

한우 종모우와 지역별 한우 집단의 유연관계와 유전적 구조 분석

오재돈 · 전광주¹ · 이학교¹ · 조병욱² · 이미랑² · 공홍식^{1*}

농촌진흥청 축산과학원 가금과, ¹한경대학교 유전정보연구소, ²부산대학교 생명자원과학대학 동물생명전공/동물곤충특성화사업단

Received September 8, 2008 / Accepted October 24, 2008

Genetic Relationship between Populations and Analysis of Genetic Structure in Hanwoo Proven and Regional Area Populations. Jae-Don Oh, Gwang-Joo Jeon¹, Hak-Kyo Lee¹, Byung-Wook Cho², Mi-Rang Lee² and Hong-Sik Kong^{1*}. Poultry Science Division, National Institute of Animal Science, RDA, Korea, ¹Genomic Informatics Center, Hankyong National University, ²School of Bio-Resources and PNU-special Animal Biotechnology Center, Pusan National University, Republic of Korea - Seven populations of 586 Hanwoo have been characterized by using 10 microsatellite DNA markers. Size of microsatellite markers decided using GeneMapper Software (v.4.0) after analyze in kinds of ABI machine of name of 3130. Frequencies of microsatellites markers were used to estimate heterozygosities and genetic distances. Genetic distances between populations were obtained using Nei's DA distance method. Expected heterozygosity between each population was estimated very analogously. Genetic distances (0.0413) between Kangwan (KW) and Gyonggi (GG), Jeonpuk (JP) were nearest than distances between other populations by 0.021. Genetic distances between Gyonggi (GG) and Kyongpuk (KP) showed far distance than other populations by 0.032. In the UPGMA tree that is made based on DA distance matrix. Each individuals were not ramified to different group and were spread evenly in phylogenetic dendrogram about all Hanwoo of each regional area populations. But Hanwoo proven population was ramified to different group.

Key words : Hanwoo, genetic relationship, microsatellite marker

서 론

한우(Hanwoo, Korean cattle, *Bos taurus Coreanae*)는 한민족의 형성 및 이동과 밀접한 관계를 가지면서 한반도에 이주, 정착했을 것이라 추정되며, 약 4천여년전에 유럽계 품종(*Bos taurus*)과 인도계 품종(*Bos zebu*)이 중국 대륙 북부의 외몽고 등지에서 교잡되어 중국대륙, 몽고, 만주등을 거쳐 한반도에 전래되었을 것으로 그 기원을 추정하고 있다. 하지만 최근 그 교잡설에 대한 의문을 제기할 만한 연구들이 보고되고 있다 [20]. 한우는 고유의 재래가축이며 국내에 몇 안되는 고유 품종으로 현재까지 많은 관심을 받고 있으며 산업적으로도 그 가치가 꾸준히 높아지고 있다. 이러한 이유에서 한우는 차별성과 순수성을 유지하면서 능력을 개량하기 위해 꾸준한 노력이 진행되어 왔다. 한우의 순수성 유지와 능력 개량을 위한 방법의 일환으로 보증종모우를 선발하여 활용하고 있다. 보증종모우는 유전적으로 능력이 우수한 씨소를 선발하여 활용함으로써 순수한 혈통 보존과 동시에 능력을 개량하기 위한 방법이다. 보증종모우는 당대검정과 후대검정을 실시하여 선발하고 있다. 따라서 한우에 있어 유전적 차별화와 순수성은 매우 중요한 요소 중 하나라 할 수 있다. 이에 맞추어 현재까지 한우의 유전적 특성 및 다양성 분석[10], 혈액 및 유단백질 연구 [8,9,20] 품종 형성과정[6,7,10,21], 타 품종들과의 유전적 유연

관계 분석등의 연구가 진행되어 왔으며 여러 접근방법을 통해 유전적 특성과 차별성에 대해 연구가 진행되고 있다. 또한 세계 각국은 1990년대 중반부터 자국 재래가축의 유전적 다양성, 유래와 계통, 유전적 특성, 보존 등의 목적을 위하여 microsatellite marker를 널리 이용하여 왔다[1,3,14]. Microsatellite는 생물체의 게놈에 존재하는 단순염기서열들의 수많은 반복들을 치칭하는 것으로, 짧고 단순하며 반복적인 염기형태로 척수동물 genome 전체에 걸쳐 풍부하게 분포되어 있다 [2,3,12,13,18]. Microsatellite는 세대 당 10^4 이상의 높은 돌연변이율을 가지며 집단에 따라 높은 이형성을 가지고 있다. 이러한 특성은 집단 내에서 뿐 아니라 개체수준에서 특이적인 다형성과 공유성을 나타내게 되어 인간을 비롯한 동물과 식물 등에 유전적 다양성에 대한 정보는 물론 유전자지도 작성에 유용한 도구로 사용되어 지고 있다.

따라서 본 연구는 Microsatellite를 이용하여 국내 한우 집단과 보증종모우 집단 간의 유전적 거리추정 및 계통지도의 작성을 통해 보증종모우 집단과 한우집단의 유전적 특성과 유연관계를 분석하고 순수성 보존과 능력의 개량하는데 있어 기초 자료로 활용하고자 실시하였다.

재료 및 방법

공시 재료

공시재료로는 한우 지역별 586두(경기: 100, 전남: 100, 전북: 100, 경남: 100, 경북:86, 강원: 100), 종모우집단 39두의 조

*Corresponding author

Tel : +82-31-670-5334, Fax : +82-31-675-5331
E-mail : kebinkhs@empal.com

직 및 정액에서 genomic DNA를 분리하여 본 실험에 공시재료로 이용하였다.

Microsatellite marker의 PCR 증폭

본 연구는 소의 염색체 상에 존재하는 10개의 microsatellite marker의 유전자형을 분석하여 활용하였다. Microsatellite marker의 유전자형을 결정하기 위하여 multiplex PCR을 수행하였다. GeneAmp 9700 (Applied Biosystems)에서 각 반응액의 총량을 15 μ l PCR reaction으로 하고 약 10~100 ng/ μ l template DNA, 20 ng each primer, 1.25 mM each of dNTP, 0.5 U, of Taq DNA polymerases (AmpliAmp Gold with GeneAmp)과 3 μ 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 MgCl₂)을 이용하여 95°C에서 10분간 첫 반응을 시작하여, 94°C에서 45초, 각 microsatellites marker의 조건 따라 55~61°C에서 45초, 72°C에서 1분으로 31회 반복반응을 실시하고 신장 반응은 72°C에서 60분간 실시하고 마지막으로 25°C에서 2시간 실시하여 종료하였다.

Microsatellite 유전자형 분석

PCR을 수행한 후 증폭산물들을 2%의 agarose gel에 전기영동하고 그 결과에 따라 희석배율을 정하고 희석배율에 따라 Formamide를 이용하여 희석하고, 다시 Formamide와 GenescanTM -500 ROXTM standard를 잘 혼합하여 ABI 3130XL DNA sequencer (Applied Biosystems)를 사용하였다. Foundation Data Collection (version 3.0)을 사용하여 Plate manage 및 Run schedule을 정하고 PCR 단편들의 크기를 3차원 최소자승법(Third order least squares method)으로 분석하였고, Genemapper (version 3.7)을 이용하여 microsatellites loci별 대립유전자들의 정확한 크기를 결정하였다.

통계 분석 및 집단 간 유연관계 분석

MS marker별 유전자형 data를 Tow-column diploid format의 file로 변환시킨 뒤 MS Tool Kit S/W [17]를 이용하여 각 좌위별 관측 이형질성(Observed heterozygosity), 대립유전자의 빈도 및 품종별 대립유전자의 빈도를 산출하였다. 품종별 유전적 다양성을 알아보기 위해 Hardy_Weinberg 법칙을 이용한 MS marker에 따른 기대이형질성(expected heterozygosity) 및 유전자 좌위의 다형성 정보량(polymorphism information content: PIC)[5]을 계산하였다.

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

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

k: 대립유전자의 수

P_i, P_j: i 번째와 j 번째의 대립유전자의 빈도

Het_E: 기대이형질성(expected heterozygosity)

PIC: 다형성 정보량(polymorphism information content)

집단간 유연관계 분석을 위한 Da genetic distances의 추정은[15] 등 (1983)의 방법을 사용하는 집단유전학 분석프로그램인 DISPAN [16] package를 이용하여 계산하였으며, DISPAN을 이용하여 UPGMA (unweighted pair-group method with arithmetic average) [19,22] 방법을 통해 집단간의 유전적 거리를 근거로 한 phylogenetic tree를 작성하였다. 전체집단의 개체별 유전적거리의 추정치를 근거로 하여 모든 개체간의 Neighbor-Joining phylogenetic dendrogram를 작성은 simple allele-sharing 측정 수준을 통하여 개체별 대립유전자의 빈도를 근거로 집단유전학적 분석 프로그램인 Phylip v.3.65를 이용하였다.

결과 및 고찰

6개 지역의 한우 586두(경기: 100, 전남: 100, 전북: 100, 경남: 100, 경북:86, 강원: 100)와 보증종모우집단 39두를 대상으로 10개의 microsatellite(MS) marker들을 이용해 대립유전자 및 유전자형을 분석하였다. Table 1은 각 MS marker의 유전자형을 분석하여 집단별 기대이형접합도와 관측된 이형접합도를 제시하였다. 분석된 결과 기대이형접합도에서 강원지역(KW)의 TGLA53에서 0.901로 가장 높게 검출된 반면 TGLA125에서는 가장 낮은 0.632로 검출되었다. 관측된 이형접합도에서는 TGLA227의 종모우집단에서 가장 높은 0.923으로 나타났으며 가장 낮은 값은 TGLG125의 경남지역(KN)과 TGLA53의 전북지역(JP)에서 모두 0.580으로 검출되었다. TGLA227의 경우 6개의 집단(경기, 전남, 전북, 경북, 강원, 종모우) 내에서 각각 가장 높은 관측된 이형접합도를 나타내고 있음을 확인 하였다. Table 2에서는 다형성정보량(Polymorphism Information Content: PIC)의 분석 결과를 제시하였다. 분석된 결과 강원지역(KW)의 TGLA53에서 0.888로 가장 높게 검출된 반면 TGLA125에서는 가장 낮은 0.589로 검출되었으며 이는 관측된 이형접합도와 일치하는 모습을 확인할 수 있었다. TGLA53의 경우는 4개의 집단(전남, 경남, 경북, 강원)에서 각각 가장 높은 다형성정보량을 지니고 있는 것으로 나타났으며 TGLA125의 경우는 4개의 집단(전남, 경북, 강원, 종모우)에서 각각 가장 낮은 다형성정보량을 나타낸 것을 확인하였다. 종모우 집단에서 TGLA227의 경우 관측된 이형접합도가 0.923으로 전체 집단에서 가장 높게 나타난 반면 다형성정보량의 값이 0.783으로 상대적으로 낮게 나타난 것을 확인할 수 있었다. 또한 종모우 집단에서 전반적으로 이형접합도에 비해 다형성정보량이 상대적으로 낮게 나타났음을 확인할 수 있었다. 이는 집단 내에 특정한

Table 1. Expected and observed heterozygosity obtained from 10 microsatellites in 7 populations

Locus	Populations													
	GG		JN		JP		KN		KP		KW		HAN	
	Ex H	Ob H	Ex H	Ob H	Ex H	Ob H	Ex H	Ob H	Ex H	Ob H	Ex H	Ob H	Ex H	Ob H
BM1824	0.752	0.680	0.703	0.710	0.710	0.740	0.747	0.770	0.701	0.686	0.731	0.770	0.720	0.718
BM2113	0.677	0.790	0.722	0.740	0.727	0.690	0.724	0.720	0.772	0.767	0.745	0.700	0.803	0.872
ETH10	0.746	0.800	0.787	0.720	0.776	0.690	0.749	0.700	0.733	0.651	0.741	0.690	0.757	0.769
ETH225	0.663	0.640	0.673	0.750	0.660	0.660	0.658	0.680	0.676	0.605	0.665	0.700	0.762	0.641
ETH3	0.768	0.850	0.770	0.800	0.753	0.780	0.781	0.770	0.755	0.733	0.760	0.730	0.682	0.974
SPS115	0.837	0.770	0.849	0.780	0.838	0.830	0.847	0.770	0.837	0.767	0.850	0.720	0.775	0.800
TGLA122	0.869	0.810	0.875	0.810	0.856	0.840	0.858	0.850	0.875	0.802	0.866	0.830	0.832	0.872
TGLA125	0.685	0.710	0.638	0.640	0.663	0.640	0.668	0.580	0.655	0.698	0.632	0.650	0.636	0.789
TGLA227	0.890	0.870	0.849	0.820	0.863	0.850	0.883	0.820	0.851	0.814	0.873	0.890	0.817	0.923
TGLA53	0.886	0.700	0.887	0.610	0.834	0.580	0.893	0.700	0.886	0.686	0.901	0.780	0.819	0.821

Ex H: expected heterozygosity, Ob H: observed heterozygosity.
 GG: GyeonGgi, JN: JeonNam, JP: JeonPuk, KN: GyeongNam, KP: GyeongPuk, KW: KangWon, HAN: Hanwoo Proven.

Table 2. Polymorphism information content (PIC) values obtained from 10 microsatellites in 7 populations

Locus	Populations						
	GG	JN	JP	KN	KP	KW	HAN
BM1824	0.710	0.653	0.660	0.705	0.654	0.683	0.668
BM2113	0.635	0.680	0.688	0.686	0.740	0.706	0.764
ETH10	0.705	0.754	0.739	0.711	0.687	0.702	0.712
ETH225	0.606	0.624	0.613	0.612	0.634	0.611	0.709
ETH3	0.725	0.728	0.707	0.742	0.712	0.718	0.617
SPS115	0.811	0.825	0.812	0.822	0.811	0.827	0.729
TGLA122	0.849	0.857	0.834	0.836	0.857	0.846	0.796
TGLA125	0.646	0.593	0.621	0.620	0.602	0.589	0.568
TGLA227	0.875	0.828	0.846	0.867	0.831	0.855	0.783
TGLA53	0.872	0.873	0.817	0.880	0.871	0.888	0.790

GG: GyeonGgi, JN: JeonNam, JP: JeonPuk, KN: GyeongNam, KP: GyeongPuk, KW: KangWon, HAN: Hanwoo Proven.

이형접합 유전자형이 높은 빈도로 분포하고 있으며 이로 인해 기인된 것으로 추정할 수 있다.

Table 3은 10개의 MS marker의 분석 결과를 집단별로 분류하여 기대 이형접합도와 관측된 이형접합도 그리고 검출된 대립유전자수의 평균과 표준편차를 제시하였다. 기대 이형접합도의 경우 경남지역에서 가장 높은 0.780을 나타내었으며 종모우 집단에서 가장 낮은 0.760을 나타내었다. 관측된 이형접합도의 경우 종모우 집단에서 가장 높은 0.818을 나타내었으며 경북지역에서 가장 낮은 0.721을 나타내었다. 기대 이형접합도는 유전적 평형상태에 있는 집단이라고 가정하였을 때 기대되어지는 이형접합도를 나타내는 것으로 본 연구의 지역별 한우집단들의 관측이형접합도가 기대이형접합도보다 작게 나타나고 있는 것은 한정된 종모우를 이용하여 계획 교배가 이루어지고 있는 국내의 현실을 반영한 것으로 추정되어진다. 검출된 대립유전자 수에서는 경남지역(11.1)

Table 3. Expected, observed heterozygosity and mean number of alleles (MNA) observed across 10 microsatellite loci for each population

Population	Samples	Ex Hz	Ob Hz	No Alleles
GG	100	0.777±0.027	0.762±0.013	10.2±4.69
JN	100	0.775±0.028	0.738±0.013	10.1±4.28
JP	100	0.768±0.024	0.730±0.014	10.4±4.14
KN	100	0.780±0.027	0.736±0.013	11.1±4.31
KP	86	0.774±0.026	0.721±0.015	10.9±4.18
KW	100	0.776±0.029	0.746±0.013	10.5±4.53
HAN	39	0.760±0.020	0.818±0.019	7.9±2.13

Ex Hz: expected heterozygosity, Ob Hz: observed heterozygosity.
 GG: GyeonGgi, JN: JeonNam, JP: JeonPuk, KN: GyeongNam, KP: GyeongPuk, KW: KangWon, HAN: Hanwoo Proven.

이 가장 높았고, 종모우 집단(7.9)이 가장 낮은 것으로 확인되었다. 종모우 집단은 가장 높은 관측이형접합도를 나타냈음에도 불구하고 가장 낮은 대립유전자의 수를 나타내고 있음을 확인하였다. 이는 앞에서 언급한 바와 같이 특정 이형접합 유전자형의 빈도가 상당히 높게 분포하고 있음을 다시 한번 확인 할 수 있었다.

7개의 집단 간의 유전적 유연관계를 알아보기 위해 각 MS marker별 대립유전자의 빈도를 산출하여 이를 근거로 집단 간의 보정을 통한[15] 방법을 이용하는 DISPAN program을 활용하여 유전적 거리에 대한 추정하여 Table 4에 제시하였다. 분석된 결과에 따르면 강원도 집단의 한우와 경기, 경북의 유전적 거리가 각 0.021로 가장 가까운 것으로 확인되었으며 경기와 경북간의 유전적 거리는 0.032인 것으로 가장 먼 것으로 확인 되었다. 또한 경북은 전남과도 0.032의 먼 유전적 거리를 나타내고 있음을 확인하였다. 종모우 집단의 경우 각 지역별 집단 간의 유전적 거리에 비해 상당히 큰 차이의 유전적 거리를 나타내고 있는데 이는 각 지역별 암소집단

Table 4. Matrix of DA genetic distance observed among the populations.

	GG	JN	JP	KN	KP	KW	HAN
GG	-						
JN	0.024	-					
JP	0.026	0.027	-				
KN	0.025	0.026	0.026	-			
KP	0.032	0.032	0.028	0.031	-		
KW	0.021	0.022	0.021	0.024	0.021	-	
HAN	0.176	0.178	0.161	0.166	0.173	0.163	-

GG: GyeonGgi, JN: JeonNam, JP: JeonPuk, KN: GyeongNam, KP: GyeongPuk, KW: KangWon, HAN: Hanwoo Proven.

에 소수의 종모우를 이용해 계획 교배를 실시하고 있어 나타난 것으로 사료된다. 이렇게 분석된 genetic matrix(Table 4)를 근거로 하여 NJ (Neighbor-Joining)[15,22]의 clustering 방법을 이용하여 Fig. 1에 집단 간의 분지도를 작성하여 제시하였다.

분석된 집단 간의 유전적 구조에 따라 각 개체들이 어떻게 분포되어 있는가를 확인하기 위하여 simple allele-sharing 측정 수준을 통하여 개체별 대립유전자의 빈도를 근거로 각 개체들 간의 유전적 거리에 대한 추정값을 계산하였으며 이를 바탕으로 유전분석 프로그램 중 하나인 Phylip v.3.0을 이용하여 개체별 분지도 작성을 위한 tree file을 작성하였다. 작성된 tree file은 TreeView 프로그램을 이용하여 개체별 Neighbor-Joining phylogenetic dendrogram을 작성하여 Fig. 2에 제시하였다. 분석된 결과에 따르면 같은 지역 내의 몇몇 개체들이 그룹을 이루어 존재하기는 하지만 일반적으로 넓게 분포되어 있어 각 지역별로 그룹을 이루어 존재하고 있다고 보기엔 어려움이 있음을 확인 하였다. 반면 종모우 집단의 경우 크게 두개의 그룹을 이루어 분지도 내에 분포하고 있음을 확인 할 수 있었다. 따라서 종모우의 유전적 배경이 상당히 좁게 나타나고 있음을 확인 할 수 있었으며 이러한 결과로 인해 국내의 유전자원의 다양성이 작아질 수도 있을 것으로 추정이 된다. 따라서 국내 유전자원의 다양성 보존을 위해 종모우의 선발 및 사업 추진에 있어 대책을 마련



Fig 1. Phylogenetic tree showing the genetic relations among 7 population based on DA genetic distance (Nei et al., 1983) in Hanwoo. The numbers indicate bootstrap values in percentage after 1,000 re-sampling. GG: GyeonGgi, JN: JeonNam, JP: JeonPuk, KN: GyeongNam, KP: GyeongPuk, KW: KangWon, HAN: Hanwoo Proven.

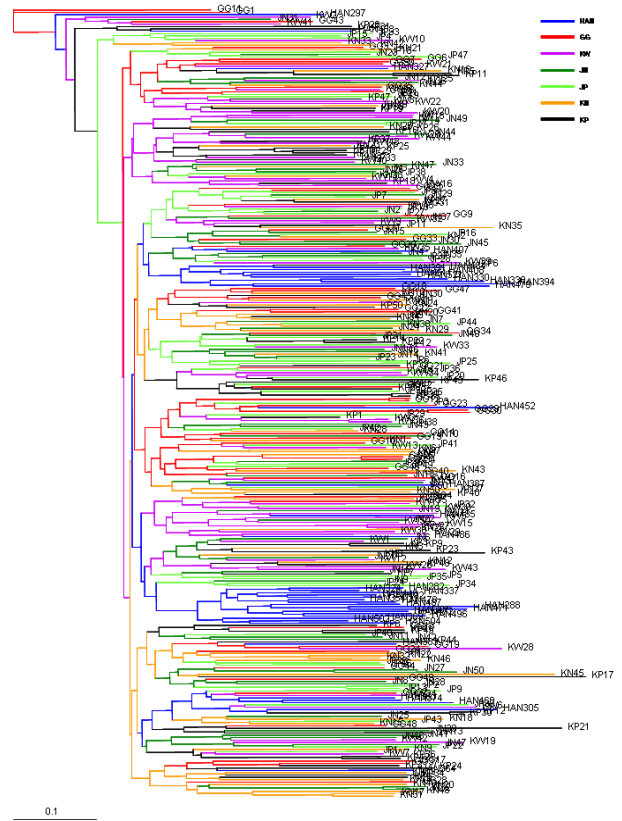


Fig 2. A neighbor joining dendrogram was constructed from allele-sharing distances among 625 individuals in 7 populations. GG: GyeonGgi, JN: JeonNam, JP: JeonPuk, KN: GyeongNam, KP: GyeongPuk, KW: KangWon, HAN: Hanwoo Proven.

하기 위한 고찰이 진행되어질 필요가 있는 것으로 사료된다.

요 약

본 연구는 10개의 Microsatellite를 이용하여 국내 한우 집단 586두(경기: 100, 전남: 100, 전북: 100, 경남: 100, 경북:86, 강원: 100)와 보증종모우 집단(39두)간의 유전적 거리추정 및 계통지도의 작성을 통해 보증종모우 집단과 지역별 한우 집단의 유전적 특성과 유연관계 분석을 실시하였다. 10개의 MS marker의 분석 결과 기대이형접합도의 경우 경남지역에서 가장 높은 0.780을 나타내었으며 종모우 집단에서 가장 낮은 0.760을 나타내었다. 관측된 이형접합도의 경우 종모우 집단에서 가장 높은 0.818을 나타내었으며 경북지역에서 가장 낮은 0.721을 나타내었다. 검출된 대립유전자의 수에서는 경남지역(11.1)이 가장 높았고, 종모우 집단(7.9)이 가장 낮은 것으로 확인 되었다. 종모우 집단은 가장 높은 관측이형접합도를 나타냈음에도 불구하고 가장 낮은 대립유전자의 수를 나타내고 있음을 확인하였다. 7개의 집단 간의 유전적 유연관계 분석한 결과 강원도 집단의 한우와 경기, 경북의 유전

적 거리가 각 0.021로 가장 가까운 것으로 확인 되었으며 경기와 경북 간의 유전적 거리는 0.032인 것으로 가장 먼 것으로 확인 되었다. 또한 경북은 전남과도 0.032의 먼 유전적 거리를 나타내고 있음을 확인하였다. 종모우 집단의 경우 각 지역별 집단 간의 유전적 거리에 비해 상당히 큰 차이의 유전적 거리를 나타내고 있는데 이는 각 지역별 암소집단에 소수의 종모우를 이용해 계통 교배를 실시하고 있어 나타난 것으로 사료된다. 각 개체들 간의 유전적 거리에 대한 추정값을 계산하여 개체별 분지도를 작성한 결과 같은 지역 내의 몇몇 개체들이 그룹을 이루어 존재하기는 하지만 일반적으로 넓게 분포되어 있어 각 지역별로 그룹을 이루어 존재하고 있다고 보기엔 어려움이 있음을 확인 하였다. 반면 종모우 집단의 경우 크게 두개의 그룹을 이루어 분지도 내에 분포하고 있음을 확인 할 수 있었다. 따라서 종모우의 유전적 배경이 상당히 좁게 나타나고 있음을 확인 할 수 있었으며 이러한 결과로 인해 국내의 유전자원의 다양성이 작아질 수도 있을 것으로 추정된다. 따라서 국내 유전자원의 다양성 보존을 위해 종모우의 선발 및 사업 추진에 있어 대책을 마련하기 위한 고찰이 진행되어질 필요가 있는 것으로 사료된다.

감사의 글

본 연구는 농림기술관리센터의 “BT.IT 융합기술을 활용한 한우 원산지추적 기술 개발”과제의 지원으로 이루어진 연구 결과의 일부이며 연구비 지원에 감사를 드립니다.

References

1. Arranz, J. J., Y. Bayon and F. San Primitivo. 1996. Comparison of protein markers and microsatellites in differentiation of cattle populations. *Anim. Genet.* **27**, 415-419.
2. Barker, J. S. F., S. G. Tan, O. S. Selvaraj and T. K. Mukherjee. 1997. Genetic variation within and relationships among populations of Asian water buffalo (*Bubalus bubalis*). *Anim. Genet.* **28**, 1-13.
3. Bjornstad, G., N. O. Nilsen and K. H. Roed. 2003. Genetic relationship between Mongolian and Norwegian horses ? *Anim. Genet.* **34**, 55-58.
4. Blott, S. C., J. L. Williams and C. S. Haley. 1999. Discriminating among cattle breeds using genetic markers. *Heredity*. **82**, 613-619.
5. Botstein, D., R. L. White, M. Skolnick and R. W. Davis. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am J. Hum. Genet.* **32**, 314-331.
6. Chung, E. R., W. T. Kim, Y. S. Kim and S. K. Han. 2001. Genetic diversity and parentage testing of Korean cattle using VNTR markers. *J. Anim. Sci.* **43**, 35-44.
7. Chung, E. R., W. T. Kim, Y. S. Kim and S. K. Han. 2000. DNA fingerprinting of Korean cattle using AFLP markers.

- J. Anim. Sci.* **42**, 35-44.
8. Han, S. K., E. Y. Chung, K. S. Yang and Y. C. Shin. 1991. Studies on the genetic polymorphisms of milk proteins for the genetic improvement of Korean native cattle. *Korean J. Anim. Sci.* **33**, 111-120.
9. Han, S. K., H. S. Yoon, E. Y. Chung, Y. C. Shin and H. D. Byun. 1995. Studies on serum and red cell protein polymorphisms for conservation of Korean native cattle. *Korean J. Anim. Sci.* **37**, 43-51.
10. Kim, K. S., J. H. Eum and C. B. Choi. 2001. Genetic diversity of Korean cattle using microsatellite analysis. *J. Anim. Sci.* **43**, 599-608.
11. Lee, C. and E. J. Pollak. 2002. Genetic antagonism between body weight and milk production in beef cattle. *J. Anim. Sci.* **80**, 316-321.
12. Li, K., Y. Chen, C. Moran, B. Fan, S. Zhao and Z. Peng. 2000. Analysis of diversity and genetic relationships between four Chinese indigenous pig breeds and one Australian commercial pig breed. *Anim. Genet.* **31**, 322-325.
13. Martin-Burriel, I., E. Garcia-Muro and P. Zaragoza. 1999. Genetic diversity analysis of six Spanish native cattle breeds using microsatellites. *Anim. Genet.* **30**, 177-182.
14. Mannen, H., S. Tsuji, F. Mukai, N. Goto and S. Ohtagaki. 1993. Genetic similarity using DNA fingerprinting in cattle to determine relationship coefficient. *J. Hered.* *May-Jun.* **84**, 166-169.
15. Nei, M., F. Taima and Y. Tatenno. 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *J. Mol. Evol.* **19**, 153-170.
16. Ota, T. 1993. DINPAN. Pennsylvania State University, PA, USA.
17. Park, S. D. E. 2000. Microsatellite Toolkit For MS Excel 97 or 2000. (in personnel communication).
18. Peelman, L. J., F. Mortiaux, A. Van Zeveren, A. Dansercoer, G. Mommens, F. Coopman, Y. Bouquet, A. Burny, R. Renaville and D. Portetelle. 1998. Evaluation of the genetic variability of 23 bovine microsatellite markers in four Belgian cattle breeds. *Anim. Genet.* *Jun.* **29**, 161-167.
19. Saitou, N. and M. Nei. 1987. The neighborjoining method: A new method for reconstruction phylogenetic tree. *Mol. Biol.* **4**, 406-425.
20. Shin, H. D., D. H. Lee, I. S. Yang and U. I. Shin. 1993. Studies on genetic distance between regional groups of Korean native cattle by blood protein polymorphisms. *Korean J. Anim. Sci.* **35**, 347-353.
21. Shin, W. J., X. J. Shen, Z. Y. Zheng, J. W. Kim, J. H. Lee and J. S. Yeo. 1999. Genetic characteristics for Hanwoo, Yanbian yellow cattle and Wagyu using DNA markers. *Korean J. Anim. Sci.* **41**, 405-410.
22. Sneath, P. H. A. and R. R. Sokal. 1973. Numerical Taxonomy. Freeman, San Francisco.
23. Yoon, D. H. 2002. Molecular genetic diversity and development of genetic markers in association with meat quality for Hanwoo (Korean Cattle). Graduate School, Korea Univ.