

## 한국재래닭 및 토착화 품종간의 유연 관계 및 유전 특성 분석

오재돈<sup>1</sup> · 강보석<sup>1</sup> · 김학규<sup>1</sup> · 박미나<sup>1</sup> · 채은진<sup>1</sup> · 서옥석<sup>1</sup> · 이학교<sup>2</sup> · 전광주<sup>2</sup> · 공홍식<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>농촌진흥청 축산과학원 가금과, <sup>2</sup>한경대학교 유전정보연구소

### Genetic Relationship between Populations and Analysis of Genetic Structure in the Korean Native Chicken and the Endemic Chicken Breeds

J. D. Oh<sup>1</sup>, B. S. Kang<sup>1</sup>, H. K. Kim<sup>1</sup>, M. N. Park<sup>1</sup>, E. J. Chae<sup>1</sup>, O. S. Seo<sup>1</sup>, H. K. Lee<sup>2</sup>, G. J. Jeon<sup>2</sup> and H. S. Kong<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Poultry Science Division, National Institute of Animal Science, RDA, Korea

<sup>2</sup>Genomic Informatics Center, Hankyong National University, Korea

**ABSTRACT** The purpose of this study was to assess the genetic variation and establish the relationship amongst breeds and strains using 7 chicken specific microsatellite markers. A total of 317 DNA samples from four Korean native chicken (KNC) strains (KR: Korean Native Red chicken strain, KY: Korean Native Yellow chicken strain, KL: Korean Native Black chicken strain, KO: Ogol chicken strain) and three introduced endemic chicken breeds (LE: Leghorn chicken breed, RI: Rhode Island Red chicken breed, CO: Cornish chicken breed). The size of microsatellite markers was decided using GeneMapper Software (v.4.0) after being analyzed using an ABI 3130 Genetic Analyzer. Frequencies of microsatellites markers were used to estimate heterozygosities and genetic distances. The lowest distance (0.074) was observed between the KY and KL breeds and the highest distance (0.779) between the KL and LE breeds. The KNC strains (KR, KY, KL) have comparatively near genetic distance each other. On the other side, each individual was not ramified to different groups and were spread evenly in phylogenetic dendrogram about all the KNC of each strain populations. But the endemic breed populations (LE, RI, CO) were ramified to different groups. The microsatellite polymorphism data were shown to be useful for assessing the genetic relationship between Korean native strains and other foreign breeds.

(Key words : Korean Native Chicken, microsatellite, Genotyping, Da genetic distances)

## 서 론

현재 세계적으로 고유 유전 자원의 중요성이 강조되고 있으며, 자국의 유전 자원을 보존하고 이를 이용한 산업화에 대한 노력이 꾸준히 진행되고 있다. 고유한 유전 자원은 종자 보존 관점에서 보다 중요하게 인식할 필요가 있으며, 한번 소실된 종자는 다시 재생시키기 불가능하므로 고유 유전 자원의 보호 육성은 국가적으로 중요한 사업이라 하겠다. 한국재래닭은 우리나라의 고유 품종으로 현재까지 많은 관심을 받고 있으며, 산업적으로도 그 가치가 꾸준히 높아지고 있다. 이러한 이유에서 한국재래닭은 차별성과 순수성을 유지하면서 능력을 개량하기 위해 꾸준한 노력이 진행되어 왔다. 한국재래닭은 크게 적갈색, 황갈색 및 흑색의 3계통으로 구분되는데, 수입 개량종 육계와 차별화된 육질을 보이는 것이

특징이다. 재래닭 유래 양계 산물이 소비자의 기호에 적합한 소비 패턴을 보임에 따라 이들 재래닭 산업의 부가가치는 더욱 증가해 갈 것으로 기대되어진다. 이러한 점에서 재래종의 유전 자원 보존 및 능력 개량을 통한 산업화 전략은 국가의 경쟁력을 높이는 데 중요한 역할을 할 것으로 기대된다.

그러나 최근 조류인플루엔자 등 악성 전염병 및 미국산 쇠고기의 광우병에 대한 우려 등으로 인해 축산물의 안전성에 대한 국민적 관심도가 매우 높아진 상황이다. 이러한 시장의 흐름으로 인해 식품위해요소중점관리(HACCP)와 우수농산물인증제도(GAP) 등이 활발하게 진행되고 있으며, DNA를 이용한 원산지 검증 시스템의 활용 사업이 추진 중에 있다. 현재 한우의 경우, DNA를 이용한 이력 추적 시스템을 시범적으로 시행하고 있으며, 차후 전면적인 시행을 앞두고 있는 실정이다. 한우의 경우, 유전적 배경 및 외래 품종들간

\* To whom correspondence should be addressed : kebinkhs@empal.com

의 유전적 차별성에 대한 지속적인 연구를 통해 DNA를 이용한 원산지 이력 시스템의 활용 가능했던 반면 한국재래닭의 경우 이러한 연구가 아직까지는 미진한 것이 사실이다. 차후 재래닭 사업 역시 원산지 이력 시스템을 통해 식품의 안전성과 소비자들의 신뢰를 위한 노력이 진행될 것으로 생각되어진다. 따라서 이러한 사업이 진행되기에 앞서 한국재래닭의 유전적 배경 및 특성을 파악해 놓아야 효율적이고 정확한 원산지 이력 추적 시스템을 적용할 수 있을 것이다. DNA를 이용한 원산지 이력 추적 시스템은 microsatellite marker를 이용하고 있으며, 이는 유전적 다양성, 유래와 계통, 유전적 특성, 보존 등의 목적을 위하여 세계적으로 널리 활용되고 있는 유전표지인자이다(Mannen et al., 1993; Lee et al., 2002; Arranz et al., 1996; Blott et al., 1999). Microsatellite는 게놈상에 존재하며 단순 염기 서열들의 반복의 수를 통해 유전자형을 결정하는 것으로, 짧고 단순하며 반복적인 염기 형태로 척추동물 genome 전체에 걸쳐 풍부하게 분포되어 있다(Barker et al., 1997; Peelman et al., 1998; Martin-Burriel et al., 1999; Li et al., 2000; Bjornstad et al., 2003). Microsatellite는 세대당  $10^{-4}$  이상의 높은 돌연변이율을 가지며 집단에 따라 높은 이형성을 가지고 있다(Roy 등, 1994). 따라서 본 연구는 한국재래닭의 유전적 특성과 차별성을 검증하기 위하여 microsatellite marker를 이용한 국내 토착화 품종들과의 유전적 유연 관계를 분석하였다.

## 재료 및 방법

### 1. 공시 재료

공시 재료로는 7개 계통의 닭 317수(백색레그혼: 79, 로드 아일랜드레드: 40, 코니쉬: 37, 적갈재래닭: 44, 황갈재래닭: 39, 흑색재래닭: 39, 오골계: 39)를 대상으로 혈액에서 genomic DNA를 분리하여 본 실험에 공시 재료로 이용하였다.

### 2. Microsatellite Marker의 PCR 증폭

본 연구는 닭의 염색체 상에 존재하는 7개의 microsatellite marker의 유전자형을 분석하여 활용하였다. Microsatellite marker의 유전자형을 결정하기 위하여 multiplex PCR을 수행하였다. GeneAmp 9700(Applied Biosystems)에서 각 반응액의 총량을 15  $\mu$ L PCR reaction으로 하고 약 10~100 ng/ $\mu$ L template DNA, 20 ng each primer, 1.25 mM each of dNTP, 0.5 U of Taq DNA polymerases(AmpliTaq Gold with GeneAmp)와 3  $\mu$ 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  $^{\circ}$ C에서 10분간 첫 반응을 시작하여, 94  $^{\circ}$ C에서 45초, 각 microsatellites marker의 조건에 따라 55~61  $^{\circ}$ C에서 45초, 72  $^{\circ}$ C에서 1분으로 31회 반복 반응을 실시하고 신장 반응은 72  $^{\circ}$ C에서 60분간 실시하고 마지막으로 25  $^{\circ}$ C에서 2 시간 실시하여 종료하였다.

### 3. Microsatellite 유전자형 분석

PCR을 수행한 후 증폭산물들을 2%의 agarose gel에 전기 영동하고 그 결과에 따라 희석 배율을 정하고 희석 배율에 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 대립 유전자들의 정확한 크기를 결정하였다.

### 4. 통계 분석 및 집단간 유연 관계 분석

MS marker별 유전자형 data를 Tow-column diploid format의 file로 변환시킨 뒤 MS Tool Kit S/W(Park, 2000, in personnel)를 이용하여 각 좌위별 관측 이형질성(Observed heterozygosity) 및 대립 유전자의 빈도를 산출하였다. 유전적 다양성을 알아보기 위해 Hardy\_Weinberg 법칙을 이용한 MS marker에 따른 기대이형질성(expected heterozygosity) 및 유전자 좌위의 다형성 정보량(polymorphism information content: PIC)(Botstein et al., 1980)을 계산하였다.

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

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

$k$  : 대립 유전자의 수

$P_i, P_j$  :  $i$  번째와  $j$  번째의 대립 유전자의 빈도

Het<sub>E</sub> : 기대이형질성(expected heterozygosity)

PIC : 다형성 정보량(polymorphism information content)

집단간 유연 관계 분석을 위한 Da genetic distances의 추정 은 Nei 등(1983)의 방법을 사용하는 집단 유전학 분석 프로그램인 DISPAN(Ota, 1993) package를 이용하여 계산하였으며, DISPAN을 이용하여 UPGMA(unweighted pair-group method with arithmetic average)(Sneath와 Sokal, 1973) 방법을 통

해 집단간의 유전적 거리를 근거로 한 phylogenetic tree를 작성하였다. 전체 집단의 개체별 유전적 거리의 추정치를 근거로 하여 모든 개체간의 Neighbor-Joining phylogenetic dendrogram 작성은 simple allele-sharing 측정 수준을 통하여 개체별 대립 유전자의 빈도를 근거로 집단 유전학적 분석 프로그램인 Phylip v.3.65를 이용하였다.

### 결과 및 고찰

7개 계통의 닭 317수(백색레그혼: 79, 로드아일랜드레드: 40, 코니쉬: 37, 적갈채래닭: 44, 황갈채래닭: 39, 흑색채래닭: 39, 오골계: 39)를 대상으로 7개의 microsatellite(MS) marker 들을 이용해 대립 유전자 및 유전자형을 분석하였다.

Table 1은 각 MS marker의 유전자형을 분석하여 계통별 기대이형접합도와 관측된 이형접합도를 제시하였다. 관측이형질접합도의 경우 백색레그혼은 ADL267에서 가장 높은 0.620을 확인하였으며, 로드아일랜드레드는 ADL181에서 0.725, 코니쉬는 ADL158에서 0.703로 가장 높게 나타났다. 채래닭의 경우 적갈, 황갈, 흑색 3계통에서 ADL102의 관측 이형접합도가 가장 높은 것으로 확인되었다(각 0.818, 0.923, 그리고 0.778). 오골계는 ADL158, ADL267 그리고 ADL172에서 0.641로 나타났다. ADL102의 경우 한국채래닭 3계통 모두에서 높은 관측이형접합도를 나타낸 반면 다른 계통들(백색레그혼, 로드아일랜드레드, 코니쉬, 오골계)에서는 비교

적 낮은 값을 나타내고 있음을 확인할 수 있었다(각 0.392, 0.410, 0.405, 0.474). Table 2에서는 다형성 정보량(Polymorphism Information Content: PIC)의 분석 결과를 제시하였다. 백색레그혼의 경우, ADL267에서 0.693으로 높게 나타나 관측이형접합도와 비슷한 경향을 보이고 있음을 확인하였다. 로드아일랜드레드와 코니쉬는 ADL102에서 가장 높은 PIC 값을 나타냈으며(각 0.676, 0.712), 적갈채래닭과 흑색채래닭 역시 ADL102에서 가장 높은 PIC값을 나타내었음을 확인하였다(각 0.795, 0.786). 황갈채래닭의 경우는 ADL172에서 가장 높은 값을 확인할 수 있었으며, 오골계는 ADL267에서 가장 높은 값을 확인하였다.

Table 3은 7개의 MS marker들의 분석 결과, 각 계통들의 기대이형접합도와 관측이형접합도 그리고 관측된 대립 유전자들의 평균과 표준 편차를 계산하여 제시하였다. 결과에 따르면 모든 계통에서 기대이형접합도보다 관측된 이형접합도가 낮게 나타나고 있음을 확인할 수 있었다. 기대이형접합도는 대상 집단이 유전적 평형 상태에 있을 때 기대되는 이형접합도를 계산한 것이다. 본 연구에 활용된 공시 재료는 축산과학원 내에서 순수성을 보존 및 품종의 복원을 위해 꾸준히 계량해온 집단으로 계속적인 선발과 도태를 통해 구성되었으며, 이러한 이유로 관측이형접합도가 기대이형접합도에 비해 낮게 나타난 것으로 사료된다. 평균 대립 유전자의 수에서는 적갈채래닭이 6.29로 가장 많은 대립 유전자를 보유한 것으로 나타났으며, 로드아일랜드레드는 4.29로 가장 적은 대립 유전자를 보유한 것으로 확인되었다. 한국채래닭

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

Locus	Populations													
	LE		RI		CO		KR		KY		KL		KO	
	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
ADL158	0.711	0.570	0.434	0.325	0.590	0.703	0.566	0.364	0.605	0.308	0.425	0.462	0.656	0.641
ADL181	0.464	0.291	0.710	0.725	0.638	0.541	0.645	0.568	0.665	0.487	0.258	0.256	0.689	0.282
ADL176	0.775	0.595	0.612	0.650	0.494	0.351	0.770	0.659	0.683	0.590	0.699	0.667	0.654	0.436
ADL210	0.746	0.405	0.497	0.275	0.653	0.324	0.695	0.409	0.665	0.231	0.659	0.359	0.599	0.282
ADL267	0.741	0.620	0.453	0.425	0.486	0.405	0.590	0.614	0.692	0.718	0.588	0.615	0.751	0.641
ADL102	0.427	0.392	0.729	0.410	0.760	0.405	0.829	0.818	0.771	0.923	0.835	0.778	0.659	0.474
ADL172	0.731	0.570	0.687	0.350	0.746	0.486	0.807	0.750	0.793	0.641	0.783	0.590	0.677	0.641

Ex H: expected heterozygosity, Ob H: observed heterozygosity.

LE: Leghorn chicken breed, RI: Rhode Island Red chicken breed, CO: Cornish chicken breed, KR: Korean Native Red chicken strain, KY: Korean Native Yellow chicken strain, KL: Korean Native Black chicken strain, KO: Ogol chicken strain.

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

Locus	Populations						
	LE	RI	CO	KR	KY	KL	KO
ADL158	0.657	0.363	0.512	0.509	0.542	0.389	0.584
ADL181	0.424	0.650	0.566	0.580	0.593	0.243	0.621
ADL176	0.733	0.537	0.451	0.720	0.639	0.629	0.579
ADL210	0.694	0.456	0.578	0.634	0.598	0.598	0.547
ADL267	0.693	0.347	0.454	0.543	0.641	0.529	0.703
ADL102	0.404	0.676	0.712	0.795	0.720	0.786	0.577
ADL172	0.684	0.619	0.694	0.772	0.752	0.740	0.616

LE: Leghorn chicken breed, RI: Rhode Island Red chicken breed, CO: Cornish chicken breed, KR: Korean Native Red chicken strain, KY: Korean Native Yellow chicken strain, KL: Korean Native Black chicken strain, KO: Ogol chicken strain.

**Table 3.** Expected, observed heterozygosity and mean number of alleles (MNA) observed across 7 microsatellite loci for each population

Population	Ex H	Ob H	MNA
LE	0.656±0.055	0.492±0.021	5.86±0.90
RI	0.588±0.047	0.451±0.029	4.29±1.80
CO	0.623±0.041	0.459±0.031	5.29±1.11
KR	0.700±0.039	0.597±0.027	6.29±1.70
KY	0.696±0.024	0.556±0.030	5.43±1.13
KL	0.606±0.077	0.532±0.031	6.00±1.73
KO	0.669±0.017	0.485±0.031	4.86±0.90

Ex H: expected heterozygosity, Ob H: observed heterozygosity.  
LE: Leghorn chicken breed, RI: Rhode Island Red chicken breed,  
CO: Cornish chicken breed, KR: Korean Native Red chicken strain,  
KY: Korean Native Yellow chicken strain, KL: Korean Native Black chicken strain, KO: Ogol chicken strain.

3계통의 대립 유전자의 평균수는 5.90으로 다른 집단들에 비해 비교적 높은 것으로 확인되었다.

7개의 집단간의 유전적 유연 관계를 알아보기 위해 각 MS marker별 대립 유전자의 빈도를 산출하여 이를 근거로 집단간의 보정을 통한 Nei 등(1983)의 방법을 이용하는 DISPAN program을 활용하여 유전적 거리를 추정하여 Table 4에 제시하였다. 분석 결과, KY와 KL간의 유전적 거리는 0.074로 가장 가까운 것으로 나타났으며, KR과 KY(0.101), KR과 KL(0.173) 역시 가까운 유전적 거리를 나타내고 있음을 확인하였다. 로

드 아일랜드레드의 경우, 한국재래닭 3계통과의 유전적 거리가 평균 0.233으로 타품종에 비해 비교적 가까운 것으로 나타났다. 백색레그혼은 다른 모든 품종들과의 거리가 가장 먼 것으로 확인되었다. 그중에서도 코니쉬와의 유전적 거리가 가장 먼 것으로 나타났는데, 이는 산란종인 백색레그혼과 육용종인 코니쉬 간의 유전적 배경을 잘 나타내고 있는 것으로 사료된다. 이렇게 분석된 genetic matrix(Table 4)를 근거로 하여 NJ(Neighbor-Joining)(Saitou and Nei, 1987)의 clustering 방법을 이용하여 Fig. 1에 집단간의 분지도를 작성하여 제시하였다.

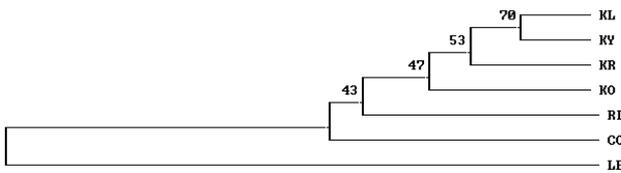
분석된 집단간의 유전적 구조에 따라 각 개체들이 어떻게 분포되어 있는가를 확인하기 위하여 simple allele-sharing 추정 수준을 통하여 개체별 대립 유전자의 빈도를 근거로 각 개체들간의 유전적 거리에 대한 추정값을 계산하였으며, 이를 바탕으로 유전 분석 프로그램 중 하나인 Phylip v.3.0을 이용하여 개체별 분지도 작성을 위한 tree file을 작성하였다. 작성된 tree file은 TreeView 프로그램을 이용하여 개체별 Neighbor-Joining phylogenetic dendrogram을 작성하여 Fig. 2에 제시하였다. 제시된 각 개체별의 분포도를 살펴보면 레그혼의 경우 하나의 큰 그룹으로 분포하고 있음을 확인할 수 있다. 또한, 로드 아일랜드레드, 코니쉬 및 오픈계 역시 각각 그룹을 형성하여 분포하고 있음을 확인하였다. 한국재래닭 3계통은 크게 3개의 그룹으로 분화되어 분화하고 있으나, 흑색 계통은 제외하면 계통간에 큰 차이를 나타내고 있지 않음을 확인하였으며, 또한 다른 품종들에 비해 넓게 분포하고 있음을 확인하였다. 특히 적갈과 황갈 계통은 Fig. 2의 분지도 상에서 같은 그룹내에 존재하고 있는 것을 확인되었으

**Table 4.** Matrix of Standard genetic distances and Standard error observed among the populations

	LE	RI	CO	KR	KY	KL	KO
LE	–	0.288	0.208	0.212	0.198	0.260	0.207
RI	0.762	–	0.125	0.065	0.085	0.149	0.154
CO	0.772	0.416	–	0.084	0.145	0.092	0.099
KR	0.703	0.194	0.207	–	0.028	0.121	0.052
KY	0.553	0.219	0.334	0.101	–	0.038	0.058
KL	0.779	0.287	0.340	0.173	0.074	–	0.041
KO	0.569	0.370	0.251	0.243	0.203	0.116	–

Below diagonals: Standard genetic distances, upper diagonals: Standard error.

LE: Leghorn chicken breed, RI: Rhode Island Red chicken breed, CO: Cornish chicken breed, KR: Korean Native Red chicken strain, KY: Korean Native Yellow chicken strain, KL: Korean Native Black chicken strain, KO: Ogol chicken strain.



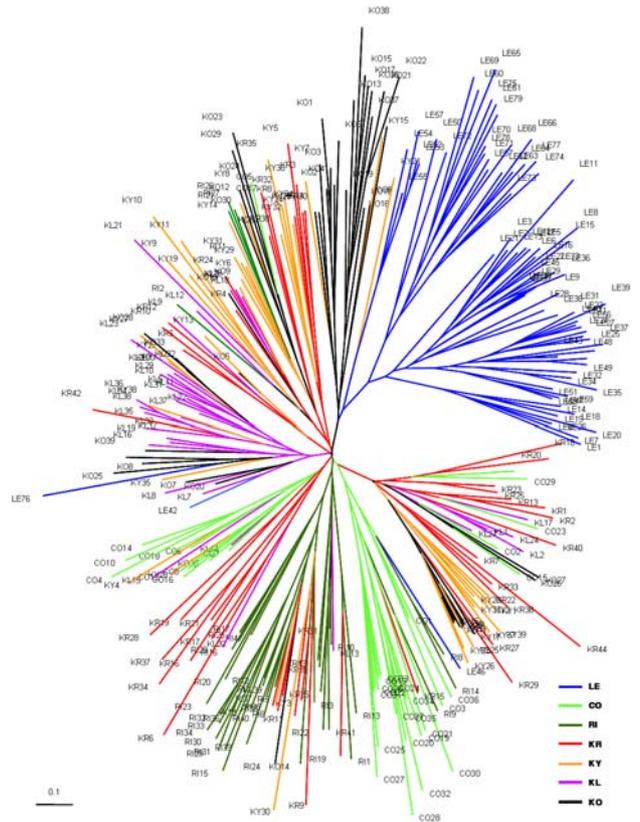
**Fig. 1.** Phylogenetic tree showing the genetic relations among 7 population based on DA genetic distance (Nei et al., 1983) in chicken. The numbers indicate bootstrap values in percentage after 1,000 re-sampling.

LE: Leghorn chicken breed, RI: Rhode Island Red chicken breed, CO: Cornish chicken breed, KR: Korean Native Red chicken strain, KY: Korean Native Yellow chicken strain, KL: Korean Native Black chicken strain, KO: Ogol chicken strain.

며, 이는 모색을 이용하여 한국재래닭의 계통을 조성한 것에서 기인한 것으로 사료된다. 따라서 차후 한국재래닭의 유전 특성을 반영한 MS marker의 선발 관련 연구를 통해 한국재래닭의 각 계통별 순수화를 보존 및 강화하는 것이 가능할 것으로 사료되며, 이를 통해 유전적 배경을 명확히 하여 타 품종과의 차별화된 육종 전략을 수립하는 과정에 큰 도움이 될 것으로 기대되어진다.

**적 요**

본 연구는 한국재래닭의 유전적 특성과 차별성을 검증하기 위하여 microsatellite(MS) marker를 이용한 타 품종들과의 유전적 유연 관계를 분석하였다. 분석을 위해 7개 계통의 닭



**Fig. 2.** A neighbor joining dendrogram was constructed from allele-sharing distances among 317 individuals in 7 populations.

LE: Leghorn chicken breed, RI: Rhode Island Red chicken breed, CO: Cornish chicken breed, KR: Korean Native Red chicken strain, KY: Korean Native Yellow chicken strain, KL: Korean Native Black chicken strain, KO: Ogol chicken strain.

317수(백색레그혼: 79, 로드아일랜드레드: 40, 코니쉬: 37, 적갈재래닭: 44, 황갈재래닭: 39, 흑색재래닭: 39, 오골계: 39)를 대상으로 7개의 MS marker들을 이용해 대립 유전자 및 유전자형을 분석하였다. 7개의 집단간의 유전적 유연 관계를 알아보기 위해 각 MS marker별 대립 유전자의 빈도를 산출하여 이를 근거로 집단간의 유전적 거리에 대한 추정 결과 KY와 KL간의 유전적 거리는 0.074로 가장 가까운 것으로 나타났다. KR과 KY(0.101), KR과 KL(0.173) 역시 가까운 유전적 거리를 나타내고 있음을 확인하였다. 로드아일랜드의 경우, 한국재래닭 3계통과의 유전적 거리가 평균 0.233으로 타 품종에 비해 비교적 가까운 것으로 나타났다. 레그혼은 다른 모든 품종들과의 거리가 가장 먼 것으로 확인되었다. 또한, 산란종인 백색레그혼과 육용종인 코니쉬 간의 유전적 거리는 가장 먼 것으로 확인되었다. 분석된 집단간의 유전적 구조에 따라 각 개체들이 어떻게 분포되어 있는가를 확인하기 위하여 각 개체들간의 유전적 거리를 분석하였다. 분석 결과, 백색레그혼의 경우 하나의 큰 그룹으로 분포하고 있음을 확인하였다. 또한, 로드아일랜드레드, 코니쉬 및 오골계 역시 각각 그룹을 형성하여 분포하고 있음을 확인하였다. 한국재래닭 3계통은 각각 그룹을 이루지 못하였으며, 3계통이 합쳐져 넓게 분포하고 있음을 확인하였다. 재래닭의 경우 넓게 분포되어 있기는 하지만 다른 품종들과의 분포의 차이가 있음을 확인할 수 있었다.

## 사 사

본 연구는 농촌진흥청의 FTA 대응기술개발사업(실용계 토종닭의 품종식별 및 집단유전학적 분석)과 한경대학교 고품질친환경농축산물생산연구기술센터(GRRC)의 성과로 수행되었다.

## 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.
- Botstein D, White RL, Skolnick M, Davis RW 1980 Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am J Hum Genet* 32:314-331.
- 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, Taima F, Tateno Y 1983 Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *J Mol Evol* 19:153-170.
- Ota T 1993 DISPAN. Pennsylvania State University, PA. USA.
- Park DDE 2000 Microsatellite Toolkit for MS Excel 97 or 2000. (in personnel communication).
- 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.*
- Roy MS, Geffen E, Smith D, Ostrander EA, Wayne RK 1994 Patterns of differentiation and hybridization in North American wolflike canids, revealed by analysis of microsatellite loci. *Mol Biol Evol* 11(4):553-70.
- Saitou N, Nei M 1987 The neighborjoining method: A new method for reconstruction phylogenetic tree. *Mol Biol* 4: 406-425.
- Sneath PHA, Sokal RR 1973 Numerical Taxonomy. Freeman, San Francisco.

(접수: 2008. 11. 21, 수정: 2008. 12. 31, 채택: 2008. 12. 31)