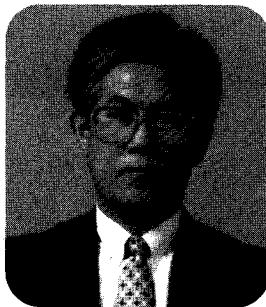




DNA기술을 이용한 한우의 새로운 개량체계 확립



영남대학교 자연자원대학
교수 이정수

I. 필요성

한우는 우리민족의 역사와 오랫동안 함께 살아온 가축 중의 하나로 농촌경제의 상징으로서 그리고 고급식단의 재료로서 높은 가치를 가지고 있기 때문에 오늘에 이르기까지 가장 잘 유지 보존된 이유일 것이다. 그러나, 1970년대에 이르러 농업의 기계화에 따른 역용 기능의 상실과 함께 고기용으로서 한우의 사육목적이 변화하면서 육(肉)생산능력이 좋은 외국소들과 교잡으로 한우의 유전적 순수성은 희석되기 시작하였고, 결국은 이것이 오늘 날 U.R.에 대비하여 정부가 추진 중인 한우 쇠고기의 질적인 차별화 정책에 커다란 걸림돌이 되고 있는 문제중 하나이다.

쇠고기 수입개방에 직면해서, 우리의 한우에 대한 획기적 노력의 결실이 없다면 외국의 여건과 비교해서 가격과 능력에서 열등한 한우의 존재가 치는 극소화될 수밖에 없을 것이다. 우루과이 라운드의 위력을 절감한 우리로서는 서둘러 우리나라 고유 유전자원의 유지 및 개량에 힘을 쓴지 않을 수 없고, 따라서 우리민족의 유구한 역사와 같이 유지되어 오면서 농업생산에 베텀목 역할을 했던 한우를 우리민족의 정서와 우리 입맛에 맞는 쇠고기의 공급원으로 유지 개량해야 하는 당위성 또한 사회 문화적 차원에서 절실히 필요한 것으로 판단된다.

이러한 시점에서 쇠고기의 수입개방에 대처하여 우선적으로 우리나라 쇠고기 생산비 절감을 위

한 노력이 이뤄져야 하겠지만, 지금까지의 외형과 사양관리에만 근거한 사업들에서 벗어난 한우의 능력개발에 새로운 돌파구로서 유전자(DNA)를 직접 확인할 수 있는 선진국 수준의 분자생물학적인 연구를 통하여 한우의 遺傳的 本質은 무엇이고, 다른 외국종들과의 差別性은 어떤 것이며, 遺傳的인 素質과 能力이 어떻게 發現될 것인지에 대한 연구와 산업적 접목의 필요성 때문에 지금까지 DNA연구를 통한 외국의 축우개량 현황과 우리나라 한우의 현실을 더듬어 보고자 한다.

II. DNA 기술

일반적으로 우리나라는 한우의 능력을 개량시키기 위해서 확률적 통계방법에 의한 선발과 교배가 유일한 한우의 개량방법으로 이용되어 왔다. 그리고 이러한 통계적 방법은 개체와 가계에 대한 방대한 자료가 필요하고, 특히 세대간격이 긴 소의 경우에는 막대한 경비는 물론 수많은 노력과 장기간의 투자가 뒷받침되어야 하지만, 그 결과는 확률적인 성과라는 한계를 벗어날 수가 없다.

DNA를 이용한 유전공학 기술은 표 1과 같이 유전자의 구성을 직접 확인할 수 있는 장점과 더불어

- 어린 한우에서 더욱 일찍

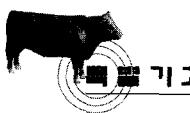
- 혈액 5cc를 채취하는 간편한 과정으로
- 한쪽 성에서만 나타는 형질에 대해서도 무관하게
- 장기간 많은 노력과 시간이 소요되는 후대검정 효율을 높일 수 있어
- 유전자(DNA)차원에서 보다 정확하게 능력의 개량을 이를 수 있다.

1990년 이후 과학기술의 급진적 발달에 의해서 가축의 능력을 조기에 직접 유전구조(DNA)의 확인으로 판정할 수 있는 분자생물학적 기법이 적용되면서 기존의 육종방법의 한계성과 후대검정을 통한 종모축의 선발의 어려움을 해결하고자 하는 새로운 가축의 개량방법으로 활용되고 있다. DNA 기법으로 축종별 또는 각 나라별 자국의 축우에 대한 개체의 식별, 유전적인 소질, 경제형질과 관련된 유전적 표식(Genetic Marker)을 통해 가축의 육종 program에 적용함으로써 가축의 유전적 능력 개량에 이용되고 있는 것이 국제적 추세이다.

주로 이용되는 DNA기술들은 모든 생명체가 가지는 전체 genomic DNA를 대상으로 하여 어떠한 개체나 가계, 또는 집단의 DNA구조의 특성을 밝힐 수 있는 RFLP(Restriction Fragment Length Polymorphism)와 유전자지문(DNA Fingerprinting), 가축이 지닌 부분적 DNA 염기배열 구성에 관련된 PCR(Polymerase Chain Reaction), RAPD

【표 1】 가축의 개량에 이용되는 DNA기술의 장점

	유전공학적기법	통계학적 접근
실험재료	재료의 채취(혈액, 조직, 생식세포 등)용이	검정을 위한 수년간 계획적인 사육
대상가축	년령과 성(性)에 무관	경제수명의 종료시 까지
대상 경제형질	수컷에 나타나지 않는 형질도 분석	수년 간의 후대검정
결과의 분석	실험결과의 정확성과 단순성	방대한 자료의 분석
결과의 활용	DNA확인으로 간편함	수년간 사육과 능력검정



(Random Amplified Polymorphic DNA), 1995년 새로운 유전자지문 기술인의 선발개량에 이용되는 microsatellite의 유전자지도작성 등이 다양하게 이용되고 있다.

III. DNA기술의 이용

지난 10여년간 DNA기술의 이용범위가 확대되어 이미 구미의 선진국들은 가축에서 경제형질과 관련되는 유전적 구조를 파악함으로써 유품종을 비롯한 소의 능력개량에 본 기법을 응용하여 실용화시켜 나아가고 있다. 최근에 이뤄지고 있는 DNA연구를 통한 외국의 축우산업에 이용된 결과들을 살펴보면:

1. 가축의 육종 program에 있어서 DNA표식의 이용 가능성을 제시한 연구

- 1) 선발의 수단으로 이용(Plotsky 등 1990; Hillel 등, 1992; Haberfeld 등, 1993)
- 2) 일본 和年の 특정 경제형질에 적합한 DNA probe의 개발(Mannen과 Tsuji, 1993)
和年 champion 대회에서 입상한 소들의 도체 형질에 대한 분석(Mannen 등, 1993)
- 3) 개체 및 집단의 확인(독일 Buitcamp 등, 1991; 일본 Mannen과 Tsuji, 1993; Kikkawa 등, 1995; Inoue-Murayama 등, 1997)
- 4) 가계분석(일본 Ikeda 등, 1992; Mannen과 Tsuji, 1993; Inoue-Murayama 등, 1997; 독일 Glowatzki 등, 1994, 1995)
- 5) 유전분석(이스라엘 Haberfeld 등, 1993; 일본 Mannen 등, 1993)

2. 소의 품종별 유전적 특성을 규명하는 DNA 표식에 대한 연구

- 1) zebu 소(Gawakisa 등, 1994)
- 2) 40계통의 축우(Jayarao 등, 1993)
- 3) 독일 재래소(Buitkamp 등, 1996)
- 4) 이스라엘 Israeli Friesian 소(Haberfeld 등, 1993; Hillel 등, 1992)
- 5) 일본의 흑색화우(Mannen과 Tsuji, 1993)
- 6) Brown Swiss, Simmental, Holsteinin, Eringer 품종(Glowatzki-Mullis 등, 1995)
- 7) 유럽종 소(Blott 등, 1996)
- 8) 소련연합국들의 소품종(Semyanova 등, 1996)

3. DNA기술에서 밝혀진 DNA 표식의 산업적 이용단계

- 1) 성장과 도체형질(Beever 등, 1990)
- 2) 양적 경제형질(Georges 등, 1990; Haley, 1991)
- 3) DNA표식을 이용한 선발(MAS)(Meuwissen과 Van Arendonik, 1992)
- 4) 혈연관계 추정(Mannen 등, 1993)
- 5) 유전자형 정리(Glowatzki 등, 1995)
- 6) 성장호르몬 방출 유전자(Moody 등, 1995)
- 7) 쇠고기 연도와 관련된 calpastatin 유전자(Cockett 등, 1995)
- 8) 고기연도와 calpastatin 활성(Lonergan 등, 1995)
- 9) 유전능력개량(Ron 등, 1996)
- 10) 한쪽 성에서만 나타나는 한성형질(Ruane와 Colleau, 1996)

4. 유전자지도로 규명한 축우의 경제형질 관련 유전자

- 1) 근내지방(marbling)과 고기연도(meat

- tenderness)에 관련되는 유전자 규명(日 가축개량센타, Hirano 등, 1996, 1998 : 美 Texas대학, Taylor 등, 1998; 美 농무성, Stone 등, 1999)
- 2) 갈비의 양과 도체율, 등심단면적 유전자 규명(日 가축개량센타, Hirano 등, 1998 : 美 농무성, Stone 등, 1999)
 - 3) 생시, 이유시, 그리고 1년시 체중, 일당증체 연관된 유전자 규명(日 가축개량센타, Hirano 등, 1998 : 카나다 Saskatchewan 대학, Schmutz 등, 1999; 美 Arizona대학, Abdallah 등, 1999; 美 농무성, Casase 등, 1999)
 - 4) 지방량, 12번재 갈비의 지방두께에 연관된 유전자의 규명(美 Arizona대학, Abdallah 등, 1999)
 - 5) AFLP(Vos 등, 1995) 기술을 통한 유전자지도 작성
(네덜란드 Wageningen대학, Nijman 등, 1996 : 이태리 Ajmone-Marsan 등, 1996; 스웨덴 Anderson 등, 1998 Loft 등, 1998; 독일 Basedow 등, 1998)

축우의 모든 경제형질은 여러개의 유전자 작용이 합쳐져서 하나의 형질로 나타나는 polygene 개념의 양적형질(量的形質)이기 때문에 소수의 유전자나 DNA marker로 해결하는데는 한계가 있다. 따라서 소에서 지금까지 밝혀진 모든 유전자를 정리하여 어떤 경제형질에 관여하는 유전자 전체를 밝힐 수 있는 유전자지도 작성(gene mapping)에서 1200여개(Roseline Institute Bioinformatics Group, 1998)가 발표되었다.

외국의 축우들과 경쟁하기 위해서 DNA를 다른 첨단기법을 한우의 개량에 이용하는 것은 우리의 고유 유전자원인 한우의 유전적 차별화뿐만 아

니라, 정체된 유전적 능력개량의 획기적 변화를 가져올 수 있는 가장 강력한 수단으로 한우의 국제경쟁력 제고와 더불어 물론 농가소득 증대에도 크게 이바지 할 수 있는 돌파구의 가능성을 기대할 수 있을 것이다.

IV. 한우에서 DNA 연구의 결과

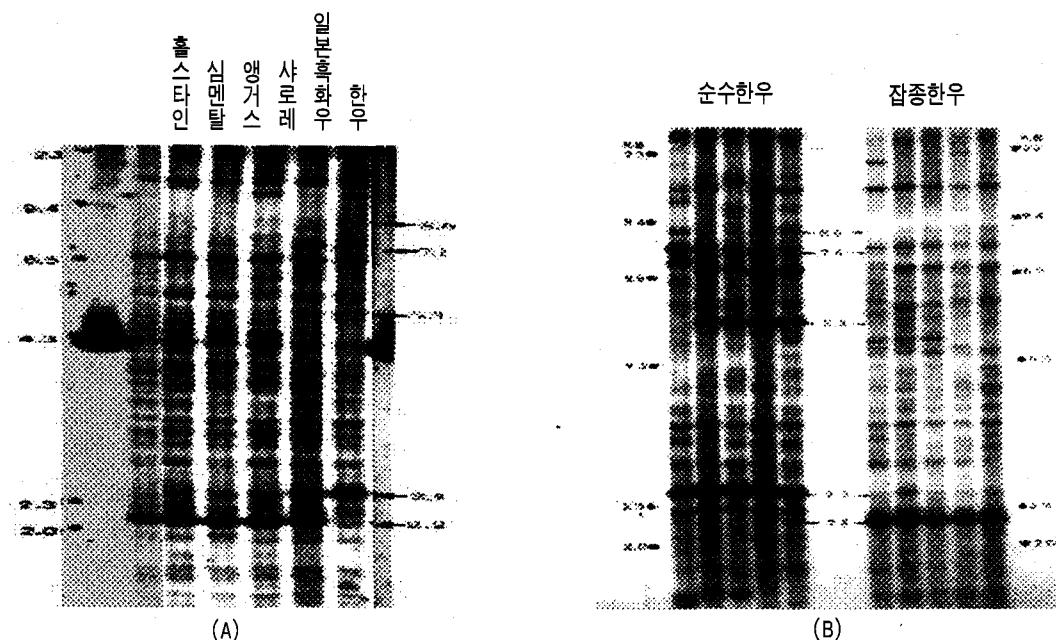
1. 한우집단의 유전적 특성

그림 1은 한우와 외국 축우들과의 유전적 차별성을 나타낸 유전자지문결과로서 사진 하단의 2.4와 2.2kb위기에 한우가 다른 축종들과 차별화되는 DNA표식을 찾을 수 있었고 이러한 DNA표식을 이용한 한우들의 유전적 순수성검정에서 순수한 우와 잡종이된 한우를 구분할 수가 있다. 그리고 영남대학교 유전학연구실 팀이 개발한 한우의 고유한 DNA probe(프로브)를 사용했을 때에도 그림 2와 같이 한우가 다른 축우품종들과 차별화되는 DNA표식을 화살표(→)로 표시된 위치임을 알 수 있고 한우의 유전적 순수성 검정 결과에서도 명확한 결과를 얻을 수가 있다.

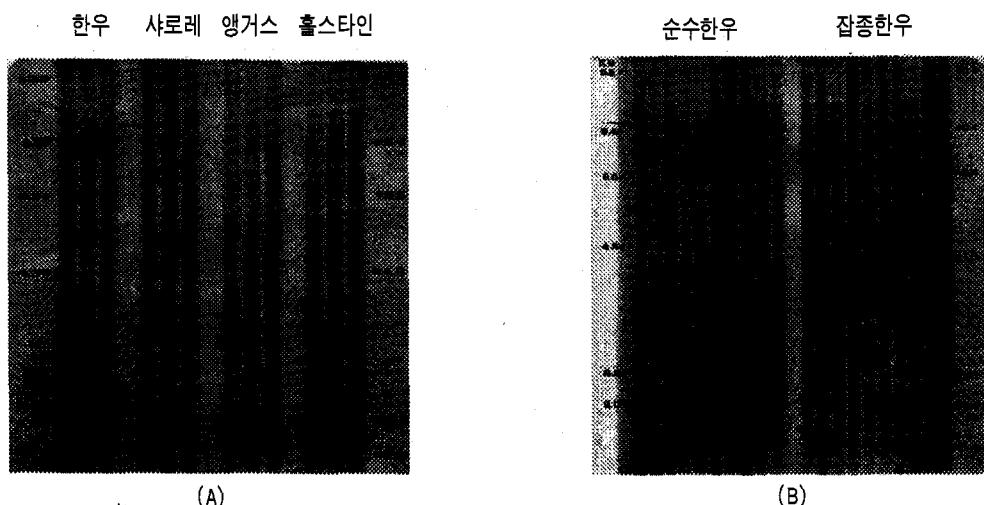
이러한 유전자지문에서 축우품종별 DNA 구성들의 유사성을 살펴본 표 2에서 한우와 일본 흑색화우간 0.83으로 상당히 높은 유전적 유사성과 가까운 유전적 거리를 보였고 종합적으로 볼 때 일본화우는 한우를 모체로 한 다른 외국 축우들의 종합적인 모형임을 예측할 수 있는 결과였다.

2. 외국축종과 비교한 한우집단의 유전분석

그림 3은 각 축우 품종의 개체별 DNA구성의 다양성을 나타낸 유전자지문 결과를 나타내는 사진이다. 전반적으로 한우개체들이 서로간에 DNA



<그림 1> 한우와 외국 축우품종들과 DNA지문의 비교(A)와 유전적으로 순수한 한우의 선정(B) DNA표식(→)



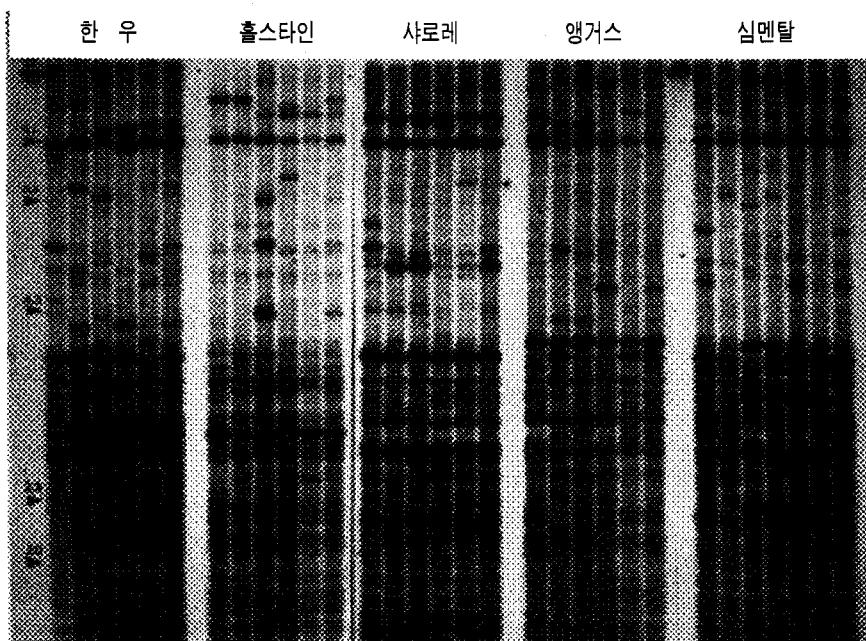
<그림 2> 개발된 한우의 고유한 probe사용에서 나타나는 DNA 표식(→)으로 축우 품종간 차별(A)과 순수한우의 선별(B)

구성의 양상에 변이가 많음을 알 수가 있다. 이러한 유전적 변이의 특성을 정확히 추정한 결과는

표 3과 같이 동일 품종 내에서 특정 유전자가 공통으로 분포할 확률(X)이나 상동염색체 상에서

【표 2】 유전자지문을 통한 축우품종들 간 유전적유사도 측정치(Pst-1/M13 probe).

	한 우	일본흑화우	샤로레	앵거스	심멘탈	홀스타인
한 우	1.00					
일본흑화우	0.83	1.00				
샤로레	0.73	0.79	1.00			
앵거스	0.69	0.78	0.68	1.00		
심멘탈	0.67	0.72	0.69	0.75	1.00	
홀스타인	0.43	0.47	0.45	0.52	0.59	1.00



<그림 3> 축우 품종들의 유전자지문(M13 / HaeIII)

【표 3】 축우품종들의 유전적 특성에 관한 추정치(M13 / HaeIII)

유전특성 / 품종	한우	홀스타인	샤로레	앵거스	심멘탈
개체별 조사 밴드수(f)	23.2 ± 1.11	29.0 ± 1.90	27.0 ± 1.58	29.0 ± 1.48	27.4 ± 1.29
유전자 공통분포 확률(x)	0.536	0.670	0.601	0.725	0.556
동형접합체 확률(q)	0.319	0.426	0.368	0.476	0.334
동형접합체 비율(h0)	0.190	0.270	0.225	0.312	0.200
동일DNA지문 확률(pf)	1.2×10^{-13}	1.1×10^{-11}	1.8×10^{-13}	1.0×10^{-9}	2.7×10^{-19}

동형접합체가 나타날 확률(q)에서 한우가 다른 축 종에 비해 가장 낮은 값을 보이고 있다. 그리고 한

우 집단에서 유전자들의 동형접합체(homozygote) 비율(h0)도 다른 품종에 비해 낮아 한우집단 내에

서 임의로 선택된 2개체가 동일한 DNA지문을 나타낼 확률(pf)이 1.2×10^{-13} 인 유전적 특성으로 보아 한우는 다른 축우 품종에 비해 유전적 동질성의 떨어지는 품종임을 알 수가 있고 앞으로 유전적 개량소지가 많은 다양한 유전적 변이를 보이고 있음을 알 수 있었다.

3. 한우의 친자확인

모든 생물에서 부모로부터 물려받는 자손의 유전자 구성이 부모로부터 반반씩 전달 받는 것이 집단유전학의 기본 이론이다. 자손은 부모가 가지고 있는 유전자 구성 중에서 임의로 전달 받게되는 생명체로서 돌연변이에 의하지 않고는 부모의 유전자 외의 유전적 구성을 나타낼 수가 없다. 이러한 원리를 설명하는 친자확인의 유전자지문 결과는 그림 4와 같이 부와 모 그리고 이들의 자손 DNA 유전현상을 직접 확인할 수가 있다.

지금까지 한우의 개량이 많은 두수의 집단을 대상으로 한 확률적 예측체계였으나 DNA연구는 부, 모, 자손의 가계에 대한 유전양식을 명확히 규명할 수 있기에 원하는 유전자(DNA)가 자손에 전달하는지를 찾을 수가 있고 부나 모의 어느 부분이 얼마만큼 유전되는 지도 알 수가 있다.

표 4는 한우에서 10가계의 DNA band들이 부, 모로부터 자손이 전달되어진 band의 양상은 父로부터 유전되어진 12.9%, 母로부터 유전되어진 37.9%, 그리고 부, 모 양쪽에서 유전되어진 49.2%로 후대의 유전적 구성이 이뤄진 것으로 나타났다. 개체의 유전적 특성을 개량할 때에 가계의 구성에 따라 나타나는 유전양상은 부(父)보다 모(母)로부터 자식이 전달되어지는 band의 비율이 많은 것을 알 수가 있다. 이러한 한우 가계에서

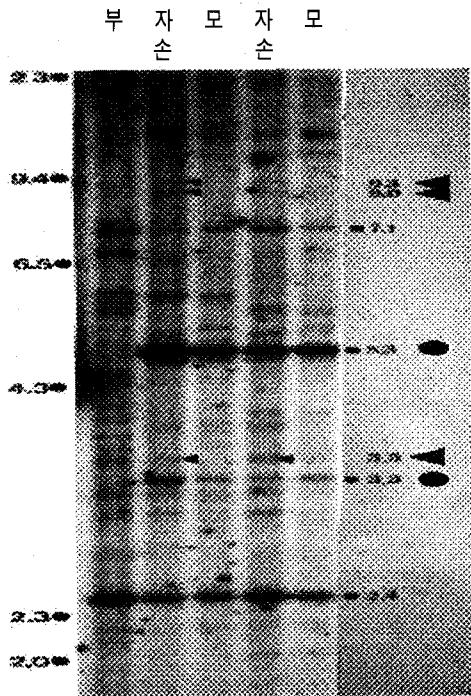


그림 4) 유전자지문에 의한 한우의 가계분석
(S : 부, D : 모, O : 자손)

* 자손의 밴드 중 ● ; 모에서, ◀ ; 부에서, ■ ; 부모 양쪽에서 물려받은 DNA

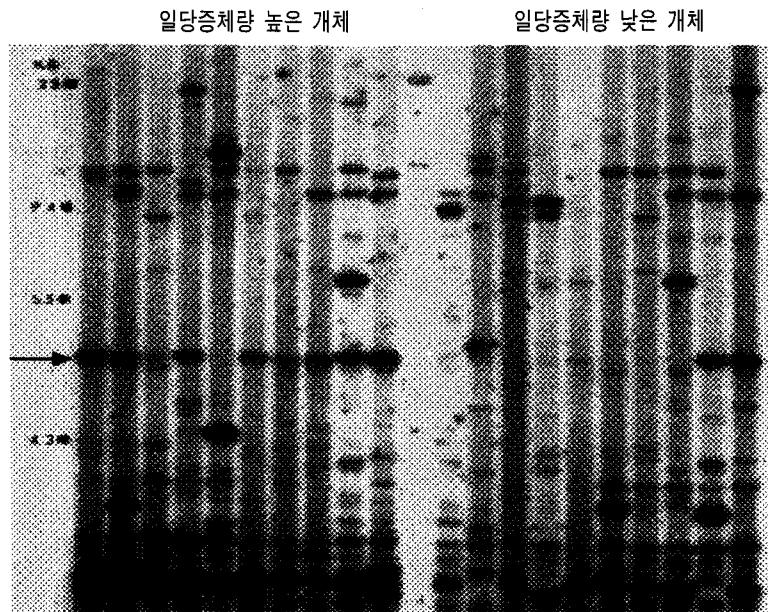
【표 4】 한우 10가계에서 부와 모의 DNA 구성이 자손에 전달되는 비율

부모	부	모	부와모	전체
자손에 물려준 DNA밴드수	62	182	236	480개
비율	12.9%	37.9%	49.2%	100%

개량방향은 종모우 선발과 더불어 암컷에 높은 비중을 두는 개량방법이 필요할 것으로 판단된다.

4. 경제형질에 관련된 DNA marker의 규명

DNA표식을 이용한 증체와 등지방두께에 연관된 한우집단의 DNA 표식은 많은 재료와 기술에



<그림 5> 일당증체량과 연관된 DNA표식(→)

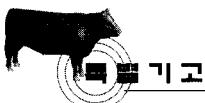
【표 5】DNA표식을 이용한 한우의 능력검정(영남대학 '95~'98)

형 질	조사두수	DNA 처리	DNA marker 유무	능력
일당증체	거세우114두 비거세우173두	M13/HaeIII	유(4.6 & 2.8kb) 무	790 g 685 g
등심단면적	거세우137두	M13/Hinf I	유(5.6 & 4.3kb) 무	83.09 cm ² 78.46 cm ²
근내지방도	거세우142두	M13/HaeIII	유(9.4 & 3.6kb) 무	13.65 10.19

의하여 만들어지는 DNA표식과 연관되게 심도있는 분석으로 판정하는 과정이다. 소의 경제형질에 관련되는 유전자는 여러개지만 이들 중 주 유전자를 밝힐 경우 개량의 효과는 크게 기대할 수가 있는 것이다.

최근 한우에 대한 일당증체량, 등심단면적, 그리고 근내지방도와 연관된 DNA 표식을 규명하고자 한 연구에서 얻어진 부분적 결과는 그림 5에서 같

이 먼저 능력이 높은그룹과 낮은그룹의 비교로서 1차 DNA표식의 검색을 할 수가 있다. 그리고 여기서 얻어진 여러종류의 DNA표식을 전체집단에 적용시켜 판정하는 과정에서 개략적인 결과는 표 5와 같이 정리하였다. 그러나 여기서 사용된 자료는 환경변이가 작은 한우 집단의 결과이기 때문에 모든 농가에서 이러한 DNA표식의 적용판정은 좀 더 필요한 과정이 필요할 것으로 판단된다.



V. 앞으로 한우의 개량대책

지금까지 개발된 DNA기술을 이용한 한우의 DNA연구는 한우가 국제경쟁력을 갖는데 가장 강력한 유전적 개량수단임은 부정할 수가 없다. 기존의 한우개량체계의 변화를 주지 않고 접목할 수 있는 분야는

1) 한우등록사업에 한우의 고유한 DNA marker의 활용

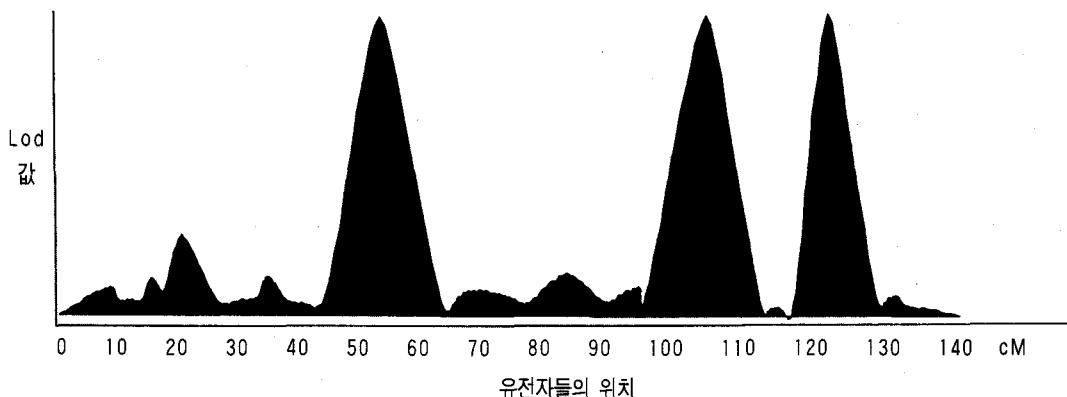
- 외형과 DNA marker를 통한 등록
- 혈통등록부의 작성에 가계의 고유한 DNA marker기록
- 육종기초집단의 유전적 순수성 유지에 간편하고 정확하게 이용할 수 있을 것이다.

2) 지금 현재 수행되고 있는 한우개량 체계와 병행하여

- 통계적 유전모수 추정결과에 기초한 경제형 질 연관 DNA의 구성과 분포
- 경제형질 별 육종가에 따른 DNA구성의 변화
- 형질간 상관관계에 따른 DNA구성의 변화
- 근친도와 혈연관계에 따른 DNA구성의 변화
- 기타 통계적 검정결과에 따른 DNA구성의 변화를 비교분석 하므로서 유전모수의 정확도 증대
- 선발집단과 전체집단의 경제형질 연관 DNA 구성 분포를 규명하므로서
- 선발강도에 따른 DNA구성의 차별화를 확실하게 규명할 수가 있을 것이다.

【표 6】염색체 1번의 유전자지도와 한우의 유정자 유무와 능력

염색체 1번 유전자들의 위치 cM Microsatellite	한우 개체의 유전자 유무							
	1	2	3	4	5	300	
0 AcLA17 BM6438 HPS TGLA49	—	—	—	—	—	—	—	
10 BMS1928 BM8193 INRA1178	—	—	—	—	—	—	—	
20 HEL6 BMS4020	—	—	—	—	—	—	—	
30 BMS4015 ILSTS104..	—	—	—	—	—	—	—	
40 MILSTS080 BMS4024 BMA4037..	—	—	—	—	—	—	—	
50 BMS4021 INRA011 BM1312..	—	—	—	—	—	—	—	
60 BMS4030 MILSTS083 BMS4013..	—	—	—	—	—	—	—	
70 BMS4047 INRA119 BM9019..	—	—	—	—	—	—	—	
80 BMS4006 URB038 BL26..	—	—	—	—	—	—	—	
90 TEXAN6 BR2724 CSSM032..	—	—	—	—	—	—	—	
100 BMS4050 TCLA130 BMS4019 RM153..	—	—	—	—	—	—	—	
110 BM1824 BL28 BMS1757..	—	—	—	—	—	—	—	
120 BMS918 MAF46	—	—	—	—	—	—	—	
130 BMS4043 BMS922 BMS2263	—	—	—	—	—	—	—	
140 URB014	—	—	—	—	—	—	—	
	체중(kg)	500	580	700	780	600	550
	도체등급	5+++	5++	4++	5++	3+	4+



<그림 6> 체중이 대한 QTL : 50, 100, 120cM의 Marker를 이용한 선발

3) 경제형질 유전자(QTL)에 의한 능력개량

부분적으로 경제형질에 관여하는 DNA marker를 규명하는 수준에서 한우의 국제경쟁력을 높이기 위해서 경제형질에 관여하는 유전자의 구성은 한 형질에 여러개의 유전자가 관여하여 나타나게 되는 polygene 개념에서 유전적 개량이 절대적으로 필요하다.

- 따라서 최선의 목적인 가축의 유전적 능력의 개량은 어떤 경제형질과 연관된 모든 유전자를 밝히고
- 이들을 이용하는 QTL(quantitative trait loci)로서 만 해결할 수가 있는 것이 첨단의 가축개량 기술인 유전자지도 작성(gene mapping)이다.

예로서 표 6에 제시한 유전자지도는 축우의 염색체 1번에서 밝혀진 106개 유전자 중 일부를 제시한 것이고 개체별 소 300두에서 개체별로 유전자를 가지고 있는지 없는지를 확인한 것이다. 이

와 동시에 개체별 검정된 능력(체중과 근내지방도)이 기록으로 제시되면 그림 6과 같이 유전자의 위치와 경제형질 간의 연관된 그래프를 만들 수 있다. 이 그래프에서 3개의 높은 꼭지를 나타내는 유전자 위치(50, 100, 120cM)가 일단종체량에 관여하고 있는 한우의 유전자임이 규명될 경우 이러한 유전자들을 가진 개체의 선발로 유전적으로 능력이 우수한 종축을 개량할 수가 있는 것이다.

막대한 자금과 무작위 교배체계와 기록의 측정으로 이뤄져야하는 유전자 지도 연구는 개인이나 대학, 또는 연구소에서 단독으로 할 수 있는 연구가 아니다. 그래서 한우의 유전자 지도 작성은 위해 정책적 주도하에 관련 연구자들의 우리나라 고유 유전자원인 한우를 외국축우들과 경쟁력있는 축우로 개량하려는 공통적 사명감으로 한우의 차별화 가치의 극대화를 산업체, 대학, 연구소 공동으로 추진되어야 할 것으로 판단된다.

한우는 우리 민족과 같이한 고유자원이다.