



## 제주마의 기원 및 모색 특성에 대한 고찰 - A Review

김남영\*, 양병철, 손준규, 신상민, 우제훈, 신문철, 유지현

국립축산과학원 난지축산연구소

## The origin of Jeju horses and the coat color characteristics - A Review

Nam Young Kim\*, Byoung Chul Yang, Jun Kyu Son, Sang Min Shin, Jae Hoon Woo, Moon Cheol Shin and Ji Hyun Yoo

Subtropical Animal Research Institute, National Institute of Animal Science, RDA, Jeju 63242, Republic of Korea

### ABSTRACT

제주마는 오랜 기간 동안 국내에 사육되어온 유일의 재래 말자원으로 천연기념물 지정 이후 2000년 초 혈통등록 사업이 진행되어 보존 관리되어 오고 있다. 본 고찰에서는 제주마의 기원과 모색 특성에 대해 기술하고자 한다. 제주도에 말이 사육되었던 기원은 고고학적으로 구석기와 청동기, 철기 시대 유적지에서 말의 뼈가 출토되어 선사시대부터 말이 사육되었던 것으로 추정된다. 또한 제주마의 mtDNA D-loop 염기변이 분석으로 근연관계를 추정한 결과 제주마는 몽골마 등 다양한 품종과 모계 근연관계를 형성하고 있었다. 반면에 일부 제주마에서는 다른 품종과 근연관계를 형성하고 있지 않아 고유한 모계 조상 후손이 존재하고 있는 것으로 추정된다. 따라서 제주마는 선사시대부터 고유한 말이 사육되었으나 외래 품종이 유입된 집단으로 사료된다. 제주마의 기원에 대한 보다 심도 있는 연구를 위해 Whole genome SNP array를 이용해 전장유전체 수준에서 근연관계 연구가 필요할 것으로 사료된다. 제주마의 모색은 전통 분류 방식으로는 12종으로 대분류 된다. 1960년대 제주마 모색은 bay 42.7%, chestnut 30.5%, gray 13%, black 7.3% 순으로 다양하게 분포하고 있었다. 그러나 최근에는 gray 모색이 68.2%로 증가하여 일부 모색으로 편중되어 다양성이 감소하였다. 제주마의 모색 다양성을 확보하기 위해서는 모색 유전자 분석으로 개체별 분석 계획이 필요할 것으로 사료된다.

**Keywords:** 제주마, 모색, 혈통등록, 근연관계

## Introduction

말은 가축화 이후 타 축종과는 달리 인류 역사에서 군용, 농용, 운송 등 다양한 목적으로 사육되어 왔으며 최근에는 승마, 레저, 경마 등 이용성이 증가되고 있다. 국내 말산업은 다른 가축 산업에 비해 경제 규모는 작으나 말산업 만이 갖는 이용성과 산업 확장 가능성이 높다고 할 수 있다. 최근 가축 중 유일하게 단일 축종인 말에 대해 말산업육성법(2011)이 제정되어 시행되고 있어 말산업 확대 가능성이 증가될 것으로 전망하고 있다. 말산업 육성정책 시행 이후 주요 지표는 전반적으로 상승 추세에 있다. 2015년 대비 2016년에는 말 사육 두수, 승마시설, 정기 승마인구, 말산업 종사자 및 말산업 규모가 각각 11%, 4.8%, 10.5%, 5.2% 그리고 5.6%로 증가하였다(MAFRA, 2017).

제주마는 국내 유일의 재래 말 유전자원으로 현재까지 잘 보존되어오고 있다. 과거 제주마는 농용, 운송, 역용으로 이용되면서 1931년에는 최대 22,500두가 사육되었으나 1900년대 중반 농기계 보급 및 운송수단의 발달로 1986년에는 사육 두수가

\*Corresponding author: Nam Young Kim, PhD, Subtropical Livestock Research Institute, National Institute of Animal Science, RDA, 593-50, Sanrokbuk-ro, Jeju, 63242, Korea

Tel: +82-64-754-5721, E-mail: rat1121@korea.kr

Received: 14 March, 2018, Accepted: 27 March, 2018



1,347두로 감소되어 멸종 위기에 처하기도 하였다(Yang, 2009). 이런 멸종 위기의 제주마를 보존하기 위해 1986년 2월 제주마 64 두를 천연기념물 제347호로 지정하여 제주특별자치도 축산진흥원에서 관리하게 되었다.

제주마의 특징은 체고가 119.2~122.0cm이고 체중은 258~266kg이며, 모색은 흑색, 적갈색, 적색인 기본 모색과 희색, 얼룩기 등 다양하다. 그러나 최근 제주마의 모색 다양성이 감소되어 일부 모색이 편중되고 있는 실정이다.

이 글에서는 제주마의 역사적 기록과 연구 고찰을 통해 제주마의 기원을 조망해 보고 제주마의 모색에 대해 분자유전학적 특징을 기술하고자 한다.

## The Origin of Jeju Horses

제주도에 서식하고 있던 제주마의 기원은 몽고의 Przewalski 기원설, 동유럽 야생마인 Tarpan 말이라는 기원설과 Przewalski와 Tarpan 말이 혼합된 계통이라는 설이 있다. 제주마의 체형과 비교해 볼 때 Przewalski 계통인 몽골마에서 유래한 것으로 보는 견해가 많다(Yang, 2009). 제주마의 모색 중 유마(Bay), 총마(Gray), 고라(Dun)와 거흠마에서 나타나는 만선과 사지 아랫부분의 검은색은 Przewalski와 Tarpan 말에서 나타나는 특징과 아주 유사하였다(Jang, 2007).

한반도에 말이 출현한 시기는 상원 검은 모루 동굴에서 사람 뼈와 말 뼈가 출토된 것으로 보아 구석기 시대로 보고 있다. 구석기 유적은 북부, 중부, 남부에 고르게 분포되어 있어 말도 한반도에 널리 퍼져 있었을 것으로 추정된다(Jang, 2007). 제주도에서는 구석기 시대 유적인 괘지리 패총과 월령리 한들굴에서 말의 치아가 출토되었고, 청동기와 철기시대 유적인 괘지 유적(Shin et al., 1993)과 종달리 유적(Shin, 2001)에서 멧돼지, 사슴, 소와 말 등 동물뼈가 출토되어 구석기 시대부터 말이 존재했음을 추정할 수 있다.

고고학적인 연구 이외에 제주마 기원에 대한 분자유전학적 연구가 진행되었다. 괘지 유적에서 출토된 말뼈를 이용하여 mtDNA D-loop 염기변이를 타 품종과 비교 분석한 결과 현존하는 제주마와 근연관계가 없는 것으로 확인되어 고려 시대 몽골마가 제주에 들어오기 이전에 다른 품종의 말이 제주에 존재했을 것으로 추정하였다(Jung et al., 2002). 또한 제주마 65두의 mtDNA D-loop 염기변이 17개 haplotype과 Mongolian, Arabian, Belgian, Tsushima, Yunnan, Przewalski, Thoroughbred 품종과 근연관계를 분석 결과 제주마는 다양한 품종과 근연관계를 형성하고 있는 것으로 나타났다. 특히 일부 제주마는 Mongolian과 명확히 cluster를 형성하고 있어 제주마 모계 조상이 Mongolian 기원인 것으로 추정된다. 반면에 일부 제주마는 비교 분석된 품종과 독립된 cluster를 형성하고 있어 고유한 모계 조상 후손이 존재하는 것으로 나타났다(Yang et al., 2002). 위 결과에 의하면 제주마는 다양한 품종의 모계 조상에 의해 현재 제주마 집단이 존재하고 있으며, 몽골마 도입 이전에 오래전부터 고유한 품종이 존재하고 있었던 것으로 추측되고 있다. 지금까지 제주마 기원에 대한 분자유전학적 연구는 mtDNA D-loop 염기변이에 대한 연구가 진행되어 모계 근연관계만 확인되는 한계가 있었다. 2009년 Horse Genome Project 완료로 750,000개의 SNPs가 발견되어 Whole genome SNP panel을 구축할 수 있는 충분한 마커가 제공되었다(Wade et al., 2009). Whole genome SNP panel을 이용한 array가 개발되었고 이 array를 이용하여 말의 유전적 다양성 및 근연관계 연구가 보고되었다(McCue et al., 2012; Petersen et al., 2013). 제주마에서도 Whole genome SNP array를 이용하여 전장유전체 수준에서 유전적 다양성 및 근연관계 연구로 제주마의 기원에 대해 심도 있는 연구가 필요할 것으로 사료된다.

## Coat Color Characteristics of Jeju Horses

포유류의 모색은 품종 구분뿐만 아니라 개체식별에도 용이하게 이용되는 형질이다. 또한 세대 간에 유전되는 모색 양상을 쉽게 확인할 수 있어 유전자의 작용 또는 유전자 간의 상호작용에 대한 연구 모델로 이용되어 왔다. 모색에 대한 연구는 사람, 돼지, 소, 개, 말 등 다양한 종에서 표현형 및 분자유전학적 연구가 수행되어 왔다(Valverde et al., 1995; Kijas et al., 1998; Klungland et al., 1995; Schmutz and Berryere, 2007).

포유류의 모색은 eumelanin (black/brown)과 pheomelanin (yellow/red) 색소의 합성과 침착에 관여하는 melanocyte의 발현과 분포에 따라 결정된다. 말의 모색은 기본 모색, 희색 모색, 백반 등 다양하게 분류된다. 기본모색에는 black, bay, chestnut 모색이 있으며, 희색 모색인 cream, dun, silver, dapple, champagne 모색이 있다. 또한 백색 털이 혼재된 모색인 gray, roan, white

와 백반 모색인 tobiano, overo, sabino가 있으며, 이 외에도 다양한 모색이 존재한다. 기본 모색은 *Extention (E)* 과 *Agouti (A)* 좌위의 *MC1R*과 *Agouti* 유전자에 의해 발현된다. *MC1R* (Melanocortin-1 receptor)은 멜라닌세포에서 tyrosinase 효소 발현에 관여하여 eumelanin 또는 pheomelanin을 합성한다. *MC1R* g.901C>T 변이에 의해 chestnut 모색과 관련돼 있고, *Agouti* 유전자의 exon 2 11-bp 결실돌연변이에 의해 *MC1R*과 길항적으로 작용하여 bay와 black 모색을 발현하게 된다(Marklund et al., 1996). Gray 모색은 syntaxin 17 intron 6번에서 4.6kb가 중복되는 것으로 보고되었다(Pielberg et al., 2005). 말의 백반 모색인 tobiano, overo, sabino는 각각 ECA3-inversion (Brooks et al., 2007), endothelin B receptor (EDNRB) (Metallinos et al., 1998), KIT intron 16 exon skipping (Brooks and Bailey, 2005)과 연관되어 있는 것으로 보고되었다.

제주마의 모색은 전통 분류 방식에 의하면 12종으로 대분류 된다. 대표적인 모색은 가라(black), 유마(bay), 적다(chestnut), 총마(gray), 월라(pinto), 고라(dun), 부루(roan)가 있다. 1960년대 조사된 제주마의 모색 출현 빈도는 유마가 42.7%로 가장 높았으며, 적다는 30.5%, 총마는 13%, 가라는 7.3% 순으로 유마, 적다, 총마가 대부분을 차지하고 있었다(Lee, 1971). 그러나 최근 제주마 1,465두의 모색 유전자형 분석 결과에 의하면 총마 발현에 관여하는 *STX17* 유전자의 GG와 Gg 유전자형의 빈도 합이 0.682로 확인되어 과거 제주마 총마 빈도 보다 5배 이상 증가한 것으로 나타났다. 또한 세대 경과에 따라 G 대립유전자가 유익적으로 증가하는 것으로 확인되었다(Kim et al., 2015). 이는 한정된 모색의 제주마 종마를 번식에 이용하여 발생된 것으로 추정된다. 제주마의 모색 다양성을 유지하기 위해서는 종마 선정 시 모색 유전자를 확인하여 번식 계획에 활용하는 것이 필요할 것으로 사료된다.

## Acknowledgements

본 논문은 농촌진흥청 연구사업(세부과제명: 제주마 활용을 위한 기초 축군 조성 연구, 세부과제번호: PJ01010503)의 지원에 의해 이루어진 것임.

## Reference

1. Brooks SA, Bailey E (2005) Exon skipping in the *KIT* gene causes a Sabino spotting pattern in horses. *Mammalian Genome* 16(11):893-902.
2. Brooks SA, Lear TL, Adelson DL, Bailey E (2007) A chromosome inversion near the *KIT* gene and the Tobiano spotting pattern in horses. *Cytogenetic and Genome Research* 119:225-230.
3. Jang DJ. 2007. Story of Jeju horse. Jeju culture, pp. 13-19
4. Jung YH, Han SH, Shin T, Oh MY (2002) Genetic characterization of horse bone excavated from the Kwakji archaeological site, Jeju, Korea. *Molecules and Cells* 14(2):224-230.
5. Kijas J, Wales R, Tornsten A, Chardon P, Moller M, Andersson L (1998) *Melanocortin receptor 1 (MC1R)* mutations and coat color in pigs. *Genetics* 150:1177-1185.
6. Kim NY, Park NG, Chae HS, Baek KS, Cho IC, Woo JH, Park SH, Kim JH, Lee SS, Yang YH (2015) A Study on the Changes of Coat Color-Related Genes according to Generational Changes in Jeju Horses. *J. Emb. Trans.* 30(3):183-188.
7. Klunghand H, Vage DI, Gomez-Raya L, Adalsteinsson S, Lien S (1995) The role of melanocyte-stimulating hormone (*MSH*) receptor in bovine coat color determination. *Mammalian Genome* 6:636-639.
8. Lee KM. (1971) Studies on the old name and distribution of coat color in the Cheju Horse. Konkuk University 12:893-909.
9. Marklund L, Moller MJ, Sandberg K, Andersson L (1996) A missense mutation in the gene for melanocyte-stimulating hormone receptor (*MC1R*) is associated with the chestnut coat color in horses. *Mammalian Genome* 7(12):895-899.
10. McCue ME, Bannasch DL, Petersen JL, Gurr J, Bailey E, Binns MM, Distl O, Guerin G, Hasegawa T, Hill EW, Leeb

- T, Lindgren G, Penedo MCT, Røed KH, Ryder OA, et al (2012) A High Density SNP Array for the Domestic Horse and Extant Perissodactyla: Utility for Association Mapping, Genetic Diversity, and Phylogeny Studies. *PLoS Genetics* 8:e1002451.
11. Metallinos DL, Bowling AT, Rine J (1998) A missense mutation in the *endothelin-B* receptor gene is associated with Lethal White Foal Syndrome: an equine version of Hirschsprung disease. *Mammalian Genome* 9(6):426-431.
  12. Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs. 2017. 2016 Horse industry survey.
  13. Petersen JL, Mickelson JR, Cothran EG, Andersson LS, Axelsson J, Bailey E, Bannasch D, Binns MM, Borges AS, Brama P, Machado AC, Distl O, Felicetti M, Clipsham LF, et al (2013) Genetic Diversity in the Modern Horse Illustrated from Genome-Wide SNP Data. *PLOS ONE* 8:e54997.
  14. Pielberg G, Mikko S, Sandberg K, Andersson L (2005) Comparative linkage mapping of the grey coat colour gene in horses. *Animal Genetics* 36(5):390-395.
  15. Schmutz SM, Berryere TG (2007) Genes affecting coat colour and pattern in domestic dogs: a review. *Animal Genetics* 38:539-549.
  16. Shin TG. (2001) An osteological study of animal bones excavated from Jeju Jongdali shell-mound. *Korea J Vet Res.* 41(3):275-279.
  17. Shin TG, Yang KC, Kim SH (1993) An osteological finding of equine bones excavated from Kwakji Archaeological Site in Cheju-do. *Cheju University Journal* 37:85-90.
  18. Valverde P, Healy E, Jackson I, Rees JL, Thody AJ (1995) Variants of the melanocyte-stimulating hormone receptor gene are associated with red hair and fair skin in humans. *Nature Genetics* 11:328-330.
  19. Wade CM, Giulotto E, Sigurdsson S, Zoli M, Gnerre S, Imsland F, Lear TL, Adelson DL, Bailey E, Bellone RR, Blöcker H, Distl O, Edgar RC, Garber M, Leeb T, Mauceli E, MacLeod JN, Penedo MCT, et al (2009) Genome Sequence, Comparative Analysis, and Population Genetics of the Domestic Horse. *Science* 326:865-867.
  20. Yang YH. 2009. Basics of genetic and breeding in Jeju horse. Gyeongminsa, pp. 9-16.
  21. Yang YH, Kim KI, Cothran GE and Flannery AR (2002) Genetic diversity of Cheju horse (*Equus caballus*) determined by using mitochondrial DNA D-loop polymorphism. *Biochemical Genetics* 40:175.