

Microsatellite Marker를 사용한 재래 닭 품종 유전적 특성 및 개체 식별력 분석

이건우¹ · 오재돈¹ · 이진아¹ · 조규호² · 남인식³ · 이준현⁴ · 서옥석² · 전광주¹ · 이학교¹ · 공홍식^{1,†}

¹한경대학교 유전정보연구소, ²축산과학원, ³축산물 위생요소중점관리기준원, ⁴충남대학교

Estimation of Genetic Characteristic and Cumulative Power of Discrimination using the Microsatellite Markers in Korean Native Chicken

Kun-Woo Lee¹, Jae-Don Oh¹, Jin-Ah Lee¹, Kyu-Ho Cho², In-Sik Nam³, Jun-Heon Lee⁴, Ok-Suk Seo²,
Gwang-Joo Jeon¹, Hak-Kyo Lee¹ and Hong-Sik Kong^{1,†}

¹Genomic Informatics Center, Hankyong National University, Ansung 120-752, Korea

²National Institute of Animal Science, Korea

³Korea Livestock Products HACCP Accreditation Service, Anyang 430-821, Korea

⁴Chungnam National University, Daejeon 305-764, Korea

ABSTRACT To estimate the genetic characteristics and cumulative power of discrimination (CPD) Korean Native Chicken. We used a total of 195 genomic DNAs from four breeds population (Korean Native Red chicken: R, Korean Native Yellow chicken: Y, Korean Native Black chicken: L, Ogal chicken: S). Frequencies of microsatellites markers were used to estimate heterozygosities and genetic distances. The lowest distance (0.05) was observed between the R and L strains and the highest distance (0.158) between the L and S strains. Korean native chicken strains (R, Y, K) have each other comparatively near genetic distance. Cumulative power of discriminate (CPD) was 99.999% by including the 10 microsatellites loci individual identification system. And then matching probability in that two different individuals incidentally have same genotype was estimated to 0.36×10^{-7} . The system employing the 10 markers therefore provided to be applicable to individual identification in Korea native chicken.

(Key words : Korean native chicken, microsatellite markers, CPD)

서 론

60년대 이후 산업화 과정에서 산란 능력이 우수하고 체중이 높은 일본, 미국, 유럽 품종 닭의 선호도가 높아지면서 외래종에 비해 경제적 능력이 열등한 재래종은 유전자원에 대한 인식 부족과 관심 저하로 멸종 상태에 이르게 되었다. 이로 인해 우리는 해마다 미국, 영국 등 해외 여러 나라로부터 비싼 값(56억원/년)을 치르고 40만수 이상의 외국 종자를 수입하고 있다. 최근 조류인플루엔자 발생과 광우병 등과 같이 축산물 안전성에 대하여 국민적 관심이 어느 때보다 높아지면서 외래종보다는 재래종의 선호도가 높아지고 있다. 또한 전 세계적으로 재래가축 유전자원의 중요성이 부각되었고 (Notter, 1999), 이에 농촌진흥청 축산과학원은 멸종위기에 처해 있던 한국의 재래닭 3계통(적갈색, 황갈색 그리고 흑

색)을 복원하였다. 국내 토종닭 시장의 유통량은 연간 6천만 수 내외로 전체 닭고기 소비량의 10% 정도를 차지하고 있으나, 각종 유사 닭의 둔갑 판매로 그 동안 문제점을 안고 있었다. 축산과학원은 재래닭의 순수화 복원에 의한 순수 계통 육성 및 생산성이 증대된 실용 재래닭 개발로 농가 보급을 수행하고 있어 소비자들에게는 안전성에 대한 신뢰도 향상과 생산자에게는 경영 환경 구축에 도움이 되고 있다(농촌진흥청, 2009). 따라서 고유 가금 유전자원인 복원된 한국 재래닭 순수 계통의 지속적인 품종 특성 유지 및 개량을 위한 노력이 필요한 실정이다.

국제적으로 고유종자 확보의 중요성이 강조되면서 유전적 다양성 및 타 품종간 유연 관계 및 유전적 특성에 관한 연구가 다양하게 제시되고 있다(Arranz et al., 1996; Blott et al., 1999; Lee and Pollak, 2002; Yoon et al., 2005; Kim et al.,

[†] To whom correspondence should be addressed : kebinhs@empal.com

2007; Oh et al., 2008). 그리고 이러한 재래 유전자원의 특성을 규명하고 이를 근거로 한 집단 육성을 통한 계통 보존 육성이 매우 중요한 시점에 있다. 따라서 분자유전학적 유전표지를 근거로 한 계통 분류는 품종 식별, 개체 식별 및 외래품종간 차별성 제공 등을 통하여 한국 재래닭의 유전자원으로서의 활용 측면에서 매우 유용한 정보를 제공할 수 있을 것으로 생각된다. Microsatellite(MS) marker는 유전적 다양성이 높고 동물 계통 전반에 걸쳐 분포한다는 특성을 가지고 있어 집단 내 또는 집단 간 유전적 유연관계 및 다양성을 추정하는데 널리 활용되고 있다(Buchanan et al., 1994; Barker et al., 1997; Peelman et al., 1998; Martin et al., 1999; Li et al., 2000; Bjornstad et al., 2003). MS marker의 유전다형 형태를 분석하는 일련의 유전자 감식 방법이 개체 식별의 강력한 수단으로 제공되고 있어 현재 가장 보편화된 분석 방법으로 채택되고 있다(Fries and Durstewitz, 2001; Sancrostoal et al., 2000; Vignal et al., 2002). 또한 유전적 다양성이 높은 MS marker를 누적 활용할 경우 각종 가족이나 가금들에 있어서 유전적 차별성이 내재되어 있는 집단의 유전적 특성에 근거한 집단 또는 품종 식별이 가능하다고 Fan et al.(2002)이 보고한 바 있다. 이러한 초위성체 DNA는 각 품종별 유전적 특성을 잘 반영하고 있으므로 한국재래닭의 유전적 특성을 잘 반영하고 있는 MS marker의 선발을 통해 개체 식별에 적용하는 것은 검정력 및 신뢰도를 높일 수 있는 핵심이라 할 수 있다. 국내의 경우, 소와 돼지 등에서 MS marker를 이용한 개체 식별과 관련된 연구들이 상당수 보고된 바(Oh et al., 2007; Kim et al., 2009; Lim et al., 2009) 있으나, 재래닭의 경우 다소 부족한 실정이다. 따라서 본 연구는 국내 재래닭 집단에서 동일성 검사를 시행하였을 경우 일련의 출현 유전자형 빈도를 통해 개체 식별력(Power of discrimination: PD)과 누적 개체 식별력(Cumulative power of discrimination: CPD)를 산출하여 유전자 표지에 따른 오류 확률을 통계적으로 해석하여 보다 효율적인 개체 식별 체계 검증을 위한 유전자 감식 시스템의 적용 모델 설정에 활용하고자 실시하였다.

재료 및 방법

1. 공시 재료 및 Microsatellite Marker

본 연구를 위해 농촌진흥청 축산과학원에서 순수 혈통이 유지되어온 재래닭 3계통(적갈색, 황갈색 그리고 흑색) 및 오골계 집단, 총 4개의 집단(총 195수)을 공시 재료로 이용하였고(Table 1), 집단 간의 유전적 다양성 분석 및 개체 식별력

계산을 위해 10종의 Microsatellite marker를 활용하였다(Table 2).

2. Genomic DNA 분리 및 유전자 증폭

채취한 혈액에서의 Genomic DNA 분리 및 정제는 Miller et al.(1998)의 방법을 일부 변형하여 분리정제하였으며, 분리

Table 1. Populations, number of individuals and origin of the chicken used in this study

Populations	No of sample	Origin
Korean Native Red chicken strain	60	Korea
Korean Native Yellow chicken strain	46	Korea
Korean Native Black chicken strain	40	Korea
Ogol chicken	49	Korea
Total	195	

Table 2. DNA amplification primer and characteristics of PCR product analyzed in four chicken breeds

Loci	Primers (5'-3')	Chromosome	Size range (bp)
MCW 330	TGGACCTCATCAGTCTGACAG AATGTTCTCATAGAGTTCCTGC	17	269~289
MCW 295	ATCACTACAGAACACCCCTCTC TATGTATGCACGCAGATATCC	4	91~103
MCW 248	TTGCATTAAGTGGGCACTTTC GTTGTTCAAAAGAAGATGCATG	1	216~224
MCW 216	GGGTTTTACAGGATGGGACG AGTTTCACTCCCAGGGCTCG	13	137~148
MCW 98	GGCTGCTTTGTGCTCTTCTCG CGATGGTCGTAATTTCTCACGT	4	259~261
MCW 78	CCACACGGAGAGGAGAAGGTCT TAGCATATGAGTGTACTGAGCTTC	5	138~146
MCW 67	GAGATGTAGTGCCACATTCCGAC GCACTACTGTGTGCTGCAGTTT	10	177~183
ADL 278	CCAGCAGTCTACCTTCCTAT TGTCATCCAAGAACAGTGTG	8	113~125
ADL 268	CTCCACCCCTCTCAGAACTA CAACTTCCCATCTACCTACT	1	104~116
LEI 94	GATCTCACCAGTATGAGCTGC TCTCACACTGTAACACAGTGC	4	248~284

된 DNA는 TE Buffer(10 mM Tris-HCL, pH 7.4, 1 mM EDTA)에 용해하였다.

PCR(Polymerase Chain Reaction) 반응액 조성은 10 ng의 template DNA, 3 pmol fluorescent dye labeling primer pairs, 2.5 mM dNTPs, PCR reaction buffer (10 mM Tris-HCL, pH 8.3, 50 mM KCl, 1.5 mM MgCl₂), 0.5 U Taq DNA polymerase(TaKaRa Shuzo Co., Shiga, Japan) 및 ddH₂O를 첨가하여 PCR 반응액을 총 10 μ L로 조정한 후 94 $^{\circ}$ C에서 pre-denaturation 5분, 94 $^{\circ}$ C에서 denaturation 30초, 각 marker별로 적절한 annealing 온도에서 annealing 40초, 그리고 72 $^{\circ}$ C에서 extension 1분으로 총 35 cycles 실행 후 final extension을 72 $^{\circ}$ C 10분 동안 수행하여 증폭된 PCR-products는 증폭된 단편의 크기가 예상된 allele size 범위 내에 존재하는지, PCR 조건의 적정성 여부를 확인하기 위하여 EtBr(ethidium bromide)이 포함된 2% agarose gel에 전기영동하고 UV상에서 관찰하였다.

2. 유전자형 분석

PCR 산물은 적정량의 deionized water로 희석하고 DNA : formamide : size standard(Genescan-400 HD)를 1 μ L : 10 μ L : 0.5 μ L 비율로 혼합하여 95 $^{\circ}$ C 이상에서 10분간 denaturation 시키고, ABI 3130 Genetic Analyzer(Appiled Biosystems, USA)로 분석하였다. Genemapper version 4.0(Perkin-Elmer Co., USA)을 이용하여 분석된 자료를 모아 수집하였다. 전기영동시 Performance Optimized Polymer 7(POP7)(Appiled Biosystems, USA)와 10 \times Buffer(with EDTA)를 1 \times 로 희석하여 사용하였고, run time은 22분으로 하였다. 유전자형은 Genotyper software version 2.5(Appiled Biosystems, USA)를 이용하여 분석하였다.

3. 통계분석

Genotyper Software에 의해 결정되어진 microsatellite marker별 대립 유전자들은 Microsatellite toolkit software(Park, 2000, in personnel)를 이용하여 분석 집단별 및 개체별로 정리한 후 관측 이형 접합도(observed heterozygosity), 대립 유전자 빈도(allele frequency), 각 locus별 대립 유전자의 수 및 품종 집단별 대립 유전자 수를 산출하였다. 분석된 MS 좌위별 각각의 집단에 대한 다형성 정보량(Polymorphic Information Content; PIC)는 Nei(1972, 1978)의 방법을 통해 산출하였다.

$$PIC=1 - \sum_{i=1}^n P_i^2 - \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n P_i^2 P_j^2$$

여기서 n 은 대립 유전자 수이며, P_i 는 i 번째 대립 유전자 빈도, P_j 는 j 번째 대립 유전자 빈도이다.

집단 간 유연관계 분석을 위한 Da genetic distances의 추정 은 Nei et al. (1983)의 방법을 사용하는 집단 유전학 분석 프로그램인 DISPAN(Ota, 1993) package를 이용하여 계산하였으며, DISPAN을 이용하여 UPGMA(unweighted pair-group method with arithmetic average)(Sneath and Soka, 1973) 방법을 통해 집단 간의 유전적 거리를 근거로 한 phylogenetic tree를 작성하였다.

분석에 사용된 유전자 표지(MS)에 대한 개체 식별력(Power of Discriminate: PD)은 임의로 선택된 2개체가 동일한 유전자형을 나타내지 않을 확률로 계산되었으며, 다른 2개체가 서로 동일한 유전자형을 가질 확률인 짝확률(Matching probability : W)과의 관계는 다음과 같다.

$$PD=1-W$$

$$PD=1 - \sum_{i=1}^k X_i^2$$

여기서 k 는 집단에 출현되는 유전자형(Genotype) 개수이며, X_i 는 특정 유전자좌에서 i 번째 유전자형의 출현 빈도를 나타낸다. 또한 분석에 사용된 대상 유전자좌에 대한 누적 개체 식별력(CPD)는 다음과 같이 추정하였다.

$$CPD=1- \prod_{i=1}^M (1-PD)$$

여기서 M 은 분석에 이용된 marker(loci)의 개수를 표시한다.

결과 및 고찰

본 연구는 10종의 MS(microsatellite) Marker를 이용하여 한국 재래닭 품종 내 외모 특성에 의해 구분되는 3계통(적갈색: 60수, 황갈색: 46수, 흑색: 40수)과 오골계 집단(49수), 총 4계통(총 195수)에 대한 유전 특성을 분석하고, 이를 활용하여 동일성 검정을 실시할 경우 개체 식별에 대한 신뢰도를 검정하기 위해 실시하였다.

10종의 MS marker를 분석한 결과를 각 집단의 평균 대립 유전자수, 기대되는 이형 접합도(expected heterozygosity: Ex H), 그리고 관측된 이형 접합도(observed heterozygosity: Ob H)를 Table 3에 제시하였다. 분석된 결과, 가장 많은 대립 유전자를 보유하고 있는 계통은 적갈 계통(R)이 4.2개로 나타났으며, 오골계 집단(S)은 3.8개로 가장 적은 대립 유전자를 보유하고 있는 것으로 확인되었다. 기대되는 이형 접합도의

경우 0.577에서 0.592로 4개의 집단에서 비교적 균일하게 나타났다. 흑색 계통(L)의 경우 기대되는 이형 접합도가 0.592로 가장 높게 나타났다. 관측된 이형 접합도의 경우 흑색 계통에서 0.587로 가장 높게 나타났으며, 황갈색 계통은 0.508로 가장 낮게 나타났다. 전반적으로 4개의 집단 모두에서 기대되는 이형 접합도에 비해 관측된 이형 접합도가 낮은 것으로 확인되었는데, 이는 멸종 위기에 놓여있던 한국 재래닭을 복원하는 과정에서 적은 개체수를 이용해 계통을 조성하고 집단을 유지해오는 과정에서 기인한 것으로 사료된다.

Table 4는 각 MS marker의 집단별 기대되는 이형 접합도

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

Population	Sample size	MNA	Ex H	Ob H
R	60	4.20	0.578	0.560
Y	46	3.60	0.574	0.508
L	40	4.00	0.592	0.587
S	49	3.80	0.577	0.530

R: Korean Native Red chicken, Y: Korean Native Yellow chicken, L: Korean Native Black chicken, S: Ogal chicken. Ex H: Expected heterozygosity, Ob H: Observed heterozygosity.

Table 4. Expected and observed heterozygosity polymorphism information content (PIC) values obtained from 10 microsatellites in 4 populations

Loci	Ex H				Ob H				PIC			
	R	Y	L	S	R	Y	L	S	R	Y	L	S
MCW78	0.112	0.379	0.143	0.492	0.083	0.152	0.050	0.347	0.108	0.305	0.136	0.368
MCW67	0.629	0.627	0.543	0.546	0.583	0.674	0.575	0.694	0.553	0.544	0.477	0.453
MCW330	0.568	0.604	0.648	0.619	0.617	0.674	0.675	0.571	0.478	0.512	0.563	0.543
MCW98	0.448	0.419	0.506	0.247	0.433	0.283	0.525	0.286	0.346	0.329	0.375	0.215
MCW295	0.748	0.673	0.671	0.702	0.767	0.413	0.550	0.633	0.698	0.611	0.610	0.641
MCW216	0.637	0.424	0.606	0.587	0.683	0.391	0.575	0.245	0.589	0.366	0.529	0.539
ADL278	0.649	0.497	0.626	0.575	0.667	0.478	0.625	0.633	0.609	0.454	0.567	0.510
LEI094	0.784	0.811	0.844	0.755	0.733	0.804	0.925	0.694	0.750	0.774	0.812	0.707
ADL268	0.762	0.728	0.700	0.762	0.633	0.717	0.800	0.796	0.720	0.672	0.636	0.710
MCW248	0.448	0.577	0.639	0.490	0.400	0.500	0.575	0.408	0.400	0.503	0.554	0.385

R: Korean Native Red chicken, Y: Korean Native Yellow chicken, L: Korean Native Black chicken, S: Ogal chicken, Ex H: Expected heterozygosity, Ob H: Observed heterozygosity, PIC: Polymorphism information content.

(expected total heterozygosity), 관측된 이형 접합도(observed heterozygosity) 및 PIC(polymorphism information content)를 제시하였다. LEI094의 경우 기대되는 이형 접합도, 관측된 이형 접합도 그리고 PIC가 4개 집단 모두에서 상당히 높은 값을 나타내고 있다. 흑색 계통의 경우, 관측된 이형 접합도가 0.925로 전체에서 가장 높게 나타났으며, 기대되는 이형 접합도(0.844)과 PIC(0.812) 역시 가장 높은 값을 확인할 수 있었다. MCW78의 경우는 전반적으로 낮은 값이 기대되는 이형 접합도, 관측이형 접합도 그리고 PIC 값을 나타내고 있는데, 특이한 점은 재래닭(적갈색, 황갈색 및 흑색) 집단에서 관측된 이형 접합도는 0.05에서 0.152로 현저히 낮게 나타난 반면 오골계 집단에서는 0.347로 나타나 집단 간 유전적 구조의 차이를 반영하고 있음을 확인할 수 있었다.

집단 간의 유전적 유연관계를 알아보기 위해 각 MS marker별 대립 유전자의 빈도를 산출하여 이를 근거로 집단 간의 보정을 통한 Nei et al.(1983)의 방법을 이용하는 DISPAN program을 활용하여 추정된 유전적 거리를 Table 5에 제시하였다. 분석 결과 R(적갈색 계통)과 L(흑색 계통)간의 유전적 거리는 0.05로 가장 가까운 것으로 나타났으며, R과 Y(황갈색 계통, 0.073), Y과 L(0.083) 역시 가까운 유전적 거리를 나타내고 있음을 확인하였다. 반면, 재래닭 집단과 오골계 집단(S) 간의 유전적 거리는 0.149(R과 S), 0.144(Y과 S), 그리고 0.158(L과 S)으로 비교적 먼 것으로 나타나 재래닭 집단

과 오골계 집단 간의 유전적 차별성을 확인할 수 있었다. 이렇게 분석된 genetic matrix(Table 5)를 근거로 하여 NJ(Neighbor- Joining)(Saitou and Nei, 1987)의 clustering 방법을 이용하여 Fig. 1에 집단 간의 분지도를 작성하여 제시하였다.

10종의 MS marker를 대상으로 개별 유전 표지의 개체 식별력 및 누적 개체 식별력을 제시하였다(Table 6). 이러한 개체 식별력의 추정 통계량은 혈연관계가 없는 서로 다른 개체가 동일한 유전자형을 나타내지 않을 확률을 계산한 것이며, 이는 서로 다른 개체가 동일한 유전자형을 나타낼 확률 추정치를 누적하여 비교하였다. 8종의 MS marker를 사용할 경우 서로 다른 개체가 동일한 유전자형을 나타낼 확률 추정치는 0.102×10^{-5} 이었으며, 누적 식별력은 99.999%로 확인되었다. 분석에 제시된 총 10종의 MS marker를 동일성 검정

Table 5. Matrix of DA genetic distances observed among the populations

	R	Y	L	S
R	-			
Y	0.073	-		
L	0.050	0.083	-	
S	0.149	0.144	0.158	-

R: Korean Native Red chicken, Y: Korean Native Yellow chicken, L: Korean Native Black chicken, S: Ogal chicken.

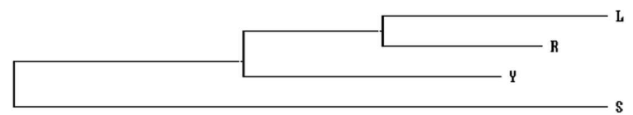


Fig. 1. Phylogenetic tree showing the genetic relations among 4 population based on DA genetic distance (Nei et. al., 1983) in Koeran native chicken. The numbers indicate bootstrap values in percentage after 1,000 re-sampling. R: Korean Native Red chicken, Y: Korean Native Yellow chicken, L: Korean Native Black chicken, S: Ogal chicken.

을 위한 개체 식별 시스템에 활용할 경우 0.255×10^{-7} 의 정확도를 값이 추정되었다. 본 연구에서 대상 축군으로 활용한 한국재래닭 집단과 오골계 집단은 축산과학원에서 몇안되는 순수재래계를 전국적으로 수집하여 순수한 복원을 위하여 조성한 집단으로서 그 유전적 다양성이 비교적 낮은 상태이다. 다른 재래가축을 대상으로 한 유전적 다양성을 연구한 보고에 의하면 (Chen et al., 2004; Cho and Cho, 2004; Jin et al., 2005; Osman et al., 2005) 일반적으로 재래 가축들의 유전적 변이가 상당한 기간 동안 특정 경제형질을 목표로 하여 이를 바탕으로 개량이 진행되어 유전적 균일성이 검증된 외래품종들에 비해 상당히 높게 나타나는 경향을 보이는 반면에, 특정 지역에서 오랫동안 제한된 종모축을 활용하여 축군이 유지된 경우에는 급격한 유전변이 감소가 보인다고 언급하고 있다. 본 연구 결과, 한국재래닭 집단 내 유전변이가

Table 6. Estimation of matching probability (W) and power of discriminate (PD) using 10 different marker in 4 strain of Korea native chicken

Loci	No. of allele	Matching probability (W)		Power of discriminate (PD)	
		IW	CW	PD (%)	CPD (%)
M1 (MCW 78)	3	0.511	0.511	48.86	48.860
M2 (MCW 67)	3	0.226	0.115	77.33	88.408
M3 (MCW 330)	3	0.211	0.244×10	78.86	97.550
M4 (MCW 98)	2	0.410	0.100×10	58.94	98.994
M5 (MCW 295)	6	0.094	0.951×10^{-3}	90.53	99.904
M6 (MCW 216)	5	0.172	0.164×10^{-3}	82.71	99.983
M7 (ADL 278)	6	0.158	0.261×10^{-4}	84.13	99.997
M8 (LEI 094)	9	0.039	0.102×10^{-5}	96.08	99.999
M9 (ADL 268)	5	0.093	0.959×10^{-7}	90.60	99.999
M10 (MCW 248)	3	0.266	0.255×10^{-7}	73.38	99.999

CPD: Cumulative power of discrimination.

비교적 낮게 추정된 것은 이러한 이유에서 기인한 것으로 사료된다. 결국 재래닭 집단에서 산업화를 위한 개체 식별 또는 동일성 검정 시스템의 확립을 위해서는 재래닭 집단 내에서 다양성을 확보하고 있는 MS marker의 발굴을 통해 누적 식별력에 대한 신뢰도를 높일 수 있는 최적의 marker set을 구성하여야 한다.

적 요

본 연구는 10종의 MS(microsatellite) Marker를 이용하여 한국 재래닭 품종 내 외모 특성에 의해 구분되는 3계통(적갈색: 60수, 황갈색: 46수, 흑색: 40수)과 오골계 집단(49수), 총 4계통(총 195수)에 대한 유전 특성을 분석하고, 이를 활용하여 동일성 검정을 실시할 경우 개체 식별에 대한 신뢰도를 검정하기 위해 실시하였다. 집단 간의 유전적 유연관계를 알아보기 위해 각 MS marker별 대립 유전자의 빈도를 산출하여 이를 근거로 집단 간의 보정을 통한 방법을 이용하는 DISPAN program을 활용하여 유전적 거리에 대한 추정 결과 R(적갈색 계통)과 L(흑색 계통)간의 유전적 거리는 0.05로 가장 가까운 것으로 나타났으며, R과 Y(황갈색 계통, 0.073), Y과 L (0.083) 역시 가까운 유전적 거리를 나타내고 있음을 확인하였다. 반면, 재래닭 집단과 오골계 집단(S) 간의 유전적 거리는 0.149(R과 S), 0.144(Y과 S) 그리고 0.158(L과 S)으로 비교적 먼 것으로 나타나 재래닭 집단과 오골계 집단 간의 유전적 차별성을 확인할 수 있었다. 10종의 MS marker를 대상으로 누적 개체 식별력을 계산한 결과 99.999%로 확인되었고 0.255×10^{-7} 의 정확률 값이 추정되었다.

(색인어 : 재래닭, 초위성체마커, 식별력)

사 사

본 연구는 경기도의 경기도지역협력연구센터(GRRC 한경 2009-B05)와 농촌진흥청에 FTA 대응기술개발 사업에 일환으로 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.

Buchanan FC, Adams LJ, Littlejohn RP, Maddox JF, Cranford AM 1994 Determination of evolutionary relationships among sheep breeds using microsatellites. Genomics 22:397-403.

Chen GH, Wu XS, Wang DQ, Qin J, Wu SL, Zhou QL, Xie F, Cheng R, Xu Q, Liu B, Zhang XY, Olowofeso O 2004 Cluster analysis of 12 Chinese Native Chicken populations using microsatellite markers. Asian-Aust J Anim Sci 17:1047-1052.

Cho GJ, Cho BW 2004 Microsatellite DNA typing using 16 markers for parentage verification of the Korean Native Horse. Asian-Aust J Anim Sci 17:750-754.

Fan B, Wang ZG, Li YJ, Zhao XL, Liu B, Zhao SH, YU M, Li MH, Chen SL, Xiong TA, Li K 2002 Genetic variation analysis within and among Chinese indigenous swine populations using microsatellite markers. Anim Genet 33:422-427.

Fries R, Durstewitz G 2001 Digital DNA signatures: SNPs for animal tagging. Nat Biotechnol 19:508.

Jin HG, Zhao YM, Zhou GL 2005 Analysis of microsatellite DNA polymorphisms in five China Native Cattle breeds and application to population genetics studies. Asian-Aust J Anim Sci 18:1696-1700.

Kim MJ, Li GH, Oh JD, Cho KH, Jeon GJ, Choi BH, Lee JH, Kong HS, Lee HK 2007 Characterization of a Korean traditional porcine breed using microsatellite markers and the establishment of an individual identification system. Korean J Food Sci Ani Resour 27:150-156.

Lee C, Pollak EJ 2002 Genetic antagonism between body weight and milk production 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.

Martin-Burriel I, Garcia-Muro E, Zaragoza P 1999 Genetic diver-

- sity analysis of six Spanish native cattle breeds using microsatellite. *Anim Genet* 30:177-182.
- Miller SA, Kykes DD, Polesky HF 1998 A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucl Acids Res* 16:1215.
- Nei M 1972 Genetics distance between populations. *Am Nat* 106:283-292.
- Nei M 1978 Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89: 583-590.
- Nei M, Taima F, Tateno Y 1983 Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *J Mol Evol* 19:153-170.
- Notter DR 1999 The importance of genetic diversity in livestock populations of the future. *J Anim Sci* Jan Review 77: 61-69.
- Oh JD, Kang BS, Kim HK, Park MN, Chae EJ, Seo OS, Lee HK, Jeon GJ, Kong HS 2008 Genetic relationship between populations and analysis of genetic structure in the Korean native chicken and the endemic chicken breeds. *J Poult Sci (KOR)* 35:361-366.
- Osman SAM, Sekino M, Nishibori M, Yamamoto Y, Tsudzuki M 2005 Genetic variability and relationships of native Japanese chickens assessed by microsatellite DNA profiling - focusing on the breeds established in Kochi Prefecture Japan. *Asian-Aust J Anim Sci* 18:755-761.
- Ota T 1993 DINPAN. Pennsylvania State University PA USA.
- Park S 2000 Microsatellite Toolkit for MS Excel 97 or 2000, 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 29:161-167.
- Saitou N, Nei M 1987 The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic tree. *Mol Biol Evol* 4:406-425.
- Sancrostoval M, Renald G, Amigues Y 2000 Tracabilite individuelle des viandes bovine a l'aide de marqueuse genetiques. *INRA Prod Anim* 13:269-276.
- Sneath PHA, Soka RR 1973 Numerical Taxonomy, Freeman San Francisco.
- Vignal A, Milan D, SanCrostobal M, Eggen A 2002 A review on SNP and their use in animal genetics. *Geenet Sel Evol* 34:275-305.
- Yoon DH, Park EW, Lee SH, Oh SJ, Cheong IC, Hong KC 2005 Assessment of genetic diversity and relationships between Korean cattle and other cattle breeds by microsatellite loci. *J Anim Sci & Technol(Kor)* 47:341-354.
- 김상욱 장희경 김관석 김종주 전진태 윤두학 강성호 정효일 정일정 2009 초위성체 DNA 표지인자를 이용한 국내 육우집단의 품종특성 및 개체 식별 체계설정. *한국동물자원과학회지* 51:273-282.
- 농촌진흥청 2009 토종 '우리맛닭' 종자산업화 실적과 향후 비전.
- 오재돈 공홍식 이제현 양대용 전광주 이학교 2008 초위성체 유전표지를 이용한 한우와 외래품종간의 유전적 변이와 유연관계 분석. *한국동물자원과학회지* 50:733-740.
- 임현태 서보영 정은지 유채경 종타오 조인철 윤두학 이정규 전진태 2009 돼지 브랜드 식별 및 원산지 추적에 활용 가능한 Microsatellite Marker Set의 확립. *한국동물자원과학회지* 51:201-206.

(접수: 2010. 3. 11, 수정: 2010. 3. 17, 채택: 2010. 3. 18)