

Microsatellite loci 분석을 통한 한우 지역 브랜드간 유전적 다양성의 비교

이기환* · 서강석* · 최태정* · 윤두학* · 양대용** · 상병찬***

농촌진흥청 축산과학원*, 축산물 등급판정소**, 충남대학교 낙농학과***

Comparison for Genetic Diversity between Regional Hanwoo (Korean Cattle) Brand Group Using Microsatellite Loci

Ki hwan Lee*, Kang Seok Seo*, Te Jeong Choi*, Du Hak Yun*, Dae Youg Yang** and Byeong Chan Sang***

National Institute of Animal Science, R.D.A*, Animal Products Grading Service**, Dept. of Dairy Science Chungnam National University***

ABSTRACT

Genotype data of eleven microsatellites typed in 713 Hanwoo breed (Korean cattle) animals were used to estimate the genetic diversities and relationship of nine brand populations distributed in six regional areas. Size of microsatellite markers decided using GeneMapper Software (v.4.0) after analyze in kinds of ABI machine of name of 3130 using ABI Stock Markers™ kit. Frequencies of microsatellites markers were used to estimate heterozygosities, gene diversities and genetic distances. Microsatellite markers showed high polymorphism and 163 alleles were detected from the genotyping of eleven microsatellite markers. Allele frequency results were resemblant to each other in case of most markers and this between each brand where several alleles shared the majority mean. Genetic distances between populations were obtained using Nei's DA distance method. Expected heterozygosity between each brand population was estimated very analogously. Average expected heterozygosity (0.765) of whole Hanwoo populations had higher diversities than other species of Europe, North American continent and spanish breeds. Genetic distances (0.0413) between ChoneBuk (JS) and ChoneNam (SJ) was nearest than distances between other populations. Genetic distances between KyongGi (AS, YP) and KyongNam (NH) showed far distance than other populations by 0.0493 and 0.0489 each respectively. ChoneNam (SJ) showed near genetic distance relatively with other areas' populations. In the UPGMA tree that is made based on DA distance matrix, some brand populations ramified to area. Because this became evenly genetic because gene flow of Hanwoo was frequent comparatively between each area by stock bull selection of country unit and their sperms (KPN) supply system that is done till today. It can be considered that this effect is by transfer of calf between near geographical areas. Each individuals were not ramified to different group and were spread evenly in phylogenetic dendrogram about all Hanwoo of each brand.

(Key words : Microsatellites, Korean native cattle (Hanwoo), Genetic diversity, Genetic relationship, Phylogenetic analysis)

Corresponding author : Kang Seok Seo, National Institute of Animal Science, San 9, Eryong-ri, Seonghwan-eup, Cheonan-si, Chungcheongnam-do, 330-801, Ref. of Korea.
Tel : +82-41-580-3358; Fax : +82-41-580-3369; E-mail : seo6508@rda.go.kr.

I. 서 론

한우(Hanwoo, Korean Cattle, *Bos taurus Coreanae*)의 기원은 일반적으로 한민족의 형성 및 이동과 밀접한 관계를 가지면서 한반도에 이주, 정착했을 것이라 추정된다. 약 4천여 년전에 유럽계 품종(*Bos taurus*)과 인도계 품종(*Bos zebu*)이 중국 대륙 북부의 외몽고 등지에서 교잡되어 중국대륙, 몽고, 만주 등을 거쳐 한반도에 전래되었을 것으로 추정되고 있으며(육 등, 1985; 한 등, 1996), 최근에는 그 교잡설에 대한 의문을 제기할 만한 연구들 또한 보고되고 있다(윤, 2002, 2005). 지금까지 국내 한우산업은 우리민족의 꾸준한 관심의 대상이 되어 괄목할 만한 성장을 이루었으며, 전통가축·고유품종으로서의 차별성과 순수성을 유지하기 위해 꾸준한 노력이 진행되어왔다. 이를 위해서 국내에서는 국가 단위의 한우 개량이 이루어져 왔으며 최근 소비동향에 맞추어 지역 차별적 브랜드화가 빠르게 진행되고 있다. 또한 최근 한우산업은 점차 진행되고 있는 축산물 수입개방의 영향으로 전통가축으로서의 유전적 순수성의 보존 및 능력 개량과 국제 경쟁력 제고 등의 측면에서 문제점들을 인식하게 되었으며, 이를 해결할 방법에 대한 고찰이 진행되고 있는 상황이다. 하지만 국가 단위 개량체계에 근거한 국내 한우 선발 체계는 전형적인 한우 유전자원의 균일화시키는 결과를 초래하였으며, 각 도의 브랜드별로도 생산의 안정화, 품질 및 유통관리 등의 노력을 통해 marketing brand로서의 차별화는 상당히 이루어졌지만, 진정한 의미의 유전적 차별화를 통한 특화가 거의 이루어지지 않고 있는 실정이다.

이에 대응하기 위한 자구책들 중 하나로 다음과 같은 한우의 유전적인 특성을 조사하기 위해 한우의 유전적 다양성(김 등, 2001) 분석, 혈액 및 유단백질 연구(한 등, 1991, 1995; 신 등, 1993), 품종 형성과정(신 등 1999; 정 등, 2000, 2001; 김 등, 2001; Kim 등 2002), 타 품종과의 연관관계 등에 대한 분석연구(윤 등, 2005) 등이 보고되어 왔으며, 유전 표지인자인 혈액 단백질, mtDNA, Y chromosome 등이 다양

성 구명을 위한 표지인자로서 이용되어져 왔다.

Microsatellite marker는 short tandem repeats (STRs) nucleotide sequence unit으로 보통 2~7bp (인간: 4bp, 소: 2bp)의 길이로서 포유동물의 경우에 전체 genome에 평균 50,000~100,000개 (every 300 to 500Kb) 이상의 풍부한 빈도로 고루 존재하며 다른 DNA 단위와 비교할 때 높은 변이율과 진화 속도를 가져 유전체의 정보를 가장 많이 제공해주는 것으로 알려져 있다(IHGSC, 2001; 윤 등, 2002). 또한 세대당 10-4 이상의 높은 돌연변이율을 가지며 집단에 따라 높은 이형질성을 가지면서(Roy 등, 1994), 실험 수행상 primer를 이용한 중합효소 연쇄반응(polymerase chain reaction, PCR)의 상대적 용이성 등의 이유로 gene mapping, linkage analyses, 친자확인, 혈통비교, 계통분류학, 집단유전학 등 각종 다양성 분석 등에 광범위하게 이용되어져 왔다(Barker 등, 1997; Boltt 등, 1999; Li 등, 2000; Bjornstad 등, 2003).

본 연구의 목적은 국내 6개 지역의 9개 한우 브랜드 집단을 대상으로 연구 대상 축종의 다양한 유전적 정보를 제공해주는 것으로 알려진 11종의 microsatellite marker를 이용하여 각 좌위에 대한 대립유전자형 빈도와 분포를 알아보고 이를 기초로 각 도의 지역 한우 브랜드 집단에 분포되어 있는 집단의 유전적 다양성 및 집단 간 거리추정과 계통지도(phylogenetic tree)의 작성 등을 통해 향후 각 도의 브랜드별 유전적 차별화를 위한 각 도별 브랜드 특화 육성 전략을 수립을 위한 기초 자료로서 이용하고자 실시하였다.

II. 재료 및 방법

1. 공시 재료 및 Microsatellite Markers

본 연구에 이용된 한우는 국내의 6개 지역(경기, 강원, 전북, 전남, 경북, 경남)의 9개 브랜드(AS; 42, YP; 43, PG; 69, HS; 88, JS; 119, SJ; 107, DG; 132, HD; 56, NH; 57)에서 사육된 총 713두의 개체가 이용되었다. 여기서 브랜드

Table 1. Characterization of 11 microsatellite loci analyzed in nine Hanwoo brands of six regional areas

Locus	Chromosome location	Size range (bp)	No. of alleles	Ht	Hs	Gst	PIC
BM1824	1	180~192	7	0.678	0.672	0.008	0.620
BM2113	2	123~145	9	0.720	0.713	0.009	0.673
ETH10	5	209~223	9	0.751	0.744	0.008	0.703
ETH225	9	136~160	10	0.675	0.671	0.006	0.632
ETH3	19	95~135	12	0.771	0.764	0.008	0.726
INRA23	3	141~288	28	0.805	0.798	0.009	0.773
SPS115	15	244~264	9	0.775	0.768	0.009	0.737
TGLA122	21	134~190	25	0.868	0.862	0.007	0.848
TGLA126	20	107~177	12	0.664	0.660	0.006	0.621
TGLA227	18	70~149	21	0.857	0.845	0.013	0.827
TGLA53	16	149~187	21	0.857	0.850	0.008	0.836
All loci			14.8	0.766	0.759	0.008	0.727

Ht = Expected total heterozygosity; Hs = Expected within-population heterozygosity; Gst = Coefficient of gene differentiation; PIC = Polymorphism information content value.

marker별 유전적 다형성을 알아보기 위해 전체 집단의 이형접합율 (Ht) 및 집단내 이형접합율 (Hs), 유전자의 분포 정도 (Gst), 집단내 변이도 (F_{IS}), 집단간 변이도 (F_{ST}), 그리고 집단 간 유전적 거리 및 유전자 다형성 정보량 (PIC)을 계산하여 제시하였다. 크기가 가장 큰 대립유전자는 SPS115의 244~264bp로 나타났으며, 크기가 가장 작은 대립유전자는 TGLA227의 70~149bp로 나타났다. 각 microsatellite marker의 평균 대립유전자의 수는 14.8개로 검출되었고 총 163개가 검출되어 분석된 모든 집단 및 개체간에서 매우 다형적이었다. INRA23이 28개로 가장 많은 수의 대립유전자를 보유하고 있었으며, BM1824가 7개로 가장 적은 수를 보유한 것으로 나타났다. 또한 집단내 이형접합율이 0.868로 높게 나타난 microsatellite marker는 TGLA122였는데 전체 집단의 이형접합율의 관측치는 0.868로 가장 높은 수치를 나타내었다. 반면 BM1824와 ETH225 marker는 집단내 이형접합율 (0.672, 0.678)과 전체 집단의 이형접합율 (0.671, 0.675)이 모두 분석된 11개의 marker들 중 비교적 낮은 수치를 나타내었다.

Hardy-Weinberg 평형을 만족하는지 검정하기 위해 실시한 chi-square 검정 결과에서 각 브랜

드집단은 분석에 이용된 11종의 marker에 대해 $p < 0.05$ 의 범위로 나타나 대부분 집단이 Hardy-Weinberg 평형에 위배되지 않음을 보여주었다 (data not shown). 즉, 이들 집단이 임의적인 추출로 얻어진 집단이며, 인위적인 근친 교배가 없었다는 것을 말해준다.

유전적 분화 정도를 보여주는 유전자 좌위별 변이도 (Gst; coefficient of genedifferentiation)는 최소 0.006 (TGLA126)에서 최대 0.013 (TGLA227)의 범위였으며 평균은 0.008이었다. 유전자 다형성의 정보량을 나타내는 microsatellite marker별 평균 PIC 값은 0.620 (BM1824)에서 0.848 (TGLA122)까지의 범위로서 0.5 (David botstein 등, 1980) 이상인 것으로 계산되어 microsatellite marker별로 비교적 높은 다형성을 보유하고 있는 것으로 사료되었다. 또한 브랜드 집단의 이형접합율이 높을수록 다형성의 정보량도 높게 나타나는 것으로 나타났다. 따라서 본 연구에서 이용한 11개의 microsatellite loci는 각 집단에서 Hardy-Weinberg 평형을 이루며, 충분한 유전적 변이와 다형성 정보량을 충분히 보유하고 있는 것으로 나타나 각 도의 한우 브랜드 집단별 유전적 특징을 구별하는 marker로서 활용될 수 있음이 확인되었다.

Table 2에는 각 도의 브랜드 집단별로 분석된 기대 이형접합율(expected heterozygosity)과 관찰된 대립유전자의 평균수(MNA)를 계산하였고, 관찰된 이형접합율(observed heterozygosity)과의 비교를 통해 유의성 검정을 실시한 결과를 제시하였다. 기대 이형접합율은 강원도의 PG 브랜드에서 가장 높았으며, 경상북도의 DG 브랜드에서 가장 낮은 수치를 보였다. 전체 집단의 평균 기대 이형접합율은 0.765이었고, 평균 관측 이형접합율은 0.727의 수치로 나타나 장기적으로 개량을 해온 유럽과 북미 대륙의 Holstein 집단에 비해 상당히 높은 유전적 다양성을 보였으며(Hanslik 등, 2000), 스페인의 재래 축우 집단보다도 높은 유전적 다양성을 보유하고 있는 것으로 추정되었다(Martin-Burriel et al., 1999). 기대된 이형접합율을 볼 때, 대부분의 브랜드집단이 유전적 다양성이 높은 집단으로서 유전자 구성이 상대적으로 외국의 축군 집단에 비해 고정화가 낮게 진행된 집단임을 알 수 있었다. 따라서 현재 각 브랜드별로 특화된 유전적 특징이 나타나지 않고 있는 것으로 사료되었다. 또한 김 등(2001)이 보고한 기대 이형접합율(0.690)과 윤 등(2005)이 보고한 0.664 보다 높은 수치를 나타내었는데 이는 김

등(2001), 윤 등(2005)의 보고에 이용된 한우 집단의 크기가 각각 95두, 55두에 비해서 본 연구에서는 713두를 대상으로 분석을 수행했기 때문이라고 할 수 있다. 본 연구 또한 총 713을 가지고 지금까지의 연구들 중에 가장 많은 시료를 가지고 연구하였지만 각 도의 브랜드별 분석 대상 두수를 더욱 늘려 보다 정확한 분석이 차후에 진행되어야 할 것으로 사료되었다.

한편, F-statistic 검정 결과 각 브랜드 집단의 FIS 수치가 0.021에서 0.08의 범위로 나타났다. 또한 이형접합율 사이에 고도의 유의성($P < 0.01$)을 보여 관측 이형접합율에 비해 기대 이형접합율 수치가 모두 높게 추정된 것으로 사료되었으며, 대체로 브랜드 집단내 동질성이 높아 집단간 기대 이형접합율의 차이도 적은 것으로 판단되었다. 관찰된 대립유전자들의 평균수(mean number of alleles : MNA)는 경기도와 경상남도에서 낮게 나타났으며, 전라북도, 전라남도 그리고 경상북도에서 높은 수치를 보였는데 이 또한 조사된 한우 집단의 크기 및 지리적인 차이에 기인한 것으로 사료되었다.

Table 3에는 각 도의 브랜드에 따른 각 대립유전자별 출현 빈도를 계산하여 제시하였다. ETH225의 142번 대립유전자는 경기도의 AS

Table 2. Expected, observed heterozygosity (Hz), gene differentiation within population (F_{IS}), and mean number of alleles (MNA) observed across 11 microsatellite loci in nine Hanwoo brand population of six regional areas

Areas	Brand	Pop. size	Heterozygosity		F_{IS}	MNA \pm S.E.
			Exp Hz \pm S.E.	Obs Hz \pm S.E.		
KG	AS	42	0.770 \pm 0.0191	0.712 \pm 0.0211	0.075*	8.55 \pm 3.83
	YP	43	0.770 \pm 0.0228	0.753 \pm 0.0198	0.022**	8.55 \pm 3.56
KW	PG	69	0.773 \pm 0.0210	0.746 \pm 0.0158	0.036*	10.55 \pm 4.13
	HS	88	0.756 \pm 0.0263	0.695 \pm 0.0148	0.080*	9.55 \pm 4.32
CEB	JS	119	0.772 \pm 0.0222	0.729 \pm 0.0123	0.056*	10.36 \pm 5.01
CEN	SJ	107	0.766 \pm 0.0229	0.739 \pm 0.0128	0.036*	10.00 \pm 4.54
KYB	DG	132	0.758 \pm 0.0247	0.723 \pm 0.0117	0.047*	11.27 \pm 5.02
KYN	HD	56	0.760 \pm 0.0254	0.744 \pm 0.0176	0.021**	8.73 \pm 3.80
	NH	57	0.759 \pm 0.0258	0.702 \pm 0.0183	0.076*	9.45 \pm 4.25
Total		713	0.765 \pm 0.0234	0.727 \pm 0.0160	0.050*	9.67 \pm 4.27

KG: KyongGi, KW: KangWon, CEB: CheonBuk, CEN: CheonNam, KYB: KyongBuk, KYN: KyongNam.
*: $p < 0.01$. **: $p < 0.05$. Level of significance: 95% (1,000 Bootstraps).

Table 3. Allele frequencies at 11 microsatellite markers in nine Hanwoo brands of six regional areas.

Locus	Population									Locus	Population								
	KG			KW			CEB				CEN			KYB			KYN		
	AS	YP	PG	HS	JS	SJ	DG	HD	NH		AS	YP	PG	HS	JS	SJ	DG	HD	NH
BM1824										ETH3									
180	2.38	2.33	4.35	3.41	1.68	3.27	1.89	1.79	2.63	115	26.19	27.91	30.43	31.82	27.73	21.96	36.36	34.82	35.96
182	48.81	45.35	42.75	48.30	49.58	44.39	48.48	43.75	50.88	117	30.95	23.26	24.64	29.55	29.83	29.44	25.00	20.54	27.19
184	21.43	26.74	28.99	30.68	29.83	24.30	21.21	24.11	25.44	119	10.71	8.14	9.42	6.25	7.56	9.35	7.58	5.36	6.14
186	4.76	3.49	6.52	5.68	4.62	5.61	4.55	17.86	7.02	123	17.86	24.42	21.01	16.48	17.23	21.03	17.42	11.61	14.91
190	22.62	22.09	15.94	10.80	13.87	21.96	21.97	12.50	13.16	125	14.29	16.28	11.59	15.91	17.23	17.76	12.50	26.79	15.79
BM2113										ETH10									
123	3.57	2.33	1.45	0.00	1.68	1.40	0.76	1.79	1.75	207	1.19	0.00	0.00	2.27	0.84	0.93	0.00	0.89	0.00
125	3.57	3.49	5.80	2.84	5.46	2.80	1.52	0.89	4.39	209	0.00	0.00	1.45	1.14	2.94	0.93	0.76	0.00	0.88
129	0.00	1.16	0.72	1.70	1.26	0.93	0.38	0.00	0.00	211	2.38	0.00	2.90	0.00	0.84	2.34	1.14	0.00	0.88
131	8.33	9.30	10.14	11.93	10.92	8.88	8.33	9.82	8.77	215	26.19	29.07	28.99	30.68	21.43	28.97	34.47	25.89	18.42
133	32.14	24.42	26.09	22.16	23.53	24.77	21.59	21.43	14.91	217	34.52	29.07	37.68	33.52	43.28	34.11	34.09	30.36	37.72
135	14.29	8.14	17.39	15.91	20.59	17.76	17.42	16.07	18.42	219	17.86	24.42	15.94	14.77	15.97	14.95	15.53	14.29	20.18
137	38.10	50.00	36.96	42.05	35.71	42.99	48.11	47.32	49.12	221	1.19	2.33	0.72	3.98	2.10	1.87	1.52	5.36	5.26
139	0.00	1.16	1.45	2.27	0.84	0.47	1.52	2.68	2.63	223	16.67	15.12	12.32	13.07	12.61	15.89	12.50	23.21	16.67
ETH225										TGLA227									
136	0.00	0.00	3.62	1.14	2.52	0.93	0.38	0.89	0.88	78	5.95	4.65	5.80	9.09	5.88	5.61	3.41	5.36	2.63
138	0.00	2.33	0.72	0.57	0.84	0.93	0.76	0.00	0.00	82	7.14	20.93	13.77	20.45	23.95	18.69	16.29	22.32	22.81
140	44.05	47.67	51.45	55.68	45.38	53.74	50.76	49.11	57.02	84	4.76	9.30	16.67	11.93	11.76	9.35	13.26	12.50	20.18
142	16.67	13.95	13.04	7.95	13.45	11.68	10.61	14.29	9.65	86	8.33	5.81	6.52	6.25	8.40	8.41	9.09	10.71	2.63
144	22.62	23.26	14.49	22.73	23.95	20.56	22.73	21.43	18.42	88	0.00	0.00	0.72	1.14	2.10	1.40	0.38	0.89	0.88
146	11.90	5.81	7.97	8.52	8.40	7.01	9.09	10.71	12.28	94	11.90	22.09	19.57	10.80	12.61	11.68	18.94	11.61	8.77
148	2.38	0.00	2.90	1.70	0.84	1.40	1.89	0.89	0.88	96	28.57	17.44	13.77	19.89	11.76	21.03	12.88	17.86	18.42
156	1.19	6.98	3.62	1.14	2.94	3.27	2.65	2.68	0.88	98	0.00	1.16	1.45	2.27	2.10	1.87	1.52	2.68	2.63
160	1.19	0.00	1.45	0.57	1.68	0.47	1.14	0.00	0.00	100	28.57	15.12	18.12	16.48	15.97	18.69	20.45	13.39	15.79
TGLA126										SPS115									
115	8.33	0.00	2.90	2.27	2.52	0.00	1.89	1.79	1.75	244	41.67	30.23	39.86	42.61	37.39	34.58	31.82	40.18	32.46
117	48.81	51.16	53.62	55.11	48.32	49.07	53.79	57.14	50.88	246	9.52	4.65	11.59	2.27	5.46	5.61	5.30	5.36	4.39
119	11.90	11.63	14.49	15.34	11.76	11.21	13.64	9.82	16.67	248	7.14	15.12	10.14	13.07	12.61	15.89	18.56	4.46	14.91
123	9.52	8.14	11.59	9.09	9.24	7.94	7.20	5.36	10.53	250	9.52	12.79	8.70	17.61	10.92	13.55	15.15	19.64	15.79
125	20.24	20.93	13.04	14.77	22.69	26.64	18.94	24.11	18.42	252	22.62	22.09	21.01	17.05	20.59	16.36	18.94	20.54	23.68
127	1.19	3.49	2.90	2.84	4.62	3.74	1.89	0.00	0.00	256	9.52	13.95	8.70	7.39	13.03	14.02	9.47	8.93	7.89
TGLA53										TGLA122									
151	0.00	1.16	2.17	1.70	1.68	1.40	1.52	0.89	0.88	134	7.14	8.14	9.42	9.66	8.40	11.21	8.33	5.36	5.26
153	4.76	2.33	2.90	2.84	3.78	3.74	2.27	4.46	3.51	140	16.67	12.79	9.42	13.64	15.55	13.55	15.15	15.18	15.79
155	1.19	1.16	2.17	0.57	2.52	1.40	0.76	0.00	2.63	142	4.76	3.49	1.45	5.11	2.10	4.21	4.17	1.79	4.39
157	1.19	1.16	0.00	0.57	0.42	0.47	0.38	6.25	0.88	144	10.71	12.79	13.77	14.77	11.76	14.95	12.50	14.29	13.16
159	32.14	26.74	32.61	31.25	31.51	32.24	29.55	25.89	27.19	146	10.71	10.47	16.67	18.75	12.61	13.08	17.42	14.29	21.05
161	2.38	3.49	5.80	3.98	2.94	1.87	2.27	9.82	2.63	148	0.00	1.16	0.00	0.57	0.84	0.47	0.00	0.89	0.88
163	4.76	6.98	5.07	6.25	4.20	3.27	9.09	6.25	0.00	152	28.57	25.58	28.99	13.07	25.63	21.96	17.80	24.11	22.81
165	0.00	0.00	0.72	1.14	0.84	1.40	1.14	0.00	2.63	154	7.14	9.30	6.52	5.68	7.14	4.67	5.68	3.57	8.77
167	13.10	22.09	21.01	18.18	14.71	17.76	21.97	17.86	16.67	164	4.76	6.98	3.62	4.55	5.46	3.74	5.30	6.25	3.51
169	5.95	6.98	4.35	5.68	8.82	5.14	4.92	4.46	7.89	168	0.00	1.16	1.45	1.14	0.84	0.93	0.38	1.79	0.88
171	2.38	4.65	3.62	0.00	4.20	1.40	1.89	4.46	4.39	176	1.19	1.16	0.72	1.14	2.94	2.34	2.65	0.89	0.00
173	0.00	0.00	1.45	2.84	2.94	3.27	3.79	1.79	1.75	182	5.95	4.65	4.35	7.95	2.52	5.61	6.82	10.71	1.75
INRA23																			
197	2.38	2.33	5.07	6.25	4.62	3.74	3.41	1.79	2.63										
199	5.95	0.00	2.90	5.11	5.46	2.34	3.03	3.57	1.75										
201	0.00	0.00	1.45	1.14	3.36	0.93	1.52	2.68	4.39										
203	3.57	4.65	1.45	1.70	1.26	1.87	1.14	2.68	1.75										
205	34.52	36.05	28.99	31.82	32.35	34.58	34.47	33.93	21.05										
207	20.24	20.93	17.39	24.43	22.27	19.63	20.45	30.36	27.19										
209	4.76	5.81	3.62	4.55	3.78	5.14	2.27	4.46	4.39										
211	9.52	5.81	7.25	2.27	10.50	6.54	4.55	3.57	6.14										
213	10.71	19.77	15.94	21.02	14.29	21.96	19.70	16.07	22.81										
215	1.19	0.00	2.90	1.70	1.68	1.40	0.38	0.00	2.63										

KG: KyongGi, KW: KangWon, CEB: CheonBuk, CEN: CheonNam, KYB: KyongBuk, KYN: KyongNam.

브랜드에서 최대인 16.67의 빈도를 보였으며, 강원도의 HS 브랜드에서 최소인 7.95의 출현빈도를 나타내었다. 이와 같이 특정 대립유전자가 특정 지역 집단에서 높은 출현 빈도를 나타내는 것으로서 집단간의 유전적 특징을 구별하는 지표로 활용될 수 있다. 경상남도의 NH 브랜드의 경우에서 BM1824의 186번 대립유전자의 출현 빈도가 50.88로 높게 나타나고 있고, 그 외의 다른 도의 브랜드의 경우에도 42.75에서 49.58까지의 비교적 높은 출현 양상을 보였다. 그리고 나머지 지역의 마커별 대립유전자 출현 빈도가 각 지역 브랜드별로 서로 다른 특성을 지니고 있음이 일부 나타났지만, 대부분의 대립유전자에 있어 브랜드 집단별로 유사한 분포 특성을 보이고 있는 것으로 확인되었다.

2. 유전적 유연관계 분석

각 도의 브랜드 집단간의 유전적 유연관계를 조사하기 위하여 microsatellite marker별 대립유전자들의 출현 빈도를 근거로 하여 Nei's (1983)의 공식을 이용한 집단간 유전적 거리 (DA genetic distances)에 대한 추정값과 각 집단들 사이에서 유전적 분화정도를 나타내는 F_{ST} 값과 F로부터 유전자 흐름(gene flow; Nm) 정도를 구하였으며 이를 Table 4에 제시하였다. 전

라북도의 브랜드 (JS)와 전라남도의 브랜드 (SJ) 간의 유전적거리가 0.0143으로 가장 가까운 것으로 나타났으며, 경기도 (AS, YP)와 경상남도 (NH)간의 유전적거리가 각각 0.0493과 0.0489로 다른 집단에 비해 멀리 떨어져 있음이 확인되었다. 그리고 전라남도의 브랜드 (SJ) 집단이 다른 도의 브랜드집단들과 상대적으로 가까운 유전적 거리를 보였다. 각 도의 브랜드간의 유전적 거리가 0.0143에서 0.0493으로 분석되어 김 등 (2001), 윤 등 (2005)의 보고를 참고하여 볼 때, 각 브랜드 집단이 유전적으로 비교적 가까운 거리를 나타내는 것을 알 수 있었다. 또한 집단간 유전적 분화정도를 나타내는 F_{ST} 값은 DA 값에 비해 낮게 나타났으나, 유사한 경향을 보여주었다. 이는 현재까지 진행되어온 국가 단위 보증종모우의 선발 및 공급 체계에 의해 국내 한우 유전자원의 이동이 비교적 활발히 일어나 유전적 균일화가 진행되었다는 결과로 설명되어질 수 있다.

DA genetic distance matrix를 근거로 하여 UPGMA clustering 방법을 통해 지역 브랜드별 계통지도를 작성하였다 (Fig. 1). 여기서 계통발생학적 유연관계를 분석할 때 분지될 수 있는 신뢰도 (degree of confidence)를 나타내는 bootstraps values는 1,000회의 반복실험을 통한 백분율로서 각 cluster의 꼭지점에 표기하였다. Fig.

Table 4. Nei's (1983) DA genetic distance(below diagonal) and gene differentiation (F_{ST}) between each pair of nine brand populations. Above the diagonal F_{ST} values

	PG	AS	YP	DG	HS	JS	SJ	HD	NH
PG	-	-0.0003	-0.0007	0.0012	0.0009	0.0003	0.0011	0.0044	0.0029
AS	0.0417	-	-0.0004	0.0038	0.0037	0.0010	-0.0004	0.0043	0.0067
YP	0.0413	0.0446	-	-0.0022	0.0014	0.0010	-0.0026	0.0011	0.0023
DG	0.0227	0.0388	0.0302	-	0.0009	0.0042	0.0011	0.0040	0.0035
HS	0.0321	0.0433	0.0402	0.0232	-	0.0023	0.0005	0.0011	0.0003
JS	0.0221	0.0372	0.0389	0.0249	0.0214	-	0.0009	0.0039	0.0027
SJ	0.0254	0.0337	0.0289	0.0205	0.0191	0.0143	-	0.0032	0.0032
HD	0.0439	0.0433	0.0403	0.0353	0.0288	0.032	0.0295	-	0.0019
NH	0.0413	0.0493	0.0489	0.0408	0.0335	0.0316	0.0318	0.0362	-

KyongGi: AS, YP, KangWon: PG, HS, CheonBuk: JS, CheonNam: SJ, KyongBuk: DG, KyongNam: HD, NH. Level of significance: 95% (1,000 Bootstraps)

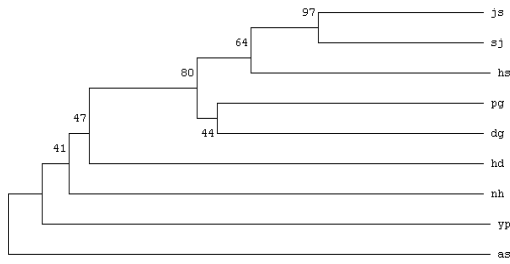


Fig. 1. UPGMA Phylogenetic trees showing the benetic relationships among 9 brand based on DA genetic distance. The numbers indicate bootstrap values in percentage after 1,000 resampling. KyongGi: AS, YP, KangWon: PG, HS, CheonBuk: JS, CheonNam: SJ, KyongBuk: DG, KyongNam: HD, NH.

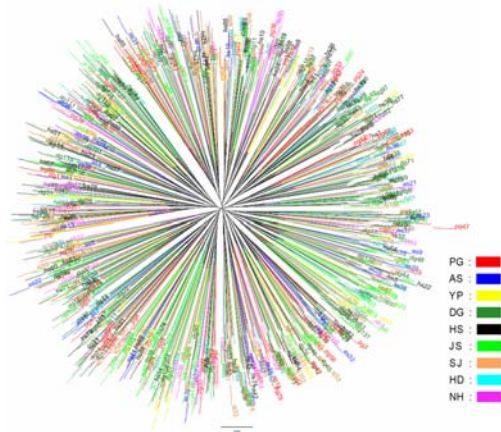


Fig. 2. A neighbor-joining dendrogram was constructed from allele-sharing distances among 713 individuals in nine Hanwoo brands of six regional areas.

1의 UPGMA 계통지도에서 전라북도, 전라남도, 강원도 그리고 경상북도의 브랜드들이 bootstrapping 결과로 한 그룹내에 80%의 지지율로 위치하였으며, Table 4의 DA distances의 결과와 더불어 이 4개 도에 속한 5개의 브랜드 개체의 조상들간에 유전적 고립이 있지 않았고 집단간 유전자의 유출입이 활발히 일어났음을 의미하는 것이었다. 또한 각 도별로 브랜드가 분류되는 경향을 보였는데 이는 지리적으로 가까운 지역간에 종모우의 정액뿐만 아니라 암소나 송아지의 이동에 의한 gene flow가 상대적으로 거리가 먼 지역들에 비해 활발히 진행되었기 때문이었다. 그러나 보다 정확한 각 지역 브랜드별 분류에 대한 평가를 위해서 본 연구에서 이용된 두수보다 더 많은 도에 속한 지역브랜드별 분석 대상 두수를 분석하여 연구가 진행될 때에 정확한 결과를 추정할 수 있을 것으로 사료되었다.

조사된 각 도의 브랜드 집단의 개체별 유연관계에 대해 더욱 확실하게 알아보기 위해서 Phylip package v.3.0에서 Neighbor-Joining clustering 방법을 이용하여 지역 브랜드의 모든 한우들에 대한 개체별 phylogenetic dendrogram을 그려 Fig. 2에 제시하였다. Fig. 2와 같이 각 개체들이 별개의 집단으로 분지됨이 없이 고루고루 흩어져 분포되는 것이 확인되었다. 이 결과는 앞의 Fig. 1의 결과에서 몇몇 도의 브랜드가 서로 분

리되는 경향이 존재했지만 대립유전자별 출현 빈도가 매우 유사하게 산출되었고 각 집단간의 유전적 거리의 추정치간의 차이가 미비하고 오차가 커서 각 도의 브랜드 집단의 한우들 간에 유전적으로 크게 차별화가 진행되지 않았음이 확인되었다.

최근까지 타 품종들간의 유연관계를 규명하고자 많은 연구가 보고되어 왔지만(윤 등, 2005; Lee and Pollak, 2002; 김 등, 2001; 정 등, 2001) 국내의 한우들에 대한 지역 브랜드별 유전적 특성 및 유연관계에 대한 연구는 미비한 실정이다. 최근 급격한 경쟁체제에서 한우 산업의 가장 핵심은 지역별 특화 브랜드 사업이다. 하지만 이를 위한 기초적인 각 지역의 유전자원에 대한 자료가 거의 없는 상태이다. 그리고 한우산업에 있어 각 지역별로 차별적인 브랜드화를 하더라도 종모우 정액(Korean Proven Bull No., KPN)을 공유하여 사용하며, 농가들의 특정 정액에 대한 선호도가 높을 뿐만 아니라 브랜드간에 송아지의 이동이 존재하고 있는 현실에서는 브랜드별로 특화된 유전적 다양성에 대한 차별화가 진행되기 어렵다고 판단되었다. 즉, 현재 각 지역 브랜드별로 생산의 안정화, 품질 및 유통관리 등의 marketing brand로서의 차별화는 신속하게 이루어지고 있지만, 진정한

의미의 유전적 차별화는 거의 진행되고 있지 않다는 점을 시사하는 것이었다. 따라서 본 연구에서 얻어진 결론들은 각 도의 유전자원 개량사업과 지역 특화 브랜드 육성 전략 수립을 위한 전 단계인 브랜드별 유전적 다양성의 현황 파악을 위한 기초자료로서 활용될 것으로 사료된다. 또한 앞으로 지역브랜드별 특성화를 이루기 위한 소비촉진과 국제적 경쟁력 향상을 위해서는 현행 수소 위주의 육질 및 육량 등의 개량을 지속적으로 진행함과 동시에 추가적인 '개량 목표의 다양성'을 제시해야 함이 필수적이며, 이를 위한 여러 전략중의 하나로서 각 도의 한우 브랜드별로 뚜렷한 identity 구축을 위해서는 우량 암소 (Elite cow)에 대한 개량이 필히 이루어져야 할 것이다.

VI. 요약

본 연구는 11개 microsatellite marker를 이용하여 국내 6개 지역의 9개 한우 브랜드의 총 713두의 한우 (Korean Native Cattle : Hanwoo)에 대한 유전적 다양성과 지역별 유전적 유연관계를 조사하기 위해 실시했다. Marker별 대립유전자의 size는 축산물등급판정소에서 ABI Stock Marker™를 사용해서 ABI 3130기종에서 실험한 뒤 GeneMapper Software v.4.0을 이용해 결정하여 분석에 이용하였다. 대립유전자의 빈도는 이형질성, 유전적 다양성과 유전적 거리의 추정에 이용되었다. Microsatellite loci는 높은 다형성을 보였고, 모든 좌위에서 총 163개가 검출되었다. 대부분의 microsatellite marker에서 대립유전자별 출현 빈도 결과가 서로 유사한 값으로 나타났으며 이는 각 브랜드 집단간에 여러 allele을 다수 공유하고 있다는 것을 의미한다. 그리고 각 브랜드 집단간의 기대되는 이형접합율은 매우 비슷하게 추정되었으며 전체 한우집단의 평균 기대 이형접합율은 0.765로 나타나 유럽과 북미대륙, 스페인의 다른 품종들에 비해 상당히 높은 다양성을 보유하고 있었다. 전북지역의 브랜드 (JS)와 전남지역의 브랜드 (SJ)간의 유전적 거리는 0.0143으로 가장 가까운 것으로 나타났으며, 경기지역 (AS, YP)과

경남지역 (NH)간의 유전적거리가 각각 0.0493과 0.0489로 다른 집단에 비해 멀리 떨어져 있었다. 그리고 전남지역의 브랜드 (SJ) 집단이 다른 지역의 브랜드집단들과 상대적으로 가까운 유전적 거리를 보였다. UPGMA tree에서는 지역별로 브랜드 집단이 분리되는 경향을 보였다. 이는 현재까지 진행되어온 국가 단위 보증종모우의 선발 및 공급 체계에 의해 지역간에 국내 한우 유전자원의 이동이 비교적 활발히 일어나 유전적 균일화가 진행되었기 때문에 기인한 결과라고 할 수 있다. 또한 지리적으로 근접한 지역간에 송아지의 유출입에 의한 영향이 있음이 확인되었다. 각 브랜드의 모든 한우에 대한 개체별 계통지도 (phylogenetic dendrogram)에서도 각 개체들이 별개의 특별한 집단으로 분지됨이 없이 고르게 산재되어 섞여있었다.

V. 사 사

본 연구는 농림부 농림기술개발사업 (TDPAF)의 지원에 의해 이루어진 것이며, 연구에 이용된 자료를 제공해주신 축산물등급판정소 및 6개 지역의 9개 한우 브랜드의 관계자분들께 진심으로 깊은 감사를 드립니다.

VI. 인용 문헌

1. Barker, J. S. F., Tan, S. G., Selvaraj, O. S. and Mukherjee, T. K. 1997. Genetic variation within and relationships among populations of Asian water buffalo (*Bubalus bubalis*). *Anim. Genet.* 28: 1-13.
2. Blott, S. C., Williams, J. L. and Haley, C. S. 1999. Discriminating among cattle breeds using genetic markers. *Heredity* 82:613-619.
3. Bjornstad, G., Nilsen, N. O. and Roed, K. H. 2003. Genetic relationship between Mongolian and Norwegian horses. *Anim. Genet.* 34:55-58.
4. David botstein, Raymond L. White, Mark Skolnick, and Ronald W. Davis. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am. J. Hum.*

- Genet. 32:314-331.
5. Hanslik S, Harr B, Brem G. and Schlotterer, C. 2002. Microsatellite analysis reveals substantial genetic differentiation between contemporary New World and Old World Holstein Friesian populations. *Anim. Genet.* 31:31-38.
 6. IHGSC (international Human Genome Sequencing Consortium). 2001. Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature* 409:860-921.
 7. Kim, K. S., Yeo, J. S. and Choi, C. B. 2002. Genetic diversity of north-east Asian cattle based on microsatellite data. *Anim. Genet.* 33:201-204.
 8. 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.
 9. Martin-Burriel, I, Garcia-Muro, E. and Zaragoza, P. 1999. Genetic diversity analysis of six Spanish native cattle breeds using microsatellites. *Anim. Genet.* 30:177-182.
 10. Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *Anim. Nat.* 106:283-297.
 11. Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals, *Genet* 89:583-590.
 12. Nei, M., Taima, F. and Tateno, Y. 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *J. Mol. Evol.* 19:153-170.
 13. Ota, T. 1993. DINPAN. Pennsylvania State University, PA. USA.
 14. Park, D. D. E. 2000. Microsatellite Toolkit For MS Excel 97 or 2000. (in personnel communication).
 15. Saitou, N. and Nei, M. 1987. The neighbor-joining method: A new method for reconstruction phylogenetic tree. *Mol. Biol.* 4:406-425.
 16. Sneath, P. H. A. and Sokal, R. R. 1973. *Numerical Taxonomy*. Freeman, San Francisco.
 17. 김경석, 엄지현, 최창본. 2001. Microsatellite 분석을 통한 한우의 유전적 다양성. *한국동물자원과학회지* 43(5):599-608.
 18. 신원집, 신수길, 정진우, 김재우, 이지홍, 여정수. 1999. DNA 분석을 통한 한우, 연변황우 및 화우의 유전적 특성, *한축지.* 41(4):405-410.
 19. 신형두, 이득환, 신언익, 양일석, 권종국. 1993. 혈액단백다형에 의한 지역별 한우의 유전거리에 관한 연구 *한축지.* 35(5):347-353.
 20. 육종룡, 김환경, 박향균, 윤희섭, 설동섭, 정창국. 1985. *한우*. 향문사
 21. 윤두학. 2002. 한우의 분자유전학적 특성 구명을 위한 유전적 다양성 분석과 육질관련 표지유전자 개발. 고려대학교 박사학위논문.
 22. 윤두학, 박응우, 이승환, 이학교, 오성종, 정일정, 홍기창. 2005. Microsatellite loci 분석에 의한 한우와 타 품종간의 유전적 유연관계. *한국동물자원과학회지* 47(3):341-354.
 23. 정의룡, 김우태, 김연수, 한상기. 2000. AFLP marker를 이용한 한우의 유전자 지문 분석. *한국동물자원과학회지* 42(1):35-44.
 24. 정의룡, 김우태, 김연수, 한상기. 2001. VNTR Marker를 이용한 한우의 유전적 다양성 및 친자 감별. *한국동물자원과학회지* 43(1):35-44.
 25. 한상기, 정의룡, 양교석, 신유철. 1991. 한우개량을 위한 유단백질의 유전적 다형현상에 관한 연구. *한축지.* 33(2):111-120.
 26. 한상기, 윤희섭, 정의룡, 신유철, 변희대. 1995. 재래한우의 보존을 위한 혈청 및 혈구단백질의 유전적 다형현상. *한축지.* 37(1):43-51.
 27. 한성욱. 1996. *가축의 품종*. 선진문화사. 서울. (접수일자 : 2008. 2. 18. / 채택일자 : 2008. 4. 16.)