Korean Journal Of Agricultural Science

pISSN : 2466-2402
eISSN : 2466-2410

ANIMAL

Genetic diversity analysis of the line-breeding Hanwoo population using 11 microsatellite markers

Shil Jin[1,†], Jeong Il Won[1,†], Byoungho Park[2], Sung Woo Kim[1], Ui Hyung Kim[1], Sung Sik Kang[1], Hyun-Jeong Lee[1], Sung Jin Moon[1], Myung Sun Park[1], Hyun Tae Lim[3], Eun Ho Kim[3], Ho Chan Kang[3], Sun Sik Jang[1,*], Nam Young Kim[1,*]

[1]Hanwoo Research Institute, National Institute of Animal Science, Pyeongchang 25340, Korea
[2]Animal Breeding & Genetics Division, National Institute of Animal Science, Cheonan 31000, Korea
[3]Department of Animal Science, Gyeongsang National University, Jinju 52828, Korea

[†]These authors equally contributed to this study as a first author.
[*]Corresponding author: jangsc@korea.kr, rat1121@korea.kr

Abstract

The genetic diversity of three Hanwoo populations was analyzed using 11 microsatellite (MS) markers for the traceability of Hanwoo beef in this study. A total of 1,099 Hanwoo cattle from two populations (694 line-breeding and 405 general Hanwoo) at the Hanwoo Research Institute (HRI) of the National Institute of Animal Science and 1,171 Korean proven bulls (KPNs) were used for the analysis. Specific alleles of four markers (*ETH10*, *INRA23*, *TGLA122*, and *TGLA227*) were identified only in the line-breeding population, although at a low allele frequency (0.001 – 0.02). The genetic distance (Nei's *D*) between line-breeding Hanwoo and KPN was the greatest (0.064), whereas general Hanwoo and KPN were relatively close genetically (0.02); the distance between line-breeding and general Hanwoo was found to be 0.054. These results are expected because the HRI has performed closed breeding via selecting its line-breeding sires without utilizing KPN since 2009. Therefore, the line-breeding Hanwoo population of HRI show different genetic diversity from the KPN population, based on the 11 MS markers. The results of this study provide basic data for securing the genetic diversity of Hanwoo cattle and utilizing line-breeding Hanwoo cattle from the HRI.

Key words: genetic diversity, Hanwoo, line breeding, microsatellite

Check for updates

OPEN ACCESS

Citation: Jin S, Won JI, Park B, Kim SW, Kim UH, Kang SS, Lee HJ, Moon SJ, Park MS, Lim HT, et al. Genetic diversity analysis of the line-breeding Hanwoo population using 11 microsatellite markers. Korean Journal of Agricultural Science 50:321-330. https:// doi.org/10.7744/kjoas.500302

Received: April 14, 2023
Revised: June 09, 2023
Accepted: June 20, 2023

Copyright: © 2023 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

한우는 고유의 유전 특성과 순수 혈통을 유지하며 사육되어 외래종과 분명히 구분되는 특징을 지니는 것으로 인정된 토종가축이다(축산법 제2조). 한우 개량 사업은 매년 국가 단위로 진행되며 당대 및 후대 능력 검정을 통해 유전적으로 우수한 씨수소를 선발하고 있다. 선발된 씨수소(국가 보증 씨수소: Korean proven bull, KPN)로부터 생산된 인공수정용 정액은 농가에 공급되어 한우 개량의 촉진과 양축 농가의 소득 증대에 기여하고 있다. KPN은 한우 집

단 전체의 유전적 다양성을 유지하고 근교도 상승을 막기 위해 아비와 외조부의 혈통을 고려하여 다양한 가계로부터 선발된다. 또한 국립축산과학원에서는 농가에서 교배 계획을 수립할 때에도 보유한 암소의 혈통 정보를 이용하여 근교 계수를 고려할 수 있는 '한우 교배 계획 길라잡이' 프로그램을 제공하고 있다(Kim et al., 2017; Choi et al., 2018b; Jang et al., 2018). 더불어 국립축산과학원 한우연구소에서는 한우의 유전적 다양성 확대를 위하여 2009년부터 KPN이 아닌 자체 씨수소를 활용한 폐쇄 집단을 유지하여 '계통 축군'을 조성해오고 있다. 한우연구소 계통축 수소 중 능력이 우수한 개체를 연 2두 내외 후보 씨수소로 선발하여 한우의 유전적 다양성 확보에 기여하고 있다(MAFRA, 2023).

가축에서 유전적 다양성에 대한 연구에는 주로 microsatellite (MS) 마커가 이용된다. MS 마커는 DNA상에 1 - 6 bp의 짧은 염기서열이 반복되는 구간으로 품종 내 또는 품종 간 변이를 연구하는데 활용되는 가장 효율적인 유전 마커로 알려져 있다(FAO, 2011). 매우 조밀하지는 않지만 진핵 게놈 전체에 고르게 분포된 MS 마커는 높은 수준의 다형성을 가지며 사람뿐만 아니라 가축에서도 광범위한 유전 연구를 위해 유용한 도구임이 입증되어 왔다(Maharani et al., 2017; Choi et al., 2018a; Svishcheva et al., 2020). 최근까지 한우를 포함하여 칡소, 염소 등 다양한 재래 가축의 품종과 집단에서 MS 마커를 활용한 유전적 다양성에 대한 연구가 계속되고 있으며(Choy et al., 2015; Kang et al., 2021; Yu et al., 2021), 한우와 다른 국외 소 품종 간의 유전적 다양성 및 유전적 거리 추정에 대한 분석 결과도 다양하게 보고되었다(Choi et al., 2001; Yoon et al., 2005; Kim et al., 2020).

한우에서 유전적 다양성에 대한 연구는 유전 능력의 검증과 품종의 유지 및 개량을 위해 먼저 수행되어야 할 부분이다(Choi et al., 2001). 또한 한우의 품종 유지와 개량을 위해 집단의 근친 정도를 지속적으로 파악하고 체계적으로 관리할 필요가 있다. 본 연구는 한우연구소에서 생산된 축군의 유전적 다양성 정도를 파악하여 국내 한우 집단의 유전적 다양성 유지와 확보를 위한 기초 자료로 활용하고자 한다.

Materials and Methods

공시 동물

본 연구에는 국립축산과학원 한우연구소에서 생산된 계통축 694두, 기초축 405두와 KPN 1,171두가 사용되었다. 계통축은 한우연구소에서 자체 선발한 씨수소 64두를 아비로 사용하여 2006년에서 2022년에 생산된 개체를 이용하였으며, 기초축은 82두의 KPN을 아비로 사용하여 2009년에서 2022년에 생산된 개체를 이용하였다. KPN은 1988년에서 2020년에 태어난 1,171두의 자료를 이용하였으며 아비로 사용된 개체는 총 302두가 확인되었다.

DNA 추출 및 MS 마커 분석

분석에 사용된 11개 MS 마커 정보와 세부적인 분석 방법은 축산물 이력제 '쇠고기 DNA 동일성 검사방법(농림축산식품고시 제2018-34호)'에 고시된 바와 같다. 한우연구소 보유축은 모든 개체의 귀 조직을 채취한 뒤 DNA를 추출하여 분석하였다. KPN은 농협 경제지주 한우개량사업소에서 제공하는 친자 감정용 씨수소 마커 정보를 활용하였다.

자료의 분석

GenAlEx version 6.4 (Peakall and Smouse, 2006, 2012)를 이용하여 마커들의 대립 유전자 수와 빈도, 관측이형접합율(observed heterozygosity, H_{obs}) 및 기대 이형접합율(unbiased expected heterozygosity, H_{exp})을 계산하였고, Genepop version 4.7.3 (Raymond and Rousset, 1995; Rousset, 2008)으로 F값(fixation index, inbreeding coefficient)을 계산하였다.

$$Observed\ heterozygosity\ (H_{obs}) = \frac{No.\ of\ heterozygous}{n} \tag{1}$$

$$Expected\ heterozygosity\ (H_e) = 1 - \left(\sum_{i=1}^{n} p_i^2\right) \tag{2}$$

$$Unbiased\ expected\ heterozygosity\ (H_{\exp}) = \left(\frac{2n}{2n-1}\right) \times H_e \tag{3}$$

$$Fixation\ index\ (F, Inbreeding\ coefficient) = \frac{H_e - H_{obs}}{H_e} = 1 - \left(\frac{H_{obs}}{H_e}\right) \tag{4}$$

여기서, n은 대립 유전자의 수, p_i는 i번째 대립 유전자 빈도이다.

이어서 3개 축군 간 유전적 거리(Nei's genetic distance, Nei's D)를 추정한 후, 주좌표 분석(principal coordinates analysis, PCoA)을 수행하였다. 11개 마커들의 다형성정보지수(polymorphic information content, PIC)는 Cervus version 3.0.7 (Marshall et al., 1998; Kalinowski et al., 2007)을 이용하여 계산하였다.

$$Nei's\ genetic\ identity\ (Nei's\ I) = \frac{J_{xy}}{\sqrt{J_x J_y}} \tag{5}$$

여기서,

$$J_{xy} = \sum_{i=1}^{k} p_{ix} p_{iy},\quad J_x = \sum_{i=1}^{k} p_{ix}^2,\quad J_y = \sum_{i=1}^{k} p_{ix}^2 \tag{6}$$

이고, p_{ix}와 p_{iy}는 x, y 각 축군에서 i번째 대립 유전자 빈도이다.

$$Nei's\ genetic\ distance\ (Nei's\ D) = -\ln(Nei's\ I) \tag{7}$$

$$Polymorphic\ information\ content\ (PIC) = 1 - \left(\sum_{i=1}^{n} p_i^2\right) - \sum_{i=1}^{n-1}\sum_{j=i+1}^{n} 2p_i^2 p_j^2 \tag{8}$$

GenAlEx (Peakall and Smouse, 2006, 2012)에서 분석에 이용된 scored genetic data는 Microsatellite Analyzer (MSA) version 4.05 (Dieringer and Schlötterer, 2003)로 변환하였다.

Results and Discussion

집단의 유전적 다양성 분석

본 연구에 이용된 3개 축군에 대한 11개 MS 마커의 대립 유전자 수, 관측(H_{obs}) 및 기대이형접합율(H_{exp}), 다형성 정보지수(PIC) 분석 결과는 Table 1과 같다. 11개 마커들의 대립 유전자 수는 계통 축군의 경우 최소 5 (*ETH3*) - 최대 13 (*TGLA227*)개, 기초 축군은 최소 5 (*ETH3*과 *ETH225*) - 최대 14 (*TGLA53*)개였고, KPN은 최소 7 (*BM1824*와 *SPS115*) - 최대 17 (*TGLA122*와 *TGLA53*)개로 확인되었다. 축군별 평균 대립 유전자 수는 계통 축군과 기초 축군은 8.364, KPN은 10.636으로 확인되었다.

Table 1. The number of alleles, observed heterozygosity, expected heterozygosity, and polymorphic information content of 11 microsatellite markers in 3 Hanwoo populations.

Locus	LBH				GH				KPN			
	No. of allele	H_{obs}	H_{exp}	PIC	No. of allele	H_{obs}	H_{exp}	PIC	No. of allele	H_{obs}	H_{exp}	PIC
BM1824	6	0.746	0.752	0.709	6	0.76	0.742	0.699	7	0.719	0.723	0.678
BM2113	8	0.754	0.731	0.685	8	0.758	0.745	0.704	12	0.735	0.738	0.699
ETH10	9	0.762	0.746	0.722	8	0.79	0.786	0.755	8	0.794	0.775	0.739
ETH225	6	0.663	0.646	0.59	5	0.659	0.667	0.622	9	0.693	0.687	0.643
ETH3	5	0.788	0.782	0.746	5	0.748	0.752	0.71	8	0.777	0.763	0.722
INRA23	10	0.7	0.694	0.645	10	0.738	0.722	0.677	10	0.804	0.782	0.753
SPS115	6	0.69	0.657	0.61	6	0.679	0.693	0.647	7	0.733	0.729	0.688
TGLA122	11	0.86	0.836	0.815	11	0.872	0.847	0.828	17	0.852	0.843	0.824
TGLA126	6	0.687	0.694	0.645	7	0.63	0.647	0.608	8	0.67	0.659	0.62
TGLA227	13	0.804	0.803	0.775	12	0.881	0.855	0.837	14	0.854	0.849	0.831
TGLA53	12	0.781	0.784	0.762	14	0.849	0.872	0.858	17	0.891	0.888	0.877
Average	8.364	0.749	0.739	0.700	8.364	0.760	0.757	0.722	10.636	0.775	0.767	0.734

H_{obs}, observed heterozygosity; H_{exp}, expected heterozygosity (unbiased expected heterozygosity); PIC, polymorphic information content; LBH, line-breeding Hanwoo; GH, general Hanwoo; KPN, Korean proven bull.

계통 축군의 관측이형접합율(H_{obs})은 최소 0.663 (*ETH225*) - 최대 0.86 (*TGLA122*)이었고, 기초 축군은 최소 0.63 (*TGLA126*) - 최대 0.881 (*TGLA227*), KPN은 최소 0.67 (*TGLA126*) - 최대 0.891 (*TGLA53*)로 확인되었다. 기대이형접합율(H_{exp})은 계통 축군의 경우 최소 0.646 (*ETH225*) - 최대 0.836 (*TGLA122*)이었고, 기초 축군은 최소 0.647 (*TGLA126*) - 최대 0.872 (*TGLA53*), KPN은 최소 0.659 (*TGLA126*) - 최대 0.888 (*TGLA53*)로 확인되었다. 다형성정보지수(PIC)는 계통 축군에서 최소 0.59 (*ETH225*) - 최대 0.815 (*TGLA122*)로 확인되었고, 기초 축군은 최소 0.608 (*TGLA126*) - 최대 0.858 (*TGLA53*), KPN은 최소 0.62 (*TGLA126*) - 최대 0.877 (*TGLA53*)로 조사되었다. 계통 축군의 경우, 관측(H_{obs}) 및 기대이형접합율(H_{exp})과 다형성정보지수(PIC)가 가장 낮은 마커는 *ETH225*였고 가장 높은 마커는 *TGLA122*였다. 기초 및 KPN 축군에서는 *TGLA126*의 관측(H_{obs}) 및 기대이형접합율(H_{exp}), 다형성정보지수(PIC)가 가장 낮았고, *TGLA53*의 기대이형접합율(H_{exp})과 다형성정보지수(PIC)가 가장 높았다. 다형성정보지수(PIC)는 대립 유전자의 수와 빈도로 계산되며 0과 1 범위 내에 존재한다. 다형성정보지수(PIC)가 높을수록 정보력이 높은 가치 있는 마커로 판단하며(Serrote et al., 2020), 0.5 이상일 경우 정보력이 매우 높은 마커로 구분된다(Botstein et al., 1980). 따라서 본 연구에 활용된 11개 MS 마커는 충분한 다형성을 가지며 한우의 유전적 다양성 분석에 적합한 마커임을 다시 확인하였다.

Table 2. The allele frequency of 11 microsatellite markers in 3 Hanwoo populations.

Locus	Allele	LBH	GH	KPN
BM1824	1	0.0094	0.0272	0.0478
	2	0.2810	0.2642	0.3920
	3	0.3127	0.3593	0.2835
	4	0.1585	0.0728	0.0431
	5	0	0	0.0021
	6	0.2140	0.2259	0.1934
	7	0.0245	0.0506	0.0380
BM2113	1	0.0022	0	0.0009
	2	0.0007	0.0284	0.0218
	3	0.0295	0.1012	0.0833
	4	0	0	0.0004
	5	0	0.0074	0.0064
	6	0.1088	0.0469	0.0632
	7	0.2839	0.3111	0.2639
	8	0.1952	0.1457	0.1606
	9	0.3710	0.3531	0.3937
	10	0	0.0062	0.0038
	11	0	0	0.0013
	12	0.0087	0	0.0009
ETH10	1	0.0540	0.0099	0.0077
	2	0.0555	0.0840	0.0354
	3	0.0382	0.0161	0.0068
	4	0.1650	0.1815	0.2225
	5	0.4467	0.3420	0.3262
	6	0.0576	0.1185	0.1776
	7	0.0562	0.0432	0.0350
	8	0.1160	0.2049	0.1887
	9	0.0108	0	0
ETH225	1	0.0324	0.0161	0.0218
	2	0	0	0.0030
	3	0.4978	0.5049	0.4782
	4	0.1246	0.1864	0.2152
	5	0.2976	0.1679	0.1623
	6	0.0360	0.1247	0.1080
	7	0	0	0.0017
	8	0	0	0.0013
	9	0.0115	0	0.0085
ETH3	1	0	0	0.0030
	2	0	0	0.0004
	3	0.2623	0.1852	0.2343
	4	0.2428	0.3321	0.3001
	5	0.1102	0.0531	0.0632
	6	0	0	0.0004
	7	0.2406	0.2815	0.2678
	8	0.1441	0.1482	0.1307
INRA23	1	0	0.0025	0.0085
	2	0.0829	0.0482	0.0500
	3	0.0050	0.0284	0.0726
	4	0.0058	0.0012	0.0158
	5	0.0036	0	0
	6	0.4323	0.4086	0.3476
	7	0.3134	0.2741	0.1960
	8	0.0014	0.0124	0.0248
	9	0.0454	0.0432	0.0576
	10	0.1095	0.1790	0.2161
	11	0.0007	0.0025	0.0111
SPS115	1	0.5065	0.4556	0.4005
	2	0.0029	0.0099	0.0252
	3	0.0857	0.1259	0.1050
	4	0.0980	0.1037	0.1025
	5	0.2594	0.2679	0.2861
	6	0.0476	0.0370	0.0803
	7	0	0	0.0004
TGLA122	1	0.0324	0.0753	0.0709
	2	0	0	0.0004
	3	0	0	0.0017
	4	0.1441	0.1309	0.1277
	5	0.2594	0.2000	0.2033
	6	0.1311	0.1383	0.1413
	7	0	0.0210	0.0013
	8	0.1916	0.2407	0.2374
	9	0.0641	0.0914	0.1221
	10	0.0108	0.0062	0.0222
	11	0	0	0.0004
	12	0	0.0198	0.0064
	13	0	0	0.0004
	14	0.0130	0.0062	0.0077
	15	0.0029	0	0.0077
	16	0	0	0.0009
	17	0.1304	0.0704	0.0483
	18	0.0202	0	0
TGLA126	1	0	0.0161	0.0030
	2	0.4402	0.5395	0.5269
	3	0.0980	0.0580	0.1080
	4	0.0130	0.0124	0.0132
	5	0.0353	0.1691	0.1567
	6	0.2976	0.1691	0.1640
	7	0.1160	0.0358	0.0269
	8	0	0	0.0013
TGLA227	1	0	0	0.0004
	2	0.0432	0.0469	0.0683
	3	0.0014	0.0025	0.0115
	4	0.3048	0.1111	0.2084
	5	0.0180	0.1395	0.0764
	6	0.0576	0.0111	0.0154
	7	0.0036	0.0062	0.0081
	8	0	0.0062	0.0073
	9	0.1902	0.2136	0.1255
	10	0.1960	0.1827	0.2178
	11	0.0166	0.0383	0.0235
	12	0.1571	0.1506	0.1708
	13	0.0007	0	0
	14	0.0014	0	0.0004
	15	0.0094	0.0914	0.0662
TGLA53	1	0	0.0012	0.0086
	2	0	0	0.0043
	3	0.3948	0.2247	0.1618
	4	0.0036	0.0037	0.0164
	5	0	0.0012	0.0185
	6	0.0036	0.0037	0.0043
	7	0.0836	0.1642	0.1553
	8	0.0087	0.0889	0.0891
	9	0.0375	0.0222	0.0267
	10	0.1196	0.0679	0.0202
	11	0.0742	0.0568	0.0813
	12	0.0087	0.0716	0.0598
	13	0.1297	0.1309	0.1127
	14	0.1239	0.0728	0.1429
	15	0.0123	0.0901	0.0942
	16	0	0	0.0034
	17	0	0	0.0004

LBH, line-breeding Hanwoo; GH, general Hanwoo; KPN, Korean proven bull.

11개 중 4개 마커(*ETH10*, *INRA23*, *TGLA122*, *TGLA227*)의 경우, 계통 축군에서만 확인되는 대립 유전자형이 존재하였다. 각각의 빈도는 *ETH10*의 대립 유전자형 9가 0.0108이었고, *INRA23*의 대립 유전자형 5는 0.0036이었다. *TGLA122*의 대립 유전자형 18은 0.0202, *TGLA227*의 대립 유전자형 13은 0.0007로 확인되었다. KPN에서는 확인되지만 한우연구소 보유 축군(기초 및 계통 축군)에서 확인되지 않거나, 계통 축군에서만 확인되지 않는 일부 마커의 대립 유전자형 또한 존재하였으며 그 빈도는 높지 않았다(Table 2).

Shin 등(2018)이 1995 - 2015년생 KPN 844두에서 동일한 11개 MS 마커를 조사한 결과, 대립 유전자 수는 최소 7 (*BM1824*와 *SPS115*) - 최대 17 (*TGLA53*), 평균 10.54개였으며, 관측(H_{obs}) 및 기대이형접합율(H_{exp})과 다형성정보지수(PIC)가 가장 낮은 마커는 *TGLA126*이고 가장 높은 마커는 *TGLA53*로 본 연구 결과와 같았다. 본 연구에 이용된 축군의 규모와 축군 조성을 위해 사용된 개체들의 수를 고려해보면, 대립 유전자형의 수와 관측(H_{obs}) 및 기대이형접합율(H_{exp})의 정도, 다형성정보지수(PIC)가 계통축, 기초축, KPN 순으로 높게 나타나는 것으로 확인된다. 그 빈도는 높지 않지만 계통축에서만 확인되는 대립 유전자형이 존재하며, KPN을 아비로 사용한 기초 축군과 KPN 집단에서만 확인되는 대립 유전자형 또한 존재하므로 한우연구소에서 보유한 계통 축군은 11개 MS 마커에서 KPN으로 구성되는 집단과는 다른 유전적 다양성을 나타내는 것으로 보인다. 따라서 계통 축군을 계속 유지하면서 대립 유전자형 빈도의 변화 양상을 지속적으로 살펴보고, 다른 형질과의 연관성에 대한 조사가 필요할 것으로 생각된다.

축군별로 11개 마커들의 F값을 계산한 결과는 Table 3과 같다. F값의 범위는 계통 축군의 경우 최소 -0.051 (*SPS115*) - 최대 0.009 (*TGLA126*), 기초 축군은 최소 -0.032 (*TGLA227*) - 최대 0.026 (*TGLA126*), KPN은 최소 -0.029 (*INRA23*) - 최대 0.005 (*BM1824*)였으며, 3개 집단 모두 F값의 평균은 음의 값을 가지는 것으로 확인되었다. 관측(H_{obs}) 및 기대이형접합율(H_e)로 계산되는 F값은 집단의 근친 정도를 파악하는데 활용되며 -1과 1 범위 내에 존재한다. F값이 0에 가까운 경우 무작위 교배 집단으로 예측하는 반면, 양의 값은 집단 내에 근친이 존재하거나 비대립 유전자(null allele)가 존재하지 않음을 나타낸다. 음의 F값은 선택적 계획 교배로 인한 이형접합체 초과 현상(excess of heterozygosity)을 설명한다. 축군마다 F값의 높고 낮음은 다르지만 3개 축군 모두 근친도를 고려한 적정한 교배 조합을 통해 유전적 다양성이 유지된 것으로 보인다.

Table 3. The F value of 11 microsatellite makers in 3 Hanwoo populations.

Locus	LBH	GH	KPN
BM1824	0.007	-0.026	0.005
BM2113	-0.031	-0.019	0.004
ETH10	-0.022	-0.007	-0.026
ETH225	-0.027	0.011	-0.010
ETH3	-0.009	0.004	-0.020
INRA23	-0.009	-0.024	-0.029
SPS115	-0.051	0.020	-0.005
TGLA122	-0.030	-0.030	-0.011
TGLA126	0.009	0.026	-0.017
TGLA227	-0.003	-0.032	-0.007
TGLA53	0.003	0.024	-0.003
Average	-0.015	-0.005	-0.011

F, fixation index (inbreeding coefficient); LBH, line-breeding Hanwoo; GH, general Hanwoo; KPN, Korean proven bull.

축군 간 유전적 거리 및 유연 관계

본 연구에서 조사된 3개 축군 간 유전적 거리(Nei's *D*)는 Table 4와 Fig. 1에 나타냈다. 한우연구소 계통 축군과 KPN 축군 간의 유전적 거리(Nei's *D*)는 0.064로 가장 멀었고, 계통 축군과 기초 축군의 유전적 거리(Nei's *D*)는

Table 4. The genetic distance (Nei's *D*) between 3 Hanwoo populations.

Population	LBH	GH
GH	0.054	-
KPN	0.064	0.02

LBH, line-breeding Hanwoo; GH, general Hanwoo; KPN, Korean proven bull.

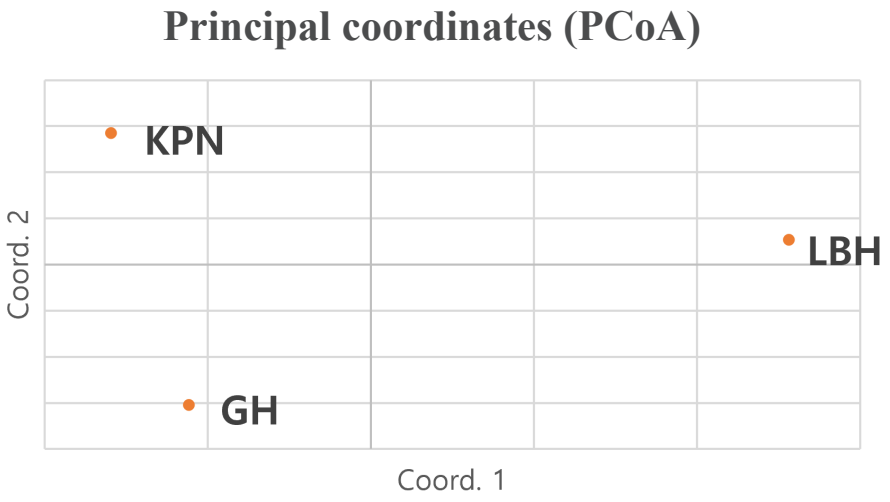

Fig. 1. Result of principal coordinate analysis in 3 Hanwoo populations. LBH, line-breeding Hanwoo; GH, general Hanwoo; KPN, Korean proven bull.

0.054로 확인되었다. 기초 축군과 KPN 축군은 상대적으로 가까운 유전적 거리(0.02)를 나타냈다. Nei의 유전적 거리(Nei's *D*)는 집단 간의 유전적 차이를 측정하는데 사용된다. 두 개의 집단에서 공통적으로 나타나는 대립 유전자의 비율을 이용하여 유전적 동일성(genetic identity, Nei's *I*)을 계산하고, 이를 기반으로 Nei's *D* 를 추정할 수 있다. 두 집단이 가지는 동일한 유전자의 비율이 작을수록 집단 간 유전적 차이가 커지게 되고, 유전적 거리는 멀어진다(Nei, 1972, 1978). 한우연구소에서는 2009년부터 KPN을 사용하지 않고 자체 씨수소를 선발하여 계통 축군을 조성하였다. 기초 축군은 KPN과 한우연구소 보유 암소를 이용하여 조성된 집단이다. 따라서 계통 축군과 KPN 집단들 간 유전적 거리는 새로운 유전자의 도입이 없이 계속된 폐쇄 육종의 결과로 추정된다.

한우에서 MS 마커 뿐만 아니라 single nucleotide polymorphism (SNP) 마커를 이용한 유전적 특성과 다양성 조사에 대한 연구가 계속 진행되고 있다. DNA microarray를 통해 생산된 대용량의 유전체 정보는 한우의 기원과 개량 과정, 그리고 한우 품종 간 차이와 다른 소 품종들과의 유연 관계를 설명한다(Lee et al., 2014; Sharma et al., 2016; Kim et al., 2018). 본 연구에서 활용된 개체들로부터 생산되는 SNP 정보를 이용하여 계통 축군에 대한 추가적인 분석과 비교 연구가 필요할 것으로 생각된다.

Conclusion

한우는 국가 단위 개량 사업을 통해 고유한 유전 특성과 다양성 보존을 위해 체계적인 관리가 이루어지고 있다. 국립축산과학원 한우연구소에서는 KPN이 아닌 자체 씨수소를 활용한 폐쇄 집단을 유지하여 계통 축군을 조성하

고 한우의 유전적 다양성 확대를 위해 노력하고 있다. 본 연구에서 11개 MS 마커를 이용하여 한우연구소 보유 축군의 유전적 다양성에 대해 조사한 결과, 일부 마커에서 KPN 집단과는 다른 대립 유전자형 빈도를 보였으며, KPN 집단과 유전적 거리(Nei's *D*)에도 차이가 있는 것으로 확인되었다. 가축의 개량에서 지속적인 유전적 개량량을 확보하기 위해 유전 변이, 즉 유전적 다양성 유지는 중요한 부분이다. 본 연구 결과는 한우의 유전적 다양성 확보와 한우 연구소 보유 축군의 활용을 위한 기초 자료로 제공될 수 있을 것으로 보인다.

Conflict of Interests

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

Acknowledgments

본 연구는 농촌진흥청 연구사업(과제명: 한우 미래수요대비 개량축군 조성, 유전특성 구명 및 활용기술 개발, 과제번호 : PJ01502802)에 의해 수행되었습니다.

Authors Information

Shil Jin, https://orcid.org/0000-0003-1120-3631
Jeong Il Won, https://orcid.org/0000-0003-3151-7144
Byoungho Park, https://orcid.org/0000-0001-6195-4519
Sung Woo Kim, https://orcid.org/0000-0001-8521-3010
Ui Hyung Kim, https://orcid.org/0000-0002-2197-5080
Sung Sik Kang, https://orcid.org/0000-0002-9453-5377
Hyun-Jeong Lee, https://orcid.org/0000-0002-2312-9048
Sun Sik Jang, https://orcid.org/0000-0002-8121-4697
Sung Jin Moon, https://orcid.org/0009-0003-0930-5548
Myung Sun Park, https://orcid.org/0000-0002-1260-5694
Hyun Tae Lim, https://orcid.org/0000-0001-6221-4942
Eun Ho Kim, https://orcid.org/0000-0002-0882-8377
Ho Chan Kang, https://orcid.org/0000-0002-2948-5895
Nam Young Kim, https://orcid.org/0000-0002-2679-4983

References

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.

Choi CB, Kim KS, Eum JH. 2001. Genetic diversity of Korean cattle using microsatellite analysis. Journal of Animal Science and Technology 43:599-608. [in Korean]

Choi N, Seo D, Manjula P, Lee JH. 2018a. Genetic diversity studies using molecular genetic markers. Journal of Animal Breeding and Genomics 2:21-27.

Choi TJ, Lee SJ, Park JE, Lim D, Cho YM, Park B. 2018b. Analysis of environment effects on the carcass traits Hanwoo cows using ultrasonic measurement. Korean Journal of Agricultural Science 45:66-73. [in Korean]

Choy YH, Seo JH, Park B, Lee SS, Choi JW, Jung K, Kong HS. 2015. Studies on genetic diversity and phylogenetic relationships of Chikso (Korea native brindle cattle) using the microsatellite marker. Journal of Life Science 25:624-630. [in Korean]

Dieringer D, Schlötterer C. 2003. Microsatellite analyser (MSA): A platform independent analysis tool for large microsatellite data sets. Molecular Ecology Notes 3:167-169.

FAO (Food and Agricultural Organization of the United Nations). 2011. Molecular genetic characterization of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health Guidelines. p. 12. FAO, Rome, Italy.

Jang S, Kim SY, Lee SH, Shin MG, Kang J, Lee D, Kim S, Noh SH, Lee SH, Choi TJ. 2018. The effect of progeny numbers and pedigree depth on the accuracy of the EBV with the BLUP method. Korean Journal of Agricultural Science 46:293-301. [in Korean]

Kalinowski ST, Taper ML, Marshall TC. 2007. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. Molecular Ecology 16:1099-1106.

Kang HC, Kim KW, Kim EH, Myung CH, Lee JG, Lim HT. 2021. Genetic diversity and relationship analyses of the Korea native black goat line using microsatellite markers. Korean Journal of Agricultural Science 48:693-702. [in Korean]

Kim HR, Lee JW, Ko MJ, Park JE, Kim MJ, Baek YC, Park SH, Lim DJ, Lee SD, Choi BH. 2020. Development of a new microsatellite markers for individual identification and paternity evaluation in Hanwoo. Journal of Agriculture and Life Science 54:75-83. [in Korean]

Kim S, Cheong HS, Shin HD, Lee SS, Rho HJ, Jeon DY, Cho CY. 2018. Genetic diversity and divergence among Korean cattle breeds assessed using a BovineHD single-nucleotide polymorphism chip. Asian-Australasian Journal of Animal Sciences 31:1691-1699.

Kim S, Choi HJ, Alam M, Park MN. 2017. Breeding initiatives for Hanwoo cattle to thrive as a beef industry–A review study. Journal of Animal Breeding and Genomics 1:102-124.

Lee SH, Park BH, Sharma A, Dang CG, Lee SS, Choi TJ, Choy YH, Kim HC, Jeon KJ, Kim SD, et al. 2014. Hanwoo cattle: Origin, domestication, breeding strategies and genomic selection. Journal of Animal Science and Technology 56:1-8.

Maharani D, Hariyono DNH, Cho S, Manjula P, Seo D, Choi N, Lee J. 2017. Genetic diversity among Indonesian local duck populations in Java island assessed by microsatellite markers. Journal of Animal Breeding and Genomics 1:137-142.

Marshall T, Slate J, Kruuk L, Pemberton J. 1998. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. Molecular Ecology 7:639-655.

MAFRA (Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs). 2023. Livestock improvement assistance project implementation guidance for 2023. MAFRA, Sejong, Korea. [in Korean]

Nei M. 1972. Genetic distance between populations. The American Naturalist 106:283-292.

Nei M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. Genetics 89:583-590.

Peakall R, Smouse PE. 2006. GENALEX 6: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. Molecular Ecology Notes 6:288-295.

Peakall R, Smouse PE. 2012. GenAlEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. Bioinformatics 28:2537-2539.

Raymond M, Rousset F. 1995. An exact test for population differentiation. Evolution 49:1280-1283.

Rousset F. 2008. GENEPOP'007: A complete re-implementation of the GENEPOP software for windows and linux. Molecular Ecology Resources 8:103-106.

Serrote CML, Reiniger LRS, Silva KB, dos Santos Rabaiolli SM, Stefanel CM. 2020. Determining the polymorphism information content of a molecular marker. Gene 726:144175.

Sharma A, Lee SH, Lim D, Chai HH, Choi BH, Cho Y. 2016. A genome-wide assessment of genetic diversity and population structure of Korean native cattle breeds. BMC Genetics 17:1-9.

Shin DH, Kim DH, Oh JD. 2018. Analysis of genetic diversity and structural changes in Hanwoo Proven Bulls population. Annals of Animal Resource Sciences 29:142-149. [in Korean]

Svishcheva G, Babayan O, Lkhasaranov B, Tsendsuren A, Abdurasulov A, Stolpovsky Y. 2020. Microsatellite diversity and phylogenetic relationships among East Eurasian Bos taurus breeds with an emphasis on rare and ancient local cattle. Animals 10:1493.

Yoon DH, Park EW, Lee SH, Lee HK, Oh SJ, Cheong IC, Hong KC. 2005. Assessment of genetic diversity and relationships between Korean cattle and other cattle breeds by microsatellite loci. Journal of Animal Science and Technology 47:341-354.

Yu JS, Suh SW, Kim DH, Park B, Choi TJ, Park MN, Park YS, Kim ES, Jung KS, Jung DJ, et al. 2021. Analysis of changes in genetic characteristic and diversity of the brindle cow (Chikso) population. Journal of Animal Breeding and Genomics 5:51-57. [in Korean]