

## Microsatellite Marker를 이용한 한우 브랜드 집단의 유연관계와 유전적 구조 분석

오재돈 · 공홍식 · 이제현 · 문선정<sup>1</sup> · 전광주 · 이학교\*

한경대학교 유전정보연구소, <sup>1</sup>축산물등급판정소

### The Genetic Relationship between Regional Population of Hanwoo Brands (Korean Cattle) Using Microsatellite Markers

J. D. Oh, H. S. Kong, J. H. Lee, S. J. Moon<sup>1</sup>, G. J. Jeon, and H. K. Lee\*

Genomic Informatics Center, Hankyong National University, Ansong-city 456-749, Korea

<sup>1</sup>Animal Products Grading Service, Gunpo-city 435-010, Korea

#### ABSTRACT

Nine brand populations of Hanwoo cattle were characterized using 11 microsatellite DNA markers. The studied populations were: Ansong, Yangpyang, DaeGwanryeng, Palkongsangkangwoo, Hoengseong, Jangsu, Sumjinkang, Hadong, Namhae. The observed heterozygosity, expected heterozygosity, and polymorphism information content were calculated. Allele frequencies were calculated and used for the characterization of each brand population and to study their genetic relationships. Genetic distances were estimated using Nei's DA genetic distance and the resultant DA matrix was used in the construction of phylogenetic trees. The NJ tree showed that Ansong and Yangpyang, Sumjinkang and Jangsu, Namhae and Hadong are closely related and are considered to have undergone genetic exchange within the same locale. This study will contribute to the local Hanwoo brand industry.

**Key words** : Microsatellite, Genetic, Phylogenetic, Hanwoo

#### 서론

대규모 식품사고의 빈번한 발생과 그에 따라 표면화된 식품의 허위표시사건으로 인해 식품 및 식품 공급자에 대한 소비자의 불신은 현저하게 높아졌다. 축산물은 소비자에게 원산지가 명확하지 않는 수입육 및 국내산 육우(젓소 비육우)가 둔갑되어 판매되는 현상이 심각한 상황이며 또한 의도적이지 않은 경우에도 소의 개체 식별체계(귀표)의 오류 등의 원인으로 완벽한 원산지 정보 연계의 어려움에 따라 유전자 감식 기법의 도입을 통한 원산지 정보의 진위 여부 확인을 위한 제도적인 추진을 검토하고 있다(Lee *et al.*, 2004).

또한 건강 및 식육에 대한 소비자들의 관심과 요구도 단순히 양적인 측면에서 안정성과 질 위주로 변화하고 있으며, 특히 생산지(브랜드)뿐 아니라 생산에서 소비에 이르는 유통과정상의 신뢰성을 중요하게 생각하고 있다(Lim

*et al.*, 2005).

따라서 한우집단의 유전적 다양성과 지역별 한우집단의 상호 유전적 유연관계에 관한 분석은 향후 한우산업의 다양한 생존전략을 구축하는데 매우 유용한 정보를 제공하게 될 것으로 보인다. 유전자원의 중요성이 부각되면서 품종내 특성을 파악하고, 타 품종간 유연관계 및 유전적 특성에 관한 연구가 다양하게 제시되고 있다(Mannen *et al.*, 1993b; Lee *et al.*, 2000; Arranz *et al.*, 1996; Blott *et al.*, 1999). 최근 사용되고 있는 분석방법으로는 초위성체 DNA (MS: microsatellite genotyping)의 개체별 유전자형 발현 현상을 이용한 유전자 감식 방법이 사용되고 있다(Lee *et al.*, 2004). Microsatellite marker(MS)는 유전적 다양성이 높고 동물 계통 전반에 걸쳐 분포한다는 특성을 가지고 있어 집단내 또는 집단간 유전적 유연관계 및 다양성을 추정하는데 널리 활용되고 있다(Barker *et al.*, 1997; Peelman *et al.*, 1998; Martin *et al.*, 1999; Li *et al.*, 2000; Ritz *et al.*, 2000; Bjornstad *et al.*, 2003). 그러나 MS분석을 통한 한우의 유전적 분석은 미흡한 실정이며 개체간의 동정은 물론 타 품종 간의 정확한 식별에 사용 가능성 여부에 대한 연구(Yoon *et al.*, 2005)가 수행되고 있으나 미

\*Corresponding author : Hak-Kyo Lee, Genomic Informatics Center, Hankyong National University, 67 Sukjong-dong, Ansong-city, Kyongi-do 456-749, Korea. Tel: 82-31-670-5332, Fax: 82-31-675-5331, E-mail: breedlee@empal.com

비한 실정이다. 또한 세계적으로 유전자원의 보존에 관한 관심이 부각되면서 다양한 방법에 따라 유전자원의 유전 특성을 분석하여 각 품종의 유전적 특성을 파악하고 타 품종과의 차별화에 노력을 기울이고 있다(Lim *et al.*, 2005; Maudet *et al.*, 2002; MacHugh *et al.*, 1998; Martin-Burriel *et al.*, 1999; Peelman *et al.*, 1998; Schnabel *et al.*, 2000).

따라서 본 연구의 목적은 이러한 microsatellite를 이용한 유전자 감식 기법을 통해 쇠고기 이력추적시스템을 실시하고 있는 국내 9개 브랜드 한우집단을 대상으로 11종의 microsatellite 각 좌위에 대한 대립유전자형 빈도와 분포를 기초로 브랜드에 분포된 집단간 유전적 유연관계 및 유전적 다양성을 분석하여 향후 한우의 지역별 유전자원 특화 브랜드화를 위한 기초자료를 제시하고자 한다.

## 재료 및 방법

### 분석대상집단

공시재료로는 쇠고기 이력추적시스템에 참여하는 9개 브랜드의 643두에서 도축시 조직을 채취하여 DNA를 확보하고 본 실험에 공시재료로 이용하였다.

### Isolation of genomic DNA

조직으로부터 genomic DNA 분리는 채취된 조직을 lysis solution과 혼합한 후 70°C에서 2시간 정도 배양하였다. 배

양된 tube에 10 mg/mL의 농도 RNase을 잘 섞어주고 다시 1시간 정도 배양한다. 다시 proteinase K를 첨가한 후 5시간 정도 배양하고 다시 phenol을 첨가한다. 원심분리 후 새로운 tube에 상층액을 옮기고 chloroform을 넣고 다시 원심분리 후 2배의 에탄올을 첨가하여 DNA 가닥이 엉키도록 용액을 조심스럽게 혼합하여 유리봉이나 피펫팅으로 엉킨 DNA를 새 tube로 옮긴후 70% 에탄올로 세척하고 건조된 DNA pellets은 3차 증류수로 용해하였다.

### Microsatellite marker의 선정 및 PCR 증폭 조건

본 실험에 활용된 microsatellite marker는 ISAG(국제동물유전학회)에서 소의 유전적 다양성 연구를 위해 개체 식별 및 친자 감정 등에 활용하도록 권장하는 11종으로 Table 1과 Table 2에 제시하였다. PCR증폭 반응은 형광 염색된 microsatellites의 색상과 대립 유전자의 크기별 분포 등을 고려하여 주로 multiplex PCR을 수행하였고, 일부의 microsatellites는 단일 marker로서 PCR을 수행하였다. GeneAmp 9700(Applied Biosystems)에서 각 반응액의 총량을 15  $\mu$ L PCR reaction으로 하고 약 10-100 ng/ $\mu$ L template DNA, 20 ng each primer, 1.25 mM each of dNTP, 0.5 U, of Taq DNA polymerases(AmpliTaq Gold with GeneAmp)과 3  $\mu$ L 10X PCR buffer mM(100 mM Tris-HCl, pH 8.3, 500 mM KCl, 0.01% gelatin, 0.25% nonidet P40 and 20 mM MgCl<sub>2</sub>)을 이용하여 95°C에서 10분간 첫 반응을 시작하여,

Table 1. DNA amplification primer used in the study

Primer	Primer sequence	Location on chromosome
TGLA227	CGAATTCCAAATCTGTTAATTTGCT ACAGACAGAACTCAATGAAAGCA	18
BM2113	GCTGCCTTCTACCAAATACCC CTTCCTGAGAGAAGCAACACC	2
TGLA53	GCTTTCAGAAATAGTTTGCAITCA ATCTTCACATGATATTACAGCAGA	16
ETH10	GTTCAGGACTGGCCCTGCTAACA CCTCCAGCCCCTTTCTCTTCTC	5
SPS115	AAAGTGACACAACAGCTTCTCCAG AACGCGTGTCTAGTTGGCTGTG	15
TGLA126	CTAATTTAGAATGAGAGAGGCTTCT TTGGTCTCTATTCTCTGAATATTCC	20
TGLA122	CCCTCCTCCAGGTAAATCAGC AATCACATGGCAAATAAGTACATAC	21
INRA23	GAGTAGAGCTACAAGATAAAC TAACTACAGGGTGTAGATGAACTCA	3
ETH3	GAACCTGCCTCTCCTTGCATTGG ACTCTGCCTGTGGCCCAAGTAGG	19
ETH225	GATCACCTTGCCACTATTTCTT ACATGACAGCCAGCTGCTACT	9
BM1824	GAGCAAGGTGTTTTTCCAATC CATTCTCCAAGTCTTCTTCTG	1

**Table 2. Genetic characteristics of 11 microsatellite loci in brand populations of Hanwoo**

Locus	No. of allele	PIC	H <sub>o</sub>	H <sub>e</sub>
BM1824	7	0.622	0.675	0.673
BM2113	9	0.676	0.702	0.717
ETH10	9	0.706	0.780	0.747
ETH225	9	0.632	0.632	0.671
ETH3	10	0.732	0.782	0.769
INRA23	11	0.757	0.770	0.785
SPS115	8	0.742	0.737	0.773
TGLA122	23	0.858	0.867	0.871
TGLA126	9	0.635	0.709	0.674
TGLA227	20	0.840	0.805	0.857
TGLA53	20	0.818	0.484	0.833

PIC : polymorphism information content.

H<sub>o</sub> : observed heterozygosity.

H<sub>e</sub> : expected heterozygosity.

94°C에서 45초, 각 microsatellites marker의 조건 따라 55-61°C에서 45초, 72°C에서 1분으로 31회 반복반응을 실시하고 신장 반응은 72°C에서 60분간 실시하고 마지막으로 25°C에서 2시간 실시하여 종료하였다.

### Microsatellite 유전자형 분석

PCR을 수행한 후 증폭산물들을 2%의 agarose gel에 전기영동하고 그 결과에 따라 희석배율을 정하고 희석배율에 따라 Formamide를 이용하여 희석하고, 다시 Formamide와 Genescan™-500 ROX™ standard를 잘 혼합하여, 16개의 capillary array를 장착할 수 있는 3130XL DNA sequencer(Applied Biosystems)를 사용하였다. Foundation Data Collection(version 3.0)을 사용하여 plate manage 및 run schedule을 정하고 PCR 단편들의 크기를 3차원 최소자승법(third order least squares method)으로 분석하였고, Genemapper(version 3.7)을 이용하여 microsatellites loci별 대립유전자들의 정확한 크기를 결정하였다.

### 통계분석 및 집단간 유연관계 분석

대립유전자형에 따라 관측된 이형질성(observed heterozygosity) 및 대립유전자 빈도는 MS Tool Kit S/W(Park *et al.*, 2000)를 이용하였으며 분석된 MS 좌위별 집단에 대한 전체 이형질성(HT)은 Nei(1972, 1978)의 방법을 통해 SAS Package을 사용하였다. 집단간 유연관계 분석을 위한 DA genetic distances의 추정에는 Nei 등(1983)의 방법을 사용하여 집단유전 분석프로그램인 DISPAN(Ota, 1993) package을 이용하여 계산하였으며, 또한 DISPAN을 이용하여 UPGMA(unweighted pair-group method with arithmetic average)(Sneath and Sokal, 1973)와 Neighbor-Joining(NJ)

method(Saitou and Nei, 1987)를 이용하여 유전적 거리를 근거로 phylogenetic tree를 작성하였다.

## 결과 및 고찰

분석된 11개의 MS 유전자형에 대한 결과를 Table 1에 요약하여 제시하였다. TGLA122의 경우 가장 많은 대립유전자를 보유하고 있는 것을 확인하였으며 PIC, 관측된 이형접합도(H<sub>o</sub>) 그리고 기대되는 이형접합도(H<sub>e</sub>) 모두에서 가장 높은 값을 나타내고 있음을 확인할 수 있었다. 임 등(2005)의 발표에 따르면 한우 163두에서 TGLA122의 대립유전자는 20개가 검출되었으며 PIC는 0.848, H<sub>e</sub>는 0.822로 확인되었다. 이는 본 연구에서 검출된 값보다 다소 낮게 나타났지만 이는 대상축군의 크기에서 오는 오차라 할 수 있으며 이러한 점을 감안한다면 매우 비슷한 양상을 보이고 있음을 알 수 있다. 또한 Hai-Guo 등(2005)이 보고한 중국의 재래품종들에 대한 연구결과에서는 TGLA122의 대립유전자는 11-13개 수준이며 PIC 값은 0.70-0.79로 검출되어 한우가 다른 재래축군에 비해 유전적 다양성이 다소 높은 것으로 추정 되어진다.

TGLA227과 TGLA53 역시 20개의 대립유전자가 검출되어 상당히 많은 수의 대립유전자를 보유하고 있음을 확인하였다. 하지만 TGLA227의 경우 PIC, H<sub>o</sub> 그리고 H<sub>e</sub> 모두 높은 값이 검출된 것을 확인할 수 있었지만 TGLA53의 경우엔 H<sub>o</sub>의 값이 0.48로 현저하게 낮게 나타난 반면 PIC와 H<sub>e</sub>는 0.81과 0.83으로 높게 나타나고 있음이 검출되었다. 이러한 결과는 TGLA53이 보유하고 있는 20개의 대립유전자들이 비록 이형접합이 이루어지지 않았다 해도 대립유전자의 발현빈도가 고르고 넓게 분포하고 있어 PIC와 H<sub>e</sub> 값이 높게 나타나고 있음을 알 수가 있다.

다음으로는 9개의 브랜드별 축군의 크기와 기대되는 이형접합도와 관측된 이형접합도를 Table 3에서 제시하였다. 팔공상강우는 기대되는 이형접합도가 0.773으로 가장 높게 나타났으며 양평개군한우는 관측된 이형접합도가 가장 높은 것으로 나타났다. 횡성한우의 경우 기대되는 이형접합도와 관측된 이형접합도가 모두 가장 낮은 값을(각 0.756, 0.695) 나타내고 있음을 확인하였다.

TGLA227의 경우는 전체 이형접합도가 0.8로 비교적 높게 나타났으며 9개의 모든 집단에서도 그 값이 균일하면서도 높게 나타났음을 확인할 수 있었다.

각 브랜드별 이형접합도를 확인한 결과 어느 정도 집단별 유전적 차이를 보이고 있음을 알 수 있었다. BM1824는 각 브랜드의 평균 이형접합도가 0.69로 검출되었지만 장수한우의 경우 0.563으로 낮게 나타났으며 횡성한우와 남해화전한우에서도 0.64로 비교적 낮은 값을 보였다. BM2113의 경우 평균 이형접합도는 0.68로 검출된 반면 안성마춤한우에서는 0.5로 낮게 검출되었으며 ETH225는

**Table 3. Expected, observed heterozygosity across 11 microsatellite loci for each brand populations of Hanwoo**

Population	Pop size	He	Ho
pg	69	0.773	0.746
as	42	0.770	0.712
yp	43	0.769	0.753
dg	132	0.758	0.723
hs	88	0.756	0.695
js	119	0.772	0.729
sj	107	0.766	0.739
hd	56	0.760	0.744
nh	57	0.759	0.702

He: expected heterozygosity, Ho: observed heterozygosity.

pg: 팔공상강한우, as: 안성마춤한우, yp: 양평개군한우, dg: 대관령한우, hs: 횡성한우, js: 장수한우, sj: 섬진강뜨레한우, hd: 하동솔잎한우, nh: 남해화전한우.

평균이형접합도가 0.64이며 남해화전한우는 0.54로 낮게 나타났다.

Table 4는 각 브랜드집단간의 유전적 유연관계를 알아보기 위하여 11개의 MS유전자표를 이용하여 유전적 거리(DA)를 계산하여 표로 나타낸 것이다. 각 브랜드집단의 평균 유전적 거리를 계산한 결과 창수한우가 0.028로 가장 낮은 값을 보유하고 있어 타 브랜드와의 유전적 거리가 비교적 가까운 것으로 나타났으며 안성마춤한우는 0.041로 가장 높은 평균값을 보유하고 있었다. Table 4에 따르면 남해화전한우는 안성마춤한우, 양평개군한우와의 유전적 거리가 0.049로 가장 멀게 나타났으며 안성마춤한우와

양평개군한우 사이의 유전적 거리도 0.045로 같은 경기지방에 존재하는 브랜드 집단임에도 불구하고 비교적 멀게 나타났음을 확인할 수 있었다.

반면, 같은 전북지역에 있는 장수한우와 섬진강뜨레한우는 0.014로 브랜드집단 간의 유전적 거리가 가장 가까운 것으로 나타났다.

Fig. 1, 2는 Table 5의 유전적 거리(DA)를 이용하여 NJ tree와 UPGMA tree를 작성하였다. 그림 1에 따르면 경기지역의 안성마춤한우와 양평한우가 같은 클러스터안에 묶여 있고 전북지역의 장수한우, 섬진강뜨레한우, 그리고 경남지역의 하동솔잎한우와 남해화전한우가 각각 같은 클러스터 안에 있음을 확인할 수 있었다. 또한 Fig. 2에서는 안성마춤한우가 가장 먼저 분화되었으며 다음으로 양평개군한우, 남해화전한우, 하동솔잎한우 순으로 분화되었음을 확인할 수 있었다. 장수한우와 섬진강뜨레한우간의 유전적 유연관계가 상당히 근접해 있음을 Fig. 1, 2에서 확인할 수 있었다. 또한 대관령한우와 횡성한우는 같은 강원도지역의 브랜드임에도 불구하고 두 집단간의 유전적 거리가 다소 먼 것으로 나타났다. 이는 강원도 산간지역의 환경적요인에 의해 두 집단간의 이동이 많지 않아 기인한 결과로 사료된다.

현재까지는 각 지역간의 밀소와 송아지등의 이동이 많았지만 광역브랜드 육성계획이 충실하게 진행됨에 따라 지역내에서 우수한 밀소의 생산을 통한 생산기반을 확보하기 위한 개량사업들이 진행되고 있어 타 지역으로 판매할 밀소가 없어지게 될 것이다. 따라서 이러한 생산기반을 확보하지 못한 브랜드 집단은 가까운 미래에 큰 문제에 봉착하게 될 것이다. 또한 이러한 추세는 각 지역 또

**Table 4. Observed heterozygosity 11 microsatellite loci for each brand populations of Hanwoo**

Locus	Population Brands								
	pg	as	yp	dg	hs	js	sj	hd	nh
BM1824	0.760	0.714	0.772	0.666	0.640	0.563	0.729	0.714	0.649
BM2113	0.774	0.500	0.636	0.727	0.719	0.789	0.719	0.660	0.631
ETH10	0.774	0.833	0.772	0.780	0.764	0.773	0.766	0.821	0.736
ETH225	0.647	0.690	0.613	0.666	0.606	0.672	0.607	0.714	0.543
ETH3	0.845	0.761	0.840	0.825	0.696	0.789	0.766	0.857	0.754
INRA23	0.774	0.833	0.750	0.742	0.741	0.781	0.850	0.696	0.789
SPS115	0.718	0.690	0.840	0.734	0.719	0.773	0.710	0.821	0.701
TGLA122	0.774	0.857	0.886	0.871	0.853	0.848	0.906	0.875	0.912
TGLA126	0.774	0.642	0.818	0.636	0.618	0.697	0.700	0.660	0.701
TGLA227	0.788	0.761	0.795	0.848	0.775	0.831	0.813	0.857	0.754
TGLA53	0.549	0.547	0.477	0.454	0.494	0.495	0.560	0.500	0.543
All loci	0.74	0.71	0.75	0.72	0.69	0.73	0.74	0.74	0.70

pg: 팔공상강한우, as: 안성마춤한우, yp: 양평개군한우, dg: 대관령한우, hs: 횡성한우, js: 장수한우, sj: 섬진강뜨레한우, hd: 하동솔잎한우, nh: 남해화전한우.

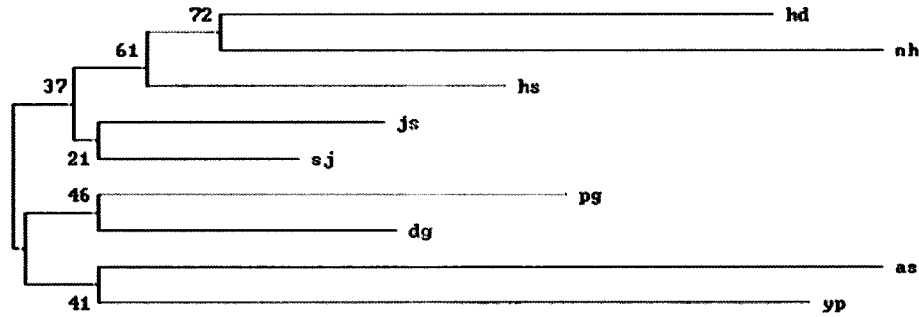


Fig. 1. The NJ phylogenetic tree of 9 brand populations using DA, The numbers indicate bootstrap values in percentage after 1000 re-sampling. pg: 팔공상강한우, as: 안성마춤한우, yp: 양평개군한우, dg: 대관령한우, hs: 횡성한우, js: 장수한우, sj: 섬진강뜨레한우, hd: 하동솔잎한우, nh: 남해화전한우.

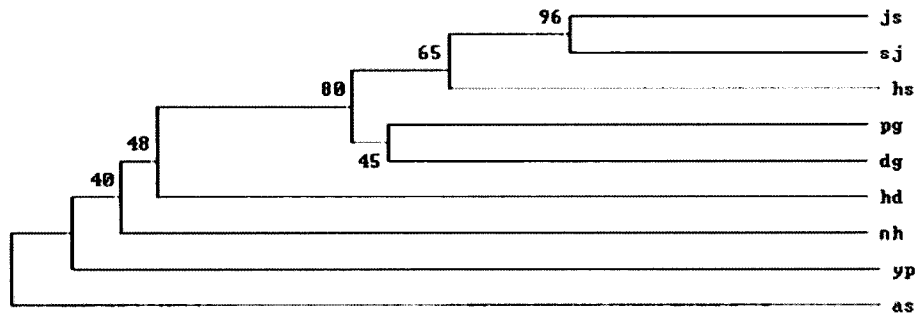


Fig. 2. The UPGMA phylogenetic tree of 9 brand populations using DA, The numbers indicate bootstrap values in percentage after 1000 re-sampling. pg: 팔공상강한우, as: 안성마춤한우, yp: 양평개군한우, dg: 대관령한우, hs: 횡성한우, js: 장수한우, sj: 섬진강뜨레한우, hd: 하동솔잎한우, nh: 남해화전한우.

Table 5. DA genetic distance matrix estimated from the frequencies of 11 microsatellite loci among the 9 brand populations of Hanwoo

	pg	as	yp	dg	hs	js	sj	hd	nh
pg	-								
as	0.0417	-							
yp	0.0413	0.0446	-						
dg	0.0227	0.0388	0.0302	-					
hs	0.0321	0.0433	0.0402	0.0232	-				
js	0.0221	0.0372	0.0389	0.0249	0.0214	-			
sj	0.0254	0.0337	0.0289	0.0205	0.0191	0.0143	-		
hd	0.0439	0.0433	0.0403	0.0353	0.0288	0.032	0.0295	-	
nh	0.0413	0.0493	0.0489	0.0408	0.0335	0.0316	0.0318	0.0362	-

pg: 팔공상강한우, as: 안성마춤한우, yp: 양평개군한우, dg: 대관령한우, hs: 횡성한우, js: 장수한우, sj: 섬진강뜨레한우, hd: 하동솔잎한우, nh: 남해화전한우.

는 브랜드 간의 유전적 차별성이 보다 명확해 질 것으로 추정된다.

### 감사의 글

본 연구는 농림기술관리센터 “BT·IT 융합기술을 활용한 한우 원산지추적 기술 개발” 과제의 지원으로 이루어진 연구결과의 일부이며 연구비 지원에 감사를 드립니다.

### 참고문헌

1. Arranz, J. J., Bayon, Y., and San Primitivo, F. (1996) Comparison of protein markers and microsatellites in differentiation of cattle populations. *Anim. Genet.* **27**, 415-419.
2. Barker, J. S. F., Tan, S. G., Selvaraj, O. S., and Mukherjee, T. K. (1997) Genetic variation within and relationships among populations of Asian water buffalo (*Bubalus bubalis*). *Anim. Genet.* **28**, 1-13.

3. Bjornstad, G., Nilsen, N. O. and Roed, K. H. (2003) Genetic relationship between Mongolian and Norwegian horses. *Anim. Genet.* **34**, 55-58.
4. Lim, H. T., Min, H. S., Moon, W. G., Lee, J. B., Kim, J. H., Cho, I. C., Lee, H. K., Lee, Y. W., Lee, J. G., and Jeon, J. T. (2005) Analysis and Selection of Microsatellite Markers for Individual Traceability System in Hanwoo. *J. Anim. Sci. Technol.* **47**, 491-500.
5. Lee, C. and Pollak, E. J. (2002) Genetic antagonism between body weight and milk production in beef cattle. *J. Anim. Sci.* **80**, 316-321.
6. Li, K., Chen, Y., Moran, C., Fan, B., Zhao, S. and 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.
7. Mannen, H., Tsuji, S., Loftus, R. T., and Bradley, D. G. (1998) Mitochondrial DNA variation and Evolution of Japanese Black Cattle (*Bos taurus*). *Genetics* **150**, 1169-1175.
8. Mannen, H., Tsuji, S., Mukai, F., Goto, N., and Ohtagaki, S. (1993) Genetic similarity using DNA fingerprinting in cattle to determine relationship coefficient. *J. Hered.* May-Jun; **84**, 166-169.
9. Martin-Burriel, I., Garcia-Muro, E., and Zaragoza, P. (1999) genetic diversity analysis of six Spanish native cattle breeds using microsatellites. *Anim. Genet.* **30**, 177-182.
10. Nei, M. (1972) Genetic distance between populations. *Anim. Nat.* **106**, 283-297.
11. Nei, M. (1978) Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* **89**, 583-590.
12. Nei, M., Tajima, F., and Tatenno, Y. (1983) Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *J. Mol. Evol.* **19**, 153-170.
13. Ota, T. (1993) DISPAN. Pennsylvania State University. PA. USA.
14. Peelman, L. J., Mortiaux, F., Van Zeveren, A., Dansercoer, A., Mommens, G., Coopman, F., Bouquet, Y., Burny, A., Renaville, R., and Portetelle, D. (1998) Evaluation of the genetic variability of 23 bovine microsatellite markers in four Belgian cattle breeds. *Anim. Genet.* Jun; **29**, 161-167.
15. Sneath, P. H. A. and Sokal, R. R. (1973) Numerical Taxonomy, Freeman, San Francisco, CA, USA.
16. Saitou, N. and Nei, M. (1987) The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic tree. *Mol. Biol. Evol.* **4**, 406-425.
17. 윤두학, 박응우, 이승환, 이학교, 오성중, 정일정, 홍기창. (2005) Microsatellite loci 분석에 의한 한우와 타 품종간의 유전적 유연관계, 한국동물자원과학회지 **47**, 341-354.

(2006. 12. 5. 접수/2007. 6. 28. 채택)