

단일염기다형성 마커를 이용한 칩소 품종의 식별

김승창, 김관우, 이은도, 진대혁, 김동교, 이진욱, 최봉환, 김재환*
농촌진흥청 국립축산과학원 가축유전자원센터

Identification of Chikso (Brindle Hanwoo) breed using single nucleotide polymorphism markers

Seungchang Kim, Kwan-Woo Kim, Eun-Do Lee, Daehyeok Jin,
Dongkyo Kim, Jinwook Lee, Bong-Hwan Choi, Jae-Hwan Kim*
Animal Genetic Resources Center, National Institute of Animal Science, RDA

요약 가축의 유전적 다양성을 확보하는 것은 축산업의 획일화된 육종 고도화로 발생할 수 있는 유전적 손실을 보완할 수 있는 유전자원으로서 중요한 가치를 지닌다. 또한 지속가능한 축산업 발전을 위한 경쟁력 확보를 위한 가장 빠른 방법으로 평가받고 있다. 따라서 칩소를 품종으로 확립하고 발전시키기 위해서는 표현형질에 대한 연구 및 계통 간 비교 분석 연구와 함께 분자생물학적 특성평가가 필요하다. 본 연구는 칩소를 구별하기 어려운 모색을 통해 식별하는 기존 방법 대신 분자생물학적 방법을 이용하여 칩소 및 기타 품종을 식별하고자 하였다. Illumina BovineHD SNP 777K Bead chip과 5품종의 소를 이용하여 칩소와 비칩소(한우, 홀스타인, 제주흑우, 백우)를 구별할 수 있는 SNP 마커를 개발했다. 칩소와 다른 품종 사이에서 MAF (Minor Allele Frequency) 차이가 0.3 이상인 SNP를 112개 얻었다. 단계적 회귀분석을 사용하여 유전적 변이를 통합하는 선형 모델을 만들었다. 이 가산식에 대입하여 최종적으로 칩소 판별을 위한 21개의 SNP 마커를 선발하였다. 개발된 유전자 마커 세트는 96두의 칩소 및 190두의 비칩소(한우 95두, 홀스타인 48두, 제주 흑우 24두, 백우 23두)에 대해 100% 정확도였다. 이러한 21개의 SNP 마커를 이용하여 분자생물학적 방법으로 칩소 품종을 정확하게 식별할 수 있으며, 가축유전자원의 체계적이고 과학적인 확립을 통해 농업 및 식량 생산의 다양한 분야에 활용이 가능할 것이다. 본 연구의 결과는 칩소 품종에 대한 유전자 연구를 통해 한국 고유의 생물자원으로 인정받을 수 있으며, 종축으로서 가치 제고를 위한 기초자료로 활용될 것이다.

Abstract This study was conducted to identify Chikso and other breeds through the evaluation of molecular biological characteristics instead of the existing method of distinguishing the Chikso breed through difficult-to-define hair color. We developed single nucleotide polymorphism (SNP) markers that discriminate between Chikso and non-Chikso (Hanwoo, Holstein, Jeju Black, and White Hanwoo) using the Illumina BovineHD SNP 777K Bead chip and 5 other breeds of cattle. A total of 112 SNPs with a minor allele frequency (MAF) difference of 0.3 or more were obtained between Chikso and other breeds. A linear model incorporating genetic variation was created using stepwise regression. The 21 SNP markers for the Chikso discrimination were finally constructed by substituting them into the additive model. The genetic marker set developed showed 100% accuracy for 96 Chikso and 190 non-Chikso breeds. Using these markers, the Chikso breed can therefore be accurately identified through molecular biological methods. It will be possible to use these methods in various fields of agriculture and food production through the systematic and scientific establishment of livestock genetic resources. The results of this study constitute a unique biological resource in Korea based on genetic research on the Chikso breed and could be used as basic data to enhance its value as a breeder.

Keywords : Chikso, Hanwoo, Illumina BovineHD SNP 777K Bead Chip, Minor Allele Frequency (MAF), Single Nucleotide Polymorphism (SNP)

본 논문은 농촌진흥청 연구사업(PJ01496303)의 지원과 국립축산과학원 전문연구원 과정 지원 사업에 의해 수행되었음.

*Corresponding Author : Jae-Hwan Kim(National Institute of Animal Science, RDA)

email: jkim3892@korea.kr

Received November 16, 2021

Revised December 13, 2021

Accepted February 4, 2022

Published February 28, 2022

1. 서론

대부분의 국가에서 기술의 발달로 가축의 용도가 대부분 식용으로 이용되고, 가축 개량의 목표를 경제성에 맞추어 진행하면서 품종에 대한 유전적 다양성은 급격하게 감소되고 있는 상황이다. 이에 따라 국제 식량 농업기구(FAO)의 가축 다양성 정보 시스템(Domestic Animal Diversity Information System; DAD-IS)에 등재되어 있는 전체 가축 품종의 24%가 멸종되었거나 멸종 위기의 상황에 있는 걸로 알려졌다[1]. 최근 들어 유전자원에 대한 미래 활용 가치의 중요성이 인식되면서 이러한 문제를 해결하기 위해 1992년 생물다양성 협약이 체결되면서 각국이 보유하고 있는 생물유전자원을 국가 고유 재산으로 인정하였다. 전 세계가 생물유전자원에 대한 잠재적인 경제적 가치를 인정받게 됨으로써 자원의 무기화와 전락화 등 자국 자원에 대한 보호정책을 통해 자원의 확보, 보존, 관리와 더불어 특성평가 및 활용 등에 많은 관심과 노력을 기울이고 있다[2-6].

많은 연구자들에 의해 DNA 다형성에 기초한 여러 유전적 마커를 활용하여 기원, 품종 형성, 유전적 다양성, 타 품종들과의 유연관계 등 보유 자원의 유전적 특성 파악을 위한 분자 생물학적 특성 평가가 활발히 진행되고 있다[7]. 특히, 단일염기다형성(Single Nucleotide Polymorphism; SNP)과 같은 DNA 마커는 동물의 품종을 식별하는데 강력한 도구로 사용될 수 있다[8]. 1% 이상의 빈도로 존재하는 2개의 대립염기서열(bi-allelic) 변이가 발생하는 것을 나타내는 SNP는 비교적 그 빈도가 높고 안정하며 유전체 전체에 분포되어 있고 이것에 의해 개체의 유전적 다양성이 발생하므로 SNP 마커는 개체간의 유전적 근접성을 알려주는 지표 역할을 할 수 있다.

고려 말부터 조선 초에 발간된 '신편집성마의방우의방'에 따르면 과거 우리나라 한우의 모색은 갈색, 흑색, 백색, 반색, 럽색과 잡색 등의 다양한 모색을 가지고 있어 다양성이 있었으나, 1938년 일본에 의해서 시행된 모색 통일을 위한 조선우 심사표준으로 인하여 다양한 한우의 모색이 갈색으로 통일되어감으로써 유전자원의 다양성을 상실하게 되었다[9].

최근에 유전자원의 다양성에 대한 중요성을 인식하고 재래종 소 품종 중 칙소의 복원과 증식 연구가 활발하게 진행되어 칙소는 4,000여두까지 증가하였다. 칙소 품종은 재래종 소 품종 중 하나로 칙한우, 호반우, 염우, 리우 또는 얼룩소라고도 하며, 황갈색의 한우 모색에 검은색

이나 흑갈색의세로 무늬가 전신에 있거나, 그 무늬가 머리 부분에만 있거나, 칙덩굴 같이 짙은 갈색과 검은색 무늬 등의 표현형을 나타내고 있다. 칙소 품종의 자원 소실을 대비하여 가축유전자원센터와 가축생명자원 관리기관에서 유전자원 보존 및 관리가 이루어지고 있다. 그러나 칙소와 다른 품종 간의 구분 방법이 모색과 체형에만 의존할 수밖에 없는 한계가 있으며, 축산농가에서 도축 시 잡우 또는 이모색으로 분류되는 경우가 많아 축산업계의 큰 손실 또한 야기하고 있는 실정이다.

생명공학의 급속한 발달로 유전자원을 이용한 다양한 신제품과 기술을 발달시켰다. 유전자원은 신제품 육성의 기본 재료는 물론 신물질 추출, 유전자 탐색 등 생명공학 연구의 기초 재료로서 그 가치가 높다. 이러한 유전자원의 다양성의 보전은 우리의 미래생존과 질적 삶의 유지와 직결되므로 생물다양성의 가치를 인지하고 보존과 지속적인 이용을 위한 노력이 필요하다. 칙소는 원종인 한우에서 분리되어 한국 재래종의 특성을 잘 나타내 주는 계통이므로 종축으로서 가치 증진을 위한 중요한 자원이다. 이를 위해 체계적이고 과학적인 혈통 정립을 위한 특성에 관한 연구가 필요한 실정이다. 이 연구의 목적은 칙소라는 품종이 정의되기 어려운 모색을 통해 식별되어 왔던 기존의 방법을 SNP 마커의 발굴을 통해 분자생물학적 특성 평가를 이용하여 칙소와 다른 품종을 식별하기 위해 연구되었다.

2. 재료 및 방법

2.1 공시재료

본 연구에서는 사용된 공시축은 한우(95두), 칙소(96두), 젃소(48두), 제주흑우(24마리) 및 백우(23두)의 5개 집단에서 총 286두가 사용되었다. 한우와 젃소의 혈액은 국내 여러 지역에서 수집되었고 칙소의 혈액은 3곳의 지역 기관(강원도 축산연구소, 충청북도 동물위생시험소 축산시험장 및 전라북도 동물위생시험소 축산시험장)에서 채취하였다. 백우의 혈액은 국립축산과학원 가축유전자원센터에서 채취되었고 제주특별자치도 축산연구소에서 제주흑우의 혈액을 채취하였다. 5 품종의 혈액 샘플은 각 기관의 혈통 정보에 따라 가능한 한 부모-자식 또는 형제 쌍을 피하면서 무작위로 수집되었다. 본 연구의 동물 실험은 국립축산과학원 동물실험 윤리위원회의 운영 규정을 준수하고 승인을 받았다(NIAS-2020091).

2.2 분석방법

2.2.1 유전자형 분석

공시재료로부터 얻은 혈액샘플에서 Wizard Genomic DNA Purification Kit (Promega, Madison, WI, USA)을 이용하여 genomic DNA를 추출하였다. 분광광도계 NanoDrop 1000 (Thermo Scientific, Waltham, MA, USA)으로 gDNA의 농도 측정 후, BovineHD SNP 777K Bead chip (Illumina, San Diego, CA, USA)으로 유전자형 분석을 실시하였다[10].

GenomeStudio V2011.1 (Illumina, San Diego, CA, USA) 소프트웨어를 이용한 분석을 통해 얻어진 총 SNP의 개수는 777,843개였으며, 이 중 염색체 정보가 없는 SNP와 미토콘드리아 및 성염색체에 존재하는 SNP를 제거하였다. Call Rate가 98% 이하, 대립유전자형 빈도(minor allele frequency, MAF)가 0.05 미만인 SNP를 제거하였고, 중복되는 SNP를 제거하여 최종 분석에

이용한 SNP 마커는 652,453개였다. SNP & Variation Suite 8 (Golden Helix, Bozeman, MT, USA) 소프트웨어를 이용하여 각 SNP의 MAF difference (칩소와 다른 품종 간의 차이 절대값)을 계산하고, Fisher's Exact test (Genotype)을 통해 MAF difference의 통계적 유의성(P-value)을 계산하였다(Table 1).

2.2.2 단계적 변수선택 모델

유전형이 결정된 SNP의 MAF를 기반으로 유전자형을 0(메이저 동형접합체, AA), 1(이형접합체, AB) 그리고 2(마이너 동형접합체, BB)로 치환하였다. MAF(>0.3)에서 유의적인 차이를 보인 112개의 SNP를 선택하였다. 단계적 변수선택법을 사용하여 유전적 변이를 통합하는 선형 모델을 만들었다.

Table 1. Stepwise marker selection analysis: SNP markers for discrimination between Chikso and other breeds (Hanwoo, Holstein, Jeju Black, White Hanwoo)

No.	SNPID (dbSNP)	ChipID	Chr	Position	Alleles	MAF	P-value in final model
1	rs110875712	BovineHD1900002816	19	10218824	T>G	0.584	7.82E-12
2	rs109219403	BovineHD1000029143	10	100665575	A>G	0.229	4.98E-18
3	rs136080674	BovineHD1800004696	18	14635894	G>T	0.287	5.80E-08
4	rs135929827	BovineHD1800019539	18	14843950	C>T	0.013	7.18E-45
5	rs41897038	BovineHD1900002306	19	8471975	C>T	0.168	5.34E-20
6	rs134353733	BovineHD1800004729	18	14822319	T>C	0.013	3.10E-43
7	rs134697549	BovineHD1800004723	18	14783535	A>G	0.021	2.11E-43
8	rs133504917	BovineHD1800004666	18	14440904	A>C	0.263	3.69E-07
9	rs136515647	BovineHD1800004356	18	13165712	G>A	0.287	1.22E-15
10	rs41646624	Hapmap40010-BTA-59286	1	29242993	T>G	0.616	1.90E-22
11	rs43638582	BovineHD1000020062	10	70070114	T>G	0.513	6.38E-14
12	rs110016769	BovineHD1100010931	11	36952832	G>A	0.595	9.71E-14
13	rs135468039	BovineHD2700005683	27	20007899	A>C	0.329	1.23E-10
14	rs43323258	Hapmap49627-BTA-48925	2	109253408	T>C	0.355	2.67E-11
15	rs110094408	BovineHD0600007584	6	27468918	C>T	0.203	2.82E-10
16	rs109193617	BovineHD1100028160	11	96946154	A>G	0.255	7.52E-15
17	rs110930723	BovineHD0900003264	9	12623310	T>C	0.234	7.50E-11
18	rs134226650	BovineHD0800011111	8	37234399	T>C	0.179	4.02E-13
19	rs135882339	BovineHD2700003663	27	12594395	C>T	0.341	4.99E-11
20	rs133234554	BovineHD0600002043	6	8740751	A>G	0.384	4.71E-09
21	rs133900865	BovineHD0700030741	7	105168965	G>A	0.355	9.36E-13

Chr: Chromosome.

$$E = \beta_0 + \text{SNP}_1 \times \beta_1 + \text{SNP}_2 \times \beta_2 + \text{SNP}_3 \times \beta_3 + \dots + \text{SNP}_n \times \beta_n$$

E: 우중 추정값

SNP_n: n번째 SNP의 마이너 대립유전자 추가값

(AA=0, AB=1, BB=2)

β₀: 절편(intercept)

β_n: n번째 SNP의 계수

112개의 SNP 각각을 모델에 추가하고 확률이 가장 큰 SNP를 식별하였다. 확률의 증가가 유의적이면 그 SNP는 모델에 통합되고, 앞서 추가된 SNP 중 하나의 P-value가 유의적이지 않게 되면 해당 SNP는 모델에서 제거되었다. 이러한 작업의 반복을 통해 P-value 임계값 0.003을 이용하여 새로운 SNP를 추가해도 모델의 확률이 향상되지 않으면 절차를 종료하였다. 총 21개의 SNP가 이러한 과정 이후 유의적으로 확인되었다.

Table 2. Breed discrimination model between Chikso and other breeds (Hanwoo, Jeju Black, White Hanwoo, Holstein)

Breed Prediction value = 1.11486 + rs110875712 x 0.05985	
+ rs109219403 x -0.04662 + rs136080674 x 0.10858	
+ rs135929827 x -0.1992 + rs41897038 x -0.07566	
+ rs134353733 x 0.55892 + rs134697549 x -0.47284	
+ rs133504917 x -0.16675 + rs136515647 x -0.07524	
+ rs41646624 x 0.06872 + rs43638582 x 0.08672	
+ rs110016769 x 0.04238 + rs135468039 x -0.04216	
+ rs43323258 x -0.08041 + rs110094408 x -0.06971	
+ rs109193617 x -0.05585 + rs110930723 x -0.07817	
+ rs134226650 x -0.07988 + rs135882339 x -0.04858	
+ rs133234554 x -0.04965 + rs133900865 x -0.08575	

3. 결과 및 고찰

소 5품종 286두(최소 96두, 한우 95두, 젃소 48두, 제주흑우 24두, 백우 23두)의 유전자형을 분석하여 얻어진 777,843개의 SNP 표지 인자 중, 분석에 사용되지 않은 125,390개를 제외한 652,453개의 SNP 표지 인자를 이용하여 국내에서 사육되고 있는 소 5품종의 유전적 특성을 연구하였다.

모든 SNP의 MAF는 최소와 다른 4품종(한우, 젃소, 제주흑우, 백우) 간의 차이를 계산하여 0.3이상인 112개의 SNP가 우선 선발되었다. 이 SNP들은 단계적 변수선택법에 대입되었고, 결합된 모델에서 P-value가 매우 유의적으로 유지되는 21개의 SNP가 최종 선택되었다 (P-value < 0.0001)(Table 1). 이 21개의 SNP 마커를 사용하여, 최소를 다른 품종과 가장 잘 구별하는 예측 모

델은 Table 2와 같다. 이 실험에서 최소의 예측값 < 0.5로 설정하고 한우, 젃소, 제주흑우 및 백우를 > 0.5로 설정하여 최소를 타 품종과 식별하였다(Fig. 1). 이러한 결과를 바탕으로 최소 품종을 기존의 모색을 이용한 방법이 아닌 유전자 마커를 통해 분자생물학적으로 식별하였으며, 21개의 SNP 마커를 이용한 최소 품종을 식별하는 방법으로 특허(등록번호 10-2083675)를 등록하였다[11].

이 모델 구성 전략은 유전적 마커와 몇 가지 중요한 통계적 구성요소를 통합했다. SNP는 결손과 대립유전자 빈도의 차이(> 0.3)와 관련하여 먼저 필터링 되었다. 그 후, 마커 선발을 위해 소수의 SNP (n = 112)가 선택되었다. 유전형은 가산식 모델에서 고려되었다. 이러한 요소가 편향된 추정을 초래할 수 있는 것은 사실이지만, 우리의 전략은 21개 마커의 작은 유전적 차이를 고려하여 결합된 유전 모델을 사용하여 최소 품종을 타 품종의 소와 품종 판별에서 100%의 변별력을 달성했다. 또한, 단계적 변수선택법은 연관 불균형(LD)으로 인한 SNP의 종속성을 평가한다. 이 모델은 SNP의 최소 조합을 선택했으며 LD에 여러 중복 SNP를 포함하지 않는다.

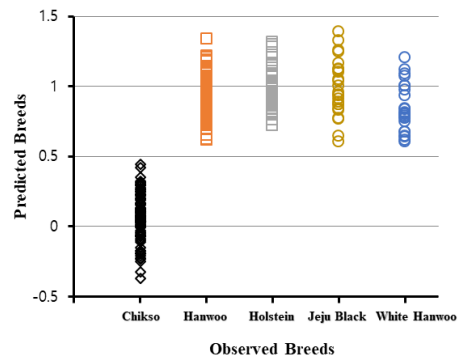


Fig. 1. Observed and predicted values of Chikso, Hanwoo, Holstein, Jeju Black, and White Hanwoo breed. We plotted the observed and predicted values of each breeds by calculating the coded genotypes with the discrimination model.

분자유전학적인 기술의 발달로 DNA 마커는 가축의 품종 식별을 위한 중요한 도구로 사용되고 있다[12,13]. 국제사회에서 각국의 고유 품종에 대한 증거로서 분자생물학적 특성평가 자료를 요구하고 있으므로 최소가 품종으로서 확립과 고유 품종으로서 인정받기 위해 추가적인 DNA 마커 연구가 필요하다. 현재, 유전자원에 대한 미래 활용 가치의 중요성이 더욱 강조됨에 따라 가축유전

자원의 확보, 보존, 관리와 더불어 특성평가 및 활용 등에 더 많은 관심과 노력을 들이고 있다. 소의 기원과 품종 형성 등에 관한 많은 연구들은 mtDNA와 Microsatellites(초위성체) 마커와 같은 방법 등을 이용하여 수행되었다[14-17]. 특히 초위성체 마커는 종의 유전적 특성화와 양적 형질 유전자와 연구에 널리 사용되었다. 초위성체 마커는 여러 정보를 제공하지만 SNP보다 높은 오류율로 잘못된 결과를 제공할 수 있다[18]. 이에 대한 대안으로 최근에는 쇠고기 원산지 식별과 이력 추적에 SNP 유래 마커가 개발되고 있고, 다양한 기술 개발을 통해 마커 개발, 마커 지원 육종 및 집단 연구에서 높은 처리량 이용을 통해 SNP를 더 매력적으로 사용할 수 있다[19]. 우리나라와 같이 재래소가 수입소보다 더 높은 가치를 가지고 있는 일본에서는 Japanese Holstein 및 US cattle로부터 Japanese Black을 식별하기 위해 SNP 마커를 이용하여 US cattle 특이적인 마커 11개를 선별하여 마커의 유전형의 유무로 식별하였다[20]. 한국에서는 한우와 수입소를 구별하기 위해 대립유전자 빈도의 유의차가 있는 90개의 SNP 마커를 이용하여 식별할 수 있는 마커세트를 개발하였다[21].

최근 칫소는 한국 소비자를 위한 새로운 틈새시장 개척으로 주목받고 있다. 한우와 비교하여 칫소의 가장 두드러진 차이점 중 하나는 특유의 얼룩무늬 모색 패턴이다[22-24]. 칫소의 개체군 크기는 이전에 한국에서 멸종 위기에 처한 품종으로 분류되고 매우 작았다. 그러나 등록된 칫소 개체의 수는 2016년에 거의 4,000마리로 증가했으며 이는 대부분이 유전자 자원을 보존하기 위한 최근의 노력의 결과였다[25].

본 연구의 전반적인 목적은 칫소와 다른 품종을 구별하는 실질적인 방법의 개발을 위한 SNP 마커 세트를 확립하는 것이다. 이 결과는 SNP 마커들을 이용하여 칫소 품종을 정확하게 식별함으로써, 칫소에 대한 유전적 특성 연구를 통해 한국 고유의 생물자원으로서 인정받을 수 있으며 과학적인 혈통 정립을 위한 연구에 기여하며, 종축으로서 가치 증진을 위한 기반을 마련할 수 있다.

4. 결론

최근 생물다양성협약(Convention on Biological Diversity; CBD)이 체결됨에 따라 각 나라가 보유하고 있는 유전자원의 자원 권권을 인정하고, 생명 공학 기술과 가축 관리 기술의 발달로 생산성이 낮아 활용도가 떨어

어진 품종에 대해서도 새롭게 가치 향상이 진행되면서 가축 다양성의 중요성이 높아지고 있다. 가축의 유전적 다양성을 확보하는 것은 축산업의 획일화된 육종 고도로 나타날 수 있는 유전적 손실을 보상할 수 있는 유전자원으로서 중요한 가치를 가지며, 지속 가능한 축산 발달을 위한 경쟁력을 확보에 가장 빠른 방법으로 평가되고 있다. 그러므로 희소 자원인 칫소를 품종으로 확립시키고 개발하기 위해 표현 형질 조사연구와 함께 특성 규명을 위한 분자생물학적 분석 연구 및 유전체 간의 비교 분석 연구가 필요하다.

염색체에서 단일염기다형성을 가지는 대립유전자의 다양성과 빈도를 이용하여 한국에서 사육되는 소 5품종에서 품종에 따른 유전적 특성을 확인하였다. 총 286두의 재래종 소를 대상으로 SNP 분석을 통해, 칫소 품종 그룹과 타 품종 그룹을 정확하게 구별할 수 있는 21개의 SNP를 확인하였으며, 이들 SNP를 이용한 가산식을 통해 칫소 품종이 확연히 구별되는 것을 확인하였다. 이들 21개의 SNP 마커를 이용하면 칫소 품종을 분자생물학적 방법을 통해 정확하게 식별할 수 있어, 가축유전자원의 체계적이고 과학적인 혈통 정립을 통해 농업 및 식량 생산 분야에서 다양하게 활용할 수 있을 것이다.

References

- [1] FAO. "The second report on the state of the world's Animal genetic resources for food and agriculture." pp. 25-42, Rome, Italy, 2015.
- [2] S. Ben Jemaa, M. Boussaha, M. Ben Mehdi, J. H. Lee, S. H. Lee. "Genome-wide insights into population structure and genetic history of Tunisian local cattle using the illumina bovinesnp50 beadchip." *BMC Genomics* 16: 677, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1638-6>
- [3] J. Canon, P. Alexandrino, I. Bessa, C. Carleos, Y. Carretero, S. Dunner, N. Ferran, D. Garcia, J. Jordana, D. Laloe, A. Pereira, A. Sanchez, K. Moazami-Goudarzi. "Genetic diversity measures of local European beef cattle breeds for conservation purposes." *Genet Sel Evol* 33(3): 311-332, 2001. DOI: <https://doi.org/10.1186/1297-9686-33-3-311>
- [4] S. E. Georgescu, M. A. Manea, A. Dudu, M. Costache. "Phylogenetic relationships of the Hucul horse from Romania inferred from mitochondrial D-loop variation." *Genet Mol Res* 10(4): 4104-4113, 2011. DOI: <https://doi.org/10.4238/2011.October.31.7>
- [5] K. I. Kim, J. H. Lee, K. Li, Y. P. Zhang, S. S. Lee, J. Gongora, C. Moran. "Phylogenetic relationships of

- Asian and European pig breeds determined by mitochondrial DNA D-loop sequence polymorphism." *Anim Genet* 33(1): 19-25, 2002.
DOI: <https://doi.org/10.1046/j.1365-2052.2002.00784.x>
- [6] S. J. Lai, Y. P. Liu, Y. X. Liu, X. W. Li, Y. G. Yao. "Genetic diversity and origin of Chinese cattle revealed by mtDNA D-loop sequence variation." *Mol Phylogenet Evol* 38(1): 146-154, 2006.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2005.06.013>
- [7] L. F. Groeneveld, J. A. Lenstra, H. Eding, M. A. Toro, B. Scherf, D. Pilling, R. Negrini, E. K. Finlay, H. Jianlin, E. Groeneveld, S. Weigend, G. Consortium. "Genetic diversity in farm animals - a review." *Anim Genet* 41 Suppl 1: 6-31, 2010.
DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2010.02038.x>
- [8] Y. Suekawa, H. Aihara, M. Araki, D. Hosokawa, H. Mannen, S. Sasazaki. "Development of breed identification markers based on a bovine 50K SNP array." *Meat Sci* 85(2): 285-288, 2010.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2010.01.015>
- [9] S. H. Sohn, C. Y. Lee, D. H. Kim, G. B. Park, J. G. Lee, C. K. Shin, H. S. Chung, S. C. Kwack, M. K. Park, M. S. Chun, C. S. Baik, Y. D. Ko. "Chromosomal pattern and karyotype of the Korean Native Striped cattle Chikso." *Korean Journal of Animal Science* 42(1): 1-8, 2000.
- [10] S. Kim, H. S. Cheong, H. D. Shin, S. S. Lee, H. J. Roh, D. Y. Jeon, C. Y. Cho. "Genetic diversity and divergence among Korean cattle breeds assessed using a BovineHD single-nucleotide polymorphism chip." *Asian-Australas J Anim Sci* 31(11): 1691-1699, 2018.
DOI: <https://doi.org/10.5713/ajas.17.0419>
- [11] S. Kim, C. Cho, H. Noh. Method for identification of Chikso breed using single nucleotide polymorphism markers. KOREA Patent. 10-2083675, 2020.
- [12] N. D. Cameron, M. J. van Eijk, B. Brugmans, J. Peleman. "Discrimination between selected lines of pigs using AFLP markers." *Heredity (Edinb)* 91(5): 494-501, 2003.
DOI: <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800314>
- [13] V. Fajardo, I. Gonzalez, I. Lopez-Calleja, I. Martin, P. E. Hernandez, T. Garcia, R. Martin. "PCR-RFLP authentication of meats from red deer (*Cervus elaphus*), fallow deer (*Dama dama*), roe deer (*Capreolus capreolus*), cattle (*Bos taurus*), sheep (*Ovis aries*), and goat (*Capra hircus*)." *J Agric Food Chem* 54(4): 1144-1150, 2006.
DOI: <https://doi.org/10.1021/jf051766r>
- [14] R. Li, X. M. Zhang, M. G. Campana, J. P. Huang, Z. H. Chang, X. B. Qi, H. Shi, B. Su, R. F. Zhang, X. Y. Lan, H. Chen, C. Z. Lei. "Paternal origins of Chinese cattle." *Anim Genet* 44(4): 446-449, 2013.
DOI: <https://doi.org/10.1111/age.12022>
- [15] I. Martin-Burriel, C. Rodellar, J. Canon, O. Cortes, S. Dunner, V. Landi, A. Martinez-Martinez, L. T. Gama, C. Ginja, M. C. Penedo, A. Sanz, P. Zaragoza, J. V. Delgado. "Genetic diversity, structure, and breed relationships in Iberian cattle." *J Anim Sci* 89(4): 893-906, 2011.
DOI: <https://doi.org/10.2527/jas.2010-3338>
- [16] S. Sasazaki, S. Odahara, C. Hiura, F. Mukai, H. Mannen. "Mitochondrial DNA Variation and Genetic Relationships in Japanese and Korean Cattle." *Asian-Australas J Anim Sci* 19(10): 1394-1398, 2006.
DOI: <https://doi.org/10.5713/ajas.2006.1394>
- [17] C. S. Troy, D. E. MacHugh, J. F. Bailey, D. A. Magee, R. T. Loftus, P. Cunningham, A. T. Chamberlain, B. C. Sykes, D. G. Bradley. "Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle." *Nature* 410(6832): 1088-1091, 2001.
DOI: <https://doi.org/10.1038/35074088>
- [18] A. D. Ball, J. Stapley, D. A. Dawson, T. R. Birkhead, T. Burke, J. Slate. "A comparison of SNPs and microsatellites as linkage mapping markers: lessons from the zebra finch (*Taeniopygia guttata*)." *BMC Genomics* 11: 218, 2010.
DOI: <https://doi.org/10.1186/1471-2164-11-218>
- [19] A. L. Van Eenennaam, J. Li, R. M. Thallman, R. L. Quaas, M. E. Dikeman, C. A. Gill, D. E. Franke, M. G. Thomas. "Validation of commercial DNA tests for quantitative beef quality traits." *J Anim Sci* 85(4): 891-900, 2007.
DOI: <https://doi.org/10.2527/jas.2006-512>
- [20] S. Sasazaki, D. Hosokawa, R. Ishihara, H. Aihara, K. Oyama, H. Mannen. "Development of discrimination markers between Japanese domestic and imported beef." *Anim Sci J* 82(1): 67-72, 2011.
DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1740-0929.2010.00820.x>
- [21] H.S. Cheong, L.H. Kim, S. Namgoong, H.D. Shin. "Development of discrimination SNP markers for Hanwoo (Korean native cattle)" *Meat Sci*. 94(3): 355-359, 2013.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2013.03.014>
- [22] J. W. Choi, X. Liao, S. Park, H. J. Jeon, W. H. Chung, P. Stothard, Y. S. Park, J. K. Lee, K. T. Lee, S. H. Kim, J. D. Oh, N. Kim, T. H. Kim, H. K. Lee, S. J. Lee. "Massively parallel sequencing of Chikso (Korean brindle cattle) to discover genome-wide SNPs and InDels." *Mol Cells* 36(3): 203-211, 2013.
DOI: <https://doi.org/10.1007/s10059-013-2347-0>
- [23] J. H. Park, C. W. Lee, H. L. Lee, J. W. Choi, Y. H. Choy, A. N. Kwon, Y. H. Ji, J. G. Kim. "Sires' MC1R Genotypes and Coat Color of the Offspring of the Chikso (Korean Brindle Cattle)." *JET* 29(1): 21-27, 2014.
DOI: <https://doi.org/10.12750/JET.2014.29.1.21>
- [24] M. N. Park, T. J. Choi, B. H. Park, S. S. Lee, J. G. Choi, K. H. Cho, C. B. Yang, J. G. Lee, H. J. Choo, A. Mahboob, S. H. Kim, Y. S. Choi, D. J. Jung, K. T. Lee, N. H. Shin, Y. S. Park, H. J. Lee, S. K. Shin, Y. H. Choy. "Distribution of Chikso (Korean Brindle Cattle)

in south Korea and their Coat Color Expression." Journal of the Korean Society of International Agriculture 28(3): 407-413, 2016.
DOI: <https://doi.org/10.12719/KSIA.2016.28.3.407>

- [25] D. Lim, E. M. Strucken, B. H. Choi, H. H. Chai, Y. M. Cho, G. W. Jang, T. H. Kim, C. Gondro and S. H. Lee. "Genomic Footprints in Selected and Unselected Beef Cattle Breeds in Korea." PLoS One 11(3): e0151324, 2016.
DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0151324>

김 승 창(Seungchang Kim) [정회원]



- 1999년 2월 : 전남대학교 대학원 생물학과 (이학석사)
- 2009년 2월 : 전남대학교 대학원 생물학과 (이학박사)
- 2018년 2월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구사

〈관심분야〉
유전육종, 유전자원 관리

김 관 우(Kwan-Woo Kim) [정회원]



- 2015년 2월 : 충남대학교 대학원 축산학과 (농학석사)
- 2018년 8월 : 충남대학교 대학원 축산학과 (농학박사)
- 2018년 8월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 전문연구원

〈관심분야〉
가축번식, 가축육종

이 은 도(Eun-Do Lee) [정회원]



- 2015년 8월 : 충남대학교 낙농학과 (농학학사)
- 2018년 2월 : 충남대학교 대학원 축산학과 (농학석사)
- 2020년 3월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 전문연구원

〈관심분야〉
가축번식, 가축육종

진 대 혁(Daehyeok Jin) [정회원]



- 2018년 2월 : 전북대학교 동물자원학과 (농학학사)
- 2020년 9월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구사

〈관심분야〉
유전육종, 유전자원 관리

김 동 교(Dongkyo Kim) [정회원]



- 2015년 2월 : 충남대학교 대학원 축산학과 (농학석사)
- 2012년 10월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구사

〈관심분야〉
유전자원 관리, 분자생물학

이 진 욱(Jinwook Lee)

[정회원]



- 2015년 2월 : 전북대학교 축산학과 (농학석사)
- 2016년 10월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구사

<관심분야>

가축영양, 반추미생물

최 봉 환(Bong-Hwan Choi)

[정회원]



- 2000년 8월 : 전남대학교 낙농학과 (농학박사)
- 2002년 6월 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구사
- 2021년 3월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구관

<관심분야>

동물유전체 및 동물분자생리학

김 재 환(Jae-Hwan Kim)

[정회원]



- 2004년 2월 : 제주대학교 대학원 생명과학과 (이학석사)
- 2008년 2월 : 경상국립대학교 대학원 응용생명과학과 (이학박사)
- 2008년 11월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구관

<관심분야>

분자유전, 유전자원 관리