발생과 생식 제 10권 제 2호, 141~146 (2006)
Dev. Reprod. Vol. 10, No. 2, 141~146 (2006)

Microsatellite Marker를 이용한 한우 집단의 지역별 유연관계와 유전적 구조 분석

오재돈[1] · 김종대[3] · 공홍식[1,2] · 이제현[1] · 홍윤숙[1] · 전광주[1] · 이학교[1†]

[1]한경대학교 유전정보연구소, [2]축산물등급판정소, [3]축산연구소

Genetic Relationship between Regional Areas and Analysis of Genetic Structure of Hanwoo(Korean cattle) Using Microsatellite Markers

J. D. Oh[1], J. D. Kim[3], H. S. Kong[1,2], J. H. Lee[1], Y. S. Hong[1], G. J. Jeon[1] and H. K. Lee[1†]

[1]Genomic Informatics Center, Hankyong National University, Korea
[2]Animal Products Grading Service, Korea
[3]National Livestock Research Institute

ABSTRACT : Genotype data from seven microsatellites typed in 231 animals were used to estimate the genetic structures of eight cow population distributed by regional area in Hanwoo (Korean cattle). In total, 53 alleles were detected from the genotyping of seven microsatellite markers. The average of expected heterozygosities ranged from 0.682 to 0.734 in 8 population of Hanwoo. Even though there were also some of alleles that were found in only specific regional population, similar frequency pattern for the most of alleles appeared in various 8 population. Genetic distances between populations were obtained using STDUPGMA method to construct a phylogenetic tree. The tree illustrated that most individuals were grouped on the basis of populations, distributed by the regional area. Some of genetic parameter on the basis of microsatellite gonotyping appears to provide a useful tool for examining the regional area kindship and genetic variation in Hanwoo.

Key words : Microsatellite marker, Genetic Relationship, Hanwoo population.

요 약 : 본 연구는 한우의 지역별 유전적 다양성 및 집단간의 유연관계를 평가하기 위하여 경기, 강원, 충남, 충북, 전남, 전북, 경남 그리고 경북 8개 지역에서 비교적 지역간의 이동이 적은 번식우를 대상으로 공시축을 선발하여 분석을 실시하였다. 각 microsatellite marker의 평균 대립유전자의 수는 7.5개로 검출되었다. 관측된 대립유전자의 이형접합율을 보면 전북(CEB)과 전남(CEN)에서 가장 높게 나타났지만 기대되는 이형접합율은 전체 평균보다 낮은 값을 나타내고 있다. 이는 전북과 전남 지역에서 보유하고 있는 평균 대립유전자의 수가 적기 때문에 기인한 결과라고 할 수 있다. ETH225은 특정 대립유전자가 특정지역의 집단에서 높은 발현빈도를 보임으로써 지역간의 유전적 특징을 나타내는 지표로 활용할 수 있다. 경남 지역과 충북 지역간의 유전적 거리는 0.031로 가장 가까운 것으로 나타났으며, 전북과 충남 지역 사이의 유전적 거리가 0.154로 가장 먼 것으로 나타났다. 전북 지역과 다른 지역들과의 유전적 거리의 평균은 0.136으로 나타났다. 강원 지역 역시 다른 지역들과의 유전적 거리의 평균이 0.082로 대체적으로 멀게 나타나고 있다. 반면 경기와 경남 지역은 다른 지역들과 유전적 거리의 평균이 각각 0.056과 0.055로 가까운 것으로 나타났다. 전체 한우의 기대되는 이형접합율은 0.709로 나타나 다른 품종들에 비해 상당히 높은 다양성을 보유하고 있다.

서 론

육우 산업에서 가축의 사육과 생산이 주로 경제 가치에 근거를 둔 개량 목표에 따라 끊임없이 진행되어 왔다. 특정 우수 개체가 후대 생산을 위한 종축으로 선발되어 이용됨에 따라 심각한 유전자원의 다양성이 고갈되어 지속 가능한 동물 산업의 위기에 직면할 개연성이 있음이 수많은 연구자들에 의해 제기되고 있다. 따라서 국가뿐만 아니라 세계적으로 이러한 유전자원의 고갈 및 멸종을 막기 위해 재래 유전자원의 특성에 근거를 둔 유전자원을 보존하고자 하는 노력이 꾸준히 진행되고 있다. 이들 유전자원을 근거로 특정 부가가치 축산물 브랜드로 활용하는 시도 또한 이루어지고 있는 상황이다. 그러나 국내의 한우 산업 측면의 개량 시스템을 보면 황갈색 모색을 띄고 있는 개체들을 중심으로 한 단일 표현형

본 연구는 농림기술센터 "BT · IT 융합기술을 활용한 한우 원산지 추적기술 개발" 과제의 지원으로 이루어진 연구결과의 일부입니다.

† 교신저자: 경기도 안성시 석정동 67번지 한경대학교 유전정보연구소. (우) 456-240, (전) 031-670-5332, (팩) 031-675-5490, E-mail: lhkyu@hknu.ac.kr

품종 개량이 국가 차원에서 주로 추진되어 왔으며, 이러한 국가 단위 종모우 선발 체제에서 전형적인 한우 유전자원이 균일화되는 결과가 초래되어 왔다. 최근의 다품종 소량 생산 체계의 소비자 선호 추세에 따라 지역 특화 한우 브랜드가 다양하게 개발되어 제시되고 있다. 그러나 이는 일본 등 외국의 경우, 지역 특화 유전자원을 바탕으로 진행되어 온 사례에 반하여 우리의 경우를 보면 주로 일부 사양 관리 등의 환경적 차별성의 근거를 두어 추진되고 있는 실정이다. 따라서 국내 한우 집단의 유전적 다양성과 지역별 한우 집단의 상호 유전적 유연관계에 관한 분석 결과는 향후 한우 산업의 다양한 생존전략을 구축하는데 매우 유용한 정보를 제공하게 될 것으로 보인다. 유전적 마커를 이용하여 가축의 품종 내 또는 품종 간 유전적 유연관계 및 유전적 특성에 관한 연구가 최근 다양하게 제시되고 있다(Mannen et al., 1993; Arranz et al., 1996; Blott et al., 1999).

Microsatellite marker는 대단히 높은 유전적 다양성과 동물 게놈전반에 걸쳐 분포하고 있다는 특성 때문에 집단 내 또는 집단 간 유전적 유연관계 및 다양성을 추정하는데 가장 널리 활용되고 있다(Baker et al., 1997; Peelman et al., 1998; Martin et al., 1999; Li et al., 2000; Bjornstad et al., 2003). 세계적으로 유전자원의 보존에 관한 관심이 부각되면서 다양한 방법에 따라 유전자원의 유전 특성을 분석하여 타 품종과의 차별화를 도모하고 있다. 본 연구의 목적은 국내 8개 지역 한우 집단을 대상으로 7종의 microsatellite 각 좌위에 대한 대립유전자형 빈도와 분포를 기초로 지역에 분포된 암소 집단 간 유전적 유연관계 및 유전적 다양성을 분석하여 향후 한우의 지역별 유전자원 특화 브랜드화를 위한 기초 자료를 제시하고자 실시하였다.

재료 및 방법

1. 공시 동물과 Microsatellite Marker

본 연구에 이용된 한우는 국내 8개 지역(강원; 21, 경기; 43, 충남; 29, 충북; 30, 전남; 19, 전북; 15, 경남; 53, 경북; 21)에서 총 231두의 번식우를 선정하여 이들로부터 혈액을 채취하여 genomic DNA를 분리하였으며 총 7종의 MS marker (ETH225, ETH10, SPS115, BM1818, BM1824, TGLA126, TGLA227)가 사용되었다.

2. Microsatellite 좌위의 유전자형 분석

PCR 증폭 반응은 형광 염색된 microsatellites의 색상과 대립유전자의 크기별 분포 등을 고려하여 주로 multiplex PCR을 수행하였고, 일부의 microsatellites는 단일 marker로서 PCR을 수행하였다. PCR 반응액 조성은 PCR reaction buffer (10mM Tris-HCl, pH 8.3, 50mM KCl, 1.5mM $MgCl_2$)와 2.5mM dNTPs, 3 pmol fluorescent dye의 labeling primer pairs, 10ng template DNA, 0.5U Taq DNA polymerase(TaKaRa Shuzo Co., Shiga, Japan)와 ddH_2O를 사용하여 총 반응액은 10 μ로 하였다. PCR 반응에는 GeneAmp PCR System 9600(Perkin-Elmer Co., USA)를 사용하였다. PCR 조건은 95℃에서 5분간 첫 반응을 시작하여, 94℃에서 30초, microsatellites marker에 따라 53~58℃에서 1분간, 72℃에서 1분으로 35회 반복 반응을 실시하고 마지막으로 신장 반응은 72℃에서 10분간 실시하여 종료하였다. PCR 산물은 적정량의 deionized water로 희석하고 DNA : formamide : size standard(Genescan-350 TAMRA)를 1 μ : 12 μ : 0.5 μ 비율로 혼합하여 95℃ 상에서 3분간 denaturation 한 후, ABI 310 Genetic Analyzer(Perkin-Elmer Co., USA)를 이용하여 분석하였다. GeneScan software version 2.1 (Perkin-Elmer Co., USA)을 이용하여 PCR 산물인 DNA 절편의 양과 크기에 대한 자료를 모아 수집하였다. 전기영동시 Performance Optimized Polymer 4(POP4) (PE Appiled Biosystems)와 10X Buffer(with EDTA)를 1X로 희석하여 사용하였고, run time은 22분으로 하였다. 유전자형은 Genotyper software version 2.5(Perkin-Elmer Co., USA)를 이용하여 분석하였다.

3. 통계 분석

MS marker들의 대립유전자 분포, 관측된 이질성(Ho; observed heterozygosity)는 MS tool kit s/w(Park, 2000)를 이용하였으며, 분석된 MS 좌위별 집단에 대한 다형성 정보량(Polymorphic Information Content; PIC)은 Nei(1972, 1978)의 방법을 통해 산출하였다.

기대된 이형질성 (Expected heterozygosity)과 분석된 microsatellite 좌위별 공시한우 집단에 대한 이질성(Ht) 및 집단 내 이질성(Hs), 유전자 분포 정도(Gst), 그리고 집단 간 표준 유전적 거리(Ds) 및 표준 오차는 Nei(1972, 1978)의 방법으로 DISPAN(Ota, 1993) package를 이용하여 계산하였다. Microsat package(http://hpgl.stanford.edu/projects/microsat/)를 이용하여 각 개체들이 가지고 있는 공유 대립 유전자별로(allele- sharing)를 기준으로 개체별 유전적 거리를 분석하였으며 phylogenetic tree는 Treeview(version 1.6)를 이용하였다.

결 과

한우의 지역별 유전적 다양성 및 집단간의 유연관계를 평

가하기 위하여 8개의 지역(경기, 강원, 충남, 충북, 전남, 전북, 경남, 경북)에서 분석에 필요한 공시축을 선발하였다. 각 집단간의 보다 정확한 유연관계를 평가하기 위해 비교적 지역간의 이동이 적은 번식우를 대상으로 하여 분석을 실시하였다. 서로 다른 염색체상에 존재하는 7개의 microsatellite marker들을 이용하여 분석에 사용하였다. 분석된 대립유전자의 크기가 가장 큰 것은 BM1818의 252~270bp로 나타났으며 가장 작은 크기의 대립유전자는 TGLA227의 78~106bp로 나타났다. 각 microsatellite marker의 평균 대립유전자의 수는 7.5개로 검출되었고 ETH10과 TGLA126이 9개의 대립유전자로 가장 많은 수를 보유하고 있었으며, TGLA227은 5개의 대립유전자로 가장 적은 수를 보유한 것으로 나타났다. 또한 집단 내 대립유전자의 이형접합율이 가장 높게 나타난 microsatellite marker로는 SPS115로 이 marker는 TGLA126과 함께 기대되는 대립유전자의 이형접합율 관측치에서도 높은 수치를 나타내었다. 반면에 BM1824 marker는 집단 내 대립유전자의 이형접합율과 기대되는 대립유전자의 이형접합율 모두 분석된 7개의 marker중 가장 낮은 수치(0.628, 0.643)를 나타내었다.

Table 2는 각 집단별 분석된 대립유전자의 이형접합율과 기대되는 대립유전자의 이형접합율 그리고 대립유전자의 평균수를 제시하였다. 관측된 대립유전자의 이형접합율을 보면 전북(CEB)과 전남(CEN)에서 가장 높게 나타났지만 기대되는 이형접합율은 전체 평균보다 낮은 값을 나타내고 있다.

Table 3에서 ETH225와 SPS115의 분석된 대립유전자별 출현 빈도를 제시하였다. ETH225의 3번 대립유전자는 각 지역에서 최대 0.591(강원)에서 최소 0.278(전남)의 출현 빈도를 나타내고 있다. 이는 특정 대립유전자가 특정 지역 집단에서

Table 1. Characterization of the seven microsatellite loci analyzed in eight population of Hanwoo

Locus	Chromosome location	Size range(bp)	No of alleles	Ht*	Hs**	Gst***
ETH225	9	135~153	7	0.705	0.680	0.036
ETH10	5	206~222	9	0.763	0.723	0.053
SPS115	15	242~254	7	0.783	0.760	0.030
BM1818	23	252~270	8	0.656	0.641	0.022
BM1824	1	153~189	8	0.643	0.628	0.023
TGLA126	20	111~129	9	0.790	0.717	0.051
TGLA227	18	78~106	5	0.765	0.629	0.043
All loci			7.5	0.710	0.686	0.037

* Ht: Expected total heterozygosity.
** Hs: Expected within-population heterozygosity.
*** Gst: Coefficient of gene differentiation.

Table 2. The number of alleles per locus, heterozygosity and PIC values obtained from seven microsatellites in Korean native population

Population	Pop size	Heterozygosity		#Alleles
		Exp Hz	Obs Hz	
KG	43	0.699	0.719	6.00
KW	21	0.691	0.784	4.80
CUN	29	0.733	0.765	6.40
CUB	30	0.711	0.749	5.80
CEN	19	0.716	0.815	4.40
CEB	15	0.679	0.862	4.20
KYN	53	0.720	0.711	6.80
KYB	21	0.722	0.696	5.20
Total	231	0.709	0.762	5.30

KG: KyongGi, KW: KangWon, CUN: ChungNam, CUB: ChungBuk, CEN: CheonNam, CEB: CheonBuk, KYN: KyongNam, KYB: KyongBuk.

Table 3. Allele frequencies of microsatellite markers in eight populations

Locus	Allele	Population							
ETH225		KG	KW	CUN	CUB	CEN	CEB	KYN	KYB
	1	0.012	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	2	0.047	0.000	0.052	0.050	0.011	0.000	0.076	0.091
	3	0.361	0.591	0.483	0.533	0.278	0.300	0.472	0.546
	4	0.140	0.046	0.069	0.100	0.222	0.100	0.094	0.091
	5	0.349	0.273	0.259	0.167	0.167	0.400	0.208	0.227
	6	0.093	0.091	0.121	0.133	0.222	0.200	0.132	0.046
	7	0.000	0.000	0.017	0.018	0.000	0.000	0.019	0.000
	n=7								
SPS115		KG	KW	CUN	CUB	CEN	CEB	KYN	KYB
	1	0.267	0.455	0.207	0.383	0.333	0.400	0.264	0.136
	2	0.000	0.000	0.086	0.100	0.000	0.000	0.094	0.000
	3	0.081	0.000	0.189	0.083	0.056	0.100	0.142	0.273
	4	0.198	0.182	0.138	0.117	0.222	0.200	0.151	0.227
	5	0.256	0.227	0.189	0.233	0.278	0.300	0.246	0.273
	6	0.016	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.094	0.000
	7	0.186	0.136	0.172	0.084	0.111	0.000	0.179	0.091
	n=7								

KG: KyongGi, KW: KangWon, CUN: ChungNam, CUB: ChungBuk, CEN: CheonNam, CEB: CheonBuk, KYN: KyongNam, KYB: KyongBuk.

높은 출현 빈도를 보임으로써 집단간의 유전적 특징을 나타내는 지표로 활용할 수 있다. 따라서 ETH225의 경우, 한우 품종의 특성을 잘 나타내고 있는 유전자 지표라 할 수 있다. SPS115의 강원(KW)지역의 경우, 1번 대립유전자의 출현 빈도가 0.455로 높게 나타나고 있고, 충북, 전남, 전북에서도 비교적 높은 출현 양상(0.400~0.333)을 보이고 있으며, 다른 대립유전자에서도 지역별로 유사한 분포의 출현 양상을 보이고 있다. 나머지 지역에서의 대립유전자들은 어느 한 대립유전자에 치우치지 않고 고르게 분포한 출현 양상을 보이고 있다.

Table 4는 공시된 대상 집단들 간의 유연관계를 조사하기 위하여 분석된 microsatellite marker별 대립유전자들의 출현 빈도를 근거로 하여 DA genetic distance를 DISPAN 프로그램을 이용하여 계산하여 제시한 것이다. 각 집단간의 유연관계를 보다 더 이해하기 위해서 분석되어진 DA genetic distance matrix를 이용하여 STDUPGMA Tree를 작성하여 Fig. 1에 제시하였다. 각 cluster에 나타난 수치는 1,000회의 반복을 통한 bootstrap value를 percentage로 나타낸 것이다.

Table 4. DA genetic distance matrix estimated from the frequencies of 7 microsatellite loci among the Korea native cattle populations.

	KG	KW	CUN	CUB	CEN	CEB	KYN	KYB
KG	-							
KW	0.053	-						
CUN	0.054	0.101	-					
CUB	0.038	0.050	0.044	-				
CEN	0.036	0.077	0.081	0.060	-			
CEB	0.129	0.137	0.154	0.138	0.149	-		
KYN	0.035	0.053	0.046	0.031	0.058	0.104	-	
KYB	0.045	0.102	0.049	0.066	0.074	0.139	0.059	-

KG: KyongGi, KW: KangWon, CUN: ChungNam, CUB: ChungBuk, CEN: CheonNam, CEB: CheonBuk, KYN: KyongNam, KYB: KyongBuk.

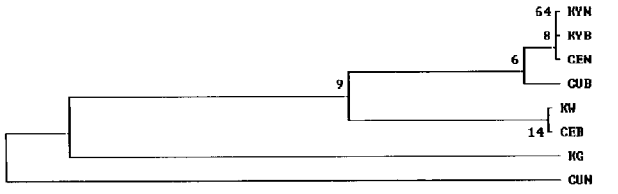

Fig. 1. STDUPGMA tree, Showing the genetics relationships within the korea cattle(Hanwoo) line. KG: KyongGi, KW: KangWon, CUN: ChungNam, CUB: ChungBuk CEN: CheonNam, CEB: CheonBuk, KYN: KyongNam, KYB: KyongBuk.

고 찰

Table 2의 결과에 따르면 관측된 대립유전자의 이형접합율을 보면 전북(CEB)과 전남(CEN)에서 가장 높게 나타났지만 기대되는 이형접합율은 전체 평균보다 낮은 값을 나타내고 있는데, 이는 전북과 전남 지역에서 보유하고 있는 평균 대립유전자의 수가 적기 때문에 기인한 결과라고 할 수 있다. 이는 다른 지역에 비해 분석 대상의 수가 적기 때문이기도 하지만 불편한 교통이나 지리적인 환경적 요인에 의해 이동이 적어 자연적으로 폐쇄적인 선발 교배가 이루어진 것으로 추정할 수 있다. 이는 강원 지역의 결과에서도 유사한 현상을 보이고 있는데 강원 지역 역시 지역적 환경 요인으로 인해 비교적 축군의 이동이 낮아 선발 교배가 제한적으로 이루어졌음을 확인시켜주는 결과라 할 수 있겠다. 반면 충남 지역의 기대되는 대립유전자의 이형접합율이 가장 높은 것으로 나타났는데, 이는 한우개량사업소 등 국내 한우 유전자원의 이동이 비교적 활발할 수 있는 요인이 상존하고 있다는 결과로 설명되어질 수 있다.

Table 3에서 제시한 SPS115의 대립유전자 출현 빈도가 각 지역별로 유사한 분포를 보이고 있듯이 다른 marker들 역시 유사한 분포특성을 보이고 있음을 확인하였다. 그러나 각 지역별로 서로 다른 특성을 지니고 있음을 일부 확인할 수 있었다. 특히 충남, 경남 그리고 경북 지역 대립유전자의 고른 분포는 Table 2에서 나타난 평균 대립유전자의 수가 높게 나타난 것과 기대되는 이형접합율이 높게 나타난 원인이라 할 수 있겠다. Hanslik 등(2000)의 보고에 따르면 유럽과 북미 대륙에 있는 Holstein 집단의 기대되는 이형접합율은 0.43~0.46으로 조사되었으며 스페인의 재래 축우 집단에 대한 조사(Martin-Burriel et al.. 1999)에서는 기대되는 이형접합율이 0.564로 나타났다. 반면 Table 2에서 제시된 한우의 기대되는 이형접합율은 0.709로 나타나 오랜 시간 개량을 이어온 유럽과 북미 대륙의 Holstein 집단에 비해 상당히 높은 다양성을 보이고 있으며, 스페인의 재래 축우 집단보다도 높은 다양성을 보유하고 있는 것으로 추정되었다. 이는 김 등(2001)이 보고한 한우의 유전적 다양성과도 유사한 결과(0.690)를 보이고 있으며 윤 등(2005)이 보고한 0.664보다는 약간 높은 수치를 보이고 있다. 이러한 차이는 김 등(2001)과 윤 등(2005)의 보고에 사용된 한우 집단의 크기가 각 95두와 55두인 것에 비해 본 연구에서는 231두의 한우를 대상으로 한 점에서 차이가 나타난 것이라 할 수 있다. 본 연구 또한 총 231두에 대한 분석을 실시하였지만 각 지역별 분석 대상 두수를 늘려 보다 정확한 분석이 차후에 진행되어야 할 것이다.

Table 4에서 제시한 결과에 따르면 경남 지역과 충북 지역간의 유전적 거리는 0.031로 가장 가까운 것으로 나타났으며, 전북과 충남 지역 사이의 유전적 거리가 0.154로 가장 먼 것으로 나타났다. 재미있는 사실은 전북 지역과 다른 지역들과의 유전적 거리가 모든 지역에서 0.154~0.104로 대체적으로 멀리 떨어져 있음을 확인할 수 있었다. 전북 지역과 다른 지역들과의 유전적 거리의 평균은 0.136으로 나타났다. 강원 지역 역시 다른 지역들과의 유전적 거리의 평균이 0.082로 대체적으로 멀게 나타나고 있다. 반면 경기와 경남 지역은 다른 지역들과 유전적 거리의 평균이 각각 0.056과 0.055로 가까운 것으로 나타났으며, 이 두 지역간의 유전적 거리는 0.035로 비교적 가까운 것으로 나타났다. 현재 국가 단위 보증종모우의 선발 및 공급 체계에 의해 상당한 유전적 균일성이 진행되어온 것으로 알려지고 있지만, Fig. 1에서 보는 바와 같이 비교적 암소 집단에서는 지역적인 유전적 차별성이 상존해 있음을 볼 수가 있었다. 즉, 국내의 한우 유전자원은 경기권, 충남권, 경남북 및 전북권과 강원권 등의 4부류로 분리되는 경향을 보이고 있다. 그러나 보다 정확한 유전자원 분류에 대한 평가는 보다 많은 지역별 분석 대상 두수를 통한 연구가 진행될 때 정확한 결과를 예측할 수 있을 것으로 보인다.

최근 한우와 다른 소 품종들간의 유연관계를 규명하고자 많은 연구가 보고된 바 있으나(윤 등, 2005; Kim et al., 2002; Lee and Pollak, 2002; 김 등, 2001; 정 등, 2000, 2001; 신 등 1999;) 국내에서 사육되어지고 있는 한우들에 대한 지역별 유전적 특성 및 유연관계에 대한 연구는 거의 이루어진 바가 없는 실정이다. 현재 한우 산업에서 가장 핵심이 되고 있는 지역별 특화 브랜드 사업을 진행함에 있어 기초가 되는 각 지역의 유전자원의 자료가 전무한 상태이다. 따라서 본 연구에서 얻어진 자료는 각 지역의 유전자원을 개량 사업과 지역 특화 브랜드 육성의 전략을 수립하는데 있어 기초 자료로써

큰 기여를 할 것으로 사료된다.

인용문헌

Arranz JJ, Bayon, Y, San Primitivo F (1996) Comparison of protein markers and microsatellites in differentiation of cattle populations. Anim Genet 27:415-419.

Barker JSF, Tan SG, Selvaraj OS, Mukherjee TK (1997) Genetic variation within and relationships among populations of Asian water buffalo (*Bubalus bubalis)*. Anim Genet 28: 1-13.

Bjornstad G, Nilsen NO, Roed, KH (2003) Genetic relationship between Mongolian and Norwegian horses. Anim Genet 34:55-58.

Blott SC, Williams JL, Haley CS (1999) Discriminating among cattle breeds using genetic markers. Heredity 82: 613-619.

Hanslik S, Harr B, Brem G, Schlotterer, C (2000) Microsatellite analysis reveals substantial genetic differentiation between contemporary New World and Old World Holstein Friesian populations. Anim Genet 31:31-38.

Kim KS, Yeo JS, Choi CB (2002) Genetic diversity of north-east Asian cattle based on microsatellite data. Anim Genet 33: 201-204.

Lee C, Pollak EJ (2002) Genetic antagonism between body weight and milk production in beef cattle. J Anim Sci 80: 316-321.

Li K, Chen Y, Moran C, Fan B, Zhao S, Peng Z (2000) Analysis of diversity and genetic relationships between four Chinese indigenous pig breeds and one Australian commercial pig breed. Anim Genet 31:322-325.

Mannen H, Tsuji S, Mukai F, Goto N, Ohtagaki S (1993) Genetic similarity using DNA fingerprinting in cattle to determine relationship coefficient. J Hered. May-Jun; 84(3): 166-9.

Martin-Burriel I, Garcia-Muro E, Zaragoza P (1999) Genetic diversity analysis of six Spanish native cattle breeds using microsatellites. Anim Genet 30:177-182.

Nei M (1972) Genetic distance between populations. Anim Nat 106:283-297.

Nei M (1978) Estimation of average heterozygosity and gentic distance from a small number of individuals. Genet 89:583-590

Ota T (1993) DISPAN, genetic distance and phylogenetic analysis. Institute of Molecular Evolutionary Genetics, The Pennsylvania State University, University Park, PA.

Peelman LJ, Mortiaux F, Van Zeveren A, Dansercoer A, Mommens G, Coopman F, Bouquet Y, Burny A, Renaville R, Portetelle D (1998) Evaluation of the genetic variability of 23 bovine microsatellite markers in four Belgian cattle breeds. Anim Genet Jun;29(3):161-7.

김경석, 엄지현, 최창본 (2001) Microsatellite 분석을 통한 한우의 유전적 다양성. 한국동물자원과학지 43:599-608.

신원집, 신수길, 정진우, 김재우, 이지홍, 여정수 (1999) DNA 분석을 통한 한우, 연변황우 및 화우의 유전적 특성. 한국축산학회지 41(4):405-410.

정의룡, 김우태, 김연수, 한상기 (2000) AFLP marker를 이용한 한우의 유전자 지문 분석. 한국동물자원과학회지 42(4): 391-406.

정의룡, 김우태, 김연수, 한상기 (2001) VNTR Marker를 이용한 한우의 유전적 다양성 및 친자감별. 한국동물자원과학회지 43(1):35-44.

윤두학, 박응우, 이승환, 이학교, 오성종, 정일정, 홍기창 (2005) Microsatellite loci 분석에 의한 한우와 타 품종간의 유전적 유연관계. 한국동물자원과학회지 47(3):341-354.