

초위성체 마커를 이용한 산양의 분자유전학적 고찰[†]

서주희¹ · 이윤석² · 전광주³ · 공홍식⁴

¹한경대학교 미래융합기술대학원 유전체정보전공 · ^{2,3,4}한경대학교 유전정보연구소

접수 2017년 5월 10일, 수정 2017년 9월 6일, 게재확정 2017년 9월 7일

요약

본 연구는 산양 7 품종을 대상으로 (Saanen (88), Laoshan (67), Toggenburg (32), Alpine (12), Anglonubian (9), Jamnapari (7), Black Bengal (4)) 13종의 초위성체 마커 (microsatellite marker)를 활용하여 유전적 다형성 분석을 실시하였다. 대립유전자 수는 4개 (INRA005) 부터 18개 (SRCRSP23)까지 확인되었으며, 관측이형접합율 (H_{obs})과 기대이형접합율 (H_{exp}) 그리고 다형성 정보지수 (PIC) 값은 각각 0.482 ~ 0.786, 0.476 ~ 0.923 그리고 0.392 ~ 0.915로 나타났다. 품종별 유전적 거리를 확인하기 위하여 실시한 주성분분석 (PCoA) 결과는 요인대응분석 (FCA) 분석과 유사한 결과를 보였으며, 동일개체출현빈도는 2.47×10^{-15} 으로 확인되었다. 따라서 본 연구 결과는 산양 품종 개량 및 보존에 있어 기초자료로써 유용한 자료로 활용 가능 할 것으로 사료된다.

주요용어: 산양품종, 유전적 다형성, 초위성체 마커.

1. 서론

2000년대 들어서 산양 (*Naemorhedus caudatus raddeanus*)에 대한 관심은 전 세계적으로 증가하고 있는 추세이다. 이는 산양이 생산하는 산양유 (goat milk)의 영양학적 가치가 우유 (bovine milk) 보다 인간의 모유 (Human milk)의 성분 및 조성과 유사한 특성을 보인다는 연구결과에 따라 주목을 받게 되었다 (Kim 등, 2014; Jung 등, 2016; Haenlein 2004; Raynal-Liutovac 등, 2005; Albenzio와 Santillo, 2011; Yangilar, 2013). 선행연구조사 결과에 따르면, 2010년 기준으로 산양유와 관련된 유제품을 소비하는 인구는 약 1억 9천만명에 도달하였으며, 또한 개발도상국 및 선진국가에서 시장규모 확대와 함께 경제적 중요성이 부각되었다고 보고하였다 (Jung 등, 2016; Haenlein 2004; Albenzio 등, 2016; Faostat, 2012; Talpur 등, 2009).

또한 우리나라의 경우, 2011년 미증유의 구제역 사태 이후 축종을 다양화할 필요성이 대두되면서 젖소 (Holstein) 위주의 낙농산업에서 질병에 강한 품종으로 바꾸거나, 자넨종 (Saanen)과 같은 유산양 목장을 육성하는 것이 바람직하다는 주장이 제기되었다 (Kim 등, 2014). 이러한 산양으로부터 생산되는 유제품 시장의 지속 가능한 성장을 위해서는 산양 품종에 대한 명확한 유전적 배경을 바탕으로 장기적인 개량 기반이 구축되어야 할 것이다. 그러나 아직까지 산양 품종에 대한 유전적 특성을 파악하는 뚜

[†] 본 연구는 한경대학교 2016년도 학술연구조성비의 지원에 의한 것임.

¹ (17579) 경기도 안성시 석정동 중앙로 327 한경대학교 축산기술지원센터 203호, 대학원생.

² (17579) 경기도 안성시 석정동 중앙로 327 한경대학교 한경대학교 생명공학과, 조교수.

³ (17579) 경기도 안성시 석정동 중앙로 327 한경대학교 한경대학교 생명공학과, 교수.

⁴ 교신저자: (17579) 경기도 안성시 석정동 중앙로 327 한경대학교, 한경대학교 생명공학과, 부교수.

E-mail: kebinkhs@hknu.ac.kr

렀한 연구는 이루어지고 있지 않은 실정이다. 따라서 다양한 산양 품종을 대상으로 생명공학 기술을 활용하여 품종의 유전적 특성 및 다형성 분석을 통해 산양 품종의 유전자원으로써의 가치 제고와 보존 및 육종 개량에 관한 연구 진행이 이루어져야 할 것으로 생각된다.

초위성체 (Microsatellit)는 다른 마커와 비교하여 유전변이가 높아 집단 간의 관계 및 분포, 근친 정도 파악에 대한 접근이 용이하여 1990년대 중반부터 재래가축의 유전적 다양성, 유래와 계통, 유전적 특성 및 보존 등의 목적으로 널리 이용되기 시작하였다 (Shi 등, 2010; Lee 등, 2007; Blott 등, 1999; Ciampolini 등, 1995; Loftus 등, 1999; Martin-Burriel 등, 1999; Moazami-Goudarzi 등, 1997; Peelman 등, 1998; Ruane, 1999; Schmid 등, 1999). 따라서 본 연구는 초위성체 마커를 이용하여 대표적인 자넨 종 (Saanen)을 포함하여 8 품종간의 유전적 거리 분석 및 품종별 다형성 분석 등의 계통유전학적 분석을 실시하여 다양한 산양 품종을 중요한 가축유전자원으로써 인식하고 타 품종간의 유전적 차별화와 순수성을 보존하고 능력을 개량하는데 있어 기초 자료로 활용하고자 실시하였다.

2. 재료 및 방법

2.1. 공시재료

본 연구에서 초위성체 마커 분석을 위해 사용된 공시재료는 태국의 가축개발부 농장 3곳 (Tea-Pa, Pangchong, Yala 농장)에서 사육되고 Saanen (88), Laoshan (67), Toggenburg (32), Alpine (12), Anglonubian (9), Jamnapari (7), Lamansa (5), Black Bengal (4)의 genomic DNA를 이용하였다 (Table 2.1).

Table 2.1 The number of sample in the study

Population	The number of sample
Saanen (SS)	88
Laoshan (LO)	67
Toggenburg (TG)	32
Alpine (AP)	12
Anglonubian (AG)	9
Jamnapari (JM),	7
Lamansa (LM)	5
Black Bengal (BB)	4
Total	224

2.2. 초위성체 마커 정보

본 연구에서 사용한 초위성체 마커는 국제동물유전학회 (International society for animal genetics; ISAG)에서 권고하는 13개 goat marker를 이용하였다 (Table 2.2).

2.3. PCR 조성 및 방법

PCR 반응액의 조성은 Genomic DNA (20 - 50 ng/μl) 1 μl, 시발체 (Primer)는 Forward 와 Reverse 각각 0.5 μl, Hot start Taq DNA 중합효소 (polymerase) (Genetbio, Korea) 0.2 μl, 10x Buffer 1.8 μl, dNTP 1.5 μl 를 첨가한 후, 반응액을 총 15 μl로 조성하여 GeneAmp PCR system 9700 (applied biosystems, USA) 을 이용하여 PCR을 진행하였다. PCR 조건은 95℃에서 10 분간 Pre-denaturation을 실시한 후 95℃에서 30 초, 58℃에서 30 초, 72℃에서 30 초를 1 cycle로 하여 30 cycle 실시하였다. 그 후 72℃에서 30 분 extension 후 4℃에서 종료하였다.

Table 2.2 Primer information for 13 Microsatellite markers in study

Dye	Marker	Size		Primer Sequences (5' - 3')
FAM-6	SRCRSP23	79-115	F	TGA ACG GGT AAA GAT GTG
			R	TGT TTT TAA TGG CTG AGT AG
	ILSTS019	142-158	F	AGG GAC CTC ATG TAG AAG C
			R	ACT TTT GGA CCC TGT AGT GC
	CSRSD247	218-244	F	GGA CTT GCC AGA ACT CTG CAA T
			R	CAC TGT GGT TTG TAT TAG TCA GG
INRA005	119-125	F	TTC AGG CAT ACC CTA CAC CAC ATG	
		R	AAA TAT TAG CCA ACT GAA AAC TGG G	
ILSTS087	141-157	F	AGC AGA CAT GAT GAC TCA GC	
		R	CTG CCT CTT TTC TTG AGA GC	
VIC	INRA023	195-215	F	GAG TAG AGC TAC AAG ATA AAC TTC
			R	TAA CTA CAG GGT GTT AGA TGA ACT C
SRCRSP05	163-185	F	GGA CTC TAC CAA CTG AGC TAC AAG	
		R	TGA AAT GAA GCT AAA GCA ATG C	
NED	ILSTS008	168-182	F	GAA TCA TGG ATT TTC TGG GG
			R	TAC AGT GAG TGA GGT TGG C
	INRA006	98-124	F	AGG AAT ATC TGT ATC AAC CTC AGT C
			R	CTG AGC TGG GGT GGG AGC TAT AAA TA
	MAF065	116-152	F	AAA GGC CAG AGT ATG CAA TTA GGA G
			R	CCA CTC CTC CTG AGA ATA TAA CAT G
PET	OarFCB20	86-124	F	GGA AAA CCC CCA TAT ATA CCT ATA C
			R	AAA TGT GTT TAA GAT TCC ATA CAT GTG
	McM527	158-176	F	GTC CAT TGC CTC AAA TCA ATT C
			R	AAA CCA CTT GAC TAC TCC CCA A
SRCRSP08	112-242	F	TGC GGT CTG GTT CTG ATT TCA C	
		R	CCT GCA TGA GAA AGT CGA TGC TTA G	

2.4. 초위성체 유전자형 분석

PCR 증폭산물은 결과에 따라 Hi-DiTMformamide를 이용하여 10 ~ 100배로 희석한 다음, 희석된 PCR 증폭산물은 다시 한번 Hi-DiTM formamide와 GeneScanTM -500LIZTM size standard로 희석하여 Genetic Analyzer 3130xl (applied biosystem, USA)를 이용하여 모세관 전기영동을 실시한 후, GeneMapper version 4.1 (applied biosystems, USA)을 이용하여 각 초위성체 마커에 대한 대립유전자의 크기를 결정하였다. 결정된 대립유전자들은 개체별로 Microsoft Excel (Microsoft, USA)을 이용하여 자료를 취합하고 이를 통해 통계분석에 적용하였다.

2.5. 자료의 통계분석방법

대립유전자의 수 (No. of allele), 기대이형접합율 (expected heterozygosity; H_{exp}), 관측이형접합율 (observed heterozygosity; H_{obs}), 다형성정보지수 (Polymorphism information content; PIC)를 계산하기 위해 MS Toolkit software (Park, 2001)를 이용하였다. 초위성체 마커 좌위별 동형질성 (homozygosity; H_0), 이형질성 (heterozygosity; h_i)는 다음과 같이 표시한다.

$$H_0 = \sum P_i^2 h_i = 1 - H_0. \quad (2.1)$$

P_i 는 초위성체 마커의 각각의 대립유전자 빈도이다. 또한 분석된 모든 초위성체 마커들의 평균 이형질성 (H)는 다음과 같이 산출하였다.

$$H = \sum H_{-i/r}. \quad (2.2)$$

H_i 는 i 번째 초위성체 마커의 이형질성이며 r 은 분석대상 초위성체 마커 수이다. 각각의 집단에 다형성 정보지수 (PIC : Polymorphism information content)는 다음과 같다.

$$PIC = 1 - \left(\sum_{i=1}^K P_i^2 \right) - \sum_{i=1}^{K-1} \sum_{j=1}^K 2P_i^2 P_j^2, \quad (2.3)$$

여기서 P_i, P_j 는 각각 i 번째 j 번째 대립 유전자가 나타나는 확률이며, n 은 대립 유전자의 개수이다.

각 좌위별 집단간 또는 집단내의 다형에 의한 집단간의 상이성 정도를 파악하기 위해 Wright (1951)에 의해 제시된 F-statistics 값을 이용하고자 Weir와 Cockerham (1984)에 의해 고안된 방법에 의해 계산하였다 (Table 3.1).

부권 부정율은 부모에 대한 정보가 전혀 없는 경우 (NE-1P), 한쪽 부모를 알고 있을 때 다른 한 쪽의 부권 부정율 (NE-2P)의 경우, 양친과 자손을 모두 알고 있는 경우 (NE-PP)의 부권 부정율, 비혈연 집단 내에서 동일 유전자형을 보유할 수 있는 동일 개체 출현율 (NE-1)과 두 형제 사이에서 동일한 유전자형을 보유할 수 있는 형제 내 동일개체 출현율 (SI), 비혈연 집단 내에서 동일 유전자형을 보유할 수 있는 동일 개체 출현율 (NE-1)과 두 형제 사이에서 동일한 유전자형을 보유할 수 있는 형제 내 동일개체 출현율 (NE-SI)을 Cervus ver 3.0 (Marshall 등, 1998) 프로그램을 이용하여 산출하였다.

집단 간 유전적 상관관계를 확인하기 위해서 각 마커별 대립유전자 빈도를 이용하여 주성분분석 (principal components analysis; PCoA) 및 요인대응분석 (factorial components analysis; FCA)을 각각 GenAlEx 6.4 (Peakall and Smouse, 2006)와 Genetix (Belkhir 등, 2004)를 이용하여 분석하였다.

3. 결과 및 고찰

3.1. 초위성체 마커의 다형성

본 연구는 태국의 가축개발부 농장 3곳 (Tea-Pa, Pangchong, Yala 농장)으로부터 제공받은 8 품종을 대상으로 13종의 초위성체 마커를 활용하여 품종 간의 유전적 다양성을 분석하였다. 전체 공시재료를 대상으로 13종의 초위성체 마커에 대한 대립유전자 수 (No. of Allele), 관측이형접합율 (observed heterozygosity; H_{obs}), 기대이형접합율 (expected heterozygosity; H_{exp}), 다형성정보지수 (polymorphism information content; PIC), F-통계량 (Fit(F), Fst (θ) 및 Fis (f))을 계산하여 Table 3.1에 제시하였다.

전체집단을 대상으로 13종의 초위성체 마커를 분석한 결과 4개 (INRA005)부터 18개 (SRCRSP23)까지 평균 10.15개의 대립유전자가 확인되었다. Botstein 등 (1980)은 초위성체 마커의 다형성 정도를 판단하는 기준은 기대이형접합율 (H_{exp}) 값이 0.6 이상이고, 다형성정보지수 (PIC)의 값이 0.5 이상인 마커는 다형성이 높은 마커라고 보고한 바 있다 (Albenzio and Santillo, 2011). 본 연구 결과 13종의 초위성체 마커의 H_{exp} 값은 0.476 (INRA005)에서 0.923 (SRCRSP23)까지 평균 0.758으로 확인되었으며, PIC 값의 경우 0.392 (INRA005)에서 0.915 (SRCRSP23)으로, 평균 0.725로 확인되었다. 따라서 본 연구에 이용된 INRA005 (H_{exp} ;0.476, PIC ;0.392) 마커를 제외한 12종의 초위성체 마커는 산양 품종의 다형성 분석 연구에 있어 활용가치가 높은 것으로 사료된다.

각 초위성체 마커의 유전적 고정에 따른 근친 정도와 집단간의 차별성 여부를 확인하기 위하여 F-statistics 분석 결과를 산출하였다 (Table 3). F-statistics 분석은 이형접합체 감소 정도를 나타내는 척도로써 집단 내 유전적 고정 정도에 따른 근친 정도 ($Fis(f)$), 전체집단에 대한 유전적 고정 정도 ($Fit(F)$), 서로 다른 집단 내에 개체들 간 이형접합체 감소 정도 ($Fst(\theta)$)를 나타낸다. 본 연구를 통해 초위성체 마커별 $Fis(f)$ 값은 평균 0.012로 확인되었으며, -0.053 (INRA023)에서 0.341 (SRCRSP8) 사이에 나타났으며, ($Fit(F)$)와 ($Fst(\theta)$)는 평균 0.177, 0.168로 각각 산출되었다.

Table 3.1 The statistical analysis of No. of Allele (k), heterozygosity (H_{obs} and H_{exp}), polymorphism information content (PIC), F-statistics value using selected 13 microsatellite markers among the Goral (daily goat) breeds

Locus	k	H_{obs}	H_{exp}	PIC	$Fst(\theta)$	$Fit(F)$	$Fis(f)$
ILSTS019	7	0.500	0.770	0.735	0.116	0.350	0.265
INRA006	11	0.741	0.865	0.848	0.255	0.303	0.065
MCM527	8	0.582	0.649	0.618	0.270	0.404	0.184
OarFCB20	9	0.638	0.707	0.662	0.116	-0.037	-0.173
SRCRSP23	18	0.634	0.923	0.915	0.167	0.240	0.088
SRCRSP8	13	0.527	0.776	0.747	0.149	0.440	0.341
CSRD247	10	0.786	0.836	0.813	0.163	0.061	-0.122
ILSTS008	7	0.728	0.724	0.686	0.115	0.002	-0.128
ILSTS087	9	0.723	0.749	0.711	0.122	0.029	-0.106
INRA005	4	0.482	0.476	0.392	0.261	0.138	-0.167
INRA023	11	0.673	0.772	0.741	0.194	0.151	-0.053
MAF065	14	0.754	0.849	0.831	0.117	0.089	-0.032
SRCRSP5	11	0.701	0.755	0.727	0.141	0.130	-0.012
Mean	10.15	0.651	0.758	0.725	0.168	0.177	0.012

3.2. 부정 부권을 및 동일 개체 출현율

각 마커의 부권 부정율은 부모에 대한 정보가 전혀 없는 경우 (NE-1P), 한쪽 부모를 알고 있을 때 다른 한 쪽의 부권 부정율 (NE-2P)의 경우, 양친과 자손을 모두 알고 있는 경우 (NE-PP)의 부권 부정율, 비혈연 집단 내에서 동일 유전자형을 보유할 수 있는 동일 개체 출현율 (NE-1)과 두 형제 사이에서 동일한 유전자형을 보유할 수 있는 형제 내 동일개체 출현율 (NE-SI)을 계산하여 Table 3.2에 제시하였다.

SRCRSP23 마커는 부정 부권율과 동일개체 출현율에서 가장 낮은 수치 (NE-1P; 0.227, NE-2P; 0.161, NE-PP; 0.043, NE-1; 0.012, NE-SI; 0.293)를 나타냈으며, INRA005 마커는 가장 높은 수치를 나타냈다 (NE-1P; 0.887, NE-2P; 0.787, NE-PP; 0.671).

13종의 초위성체 마커를 사용하여 부권 부정율 및 동일 개체 출현율을 확인 한 결과, NE-1P; 0.00078447, NE-2P; 0.00000797, NE-PP; 2.00×10^{-09} , NE-1; 3.03×10^{-15} , NE-SI; 0.00000506으로 확인되었다. 이러한 결과는 샘플 집단의 크기에 의해 나타난 것으로 사료되며 집단의 크기가 커질수록 효과적인 결과를 얻을 수 있을 것으로 생각된다.

따라서 본 연구에 이용된 13종의 초위성체 마커를 활용하여 가계도 분석과 동일성 분석을 실시할 경우, 마커의 신뢰도가 충분 할 것으로 사료된다.

Table 3.2 Average non-exclusion probability for one candidate parent (NE-1P), Average non-exclusion probability for one candidate parent given the genotype of a known parent of the opposite sex (NE-2P), Average non-exclusion probability for a candidate parent pair (NE-PP) Average non-exclusion probability for identity of two unrelated individuals (NE-I), Average non-exclusion probability for identity of two siblings (NE-SI) and Hardy-Weinberg equilibrium (HW) using selected 13 microsatellite markers

Locus	NE-1P ¹	NE-2P ²	NE-PP ³	NE-I ⁴	NE-SI ⁵	HW ⁶
ILSTS019	0.621	0.441	0.254	0.087	0.388	***
INRA006	0.434	0.275	0.114	0.034	0.327	***
MCM527	0.744	0.559	0.353	0.154	0.465	NS
OarFCB20	0.702	0.527	0.339	0.130	0.430	NS
SRCRSP23	0.277	0.161	0.043	0.012	0.293	ND
SRCRSP8	0.599	0.417	0.224	0.078	0.383	***
CSRD247	0.499	0.329	0.155	0.048	0.345	NS
ILSTS008	0.675	0.495	0.301	0.114	0.417	NS
ILSTS087	0.648	0.468	0.278	0.100	0.401	NS
INRA005	0.887	0.787	0.671	0.359	0.602	NS
INRA023	0.603	0.424	0.231	0.082	0.386	NS
MAF065	0.463	0.299	0.128	0.040	0.336	NS
SRCRSP5	0.621	0.438	0.237	0.087	0.395	NS
Combined	0.00078447	0.00000797	2.00×10^{-09}	3.03×10^{-15}	0.00000506	

¹ NE-1P: non-exclusion probability for one candidate parent.

² NE-2P: non-exclusion probability for one candidate parent given the genotype of a known parent of the opposite sex.

³ NE-PP: non-exclusion probability for a candidate parent pair.

⁴ NE-I: non-exclusion probability for identity of two unrelated individuals.

⁵ NE-SI: non-exclusion probability for identity of two siblings.

⁶ HW: Significance of deviation from Hardy-Weinberg equilibrium. Key: NS = not significant, * = significant at the 5% level, ** = significant at the 1% level, *** = significant at the 0.1% level, ND = not done. These significance levels include a Bonferroni correction if the Bonferroni correction option was selected.

3.3. 집단간의 유전거리 및 유연관계

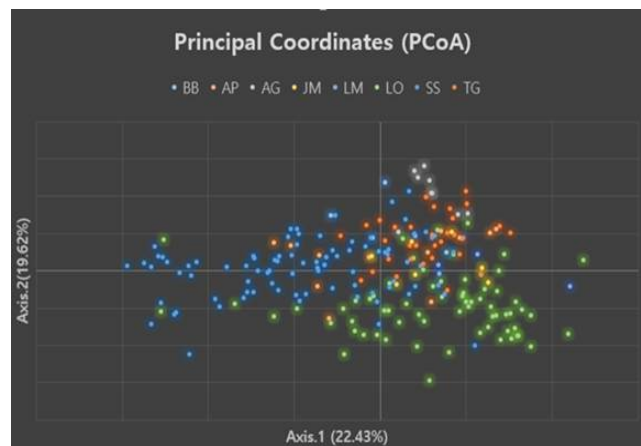
본 연구에 활용된 8 품종의 산양 집단의 유전적 유연관계를 확인하기 위하여 집단간의 유전적 거리에 주성분분석 (principal coordinates analysis; PCoA) 및 요인대응분석 (factorial components analysis; FCA)을 실시하여 Figure 3.1, Figure 3.2에 각각 제시하였다.

PCoA 분석 결과 제 1성분의 분산치는 22.43%, 제 2성분의 분산치는 19.62%로 확인되었으며, 이 변수들에 의해서는 SS 품종과 LO 품종 그리고 TG 품종은 서로 군집을 형성하는 것을 확인 할 수 있었다 (Figure 3.1 (b), 3.1 (c), 3.1 (d)). 그 외 다른 품종들은 집단의 크기가 작아 군집형성을 이루지 못한 것으로 확인되었다. 이 또한 집단의 크기를 고려하여 추가 분석이 이루어진다면 각 집단의 군집이 형성될 것으로 사료된다.

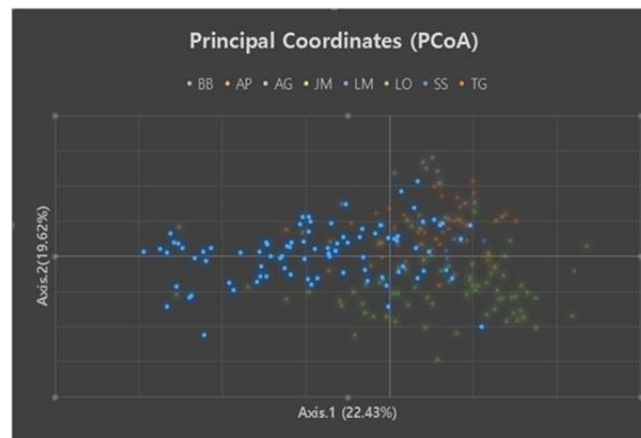
요인대응분석 결과 총 분산치는 62.31% (Axe 1(23.55%), Axe 2 (22.74%), Axe 3 (16.02%))로 확인되었다. 3차원 도표 작성 결과, 각각의 품종이 서로 다른 군집을 형성하는 것을 확인 할 수 있었다.

본 연구는 산양 8품종을 대상으로 13종의 초위성체 마커의 다형성 분석, 부정 부권을 및 동일 개체 출현율을 계산하였다. 이러한 결과는 본 연구에 이용된 13종의 초위성체 마커가 산양 품종을 대상으로 다형성 분석, 가계도 분석 및 동일성 분석에 있어 충분한 활용 가치가 있는 마커라고 사료된다. 또한 산양 8품종 간의 유전적 거리를 계산하여 계통유전학적 분석을 실시한 결과, 3 품종 (SS, LO 그리고 TG)의 경우 각 품종별 군집을 형성하는 것을 확인 할 수 있었다. 그러나 특정 품종의 유전적 고정보다는 전체

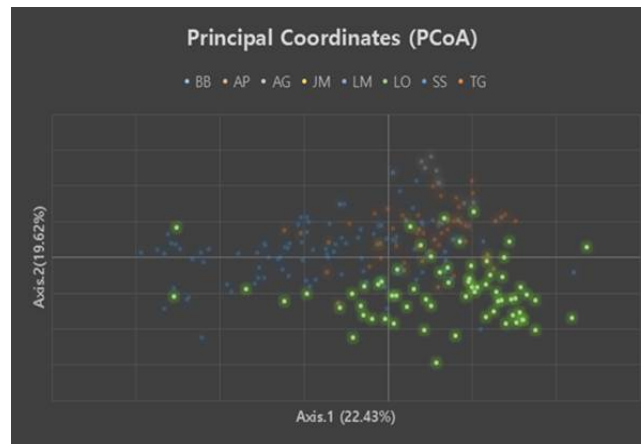
적으로 다형성을 갖고 있는 것으로 확인되었다. 이러한 결과는 산양 품종에 대한 다양한 개량 방향 설정에 있어 효과적인 것으로 사료된다. 가축유전자원으로써 다형성 보존은 앞으로 많은 연구자들이 지켜야 할 중요한 과제라고 사료된다. 따라서 본 연구는 산양 품종을 중요한 가축유전자원으로써 인식하고 타 품종과의 유전적 차별화 및 순수성 보존, 추가적으로 능력을 개량하는데 있어 기초 자료로 활용 가능할 것으로 사료된다.



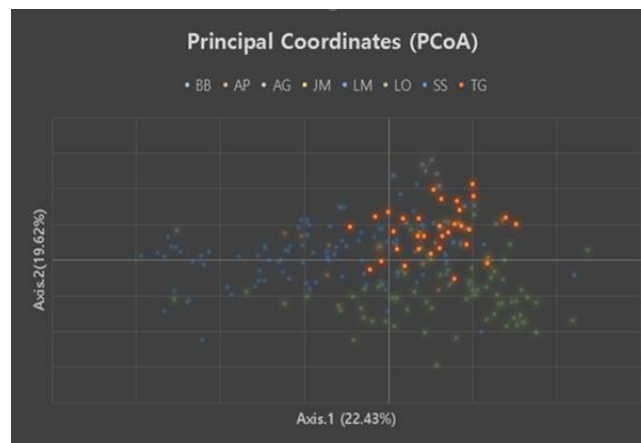
(a) PCoA with total breeds



(b) The highlight of only SS breeds



(c) The highlight of only LO breeds



(d) The highlight of only TG breeds.

Figure 3.1 Principal coordinates analysis (PCoA) of allele frequencies from 13 microsatellite loci typed in 8 population using the GenAlEx, SS: Saanen, LO: Laoshan, TG: Toggenburg, AP: Alpine, AG: Anglonubian, JM: Jamnapari, LM: Lamansa, BB: Black Bengal

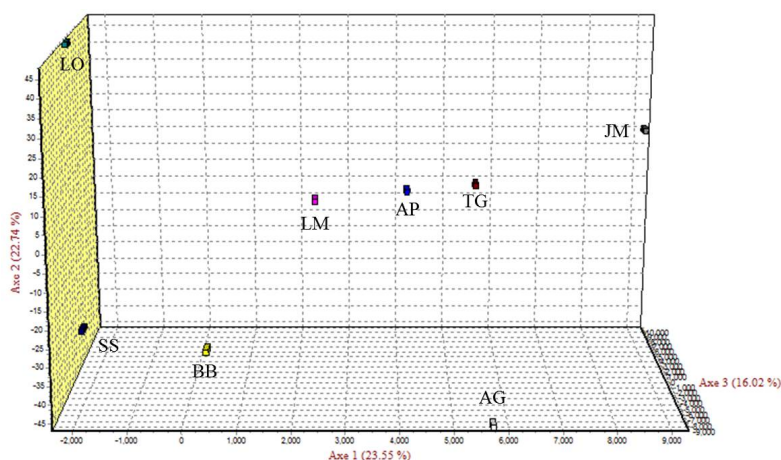


Figure 3.2 Factorial components analysis (FCA) of allele frequencies from cattle microsatellite loci genotypes calculated using GENETIX, SS: Saanen, LO: Laoshan, TG: Toggenburg, AP: Alpine, AG: Anglonubian, JM: Jamnapari, LM: Lamansa, BB: Black Bengal

References

- Albenzio, M. and Santillo, A. (2011). Biochemical characteristics of ewe and goat milk: Effect on the quality of dairy products. *Small Ruminant Research*, **101**, 33-40.
- Belkhir, K., Borsa, P., Chikhi, L., Raufaste, N. and Bonhomme, F. (1996-2004). *GENETIX 4.05, logiciel sous windows TM pour la genetique des populations*, Laboratoire Genome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5171, Universite de Montpellier II, Montpellier. France.
- Blott, S. C., Williams, J. L. and Haley, C. S. (1999). Discriminating among cattle breeds using genetic markers. *Heredity*, **82**, 613-619.
- Faostat, F. (2012). Disponible em: <http://faostat.fao.org>, Acesso em, **14**.
- Ciampolini, R., Moazami-Goudarzi, K., Vaiman, D., Dillmann, C., Mazzanti, E. and Foulley, J. L. (1995). Individual multilocus genotypes using microsatellite polymorphisms to permit the analysis of the genetic variability within and between Italian beef cattle breeds. *Journal of Animal Science*, **73**, 3259-3268.
- Haenlein, G. (2004). Goat milk in human nutrition. *Small Ruminant Research*, **51**, 55-163.
- Jung, T. H., Hwang, H. J., Yun, S. S., Lee, W. J., Kim, J. W., Shin, K. O., and Han, K. S. (2016). The Commercial Value of Goat Milk in Food Industry. *Journal of Milk Science and Biotechnology*, **34**, 173-180.
- Kim, H. H., Park, Y. S. and Yoon, S. S. (2014). Major Components of Caprine Milk and Its Significance for Human Nutrition. *Korean Journal of Food Science and Technology*, **46**, 121-126.
- Lee, J. Y., Bae, J. H. and Yeo, J. S. (2007). Bootstrapping and DNA marker Mining of BMS941 microsatellite Locus in Hanwoo chromosome 17. *Journal of the Korean Data & Information Science Society*, **18**, 1103-1113.
- Loftus, R. T., Ertugrul, O., Harba, A. H., El-Barody, M. A. A., MacHugh, D. E., Park, S. D. E. and Bradley, D. G. (1999). A microsatellite survey of cattle from a centre of origin: The Near East. *Molecular Ecology*, **8**, 2015-2022.
- Marshall, T., Slate, C. J., Kruuk, L. E. and Pemberton, J. M. (1998). Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Molecular Ecology*, **7**, 639-655.
- Martin-Burriel, I., Garcia-Muro, E. and Zaragoza, P. (1999). Genetic diversity analysis of six Spanish native cattle breeds using microsatellites. *Animal Genetics*, **30**, 177-182.
- Moazami-Goudarzi, K., Laloe, D., Furet, J. P. and Grosclaude, F. (1997). Analysis of genetic relationships between 10 cattle breeds with 17 microsatellites. *Animal Genetics*, **28**, 338-345.
- Park, S. D. E. (2001). *Trypanotolerance in West African cattle and the population genetic effects of selection*, Ph.D. Thesis, University of Dublin.
- Peelman, L. J., Mortiaux, F., Van Zeveren, A., Dansercoer, A., Mommens, G., Coopman, F., Bouquet, Y., Burny, A., Renaville, R. and Portetelle, D. (1998). Evaluation of the genetic variability of 23 bovine

- microsatellite markers in four Belgian cattle breeds. *Animal Genetics*, **29**, 161-167.
- Raynal-Ljutovac, K., Gaborit, P. and Lauret, A. (2005). The relationship between quality criteria of goat milk, its technological properties and the quality of the final products. *Small Ruminant Research*, **60**, 167-177.
- Ruane, J. (1999). A critical review of the value of genetic distance studies in conservation of animal genetic resources. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, **116**, 317-323.
- Schmid, M., Saitbekova, N., Gaillard, C. and Dolf, G. (1999). Genetic diversity in Swiss cattle breeds. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, **116**, 1-8.
- Talpur, F. N., Bhanger, M. and Memon, N. N. (2009). Milk fatty acid composition of indigenous goat and ewe breeds from Sindh. *Pakistan Journal of Food Composition and Analysis*, **22**, 59-64.
- Weir, B. S. and Cockerham, C. C. (1984). Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, **38**, 1378-1383.
- Wright, S. (1951). The genetical structure of populations. *Annals of Eugenics*, **15**, 323-354.
- Yangilar, F. (2013). As a potentially functional food: goats' milk and products. *Journal of Food and Nutrition Research*, **1**, 68-81.
- Zheng, S., Lee, J. H., Lee, Y. S., Oh, D. Y. and Yeo, J. S. (2010). Analysis of genetic diversity and distances in Asian cattle breeds using microsatellite markers. *Journal of the Korean Data & Information Science Society*, **21**, 798-802.

Molecular genetic evaluation of gorals(*naemorhedus caudatus raddeanus*) genetic resources using microsatellite markers[†]

Joo Hee Seo¹ · Yoonseok Lee² · Gwang Joo Jeon³ · Hong Sik Kong⁴

¹The Graduate School of Future Convergence Technology, Department of Genomic Informatics, Hankyong National University

^{2,3,4}Genomic Informatics Center, Hankyong National University

Received 10 May 2017, revised 6 September 2017, accepted 7 September 2017

Abstract

In this study, genotyping was executed by using 13 microsatellite markers for genetic diversity of 224 Gorals (Saanen(88), Laoshan(67), Toggenburg(32), Alpine(12), Anglonubian(9), Jamnapari(7) and Black Bengal(4)). The number of alleles was observed 4 (INRA005) to 18 (SRCRSP23) each markers. Observed heterozygosity (H_{obs}), expected heterozygosity (H_{exp}) and polymorphism information content (PIC) were observed 0.482 to 0.786, 0.476 to 0.923, and 0.392 to 0.915, respectively. Principal Components Analysis(PCoA) results were similar to the results of FCA. NE-I(on-exclusion probability for identity of two unrelated individuals) was estimated at 2.47×10^{-15} . In conclusion, this study shows the useful data that be utilized as a basic data of Gorals breeding and development.

Keywords: Gorals, genetic diversity, Microsatellite marker.

[†] This work was supported by a research grant from Hankyong National University in the year of 2016.

¹ Graduate student, Department of Genomic Informatics, Hankyong National University, Anseong, 17579, Korea.

² Assistant professor, Department of Biotechnology, Hankyong National University, Anseong, 17579, Korea.

³ Professor, Department of Biotechnology, Hankyong National University, Anseong, 17579, Korea.

⁴ Corresponding author: Associate professor, Department of Biotechnology, Hankyong National University, Anseong, 17579, Korea. E-mail: kebinkhs@hknu.ac.kr