

Original Article

초위성체 마커를 이용한 한국 재래 흑염소의 유전적 다양성 및 유연관계 분석

박병규¹, 김이슬², 성지연³, 공홍식^{2,3,*}

¹한경대학교 일반대학원 동물생명환경과학과, ²한경엔제네틱스, ³한경대학교 유전정보연구소

Analysis of Genetic Diversity and Relationships of Korean Native Black Goat using Microsatellite Markers

Byeong Kyu Park¹, Yi Seul Kim², Jiyeon Seong³ and Hong Sik Kong^{2,3,*}

¹The Graduate School, Department of Animal Life and Environment Science, Hankyong National University, Anseong 08826, Korea

²Hankyong and Genetics, Anseong 08826, Korea

³Genomic Information Center, Hankyong National University, Anseong 08826, Korea

Received August 30, 2019
Revised September 16, 2019
Accepted September 23, 2019

***Correspondence**

Hong Sik Kong
E-mail: kebinkhs@hknu.ac.kr

ORCID

<https://orcid.org/0000-0003-1144-016X>

ABSTRACT The aim of this study was to assess the levels of genetic diversity and relationships of Korean native black goat (n = 58), compared with the exotic breed, Boer (n = 97). For the analysis of genetic characterization 11 microsatellite markers (MAF065, INRA063, CSRD247, OarFCB20, SRCRSP5, INRA006, ILSTS008, ILSTS011, INRA005, ILSTS087, SRCRSP8) were genotyped. The number of alleles was observed 3 (INRA005) to 10 (SRCRSP8) each markers. The mean expected and observed heterozygosity (H_{exp} and H_{obs}) and polymorphism information content (PIC) for the Korean native black goat breed varied from 0.551 to 0.860, 0.517 to 0.948 and 0.464 to 0.835, respectively. Principal Components Analysis (PCoA) and FCA results showed that Korean native black goat breed was confirmed to be clearly separated from bore breed. These results were scientific evidence that Korean native black goat represents a unique and valuable animal genetic resource.

Keywords: genetic diversity, Korean native black goat, microsatellite

서론

염소는 1만 년 전 서남아시아에서 가축화된 반추동물로 현재는 전 세계적으로 넓게 분포하며 고기, 젖, 가죽, 털, 뼈, 연료 등 다양한 생산물이 이용되는 중요한 가축이다(Porter, 1996; Zender와

Hesse, 2000; MacHugh와 Bradley, 2001; Kim 등, 2012; Suh 등, 2014).

한국 재래염소(당진품종, 장수품종, 통영품종)는 2012년 국제식량농업기구(FAO; Food and Agriculture Organization: 국제식량농업기구)의 가축다양성정보시스템(DAD-IS; Domestic

Animal Diversity Information System, <http://dad.fao.org/>)에 품종으로 등록되었다. 흑모색의 특징을 보이는 재래 흑염소는 과거에는 주로 약용 및 건강보조식품으로 이용되어 왔으나, 현재는 웰빙, 건강 식품에 대한 소비자의 선호도 증가로 식육용으로도 많이 소비되고 있어 염소의 소비량은 계속 증가하고 있다(Kim 등, 2010; Suh 등, 2012). 한국 재래 흑염소 소비 증가는 외국산 수입 흑염소와 유용종 염소육을 한국 재래종으로 속여서 판매 유통하거나 보어(Boer)종을 포함한 산육능력이 우수한 외래품종과 교잡종이 사육되고 있다(Chung, 2002; Suh 등, 2012).

2007년 동물유전자원 멸종 방지를 위한 인터라켄 선언(International declaration)의 세계행동계획(GPA; Global Plan of Action) 발표 이후, 각국의 고유 품종의 유전자원이 보유국의 자산으로 인정되었고, 이로 인해 재래 가축 유전자원 확보의 중요성이 강조되면서 고유 품종의 표현형적 특성뿐만 아니라 분자생물학적 분석 기법을 이용한 유전적 다양성, 타 품종과의 유연관계 등 유전적 특성 분석에 관한 연구가 다양하게 진행되고 있다(Suh 등, 2015; Yang, 2018). 그러나, 한국 재래 흑염소는 가축다양성 정보시스템에 등록된 국내 유일의 염소 품종이지만, 순수 재래 흑염소 품종보다 교잡종이 더 많이 사육되고 있으며, 현재까지 재래 흑염소에 대한 유전적 다양성 평가 및 타 품종과의 유연관계 분석에 관한 연구도 매우 미비한 실정으로 보다 폭넓은 분석이 필요하다(Kim 등, 2012; Suh 등, 2012).

초위성체(MS; microsatellite) 마커는 유전적 다양성이 높고, 단순하고 반복적인 형태로 척추동물 게놈(genome) 전체에 걸쳐 분포하고 있는 특성을 가지고 있고, 2개 이상의 초위성체 마커를 한번에 분석할 수 있는 멀티플렉스(multiplex) PCR 기법을 적용시킬 수 있는 장점을 가지고 있어서, 가축의 유전적 다양성, 유전관계 분석 및 유전적 특성 보존 등에 가장 널리 활용되고 있다(Suh 등, 2012; Suh 등, 2014; Seo 등, 2017).

따라서, 본 연구에서는 포항에서 사육되고 있는 한국 재래 흑염소 집단을 대상으로 초위성체 마커의 유전자형을 분석하고, 외래 품종인 보어종과의 유연관계 및 유전적 다양성 분석을 통해, 외래 품종과의 유전적 차별화 및 우리나라 고유의 가축 유전자원으로서 한국 재래 흑염소의 보존에 필요한 과학적 기초 자료를 제시하고자 한다.

재료 및 방법

공시재료 및 초위성체 마커

본 연구에서는 포항의 한 농가에서 사육중인 한국 재래 흑염소 58두와 7개 농가에서 사육중인 뉴질랜드산 보어(Boer) 97두를 공시하여 분석에 이용하였다(Table 1). 공시재료의 혈액으로부터의 DNA 추출은 QuickGene SP kit DNA whole blood (KURABO, Japan)를 사용하였다. 본 연구에 사용된 초위성체 마커는 국제동물유전학회(ISAG: International Society for Animal Genetics)에서 권고하는 마커 중 11개의 마커(MAF065,

INRA063, CSRD247, OarFCB20, SRCRSP5, INRA006, ILSTS008, ILSTS011, INRA005, ILSTS087, SRCRSP8)를 이용하였다(Table 2).

Multiplex PCR 증폭

Multiplex PCR 증폭은 GeneAmp[®]PCR system 9700 (Applied Biosystem[™], USA)을 사용하였으며, 반응액은 Genomic DNA (20-50 ng/ μ L) 2 μ L, 11종의 primer Forward와 Reverse 각각 0.5 μ L, Hot start Taq DNA 중합효소(Genetbio, Korea) 0.8 μ L, 10 mM dNTPs 2.5 μ L를 첨가한 후, D.W를 이용하여 총 30 μ L로 조성하였다. PCR 조건은 95°C에서 15분간 Pre-denaturation을 실시한 뒤 94°C에서 1분, Annealing Temperature를 58°C에서 1°C씩 총 3회를 내려가며 각각 1분 30초, 72°C 1분을 1 cycle로 하여 총 35 cycles의 Touch-down PCR을 진행하였고, 65°C에서 1시간 Final-extension 한 뒤 4°C로 종료하였다.

유전자형 결정

PCR Product는 Hi-di[™] Formamide (Applied Biosystems, USA)를 이용하여 10배 희석 후, Hi-di[™] Formamide와 Genescan[™]-500LIZ[™] standard 혼합물 9 μ L과 희석된 PCR product 1 μ L를 혼합시켜 95°C에서 2분간 heating 시켜 변성이 일어나게 하고, 변성 상태를 유지시키기 위하여 icing 얼음에 보관한다. 그 후, ABI 3730 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, USA)를 통해 모세관 전기영동 실시 후, Genemapper 4.0을 이용하여 11종의 초위성체 마커의 대립유전자 크기를 결정하였다. 분석 후 데이터는 Microsoft Excel Program (Microsoft, ver. 2013, USA)을 이용하여 정리하였다.

통계 분석

MS Toolkit v 3.0 (Park, 2001)을 사용하여 대립유전자 수(No. of Allele), 기대이형접합도(H_{exp} ; expected heterozygosity), 관측이형접합도(H_{obs} ; observed heterozygosity) 및 다형성정보지수(PIC; polymorphism information content)를 확인하였다.

Table 1. Description of the 8 goat populations used in study

Population	The number of sample
NZD-1 (Boer)	29
NZD-2 (Boer)	10
NZD-3 (Boer)	10
NZD-4 (Boer)	9
NZD-5 (Boer)	6
NZD-6 (Boer)	19
NZD-7 (Boer)	14
KOR (Korean native black goat)	58
Total	155

Table 2. Primer information for 11 microsatellite markers in study

No	Loci	Dye	Allele size (bp)	Primer sequences	Annealing temperature (°C)
1	MAF065	FAM-6	116-158	F- 5'AAAGGCCAGAGTATGCAATTAGGAG3' R- 5'CCACTCCTCTGAGAATATAACATG3'	58
2	INRA063	FAM-6	160-186	F- 5'GACCACAAAGGGATTGCACAAGC3' R- 5'AAACCACAGAAATGCTTGAAG3'	58
3	CSRD247	FAM-6	218-248	F- 5'GGACTTGCCAGAACTCTGCAAT3' R- 5'CACTGTGTTTGTATTAGTCAGG3'	58
4	OarFCB20	VIC	86-132	F- 5'GGAAAACCCCATATATACTATAC3' R- 5'AAATGTGTTAAGATTCCATACATGTG3'	58
5	SRCRSP5	VIC	161-185	F- 5'GGACTCTACCACTGAGCTACAAG3' R- 5'TGAAATGAAGCTAAAGCAATGC3'	55
6	INRA006	NED	97-125	F- 5'AGGAATATCTGTATCAACCTCAGTC3' R- 5'CTGAGCTGGGGTGGGAGCTATAAATA3'	56
7	ILSTS008	NED	168-182	F- 5'GAATCATGGATTTCTGGGG3' R- 5'TACAGTGAGTGAGGTTGGC3'	58
8	ILSTS011	NED	250-300	F- 5'GCTTGCTACATGGAAAGTGC3' R- 5'CTAAAATGCAGAGCCCTACC3'	58
9	INRA005	PET	119-125	F- 5'TTCAGGCATACCCTACACCACATG3' R- 5'AAATATTAGCCAAGTAAAAGTGGG3'	54-58
10	ILSTS087	PET	142-164	F- 5'AGCAGACATGATGACTCAGC3' R- 5'CTGCCTCTTTCTTGAGAG3'	58
11	SRCRSP8	PET	215-255	F- 5'TGCGTCTGGTTCTGATTCAC3' R- 5'CCTGCATGAGAAAGTCGATGCTTAG3'	55

Table 3. Number of alleles and private alleles for 2 goat breeds

Loci	Korean native black goat		Boer		Total	
	Number of alleles	Number of private alleles	Number of alleles	Number of private alleles	Number of alleles	Number of private alleles
CSRD247	7	1	6	-	7	1
ILSTS008	4	-	4	-	4	-
ILSTS011	5	1	5	1	6	2
ILSTS087	9	6	4	1	10	7
INRA005	3	-	3	-	3	-
INRA006	9	2	7	-	9	2
INRA063	5	-	5	-	5	-
MAF065	8	2	6	-	8	2
OarFCB20	7	1	7	1	8	2
SRCRSP5	8	-	9	1	9	1
SRCRSP8	10	6	6	2	12	8
Total	75	19	62	6	81	25
Mean	6.82	1.73	5.64	0.55	7.36	2.27

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

결 과

초위성체 마커의 대립유전자 빈도

한국 재래 흑염소 58두와 뉴질랜드에서 수입된 보어종 97두를 대상으로 11개의 초위성체 마커로 분석한 결과, 각 좌위에서 나타나는 대립유전자의 수를 Table 3에 제시하였다. 전체 81개의 대

립유전자가 확인되었고, 그 중 25개(30.9%)가 집단-특이 대립유전자로, 재래 흑염소 집단에서 19개, 보어 집단에서 6개가 확인되었다. 그리고, 재래흑염소 집단에서는 3개(INRA005)에서 10개(SRCRSP8)까지 평균 6.8개의 대립유전자가 나타났고, 보어 집단에서는 3개(INRA005)에서 9개(SRCRSP5)까지 평균 5.6개의 대립유전자가 나타났다.

초위성체 마커의 유전적 다형성

공시재료를 대상으로 11종의 초위성체 마커에 대한 기대이형접합도, 관측이형접합도 및 다형성정보지수를 계산하였다(Table 4). 본 연구 결과, 기대이형접합도와 관측이형접합도의 평균값은 재래 흑염소 집단이 0.763과 0.754, 보어 집단은 0.594와 0.581로 재래 흑염소 집단의 이형접합도의 평균값이 높은 것으로 확인되었다. 전체적으로 동일한 좌위에서 재래 흑염소 집단이 보어 집단에 비해 높은 값을 보였으며, 특히 ILSTS087 좌위에서는 기대이형접합도와 관측이형접합도가 재래 흑염소 집단에서 0.826과 0.852로, 보어 집단의 0.267과 0.258에 비해 현저히 높은 값으로 관찰되었다. 또한 ILSTS087 좌위에서 보어 집단이 가장 낮은 이형접합도를 보인 반면, 재래 흑염소 집단은 INRA005 좌위에서 0.551로 가장 낮은 기대 이형접합도를, ILSTS008 좌위에서 0.517로 가장 낮은 관측이형접합도가 관찰되었다. 그리고 INRA006 좌위(0.860과 0.948)에서 재래 흑염소 집단의 이형접합도가 가장 높은 것으로 확인되었다.

다형성정보지수 평균값 역시 한국 재래 흑염소 집단이 0.718로 보어 집단(0.545)보다 높은 것을 확인할 수 있었다. 재래 흑염소 집단에서는 INRA005 좌위에서 0.464로 가장 낮은 값을 보였고, INRA006 좌위에서 0.835로 가장 높은 값이 나타났다. 보어 집단에서는 ILSTS087 좌위에서 0.249로 가장 낮은 값이, INRA006 좌위에서 0.686으로 가장 높은 값이 나타나는 것으로 확인되었다.

집단 간의 유전거리 및 유연관계

11종 초위성체마커의 대립유전자의 빈도를 기반으로 집단별 주성분분석을 실시하였다(Fig. 1). 분석 결과, 제 1성분의 분산치는 81.18%, 제 2성분의 분산치는 14.92%, 제 3성분의 분산치는 3.47%로 총 분산치는 99.58%로 확인되었다. 제 1성분의 분산치에 의해 재래 흑염소 집단(KOR)은 보어(NZD) 집단으로부터 분리되어 있는 것을 뚜렷하게 확인 할 수 있었다. 또한, 제 2성분 분산치에 의해 두 번째 농가에서 사육한 보어 집단(NZD-2)이 다른 6농가의 보어 집단들로부터 분리되어 있는 것을 확인할 수 있었고, 그 외 6농가의 보어 집단은 군집을 형성한 것으로 확인되었다(Fig. 1).

주성분 분석을 3차원 좌표 분석한 요인대응분석 결과 총 분산치는 62.31% (제 1성분 분산치, 23.55%; 제 2성분 분산치, 22.74%; 제 3성분 분산치, 16.02%)로 나타났고, 각각의 품종이 서로 다른 군집을 형성하는 것으로 확인되었다(Fig. 2).

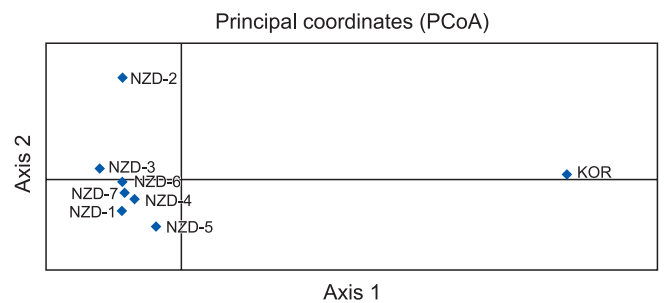


Fig. 1. Principal coordinates analysis (PCoA) of allele frequencies from 11 microsatellite loci typed in 8 population using the GenAlEx. NZD-1 to NZD-7: New Zealand goat (Boer), KOR: Korean native black goat.

Table 4. Descriptive statistics of the 11 microsatellite loci for the 2 goat breeds

Loci	Korean native black goat			Boer			Mean		
	H _{exp} ^a	H _{obs} ^b	PIC ^c	H _{exp} ^a	H _{obs} ^b	PIC ^c	H _{exp} ^a	H _{obs} ^b	PIC ^c
CSRD247	0.850	0.793	0.822	0.575	0.557	0.480	0.712	0.675	0.651
ILSTS008	0.661	0.517	0.587	0.534	0.495	0.481	0.597	0.506	0.534
ILSTS011	0.708	0.759	0.655	0.678	0.639	0.625	0.693	0.699	0.640
ILSTS087	0.852	0.914	0.826	0.267	0.258	0.249	0.559	0.586	0.537
INRA005	0.551	0.690	0.464	0.281	0.247	0.259	0.416	0.469	0.362
INRA006	0.860	0.948	0.835	0.723	0.722	0.686	0.792	0.384	0.761
INRA063	0.751	0.552	0.702	0.655	0.701	0.589	0.703	0.626	0.645
MAF065	0.790	0.879	0.752	0.719	0.742	0.667	0.754	0.811	0.710
OarFCB20	0.738	0.603	0.690	0.704	0.691	0.663	0.721	0.647	0.677
SRCRSP5	0.820	0.793	0.790	0.725	0.680	0.682	0.773	0.737	0.736
SRCRSP8	0.808	0.845	0.774	0.675	0.660	0.613	0.742	0.752	0.693
Mean	0.763	0.754	0.718	0.594	0.581	0.545	0.678	0.627	0.631

H_{exp}^a: expected heterozygosity, H_{obs}^b: observed heterozygosity, PIC^c: polymorphic information content.

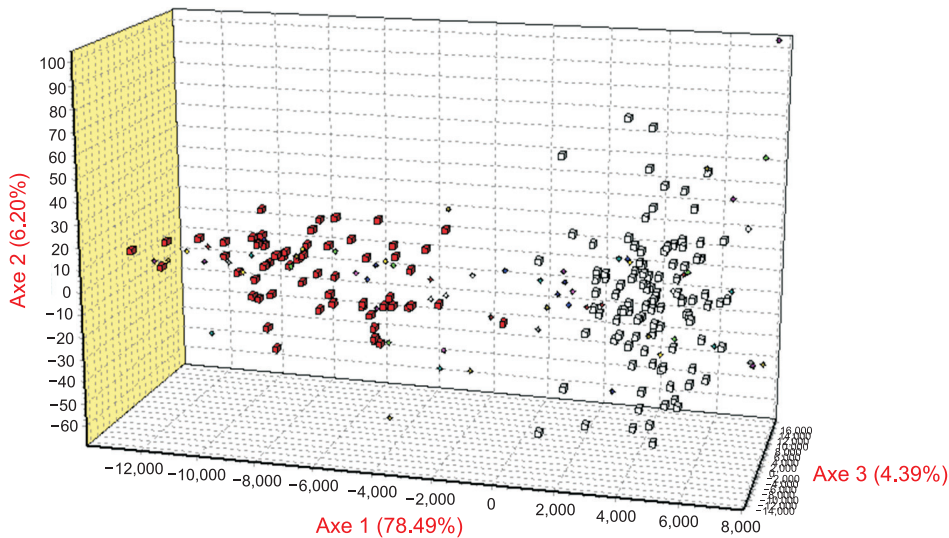


Fig. 2. Factorial components analysis (FCA) of allele frequencies from 11 microsatellite loci genotypes calculated using GENETIX. White color - NZD-1 to NZD-7: New Zealand goat (Boer), Red color - KOR: Korean native black goat.

고찰

1992년 생물다양성 협약(CBD; Convention of Biology Diversity) 이후, 각국의 고유 생물자원의 중요성을 인식하게 되었으며, 우리나라에서도 한국 고유 재래 가축에 관한 관심이 증대되면서 멸종위기에 처해있던 재래 소, 재래 돼지 및 재래 닭의 보존 및 품종 복원사업이 진행되었다(Suh 등, 2015). 한국 재래 흑염소 역시 유전자원을 보존하기 위해 1990년대 초반부터 농촌진흥청 국립축산과학원에서 외형적, 지역적 특성을 고려하여 3개 지역(당진, 장수, 통영)으로부터 재래 염소를 수집하여 보존하고 있고, Kim 등(2017)에 의해 정자의 동결보존에 대한 연구도 진행되었다. 그러나, 외모 평가가 아닌 유전적 다양성 평가에 관한 연구는 매우 미비한 실정이다(Suh 등, 2012; Suh 등, 2014). 또한, 한국 재래 흑염소는 1963년부터 외래 유용종인 자넨종(Saanen)과 누진교배가 이루어졌고, 90년대 이후 수입이 허용된 육용종과도 무분별한 교잡이 이루어졌으며, 그 결과 순수 재래 염소보다 교잡종이 많이 사육되고 있다(Chung, 2002; Suh 등, 2012). 따라서, 본 연구에서는 한국 재래 흑염소 집단을 대상으로 초위성체 마커의 유전적 다양성을 분석하고, 뉴질랜드에서 수입된 보어 집단과의 유연관계를 분석하였다.

11종의 초위성체 마커로 대립유전자 수를 분석한 결과, 총 81개의 대립유전자가 확인되었고, 이 중 집단-특이 대립유전자가 재래 흑염소 집단에서는 25개, 보어 집단에서는 6개로 관찰되었다. 당진, 장수, 통영 지역의 재래 염소를 분석한 Suh 등(2012)의 보고에 의하면, 마커에 따라서 대립유전자 수와 집단-특이 대립유전자의 수가 집단 별로 다르게 나타나는 것을 확인할 수 있었고, 외래 품종인 에디오피아, 알바니아 및 인도 재래 염소에서 대립유전자의 수는 상이하게 나타나는 것을 확인할 수 있었다(Rout 등, 2008; Hoda 등, 2011; Hassen 등, 2012). 이와 같은 결과를 통해서 염소 품종에 따라 특정 마커의 대립유전자의 특성이 다양하

게 나타나는 것을 확인할 수 있었고, 한국 재래 염소는 지역별 집단 별로도 다양한 양상이 나타나는 것으로 사료된다.

재래 흑염소 집단의 기대이형접합도와 다형성정보지수는 INRA006 좌위에서 0.860과 0.835로 가장 높은 수치를 보였고, INRA005 좌위에서 0.551과 0.464로 가장 낮은 수치를 보였다. Suh 등(2012)의 연구에서 INRA005 좌위 분석 결과에 따르면, 당진 집단의 경우 0.245와 0.232로 다른 좌위에 비해 낮은 수치를 보였고, 장수집단(0.464, 0.405)과 통영집단(0.405, 0.354)은 본 연구결과와 근소한 차이를 보였다. 또한, 전체적으로 당진, 장수, 통영 집단에 비해 본 연구 결과에 사용된 재래 흑염소 집단이 비교적 높은 수치로 나타나는 것을 확인할 수 있었다.

기대이형접합도와 다형성정보지수가 각각 0.6과 0.5 이상이면 마커의 다형성이 높아서, 품종의 유전적 다양성 및 유연관계 분석 등 유전적 분석에 활용이 가능할 것으로 보고되어있다(Bostein 등, 1980). 본 연구에서는 재래 염소 집단을 대상으로 분석한 결과, INRA005를 제외하고는 10종의 마커에서 기대이형접합도와 다형성정보지수가 각각 0.6과 0.5 이상으로 나타났다. 따라서, 염소의 유전적 다양성 분석 및 유연관계 분석에 활용이 가능할 것으로 사료된다.

품종별 유전적 거리를 확인하기 위하여 실시한 주성분분석(PCoA)과 요인대응분석(FCA) 결과, 한국 재래 흑염소 집단과 보어 집단은 뚜렷하게 분류되는 것으로 확인되었다. Suh (2014)의 보고에 따르면, 재래 염소 집단(당진, 장수 및 통영), 전남과 경북 지역에서 사육되고 있는 농가집단과 외래집단(자넨종, 토겐버그; Toggenburg)이 3집단으로 분리되는 결과를 보여주고 있다. 그리고, 재래 염소 집단과 농가집단이 분리가 일어나지는 하지만, 농가집단이 외래 집단보다는 재래 염소 집단과 더 가까운 것으로 확인되었다. 본 연구는 외래 품종인 보어 종과 유연관계를 분석했으며 결과는 Suh (2014)의 보고와 유사했다.

이와 같은 연구결과는, 본 연구에 사용된 재래 흑염소 집단이 외

래 품종인 보어 집단과 유전적으로 다른 집단이라는 것을 뒷받침 해주는 증거이지만, 좀 더 명확한 재래 염소 집단의 기원과 타 품종과의 유연관계 분석을 위해 더 다양한 품종과의 추가 분석이 필요할 것으로 사료된다. 그리고, 본 연구는 염소 품종을 가축유전 자원으로써 중요한 자원으로 인식하고 재래 흑염소와 타 품종 간의 유전적 차별화 및 순수성 보존, 유전능력 개량에 있어 기초 자료로 활용 가능할 것으로 사료된다.

결론

본 연구의 목적은 한국 재래 흑염소의 유전자원을 보존하기 위해 이들의 유전적 다양성 및 유연관계를 분석하는데 있다. 따라서 11종의 초위성체 마커를 이용하여 대립유전자형을 분석하였고, 분석결과를 토대로 한국 재래 흑염소(58두)의 유전적 다양성 및 외래 품종인 보어종(97두)과의 유연관계를 분석하였다. 분자유전학적 특성을 평가하기 위해 11개 초위성체 마커(MAF065, INRA063, CSRD247, OarFCB20, SRCRSP5, INRA006, ILSTS008, ILSTS011, INRA005, ILSTS087, SRCRSP8)의 대립유전자형을 분석하였으며, 그 결과를 토대로 유전적 다양성 지수들을 산출하였다. 한국 재래 흑염소 집단의 대립유전자 수는 한 좌위에서 3개부터 10개까지 평균 6.8개의 대립유전자형이 확인되었으며, 품종별 평균 기대이형접합도(H_{exp})는 0.551-0.860, 관측이형접합도(H_{obs})는 0.517-0.948 그리고 다형정보지수(PIC)는 0.464-0.835의 범위를 보였다. 품종별 유전적 거리를 확인하기 위하여 실시한 주성분분석(PCoA)과 요인대응분석(FCA) 결과 한국 재래 흑염소 집단과 보어 집단은 뚜렷하게 분류되는 것으로 확인되었다. 따라서, 본 연구 결과는 한국 재래 흑염소의 유전적 고유성 및 유전자원 보존에 있어 기초자료로 활용 가능할 것으로 사료된다.

CONFLICTS OF INTEREST

No potential conflict of interest relevant to this article was reported.

ACKNOWLEDGEMENTS

본 연구는 2018년도 중소벤처기업부의 기술개발사업 지원에 의한 연구임(S2660838).

The study was approved by the Hankyong National University Animal Ethics Committee (No.2019-3).

ORCID

Byeong Kyu Park: <https://orcid.org/0000-0003-0175-3891>
Yi Seul Kim: <https://orcid.org/0000-0002-7315-3425>

Jiyeon Seong: <https://orcid.org/0000-0003-0956-995X>
Hong Sik Kong: <https://orcid.org/0000-0003-1144-016X>

REFERENCES

- 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.
- Botstein D, White RL, Skolnick M and Davis RW. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet.* 32:314-331.
- Chung ER. 2002. Identification of Korean Native Goat meat using amplified fragment length polymorphism (AFLP) DNA markers. *Korean J. Food Sci. Ani. Res.* 22:301-309.
- FAO. 2011. Molecular genetic characterization of animal genetic resources. *FAO Animal Production and Health Guidelines.* Rome. 9:74-75.
- Hassen H, Lababidi S, Rischkowsky B, Baum M and Tibbo M. 2012. Molecular characterization of Ethiopian indigenous goat populations. *Trop. Anim. Health Prod.* 44:1239-1246.
- Hoda A, Haka G, Dunner S, Obexer-Ruff G and Consortium E. 2011. Genetic diversity of albanian goat breeds based on microsatellite markers. *Arch. Zootec.* 60:607-615.
- Kim BK, Lee JH, Jung DJ, Cho KH, Hwang EG and Kim MS. 2010. Effects of feeding herb resources powder on meat quality and sensory properties in Korean Native Black Goat. *Korean J. Food Sci. Ani. Res.* 30:811-818.
- Kim JH, Byun MJ, Ko YG, Kim SW, Do YJ, Kim MJ, Yoon SH and Choi SB. 2012. Phylogenetic analysis of Korean Native Goats based on the mitochondrial cytochrome b Gene. *Journal of Animal Science and Technology.* 54(4):241-246.
- Kim SW, Lee J, Kim K-W, Kim C-L, Jeon IS and Lee S-S. 2017. Effects of triladyl-egg yolk diluents on the viability of frozen Korean Black goat spermatozoa from cauda epididymis and electro-ejaculated semen. *J. Emb. Trans.* 32(3):235-241.
- MacHugh DE and Bradley DG. 2001. Livestock genetic origins: goats buck the trend. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 98:5382-5384.
- Park SDE. 2001. Trypanotolerance in West African cattle and the population genetic effects of selection. Ph.D. Thesis. University of Dublin.
- Peakall R and Smouse PE. 2006. GENALEX 6: Genetic analysis in excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes.* 6:288-295.
- Porter V. 1996. *Goats of the world.* Farming Press, Ipswich, UK.
- Rout PK, Joshi MB, Mandal A, Laloe D, Singh L and Thangaraj K. 2008. Microsatellite-based phylogeny of Indian domestic goats. *BMC Genet.* 9:11.
- Seo JH, Lee YS, Jeon GJ and Kong HS. 2017. Molecular genetic evaluation of goral (*naemorhedus caudatus raddeanus*)

- genetic resources using microsatellite markers, *Journal of the Korean Data & Information Science Society*. 28(5):1043-1053.
- Suh SW. 2014. Molecular genetic evaluation of Korean domestic animal genetic resources using microsatellite markers. Gyeongsang National University. VIII. p. 131.
- Suh SW, Byun MJ, Kim YS, Kim MJ, Choi SB, Ko YG, Kim DH, Lim HT and Kim JH. 2012. Analysis of genetic diversity and relationships of Korean Native Goat populations by microsatellite markers. *J. Life Sci.* 22(11):1493-1499.
- Suh SW, Cho CY, Byun MJ, Choi SB, Kim YS, Kim MJ, Ko YG, Kim DH, Lim HT and Kim JH. 2014. Establishment of a microsatellite marker set for individual identification in goat. *J. Agr. Life Sci.* 48(3):157-164.
- Suh SW, Cho CY, Kim YS, Byun MJ, Choi SB, Cho YM, Bae KH, Kim JH. 2015. Molecular Genetic Considerations of Jeju Black Cattle using Microsatellite Markers. *J. Agr. Life Sci.* 49: 57-65.
- Yang DY. 2018. Study on the genetic polymorphism of Hanwoo using MS marker information. Hankyong National University. I804:41039-200000018363.
- Zeder MA and Hesse B. 2000. The initial domestication of goats (*Capra hircus*) in the Zagros Mountain 10,000 years ago. *Science* 287:2254-2257.