

초위성체 표지를 이용한 한국재래돼지 집단의 분자유전학적 고찰

이풍연 · 위미순 · 고응규 · 손준규 · 이승수 · 진현주 · 연성흠 · 유용희 · 조창연*

농촌진흥청 국립축산과학원

Molecular Genetic Evaluation of Korean Native Pig Populations Based on Microsatellite Markers

Poongyeon Lee, Mi-Soon Wee, Yeoung-Gyu Ko, Jun-Kyu Son, Seung-Soo Lee, Hyun-Ju Jin, Seong-Heum Yeon, YongHee Yoo and ChangYeon Cho*

National Institute of Animal Science, R. D. A., Namwon 590-830, Korea

ABSTRACT

The study was conducted to select and optimize microsatellite (MS) markers for evaluation of Korean native pig (KNP) populations in order to provide standard for the classification and breed definition of the indigenous breeds. The study also aimed to characterize and classify each KNP populations. A total of 648 pigs from 17 pig populations including six KNP, four Chinese native pig and four commercial pig populations were analyzed with 26 MS markers. KNP populations formed separate cluster from those of Chinese native pig and introduced pig populations. Expected heterozygosity (He) of KNP populations were 0.48~0.55 except two populations with 0.65. Genetic distances between KNP populations were relatively shorter: 0.12-0.34. Among six KNP populations, three showed high genetic uniformity, two showed lower uniformity and one showed high level of impurity and heterozygosity. The results can be used to evaluate and manage animal genetic resources at national scale.

(Key words : Korean native pig, *Sus scrofa*, Heterozygosity, Microsatellite)

서 론

근대화 이후 한국 재래돼지는 낮은 성장률로 인해 흑색계통의 다른 품종과 교잡이 성행하게 되었으며, 성장이 빠른 유사 흑돼지로 대체되면서 사육두수가 급격히 감소하여 유전자원의 다양성 보존 개념의 보편화 이전에는 멸종위기에 처했지만, 농촌진흥청, 각 도 축산기관 및 농가의 노력으로 그 품종을 유지하게 되었다 (Jin, 2007). 본격적인 복원사업은 1980년대부터 제주 축산진흥원, 충북 도 종축시험장, 국립축산과학원에서 주로 수행되었다. 동물유전자원으로서의 한국재래돼지를 보다 효율적이고 체계적으로 수집, 관리, 평가, 보존 및 이용하기 위해서는, 단백질 수준뿐만 아니라 유전자 수준에서 분자 유전학적 분석기법을 응용한 유전적 특성 구명이 필수적이다. 더욱이 이러한 특성은 최근 관심이 증대되고 있는 육류의 원산지 추적을 위한 이력제 (traceability system)에도 이용될 수 있다 (Yoon et al., 2005). 현재 한국재래돼지의 분자유전학적 특성 평가를 위한 고유 순수 집단의 확보가 어려운 상황이므로, 축산과학원을 포함한 각 도 기관 및 농가 보유 한국 재래돼지와 상용품종, 그리고 인접한 중국 재래돼지의 분자유전학적 특성자료를 조사

를 통한 고유집단 특성 평가 데이터의 축적이 요구된다. 중국재래돼지 중 향돈 (香猪, Xiang pig), 장돈 (藏猪, Zang Pig, Tibetan Pig) 및 오지산돈 (五指山猪, Wujishan Pig)이 한국재래돼지와 유사하며, 지금의 체형과 비교하여 유사한 품종으로는 민돈 (民猪, Min pig), 기몽흑돈 (沂蒙黑猪, Yimeng Black Pig), 우돈 (Wei pig), 홍교돈 (虹橋猪, Hongqiao Pig) 및 대만돈 (臺灣猪, Taiwan Pig) 등이 있다 (Jin, 2007).

유럽돼지 품종과 중국의 재래종인 메산돈 및 유럽의 야생 멧돼지를 기초축으로 사용하여 1991년에 시작된 European Pig Gene Mapping Project (PiGMaP)의 결과로 돼지 유전체의 유전자지도가 1995년과 1996년에 발표 및 보완되었으며, 현재까지 계속해서 보완되어 오고 있다 (Yerle et al., 1995; Yerle et al., 1997). DNA를 이용한 분석기법에는 특정한 유전자내 단일염기 다형현상 (SNP)을 활용한 개체식별 및 특성평가방법 (Han et al., 2008; Kim et al., 2010), 초위성체 DNA (microsatellite, MS)의 개체별 유전자형을 활용한 유전자감식 기법 등이 개발되고 있다 (Vignal et al., 2002). Kim 등 (2007)은 국립축산과학원 보유 재래돼지 1개 집단과 3개 외래종을 13개 MS 표지를 이용하여 분석하여 개체

* Corresponding author : ChangYeon Cho, Animal Genetic Resources Station, National Institute of Animal Science, R. D. A., Namwon, 590-830, Korea. Tel: +82-63-620-3537, Fax: +82-63-620-3594, E-mail: bloodtype@korea.kr

식별이 가능하다고 보고하였다(Kim et al., 2007). 하지만, 이는 집단수가 작고 유럽품종만을 비교대상으로 분석하여, 한국재래돼지의 유전적 특성 규명을 위한 유전 표지로 활용하기에는 미흡한 상태이다. 지역별 재래돼지 집단간 및 개체간 식별력을 높이기 위해서는 더 많은 유전 표지의 분석이 요구된다. 본 연구는 국내 재래돼지 집단의 계통 분류 및 품종 등록의 기초가 되는 개체 및 집단의 분자유전학적 특성 평가를 위해 적합한 유전자 표지를 선정하고 이를 적용하여 각 집단의 특성을 평가하고 분류하기 위하여 실시하였다.

재료 및 방법

1. 공시재료 및 MS 표지 (MS marker)

국내 재래돼지 6집단(집단 A~F), 개량돈 4품종(듀록, 랜드레이스, 요크셔, 버크셔) 7집단, 그리고 향돈(화남형), 오지산돈(화남형), 민돈(화북형), 내강돈(서남형)의 4개 중국돼지품종을 포함하

는 총 17품종/집단 648두를 분석에 공시하였다(Table 2). 공시축 집단은 보유기관 및 농가에 따라 구분하였다. 국내재래돼지 6 집단은 4개 유전자원 관리기관이 각각 보유하고 있는 재래돼지 4개 집단과 2개 농가가 각기 보유하고 있는 2개 집단으로부터, 개량돈 7개 집단은 4품종 중 듀록, 랜드레이스, 요크셔 각 1개 집단과 2개 관리기관 보유 버크셔 4개 집단으로부터 시료를 수집하였다. 버크셔 4집단 중 1개 기관이 보유한 3집단의 버크셔는 알려진 도입 지역(미국 1, 일본 1, 미상 1)에 따라 구분하였다. 돼지 MS 표지 26종(SW268, SWR1848, SW168, SWr1008, SW2431, S0004, S0301, SW2, SW902, SW995, S0111, SW1682, SW1695, S0005, SW240, SW830, SW857, S0090, S0101, SW2008, SW632, SW72, CGA, S0155, S0355, S0228)을 사용하여 분석하였다(Roslin Bioinformatics Group; Rohrer et al., 1994; Ruyter et al., 1994; Alexander et al., 1996; Rohrer et al., 1996; NAGRP, 1998; Lopez-Corrales et al., 1999; ISAG/FAO, 2004; Han et al., 2008). (Table 1)

Table 1. The Microsatellite markers for pig used in this study

Marker	Size	Tm	Forward	Reverse	Chr.
SW268	121-149	60	CTGATTCACCTTCATTCGAGAA	AGCCCTTCCCTTAATATAACCC	8
SWR1848	87-117	60	AAGGGGAAAATCCCTCAAAG	TTTCTATGCAAATTTTCCGTG	9
SW168	102-116	62	GCACTTTCTTCCCTTACCCC	CAGTGTAAGCATGGAAGATGC	12
SWr1008	201-225	62	ACAGCCACCAACAGTGTGTTG	GAACCTCCATATGCTGCAAGTG	13
SW2431	151-169	60	CTTCCCAGGATGTTGTCTAAAC	CATGGTGCACACTTAGTGGG	17
S0004	164-172	55	GATTATGGACACGGAAGGAT	GTCCTATTTCTTGCACAGTC	15
S0301	252-268	55	CCGTCTTACTTAGGATGTTT	TGATGIGTTTATGTGTTTGA	4
SW2	88-126	55	TGCCAATGGTGTGGCTATAA	CCCTGAAGGCTCAGATGGT	5
SW902	195-214	55	ATCAGTTGAAAATGATGGCC	CTTGCTCAAAGAGTTGTAAGG	3
SW995	150-164	58	TTAAGCACTTCATGGAGCTTTG	CATAATGGAAATACCGGGTCC	5
S0111	150-178	58	TCAGTTATTTCTGGCTATCATCTC	TTGATGTAGACCACCAGCTAGTG	16
SW1682	148-184	58	GCCAATAAACTATTCATTTGGG	AACGAGCTAGACTTTAAAGGGTG	18
SW1695	171-205	58	ATAAGGGAAATCAGGCTGAGC	TCCCAGGAGCTACCATATGC	2
S0005	200-266	58	TCCTTCCCTCCTGGTAACTA	GCACTTCTGATTCTGGGTA	5
SW240	92-124	55	AGAAATTAGTGCCTCAAATTGG	AAACCATTAAGTCCCTAGCAA	2
SW830	176-204	55	AAGTACCATGGAGAGGGAAATG	ACATGGTTCCAAAGACCTGTG	10
SW857	141-159	55	TGAGAGGTCAGTTACAGAAGACC	GATCCTCCTCCAAATCCCAT	14
S0090	226-248	55	CCAAGACTGCCTTGTAGGTGAATA	GCTATCAAGTATTGTACCATTAGG	12
S0101	197-221	60	GAATGCAAAGAGTTCAGTGTAGG	GTCTCCCTCACACTTACCGCAG	7
SW2008	86-102	60	CAGGCCAGAGTAGCGTGC	CAGTCCCTCCAAAATAACATG	11
SW632	148-178	58	TGGGTTGAAAGATTTCCCAA	GGAGTCAGTACTTTGGCTTGA	7
SW72	97-114	58	ATCAGAACAGTGCGCCGT	TTTGAAAATGGGGTGTTC	3
CGA	232-330	55	ATAGACATTATGTAAGTTGCTGAT	GAACTTTACATCCCTAAGGTCGT	1
S0155	142-162	55	TGTTCTCTGTTTCTCTCTGTTG	AAAGTGAAAGAGTCAATGGCTAT	1
S0355	244-271	55	TCTGGCTCCTACACTCCTTCTTGATG	TTGGGTGGGTGCTGAAAAATAGGA	15
S0228	220-246	55	GGCATAGGCTGGCAGCAACA	AGCCACCTCATCTTATCTACT	6

2. PCR 및 데이터 분석

돼지 혈액 및 모근으로부터 genomic DNA의 추출은 Miller 등 (1988)의 방법을 일부 변형하여 수행하였다(Miller et al., 1988). Nanodrop (Nano Technologies, Willmington, USA)을 이용하여 DNA의 농도를 측정하고, 20 ng/ul의 DNA를 template로 이용, 각 MS 표지의 증폭 분자량과 형광표지를 고려하여 Multiplex PCR 기법을 이용하여 증폭하였다. PCR 반응액은 20 ng genomic DNA, 각 10 pmol 형광표지 primer, Accupower-Dye PCR Premix (Bioneer K-2037, Bioneer, Korea)를 혼합하여 총반응액 20 ul로 하였다. PCR 반응은 95℃에서 5분 pre-denaturation, 95℃에서 1분 denaturation, 55℃~62℃에서 45초간 annealing, 72℃에서 1분간 extension 과정을 35회 반복을 GeneAmp PCR system 9700 및 2700 (Applied Biosystems, USA)에서 수행한 뒤 72℃에서 30분간 final extension을 수행하였다. PCR 산물은 HiDi foramide와 Genescan 500 Liz size standard (Applied Biosystems, USA)를 혼합하여 자동염기서열장치인 ABI PRISM 3130XL Genetic Analyzer (Applied Biosystems, USA)를 이용하여 분석하였다.

MS 표지 별 대립유전자들의 정확한 크기는 ABI PRISM GeneMapper ver. 3.7 software (Applied Biosystems, USA)를 이용하여 결정하고, 이를 Microsoft Excel 파일로 저장하였다. MS 표지의 유전적 다형성은 Microsatellite Tool Kit (Microsatellite Tools for Excel) (Park, 2001)를 이용하여 이형접합도의 관측치(HO)와 이론치(HE)를 계산하여 추정하였다. 유전적 유연관계는 DISPAN software (Ota, 1993)를 이용하여 Nei의 유전거리를 추정하고 (Nei, 1973), Gst, Ht, Hs 및 다형성정보량(PIC)를 추정하였다. 산출된 유전적 거리지수를 토대로 해서 PHYLIP program package (Felsenstein, 1993)의 Neighbor-Joining (NJ) method (Saitou and Nei, 1987)를 이용하여 계통수를 작성하였다. 집단의 유전적 균일성의 추정은 Structure software (ver 2.3.3)에 의한 분석을 수행하였다 (Pritchard et al., 2000; Falush et al., 2003). 먼저 실제 집단수 (cluster 수 또는 값)을 측정하기 위한 Bayes 분석 (Bayesian analysis)를 수행하여 각각의 K (2K~17K) 값에 대한 평균 추정치 Pr (X|K)와 표준편차를 계산하고 (burn-in 10,000회, burn-in 후 MCMC 반복수 100,000회), 이를 통해 최적 K (K=17)를 결정하여, 각 cluster에 대한 각 집단의 실제 분포를 추정하였다. Burn-in 100,000회, Burn-in 후 MCMC 반복수를 1,000,000회로 설정하여 분석을 실시하였다.

Table 2. Expected and observed heterozygosities observed with 26 microsatellite markers for 17 pig populations

No.	Populations ¹⁾	Sample size	loci typed	No. of Alleles	Mean heterozygosity (Hz)	
					Observed (H _O)	Unbiased (H _E)
1	KNP ²⁾ A	50	26	3.92±1.44	0.458±0.014	0.453±0.046
2	KNP B	36	26	6.31±2.53	0.613±0.016	0.651±0.035
3	KNP C	47	26	3.65±1.29	0.504±0.014	0.496±0.045
4	KNP D	63	26	6.62±2.21	0.624±0.012	0.649±0.032
5	KNP E	45	26	3.81±1.44	0.553±0.015	0.544±0.035
6	KNP F	50	26	3.08±1.20	0.475±0.014	0.495±0.037
7	Duroc	50	26	4.65±2.06	0.510±0.014	0.556±0.040
8	Landrace	50	26	5.81±2.23	0.627±0.014	0.621±0.025
9	Yorkshire	50	26	6.42±2.37	0.707±0.013	0.709±0.029
10	Berkshire A	50	26	5.31±1.98	0.631±0.013	0.641±0.029
11	Berkshire B	12	26	3.85±1.12	0.657±0.027	0.579±0.038
12	Berkshire C ³⁾	61	26	5.58±2.72	0.632±0.014	0.631±0.028
13	Berkshire D ⁴⁾	33	26	3.54±1.73	0.506±0.021	0.504±0.055
14	Min	11	26	5.27±1.61	0.692±0.032	0.752±0.028
15	Neijiang	8	26	5.27±1.25	0.679±0.037	0.769±0.025
16	Xiang	16	26	5.46±2.06	0.650±0.024	0.665±0.028
17	Wuzhishan	16	26	4.31±1.49	0.474±0.025	0.540±0.039

¹⁾ Aliases for population names of Korean native pigs and certain breeds were used in this paper for privacy purposes.

²⁾ KNP: Korean native pig; ³⁾ American Berkshire; ⁴⁾ Japanese Berkshire.

Table 3. Matrix of DA genetic distances observed among the 17 pig populations

	Korean native pig breeds						Commercial breeds						Chinese native pigs				
	A	B	C	D	E	F	DD	DL	DY	BA	BB	BC	BD	M	N	X	W
KNPA	–																
KNPB	0.216	–															
KNPC	0.232	0.176	–														
KNPD	0.204	0.121	0.132	–													
KNPE	0.208	0.189	0.222	0.176	–												
KNPF	0.283	0.261	0.344	0.245	0.183	–											
DD	0.572	0.384	0.492	0.405	0.521	0.589	–										
LL	0.503	0.335	0.509	0.382	0.457	0.479	0.398	–									
YY	0.475	0.297	0.482	0.326	0.467	0.462	0.364	0.242	–								
BA	0.422	0.283	0.390	0.287	0.372	0.402	0.395	0.356	0.295	–							
BB	0.402	0.293	0.411	0.310	0.377	0.424	0.422	0.411	0.334	0.149	–						
BC	0.590	0.463	0.576	0.455	0.574	0.587	0.546	0.527	0.433	0.305	0.336	–					
BD	0.566	0.473	0.531	0.479	0.549	0.562	0.561	0.590	0.540	0.443	0.529	0.320	–				
M	0.455	0.323	0.447	0.371	0.461	0.474	0.454	0.407	0.357	0.322	0.384	0.522	0.517	–			
N	0.540	0.455	0.576	0.501	0.577	0.599	0.585	0.454	0.437	0.448	0.522	0.608	0.656	0.400	–		
X	0.647	0.580	0.677	0.589	0.604	0.657	0.698	0.662	0.612	0.665	0.677	0.729	0.782	0.610	0.615	–	
W	0.685	0.648	0.735	0.642	0.707	0.739	0.762	0.749	0.664	0.674	0.704	0.751	0.792	0.584	0.644	0.663	–

Abbreviations: KNPA=KNP A; KNPB=KNP B; KNPC=KNP C; KNPD=KNP D; KNPE=KNP E; KNPF=KNP F; DD=Duroc; LL=Landrace; YY=Yorkshire; BA=Berkshire A; BB=Berkshire B; BC=Berkshire C; BD=Berkshire D; M=Min; N=Neijiang; X=Xiang; W=Wuzhishan.

결과 및 고찰

1. MS 표지의 대립유전자 구성 및 유전적 변이성

개량돈 4품종(듀록, 랜드레이스, 요크셔, 버크셔 A~D) 7집단, 중국돼지 4품종(향돈, 민돈, 내강돈, 오지산돈)과 한국 재래돼지 6 집단(A~F)의 총 648두를 대상으로 26개의 MS 표지를 이용해 대립유전자 및 유전자형을 분석하였다. 26개 MS 표지의 분석 결과를 17개 집단별 평균 대립유전자수, 기대 이형접합도(H_E)와 관측 이형접합도(H_O)를 구하였다(Table 2). MS tools의 분석결과를 이용하여 DISPAN software에서 MS 표지별 G_{st} , H_t , H_s 값과 집단별 DA 유전적 거리를 계산하고(Table 3), PHYLIP software를 이용하여 계통수를 작성하였다(Fig. 1).

기대이형접합도(H_E)는 한국재래돼지 B집단과 D집단이 0.65로 국내 최고치를, A집단의 재래돼지가 0.45로 최저치를 보였으며, 나머지는 0.48~0.55의 수준을 보여 전반적으로 낮게 나타났다. 반면, 외래품종에서는 0.71의 높은 수치를 기록한 요크셔를 제외한 나머지에서 0.50~0.64의 H_E 값을 보였다. 한편, 중국재래돼지는 내강돈과 민돈에서 각각 0.77와 0.75로 가장 높게 나타났으나, 나머지 두 집단은 0.54~0.67 수준으로 외래종 집단과 유사한 수준을 보였다.

관측이형접합도(H_O)는 국내에서 B 집단과 D 집단이 각각 0.61

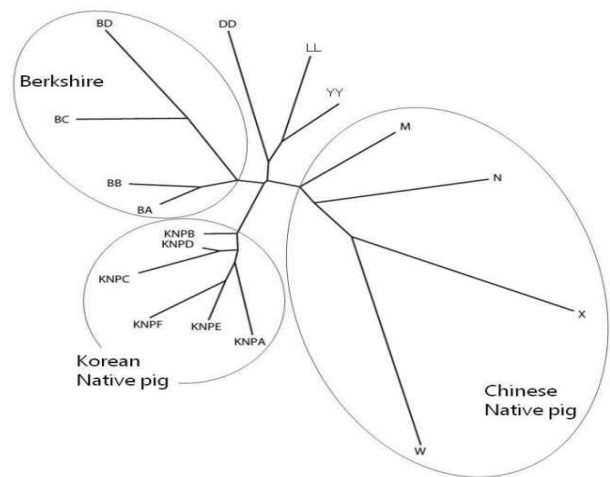


Fig. 1. Neighbor-joining tree constructed using DA genetic distance matrix, showing the genetic relationships among the 17 pig populations. Abbreviations: KNPA = KNP A; KNPB = KNP B; KNPC = KNP C; KNPD = KNP D; KNPE = KNP E; KNPF = KNP F; DD = Duroc; LL = Landrace; YY = Yorkshire; BA = Berkshire A; BB = Berkshire B; BC = Berkshire C; BD = Berkshire D; M = Min; N = Neijiang; X = Xiang; W = Wuzhishan.

과 0.62로 국내 최고치를, A 집단이 0.46으로 최저치를 보여, H_E 값에서와 유사한 경향을 보였다. 외래품종과 중국재래돼지에서도, 요크셔(0.71)를 제외하면, 역시 내강돈과 민돈에서 각각 0.68와 0.69로 가장 높게 나타났다. H_E 는 유전적 평형상태에 있는 집단이라고 가정하였을 때 기대되는 이형접합도를 나타내는 것으로, B 집단 등 일부 집단에서 H_O 가 H_E 보다 작게 나타나고 있는 것은 한정된 종모돈을 이용하여 계획 교배가 이루어지고 있는 국내 현실을 반영한 것으로 추정된다. 이러한 현상은 오히려 중국재래돼지 집단에서 더 많이 관찰되었다(Table 2).

검출된 대립유전자의 수는 D 집단(6.6), 요크셔(6.4), B 집단(6.3)의 순으로 높게 나타났으나, 나머지 국내 재래돼지 집단들은 3.1~3.9개로 비교적 낮은 수치를 보였다. 특히 F 집단의 평균 대립유전자수는 3.1개로 비교집단 중 최저치를 보였다. 요크셔를 제외한 외래종은 3.5~5.8개, 중국재래돼지는 4.3~5.5개로 나타났다. B 집단과 D 집단을 제외한 국내 재래돼지 집단은 대부분 낮은 대립유전자수를 나타냈으며, 이는 소규모 집단내의 계획 교배에 의한 것으로 사료된다.

2. 돼지집단간 유전적 유연관계

Nei의 model로부터 산출된 17개 집단의 DA 유전거리는 Table 3에서 보는 바와 같이 B 집단과 D 집단에서 0.12로 가장 가까운 유전거리를 나타내었고, 일본산 버크셔 집단(버크셔D)이 오지산돈, 향돈과 각각 0.79, 0.78로 가장 먼 유전적 거리 값을 나타내었다. PHYLIP package를 사용하여 이로부터 Neighbor-Joining tree를 작성한 결과는 Fig. 1과 같다. 한국 재래돼지 6개 집단은 하나의 클러스터(cluster)를 형성하였고, 중국재래돼지집단과는 별도의 클러스터로 나뉘는 것을 볼 수 있었다. 또한 상용돼지들 중 버크셔 그룹이 하나의 클러스터를, 나머지 외래종 3품종(랜드레이스, 듀록, 요크셔)이 별도의 클러스터를 형성하였다(Fig. 1). 한국재래돼지 집단과 중국품종인 민돈간의 DA 유전거리는 0.32~0.46으로 나타났으며, 민돈과 상용돈간 유전거리는 0.32~0.52로 나타났으나, 비교적 유전거리가 멀게 나타난 2개 버크셔 집단(각 0.52)을 제외하면 0.32~0.45 정도로 나타났다(Table 3). 이 결과는 한국재래돼지 집단이 중국의 민돈 집단과 가깝게 나타난다는 기존의 보고(Cheong et al., 2003)와 차이를 보였으며, 오히려 한국재래돼지와 외래종 집단간에서 보다 작은 유전거리를 보인 집단이 발견되었다. 한국재래돼지 B 집단은 버크셔A, 버크셔B 및 요크셔 집단과 각각 0.28, 0.29, 0.30의 가까운 유전거리를 보였으며, D 집단 또한 버크셔A 및 버크셔B 집단과 가깝게(각각 0.29, 0.31) 나타났다. 이들을 제외한 한국재래돼지와 상용돈 집단간의 유전거리는 0.33~0.59 정도였고, 중국 재래돼지와 상용돈 집단간 유전거리는 0.32~0.74였으나, 이중 민돈을 제외하면 중국 재래돼지와 외래종 집단간 유전거리는 0.46~0.74로 다소 멀게 나타났다. 다만, 한국재래돼지 집단간의 유전적 거리는 0.12~0.34 정도로 매우 낮게 나타났으며 이러한 결과는 김 등(2007)이 13개 MS 표지를 이용한 분

석결과에서 한국재래돼지 집단내 유전변이가 비교적 낮게 나타났다고 보고한 것과(Kim et al., 2007) 부합된다.

3. 재래돼지 집단의 균일도

Structure software를 이용하여 각 돼지 집단의 실제 분포를 추정하고 집단별 균일도를 조사한 결과는 Table 4 및 Fig. 2와 같다. 한국재래돼지 집단은 $K=2$ 에서 나머지 집단으로부터 분리되었고, 상용돈 집단과 중국재래돼지 집단은 $K=5$ 에서 분리되었다. 상용돈 중 듀록과 버크셔 집단은 $K=4$ 에서, 랜드레이스와 요크셔 집단은 $K=5$ 에서 나머지 상용돈 집단으로부터 분리되었으며, 랜드레이스와 요크셔간의 구분은 $K=12$ 에서 나타났다. 국내 버크셔 4개 집단은 $K=8$ 에서 두 집단으로, $K=16$ 이후에 세 집단으로, $K=17$ 에서야 4개 집단으로 구분되어 보였으나, Fig. 2에서 보이는 바와 같이 BA와 BB 집단간의 구분이 모호하게 나타났다. 중국재래돼지 집단은 $K=17$ 에 이르기까지 민돈(M)과 내강돈(N)이 분리되지 않고 한 집단으로 나타났으며, $K=8$ 에서 향돈(X)과 오지산돈(W)(화남형)으로부터 분리되어 지역으로 분리되는 것을 볼 수 있었다. 향돈과 오지산돈은 $K=11$ 에서 서로 분리되었다. 한국재래돼지 집단 중 E와 F 집단은 $K=6$ 에서, A 집단은 $K=7$ 부터 별도의 집단으로 분리되었으며, 특히 A와 F 집단은 유전적 균일성이 매우 높게 나타났다. E 집단과 F 집단은 $K=16$ 에서 서로 분리되었으며, 이는 높은 유전적 균일성을 보이는 F 집단이 E 집단으로부터 유래되었다는 현지 조사결과와 부합된다. A 집단으로부터 유래된 것으로 알려진 C 집단과 D 집단은 $K=7$ 에서 최초로 분리되어, $K=12$ 에서 서로 다른 집단으로 분리되었다. 반면 A나 E 집단과 별개의 근원을 가진 것으로 보이는 B 집단은 매우 낮은 유전적 균일성을 보였다. 이는 Table 2에 나타난 이형접합도 수치와도 부합되는 결과이다. Table 4에 나타난 결과와 Table 2의 이형접합도 수치를 비교하면, B 집단과 D 집단간에 눈에 띄는 차이를 볼 수 있다. B 집단과 D 집단은 각각 0.61과 0.62로 모두 비슷하게 높은 H_O 값을 보인다(Table 2). 하지만, B 집단의 경우 3번 클러스터에 0.35, 14번 클러스터에 0.27로 분산되어 매우 낮은 균일도를 보이며, D 집단은 13번 클러스터에 0.78, 6번 클러스터에 0.15로 13번 클러스터에 집중되어 나타난다(Table 4). 유전적 균일도가 0.8 이하로 나타나고, 0.1 이상이 다른 클러스터에서 보여지는 집단은 한국재래돼지 중 3개 집단(B, D, E)이다. 높은 유전적 변이성과 낮은 유전적 균일도를 보인 B 집단과 D 집단은 외모기준에 의한 선발 등에 의한 적극적인 집단관리가 요구된다.

외래종 중 버크셔 두 집단(BA와 BB)과 중국돼지 두 집단(민돈과 내강돈)이 각각 동일한 클러스터로 분석되었다. 두 버크셔 집단은 유전거리가 0.12로 매우 가까운 사실상 하나의 집단일 가능성이 크다고 사료되지만, 중국돼지의 경우는 유전거리가 0.4로 동일 집단이라기보다는 분석집단의 크기가 작은 데서 기인한 것이 아닌가 생각된다(Table 3, Fig. 1). 한국재래돼지 E 집단은 가깝게 나타난 F 집단의 혼입이 의심되며(Table 4), B 집단은 미상의 두 집

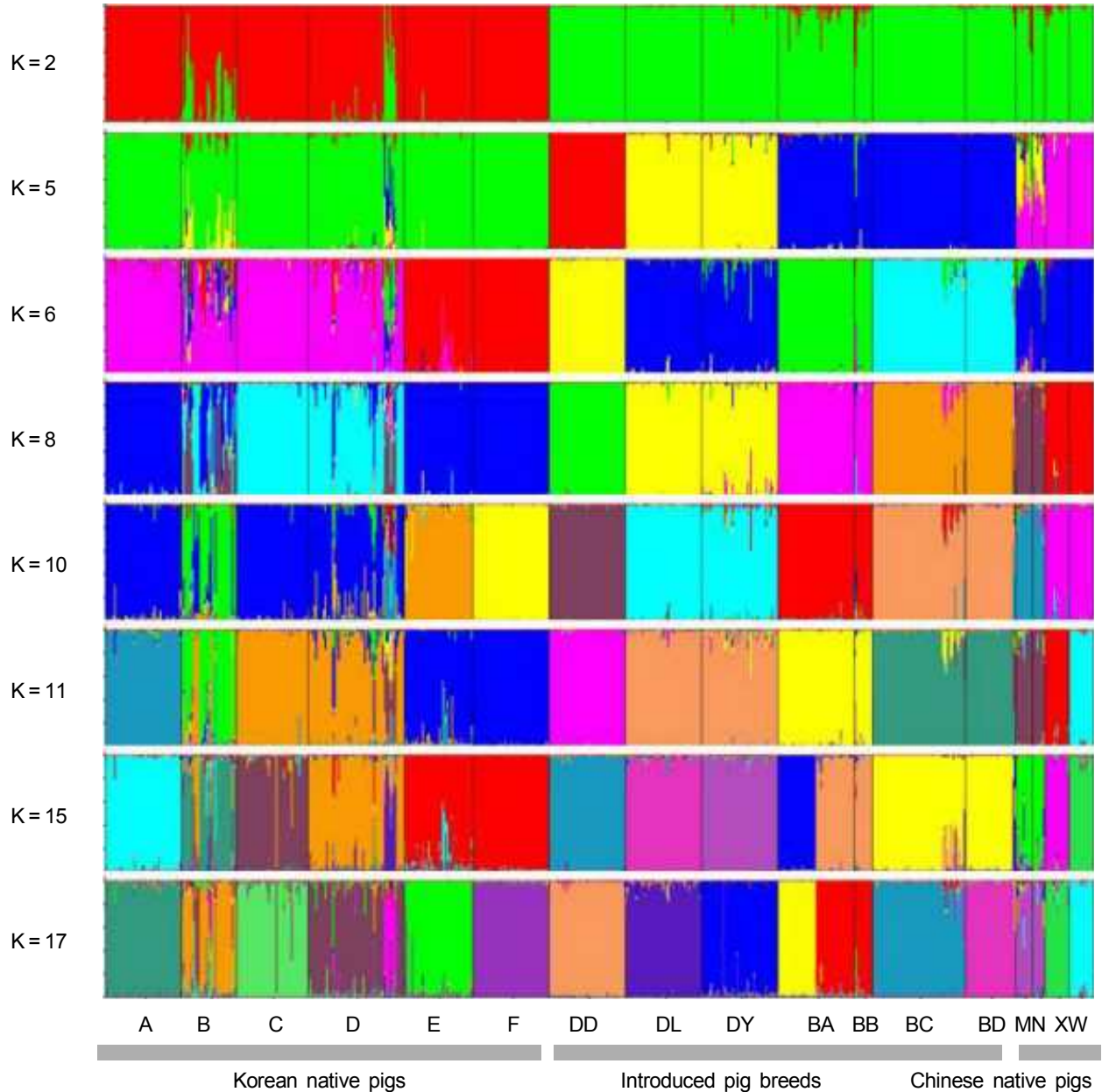


Fig. 2. Allocation results of seventeen pig populations to 2~17 clusters.
 Populations on horizontal axis are in order of : A=KNP A; B=KNP B; C=KNP C; D=KNP D; E=KNP E; F=KNP F; DD=Duroc; LL=Landrace; YY=Yorkshire; BA=Berkshire A; BB=Berkshire B; BC=Berkshire C; BD=Berkshire D; M=Min; N=Neijiang; X=Xiang; W=Wuzhishan. Part of analysis is omitted.

단 이상으로부터 유래된 표지들이 복잡하게 혼재되어 있는 것으로 분석되었다. 또한 D 집단도 일부 버크셔 집단의 혼입이 의심된다 (Fig. 2). 이는 버크셔와의 교잡이 널리 행해지던 한국재래돼지의 근대사에 비추어 충분한 개연성을 갖는다. 중국재래돼지 집단 중 민돈과 내강돈의 경우에도 나머지 두 집단에 비해 대단히 낮은 유전적 균일도를 관찰할 수 있었는데, 이는 아마도 한국재래집단에서와 유사한 요인으로 인한 것으로 보인다.

본 연구는 국내 재래돼지 집단의 대부분과 외래종 집단, 중국재래돼지 집단을 함께 분석함으로써 전체 한국재래돼지 집단 전체의 분자유전학적 특성을 평가하고자 시도하였다. 기존의 연구에서는 국내재래돼지와 외래종만을 비교하였으나, 본 연구에서는 지리적으로 근접하고, 역사적으로 관련이 있다고 사료되는 중국의 재래돼지 집단을 함께 비교함으로써, 한국재래돼지가 가지는 분자유전학적 위치를 확인하고자 하였다. 또한 26개에 이르는 국제적으로 공인된

Table 4. Proportion of membership of each pre-defined population in each of the 17 clusters

Pop	Inferred Clusters																	Pop size
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	
1	0.004	0.948	0.006	0.002	0.004	0.006	0.001	0.001	0.002	0.002	0.002	0.002	0.007	0.006	0.003	0.002	0.002	50
2	0.098	0.037	0.346	0.003	0.070	0.011	0.012	0.007	0.012	0.016	0.006	0.002	0.070	0.269	0.038	0.002	0.001	36
3	0.041	0.009	0.007	0.001	0.911	0.004	0.003	0.002	0.002	0.002	0.001	0.001	0.008	0.002	0.002	0.001	0.001	47
4	0.750	0.009	0.017	0.002	0.024	0.020	0.005	0.005	0.005	0.007	0.002	0.003	0.036	0.006	0.105	0.001	0.002	63
5	0.005	0.021	0.010	0.001	0.012	0.147	0.002	0.003	0.004	0.003	0.001	0.001	0.782	0.003	0.002	0.002	0.001	45
6	0.002	0.003	0.002	0.001	0.002	0.974	0.001	0.001	0.001	0.002	0.001	0.001	0.003	0.002	0.001	0.001	0.001	50
7	0.002	0.001	0.002	0.001	0.002	0.001	0.968	0.003	0.002	0.003	0.002	0.001	0.002	0.002	0.005	0.001	0.001	50
8	0.002	0.002	0.003	0.002	0.002	0.004	0.009	0.940	0.015	0.005	0.003	0.001	0.003	0.005	0.003	0.001	0.001	50
9	0.003	0.003	0.004	0.002	0.002	0.003	0.004	0.034	0.923	0.005	0.003	0.002	0.002	0.003	0.004	0.002	0.001	50
10	0.003	0.002	0.002	0.002	0.003	0.002	0.002	0.004	0.003	0.959	0.004	0.004	0.002	0.003	0.004	0.001	0.001	50
11	0.013	0.008	0.011	0.002	0.013	0.006	0.004	0.003	0.004	0.893	0.004	0.003	0.020	0.008	0.007	0.002	0.001	12
12	0.002	0.002	0.003	0.007	0.002	0.001	0.002	0.002	0.002	0.011	0.002	0.942	0.002	0.002	0.016	0.002	0.001	61
13	0.002	0.002	0.003	0.947	0.002	0.001	0.002	0.001	0.002	0.010	0.002	0.005	0.002	0.002	0.015	0.001	0.001	33
14	0.005	0.004	0.020	0.004	0.005	0.005	0.010	0.006	0.013	0.018	0.816	0.003	0.006	0.020	0.029	0.003	0.032	11
15	0.003	0.003	0.006	0.003	0.003	0.005	0.007	0.018	0.027	0.016	0.855	0.003	0.003	0.004	0.009	0.015	0.020	8
16	0.002	0.001	0.004	0.001	0.001	0.002	0.002	0.002	0.004	0.003	0.018	0.001	0.002	0.014	0.007	0.926	0.009	16
17	0.001	0.001	0.002	0.002	0.001	0.002	0.002	0.005	0.002	0.003	0.009	0.001	0.001	0.002	0.004	0.005	0.954	16

Orders for vertical axis: 1=KNP A; 2=KNP B; 3=KNP C; 4=KNP D; 5=KNP E; 6=KNP F; 7=Duroc; 8=Landrace; 9=Yorkshire; 10=Berkshire A; 11=Berkshire B; 12=Berkshire C; 13=Berkshire D; 14=Min; 15=Neijiang; 16=Xiang; 17=Wuzhishan. Pop: population. Maximum number for each cluster is highlighted.

MS 표지들을 이용하여, 한국재래돼지 집단에 대한 효과적인 표지 집단을 선정하고자 하였다. 본 연구를 통하여 한국재래돼지가 중국 돼지나 외래종 집단과 분자유전학적으로 별개의 집단으로 구분된다는 것을 확인하였고, 국내 재래돼지 집단간의 유전적 차이 및 동질성, 그리고 집단내의 유전적 균일성은 개량돈 집단과 유사한 수준을 보였다(Table 4).

미토콘드리아 DNA (mtDNA) 분석 결과에 따르면, 한국재래돼지 집단에는 적어도 10개 이상의 모체가 존재하는 것으로 나타났다(Lee et al., 2010). 이는 한국 재래돼지의 품종 형성 과정에 기여한 여러 계통의 집단뿐만 아니라, 근대에 널리 행해진 유럽품종과의 교잡에도 그 근거를 둘 수 있을 것이다. 본 연구에서 조사된 한국재래돼지 집단 중 일부가 최적 K 값에 이르기 오래 전에 다른 집단으로 분류되는 것으로 볼 때 전체 조사 집단을 동일 품종으로 보기에는 어려움이 있다. 따라서 한국재래돼지의 품종 식별을 위해서는 각 집단에 대한 mtDNA 분석뿐만 아니라 SNP 분석의 병행을 통한 특성 평가가 요구된다. 본 연구는 보다 다양한 집단의 시료와 중국 재래돼지 시료의 비교분석을 피하였으나, 여기에 유럽 및 아시아 멧돼지 집단과, 보다 다양한 유럽돼지 집단, 그리고 국내 재래돼지 집단의 시료 확보를 통한 비교연구가 여전히 추가로

요구된다. 이러한 결과는 차후 국내유전자원의 고유성을 인정할 수 있는 과학적인 근거가 될 것이며, 국가수준의 가축유전자원 평가, 관리의 기초자료로 활용될 수 있을 것이다.

요 약

조위성체 (MS) 표지를 이용하여 한국재래돼지 집단의 각각의 분자유전학적 특성을 조사하고 그 평가를 통해 한국재래돼지에 대한 품종 및 계통분류의 기초를 마련하고자 본 연구를 수행하였다. 또한, 각 재래돼지 집단 내 및 집단간의 유전적 변이성을 확인하고, 그 분류 및 특성평가를 위한 MS 분석체계를 마련하여 국내 가축유전자원 관리에 활용하고자 하였다. 국내 관리기관 및 농가에서 보유하고 있는 6개 재래돼지 집단을 중국의 4개 재래돼지 집단 및 외래종 돼지 7개 집단과 함께 분석하였다. 도합 17집단 648두를 대상으로 26개 MS 표지로 분석한 결과, 한국재래돼지 집단은 외래종과 중국재래돼지로부터 분자유전학적으로 별개의 집단으로 확연히 구분되는 것을 확인하였다. 한국재래돼지 집단의 기대이형집합도 (H_E)는 0.65의 값을 보인 두 집단 (B, D)을 제외한 나머지에서 0.48~0.55의 수준을 보여 전반적으로 외래종에 비해 낮았다. 한

국제래폐지 집단간의 유전거리 또한 0.12~0.34 정도로 비교대상에 비하여 낮았다. 분석대상 한국래폐지 6집단 중 세 개의 집단은 높은 유전적 균일도를 보였으나, 두 집단에서는 일부 집단의 혼입을, 나머지 하나의 집단에서는 둘 이상의 집단으로부터의 복잡한 혼입이 의심되는 매우 낮은 유전적 균일도를 확인하였다. 본 연구를 통하여 한국래폐지 집단간의 유전적 차이 및 동질성, 그리고 집단내의 유전적 균일성을 확인하였다. 이러한 결과는 국내유전자원의 고유성을 인정할 수 있는 과학적인 근거로서, 국가수준의 가축유전자원 평가, 관리의 기초자료로 활용될 수 있을 것이다.
(주제어: 래폐지, 특성 평가, 유전적 다양성, 초위성체, 유전적 균일도)

인 용 문 헌

- Alexander, L. J., Rohrer, G. A. and Beattie, C. W. 1996. Cloning and characterization of 414 polymorphic porcine microsatellites. *Animal Genetics* 27:137-148.
- Cheong, I. C., Oh, S. J., Kim, T. H., Yoon, D. H., Park, E. W., Chung, H. Y., Choi, B. H., Lee, J. W., Cho, Y. M., Chung, H. W., Lee, H. K. and Choi, Y. H. 2003. Genetic Mapping of QTL for Major Economical Genes in Pig. Final Report. Ministry of Agriculture and Forestry - Special Grants Research Program
- Falush, D., Stephens, M. and Pritchard, J. K. 2003. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data: Linked Loci and Correlated Allele Frequencies. *Genetics* 164:1567-1587.
- Felsenstein, J. 1993. PHYLIP (Phylogeny Inference Package) Version 3.5c.
- Han, S. H., Shin, K. Y., Lee, S. S., Ko, M. S., Jeong, D. K., Jeon, J. T. and Cho, I. C. 2008. Effects of ADCYP1R1, FABP3, FABP4, MC4R, MYL2 Genotypes on Growth Traits in F₂ Population Between Landrace and Jeju Native Black Pig. *J Anim Sci Tech* 52: 621-632.
- ISAG/FAO, 2004. Guidelines for Development of National Farm Animal Genetics Resources Management Plans. Measurement of Domestic Animal Diversity (MoDAD): Recommended Microsatellite Markers Recommendations of joint ISAG/FAO Standing Committee.
- Kim, M. J., Li, G. H., Oh, J. D., Cho, K. H., Jeon, G. J., Choi, B. H., Lee, J. H., Hong, Y. S., Kong, H. S. and Lee, H. K. 2007. Characterization of a Korean Traditional Porcine Breed Using Microsatellite Markers and the Establishment of an Individual Identification System. *Korean J. Food Sci. Anim. Resour.* 27: 150-156
- Kim, S. W., Li, X., Lee, Y. M., Kim, J. J., Kim, T. H., Choi, B. H. and Kim, K. S., 2010. Development of SNP Markers for Domestic Pork Traceability. *J Anim Sci Tech* 52: 91-96.
- Lee, P., Cho, C. Y., Ko, Y. G., Kim, S. W., Yeon, S. H., Moon, S. S., Jung, D. W., Wee, M. S., Choi, S. H. and Yoo, Y. H. Maternal Molecular Genetic Characterization of Korean Native Pigs. *Proceedings of 2010 Annual Congress of KSAST.* PA10057 p.67.
- Lopez-Corrales, N. L., Beattie, C. W. and Rohrer, G. A. 1999. Cytogenetic assignment of 53 microsatellites from the USDA-MARC porcine genetic map. *Cytogenet Cell Genet* 84:140-144.
- Miller, S. A., Dykes, D. D. and Polesky, H. F. 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucl. Acids Res.* 16:-1215.
- NAGRP. 1998. Primers from U.S. Pig Genome Coordination Project.
- Nei, M. 1973. Analysis of Gene Diversity in Subdivided Populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 70:3321-3323.
- Ota, T. 1993. DISPAN: Genetic Distance And Phylogenetic Analysis. Pennsylvania State University.
- Park, S. D. E. 2001. Trypanotolerance in West African Cattle and the Population Genetic Effects of Selection [Ph.D. thesis]. University of Dublin.
- Pritchard, J. K., Stephens, M. and Donnelly, P. 2000. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics* 155: 945-959.
- Rohrer, G. A., Alexander, L. J., Hu, Z., Smith, T. P., Keele, J. W. and Beattie, C. W. 1996. A comprehensive map of the porcine genome. *Genome Research* 6:371-391.
- Rohrer, G. A., Alexander, L. J., Keele, J. W., Smith, T. P. and Beattie, C. W. 1994. A Microsatellite Linkage Map of the Porcine Genome. *Genetics* 136:231-245.
- Roslin Bioinformatics Group, ArkDB database system. The Roslin Institute.
- Ruyter, D., Verstege, A. J. M., van der Poel, J. J. and Groenen, M. A. M. 1994. Five porcine polymorphic microsatellite markers. *Animal Genetics* 25:53-53.
- Saitou, N. and Nei, M. 1987. The neighbor joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol* 4: 406-425.
- Vignal, A., Milan, D., SanCristobal, M. and Eggen, A. 2002. A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Genetics Selection Evolution* 34:275-305.
- Yerle, M., Lahbib-Mansais, Y., Mellink, C., Goureau, A., Pinton, P., Echard, G., Gellin, J., Zijlstra, C., Haan, N., Bosma, A. A., Chowdhary, B., Gu, F., Gustavsson, I., Thomsen, P. D., Christensen, K., Rettenberger, G., Hameister, H., Schmitz, A., Chaput, B. and Frelat, G. 1995. The PiGMaP consortium cytogenetic map of the domestic pig (*Sus scrofa domestica*). *Mammalian Genome* 6:176-186.
- Yerle, M., Lahbib-Mansais, Y., Pinton, P., Robic, A., Goureau, A., Milan, D. and Gellin, J. 1997. The cytogenetic map of the domestic pig (*Sus scrofa domestica*). *Mammalian Genome* 8:592-607.
- Yoon, D. H., Kong, H. S., Oh, J. D., Lee, J. H., Cho, B. W., Kim, J. D., Jeon, K. J., Jo, C. Y., G., Jeon, J. and Lee, H. K. 2005. Establishment of an Individual Identification System Based on Microsatellite Polymorphisms in Korean Cattle (Hanwoo). *AsianAust. J. Anim. Sci.* 18:762-766.
- Jin, H. J. 2007. Molecular Genetic Characterization and Utilization of Native Pigs. *Symposium on the Utilization of Native Pigs.*

(Received Oct. 1, 2010; Revised Oct. 20, 2010; Accepted Nov. 4, 2010)