

Microsatellite Marker를 활용한 토종닭 브랜드 집단 간의 유전적 다양성 분석

이학교¹ · 오재돈¹ · 박찬호¹ · 이건우¹ · 이준현² · 전광주¹ · 공홍식^{1,†}

¹한경대학교 유전정보연구소, ²충남대학교 동물자원과학부

Comparison for Genetic Diversity between Korean Native Commercial Chicken Brand Groups using Microsatellite Markers

Hak-Kyo Lee¹, Jae-Don Oh¹, Chan-Ho Park¹, Kun-Woo Lee¹, Jun-Heon Lee², Gwang-Joo Jeon¹ and Hong-Sik Kong^{1,†}

¹Genomic Informatics Center, Hankyong National University, Anseong 456-749, Korea

²Department of Animal Science and Biotechnology, Chungnam National University, Daejeon 305-764, Korea

ABSTRACT To estimate the genetic characteristics within two brands of Korean native commercial chicken, we used a total of 302 genomic DNAs from two groups (Woorichicken: 152, Hanhyup3chicken: 150). Sizes of 10 microsatellite markers were decided using GeneMapper Software (v.4.0) after analyzing ABI 3130. Genetic diversity indices including expected heterozygosity (Ex H), observed heterozygosity (Ob H) and polymorphism information content (PIC). Frequencies of microsatellites markers were used to estimate heterozygosities and genetic distances. LEI0073 showed the highest value in all genetic diversity (Ex H, Ob H and PIC). On the other hand, MCW322 showed the lowest value in all genetic diversity. The calculated genetic distance of the two brand groups is 0.199 (standard genetic distance) and 0.132 (DA distance). Genetic distances of the two groups were relatively close to each other. Each individual is ramified to two brand groups in phylogenetic dendrogram.

(Key words : Korean native chicken, commercial chicken, microsatellite marker)

서 론

최근 미국과 EU는 물론 다양한 국가들을 대상으로 FTA 협상 및 협정이 추진되면서 국내 축산업의 불안정성이 가중되고 있다. 또한 조류인플루엔자, 광우병 및 구제역 등과 같은 질병들의 발생으로 인해 축산물의 안전성에 대한 국민적 관심이 날로 높아지고 있는 시점이다. 이에 정부는 원산지 표시 제도를 시행하고 있지만, 소비자들은 생산지뿐만 아니라 생산에서 소비에 이르는 유통과정 상의 신뢰성을 중요하게 생각하고 있다(Lim et al., 2005). 이러한 변화에 따라 축산업이 살아남기 위해서는 소비자의 변화에 적극 대응할 수 있는 생산, 유통, 판매 시스템을 구축하는 것과 함께 세분화된 소비가 계층에 따른 판매 전략과 대책 마련이 매우 중요하다. 정부는 2004년 축산물 브랜드 육성대책을 마련하고, 2007년 2단계 축산물 브랜드 발전 대책을 추진하여 국내산 축산물에 대한 소비자의 인식 제고 및 국내산 수요 증대를 위한 사업이 추진 중에 있다. 이러한 노력으로 인해 브랜드

를 중심으로 한 시장은 점점 확대되는 있는 상황이다. 하지만 대부분의 지원이 한우와 돼지에 편중되어 있어 아직 세계적인 생산 및 유통 시스템을 확립하지 못한 토종닭 산업은 다소 소외되어 있는 것이 사실이다.

토종닭 산업을 발전시키기 위해서는 국내 계육의 소비층을 겨냥한 새로운 실태 파악과 시대적 요건에 부응하는 전략이 모색되어야 할 것이다. 최근 농촌진흥청 국립축산과학원은 토종닭 품종의 순수성 확립과 이를 이용한 실용화 및 산업화를 위한 연구가 추진되게 되어 토종닭 순계(Pure Line, PL) 3계통(적갈색, 황갈색 그리고 흑색)의 복원과 토종닭 실용계(Commercial Chicken, CC)을 개발하여 “우리맛닭”이라는 브랜드로 출시하여 농가에 보급하면서 토종닭 브랜드에 대한 관심이 집중되고 있다. 현재 국내에서 보급되고 있는 토종닭 브랜드의 경우 한협축산에서 생산되는 “한협3호”가 대표적이라 할 수 있다. 한우의 경우, 2008년부터 쇠고기 이력제 시범 사업의 추진으로 사육 및 유통 단계에서 DNA 동

[†] To whom correspondence should be addressed : kebinkhs@empal.com

일성검사 방법이 시행되고 있으며, 돼지고기 역시 이력제 실시에 대한 논의가 활발하게 이루어지고 있는 실정이다. 국내의 경우, 소와 돼지 등에서 MS marker를 이용한 유전 분석 및 개체 식별과 관련된 연구들이 상당수 보고된 바(Lim et al., 2005; Kim et al., 2007; Lim et al., 2009) 있다. 닭의 경우 오재돈 등(2008)이 한국재래닭과 토착화 품종간의 유전적 유연관계 및 구조를 보고한 바 있으나, 아직까지도 토종닭에 대한 유전적 연구가 다소 부족한 실정이다. 따라서 육계 산업에서도 이러한 흐름을 타고 이력제에 관련된 논의가 진행될 것으로 사료되며, 이와 관련된 선행 연구가 절실히 필요한 상황이라 할 수 있겠다.

따라서 본 연구는 유전적 다양성이 높아 집단 또는 개체 간의 유전적 유연관계 및 다양성을 분석하는데 널리 활용되고 있는 Microsatellite(MS) marker를 활용하여(Barker et al., 1997; Peelman et al., 1998; Martin et al., 1999; Li et al., 2000; Bjornstad et al., 2003; Kong et al., 2006) 두 브랜드 집단 간의 유전적 특성을 구명하기 위하여 실시하였다. 차별화된 두 브랜드(우리맛닭과 한협3호)간의 경쟁을 통한 성장은 토종닭 산업의 발전에 크게 기여할 것으로 사료되며, 두 집단 간의 유전적 특성의 분석은 차별화 전략을 구체화 하는데 있어 중요한 역할을 할 것으로 예상된다.

재료 및 방법

1. 공시재료 및 Microsatellite(MS) Markers

본 연구에서는 토종닭 실용계인 우리맛닭(W) 152수와 한협3호(H) 150수, 총 302수의 혈액을 3 mL 이상 채혈하여 공시재료로 이용하였다. 혈액으로부터 Genomic DNA를 분리할 수 있도록 제작된 chemagic DNA Blood100 Kit(Chemagen, Germany)를 이용하여 제조사가 권장하는 방법에 준하여 Genomic DNA의 분리를 수행하였다. 다형성이 확인된 10종의 MS marker를 선발하여 활용하였다. 선발된 10종의 MS marker는 닭의 염색체상에 존재하고 있으며, Table 1에 제시하였다.

2. 유전자 증폭

PCR 반응은 MS marker를 증폭하기 위한 primer에 형광 염색된 Dye 색상과 대립 유전자의 크기 별 분포 등을 고려하여 2~3 marker 씩 multiplex PCR을 수행하였다. PCR 반응액은 Template DNA 50~100 ng, 10 X PCR Buffer (10 mM Tris-HCl, pH 8.3, 50 mM KCl, 1.5 mM MgCl₂), 10 pmole of

each primer, dNTPs(2.5 mM) and 0.5 unit Taq DNA polymerase(Takara, Japan) 및 ddH₂O를 첨가하여 총량을 10 μ L로 맞춰 사용하였다. PCR 반응은 GeneAmp 9700(Applied Biosystems, Foster City, CA, USA)을 사용하여 94°C에서 5분간 열변성 후 94°C에서 40초, marker 별로 적정한 annealing 온도(50~60°C)에서 1분, 72°C에서 1분간 35회 반응시킨 후 신장 반응은 72°C에서 10분간 수행하여 증폭된 PCR-Products는 ethidium Bromide(EtBr)를 첨가한 2% agarose gel에서 전기영동 하여 확인하였다.

3. MS Marker의 유전자형 분석

PCR product 1 μ L를 적정 희석 비율에 따라 ddH₂O로 희석하고, 다시 Formamide와 Genescan™-500 LIZ™ Size Standard를 잘 혼합하여 희석된 PCR product와 1:9의 비율로 혼합하였다. 이 혼합물을 capillary array가 장착된 ABI 3130 Auto Sequencer(Applied Biosystems, USA)을 이용하여 유전자형 분석을 실시하였다. 분석된 유전자형은 GeneMapper version 4.0(Applied Biosystems, USA) 프로그램을 이용하여 MS marker별 대립유전자들의 정확한 크기를 결정하였다.

4. 통계분석

Genemapper version 4.0 (Applied Biosystems, USA)에 의해 결정되어진 MS marker별 대립 유전자들은 microsatellite Toolkit software(Park, 2000, in personnel)를 이용하여 분석 집단별 및 개체별로 정리한 후 관측 이형 접합도(observed heterozygosity), 대립유전자 빈도(allele frequency), 각 locus별 대립 유전자의 수 및 집단별 대립유전자 수를 산출하였다. 각각의 분석 MS marker 좌위별 동형접합도(homozygosity; H_o), 이형 접합도(heterozygosity; h_i)는 다음과 같이 표시된다.

$$H_o = \sum P_i^2, h_i = 1 - H_o$$

여기서 P_i 는 MS marker에 대한 각각의 대립 유전자 빈도이다. 또한 분석된 모든 MS marker 들의 평균이형접합도(H)는 다음과 같이 산출하였다.

$$H = \sum H_j / r$$

여기서 H_j 는 j 번째 MS marker의 이형 접합도이며, r 은 분석 대상 MS marker수이다. 각각의 집단에 다형성 정보량(polymorphic information content; PIC)은 다음과 같다.

$$PIC = 1 - \left(\sum_{i=1}^k P_i^2 \right) - \sum_{i=1}^{k-1} \sum_{j=i+1}^k 2P_i P_j$$

Table 1. Microsatellite marker sequences and part of PCR conditions in this study

Marker	Chromosome	Sequence(5'-3')	Dye	Tm(°C)
ADL0309	2	CCCCAGTACTGCTTCCTCAG TGTGGCTGCACCTCCCAATATGT	FAM	61
ADL181	2	CCAGTGAAATTCATCCTTTT CAATCTTTTGTGGGGTATGG	FAM	59
ADL279	7	CATGGCTGTTGCTTTACATA GTGAACCCCAATGCTCTCTG	NED	54
LEI0073	4	CCATATCATTTGTCAAGCACC AATTCCTGACCTCCATGATAC	VIC	65
LEI0192	6	TGCCAGAGCTTCAGTCTGT GTCATTACTGTTATGTTTATTGC	VIC	63
MCW0083	3	TACATTTCAGAAGGAATGTTGC GCCTTTCACCCATCTTACTGT	VIC	56
MCW0120	7	CTATGTAAAGCTTGAATCTTCA ATTCTGGGTGCTAATTTACC	VIC	59
MCW214	5	CAACAGTAACCATACATCTGC TACCTGGATTCTTTCATCAGG	FAM	65
MCW217	18	GATCTTTCTGGAACAGATTTC CTGCACTTGGTTCAGGTTCTG	NED	63
MCW322	13	GATCTCCCTAGCTACAAACC CTTCCGCCTTCTTGAGAGTC	PET	64

여기서 P_i , P_j 는 각각 i 번째 j 번째 대립유전자의 빈도이며, k 는 대립유전자의 개수이다.

집단 간 유연관계 분석을 위해 sample number의 보정을 통한 Nei et al.(1983)의 방법을 이용한 DISPAN program(Ota, 1993)을 사용하였으며, neighbor-joining(NJ) method(Saitou and Nei, 1987)를 이용하여 genetic distances를 추정하여 이를 근거로 한 phylogenetic tree를 작성하였다.

또한, simple allele-sharing 측정 수준을 통하여 개체별 대립유전자의 빈도를 근거로 집단 유전학적 분석 프로그램인 Phylip v.3.65를 이용하여 전체 집단의 개체별 유전적 거리의 추정치를 근거로 하여 모든 개체 간의 neighbor-joining phylogenetic dendrogram를 작성하였다.

결과 및 고찰

본 연구는 토종닭 실용계(CC) 브랜드인 우리맛닭(W) 152수와 한협3호(H) 150수를 대상으로 10종의 MS marker를 활

용하여 집단 간의 유전적 다양성을 분석하였다. 공시재료를 대상으로 각 브랜드에 대한 10종의 MS marker의 유전자형을 분석하여 보유한 평균대립유전자수와 관측된 이형접합도(Ob H) 및 기대되는 이형접합도(Ex H)의 평균값을 계산하여 Table 2에 제시하였다. 분석 결과, 두 브랜드의 평균 대립유전자의 수는 9.3으로 확인되었으며, 우리맛닭의 평균대립유전자의 수는 8.4개, 한협3호는 7.2개로 우리맛닭이 보유한 대립유전자의 수가 많은 것으로 확인되었다. 반면, 기대되는 이형접합도(Ex H)와 관측된 이형접합도(Ob H)는 한협3호가 우리맛닭에 비해 높은 것으로 확인되었다. 우리맛닭이 보유한 대립유전자의 수가 한협3호에 비해 많지만 이형접합도가 낮게 나타난다는 것은 우리맛닭의 동형접합된 유전자형의 비율이 높게 나타나고 있다는 것을 시사하고 있음을 알 수 있겠다. Table 2는 두 브랜드 집단을 대상으로 각각의 MS marker의 유전자형을 분석하여 브랜드별 기대되는 이형접합도(expected heterozygosity: Ex H)와 관측된 이형접합도(observed heterozygosity: Ob H) 및 PIC (polymorphism information content)값을 계산하여 제시하였다. 우리맛닭과 한협3호 간 가장 큰

차이가 나타난 값은 MCW0083의 관측된 이형접합도로 0.599와 0.787로 각각 확인되었다. LEI0073의 경우, 우리맛닭과 한협 3호 모두에서 가장 높은 기대되는 이형접합도(0.797, 0.890), 관측된 이형접합도(0.776, 0.840) 및 PIC 값(0.777, 0.876)을 확인되었으며, MCW322는 모두에서 가장 낮은 기대되는 이형접합도(0.514, 0.499), 관측된 이형접합도(0.447, 0.493) 및 PIC값(0.426, 0.445)을 확인하였다.

두 브랜드 집단 간의 유전적 유연관계를 알아보기 위해 각 MS marker별 대립 유전자의 빈도를 산출하여 이를 근거로 집단 간의 보정을 통한 Nei et al.(1983)의 방법을 이용하는 DISPAN program을 활용하여 유전적 거리에 대한 추정하여 Table 4에

Table 2. Expected, observed heterozygosity and mean number of alleles (MNA) observed across 10 microsatellite loci for each population

Populations	Sample size	MNA	Ex H	Ob H
W	152	8.4 ± 4.1	0.683 ± 0.03	0.635 ± 0.01
H	150	7.2 ± 2.9	0.710 ± 0.03	0.657 ± 0.01
Total	302	9.3 ± 4.7	0.721 ± 0.03	0.646 ± 0.01

W: 우리맛닭, H: 한협3호, Ex H: expected heterozygosity, Ob H: observed heterozygosity.

Table 3. Characterization of the 10 microsatellite loci analyzed in 2 brands of Korean native commercial chicken

Loci	W			H		
	Ex H	Ob H	PIC	Ex H	Ob H	PIC
ADL0309	0.718	0.651	0.665	0.695	0.640	0.639
ADL181	0.604	0.559	0.536	0.619	0.580	0.563
ADL279	0.771	0.711	0.746	0.764	0.693	0.738
LEI0073	0.797	0.776	0.777	0.890	0.840	0.876
LEI0192	0.733	0.625	0.693	0.839	0.667	0.817
MCW0083	0.587	0.599	0.547	0.767	0.787	0.726
MCW0120	0.794	0.632	0.771	0.770	0.613	0.749
MCW214	0.628	0.625	0.596	0.596	0.580	0.560
MCW217	0.691	0.730	0.636	0.663	0.680	0.602
MCW322	0.514	0.447	0.426	0.499	0.493	0.445

W: 우리맛닭, H: 한협3호, Ex H: expected heterozygosity, Ob H: observed heterozygosity, PIC: polymorphism information content.

제시하였다. 분석 결과에 따르면 DA distance는 0.132 그리고 standard genetic distance는 0.199로 확인되었다. 오재돈 등(2008)의 보고에 따르면 7개의 MS marker들을 이용하여 한국재래닭 집단을 분석한 결과, 한국재래닭 3계통(적갈, 황갈 그리고 흑색 계통) 간의 standard genetic distance의 평균이 0.116으로 확인되었고, 재래닭 집단과 타품종들 간의 평균이 0.401로 확인되었다. 또한, 농촌진흥청에서 복원된 토종닭과 이를 이용한 토종닭 실용계 집단 간의 유전적 거리(DA distance)의 평균이 0.122로 계산되었다(Oh et al., 2010). 따라서 본 연구를 통해 확인된 두 브랜드 집단 간의 유전적 거리(DA distance)는 0.132로 비교적 가까운 것으로 확인되었는데, 이는 우리맛닭과 한협 3호에 사용된 원종의 유전적 조성이 상당 부분 같을 것으로 추정된다.

두 브랜드 집단 간의 유전적 구조에 따라 각 개체들이 어떻게 분포되어 있는가를 확인하기 위하여 simple allele-sharing 측정 수준을 통하여 개체별 대립유전자의 빈도를 근거로 각 개체들 간의 유전적 거리에 대한 추정값을 계산하였으며, 이를 바탕으로 유전분석 프로그램 중 하나인 Phylip v.3.0을 이용하여 개체별 분지도 작성을 위한 tree file을 작성하였다. 작성된 tree file은 TreeView 프로그램을 이용하여 개체별 Neighbor-Joining phylogenetic dendrogram을 작성하여 Fig. 1에 제시하였다. 제시한 결과에 따르면 두 집단에 속한 개체들은 크게 두 개의 그룹으로 나뉘어 분포하고 있음을 확인할 수 있었다. 두 집단 간의 유전적 거리는 비교적 가깝지만 각 개체들 간의 유전적 구조를 분석한 결과, 확연히 구분되는 유전적 특성을 지니고 있음을 확인하였다. 토종닭 실용계의 경우, 토종닭 고기맛을 살리면서 육용계로서의 생산성을 높이기 위해 교잡을 통한 생산이 이루어진다. 따라서 두 집단은 서로 다른 원종을 이용하여 토종닭의 고유한 유전적 특성을 보유할 수 있도록 개량이 된 것에서 기인한 결과로 추정되어진다.

토종닭은 특유의 쫄깃함과 풍미를 지니고 있어 최근 소비자들의 선호도가 높아지고 있는 실정이다. 토종닭은 육계에 비해 콜라겐, 메티오닌 그리고 시스틴 등의 함량이 높은 것으로 보고되었다(농촌진흥청, 2009). 근육내 결합조직에 있어 콜라겐은 고기의 조직을 결정하는 중요한 역할을 하는 것

Table 4. Genetic distance estimated from the frequencies of 10 microsatellite loci

DA distance	Standard genetic distance	Standard error of standard genetic distance
0.132	0.199	0.065

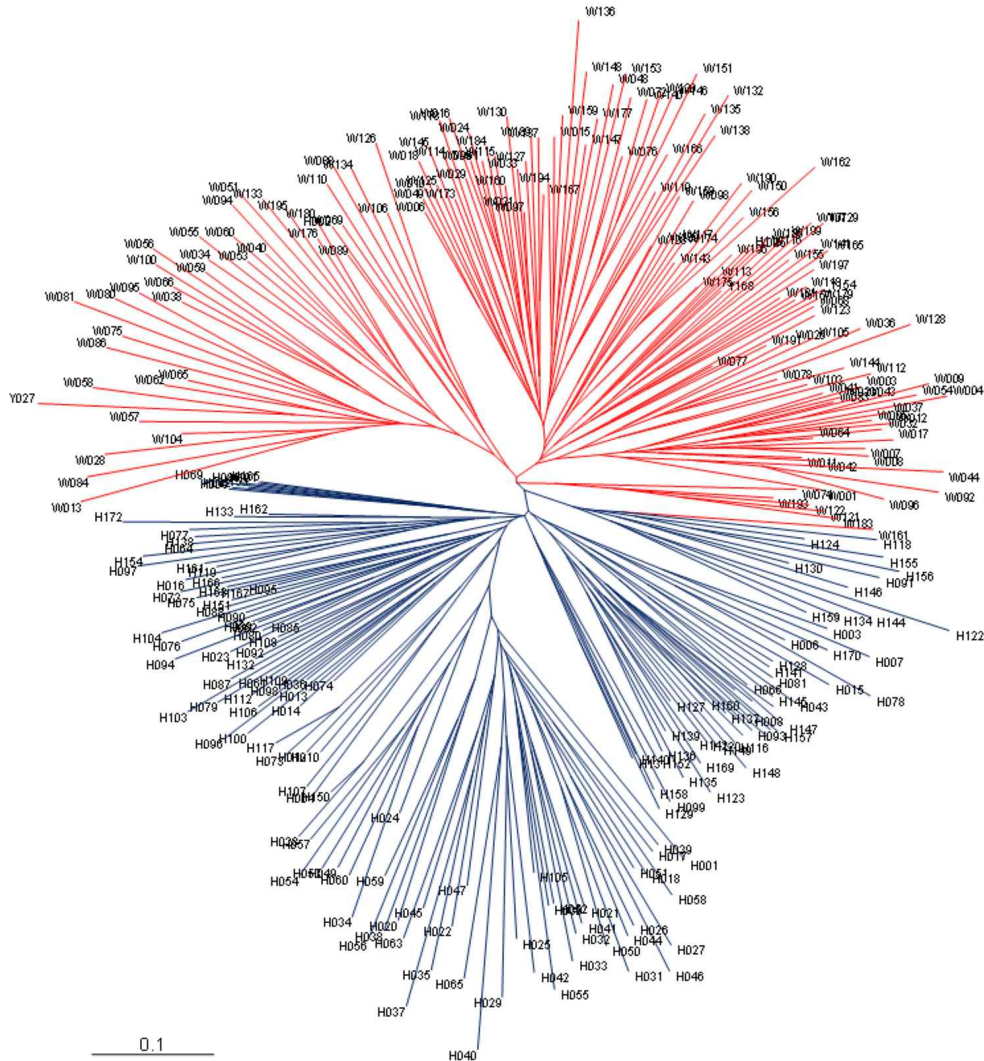


Fig. 1. Neighbor-Joining phylogenetic dendrogram on brand of Korean native commercial chickens. W : 우리맛닭, H : 한협3호.

로 알려져 있으며(Sims and Bailey, 1981), 토종닭의 쫄깃한 육질에 영향을 미치고 있다. 또한 methionone은 닭고기에서 특히 단맛에 관여하는 아미노산으로 알려져 있다. 이러한 연구 결과들을 토대로 토종닭의 우수성을 알리고, 시장에서의 경쟁력을 확보해 나가면서 토종닭 시장은 점차 확대되고 있지만, 아직까지 체계화 되지 못한 부분이 많아 어려움이 있는 것이 사실이다. 본 연구를 통해 분석된 두 브랜드 집단은 유전적으로 차별화 되어 있음이 확인되었다. 이러한 연구 결과는 각 브랜드 별 차별화 전략을 세우는데 있어 기초 자료로 활용될 수 있을 것으로 기대되며, 차후 육계산업의 이력제 및 DNA 동일성 검사에 대한 논의가 진행될 경우 매우 유용한 기초 자료가 될 것으로 사료된다. 또한 토종닭에 대한 지속적인 관심과 연구를 통해 토종닭 산업 발전을 위한 노

력과 방안이 모색될 것으로 기대된다.

적 요

본 연구는 국내에 보급되고 있는 대표적인 토종닭 브랜드인 한협3호와 농촌진흥청에서 개발된 브랜드인 우리맛닭, 두 브랜드 집단 간의 유전적 특성을 분석하여 향후 브랜드 간의 차별화 전략을 구체화 하는데 있어 기초 자료로 활용하고자 실시하였다. 토종닭 실용계인 우리맛닭(W) 152수와 한협3호(H) 150수, 총 302수를 선발하여 공시재료로 활용하였으며, 다형성이 확인된 10종의 MS marker를 선발하여 활용하였다. 분석 결과, 두 브랜드의 평균 대립유전자의 수는

9.3으로 확인되었으며, 우리맛닭의 평균 대립유전자의 수는 8.4개, 한협3호는 7.2개로 우리맛닭이 보유한 대립유전자의 수가 많은 것으로 확인되었다. 반면, 기대되는 이형접합도 (Ex H)와 관측된 이형접합도(Ob H)는 한협3호가 우리맛닭에 비해 높은 것으로 확인되었다. 두 브랜드 집단을 대상으로 각각의 MS marker의 유전자형을 분석하여 브랜드별 기대되는 이형접합도(expected heterozygosity: Ex H)와 관측된 이형접합도(observed heterozygosity: Ob H) 및 PIC(polymorphism information content)값을 계산하였다. 두 브랜드 집단 간의 유전적 유연관계를 분석 결과, DA distance는 0.132, 그리고 standard genetic distance는 0.199로 확인되었다. 두 브랜드 집단 간의 유전적 구조에 따라 각 개체들이 어떻게 분포되어 있는가를 확인한 결과, 두 집단에 속한 개체들은 크게 두 개의 그룹으로 나뉘어 분포하고 있음을 확인할 수 있었다. 두 집단 간의 유전적 거리는 비교적 가깝지만 각 개체들간의 유전적 구조를 분석한 결과, 확연히 구분되는 유전적 특성을 지니고 있음을 확인하였다.

(색인어 : 토종닭, 한국재래닭, 초위성체마커)

사 사

본 연구는 한경대학교 2009년도 학술 연구조성비의 지원에 의하여 수행되었다.

인용문헌

- Barker JSF, Tan SG, Selvaraj OS, Mukherjee TK 1997 Genetic variation within and relationships among populations of Asian water buffalo (*Bubalus bubalis*). Anim Genet 28:1-13.
- Bjornstad G, Nilsen NO, Roed KH 2003 Genetic relationship between Mongolian and Norwegian horses. Anim Genet 34: 55-58.
- Kim MJ, Li GH, Oh JD, Cho KH, Jeon GJ, Choi BH, Lee JH, Kong HS, Lee HK 2007 Characterization of a Korean traditional porcine breed using microsatellite markers and the establishment of an individual identification system. Korean J Food Sci Ani Resour 27(2):150-156.
- Kong HS, Oh JD, Lee JH, Jo KJ, Sang BD, Choi CH, Kim SD, Lee SJ, Yeon SH, Jeon GJ, Lee HK 2006 Genetic variation and relationships of Korean native chickens and foreign breeds using 15 microsatellite markers. Asian-Aust J Anim Sci 11:1546-1550.
- Li K, Chen Y, Moran C, Fan B, Zhao S, 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.
- Lim HT, Min HS, Moon WG, Lee JB, Kim JH, Cho IC, Lee HK. 2005. Analysis and selection of microsatellites markers for individual traceability system in Hanwoo. J Anim Sci Technol 47:491-500.
- 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 Technol 51:201-206.
- Martin-Burriel I, Garcia-Muro E, Zaragoza P 1999 Genetic diversity analysis of six Spanish native cattle breeds using microsatellites. Anim Genet 30:177-182.
- Nei M, Tajima F, Tateno Y 1983 Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. J Mol Evol 19:153-170.
- Oh JD, Lee KW, Seo OS, Cho BW, Jeon GJ, Lee HK, Kong HS 2010 Estimation of genetic characteristics and cumulative power of discrimination in Korean native chicken and Korean native commercial chicken. J Life Science 7:1086-1092.
- Ota T 1993 DISPAN. Pennsylvania State University, PA. USA.
- Park S 2000 Microsatellite Toolkit for MS Excel 97 or 2000.(in personnel communication).
- Peelman LJ, Mortiaux F, Van Zeveren A, Dansercoer A, Mommens G, Coopman F, Bouquet Y, Burny A, Renaville R, Portetelle D 1998 Evaluation of the genetic variability of 23 bovine microsatellite markers in four Belgian cattle breeds. Anim Genet 29:161-167.
- Saitou N, Nei M 1987 The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic tree. Mol Biol Evol 4:406-425.
- Sims TJ, Bailey AJ 1981 Connective tissue. in "Development in meat science-2"ed. Lawrie RA, Applied Sci. Pub.
- 농촌진흥청. 2009. 토종 "우리맛닭"의 생산.
- 오재돈, 강보석, 김학규, 박미나, 채은진, 서옥석, 이학교, 전광주, 공홍식 2008 한국재래닭 및 토착화 품종간의 유연관계 및 유전 특성 분석. 한국가금학회지 4:361-366.
- (접수: 2010. 9. 13, 수정: 2010. 11. 24, 채택: 2010. 12. 7)