



## Microsatellite Marker를 이용한 한국재래돼지 집단의 품종특성 및 원산지 추적을 위한 개체식별체계 설정

김명직 · 이관호<sup>1</sup> · 오재돈<sup>1</sup> · 조규호 · 전기준 · 최봉환 · 이제현<sup>1</sup> · 홍윤숙<sup>1</sup> · 공홍식<sup>1</sup> · 이학교<sup>1\*</sup>  
농촌진흥청 축산연구소, <sup>1</sup>한경대학교 유전정보연구소

### Characterization of a Korean Traditional Porcine Breed Using Microsatellite Markers and the Establishment of an Individual Identification System

M. J. Kim, G. H. Li<sup>1</sup>, J. D. Oh<sup>1</sup>, K. H. Cho, G. J. Jeon, B. H. Choi, J. H. Lee<sup>1</sup>,  
Y. S. Hong<sup>1</sup>, H. S. Kong<sup>1</sup>, and H. K. Lee<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>National Livestock Research Institute, Suwon 441-350, Korea

<sup>2</sup>Genomic Informatics Center Hankyong National University (G.R.R.C.), Ansung 456-749, Korea

#### ABSTRACT

This study was conducted to analyze the genetic characteristics of Korean Native Pigs (KNP), and to establish an individual identification system comprising many microsatellite markers located on different pig autosomes. Genotype data from 13 microsatellites typed in 446 animals was used to determine the validation of a method of individual identification in 4 KNP. A total of 112 alleles of the 13 microsatellites were detected and average heterozygosities (polymorphic information content) ranged from 0.286 (0.423) to 0.686 (0.796) in this study. Comparing the pattern of allele frequency among the KNP, Yorkshire, Landrace and Duroc breeds, there was specific differentiation between populations at multi-allelic loci. The cumulative power of discrimination (CPD) was 99.999% by including 10 microsatellite loci for the individual identification system. The probability that two different individuals incidentally have same genotype was estimated to be  $0.36 \times 10^{-9}$ . The system employing these 10 markers therefore proved to be applicable to the individual identification of KNP.

**Key words :** individual identification, microsatellite markers, Korean Native Pig

#### 서 론

가축을 개량하기 위한 수단으로 오래전부터 가축의 개체 단위 능력 검정 및 혈통 확인에 필요한 여러 형태의 개체 식별 체계가 도입되어 왔다. 특히 개체가 확인된 상태에서 이들의 능력을 평가하여 선발된 개체로부터 후대 생산에 필요한 종축의 선발을 위해서는 정확한 개체 확인이 필수 불가결한 전제가 되어 왔으며, 개별 표식에 필요한 문신을 몸체에 각인하거나 귀표에 일정한 고유의 숫자를 기입하여 식별하는 제도가 발전하여 최근에는 전자 칩을 통해 개체가 가질 수 있는 고유의 정보를 가능한 한 오류없이 연계할 수 있는 수단에 이르기까지 다양한 시스

템의 접근이 이루어져 가고 있다(Yoon *et al.*, 2005). 이 과정에서 귀표의 탈락이나 의도적인 위조 또는 변조 가능성으로 인해 개체 진위 여부를 검증할 수 있는 수단으로 혈액형 분석 기법이 개체 이표 식별 체계와 병행하여 오랫동안 활용되어 왔으나 분석상의 번거로움 및 개체 식별력의 저하 등으로 인해 최근에는 DNA 수준에서의 유전자 감식방법이 인간의 법의학적 검증 기법으로 공식 활용되면서 가축의 개체 식별 및 친자 확인을 위한 검증 수단으로 광범위한 활용이 추진되고 있다. 특히 최근에는 전 세계적으로 악성질병 및 각종 인수공통질환으로 인해 소비자 단계에서 이러한 위해 요소로부터 안전한 돈육임을 확인하려는 요구의 급증과 아울러 이 밖에도 항생물질과 중금속 등의 위해 요소에 대한 생산 단계의 소비자의 의심의 증폭으로 인해 급격한 소비위축이 발생되고 있으며 일부 국가에서는 특정 질병에 의한 생산 위축을 넘어서 소비의 급격한 위축으로 특정 축산업의 붕괴 조짐마저 우려되고 있는 실정에 있다.

\*Corresponding author : Hak-Kyo Lee, Genomic Informatics Center, Hankyong National University (G.R.R.C.), Ansung 456-749, Korea. Tel: 82-31-670-5332, Fax: 82-31-675-5331, E-mail: breedlee@empal.com

생산지의 돼지에 대한 이력사항 및 각종 악성질병 등에 대한 안전성 여부와 관련된 정보가 농장에서 소비자의 식탁까지 연계되어 확인 및 검증 될 수 있는 수단으로 유전자 감식 기법이 대안으로 제시되고 있다. 특히 농장단계에서 개체 기록 체계가 미비하고 이들 가축들이 도축장으로 출하되어 도축되는 과정에서 생산 단계의 정보가 단절되는 허술한 시스템을 가지고 있는 국내의 경우 원산지 개체와 유통단계의 개체간의 동일성 여부를 검증할 수 있는 DNA 검사는 매우 중요한 기능을 할 수 있을 것으로 생각된다. 물론 단계마다의 개체간의 동일성 여부는 기존의 개체식별 시스템에서 제공하는 정확한 기록 관리 체계의 전제에서만 DNA 분석 기반의 검증 수단이 효력을 발휘할 수 있다. 유전자 감식 기법은 과학적이고 매우 정확한 개체의 동일성 검사 기법으로 소비자에게 주목받을 수 있는 수단이지만 잘 계획된 생산 및 유통단계에서의 개체 기록 관리 시스템이 부재할 경우 현재의 분석 기술만으로는 대단한 모순과 혼란을 가중시킬 개연성이 높은 것이 사실이다. 또한 이러한 동일성 검사 기법은 국내의 경우 국내산과 수입산 및 향후 특정 국내산 고급브랜드 돈육간의 큰 가격차이로 인한 둔감 판매에 대한 왜곡된 유통 구조의 개선에 효과가 있을 것으로 생각된다. 국제적으로 가축개량을 위한 개체식별 및 친자 확인의 수단으로 혈액형 분석 기법이 정착된 이후 식별 정확도 제고를 위한 수단으로 DNA 프로파일링 연구가 7-8년 전부터 이미 진행되어 오고 있으며 최근에 원산지 추적을 위한 검증수단으로의 활용여부가 검토되고 있는 실정이다. 일반적으로 돼지의 개체마다 모두 고유한 유전자형을 갖게 되는데 이러한 유전적 다양성은 오랜 시간 축적된 돌연변이(Mutation)로 인해 발생된 결과이다. 이러한 개체마다의 유전적 다양성에 근거하여 돼지 개체가 가지고 있는 초위성체(Microsatellite, MS) DNA의 유전자형 형태를 분석하는 일련의 유전자 감식 방법이 개체식별의 강력한 수단으로 제공되고 있다. 개체 식별 검사의 경우 서로 다른 두 개체에서 검사한 유전자형이 우연히 같은 유전자형을 나타낼 가능성이 최소화되는 검사 체계를 확립해야 한다. 이와 같은 개체 식별 검사(individual identification test)에서 식별력은 일련의 출현 유전자형 빈도를 통해 계산된 개체 식별력(Power of discrimination : PD)을 산출하여 평가하게 된다.

현재 가장 보편적인 분석방법으로는 초위성체(MS) DNA의 개체별 유전자형을 활용한 유전자 감식 기법이 채택되고 있다(Fries *et al.*, 2001; Sancristobal *et al.*, 2000; Vignal *et al.*, 2002). 이러한 초위성체 DNA는 각 품종별 유전적 특성을 잘 반영하고 있으므로 한국재래돼지의 유전적 특성을 잘 반영하고 있는 초위성체 DNA의 선발을 통해 개체식별에 적용하는 것은 검정력 및 신뢰도를 높일 수 있는 핵심이라 할 수 있다. 따라서 본 연구는 국내 재

래돼지 집단에서 개체의 식별에 가장 적절한 유전자 표지(MS)를 설정하고 혈통확인을 위한 동일성 검증 및 친자 감별을 위해 분석되는 유전자 표지에 따른 오류 확률을 통계적으로 해석하여 보다 효율적인 개체식별 체계검증을 위한 유전자 감식 시스템의 적용 모델을 제시하고자 실시하였다.

## 재료 및 방법

### 공시재료 및 표지유전자

공시재료는 재래돼지를 포함한 4품종(Table 1)을 분석에 공시하였으며 돼지에서 개발된 MS marker 중 13종(S0090, S0101, SW857, S0068, S0155, S0225, S0226, S0227, SW24, S0228, S0355, S0386, SW787)의 MS를 사용하였다.

### Microsatellite 유전자형 분석

돼지 혈액 및 조직시료에서의 genomic DNA의 분리와 정제는 Miller 등(1988)의 방법을 준용하여 수행하였다.

PCR증폭 반응은 형광 염색된 MSs의 색상과 대립 유전자의 크기별 분포 등을 고려하여 주로 multiplex PCR을 수행하였고, 일부의 MS는 단일 marker로서 PCR을 수행하였다. GeneAmp 9700(Applied Biosystems, USA)에서 각 반응액의 총량을 10  $\mu$ L PCR 반응으로 하고 약 50 ng template DNA, 20 ng 각 primer, 1.25 mM 각 dNTP, 0.5 U, of Taq DNA polymerase(Promega, USA)와 1  $\mu$ L 10X PCR buffer mM(100 mM Tris-HCl, pH 8.3, 500 mM KCl, 0.01% gelatin, 0.25% nonidet P40 and 20 mM MgCl<sub>2</sub>)을 이용하여 95°C에서 4분간 첫 반응을 시작하여, 94°C에서 40초, MS marker에 따라 53-55°C에서 40초간, 72°C에서 1분으로 35회 반복반응을 실시하고 마지막으로 신장 반응은 72°C에서 20분간 실시하여 종료하였다. PCR 수행 후 증폭산물들을 deionized formamide, loading buffer 및 Genescan 350-TAMRA internal size standard와 잘 혼합하여, 5% polyacrylamide denaturing gel을 제조한 후 ABI PRISM 377 DNA sequencer (Applied Biosystems, USA)를 사용하였다. Genescan analysis software(version 3.1)를 이용하여 각 PCR 단편들의 크기를 3차원 최소자승법(third order least squares method)으로 분석하였고,

**Table 1. Number of individuals for four breeds used in this study**

Breed	No of individuals	Origin
Yorkshire (Y)	122	England
Landrace (L)	108	America
Duroc (D)	126	America
Korea Native Pig (KNP)	57	Korea
Total	446	

Genotyper analysis software (version 2.0)을 이용하여 MS loci별 대립유전자들의 정확한 크기를 결정하였다.

### 통계분석

대립 유전자의 크기가 MS marker에 따른 입력영역, 관측된 이형질성(Observed heterozygosity) 및 대립 유전자 빈도는 MS toolkit s/w(Park, 2000)를 이용하였으며 분석된 MS 좌위별 집단에 대한 다형성 정보량(Polymorphic Information Content; (PIC))는 Nei(1972,1978)의 방법을 통해 산출하였다.

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n \Pi^2 - \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n \Pi^2 P_j^2$$

여기서  $n$ 은 대립 유전자 수이며  $P_i$ 는  $i$ 번째 대립 유전자 빈도  $P_j$ 는  $j$ 번째 대립 유전자 빈도이다.

분석에 사용된 유전자 표지(MS)에 대한 개체 식별력은 (Power of Discriminate: PD) 임의로 선택된 2개체가 동일한 유전자형을 나타내지 않을 확률로 계산되었으며 다른 2개체가 서로 동일한 유전자형을 가질 확률인 짝확률 (Matching probability: W)과의 관계는 다음과 같다.

$$PD = 1 - W$$

$$PD = 1 - \sum_{i=1}^k X_i^2$$

여기서  $k$ 는 집단에 출현되는 유전자형(genotype) 갯수이며,  $X_i$ 는 특정 유전자좌에서  $i$ 번째 유전자형의 출현빈도를 나타낸다. 또한 분석에 사용된 대상 유전자좌에 대한 누적 개체 식별력(CPD)는 다음과 같이 추정하였다.

$$CPD = 1 - \prod_{i=1}^M (1 - PD)$$

여기서,  $M$ 은 분석에 이용된 marker(loci)의 개수를 표시한다.

### 결과 및 고찰

13종 marker의 개체 확인 유용성 평가를 위해 서로 다른 유전적 특성을 가지고 있는 4품종에서의 유전 표지별 이형접합도를 계산하였다. 개별적 유전자 좌위에 있어서 대립유전자 수는 S0068 좌위에서 16개종으로 가장 많은 수의 대립유전자가 발현되었으며, S0227좌위에서는 4개종의 대립유전자만이 발현되었다. 13종의 marker를 전체적으로 살펴보았을 때 평균 약 7개 정도의 대립유전자가 발현되었음을 알 수 있다. 집단전체를 기준으로 산출된 이형접합도는 0.28-0.68로 나타났으며 매우 다양한 수준의 수치가 산출되어 친자확인 또는 개체 확인을 위해서는 다양성(이형접합도)이 높으며 적절한 대립 유전자의 발현빈도를 보이는 좌위의 선택이 필요하다. 특히 돼지 집단에서 고도의 정확성이 높은 개체 식별 시스템 설정을 위해서는 돼지 집단에서 이들 유전자 표지의 타품종과의 차별적인 대립 유전자 발현 특성을 확인해야 한다. Table 2에서 보면 분석된 좌위들의 출현 대립 유전자수는 2종에서 8종까지 나타났다. 결국 한국 재래돼지 집단의 유전적 특성을 반영한 개체식별 시스템 설정을 위해서는 출현된 대립유전자의 종류 및 분석이 가능한 적절한 유효 대립유전자 수를 가진 좌위를 선택할 필요가 있다. Table 2에 나타난 한국재래돼지의 분석된 좌위들에 대한 출현 대립 유전자수는 2종에서 최고 8종까지 나타나고 있다. 결국 재

Table 2. Characterization of 13 microsatellite loci analyzed for 4 pig breeds

Locus	Chromosome location	Size range (bp)	No. of alleles <sup>1)</sup>	Ht <sup>2)</sup>	Hs <sup>3)</sup>	Gst <sup>4)</sup>
S0090	12	220-252	7 (3)	0.7440	0.5380	0.2768
S0101	7	193-215	6 (2)	0.7194	0.4456	0.3806
SW857	14	134-162	10 (3)	0.8026	0.6124	0.2370
S0068	13	208-260	16 (8)	0.8150	0.6793	0.1665
S0155	1	144-162	6 (3)	0.7263	0.5656	0.2212
S0225	8	166-190	6 (2)	0.6109	0.4700	0.2307
S0226	2	179-213	5 (4)	0.6827	0.5592	0.1809
S0227	4	225-253	4 (2)	0.5087	0.2865	0.4368
SW24	17	92-122	12 (3)	0.7870	0.6160	0.2172
S0228	6	217-241	8 (4)	0.6743	0.5400	0.1991
S0355	15	240-272	6 (3)	0.7130	0.4827	0.3229
S0386	11	149-165	6 (4)	0.6711	0.4108	0.3879
SW787	18	148-164	7 (3)	0.8279	0.6864	0.1709
All loci	-	-	7.6(3.3)	0.71	0.53	0.26

<sup>1)</sup> (n) ; number of alleles that is found in Korea Native Pig population.

<sup>2)</sup> Ht ; Expected total heterozygosity.

<sup>3)</sup> Hs ; Observed within heterozygosity.

<sup>4)</sup> G<sub>st</sub> ; Gene differentiation.

래돼지 집단의 유전적 특성을 반영한 개체식별 시스템 설정을 위해서는 출현된 대립유전자의 종류 및 분석이 가능한 적절한 유효 대립유전자 수를 가진 좌위를 선택할 필요가 있다. 반면 타품종이 포함된 전체 대립유전자는 각 좌위에서 3종에서 11종까지 비교적 다양하게 발현되고 있는 것을 확인할 수 있다.

분석된 좌위 중 가장 많은 대립유전자를 보유한 것은 S0068로 16종의 대립유전자가 관찰되었으며 한국재래돼지 집단에서도 8개의 대립유전자가 관찰되어 비교적 다형성이 높은 좌위임을 확인할 수 있었다. 이형접합도에 있어서 SW787 좌위가 기대 이형접합도와 관측된 이형접합도 모두에서 높은 값을 나타내고 있었으며 7개의 대립유전자를 보유하고 있음을 확인하였으나 한국재래돼지 집단 내에서는 3개의 대립유전자를 보유하고 있음을 확인하였다.

개체 식별을 위한 최적의 유전자표지의 설정을 위해서 분석 대상 집단에서 나타난 이형접합도 뿐만 아니라 각 좌위별 대립 유전자 출현빈도가 극단으로 치우치지 않고 고른 분포를 보이는 것이 가장 바람직하다. 그러나 대부분의 유전자표지의 대립유전자 발현 특성은 유전집단(품종)에 따라 매우 다양하게 나타나고 있다. 따라서 국제적으로 통용되는 유전 표지의 일부는 표준 유전 양상의 비교를 위해 재래돼지에서 활용이 필요하지만 개체식별이 높은 유전자표지의 추가 발굴 및 이들의 활용이 매우 중요한 것으로 생각된다.

Table 3에서는 분석 대상(4품종)에 대한 관련 유전자 표지들에 대한 marker로서의 유용성을 판단하기 위해 이형접합도 및 다형성 정보량(PIC)을 제시하였다. S0225 좌위의 경우 한국 재래돼지를 제외한 다른 3품종에서 다양성이 비교적 높은 것으로 추정되었지만 한국 재래돼지 집단에서는 현저히 낮은 다양성을 보였다. 즉 S0225 좌위내

대립유전자들의 발현빈도가 한쪽으로 치우치는 극단적인 양상을 보였으며 출현된 대립유전자의 수도 매우 제한적인 것으로 나타났다. 이러한 양상은 S0225 좌위뿐만 아니라 S0101, S0227 그리고 SW24 좌위에서도 유사한 경향을 보이고 있어 품종별로 유전자 표지 좌위들에 대한 대립 유전자들의 발현 특성이 상이한 것을 알 수 있었다. 또한 요크셔 품종의 S0227 좌위에서의 PIC값은 0.083으로 전체에서 가장 낮은 값을 나타내고 있음을 확인하였는데 S0227 좌위는 모든 품종에서 이형접합도와 PIC가 낮게 나타나는 경향을 보이고 있었다. S0355 좌위의 경우 다른 품종들에서는 비교적 높은 PIC 값을 나타내고 있으나 듀록(D) 품종에서만 0.119로 듀록품종내에서도 가장 낮은 값을 나타내고 있음을 확인하였다. 이러한 이형접합도와 PIC의 산출근거가 되는 대립유전자의 발현빈도를 이용하여 각 품종별로 그래프로 나타내어 Fig. 1에 제시하였다. 대립유전자의 품종별 발현빈도 양상을 그래프를 통해 비교한 결과 품종별 차이를 보다 쉽게 확인할 수 있었다. 따라서 개체 식별 시스템에 활용될 수 있는 유전자 표지는 품종 특이 발현 양상의 근거를 두어 선정해야 할 것으로 보인다.

S0155좌위에 대한 품종별 대립유전자 발현 특성을 살펴 보면 전체 6종의 대립유전자가 나타났으며 듀록(Duroc)종에서는 다른 3품종에서는 발현 빈도가 나타나지 않거나 극히 적은 152 대립유전자가 비교적 높은 발현빈도(66.13)를 나타냈으며 또한 다른 3품종에서 발현이 나타난 156 대립유전자는 듀록종에서만 발현이 되지 않는 특성이 나타나고 있다. S0228좌위는 전체 8종의 대립유전자가 나타난 가운데 다른 3품종에서는 발현이 되지 않은 235 대립유전자가 한국 재래돼지 집단에서만 발현이 되었음을 알 수 있다. 이를 통해서 알 수 있듯이 좌위의 출현빈도는 품종별로 상이한 양상을 보였다. 따라서 개체식별을 위해서

**Table 3. Estimates of Heterozygosity(H) and Polymorphic Information Content (PIC) in 4 pig breeds population**

Locus	Y(122) <sup>1)</sup>		L(108) <sup>2)</sup>		D(126) <sup>3)</sup>		KNP(57) <sup>4)</sup>	
	H <sup>5)</sup>	PIC <sup>6)</sup>	H	PIC	H	PIC	H	PIC
S0090	0.7170	0.6413	0.5673	0.5433	0.5902	0.4919	0.3929	0.3561
S0101	0.5000	0.5022	0.5333	0.5492	0.5000	0.3956	0.1852	0.1780
SW857	0.5877	0.5777	0.7778	0.7295	0.4706	0.4013	0.6727	0.5250
S0068	0.4762	0.4827	0.6700	0.6321	0.8644	0.7758	0.8545	0.6357
S0155	0.6535	0.5728	0.5591	0.4508	0.5484	0.4536	0.5536	0.5280
S0225	0.5476	0.3573	0.4505	0.3911	0.6864	0.6222	0.0175	0.0172
S0226	0.5234	0.5031	0.6701	0.5530	0.4918	0.3841	0.6600	0.5914
S0227	0.0693	0.0835	0.2273	0.2318	0.4273	0.3920	0.1228	0.1816
SW24	0.7818	0.7623	0.5326	0.5386	0.6329	0.6751	0.2143	0.2045
S0228	0.6000	0.7051	0.5612	0.4692	0.4320	0.3437	0.6607	0.6027
S0355	0.7872	0.7635	0.3608	0.5866	0.0932	0.1190	0.6786	0.5604
S0386	0.4457	0.4564	0.1413	0.1455	0.3415	0.3200	0.6964	0.5953
SW787	0.6392	0.6668	0.7526	0.6757	0.8151	0.7447	0.5000	0.3758

<sup>1)</sup>Y; Yorkshire, <sup>2)</sup>L; Landrace, <sup>3)</sup>D; Duroc, <sup>4)</sup>KNP; Korea Native Pig, <sup>5)</sup>H; Heterozygosity, <sup>6)</sup>PIC; Polymorphic Information Content.

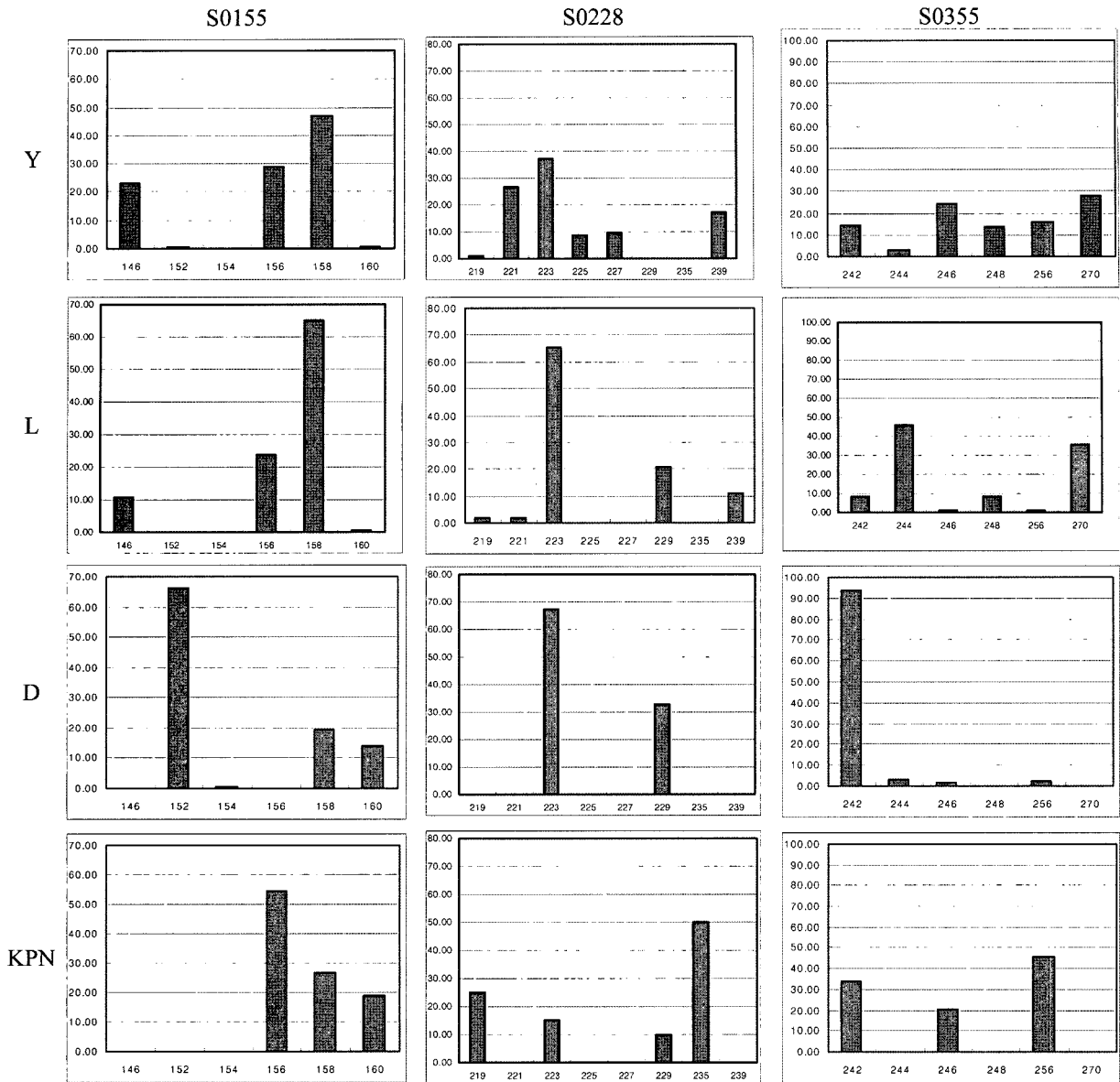


Fig. 1. Pattern of allele frequency distributions for three loci for four breed populations.

는 특정 품종에 대한 대립 유전자의 발현 빈도를 고려한 MS 좌위의 선정이 매우 중요할 것으로 보인다. 따라서 유전표지의 설정에 따른 개체 식별력을 확인하는 것은 개체 식별 시스템 설정에 매우 중요한 전제가 될 것으로 생각된다.

비교적 유전 표지의 출현빈도 양상이 극단적으로 치우치지 않으며 개체 식별에 용이한 수준의 대립 유전자를 발현시키는 10종의 유전 표지를 대상으로 개별 유전 표지의 개체 식별력 및 누적 개체 식별력을 제시하였다(Table 4). 이러한 개체 식별력의 추정 통계량은 혈연관계가 없는 서로 다른 개체가 동일한 유전자형을 나타내지 않은 확률을 나타내고 있으며 이는 서로 다른 개체가 동일한 유전자형을 나타낼 확률 추정치와 비교하였다. 5종의 좌위를 사용할 경우 서로 다른 개체가 동일한 유전자형을 나타낼 확률 추정치는  $0.26 \times 10^{-5}$ 이었으며 분석에 제시된 총10종

의 좌위를 동일성 검정을 위한 개체 식별 시스템에 활용할 경우  $0.36 \times 10^{-9}$ 의 정확률 값이 추정되었다. 본 연구에서 대상 축군으로 활용한 한국재래돼지 집단은 축산연구소에서 몇 안되는 순수재래돼지를 전국적으로 수집하여 재래돼지의 순수한 복원연구를 위하여 조성한 집단으로서 그 유전적 다양성이 상당히 낮은 상태이다. 다른 재래가축을 대상으로 한 유전적 다양성을 연구한 보고에 의하면 (Chen *et al.*, 2004; Cho *et al.*, 2004; Jin *et al.*, 2005; Osman *et al.*, 2005) 일반적으로 재래 가축들의 유전적 변이가 상당한 기간동안 특정 경제형질을 목표를 바탕으로 개량이 진행되어 유전적 균일성이 검증된 외래품종들에 비해 상당히 높게 나타나는 경향을 보이는 반면에 특정지역에서 오랫동안 제한된 종모돈이나 종모우를 활용하여 축군이 유지된 경우에는 급격한 유전변이 감소가 보인다

**Table 4. Estimation of matching probability (W) and power of discriminate (PD) using 10 different marker in 4 pig breeds population.**

Loci	No. of allele	Matching probability (W)		Power of discriminate (PD)	
		IW <sup>1)</sup>	CW <sup>2)</sup>	PD <sup>3)</sup> (%)	CPD <sup>4)</sup> (%)
M <sub>1</sub> (S0068) <sup>a</sup>	16	0.065	0.065	93.50	93.500
M <sub>2</sub> (SW787)	7	0.069	0.44×10 <sup>-2</sup>	93.05	99.548
M <sub>3</sub> (SW857)	10	0.082	0.36×10 <sup>-3</sup>	91.77	99.962
M <sub>4</sub> (SW24)	12	0.074	0.27×10 <sup>-4</sup>	92.64	99.997
M <sub>5</sub> (S0090)	7	0.097	0.26×10 <sup>-5</sup>	90.26	99.999
M <sub>6</sub> (S0226)	5	0.158	0.41×10 <sup>-6</sup>	84.19	99.999
M <sub>7</sub> (SW911)	6	0.203	0.84×10 <sup>-7</sup>	79.69	99.999
M <sub>8</sub> (S0225)	6	0.199	0.10×10 <sup>-7</sup>	80.08	99.999
M <sub>9</sub> (S0101)	6	0.137	0.13×10 <sup>-8</sup>	86.31	99.999
M <sub>10</sub> (SW951)	4	0.266	0.36×10 <sup>-9</sup>	73.41	99.999

<sup>1)</sup> IW: Identify matching probability.

<sup>2)</sup> CW: Cumulative matching probability.

<sup>3)</sup> PD: Power of discriminate.

<sup>4)</sup> CPD: Cumulative power of discriminate.

<sup>a</sup> Microsatellite name.

고 언급하고 있다. 본 연구결과 한국재래돼지 집단내 유전변이가 매우 낮게 추정된 것을 알 수가 있었다. 일본 화우의 경우에는 23종의 유전 표지를 활용 할 경우 정확률  $3.1 \times 10^{13}$ 로 추정된다는 결과를 제시하고 있다(Miho *et al.*, 1997). 결국 더 많은 종류의 유전 표지를 분석에 활용할 경우 개체 식별력, 즉 서로 다른 개체가 동일한 유전자형을 나타낼 확률 값이 적어지지만 최적의 개체 식별 시스템의 설정을 위해서는 개체 식별력이 높은 개별 유전 표지를 최적화하여 설정하는 것이 바람직하다. 또한 현재 산업화에 활용하고 있는 한국재래돼지집단을 대상으로 한 유전표지 선정에 관한 연구를 추가적으로 실시하여 재래돼지 집단의 유전적 특성을 잘 반영할 수 있는 최적의 유전표지선정이 이루어져야 할 것이다.

### 요 약

본 연구는 서로 다른 상염색체에 위치하고 있는 초위성체 유전 표지를 활용한 한국재래돼지 집단의 개체 식별 시스템 설정을 위해 수행되었다. 공시재료는 4품종에서 총 446두가 사용되었으며 13종의 좌위에 대한 개체별 유전자형을 분석하였다. 이들 13종에서 출현된 이형접합도는 0.286-0.686였으며 marker 다형성 정보량은 0.399-0.796로 나타났다. 한국 재래돼지 집단에서 나타난 대립 유전자 발현 특성은 다른 대조 품종 집단과 매우 상이한 결과를 나타냈다. S0228좌위는 전체 8종의 대립유전자가 나타난 가운데 다른 3품종에서는 발현이 되지 않은 235 대립유전자가 한국 재래돼지 집단에서만 발현이 되었다. 5종의 초위성체 유전 표지를 활용할 경우 누적 개체 식별력은 99.999%를 나타냈으며 두 마리의 서로 다른 개체가 서로 같은 유전자형을 가질 정확률은  $0.36 \times 10^{-9}$ 으로 추정되었다. 따라

서 10종의 선정된 유전 표지는 한국재래돼지 집단에서 적정 신뢰도를 제공할 수 있는 개체 식별 시스템을 설정할 수 있을 것으로 생각된다.

### 참고문헌

- Chen, G. H., Wu, X. S., Wang, D. Q., Qin, J, Wu, S. L., Zhou, Q. L., Xie, F., Cheng, R., Xu, Q., Liu, B., Zhang, X. Y., and Olowofeso, O. (2004) Cluster analysis of 12 Chinese Native Chicken populations using microsatellite markers. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* **17**, 1047-1052
- Cho, G. J. and Cho, B. W. (2004) Microsatellite DNA typing using 16 markers for parentage verification of the Korean Native Horse. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* **17**, 750-754.
- Fries, R. and Durstewitz, G. (2001) Digital DNA signatures: SNPs for animal tagging. *Nat. Biotechnol.* **19**, 508.
- Jin, H. G., Zhao, Y. M., and Zhou, G. L. (2005) Analysis of Microsatellite DNA polymorphisms in five China Native Cattle breeds and application to population genetics studies. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* **18**, 1696-1700.
- Miller, S. A., Dykes, D. D., and Polesky, H. F. (1988) A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cell. *Nucleic Acids Res.* **16**, 1215.
- Nei, M. (1972) Genetics distance between populations, *Am. Nat.* **106**, 283-292.
- Nei, M. (1978) Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* **89**, 583-590.
- Osman, S. A. M., Sekino, M., Nishibori, M., Yamamoto, Y., and Tsudzuki, M. (2005). Genetic variability and relationships of Native Japanese Chickens assessed by microsatellite DNA profiling - Focusing on the Breeds Established in Kochi Prefecture. Japan. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* **18**, 755-761.

9. Park, S. (2000) Microsatellite Toolkit for MS Excel 97 or 2000. (personnel communication)
10. SanCrostoval, M., Renald, G., and Amigues, Y. (2000) Tracabilite individuelle des viandes bovine a l'aide de marqueuse genetiques. *INRA Prod. Anim.* **13**, 269-276.
11. Vignal, A., Milan, D., SanCrostobal, M., and Eggen, A. (2002) A review on SNP and their use in animal genetics. *Geenet. Sel. Evol.* **34**, 275-305.
12. Yoon, D. H., Kong, H. S., Oh, J. D., Lee, J. H., Cho, B. W., Kim, J. D., Jeon, K. J., Jo, C. Y., Jeon, G. J., and Lee, H. K. (2005) Establishment of an Individual Identification System based on microsatellite polymorphisms in Korean cattle (Hanwoo). *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* **18**, 762-766.

---

(2006. 9. 29. 접수/2007. 4. 10. 채택)