



유전자를 이용한 가금 육종 연구동향

최 근 눈부신 분자유전학적 기법의 진보를 통해 그동안 블랙박스로 알려진 표현형의 유전학적 발현기전과 관련된 유전체정보가 생산되면서 기존의 집단유전학적 가축개량 기법의 보완 및 새로운 접근에 대한 가능성이 열리는 계기를 가져오게 되었다. 특히 이러한 분자유전학적 기법의 도움은 가축개량을 위해 동원되는 검정축군의 규모에 대한 한계를 극복할 수 있으며 조기에 특정 형질의 개량 지표를 통한 선발이 가능해져 개량속도를 가속화 시킬 수 있는 장점이 있으며 더욱이 종자가축의 양부를 평가하기 위해서 자손을 생산하고 이를 도축하여 후대검정을 통해서만이 개량할 수 있는 형질의 개량 등에 활용될 수 있는 대단히 효과적인 개량 수단으로 인식되고 있다.

현재 가축의 유전체정보를 통한 다양한 유전정보는 가축육종분야에서 3가지 영역으로 활용되고 있다. 하나는 양적 형질의 발현 메커니즘을 가늠하는 정보원으로서 유용한 형질을 가진 유전자형 개체의 선발(MAS : Marker Assisted Selection)이다. 둘째로는 종 및 품종의 유전적 다양성에 관한 정보를 제공함으로써 유전자원의 보존 및



오 재 돈

국립축산과학원 가금과 박사후연구원

활용을 위한 소재로서의 잠재력을 평가하는 것이다. 그리고 셋째로는 개체식별 및 혈통 확인을 위한 친자 분석을 가능하게 함으로서 선발의 정확도를 높이는 결과로 이어지게 된다. 또한 이러한 정보는 최근에는 원산지 검증을 위한 수단으로 활용되어 축산물의 안전성을 확보해주는 놀라운 수단으로 활용되고 있다.

육종 개량 연구 분야에 있어서 실제의 종계시장의 외국의존이 심화되면서 저변이 크게 위축되어 닭을 제외한 오골계, 오리 및 일부 관상조류의 수집과 표현형적 특성분석이 주류를 이루고 있으며 우리연구소에서 대학과 공동으로 추진되어온 재래닭 육용화 개량사업을 통해 현재 4계통의 순종계 재래닭을 육종하여 상당한 성과를 거두고 있다. 현재 재래닭은 육계 중심의 산육성 육종과 계란 생산을 위한 산란성 모두에 대한 개량 방향을 가지고 진행되고 있으며, 혈액 단백질 및 효소 좌위의 다형 현상 및 유전자 지문(VNTR)기법을 이용한 유전자원 다양성 및 육성 유지되고 있는 계통의 유전특성 연구 등이 진행되어 왔으나, 아직 특이 유전자원의 유용유전자 규명, 특정질병 저항성 육종을 위한 광범위한 연구의 진행이 이루어지고 있는 실정이라는 향후 인류에게 가장 효율적인 단백질 공급원이 가금 산업이라는 측면에서 육종개량연구의 수행을 위한 중요한 명분이 있음에도 현재 연구기반이 매우 취약함을 면치 못하고 있다.

가축의 주요 경제 형질들은 많은 유전자들이 관여하여 환경효과와 상호작용으로 발현이 되는 다요소 다형질(multi-factorial polygenic trait)로서, 이 형질에 관련된 주요 유전자(major genes)를 규명하기 위한 염색체 위치 탐색(QTL mapping), 정밀 지도 그리기(fine

mapping) 및 후보 유전자(candidate gene)와 관련 형질과의 관련성을 연구 등으로 분류할 수 있으며, 형질 관련 원인 유전자 또는 후보 유전자를 규명했을 경우 이를 선발에 적용하는 표지인자 활용 선발(marker-assisted selection, MAS)로 실제 개량사업에 응용할 수 있다.

앞으로 유전 정보의 응용은 gene chip 또는 microarray 이용으로 한층 더 가속 분자육종 분야의 연구가 가속화 될 전망이다.

인간 게놈 프로젝트가 1980년 대 말 시작된 이후, 닭을 비롯한 자원동물들의 게놈연구가 논의되었다. 1993년 미국은 USDA의 Dr. Hans Cheng, 미시간 주립대 Dr. Dodgson 주도로 화이트 레그혼과 야생 정글 fowl으로 구성된 기준 집단(East Lansing Reference population)을 조성하여 DNA marker를 이용한 연관 지도 작성과 게놈 정보의 수집과 분석에 필요한 데이터 베이스 구축을 시작하였다. 비슷한 시기에 영국 Institute of Animal Health의 Dr. Bumstead와 Roslin Institute을 중심으로 살모넬라 항병성, 감수성 계통을 대상으로 유전자 연관지도 작성을 위한 연구가 진행되어 닭 유전체 데이터 베이스인 ChickBase를 구축하였다. 이어 두 기준집단에서 작성된 연관지도를 하나로 종합하는 연구가 진행되었고, 현재 연관지도 작성과 QTL 위치를 결정하기 위한 DNA 표지인자는



대략 1900개 이상 개발되었으며, 현재의 표지인자 수준은 닭 계놈의 95%를 커버할 수 있으며 20cM 이하의 표지인자 밀도를 제공할 수 있다.

육계에서 항체 반응과 생존율과 연관된 세 개의 DNA 표지인자를 개발하였으며, 염색체 2번에 위치한 표지인자는 SRBC에 대한 항체생성과 New castle disease virus (NDV) 저항성에 연관되었고, 연관 그룹 31에 위치한 표지인자는 NDV에 대한 항체와 그리고 연관그룹 34에 위치한 표지인자는 E.coli와 생존율과 연관됨이 보고되었다. 살모넬라에 관련된 항병성 유전체로서는 기존에 마우스에서 살모넬라에 대한 항병성 관련 유전자로서 밝혀진 것은 Salmonella typhimurium의 감염에 대한 자연적 저항성과 연관된 염색체 4번에 존재하는 Bcg와 Lps로서 이들 유전자에 해당하는 닭 homolog들이 닭의 살모넬라에 대한 항병성과도 연관이 있음이 알려져 있다. 닭에서 살모넬라에 저항성 또는 감수성을 보이는 계통들을 대상으로 NRAMP1의 유전자의 변이를 조사하여 감수성 대립유전자를 밝혔다.

기생충성 질병인 콕시듐에 관한 QTL 연구는 현재 미국 USDA의 Dr. Lillehoj 박사 그룹에 의해 진행되고 있고 염색체 1번에 콕시듐 저항성에 연관된 부위를 밝혔고, 흥미로운 사실은 이 QTL이 Marek's disease에 저항성과 연관된 QTL과 겹친다는 점이다. 현재는 positional cloning을 위해서 BAC 라이브러리를 스크리닝하여 contig map을 작성하고 있다. DNA 표지인자에 의한 연관지도가 조밀하게 작성됨에 따라 닭의 경제 형질에 연관된 QTL이 속속 밝혀지고 있다.

체중과 관련해서는 2개의 QTL이 보고되었으

며, 이들은 염색체 1번 220cM과 염색체 2번 60cM에 위치한다. 여기서 주목한 점은 체중과 사료섭취량에 관여하는 QTL 지역이 거의 겹친다는 것과 이것들은 또한 MD와 콕시듐에 저항성을 보이는 지역과도 일치한다는 것이다. 물론 이들 형질에 조절하는 유전자가 동일한 것인지 아니면 어떤 연관된 pathway를 구성하는지는 불분명하지만 이 지역에 대한 좀더 세밀한 연관지도 작성과 physical map의 작성이 이루어지면 이들 좌위에 위치하는 유전자들의 분리 및 동정이 가능해질 것이다. 도체 형질에 관한 QTL 연구에 의하면 도체 비율에 관련해서는 염색체 1번 446cM 지역에 하나의 QTL 존재하고 염색체 2번 345cM과 369cM 사이 육색과 연관된 QTL이 존재한다고 알려져 있다. 2007년 현재 닭과 관련하여 115개의 형질들에 대해 전세계적으로 50개의 공개 데이터베이스 상으로 698개의 QTL이 공개 발표되어져 있다.

닭에서 생물 정보학을 이용한 유전자 발굴은 아직 활발하게 이루어지지 않는지만 몇 가지 유전자들은 현재 이용 가능한 데이터베이스를 이용하여 발굴되었다. 앞으로 좀 더 여러 조직이나 세포들에서 많은 연구와 개발이 이루어진다면 많은 수의 닭 유전자들이 genomics 도구를 이용하여 발굴되고 그 기능이 밝혀질 것으로 기대된다. 이와 같은 연구의 수행을 통하여 우리나라의 고유유전자원의 보존, 유전병 등의 조기 진단을 위한 표지인자의 발굴과 가축의 능력 개량을 보다 가속화하기 위한 표지인자 이용선발 기법 (MAS: marker assisted selection)의 개발 등이 필수적으로 수행되어야하며 국가적인 차원에서 장기적인 계획을 가지고 진행이 되고 있다. **양계**