

## 취소 씨수소의 *MC1R* 유전자형과 자손의 모색 발현

박재희<sup>1</sup> · 이창우<sup>2</sup> · 이해이<sup>3</sup> · 최재원<sup>4</sup> · 최연호<sup>5</sup> · 권아남<sup>1</sup> · 지연희<sup>1</sup> · 김종국<sup>1,\*</sup>

<sup>1</sup>전북대학교 동물자원과학과 / 희토생물응용연구소, <sup>2</sup>강원도 축산기술연구센터, <sup>3</sup>전라북도 축산위생연구소 축산시험장, <sup>4</sup>충청북도 축산위생연구소, <sup>5</sup>국립축산과학원 가축개량평가과

### Sires' *MC1R* Genotypes and Coat Color of the Offspring of the *Chikso* (Korean Brindle Cattle)

Jae-Hee Park<sup>1</sup>, Chang-Woo Lee<sup>2</sup>, Hae-Lee Lee<sup>3</sup>, Jae Won Choi<sup>4</sup>, Yun Ho Choy<sup>5</sup>, A-Nam Kwon<sup>1</sup>, Yeoen Hee Ji<sup>1</sup> and Jong Gug Kim<sup>1,\*</sup>

<sup>1</sup>Department of Animal Sciences and Institute of Rare Earth for Biological Application, College of Agriculture and Life Science, Chonbuk National University, Jeonju 561-756, Korea

<sup>2</sup>Gangwon Province Livestock Research Center, Hongseong 225-831, Korea

<sup>3</sup>Livestock Experiment Station, Jeollabuk-do Institute of Livestock and Veterinary Research, Gimje 576-882, Korea

<sup>4</sup>Institute of Livestock and Veterinary Research, Cheongwon 363-931, Korea

<sup>5</sup>Animal Genetics and Breeding Division, Department of Animal Resources Development, NIAS, RDA, Chonan 330-801, Korea

#### ABSTRACT

The objective of this study was to determine the effect of the *MC1R* genotypes of the *Chikso* (Korean brindle cattle) sires on the coat colors of their offspring. In this study, 15 *Chikso* sires with known *MC1R* genotypes were used for breeding in the Gangwon Province Livestock Research Center, the Chungbuk Institute of Livestock and Veterinary Research, and the Livestock Experiment Station, Jeonbuk Institute of Livestock and Veterinary Research from either 2011 or 2012 to 2013. There were 6 sires with E<sup>+</sup>E<sup>+</sup> genotypes and 9 sires with E<sup>+</sup>e genotypes, and their coat colors were all whole brindle (more than 50 of the body). Among the 90 calves produced in 2011~2013 or 2012~2013 from the 15 sires, 50 (55.6%) of them were females and 40 (44.4%) of them were males. Coat colors of the offspring were determined when they reached over 6 months of age. Calves with whole brindle, part brindle, brown and black coat colors were 42 (48.3%), 11 (12.6%), 18 (20.7%) and 16 (18.4%), respectively. Ratio of calves with whole brindle coat color was higher than any other coat colors. Among the offspring with whole brindle color, 20 (41.7%) calves were female and 22 (51.3%) calves were male. By determining the *MC1R* genotypes of the dams and calves in this study along the family lines, and investigating other genes that may be involved in the coat colors of the *Chikso*, better breeding system may be established to increase the brindle coat color appearance in the future.

(Key words : *Chikso* (Korean brindle cattle), sire, *MC1R* gene, genotypes, coat color)

#### 서 론

취소는 고유 모색인 호반 모색을 발현하는데, 이는 취소의 품종을 결정하는 중요한 표현 형질 중의 하나이다. 소의 모색과 관련된 유전자들은 *ASIP*(Barsh, 1996), *MC1R*(Klungland 등, 1995; Cone 등, 1996; Vage 등, 1999; 정 등, 2000; Berryers 등, 2003; 도 등, 2007; Seo 등, 2007; 이 등, 2009), 그리고 *TYRP1*(Berryers 등, 2003) 등을 포함한다. 그 중에서 현재까지

많은 연구가 이루어지고 있는 *Extension* 좌위에 위치한 *melanocortin 1 receptor(MC1R)* 유전자에는 3개의 주요한 대립 유전자 E<sup>D</sup>, E<sup>+</sup>, e가 알려져 있다(Klungland 등, 1995; 정 등, 2000). *MC1R* 유전자는 소의 품종에 따라 다양한 유전자형이 존재하는데, E<sup>D</sup>는 흑모색을 나타내는 dominant allele이며, E<sup>+</sup>는 다양한 모색을 나타내는 wild type allele이고, e는 동형 접합체일 경우, frameshift mutation에 의해 적모색이나 황모색을 발현한다(Klungland 등, 1995; 정 등, 2000; 김 등, 2000; 진

\* 본 논문은 농촌진흥청 차세대 바이오그린21사업(과제번호: PJ008047)의 지원을 포함하여 이루어진 것입니다.

† Correspondence : E-mail : jinggugkim@jbnu.ac.kr

등, 2011).  $E^D$  유전자형은 p.leu99pro, c.296T>C에 의해 유래되며, 홀스타인과 앵거스 품종에서 나타난다.  $E^+$ 와  $e$  유전자형은 모두 p.leu99, c.296T이나, coding sequence 310번 염기 서열에서 frameshift mutation의 차이로 구별된다.  $E^+$  유전자형은 p.gly104, c.310G를 가지며, Normande(Rouzaud 등, 2000), Brownswiss(김 등, 2000) 품종들과 칩소에서(이 등, 2002) 볼 수 있다.  $e$  유전자형은 p.gly104val, c.310delG에 의해 유래되며(Fig. 1), 샤를레, 리무진, Blonde d'Aquitaine과 Salers 등의 품종에서 볼 수 있다(Rouzaud 등, 2000). 김 등(2000)은 샤를레와 리무진 품종에서  $e$  유전자형의 비율이 Rouzaud 등(2000)의 연구 결과보다 낮다고 보고 하였다. 한우의  $MC1R$  유전자형도 주로  $e$ 로써 황모를 갖는다(김 등, 2000; 이 등, 2000; 정 등, 2000; 진 등, 2011).  $MC1R$   $e$  유전자형을  $E^D$  또는  $E^+$  유전자형들과 비교할 때,  $e$  유전자형은 c.310delG에 따른 frameshift mutation에 의해 104번 아미노산부터  $E^D$ 나  $E^+$   $MC1R$  유전자형과  $MC1R$ 의 아미노산 서열이 달라져 결국 C-terminal 52개의 아미노산이 다르다. 또한,  $e$  유전자형은 p.val156\*, c.466TGA에 위치한 premature stop codon에 의해  $MC1R$ 의 아미노산이 155개로,  $E^D$ 나  $E^+$   $MC1R$  유전자형들의  $MC1R$ 이 317개의 아미노산으로 구성된 것에 비해 짧은 수용체 단백질을 갖게 된다(Fig. 1).  $E^D$  유전자형은 한우와 갈모화우에서는 출현하지 않았고(이 등, 2000; Sasazaki 등, 2005), 흑모화우에서는  $E^D$ 와  $E^+$  유전자형의 비율이 각각 48%와 51%였다(Sasazaki 등, 2005). 최근 Schmutz 등(2013)은 Highland cattle에서 지금까지 알려지지 않았던  $MC1R$  유전자형과 *premelanosomal protein(PMEL)*의 상호 작용을 보고하였고, Brenig 등(2013)은 White Galloway cattle과 White Park cattle에서 백모의 변이는 *KIT* 유전자의 변이와 유전에 의한 것이라고 보고하였다. 이와 같이 품종별 모색 관련 유전자에 관한 새로운 연구 결과들이 발표되고 있다. 현재까지 소의 모색과 관련된 유전자들에 관한 많은 연구가 수행되었으나, 아직도 칩소 씨수소와 씨암소 간의 교배에 의해 생산된 자손의 일부가 황모색을 발현하는 기작이 밝혀지지 않았으며, 다른 모색 관련 유전자의 가능성도 배제할 수 없다.

현재까지 보고된 연구들에 의하면 한우의  $MC1R$  유전자형은 주로  $ee$ 로써 황모를 가지나, 칩소는  $E^+E^+$ 와  $E^+e$ 의 유전자형을 가지면서 고유 모색인 호반 모색을 발현한다. 경우에 따라서는 부모가 호반모를 가진 칩소의 자손들이 호반모 이외에 여러 가지 모색을 가지고 태어나기도 한다(박 등, 2012). 칩소는 부모가 각각  $E^+e$  유전자형을 가질 때에는  $ee$  유전자형도 나올 확률이 있으며, 이는 한우와 같이 황모를 가질 수 있는 가능성을 시사하고 있다. 황모를 가진 품종들에서도  $MC1R$   $E^+e$ 나  $E^+E^+$  유전자형을 가진 경우들이 보고되었다. 한우는 일부(0.086)가  $E^+e$  유전자형을 가지며 황모를 발현한다고 보고되었

다(Han 등 2011). Chinese Luxi Yellow 품종에서도  $MC1R$   $E^+$  allele의 발현 빈도가 0.05였다(Gan 등, 2007). 갈모화우에서는 15두를 조사하여 모두  $MC1R$   $ee$  유전자형을 갖는다는 보고도 있었지만(이 등, 2002), 대부분(145두 중 135 두)  $E^+E^+$  유전자형을 갖는다(Sasazaki 등, 2005). 최근 박 등(2012)은 칩소 부모로부터 태어난 자손들의 일부가  $MC1R$   $E^+e$  유전자형을 가지며, 황모를 갖는다고 보고하였다. 그러나 황모색의 발현 기작이나 다른 모색 관련 유전자들의 연구는 포함하지 않았다. 칩소는 고유 모색이 호반모이므로 다른 모색의 송아지가 생산되는 비율을 감소시키기 위한 방안으로, 씨수소와 씨암소의 모색과 유전자형을 고려한 교배와 번식 계획을 수립하여, 칩소의 모색을 호반모로 복원 및 고정하는데 많은 노력을 기울이고 있다(박 등, 2012). 또한 칩소에서 모색의 고정을 위하여 수정란 이식 기술을 이용하거나(이 등, 2011), 칩소의 교배 계획과 수정란 이식 기술을 같이 병용하기도 하였다(김 등, 2013).

본 연구는 강원도 축산기술연구센터, 전라북도 축산위생연구소 축산시험장, 충청북도 축산위생연구소에서 번식에 사용된 씨수소의  $MC1R$  유전자형을 분석하고, 이들  $MC1R$  유전자형이 분석된 씨수소로 교배하여 2011년 또는 2012년부터 2013년까지 태어난 자손들의 모색을 조사하였다. 이 연구는 씨수소들의  $MC1R$  유전자형에 따른 자손의 모색 발현에 관한 영향을 분석하고, 그 결과를 차후에 활용하여 칩소의 고유 모색인 호반모를 가진 송아지의 생산 비율을 증가시키기 위한 목적으로 수행하였다.

## 재료 및 방법

### 1. 공시 재료

본 연구에 사용된 공시 재료는 강원도 축산기술연구센터(이하 강원), 전라북도 축산위생연구소 축산시험장(이하 전북), 충청북도 축산위생연구소(이하 충북)에서 관리하고 있는 칩소 씨수소 중에서  $MC1R$  유전자형이 밝혀지고, 자손들을 생산한 각각 3 두, 8 두, 4 두의 씨수소와 이 씨수소들의 자손들을 포함하였다. 칩소의 개체별 외모 구분 기준은 종축개발협회 공고(2008-2호)를 기본으로 하여 모색을 재설정하였다(한국종축개발협회, 2008). 칩소 씨수소 자손들의 모색은 6개월령 이상을 대상으로 조사하였으며, 모색의 구분은 전신호반모, 부분(일부) 호반모, 황모, 흑모로 구분하였다. 전신호반모는 호반 무늬가 50% 이상으로 구분하였고, 부분(일부) 호반모는 고유의 호반무늬를 10% 이상에서 50% 미만으로 구분하였다. 황모는 전신이 한우와 비슷한 황색인 경우와 흑모는 전신이 흑색인 경우로 구분하였다.

### 2. Genomic DNA 추출 및 정제, $MC1R$ 유전자형 분석과 모색 및 성비의 조사

강원, 전북, 충북의 각 축산연구기관에서 관리 중인 쥐소 씨수소들 중에서 공시 재료로 명시된 각각 3 두, 8 두, 4 두의 씨수소로부터 모근 또는 혈액에서 genomic DNA를 추출하였다. *MC1R* 특이 유전자 마커를 이용하기 위해 GenBank에 등록된 *MC1R* 염기 서열(GenBank accession no. NM\_174108)을 참고로 primer(forward primer: 5'-gtg cct gga ggt gtc cat c-3', reverse primer: 5'-gaa gtt ctt gaa gat gca gcc-3')를 설계 제작하였다(박 등, 2012). 혈액에서의 DNA 추출은 PureHelix genomic DNA prep kit (Enzygnomics, Korea)을 이용하여 추출하였다. 모근은 쥐소 꼬리의 굵은 모발 부분에서 채취하였다. 채취한 모근을 1.5 ml microcentrifuge tube에 넣은 후, ATL과 Proteinase K로 처리하여 56°C overnight 정치하였고, QIAamp DNA micro kit 50(Qiagen, Germany)을 이용하여 DNA를 추출하였다. *MC1R* 유전자의 증폭을 위한 PCR 반응액은 모근에서 추출한 genomic DNA의 농도를 50~80 ng, 혈액에서 추출한 genomic DNA의 농도를 40~50 ng로 하였고, forward primer와 reverse primer 각각 5 pmol/μl, dNTP 각 0.2 mM, 10 × PCR buffer 2 μl, 증류수 그리고 Taq polymerase 2 unit를 포함하여 총 20 μl로 하였다. *MC1R* 유전자의 증폭을 위한 PCR 반응 조건은 95°C에서 10분간 정치 후 95°C 30초, 60°C 30초, 72°C 1분으로 총 35 cycle을 수행한 뒤 72°C에서 5분간 정치시켜 PCR을 완료하였다. 증폭된 *MC1R* 유전자 739 bp 산물을 *MspI*으로 3시간 처리 후 전기 영동하여 DNA 절편을 확인하였다. 필요한 경우 일부 씨수소에서 염기 서열 분석을 실시하였다.

*MC1R* 유전자형이 확인된 각도의 쥐소 씨수소로 교배하여 2011년 또는 2012년부터 2013년까지 태어난 자손들의 모색과 성비를 조사하였다. 쥐소 씨수소들로부터 생산되어 공시 재료로 포함된 자손들에서 모색의 발현 비율의 차이는 카이제곱 검정(Chi-square analysis)을 통해 분석하였다.

## 결 과

### 1. 각 도 축산연구기관의 쥐소 씨수소 *MC1R* 유전자형

본 연구에 참여한 강원도 축산기술연구센터, 전라북도 축산위생연구소 축산시험장, 충청북도 축산위생연구소에서 *MC1R* 유전자형이 밝혀지고, 자손들을 생산한 쥐소 씨수소들을 대상으로 연구를 수행하였다. 쥐소 씨수소들의 염기 서열 분석과 다른 품종들의 모색에 관한 참고 문헌들을 기초로 하여 소의 *MC1R* 유전자형에 따른 DNA 염기 서열과 아미노산 서열을 Fig. 1에 표기하였다. 씨수소들의 *MC1R* 유전자형 조사 결과를 보면, 강원도 축산기술연구센터에서는 E<sup>+</sup>e가 3두였고, 전라북도 축산위생연구소 축산시험장에서는 E<sup>+</sup>E<sup>+</sup>가 4두, E<sup>+</sup>e는 4두였으며, 충청북도 축산위생연구소에서는 E<sup>+</sup>E<sup>+</sup>가 2두, E<sup>+</sup>e는 2두였다(Fig. 2). 이 세 기관에서 *MC1R* 유전자형이 분석되고, 자손들을 생산한 쥐소 씨수소는 E<sup>+</sup>E<sup>+</sup>가 모두 6두(전북 E<sup>+</sup>E<sup>+</sup> 4두, 충북 E<sup>+</sup>E<sup>+</sup> 2두), E<sup>+</sup>e는 모두 9두(강원 E<sup>+</sup>e 3두, 전북 E<sup>+</sup>e 4두, 충북 E<sup>+</sup>E<sup>+</sup> 2두)로, 총 15두이며, E<sup>+</sup>E<sup>+</sup>와 E<sup>+</sup>e의 두 가지 *MC1R* 유전자형을 포함하였다(Fig. 3). 이 씨수소들의 모색

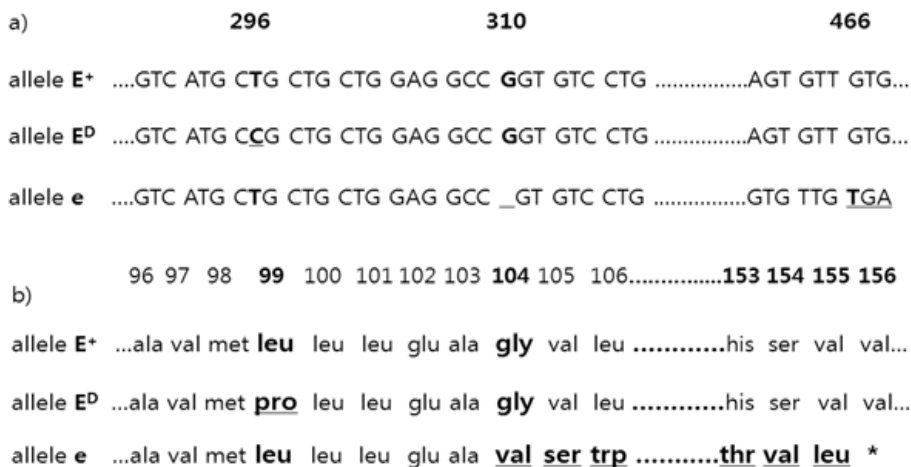


Fig. 1. Partial DNA nucleotide (a) and amino acid (b) sequences for *MC1R* alleles of E<sup>+</sup>, E<sup>D</sup> and e. Allele E<sup>+</sup> is the wildtype. Allele E<sup>D</sup> presents a c.296T>C substitution, resulting in p.leu99pro. The c.296T and C nucleotides are shown in bold letters and c.296C nucleotide is also underlined. The leu and pro amino acids are shown in bold letters and pro is also underlined. The e allele has a c.310delG, leading to p.gly104val alteration, followed by a series of amino acid changes and c.466TGA, a premature stop codon. The c.310G and c.466T nucleotides, and the p.104gly and val, and the changed amino acids are shown in bold letters. The changed amino acids, and the c.310delG and c.466TGA are also underlined. The predicted protein of 155 amino acids in e allele is shorter than those of 317 amino acids in E<sup>+</sup> or E<sup>D</sup> alleles.

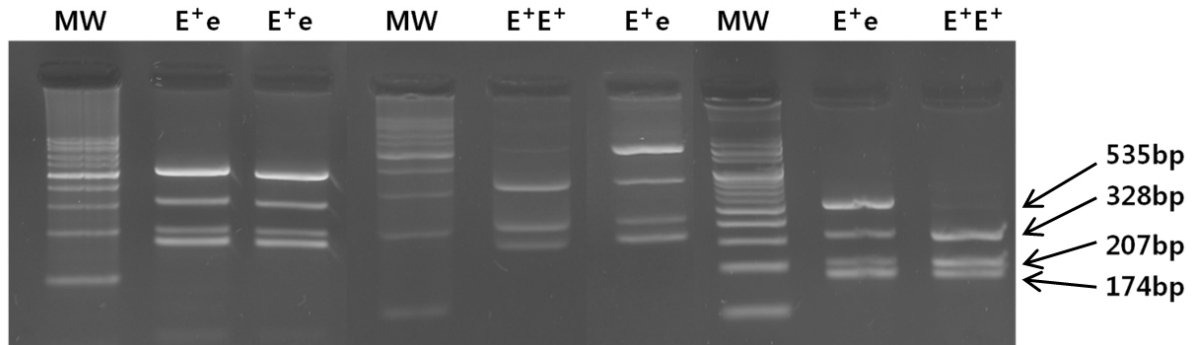


Fig. 2. PCR-RFLP analysis of *MC1R* genotypes of the Korean brindle cattle sires. Representative picture of *MC1R* genotypes of the sires from the Gangwon ( $E^+e=3$ ), Jeonbuk( $E^+E^+=4$ ,  $E^+e=4$ ) and Chungbuk( $E^+E^+=2$ ,  $E^+e=2$ ) institutes is shown. PCR and gel electrophoresis analysis were performed on separate days for different institutes and sires.  $E^+e$  genotype yields 535 bp, 328 bp, 207 bp and 174 bp bands, whereas  $E^+E^+$  genotype yields 328 bp, 207 bp and 174 bp bands. Lane 1: MW=molecular weight, lane 2: Kangwon sire 2992, lane 3: Kangwon sire 2875, lane 4: MW =molecular weight, lane 5: Jeonbuk sire 65012, lane 6: Jeonbuk sire 65011, lane 7: MW=molecular weight, lane 8: Chungbuk sire 530, lane 9: Chungbuk sire 5.

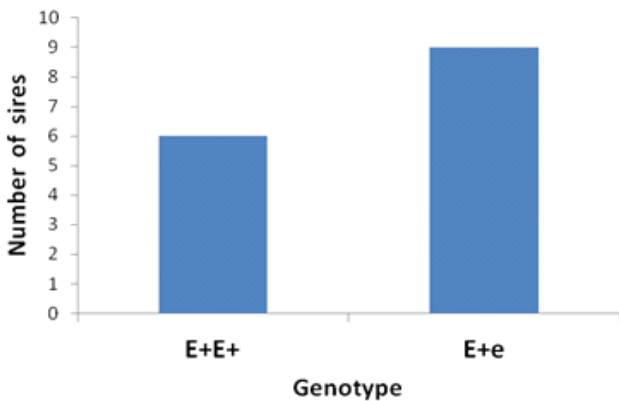


Fig. 3. *MC1R* genotypes of the sires of the Korean brindle cattle at the Gangwon, Jeonbuk and Chungbuk institutes were either  $E^+E^+$  or  $E^+e$ . For  $E^+E^+$  genotypes, there were 6 sires, including 4 sires from the Jeonbuk institute and 2 sires from the Chungbuk institute, respectively. For  $E^+e$  genotypes, there were 9 sires, including 3 sires from the Gangwon Institute, 4 sires from the Jeonbuk Institute, and 2 sires from the Chungbuk Institute, respectively.

은 모두 전신호반모였다.

2. 각 도의 축산연구기관에서 최소 씨수소로부터 생산된 자손의 모색 분석

*MC1R* 유전자형이 분석되고, 교배에 이용된 최소 씨수소들에서 생산된 자손들은 강원도 축산기술연구센터에서 2012년 9두, 2013년 9두로 총 18두였으며, 성별로는 암컷이 9두(50%), 수컷이 9두(50%)였다. 전북 축산위생연구소 축산시험장에서는 2011년 13두, 2012년 13두, 2013년 1두로 총 27두가 생산

되었으며, 성별로는 암컷이 16두(59.3%), 수컷이 11두(40.7%)였다. 충북 축산위생연구소에서는 2011년 19두, 2012년 14두, 2013년 12두로 총 45두가 생산되었으며, 성별로는 암컷 25두(55.6%), 수컷이 20두(44.4%)였다. 세 축산연구기관에서 생산된 총 90두의 자손 중 암컷은 50두(55.6%), 수컷은 40두(44.4%)였다.

강원, 전북, 충북의 각 축산연구기관에서 *MC1R* 유전자형이 분석되고, 교배에 이용된 최소 씨수소들로부터 2011에서 2013년까지 생산된 자손들의 모색은 전신호반모가 42두(48.3%), 부분(일부) 호반모가 11두(12.6%), 황모가 18두(20.7%), 그리고 흑모가 16두(18.4%)로, 전신호반모의 발현 비율이 가장 높았다( $p<0.0001$ , Table 1). 강원은 전신호반모가 50.0%(9/18), 황모가 44.4%(8/18)였고, 흑모는 없었다. 전북은 전신호반모가 42.3%(11/26), 황모가 26.9%(7/26)였고, 흑모는 19.2%(5/26)

Table 1. Coat colors of the offspring of the sires of Korean brindle cattle between 2011 and 2013

	Coat color (%)			
	Brindle		Brown	Black
	Whole <sup>a</sup>	Part-Whole <sup>b</sup>		
Gangwon	9	1	8	0
Jeonbuk	11	3	7	5
Chungbuk	22	7	3	11
Total	42(48.28)	11(12.64)	18(20.69)	16(18.39)

Coat colors were classified as whole brindle, part brindle, brown or black.

<sup>a</sup> Whole : more than 50% of the whole body.

<sup>b</sup> Part-Whole : 10~50% of the whole body.

였다. 충북은 전신호반모가 51.2%(22/43), 황모가 7.0%(3/43)였고, 흑모는 25.6%(11/43)였다. 지역에 따라 네 가지 모색 발현 비율의 차이가 있었으나, 세 지역 모두 전신호반모의 비율이 가장 높았다( $p=0.018$ ).

3. 각 도의 축산연구기관에서 최소 씨수소로부터 생산된 자손의 성별에 따른 모색 분석

각 도의 축산연구기관에서 2011년에서 2013년까지 MC1R 유전자형이 밝혀진 씨수소들에서 생산된 모색이 확인된 자손들을 성별로 구분하였다. 조사한 결과를 분석하면, 암컷은 전신호반모가 20두(41.7%), 부분(일부) 호반모가 9두(18.8%), 황모가 10두(20.8%), 그리고 흑모는 9두(18.8%)였다. 수컷은 전신호반모가 22두(51.3%), 부분(일부) 호반모가 2두(5.1%), 황모가 8두(20.5%), 그리고 흑모는 7두(17.9%)였다(Fig. 4).

고 찰

소의 모색과 관련된 유전자들 중에서 Extension 좌위에 위치한 *melanocortin 1 receptor*(MC1R) 유전자에는 3개의 주요한 대립유전자 E<sup>D</sup>, E<sup>+</sup>, e가 알려져 있는데, 소의 품종에 따라 다양한 MC1R 유전자형이 존재한다. 최소는 주로 E<sup>+</sup>E<sup>+</sup>와 E<sup>+</sup>e의 MC1R 유전자형을 가지며, 고유 모색인 호반모색을 발현한다. 한우는 주로 ee MC1R 유전자형을 가지며, 황모색을 발현한다. 이 MC1R 유전자형의 차이는 표현 형질인 모색과 더불어 최소와 한우를 구별하는 데 이용하고 있는 중요한 유전형질 중의 하나이다. 박 등(2012)은 전북에서 씨수소와 씨암소, 그리고 그 자손들을 포함하는 가계의 MC1R 유전자형을 조사하여, MC1R 유전자형을 고려한 교배 조합이 모색에 미치는 영향을 보고하였다. 본 연구는 강원, 전북, 충북의 각 축산연구기관에서 관리 중인 최소 씨수소들의 MC1R 유전자형이 자손의 모색 발현에 관한 영향을 분석하고, 그 결과를 호반모색을 발현하는 송아지의 생산 비율을 증가시키는데 적용하기 위한 목적으로 수행하였다. 세 축산연구기관에서 보유하고 있으며, 이번 연구에 공시 재료로 포함되어 MC1R 유전자형을 분석한 15두의 씨수소들은 E<sup>+</sup>E<sup>+</sup>와 E<sup>+</sup>e의 두 가지 MC1R 유전자형을 가지고 있다(Fig. 2). 이 결과는 이 등(2002)이 15두 최소에서, 진 등(2011)이 11두의 최소에서, 그리고 박 등(2012) 6두의 최소 씨수소에서 분석하여 보고한 결과와 일치한다. 본 연구에서 MC1R 유전자형이 분석되고, 자손들을 생산한 최소 씨수소들의 유전자형은 E<sup>+</sup>E<sup>+</sup>가 모두 6두, E<sup>+</sup>e는 모두 9두로 E<sup>+</sup>e가 많았는데(Fig 3), 이 결과는 이 등(2002)이 15두의 최소와 진 등(2011)이 11두의 최소에서 E<sup>+</sup>e가 E<sup>+</sup>E<sup>+</sup>보다 많았다고 보고한 결과와 유사하다.

MC1R 유전자형이 분석된 씨수소들로부터 태어난 자손들

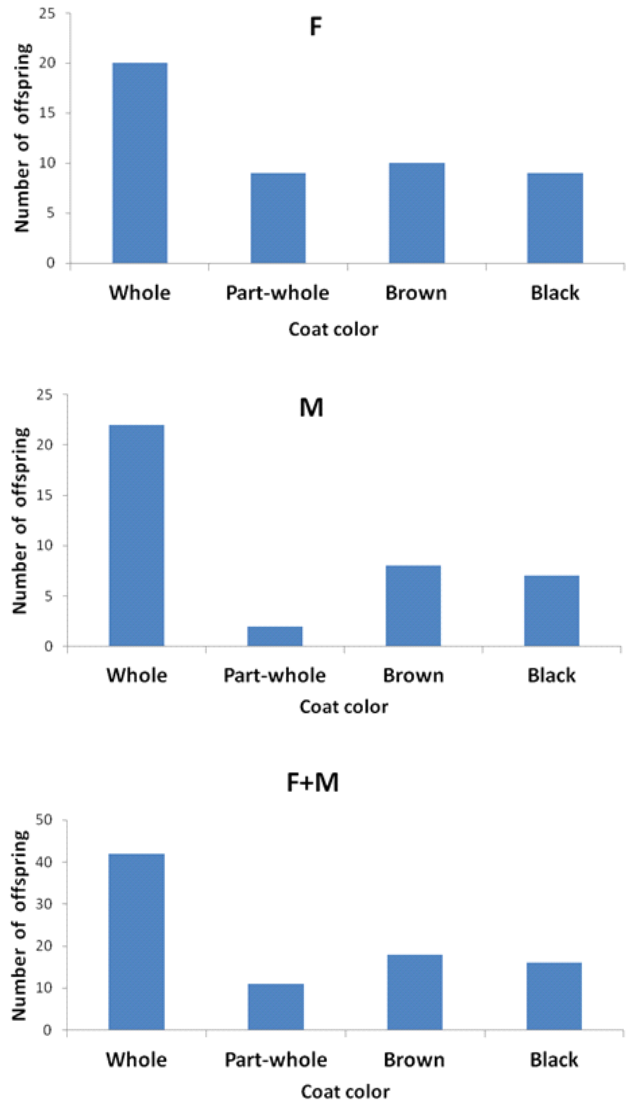


Fig. 4. Coat colors of female (top), male (middle), and both female and male combined (bottom) offspring of the sires of Korean brindle cattle from 2011 to 2013. F = female, M = male. Whole : more than 50% of the whole body and part-whole: 10~50 % of the whole body.

의 모색을 비교하면, 전신호반모의 비율이 강원은 50%, 전북은 42.3%, 충북은 51.2%로 전신호반모의 발현 비율이 다른 모색에 비하여 가장 높았다(Table 1). 전신호반모 다음 두 번째로 비율이 높은 모색은 강원에서는 황모가 44.4%였고, 전북에서는 황모가 26.9%, 충북에서는 흑모가 25.6%였다. 강원에서는 황모가 다른 도에 비하여 높은 반면, 흑모는 발현되지 않았고, 충북에서는 흑모의 비율이 다른 도에 비하여 높은 반면, 황모의 비율이 7.0%로 낮은 경향을 보였다. 따라서 각 도별 최소들의 모색 발현의 차이를 고려하여 각 도의 축산연구기관

이 보유하고 있는 동결 정액이나 수정란 또는 씨수소나 씨암소 등 유전자원을 교류하는 것이 호반 모색의 발현을 증가시키고, 다른 모색을 감소시킬 수 있는 방법 중의 하나로 사료된다.

본 연구에서는 최소 씨수소들과 교배한 최소 씨암소들과 이들로부터 출생한 자손들은 *MCIR* 유전자형의 분석을 실시하지 않았는데, 교배된 씨암소들과 황모로 태어난 자손들의 유전자형을 분석할 필요성이 있다. 황모색을 가진 자손들은 부모가  $E^+e$  유전자형을 가진 경우에 자손들이  $ee$  유전자형을 가지고 태어나 유전자형과 상응하는 황모를 가질 가능성이 있다(박 등, 2012). 그러나 최소 부모로부터 태어난 황모색을 가진 자손들의 일부는  $E^+e$  유전자형을 가질 가능성이 제기되었기 때문에, 이들의 유전자형을 확인할 필요가 있다. 최근에 수행된 연구들에 따르면, 한우는 주로 황모색과  $ee$ 의 *MCIR* 유전자형을 갖지만, 한우에서도 약 5%는  $E^+e$  유전자형을 가지며(진 등, 2011), 한우들에서 일부(0.086)는  $E^+e$  유전자형을 가지며 황모를 발현한다고 보고되었기 때문이다(Han 등, 2011). Chinese Luxi Yellow 품종에서도 *MCIR*  $E^+$  allele의 발현 빈도가 0.05였다(Gan 등, 2007). 갈모화우에서는 15두를 조사하여 모두 *MCIR*  $ee$  유전자형을 갖는다는 보고도 있었지만(이 등, 2002), 대부분이(145두 중 135두)  $E^+E^+$  유전자형을 갖는다(Sasazaki 등, 2005). 박 등(2012)은 최소 씨수소와 최소 씨암소 사이에서 태어난 24두의 자손들 중에서 7두가 황모색을 가진 자손들이었고, 그 유전자형들은  $E^+E^+$ 가 1두,  $E^+e$ 가 5두, 그리고  $ee$ 가 1두라고 보고하였다. 최소에서 *MCIR* 유전자형만으로 설명하기 어려운 모색 발현의 경우에는 *MCIR* 이외에 *Aguti* 유전자좌에 위치한 *ASIP* 유전자(Barsh, 1996) 및 다른 모색 관련 유전자들의 유전자형과 유전자의 발현을 조사하는 것도 필요하다. 그러나 Han 등(2011)은 한우와 제주흑우에서, 그리고 도 등(2007)은 한우에서 각각 *ASIP* 유전자형은 이들 품종의 모색의 변이에 주된 역할을 수행하지 않는다고 보고하였다. 최소에서는 *ASIP* 유전자의 유전자형에 따른 모색의 변이가 아직 보고되지 않았다. Schmutz 등(2013)이 연구한 *premelanosomal protein (PMEL)* 유전자와 Brenig 등(2013)이 연구한 *KIT* 유전자 등도 최소에서 보고되지 않은 연구 대상 유전자들 중의 하나이다. *MCIR* 유전자형이 밝혀진 최소 부모로부터 황모색으로 태어난 자손들이  $E^+e$  유전자형을 갖는다면, 모색의 유전을 밝히는 데(특히 *MCIR* 유전자 이외의 다른 유전자들과의 관련을 연구하는데 있어서), 필요한 공시 재료로써 연구할 가치가 있다고 판단된다.

이 연구에 포함된 최소 부모로부터 태어난 자손들의 암수 비율과 모색을 비교해 보면(Fig. 4), 전신호반모는 암컷이 20두(41.7%), 수컷은 22두(51.3%)로 수컷에서 전신호반모의 비율이 10% 정도 높은 경향을 보였다. 부분(일부)호반모는 암컷이

9두, 수컷이 2두로 암컷의 비율이 월등하게 높았다. 황모는 암컷이 9두, 수컷이 8두로 큰 차이가 없었고, 흑모는 암컷이 9두, 수컷이 7두로 큰 차이가 없었다. 본 연구에서 전신호반모의 비율은 수컷이 암컷보다 10% 정도 높았는데, 이 결과는 수정란 이식에 의해 생산된 최소에서 호반모의 비율은 수컷이 암컷보다 약 11% 더 높았다는 이 등(2011)의 결과와 유사하다. 부분(일부)호반모를 가진 암컷이 수컷보다 비율이 더 높은 결과에 대한 원인은 더 연구할 필요가 있다.

본 연구는 강원, 전북, 충북의 각 축산연구기관에서 관리 중인 최소 씨수소들의 *MCIR* 유전자형을 분석하였고, 이 씨수소들에서 태어난 자손의 모색 발현에 관한 영향을 분석하였다. 이 연구 결과를 토대로 씨암소의 모색과 *MCIR* 유전자형, 그리고 자손들의 모색과 *MCIR* 유전자형에 대한 연구가 필요하다고 판단된다. 또한 가계도의 구성을 통하여 다음 세대에서 모색의 유전에 관여하는 *MCIR*과 다른 유전자(들)을 확인하는 연구가 계속되면, 최소의 고유 모색인 호반모를 가진 송아지의 생산 비율을 증가시키는 번식 체계를 확립하는데 기여할 수 있을 것으로 사료된다.

## 결 론

이 연구는 최소 씨수소들의 *MCIR* 유전자형에 따른 자손의 모색 발현에 관한 영향을 분석하고, 그 결과를 차후에 적용하여 최소의 고유 모색인 호반모를 가진 송아지의 생산 비율을 증가시키기 위한 목적으로 수행하였다. 강원도 축산기술연구센터, 전라북도 축산위생연구소 축산시험장, 충청북도 축산위생연구소에서 관리하고 있는 최소 씨수소 중에서 *MCIR* 유전자형이 밝혀지고, 2011 또는 2012년부터 2013년도까지 자손들을 생산한 15두의 최소 씨수소들의 *MCIR* 유전자형은  $E^+E^+$ 가 모두 6두,  $E^+e$ 는 모두 9두로 두 가지 유전자형이 존재하였다. 이 씨수소들의 모색은 모두 전신호반모였다. 이 기간 동안 세 축산연구기관에서 *MCIR* 유전자형이 밝혀진 최소 씨수소들과 최소 씨암소들을 교배하여 생산되고, 본 연구에 포함된 총 90두의 자손들 중 암컷은 50두(55.6%), 수컷은 40두(44.4%)였다. 생산된 자손들의 모색은 전신호반모가 42두(48.3%), 부분(일부)호반모가 11두(12.6%), 황모가 18두(20.7%), 그리고 흑모가 16두(18.4%)로, 전신 호반모의 발현 비율이 가장 높았다. 전신호반모를 가진 자손들에서 암수의 성별을 비교하면, 암컷은 전신 호반모가 20두(41.7%), 수컷은 전신호반모가 22두(51.3%)로, 수컷에서 전신호반모의 비율이 10% 정도 높은 경향을 보였다. 이 연구 결과를 토대로 씨암소의 모색과 유전자형, 그리고 자손들의 모색과 *MCIR* 유전자형에 대한 연구가 필요하다고 판단된다. 또한 가계도의 구성을 통하여 다음 세대에서 모색의 유전에 관여하는 *MCIR*과 다른 유전자(들)

을 확인하는 연구를 계속하면, 최소의 고유 모색인 호반모를 가진 송아지 생산 비율을 증가시키는 번식 체계를 확립하는데 기여할 수 있을 것으로 사료된다.

### 참 고 문 헌

- Barsh GS. 1996. The genetics of pigmentation: From fancy genes to complex traits. *Trends Genet.* 12(8): 299-305.
- Berryers TG, Schmutz SM, Schimpf RJ, Cowan CM and Potter J. 2003. TYRP1 is associated with dun coat colour in Dexter Cattle or how now brown cow? *Anim. Genet.* 34: 169-175.
- Brenig B, Beck J, Floren C, Bornemann-Kolatzki K, Wiedemann I, Hennecke S, Swalve H and Schütz E. 2013. Molecular genetics of coat colour variations in White Galloway and White Park cattle. *Anim. Genet.* 44(4):450-3.
- Cone RD, Lu D, Koppula S, Vage DI, Klungland K, Boston B, Chen W, Orth DN, Pouton C and Kesterson RA. 1996. The melanocortin receptors : agonists, antagonists, and the hormonal control of pigmentation. *Recent Prog. Horm. Res.* 51: 287-317.
- Gan HY, Li JB, Wang HM, Gao YD, Liu WH, Li JP and Zhong JF. 2007. Allele frequencies of TYR and MC1R in Chinese native cattle. *Anim. Sci. J.* 78: 484-488.
- Han SH, Cho IC, Kim JH, Ko MS, Kim YH, Kim EY, Park SP, and Lee SS. 2011. Coat color patterns and genotypes of extension and Agouti in Hanwoo and Jeju Black cattle. *J. Life Sci.* 494-501.
- Klungland H, Vage DI, 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.
- Rouzaud F, Martin J, Gallet PF, 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 SM and Dreger DL. 2013. Interaction of MC1R and PMEL alleles on solid coat colors in Highland cattle. *Anim. Genet.* 44(1): 9-13.
- Seo KS, Mohanty TR, Choi T and Hwang IH. 2007. Biology of epidermal and hair pigmentation in cattle: a minireview. *Vet. Dermatol.* 18: 392-400.
- Vage DI, Klungland H, Lu D and Cone RD. 1999. Molecular and pharmacological characterization of dominant black coat color in sheep. *Mamm. Genome* 10: 39-43.
- 김상환, 정경섭, 이호준, 백준석, 정덕원, 김대은, 윤종택. 2013. 최소의 *MC1R*의 유전자형에 따른 교배 조합이 자손의 모색과 유전자형 변이에 미치는 영향. *J. Emb. Trans.* 28(3): 215-222.
- 김태현, 윤두학, 박응우, 이해영, 오성중, 정일정, 탁태영, 김경남, 한재용. 2000. 소 품종별 *melanocortin receptor 1(MC1R)* 유전자의 유전자형 빈도에 관한 연구. *J. Anim. Sci. & Technol.* 42(6): 735-744.
- 도경탁, 신희영, 이종혁, 김내수, 박응우, 윤두학, 김관석. 2007. 한우에서 모색 관련 유전자 변이에 관한 연구. *J. Anim. Sci. & Technol.* 49(6): 711-718.
- 박재희, 이해이, 김용수, 김종국. 2012. MC1R 유전자형의 유전자형과 최소의 모색 발현 및 비경색 분포에 관한 연구. *J. Anim. Sci. & Technol.* 54(4): 255-265.
- 이성수, 양영훈, 강승률, 오운용, 양보석, 고서봉, 오성중, 김규일. 2000. 한우, 제주재래흑우, 흑모화우와 갈모화우에서의 MSH receptor(*MC1R*) 유전자의 유전자형 및 빈도비교. *J. Anim. Sci. & Technol.* 42(3): 253-260.
- 이성수, 양보석, 양영훈, 강승률, 고서봉, 정친관, 오운용, 오성중, 김규일. 2002. 최소와 비경 흑색 한우의 melanocortin receptor 1(*MC1R*) 유전자형 분석. *J. Anim. Sci. & Technol.* 44(1): 23-30.
- 이승미, 이우원, 이강록, 이동수. 2009. PCR-RFLP 법과 allele-specific PCR법을 이용한 한우고기 판별연구. *The annual report of Busan Metropolitan City Institute of Health & Environment* 19(1): 88-93.
- 이호준, 김상환, 이경택, 윤종택. 2011. 수정란 이식에 의해 생산된 최소의 모색발현. *J. Life Sci.* 15(4):325-329.
- 정의룡, 김우태, 김연수, 한상기. 2000. 소 모색관련 유전자 *MC1R*의 PCR-RFLP Marker를 이용한 한우육 판별. *J. Anim. Sci. & Technol.* 42(4): 379-390.
- 진실, 심정미, 서동원, 정우영, 류승희, 김진호, 이준현. 2011. 한우 후보씨수소 및 최소와 흑소에서 *MC1R* 유전자의 유전자형 분석. *CNU J. Agri. Sci.* 38(3):453-458.
- 한국종축개량협회. 2008. 한우기준공고(공고 2008-2호).