



돼지 유전자지도 작성 연구동향(下)



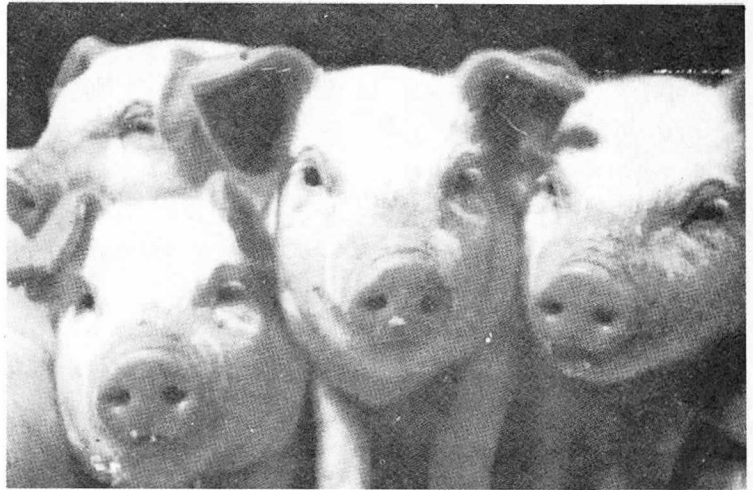
정 영 철 박사
(주)선진 기술연구소 소장

〈6월호 133쪽에서 계속〉

다. 물리적 유전자지도(Physical Mapping) 작성

돼지에 있어서는 2가지의 물리적 유전자 지도작성 방법이 주로 이용되고 있다. 즉, In situ hybridization, 체세포간(Somatic cell) hybridization 방법 등이다.

주로 어느 염색체에 특정 유전자 혹은 유전자좌가 존재하느냐를 알아내는 방법으로는, In situ hybridization법으로 염색체를 핵 유사분열 중기단계(Metaphase), 혹은 그 전단계에 고정시켜서 이중(二重) DNA 연쇄를 단일 DNA 연쇄로 분리한 뒤 특정 유전자나 DNA 절편에 표지용 방사성 동위원소나 biotin을 부착시키거나 형



광물질화 시켜서 집속시킨다. 만일 동일한 DNA가 있으면 서로 맞물려서 이중 DNA연쇄를 형성하여 hybridization 되므로 해당 염색체의 위치를 쉽게 찾아낼 수 있는 것이다.

체세포간 hybridization은 역

시 특정 유전자의 염색체상 위치를 알아내는 방법으로서 다른 종(種)간의 체세포를 hybrid시키면, 예를 들어서 사람과 쥐의 체세포간 융합시, 사람의 염색체는 점차로 사라지게 된다. 그러나 쥐와 사람이 공유

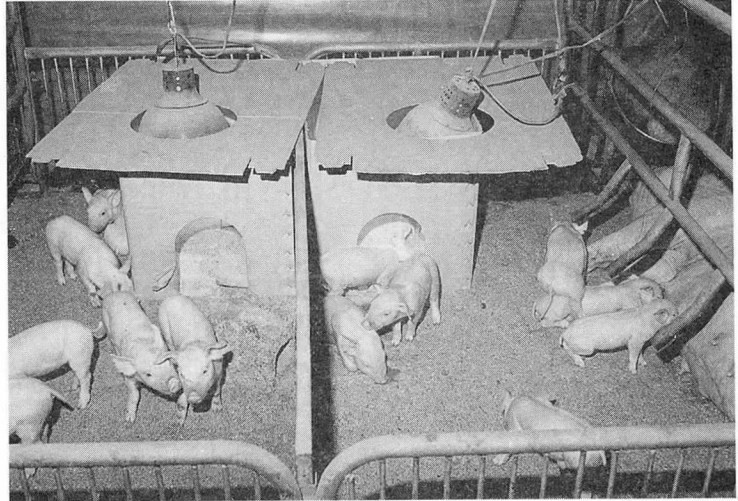
(共有)하고 있는 유전자는 남
게되는 원리를 이용하는 것이
Somatic cell hybridization 방법
으로서 사람 유전자 지도 작성
에 가장 많이 이용되어 왔다. 연
관 유전자지도와 물리적 지도
작성방법을 병행함으로써 돼지
의 유전자지도 작성이 보다 정
확해진다.

4. 세계의 유전자지도 작성 프로젝트 진행현황

가. 유럽

유럽의 돼지 유전자지도 작
성 프로젝트(PiG MaP)는 '90년
도에 태동이 되어 '91년도부터
출범한 범유럽적인 공동 프로
젝트이다. 이 프로젝트에는 9개
국 16개 연구소가 참여하고 있
으며, 1차적인 목표는 '95년까
지 QTL을 표시한 유전자지도
작성이다. 기초축군으로 유전적
으로 현격히 차이가 나는 유럽
품종 돼지와 중국 품종 매산돈
(梅山豚)과 유럽의 멧돼지 등 3
종류의 축군을 사용하고 있다.

'95년까지의 단계별 계획을
보면 먼저 품종간 표지 DNA 절
편(RFLP)과 품종내 개체별 표
지 DNA 절편(VNTR)을 수집
한다. 2단계로 교배를 시작하여
F₁ 자손들의 DNA를 조사하여
표지(Marker)의 유무 여부, 또
연관성(Linkage)을 규명하면



서 데이터베이스(PiGBASE)를
구축한다. 동시에 유전자좌에
따른 돼지의 실제능력과의 상
관성을 분석한다. 다음 단계로
는 F₂자손(가계당 50~100두)
에서 VNTR 비교를 하여 QTL
을 찾아내고 QTL로 종돈개량
이용방안을 강구하면서 유용한
유전자의 분리와 주입을 시도
한다. 한편 첫단계에서부터 이
용가능한 DNA 절편으로 물리
적 지도 작성을 시도하여 최종
적으로는 염색체별 유전자 보

존 Library를 만든다.

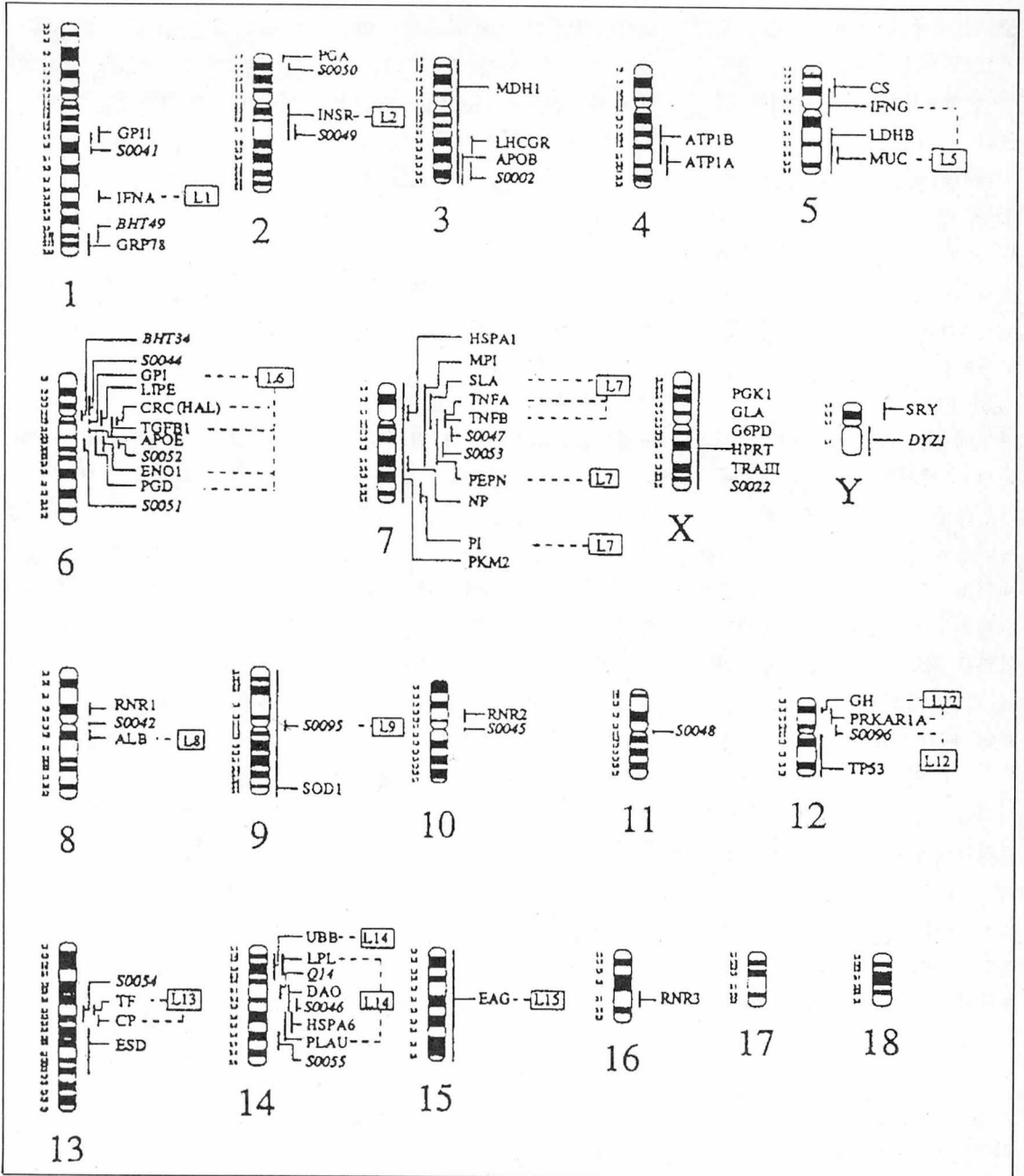
나. 미국

미국은 '90년도에 의회에서
Farm Bill을 결의 통과시킴으로
써 정식으로 “미국 가축 유전자
프로그램”이 수행가능하도록
법적 및 제도적 바탕을 마련하
였다. 이에 따라서 축종별 유전
자지도 작성이 가능하게 되었
고, 이 프로그램은 미국농림부
(USDA) 산하 국가 협동연구서
비스(CSRS) 기관에서 주관하

〈표 1〉유럽형 대요크셔와 중국품종 매산돈과의 능력비교

경 제 형 질	중국 매산돈	유럽 대요크셔	품 종 차 이
성 성 수 일 령(♀, 일)	115	180	4.0
젖 폭 지 수(♀, 개)	17	14	2.5
2 산 차 산 자 수(♀, 두)	15	10	1.5
2 산 차 배 란 수(♀, 개)	22	17	1.7
출 산 전 생 존 율(♀, %)	85	65	1.0
자 돈 생 시 체 중(♀, kg)	0.9	1.3	2.0
일 당 증 체 중(♂, g)	381	724	6.0
등 지 방 두 껍(♀, mm)	26	9	4.5
체 중 80kg 일 령(♂, 일)	220	150	6.0

주) 품종 차이는 품종내 표준편차 단위의 차이로 큰 차이를 보이고 있다(Haley 등, 1993)



〈그림 4〉제1회 돼지 유전자지도 워크샵(1992)에서 공인된 돼지의 염색체별 유전자 위치를 나타내는 유전자지도. 검은 띠는 염색체 분열시 염색하여 나타나는 G-bands, 왼쪽 수치는 유전자간 거리, 사각형내의 숫자는 linkage group을 표시한다. 알파벳문자(예: 제1염색체의 GP11)는 유전자 이름의 약자이고, 숫자(예: SOO49)는 VNTR DNA 절편(Micro-satellite)을 나타낸다. 밝혀진 170개 유전자중 74개만 표시되어 있다(Anderson 등, 1993).

고, 각 축종별 유전자지도 프로젝트 위원회와 축종간 지도작성 협의체 기구가 발족하게 되었다.

돼지의 경우 '91년 11월 미농림부, 정부연구기관, 관련대학의 관계자들이 모여 전문 연구 프로젝트 NC-210, 일명 "Mapping the Swine Genome" 프로젝트를 출범시켰다(Rothschild, 1993). 이 프로젝트는 '89년도에 도입한 중국 품종 돼지와 미국에서 사용중인 돼지를 기초축군으로 교배를 시켜서 아이오와 주립대학을 중심으로 유전자지도 작성 프로젝트를 수행하고 있으며, 지금까지의 결과를 집약한 US PIGBASE라고 하는 데이터베이스를 가동하여 관련기관이 언제라도 찾아 볼 수 있도록 하였다.

지금 현재는 각 축종별 8명의 책임자(Coordinator)가 임명되었고, 돼지분야는 정부의 본격적인 자금이 나오기 전에 양돈협회, 종돈회사, 식품회사 등이 출연하여 24,000달러의 기금이 조성되어 운영되고 있다.

5. 최근의 돼지 유전자지도 작성결과

'92년 8월 스위스에서 열린 돼지 유전자지도 작성 워크샵에 유럽의 유전자지도 작성 프

로젝트(PiGMAP)팀과 미국의 돼지 유전자지도를 위한 "Mapping the Swine Genome"팀간의 모임에서 규명합의하여 새로운 돼지의 유전자지도를 작성하였다.

새로운 돼지 유전자 지도의 특성은 지도에 표시가능한 유전자수가 '90년도의 50개에서 170개로 늘어났고, 이중에서 110개가 염색체상의 소재가 밝혀졌다(그림 4). 또한 연관 유전자도 '90년도의 7개 그룹에서 31개 그룹으로 늘어났고, 이중 17개 그룹이 염색체상의 위치가 밝혀졌다. 그러나 이중 약 40%가 제 6, 7염색체에 몰려있고, 유전자 표시가 안된 염색체도 2개나 된다. 또한 쥐에서 약 3,000개, 인체 유전자지도는 약 9,000개의 유전자가 밝혀진 것을 감안하면 돼지는 아직도 초보 단계라고 볼 수 있다.

6. 결론

돼지의 유전자지도 작성은 특별히 경제형질에 관련된 유전자(QTL) 발견과 위치의 파악으로 향후 종돈개량의 새로운 지평을 여는 획기적인 연구사업 프로젝트이다.

경제적으로도 큰 영향을 미쳐서 유럽의 경우 만일 중국 품종 돼지의 다산성 유전자 한가

지만이라도 현재의 돈군에 주입하면 산자수가 2두 많아져서 영국에서만 연간 450억원의 생산비가 절감된다고 추정하고 있다(Haley, 1991).

더구나 지금까지의 종축개량 수단인 통계적 분석방법 등과는 달리 유전자에 대한 정보와 DNA 물질 자체는 전세계가 특허화 방향으로 움직이고 있으므로 후발국가는 막대한 비용을 지불하지 않으면 유익한 DNA 물질과 정보를 얻을 수 없는 시대가 될 것이다. 국가간 무역경제와 마찬가지로 이제는 유전자지도의 연구는 크게 유럽지역, 북미지역, 호주지역 3개 권역으로 블록화하고 있다. 아시아에서는 일본이 유일하게 유럽의 프로젝트에 참관인 자격으로 참여중이다.

한국도 국가적 사업으로 돼지를 비롯한 각 축종별 유전자지도 작성계획을 수립하여 유럽이나 북미권에 합류함으로써 정보와 유전물질을 공유하는 일원이 되어야 할 것이다. **●**