

한국재래산양의 핵형분석

오승현 · 윤영민 · 윤여성* · 이준섭* · 이홍식** · 성제경

연세대학교 의과대학 실험동물부
서울대학교 수의과대학 조직학교실*, 해부학교실**
(1999년 9월 30일 접수)

The karyotype of Korean native goat (*Capra hircus*)

Seung-hyun Oh, Young-min Yun, Yeo-sung Yoon*, Joon-sup Lee*,
Heungshik S. Lee**, Je-Kyung Seong

*Department of Laboratory Animal Medicine, Medical Research Center,
Yonsei University College of Medicine*

Department of Veterinary Histology and Embryology, and Department of Veterinary Anatomy**,
College of Veterinary Medicine, Seoul National University*

(Received Sep 30, 1999)

Abstract : We investigated the cytogenetic characteristics of Korean native goat(*Capra hircus*). Chromosome slides were prepared from peripheral blood cell cultures. GTG, GBG, RBG and CBG-banding techniques were employed on those slides. The high resolution karyotype of Korean native goat could be made with the incorporation of BrdU. Korean native goat has 60 chromosomes composed of 58 autosomes and XY or XX sex chromosomes. All of autosomes of Korean native goat were acrocentric chromosomes. X chromosome was submetacentric and Y chromosome was metacentric. The GTG, GBG and RBG-band patterns of Korean native goat were similar to those of other goats. CBG-band regions were distinct at the proximal portion of the long arms of all autosomes in Korean native goats. According to our investigation, there was no significant difference in chromosomal band patterns between Korean native goat and other goats. It might be necessary to use molecular genetic markers for clarifying the genetical characteristics of Korean native goat whose biological characteristics are not clearly defined.

Key words : Korean native goat, karyotype, chromosome.

서 론

산양(*Capra hircus*)은 분류학적으로 포유강(Class *Mammalia*), 우제목(Order *Artiodactyla*), 소과(Family *Bovidae*)에 속하는 가축으로 페르시아 지방의 *Bezoar goat*(*Capra aegagrus*)나 아프리카니스탄 지역의 *Markhor goat*(*Capra falconeri*)에서 유래한 것으로 추정된다¹. 산양은 기원전 8,000년경에 가축화되었는데 다른 종류의 가축보다 열악한 환경에 적응이 빠르고 다른 반추동물에 비하여 폭넓은 식성을 가졌기 때문에 비교적 빠르게 가축으로 개발되었다². 산양(*Capra hircus*)은 같은 소과에 속하는 소(*Bos taurus*)와 면양(*Ovis aries*)과 유전적으로 밀접한 유연관계를 갖고 있다. 산양과 소는 60개의 염색체를 가지며 염색체의 분염상도 매우 유사하다³⁻⁷. 면양은 54개의 염색체를 가지고 있으나 염색체의 분염상은 산양과 소와 매우 유사하다⁸⁻¹¹. α -S2-casein(CASAS2)을 비롯한 몇몇 유전자도 소, 면양 및 산양의 상동한 염색체 좌위에 존재한다는 것이 알려져 이들 가축은 유전적으로 많은 유연성이 있는 것으로 밝혀졌다¹²⁻¹⁸. 최근에는 소, 면양, 산양의 염색체의 핵형에 관한 국제적으로 표준화된 명명이 이루어져 염색체 이상 및 특정 유전자의 정확한 좌위 확인이 가능하게 되었다^{19,20}.

한국재래산양은 우리나라 고유의 축종으로 약 2000년 전에 한반도로 유입된 것으로 추측되나 문헌상으로는 600여년전 조선조 초기에 처음 보고되었다²¹. 한국재래산양은 "흑염소"로도 불리며 대부분 흑색 혹은 흰색의 모색을 갖으며 암, 수 모두 뿔이 있고 다른 산양에 비하여 체구가 작다²². 한국재래산양은 다른 되새김질 동물에 비하여 임신기간이 짧고 번식능력이 뛰어나는 뿐 아니라 질병에 대한 저항성이 강하여 되새김질 동물을 대상으로 하는 각종 연구에서 소를 대신하여 이용될 수 있다.

현재까지 한국재래산양의 심혈관계, 신경계, 근육계, 골격계 및 내분비계에 관한 형태학적 특징에 관한 연구 결과가 있었다²³⁻²⁸. 특히 종속간의 연관성을 추정할 수 있는 두개계측학적 및 하악골에 관한 연구에 의해서 다른 산양 종류와 다른 한국재래산양의 특징이 밝혀졌다^{29,30}. 최근에는 한국재래산양의 lactoferrin이 다른 산양과 상이한 분자구조를 가진 것으로 보고되기도 하였으나 한국재래산양의 유전적 특성에 관한 연구는 아직까지

체제화되지 못한 실정이다³¹. 가까운 일본에서는 재래가축의 생물학적 특성에 관한 연구의 필요성을 인식하고 일본의 재래가축 뿐만 아니라 아시아 일대의 재래가축에 관한 연구를 수행해온 바 있다. Amano *et al*¹⁷은 rDNA와 mtDNA를 분석하여 한국재래산양을 비롯한 여러가지 되새김질동물의 유전적 특성을 밝혔으며 Amano *et al*³²은 한국재래산양의 생물학적 특징을 보고하였다. 세포유전학적 연구로서 여³³가 처음으로 한국재래산양의 염색체 수, 형태와 분염상을 밝힌 바 있으나 다른 산양의 핵형분석에 비하면 분염상의 해상도가 현저히 낮아서 다른 산양과 비교하기 어렵다. 그 밖의 한국재래산양에 관한 세포유전학적 연구결과는 아직까지 보고된 바가 없어 우리나라 고유의 축종으로서 생물학적 가치를 밝히기 위한 기본적인 자료인 한국재래산양의 세포유전학적 특성규명이 시급한 실정이다.

본 연구에서는 한국재래산양의 염색체를 G-분염법, R-분염법 그리고 C-분염법의 방법으로 핵형분석을 실시하여 다른 산양과 세포유전학적 특성을 비교하고, 고해상도 분염법으로 한국재래산양의 표준핵형을 제작하여 한국재래산양의 유전특성의 해석을 위한 기초자료로 삼고자 한다.

재료 및 방법

실험동물 : 서울대학교 농업생명과학대학 부속 목장에서 사육중인 체중 15kg 내외의 수컷 10마리와 암컷 5마리의 한국재래산양을 사용하였다.

세포배양 : 경정맥에서 혈액 5ml를 채취하여 백혈구층을 분리하여 fetal calf serum(Gibco Co., 15%), concanavalin (Sigma Co., 3 μ g/ml), lipopolysaccharide(Sigma Co., 10 μ g/ml)가 첨가된 RPMI 1640(Gibco Co.) 액체배지를 이용하여 37 $^{\circ}$ C CO₂ 배양기에서 배양하였다. 유핵세포수가 ml 당 0.5~1X10⁶의 세포밀도가 되도록 배양액을 첨가하였다. 46시간 경과후 R-분염법과 C-분염법을 위하여 thymidine (Sigma Co., 300 μ g/ml)을, G-분염법을 위하여 배양액에 bromodeoxyuridine (BrdU, Sigma Co., 200 μ g/ml)을 첨가하였다. 18시간이 경과후 각각의 배양액을 1,200rpm에서 5분간 원심분리하여 상층액은 버리고 배양액을 첨가하고 이 과정을 2회 반복하였다. R-분염법과 C-분염법을 위하여 BrdU(25 μ g/ml)를, G-분염법을 위하여 thymidine (2 μ g/ml)을 각각 첨가하고 5시간 30분간 배양후 colcemid

(Sigma Co., 0.02 μ g/ml)를 첨가하였다. 30분 경과후에는 1,500rpm에서 7분간 원심분리하였다.

표본제작 : 배양액을 원심분리하고 0.56% KCl 2.5ml를 첨가한 후 20분간 방치한 뒤 Carnoy 용액(메탄올 : 초산 = 3 : 1)을 첨가하였다. 1,500rpm에서 3분간 원심분리한 후 상층액은 버리고 고정액을 다시 첨가하여 1,500rpm에서 3분간 원심분리하고 이 과정을 2회 반복하였다. 상층액을 버린 후 새로 만든 고정액을 2ml 정도 가한 뒤 100% 에탄올(Merck Co.)로 세척한 슬라이드 글라스 위에 용액을 점적하여 슬라이드 건조기에서 24시간 이상 건조시켰다.

염색체 표본 슬라이드에 GTG(G-bands by trypsin using Giemsa), GBG(G-bands by BrdU using Giemsa), RBG(R-bands by BrdU using Giemsa), CBG(C-bands by barium hydroxide using Giemsa)-분염법을 수행하였다.

GTG-분염법(G-bands by trypsin using Giemsa) : 염색체 표본 슬라이드를 0.025% trypsin 용액(Gibco Co.)에서 2분간 반응시킨 뒤 PBS(pH 7.0)로 5초간 수세하고 Sorenson's buffer(pH 6.8)에 5%로 희석한 Giemsa(Sigma Co.)용액으로 8분간 염색하였다. 흐르는 물에 1분간 수세하여 자연건조시켜서 현미경으로 관찰하였다.

GBG-분염법(G-bands by BrdU using Giemsa) : 염색체 표본 슬라이드를 bis-benzimide(Sigma Co., 50 μ g/ml)로 15분간 반응시킨 후 증류수로 수세하고 2X SSC 용액으로 붓입하여 UV lamp에 2시간 반응시켰다. 슬라이드를 증류수로 수세하고 2X SSC 용액(60 $^{\circ}$ C)에서 2시간 반응시킨 후 다시 증류수로 수세하여 건조시켰다. 건조된 표본 슬라이드를 Sorenson's buffer(pH 6.8)에 7%로 희석된 Giemsa 용액으로 15분간 염색하였다. 염색한 후 흐르는 물에 1분간 수세하여 자연건조시켜서 현미경으로 관찰하였다.

RBG-분염법(R-bands by BrdU using Giemsa) : 염색체 표본 슬라이드를 bis-benzimide(Sigma Co., 50 μ g/ml)로 15분간 염색하고 증류수로 2회 수세한 후 2X SSC로 붓입한 다음 UV lamp에 1시간 30분간 반응시켰다. 2X SSC(60 $^{\circ}$ C)에서 1시간 30분간 반응시킨 다음 증류수로 수세한 후 Sorenson's buffer(pH 6.8)로 희석시킨 5% Giemsa 용액에서 30분간 염색하였다. 흐르는 물에 30초간 수세한 후 자연건조시켜서 현미경으로 관찰하였다.

CBG-분염법 : 염색체 표본 슬라이드를 2주일간 자연건조시켜서 염색에 사용하였다. 슬라이드를 0.2N HCl(실

은)에서 30분간, 0.5% Ba(OH)₂ 용액 60 $^{\circ}$ C에서 15분간 각각 반응시킨 뒤 2X SSC(60 $^{\circ}$ C)에서 1시간 30분 동안 반응시켰다. 증류수로 수세한 후 Sorenson's buffer(pH 6.8)로 희석시킨 5% Giemsa 용액에서 30분 동안 염색하였다. 흐르는 물에 30초간 세척한 후 자연건조시켜서 현미경으로 관찰하였다.

관찰 및 통계학적 처리방법 : GTG, GBG, CBG-분염법을 수행한 염색체 표본을 광학현미경으로 관찰하고 Kodak technical pan 필름(ASA 25, B/W)으로 1,000배로 촬영한 뒤 핵형분석 하였다. G-분염법을 수행한 염색체 표본을 컴퓨터로 scanning한 후 Tina(version 2.0)를 이용하여 각 염색체의 상대적 길이를 측정하였다. 각 염색체의 전체 염색체 길이에 대한 상대적 길이를 구하고 백분율로 표시하였다. 하나의 개체에서 제작된 염색체 표본을 최소한 20개 이상 관찰하였다.

결 과

한국재산양 염색체표본의 GBG-분염과 GTG-분염 결과 세포분열 중기의 각 세포들에서는 29쌍의 상동염색체와 2개의 성염색체 XY 또는 XX로 이루어진 60개의 염색체가 관찰되었다(Figs 1, 2). 염색체 표본 슬라이드에서 관찰한 염색체 표본들을 ISCNA(1990)에 따라 핵형 분석을 하였고 상대적인 길이를 측정하였다(Table 1). 염색체의 상대적 길이에서 X 염색체는 상동염색체 중 가장 큰 1번 염색체와 거의 같은 크기를 보였다. 28번 염색체는 29번 염색체에 비하여 상대적 길이가 더 크게 나타났다. Prometaphase의 염색체 표본은 중기의 염색체 표본에 비해서 비교적 높은 해상도의 분염상을 보였다. GTG-분염법에 의한 결과는 GBG-분염법에 의한 결과에 비해서 분염상이 분명하였으나 전체적으로 뚜렷한 차이는 없었다. RBG-분염상은 GBG-분염상과 GTG-분염상에 역상이었다(Fig. 3). RBG-분염을 위해서 제작된 염색체 표본에서는 다른 분염을 위한 슬라이드 표본보다 비교적 분명한 염색체 분염을 보이는 염색체 표본들이 많았다. GTG-분염법, GBG-분염법과 RBG-분염법을 이용하여 한국재산양의 염색체 idiogram을 제작하였다(Fig 4). CBG-분염법 수행후 상대적 길이에 따라 핵형을 분석한 결과 한국재산양의 모든 상동염색체가 acrocentric 이었고 성염색체 X는 submetacentric이었으며 성염색체 Y는 metacentric이었다(Fig 5). 모든 상동염색체는 중심체

Table 1. Mean relative length of chromosome in Korean native goat

Number of chromosome	Relative length (Mean±SE)	
1	6.293	0.273
2	5.115	0.443
3	5.079	0.458
4	4.978	0.375
5	4.764	0.274
6	4.427	0.579
7	4.644	0.352
8	4.427	0.842
9	3.738	0.548
10	3.862	0.510
11	3.723	0.464
12	3.537	0.380
13	3.526	0.272
14	3.662	0.507
15	3.585	0.386
16	3.043	0.270
17	3.031	0.354
18	3.004	0.215
19	3.041	0.369
20	2.697	0.330
21	2.893	0.380
22	2.491	0.245
23	2.290	0.352
24	2.198	0.488
25	2.128	0.304
26	2.036	0.333
27	1.791	0.522
28	1.889	0.376
29	1.741	0.344
X	6.162	0.687
Y	0.907	0.309

* Mean relative length of autosomes and sex chromosomes were shown as percentages of the total length of chromosome in mean±SE.

주변에서 뚜렷한 C-분염 양성을 보였고 X와 Y염색체는 C-분염 양성을 보이지는 않았다. C-분염 양성부위에 있어서 각 동물간의 차이는 없었다.

고 찰

한국재래산양은 다른 산양과 다른 생물학적 특성을 갖고 있다. 반추수 중 가장 크기가 작아서 반추수를 이용한 동물실험에 적합할 뿐 아니라 비교적 질병에 대한 저항성이 강해서 실험실 사육에 적합하다. 그러나 한국재래산양을 유전적 자원으로 이용하는데 필요한 연구결과는 충분하지 않다. 한국재래산양의 형태학적 특성과 몇몇 생물학적 특성이 보고되었으나 한국재래산양의 분류학적 특성 혹은 유전적 특성에 관한 연구결과는 매우 미미한 실정이다^{23-30,32}.

동물은 중에 따라 고유한 염색체의 수와 모양 그리고 일정한 분염상을 갖기 때문에 핵형분석은 생물체의 기본적인 유전적 특성을 반영한다³⁴⁻⁴⁰. 분염법은 일반적으로 염색체의 구조적 특징을 이용한 구조적 분염과 세포분열의 간기 중에 일어나는 DNA 합성 시기의 차이를 이용한 복제분염으로 나눌 수 있다³⁸. 동물의 세포유전학적 특성을 알아보기 위하여 흔히 G, Q, R, C와 NOR-분염법 등 각종 분염방법으로 핵형분석을 하고 배양중인 림프구에서 많은 수의 중기염색체를 얻기 위해서 thymidine 또는 BrdU를 첨가하여 G1/S 과정을 차단한다^{36,39}. 일반적으로 사용되는 GBG, RBG-분염법은 DNA 합성기인 S기에서 특정시기에 BrdU가 thymidine을 대신하여 DNA 사슬에 삽입되도록 하여 Fluorescence Plus Giemsa (FPG) method로 분염을 수행하는 것이다⁴⁰. GTG-분염법은 염색체 표본을 trypsin과 Giemsa 용액에 반응시키는 것으로서 정확한 작용기전은 아직까지 확실하게 밝혀지지 않는 것이다⁴¹.

한국재래산양의 GBG-분염상과 GTG-분염상은 서로 차이가 없었으며 Iannuzzi *et al*⁴²이 보고한 다른 산양의 GBG-분염상과도 차이가 없었다. GTG-분염법은 표본제작과 염색방법이 간단하고 분염상이 뚜렷하였으나 염색결과가 여러가지 실험조건에 따라 민감하게 반응하였다. GBG-분염법은 염색과정이 복잡하고 세포배양 과정에 중간 처리과정이 있어서 번거롭지만 결과의 재현성이 뛰어났다. RBG-분염상은 G-분염상의 역상이었으며 이 분염법은 기존의 R-분염법인 R-bands by Heat using

Giemsa보다 좋은 결과를 얻을 수 있다고 보고된 바 있다³⁹. 한국재래산양의 RBG-분염상은 Hayes *et al*¹¹이 보고한 다른 산양의 RBG-분염상과 차이가 없었다. GTG-분염법, GBG-분염법과 RBG-분염법의 결과를 근거로 ISCNDA²⁰에 따라서 한국재래산양의 핵형분석 및 idiogram을 작성하였다. 전체적인 분염상은 다른 산양의 결과와 차이가 없었고 해상도의 차이에 따라서 band 수는 약간의 차이가 있었다. 본 연구결과에서 25번 염색체는 q arm의 근위부와 중간부분에 5개의 band가 있었고 원위부에 작은 band가 있었으며 29번 염색체는 q arm의 근위부와 중간부분에 4개의 band가 있었다. 이러한 결과는 Iannuzzi *et al*⁴²이 기술한 결과와 동일하였으나 Di Bernardino *et al*³⁶은 이러한 염색체들을 각각 29번과 25번으로 주장하고 있어서 본 연구결과와 차이를 보이고 있다. 이것은 염색체 이상이나 분염법의 차이 때문은 아니고 염색체를 명명하는 기준의 차이에서 기인하는 것으로 사료된다. Iannuzzi *et al*⁴²은 산양 및 면양과 유사한 소의 핵형분석 ISCNDA²⁰을 근거로 산양의 핵형을 분석하였고 Di Bernardino *et al*³⁶은 Ford *et al*¹⁹이 보고한 해상도가 낮은 분염상을 기준으로 핵형분석을 하였다. 1990년대 이전에 이루어진 핵형분석에서는 분염상의 해상도가 낮은 산양의 25번과 29번 염색체를 비롯한 크기가 비슷한 염색체의 구별이 어려웠으나 현재에는 기본적인 분염법 이외에 marker gene으로 염색체 구별 및 좌위까지 확인이 가능하다¹²⁻¹⁸.

유전자 좌위를 확인하는데 있어 혼동되는 한 예로써 Threadgill와 Womack⁴³은 CASAS2 유전자가 소의 6번 염색체에 존재한다고 주장한데 비하여 Hayes *et al*¹⁴은 CASAS2 유전자의 위치를 소, 산양의 4번 염색체에서 좌위를 확인하였다. 이러한 이유는 이들이 각각 Ford *et al*¹⁹과 ISCNDA *et al*²⁰이 제시한 서로 다른 염색체 명명법에 따라서 결과를 분석하였기 때문에 차이를 보인 것으로서 산양의 품종이나 개체의 차이에 따른 다형성은 아닌 것으로 생각된다.

본 연구에서는 핵형분석 이외에 염색체를 구별하는 일반적인 방법에 따라 염색체 표본에서 각 염색체의 상대적 길이를 측정하였다. 염색체 표본에 따라 약간의 차이가 있었는데 이것은 아마도 GTG-분염법의 경우 염색체 말단의 일부분이 trypsin에 처리되어 전체 길이에 영향을 줄 수 있기 때문인 것으로 생각된다. GBG-분염법 염색의 경우는 염색과정 중에 감염기 용액, 장산 용액과

고온에서 2X SSC와 반응을 시켜 염색체를 구성하는 DNA의 일부분들이 잘려나가기 때문인 것으로 생각된다. 산양의 각 염색체를 길이에 따라 나열한 Cribiu와 Matejka^{6,7}와 Mensher *et al*⁸의 결과는 염색체의 분염상을 고려할 때 서로 일치하지 않는 부분이 많은데 이러한 원인이 품종차이에서 기인하는 것인지 아니면 GTG-분염법의 trypsin 처리 때문인지는 확실하지 않다.

핵형분석에 가장 많이 이용되는 GTG, GBG-분염법으로 한국재래산양의 염색체를 비교한 결과 두 분염법은 동일한 분염상을 보였다. 소와 Maltese 산양에서도 2종류의 G-분염법에 의한 분염상이 동일한 결과가 나온다는 보고가 있어서 어느 한가지 방법만을 사용하여도 각 동물의 핵형을 분석할 수 있을 것으로 생각된다^{37,41,42}.

세포분열시에 보이는 염색체는 간기에 유전적으로 활성적인 진성염색질과 비활성적인 이질염색질로 존재한다³⁴. C-분염법으로는 이질염색질의 일종인 constitutive heterochromatin을 염색하여 중심체 부위를 관찰할 수 있다⁴⁴. 본 연구에서 한국재래산양의 염색체 표본을 CBG-분염법으로 관찰하여 상동염색체는 모두 acrocentric으로 중심체 부위에서 뚜렷한 염색부위를 확인할 수 있었고 X 염색체와 Y 염색체는 각각 submetacentric, metacentric으로서 중심체 부위에서 뚜렷하게 염색된 부위가 관찰되지 않았고 이러한 결과는 Saanen 산양을 대상으로 한 Evans *et al*³⁵의 결과와 차이가 없었다.

GTG, GBG, RBG, CBG-분염법에 의한 한국재래산양의 핵형분석 결과는 기존에 보고된 다른 산양들의 분염상과 차이가 없었다. 이러한 결과가 한국재래산양이 다른 산양과 다른 생물학적 특성을 설명해줄 수는 없으나 한국재래산양의 유전자 위치를 결정하는 중요한 기본자료가 될 것으로 추측된다. 최근 한국재래산양의 lactoferrin 유전자가 다른 산양과 염기서열에 차이가 있다고 보고되었으며 한국재래산양의 X-protein 및 haemoglobin의 좌위도 다른 품종과 다른 유전적 다형성을 갖는다는 것이 보고되었다^{31,45}. 또한 계통의 특징을 알 수 있는 두 개계측학적 연구에 의해서도 한국재래산양은 형태학적으로도 다른 품종의 산양과 다른 특징을 갖는다고 보고되었다²⁷. 따라서 한국재래산양의 유전적 특징을 이해하기 위해서 microsatellite marker 등을 이용한 분자유전학적 연구기법을 이용하여 한국재래산양의 유전적 다형성을 확인하는 연구가 앞으로 수행되어야 할 것이다.

결 론

한국재래산양(*Capra hircus*)의 세포유전학적 특성을 알아보기 위해서 말초혈액에서 분리한 림프구를 배양하여 염색체 표본을 제작한 후 G(GTG, GBG), R(RBG), C(CBG)분염법 등으로 핵형분석을 하여 다음과 같은 결과를 얻었다.

한국재래산양(*Capra hircus*)은 다른 산양들과 마찬가지로 29쌍의 상동염색체와 XY 또는 XX의 성염색체로 이루어진 총 60개의 염색체를 가지고 있었다. GBG-분염 결과는 GTG-분염 결과에 비해서 분염상의 재현성이 분

명하였으나 분염상은 GTG-분염법이 뚜렷하였다. GBG-분염상과 GTG-분염상은 서로 차이가 없었다. RBG-분염상은 GBG, GTG-분염상에 상보적이었다. CBG-분염법으로 관찰한 결과 모든 상동염색체는 acrocentric이었고 X, Y 염색체는 각각 metacentric, submetacentric으로서 CBG-분염법에 양성을 보이지는 않았다.

GTG, GBG, RBG, CBG-분염법으로 한국재래산양의 분염상을 확인한 결과 다른 산양들과 동일한 소견을 보였다. 독특한 형태학적 생리학적 특징을 가지고 있는 한국재래산양의 유전적인 특성을 파악하기 위해서는 microsatellite marker, mt DNA 분석 등을 통한 분자생물학적 연구가 수행되어야 할 것으로 사료된다.

Legends for figures

- Fig 1. GTG-banded karyotype of Korean native goat. Chromosomes were treated with trypsin and Giemsa solution. Each chromosome was karyotyped according to its band pattern. Korean native goat has 60 chromosomes composed of 58 autosomes and 2 sex chromosomes.
- Fig 2. GBG-banded karyotype of Korean native goat. Each chromosome was karyotyped according to its band pattern. GBG-band pattern is similar to GTG-band pattern.
- Fig 3. RBG-banded karyotype of Korean native goat. Each chromosome was karyotyped according to its band pattern which is reverse to that of G-banded chromosome.
- Fig 4. Idiogram of Korean native goat. The idiogram of Korean native goat was made comparing GTG-band, GBG-band and RBG-band pattern.
- Fig 5. CBG-banded karyotype of Korean native goat. Each chromosome was karyotyped according to its relative length. All the autosomes are acrocentric while X chromosome is submetacentric and Y chromosomes is metacentric.

참 고 문 헌

1. Clutton-Brock J. A natural history of domesticated mammals. British Museum, 57-61, 1989.
2. 배대식. 염소와 흑염소. 내외출판사, 서울:35-58, 1984.
3. Hansen KM. Q-band karyotype of the goat(*Capra hircus*) and the relation between goat and bovine Q-bands. *Hereditas*, 75:119-130, 1973.
4. Cribiu EP, Matejka M. Idiogram and standardized G-band karyotype of the goat(*Capra hircus*). *Zuchthygiene*, 22:1-7, 1987.
5. Cribiu EP, Matejka M. Standardized R-band karyotype of the goat(*Capra hircus*). *Zuchthygiene*, 22:260-266, 1987.
6. Hayes H, Petit E, Dutrillaux B. Comparison of RBG-banded karyotypes of cattle, sheep and goats. *Cytogenet Cell Genet*, 57:51-55, 1991.
7. Kaftanovskaya HM, Serov OL. High resolution GTG-banded chromosomes of cattle, sheep and goat: a comparative study. *J Hered*, 85:456-458, 1994.
8. Dain AR. Separating the sheep from the goats on the basis of their chromosomes. *Nature*, 228:560-561, 1970.
9. Nadler CF, Hoffmann RS, Woolf A. G-band patterns, chromosomal homologies, and evolutionary relationships among wild sheep, goats, and Aoudads. *Experientia*, 30:744-746, 1974.
10. Mensher SH, Bunch TD, Maciulis A. High resolution banded karyotype and idiogram of the goat: a sheep-goat G-banded comparison. *J Hered*, 80:150-155, 1989.
11. Di Berardino D, Iannuzzi L, Lioi MB. The high resolution RBA banding pattern of bovine chromosomes. *Cytogenet Cell Genet*, 39:136-139, 1985.
12. Chowdhary BP, Harbitz I, Davies W, et al. Chromosomal localization of the glucose phosphate isomerase (GPI) gene in cattle, sheep and goat by *in situ* hybridization: chromosomal banding homology versus molecular conservation in Bovidae. *Hereditas*, 114:161-170, 1991.
13. Hayes H, Petit E. Mapping of the β -lactoglobulin gene and of an immunoglobulin M heavy chain-like sequence to homologous cattle, sheep and goat chromosomes. *Mamm Genome*, 4:207-210, 1993.
14. Hayes H, Petit E, Bouniol C, et al. Localization of the alpha-S2-casein gene(CASAS2) to the homoeologous cattle, sheep and goat chromosomes by *in situ* hybridization. *Cytogenet Cell Genet*, 64:281-285, 1993.
15. Hélène C, Hayes H, Popescu P, et al. Comparative gene mapping of lactoperoxidase, retinoblastoma, and α -lactalbumin genes in cattle, sheep, and goats. *Mamm Genome*, 4:593-597, 1993.
16. Iannuzzi L, Gallagher DS, Di Meo GP, et al. Chromosomal localization of omega and trophoblast interferon genes in cattle, river buffalo, goat and sheep by fluorescent *in situ* hybridization. *J Hered*, 84:301-304, 1993.
17. Amano T, Miyakoshi Y, Takada T, et al. Genetic variants of ribosomal DNA and mitochondrial DNA between swamp and river buffaloes. *Anim Genet*, 25:29-30, 1994.
18. Popescu CP, Boscher J, Hayes HC, et al. Chromosomal localization of the BLV receptor candidate gene in cattle, sheep, and goat. *Cytogenet Cell Genet*, 69:50-52, 1995.
19. Ford CE, Pollock DL, Gustavsson I. Proceedings of the first international conference for the standardization of banded karyotypes of domestic animals. *Hereditas*, 92:145-162, 1980.
20. ISCNDA. International system for cytogenetic nomenclature of domestic animals, Di Berardino D, Hayes H, Fries R, Long S (eds). *Cytogenet Cell Genet*, 53:65-79, 1990.
21. 강면희. 한국재래산양의 원류에 대하여. 한국축산회보, 9:5-10, 1967.
22. 축협중앙회. 한국재래가축의 유전적 특성에 관한 조사연구. 서울:89-108, 1989.
23. 윤여성, 이홍식. 한국재래산양의 관상동맥에 관한 해부학적 연구. 대한해부학회지, 20:226-234, 1987.
24. 김진상, 이홍식, 이인세. 한국재래산양의 전지골격에 관한 해부학적 연구. 대한수의학회지, 27:167-

- 183, 1987.
25. 원무호, 이홍식, 윤여성. 한국재래산양 반추위의 미주신경분포에 대한 해부학적 연구. *대한해부학회지*, 20:245-254, 1987.
 26. 이창현, 이홍식, 이인세. 한국재래산양의 이개근에 대한 해부학적 연구. *대한수의학회지*, 29:239-244, 1989.
 27. 이홍식, 이성준. 한국재래산양 하악골에 관한 해부학적 연구. *대한수의학회지*, 33:351-359, 1993.
 28. 이홍식, 이인세, 강태천 등. 한국재래산양 췌장의 insulin, glucagon, somatostatin 및 pancreatic polypeptide 분비세포에 관한 면역조직화학적 연구. *대한수의학회지*, 35:45-54, 1995.
 29. 이홍식, 이인세, 강태천. 한국재래산양 혀에 분포하는 신경전달물질에 관한 면역조직화학적 연구. *대한수의학회지*, 36:265-276, 1996.
 30. 이성준, 이홍식. 한국재래산양 머리뼈에 대한 두개계측학적 연구. *대한해부학회지*, 34:705-714, 1994.
 31. Lee TH, Shimazaki K, Yu SL, *et al.* Polymorphic sequence of Korean native goat lactoferrin exhibiting greater antibacterial activity. *Anim Genet*, 28:367-369, 1997.
 32. Amano T, Hayashi T, Yokohama M, *et al.* Biological characteristics of Korean native goats. *Exp Anim*, 43:773-777, 1995.
 33. 여정수. 한국재래산양의 염색체 분석. *한국축산학회지*, 26:231-235, 1984.
 34. 이정수, 노현모, 김상구 등역. 가드너 유전학. 범한서적, 150-178, 8th eds, 1996.
 35. Evans HJ, Buckland RA, Summer AT. Chromosome homology and heterochromatin in goat, sheep and ox studied by banding techniques. *Chromosoma*, 42:383-402, 1973.
 36. Di Berardino D, Ronne M, Burguete I, *et al.* R-banding pattern of the prometaphase chromosomes of the goat. *Hereditas*, 78:225-230, 1987.
 37. Iannuzzi L, Giulia P, Perucatti A, *et al.* The high resolution G- and R-banding pattern in chromosomes of river buffalo(*Bubalus bubalis* L). *Hereditas*, 112:209-215, 1990.
 38. Iannuzzi L, Gustavsson I, Di Meo GP, *et al.* High-resolution studies on late-replicating segments(G+C bands) in mammalian chromosomes. *Hereditas*, 110:43-50, 1989.
 39. R nne M. Fluorouracil synchronization of human lymphocyte cultures. Induction of high resolution R-banding by simultaneous *in vitro* exposure to 5-bromodeoxyuridine/Hoechst 33258. *Hereditas*, 101:205-208, 1984.
 40. Perry P, Wolff S. New giemsa method for the differential staining of sister chromatid. *Nature*, 251:156-158, 1974.
 41. Lemieux N, Drouin R, Richer CL. High-resolution dynamic and morphological G-bandings(GBG and GTG) : a comparative study. *Hum Genet*, 85:261-266, 1990.
 42. Iannuzzi L, Di Meo GP, Perucatti A. An improved characterization of goat chromosome by means of G- and R-band comparison. *Hereditas*, 120:245-251, 1994.
 43. Threadgill DW, Womack JE. Genomic analysis of the maor bovine milk protein genes. *Nucleic Acids Res*, 18:6935-6942, 1990.
 44. Verma RS, Babu A. Human chromosomes. McGraw-Hill, 77-80, 2nd, 1995.
 45. 김계웅, 이인호, 조규석 등. 우리나라 재래산양의 혈구 X-protein 및 haemoglobin 좌위의 유전적 다형분석. *한국축산학회지*, 39:661-668, 1997.