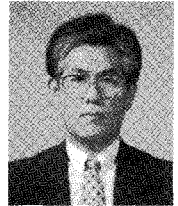


DNA표식을 이용한

한우의 능력개량

여 정 수



영남대 축산학과 교수

1. 서론

한우는 우리민족의 역사와 함께 살아온 가축 중의 하나로 우리 조상들의 부의 상징으로서 뿐만 아니라 우리의 입맛에 맞는 고급식단의 재료로서 높은 가치를 가지고 있기 때문에 오늘에 이르기까지 잘 유지 보존되어온 축종이다. 1970년대에 이르러 농업의 기계화에 따른 역용으로서 역할이 줄어들면서 한우는 고기용으로 사육목적이 변화하면서 육(肉)생산능력이 좋은 외국 소들과 교잡으로 유전적 순수성이 희석되기 시작하여 오늘날 쇠고기 수입개방에 대비한 한우 쇠고기의 질적인 차별화 정책에 커다란 걸림돌이 되고 있기도 하다.

쇠고기 수입개방에 직면해서, 한우산업을 위한 획기적 노력의 결실이 없다면 외국의 여건과 비교해서 가격과 능력에서 열등한 한우의 존재가치는 극소화될 수밖에 없을 것이다. 세계무역협정(WTO)의 위력을 절감한 우리로서는 서둘러 우리나라 고유 유전자원의 유지 및 개량에 힘을 쏟지 않을 수 없고, 우리민족의과 유구한 역사와 같이 유지되어 오면서 농업생산에 버팀목 역할을 했던 한우를 우리민족의 정서와 우리 입맛에 맞는 쇠고기의 공급

원으로 유지 개량해야 하는 당위성 또한 사회 문화적 차원에서 절실한 것으로 판단된다.

이러한 시점에서 쇠고기의 수입개방에 대처하여 우선적으로 우리나라 쇠고기 생산비 절감을 위한 노력이 이뤄져야 하겠지만, 외국 축종들과 비교하여 능력이 떨어지고 있는 한우의 능력개량에 새로운 돌파구로서 유전자(DNA)를 직접 확인할 수 있는 선진국 수준의 유전공학 차원의 연구가 필요할 것이다. 특히 한우의 유전적 본질은 무엇이고, 다른 외국 종들과의 유전적 차별성은 어떤 것이며, 유전적 소질과 능력이 어떻게 나타나게 될 것인지에 대한 우리의 연구현실을 살펴보고 DNA연구를 통한 외국의 축우개량 현황도 더듬어 보고자 한다.

1. 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 혈액만을 채취하는 간편한 과정으로 한쪽 성에서만 나타나는 형질 또는 도축을 통해서만이 확인할 수 있는 형질들에 대해서도 어린 한우에서 더욱 일찍 평가할 수 있음은 물론 장기간 많은 노력과 시

간이 소요되는 후대검정 효율도 높일 수 있는 기술이다.

[표 1] 가축의 개량에 이용되는 DNA기술의 장점

	새로운 유전공학적 기법	기존의 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 형질 또는 도축을 해야 알 수 있는 형질의 분석	수년간의 후대검정
결과의 분석	실험결과와 정확성과 단순성	방대한 자료의 분석
결과의 활용	DNA확인으로 간편함	수년간 사육과 능력검정

1990년 이후 과학기술의 급진적 발달에 의해서 가축의 능력을 조기에 직접 유전구조(DNA)의 확인으로 판정할 수 있는 분자유전학적 기법이 적용되면서 기존의 육종방법의 한계성과 후대검정을 통한 종모축의 선발의 어려움을 해결하고자 하는 새로운 가축의 개량방법들이 개발되고 활용되고 있다. DNA기법으로 축종별 또는 각 나라별 자국의 축우에 대한 개체의 식별, 유전적인 소질, 경제형질과 관련된 유전적 표식(Genetic Marker)을 통해 가축의 육종계획에 적용함으로써 가축의 유전적 능력개량에 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(Random Amplified Polymorphic DNA), 1995년 새로운 유전자지문 기술인 AFLP

(Amplified DNA Fragment Length Polymorphism), 그리고 경제형질과 연관된 loci, 즉 polygene의 선발개량에 이용되는 microsatellite의 유전자 지도작성 등이 다양하게 이용되고 있다.

III. DNA기술의 적용

지난 10여 년간 DNA기술의 이용범위가 확대되어 이미 구미의 선진국들은 가축에서 경제형질과 관련되는 유전적 구조를 파악함으로써 닭과 돼지를 비롯한 소의 능력개량에 이러한 기법을 응용하여 실용화시켜 나아가고 있다. 최근에 이뤄지고 있는 DNA연구를 통한 외국의 축우산업에 이용된 결과들을 살펴보면;

1. 가축의 육종 program에 있어서 DNA표식의 이용

- 1) 선발의 수단으로 이용(Haberfeld등,1993)
- 2) 일본 和牛의 특정 경제형질에 적합한 DNA probe의 개발(Mannen과 Tsuji,1993)
和牛 champion대회에서 입상한 소들의 도체형질에 대한 분석(Mannen등,1993)
- 3) 개체 및 집단 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-Murayama등 ,1997; 독일 Glowatzki 등, 1994,1995)
- 5) 유전분석(이스라엘 Habelfeld 등,1993; 일본 Mannen 등,1993)

2. 소의 품종별 유전적 특성을 규명하는 DNA 표식

- 1) Zebu소(Gawakisa등,1994)
- 2) 40계통의 축우(Jayarao등,1993)
- 3) 독일 재래소(Buitkamp등,1991)
- 4) 이스라엘 Israeli Friesian소(Haberfeld 등,1993; Hillel등,1992)
- 5) 일본의 흑색화우(Mannen과 Tsuji,1993)
- 6) Brown Swiss, Simmental, Holstein, Eringer 품종(Glowatzki-Mullis등,1995)
- 7) 유럽종 소(Blott등,1996)
- 8) 소련연합국들의 소품종(Semyenova등, 1996)

3. DNA기술에서 밝혀진 DNA 표식의 산업적 이용

- 1) 성장과 도체형질(Beever 등, 1990)
- 2) 양적 경제형질(Georges 등, 1990 ; Haley, 1991)
- 3) DNA표식을 이용한 선발(MAS) (Meuwissen 과 Van Arendonik, 1992)
- 4) 혈연관계 추정(Mannen 등, 1993)
- 5) 유전자형 정리(Glowatzki 등, 1994)
- 6) 성장호르몬 방출 유전자(Moody 등, 1995)
- 7) 쇠고기 연도와 연관된 calpastatin 유전자(Cockett 등, 1995)
- 8) 고기연도와 calpastatin활성(Lonergan 등, 1995)
- 9) 유전능력개량(Ron등, 1996)
- 10) 한쪽 성에서만 나타나는 한성형질(Ruane와 Colleau, 1996)

4. 유전자지도로 규명한 축우의 경제형질 관련 유전자

축우의 모든 경제형질은 여러개의 유전자 작용이 합쳐져서 하나의 형질로 나타나기 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)의 결과들이 가장 최근에 발표되고 있다.

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, 일당증체에 연관된 유전자 규명

(日 가축개량센타, Hirano 등, 1998: 캐나다 Saskatchewan 대학, Schmutz 등, 1999; 美 Arizona대학, Abdallah 등, 1999; 美 농무성, Casas 등, 1999)

4) 지방량, 12번째 갈비의 지방두께에 연관된 유전자의 규명 (美 Arizona대학, Abdallah 등, 1999)

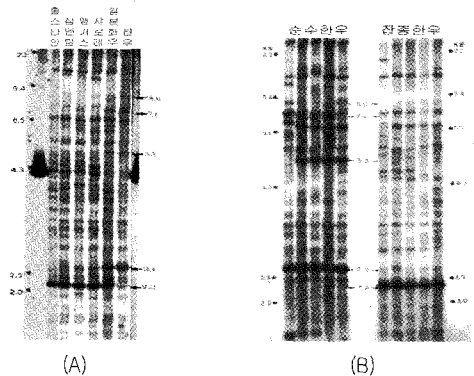
5. 유전자지도 작성 연구

최고기 수입개방에 즈음하여 한우가 외국 축우들과 경쟁하기 위해서, DNA기술을 이용한 첨단기법의 적용은 우리의 고유 유전자원인 한우의 유전

적 차별화뿐만 아니라, 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 있다.

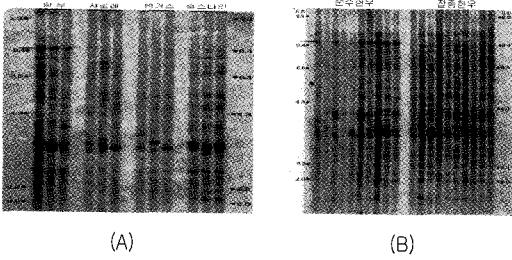
1. 한우집단의 유전적 특성

그림 1은 한우와 외국 축우들과의 유전적 차별성을 나타낸 DNA지문의 결과로서 사진 하단의 2.4와 2.2kb위치에 한우가 다른 축종들과 차별화되는 DNA표식을 찾을 수 있었고 이러한 DNA표식을 이용한 한우들의 유전적 순수성검정에서 순수한우와 잡종이 된 한우를 구분할 수가 있다.



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

그리고 국내(영남대학교 유전학연구실팀)에서 개발한 한우의 고유한 DNA probe(프루브)를 사용했을 때에도 그림 2와 같이 한우가 다른 축우 품종들과 차별화 되는 DNA표식은 화살표(→)로 표시된 위치임을 알 수 있고 한우의 유전적 순수성검정 결과에서도 명확한 결과를 얻을 수가 있다.



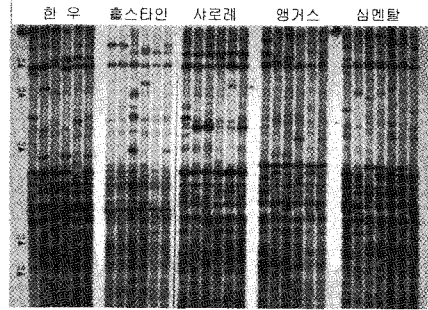
[그림 2] 개발된 한우의 고유한 probe사용에서 나타나는 DNA 표식(→)으로 축우 품종간 차별(A)과 순수한우의 선발(B)

이러한 DNA지문에서 축우 품종별 DNA 구성들의 유사성을 살펴본 결과는 [표 2]에서와 같이 한우와 일본 흑색화우 간 0.83으로 상당히 높은 유전적 유사성과 가까운 유전적 거리를 보였고 화우는 한우보다도 외국 육용종들과 높은 유사성을 보이고 있어 일본 흑색화우는 한우를 모체로 한 다른 외국 축우들의 종합적인 모형임을 예측할 수 있는 결과를 볼 수가 있다.

[표 2] DNA지문을 통한 축우품종들 간 유전적유사도 측정치

	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

2. 외국축종과 비교한 한우집단의 유전분석
그림 3은 각 축우 품종의 개체별 DNA구성의 다양성을 나타낸 유전자지문 결과를 나타내는 사진이다.



[그림 3] 축우 품종들의 DNA지문

전반적으로 한우는 다른 품종들 보다 개체들 간에 DNA구성의 변이가 심함을 알 수가 있었다. 이 그림에서 축종별 유전적 변이의 특성을 정확히 추정된 결과는 [표 3]과 같은데, 동일 품종 내에서 특정 유전자가 공통으로 분포할 확률(X)이나 상동염색체 상에서 동형접합체가 나타날 확률(q)에서 한우가 다른 축종에 비해 가장 낮은 값을 보이고 있다. 그리고 한우 집단에서 유전자들의 동형접합체(homozygote) 비율(h0)도 다른 품종에 비해 낮아 한우집단 내에서 임의로 선택된 2개체가 동일한

[표 3] 축우품종들의 유전적 특선에 관한 추정치(M13 / HaeIII)

유전특성 \ 품종	한 우	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 ⁻¹²	1.1×10 ⁻¹¹	1.8×10 ⁻¹³	1.0×10 ⁻⁹	2.7×10 ⁻¹⁰

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

3. 한우의 친자확인

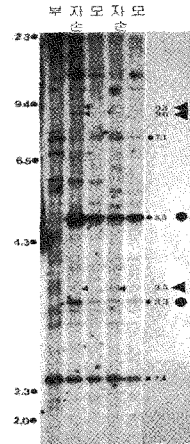
모든 생물에서 부모로부터 물려받는 자손의 유전자 구성이 부모로부터 반반씩 전달받는 것이 집단유전학의 기본이론이다. 자손은 부모가 가지고 있는 유전자 구성 중에서 임의로 전달 받게되는 생명체로서 돌연변이에 의하지 않고는 부모의 유전자 외의 DNA구성을 나타낼 수가 없다. 이러한 원리를 설명하는 친자확인의 DNA지문 결과는 그림 4와 같이 부와 모 그리고 이들의 자손 DNA 유전형상을 정확히 확인할 수가 있다.

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 있어 한우개량을 위한 가계형성이나 유전능력의 전달체계를 정확히 판단할 수 있을 것이다.

4. 한우의 경제형질에 관련된 DNA표식의 규명

한우의 경제형질들에 연관된 DNA표식을 찾는 것은 복잡한 과정과 다양한 기술에 의하여 얻어진 결과들의 분석과 판정에 의해 결정된 것이다. 최근 한우에 대한 중요한 경제형질인 일당중체량과 근내지방도)과 연관된 DNA 표식을 규명하고자 한

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



* 자손의 밴드 중 ●:모에서, ◀:부에서, ■:부모 양측에서 물려받은 DNA

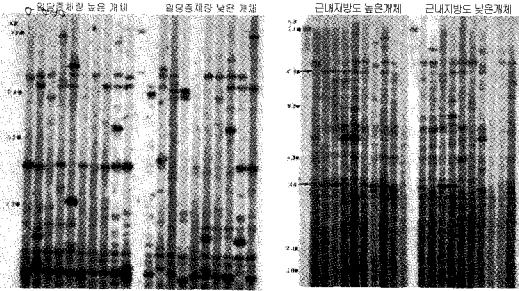
연구에서 얻어진 부분적 결과는 [그림 5]에서 같이 먼저 능력이 높은 개체들과 낮은 개체들 간의 비교로서 DNA표식의 검색을 할 수가 있다.

그리고 여기서 얻어진 여러종류의 DNA표식을 전체집단에 적용시켜 판정하는 과정에서 얻어진 일당중체량의 결과는 표5에 제시된 바와 같이 일당중체량에 관련되는 3종류의 DNA표식을 발견하였다. 우리가 쉽게 판별할 수 있는 것은 3종류의 DNA표식 중 하나 또는 둘, 그리고 3개 모두를 가지고 있는 개체들의 평균체중은 735~758g으로 어떠한 DNA표식을 가지고 있지 않은 개체들의 성적평균 702g보다 33~56g 높았다. 이러한 결과는 705일령 거세우의 시장 출하일령을 고려할 때 약 35kg 체중을 높일 수 있다는 것을 의미하는 결과였다.

또한 한우산업에서 수입쇠고기와 차별화 할 수 있는 가장 중요한 형질인 근내지방도와 관련된

DNA표식은 2종류가 발견되었고 이러한 DNA표식이 육질등급에서 얼마정도 영향하고 있는지에 대한 결과는 표6과 표7에 제시하였다. 한우에서 고급육의 생산은 거세를 통하여 고급육 사양체계가 정확하게 이뤄져야하는 전제가 있기 때문에 표6은 사양관리환경이 우수한 농가들의 결과이고 표7은 고급육 사양관리 환경이 미흡했던 곳의 결과이다.

[그림 5] 일당증체량(왼쪽 그림)과 근내지방도(오른쪽 그림)에 연관된 DNA표식(-)



[표 5] 한우 육질평가대회('97 & '99) 출품우의 일당증체량과 DNA표식의 분포

DNA 표식	4.6	3.6	2.8	4.6/3.6	4.6/2.8	3.6/2.8	4.6/3.6/2.8	0/0/0 DNA표식 없음	전체
개체수	19	62	33	29	22	70	35	33	303
평균(g)	735 ^{ab}	743 ^{ab}	751 ^a	737 ^{ab}	758 ^a	746 ^{ab}	741 ^{ab}	702 ^c	740
표준편차	81	62	60	56	78	74	74	80	71

※ ab : 서로 다른 알파벳의 평균성적이 통계적으로 유의적인 차이를 표시한다

고급육 생산능력에 관련된 DNA결과를 살펴보면, 고급육 사양 환경이 좋았던 [표 6]의 결과에서 DNA표식인 9.4와 3.6을 가진 개체들은 3등급 출현이 없었고 특히 1등급 출현율이 94.4%와 82.5%로, 이러한 DNA표식이 없는 개체들의 경우 3등급 6.7%와 1등급 40%의 출현에 비해서 현격한 차이를 보이고 있는 결과였다.

9.4와 3.6표식을 나타내고 있는 한우들의 경우 일본 쇠고기의 최고 육질등급인 5등급 출현이 80.6%와 60%로 DNA표식이 없었던 개체들의 13.3%에 비해 볼 때 9.4와 3.6 DNA표식은 분명히 한우의 근내지방 형성과 깊이 관련된 DNA부분이라는 것을 알 수가 있었다.

[표 6] 고급육 사양관리 환경이 우수한 한우집단의 근내지방도 등급과 DNA표식의 분포

육질 등급	DNA표식				전체
	9.4/0	3.6/0	9.4 / 3.6	0 / 0 DNA표식 없음	
3등급 두수 (비율)	1 0 (0%)	0 (0%)	4 (4.8%)	2 (6.7%)	6 (3.2%)
2등급 두수 (비율)	2 (2.8%)	2 (5%)	13 (15.7%)	4 (13.3%)	20 (10.6%)
	3 (2.8%)	5 (12.5%)	10 (12%)	12 (40%)	28 (14.8%)
	2등급 전체	2 (5.6%)	7 (17.5%)	23 (27.7%)	16 (53.3%)
1등급 두수 (비율)	4 (13.9%)	9 (22.3%)	19 (22.9%)	8 (26.7%)	41 (21.7%)
	5 (80.6%)	24 (60%)	37 (44.6%)	4 (13.3%)	94 (49.7%)
	1등급 전체	34 (94.4%)	33 (82.3%)	56 (67.5%)	12 (40%)
전체 두수 (비율)	36 (100%)	40 (100%)	83 (100%)	30 (100%)	189 (100%)

[표 7] 고급육 사양관리 환경이 열악한 한우집단의 근내지방도 등급과 DNA표식의 분포

육질 등급	DNA표식				전체
	9.4/0	3.6/0	9.4/3.6	0 / 0 DNA표식 없음	
3등급 두수 (비율)	1 3 (12.5%)	5 (15.1%)	21 (33.3%)	7 (36.8%)	36 (26.0%)
2등급 두수 (비율)	2 (20.8%)	2 (6.1%)	12 (19.0%)	5 (26.3%)	24 (17.3%)
	3 (16.7%)	10 (30.3%)	17 (27.0%)	3 (15.8%)	34 (24.5%)
	2등급 전체	9 (37.5%)	12 (36.4%)	29 (46.0%)	8 (42.1%)
1등급 두수 (비율)	4 (29.2%)	14 (42.4%)	6 (9.5%)	1 (5.3%)	28 (20.1%)
	5 (20.8%)	2 (6.1%)	7 (11.1%)	3 (15.8%)	17 (12.2%)
	1등급 전체	12 (50.0%)	16 (48.5%)	13 (20.6%)	4 (21.1%)
전체 두수 (비율)	24 (100%)	33 (100%)	63 (100%)	19 (100%)	139 (100%)

[표 7]을 살펴보면 고급육 사양관리 환경이 좋지 않은 한우집단인데도 [표 6]의 한우집단들과 DNA표식을 가진 빈도에서는 비슷하여 한우들의 육질에 관련된 유전적 소질에서는 별로 차이가 없었다. 그러나 도축 후에 나타난 육질등급의 기록에서 전체적으로 1등급 출현이 32.3%로서 [표 6]의 평균 1등급 출현율 71.4%와 크다란 차이를 보이

고 있어 이러한 차이는 같은 DNA표식을 가지고 있더라도 사양관리 환경에 따라 유전능력의 발현 능력이 충분하게 이뤄지지 않았던 중요한 자료라 생각된다. 한편 사양관리 환경이 좋지 않은 경우라도 9.4와 3.6 표식을 가진 한우 개체들의 1등급 출현율은 50%와 48.5%로 DNA표식이 없는 한우개체 (none)들의 21.1%와 비교할 때 현격한 차이를 보이고 있어 DNA표식이 한우의 근내지방도와 분명한 관련이 있거나 사육환경에 따라 육질등급의 출현율이 다르게 나타나고 있음을 알 수가 있다.

일반적으로 한우 쇠고기의 가격결정은 육질등급에 의해서 크게 좌우되지만 육량이 C급에서 1등급은 농가에 이득이 되지 못하고 성장이 나쁠 경우 또한 육량에서 손실이 있기 때문에 육량과 육질의 중요한 형질들을 모두 고려한 DNA표식과의 관계를 제시한 결과는 표8에 제시한 바와 같다. 일당증체, 등지방, 근내지방도, 그리고 등심단면적과 연관된 모든 DNA표식을 통합하여 육량과 육질을 개량

할 수 있는 경우는 11.3과 9.4의 DNA표식을 가진 개체들의 경우 등지방두께가 제일 얇고, 일당증체가 가장 우수하며, 근내지방도 등급이 최고이면서 등심단면적이 가장 넓은 경우를 예측할 수 있음을 알 수가 있었다.

5. DNA표식의 활용

지금까지 개발된 DNA기술을 이용한 한우의 DNA연구는 한우가 국제경쟁력을 갖는데 가장 손쉽게 적용할 수 있는 유전적 개량수단임은 부정할 수가 없다. 기존의 한우개량체계와 병용하여 적용할 수 있는 분야는 ;

- 1) 한우등록사업에 한우의 고유한 DNA marker의 활용
외형과 혈통등록으로서 이뤄지는 한우의 등록에 한우의 고유한 DNA표식을 이용한 등록의 정확도를 높일 수 있고 혈통등록의 경우에도 가계의 고유

[표 8] 한우의 육량, 육질형질들의 능력과 DNA표식의 분포

Items	경제형질 및 DNA 표식(kb)								
	11.3	9.4	3.6	11.3/9.4	11.3/3.6	9.4/3.6	11.3/9.4/3.6	0 / 0 / 0 DNA표식없음	전 체
등 지방 두께 (mm)									
두 수	14	35	46	16	20	91	40	31	293
평균	8.571*	9.686*	9.761*	8.063*	8.900*	10.165*	8.625*	9.161*	9.451
표준오차	0.965	0.712	0.594	0.793	0.640	0.445	0.676	0.539	0.230
일 당 증 체 량 (g)									
두 수	14	35	46	16	20	91	40	31	293
평균	701*	740*	737*	748*	733*	745*	737*	746*	759
표준오차	15	11	11	16	13	7	11	13	4
근 내 지방 도 (19 등급)									
두 수	14	35	46	16	20	91	40	31	293
평균	10.286*	14.257*	13.761*	15.625*	13.100*	12.176*	11.025*	9.355*	12.379
표준오차	1.019	0.659	0.608	0.953	0.915	0.518	0.832	0.865	0.282
배 귀 장 근 단 면 적 (cm²)									
두 수	14	35	46	16	20	91	40	31	293
평균	80.714*	82.600*	82.804*	86.375*	82.900*	80.363*	79.750*	81.000*	81.515
표준오차	3.175	1.427	1.072	1.763	1.862	0.822	1.240	1.310	0.472

* ab : 동일 열에서 서로 다른 알파벳의 평균성적이 통계적으로 유의적인 차이임을 표시한다.

한 DNA 표식을 기록함으로써 정확도를 높일 수 있을 뿐만 아니라 한우개량을 위한 기초집단의 유전적 순수성 유지에 간편하고 정확하게 이용할 수 있을 것이다.

2) 고급육 생산체계에서 DNA표식의 활용

고급육생산을 위한 수컷의 거세를 위해 근내지방도와 관련된 DNA표식의 확인으로 거세우와 비거세우 사육 결정함으로써 거세를 통해 3등급 출현을 최소화 시켜 농가의 안정적 고급육생산 체계를 이룰 수 있을 것이다.

3) 한우의 종축 선발에 DNA 표식의 활용

육량과 육질에 중요한 경제형질인 일당증체, 등지방두께, 근내지방도, 그리고 등심단면적과 관련된 DNA표식을 가진 종모우와 종빈우를 선발하여 이들 간의 교배에 의한 우수한 유전형질을 가진 자손을 생산하기 위해 기존의 보증종모우와 한우개량단지 내의 종빈우를 DNA표식 검정을 통하여 우수한 DNA표식을 가진 부모에서 자손을 생산함으로써 개량이 가능할 것이고 더 나아가 이들로부터 생산된 수정란을 대량 생산하여 농가에 보급함으로써 우수한 형질의 자손을 대량생산함으로써 한우의 능력개량에 크게 기여할 수 있을 것으로 판단된다.

4) 한우의 육질개량에 DNA표식의 활용

지금까지 살펴본 DNA표식에 의한 개량은 수많은 유전자들 중에서 부분적으로 경제형질에 관여하는 DNA를 규명하는 한계를 가지고 있다. 즉 앞

의 [표 6]과 [표 7]에서 우리가 밝혔던 DNA표식을 가지고 있지 않은 개체들도 일정비율의 1등급을 출현하고 있다는 것은 DNA표식으로 밝히지 못한 다른 유전자들이 관여하고 있기 때문이라고 설명할 수가 있다. 따라서 한우의 국제경쟁력을 높이기 위해서 앞으로는 경제형질에 관여하는 유전자의 구성과 위치를 모두 밝혀 어떤 경제형질에 관여하고 있는 모든 유전자를 밝힐 수 있는 유전적 개량이 절대적으로 필요하다.

따라서 최선의 목적인 가축의 유전적 능력의 개량은 어떤 경제형질과 연관된 모든 유전자를 밝히는 유전자지도 작성(gene mapping)과 어떠한 유전자들이 경제형질 하나 하나에 관련되어 있는지를 밝히는 양적형질의 유전자위치, 즉 QTL(quantitative trait loci)로서 해결할 수가 있는 것이 첨단의 가축개량의 국제적인 최선의 접근방법이다.

축우의 유전자지도 작성과정을 예로서 표 9에 제시하였는데, 유전자지도는 지금까지 전세계에서 밝혀진 축우의 염색체 1번에서 밝혀진 106개 유전자 중 일부를 제시한 것이고 개체별 소 300두에서 개체별로 유전자를 가지고 있는지 없는지를 확인한 것이다. 이와 동시에 개체별 검정된 능력(체중과 근내지방도)이 기록으로 제시되면 그림 6과 같이 QTL로서 유전자의 위치와 경제형질 간의 연관된 그래프를 만들 수 있다. 이 그래프에서 3개의 높은 꼭지를 나타내는 유전자 위치(30, 60, 140cM)가 일당증체량에 관여하고 있는 한우의 유전자임이 규명되고 근내지방도의 경우는 2종류(30, 60cM)의 유전자가 판명될 경우 이러한 유전자들

을 가진 개체의 선발로 유전적으로 능력이 우수한 종축을 개량할 수가 있는 것이다.

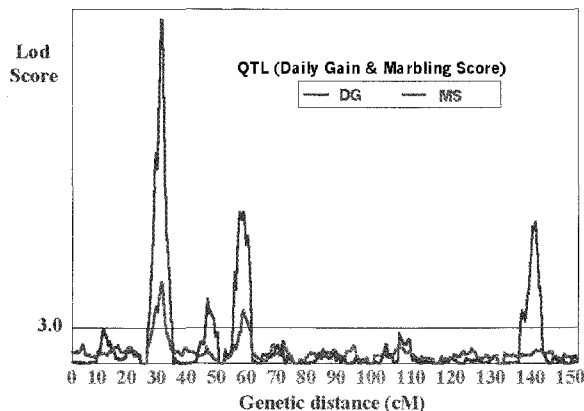
21세기의 한우산업의 국제경쟁력을 가질 수 있을 정도의 능력개량을 이룰 수 있는 가장 강력한 수단인 유전자지도의 작성에 대한 연구는 막대한 연구경비와 무작위 교배체계와 기록의 축적으로 이뤄져야하기 때문에 개인이나 대학, 또는 연구소에서 단독으로 할 수 없는 연구과제이다. 따라서

한우의 유전자지도 작성을 위해 정책적 주도하여 국내의 모든 DNA관련 연구자들이 우리나라 고유 유전자원인 한우를 외국축우들과 경쟁력있는 축우로 개량하려는 공통적 사명감을 가지고 한우의 수입 축우들과의 차별화 가치와 생산능력의 극대화를 위해 산업체, 대학, 연구소 공동으로 조만간 추진되어야 할 것으로 생각된다.

[표 9] 염색체 1번의 유전자지도와 한우의 유전자 유무와 능력

염색체 1번 유전자들의 위치		한우 개체의 유전자 유무							
cM	Microsatellite	1	2	3	4	5	300	
0	ACLA17 BMS438 HPS TGLA49	---	---	---	---	---	---	---	
10	BMS1928 BMS139 INRA1178	---	---	---	---	---	---	---	
20	HEL6 BMS4020	---	---	---	---	---	---	---	
30	BMS4015 ILSTS104..	---	---	---	---	---	---	---	
40	MILSTS080 BMS4024 BMA4037..	---	---	---	---	---	---	---	
50	BMS4021 INRA011 BM1312..	---	---	---	---	---	---	---	
60	BMS4030 MILSTS083 BMS4013..	---	---	---	---	---	---	---	
70	BMS4047 INRA119 BMS9019..	---	---	---	---	---	---	---	
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] 체중(30, 60, 140cM)과 근내지방도(30, 60cM)의 유전자를 이용한 선발



※ 참고문헌

1. Abdallah, M.B., S.K. Denise and J.A. Marchello, 1999. Detection of QTLs affecting carcass and growth traits on chromosome 2 and 11 Angus beef cattle. Plant-Animal Genome VII Conference, San Diego, CA:W148.
2. Beever, J.E., P.D. George, R.L. Fernando, C.J. Stormont, and H.A. Lewin, 1990. Associations between genetic markers and growth and carcass traits in paternal half-sib family of Angus cattle. J. of Animal Science 68:337.
3. Blott, S. C., J. L. Williams, P. D. Keightley and C.S. Haley, 1996. Monte Carlo methods applied to genetic distances between European cattle breeds. 25th International Conference on Animal Genetics, France:28.
4. Buitcamp, J., H. Zischler, J.T. Epplen, and H. Geldermann, 1991. DNA fingerprinting in cattle using oligonucleotide probes. Animal Genetics 22:137.
5. Cockett, N.E., T.L. Shay, R.D. Green, and D.L. Hancock, 1995. A Tag-I restriction fragment length polymorphism in the bovine calpastatin gene. J. of Animal Science 73:3790
6. Gawakisa, P.S., S.J. Kemp, and A.J. Teale, 1994. Characterization of Zebu cattle breeds in Tanzania using random amplified polymorphic DNA markers. Animal Genetics 25:89
7. Georges, M., Lathrop, M., Hilbert, P., Marcotte, A., Schwers, A., Swillens, S., Vassart, G. and Hanset, R. 1990. On the use of DNA fingerprints for linkage studies in cattle. Genomics 161:461.
8. Glowatzki, M-L, and R. Fries, 1994. Parentage control in cattle by genotyping microsatellites. Advanced in Forensic Haemogenetics 5:207.
9. Haberfeld, A., D. Kalay, P. Wewsberger, O. Gal, and J. Hillel, 1993. Application of multilocus molecular markers in cattle breeding (minisatellites and microsatellites). J. Dairy Science 76:645.
10. Haley, C.S., 1991. Use of DNA fingerprints for the detection of major genes for quantitative traits in domestic species. Animal Genetics 22:259.
11. Hirano, T., S.N. Akane, K. Hara, S. Satoh, M. Inoue-Murayama, T. Kubokawa, A. Kvasz, W. Coopleters, M. Georges, and Y. Sugimoto, 1996. Linkage analysis of Wagyu meat quality. XXVth International Conference on Animal Genetics, France: E009.
12. Hirano, T., N. Kobayashi, T. Nakamaru, K. Hara and Y. Sugimoto, 1998. Linkage analysis of meat quality in Wagyu. XXVIth International Conference on Animal Genetics, Auckland, New Zealand: E019.
13. Ikeda, K., K. Tsutsumi, S. Ejiri, and Y. Yasuda, 1992. DNA fingerprints applied to individual identification and paternity testing in bovine. Animal Science Technology 64:129.
14. Inoue-Murayama, M., T. Hirano, T. Watanabe, K. Mizoshita, H. Yamakuchi, S. Nakane, and Y. Sugimoto, 1997. Individual identification and paternity control of Japanese Black cattle based on microsatellite polymorphism. Animal Science Technology (Jpn) 68:443.
15. Jayarao, B.M., J.J. Dore, and S.P. Oliver, 1992. Restriction fragment length polymorphism analysis of 16S ribosomal DNA of Streptococcus and Enterococcus species of bovine origin. J. of Clinic Microbiology 30:2235
16. Kikkawa, Y., Amano, T., and Suzuki, H. 1995. Analysis of genetic diversity of domestic cattle in East and Southeast Asia in terms of variations in restriction sites and sequences of mitochondrial DNA. Biochemicak Genetics 33:51
17. Lonergan, S.M., C.W. Ernst, M.D. Bishop, C.R. Calkins, and M. Koohmaraie, 1995. Relationship of restriction fragment length polymorphisms at the bovine Calpastatin locus to Calpastatin activity and meat tenderness. J. of Animal Science 73:3608.
18. Mannen, H. and S. Tsuji, 1993. DNA fingerprinting for individual identification and parentage test in Japanese Black cattle using different mini- and micro-satellite probes. J. of Animal Genetics 21:62.
19. Mannen, H., Tsuji, S., Mukai, F., Goto, N. and Ohtagaki, 1993. Genetic Similarity using DNA fingerprinting in cattle to determine relationship coefficient. J. Hered. 84:166.
20. Moody, D.E., D. Pomp, and Barendse, 1995. Restriction fragment length polymorphism in amplification products of the bovine growth hormone-releasing hormone gene. J. of Animal Science 73:3789
21. Ron, M., Y. Blanc, M. Band, E. Ezra, J.I. Weller, 1996. Misidentification rate in the Israeli dairy cattle population and its implication for genetic improvement. J. of Dairy Science 79:676.
22. Ruane, J., J. J. Colleau, 1996. Marker-assisted selection for a sex-limited character in a nucleus breeding population. J. of Dairy Science 79:1666.
23. Schmutz, S.M., F.C. Buchanan, Y. Plante and D.C. Winkelman-Sim, 1999. Mapping pre-slaughter traits using the Canadian beef cattle reference herd. Plant-Animal Genome VII Conference, San Diego, CA:W35.
24. Semyenova, S.K., V.A. Vasilyev, E.P. Steklevneva, M.I. Prosnjak, and A.P. Ryskov, 1996. DNA polymorphism in Bos and Bison genuses: DNA fingerprinting and RAPD PCR analysis. 25th International Conference on Animal Genetics, Tours France A039.
26. Stone, R.T., E. Casas, S.M. Cappes and J.W. Keele, 1999. Status of mapping bovine QTL at the U.S. meat animal research center. Plant-Animal Genome VII Conference, San Diego, CA:W34.
27. Taylor, J.F., S.K. Davis, J.O. Sanders, J.W. Turner, J.W. Turner, R.K. Miller and S.B. Smith, 1998. Identification of QTLs for growth and carcass quality in a cross between Bos indicus and Bos taurus. Plant-Animal Genome VII Conference, San Diego, CA:W19.
28. Kim, J.W., J.S. Yeo, Y.A. Park, T.K., Chang and J.Y. Lee, 2000. Linkage mapping of chromosome 6 in the Korean Cattle (Hanwoo). Asian-Australasian J. of Anim. Sci. Vol. 13:235-235.
29. Yeo, J.S., J.W. Kim and T.K., Chang, 2000. DNA markers Related to Economic Traits in Hanwoo (Korean Cattle). Asian-Australasian J. of Anim. Sci. Vol. 13:236-239.
30. 여정수, 이은준, 김재우, 1996. 한우에서 제한효소와 Probe 종류에 따른 유전자지문의 polymorphism에 관한 연구. 한국축산학회지 38:555-560
31. 여정수, 김재우, 이은준, 이문연, 양영훈, 1997. 유전자지문을 이용한 축우 품종별 유전자 분석. 한국축산학회지 39:641-646.
32. 신원집, 신수길, 정진우, 김재우, 이지홍, 여정수, 1999. DNA 분석을 통한 한우, 연변 황우 및 화우의 유전적 특성. 한국 축산학회지 41(4):405-410.
33. 여정수, 김재우, 장태경, 박노형, 이문연, 1999. 한우의 일당 증체량에 연관된 DNA marker의 규명. 41(4):419-426