

유럽돼지의 유전자 지도 작성 계획

이 원 봉 역
(본회 음성지부장)

돼지를 구성하는 유전자 정보는 거의 10만개의 유전자로 구성되어 있다.

이러한 유전자들은 DNA sequence에 암호화되어 있고, 이것은 성염색체(X와 Y)와 30억개의 길이 pack화된 18쌍의 유전자에 속해 있다. 유전자 지도의 목적은 염색체를 따라 일정한 간격으로 경계표시(유전자표시)를 하기 위함이다. 염색체에 인접해 있는 유전자는 서로 유전하려고 하는 경향이 있으며, 또한 "linked"라 불린다. 이러한 방법으로 각각의 유전자 표지는 그것의 주변에 서로 연계된 염색체 부분의 유전형질을 따라 가려고 하는 경향이 있고, 서로 연계된 부분은 많은 다른 유전자를 포함하고 있다.

1. 상업적 영향

모든 genome의 충분한 유전자 표지(100~200) 유전형질은 다음과 같다. 이것은 유전인자를 상업적 가치를 갖는 특성에 커다란 영향을 미치는 유전자를 포함한 부분을 포진하는 것을 가능하게 할 것이다.

유전자 표지를 유용하게 하기 위하여 다수에 있어서 발현되는 몇 개 또는 많은 유전자 변형과 함께 다양화해야 한다. 이때만이 염색체의 교체부분의 유전형질 수반이 가능해진다(예를 들어 어떤 특정개체는 그것의 조모보다 조부로부터 염색체의 특정부분을 유전받아 왔다). 분자의 유전적 방법은 작은 표본인 모발근이나 소량

의 혈액으로부터 어떠한 개체며 연령이 얼마나 되었던 지에 관한 것 등을 측정할 수 있다.

2. 유전자지도

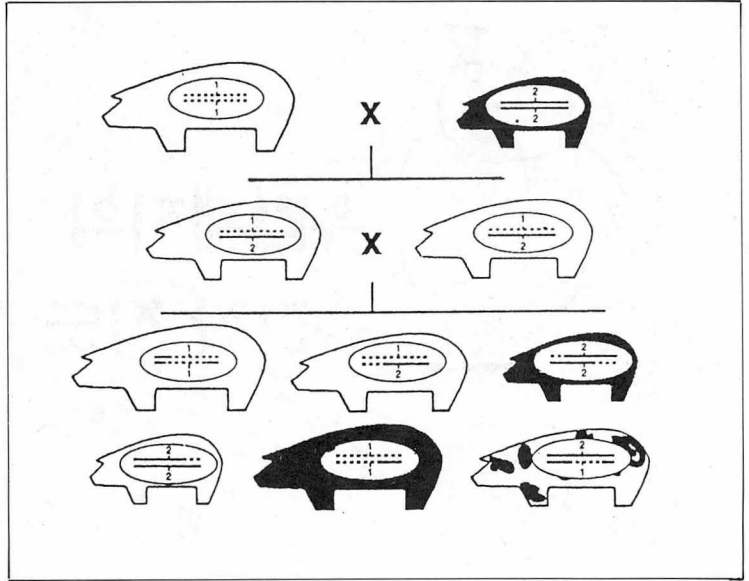
유전자지도를 완성하기 위해 우리는 인접해 있는 유전자 표지간의 거리를 측정하는 것이 필요하다. 이렇게 하는 이상적 방법은 유럽의 "Large White"와 중국의 "Meishan" 등과 같이 유전적으로 매우 다른 이종 교배를 하는 것이다.

이런 교배는 대부분의 유전자 표지에 대해 선택적 유전자 변이가 되기 쉽다. 이와같이 해서 그들간의 F1교배는 서로의 어버이 교배로부터 한가지 변이를 할 것이다. F1동물간의 교배

로부터 F2자손에 있어서, 혹시 두 유전자 표지가 같은 염색체 상에 연계가 되어 있어도 특정한 아버지의 순수교배로부터의 변이는 같이 유전되는 경향이 있다.

우리는 이러한 경향으로부터 연계된 염색체간의 거리를 측정할 수 있다(두유전인자가 보다 가까울수록 그들은 보다 같이 유전되어진다). 완전한 지도의 충분한 유전자 표지는 이와 같이 만들어질 수 있다. 유전자 지도를 만드는 것은 보다 많은 연구와 기술이 필요하다. 그것은 국제공동연구를 위한 이상적인 계획이 된다. 유럽 여러나라에 있어서 17개의 연구소를 포함한 돼지유전자지도계획 (PiGMap)은 돼지에 있어서 선구적인 유전지도연구이고, 또 그것은 Roslin 연구소에 의해 대등해졌다. 이 계획을 위한 많은 자금계획은 같이 공동연구하기 위한 EC원조의 결합으로부터의 자금을 제외한 영국에 있어서 MAFF와 AFRC와 같은 국제적 재원으로부터 온다.

지난 3년 이상의 PiGMap에서의 연구는 돼지의 유전자 지도를 완성하는데 도움을 주었다. 미국내의 그룹에 의해 공동으로 유전자 지도에 대한 보다 많은 정보는 최근에 발간되었고, 거기에는 지금 60개 이상



〈그림 1〉분자의 표식을 사용한 상업적 가치의 유전자 검사

의 유전자지도가 이용가능하다.

3. Genome 표지

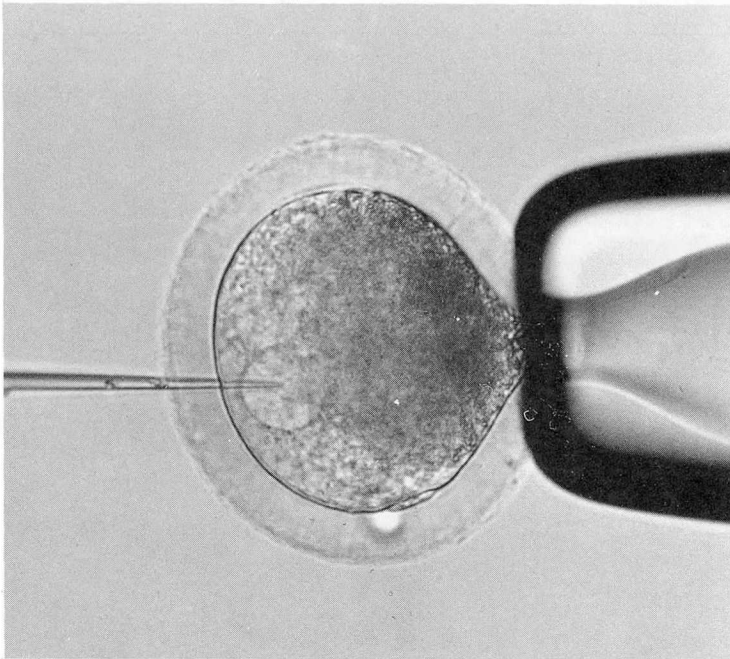
이러한 유전자 표지는 돼지 염색체 각각에 대한 genome의 실제적으로 완전한 표지를 보여주고 있다. 큰 염색체의 어떤 것은 그들에 있어서 50개가 넘는 유전자표지를 가지고 있고, 보다 작은 염색체는 조금 밖에 가지고 있지 않다.

유전자 지도가 만들어져 왔기 때문에 상업적 중요성을 갖는 유전자를 발견해 내는데 이용될 수 있다. 이러한 가능성은 그러한 유전자가 표지유전자와 연계가 된다면 그들은 같이 유

전될 수 있는 경향을 보이기 때문이다. 따라서, 만약 우리가 동물들이 평균보다 빨리 자라는 경향을 보이는 유전자 표지의 어떠한 변이가 유전된다는 것을 가정한다면, 성장률에 영향을 미치는 유전자가 유전자 지도에 연계되어 있는 염색체의 영역에 있다는 결론을 내릴 수 있다(그림1).

PiGMap의 선형연구 범위에서 우리는 Uppsala에서 유럽야생돈(서구의 상업 종자의 조상)과 Large White Pig의 교잡을 연구하고 있는 Leif Andersson에 의해 지도되는 스웨덴 그룹과 공동으로 연구해 왔다.

이 연구에 의하면 단일 염색체의 특정한 영역은 성장률과



증체에 주요한 영향을 미치는 관계가 있다는 것이다. 이 영역에 있어서 하나의 유전자나 유전자군은 Wild Boar-Large White종에 있어서 1일 50g의 성장률과 5mm의 지방두께의 차이를 가져온다.

이러한 효과는 이 특성에 있어서 총 20%까지의 변이를 나타낸다. 따라서 주요한 효과는 이러한 유전자 지도연구에 의해서 알 수 있고, 이종교배에 관한 앞으로의 연구는 관련된 유전자들을 입증하기 위한 시도를 할 것이다.

앞으로의 연구에 있어서 우리는 Meishan와 Large White종간의 이종교배에 초점을 맞출 것이다. 이들 종은 상업적으로 중요한 특성을 가지고 있기 때문에 유전적으로 구별된다.

특히 Meishan종은 높은 산자수를 가지고 있지만 성장률이

느리고 Large White종에 비해 도체율이 낮다. 종들간의 이종교배에 있어서 Meishan종의 다산성에 기인한 일부 유전자의 위치를 지도로 나타낼 수 있어야 한다. 이것은 그들의 궁극적인 격리를 이끄는 유전자의 세부연구를 가능하게 하는 커다란 과학적 성과일 것이다. 그것은 또한 보조부분의 표지 활용을 가능하게 할 것이다.

4. 보조부분

일단 상업적 특성을 갖는 유전자 지도가 그려지면 보조부분 표지는 유전자를 지니고 있는 동물의 탐색의 정확성을 크게 향상시킬 수 있다. 예를 들어, 산자수를 증가시키는 Meishan종의 유전자를 가정하면 두 표지 유전들간의 지도가 그려져 왔다. Meishan종으로부터 유전

적 표지들의 변이를 운반할 수 있는 이종교배를 위해 선택된 동물은 그것들 사이에 놓여있는 높은 산자수를 위한 그 유전자를 유전시킬 것이다.

Large White에 이들 동물을 이종교배와 다시 표지변이를 선택함에 의해서 많은 산자수를 갖는 유전자는 Large White종에 이종교배될 수 있고 낮은 성장률과 낮은 도체율을 제거할 수 있다. 더욱이 DNA는 어떤 연령의 암수로부터 격리시킬 수 있다. 그래서 그 선택은 일단 위치가 알려지면 산자수를 기록할 필요가 없이 암·수의 어린 동물에 대해서 수행될 수 있다. 같은 방법으로 식육의 질(eating quality)이나 면역과 같은 측정하기 어려운 특징들을 갖는 다른 유전자들을 종들간에 효과적으로 전이시키는데 이용될 수 있다.

자연적 유전변이를 활용하기 위한 보조부분표지의 사용에 의해 이전에 달성할 수 있었던 것보다 유전적 반응이 보다 빠르고 신축적이다. 이러한 가능성을 실현화시킬 수 있는 근거는 PiGMaP안에 놓여져야 하고 향후 10여간 우리는 유전개량 연구에 도움이 되는 적용방법들을 예측할 수 있다. <International Pig Topics '94. 3에서> 