

DNA 지문을 이용한 가금의 유전분석과 개량

여정수

영남대학교 축산학과

DNA Fingerprinting in Poultry Breeding and Genetic Analysis

J. S. Yeo

Department of Animal Science, Yeungnam University

Gyung-san, Korea 712-749

ABSTRACT

Recently, DNA fingerprinting has been utilized as the most powerful tool for genetic analysis and improvement of poultry. This technique enables us to solve several problems of poultry breeding: traits of low heritability, difficulty in keeping the performance records, measuring in late of life, and sex limited traits. Application of DNA fingerprinting is chiefly focused to individual and population identification, evolution force, quantitative trait marker, introgression of new gene, and prediction of heterosis. Thus, research work on DNA fingerprinting will be accelerated to analyze genetic components exactly and improve the performance of poultry.

(Key words: DNA fingerprinting, poultry)

서론

확률적 통계방법에 근거한 가금의 육종개량은 지난 수십년간 집단 유전자형을 밝히고 이에 근거한 육종가의 추정에 초점이 맞춰져 왔다. 그러나 유전력이 낮은 산란능력, 측정이 어려운 사료섭취량의 기록, 장기간의 능력검정, 그리고 성에 한정된 형질 등에 대한 개량의 어려움은 물론, 집단이 가지는 유전적 변이의 감소로 인한 능력개량의 정체현상은 새로운 유전분석과 육종방법 모색의 필요성을 절실하게 하였다.

1985년 Jefferys 등이 개체의 DNA 구성을 밝힐 수 있는 DNA 지문법을 제시한 후, 1990년 이후 닭에서도 유전물질인 DNA 수준에서 직접 확인할 수 있고, 어떠한 품의 조직에서도 규명이 가능한 이 기술을 널리 이용하기 시작하였다. 특히 DNA 구성의 동형과 이

형 접합체의 확인이 가능하고, 사용되는 제한효소와 DNA probe의 종류에 따라 다양한 DNA변이를 창출하여 많은 특징적 DNA marker를 밝힐 수 있는 기술이기 때문에, 앞으로 이의 적용은 가금의 개량에 상당한 진보를 초래할 것으로 기대된다.

지금까지 DNA지문을 이용한 가금의 유전적 확인과 개량에 적용되는 범주는, 집단이나 개체의 확인(Hillel 등, 1989; Kuhlein 등, 1989; Siegel 등, 1992; Kimura 등, 1993; 김재우 등, 1994), 진화되어온 과정에서 선발, 이주, 돌연변이 등의 확인(Dunnington 등, 1990; Hillel 등, 1993), 경제형질과 관련된 유전적 표식(Hillel 등, 1989; Dunnington 등, 1993), 그리고 개량방법의 적용(Hillel 등, 1993; Lamonte 등, 1992)으로 가축 중에서도 특히 가금의 유전분석과 능력개량에 커다란 성과들이 보고되고 있다.

따라서 최근에 널리 이용되고 있는 DNA지문이 가

금의 유전분석과 유전적 개량에 가장 정확한 도구로서 어떻게 그리고 어느 정도 이용될 수 있을 것인지의 가능성과 지금까지 이루어진 결과들을 제시하고자 한다.

DNA 지문의 방법

Jefferys 등(1985)이 제시한 DNA지문의 방법은 Figure 1과 같다.

이러한 방법에서 사용되는 제한효소와 DNA probe의 종류에 따라 다른 양상의 DNA band의 결과들을 얻을 수가 있어 집단 또는 개체간의 DNA변이를 다양

화할 수 있다.

또한 Jefferys 와 Morton(1987)은 두 종류의 집단이나 개체간에 서로 같은 DNA 단편들의 공유하는 정도로서 유전적 차이를 판단할 수 있는 band sharing (BS) 계산식을 제시하였다.

$$BS = 2N_{ab} / (N_a + N_b)$$

이 식에서 N_a 와 N_b 는 품종 또는 개체 A와 B의 총 band수이며 N_{ab} 는 계통 또는 개체 A와 B가 공유하는 band의 수이다.

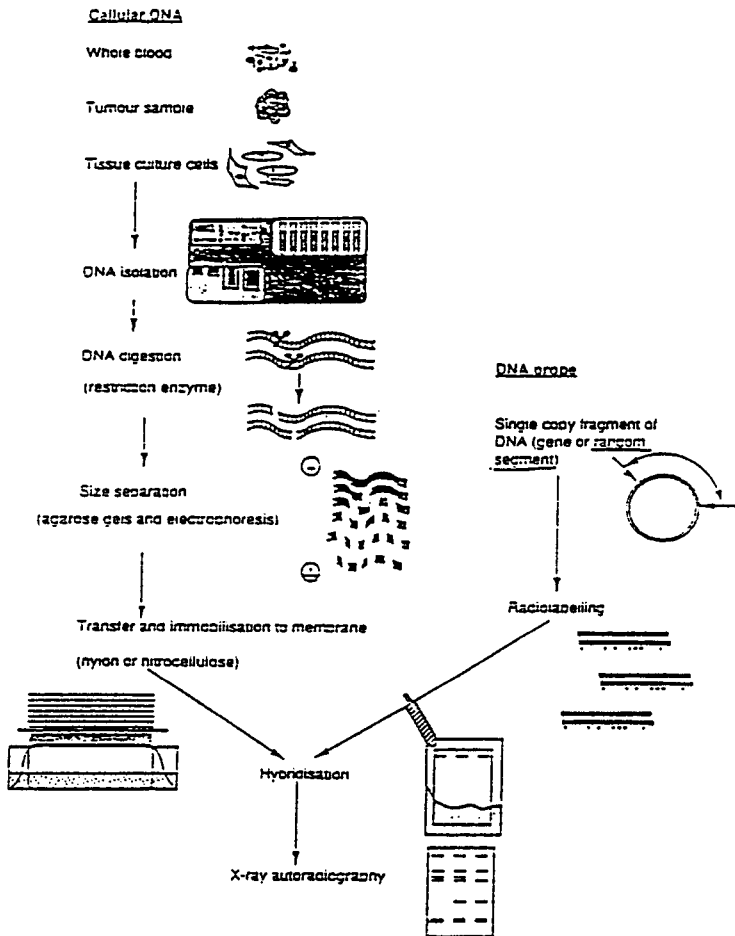


Figure 1. Diagrammatic method of DNA fingerprinting.

DNA 지문결과의 이용범주

1. 집단 또는 개체의 확인

최초 동일한 유전적 바탕을 가진 White Plymouth Rock과 White Leghorn 집단에서 개량의 방향이 다르게 유지되어온 계통들, 그리고 이들의 F1 에서 나타난 DNA지문의 결과(Dunnington 등, 1991)는 Figure 2에 제시하였다.

여기서 각 집단별 band의 수는 29개 정도가 나타났고, 이들 중 25%가 각 집단이 가지고 있는 고유한 band로 판명되었다. 그리고 Table 1에서와 같이 사용된 DNA probe의 종류가 다른 경우에도 각 집단 서로 간 BS값은 비슷한 경향을 보이고 있고, 동일 집단내 BS값은 0.51 그리고 부모와 자손 간에는 0.65로 높은 수치를 보였다.

Table 2에서는 일반적으로 동일한 집단 내에서 나타나는 BS값은 선발의 힘이 전혀 가해지지 못했던 야생동물의 경우는 낮은 값으로 판명되었고, 개량집단 내 가축의 경우는 세대간격이 짧고, 개량이 용이한 돼지나 닭에서는 세대간격이 길고 개량이 어려운 소보다 높은 BS값을 보이고 있다.

이러한 BS값의 유전적 해석은 그 값이 높을수록 동일한 DNA구성을 공유하고 있다는 결과에서, 서로 다른 집단간 비교에서는 유전적 유사성이 높은 것으로, 그리고 동일 집단 내에서 얻어진 수치는 유전자의 동형접합 비율이 많다는 것을 의미하는 것이다.

2. 진화과정의 규명

동일한 유전적 원류에서 개량의 힘이나 자연현상에 의해서 격리되어온 집단 서로간의 DNA지문 분석은 여러가지 유전적 현상에서 변이를 추정할 수가 있다.

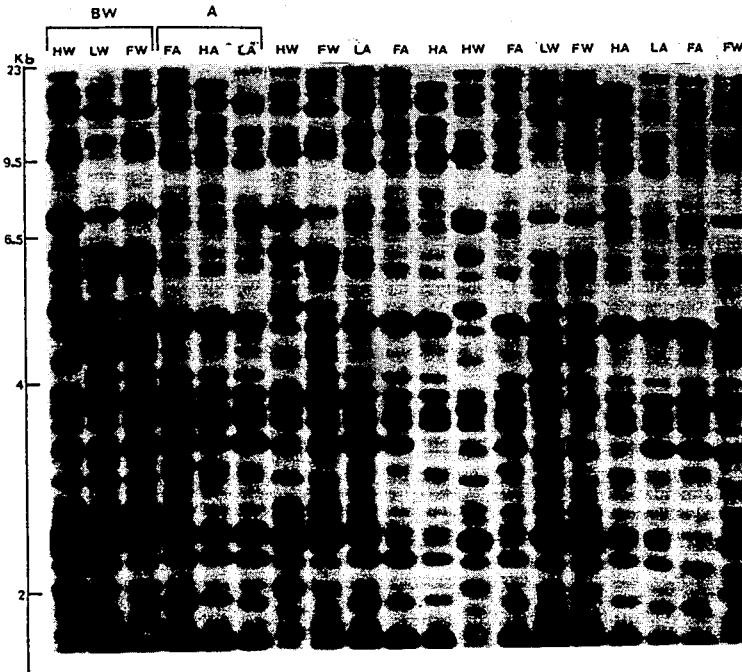


Figure 2. The DNA fingerprints produced from chickens of the following population : HW and LW=White Rocks for 31 generations for high and low body weight ; FW=F1 cross between HW and LW ; HA and LA=White Leghorn selected for 16 generations for high and low antibody response to sheep erythrocytes ; FA=F1 cross between HA and LA.

Table 1. Band sharing levels between mixes from different populations obtained from Jeffreys' probe 33.6 and Hillel's R18.1

Popu- lation	Probe 33.6					Probe R18.1						
	HW29 ³	LW27	FW36	HA25	LA28	FA36	HW30	LW31	FW28	HA24	LA27	FA26
HW	.52	.58	.11	.14	.14		.56	.64	.09	.13	.09	
LW		.67	.21	.14	.14			.59	.14	.14	.09	
FW			.16	.13	.15				.13	.12	.17	
HA					.53	.68				.43	.68	
LA						.71					.65	

HW=White Rocks selected 31 generations for high body weight; LW=White Rocks selected 31 generations for low body weight, FW=F₁ cross between HW and LW lines; HA=White Leghorns selected 16 generations for high antibody response to sheep erythrocytes; LA=White Leghorns selected 16 generations for low antibody response to sheep erythrocytes; and FA=F₁ cross between HA and LA lines.

Table 2. Average fraction of shared bands for pairs of nonrelatives

Natural population :		
House sparrows	0.1-0.3	Burke and Burford 1987
Pied flycatchers	0.2	Wetton et al. 1987
Dunnocks	0.2	Burke et al. 1989
Purple martins	0.2	Morton et al. 1990
Channel Island foxes	0.7-1.0	Gilbert et al. 1990
Humans	0.2	Jeffreys et al. 1985C
Domesticated species		
Chickens	0.4-1.0	Kuhnlein et al. 1990
Dogs	0.5	Jefferys and Morton 1986
Cats	0.5	
Cattle	0.3-0.4	Georges et al. 1988
Horses	0.3-0.7	
Pigs	0.5-0.7	

앞에서 제시된 Figure 2의 결과에서 이들 집단은 31 세대 동안 체중이 무거운 쪽과 가벼운 쪽의 인위적 선발로 형성된 것이었다. 양방향의 선발 집단과 random breed의 유전자 지문 결과를 이용하여 선발에 의한 band 형성, 돌연변이에 의한 band 형성, 그리고 유전자의 이주에 의한 band의 형성 등에 따른 Hillel 등 (1991)의 유전분석 결과에서;

- 선발에 의한 band는 대조집단인 random breed와 서로 다른 개량의 방향으로 선발된 집단간의 DNA band 차이로서 규명하여 4개의 band가 확

인되었다.

- 돌연변이에 의한 band는 random breed에서 나타나지 않는 새로운 band가 선발된 집단 중 어느 쪽에서든 나타나고 있는 것으로 15개의 band가 확인되었다.
- 유전적 이주에 의한 band는 random breed에서 이질적 집단만이 가지는 특징적 band로 밝혀진 band 중 선발집단 중 하나에서 나타나지 않는 것으로 6개의 band가 확인되었다.

3. 경제형질의 표시

닭의 경제형질과 관계되는 표지에 근거한 선발(marker-assisted selection)은 다양한 DNA probe에 의하여 개체나 집단이 가지고 있는 genomic DNA의 많은 표식들을 나타낼 수 있기 때문에 능력개량에 정확한 방법으로 이용되고 있다. Figure 3에서와 같이 양적 형질을 대상으로 능력이 높은 group과 낮은 group에 속하는 개체들의 DNA지문을 분석하여 우수한 경제형질과 관련되는 DNA표식을 규명하는 것이다. Dunnington 등(1992)이 4, 8, 12주 체중과 관련된 DNA표식의 결과를 Figure 4와 Table 3에서 알 수 있는데, 특정 위치에서 체중이 무거운 group에서는 band가 없었고, 체중이 낮은 group은 뚜렷한 band가 있었다. 이러한 band를 이용한 교배체계에서 역시 band의 유무와 체중은 유의적인 관계를 보였고, 특히 이 위치의 band는 잡종강세의 유전적 현상을 확인할 수가 있었다.

이외에도 Hillel 등(1993)은 육용계의 복부지방 축적과 관련된 DNA표식을 밝혀 Hebrew대학과 Virginia대학에서 공동으로 이를 근거로 한 선발 프로그램이 산업적으로 이용되고 있으며, 산란능력과 관련된 DNA표식이 Iowa대학에서 규명되어 Hy-line육종회사에서 산업적 이용이 시작되고 있다.

4. 유전자 도입

오랫동안 선발 개량되어온 집단에서 유전적 변이가

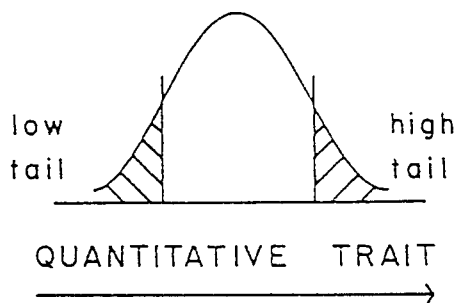


Figure 3. Distribution for values of a quantitative trait and groups at the two extremes of distribution.

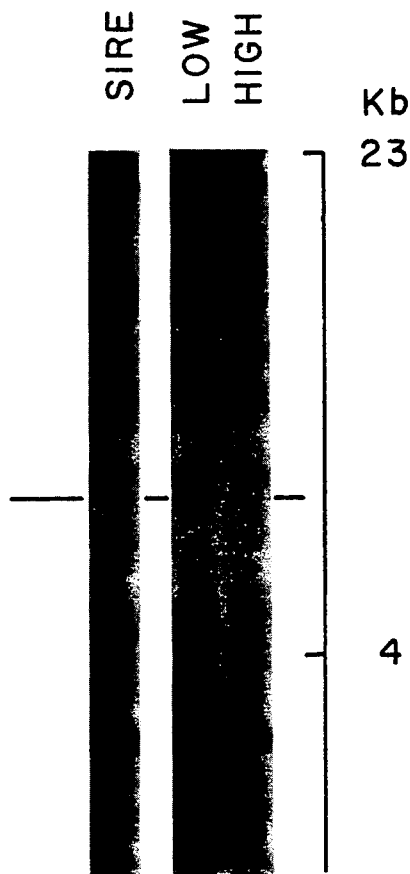


Figure 4. The DNA fingerprint lanes of F1 sire, offspring from the tails of high and low value of body weight.

정체를 맞고 있을 때 새로운 유전자원을 도입하고자 하는 육종계획에서, 기존의 집단과 최대한 유사성을 가지고 있으면서 도입되는 유전자는 선택적으로 이용하려는 의도에서 실제로 원하는 유전자만의 도입방법은 불가능한 제한적 요소가 있다. 이러한 경우 일반적으로 인식하는 부와 모의 유전자가 각각 반이 후대에 전달된다는 유전양식에서 벗어나 DNA지문을 통한 부모와 후대의 DNA 전달 체계는 후대가 부모 중 어느쪽의 DNA를 더 많이 또는 원하는 DNA를 후대에 전달시키고 있는지를 확인함으로써 해결할 수가 있다.

Figure 5에서 한국재래닭의 DNA지문에 의한 가계

Table 3. Comparisons of body weights at 4, 8 and 12 wk of age for chickens of presence or absence of band in their parents

Parental mating		4 wk BW		8 wk BW		12 wk BW	
Sire /dam ¹	n	\bar{x}	SD	\bar{x}	SD	\bar{x}	SD
Females							
- / -	24	263	26 ^{AB}	703	83 ^{AB}	1,035	145 ^{AB}
- / +	18	287	32 ^A	773	81 ^A	1,126	98 ^A
+ / +	47	239	38 ^B	689	101 ^B	995	151 ^B
Males							
- / -	23	305	33 ^A	923	98 ^A	1,404	161 ^A
- / +	13	320	35 ^A	938	114 ^A	1,431	139 ^A
+ / +	26	264	52 ^B	803	155 ^B	1,202	233 ^B

¹ + and - indicate presence or absence in the parental generation.

^{A,B} Means are significantly different ($P < 0.1$) due to parental mating types.

분석 결과를 제시하였는데, 여기서 부모 중 어느 한쪽에서 또는 모두가 가지고 있는 DNA band가 자손에 전달되는 현상을 알 수가 있다. 이러한 분석은 친자 확인뿐만 아니라 부와 모로 사용된 개체나 집단에서 후대에 전달되는 유전적 기전을 명확하게 파악할 수 있기 때문에 원하는 유전자 도입에도 유용하게 이용될 수 있다. Table 4에서는 여정수와 김재우(1995)가 분석한 가계분석 결과로 부의 유전구성이 모에 비하여 유의적으로 후대에 전달되고 있는 결과를 보여주고 있어 가금에서 이용되는 부와 모 가계의 형성에 필수적으로 이용되어야 할 유전적 수단으로 생각된다.

5. 잡종강세의 이용

유전효과의 분석에서 대별되는 상가적 효과와 비상가적 효과에서 잡종강세는 후자의 것을 최대화 시키는 것으로 서로간에 유전적 근친도가 낮을 수록 잡종강세의 효과가 극대화 된다. DNA지문에서 나타나는 band는 유전적 구성을 나타내는 것으로 상가적인 유전효과를 파악할 수가 있는데, 이러한 DNA구성은 BS값으로서 서로 다른 개체나 집단의 유전적 유사성을 밝힐 수가 있어 BS값이 낮은 계통간의 교잡으로 잡종강세의 효과를 최대화 시킬 수 있는 것이다.

Figure 6에서 Siegel 등(1992)이 BS값으로 추정된 여러 계종의 닭들에서 유전적 거리를 제시하였다. 유전적으로 일관성 쌍생일 경우는 1의 값이 되고, 그리고 부모와 자손간, 개량방향이 동일한 품종내 계통

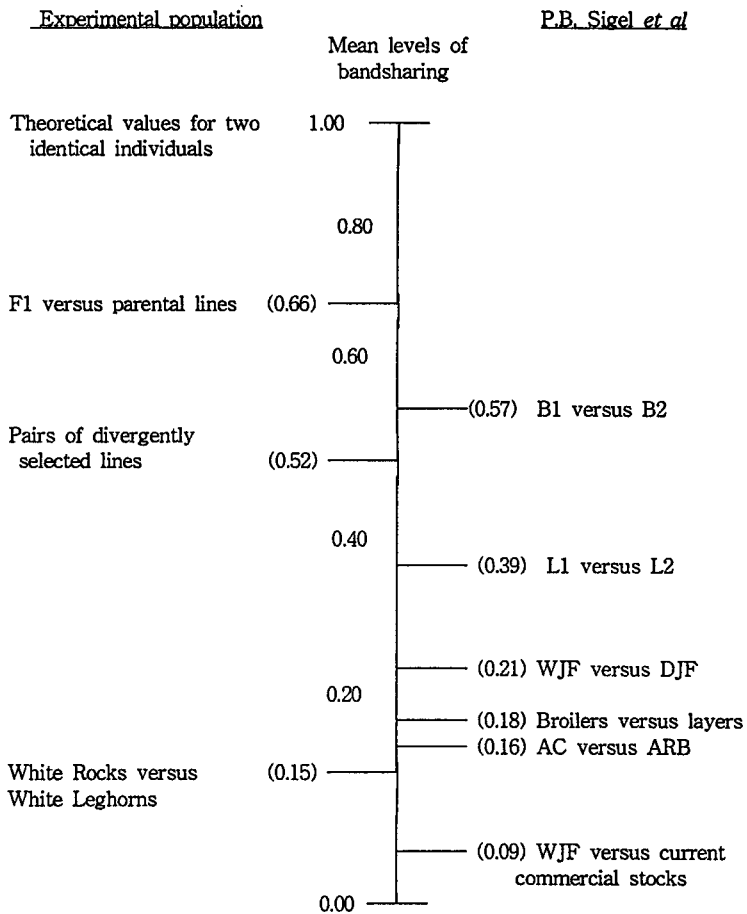


Figure 5. Family analysis of parents(S and D) and offsprings(01, 02, 03).

Table 4. Distributed bands of pedigree from parents of the Korean native chicken(Grey)

		Parent	
		Paternal(14)	Maternal(16)
Progeny	1	9	8
	2	8	11
	3	9	9
Average(%)		8.7(62.21)	9.3(58.13)
Homozygote of progeny from parental bands(%)		5(35.71)*	3(18.75)

* P<.05

**Figure 6.** Level of band sharing for pairwise comparisons of experimental populations and for the stocks reported from Dunnington et al. (1992).

간, 하나의 유전적 집단에서 개량방향에 달랐던 계통 간에는 0.4~0.7정도의 높은 수치였으나, 서로 다른 품종간에는 0.2이하로 낮은 값을 보이고 있다. 이러한 개체간 또는 집단간 DNA지문에 의한 BS값의 측정으로 서로간 교잡으로 인한 잡종강세의 효과를 예측할 수 있어 가금의 능력개량을 최대화할 수 있다고 판단된다.

결 론

가금의 유전분석과 능력개량에 이용되는 DNA지문은 유전력이 낮은 형질, 측정이 어려운 형질, 능력의 측정에 장기간 소요되는 형질, 그리고 한쪽 성에만 발현되는 형질들에 대해서 개체나 집단의 일부분 조직이나 혈액을 통해 DNA수준에서 다양한 양상의 유전적 표식을 쉽게 판명할 수 있는 방법이다. 지금까지 가금에 이용될 수 있는 개체나 집단의 유전적 확인, 집단의 진화과정, 양적인 경제형질과 관련되는 표지, 새로운 유전자의 도입체계, 그리고 잡종강세를 예측하는 결과들을 제시함으로써 이러한 새로운 기술을 가금육종에 응용함은 물론 더욱 다양한 개량의 범위를 넓히는 계기가 될 것으로 사료된다.

(색인 : DNA 지문, 가금)

인용문헌

- Dunnington EA, Gal O, Plotsky Y, Haberfeld A, Kirk T, Goldberg A, Lavi U, Cahaner A, Siegel PB, Hillel J 1990 DNA fingerprints of chickens selected of high and low body weight for 31 generations. *Animal Genetics* 21:247-257.
- Dunnington EA, Gal O, Siegel PB, Haberfeld A, Cahaner A, Lavi Y, Plotsky Y, Hillel J 1991 Deoxyribonucleic acid fingerprint comparisons between selected populations of chickens. *Poultry Sci* 70:463-467.
- Dunnington EA, Stallard LC, Siegel PB, Hillel J 1993 Evaluation linkage between DNA fingerprint bands and quantitative in chickens. *Poultry Sci* 72:1000-1004.
- Hillel J, Plotsky Y, Haberfeld A, Lavi U, Cahaner A, Jefferys AJ 1989 DNA fingerprints of poultry. *Animal Genetics* 20:145-155.
- Hillel J, Dunnington EA, Haberfeld A, Lavi U, Cahaner A, Gal O, Plotsky Y, Mark HL, Siegel PB 1993 Multilocus DNA marker: Applications in poultry breeding and genetic analyses. *Manipulation of the avian genome*. CRC Press:243-256.
- Jefferys AJ, Wilson V, Thein 1985 Hyper-variable minisatellite region in human DNA. *Nature* 314:67-73.
- Jefferys AJ, Morton DB 1987 DNA fingerprints of dogs and cats. *Animal Genetics* 18:1-15.
- Kuhlein U, Dawe Y, Zadworny D, Gavora JS 1989 DNA fingerprinting: a tool for determining genetic distances between strains of poultry. *Theo Appl Genet* 77:669-672.
- Lamonte ST, Plotsky Y, Kaiser MG, Arthur JA, and Beck NG 1992 Identification of quantitative trait loci markers in commercial egg-laying chicken lines by using DNA fingerprinting. *Proc of the 19th World Poultry Congr* 1:518.
- Kimura T, Mannen H, Tsuji S, Mukai H, Goto N, Kano N, Yamamoto T, Sato T 1993 Chicken DNA fingerprints using six different probes. *Jap Poultry Sci* 30:287-297.
- Siegel PB, Haberfeld A, Mukherjee TK, Stallard LC, Marks HL, Anthony NB, Dunnington EA 1992 Jungle fowl-domestic fowl relationships: a use of DNA fingerprinting. *World's Poultry Sci J* 48:147-155.
- 김재우 여정수 최창본 1994 가금에서 유전자지문을 이용한 가계분석에 관한 연구. *한국축산학회지* 36:435-438.
- 여정수 김재우 1995 한국재래계의 유전적 소질에 관한 연구. 미발표