

# 돼지 브랜드 식별 및 원산지 추적에 활용 가능한 Microsatellite Marker Set의 확립

임현태\* · 서보영\* · 정은지\* · 유채경\* · 종타오\* · 조인철\*\* · 윤두학\*\* · 이정규\* · 전진태\*

경상대학교 응용생명과학부(BK21)\*, 농촌진흥청 국립축산과학원\*\*

## Establishment of a Microsatellite Marker Set for Individual, Pork Brand and Product Origin Identification in Pigs

Hyun-Tae Lim\*, Bo-Yeong Seo\*, Eun-Ji Jung\*, Chae-Kyoung Yoo\*, Tao Zhong\*, In-Cheol Cho\*\*, Duhak Yoon\*\*, Jung-Gyu Lee\* and Jin-Tae Jeon\*

Division of Applied Life Science (BK21 program) Graduate School of Gyeongsang National University\*, National Institute of Animal Science, R. D. A.\*\*

### ABSTRACT

Seventeen porcine microsatellite (MS) markers recommended by the EID+DNA Tracing EU project, ISAG and Roslin institute were selected for the use in porcine individual and brand identification. The MSA, CERVUS, FSTAT, GENEPOP and API-CALC programs were applied for calculating heterozygosity indices. By considering the heterozygosity value and PCR product size of each marker, we established a MS marker set composed of 13 MS markers (*SW936, SW951, SW787, S00090, S0026, SW122, SW857, S0005, SW72, S0155, S0225, SW24* and *SW632*) and two sexing markers. The expected probability of identity among genotypes of random individuals (*PI*), probability of identity among genotypes from random half sibs (*PI<sub>half-sibs</sub>*) and among genotypes of random individuals, probability of identity among genotypes from random sibs (*PI<sub>sibs</sub>*) were estimated as  $2.47 \times 10^{-18}$ ,  $6.39 \times 10^{-13}$  and  $1.08 \times 10^{-8}$ , respectively. The results indicate that the established marker set can provide a sufficient discriminating power in both individual and parentage identification for the commercial pigs produced in Korea.

(Key words: Microsatellite markers, Brand identification, Porcine)

### I. 서 론

돼지는 전 세계적으로 인간에게 가장 중요한 단백질 공급원으로서 시대와 상황 및 사람들의 기호에 따라 다양한 표현형이 특이적으로 발현되도록 사육되어 왔다. 우리나라의 경우 돼지고기 중 특정부위만을 선호하는 경향이 있어, 삼겹살 등 특정부위는 국내수요 충당을 위하여 2007년도에 약 25만 톤, 금액으로 약 8억 불(농림수산식품부, 2008)의 돈육이 미국, 캐나다 및 칠레 등에서 수입 되고 있는 상황이다. 또한 국내산 돼지고기는 각 지역 및 농협 산하 양돈장들의 돼지고기 차별화 전략에 의하여 다양한 브랜드로 판매되고 있다. 그러나 돼지고기의 원산지가 육안적 식별이 불가능하다는 점 때문에 일부 부도덕한 유통업자들에 의하여 수입 돈육이 국내산 돈육으로 또는 비

브랜드 육이 유명 브랜드 육으로 둔갑 유통시키는 사례가 발생할 가능성은 현 국내 유통 체계 하에서 항상 상존하고 있고, 또한 현재까지 둔갑유통을 방지하기 위한 과학적 감식기법이 전무한 상황이다. 따라서 앞으로 DNA marker를 기반으로 하는 돈육 감식기법 개발을 통해 건전한 유통문화 정착이 절실히 요구되는 실정이다. 쇠고기의 경우 이력추적에 활용하기 위한 일환으로 DNA marker를 이용한 개체식별 연구가 활발하게 이루어지고 있으나, 아직 돼지고기 이력추적에 관련된 연구 등이 국내에서 미비하여, 산업에 직접 활용 가능한 기술이 개발되지 못해 브랜드육의 신뢰성을 높이고 정확한 부정육 식별을 위하여 돼지에 적합한 DNA marker 개발이 더욱 절실히 필요한 실정이다.

Microsatellite (MS) marker는 1990년경부터 동물의 계통

Corresponding author : Dr. J. T. Jeon, Department of Animal Science, Division of Applied Life Science, Gyeongsang National University, Jinju 660-701, Gyeongnam, Korea. Tel: 055-751-5516, Fax: 055-756-7171, E-mail: jtjeon@gnu.ac.kr

분류, 유전적 유연관계 분석 연구에 있어 가장 효율적인 분자 마커로 활용되고 있으며, 2000년 이후 개, 고양이 등 애완동물과 연어 등 어류에서는 MS marker를 이용하여 특정 개체의 품종식별에 사용하고 있다. 최근에는 특정 개체의 품종식별을 위하여 MS marker의 실험결과를 활용한 다양한 통계분석기법 (Bayesian, Frequency, *Dc* genetic distance 활용기법)들이 제안되었으며, 돼지의 경우 유럽공동체 생산이력관련 연구 project인 “Electronic Identification and Molecular Markers for Improving the Traceability of Livestock and Meat” (EID+DNA Tracing project, <http://quiou.uab.es/tracing/Index.html>), 국제동물유전학회 (<http://www.isag.org.uk>), Rosline 연구소 (<http://projects.roslin.ac.uk/pigbioidiv/markers.html>) 등에서 권장하는 40여 종의 MS marker를 사용하여 대립유전자의 다형성이 과다하게 편귀되어 있지 않은 특성을 이용하여 이력추적제, 친자감별과 계통유전학 등에 광범위하게 활용되고 있다. MS marker는 포유류의 염색체 평균 100,000개 이상 존재하고, 생물체의 전 염색체에 고르게 분포하고 있으며, 사람의 경우 di-nucleotide repeat은 140,000개, tetra-nucleotide repeat은 105,000개로 보고되어 있다 (IHGSC, 2001). 그리고 MS marker는 다형성이 매우 높아 유전체 정보를 많이 제공해주며, 실험상의 용이성 등이 좋아 가축 집단의 유전적 다양성 분석 등에 주로 사용되어 왔다 (Barker 등, 1997; Blott 등, 1999; Li 등, 2000; Bjornstad 등, 2003). 또한 국내의 경우 2007년부터 한우의 이력추적제를 위해 농림수산식품부 주관으로 생산단계 DNA 동일성 검사를 시범사업으로 시행해 왔으며, 이때 사용되는 DNA 마커에 한우에 적용 가능한 MS marker가 선별되어 활용되고 있다 (임 등, 2005).

따라서 본 연구는 MS marker를 이용한 돼지의 개체식별 및 브랜드육 식별 위해 다형성지수가 높은 MS marker를 선별하고 이에 특이적인 primer를 이용하여 multiplex-PCR set를 확립하여 과학적인 원산지 추적 시스템을 구축하기 위해 실시하였다.

## II. 재료 및 방법

### 1. 공시 동물과 DNA

MS marker 선발을 위해 경상남도의 K종돈장의 계열농가에서 F<sub>1</sub>으로 사용하는 330두의 Landrace × Large White의 혈액을 채취하고, 최종 선별된 MS marker의 상용축군에 대한 활용성 검증을 위해 (Landrace × Large White) × Duroc의 3원 교잡종 400두의 혈액을 채취해 공시재료로 사용하였다. 돼지의 혈액으로부터 게놈 DNA 추출 키트 (Promega, USA)를 이용하여 게놈 DNA의 분리하였다.

### 2. MS marker의 선별

본 실험에 사용된 MS marker는 EID+DNA Tracing project, 국제동물유전학회와 Roslin 연구소에서 제안한 돼지의 다형성 분석용 MS marker들을 기초로 하여 선정하였다.

### 3. Multiplex PCR 및 MS 분석

Multiplex PCR은 template DNA 50 ng/ $\mu$ l, primer Mix 8.25  $\mu$ l, Hot-start Taq DNA polymerase 0.4  $\mu$ l (Bioneer, Korea), 10 × buffer 1.5  $\mu$ l, 0.25 mM dNTP 1.2  $\mu$ l MgCl<sub>2</sub> 1.1  $\mu$ l 그리고 DMSO 0.25  $\mu$ l의 조성예 증류수를 첨가하여 최종 부피를 15  $\mu$ l로 반응하였으며, PCR 조건은 95°C에서 15분간 denaturation을 실시한 후 94°C에서 60초, 55°C에서 75초, 72°C에서 60초를 1 cycle로 하여 5회, 94°C에서 60초, 54°C에서 75초, 72°C에서 60초를 1 cycle로 하여 10회 그리고 94°C에서 60초, 55°C에서 75초, 72°C에서 60초를 1 cycle로 하여 25회 반복하는 Touch Down PCR 방법을 사용하였다. 그 후 65°C에서 30분 extension 후 4°C에서 종료하였다. PCR 산물은 ABI-3130xl 자동염기서열 분석장치 (Applied Biosystems, USA)를 이용하여 크기별로 분류되도록 전기영동하고, GeneMapper version 4.0 (Applied Biosystems, USA)을 이용하여 크기와 표식자의 종류별로 분류한 후 Microsoft Excel (Microsoft, USA)을 이용하여 자료를 취합하였다.

### 4. 자료의 통계분석체계 설정

MS marker들의 대립유전자 분포, Nei (1972)의 방법을 이용한  $D_A$  유전적 거리지수 matrix의 추정과 분석 프로그램 간 입력자료 형태의 변환은 Microsatellite Analyzer (MSA) version 3.15 (Dieringer와 Schlatterer, 2002)를 이용하였다. Weir와 Hill (2002) 추정법에 의한  $F$ -통계량 ( $F_{st}$ ,  $F_{it}$ , 및  $F_{is}$ )은 FSTAT version 2.9.3 (Goudet, 2001)과 GENEPOP version 3.4 (Raymond와 Rousset, 1995)를 사용하여 계산하였다. Marker의 다형성지수인 heterozygosity ( $H_e$ )와 polymorphic information content ( $PIC$ ) 그리고 exclusion probability ( $PE$ )는 Cervus version 2.0 (Marshall 등, 1998)을 이용하였다. 또한 추정된  $F$ -통계량에 근거하여 무작위 교배 집단, 반형매 교배집단 그리고 전형매 교배집단에서의 동일개체 출현가능확률은 API-CALC version 1.0 (Ayles와 Overall, 2004)을 사용하여 계산하였으며, 실험자료 분석과정은 Fig. 1에 도식화하였다.

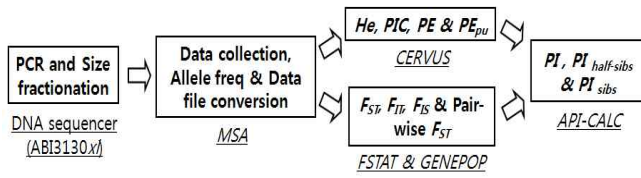


Fig. 1. The strategy for data analysis and selection of MS markers for the pig traceability. For the detailed information, refer results and discussion.

### III. 결과 및 고찰

본 연구는 돼지 이력추적제 및 원산지 추적의 DNA 검사에 활용 가능한 MS marker 분석과 선발을 위하여 실시하였다.

ISAG 및 Roslin 연구소 등에서 돼지의 다형성 분석에 사용되도록 권장된 MS marker 중 염색체 분포 및 PCR product size 등을 고려하여, 17 종을 Table 1에서 보는 바와 같이 선발하였다. PCR용 MS primr와 PCR 산물의 크

기 등은 NCBI의 Mapviewer(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/mapview/mapviewer>)에 보고되어 있는 정보를 이용하였다.

MSA version 3.15와 CERVUS version 2.0 프로그램을 이용하여 분석한 MS marker별 allele의 분포와 *He* 및 *PIC* 추정치는 Table 1에 나타내었다. 이 중 가장 많은 allele의 개수는 S0005에서 나타난 17개였으며, 가장 높은 *He*와 *PIC* 값을 갖는 MS marker 역시 S0005로 *He* 값은 0.869이며, *PIC* 값은 0.908로 나타났다.

FSTAT version 2.9.3과 GENEPOP version 3.4 프로그램을 이용하여 추정된 MS marker의 *F<sub>IT</sub>*, 값은 0.2088 이었다. *F<sub>IT</sub>*는 전체집단에 대한 개체들의 모든 근친도 값을 나타내는 지수로 이들을 통하여 집단 간 유전변이와 집단 내 개체들의 근친정도를 파악하는데 이용할 수 있다. 추정된 *F*-통계량을 이용하여 무작위 교배집단, 반형매 교배집단 그리고 전형매 교배집단으로 가정하여 MS 유전자형의 동일한 개체 출현확률(probability of identity; *PI*, probability of identity from half sibs; *PI<sub>half-sibs</sub>*, and probability of identity from sibs; *PI<sub>sibs</sub>*)과 친자감정확률(probability of parent

Table 1. Information of the initially selected 17 microsatellite (MS) markers from the EID+DNA Tracing EU project, ISAG and Roslin Institute and characteristics of the 17 MS markers shown in the Landrace × Large White F1 population used in this study

Locus	Chromosome	Annealing temp °C	N	No. of alleles	Size range(bp)	He	PIC
S0005	5	60°C	321	17	203~243	0.869	0.908
SW24	17	58°C	324	11	96~121	0.725	0.822
SW787	18	60°C	323	8	150~165	0.724	0.798
SW122	6	58°C	320	9	110~122	0.716	0.785
SW240	2	58°C	316	10	90~130	0.706	0.746
SW857	14	58°C	324	8	144~160	0.667	0.807
SW72	3	58°C	326	6	101~115	0.666	0.714
SW632	7	58°C	325	10	159~180	0.655	0.774
S0026	16	58°C	323	7	92~106	0.650	0.712
SW911	9	60°C	315	7	140~185	0.610	0.710
S0155	1	58°C	325	6	150~166	0.585	0.725
S00090	12	58°C	301	7	240~253	0.568	0.703
S0301	4	58°C	316	5	240~280	0.535	0.679
SW936	15	58°C	326	8	80~117	0.518	0.665
S0225	8	58°C	325	5	170~196	0.477	0.573
SW769	13	60°C	316	5	90~150	0.37	0.419
SW951	10	58°C	323	6	125~133	0.316	0.365

Chromosome locations were from the Bovine mapviewer of NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/mapview/mapviewer>).

exclusion when both parents are unconfirmed;  $PE_{pu}$ 와 probability of paternity exclusion;  $PE$ )을 API-CALC version 1.0과 Cervus version 2.0을 이용하여 추정하였으며, 그 결과는 Table 2에 나타내었다. 전체 17개의 MS를 사용할 경우 무작위 교배집단 ( $PI$ )에서는  $1.09 \times 10^{-17}$ 로, 반형매 교배집단 ( $PI_{half-sibs}$ )은  $1.09 \times 10^{-13}$ 으로 그리고 전형매 교배집단 ( $PI_{sibs}$ )은  $1.09 \times 10^{-7}$  추정되었다. 이러한 추정치의 의미는 국내의 돼지 전체사두수가 2007년 기준으로 약 9,659,000 두 임을 고려해 보더라도 동일개체가 출현할 확률이 없는 것으로 보아도 무방할 것으로 사료된다. 또한 17개의 MS를 친자감정에 이용할 경우에도 부, 모의 교배기록 및 유전자형이 파악된 경우에는 100% 친자감정이 가능할 것으로 사료된다. 하지만 돼지의 이력추적체에 적용할 MS marker는 충분히 유의적인 개체의 판별능력과 genotyping의 용이성 그리고 genotyping 단가를 고려하여야 최종 마커의 조합 및 개수를 선정해야 된다고 사료되어, 17개의 MS 마커 중  $He$  값의 추정치와 PCR product size를 근거로 SW936, SW951, SW787, S00090, S0026, SW122, SW857, S0005, SW72, S0155, S0255, SW24 그리고 SW632를 최종 13개의 MS marker로 선발하였다. 선발된 13 MS marker 중 SW936, S0225 그리고 SW951은 17개의 MS marker 중에서  $He$  값이 높은 SW240, SW911 그리고 S0301이 더 높은  $He$  값을 가진 마커 SW24, SW787 그리고 S00090과 PCR product size가 겹치는 관계로 SW936, S0225 그리고 SW951로 교체하여 최종 13종의 MS marker

set를 확립하였으며, 이들의  $PI$  값은  $1.09 \times 10^{-13}$ ,  $PI_{half-sibs}$  값은  $1.09 \times 10^{-10}$  그리고  $PI_{sibs}$  값은  $1.09 \times 10^{-6}$ 으로 나타나 13종의 MS marker만을 활용하여도 동일개체가 출현할 확률은 없는 것으로 나타났다. 또한 13종의 MS marker와 성감별이 가능한 2쌍의 primer를 추가하여 한번에 PCR이 가능하도록 Multiplexing PCR 시스템을 확립함으로써 분석의 효율성을 극대화 시켰다(Fig 2).

EU에서 추진한 EID+DNA Tracing project의 4차 보고서 (<http://quiroy.uab.es/tracing/Reports/4th%20Report%20Extension%20Period/4th%20Report%20Extension%20Period.pdf>)에 의하면, 12 종의 MS marker를 자체 선정하여 복강 주입용 전자 chip을 활용하는 개체추적 방식의 정확도를 검증하였다. 이들이 선발한 12 MS marker 중 10개의 MS marker가 본 연구에서 선정한 것과 일치 하였다. 스위스에서는 2,049두에게 복강 전자 chip을 이식 한 후 개체추적을 실시하였고 이 중 약 10%의 돼지 시료에 대하여 DNA 동일성 검사를 실시한 결과 0%의 추적 오류가 있었음을 보고하였고, 스페인의 경우 2,288두에 전자 chip을 이식하고 이 중 약 3.2%를 DNA 검사한 결과 역시 0%의 추적 오류를 보였다고 보고하였다. 또한 Kaul 등 (2001)은 13개의 MS marker를 이용하여 재래 인도 돼지 중 North Indian type과 Northeast Indian type을 이용하여 무작위 교배집단으로 가정 시 동일개체 출현확률 값을  $3.67 \times 10^{-17}$ 과  $1.86 \times 10^{-16}$ 으로 추정하였고, 또한 두 type을 하나의 집단으로 가정하여 분석한 결과  $3.50 \times 10^{-19}$ 로 추정하여, 본 연구

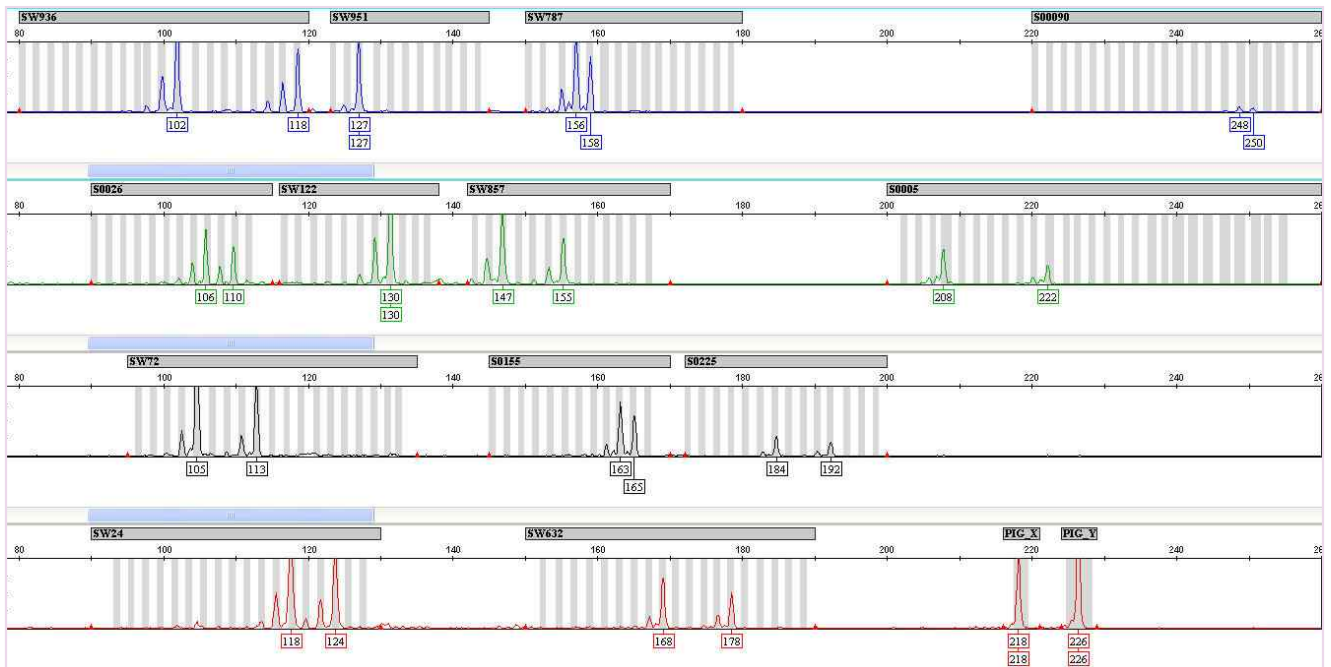


Fig. 2. A multiplex-PCR and size fractionation using 13 MS markers and 2 sexing primer on a ABI-3130XL genetic analyzer.

Table 2. Expected probability of identity ( $PI$ ), among genotypes of random individuals, probability of identity among genotypes from random half sibs ( $PI_{half-sibs}$ ), among genotypes of random individuals, probability of identity among genotypes from random sibs ( $PI_{sibs}$ ), exclusionary power of the second parent ( $PE$ ), and the probability of parent exclusion when both parents are unconfirmed ( $PE_{pu}$ )

No. of MS	$PI$	$PI_{half-sibs}$	$PI_{sibs}$	$PE_{pu}$	$PE$
17 <sup>a</sup>	$1.09 \times 10^{-17}$	$1.09 \times 10^{-13}$	$1.09 \times 10^{-7}$	0.99974	1.00000
13 <sup>b</sup>	$2.47 \times 10^{-18}$	$6.39 \times 10^{-13}$	$1.08 \times 10^{-8}$	0.999998	0.999669

a, the 17 MS markers in Table 1 and b, the 13 MS markers (*SW936*, *SW951*, *SW787*, *S00090*, *S0026*, *SW122*, *SW857*, *S0005*, *SW72*, *S0155*, *S0225*, *SW24* and *SW632*) selected from the 17 MS markers by the rank of heterozygosity and PCR product size

의 결과와 유사한 무작위 교배 집단에서의 동일개체 출현 확률 값을 보고하였다. 이들이 사용한 13개의 MS marker 중 S0005, S0225, S0226, SW24, SW72 그리고 SW122 6개의 MS marker 가 본 연구에서 최종 선발된 것과 일치하였다. 즉, EU와 인도에서 사용한 MS marker들은 본 연구에서 선발한 것과 약 75%와 50%가 일치하여 본 연구에서 선발한 13개의 MS marker가 충분히 범용 적으로 활용될 수 있음을 간접적으로 입증해 주는 것으로 사료된다.

최종 선발된 13종의 MS marker의 국내 양돈 산업에 적용 가능성 검증을 위해 Landrace, Large White 그리고 Duroc을 이용해 3원 교잡되어 생산된 돼지 400두를 대상으로 대립유전자형을 분석해 무작위 교배집단 ( $PI$ ), 반형매 교배집단 ( $PI_{half-sibs}$ ), 전형매 교배집단 ( $PI_{sibs}$ )으로 가정하여 분석한 결과  $2.47 \times 10^{-18}$ ,  $6.39 \times 10^{-13}$  그리고  $1.08 \times 10^{-8}$ 로 추정되었고, 친자확인율에서도 100%에 가까운 확률 값을 추정할 수 있었다 (Table 2). 이는 선발된 13종의 MS marker를 활용하더라도 국내의 상업돈군으로 활용되는 3원 교잡종에서도 충분한 개체식별 및 친자 감별이 가능하며, 이를 이용해 브랜드 식별 및 원산지 추적에 활용 가능하다고 사료되어 진다. 따라서 돼지의 원산지 추적 및 브랜드육 식별을 위한 친자감별에는 분석비용 및 실험의 효율성 등을 감안하여 13종의 MS 마커를 활용하여도 충분히 분석이 가능하다고 사료되어 진다.

#### IV. 요약

돼지 원산지 추적 및 브랜드육 식별을 위한 MS marker set를 확립하기 위해 EU의 EID+DNA DNA Tracing 연구 project, 국제동물유전학회 및 Roslin 연구소 등에서 제안한 돼지의 다형성 분석에 사용되는 MS marker 중 17종을 선발하여 다형성지수,  $F$ -통계량, 동일개체 출현확률 및 친자 감별확률 등을 MSA, CERVUS, FSTAT, GENEPOP 및 API-CALC 프로그램 등을 연계적으로 활용하여 추정하였다. 다형성지수 추정치를 1차 선발요인으로 하고, 각 MS marker의 PCR 결과물의 크기 및 분석 비용의 경제성을 추

가로 감안하여 최종 13종의 MS marker (*SW936*, *SW951*, *SW787*, *S00090*, *S0026*, *SW122*, *SW857*, *S0005*, *SW72*, *S0155*, *S0225*, *SW24* and *SW632*)와 성감별을 위한 2개의 성감별 primer로 조합된 하나의 Multiplexing PCR 시스템을 확립하였다. 이를 이용해 돼지 사육환경을 무작위 교배집단 ( $PI$ ), 반형매 교배집단 그리고 전형매 교배집단으로 가정하여 동일개체 출현확률을 분석한 결과  $2.47 \times 10^{-18}$ ,  $6.39 \times 10^{-13}$  그리고  $1.08 \times 10^{-8}$ 로 나타나 브랜드 식별 및 원산지 추적에 적합할 것으로 사료된다.

#### V. 사 사

본 연구에 참여한 대학원생은 교육과학기술부 2단계 BK21 사업의 장학금을 수혜 받았으며, 농림수산식품부 농림기술개발사업 (과제번호:109177-03-1-SB010)의 지원에 의해 이루어진 연구결과와 일부이며 연구비 지원에 감사드립니다.

#### VI. 인용 문헌

1. Ayres, K. L. and Overall, A. D. J. 2004. API-CALC 1.0: a computer program for calculating the average probability of identity allowing for substructure, inbreeding and the presence of close relatives. *Molecular Ecology Notes* 4:315-318.
2. 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 bualis*). *Anim. Genet.* 28:1-13.
3. Bjornstad, G., Nilsen, N. O. and Roed, K. H. 2003. Genetic relationship between Mongolian and Norwegian horses? *Anim. Genet.* 34:55-58
4. Blott, S. C., Williams, J. L. and Haley, C. S. 1999. Discriminating among cattle breeds using genetic markers. *Heredity* 82:613-619
5. Dieringer, D. and Schlitterer, C. 2002. Microsatellite analyser

- (MSA): a platform independent analysis tool for large microsatellite data sets. *Molecular Ecology Notes* 3(1):167-169.
6. Goudet, J. 2001. FSTAT, a program to Estimate and Test Gene Diversities and Fixation Indices (version 2.9.3). Available from <http://www.unil.ch/izea/software/fstat.html>
  7. IHGSC (International Human Genome Sequencing Consortium). 2001. Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature* 409:860-921.
  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. Marshall, T. C., Slate, J., Kruuk, L. E. B. and Pemberton, J. M. 1998. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Mol. Ecol.* 7:639-655.
  10. Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *Am. Nat.* 106:283-292.
  11. Kaul, R., Singh, A., Vijn, R. K., Tantiá, M. S. and Behl, R. 2001. Evaluation of the genetic variability of 13 microsatellite markers in native Indian pigs. *J. Genet* 80:149-153.
  12. Raymond, M. and Rousset, F. 1995. GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism. *J. Heredity* 86:248-249.
  13. Weir, B. S. and Hill, W. G. 2002. Estimating F-statistics. *Annu. Rev. Genet.* 36:721-50.
  14. 농림수산식품부. 2008. 농림수산 식품 통계연보
  15. 임현태, 민희식, 문원근, 이재봉, 김재환, 조인철, 이학교, 이용욱, 이정규, 전진태. 2005. 한우 생산이력제에 활용 가능한 Microsatellite의 분석과 선발. *동물자원과학회지.* 47(4):491-500.
- (접수일자 : 2009. 6. 2. / 수정일자 : 2009. 6. 15. / 채택일자 : 2009. 6. 17.)