

MC1R 유전자의 유전자형과 칙소의 모색 발현 및 비경색 분포에 관한 연구

박재희^{1,2} · 이해이¹ · 김용수¹ · 김종국^{2*}

¹전라북도축산위생연구소 축산시험장, ²전북대학교 동물자원과학과/희토생물응용연구소

MC1R Genotypes, Coat Color, and Muzzle Phenotype Variation in Korean Native Brindle Cattle

Jae-Hee Park^{1,2}, Hae-Lee Lee¹, Yong-Su Kim¹ and Jong Gug Kim^{2*}

¹Livestock Experiment Station, Jeollabuk-do Institute of Livestock and Veterinary Research, 914 Neungje-gil Baeksan-ro, Gimje-si, Jeollabuk-do, 576-882, Korea, ²Department of Animal Science and Institute of Rare Earth for Biological Application, College of Agriculture and Life Science, Chonbuk National University, 567 Baekje-daero, Deokjin-gu, Jeonju-si, Jeollabuk-do, 561-756, Korea

ABSTRACT

The objectives of this study were to investigate MC1R genotype, coat color, and muzzle phenotype variations in the Korean native brindle cattle (KNBC) maintaining family lines and to establish the mating system for increased brindle coat color appearance. KNBC with genotype and phenotype records were selected as experimental animals. The relationship between melanocortin 1 receptor (MC1R) genotypes, verified by PCR-RFLP, and brindle coat color appearance was determined. Fragments of the MC1R gene amplified by PCR were digested with *MspI* and RFLP was determined. KNBC had E⁺E⁺, E⁺e, and ee genotypes. The E⁺e genotype was most common with 65%, compared to E⁺E⁺ (33.33%), or ee (1.67%). When the sire had E⁺e genotype and the dam had E⁺E⁺ genotype, and both of them had the whole body-brindle coat color, all of their offspring (4/4) had whole body-brindle coat color. When the sire had E⁺E⁺ genotype and the dam had E⁺e genotype, and both had whole body-brindle coat color, 44.44% (4/9) of the offspring had whole body-brindle coat color. The mating between the sires and dams with these two genotypes with whole body-brindle coat color may have the highest whole body-brindle coat color appearance in their offspring. Muzzle grades 3 or 4 were more common than other muzzle grades. This is the first report indicating the segregation of MC1R genotypes and the inheritance of coat color through family lines in KNBC. The mating system proposed from this study may increase the possibility of brindle coat color appearance in KNBC.

(Key words : Korean native brindle cattle, Brindle coat color, PCR-RFLP, MC1R gene, *MspI*)

서 론

일제 강점기를 거치면서 사라져간, 적갈색 바탕에 검은 줄무늬를 가진 칙소는 황해남도 안악군 용순면에 위치한 고구려 고분인 안악 3호분의 벽화(서기 357년 제작) ‘외양간’에 나오는 얼룩소일 정도로 (Na, 2008) 우리 민족의 대표적 재래가축인 고유의 유전자원이 다. 최근 재래가축 유전자원의 보존 및 복원 사업이 추진되면서 칙소의 복원사업도 진행되고 있다. 이를 위하여 칙소 종모우를 통한 혈통 보존과 증식을 도모하고 있는데, 모색이 호반모인 종모우의 정액을 이용하여 칙소의 암소에 수정해도 호반모가 아닌 일반 한우의 모색과 비슷하게 태어나는 개체들이 있다.

현재까지 밝혀진 포유 동물 모색에 관련된 유전자들은 소의 8번 염색체의 Brown 좌위에 위치하여 eumelanin의 합성에 관여하는 tyrosinase related protein 1 (TYRP1) (Berryers 등, 2003)과 소의 18번 염색체의 Extension 좌위에 위치하여 두 가지 멜라닌 색소인 pheomelanin (붉은색 또는 황색)과 eumelanin (검정색 또는 갈색)의 발현에 중요한 역할을 하는 호르몬 수용체인 MC1R (Klungland 등, 1995; Cone 등, 1996; Vage 등, 1999; Chung 등, 2000; Berryers 등, 2003; Do 등, 2007; Seo 등, 2007; Lee 등, 2009), 그리고 13번 염색체의 Agouti 좌위에 위치한 Agouti signaling protein (ASIP) (Barsh, 1996) 등이 있다. ASIP 유전자와 MC1R의 길항 작용에 의해 멜라닌 색소의 발현이 조절된다

* Corresponding author : Jong Gug Kim, Department of Animal Science, College of Agriculture and Life Science, Chonbuk National University, 567 Baekje-daero, Deokjin-gu, Jeonju-si, Jeollabuk-do, 561-756, Korea. Tel: 82-63-270-2509, Fax: 82-63-270-2612, E-mail: jonggugkim@jbnu.ac.kr

(Barsh, 1996). 흑모에서는 MC1R이 tyrosinase와 eumelanin의 합성에 관여하여 검정색을 발현하게 하며, 적모에서는 ASIP이 MC1R과 melanocyte stimulating hormone (MSH)의 결합을 방해함으로써 tyrosinase가 감소하여 붉은색을 발현한다. 또한 TYR (Schmutz 등, 2004), KIT (Reinsch 등, 1999), KITLG (Charlier 등, 1996; Seitz 등, 1999) 유전자도 모색에 영향을 준다고 보고되었다.

소의 MC1R 유전자에는 3개의 대립유전자(E^D , E^+ , e)가 존재하는데, E^D 는 흑모색을 나타내는 dominant allele이고, E^+ 는 여러 가지 모색을 나타내는 allele이며, e 는 동형 접합체일 때 적모색을 나타내는 frameshift mutation이 일어난다고 밝혀졌다 (Klungland 등, 1995; Chung 등, 2000; Kim 등, 2000; Jin 등, 2011). Robbins 등(1993)과 Klungland 등(1995)의 연구 결과에 따르면, 소와 다른 포유동물의 모색 발현에 있어 e allele은 기능을 못하는 receptor를 만들고 eumelanin 생산을 위한 α -melanocyte stimulating hormone (α -MSH)의 정상적인 신호 전달과정이 receptor의 mutation에 의해 색소 세포 내에서 이루어지지 않아 ee 의 동형접합체 개체에서는 흑모색이 발현될 수 없다고 보고 하였다.

모색에 관련된 유전자들의 정보가 밝혀짐에 따라 PCR-RFLP 분석 방법을 이용하여 소(Klungland 등, 1995; Chung 등, 2000; Lee 등, 2000; Lee 등, 2002; Kim 등, 2004; Koh 등, 2005; Lee 등, 2009), 말(Marklund 등, 1996), 돼지(Kijas 등, 1998; Cho 등, 2002) 및 면양(Vage 등, 1999) 등의 축종들을 대상으로 모색의 변이에 관한 연구가 진행되어 왔다. 국내의 경우 restriction fragment length polymorphism (RFLP) 기법을 이용한 품종별 모색 변이 연구 (Chung 등, 2000; Lee 등 2009)가 많이 이루어졌으며, MC1R 유전자형을 한우육의 판별 등에도 이용하고 있다. MC1R 유전자의 PCR-RFLP 연구 결과를 보면, MC1R 유전자에서 99번째 아미노산의 코돈인 CTG (leucine) [대립유전자 E^+ , e]가 CCG (proline) [대립유전자 E^D]로 치환되는 것은 제한효소 *MspAII*으로 구분이 가능하고, 104번째 아미노산 코돈인 GGT (Glycine) [대립유전자 E^+]의 G 염기가 deletion [대립유전자 e]되어 frameshift가 일어나는 것은 제한효소 *MspI* 으로 구분이 가능하다. 이 결과를 바탕으로 MC1R 유전자형의 특성과 모색 발현 양상을 분석하였을 때, 한우는 ee 유전자형의 빈도가 각각 93% (Chung 등, 2000), 90% (Sasazaki 등, 2005), 91.4% (Han 등, 2011), 그리고 95% (Jin 등, 2011)를 나타냈다. 유럽소 중에서는 샤롤레, 리무진, Blonde d'Aquitaine, 그리고 Saler 품종들이 ee 유전자형을 지니고 있으며 (Rouzaud 등, 2000), 홀스타인과 앵거스는 E^D 유전자형을 가지고 있다 (Kim 등, 2000; Lee 등, 2000; Rouzaud 등 2000). 한우와 갈모화우에서는 E^D 유전자형이 전혀 출현하지 않았고, 흑모 화우는 E^D allele이 대부분 출현하여 (Lee 등, 2000; Sasazaki 등, 2005) MC1R 유전자형을 이용한 품종의 판별이 가능하다는 것을 보여주었다.

Park 등(2007)은 칙소 40두를 이용하여, Park 등(2011)은 칙

소 67두에서 각각 모색발현을 분석하였고, Lee 등(2011)은 한우 대리모에 칙소 수정란을 이식하여 태어난 칙소 276두에서 모색발현을 분석하였으나, 이들 연구에서 MC1R 유전자형은 보고되지 않았다. 칙소에서 Lee 등(2002)은 E^+/E^+ (4두)와 E^+/e (11두) 유전자형을 가지고 있다는 것을, 그리고 Mohanty 등(2008)은 E^+E^+ 유전자형이 존재하는 것을 보고하였다. 최근에 Jin 등(2011)은 칙소에서 E^+E^+ (2두)와 E^+e (9두) 유전자형을 보고하였다. Lee 등(2002)은 칙소와 비경 흑색 한우의 MC1R 유전자형 분석 연구에서 칙소에서는 호반모 모색 발현시 MC1R 유전자가 모색에 중요한 영향을 미치는 것과 아직 알려지지 않은 다른 유전자의 작용 가능성이 보고하였다.

Lee 등(2002)의 비경색 연구 결과에 의하면 비경흑색 한우의 MC1R 유전자형은 E^+/e 와 e/e 를 포함하였고, 비경황색 한우의 MC1R 유전자형도 이와 같았으나, 칙소와 제주재래 흑우는 E^+/E^+ 유전자형이 출현하였다. 비경흑색 한우에서 E^+ 빈도가 0.37 이었고, 비경황색 한우의 E^+ 빈도는 0.11로 비경흑색 한우에서 E^+ allele 빈도가 비경황색 한우 보다 높아 MC1R 유전자가 어느 정도 비경색에 영향을 주는 것으로 추정하였다.

현재까지 보고된 칙소에서 MC1R 유전자형과 모색의 발현에 대한 연구결과들을 종합해 보면, 일부 연구들에서는 모색의 발현은 보고되었으나 MC1R 유전자형은 보고되지 않았고 다른 연구들에서는 MC1R 유전자형과 이에 따른 품종 및 개체별 분석에 관한 연구에서 적은 수의 공시동물이 이용되었다. 그러나, 가계가 형성된 칙소들에서의 MC1R 유전자형 분석은 거의 보고되지 않았다. 따라서 공시동물들의 숫자를 늘려서 MC1R 유전자형에 따른 모색의 발현에 대한 연구의 수행하는 것과 가계가 형성된 공시동물들을 이용하여 MC1R의 유전양상을 조사하는 것이 필요한 상황이다. 본 연구는 PCR-RFLP기법으로 칙소의 모색 발현에 관련된 MC1R 유전자형을 분석하여 호반모의 발현 비율과 그 유전양상을 밝히기 위하여 수행되었다. 또한 가계가 형성된 칙소들을 바탕으로 MC1R 유전자의 가계내의 유전 양상을 분석함으로써 호반모의 발현 비율을 높이는 번식 체계를 확립하고자 하였으며, 비경의 흑색 침착 정도에 따른 호반모 발현 빈도와 유전자형도 조사하였다.

재료 및 방법

1. 공시재료

본 연구에 사용된 공시 재료는 전라북도 축산위생연구소 축산시험장의 칙소와 한우로서 칙소는 부계 또는 모계를 알고 있거나 가계가 형성된 칙소 60두와 (모색이 호반모인 칙소들과 모색이 호반모인 칙소 부모로부터 생산된 호반모 및 기타 모색의 자손들을 포함) 품종에 따른 모색 유전자형 비교를 위한 한우 4두로서 총 64두를 이용하였다.

2. 칙소 개체별 모색과 비경 확인

Table 1. Coat colors of Korean native brindle cattle

Sex	Coat color (%)				Total	
	Part ^a	Part-Whole ^b	Whole ^c	Brown		Black
Female	5(11.90)	3(7.14)	24(57.14)	8(19.04)	2(4.76)	42
Male	–	2(11.11)	13(72.22)	2(11.11)	1(5.56)	18
F + M ^d	5(8.33)	5(8.33)	37(61.67)	10(16.67)	3(5.00)	60

^a: Part; <10% of the whole body
^c: Whole; ≥50% of the whole body

^b: Part-Whole; 10%~50% of the whole body
^d: F = female and M = male.

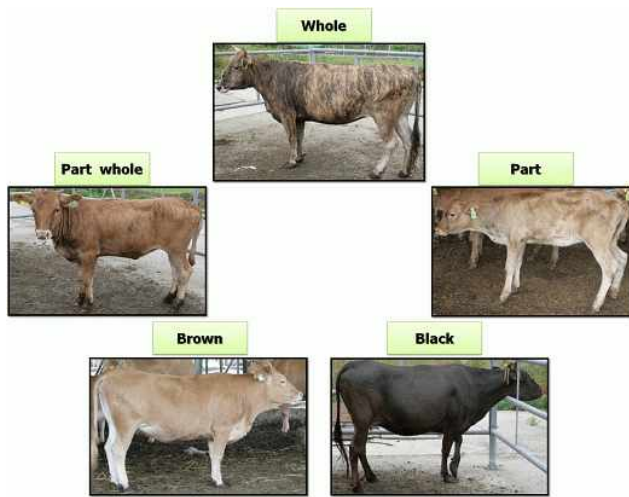


Fig. 1. Types of coat color in Korean native brindle cattle.

Coat colors of Korean native brindle cattle were classified as whole brindle, part-whole brindle, part brindle, brown and black.

취소 개체간의 외모 구분 기준은 한국 종축개량협회 공고(2008-2호)를 기본으로 하여 모색과 비경의 기준을 재설정 하였다. 본 연구에 공시된 취소의 모색은 6개월령을 기준으로 5가지, 즉 부분(일부)호반모, 부분(약반신)호반모, 전신호반모, 황모, 흑모로 구분 하였다. 부분(일부)호반모는 고유의 호반 무늬가 10% 미만인 경

우, 부분(약반신)호반모는 호반 무늬가 10% 이상에서 50% 미만인 경우, 그리고 전신호반모는 호반 무늬가 50% 이상인 경우로 각각 구분하였다. 황모는 전신의 모색이 한우와 비슷한 황색인 경우, 그리고 흑모는 전신의 모색이 흑색인 경우로 각각 구분하였다(Fig. 1). 생후 6개월령을 대상으로 조사한 취소의 모색 양상은 Table 1과 같다. 취소의 모색 발현 양상은 전신호반모가 61.67%로 가장 높았고, 부분(약반신)과 부분(일부) 호반모는 각각 8.33%로 같은 분포 양상을 보였다. 황모는 16.67%였고 흑모는 5.00%로 가장 낮았다.

취소의 비경은 흑색 침착 정도에 따라 5종으로, 즉 가장 옅은 1 단계에서부터 흑색 침착이 짙어지면서 2, 3, 4, 그리고 가장 진한 5단계로 구분하였다(Fig. 2). 취소의 비경 양상은 3단계(28.81%)와 4단계(27.11%)의 비경을 가진 소들의 비율이 비슷하게 높았으며, 그 다음에는 2단계(22.03%), 5단계(13.56%), 그리고 1단계(8.47%)의 순이었다(Table 2).

3. Genomic DNA 추출 및 정제

Genomic DNA는 취소와 한우의 혈액과 취소의 동결정액을 이용해 추출하였다. 혈액은 PureHelix genomic DNA prep kit (Enzynomics, Korea)를 이용하여 추출하였다. 동결정액은 38°C의 온수에 용해한 후 D-PBS를 첨가하여 원심분리 하였고, 2X buffer로 전처리한 후 DNeasy blood & tissue kit (Qiagen, Germany)를 이용하여 추출하였다. Buffer (2X)는 12.5 µl/ml Proteinase K를 포함하여 20 mM Tris-HCl(pH 8.0), 20 mM ethylene

Table 2. Muzzle grades of Korean native brindle cattle

Sex	Muzzle grade (%)					Total
	1	2	3	4	5	
Female	3	10	11	13	5	42
Male	2	3	6	3	3	17
F + M ¹⁾	5(8.47)	13(22.03)	17(28.81)	16(27.11)	8(13.56)	59

¹⁾: F = female and M = male.



Fig. 2. Muzzle grades of Korean native brindle cattle.

Muzzles of Korean native brindle cattle were classified from grade 1 (light), 2, 3, 4 to 5 (dark) as the black pigmentation increased.

diamine tetraacetic acid (EDTA), 200 mM NaCl, 4% sodium dodecyl sulfate (SDS), 80 mM dithiothreitol (DTT)로 제조 하였다. 1% agarose gel을 사용하여 전기영동으로 genomic DNA의 추출 여부를 확인 하였으며, 일부 개체들은 Nanoquant (TECAN, USA)를 이용하여 280 nm의 흡광도에서 DNA의 농도를 측정 하였다.

4. MC1R primer의 설계 및 제작

최소의 MC1R 유전자 단편을 PCR 방법으로 증폭하기 위하여 GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>)에 등록된 MC1R 염기서열 (GenBank accession no. AF445642)을 기초로 하고 이전의 보고들을 참조하여 primer를 설계하였다(Klungland 등, 1995; Chung 등, 2000). 이 염기서열 중에서 739 (385~1,123) bp 단편을 증폭하기 위하여 Table 3과 같이 forward primer 와 reverse primer를 제작하여 사용하였다(제노텍, 대전, Korea).

5. PCR을 이용한 MC1R 유전자 증폭

MC1R 유전자의 증폭을 위한 PCR 반응액은 genomic DNA 40~50 ng과 forward primer와 reverse primer 각각 5 pmol/ μ l, dNTP 각 0.2 mM, 10X PCR buffer 2 μ l, 증류수, 그리고 Taq polymerase 2 unit를 포함하여 총 20 μ l로 하였다. PCR 반응은 Power Block II System (Ericomp, USA)을 사용하여 실시하였다. 반응 조건은 pre-denaturation으로 95°C에서 10분 동안 가열한 후, 95°C에서 30초 동안 denaturation, 60°C에서 30초 동안 annealing, 72°C에서 1분 동안 extension을 35 cycle 반복하였고, 마지막으로 72°C에서 5분간 final-extension으로 PCR을 완료하였

다. 증폭된 DNA를 확인하기 위해 1X TBE buffer로 1% agarose gel을 제조하여 6X loading buffer, 증류수, 증폭된 PCR 산물을 혼합하여 100 V에서 50분간 전기 영동 하였다.

6. 제한효소 절편길이 다형성 [restriction fragment length polymorphism (RFLP)]을 이용한 MC1R 유전자형 분석과 상관분석

증폭이 확인된 MC1R 유전자 739bp 단편을 제한효소 *MspI* (Enzymomics, 대전, Korea) 으로 처리하였다. 제한효소 반응액은 10X buffer 2 μ l, *MspI*, 증류수, PCR product 10 μ l을 혼합하여 총 20 μ l로 조정한 후, 37°C에서 3시간 이상 반응하거나 overnight 처리하였다. 제한 효소 처리 후 3% agarose gel을 이용하여 전기영동한 후 DNA band 를 확인하여 유전자형을 분석하였다. 칩소에서 모색의 발현과 MC1R 유전자형의 상관관계를 Chi-square analysis로 분석하였다.

7. 한우와 칩소의 염기서열 분석

필요한 일부 공시동물들은(칩소 23두와 한우 3두) MC1R 염기서열을 확인하기 위하여 PCR 증폭 산물들을 PCR purification kit (Enzymomics, 대전, Korea)를 이용하여 정제한 다음, 양 가닥의 염기서열을 분석하였다(제노텍, 대전, Korea)(Fig. 3). 분석한 칩소와 한우의 MC1R 염기서열들을 Vector NTI Advance 11.5 (Invitrogen, Carlsbad, CA, USA) 프로그램을 이용하여 조합하고 비교하였으며 이 염기서열들을 GenBank에 등록하였다 (칩소: GenBank accession no. JQ004019, 한우: GenBank accession no. JQ004020).

Table 3. MC1R primers and restriction enzyme used in this study

Gene name	GeneBank accession no.	Amplicon size	Sequence (5'→3')	Enzyme
MC1R	AF445642	739bp	F: gtg cct gga ggt gtc cat c R: gaa gtt ctt gaa gat gca gcc	<i>MspI</i>

F: forward primer, R: reverse primer.

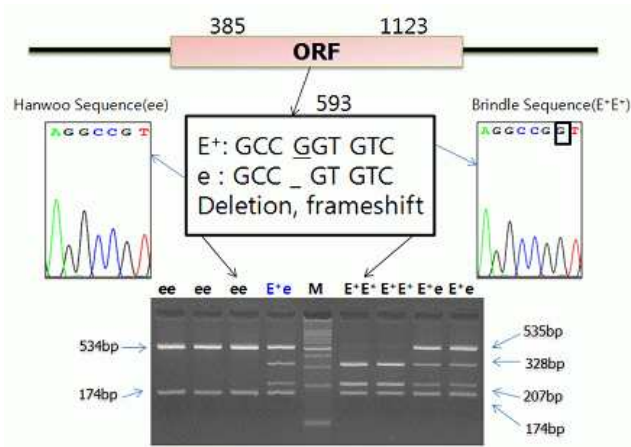


Fig. 3. Schematic illustration of bovine MC1R coding region, PCR amplification (385-1123), sequencing, G deletion, and MC1R genotypes determined by *MspI* digestion.

MC1R fragments of 738 (Hanwoo)/739 (Korean native brindle cattle) bp were amplified by PCR from nucleotide number 385 to 1123/1124 within open reading frame (ORF) of MC1R gene. Two electropherograms within the boxes indicate ee genotype with G deletion at nucleotide number 593 from a Hanwoo (left) and E⁺E⁺ genotype without G deletion [in the rectangle] from a Korean native brindle cattle (right).

결 과

1. 칩소 유전자형에 따른 모색 발현 양상

PCR을 이용하여 증폭한 MC1R 유전자 단편 739bp을 제한효소 *MspI*으로 처리하고, RFLP를 분석하여 MC1R 유전자형을 결정하였다. 칩소의 MC1R 유전자형에 따른 모색 발현 양상은 Table 4와 같다.

총 60두의 공시된 칩소들의 MC1R 유전자형을 분석한 결과, 칩소에는 E⁺E⁺, E⁺e, 그리고 ee 유전자형이 존재하였다. MC1R 유전자형 E⁺E⁺는 3 절편 (328bp, 207bp, 174bp)으로, E⁺e는 4 절편 (535bp, 328bp, 207bp, 174bp), 그리고 ee는 2 절편 (534bp, 174bp)으로 존재하였다 (Fig. 3). 공시된 칩소들의 MC1R 유전자형은 E⁺e가 65.00%로 가장 높았으며, E⁺E⁺가 33.33%이었고, ee는 1.67% (1두)로 가장 낮았다. 칩소의 MC1R 유전자형에 따른 모색 발현은 유전자형 E⁺e와 E⁺E⁺에서 전신호반모의 비율이 각각 66.67% (26/39)와 55% (11/20)로 높았다. 부분 (약반신)호반모의 발현비율은 유전자형 E⁺e와 E⁺E⁺에서 각각 2.56% (1/39)와 20% (4/20)였고, 부분 (일부)호반모의 발현비율은 유전자형 E⁺e와 E⁺E⁺에서 각각 10.26% (4/39)와 5% (1/20)였다. 칩소의 3가지 유전자형 중에서 유일하게 E⁺E⁺형에서만 흑모 (5.00%, 3/60)가 나타났다. 총 60두의 공시된 칩소들 중에서 황모인 10두의 자손들의 MC1R 유전자형을 분석한 결과, 유전자형이 E⁺e 일 때 8두가 황모였으며, 유전자형이 E⁺E⁺ 일 때와 ee 일 때 각각 1두가 황모였다. 공시된 4 두의 한우의 유전자형은 ee (3두)와 E⁺e (1두)였다.

칩소에서 모색의 발현과 MC1R 유전자형의 상관관계를 Chi-square analysis로 분석한 결과, $\chi^2 = 17.805$ 이었고 $\chi^2_{0.05,8} = 15.507$ 이었다. 따라서, 귀무가설을 reject 하므로 본 연구에서 조사된 칩소들에서 모색의 발현과 MC1R 유전자형은 상관관계가 존재하였다.

2. 칩소의 MC1R 유전자형에 따른 교배조합과 모색 유전

Table 4. Coat colors and MC1R genotypes in Korean native brindle cattle

Sex	MC1R genotype	Coat color (%)					
		Brindle			Brown	Black	Total
		Part ^a	Part-Whole ^b	Whole ^c			
Female	E ⁺ E ⁺ ¹⁾	1	3	7	1	2	14(33.33)
	E ⁺ e ²⁾	4	—	17	6	—	27(64.29)
	ee ³⁾	—	—	—	1	—	1(2.38)
Male	E ⁺ E ⁺	—	1	4	—	1	6(33.33)
	E ⁺ e	—	1	9	2	—	12(66.67)
	ee	—	—	—	—	—	—
F + M ^d	E ⁺ E ⁺	1(5.00)	4(20.00)	11(55.00)	1(5.00)	3(15.00)	20(33.33)
	E ⁺ e	4(10.26)	1(2.56)	26(66.67)	8(20.51)	—	39(65.00)
	ee	—	—	—	1	—	1(1.67)

¹⁾ E⁺E⁺ (328bp, 207bp, 174bp), ²⁾ E⁺e (535bp, 328bp, 207bp, 174bp), ³⁾ ee (534bp, 174bp)

^{a)} Part; <10% of the whole body, ^{b)} Part-Whole; 10%~50% of the whole body, ^{c)} Whole; ≥50% of the whole body,

^{d)} F = female and M = male.

본 연구에 공시된 칩소 60두 중 부모와 자손의 관계가 형성된 총 24두의 칩소에서 MC1R 유전자형과 모색을 분석하여 Table 5에 나타내었고, 그 중 대표적인 MC1R 유전자형의 가계를 통한 유전양상을 Fig. 4에 나타내었다. 칩소의 가계는 유전자형과 모색발현에 따라 6가지 교배조합으로 분류하였다. 1) 부(Sire)와 모(Dam) 유전자형이 모두 E⁺E⁺ 이고, 모두 전신호반모인 경우, 2) 부(Sire)의 유전자형은 E⁺e 이고, 모(Dam)의 유전자형은 E⁺E⁺형이며, 모두 전신호반모인 경우, 3) 부(Sire)의 유전자형은 E⁺E⁺형 이고, 모(Dam)의 유전자형은 E⁺e이며, 모두 전신호반모인 경우, 4) 부(Sire)의 유전자형은 E⁺E⁺ 이면서 전신호반모이고, 모(Dam)의 유전자형은 E⁺e 이면서 부분(일부)호반모인 경우, 5) 부(Sire)

와 모(Dam)의 유전자형이 모두 E⁺e 이면서 모두 전신호반모인 경우, 6) 부(Sire)의 유전자형은 E⁺e 이면서 전신호반모이고, 모(Dam)의 유전자형이 E⁺e 이면서 부분(일부)호반모인 경우였다. 부모 모두가 전신호반모를 가진 교배조합 1, 2, 3, 5에서 총 21두의 자손이 생산되었다. 그 중에서 교배조합당 4두 이상의 자손들이 생산된 교배조합 2, 3, 5의 모색 발현 양상을 분석하면, 교배조합 2에서는 부(Sire)의 유전자형이 E⁺e 이고 모(Dam)의 유전자형이 E⁺E⁺ 이면서 모색이 모두 전신호반모인 경우 자손의 모색은 모두 전신호반모(100.00%, 4/4)였다. 교배조합 3에서는 부(Sire)의 유전자형은 E⁺E⁺ 이고 모(Dam)의 유전자형이 E⁺e 이면서 모색이 모두 전신호반모일 경우도 자손의 모색이 전신호반모인 경우가

Table 5. MC1R genotypes and coat colors in Korean native brindle cattle maintaining family lines

G	Sire		Dam		Offspring		Genotype & coat color	Combined [§] (%)
	Genotype	coat color	Genotype	coat color	Genotype	coat color		
1	E ⁺ E ⁺	Whole	E ⁺ E ⁺	Whole	E ⁺ E ⁺	Whole	1	
	E ⁺ E ⁺	Whole	E ⁺ E ⁺	Whole	E ⁺ E ⁺	Brown	1	
	E ⁺ E ⁺	Whole	E ⁺ E ⁺	Whole	E ⁺ E ⁺	Black	1	
2	E ⁺ e	Whole	E ⁺ E ⁺	Whole	E ⁺ E ⁺	Whole	1*	4 [1+3] (100.00)
	E ⁺ e	Whole	E ⁺ E ⁺	Whole	E ⁺ e	Whole		
	E ⁺ e	Whole	E ⁺ E ⁺	Whole	E ⁺ e	Whole	3*	
	E ⁺ e	Whole	E ⁺ E ⁺	Whole	E ⁺ e	Whole		
3	E ⁺ E ⁺	Whole	E ⁺ e	Whole	E ⁺ E ⁺	Part-Whole	1	4 [2+2] (44.44)
	E ⁺ E ⁺	Whole	E ⁺ e	Whole	E ⁺ E ⁺	Whole	2*	
	E ⁺ E ⁺	Whole	E ⁺ e	Whole	E ⁺ E ⁺	Whole		
	E ⁺ E ⁺	Whole	E ⁺ e	Whole	E ⁺ e	Part	1	
	E ⁺ E ⁺	Whole	E ⁺ e	Whole	E ⁺ e	Part-Whole	1	
	E ⁺ E ⁺	Whole	E ⁺ e	Whole	E ⁺ e	Whole	2*	
	E ⁺ E ⁺	Whole	E ⁺ e	Whole	E ⁺ e	Whole		
	E ⁺ E ⁺	Whole	E ⁺ e	Whole	E ⁺ e	Brown	2	
4	E ⁺ E ⁺	Whole	E ⁺ e	Part	E ⁺ E ⁺	Whole	1	2 (22.22)
	E ⁺ E ⁺	Whole	E ⁺ e	Whole	E ⁺ e	Brown		
5	E ⁺ e	Whole	E ⁺ e	Whole	ee	Brown	1*	3 [1+2] (60.00)
	E ⁺ e	Whole	E ⁺ e	Whole	E ⁺ E ⁺	Black	1	
	E ⁺ e	Whole	E ⁺ e	Whole	E ⁺ e	Whole	1	
	E ⁺ e	Whole	E ⁺ e	Whole	E ⁺ e	Brown	2*	
	E ⁺ e	Whole	E ⁺ e	Whole	E ⁺ e	Brown		
6	E ⁺ e	Whole	E ⁺ e	Part	E ⁺ e	Whole	1	
	E ⁺ e	Whole	E ⁺ e	Part	E ⁺ e	Brown	1	

G: Groups of paternal × maternal genotypes and coat color for mating

[§] Combined percentage was calculated for each coat color type within groups and it was written at the first appearance of the phenotype.

* Calculated for the combined percentage within the group.

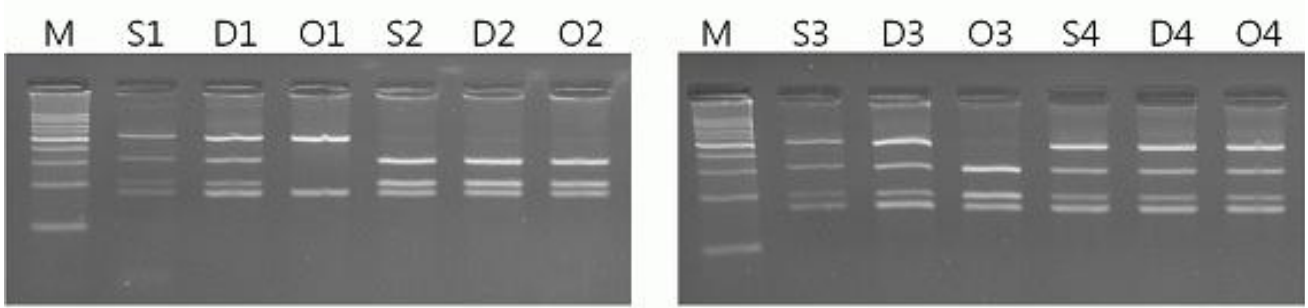


Fig. 4. PCR-RFLP analysis of the MC1R genotypes among the Korean native brindle cattle maintaining family lines. Amplified fragments of MC1R gene from the Korean native brindle cattle were digested with *Msp*I. The representative MC1R genotypes from the matings of Korean native brindle cattle with family line including the sire (S), dam (D) and their offspring (O) are shown.

Left panel: M=molecular weight, E⁺e sire (S1) mated with E⁺e dam (D1), and their ee offspring (O1), and E⁺E⁺ sire (S2) mated with E⁺E⁺ dam (D2), and their E⁺E⁺ offspring (O2). Right panel: M=molecular weight marker, E⁺e sire (S3) mated with E⁺e dam (D3), and their E⁺E⁺ offspring (O3), and E⁺e sire (S4) mated with E⁺e dam (D4), and their E⁺e offspring (O4).

44.44%(2+2, 4/9)의 비율을 보였다. 이 두 교배조합의 경우에서 자손의 전신호반모 비율이 높은 경향을 보였다. 그러나, 교배조합 5에서는 부모의 유전자형이 모두 E⁺e 이면서 전신호반모인 경우에서 자손의 모색이 황모인 비율이 60.00%(1+2, 3/5)로 높았다.

3. 칙소 비경 양상에 따른 모색 발현 양상과 MC1R 유전자형

칙소의 비경 1, 2, 3, 4, 5단계에 따라 나타나는 모색 발현 빈도는 Table 6에 나타났다. 칙소의 비경에 따른 모색 발현 양상을 보면, 1단계의 비경을 가진 칙소들 중에서 황모인 소들의 비율이 80.00 %로 높았고, 3단계와 4 단계의 비경을 가진 칙소들은 전신호반모의 비율이 각각 94.11 %와 81.25 %로 다른 비경칩착의 경우보다 전신호반모의 비율이 훨씬 높았으며, 5 단계의 비경을 가진 칙소들은 다른 단계의 비경을 가진 칙소에서는 발현되지 않았던 흑모의 비율이 37.50% 였다.

칙소의 비경 단계에 따른 MC1R 유전자형을 분석하였을 때, 비

경 1단계인 5두의 칙소 중에서는 E⁺E⁺가 1두, E⁺e가 4두 였고, 2 단계의 비경을 가진 13두의 칙소 중에서는 E⁺E⁺가 3두, E⁺e가 9 두, ee가 1두 였다. 3 단계의 비경을 가진 17두의 칙소 중에서는 E⁺E⁺가 6두, E⁺e가 11두 였으며, 4 단계의 비경을 가진 16두의 칙소 중에서는 E⁺E⁺가 4두, E⁺e가 12두 였다. 그리고, 5단계의 비경을 가진 8두의 칙소 중에서는 E⁺E⁺가 6두, E⁺e가 2두 였다.

고 찰

가축의 모색은 그 품종만의 고유성과 가치를 나타내주는 대표적인 질적 형질로서 주요 심사 대상 형질로 이용되고 있다. 그러나, 칙소에서는 다양한 모색발현과 때로는 지금까지 밝혀진 모색관련 유전자들의 유전자형만으로는 설명하기 어려운 모색발현 현상 때문에 아직은 칙소의 품종 기준에 대한 견해가 다른 실정이다. 따라서, 품종 기준의 확립을 위한 표현형과 모색관련 유전자들에 대한 연구가 더 필요하다. Extension 좌위에 위치한 MC1R은 모색과 관련된 표현형을 조절하는 몇 가지 중요한 유전자들 중의 하나이다

Table 6. Coat color and muzzle grade in Korean native brindle cattle

Coat color	Muzzle grade (%)					
	1	2	3	4	5	
Brindle	Part	—	4(30.77)	—	1(6.25)	—
	Part-Whole	1(20.00)	3(23.08)	—	1(6.25)	—
	Whole	—	2(15.38)	16(94.11)	13(81.25)	5(62.50)
Brown	4(80.00)	4(30.77)	1(5.88)	1(6.25)	—	
Black	—	—	—	—	3(37.50)	
Total	5	13	17	16	8	

(Hearing 등, 1991; Robbins 등, 1993; Mountjoy 등, 1992). 본 연구에서는 가계가 형성된 칙소를 공시동물로 이용하여 MC1R의 유전자형에 따른 모색의 발현과 변이를 조사하였다.

본 연구에서는 가계가 형성된 칙소를 공시동물로 이용하여 모색의 발현을 조사하였는데 부분(일부)호반모, 부분(약반신)호반모, 전신호반모 등의 호반모 이외에도 황모, 흑모 등 다양한 모색들이 발현되었다(Table 1). Park 등(2007)은 칙소 40두에 따른 모색의 발현을 분석한 결과 호반모 42.50%, 황흑모 20.50%, 흑황모 12.50%, 흑모 12.50%, 황모 10.00%로 나타났다고 보고하였고, Park 등(2011)은 칙소 67두를 조사하여 ‘전체칙소무늬’가 9.60%, ‘부분칙소무늬’가 56.00%, 황색이 20.80%, 그리고 흑색이 13.20%로 보고하였다. 또한 Lee 등(2011)에 따르면, 한우 대리모에 칙소 수정란을 이식하여 태어난 칙소 276두에서 호반모가 62.70%였으며, 황모는 24.3%, 흑모는 13.00%였다. 본 연구의 결과에서 각각의 호반모들을 합한[전신+부분(약반신)+부분(일부)호반모] 78.33%는 Park 등(2007)의 연구에서 이에 해당하는 것으로 추정되는 호반모, 황흑모, 흑황모의 합인 75.50%와 유사하였으며, Park 등(2011)의 ‘전체칙소무늬’와 ‘부분칙소무늬’의 합인 65.60%와 Lee 등(2011)의 62.70%보다 높았다. 본 연구에서 전신호반모의 비율은 61.67%(11+26/60)로 Park 등(2007)의 호반모 42.50% 보다 높은 경향을 보였다.

또한 본 연구에서 성별에 따른 모색 분포 확인 결과, 수소에서는 부분(일부)호반모, 부분(약반신)호반모, 전신호반모 등의 호반모들을 합하면 83.33%(15/18)로 Lee 등(2011)의 68.10% 보다 높게 나타났으며, 황모는 11.11%로 Lee 등(2011)의 18.10% 보다 다소 낮은 발현 비율을 보였다. 암소에서는 부분(일부)호반모, 부분(약반신)호반모, 전신호반모 등의 호반모들을 합하면 76.19%(5+3+24/42)로 Lee 등(2011)의 56.90% 보다 높았으며, 황모는 19.04%로 Lee 등(2011)의 31.40% 보다 낮았다. 전체 수소 중에서 전신호반모의 비율은 72.22%였으며, 전체 암소 중에서 전신호반모의 비율은 57.14%였다. 따라서, 본 연구 결과는 Lee 등(2011)이 보고한 것처럼 호반모의 비율이 수소가 암소보다 높고 황모의 비율은 암소가 수소보다 높다는 결과와 일치하므로, 성별 또는 이에 관련된 성호르몬이 모색의 발현에 영향을 준다는 가능성도 고려되어야 할 것으로 사료된다.

칙소 비경 양상에 따른 모색 발현 연구에서 Lee 등(2011)은 비경의 흑반점을 강·중·약의 개체들로 나누어 호반모의 발현 비율을 분석한 결과 비경 흑반점의 강약이 호반모 발현에서 황모와 흑모의 비율에 영향을 미치는 것으로 보고 하였다. 본 연구에서 공시동물인 칙소의 비경 양상을 분석하였을 때, 3단계(28.81%)와 4단계(27.11%)의 비경을 가진 소들의 비율이 비슷하게 높았으며, 성별로는 암소에서는 4 단계가 가장 많았고, 그리고 수소에서는 3 단계가 가장 많았다(Table 2). 또한 본 연구 결과도 Lee 등(2011)의 결과와 유사하게 비경의 흑색 침착 정도가 호반모의 발현양상과 관련이 있는 것으로 사료되었다. 특히 흑색 침착 정도가 가장 적은 1단계에서 황모가 80.00%로 나타난 것과 흑색 침착 정도가 가장

많은 5단계에서 유일하게 흑모가 나타난 것은 비경의 흑색 침착 정도가 약할 때는 황모 발현이 높으며, 강해질수록 흑모의 발현이 우세해지는 경향을 보여주고 있다(Table 6). 비경색과 MC1R 유전자형을 비교하였을 때, 1-4 단계의 비경을 가진 칙소들은 E^+e 이 36두였고, E^+E^+ 이 14두였다. 비경색이 진한 5단계의 비경을 가진 칙소들은 E^+e 이 2두였고, E^+E^+ 이 6두였다. 따라서, 비경색이 진한 단계에서는 E^+E^+ 의 발현이 증가하는 경향을 보였다. 그러나 비경색의 발현양상이 비경에서의 MC1R 유전자의 발현기작과 관련이 있는지는 아직 밝혀지지 않았다.

칙소의 MC1R 유전자형을 분석한 결과 칙소는 E^+E^+ , E^+e , 그리고 ee 유전자형을 나타냈고, 한우는 ee , E^+e 유전자형을 나타냈다. 유전자형 E^+E^+ 와 ee 는 동형접합자(homozygote)였으며, E^+e 는 이형접합자(heterozygote)였다. 한우에서 E^+e 유전자형이 나타난 것은 Jin 등(2011)이 5%(13/260)의 한우 후보종모우가 E^+e 유전자형을 가지고 있다는 보고와 견줄 수 있는 결과이다. 본 연구 결과 확인된 칙소의 유전자형의 분포는 E^+e 가 65.00%, E^+E^+ 는 33.33%, 그리고 ee 는 1.67%였다(Table 4). 이 결과는 Lee 등(2002)이 15두의 칙소와 Jin 등(2011)이 11두의 칙소에서 E^+e 가 E^+E^+ 보다 많았다고 보고한 결과와 유사하다. 또한 본 연구에서 공시된 칙소들의 모색 발현과 MC1R 유전자형의 상관관계를 Chi-square analysis로 분석한 결과, 모색의 발현과 MC1R 유전자형은 독립적이지 않아서 호반모의 발현에 MC1R이 관여하는 것을 보여준다. 전신호반모(37/60)인 칙소의 비율이 부분(일부)[5/60]나 부분(약반신)[5/60]인 호반모의 비율보다 높은 것은(Table 4) E^+ 가 호반모 발현에 우성인 것을 나타내며, 부분(일부)나 부분(약반신)인 칙소에서는 멜라닌 대사에 관련된 다른 유전자들이 관여하고 있을 가능성을 사료하게 한다.

본 연구에서는 공시된 칙소 총 60두 중, 칙소 가계의 MC1R 유전자형과 모색 발현 양상에 따라 생산된 24두의 자손들 분석하여 MC1R 유전자형을 고려한 교배조합이 모색에 미치는 영향을 조사하였다(Table 5). 자손에서 전신호반모의 발현이 가장 높게(100%, 4/4) 나온 교배조합은 부(Sire)의 MC1R 유전자형이 E^+e 이고 모(Dam)의 MC1R 유전자형이 E^+E^+ 이면서, 부모 모두 전신호반모를 가지고 있는 교배조합 2로 자손에서의 전신호반모 발현에 적합한 조합이었다. 그러나, 이 경우에 해당되는 공시동물의 수가 적어서 앞으로 이 교배조합에 해당하는 공시동물을 더 확보하고 출생하는 자손들의 모색과 유전형을 조사하여 자손들 모두가 전신호반모를 발현하는지 확인 할 필요가 있을 것으로 사료된다. 자손에서 전신호반모의 발현이 두 번째로 높게 나온 교배조합은 부(Sire)의 유전자형은 E^+E^+ 이고 모(Dam)의 유전자형은 E^+e 이면서, 부모 모두 전신호반모를 가지고 있는 교배조합 3으로 자손의 전신호반모의 발현비율이 44.44%(4/9)였다. 즉, 이 두 가지 MC1R 유전자형과 부모 모두가 전신호반모를 가진 교배조합에서는 다른 교배조합보다 전신호반모의 발현비율을 높일 수 있는 가장 적합한 교배조합으로 판단된다.

교배조합 5에서는 부모의 유전자형이 모두 E^+e 이면서, 부모 모

두 전신호반모인 경우에 자손의 모색이 황모인 경우가 60.00% (1+2, 3/5)였다 (Table 5). 따라서, 이 교배조합을 피하는 것이 황모의 발현비율을 줄이는 방법 중의 하나로 사료된다. 또한, 이 결과는 칙소에서 E^+e 유전자형을 가진 부모간의 교배는 한우의 모색과 유사하거나 동일하고, 유전자형도 ee 로 한우와 같은 자손을 생산할 수 있다는 근거를 제시한다. 이 교배조합에서 태어난 모색이 황모이고 유전자형이 ee 인 자손을 한우로 인정할 것인지 칙소로 인정할 것인지를 고려해야 할 경우가 발생할 수 있다. Lee 등 (2002)은 칙소에서는 E^+E^+ 와 E^+e 유전자형만이 출현하며 ee 유전자형은 전혀 출현하지 않았다고 보고함으로써 본 연구 결과와 다른 결과를 보였다. 교배조합 1에서는 부 (Sire)와 모 (Dam) 유전자형이 모두 E^+E^+ 였고 부모 모두 전신호반모인 경우인데, 한 자손이 MC1R 유전자형이 E^+E^+ 이면서 황모를 가지고 태어났다. 이 개체의 황모의 발현은 MC1R 유전자형만으로는 설명될 수 없는 다른 기작에 의해 발현이 조절되는 것으로 사료되어 추가 연구가 필요하다. 이 교배조합의 다른 두 자손은 MC1R 유전자형이 E^+E^+ 이면서 모색이 각각 호반모와 흑모였으므로, 교배조합 1의 결과는 칙소에서 모색의 유전은 MC1R과 다른 모색발현 관련 유전자들을 포함한 복잡한 조절기작이 작용하고 있다는 가능성을 생각하게 하며, 그 연구재료로서 가계가 형성된 공시동물들의 가치가 높다고 사료된다. 개에서는 모색의 발현양상이 다른 포유동물보다 복잡하며 호반모 (brindle)의 발현에는 MC1R, Aguti 유전자 이외에 *K* locus 라고 불리는 16번 크로모솨에 위치한 유전자가 관련된 것이 보고되었다 (Kerns 등, 2007). 소에서는 호반모의 발현에 *K* locus 관련된 보고가 없었다. 본 연구에서는 칙소의 MC1R 유전자형에 따른 교배조합과 자손의 모색발현 양상을 연구하였는데, MC1R 유전자형만으로 설명하기 어려운 모색발현의 경우나 호반모의 비율이 10% 미만에서 50% 이상까지 다양하게 발현된 모색을 가진 자손들에서 MC1R 이외의 Aguti 유전자좌에 위치한 ASIP 유전자 (Barsh, 1996) 및 다른 모색관련 유전자들의 유전자형과 발현을 조사하는 것도 필요할 것이다.

Mohanty 등 (2008)은 각각 3두의 한우와 칙소를 이용하여 MC1R 유전자를 *Msp*I 제한효소로 절단하는 PCR-RFLP 기법으로 한우 ee 와 칙소의 E^+E^+ 를 구분하는 방법을 보고하였으나, 칙소에서 E^+e 가 존재하는 지는 보고하지 않았다. 더욱이 이 논문에서 MC1R 유전자를 *Bfu*AI 제한효소로 절단하는 PCR-RFLP 기법으로 칙소를 한우, 흑우, 앵거스로부터 구분하는 방법을 보고하였다. 그러나, 이 논문에서 보고된 칙소 MC1R 염기서열의 *Bfu*AI 제한효소 절단부위의 SNP는 (GenBank accession no. EU169234 286번 염기 A) 이에 해당하는 본 연구의 칙소의 염기서열 (GenBank accession no. JQ004019 426번 염기 G)이나 다른 유럽종 (AF445642 810번 염기 G)의 소들에서도 발견되지 않았으며, 본 연구에서 PCR 방법으로 증폭된 칙소의 MC1R 유전자 단편들은 *Bfu*AI 제한효소로 절단되지 않았으므로 (결과 포함하지 않음) 이 방법이 유효한지는 더 많은 칙소를 이용하여 검증되어야 할 필요가 있다고 사료된다.

칙소와 한우에서는 E^D 유전자형이 출현하지 않는다고 이전의 보고들 (Chung 등, 2000; Lee 등, 2002; Sasazaki 등, 2005; Han 등, 2010; Jin 등, 2011)이 밝혔고, 본 연구의 염기서열 분석 (칙소 23두, 한우 3두)에서도 같은 결과를 얻었다. 따라서 칙소와 한우의 MC1R 유전자에는 E^+ 와 e 가 존재하는 것으로 판단되었고, E^D 유전자형이 고정되었는지의 여부를 *Msp*AI 제한효소를 이용하여 일부 공시동물에서 분석하였으나 E^D 유전자형은 존재하지 않았다.

본 연구에서 공시된 칙소의 MC1R 유전자형별 종모우 수가 제한되었고 공시동물도 지역적으로 제한되었으며, 가계도의 구성이 1대에 그쳐 다음 세대에서 모색의 유전을 확인 할 수 없었던 어려움이 있었다. 앞으로 이런 문제점 등을 보완하면 MC1R과 다른 모색의 발현에 관여하는 유전자들이 칙소의 모색의 발현을 어떻게 조절하는지를 좀 더 명확하게 구명하는 연구를 수행할 수 있을 것으로 생각된다. 본 연구에서 얻어진 결과를 이용하여 현재 농가에서 사육중인 칙소 종번우의 MC1R 유전자형의 확인한 후에 각각에 알맞은 MC1R 유전자형의 종모우 정액을 제공하면 칙소 자손들의 호반모 발현을 증가시키고, 황모의 발현을 감소시키는데 도움이 될 것으로 사료된다.

요 약

본 연구는 PCR-RFLP 기법으로 칙소의 모색 발현에 관련된 MC1R 유전자형을 분석하고, 칙소 유전자형에 따른 모색 발현 양상을 가계와 교배조합을 통하여 연구함으로써 칙소에서 호반모의 발현 비율을 증가시키는 번식 체계를 확립하고자 수행하였다. 전라북도축산위생연구소에서 사육중인 칙소 중에서 부계 또는 모계를 알고 있는 가계가 형성된 칙소로부터 혈액 또는 정자에서 genomic DNA를 추출한 후 MC1R 유전자를 증폭하였다. 증폭된 PCR product를 *Msp*I 제한효소로 절단하고 전기영동한 후 칙소 개체별 유전자형을 확인하였고, 이 외에도 칙소의 모색 양상과 비경의 흑색침착 정도에 따른 모색 발현 비율을 조사하여 다음과 같은 결론을 얻었다. 칙소의 모색 발현 양상은 전신호반모가 61.67%로 가장 높았고 흑모는 5.00%로 가장 낮았으며 황모는 16.67%, 부분 (약 반신)과 부분 (일부) 호반모는 각각 8.33%로 같은 분포 양상을 보였다. 칙소의 비경 침착 양상은 3단계와 4단계가 비슷한 비율로 높았고, 다음이 2단계, 5단계, 1단계의 순이었다. 칙소의 비경에 따른 모색 발현 양상은 비경 침착이 3단계와 4단계인 칙소에서는 전신 호반모의 비율이 다른 모색 보다 높았고, 비경 침착이 1단계인 칙소는 그 중에서 황모가 80.00% (4/5)로 나타났으며, 비경 침착이 5단계인 칙소에서는 다른 단계에서 발현되지 않았던 흑모의 비율이 37.50%를 나타냈다. 칙소에는 E^+E^+ , E^+e , ee 유전자형과 한우에는 ee , E^+e 유전자형이 존재하였다. 칙소 MC1R 유전자형은 E^+e 이 65.00%로 가장 높았고 E^+E^+ 은 33.33%이었고 ee 도 1두로 1.67%이었다. 유전자형에 따른 모색 발현 양상을 보면, E^+E^+ 과 E^+e 에서는 전신 호반모의 비율이 가장 높게 나타났고 ee 는 황모를 나타냈다. 칙소의 가계 분석을 통한 모색 발현 양상을 조사한 결과, 부

(Sire)의 유전자형이 E⁺e 이고 모(Dam)의 유전자형이 E⁺E⁺ 이면서 부모의 모색이 모두 전신희반모일 경우 자손의 모색은 100.00% 전신희반모였고, 부(Sire)의 유전자형이 E⁺E⁺ 이고 모(Dam)의 유전자형이 E⁺e 이면서 부모의 모색이 모두 전신희반모일 경우도 자손에서 모색의 44.44%가 호반모의 비율을 보여 두가지의 교배조합의 경우가 자손의 전신희반모 비율을 높이는 최적의 교배 조합으로 보여진다. 이 연구의 결과를 이용하여 최초로 판정받을 수 있는 가장 중요한 요소인 호반모의 발현비율을 증가시키는 번식 체계를 축소 사육농가에 제시할 수 있을 것으로 사료된다. (주제어 : 축소, 호반모, PCR-RFLP, MC1R, *Msp* I)

사 사

This work was supported by research project of the Livestock Experiment Station, Jeollabuk-do Institute of Livestock and Veterinary Research and in part, by a grant from the Next-Generation BioGreen 21 Program (No. PJ008047), Rural Development Administration, Republic of Korea and by research funds of Chonbuk National University in 2009 to J.G. Kim.

인 용 문 헌

- Barsh, G. S. 1996. The genetics of pigmentation: from fancy genes to complex traits. *Trends Genet.* 12(8):299-305.
- Berryers, T. G., Schmutz, S. M., Schimpf, R. J., Cowan, C. M. and Potter, J. 2003. TYRP1 is associated with dun coat colour in Dexter Cattle or how now brown cow? *Anim. Genet.* 34:169-175.
- Charlier, C., Denys, B., Belanche, J. I., Coppieters, W., Grobet, L., Mni, M., Womack, J., Hanset, R. and Georges, M. 1996. Microsatellite mapping of the bovine roan locus - a major determinant of White Heifer disease. *Mamm. Genome* 7(2):138-142.
- Cho, I. C., Lee J. G., Jung, J. K., Yang, B. S., Kang, S. Y. and Kim, B. W. 2002. Studies on the MC1R gene frequencies in Landrace, Large White, Duroc and Jeju native Black pigs. *J. Anim. Sci. & Technol.* 44(2):207-212 (in Korean).
- Chung, E. R., Kim, W. T., Kim, Y. S. and Han, S. K. 2000. Identification of Hanwoo meat using PCR-RFLP marker of MC1R gene associated with bovine coat color. *J. Anim. Sci. & Technol.* 42(4):379-390 (in Korean).
- Cone, R. D., Lu, D., Koppula, S., Vage, D. I., Klungland, K., Boston, B., Chen, W., Orth, D. N., Pouton, C. and Kesterson, R. A. 1996. The Melanocortin receptors : agonists, antagonists, and the hormonal control of pigmentation. *Recent. Prog. Horm. Res.* 51:287-317.
- Do, K. T., Shin, H. Y., Lee, J. H., Kim, N. S., Park, E. W., Yoon, D. H. and Kim, K. S. 2007. Investigation of coat color candidate genes in Korean cattle (Hanwoo). *J. Anim. Sci. & Technol.* 49(6):711-718 (in Korean).
- Han, S. H., Cho, I. C., Kim, J. H., Ko, M. S., Kim, Y. H., Kim, E. Y., Park, S. P. and Lee, S. S. 2011. Coat color patterns and genotypes of extension and agouti in Hanwoo and Jeju black cattle. *J. Life Sci.* 21(4):494-501.
- Hearing, V. J. and Tsukanmoto, K. 1991. Enzymatic control of pigmentation in mammals. *FASEB J.* 5(14):2902-2909.
- Jin, S., Shim, J. M., Seo, D. W., Jung, W. Y., Ryoo, S. H., Kim, J. H. and Lee, J. H. 2011. Analysis of MC1R genotypes in three different colored Korean cattle (Hanwoo). *CNU J. Agri. Sci.* 38(3):453-458 (in Korean).
- Kerns JA, Cargill EJ, Clark LA, Candille SI, Berryere TG, Olivier M, Lust G, Todhunter RJ, Schmutz SM, Murphy KE, and Barsh GS. 2007, Linkage and segregation analysis of black and brindle coat color in domestic dogs. *Genetics.* 176(3):1679-89.
- Kijas, J. M. H., Wales, R., Tomsten, A., Chardon, P., Moller, M. and Andersson, L. 1998. Melanocortin receptor 1 (MC1R) mutations and coat color in pigs. *Genetics* 150:1177-1185.
- Kim, T. H., Yoon, D. H., Park, E. W., Lee, H. Y., Oh, S. J., Cheong, I. C., Thak, T. Y., Kim, K. N. and Han, J. Y. 2000. A study on genotype frequencies of the bovine melanocortin receptor 1 (MC1R) in cattle breeds. *J. Anim. Sci. & Technol.* 42(6):735-744 (in Korean).
- Klungland, H., Vage, D. I., Gomez-Raya, L., Adalsteinsson, S. and Lien, S. 1995. The role of melanocyte-stimulating hormone (MSH) receptor in bovine coat color determination. *Mamm. Genome* 6:636-639.
- Koh, B. R. D., Kim, Y. H., Park, S. D., Na, H. M., Kim, J. N., Sung, C. M. and Lee, S. S. 2005. Identification of MC1R gene variants of Hanwoo and Holstein meat using PCR-RFLP. *Korean J. Vet. Serv.* 28(3):259-265 (in Korean).
- Korea animal improvement association. 2008. Hanwoo standard notice (notice number 2008-2)
- Lee, H. J., Kim S. H., Lee, K. T. and Yoon, J. T. 2011. Coat color expression of Korean native brindle cattle after embryo transfer. *Proceedings of the 11th international symposium on developmental biotechnology-Korean Soc. Anim. Reprod.* p52 (abstr.).
- Lee, S. M., Lee, W. W., Lee, G. R. and Lee, D. S. 2008. Differentiation of Hanwoo and other breeds of cattle using PCR-RFLP and allele-specific PCR. *The annual report of Busan Metropolitan City Institute of Health & Environment* 19(1):88-93 (in Korean).

- Lee, S. S., Yang, Y. H., Kang, S. Y., Oh, W. Y., Yang, B. S., Ko, S. B., Oh, S. J. and Kim, K. I. 2000. Comparison of the genotypes and frequencies of MSH receptor (MC1R) gene in Korean cattle, Cheju native Black cattle, Japanese Black and Japanese Brown cattle. *J. Anim. Sci. & Technol.* 42(3):253-260 (in Korean).
- Lee, S. S., Yang, B. S., Yang, Y. H., Kang, S. Y., Ko, S. B., Jung, J. K., Oh, W. Y., Oh, S. J. and Kim, K. I. 2002. Analysis of melanocortin receptor 1 (MC1R) genotype in Korean brindle cattle and Korean cattle with dark muzzle. *J. Anim. Sci. & Technol.* 44(1):23-30 (in Korean).
- Marklund, L., Johansson, M., Sandberg, K. and Andersson, L. 1996. A missense mutation in the gene for melanocyte-stimulating hormone receptor (MC1R) is associated with the chestnut coat color in horses. *Mamm. Genome* 7:895-899.
- Mohanty, T. R., Seo, K. S., Park, K. M., Choi, T. J., Choe, H. S., Baik, D. H. and Hwang I. H. 2008. Molecular variation in pigmentation Genes contributing to coat colour in native Korean Hanwoo cattle. *Anim. Genet.* 39:550-553.
- Mountjoy, K. G., Robbins, L. S., Mortrud, M. T. and Cone, R. D. 1992. The cloning of a family of genes that encoded the melanocortin receptors. *Science* 257:1248-1251.
- Na, G. J. 2008. Characteristics of Korean native cattle. *Korea Animal Improvement Association bulletin.* 2008(1):42-52.
- Park, Y. S., Hwang, H. S., Yoo, J. W. and Kim, N. W. 2007. Characteristics of semen and coat color distribution of offsprings produced by AI in Korean native striped cattle (*Bos namadicus* Falconer, Chikso). *Reprod. Dev. Biol.* 31(1):43-48 (in Korean).
- Park, Y. S. and Choi, S. H. 2011. Analysis of genetic relatedness and coat color appearance of Korean native brindle cattle in Kyungbuk area. *Proceedings of the 11th international symposium on developmental biotechnology-Korean Soc. Anim. Reprod.* p85 (abstr.).
- Reinsch, N., Thomsen, H., Xu, N., Brink, M., Looft, C., Kalm, E., Brockmann, G. A., Grupe, S., Kühn, C., Schwerin, M., Leyhe, B., Hiendleder, S., Erhardt, G., Medjuqorac, I., Russ, I., Förster, M., Reents, R. and Averdunk, G. 1999. A QTL for the degree of spotting in cattle shows synteny with the KIT locus on chromosome 6. *J. Hered.* 90(6):629-634.
- Robbins, L. S., Nadeau, J. H., Johnson, K. R., Kelly, M. A., Roselli-Rehffuss, L., Baack, E., Mountjoy, K. G. and Cone, R. D. 1993. Pigmentation phenotypes of variant extension locus alleles results from point mutations that alter MSH receptor function. *Cell* 72(6):827-834.
- Rouzaud, F., Martin, J., Gallet, P. F., Delourme, D., Goulemot-Leger, V., Amigues, Y., Menissier, F., Leveziel, H., Julien, R. and Oulmouden, A. 2000. A first genotyping assay of French cattle breeds based on a new allele of the extension gene encoding the melanocortin-1 receptor (MC1R). *Genet. Sel. Evol.* 32(5):511-520.
- Sasazaki, S., Usui, M., Mannen, H., Hiura, C. and Tsuji, S. 2005. Allele frequencies of the extension locus encoding the melanocortin 1 receptor in Japanese and Korean cattle. *Anim. Sci. J.* 76(2):129-132.
- Schmutz, S. M., Berryere, T. G., Ciobanu, D. C., Mileham, A. J., Schmitz, B. H. and Fredholm, M. 2004. A form of albinism in cattle is caused by a tyrosinase frameshift mutation. *Mamm. Genome* 15(1):62-67.
- Seitz, J. J., Schmutz, S. M., Thue, T. D. and Buchanan, F. C. 1999. A missense mutation in the bovine MGF Gene is associated with the roan phenotype in Belgian Blue and Shorthorn cattle. *Mamm. Genome* 10(7):710-712.
- Seo, K. S., Mohanty, T. R., Choi, T. and Hwang, I. H. 2007. Biology of epidermal and hair pigmentation in cattle: a mini-review. *Vet. Dermatol.* 18:392-400.
- Vage, D. I., Klungland, H., Lu, D. and Cone, R. D. 1999. Molecular and pharmacological characterization of dominant black coat color in sheep. *Mamm. Genome* 10:39-43.

(Received Apr. 25, 2012; Revised Jun. 14, 2012; Accepted Jul. 9, 2012)