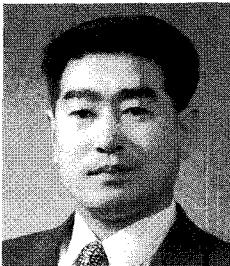


한 우 부 분

# 가축개량과 분자유전학 기법의 활용



제 주 도 축 산 진 흥 원  
조 병 육

## 1. 마리말

우리 축산업은 새로운 무역질서인 WTO체제 출범으로 농축산물 시장개방화의 소용돌이 속에서 유사이래 가장 큰 시련에 직면해 있다. 더욱이 국내의 축산물 생산은 대부분 선진국의 가축품종과 사료지원을 수입하여 이룩한 바

탕이기 때문에 수입축산물과의 경쟁에서 절대적 약세이다.

따라서 이러한 외적인 어려움을 슬기롭게 극복하고 선진축산국으로 발돋움하는 기틀을 다지기 위한 축산인 전체의 부단한 노력과 새로운 축산기술 개발이 절실히 요청되는 시점이라고 본다.

최근 외국은 물론 국내에서도 신문기사, 뉴

스 등을 통하여, 범죄수사, 시체식별이 불가능 시 친자확인, 선천성 유전병의 조기진단등 DNA수준에서 이루어지고 있다는 보도들이 가끔 화제가 되곤한다. 이는 DNA의 변이차이를 이용하는 것으로 분자 생물학의 급격한 발전과 더불어 그 이용범위는 여러분야에 광범위하게 적용되가고 있다. 가축에 있어서도 분자유전학과 유전공학의 발달에 힘입어 유전자와 유전현상에 관한 연구가 유전물질 그 자체인 DNA 수준에서 구명하기 시작하면서 이를 토대로 하여 혈통체계 확립을 위한 개체식별, 친자감별이 가능하며, 가축의 경제형질인 체중, 육질, 유량 및 유성분 등의 품질이나 질병저항성과 관련된 유전적 표지인자를 찾는 것이 가능하게 되어 우수한 개체를 효과적으로 선발할 수 있어 집단유전학이나 양적 유전학과 분자유전학 기술이 접목된 분자육종 기법이 절실히 요구되는 시기라고 본다.

따라서 본고에서는 가축의 효율적인 유전적 개량을 위한 분자유전학 기술의 연구동향과 어떻게 전통적인 육종방법에 적용될 수 있는지 살펴보고자 하며, 양적형질의 분자선발법, 종축 선발시 열성유전자 진단, 현재 경제성이 없는 재래유전자원의 특성규명 및 미래 가축개량 자원으로 활용방안 등에 관해 간략히 알아보고자 한다.

## 2. 전통적인 육종기술

지금까지 가축개량은 집단유전학적 이론에 근거하여 유전자형 (True Breeding Value)

과 가장 접근시키는 표현형을 통한 선발의 정확도를 높이는 통계적 분석방법이 발전을 거듭하면서 양적형질 개량의 주요 수단이 되어왔다.

양적형질의 유전적 개량은 대부분 양적유전학(Quantitative)과 통계학(Statistics)의 원리를 적용한 후대검정을 통한 우수종축·선발육종법으로 커다란 효과를 보았었다.

그러나 과거의 선발육종 기술을 통한 높은 개량효과를 얻기 위해서는 후대검정에 의한 대규모 축군을 확보해야되고 적어도 5~6년이라는 긴 시간을 필요로 이에 필요한 재원 및 소요기간 등의 한계로 인해 엄청난 재원이 (Sire 1두 후대검정비용 \$ 450,000) 소요되고 검정종료 시 선발두수는 10% 이내이므로 비경제적인 선발방법으로 지적되고 있어 전통적인 육종기술에 의한 개량에는 우리나라 실정에서는 불합리하다고 본다.

또한 양적형질을 지배하는 유전자 작용 또한 크게 나누면 상가적 (Additive), 우성 (Dominant), 그리고 상위성 (Epistatic) 효과로 나눌 수 있는데, 통계적인 선발모델에서는 상기 적효과 (Additive Effects)만을 고려한 육종가 (Breeding Value)를 기준해서 선발은 실시해왔는데, 통계적 선발모델의 한계는 유전자 좌 (Within Locus) 효과우성 (Dominance)과 유전자좌들간 (Between Locus)의 효과 상위성 (Epistatic)를 무시하고 각각의 유전자 위의 유전자들이 똑같이 조그만 효과를 가지면서 전체가 합해져서 하나의 양적형질을 지배한다는 이론을 바탕으로 한 통계적 모델로서 경제형질을 지배하는 하나하나의 유전자의 작용이

나 효과를 정확히 분석할 수 없는 것이 한계라고 생각된다.

따라서 새로운 분자유전학적인 기술을 이용한 가축개량에 활용은 육종개량의 보조수단으로써 시간과 경비를 경감하여 단 시간에 각 집단개체의 특성을 구명하고, 집단 및 개체간 유전자 수준에서의 차이를 알아내는데 도움을 줄 것이다.

### 3. 분자육종과 가축개량

#### 1) 연구동향

지난 반세기동안 분자유전학과 유전자재조합 기술의 발달은 기초연구, 농업 및 의학연구에 커다란 파급효과를 가져왔으며, 이러한 기술의 발달과 연구를 통하여 생명체의 근원에 대한 탐구와 이를 이용한 응용분야에 커다란 결실을 보게 되었다.

가축의 생산성 및 품질향상과 질병저항성 가축을 육종하는 분야에도 여러가지 유전공학 기법이 사용되고 있는데 우수한 품질의 고기를 생산하기 위한 성장호르몬 유전자의 다형현상이용, 돼지고기 품질향상을 위한 스트레스 감수성 돼지(PSS)진단 및 유전병의 열성형질(젖소 BLAD)을 제거하기 위한 종축진단 등 집단의 유전적 구조의 특성을 파악하고 특히 DNA표지인자로 우수한 경제형질등과의 연관관계를 분석하는 등 모든 부분에 이용할 수 있게 될 것이며 머지않아 분자유전학 기술을 가축육종의 필수 불가결한 도구가 될 것이다.

#### 2) 유전자형 분석에 의한 육종가 추정

가축의 경우 경제형질(산유, 산육, 증체율, 사료효율, 질병저항성)등 특정 유전자좌 위에 대한 연관성을 파악하는 것이 매우 어렵다. 그러나 전통적인 유전형질에 대한 평가대신 DNA다형을 이용하여 경제형질의 연관된 표지인자 개발이 가능하다. 최근의 예로써 돼지의 증체율과 지방축적에 관련된 유전자 좌위를 결정하는 데에 염색체별로 알려진 표지인자를 선정하고, 각 표지인자와 대상형질에 대한 유전양상을 관찰하여 이들간의 연관관계를 밝히는 방법을 사용하였다.(Andersson등 : 1994) 이러한 전략은 가축과 동물을 비롯하여 사람의 여러 유전병의 좌우의 분석에도 성공적으로 사용되어 왔으며, 유전자지도상의 표지인자의 수가 많아지면 보다 용이하게 유전자지도상의 위치를 파악할 수 있다.

소 유전자 지도작성(Gene Mapping)에서의 발달은 양전형질좌(Quantitative Traits Locus)에 대한 지름(Genome)에 대한 진단이 가능하다.

QTL Mapping은 표식인자의 정보를 가축 육종에 적용하는 것으로 이것을 MAS(Marketr-Assisted Selection)분자선발법이라고 칭한다.

MAS를 이용한 선발의 잇점으로는 선발의 정확도를 높이고, 어린 일령에 QTL에 대한 직접선발이 가능하며 선발주기의 단축으로 가축의 유전능력 평가를 위한 시간과 경비가 절감될 수 있다고 본다.

최근 젖소 종모우 선발시에는 BLUP에 Marker 정보를 혼합하여 육종기를 추정하는 모델이 (Fernando 등, 1994) 제시되어 실제 젖소 종모우 선발시 이용되고 있다.

### 3) DNA 표지인자를 이용한 가축육종

새로운 분자유전학적인 기술을 이용한 기존의 가축집단내에 존재하는 유용유전자의 특성을 파악하여 가축개량에 이용하고자 하는 방법으로서 전통적인 통계 육종방법과 DNA상의 특성을 연관시켜 고능력을 가지는 개체의 선발

지표로 이용하기 위한 연구가 외국은 물론 국내에서도 진행중이다.

이 방법은 특정경제형질에 있어서 차이를 보이는 개체나 집단의 능력차이를 DNA상의 차이점과 연관시켜 이러한 차이를 차후의 개체선발에 선발표지인자로 이용하는 것이다. 현재 이 방법을 거의 실용적인 단계에 와 있다.

대표적인 예로서 우유의 K-Casein과  $\beta$ -Lactoglobul)내 유전자의 각 유전자형에 따른 우유내 유단백과 유지방량에 대한 성장효과를 한우에서 분석한 경우를 예로서 들 수 있다.

〈그림 1〉 한우집단에서 K-Casein 유전자다형 현상

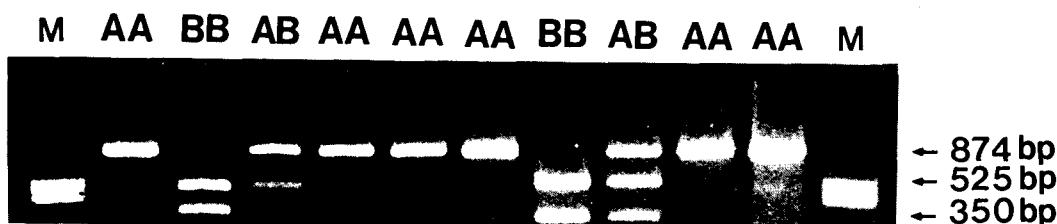


Fig. 1. Hind III Polymorphism in K-Casein Allele of Hanwoo. Lane M : Size Marker (Lambda-Hind III and Eco RI Digested), Hind III Digestion of Amplified DNA Generates Six (Genotype AA, 875bp only), Two (Genotype BB, 525 and 350 bp), Two (Genotype AB all 875, 525, and 350 bp).

자료 : 조병욱, 1995 서울대학교 박사학위 논문

연구에 이용된 한우는 축협 서산 한우개량사업소에서 보유한 한우보증 종모우 19두와 검정이 완료된 자손 139두를 이용하여 DNA 표지인자 K-Casein 유전자형 (AA, BB, AB) 가

성장을과 도체형질에 미치는 효과를 검정하기 위해 Animal Model에 의해 추정된 육종기를 이용하여 분석한 결과 BB유전자형과 6개 월체중(BW6), (BW18), 일당증체량

(ANG)과 등지방두께(BF) 그리고 배정근단 면적(EMA)와의 유의적 차이가 추정되었다. (Tablel. 2)

Table 1. Least Square Means of BV for Bull Carcass Traits on Each Locus

| Marker Type | Traits      |             |            |             |
|-------------|-------------|-------------|------------|-------------|
|             | DP(%)       | BF(mm)      | EMA(cm)    | MS(score)   |
| K-Casein    |             |             |            |             |
| AA          | -0.39(0.05) | -0.19(0.32) | 0.69(0.27) | -0.71(0.61) |
| BB          | -0.25(0.08) | 2.17(0.53)  | 0.65(0.15) | 0.27(0.15)  |
| AB          | -0.35(0.06) | 0.33(0.30)  | 0.66(0.31) | -0.50(0.09) |

( ) : Standard Error, DP : Dressing Percent : Meat Percent, BF : Back Fat, EMA : Eye Muscle Area, MS : Marbling Score

Table 2. Least Square Means of BV for Bull Growth Traits on Each Locus

| Marker Type | Traits      |             |             |              |
|-------------|-------------|-------------|-------------|--------------|
|             | BW6(SD)     | BW12(SD)    | BW(SD)      | ADG          |
| K-Casein    |             |             |             |              |
| AA          | 21.28(1.69) | 5.32(2.05)  | 0.04(1.51)  | -18.32(3.71) |
| BB          | 27.97(2.80) | 1.89(3.41)  | 12.61(2.51) | 12.10(6.15)  |
| AB          | 19.15( 1.5) | -5.43(0.30) | 3.29(1.40)  | -5.70(3.43)  |

( ) : Standard Error, BW : Body Weight Monthly, ADG : Average Daily Gain

한우암소의 비유능력은 대체로 불량하여 암소가 분만한 송아지의 포유도 충분하지 못하다. 따라서 비유량 및 유질이 우수한 개체를 선발할 수 있는 비유량 및 유질에 특별한 DNA를 표지인자(K-Casein),  $\beta$ -Lactoglobulin들을 이용하여 다유계통 우량암소집단을 선발하는데 선발표지로 사용할 수 있으리라 본다.

경제형질에 직접적으로 관여하는 유전자의 다형현상에 관한 연구는 소, 양, 돼지등의 가축에서 이루어졌다.

Growth Hormone, IGF-I, II, K-Casein,  $\beta$ -Lactoglobulin 경제형질에 연관된 유전자가 분석되었다. 현재의 DNA다형에 대한 연구는 관심있는 유전자의 다형을 확인하는

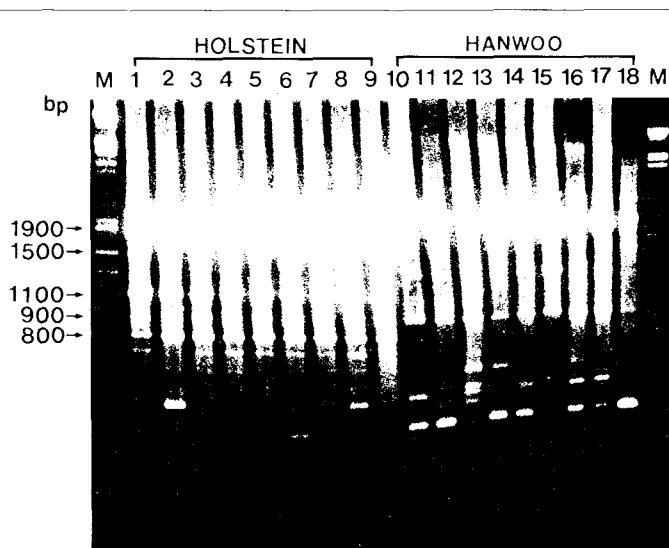
수준이지만, 소의 경우 유전자다형이 밝혀진 유전자수는 다른 경제동물에 비해 다소 많으며, 특히 특정 유전자와의 있어서는 이러한 RFLP분석에 의한 유전자 Marker가 보고되고 있다.

#### 4) PCR-RAPD에 의한 계통 및 축우품종의 동정

최근 PCR(Polymerase Chain Reaction)에 의해 원하는 부분의 DNA를 증폭할 수 있는 기법이 개발되면서, 임의의 DAN를 증폭하여 종간, 계통간 혹은 개체간 밴드 차이에 의한 유전분석이 가능해 짐으로써 유전적 표지인자(Genetic Marker)의 개발은 초기 단

계에 머무르고 있으나 개체식별과 친자감별이 가능하며 궁극적으로 경제형질과 연관된 Genetic Marker개발도 가능하리라 사료된다. 가축에 있어 PCR을 이용하여 Rohrer등(1991)은 도체형질(Carcass Merit)를 조절하는 유전자를 찾기위해 앵거스와 브라만종 사이의 PCR-RAPD에 의한 밴드를 분석하였으며, Kemp등(1994)은 소품종내에서 품종특이 표지인자를 분리 및 품종간 유전적 특성 차이에 기인한 유전적 거리를 분석하였다.

그림 2은 PCR-RAPD에 의한 홀스타인 품종 특이 DNA표지인자를 나타내고 있는 것으로 홀스타인 품종 특이 RAPD표지인자를 나타내고 있다.



Random Amplified Polymorphic DNA(RAPD) Analysis of Cattle with Arbitrary Primer AMG 763. Lane M : Size Marker(Lambda-Hind III and Eco RI Digested). Lane 1 to 9 : Hanwoo, Lane 10 to 18 : Holstein

자료 : 조병숙, 1995 서울대학교 박사학위 논문

### 5) 무분별 도입보다 DNA형분석으로 형질측정

우리나라는 매년 외국에서 종돈을 수입하여 단순증식하여 실용돈을 생산하는데 이용되고 있다. 그러나 수입시 우리는 어떤 경제형질을 개량하기 위하여 수입된다기 보다는 막연히 수입되는 경우가 흔하다.

그러나 양적인 종돈도입보다는 경제적으로 중요한 형질도입이라는 것이 보다 과학적인 개량을 위한 종돈수입의 역할이 아닌가 생각한다. '96년 한해만 해도 총수입 종돈은 3,512 두로 이들중 과연 우리 종돈개량의 현 문제점을 극복할 수 있는 형질을 갖춘 종돈이 도입이 됐는지 의문시 된다.

이런 경우 외국에서 형질도입시 각 품종 및 개체의 유전자형을 정확하게 파악할 수 있는 유전적 표지인자를 이용하면, 다시말하면 DNA 수준에서의 유전분석을 이용하면 보다 짧은 시간에 정확하게 형질도입이 이루어져 개량가속화는 물론 축산 경쟁력을 높일 수 있을 것으로 사료된다.

### 6) 열성형질을 제거하기 위한 종축진단

동물의 질병에 대한 감수성은 동물종, 품종 또는 개체별로 서로 다르며 감수성의 차이가 그 생산성에 큰 영향을 준다. 따라서 경제동물의 계통 또는 품종의 개발에서 질병에 대한 감수성 또한 면역능력을 검사하는 것은 매우 중요한 사항의 하나이다.

질병에 대한 동물의 감수성은 특정집단에 있어서 높게 나타나는 경우가 있으며, MHC (Major Histocompatibility Complex) 형태에 따라 차이를 보이는 경우가 보고 되고 있다.

특히 MHC형은 젖소의 유방염이나 닭의 마렉병에 대한 저항성과 관련되어 있음이 밝혀졌고 여러 유전적 표지인자들에 대한 질병저항성 관련여부가 평가되고 있다.

소의 BLAD(Bovine Leucocyte Adhesion Deficiency)와 돼지의 스트레스 감수성(Porcine Stress Syndram, PSS)의 원인이 되는 유전자가 발견되어 열성형질을 손쉽게 파악할 수 있게 되었다.

외국의 경우 덴마크나, 캐나다, 영국 및 미국은 종돈판매시 PSS검색을 실시하여 판매하고 있어 종돈장, 검정소 PSS검사는 실용화 되어야 한다고 생각한다.

### 7) 재래가축의 유전적 특성 구명 및 다양성 보존

미래의 농업은 Germplasm의 확보와 이를 이용한 신품종의 육종개발 경쟁이 치열해 질 것으로 예측된다. 국제적 협약인 생물다양성 협약이 이미 발효했고 이는 독특한 생물의 유전자를 보유하고 있는 국가에 대해 해당 유전자를 이용하려는 국가가 그 이용 대가를 지불해야 함은 물론 이는 부가가치 높은 바이오산업 즉 생물산업에 유전자 자원의 가치가 점차 높아지고 있음을 반영하는 것이라 하겠다.

가축은 미래의 지구식량 충족에 있어서 중요한 요소로서 축산업의 생산성향상 및 가축개량을 도모하기 위해서 현재 경제성이 없는 품종, 재래가축(흑우, 흑돼지, 재래닭)계통이라하더라도 미래 유용하게 이용될 수 있도록 가능성에 대비하고 특히 멸종위기에 있는 가축의 영구보존을 위한 필요성이 증대되고 있다.

이런 점에서 재래유전자원의 잠재적인 생산 효율성이 증대를 실현시킬 수 있도록 생산환경의 개선등 다각적인 연구노력이 필요하다고 본다.

가축의 다양성 보존은 개체식별, 감식, 유전자원의 특성화를 통하여 단기적으로 최고이용성과 장기적으로 활용할 수 있도록 자원을 보존 할 수 있어야 한다.

#### 4. 결 론

수입개방이라는 벽에 부딪쳐 있는 우리나라의 축산업에서 새로운 기술의 도입은 반드시 필요하다.

이런 생물분자유전학이나 유전공학 기술의 이용은 가축개량 및 신기능품종 창출등과 같은 새로운 연구를 통하여 축산업에 활로를 개척하는데 도움이 되리라 생각된다.

기술분야에 있어서 경제형질에 연관된 유전적 Marker 및 품종특성, 열성형질, 혈통분석을 찾는 분자유전학적 기법의 효율적인 방법을

색하는데 있어서 지금까지 개발된 각각의 기법의 장점과 한계의 특성을 종합적으로 분석하여 효율적으로 유전적 Marker를 찾을 수 있

는 방법을 개발함으로써 앞으로 많은 유전적 표식인자(Genetic Marker)개발의 모델이 될 수 있고, 분자유전학과 전통적인 육종방법을 접목시킴으로써 경제적인 선발법을 개발하므로써 가축육종분야의 새로운 장을 열수 있게 되어 육종분야의 획기적인 기술발전을 기대할 수 있다.

경제형질에 연관된 Marker를 많이 개발함으로써 이를 한우 및 타가축 육종 Program에 있어서 선발의 Marker로 제공함으로써 기존의 육종 Program의 문제로 나타나는 선발이 정확도, 대규모 가축검정에 필요한 재원, 소요기간 등의 문제점들을 극복할 수 있으며, 특히 어린 종모우를 Marker를 이용하여 손쉽게 선발함으로써 가축육종의 큰 과제의 하나인 세대간격을 대폭 줄일 수 있어 유전적 개량량을 가속화 시킬 수 있다. 따라서 가축의 통계 육종 학적 방법보다 10%의 증체율 향상을 가져온다면 생산비 절감측면에서 산업적으로 막대한 이익을 가져올 수 있다고 확신한다.

아직 분자유전기법의 가축개량, 종축진단, 품종특성 분석 등에 실용화하기에는 이르다고 생각되지만 가축에서의 이러한 기술의 도입 적용은 앞으로 가축개량에 큰 발전이 예상되며 실용가능성이 높은 유망한 분야라고 사료된다.

