Japan.
20. Meriaux, J. C. & Podliachouk L. 1981. Additional factors Af and Ag in the A blood group system of the horse. Animal Blood Groups and Biochemical Genetics 12, 75-77
21. Nickell, S., & A. T. Bowling. Blood marker frequencies for Shire horses in the USA.
22. Ouragh, L., J-C Meriaux, J-P Braun. 1994. Genetic blood markers in Arabian, Barb and Arab-Barb horses in Morocco. Animal Genetics. 25, 45-47
23. Ouragh, L., J. C. Meriaux & J. P. Braun. Genetic analysis of the Moroccan Barb horse.
24. Podiachouk, L. & Meriaux J. C. 1977. A new factor(Dg) of the D blood group system of the horse. Animal Blood Groups and Biochemical Genetics 8, 179-181
25. Sandberg, K. 1973. The D blood group system of the horse. Animal Blood Groups and Biochem Genet 4, 193-205

26. Stormont, C. & Y. Suzuki, 1964. Genetic systems of blood groups in horses. *Genetics* 50:915-929
27. Van Haeringen, H. & G. Cholewinski. A new system in horse red cell alloantigens: Gene frequencies in several breeds.
28. Van Haeringen, W. A. & H. Van Haeringen. Genetic markers in Friesian horses.
29. 김남길. 1998. 제주재래마의 혈청단백질 및 효소의 생화학적 다형현상에 관한 연구.
30. 정의룡, 한상기, 신유철, 양교석. 1990. 제주재래마의 혈청, 혈구 단백질 및 효소의 생화학적 유전형질에 관한 연구 4. 유전적 변이성 및 유연관계. *韓畜誌*. 32(11). 658-668
31. 정의룡, 한상기, 신유철, 양교석. 1990. 제주재래마의 혈청, 혈구 단백질 및 효소의 생화학적 유전형질에 관한 연구 1. 혈청단백질의 유전적 다형현상. *韓畜誌*. 32(6). 658-668
32. 최세규. 1999. 경주마의 항혈청 제조 및 혈액형의 다형현상.
33. 한상기, 정의룡, 강희일. 1986. 경주마의 혈액형에 관한 연구 I. 혈청 Transferrin의 유전적 다형. *韓畜誌*. 28(7). 454-461
34. 한상기, 정의룡, 강희일. 1986. 경주마의 혈액형에 관한 연구 II. 혈청 Albumin의 유전적 다형. *韓畜誌*. 28. 462-467
35. 한상기, 정의룡, 강희일. 1986. 경주마의 혈액형에 관한 연구 III. 혈청 Prealbumin의 유전적 다형. *韓畜誌*. 28. 701
36. 한상기, 정의룡, 강희일. 1990. 경주마의 혈액형에 관한 연구 IV. 혈청 Esterase 효소의 유전적 다형. *韓畜誌*. 31. 132
37. 한상기, 정의룡, 강희일. 1990. 경주마의 혈액형에 관한 연구 V. 혈청 Xk 단백질의 유전적 다형. *韓畜誌*. 32(2). 61-65
38. 한상기, 정의룡, 강희일. 1990. 경주마의 혈액형에 관한 연구 VI.

적혈구 Catalase, Carbonic anhydrase 및 Acid phosphatase. 韓畜誌. 32(2). 66-73

39. 한상기, 정의룡, 강희일. 1993. 제주재래마의 보존을 위한 생화학적 다형현상에 관한 연구 I. 백혈구 효소의 유전적 다형현상. 韓畜誌. 35(5). 355-361

40. 한상기, 정의룡, 강희일. 1995. 경주마의 보존을 위한 혈청 단백질 및 효소의 유전적 다형현상. 韓畜誌. 37(1). 52-58

41. 한상기. 1997. 한국혈통서의 국제혈통서 위원회(ISBC) 공인을 위한 더러브렛 혈액형 감정체계 등의 구축 및 그 실시.