

# 개에서의 DNA 분석에 의한 친자감별

서울대학교 수의과대학 생화학교실, 산과학교실

채영진, 이병진, 왕우석, 이양

사람과 가장 친숙한 애완동물인 개는 전세계적으로 300가지 이상의 독특한 품종이 있는 것으로 알려져 있다. 우리나라에도 소득수준의 향상과 더불어 진돗개 등 재래견과 함께 외국에서 유입된 많은 순종견들이 사육되고 있어 애견 애호가들의 수요를 충족시켜 주고 있다. 잡종견에 비하여 순종견은 성견이 되었을 때의 특성을 예측할 수 있기 때문에 각각 애견가의 필요와 취향에 따라 적합한 견종을 선택할 수 있다는 이점을 가지고 있다. 그러나 순수한 혈통을 가진 순종견의 번식과 보급을 위하여는 정확한 혈연관계 확인이 필수적인데, 때때로 친자관계가 명확하지 않은 사례가 발생하고 있다. 예를들어 한 사이클에 여러마리의 종견과 교배를 시켰을 경우, 울타리를 넘어 다른 숫개가 침입을 하였을 경우, 그리고 비슷한 포래의 강아지를 가진 번식견을 섞어 키웠을 경우 등이 있을 수 있다.

이러한 때에 친자 혹은 친부관계를 확인할 수 있는 수단이 필요하게 된다. 전통적으로 사람에서나 동물에서 친자확인에는 혈액형분석, 혈액단백질 분석 방법 등에 의존하였으나, 분자유전학과 DNA 분석 기술의 발달로 인하여 새로이 등장한 DNA 분석에 의한 친자확인법이 각광을 받게 되었고, 현재 사람에 있어서는 전통적인 방법을 거의 대체하였고 동물에 있어서는 상당부분 새로운 방법으로서의 교체가 일어나고 있다. 이것은 DNA 분석법이 다른 방법들에 비하여 훨씬 정확도가 높으며 그 기술적인 면도 간편하기 때문이다. DNA 분석법에는 DNA fingerprinting (DNA 지문법), RFLP (제한효소 절편다형)분석법,

microsatellite (초미세위성체)분석법 등의 여러 가지 방법들이 있다. 초기에는 DNA 지문법이 사람과 동물에서 친자확인에 주류를 이루었으나, microsatellite 분석법이 여러 가지 이점을 가지고 있어 현재 DNA 지문법을 대신하여 각광을 받고 있다. DNA 즉 유전자를 이용한 개체확인법은 사람에서 가장 먼저 시작하여 널리 사용되고 있으며 특히 법의학에서 중요한 분야를 차지하고 있다. 그러므로 사람을 중심으로 하여 유전자 분석법에 대한 설명을 계속하게 될 것이나 그 원칙은 다른 포유동물에도 동일하게 적용된다.

DNA는 모든 생물체의 유전정보를 저장하고 있는 길다란 이중사슬로 이루어진 거대분자이다. 단백질이 아미노산이 연결된 사슬로 이루어져 있는 것처럼 DNA는 뉴클레오티드(nucleotide)라고 불리는 단위체로 구성되어 있다. DNA를 이루는 뉴클레오티드는 인산(phosphate), 당(sugar), 염기(base)의 세가지 구성요소로 또다시 이루어져 있는데, 모든 뉴클레오티드의 인산과 당의 구조는 똑 같으나 염기만은 guanine, adenine, thymine, cytosine의 4가지 종류가 있고 이들을 간단히 줄여서 각각 G, A, T, C로 부른다. 그러므로 DNA에서 이들 4 종류의 뉴클레오티드들이 연결되어 있는 순서를 DNA 염기서열이라고 한다. 대개의 포유동물은 약 30억개 정도의 뉴클레오티드가 연결된 DNA를 가지고 있고, 그 전체 길이와 염기들이 연결된 순서는 종마다 다르다. 그러므로 이 4가지 종류의 염기를 가진 뉴클레오티드들이 어떠한 순서로 연결되어 전체 DNA를 구성하느냐 하는 것이 어떤 종을 형성할 것인가를

결정하게 된다. 사람, 개, 말, 소 등 각각의 종들은 각각에 특이한 뉴클레오티드 순서를 가지고 있으며 같은 종에 속하는 개체들은 거의 일치하는 순서를 가지게 된다. 그러나 같은 종에 속한 동물들이라 할찌라도 개체에 따라 DNA 염기서열이 약간씩의 차이를 보이게 되는데 이를 DNA 다형현상(DNA polymorphism)이라고 한다. 만일 모든 사람이 똑 같은 DNA 염기서열을 가진다면 모든 사람이 일란성 쌍둥이와 같은 복제인간이 될 것이다. 그러므로 사람마다 지문이 다른 것처럼 개인마다 특이한 DNA 염기서열을 가지게 되고 이러한 특이한 염기서열은 멘델의 유전법칙에 따라 그 다음 세대에 유전하게 된다. DNA 분석법은 이러한 각 개인의 염기서열의 특이성과 유전성을 이용하여 개체확인과 친자감별을 하는 것이다.

친자감별이나 개체확인을 위하여 DNA를 분석할 때 30억개나 되는 모든 DNA 염기서열을 조사할 수는 없다. 그러므로 DNA 중에서도 특히 개체 간의 차이가 심한 부분만을 주로 분석하게 되는데 그해야만 다른 개인과 구별이 손쉽기 때문이다. 이렇게 개체 간에 염기서열의 차이를 보여서 DNA 분석에 이용할 수 있는 DNA의 특정 부분을 marker라고 하며 이 중에서 친자감별에 가장 많이 사용되는 marker들에는 minisatellite (미세위성체)와 microsatellite(초미세위성체)가 있다. 여기서 satellite(위성체구조)라고 하는 것은 DNA 중에서 그 주된 염기서열 구조와는 약간 다른 구조를 가지고 있는 부분을 지칭하는 것으로, 초원심분리라고 하는 특수한 방법을 이용하면 마치 위성처럼 주된 DNA 부분과는 동떨어져 따로 구분할 수 있기 때문에 붙인 이름이다. 이 satellite DNA의 주된 특징은 특정한 염기서열이 계속 반복하여 존재한다는 것이다. 그 반복되는 염기의 규모에 따라서 satellite, minisatellite, microsatellite 등으로 불리운다. 이들 중 minisatellite는 VNTR (Variable Number of Tandem Repeat)이라고도 불리우며 10 내지 수십 개의 염기서열이 수십번 계속 반복하여 나타나는 구조를 가지는데, 그 반복되는 수가 개체마다 차이가 난다. 그러므로 만일

minisatellite가 존재하는 같은 부분의 DNA 길이를 사람마다 비교한다면 그 반복수가 많은 사람의 DNA는 길어질 것이고 반복수가 적은 사람의 DNA 길이는 짧아질 것이다. 이 minisatellite DNA를 전기영동으로 길이에 따라 분리할 수가 있는데, 특정한 minisatellite DNA 만을 검출하는 시약을 이용하면 minisatellite DNA가 마치 줄사다리의 가로대와 같은 모양으로 나타나게 되며, 특정한 minisatellite의 길이가 사람마다 다르므로 그 가로대가 나타나는 위치도 사람마다 다르게 되어 마치 지문처럼 사람마다 다른 모양을 가지게 된다.

그러므로 이러한 방법으로 개인을 확인하는 방법을 DNA 지문법(DNA fingerprinting)이라고 한다. 그러나 이 방법은 그 절차가 상당히 까다롭고 많은 양의 DNA 시료가 필요하며 그 해석이 불확실한 경우가 있는 등의 결점이 있다.

한편 microsatellite DNA는 그 반복되는 규모가 minisatellite보다 훨씬 작아 2-6 개의 염기가 수십번 정도 반복되는 구조를 하고 있는데, minisatellite의 경우와 마찬가지로 그 반복되는 수는 개인마다 많은 차이가 있다.

예를들어 다음 그림 1과 같은 염기서열을 가지는 microsatellite가 있다고 가정하자. 작은 화살표 사이에는 CA라는 두 염기가 계속 반복되어 있다. 그 양쪽에는 반복되지 않는 염기서열이 있다. 이 경우에는 그 반복수가 15 이라서 작은 화살표 사이의 총 염기수는 30이 된다. 그러나 그 반복수가 사람마다 다르기 때문에 어떤 사람은 16 반복에 32개의 염기를, 어떤 사람은 18 반복에 36개의 염기를, 또다른 어떤 사람은 22 반복에 44 개의 염기를 갖게 될 것이다. 그러므로 만일 각 개인의 DNA를 추출하여 그림 1의 큰화살표 사이의 DNA 부분의 길이를 비교한다면 사람에 따라 각각 다른 길이를 갖게 될 것이다. minisatellite를 이용하는 DNA 지문법의 경우 그 길이를 비교하기 위하여 사던블렛(Southern blot)이라고 하는 복잡한 방법이 필요하나, microsatellite의 경우에는 비교하고자 하는 DNA 부분의 길이가 불과 수백 뉴클레오티드 정도의 짧은 길이이기 때문에 PCR(Polymerase Chain Reaction; 중합효소

연쇄반응)이라고 하는 기법을 이용하여 쉽게 증폭을 시킬 수 있고, 이것을 전기영동하면 손쉽게 각 사람이 가지고 있는 microsatellite DNA의 길이를 비교할 수 있다.

단 개체 간의 microsatellite 길이의 차이는 어떤 때는 단 2개의 염기 차이에 불과할 때도 있으므로 이러한 차이를 구별하기 위하여는 대단히 정교한 전기영동 방법이 요구된다.

**그림 1. Microsatellite DNA의 한 예.**

↓ ATGTT CAGTCCTATG<sup>1</sup>  
CACACACACACACACACACACACACACACA<sup>1</sup>  
TGGTCAACTGATCGG ↓

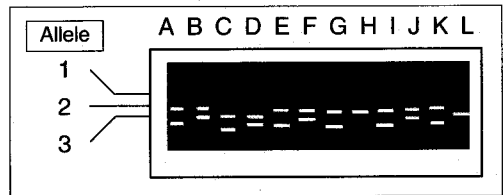
microsatellite는 적어도 수만 종류가 사람의 염색체 전체에 걸쳐 드문드문 존재하며 이것은 개를 포함한 거의 모든 종류의 포유동물에서도 마찬가지로 존재한다. 그림 1의 예에서 본 CA 두 염기가 반복되는 microsatellite가 가장 많이 존재하지만, 때로는 GA, CAC, GGAT와 같이 2개, 3개 또는 4개의 뉴클레오티드가 반복되기도 한다. 이러한 각각의 microsatellite DNA는 염색체 상의 특정한 위치를 차지하고 있으며 그 위치는 대개 어떤 특정한 단백질을 만드는 정보를 가진 유전자와 유전자 사이에 위치하고 있다. 이러한 유전자 사이에 존재하는 DNA는 대개 어떤 변화(= 돌연변이)가 있더라도 그 사람의 표현형질에는 전혀 영향을 미치지 않으므로 microsatellite DNA 길이가 사람의 특성에 차이를 주지는 않는다. 그렇지만 사람마다 특이한 microsatellite의 길이는 멘델의 법칙에 따라 정확하게 그 다음 세대로 유전이 된다. 모든 사람의 유전자는 염색체 상에 존재하고 이 염색체는 성염색체(X와 Y 염색체)를 제외하고는 모두 쌍으로 존재한다.

즉 한 염색체는 아버지로부터 또 다른 한 염색체는 어머니로부터 물려 받은 것이다. 그러므로 모든 유전자와 DNA도 역시 쌍으로 존재하며 각각 부모로부터 하나씩 유전받은 것이다. 마찬가지로 특정한 microsatellite 역시 부모로부터 하나씩 물려받은 한 쌍이 존재하게 된다. 따라서 한 쌍의

microsatellite 중 하나의 길이는 반드시 그 아버지의 한 쌍 중 하나와 일치하여야 하며, 다른 하나는 반드시 그 어머니의 한 쌍 중 하나와 일치하여야 한다.

만일 아버지로 추정되는 사람의 microsatellite의 길이가 그 자식의 것과 일치하지 않는다면 그 아버지는 생물학적인 친아버지가 아닌 것이다. 이러한 원리에 의하여 microsatellite를 이용하여 친자 혹은 친부를 확인할 수 있다. 한 자식에 여러 후보 부친이 제시되어 있고 이들 중 하나가 친부가 확실하다면 자식과 모친, 그리고 각 후보 부친들의 microsatellite의 길이를 비교함으로써 어떤 후보 부친이 친부 후보에서 제외되는 지를 결정할 수 있다. 때로는 한 종류의 microsatellite로 이러한 결정을 내릴 수 없을 때가 있으며 이런 때에는 다른 종류의 microsatellite의 길이를 비교하여 보아야 한다.

**그림 2. 친자감별에 사용된 microsatellite 분석예.**



예를 들어보자. 그림 2는 실제 개의 친부감별에 사용된 microsatellite의 분석 예이다(Zajc 등, 1994). 이 경우 주인은 황색 랩라도 수컷과 역시 황색 랩라도 암컷을 교미시켜(교미시켰다고 생각하였다) 9마리의 새끼를 얻었다. 그러나 이들 중 3마리는 흑색이었다. 랩라도의 황색 모색은 흑색 모색에 대하여 열성인자이기 때문에 황색 부모들에서 흑색은 나올 수가 없으며, 암캐와 접촉할 가능성이 있는 유일한 다른 개로서 황색인자를 보유하고 있는 흑색 수캐가 한 마리 있었다.

따라서 주인은 교미하였다고 생각한 황색수캐가 아닌 흑색수캐가 울타리를 넘어와 교미가 이루어졌던 것으로 추측하였다. 주인은 이러한 추측을 확인하기를 원하였으며 또한 둘 이상의 부견에 의한 다중임신의 가능성에 대하여도 확인하고자 하

였다. 그리하여 자견 9마리, 모견 1마리, 후보부견 2마리의 혈액을 채취하여 DNA를 추출하여 여러 microsatellite DNA marker들에 대한 분석을 행하였으며 그림 2는 그 중 17:9F라고 명명된 microsatellite locus(유전자; 특정한 DNA 염기서열이 존재하는 염색체상의 위치)의 길이를 분석한 전기영동 사진이다.

이 특정한 microsatellite 만을 증폭하기 위하여는 그 반복되는 염기순서 양쪽 바깥쪽의 DNA 일부에 해당하는 짧은 DNA 조각(이를 'primer'라고 부른다)이 필요하며 이 primer가 PCR 시 그 특정한 microsatellite의 양쪽 바깥쪽(그림 1에서 긴 화살표와 짧은 화살표 사이의 부분)에 붙어서 그 사이에 있는 특정한 microsatellite 만을 증폭하도록 유도하게 된다. 이렇게 PCR에 의하여 증폭된 DNA를 전기영동하면 DNA를 그 길이에 따라 분리할 수가 있는데 분리된 DNA는 특수한 염색에 의하여 그림 2와 같이 가로로 놓인 작은 막대 모양('band'라고 부른다)으로 나타난다. 위쪽으로 있는 band 일수록 그 길이가 긴 것이다. 그림 2에 보인 것처럼 12마리의 개에는 모두 3가지의 서로 다른 길이의 microsatellite가 존재하였다. 즉 이 개들에 있어서 염색체 상의 특정한 microsatellite locus에는 세가지의 다른 종류가 존재하는 것인데, 이렇게 한 특정한 유전자에서 서로 다른 종류가 존재할 때 이를 allele(대립유전자)라고 하고, 이 경우 세가지의 allele이 존재하는 것이다. 세가지 길이의 band를 가장 길이가 긴 것(전기영동 상에서 가장 위에 위치한 것)으로부터 1, 2, 3의 번호를 붙이고 각 개체의 allele 분포를 표로 보면 다음과 같다.

**표 1. 한 친자감별 case에서 모견, 9마리의 자견, 그리고 두 후보부견 중 locus 17:9F의 allele 1, 2, 3의 분포표.**

모견(J)	자견	부견 후보(K)	부견 후보(K)
1/2	A 1/3	1/3	2/2
	B 1/2		
	C 2/3		
	D 2/3		
	E 1/3		
	F 1/2		
	G 1/3		
	H 1/1		
	I 1/3		

모견 J는 1과 2의 서로 다른 allele을 가지고 있으며 이러한 경우를 이형접합(heterozygous)라고 한다. 부견 후보 K는 1과 3의 서로 다른 allele을 가진 또다른 이형접합이다.

부견 후보 L은 allele 2만을 두개 가진 동형접합(homozygous)이다. 자견 A의 경우 1번 allele은 모견으로부터 유전 받은 것이 확실하다. 왜냐하면 자견 A가 가지고 있는 또하나의 allele 3번은 모견에는 존재하지 않기 때문이다. 그러므로 자견 A는 allele 3번을 부견으로부터 물려 받았음에 틀림없고 따라서 2번 allele만 동형접합으로 가지고 있는 부견 후보 L은 3번 allele을 자견 A에게 물려 줄 수 없으므로 친부 후보에서 제외되며 자동적으로 1, 3 allele을 가지고 있는 부견 후보 K가 친부가 된다. 자견 B의 경우 allele 1, 2가 모두 모견과 같으므로 어느 allele을 모견으로부터 받은 것인지 알 수 없으며 1번 allele을 가지고 있는 부견 후보 K나 2번 allele을 가지고 있는 부견 후보 L이나 모두 친부일 가능성이 있다. 그러므로 자견 B의 경우는 17:9F microsatellite locus로는 친부확인이 불가능하며 또다른 microsatellite marker로 다시 분석하여 볼 필요가 있다. 자견 C의 경우는 2번 allele을 모견으로부터 받았으며 3번 allele은 부견으로부터 받은 것이고, 따라서 3번 allele이 없는 L은 친부에서 제외되고 K가 친부가 된다. 이와 같은 식으로 추론하여 자견 A, C, D, E, G, H, I의 친부로서 L은 제외되며 반면에 K는 모든 자견의 친부로서의 allele을 가지고 있다. 그러나 자견 B와 F의 경우 K와 L 둘 다 부견 후보로서 합당한 allele을 가지고 있다.

그러나 또다른 microsatellite marker로 분석을 하였을 때 이러한 모호한 점을 제거할 수 있었다. 표 2는 같은 모견, 2마리의 부견 후보, 9마리의 자견 DNA를 다른 microsatellite locus인 AA2에 대하여 그림 2 및 표 1과 같은 방식으로 분석한 결과이다.

**표 2. 한 친자감별 case에서 모견, 9마리의 자견, 그리고 두 후보부견 중 locus AA2의 allele 1, 2의 분포표.**

모견(J)	자견	부견 후보(K)	부견 후보(L)
1/2	A 1/1	1/2	2/2
	B 1/1		
	C 1/1		
	D 1/2		
	E 2/2		
	F 1/1		
	G 1/2		
	H 2/2		
	I 1/1		

분석한 견들의 DNA는 AA2 locus에서 1번과 2번 두 가지 allele 만이 존재하였다. 모견은 1/2, 부견 후보 K도 1/2의 이형접합이었으며 부견 후보 L은 2/2의 동형접합이었다. 표 1에서 친부확인이 불가능하였던 자견 B와 F는 표 2에서는 1번 allele의 동형접합으로 나타났으며 같은 allele 두 개 중 하나는 모견에서, 다른 하나는 부견에서 받은 것이다. 부견 후보 L은 2번 allele만 가진 동형접합이므로 자견 B나 F에게 1번 allele을 줄 수 없어 친부에서 제외된다. 그러므로 두 가지의 microsatellite marker를 이용한 분석 결과 9마리의 자견 모두가 견주의 추측대로 부견 후보 K의 친자임을 확인할 수 있고 따라서 다중임신의 가능성은 없다는 것을 알 수 있다.

위에서 든 예는 사실 이상적인 case라고 할 수 있다. 왜냐하면 친부일 가능성이 있는 모든 수개의 sample을 구할 수 있기 때문이다. 이러한 경우 부견일 가능성이 없는 후보를 하나씩 제거하고 최종적으로 남는 후보를 친부로 결정을 내린다. 그러나 어떤 때에는 모든 부견 후보를 알지 못하거나 sample을 구할 수 없으면서 한 두 마리의 후보 부견의 sample 만을 가지고 친부감별을 하여야 할 경우가 있을 것이다. 이러한 때에는 특정한 marker에서 그 후보 부견의 allele이 자견과 일치하지 않는다면 부견이 아닌 것으로 100% 단정할 수 있지만, 후보 부견의 allele과 자견의 allele이 일치한다고 하여 친부로 단정할 수는 없다. 왜냐하면 친부가 아니면서도 우연히 친부와 같은 allele을 가지고 있을 수도 있기 때문이다. 이 때에는 더 많은 marker를 가지고 여러 번 분석을 하여 모든 marker에서 부견의 allele과 자

견의 allele이 일치하여야 친부로 인정할 수 있으며 이 때에도 100% 완벽한 단정은 어렵다. 정확한 확률계산을 위하여는 어떤 특정한 locus의 allele이 일반적으로 분석하고자 하는 견종에 어느 정도의 비율로서 존재하는가에 대한 광범위한 자료가 필요하기 때문에 현재로서는 구체적인 수치의 확률계산은 어려운 실정이다. 그러나 10개 이상의 microsatellite marker를 사용하여 분석하였을 때 대략 99.9% 정도 이상의 확률로서 친부확인이 가능하며 이러한 확률은 실제 응용에 있어 크게 무리가 없는 것으로 생각된다.

이러한 유전자분석을 통한 친자/개체 감별 기법은 여러 분야에 응용될 수 있다. 순종견의 정확한 혈통관리를 위한 등록업무에 DNA 분석법을 이용할 수 있으며 미국의 가장 큰 규모의 순종견 등록기관인 American Kennel Club은 1998년 올해부터 등록하는 순종견에 대해 의무적으로 DNA 검사를 실시하도록 하고 있다. 현재 우리나라에서의 순종견의 관리는 많은 애견협회나 기관이 담당하고 있으나 등록업무의 일관성과 신뢰성에 의문이 제기되는 경우가 있으므로 이에 대한 대책으로 DNA 분석법이 앞으로 중요한 역할을 할 수 있을 것이다. 개에서 DNA 분석법을 보편적으로 적용하기 위하여는 각 품종 별로 표준화된 marker의 개발, 간편한 검사법의 확립, 검사 단가의 저렴화가 필수적이며 현재 이 목표를 위해 많은 노력을 경주하고 있다. 소와 말의 혈통관리에 있어서도 DNA 검사법이 고전적인 혈액형 검사와 혈액단백질 검사를 대체하여 가고 있고 현재 국제적인 표준 marker와 검사법을 확립하기 위한 노력이 진행 중에 있다. 모든 종류의 가축에서 정확한 혈통관리는 육종을 통한 개량의 기본이므로 이 분야에서 DNA 분석법이 커다란 역할을 하게 될 것이다. 한편 DNA 분석 기술은 수의학의 다른 분야에서도 응용할 수 있는데, 유전자 검사를 통한 유전병의 진단, 소 Freemartin의 판정, 육종번식에서 inbreeding을 피하기 위한 근연관계의 확인, 외관상 성감별이 어려운 열대조류, 타조, 이구아나 등의 성감별 및 개체확인 등이 이미 실용화되어 있거나 실용화 단계에 있다.

현재 서울대학교 수의과대학 생화학교실과 산과

학교실에서는 이러한 microsatellite 분석을 이용한 친자확인 기법을 확립하고 서울대학교 수의과대학 부속동물병원을 통하여 친자/친부 감별 service를 제공하고 있다. 개의 친자감별을 하고자 하는 축주나 수의사는 모견과 자견의 혈액 및 친부일 가능성이 있는 모든 부견의 혈액을 채취하여 서울대학교 수의과대학 부속동물병원으로 보내면 된다. 혈액량은 0.5 ml 이상 5.0 ml 이하이면 충분하며 EDTA나 heparin으로 처리하여 응고되지 않도록 하여 냉장 보관하였다가 운송하거

나, 단단히 밀폐, 포장하여 우편으로 발송하여도 된다. 운송할 동안은 실온에 있어도 무방하다[자세한 내용은 서울대학교 수의과대학 부속동물병원(전화번호: 02-880-8661 혹은 880-8679)으로 문의바람]. 모견의 혈액 sample이 꼭 필요한 것은 아니지만 없을 경우 좀 더 많은 locus의 분석이 필요하므로 가능하면 모견의 혈액도 확보하는 것이 바람직하다. 만일 감별결과에 대한 공적인 인증이 필요하다면 관련된 동물들을 모두 동물병원으로 데리고 와야한다.

### 참 고 문 헌

- ① Zajc, I., Mellersh, C., Kelly, E.P., & Sampson, J. (1994) A new method of paternity testing for dogs, based on microsatellite sequences. Veterinary Record 135: 545-547.
- ② Binns, M.M., Holmes, N.G., Marti, E., & Bowen, N. (1995) Dog parentage testing using canine microsatellites. Journal of Small Animal Practice 36: 493-497.
- ③ Zajc, I., & Sampson, J. (1996) DNA microsatellites in domestivated dogs: application in paternity disputes. Eur. J. Physiol. 431[Suppl]: R201-R202

# BST란 무엇인가?

## ● 부스틴-에스를 비육우에 사용할 수 있습니까?

- 부스틴-에스는 산유량 증가 및 성장촉진 작용이 있습니다. 이러한 관점에서 보면 비육우에 사용해도 무방하지만 비육우용과 젖소에 사용하는 함량이 틀리므로 그래도 사용하실 수는 없습니다. 비육우 적용함량도 체중 1kg당 0.03~0.06mg 투여시 증체효과 및 사료효율도 개선된다는 연구보고가 있으며 현재 저희(LG화학) 바이오텍 연구소에서 제품화하기 위하여 연구가 진행중입니다.