

mtDNA D-loop 변이로 확인된 한국재래닭의 다양한 모계기원

조창연[†] · 이풍연 · 고응규 · 김학규 · 박미나 · 연성흠

농촌진흥청 국립축산과학원

Multiple Maternal Origins of Korean Native Chicken Based on the mtDNA D-loop Variation

Chang-Yeon Cho[†], Pung-Yeon Lee, Yeoung-Gyu Ko, Hak Kyu Kim, Mi-Na Park and Seung-Hum Yeon

National Institute of Animal Science, RDA

ABSTRACT In this study, we analyzed the mitochondrial DNA D-loop region of Korean native chicken to clarify their phylogenetic relationships, possible maternal origin and routes of introduction into Korea. A 1231-1232 bp DNA fragment from the mtDNA D-loop region was sequenced in 315 chickens from 11 populations, Thirty-five variable sites that defined 21 haplotypes were observed. In Korean native chicken, diversity accounted for 90% of the variation, little differentiation among the strains. The 21 haplotypes clustered into 5 clades which were A, B, C, D and E. These results indicate that Korean chickens were derived from China with multiple origins.

(Key words : D-loop, Korean native chicken, maternal lineage, mitochondria, phylogenetic analysis)

서 론

현존하는 가금 닭의 기원이 되는 야생종에 대하여는 아직까지 불명확한 점이 많아 계통분류학자들의 논쟁 대상이 되고 있다. 최근에 발전하고 있는 분자생물학적 기법을 이용하여 연구에서 그 기원에 논의가 활발하게 진행되고 있다. 닭에 있어서 분자생물학적 기법을 이용하여 기원을 계통분류학적으로 접근한 연구는 Fumihito와 그 연구자들에 의해서 1994년도 처음으로 시도되었으며, 그 후 계속적으로 발전을 하였다(Fumihito et al., 1994; Groeneveld et al., 2010). Fumihito et al. (1994; 1996)은 태국의 적색야계(*G. gallus gallus* and *G. gallus spadiceus*), 인도네시아 자바 지역의 적색야계(*G. gallus bankiva*) 및 녹색야계(*G. gallus varius*), 스리랑카의 실론야계(*G. gallus lafayettei*), 인도의 회색야계(*G. gallus sonneratii*) 및 주변 국가의 재래닭과 외래종에 대하여 Mitochondrial DNA Displacement loop(D-loop) 영역을 조사한 결과, 닭의 기원은 태국 및 그 주변 지역에 서식하고 있는 적색야계가 유력하다고 1원설을 주장하였다. Niu et al.(2002)은 중국의 6개 재래닭에 대하여 mt-DNA D-loop 영역을 조사한 결과도 Fumihito et al. (1994; 1996)의 결과와 같이 태국 및 주변의 적색야계가 관

여되었다는 보고도 있다. 또한 Hillel et al.(2003)은 유럽 16개국 및 중국, 태국, 이집트, 이스라엘의 재래닭 등의 52집단에 대하여 Microsatellite marker(MS-Marker)를 이용하여 유전적인 유연관계를 추정한 결과, 닭의 기원은 적색야계가 가장 유력하다는 보고도 하였다. 한편, 가금화된 닭의 야생원종이 다수 존재한다는 다원설을 주장하는 상반된 결과를 보고하는 논문도 다수 존재한다. Schlotter(2004)과 Eriksson et al. (2008)은 닭의 황색피부색을 지배하는 유전자(BCDO2)를 분석한 결과, 닭의 기원은 적색야계와 회색야계가 관여하였다는 보고하였고, Lui et al.(2006)은 중국의 운남성을 중심으로 한 31개 재래닭 집단의 mt-DNA D-loop을 조사한 결과, 다수의 야계가 닭의 가금화에 관여하였다고 보고하였다. 한편, Kanginakudru et al.(2008)은 MS-marker 분석결과로 인도의 적색야계가 현재의 닭의 기원이라는 보고가 그 대표적인 예이다. 이상의 연구자들은 야생근원종 및 가축화된 지역을 추정하는데 상반된 의견을 보이고 있으나, 아시아에서 닭이 가축화되어 전세계로 확산되었다는 것에 대하여는 이견이 없다(West and Zhou, 1988; Niu et al., 2002; Mwacharo et al., 2007; Revay et al., 2010).

가금화된 닭이 확산되는 과정에서 한반도는 지정학적으

[†] To whom correspondence should be addressed : bloodtype@korea.kr

로 매우 중요한 역할을 하였을 것이다. 한반도에서 닭과 관련된 화석이 발견된 보고가 없어 그 년대를 직접적으로 추정하기는 곤란하지만, 1959년도에 일본에서 발견된 닭의 화석이 기원전 200년전 것으로 추정하고 있으며, 일본의 고대사에서는 일본의 야요이 시대에 한반도에서 유입된 닭이 일본 닭의 기원이라는 보고(West and Zhou, 1988; Oka et al., 2007)가 있어 한반도의 재래닭의 역사는 매우 오래되었고, 닭의 전파에도 매우 중요한 역할을 하였을 것으로 짐작하게 된다.

mt-DNA는 모계유전을 하며, 유전적 다양성이 풍부한 D-loop 영역은 계통분류학적인 해석을 하는데 매우 유용한 도구로 활용되고 있다(Groeneveld et al., 2010). 우리나라 재래닭 집단에 대하여 Mt-DNA D-loop 영역을 분석하여 계통분류학적 연구를 수행한 것은 오계에 대하여 Lee et al.(2007)과 Hoque et al.(2009)이 D-loop 영역의 전반부를 조사하여 분석한 연구 결과를 보고하였다.

본 연구에서는 우리나라 재래닭의 mt-DNA D-loop 영역에 대하여 전 염기서열을 분석하여 (1) 외래종과의 유전적 특성을 추정하고, (2) 우리나라 재래닭의 기원 및 타 집단과의 유전적 유연관계를 구명하는 것을 목적으로 수행하였다.

재료 및 방법

1. 공시재료

본 시험에 이용된 공시재료는 재래종으로는 국립축산과학원 가금과에서 보유하고 있는 재래닭 황갈색계통, 흑색계통, 적색계통 및 오폭계 각 12, 제주도 농가에서 사육 중인 제주 재래닭 16수 및 경기도 고양시에서 사육 중인 긴꼬리닭 A 및 D계통 각 12수 및 B계통 11수를 이용하였다. 재래종의 유전적인 특성을 구명하기 위한 외래종으로는 국립축산과학원 가금과에서 보유하고 있는 코니쉬, 로드아일랜드레드 및 백색레그혼 각 12수를 이용하였다.

2. 혈액시료의 채취 및 DNA 추출

해파린이 들어있는 진공채혈관을 이용하여 닭의 익하정맥에서 1 mL 내외의 혈액을 채취하여 -80°C 초저온냉동고에

보존하면서 시료로 사용하였으며, DNA 추출은 전혈 50 μL 를 취하여 DNA 추출 kit(TOYOBO사, 일본)로 수행하였다.

3. mtDNA 분석을 위한 Primer 제작 및 염기서열분석 준비

Mitochondrial DNA의 D(displacement)-loop 영역의 증폭은 전반부와 후반부로 나누어, NCBI의 e-PCR을 이용하여 각각의 primer를 설계하였다. mtDNA 분석용 primer의 염기서열은 Table 1과 같다. 증폭은 GeneAmp PCR system 9700(Aplid Biosystems, 미국)의 기기를 이용하였고, 방법도 그 방법을 일부 수정하여 사용하였다. 즉, 전처리에 95°C 5분, denaturing에 95°C 60초, annealing에 60°C 30초, extension에 72°C 90초, 후처리 72°C 10분의 조건으로 하되, denaturing부터 extension까지의 반복수는 35회로 하여 수행한 다음, 1.5% agarose gel에서 전기영동하여 증폭산물을 확인하였다. 증폭산물은 QIA quick PCR purification kit(QIAGEN GmbH, 독일)을 이용하여 정제한 다음, Sequencing Reaction에 사용하였다. Sequencing Reaction은 BigDye Terminator Cycle Sequencing kit(Aplid Biosystems, 미국)을 이용하여 수행하였고, Ethanol/Sodium acetate 침전법으로 Extension product를 정제하였다.

4. mtDNA 염기서열 결정 및 통계 분석

정제된 Extension product를 95°C 에서 2분 동안 denature시키고 ABI PRISM 3100 또는 3130(Aplid Biosystems, 미국)을 사용하여 분석한 다음, Sequencing Analysis v5.2(Aplid Biosystems, 미국)와 BioEdit v7.0.1(Tom Hall Isis Pharmaceuticals)을 이용하여 염기서열을 결정하였다.

변이 부위 탐색, 유전적 변이성의 추정 및 Haplotype의 결정은 DNA Sequence Polymorphism(DNASP Ver. 5.1)(Librado and Rozas, 2009) 소프트웨어를 이용하였다. Haplotype의 명명은 Oka et al.(2007)이 NCBI에서 D-loop 영역을 전부 분석하여 정의한 42개의 Haplotype의 명명법을 기준으로 하였다(GenBank accession number: AB268506~45, AB294232~3). Oka et al. (2007)이 보고하지 않은 염기서열에 대하여는 PHYLIP v3.6b 통계 프로그램 중 Dnadist 프로그램(Felsenstein, 1989; Lynch and

Table 1. The primer sequences of mtDNA cytochrome b or D-loop for chicken gene

Target gene	Primer sequences (5'-3')	
	Fore ward	Reverse
D-loop1	AGGACTACGGCTTGAAAAGC	CCATACACGCAAACCGTCT
D-loop2	CCCTCTTTAGTCCGIGATCG	GCCATGCTTTGTGGGTTAAG

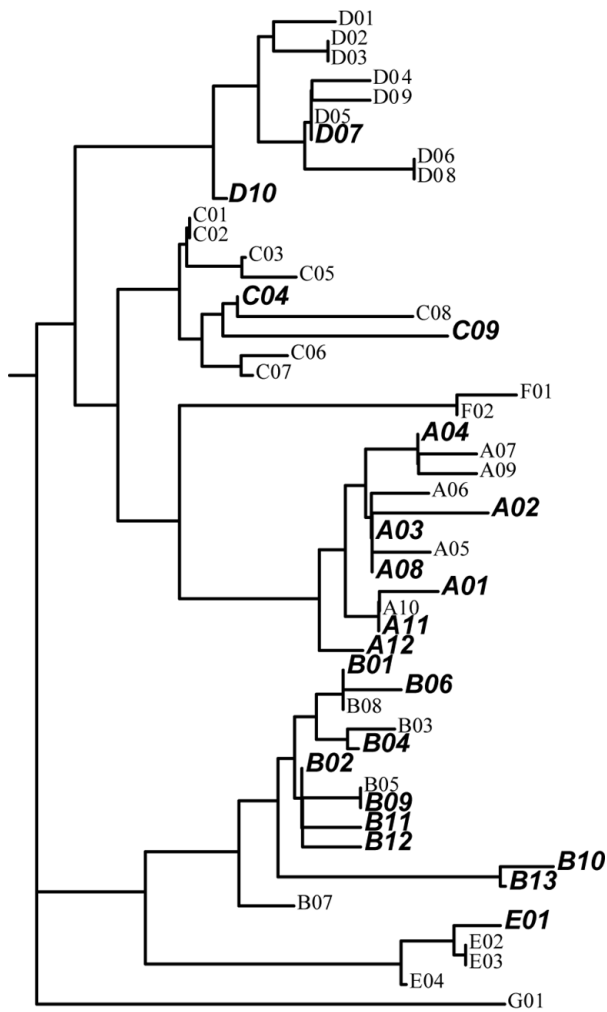


Fig. 1. The PhyML Tree of all Oka's published data. The bold and italic letters indicate new haplotypes detected in these studies.

각 집단별 Haplotype별 관찰수수를 Table 3에 제시하였다. 우리나라 재래닭 8집단은 19종의 Haplotype으로 구성되어 있다. 각 집단별로 관찰된 Haplotype은 황갈색 계통, 적갈색 계통 및 제주 집단은 6종, 흑색 계통은 8종, 오계는 4종의 Haplotype이 각각 관찰되었다. 한편 긴꼬리닭 A 계통은 B2 Haplotype만이 관찰되었으며, B 계통은 D10 Haplotype만이 관찰되었으며, D 계통은 C04 및 D10 Haplotype이 관찰되었다. 외래종은 레그혼이 1개 Haplotype, 로드아일랜드레드종이 2개 Haplotype 코니쉬종은 3개 Haplotype이 각각 관찰되었다.

Kanginakudru et al.(2008)은 인도 재래닭 43수에서 23종의 Haplotype이 관찰되었으며, 인도네시아 재래닭 12수로부터 6종, 일본 재래닭 104수에서 26종, 중국 재래닭 551 수로부터 83종이 관찰되었다고 보고하였다. 우리나라 재래닭 8집단

99수에 관찰된 19종의 Haplotype은 일본의 26종보다 낮은 것이다. 일반적으로 가축유전자원의 흐름은 지리적으로 인접한 지역의 모집단에서 일부 개체가 다른 집단으로 유입하는 경향을 보여, 유입된 집단에서는 적은 유전자를 보이게 된다. 모집단이 큰 중국의 일부가 한반도를 걸쳐서 일본으로 유입되었다는 가설과는 상이한 결과를 보였다. Oka et al.(2007)은 일본 재래닭의 기원은 초기에는 한반도에서 유래되었으나, 그 이후 일본은 서남아시아에서 유래의 Shamo 등이 유입되었다고 보고하였다. 일본 재래닭이 한국에서 보인 재래닭보다는 많은 수의 Haplotype을 보인 것은 이와 같은 역사적인 사실과 부합된다고 판단된다. 또한 한국에서 산업화에 따른 유전자 소실은 재래 가축의 조직적으로 보존한 일본의 그것보다 많았을 가능성도 배제할 수는 없다. 이상의 결과로 긴꼬리닭을 제외한 우리나라 재래닭은 비교적 다수의 모계가 관여되었음이 시사되었다. 이는 재래닭 집단을 형성하기 위해서 다수의 농장으로부터 모집단을 수집한 경위와 잘 일치되는 결과이며, 긴꼬리닭을 복원하기 위해서 소수의 개체를 수집하여 지속적으로 개량하여 왔다는 사육자의 기록과도 일치되는 결과이었다.

2. 유전적 변이성

Table 3에는 집단별로 변이부위의 수, Haplotype의 수, Haplotype 다양성, 염기 차이의 평균수 및 염기 다양성을 제시하였다. 변이 부위가 자연적인 선발 과정에서 발생된 변이임을 추정하는 Tajima의 D-test(Tajima, 1989) 결과, 조사된 모든 집단에서 가설과의 유의성은 없는 것으로 계산되었다. 모든 개체가 동일한 Haplotype을 보인 긴꼬리닭 A와 B 계통을 제외한 재래닭 집단은 5~24개의 염기서열에서 변이가 관찰되어 Haplotype 다양성은 0.303~0.924의 범위를 보였다. 재래닭 8집단의 Haplotype 다양성은 0.9로 계산되어 외래종의 0.798보다 높은 것으로 관찰되었고, 유사한 현상이 염기 차이의 평균값에서도 관찰되어 외래종보다는 높은 유전적 다양성이 있음을 확인하였다

재래닭 8집단의 Haplotype 다양성의 정도를 다른 집단과 비교하기 위해서 D-loop 영역의 처음부터 519 bp까지의 Haplotype 다양성 및 염기다양성을 추정하였다. 유전적 변이성이 극도로 낮은 긴꼬리닭을 제외한 재래닭의 Haplotype 다양성은 0.578~0.924의 범위로 염기다양성은 0.011~0.017의 범위로 각각 계산되었다. Berthouly-Salazar et al.(2010)은 중국의 13개 지역 39집단에 432수에 대하여 동일 영역을 분석하고, Haplotype과 염기다양성을 조사한 성적과 비교하면 중국의 재래닭도 우리나라 재래닭과 유사한 0.5~1.0의 범위에서 Haplotype

다양성이 존재하며, 염기다양성은 0.005~0.019의 범위이었으며, 베트남의 재래닭 1집단 106수의 Haplotype 다양성은 0.86으로 우리나라 재래닭보다는 다소 낮고, 염기다양성은 0.013으로 우리나라의 그것보다는 다소 높았다. 또한 Zhou et al. (2010)은 중국의 오폴계 4개 집단에서 관찰된 0.851보다 우리나라 재래닭이 다소 높은 것으로 관찰되었다. 이상의 결과로 우리나라 재래닭의 유전적인 변이성은 비교적 높은 것으로 추정되며, 이는 재래닭을 수집한 과정에서 다수의 집단이 관여된 것이 반영된 결과로 사료된다.

3. Haplotype의 Network 분석

Haplotype의 유연관계를 추정하기 위해서 관찰된 21개 Haplotype과 집단을 고려하여 Median Joining 방법(Bandelt et

al., 1995)을 이용하여 Network 분석을 실시하였다. 본 연구에서 이용된 11집단 135수 21개 Haplotype은 9개의 Median Vector(MV)를 통하여 A, B, C, D 및 E의 Clade로 분류되었다. A Clade에는 3개의 MV(MV1, MV2 및 MV4)을 통하여 7개의 Haplotype이 1개의 Haplogroup이 형성되었으며, B Clade는 A Clade로부터 3개의 변이 부위 차이를 보이는 1개 MV(MV8)로 연결된 9개의 Haplogroup이 형성되었다. C와 D Clade는 A Clade의 MV4로부터 3개의 변이부위를 걸친 MV9를 경유하여 MV5를 축으로 분리되었으며, 이곳으로부터 C와 D Clade가 각각 분리되었다. 한편, E Clade는 B Haplogroup으로부터 8개의 변이 부위를 두고 분화된 것을 볼 수 있었다. 우리나라 재래닭은 A~E까지의 모든 Clade에서 관찰되었으나, 외래종은 A, B 및 E Clade에서만 관찰되었다(Fig. 2). 이상의

Table 3. Distribution of mtDNA D-loop haplotypes in 11 chicken populations

Haplo type	Korean Native									Foregin Breeds			Total
	Yellow	Black	Red	JeJu	O-ke	Long Tail A	Long Tail B	Long Tail D	Cornish	Rhode Islang Red	Leghorn		
A01	1				2								3
A02				1									1
A03				1									1
A04		1		2	6				7				16
A08		1											1
A11	4		2						1				7
A12	1												1
B01		1											1
B02			2	6						8			16
B04						12							12
B06											12		12
B09									4				4
B10	1	1	1	3									6
B11		3											3
B12	1	1											2
B13			1										1
C04		2						2					4
C09	4	2	4										10
D07				3	3								6
D10			2				11	10					23
E01					1					4			5

Table 4. Number of polymorphic sites, number of mtDNA D-loop haplotypes, haplotype diversity and nucleotide diversity of chicken populations from eight Korean native and three foreign breeds

Population	N	Number of polymorphic sites	Number of haplotypes	Haplotype diversity	Nucleotide diversity
<i>Native</i>					
Yellow	12	24	6	0.818	0.00694
Black	12	23	8	0.924	0.0069
Red	12	23	6	0.864	0.00772
JeJu	16	19	6	0.817	0.00622
O-ke	12	21	4	0.712	0.00539
Long Tail A	12	0	1	0	0
Long Tail B	11	0	1	0	0
Long Tail D	12	5	2	0.303	0.00123
<i>8 Korean breeds</i>					
Cornish	12	12	3	0.591	0.0045
Rhode Island Red	12	8	2	0.458	0.00315
Leghorn	12	0	1	0	0
<i>3 Foreign Breeds</i>					
	36	19	6	0.798	0.00485
<i>All populations</i>	135	34	21	0.9171	0.00671

결과로 우리나라 재래닭은 적어도 4개 이상의 공통 선조가 다른 집단의 영향을 받아 형성되었다는 것을 추정할 수가 있다.

Oka et al.(2007)은 일본 재래닭은 A~F 7개의 Clade에 포함된 41개의 Haplotype이 존재한다고 보고하였다. 일본 재래닭이 유래된 지역을 고려하여 각각의 Clade에 대하여 다음과 같이 설명하고 있다. A 및 B로 분류되는 Clade은 주로 중국이나 한국이 원산지이며, C 및 D Clade으로 분류되는 것은 서남아시아 유래라고 추정하였다. 우리나라 재래닭에서 관찰되지 않은 F Clade에 대하여는 Okinawa Shamo에서만 관찰되었다고 보고하였다. 한편, Liu et al.(2006)은 중국의 운남성, 운남성 인근 지역, 기타 중국 지역, 인도, 인도네시아, 서남아시아 대륙, 일본 및 유럽의 7개 광역권 813두에 대하여 Network 분석을 실시한 결과, 총 9개의 Clade가 존재한다고 보고하고, 각 지역별의 Clade 구성 비율을 설명하였다. 중국의 운남성은 A~G Clade의 속한 집단이 존재하며, B Clade가 26.91%로 비교적 높게 관찰되며, 운남성 주변의 지역은 D 및 I Clade을 제외한 6개 Clade 중 A가 56.14%의 비율로 관찰되며, 다른 중국의 지역에서는 F와 I를 제외한 Clade가 관찰되며, B

Clade가 39.44%로 관찰된다고 보고하였다. 우리나라 재래닭은 A, B, C, D 및 E Clade가 각각 23.2%, 33.3%, 14.1%, 29.3% 및 1%의 비율로 구성되어 있다. 이 수치는 중국의 집단에서 보이는 비율과 매우 유사한 것으로 중국으로부터의 한반도에 유전자 흐름이 있었다는 것이 충분히 설명이 되지만, 일본의 경우에는 A 및 C Clade에 속한 개체가 63.8%로서, 우리나라 재래닭에서 관찰된 37.4%보다 월등하게 높은 수치이었다. 이와 같은 결과 및 한국과 일본에서 관찰된 Haplotype 종류의 차이로 고려하면 일본은 한반도 이외의 지역에서 닭이 유입되었을 가능성이 높다는 것이 시사되었다.

이상의 결과로 우리나라 재래닭은 공통 선조가 다른 복수의 모계에 의해서 집단이 형성되었다는 것이 증명되었다. 본 연구 및 일본의 Oka et al.(2007)의 연구만이 mt-DNA D-loop 전 염기서열을 분석한 성적을 이용하여 계통분류학적인 추정을 하였고, 대부분의 연구자는 염기서열의 일부만을 분석하여 계통분류학적인 추론을 하고 있다. 금후 우리나라 재래닭 집단을 발굴 조사하고, 다른 나라의 집단도 전 염기서열이 분석된다면 보다 정확한 닭의 가금화 및 가금화 지역을 특정 지을 수 있을 것으로 판단된다.

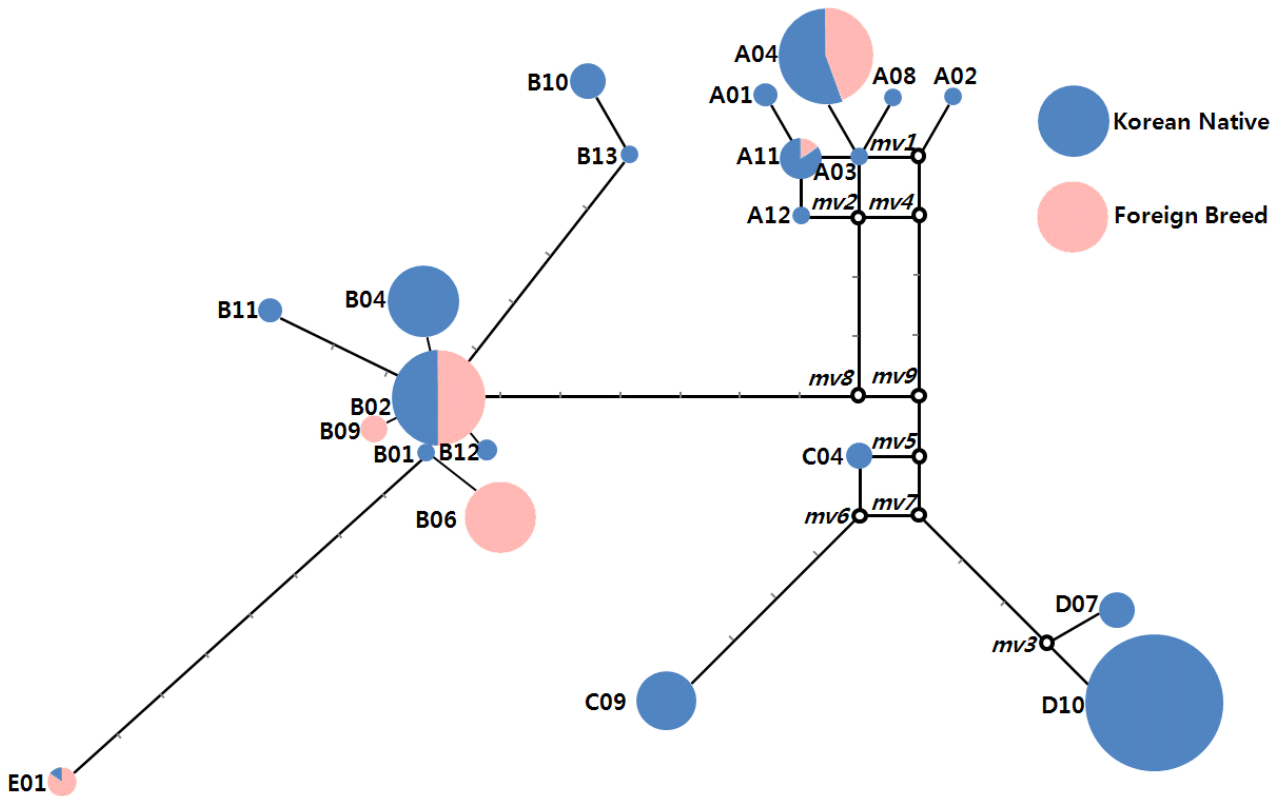


Fig. 2. Median network profile of mtDNA D-loop haplotypes observed in the current study. The circle size corresponds to haplotype frequency and the line corresponds to mutational positions connecting haplotypes. Empty circles are median vectors used in connecting in directly related haplotypes.

적 요

우리나라 재래닭의 기원을 구명하기 위해서 mtDNA D-loop 영역을 분석한 결과, 1,231~1,232개의 염기구성되어 있으며, 35개소에서 변이가 관찰되었다. 변이 부위를 이용하여 Haplotype을 분류한 결과, 21종으로 분류되었으며 이중 9개인 GenBank에 미등록된 것으로 밝혀졌다. Haplotype 다양성으로 추정된 한국 재래닭의 유전적 변이성은 중국의 재래닭과 유사한 것으로 추정되었다. Haplotype에 대한 Network 분석 결과, 재래닭은 5개의 Clade로 분류되었다. 이들 Clade에 대한 각 집단의 분포 현황으로 한국 재래닭은 운남성 및 중국 재래닭이 보인 결과와 유사하나, 일본의 재래닭과는 약간 상이한 것으로 밝혀졌다. 이상의 결과로 우리나라 재래닭은 공통선조가 다른 5개 이상의 모계가 중국을 통하여 유래되었으며, 일본에도 전파된 것이 확인되었다. 한편, 일본은 한반도를 유래하지 않은 닭의 유입이 있었던 것으로 추정된다.

(색인어: D-loop, 한국재래닭, 모계유전, 미토콘드리아, 계통분류)

사 사

본 연구는 2009년도 농촌진흥청 국립축산과학원의 연구비 지원에 의해 수행되었으며, 이에 감사 드립니다.

인용문헌

Bandelt HJ, Forster P, Sykes BC, Richards MB 1995 Mitochondrial portraits of human populations using median networks. *Genetics* 141(2):743-753.

Berthouly-Salazar C, Rognon X, Van TN, Gely M, Chi CV, Tixier-Boichard M, Bed'Hom B, Bruneau N, Verrier E, Maillard JC, Michaux JR 2010 Vietnamese chickens: A gate towards Asian genetic diversity. *BMC Genet* 11(1):53.

Eriksson J, Larson G, Gunnarsson U, Bed'hom B, Tixier-Boichard M, Strömstedt L, Wright D, Jungerius A, Vereijken A, Randi E, Jensen P, Andersson L 2008 Identification of the yellow skin gene reveals a hybrid origin of the domestic

- chicken. PLoS Genet 4(2):e1000010.
- Felsenstein J 1989 PHYLIP. Phylogeny interface package (version 3.2). Cladistics 5:164-166.
- Fumihito A, Miyake T, Sumi SI, Tkata M, Ohno S, Kondo N 1994 One subspecies of the red junglefowl (*Gallus gallus gallus*) suffices as the matriarchic ancestor of all domestic breeds. Proc Natl Acad Sci USA 91(26):12505-12509.
- Fumihito A, Miyake T, Takada M, Shingu R, Endo T, Gojobori T, Kondo N, Ohno S 1996 Monophyletic origin and unique dispersal patterns of domestic fowls. Proc Natl Acad Sci USA 93(13):6792-6795.
- Groeneveld LF, Lenstra JA, Eding H, Toro MA, Scherf B, Pilling D, Negrini R, Finlay EK, Jianlin H, Groeneveld E, Weigend S 2010 Genetic diversity in farm animals-A review. Anim Genet 41:6-31.
- Hillel J, Groenen M, Tixier-Boichard M, Koorl AB, David L, Kirzhner VM, Burke T, Barre-Dirie A, Crooijmans RP, Elo K, Feldman MW, Freidlin PJ, Maki-Tanila A, Oortwijn M, Thoson P, Vignal A, Wimmers K, Weigend S 2003 Biodiversity of 52 chicken populations assessed by microsatellite typing of DNA pools. Genet Sel Evol 35(5):533-557.
- Hoque MR, Jung KC, Park BK, Choi KD, Lee JH 2009 Genetic variability of mtDNA D-loop region in Korean native chickens. Kor J Poult Sci 36(4):323-328.
- Kanginakudru S, Metta M, Jakti RD, Nagaraju J 2008 Genetic evidence from Indian red jungle fowl corroborates multiple domestication of modern day chicken. BMC Evol Biol 8:174.
- Lee YJ, Bhuiyan MSA, Chung HJ, Jung WY, Choi KDM, Jang BGM, Peak WK, Jeon JT, Park CS, Lee JH 2007 Mitochondrial DNA diversity of Korean ogol chicken. Asian-Aust J Anim Sci 20(4):477-481.
- Librado P, Rozas J 2009 DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. Bioinformatics 25(11):1451-1452.
- Liu, YP, Wu GS, Yao YG, Miao YW, Luikart G, Baig M, Beja-pereira A, Ding ZL, Palanichamy MG, Zhang YP 2006 Multiple maternal origins of chickens: Out of the Asian jungles. Mol Phy Evol 38(1):12-19.
- Lynch M, Crease TJ 1990 The analysis of population survey data on DNA sequence variation. Mol Biol Evol 7:377-394.
- Mwacharo JM, Nomura K, Hanada H, Jinalin H, Hanotte O, Amano T 2007 Genetic relationships among Kenyan and other East African indigenous chickens. Anim Genet 38(5): 485-490.
- Niu D, Fu Y, Lua J, Ruan H, Yu XP, Chen G, Zhang YP 2002 The origin and genetic diversity of Chinese native chicken breeds. Biochem Genet 40(5):163-174.
- Oka T, Ino Y, Nomura K, Kawashima S, Kuwayama T, Hanada H, Amano T, Tkada M, Takahata N, Hayashi Y, Akishinonmiya F 2007 Analysis of mtDNA sequences shows Japanese native chickens have multiple origins. Anim Genet 38 (3):287-293.
- Revay T, Bodzsar N, Mobegi VE, Hanotte O, Hidas A 2010 Origin of Hungarian indigenous chicken breeds inferred from mitochondrial DNA D-loop sequences. Anim Genet 41(5): 548-550.
- Rozas J, Sanchez-DelBarrio JC, messeguer X, Rozas R 2003 DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. Bioinformatics 19(18):2496-2497.
- Schlotterer C 2004 The evolution of molecular markers-just a matter of fashion? Nat Rev Genet 5(1):63-69.
- Tajima F 1989 Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. Genetics 123(3): 585-595.
- West B, Zhou BX 1988. Did chicken go north? New evidence for domestication. J Archaeol Sci 15:515-533.
- Zhou B, Chen SY, Zhu Q, Yao YH, Liu YP 2010. Matrilineal components and genetic relationship of silkies from China and Japan. J Poultry Sci 47(1):22-27.

(접수: 2010. 9. 30, 수정: 2011. 2. 26, 채택: 2011. 3. 14)