

Microsatellite Marker를 사용한 한우 품종 식별력 및 유전적 특성 분석

오재돈², 이진아¹, 공홍식¹, 박경도¹, 윤두학², 전광주¹, 이학교^{1*}
¹한경대학교 유전정보연구소, ²축산과학원

Estimation of Genetic Characteristic and Cumulative Power of Breed Discrimination Using Microsatellite Markers in Hanwoo

Jae-Don Oh², Jin-Ah Lee¹, Hong-Sik Kong¹, Keong-Do Park²,
Du-Hak Yoon², Gwang-Ju Jeon¹ and Hak-Kyo Lee^{1*}

¹Genomic Informatics Center, Hankyong National University, Ansong 456-749, Korea

²National Livestock Research Institute, RDA

ABSTRACT

To estimate the genetic characteristics and cumulative power of discrimination (CPD) existing among Hanwoo (Korean cattle) and exotic foreign population (Angus, Herford, Charolais, Holstein) we used a total of 414 genomic DNAs from five breeds population (Hanwoo, Angus, Hereford, Charolais, Holstein). Genetic characteristics indices including mean allele number among loci, unbiased heterozygosity (h_i) within locus and polymorphic information content (PIC) and unbiased average heterozygosity (H) among loci in four breeds were calculated using the generated allele frequencies by each marker. The mean allele numbers for all loci ranged between 5 and 7 while heterozygosity (H) ranged from 0.75 (HW) to 0.64 (HF) among loci and across breeds heterozygosity (H) was 0.69. The generated unbiased average heterozygosity among loci in each breed was integrated to the global formula of CPD resulting in 99.71% within the populations. The genetic variation of HW (Hanwoo) showed highest estimates among the analyzed breeds.

(Key words : cumulative power of discrimination (CPD), microsatellite marker, Hanwoo, genetic characteristics)

서론

세계적으로 가축 개량이 특정 목적에 근거를 두어 진행됨에 따라 gene pool의 꾸준한 감소와 유전적 다양성의 급감 등으로 지속적 동물자원 생산에 위기 요인이 상존하게 되는 현실에 직면해 있다. 이러한 과정에서 동물 유전적 다양성의 확보 유지를 위한 재래가축 유전자원의 보존과 활용에 대한 중요성이 제기되고 있다(Notter, 1999). 특히 축산산업적 측면에서 가축들의 집단 및 계통에 대한 유전적 특성, 유전적 다양성 및 타 품종과 집단 간 유연 관계 등의 연구가 매우 중요한 지표로서 인식되게 되었으며, 따라서 이러한 동물생태 집단 및 경제가축 사육 집단에 대한 집단 유전학적 연구는 최근 개발된 분자 표지(molecular genetic marker)를 활용하고 있다. Microsatellite marker는 가축 계통 전반에 걸쳐 골고루 분포되고 있으며 개체별로 매우 다형성이 높아 개체 및 집단의 유전체의 정보를 많이 제공해 주고 실험 수행상의 상대적 용이성 등의 이유로 가축 집단의 유전적 다양성 분석에 사용되어졌

다(Baker 등, 1997; Blott 등, 1999; Li 등, 2000; Bjornstad 등, 2003). 또한, 이들 DNA marker들은 가축 집단 간 유전적 분화 및 개체와, 집단 특성 식별을 할 수 있는 지표 등 매우 광범위하게 활용되고 있다(MacHugh 등, 1998; Canon 등, 2000). 특히 Bartfai 등(2003)는 재래종 가축의 다양한 집단에서 희귀 대립 유전자를 확인하는데 microsatellite marker가 매우 유의하다고 보고하고 있다. 현재까지 microsatellite marker는 유전자지도 구성 양적 형질 유전자와 (QTL) mapping, 친자 확인 및 대상 집단과 품종에 대한 유전적 다양성을 정량화 시키는 지표를 산출하기 위한 도구로 광범위하게 활용되어 왔다. 이는 유전자형 빈도 특성이 매우 다양하게 집단 내 개체 간에 출현되고 쉽게 유전자형 확인이 가능하다는 특성에 근거를 두고 있다.(Barker 등, 1994; Behl 등, 2002; Zhang 등, 2005) 아울러 유전적 다양성이 높은 microsatellite marker를 누적 활용할 경우 각종 가축이나 가금들에 있어서 유전적 차별성이 내재되어 있는 집단의 유전적 특성에 근거한 집단 또는 품종 식별이 가능하다고 Fan 등(2002)이 보고한 바 있다.

* 본 연구는 농림기술개발과제(ARPC) "BT·IT 융합기술 및 DNA database를 이용한 한우 원산지 검증기술 개발" 과제의 지원으로 수행된 연구 결과의 일부이며 연구비 지원에 감사를 드립니다.

* Correspondence : E-mail : breedlee@empal.com

국내에서 원산지가 명확하지 않는 수입육 및 국내산 육우 (젓소 비육우)가 둔갑되어 판매되는 현상이 나타남에 따라 최근 품종 식별이 중요시되고 있다. 이러한 이유로 육우 집단의 유전적 특성을 정량화하고 이를 근거로 한우와 외래품종들의 유전적 차별성 및 특정 유전적 특성을 가지는 집단이나 품종 등의 유전적 특성 규명과 품종 식별을 위한 분자유전학적 지표 및 유전자 표지의 설정이 매우 필요한 상황이다.

본 연구는 microsatellite marker를 활용하여 한우 집단과 다른 외래 육우 품종과의 분석에 활용한 유전적 차별성을 확인하고 분자 표지의 집단별 출현 다양성에 근거한 통계적 절차에 따라 외래종 육우 집단과 한우 집단간 품종 식별을 분석하고자 실시하였다.

재료 및 방법

1. 공시 재료 및 Microsatellite Marker

종모우와 브랜드 집단을 포함한 한우 집단과 앵거스(Angus), 헤어포드(Herford), 샤롤레(Charolais) 및 홀스타인(Holstein)을 본 연구에 공시 재료로 이용하였고(Table 1), microsatellite marker는 염색체 전반에 걸쳐 분포가 확인된 marker중 9종을 선정하였다. 이들 9종의 marker들은 ISAG(International Society of Animal Genetics)에서 개체 식별 및 친자 확인 검정 등에 이용하기를 권장하는 마커들 중 9종을 선정하여 분석에 이용하였다(Table 2).

2. Microsatellite를 이용한 PCR 수행 및 Genotyping 수행

DNA 증폭을 위한 반응액 조성은 PCR reaction buffer(10 mM Tris-HCl, pH 8.3, 50 mM KCl, 1.5 mM MgCl₂)와 2.5 mM dNTPs, 3 pmol fluorescent dye labeling primer pairs, 10 ng의 template DNA, 0.5U Taq DNA polymerase(TaKaRa Shuzo Co., Shiga, Japan)와 ddH₂O를 사용하여 총 반응액은 10 μL로 하였다. PCR 반응액은 GeneAmp PCR System 9600(Perkin-El-

mer Co., USA)를 사용하였고, PCR 조건은 94℃에서 5분간 pre-denaturation한 후 94℃에서 30초간 denaturation, 각 marker별로 적절한 annealing 온도에서 40초간 annealing, 그리고 72℃에서 1분간 extension을 35 cycles 수행한 후 마지막으로 72℃에서 10분간 최종 extension 과정을 수행하였다. PCR 증폭 산물은 증폭된 단편의 크기가 예상된 allele size 범위 내에 존재하는지, PCR 조건의 적정성 여부를 확인하기 위하여 EtBr(ethidium bromide)이 포함된 2% agarose gel에 전기영동하고 UV 상에서 관찰하였다.

유전자형 분석을 위해 PCR 산물은 적정량의 deionized water로 희석하고 DNA : formamide : size standard(Genescan-350 TAMRA)를 1 μL : 12 μL : 0.5 μL 비율로 혼합하여 95℃ 이상에서 3분간 denaturation시키고, ABI 3100 Genetic Analyzer(Applied Biosystems, USA)로 분석하였다. GeneScan software version 2.1(Perkin-Elmer Co. USA)을 이용하여 PCR 산물인 DNA 절편의 양과 크기에 대한 자료를 수집하였다. 전기영동시 Performance Optimized Polymer 4(POP4)(Applied Biosystems, USA)와 10× Buffer(with EDTA)를 1×로 희석하여 사용하였고, run time은 22분으로 하였다. 유전자형은 Genotyper software version 2.5(Applied Biosystems, USA)를 이용하여 분석하였다.

3. 통계 분석

Genotyper Software에 의해 결정되었던 microsatellite marker 별 대립 유전자들은 microsatellite Toolkit software(Park, 2000, in personnel)를 이용하여 분석 집단별 및 개체별로 정리한 후 관측 이형질성(observed heterozygosity), 대립 유전자 빈도(allele frequency), 각 locus별 대립 유전자의 수 및 품종 집단별 대립 유전자 수를 산출하였다.

각각의 분석 Microsatellite 좌위별 동형접합도(homozygosity; H_o), 이형접합도(heterzygosity; h_i)는 다음과 같이 표시된다.

$$\text{즉, } H_o = \sum P_i^2, \quad h_i = 1 - H_o$$

여기서 P_i 는 microsatellite 좌위 각각의 대립 유전자 빈도이다. 또한 분석된 모든 microsatellite marker 들의 평균이형질성(H)는 다음과 같이 산출하였다.

$$H = \sum H_j / r$$

여기서 H_j 는 j 번째 microsatellite marker의 이형질성이며, r 은 분석 대상 microsatellite marker 수이다. 집단간 누적 식별력(Cumulative power of discrimination; CPD)는 Fan 등(2002)이 제시한 바에 따라 다음과 같이 산출하였다.

$$CPD = (1 - [(1 - H_a)(1 - H_b)(1 - H_c)(1 - H_d)(1 - H_e)]) \times 100\%$$

Table 1. Breed, number of individuals and origin of the cattle used in this study

Breeds	No	Origin	MNA ¹	Sample
Hanwoo (HW)	131	Korea	7	Korea
Augus (AG)	38	Scotland	5	Korea
Hereford (HF)	33	England	5	USA
Charolais (CH)	35	France	5	Korea
Holstein (HOL)	20	Netherlands	5	Korea
Total	257			

¹ MNA : Mean Number of Alleles.

Table 2. DNA amplification primers and characteristics of PCR products analyzed in five cattle breeds

Locus	Primer	Chromosome	Size range (bp)	Tm
BM1824	GAGCAAGGTGTTTTCCAATC CATTCTCCAAGTCTTCCTTG	1	178~192	58℃
BM2113	GCTGCCTTCTACCAAATACCC CTTCTGAGAGAAGCAACACC	2	123~143	58℃
ETH10	G TTCAGGACTGGCCCTGCTAACA CCTCCAGCCCACCTTCTCTTCTC	5	212~224	58℃
ETH225	GATCACCTTGCCACTATTTCTT ACATGACAGCCAGCTGCTACT	9	138~168	60℃
ETH3	GAACCTGCCTCTCCTGCATTGG ACTCTGCCTGTGGCCAAGTAGG	19	105~125	60℃
SPS115	AAAGTGACACAACAGCTTCTCCAG AACGCGTGTCTAGTTTGGCTGTG	15	242~258	58℃
TGLA122	CCCTCCTCCAGGTAAATCAGC AATCACATGGCAAATAAGTACATAC	21	137~181	58℃
TGLA126	CTAATTTAGAATGAGAGAGGCTTCT TTGGTCTCTATTCTCTGAATATTCC	20	116~122	58℃
TGLA227	CGAATTCCAAATCTGTTAATTTGCT ACAGACAGAACTCAATGAAAGCA	18	76~104	56℃

여기서 H_a, \dots, H_e 는 각각 분석 대상 집단별 전체 분석된 microsatellite marker의 평균 이형질성이다. 또한, 각각의 집단 에 이형정보지수(polymorphic information content; PIC)는 다음과 같다.

$$PIC = 1 - \left(\sum_{i=1}^k P_i^2 \right) - \sum_{j=1}^{k-1} \sum_{i=1}^k 2P_i P_j^2$$

여기서 P_i, P_j 는 각각 i 번째 j 번째 대립 유전자가 나타나는 확률이며, n 은 대립 유전자의 갯수이다.

결과 및 고찰

9종 microsatellite marker를 통해 개체의 유전자형 출현 특이성에 근거한 유전 특성 분석 및 품종 식별 유용성 평가를 위해 서로 다른 유전적 특성을 가지고 있는 5품종에서의 유전 표지별 이형집합도(h_i), 다형정보지수(PIC) 및 누적품종식별력(CPD)을 계산하였다(Table 3). 또한, 품종별 유전적 특성을 확인하기 위해 각각 분석 대상 마커별 대립 유전자 출현 빈도 양상을 품종별로 제시하였다(Fig. 1).

한우 및 분석 대상 외래종 축우 품종에 대한 유전적 차별성(Fig. 1)을 보면 ETH3 좌위의 117대립 유전자는 비교 대상 5품종 모두에서 비슷한 출현 양상을 나타냈으며, 115의 대립 유

전자의 경우에는 분석 대상 품종 집단들 중 이 마커의 대립 유전자(115)가 한우 집단의 품종 특이성을 확인해주는 표지인자라고 설명될 수 있다. 117 대립 유전자의 경우에는 다른 대립 유전자들 보다 한우를 비롯한 분석 대상 4품종 모두에서 대체적으로 높은 출현 양상을 보이는 것으로 나타났다. BM1824의 경우도 180 대립 유전자는 모든 품종에서 비슷하게 나타났고, 186 대립 유전자에서는 한우에서 0.0594, 샤롤레 0.0122로 한우의 출현 빈도가 높게 나타났다. 또한, 184 대립 유전자에서는 헤어포드와 샤롤레가 다른 품종들에 비해 높은 출현 빈도를 보였다. 또한, ETH225 좌위에서 136, 138, 156의 대립 유전자는 매우 낮은 빈도를 보였고, 한우 품종 집단에서만 출현된 것으로 나타났다. 대립 유전자 140의 경우는 한우집단에서 타 분석 대상 집단(4품종)보다 매우 높은 출현 빈도를 나타내었다. 그리고 대립 유전자에서 한우 품종이 다른 품종보다 높은 출현 빈도가 나타났지만 150 대립 유전자는 다른 품종들보다 매우 낮은 출현 빈도를 보이는 것으로 나타났다. 그리고 158의 대립 유전자에서는 앵거스에서 출현 빈도를 보였다. 이러한 결과들을 근거로 볼 때 본 연구에 이용된 일부분의 좌위에서 품종 집단별로 다양한 대립 유전자들의 출현 빈도를 보였음을 알 수 있으며, 분석 대상 마커좌위별 대립 유전자 출현 양상은 품종 집단마다 매우 차별적으로 출현되는 것을 확인할 수 있다. 또한, 본 연구 내에 나타난 결과를 통해

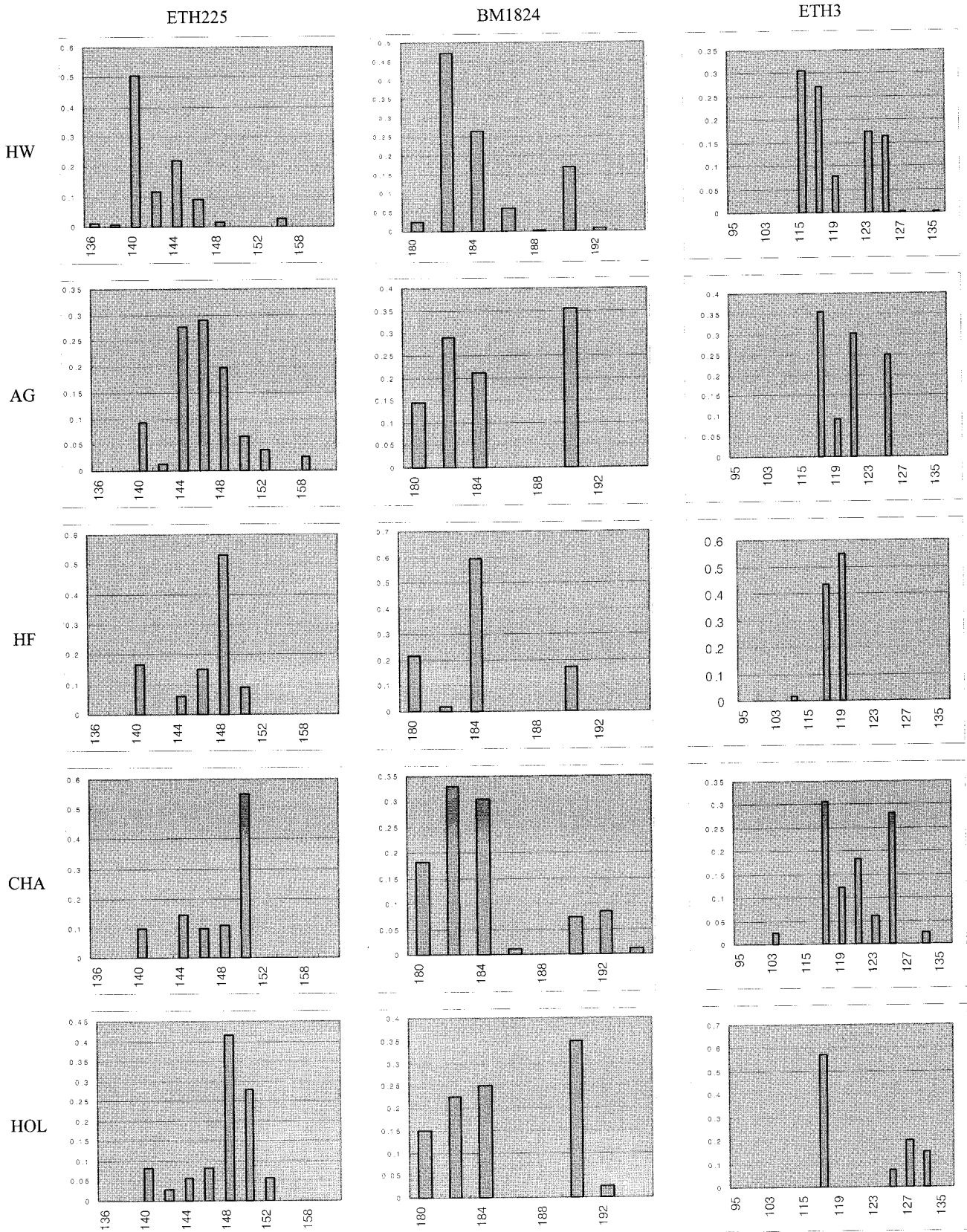


Fig. 1. Allele frequency distributions for three loci in five breed population.

Table 3. Characterization of genetic variability and cumulative power of breeds discrimination (CPD)

Locus	Observed features	Breeds					Cross breeds mean
		HW	AN	HF	CH	HOL	
TGLA122	Allele number	8	6	12	10	9	9.00
	h_i	0.783	0.892	0.802	0.757	0.810	0.81
	N_e	4.598	2.311	4.040	4.109	5.000	4.01
	PIC	0.817	0.902	0.848	0.836	0.824	0.85
TGLA126	Allele number	7	6	6	5	3	5.40
	h_i	0.675	0.686	0.684	0.648	0.601	0.66
	N_e	3.077	3.185	3.165	2.841	2.506	2.95
	PIC	0.781	0.661	0.662	0.622	0.558	0.66
TGLA227	Allele number	17	5	4	5	4	7.00
	h_i	0.857	0.743	0.494	0.634	0.536	0.65
	N_e	6.993	3.891	1.976	2.732	2.155	3.55
	PIC	0.703	0.719	0.477	0.607	0.507	0.60
BM1824	Allele number	7	4	4	7	5	5.40
	h_i	0.673	0.725	0.570	0.752	0.741	0.69
	N_e	3.058	3.636	2.326	4.032	3.861	3.38
	PIC	0.607	0.699	0.540	0.732	0.718	0.66
BM2113	Allele number	7	8	8	7	5	7.00
	h_i	0.717	0.809	0.713	0.764	0.726	0.75
	N_e	3.534	5.236	3.484	4.237	3.650	4.03
	PIC	0.716	0.796	0.699	0.748	0.704	0.73
ETH10	Allele number	9	5	5	3	6	5.60
	h_i	0.748	0.495	0.676	0.071	0.568	0.51
	N_e	3.968	1.980	3.086	1.076	2.315	2.48
	PIC	0.761	0.463	0.650	0.070	0.550	0.50
ETH225	Allele number	9	8	5	5	7	6.80
	h_i	0.672	0.786	0.656	0.646	0.728	0.70
	N_e	3.049	4.673	2.907	2.825	3.676	3.43
	PIC	0.708	0.785	0.656	0.646	0.728	0.70
ETH3	Allele number	6	4	3	7	4	4.80
	h_i	0.770	0.711	0.509	0.775	0.601	0.67
	N_e	4.348	3.460	2.037	4.444	2.506	3.36
	PIC	0.753	0.683	0.452	0.757	0.577	0.64
SPS115	Allele number	7	4	4	4	4	4.60
	h_i	0.773	0.632	0.583	0.645	0.611	0.65
	N_e	4.405	2.717	2.398	2.817	2.571	2.98
	PIC	0.735	0.601	0.557	0.615	0.587	0.62
Among loci mean	Allele number	8.5	5.5	5.6	5.8	5.2	6.12
	h_i	0.745	0.728	0.637	0.642	0.671	0.68
	N_e	1.183	1.262	1.417	2.676	1.381	1.58
	PIC	0.731	0.707	0.615	0.627	0.650	0.67
CPD		-	-	-	-	-	99.71%

HW: Hanwoo, AN: Angus, HF: Hereford, CH: Charolais, HOL: Holstein, h_i : mean heterozygosity, N_e : mean effective number of allele, PIC: mean polymorphic information content, CPD: mean cumulative power of discrimination.

보면 이형접합도 및 품종 집단 내 다양한 유전자형별 출현 특성을 보이는 여러 종류의 marker를 사용할 때 개체 및 품종 특이적 출현변이성에 근거한 식별이 가능함을 보여주고 있다.

분석된 9개의 marker들에 대한 품종별 유전적 특성을 다양한 유전 통계량으로 제시하였는데(Table 3), 국내 5종류의 지역별 브랜드집단을 포함한 한우집단과 앵거스(Angus), 헤어포드(Herford), 샤롤레(Charolais), 홀스타인(Holstein)을 포함한 외래 품종간의 출현된 대립 유전자 출현 빈도를 비교한 결과 한우 집단은 TGLA227 좌위에서 17개(64~114)의 대립 유전자가 출현된 것을 비롯하여 ETH225, TGLA126, BM2113, ETH10 좌위는 7개에서 9개까지 출현되었다. 한우를 비롯한 분석 대상 4품종 간 각각의 평균 대립 유전자수는 집단별로 평균적으로 각각 5에서 7이었으며 품종 전체적인 평균 대립 유전자수는 5.40으로 나타났다. 한우 집단과 외래 품종간의 마커별 이형접합도와 유효 대립 유전자수 그리고 다형성을 비교한 결과 ETH10 좌위의 경우 전체적으로 이형접합도(h_i)와 다형성이 다른 좌위에 비하여 낮게 나타났으며 특히 외래 품종 중 샤롤레는 극단적으로 적은 값이 나타났다. 전체적으로는 한우집단이 외래 품종에 비하여 이형접합도와 다형정보지수의 값이 높게 나타난 것으로 확인되며, 이는 한우 집단의 유전적 다양성이 타 품종보다 높은 것으로 판단되어진다. 이러한 결과를 바탕으로 볼 때 한우의 유전적 다양성이 외래 품종보다 높은 것으로 추정되어진다. 품종별 유전적 다양성 지표를 살펴보면 한우 집단에서 TGLA122 marker의 이형질성(h_i) 0.824와 유전적다형정보지수(PIC) 0.817 값이 가장 높은 것으로 나타났으며 BM1824 marker의 이형질성(h_i) 0.642와 유전적 다형정보지수(PIC) 0.607이 가장 낮게 나타났다. 앵거스 품종은 TGLA122 marker의 이형질성(h_i) 0.962와 유전적 다형정보지수(PIC) 0.962값이 가장 높았으며, ETH10의 이형질성(h_i) 0.494와 유전적 다형정보지수(PIC) 0.463이 가장 낮았으며, 헤어포드의 TGLA122의 이형질성(h_i) 0.849와 유전적다형정보지수(PIC) 0.848이 가장 높았으며, TGLA227의 이형질성(h_i) 0.493과 유전적 다형정보지수(PIC) 0.477이 가장 낮게 나타났다. 샤롤레는 TGLA122의 이형질성(h_i) 0.847과 유전적 다형정보지수(PIC) 0.847이 가장 높았으며, TGLA227의 이형질성(h_i) 0.634와 유전적 다형정보지수(PIC) 0.607이 가장 낮게 나타났다. 홀스타인의 TGLA122의 이형질성(h_i) 0.924와 유전적 다형정보지수(PIC) 0.924가 가장 높았으며, TGLA227의 이형질성(h_i) 0.536과 유전적 다형정보지수(PIC) 0.507이 가장 낮게 나타났다. 5 품종 집단의 h_i 와 유전적 다형정보지수의 평균을 보았을 때 TGLA122의 이형질성(h_i) 0.88과 유전적 다형정보지수(PIC) 0.88로 가장 높았으며, ETH10이 이형질성(h_i) 0.52와 유전적 다형정보지수(PIC) 0.50으로 가장 낮았다.

각 품종별로 9개에 해당하는 marker들을 이용하여 유전적 변이성 정보를 통한 분석 결과, 한우의 이형질성(h_i) 0.75와 유

전적 다형정보지수(PIC) 0.731이 가장 높은 빈도로 나타났고, 헤어포드는 이형질성(h_i) 0.636과 유전적 다형정보지수(PIC) 0.615가 가장 낮은 것으로 나타났다. 전체 분석 대상 집단에서 TGLA122의 이형접합율(h_i)이 0.81로 가장 높게 나타났다. 9종의 microsatellite marker에 의해 분석된 결과를 통해서 볼 때 때 각각의 marker 좌위별 품종 간 대립 유전자 출현 빈도의 뚜렷한 차별성이 존재함을 확인할 수 있었다. 또한, 각 marker별 품종간의 이형접합율을 이용하여 각 개체들의 집단 내에서 품종을 식별, 구분할 수 있는 확률인 누적품종식별력(CPD)값을 나타내었는데, 그 결과에 의하면 분석된 9개의 marker를 이용하여 개체의 품종을 구분할 수 있는 확률이 99.71%로 나타났다. 이는 재래돼지 집단에서 10종의 마커를 활용할 경우 최고 96.40%까지 누적 품종 식별력을 보인다는 결과를 제시한 Fan 등(2005)의 결과보다 다소 높은 수치를 보였으며, 가금 집단내에 9~11개의 microsatellite marker를 통한 누적품종 식별력이 98.75%(Olowofeso 등(2005))로 나타낸 것과 비교하여 다소 높게 추정되었다. 이는 한우 집단이 외래 집단 간의 차별성이 위의 문헌에서 보고된 닭, 돼지 등의 대상 집단 보다 다소 높은 차별성과 개체 간 높은 변이성에 기인된 결과라고 생각된다. 향후 본 연구를 통해 제시된 9종을 포함하여 다형성이 높은 microsatellite marker를 추가하여 품종 식별 시스템에 활용될 경우 매우 효율성 및 정확도가 높은 개체 및 품종 식별이 가능할 것으로 보여진다. 따라서 각 marker별 대립 유전자의 개체별 또는 대상 품종별 유전적 특이적인 출현 빈도는 각 품종들을 구분할 수 있는 지표로 사용이 될 수 있을 것으로 생각되며, 각 품종별 특이적인 유전 양상을 보유한 marker를 선정하여 분석할 경우 개체 식별력을 향상시키는 것은 물론 개체들의 품종 내 식별에 있어 강력한 수단으로 활용될 수 있을 것으로 판단된다.

결론

본 연구는 microsatellite marker를 통해 한우 및 외래 품종 집단에서 품종간 차별성의 확인 여부와 이들을 활용한 개체 및 품종 식별을 적용할 수 있는 적당한 marker 시스템의 구축과 관련된 가능성을 검증하고자 실시하였다. 결과로는 분석에 활용된 9종의 마커에 대한 평균 이형접합율이 0.661로 나타났으며, 평균다형정보지수의 경우 0.650으로 나타나 집단의 유전적 다형성을 표현하는데 합리적인 마커 조합으로 판단된다. 특히 다양한 분석 대상 집단간 품종 및 집단 누적식별력을 추정 한 결과 99.71%를 보임으로서 이들 마커조합이 품종 다양성 분석이 가능함을 확인하게 되었다. 향후 추가적인 유전적 다양성이 확인된 마커의 추가적인 조합이 구성될 경우 상당한 수준의 품종 식별력을 확인할 수 있는 시스템의 구축이 가능할

것으로 판단된다.

참고문헌

- Barker JSF, Tan SG, Selvaraj OS and Mukherjee TK. 1997. Genetic variation within and relationships among populations of Asian water buffalo (*Bubalus bubalis*). *Anim. Genet.* 28: 1-13.
- Bartfai Z, Kaaroline I, Gaede A, Kimberly Russell and Mura-kozy G. 2003. Different gender-associated genotype risks of Wegener's granulomatosis and microscopic polyangiitis. *Clinical Immunology* 109:330-337.
- Behl R, Sherora NJ, Behl J, Tantia MS and Vijn RK. 2002. Microsatellite sequences of mammals and their applications in genome analysis in pigs-a review. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 15:1822-1830.
- Bjornstad G, Nilsen NO and Roed KH. 2003. Genetic relationship between Mongolian and Norwegian horses. *Anim. Genet.* 34:55-58.
- Blott SC, Williams JL and Haley CS. 1999. Discriminating among cattle breeds using genetic markers. *Heredity* 82:613-619.
- Canon J, Checa ML, Carleos C, Vega-Pla JL, Vallejo M and Dunner S. 2000. The genetic structure of Spanish Celtic horse breeds inferred from microsatellite data. *Anim. Genet.* 31: 39-48.
- Fan B, Wang ZG, Li YJ, Zhao XL, Liu B, Zhao SH, Yu M, Li MH, Chen SL, Xiong TA and Li K. 2002. Genetic variation analysis within and among Chinese indigenous swine populations using microsatellite markers. *Anim. Genet.* 33:422-427.
- Fan B, Chen YZ, Moran C, Zhao SH, Liu B, Zhu MJ, Xiong TA and Li K. 2005. Individual-breed assignment analysis in swine populations by using microsatellite markers. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 18:1529-1534.
- Li K, Chen Y, Moran C, Fan B, Zhao S and 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.
- MacHugh DE, Loftus RT, Cunningham P and Bradley DG. 1998. Genetic structure of seven European cattle breeds assessed using 20 microsatellite markers. *Anim. Genet.* 29:333-340.
- Nei M, Tajima F and Tateno Y. 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data: 2. Gene frequency data. *J. Mol. Evol.* 19:153-170.
- Notter DR. 1999. The importance of genetic diversity in livestock populations of the future. *J. Anim. Sci.* 77:61-69. Review.
- Olowofeso OJ, Wang Y, Shen JC, Chen KW, Sheng HW, Zhang P and Wu R. 2005. Estimation of the cumulative power of discrimination in Haimen chicken populations with ten microsatellite markers. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 18: 1066-1070.
- Zhang JH, Xiong YZ and Deng CY. 2005. Correlations of genetic heterozygosity and variances with heterosis in a pig populations revealed by microsatellites DNA marker. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 18:620-625.

(접수일: 2008. 9. 3 / 채택일: 2008. 9. 25)