초위성체 표지로 본 한국 재래닭 집단의 분자유전학적 구성

이풍연¹ · 연성흙¹ · 김재환¹ · 고응규¹ · 손준규¹ · 이희훈² · 조창연^{1,*}

¹농촌진흥청 국립축산과학원, ²한국긴꼬리닭농장

Genetic Composition of Korean Native Chicken Populations - National Scale Molecular Genetic Evaluation Based on Microsatellite Markers

Poongyeon Lee¹, Seong-Heum Yeon¹, Jae-Hwan Kim¹, Yeoung-Gyu Ko¹, Jun-Kyu Son¹,
Hee-Hoon Lee² and ChangYeon Cho^{1,*}

¹National Institute of Animal Science, RDA

²Korean Long Tail Chicken Farm

ABSTRACT The study was conducted to select and optimize microsatellite (MS) markers for evaluate Korean Native Chicken (KNC) breeds in order to provide standard for the classification and breed definition of the indigenous breeds. The study also aimed to characterize and classify each KNC populations for inventory and management of avian genetic resources. A total of 462 chickens from 11 populations of chicken breeds including eight KNC breeds and three commercial chicken breeds were analyzed with 19 MS markers. KNC breeds, especially Long-Tail Chicken breeds, formed separate cluster from those commercial chicken breeds. Genetic distances between KNC populations (0.11~0.18) were relatively shorter. Genetic uniformity of KNC (except KNCR breed) (0.86~0.88) were higher than that of commercial breeds (except Cornish) (0.95~0.97). On the other hand, genetic uniformity of KNC Long Tail (KNCLT) were relatively higher (0.91~0.97). The result can be used to evaluate and manage animal genetic resources at national scale.

(Key words : Korean Native Chicken, heterozygosity, microsatellite, Long-Tail Chicken)

서 론

근대화 이후 한국 재래닭은 낮은 생산성으로 인하여 외래 도입종으로 대체되면서 그 수가 급격히 감소하여 유전 자원의 다양성 보존 개념의 보편화 이전에는 멸종 위기에 처했지만, 농촌진흥청 국립축산과학원을 중심으로 수행된 한국 재래닭의 수집 및 복원 노력으로 그 품종을 유지하게 되었다. 현재 토종닭 순계 3계통(적갈색, 황갈색, 흑색)이 복원되어 기관에서 유지되고 있으며, 동물유전자원관리기관으로 지정된 각 도 기관과 일부 농가를 중심으로 한국재래닭의 계통이 유지되고 있다. 또한, 최근 국내에서 한국 재래닭의 한 계통인 긴꼬리닭이 민간에 의해서 복원되어 보존되고 있다. 이 긴꼬리닭은 삼국지위지동이전 등에 한반도에 존재하고 있는 것이 기록되고 있으나, 그 실체를 관찰하기는 어려웠다. 한국 긴꼬리닭 농원에서는 1980년도부터 우리나라 농가에서 비

교적 꼬리가 긴 닭을 수집하여 선발 도태를 반복하여 현재 수컷의 꼬지깃이 1 m에 달하는 집단을 복원 보존 중에 있다.

유전자원으로서의 한국 재래닭을 보다 효율적이고 체계적으로 수집, 관리, 평가, 보존 및 이용하기 위해서는, 단백질 수준뿐만 아니라 유전자 수준에서 분자 유전학적 분석 기법을 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 한국 재래닭의 분자유전학적 특성 평가를 위한 고유 순수 집단의 확보가 어려운 상황이므로, 축산과학원을 포함한 각 도 기관 및 농가 보유 한국 재래닭과 상용 품종의 분자유전학적 특성 자료를 조사를 통한 고유 집단 특성 평가 데이터의 축적이 요구된다. DNA를 이용한 분석 기법에는 특정한 유전자내 단염기 다형현상(SNP)을 활용한 개체 식별 및 특성 평가 방법(Han et al., 2008; Kim et al., 2010),

* To whom correspondence should be addressed : bloodtype@korea.kr

초위성체 DNA(microsatellite, MS)의 개체별 유전자형을 활용한 유전자 감식 기법 등이 개발되어 활용되고 있다(Vignal et al., 2002). 최근 박찬호 등(2010)은 국내 복원 토종닭(적갈 계통, 황갈 계통), 토종닭 실용계와 오골계 및 외래 품종(Hy-Line Brown: HB, White Leghorn: WL)을 대상으로 13종의 MS marker를 이용, 누적품종식별력(CPD)값을 보고한 바 있다. 지역별 재래닭 집단간 및 개체간 식별력을 높이기 위해서는 더 많은 유전 표지의 분석이 요구된다.

본 연구는 국내 재래닭 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. 공시 재료 및 MS 표지(MS Marker)

공시 재료로 국립축산과학원이 보유하고 있는 황갈색 계통(Y), 적갈색(R), 흑색(L), 및 오계(S)의 4집단과 제주 농가에서 사육 중인 제주재래닭(J) 및 한국긴꼬리농원에서 사육 중인 긴꼬리닭 3집단(A, B 및 D)의 8개의 재래종집단과 국립축산과학원에서 사육 중인 로드아일랜드, 코니쉬, 화이트 레그혼 3개의 외래종 집단을 포함하는 총 11집단 462수를 분석에 공시하였다(Table 1). 닭 MS 표지 19종(ADL102, ADL0112, ADL136, ADL210, LEI0192, MCW001, MCW002, MCW

004, MCW005, MCW014, MCW016, MCW0034, MCW0037, MCW0069, MCW0081, MCW0111, MCW0123, MCW0165, MCW0183, MCW0206)을 사용하여 분석하였다(ISAG/FAO, 2004).

2. PCR 및 데이터 분석

닭 혈액으로부터 genomic DNA의 추출은 Miller et al.(1988)의 방법을 일부 변형하여 수행하였다. Nanodrop(Nano Technologies, Willmington, USA)을 이용하여 DNA의 농도를 측정하고, 20 ng/uL의 DNA를 template로 이용, 각 MS 표지의 증폭 분자량과 형광 표지를 고려하여 Multiplex PCR 기법을 이용하여 증폭하였다. PCR 반응액은 20 ng genomic DNA, 각 10 pmol 형광 표지 primer, Accupower-Dye PCR Premix(Bioneer K-2037, Bioneer, Korea)를 혼합하여 총 반응액 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 자동 염기 서열 장치인 ABI PRISM 3130XL Genetic Analyzer(Applied Biosystems, USA)를 이용하여 분석하였다.

MS loci별 대립 유전자들의 정확한 크기는 ABI PRISM Gene-

Table 1. List of populations and their abbreviations were used in these studies

Populations	Abbreviation	Sample size	Source
Korean Long Tail A Line	LTA	25	Korea Long Tail Farm
Korean Long Tail B Line	LTB	25	Korea Long Tail Farm
Korean Long Tail D Line	LTD	23	Korea Long Tail Farm
Korean Native Black Line	KNCL	40	NIAS*
Korean Native Reddish Brown Line	KNCR	56	NIAS
Korean Native Yellowish Brown Line	KNCY	46	NIAS
Okey	KNCO	49	NIAS
Korean Native Jeju	KNCJ	48	Jeju Farm
White Leghorn	WHL	39	NIAS
Cornish	COR	58	NIAS
Rhode Island Red	RHO	53	NIAS

*National Institute of Animal Science.

Mapper ver. 3.7 software(Applied Biosystems, USA)를 이용하여 결정하고, MS 표지의 유전적 다형성은 Microsatellite Tool Kit(Microsatellite Tools for Excel)(Park, 2001)를 이용하여 이형접합도의 관측치(H_0)와 이론치(H_E)를 계산하여 추정하였다. 유전적 유연 관계는 DISPAN software(Ota, 1993)를 이용하여 Nei의 유전거리를 추정하였다(Nei, 1973). 산출된 유전적 거리지수를 토대로, 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 K 값)를 측정하기 위한 Bayes 분석(Bayesian analysis)을 수행하여 각각의 $K(K=2\sim11)$ 값에 대한 평균 추정치 $Pr(X|K)$ 와 표준편차를 계산하고(burn-in 100,000회, burn-in 후 MCMC 반복수 1,000,000회), 이를 통해 최적 K 를 결정하여, 각 cluster에 대한 각 집단의 실제 분포를 추정하였다.

결과 및 고찰

1. MS 표지의 대립 유전자 구성 및 유전적 변이성

국내 재래종 8 집단, 외래종 3품종 3 집단을 포함하는 총 11집단 462수에 대해 닭 MS 표지 19종으로 대립유전자 및 유전자형을 분석하였다. 19개 MS 표지의 분석 결과를 11개 집단별 평균 대립 유전자수, 기대 이형 접합도(H_E)와 관측 이형 접합도(H_0)를 구하였다(Table 2). MS tools의 분석 결과를 이용하여 DISPAN software에서 MS 표지별 Gst, Ht, Hs 값과 집단별 DA 유전적 거리를 계산하고(Table 2), PHYLIP software를 이용하여 계통수를 작성하였다(Fig. 1).

기대 이형 접합도(H_E)는 코니쉬종이 0.66으로 조사된 집단에서 최고치를, 재래닭 집단 중에서는 제주와 황갈색 계통이 0.63으로 최고치를 보였으며, 긴꼬리닭, 백색레그혼종, 로드아일랜드가 각각 0.38, 0.40, 0.41로 최저치를 보였다. 나머지 국내 재래닭 계통에서는 0.47~0.62의 수준을 보였다. 반면, 관측 이형 접합도(H_0)는 국내 재래닭 황갈색 계통이 0.60으로 최고치를, 백색레그혼종이 0.30으로 최저치를 보였다. 긴꼬리닭 A, B, D, 계통 및 오계는 관측 이형 접합도(H_0)가 기대 이형 접합도(H_E)보다 높게 나타났으며, 상용계 3 집단과 나머지 재래닭 4 계통(흑색, 적갈색, 황갈색 제주)에서는 반대로 나타났다. H_E 는 유전적 평형 상태에 있는 집단이라고 가정하였을 때 기대되는 이형 접합도를 나타내는 것으로, 대부분의 재래닭과 상용계 집단에서 H_0 가 H_E 보다 작게 나타나고 있는 것은 한정된 종계를 이용하여 계획 교배가 이루어

어지고 있는 국내 현실을 반영한 것으로 추정된다(Table 2).

검출된 대립 유전자의 수는 제주 계통(5.0)이 가장 높게, 긴꼬리닭 A와 B 계통에서 2.8로 가장 낮게 나타났으며, 나머

Table 2. Expected and observed heterozygosity observed across 19 microsatellite marker for 11 chicken populations

Populations	Mean heterozygosity (Hz)		No alleles
	Unbiased (H_E)	Observed (H_0)	
LTA	0.384 ± 0.052	0.419 ± 0.023	2.84 ± 1.07
LTB	0.467 ± 0.038	0.557 ± 0.024	2.79 ± 0.92
LTD	0.558 ± 0.029	0.584 ± 0.025	3.26 ± 0.99
KNCL	0.617 ± 0.025	0.587 ± 0.018	4.79 ± 2.10
KNCR	0.609 ± 0.031	0.543 ± 0.016	4.79 ± 1.51
KNCY	0.628 ± 0.032	0.599 ± 0.017	4.74 ± 1.97
KNCS	0.523 ± 0.045	0.530 ± 0.017	3.74 ± 1.24
KNCJ	0.634 ± 0.029	0.575 ± 0.017	5.00 ± 1.97
WHL	0.399 ± 0.054	0.302 ± 0.018	2.89 ± 1.29
COR	0.658 ± 0.025	0.551 ± 0.016	4.68 ± 1.53
RHO	0.406 ± 0.047	0.329 ± 0.016	2.79 ± 0.85

Aliases for population names of Korean native chickens and certain breeds were used in this paper.

Fig. 1. Neighbor-joining tree constructed using DA genetic distance matrix, showing the genetic relationships among the 11 chicken populations with 19 MS markers.

지 국내 재래닭 계통에서는 3.3~4.8개의 분포를 보였다. 외래종에서는 코니쉬종이 4.7로 비교적 높은 대립유전자수를, 로드아일랜드종과 백색레그혼종이 2.8과 2.9개의 비교적 낮은 수치를 보였다. 특히 긴꼬리닭 계통은 2.8~3.3의 값을 보여 여타 재래닭 집단(3.7~5.0)에 비해 낮은 평균 대립유전자수를 보였다. 긴꼬리닭 집단의 낮은 대립 유전자수는 소규모 집단내의 계획 교배에 의한 것으로 사료된다. 기존 보고에서 가장 많은 평균 대립 유전자를 보유한 집단은 토종닭 실용계집단(commercial chicken, CC)이 5.9로 확인되었으며, 기대이형 접합도는 0.629로 비교적 높게 나타났는데, 이는 제주 계통보다 높은 수준으로, 토종닭 순계의 3원 교잡을 통한 실용계 집단 조성 과정에서 기인한 것으로 추정된다(박찬호 등, 2010).

2. 집단간 유전적 유연관계

Nei의 model로부터 산출된 11개 집단의 DA 유전거리는 Table 2에서 보는 바와 같이 긴꼬리닭 B계통과 D계통간에 0.08, 다음으로 재래닭 적갈색 계통과 황갈색 계통 간의 거리가 0.11로 가장 가까운 유전거리를 나타내었다. 가장 먼 유전적 거리 값을 나타낸 집단은 백색레그혼종은 긴꼬리닭 B 및 A계통과 각각 0.49, 0.48로 나타났다. PHYLIP package를 사용하여 이로부터 Neighbor-Joining tree를 작성한 결과는 Fig. 1과 같다. 긴꼬리닭 3계통은 하나의 클러스터(cluster)를 형성하였으나, 나머지 품종은 뚜렷한 별도의 클러스터로 나뉘는 것을 볼 수 없었다. 또한 외래종 품종 중 백색레그혼이 다른 집단과 비교적 구분되는 별도의 클러스터를 형성하였다(Fig. 1). 재래닭 집단간의 DA 유전거리는 긴꼬리닭 B계

통과 D계통간(0.08)을 제외하면, 0.11~0.41로 나타났으며, 상용계 집단간 유전거리는 0.32~0.44로 나타났(Table 2). 긴꼬리닭 계통간의 유전거리는 0.08~0.18로 가깝게 나타났으며, 긴꼬리닭과 오계간의 유전거리는 0.41로 비교적 멀게 나타났다.

3. 재래닭 집단의 균일도

조사된 11개 집단이 실제적으로 몇 개의 군으로 분류가 가능한지에 대하여 Structure software를 이용하여 추정하였다. Bayes 분석으로 K값을 2에서 11까지 설정하여 집단별의 군락 형성 양상을 조사하여 Fig. 2에 표시하였다. 한국 재래닭 중 긴꼬리닭 3 계통 및 백색레그혼종은 K=4일 때부터 나머지 집단으로부터 분리되어 K=11까지 다른 집단과는 명확하게 구분되었다. 로드아일랜드종은 K=5에서, 오계는 K=6에서, 제주 계통은 K=7 각각 다른 집단과 구분이 되었다. 한편, K=8에서 다른 집단과 구분이 된 코니쉬종은 K=9에서 2개의 그룹으로 분류되었다. 재래닭 황갈색, 적갈색 및 흑색 계통은 K=10부터 계통간의 구별이 가능한 것으로 밝혀졌다.

분석된 집단과 동일한 값인 K=11로 가정하였을 때의 각 집단의 유전적 균일도를 Table 4에 표시하였다. 긴꼬리닭 3계통, 오계, 백색레그혼종 및 로드아일랜드종의 6집단은 90% 이상의 균일도로 특정한 군락을 형성하는 것으로 밝혀졌다. 한편, 재래닭 집단중 제주, 흑색, 황갈색 80% 이상의 균일도를 보였으나, 적갈색종은 63.8%의 비교적 낮은 균일도를 보였다. 코니쉬종은 52.9%와 41.6%의 균일도를 보이는 2개의 군락이 관찰되었다.

이상의 결과로 긴꼬리닭, 오계, 흑색, 황갈색 및 제주 계통

Table 3. Matrix of DA genetic distances observed among the 11 chicken populations

	LTA	LTB	LTD	KNCL	KNCR	KNCY	KNCO	KNCJ	WHL	COR
LTB	0.181									
LTD	0.171	0.078								
KNCL	0.304	0.267	0.222							
KNCR	0.328	0.292	0.234	0.119						
KNCY	0.298	0.256	0.204	0.131	0.112					
KNCO	0.409	0.314	0.273	0.222	0.214	0.190				
KNCJ	0.361	0.33	0.28	0.154	0.139	0.181	0.231			
WHL	0.476	0.485	0.431	0.356	0.397	0.394	0.399	0.407		
COR	0.353	0.364	0.292	0.166	0.176	0.196	0.271	0.170	0.323	
RHO	0.423	0.421	0.329	0.261	0.261	0.257	0.329	0.261	0.438	0.346

Fig. 2. Allocation results of eleven chicken populations for 2 to 11 clusters.

Orders for vertical axis: 1 = LTA; 2 = LTB B; 3 = LTD; 4 = WHL; 5 = COR; 6 = KNCJ; 7 = KNCL; 8 = KNCR; 9 = KNCY; 10 = KNCO; 11 = RHO.

은 비교적 유전적인 균일도가 높은 것으로 추정되었다. 낮은 63.8%의 균일도를 보인 재래닭 황갈색 계통은 모색으로 계통을 유지 과정에서도 흑색 및 적갈색 계통보다는 이모색이 비교적 잘 발현된다. 금후 균일도를 높이기 위해서는 철저한 개체 식별 및 계획 교배가 필요하다고 판단된다. $K=9$ 에서 2개 군으로 명확하게 분류된 코니쉬종은 모색 및 유전적으로 다른 흑색과 적색의 2계통이 존재하기 때문에 이와 같은 현상과 더불어 높은 유전적 변이성을 보인 것으로 추정되며, 금후에는 계통을 분리하여 분석할 필요성이 있다고 판단된다.

본 연구에서 이용한 11개 집단이 실제로 몇 개의 군락으로 구분할 수 있는지를 추정하기 위해서 $K=2$ 에서 $K=11$ 까지의 Bayes 분석을 5회 반복하여 실시하였다. Structure software는 초기 시행 시 분석 대상의 개별 데이터를 무작위로 배열하기 때문에 분석에 따라서 $-\ln$ 확률 및 그 표준 편차가

Fig. 3. Probability ($-\ln Pr$) of $K=2\sim 11$, averaged over 5 runs (blue bars), with SD over 5 runs for each value of K (red bars).

Table 4. Proportion of membership of each pre-defined population in each of the 11 clusters

Given pop.	Inferred clusters											Pop. size
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	
1	0.959	0.005	0.007	0.003	0.008	0.003	0.004	0.003	0.003	0.004	0.002	25
2	0.969	0.002	0.002	0.002	0.002	0.003	0.004	0.003	0.003	0.005	0.004	25
3	0.912	0.014	0.005	0.003	0.005	0.007	0.008	0.007	0.010	0.020	0.009	23
4	0.002	0.003	0.006	0.965	0.003	0.003	0.004	0.003	0.003	0.003	0.003	39
5	0.005	0.004	0.416	0.005	0.529	0.007	0.008	0.007	0.007	0.007	0.006	58
6	0.006	0.025	0.013	0.005	0.025	0.842	0.013	0.018	0.03	0.015	0.008	48
7	0.009	0.012	0.011	0.006	0.010	0.011	0.863	0.01	0.017	0.038	0.012	40
8	0.007	0.012	0.018	0.005	0.008	0.034	0.018	0.194	0.638	0.056	0.011	56
9	0.007	0.009	0.006	0.004	0.005	0.007	0.014	0.016	0.012	0.883	0.037	46
10	0.006	0.004	0.004	0.004	0.004	0.006	0.005	0.006	0.005	0.006	0.949	49
11	0.003	0.963	0.003	0.004	0.004	0.004	0.003	0.005	0.004	0.004	0.004	53

Orders for vertical axis: 1 = LTA; 2 = LTB B; 3 = LTD; 4 = WHL; 5 = COR; 6 = KNCJ; 7 = KNCL; 8 = KNCR; 9 = KNCY; 10 = KNCO; 11 = RHO. Pop: population. Maximum number for each cluster is highlighted.

변화하는 특징이 있다. 최적의 K 값을 추정하기 위해서는 최소한 5회 이상의 반복 분석을 통한 $-\ln$ 확률의 평균을 산출하고 표준편차를 구하여 그 값이 최소값을 보이는 K 값을 선택하도록 추천하고 있다(Pritchard et al., 2000). 공시된 11개 집단은 $K=6$ 에서 $-\ln$ 확률의 평균은 -18,079, 표준편차는 1.93의 값을 보였다. $K=10$ 에서 $-\ln$ 확률의 평균은 -170,83로 최소값을 보였으나, 표준편차가 107.4의 값을 보여 최적의 K 값은 6인 것으로 추정하였다(Fig. 3). $K=6$ 인 경우 제1군에는 긴꼬리닭 3계통, 제2군에는 백색레그혼종, 제3군에는 코니쉬종과 재래닭 제주 계통, 제4군에는 재래닭의 흑색, 적갈색 및 황갈색 3계통, 제5군에는 오계, 제6군에는 로드아일랜드종이 각각 포함되는 것으로 구명되었다(Fig. 2). 이와 같은 결과는 Fig. 1에서 보인 각 단간의 유전적인 유연 관계와 매우 유사한 결과를 보여, 우리나라 재래닭은 최소한 4개 이상의 군락으로 구분이 가능하다는 것이 시사되었다.

본 연구는 한국 재래닭 집단 전체의 분자유전학적 특성을 평가하고, 특히 새롭게 복원된 긴꼬리닭의 국내 재래닭 및 상용계 집단에서의 위치를 조명하고자 시도하였다. 또한 19종에 이르는 국제 공인된 MS 마커들을 이용하여, 한국 재래닭 집단에 대한 효과적인 마커 집단을 선정하고자 하였다. 본 연구를 통하여 한국 재래닭 집단이 외래종과는 분자 유전학적으로 별개의 집단으로 구분된다는 것을 확인하였고, 국내 재래닭 집단간의 유전적 차이 및 동질성, 그리고 집단 내의 유전적 균일성을 확인하였다. 또한 새로 복원된 긴꼬리닭 계통의 유전적 차이를 명확히 할 수 있음을 확인하였다. 이러한 결과는 차후 국내 유전자원의 고유성을 인정할 수 있는 과학적인 근거가 될 것이며, 국가 수준의 가축유전자원 평가, 관리의 기초 자료로 활용될 수 있을 것이다.

적 요

초위성체(MS) 표지를 이용하여 한국 재래닭 집단의 각각의 분자유전학적 특성을 조사하고, 그 평가를 통해 한국 재래닭에 대한 품종 및 계통 분류의 기초를 마련하고자 본 연구를 수행하였다. 또한, 한국 재래닭 집단 내 및 집단간 유전적 변이성을 확인하고, 그 분류 및 특성 평가를 위한 MS 분석 체계를 마련하여 국내 가축유전자원의 관리에 활용코자 하였다. 국내 관리 기관 및 농가 보유 11개 계통의 한국 재래닭 및 상용계 462 수를 대상으로 19개 MS 표지로 분석한 결과, 한국 재래닭 집단은 상용계부터 분자유전학적으로 별개의 집단으로 구분되며, 특히 한국 재래닭 중 긴꼬리닭 계통은 상용계와 국내 토종닭 어느 집단과도 확연히 분리되는 것을

확인하였다. 한국 재래닭 집단 간의 유전거리는 0.11~0.18로 비교적 낮게 나타났으나, 유전적 균일도는 R 계통을 제외하고 0.86~0.88로 코니쉬 계통을 제외한 상용계의 0.95~0.97보다 비교적 낮았다. 다만, 긴꼬리닭 집단의 유전적 균일도는 0.91~0.97로 높게 나타났다. 본 연구를 통하여 한국 재래닭 집단 간의 유전적 차이 및 동질성, 그리고 집단 내의 유전적 균일성을 확인하고, 긴꼬리닭 계통의 위치를 확인하였다. 이러한 결과는 국내 유전자원의 고유성을 인정할 수 있는 과학적인 근거로서, 국가 수준의 가축유전자원 평가, 관리의 기초자료로 활용될 수 있을 것이다.

(색인어: 한국 재래닭, 특성 평가, 유전적 다양성, 초위성체, 유전적 균일도)

인용문헌

- Falush D, Stephens M, Pritchard JK 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, Cho I-C 2008 Effects of ADCY1R1, 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.
- Kim S-W, Li X, Lee Y-M, Kim J-J, Kim T-H, Choi B-H, Kim K-S 2010 Development of SNP markers for domestic pork traceability. *J Anim Sci Tech* 52:91-96.
- Miller SA, Dykes DD, Polesky HF 1988 A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Res* 16:1215.
- Nei M 1973 Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc Natl Acad Sci USA* 70:3321-3323.
- Ota T 1993 DISPAN: Genetic Distance and Phylogenetic Analysis. Pennsylvania State University.
- Park SDE 2001 Trypanotolerance in West African cattle and the population genetic effects of selection. Ph. D. Thesis, University of Dublin.
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P 2000 Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945-959.
- Saitou N, Nei M 1987 The neighbor-joining method: A new me-

- thod for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol* 4: 406-425.
- Vignal A, Milan D, SanCristobal M, Eggen A 2002 A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Genet Sel Evol* 34:275-305.
- Yoon DH, Kong HS, Oh JD, Lee JH, Cho BW, Kim JD, Jeon KJ, Jo CY, Jeon GJ, Lee HK 2005 Establishment of an individual identification system based on microsatellite polymorphisms in Korean cattle (Hanwoo). *Asian-Aust J Anim Sci* 18:762-766.
- 박찬호 오재돈 김인영 박경도 전광주 이학교 공홍식 2010 토종닭 순계와 실용계의 유전적 특성 및 품종식별력 분석. *생명과학회지* 20:1086-1092.
- (접수: 2010. 11. 8, 수정: 2011. 5. 12, 채택: 2011. 6. 1)