

혈액단백질 다형과 Microsatellite loci 분석을 통한 한국 토종개의 기원고찰

하지홍, 탁연빈¹, 김종봉², 이성은, 김경석

경북대학교 유전공학과, 경북대학교 수의학과, 효성카톨릭대학교 생물학과²

1. 서론

토종개란, 그 지역의 기후풍토에 적응하여 오랫동안 우점종으로 살아남은 개 집단을 총칭하는데, 한국 토종개라는 범주에는 한반도에서 오랜 기간 적응하여 살아남은 온갖 형태의 개가 다 포함될 수 있다. 이런 토종개의 모습은 옛 그림 속에서 찾아볼 수 있는데, 이는 당시 화가들의 눈을 통해 흔하게 볼 수 있던 개들이 그림으로 재현되어 있기 때문이다. 조선시대 개 그림들을 보면 참으로 다양한 모습의 개들이 있다. 풍속화가 신윤복의 그림에는 서양의 소형 애완견 같은 개들이나 치와와 같이 바짝 마르고 주둥이가 뾰족한 개들이 등장하기도 하며, 한때 김홍도 그림으로 알려진 바 있는 맹견도에는 마스티프 같은 싸움개 품의 대형 단모종 개가 그려지기도 했다.

이같이 다양한 모습의 개들이 모두 우리 토종개였지만 일제 강점기와 해방 후 서양문물의 무제한적 도입기를 통해 토종개들의 유전자 구성이 크게 변화되면서 우리 개에 대한 통념 또한 많이 바뀌게 되었다. 해방 후 서양개들이 들어오면서 개를 품종에 따라 구분한다는 생각을 사람들이 갖게 되었으며, 순종, 견종 표준이란 용어에 익숙해지면서 한때는 잡종견이 토종개라는 말과

동의어처럼 쓰이기도 했다. 그러나 이러한 혼란기를 거치면서, 잡종화되지 않고 하나의 고유품종으로 보존된 다수의 토종개 집단이 남아 있다는 사실은 다행스런 일이라 아니할 수 없다. 천연기념물인 진돗개, 풍산개, 삼살개가 이 들이며, 국가공인을 받지 못했지만 제주도의 축산시험장에서 사육되고 있는 제주개도 있다. 이들은 형태 다양성은 많이 잃어 버렸지만 토종개로서의 유전자 구성은 그대로 유지되고 있는 바, 한국개의 기원을 연구하기 위한 유전자 자원으로써 그 가치는 대단히 큰 것으로 사료된다.

지금까지 동물의 품종을 구분하는 방법은 외적 형태특징 이라든지, 행동양태 또는 성품의 비교를 통해 주로 이루어져 왔다. 그러나 분자생물학의 발전은 생물학 전반에 엄청난 영향력을 미치기 시작했으며, 특히 동물분류학, 진화생물학, 육종학 등에도 새로운 변화를 가져오게 되었다. 이는 동물의 품종을 정하는데 있어서, 보다 근원적 차원인 DNA, 단백질 차원에서 생물 종들을 규정하여 집단간의 유연관계를 추정할 수 있게 되었기 때문이다. 멸종위기 동물로 규정된 바 있는 미국 동남부 지역의 붉은 늑대의 교잡종 여부에 대한 논란은 걸모습만으로는 해결할 수 없는 오랜 숙제였으나 회색늑대와 코요테의 mtDNA

sequencing과 microsatellite loci 분석을 통해 종식된 바, 분자생물학적 연구방법의 신뢰성을 보여 주는 하나의 예로서 주목된다.

그 동안 우리 토종개들의 혈통과 유전자구성 및 기원에 대한 연구가 분자생물학적 차원에서 상당한 수준으로 이루어져 왔다. 혈액단백질 다형 분석에 의한 삼살개의 혈통연구, mtDNA RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) 분석에 의한 한국토종개들의 혈통연구, RAPD(Random Amplified Polymorphic DNA) 분석에 의한 동양견 8품종의 혈연연구, 개 mtDNA sequencing에 의한 분류학적 연구 등의 내용과 결과는 한국개의 유전자구성과 그 특질을 규명하는데 있어서 필요 충분한 자료들로 사료된다.

이제 이같은 연구결과들은, 그 동안 추측만으로 주장되던 우리 토종개들의 북방 유래설의 진위여부를 가늠할 만큼 충분히 축적되었으며, 아시아 토종개들 가운데서 우리 개들의 위치를 확정해서 그 기원을 따져볼 만큼 정리되었다고 하겠다.

2. 아시아토종개들의 외형특징

대부분의 동아시아 중형 견들은 귀가 서고 꼬리가 들려 올라가며 단모종이다. 일본의 천연기념물인 아끼다견, 기주견, 북해도견, 중국의 차우차우, 우리 나라의 진돗개, 풍산개들이 모두 비슷한 외형특징을 지닌다. 그러나 특이한 형태의 장모종 견들도 존재하는데 소형견 중에는 시추, 페키

니스, 썬 등이, 중형견으로는 티벨 테리어와 삼살개가 있으며 이들은 모두 귀가 누웠다(그림 1).

이렇듯, 다양한 외형적 특징들을 지닌 여러 동양개들의 유래와 혈통적 연관 관계는 오랫동안 많은 사람들의 관심거리 였으나, 형태적 특징만으로는 그 비밀을 풀 수 없는 것이 지금까지의 현실이었다. 그러나 외형적 기준 가운데 개들의 근연 관계 추정에 활용될 수 있는 특징적 마크가 몇 가지 있다. 이들 형태적 특징들은 유전성이 크며, 그 자체가 지리적 분포에 따른 특징을 나타내며, 진화적 연관 관계를 보여주는 것들인데 액단의 깊이, 설반의 존재여부 등이 중요하게 여겨진다. 귀와 꼬리 모양은 품종에 따른 특성으로 종의 근연 관계 추정에 쓰일 수는 없으나, 우리 개들의 이러한 형태적 특징들이 Table 1에 품종별로 정리 되어있다.

분자 생물학적인 접근 이전에 형태적 특징을 먼저 개관해 보도록 한다.

① 額段

개의 이마로부터 코로 내려오는 두개골 모양을 따라 꺾이는 각도가 다른데, 각도가 큰 경우 액단이 깊다고 하고, 깊을수록 가축화 진행 정도가 큰 것으로 간주하며, 개의 진화적 유연관계 추정에 쓰이는 중요한 수단이 된다(Tanabe, 1996). 삼살개와 진돗개는 모두 깊은 액단을 가지고 있

Table 1. Distribution of body types in Korean native dog breeds (太田克明 et al., 1990; Ha et al., 1997)

Species	Number of dogs	Tongue Spots (%)	Dew claw (%)	Ear (%)			Tail (%)			Stop (%)		
				Erect	Half erect	Drop	Downward	Upward	Curled	Shallow	Middle	Deep
Sapsaree	300	2.0	18.3	0.0	1.0	99.0	8.5	41.9	49.6	0.0	0.0	100
Jindo dog	210	1.9	3.6	5.7	5.7	0.0	0.0	46.4	53.6	0.0	0.0	100
Chejudo dog	125	2.4	4.0	11.2	11.2	1.6	3.2	84.8	12.0	0.0	2.4	97.6

Fig 1. Asian native dog breeds



으며, 대부분의 일본개들도 한국개들처럼 액단이 깊다. 그러나 일본 남쪽 끝의 유구(琉球)지방과 북쪽 끝단의 북해도에서 얇은 액단의 개가 많이 발견되는데, 유구견의 경우 50%가 액단이 얇은 개이고, 북해도견의 경우는 18%가 중간 정도

의 액단을 가지고 있다. 인도개와 동남아개들은 95%정도가 얇은 액단의 개들인데 유구견, 북해도견들은 남방개의 혈통을 많이 받은 것으로 추정된다.

② 舌斑

혀에 있는 검푸른 반점을 설반이라 이르는데, 한국개 모두 2% 내외의 개들에게서 발견되고 있다. 설반은 생존, 적응에 대한 도태압과 무관하며, 개의 계통탐구에 중요한 단서를 제공하고 있다. 아시아 지역에서는 대만, 인도네시아 등의 남방계통 개에서 발현빈도가 높으나 한국 및 몽고 등 북방계통의 개에서는 거의 발견되지 않는다. 일본개 중에서 아키타견, 기주견등에서는 발현빈도가 낮으나, 북해도견 갑배견 등에서는 높은 점을 미루어 보아, 낮은 개들은 한국개의 혈통을 이어 받은 것으로 추정하고 있다.(Tanabe, 1996)

③ 耳型

야생의 늑대는 선귀를 가지는데, 외부변화에 민감히 반응하며, 의지표현을 다양하게 할 수 있기에 선귀가 편리하다. 가축화의 정도가 진행되면서, 귀가 쳐지고 커지는데, 진도, 제주개와는 대조적으로 거의 모든 삼살개들은 쳐진 귀를 가지고 있다. 몽고 재래개와 소수의 복사할린 개에서 쳐진귀의 개를 볼 수 있을 뿐, 아시아 전역의 대부분 중형개들은 진돗개처럼 선귀들인데, 유독 삼살개만이 예외적인 것은 삼살개가 북방개 등과 혈연적 유대가 깊다는 것을 암시한다(Tanabe 1996). 그러나 아시아권 개이면서 소형 애완견 중에는 쳐진귀를 가진 품종이 다수 있는데 일본의 쥘, 중국의 퍼그등이다.

④ 尾型

Table 1에서 보는 것처럼 진돗개의 경우, 말린 정도의 차이는 있지만 쳐진 꼬리를 가진 개는 없었으며, 모두가 위로 향한 꼬리였었다. 삼살개는 말린 꼬리와 선 꼬리의 비율이 진돗개와 비슷한

양상을 보였으나, 8.5%에 해당하는 개들이 쳐진 꼬리를 하고 있었으며, 제주개는 대부분 선 꼬리를 하고 있었다. 개의 가축화는 쳐진 꼬리에서 선 꼬리로 진행되는데, 몽고 재래개의 경우만 제외하고는 대부분 아시아 개들의 꼬리는 위로 들려 있다. 삼살개 집단 중의 8.5%에 해당하는, 쳐진 꼬리개는 몽고개들의 유전자 흔적이 아닌가 추측된다.

3. 혈액단백질 다형 분석

개는 지구상에서 가장 먼저 가축화된 동물로서 연구자들에 따라 가축화된 연대가 잘 일치하지 않고 있다. Boessneck(1985)는 기원전 12,000년, Clutton-Brock (1995)는 기원전 30,000년 설을 주장하고 있으나, 개와 늑대의 mtDNA 염기서열 비교분석을 행한 Vila(1997)는 기원전 10만 년설을 주장하기도 한다. 개의 늑대 기원설도 연구자들간에 의견이 불일치 되는데, 비교적 체구가 작은 늑대인 아라비아 늑대(*Canis lupus arabs*)가 비옥한 초승달지역(현 시리아 지역)에서 가축화 된 후 전세계로 퍼져 나갔다는 설이 지금까지 정설로 받아들여졌으나, 혈액단백질 다형 연구와 mtDNA 염기서열 분석 결과는, 호주의 덩고가 인도늑대(*Canis lupus pallipes*)와 관련이 깊고, 서양 대형견들이 유럽늑대(*Canis lupus lupus*)와, 그리고 동양토종견들이 티벳늑대(*Canis lupus chanco*)와 혈연적 연관이 있음을 밝혔다. 따라서 지역늑대들의 개별가축화 또는 개와 늑대의 빈번한 교잡 가능성이 거론되고 있는 현실이다. 그러나 분명한 것은 개의 조상은 늑대라는 사실과 개의 혈연연구는 개뿐만 아니라 토종개를 길러온 인종의 기원도 밝힐 수 있다는 점이다. 혈액단백질 다형 연구는 개의 진화적 연관성 연구에 적절하며 신뢰할만한 접근 방법임이 확인되었다. 이같은 맥락에서, Tanabe 교수는 일본 인종의 기

원을 밝히기 위해 아시아 토종개 30여 품종을 포함한 50여 품종 4,000여두 개의 혈액단백질 다형을 분석하여 개들의 진화적 연관 관계를 밝힌 바 있다. 혈액단백질 다형이란 혈액 내 존재하는 여러 가지 단백질 중에서 개의 품종간에 변이, 즉 다형 현상을 보이는 단백질을 선정하는 작업부터 선행되는데 실험에 활용된 단백질들은 16가지로서, Pa, Alb, Poa, Ptf, Tf, Es, Lap, Akp, Hb, Es-2, Es-3, Pac, To, Gmoa, Gmog, GPI, 등이 있다. Tanabe는 4,000여두 모든 개들에 대해 16가지 단백질들의 allelotype을 전기영동법으로 밝혔

며, 이들 data를 수합하여 대립형질 출현빈도의 주성분 분석을 행하여 최종결과를 Scatter diagram으로 나타내었다(그림 2).

진돗개, 삼살개, 제주개 등의 400여두의 연구결과가 포함된 그림2는 우리토종개의 진화적 연관에 대해 대단히 흥미 있는 사실들을 밝히고 있는데 한국개, 일본개, 서양개들의 상대적인 혈연적 연관성을 명확히 보여주었다. 우리 토착견인 삼살개, 진돗개, 제주개의 유전적 거리 분석을 한 결과, 세 품종간의 혈연관계가 다른 나라 어떠한 품종들보다도 서로 간에 더 가깝게 나타났다.

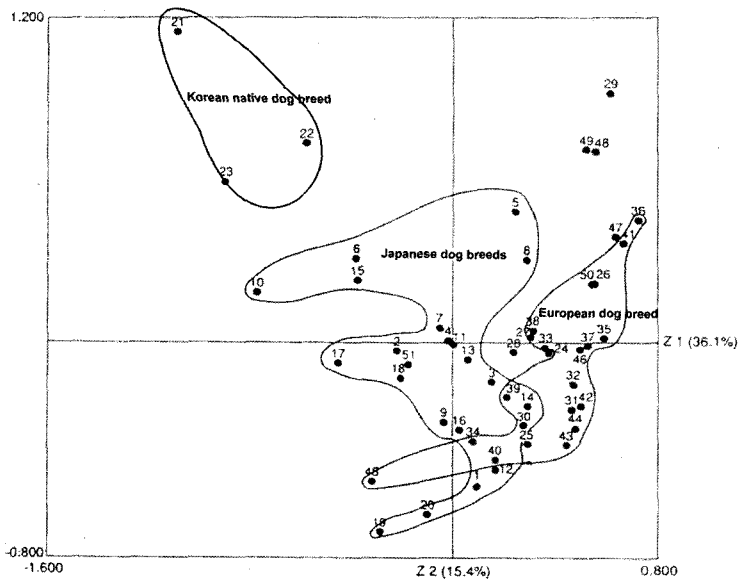


Fig 2. Relative position of 1 dog breeds defined by the principal components of the distance matrix based on variance analysis of gene frequency at 1 polymorphic loci

1. Hokkaido dog, 2. Akita dog, 3. Kai dog, 4. Kishu dog, 5. Shikoku dog, 6. Shiba dog(san'in), 7. Shiba dog(Shinshu), 8. Shiba dog(Mino), 9. Shiba dog(Shiba Inu Hozonkai), 10. Mikawa dogs, 11. Tanegasima dogs, 12. Yakushima dogs, 13. Amamioshima dogs, 14. Iriomotejima dogs, 16. Mie hunting dogs(Shima), 16. Mie hunting dogs(Nanto), 17. Tsushima dogs, 18. Iki dogs, 19. Ryukyu dog(Yanbaru), 20. Ryuku dog(Ishigaki), 21. Jindo dog, 22. Sapsaree, 23. Chejudo dog, 24. Taiwan native dogs, 25. Banglodesh native dogs, 26. Chin, 27. Pug, 28. Chow Chow, 29. Pekingnese, 30. Pointer, 31. Maltese, 32. Boxer, 33. German shepard, 34. Scotland Sheepdog, 35. Beagle, 36. Pomeranian, 37. Poodle, 38. Dogberman Pinsher, 39. Poodle, 40. Dachshund, 41. Yorkshire Terrier, 42. Dalmatian, 43. Cocker Spaniel, 44. English Setter, 45. Nihon Spitz, 46. Middle-Asian Sheepdog, 47. Caucasian Sheep dog, 48. Kaika, 49. Eskimo dog, 50. Siberian Husky(American), 51. North Sahalin native dogs (Tanabe, 1996)

이는 외적 모양만을 볼 때 진돗개, 제주개, 일본 토착개들과 거의 구별할 수 없을 만큼 닮았으나, 혈연적으로는 관계가 멀다는 것을 뜻하는 바, 외형적인 특성보다도 생화학적 표지자에 의한 유전자 빈도 연구가 더욱 신뢰할 수 있는 품종 구분의 기준이 될 수 있다는 것을 극명하게 보여주었다. 한국개들은 하나의 독립된 집단으로 그룹을 이루며, 셰파르트, 요크셔테리어, 푸들로 대표되는 서양개들과는 뚜렷이 구별되었다. 이들 서양개 그룹과 한국개 그룹의 중간에 일본개 그룹이 위치하는데 지리적 거리와 혈연적 거리 사이에 관련성을 보여주고 있는바, 일본개들 중에서는 일본열도 중심부에 서식하는 San'in shiba견, 아끼다견, Mie 사냥개가 제주개와 비교적 가까운 것으로 나타나 있다. 또한 한국개들처럼 다른 견종들로부터 멀리 떨어져 있는 에스키모개는 러시아개인 laika, 코카시안 목양견과 유연관계가 가장 가까운 것으로 드러났다. 그러나 무엇보다도 주위 대부분 개품종들과 혈연적으로 구분되는 한국개 집단의 특수한 혈연적 원거리성을 보여주고 있다는 점에서 배달민족인 한국인종의 단일성을 간접적으로 증거 하는 중요한 자료로 사료된다(그림 2).

4. Microsatellite loci 분석

혈액단백질 다형 분석법보다 더 근본적인 차원에서의 비교방법들 즉, DNA차원에서의 다형 비교 방법들이 최근 개발 활용되고 있다. 이들 중에는 RAPD(random amplified polymorphic DNA)법, 특정 유전자의 염기서열비교법, VNTR (variable number of tandem repeats)을 이용한 DNA 지문법 등이 있으나 최근 microsatellite loci 분석법이 법의학 분야에서의 친자감별, 염색체 지도작성의 표지자로서 널리 활용되고 있으며, 동물 종간의 근연 관계 비교에도 유용함이 확인된 바 있다. 김(김, 1998)은 9종의 STR primer를 이용하여

아시아 지역 토착개 11품종 211두를 대상으로 microsatellite loci를 조사 분석하였다. 이들간의 유연관계 분석을 위해 두 가지 접근 방법을 시도 하였는데, 첫째는, 유전자 빈도에 의한 유전적 거리를 dendrogram으로 나타낸 것이고(그림 3), 둘째는 2-dimensional scattering diagram으로 개 집단 상호간의 유연관계를 알아본 것이다(그림 4). 이들 두 가지 방법을 이용하여 아시아 견종 집단 상호간에 지리적 관계나, 집단간 교잡이 있는 후에 어떠한 그룹으로 나누어 질 수 있는지를 조사하였다.

9종의 STR primer에서 얻은 11집단의 allele frequency로부터 상호간 pairwise비교를 했으며, Nei 공식을 따라 얻은 결과를 다시 matrix phylogeny program 인 KITSCH program에 적용하였다. 그림 3에서 나타낸 것 처럼 몇 경우를 제외하고 대체로 각 견종들이 서식하고 있는 지역을 기초로 한 근연관계를 보여주고 있다. 즉 한국개인 진돗개와 삼살개가 한 그룹, 일본개인 아키다와 북해도견이 각각 같은 그룹을 형성하는 등, 한국, 일본, 중국, 에스키모개 등은 서로 분리되었으나, 사할린과 대만개는 서로 다른 지리적 위치에 거주함에도 동일한 그룹을 이루었다. 경북지역에서 수집한 무작위 잡종개들은 진돗개나 삼살개보다 사할린과 대만견에 더 가깝게 위치하였으며 일본개중 시바견이 다른 모든 아시아 견종들과 유연관계가 먼 것으로 드러났다.

두 번째 접근방법, 즉 이차원적인 연관 관계를 조사하는 주성분 분석(principal component analysis)을 행한 결과를 정리하였다(Table 2). 1차 주성분의 경우 한국견과 사할린 견종이 매우 높은 minus 값을 가지고 있으며, 일본견의 일부와 중국견과 대만견의 경우 plus 값을 가지고 있었다. 또한 2차 주성분의 경우 시바견을 제외한 일본견 3품종만이 높은 minus값을 가지고 있었다. 또한, 한국견종들은 비교적 비슷한 방향성과 수치를

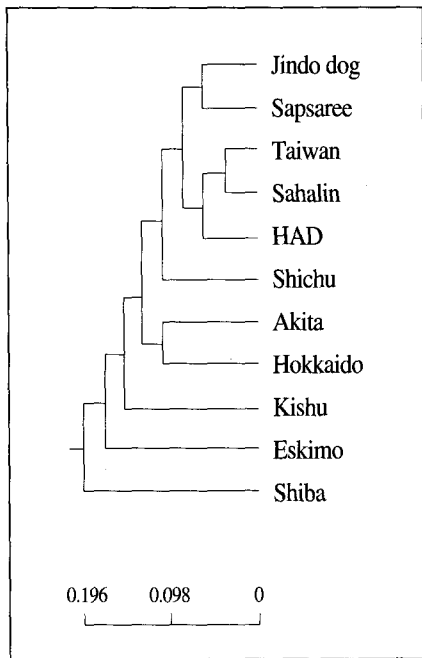


Fig 3. Phenogram showing the genetic distance among 11 Asian dog population from the gene frequencies of 9 variable microsatellite loci (김, 1998)

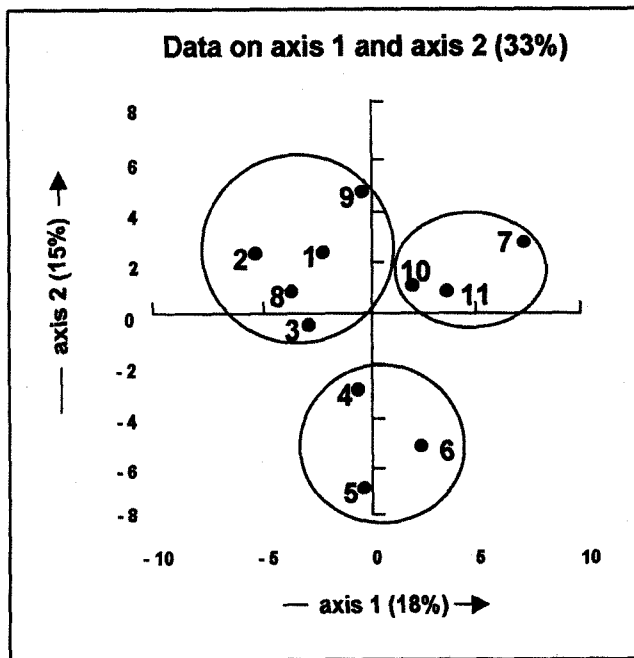


Fig 4. Relative position of 11 Asian dog populations defined by the first (axis 1) and the second (axis 2) largest principal components based on correlation matrix from gene frequency at 9 microsatellite loci.

1. Sapsaree, 2. Jindo dog, 3. HAD, 4. Kishu dog, 5. Hokkaido dog, 6. Akita dog, 7. Shiba dog, 8. Sahalin dog, 9. Eskimo dog, 10. Taiwan dog, 11. Shichu dog (김, 1998)

Table 2. Standardized scores of the 11 dog populations for the first three principal components (Kim et al., 1998)

Geoup	Breed/population	Principal component		
		1st	2nd	3rd
Korea	(1) Sapsaree	-1.9536	2.1460	1.8518
	(2) Jindo dog	-5.1039	2.0860	4.7290
	(3) HAD	-3.0711	-0.4010	-3.9230
Japan	(4) Kishu dog	-0.5872	-3.0616	3.8886
	(5) Hokkaido dog	-0.2348	-6.6486	1.5578
	(6) Akita dog	2.2816	-4.6184	-1.5274
	(7) Shiba dog	7.2942	2.7199	1.8658
Sahalin	(8) Sahalin dog	-4.4236	0.8678	-4.9570
Eskimo	(9) Eskimo dog	-0.3047	4.7286	0.7266
Taiwan	(10) Taiwan dog	2.1935	1.3414	-1.7446
China	(11) Shichu dog	3.9098	0.8399	-2.4677

가지는 등 유사한 근연 관계가 있음을 알 수 있으며, 일본 견종의 경우는 다양한 분포로 흩어져 있음을 추정할 수 있었다. 이로부터 추정할 수 있는 바, 3종류 한국개들은 에스키모, 사할린개와 한 그룹을 형성하고 있고, 시바견을 제외한 일본 견종들 역시 한 그룹을 형성하고 있으며, 대만 견종은 중국종인 시추와 매우 가까운 거리를 유지하고 있었을 뿐만 아니라 시바견과도 근접하고 있음을 알 수 있었다.

따라서 이 결과는 첫 번째 방법의 결과인 그림 3의 phylogenetic tree를 어느 정도 뒷받침 해주고 있으나, 대만견과 사할린개의 위치에서 차이를 보이고 있다. 그러나 두 가지 분석방법에서 공히 한국개들은 서로 근접하여 동일군으로 모여며, 외국개 중에서는 에스키모개 및 사할린개와 가장 가까운 혈연 관계를 보였다.

5. 한국개의 기원

개의 진화적 연관 관계를 가장 잘 보여주는 형태 특징인 액단, 설반의 출현빈도 등을 볼 때 한국

개들은 북방 유래견임을 알 수 있다. 이는 남방견의 영향을 많이 받은 일본개들과는 달리 삽살개, 진돗개, 제주개 공통의 특징으로 드러난다. 혈액단백질 분석 결과 역시 북방견들인 에스키모개, 사할린개들과 우리 토종개들이 가장 근연관계임을 확인하였다.

DNA 차원에서 보여준 *microsatellite loci* 분석 결과 또한 혈액단백질 다형 연구 결과와 크게 다르지 않는 북방견 기원임을 보여주고 있다. 최근에 행해진 이같은 일련의 연구들로부터 얻을 수 있는 대단히 흥미 있는 또 하나의 결론은 겉모습의 차이에도 불구하고 삽살개와 진돗개는 유전적 배경이 대단히 흡사한 토착개 집단이라는 사실이다. 겉모습만 볼 때 진돗개는 기주개, 야기다개 등의 일본 토종개들과 흡사하며, 삽살개의 경우 크기는 다르지만 장모종인 중국의 시추와 닮았으나, 겉모습이라는 표현형질보다는 생존도태압 중립인 혈액 단백질 다형 같은 생화학적 형질과 DNA 차원의 유전적 다형이 더욱 신뢰할만하다는 것을 명확히 보여주었다.

(사사) 이 논문은 수암장학문화재단의 지원으로 이루어졌음

참고문헌

- Boessneck J. 1985. Domestication and its sequelae. *Tieraerztl Prax.* 13(4):479-497.
- Clutton-Brock J. 1995. *Origins of the dog : domestication and early history.* Surpell J ed. 7-20, Cambridge University Press, Cambridge.
- Kim, K. S., Lee, S. E., Jeong, H. W. and Ha, J. H. 1998. The Complete Nucleotide Sequence of the Domestic Dog(*Canis familiaris*) Mitochondrial Genome. *Molecular Phylogenetics and Evolution.* Volume 10-2 : 210-221)
- Tanabe, Y. 1991. The origin of Japanese Dogs and their Association with Japanese People. *Zoological Science.* 8:639-651.
- Tanabe, Y. 1996. 日本犬の起源とその系統. *日本獣醫學會雜誌.* 49(4):221-226.
- Vila, C., Sarolainen, P., Maldonado, J. E., Amorim, I. R., Rice, J. E., Honeycutt, R. L., Crandall, K. A., Lundeberg, J. and Wayne, R. K. 1997. Multiple and ancient origins of the domestic dog. *Science.* 276:1687-1689.
- 김경석. 1998. 개(*Canis familiaris*)미토콘드리아 유전체 분석 및 *Microsatellite Loci* 비교를 통한 품종간 유연관계 조사. 경북대학교 이학박사 학위논문.
- 太田克明, 森幹雄, 水谷正俊, 宋永義, 田名部雄一, 安田高彌, 武藤範幸, 宮川博充, 廣瀬靖子, 工藤忠明, 柳在根. 1990. 台灣ならびに韓國在來犬の外部形態調査結果. 在來家畜研究會報告. 1:27-50.
- 하지홍, 김중봉, 탁연빈. 1997. 고유견 삼사리의 보호육성에 관한연구(II). 한국과학재단, KOSEF 94-0402-08-01-3.