

## 한국 토종오리의 개체 식별 및 품종 구분을 위한 Microsatellite 마커 탐색

서동원<sup>1</sup> · 술타나<sup>1</sup> · 최누리<sup>1</sup> · 김연수<sup>1</sup> · 진 실<sup>1</sup> · 허강녕<sup>2</sup> · 진선덕<sup>3</sup> · 이준헌<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>충남대학교 동물자원생명과학과, <sup>2</sup>농촌진흥청 국립축산과학원 가금과, <sup>3</sup>국립중앙과학관 자연사연구팀

### Investigation of Microsatellite Markers for Traceability and Individual Discrimination of Korean Native Ducks

Dong Won Seo<sup>1</sup>, Hasina Sultana<sup>1</sup>, Nu Ri Choi<sup>1</sup>, Yeon Su Kim<sup>1</sup>, Shil Jin<sup>1</sup>, Kang Nyeong Heo<sup>2</sup>,  
Seon Deok Jin<sup>3</sup> and Jun Heon Lee<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Department of Animal Science and Biotechnology, College of Agriculture and Life Sciences,  
Chungnam National University, Daejeon 305-764, Korea

<sup>2</sup>Poultry Science Division, National Institute of Animal Science, RDA, Cheonan 331-801, Korea

<sup>3</sup>Natural History Research Team, National Science Museum, Daejeon 305-705, Korea

**ABSTRACT** Recently, duck meat consumption has been rapidly increased because consumers recognized duck meat for healthy food. In relation to this, Korean duck industry need to develop Korean native duck (KND) breed for both conservation perspective and self-sufficient of the breeding stocks. In this study, 24 microsatellite (MS) markers were investigated for classification of KND and commercial duck (CD) breeds in the Korean market. Using these MS markers, the calculated number of alleles (K), expected heterozygosity (He) values and polymorphic information contents (PIC) were 1~16, 0~0.865 and 0~0.841, respectively. Also, the expected probability of identical values in random individuals (PI), random sib ( $PI_{sib}$ ) and random half-sib ( $PI_{half-sib}$ ) were estimated as  $1.64 \times 10^{-16}$ ,  $2.60 \times 10^{-7}$  and  $1.30 \times 10^{-12}$ , respectively. The results indicated that the expected probabilities of identity powers were enough for the individual identification. However, KND and CD breeds were not fully discriminated well using the 24 MS markers, which may CD and KND has shared same origin or crossbred. Therefore, further studies will be ultimately needed for developing a genetically pure line of KND breed even though the DNA markers used. Finally, these results will provide useful information for individual traceability system in ducks.

(Key words : Korean native duck, microsatellite marker, traceability, breed classification)

## 서 론

최근 한국 소비자들은 소득수준의 향상과 더불어 육제품의 선택에 있어서 건강의 기호성은 필수적인 사항으로 자리매김하고 있다. 따라서 오리고기는 건강에 좋은 지방산으로 알려진 단일불포화 지방산의 함량이 소나 돼지, 닭 등의 육제품에 비해 2배 이상 높고, 특히 필수지방산인 리놀렌산과 아라키돈산이 함유되어 있어 혈중 콜레스테롤 수치를 낮춰주는 역할을 한다. 또한 알칼리성의 성질을 가져 체액이 산성화되는 것을 막을 수 있고, 피부 노화를 방지해 주며, 비타민 등의 광물질이 풍부해 건강한 육제품으로 인식되어 1인당 오리고기의 연간 소비량은 지난 10년간 3배 이상의 성

장을 기록하고 있다(MIFFAF, 2013). 그러나 빠르게 성장하고 있는 오리고기 소비량에 비해 90% 이상의 종 오리는 수입에 의존하고 있는 실정이며, 종자 주권 확립의 의미에서 한국 고유의 품종 개발 및 보급은 시급히 필요한 실정이다(FAO, 2007).

우리나라에서 유통되고 있는 오리 품종은 대부분 영국의 Cherry Valley사와 프랑스의 Grimaud사에서 수입한 종 오리로부터 얻은 Peking 종을 사육하고 있다(Kim et al., 2012). Peking 종은 순백색에 노란색 부리를 가지고 있는 반면, 토종오리는 청둥오리를 축화해서 길러온 품종이기 때문에, 특징은 청둥오리의 외모를 닮아 암컷의 경우 짙은 밤색을 띠고 있고, 수컷의 경우 머리가 청둥색을 띠고 있다(NIAS, 1999).

\* To whom correspondence should be addressed : junheon@cnu.ac.kr

국립축산과학원에서는 종 오리 수입 의존도를 낮추고, 종자주권의 의미를 가지기 위해서 1994년부터 축화된 청둥오리인 집오리를 이용하여 혈통고정화 작업을 진행해 왔으며, 2010년부터 이를 육용으로 이용 가능한 소형종과 대형종으로 나누어, 토종오리로서 순종화를 지속하고 있다(Kim et al., 2010; Bang et al., 2010; Kim et al., 2012; NIAS, 1999). 이러한 토종오리의 순종화에 유전 정보를 함께 활용하여 개체 및 품종 식별, 친자 확인이 가능한 토종오리 품종은 교배 계획 수립에 도움이 될 뿐만 아니라, 시장에 유통될 때에도 생산이력제 등에 유용하게 활용될 수 있기 때문에, 토종오리의 유전적 차이를 명확하게 구분할 수 있는 마커의 개발이 필요하다(Dalvit et al., 2007).

하지만 지금까지 토종오리의 유전적 정보를 확인한 연구는 전무한 상태이며, 특히 개체 식별 및 품종 식별에 활용할 수 있는 마커의 개발에 대한 연구도 미미한 실정이다. Jin 등(2014)은 야생오리의 품종구분에서 청둥오리와 흰뺨검둥오리, 토종오리인 집오리의 품종 간의 구분을 할 수 있는 마커를 탐색하는 중에 mtDNA의 *COI*(Cytochrome c oxidase I) 유전자나 D-loop control region을 이용해 품종구분을 시도한 적은 있지만, 청둥오리와 흰뺨검둥오리, 집오리의 명확한 구분에는 어려움이 있음을 확인하였다.

품종을 정확히 구분할 수 있는 DNA 마커 중에 Microsatellite(MS) 마커는 2~5 bp의 짧은 염기서열이 반복하는 구조로 되어 있으며, genome 상에 널리 분포되어 있어 다른 유전자 마커에 비해서 변이가 많기 때문에, 인간의 친자 확인이나 소와 돼지, 닭의 생산이력제 등에 매우 유용하게 활용되고 있다(Cheng and Crittenden, 1994; Blott et al., 1999; Lim et al., 2009; Seo et al., 2013).

따라서 본 연구는 토종오리의 개체 식별 및 친자 확인과 더불어 실용오리 품종과의 품종구분에 활용할 수 있는 MS 마커를 탐색하여 토종오리 품종의 확립 및 육종전략에 활용하는데, 그 의의가 있다.

## 재료 및 방법

### 1. 공시재료 및 DNA 추출

본 연구에서 사용된 공시동물은 국립축산과학원으로부터 제공받은 한국 토종오리(Korean native duck; KND) 20수, 실용오리(commercial duck; CD) 20수의 익정맥으로부터 혈액을 채혈하여 EDTA가 첨가된 튜브에 보관된 상태로 공시 받았다. 각각의 혈액샘플은 20  $\mu$ L씩 분주하여 PrimePrep™ Genomic DNA isolation kit for blood kit(GeNet Bio, 대한민

국)을 이용하여 DNA를 추출하였다. 추출한 DNA는 Agarose gel을 이용한 전기영동 및 NanoDrop 2000C 분광 광도계(Thermo Scientific, 미국)를 이용하여 농도 및 DNA 상태를 확인한 후, MS 마커 유전자형 분석이 수행될 때까지  $-20^{\circ}\text{C}$ 에 보관하였다.

### 2. 후보마커의 선정 및 마커 제작

토종오리와 실용오리의 유전자형 분석이 가능한 후보마커 탐색은 Peking 오리의 개체식별 및 다양성 연구를 위해 MS 마커 변이를 확인한 Maak 등(2003)의 연구와 Yinhua(2005, 2006)의 연구결과를 토대로 NCBI의 데이터 분석을 통해 총 100개의 후보마커를 선정하였으며, 각각의 마커는 PCR 증폭 여부를 확인하기 위해 fluorescence dye가 부착되지 않은 정방향 및 역방향 프라이머를 제작해 전기영동으로 토종오리 및 실용오리 집단에서 밴드의 크기와 개수 확인으로 마커의 변이 유무를 확인하였다. 이렇게 확인한 마커들 중 PCR 증폭이 잘 되고 변이가 확인되는 마커 29개를 선정하였다. MS 마커 유전자형 분석을 위해 각각의 마커 정방향 프라이머는 GA3130xl(ABI, USA)를 이용한 Fragment analysis를 수행하였고, 유전자형 확보를 위해 fluorescence dye를 부착한 정방향 프라이머를 다시 제작하여 증폭에 이용하였다(Table 1).

### 3. PCR 증폭 및 Fragment Analysis

변이 확인을 통해 확보한 마커의 PCR 증폭에는 2.5 mM의 dNTPs(GenetBio, 대한민국)와 10 $\times$  reaction buffer(Genet Bio, 대한민국), 2.5 unit의 prime Taq DNA polymerase(GenetBio, 대한민국)를 사용하여 총 20  $\mu$ L의 볼륨으로 PCR 증폭을 수행하였다. 증폭 조건은 최초 95 $^{\circ}\text{C}$ 에서 10분간 pre-denaturation을 한 후, 95 $^{\circ}\text{C}$ 에서 30초간 denaturation, 63 $^{\circ}\text{C}$ 에서 30초간 annealing, 72 $^{\circ}\text{C}$ 에서 30초간 extension을 35회 반복 후 72 $^{\circ}\text{C}$ 에서 10분간 final-extension을 수행하여 증폭산물을 확보하였다. 확보된 증폭산물은 마커별로 10~20 $\times$ 의 희석배율로 희석하여 1  $\mu$ L의 희석된 증폭산물에 HI-DI™ Formamide(ABI, USA) 10  $\mu$ L와 500LIZ™ size standard(ABI, USA) 0.1  $\mu$ L를 첨가하였고, GA3130xl(ABI, USA)를 이용하여 Fragment analysis를 수행하였다.

### 4. MS 마커 유전자형 확보 및 통계분석

확보된 마커의 유전자형 정보는 Genemapper 4.1(ABI, USA) 프로그램을 사용하여 각각의 유전자형에 대한 binary 정보를 설정하여 유전자형 정보를 산출하였다. 유전자형 정보를 이용하여 대립유전자의 수(N) 및 이형접합도(expected hete-

**Table 1.** The microsatellite marker information used in this study

No	Marker name	Genebank ID	Chromosome	Forward primer	Reverse primer	Size (bp)	Dye
1	CAUD111 <sup>1</sup>	AY587030	CAU5	CTGACATTACACACCCAAACAGC	CTTGACAAACTTTGGGAACAAGG	101	FAM
2	CAUD127 <sup>1</sup>	AY587046	CAU1	CAAGCAATCTCACCTTCCTGC	CCAGATAAAACAATAGATCCAGATG	204	FAM
3	CAUD132 <sup>1</sup>	AY587051	CAU12	GCAGGAACTCCCAGGAAAAG	CTTGTAGCCGTAGGATTGAGAC	308	FAM
4	AMU52 <sup>1</sup>	AB180534	CAU10	CTGAGTTTCTCACTGCCCAAGTG	CTTCGAGTTAAGACAACAGCAGAC	189	NED
5	CAUD044 <sup>1</sup>	AY493289	CAU10	GCTCTAGGGTGAAGTCTGTATCTCA	GTGCTCTACCTACTAGTCATGACACT	271	NED
6	AMU68 <sup>1</sup>	AB180549	CAU9	CACGAGGAACAGGACTACA	GAGCATA CGATCCATGTCCGG	371	NED
7	CAUD076	AY493321	CAU7	CCTGGAACAAGGAATTAGAAG	GCTGTTGGGAAGAGTTCAGTG	123	PET
8	CAUD009 <sup>1</sup>	AY493254	NA	CACATCGGGAGGGATTTTGGGA	GGAAATGCGGCTTAATGACAGC	248	PET
9	CAUD049	AY493294	CAU2	CCTGTAGTTTAGTTGCTGGATA	CATTCCACAATACTTAGAGCAGATG GAG	341	PET
10	APH04 <sup>1</sup>	AJ515884	CAU6	GCTGCCTTCCACAACACTAC	CGTCATGGTGCAGCTATCG	132	VIC
11	AMU123 <sup>1</sup>	AB180602	NA	GAATCACCGAGTGGTGTTCAGG	CAAATGGTGATAAATGAAACCTCAC AGG	231	VIC
12	AMU63	AB180545	NA	GCGCAGATAAAGGCGGAGG	GATCTCCGAAAGAGAGGAGG	323	VIC
13	APH08 <sup>1</sup>	AJ515887	CAU6	CTGTGAAGCGAGCTAATTCAGC	GTGTGCATCTGGGTGTGTATG	107	FAM
14	CAUD005 <sup>1</sup>	AY493250	CAU1	CTGGCTGCTTCATTGCTGA	CACATCTCAGGTCCTACAAGAC	216	FAM
15	CAUD128 <sup>1</sup>	AY587047	NA	GGCTGCTCCATGACAGGAG	CTAGTTGTCCAGCAAAGACAATGC	399	FAM
16	CAUD109	AY587028	CAU4	GGGACTTTGCTGTAAACATTGC	CTCCTCAGGTGTTCCACAC	188	NED
17	CAUD001	AY493246	CAU11	ACAGCTTCAGCAGACTTAGAACTG	TGAGCTTCAGGTGAAATCCATGT	303	NED
18	AMU3 <sup>1</sup>	AB180488	NA	CTGAACCTGGCGGTATAAAGTGA	CTTCTTGCAATGTCTTGAAGTGG	231	PET
19	CAUD069 <sup>1</sup>	AY493314	CAU1	CTACTCAGTGTGCCTAATACCTC	GGTTAGTGAGTGAAGGGAGTT	349	PET
20	CAUD086 <sup>1</sup>	AY493331	CAU1	CTGCATCCAAACTAGGCAGAC	CAGACACCTACGGATATCGCTC	187	VIC
21	APH20 <sup>1</sup>	AJ515895	NA	CTGCGTTCATGACATTGTGAAGTG	GAGGCTTTAGGAGAGATTGAAAAAG TAC	277	VIC
22	CAUD066 <sup>1</sup>	AY493311	CAU1	GCAGGAAAGGAAGTGAGCC	GCTCTGTTGCTCTTGTAAACGAG	179	FAM
23	APH24 <sup>1</sup>	AJ515899	CAU3	ACTAATCAACCAGTGGTCAGAGA	CTGGAAACACTCTTGCGAATTCAG	282	FAM
24	CAUD039 <sup>1</sup>	AY493284	CAU1	CAGAGAGTGAAAGCTGCTGC	ACATGCCACTTGAACCTAATCAGGA A	249	NED
25	CAUD040 <sup>1</sup>	AY493285	CAU12	CTTGACGTTTCTCACTGGAGA	GTTTACGCTGTGCGTGACTC	350	NED
26	CAUD011 <sup>1</sup>	AY493256	NA	CAGGCTTCCTTACAGTTGTGTG	TCCAAGCCACCTACAGAGGT	284	PET
27	CAUD031 <sup>1</sup>	AY493276	CAU1	GGTAACTGTGTGCAGTGGTTTC	CCTCCTGTCAAACAGGATCA	373	PET
28	CAUD035 <sup>1</sup>	AY493280	CAU6	GCTTCACTGCAGAACCAACTG	CAAGCAGGTTGGCTTCCAG	217	VIC
29	CAUD048 <sup>1</sup>	AY493293	CAU11	CTGGACATCATTGCACAGACATAGT	GACCTCAGAAATCTGCTGTTAGCT	336	VIC

\* NA: not available; <sup>1</sup> analyzed markers.

rozygosity; Hexp), 다형성(polymorphism information content; PIC) 분석을 위해 Cervus 3.0.6(Marshall et al., 1998)을 사용하였으며, 품종의 계통분석 및 집단의 관계를 확인하기 위하여 PowerMarker 3.25(Liu and Muse, 2005)를 사용하여 두 집단의 genetic distance 및 Neighbor-Joining(NJ) 계통도를 확인하였다. 또한, 임의의 집단에서의 동일개체 출현빈도를 계산하기 위하여 API\_CALC ver 1.0(Ayres and Overall, 2004)을 사용하여 확보된 MS 마커의 개체식별률을 확인하였다.

## 결과 및 고찰

### 1. MS 마커의 유전자형 확인 및 다형성

토종오리와 실용오리의 MS 마커 유전자형을 확인한 결과, 선발된 29개의 마커 중에서 24개의 마커에서만 정확한 유전자형을 확인할 수 있었고, CAUD001, CAUD019, CAUD049, CAUD076, AMU62의 다섯 개 마커에서는 분석하기 난해한 유전자형 peak가 나타나, 유전자형 확보에서 제외하였다. 5개의 마커를 제외한 총 24개의 MS 마커 유전자형에서 두 집단의 대립유전자수(N)와 이형접합도(Hexp), 다형성(PIC) 값은 토종오리에서 각각 4.7, 0.554, 0.495로 나타났고, 실용오리에서 각각 4.6, 0.515, 0.457로 유사한 결과를 나타내었다(Table 2). 하지만 토종오리 집단에서는 CAUD069 마커가 13개의 대립유전자, 0.884의 이형접합도, 0.847의 다형성이 나타나 최대치를 나타내었고, 실용오리 집단에서는 CAUD-040 마커가 12개의 대립유전자, 0.883의 이형접합도, 0.847의 다형성으로 최대치를 나타내었다(Table 2). 반대로 토종오리 집단에서는 2개의 대립유전자형을 가진 CAUD009 마커가 0.114의 이형접합도, 0.105의 다형성이 나타나 최소치를 나타내었고, 실용오리 집단에서는 AMU123 마커가 2개의 대립유전자를 가지면서 0.185의 이형접합도 값과 0.164의 다형성 값이 확인되어 최소치를 나타내었다(Table 2). 토종오리 집단과 실용오리 집단의 대립유전자수 및 이형접합도, 다형성 값은 근소하게 차이가 났지만, 대부분의 마커는 같은 수준의 대립유전자수 및 이형접합도, 다형성을 각각 나타내었다. 특히, AMU52 마커는 토종오리 집단과 실용오리 집단 모두에서 대립유전자가 1개로 변이가 없는 것으로 확인이 되었다(Table 2). 위의 결과는, Botstein 등(1980)이 각 마커의 이형접합도(Hexp)가 0.6보다 크게 나타나며, 다형성(PIC)이 0.5보다 크게 나타날 때 생산물 이력제에 활용할 수 있다는 결과를 대입하였을 때, 토종오리 집단에서는 13개의 마커가 이용이 가능하고, 실용오리 집단에서는 8개의 마커가 이용이

가능한 것을 알 수 있었다. 따라서 이러한 마커들을 우선적으로 선발하여 조합했을 때 개체나 품종식별, 생산물 이력제에 사용이 가능할 것으로 사료된다. 이와 같은 결과는 MS 마커를 이용한 개체식별 및 품종 구분에 대한 문헌들에서도 사용 가능성을 확인할 수 있었다(Seo et al., 2013; Choi et al., 2013).

### 2. 품종 계통도 분석 및 동일개체 출현빈도, 친자확인율 분석

확보된 마커의 유전자형을 PowerMarker 3.25 프로그램으로 Neighbor-Joining(NJ) 계통도를 분석하기 위해 24개 마커를 이용하여 두 집단의 유전적 거리를 계산해 본 결과, 토종오리 집단과 실용오리 집단의 유전적 거리는 0.0560으로 나타나, 비교적 집단이 가까운 것으로 확인이 되었다. 하지만 개체 간의 유전적 거리 차이를 비교해 보았을 때, 실용오리 35번 샘플과 36번 샘플이 0.1774의 유전적 거리로 가장 가까운 거리를 나타내고, 토종오리 16번 샘플과 실용오리 40번 샘플이 0.7351로 비교적 먼 유전적 거리를 나타내는 것으로 나타났기 때문에, 집단의 유사성이 확인이 되지만 특정 개체의 차이가 뚜렷하게 나타나는 것으로 사료된다. 각각의 개체들의 24개 마커 유전자형을 이용하여 계통도를 작성한 결과, Fig. 1과 같이 3개의 그룹이 형성되는 것을 확인할 수 있었고, 이들 그룹은 토종오리와 실용오리 샘플들이 혼재되어 나타났지만, 2개의 소그룹은 실용오리가 주요하게 포함된 소그룹을 형성하였고, 한 개의 그룹은 토종오리가 주요하게 포함된 그룹이 형성되는 것을 확인할 수 있었다. 이러한 결과는 24개의 마커들이 현재까지 순종화된 토종오리 집단과 실용오리 집단을 구분하기는 어렵지만, 선발된 마커들의 유전정보를 이용해 선발을 통한 품종구분의 가능성을 확인할 수 있었다(Fig. 1).

이렇게 품종구분이 어렵게 된 결과는 두 가지 원인으로 판단되는데, 첫 번째로는 실용오리 집단과 토종오리 집단의 기원이 같은 품종에서 유래된 것으로 생각해 볼 수 있다. 한국의 토종오리의 기원에는 청둥오리 및 흰뺨검둥오리의 교잡종이 축화되어 사육 및 보존되어 왔다는 가설과, 많은 축화된 오리의 품종의 기원에 세계 각지에 철새 및 축화된 오리로 청둥오리가 있다는 점이 이러한 결과의 원인이라 생각해 볼 수 있다(Jin et al., 2014). 두 번째로는 전국에서 길러 지던 집오리들이 1994년부터 국립축산과학원에서 복원되고, 순종화 작업을 시작한 점으로 미루어 그 이전에 소규모로 오리사육을 하던 농가에서 생산성을 향상시키기 위해 상대적으로 성장이 빠른 Peking 종을 교배해 사육했기 때문인 것

**Table 2.** The results of number of alleles (N), expected heterozygosity (Hexp) and polymorphism information content (PIC) values in Korean native duck (KND) and commercial duck (CD) breeds

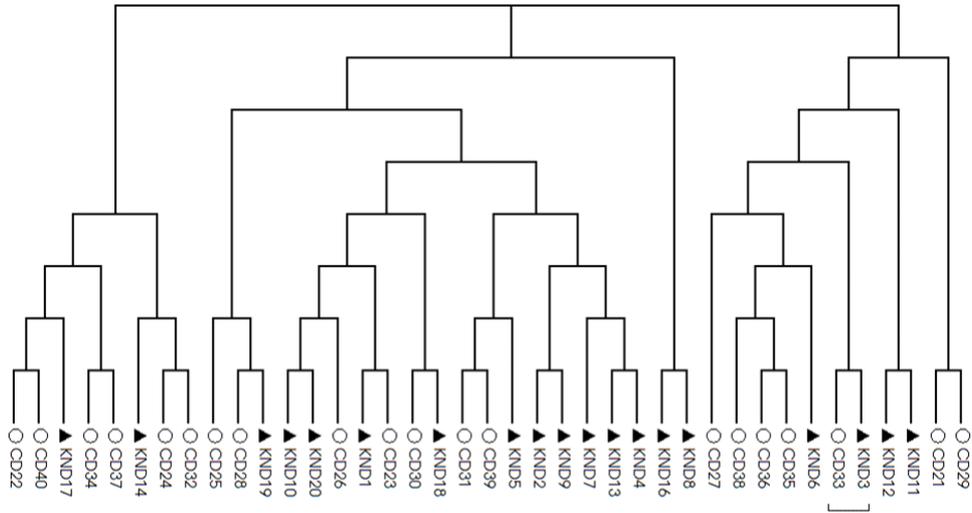
Marker name	Korean native duck (KND)				Commercial duck (CD)			
	N	Hobs	Hexp	PIC	N	Hobs	Hexp	PIC
CAUD111	6	0.789	0.794	0.739	7	0.8	0.749	0.699
CAUD127	2	0.211	0.273	0.231	5	0.55	0.524	0.455
CAUD132	2	0.211	0.273	0.231	3	0.2	0.268	0.238
AMU52	1	0	0	0	1	0	0	0
CAUD044	4	0.421	0.404	0.365	4	0.45	0.387	0.351
AMU68	3	0.737	0.61	0.528	5	0.8	0.658	0.592
CAUD009	2	0	0.114	0.105	3	0.05	0.188	0.174
APH04	5	0.158	0.727	0.666	4	0.25	0.501	0.438
AMU123	4	0.263	0.405	0.368	2	0.2	0.185	0.164
APH08	7	0.579	0.748	0.696	5	0.55	0.546	0.455
CAUD005	5	0.765	0.754	0.692	6	0.7	0.656	0.603
CAUD128	3	0.368	0.317	0.275	3	0.35	0.312	0.282
AMU3	4	0.294	0.606	0.513	4	0.55	0.565	0.504
CAUD069	13	0.722	0.884	0.847	12	0.8	0.853	0.815
CAUD086	5	0.789	0.755	0.69	4	0.55	0.758	0.69
APH20	3	0.526	0.647	0.553	3	0.6	0.565	0.461
CAUD066	4	0.526	0.643	0.568	4	0.412	0.594	0.505
APH24	5	0.421	0.606	0.509	3	0.235	0.469	0.375
CAUD039	4	0.579	0.558	0.475	5	0.65	0.642	0.553
CAUD040	12	0.789	0.811	0.77	12	0.85	0.883	0.847
CAUD011	4	0.632	0.585	0.478	2	0.4	0.431	0.332
CAUD031	4	0.579	0.552	0.441	2	0.4	0.328	0.269
CAUD035	5	0.526	0.482	0.443	4	0.55	0.573	0.518
CAUD048	6	0.833	0.743	0.686	7	0.6	0.715	0.65
Average	4.7	0.488	0.554	0.495	4.6	0.479	0.515	0.457

\* Bold characters are 13 highly polymorphic markers.

으로 추정해 볼 수 있다. 실제로 본 연구에서 확보한 실용오리들은 원종계가 Peking 종이기 때문에 토종오리와 실용오리가 품종의 기원을 공유하고 있기 때문으로 사료된다(NIAS, 1999). 이와 같은 근거는 본 연구 결과의 유전적 거리에서 품종의 차이는 비교적 가까운 것으로 확인되었지만, 개체의 차이는 비교적 크게 나타나는 경우가 있어, 이는 순종화가 덜 된 영향일 것이라고 생각한다. 실제로 계통도 결과에서도

각 집단의 개체들이 소그룹을 형성하는 경우가 나타나기는 하지만, 몇몇 개체들은 비교적 순종화가 덜 되어 혼재되어 나타나는 것을 확인할 수 있다. 따라서 본 연구 결과를 재확인하기 위하여 추가 마커의 개발과 동시에 다양한 집단의 분석이 필요할 것이라 사료된다.

확보된 마커의 개체식별률을 확인하기 위해 동일개체 출현빈도를 계산해 본 결과, 임의 집단( $PI$ )에서  $1.64 \times 10^{-16}$ , 임



**Fig. 1.** The result of phylogenetic tree using 24 microsatellite markers with Neighbor-Joining method.

\* CD and KND indicate commercial duck and Korean native duck, respectively.

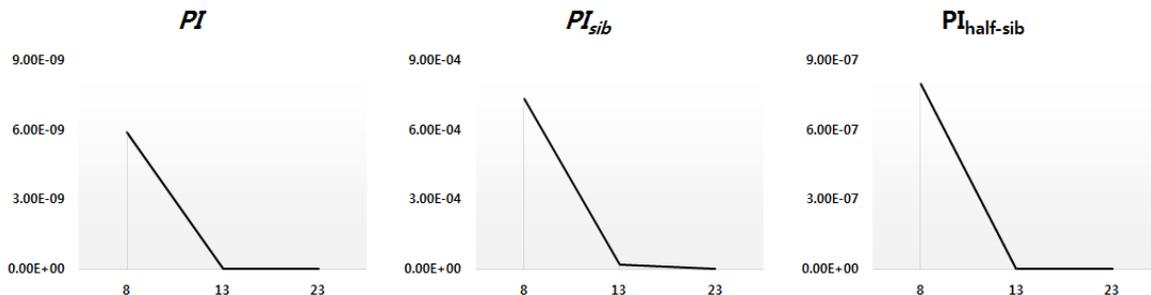
의 형제 집단( $PI_{sib}$ )에서  $2.60 \times 10^{-7}$ , 임의의 반형제 집단( $PI_{half-sib}$ )에서  $1.30 \times 10^{-12}$ 으로 모든 집단에서 0에 수렴하는 동일개체 출현빈도를 나타내기 때문에 개체식별률이 매우 높아, 본 연구에서 이용된 마커들은 개체식별 마커로는 충분히 활용할 수 있을 것으로 사료된다. 마커의 효율성 및 경제적인 마커조합을 위해 이형접합도와 다형성이 높은 마커를 선발하여 개체식별률이 0에 수렴하는 최소개수의 마커를 확인해 본 결과, 13개의 마커만을 사용하였을 때부터 충분한 개체식별률이 나타나는 것을 확인할 수 있었다(Fig. 2). 더불어 이들의 친자확인을 또한 0.999975로 100%에 근접하는 친자확인율을 나타내기 때문에 본 연구에서 확보한 마커들이 개체식별 및 친자 확인 마커로는 유용하게 활용될 수 있을 것으로 판단된다.

본 연구의 결과, 24개의 MS 마커는 다형성이 매우 높아, 개체 및 친자확인 마커로는 매우 적합할 것으로 생각된다. 하지만, 본 연구에서 확보한 마커로는 토종오리와 실용오리 품종의 구분은 어려워, 확보된 마커정보를 이용한 토종오리

의 순종화 작업이 요구되며, 동시에 마커의 추가 개발 및 연구가 필요할 것으로 사료된다.

### 적 요

최근, 한국의 소비자들이 건강에 대한 관심이 증가하면서 단일불포화 지방산이 풍부해 건강에 긍정적인 영향을 줄 수 있는 오리고기의 수요가 급격하게 증가하고 있다. 하지만 대부분의 종 오리는 수입에 의존하고 있는 실정이기 때문에, 토종오리의 개발 및 보급이 필요한 실정이며, 이는 종자주권의 확립 및 농가 소득 증대에도 매우 필요한 일이라 할 수 있다. 따라서 본 연구에서는 24개의 microsatellite 마커를 확보하였으며, 이들 마커의 대립유전자수는 1~16개, 이형접합도는 0~0.865, 다형성은 0~0.841로 확인되었다. 이들 마커를 이용하여 임의의 집단에서 동일개체 출현빈도를 계산한 결과는 임의의 집단  $1.64 \times 10^{-16}$ , 전형제 집단  $2.60 \times 10^{-7}$ , 반형제 집단  $1.30 \times 10^{-12}$ 으로 높은 개체식별률과 친자확인도를 확인할



**Fig. 2.** The expected probability of identity values in random, random sib and random half-sib.

수 있었다. 하지만 이들 마커를 이용한 계통분석 결과, 토종 오리와 실용오리 집단을 정확하게 구분하기에는 어려운 것으로 확인되었다. 따라서 추가연구를 통해 토종오리의 순종화 및 더 정확한 토종오리와 실용오리 집단 구분이 가능한 마커 개발이 필요할 것으로 사료된다.

(색인어: 토종오리, 실용오리, microsatellite 마커, 생산이력제, 품종구분)

## 사 사

본 논문은 농촌진흥청 공동연구사업(과제번호: N012014-02280025)의 지원에 의해 이루어진 것임.

## REFERENCES

- Ayres KL, Overall AD 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. *Mol Ecol Notes* 4:315-318.
- Bang HT, Na JC, Choi HC, Chae HS, Kang HK, Kim DW, Kim MJ, Suh OS, Park SB, Choi YH 2010 A comparative study on performances and carcass traits in three major meat-type duck strains in Korea. *Korean J Poult Sci* 37 (4):389-398.
- Cheng HH, Crittenden LB 1994 Microsatellite markers for genetic-mapping I the chicken. *Poultry Sci* 73:539-546.
- Dalvit C, DeMarchi M, Cassandro M 2007 Genetic traceability of livestock products : A review. *Meat Sci* 77:437-449.
- Jin SD, Hoque MR, Seo DW, Paek WK, Kang TH, Kim HK, Lee JH 2014 Phylogenetic analysis between domestic and wild duck species in Korea using mtDNA D-loop sequences. *Mol Biol Rep* 41:1645-1652.
- Kim HK, Hong EC, Kang BS, Park MN, Seo BY, Choo HJ, Na SH, Bang HT, Seo OS, Hwangbo J 2010 Effect of crossbreeding of Korean native duck and broiler ducks on performance and carcass yield. *Korean J Poult Sci* 37(3): 229-235.
- Kim HK, Kang BS, Hwangbo J, Kim CD, Heo KN, Choo HJ, Park DS, S OS, Hong EH 2012 The study on growth performance and carcass yield of meat-type Korean native ducks. *Korean J Poult Sci* 39(1):45-52.
- Kulikova IV, Zhuravlev YN, McCracken KG 2004 Asymmetric hybridization and sex-biased gene flow between Eastern Spot-billed Ducks (*Anas zonorhyncha*) and Mallards (*A. platyrhynchos*) in the Russian far east. *The Auk* 121(3): 930-949.
- Kook K, Kim JE, Jeong JH, Kim JP, Sun SS, Kim KH, Jeon YT, Jeong KH, Ahn JN, Lee BS, Jeong IB, Yang CJ, Yang JE 2005 Effect of supplemental alkali feldspar-ilite on growth performance and meat quality in broiler ducks. *Korean J Poult Sci* 32(4):245-254.
- Li HF, Zhu WQ, Song WT, Shu JT, Han W, Chen KW 2010 Origin and genetic diversity of Chinese domestic ducks. *Mol Phylogenet Evol* 57(2):634-640.
- Lim HT, Seo BY, Jung EJ, Yoo CK, Zhong T, Cho IC, Yoon DH, Lee JG, Jeon JT 2009 Establishment of a microsatellite marker set for individual, pork brand and product origin identification in pigs. *J Anim Sci* 51(3):201-206.
- Liu K, Muse SV 2005 Power marker: An integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics* 21:2128-2129.
- Maak S, Wimmers K, Weigend S, Neumann K 2003 Isolation and characterization 18 microsatellites in the peking duck (*Anas platyrhynchos*) and their application in other waterfowl species. *Mol Ecol Notes* 3:224-227.
- Marshall T, Slate J, Kruuk L, Pemberton J 1998 Statistical confidence for likelihood based paternity inference in natural populations. *Mol Ecol* 7:639-655.
- MIFAFF 2013 Primary Statistics of Food, Agriculture, Forestry and Fisheries, Korea.
- NIAS 1999 Characteristic study of domesticated Mallard duck.
- Seo DW, Hoque MR, Choi NR, Sultana H, Park HB, Heo KN, Kang BS, Lim HT, Lee SH, Jo C, Lee JH 2013 Discrimination of Korean native chicken lines using fifteen selected microsatellite markers. *Asian-Aust J Ani Sci* 26:316-322.
- Yinhua H, Jiangfeng T, Xuebo C, Bo T, Xiaoxiang H, Zhaoliang L, Jidong F, Yankun L, Li L, Ke X, Yulong Z, Ning L 2005 Characterization of 35 novel microsatellite DNA markers from the duck (*Anas platyrhynchos*) genome and cross-amplification in other birds. *Genet Sel Evol* 37:455-472.
- Yinhua H, Yonghui Z, Chris SH, Shengqiang H, Jinping H, Changxin W, Ning L 2006 A genetic and cytogenetic map

for the duck (*Anas platyrhynchos*). *Genetics* 173(1):287-296.

Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipski A, Kumar S 2013  
MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version

6.0. *Mol Biol Evol* 30:2725-2729.

---

Received Oct. 29, 2014, Revised Nov. 25, 2014, Accepted  
Mar. 12, 2015