

## Microsatellite loci 분석에 의한 한우와 타 품종간의 유전적 유연관계

윤두학\* · 박응우\* · 이승환\* · 이학교\*\* · 오성종\* · 정일정\* · 홍기창\*\*\*  
농촌진흥청 축산연구소\*, 한경대학교 생명공학과\*\*, 고려대학교 생명유전공학부\*\*\*

### Assessment of Genetic Diversity and Relationships Between Korean Cattle and Other Cattle Breeds by Microsatellite loci

D. H. Yoon\*, E. W. Park\*, S. H. Lee\*, H. K. Lee\*\*, S. J. Oh\*, I. C. Cheong\* and K. C. Hong\*\*\*  
National Livestock Research Institute, R.D.A.\*,  
Department of Genomic Engineering, Hankyong National University\*\*, and  
College of Life & Environmental Science, Korea University\*\*\*

#### ABSTRACT

For the genetic assessment of the cattle breeds including Hanwoo, eleven microsatellite markers on ten bovine autosomes were genetically characterized for 618 individuals of nineteen cattle breeds; North Eastern Asian breeds (Korean cattle, Korean Black cattle, Japanese Black cattle, Japanese Brown cattle, Yanbian cattle), Chinese yellow cattle (Luxi cattle, Nanyang cattle), European *Bos taurus* (Angus, Hereford, Charolais, Holstein, Limousin), African *Bos taurus* (N'Dama, Baoule), African *Bos indicus* (Kavirondo Zebu, White Fulani), Asian *Bos indicus* (Sahiwal, Nelore) and one Bali cattle, *Bos banteng* as an outbreed-reference population. Allele frequencies derived from the genotyping data were used in estimating heterozygosities, gene diversities and genetic distances. The microsatellite loci were highly polymorphic, with a total of 162 different alleles observed across all loci. Variability in allele numbers and frequencies was observed among the breeds. The average expected heterozygosity of North Eastern Asian breeds was higher than those of European and African taurines, but lower than those of Asian and African indicines. Genetic distances were estimated using Nei's DA genetic distance and the resultant DA matrix was used in the construction of the phylogenetic trees. The genetic distances between North Eastern Asian cattle breeds and *Bos indicus* were similar with those between European *Bos taurus* and *Bos indicus*, and African *Bos taurus* and *Bos indicus*, respectively. The clusters were clearly classified into North Eastern Asian, European and African taurines groups as well as different cluster with Chinese mainland breeds, firstly out-grouping with *Bos indicus*. These results suggest that Korean cattle, Hanwoo, had not been originated from a crossbred between *Bos primigenius* in Europe and *Bos indicus* in India and North Eastern Asian *Bos taurus* may be have separate domestication from European and African *Bos taurus*.  
(Key words : Microsatellite, *Bos indicus*, *Bos taurus*, Hanwoo, Phylogenetic analysis)

I. 서 론

세계 각국에서는 유전자원으로서 재래가축에 대한 보존 및 활용의 가치를 인식하면서(Notter, 1999) 가축들의 품종 형성, 유전적 특성, 유전적 다양성, 타 품종간의 유연관계 등의 분석연구를

Corresponding author : D. H. Yoon, Animal Genomics and Bioinformatics Division, National Livestock Research Institute, R.D.A., Omockchun-dong, Suwon, 441-350, Korea. Tel : 031-290-1593, E-mail : dhyoon@rda.go.kr

많이 수행하여 왔으며 이중 소 품종집단에 대해서도 다양한 유전적 표지인자들 즉, 혈액 단백질, 유단백질, microsatellites, mitochondrial DNA, Y chromosome 등을 활용하여 왔다(Abe 등, 1968, 1975; Baker 및 Manwell 1980; Loftus 등, 1994a, 1994b, 1999; Arranz 등, 1996; Bradley 등, 1996; Moazami-Goudarzi 등, 1997; MacHugh 등, 1998; Mannen 등 1998; Edwards 등, 2000a, 2000b; Troy 등, 2001; Hanotte 등, 2000, 2002). 이러한 유전적 표지인자중 microsatellite markers는 생물체의 전염색체에 많은 수로 골고루 분포하고 사람의 경우 di-nucleotide repeat의 경우는 140,000개, tetra-nucleotide repeat으로 이루어진 것은 105,000개로 보고하고 있으며(IHGSC, 2001), 포유류의 염색체에 평균 100,000개 이상이 존재하고 있는 것으로 알려져 있다. 그리고 microsatellites는 매우 다형적이므로 유전체의 정보를 가장 많이 제공해 주고 실험수행상의 상대적 용이성 등의 이유로 가축 집단의 유전적 다양성 분석 등에 주로 사용되어 졌다(Barker 등, 1997; Blott 등, 1999; Li 등, 2000; Bjornstad 등, 2003).

지구상에 존재하는 소 품종집단들은 크게 *Bos taurus*와 *Bos indicus*로 구별되고 그 중간형태인 혼합종의 세 가지 형태로 구분된다(Philips, 1961; MacHugh 등, 1997; Bradley 등, 1998). 우리나라의 대표적인 재래가축인 한우는 4천여 년전 유럽우(*Bos taurus*) 계통과 인도 견봉우(*Bos zebu*) 계통이 교잡되어 성립되었으며, 중국대륙, 몽골, 만주 등을 거쳐 한반도에 전래되었다는 것이 정설로 되어 있다(한, 1996). 한편, Abe 등(1968)은 혈청단백질의 대립유전자빈도 분석으로 한우 및 화우는 유럽우와 분명히 다른 분포를 보이는 것과 인도계 품종인 황우(yellow cattle)에서 높은 빈도를 보이는 Hb<sup>C</sup> 및 Alb<sup>B</sup> 대립유전자가 한우에는 아주 낮은 빈도로 감소하는 것을 근거로 한우의 기원은 황우가 아니라 다른 기원을 가질 것으로 추정하였으나, Baker와 Manwell (1980)은 한우를 유럽계와 인도계의 중간품종으로 분류하였다. 한편, 국내 학자들에 의한 혈액 및 유단백질 다형분석(한과 이, 1982; 한 등, 1991, 1995; 신 등, 1993)으로 일본 화우는 한우와 그 기원을 같이하며 유전적 거리가 유럽계 품종과는 0.1정

도, 인도계 품종인 zebu와는 2.0 이상의 차이를 보여 한우 및 화우는 유럽계 품종에 속하지만 zebu의 영향을 약간 받은 것으로 추정하였다. 그러나 한우와 같은 조상에서 유래된 것으로 알려져 있는 중국 연변우는 Turano-Mongolian과 중국 황우와의 교잡으로부터 진화되어 온 품종이며, 일본 흑모화우 역시 Turano-Mongolian 형태이지만 19세기말경 흑모화우의 개량을 목적으로 유럽계 유래의 *Bos taurus*와 교잡이 많이 있었을 것이라고 추정하면서 분명한 *Bos taurus*에 속하는 것을 유보하고 있다(Felius, 1995). 이렇듯 동북아시아의 소 품종들이 *Bos taurus*에 포함되는 듯한 의미는 있으나 명확한 증거가 아직 불충분하고 최근 DNA marker를 이용하여 한우의 유전적 다양성 및 소 품종들 간의 유연관계를 밝히기 위한 연구보고가 시도되어 왔으나(신 등 1999; 정 등, 2000, 2001; 김 등, 2001; Kim 등, 2002), 보다 더 정확한 한우의 유래와 품종형성 과정을 구명하기에는 아직 분명치 않은 부분이 많이 있다고 볼 수 있다. 또한 최근의 Lee와 Pollack (2002)의 논문에 의하면 한우는 유럽 계통의 *Bos primigenius*와 인도 계통의 *Bos indicus*와의 교잡에 의해 기원하였다고 소개하고 있다.

이에 이번 연구에서는 11개 microsatellite markers를 이용하여 19개 소 품종 - 동북아시아 및 중국내륙지역의 7개 품종, 유럽 *Bos taurus* 5개 품종, 아프리카 *Bos taurus* 2개 품종, 아시아 *Bos indicus* 2개 품종, 아프리카 *Bos indicus* 2개 품종 및 참고집단으로 인도네시아 반탱종인 Bali cattle - 에 대한 유전적 다양성 및 특성, 유전적 거리 추정 및 분지도 작성 등을 통하여 한우 등 동북아시아 소 품종들에 대한 보다 더 명확한 분석결과들을 소개하고자 한다.

## II. 재료 및 방법

### 1. 공시된 소 품종별 시료 확보

한우는 축산연구소 및 전국농가에서 사육된 개체들을 대상으로 하였고, 앵거스, 헤어포드, 리무진은 미국에서 수입된 종모우의 동결정액을, 홀스타인 및 샤로레는 제주도 제동목장에

서 사육되어진 개체들의 혈액을 채취하거나 국제축산연구소에서 DNA 상태로 분양받았다. 제주 재래흑우(Korean Black cattle)는 제주도 축산진흥원, 중국 소 품종인 연변우(Yanbian cattle), 노서우(Luxi cattle) 및 난양우(Nanyang cattle)는 중국 농업과학원 축목연구소, 일본 흑모화우(Japanese Black cattle) 및 갈모화우(Japanese Brown cattle)는 일본 축산시험장, African *Bos taurus*인 N'Dama 및 Baoule, African *Bos indicus*인 Kavirondo Zebu와 White Fulani, Asian *Bos indicus*인 Sahiwal 및 Nelore 등은 국제축산연구소에서 각기 DNA 상태로 분양 받아 실험에 사용하였다. 또한 계통유전학적 분석의 참고집단

으로서 인도네시아 유래의 *Bos banteng*인 Bali 품종의 DNA 시료도 국제축산연구소로부터 분양받아 분석에 이용하였다. 이번 연구에 이용된 소 품종은 총 19품종 618두로 소 형태별 분류 등의 자세한 사항을 Table 1에 제시하였다.

2. DNA 분리 및 농도측정

소 혈액으로부터 genomic DNA 분리 및 정제는 Miller 등(1988)의 방법을 이용하여 수행하였고, 정액의 genomic DNA 분리 및 정제는 Sambrook 등(1989)의 방법을 다소 변경하여 수행하였다.

Table 1. Cattle breed, number of individuals, origin of the breed, and source of DNA samples

Breed type	Breed	No. of sample	Origin	Sample**
Asian <i>Bos taurus</i> *	Hanwoo	55	Korea	NLRI
	Korean Black cattle	38	Korea	Jeju Islands
	Japanese Black cattle	36	Japan	NILGS
	Japanese Brown cattle	16	Japan	NILGS
	Yanbian cattle	30	China	IAS, CAAS
	Luxi cattle	19	China	IAS, CAAS
	Nanyang cattle	14	China	IAS, CAAS
European <i>Bos taurus</i>	Angus	34	Scotland	USA (imported)
	Hereford	28	England	USA (imported)
	Charolais	55	France	Korea & ILRI
	Holstein	49	Netherlands	Korea & ILRI
	Limousin	30	France	USA (imported)
African <i>Bos taurus</i>	N'Dama	35	Guinea	ILRI
	Baoule	33	Burkina-Faso	ILRI
Asian <i>Bos indicus</i>	Sahiwal	35	Pakistan	ILRI
	Nelore	35	India	ILRI
African <i>Bos indicus</i>	Kavirondo Zebu	36	Burkina-Faso	ILRI
	White Fulani	23	Nigeria	ILRI
<i>Bos banteng</i>	Bali cattle	17	Indonesia	ILRI

\* There are some cattle breeds that be not yet really included in *Bos taurus* type.  
 \*\* NLRI; National Livestock Research Institute, Korea.  
 NILGS; National Institute of Livestock and Grassland Sciences, Japan.  
 IAS, CAAS; Institute of Animal Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, China.  
 ILRI; International Livestock Research Institute, Kenya.

### 3. Microsatellites를 이용한 PCR 수행 및 유전자형 결정

소에서 개발된 microsatellite markers중 국제축산연구소에서 개발된 것과 ISAG (International Society of Animal Genetics)에서 개체식별 및 친자감정 등에 이용하기를 권장하는 것 중에서 11개를 선정하여 이용하였다.

PCR 증폭반응은 primers 각 쌍의 forward primer 5' 끝부분에 형광염색 표지(TET, HEX, 6-FAM)가 부착되도록 주문합성(정화과학, 서울)하였으며 형광염색된 microsatellite markers의 색상과 대립유전자의 크기별 분포 등을 고려하여 multiplex PCR을 수행하였고 일부 microsatellites는 단일 marker로서 PCR을 수행하였다. GeneAmp 9600 (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA)에서 반응액의 총량을 10  $\mu$ l로 하고, 이는 약 50 ng template DNA, 1  $\mu$ l of 10 pmol each primer, 1.25 mM dNTPs, 0.5 U of *Taq* DNA polymerase (Promega, Madison, WI, USA)와 1  $\mu$ l 10X PCR buffer (100 mM Tris-HCl, pH 8.3, 500 mM KCl, 0.01 % gelatin, 0.25 % nonidet P40, and 20 mM MgCl<sub>2</sub>)로 조성되었다. 95 °C에서 5분간의 첫 반응을 시작으로 하여, 94 °C에서 30초, microsatellite marker에 따라 53 ~ 55 °C에서 1분, 72 °C에서 1분으로 35회 반복 반응을 실시하고, 마지막으로 신장반응은 72 °C에서 10분간 실시하여 종료하였다.

PCR 수행 후 증폭산물들을 deionized formamide, loading buffer 및 GeneScan 350-TAMRA internal size standard (Applied Biosystems)와 잘 혼합하여 5 % polyacrylamide denaturing gel를 제조한 후 ABI PRISM 377 DNA sequencer (Applied Biosystems)를 사용하여 전기영동을 실시하였다. Genescan Analysis Software (Applied Biosystems, version 3.1)을 이용하여 각 PCR 단편들의 크기를 3차원 최소자승법 (third order least squares method)으로 분석하였고, Genotyper Software (Applied Biosystems, version 2.0)를 이용하여 microsatellite loci별 대립유전자들의 정확한 크기를 결정하였다.

### 4. 품종 집단간의 유전적 관련성 분석

Genotyper Software에 의해 결정되어진 microsatellite marker별 대립유전자들은 Microsatellite Toolkit software (Park, 2000, in personnel)를 이용하여 분석집단별 및 개체별로 정리한 후 관측 이형질성(observed heterozygosity), 대립유전자 빈도(allele frequency), 각 locus별 대립유전자의 수 및 품종집단별 대립유전자 수를 산출하였다.

기대 이형질성(Expected heterozygosity), microsatellite loci별 품종집단에 대한 전체 이형질성(Ht) 및 품종집단내 이형질성(Hs), 유전자 분화정도(Gst), 그리고 집단간 유연관계 분석을 위한 DA genetic distances의 추정은 Nei 등 (1983)의 방법을 사용하는 집단유전학 분석프로그램인 DISPAN (Ota, 1993) package를 이용하여 계산하였으며, 또한 DISPAN을 이용하여 UPGMA (unweighted pair-group method with arithmetic average) (Sneath와 Sokal, 1973)와 Neighbor-Joining (NJ) method (Saitou와 Nei, 1987)를 이용하여 유전적 거리를 근거로 한 phylogenetic tree를 작성하였다.

## III. 결 과

### 1. Microsatellite loci의 특성

분석에 사용되어진 11개의 microsatellite marker들은 10개의 소 상염색체상에 분포하는 것이며(Table 2), 대립유전자의 크기별로는 작게는 TGLA227의 70 ~ 106 bp에서 부터 크게는 ILSTS006의 275 ~ 303 bp 까지, 대립유전자의 숫자별로는 9개(ILSTS005 및 TGLA227)에서 26개(TGLA122)까지의 다양한 형태로 대립유전자 분포를 보였고, 총 162개의 대립유전자가 검출되어 분석된 모든 품종집단 및 개체간에서 매우 다형적이었다. 분석되어진 전 개체들의 유전적 다양성을 나타내는 유전자 좌위별 이형질성(expected total heterozygosity)은 0.634 (ILSTS005)~0.876 (TGLA122), 유전적 분화 정도를 나타내는 유전자좌위별 변이도(Gst; coefficient of gene differentiation)의 분포는 0.112 (ILSTS006)~0.254

Table 2. Characterization of the 11 microsatellite loci analyzed in 19 cattle breeds

Locus	Chromosome location	Size range (bp)	No. of alleles	Ht*	Hs†	Gst‡
ILSTS005	10	174 ~ 196	9	0.634	0.535	0.157
ILSTS006	7	275 ~ 303	14	0.801	0.712	0.112
ILSTS008	14	171 ~ 189	10	0.638	0.552	0.135
ILSTS023	17	163 ~ 189	14	0.784	0.634	0.191
ILSTS028	11	129 ~ 163	17	0.725	0.579	0.199
ILSTS050	2	140 ~ 170	16	0.863	0.735	0.148
ILSTS103	21	214 ~ 262	15	0.801	0.636	0.206
MGTG4B	4	129 ~ 167	16	0.867	0.757	0.126
TGLA122	21	134 ~ 184	26	0.876	0.749	0.144
TGLA126	20	103 ~ 129	11	0.807	0.706	0.126
TGLA227	18	70 ~ 106	9	0.769	0.574	0.254
<b>All loci</b>	-	-	<b>162</b>	<b>0.779</b>	<b>0.652</b>	<b>0.163</b>

\* Ht; Expected total heterozygosity.

† Hs; Expected within-population heterozygosity.

‡ Gst; Coefficient of gene differentiation.

(TGLA227)로 분석에 이용한 microsatellite loci에 있어 보통이상의 유전적 분산도를 보여주었고, 전체 평균은 0.163의 유전자 변이도를 보였다.

## 2. 품종 집단별 유전적 다양성 분석

분석되어진 품종 집단별 기대 이형질성과 표준오차는 Table 3에 나타내었고, African *Bos taurus*인 N'Dama 품종에서 가장 낮은  $0.496 \pm 0.048$ , African *Bos indicus*인 Kavirondo Zebu 품종에서 가장 높은  $0.775 \pm 0.025$ 의 수치를 보였다. 전체 집단의 평균 기대 이형질성은 0.665로 비교적 높은 편이었으며, 기대 이형질성 및 관찰된 이형질성(observed heterozygosity)에서 European *Bos taurus*와 African *Bos taurus* 품종들이 다른 형태의 품종집단들 보다 상대적으로 낮은 이형질성을 보였고, Asian *Bos taurus* 및 *Bos indicus* (Asian 및 African) 품종들에서는 비교적 높은 이형질성을 가지는 것으로 분석되어 졌다. 즉 아시아계 품종 및 *Bos indicus*에서 전체집단의 평균이형질성보다 높게 추정되어 품종 집단내 변이도가 상대적으로 큰 것으로 나타났다.

관찰되어진 대립유전자들의 평균수(MNA)

는 N'Dama 품종에서 가장 낮은 3.73, 그리고 Kavirondo Zebu에서 가장 높은 7.45의 수치를 보여 이형질성이 가장 높게 검출되었던 품종에서 대립유전자들의 평균수도 가장 높게 분석되었다. 또한 분석된 European *Bos taurus* 품종들에서는 대립유전자들의 평균수가 6.42 (5.73 ~ 6.82)였고, Asian *Bos taurus* 품종들은 6.18 (4.27 ~ 7.18)로 약간 감소하는 경향이었는데도, Asian *Bos taurus* 품종들이 더 높은 이형질성(기대치 및 관찰치)을 보인 것은 European *Bos taurus* 품종들에서 분석된 유전자좌위들에서 대립유전자들의 빈도가 특정 대립유전자들에서 집중적으로 높게 나타난 결과이며, 아시아 계통 소 품종들에서 유전자좌위들의 대립유전자 빈도가 유럽계통의 품종들 보다 상대적으로 낮은 빈도를 보이면서 대립유전자들에 골고루 분포되고 있음을 나타낸다.

한편 아시아 소 품종들을 살펴보면, 관찰이형질성에서는 일본 흑모화우가 가장 낮은 0.577을 나타냈지만, 실제 다양성의 기준이 되는 기대이형질성은 0.679로서 한우, 제주 재래흑우, 연변우 및 일본 갈모화우 등 보다 높게 분석되었다. 이러한 결과는 분석된 유전자좌위들에서 검출된 평

Table 3. Expected, observed heterozygosity (Hz) and mean number of alleles (MNA) observed across 11 microsatellite loci for each breed

Populations	n	Expected Hz $\pm$ S.E.	Observed Hz	MNA
<b><i>Asian Bos taurus</i></b>				
Hanwoo (HW)	55	0.664 $\pm$ 0.042	0.682	6.09
Korean Black cattle (KBC)	38	0.630 $\pm$ 0.057	0.578	6.36
Japanese Black cattle (JBC)	36	0.679 $\pm$ 0.045	0.577	6.91
Japanese Brown cattle (JBrW)	16	0.627 $\pm$ 0.022	0.589	4.27
Yanbian cattle (YAN)	30	0.663 $\pm$ 0.040	0.673	6.36
Luxi cattle (Luxi)	19	0.764 $\pm$ 0.029	0.718	7.18
Nanyang cattle (NAN)	14	0.699 $\pm$ 0.056	0.625	6.09
<b><i>European Bos taurus</i></b>				
Angus (AG)	34	0.594 $\pm$ 0.050	0.561	5.73
Hereford (HF)	28	0.651 $\pm$ 0.066	0.473	6.82
Charolais (CHA)	55	0.649 $\pm$ 0.036	0.597	6.55
Holstein (Hol)	49	0.682 $\pm$ 0.039	0.645	6.82
Limousin (LM)	30	0.698 $\pm$ 0.031	0.599	6.18
<b><i>African Bos taurus</i></b>				
N'Dama (ND)	35	0.496 $\pm$ 0.048	0.516	3.73
Baoule (BA)	33	0.543 $\pm$ 0.035	0.499	4.45
<b><i>Asian Bos indicus</i></b>				
Sahiwal (SA)	35	0.733 $\pm$ 0.057	0.636	7.18
Nelore (NE)	35	0.699 $\pm$ 0.067	0.620	6.45
<b><i>African Bos indicus</i></b>				
Kavirondo Zebu (KZ)	36	0.775 $\pm$ 0.025	0.742	7.45
White Fulani (WF)	23	0.702 $\pm$ 0.045	0.616	6.27
<b><i>Indonesian Bos banteng</i></b>				
Bali cattle	17	0.683 $\pm$ 0.041	0.655	5.45
<b><i>Pooled sample</i></b>	<b>618</b>	<b>0.665 <math>\pm</math> 0.044</b>	<b>0.611</b>	<b>14.7</b>

관대립유전자의 수(MNA)가 6.91로 다른 품종들보다 높았기 때문인 것으로 사료된다. 이번 연구의 이와 같은 결과는 김 등(2001) 및 Kim 등(2002)의 보고와는 상반되는 결과로서, 이는 시료 확보시 혈연 및 지역에 기인한 차이로 추정된다.

### 3. 품종 집단간 유전적 거리 및 유연관계 분석

공시된 품종 집단별 유전적 유연관계를 조사하기 위하여 각 유전자좌위별 대립유전자들의

빈도를 근거로 DA genetic distances를 DISPAN 프로그램을 이용하여 계산하였다(Table 4). 한우와 가장 가까운 유전적 거리를 보인 품종은 연변우로서 0.067이었으며, 가장 먼 유전적 거리를 보인 집단은 outbreed 대조군으로 이용된 Indonesian *Bos banteng*인 Bali 품종(0.587)을 제외하면, Asian *Bos indicus*인 Nelore로서 유전적 거리가 0.384이었고, Sahiwal과는 0.360이었다. 중국내륙 품종인 노서우(Luxi cattle)와 난양우(Nanyang cattle)는 중국의 황하와 양쯔강 상류

지역에 주로 분포 사육되고 있는 품종이며 동북아시아의 품종들과 0.2가 넘는 유전적 거리로 분석되었으며, 특히 연변우와의 유전적 거리도 0.256이 넘는 것으로 분석되어 졌다.

동북아시아지역의 소 품종들(HW, KBC, JBC, JBrW, YAN)내에서 한우는 일본 흑모화우 및 갈모화우와의 유전적 거리(0.149, 0.187)가 제주 재래흑우(0.203) 보다 가까운 것으로 분석되었고, 제주 재래흑우는 동북아시아 소 품종들중에서 비교적 먼 유전적 거리를 나타내었고 일본 흑모화우와는 상대적으로 가까운 유전적 거리(0.154)를 보여 주었으며, 이는 제주흑우와 한우간의 유전적 거리(0.203)보다 가까운 것으로 분석되어 졌다. 일본 갈모화우는 흑모화우(0.193) 보다 연변우(0.184) 및 한우(0.187)와 더욱 가까웠고, 제주 재래흑우와는 가장 멀었다(0.272). 그리고 일본 흑모화우는 갈모화우(0.193)보다 제주 재래흑우와 더욱 가까웠다(0.154). 또한 한우 및 일본 흑모화우와 유럽계통 소 품종들과의 유전적 거리에 있어, 한우보다 일본 흑모화우가 유럽계통의 소 품종들과 상대적으로 가까운 것으로 나타났다.

흥미로운 것은 동북아시아 품종집단과 African taurines (ND, BA) 사이의 유전적 거리 분포(0.210 ~ 0.331)와, European taurines (AG, HF, CHA, Hol, LM)와 African taurines 사이의 유전적 거리 분포(0.200 ~ 0.308)가 유사하게 나타났다는 것이다. 이러한 유사성은 동북아시아 집단과 indicines 집단(Asian 및 African)간의 유전적 거리 분포와, 유럽품종집단과 indicines 집단간의 유전적 거리 분포에서도 관찰되었다.

이러한 결과들을 토대로 소 품종별 유래지역에 의한 그룹분류를 동북아시아 그룹(HW, KBC, JBC, JBrW, YAN), 중국내륙 품종인 노서우와 난양우는 동북아시아 소 품종집단과 별개의 그룹으로 묶어 중국내륙그룹(Luxi, NAN), European taurines 그룹(AG, HF, CHA, Hol, LM), African taurines 그룹(ND, BA), indicines 그룹(SA, NE, KZ, WF)으로 나누었고, indicines 그룹은 다시 세부그룹인 Asian indicines 그룹(SA, NE)과 African indicines 그룹(KZ, WF)으로 구분하여 그룹간 평균 유전적 거리를 산출하여 Table 5에 나타내었다. 여기에서 그룹내(within the group)에

서의 평균 유전적 거리(Table 5의 대각선 상의 수치)는 다른 그룹들과(among the groups)의 유전적 거리보다 낮은 수치를 보여 주었다. 동북아시아 그룹은 European taurines 그룹과 가장 가까운 유전적 거리(0.236)를 나타내었고, 중국내륙그룹도 European taurines 그룹과 가장 가까운 유전적 거리(0.231)를 보여 주었지만, 동북아시아 그룹에 비해 African taurines 그룹과는 상대적으로 먼 유전적 거리(0.349)를 보여 주었고, Asian/African indicines 그룹과는 비교적 가까운 유전적 거리를 각각 보여주었다(0.287/0.238). Asian indicines 그룹을 기준으로 동북아시아 그룹과의 유전적 거리(0.359)와 European taurines 그룹과의 유전적 거리(0.385)가 비교적 유사하였으며, African taurines과는 0.415로 비교적 높게 분석되어 졌다. 또한 African indicines 그룹을 기준으로 동북아시아 그룹과의 거리는 0.288, European taurines 그룹과는 0.295, African taurines 그룹과는 0.289로 비교적 유사한 분석치를 나타내었다. Asian indicines 그룹 및 African indicines 그룹들을 indicines 그룹으로 묶어 동북아시아, 중국내륙, 유럽, 아프리카 그룹과의 평균 유전적 거리를 조사해 본 결과, 각각 0.324, 0.262, 0.340, 0.352로서 중국내륙 집단을 제외하고는 대체로 비슷한 유전적 거리를 나타내었다.

분석되어진 각 품종집단간의 DA genetic distance matrix를 이용하여 NJ tree 및 UPGMA tree를 작성하여 Fig. 1에 제시하였다. 계통발생학적 유연관계를 분석할 때 가치가 갈라질 수 있는 신뢰도(degree of confidence)를 나타내는 bootstraps values는 1,000회의 반복실험을 통한 백분율로서 각 cluster의 꼭지점에 나타내었다. Outbreed 대조군으로 분석된 *Bos banteng*인 Bali cattle은 전혀 다른 별개의 분지로 빠져나가고, NJ 방법에 의한 결과와 UPGMA 방법에 의한 결과가 약간은 다르지만 대체적으로 *Bos indicus* 그룹들(SA, NE, KZ, WF)이 먼저 하나의 분지를 형성하면서 벗어나고, 동북아시아, 유럽, 아프리카 및 중국내륙에 분포하는 품종집단별로 뚜렷이 구별됨을 확인할 수 있었다. 그리고 중국내륙의 품종집단들(Luxi, NAN)은 연변우를 포함하는 동북아시아 품종집단들(HW,

Table 4. DA genetic distance matrix estimated from the frequencies of 11 microsatellite loci among the 19 cattle populations\*

	HW	KBC	JBC	JBrW	YAN	Luxi	NAN	AG	HF	CHA	Hol	LM	ND	BA	SA	NE	KZ	WF	
KBC	0.203																		
JBC	0.149	0.154																	
JBrW	0.187	0.272	0.193																
YAN	0.067	0.202	0.147	0.184															
Luxi	0.270	0.236	0.202	0.314	0.256														
NAN	0.266	0.234	0.201	0.338	0.257	0.165													
AG	0.250	0.294	0.192	0.308	0.221	0.282	0.221												
HF	0.282	0.281	0.205	0.319	0.265	0.306	0.232	0.200											
CHA	0.206	0.239	0.163	0.248	0.172	0.233	0.199	0.154	0.190										
Hol	0.227	0.312	0.157	0.248	0.213	0.250	0.220	0.153	0.210	0.152									
LM	0.230	0.209	0.171	0.273	0.228	0.173	0.192	0.198	0.193	0.123	0.186								
ND	0.273	0.274	0.239	0.331	0.259	0.365	0.388	0.300	0.308	0.247	0.265	0.244							
BA	0.232	0.262	0.236	0.304	0.210	0.334	0.310	0.259	0.274	0.200	0.229	0.230	0.109						
SA	0.360	0.307	0.334	0.394	0.351	0.251	0.294	0.468	0.416	0.340	0.377	0.321	0.420	0.367					
NE	0.384	0.339	0.359	0.412	0.354	0.262	0.341	0.446	0.429	0.334	0.373	0.342	0.454	0.420	0.145				
KZ	0.274	0.223	0.234	0.386	0.274	0.224	0.251	0.336	0.317	0.235	0.277	0.253	0.307	0.289	0.134	0.178			
WF	0.300	0.254	0.266	0.388	0.279	0.231	0.244	0.342	0.350	0.264	0.310	0.263	0.288	0.274	0.143	0.177	0.117		
Bali	0.587	0.646	0.585	0.637	0.601	0.491	0.515	0.666	0.542	0.581	0.605	0.557	0.669	0.641	0.535	0.515	0.545	0.529	

\* *Asian Bos taurus*: HW; Hanwoo, KBC; Korean Black cattle or Jeju Black cattle, JBC; Japanese Black cattle, JBrW; Japanese Brown cattle, YAN; Chinese Yanbian cattle, Luxi; Luxi cattle, NAN; Nanyang cattle, *European Bos taurus*: AG; Angus, HF; Hereford, CHA; Charolais, Hol; Holstein, LM; Limousin, *African Bos taurus*: ND; N'Dama, BA; Baoule, *Asian Bos indicus*: SA; Sahiwal, NE; Nelore, *African Bos indicus*: KZ; Kavirondo Zebu, WF; White Fulnani.



Table 5. The average genetic distances among the geographical cattle breed groups\*

	North-eastern Asia	Chinese-main land	European taurines	African taurines	Asian indicines	African indicines
North-eastern Asia	0.176 (0.053)					
Chinese-main land	0.257 (0.044)	0.165			0.324 (0.058)	
European taurines	0.236 (0.047)	0.231 (0.040)	0.176 (0.028)		0.262 (0.038)	
African taurines	0.262 (0.036)	0.349 (0.034)	0.256 (0.033)	0.109	0.340 (0.065)	
Asian indicines	0.359 (0.031)	0.287 (0.041)	0.385 (0.052)	0.415 (0.036)	0.352 (0.072)	0.145
African indicines	0.288 (0.057)	0.238 (0.012)	0.295 (0.041)	0.289 (0.014)	0.158 (0.023)	0.117

\* North-eastern Asia; Hanwoo (HW), Korean Black cattle (KBC), Japanese Black cattle (JBC), Japanese Brown cattle (JBrW), Chinese Yanbian cattle (YAN), Chinese-main land; Luxi cattle (Luxi), Nanyang cattle (NAN), European taurines; Angus (AG), Hereford (HF), Charolais (CHA), Holstein (Ho), Limousin (LM), African taurines; N'Dama (ND), Baoule (BA), African indicines; Sahiwal (SA), Nelore (NE), African indicines; Kavirondo Zebu (KZ), White Fulani (WF). The numbers in parentheses are the standard deviations. The numbers on the diagonal indicate the average genetic distances within the geographical cattle breed groups. The numbers below the diagonal indicate the average genetic distances among the geographical cattle breed groups. The numbers above the diagonal indicate the average genetic distances between the indicines group and each of the geographical cattle groups.

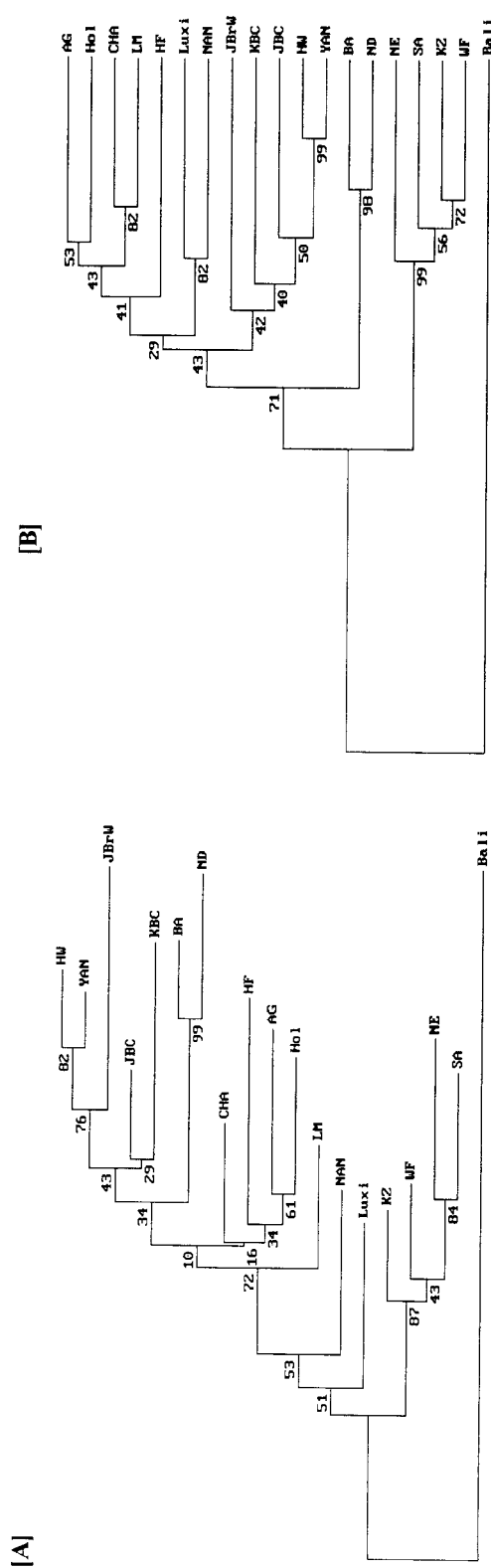


Fig. 1. Phylogenetic trees showing the genetic relationships among 19 cattle breeds based on DA genetic distance. The numbers indicate bootstrap values in percentage after 1000 re-sampling. [A] NJ method, [B] UPGMA method.

KBC, JBC, JBrW, YAN)과도 결국 별개의 sub-cluster를 형성함을 볼 수 있다. 이러한 결과는 김 등(2001)이 한우가 일본 흑모화우보다 Holstein종과 더욱 가까운 유전적 관계를 보여 준다는 결과와 완전히 상반되는 결과이며, Chen 등(1990)의 중국 등에 분포하는 30여개 소 품종에 대한 혈청단백질 다형성 분석에서 노서우 및 난양우 등의 내륙지방에 분포하는 품종들이 한 군집을 형성하고, Holstein과 Simmental이 다른 한 군집을 형성하고, 중국 북서부 품종인 연변우, 몽구우, 안시우 등은 한우, 일본 흑모화우 및 갈모화우와 같은 그룹을 형성하면서 또 다른 군집을 형성한다고 보고한 것과는 유사한 결과이다.

#### IV. 고 찰

계통발생학적 분석 즉, 유전적 다양성 및 품종집단간의 유연관계 등의 정확한 평가를 위해 각 품종집단의 대표성을 갖도록 하였고 이를 위해 시료확보에 신중을 기하였으며 특히 한우, 일본 흑모화우, 갈모화우 및 유럽계통의 소 품종들에서는 혈통 및 가계기록을 확보하여 이를 근거로 부모가 다르거나, 혈연관계가 먼 개체들을 선별하여 시료를 수집하였다. 이번 연구에서 10개의 상염색체에 존재하는 11개의 Microsatellite loci를 이용하여 한우를 포함한 19 품종, 618두를 공시하여 소 품종집단별 유전적 다양성의 척도인 이형질성, 유전적 거리 및 유연관계 등을 추정하여 보았다. 먼저 결론적으로 한우와 연변우, 일본 화우 등은 같은 조상에서 유래된 품종 집단임을 다시 확인할 수 있었으며 그리고 무엇보다 중요한 사실은 지금까지 정설로 알려져 온 한우의 품종 형성 및 기원에 있어 *Bos taurus*와 *Bos indicus* 품종들간의 교잡설에 의문을 제기할 수 있는 결과들을 도출하였다.

소 품종 집단들 간의 유전적 거리 및 유연관계 추정치 등의 분석 결과를 살펴보면, 첫째 한우를 포함하는 동북아시아 품종들과 *Bos indicus* 간의 유전적 거리( $0.324 \pm 0.058$ )가 유럽계 품종들과 아프리카 품종들(*African Bos taurus*)과 *Bos indicus* 간의 유전적 거리(각각  $0.340 \pm 0.065$ ,  $0.352$

$\pm 0.072$ )와 비교적 유사하게 추정되었다는 것이고, 둘째 동북아시아 품종들과 아프리카 품종들(*African Bos taurus*)과의 유전적 거리( $0.262 \pm 0.036$ )와, 유럽계 품종들과 아프리카 품종들(*African Bos taurus*)과의 유전적 거리( $0.256 \pm 0.033$ )가 유사하게 나타났으며, 또한 동북아시아 품종과 유럽계 품종들과 유전적 거리( $0.236 \pm 0.047$ )도 비슷한 수치로 추정되었다는 것이다. 셋째 한우, 연변우 등 동북아시아 품종과 중국내륙지방의 소 품종(Luxi cattle, Nanyang cattle)과도 구별이 된다는 것이다. MacHugh 등(1994, 1997) 및 Loftus 등(1999)은 microsatellites를 이용한 유전적 거리 분석결과들을 토대로 *Bos taurus*인 유럽계 품종들과 *Bos indicus* 품종들은 따로 독립적으로 가축화의 기원을 가진다고 보고하고 있으며 또한 *African Bos taurus* 품종들은 유럽계 품종들과의 추정된 유전적 거리를 근거로 별개의 가축화 기원을 가질 것이라고 추정하였다. 그리고 Hanotte 등(2002)은 15개의 상 염색체상 microsatellites와 50 품종의 아프리카 소 집단들을 공시하여 유전적 거리분석의 결과를 토대로 *African Bos taurus*들은 중동아시아지역이나 유럽 유래의 품종들로부터 유전적 영향을 받기는 하였으나, 별개의 가축화 기원을 가지고 있다고 확증하였다. 이들의 분석결과들을 고려하고 이번 연구에서 분석된 결과들로부터 동북아시아 품종들은 *European Bos taurus* 및 *African Bos taurus* 와도 어느 정도의 유전적 거리가 인정되어 *Bos indicus* 그룹들을 제외하고 유전적 거리를 기준으로 살펴보면, 네 그룹간(동북아시아, 유럽, 아프리카 및 중국내륙 그룹)에 거의 정사각형의 꼭지점에 위치하는 유전적 유연관계를 보인다고 추정할 수 있다. 그러므로 이러한 결과로 볼 때, 제한할 수 있는 하나의 가설은 한우를 포함한 동북아시아 품종들은 유럽계 품종(*Bos taurus*)과 인도계 품종(*Bos zebu*)이 중국내륙 북부의 외몽골지역 등지에서 교잡되어 몽골지역, 중국내륙, 만주 등을 거쳐 한반도에 전래된 것(육 등, 1985; 한, 1996)이 아니라, 유럽계통 및 아프리카계통의 *taurus* 품종들과는 별개로 몽골, 중국북부 및 한반도 지역에 걸쳐서 존재하던 야생 소종 *taurus* 쪽으로 훨씬 많은 유전적 배경을 가진 일단의

무리들이 품종 형성의 기원을 가지며 위의 지역에서 독립적으로 가축화되었다는 것이다. 즉, 가축화된 품종의 주류는 *Bos taurus*이며, 품종이 형성된 이후 오래 기간에 걸쳐 일부의 *Bos indicus* 들이 유입(인류의 이동, 상거래 등의 교류, 전쟁 등)되어 *indicus* 계통의 소 품종 일부가 유전적으로 혼합됨으로서 한우, 연변우 등에서 zebu 계통의 특이 대립유전자들이 검출되는 것으로 추정할 수 있다는 것이다.

어떤 집단의 유전적 다양성의 기준이 되는 기대이형질성에 있어, 일본 흑모화우의 기대이형질성이 이번 연구 결과에서는 0.679로 분석되어져 한우(0.664), 제주 재래흑우(0.630), 갈모화우(0.627) 및 연변우(0.663) 보다도 높게 분석되어졌다. 그러나 김 등(2001) 및 Kim 등(2002)은 흑모화우의 기대이형질성을 한우(0.690 및 0.728)나 연변우(0.732 및 0.744) 보다 훨씬 낮은 0.450 및 0.471로 각각 분석되어져 일본 흑모화우 집단이 한우나 연변우보다 상대적으로 고정화되어 있으며 비교적 유전적 동일성이 균일하다고 보고하였다. 이는 김 등(2001) 및 Kim 등(2002)은 흑모화우의 시료를 일본 고베지역에서 확보하였으나 이번 연구에서는 일본의 각 현 또는 지역에 존재하는 종모우 위주로 시료를 수집한 결과로 기대이형질성에 비교적 큰 차이가 나타난 것으로 사료되고 이런 원인은 흑모화우의 지역적 폐쇄집단, 적정수준의 근친도 유지 등을 이용하여 사양 및 개량을 추진하는 특성을 고려치 않은 한 지역에서만 개체들의 시료 확보에 있다고 볼 수 있다. 또한 이번 결과로 흑모화우는 각 현마다 독자적인 폐쇄육종 및 개량이 이루어지고 있음을 증명할 수 있을 것이다. Smith 등(2001) 및 Honda 등(2002)의 보고에 의하면, 일본 흑모화우는 각 지역 또는 현마다 오래전부터 소수의 우수 개체들을 선발하여 각 지역/현 마다 집중적으로 후대생산에 활용되었기 때문에 각기 차이가 나는 도체조성 및 도체 육질을 생산한다는 문헌(Namika, 1984)을 인용하면서, 일본의 효고(兵庫)현, 시마네(島根)현, 토토리(鳥取)현에서 각기 종모우, 종빈우 및 그들의 후손들을 대상으로 분석한 각 유전자좌위(loci)의 대립유전

자들에서 현마다 가장 높은 빈도의 대립유전자가 다르며 대립유전자들의 수 또한 각기 다양하다는 결과를 제시하면서 명확한 증거를 보여주고 있으며 이들의 결과들은 이번 우리의 연구결과를 뒷받침해 주고 있다. 직접적인 증거로 microsatellite marker BM1824의 경우 김 등(2001)은 흑모화우에서 대립유전자 180의 빈도가 0.4167, 188의 빈도가 0.5556, 190의 대립유전자는 전혀 검출되지 않은 것으로 보고하였지만, Smith 등(2001)은 BM1824의 180 대립유전자의 빈도가 0.073(효고현), 0.142(시마네현), 0.863(토토리현)으로, 188의 대립유전자는 검출되지 않았고 190의 빈도는 0.426(효고현), 0(시마네현), 0.090(토토리현)으로 분석 보고한 성적과는 완전히 상반되고 있으며 어떤 지역에서는 검출되지 않는 대립유전자가 다른 지역에서는 검출되는 등 각 지역/현마다 대립유전자들의 빈도에서 높은 차이를 보이고 있다. 이런 현상은 다른 microsatellite marker인 ETH10, ETH3 및 ETH225에서도 관찰할 수 있었다. 이번 우리의 연구와 Smith 등(2001)에서 공통으로 사용된 TGLA122, TGLA126 및 TGLA227 좌위를 살펴보면 각 좌위마다 대립유전자들의 평균빈도간에 서로 비슷한 성적치를 보여주었다.

더구나 김 등(2001)은 한우 및 연변우가 흑모화우보다는 Holstein과 더 가까운 유전적 거리를 보인다고 하면서 한우 및 연변우끼리는 높은 유전자 흐름이 있었지만, 흑모화우 등과는 유전자흐름이 없었다고 보고하였으나, 이번 19개 소 품종에 대한 연구결과에서 흑모화우는 한우 및 연변우와 가장 가까운 유전적 거리를 보여주었고 흑모화우는 갈모화우보다 오히려 제주 재래흑우와 더욱 가까운 유전거리가 추정되었다. 또한 흑모화우는 유럽계 소 품종들과의 비교시 동북아시아지역의 다른 소 품종들보다 유럽계 소 품종들과 상대적으로 더 가까운 유전적 거리를 일관성 있게 보여주고 있다. 그 수준은 흑모화우와 갈모화우간의 유전적 거리보다 일부 더 가까운 것으로 추정되었다. 이로써 Komatsu 등(1979) 및 Ito 등(1988)이 한반도는 지형학적으로 일본의 문화 및 농경생활에 지대한 영향을 끼친 중요한 지역이며 특히 일본 재

래가축(화우를 포함하여)의 형성에 주요하게 작용하였으며, 17개 혈액단백질의 분석결과로 구마모토(熊本)현에 있는 갈모화우가 Simmental의 유전적 영향으로 크게 개량이 되었으나, 유전적 거리로는 한우에 훨씬 더 가깝다고 보고한 것과 일본의 4개 품종(Black, Brown, Shorthorn, polled)이 모두 한우의 유전적 영향을 받았고 또한 이들 4개 품종간에 발견되는 유전적 차이는 일본 화우의 개량에 유럽계통의 영향과 격리(isolation) 및 동계교배(inbreeding)에 기인한다고 보고한 것을 증명할 수 있을 것으로 사료된다. 그리고 흑모화우의 모색에 있어, 이 등(2000)은 모색 관련 유전자인 MSH receptor 유전자의 대립유전자 빈도 분석을 통하여 흑모화우는 Angus와 Holstein 품종 및 제주 재래흑우의 유전자형 분포를 모두 갖고 있는 것으로 보고하였는데 아마도 이것이 갈모화우와 흑모화우간의 유전적 거리보다 제주 재래흑우와 흑모화우간의 유전적 거리가 더욱 가까운 이유와 관련성이 있을 것으로 유추해 볼 수 있을 것이다.

한편, 이번 결과들로부터 한우는 개량을 위해 외래종의 유입에도 불구하고 흑모화우에 비해 유럽계통의 소 품종에 대한 유전적 영향을 덜 받았다고 볼 수 있을 것이다. 오히려 흑모화우보다 유전적 순수성이 더 잘 유지되고 있다고 보아도 크게 잘못된 판단은 아닐 것이다. 그러므로 한우의 현 상태가 유전적 이형질도가 높고, 외래 소 품종들에 의한 유전적 영향을 많이 받았다고 하더라도 유전자원으로서의 한우의 보전 및 활용, 개량이라는 측면을 고려해 보면 한우 집단의 잠재된 능력은 비교적 상당하다고 사료된다. 그것은 한우 집단이 비록 유전적 배경이 타 품종에 비해 넓게 분포되어 있지만 주성분 분석(principle component analysis), 미토콘드리아 DNA 연구, Y chromosome 분석, 그리고 phylogenomics approaches 등의 더 많은 연구와 분석을 통하여 한우 품종 고유의 대립유전자 빈도들을 보존해 가면서 차별적인 대립유전자 빈도를 증가시켜 나가는 방향으로 개량이 이루어진다면 현재의 한우집단 및 본 연구의 결과들은 다양하고 차별적인 개량 및 육종 전략을 수립하는데 밑거름이 될 수 있을 것이다.

## V. 요 약

한우를 포함한 동북아시아 및 중국 내륙지역의 7개 품종, 유럽 *Bos taurus* 5개 품종, 아프리카 *Bos taurus* 2개 품종, 아시아 *Bos indicus* 2개 품종, 아프리카 *Bos indicus* 2개 품종 및 참고집단으로 인도네시아 반탱종인 Bali cattle의 19개 소품종을 11개 microsatellite markers를 이용하여 유전적 다양성 및 특성, 유전적 거리 추정 및 분지도 작성 등을 통하여 한우를 비롯한 동북아시아 소 품종들에 대한 보다 더 명확한 유전적 유연관계에 대하여 고찰하고자 하였다. 분석된 11개의 microsatellite loci에서 대립유전자의 수는 9개(ILSTS005 및 TGLA227)에서 26개(TGLA122)까지 검출되었고 전체 대립유전자수는 162개로 충분한 유전적 정보를 제공해주었다. 또한 대립유전자별 빈도에 있어서 품종별 현저한 차이를 보이는 microsatellite loci들이 다수 검출되었다. 품종별 이형질도에 있어 아시아 품종들이 유럽계 및 아프리카 계통의 taurines 보다 높게 나타났으며, 아시아 및 아프리카 indicines 품종보다는 낮게 분석되어졌다. 유전적 거리 추정결과로 한우를 포함한 동북아시아 품종들은 같은 조상에서 유래된 품종 집단으로 추정되고 일부 품종들은 유럽계 품종들의 유전적 영향을 받은 것으로 나타났으며, 그 중 일본 흑모화우가 가장 많은 영향을 받은 것으로 분석되어졌다.

그리고 동북아시아 품종들과 *Bos indicus* 품종들 간의 유전적 거리가 유럽계통 및 아프리카 계통의 *Bos taurus* 품종들과 *Bos indicus* 품종들과의 거리만큼이나 유전적으로 상이하였으며, 유럽계 소 품종 및 아프리카 taurines 품종들과도 어느 정도의 유전적 거리가 인정되어 한우가 *Bos taurus* 및 *Bos indicus* 품종들의 교잡에 의해 형성되지 않았음을 확인할 수 있었으며, 또한 동북아시아 소 품종들은 지역적 별개의 가축화 기원의 가능성이 있음을 제기한다.

## VI. 사 사

본 연구는 농촌진흥청의 한·중 국제협력사

업 및 케냐 국제축산연구소와의 협력사업의 일환으로 수행되었다. 제주 재래흑우, 아시아 및 아프리카 소 품종, 일본 화우 등의 시료를 제공해 준 제주도 축산진흥원, 중국 농업과학원 축목연구소, 국제축산연구소 및 일본 축산초지연구소의 관계자들에게 진심으로 깊은 감사를 드리는 바입니다.

## VII. 인 용 문 헌

- Abe, T., Komatsu, M., Oishi, T. and Kageyama, A. 1975. Genetic Polymorphism of Milk Proteins in Japanese Cattle and European Cattle Breeds in Japan. *Jpn. J. Zootech. Sci.* 46:591-599.
- Abe, T., Oishi, T., Suzuki, S., Amano, T., Kondo, K., Nozawa, K., Namikawa, T., Kumazaki, K., Koga, O., Hayashida, S. and Otsuka, J. 1968. Studies on the native farm animals in Asia. I. On blood groups and serum protein polymorphism of East Asian cattle. *Jpn. J. Zootech. Sci.* 39:523-535.
- Arranz, J. J., Bayón, Y. and San Primitivo, F. 1996. Comparison of protein markers and microsatellites in differentiation of cattle populations. *Anim. Genet.* 27: 415-419.
- Baker, C. M. A. and Manwell, C. 1980. Chemical classification of cattle. I. Breed groups. *Anim. Blood Grps Biochem. Genet.* 11:127-150.
- Barker, J. S. F., Tan, S. G., Selvaraj, O. S. and Mukherjee, T. K. 1997. Genetic variation within and relationships among populations of Asian water buffalo (*Bubalus bubalis*). *Anim. Genet.* 28:1-13.
- Bjornstad, G., Nilsen, N. O. and Roed, K. H. 2003. Genetic relationship between Mongolian and Norwegian horses ? *Anim. Genet.* 34:55-58.
- Blott, S. C., Williams, J. L. and Haley, C. S. 1999. Discriminating among cattle breeds using genetic markers. *Heredity* 82:613-619.
- Bradley, D. G., MacHugh, D. E., Cunningham, P. and Loftus R. T. 1996. Mitochondrial diversity and the origins of African and European cattle. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 93:5131-5135.
- Bradley, D. G., Loftus, R. T., Cunningham, P. and MacHugh, D. E. 1998. Genetics and Domestic Cattle Origins. *Evolutionary Anthropology* 6:79-86.
- Chen, Y., Wang, Y., Cao, H. and Zhang, Y. 1990. Characteristics of Chinese Yellow Cattle Ecospecies and Their Course of Utilisation. Agricultural Publishing House. Beijing, China.
- Edwards, C. J., Dolf, G., Looft, C., Loftus, R. T. and Bradley, D. G. 2000a. Relationships between the endangered Pustertaler-Sprinzen and three related European cattle breeds as analysed with 20 microsatellite loci. *Anim. Genet.* 31:329-332.
- Edwards, C. J., Gaillard, C., Bradley, D. G. and MacHugh, D. E. 2000b. Y-specific microsatellite polymorphisms in a range of bovid species. *Anim. Genet.* 31:127-130.
- Felius, M. 1995. Cattle Breeds - An Encyclopedia. Misset. Doetinchem. The Netherlands.
- Hanotte, O., Bradley, D. G., Ochieng, J. W., Verjee, Y., Hill, E. W. and Rege, J. E. O. 2002. African Pastoralism: Genetic Imprints of Origins and Migrations. *Science* 296: 336-339.
- Hanotte, O., Tawah, C. L., Bradley, D. G., Okomo, M., Verjee, Y., Ochieng, J. and Rege, J. E. O. 2000. Geographic distribution and frequency of a taurine *Bos taurus* and an indicine *Bos indicus* Y specific allele amongst sub-Saharan African cattle breeds. *Molecular Ecology* 9:387-396.
- Honda, T., Nomura T., Fukushima, M. and Mukai, F. 2002. Gene dropping analysis of founder contributions in a closed Japanese black cattle population. *Animal Science Journal* 73:105-111.
- IHGSC (international Human Genome Sequencing Consortium). 2001. Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature* 409:860-921.
- Ito, S., Kanemaki, M., Morita, M., Yamada, M., Tanabe, Y., Nagamura, T., Namikawa, T. and Tomita, T. 1988. Blood protein and Blood Group Gene Constitutions of Japanese Brown Cattle in Kumamoto and their Genetic Relationships with Korean and Simmental Cattle. *Jpn. J. Zootech. Sci.* 59:433-445.
- Kim, K. S., Yeo, J. S. and Choi, C. B. 2002. Genetic diversity of north-east Asian cattle based on microsatellite data. *Anim. Genet.* 33: 201-204.
- Komatsu, M., Abe, T. and Oishi, T. 1979. Genetic Variation of Serum post-albumin and post-transferrin in nine East Asian and European Cattle Breeds. *Animal Blood Groups Biochemistry and Genetics* 10: 185-188.
- Lee, C. and Pollak, E. J. 2002. Genetic antagonism between body weight and milk production in beef cattle. *J. Anim. Sci.* 80:316-321.
- Li, K., Chen, Y., Moran, C., Fan, B., Zhao, S. and 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.
- Loftus, R. T., MacHugh, D. E., Ngere, L. O., Balain, D. S., Badi, A. M., Bradley, D. G. and Cunningham, E. P. 1994a. Mitochondrial genetic

- variation in European, African and Indian cattle populations. *Anim. Genet.* 25:265-271.
24. Loftus, R. T., MacHugh, D. E., Bradley, D. G., Sharp, P.M. and Cunningham, P. 1994b. Evidence for two independent domestications of cattle. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 91:2757-2761.
  25. 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.
  26. MacHugh, D. E., Loftus, R. T., Bradley, D. G., Sharp, P. M. and Cunningham, P. 1994. Microsatellite DNA variation within and among European cattle breeds. *Proceeding of Royal Society of London B* 256:25-31.
  27. MacHugh, D. E., Loftus, R. T., Cunningham, P. and Bradley, D. G. 1998. Genetic structure of seven European cattle breeds assessed using 20 microsatellites markers. *Anim. Genet.* 29:333-340.
  28. MacHugh, D. E., Shriver, M. D., Loftus, R. T., Cunningham, P. and Bradley, D. G. 1997. Microsatellite DNA variation and the evolution, domestication and phylogeography of taurine and zebu cattle (*Bos taurus* and *Bos indicus*). *Genetics* 146:1071-1086.
  29. Mannen, H., Tsuji, S., Loftus, R. T. and Bradley, D. G. 1998. Mitochondrial DNA Variation and Evolution of Japanese Black Cattle (*Bos taurus*). *Genetics* 150:1169-1175.
  30. Miller, S. A., Dykes, D. D. and Polesky, H. F. 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Research* 16:1215.
  31. Moazami-Goudarzi, K., Laloë, D., Furet, J. P. and Grosclaude, F. 1997. Analysis of genetic relationships between 10 cattle breeds with 17 microsatellites. *Anim. Genet.* 28:338-345.
  32. Namikawa, K. 1984. Historical breeding processes of Japanese beef cattle and preservation of genetic resources as economic farm animals. In: *Wagyu, Japanese Beef Cattle*. Wagyu Cattle Registry Association, Kyoto, Japan.
  33. Nei, M., Tajima, F. and Tateno, Y. 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *J. Mol. Evol.* 19:153-170.
  34. Notter, D. R. 1999. The Importance of Genetic Diversity in Livestock Populations of the Future. *J. Anim. Sci.* 77:61-69.
  35. Ota, T. 1993. *DISPAN*. Pennsylvania State University, PA. USA.
  36. Park, S. D. E. 2000. Microsatellite Toolkit For MS Excel 97 or 2000. (in personnel communication).
  37. Phillips, R. W. 1961. World Distribution of The Major Types of Cattle. *J. Hered.* 52:207-213.
  38. Saitou, N. and Nei, M. 1987. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic tree. *Mol. Biol. Evol.* 4:406-425.
  39. Sambrook, J., Fritsch, E. F. and Maniatis, T. 1989. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual* 2nd Edition. Cold Spring Harbor Laboratory Press.
  40. Smith, S. B., Zembayashi, M., Lunt, D. K., Sanders, J. O. and Gilbert, C. D. 2001. Carcass traits and microsatellite distributions in offspring of sires from three geographical regions of Japan. *J. Anim. Sci.* 79: 3041-3051.
  41. Sneath, P. H. A. and Sokal. R. R. 1973. *Numerical Taxonomy*. Freeman, San Francisco.
  42. Troy, C. S., MacHugh, D. E., Bailey, J. F., Magee, D. A., Loftus, R. T., Cunningham, P., Chamberlain, A. T., Sykes, B. C. and Bradley, D. G. 2001. Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle. *Nature* 410:1088-1091.
  43. 김경석, 엄지현, 최창본. 2001. Microsatellite 분석을 통한 한우의 유전적 다양성. *한국동물자원과학지* 43:599-608.
  44. 신원집, 신수길, 정진우, 김재우, 이지홍, 여정수. 1999. DNA 분석을 통한 한우, 연변황우 및 화우의 유전적 특성. *한국축산학회지* 41(4):405-410.
  45. 신행두, 이득환, 신언익, 양일석, 권종국. 1993. 혈액단백다형에 의한 지역별 한우의 유전거리에 관한 연구 *한국축산학회지* 35(5):347-353.
  46. 육종룡, 김환경, 박항균, 윤희섭, 설동섭, 정창국. 1985. 한우. 향문사
  47. 이성수, 양영훈, 강승룡, 오운용, 양보석, 고서봉, 오성종, 김규일. 2000. 한우, 제주재래흑우, 흑모 화우와 갈보화우에서의 MSH Receptor (MC1R) 유전자의 유전자형 및 빈도 비교. *한국동물자원과학회지* 42:253-260.
  48. 정의룡, 김우태, 김연수, 한상기. 2000. AFLP marker를 이용한 한우의 유전자 지문 분석. *한국동물자원과학회지* 42(4):391-406.
  49. 정의룡, 김우태, 김연수, 한상기. 2001. VNTR Marker를 이용한 한우의 유전적 다양성 및 친자 감별. *한국동물자원과학회지* 43(1):35-44.
  50. 한상기, 윤희섭, 정의룡, 신유철, 변희대. 1995. 재래한우의 보존을 위한 혈청 및 혈구단백질의 유전적 다형현상. *한국축산학회지* 37(1):43-51.
  51. 한상기, 이기만. 1982. 한우 및 Holstein의 Hemoglobin 형에 관한 연구. *한국축산학회지* 24(6):517-521
  52. 한상기, 정의룡, 양교석, 신유철. 1991. 한우개량을 위한 유단백질의 유전적 다형현상에 관한 연구. *한국축산학회지* 33(2):111-120
  53. 한성욱. 1996. 가축의 품종. 선진문화사.
- (접수일자 : 2005. 3. 11. / 채택일자 : 2005. 4. 25.)