

ANIMAL

Genetic diversity and relationship analyses of the Korea native black goat line using microsatellite markers

Ho-Chan Kang¹, Kwan-Woo Kim², Eun-Ho Kim³, Cheol-Hyun Myung³, Jung-Gyu Lee^{1,3}, Hyun-Tae Lim^{1,3,*}

¹Institute of Agriculture and Life Science, Gyeongsang National University, Jinju 52828, Korea

²Animal Genetics Resources Research Center, National Institute of Animal Science, RDA, Hamyang 50000, Korea

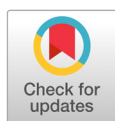
³Department of Animal Science, Gyeongsang National University, Jinju 52828, Korea

*Corresponding author: s_hitim@gnu.ac.kr

Abstract

The aim of this study was to analyze the genetic diversity and distance of the Korean native black goat line. Thus far, this Korean native black goat line has not been studied intensively, especially in genetic diversity and relationship studies in comparison with other breeds. In total, eleven microsatellite (MS) markers were used to evaluate alleles from 391 Korean native black goats and foreign hybrid animals. The genetic diversity index was evaluated based on the allele distributions. Four Korean native black goat lines showed expected ranges of observed heterozygosity, expected heterozygosity, and polymorphism information content (PIC) values for use in genetic diversity research (0.509 - 0.643, 0.434 - 0.623 and 0.356 - 0.567). Lines from the Korean native black goat and foreign hybrid were clearly separated according to principal coordinates analysis (PCoA), phylogenetic tree and tended to be clustered in each Korean native black goat line. Thus, this study can be used for analyzing the genetic relationships between Korean native black goats and foreign breeds for line preservation and for fundamental information to determine breed improvement strategies.

Keywords: genetic diversity, genetic relationship, Korean native black goat, microsatellite (MS) marker



OPEN ACCESS

Citation: Kang HC, Kim KW, Kim EH, Myung CH, Lee JG, Lim HT. Genetic diversity and relationship analyses of the Korea native black goat line using microsatellite markers. Korean Journal of Agricultural Science 48:693-702. <https://doi.org/10.7744/kjoas.20210058>

Received: July 29, 2021

Revised: August 31, 2021

Accepted: September 02, 2021

Copyright: © 2021 Korean Journal of Agricultural Science



This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

Introduction

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; Zeder and Hesse, 2000; MacHugh and Bradley, 2001; Suh et al., 2012; 2014; Park et al., 2019). 국내 재래흑염소의 기원에 대한 고고학적 증거는 찾을 수 없지만 역사적 문헌은 2,000년 전부터 한반도에서 사육되었다고 기록되어있다(Son, 1999; Kim et al., 2019).

2007년 동물유전자원 멸종 방지를 위한 인터라켄 선언(Interlaken declaration)의 세계행동계획(Global Plan of Action, GPA) 발표 이후, 국가 고유 품종의 유전자원이 보육국 자산으로 인정되었기 때문에 재래가축 유전자원 확보의 중요성이 강조되면서 고유 품종의 표현형적 특성뿐만 아니라 분자생물학적 분석을 이용한 유전적 다양성, 타 품종과의 유연관계 등 유전적 특성 분석에 관한 연구가 다양하게 수행되고 있다(Suh et al., 2015; Yang, 2018; Park et al., 2019). 그리고 이러한 재래 유전자원의 특성을 규명하고 이를 근거로 한 집단 육성을 통한 계통 보존이 매우 중요한 시점에 있다(Lee et al., 2010). 국내 재래흑염소는 국립축산과학원 가축유전자원센터에서 보존하는 장수, 통영 및 당진 3계통과 경상국립대학교 부속 동물사육장에서 보존하고 있는 경상대 계통이 국제연합 식량농업기구(Food and Agriculture Organization of the United Nations, FAO)의 가축다양성정보시스템(Domestic Animal Diversity Information System, DAD-IS; <http://www.fao.org/home/en/>)에 등록되어 유지되고 있다(Lee et al., 2020). 한국 재래흑염소는 가축다양성정보시스템에 등록된 국내 유일의 염소 품종이지만, 순수 재래흑염소 품종보다 교잡종이 더 많이 사육되고 있으며, 현재까지 재래흑염소에 대한 유전적 다양성 평가 및 타 품종과의 유연관계 분석에 관한 연구도 매우 미비한 실정으로 보다 폭넓은 분석이 필요하다(Kim et al., 2012; Suh et al., 2012; Park et al., 2019).

계통분류학적 연구는 1990년대 중반부터 재래가축의 유전적 다양성, 유래와 계통, 유전적 특성 및 보존 등의 목적을 위하여 microsatellite (MS) marker를 널리 이용하기 시작했다(Ciampolini et al., 1995; Moazami-Goudarzi et al., 1997; Peelman et al., 1998; Blott et al., 1999; Loftus et al., 1999; Martin-Burriel et al., 1999; Ruane, 1999; Schmid et al., 1999; Choy et al., 2015). MS marker는 non-coding 부위에 존재하는 1 - 6 bp의 단순 염기서열이 반복되는 부분으로 다른 표지인자에 비해 효과적인 표지인자이며, 유전체상의 분포도, 높은 변별력 및 검출이 간편하고, 그 변이가 다음 세대에 안정적으로 전달된다고 알려져 있다. 또한 MS marker는 유전변이가 높아 집단 간의 관계 및 분포, 근친 정도 파악, 계통 분류 및 개체 식별에 대한 접근이 용이 하다고 알려져 있다(Tautz, 1989; Delgado et al., 2011; Fernandez et al., 2013; Suh et al., 2013; Choy et al., 2015; Lee and Eo, 2016; Kim et al., 2020).

따라서 본 연구는 재래흑염소 계통에 대한 유전적 거리 및 유전적 다양성을 분석하여, 재래 유전자원 확보뿐만 아니라 교배방식, 육종 목표설정 등 능력 개량에 있어 기초 자료로 활용하고자 수행하였다.

Materials and Methods

공시 동물

국립축산과학원 가축유전자원센터의 재래흑염소 당진 계통 102두, 장수 계통 122두, 통영 계통 117두와 경상국립대학교 부속동물농장의 재래흑염소 경상국립대학교 계통 37두 그리고 외래교잡종 13두를 제공받아 총 391두의 gDNA를 이용하여 본 연구를 실시하였다.

Multiplex PCR 조성 및 방법

본 연구에 활용된 Multiplex PCR을 위한 MS marker는 재래흑염소에 대한 MS marker 선행연구의 정보를 바탕으로 11개 MS marker를 1개 set로 Table 1에 제시하였다(Lee et al., 2020). Multiplex PCR은 template DNA 100 ng을 2 μ L, 10 \times buffer 3 μ L, dNTP 10 mM을 2.5 μ L, MS marker primer mixture 8.25 μ L, HS Taq 1.25 Unit (Genetbio, Daejeon, Korea)에 증류수를 조성하여 최종 부피 25 μ L로 반응하였다. Multiplex PCR은 touchdown 방식으로 수행하였으며, multiplex PCR 조건은 95°C에서 15분간 denaturation을 실시한 후 94°C에서 60초, 60°C에서 75초, 72°C에서 60초를

10회 반복 후, 94°C에서 60초, 59°C에서 75초, 72°C에서 60초를 10회 반복하였다. 마지막으로 94°C에서 60초, 58°C에서 75초, 72°C에서 60초를 25회 반복한 후 65°C에서 30분간 elongation 후 8°C에서 종료하였다.

MS marker 유전자형 분석

Multiplex PCR product를 ABI-3730 자동염기서열 분석장치(Applied Biosystems, Waltham, USA)를 전기영동을 수행하고, GeneScan version 5 (Applied Biosystems, Waltham, USA)를 통해 크기와 표식자의 종류별로 분류한 후 Microsoft Excel (Microsoft, Redmond, USA)을 이용하여 자료를 취합하였다.

Table 1. Chemical composition of the experimental diets (as-basis).

Locus	Fluorescence-dye	Size range (bp)
<i>BM4621</i>	FAM	133 - 157
<i>BM1329</i>		169 - 186
<i>INRA011</i>		214 - 271
<i>BM2830</i>	VIC	98 - 135
<i>BM6526</i>		157 - 190
<i>SRCRSP8</i>		211 - 256
<i>MAF065</i>	NED	110 - 160
<i>SRCRSP5</i>		164 - 191
<i>CSRD247</i>		219 - 253
<i>BM302</i>	PET	141 - 165
<i>P19 (DYA)</i>		171 - 210

통계 및 유연관계 분석

Microsoft Excel을 이용하여 취합한 자료를 바탕으로, MS marker들의 allele frequency, allele의 분포, 다형성지수인 이형접합율과 polymorphism information content (PIC) 등의 기초분석은 CERVUS Ver. 3.0.7 (Marshall et al., 1998)을 이용하였다. Weir와 Hill (2002) 추정법에 의한 F -통계량(F_{ST} , F_{IT} , F_{IS} 및 pairwise- F_{ST})은 GENEPOP Ver. 4.7.3 (Raymond and Rousset, 1995)에서 가공된 값을 FSTAT Ver. 2.9.4 (Goudet, 2001)에 활용하여 추정하였고, F -통계량 추정치에 대한 유의성 검정은 Goudet (2001)의 방법으로 permutation test를 10,000회 수행하였으며, 계산된 확률값(P)은 type I error를 줄이기 위하여 Bonferroni 보정법을 적용하였다. 대립유전자의 분포와 Nei (1972)의 방법으로 D_A 유전적 거리지수 matrix 추정을 위한 분석 프로그램에 적용 가능한 입력 자료 형태로의 가공은 microsatellite analyzer (MSA) Ver. 4.05 (Dieringer and Schlitterer, 2003)를 사용하였고, 계통 및 개체 간 D_A 유전적 거리지수 matrix는 PHYLIP Ver. 3.695 package (Felsenstein, 2004)를 이용하여 neighbor-joining (NJ) 방법(Saitou and Nei, 1997)에 의한 phylogenetic tree를 추정하는데 사용하였고, NJ phylogenetic tree의 분절점에 대한 확률 추정치는 1,000회 반복된 bootstrap resampling 방법을 활용하였다. 그 후, SplitsTree 4 (Huson and Bryant, 2006)를 이용하여 NJ phylogenetic tree의 구축과 모식화를 수행하였고, 계통 간의 유연관계 및 유전적 상관을 확인하기 위해서 각 marker별 대립유전자 빈도를 이용한 주좌표 분석(PCoA, principal coordinates analysis)은 GenAlEx 6.4 (Peakall and Smouse, 2006) 프로그램을 이용하여 분석하였다.

Results and Discussion

11개 MS marker를 활용한 다형성 분석

11개의 MS marker에 대하여 allele frequency, allele의 분포, 이형접합율, PIC, F -통계량의 기초 분석 결과를 Table 2에 제시하였다. allele의 분포가 가장 많은 marker는 *INRA011*로 16개가 측정되었으며, marker의 다형성을 나타내는 기대이형접합율, PIC의 수치가 가장 높은 marker 또한 *INRA011*로 확인되었다. 11개의 marker의 기대이형접합율 값은 0.81 (*INRA011*)에서 0.547 (*P19DYA*)로 평균 0.681로 측정되었으며, PIC값은 0.784 (*INRA011*)에서 0.495 (*BM302*)로 평균 0.64로 측정되었다. Botstein 등(1980)은 기대이형접합율의 값이 0.6 이상이고, PIC의 값이 0.5 이상인 marker는 높은 다형성을 가지고 활용하기에 효율적인 marker이며, PIC의 값이 0.25 - 0.5사이일 경우 활용하기에 적합한 marker라고 보고하였다. 따라서 본 연구에 사용된 11개의 MS marker는 연구에 활용되기에 적합한 marker 구성으로 판단된다. F_{ST} 는 다른 집단 내에 개체 간 이형접합체 감소 정도를 나타내는 지수이며, 집단 간 유전적 유사도를 확인하는데 이용한다. F_{IT} 는 전체 집단에 대한 유전적 고정 정도를 나타내는 지수이며, F_{IS} 는 각 집단별 이형접합체 감소 정도를 나타내는 척도로 집단 내 유전적 고정 정도에 따른 근친의 정도를 파악하는데 활용된다. F -통계량은 수치가 높을수록 집단 내 개체 간 상관 정도가 높은 것을 의미하며, 수치가 낮을수록 근친도가 낮음을 뜻한다. F_{ST} 는 0.212 (*SRCRSP8*)부터 0.091 (*BM4621*) 사이에 존재하고 평균 0.148로 확인되었으며, F_{IT} 는 0.206 (*SRCRSP8*)부터 0.057 (*INRA011*) 사이에 존재하고 평균 0.127, F_{IS} 는 0.018 (*MAF065*)부터 -0.094 (*INRA011*) 사이에 존재하고 평균 -0.025로 확인되었다.

재래흑염소 계통의 유전적 다형성 분석

Table 3에 계통 별 기초 분석 결과를 제시하였으며, 가장 많은 대립유전자는 장수 계통에서 5.636, 가장 적은 대립유전자는 경상국립대학교 계통에서 2.818개로 확인되었다. 기대이형접합율, PIC의 수치가 가장 낮게 나타난 계통 또한 경상국립대학교 계통으로 각각 0.434, 0.356으로 확인되었으나, 이는 Botstein 등(1980)이 보고한 PIC 수치가 0.25 - 0.5의 범주에 속하므로 11개의 marker를 유전적 다양성 연구에 활용하기 적합하다고 생각된다. 또한 Takezaki와 Nei (1996)은 이형접합율이 0.3 - 0.8을 충족하여야 유전적 다양성을 분석하는데 활용가능 하다고 하였으며, 본 연구에서 사용된 재래흑염소 계통 별 관측이형접합율 수치는 0.509 - 0.643, 기대이형접합율 수치는 0.434 - 0.623으로 유전적 다양성 분석이 활용 가능함을 검증하였다. 경상국립대학교 계통의 분석 수치가 활용에 적합하지만 재래흑염소의 다른 계통보다 경상국립대학교 계통의 수치가 낮은 것은 상대적으로 집단의 크기가 작아 다양성의 수치가 낮게 나타난 것으로 사료된다. 또한 집단별 이형접합체 감소 정도를 나타내는 척도로 집단 내 유전적 고정 정도에 따른 근친의 정도를 파악하는데 활용되는 F_{IS} 는 외래교잡종을 제외하고 장수 계통에서 -0.008로 가장 높게 확인되었으며, 경상국립대학교 계통에서 -0.173으로 가장 낮게 확인되었다. Suh (2014)가 보고한 내용에 따르면 가축은 제한된 증축을 이용한 계획적인 교배를 실시하기에 대부분의 연구 결과가 관측이형접합율 < 기대이형접합율의 경향을 보이지만, 관측이형접합율 > 기대이형접합율의 결과는 Hardy-Weinberg equilibrium (HWE) 법칙에 준한 이형접합체 초과 현상이라고 하였으며, 이는 F_{IS} 값에서 확인할 수 있다. 상대적으로 낮은 F_{IS} 값을 나타내는 재래흑염소 계통의 경우 근친도가 낮은 것으로 생각되며, 이는 특정한 교배조합으로 인한 결과로 낮은 근친도를 유지한 것으로 판단된다.

Table 2. Results of heterozygosity and inbreeding values for 11 microsatellite (MS) markers in black goat utilized in this study.

Locus	No. of allele	<i>H_{Obs}</i>	<i>H_{Exp}</i>	PIC	<i>F_{ST}</i>	<i>F_{IT}</i>	<i>F_{IS}</i>
<i>BM4621</i>	8	0.708	0.738	0.709	0.091	0.063	-0.031
<i>BM1329</i>	6	0.565	0.646	0.593	0.157	0.161	0.006
<i>INRA011</i>	16	0.793	0.810	0.784	0.138	0.057	-0.094
<i>BM2830</i>	8	0.586	0.651	0.605	0.119	0.129	0.011
<i>BM6526</i>	10	0.670	0.731	0.694	0.101	0.108	0.007
<i>SRCRSP8</i>	12	0.670	0.796	0.768	0.212	0.206	-0.009
<i>MAF065</i>	8	0.614	0.678	0.628	0.102	0.119	0.018
<i>SRCRSP5</i>	9	0.565	0.632	0.596	0.167	0.145	-0.027
<i>CSRD247</i>	7	0.650	0.694	0.650	0.145	0.099	-0.054
<i>BM302</i>	8	0.499	0.571	0.495	0.199	0.172	-0.034
<i>P19(DYA)</i>	10	0.491	0.547	0.516	0.203	0.150	-0.067
Mean	9.273	0.619	0.681	0.640	0.148	0.127	-0.025

H_{Obs}, observed heterozygosity; *H_{Exp}*, expected heterozygosity; PIC, polymorphism information content; *F_{ST}*, variance of allele frequencies within populations; *F_{IT}*, variance of allele frequencies between populations; *F_{IS}*, inbreeding coefficient of an individual relative to the total population.

Table 3. Results analysis of 11 microsatellite markers of black goat utilized in each line.

line	Number of animal	No. of allele	<i>H_{Obs}</i>	<i>H_{Exp}</i>	PIC	<i>F_{IS}</i>
TY	117	5.091	0.633	0.603	0.554	-0.05
JS	122	5.636	0.624	0.618	0.567	-0.008
DJ	102	5.091	0.643	0.623	0.560	-0.033
GNU	37	2.818	0.509	0.434	0.356	-0.173
FG	11	6.727	0.573	0.820	0.758	0.309
Mean of line	-	5.073	0.596	0.620	0.559	0.015

H_{Obs}, observed heterozygosity; *H_{Exp}*, expected heterozygosity; PIC, polymorphism information content; *F_{IS}*, inbreeding coefficient of an individual relative to the total population; TY, Tong-yeong line; JS, Jang-su line; DJ, Dang-jin line; GNU, Gyeongsang national university line; FG, foreign crossbred line.

재래흑염소 계통 간의 유전거리 및 유연관계

본 연구에 활용된 재래흑염소와 외래교잡종 계통에 대한 유전적 유연관계를 확인하기 위해 계통 간의 D_A 유전적 거리를 Table 4에 제시하였다. 통영 계통과 장수 계통의 유전거리가 0.293으로 가장 근접하게 확인되었으며, 외래교잡종과 경상국립대학교 계통의 유전거리가 0.685로 가장 멀었다. 외래교잡종과 재래흑염소 계통 간의 유전적 거리는 멀었으며(TY [Tong-yeong line]: 0.628, JS [Jang-su line]: 0.605, DJ [Dang-jin line]: 0.592, GNU [Gyeongsang national university line]: 0.685), 이는 유전적 차이가 상대적으로 많다는 것을 의미한다. 통영 계통은 타 재래흑염소 계통에 유전적 거리가 상대적으로 인접했으며(JS: 0.293, DJ: 0.398, GNU: 0.413), 장수 계통은 당진 계통보다 경상국립대학교 계통과 인접했고(DJ: 0.414, GNU: 0.381), 당진 계통은 경상국립대학교 계통과 재래흑염소 계통 내에서 가장 먼 유전적 거리를 나타내었다(0.499). 따라서 재래흑염소 계통 내에서 통영 계통과 장수 계통은 유전적 차이가 적고, 당진 계통 경상국립대학교 계통은 유전적 차이가 상대적으로 큰 것으로 판단된다. 또한 Kim 등(2011)은 한국재래염소가 하나의 품종으로 우리나라에서 사육되어 오면서 품종 내 교배로 외부 유전자 유입이 적었을 것으로 추정하였고, 외래교잡종은 재래흑염소의 유전정보를 보유하고 있지만, 본 연구의 결과로 재래흑염소 계통과 외래

교잡종의 유전적 차이를 확인할 수 있다. 따라서 유전자원으로 재래흑염소의 독자적인 고유성을 인정하는 자료로 생각된다. 또한 여러 외래종 개체를 추가 확보 및 분석을 수행한다면, 재래흑염소와 외래종과의 유전적 차이 및 유전적 거리, 품종 별 유연관계 등의 규명이 가능할 것으로 사료된다. 외래교잡종과 재래흑염소 계통의 11개 MS marker 대립유전자 빈도를 활용한 PCoA 분석 결과는 Fig. 1에 시각화하였다. 외래교잡종은 재래흑염소에 비해 먼 군집을 이루었으며, 당진 계통은 재래흑염소의 타 계통과 상대적으로 멀리 군집을 형성하였고, 통영, 장수, 경상국립대학교 계통은 인접한 위치에 군집을 형성하는 것을 확인하였다. 이는 통영, 장수, 경상국립대학교 계통의 유전적 차이는 상대적으로 적다는 것으로 생각되며, 재래흑염소 개체수 확보를 통해 명확한 재래흑염소 계통 간 유연관계를 확인할 수 있을 것으로 사료된다. 그리고 재래흑염소와 외래교잡종에 대한 유전적 유연관계를 확인하기 위해 개체들의 D_A 유전적 거리에 대한 phylogenetic tree를 작성하여 Fig. 2에 제시하였다. 외래교잡종은 재래흑염소 계통에 비해 유전적 거리가 확연히 먼 것으로 확인되었으며, 재래흑염소 계통에 소수의 개체가 다른 재래흑염소 계통의 개체와 밀접한 유전적 거리를 가지는 것으로 확인되었으나, 재래흑염소 계통 별 군집으로 형성되는 경향을 나타내었다. 이는 재래흑염소 계통들이 유전적으로 밀접해 있다는 것을 뜻하며, 경상국립대학교 계통, 통영 계통과 장수 계통이 당진 계통보다 유전적 차이가 적은 이유는 지리적으로 당진보다 통영, 장수, 경상국립대학교가 위치한 진주가 지리적으로 인접해 있기 때문에 유전적 다양성을 위한 이주, 인공수정 등의 유전적 유입이 용이하여 밀접하게 군집화 이루어진 것으로 판단된다.

본 연구는 MS marker를 활용해 재래흑염소 계통 및 개체의 유연관계와 유전적 다양성에 대한 분석을 실시하였으며, 재래흑염소는 유전적 고정보다 특정 집단의 크기가 작았음에도 전체적으로 다형성을 나타냄을 확인하였다. 따라서 이러한 결과를 바탕으로 재래흑염소를 활용한 외래종과의 유전적 유연관계를 분석하는데 활용 가능할 것이며, 재래흑염소를 주요 가축유전자원으로써 유전 능력 개량을 위한 육종 목표 방향 설정과 미래 유전자원으로 재래흑염소 계통 보존에 있어 기초 자료로 활용 가능할 것으로 판단된다.

Table 4. D_A genetic distance between line calculated by the Nei's method.

line	TY	JS	DJ	GNU	FG
TY					
JS	0.293				
DJ	0.389	0.414			
GNU	0.413	0.381	0.499		
FG	0.628	0.605	0.592	0.685	

TY, Tong-yeong line; JS, Jang-su line; DJ, Dang-jin line; GNU, Gyeongsang national university line; FG, Foreign crossbred line.

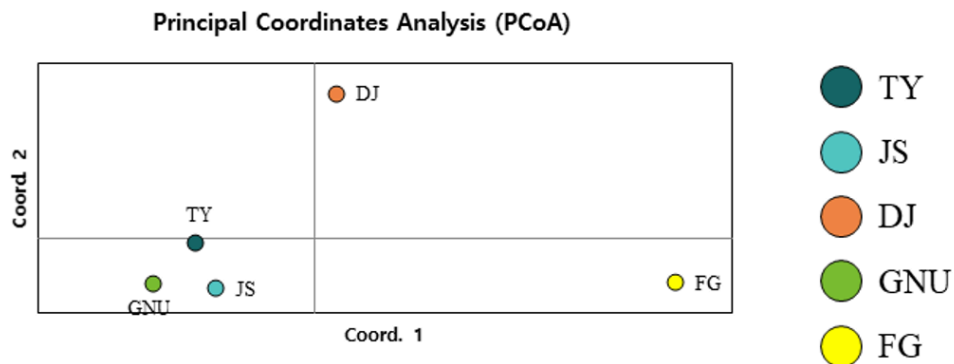


Fig. 1. Results of principal coordinates analysis (PCoA) using allele frequency by line with GenAlEx 6.4. TY, Tong-yeong line; JS, Jang-su line; DJ, Dang-jin line; GNU, Gyeongsang national university line; FG, foreign crossbred line.

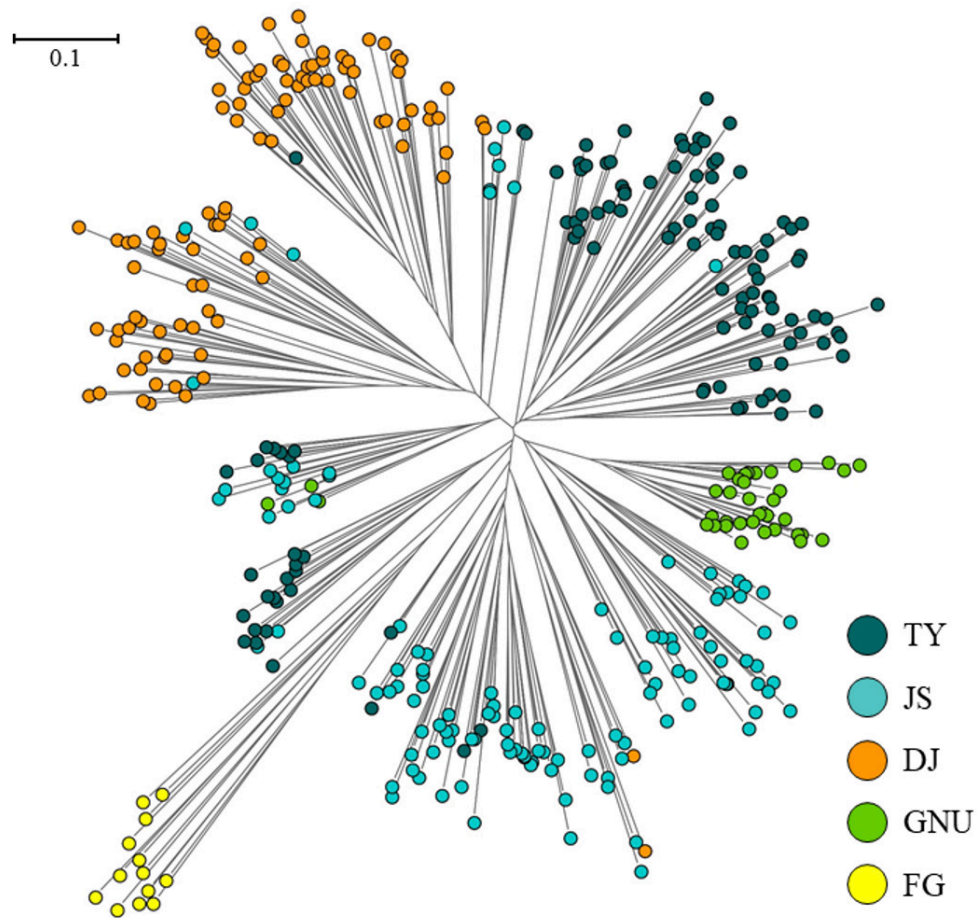


Fig. 2. Neighbor-Joining tree method among individuals, using Nei's D_A genetic distance index analysis results from 11 microsatellite loci. TY, Tong-yeong line; JS, Jang-su line; DJ, Dang-jin line; GNU, Gyeongsang national university line; FG, foreign crossbred line.

Conclusion

재래흑염소에 대한 유전적 다양성 평가 및 타 품종과의 유연관계 분석에 관한 연구가 매우 미비한 실정이기에 본 연구는 재래흑염소 계통에 대한 유전적 거리 및 유전적 다양성을 분석하기 위해 실시하였다. 11개의 MS marker를 활용하여, 재래흑염소 및 외래교잡종 391두에 대한 대립유전자형을 분석하였고, 그 결과를 토대로 유전적 다양성 지수를 측정하였다. 재래흑염소 4계통에 대하여, 관측이형접합율은 0.509 - 0.643, 기대이형접합율은 0.434 - 0.623, 그리고 PIC은 0.356 - 0.567의 범주를 나타내어, 유전적 다양성 연구 활용에 적합한 수치를 나타내었다. 계통별 주좌표 분석, 개체 별 phylogenetic tree 작성을 수행한 결과 재래흑염소 계통과 외래교잡종은 명확히 구분되었으며, 재래흑염소의 각 계통 별 군집화가 되는 경향을 보였다. 본 연구의 결과를 바탕으로 재래흑염소를 활용한 외래종과의 유전적 유연관계를 분석하는데 활용 가능할 것이며, 재래흑염소를 주요 가축유전자원으로써 유전 능력 개량을 위한 육종 목표 방향 설정과 미래 유전자원으로 재래흑염소 계통 보존에 있어 기초 자료로 활용 가능할 것으로 판단된다.

Conflict of Interests

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

Acknowledgements

Cooperative research program for agriculture science and technology development (Project PJ0160032021) from the Korean Rural Development Administration.

Authors Information

Ho-Chan Kang, <https://orcid.org/0000-0002-2948-5895>

Kwan-Woo Kim, Animal Genetics Resources Research Center, National Institute of Animal Science, RDA, Researcher

Eun-Ho Kim, <https://orcid.org/0000-0002-0882-8377>

Cheol-Hyun Myung, <https://orcid.org/0000-0001-8697-1657>

Jung-Gyu Lee, Department of Animal Science, Gyeongsang National University, Professor

Hyun-Tae Lim, <https://orcid.org/0000-0001-6221-4942>

References

- Blott SC, Williams JL, Haley CS. 1999. Discriminating among cattle breeds using genetic markers. *Heredity* 82:613-619.
- Botstein D, White RL, Skolnick M, Davis RW. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics* 32:314-331.
- Choy YH, Seo JH, Park B, Lee SS, Choi JW, Jung KS, Kong HS. 2015. Studies on genetic diversity and phylogenetic relationships of Chikso (Korea native brindel cattle) using the microsatellite marker. *Journal of Life Science* 25:624-630. [in Korean]
- Ciampolini R, Moazami-Goudarzi K, Vaiman D, Dillmann C, Mazzanti E, Foulley JL. 1995. Individual multilocus genotypes using microsatellite polymorphisms to permit the analysis of the genetic variability within and between Italian beef cattle breeds. *Journal of Animal Science* 73:3259-3268.
- Delgado JV, Martinez AM, Acosta A, Alvarez LA, Armstrong E, Camacho E, Canon J, Cortes O, Dunner S, Landi V, et al. 2011. Genetic characterization of Latin-American Creole cattle using microsatellite markers. *Animal Genetics* 43:2-10.
- Dieringer D, Schlatterer C. 2003. Microsatellite analyser (MSA): A platform independent analysis tool for large microsatellite data sets. *Molecular Ecology Resources* 3:167-169.
- Felsenstein J. 2004. A package of programs for inferring phylogenies (version 3.63). Accessed in <http://evolution.gs.washington.edu/phyip.html> on 18 January 2021.
- Fernandez ME, Goszczynski DE, Liron JP, Villegas-Castagnasso EE, Carino MH, Ripoli MV, Rogberg-Munoz A, Posik DM, Peral-Garcia P, Giovambattista G. 2013. Comparison of the effectiveness of microsatellites and SNP panels for genetic identification, traceability and assessment of parentage in an inbred Angus herd. *Genetics and Molecular Biology* 36:185-191.
- Goudet J. 2001. FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3). Accessed in <https://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm> on 14 August 2005.
- Huson HD, Bryant D. 2006. Application of phylogenetic networks in evolutionary studies. *Molecular Biology and Evolution* 23:254-267.

- Kim HJ, Kim HJ, Jang A. 2019. Nutritional and antioxidative properties of black goat meat cuts. *Asian-Australas. Journal of Animal Science* 32:1423-1429.
- Kim HR, Lee JW, Go MJ, Park JE, Kim MJ, Baek YC, Park SH, Lem DJ, Lee SD, Choi BH. 2020. Development of a new microsatellite markers for individual identification and paternity evaluation in Hanwoo. *Journal of Agriculture & Life Science* 54:75-83. [in Korean]
- Kim JH, Byun MJ, Ko YG, Kim SW, Do YJ, Kim MJ, Yoon SH, Choi SB. 2012. Phylogenetic analysis of Korean native goats based on the mitochondrial cytochrome b Gene. *Journal of Animal Science and Technology* 54:241-246. [in Korean]
- Kim JH, Cho CY, Choi SB, Cho YM, Yeon SH, Yang BS. 2011. mtDNA diversity and phylogenetic analysis of Korean native goats. *Journal of Life Science* 21:1329-1335. [in Korean]
- Lee BJ, Eo SH. 2016. Current trends in forest science research using microsatellite markers in Korean national journals. *Korean Journal of Agricultural Science* 43:221-231. [in Korean]
- Lee KW, Oh JD, Lee JA, Cho KY, Nam IS, Lee JE, Seo OK, Jeon GJ, Lee HK, Kong HS. 2010. Estimation of genetic characteristic and cumulative power of discrimination using the microsatellite markers in Korean native chicken. *Korean Journal of Poultry Science* 37:81-87. [in Korean]
- Lee SH, Kang HC, Lee SS, Lee J, Kim EH, Myung CH, Kim KW, Lim HT. 2020. Development of a microsatellite marker set for the individual identification and parentage verification of Korean native black goats. *Korean Society of Life Science* 30:912-918. [in Korean]
- Loftus RT, Ertugrul O, Harba AH, El-Barody MAA, MacHugh DE, Park SDE, Bradley DG. 1999. A microsatellite survey of cattle from a centre of origin: The near east. *Molecular Ecology* 8:2015-2022.
- MacHugh DE, Bradley DG. 2001. Livestock genetic origins: Goats buck the trend. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 98:5382-5384.
- Marshall TC, Slate J, Kruuk LEB, Pemberton JM. 1998. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Molecular Ecology* 7:639-655.
- Martin-Burriel I, Garcia-Muro E, Zaragoza P. 1999. Genetic diversity analysis of six Spanish native cattle breeds using microsatellites. *Animal Genetics* 30:177-182.
- Moazami-Goudarzi K, Laloe D, Furet JP, Grosclaude F. 1997. Analysis of genetic relationships between 10 cattle breeds with 17 microsatellites. *Animal Genetics* 28:338-345.
- Nei M. 1972. Genetic distance between populations. *The American Naturalists* 106:283-292.
- Park BY, Kim YS, Seong J, Kong HS. 2019. Analysis of genetic diversity and relationships of Korean native black goat using microsatellite markers. *The Korean Society of Animal Reproduction and Biotechnology* 34:183-189. [in Korean]
- Peakall R, Smouse PE. 2006. GenALEX 6: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology* 6:288-295.
- 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. *Animal Genetics* 29:161-167.
- Porter V. 1996. *Goats of the world*. Farming Press, Ipswich, UK.
- Raymond M, Rousset F. 1995. GENEPOP (version 1.2): Population genetics software for exact tests and ecumenicism. *Journal of Heredity* 86:248-249.
- Ruane J. 1999. A critical review of the value of genetic distance studies in conservation of animal genetic resources. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 116:317-323.
- Saitou N, Nei M. 1997. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution* 4:406-425.
- Schmid M, Saitbekova N, Gaillard C, Dolf G. 1999. Genetic diversity in Swiss cattle breeds. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 116:1-8.
- Son YS. 1999. Production and uses of Korean native black goat. *Small Ruminant Research* 34:303-308.

- Suh S, Cho CY, Kim JH, Choi SB, Kim YS, Kim H, Seong HH, Lim HT, Cho JH, Ko YG. 2013. Analysis of genetic characteristics and probability of individual discrimination in Korean indigenous chicken brands by microsatellite marker. *Journal of Animal Science and Technology* 55:185-194. [in Korean]
- Suh SW. 2014. Molecular genetic evaluation of Korean domestic animal genetic resources using microsatellite markers. Ph.D. dissertation, Gyeongsang National Univ., Jinju, Korea.
- Suh SW, Byun MJ, Kim YS, Kim MJ, Choi SB, Ko YG, Kim DH, Lim HT, Kim JH. 2012. Analysis of genetic diversity and relationships of Korean native goat populations by microsatellite markers. *Journal of Life Science* 22:1493-1499. [in Korean]
- Suh SW, Cho CY, Byun MJ, Choi SB, Kim YS, Kim MJ, Ko YG, Kim DH, Lim HT, Kim JH. 2014. Establishment of a microsatellite marker set for individual identification in goat. *Journal of Agriculture & Life Science* 48:157-164. [in Korean]
- 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. *Journal of Agriculture & Life Science* 49:57-65. [in Korean]
- Takezaki N, Nei M. 1996. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic tree from microsatellite DNA. *Genetics* 144:389-399.
- Tautz D. 1989. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucleic Acids Research* 17:6463-6471.
- Weir BS, Hill WG. 2002. Estimating F-statistics. *Annual Review of Genetics* 36:721-750.
- Yang DY. 2018. Study on the genetic polymorphism of Hanwoo using MS marker information. Ph.D. dissertation, Hankyong National Univ., Anseong, Korea.
- Zeder MA, Hesse B. 2000. The initial domestication of goats (*Capra hircus*) in the Zagros Mountain 10,000 years ago. *Science* 287:2254-2257.