

발 간 등 록 번 호

11-1541000-000870-01

보안과제( ), 일반과제( ○ )

과제번호 306011-05-5-SB010

## 한우의 유전적 다양성 구명 및 계통조성에 관한 연구

Study on characteristic of genetic diversity and line  
breeding on Hanwoo

국립축산과학원

# 농 립 수 산 식 품 부

## 제 출 문

농림수산식품부 장관 귀하

이 보고서를 “한우의 유전적 다양성 구명 및 계통조성에 관한 연구” 과제의 보고서로 제출합니다.

2011 년 4 월 24 일

주관연구기관명 : 국립축산과학원

주관연구책임자 : 이 승 수

세부연구책임자 : 김 종 대

협동연구기관명 : 전북대학교

협동연구책임자 : 백 동 훈

협동연구기관명 : 농협 한우개량사업소

협동연구책임자 : 김 창 엽

위탁연구기관명 : 한국종축개량협회

협동연구책임자 : 이 종 현

# 요 약 문

## I. 제 목

한우의 유전적 다양성 구명 및 계통조성에 관한 연구

## II. 연구개발의 목적 및 필요성

- 한우의 외모 특성에 따른 유전적 다양성 검증 및 한우 품종의 유전적 분류기준 설정
- 희소 한우 품종(흑우, 칩소)에 대한 유전적 기준 정립에 의한 품종 및 계통 조성

## III. 연구개발 내용 및 범위

연구개발의 내용	연구범위
<ul style="list-style-type: none"> <li>■ 한우의 외모형태적 분류기준 설정</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- 이모색 및 흑비경 등 외모특성 정도에 따른 분류기준 설정 및 기준별 표본 채취 및 자료조사</li> <li>- 전국 희귀한우 사육실태조사 및 시료채취</li> </ul>
<ul style="list-style-type: none"> <li>■ 혈연관계 및 외모형태에 따른 유전자좌위별 특성 및 관련성 분석</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Microsatellite (MS) 선정 및 제작</li> <li>- MS 유전자형 결정 및 다양성 분석·평가</li> <li>- 집단의 유전적 고정도 파악</li> <li>- 외모형태와 유전자형과의 유전상관 추정 등</li> </ul>
<ul style="list-style-type: none"> <li>■ 계통수 작성 및 분자유전학적 분류기준 설정</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- 혈연관계에 따른 marker 별 특성 분석 및 농가별, 농가내 집단에 대한 계통수 작성</li> <li>- 조사축에 대한 Phylogenic tree 작성</li> </ul>
<ul style="list-style-type: none"> <li>■ 모색별 피부조직 색소세포 초대배양 특성구명</li> <li>■ 품종별 색소세포 분화 및 발달 관련 효소 발현 및 활성구명</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- biopsy방법에 의한 세포분리방법 설정</li> <li>- 세포의 성장 및 분화특성 구명</li> <li>- 품종별 세포의 색소침착정도 및 색소의 화학적 특성 구명</li> <li>- 색소침착에서 관련단백질 및 효소(TRP-1, TRP-2, MITF 등)의 특성 구명</li> </ul>
<ul style="list-style-type: none"> <li>■ 교배방법에 따른 흑비경우와 칩소, 흑소의 기초집단을 조성</li> <li>■ 희귀한우 외모특성에 대한 혈통 및 유전양태 조사</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- 비경색 집단 간 교배방법에 따른 비경색 발현 양태를 조사</li> <li>- 희귀한우 집단 간 교배를 통한 유전양태 조사</li> <li>- 수정란이식을 통한 전형매 개체를 생산하여 이용</li> <li>- 경제형질과의 연관성 분석</li> </ul>

#### IV. 연구개발결과

##### 1. 한우의 외모 특성별 유전적 다양성 구명 및 한우 품종에 대한 유전적 특성 정립

###### 가. 한우의 외모 특성별 유전적 다양성 및 유전양태 구명

본 연구는 한우의 이모색과 흑비경을 단계별로 구분한 개체들을 대상으로 정상외모 한우, 재래 한우품종 및 외래품종과 비교분석하여 다양한 Microsatellite marker를 이용한 대립유전자빈도, 집단 간 유전 분산분석, 유전적 거리 분석등의 계통유전학적 분석을 실시하여, 한우의 외모특성에 대한 유전적 기준을 마련하고자 실시하였다. 한우내 외모형태(이모색 및 흑비경 정도)에 따른 집단 간 분석은 한우 299두와 대조구로 홀스타인종 69두의 자료를 포함하여 22가지 Microsatellite 좌위에 대해 분석을 실시하였다. 두 가지 분석 모두 동일한 통계적 분석 방법을 이용하였는데 microsatellite loci별 특성분석, 분석 집단내 유전적 다양성 분석, 집단 간 유전적 거리 및 관계 파악 등의 분석을 실시하였다.

한우 외모특성에 따른 집단 간 유전적 관계분석 결과 유전자 다양성을 나타내는 기대이형접합율 및 PIC 값은 각각 0.446(ILST005)~0.865(TGLA227)와 0.331 (ILST005)~0.821(TGLA227)로 나타나 대립유전자 개수(ILST005(2)~TGLA112(20))와 마찬가지로 좌위간 편차가 심하게 나타났다. 각 microsatellite loci에 대한 F-통계량에서 집단내 근친정도를 나타내는  $F_{is}$  값이 평균적으로 0.026의 값을 보였으나, INRA035 좌위의  $F_{is}$ 가 0.536로 컸고, 집단별 microsatellite 좌위의  $F_{is}$  분석결과에서도 한우집단이 모두가 0.533(WT)~1.000(WS)의 범위를 보여 오랜 시간에 걸쳐 한우 집단에 고정된 좌위인 것을 확인 하였다. 이모색 구분과 흑비경에 따른 구분으로 형성한 집단의 기대이형접합율은  $0.689 \pm 0.023$ (Hol)~ $0.743 \pm 0.021$ (Bd)의 범위로 나타났다. 각 이모색과 흑비경단계에 따른 한우분류 집단 간 유전적 거리 분석에서  $D_S$ 와  $D_A$  유전거리 모두 한우 정상집단에 대해서는 백모 집단이 다른 집단에 비하여 유전적 거리가 가장 가까운 것으로 나타나났고, 홀스타인 집단이 먼 것으로 나타났다. 하지만, 모든 집단 조합별로  $F_{st}$  값을 분석한 결과 외모특성에 따른 한우집단 간에 유전적 거리에 대해서 어떠한 유의적인 차이도 존재하지 않았고, 이모색과 흑비경단계에 따른 한우 399두의 개체별  $D_A$  유전적 거리 행렬 및 PCA 분석에서도 한우내에 이모색이나 흑비경 집단이 별도 집단을 형성하지 않아 정상우 집단사이에 산재되어 분포하고 있음을 확인하여 한우집단에 나타나는 백모, 흑모 및 흑비경 자체는 한우내에 다양하게 존재하는 유전적 다양성의 일종임을 확인 하여, 한우의 종축선발이나 개체등록에 대한 기준완화가 필요할 것이며, 이로 인한 경제적 손실을 최소화 할 수 있을 것으로 예상된다.

###### 나. 한우 품종에 대한 유전적 Marker를 이용한 특성 정립 및 계통학적 기준 설정

본 연구는 한우를 비롯한 국내 재래 소품종 및 탑품종을 대상으로 다양한 microsatellite

marker를 이용한 대립유전자빈도, 집단 간 유전 분산분석, 유전적 거리 분석등의 계통유전학적 분석을 실시하여 국내 한우 및 희소품종의 유전적 위치를 파악하고자 실시하였다. 국내 재래 소품종간 유전적 관계분석은 한우 262두, 호반우 92두, 흑우 34두, 제주흑우 83두 및 홀스타인종 69두의 15가지 microsatellite loci에 대해 분석을 실시하였다. 통계적 분석 방법은 microsatellite loci별 특성분석, 분석 집단내 유전적 다양성 분석, 집단 간 유전적 거리 및 관계 파악 등의 분석을 실시하였다.

국내 재래 소품종(한우, 호반우, 흑우 및 제주흑우)간 유전적 관계는 각 microsatellite 좌위에 대한 기대이형접합도와 PIC 값은 각각 0.484(INRA035) ~ 0.820(TGLA227)와 0.41(INRA035) ~ 0.795(TGLA227)의 범위로 나타났다. 각 microsatellite loci에 대한 F-통계량 분석결과  $F_{is}$ 가 INRA035에서 0.613으로 가장 높았고, 품종별 차이를 나타내는  $F_{st}$  값은 모든 좌위가 품종에 따라 고도의 유의적 차이를 가지는 것으로 나타났다( $p < 0.001$ ). 국내 재래 소품종간 유전적인 관계분석에서  $D_S$ 와  $D_A$  유전거리 모두 호반우와 내륙흑우 품종과의 거리가 0.0361±0.0128 및 0.5228±0.1318로 나타나 유전적 거리가 가장 가까운 것으로 나타났고, 개체별  $D_A$  유전거리를 이용한 NJ tree 분석결과에서도 한우, 호반우 및 흑우가 서로 혼재되어 나타나 유전적으로 상당히 가까운 집단임을 확인 하였지만, 집단 간  $F_{st}$  분석 및 PCA 분석결과 집단 간에 유전적으로 유의적인 차이( $p < 0.001$ )를 가지는 것으로 나타나 각 품종의 고유한 유전적 특징이 남아 있는 것을 확인 하였다. 홀스타인과 국내 재래 소품종과의 거리가 제주흑우에 비하여 내륙 재래소품종이 가까운 점 및 품종별 microsatellite 좌위에 대한  $F_{is}$  분석 결과 내륙의 품종에서 0.733으로 상당히 고정적으로 나타나는 INRA035 좌위에 대해 0.26의 낮은  $F_{is}$  값을 보여 제주흑우는 국내 재래소품종임에도 불구하고 섬지역이라는 환경을 가지고 이뤄진 품종임을 확인 하였고, 내륙 재래소품종의 이동경로와는 다른 경로를 통하여 제주도에 정착했을 것이라는 결론을 얻었다. 하지만, 한우와 제주흑우를 제외한 호반우와 흑우는 모두 품종으로서의 유전적 가치를 인정받음에도 불구하고 국내 사육되고 있는 두수가 많지 않아 멸종위기에 처해있고, 각 품종으로서 등록기준이 마련되어 있지 않아 별도의 등록기준을 설정하여 국내 품종으로서 유전적 특성을 지키기 위한 관리가 이뤄져야 할 것이다.

### 3. 한우 품종별 모색발현 연관 단백질 특성연구

#### 가. 한우품종별 모 색소 화학적 특성구명

품종별 모색 특성 및 모색관련 색소발현 연구 분석을 위해 흡광도 법을 이용한 모색별 전체 melanin 함량의 정량적 분석과 유전학적 연구를 위한 PCR 분석법을 통하여 우리나라 재래소 품종 (황우, 칩소, 흑소)들과 외국에서 도입된 소품종 (앵거스)을 비교 분석하였다. 총 멜라닌 함량은 앵거스에서 가장 높았고, 황색 한우에서 가장 낮았다( $p < 0.05$ ). 검정색의 모색일 지라도 앵거스가 한우보다 유의

적( $p < 0.05$ )으로 높은 멜라닌 함량을 보였고, 한우 흑소(검정 모색)와 칩소(혼합모색)에서는 유의적인 차이가 나타나지 않았다. Eumelanin 함량은 앵거스에서 유의적( $p < 0.05$ )으로 높은 수치를 나타냈고 한우 흑소가 그 뒤를 이었다( $p < 0.05$ ). 한편 한우 황색소와 칩소 간에는 수치적으로는 한우 칩소에서 높은 값을 보였으나, 통계적인 유의성은 검정되지 않았다( $p > 0.05$ ). 붉은 노란색을 발현하는 pheomelanin은 앵거스에서 가장 높았고( $p < 0.05$ ) 한우 검정소와 황색에서 가장 낮았으나, 이 결과는 해석하기 어려웠다.

이 연구에서 5개의 gene에서, 오직 TYRP1 (exon 5) 과 MC1R에서만 편차가 관찰되었다. 그 서열은 효소 분석에서 차례차례 품종과 모색타입을 구별할 수 있도록 제한적으로 설계되었고 16개 효소가 이용한 결과 TYRP1(exon 5)은, N1aIII와 FatI 분해는 다른 품종들로부터 구별되는 칩소와 차이를 보였고 TspRI와 분해는 흑우와 다른 품종들로부터 구별되었고, BtsI은 흑우와 황우, 앵거스와 칩소로 분류되었다. Exon에서 관찰된 분해패턴은 아마도 프라임시프트 변형 또는 치환 때문일 것이라 사료된다. BfuAI는 칩소와 다른 품종과 구별되었다. 본 연구에서 실험들은 한우 표현형 앵거스와 구별할 수 있으며, 추후 더 많은 개체수와 다른 품종들이 수반된 연구가 생산유통이력(traceability) 또는 다양성 연구들을 위한 마커들의 유용성을 밝혀내기 위해 요구된다.

#### 나. 한우 품종별 색소세포 특성 및 발달분화 특성구명

한우 모색별 (황색, 검정색, 혼합색) 피부조직 색발현 색소세포 특성 구명 및 분화관련 효소활성 구명을 위해 각 품종별 비경으로부터 채취된 피부조직을 세포배양하여 흡광도 법을 이용한 전체 melanin 함량의 정량적 분석과 면역학적 분석법을 이용한 색소세포로부터 추출된 단백질 발현도를 분석하였다. 한우의 비경으로부터 취한 세포는 2% FBS를 포함한 배양액에서 7일과 14일 배양으로 fibroblast와 keratinocytes는 죽어가고 melanocytes만 선택적으로 성장하였다. 배양 14일째에 일반적인 피부 세포의 모양의 초기 세포에서 각자 높은 dendricity와 dendrites를 보이고 있으며, 배양에 따라 세포가 밀집되었을 때 성장하여 세포가 성숙, 높은 dendricity 그리고 약간의 melanin의 축적을 보였다. 과밀하여 성장할 때의 대부분 나뉜 세포들과 21일 동안 배양된 세포로 멜라닌 축적(검은 반점)과 멜라닌 독성으로 죽어가는 세포 모양이 관찰되었다. 총 멜라닌은 모든 처리 그룹에서 증가하는데 반하여 eumelanin의 cystein 처리에서는 흑우와 칩소에서는 감소하였고 한우에서는 약간 증가하였다.  $\alpha$ -MSH와 NO 모두 한우에서 증가하였으나 다른 표현형에서는 A650/A500 nm의 값이 모든 표현형에서 eumelanogenesis으로 변화를 시사하는 음의 영향이 나타났다. NO는 모든 세포에서 멜라닌 형성을 증가시키는 것으로 나타났으며 L-cystein은 혼합된 결과가 나타났으나 명확한 결과를 도출할 수 없었다. 색소의 전환은 알려진 물질의 사용에 의해 가능하며 eumelanin 함량은 NO 처리와 함께 더 증가하였다.  $\alpha$ -MSH와

L-cysteine의 처리는 명확한 결론을 내리는데 부족하여 더 많은 연구가 요구된다. semi-qualitative RT-PCR에 의해 Tyr, MC1R, Tyrp 1 Tyrp 2의 수준에서 멜라닌과 같은 색소 축적을 전환 유도의 영향으로 이러한 유전자 수준의 표현을 식별한 결과 Tyrp 1은 nitric oxide와  $\alpha$ -MSH 처리구의 한우에 대단한 감소된 반면 L-cystein 처리구는 모든 표현형의 Tyr, Tyrp 2 그리고 MC1R을 침체시켰다.

세포 배양 분포에서 죽은 세포를 추정하는데 유용한 도구인 공초점 현미경으로 관찰한 결과 죽은 세포는 대조구를 비교했을 때 모든 처리그룹에서 높게 나타났으며 죽은 세포의 수는 배양기간 동안 증가하였다. 결론적으로, 공초점 현미경에 의한 배양된 melanocyte의 색소 전환의 영향에 대해 연구한 결과 세포의 모든 처리들은 대조구와 비교하였을 때 더 유동성이었다. 세 가지 표현형의 품종을 면역학적 분석에 의해 단백질 발현정도를 알아본 결과 Tyrosinase, TYRP-1, 그리고 MC1R에서는 모든 표현형에서 발현이 되었으나 TYRP-2의 경우 흑우에서만 약하게 발현이 되었다. 이는 TYR, MC1R 그리고 TYRP1 단백질 발현은 색소 멜라닌의 eumelanin 구성과 관련이 있다고 사료된다.

#### 다. 한우 품종별 모색발현 연관 단백질 특성연구

한우 모색별 (황색, 검정색, 혼합색) 피부조직 색발현 연관 단백질 특성연구를 위하여 각 품종별 비경으로부터 추출 배양된 세포를 배양하여 2차원적 단백질분리법과 MALDI-TOF 또는 LC-MS-MS에 의해 분석하였다. 12.5% SDS-PAGE의해 품종에 따른 피부조직 색소 세포로부터 추출된 단백질을 분리양상을 관찰할 수 있었고 세부적인 단백질 발현 특성 연구를 위해 실시한 2차원적 전기영동 분석결과 한우의 경우 흑우나 칙소보다 많은 단백질 spot들이 발현되었고 이를 한우를 기준으로 흑우와 칙소의 match정도를 분석한 결과 두 품종 모두 62%로 같은 match 정도를 나타내었다. 발현 단백질의 정량적 분석에 의한 품종별 차이는 10-21개 정도의 spot들이 차이를 나타내었으나 정성적 분석에서는 한우와 흑우 또는 칙소와의 분석에서 100여개가 넘는 단백질이 한우에서만 발현이 되었으며 흑우 또는 칙소의 비교 분석 결과 45-80 여개의 단백질 발현에 차이를 나타내었다. 양적, 질적인 관점에서 분석을 수행하여 선발된 spots의 MALDI-TOF 또는 LC-MS-MS에 의해 동정된 단백질들에 대한 결과이다. 품종 간 차이를 나타낸 단백질들 중 총 19개의 단백질이 유의적으로 영향을 받은 것으로 나타났다. 한우와 흑우 색소세포를 비교한 결과 1개(Homo sapiens p20 protein)의 단백질이 한우에 비해 흑우의 색소세포에서 발현이 낮았다. 3개의 단백질(alpha-tubulin, MTHSP75 포함)은 한우와 비교에서 칙소의 색소 세포 단백질의 발현이 유의적으로 낮게 나타났다. 흑우와 칙소의 비교한 결과 4개의 단백질(similar to Apolipoprotein A-I precursor, galactokinase, heatshockprotein65)이 농도가 높거나 낮았고, 6개의 단백질(cofilin2, phospholipase C-alpha, carbonic anhydrase III 포함)은 한우에는 존재

하지만 흑우에는 존재하지 않았다. 한편 한우에는 존재하나 칩소에는 존재하지 않는 3개의 단백질(beta tubulin, MTHSP75)과 흑우에는 존재하지만 칩소에는 존재하지 않는 5개의 단백질(MTHSP75, Pdhb protein, mutantbeta-actin,alpha-tubulin)이 동정되었다. 5개의 시료(phosphoglycerate kinase,Alpha-aminoadipic semialdehyde dehydrogenase, Parkinsondiseaseprotein7, triosephosphateisomerase, similar to phosphoglycerate kinase 1 isoform 9 [Canis familiaris])는 칩소에는 존재하나 흑우에는 존재하지 않았다. 그 중 spot No. 3711, 3810, 4722는 동일 단백질로 밝혀졌다.

#### 4. 희귀한우 외모특성 고정 및 계통조성

본 연구수행을 통하여 희귀한우(칩소, 흑우)의 기초집단과 능력검정을 실시하였으며, 이모 및 비경발현우에 대하여 능력검정을 실시하였다. 희귀한우의 기초집단 조성결과 충북도에서는 총 355두를 조성하였으며, 칩소에 대해서는 농가와 도 연구소에서 각각 148두, 101두를 확보하였고, 흑우에 대하여 농가와 도 연구소에서 각각 52두, 54두를 조성하였다. 강원도에서는 칩소에 대하여 122두를 조성하였으며, 울릉군에서는 칩소에 대하여 농가 674두, 군자체 보유축 62두로 총 736두를 조성하였다. 그리고, 한우의 이모 및 비경발현우 시험을 위한 기초집단으로는 이모발현우가 40두, 흑비, 중간비, 육색발현우가 각각 16두, 17두, 69두로 총 142두를 조성하여 연구에 활용하였다.

이모발현양상 조사를 위하여 칩소간 교배를 통한 조사결과 호반무늬가 있는 개체가 45.2%, 황색이 38.9%로 호반무늬 개체가 많이 출현하는 빈도를 보였으나, 황색비율도 전체비율에서 차지하는 비율이 높아 칩소에 대한 모색고정은 아직 더 많은 세대수를 거치면서 고정을 시킬 필요성이 존재하였다. 흑우간 교배에서는 흑색이 62.1%, 황색이 29.3%, 호반무늬가 8.6%로 흑우의 모색고정은 칩소보다 높은 결과를 보였다. 한우 이모발현우에 대한 결과에서는 흑모(반)과 황색을 교배한 결과 황색이 15.4%, 흑모가 1.9%로 나타났으며, 백모(반)과 황색간 교배에서는 정상이 50%, 백모가 7.7%로 나타났고, 흑모(반)간의 교배에서는 육색이 7.7%, 흑모(반)출현은 없었으며, 백모(반)간의 교배에서는 육색이 7.7%였고 백모(반) 출현이 없었다. 이모발현우에 대한 유전양상은 뚜렷한 결과를 보이지 않아 이모발현은 다른 더 많은 요인에 의하여 발현될 가능성이 많은 것으로 사료되어진다. 비경 발현우에 대한 교배에서는 흑비와 육색 발현우간의 교배에서 육색이 27.5%, 중간비가 5%였고, 중간비와 육색발현우간의 교배에서는 육색이 22.5%, 중간비가 7.5%로 비경에 대한 유전양태 역시 당대의 어미, 아버의 영향보다는 다른 혈통적인 요인이나 환경적인 요인에 의하여 발생할 가능성이 높은 것으로 사료되어진다.

칩소와 흑우의 번식성적에 대한 조사결과 강원도의 칩소에 대하여 수정 103두, 분만 74두로



분만율이 71.8%를 보였고, 충북도의 칩소에서는 수정 264두, 분만 144두로 분만율이 54.6%로 나타났고, 흑소에서는 수정 137두, 분만 71두로 분만율이 51.8%를 보였다.

기초집단조성을 위한 수정란생산에서는 칩소에서 839개를 채란하여 유효수정란은 405개로 유효율이 48.3%였고, 흑우에서는 233개를 채란하여 그 중에서 유효수정란은 158개로 유효율이 67.8%를 보였다. 그리고, 수정란이식 실적에서는 칩소에서 163두에 대해서 이식하여 49두가 분만하였으며, 흑우에서는 25두에 이식하여 5두가 분만하여 각각 분만율이 30.1%와 20%로 다소 낮은 결과를 보였다.

칩소, 흑우의 능력검정 성적조사에서 칩소, 흑우, 한우에 대하여 생시체중은 각각 24.9kg, 22.7kg, 24.7kg이었으며, 90일령체중에서는 각각 80.7kg, 57.3kg, 80.9kg이었고, 6개월령 체중에서는 각각 144.7kg, 120.5kg, 157kg으로 나타났고, 12개월령 체중에서는 267.1kg, 130kg, 366.7kg으로 나타났다. 능력검정 성적에서는 한우에 대하여 다소 높은 경향치를 보였다.

칩소, 흑우의 도체성적조사 결과 칩소의 출하개월령은 36.5개월령으로 근내지방도에서 3.9를 보였고, 흑우의 출하개월령은 36.6개월령으로 근내지방도가 4.6으로 흑우에 대해서 더 높은 근내지방도를 보였다.

비경발현우에 대한 능력검정 조사에서 육색, 중간비, 흑비에 대하여 6개월령을 조사한 결과 각각 166.44kg, 160.1kg, 166.1kg로 나타났으며, 12개월령에서는 각각 347.5kg, 342.98kg, 350.85kg로 나타났고, 18개월령에서는 각각 495.22kg, 488.71kg, 489.1kg이었으며, 24개월령에서는 649.1kg, 644.39kg, 640.78kg으로 각 개월령에 대한 비경발현우별로 유의적인 차이를 보이지 않았다. 도체형질에 대한 조사에서는 도체중에서 각각 367.36kg, 366.95kg, 362.67kg이었으며, 등심단면적에서 각각 80.81cm<sup>2</sup>, 79.26cm<sup>2</sup>, 79.3cm<sup>2</sup>으로 나타났고, 근내지방도에서는 각각 3.21, 3.06, 2.37로 육색과 흑비경에서 유의적인 차이를 보였으나 다른 형질에 대해서는 유의적인 차이를 보이지 않았다.

이모발현우에 대한 능력검정 조사에서 황색, 백모(반), 흑모(반)에 대하여 6개월령 체중에서는 각각 164.39kg, 167.22kg, 164.74kg로 나타났고, 12개월령 체중에서 각각 345.86kg, 348.77kg, 344.91kg이었으며, 18개월령 체중에서 각각 488.26kg, 494.33kg, 492.64kg으로 측정되었고, 24개월령 체중에서 각각 637.88kg, 650.51kg, 641.53kg으로 황색과 백모에서 유의적으로 백모(반)이 높게 나타났으나 다른 형질에서는 유의적인 차이를 보이지 않았다. 도체형질 조사에서는 도체중에서 각각 360.33kg, 367.64kg, 364.92kg으로 나타났고, 등심단면적에서 79.39cm<sup>2</sup>, 80.53cm<sup>2</sup>, 81.09cm<sup>2</sup>로 황색과 흑모(반)에서 흑모(반)에서 유의적으로 높게 나타났으며, 근내지방도에서는 각각 3.08, 3.13, 3.11로 나타났다. 이모 및 흑비발현우에 대한 능력검정에서 발현우와 비발현우간에 큰 차이를 보이지 않아 종축용 혈통등록이나 씨수소 선발시 발현우에 대한 고려가 있어야 될 것으로 사료된다.

V. 연구성과 및 성과활용 계획

가. 논문게재 성과

게재 연도	논문명	저자			학술지명	Vol. (No.)	국내외 구분	SCI 구분
		주저자	교신저자	공동저자				
2007	Biology of Epidermal and Hair Pigmentation in Cattle: A Mini-Review.	서강석	황인호	T.R. MOHANT Y, 최태정	Veterinary Dermatology	18:392-400.	국외	SCI
2008	Molecular variation in pigmentation genes contributing to coat color in native Korean Hanwoo cattle	T.R. Mohanty	황인호	서강석, 박경미, 최태정, 최호성, 백동훈	Animal Genetics	39(5):550-553	국외	SCI
2012	Melanogenesis in cultured melanocytes of differently colored Hanwoo muzzle is substantially influenced by $\alpha$ -MSH, Nitric oxide and L-cysteine	Amna, Tousee	Hwang, Inho	Park, Kyoung; Cho, In-Kyung; Choi, Tae Jeong; Lee, Seung Soo; Seo, Kang-Seok	Veterinary Dermatology	교신증	국외	SCI

나. 유전자 등록(NCBI)

EU169231, EU169232, EU169233, EU169234, EU169235, EU169236, EU169237, EU169238

다. 농림수산식품부 축산정책과의 ‘중축산업활성화 대책’ 중 ‘중축등록 체계개선 및 재래가축 관리체계’에 반영

(1) 현황 및 문제점

□ 중축관리제도

- 관리대상가축 : 한우, 젓소, 돼지, 오리, 토끼, 양 등록제도 운영
- 관리기관 : 중축등록기관(한국중축개량협회)
- 중축으로 등록되지 않은 가축에 대해서 등록관리 중
  - 한우 예비등록, 한우관별사업, 제주흑우등록 등으로 관리중
  - \* 재래돼지에 대해서는 등록기준 마련, 등록중

□ 재래가축 관리체계 현황

- 제주흑우 : 등록기관 관리규정, 제주특별자치도 조례로 관리(제주 축산진흥원)
- 칩소, 흑우 : 중축등록제도 없음 (외모심사규정 등 전무)
- 재래닭, 토종오리 : 중축등록제도 없음 (전세계 어디도 없음)
  - 개체식별을 통한 혈통관리 등이 물리적으로 불가
- 가축유전자원 관리(유자시) : 가축유전자원 관리기관 지정·운영
  - 대상축 : 한우(황우), 흑우, 칩소, 재래돼지, 재래닭, 흑염소

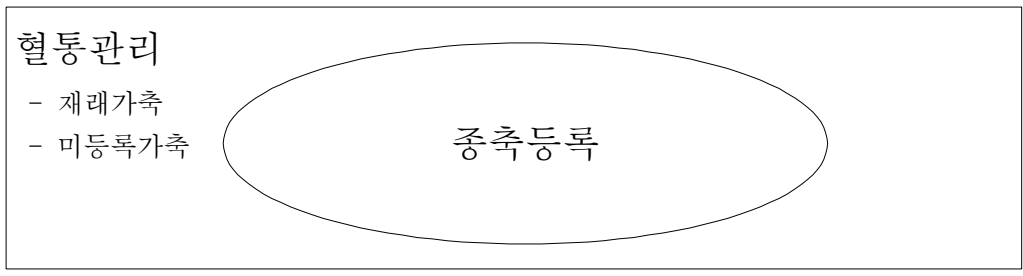
□ 문제점

- 혈통등록제
  - 혈통등록시 번식기록 등 자료수집, 전산입력 등 단계에서 오류발생 가능성 높음
  - 소의 경우 이력제와 혈통등록제간의 상호협력, 자료교환이 어려움
  - 외모심사 탈락시 현 등록제도 하에서는 혈통관리에 문제 발생(이모색, 흑비 등)
  - 소 인공수정시 정액번호 미확인, 돼지의 혼합정액 사용시, 수정란 생산시 혈통등록제도에서 관리 곤란
  - 중축등록제도가 순종위주로 운영되고 있어 합성종, 교잡종을 이용한 중축생산이나 산업화가 곤란
    - \* 일본은 화우와 젓소를 이용한 교잡우 시장형성, 육우산업에서는 잡종강세를 이용하기 위한 교잡우 생산 체계 적극 이용(미국, 캐나다, 호주 등)

(2) 추진전략

□ 기본방향 : 혈통등록과 유전자원 관리 구분

- 한우(황우), 젓소, 돼지(순종) : 기존 중축등록제도 보완운영
  - 친자감별제도 도입, 혈통관리와 중축등록 업무 분리 운영



○ 토종가축은 등록과 상관없이 개체의 혈통 및 이력관리를 통해 유전자원 관리체계 구축

가. 종축등록 개선 및 강화

- 종축등록증에서 가축의 능력표기 제외
  - 종축의 능력은 평가시기에 따라 변화하므로 그때그때 확인할 수 있는 제도 마련 필요
- 토착화 외래종을 국내 유전자원으로 인정받을 수 있도록 등록규정 개정.
  - 가축 등록시 개체명호에 외래어 사용으로 국내 육성·등록 품종에서 외래종 도입의 느낌이 나지 않도록 종축명호 부여
- 합성종 등에 대한 등록규정 신설
- 혼합정액 등을 위한 묶음정액 능력증명제도 도입
  - 정액병 등 용기에 혼합한 개체번호 명기하고 고유 병번호 부여

나. 토종가축 등 관리

- **취소, 흑우, 제주흑우 : 전수관리제도 도입**
  - 특정시기에 일제 전수조사를 통하여 기준을 통과하는 모든 개체를 “기초축”으로 인정하고, 그 이후 기초축에서 태어난 개체만을 취소와 흑우로 인정.
  - 전수조사시 의무적으로 DNA샘플을 채취하여 프로파일 D/B 구축. 친자감별/혈통추적 조사용 등으로 활용
  - 별도의 전수관리기관을 지정 및 운영(전산시스템 포함)

다. 제도개선

- 소및쇠고기생산이력제 법령 개정
  - 품종에서 취소, 흑우, 제주흑우를 추가
  - 이력제 정보의 활용범위 확대(혈통관리, 종축등록, 개량사업에 정보를 활용할 수 있도록 조치)
- 축산법 제6조 가축등록에서 취소 등의 전수관리기관에 등록된 개체도 종축으로 인정받을 수 있는 근거 마련
- 한우 등 재래유전자원의 DNA등 관리제도 수립
  - 유전체를 복제하여 공급하고 연구결과는 공여기관에 기탁하도록 하는 등의 관리규정 마련(한우 유전체 은행)

## SUMMARY

### I. Title

Study on characteristic of genetic diversity and line breeding on Hanwoo

### II. Objectives and needs of R&D

- Investigation of genetic diversity and establishment of genetic criteria by phenotypic characteristics in Hanwoo
- Line breeding on Hanwoo breeds (Korean black and Korean brindle) by genetic definition

### III. Strategy and scope of R&D

Strategy	Research scope
<ul style="list-style-type: none"> <li>■ Establishment of phenotypic characteristics and phylogenetic criteria for Hanwoo</li> <li>■ Construction of phylogenetic trees and Establishment of phylogenetic criteria</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Investigation of nose colored Hanwoo and odd coat color Hanwoo status and collecting samples</li> <li>- Investigation of rare Hanwoo breed status and collecting samples</li> <li>- Construction of phylogenetic trees by pedigree and makers in within and between animal groups</li> </ul>
<ul style="list-style-type: none"> <li>■ Analysis of locus characteristics and relationship by parentage and phenotypes</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Selection and production Microsatellite markers</li> <li>- Genotyping of MS markers and analysis of genetic diversity</li> <li>- Investigation of genetic fixation level by group</li> <li>- Estimation of genetic correlation between phenotype and genotype</li> </ul>
<ul style="list-style-type: none"> <li>■ Investigation of characteristics of skin tissue and pigment cell culture</li> <li>■ Investigation of differentiation and development of pigment cell by breeds</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Establishment of cell separation methodology using biopsy</li> <li>- Enlightenment of pigment cell development and differentiation</li> <li>- Enlightenment of pigment accumulation and chemical characteristics by breeds</li> <li>- Enlightenment of characteristics for protein and enzyme (TRP-1, TRP-2, MITF etc.) related pigment accumulation</li> </ul>

<ul style="list-style-type: none"> <li>■ Cnstruction of basic population for black nose color Hanwoo, Korean black and Korean brindle by mating</li> <li>■ Investigation of pedigree and genetic manner for phenotypes in rare Hanwoo breeds</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Investigation of nose color expression in nose colored Hanwoo group by mating</li> <li>- Investigation of genetic manner for phenotypes in rare Hanwoo breeds group by mating</li> <li>- Production of full-sib animals using embryo transfer</li> <li>- Relationship analysis with economic traits</li> </ul>
---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------

#### IV. Result

1. Research on proteome characteristics related coat color expression by Hanwoo breeds and Establishment of phenotypic characteristics and phylogenic criterion for Hanwoo using genetic markers

This study was conducted to establish the genetic criterion for phenotypic characteristics and reveal the genetic distance among Korean native cattle breeds through allele frequencies, genetic variance analysis using microsatellite markers. Analysis of genetic diversity of 299 Hanwoo classified by levels of nose darkness and coat color was carried out using 22 microsatellite markers, and genetic relationships among 262 Hanwoo, 92 Korean brindle, 34 Korean black, 83 Jeju black and 69 Holstein cattle breeds were analyzed by 15 microsatellite loci. In these studies, the same statistical methods were used to investigate the genetic variety, distance and relationship among groups in each microsatellite loci.

In the result of the analysis of genetic relationship among Hanwoo groups classified by coat colour and levels of nose darkness, gene diversity and polymorphism information content (PIC) value for each locus ranged 0.446(ILST005) ~0.865(TGLA227) and 0.33(1ILST005)~0.821(TGLA 227), respectively, which showed high variation among the loci. For the  $F_{is}$ -statistics per each microsatellite loci, the mean of  $F_{is}$  value was 0.026 which was indicator of inbreeding coefficient within individuals. INRA035 locus showed the highest  $F_{is}$  (0.536). Given that the  $F_{is}$  value in Hanwoo population of INRA035 ranged 0.533(WT)~1.000(WS), it was thought that the loci had been fixed in Hanwoo population. Expected heterozygosities of Hanwoo groups classified by coat colours and levels of nose darkness ranged  $0.689 \pm 0.023$  (Hol)~ $0.743 \pm 0.021$  (Bd). Normal Hanwoo and mixed white coat group showed the

closest relationship as the lowest  $D_S$  and  $D_A$  was observed between normal Hanwoo and mixed white coat group. But, pairwise differentiation test of  $F_{st}$  between populations showed no significant difference among the Hanwoo groups classified by coat colours and levels of nose darkness ( $p < 0.01$ ). Moreover, given results of neighbor-joining (NJ) tree by  $D_A$  genetic distance matrix within 399 Hanwoo individuals and principal component analysis (PCA), it confirmed that mixed coat colour and nose darkness groups were formed any specific groups studded with Hanwoo and they were kind of genetic and phenotypic varieties of Hanwoo. So, proven bull selection or animal registration of Hanwoo needs an easement policy, then minimization of financial loss might be expected.

In the result of genetic relationship among Korean native cattle breeds (Hanwoo, brindle, black and Jeju black), gene diversity and PIC value ranged 0.484 (INRA035)~0.820(TGLA227) and 0.41(INRA035)~0.795(TGLA227), respectively. For the F-statistics per each microsatellite loci, INRA035 locus showed the highest value of  $F_{is}$  (0.536) and  $F_{st}$  showed highly significant differences among populations ( $p < 0.001$ ). Korean brindle and Korean black cattle showed the closest relationship as the lowest  $D_S$  and  $D_A$  genetic distance between Korean brindle and black cattle were observed. Given the result of NJ tree using individual  $D_A$  genetic distance, Korean brindle and black cattle belong to Hanwoo population. So, it is confirmed that three Korean native cattle from inland are genetically very similar. But, Korean cattle breeds of inland still have particular genetic characteristics because Hanwoo, Korean brindle and Korean black showed highly significant differences ( $p < 0.001$ ) in the  $F_{st}$  pairwise test among breeds and PCA. Genetic distance between Holstein and Jeju black was shown to be closer than that among other Korean native cattle breeds. Moreover, Jeju black cattle showed the lowest  $F_{is}$  value (0.026) of INRA035 polymorphic loci in Korean native cattle breed (0.733). It is confirmed that Jeju black cattle settle down in Korea through different path with inland cattle in Korea although Jeju black cattle was Korean native cattle breed. According to this study, Korean brindle and black cattle were recognized to Korean native cattle breed, but endangered species. Consequently, for the endangered cattle breeds, continuous efforts such as establishment of registration standard and protection of their genetic characteristics should be needed.

## 2. Research on proteome characteristics related coat color expression by Hanwoo breeds

### 2-1. Biology of Epidermal and Hair Pigmentation in Cattle: A Mini-Review

Coat colours in cattle have been of interest to both breeders and researchers as genes regulating pigmentation not only affect the phenotype but also have economic implications in the event of genetic mutations. The genes controlling pigmentation act as a complex and interact with each other to cause phenotypic and genotypic variations. Pigmentation of coat broadly depends on the ratio of eumelanin and pheomelanin, the two components of melanin. Increase in eumelanin imparts a black coat colour while raise in pheomelanin is responsible for a yellowish or reddish colour. The main enzymes responsible for melanogenesis are regulated by the genes of the tyrosinase family. It is speculated that the wild-type gene present in the ancestral breeds of the present day cattle have more pheomelanin content and that, over time, mutations have introduced more variations leading to many shades. This could have occurred either because of interactions or because of deletions in the responsible genes. The environmental conditions have also contributed to mutations in these genes, helping in the adaptability of the animals to different geographical regions. The switching between the syntheses of melanin components depends on several genes like melanocortin-1receptor gene (MC1r) – also known as melanocyte-stimulating hormone receptor gene (MSHr)-, agouti (A), attractin (Atrn) and mahogunin (Mgrn1). The purpose of this review is to summarize the recent advances in the field of pigment biology and to highlight possible areas of research that may benefit a breeder or a farmer in the selection of animals on the basis of phenotype.

### 2-2. Molecular variation in pigmentation genes contributing to coat color in native Korean Hanwoo cattle

Pigmentation genes such as TYR (tyrosinase), TYRP1 (tyrosinase-related protein 1), DCT (previously TYRP2, or tyrosinase-related protein 2), ASIP (agouti) and MC1R (melanocortin receptor 1) play a major role in cattle coat colour. To understand the genotypic profile underlying coat colour in native Korean Hanwoo cattle and Angus



black cattle, portions of the above-mentioned genes were amplified. Sequence analysis revealed variation in the TYRP1 (exon 5) and MC1R genes. Restriction enzyme analysis of these two genes could distinguish between different colours of Hanwoo cattle. Quantitative estimates of melanin and eumelanin in hair from three different-coloured Hanwoo phenotypes and Angus black showed significant differences at the breed and phenotypic levels. Finally, sequence variants in MC1R were associated with total melanin and eumelanin in breeds as well as in Hanwoo phenotypes.

In this study brindle Korean cattle muscle satellite cells exhibit longer rapid growth stage than brown Hanwoo cattle muscle satellite cells that might be due to heterogeneity in the proliferation characteristics of satellite cells isolated from animals species (McFarland et al. 1991; Duclos et al. 1996). Our results indicated that troglitazone can be as an effectively activators in vitro trans-differentiate cattle muscle satellite cells to adipose-like cells. In our research, troglitazone not only increased the expression of adipogenic transcription factors in brindle Korean cattle muscle satellite cells and brown Hanwoo cattle muscle satellite cells, but also increased the expression of CAPN1 gene significantly in these two kinds of cells. Herein we hypothesized that CAPN1 gene is involved in the balance exists between myogenic and adipogenic differentiation programmes and that this balance could be altered in particular pathological conditions during the differentiation of satellite cells to adipocytes. However, molecular mechanisms of CAPN1 gene and adipocyte marker genes function throughout muscle satellite cell differentiation must be further elucidated.

### 3. Fixation of phenotypic traits and establishment of lines in rare Hanwoo breeds

The basic population was established and performance test have done in rare Hawoo breeds(Korean black and Korean brindle) and odd coat color Hanwoo and nose colored Hanwoo. In Chungbuk, 148 Korean brindle in farm and 101 in institute was collected, and 52 Korean black in farm and 54 in institute was collected. In Kangwon, 122 Korean brindle was collected. In Uleung, 674 Korean brindle in farm and 62 in institute was collected. As basic population for test, 40 odd coat color Hanwoo was established, and

16 black nose colored Hanwoo, 17 mid-black nose colored Hanwoo and 69 normal nose colored Hanwoo was established.

Through the designed mating of Korean brindle to investigate the add coat color expression, brindle pattern was 45.2%, brown coat color was 38.9%. The occurrence of brown coat meant that the fixation for brindle was needed. By mating within Korean blacks, the black and the brown was born in 62.1%, 29.3% and 8.6%, respectively. Mating between the black spot with the produced 15.4% brown and 1.9% black spot. Mating between the white spot with the produced 50% brown and 7.7% white spot. Mating within the black spot and within the black spot did not produce any spotted one. Mating between black nose Hanwoo with the normal produced 27.5% normal and 1.5% mid-black. Mating between black nose Hanwoo with the mid-black produced 22.5% normal and 7.5% mid-black. It was considered that the occurrence of nose color and add color spot was come from the environmental factor than the parental factor.

For the reproduction performance of Korean brindle and Korean black, rate of birth was 71.8%(74/103) in Kangwon brindle, 54.6%(144/264) in Chungbuk brindle, and 54.6%(71/137) in Chungbuk black.

To construct the foundation population, embryo of Korean brindle was produced and the acceptance rate was 48.3%(405/839) and effective embryo was 158(67.8%). The embryo transfer was done to 163 cattle and 49 calves was born(30.1%) in Korean brindle. In Korean black, the success rate was 20%(5/25).

The born weight were 4.9kg, 22.7kg and 24.7kg, 90day weight were 0.7kg, 57.3kg and 80.9kg 6 month weight were 144.7kg, 120.5kg and 157kg, and 12 month weight were 267.1kg, 130kg and 366.7kg in Korean brindle, Korean black and Hanwoo, respectively. The 6 month weight were 166.44kg, 160.1kg, and 166.1kg, and 12 month weight were 347.5kg, 342.98kg, and 350.85kg 18 month weight were 495.22kg, 488.71kg and 489.1kg, and 24 month weight were 649.1kg, 644.39kg and 640.78kg in normal nose color, black nose color and mid black nose color, respectively. Slaughtering age were average 36.5 and 36.6 month and the marbling score were 3.9 and 4.6, in Korean brindle and Korean black, respectively. Slaughtering weight were 367.36kg, 366.95kg and 362.67kg, and eye-oin muscle area were 80.81cm<sup>2</sup>, 79.26cm<sup>2</sup> and 79.3cm<sup>2</sup>, and the marbling score were 3.21, 3.06 and 2.37, in normal nose color, black nose color and mid black nose color, respectively.

V. Products and application plan

1.. Journal publish

Year	Title	Author			Journal	Vol. (No.)	SCI
		Main	Corres.	Coauthor			
2007	Biology of Epidermal and Hair Pigmentation in Cattle: A Mini-Review.	Seo, Kang-Seok	Hwang, Inho	T.R. Mohanty, Choi, Tae Jeong	Veterinary Dermatology	18:392-400.	SCI
2008	Molecular variation in pigmentation genes contributing to coat color in native Korean Hanwoo cattle	T.R. Mohanty	Hwang, Inho	Seo, Kang-Seok, Park, Kyoung-Mi, Choi, Tae Jeong, Choi Ho-Sung, Bak Dong-Hun	Animal Genetics	39(5):550-553	SCI
2012	Melanogenesis in cultured melanocytes of differently colored Hanwoo muzzle is substantially influenced by $\alpha$ -MSH, Nitric oxide and L-cysteine	Amna, Tousee	Hwang, Inho	Park, Kyoung-Mi; Cho, In-Kyung; Choi, Tae Jeong; Lee, Seung Soo; Seo, Kang-Seok	Veterinary Dermatology	coresponding	SCI

2. Gene registration (NCBI)

EU169231, EU169232, EU169233, EU169234, EU169235, EU169236, EU169237, EU169238

# CONTENTS

<b>Chapter 1. Overview of project</b> .....	1
Section 1. Objectives and scope of research .....	1
1. Overall objective of research .....	1
2. Reserch scope and methods .....	1
Section 2. Needs for research .....	3
1. Technological aspect .....	3
2. Economic and industrial aspect .....	4
Section 3. Current state of technology .....	5
1. Worldwide level .....	5
2. Domestic level .....	9
Section 4. Reference .....	11
<b>Chapter 2. Enlightenment of genetic diversity and pattern by           phenotype in Haneoo</b> .....	14
Section 1. Introduction .....	14
Section 2. Methods and materials .....	15
1. Overall methodology .....	15
2. Animals .....	15
3. DNA extraction and measuring concentration .....	17
4. Microsatellite marker selection and PCR amplification .....	18
5. Scoring allele genotype .....	22
6. Statistical analysis .....	22
Section 3. Result and discussion .....	28
1. Analysis of characteristics by microsatellite loci .....	28
2. Analysis of genetic diversity by breeds .....	39

3. Analysis of genetic distance and relation between breeds .....	44
4. Establishment of DB for sample and phenotype .....	56
Section 4. Summary .....	59
Section 5. Reference .....	60

**Chapter 3. Establishment of phenotypic characteristics and phylogenetic criteria for Hanwoo using genetic markers .....** 67

Section 1. Introduction .....	67
Section 2. Methods and materials .....	69
1. Animals .....	69
2. DNA analysis and statistical analysis .....	70
Section 3. Result and discussion .....	71
1. Analysis of characteristics by microsatellite loci .....	71
2. Analysis of genetic diversity by breeds .....	77
3. Analysis of genetic distance and relation between breeds .....	81
Section 4. Summary .....	92
Section 5. Reference .....	93

**Chapter 4. Research on proteome characteristics related coat color expression by Hanwoo breeds .....** 99

Section 1. Introduction .....	99
Section 2. Methods and materials .....	101
1. Enlightenment of chemical characteristics of coat color pigment by Hanwoo breeds .....	101
2. Enlightenment of pigment cell characteristics and developmental differentiation by Hanwoo breeds .....	106
3. Research on proteome characteristics related coat color expression by Hanwoo breeds .....	108

4. Detection of economic traits using muscle cell model by phenotypes .....	111
5. Effect on extension and differentiation of muscle satellite cell and and adipogenic accumulation of myotube by Troglitazone and PPAR $\gamma$ induction in of Korean brindele .....	114
Section 3. Result and discussion .....	117
1. Enlightenment of chemical charateristics of coat color pigment by Hanwoo breeds .....	
2. Enlightenment of pigment cell charateristics and developmental differentiation by Hanwoo breeds .....	123
3. Research on proteome characteristics related coat color expression by Hanwoo breeds .....	129
4. Detection of economic traits using muscle cell model by phenotypes .....	150
5. Effect on extension and differentiation of muscle satellite cell and and adipogenic accumulation of myotube by Troglitazone and PPAR $\gamma$ induction in of Korean brindele .....	160
Section 4. Summary .....	170
1. Enlightenment of chemical charateristics of coat color pigment by Hanwoo breeds .....	170
2. Enlightenment of pigment cell charateristics and developmental differentiation by Hanwoo breeds .....	170
3. Research on proteome characteristics related coat color expression by Hanwoo breeds .....	171
4. Detection of economic traits using muscle cell model by phenotypes .....	172
5. Effect on extension and differentiation of muscle satellite cell and and adipogenic accumulation of myotube by Troglitazone and PPAR $\gamma$ induction in of Korean brindele .....	173
Section 5. Reference .....	175

<b>Chapter 5. Fixation of phenotypic traits and establishment of lines in rare Hanwoo breeds</b> .....	180
Section 1. Introduction .....	180
1. Objective of research .....	180
2. Needs for research .....	180
3. Current state of technology .....	181
4. Strategy and content of Research .....	182
Section 2. Methods and materials .....	183
Section 3. Result and discussion .....	184
1. Fixation of phenotyp and establishment of lines in rare Hanwoo breeds ..	184
2. Investigation of phenotypes and genetic manner in hanwoo .....	191
3. Designed mating for Hanwoo, Korean Black, korean brindle and black nose colored .....	195
4. Economic traits testing for Hanwoo, Korean Black, korean brindle and black nose colored .....	201
Section 4. Summary .....	210
Section 5. Reference .....	211
<b>appendix</b> .....	212
1. Data of basic population formation of rare Hanwoo breeds .....	212
2. Data of basic population formation of odd coat colored and black nose colored .....	236
3. Investigation of phenotypic character by mating types in Korean Black, korean brindle .....	238
4. Investigation of phenotypic character by mating types in odd coat colored and black nose colored .....	256
5. Directory of performance test data in Korean Black, korean brindle .....	259
6. Directory of meat trait data in Korean Black, korean brindle .....	264

# 목 차

<b>제 1 장 연구개발과제의 개요</b> .....	1
제 1 절 연구개발의 목적과 범위 .....	1
1. 총괄 연구개발목표 .....	1
2. 연구범위 및 연구수행 방법 .....	1
제 2 절 연구개발의 필요성 .....	3
1. 기술적 측면 .....	3
2. 경제·산업적 측면 .....	4
제 3 절 연구개발대상 기술의 국내·외 현황 .....	5
1. 세계적 수준 .....	5
2. 국내 수준 .....	9
제 4 절 참고문헌 .....	11
<b>제 2 장 한우의 외모 특성별 유전적 다양성 및 유전양태 구명</b> .....	14
제 1 절 서론 .....	14
제 2 절 재료 및 방법 .....	15
1. 연구방법의 개요 .....	15
2. 공시재료 .....	15
3. DNA 추출 및 농도측정 .....	17
4. Microsatellite marker 선정 및 PCR 증폭 .....	18
5. 유전자형 크기 결정 .....	22
6. 통계적 분석방법 .....	22
제 3 절 연구결과 및 고찰 .....	28
1. Microsatellite loci별 특성분석 .....	28
2. 각 집단 유전적 다양성 분석 .....	39
3. 집단 간 유전적 거리 및 관계 분석 .....	44
4. 외모조사 개체에 대한 자료입력 DB 구축 .....	56
제 4 절 결과요약 .....	59
제 5 절 참고문헌 .....	60



**제 3 장 한우 품종에 대한 유전적 Marker를 이용한 특성 정립 및 계통학적 기준 설정** ..... 67

제 1 절 서론 ..... 67

제 2 절 재료 및 방법 ..... 69

    1. 공시재료 ..... 69

    2. DNA분석 및 통계적 분석 방법 ..... 70

제 3 절 연구결과 및 고찰 ..... 71

    1. Microsatellite loci별 특성분석 ..... 71

    2. 각 품종의 유전적 다양성 분석 ..... 77

    3. 품종 간 유전적 거리 및 관계 분석 ..... 81

제 4 절 결과요약 ..... 92

제 5 절 참고문헌 ..... 93

**제 4 장 한우 품종별 모색발현 연관 단백질 특성연구** ..... 99

제 1 절 서론 ..... 99

제 2 절 재료 및 방법 ..... 101

    1. 한우품종별 모 색소 화학적 특성구명 ..... 101

    2. 한우품종별 색소세포특성 및 발달분화 특성구명 ..... 106

    3. 한우 품종별 모색발현 연관 단백질 특성연구 ..... 108

    4. 근육세포모형을 통한 외모형태별 경제형질 탐색 ..... 111

    5. Troglitazone, PPAR $\gamma$ 의 작용이 최소 근육 위성세포의 확산과 분화, 그리고 근관  
    에서 지질 축적에 미치는 영향 ..... 114

제 3 절 연구결과 및 고찰 ..... 117

    1. 한우품종별 모 색소 화학적 특성구명 ..... 117

    2. 한우품종별 색소세포특성 및 발달분화 특성구명 ..... 123

    3. 한우 품종별 모색발현 연관 단백질 특성연구 ..... 129

    4. 근육세포모형을 통한 외모형태별 경제형질 탐색 ..... 150

    5. Troglitazone, PPAR $\gamma$ 의 작용이 최소 근육 위성세포의 확산과 분화, 그리고 근관  
    에서 지질 축적에 미치는 영향 ..... 160

제 4 절 결과요약 ..... 170

1. 한우품종별 모 색소 화학적 특성구명 .....	170
2. 한우품종별 색소세포특성 및 발달분화 특성구명 .....	170
3. 한우 품종별 모색발현 연관 단백질 특성연구 .....	171
4. 근육세포모형을 통한 외모형태별 경제형질 탐색 .....	172
5. Troglitazone, PPAR $\gamma$ 의 작용이 칙소 근육 위성세포의 확산과 분화, 그리고 근관 에서 지질 축적에 미치는 영향 .....	173
제 5 절   참고문헌 .....	175

## 제 5 장   희귀한우 외모특성 고정 및 계통조성 .....

제 1 절   서론 .....	180
1. 연구개발의 목적 .....	180
2. 연구개발의 필요성 .....	180
3. 국내외 기술개발 현황 .....	181
4. 연구개발의 목표 및 내용 .....	182
제 2 절   재료 및 방법 .....	183
제 3 절   연구결과 및 고찰 .....	184
1. 희귀한우 외모특성 고정 및 계통조성 .....	184
2. 한우 외모특성에 대한 유전양태 조사 .....	191
3. 한우 칙소·흑우 및 흑비경우에 대한 계획교배 실시 .....	195
4. 한우 흑우·칙소, 흑비경에 대한 경제형질 검정 .....	201
제 4 절   결과요약 .....	210
제 5 절   참고문헌 .....	211

## 부 록 .....

1. 희귀한우 기초축군 형성자료 .....	212
2. 이모 및 비경발현우 기초축군 형성자료 .....	236
3. 교배형태에 따른 칙소, 흑우 외모특성 조사 .....	238
4. 교배형태에 따른 이모 및 흑비경발현우 외모특성 조사 .....	256
5. 칙소, 흑우 능력검정 자료조사 내역 .....	259
6. 칙소, 흑우 도체성적조사 내역 .....	264

# 제 1 장 연구개발과제의 개요

## 제 1 절 연구개발의 목적과 범위

### 1. 총괄 연구개발목표

- 한우의 외모 특성에 따른 유전적 다양성 검증 및 한우 품종의 유전적 분류기준 설정
- 희소 한우 품종(흑우, 칩소)에 대한 유전적 기준 정립에 의한 품종 및 계통 조성

### 2. 연구개발의 내용 및 연구범위

연구개발의 목표	연구개발의 내용	연구범위
<ul style="list-style-type: none"> <li>• 한우의 외모특성에 따른 유전적 분류 기준 및 방법 설정</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ 한우의 외모형태적 분류 기준 설정</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- 이모색 및 흑비경 등 외모특성 정도에 따른 분류기준 설정 및 기준별 표본 채취 및 자료조사</li> <li>- 전국 희귀한우 사육실태조사 및 시료채취</li> </ul>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• 한우 품종의 유전적 분류를 위한 유전 표지인자 개발</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ 혈연관계 및 외모형태에 따른 유전자좌위별 특성 및 관련성 분석</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Microsatellite (MS) 선정 및 제작</li> <li>- MS 유전자형 결정 및 다양성 분석·평가</li> <li>- 집단유전적 고정도 파악</li> <li>- 외모형태와 유전자형과의 유전상관 추정 등</li> </ul>

<ul style="list-style-type: none"> <li>• 계통수 작성에 의한 유전적 분류기준 설정</li> <li>• 외모형태에 대한 유전자좌위와의 관련성 구명</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>■ 계통수 작성 및 분자유전학적 분류기준 설정</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- 혈연관계에 따른 marker 별 특성 분석</li> <li>- 및 농가별, 농가내 집단에 대한 Phylogenetic tree 작성</li> </ul>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• 한우, 흑한우, 칙소 색발현 색소세포 특성구명</li> <li>• 색소세포 발달 및 분화관련 효소활성 구명</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>■ 모색별 피부조직 색소세포 초대배양 특성구명</li> <li>■ 품종별 색소세포 분화 및 발달 관련 효소 발현 및 활성구명</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- biopsy방법에 의한 세포분리방법 설정</li> <li>- 세포의 성장 및 분화특성 구명</li> <li>- 품종별 세포의 색소침착정도 및 색소의 화학적 특성 구명</li> <li>- 각각 색소 세포주에 대한 Eumelanin (Black - Brown)과 Pheomelanin (Yellow - Redness)로 분화 배양특성구명</li> <li>- 색소침착에서 관련단백질 및 효소(TRP-1, TRP-2, MITF 등)의 특성 구명</li> </ul>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• 한우 흑비경우에 대한 기초집단 구성 및 외모양태 조사</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>■ 교배집단을 통한 흑비 경우 기초집단 조성</li> <li>■ 흑비경우 외모특성에 대한 혈통 및 유전양태 조사</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- 비경색 집단간 Cross 교배, 자손을 이용한 퇴교배 및 F1간 교배를 실시하여 F2에 대한 다양한 비경색 발현양태를 조사</li> <li>- 경제형질과의 연관성 분석</li> </ul>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• 한우 칙소·흑소에 대한 기초집단 구성 및 수정란 생산</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>■ 교배방법에 따른 칙소, 흑소의 기초집단을 조성</li> <li>■ 희귀한우 외모특성에 대한 혈통 및 유전양태 조사</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- 희귀한우 집단 간 교배를 통한 유전양태 조사</li> <li>- 수정란이식을 통한 전형매개체를 생산하여 이용</li> <li>- 경제형질과의 연관성 분석</li> </ul>

## 제 2 절 연구개발의 필요성

### 1. 기술적 측면

한우의 외모특성에 대한 최초의 규정은 일제시대인 1938년의 심사표준에 검은털 또는 칙소털을 가진 한우는 탈락시킬 것을 권고하는 것에서 찾을 수 있다. 그 후 1975년에 농림부장관에 의해 고시된 종축 및 후보종축의 심사기준에서도 품종의 특정적 모색으로 황갈색을 정하고 다른 모색 및 비경흑 등을 결격사항으로 하고 있으며 백반 등의 개체를 가급적 종축에서 제외할 것을 권장함으로써 외형적 통일을 기했다. 비교적 근래에는 한우의 외형적 통일을 위하여 외모심사기준을 설정(한국종축개량협회 공고 제97-7호)하여 흑만선, 백반, 흑비경 등을 제외시킴으로 외형적인 기준을 설정하였다. 그러나 근래에 있어 능력이 우수하면서도 외형적인 결함으로 종모우로 선발이 되지 못하고 실격되는 경우가 빈번히 발생하면서 이모색 및 비경흑 결격사항의 계속 유지 여부에 대한 논란 야기되어 왔으며, 실제로 제10차 한우개량 추세조사시 외모심사결과 이모색 발현율이 2.0%, 흑비경 발현율이 5.2%로 나타났고, 제 39차 후보종모우선발시에는 총 28두의 후보종모우중 16두(57%)가 외모심사 실격요건을 지닌 것으로 판정되었다.

최근 계통유전체학(Phylogenomics)의 발달은 가축 품종간의 유전적 특성이 같은 정도와 다른 정도를 연구하는 분야와, 형질을 나타내는데 관여하는 수많은 유전자들의 다양성 및 발현조절을 연구하는 분야와의 결합으로 경제형질, 질병 등에 관여하는 유전자의 정보를 통합적으로 확보하여 가축의 계통유전학적 특성을 연구하는 유용한 도구로 부각되었다.

또 소의 모색과 관련하여 소의 모피색은 멜라닌 색소의 침착정도에 의해 달라지는데, 이것은 임신기 배 발달기에 결정되나 성장과정중 발현의 차이에 의해서도 영향을 받는다는 보고(Barsh and Barsh, 2001)와 모색을 결정하는 멜라닌은 tyrosine의 산화물인 Dopaquinon이 cysteine과 같은 thiol계열에 의해 영향을 받아 Black/brown인 eumelain 또는 yellow/reddish인 pheomelain의 침착에 의해서 결정되며(Lamoreux 등, 2001), 이 Melanogenesis에는 tyrosinase, tyrosinase related protein 1(TRP1), tyrosinase related protein 2(TRP2), melanocyte transcription factor(MITF) 등의 효소 및 단백질이 관여한다는 사실이 알려져 이러한 사실을 한우 모색에서 확인하는 작업이 가능해 졌다.

분자유전학적인 측면에서 현재 응용되고 있는 한우판정의 방법은 melanocyte에 발현되는 Agouti 단백질을 전사하는 Melanocortin receptor 1(*Mclr*)의 유전자형을 조사하여 이루어지고 있다. 이 Agouti 단백질은 색소세포인 melanocyte에서 Black/brown인 eumelain에서 yellow/reddish인 pheomelain 생성에 의한 색소교차(pigment type-switching) 메카니즘에 중요

한 역할을 하여 소의 모색결정에 중요한 역할을 하는 것으로 알려져 있어(Barsh and Barsh, 2001) 한우 모색의 특성을 구명할 수 있는 한 방법이다.

재래한우의 품종으로서 육종 가능성이 보이는 흑우와 칙소의 경우, 토끼의 "Himalayan Mutation"의 경우 성장기간동안 온도에 따라 tyrosinase 활성과 관련되어 흑색과 흰색의 발달이 달라지는데(Barsh and Barsh, 2001), 한우의 경우도 황우로 태어난 송아지가 성장과정에서 칙소 형태의 모색으로 발전하는 경우가 관찰된 사례가 보고된 바 있다. 이러한 관찰은 모색관련 유전자가 배 발달기에 결정이 되지만 성장기동안도 외부 환경에 의해 변할수 있다는 것을 시사한다. 따라서 황우, 흑우, 칙소간 모색특성을 이해하고 한우분류기준 설정에 요인으로 이용하기 위해서는 색소 관련 단백질 발현과 활성특성에 대한 연구가 필요하다.

## 2. 경제·산업적 측면

한우의 이모색과 흑비경과 관련하여 농가에 보급된 보증씨수소의 자손 중 이모색을 가지는 것이 발생하여 농가의 민원이 발생하고 있다. 이에 한우의 이모색이 한우의 특성과 어떤 유전적 관련을 가지는지 밝혀낼 필요가 있다. 실제로 농가에서 흑비경 발생시 마리 당 약 100천원의 거래 가격 하락이 추정되며, 흑비경 발현율을 5.2%로 가정할 때 연간 26억원의 농가 손실 발생한다. 또 자손 중에서 흑비경이 발생하여 이미 선발된 후보씨수소 및 보증씨수소가 탈락할 경우에 연간 3,000백원의 손실 발생할 걸로 추정된다.(흑비경에 의한 선발강도 저하로 세대간격 증가: 3년 → 4.5년, 흑비경 개선시 12개월령 체중의 연간 개량량 : 3.8kg→4.6kg)

최근 축산강국과의 FTA 협상에 따른 외국의 유사 외모 및 모색의 육우 수입·유통에 대비하여 한우와 외모가 유사한 외국 품종간의 유전학적 차별성 확보 필요하며, 유전자원에 대한 국제적인 관심이 높아지면서 유전자원에 대한 지적재산권에 대한 논의가 활발히 진행이 되면서 우리가 보유한 유전자원에 대한 유전적 특성분석이 필요한 시점이다. 국제적으로 동물유전자원의 선점 경쟁이 치열한 상황에서 FAO에 제출한 동물유전자원현황에 관한 우리나라의 보고서에 적시된 한우, 흑우, 제주흑우, 칙소를 우리나라 재래소의 품종으로 인정받기 위해서는 유전적 특성분석과 품종 고정을 위한 연구가 시급하다. 따라서 한우 중 품종 또는 계통성립을 위한 황우, 흑우, 칙소 및 비경흑우 등의 유전 특성 규명이 필요하다. 실제로 시장 거래가격은 칙소나 흑우가 한우 보다 10~20% 높에 형성되어 사육농가들이 선호하는 경향을 보이고 있어 유전적 다양성 측면에서 흑우, 칙소에 대한 품종 특성 정립 및 안정적인 육종기반 마련이 요구된다. 한우의 유전적 순수성을 유지하여 유전자원으로서의 가치를 높이는 한편 정확한 유전적 기작을 규명하여 과학적인 근거에 의거 한우 결격사항을 정하고 농가 민원을 해소하며 한우 품종 다양성 규명에 의한 다양한 유전자원을 확보하기 위하여 본 연구가 수행되었다.

### 제 3 절 연구개발대상 기술의 국내·외 현황

#### 1. 세계적 수준

○ UN/FAO 산하기구인 국제축산연구소(케냐, ILRI)는 아프리카 소 품종들을 중심으로 MS(Microsatellite), SNP(Single Nucleotide Polymorphism)를 이용한 계통유전학적(phylogenetics) 및 보존유전학적(Conservative Genetics) 연구 분야가 활발히 진행하고 있으며, EU에서는 총 13개국이 참여하는 국제컨소시엄을 형성하여 유럽의 약 50개 소 품종에 대한 유전적 특성, 각 품종의 형성 및 유전적 연관관계 등의 추정분석으로 유전자원으로서 가치 평가와 식량자원으로 활용방안이 모색되는 상황이다.

유럽지역에서는 소의 가축화기원에 대한 연구 이외에도 유럽에 존재하는 여러 가지 소품종에 대한 유전적 다양성 연구가 이뤄졌는데, Moazami-Goudarzi 등(1997)은 유럽의 10가지 소품종(Charolais, Limousin, Breton Black Pied, Parthenais, Montbéliard, Vosgien, Maine-Anjou, Normande, Jersey 및 Holstein)에 대해서 17가지 MS marker와 13가지 생물학적 표지인자를 이용하여 평균 이형접합율을 분석한 결과, 0.53(Jersey종)~0.66(Parthenais종)으로 나타났고, MS와 생물학적 표지인자 모두를 이용하여 작성한 계통수의 bootstrap 값이 Holstein/Maine-Anjou간에는 90%로 나타났지만 Charolais/Limousin간에는 42%로 나타나 품종비교에 있어서 30가지 정도의 marker를 비교 분석하는 바람직하다고 보고 하였다. MacHugh 등(1998)은 유럽의 7가지 소품종(Aberdenn Angus, Hereford, Jersey, Kerry, Charolais, Friesian, Simmental)과 북인도 3가지 소품종(Hariana, Sahiwal, Tharparker)에 대해 20가지 MS marker를 이용하여 품종간 유전비교 분석을 실시한 결과 유럽의 소품종이 50% 이상의 군집형성율을 보였고, *indicus*와는 확연히 구분이 되는 집단인 것으로 나타났다고 보고 하였다. 또한, 주성분분석(principal component analysis - PCA) 결과에서 유럽종은 다시 영국의 소품종과 다른 유럽대륙의 소품종으로 구분이 되었다고 보고 하였다. Blott 등(1999)은 7가지 유럽소품종에 대해 20가지 MS marker와 30가지 이대립유전자 marker를 적용하여 분석한 결과 MS marker가 이대립유전자 marker에 비하여 평균 이형접합률이 높고 대립유전자 빈도가 높아 품종 식별하는데 뛰어나고, 개별적인 오류가 가장 적은 marker를 선정해야 전체적인 오류가 줄일 수 있다고 방법적인 측면에 접근하였다. 유럽 전역이 아닌 특정 국가간 소품종의 유전적 관계를 살펴보기 위한 연구도 실시 되었는데, Jordanda 등(2003)은 남서유럽(스페인, 포르투갈 및 프랑스) 지역의 18종의 소품종에 대해서 16가지 MS marker에 적용하여 품종간 차이를 분석한 결과 다중좌위  $F_{st}$  값을 근거로 남서유럽의 소품종들은 약 6.8% 정도의 유전적 차이를 보이고, 나머지 93.2%는 개체간의 차이에 의해서 설명된다고 보고 하였다. 한편, 프랑스의 소품종은 높은 유전적 균일도를 보여주었고, 포르투갈의 Barrosã종과 Mirandesa종을

제외한 품종에서 유의적인 이형접합체의 손실을 보였으며, 이것은 집단내 근친도의 영향을 받았기 때문이라고 보고 하였다. Grzybowski와 Prusak(2004)는 독일, 스위스, 폴란드의 9가지 품종 (Angler, German Simmental, Brown Swiss, Swiss Simmental, Holstein, Eringer, Polish Red(PR), Polish Black-and-White(PBW), 및 Polish Red-and-White(PRW))의 26가지 MS marker에 대한 계통 유전체학적 분석 결과 한 세대내 이주한 평균 유전자 개수( $N_e m$ )는 1.214(독일 집단)~2.023(폴란드 집단)의 범위로 나타났고, 평균 2.048개로 나타났고  $D_A$  유전적 거리를 이용하여 NJ tree를 작성한 결과, PR은 PBW 및 PRW와 같은 그룹을 형성한 반면,  $D_{SW}$  유전적 거리를 이용한 결과에서는 PR과 Angler종이 그룹을 형성하는 것으로 나타났다고 보고 하였다. 이 이외에도 유럽의 이탈리아, 벨기에, 체코, 스페인 및 영국에서도 자국 소품종에 대한 품종보존의 일환으로 타국의 품종간 유전적 관계분석을 실시 된 바 있다. Peelman 등(1998) 벨기에 소품종(Holstein Friesian, Belgian Blue, Belgian Red Pied 및 East Flemish)에 대해서 23가지 MS marker를 적용하여 품종비교를 실시한 결과 Belgian Blue종의 PIC 값이 다른 품종에 비하여 낮았고, 군집분석에서도 다른 품종과 구분 되었다고 보고 하였다. Martín-Burriel 등(1999 및 2007)은 스페인의 재래 소품종에 대한 유전적 다양성 분석을 실시하였는데, 1999년에는 Asturian Brown Orthoid 4개 품종, Red Convex 2개 품종, Iberian bovine 1개 품종에 대해서 30가지 MS marker를 적용하여 분석한 결과 Asturian 품종끼리 군집을 형성하였고, Brown Convex 중 Menorquina종과 Iberian fighting bull과의 거리가 가장 멀었으며, 다형성 값도 낮은 것으로 나타났다고 보고 하였다. 최근 2007년에는 스페인의 6가지 품종(Betizu, Mallorquina, Menorquina, Monchina, Serrana de Teruel, Casta Navarra 및 Casta Vistahermosa)에 대해 30가지 MS marker를 이용하여 품종간 유전적 다양성 분석 결과 야생종이고 멸종위험이 큰 Betizu종은 2그룹으로 분류되었는데 그 중 한 그룹은 낮은 다양성을 보였고, Mallorquina종은 적은 대립유전자 개수를 보였으며, 군집분석 결과 스페인 북부의 2가지 야생종(Betizu와 Monchina)이 서로 그룹을 형성하는 것으로 나타났다고 보고 하였다. 또한, Casta Navarra종은 근친도가 보다 높은 Casta Vistahermosa종과 상당히 가까웠는데 스페인 투우의 원종이라고 보고 하였고, Alpine과 Pyrenean 산에 존재하는 품종간의 교잡에 의해 형성된 Serrana de Teruel종은 높은 수준의 LD(linkage disequilibrium)을 보였다고 보고하였다.

극동지역과 인도지역에서 가축화가 시작되었다는 학설에 맞춰 인도에서도 MS marker를 이용한 소품종의 유전적 다양성분석을 통한 소품종 보존 연구가 활발히 이뤄졌는데 Metta 등(2004)은 인도의 Ongole종과 Deoni종에 10가지 MS marker를 적용하여 두 품종의 유전적 특성을 구명하고 품종을 보존 하고자하는 연구를 실시하였다. 이 연구에서는 di-nucleotide에 대한 다형성 (100%)이 tri-nucleotide(60%)에 비하여 높게 나타났고, Ongole은 좌위당 평균 4.5개, Deoni는 4.1개의 대립 유전자가 존재한다고 보고 하였다. Ongole과 Deoni종의 기대 이형질성은 각각 0.46과 0.50으로 나타났고, 좌위에 대한 다형정보량은 각각 0.15~0.79와 0.13~0.80의 범위로 나타났



으며, 두 품종간 유전적 상관을 나타내는  $F_{ST}$ 가 0.117로 나타났다고 보고 하였다. Mukesh 등(2004)은 3가지 인도의 Zebu품종(Sahiwal(SC), Haryana(HC) 및 Deoni(DC))에 대해서 20가지 MS marker를 적용하여 분석한 결과 관측된 이형접합률과 기대 이형접합률은 각각 0.42(SC)~0.59(DC)와 0.61(SC)~0.71(DC)로 나타났고,  $F_{ST}$ 는 각 품종내의 유전적 차이에 의해 88.7%로 추정되었으며, 유전적 거리는 HC와 DC가 SC에 비하여 가까운 것을 나타났다고 보고 하였다. 인도에서는 단일품종의 보존을 위한 분석도 최근에 실시하였는데, Pandey 등(2006)은 인도의 Kherigarh품종에 21가지 MS marker를 이용하여 품종의 집단유전학적 분석결과 모든 MS marker가 4~10 좌위당  $6.24 \pm 1.7$ 개의 대립유전자 개수를 보여주어 높은 다형성을 보여주었고, 관측된 이형접합율은 평균적으로  $0.574 \pm 0.131$ 로 나타났다고 보고 하였으며, 본 품종을 보존하고 경제형질에 대한 개량을 통하여 조금 더 확고한 품종 정착을 이뤄나가야 할 것이라고 보고 하였다.

유럽과 인도의 중앙지역인 아프리카에서는 유럽과 인도종과의 소품종간 다양성 분석이 이뤄졌는데, Van Hooft 등(2000)은 아프리카 전역에 존재하는 9가지 버팔로 집단에 대해서 14가지 MS marker를 적용하여 기대이형접합율을 분석한 결과 오랜 기간에 걸쳐 집단이 형성되었고, 대립유전자의 유전적 거리와 상관분석을 통하여 낮은 격리율이 발견되어 서부와 동부간 이주율이 상당히 높고 중앙 아프리카 버팔로들 간의 유전적 거리가 먼 것으로 나타났다고 보고 하였다. Freeman 등(2004)은 16가지 서아프리카 소품종에 대해서 20가지 MS marker를 적용하여 집단 유전학적 분석을 실시한 결과, 조상으로 연결되어 있고 집단특이성을 나타내는 좌위(population-associated alleles-PAAs)를 인도, 극동 및 유럽지역에서 선별하였고, 이 지역의 생태학적인 교잡효과를 분석하여 *Bos indicus* 품종들에 의해서 *African taurine*이 점차 사라져가는 문제를 해결하고자 연구를 실시하였다. Ibeagha-Awemu 등(2004)은 나이지리아와 카메룬의 9가지 *indicus*와 3가지 *taurus*종에 16가지 MS marker를 적용한 결과 모든 집단의 전체 이형접합체 손실률( $F_{it}$ )은 11.7%, 품종내 근친에 대한 전체 유의적 손실( $F_{is}$ )은 6.1%, 모든 좌위의 집단 간 차이( $F_{ST}$ )는 6.1%로 나타났고, 계통수 작성 결과 *taurus*종과 *indicus*종이 서로 분화 되었지만, *taurus*와 *indicus*종 내의 품종간에는 큰 차이가 나타나지 않아 각 품종에 대한 유전적 관리가 되지 않는다면 품종의 획일화가 일어날 가능성이 있다고 보고 하였다.

북미와 남미대륙은 주로 유럽 및 인도의 소품종이 이주되어 사육되는 형태로 품종이 형성되었기 때문에 주로 유럽과 인도 소품종과의 품종간 비교 연구가 활발히 실시되었는데, Hanslik 등(2000)은 Original Friesian, 유럽의 Holstein 2품종, 북미 Holstein 2품종, 호주의 Brown Swiss에 대해서 39가지 MS marker를 적용하여 본래 Holstein종의 사육이 시작된 유럽지역과 미대륙, 그리고 Friesian 원종의 이형접합율을 비교한 결과, Holstein을 포함한 Friesian 계통이 모두 0.43~0.48로 비슷하게 나타났고, 군집분석 결과에서는 유럽의 Holstein과 미대륙의 Holstein이 확

연히 차이가 있었다고 보고 하였다. Hansen 등(2002)은 4가지 품종(Canadienne, Brown swiss, Holstein 및 Jersey)에 대해 15가지 MS marker를 적용하여 계통유전체학적 분석을 실시한 결과, Canadienne, Brown swiss 및 Holstein종의 이형접합율은 0.68~0.69의 범위로 나타났고, Jersey 종은 0.59로 나타났으며, Canadienne종에 대한 다른 품종의 유전적 거리는 각각 Holstein(0.156), Brown swiss(0.243) 및 Jersey(0.235)로 나타나, 캐나다 품종에 대한 유전적인 특징이 전혀 발견되지 않아, 역사적, 혈통 또는 분자 유전적 정보적 다형성 및 생산능력을 가지는 품종을 형성해 가는 것이 바람직하다고 보고 하였다. Machado 등(2003)은 4가지 품종(Gyr, Nellore, Guzerat 및 Holstein)에 대해 9가지 MS marker를 적용하여 유전적 거리를 분석한 결과, Nei's 유전적 거리를 이용하여 UPGMA 방법으로 계통수 작성을 한 결과 Holstein종이 다른 품종과 유전적 거리가 가장 큰 것으로 나타났고, Guzerat종과 Nellore종의 거리가 0.25로 가장 가깝다고 보고 하였다. 또한, 좌위당 대립유전자의 평균개수는  $7.11 \pm 3.21$ 개이고, 가장 유전정보가 많은 좌위는 BMS1237 (53%), 유전정보가 가장 적은 좌위는 BMS3004(12%)로 나타났으며, 9개의 Marker 좌위에 대한 평균 이형접합율은 35%이고, HWE 검정 기대치는 53%로 나타났다고 보고 하였다. Mateus 등(2004)은 10가지 포르투갈 소품종, 미국의 Charolais 및 브라질의 Caracú에 대해서 30가지 MS marker를 적용하여 계통유전체학적 분석을 실시한 결과, Iberian 품종의 평균 대립유전자의 개수는 5.67~8.07개로 나타났고, 가장 높은 이형접합율은 Caracú, Maronesa, Garvonesa 및 Arouquesa, 가장 낮은 이형접합율은 Brava de Lide와 Mirandesa종에서 보여 주었다고 보고 하였다.  $D_A$  유전거리를 이용한 NJ 계통수 작성 결과, 최근 포르투갈 소품종의 역사적 기원을 가지는 Brwon Concave계통(Arouquesa, Mirandesa, Marinhova)과 Red Convex계통(Mertolenga, Alentejana, Garvonesa, Minhota)으로 진화론적 그룹을 형성하는 것을 확인 하였다고 보고 하였다. Steigleder 등(2004)은 브라질 Creole종과 외래 9가지 품종에 대해서 14가지 MS marker를 적용한 연구에서 브라질의 Creole종은 16세기에 처음소개 되어 4개의 국가에서 발전하여 현재는 500마리 정도만 사육되고 있어 멸종 위기에 놓여 있음을 우려하였다. Creole품종은 다른 브라질 품종이나 다른 집단과 비교하였을 때 23개의 대립유전자 빈도를 보여주었고, 스페인과 포르투갈의 소품종이 Creole 종의 기원일 것이라는 결론을 내렸다. Lirón 등(2006)은 아르헨티나와 볼리비아의 4가지 Creole 품종, 4가지 유럽의 *taurine*종, 2가지 미국 Zebu종에 대해 9가지 MS marker를 적용하여 집단분석을 실시한 결과 *taurine*과 Zebu종은 7.8%에 유전분산을 보였고, 계통수 작성결과 Nelore종과 Brahman종이 함께 군집을 형성하였으며, Creole종은 모두 Retinta종과 그룹을 형성하였다고 보고 하였다. 또한, Cleole종은 mtDNA 분석만으로는 *taurine*의 성향을 띠지만 Y-염색체와 MS 분석결과 *taurine*과 Zebu의 교잡에 의해 형성된 것으로 보고 하였다.

소품종간 유전적 다양성 분석은 아시아지역에서도 활발히 이뤄졌는데, 중국에서는 Zhou 등(2005)이 중국의 5가지 품종(Luxi, Nanyang, Jinnan, Qinchuan 및 Yanbian)에 대해 10가지 MS

marker를 적용하여 집단분석을 실시한 결과 효과적인 대립유전자 개수 평균은 3.45(Ynabian)~4.32(Luxi)로 나타났고, Nei's  $D_s$  유전적 거리를 살펴본 결과, Luxi종과 Nanyang종의 거리가 가장 가깝고 Qinchuan종과 Yanbian종의 거리가 가장 먼 것으로 나타났으며(0.025), 전체적으로 Yanbian종은 중국의 다른 품종과 유전적 거리(0.3519)가 대체적으로 먼 것으로 나타났다고 보고하였다. 한편, 최근 Zhang 등(2007)은 27가지 중국황우, 3가지 외래종에 대해서 30가지 MS marker를 적용하여 계통유전체학적 분석 결과, 480가지 대립유전자가 검출된 가운데 MS 좌위에 대한 평균 대립유전자의 개수는 9.093개이고, 각 품종내 유전적 차이에 의해 생기는 전체 유전변이는 92%이며 품종간 존재하는 유전변이는 8%라고 보고 하였다. Nei's 유전거리를 이용한 계통수 작성 결과 외래종의 별도의 그룹을 형성하였고, 중국종은 크게 두 가지로 나뉘었는데 견봉이 있는 종과 없는 종으로 나뉘었다고 보고 하였다. 견봉이 있는 종은 각기 다른 지역으로부터 가축화되었고, 견봉이 없는 종은 중국의 북서쪽, 몽고고원, 중국의 북동쪽 또는 만리장성 북쪽지역에 그 기원을 둔다고 보고 하였다.

## 2. 국내 수준

한우의 외모특성에 대한 유전적 원인에 대한 연구는 국내에서 거의 행해진 바가 없으며, 이로 인하여 종축 및 후보종축의 심사과정에서 외모 심사에 기준한 결과에 의존하고 있는 실정이다. 또한 흑한우, 칠푼소에 대한 한우와의 유전적 관련성 규명에 대한 연구가 단편적으로 되어 있거나 거의 존재하지 않고 있는 실정이다. 현재 한우, 흑한우, 칠푼소, 비경흑우 등을 이용해서 유전적 특성을 파악한 연구 결과로 소의 모색과 연관된 MC1R 유전자의 분석과, MS (microsatellite) 분석을 통한 한우 및 타 품종들 간의 연관성 분석이 미비하게나마 진행되었다. MC1R 유전자 분석의 경우, 국내 한우로 둔갑해서 불법으로 유통되고 있는 홀스타인 및 앵거스 품종에 대한 한우의 구분이 가능할 것으로 보이는 marker의 개발과 연관되어 있다. 또한 MS의 분석의 경우, 한우의 유전적 다양성 분석 및 경제형질과의 연관성에 치중되고 있지만 아주 미비한 실정이다. 따라서 한우 및 한우품종에 대해 국제적으로 행해지고 있는 연구기법인 계통유전학적, 보존유전학적 분석을 통하여 국제적으로 한우의 유전적 특성, 품종 형성 및 유전적 연관관계 등이 명확히 이루어져야 한다.

국내에서는 김 등(2001)이 4가지 품종(한우, 연변우, 일본화우, Holstein)에 대해 6가지 MS marker를 적용하여 품종별 이형접합율을 살펴본 결과 한우와 연변우가 각각 0.69와 0.73으로 높은 반면, 일본화우는 0.45로 낮아 상반된 결과를 보여주었다고 보고 하였다. 또한, 유전적 거리를 이용한 한우와 연변우는 다른 축우집단과 분명한 구별을 보이며 밀접한 유전자 흐름이 있었음을 시사하였다. 동일한 품종에 대해서 Kim 등(2002)은 13가지 MS marker를 적용하여 분석한 결과 일본 흑우의 기대 이형접합률이 0.471로 가장 낮고, 연변우가 0.744로 가장 높았으

며, 한우의 경우 0.728의 기대 이형접합률을 가진다고 보고 하였다. Nei's의  $D_A$  유전적 거리를 이용한 NJ tree를 작성한 결과 한우와 연변우가 가장 밀접하게 연관되어 있고, 일본 흑우는 Holstein종과 함께 별도의 그룹을 형성하였다고 보고 하였다. 오 등(2006) 8가지 지역별 한우 암소군에 대해서 7가지 MS marker를 적용하여 집단 분석을 실시한 결과 marker에 대한 평균 대립유전자는 7.5개로 검출되었고, ETH225는 특정 대립유전자가 특정 지역에서만 출현하여 이를 구분하는데 좋은 지표로 이용될 수 있을 것이라고 보고 하였다. 또한, 유전적 거리는 경남과 충북(0.031)이 가장 가깝고, 전북과 충남(0.154)이 가장 먼 것으로 나타났으며, 연구에 이용된 모든 개체의 이형접합율은 0.709로 다른 품종에 비하여 높은 다양성을 보여준다고 보고하였다.

윤 등(2007)은 한우를 포함한 세계 20가지 소품종의 Y-염색체 특이적인 INRA124 좌위의 유전적 다양성 분석을 실시하였는데, 각각 132bp 대립유전자는 taurine, 130bp 대립유전자는 indicine에 특이적으로 나타났고, 각 품종은 동북아시아, 중국황우, 유럽종, 아프리카종 및 인도종으로 구분되었다고 보고 하였다. 특징적으로 유럽, 일본 및 한우는 *Bos indicus* 특이적인 대립유전자가 검출되지 않은 반면 제주흑우에서는 *Bos indicus*의 대립유전자가 19% 검출되었다고 보고 하였다.

한우, 흑우, 칩소 등에 연구 방향은 MS 및 SNP 분석 쪽으로 초점을 맞추어 한우의 품종 혹은 계통을 확립하고 한우의 순수혈통과 유전자원 보존 및 형질개량을 도모하는 것이다. 또한 소의 모색과 관련된 외형적 특성에 관한 유전적 메카니즘을 규명하고 순수한우에 특이적인 유전적 marker를 개발함으로써 타 품종으로부터 한우를 정확하고 효율적으로 분석할 수 있을 것이다. 이에 따라 한우에 대한 정확한 유전적 분석이 행해져야 하며, 타 품종들과의 계통유전학적 분석을 통한 명확한 한우의 위치를 파악해줄 필요성이 있다

## 제 4 절 참고문헌

- Barsh G.S. (2001) Coat Color Mutations, Animals. Academic Press, USA.
- Blott, S. C., J. L. Williams, and C. S. Haley. 1999. Discriminating among cattle breeds using genetic markers. *Hered.* 82:613.
- Freeman, A. R., C. M. Meghen, D. E. MacHugh, R. T. Loftus, M. D. Achukwi, A. Bado, B. Sauveroche, and D. G. Bradley. 2004. Admixture and diversity in West African cattle populations. *Molecular Ecology.* 13:3477.
- Giles, R. E., H. Blanc, H. M. Cann, and D. C. Wallace. Maternal inheritance of human mitochondrial DNA. *Proc Natl Acad Sci USA* 77:6715.
- Grzybowski, G., and B. Prusak. 2004. Genetic variation in nine European cattle breeds as determined on the basis of microsatellite markers. II. Gene migration and genetic distance. *Animal Science papers and reports.* 22(1):37.
- Hansen, C., J. N. B. Shrestha, R. J. Parker, G. H. Crow, P. J. McAlpine, and J. N. Derr. 2002. Genetic diversity among Canadienne, Brown Swiss, Holstein, and Jersey cattle of Canada based on 15 bovine microsatellite markers. 45:897.
- Hanslik, S., B. Harr, G. Brem, and C. Schlötterer. 2000. Microsatellite analysis reveals substantial genetic differentiation between contemporary New World and Old World Holstein Friesian populations. *Anim. Genet.* 31:31.
- Ibeagha-Awemu, E. M., O. C. Jann, C. Weimann, and G. Erhardt. 2004. Genetic diversity, introgression and relationships among West/Central Africa cattle breed. *Genet. Sel. Evol.* 36:673.
- Jordana, J., P. Alexandrino, A. Beija-Periera, I. Bessa, J. Canon, and Y. Carretero. 2003. Genetic structure of eighteen local south european beef cattle breeds on microsatellite data. *Anim. Genet.* 33:201.
- Kim, K. S., J. S. Yeo, and C. B. Choi. 2002. Genetic diversity of north-east Asian cattle based on microsatellite data. *Anim. Genet.* 33:201.
- Lamoreux M.L., Wakamatsu K. & Ito S. (2001) Interaction of major coat color gene functions in mice as studied by chemical analysis of eumelanin and pheomelanin. *Pigment Cell Research* 14, 23 - 31.
- Lirón, J. P., P. Peral-García, and G. Giovambattista. 2006. Genetic characterization of

- Argentine and Bolivian Creole cattle breeds assessed through microsatellites. *J. Hered.* 97(4):331.
- Machado, M. A., I. Schuster, M. L. Martinez, and A. L. Campos. 2003. Genetic diversity of four cattle breeds using microsatellite markers. *R. Bras. Zootec.* 32(1):93.
- MacHugh, D. E., R. T. Loftus, P. Cunningham, and D. G. Bradley. 1998. Genetic structure of seven European cattle breeds assessed using 20 microsatellite markers. *Anim. Genet.* 29:333.
- Martín-Burriel, I., E. García-Muro, and P. Zaragoza. 1999. Genetic diversity analysis of six Spanish native cattle breeds using microsatellites. *Anim. Genet.* 30:1777.
- Martín-Burriel, I., C. Rodellar, J. A. Lenstra, A. Sanz, C. Cons, R. Osta, M. Reta, S. D. Argüello, A. Sanz, and P. Zaragoza. 2007. Genetic diversity and relationships of endangered Spanish cattle breeds. *J. Hered.* 98(7):697.
- Mateus, J. C., M. C. T. Penedo, V. C. Alves, M. Ramos, and T. Rangel-Figueiredo. 2004. Genetic diversity and differentiation in Portuguese cattle breeds using microsatellites. *Anim. Genet.* 35:106.
- Metta, M., S. Kanginakudru, N. Gudiseva, and J. Nagaraju. 2004. Genetic characterization of the Indian cattle breeds, Ongole and Deoni (*Bos indicus*) using microsatellite markers - a preliminary study. *BMC Genetics.* 5:16.
- Moazami-Goudarzi, K., D. Laloe, J. P. Furet, and F. Grosclaude. 1997. Analysis of genetic relationships between 10 cattle breeds with 17 microsatellites. *Anim. Genet.* 28:338.
- Mukesh. M., M. Sodhi, S. Bhatia, and B. P. Mishra. 2004. Genetic diversity of Indian native cattle breeds as analysed with 20 microsatellite loci. *J. Anim. Breed. Genet.* 121:416.
- Pandey, A. K., R. Sharma, Y. Singh, B. B. Prakash, and S. P. S. Ahlawat. 2006. Genetic diversity studies of Kherigarh cattle based on microsatellite markers. *J. Genet.* 85(2):117.
- Peelman, L. J., F. Mortiaux, A. Van zeveren, A. Dansercoer. G. Mommens, F. Coopman, Y. Bouquet, A. Burny, R. Renaville, and D. Portetelle. 1998. *Anim. Genet.* 29:161.
- Steigleder, C. S., E. A. Almeida, and T. A. Weimer. 2004. Genetic diversity of a Brazilian Creole cattle based on fourteen microsatellite Loci. *Arch. Zootec.* 53:3.
- Van Hooft, W. F., A. F. Groen, and H. H. T. Prins. 2000. Microsatellite analysis of genetic diversity in African buffalo (*Syncerus caffer*) populations throughout Africa. *Molecular Ecology.* 9:2017.

- Zhang, G. X., Z. G. Wang, W. S. Chen, C. X. Wu, X. Han, H. Chang, L. S. Zan, R. L. Li, J. H. Wang, W. T. Song, G. F. Xu, H. J. Yang, and Y. F. Luo. 2007. Genetic diversity and population structure of indigenous yellow cattle breeds of China using 30 microsatellite markers. *Anim. Genet.* 38:550.
- Zhou, G. L., H. G. Jin, Q. Zhu, S. L. Guo, and Y. H. Wu. 2005. Genetic diversity analysis of five cattle breeds native to China using microsatellites. *J. Genet.* 84(1):77.
- 김경석, 엄지현, 최창분. 2001. Microsatellite 분석을 통한 한우의 유전적 다양성. *한국동물자원과학회지.* 42:599.
- 오재돈, 김종대, 공홍식, 이제현, 홍윤숙, 전광주, 이학교. 2006. Microsatellite marker를 이용한 한우 집단내의 지역별 유연관계와 유전적 구조 분석. *발생과 생식.* 10(2):141.
- 윤두학, 박응우, 조용민, 정일정, 임석기. 2007. 소 Y 염색체 특이 microsatellite를 이용한 품종별 대립유전자 빈도 분석. *한국동물자원과학회지.* 49(4):429.

## 제 2 장 한우의 외모특성별 유전적 다양성 및 유전양태 구명

### 제 1 절 서론

가축의 품종은 지리학적, 역사적, 진화론적 배경을 토대로 발전해왔고, 품종의 구분은 주로 표현형 특성 중 외모적 특성 구분에 의해 정의되었다. 우리나라 고유 소품종인 한우는 우리 민족의 역사와 함께하며 경제적 목적뿐만 아니라 농업 정서상 중요한 가축 품종으로 자리 잡고 있다. 하지만, 국내 육우산업은 개체의 경제 가치에 중점을 목표로 둔 개량을 지속적으로 실시함으로써 품종내 우수한 소수 개체가 가지는 생산성과 특수성에 기반하여 경제적 목적에 의해 농가나 소비자에게 보급하였고, 이에 따른 유전자원의 다양성 범위 축소가 축산업의 시급한 문제로 다가오고 있다. 더욱이 한우산업의 경우 모색 등에 대한 선발기준을 황색에만 편중하고 있어 이 문제에 대한 심각성이 다른 축종에 비하여 크다고 볼 수 있다.

한우 보증씨수소와 한우 암소와 교배시에도 모색의 경우 황색, 흑색 및 호랑이 무늬색(흙소) 등이 발생하고, 비경색의 경우 육색, 흑반점, 흑색 등이 다양하게 나타나고 있는 현실이나, 현행 한우 종축심사기준에 의하면 이모색이나 흑비경 등은 혈통등록에서 결격 대상으로 분류되어 근래에 있어 경제능력이 우수하면서도 이러한 외형적인 결함으로 보증씨수소로 선발이 되지 못하고 실격 처리되는 경우가 빈번히 발생하면서 경제적 손실이 발생하고 있다. 그리고 농가에서도 한우 암소에 보증씨수소 정액을 인공수정한 자손 중에서 이모색을 가지는 개체가 나타나 그러한 개체가 한우로 인정되지 않은 사례가 민원의 대상이 되고 있다. 실제로 제10차 한우개량 추세조사 시 외모심사 결과 이모색 발현율이 2.0%, 흑비경 발현율이 5.2%로 나타났고, 제39차 후보씨수소 선발시에는 총 28두의 후보씨수소중 16두(57%)가 외모심사 실격요건을 지닌 것으로 판정되었다.

이러한 현실에서 본 연구는 최근 대두되는 계통유전체학(Phylogenomics)을 기술적 기반으로 하여 가축 품종간의 유전적 특성의 유사성을 연구하는 분야와, 형질을 나타내는데 관여하는 수많은 유전자들의 다양성 및 발현조절을 연구하는 분야와의 결합으로 경제형질, 질병 등에 관여하는 유전자의 정보를 통합적으로 확보하고자 이러한 학문적 기술을 적용하여 한우 외모에 대한 유전적 특성을 구명하고자 하였다. 즉, 초위성체 마커(microsatellite marker)를 이용한 대립유전자빈도, 집단 간 유전 분산분석, 유전적 거리 분석등의 계통유전학적 분석을 실시하여, 한우의 외모특성에 대한 유전적 기준을 마련하고, 황색한우와 이모색 및 흑비경을 가진 소들의 유전적 거리를 파악하고자 하여 한우의 새로운 외모기준 및 등록기준 설정을 위한 기초자료를 제공하고자 한다.



## 제 2 절 재 료 및 방 법

### 1. 연구방법의 개요

본 연구분석은 Figure 2-1의 순서에 의거하여 분석하였고, 제 2장의 ‘한우의 외모 특성별 유전적 다양성 및 유전양태 구명’ 및 제 3장의 ‘한우 품종에 대한 유전적 Marker를 이용한 특성 정립 및 계통학적 기준 설정’ 모두 동일한 방법을 이용하였다.

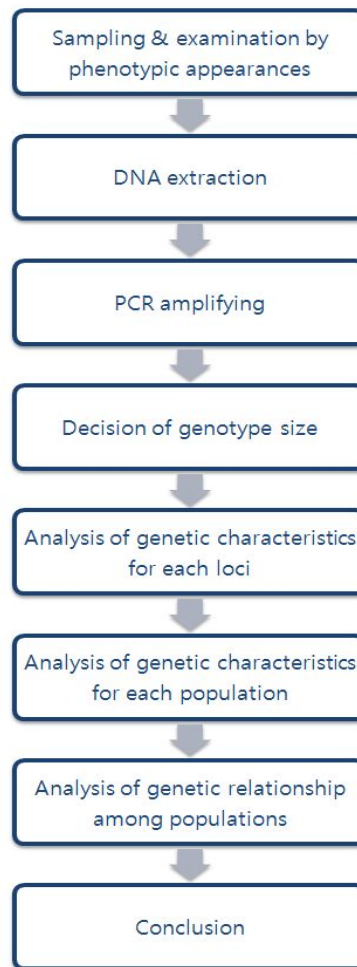


Figure 2-1. Strategy map for come to conclusion

### 2. 공시재료

본 연구는 2006년도부터 2010년까지 전국 일반사육농가 및 기관이 보유하고 있는 한우에 대해 외모조사 및 혈액채취를 실시하여 수집한 자료를 이용하였다. 각 개체의 외모분류는 한국종축개량협회 한우 외모조사기준(한국종축개량협회 공고 제97-7호)에 준하였고, 각 흑비경, 백반,

흑반, 백모 및 흑모에 대한 분류기준은 Figure 2-2과 같이 재설정 하였다.



Figure 2-2. Classification of Hanwoo by partial white or black coat color mixed with brown(A), spotted white coat color(B), and levels of nose darkness(C).

A)는 백모를 나타낸 것으로 2단계로 구분하였고 반점(백반 또는 흑반 - B))과 같이 황모와의 구분이 뚜렷하지 않고 황모에 함께 섞여 나타나는 형태를 머리 부분(입 주변, 귓볼 및 이마 등)에 희미하게 나타나는 것과 몸에 나타나는 것으로 구분 하였다. 흑모도 백모와 같은 기준에 의해 구분하였다. 백반과 흑반은 총 4단계로 구분하였고, 황모와 확연히 구분이 되는 반점형태의 이모색을 말한다. 흑비경 구분은 흑비단계에 따라 총 5단계로 구분 하였다. 본 연구에서 백모, 흑모 및 백반은 단계별 개체 빈도가 낮아 단계를 하나로 통합하여 백모, 흑모 및 백반 그룹으로만 구분을 하였다. 외모조사를 실시한 개체중 흑반을 가진 개체는 존재하지 않아 흑반그룹은 본 연구에서 제외되었다. 흑비, 백모, 흑모, 백반의 형태를 가진 개체 중 한 가지 이상의 특성을 동시에 가지는 개체는 실험에서 배제하였다.

본 연구는 1단계(2006년 ~ 2008년)로 한우 중 황우에 속하는 총 330두의 자료를 이용하였고, 각각 이모색과 흑비경이 존재하지 않고 외모적으로 정상적인 개체 140두, 흑비경 1단계 59두, 흑비경 2단계 30두, 흑비경 3단계 21두, 흑비경 4단계 6두, 흑비경 5단계 9두, 백모 28두, 흑모 26두 및 백반 11두가 분석에 이용되었다. 또한, 대조구로 국내 젖소로 이용되고 있는 Holstein종 69두의 자료도 함께 분석에 이용 하였다. 2단계(2009년 ~ 2010년) 연구는 총 382두의 한우 중에서 외모기준에 따라 형태적 분류를 하여 정상우 20두, 백모 17두, 흑모 20두, 흑비

경 1단계 20두, 흑비경 2단계 20두 및 흑비경 3단계 13두를 분석하였고, 기존 Holstein종만을 대조구로 비교한 1단계 분석에 외래품종에 해당되는 Angus(15두), Brown Swiss(25두), Charolais(12두), Hereford(19두), Holstein(88두), 호반우(10두), 내륙흑우(10두), Limousin(40두), Nouth Korean cattle(48두), Simental(24두), Yenbian cattle(161두) 총 11종(452두)을 대조구로 추가하여 분석하였다.

### 3. DNA 추출 및 농도측정

DNA 추출 및 정제는 Boom 등(1990)의 방식을 따랐으며, bead 기반의 Nucleic Acid Purification Kit - Genome - (MagExtractor<sup>TM</sup>, Toyobo CO., LTD. Osaka, Japan)를 이용하여 분석 하였다. 세정과정은 Magical Trapper(Toyobo CO., LTD. Osaka, Japan)를 이용하여 2번 반복하였고, DNA 가닥과 ethanol의 응결반응 후 진공상태에서 heating과 원심분리를 동시에 해주는 GENTRA-VAC(VS-802)((주) Scientific, 한국)에 넣고 5분간 건조 하였다. 마지막으로, 증류수(distilled water)를 100 $\mu$ l를 넣고 rpm 1,200에서 2분간 원심분리하여 DNA 추출물을 얻었다. DNA의 농도 측정은 UV Spectrophotometer(ND-1000, Nanodrop)를 이용하여 측정하였다. 영점 처리는 증류수 1 $\mu$ l를 이용 하였고, Blank를 이용하여 영점 확인 후 시료(1 $\mu$ l)에 대한 농도를 측정 하였다. DNA는 자외선에서만 정량이 가능하기 때문에 320nm 이하의 빛의 파장인 230, 260 및 280nm 파장을 분석하였고, 260nm에서의 흡광도가 1일 때 DNA 농도가 50ng/ $\mu$ l인 것으로 계산 하였으며, 각 260/230(탄수화물 유래 불순물 혼입 확인)과 280/260(단백질 유래 불순물 혼입 확인)nm의 구간을 2구간으로 하여 비율이 1.7~2.0일 경우 PCR에 적합한 DNA로 판단하였다.

### 4. Microsatellite marker 선정 및 PCR 증폭

본 연구에 이용한 microsatellite marker는 국제유전학회(International Society of Animal Genetics - ISAG)에서 추천하는 marker 중 28가지 primer를 선정하였고, 이 중 각 그룹간 공통으로 분석된 primer를 재선정한 결과, 1단계(2006년 ~ 2008년) 실험 1에서는 총 22가지 primer(BM1818, BM1824, BM2113, CSSM66, ETH3, ETH10, ETH152, ETH225, HEL1, HEL5, HEL9, ILST005, ILST006, INRA005, INRA023, INRA032, INRA035, SPS115, TGLA57, TGLA122, TGLA126 및 TGLA227)를 실험 2에서는 총 15가지 primer(BM2113, CSSM66, ETH3, ETH152, HEL1, HEL9, ILST006, INRA005, INRA023, INRA035, SPS115, TGLA57, TGLA122, TGLA126 및 TGLA227)를 각각 분석에 이용하였으며, 2단계(2009년 ~ 2010년)에는 12가지 마커를 추가하여 총 34개 마커로 (BM1824, BM1862, BM2113, BM3027, C209, ETH10, ETH225, ETH3, INRA23, SPS115, TGLA122, TGLA126, TGLA227, TGLA53, BM3628, BMS1719, BMS2270, BMS2815, BMS65,

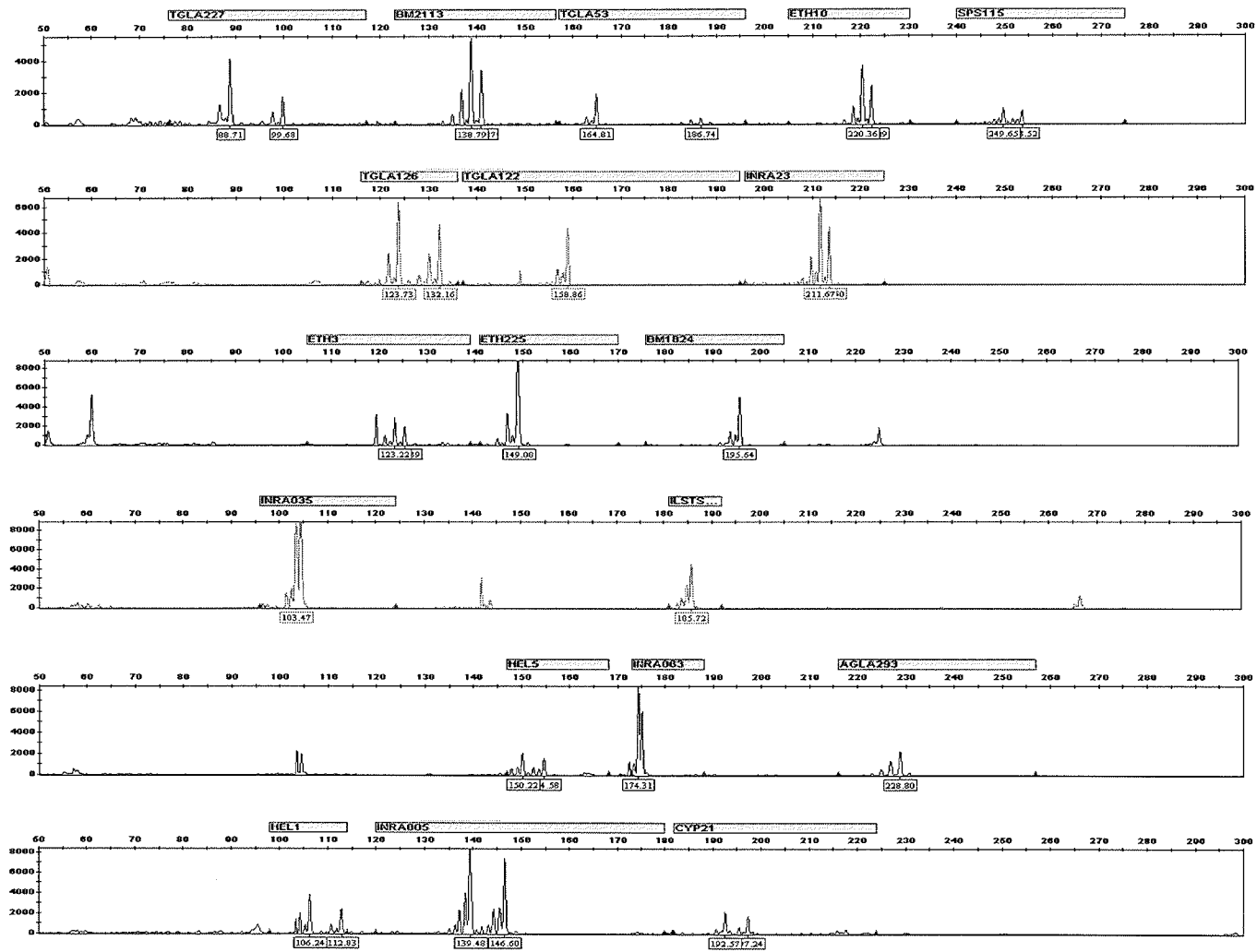
BOVILS95, CSSM036, CSSM041, FSMC2, IDVG43, IDVG7, INRA081, TGLA325, Z27074, BL25, BM1864, BM3413, BM6418, BM713, BMC6004) 분석하였다. 프라이머는 ABI StockMarks™(Applied Biosystems, Forster city, CA, USA)를 이용 하였다. 각 primer에 대한 순방향(forward)과 역방향(reverse) 염기서열은 Table 2-1과 같다. PCR 증폭은 형광 염색된 microsatellite의 색상과 대립 유전자의 크기별 분포를 고려하여 3개씩 짝을 지어 9개의 set로 multiplex PCR 수행하였다. PCR 반응액은 AmpliTag Gold® PCR Master Mix(Applied Biosystem, USA)를 이용하였고, template DNA와 primer는 각 그룹별로 조건에 맞게 각 0.2~0.5 $\mu$ l를 첨가하였다. 최종 volume은 10 $\mu$ l가 되도록 증류수를 첨가하여 조정하였고, plate를 1분간 rpm 3,000에서 원심분리한 후 30초간 vortexing 하였다. PCR 반응은 GeneAmp PCR System 9700(Applied Biosystem, USA)을 이용하였고, 온도 조건은 95°C에서 15분간 denaturation, 95°C에서 30초간, 60°C에서 1분 30초간 annealing, 72°C에서 1분 30초간 extension, 72°C에서 40분간 extension을 실시하도록 조정 하였다. annealing과정과 1분 30초간의 extension과정은 35회를 반복 실행 하였다. PCR 산물에 대한 전기영동(electrophoresis)은 agarose gel을 이용하였다. gel 제작은 TBE buffer 100ml에 agarose 1.5g를 넣고 microwave에 3분간 가열, water bath에 천천히 식힌 후 발광물질 ETBR을 3ml을 다시 섞어 gel 제작틀 안에 부은 후 30분간 방치하여 제작 하였다. PCR 산물에 대한 standard는 size marker인 100bp Ladder(100ng/ $\mu$ l) 6 $\mu$ l를 이용 하였고, loading dye는 PCR 산물과 dye를 1:1 비율로 3 $\mu$ l씩 넣어 6 $\mu$ l에 맞춰졌다. 전기영동은 150V에서 30분정도 실시하였고, UV 사진촬영을 통하여 PCR band를 확인 하였다.

Table 2-1. 22 microsatellite markers and their primer sequences used in the analysis

Locus	direction <sup>1)</sup>	Primer sequence(5'-3')
BM1818	F(5')	AGC TGG GAA TAT AAC CAA AGG
	R(3')	AGT GCT TTC AAG GTC CAT GC
BM1824	F(5')	GAG CAA GGT GTT TTT CCA ATC
	R(3')	CAT TCT CCA ACT GCT TCC TTG
BM2113	F(5')	GCT GCC TTC TAC CAA ATA CCC
	R(3')	CTT CCT GAG AGA AGC AAC ACC
CSSM66	F(5')	ACA CAA ATC CTT TCT GCC AGC TGA
	R(3')	AAT TTA ATG CAC TGA GGA GCT TGG
ETH3	F(5')	GAA CCT GCC TCT CCT GCA TTG G
	R(3')	ACT CTG CCT GTG GCC AAG TAG G
ETH10	F(5')	GTT CAG GAC TGG CCC TGC TAA CA
	R(3')	CCT CCA GCC CAC TTT CTC TTC TC
ETH152	F(5')	TAC TCG TAG GGC AGG CTG CCT G
	R(3')	GAG ACC TCA GGG TTG GTG ATC AG
ETH225	F(5')	GAT CAC CTT GCC ACT ATT TCC T

	R(3')	ACA TGA CAG CCA GCT GCT ACT
HEL1	F(5')	CAA CAG CTA TTT AAC AAG GA
	R(3')	AGG CTA CAG TCC ATG GGA TT
HEL5	F(5')	GCA GGA TCA CTT GTT AGG GA
	R(3')	AGA CGT TAG TGT ACA TTA AC
HEL9	F(5')	CCC ATT CAG TCT TCA GAG GT
	R(3')	CAC ATC CAT GTT CTC ACC AC
ILST005	F(5')	GGA AGC AAT GAA ATC TAT AGC C
	R(3')	TGT TCT GTG AGT TTG TAA GC
ILST006	F(5')	TGT CTG TAT TTC TGC TGT GG
	R(3')	ACA CGG AAG CGA TCT AAA CG
INRA005	F(5')	CAA TCT GCA TGA AGT ATA AAT AT
	R(3')	CTT CAG GCA TAC CCT ACA CC
INRA023	F(5')	GAG TAG AGC TAC AAG ATA AAC TTC
	R(3')	TAA CTA CAG GGT GTT AGA TGA ACT C
INRA032	F(5')	AAA CTG TAT TCT CTA ATA GCT AC
	R(3')	GCA AGA CAT ATC TCC ATT CCT TT
INRA035	F(5')	ATC CTT TGC AGC CTC CAC ATT G
	R(3')	TTG TGC TTT ATG ACA CTA TCC G
SPS115	F(5')	AAA GTG ACA CAA CAG CTT CTC CAG
	R(3')	AAC GAG TGT CCT AGT TTG GCT GTG
TGLA57	F(5')	GCT TTT TAA TCC TCA GCT TGC TG
	R(3')	GCT TCC AAA ACT TTA CAA TAT GTA T
TGLA122	F(5')	CCC TCC TCC AGG TAA ATC AGC
	R(3')	AAT CAC ATG GCA AAT AAG TAC ATA C
TGLA126	F(5')	CTA ATT TAG AAT GAG AGA GGC TTC
	R(3')	TTG GTC TCT ATT CTC TGA ATA TTC C
TGLA227	F(5')	ACA GAC AGA AAC TCA ATG AAA GCA
	R(3')	CGA ATT CCA AAT CTG TTA ATT TGC T

<sup>1)</sup> F - forward; R - reverse;



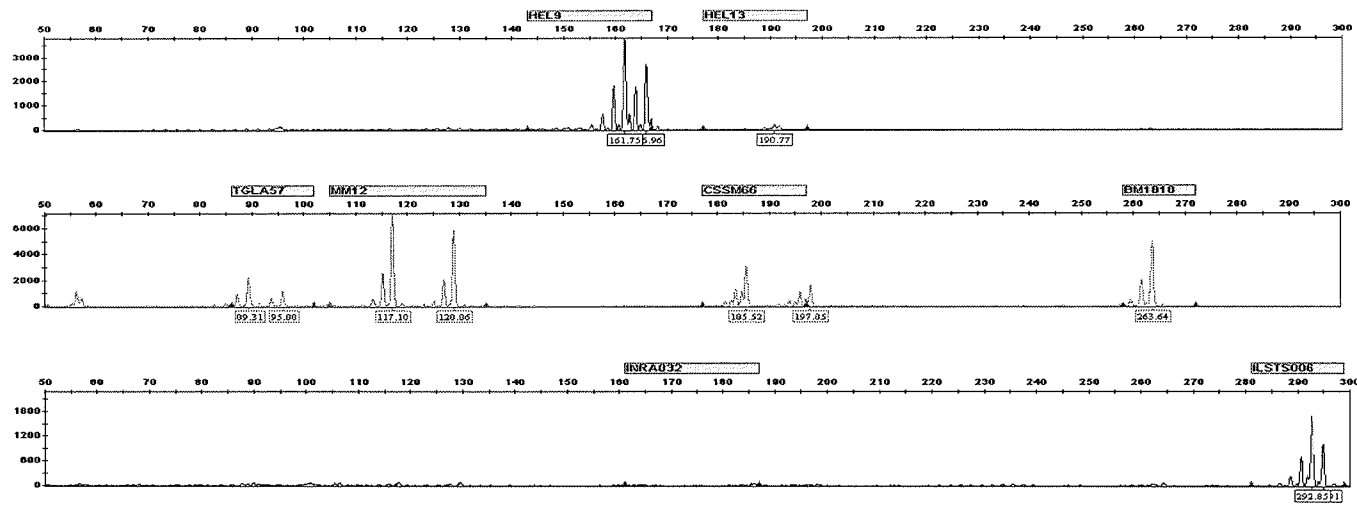


Figure 2-3. Sampled electropherograms of microsatellite analysis using the automated ABI sequencer model 3130XL genetic analyzer. X and Y axis represents the DNA molecular weight and the peak height in fluorescence units, respectively;

## 5. 유전자형 크기 결정

PCR 증폭을 통하여 얻은 산물( $1\mu\ell$ )을 hi-di Formamide(Applied Biosystem, USA)와 Size Standard Genescan 500Liz(Applied Biosystem, USA)와 혼합한 후 volume을  $11\mu\ell$ 로 맞춰 3,000rpm에서 1분 원심분리하고, 30초간 vortexing하여 준비 하였다. GeneAmp PCR System 9700(Applied Biosystem, USA)을 이용하여  $95^{\circ}\text{C}$ 에서 10분간 이중나선을 푸는 과정을 거쳤고, 3130XL Genetic Analyzer(Applied Biosystem, USA)를 이용하여 3원 1차 회귀에 대한 최소자승법(least square)으로 PCR 단편크기를 분석 하였다. microsatellite loci에 대한 대립유전자의 정확한 크기 결정은 GeneMapper(version 3.7) software(Applied Biosystem, USA)를 이용하여 실시하였다. 크기가 결정된 microsatellite loci들은 공시된 시료의 개체별로 엑셀(Microsoft, ver 2007) 파일로 정리하여 각 통계분석 방법에 적용 하였다.

## 6. 통계적 분석방법

외모기준에 따른 한우의 유전적 다양성 분석과 국내 재래 소품종의 유전적 다양성 분석 모두 동일 통계적 분석 방법을 이용하였는데, 각 분석에 이용한 microsatellite loci별 전체 집단에 대한 특성, 각 집단내 유전적 특성 및 유전적 거리와 주성분 분석을 이용한 집단간의 유전적 관계에 대해서 차례로 분석을 실시 하였다.

### 가. 대립유전자빈도, 이형접합율 및 다형성정보지수

각 좌위별 유전자 개수는 대립유전자가 나타난 부분의 개수를 count하여 그룹간 평균 대립유전자 개수를 비교 하였고, 이를 백분을 변환하여 대립유전자 빈도를 다시 계산하여 그룹별 및 좌위별 비교 하였다. 관측된 이형접합율(Observed heterozygosity -  $H_o$ )은 실제 실험을 통하여 얻을 수 있는 값으로 다음의 공식을 이용하여 구할 수 있다.

$$H_o = \sum_i \sum_{j \neq i} \frac{N_{ij}}{N}$$

여기서,  $N_{ij}$ 는  $i$  좌위에 있는 이형접합체의 수이고,  $N$ 은 개체의 수이다. 유전자 다양성(gene diversity)(Weir, 1996) 및 집단내 유전적 다양성, 즉, 집단내 개체간 변이율을 측정하기 위한 기대 이형접합율(Expected heterozygosity -  $H_E$ )(Nei, 1987)은 Hardy-Weinberg(H-W) 평형상태에서의 이론상 이형접합율로서 다음과 같이 확률로 정의 할 수 있다.



$$H_E = 1 - \sum_{i=1}^n p_{li}^2$$

여기서,  $P_{li}$ 는  $l$  좌위에 있는  $i$ 번째 대립유전자의 빈도이고,  $n$ 은  $l$  좌위에 있는 대립유전자의 개수이다. 각 집단과 좌위의 다형성 정보를 나타내는 다형정보함유(polymorphism information content - PIC) 지수는 Botstein 등(1980)의 정의에 의하여 구하였고, 다음의 공식을 이용하였다. PIC 지수는 태아의 유전자 좌위에 있어서 태아가 한쪽 부모로부터 2개의 대립유전자 중 어느 쪽을 이어 받는가를 결정지을 수 있는 확률로 정의할 수 있는데,

$$PIC = 1 - \left( \sum_{i=1}^n p_i^2 \right) - \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n 2p_i^2 p_j^2$$

여기서,  $p_i$ 와  $p_j$ 는 각각  $i$ 번째와  $j$ 번째 대립유전자의 빈도이고,  $n$ 은 대립유전자의 개수이다.

개체수와 독립적으로 대립유전자의 개수를 추정하여 다른 개체수를 가지는 집단 간에도 대립유전자 개수를 비교할 수 있는 각 좌위별 및 개체별( $R_s$ ) 그리고, 전 개체에 대한 allelic richness(El Mousadik와 Petit, 1996) 추정치( $R_t$ )를 비교 하였다. 이 방법은  $2N$ 개의 유전자 중 다시 추출한  $2n$ 개의 유전자내에 들어있는 대립유전자의 개수를 추정하는 방식이다( $N \geq n$ ). 즉,  $2n$ 개의 샘플중 적어도 한 개는 대립유전자  $i$ 를 가질 확률의 합으로 계산된다.  $R_s$ 와  $R_t$ 는 다음의 공식을 이용하여 구하였다.

$$R_s = \sum_{i=1}^{n_u} \left( 1 - \frac{\binom{2N - N_i}{2n}}{\binom{2N}{2n}} \right)$$

여기서,  $N_i$ 는  $2N$ 개의 유전자들 가운데  $i$  타입의 대립유전자 개수이다.  $R_t$  구하는 방식은  $R_s$  구하는 방식과 동일하지만,  $R_t$ 의  $N$ 이 개체내 유전자형이 확인된 유전자 좌위 모두를 의미한다. 각 그룹별 및 좌위별 대립유전자 빈도, 이형접합율 및 다형정보함유 지수는 모두 Visual Basic 기반으로 개발된 Excel Microsatellite toolkit(version 3.1)(Park, 2001)을 이용하여 분석 하였고, 이형접합율 계산 중 각 좌위별 상하 10bp이상 차이나는 개체는 이상치로 간주하여 분석에서 제외 하였으며, matching test를 통하여 좌위 및 그룹별 유전자형 크기가 완전히 일치하는 개체 또한 분

석에서 제외 하였다. 각 그룹별 및 좌위별 allelic richness는 FSTAT program(version 2.9.3)(Goudet, 2001)을 이용하여 분석 하였다.

### 나. F-통계량 및 HWE 평형 검정

각 집단이나 품종내 대립유전자 빈도를 이용한 집단내 각 좌위별 특성을 F-통계량을 이용하여 분석 하였고, F-통계량을 이용하여 집단간 유전적 차이에 대한 pairwise 분석을 추가적으로 실시 하였다. Wright(1921, 1969)에 의해 소개되어 현재까지 이용되고 있는 Nei(1973) 및 Weir 와 Cockerham(1984)의 F-통계량 중 표본 크기에 따라 대립유전자 빈도에 가중치를 주어 표본 크기가 커짐에 따라 생기는 오차를 줄여주는(Cockerham과 Weir, 1993)의 F-통계량을 이용 하였다. 이 방식은 대립유전자 빈도에 대한 분산을 기초로 한 방법으로 각 대립유전자의 이항분포에 대한 random population을 가정으로 기대값의 2차 적률 모수를 이용하여  $F_{it}(F)$ ,  $F_{st}(\theta)$  및  $F_{is}(f)$  추정치를 얻었다. 집단내 근친 정도를 나타내는  $f$ 값은 한 집단에서 개체내 대립유전자의 상관관을 의미하고, 집단내 개체간에 생기는 이형접합체의 손실률을 의미하며, 다음의 공식을 이용하여 계산 하였다.

$$f = \frac{F - \theta}{1 - \theta}$$

여기서,  $F$ 는 전체 집단의 개체내 대립유전자의 상관관을 나타내고,  $\theta$ 는 서로 다른 집단내에 개체들간 대립유전자의 상관관을 나타낸다. 대립유전자 빈도의 분산은 세 가지로 분류할 수 있으며 전체분산은 다음과 같이 정의된다.

$$\sigma_T^2 = \sigma_B^2 + \sigma_W^2 + \sigma_I^2$$

여기서,  $\sigma_T^2$ 는 전체집단내 대립유전자 빈도의 전체분산이고,  $\sigma_B^2$ 는 집단 간 대립유전자 빈도의 분산,  $\sigma_W^2$ 는 집단내 개체간 대립유전자 빈도의 분산이며,  $\sigma_I^2$ 는 개체내 생식세포(gametes)간 대립유전자 빈도의 분산이다.  $F$ 와  $\theta$ 를 각각 모든 좌위( $u$ )와 대립유전자( $i$ )에 대한 분산의 합으로 정리하면 아래의 공식으로 나타낼 수 있다.

$$F = \frac{\sum_i \sum_u (\sigma_B^2 + \sigma_W^2)}{\sum_i \sum_u \sigma_T^2}, \quad \theta = \frac{\sum_i \sum_u \sigma_B^2}{\sum_i \sum_u \sigma_T^2}$$

F-통계량은 모든 좌위에 대해 품종을 교차하여 Jackknifing을 실시하여 구하였고(Weir, 1990),  $F_{it}(F)$ 와  $F_{is}(f)$ 에 대해서는 Hardy-Weinberg 평형 검정을 실시하였다. 각 개체 및 집단 전체에 대한 Hardy-Weinberg 평형 검정은 임의화를 기본으로 하였고, 임의화된 자료를 실제 자료와 비교하되, 임의자료는 귀무가설이 참이 될 확률의 불편(unbiased) 추정량을 제공하도록 하여 검정을 실시하였다. 검정은 좌위별 및 전 개체에 대해서 실시하였고, 좌위별로 1,000회 permutation 하여 1% 유의수준에서 검정 하였다.  $\theta$ 값에 대해서는 집단 간 유전적 차이를 살펴 보기 위하여 모든 집단쌍(pair of populations)간의 다중비교 하였고, 검정(multiple comparison test)시 검정대상이 증가할수록 임의오차(random error)가 커지는 문제를 보완하기 위하여 Bonferroni correction을 적용 하였다. 또한, 멘델의 법칙에 입각한 기대빈도의  $\chi^2$ (chi-square)는 상가적(additive)이지 않기 때문에(Weir, 1996) 상가적인 상태가 될 수 있도록 우도(likelihood) 비율(Sokal과 Rohlf, 1981), G-통계량을 통하여 검정을 실시하였다.

$$G = -2 \sum_{k=1}^{np} \sum_{i=1}^{nu} n_{ik} \ln \left( \frac{n_{ik}}{n_k p_i} \right)$$

여기서,  $n_{ik}$ 는 샘플  $k$  내에 발생한 대립유전자  $i$ 의 수,  $n_k$ 는 샘플  $k$ 내의 대립유전자 수(개체수의 두 배),  $p_i$ 는 모든 자료내의 대립유전자  $i$ 의 빈도이고, F-통계량에 대한 분석과 검정은 FSTAT program(version 2.9.3)(Goudet, 2001)을 이용하여 분석 하였다.

#### 다. 유전적 거리 및 계통수 구성

각 집단과 품종간 대립유전자 빈도를 이용하여 유전적 거리를 계산 함으로서 집단과 품종간의 유전적 관계를 살펴보기 위하여, 다양한 방식을 이용한 집단과 품종간 유전적 거리분석을 실시 하였고, 각 개체간 유전적 거리 또한 추가적으로 분석을 실시 하였다. 유전적 거리를 측정하는 가정에 있어서, 새롭게 변이가 일어난 대립유전자는 항상 기존에 존재하던 대립유전자와는 다르게 나타나고, 개체나 그룹간의 관계는 염기반복수와는 관계가 없다고 주장한 Kimura와 Crow(1964)의 무한-대립유전자 모형(infinite-allele model - IAM)과 microsatellite의 반복되는 codon은 반드시 세대간에 1 codon의 단위만 변이가 일어나, 반복수의 변이 정도에 따라 개체간 또는 그룹간의 차이를 나타내는 Ohta와 Kimura(1973)의 순차적변이 모형(stepwise mutation model - SMM) 중 SMM 모형은 세대를 거치는 과정에서 변이가 일어나 다시 같은 반복수를 가지게 된 개체 즉, 기능이나 외관은 동일하나 그 발생 또는 기원이 다른 형태를 가지는 상사성(Homoplasy)이 존재하는 개체를 식별하는데 어려움이 있기 때문에 IAM 모형을

기초로 한 방법을 택하였다. 또한, IAM 모형을 기초로 한 방법 중 계통수 구조 정확도면에서 병목효과 존재 유무와 관계없이  $D_A$  유전거리(Nei, 1983)가 우수하고, 진화시간을 측정하는데 유리하며 세계적으로 가장 많이 사용하는  $D_S$  유전거리(Nei, 1972)가 가장 효과적이라는 다른 연구(Takezaki와 Nei, 1996; Baumung 등, 2004)의 보고에 따라  $D_S$ 와  $D_A$  유전거리를 본 연구의 개체간 및 그룹간 유전적 관계 분석에 이용하였다.  $D_S$  유전거리는 다음의 축약된 공식을 이용하여 구하였다.

$$D_S = -\ln \left[ \frac{J_{XY}}{\sqrt{J_X J_Y}} \right]$$

여기서,  $J_X$ 와  $J_Y$ 는 각각 다음의 공식을 이용하여 구하였고,

$$J_X = \frac{\sum_j^r \sum_i^{m_j} x_{ij}^2}{r}, \quad J_Y = \frac{\sum_j^r \sum_i^{m_j} y_{ij}^2}{r}, \quad J_{XY} = \frac{\sum_j^r \sum_i^{m_j} x_{ij}^2 y_{ij}^2}{r}$$

각각  $X$ ,  $Y$  및  $X-Y$  집단의 모든 유전좌위에 대한 평균 동형접합율(homozygosity)이다.  $x_{ij}$ 와  $y_{ij}$ 는 각각  $X$ 와  $Y$  집단내  $j$ 번째 좌위에 존재하는  $i$ 번째 대립유전자의 빈도이다.  $m_j$ 는 이용된 좌위의 개수이다.  $D_A$  유전거리는 다음의 공식을 이용하여 계산 하였다.

$$D_A = 1 - \frac{1}{r} \sum_j^r \sum_i^{m_j} \sqrt{x_{ij} y_{ij}}$$

각 그룹별 및 개체별 유전적 거리행렬은 계산은 각각 DISPAN 프로그램(Ota, 1993)과 MICROSAT 프로그램(Minch, 1998)을 이용하였다. 개체별 유전적 거리행렬 계산 중 이상치를 나타낸 개체는 분석에서 제외 하였다.

계통수 작성(phylogenetic tree)은 숫자형 자료에 적합한 유전거리를 이용하는 방식을 택하였고, 그 중 unrooted tree를 작성하고 UPGMA(Sneath와 Sokal, 1973)와는 다르게 그룹간 진화율이 동등하게 적용되지 않으며, 대체적으로 높은 bootstrap 값을 가지고 그룹간 계통수 작성하는데 추천할 만 하다고 보고된(Nei, 1987; Eding과 Laval, 1998) NJ 방법(Neighbor joining method)(Saitou와 Nei, 1987)을 본 연구에 이용 하였다.  $D_S$ 와  $D_A$  유전거리를 모두 이용하여 NJ tree를 작성하였고, 그룹간 및 개체간 계통수 작성은 각각 DISPAN 프로그램(Ota, 1993)과

PHYLIP(version 3.67) 소프트웨어의 NEIGHBOR 패키지(Felsenstein, 2007)를 이용하였다. 또한 계통수 구조에 대한 재현성 분석을 위하여 bootstrap을 통한 표본 재추출 과정을 1,000회 실시 하였다.

#### 라. 주성분 분석(Principal component analysis - PCA)

각 집단간 및 품종간 유전적 상관을 살펴보기 위하여 각 좌위별 대립유전자 빈도를 이용한 상관분석을 실시하였고, 차원축소를 통하여 저차원상에서 변수간의 관계를 규명하는 다변량 자료 분석 기법으로, 변동에 대해서 변수들의 선형결합으로 이뤄진 새로운 변수(주성분)를 통해 재해석하는 주성분 분석을 실시하였다.

$$z = a_1u_1 + a_2u_2 + \dots + a_pu_p$$

에서  $u$ 는 1~ $p$ 개의 각 변수( $u$ )에 대해 분산이 최대가 되는 주성분( $z$ )을 만드는 계수다. 고유값(eigenvalue)의 집합인 고유벡터(eigenvector)를 구하기 위하여 위의 공식을 토대로 분산-공분산행렬을 구하였고, 전체 고유값 중 각 고유값이 차지하는 비율로 전체분산을 설명하는 비율을 설명 하였다. 본 연구에서는 XLSTAT 프로그램([www.xlstat.com](http://www.xlstat.com))을 이용하여 각 그룹에 대한 모든 대립유전자 빈도를 이용한 상관행렬을 토대로 주성분 분석을 실시하였다.

## 제 3 절 연구결과 및 고찰

### 1. Microsatellite loci별 특성분석

본 연구에서 한우외모 결격기준에 해당되는 집단과 외모 정상집단 그리고, 홀스타인종에 대해서 22종의 microsatellite marker를 이용하여 분석한 결과, 각 좌위에 대한 대립유전자 빈도는 Table 2-2과 같이 나타났고, 같은 한우 내에서도 외모특성에 따라 집단별로 각 대립유전자에 대해서 서로 다른 빈도를 보이며 집단별로 다양한 양상을 보여주었다. 유전자좌위 ILST006의 277bp 대립유전자는 흑비경 1단계인 집단에서만 나타났고, 281bp 대립유전자는 0.47의 빈도를 보이며 외모이상이 없는 집단에서만 나타나는 것을 확인 하였다. 그리고 297bp의 대립유전자의 경우 한우 집단에서는 2.27~11.90의 빈도를 보이는 반면 홀스타인 집단에서는 41.18의 높은 빈도로 나타나는 것을 확인 하였다. INRA035의 경우 89, 93, 95 및 97bp의 대립유전자가 외모 정상 집단에서만 0.38의 낮은 빈도를 보이며 존재하는 것으로 나타났다. 추가적으로 HEL9의 144bp, HEL5의 174bp, ETH3의 121bp, BM2113의 119bp 및 ETH10의 200bp와 2002bp 대립유전자는 각각 0.92, 1.61, 0.38, 4.55, 0.92, 0.49 및 0.49의 빈도를 보였으며, 외모 정상인 집단에서만 존재하는 것으로 나타났고, CSSM66의 194bp 대립유전자는 백반이 존재하는 개체에만 나타나는 것으로 확인 되었다. 흑비경 단계별로 대립유전자 빈도에 대한 뚜렷한 증감 패턴은 확인할 수 없었지만, BM2113의 119bp와 149bp 및 TGLA122의 167bp 대립유전자가 각각 2.63, 2.63 및 2.38의 빈도로 흑비경 3단계 집단에서만 나타나는 것을 확인하였고, INRA005의 128bp와 150bp 대립유전자는 흑비경 1단계 집단에서 3.33 및 1.67의 빈도를 보이며 집단 특이적으로 존재하는 것을 확인 하였다. INRA005의 흑모집단은 다른 집단에서는 나타나지 않은 134bp 대립유전자가 존재하는 것으로 나타났다. 또한, 비교를 위하여 포함한 홀스타인종의 경우 한우와는 다른 종특이적 대립유전자가 많이 존재하였는데, ETH152의 206bp, BM1818의 267bp, HEL5의 158bp, ETH3의 129bp, CSSM66의 190bp, TGLA227의 104bp, ETH10의 210bp와 212bp가 각각 0.75, 5.15, 1.54, 14.71, 1.49, 2.90, 2.99 및 0.75의 빈도를 보이며, 한우와는 다르게 홀스타인종에만 특이적으로 나타나는 대립유전자임을 확인 하였다. 또한, 특정집단에만 존재하는 대립유전자는 아니지만 HEL9의 170bp, ETH의 117bp, INRA032의 184bp, HEL1의 110bp와 114bp, CSSM66의 178bp 대립유전자는 홀스타인종의 빈도가 높으면 한우가 낮고, 홀스타인종이 낮으면 한우가 높은 빈도를 보이는 등 한우와는 정반대의 양상을 나타내는 대립유전자인 것으로 나타났다. 무엇보다 HEL5의 148bp와 150bp는 한우종에만 다양하게 존재하고 홀스타인종에는 존재하지 않는 대립유전자임이 확인 되었으며, ILST006의 283bp 대립유전자는 백모가 2.27, 흑모가 2.63의 빈도로 나타나 한우 중 백모와 흑모가 나타난 집단에 특이적으로 존재하는 것으로 나타났다. 대립유전자빈도는 유전자간 병목현상이 발생하지 않을 경우 낮은 빈도에서 높은 빈도까지 나열하면

L모양의 분포를 가지게 된다(Sodhi 등, 2006). 하지만, 유전자간 병목현상이 발생하게 되면 L모양의 분포는 어긋나게 되며 집단이 작고 그림집단이며 특정종모우에 대한 선발이 이뤄질 경우에는 유전자 다양성은 감소하여도 실제 이형접합율에는 영향을 미치지 않는다(Piry 등, 1999; Pendey 등, 2006). 본 분석에 나타난 바와 같이 외모특성에 따른 집단별 특이적인 좌위가 상반되게 나타나는 것을 볼 때, 비경색과 모색은 사람의 피부와 같이 한 두 가지 유전자가 아닌 MC1R을 포함한 다수의 유전자가 관여(Valverde 등, 1995; Frandberg 등, 1998; Rana 등, 1999)하여 색소세포의 발달에서부터 keratinocyte로의 분포 등 많은 과정을 거쳐 모색이나 피부색이 발현되지만(Janckson, 1994; Lewis, 1998; Rana 등, 1999), 색소침착에 관여하는 유전자의 발현 혹은 유전자간의 상호작용이 다르기 때문(이 등, 2002)에 나타나는 현상으로 사료된다.

본 연구는 외모이상 한우(흑비경 및 이모색)의 외모특성형질과의 유전적 연관관계 및 유전양태를 구명하고 한우의 적합한 유전적 분류체계를 제시하는 것이 그 목적이다. 이러한 유전적 관련성을 구명하여기 위하여 애초에 유전마커로서 외모특성을 조사를 위해서 22종의 초위성체(MS) 마커를 선정하였는데, 이 마커는 표준적인 유전거리를 측정하기에는 충분하나 형질에 중립적인 마커이므로 형질에 대한 탐색 및 표지로서는 사용될 수 없다. 관심의 대상이 되는 모색형질과 직접적으로 관련된 유전자를 마커로 발굴·개발하는 것은 애초에 이 과제의 목적에 포함되어 있지 않았으나, 향후 후속 과제 및 여타 관련 과제에서 추가적으로 MC1R 등 이미 밝혀진 모색관련 유전자를 마커로 포함하여 분석하고, 새로운 모색관련 유전자를 발굴하기 위하여 SNP분석을 시도할 필요가 있다고 사료된다. 또한 본 연구의 분석에 사용된 시료는 통계학적으로 전체 수는 충분하나, 각 형질 간의 집단 크기가 불균형하여 전체 한우집단을 완전하게 대표한다고 말하기 어려운 점이 있다. 비록 외모 이상우의 숫자가 작고 샘플 채취가 쉽지 않지만 지속적인 샘플 축적으로 후속 연구에서 보충할 필요가 있다.

Table 2-2. Allele frequencies of 22 microsatellite loci in Hanwoo grouped by various phenotypic characteristics

Locus	Coat colour <sup>1)</sup>			Level of nose darkness <sup>2)</sup>						Hol <sup>3)</sup>	Locus	Coat colour			Level of nose darkness						Hol	
	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be			INRA035	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd		Be
ILST006											85											
277					0.93						89	1.92			0.77							
281				0.47							93				0.38							
283	2.27	2.63									95				0.38							
285	4.55	2.63	4.55	0.47	1.85						97				0.38							
289	13.64	15.79	9.09	20.56	19.44	29.17	19.05	8.33	6.25	29.41	99	1.92	7.14		9.62	8.33	1.85	2.38	8.33	31.25		
291	20.45	2.63	27.27	10.28	8.33	16.67	9.52	16.67	25.00	1.47	101	69.23	69.05	27.27	74.62	75.93	68.52	59.52	41.67	18.75	39.13	
293	34.09	55.26	59.09	42.06	45.37	41.67	52.38	66.67	56.25	25.74	103	19.23	23.81	63.64	10.00	11.11	27.78	30.95	50.00	50.00	59.42	
295	2.27	7.89		6.07	2.78	6.25	11.90			41.18	109	5.77			1.15	2.78						
297	18.18	13.16		15.89	15.74	4.17	7.14	8.33	12.50	2.21	111					0.93		7.14				
299	4.55			3.27	5.56						113			9.09	0.38							
301				0.93		2.08					119	1.92			1.92	0.93	1.85				1.45	
HEL9											TGLA57											
144				0.72							82				0.74		1.72	4.76				
150				0.36						0.72	84	3.57	3.85		2.57	5.17	1.72	2.38	10.00	12.50		
152				4.35	2.63		2.38				86				0.74	0.86	1.72		10.00			
154	42.86	32.00	50.00	39.13	39.47	44.83	35.71	50.00	62.50	30.43	88	32.14	36.54	15.00	25.37	25.86	22.41	16.67		12.50	7.97	
156	10.71	4.00	15.00	5.43	5.26	8.62	7.14		6.25	0.72	90		1.92		0.37	1.72	1.72	2.38			10.14	
158				0.88						1.45	92				1.47		1.72	2.38	10.00		0.72	
160	1.79	2.00		6.88	10.53	8.62	7.14	10.00		5.07	94	23.21	13.46	45.00	17.65	17.24	31.03	28.57	50.00	12.50	4.35	
162	26.79	26.00	10.00	19.57	19.30	13.79	19.05	20.00	18.75	14.49	96	23.21	13.46	30.00	26.47	25.86	24.14	14.29		31.25	55.80	
164	3.57	10.00	5.00	7.97	7.89	6.90	14.29		6.25	2.90	98	10.71	9.62	5.00	11.03	10.34	12.07	11.90	10.00	12.50	12.32	
166	7.14	10.00	5.00	3.62	4.39	3.45	7.14	20.00		21.74	100	7.14	21.15		13.60	12.93	1.72	11.90	10.00	12.50	1.45	
168	7.14	16.00	15.00	11.96	9.65	12.07	7.14		6.25	0.72	102			5.00				4.76		6.25	7.25	
170						1.72				21.74												

(continue)



ETH152	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be	Hol	HEL5	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be	Hol
190				0.40			2.38				146				0.40	2.08					
192	4.00	2.17	5.00	8.40	5.45	7.14			5.56		148	20.00	8.70	20.00	15.73	15.63	8.00	19.44	8.33	11.11	
194	12.00	21.74	15.00	14.40	10.91	19.64	19.05	33.33	22.22	11.94	150	12.00	21.74	10.00	21.77	15.63	22.00	22.22	16.67	16.67	
196	66.00	65.22	55.00	63.20	66.36	57.14	54.76	41.67	66.67	38.06	152	16.00	13.04	15.00	9.27	12.50	20.00	5.56		22.22	21.54
198	14.00	4.35	10.00	8.40	7.27	14.29	14.29	8.33	5.56	9.70	154	16.00	13.04	10.00	26.21	21.88	22.00	13.89	50.00	16.67	11.54
200	4.00	6.52	5.00	3.20	6.36		2.38				158										1.54
202			10.00	2.00	3.64	1.79	7.14	16.67			160	2.00			1.61						2.31
206											162	4.00	8.70	5.00	3.23	4.17	14.00	5.56		16.67	46.92
											164	22.00	23.91	15.00	12.90	18.75	6.00	25.00	16.67	11.11	1.54
BM1818	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be	Hol	166	8.00	8.70	25.00	6.45	8.33	6.00	8.33	8.33	5.56	14.62
253		5.26		1.36	3.57	2.08					168		2.17		0.81	1.04	2.00				
255				3.18	2.38					0.74	174				1.61						
257	7.89			0.91	1.19					2.21											
259	26.32	36.84	40.91	25.91	27.38	18.75	18.75	25.00	37.50	40.44	INRA032	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be	Hol
261	5.26	7.89	18.18	15.45	14.29	10.42	15.63	16.67	6.25	13.24	176	6.52	10.42	9.09	7.26	4.17	5.36	2.78		18.75	4.41
263	55.26	42.11	36.36	48.64	48.81	64.58	46.88	41.67	56.25	38.24	178	54.35	47.92	59.09	49.15	52.08	53.57	61.11	58.33	37.50	12.50
265	2.63	7.89	4.55	4.09	2.38	4.17	18.75	16.67			180	39.13	31.25	27.27	42.74	41.67	37.50	27.78	41.67	31.25	34.56
267										5.15	182			4.55	0.43		1.79			6.25	8.82
271	2.63			0.45							184		8.33		0.43	2.08		2.78		6.25	39.71
											186		2.08				1.79	5.56			
ETH3	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be	Hol	HEL1	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be	Hol
113				0.38			2.63				100				1.61	1.75					1.47
115	23.08	25.00	35.00	30.77	34.26	37.50	28.95	25.00	31.25	44.12	102				7.66	8.77	10.34	10.00		5.56	0.74
117	36.54	35.42	30.00	30.38	31.48	32.14	31.58	25.00	18.75	1.47	104	6.00	4.17		21.77	19.30	13.79	5.00	25.00	27.78	27.94
119	5.77	4.17	5.00	5.38	7.41	3.57			6.25		106	22.00	20.83	20.00	4.03	5.26	5.17	7.50			
121				0.38							108	2.00	4.17	5.00	4.03	5.26	5.17	7.50			15.44
123	13.46	18.75	15.00	19.23	16.67	8.93	28.95	16.67	25.00	0.74	110	14.00	10.42	5.00	19.35	14.91	17.24	15.00	8.33	11.11	
125	21.15	16.67	15.00	13.46	10.19	16.07	7.89	33.33	18.75	18.38	112	40.00	33.33	50.00	31.05	29.82	37.93	55.00	50.00	27.78	0.74
127						1.79				20.59	114	16.00	25.00	20.00	13.71	20.18	15.52	7.50	16.67	27.78	10.29
129										14.71	114		2.08		0.81						43.38

(continue)

CSSM66	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be	Hol	BM2113	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be	Hol
178	22.00	22.92	18.18	22.08	19.09	17.24	17.50	25.00	16.67	1.49	119							2.63			
180		10.42		2.92	3.64	3.45	7.50			4.48	123		2.00		1.83	0.98	5.36			6.25	15.22
182	24.00	35.42	13.64	25.83	24.55	39.66	25.00	16.67	38.89	11.94	125	8.33	12.00	18.18	10.55	14.71	1.79	10.53	8.33	6.25	25.36
184	26.00	12.50	9.09	18.75	28.18	22.41	25.00	33.33	22.22	29.85	127				0.92						
186	12.00	6.25	9.09	7.08	9.09	8.62	7.50	25.00	16.67	1.49	129	2.08	2.00	4.55	0.92			2.63			
188	10.00	2.08	18.18	10.42	2.73	1.72				29.85	131	4.17	6.00	9.09	5.05	3.92	7.14	13.16	25.00		
190										1.49	133	27.08	22.00	9.09	22.48	17.65	26.79	15.79	16.67	18.75	39.13
192	6.00	2.08	18.18	5.00	6.36	5.17	17.50			17.91	135	20.83	14.00	27.27	21.10	13.73	23.21	7.89	25.00	25.00	10.87
194			4.55								137	37.50	42.00	31.82	36.70	47.06	35.71	42.11	25.00	43.75	9.42
196		4.17	9.09	5.83	2.73	1.72			5.56	0.75	139				0.46	1.96		2.63			
198					0.91					0.75	149							2.63			
200		2.08			0.91																
202		2.08		2.08	1.82																
											ETH10	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be	Hol
											200				0.49						
											202				0.49						
TGLA227	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be	Hol	206		2.38		0.49						
78	3.70	6.00		7.08	5.77	6.67					208	2.38	2.38		0.97			2.63		12.50	
80		2.00	4.55	2.08	0.96	5.00	2.63	8.33			210										2.99
82	22.22	18.00	4.55	22.50	19.23	15.00	7.89	33.33	25.00		212										0.75
84	9.26	2.00		9.58	10.58	6.67	2.63				214	16.67	21.43		23.79	18.37	25.93	31.58	16.67	12.50	25.37
86	7.41	10.00	13.64	5.83	3.85	3.33	10.53	8.33	18.75	11.59	216	42.86	45.24	54.55	37.86	50.00	25.93	31.58	41.67	43.75	43.28
88	3.70	2.00	13.64	3.33		1.67				10.87	218	7.14	4.76	27.27	11.65	11.22	14.81	7.89	16.67	12.50	7.46
90	1.85	4.00			0.96		5.26				220	4.76	2.38		3.40	2.04	5.56	2.63			12.69
92	5.56	10.00	9.09	9.58	14.42	13.33	7.89			3.62	222	26.19	21.43	18.18	20.87	18.37	27.78	23.68	25.00	18.75	7.46
94	12.96	18.00		12.92	23.08	10.00	23.68	25.00	12.50	14.49											
96	11.11	4.00	13.64	7.50	4.81	11.67	13.16	8.33	6.25	10.87											
98	20.37	20.00	27.27	14.58	10.58	16.67	21.05	16.67	31.25	3.62											
100				1.67	2.88	1.67															
102	1.85	2.00	9.09	0.83	0.96	5.00	5.26			39.13											
104										2.90											
108				1.67	0.96	3.33				2.90											
110		2.00	4.55	0.83	0.96				6.25												

(continue)

INRA023	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be	Hol	TGLA126	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be	Hol
195			11.11	1.56		1.85	4.76	8.33			115				0.38	0.91					
197	6.00	8.70	5.56	5.86	5.56	9.26	7.14		16.67		117				0.77	1.82		2.38			
199			5.56	3.13	2.78	3.70	2.38	8.33		0.74	119	46.00	65.22	44.44	48.46	41.82	46.55	57.14	41.67	61.11	35.07
201	10.00	2.17	11.11	2.73	3.70					20.59	121	18.00	8.70	11.11	13.08	17.27	22.41	9.52	33.33	11.11	39.55
205	36.00	41.30	27.78	42.97	38.89	37.04	23.81	25.00	27.78	21.32	123	4.00	2.17		2.69	2.73			8.33		1.49
207	18.00	19.57	16.67	16.02	12.04	22.22	28.57	25.00	22.22	8.82	125	8.00	6.52	16.67	14.23	12.73	6.90	9.52			18.66
209	2.00			3.13	6.48	1.85	7.14	8.33	16.67	22.06	127	16.00	17.39	22.22	18.46	19.09	20.69	16.67	8.33	27.78	5.22
211	6.00	8.70		7.42	4.63	5.56	4.76		5.56		129	8.00		5.56	1.92	3.64	3.45	4.76	8.33		
213	22.00	19.57	22.22	16.80	25.00	18.52	21.43	25.00	11.11	26.47											
215				0.39	0.93						SPS115	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be	Hol
											241	2.08				0.88					
ETH225	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be	Hol	243	35.42	41.30	38.89	32.48	28.95	40.74	30.00	41.67	38.89	58.82
136				0.78	1.28		4.17			19.70	245	4.17	4.35		2.56	0.88	5.56				
138		2.50		2.33	2.56		4.17				247	16.67	19.57	16.67	15.38	12.28	9.26	15.00	8.33	16.67	27.21
140	56.82	57.50	27.78	58.53	56.41	47.50	62.50	33.33	62.50	3.79	249	8.33	10.87	11.11	12.39	14.04	9.26	17.50	16.67		0.74
142	15.91	17.50	22.22	11.24	12.82	15.00	8.33	16.67	12.50		251	27.08	17.39	22.22	28.63	33.33	25.93	27.50	25.00	27.78	11.03
144	13.64	10.00	22.22	17.05	15.38	22.50	12.50	50.00	25.00	35.61	253	2.08			0.43		3.70				
146	11.36	5.00	27.78	7.36	8.97	5.00	8.33			31.06	255	4.17	6.52	11.11	8.12	9.65	5.56	10.00	8.33	16.67	2.21
148				0.39						9.85											
150	2.27			0.78		5.00					BM1824	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be	Hol
154				1.16	1.28	2.50					178	4.55	2.63	5.56	1.57	3.75					19.70
156		7.50		0.39	1.28	2.50					180	47.73	42.11	27.78	51.97	43.75	47.50	41.67	50.00	25.00	22.73
											182	34.09	26.32	33.33	26.38	35.00	27.50	4.17	25.00	25.00	16.67
ILST005	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be	Hol	184			2.63	5.56	0.79	2.50	7.50	4.17		25.00
183	42.86	25.00	40.00	29.31	42.11	34.62	50.00	40.00	12.50	77.54	188	11.36	21.05	27.78	17.32	15.00	17.50	50.00	25.00	12.50	38.64
185	57.14	75.00	60.00	70.69	57.89	65.38	50.00	60.00	87.50	22.46	190	2.27	5.26		1.97					12.50	2.27

(continue)

TGLA122	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be	Hol	INRA005	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be	Hol	
135	10.71	2.08	11.11	9.09	13.39	8.93	16.67		11.11		118				3.70							
139					1.79				5.56		128					3.33						
141	17.86	14.58	11.11	20.08	13.39	16.07	14.29	33.33	11.11		134		4.17									
143	14.29	22.92	22.22	15.53	13.39	19.64	28.57	25.00	5.56	25.00	138	11.11	12.50	30.00	14.81	18.33	23.68	21.88	16.67	11.11	8.21	
145	16.07	14.58	11.11	22.35	16.07	16.07	11.90	16.67	16.67		140	16.67	29.17	25.00	24.07	23.33	31.58	50.00	50.00	33.33	51.49	
147				0.38							142	50.00	45.83	40.00	42.59	40.00	39.47	28.13	16.67	38.89	40.30	
149		4.17		0.38						22.79	146	11.11	4.17	5.00	9.26	6.67	5.26		16.67	5.56		
151	19.64	22.92	16.67	18.94	27.68	35.71	2.38	8.33	44.44	2.21	148	11.11	4.17		5.56	6.67				11.11		
153	12.50	8.33	16.67	5.68	8.04	3.57	9.52	8.33	5.56		150					1.67						
159										1.47												
161	7.14	2.08	11.11	1.14	3.57					2.94												
163				0.38			2.38			23.53												
165				0.38						1.47												
167							2.38															
171										12.50												
173										0.74												
175	1.79			2.27	0.89		4.76															
179				0.38																		
181		8.33		3.03	1.79		7.14	8.33														
185										7.35												

<sup>1)</sup> WT : white coat color mixed with brown, BL : black coat color mixed with brown, WS : white spotted coat color separated with brown;

<sup>2)</sup> B : Hanwoo brown cattle having a cuticolor nose and pure brown coat non-mixed with other colors, B(a ~ e) : near to "e" is darker than "a";

<sup>3)</sup> Hol : Holstein breed utilizing for dairy cattle in Korea;

각 microstatellite loci에 대해 나타나는 대립유전자 빈도를 근거로 하여 분석에 이용한 22가지 microsatellite locus의 특징과 다양성, 이형접합율, 다형성정보지수 및 F-통계량을 구하였고, 각 좌위에 대한 집단내 개체별 및 전체 개체에 대한 이형접합율에 대해서 HWE 검정을 실시한 결과 Table 2-3와 같이 나타났다. 본 연구에 이용한 22가지 microsatellite marker는 총 19개의 소 염색체상에 존재하는 marker이고, 총 대립유전자의 개수는 220개가 검출되었다. 이 중 각 유전자 좌위에 분포하는 대립유전자의 개수는 2개~20개로 나타났고, ILST005의 대립유전자 개수가 가장 적고, TGLA122의 대립유전자 개수가 가장 많은 것으로 나타났다. 하지만, 각 좌위에 존재하는 대립유전자의 수는 샘플수에 의존하는 경향이 있다. 즉, 샘플수가 많은 집단의 경우 검출되는 대립유전자의 수도 많이 나타난다. 따라서 본 연구에서는 샘플수에 영향을 받지 않는 상태에서 대립유전자 수를 보정하여 재측정 하였다. 그 결과 각 좌위별 대립유전자의 개수가 총 60.8개로 나타났고, 1.87개~3.42개의 범위로 상당히 적은 대립유전자 수를 보여주었다. 보정된 대립유전자 수는 각각 ILST006의 대립유전자 수가 가장 적고, TGLA227의 대립유전자 수가 상대적으로 많은 것으로 나타났다. 실제 대립유전자 개수와 보정에 의한 대립유전자 개수의 편차는 Table 3에는 나타내지 않았지만, 0.13개~16.68개로 나타나 ILST005가 가장 작고 TGLA122의 편차가 가장 큰 것으로 나타났다. 유전자 다양성을 나타내는 기대이형접합율(expected heterozygosity)은 평균적으로 0.716의 확률을 보여주었고 0.446~0.865의 범위로 나타났으며, ILST005가 가장 작고 TGLA227의 유전자 다양성이 가장 큰 것으로 나타났다. 각 좌위의 대립유전자의 다형성 정보를 나타내는 PIC 값은 0.331~0.821로 나타났고 ILST005가 가장 작고 TGLA227이 가장 큰 값을 가져 기대이형접합율과 비슷한 양상을 보여주었다. PIC 지수는 평균적으로 0.648의 높은 다형성을 보였으며, BM2113, CSSM66, HEL5, INRA023, TGLA57, TGLA122 및 TGLA227는 0.7 이상의 높은 다형성지수를 나타냈다. 이는 Schmind 등(1999)이 보고한 스위스의 소품종의 대립유전자가 ILST005(2)~HEL9 (13), Del Bo 등(2000)이 보고한 유럽의 알프스 지역 소품종이 ILST005(2)~ TGLA227(8), Sodhi 등(2006)이 보고한 인도의 Tharparkar종이 ETH3(4)~HEL9(11), Mateus 등(2004)이 보고한 포르투갈의 소품종이 BM1818(8)~TGLA227과 HEL9(12), Zhou 등(2005)이 보고한 중국전역의 소품종이 BM1824(4~6)~TGLA122(11~13)로 나타난 것에 비하여 컸고, Zhang 등(2007)이 보고한 중국의 황우가 ETH10(10)~ TGLA227(22)로 나타난 것과 유사하였지만 대립유전자 개수의 변이가 더 큰 것으로 나타났다. 또한, 본 연구에 이용한 한우 및 홀스타인 집단은 다형성지수와 이형접합율은 Schmid 등(1999)이 보고한 스위스 소품종(0.70), Sodhi 등(2006)이 보고한 인도 Zebu 중 Tharparkar종(0.60 및 0.67), Mukesh 등(2004)이 보고한 인도 Sahiwal(0.42), Hariana(0.53) 및 Deoni(0.59), Vjih 등(2008)이 보고한 인도의 물소품종들(0.63~0.70) 보다 큰 것으로 나타났다. 본 연구의 결과가 다른 나라의 품종들에 비하여 대립유전자 개수가 많고 기대이형접합율이 높은

Table 3. Summary statistics showing characteristics, gene diversity, PIC values and F-statistics<sup>1)</sup> of analyzed 22 microsatellite markers.

Locus	Chromosome location	Size range (bp)	No. of alleles	$R_s$	Gene diversity	PIC value	$F_{it}$ (F)	$F_{st}$ ( $\theta$ )	$F_{is}$ ( $f$ )
BM1818	23	253~271	9	2.49	0.664	0.586	0.035	0.011**	0.024
BM1824	1	178~190	6	2.58	0.719	0.616	0.053	0.059***	-0.006
BM2113	2	119~149	11	2.88	0.766	0.704	0.123***	0.044***	0.083***
CSSM66	14	178~202	13	3.12	0.811	0.757	0.032	0.034***	-0.003
ETH3	19	113~129	9	2.87	0.762	0.694	-0.019	0.049***	-0.071
ETH10	5	200~222	11	2.72	0.730	0.662	-0.038	0.010***	-0.049
ETH152	5	190~206	8	2.42	0.615	0.557	0.038	0.042***	-0.004
ETH225	9	136~156	10	2.70	0.670	0.593	0.141***	0.152***	-0.012
HEL1	15	100~114	8	3.06	0.751	0.691	0.148***	0.085***	0.068**
HEL5	21	146~174	12	3.24	0.829	0.779	0.091***	0.071***	0.023
HEL9	8	144~170	12	2.96	0.752	0.698	0.039	0.022***	0.017
ILST005	10	183~185	2	1.87	0.446	0.331	0.360***	0.275***	0.069
ILST006	7	277~301	11	2.78	0.681	0.619	0.064*	0.060***	0.005
INRA005	12	118~150	9	2.52	0.705	0.623	0.045	0.031***	0.015
INRA023	3	195~215	10	2.96	0.803	0.747	0.051*	0.030***	0.021
INRA032	11	176~186	6	2.40	0.609	0.514	0.070	0.105***	-0.041
INRA035	16	85~119	12	2.08	0.513	0.432	0.603***	0.161	0.536***
SPS115	15	241~255	8	2.76	0.753	0.689	0.004	0.029***	-0.025
TGLA57	1	82~102	11	3.02	0.786	0.732	0.120***	0.044***	0.080***
TGLA122	21	135~185	20	3.32	0.839	0.791	0.087***	0.061***	0.029
TGLA126	20	115~129	8	2.63	0.682	0.617	-0.007	0.027***	-0.034
TGLA227	18	78~110	16	3.42	0.865	0.821	0.142***	0.052***	0.096***
Total			222	60.8	0.716	0.648	0.078***	0.053***	0.026***

<sup>1)</sup> Hardy-Weinberg equilibrium test was performed for overall( $F_{it}$ ) and within samples( $F_{is}$ ) based on 1,000 randomisations; Testing for population differentiation not assuming random mating within samples was performed by log-likelihood G statistic based on 1,000 randomisations;  
\* : p<0.05, \*\* : p<0.01, \*\*\* : p<0.001;

것은 대립유전자 개수를 고려하였을 때 그만큼 본 연구에 이용한 집단의 유전적 다양성이 크고, 한우 이외에 홀스타인 집단이 분석에 포함되어 있기 때문에 정도가 더욱 크게 나타나는 것으로 보이는데, 대립유전자의 개수는 집단의 크기에 큰 영향을 받기 때문에(Schmid 등, 1999) 대립유전자 개수 보다는 개수 보정을 통한  $R_s$  값 비교 및 PIC value 등을 통하여 유전자 다양성과 MS marker 선정이 이뤄져야 할 것으로 사료된다.

각 microsatellite loci에 대해 대립유전자 빈도를 이용하여 계산한 집단내 개체간( $f$ ), 전체 개체간( $F$ ) 그리고, 집단 간( $\theta$ ) F-통계량을 비교한 결과, 집단내 근친정도를 나타내며 집단내 개체간 상관을 보여주는  $F_{is}$ 의 경우 평균적으로 0.026의 값을 보였으나 Hardy-Weinberg 평형상태에 벗어나 있는 것으로 나타났다( $p < 0.001$ ). 전체적으로  $F_{is}$ 는  $-0.049 \sim 0.536$ 의 상당히 넓은 범위로 분포하여 microsatellite 좌위에 따른 변이가 상당히 컸고, ETH10 좌위가 가장 작고 INRA035 좌위가 가장 크게 나타나 INRA035는 다른 loci에 비하여 heterozygote의 결손율(53%)이 상당히 커서 집단내 INRA035 좌위에 대한 집단내 개체간 상관정도가 상당히 높은 것으로 나타났다( $p < 0.001$ ). INRA035 좌위를 포함하여 모든 loci에 대한 집단내 개체간 HWE 검정을 한 결과  $F_{is}$  값이 다른 집단에 비하여 대체적으로 높은 loci가 대부분 HWE를 따르지 않는 것으로 나타났고, BM2113, HEL1, INRA035, TGLA57 및 TGLA227 좌위가 이에 해당되었다( $p < 0.001$ ). 특정 좌위에 대한 집단내 개체간 이형접합체의 손실률이 커지는 현상은 특정형질에 대한 집중적인 선발등에 의해서 나타나는 유전적 hitchhiking effect(Jordana 등, 2003), 프라이머 부위에 생기는 변이로 인해 PCR 증폭시 null-allele의 발생 또는 집단의 경계를 알기 어렵기 때문에 발생하는 현상으로서 서로 다른 둘 이상의 집단을 하나의 집단으로 놓고 분석할 경우 관측 이형접합율 보다 기대이형접합율이 커지는 Wahlund effect(Nei 등, 1987)에 의해 발생된다. 본 연구에 이용한 한우 집단들을 확인한 결과, 흑비경 2단계 집단의 이형접합율이 실제 측정 이형접합율에 비하여 낮게 나타나 흑비경 단계 설정이나 기준의 모호함으로 생기는 Wahlund effect가 작용한 것으로 보이는데, 한우의 흑비경에 대한 심사가 목측을 통하여 결정되기 때문에, 심사자 간 차이나 흑비경 색깔기준에 대한 오차도 상당히 심하게 되며(이 등, 2002), 흑비단계에 따른 집단의 개체간 차이도 커지는 것으로 사료된다.

또한,  $F_{is}$  값은 집단내 특정좌위에 대한 임의교배가 이뤄지게 되면 개체간 또는 집단내 개체간에 동일한 관계( $F = \theta$  또는  $f = 0$ )를 가지지게 되는데 반해, 임의교배를 실시하지 않게될 경우 HWE 평형상태가 깨져  $F$ 와  $\theta$ 가 유의적인 차이를 가지게 된다(Weir, 1996). 인간이나 동물 집단의 경우 근친교배나 혈연관계가 가까운 집단과의 교배를 피한 상태에서 계획적으로 교배가 실시되기 때문에  $\theta$ 가  $F$ 를 초과하거나  $f$ 가 음의 값을 가지게 된다. 유럽에서 소품종을 이용한 연구에서는 Kantanen 등(2000)이 20가지 남서유럽의 소품종의 MS 좌위에 대한  $F_{is}$  값이 0.397(INRA035)라 보고 하였고 Jordana 등(2003)의 연구에서는  $-0.028$ (ETH10)  $\sim$   $0.384$  (INRA035)

로 나타나 본 연구와 유사한 결과를 보였는데, 이에 양적형질에 관련되어 있지 않지만 일반적으로 선발이 이뤄지고 있는 형질에 관련이 있으며, 품종, 지역 및 계통 특이적으로 나타나는 현상이라고 설명 하였다. 반면, Mukesh 등(2004), Pandey 등(2006)와 Sodhi 등(2006)이 보고한 인도의 Deoni종, Hariana종, Sahiwal종, Kherigarh종과 Tharparkar종에서는 INRA035의  $F_{is}$ 가 각각 0.121, 0.028, 0.006, 0.0913와 0.064로 낮았지만, BM1818은 0.181, 0.397, 0.344, 0.1639와 0.498, HEL5는 0.640, 0.549, 0.582, 0.6040와 0.371, HEL9은 0.213, 0.117, -0.100, 0.2483와 0.163로 나타나 인도의 소품종과 한우와는 대조적으로 나타났다. 또한, Mateus 등(2004)이 보고한 포르투갈의 소품종간  $F_{is}$  값이 TGLA122(-0.003)~SPS115(0.118)로 나타나 대조적이었으나 Zhang 등(2007)이 보고한 27가지 중국의 소품종간  $F_{is}$  값이 BM1818(-0.015)~INRA035(0.231)로 유사한 결과를 보였다. 결과적으로 각 품종별로 특이성을 가지는 좌위가 각기 다르지만, INRA035는 유럽과 동북아시아 지역의 소품종에 동일하게 나타나는 좌위로서 *Bos taurus*에 특징적으로 나타나는 좌위로 생각되며, *Bos indicus* 종과의 품종간 비교시에는 좌위특이적 다형성이 인정되나 한우집단에 대한 동일성 검정 등의 적용에는 부적합할 것으로 사료된다.

집단 전체에 대한 유사도를 나타내며 이형접합체 결손율을 나타내는  $F_{it}$  또한  $F_{is}$ 와 마찬가지로 -0.038~0.603의 넓은 범위로 나타났고, 각각 ETH10 가장 작은 반면 INRA035 좌위의 집단 전체 유사도가 가장 큰 것으로 나타났다.  $F_{it}$ 는 평균적으로 0.078( $p < 0.001$ )의 값을 보였으며, HWE 검정 결과  $F_{is}$ 에서 HWE를 따르지 않는 좌위 이외에도 ETH225, HEL5, ILST005, ILST006, INRA023 및 TGLA122 좌위가 추가적으로 HWE에 벗어나는 것으로 나타났다. 집단 간 유전적 차이( $F_{st}$ )에 대한 차이 분석결과 평균적으로 0.053의 값을 보였고( $p < 0.001$ ), 각 loci 전체적으로는 0.010(ETH10)~ 0.275(ILST005)의 범위로 나타나, ILST005의 경우 작은 대립유전자 개수와 다형성 지수를 보였음에도 집단 간의 고도의 유의적인 차이( $p < 0.001$ )가 인정되었고, INRA035는 0.514의 다형성 지수를 보였음에도 전체 개체간 유사도 중 집단내 개체간의 유사도가 집단 간 상관에 비하여 높은 값을 보여주어 집단 간 상관에 대한 유의적 차이가 인정되지 않았고 집단 간의 상관을 분석하는데는 적합하지 않은 것으로 나타났다. 동일 지역 내 존재하는 소품종간  $F_{st}$  비교 연구와 비교하면, MacHugh 등(1998)의 7가지 유럽 소품종(11.2%), Schmid 등(1999)의 스위스 소품종(9%), Kantanen 등(2000)의 20가지 남유럽 소품종(10.7%), Jordana 등(2003)의 18가지 남서유럽 소품종(6.8%), Mateus 등(2004)의 포르투갈의 소품종간(11.4%), Zhang 등(2007)의 중국의 소품종(0.092)에 대한  $F_{st}$ 에 비하여 낮아 22가지 MS 좌위를 적용한 한우 외모형태에 따른 집단 간 유전적 관계가 상당히 가까운 것을 확인 하였다. Ciampolini 등(1995)은 동일품종내 집단간 차이 분석에서는 대부분의 개체들이 상당히 유사하며 소수의 개체에 의해 집단간 차이가 발생하기 때문인데 이것은 동일지역에 사육되는 동일품종은 선발계획이나 선발형질이 유사하기 때문이라고 보고하였다. 또한, MacHugh 등(1997)은 이러한 현상에 대



해 지역 특이적으로 존재하는 육우, 작은 크기의 집단, 인공수정의 부재, 품종개량 프로그램의 결여, 선발목표의 미설정 및 종모우나 종빈우 선발의 부재 등과 같은 유전적 변화가 작은 집단에서는 집단 간에 관찰되는 유전자 흐름에 의한  $F_{st}$  값이 상당히 낮고, 동일 집단내 가까운 계통등과 같이 조상으로부터의 분화가 되는 시점에서 현재까지의 시간거리가 상당히 짧을 때 나타나는 현상이라고 보고 하였다. 본 연구는 다른 연구와는 다르게 동일 지역내 존재하는 한 품종의 집단간 분석이기 때문에 집단간 차이를 나타내는  $F_{st}$ 가 상대적으로 낮게 나타나는 것으로 사료되며, 홀스타인 집단이 분석에 이용되었으나 국내에 집중적으로 사육되는 품종이기 때문에 더욱더 이러한 현상이 크게 나타나는 것으로 사료된다.

34개의 marker를 이용한 2단계 분석에서는 외모형태에 따른 집단별 기대이형접합률(Table 2-4)은 전체적으로  $0.530 \pm 0.036$ (HF) ~  $0.685 \pm 0.027$  (NK)로 나타났는데 정상우에 해당되는 집단은  $0.577 \pm 0.032$ 로 낮은 기대이형접합율을 보였다. 흑비경 1단계와 2단계 모두 정상우 집단에 비하여 기대이형 접합율이 증가하였으나 3단계에서 기대이형접합율이 낮아져 흑비경에 따른 뚜렷한 경향은 나타나지 않았다. 또한, Charolais은 실제이형접합율에 비하여 기대이형접합율이 높은 것으로 나타났고, Hereford종은 실제 이형접합율이  $0.385 \pm 0.020$ 으로 상당히 낮은 수치를 보였다. 평균대립유전자 개수는 샘플수에 비례하여 증가하는 현상을 나타냈는데, Holstein종은 샘플크기에 비하여 적은 대립유전자 개수를 보였다. 하지만, 북한에 존재하는 조선소(48두)의 대립유전자 개수는  $7.74 \pm 2.45$ 로 샘플수에 비하여 많은 것으로 나타나 중국과의 품종교류로 인한 이형접합율 상승이 원인인 것으로 보이며 현재까지 품종에 대한 고정성이 이뤄지지 않은 것으로 사료된다.

## 2. 각 집단의 유전적 다양성 분석

한우에 대한 이모색 구분과 흑비경에 따른 구분으로 형성한 집단의 이형접합율과 대립유전자 개수는 Table 2-5와 같이 나타났다. 집단에 대한 기대이형접합율은  $0.689 \pm 0.023$ (Hol) ~  $0.743 \pm 0.021$ (Bd)의 범위를 보이며 평균적으로  $0.716 \pm 0.025$ 의 기대이형접합율을 보였다. 국내 홀스타인 집단의 경우 한우에 비하여 낮은 이형접합율을 보였고, 한우집단 거의 대부분 비슷한 이형접합율을 보였으나, 흑비 2단계 집단과 외모 정상집단이 다른 집단에 비하여 이형접합율이 낮아 집단내 변이도가 다른 집단에 비하여 근사한 차이로 작은 것으로 나타났다. 홀스타인종의 기대이형접합율의 다른 연구결과를 살펴보면 Schmid 등(1999)은 0.69, 김 등(2001)은 0.714, 윤(2002)은 0.668, Dorji 등(2003)은 0.699 및 윤 등(2005)은 0.682로 나타났다고 보고하여 김 등(2001)의 연구 결과와는 다소 차이가 있지만 비슷한 이형접합율을 보이는 것을 확인 하였다. 반면, Hanslik 등(2000)의 연구에서는 Friesian 조상의 기대이형접합율이 0.46으로 나타났고 독일, 덴

마크, 케나다 및 미국 Holstein의 기대이형접합율이 0.43~0.46으로 상당히 낮은 기대이형접합율을 보였는데 이러한 현상은 분석에 이용한 marker의 개수에 의존하기 때문이라고 보고 하였다. 국내 홀스타인종은 국내 보증씨수소를 선발하여 농가에 보급되고는 있지만 아직까지는 외국의 씨수소나 정액 도입에 의한 의존도가 상당히 크기 때문에 다른 나라에 존재하는 홀스타인종의 기대이형접합율과 유사하고 국내에 유입되어 국내환경 및 개량방향에 맞는 형태로 유전자형이 변화되어 온 것으로 사료된다.

Table 2-4. 34가지 MS marker에 대한 집단별 이형접합율 및 평균대립유전자 개수

Population	Sample size	H <sub>E</sub> ±SD	H <sub>O</sub> ±SD	No. of Alleles±SD
AG	15	0.602±0.030	0.551±0.023	4.44±1.50
BH	20	0.613±0.029	0.552±0.019	5.94±2.45
BNa	20	0.577±0.032	0.532±0.019	5.44±2.22
BNb	20	0.613±0.030	0.538±0.019	5.68±1.85
BNc	20	0.622±0.027	0.563±0.019	5.79±1.89
BNd	13	0.587±0.034	0.504±0.023	4.97±1.78
BS	25	0.548±0.036	0.527±0.018	3.94±1.50
CH	12	0.575±0.037	0.610±0.025	4.24±1.46
HF	19	0.530±0.036	0.385±0.020	4.00±1.54
HT	88	0.594±0.034	0.574±0.009	5.62±2.42
KBL	10	0.599±0.038	0.535±0.028	4.44±1.81
KBR	10	0.584±0.037	0.502±0.027	4.38±1.60
LM	40	0.619±0.029	0.567±0.014	5.79±2.31
NK	48	0.685±0.027	0.558±0.012	7.74±2.45
SM	24	0.603±0.029	0.578±0.017	5.06±1.82
WH	17	0.627±0.032	0.538±0.020	5.97±2.22
YB	161	0.669±0.026	0.583±0.006	10.35±3.34

Note : AG-Angus, BH-백모, WH-백모, BNa-정상우, BN(b-d)-흑비1~3단계, BS-Brown Swiss, CH-Charolais, HF-Hereford, HT-Holstein, KBL-내륙흑우, KBR-호반우, LM-Limousin, NK-Nouth Korean cattle, YB-Yenbian Cattle

또한, 본 연구에 이용한 한우 집단의 기대이형접합율은 Schmid 등(1999)이 보고한 스위스의 소품종(0.60~0.69), Mukesh 등(2004)이 분석한 Sahiwal종(0.061), Haryana종(0.66) 및 Deoni종(0.70), 영국 소품종(0.56~0.67), Cítek 등(2006)의 체코 소품종(0.415~0.506), Martín-Burriel 등(2007)의 스페인의 소품종(0.41~0.69), Pendey 등(2006)의 Kherigarh종(0.717), Sodhi 등(2006)의 Tharparkar종(0.67), Mukesh 등(2004)의 Sahiwal종(0.42), Haryana종(0.53), Deoni종(0.59), Vijh 등(2008)이 보고한 인도의 물소품종들(0.63~0.70), Ibeagha-Awemu 등(2004)등이 보고한 서중양 아프리카의 Bos indicus종들의 기대이형접합율이 0.703~0.744, Bos taurus종들의 기대이형접합율이 0.512~0.656, Freeman 등(2004)이 보고한 서아프리카 소품종들이 0.52~0.65, Van Hooft 등(2000)이 보고한 아프리카의 버팔로 품종들이 0.647~0.811, Mateus 등(2004)이 보고한 포르투갈

소품종이 0.6276~0.7417, Zhang 등(2007)이 보고한 중국의 27가지 소품종 중 중국북동부 소품종 (0.683), 중국중부 소품종(0.753) 및 중국남부 소품종(0.629), Bhutan의 소품종이 0.667(Mithun)~0.796(Nepal hill cattle)로 나타난 것과 비교 해볼 때, 몇몇 품종을 제외한 대부분의 품종 보다 기대이형접합율이 커서 품종내 유전적 다양성은 크나 그만큼 백모, 흑모, 백반 및 흑비경 등과 같이 외모형태도 다양하게 나타나기 때문으로 판단되며 품종고정을 위한 보다 많은 노력이 필요할 것으로 사료된다.

집단내에 검색된 대립유전자의 개수는 평균적으로 6.12개로 나타났고, 흑비4단계가 4.23개로 가장 적고, 외모정상 집단이 8.64개로 가장 많이 검출된 것으로 나타났다. 하지만, 집단내 샘플 수 보정에 의한 대립유전자 개수는 2.68개 정도로 거의 차이가 없었고 홀스타인 집단의 대립유전자가 2.57개로 다른 집단에 비하여 적고 백반 및 흑비 4단계 집단이 각각 2.75 및 2.74개로 다른 집단에 비하여 많은 것으로 나타났다. 가축개량 및 선발과정에서 품종은 다시 여러 가지 계통으로 나뉘게 되고 혈통간 차이를 가지게 된다. 하지만, 개량이 이뤄지는 과정에서 특정 종 모우에 대한 선발이나 특정 가계에 대한 선발이 집중적으로 이뤄지면 근친도가 올라가고 이형 접합율은 감소하게 된다(Mateus 등, 2004). 또한, 이러한 현상은 이형접합 손실을 즉 집단의  $F_{is}$  값도 증가시키게 되는데, 국내 한우는 다른 품종이나 국가에 비하여 작은 면적에 존재하는 품종을 개량하는데 있어서 혈통관리 측면에서는 상당히 효율적이 관리가 이뤄지고 있는 것으로 사료된다. 하지만, 한우집단은 홀스타인 집단에 비하여 기대이형접합율이 커 외모형태에 따라 분류한 집단의 순수성이 낮을 뿐만 아니라 한우내 그룹간 분석에서는 실제 검출된 대립유전자에 비하여 다형정보를 가진 대립유전수가 적어 동일 집단내 그룹간 차이를 살펴보기 위해서는 보다 많은 그룹 특이적인 marker를 이용하는 것이 바람직할 것으로 사료된다.

Table 2-5. Expected and observed heterozygosity and mean number of alleles of 22 microsatellite locus for each group

Population <sup>1)</sup>	Sample size	$H_E \pm SD$	$H_O \pm SD$	Mean No. of Alleles	$R_t$
WT	28	0.717±0.024	0.711±0.020	6.14	2.69
BL	26	0.707±0.026	0.698±0.021	6.45	2.67
WS	11	0.736±0.024	0.715±0.030	5.18	2.75
B	140	0.710±0.026	0.670±0.009	8.64	2.68
Ba	59	0.712±0.025	0.700±0.013	7.36	2.68
Bb	30	0.710±0.024	0.720±0.018	6.27	2.66
Bc	21	0.717±0.023	0.708±0.022	6.14	2.69
Bd	6	0.743±0.021	0.718±0.040	4.23	2.74
Be	9	0.715±0.032	0.666±0.035	4.73	2.69
Hol	69	0.689±0.023	0.683±0.012	6.14	2.57
Total	399	0.716±0.025	0.699±0.022	6.12	2.68

<sup>1)</sup> WT - white coat color mixed with brown, BL - black coat color mixed with brown, WS - white spotted coat color separated with brown, B - Hanwoo brown cattle having a cuticolor nose and pure brown coat non-mixed with other colors, B(a ~ e) : near to "e" is darker than "a", Hol : Holstein breed utilizing for dairy cattle in Korea;

집단분석에 이용한 22 microsatellite 좌위에 대해 집단내 개체간 분포를 살펴보기 위해 집단내 개체간 상관정도( $F_{is}$ )를 분석하여 Table 6에 제시 하였다. 모든 좌위에 대한 전체적인  $F_{is}$  추정치는  $-0.02(\text{Bb}) \sim 0.08(\text{Be})$ 로 나타났고,  $-0.67(\text{Bd}) \sim 1.00(\text{WS})$ 의 범위로 나타나 그룹내 각 좌위에 대해서는 상당한 차이를 보이는 것으로 나타났다. 특히, 특정좌위에 있어서는 집단내 이형접합체 결손율의 증감이 존재하는 것을 확인 하였는데, INRA035 및 TGLA227은 흑비경 단계에 따라 집단내 동형접합체가 증가하는 것을 확인함과 동시에 홀스타인 집단을 제외한 한우 집단내에서는 개체간 상관정도( $F_{is}$ )가 상당히 높아 한우에서의 집단간 유전적 분석을 위해서는 적합하지 않은 좌위인 것으로 나타났다. 하지만, INRA035 좌위는 Table 6의 결과와 마찬가지로  $0.53(\text{WT}) \sim 1.00(\text{WS})$ 의 높은 집단내 개체간 유사성을 보여 INRA035 좌위는 한우집단에 있어 상당히 고정되어 있는 좌위임을 발견하였다. 이와는 반대로 ETH3, ETH152, INRA032, ILST005 및 ILST006 좌위는 흑비경 단계가 증가함에 따라 집단내 개체간에 부의 상관을 가져 개체간 차이가 커지는 것을 확인 하였다. 하지만, 각 흑비경과 이모색 집단간 유의적인 증감은 확인할 수 없어( $p < 0.05$ ) 외모조사에 따른 집단 구분의 모호함이 존재하는 것을 다시 확인 하였다. INRA035 좌위의  $F_{is}$  값이 다른 좌위에 비하여 크게 나타나는 현상은 Jordana 등(2003)의 연구에서도 나타났는데, 유럽의 18가지 소품종 중 12가지 소품종이 13.7%(Alentejana) ~ 69.7%(Tudanca), Zhang 등(2007)이 보고한 중국의 27가지 소품종이 0.238의  $F_{is}$  값을 가지는 것으로 나타났지만, Mukesh 등(2004), Sodhi 등(2006) 및 Pandey 등(2006)이 보고한 인도의 Sahiwal종, Haryana종, Deoni종, Tharparkar종과 Kherigarh종이 각각 0.121, 0.028, 0.006, 0.093 및 0.064로 나타난 것에 비하여 낮았다. 또한, Zhang 등(2007)이 보고한 중국의 다양한 황우품종은 ILST005 및 INRA035에서 한우집단과 유사한  $F_{is}$  값을 보였지만 HEL5 및 ETH3 좌위에 대해서 높은  $F_{is}$  값을 보여 중국의 소품종들은 유럽과 인도 지역의 영향을 동시에 받은 것으로 사료된다. 또한, mtDNA 분석을 통한 각 품종간 유전적 관계분석(Chen 등, 1990; Namikkawa 등, 1995; Chen 등, 2006; Lai 등, 2006; Lei 등, 2006; Mannen 등, 1998; Mannen 등, 2004; 윤, 2002; Kikkawa 등, 2002) 및 Y-염색체 특이 좌위분석(Cai 등, 2006; 윤 등, 2007)에서도 중국북부의 소품종과 한우는 유럽의 *Bos taurus*와 유사하고 인도 및 아프리카 종과는 차이가 나는 것을 확인 하였다. 이와 같이 INRA035 좌위는 인도나 아프리카 종에 유래하는 타품종과의 유전적 관계분석에는 상당히 효과적일 수 있으나 품종내 개체간 동일성 검정분석에는 marker로서의 효율성이 떨어질 것으로 사료된다.

Table 2-6. Inbreeding estimates( $F_{is}$ ) within Hanwoo and Holstein populations per each 22 microsatellite loci

Locus	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be	Hol
BM1818	0.00	0.01	-0.18	-0.01	0.08	-0.15	0.30	-0.09	-0.09	0.11
BM1824	-0.11	-0.09	0.29	0.03	-0.20	0.04	0.17	-0.33	0.18	-0.01
BM2113	0.06	0.15	0.11	0.10*	0.09	0.05	-0.08	0.23	0.00	0.09
CSSM66	0.02	-0.20	-0.12	-0.01	0.02	-0.13	-0.03	0.18	0.01	0.12*
ETH3	-0.06	-0.04	-0.03	-0.07	-0.09	0.03	-0.21	-0.28	-0.08	-0.07
ETH10	-0.05	0.00	-0.18	-0.02	-0.03	-0.20	0.03	0.38	-0.14	-0.11
ETH152	0.19	-0.15	-0.02	0.05	-0.01	-0.04	-0.25	-0.40	-0.05	-0.02
ETH225	0.00	-0.27	0.17	0.04	-0.08	-0.05	-0.11	0.11	0.63	-0.06
HEL1	0.00	-0.01	-0.15	0.09	0.11	-0.06	0.03	0.07	0.32	0.08
HEL5	0.02	-0.07	-0.15	0.05	-0.03	0.06	0.15	0.11	0.00	-0.01
HEL9	0.03	-0.05	0.04	0.02	0.06	-0.09	-0.05	0.20	-0.05	0.03
ILST005	-0.09	-0.29	0.22	0.10	-0.05	-0.15	-0.17	0.27	-0.08	0.22
ILST006	-0.14	0.13	0.08	0.02	0.11	-0.04	-0.13	-0.21	-0.40	-0.01
INRA005	-0.24	0.07	-0.27	0.10	0.12	0.11	-0.17	0.09	-0.04	0.01
INRA023	0.19	0.08	0.10	0.02	-0.06	0.00	0.01	0.04	-0.05	0.02
INRA032	0.07	0.07	-0.08	0.03	-0.27	-0.24	-0.30	-0.67	-0.15	0.04
INRA035	0.53***	0.70***	1.00***	0.60***	0.68***	0.76***	0.83***	0.75**	0.82***	0.01
SPS115	-0.13	-0.03	0.02	0.02	-0.03	-0.13	-0.01	0.17	-0.19	-0.08
TGLA57	0.00	-0.02	0.46*	0.08*	0.09	0.04	0.11	-0.03	0.45***	0.07
TGLA122	0.05	0.27***	-0.13	0.05	0.07	-0.05	-0.11	0.02	0.01	-0.07
TGLA126	-0.15	0.04	-0.36	0.04	-0.07	-0.09	0.03	-0.36	0.02	-0.11
TGLA227	0.16*	0.01	0.08	0.13***	0.00	0.12	0.22*	0.23	0.26	0.03
All	0.01	0.01	0.03	0.06***	0.02	-0.02	0.01	0.03	0.08*	0.01

WT - white coat color mixed with brown, BL - black coat color mixed with brown, WS - white spotted coat color separated with brown, B - Hanwoo brown cattle having a cuticular nose and pure brown coat non-mixed with other colors, B(a ~ e) : near to "e" is darker than "a", Hol : Holstein breed utilizing for dairy cattle in Korea; \* : p<0.05, \*\* : p<0.01, \*\*\* : p<0.001;

### 3. 집단 간 유전적 거리 및 관계 분석

각 이모색과 흑비경단계에 따른 한우분류 집단 간 그리고 홀스타인 집단과의 유전적인 관계를 살펴보기 위하여  $D_S$ (Nei, 1987) 유전적 거리와  $D_A$ (Nei 등, 1983) 유전적 거리를 DISPAN 소프트웨어에 의해 계산한 결과 Table 2-7 및 Table 2-8과 같이 나타났다. 먼저  $D_S$  유전거리를 살펴보면 한우 외모정상 집단에 대해서는 백모 집단( $-0.0098 \pm 0.0038$ )이 다른 집단에 비하여 유전적 거리가 가장 가까운 것으로 나타나났고, 백반 집단( $0.0704 \pm 0.0438$ )이 다른 집단에 비하여 상대적으로 유전적 거리가 먼 것으로 나타났다. 반면, 흑비경이 발견된 집단은 뚜렷한 경향은 발견되지 않았으나 흑비경 4단계( $0.0088 \pm 0.0328$ )와 5단계 집단( $0.0318 \pm 0.0397$ )이 흑비경 3단계 집단( $0.0433 \pm 0.0146$ ) 보다 정상집단에 유전적으로 가까운 것으로 나타났다. 또한, 한우 집단 전체는 홀스타인종과의 유전적 거리( $0.2943 \pm 0.0858 \sim 0.4018 \pm 0.0586$ )가 모든 집단에 있어 다른 집단에 비하여 먼 것으로 나타났고, 한우 집단 간 유전거리의 경우 측정된 유전적 거리 평균에 비하여 오차가 상대적으로 큰 것으로 나타나 Table 2-4 및 Table 2-5와 동일한 결과를 얻었으며 각 집단내 변이 또한 상당히 큰 것으로 나타났다.  $D_A$  유전거리를 살펴본 결과, 홀스타인 집단은 외모분류에 의한 한우 모든 집단에 대해 유전적 거리( $0.2267 \sim 0.3009$ )가 먼 것으로 나타났고, 한우 집단 간에서는 외모정상 집단에 대한 유전적 거리가 흑비경 집단 중 흑비 4단계 집단이 0.1091로 가장 멀고, 흑비 1단계 집단이 0.0186으로 가깝게 나타나  $D_S$  유전거리와 조금 다른 양상을 보여주었다. 또한, 백반집단(0.0930)은  $D_S$  유전거리 분석에서 다른 특이외모 집단에 비해 정상집단과의 거리가 가장 먼 것으로 나타났지만  $D_A$  유전거리 분석에서는 흑비경 4단계가 가장 먼 것으로 나타났다. 이에 집단 간 차이에 의한  $F_{st}$  값을 이용하여 유전관계를 살펴본 결과  $D_A$  유전거리와 같은 결과를 보여주었으나, 집단 간 차이에 대한 pairwise test를 시행한 결과 한우 집단 간에는 어떠한 유의적인 차이도 존재하지 않아 한우 외모특성에 의해 분류된 집단이 서로 혼재되어 있는 것을 알 수 있었다. 또한, Moazami-Goudarzi 등(1997)은  $D_S$ 와  $F_{st}$  값은 동일집단내 성별 그룹이나 동일집단의 계통간의 분석에 더 민감한 차이를 보여 이러한 집단을 설명하는데 효과적이라고 보고한 것에 비춰볼 때,  $D_S$  유전적 거리가 상당한 오차를 가지며 나타나고,  $F_{st}$ 에 대한 유의성이 발견되지 않아 한우 집단내 외모형태에 따른 분류집단의 변이가 상당히 크다는 결론을 뒷받침 해주었다. 반면, 홀스타인 품종에 대한 한우의 집단차이에서  $D_A$  유전거리와 비교했을 때 흑비경 4단계와의 관계가 0.0983으로 다른 흑비경 집단에 비하여 가까운 것으로 나타났으나, 전체적인 흑비경과의 유전적 관계는  $D_S$  유전거리와 같은 양상을 보이는 것으로 나타났다. 또한, 흑비경 5단계를 제외한 모든 집단 간에 유의적인 차이가 존재하는 것을 확인 하여( $p < 0.01$ ), 홀스타인종과 한우와의 유전적 관계에 대해서는 유의적인 차이가 인정 되었다. 자국내 소품종의 유전적 거리를 비교한 연구를 살펴보면, 영국 내 8가지 소품종간  $D_A$  유전

적 거리가 0.1944~0.4064로 Mukesh 등(2004)는 인도의 세가지 소품종간  $D_S$ 와  $D_A$  유전적 거리가 각각 0.233~0.389 및 0.211~0.276으로 나타나 국내 재래 소품종간 유전적 거리에 비하여 상당히 거리가 큰 반면, Mateus 등(2004)이 보고한 포르투갈의 소품종은  $D_A$  유전적 거리가 0.0326~0.1898로, Cítek 등(2006)이 보고한 체코의 소품종은  $D_A$  유전적 거리가 0.0172~0.0837로 나타나 하나의 국가내에 존재하는 소품종간 유전적 거리에서 유사한 경향을 보여주었다. 또한, Dorji 등(2003)은 Bhutan내에 존재하는 소품종간 유전적 거리가 0.073~0.508로 나타나 자국내 소품종간 유전적 거리가 다양하게 존재한다고 보고 하였는데, Bhutan은 티벳과 인도의 접경지역으로 *taurus*와 *indicus*가 모두 유입되어 교잡이 상당히 이뤄졌으며, 특이적으로 *taurus*나 *indicus*의 고유한 특성을 가진 품종이 존재하기 때문에 다양한 유전거리를 가지는 것으로 사료된다.

무엇보다 같은 흰색의 모색이 발견되는 백모와 백반은 유전적 거리 분석에 있어서 한우집단 뿐만 아니라 백모집단과 차이를 보였다. 소에 나타나는 백모는 여러 가지 발현양상을 보이는데, 몸 전체가 백모색으로 뒤덮힌 albino 형태(Leipold 등, 1968; Greene 등, 1973, Gallagher 등, 1992; Schmutz 등, 2004) 이외에도 한우의 백모나 흑모와 마찬가지로 야생타입과 함께 백모나 흑모가 섞여 나타나는 Roan 타입(Olson, 1999; Seitz 등, 1999; Aasland 등, 2000), 한우의 백반과 같이 반점의 형태로 나타나는 백반(white spotting) 타입(Olson, 1981; Olson, 1999; Reinsch 등, 1999a), 커다란 반점으로 몸의 측면을 덮고 있는 colour sided 타입(Olson, 1999) 및 허리에 벨트를 찬 형태로 나타나는 belted 타입(Guiffra 등, 1999; Rao 등, 2003) 등의 형태로 나타난다(Seo 등, 2007). 특히, 한우의 백모와 유사한 Roan 타입은 5번째 염색체(Olson, 1993)의 KIT ligand라고도 불리는 MGF(Mast cell growth factor) 유전자에 의해 결정되는데 single bp 변화 돌연변이에 의해 일어난다(Seitz 등, 1999; Aasland 등, 2000). MGF는 melanocyte, hematopoietic cell 및 색식세포의 성장 및 분화에 있어 중요한 역할을 하기 때문에 KIT 유전자나 MGF 유전자 내의 기능은 색소형성 이상, 빈혈 및 불임이나 열성치사와 관련이 있다(Pawson과 Bernstein, 1990). 주로 Hereford, Shorthorn, Belgian Blue 및 Texas Longhorn종에 나타나는 모색특징 중 하나로서  $R/r+$  타입의 이형접합 대립유전자를 가질 때 발현된다(Seo 등, 2007). 반면, 백반형태는 Holstein, Guernsey, African Sanga, Zebu 및 Simmental 품종등에서 나타나며, 백반의 크기, 모양 및 발현부위가 각기 임의적으로 나타난다. 백반형태의 모색발현은 Holstein 및 Hereford 종에서 6번째 염색체 KIT 부근의 synteny에 의해 결정되는데(Reinsch 등, 1999a),  $S$ 와  $W$  좌위에 있는 네 가지 대립유전자형( $S^+$ ,  $S^H$ ,  $S^p$  및  $s$ )에 따라  $s$ 형은 Holstein이나 Guernsey와 같이 불규칙한 형태의 원인이 되며,  $S^H$ 는 Hereford와 같이 머리부분이 백모인 형태로 발현이 된다. 한우에서는 장 등(2002)이  $c$ -KIT receptor 유전자의 intron 6번 영역에서의 다형성을 조사한 결과, 흰 반점을 가지는 품종들의 intron 6번 영

역에서 확인된 4개의 염기치환은 품종에 따라 다른 빈도를 보였고, 품종간 연관성에 대한 증거는 발견하지 못하였다고 보고 하였다. 즉, 한우의 외모 특성이 일부분으로 발현되는 백모, 흑모 및 백반은 각기 다른 염색체내 특정좌위의 대립유전자에 의해 결정되기 때문에 같은 모색을 가짐에도 불구하고 집단간 차이를 보이는 것으로 사료된다.

Table 2-7.  $D_S$  genetic distance±standard error matrix among the Hanwoo grouped by phenotypic characteristics

Population <sup>1)</sup>	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be
BL	-0.0097 ±0.0073								
WS	0.0242 ±0.330	0.0450 ±0.0323							
B	-0.0098 ±0.0038	-0.0007 ±0.0049	0.0704 ±0.0438						
Ba	-0.0162 ±0.0047	0.0021 ±0.0063	0.0577 ±0.0444	-0.0025 ±0.0030					
Bb	-0.0090 ±0.0059	0.0078 ±0.0097	0.0342 ±0.0293	0.0042 ±0.0048	0.0075 ±0.0067				
Bc	0.0318 ±0.0212	0.0214 ±0.0134	0.0384 ±0.0247	0.0433 ±0.0146	0.0384 ±0.0184	0.0253 ±0.0140			
Bd	-0.0102 ±0.0333	0.0040 ±0.0329	-0.0478 ±0.0268	0.0088 ±0.0329	0.0108 ±0.0328	-0.0247 ±0.0248	-0.0329 ±0.0191		
Be	0.0168 ±0.0349	-0.0046 ±0.0295	-0.0007 ±0.0193	0.0318 ±0.0397	0.0353 ±0.0419	0.0085 ±0.0294	0.0676 ±0.0337	-0.0212 ±0.0285	
Hol	0.3636 ±0.0606	0.3796 ±0.0665	0.2730 ±0.0608	0.4018 ±0.0586	0.3730 ±0.0576	0.3418 ±0.0527	0.3537 ±0.0772	0.2943 ±0.0858	0.3748 ±0.0815

<sup>1)</sup> WT - white coat color mixed with brown, BL - black coat color mixed with brown, WS - white spotted coat color separated with brown, B - Hanwoo brown cattle having a cuticolor nose and pure brown coat non-mixed with other colors, B(a ~ e) : near to "e" is darker than "a", Hol : Holstein breed utilizing for dairy cattle in Korea;



Table 2-8.  $D_A$  genetic distances and population differences( $F_{st}$ ) among the Hanwoo grouped by phenotypic characteristics

	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be	Hol
WT		-0.0037 <sup>NS</sup>	0.0093 <sup>NS</sup>	-0.0073 <sup>NS</sup>	-0.0066 <sup>NS</sup>	-0.0032 <sup>NS</sup>	0.0124 <sup>NS</sup>	-0.0016 <sup>NS</sup>	0.0067 <sup>NS</sup>	0.1157 <sup>**</sup>
BL	0.0491		0.0173 <sup>NS</sup>	-0.0011 <sup>NS</sup>	0.0006 <sup>NS</sup>	0.0033 <sup>NS</sup>	0.0084 <sup>NS</sup>	0.0045 <sup>NS</sup>	-0.0019 <sup>NS</sup>	0.1210 <sup>**</sup>
WS	0.0845	0.1033		0.0256 <sup>NS</sup>	0.0217 <sup>NS</sup>	0.0138 <sup>NS</sup>	0.0137 <sup>NS</sup>	-0.0214 <sup>NS</sup>	-0.0041 <sup>NS</sup>	0.0918 <sup>**</sup>
B	0.0319	0.0368	0.0930		-0.0014 <sup>NS</sup>	0.0012 <sup>NS</sup>	0.0162 <sup>NS</sup>	0.0045 <sup>NS</sup>	0.0115 <sup>NS</sup>	0.1244 <sup>**</sup>
Ba	0.0350	0.0406	0.0971	0.0186		0.0030 <sup>NS</sup>	0.0148 <sup>NS</sup>	0.0073 <sup>NS</sup>	0.0140 <sup>NS</sup>	0.1180 <sup>**</sup>
Bb	0.0519	0.0544	0.0882	0.0355	0.0440		0.0101 <sup>NS</sup>	-0.0063 <sup>NS</sup>	0.0037 <sup>NS</sup>	0.1115 <sup>**</sup>
Bc	0.0841	0.0692	0.1083	0.0647	0.0656	0.0660		-0.0110 <sup>NS</sup>	0.0240 <sup>NS</sup>	0.1130 <sup>**</sup>
Bd	0.1180	0.1232	0.1388	0.1091	0.1140	0.1057	0.1052		-0.0142 <sup>NS</sup>	0.0983 <sup>*</sup>
Be	0.0920	0.0823	0.1270	0.0883	0.0916	0.0880	0.1263	0.1387		0.1192 <sup>NS</sup>
Hol	0.2416	0.2309	0.2305	0.2294	0.2301	0.2267	0.2365	0.3009	0.2860	

p-values obtained after 4,500 permutations; <sup>NS</sup> : non-significant, \* : p<0.05, \*\* : p<0.01, \*\*\* : p<0.001;

Indicative adjusted nominal level(5%) for multiple comparisons is 0.0011

WT - white coat color mixed with brown, BL - black coat color mixed with brown, WS - white spotted coat color separated with brown, B - Hanwoo brown cattle having a cuticolor nose and pure brown coat non-mixed with other colors, B(a ~ e) : near to "e" is darker than "a", Hol : Holstein breed utilizing for dairy cattle in Korea;

집단 간 유전적 거리를 이용하여 Neighbour-joining 방법으로 집단 간 군집분석을 실시한 결과,  $D_S$ 와  $D_A$  유전거리에 의한 NJ tree는 각각 Figure 2-4와 Figure 2-5과 같은 계통수 형태로 군집을 형성하면서 각 군집에 대한 bootstrap 값을 가지는 것으로 나타났다. 각 계통수에 대해서는 1,000회 bootstrap을 실시하였으며, 이 값은 각 군집에 대한 재현성을 나타내는 값으로 1,000회 random하게 계통수를 작성할 경우 같은 군집을 형성하게 될 확률을 나타낸다.  $D_S$  유전거리에 의한 계통수는 외모정상집단, 흑비경 1단계 및 백모 집단의 하나의 작은 군집을 형성하고, 흑모와 흑비경 5단계 집단이 함께 또 다른 군집을 형성하는 것을 확인 하였으나 흑모와 흑비경 간 bootstrap 값과 두 개의 작은 집단 간 bootstrap 값이 상당히 낮은 것으로 나타났고, 흑비경 2~4 단계 및 백반집단은 별도의 그룹을 형성하지 않은 채 outgroup을 형성하는 것으로 나타났다. 하지만, 흑비경 3단계와 4단계 간에는 높은 bootstrap 값을 보이는 것으로 나타났다. 또한, 흑비 3단계와 5단계 집단을 제외한 한우 집단내에서는 각 군집을 형성한 시점, 즉, 가지가 분화된 시점으로부터 시간거리가 상당히 짧은 것으로 나타나 분화된 시점이 얼마 되지 않거나 혹은 같은 집단 내에 존재할 가능성이 있음을 보여주었으며, 흑비 3단계와 4단계간의 군집형성에 대한 신뢰도는 낮은 것으로 나타났다. 특징적으로 백반 집단은 다른 한우 집단과 다소 거리가 먼 지역에 집단을 형성하였고, 홀스타인 품종은 한우집단과는 상당히 거리가 먼 outgroup으로 존재하는 것을 확인 하였다.  $D_A$  유전거리 행렬을 이용한 NJ tree를 살펴보면  $D_S$  유전거리를 이용한 NJ tree에 비하여 비교적 높은 bootstrap 값을 가지며,  $D_S$  NJ tree와 비슷한 양상을 나타냈는데  $D_S$  tree에서는 outgroup으로 존재하던 흑비 3단계와 4단계 집단이 소규모 군집을 형성하는 것을 확인 할 수 있었고, 백반집단과 홀스타인 집단은 여전히 outgroup으로 존재하는 것으로 나타났다. Moazami-Goudarzi 등(1997)은 품종간 비교에 있어 17가지 microsatellite를 이용하여 분석한 결과 74%의 bootstrap 값을 가지는 군집이 형성되는 것을 확인하였으나, 17가지 microsatellite maker 중 임의로 5가지 microsatellite marker를 재선정하여 품종간 유연성 계통수를 다시 작성한 결과 좌위의 영향이나 좌위조합에 의한 신뢰도가 상당히 작음에도 불구하고, 전혀 다른 집단 간에 72%의 높은 bootstrap 값을 보이며 군집을 형성하는 것을 확인하였다고 보고하였고, microsatellite marker 개수 선정에 있어 집단내 혹은 집단 간 polymorphic 한 marker 선정이 상당히 중요하며, marker 수를 점차적으로 늘려가며 분석을 시도하여 분석결과가 충분한 신뢰도와 반복력을 가질 때 정확한 분석이 이뤄질 것이라고 고찰하였다. 하지만, 본 연구결과에는 포함하지 않았으나 본 연구에서도 나타난 바와 같이 INRA035 좌위와 같이 특정 집단(한우)에 대해서 고정 이 이뤄진 좌위가 유전적 거리분석과 계통수 작성 분석에 포함될 경우 편중된(biased) 결과에 도달할 것이라는 예상과는 달리 21가지 microsatellite 좌위를 이용하여 분석한 결과, 오히려 계통수 재현성을 나타내는 bootstrap 값이 증가하지만 유전적 거리 및 F-통계량에는 차이가 없음을 확인 하였다. 그리고, 본 연구 분석결과  $D_S$ 와  $D_A$  유전적 거리를 통한 NJ tree 작성결과, bootstrap 값

이 높음에도 불구하고  $F_{st}$  분석에서는 유의적 차이가 인정되지 않는 집단이 존재하는 것을 확인하였고, 실제 개체별 유전적 거리를 이용한 dendrogram 분석을 통해서도 확인하였다. 따라서, Rosenberg 등(2001)가 보고한 기대이형접합율,  $F_{st}$  및 random marker 선정등을 통한 정확도 분석결과와 마찬가지로 marker의 개수보다는 얼마나 다형성이 큰 marker를 사용하느냐가 계통수의 정확성을 좌우하며 실제 군집형성에 대한 유무나 통계적 정확도는 F-통계량을 따르는 것이 나올 것으로 사료된다.

국내 한우에서 흑비경이 존재하는 집단은 3~5단계에 있어 흑비경 5단계가 외모정상인 집단과 유전적 거리가 더 가깝고 4단계 집단의 거리가 더 멀게 나타났지만, 각 집단의 지역별 빈도, 3단계와 4단계간 군집 형성 유무, 집단내 좌위특성 등을 살펴보았을 때, 집단 보다는 개체의 특성이 크기 때문에 흑비경에 대한 외모심사에 있어 목측으로 인한 오차가 상당히 크게 작용하는 것을 확인 하였는데, 계통수의 재현성 지수가 낮게 나타나는 현상의 가장 큰 이유는 두 집단간의 교잡을 들 수 있고(Felsenstein, 1982), 특정 집단에 특이성을 보이는 좌위만을 분석하는 것이 원인이 되기도 한다(Moazami-Goudarzi 등, 1997; Martín-Burriel 등, 1999; Cañon 등, 2001). 하지만, 한우라는 하나의 집단을 외모형태에 따라 분류한 것이고 각 좌위에 대한 PIC 값이 평균적으로 0.648로 나타난 것을 감안할 때, marker 수나 종류에 의한 것이 아닌 유전적으로 상당히 가까운 집단간의 random drift(Lirón 등, 2006)에 의한 결과와 외모형태에 따른 분류과정에서 생기는 오차에 의한 결과라 사료된다.

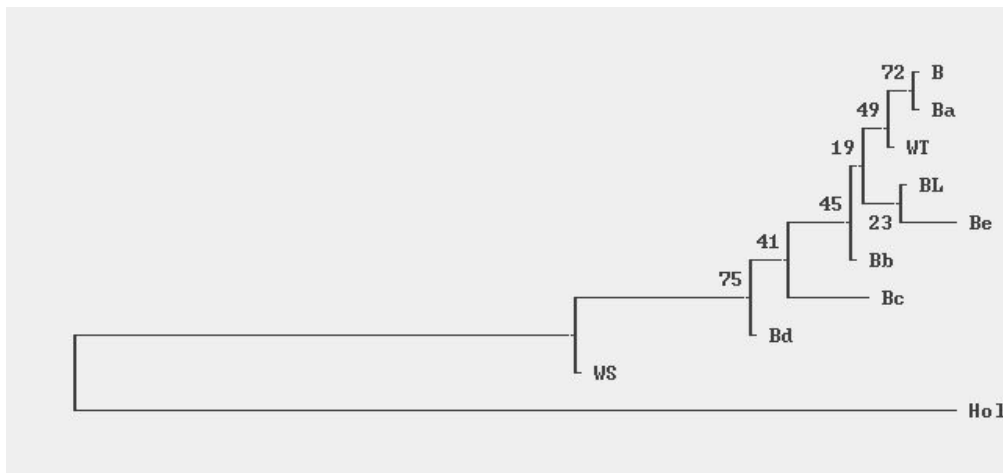


Figure 2-4. Neighbour-joining tree of genetic relationship among Hanwoo grouped by phenotypic characteristics using  $D_S$  genetic distances based on 22 microsatellite loci. The numbers on the nodes are percentage bootstrap values in 1,000 replications.

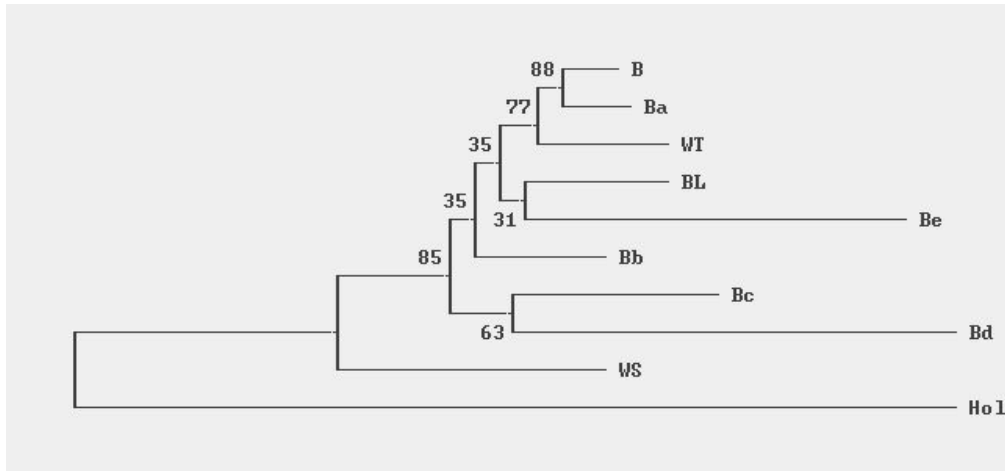


Figure 2-5. Neighbour-joining tree of genetic relationship among Hanwoo using  $D_A$  genetic distances based on 22 microsatellite loci. The numbers on the nodes are percentage bootstrap values in 1,000 replications.

집단 간 군집정도가 아닌 실제 개체간 군집이 형성되는 정도와 분산정도를 살펴보기 위하여 분석에 이용한 399두 전체에 대한  $D_A$  유전적 거리 행렬을 계산하여 개체간 dendrogram을 작성하였고, Figure 2-6에 제시 하였다. 그 결과 유전적 거리 행렬,  $F_{st}$  검정 및 군집분석을 통한 결과와 마찬가지로 한우내에 이모색이나 흑비경에 대한 별도 집단을 형성하지 않은 채 정상우 집단 사이에 산재되어 분포하고 있으며, 홀스타인만의 특정 군집이 형성되어 이모색이나 흑비경은 한우내에 존재하는 일반적인 외모적 다양성의 일부일 것으로 사료된다. 하지만, 백반의 경우 백모나 흑모와는 다르게 황모와 뚜렷이 구분이 되는 모색으로 구분되며, dendrogram 확인 결과 전체 개체중 소규모 집단이 형성되는 것을 확인 할 수 있었다. 이에 백반이 존재하는 집단의 모든 개체에 대한 지역을 추적한 결과, 총 11마리 중 8마리가 충남 보령지역에서 외모조사 및 혈액채취를 실시한 개체임을 확인 하였고, 혈통추적 결과 11마리중 각각 KPN530 종모우의 자손 3마리, KPN566 종모우의 자손 2마리, KPN146, KPN291 및 KPN485의 자손이 각각 1마리씩 존재하는 것으로 나타났다. 또한, KPN146은 같은 전남 고흥에 자손이 하나 더 존재하며 외모정상인 것으로 나타났고, KPN485와 KPN530은 각각 경기도 이천과 충남 보령지역에서 백모의 외모를 가진 개체가 자손인 것으로 조사되었다. 백반 집단이 개체간 유전적 거리에 의해 소규모 집단을 형성하지만 집단간 유전적 거리에 의하면 정상우 집단에 대한 거리가 인정되었고, 한우전체에 혼재되어 존재하는 것으로 보아 수세월에 걸쳐 잠재되어 있던 특정 종모우의 유전적 특징인 것으로 예상되지만, 한우의 범위내에서 발견 되었기 때문에 한우내에 존재하는 외모적 특성의 일환으로 규정해야 할 것으로 사료된다.

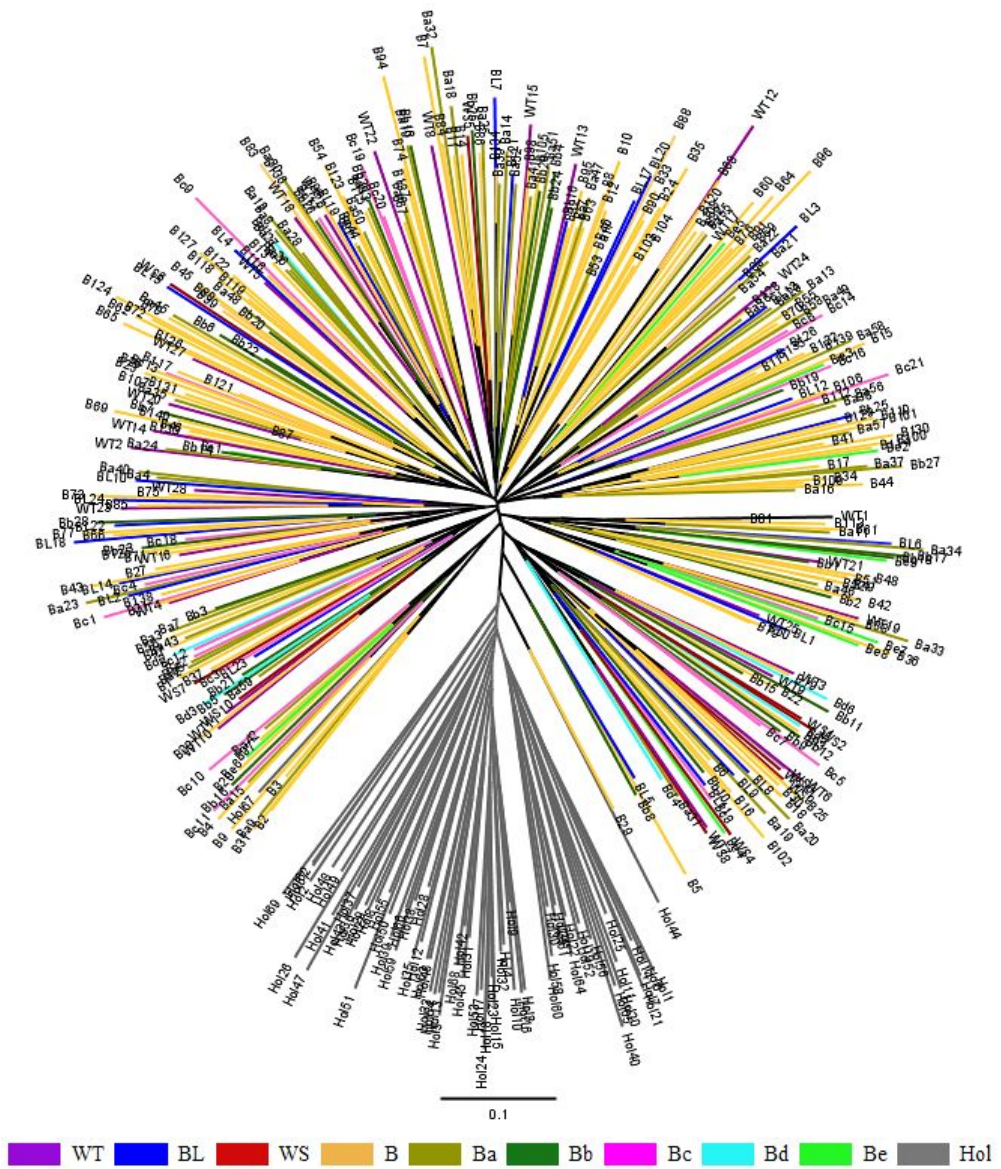


Figure 2-6. Neighbour-joining dendrogram using  $D_A$  genetic distance within the individuals in 10 population grouped by phenotypic characteristics. WT - white coat color mixed with brown, BL - black coat color mixed with brown, WS - white spotted coat color separated with brown, B - Hanwoo brown cattle having a cuticolor nose and pure brown coat non-mixed with other colors, B(a ~ e) : near to "e" is darker than "a", Hol : Holstein breed utilizing for dairy cattle in Korea;

Table 2-9. Correlation coefficients among Hanwoo grouped by phenotypic characteristics and Holstein breed using allele frequencies per each locus

Population <sup>1)</sup>	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be
BL	0.891								
WS	0.703	0.694							
B	0.936	0.901	0.645						
Ba	0.931	0.901	0.694	0.954					
Bb	0.899	0.867	0.740	0.891	0.895				
Bc	0.785	0.834	0.738	0.788	0.813	0.843			
Bd	0.694	0.696	0.749	0.659	0.692	0.750	0.770		
Be	0.684	0.760	0.709	0.667	0.693	0.740	0.661	0.669	
Hol	0.385	0.415	0.491	0.356	0.401	0.451	0.485	0.433	0.377

All variables are significantly different from 0 with a significance level  $\alpha=0.05$

<sup>f)</sup> WT - white coat color mixed with brown, BL - black coat color mixed with brown, WS - white spotted coat color separated with brown, B - Hanwoo brown cattle having a cuticolor nose and pure brown coat non-mixed with other colors, B(a ~ e) : near to "e" is darker than "a", Hol : Holstein breed utilizing for dairy cattle in Korea;

추가적으로 22가지 microsatellites 분석에 의해 얻은 대립유전자 빈도를 이용하여 상관행렬을 구한 결과는 Table 2-9과 같이 나타났는데, 이는 지금까지의 집단 간 유전적 관계에 대한 분석결과를 뒷받침 해주는 결과를 보여 주었다. 거리행렬에 대한 결과와 마찬가지로 홀스타인 집단에 대한 한우집단의 상관은 0.356~0.491의 범위로 나타나 다른 집단에 비하여 낮은 상관을 보여주었고, 외모정상 집단에 대한 다른 한우 집단의 상관은 0.645~0.931의 범위로 나타났다. 무엇보다 외모정상 집단에 대한 백모와 흑모의 상관은 0.9 이상의 높은 상관을 보여 흑비경이 존재하는 집단보다도 높은 상관계수를 보여 줌으로서 백모와 흑모는 한우의 일반적인 외모특성임을 입증하였다. 반면, 백반 집단은 외모 정상인 집단에 있어 다른 집단에 비하여 낮은 상관계수를 보였지만, 흑비경 4단계와 5단계는 다른 흑비경 집단에 비하여 외모정상인 집단에 대한 상관이 낮고, 외모정상 집단, 흑비경 1단계 및 흑비경 2단계 집단에 대한 상관이 모두 비슷하게 낮으며, 3~4단계 흑비경 집단 간의 뚜렷한 경향은 존재하지 않는 것으로 나타났다. Table 2-9의 상관분석 결과를 이용하여 집단에 대한 주성분 분석을 실시한 결과 총 10개의 주성분이 검색되었고 각 주성분에 대한 고유값(eigen value)과 분산기여도는 Figure 2-7과 같이 나타났다. 주성분에 대한 분산 기여도는 제 5주성분을 포함하여 90%가 넘었고, 1주성분과 2주성분의 고유값에 있어 차이가 많이 낮지만, 2주성분 포함하여 79.28%의 비교적 높은 설명 분산을 보였다. 그러나 주성분분석의 결과와 집단  $F_{st}$  값의 차이 검정, 유전적 거리와 집단별 및 개체별 NJ tree 등의 결과를 종합적으로 비교하여 볼 때, 제 1 성분에 대해서 한우 집단과 홀스타인 집단이 모두 양(+)의 방향에 존재하는 가운데 홀스타인 집단과 한우집단간의 유전적 차이가 인정되었고, 한우 집단이 대부분 유사한 x축 선상에 존재하는 것을 확인 하였다. 반면, 제 2 성분에 대해서 각 집단의 주성분에

대한 공헌도가 외모정상 집단, 흑비경 1~2단계, 백모 및 흑모 집단에서 음(-)의 방향으로 나타났고, 흑비경 3~5단계 및 백반 집단이 홀스타인 품종과 함께 양(+)의 방향으로 나타났으나, 제 2 성분의 설명 분산이 제 1 성분의 설명 분산에 비하여 상당히 작고, 제 2 성분에 대한 고유치 값이 변수 하나의 분산을 축약하고 있는 기준 고유값 1을 넘지 못하는 것으로 나타났다. 상당히 밀접한 관계를 가지는 집단내에서의 그룹간 차이는 돌연변이에 의해 설명되지 않고, 유전적 부동에 의해 설명되는데, 일정한 도태나 돌연변이 이주율에 의한 유전자 빈도 변화는 일정한 방향성을 가지는데 반해, 유전적 부동은 배우자의 기회적 추출에 의하므로 유전적 빈도 변화가 일정한 방향을 가지지 않고, 집단의 크기에 반비례하여 나타나기 때문에 집단이 작아질수록 커지는 경향을 갖는다(Takezaki와 Nei, 1996; MacHugh 등, 1998; Laval 등, 2002). 또한, 진화와 품종의 기원은 분화과정에 있어서 차이를 보이는데, 진화에서는 격리가 먼저 일어난 후 선발, 돌연변이 및 이주가 분화의 원인이 되는 반면, 품종은 교잡에 의해서 형성된다. 그래서, 군집형성과 잠재적인 차이는 품종의 발달과 품종에 관여하는 환경을 연구함으로써 추정할 수 있다(Citek 등, 2006). 이에 따라 본 연구에서 흑비경 단계별 그룹에 따른 유전적 변화가 일정한 방향성을 가지지 않고 서로 산재되어 분포하는 현상은 이 등(2002)에서도 보고된 바 있지만, 한우 집단내 흑비경 그룹의 개체수 차이에 의한 유전적 부동의 결과로 해석이 가능할 것이다.

따라서 기존의 분석에서 흑비경 3~5단계간 어떠한 특정패턴도 존재하지 않았고, 개체간 유전 거리를 이용한 NJ tree 분석결과 백반을 제외한 이모색 관련 집단이나 흑비경 집단이 외모 정상집단내에 산재되어 있는 점과 집단 간  $F_{st}$  분석 결과 한우 집단 간 유의적인 차이도 인정되지 않은 점뿐만 아니라, 외래종의 유입이나 교잡 등에 대한 별도의 집단 형성 등이 존재하지 않았다는 점을 고려하여 볼 때 한우의 백모, 흑모 및 흑비경 자체는 홀스타인과의 교잡에 의한 표현형적 특성이 아닌 오랜세월 동안 형성된 한우내 표현형적 특성일 것으로 사료된다.

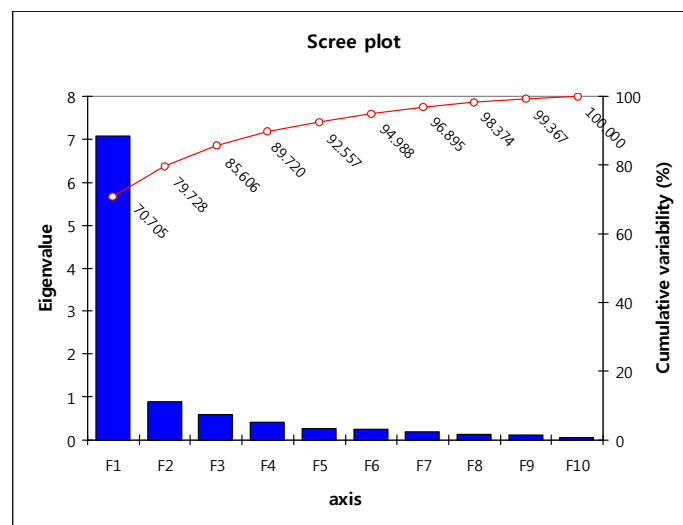


Figure 2-7. Each ten principal component and their contribution rate of variances and their cumulative rates

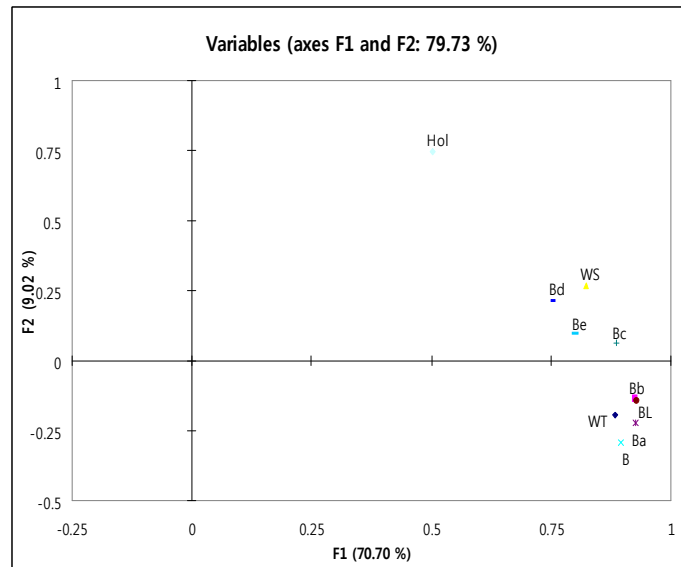


Figure 2-8. principal component coordinates plot of each groups based on the correlation of allele frequencies in 22 microsatellite markers. WT - white coat color mixed with brown, BL - black coat color mixed with brown, WS - white spotted coat color separated with brown, B - Hanwoo brown cattle having a cuticolor nose and pure brown coat non-mixed with other colors, B(a ~ e) : near to "e" is darker than "a", Hol : Holstein breed utilizing for dairy cattle in Korea;

12개의 marker를 추가한 2단계 분석결과는 Nei의 Da 유전적 거리 산출결과에서는 한우 정상우를 비롯한 흑비경우, 호반우 및 내륙흑우 모든 상당히 가까운 유전적 거리를 가지는 것으로 나타났고, 국외 품종들은 국내 재래품종들에 비하여 거리가 먼 것으로 나타났다(Table 2-10). Fst 분석을 통한 집단쌍간 비교에서는 정상우를 비롯한 흑비경 1단계 집단을 제외하고는 흑비경 2~3단계, 호반우, 내륙흑우가 서로 다른 집단으로 분리되어 나오는 것을 확인하였는데 ( $P < 0.001$ ), 이는 분석에 이용한 marker수를 22가지에서 34가지로 늘렸기 때문에 나타나는 현상이라 생각된다. 하지만, 흑비경이나 이모색을 가진 집단들 모두 다른 품종과의 유전적으로 가깝게 나타난 집단이 존재하지 않아 흑비경과 이모색 모두 한우 범주에 해당되며, 다른 품종과의 교잡에 의해서 나타나는 현상이라고 판단하기에는 어려움이 있을 것으로 사료된다. 또한, 기대이형 접합도 분석에서 이상치를 나타낸 것으로 판단된 Charolais와 Hereford종은 모두 한우 및 이모색 집단에 대해서 유전적 거리가 상당히 큼에도 불구하고 어떠한 유의적인 차이도 존재하지 않는 것으로 나타났는데( $P < 0.001$ ) 이는 marker 선정시의 Charolais와 Hereford종에 변별력이 없는 marker를 사용했기 때문으로 사료된다.



Table 2-10. 34가지 MS marker에 대한 외모분류 집단간  $D_a$  유전적 거리(하) 및  $F_{st}$ 값에 따른 집단쌍간 비교

	AG	BH	BNa	BNb	BNc	BNd	BS	CH	HF	HT	KBL	KBR	LM	NK	SM	WH	YB
AG										**				*			**
BH	0.94		***				***			***			***	***	***		***
BNa	0.95	0.10			***	***	***			***	***	***	***	***	***	***	***
BNb	0.94	0.07	0.07				***			***			***	***	***	***	***
BNc	0.94	0.07	0.12	0.08			***			***			***	***	***	***	***
BNd	0.95	0.09	0.14	0.10	0.08		***			***			***	***	***	***	***
BS	0.23	0.96	0.97	0.96	0.96	0.96				***	*	*	***	***	***	***	***
CH	0.21	0.94	0.95	0.94	0.94	0.94	0.22										*
HF	0.18	0.95	0.96	0.94	0.95	0.95	0.19	0.24									*
HT	0.20	0.94	0.95	0.93	0.94	0.94	0.21	0.22	0.19		***	***	***	***	***	***	***
KBL	0.94	0.10	0.14	0.10	0.11	0.14	0.96	0.94	0.95	0.93			***	***	***		***
KBR	0.93	0.11	0.16	0.12	0.12	0.13	0.96	0.94	0.94	0.93	0.12		***	***	**		***
LM	0.16	0.94	0.95	0.93	0.94	0.95	0.19	0.16	0.17	0.17	0.94	0.93		***	**	***	***
NK	0.89	0.94	0.95	0.94	0.94	0.95	0.90	0.90	0.89	0.89	0.94	0.93	0.88		***	***	***
SM	0.19	0.94	0.94	0.93	0.94	0.94	0.22	0.17	0.21	0.19	0.93	0.93	0.14	0.89		***	***
WH	0.94	0.06	0.11	0.07	0.08	0.10	0.96	0.94	0.95	0.93	0.11	0.13	0.94	0.94	0.93		***
YB	0.88	0.94	0.95	0.94	0.94	0.95	0.90	0.90	0.89	0.89	0.94	0.93	0.88	0.05	0.89	0.94	

Note : AG-Angus, BH-백모, WH-백모, BNa-정상우, BN(b-d)-흑비1~3단계, BS-Brown Swiss, CH-Charolais, HF-Hereford, HT-Holstein, KBL-내륙흑우, KBR-호반우, LM-Limousin, NK-Nouth Korean cattle, YB-Yenbian Cattle

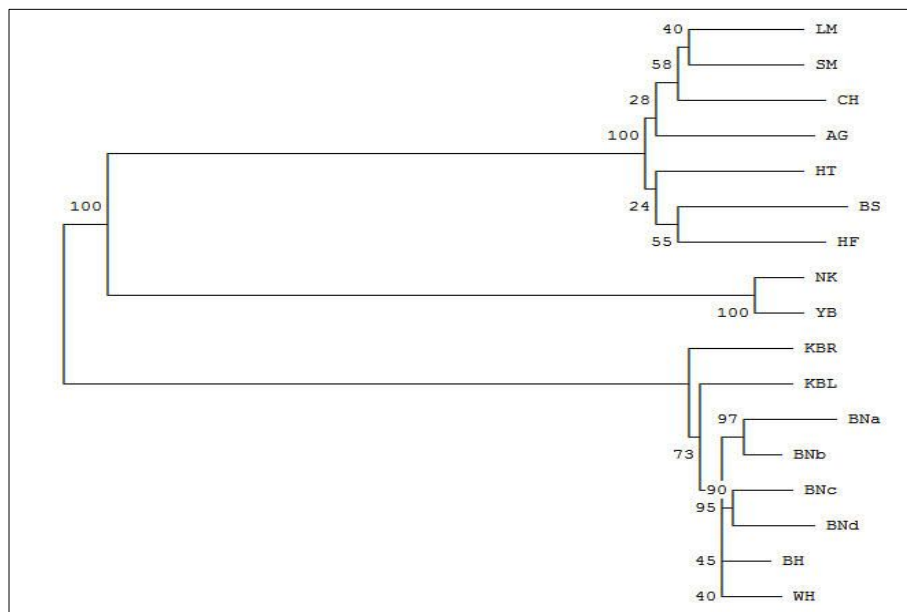


Figure 2-9.  $D_a$  유전거리에 대해 Neighbor joining 방법으로 작성한 phylogenetic tree

Note : AG-Angus, BH-백모, WH-백모, BNa-정상우, BN(b-d)-흑비1~3단계, BS-Brown Swiss, CH-Charolais, HF-Hereford, HT-Holstein, KBL-내륙흑우, KBR-호반우, LM-Limousin, NK-Nouth Korean cattle, YB-Yenbian Cattle

Da 유전적 거리를 이용한 tree 작성결과 유전적 거리 결과와 비슷한 결과를 보였는데 국내 소 품종에 해당되는 한우(흑비, 이모색 포함)와 호반우, 내륙흑우가 하나의 소그룹을 형성하였고, 연변우와 조선우가 하나의 소그룹, 그리고 나머지 외래품종이 모여 하나의 소그룹을 형성하는 것을 확인 할 수 있었다(Figure 9). 무엇보다 흑비경이나 이모색에 해당되는 집단들은 모두 한 우 범주에 해당되며 외래품종과의 유전적 유사도는 전혀 나타나지 않았다.

#### 4. 외모조사 개체에 대한 자료입력 DB 구축

본 연구를 수행하면서 분석을 위해 수집되는 혈액 및 DNA샘플과 외모조사에 의해 발생하는 표현형 정보 및 유전자형 정보를 공유 및 관리할 수 있는 데이터베이스를 구축하였다.(Site address - <http://www.nias.go.kr/markersystem/main.asp>) 이 데이터베이스는 Programing package로 .NET program 이용하였고 programing script language로 ASP 사용하였다. Data Base 구축에는 MSsql을 이용하였다.

본 데이터베이스는 자료입력시 excel을 이용하여 작성한 data에 대해서도, 입·출력 가능하며 자료입력시 첨부한 개체사진도 언제든지 불러들여 외모에 대한 조사가 가능하도록 하였고, 자료입력 형식은 사전협의를 통해 결정된 외모조사 기준표와 동일하다. 그리고 외모조사 및 혈액 샘플 채취가 이뤄지 개체에 대해서 고유개체명호를 연동하여 유전정보 확인 가능하며 다양한 검색기준 및 엑셀을 이용한 대량의 외모 및 유전정보 자료 업·다운로드 가능하도록 구현하였다. 또한 게시판을 이용하여 연구자간 의견 공유 및 자료공유 가능하도록 하였다.

수정	삭제	번호	샘플번호	모색-한우	모색-호반우	모색-흑우	성별	주소
수정	삭제	1364	080925-1-002		0	0	암	
수정	삭제	1363	080123-1-026		2		암	충북 음성군 원남면 조촌리
수정	삭제	1362	080123-1-025		2		암	충북 음성군 원남면 조촌리
수정	삭제	1361	080123-1-024				수	충북 음성군 원남면 조촌리
수정	삭제	1360	080123-1-023				암	충북 음성군 원남면 조촌리
수정	삭제	1359	080123-1-022		1		암	충북 음성군 원남면 조촌리
수정	삭제	1358	080123-1-021		3		암	충북 음성군 원남면 조촌리
수정	삭제	1357	080123-1-020				거세	충북 음성군 원남면 조촌리
수정	삭제	1356	080123-1-019		1		수	충북 음성군 원남면 조촌리
수정	삭제	1355	080123-1-018		1		수	충북 음성군 원남면 조촌리

개체정보 마커정보 개체포토정보 회원정보 게시판

현재위치 : 마커정보 > 조회

샘플번호 검색 엑셀다운로드 엑셀업로드

2009년 1월 1일 ~ 2009년 12월 31일

기관이름 : 원희/충남영공수(성화)/남원자수/서산한문관광사업소

수정	삭제	번호	샘플번호	AGLA293	AGLA293	BM1818	BM1818	BM1824	BM1824	BM2113	BM21
수정	삭제	558	070710-1-001	0	0	263	263	180	182	133	137
수정	삭제	557	070710-1-002	0	0	263	263	178	184	137	137
수정	삭제	556	070710-1-003	0	0	263	263	178	182	133	137
수정	삭제	555	070710-1-004	0	0	263	263	180	182	133	133
수정	삭제	554	070710-1-005	0	0	265	265	188	188	131	137
수정	삭제	553	070710-1-006	0	0	259	265	180	188	131	137
수정	삭제	552	070710-1-007	0	0	259	263	182	184	137	137
수정	삭제	551	070710-1-008	0	0	257	259	0	0	0	0
수정	삭제	550	070710-1-009	0	0	263	265	180	188	131	137
수정	삭제	549	070710-1-010	0	0	259	265	180	188	131	133

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 > ▶

등록하기

Figure 2-10. 샘플번호에 따른 개체조회화면

개체정보 마커정보 개체포토정보 회원정보 게시판

현재위치 : 회원정보 > 수정

아이디: yyy\_t

암호: \*\*\*\*

암호확인: \*\*\*\*

성명: yyy

기관: 원희

구분:  ARPC  연변  관리자

개체정보 등록:  Y  N  삭제  Y  N  조회  Y  N

마커정보 등록:  Y  N  삭제  Y  N  조회  Y  N

게시판 등록:  Y  N  삭제  Y  N  조회  Y  N

개체포토 조회:  Y  N

승인여부:  승인  미승인

-등록- -취소- -목록-

Figure 2-11. 관리자가 이용에 대한 사용자 권한부여 자료에 대한 보완성 강화



Figure 2-12. 개체사진 확인 화면. 개체외모 사진을 검색하여 연람할 수 있고 업·다운로드 가능

The screenshot shows a web application interface for a notice board. At the top, there are navigation tabs: '개체정보', '마커정보', '개체포토정보', '회원정보', and '게시판'. Below the tabs, the current page is identified as '게시판' with a sub-menu '현재위치: 게시판 > 리스트'. There is a search bar with a dropdown menu for '제목' and a '검색' button. Below the search bar is a table with the following columns: '번호', '제목', '첨부파일', '분류', '작성자', '작성일', and 'HIT'. The table contains three rows of data:

번호	제목	첨부파일	분류	작성자	작성일	HIT
3	공지-연변		연변	관리자	2009-01-06	2
2	공지-arpc		ARPC	관리자	2009-01-06	2
1	관리자 공지 테스트		공통	관리자	2009-01-06	7

At the bottom right, there is a '등록하기' button.

Figure 2-13. 게시판 목록 화면

## 제 4 절 결과 요약

본 연구는 한우의 이모색과 흑비경을 단계별로 구분한 개체들을 대상으로 정상외모 한우, 재래 한우품종 및 외래품종과 비교분석하여 다양한 microsatellite marker를 이용한 대립유전자빈도, 집단 간 유전 분산분석, 유전적 거리 분석 등의 계통유전학적 분석을 실시하여, 한우의 외모특성에 대한 유전적 기준을 마련하고자 실시하였다. 한우내 외모형태(이모색 및 흑비경 정도)에 따른 집단 간 분석은 한우 299두와 대조구로 홀스타인종 69두의 자료를 포함하여 22가지 microsatellite 좌위에 대해 분석을 실시하였다. 두 가지 분석 모두 동일한 통계적 분석 방법을 이용하였는데 microsatellite loci별 특성분석, 분석 집단내 유전적 다양성 분석, 집단 간 유전적 거리 및 관계 파악 등의 분석을 실시 하였다.

한우 외모특성에 따른 집단 간 유전적 관계분석 결과 유전자 다양성을 나타내는 기대이형접합율 및 PIC 값은 각각 0.446(ILST005)~0.865(TGLA227)와 0.331 (ILST005)~0.821(TGLA227)로 나타나 대립유전자 개수(ILST005(2)~TGLA112(20))와 마찬가지로 좌위간 편차가 심하게 나타났다. 각 microsatellite loci에 대한 F-통계량에서 집단내 근친정도를 나타내는  $F_{is}$  값이 평균적으로 0.026의 값을 보였으나, INRA035 좌위의  $F_{is}$ 가 0.536로 컸고, 집단별 microsatellite 좌위의  $F_{is}$  분석결과에서도 한우집단이 모두가 0.533(WT)~1.000(WS)의 범위를 보여 오랜시간에 걸쳐 한우 집단에 고정된 좌위인 것을 확인 하였다. 이모색 구분과 흑비경에 따른 구분으로 형성한 집단의 기대이형접합율은  $0.689 \pm 0.023$ (Hol)~ $0.743 \pm 0.021$ (Bd)의 범위로 나타났다. 각 이모색과 흑비경단계에 따른 한우분류 집단 간 유전적 거리 분석에서  $D_S$ 와  $D_A$  유전거리 모두 한우 정상집단에 대해서는 백모 집단이 다른 집단에 비하여 유전적 거리가 가장 가까운 것으로 나타나났고, 홀스타인 집단이 먼 것으로 나타났다. 하지만, 모든 집단 조합별로  $F_{st}$  값을 분석한 결과 외모특성에 따른 한우집단 간에 유전적 거리에 대해서 어떠한 유의적인 차이도 존재하지 않았고, 이모색과 흑비경단계에 따른 한우 399두의 개체별  $D_A$  유전적 거리 행렬 및 PCA 분석에서도 한우내에 이모색이나 흑비경 집단이 별도 집단을 형성하지 않아 정상우 집단사이에 산재되어 분포하고 있음을 확인하여 한우집단에 나타나는 백모, 흑모 및 흑비경 자체는 한우내에 다양하게 존재하는 유전적 다양성의 일종임을 확인 하여, 한우의 종축선발이나 개체등록에 대한 기준완화가 필요할 것이며, 이로 인한 경제적 손실을 최소화 할 수 있을 것으로 예상된다.

본 연구는 희소품종 한우(꺾소 및 흑우)의 외모특성형질과의 유전적 연관관계 및 유전양태를 구명하고 한우의 적합한 유전적 분류체계를 제시하는 것이 그 목적이다. 이를 위해 희소품종 비교를 위해서는 15종의 MS마커를 선정하였으나 이 마커는 형질에 중립적이므로 향후 모색형질과 직접적으로 관련된 유전자를 마커로 발굴·개발하여 품종 구분을 위한 분자유전학적 판단 근거를 마련할 필요가 있다고 사료된다.

## 제 5 절   참고문헌

- Aasland, M., J. Klungland, and S. Lien. 2000. Two polymorphisms in the bovine mast cell growth factor (*MGF*). *Anim. Genet.* 31:345.
- Baumung, R., H. Simianer, and I. Hoffmann. 2004. Genetic diversity studies in farm animals - a survey. *J. Anim. Breed. Genet.* 121:361.
- Boom, R., C. J. A. Sol, M. M. M. Salimans, C. L. Jansen, P. M. E. Wertheim-Van Dillen, and J. Van der Noordaa. 1990. Rapid and simple method for purification of nucleic acids. *Journal of Clinical Microbiology.* 28(3):495.
- Bostein, D., R. L. White, M. Skolnick, and R. W. Davis. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *The American Journal of Human Genetics.* 32:314.
- Cai, X., H. Chen, S. Wang, K. Xue, and C. Lei. 2006. Polymorphisms of two Y chromosome microsatellites in Chinese cattle. *Genet. Sel. Evol.* 38:525.
- Gallagher, Jr. D. S., P. K. Basrur, and J. E. Womack. Identification of an autosome to X chromosome translocation in the domestic cow. *J. Hered.* 83:451.
- Genetic diversity measures of local European beef cattle breeds for conservation purpose. *Genet. Sel. Evol.* 33:311.
- Chen, Y. C., Y. Y. Wang, and H. H. Cao. 1990. Characteristics of Chinese Yellow cattle ecospecies and their course of utilization. Agricultural publishing house, Beijing, China.
- Ciampolini, R., K. Moazami-Goudarzi, D. Vaiman, C. Dillmann, E. Mazzanti, J. Foulley, H. Leveziel, and D. Cianci. 1995. Individual multilocus genotypes using microsatellite polymorphisms to permit the analysis of the genetic variability within and between Italian beef cattle breeds. *J. Anim. Sci.* 73:3259.
- Cítek, J., L. Panicke, V. Rehout, and H. Procházková. 2006. Study of genetic distances between cattle breeds of Central Europe. *Czech J. Anim. Sci.* 51(10):429.
- Cockerham, C. C., and B. S. Weir. 1993. Estimation of gene-flow from F-statistics. *Evolution.* 47:679.
- Greene, H. J., H. W. Leipold, and K. N. Gelatt. Complete albinism in beef Shorthorn calves. *J. Hered.* 64:189.
- Guiffra, E., G. Evans, A. Törnstein, R. Wales, A. Day, H. Loft, G. Plastow, and L.

- Andersson. 1999. The belt mutation in pigs in an allele at the Dominant with (I/KIT) locus. *Mamm. Genome.* 10:1132.
- Del Bo, L., M. Polli, M. Longeri, G. Ceriotti, C. Looft, A. Barre-Dirie, G. Dolf, and M. Zanotti. 2001. Genetic diversity among some cattle breeds in the Alpine area. *J. Anim. Breed. Genet.* 118:317.
- Cañón, J., P. Alexandrino, I. Bessa, C. Carleos, Y. Carretero, and S. Dunner. 2001. Dorji, T., O. Hannote, M. Abenz, J. E. O. Rege, and W. Roder. 2003. Genetic diversity in indigenous cattle population in Bhutan: implications for conservation. *Asian-Aust. J. Anim.* 16:946.
- Eding, J. H., and G. Laval. 1998. Measuring genetic uniqueness in livestock. In: Oldenbroek, J. K(Ed). *Genebanks and the conservation of farm genetic resources.* DLO Institute for Animal Science and Health publisher, Lelystad, The Netherlands.
- El Mousadik, A., and R. J. Petit. 1996. High level of genetic differentiation for allelic richness among population of the tree [*Argania spinosa*(L.) Skeels] endemic to Morocco. *Theor. Appl. Genet.* 92:832.
- Felsenstein, J. 1982. How can we infer geography and history from gene frequencies? *J. Theor. Biol.* 96:9.
- Felsenstein J. 2007. PHYLIP. Version. 3.67. Department of Genetics, University of Washington, Seattle.
- Frandsberg, P., M. Doufexis, S. Kapas, and J. V. Jonmundsson. Brown coat color in Icelandic cattle produced by the loci *Extension* and *Agouti*. *J. Hered.* 86(5):395.
- Freeman, A. R., C. M. Meghen, D. E. MacHugh, R. T. Loftus, M. D. Achukwi, A. Bado, B. Sauveroche, and D. G. Bradley. 2004. Admixture and diversity in West African cattle populations. *Molecular Ecology.* 13:3477.
- Giles, R. E., H. Blanc, H. M. Cann, and D. C. Wallace. Maternal inheritance of human mitochondrial DNA. *Proc Natl Acad Sci USA* 77:6715.
- Goudet, J. 2001. FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices(version 2.9.3). Available from <http://www.unil.ch/izea/software/fstat.html>.
- Hanslik, S., B. Harr, G. Brem, and C. Schlotterer. 2000. Microsatellite analysis reveals substantial genetic differentiation between contemporary New World and Old World Holstein Friesian populations. *Anim. Genet.* 31:31.
- Ibeagha-Awemu, E. M., O. C. Jann, C. Weimann, and G. Erhardt. 2004. Genetic diversity,

- introgression and relationships among West/Central Africa cattle breed. *Genet. Sel. Evol.* 36:673.
- Jackson, I. J. 1994. Molecular and developmental genetics of mouse coat color. *Annu. Rev. Genet.* 23:189.
- Jackson, I. J. 1997. Homologous pigmentation mutation in human, mouse and other model organisms. *Human Molecular Genetics.* 6(10):1613.
- Jordana, J., P. Alexandrino, A. Beija-Periera, I. Bessa, J. Cañon, and Y. Carretero. 2003a. Genetic structure of eighteen local south European beef cattle breeds on microsatellite data. *Anim. Genet.* 33:201.
- Jordana, J., P. Alexandrino, A. Beija-Periera, I. Bessa, J. Cañon, Y. Carretero, S. Dunner, D. Laloë, K. moazami-Goudarzi, A. Sanchez, and N. Ferrand. 2003b. Genetic structure of eighteen local south European beef cattle breeds by comparative F-statistics analysis. *J. Anim. Breed. Genet.* 120:73.
- Kantanen, J., I. Olsaker, L. Holm, S. Lien, J. Vilkki, K. Brusgaard, E. Eythorsdottir, B. Daell, and S. Adalsteinsson. Genetic diversity and population structure of 20 North European cattle breeds. *J. Hered.* 91:446.
- Kikkawa, Y., T. Takada, Sutopo, K. Nomura, T. Namikawa, H. Yonekawa, and T. Amano. 2002. Phylogenies using mtDNA and *SRY* provide evidence for male-mediated introgression in Asian domestic cattle. *Anim. Genet.* 34:96.
- Laval, G., M. SanCristobal, and C. Chevalet. 2002. Measuring genetic distances between breeds: use of some distances in various shortterm evolution models. *Genet. Sel. Evol.* 34:481.
- Lai, S. J., Y. P. Liu, Y. X. Liu, X. W. Li, and Y. G. Yao. 2006. Genetic diversity and origin of Chinese cattle revealed by mtDNA D-loop sequence variation. *Mol. phylogenet. evol.* 38(1):146.
- Lei, C. Z., H. Chen, H. C. Zhang, X. Cai, R. Y. Liu, L. Y. Luo, C. F. Wang, W. Zhang, Q. L. Ge, R. F. Zhang, X. Y. Lan, and W. B. Sun. 2006. Origin and phylogeographical structure of Chinese cattle. *Anim. Genet.* 37:579.
- Leipold, H. W., K. Huston, and K. N. Gelatt. Complete albinism in a Guernsey calf. *J. Hered.* 59:218.
- Lewis, P. O. 1998. A genetic algorithm for maximum-likelihood phylogeney inference using nucleotide sequence data. *Mol. Biol. Evol.* 15(3):277.
- Lewis, R. 1998. The source of skin color. pp. 253. in *Human Genetics Concepts and*



*Application*, Ed. 2. Wm. C. Brown Rublishers. Dubuque, IA.

- Lirón, J. P., P. Peral-García, and G. Giovambattista. 2006. Genetic characterization of Argentine and Bolivian Creole cattle breeds assessed through microsatellites. *J. Hered.* 97(4):331.
- MacHugh, D. E., M. D. Shriver, R. T. Loftus, P. Cunningham, and D. G. Bradley. 1997. Microsatellite DNA variation and the evolution, domestication and phylogeography of taurin and Zebu cattle(*Bos taurus* and *Bos indicus*). *J. Genetics.* 146:1071.
- MacHugh, D. E., R. T. Loftus, P. Cunningham, and D. G. Bradley. 1998. Genetic structure of seven European cattle breeds assessed using 20 microsatellite markers. *Anim. Genet.* 29:333.
- Mannen, H., S. Tsuji, R. T. Loftus, and D. G. Bradley. 1998. Mitochondrial DNA variation and evolution of Japanese black cattle(*Bos taurus*). *J. Genet.* 150:1169.
- Mannen, H., Kohno Y. Nagata, S. Tsuji, D. G. Bradley, J. S. Yeo, D. Nyamsamba, Y. Zagdsuren, M. Yokohama, K. Nomura, and T. Amano. 2004. Independent mitochondrial origin and historical genetic differentiation in North Eastern Asian cattle. *Mol. Phylogenet. Evol.* 32:539.
- Martín-Burriel, I., E. García-Muro, and P. Zaragoza. 1999. Genetic diversity analysis of six Spanish native cattle breeds using microsatellites. *Anim. Genet.* 30:1777.
- Martín-Burriel, I., C. Rodellar, J. A. Lenstra, A. Sanz, C. Cons, R. Osta, M. Reta, S. D. Argüello, A. Sanz, and P. Zaragoza. 2007. Genetic diversity and relationships of endangered Spanish cattle breeds. *J. Hered.* 98(7):697.
- Mateus, J. C., M. C. T. Penedo, V. C. Alves, M. Ramos, and T. Rangel-Figueiredo. 2004. Genetic diversity and differentiation in Portuguese cattle breeds using microsatellites. *Anim. Genet.* 35:106.
- Minch, E. 1998. MICROSAT. Version 1.5b. University of Stanford, Stanford, CA.
- Moazami-Goudarzi, K., D. Laloe, J. P. Furet, and F. Grosclaude. 1997. Analysis of genetic relationships between 10 cattle breeds with 17 microsatellites. *Anim. Genet.* 28:338.
- Mukesh. M., M. Sodhi, S. Bhatia, and B. P. Mishra. 2004. Genetic diversity of Indian native cattle breeds as analysed with 20 microsatellite loci. *J. Anim. Breed. Genet.* 121:416.
- Namikkawa, R., T. Amano, and Y. Kawamoto. 1995. Coat-color variations, blood groups and blood protein/enzyme polymorphisms in the native cattle of Dali Bai and Xishuangbanna Dai autonomous prefectures of Yunnan province and Gayals(*Bos*

- gaurus frontalis*) in China. *Rep. Soc. Res. Native Livestock*. 15:27.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *Amer. Nat.* 106:283.
- Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 70:3321.
- Nei, M. 1983. Accuracy of estimated phylogenetics trees from molecular data. *J. Mol. Evol.* 19:153.
- Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia Univ. New York.
- Olsen, T. 1981. The genetic basis for piebald patterns in cattle. *J. Hered.* 72:113.
- Olson, T. A. 1999. Genetics of color variation. In: Fries R, Ruvinsky A, eds. *The Genetics of Cattle*. Wallingford, UK: CABI, p.33.
- Ota T. 1993. DISPAN. Pennsylvania State University, PA. USA.
- Pandey, A. K., R. Sharma, Y. Singh, B. B. Prakash, and S. P. S. Ahlawat. 2006. Genetic diversity studies of Kherigarh cattle based on microsatellite markers. *J. Genet.* 85(2):117.
- Park, S. D. E. 2001. Trypanotolerance in west African cattle and the population genetic effects of selection. Ph. D. thesis. University of Dublin.
- Pawson, T., and A. Bernstin. 1990. Receptor tyrosine kinase: genetic evidence for their role in *Drosophila* and mouse development. *Trends Genet.* 11:350.
- Piry, S., G. Luikart, and J. M. Cornuet. 1999. Bottleneck : a computer program for detecting recent reductions in the effective population size using allele frequency data. *J. Hered.* 90:502.
- Rana, B. K., D. Hewett-Emmett, L. Jin, B. H. J. Chang, N. Smbuughin, M. Lin, S. Watkins, M. Bamshad, L. B. Jorde, M. Ramsay, T. Jenkins, and W-H. Li. 1999. High polymorphism at the human Melanocortin 1 receptor locus. *Genetics*. 151:1547.
- Rao, C., D. Foemzler, S. K. Loftus, S. Liu, J. D. McPherson, K. A. Jungers, S. S. Apte, W. J. Pavan, and D. R. Beier. 2003. A defect in a novel ADAMTS family member is the cause of the belted white-spotting mutation. *Development*. 130:4665.
- Reinsch, N., H. Thomsen, N. Xu, M. Brink, C. Looft, E. Kalm, G. Brockmann, S. Grupe, C. Kühn, M. Schwenin, B. Leyhe, S. Heindleder, G. Erhardt, I. Medfugrac, I. Russ, M. Förster, R. Reents, and G. Averdunk. 1999a. A QTL for the degree of spotting in cattle shows synteny with the KIT locus on chromosome 6. *J. Hered.* 90:629.
- Rosenberg, N. A., T. Burke, K. Elo, M. W. Feldman, P. J. Freidlin, M. A. M. Groenen, J. Hillel, A. Mäki-Tanila, M. Tixier-Boichard, A. Vignal, K. Wimmers, and S. Weigend. 2001. Empirical evaluation of genetic clustering methods using multilocus

- genotypes from 20 chicken breeds. *Genetics*. 159:699.
- Saitou, N., and M. Nei. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.* 4:406.
- Schmid, M., N. Saitbekova, C. Gaillard, and G. Dolf. 1999. Genetic diversity in Swiss cattle breeds. *J. Anim. Breed. Genet.* 116:1.
- Schmutz, S. M., T. G. Berryere, and C. C. Daniel. 2004. A form of albinism in cattle is caused by a tyrosinase frame shift mutation. *Mamm. Genome.* 15:62.
- Seitz, J. J., S. M. Schmutz, T. D. Thue, F. C. Buchanan. 1999. A missense mutation in the bovine MGF gene is associated with the roan phenotype in Belgian Blue and Shorthorn cattle. *Mamm. Genome.* 10:710.
- Seo, K., T. R. Mohanty, T. Choi, and Inho Hwang. 2007. Biology of epidermal and hair pigmentation in cattle: a mini-review. *Veterinary Dermatology.* 18(6):392.
- Sneath, P. H. A., and R. R. Sokal. 1973. Numerical taxonomy - the principles and practice of numerical classification. W. H. Freeman: San Francisco.
- Sodhi, M., M. Mukesh, B. Prakash, S. P. S. Ahlawat, and R. C. Sobti. 2006. Microsatellite DNA typing for assessment of genetic variability in Tharparkar breed of Indian Zebu (*Bos indicus*) cattle, a major breed of Rajasthan. *J. Genet.* 85(3):165.
- Sokal, R. R., and F. J. Rohlf. 1995. Biometry, Third edition. Freeman, San Francisco.
- Takezaki, N., and M. Nei. 1996. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics*. 144:389.
- Valverde, P., E. Healy, I. Jackson, J. L. Rees, and A. J. Thody. 1995. Variants of the melanocyte-stimulating hormone receptor gene are associated with red hair and skin in humans. *Nature genetics.* 11:328.
- Van Hooft, W. F., A. F. Groen, and H. H. T. Prins. 2000. Microsatellite analysis of genetic diversity in African buffalo (*Syncerus caffer*) populations throughout Africa. *Molecular Ecology.* 9:2017.
- Vijh, R. K., M. S. Tandia, B. Mishara, and S. T. Bharani Kumar. 2008. Genetic relationship and diversity analysis of Indian water buffalo (*Bubalus bubalis*). *J. Anim. Sci.* 86:1495.
- Weir, B. S., and C. C. Cockerham. 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution.* 38(6):1358.
- Weir, B. S. 1990. Genetic data analysis. Sunderland, Massachusetts. Canada.
- Weir, B. S. 1996. Genetic data analysis II: methods for discrete population genetic data.

Sunderland, Massachusetts. Canada.

Wright, S. 1921. Systems of mating. *Genetics*. 6:111.

Wright, S. 1969. Evolution and the genetics of populations. Vol. 2. The Theory of gene frequencies. University of Chicago Press.

Zhang, G. X., Z. G. Wang, W. S. Chen, C. X. Wu, X. Han, H. Chang, L. S. Zan, R. L. Li, J. H. Wang, W. T. Song, G. F. Xu, H. J. Yang, and Y. F. Luo. 2007. Genetic diversity and population structure of indigenous yellow cattle breeds of China using 30 microsatellite markers. *Anim. Genet.* 38:550.

Zhou, G. L., H. G. Jin, Q. Zhu, S. L. Guo, and Y. H. Wu. 2005. Genetic diversity analysis of five cattle breeds native to China using microsatellites. *J. Genet.* 84(1):77.

김경석, 엄지현, 최창분. 2001. Microsatellite 분석을 통한 한우의 유전적 다양성. 한국동물자원과학회지. 42:599.

윤두학. 2002. 한우의 분자유전학적 특성 구명을 위한 유전적 다양성 분석과 육질관련 표지유전자 개발. 고려대학교 대학원. 박사학위논문.

윤두학, 박응우, 이승환, 이학교, 오성종, 정일정, 홍기창. 2005. Microsatellite loci 분석에 의한 한우와 타 품종간의 유전적 유연관계. 한국동물자원과학회지. 47(3):341.

윤두학, 박응우, 조용민, 정일정, 임석기. 2007. 소 Y 염색체 특이 microsatellite를 이용한 품종별 대립유전자 빈도 분석. 한국동물자원과학회지. 49(4):429.

이성수, 양영훈, 강승률, 오운용, 양보석, 고서봉, 오성종, 김규일. 2000. 한우, 제주재래흑우, 흑모화우와 갈모화우에서의 MSH Receptor(*MC1R*) 유전자의 유전자형 및 빈도 비교. 한국동물자원과학회지. 42(3):253.

이성수, 양보석, 양영훈, 강승률, 고서봉, 정진관, 오운용, 오성종, 김규일. 2002. 흰소와 비경흑색 한우의 Melanocortin Receptor 1(*MC1R*) 유전자형 분석. 44(1):23.

장요순, 김태현, 윤두학, 박응우, 이혜원, 이학교, 정일정. 2002. 소 c-KIT Receptor 유전자의 다형성에 관한 연구. 한국동물자원과학회지. 44(6):653.

한국종축개량협회. 1997. 한우의모심사기준(공고 제97-7호).

# 제 3 장 한우 품종에 대한 유전적 Marker를 이용한 특성 정립 및 계통학적 기준 설정

## 제 1 절 서론

세계 여러 국가들에서도 유전자원에 대한 지적재산권 문제가 심각하게 논의되고 있다. 식량 보급을 위하여 생산성이 좋은 품종에 대한 관심이 높아졌고, 능력이 우수한 소규모 품종이 전 세계적으로 확산됨에 따라 인공수정과 같은 번식기술도 급격한 속도로 발달하게 되었다. 이는 지역적으로 고유한 품종의 멸종 또는 유전적 다양성을 감소시키는 문제를 초래하게 되었고 (Moazami-Goudarzi 등, 1997), 1980년대에 들어 세계식량농업기구(FAO)에서 품종과 품종내 계통의 손실 문제를 인지하기 시작하여, 소의 유전적 다양성을 지키고 품종을 보존하기 위한 노력을 시작하게 되었다. FAO(1995)는 세계적으로 약 3,000종 정도의 가축 품종이 존재하고, 7가지 (소, 돼지, 양, 면양, 말, 나귀와 물소)의 포유류 품종이 존재하며, 이 중 23% 정도가 현재 멸종 위기에 처해있다고(FAO, 1995) 보고 하였다. 또한, Hall과 Ruane(1993)은 최근 한 세기에 걸쳐 세계적으로 600여종의 동물이 멸종 되었다고 보고 하였고, Hammond(1998)는 각 품종들에 대한 정보가 부족하여 표현형적인 자료를 기초로 품종을 분류할 경우 전 세계 동물유전자원(Animal Genetic Resource - AGR) 중 50%만이 이용 가능할 것으로 예상된다고 보고한 바 있다. 또한, FAO 공동으로한 가축 다양성 측정(Measurement of Domestic Animal Diversity - MoDAD) 연구에서는 가축 연구를 위한 기술적인 참고자료를 제공하기 시작 하였고, 품종에 대한 고유 특징을 규정짓기 위하여 세계동물유전학회(International Society for Animal Genetics - ISAG)는 FAO/ISAG 동물 유전적 다양성 자문 집단을 형성하여(FAO, 1995), 소, 닭, 양 및 돼지의 다양성 연구에 이용할 특별한 microsatellite 추천좌위를 축종 당 30가지씩 추천 하였다(Simianer와 Meyer, 2003). 현재 UN/FAO 산하기구인 국제축산연구소(케냐, ILRI)는 아프리카 소 품종들을 중심으로 microsatellite 및 single nucleotide marker를 이용한 계통유전학적 및 보존유전학적 연구분야가 활발히 진행되고 있고, EU에서는 총 13개국이 참여하는 국제컨소시엄을 형성하여 유럽의 약 50개 소 품종에 대한 유전적 특성, 각 품종의 형성 및 유전적 연관관계 등의 추정분석으로 유전자원으로서의 가치 평가와 식량자원으로의 활용방안을 모색하고 있다.

한우의 경우 1975년에 농림부장관에 의해 고시된 종축 및 후보종축의 심사기준에서도 품종의 특정 모색으로 황갈색을 정하여 다른 모색 및 비경 등을 결격사항으로 하며, 한우의 외모심사 기준을 설정(한국종축개량협회 공고 제97-7호)하여 흑만선, 백반, 흑비경 등을 제외시킴으로 외형적인 통일을 하려고 하고 있다. 그러나 한우에서 황색우 편중효과는 고유 한우품종의 유전

자원 고갈현상에도 연쇄적으로 영향을 미치고 있는데, 국내 사육중인 호반우와 흑우가 대표적인 예이며, 국내 고유 소품종임에도 불구하고 관심부재로 인해 사육농가와 개체수가 꾸준히 줄어들어 멸종위기에 처해 있는 실정이다. 호반우와 흑우는 예로부터 여러 가지 문헌과 역사적 사실을 바탕으로 전해온 국내 재래 소품종 임에도 불구하고 품종에 대한 정보와 인식이 미비하여, 모색이 황색이 아니라는 이유로 타품종과의 교잡우로 의심되어 왔고, 개체등록 및 유통과정에서 부당한 불이익을 받고 있는 사례가 생겨나고 있을 뿐 아니라 2008년 1월 축산법 제6조(가축의 등록)과 동법시행규칙 제9조(가축의 등록 등) 제 4항의 규정에 의거하여 호반우와 제주흑우의 외모기준 및 등록기준이 공고 되었으나 모두 재래 품종으로서의 가치를 인정받지 못하고 한우의 범주에 포함하고 있으며, 내륙흑우는 별도 외모기준 및 등록기준 조차 전무한 상태이다. 현재 국내에서는 한우, 호반우, 흑우 및 비경흑우 등을 이용하여 유전적 특성을 파악한 연구 결과로 소의 모색과 연관된 *MC1R*, *ASIP*, *TYRP1* 유전자의 분석(김 등, 2000; 이 등, 2000; 정 등, 2000; 정 등, 2001; 김 등, 2004; 도 등, 2007, Mohanty 등, 2008)과 MS 분석을 통한 한우 및 타 품종들 간의 연관성 분석(김 등, 2001; Kim 등, 2002; 윤 등, 2005)등이 진행된 바 있으나 대부분을 한우 위주의 분석이었고, 호반우, 흑우, 이모색 및 비경색 등에 대한 모색관련 연구(이 등, 2002) 또는 국내 희소품종을 포함한 집단유전학적인 해석이나 품종간 유전적 거리 분석은 거의 전무한 상태이다.

전 세계 소품종의 유전표지 인자를 이용한 계통분류학적 연구는 혈액 단백질, 유단백질과 같은 생물학적 표지인자들을 이용하여 분석되어져 왔고, 1990년대 중반부터 각국 재래가축의 유전적 다양성, 유래와 계통, 유전적 특성 및 보존 등의 목적을 위하여 *microsatellite marker*를 널리 이용하기 시작하였다(Ciampolini 등, 1995; Moazami-Goudarzi 등, 1997; MacHugh 등, 1998; Peelman 등, 1998; Blott 등, 1999; Loftus 등, 1999; Martín-Burriel 등, 1999; Schmid 등, 1999; Ruane, 1999). *microsatellite*는 다른 표지인자에 비하여 가장 효과적인 표지인자로서, 유제(ungulate)군들 간에 전사가 쉽고, 품종보존 연구에 널리 성공적으로 적용된 표지인자 중 하나이며(Maudet 등, 2002), 유전변이가 높아 집단 간의 관계, 분포, 근친정도, 전좌, 그리고 불법 밀매 탐색 등에 대한 접근이 용이하다.

본 연구는 한우를 비롯한 국내 재래 소품종 및 타품종을 대상으로 *microsatellite marker*를 이용한 대립유전자빈도, 집단 간 유전 분산분석, 유전적 거리 분석등의 계통유전학적 분석을 실시하여, 국내 한우 및 희소품종의 유전적 위치를 파악하고자 실시하였다. 또한, 본 연구를 통하여 국내 재래 희소품종(호반우, 흑우)의 별도 외모기준 및 등록기준 설정을 위한 기초자료를 제공하고자 한다.

## 제 2 절 재 료 및 방 법

### 1. 공 시 재 료

본 연구는 2006년부터 2010년까지 전국 사육농가와 기관보유축에 대해 외모조사 및 혈액을 채취하여 수집한 개체자료를 이용하였는데, 국내 재래종으로는 한우, 호반우, 흑우 및 제주 흑우, 외래종으로는 국내에서 한우와의 교잡을 통하여 한우로 둔갑하여 판매되 빈번히 문제가 되고 있는 Holstein종 대하여 품종간 비교를 실시하였다. Holstein종은 현재 국내에서 1대잡종 육우를 한우로 둔갑하여 판매하는 문제를 가지고 있고, 내륙흑우와 제주흑우에 대해서도 흑모를 가지고 태어나는 교잡우의 문제가 발생할 가능성이 있어서 본 연구에 포함 하였다. 본 연구에 이용한 품종의 외모특성은 Figure 3-1과 같고 주로 모색에 의해 각 품종이 구분된다. 한우개체 중 호반우와 흑우를 조사한 농가나 기관이 보유하는 개체는 분석에서 제외하였고, 흑모 또는 백반으로 판정된 개체 또한 분석에서 제외 하였다.

본 연구에 이용한 개체는 1단계(2006년 ~ 2008년)로 한우 262두, 호반우 92두, 흑우 34두, 제주흑우 83두 및 Holstein 69두이고, 2단계(2009년 ~ 2010년)에는 기존 Holstein, 칩소 및 흑우만을 대조구로 비교한 분석과는 달리 외래품종에 해당되는 Angus(15두), Brown Swiss(25두), Charolais(12두), Hereford(19두), Holstein(88두), 호반우(10두), 내륙흑우(10두), Limousin(40두), Nouth Korean cattle(48두), Simental(24두), Yenbian cattle(161두) 총 11종(452두)을 대조구로 추가하여 분석 였고 한우에 해당되는 개체로는 총 514두를 분석에 이용하였다.

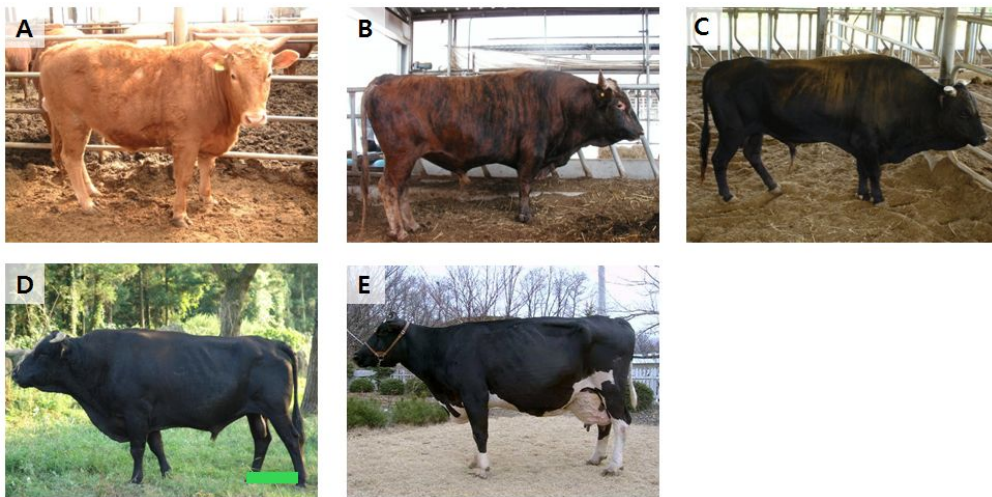


Figure 3-1. Phenotypic characteristics of 5 cattle breeds. A - Hanwoo, B - Korean Brindle, C - Korean Black, D - Jeju Black, E - Holstein;

외모기준에 따른 한우의 유전적 다양성 분석과 국내 재래 소품종의 유전적 다양성 분석에서 이용한 개체들은 Table 3-1과 같이 경상도지역을 제외한 전국 모든 지역 및 기관에서 고루 선

발하여 분석에 이용 하였다.

Table 3-1. Number of animals by region and group used in analysis

Province	Among Hanwoo groups										Among cattle breeds				
	WT	BL	WS	B	Ba	Bb	Bc	Bd	Be	Hol	BR	BL	BW	JB	Hol
Chungbuk Chungju													6		
Chungnam Boryung	3	4	8	4	3		1	1					10		
Chungnam Cheongwon											27	19			
Kangwon Hongcheon											9	10			
Kangwon Hueungseong											16	3			
Kangwon Samcheok	1		1	5		2	2	1	3				13		
Kyungki Ansung		4		1							33	2	5		
Kyungki Icheon	1			1	2	2							5		
Kyungki Yangpyung	4	2		1	11	5	3		2				22		
Kyungki Yongin					1	2		1					3		
Kyungki Yuncheon	2	3	1	5	4	7	4	1	1		1	22			
Jeonnam Goheung		1	1	1	4		1	2	2				10		
Jeonnam Yungam		1		2		1	4		1				8		
Jeju													83		
Jeonbuk buan	1						1						1		
Jeonbuk Jangsu				12	7		1						12		
Jeonbuk Wanju											6				
Nonghyup	16	11		108	27	11	4						145		
NIAS										69					67
Total	28	26	11	140	59	30	21	6	9	69	92	34	262	83	67

WT : white coat color mixed with brown, BL : black coat color mixed with brown, WS : white spotted coat color separated with brown, B : Hanwoo brown cattle having a cuticolor nose and pure brown coat non-mixed with other colors, B(a ~ e) : near to "e" is darker than "a", Hol : Holstein breed utilizing for dairy cattle in Korea, BR - Korean brindle, BL - Korean black, BW - Hanwoo, JB - Jeju black, HOL - Holstein, NIAS : National institute of animal science in Korea;

## 2. DNA분석 및 통계적 분석 방법

공시재료를 제외한 본 연구의 DNA분석방법, 마커의 종류 및 통계적 분석 방법은 제2장 제2절 재료 및 방법과 동일하다.



## 제 3 절 연구결과 및 고찰

### 1. Microsatellite loci별 특성분석

본 연구는 외모 구분에 따른 한우의 유전적 다양성 분석에서 이용하였던 한우 개체를 이용하여 분석하였고, 그 중 이모색이 존재하는 개체는 분석에서 제외하였으며, 대립유전자 matching test를 통하여 같은 개체로 인식되는 개체 또한 분석에서 제외 하였다. 현재 국내 사육중인 한우는 황색이 대부분이나 호반우와 흑우에 대한 유전적 구분이 명확치 않아 본 연구의 내용에는 한우, 호반우 및 흑우로 명칭 구분을 하도록 하겠다. 본 연구에 이용한 국내 호반우 92, 흑우 34두, 한우 262두, 제주흑우 83두 및 홀스타인종 67두에 대한 15가지 microsatellite loci 분석 결과 각 좌위에 대한 대립유전자 빈도는 Table 10과 같이 나타났다. 각 품종에 대한 타품종의 특이적 대립유전자는 총 42개가 검출되었고, 각각 한우가 23개, 흑우가 1개, 호반우가 4개, 제주흑우가 7개 그리고, 홀스타인종이 7개의 특이적 대립유전자를 가졌으며, 흑우에 대한 특이적 대립유전자는 다른 품종에 비하여 상대적으로 적은 것으로 나타났다. 각 집단별 microsatellite loci별 특이적 대립유전자를 살펴보면, 한우의 경우 ILST006의 281bp, INRA035의 85bp, 89bp, 109bp, 110bp, ETH152의 190bp, ETH3의 121bp, TGLA의 57bp, BM2113의 119bp, 127bp, 129bp, 139bp, 149bp, CSSM66의 200bp, TGLA227의 100bp, INRA005bp의 150bp, TGLA의 115bp, 117bp, SPS115의 265bp, TGLA122의 139bp, 147bp, 179bp 대립유전자에 대해 종특이적으로 나타났다고, 흑우는 ILST006의 283bp 대립유전자만 종특이적으로 나타났다. 제주흑우는 ILST006의 287bp, HEL1의 118bp, CSSM66의 200bp, TGLA227의 74bp, 76bp, TGLA126의 257bp, TGLA122의 157bp의 대립유전자가 종특이적으로 나타났으며, 호반우는 INRA035의 115bp, ETH3의 111bp, CSSM66의 176bp, TGLA122의 137bp가 홀스타인종은 ETH152의 206bp, ETH3의 129bp, TGLA122의 149bp, 171bp, 173bp 및 185bp의 대립유전자가 종특이적으로 나타나는 것을 확인 하였다. 또한, 홀스타인종에는 존재하지 않지만 국내 사육중인 소품종에만 존재하는 대립유전자도 대량으로 나타났는데 ETH152의 192bp, ETH3의 119bp, HEL9의 152bp, HEL1의 108bp, TGLA57의 84bp와 86bp, TGLA227의 78bp, 80bp, 82bp, 84bp, 100bp, INRA023의 197bp, 211bp, INRA005의 146bp, 148bp, TGLA126의 129bp, TGLA122의 135bp, 141bp, 145bp, 153bp 및 181bp 대립유전자가 이에 해당 되었고, 제주흑우만 가지지 않는 대립유전자도 5가지 존재하는 것으로 나타나는 등 품종간에 다양성을 한눈에 볼 수 있었다. 모든 품종내에 존재하는 대립유전자이지만 품종간 대립유전자의 빈도 차이가 많이 나는 대립유전자도 존재 하였는데 ILST006의 295bp 대립유전자는 제주흑우와 홀스타인종에서 각각 37.80%와 40.91%의 높은 빈도를 보여주었고, INRA023의 207bp 대립유전자는 호반우와 흑우에서 26.92%와 25.00%의 빈도

를 보여 다른 집단과는 차이를 보였다. 대립유전자빈도는 유전자간 병목현상이 발생하지 않을 경우 낮은 빈도에서 높은 빈도까지 나열하면 L모양의 분포를 가지게 된다(Sodhi 등, 2006). 하지만, 유전자간 병목현상이 발생하게 되면 L모양의 분포는 어긋나게되며 집단이 작고 그림집단이며 특정종모우에 대한 선발이 이뤄질 경우 유전자 다양성을 감소하여도 실제 이형접합율에는 영향을 미치지 않는다(Piry 등, 1999; Pendey 등, 2006). 본 분석에서 보는 바와 같이 내륙에 존재하는 재래 소품종들 중 한우를 제외한 호반우와 흑우는 개체수를 감안하더라도 다른 재래 소품종 및 홀스타인 종에 비해 종특이적으로 나타나는 대립유전자가 적게 나타났고, 동일형질에 대한 개량이 이뤄지면 품종간 유전자형이 유사하게 발달해 가지만(Vijh 등, 2008), 각 품종이 가지는 종특이성이 점차 퇴색되어 가고 있으며, 이에 대한 각별한 관리가 필요할 것으로 사료된다.

Table 3-2. Allele frequencies of 15 microsatellite loci among the 5 cattle breeds<sup>1)</sup>

Locus						Locus					
		Population						Population			
Locus	BR	BL	BW	JB	HOL	Locus	BR	BL	BW	JB	HOL
ILST006						INRA035					
277		1.92	0.22	6.10		85			0.40		
281			0.22			89			0.20		
283		1.92				99	2.63		8.30		
285		17.31	0.67			101	30.92	30.77	71.05	23.33	38.06
287				0.61		103	60.53	63.46	16.40	72.67	60.45
289	19.59	13.46	20.54	3.66	29.55	109			0.81		
291	18.24	15.38	10.94	7.32	1.52	110			0.40		
293	48.65	36.54	44.64	4.27	25.76	111	1.97		0.81		
295			5.36	37.80	40.91	113	3.29	3.85	0.20	4.00	
297	12.84	13.46	14.06	13.41	2.27	115	0.66				
299			2.68	23.78		119		1.92	1.42		1.49
301	0.68		0.67	3.05							
ETH152	BR	BL	BW	JB	HOL	ETH3	BR	BL	BW	JB	HOL
190			0.61			111	0.55				
192	8.89	2.94	6.07	1.47		113	3.85	4.41	0.62	8.55	
194	19.44	19.12	15.18	16.18	10.77	115	20.33	33.82	30.79	13.82	43.94
196	59.44	63.24	62.55	68.38	37.69	117	40.66	29.41	29.96	53.29	1.52
198	10.56	1.47	9.31	13.24	10.00	119	5.49	5.88	5.79	8.55	
200	0.56	1.47	3.04	0.74	13.08	121			0.21		
202	1.11	11.76	3.24		27.69	123	17.58	13.24	19.01	3.29	0.76
206					0.77	125	11.54	13.24	13.43	12.50	18.18
HEL9	BR	BL	BW	JB	HOL	127			0.21		21.21
150				0.63	0.75	129					14.39
152	24.73	36.36	1.75	23.75		HEL1	BR	BL	BW	JB	HOL
154	25.27	19.70	42.02	6.25	30.60	100			1.82	3.01	1.49
156	7.69		6.03		0.75	102	9.89	16.18	7.69	27.71	0.75
158	1.65	3.03	0.19	2.50	1.49	104	30.22	25.00	18.22	6.02	27.61
160	11.54	12.12	7.59	19.38	4.48	106	4.95	1.47	4.25		15.67
162	13.19	13.64	19.07	16.25	14.18	108	15.38	19.12	17.00	17.47	
164	11.54	7.58	7.78	23.75	2.99	110	34.07	26.47	34.41	33.13	0.75
166	2.20	1.52	4.47	4.38	22.39	112	5.49	11.76	16.19	11.45	10.45
168	2.20	6.06	10.89	3.13	0.75	114			0.40		43.28
170			0.19		21.64	118				1.20	
TGLA57	BR	BL	BW	JB	HOL	BM2113	BR	BL	BW	JB	HOL
82			0.97			119			0.22		
84	4.35	6.06	3.70	36.14		123	1.10		2.17	1.95	15.67
86	4.35	1.52	0.97	1.20		125	4.95	4.41	9.78	0.65	26.12
						127			0.43		

88	23.91	21.21	24.12	13.25	6.72	129					0.65	
90	2.17		0.97	1.20	10.45	131	4.95			5.65	10.39	
92			1.36		0.75	133	34.07	26.47	21.52	12.34	38.06	
94	18.48	24.24	19.46	5.42	3.73	135	25.82	45.59	19.35	13.64	10.45	
96	24.46	16.67	24.51	28.92	56.72	137	29.12	23.53	39.13	61.04	9.70	
98	9.78	10.61	10.70	7.83	12.69	139				0.87		
100	8.15	10.61	12.45	5.42	1.49	149				0.22		
102	4.35	9.09	0.78	0.60	7.46							
<hr/>						<hr/>						
CSSM66	BR	BL	BW	JB	HOL	TGLA227	BR	BL	BW	JB	HOL	
176	2.75					74					0.60	
178	29.67	16.18	20.00	29.17	1.52	76					0.60	
180			3.47	20.14	3.79	78	5.98	5.88	5.60	0.60		
182	17.03	14.71	27.35	4.17	12.12	80	2.17	1.47	2.28	10.84		
184	10.99	22.06	23.27	34.03	30.30	82	23.37	29.41	20.12	45.78		
186	6.59	4.41	8.57	6.25	1.52	84	3.26	1.47	7.68	19.88		
188	9.89	11.76	5.92	2.08	29.55	86	21.74	14.71	5.81		10.45	
190	0.55	1.47		1.39	1.52	88	2.72		1.87		11.19	
192	8.79	14.71	5.71	0.69	18.18	90	2.17		0.62	0.60		
194				2.08		92	1.63		10.58	1.81	3.73	
196	8.24	4.41	3.88		0.76	94	6.52	13.24	16.18	5.42	14.93	
198	1.65	1.47	0.20		0.76	96	7.61	5.88	8.30	9.04	9.70	
200			0.20			98	5.43	13.24	15.15	1.20	3.73	
202	3.85	8.82	1.43			100	12.50	13.24	1.66	1.81		
						102	4.89		1.66		40.30	
INRA023	BR	BL	BW	JB	HOL	104		1.47			2.99	
195			1.60	10.16		108			1.66	1.81	2.99	
197	14.29	10.94	6.00	12.50		110			0.83			
199		1.56	2.80	4.69	0.76							
201	4.40	1.56	2.60	1.56	21.21	INRA005	BR	BL	BW	JB	HOL	
205	31.32	31.25	39.00	42.97	20.45	138	18.33	33.82	18.02	9.15	8.46	
207	26.92	25.00	17.00	7.81	9.09	140	35.00	16.18	33.78	39.02	51.54	
209		6.25	4.60	0.78	22.73	142	31.67	42.65	37.84	21.95	40.00	
211	0.55	1.56	6.00	5.47		146	8.33	5.88	5.41	29.27		
213	21.98	21.88	20.00	13.28	25.76	148	6.67	1.47	4.50	0.61		
215	0.55		0.40	0.78		150			0.45			
<hr/>						<hr/>						
TGLA126	BR	BL	BW	JB	HOL	TGLA122	BR	BL	BW	JB	HOL	
115			0.39			135	7.69	3.13	10.08	8.09		
117			0.98			137	1.10					
119	45.05	31.25	47.65	27.11	35.38	139			0.59			
121	19.78	21.88	14.31	26.51	39.23	141	9.89	4.69	17.98	43.38		
123			2.35	0.60	1.54	143	24.18	17.19	16.40	22.06	24.24	
125	4.95	26.56	11.96	19.88	18.46	145	13.19	26.56	18.77	4.41		
127	29.67	18.75	19.61	21.08	5.38	147			0.20			
129	0.55	1.56	2.75	4.82		149					21.97	
						151	23.63	20.31	22.33	15.44	2.27	
SPS115	BR	BL	BW	JB	HOL	153	7.69	20.31	6.72	2.21		
241			0.21	2.13		157				0.74		
243	26.11	31.25	32.37	38.30	59.09	159					1.52	
245	2.78		2.07	2.13		161			1.38		3.03	
247	5.56		13.69	2.13	26.52	163	3.30	6.25	0.40	2.94	24.24	
249	16.11	21.88	12.86		0.76	165			0.20		1.52	
251	31.11	28.13	28.63	41.49	11.36	167			0.20			
253		3.13	0.62	2.13		171					12.88	
255	18.33	15.63	9.13	10.64	2.27	173					0.76	
257				1.06		175	2.75		1.58			
265			0.41			179			0.20			
						181	6.59	1.56	2.96	0.74		
						185					7.58	

<sup>1)</sup> BR - Korean brindle, BL - Korean black, BW - Hanwoo, JB - Jeju black, HOL - Holstein

본 연구에 이용한 15가지 microsatellite loci에 나타나는 대립유전자 빈도를 근거로 하여 각 microsatellite의 유전자 다양성 및 다형정보지수 및 F-통계량을 구하였고, 품종내 개체간 및 전체 개체간 이형접합율에 대한 HWE 검정을 실시한 결과 Table 11과 같이 나타났다. 연구에 이

용한 microsatellite marker는 소 염색체 중 13개의 염색체 상에 고루 존재하는 좌위에 대해서 분석하였고, 총 검출된 대립유전자 개수는 171로 나타났다. 각 좌위에 대한 대립유전자의 개수는 평균적으로 11.4개로 나타났고, 6개에서 22개의 범위로 분포하는 것으로 나타났다. 대립유전자는 ETH152와 TGLA126이 모두 8개로 가장 적었고, TGLA122가 22개로 가장 많은 대립유전자를 가지는 것으로 나타났다. 샘플 개수에 대해서 보정한 대립유전자의 개수는 평균 7.94로 나타났고, 4.7개(INRA035)~12.7(TGLA227)개의 범위로 존재하였다. 실제 검출된 대립유전자의 개수와 보정에 의한 대립유전자 개수의 편차는 1.11개~10.88개로 나타났고, 각각 INRA005의 편차가 가장 적고 TGLA122에 대한 편차가 가장 큰 것으로 나타났다. 이는 Schmind 등(1999)이 보고한 스위스의 소품종의 대립유전자가 ILST005(2)~HEL9(13), Del Bo 등(2000)이 보고한 유럽의 알프스지역 소품종이 ILST005(2)~TGLA227(8), Sodhi 등(2006)이 보고한 인도의 Tharparkar 종이 ETH3(4)~HEL9(11), Mateus 등(2004)이 보고한 포르투갈의 소품종이 BM1818(8)~TGLA227과 HEL9(12), Zhou 등(2005)이 보고한 중국전역의 소품종이 BM1824(4~6)~TGLA122(11~13), Zhang 등(2007)이 보고한 중국의 황우가 ETH10(10)~TGLA227(22), vjh 등(2008)이 보고한 인도의 물소품종이 5.86~8.14인 것과 비교하면, 본 연구에 이용한 국내 재래소품종들은 유럽과 중국의 품종들과 대립유전자 개수의 차이는 있지만 좌위에 대한 유사성이 있는 것을 확인 하였다. 하지만, 각 연구마다 분석이 이뤄진 microsatellite 좌위가 다르고, 한 지역에 존재하는 소품종이라 하더라도 각 품종간의 고유 유전적 특성 차이가 있기 때문에 대립유전자 개수의 차이가 생기는 것으로 사료된다.

각 microsatellite 좌위에 대한 기대이형접합도 즉, 유전자 다양성은 샘플수에 근거한 대립유전자 개수가 가장 적은 INRA035가 0.484로 가장 작게 나타났고, 이와는 반대로 대립유전자 개수가 12.70개로 가장 많이 검출된 TGLA227의 경우 82%의 유전자 다양성을 가지는 것으로 나타났다. PIC 값도 유전자 다양성과 같은 양상을 보여주었는데 0.41(INRA035)~0.795(TGLA227)의 범위로 나타나는 것을 확인 할 수 있었다. 본 연구에 이용한 microsatellite marker는 ETH152와 INRA035를 제외하고 모두 높은 다형성정보지수를 가지는 것으로 나타났고, 각 좌위에 대한 기대이형접합도와 다형성정보지수는 모든 좌위에 대해 각각 0.727과 0.683을 가져 높은 다형성을 가지는 것으로 나타났다. 각 좌위에 대한 F-통계량을 살펴본 결과 집단내 개체간 근친정도를 나타내는  $F_{is}$ 의 경우 INRA035가 0.613으로 가장 높아 유전자 다양성도 상당히 낮은 것으로 나타났다. ETH3의  $F_{is}$ 가 -0.064로 집단내 개체간 상관정도가 작은 것으로 나타났다. 이는 Jordana 등(2003)의 연구에서 18가지 남유럽 종에 대한 분석시 INRA035에 대한  $F_{is}$ 가 0.384로 Zhang 등(2007)의 연구에서 25가지 중국내 소품종에 대한 분석시 INRA035에 대한  $F_{is}$ 가 0.238로 다른 microsatellite 좌위에 비하여 높게 나타난 결과와 동일한 결과이고, null-allele이나 Wahlund effect에 대한 징후가 발견되지 않는 것으로 보아 특정 품종내에서 특정 형질개량을 위한 선발

과정에서 생기는 유전적 hitchhiking effect 또는 특정 품종에 편중되어 나타나는 특이적 좌위가 존재하는 것으로 사료된다. CSSM66좌위는 Coppieters 등(1998)등의 연구에서 홀스타인종의 유량, 유지방 및 유단백질과 관련된 QTL(quantitative trait loci)와 연관이 있는 좌위이기 때문에  $F_{is}$ 가 크게 나타날 가능성이 있다고 보고 하였으나, 본 연구에 이용한 품종들 간에는 이와 같은 현상이 발견되지 않았다. 동일 지역 내 존재하는 소품종간  $F_{st}$  비교 연구와 비교하면, Jordana 등(2003)의 18가지 남서유럽 소품종(6.8%)간 차이보다 컸으나, MacHugh 등(1998)의 7가지 유럽 소품종(11.2%), Schmid 등(1999)의 스위스 소품종(9%), Kantanen 등(2000)의 20가지 남유럽 소품종(10.7%), Mateus 등(2004)의 포르투갈의 소품종간(11.4%), Zhang 등(2007)의 27가지 중국의 황우(9.2%)에 대한  $F_{st}$ 에 비하여 작아 15가지 MS 좌위에 대해 국내 재래소품종간 유전적 관계가 다른 지역에 비하여 상당히 가까운 것을 확인 하였다. 이는 특정집단에 나타나는 특이성 정도에 따라 차이를 가지지만, 국내 재래소품종이 한우위주로 개량이 이뤄지고 있고, 외래품종의 유입이 거의 없어 동일 환경내 오랜세월에 걸쳐 함께 공존해 온 집단이므로 품종간 차이가 줄어든 것으로 사료된다.

집단내 개체들간의 HWE 검정 결과 BM2113, HEL1, HEL9, INRA035, TGLA57 및 TGLA227 좌위가 HWE 법칙을 따르지 않는 것으로 나타났다. 전체 개체간 상관 정도를 나타내는  $F_{it}$  값은 ETH3이 -0.005로 가장 낮았고, INRA035가 0.790으로 가장 컸으며,  $F_{it}$ 에 대한 HWE 검정 결과 BM2113, CSSM66, ETH152, HEL1, HEL9, ILST006, INRA035, SPS115, TGLA122 및 TGLA227 좌위가 HWE 법칙에 어긋나는 것으로 나타났다. 각 좌위에 대한 집단간 유전적 차이  $F_{st}$  값에 대해서는 모든 좌위가 품종에 따른 고도의 유의성적 차이를 가지는 것으로 나타났다( $p < 0.001$ ). 집단내 개체간의 이형접합체 결손율이 가장 큰 것으로 나타난 INRA035 좌위에서도 유의적인 차이가 존재하는 것을 확인 하였다( $p < 0.001$ ). 모든 좌위에 대한  $F_{is}$ ,  $F_{it}$  및  $F_{st}$  값은 각각 0.042, 0.113 및 0.074로 나타났고, 집단내 개체간( $p < 0.01$ ) 및 전체 개체간( $p < 0.001$ ) 모두 HWE 법칙에 어긋나는 것으로 나타나며, 품종간 각 좌위별 분산에 있어 고도의 유의성을 가지는 것으로 나타났다( $p < 0.001$ ). 본 연구에 이용한 품종간 차이정도( $F_{st}$ )가 7% 정도로 작게 나타난 것은 한우내 외모특성에 따른 그룹설정을 통한 분석에서와 동일하였으나 본 연구의 결과가 더 큰 것으로 나타났고, 본 연구에 이용한 한우, 홀스타인을 제외한 호반우, 흑우 및 제주흑우의 경우 거의 가축개량 프로그램 등이 전무한 상태일 뿐만 아니라, 개량위주의 관리보다는 증식위주의 관리가 주가 되었기 때문에 소규모 집단내 개체간 근친교배가 상당히 높은 빈도로 존재해 있기 때문일 것이라 사료된다.

Table 3-3. Summary statistics showing characteristics, gene diversity, PIC values and F-statistics of analyzed 15 microsatellite markers

Locus	Chromosome location	Size range (bp)	No. of alleles	$R_s$	Gene diversity	PIC value	$F_{it}$ ( $F$ )	$F_{st}$ ( $\theta$ )	$F_{is}$ ( $f$ )
BM2113	2	119~149	11	6.34	0.698	0.649	0.096***	0.051***	0.049*
CSSM66	14	178~202	14	9.38	0.812	0.780	0.042***	0.045***	-0.004
ETH3	19	111~129	10	7.21	0.732	0.689	-0.005	0.055***	-0.064
ETH152	5	190~206	8	5.94	0.592	0.548	0.031*	0.030***	0.001
HEL1	15	100~118	9	7.54	0.764	0.722	0.120***	0.066***	0.058*
HEL9	8	150~170	11	9.17	0.799	0.767	0.107***	0.083***	0.027*
ILST006	7	277~301	12	7.50	0.730	0.683	0.119***	0.111***	0.008
INRA005	12	138~150	6	4.89	0.682	0.616	0.010	0.040***	-0.031
INRA023	3	195~215	10	8.32	0.775	0.737	0.020	0.026***	-0.006
INRA035	16	85~119	11	4.70	0.484	0.410	0.790***	0.368***	0.613***
SPS115	15	241~265	10	6.25	0.711	0.658	0.018*	0.029***	-0.012
TGLA57	1	82~102	11	8.57	0.779	0.748	0.144***	0.048***	0.100***
TGLA122	21	135~185	22	11.12	0.812	0.780	0.066***	0.053***	0.015
TGLA126	20	115~129	8	5.56	0.718	0.665	0.002	0.034***	-0.034
TGLA227	18	74~110	18	12.70	0.820	0.795	0.165***	0.064***	0.109***
Total			171	7.67	0.727	0.683	0.113***	0.074***	0.042**

<sup>1)</sup> Hardy-Weinberg equilibrium test was performed for overall ( $F_{it}$ ) and within samples ( $F_{is}$ ) based on 1,000 randomisations;  
 Testing for population differentiation not assuming random mating within samples was performed by log-likelihood  $G$  statistic based on 1,000 randomisations;  
 \* :  $p < 0.05$ , \*\* :  $p < 0.01$ , \*\*\* :  $p < 0.001$ ;

## 2. 각 품종의 유전적 다양성 분석

국내에 존재하는 호반우, 흑우, 한우, 제주흑우 및 외래종인 홀스타인종에 대한 품종내 기대이형접합율과 측정이형접합율 및 평균 대립유전자 개수는 Table 3-4과 같이 나타났다. 각 품종에 대한 유전적 다양성을 나타내는 기대이형접합율은 호반우가  $0.751 \pm 0.026$ 으로 가장 커서 집단내 변이가 다른 집단에 비하여 비교적 큰 것으로 나타났고, 제주흑우의 기대이형접합율이  $0.696 \pm 0.029$ 로 나타나 전체 품종의 기대이형접합율( $0.727 \pm 0.026$ ) 보다 작았고, 다른 집단에 비하여 집단내 변이가 다른 집단에 비하여 적은 것으로 나타났다. 제주흑우는 우리나라 제주도에서만 사육되고 있는 품종으로 지리적으로 고립된 지역에서 사육되는 품종일 뿐만 아니라, 최근 들어 번식위주의 정책을 강행함으로써 증식사업 위주의 관리가 이뤄지고 있어 이와 같이 변이도가 다른 집단에 비하여 낮은 것으로 사료된다. 반면, 국내 내륙에서 사육되고 있는 품종들(호반우, 흑우 및 한우)은 거의 비슷한 변이율을 보이는 것으로 나타났는데, 이는 호반우와 흑우가 한우에 비하여 소규모 집단임에도 불구하고 계통조성등의 체계적인 관리가 이뤄지고 있지 않아서 특정 종모우를 이용한 번식이 이뤄지고 있으며, 집단규모가 작기 때문에(Pnadey 등, 2006) 실제 변이율이 기대이형접합율의 차이가 점차적으로 커지고 있는 것으로 사료된다.

또한, 본 연구에 이용한 한우, 흑우 및 호반우 집단의 기대이형접합율은 Schmid 등(1999)이 보고한 스위스의 소품종( $0.60 \sim 0.69$ ), Mukesh 등(2004)이 분석한 Sahiwal종( $0.061$ ), Haryana종( $0.66$ ) 및 Deoni종( $0.70$ ), 영국 소품종( $0.56 \sim 0.67$ ), Cítek 등(2006)의 체코 소품종( $0.415 \sim 0.506$ ), Martín-Burriel 등(2007)의 스페인의 소품종( $0.41 \sim 0.69$ ), Pendey 등(2006)의 Kherigarh종( $0.717$ ), Sodhi 등(2006)의 Tharparkar종( $0.67$ ), Mukesh 등(2004)의 Sahiwal종( $0.42$ ), Haryana종( $0.53$ ), Deoni종( $0.59$ ), Vijh 등(2008)이 보고한 인도의 물소품종들( $0.63 \sim 0.70$ ), Ibeagha-Awemu 등(2004) 등이 보고한 서중양아프리카의 *Bos indicus*종들의 기대이형접합율이  $0.703 \sim 0.744$ , *Bos taurus*종들의 기대이형접합율이  $0.512 \sim 0.656$ , Freeman 등(2004)이 보고한 서아프리카 소품종들이  $0.52 \sim 0.65$ , Van Hooft 등(2000)이 보고한 아프리카의 버팔로 품종들이  $0.647 \sim 0.811$ , Mateus 등(2004)이 보고한 포르투갈 소품종이  $0.6276 \sim 0.7417$ , Zhang 등(2007)이 보고한 중국의 27가지 소품종 중 중국북동부 소품종( $0.683$ ), 중국중부 소품종( $0.753$ ) 및 중국남부 소품종( $0.629$ ), Dorji 등(2003)이 보고한 Bhutan의 소품종이  $0.667$ (Mithun)  $\sim 0.796$ (Nepal hill cattle)로 나타난 것과 비교해볼 때, 몇몇 품종을 제외한 대부분의 품종 보다 기대이형접합율이 커서 품종내 유전적 다양성은 크나 그만큼 품종의 순수성이 떨어져 품종고정을 위한 보다 많은 노력이 필요할 것으로 사료된다.

한우집단에 대한 다른 연구 결과에서는 김 등(2001)에서  $0.672$ , 윤(2002)에서  $0.638$ , 윤 등(2005)에서  $0.664$ , 오 등(2006)에서  $0.762$ 로 나타나 김 등(2001)과 윤(2002) 및 윤 등(2005)의 결과보다 크고, 오 등(2006)의 결과보다는 변이가 작은 것으로 나타났다. 제주흑우는 윤(2002)이

0.658, 윤 등(2005)이 0.630으로 나타났다고 보고하여 본 연구에 비하여 변이가 작았지만 비슷한 값을 보이는 것을 확인 하였고, 호반우는 윤(2002)의 결과에서 0.708의 이형접합율을 보여 본 연구에 비하여 0.05정도 차이를 보이는 것으로 나타났다. 이는 같은 품종내 시험축으로 사용할 개체를 선발하는 과정에서 생기는 차이로서 같은 동일공간에서 사육되는 품종내 차이는 개체간의 혈연관계에 의해 결정이 되기 때문에 혈연관계가 가까운 개체를 시험축으로 선발할 경우 상당히 편중된 결과를 초래할 것으로 사료된다.

한편 홀스타인종의 경우 Schmid 등(1999)은 0.69, 김 등(2001)은 0.714, 윤(2002)은 0.668, Dorji 등(2003)은 0.699 및 윤 등(2005)은 0.682로 나타났다고 보고하여 본 연구와 다소 차이가 있지만 비슷한 이형접합율을 보이는 것을 확인 하였다. 반면, Hanslik 등(2000)의 연구에서는 Friesian 조상의 기대이형접합율이 0.46으로 나타났고 독일, 덴마크, 케나다 및 미국 Holstein의 기대이형접합율이 0.43~0.46으로 상당히 낮은 기대이형접합율을 보였는데 이러한 현상은 분석에 이용한 marker의 개수에 의존하기 때문이라고 해석하였는데, 국내 홀스타인 종은 국내 보증씨수소를 선발하여 이용되고 있지만 아직까지는 외국의 씨수소나 정액 도입에 의한 의존도가 상당히 커서 다른 나라에 존재하는 홀스타인종의 기대이형접합율과 유사하고 Hanslik 등(2000)의 연구에서도 각 나라의 Holstein간  $F_{st}$ 가 인정되어 Holstein이 국내에 유입되어 국내환경에 맞는 형태로 유전자형이 변화되어 온 것으로 사료된다.

분석에 이용한 총 538두에 대한 평균 대립유전자 개수는 7.62개로 나타났고, 홀스타인 품종이 국내 재래 소품종에 비하여 적은 대립유전자가 분포하였고, 한우의 대립유전자가 9.93개로 나타나 다른 품종에 비하여 많은 대립유전자가 분포하는 것으로 나타났다. 또한, 샘플수에 보정한 대립유전자 개수는 평균적으로 6.41개로 나타났고, 실제 대립유전자 개수와 마찬가지로 홀스타인종이 가장 적고 한우의 대립유전자가 가장 다양하게 분포하는 것으로 나타났다. 흑우 집단은 내륙흑우와 제주흑우의  $R_t$ 는 비슷한 대립유전자의 개수를 보였는데 반해 기대이형접합율의 차이를 보여 집단으로서의 차이를 보였다. Martín- Burriel 등(2007)은 30가지 MS marker에 대한 영국 및 스페인 소품종의 대립유전자 개수가 각각 4.77(Jersey)~6.37(Friesian) 및 2.97(BETA)~7.17 (MON), Pendey 등(2006)은 인도의 Kherigarh종의 대립유전자가 6.24개, Sodhi 등(2006)은 인도의 Tharparkar종의 대립유전자가 6.2개, Mukesh 등(2004)은 인도의 Sahiwal, Haryana, Deoni이 각각 5.2, 6.5 및 5.9개로 나타났다고 보고 하여 본 연구에 이용한 국내재래종 보다 적은 대립유전자 개수를 보였지만, Vjih 등(2008)은 인도의 물소품종이 5.86~9.14개, Zhang 등(2007)이 보고한 중국의 27가지 소품종 중 중국북동부 소품종(8.317), 중국 중부 소품종(9.731) 및 중국남부 소품종(6.885), Mateus 등(2004)의 포르투갈 소품종이 5.26~7.40개로 나타났다는 보고에 비하여 대립유전자가 많았다. 하지만, 대립유전자 개수는 marker수 보다는 집단에 포함된 개체수에 의존하는 것을 감안하였을 때 본 연구 집단의 이형접합율이 더



켰으며, 특히 호반우와 내륙흑우의 경우 단기간내에 집단의 크기가 줄어 실제이형접합율과 기대이형접합율의 차이가 크고(Lirón 등, 2006), 체계적인 개량이 이뤄지지 않아 아직 품종에 대한 고정이 확실히 이뤄지지 않은 것으로 사료된다.

Table 3-4. Expected and observed heterozygosity and mean number of alleles of 15 microsatellite locus for each breed<sup>1)</sup>

Population	Sample size	$H_E \pm SD$	$H_O \pm SD$	Mean No. of Alleles	$R_t$
BR	92	0.747±0.024	0.697±0.012	7.40	6.59
BL	34	0.751±0.026	0.677±0.021	6.67	6.41
BW	262	0.741±0.027	0.704±0.007	9.93	7.11
JB	83	0.696±0.029	0.693±0.013	7.60	6.37
HOL	67	0.702±0.024	0.694±0.014	6.53	5.60
Total	538	0.727±0.026	0.699±0.014	7.62	6.41

<sup>1)</sup> BR - Korean brindle, BL - Korean black, BW - Hanwoo, JB - Jeju black, HOL - Holstein

보다 정확한 품종내 특성을 살펴보기 위하여 연구에 이용한 각 microsatellite loci별로 품종내 개체간 근친화 정도 추정치( $F_{is}$ )를 살펴 보았다. 그 결과 Table 3-5와 같이 나타났는데, INRA035 좌위는 한우의 외모특성별 집단 분석과 마찬가지로 높은  $F_{is}$  값을 보여주었고, 가장 눈에 띄는 결과로는 국내 재래종간 분석결과에서는 한우뿐만 아니라 내륙에 존재하는 재래종 모두 INRA035 좌위에 대해서 높은  $F_{is}$  값을 가지고 있는 것으로 나타나 한우 및 호반우와 흑우는 오랜 시간에 걸쳐 한우와 공존한 품종임을 확인 할 수 있었다. 반면, 제주 흑우는 내륙 재래종과는 대조적으로 INRA035 좌위에 있어 0.269의  $F_{is}$  값을 보여주었으나, 홀스타인 집단보다는 집단내 개체간 유사도가 높아 내륙의 재래 소품종 보다는 늦게 국내 재래 소품종으로서 자리 잡았을 것으로 예상된다. 또한, 제주흑우는 ETH152 좌위에 대해서도 내륙의 재래 소품종이나 홀스타인 집단과는 다르게 0.224 정도의 집단내 개체간 유사도를 보였고, 내륙흑우는 ILST006(0.176), 호반우는 BM2113(0.129)와 SPS115(0.098)가 다른 품종에 비하여 높은  $F_{is}$  추정치를 보여 각각 제주흑우, 흑우 및 호반우만의 품종 특성을 보여주었다. 하지만, 품종에 대한 15가지 microsatellite 좌위 전체적으로 볼 때 내륙의 재래 소품종은 한우(0.049), 호반우(0.067), 흑우(0.101) 순으로 집단내 근친정도가 높았는데, 이것은 Table 3-4의 결과에서도 볼 수 있듯이 현재 내륙에 존재하는 품종 중 호반우와 흑우 품종은 실제 이형접합율과 기대 이형접합율과의 거리차이가 클 뿐만 아니라, 개체수가 한우에 비하여 상당히 적어 품종내 근친이 상당히 이뤄지고 있음을 시사하고 있어 이에 대한 철저한 관리가 필요할 것으로 사료된다.

INRA035 좌위의  $F_{is}$  값이 다른 좌위에 비하여 크게 나타나는 현상은 Jordana 등(2003)의 연

구에서도 나타났는데, 유럽의 18가지 소품종 중 12가지 소품종이 13.7%(Alentejana) ~ 69.7%(Tudanca)의  $F_{is}$  값을 가지는데 대해서 이에 양적형질에 관련되어 있지 않지만 일반적으로 선발이 이뤄지고 있는 형질에 관련이 있으며, 품종, 지역 및 계통 특이적으로 나타나는 현상이라고 설명한 바 있다.

Table 3-5. Inbreeding estimates( $F_{is}$ ) within Korean native cattle and Holstein breeds per each 15 microsatellite loci

Locus	BR	BL	BW	JB	HOL
BM2113	0.129*	-0.003	0.057	-0.153	0.082
CSSM66	-0.002	0.087	-0.021	-0.046	0.123*
ETH3	-0.131	-0.148	-0.067	0.097	-0.063
ETH152	0.026	-0.058	-0.018	0.224*	-0.049
HEL1	0.029	0.159	0.069*	-0.033	0.091
HEL9	0.138***	0.319***	-0.010	-0.020	0.039
ILST006	0.006	0.176	-0.004	0.039	-0.020
INRA005	-0.117	-0.033	0.046	-0.048	-0.023
INRA023	-0.052	0.008	-0.003	0.001	0.026
INRA035	0.733***	0.777***	0.720***	0.269***	0.001
SPS115	0.098	-0.026	-0.023	-0.072	-0.061
TGLA57	0.072	-0.002	0.100***	0.193***	0.074
TGLA122	0.103*	0.167*	0.018	-0.162	-0.059
TGLA126	0.034	0.014	-0.014	-0.152	-0.118
TGLA227	0.096*	0.201***	0.118***	0.078	0.029
All	0.067	0.101	0.049	0.003	0.007

BR - Korean brindle, BL - Korean black, BW - Hanwoo, JB - Jeju black, HOL - Holstein;  
 \* :  $p < 0.05$ , \*\* :  $p < 0.01$ , \*\*\* :  $p < 0.001$ ;

반면, Mukesh 등(2004), Pandey 등(2006)와 Sodhi 등(2006)이 보고한 인도의 Deoni종, Haryana종, Sahiwal종, Kherigarh종과 Tharparkar종에서는 INRA035의  $F_{is}$ 가 각각 0.121, 0.028, 0.006, 0.0913와 0.064로 낮았지만, BM1818은 0.181, 0.397, 0.344, 0.1639와 0.498, HEL5는 0.640, 0.549, 0.582, 0.6040와 0.371, HEL9은 0.213, 0.117, -0.100, 0.2483와 0.163로 나타나 유럽종 및 한우와는 대조적으로 나타났다. 또한, Mateus 등(2004)은 INRA035 좌위를 적용하지 않았지만, SPS115의  $F_{is}$ 값이 0.118로 본 연구에 이용한 집단에 비하여 높았고, Zhang 등(2007)이 보고한 27가지 중국의 소품종간  $F_{is}$  값이 BM1818(-0.015)~INRA035(0.231)로 나타나 INRA035는 유럽종과 중국종의 기원을 가지는 *Bos taurus*의 특이적 좌위인 것을 확인 하였다. 반면, 호반우와 내륙흑우의 경우 INRA035 이외에도 인도종에 특이적으로 나타나는 HEL9 좌위의  $F_{is}$ 가 높았는데, Handiwirawan 등(2003)은 Bali의 소품종이 Simental종 및 Limousine종과의 교잡이 이뤄진 바 있다고, Noor 등(2000), Winaya (2000) 및 Handiwirawan 등(2003)은 HEL9과 INRA035 좌

위가 인도소품 중 *Bos banteng*에 속하는 Bali의 소품종 특이적으로 나타나는 좌위라고 보고 하였으나, 윤(2002) 및 윤 등(2005)의 연구결과에서는 한우와 Limousine종, 호반우와 Hereford 및 Limousine종과의 유전적 거리가 상당히 가까운 것으로 나타났고, Hereford 또한 Limousine종 간에 상당히 가까운 유전적 거리가 상당히 거리를 보여주었다. 하지만, 윤(2002) 및 윤 등(2005)의 연구에서는 HEL9과 INRA035 좌위는 분석에 이용되지 않아 한우 및 제주흑우와는 다르게 호반우와 흑우가 *Bos taurus*와 *Bos banteng*과의 교잡에 의해 유래되었을 가능성이 확인 되었 고, 이에 대한 추가적인 분석이 이뤄져야 할 것이다.

2단계 분석의 품종간 기대이형 접합율을 비교한 결과는 한우가  $0.753\pm 0.020$ 으로 가장 높은 기대이형 접합율을 보였고, Hereford종이  $0.530\pm 0.036$ 으로 가장 낮은 이형접합율을 보였다(Table 3-6). 한우의 경우 관측 이형접합율과 기대이형접합율과의 차이가 상당히 큰 것을 확인할 수 있었는데, 이는 한우에 해당되는 개체들이 대부분 한우 후대검정우에 해당되어 특정 보증씨수 소의 자손들에 해당되기 때문에 나타나는 현상으로 사료된다. Charolais종은 기대이형접합율이 관측치에 비하여 높게 나타났고, Hereford종은 기대와 관측 이형접합율 모두 상당히 낮은 수치를 보였다. 평균 대립유전자 개수는 한우집단이  $15.26\pm 4.82$ 로 가장 많은 것으로 나타났다.

Table 3-6. 34가지 MS marker를 이용하여 분석한 품종별 이형접합율 및 평균대립유전자 개수

Pop	Sample size	$H_E\pm SD$	$H_0\pm SD$	No Alleles $\pm SD$
AG	15	$0.602\pm 0.030$	$0.551\pm 0.023$	$4.44\pm 1.50$
BS	25	$0.548\pm 0.036$	$0.527\pm 0.018$	$3.94\pm 1.50$
CH	12	$0.575\pm 0.037$	$0.610\pm 0.025$	$4.24\pm 1.46$
HF	19	$0.530\pm 0.036$	$0.385\pm 0.020$	$4.00\pm 1.54$
HT	88	$0.594\pm 0.034$	$0.574\pm 0.009$	$5.62\pm 2.42$
HW	514	$0.753\pm 0.020$	$0.573\pm 0.003$	$15.26\pm 4.82$
KBL	10	$0.599\pm 0.038$	$0.535\pm 0.028$	$4.44\pm 1.81$
KBR	10	$0.584\pm 0.037$	$0.502\pm 0.027$	$4.38\pm 1.60$
LM	40	$0.619\pm 0.029$	$0.567\pm 0.014$	$5.79\pm 2.31$
NK	48	$0.685\pm 0.027$	$0.558\pm 0.012$	$7.74\pm 2.45$
SM	24	$0.603\pm 0.029$	$0.578\pm 0.017$	$5.06\pm 1.82$
YB	161	$0.669\pm 0.026$	$0.583\pm 0.006$	$10.35\pm 3.34$

Note : AG-Angus, BH-백모, WH-백모, BNa-정상우, BN(b-d)-흑비1~3단계, BS-Brown Swiss, CH-Charolais, HF-Hereford, HT-Holstein, KBL-내륙흑우, KBR-호반우, LM-Limousin, NK-Nouth Korean cattle, YB-Yenbian Cattle

### 3. 품종 간 유전적 거리 및 관계 분석

국내 사육중인 품종간 및 홀스타인종과의 유전적 관계를 살펴보기 위해 대립유전자 빈도를 이용하여 구한  $D_S$  및  $D_A$  유전적 거리는 각각 Table 3-7과 Table 3-8과 같이 나타났다.  $D_S$  유전거리를 살펴본 결과 호반우와 내륙흑우 품종과의 거리가  $0.0361\pm 0.0128$ 로 나타나 유전적

거리가 가장 가까운 것으로 나타났고, 제주흑우와 홀스타인종과의 유전적 거리가  $0.5228 \pm 0.1318$ 로 나타나 가장 먼 집단인 것으로 나타났다.  $D_A$  유전적 거리를 이용한 유전적 거리(Table 12)는 대부분  $D_S$  유전거리와 비슷한 양상을 보였는데 한우와 제주흑우와의 유전적 거리에 있어,  $D_S$  유전거리에서는 호반우나 흑우에 비하여 거리가 먼 것으로 나타난 반면  $D_A$  유전거리에서는 한우가 호반우나 흑우에 비하여 가까운 것으로 나타났다.  $D_A$  유전거리는  $D_S$  유전 거리와 마찬가지로 호반우와 내륙흑우와의 거리가 0.0529로 가장 가깝고, 제주흑우와 홀스타인과의 거리가 0.3389로 가장 먼 것으로 나타났다. 각 품종간 분화 정도를 나타내는  $F_{st}$  값은  $D_S$  유전거리와 같은 양상을 보여, 호반우와 내륙흑우 간의 분화정도가 0.0109로 가장 가깝고 제주흑우와 홀스타인과의 분화정도가 0.1491로 가장 먼 것으로 나타났으며, 집단 간 차이에 대해서 고도의 유의성이 인정되었다( $p < 0.01$ ). 자국내 소품종의 유전적 거리를 비교한 연구를 살펴보면, 영국내 8가지 소품종간  $D_A$  유전적 거리가 0.1944~0.4064로 Mukesh 등(2004)는 인도의 세가지 소품종간  $D_S$ 와  $D_A$  유전적 거리가 각각 0.233~0.389 및 0.211~0.276으로 나타나 국내 재래 소품종간 유전적 거리에 비하여 상당히 거리가 큰 반면, Mateus 등(2004)이 보고한 포르투갈의 소품종은  $D_A$  유전적 거리가 0.0326~0.1898로, Cítek 등(2006)이 보고한 체코의 소품종은  $D_A$  유전적 거리가 0.0172~0.0837로 나타나 하나의 국가내에 존재하는 소품종간 유전적 거리에서 유사한 경향을 보여주었다. 또한, Dorji 등(2003)은 Bhutan내에 존재하는 소품종간 유전적 거리가 0.073~0.508로 나타나 자국내 소품종간 유전적 거리가 다양하게 존재한다고 보고 하였는데, Bhutan은 티벳과 인도의 접경지역으로 *taurus*와 *indicus*가 모두 유입되어 교잡이 상당히 이뤄졌으며, 특이적으로 *taurus*나 *indicus*의 고유한 특성을 가진 품종이 존재하기 때문에 다양한 유전거리를 가지는 것으로 사료된다. 김 등(2001)은 한우와 홀스타인종과의  $D_A$  유전적 거리가 0.210으로 나타났다고 보고 하였고,  $F_{st}$  값이 0.127로 나타났다고 보고 하여 본 연구와 상당히 비슷한 값을 보이는 것을 확인 하였고, 윤(2002)은 한우와 호반우와의  $D_A$  유전적 거리가 0.14, 제주흑우와의 유전거리는 0.141, 한우와 홀스타인종과의 거리가 0.265 그리고, 홀스타인종과 호반우의 거리가 0.269로 나타났다고 보고하여, 한우와 호반우의 거리는 본 연구의 결과가 더욱 가까운 것으로 나타났으며, 나머지 품종간의 유전거리는 본 연구의 결과와 비슷하게 나타난 것을 확인 하였다. 또한, 윤 등(2005)은 한우와 제주흑우와의  $D_A$  유전거리가 0.203, 한우와 홀스타인종의 유전거리가 0.227, 제주흑우와 홀스타인종의 유전거리가 0.312로 나타났다고 보고 하였으며, 본 연구와 비교 하였을 때, 제주흑우와 홀스타인종 및 한우와 홀스타인종과의 거리는 비슷하게 나타났으나 한우와 제주흑우와의 유전적 거리는 본 연구의 결과가 더 가까운 것으로 나타났다. 국내 재래 소품종은 Beja-Pereira 등(2003)의 연구에서 품종간 유전적 거리는 형태학적인 그룹 분류기준 보다는 주로 실제 품종이 존재하는 지리적 환경거리를 따른다고 하였고, 가까운 지역에 존재하는 품종의 경우 선발 프로그램이나 높은 근친수준에 의해 품종이

차이를 가지게 된다는 보고와 품종간 유전자 흐름을 제한하는 것은 동일한 외모형태를 가지고 가까운 거리에 존재하는 품종임에도 유전적 차이를 가질 수 있다는 보고에 근거하여 국내 재래 소품종에서 제주흑우가 내륙의 흑우와 같은 모색을 가짐에도 Table 3-8의 결과에서 보았듯이 서로 다른 기원을 가지는 것으로 보이며, 섬이라는 환경이 격리의 효과를 가져 품종간 차이를 가지게 뿐만 아니라, 내륙의 소품종 중 호반우와 흑우는 아직 개량체계가 없는 반면 한우는 체계적인 개량체계를 통하여 선발이 이뤄지고 있기 때문에 이러한 품종간 유전적 거리 차이가 생긴 것으로 사료된다.

Table 3-7.  $D_S$  genetic distance±standard error matrix among the 5 cattle breeds<sup>1)</sup>

	BR	BL	BW	JB
BL	0.0361±0.0128			
BW	0.0926±0.0447	0.1236±0.0496		
JB	0.1997±0.0672	0.2205±0.0688	0.2682±0.0780	
HOL	0.3738±0.0830	0.3789±0.0879	0.3696±0.0643	0.5228±0.1318

<sup>1)</sup> BR - Korean brindle, BL - Korean black, BW - Hanwoo, JB - Jeju black, HOL - Holstein

Table 3-8.  $D_A$  genetic distances and population differences( $F_{st}$ ) among the 5 cattle breeds

	BR	BL	BW	JB	HOL
BR		0.0109**	0.0294**	0.0658**	0.1059**
BL	0.0529		0.0379**	0.0724**	0.1078**
BW	0.0546	0.0827		0.0835**	0.1055**
JB	0.1394	0.1547	0.1270		0.1491**
HOL	0.2657	0.2782	0.2299	0.3389	

p-values obtained after 1,000 permutations; <sup>NS</sup> : non-significant, \* : p<0.05, \*\* : p<0.01, \*\*\* : p<0.001; Indicative adjusted nominal level(5%) for multiple comparisons is 0.0050

<sup>1)</sup> BR - Korean brindle, BL - Korean black, BW - Hanwoo, JB - Jeju black, HOL - Holstein

2단계 분석에서 품종간 기대이형 접합율을 비교한 결과 한우가 0.753±0.020으로 가장 높은 기대이형 접합율을 보였고, Hereford종이 0.530±0.036으로 가장 낮은 이형접합율을 보였다. 한우의 경우 관측 이형접합율과 기대이형접합율과의 차이가 상당히 큰 것을 확인할 수 있었는데, 이는 한우에 해당되는 개체들이 대부분 한우 후대검정우에 해당되어 특정 보증씨수소의 자손들에 해당되기 때문에 나타나는 현상으로 사료된다. Charolais종은 기대이형접합율이 관측치에 비하여 높게 나타났고, Hereford종은 기대와 관측 이형접합율 모두 상당히 낮은 수치를 보였다.

평균 대립유전자 개수는 한우집단이 15.26±4.82로 가장 많은 것으로 나타났다.

Table 3-9. 각 품종간 Nei의  $D_A$ (하) 유전적 거리 행렬 및 (상) 집단쌍 간  $F_{st}$  차이 검정

	AG	BS	CH	HF	HT	HW	KBL	KBR	LM	NK	SM	YB
AG					***	***				*		**
BS	0.23				***	***	**	*	**	***	**	***
CH	0.21	0.23			*	**						*
HF	0.18	0.20	0.24		*	**						*
HT	0.21	0.22	0.23	0.19		***	***	***	***	***	***	***
HW	0.57	0.58	0.58	0.58	0.57		***	***	***	***	***	***
KBL	0.95	0.97	0.94	0.95	0.94	0.92			***	***	***	***
KBR	0.94	0.96	0.94	0.95	0.93	0.92	0.12		***	***	**	***
LM	0.17	0.19	0.16	0.18	0.17	0.55	0.94	0.93		***	***	***
NK	0.89	0.91	0.91	0.90	0.90	0.19	0.94	0.94	0.89		***	***
SM	0.19	0.22	0.18	0.21	0.20	0.58	0.93	0.93	0.14	0.90		***
YB	0.89	0.90	0.90	0.90	0.90	0.15	0.94	0.94	0.89	0.06	0.89	

Note : AG-Angus, BH-백모, WH-백모, BNa-정상우, BN(b-d)-흑비1~3단계, BS-Brown Swiss, CH-Charolais, HF-Hereford, HT-Holstein, KBL-내륙흑우, KBR-호반우, LM-Limousin, NK-Nouth Korean cattle, YB-Yenbian Cattle

Table 3-7과 Table 3-8에서 구한  $D_S$ 와  $D_A$  유전거리를 토대로 1,000회 bootstrapping을 실시하여 NJ(Neighbour-joining) method로 군집분석을 실시한 결과 각각 Figure 12과 13과 같이 나타났다.  $D_S$ 와  $D_A$  유전거리 모두 같은 양상을 나타내며 군집을 형성하는 것을 확인하였고, bootstrap 값은  $D_S$  계통수가 호반우와 흑우간에 46%로 낮았으나  $D_A$  계통수에서 82%로 나타나 두 가지 계통수 형성 방법간에 재현성 차이가 커서 호반우와 흑우품종이 유전적으로 상당히 가까우며 두 품종이 서로 상당히 혼재되어 있을 확인하였다. 제주흑우는 호반우, 흑우사이에 형성된 소규모 군집 및 한우 집단 사이에 존재하며, 국내 재래 소품종과는 다소 거리가 먼 별도의 그룹을 형성하는 것을 다시 한번 확인 할 수 있었다. 또한, 홀스타인종의 경우 국내 재래 소품종과는 별도의 outgroup을 형성하는 것으로 나타나 국내 재래 소품종이 홀스타인종과의 교잡우일 것이라는 농가나 소비자의 우려는 어느 정도 해소 가능할 것으로 보이며, 특히, 내륙의 재래 소품종 중 내륙흑우의 경우 제주흑우 및 한우와 홀스타인과의 1대 교잡우와 외모적(모색)으로 유사하기 때문에 겪는 교잡설에 대해 강한 반증을 제시 할 수 있을 것으로 사료된다.

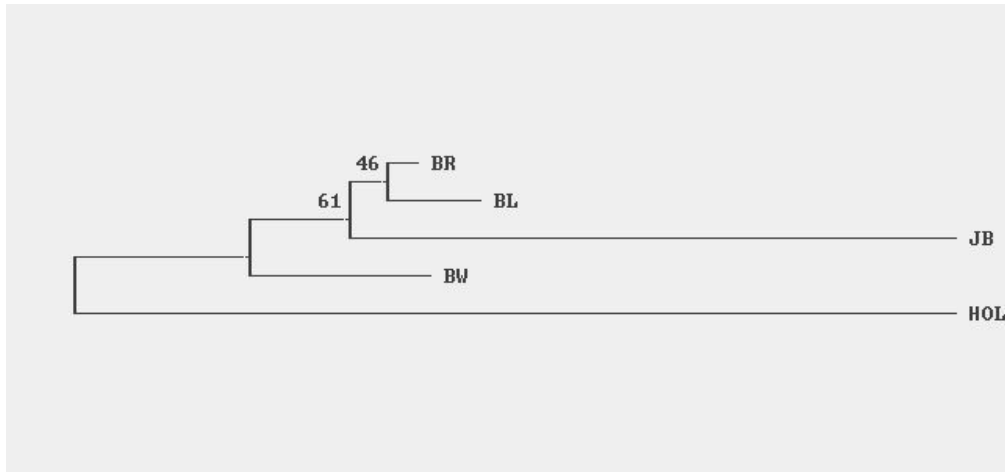


Figure 3-2. Neighbour-joining tree of genetic relationship among 5 cattle breeds using  $D_S$  genetic distance based on 15 microsatellite loci. The numbers on the nodes are percentage bootstrap values in 1,000 replications.

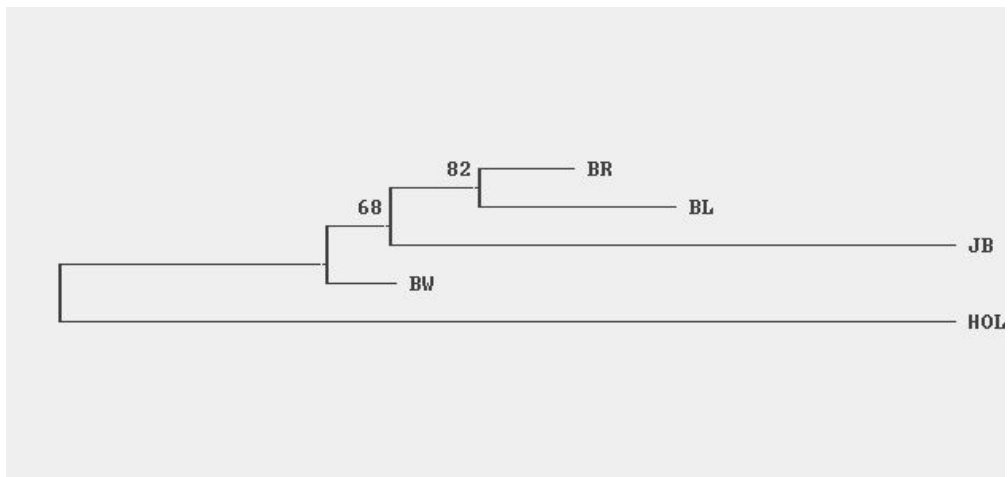


Figure 3-3. Neighbour-joining tree of genetic relationship among 5 cattle breeds using  $D_A$  genetic distance based on 15 microsatellite loci. The numbers on the nodes are percentage bootstrap values in 1,000 replications.

품종간 NJ tree에 비교하여 전체 집단에 대한 개체간에도 유사한 양상을 보이는지 살펴보기 위한 분석으로 각 개체간 유전적 거리를 계산하여 다시 NJ tree를 작성하였는데, 품종간 유전적거리 분석에서  $D_S$  유전거리에 비하여  $D_A$  유전거리에서의 재현성(bootstrap value)이 더 높았기 때문에  $D_A$  유전거리를 개체간 비교에 이용하였다. 개체간  $D_A$  유전적 거리를 이용하여 본 분석에 이용한 모든 개체에 대한 개체별 NJ dendrogram을 작성한 결과 홀스타인종 및 제주흑우가 품종간 유전거리 분석(Figure 3-7과 Figure 3-8)에서와 마찬가지로 서로 개별적인 집단을 형성하고 있었으며, 제주흑우의 경우 이 등(2002)이 제주흑우와 호반우간의 MC1R 유전자형 분석의 결과에

서 호반우에서는  $E^+/E^+$ 와  $E^+/e$ 의 유전형만이 출현하였고,  $e/e$  유전자형을 가지는 개체는 전혀 출현하지 않아 집단 간 차이가 발생하고, 이 등(2007)이 제주흑우의 총 melanin 함량은 같은 흑색 품종인 Holstein과 Angus에 비해 유의적( $p < 0.001$ )으로 낮았다는 보고와 마찬가지로 내륙의 재래 소품종 한우, 호반우 및 흑우 사이에 별도의 집단을 형성하는 것을 확인 하였다. 국내 재래종 중 별도의 집단을 형성하고 있는 제주흑우 개체들 중에서 호반우, 흑우 및 한우품종과 유전적으로 거리가 가까운 개체들이 존재하는 것을 확인하였고, 제주흑우 보다는 한우품종내에 혼재되어 나타나는 몇몇 개체들이 발견되는 것을 확인하여 국내에 존재하는 재래 소품종임 재차 확인할 수 있었다.

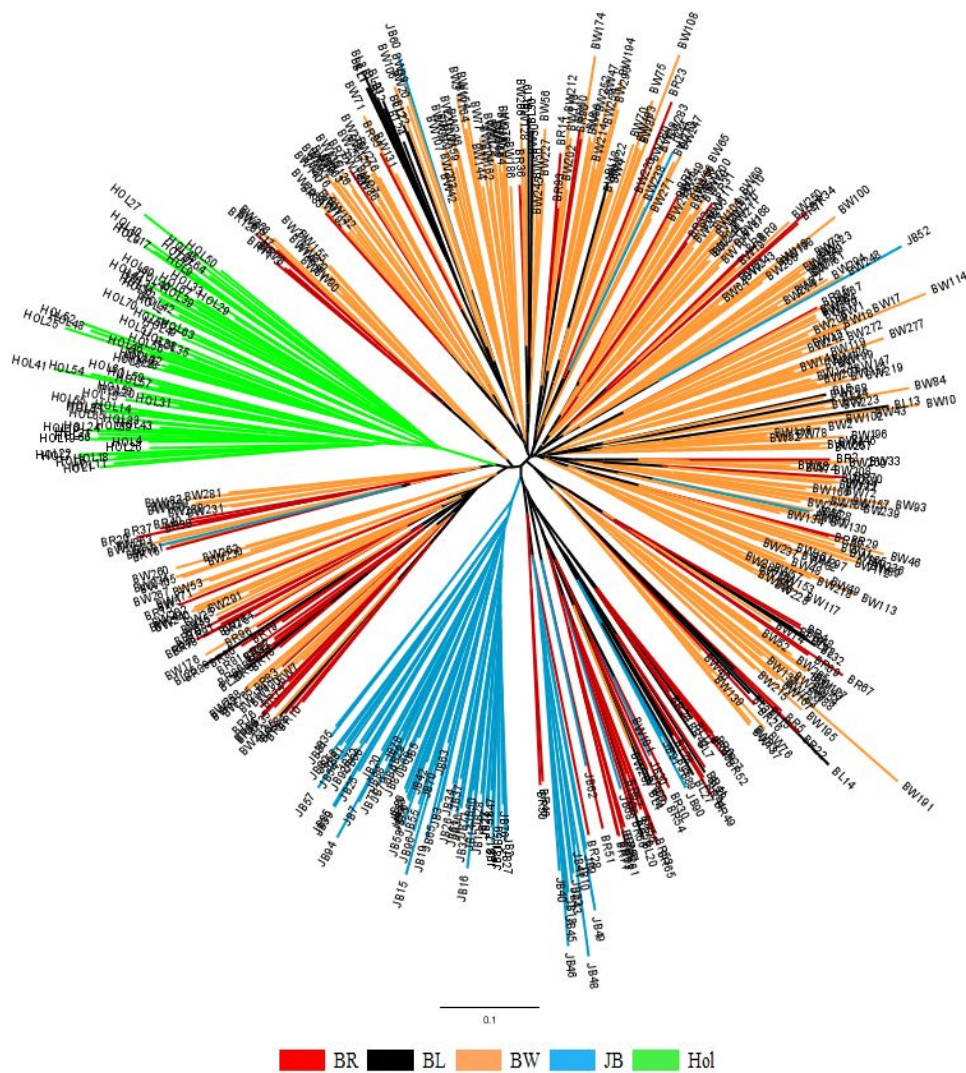


Figure 3-4. Neighbour-joining dendrogram using  $D_A$  genetic distance within the individuals in 5 cattle breeds based on 15 microsatellite loci. BR - Korean brindle, BL - Korean black, BW - Hanwoo, JB - Jeju black, HOL - Holstein;



또한, Zhou 등(2005)와 Zhang 등(2007)이 보고한 중국 소품종간 계통수 작성 결과에서는 중국 북부, 중부 및 남부는 서로 작은 소그룹을 형성하여 중국의 소품종이 세 가지로 분류하였고, 특히, Zhang 등(2007)은 실제 유전거리 분석결과를 제시하지는 않았지만 지리학적인 거리에 따라 품종간 유전거리도 멀어진다는 결과를 근거로 중국북부의 소품종은 중국북부 즉 내몽고에서부터 서부와 남부로 유전거리 및 기대이형접합율이 커짐을 확인하였는데, 이와 같은 결과는 mtDNA 분석을 통한 품종간 유전적 관계분석(Chen 등, 1990; Namikkawa 등, 1995; Lai 등, 2006; Lei 등, 2006; Mannen 등, 1998; Mannen 등, 2004; 윤, 2002; Kikkawa 등, 2002;) 및 Y-염색체 특이 좌위 분석(Cai 등, 2006; 윤 등, 2007)에서 중국북부의 소품종과 한우는 유럽의 taurus와 유사하고 인도 및 아프리카 종과는 차이가 난다는 연구 결과와 마찬가지로 한우는 연변을 통하여 한반도 내륙으로 유입되었을 것으로 사료된다.

품종간 유전적 관계에 대해 보다 정확한 자료 분석을 하기 위하여 각 품종별 대립유전자의 빈도를 토대로 상관분석을 실시하였고(Table 3-8), 분석을 통하여 구한 상관행렬을 이용하여 다시 주성분분석을 실시하였다. 분석에 이용한 모든 microsatellite loci의 대립유전자 빈도를 이용하여 상관분석을 실시한 결과 Table 3-10과 같은 결과를 얻을 수 있었는데, 상관행렬은  $D_S$ 와  $D_A$  유전거리 행렬과 같은 양상을 보이는 것으로 나타났다. 상관계수는 제주흑우와 홀스타인 간에 0.384로 가장 낮고 호반우와 흑우와는 0.857로 가장 높은 상관을 보여 주었다. 또한, 한우와 제주 흑우와의 관계는  $D_S$  유전거리 행렬과 같이 호반우 및 흑우 보다 상관계수가 낮은 것으로 나타났다. 특징적으로  $D_S$ 와  $D_A$  유전적 거리뿐만 아니라 본 분석에서도 홀스타인 품종에 대한 국내 재래 소품종의 유전적 거리가 내륙에 존재하는 재래 소품종에 비하여 제주흑우의 유전적 거리가 먼 것으로 나타났는데, 이는 Table 12에서 특정좌위에 대한 집단내 개체간 상관분석과 Table 3-7 및 Table 3-8의  $D_S$ 와  $D_A$  유전적 거리분석 및 Figur 3-2과 Figure 3-3에서 내륙 재래 소품종 사이에 제주흑우가 별도의 품종형성하고 있음을 미루어 볼 때 제주흑우는 내륙의 재래 소품종과는 다르게 지리적 환경에 있어 섬지역이라는 특징적인 환경에서 사육되어 고립된 집단을 이루며 품종이 형성되어왔을 것으로 짐작된다.

또한, 윤(2002)와 윤 등(2005)의 연구에서 우리나라 한우가 제주흑우에 비하여 일본화우(흑우)와 유전적으로 더 가깝고 제주흑우 역시  $D_S$ 와  $D_A$  유전적 거리 모두가 한우와 일본화우에 대해 동일한 것으로 나타났으며, 한반도는 지형학적으로 일본의 문화 및 농경생활에 지대한 영향을 끼친 중요한 지역이며 특히 일본 재래가축의 형성에 주요하게 작용하였다고 보고 하였고, 일본의 4가지 소품종(Black, Brown, Shorthorn, polled)은 모두 한우의 유전적으로 영향을 받았는데, 이들간 유전적 차이는 일본 화우의 개량에 유럽계통의 영향과 격리 및 동계교배에 기인한다고 보고와 내륙 재래 품종이 제주흑우에 비하여 특정좌위에 있어 유전적으로 상당히 유사하다고 보고 한 바 있다. 또한, 제주흑우의 흑모색 발현은 Agouti 유전자의 열성 흑모색인  $a$

대립유전자의 작용에 의해 흑색이 발현되는 것으로 추정되지만, 한우간 교배에서는 출현될 수 없는  $E^D$  대립유전자를 보유한 제주흑우들은 홀스타인이나 앵거스 등과 어느정도 교잡이 이뤄졌을 것이라는 추측(이 등, 2000) 및 Y-염색체 특이 microsatellite marker인 INRA124에서 유럽, 일본 및 한우는 *Bos indicus* 특이적인 대립유전자가 검출되지 않은 반면 제주흑우에서는 *Bos indicus*의 대립유전자가 19% 검출되어(윤 등, 2007), 제주흑우 품종의 형성은 내륙의 품종과는 다소 다른 이동경로를 따라 품종이 형성되었을 것이며, 일본을 통하여 국내로 다시 이동되었을 가능성도 있을 것으로 사료된다.

Table 3-10. Correlation coefficients among 3 Korean native cattle and Holstein breeds using allele frequencies per each locus

	BR	BL	BW	JB
BL	0.857			
BW	0.787	0.702		
JB	0.669	0.618	0.548	
HOL	0.457	0.440	0.426	0.384

All variables are significantly different from 0 with a significance level  $\alpha=0.05$

유전적 거리행렬을 계산한 결과 한우품종에 대해서 연변우와 조선소가 가장 가까운 품종인 것으로 나타났고, 외래품종에 해당되는 개체들은 비슷한 유전적 거리를 가지는 것으로 나타났다. 하지만, 국내 고유 품종으로 여겨지는 호반우와 내륙흑우는 외래 품종들 보다도 한우와 거리가 먼 것으로 나타났다. 이는 본 연구에서 이용한 외래품종은 대부분 *Bos taurus*에 해당되는 품종이므로 *Bos indicus*에 해당되는 품종과의 분석에 추가해야 할 것이고 샘플수를 늘려 보다 정확한 분석을 실시하는 것이 바람직 할 것으로 사료된다. 즉, 유럽종 이외에 인도종에 해당되는 품종에 유례를 가지는 품종일 가능성도 배제할 수 없을 것으로 생각된다. Fst 분석 결과에서는 AG, CH 및 HF를 제외한 대부분 품종들 간 유의적인 차이가 인정되었다( $P<0.001$ ). 하지만, AG, CH 및 HF는 외래품종 이외에 국내 사육중인 품종에 대해서는 어떠한 유의적 차이도 나타나지 않는 것을 확인 할 있었다( $P<0.001$ )

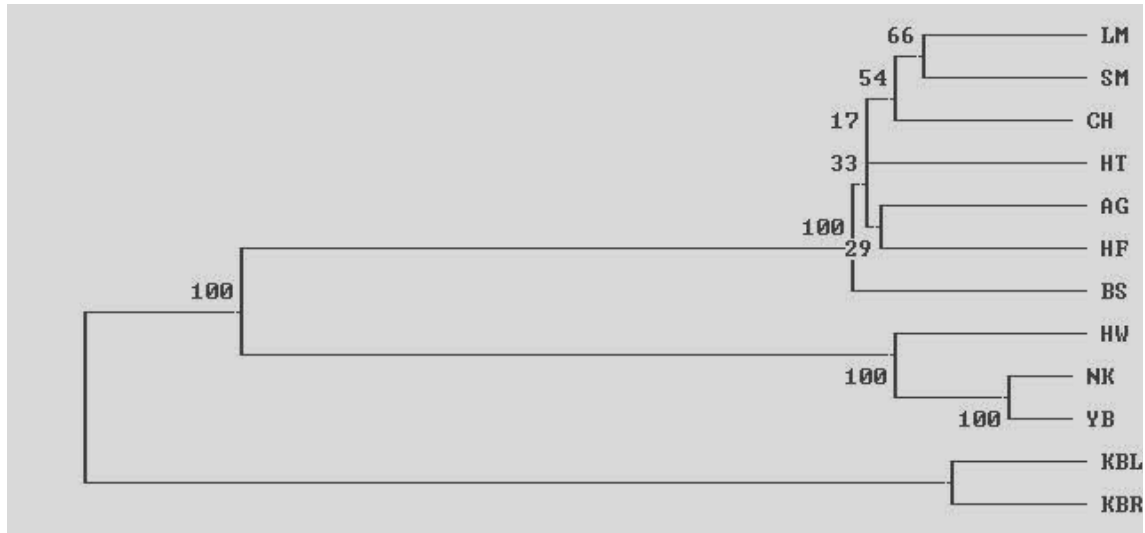


Figure 3-5.  $D_A$  유전거리를 이용하여 Neighbor-joining 방법에 적용한 품종간 phylogenetic tree

Note : AG-Angus, BH-백모, WH-백모, BNa-정상우, BN(b-d)-흑비1~3단계, BS-Brown Swiss, CH-Charolais, HF-Hereford, HT-Holstein, KBL-내륙흑우, KBR-호반우, LM-Limousin, NK-Nouth Korean cattle, YB-Yenbian Cattle

Da 유전적 거리를 이용하여 phylogenetic tree를 작성한 결과 유전적 거리분석 결과와 마찬가지로의 결과를 보였는데, 외래품종에 해당되는 LM, SM, CH, HT, AG, HF 및 BS가 하나의 소집단을 형성하였고, 호반우와 내륙흑우는 한우와는 다른 소집단을 형성하는 것을 확인하였다. 또한, 한우집단은 연변우 및 조선우와 함께 하나의 소집단을 형성하는것을 확인 하였고, 1,000회 bootstrap한 결과도 100%에 해당하는 높은 수치를 보였다. 따라서, 호반우 및 내륙흑우는 국내 존재하는 하나의 소품종으로서 이용할 가치가 있을 것으로 기대된다.

주성분 분석결과 추정주성분에 대한 고유치 값과 각 주성분에 대한 설명 분산 및 누적설명 분산은 Figure 3-6과 같이 나타났는데, 제 1 성분과 제 2 성분의 누적 설명 분산이 82.048로 상당히 높게 나타났다. 하지만, 제 1 주성분과 제 2 주성간의 고유값 차이가 크고, 설명 분산 차이가 상당히 클 뿐만 아니라 제 2 주성분의 경우 고유값이 1에 못미치는 0.696으로 나타나 제 2 주성분에 대한 설명력이 상당히 떨어지는 것으로 나타났다. 각 집단별로 구해진 주성분에 대한 기여율을 토대로 집단에 대한 plot을 작성한 결과 Figure 16와 같이 나타나는 것을 확인 하였다. 먼저 제 1 성분에 대한 설명분산치는 68.12%로 나타났고, 제 2 성분에 대한 설명분산 치는 13.92%로 나타났다.

국내 사육중인 품종은 제 1 성분에 대해 살펴 볼 때 68.12%로 높은 설명 분산 내, 즉 국내 재래 소품종간 차이가 x축에 대한 공헌도 차이에 의해 생겨 국내 재래 소품종간 차이가 존재 하는 것을 확인 할 수 있었다. 이에 반해 제 2 주성분은 y축에 대한 설명변수로서 국내 재래 소품종 집단에 대해서는 y축에 대한 변이가 거의 없어 홀스타인종과 국내품종과의 차이에 대한 설명력이 큰 것으로 나타났고, 이는 윤(2002)이 세계 20가지 품종에 대한 대립유전자 빈도

를 이용하여 주성분 분석한 결과 본 연구와 양과 음의 방향성은 다르지만 제 2 주성분에 의해 북동아시아종과 유럽종과의 구분이 된다고 보고 한 것과 동일한 결과이다. 이 등(2000)의 연구에서 염색체 분석에 의한 호반우와 한우간 유전적 특성차이가 거의 없는 것으로 나타났고, 호반우가 염색체상의 유전적 변이에 의한 변이 품종은 아니라고 보고한 결론과 본 연구 결과를 접목하여 해석하여보면 국내 재래 소품종 중 제주흑우는 별도의 국내 재래 소품종으로 존재하였고, 호반우와 흑우가 유의적인  $F_{st}$  값을 가지며( $p < 0.01$ ), Mohanty 등(2008)이 TYRP1 및 MC1R 유전자 분석을 통한 melanin 함량 분석을 시도한 결과, 총 melanin에서 한우와 호반우 및 흑우가 차이를 보였고, Eumelanin 함량에서 호반우와 내륙흑우 간의 차이를 보였으며, 본 연구의 주성분 분석 결과에서도 별도의 품종 집단을 형성하는 것을 바탕으로 별도의 품종집단이 형성되어 있는 흔적을 확인할 수 있었으나, 개체별  $D_A$  유전적 거리 행렬을 이용한 dendrogram과 주성분분석 결과를 살펴보았을 때, 한우집단내에 호반우와 내륙흑우가 상당히 산재되어 있지만 제주흑우와의 유전적 유사성이 소수 발견되는 것을 확인할 수 있었다. 이는 역사적 근거 자료에서 호반우와 흑우형태의 소품종을 포함한 다양한 외모형태의 소품종이 국내에 존재했었던 사실과 윤 등(2005)의 결과에서 북동아시아 지역의 소품종이 하나의 소품종 그룹을 형성하고, 한우 집단에 대해 제주흑우가 호반우에 비하여 근사한 차이로 더 멀 뿐만 아니라 가축화 기원이 내륙을 통하여 이동하였다는 결과와 동일하였기 때문에 국내에 한우, 호반우 및 내륙흑우가 함께 존재하였으나, 내륙흑우가 제주도로 이동 후 별도의 집단을 형성하였고, 내륙에 남은 흑우는 한우와 동일 환경조건에 공존하는 과정에서 국내 재래 소품종 고유의 유전특성(유전자 빈도)이 서서히 변화되었을 것으로 예상된다. 특징적으로 호반우와 흑우는 출생시 황모색을 가지고 태어나는 개체들이 존재하지만 시간이 지남에 따라 특유의 모색이 발현되는 개체와 그렇지 않은 개체로 나뉘게 되는데, 이러한 현상은 Hostein종(Joerg 등, 1996) 뿐만 아니라 다른 동물(Hoekstra, 2006)에서도 나타나고, 개체의 나이나 계절, 기후 및 환경에 따라 일시적 또는 점진적으로 모색의 변화가 관찰되기도 하는데(Seo 등, 2007; 이 등, 2007) 현재 까지 정확한 원인은 밝혀진 바 없다. 따라서, 호반우와 흑우는 모색발현에 대한 모색 선별과정에 어려움이 있으나 이상의 결과를 종합하여 볼 때, 국내 재래 소품종은 한반도내의 고유 소품종 유전자원으로 자리잡고 있음에도 불구하고 이에 대한 관리가 소홀하여 특정 재래품종(호반우와 흑우)은 사육두수가 꾸준히 감소하고 있으며, 무분별한 교배로 인한 근친율 또한 급상승하고 있어 양적형질 개량에 앞서 체계적인 계통조성 등의 정책이 선행되어야 할 것으로 사료된다.

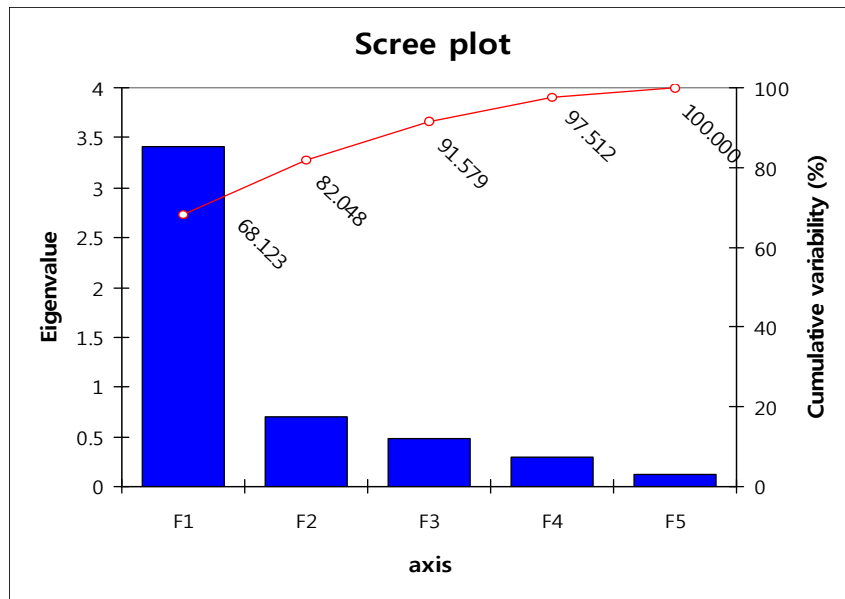


Figure 3-6. Each 5 principal component and their contribution rate of variances and cumulative rates.

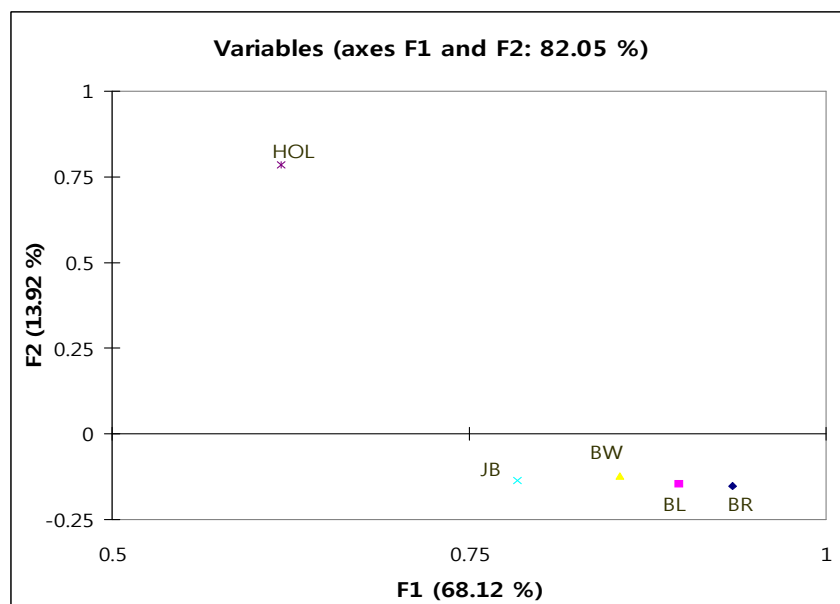


Figure 3-7. principal component coordinates plot of each cattle breed based on the correlation of allele frequencies in 15 microsatellite markers. BR - Korean brindle, BL - Korean black, BW - Hanwoo, JB - Jeju black, HOL - Holstein;

## 제 4 절 결과요약

본 연구는 한우를 비롯한 국내 재래 소품종 및 타품종을 대상으로 다양한 microsatellite marker를 이용한 대립유전자빈도, 집단 간 유전 분산분석, 유전적 거리 분석등의 계통유전학적 분석을 실시하여 국내 한우 및 희소품종의 유전적 위치를 파악하고자 실시하였다. 국내 재래 소품종간 유전적 관계분석은 한우 262두, 호반우 92두, 흑우 34두, 제주흑우 83두 및 홀스타인종 69두의 15가지 microsatellite loci에 대해 분석을 실시하였다. 통계적 분석 방법은 microsatellite loci별 특성분석, 분석 집단내 유전적 다양성 분석, 집단 간 유전적 거리 및 관계 파악 등의 분석을 실시 하였다.

국내 재래 소품종(한우, 호반우, 흑우 및 제주흑우)간 유전적 관계는 각 microsatellite 좌위에 대한 기대이형접합도와 PIC 값은 각각 0.484(INRA035) ~ 0.820(TGLA227)와 0.41(INRA035) ~ 0.795(TGLA227)의 범위로 나타났다. 각 microsatellite loci에 대한 F-통계량 분석결과  $F_{is}$ 가 INRA035에서 0.613으로 가장 높았고, 품종별 차이를 나타내는  $F_{st}$  값은 모든 좌위가 품종에 따라 고도의 유의적 차이를 가지는 것으로 나타났다( $p < 0.001$ ). 국내 재래 소품종간 유전적인 관계분석에서  $D_S$  와  $D_A$  유전거리 모두 호반우와 내륙흑우 품종과의 거리가  $0.0361 \pm 0.0128$  및  $0.5228 \pm 0.1318$ 로 나타나 유전적 거리가 가장 가까운 것으로 나타났고, 개체별  $D_A$  유전거리를 이용한 NJ tree 분석결과에서도 한우, 호반우 및 흑우가 서로 혼재되어 나타나 유전적으로 상당히 가까운 집단임을 확인 하였지만, 집단간  $F_{st}$  분석 및 PCA 분석결과 집단간에 유전적으로 유의적인 차이( $p < 0.001$ )를 가지는 것으로 나타나 각 품종의 고유한 유전적 특징이 남아 있는 것을 확인 하였다. 홀스타인과 국내 재래 소품종과의 거리가 제주흑우에 비하여 내륙 재래소품종이 가까운 점 및 품종별 microsatellite 좌위에 대한  $F_{is}$  분석 결과 내륙의 품종에서 0.733으로 상당히 고정적으로 나타나는 INRA035 좌위에 대해 0.26의 낮은  $F_{is}$  값을 보여 제주흑우는 국내 재래소품종임에도 불구하고 섬지역이라는 환경을 가지고 이뤄진 품종임을 확인 하였고, 내륙 재래소품종의 이동경로와는 다른 경로를 통하여 제주도에 정착했을 것이라는 결론을 얻었다. 하지만, 한우와 제주흑우를 제외한 호반우와 흑우는 모두 품종으로서의 유전적 가치를 인정받음에도 불구하고 국내 사육되고 있는 두수가 많지 않아 멸종위기에 처해있고, 각 품종으로서 등록기준이 마련되어 있지 않아 별도의 등록기준을 설정하여 국내 품종으로서 유전적 특성을 지키기 위한 관리가 이뤄져야 할 것이다.

## 제 5 절 참고문헌

- Beja-Pereira, A., P. Alexandrino, I. Bessa, Y. Carretero, S. Dunner, N. Ferrand, J. Jordana, D. Laloe, K. Moazami-Goudarzi, A. Sanchez, and J. Cañon. 2003. Genetic characterization of Southwestern European bovine breeds : A historical and biogeographical reassessment with a set of 16 microsatellites. *J. Hered.* 94:243.
- Blott, S. C., J. L. Williams, and C. S. Haley. 1999. Discriminating among cattle breeds using genetic markers. *Hered.* 82:613.
- Cai, X., H. Chen, S. Wang, K. Xue, and C. Lei. 2006. Polymorphisms of two Y chromosome microsatellites in Chinese cattle. *Genet. Sel. Evol.* 38:525.
- Chen, Y. C., Y. Y. Wang, and H. H. Cao. 1990. Characteristics of Chinese Yellow cattle ecospecies and their course of utilization. Agricultural publishing house, Beijing, China.
- Ciampolini, R., K. Moazami-Goudarzi, D. Vaiman, C. Dillmann, E. Mazzanti, J. Foulley, H. Leveziel, and D. Cianci. 1995. Individual multilocus genotypes using microsatellite polymorphisms to permit the analysis of the genetic variability within and between Italian beef cattle breeds. *J. Anim. Sci.* 73:3259.
- Cítek, J., L. Panicke, V. Rehout, and H. Procházková. 2006. Study of genetic distances between cattle breeds of Central Europe. *Czech J. Anim. Sci.* 51(10):429.
- Coppieters, W., J. Riquet, J. J. Arranz, R. Berzi, N. Cambisano, B. Grisart, L. Karim, F. Marcq, L. Moreau, C. Nezer, P. Simon, P. Vanmanshoven, D. Wagenaar, and M. Georges. A QTL with major effect on milk yield and composition maps to bovine chromosome 14. *Mammal. Genome.* 9:540.
- Del Bo, L., M. Polli, M. Longor, G. Ceriotti, C. Looft, A. Barre-Dirie, G. Dolf, and M. Zanotti. 2001. Genetic diversity among some cattle breeds in the Alpine area. *J. Anim. Breed. Genet.* 118:317.
- FAO. 1995. World watch list for domestic animal diversity, 2nd edn. Sherf, B.(ed.), F A O , Rome.
- Freeman, A. R., C. M. Meghen, D. E. MacHugh, R. T. Loftus, M. D. Achukwi, A. Bado, B. Sauveroche, and D. G. Bradley. 2004. Admixture and diversity in West African cattle populations. *Molecular Ecology.* 13:3477.
- Giles, R. E., H. Blanc, H. M. Cann, and D. C. Wallace. Maternal inheritance of human mitochondrial DNA. *Proc Natl*

*Acad Sci USA* 77:6715.

- Hall, S. J. G., and J. Ruane. 1993. Livestock breeds and their conservation - a global overview. *Cons. Biol.* 7:815.
- Handiwirawan, E., R. R. Noor, Mulandno, and L. Schüler. 2003. The use of HEL9 and INRA035 microsatellites as specific markers for Bali cattle. *Arch. Tierz., Dummerstorf.* 46(6):503.
- Hammond, K. 1998. Animal genetic resources for the twenty-first century. *Acta Agric. Scand. Suppl.* 28:11.
- Hanslik, S., B. Harr, G. Brem, and C. Schlotterer. 2000. Microsatellite analysis reveals substantial genetic differentiation between contemporary New World and Old World Holstein Friesian populations. *Anim. Genet.* 31:31.
- Hoekstra, H. E. 2006. Genetics, development and evolution of adaptive pigmentation in vertebrates. *Heredity.* 97:222.
- Ibeagha-Awemu, E. M., O. C. Jann, C. Weimann, and G. Erhardt. 2004. Genetic diversity, introgression and relationships among West/Central Africa cattle breed. *Genet. Sel. Evol.* 36:673.
- Jackson, I. J. 1994. Molecular and developmental genetics of mouse coat color. *Annu. Rev. Genet.* 23:189.
- Joerg, H. E. Fries, and E. Meijerink. 1996. Red coat colour in Holstein cattle is associated with a deletion in the MSHR gene. *Mammalian genome.* 7:317.
- Jordana, J., P. Alexandrino, A. Beija-Periera, I. Bessa. J. Canon, and Y. Carretero. 2003a. Genetic structure of eighteen local south european beef cattle breeds on microsatellite data. *Anim. Genet.* 33:201.
- Kantanen, J., I. Olsaker, L. Holm, S. Lien, J. Vilkki, K. Brusgaard, E. Eythorsdottir, B. Daell, and S. Adalsteinsson. Genetic diversity and population structure of 20 North European cattle breeds. *J. Hered.* 91:446.
- Kikkawa, Y., T. Takada, Sutopo, K. Nomura, T. Namikawa, H. Yonekawa, and T. Amano. 2002. Phylogenies using mtDNA and *SRY* provide evidence for male-mediated introgression in Asian domestic cattle. *Anim. Genet.* 34:96.
- Kim, K. S., J. S. Yeo, and C. B. Choi. 2002. Genetic diversity of north-east Asian cattle based on microsatellite data. *Anim. Genet.* 33:201.
- Lai, S. J., Y. P. Liu, Y. X. Liu, X. W. Li, and Y. G. Yao. 2006. Genetic diversity and origin



- of Chinese cattle revealed by mtDNA D-loop sequence variation. *Mol. phylogenet. evol.* 38(1):146.
- Lei, C. Z., H. Chen, H. C. Zhang, X. Cai, R. Y. Liu, L. Y. Luo, C. F. Wang, W. Zhang, Q. L. Ge, R. F. Zhang, X. Y. Lan, and W. B. Sun. 2006. Origin and phylogeographical structure of Chinese cattle. *Anim. Genet.* 37:579.
- Lirón, J. P., P. Peral-García, and G. Giovambattista. 2006. Genetic characterization of Argentine and Bolivian Creole cattle breeds assessed through microsatellites. *J. Hered.* 97(4):331.
- Loftus, R. T., O. Ertugrul, A. H. Harba, M. A. A. El-Barodys, D. E. MacHugh, S. D. E. Park, and D. G. Bradley. 1999. A microsatellite survey of cattle from a centre of origin: the Near East. *Mol. Ecol.* 8:2015.
- MacHugh, D. E., R. T. Loftus, P. Cunningham, and D. G. Bradley. 1998. Genetic structure of seven European cattle breeds assessed using 20 microsatellite markers. *Anim. Genet.* 29:333.
- Mannen, H., S. Tsuji, R. T. Loftus, and D. G. Bradley. 1998. Mitochondrial DNA variation and evolution of Japanese black cattle (*Bos taurus*). *J. Genet.* 150:1169.
- Mannen, H., Kohno Y. Nagata, S. Tsuji, D. G. Bradley, J. S. Yeo, D. Nyamsamba, Y. Zagdsuren, M. Yokohama, K. Nomura, and T. Amano. 2004. Independent mitochondrial origin and historical genetic differentiation in North Eastern Asian cattle. *Mol. Phylogenet. Evol.* 32:539.
- Martín-Burriel, I., E. García-Muro, and P. Zaragoza. 1999. Genetic diversity analysis of six Spanish native cattle breeds using microsatellites. *Anim. Genet.* 30:1777.
- Martín-Burriel, I., C. Rodellar, J. A. Lenstra, A. Sanz, C. Cons, R. Osta, M. Reta, S. D. Argüello, A. Sanz, and P. Zaragoza. 2007. Genetic diversity and relationships of endangered Spanish cattle breeds. *J. Hered.* 98(7):697.
- Mateus, J. C., M. C. T. Penedo, V. C. Alves, M. Ramos, and T. Rangel-Figueiredo. 2004. Genetic diversity and differentiation in Portuguese cattle breeds using microsatellites. *Anim. Genet.* 35:106.
- Maudet, C., G. Luikart, and P. Taberlet. 2002. Genetic diversity and assignment test among seven French cattle breeds based on microsatellite DNA analysis. *J. Anim. Sci.* 80:942.
- Moazami-Goudarzi, K., D. Laloe, J. P. Furet, and F. Grosclaude. 1997. Analysis of genetic

- relationships between 10 cattle breeds with 17 microsatellites. *Anim. Genet.* 28:338.
- Mohanty, T. R., K. S. Seo, K. M. Park, T. J. Choi, H. S. Choe, D. H. Baik, and I. H. Hwang. 2008. Molecular variation in pigmentation genes contributing to coat colour in native Korean Hanwoo cattle. *Animal Genetics.* 39:550.
- Mukesh. M., M. Sodhi, S. Bhatia, and B. P. Mishra. 2004. Genetic diversity of Indian native cattle breeds as analysed with 20 microsatellite loci. *J. Anim. Breed. Genet.* 121:416.
- Namikkawa, R., T. Amano, and Y. Kawamoto. 1995. Coat-color variations, blood groups and blood protein/enzyme polymorphisms in the native cattle of Dali Bai and Xishuangbanna Dai autonomous prefectures of Yunnan province and Gayals(*Bos gaurus frontalis*) in China. *Rep. Soc. Res. Native Livestock.* 15:27.
- Noor, R. R., Muladno, B. Benyamin, Z. Hedah, Herliantin. 2000. The purity test Bali cattle using protein, DNA microsatellite, hair structure and chromosome analysis. Research Peport. Faculty of Animal Science IPB and Artificial Insemination Center Singosari. Bogor.
- Pandey, A. K., R. Sharma, Y. Singh, B. B. Prakash, and S. P. S. Ahlawat. 2006. Genetic diversity studies of Kherigarh cattle based on microsatellite markers. *J. Genet.* 85(2):117.
- Peelman, L. J., F. Mortiaux, A. Van zeveren, A. Dansercoer. G. Mommens, F. Coopman, Y. Bouquet, A. Burny, R. Renaville, and D. Portetelle. 1998. *Anim. Genet.* 29:161.
- Piry, S., G. Luikart, and J. M. Cornuet. 1999. Bottleneck : a computer program for detecting recent reductions in the effective population size using allele frequency data. *J. Hered.* 90:502.
- Ruane, J. 1999. A critical review of the value of genetic distance studies in conservation of animal gentic resources. *J. Anim. Breed. Genet.* 116:317.
- Schmid, M., N. Saitbekova, C. Gaillard, and G. Dolf. 1999. Genetic diversity in Swiss cattle breeds. *J. Anim. Breed. Genet.* 116:1.
- Seo, K., T. R. Mohanty, T. Choi, and Inho Hwang. 2007. Biology of epidermal and hair pigmentation in cattle: a mini-review. *Veterinary Dermatology.* 18(6):392.
- Simeaner, H., and J. N. Meyer. 2003. Past and future activities to harmonieze farm animal biodiversity studies on a global scale. *Arch. Zootec.* 52:193.
- Sodhi, M., M. Mukesh, B. Prakash, S. P. S. Ahlawat, and R. C. Sobti. 2006. Microsatellite DNA typing for assessment of genetic variability in Tharparkar breed of Indian Zebu(*Bos indicus*) cattle, a major breed of Rajasthan. *J. Genet.* 85(3):165.

- Van Hooft, W. F., A. F. Groen, and H. H. T. Prins. 2000. Microsatellite analysis of genetic diversity in African buffalo (*Syncerus caffer*) populations throughout Africa. *Molecular Ecology*. 9:2017.
- Vijh, R. K., M. S. Tantia, B. Mishara, and S. T. Bharani Kumar. 2008. Genetic relationship and diversity analysis of Indian water buffalo(*Bubalus bubalis*). *J. Anim. Sci.* 86:1495.
- Winaya, A. 2000. The use of microsatellite markers for detecting polymorphism and phylogeny analysis of cattle genome. MSc. Thesis. Bogor Agriculture University. Bogor.
- Zhang, G. X., Z. G. Wang, W. S. Chen, C. X. Wu, X. Han, H. Chang, L. S. Zan, R. L. Li, J. H. Wang, W. T. Song, G. F. Xu, H. J. Yang, and Y. F. Luo. 2007. Genetic diversity and population structure of indigenous yellow cattle breeds of China using 30 microsatellite markers. *Anim. Genet.* 38:550.
- Zhou, G. L., H. G. Jin, Q. Zhu, S. L. Guo, and Y. H. Wu. 2005. Genetic diversity analysis of five cattle breeds native to China using microsatellites. *J. Genet.* 84(1):77.
- 김경석, 엄지현, 최창분. 2001. Microsatellite 분석을 통한 한우의 유전적 다양성. 한국동물자원과학회지. 42:599.
- 김태중, 박성도, 이재일. 2004. 소 모색관련 *MC1R* 유전자의 SNP와 관련된 3'-tailed primer를 이용한 한우육의 판별. 한국동물자원과학회지. 46(6):897.
- 김태현, 윤두학, 박응우, 이해영, 오성종, 정일정, 탁태영, 김경남, 한재용. 2000. 소 품종별 Melanocortin Receptor 1(*MC1R*) 유전자의 유전자형 빈도에 관한 연구. 한국동물자원과학회지. 42(6):735.
- 도경탁, 신희영, 이종혁, 김내수, 박응우, 윤두학, 김관석. 2007. 한우에서 모색관련 유전자 변이에 관한 연구. 한국동물자원과학회지. 49(6):711.
- 오재돈, 김종대, 공홍식, 이제현, 홍윤숙, 전광주, 이학교. 2006. Microsatellite marker를 이용한 한우 집단의 지역별 유연관계와 유전적 구조 분석. 발생과 생식. 10(2):141.
- 윤두학. 2002. 한우의 분자유전학적 특성 구명을 위한 유전적 다양성 분석과 육질관련 표지유전자 개발. 고려대학교 대학원. 박사학위논문.
- 윤두학, 박응우, 이승환, 이학교, 오성종, 정일정, 홍기창. 2005. Microsatellite loci 분석에 의한 한우와 타 품종간의 유전적 유연관계. 한국동물자원과학회지. 47(3):341.
- 윤두학, 박응우, 조용민, 정일정, 임석기. 2007. 소 Y 염색체 특이 microsatellite를 이용한 품종별 대립유전자 빈도 분석. 한국동물자원과학회지. 49(4):429.

- 이성수, 양영훈, 강승률, 오운용, 양보석, 고서봉, 오성중, 김규일. 2000. 한우, 제주 재래 흑우, 흑모화우와 갈모화우에서의 MSH Receptor(*MC1R*) 유전자의 유전자형 및 빈도 비교. 한국동물자원과학회지. 42(3):253.
- 이성수, 양보석, 양영훈, 강승률, 고서봉, 정진관, 오운용, 오성중, 김규일. 2002. 칩소와 비경흑색 한우의 Melanocortin Receptor 1(*MC1R*) 유전자형 분석. 44(1):23.
- 이성수, 강승률, 한상현, 조인철, 신광윤, 조용일, 강태영, 고문석, 양명훈. 2007. 소의 모발 멜라닌 색소 함량의 품종별 비교 분석. 한국동물자원과학회지. 49(1):147.
- 정의룡, 김우태, 김연수, 한상기. 2000. 소 모색관련 유전자 *MC1R*의 PCR-RFLP Marker 를 이용한 한우육 판별. 한국동물자원과학회지. 42(4):379.
- 정의룡, 김우태, 김연수, 한상기. 2001. PCR-SSCP 기법을 이용한 소 *MC1R* 유전자의 다형성 분석 및 한우육 감별. 한국동물자원과학회지. 43(1):45.
- 한국종축개량협회. 1997. 한우외모심사기준(공고 제97-7호).

## 제 4 장 한우 품종별 모색발현 연관 단백질 특성연구

### 제 1 절 서론

세계적으로 광범위하게 사육되고 있는 다양한 품종의 소들은 대부분 품종형성 과정에서 고정된 특유의 모색을 나타낸다. 모색은 품종의 특성을 나타내는 중요한 표현형질로 품종식별을 위한 대표적인 질적형질로 취급되고 있다. 우리나라의 경우 재래 소 품종들 역시 모색을 중심으로 황갈색의 한우, 황색바탕에 흑색 호반무늬를 나타내는 칙소, 흑색의 흑우 등으로 구분되고 있다. 하지만 1983년 심사표준에 검은털 또는 칙소털을 가진 한우는 탈락시킬 것을 권고하였고, 1975년 농림부장관에 의해 고시된 종축 및 후보종축의 심사기준에서도 품종의 특징적 모색을 황갈색으로 정하고 다른 모색 및 비경흑 등을 결격사항으로 하고 있으며 백반 등이 개체를 가급적으로 종축에서 제외할 것을 권장함으로써 외형적 통일을 기하고 있다. 그러나 근래에 있어 능력이 우수하면서도 외형적인 결함으로 종모우로 선발이 되지 못하고 실격되는 경우가 빈번히 발생하면서 이모색 및 비경흑 결격사항의 계속 유지 여부에 대한 논란이 야기되고 있다. 포유동물의 모색은 neural crest로부터 발생과정에서 melanocyte (색소세포)의 이주와 melanin 생합성을 조절하는 외부 신호전달자와 MC1R, ASIP, MITF와 같은 수용체, TYR, TYR1, DCT 등에 의한 세포 내 melanin 생합성 대사, melanosome의 생성과 이동 등 복잡한 여러 단계와 관련 유전자들의 작용에 의해 표현된다(Slominski et al., 2004; Sulaimon and Kitchell, 2003). 소의 모색은 멜라닌 색소의 침착도에 의해 달라지는데, 이것은 임신기 배 발달기에 결정되거나 성장과정 중 발현의 차이에 의해서도 영향을 받는다(Barsh and Brash, 2001). 모색을 결정하는 멜라닌은 tyrosine의 산화물인 dopaquinone이 cysteine과 같은 thiol계열에 의해 영향을 받아 Black/brown인 eumelanin 또는 yellow/reddish인 pheomelanin의 침착에 의해서 결정된다(Lamoreux et al., 2001). 이 melanogenesis에는 tyrosinase, tyrosinase related protein (TRP1), tyrosinase related protein 2 (TRP2), melanocyte transcription factor (MITF) 등의 효소 및 단백질이 관여한다 (Nanga et al., 2000).

현재 한우판정은 melanocyte에 발현되는 Agouti 단백질을 전사하는 Melanocortin receptor 1 (Mc1r)에 의해 이루어지고 있다 (박성도 등, 2005; 고바라다, 2005). 이 Agouti 단백질은 색소 세포인 melanocyte에서 black/brown 인 eumelanin에서 yellow/reddish인 pheomelanin 생성에 의한 색소교차 (pigment type-switching) 메커니즘에 중요한 역할을 하여 소의 모색결정에 중요한 역할을 하여 소의 모색결정에 중요한 역할을 하는 것으로 알려져 있다 (Brash and Brash, 2001).

현재 대부분의 소품종들은 품종형성과정에서 동질화를 통해 한 가지 모색만 발현되는 것이 보

통이나 다른 동물에서와 마찬가지로 (Hoekstra, 1993), 개체의 나이나 계절, 기후 및 환경에 따라 일시적으로 또는 점진적으로 모색의 변화가 나타나기도 한다. 토끼의 “Himalayan Mutation”의 경우 성장기간 동안 온도에 따라 tyrosinase 활성과 관련되어 흑색과 흰색의 발달이 달라지는데 (Brash and Barsh, 2001), 한우의 경우도 황우로 태어난 송아지가 성장과정에서 칙소 형태의 모색으로 발전하는 경우가 관찰되기도 한다. 이러한 관찰은 모색관련 유전자가 배 발달기에 결정이 되지만 성장기동안도 외부 환경에 의해 변할 수 있다는 것을 시사한다.

최근 소를 비롯한 많은 포유동물에서 모색 발현에 관여하는 유전자들에 대한 연구가 진행되고 있으며 모색 유전연구는 유전학뿐만 아니라 진화학, 발생생물학 등이 연구 분야에서도 중요하게 다루고 있다. 황우, 흑우, 칙소 간 모색특성을 이해하고 한우분류기준 설정에 요인으로 이용하기 위해서는 색소 관련 단백질 발현과 활성특성에 대한 연구가 필요하다.

## 제 2 절 재 료 및 방 법

### 1. 한우품종별 모 색소 화학적 특성구명

#### 가. 실험재료

품종별 모색 특성 및 모색관련 색소발현 연구 분석을 위해 우리나라 재래소 품종 (황우, 칩소, 흑소)들과 외국에서 도입된 소품종 (앵거스)을 이용하였다. 본 연구를 위해 재래소 품종인 한우(황색) 흑우(검정색), 호반우(혼합색)를 강원축산기술센터와 충북축산위생연구소에서 각각 8 두씩 약 4 번째 경추 부위에서 모발 시료를 채취하였고, 외국 도입품종은 전라북도 진안소재 농장에서 사육중인 Black Angus 8 두에서 같은 부위인 약 4번째 경추 부위에서 모발 시료를 채취하였다. 시료는  $-20^{\circ}\text{C}$  냉암소에 보관하여 각 두당 3 반복씩 측정하여 평균값으로 사용하였다 (Figure 4-1).

#### 나. Total melanin 측정

소 품종별, 모색별 melanin 총량은 분광광도법으로 조사하였다. Kronstrand et al., (1999)의 방법에 의해 약 40 g의 모발 시료를 Iso-Propanol 용액에 세척한 후, 드라이 오븐에서 건조하였다. 각각 10 g의 시료를 유리 분쇄기에서 분쇄 후, 흡광도 값이 약 0.2-0.9 되게 15 mL 튜브에 측정하였다. 그 후 2 ml의 soluene용액 (soluene : water = 9:1(v/v))을 혼합한 후 10초 동안 교반하고  $80^{\circ}\text{C}$ 에서 30분간 배양한 후 위의 과정을 다시 한 번 반복하였다. 반응이 끝난 후 배양액의 1 mL 상층액을 500 nm에서 UV-spectrophotometer (Ultraspec 2000 Model)로 흡광도를 측정하였다 (Kronstrand et al 1999). 이때 표준액은 Sepia melanin(Sigma, USA)을 시료와 같은 방법으로 처리하여 총 멜라닌 정량에 이용하였다 (Figure 2).

#### 다. Eumelanin 함량 측정

Eumelanin함량은 PTCA를 HPLC 방법으로 측정하여 환산하였다. 20 mg의 시료를 채취하여 Iso-Propanol에 세척 후 건조기에 건조하였다. 건조 후 유리 분쇄기로 분쇄하여 2 mL 증류수에 혼합한 후 100  $\mu\text{l}$ 을 채취하여 1 mL의 1M  $\text{H}_2\text{SO}_4$ 에 혼합하였다. 혼합액을 약 20-30 초 동안 실온에서 다시 분쇄하고  $\text{KMNO}_4$ 을 혼합하고, 0.1 ml의 BSA을 혼합하였다. 그 후  $\text{Na}_2\text{SO}_3$ 을 혼합하고 다시 7 mL의 Peroxide free Di-ethyl ether을 혼합하였다. 총 13 mL의 organic

phase을 질소 가스에서 건조하고 건조물에 400  $\mu$ l의 증류수를 혼합하였다. 혼합액은 0.45  $\mu$ m 필터페이퍼로 필터 되어 HPLC 분석에 이용되었다. 분석은 Phenomenex column(250 mm, 4.6 mm, 7  $\mu$ m particle size)로 0.01 M potassium phosphate buffer (pH 2.1)로 분리되어 280 nm 흡광도에서 측정되었다. 이때 표준액은 순수 melanin과 순수 PTCA을 이용하여 같은 조건으로 분리하였다. phaemelanin은 총 melanin 함량에서 eumelanin 함량을 뺀 값을 이용하였다 (Figure 3).

#### 라. DNA 추출 및 PCR primer 조건

유전학적 연구를 위해 모근으로부터 DNeasy Kit(Qiagen)를 이용하여 DNA를 추출하였고 20 mM의 Dithiothreitol (DTT)이 포함된 lysis buffer를 이용하였다. TYRP1 (exon 5), DCT (exon 2), MC1R, ASIP (exon 2) 그리고 TYR (exon 2)의 PCR 증폭을 위해 각 그룹에서 혈연관계가 아닌 세 마리 이상의 개체로부터 specific primer sequences를 이용하여 수행하였다. Primer 서열과 PCR 조건은 Table 1, 2와 같다. 본 연구에 사용된 exons은 Berryere et al. (2003)의 연구에서 보고된 polymorphism을 근거하여 선정하였고 PCR 산물들은 선행연구들에서 보고되어진 것을 따라 분석되어졌다 (Graphodatskaya 2002; Schmutz et al. 2004). 염기서열 분석을 위해, PCR 산물들은 QIAquick PCR Purification Kit (Qiagen)를 이용하여 정제되었고 Bionics Co., Ltd.에서 상업적으로 sequence되었다. 다중 서열 정렬은 CLUSTALW (<http://workbench.sdsc.edu>)를 이용하여 수행되어졌다.

#### 마. 품종별 멜라닌 함량 통계 분석

소 품종간 모색 시료의 총 멜라닌과 eumelanin의 통계적 유의성은 SAS package (SAS, 1988)을 이용하여 GLM을 이용한 최소 평균 자성에 의해 분석되었다. Melamin 함량에 품종의 영향은 pairwise 차이 분석에 의해 평가되었다.



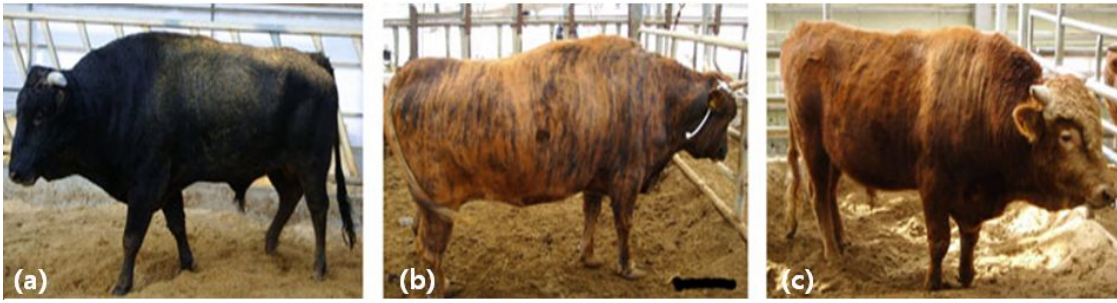


Figure 4-1. Different coat colour phenotypes of the Hanwoo breed: (a) Hanwoo black, (b) Hanwoo brindle and (c) Hanwoo brown.



Figure 4-2. Hair color of Hanwoo brown, Hanwoo brindle, Hanwoo black and Angus black used for the melanin pigmentation.

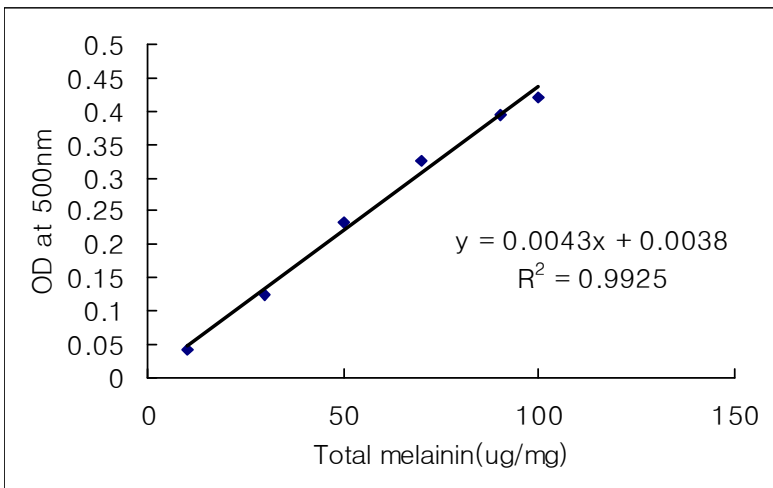


Figure 4-3. Standard curve of total melanin in hair sample.

Figure 4-4. HPLC spectrum for PTCA and sepia melanin for eumelanin determination in hair sample.

Table 4-1. Primer sequences and annealing conditions used in this study.

Genes	Primers and annealing temperatures	Product size	References
<i>MC1R</i>	5'-gtg aag cag tca gag g-3' (forward primer) 5'-ttg aag tcg cag gag aca acc-3' (reverse primer) Annealing temperature: 60.9°C	~448 bp.	Sasazaki et al. (2005)
Agouti	5'-gtgaagcag gcg tca gag g-3' (forward primer) 5'-ttg ag tcgcag gag aca aca-3' (reverse primer) Annealing temperature : 59°C	~160bp.	Graphodatskaya et al. (2000)
Tyrosinase related protein - 1	5'- gga ttt tcc tct acg tgc ttc agt-3' (forward primer) 5'-cta tga gaa ccc tct ggt cac agg-3' (reverse primer) Annealing temperature : 67.8°C	~145bp.	Berryere et al. (2003)
Tyrosinase related protein - 2	5'- cgc att ttg cat aaa ttg g-3' (forward primer) 5'-caa agc tta gca ttg caa aac-3' (reverse primer) Annealing temperature : 57.6°C	~154bp.	Designed from Pubmed database
Tyrosinase	5'- agtcttgccctccatctt -3' (forward primer) 5'-ggggtgtgttccatgattc-3' (reverse primer) Annealing temperature : 58.0°C	~180bp.	Designed from Pubmed database

Table 4-2. Restriction enzymes and conditions used in this study\*.

Genes	Restriction enzymes	Temperature	Buffer
<i>TYRP-1</i>	N1AIII	37°C	NEBuffer4
	BtsI	55°C	NEBuffer4
	FatI	55°C	SEBufferG
	TspRI	65°C	NEBuffer4
	XcmI	37°C	NEBuffer2
	BtsI	55°C	NEBuffer4
	Hin PII	37°C	NEBuffer2
	StyI	37°C	NEBuffer3
<i>MC1R</i>	BfuAI	50°C	NEBuffer3
	MspI	37°C	NEBuffer2
	MSeI	37°C	NEBuffer2
	BanI	37°C	NEBuffer4
	HinPII	37°C	NEBuffer2
	StyI	37°C	NEBuffer3
	HhaI	37°C	NEBuffer4
	BccI	37°C	NEBuffer1

\* The enzymes were selected based on earlier studies (Joerg *et al.*, 1996) and also by subjecting the obtained sequences to New England Biolabs (NEB) cutter programme.

## 2. 한우품종별 색소세포특성 및 발달분화 특성구명

### 가. 세포채취, 배양 및 색소침착변형

한우 모색별 (황색, 검정색, 혼합색) 피부조직 색발현 색소세포 특성 구명 및 분화관련 효소활성 구명을 위해 각각 2 두씩 비경 부위에서 피부조직 시료를 도축 즉시 채취하였다 (Figure 4-5). 도축 직후 1.5 cm<sup>3</sup> 크기의 비경피부세포를 잘라서 70 % 알코올에 세척하고, 2차례 더 PBSA (칼슘, 마그네슘 free 셀라닌 용액, Penicillin 100 U/ml, Streptomycin 100 ug/ml 포함)에 세척한 후 아이스박스에 담아 실험실로 이송했다. 실험실에서 PBSA로 더 세척하고, 지방을 제거 후 5 x 5 mm로 자르고, 4 °C에 24시간동안 0.25 % trypsin을 첨가한 PBSA용액에 반응하였다. 다음날 페트리 디시에 epidermal방향을 아래로 하고, Dermin을 칼날을 이용해 긁어내고, 0.02% EDTA in PBSA로 옮긴 후, vortex하여 세포를 분리한다. 그 후 350 xg에서 5 분 동안 원심분리 하였다. 분리된 pellet은 Melanocyte 용액에 용해하여 세포수를 계산하였다. 그 후 배양 플라스크에 약 ~10<sup>6</sup> cells/5mL 씩 분주하고 37 °C의 10 % CO<sup>2</sup> 배양기에서 배양하였다. 배지는 1주일동안 2일 간격으로 2% serum의 배양액을 교체하였고, 1주일 후 Serum을 5%로 증가시켰다. 약 15-20일 후 subculture를 하였다. 색소침착변형은 2nd Passage 세포를 이용하여 실험하였다. Confluency가 되기 직전까지 세포를 배양하여, 멜라닌을 축적하기 직전에 세포를 0.25 % Trypsin in PBSA로 회수하여 hemocytometer로 세포수를 계산하였다. 6 well plates에 2 X 10<sup>3</sup> 세포를 분주하여 12-24시간동안 배양하였고, 각각 Eumelanine 축적을 위해서 Nitric Oxide 와 Alpha-MSH처리를, Pheumelanine축적을 유도하기 위해서 L-cystein과 대조구 (무처리)처리를 하였다. 그 후 배양기간은 같은 조건에서 각각 4, 7, 7, 7일로 한 후 총 멜라닌, eumelanin 을 HPLC으로 함량을 측정하였다.

### 나. 세포채취, 배양 및 색소침착변형

총 멜라닌은 200 ul cells (약 4x10<sup>5</sup> cells)에 2 ml의 solune 용액 (9 solune: 1 water=v/v)을 혼합한 후 10 초 동안 교반하고 80 °C에서 30분간 배양한 후 위의 과정을 다시 한 번 반복하였다. 반응이 끝난 후 배양액의 1 mL 상층액을 500 nm에서 UV-spectrophotometer (Ultraspec 2000 Model)로 흡광도를 측정하였다(Kronstrand et al 1999). 이때 표준액은 Sepia melanin(Sigma, USA)을 시료와 같은 방법으로 처리하여 총 멜라닌 정량에 이용하였다. Eumelanin함량은 PTCA을 HPLC 방법으로 측정하여 환산하였다. 200 ul cells (약 4x10<sup>5</sup> cells)에 1 mL의 1M H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>에 혼합하였다. 혼합액을 약 20-30 초 동안 실온에서 다시 분쇄하고

KMNO<sub>4</sub>를 혼합하고, 0.1 ml의 BSA를 혼합하였다. 그 후 Na<sub>2</sub>SO<sub>3</sub>을 혼합하고 다시 7 mL의 Peroxide free Di-ethyl ether를 혼합하였다. 총 13 mL의 organic phase을 질소 가스에서 건조하고 건조물에 400 uL의 증류수를 혼합하였다. 혼합액은 0.45 um 필터페이퍼로 필터하여 HPLC 분석에 이용되었다. 분석은 Phenomenex column (250 mm, 4.6 mm, 7 μm particle size)로 0.01 M potassium phosphate buffer (pH 2.1)로 분리되어 280 nm 흡광도에서 측정되었다. 이때 표준액은 순수 melanin과 순수 PTCA을 이용하여 같은 조건으로 분리하였다. phaemelanin은 총 멜라닌 함량에서 eumelanin함량을 뺀 값을 이용하였다.

#### 다. 단백질 추출 및 전기영동

멜라닌 축적 switching시 일어나는 관련 단백질 (TRP-1, TRP-2, MITF)의 활성을 측정하기 위해, 2 세대 세포를 6 well plates에 2 X 10<sup>3</sup> 세포를 분주하여 12-24시간동안 배양하고, 각각 Eumelanine 축적을 위해서 Nitric Oxide와 Alpha-MSH 처리를 Pheumelanine 축적을 유도하기 위해서 L-cystein과 대조구 (무처리)처리를 한 후 세포를 수확하여 전기영동 시료로 이용하였다. 추출된 세포는 원심분리를 통해 PBS 용액을 버리고 남은 pellet에 100 μL의 lysis buffer (0.15 M NaCl, 5 mM EDTA pH 8.0, 1% Triton-x100, 10 mM Tris-HCl pH 7.4, 1000 :1 5 M DTT)를 첨가한 후 4 °C에 10분 동안 넣어두고 5분마다 vortex를 해준다. 얼음을 넣은 소니케이션에 10분 동안 sonicate를 해준 후 4°C에 10분 동안 넣어둔다. 12,000 rpm 으로 4°C에서 10분 동안 원심분리하여 침전된 단백질에 100 μL의 SDS-PAGE 시료 버퍼 (0.125 M Tris, 4% SDS, 20% glycerol, 10% MCE, 0.02% Bromopheno Blue)를 첨가한 후 95°C에서 5분 동안 가열하여 1차 전기영동 시료로 이용하였다. 전기영동은 Laemmli (1970)의 방법에 의해서 12.5% 아크릴아마이드 (37.5:1 ratio of acrylamide to bisacrylamide)에 4% 아크릴아마이드의 stacking gel (10x8.5 cm, Bio-Rad laboratories, USA)로 200 volts에서 45분간 분리하였다. 단백질이 분리된 gel은 silver staining법 (Silver staining methods by Angelika)에 의해 염색되어 Versadac 3000 (Bio-Rad laboratories, USA)에 의해 영상화 되었다. 실험방법은 Hwang 등(2005)의 방법을 따라하였다.

#### 라. Western blotting

Tyrosinase, TRP-1, TRP-2, MC1R 의 western blotting을 위해서 분리된 단백질은 Hybond-P polyvinylidene fluoride (Amersham, Arlington Heights, IL)로 200 mA에서 60분간 전사되었다. 1차 항체는 Tyrosinase (1:1000, TRP-1 (1:1000, ), TRP-2 (1:1000, ) 그리고

MC1R (1:1000)이었고, 2차 항체는 Rabbit-HRP -conjugated (alkaline phosphatase conjugated, Promega, WI)였다. 부착된 항체는 BCIP/NBT(Bio-Rad laboratories, CA)에 의해 발색되어 Versadac 3000 (Bio-Rad laboratories, USA)에 의해 영상화 되었다.

### <실험설계>

	갈모우	흑모후	호피우	합계
동물수:	2	2	2	6
시료수:	4(2*2반복)	4	4	12
처 리 :	16(4*4처리)	16	16	48
	[NO, MSH=>eumelanine, L-cystein(Pheomelanine), Control]			
반복수:	48(16*3반복)	48	48	144

Figure 4-5. Design of this experiment

### 3. 한우 품종별 모색발현 연관 단백질 특성연구

#### 가. 세포채취, 배양

도축 직후 1.5 cm 크기의 비경피부세포를 잘라서 70 % 알콜에 세척하고, 2 차례 더 PBSA (칼슘, 마그네슘 free 셀라닌 용액, Penicillin 100 U/ml, Streptomycin 100 µg/ml 포함)에 세척한 후 아이스박스에 담아 실험실로 이송했다(Figure 6). 실험실에서 PBSA로 더 세척하고, 지방을 제거 후 5 x 5 mm로 자르고, 4 °C에서 24시간 동안 PBSA에 0.25 % trypsin을 첨가한 용액에 침지시킨다. 다음날 페트리디시에 epidermal방향을 아래로 하고, Dermin을 칼날을 이용해 긁어 내고, 0.02 % EDTA in PBSA로 옮긴 후, vortex하여 세포를 분리한다. 그 후 350 xg에서 5분 동안 원심 분리하여 pellet을 Melanocyte용액에 녹이고, 세포수를 센다. 그 후 약  $\sim 10^6$  cells/5 ml에 분주하고 37°C 10% CO<sub>2</sub> 배양기에서 배양한다. 배지는 1주일 동안 2일 간격으로 (2% serum) 교체하고, 1주일 후 Serum을 5%로 증가시킨다. 약 15-20일 후 subculture를 한다. Confluency가 되기 직전까지 세포를 배양하였다.

#### 나. 세포 수확 및 단백질 추출

**세포수확** : 세포가 배양된 flask에 있는 medium을 제거한 후 두 차례에 나눠 PBS (phosphate buffered saline) 10 ml을 첨가 후 SPL cell scraper를 이용하여 flask로부터 세포를 scraping 하여 50 ml tube에 모았다. 모아진 세포와 용액은 원심분리 후 상층액은 버리고 pellet은 1.5 ml PBS 용액을 첨가하여 2 ml의 에펜도르프 tube로 옮겨 실험에 이용되기 전까지 -80℃에 보관하였다.

**단백질 추출** : 추출된 세포는 원심분리를 통해 PBS 용액을 버리고 남은 pellet에 100  $\mu$ l의 lysis buffer(0.15 M NaCl, 5 mM EDTA pH 8.0, 1% Triton-x100, 10 mM Tris-HCl pH 7.4, 1000 :1 5 M DTT)를 첨가한 후 4℃에 10분 동안 넣어두고 5분마다 vortex를 해준다. 얼음을 넣은 소니케이션에 10분 동안 sonicate를 해준 후 4℃에 10분 동안 넣어둔다. 12,000 rpm 으로 4℃에서 10분 동안 원심분리 추출된 단백질은 100% cold-aceton(-20℃)을 시료량의 5배 혼합하여 -20℃에서 overnight하여 단백질을 침전시킨다. 침전된 단백질은 원심분리(20,000 xg, 4℃, 30분)하여 상층액을 제거하였다.

#### 다. 1차 전기영동

1차 전기영동은 침전된 단백질에 100  $\mu$ l의 SDS-PAGE 시료 버퍼 (0.125 M Tris, 4% SDS, 20% glycerol, 10% MCE, 0.02% Bromopheno Blue)를 첨가한 후 95℃에서 5분 동안 가열하여 1차 전기영동 시료로 이용하였다. 전기영동은 Laemmli (1970)의 방법에 의해서 12.5% 아크릴아마이드 (37.5:1 ratio of acrylamide to bisacrylamide)에 4% 아크릴아마이드의 stacking gel (10x8.5 cm, Bio-Rad laboratories, USA)로 200 volts에서 45분간 분리하였다. 단백질이 분리된 gel은 silver stain plus(Bio-Rad laboratories, USA)에 의해 염색되어 Versadac 3000 (Bio-Rad laboratories, USA)에 의해 영상화 되었다.

#### 라. 2차 전기영동

2차 전기영동 시료는 Lysis buffer (7 M urea, 2 M thiourea, 2% CHAPS, 1% DTT, and 0.8% Pharmalyte pH 4-7)에 분해된 후 단백질 정량 (PlusOne 2-D Quant kit, Amersham Pharmacia Biotech, Amersham, UK)을 실시하였다. 2차 전기영동은 Hwang 등 (2005)의 방법

에 의해 실시하였다. Lysis된 시료는 rehydration buffer (8 M urea, 0.5% CHAPS, 0.2% DTT, 0.2% Pharmalyte pH 4-7)에 800 µg/strip 되게 혼합하여 IEF strip pH 4-7에 active rehydration 시킨 후 50 mA/strip으로 20 °C 에서 70,000 Vhrs로 forcing (Protein EIF Cell, Bio-Rad laboratories, USA)하였다. 그 후 IEF strip은 equilibration buffer (50 mM Tris-HCl buffer, pH 8.8, 6 M urea, 30% glycerol, 2% SDS, 0.002% bromophenol blue, and 1% DTT)에서 15분 동안 1차 처리하고, DTT를 4.8% iodoacetamide로 교체한 같은 용액에서 15분간 2차 처리하였다. 그 후 단백질은 12.5 % SDS-PAGE (37.5:1 ratio of acrylamide to bisacrylamide)로 분리 (Protein plus dodeca cell, Bio-Rad laboratories, USA)하였다. 분리된 시료는 0.1% colloidal Coomassie Brilliant Blue G-250 in 2% phosphoric acid, 10% ammonium sulphate, 20% methanol for 24 h (Westermeier & Naven, 2002)로 염색되어 Versadac 3000 (Bio-Rad laboratories, USA)에 의해 영상화 되었다. 분리된 spot에 대한 영상 및 통계분석은 2DE 영상분석 프로그램 (PDQuest, Bio-Rad lab, USA)으로 실시하였다.

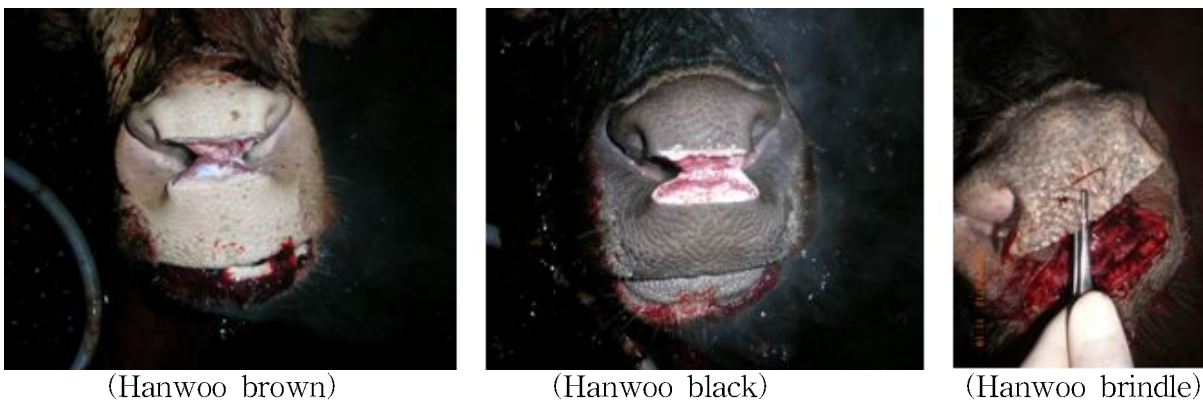


Figure 4-6. samples for the experiment



#### 4. 근육세포모형을 통한 외모형태별 경제형질 탐색

##### 가. 실험재료

한우와 흑우의 근육위성세포를 확보하여 세포의 생물학적 특성을 관찰하기 위해 충청북도 소재 도축장과 전라북도 소재 도축장에서 흑우와 한우근육시료를 각각 3 두씩 채취하였으나, 흑우의 시료의 경우 오염으로 세포를 확보하지 못하여 한우근육세포만 실험을 진행하였다.

##### 나. 세포배양

Dodson et al. (1987)의 방법을 일부 수정 변경하여 30개월 한우에서 위성세포를 분리 배양하였다. 도축 직후 채취한 한우의 *m.longissimus dorsi*에 결체조직과 지방을 제거한 후 멸균한 마쇄기를 이용하여 마쇄하였다. 효소적 분해를 위해 1 mg/ml의 pronase를 첨가한 후 37°C에서 60분 동안 처리 후, 근육 조직에서 단세포들을 3회의 원심분리에 의해 분리하였다. 초대배양을 위해 분리된 세포들을 성장배지 (GM, Dulbecco's modified Eagle's medium (DMEM; GIBCO) containing 15% fetal bovine serum (FBS; GIBCO), 100 IU/mL penicillin, and 100 ug/mL streptomycin)와 함께 37°C, 5% CO<sub>2</sub>에서 배양하였다. 세포가 80% 융합되었을 때 0.5% BSA와 2 mM EDTA를 포함한 PBS (phosphate-buffered saline)에 의해 재부유하여 수집하였다. 수집된 세포에서 근육세포를 분리하기 위하여 원심분리에 의해 얻어진 pellet을 100  $\mu$ l PBS (containing 10  $\mu$ g anti-M-cadherin antibody)에 의해 재부유하여 20  $\mu$ l의 anti-mouse IgG1 microbeads를 첨가한 후 4°C에서 1시간 동안 배양하였다. 마지막으로, AutoMACS (magnetic cell sorting system, Milteny Biotec, Germany)에 의해 분리된 위성세포( $10^7$  cells in 500  $\mu$ l PBS)는 성장배지에서 37°C, 5% CO<sub>2</sub>의 조건에서 배양되었다. 성장배지에서 배양된 위성세포는 약 80% 융합이 일어난 후 계대 배양하였고, four passage 의 세포가 본 연구에 이용되었다.

##### 다. siRNA - mediated $\mu$ -calpain gene and caspase 9 silencing

siRNA 실험은 Silencer® siRNA Construction Kit (Ambion)의 메뉴얼에 따라 in vitro에서 진행되었다. 4개의  $\mu$ -calpain siRNA와 2개의 caspase 9의 siRNA는 Ambion Inc. 웹사이트 ([www.ambion.com/techlib/misc/siRNA\\_finder.html](http://www.ambion.com/techlib/misc/siRNA_finder.html))의 siRNA target finder 프로그램을 이용하여 설계되어졌고, 다른 coding 서열과 인접한 16개 이상의 base pair를 가진 sequence를 제거하기 위해 BLAST를 이용하여 bovine genome 데이터베이스와 비교하였다. 특정 촉매 subunit

의  $\mu$ -calpain과 caspase 9의 siRNA와 polyamines-based transfectant, siPORT Amine (Ambion)가 결합된 siRNA-amine complexes는 배양 세포에 transfection 되어 세포의 최종 농도 30 nM가 되었다.

#### 라. RNA 추출 및 real-time RT-PCR

siRNA transfection 48시간 후 transfected cell과 untransfected cell 두 시료로부터 TRIZOL reagent를 이용하여 total RNA추출하였다. Anchored oligo d(T)<sub>12-18</sub>primer(GeneLink)와 M-MLV Reverse transcriptase를 이용하여 10 ug의 total RNA로부터 cDNA를 합성하여 real-time RT-PCR의 주형으로 이용하였다. 분석에 이용된 각각의 유전자별 primer( $\mu$ -calpain, caspase 3, caspase 7, caspase 9)와 내부보정용 housekeeping gene GAPDH primer 그리고 PCR 조건 등은 Pfaffl (2001)의 염기서열 및 실험방법을 이용하였으며, 상대적 발현양은  $2^{-\Delta\Delta Ct}$  방법으로 분석하였다(Table 3 and 4).

#### 마. 통계적 분석

모든 결과는 means±standard error of the mean (SEM)로 표현되었고 통계적 분석은 SPSS version 16.0 (SPSS, Chicago, IL)를 이용한 Student's t-test 처리간의 차이를 진단하였으며 유의성  $p < 0.05$  수준의 검정하였다.

Table 4-3. Sequences of siRNAs used to knockdown bovine  $\mu$ -calpain and caspase 9

Gene	Oligo name	Antisense siRNA Oligonucleotide Template:	Sense siRNA Oligonucleotide Template:
CAPN1 ( $\mu$ -calpain)	CAPN1-siRNA1	AACCTATGGCATCAAGTGGAACCTGTCTC	AATCCACTTGATGCCATAGGCCTGTCTC
	CAPN1-siRNA2	AACTGGAACACCACCCTGTATCCTGTCTC	AAATACAGGGTGGTGTTCAGCCTGTCTC
	CAPN1-siRNA3	AACTTCAAGTCCCTCTTCAGACCTGTCTC	AATCTGAAGAGGGACTTGAAGCCTGTCTC
	CAPN1-siRNA4	AACAAGGAAGGTGACTTTGTGCCTGTCTC	AACACAAAGTCACCTTCCTTGCCTGTCTC
CARD9 (Caspase 9)	CARD9-siRNA1	AATGAGCGAGGTGATGAAGCTCCTGTCTC	AAAGCTTCATCACCTCGCTCACCTGTCTC
	CARD9-siRNA2	AAGGAGAGCTTCGAGAACTACCCTGTCTC	AAGTAGTTCTCGAAGCTCTCCCCTGTCTC

Table 4-4. Real-time PCR primers and conditions

Gene	Primer Sequences (5'-3')	Amplicon length (bp)	Annealing ( $^{\circ}$ C)	GenBank accession No.
CAPN1 ( $\mu$ -calpain)	Forward: CCCTCAATGACACCCTCC Reverse: TCCACCCACTCACCAAACCT	109	57	AF221129.1
CASP3 (Caspase3)	Forward: GTTCATCCAGGCTCTTTG Reverse: TTCTATTGCTACCTTTCG	97	56	NM_001077840.1
CASP7 (Caspase7)	Forward: GAATGGGTGTCCGCAACG Reverse: TTGGCACAAGAGCAGTCGTT	106	51	XM_604643.4
CARD9 (Caspase 9)	Forward: CGCCACCATCTTCTCCCTG Reverse: TCCAACGTCTCCTTCTCCTCC	84	60	BC116138.1
GAPDH	Forward: CACCCTCAAGATTGTCAGC Reverse: TAAGTCCCTCCACGATGC	98	57	NM_001034034

## 5. Troglitazone, PPAR $\gamma$ 의 작용이 쥐소 근육 위성세포의 확산과 분화, 그리고 근관에서 지질 축적에 미치는 영향

### 가. 세포배양

Dodson et al. (1987)의 방법을 일부 수정 변경하여 30개월 쥐소에서 위성세포를 분리 배양하였다. 도축 직후 채취한 쥐소의 *m.longissimus dorsi*에 결체조직과 지방을 제거한 후 멸균한 마쇄기를 이용하여 마쇄하였다. 효소적 분해를 위해 1 mg/ml의 pronase를 첨가한 후 37°C에서 60분 동안 처리 후, 근육 조직에서 단세포들을 3회의 원심분리에 의해 분리하였다. 초대배양을 위해 분리된 세포들을 성장배지 (GM, Dulbecco's modified Eagle's medium (DMEM; GIBCO) containing 15% fetal bovine serum (FBS; GIBCO), 100 IU/mL penicillin, and 100 ug/mL streptomycin)와 함께 37°C, 5% CO<sub>2</sub>에서 배양하였다. 세포가 80% 융합되었을 때 0.5% BSA와 2 mM EDTA를 포함한 PBS (phosphate-buffered saline)에 의해 재부유하여 수집하였다. 수집된 세포에서 근육세포를 분리하기 위하여 원심분리에 의해 얻어진 pellet을 100  $\mu$ l PBS (containing 10  $\mu$ g anti-M-cadherin antibody)에 의해 재부유하여 20  $\mu$ l의 anti-mouse IgG1 microbeads를 첨가한 후 4°C에서 1시간 동안 배양하였다. 마지막으로, AutoMACS (magnetic cell sorting system, Milteny Biotec, Germany)에 의해 분리된 위성세포( $10^7$  cells in 500  $\mu$ l PBS)는 성장배지에서 37°C, 5% CO<sub>2</sub>의 조건에서 배양되었다. 성장배지에서 배양된 위성세포는 약 80% 융합이 일어난 후 계대 배양하였고, five passage 의 세포가 본 연구에 이용되었다.

### 나. 세포의 확산과 생존 능력을 위한 CCK-8 분석

Cell counting Kit-8 assay와 직접적 세포 계산의 상관관계를 실험하기 위해 96 well 마이크로 플레이트에 위성세포를 각각  $1.25 \times 10^4$ ,  $2.5 \times 10^4$ ,  $3.75 \times 10^4$ ,  $5 \times 10^4$ ,  $7.5 \times 10^4$ ,  $1.0 \times 10^5$ ,  $1.25 \times 10^5$  cells/mL의 밀도로 준비하여 24시간 동안 부착되도록 하였다. 그 후 10  $\mu$ l WST-8 solution을 각각의 well에 첨가하여 4시간 동안 배양하였다. 쥐소와 근육 위성세포의 성장 곡선은 Cell Counting Kit-8 (CCK-8, Dojindo)에 의해 나타내었다. 쥐소와 한우의 근육세포는 96-well plate에 각각  $5 \times 10^3$  cells/well (100  $\mu$ L of culture medium containing 15% FBS)의 밀도로 성장하도록 overnight 하였다. 모든 실험은 두 반복으로 수행되었으며 0-6일의 indicated times에 세포 확산을 흡광도 450 nm에서 측정하였다. 성장곡선은 흡광도 450 nm 측정값과 시간에 따른 mean  $\pm$  SD를 표현하였다. Troglitazone이 쥐소 근육 위성세포의 증가에 미치는 영향을 추정하는 세포생존력은 Cell Counting Kit-8 (CCK-8) assay에 의해 측정되었다. 쥐소와 근육

위성세포는 96-well plates에  $1 \times 10^4$  cells/well (100  $\mu$ L of growth medium containing 15% FBS) 밀도의 세포를 접종하여 배양을 위해 overnight하였다. 위성세포가 40% 융합이 이르기 전, 세포에 5  $\mu$ M, 10  $\mu$ M, 50  $\mu$ M의 troglitazone을 indicated time (0-5 day) 동안 처리하였다. 100  $\mu$ L의 배지에 WST-8 solution 10  $\mu$ L과 4시간 동안 37°C에서 배양하였다. Microplate reader에서 450 nm의 흡광도값을 측정하였고 세포 생존력은 control culture value의 백분율로 표현되었다.

#### 다. 글리세롤 산물 측정

다른 지방세포와 analyzing triglyceride mobilization by glycerol release은 Adipolysis Assay Kit (MILLIPORE Corporation, USA)를 이용한 글리세롤의 축적 측정에 의해 밝혀졌다. 쥐소 근육 위성세포는 24-well plate에 6,000 cells/well 밀도에서 성장배지 (DMEM containing 15% FBS)에서 융합이 이룰 때 까지 배양한다. 세포는 fusion medium (DMEM containing 2% HS, 대조구) 또는 fusion medium (containing 5  $\mu$ M, 10  $\mu$ M, 50  $\mu$ M of troglitazone, 처리구)에서 7일 동안 배양하였다. 배양 부유액은 수집되었고 글리세롤은 흡광도 540 nm에서 측정되었다.

#### 라. Oil red O 염색

각 다른 농도 (5  $\mu$ M, 10  $\mu$ M, and 50  $\mu$ M)의 troglitazone를 7일 동안 처리한 세포는 Oil-red O에 의해 염색되었다. 다양한 처리 후, 10% formalin에서 30분 동안 고정시킨 후 60% isopropanol로 한 번, distilled water로 두 번 헹군 후 실온에서 Oil red-O solution (O0625-25G, Sigma)으로 5분 동안 배양하고 증류수로 헹귀준다. 세포는 hematoxylin으로 염색되었고 증류수로 헹군 후, 광학현미경 (Olympus CKE41, Japan)과 FOculus IEEE1394 digital camera를 이용하여 이미지를 촬영하였다.

#### 마. RNA 추출과 Real-time RT-PCR

Total RNA는 다양한 처리를 한 쥐소 근육 위성세포로부터 Trizol을 이용한 phenol-guanidine-isothiocyanate 방법에 의해 추출하였다. total RNA의 정제도는 260nm 와 280 nm의 비율에 의해 계산되어졌다 (수용범위 : 1.6 - 2.1). Anchored oligo d(T)<sub>12-18</sub>primer(GeneLink)와 M-MLV Reverse transcriptase를 이용하여 10  $\mu$ g의 total RNA로

부터 cDNA를 합성하여 real-time RT-PCR의 주형으로 이용하였다. 분석에 이용된 각각의 유전자별 primer(CAPN1, CEBPA, FABP4, PPARG gene)와 내부보정용 housekeeping gene GAPDH primer 그리고 PCR 조건 등은 Pfaffl (2001)의 염기서열 및 실험방법을 이용하였으며, 상대적 발현양은  $2^{-\Delta\Delta Ct}$  방법으로 분석하였다(Table 4-5).

#### 마. 통계적 분석

모든 통계적 비교는 다중 비교 Student t Test를 이용한 변화의 분석에 이뤄졌다. SPSS (version 16.0, Chicago, IL) 프로그램에 의해 수용되었으며  $p < 0.05$ 의 유의적 수준이었다.

Table 4-5. Real-time PCR primers and conditions

Gene	Primer Sequences (5'-3')	Amplicon length (bp)	Annealing (°C)	GenBank accession No.
CAPN1 ( $\mu$ -calpain)	Forward: CCCTCAATGACACCCCTCC Reverse: TCCACCCACTCACCAAACCT	109	57	AF221129.1
CEBPA	Forward: GCGGCAAAGCCAAGAAGTCC Reverse: GCGGCTCAGTTGTTCCACCC	188	59	NM_176784.2
FABP4	Forward: AGATGAAGGTGCTCTGGT Reverse: CTCATAAACTCTGGTGGC	130	51	NM_174314.2
PPARG	Forward: CCACCGTTGACTTCTCCA Reverse: AGGCTCCACTTTGATTGC	134	51	NM_181024.2
GAPDH	Forward: CACCCTCAAGATTGTCAGC Reverse: TAAGTCCCTCCACGATGC	98	57	NM_001034034

## 제 3 절 연구결과 및 고찰

### 1. 한우품종별 모 색소 화학적 특성구명

#### 가. 한우 품종별 Total melanin과 Eumelanin 함량 비교분석

Table 6은 한우 모색별(황색, 혼합색, 검정색)총 멜라닌, Eumelanin, phaeomelanin 함량을 검정 앵거스와 비교하여 나타내었다. 총 멜라닌 함량은 앵거스에서 가장 높았고, 황색 한우에서 가장 낮았다( $p < 0.05$ ). 이 분석에서 특이한 점은 같은 검정색의 모색일 지라도 앵거스가 한우보다 유의적( $p < 0.05$ )으로 높은 멜라닌 함량을 보였고, 한우 흑소(검정 모색)와 칩소(혼합모색)에서는 유의적인 차이가 나타나지 않았다.

모색발현에서 검정색을 나타내는 eumelanin함량은 예상했던 바와 같이 앵거스에서 유의적( $p < 0.05$ )으로 높은 수치를 나타냈고 한우 흑소가 그 뒤를 이었다( $p < 0.05$ ). 한편 한우 황색소와 칩소 간에는 수치적으로는 한우 칩소에서 높은 값을 보였으나, 통계적인 유의성은 검정되지 않았다( $p > 0.05$ ). 붉은 노란색을 발현하는 phaeomelanin은 앵거스에서 가장 높았고( $p < 0.05$ ) 한우 검정소와 황색에서 가장 낮았으나, 이 결과는 해석하기 어려웠다.

총 멜라닌 함량은 흑우와 칩소간의 비교 분석을 제외한 다른 품종들과 표현형에서 유의적인 차이( $p < 0.05$ )가 나타났다. Eumelanin 또한 한우와 칩소간 분석을 제외한 다른 품종들과 표현형에 대한 유의적 차이를 보였다 ( $p < 0.05$ ). 총 멜라닌은 500 nm의 흡광도에서 측정하며 A650/A500의 흡광도 비율은 eumelanin의 존재를 나타낸다. 앵거스 블랙, 한우 흑우, 칩소, 황우의 A650/A500의 값은 각각 0.43, 0.41, 0.38 그리고 0.12를 나타내었고 eumelanin의 비율은(상대적인 총 멜라닌) 각각 0.05, 0.62, 0.31 그리고 0.34 이었다. 총 멜라닌과 Eumelanin에 대한 총 멜라닌의 비율은 멜라닌이 eumelanin일 때 eumelanin에서 5,6-dihydroxyindole-2-carboxylic acid-(DHICA-)의 유도단위의 백분율을 나타낸다(Lamoreux et al. 2001).

이 연구에서, 한우와 앵거스 블랙 품종 간에 MC1R 서열과 CLUSTALW (assessed on 19 June 2007)에 의한 노르웨이 소의 MC1R 서열 (Y13957)의 비교에 의해 296 위치한 T-to-C substitution으로 밝혀졌다. 앵거스 흑소가 ED 대립형질을 운반하는 것은 우성의 검은색 표현형의 원인이 되는 이형(변종)임을 확인하였다(Klungland et al. 1995). 앵거스 흑소에서 eumelanin 발현의 분자 유전적 기반은 이 품종에서 생산된 eumelanin의 유의적인 양에 의해 지원되고 있다(한우 품종과 비교에서 T-to-C 치환이 부재하였고 털의 eumelanin의 양이 유의적으로 낮았을 때). 한우의 표현형은 eumelanin의 양에서 유의적 편차가 나타났고 그 차이는

그들의 피모색 표현형과 일치하였다. 흑우는 비록 A6650/A500의 흡광도 비율값이 0.4이고 eumelanin과 총 melanin의 비율이 0.62 일지라도 296 위치에서 T-to-C 치환을 가지고 있지 않았다. 양쪽 가치는 흑우에서 melanin은 대부분 eumelanin으로 구성되어있음을 나타냈다 (Kronstrand et al. 1999 & Lamoreux et al. 2001). 하지만 앵거스 블랙과 비교하면, 흑우에서 eumelanin 함량은 두 배로 낮았다. 유전적, 생화학적 배경에서 이 차이는 현재 연구에서 명확하지 않으며 더 많은 연구가 요구된다고 사료되었다.

Table 4-6. Least square means and standard error for total melanin and eumelanin as a function of hair colour of Angus and Hanwoo breeds and also depicts the absorbance ratio of pigment melanin.

	Angus Black	Hanwoo Black	Hanwoo Brindle	Hanwoo Brown	Av. Std.	F-value
Total melanin (mg/mg hair)	68.8 <sup>a</sup>	26.8 <sup>b</sup>	25.2 <sup>b</sup>	10.0 <sup>c</sup>	2.53	99.63***
Eumelanin (mg/mg hair)	34.7 <sup>a</sup>	16.7 <sup>b</sup>	7.9 <sup>c</sup>	3.4 <sup>c</sup>	2.34	35.07***
A <sub>650</sub> /A <sub>500</sub>	0.43	0.41	0.38	0.12		

<sup>abc</sup> Means bearing the same letter did not differ significantly ( $p < 0.05$ ), \*\*\*  $p < 0.001$



## 나. 한우 품종에 따른 색소발현 관련 유전자의 발현과 모색출현 양상의 관계

한우(황갈색)에서 yellow-reddish 털 색깔은 이른 정지코돈을 만들어내는 MC1R gene (Y13957:g.310delG)의 310 위치의 결실에 의해 야기되었다(Klungland et al. 1995; Joerg et al. 1996; Graphodatskaya 2002). 유전적 근거는 이들 개체에서의 낮은 eumelanin 함량의 관찰에 의해 강력해졌다: A650/A500 비율은 0.12였다. 대조적으로, 칙소에서 중간의 eumelanin 함량을 나타내는 A650/A500 값이 0.38이었고 pheomelanin의 우위를 의미하는 eumelanin과 총 melanin의 비율은 0.34이었다. 이것은 아마도 노르스름한 털에 검은 줄무늬의 존재 때문이거나 (분석된 피모는 검은색과 황색의 털의 혼합물을 비교하였음) 또는 eumelanin의 5,6-dihydroxyindole- (DHI-)의 유도단위 때문일 것이다(Lamoreux et al. 2001). 칙소에서 TYRP1(exon 5) gene은 프라이머시프트와 잘린 단백질의 결과로 32와 40에 위치한 뉴클레오타이드의 결실이 보였다(AF400250: c.32delA and AF400250: c.40delA)

Berryere et al. (2003)은 샤롤레종과 젤리웨이종에서 exon의 변형을 보고하였지만 프라이머시프트 변형을 보고되지 않았다. 본 연구에서 칙소의 색소에서 TYRP1 (DHICA oxidase)의 경로는 독립적이라는 가설을 세웠고 이 연구에서 5개의 gene에서, 오직 TYRP1 (exon 5) 과 MC1R에서만 편차가 관찰되었다. 그 서열은 효소 분석에서 차례차례 품종과 모색타입을 구별할 수 있도록 제한적으로 설계되었고 16개 효소가 이용되었으며 그 결과는 Figure 7, 8에 나타내었다. TYRP1(exon 5)은, N1aIII와 FatI 분해는 다른 품종들로부터 구별되는 칙소와 차이를 보였다. TspRI와 분해는 흑우와 다른 품종들로부터 구별되었고, BtsI은 흑우와 황우, 앵거스와 칙소로 분류되었다. Exon에서 관찰된 분해패턴은 아마도 프라이머시프트 변형 또는 치환 때문일 것이다.

MC1R은, MspI는 한우와 다른 품종으로 부터 분리되었다. 이것은 뉴클레오타이드 서열 310 위치(g.310delG)의 결실 때문이다; MspI의 제한부위는 한우 (황갈색)에는 없었다(Klungland et al. 1995; Joerg et al. 1996; Graphodatskaya 2002). 게다가, BfuAI는 칙소와 다른 품종과 구별되었다. 본 연구에서 이 실험들은 한우 표현형 앵거스와 구별할 수 있으며, 추후 더 많은 개체수와 다른 품종들이 수반된 연구가 생산유통이력(traceability) 또는 다양성 연구들을 위한 마커들의 유용성을 밝혀내기 위해 요구된다.

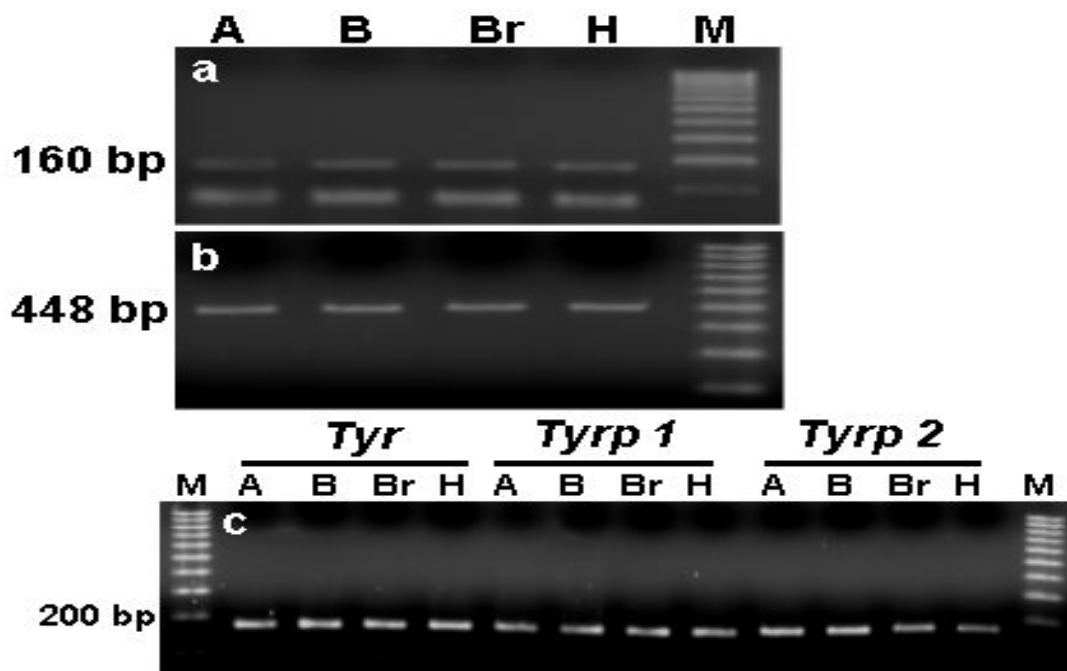


Figure 4-7. Shows the amplification of different pigmentation genes. Lane M is the marker; lane A is for Angus; lane H is for Hanwoo brown; lane B is for Hanwoo black; and lane Br is for Hanwoo brindle. (a): Shows the amplified product of Agouti gene with a size of approximately 160 bp; (b): Shows the amplified MC1R gene of approximately 448 bp; (c): Shows the amplified products of TYR (Exon 2) , TYRP-1 (Exon 5) and TYRP -2 (Exon2) genes. The product size of TYR (Exon 2) gene was approximately 180 bp, TYRP -1 (Exon 5) gene approximately 150 bp and that of TYRP -2 (Exon2) gene was approximately 154 bp.

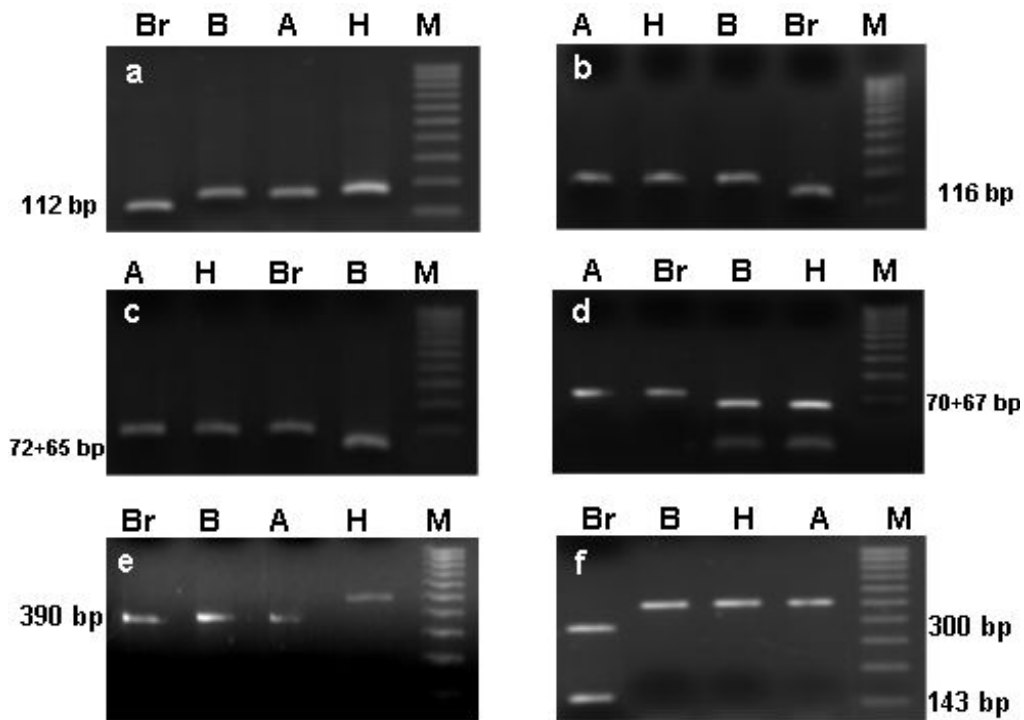


Figure 4-8. Restriction enzyme analysis of the bovine TYRP1 (exon 5) and MC1R genes. (a) The NlaIII enzyme fragmented the TYRP1 PCR products from Hanwoo brindle cattle to approximately 112 and 33 bp (not visible). (b) The FatI enzyme produced a similar result as in (a). (c) The TspRI enzyme fragmented the TYRP1 PCR products from Hanwoo black cattle to approximately 72 and 65 bp. (d) The BtsI enzyme produced fragments of approximately 70 and 67 bp with the TYRP1 PCR products from both Hanwoo brown and Hanwoo black animals. (e) Digestion of MC1R PCR products with MspI showed that, in comparison to other breeds, the fragments from Hanwoo brown animals had no restriction sites. (f) Digestion of MC1R PCR products from Hanwoo brindle cattle with BfuAI produced fragments of approximately 337 and 143 bp. A, Angus; B, Hanwoo black; Br, Hanwoo brindle; H, Hanwoo brown; M, marker.

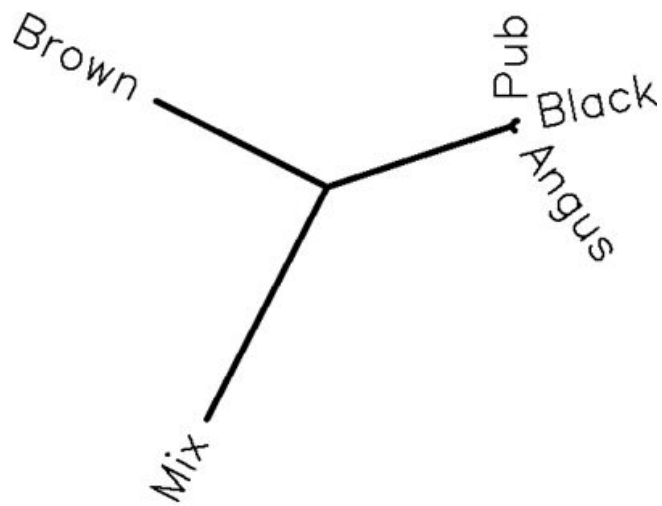


Figure 4-9. Dendograms for from gene sequence of MC1R

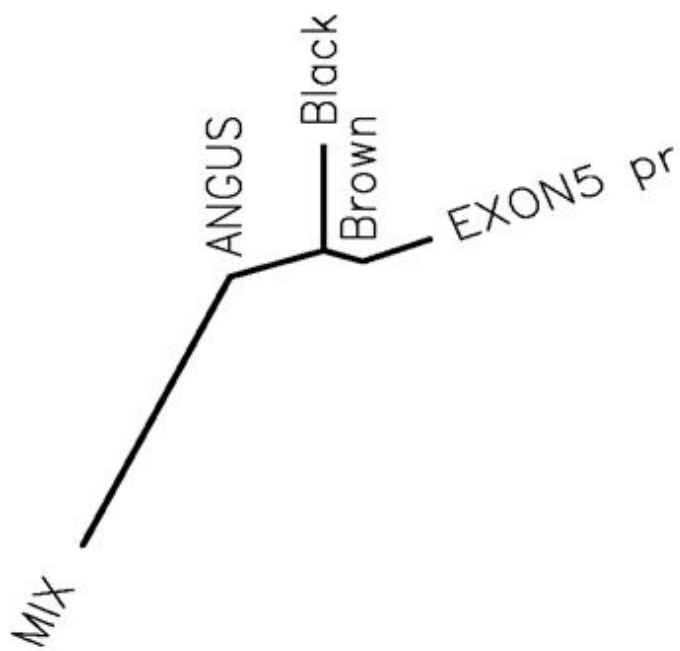


Figure 4-10. Dendograms for from gene sequence of Tyr-1

## 2. 한우품종별 색소세포특성 및 발달분화 특성구명

### 가. 세포특성

한우의 비경으로부터 취한 세포는 2% FBS를 포함한 배양액에서 7일과 14일 배양으로 fibroblast와 keratinocytes는 죽어가고 melanocytes만 선택적으로 성장하였다. Figure 4-11은 색소세포의 발달분화 특성을 나타내고 있다. 일반적인 피부 세포의 모양(A)으로 2% FBS 배양액에서 14일째에 초기 세포에서 각자 높은 dendricity와 dendrites를 보이고 있으며(x100), 세포가 밀집되었을 때 성장하는 모양(B)으로 5% 농도에서의 배양에 의해 1<sup>st</sup> passage cell가 성숙, 높은 dendricity 그리고 약간의 melanin의 축적을 보이고 있다(x200). 과밀하여 성장할 때의 대부분 나뉜 세포들(C)과 21일 동안 배양된 세포로 멜라닌 축적 (검은 반점)과 멜라닌 독성으로 죽어가는 세포 모양(D)이 관찰되었다. 본 연구에서 멜라닌형성은 cholera toxin의 추가없이 성장하였지만 그 성장은 매우 늦은 속도였다 (Figure 4-11-A). 그래서 확산 속도 증가를 위한 horse serum의 사용은 첫 번째 passage에서 2.5% fetal bovine serum과 함께 15%의 농도로 이용되었다(Figure 4-11-B). 세포는 액체질소에서 48시간 보존 후 쉽게 성장할 수 있지만 72시간 또는 그 후 성장속도는 매우 느리다.

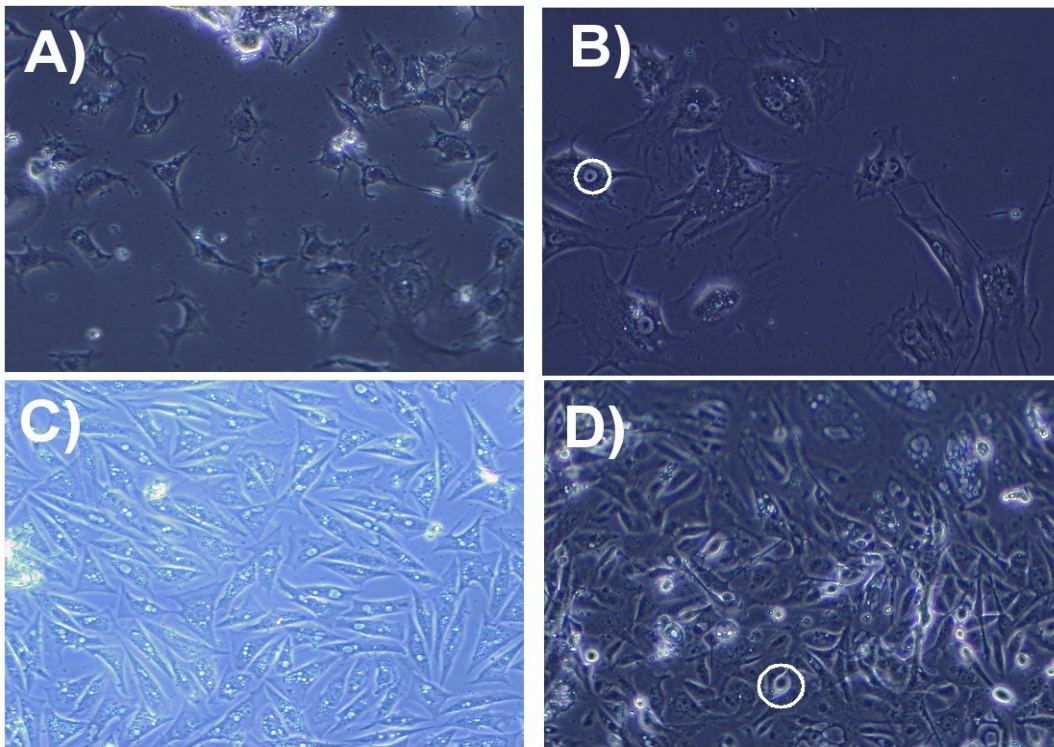


Figure 4-11. Melanocyte isolated from Hanwoo muzzle. A, C, and D are 100x magnification but B is 100x magnification.

## 나. 멜라닌 특성

국내의 재래소는 황색, 흑색, 혼합색 3가지의 표현형이 있다. 본 연구는 세 가지 표현형 소가 색소의 전환에 반응하는지 알아보려고 하였다. 세 표현형 품종의 색소 세포는 도축된 동물의 비경으로부터 배양되었고 색소 효과에 대해 알려져 있는 물질을 이용하였다. 총 멜라닌은 모든 처리 그룹에서 증가하는데 반하여 eumelanin의 cystein 처리에서는 흑우와 칩소에서 감소하였고 한우에서는 약간 증가하였다(Table 4-7).  $\alpha$ -MSH와 NO 모두 한우에서 증가하였으나 다른 표현형에서는 A650/A500 nm의 값이 모든 표현형에서 eumelanogenesis으로 변화를 시사하는 음의 영향이 있었다.  $\alpha$ -MSH만 dendrocytic morphology가 증가하였고 멜라닌형성은 증가하지 않았다. 소에 관한 본 연구 또한 비슷한 결과가 나타났다. NO는 모든 세포에서 멜라닌 형성을 증가시키는 것으로 나타났으며 L-cystein은 혼합된 결과가 나타났으나 명확한 결과를 도출할 수 없었다. 색소의 전환은 알려진 물질의 사용에 의해 가능하며 eumelanin 함량은 NO 처리와 함께 더 증가하였다.  $\alpha$ -MSH와 L-cysteine의 처리는 명확한 결론을 내리는데 부족하여 더 많은 연구가 요구된다.

Table 4-7. Total and eumelanine contents and their ratio in melanocytes for Black, Brindle and Brown Hanwoo treated with L-cystein,  $\alpha$ -MSH and NO

		Coat color			Av.SE	F-value
		Black	Brindle	Brown		
Control	Total melanine	23.0aB	21.6abB	19.2 bB	0.806	5.84*
	Eumelanine	20.0aA	18.6aA	5.5bB	2.241	12.76**
	Ratio	0.309aA B	0.298aB	0.153bB	0.007	167.96***
L-Cystein	Total melanine	26.7aB	24.0aB	27.1aA	1.745	0.94
	Eumelanine	7.7bB	21.7aA	10.1bA	3.605	4.29*
	Ratio	0.314aA B	0.275aC	0.270aA	0.014	2.82
$\alpha$ -MSH	Total melanine	38.7aA	44.8aA	23.0bB	2.194	26.35**
	Eumelanine	12.2aAB	13.9aA	13.8aA	2.379	0.17
	Ratio	0.288ab B	0.317aAB	0.282bA	0.010	3.47
NO	Total melanine	39.2aA	42.7aA	22.1bB	1.872	34.67***
	Eumelanine	18.5aA	14.9aA	12.1aA	2.345	1.89
	Ratio	0.329aA	0.323aA	0.176bB	0.008	116.99***
					df	2

ab means bearing a same letter within each raw did not significantly differ( $p>0.05$ )

AB means bearing a same letter within each column did not significantly differ( $p>0.05$ ).

## 다. mRNA 발현

소 모색은 pheomelanin (reddish-yellow 색소)와 eumelanin (black 색소)의 비율과 축적에 의해 좌우된다. 그리고 tyrosinase (Tyr), melanocortin 1- receptor (MC1R)과 tyrosinase related proteins (e.g., Tyrp 1 and Tyrp 2)의 발현과 활성화에 의해 유의적으로 결정되었다. 본 연구는 semi-qualitative RT-PCR에 의해 Tyr, MC1R, Tyrp 1 Tyrp 2의 수준에서 멜라닌과 같은 색소 축적을 전환 유도의 영향으로 이러한 유전자 수준의 표현을 식별하는 것을 시도하였다. 2nd passaged 세포는 pheomelanin과 관련된 eumelanin과 L-cysteine의 형성을 유도하는 세 가지의 다른 처리 ( $\alpha$ -MSH, nitric oxide donor)에 지배된다.  $\alpha$ -MSH과 SNP의 양은 각각 100 nM과 50  $\mu$ M이다. L-cysteine은 0.07 mg/ml의 배양액에 첨가되었다.  $\alpha$ -MSH 처리를 한 배양액은 bovine pituitary extract (BPE) 없이 이용되었고 12시간 배양동안 처리하였다. Nitric oxide 처리에서, sodium nitroprusside (SNP)는 기증자처럼 이용되었고 세포는 24시간 배양동안 처리되었다. L-Cysteine 처리는 배양 12시간 후에 Dulbecco's (cysteine negative) media에서 이루어졌다. 대조구의 기본 배양액은 24시간 후 교체되었다. Tyrp 1은 nitric oxide와  $\alpha$ -MSH 처리구의 한우에 대단한 감소된 반면 L-cystein 처리구는 모든 표현형의 Tyr, Tyrp 2 그리고 MC1R을 침체시켰다.

Table 4-8. mRNA Expression of MC1R, Try1, Try2 and Try genes in melanocytes for Black, Brindle and Brown Hanwoo treated with L-cystein,  $\alpha$ -MSH and NO

		Coat color			Av.SE	F-value
		Black	Brindle	Brown		
Control	MC1R	4736aA	5242aA	5282Aa	752.1	0.16
	Try1	6116aA	6081aA	6328aA	356.2	0.14
	Try	4380aB	4413aB	4323aA	1037.9	0
	Tyr2	4589aA	5462aA	4405aA	965.9	0.34
Cystein	MC1R	2899aB	2988aB	3186aB	268.1	0.3
	Try1	6634aA	6260aA	6388aA	423.8	0.2
	Try	1635aC	1426aC	1706aB	93.2	2.45
	Tyr2	1745aB	2364aB	2407aB	493.5	0.56
$\alpha$ -MSH	MC1R	5821aA	5630aA	5812Aa	350.6	0.09
	Try1	5953aA	5842aA	5457aA	320.4	0.66
	Try	5261aAB	4920aAB	4934aA	641.7	0.09
	Tyr2	6110a	6099aA	5772aA	163.2	1.38
NO	MC1R	5988aA	6398aA	5148aA	518.2	1.51
	Try1	6178aA	6194aA	5712aA	233.7	1.37
	Try	6423abA	6730aA	5723bA	233.7	4.7*
	Tyr2	5844aA	5936aA	5107aA	603.7	0.57
					df	2

ab means bearing a same letter within each row did not significantly differ ( $p > 0.05$ )

AB means bearing a same letter within each column did not significantly differ ( $p > 0.05$ ).

#### 라. Confocal microscopy

공초점 현미경은 세포 배양 분포에서 죽은 세포를 추정하는데 유용한 강력한 도구이다. 한우 비경으로부터 채취된 melanocyte는 그들이 받는 자극에 의하여 멜라닌 색소의 생산을 증가한다. 천연의 색소는 호르몬이나 UV-rays, 그리고 유전학적 동물에 형성의해 영향을 받는다. 죽은 세포는 처리그룹(Table 4-9)과 대조구를 비교했을 때 높게 나타났다 (Figure 4-12). 죽은 세포의 수는 배양기간 동안 증가하였다. Melanocyte의 죽음은 멜라닌의 축적이라 보고한 Nordluud et al. (2006)과 일치하였다. 결론적으로, 공초점 현미경에 의한 배양된 melanocyte의 색소 전환의 영향에 대해 연구한 결과 세포의 모든 처리들은 대조구와 비교하였을 때 더 유용적이었다.



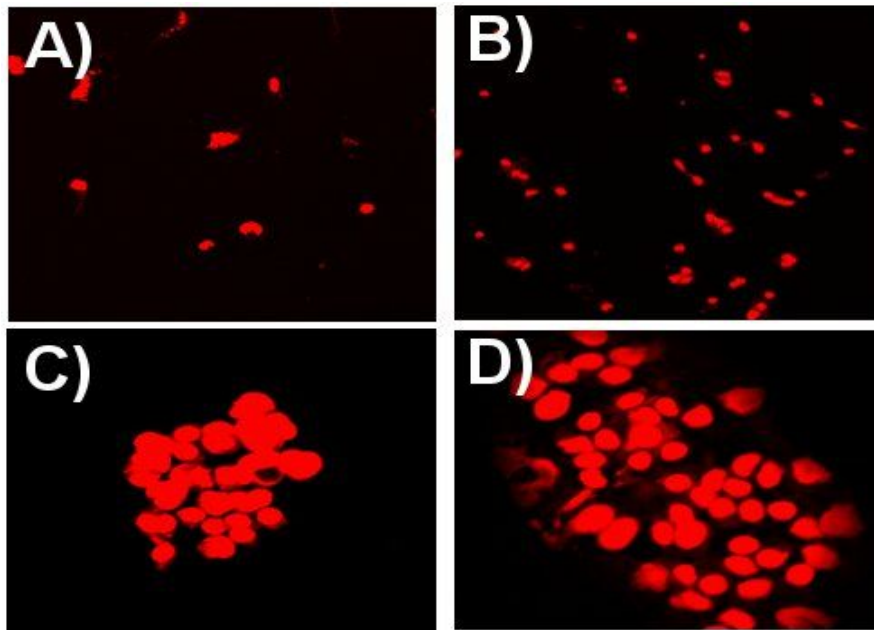


Figure 4-12. Representative figures melanocytes treated with  $\alpha$ -MSH. Cells were observed by a confocal microscopy with PI staining, showing dead cells at different time intervals at 24, 48, 72 and 96 hours of incubation for A) (x200), B)(x200), C)( x 400) and D) ( x 400), respectively.

Table 4-9. Number of dead cell assessed by confocal microscopy after PI staining

	Incubation time (hour)				Av.SE	F-value
	24	48	72	96		
Control	43.3bA	32.1cD	30.0cD	51.6aD	1.902	28.07***
L-Cystein	28.9cB	37.1bC	36.8bC	72.0aC	0.638	909.48***
e						
NO	38.1cA	43.8bB	44.2bB	88.2aB	1.720	182.97***
$\alpha$ -MSH	40.8dA	60.0cA	71.1bA	119.4aA	1.633	420.98***
	df				3	

ab means bearing a same letter within each raw did not significantly differ( $p>0.05$ )

AB means bearing a same letter within each column did not significantly differ( $p>0.05$ ).

## 마. 효소활성 특성

소의 모색은 melanogenic 단백질의 활성화에 의존하며 더 중요한 것들은 tyrosinase (TYR), melanocortin 1- receptor (MC1R), microphthalmia transcription factor (MITF) 그리고 tyrosinase related proteins (TYRP1 & 2)이다. 한우는 세가지 다른 표현형 (황갈색, 흑색, 혼합색)을 나타내며, 본 연구에서 다른 표현형으로부터 배양을 위해 melanocyte를 이용하여 전환 유도와 면역학적 방법에 의해 TYR, MC1R, MITF 그리고 TYRP1의 발현 수준을 알아보려고 하였다. 세 가지 표현형의 품종을 면역학적 분석에 의해 단백질 발현정도를 알아본 결과 (Figure 4-13) Tyrosinase, TYRP-1, 그리고 MC1R에서는 모든 표현형에서 발현이 되었으나 TYRP-2의 경우 흑우에서만 약하게 발현이 되었다. 각각의 단백질 발현의 유무를 알 수 있는 정성적 방법에 의해 정확한 발현량의 차이는 분석하지 못하였으나 모든 표현형에서 발현된 Tyrosinase, TYRP-1, MC1R는 품종에 따라 미미하지만 육안으로 식별 가능한 차이를 나타내었고 이는 TYR, MC1R 그리고 TYRP1 단백질 발현은 색소 멜라닌의 eumelanin 구성과 관련이 있다고 사료된다.

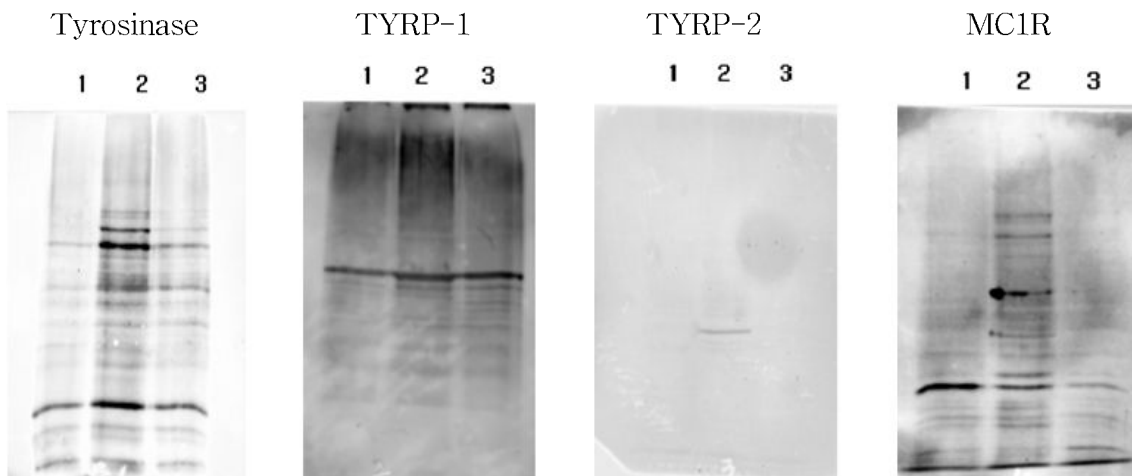


Figure 4-13. Representative figures showing western blotting results between difference breed (1: Brown; 2: Black; 3: Brindle)

### 3. 한우 품종별 모색발현 연관 단백질 특성연구

#### 가. 색소세포 단백질의 1차 전기영동

한우 품종별 모색발현 연관 단백질 특성 연구를 위하여 각 품종의 비경으로부터 배양한 색소 세포로부터 단백질을 추출하여 12.5% SDS-PAGE에 200 V로 45분 동안 분리되었고 Figure 4-14는 분리된 단백질을 silver stain 방법에 의해 염색되어 이미지화 된 결과이다. 색소 세포로부터 추출된 단백질을 분리한 결과 품종에 따른 분리양상이 육안으로 미세한 차이가 관찰되었으나 민감한 염색법에 의해 낮은 농도의 단백질까지 염색되어 이미지 상으로 쉽게 관찰할 수 없었다.

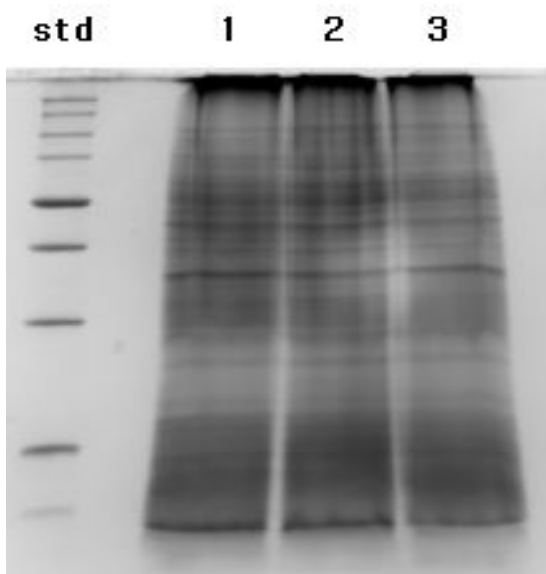


Figure 4-14. Separated by 12.5 % SDS-PAGE melanocyte cell protein (1: Brown 2: Black 3: Brindle)

#### 나. 색소세포 단백질의 세부 단백질 분리 특성

한우, 흑소, 칩소의 색소세포 단백질의 세부적인 단백질 분리 형태를 관찰하기 위하여 2차 전기영동을 실시한 뒤 coomassie brilliant blue G-250에 의해 염색되어 영상분석 프로그램을 이용하여 영상화한 결과이다(Figure 4-15, 4-16, 4-17). 단백질 고유의 등전점과 분자량에 의해 분리된 단백질 spot들은 DE 영상분석 프로그램 (PDQuest, Bio-Rad lab, USA)을 통하여 영상 및 통계분석을 실시하였고 분석된 색소세포 단백질 spot 수와 한우 색소세포 단백질을 기준으로 하여 각 흑소와 칩소의 색소세포 단백질과 match된 spot 비율을 표로 나타내었다 (Table 4-10). 한우의 경우 흑우나 칩소보다 많은 단백질 spot들이 발현되었고 이를 한우를 기준으로

흑우와 칩소의 match정도를 분석한 결과 두 품종 모두 62%로 같은 match 정도를 나타내었다. Table 11은 한우와 흑소의 색소세포 단백질 발현량이 3배 이상 차이 나는 spot 분석 결과로 10개의 spot이 차이를 나타냈고 table 12는 한우와 칩소 색소세포 단백질 발현량이 3배 이상 차이 나는 spot 분석 결과표로 21개의 spot이 차이를 나타내었다. 흑소와 칩소의 색소세포 단백질 발현량이 3배 이상 차이 나는 spot 분석 결과 13개의 spot이 차이를 나타냈다 (Table 4-13). 한우 색소세포에는 존재하지만 흑우 색소세포에는 존재하지 않은 단백질 분석 결과 168개의 spot이 차이를 나타냈고 (Table 4-14) 한우 색소세포에는 존재하지만 칩소 색소세포에는 존재하지 않은 단백질은 135개의 spot(Table 4-15), 흑우 색소세포에는 존재하지만 칩소 색소세포에는 존재하지 않은 단백질 분석 결과 45개의 spot(Table 4-16), 칩소 색소세포에는 존재하지만 흑우 색소세포에는 존재하지 않은 단백질 분석 결과 81개의 spot이 차이를 나타내었다 (Table 17). 정량적 분석에 의한 품종별 차이는 10-21개 정도의 spot들이 차이를 나타내었으나 정성적 분석에서는 한우와 흑우 또는 칩소와의 분석에서 100여개가 넘는 단백질이 한우에서만 발현이 되었으며 흑우 또는 칩소의 비교 분석 결과 45-80 여개의 단백질 발현에 차이를 나타내었다. 이들 중 눈에 띄는 차이가 나타난 단백질을 선별하여 동정하였다.

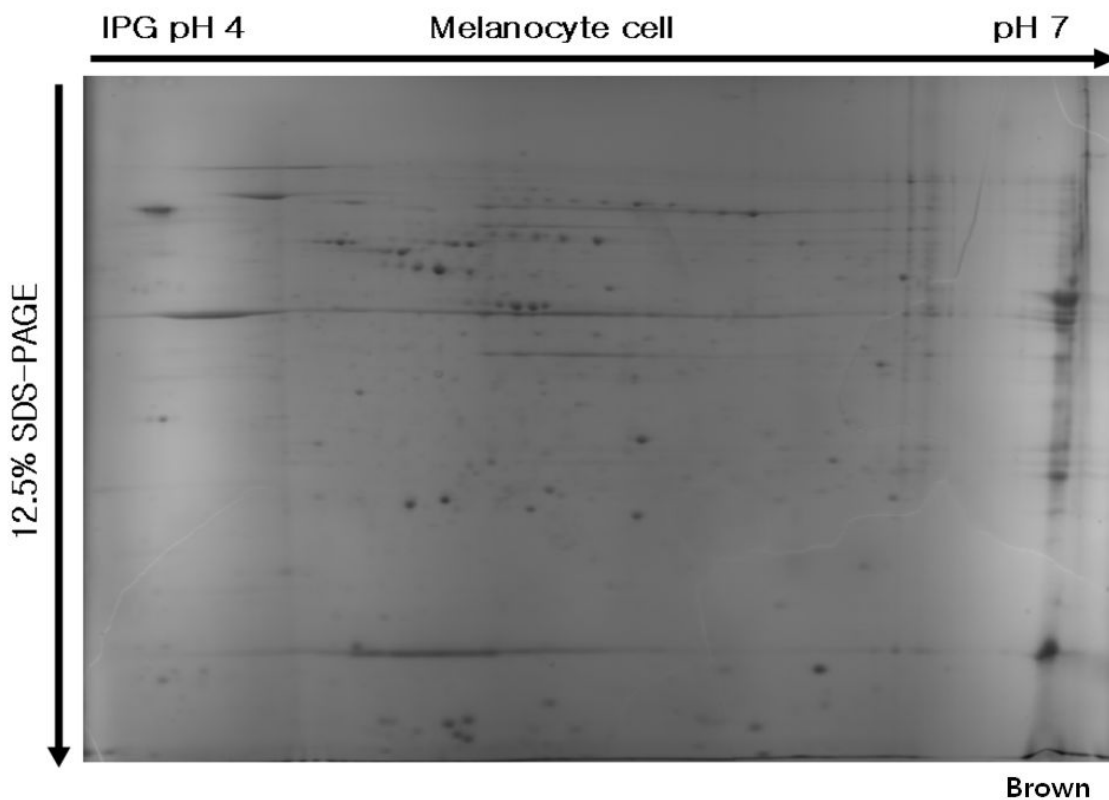


Figure 4-15. 2차 전기영동에 의해 분리된 Brown 색소세포 단백질.

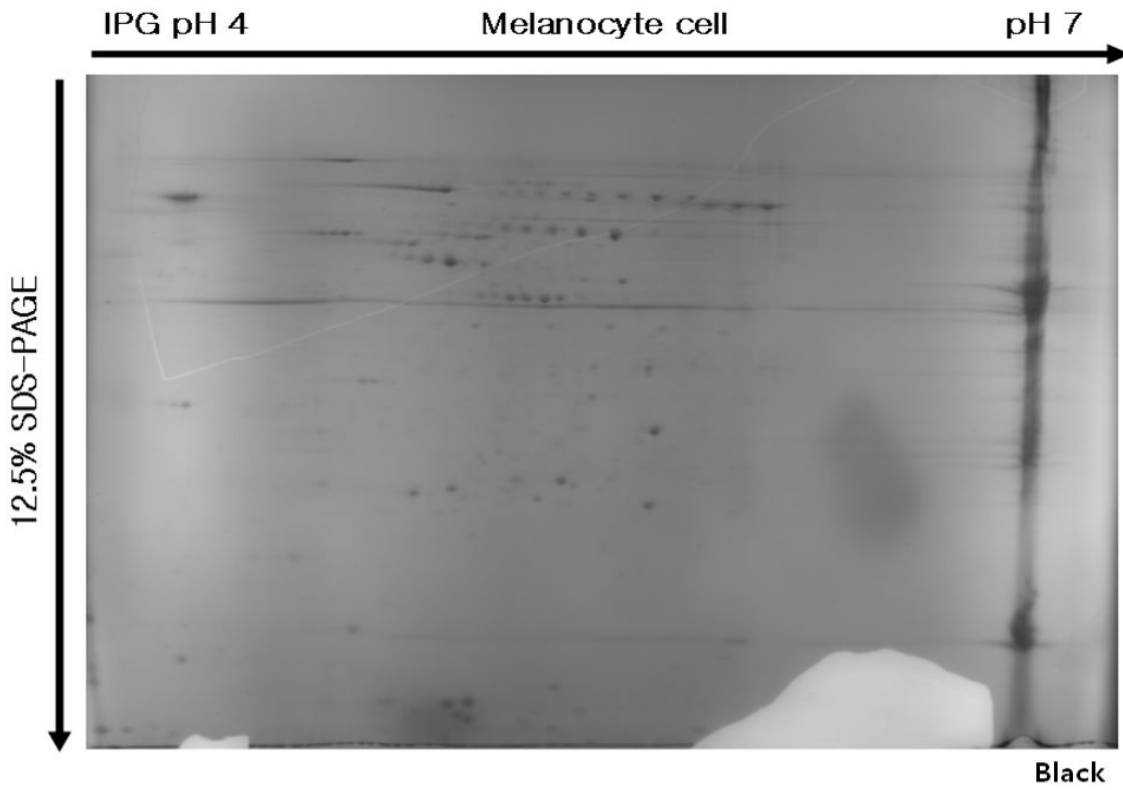


Figure 4-16. 2차 전기영동에 의해 분리된 Black 색소세포 단백질.

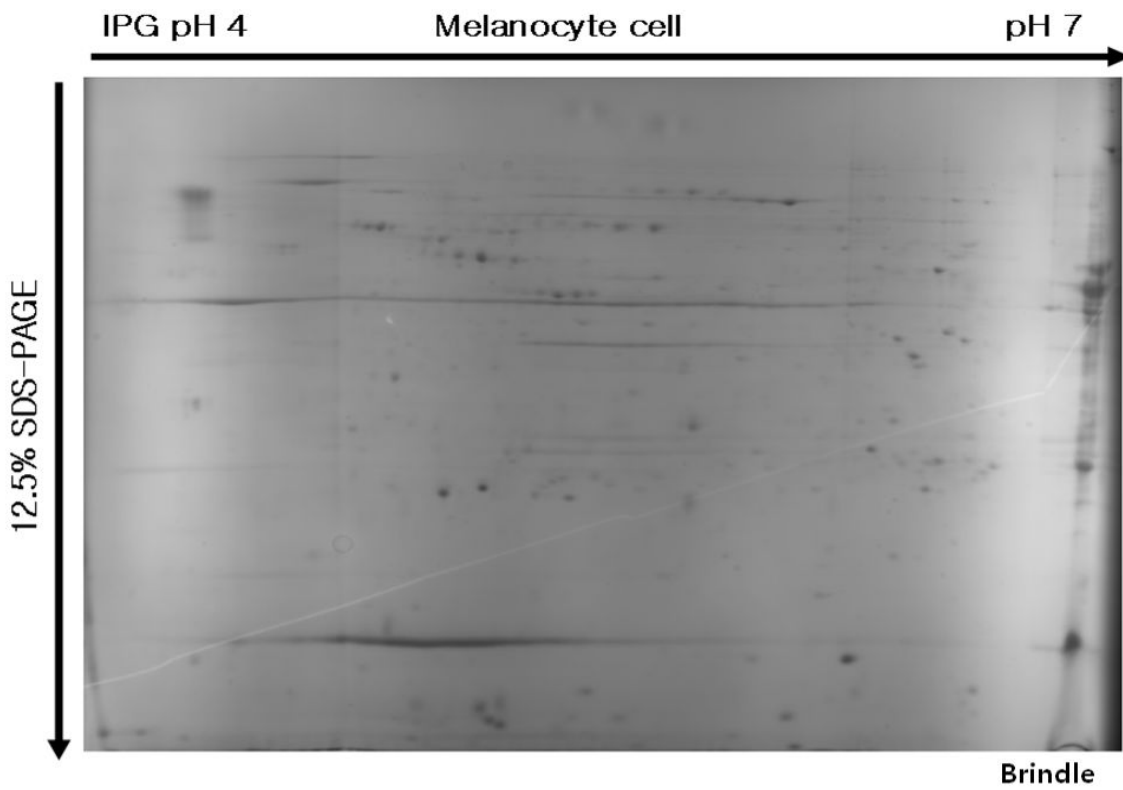


Figure 4-17. 2차 전기영동에 의해 분리된 Brindle 색소세포 단백질.

Table 4-10. 2차 전기영동에 의해 분리된 단백질 spot 수와 match된 spots

Group	Spots	Matched	Match Rate
Brown	375	375	100%
Black	237	147	62%
Bridle	294	183	62%

Table 4-11. Brown과 Black 색소세포 단백질 발현량이 3배 이상 차이나는 spots과 density

Spot No.	Density		
	Brown	Black	Brindle
4	586933.7	118043	123295.9
1212	17805.2	3612.6	10980.5
1605	15994.5	54011.5	31948.4
3703	47383.3	8040.9	.
3804	6477.1	19761.1	5983.3
4704	11970.5	41363.9	12012
5603	3270.2	11844.8	.
5704	3293.2	13694.1	.
6105	16899.3	3326.4	22089.7
7104	15599.5	912313.4	.

Table 4-12. Brown과 Brindle 색소세포 단백질 발현량이 3배 이상 차이나는 spots과 density

Spot No.	density		
	Brown	Black	Brindle
4	586933.7	118043	123295.9
1001	17553.8	7737.6	75528.9
1304	13518.4	.	3548.4
1309	2593.2	3783.5	8685.2
2612	30626.4	21700.5	8096.8
3209	3041.8	.	15146.5
3520	1262.4	.	5442.4
3601	58549.2	34118.4	12769.9
3701	8087.9	18899.1	1699.6
4722	16839.6	33674.4	3045.9
5202	5319.2	.	19439.4
6311	8977.2	.	32966.6
7209	4001.1	.	44292.7
7403	5904.8	.	44448.6
7503	14218.4	.	64892.5
7507	41441.2	.	8634.2
7509	55440	.	9613.4
7522	6516.6	.	19796
7601	15332	.	3528.6
7602	16063.4	.	2605.4
7704	3081.7	.	21650.8
7802	32693.3	.	5665.5

Table 4-13. Black과 Brindle 색소세포 단백질 발현량이 3배 이상 차이나는 spots과 density

Spot No.	Density		
	Brown	Black	Brindle
1001	17553.8	7737.6	75528.9
1212	17805.2	3612.6	10980.5
3205	25702.4	10103	30507.1
3212	40232.8	57676.8	16837.5
3401	11431.2	16857.8	4788.6
3502	22232.6	36787.2	10303.6
3608	30190.6	56223.1	14198
3701	8087.9	18899.1	1699.6
3804	6477.1	19761.1	5983.3
4704	11970.5	41363.9	12012
4722	16839.6	33674.4	3045.9
5006	13915.6	6203.5	22282.5
6105	16899.3	3326.4	22089.7

Table 4-14. Brown 색소세포에는 존재하지만 Black 색소세포에는 존재하지 않는 spots과 density

Spot No.	Density		
	Brown	Black	Brindle
12	13992.7	.	22467.6
14	9865.8	.	.
114	5920.8	.	.
402	4795.8	.	.
507	6090.4	.	.
705	132121.4	.	.
1211	6329	.	.
1214	4476.5	.	5206.2
1301	5863.4	.	.
1302	5251.6	.	.
1303	6008.9	.	.
1304	13518.4	.	3548.4
1305	5615.6	.	.
1401	5469.9	.	.
1402	5654.6	.	.
1403	7189.6	.	.
1404	5815.3	.	.
1406	6646.3	.	.
1501	153867.1	.	.
1504	5122.3	.	.

1505	6693.4	.	.
1507	4567.6	.	.
1509	5999	.	.
1512	35699.6	.	31735.6
1601	6794.7	.	15806.5
1602	6121.5	.	12395.7
1603	13097.4	.	.
1709	5756.4	.	8285.1
1804	231784.6	.	.
2005	4866.5	.	7057.4
2101	75637	.	.
2103	93621.8	.	.
2104	11647.2	.	10407.7
2201	6936.7	.	.
2305	9657.7	.	.
2306	5572.1	.	4724.9
2309	4595.5	.	.
2405	7082.6	.	.
2510	5243.9	.	.
2513	4952.6	.	.
2605	10641.5	.	.
2609	28412.1	.	.
2710	49946	.	33352
3208	4101.6	.	.
3402	3998	.	6755.5
3403	33874.5	.	26746.8
3405	44580.1	.	.
<hr/>			
3505	5782.4	.	3624
3508	102284.1	.	.
3514	81067.6	.	.
3517	21285.4	.	.
4002	4667.6	.	.
4102	7399.9	.	.
4105	5280.9	.	.
4107	9409.1	.	13118.1
4202	3959.1	.	.
4405	4438.4	.	.
4511	4394.4	.	9799.5
4601	4404	.	.
5002	10048.8	.	13125.9
5008	52000.9	.	55394.1
5009	68427.7	.	60222.1
5102	15980.9	.	23978.8
5202	5319.2	.	19439.4
5203	4968.7	.	.
5204	11565.2	.	15221.4
5303	9894.9	.	.
5304	9236.7	.	7016.8
5519	7745.3	.	.
5520	5906.5	.	.



5604	4813.5	.	3831.2
5605	12472.1	.	17761.3
5606	20356.2	.	22937.1
5608	5024.4	.	12309.4
5901	5273.2	.	.
6001	133116.8	.	124174
6002	13888.9	.	.
6005	6862.2	.	.
6103	6339.7	.	.
6106	13927.1	.	12068.6
6107	28830.4	.	.
6201	10460.5	.	.
6202	31752	.	53198.3
6203	5879.4	.	.
6207	9608.1	.	17346.7
6213	35845	.	46320.3
6301	4955.5	.	8977.3
6303	10297.6	.	11250.5
6307	45133.2	.	63072.9
6311	8977.2	.	32966.6
6313	12433.3	.	.
6403	13162.3	.	38951.7
6504	9734.8	.	15348.2
6507	5268.2	.	6307.6
6512	54333.5	.	.
6603	4041.6	.	4885.6
6605	4480.6	.	3891.3
6606	7816	.	7291.8
6607	4281.9	.	.
6711	11048.2	.	.
6713	8979.9	.	10405.6
6811	10147.7	.	.
6901	4835.1	.	.
7003	7370.6	.	.
7101	38014.2	.	.
7201	26507	.	59014.8
7202	6081.4	.	12704.3
7207	8193.4	.	.
7208	13109.1	.	9051.1
7209	4001.1	.	44292.7
7301	11872.3	.	.
7302	11671.4	.	.
7303	23975.9	.	.
7305	12511.8	.	.
7401	8289.1	.	.
7402	8920.4	.	.
7403	5904.8	.	44448.6
7405	32808.9	.	49565.4
7406	8638.4	.	8822.5
7501	33354.2	.	.

7503	14218.4	.	64892.5
7505	16305.8	.	18565.8
7507	41441.2	.	8634.2
7508	26828.3	.	.
7509	55440	.	9613.4
7511	49066.6	.	.
7514	15068.2	.	6177.9
7518	12121.4	.	6796.8
7521	8088.6	.	.
7522	6516.6	.	19796
7523	29715	.	64199.5
7524	9285	.	.
7601	15332	.	3528.6
7602	16063.4	.	2605.4
7603	11395.9	.	.
7604	4478.4	.	8940.5
7606	25236.8	.	27507.5
7607	19711.7	.	.
7610	7235.3	.	8929
7701	22823.9	.	11135.9
7702	15561.6	.	.
7703	27465.1	.	.
7705	11960.4	.	8357.1
7706	25267.7	.	.
7707	21224	.	.
7801	22505.6	.	.
7802	32693.3	.	5665.5
7804	7411.8	.	3854.7
7805	13153.9	.	.
7806	23810.4	.	.
7807	12554.5	.	.
7808	11931.7	.	.
7810	7807.7	.	.
8102	1149488	.	668443.9
8110	35523.9	.	.
8201	95466.8	.	.
8206	568114.1	.	419331.1
8403	269250.3	.	.
8404	242729.4	.	196163.7
8406	186130.8	.	.
8407	124224.9	.	.
8408	96005.1	.	.
8409	70989.2	.	.
8505	890813.3	.	.
8506	96118.6	.	.
8507	123518.8	.	.
8508	135223.9	.	.
9107	12592.2	.	.

Table 4-15. Brown 색소세포에는 존재하지만 Brindle 색소세포에는 존재하지 않는 spots과 density

Spot No.	Density		
	Brown	Black	Brindle
14	9865.8	.	.
114	5920.8	.	.
122	7794.3	5462.1	.
124	11255.2	6661.8	.
307	7012.9	8687.2	.
402	4795.8	.	.
507	6090.4	.	.
705	132121.4	.	.
1211	6329	.	.
1213	12272.9	13221	.
1301	5863.4	.	.
1302	5251.6	.	.
1303	6008.9	.	.
1305	5615.6	.	.
1306	9082.7	6843.5	.
1401	5469.9	.	.
1402	5654.6	.	.
1403	7189.6	.	.
1404	5815.3	.	.
1406	6646.3	.	.
1501	153867.1	.	.
1504	5122.3	.	.
1505	6693.4	.	.
1507	4567.6	.	.
1509	5999	.	.
1603	13097.4	.	.
1804	231784.6	.	.
2008	15385	21319.4	.
2101	75637	.	.
2103	93621.8	.	.
2107	3999	5453.1	.
2201	6936.7	.	.
2305	9657.7	.	.
2309	4595.5	.	.
2405	7082.6	.	.
2502	4717.1	2155.8	.
2510	5243.9	.	.
2513	4952.6	.	.
2605	10641.5	.	.
2609	28412.1	.	.
2611	6849	13540.9	.
2701	6874	2773.2	.
2704	3960.2	4519.3	.
3009	6501.7	2496.5	.
3201	10795.4	11688.9	.

3208	4101.6	.	.
3211	7641.2	4513.2	.
3303	4859.1	2546.8	.
3305	8322.8	4198.3	.
3306	5886.5	3431.3	.
3405	44580.1	.	.
3508	102284.1	.	.
3511	5345.4	8298.6	.
3514	81067.6	.	.
3516	13380.2	7343.4	.
3517	21285.4	.	.
3606	6930.7	3778.6	.
3703	47383.3	8040.9	.
3707	26354.1	13480.6	.
3711	11378.8	31892.4	.
3805	4977.8	9168.1	.
3810	8303.6	16645.4	.
3811	7004.1	9089.9	.
4002	4667.6	.	.
4102	7399.9	.	.
4105	5280.9	.	.
4202	3959.1	.	.
4206	9281.2	8908.6	.
4304	6943.5	11519.9	.
4306	5991.5	8703.5	.
4308	13498.4	32061.2	.
4405	4438.4	.	.
4408	9181.5	14850	.
4501	8329	11876.4	.
4502	7759.5	14825.8	.
4507	5009.2	4326.2	.
<hr/>			
4601	4404	.	.
4604	4691.8	7161.5	.
5203	4968.7	.	.
5303	9894.9	.	.
5404	5242.1	11659.9	.
5519	7745.3	.	.
5520	5906.5	.	.
5901	5273.2	.	.
6002	13888.9	.	.
6005	6862.2	.	.
6103	6339.7	.	.
6107	28830.4	.	.
6201	10460.5	.	.
6203	5879.4	.	.
6313	12433.3	.	.
6512	54333.5	.	.
6607	4281.9	.	.
6711	11048.2	.	.
6811	10147.7	.	.

6901	4835.1	.	.
7003	7370.6	.	.
7101	38014.2	.	.
7104	15599.5	912313.4	.
7207	8193.4	.	.
7301	11872.3	.	.
7302	11671.4	.	.
7303	23975.9	.	.
7305	12511.8	.	.
7401	8289.1	.	.
7402	8920.4	.	.
7501	33354.2	.	.
7508	26828.3	.	.
7511	49066.6	.	.
7521	8088.6	.	.
7524	9285	.	.
7603	11395.9	.	.
7607	19711.7	.	.
7702	15561.6	.	.
7703	27465.1	.	.
7706	25267.7	.	.
7707	21224	.	.
<hr/>			
7801	22505.6	.	.
7805	13153.9	.	.
7806	23810.4	.	.
7807	12554.5	.	.
7808	11931.7	.	.
7810	7807.7	.	.
8110	35523.9	.	.
8201	95466.8	.	.
8403	269250.3	.	.
8406	186130.8	.	.
8407	124224.9	.	.
8408	96005.1	.	.
8409	70989.2	.	.
8505	890813.3	.	.
8506	96118.6	.	.
8507	123518.8	.	.
8508	135223.9	.	.
9107	12592.2	.	.
<hr/>			

Table 4-16. Black 색소세포에는 존재하지만 Brindle 색소세포에는 존재하지 않는 spots과 density

Spot No.	Density		
	Brown	Black	Brindle
122	7794.3	5462.1	.
124	11255.2	6661.8	.
307	7012.9	8687.2	.
1213	12272.9	13221	.
1306	9082.7	6843.5	.
1407	3346.4	4061.7	.
2008	15385	21319.4	.
2107	3999	5453.1	.
2406	2852.7	4334.3	.
2611	6849	13540.9	.
2701	6874	2773.2	.
2704	3960.2	4519.3	.
2709	3042.9	5577.4	.
3201	10795.4	11688.9	.
3202	3938.2	4198.6	.
3211	7641.2	4513.2	.
3304	3184.8	4026.5	.
3305	8322.8	4198.3	.
3306	5886.5	3431.3	.
3511	5345.4	8298.6	.
3516	13380.2	7343.4	.
3606	6930.7	3778.6	.
3703	47383.3	8040.9	.
3707	26354.1	13480.6	.
3711	11378.8	31892.4	.
3805	4977.8	9168.1	.
3807	2487.3	2730.6	.
3810	8303.6	16645.4	.
3811	7004.1	9089.9	.
4206	9281.2	8908.6	.
4304	6943.5	11519.9	.
4306	5991.5	8703.5	.
4308	13498.4	32061.2	.
4408	9181.5	14850	.
4501	8329	11876.4	.
4502	7759.5	14825.8	.
4507	5009.2	4326.2	.
4514	1786.1	3104.8	.
4604	4691.8	7161.5	.
5404	5242.1	11659.9	.
5507	3056.4	3892.3	.
5602	3079.3	7901.9	.
5603	3270.2	11844.8	.
5704	3293.2	13694.1	.
7104	15599.5	912313.4	.

Table 4-17. Brindle 색소세포에는 존재하지만 Black 색소세포에는 존재하지 않는 spots과 density

Spot No.	Density		
	Brown	Black	Brindle
12	13992.7	.	22467.6
302	3496.9	.	3477.9
1214	4476.5	.	5206.2
1304	13518.4	.	3548.4
1512	35699.6	.	31735.6
1601	6794.7	.	15806.5
1602	6121.5	.	12395.7
1709	5756.4	.	8285.1
1710	3295.9	.	3369.3
2005	4866.5	.	7057.4
2104	11647.2	.	10407.7
2306	5572.1	.	4724.9
2710	49946	.	33352
3209	3041.8	.	15146.5
3402	3998	.	6755.5
3403	33874.5	.	26746.8
3505	5782.4	.	3624
3506	3271.2	.	7047.6
3518	2773.3	.	6501.4
3520	1262.4	.	5442.4
4107	9409.1	.	13118.1
4511	4394.4	.	9799.5
5002	10048.8	.	13125.9
5008	52000.9	.	55394.1
5009	68427.7	.	60222.1
5102	15980.9	.	23978.8
5202	5319.2	.	19439.4
5204	11565.2	.	15221.4
5304	9236.7	.	7016.8
5604	4813.5	.	3831.2
5605	12472.1	.	17761.3
5606	20356.2	.	22937.1
5608	5024.4	.	12309.4
5713	1820.5	.	4538.5
6001	133116.8	.	124174
6106	13927.1	.	12068.6
6202	31752	.	53198.3
6204	3484.6	.	3530.6
6207	9608.1	.	17346.7
6213	35845	.	46320.3
6301	4955.5	.	8977.3
6303	10297.6	.	11250.5
6307	45133.2	.	63072.9
6311	8977.2	.	32966.6
6403	13162.3	.	38951.7

6406	2765.7	.	4590.1
6501	2626.3	.	7845.9
6504	9734.8	.	15348.2
6507	5268.2	.	6307.6
6508	2381.8	.	5681.2
6603	4041.6	.	4885.6
6605	4480.6	.	3891.3
6606	7816	.	7291.8
6713	8979.9	.	10405.6
7201	26507	.	59014.8
7202	6081.4	.	12704.3
7208	13109.1	.	9051.1
7209	4001.1	.	44292.7
7403	5904.8	.	44448.6
7405	32808.9	.	49565.4
7406	8638.4	.	8822.5
7503	14218.4	.	64892.5
7505	16305.8	.	18565.8
7507	41441.2	.	8634.2
7509	55440	.	9613.4
7514	15068.2	.	6177.9
7518	12121.4	.	6796.8
7522	6516.6	.	19796
7523	29715	.	64199.5
7601	15332	.	3528.6
7604	4478.4	.	8940.5
7606	25236.8	.	27507.5
7610	7235.3	.	8929
7701	22823.9	.	11135.9
7704	3081.7	.	21650.8
7705	11960.4	.	8357.1
7802	32693.3	.	5665.5
7804	7411.8	.	3854.7
8102	1149488	.	668443.9
8206	568114.1	.	419331.1
8404	242729.4	.	196163.7

---



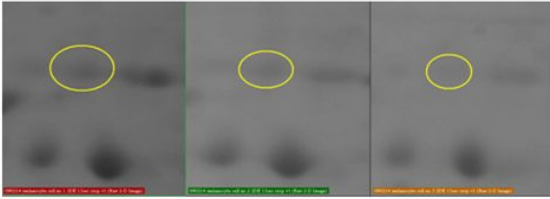
## 다. 색소세포 단백질의 대량 동정 결과

품종 간 색소 세포 단백질의 발현 차이를 proteome 방법을 통해 분석하였다. 더욱 세부적인 단백질 분리 형태를 관찰하기 위하여 단백질 성상의 변화에 대해 2차 전기영동을 실시한 뒤 영상분석 프로그램을 이용하여 양적, 질적인 관점에서 분석을 수행하여 선별된 spots의 MALDI-TOF 또는 LC-MS-MS에 의해 동정된 단백질들에 대한 결과이다. 품종 간 차이를 나타낸 단백질들 중 총 19개의 단백질이 유의적으로 영향을 받은 것으로 나타났다(Figure 4-18 and Table 4-18). 선별된 단백질 spot들은 figure 18에 품종에 따라 비교할 수 있도록 이미지화 하였고, 유의적 차이를 나타낸 총 19개의 단백질을 동정한 결과는 Table 18에 나타났다. 한우와 흑우 색소세포를 비교한 결과 1개(Homo sapiens p20 protein)의 단백질이 한우에 비해 흑우의 색소세포에서 발현이 낮았다. 3개의 단백질(alpha-tubulin, MTHSP75 포함)은 한우와 비교에서 칩소의 색소 세포 단백질의 발현이 유의적으로 낮게 나타났다. 흑우와 칩소의 비교한 결과 4개의 단백질(similar to Apolipoprotein A-I precursor, galactokinase, heatshockprotein65)이 농도가 높거나 낮았고, 6개의 단백질(cofilin2, phospholipase C-alpha, carbonic anhydrase III 포함)은 한우에는 존재하지만 흑우에는 존재하지 않았다. 한편 한우에는 존재하나 칩소에는 존재하지 않는 3개의 단백질(beta tubulin, MTHSP75)과 흑우에는 존재하지만 칩소에는 존재하지 않는 5개의 단백질(MTHSP75, Pdhb protein, mutantbeta-actin,alpha-tubulin)이 동정되었다. 5개의 시료(phosphoglycerate kinase, Alpha-aminoacidic semialdehyde dehydrogenase, Parkinsondiseaseprotein7, triosephosphateisomerase, similar to phosphoglycerate kinase 1 isoform 9 [Canis familiaris])는 칩소에는 존재하나 흑우에는 존재하지 않았다. 본 실험을 통해서 나타난 품종별 색소세포 단백질의 차이를 종합하면 각각 약 8개의 단백질에서 품종에 따라 발현 정도가 달랐으며, 21개의 단백질들은 품종에 따라 발현 특성이 달라 나타나지 않은 것으로 나타났다. 그 중 spot No. 3711, 3810, 4722는 동일 단백질로 밝혀졌으며 동일 단백질임을 나타내는 스펙트럼 결과는 다음과 같다 (Figure 4-19).



Spot No. 6105

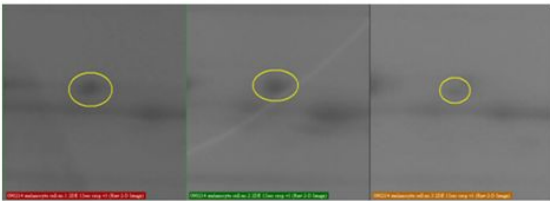
<Brown과 Black 색소세포 단백질의 농도가 3배 이상 차이는 spots>



Spot No. 2612



Spot No. 3601

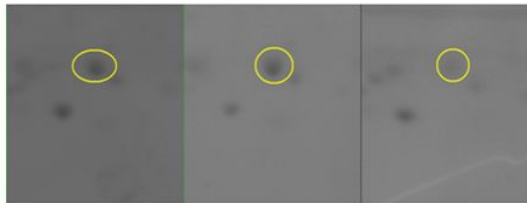


Spot No. 4722

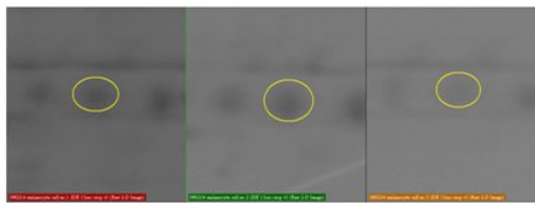
<Brown과 Brindle 색소세포 단백질의 농도가 3배 이상 차이는 spots>



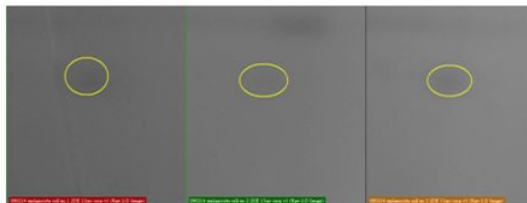
Spot No. 3212



Spot No. 3401

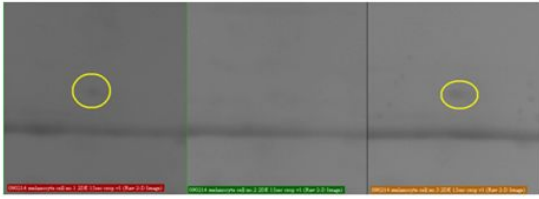


Spot No. 3608



Spot No. 5006

<Black과 Brindle 색소세포 단백질의 농도가 3배 이상 차이는 spots>



Spot No. 4511



Spot No. 5102



Spot No. 5606



Spot No. 5608



Spot No. 6107



Spot No. 6201

<Brown 색소세포 존재하지만 Black 색소세포 존재하지 않는 spots>



Spot No. 3305



Spot No. 3711



Spot No. 5303

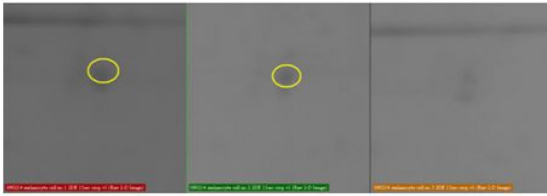
<Brown 색소세포 존재하지만 Brindle 색소세포 존재하지 않는 spots>



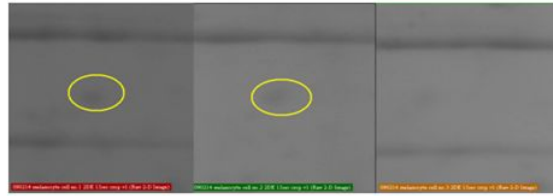
Spot No. 3805



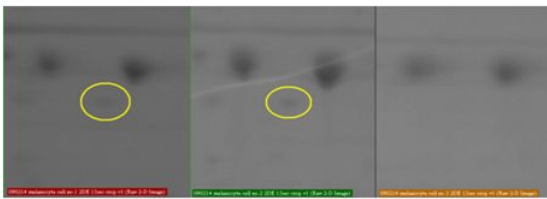
Spot No. 3810



Spot No. 4308

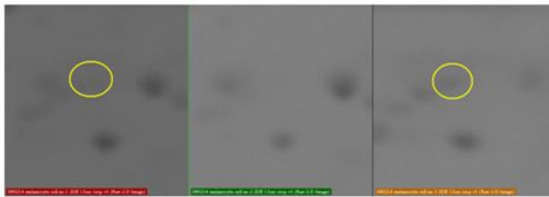


Spot No. 4408

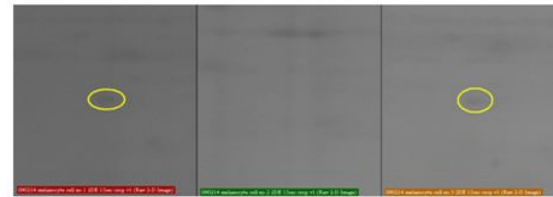


Spot No. 4604

<Black 색소세포 존재하지만 Brindle 색소세포 존재하지 않는 spots>



Spot No. 3209



Spot No. 5604



Spot No. 6213



Spot No. 7201



Spot No. 7403

<Brindle 색소세포 존재하지만 Black 색소세포 존재하지 않는 spots>

Figure 4-18. 2DE 영상분석 프로그램을 통하여 분석 후 선발된 spot

Table 4-19. 선발된 spots의 단백질 동정결과

spot No.	Identified fragments	NCBI access number	C/Q	MW/pI	Density			
					Brown	Black	Brindle	
<b>Quantity</b>								
6105	Homo sapiens p20 protein	gi 2477511	8/1	16884/5.95	16899.3	3326.4	22089.7	
2612	alpha-tubulin	gi 37492	3/1	50810/5.02	30626.4	21700.5	8096.8	
3601	alpha-tubulin	gi 37492	3/1	50810/5.02	58549.2	34118.4	12769.9	
4722	MTHSP75	gi 292059	1/1	74019/5.97	16839.6	33674.4	3045.9	
3212	similar to Apolipoprotein A-I precursor	gi 149716548	4/1	30312/5.66	40232.8	57676.8	16837.5	
3401	galactokinase	gi 3603423	4/1	28764/5.25	11431.2	16857.8	4788.6	
3608	heatshockprotein65	gi 51455	2/1	61074/5.91	30190.6	56223.1	14198	
5006	no signal	.	.	.	13915.6	6203.5	22282.5	
<b>Quality</b>								
4511	no signal	.	.	.	4394.4	.	9799.5	
5102	cofilin2	gi 14719392	8/1	18839/7.66	15980.9	.	23978.8	
5606	phospholipase C-alpha	gi 200397	2/1	57042/5.98	20356.2	.	22937.1	
5608	no signal	.	.	.	5024.4	.	12309.4	
6107	no signal	.	.	.	28830.4	.	.	

6201	no signal	.	.	.	10460.5	.	.
6313	carbonic anhydrase III	gi 77735829	6/1	29637/29637	12433.3	.	.
3305	beta tubulin	gi 49481	3/1	50109/4.85	8322.8	4198.3	.
3711	MTHSP75	gi 292059	2/1	74019/5.97	11378.8	31892.4	.
5303	no signal	.	.	.	9894.9	.	.
3805	no signal	.	.	.	4977.8	9168.1	.
3810	MTHSP75	gi 292059	2/1	74019/5.97	8303.6	16645.4	.
3811	no signal	.	.	.	7004.1	9089.9	.
4308	Pdhb protein	gi 12805431	3/1	35156/5.63	13498.4	32061.2	.
4408	mutantbeta-actin	gi 28336	4/1	42128/5.22	9181.5	14850	.
4604	alpha-tubulin	gi 37492	3/1	50810/5.02	4691.8	7161.5	.
3209	phosphoglycerate kinase	gi 202423	4/1	44907/7.53	3041.8	.	15146.5
5604	Alpha-aminoadipic semialdehyde dehydrogenase	gi 109940193	2/1	55857/5.69	4813.5	.	3831.2
6213	Parkinsondiseaseprotein7	gi 31543380	3/1	20050/6.33	35845	.	46320.3
7201	triosephosphateisomerase	gi 54855	6/1	27021/6.90	26507	.	59014.8
7403	similar to phosphoglycerate kinase 1 isoform 9 [Canis familiaris]	gi 74007821	.	43201/.	5904.8	.	44448.6

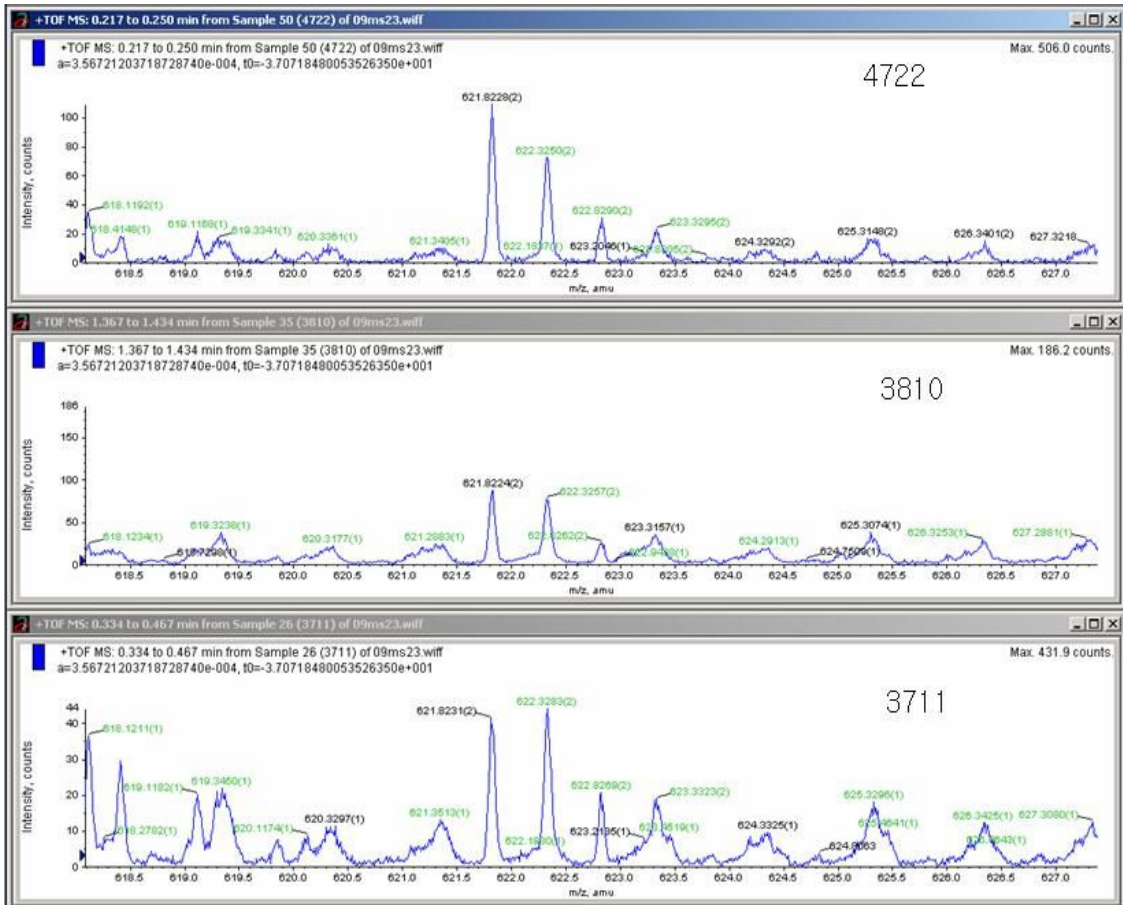


Figure 4-19. spot No. 3711, 3810, 4722는 동일 단백질임을 나타내는 분석결과.

#### 4. 근육세포모형을 통한 외모형태별 경제형질 탐색

##### 가. 한우 primary 등심세포의 분리 및 배양

한우 등심으로 추출한 근육 위성세포의 초대 배양부터 시간별 발달 양상은 Figure 4-20 ~ 4-28까지 나타나있다.

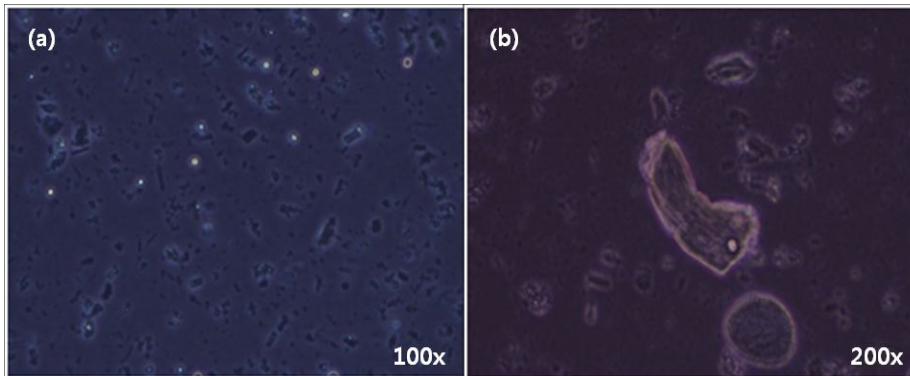


Figure 4-20. Primary culture satellite cells after attach bottom 48hours.

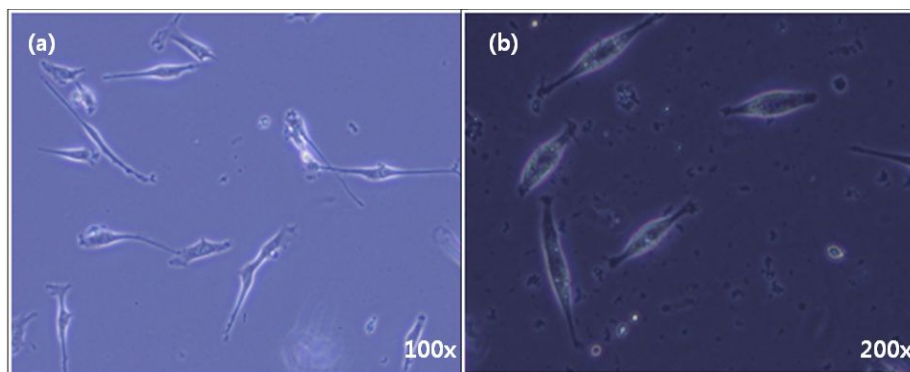


Figure 4-21. Primary culture satellite cells after attach bottom 72hours.

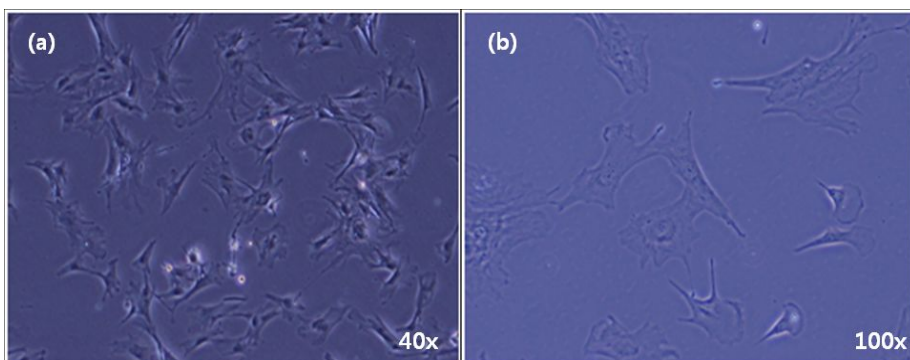


Figure 4-22. Original satellite cells before sorting after subculture—seed the cells and culture in growth medium 1 days.



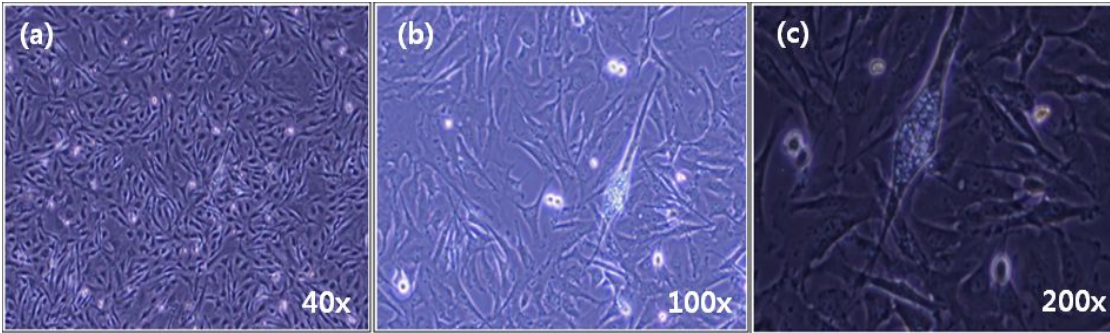


Figure 4-23. Original satellite cells before sorting after subculture—seed the cells and culture in growth medium 6 days.

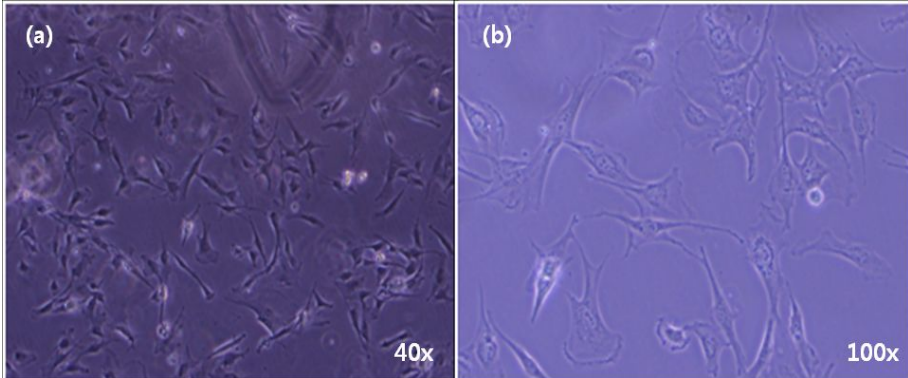


Figure 4-24. Positive satellite cells culture 24 hours in growth medium after sorting.

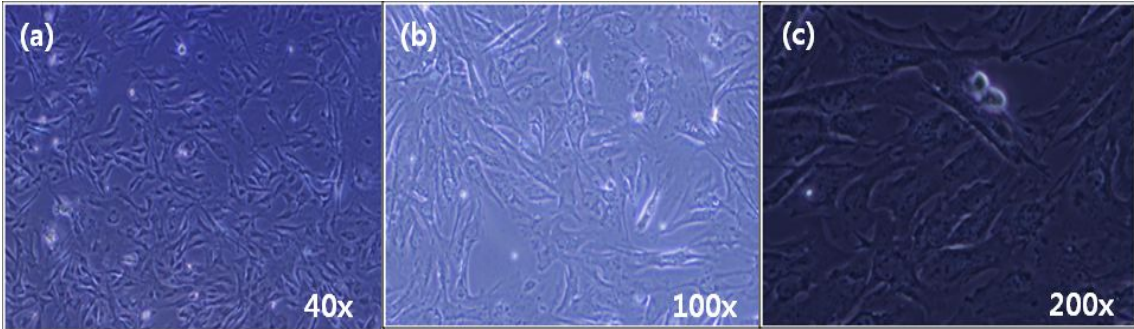


Figure 4-25. Positive satellite cells culture 120 hours in growth medium.

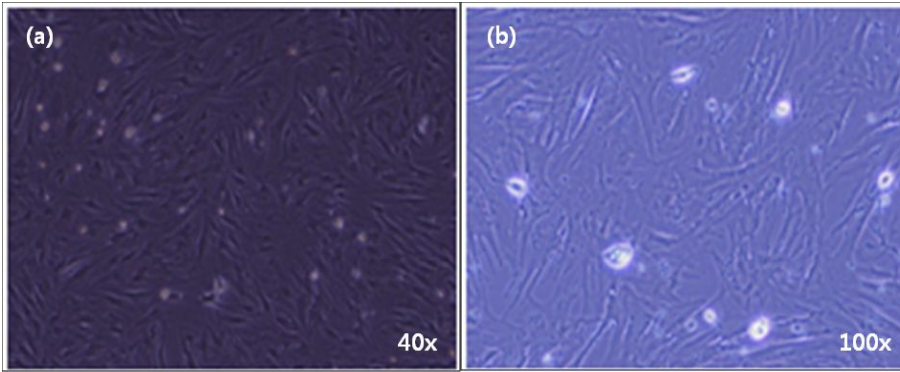


Figure 4-26. Positive satellite cells culture 24 hours in fusion medium after changing fusion medium.

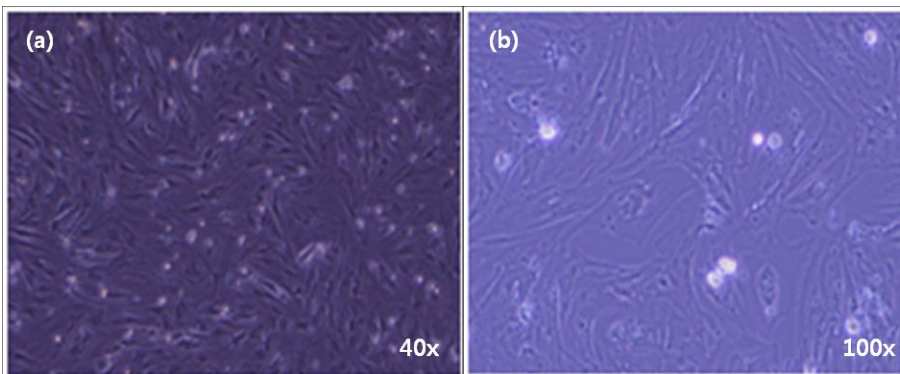


Figure 4-27. Positive satellite cells culture 48 hours in fusion medium after changing fusion medium.

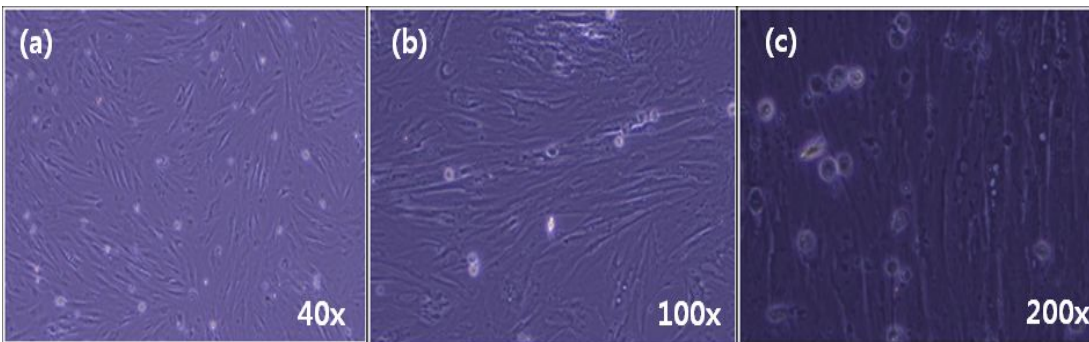


Figure 4-28. Positive satellite cells culture 72 hours in fusion medium after changing fusion medium.

#### 나. $\mu$ -calpain siRNA-transfected 세포의 Real-time RT-PCR 분석

본 연구에서 4개의 분리된 siRNA 서열은 u-calpain gene 표현 억제할 있는 그들의 능력 조사하였다. 세포 수의 transfection 조건의 최적화 후, transfection 물질의 부피의 이용과 각 siRNA의 적절한 농도, 양적인 real-time PCR은 모든 siRNA의 서열 사용에 의해 성취된 gene 표현의 억제 수준을 평가하기 위해 사용되어졌다

Figure 4-29에 의하면, CAPN1-siRNA1 과 CAPN1-siRNA4은 각각  $60 \pm 0.02\%$  와  $56 \pm 0.03\%$  로  $\mu$ -calpain gene expression의 억제가 더 효과적인데 반하여 CAPN1-siRNA2 과 CAPN1-siRNA3은 transfected 되지 않은 위성세포와 비교하였을 때 각각  $16 \pm 0.04\%$  과  $24 \pm 0.05\%$  (mean  $\pm$  SEM)까지 gene expression의 평균이 감소되었다. 최상의 knowdown은 transfected 된 세포가 transfection 된 후에 48 시간 동안 배양되었을 때 이루어졌음이 발견되었다.

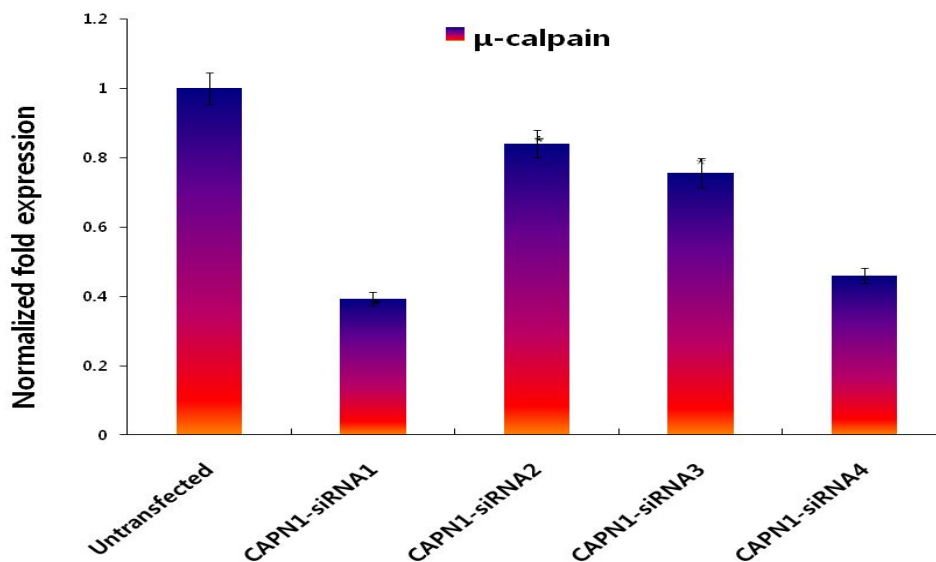


Figure 4-29. Real-time RT-PCR of  $\mu$ -calpain mRNA expression in double-stranded 21-mer  $\mu$ -calpain siRNA treated samples (n=9 per group).  $\mu$ -calpain expression was normalized to GAPDH expression and denoted as a  $\mu$ -calpain /GAPDH ratio. \*p<0.05

#### 다. siRNA에 의한 $\mu$ -calpain의 knowdown과 caspase 3와 caspase 7 gene 발현

더 나아가, 우리는 만약 u-calpain의 knockdown이 세포 사멸에 영향을 미친다면 caspases gene 발현의 감소와 관련되어있을 것이라 결정하였다. Caspase 3와 caspase 7 mRNA 발현은 real-time PCR 분석에 따라 처리된 세포의 u-calpain siRNA에서 정량화 되었다. Transfected 되지 않은 세포들과 비교했을 때 처리된 세포의 4개의 u-calpain siRNA에서 caaspase 3의 하

향조절이 나타났다 (Figure 30). 유사하게, CAPN1-siRNA1과 CAPN1-siRNA4에서 트랜스펙션 된 위성세포는 caspase 7의 mRNA 발현에서 더 많은 감소가 나타났다(Figure. 4-31).

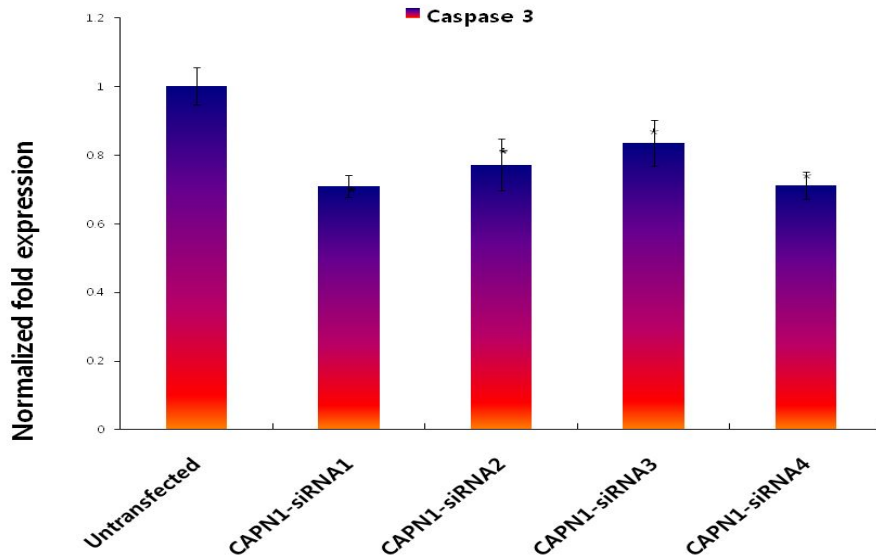


Figure 4-30. Real-time RT-PCR of caspase 3 mRNA expression in double-stranded 21-mer  $\mu$ -calpain siRNA treated samples (n=9 per group). Caspase 3 expression was normalized to GAPDH expression and denoted as a caspase 3/GAPDH ratio. \*p<0.05

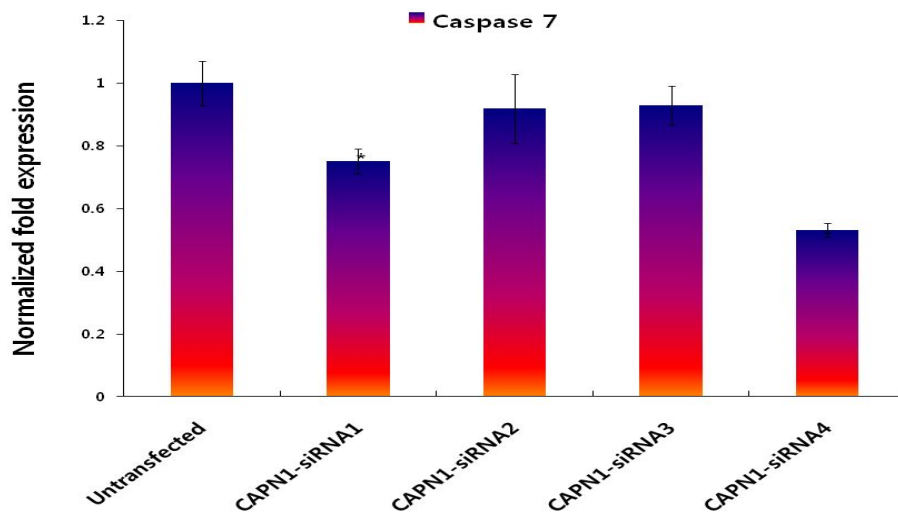


Figure 4-31. Real-time RT-PCR of caspase 7 mRNA expression in double-stranded 21-mer  $\mu$ -calpain siRNA treated samples (n=9 per group). Caspase 7 expression was normalized to GAPDH expression and denoted as a caspase 7/GAPDH ratio. \*p<0.05

**라. caspase 9 siRNA-transfected 세포의 Real-time RT-PCR 분석**

두 개의 분리된 siRNA 서열에서 caspase 9 gene 발현이 억제하는 그들의 능력을 확인하였다. 세포 수의 transfection 조건의 최적화 후에, transfection 물질의 용량 이용과 각 siRNA의 적절한 농도, 양적인 real-time PCR은 각 4개의 siRNA 서열에 의해 성취된 유전자 표현의 억제 수준을 평가하기 위해 이용되었다. Figure 32에 나타난 바와 같이, CARD9-siRNA1과 CARD9-siRNA2는 트랜스펙션되지 않는 세포들과 비교했을 때 유전자 표현 평균이 각각  $40 \pm 3\%$  와  $49 \pm 2\%$  (mean  $\pm$  SEM)까지 감소하였다. 최상의 knockdown은 트랜스펙트된 세포가 transfection 이후 48시간 동안 배양되었을 때 성취되었음을 알아내었다.

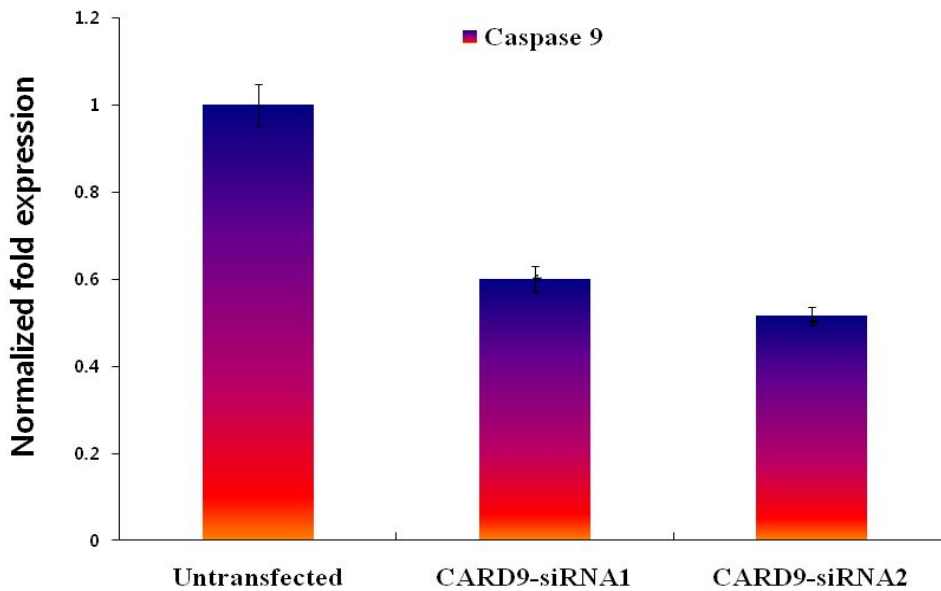


Figure 4-32. Real-time RT-PCR of caspase 9 mRNA expression in double-stranded 21-mer caspase9 siRNA treated samples (n=9 per group). Caspase 9 expression was normalized to GAPDH expression and denoted as a caspase 9/GAPDH ratio. \*p<0.05

**마. siRNA에 의한 caspase 9의 knockdown과 caspase 7과 caspase 3 gene 발현**

우리는 만약 caspase 9의 knockdown이 세포사멸에 영향을 준다면 caspases 유전자 표현 반응기의 감소와 연관되었을 것이라 가설하였다. Caspase 3과 caspase 7의 mRNA 발현은 real-time PCR 분석에 따라 처리된 세포의 caspase 9의 siRNA에서 정량되었다. 처리된 세포의 두 개의 caspase 9 siRNA에서 caspase 7의 하향조절은 transfected 되지 않은 세포와 비교된 결과는 Figure 33에 나타내었다. 하지만, CARD9-siRNA1과 CARD9-siRNA2와 transfected된 위성세포는 caspase 3의 mRNA expression에서 증가를 보였다 (Figure 4-34).

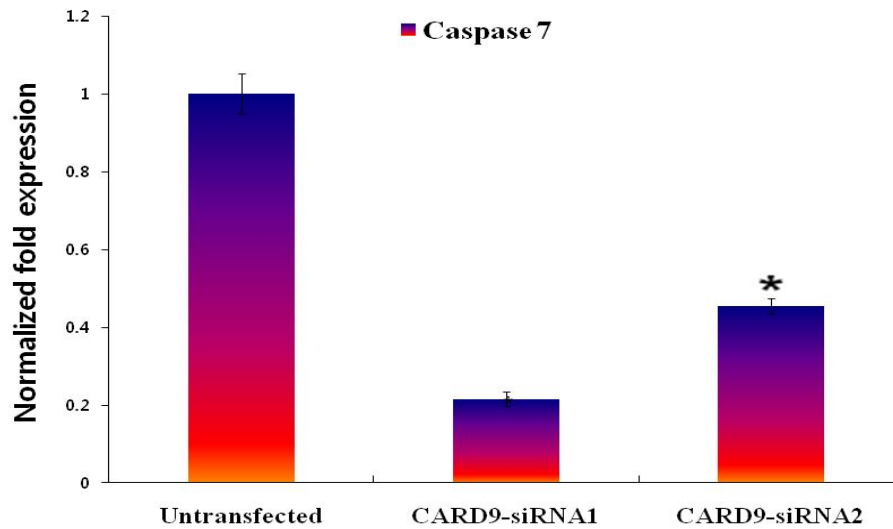


Figure 4-33. Real-time RT-PCR of Caspase 7 mRNA expression in double-stranded 21-mer caspase 9 siRNA treated samples (n=9 per group). Caspase 7 expression was normalized to GAPDH expression and denoted as a Caspase 7/GAPDH ratio. \*p<0.05

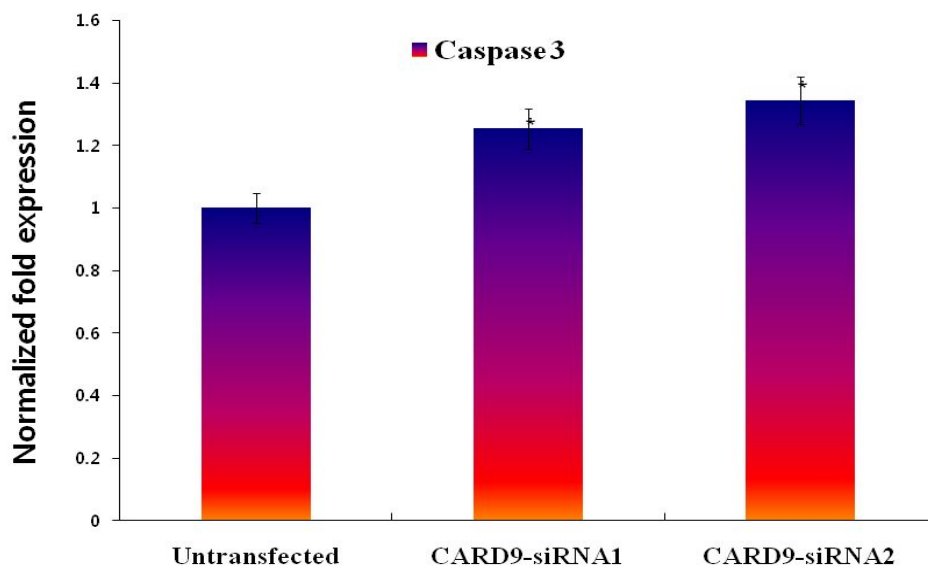


Figure 4-34. Real-time RT-PCR of Caspase 3 mRNA expression in double-stranded 21-mer caspase 9 siRNA treated samples (n=9 per group). Caspase 3 expression was normalized to GAPDH expression and denoted as a Caspase 3/GAPDH ratio. \*p<0.05

이 연구는, 위성세포 초대 배양은 직접적으로 한우의 *longissimus dorsi* 근육에서 얻어졌다. 위성세포의 초대배양 (in vitro)에서 나타난 특성은 변형된 세포계에 나타난 특성보다 좀 더 면밀히 나타냈다 (Allen, 1987). 뿐만 아니라, 초대 배양세포는, 변형된 세포계 배양과 분리된 근섬유 세포는 위성세포 생리학의 일반적인 측면과 위성세포의 규제에 착수하는데 이용되었다 (Allen et al., 1985; Dodson and Allen, 1987; Dodson et al., 1987). 그러나, 여전히 in vitro에서 그들이 사용하는 시스템에 대해 열렬히 논쟁중이며, 비평가 지지자 모두 위성세포의 발달생물학의 상당하고 유용한 자료를 결과를 알아내기 위해 체외 시스템에서 이용되는 것을 동의하는 경향이다(Rhoads et al., 2009). 종특이의 위성세포 배양을 발전시키는 것이 주요 실험적 단위로써의 동물이 포함된 많은 논문들이 발표하였다(Dodson et al., 1996; Greenlee et al., 1995; Burton et al., 2000). 하지만, 모든 위성세포 연구자들은 세포 분리 요법 중에 위성세포와 함께 분리된 섬유아세포 같은 오염된 세포들에 대해 걱정한다. 왜냐하면 오염된 세포는 잠재적으로 배지에 퍼질 수도 있고 in vitro에서 세포 활성의 편향된 측정이 제공되기 때문이다(Rhoads et al., 2009).

RNAi는 가깝게 연관되어 있는 유전자계의 각 구성원의 기능들을 분명하게 구별할 수 있는 대단한 잠재력이 있다. 그래서 이와 같이, 우리는 소의 위성세포에서  $\mu$ -calpain과 caspase 시스템 사이의 혼선이 제안된 caspase 3와 caspase 7의 발현을 감소시키는  $\mu$ -calpain이 아닌  $\mu$ -calpain 발현의 작은 간접 RNAs-mediated knockdown을 이용하였다. 앞에서 언급한 두 단백질 분해효소 시스템의 혼선은 Vaisid et al. (2005)에 의한 PC12 세포의 분화에서도 보여진다. 그리고 Piñeiro et al. (2007)의 보고에서도 taxol이 calpain이 어떤 역할을 할 수 있었던 caspase 3-independent 메커니즘에 의한 NIH3T3 세포들이 세포사멸을 유도하였다고 보고했다. 우리의 연구는 caspases cascade에 영향을 주는 calpain이  $\mu$ -calpain의 억제가 caspase 3과 caspase 3의 활성을 억제한다는 Liu et al. (2009)의 선행 연구와 일치하였다.  $\mu$ -calpain과 caspase사이의 단백질 가수분해 시스템의 혼선의 정확한 메카니즘은 아직 명확하게 밝혀지지 않았으며 Rami (2003)의 연구에서도 calpain 활성은 아마도 caspase보다 선행되거나 후행될 것이라 가설하였다 (Rami, 2003). 우리 연구에서, 목표가 된 siRNA에 의한  $\mu$ -calpain의 억제가 caspase-3/7 mRNA의 발현을 미우 감소시킬수 있음을 발견하였고 이는 calpain 활성이 우리의 모델 실험에서 caspases의 upstream을 함축하고 있다. Liu 등 (2009)의 보고에 의하면  $\mu$ -calpain의 활성은 caspase의 upstream이고 앞에서 언급한 활성은 caspase-dependent 뿐만 아니라 AIF-간접 caspase-independent의 apoptotic 경로의 조절지에서 중요한 역할을 하며 선행연구 또한 이 가설을 지지한다. 하지만, apoptotic 경로를 수반한 이들 조절자 요소들의 정확한 메카니즘은 아직 잘 알려지지 않았고 여전히 명확한 연구가 필요하다. 본 연구의 결과에서 caspase, 특히 caspase 9과 caspase 7을 위성세포의 확산에 어떤 역할 수행하고 있는 특정 포인

트로 제시하였다. 이는 caspase 9 발현의 타깃 억제 효과에 근거한 결론이다. 최근 몇 년 사이가 세포 사멸에 이르는 caspase 독립적인 경로의 존재를 나타내는 보고가 증가하고 있다 (McNeish et al., 2003; Bello et al., 2004; Scoltock and Cidlowski, 2004; Chipuk and Green, 2005; Kroemer and Martin, 2005; Schamberger et al., 2005; Piñeiro et al., 2007; Eguchi et al., 2009;). Caspase는 일반적으로 기본 구조에 따라 두 부류로 나뉜다: 긴 amino-terminal prodomain을 갖고 있는 개시인 caspases (caspase-2, -8, -9)와 짧은 prodomains를 갖는 반응기 caspases (caspase-3, -6, -7) (Cohen, 1997; Nicholson, 1999; Shi, 2002). 우리의 선행 연구에서 caspase 9 mRNA 표현이 소 근육 위성세포의 확산과 분화동안 유의적으로 증가하였고 몇몇 연구자들이 근육 세포 과정동안 caspase의 역할에 대한 연구하였다. caspases가 근육 위성 세포 증식의 과정에 참여 여부와 방법을 명확히 해야할 필요가 있다.

우리가 알다시피 apoptosis와 관련된 세포에 최소 두 가지 주요 cross-talking 경로가 있다. : (a) mitochondrion-initiated 경로 (고유 통로), (b) 세포 표면 죽음 수용체 경로 (외부 통로) (Ashkenazi and Dixit, 1998; Green and Reed, 1998; Slee et al., 2000; Strasser et al., 2000). 선행 연구에서 caspase 9 억제제와 난소 상피성 암의 치료에서 caspase 9와 caspase 3의 활성이 감소하였다 (McNeish et al., 2003). 이 연구결과와 본 실험결과는 caspase-dependend 경로의 견해를 지지해준다 (Kischkel et al., 1995; Medema et al., 1997; Shi, 2001): 세포사멸로 이어지는 Apoptotic 신호와 mitochondrion-initiated 경로는 주요 단백질 기질을 쪼개는 caspases의 활성화를 포함한다.

첫 번째로 apoptosome의 Apaf-1 (apoptotic protease-activating factor-1)을 묶은 다음 미토콘드리아부터 cytochrome c의 해방을 포함하며 caspase-3, caspase-6 그리고 caspase-7와 같은 caspases 후속 반응기의 활성화한 다음 caspase-9의 활성화에 이른다. 이 연구에서 caspase 9 발현의 knockdown은 위성세포에서 caspase 7 발현의 감소를 유도하였고 McNeish et al. (2003)의 결과와는 약간 상의하였다. 그들의 연구 결과 억제된 caspase 9 활성화 후 caspase 3을 감소시켰고 이는 다른 세포 배양 시스템은 다른 반응기 caspase 실행에 책임이 있을 수 있어 가능하다고 하였다. 여기에서 caspase 9는 caspase 개시기처럼 작용하였고 caspase 7은 caspase 반응기처럼 작용하여 아마 위성세포 확산을 포함하였다.

하지만, 본 연구에서 위성세포에서 caspase 9 발현의 knockdown은 caspase 3 발현의 증가를 유도하였고, 아마 위성세포는 높은 농도 (30 nM)의 transfection agent/siRNA complex의 노출로부터 스트레스를 받아 다른 apoptosis의 통로가 발생했을 것이다. 다른 개시기/반응기 caspase와 프로테아제가 근육 위성세포에서 caspase-3의 역할을 수행하였던 가능성이 여전히 남아있다. 종합하면, 우리는 세포사멸은 소 근육 위성세포 확산 동안 미토콘드리아 통로를 경유하여 일어났다고 가정하였다.



세포사멸은 유전적으로 프로그램화 된 세포사멸로 미토콘드리아 통로를 통하거나 또는 TNF-receptor같은 사멸 수용기를 통해 일어날 수 있다 (Rossi and Gaidano, 2003). 본질적인 사멸 신호 경로는 미토콘드리아로 부터의 cytochrome c의 해방에 의해 유도되었다. 복잡한 유형인 cytochrome c, APAF-1 (apoptosis-activating factor-1) 그리고 caspase 9는 후속 caspase 반응기 같은 caspase 7의 활성화의 결과인 apoptosome 으로 불린다. 세포사멸은 근섬유 (hypoplasia) 또는 근섬유 부분 (hypotrophy)의 손실의 유도에 이르는 것으로 위축에 참가할 수 있는 현상이다. Wang et al. (2002)의 일부 결과는 caspase 9 활성화를 억제하였던 것은 프로그램화 된 세포사멸을 겪은 신경단위 세포들 다수를 감소시킬 잠재력을 갖고 있다고 제안하였고 위의 결과를 근거하여, 우리는  $\mu$ -calpain과 caspase 9의 표적 진압은 궁극적으로 근육 세포의 확산동안 섬유의 크기가 증가될지도 모르는 위축된 섬유들에 apoptotic 세포 외부에 감소를 유도하였을 것이라 제안하였다.

근육 세포 성장 동안 세포사멸 지표 실험에 적용될 앞으로의 상세한 연구들은 이 가설과 함께 진행 중이다.

마지막으로, 본 연구의 결과들은  $\mu$ -calpain과 caspase 시스템 사이의 cross-talk이 있었음을 제안하면서 caspase 3과 caspase 7 발현의 감소 유도를 위한  $\mu$ -calpain 발현의 knockdown은 드러났다. 덧붙여, caspase 9 활성화의 표적 억제 또한 caspase 7 활성을 감소 시켰으며 세포사멸은 소근육의 위성세포 확산동안 고유한 경로를 통해 일어났음을 제시하였다. 더 중요한 것은,  $\mu$ -calpain은 근육 세포 성장동안 유전자 발현의 구제에 다면적인 기능을 갖고 있을 것이다. 또한  $\mu$ -calpain 또는 caspase 9과 같은 표적 유전인자들의 진압은 골격 근육 위축의 처리에 진짜 가능성을 갖고 있을 수도 있음을 제안한다.

## 5. Troglitazone, PPAR $\gamma$ 의 작용이 췌소 근육 위성세포의 확산과 분화, 그리고 근관에서 지질 축적에 미치는 영향

### 가. 췌소로부터 분리된 근육세포 배양

Figure 4-35은 췌소 근육으로부터 분리된 근육 세포의 시간별 배양 양상을 나타내었다.

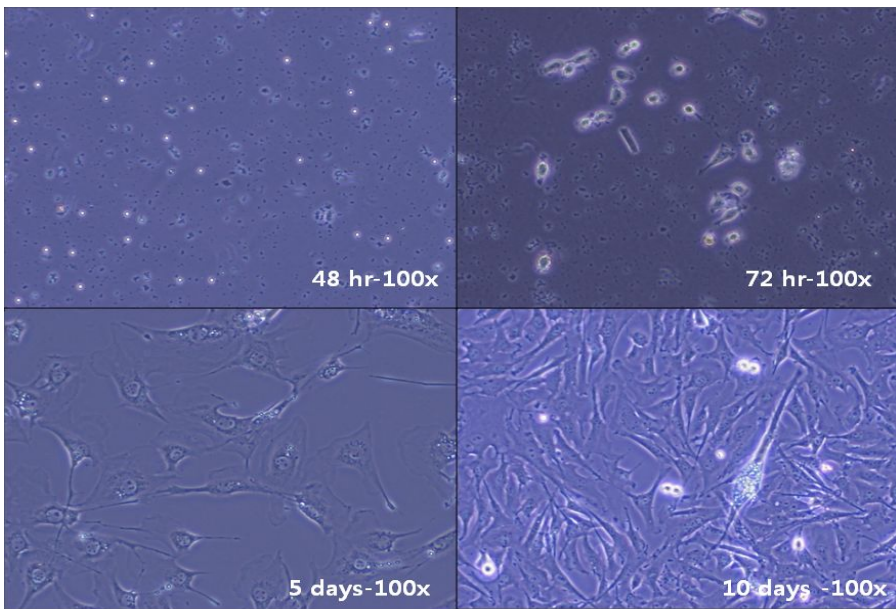


Figure 4-35. Muscle cell isolated from brindle Hanwoo.

### 나. Cell Counting Kit-8 (CCK-8) assay와 직접적 세포수 측정 사이의 상관관계

Cell Counting Kit-8 assay를 이용하여 위성세포 수를 측정하였다. 결과의 1차 회귀 분석은 흡광도 450 nm에서 측정한 직접적 세포 수 측정과 CCK-8 비교 결과  $y=0.2543 +0.4955 x$ ,  $r^2=0.997$  선형상관을 보였다 (Figure 36). 세포의 생존능력을 CCK-8 (Dojindo Laboratories, Kumamoto, Japan)을 이용하여 측정하였다. CCK-8은 민감한 nonradioactive colorimetric 분석으로 세포의 증가와 세포 독성에서 생존 세포의 수를 알아내기 위해 이용된다. W S T - 8 ( 2 - ( 2 - m e t h o x y - 4 - n i t r o p h e n y l ) - 3 - ( 4 - n i t r o p h e n y l ) - 5 - ( 2 , 4 - d i s u l f o p h e n y l ) - 2 H - t e t r a z o l i u m , m o n o s o d i u m s a l t ) 은 세포의 dehydrogenases에 의해 세포 배양 배지에 용해되는 오렌지색 포르마잔 생산물로 생물학적 감소되었다. 생산된 포르마잔의 양은 살아있는 세포의 수와 직접적으로 비례하며 본 결과에서 위성세포 수와 CCK-8 absorbency 사이의 선형상관이 있음을 입증하였다.

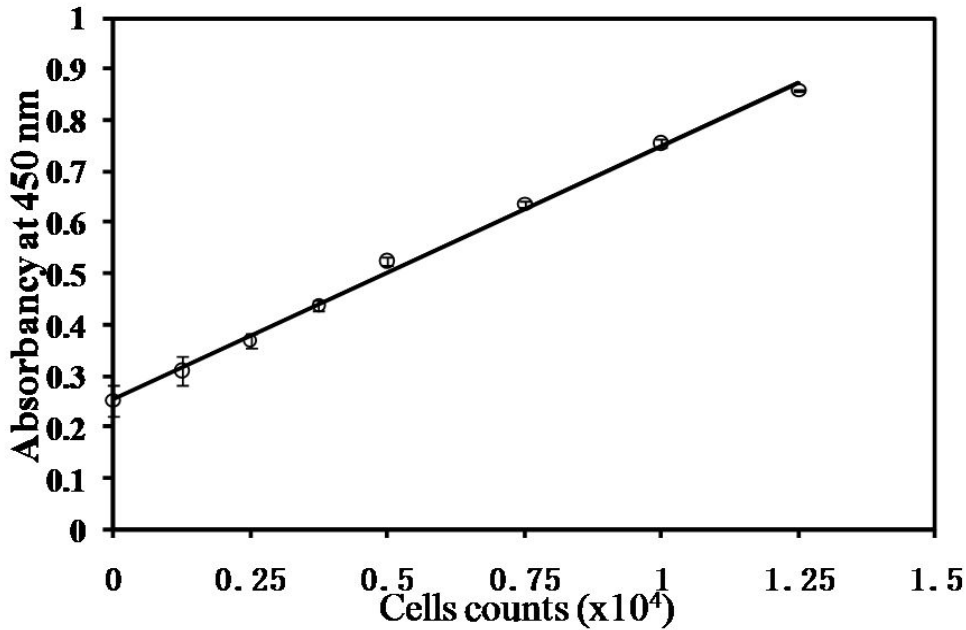


Figure 4-36. CCK-8 absorbency values at 450 nm were recorded and plotted against their counterparts in directly counted satellite cells. There was a linear correlation between the cell numbers directly counted and the CCK-8 absorbency,  $y=0.2543 +0.4955 x$ ,  $r^2=0.997$ .

#### 다. 쥐소의 근육 위성 세포의 확산

쥐소의 위성세포는 배양되었고 그들의 성장곡선은 CCK-8과 함께 급증의 표시로 그려졌다. 기본적인 조건아래, 쥐소 근육 위성 세포는 4일까지 급속히 성장하여 빠른 속도로 급증하였다 (data not shown). 이 연구에서 쥐소 근육 위성세포는 오랫동안 빠른 성장 단계를 보였고 동물 품종으로부터 isolated된 위성세포의 확산 특성에서의 heterogeneity 때문일 것이라 사료된다. 어떤 연구에는 근육 세포의 확산을 기초로 중요한 차이를 나타낸 위성세포는 근섬유와 융합된 그들의 잠재력에서 본질적인 차이와 일치함을 밝혔다 (Rouger et al. 2004; Velleman et al. 2000). 그리고 Velleman 등 (2000) 또한 위성 세포에서 확산과 분화에서 성장과 성별 둘 다 연관된 차이를 보고하였다.

#### 라. 쥐소 근육 위성세포에서 troglitazone의 영향

5  $\mu$ M, 10  $\mu$ M 그리고 50  $\mu$ M 농도의 troglitazone가 쥐소 근육 위성세포의 확산에 미치는 영향에 대해 실험하였다. Figure 4-37는 troglitazone이 쥐소 근육 위성세포 확산에 미치는 영향을 나타내었다. 1-5일 동안 쥐소 근육 위성세포에서 배양된 세포의 생존력에 대한 troglitazone의 영향은 유의성이 없었다. Troglitazone (TGZ)은 thiazolidinediones의 약물의 일종으로 항당뇨와 항염증약으로 peroxisome proliferator-activated receptors (PPARs) 활성화에 의해 작용한다.

Type II 당뇨병의 치료를 위해 승인된 TGZ는 특이체질 약으로 독성 때문에 시장으로부터 내향적이다 (Masubuchi, 2006). 한 연구에서 TGZ가 쥐의 세포배양에 복합적인 경로에 영향을 주었음을 보여줬다. 게다가 생체이물 대사, 확산, DNA 손상, 산화적 스트레스, 세포사멸과 염증에 관련 있는 것들을 포함하여 복합 유전자들의 표현을 변화하였다 (Vansant et al., 2006). 최근 *in vitro*와 *in vivo* 연구들에서 중앙 성장, LM8의 폐전이 발달을 TGZ는 억제할 수 있고 밝혀졌다. 그리고 TGZ는 초기 골육종에 효과적인 보조의 화학요법 물질로 이용될지도 모른다고 제안했다. 그러나 중앙 생물학에서 TGZ의 역할은 여전히 논란중이다. 20-100  $\mu\text{M}$ 의 TGZ는 MG-63 세포의 성장을 억제한다는 증거가 보였다(Haydon et al., 2002). 그리고 5  $\mu\text{M}$ 과 50  $\mu\text{M}$ 의 TGZ는 MG-63 세포의 급증에 영향을 미치지 않았지만 세포 생존 증가와 골육종 세포 성장의 증가를 야기한 모순되는 보고가 있다. 그리고 Magenta et al. (2008)는 1 또는 100  $\mu\text{M}$ 의 TGZ는 *in vitro*에서 LMM3 세포의 생존력을 감소한다고 보고하였다. 본 연구에서는 최소의 세포 생존능력에는 TGZ의 효과는 나타나지 않았다. 이것이 중요한 이유는 유독성의 발달에 중심적인 약물 대사와 약물과 세포사이에 있는 분자의 상호작용에 관하여 이종 간 차이 때문이다. 더 많은 연구를 통해 소의 근육세포의 확산에서 TGZ의 영향이 분자의 대사에 대한 설명이 필요하다.

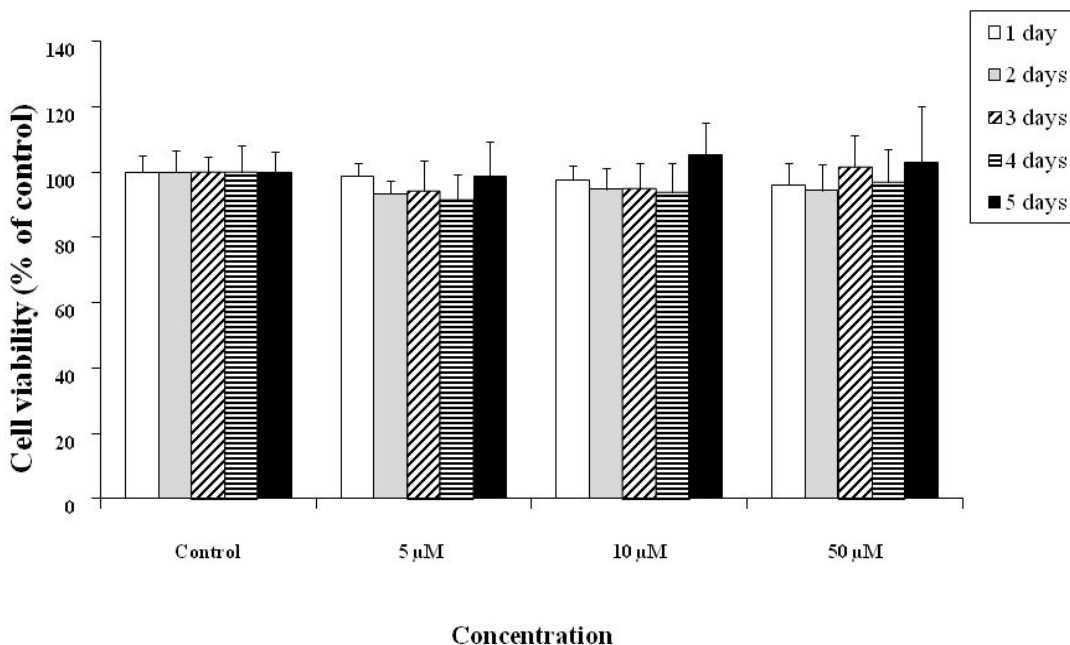


Figure 4-40. Effects of on the proliferation of cultured brindles Korean cattle muscle satellite cells. Satellite cells were treated with various concentrations (5  $\mu\text{M}$ , 10  $\mu\text{M}$ , 50  $\mu\text{M}$ ) of troglitazone for indicated times (1 - 5 day). Cell viability was assessed by the CCK-8 method as described in text. Data are mean  $\pm$  SEM values obtained from eight culture wells per experiment, determined in three independent experiments.

#### 마. Troglitazone induced satellite cells undergo adipogenic differentiation

글리세롤 방출에 의한 지방세포의 분화와 트라이글리세리드 mobilization 분석을 Adipolysis Assay kit를 이용한 글리세롤의 축적 측정에 의해 밝혀졌다. Figure 4-38은 글리세롤 축적이 TGZ의 다른 농도에 반응하여 유의하게 증가하는 결과를 나타냈다. post-융합 7일 동안 5  $\mu$ M, 10  $\mu$ M, 50  $\mu$ M의 TGZ를 처리한 쥐소 근육 위성세포의 글리세롤은 대조구와 비교하여 각각 33.8, 38.3, 50.8 nmol/mL 증가하였다. 세포내 지질 축적의 연구에서, 위성 세포들이 post-confluence 7일 동안 2 % Horse Serum과 5  $\mu$ M, 10  $\mu$ M, 50  $\mu$ M troglitazone이 첨가된 DMEM 배양액에 구별하도록 하였다. Fig. 4-6(Oil red O 염색에 의해서)에 나타난 바와 같이, 쥐소 근육 위성세포를 troglitazone 처리되었고, 보통의 다른 배지 (DMEM medium with 2% HS)에 노출되었던 대조구 그룹의 세포와 비교하였을 때 지방 축적에서 약간의 증가가 나타났다. 많은 앞선 연구들에서는 다른 adipogenic 배지는 근육 위성세포의 지방의 축적에 영향을 주었고 보고되어졌다(Hu et al., 1995; Kook et al., 2006; Singh et al., 2007). 이런 이유로, 본 연구에서 우리는 근육 위성세포의 지방세포를 유도한 troglitazone를 대체한 다른 화학 물질인 새로운 adipogenic 화학적인 능력을 조사하였다. 이 연구에서, 낮은 농도의 TGZ (5  $\mu$ M) 또는 높은 농도 (50  $\mu$ M)는 쥐소 근육 위성세포의 지질생성을 유도하였다. 본 연구 결과는 TGZ가 in vitro에서 소의 근육 위성세포의 지방세포로 전환분화의 효과적인 활성제 할 수 있음을 보였다.

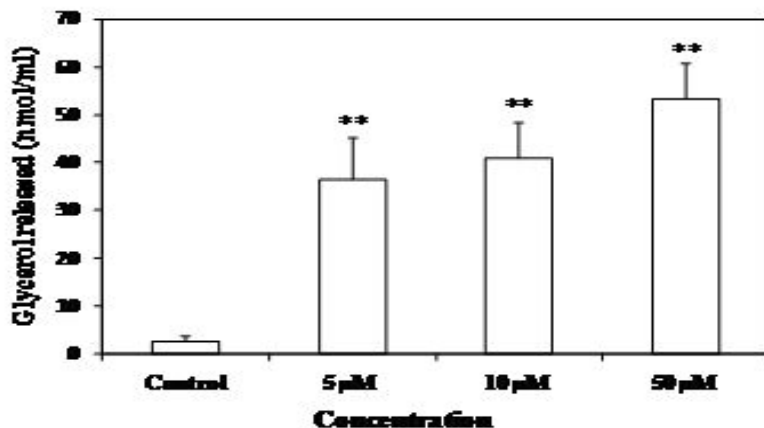


Figure 4-38. Adult Korean brindle cattle muscle satellite cells differentiate into adipocytes after being treated with various concentrations (5  $\mu$ M, 10  $\mu$ M, 50  $\mu$ M) of troglitazone. Glycerol accumulation was determined 7 days post-confluence.

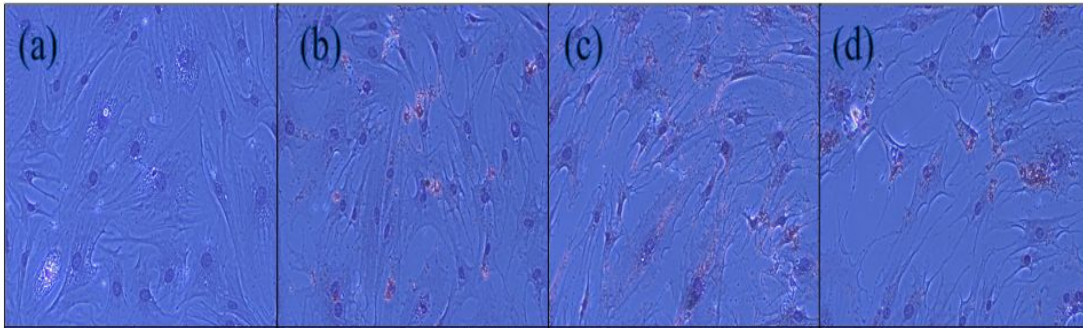


Figure 4-39. Adult Korean brindle cattle muscle satellite cells stained by Oil-Red O after treatment with different concentrations of troglitazone (5  $\mu$ M, 10  $\mu$ M, and 50  $\mu$ M) for post-confluence 7 days. (a) Control; (b) 5  $\mu$ M; (c) 10  $\mu$ M; and (d) 50  $\mu$ M.

#### 바. 근관 형성동안 쥐소의 근육 위성세포에서의 지방세포 마커 유전자 발현

다른 농도의 TGZ를 처리한 쥐소의 근육 위성세포는 post-confluence 5일, 7일, 15일 동안 배양되었다. Total RNA는 각기 추출되었고 다른 유전자 수준의 표현은 real-time PCR에 의해 확인되었다. TGZ는 쥐소의 근육 위성세포에서 지방세포 전사 인자의 표현을 증가시켰다. Figure 4-40에서 나타난 것처럼, FABP4 유전자의 표현은 5  $\mu$ M, 10  $\mu$ M, 그리고 50  $\mu$ M troglitazone가 첨가된 post-confluence 5일째의 처리군은 대조군에 비해 각각 약 2.58, 2.60, 그리고 2.44배 증가했다.

그리고 FABP4 유전자의 표현은 5  $\mu$ M, 10  $\mu$ M, 그리고 50  $\mu$ M troglitazone가 첨가된 post-confluence 7일째의 처리군은 대조군에 비해 각각 약 2.85, 4.05, 그리고 4.75배 증가했다. 또한 FABP4 유전자의 발현은 5  $\mu$ M, 10  $\mu$ M, 그리고 50  $\mu$ M troglitazone가 첨가된 post-confluence 15일째의 처리군은 대조군에 비해 각각 1.68, 2.58, 그리고 2.80배 증가하였다. 유사하게, CEBPA 유전자의 발현(Figure 4-42)과 PPARG 유전자 (Figure 4-43) 또한 대조군에 비해 유의적으로 증가하였다. 더 흥미로운 점은, CAPN1 유전자 (*Bos taurus* micromolar calcium-dependent neutral protease large subunit)의 발현은 대조군과 비교하였을 때 5  $\mu$ M, 10  $\mu$ M, 그리고 50  $\mu$ M troglitazone에 노출된 post-confluence 7일과 15일 처리군에서 유의적으로 증가하였다 (Figure 4-41). 발표된 몇몇 연구들에 기술된 성숙한 쥐의 근육에서 추출한 다능성 줄기세포가 있는 위성세포 실험들에서 골아세포, 지방세포 그리고 근관 차이를 보였다 (Wada et al., 2002; Asakura et al., 2001). 최근 in vitro 연구들에서 여러 종 (예, 돼지, 소, 인간, 쥐)들로부터 추출한 위성세포가 adipogenic의 차이가 나타날 수 있는 충분한 증거들이 있다 (De et al., 2006; Kook et al., 2006; Singh et al., 2007; Yada et al., 2006). 하지만, 이 연구에서 모든 근육 조직에서 발생하는 표지는 분명하게 평가되지 않았다. 균형이 근육위성 줄기세

포에서 myogenic과 지방세포 사이에서 차별 프로그램이 존재하며 이 균형은 특정 병리학 조건을 바꿀 수 있는 증거이다. 여전히 이 통제의 전환이 근육 내 지방세포의 증가 원인인지 아닌지 연구 중이다 (Coppi et al., 2006).

우리의 연구에서는, TGZ는 최소의 근육 위성세포에서 지방세포 전사 인자 표현의 증가뿐만 아니라 CAPN1 유전자의 발현도 증가하였다. CAPN1은 근육 전사 인자의 통제 경로와 관련되었을 충분한 증거로 나타났다 (Moyen et al., 2004; Nishimura et al., 2008; Liu et al., 2010; Brulé et al., 2010). 예를 들어, Moyen et al. (2004)은 근육 발생동안 C<sub>2</sub>C<sub>12</sub> 세포에서 CAPN1 유전자의 과발현 후 myogenic의 수준이 감소 (59%)하였다고 하였다. 모든 연구는 CAPN1은 다른 근육융합 표시와 마찬가지로, 근육 발생 규제 요소 표시로 작용할 수 있다고 시사하였다 (MRFs). 여기에서 우리는 CAPN1 유전자는 myogenic과 지방세포의 다른 프로그램 사이의 균형과 관련시켰다는 가설을 세웠고 이 균형은 위성세포의 지방세포로 분화하는 동안 특정 병리학 조건에서 변할 수 있다. 그리고 근아세포가 지방세포로 전환부화 동안 FABP4, PPARG, CEBPA 유전자들과 같은 몇몇 지방세포 표지 유전자의 표현과 함께 연관되어 있다. 그리고 CAPN1 유전자 발현과 같은 근육 조직 발생 표지의 발현에 의지하였다. 하지만, CAPN1 유전자와 지방세포 표지 유전자의 기능의 분자 메커니즘은 근육 위성세포 분화 동안 설명되어야 한다.

최근 in vitro에서 많은 연구들은 위성세포의 잠재적 근육발생과 식육동물의 지방 축적의 분자적 메커니즘을 설명하는 것을 목표로하였다 (De et al., 2006; Kook et al., 2006; Singh et al., 2007; Yada et al., 2006; Coppi et al., 2006; Moyen et al., 2004; Nishimura et al., 2008; Liu et al., 2010; Brulé et al., 2010). 식육 동물 관점으로부터, 육질은 마블링과 식육을 정의할 것이다. 그러므로 근육 발생의 위성세포 확산의 증가와 분화는 식육 품질을 증가시킬 것이다. 그리고 지방축적의 증가는 마블링을 증가시킬 것이다. 이와 같이, 이 연구는 근육 위성세포의 분화와 지방의 축적의 메커니즘의 이해를 향상시킬 것이다. 또한 가까운 미래에 구분된 myotube에서 식육 양과 품질의 생산을 궁극적으로 도울 것이다. 하지만, in vitro 실험에서 소 근육 위성세포의 배양시스템 이용과 세포 배양 배지에 TGZ의 직접적 적용은 in vitro에서 TGZ의 정확한 반응을 할 수 없었다. 왜냐하면 분리된 위성세포가 근섬유와 진행이 중단된 위성세포사이의 intercellular 관계에 지장을 주기 때문이다. 근발생 위성세포의 외적인 규제의 정보는 이 목적의 긍정적인 결과를 향한 첫 발걸음이다.

결론은, 이 연구는 성인 최소부터 분리한 위성세포의 지방세포 같은 세포로 전환분화를 troglitazone에 의하여 유도하였음을 입증하였다. 뿐만 아니라, 본 연구의 결과는 근아세포의 지방세포로 전환분화 동안 FABP4, PPARG, CEBPA 유전자와 같은 몇몇 지방세포 표시유전자의 표현과 연관 지었고 CAPN1 유전자 표현과 같은 근육발생의 표시의 표현에 의존함을 나타내

었다. 앞으로 이들 표지 위성세포의 전화분화 동안 규제된 경로유전자의 분자의 메커니즘을 설명하기 위한 연구가 필요하다.

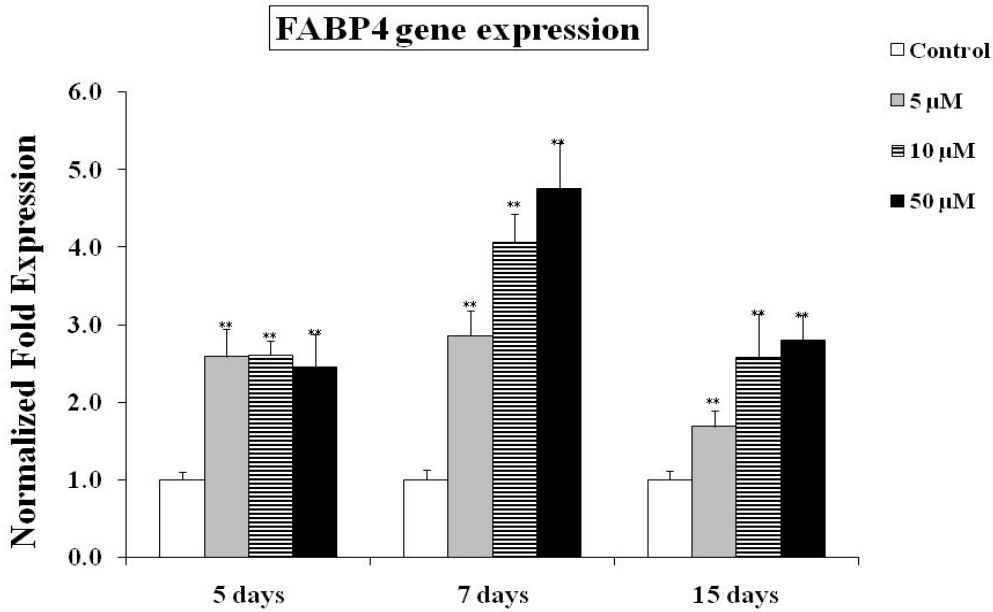


Figure 4-43. Real-time RT-PCR of FABP4 gene mRNA expression in brindle Hanwoo muscle satellite cells which were treated with different concentrations of troglitazone (5  $\mu$  M, 10  $\mu$  M, and 50  $\mu$  M) for post-confluence 5 days, 7 days and 15 days. Control group expression was termed 1.0 and relative expression of treatment group was calculated. Each RT-PCR was amplified in five replicate and ratio results expressed as the mean  $\pm$  standard error mean (SEM). Gene expression was normalized to GAPDH expression and denoted as a gene /GAPDH ratio. \*\* $p < 0.01$



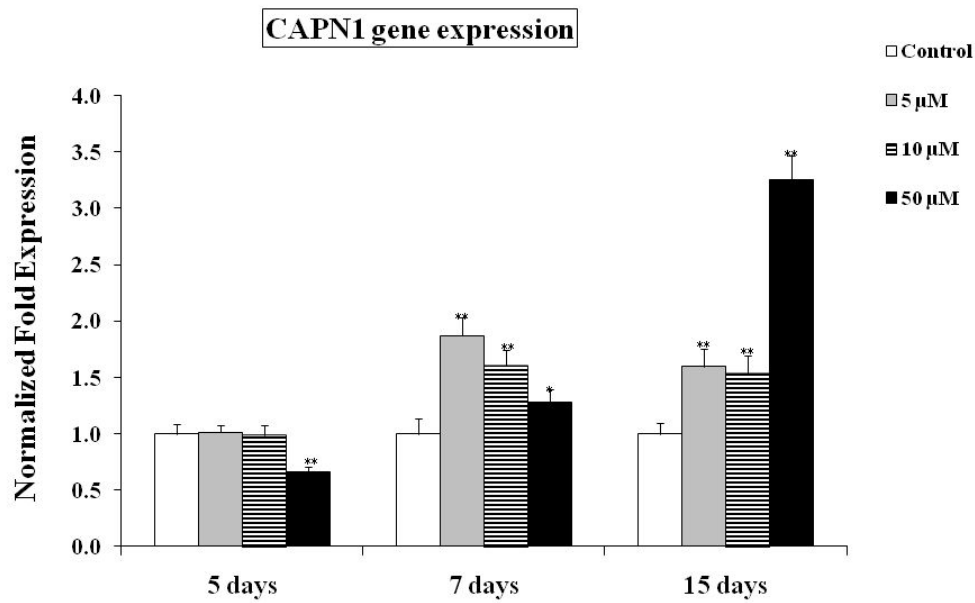


Figure 4-44. Real-time RT-PCR of CAPN1 gene mRNA expression in brindle Hanwoo muscle satellite cells which were treated with different concentrations of troglitazone (5  $\mu$  M, 10  $\mu$ M, and 50  $\mu$ M) for post-confluence 5 days, 7 days and 15 days. Control group expression was termed 1.0 and relative expression of treatment group was calculated. Each RT-PCR was amplified in five replicate and ratio results expressed as the mean  $\pm$  standard error mean (SEM). Gene expression was normalized to GAPDH expression and denoted as a gene /GAPDH ratio. \* $p$ <0.05, \*\* $p$ <0.01

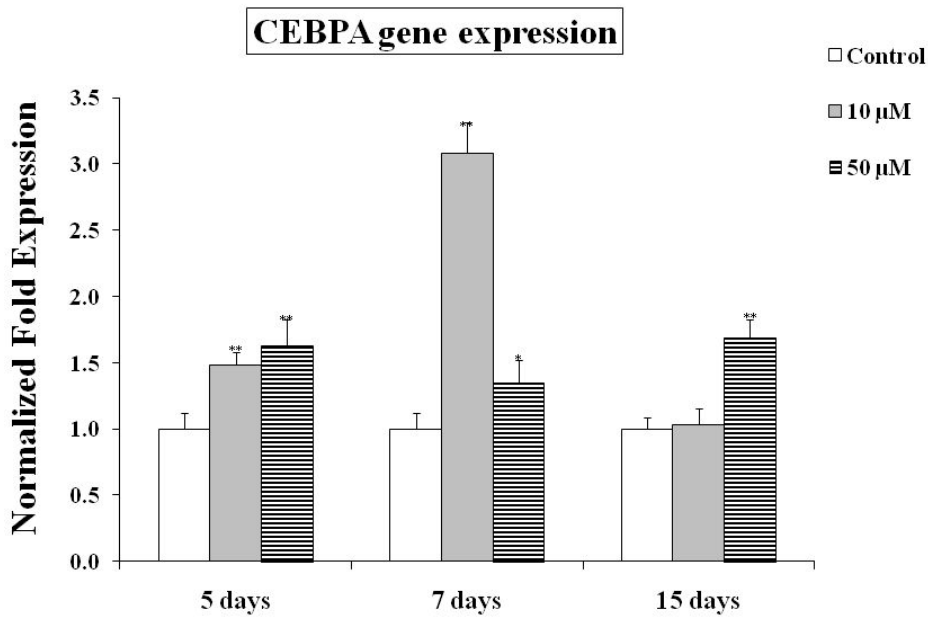


Figure 4-45. Real-time RT-PCR of CEBPA gene mRNA expression in brindle Hanwoo muscle satellite cells which were treated with different concentrations of troglitazone (10  $\mu$  M and 50  $\mu$  M) for post-confluence 5 days, 7 days and 15 days. Control group expression was termed 1.0 and relative expression of treatment group was calculated. Each RT-PCR was amplified in five replicate and ratio results expressed as the mean  $\pm$  standard error mean (SEM). Gene expression was normalized to GAPDH expression and denoted as a gene /GAPDH ratio. \* $p$ <0.05, \*\* $p$ <0.01

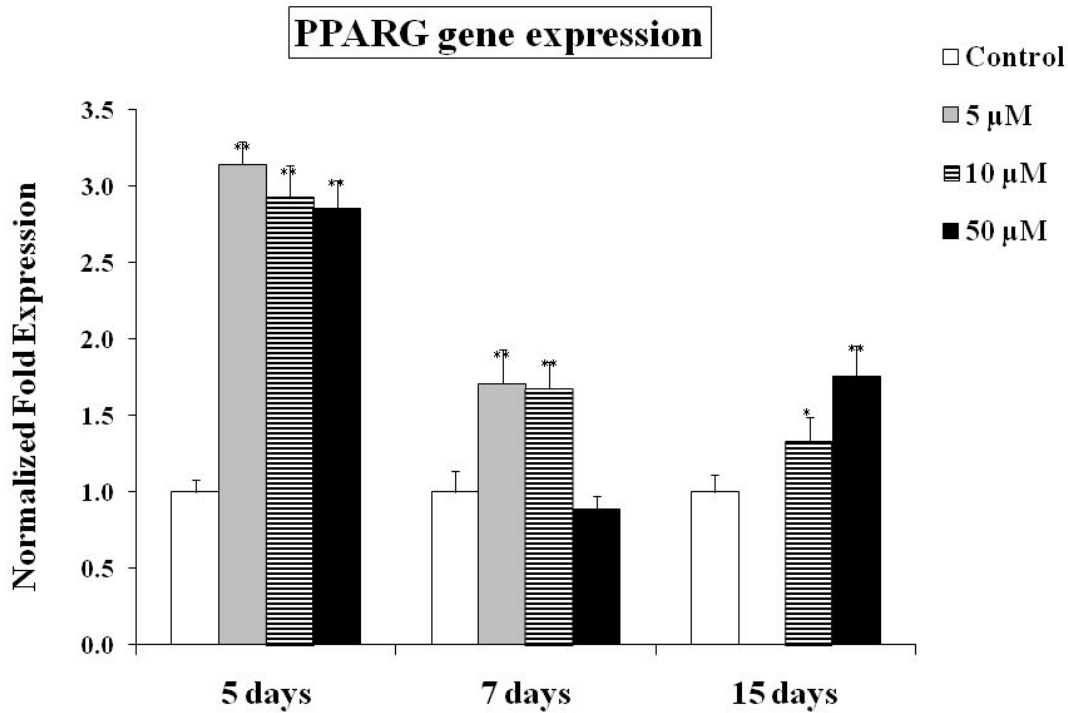


Figure 4-46. Real-time RT-PCR of PPARG gene mRNA expression in brindle Hanwoo muscle satellite cells which were treated with different concentrations of troglitazone (5  $\mu$  M, 10  $\mu$ M and 50  $\mu$ M) for post-confluence 5 days, 7 days and 15 days. Control group expression was termed 1.0 and relative expression of treatment group was calculated. Each RT-PCR was amplified in five replicate and ratio results expressed as the mean  $\pm$  standard error mean (SEM). Gene expression was normalized to GAPDH expression and denoted as a gene

## 제 4 절 결과요약

본 연구는 황우, 흑우, 칩소 간 모색특성을 이해하고 한우분류기준 설정에 요인으로 이용하기 위해서는 색소 관련 단백질 발현과 활성특성에 대한 자료를 제공하고자 실시하였다.

### 1. 한우품종별 모 색소 화학적 특성구명

품종별 모색 특성 및 모색관련 색소발현 연구 분석을 위해 흡광도 법을 이용한 모색별 전체 melanin 함량의 정량적 분석과 유전학적 연구를 위한 PCR 분석법을 통하여 우리나라 재래소 품종 (황우, 칩소, 흑소)들과 외국에서 도입된 소품종 (앵거스)을 비교 분석하였다. 총 멜라닌 함량은 앵거스에서 가장 높았고, 황색 한우에서 가장 낮았다( $p < 0.05$ ). 검정색의 모색일 지라도 앵거스가 한우보다 유의적 ( $p < 0.05$ )으로 높은 멜라닌 함량을 보였고, 한우 흑소(검정 모색)와 칩소(혼합모색)에서는 유의적인 차이가 나타나지 않았다. Eumelanin 함량은 앵거스에서 유의적 ( $p < 0.05$ )으로 높은 수치를 나타냈고 한우 흑소가 그 뒤를 이었다( $p < 0.05$ ). 한편 한우 황색소와 칩소 간에는 수치적으로는 한우 칩소에서 높은 값을 보였으나, 통계적인 유의성은 검정되지 않았다( $p > 0.05$ ). 붉은 노란색을 발현하는 pheomelanin은 앵거스에서 가장 높았고( $p < 0.05$ ) 한우 검정소와 황색에서 가장 낮았으나, 이 결과는 해석하기 어려웠다.

이 연구에서 5개의 gene에서, 오직 TYRP1 (exon 5) 과 MC1R에서만 편차가 관찰되었다. 그 서열은 효소 분석에서 차례차례 품종과 모색타입을 구별할 수 있도록 제한적으로 설계되었고 16개 효소가 이용한 결과 TYRP1(exon 5)은, N1aIII와 FatI 분해는 다른 품종들로부터 구별되는 칩소와 차이를 보였고 TspRI와 분해는 흑우와 다른 품종들로부터 구별되었고, BtsI은 흑우와 황우, 앵거스와 칩소로 분류되었다. Exon에서 관찰된 분해패턴은 아마도 프라임시프트 변형 또는 치환 때문일 것이라 사료된다. BfuAI는 칩소와 다른 품종과 구별되었다. 본 연구에서 이 실험들은 한우 표현형 앵거스와 구별할 수 있으며, 추후 더 많은 개체수와 다른 품종들이 수반된 연구가 생산유통이력(traceability) 또는 다양성 연구들을 위한 마커들의 유용성을 밝혀내기 위해 요구된다.

### 2. 한우품종별 색소세포특성 및 발달분화 특성구명

한우 모색별 (황색, 검정색, 혼합색) 피부조직 색발현 색소세포 특성 구명 및 분화관련 효소활성 구명을 위해 각 품종별 비경으로부터 채취된 피부조직을 세포배양하여 흡광도 법을 이용한 전체 melanin 함량의 정량적 분석과 면역학적 분석법을 이용한 색소세포로부터 추출된 단백질 발현도를 분석하였다. 한우의

비경으로부터 취한 세포는 2% FBS를 포함한 배양액에서 7일과 14일 배양으로 fibroblast와 keratinocytes는 죽어가고 melanocytes만 선택적으로 성장하였다. 배양 14일째에 일반적인 피부 세포의 모양의 초기 세포에서 각자 높은 dendricity와 dendrites를 보이고 있으며, 배양에 따라 세포가 밀집되었을 때 성장하여 세포가 성숙, 높은 dendricity 그리고 약간의 melanin의 축적을 보였다. 과밀하여 성장할 때의 대부분 나뉜 세포들과 21일 동안 배양된 세포로 멜라닌 축적(검은 반점)과 멜라닌 독성으로 죽어가는 세포 모양이 관찰되었다. 총 멜라닌은 모든 처리 그룹에서 증가하는데 반하여 eumelanin의 cystein 처리에서는 흑우와 흰소에서는 감소하였고 한우에서는 약간 증가하였다.  $\alpha$ -MSH와 NO 모두 한우에서 증가하였으나 다른 표현형에서는 A650/A500 nm의 값이 모든 표현형에서 eumelanogenesis으로 변화를 시사하는 음의 영향이 나타났다. NO는 모든 세포에서 멜라닌 형성을 증가시키는 것으로 나타났으며 L-cystein은 혼합된 결과가 나타났으나 명확한 결과를 도출할 수 없었다. 색소의 전환은 알려진 물질의 사용에 의해 가능하며 eumelanin 함량은 NO 처리와 함께 더 증가하였다.  $\alpha$ -MSH와 L-cysteine의 처리는 명확한 결론을 내리는데 부족하여 더 많은 연구가 요구된다. semi-qualitative RT-PCR에 의해 Tyr, MC1R, Tyrp 1 Tyrp 2의 수준에서 멜라닌과 같은 색소 축적을 전환 유도의 영향으로 이러한 유전자 수준의 표현을 식별한 결과 Tyrp 1은 nitric oxide와  $\alpha$ -MSH 처리구의 한우에 대단한 감소된 반면 L-cystein 처리구는 모든 표현형의 Tyr, Tyrp 2 그리고 MC1R을 침체시켰다.

세포 배양 분포에서 죽은 세포를 추정하는데 유용한 도구인 공초점 현미경으로 관찰한 결과 죽은 세포는 대조구를 비교했을 때 모든 처리그룹에서 높게 나타났으며 죽은 세포의 수는 배양기간 동안 증가하였다. 결론적으로, 공초점 현미경에 의한 배양된 melanocyte의 색소 전환의 영향에 대해 연구한 결과 세포의 모든 처리들은 대조구와 비교하였을 때 더 유동성이었다. 세 가지 표현형의 품종을 면역학적 분석에 의해 단백질 발현정도를 알아본 결과 Tyrosinase, TYRP-1, 그리고 MC1R에서는 모든 표현형에서 발현이 되었으나 TYRP-2의 경우 흑우에서만 약하게 발현이 되었다. 이는 TYR, MC1R 그리고 TYRP1 단백질 발현은 색소 멜라닌의 eumelanin 구성과 관련이 있다고 사료된다.

### 3. 한우 품종별 모색발현 연관 단백질 특성연구

한우 모색별 (황색, 검정색, 혼합색) 피부조직 색발현 연관 단백질 특성연구를 위하여 각 품종별 비경으로부터 추출 배양된 세포를 배양하여 2차원적 단백질분리법과 MALDI-TOF 또는 LC-MS-MS에 의해 분석하였다. 12.5% SDS-PAGE의해 품종에 따른 피부조직 색소 세포로부터 추출된 단백질을 분리양상을 관찰할 수 있었고 세부적인 단백질 발현 특성 연구를 위해 실시한 2차원적 전기영동

분석결과 한우의 경우 흑우나 칩소보다 많은 단백질 spot들이 발견되었고 이를 한우를 기준으로 흑우와 칩소의 match정도를 분석한 결과 두 품종 모두 62%로 같은 match 정도를 나타내었다. 발견 단백질의 정량적 분석에 의한 품종별 차이는 10-21개 정도의 spot들이 차이를 나타내었으나 정성적 분석에서는 한우와 흑우 또는 칩소와의 분석에서 100여개가 넘는 단백질이 한우에서만 발견이 되었으며 흑우 또는 칩소의 비교 분석 결과 45-80 여개의 단백질 발견에 차이를 나타내었다. 양적, 질적인 관점에서 분석을 수행하여 선발된 spots의 MALDI-TOF 또는 LC-MS-MS에 의해 동정된 단백질들에 대한 결과이다. 품종 간 차이를 나타낸 단백질들 중 총 19개의 단백질이 유의적으로 영향을 받은 것으로 나타났다. 한우와 흑우 색소세포를 비교한 결과 1개(Homo sapiens p20 protein)의 단백질이 한우에 비해 흑우의 색소세포에서 발견이 낮았다. 3개의 단백질(alpha-tubulin, MTHSP75 포함)은 한우와 비교에서 칩소의 색소 세포 단백질의 발견이 유의적으로 낮게 나타났다. 흑우와 칩소의 비교한 결과 4개의 단백질(similar to Apolipoprotein A-I precursor, galactokinase, heatshockprotein65)이 농도가 높거나 낮았고, 6개의 단백질(cofilin2, phospholipase C-alpha, carbonic anhydrase III 포함)은 한우에는 존재하지만 흑우에는 존재하지 않았다. 한편 한우에는 존재하나 칩소에는 존재하지 않는 3개의 단백질(beta tubulin, MTHSP75)과 흑우에는 존재하지만 칩소에는 존재하지 않는 5개의 단백질(MTHSP75, Pdhb protein, mutantbeta-actin,alpha-tubulin)이 동정되었다. 5개의 시료(phosphoglycerate kinase, Alpha-aminoadipic semialdehyde dehydrogenase, Parkinsondiseaseprotein7, triosephosphateisomerase, similar to phosphoglycerate kinase 1 isoform 9 [Canis familiaris])는 칩소에는 존재하나 흑우에는 존재하지 않았다. 그 중 spot No. 3711, 3810, 4722는 동일 단백질로 밝혀졌다.

#### 4. 근육세포모형을 통한 외모형태별 경제형질 탐색

한우의 근육위성세포를 확보하여 세포의 생물학적 특성과 경제형질 탐색을 관찰하기 위해 한우의 *m.longissimus dorsi*에서 채취한 근육세포를 배양하였다. 경제형질 관련 효소 (u-calpain, caspase 3, caspase 7, caspase 9)와 연관하여 RT-PCR법을 이용한 siRNA와 RNA 분석을 실시하였다. CAPN1-siRNA1 과 CAPN1-siRNA4은 각각  $60 \pm 0.02\%$  와  $56 \pm 0.03\%$  로  $\mu$ -calpain gene expression의 억제가 더 효과적인데 반하여 CAPN1-siRNA2 과 CAPN1-siRNA3은 transfected 되지 않은 위성세포와 비교하였을 때 각각  $16 \pm 0.04\%$  과  $24 \pm 0.05\%$  (mean  $\pm$  SEM)까지 gene expression의 평균이 감소되었다. 최상의 knowdown은 transfected 된 세포가 transfection 된 후에 48 시간 동안 배양되었을 때 이루어졌음이 발견되었다. Transfected되지 않은 세포들과 비교했을 때 처리된 세포의 4개의 u-calpain siRNA에서

caaspase 3의 하향조절이 나타났으며 유사하게, CAPN1-siRNA1과 CAPN1-siRNA4에서 트랜스펙션된 위성세포는 caspase 7의 mRNA 발현에서 더 많은 감소가 나타났다. CARD9-siRNA1과 CARD9-siRNA2는 트랜스펙션되지 않는 세포들과 비교했을 때 유전자 표현 평균이 각각  $40 \pm 3\%$  와  $49 \pm 2\%$  (mean  $\pm$  SEM)까지 감소하였다. 최상의 knockdown은 트랜스펙트된 세포가 transfection 이후 48시간 동안 배양되었을 때 성취되었음이 관찰되었다. 처리된 세포의 두 개의 caspase 9 siRNA에서 caspase 7의 하향조절은 transfected 되지 않은 세포와 비교된 결과 CARD9-siRNA1과 CARD9-siRNA2와 transfected된 위성세포는 caspase 3의 mRNA expression에서 증가를 보였다. 본 연구의 결과에서 caspase, 특히 caspase 9과 caspase 7을 위성세포의 확산에 어떤 역할 수행하고 있는 특정 포인트로 제시하였다. 이는 caspase 9 발현의 타깃 억제 효과에 근거한 결론이다. 본 연구의 결과들은  $\mu$ -calpain과 caspase 시스템 사이의 cross-talk이 있었음을 제안하면서 caspase 3과 caspase 7 발현의 감소 유도를 위한  $\mu$ -calpain 발현의 knockdown은 드러났다. 덧붙여, caspase 9 활성화의 표적 억제 또한 caspase 7 활성을 감소 시켰으며 세포사멸은 소근육의 위성세포 확산동안 고유한 경로를 통해 일어났음을 제시하였다. 더 중요한 것은,  $\mu$ -calpain은 근육 세포 성장동안 유전자 발현의 구제에 다면적인 기능을 갖고 있을 것이다. 또한  $\mu$ -calpain 또는 caspase 9과 같은 포적 유전자들의 진압은 골격 근육 위축의 처리에 진짜 가능성을 갖고 있을 수도 있음을 제안한다.

## 5. Troglitazone, PPAR $\gamma$ 의 작용이 쥐소 근육 위성세포의 확산과 분화, 그리고 근관에서 지질 축적에 미치는 영향

쥐소 근육 위성세포의 확산과 분화 및 지질 축적 특성을 연구하기 위하여 쥐소의 *m.longissimus dorsi* 에서 채취한 세포를 배양하였다. 배양된 세포는 CCK-8 분석을 통하여 세포의 확산과 생존능력을 측정하였고 지질 축적 특성 연구를 위한 글리세롤 산물 측정과 RT-PCR법을 통한 지방 세포 연관 유전자 (CEBPA, PPARG, FABP4)의 RNA 분석을 실시하였다. 쥐소 근육 위성 세포는 4일까지 급속히 성장하여 빠른 속도로 급증하였다. 이 연구에서 쥐소 근육 위성세포는 오랫동안 빠른 성장 단계를 보였고 동물 품종으로부터 isolated된 위성세포의 확산 특성에서의 heterogeneity 때문일 것이라 사료된다. troglitazone이 쥐소 근육위성세포 확산에 미치는 영향은 1-5일 동안 쥐소 근육 위성세포에서 유의성이 나타나지 않았다. 이는 유독성의 발달에 중심적인 약물 대사와 약물과 세포사이에 있는 분자의 상호작용에 관하여 이중 간 차이 때문으로 더 많은 연구를 통해 소의 근육세포의 확산에서 TGZ의 영향이 분자의 대사에 대한 설명이 필요하다. 글리세롤 축적이 TGZ의 다른 농도에 반응하여 유의하게 증가하는 결과를 나타냈다. post-융합 7일 동안 5  $\mu$ M, 10  $\mu$ M, 50  $\mu$ M의 TGZ를 처리한 쥐소 근육 위성세포의 글리세롤은

대조구와 비교하여 각각 33.8, 38.3, 50.8 nmol/mL 증가하였다. 낮은 농도의 TGZ (5  $\mu$ M) 또는 높은 농도 (50  $\mu$ M)는 쥐 소 근육 위성세포의 지질생성을 유도하고 TGZ가 in vitro에서 소의 근육 위성세포의 지방세포로 전환분화의 효과적인 활성제 할 수 있음을 시사 하였다. TGZ는 쥐 소의 근육 위성세포에서 지방세포 전사 인자 표현의 증가뿐만 아니라 CAPN1 유전자의 발현도 증가하였다. 성인 쥐 소부터 분리한 위성세포의 지방세포 같은 세포로 전환분화를 troglitazone에 의하여 유도하였음을 입증하였다. 뿐만 아니라, 본 연구의 결과는 근아세포의 지방세포로 전환분화 동안 FABP4, PPARG, CEBPA 유전자와 같은 몇몇 지방세포 표시유전자의 표현과 연관 지었고 CAPN1 유전자 표현과 같은 근육발생의 표시의 표현에 의존함을 나타내었다. 앞으로 이들 표시 위성세포의 전환분화 동안 규제된 경로유전자의 분자의 메커니즘을 설명하기 위한 연구가 필요하다.



## 제 5 절 참고문헌

1. Allen RE, Dodson MV, Luiten LS, Boxhorn LK. (1985) A serum-free medium that supports the growth of cultured skeletal muscle satellite cells. *In Vitro Cell Dev Biol* ; 21:636 - 40.
2. Allen, D. M., L. E. Chen, A. V. Seaber and J. R. Urbaniak. (1997). Calcitonin gene-related peptide and reperfusion injury. *J. Orthop. Res.* 15:243-248.
3. Allen, RE. (1987). Muscle cell culture as a tool in animal growth research. *Fed Proc.* 46: 290 - 294.
4. Asakura A, Komaki M, Rudnicki M. (2001) Muscle satellite cells are multipotential stem cells that exhibit myogenic, osteogenic, and adipogenic differentiation. *Differentiation* 68:245 - 53.
5. Barsh G.S. (2001) Coat Color Mutations, Animals. Academic Press, USA.
6. Bello B. D., Valentini M. A., Mangiavacchi P., Comporti M., and Maellaro E. (2004) Role of caspases-3 and -7 in Apaf-1 proteolytic cleavage and degradation events during cisplatin-induced apoptosis in melanoma cells. *Experimental Cell Research* 293, 302 - 310.
7. Berryere T.G., Schmutz S.M., Schimpf R.J., Cowan C.M. & Potter J. (2003) TYRP1 is associated with dun coat colour in Dexter cattle or how now brown cow? *Animal Genetics* 34, 169 - 75.
8. Brulé C, Dargelos E, Diallo R, Listrat A, Béchet D, Cottin P, Poussard S. Proteomic study of calpain interacting proteins during skeletal muscle aging. *Biochimie* 92 (2010) 1923-1933.
9. Burton NM, Vierck J, Krabbenhoft L, Bryne K, Dodson MV. (2000) Methods for animal satellite cell culture under a variety of conditions. *Methods Cell Sci* 22:51 - 61.
10. Chipuk J.E., Green D.R. (2005) Do inducers of apoptosis trigger caspase-independent cell death? *Nat. Rev. Mol. Cell Biol.* 6, 268 - 275.
11. Cohen G.M. (1997) Caspases: the executioners of apoptosis *Biochem. J.* 326 (Pt 1) 1 - 16.
12. De Coppi P, Milan G, Scarda A, Boldrin L, Centobene C, Piccoli M, et al. (2006) Rosiglitazone modifies the adipogenic potential of human muscle satellite cells. *Diabetologia* ; 49:1962 - 73.
13. Dodson MV, Allen RE. (1987) Interaction of multiplication stimulating activity/rat

insulin-like growth factor II with skeletal muscle satellite cells during aging. *Mech Ageing Dev* 39: 121 - 8.

14. Dodson MV, Martin EL, Brannon MA, Mathison BA, McFarland DC. (1987) Optimization of bovine satellite cell-derived myotube formation in vitro. *Tissue Cell* 19:159 - 66.
15. Dodson MV, McFarland DC, Grant AL, Doumit ME, Velleman SG. (1996) Extrinsic regulation of domestic animal-derived satellite cells. *Domest Anim Endocrinol* 13:107 - 26.
16. Eguchi R., Toné S., Suzuki A., Fujimori Y., Nakano T., Kaji K., Ohta T. Possible involvement of caspase-6 and -7 but not caspase-3 in the regulation of hypoxia-induced apoptosis in tube-forming endothelial cells. *Experimental Cell Research*, 315 (2009) 327-335.
17. Graphodatskaya D. (2002) Development of an in vitro cell culture gene expression technique to examine coat color genes in cattle. Doctoral Dissertation (submitted), Swiss Federal Institute of Technology, Zurich.
18. Greenlee AR, Dodson MV, Yablonka-Reuveni Z, Kersten CA, Cloud JG. (1995) In vitro differentiation of myoblasts from skeletal muscle of rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*. *J Fish Biol* 46:731 - 47.
19. Haydon RC, Zhou L, Feng T, Breyer B, Cheng H, Jiang W, Ishikawa A, Peabody T, Montag A, Simon MA, He T-C: (2002) Nuclear receptor agonist as potent differentiation therapy agents for human osteosarcoma. *Clin Cancer Res* 8:1288-1294.
20. Hu, E., Tontonoz, P., and Spiegelman, B. M. (1995) Transdifferentiation of myoblasts by the adipogenic transcription factors PPAR gamma and C/EBP alpha. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 92, 9856 - 9860.
21. Ito S. & Fujita K. (1985) Microanalysis of eumelanin and pheomelanin in hair and melanomas by chemical degradation and liquid chromatography. *Analytical Biochemistry* 144, 527 - 36.
22. Ito S. & Wakamatsu K. (1994) An improved modification of permanganate oxidation of eumelanin that gives a constant yield of PTCA. *Pigment Cell Research* 7, 141 - 4.
23. Joerg H., Fries H.R., Meijernik E. & Stranzigener G.F. (1996) Red coat colour in Holstein cattle is associated with a deletion in the MSHR gene. *Mammalian Genome* 7, 317 - 8.
24. Kischkel F.C., Hellbardt S., Behrmann I., Germer M., Pawlita M., Krammer P.H., Peter

- M.E. (1995) Cytotoxicity-dependent APO-1 (Fas/CD95)-associated proteins form a death-inducing signaling complex (DISC) with the receptor, *EMBO J.* 14 5579 - 5588.
25. Klungland H., Vage D.I., Gomez-Raya L., Adalsteinson S. & Lien S. (1995) The role of melanocyte-stimulating hormone (MSH) receptor in bovine coat color determination. *Mammalian Genome* 6, 636 - 9.
  26. Kook, S. H., K. C. Choi, Y. O. Son, K. Y. Lee, I. H. Hwang, H. J. Lee, J. S. Chang, I. H. Choi and J. C. Lee. (2006). Satellite cells isolated from adult Hanwoo muscle can proliferate and differentiate into myoblasts and adipose-like cells. *Mol. Cells* 22:239-245.
  27. Kroemer G., Martin S.J. Caspase-independent cell death, *Nat. Med.* 11 (2005) 725 - 730.
  28. Kronstrand R., Forstberg-Peterson S., Kagedal B., Ahlner J. & Goran L. (1999) Codeine concentration in hair after oral administration is dependent on melanin content. *Clinical Chemistry* 45, 1485 - 94.
  29. Lamoreux M.L., Wakamatsu K. & Ito S. (2001) Interaction of major coat color gene functions in mice as studied by chemical analysis of eumelanin and pheomelanin. *Pigment Cell Research* 14, 23 - 31.
  30. Liu C, Gersch R. P, Hawke T. J, Hadjiargyrou M. Silencing of *Mustn1* inhibits myogenic fusion and differentiation. *Am J Physiol Cell Physiol* 2010 May; 298(5):C1100-8.
  31. Magenta G, Borenstein X, Rolando R, Jasnis MA: (2008) Rosiglitazone inhibits metastasis development of a murine mammary tumor cell line LMM3. *BMC Cancer* 8:47.
  32. Masubuchi, Y., (2006). Metabolic and non-metabolic factors determining troglitazone hepatotoxicity: a review. *Drug Metab. Pharmacokinet.* 21, 347 - 356.
  33. McNeish I.A., Bell S., McKay T., Tenev T., Marani M., and Lemoine N.R. (2003) Expression of Smac/DIABLO in ovarian carcinoma cells induces apoptosis via a caspase-9-mediated pathway. *Experimental Cell Research* 286, 186 - 198.
  34. Medema J.P., Scaffidi C., Kischkel F.C., Shevchenko A., Peter M.E. (1997) FLICE is activated by association with the CD95 death-inducing signaling complex (DISC), *EMBO J.* 16,2794 - 2804.
  35. Moyen C, Goudenege S, Poussard S, Sassi A.H, Brustis J.J, Cottin P. (2004) Involvement of micro-calpain (CAPN 1) in muscle cell differentiation. *Int J Biochem Cell Biol.* Apr; 36 (4): 728-43.
  36. Nicholson D.W. (1999) Caspase structure, proteolytic substrates, and function during

apoptotic cell death, *Cell Death Differ.* 6 1028 - 1042.

37. Nishimura M, Mikura M, Hirasaka K, Okumura Y, Nikawa T, Kawano Y, Nakayama M, Ikeda M. (2008) Effects of dimethyl sulphoxide and dexamethasone on mRNA expression of myogenesis- and muscle proteolytic system-related genes in mouse myoblastic C2C12 cells. *J Biochem.* Dec; 144(6):717-24.
38. Nordlund ,J.J. Boissy, R.E. Hearing ,V.J. King, R.A. Oetting, W.S. and Ortonne J.P. (2006).The pigimentary system. 2nd edn. Black well Publishers.
39. Pfaffl, M. W. (2001). A new mathematical model for relative quantification in real-time RT-PCR. *Nucleic Acids Res.* 29, e45.
40. Piñeiro D., Martín M. E., Guerra N., Salinas M., González V. M. (2007) Calpain inhibition stimulates caspase-dependent apoptosis induced by taxol in NIH3T3 cells. *Experimental Cell Research*, 313 369 - 379.
41. Rhoads R.P., Fernyhough M.E., Liu X., McFarland D.C., Velleman S.G., Hausman G.J., Dodson M.V. (2009) Extrinsic regulation of domestic animal-derived myogenic satellite cells II. *Domestic Animal Endocrinology* 36 111 - 126.
42. Rouger K, Brault M, Daval N, Leroux I, Guigand L, Lesoeur J, Fernandez B, Cherel Y. (2004) Muscle satellite cell heterogeneity: in vitro and in vivo evidences for populations that fuse differently. *Cell Tissue Res.* 317: 319 - 326.
43. SAS (1997) Applied Statistics and the SAS Programming Language. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.
44. Schamberger C. J., Gerner C., Cerni C. (2005) Caspase-9 plays a marginal role in serum starvation-induced apoptosis. *Experimental Cell Research*, 302:115 - 128.
45. Schmutz S.M., Berryere T.G., Ciobanu D.C., Mileham A.J., Schmitz B.H. & Fredholm M. (2004) A form of albinism in cattle is caused by a tyrosinase frameshift mutation. *Mammalian Genome* 15, 62 - 7.
46. Scoltock A. B. and Cidlowski J. A. (2004) Activation of intrinsic and extrinsic pathways in apoptotic signaling during UV-C-induced death of Jurkat cells: the role of caspase inhibition. *Experimental Cell Research*, 297, 212 - 223.
47. Shi Y. (2002) Mechanisms of caspase activation and inhibition during apoptosis, *Mol. Cell* 9:459 - 470.
48. Shi Y.G., (2001) A structural view of mitochondria-mediated apoptosis, *Nature. Struct. Biol.* 8, 394 - 401.

49. Singh, N. K., H. S. Chae, I. H. Hwang, Y. M. Yoo, C. N. Ahn, S. H. Lee, H. J. Lee, H. J. Park and H. Y. Chung. (2007). Transdifferentiation of porcine satellite cells to adipoblasts with ciglitizone. *J. Anim. Sci.* 85:1126-1135.
50. Vaisid, T., N. S. Kosower and S. Barnoy. (2005). Caspase-1 activity is required for neuronal differentiation of PC12 cells: cross-talk between the caspase and calpain systems. *Biochem. Biophys. Acta - Mol. Cell Res.*1743:223 - 230.
51. Vansant G., Pezzoli P., Saiz R., Birch A., Duffy C., Ferre F., Monforte J. (2006). Troglitazone Reveals Its Impact on Multiple Pathways in Cell Culture: A Case for In Vitro Platforms Combined with Gene Expression Analysis for Early (Idiosyncratic) Toxicity Screening. *International Journal of Toxicology* March vol. 25 no. 285-94.
52. Velleman S. G, Liu X. S., Nestor K. E., McFarland D. C. (2000) Heterogeneity in growth and differentiation characteristics in male and female satellite cells isolated from turkey lines with different growth rates. *Comparative Biochemistry and Physiology, Part A* 125:503 - 509.
53. Wada MR, Inagawa-Ogashiwa M, Shimizu S, Yasumoto S, Hashimoto N. Generation of different fates from multipotent muscle stem cells. *Development* 2002; 129:2987 - 95.
54. Wang SJ, Omori N, Li F, Jin G, Zhang WR, Hamakawa Y, Sato K, Nagano I, Shoji M, Abe K. (2002) Potentiation of Akt and suppression of caspase-9 activations by electroacupuncture after transient middle cerebral artery occlusion in rats. *Neurosci Lett.* Oct 11; 331(2):115-8.
55. Yada E, Yamanouchi K, Nishihara M. (2006) Adipogenic potential of satellite cells from distinct skeletal muscle origins in the rat. *J Vet Med Sci* 68:479 - 486.

# 제 5 장 희귀한우 외모특성 고정 및 계통조성

## 제 1 절 서론

### 1. 연구개발의 목적

본 연구 수행의 목적은 한우의 외모 특성에 따른 유전적 다양성 검증 및 한우 품종의 유전적 분류기준 설정하고, 희소 한우 품종(흑우, 칩소)에 대한 유전적 분류 기준 정립에 의한 품종 및 계통 조성하는 것이다.

### 2. 연구개발의 필요성

희귀한우 외모특성 고정 및 계통조성 연구개발의 필요성은 기술적인 측면과 경제·산업적인 측면에서 필요성을 조사하였다.

#### 가. 기술적 측면

1938년의 심사표준에 검은털 또는 칩소털을 가진 한우는 탈락시킬 것을 권고하였고, 1975년에 농림부장관에 의해 고시된 종축 및 후보종축의 심사기준에서도 품종의 특정적 모색으로 황갈색을 정하고 다른 모색 및 비경흑 등을 결격사항으로 하고 있으며 백반 등의 개체를 가급적 종축에서 제외할 것을 권장함으로써 외형적 통일을 기하고 있다. 한우의 외형적 통일을 위하여 외모심사기준을 설정(한국종축개량협회 공고 제97-7호)하여 흑만선, 백반, 흑비경 등을 제외시킴으로 외형적인 통일을 기하고 있으나 근래에 있어 능력이 우수하면서도 외형적인 결함으로 종모우로 선발이 되지 못하고 실격되는 경우가 빈번히 발생하면서 이모색 및 비경흑 결격사항의 계속 유지 여부에 대한 논란이 야기되고 있다. 제10차 한우개량 추세조사시 외모심사결과 이모색 발현율이 2.0%, 흑비경 발현율이 5.2%로 나타났으며, 제39차 후보종모우선발시에는 총 28두의 후보종모우중 16두(57%)가 외모심사 실격요건을 지닌 것으로 판정되어 우수축이 종모우 선발에서 탈락된 사례가 있다. 그리고, 한우이외에도 우리나라에 존재하는 희귀한우 즉, 흑우, 칩소간 모색특성을 이해하고 한우분류기준 설정에 요인으로 이용하기 위해서는 색소 관련 단백질 발현과 활성특성에 대한 연구가 필요하다.

#### 나. 경제·산업적 측면

농가에 보급된 보증종모우 자손중 이모색을 가지는 것이 발생하여 농가의 민원이 발생

하고 있으며, 한우 중 품종 또는 계통성립을 위한 황우, 흑우, 칠포 및 비경흑우 등의 유전 특성 규명 필요성 대두되고 있으며, FTA, DDA 협상에 따른 외국의 유사 외모 및 모색의 육우 수입·유통에 대비하여 한우와 외모가 유사한 외국 품종간의 유전학적 차별성 확보 필요하다.

유전자원에 대한 국제적인 관심이 높아지면서 유전자원에 대한 지적재산권에 대한 논의가 활발히 진행이 되면서 우리가 보유한 유전자원에 대한 유전적 특성분석이 필요하게 되었고, 국제적으로 동물유전자원의 선점 경쟁이 치열함을 감안, FAO에 제출한 동물유전자원현황에 관한 아국 보고서에 담은 한우, 흑우, 제주흑우, 칠포를 우리나라 재래소의 품종으로 인정받기 위해서는 유전적 특성분석과 품종 고정을 위한 연구가 시급하다. 한우 중 품종 또는 계통성립을 위한 황우, 흑우, 칠포 및 비경흑우 등의 유전 특성 규명 필요성 대두되고 있으며, 한우와 젓소간 1대잡종 및 2대잡종의 생산에 따른 한우사육기반이 흔들릴 위험의 소지가 존재한다. 또한, 농가에서는 흑비경이 발생할 경우 불량형질로 간주되어 흑비경 발생시 문전거래나 경매시장에서 약 100천원의 거래 가격 하락이 야기되고 있으며, 흑비경 발생 후보종모우 및 보증종모우 탈락에 의해 연간 3,000백원의 국가적 손실을 가져오게 된다.

#### 다. 사회·문화적 측면

한우는 유일한 우리의 유전자원으로 경제적 목적 뿐 아니라 농업 정서상 지키고 보호해야하며, 유전자원에 대한 국제적인 관심이 높아지면서 유전자원에 대한 지적재산권에 대한 논의가 활발히 진행이 되면서 우리가 보유한 유전자원에 대한 유전적 특성분석이 필요하게 됨에 따라 한우의 순수혈통과 유전자원 보존 및 형질개량을 도모하기 위한 기초적 유전자원의 정확한 확인 및 보전이 필요하다.

따라서, 한우의 유전적 순수성을 유지하고 정확한 유전적 기작을 규명하여 과학적인 근거에 의거 한우 결격사항을 정하고 농가 민원을 해소하며 한우 품종 다양성 규명에 의한 다양한 유전자원을 확보하기 위하여 희귀한우의 기초집단조성과 능력검정을 통하여 한우 품종의 다양성을 유지하는데 본 연구를 실시하게 되었다.

### 3. 국내외 기술개발 현황

#### 가. 연구개발대상 기술의 국내·외 현황

세계적인 기술 경향은 UN/FAO 산하기구인 국제축산연구소(케냐, ILRI)는 아프리카 소 품종들을 중심으로 MS(Microsatellite), SNP(Single Nucleotide Polymorphism)를 이용한 계통유전학적(phylogenetics) 및 보존유전학적(Conservative Genetics) 연구 분야가 활발히 진행되고 있으며, EU에서는 총 13개국이 참여하는 국제컨소시엄을 형성하여 유럽의 약 50개 소 품종에 대한

유전적 특성, 각 품종의 형성 및 유전적 연관관계 등의 추정분석으로 유전자원으로서 가치 평가와 식량자원으로 활용방안이 모색되고 있다.

#### 나. 국내수준

한우의 외모특성에 대한 유전적 원인에 대한 연구는 국내에서 거의 행해진 바가 없으며, 이로 인하여 종축 및 후보종축의 심사과정에서 외모 심사에 기준한 결과에 의존하고 있는 실정이다. 또한 흑한우, 칠푼소에 대한 한우와의 유전적 관련성 규명에 대한 연구가 단편적으로 되어 있거나 거의 존재하지 않고 있는 실정이다.

현재 한우, 흑한우, 칠푼소, 비경흑우 등을 이용해서 유전적 특성을 파악한 연구 결과로 소의 모색과 연관된 MC1R 유전자의 분석과, MS (microsatellite) 분석을 통한 한우 및 타 품종들 간의 연관성 분석이 미비하게나마 진행되었다. MC1R 유전자 분석의 경우, 국내 한우로 둔갑해서 불법으로 유통되고 있는 홀스타인 및 앵거스 품종에 대한 한우의 구분이 가능할 것으로 보이는 marker의 개발과 연관되어 있다. 또한 MS의 분석의 경우, 한우의 유전적 다양성 분석 및 경제형질과의 연관성에 치중되고 있지만 아주 미비한 실정이다. 이에 따라 한우에 대한 정확한 유전적 분석이 행해져야 하며, 타 품종들과의 계통유전학적 분석을 통한 명확한 한우의 위치를 파악해줄 필요성이 있다.

#### 4. 연구개발의 목표 및 내용

연구개발은 크게 3가지 분야로 나누어 실시하였으며, 첫 번째 연구는 한우 외모특정에 대한 유전양태 조사로써 참여기관에서 보유중인 칠푼소와 흑우에 대한 외모특성 개체의 혈통을 추적하여 유전적인 경향을 파악하는데 구체적인 수행내용은 칠푼소와 흑우에 대하여 강원·충북도 축산연구소 및 농가 보유축 약 300여두에 대한 혈통추적 및 외모특성에 대한 기록을 조사하고, 비경흑색 등은 한우개량사업소 보유축 약 1,000여두에 대한 혈통 및 비경색 구분방식에 의거 기록을 조사연구하는 것이며, 두 번째 연구는 한우 칠푼소·흑우에 대한 기초집단 구성으로써 흑우의 경우 흑우와 흑우간 교배시 흑우가 우성으로 모색이 발현되고 있으므로 이계교배(흑우 내에서 혈연관계가 먼 개체간 교배)를 기본으로 하고, 또한 칠푼소·흑우의 집단규모가 적으므로 수정란이식을 통한 전형매 개체를 생산하여 이용을 하였으며, 세 번째 연구는 한우 흑비경우에 대한 기초집단 구성으로 비경색이 흑색인 집단과 비경색이 육색(핑크색)인 집단간 Cross 교배, 자손을 이용한 퇴교배 및 F1간 교배를 실시하여 F2에 대한 다양한 비경색 발현 양태를 조사하여 이용하였다.



## 제 2 절 재 료 및 방 법

한우 품종에 대한 외모특성(흑비경, 백만선 등)과 유전적 능력을 조사·분석하고 이에 대한 유전적 유연관계를 구명하기 위하여 농협 한우개량사업소 보유축에 대한 외모특성(흑비경, 이모색 등)을 조사하고, 외모 형태별 경제형질(증체량, 산육능력, 육질등급 등) 차이 비교연구 하며, 한우 외모특정에 대한 유전양태 조사를 위하여 칩소와 흑우는 강원·충북도 축산연구소 및 농가 보유축에 대한 혈통추적 및 외모특성에 대한 기록을 조사하고, 비경흑색 등은 한우개량사업소 보유축에 대한 혈통 및 비경색 구분방식에 의거 기록을 조사하였다.

한우 칩소·흑우에 대한 기초집단 구성은 한우 칩소의 경우 칩소와 칩소간 교배시 황색, 칩소 및 흑우 등 다양한 모색을 나타내고 있으므로 유전적 고정화를 위하여 근친교배(전형매 및 반형매 교배, 퇴교배)가 필요하나 사육규모가 적으므로 이계교배(칩소내에서 혈연관계가 먼 개체간 교배)를 기본으로 하고 근친교배를 병행하여 집단을 구성하였으나 흑우의 경우 흑우와 흑우간 교배시 흑우가 우성으로 모색이 발현되고 있으므로 이계교배(흑우내에서 혈연관계가 먼 개체간 교배)를 기본으로 실시하였다. 또한 칩소·흑우의 집단규모가 적으므로 수정란이식을 통한 전형매 개체를 생산하여 기초집단을 구성하였다.

한우 흑비경우에 대한 기초집단 구성은 비경색이 흑색인 집단과 비경색이 육색(핑크색)인 집단간 Cross교배, 자손을 이용한 퇴교배 및 F1간 교배를 실시하여 F2에 대한 다양한 비경색 발현 양태를 조사하였다.

외모 특성별 경제형질 평가를 위한 검정을 위하여 집단조성은 칩소와 흑우는 강원도, 충북도 축산연구소 및 희귀한우 사육농가에서 검정집단을 형성하였으며, 희귀한우의 기초집단 조성의 효율성제고를 위하여 수정란이식을 통한 집단조성과 전형매집단을 우선확보하여 검정을 실시하였다. 흑비경 발현우와 대조구는 농협 한우개량사업소 보유축으로 조성하여 검정을 실시하였으며, 한우 당대검정 및 후대검정우를 동시에 활용하여 검정에 참여시켰다.

한우의 능력검정 성적조사는 6개월령에서 12개월령까지 실시하였으며, 후대검정우는 24개월령까지 실시하여 자료를 조사하였으며, 흑비경 발현우의 도체성적조사는 24개월령에 출하한 성적을 조사하였다.

희귀한우 외모 및 흑비경우의 외모조사는 외모특성 및 흑비 경우 조사기준을 마련하여 실시하였다.

# 제 3 절 연구결과 및 고찰

## 1. 희귀한우 외모특성 고정 및 계통조성

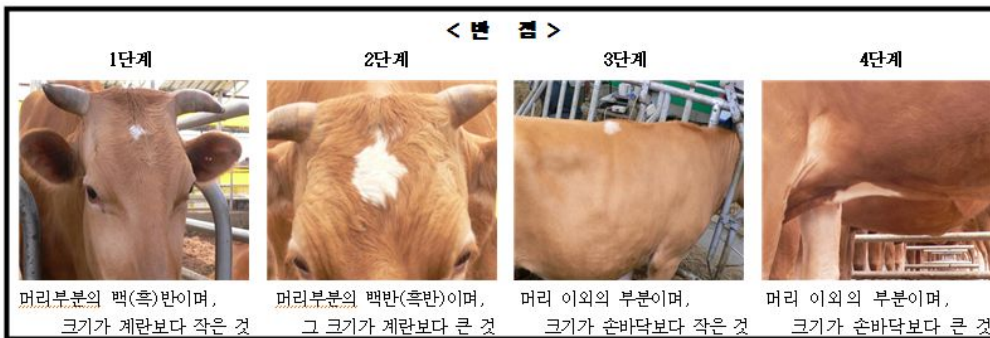
### 가. 외모특성 기준 마련

모색, 이모색, 비경을 단계별로 나누어 분류기준을 마련하여 연구에 활용하였다. 췌소에서 모색을 1~3단계로 나눠 분류를 했으며, 1단계는 개체 일부 호반무늬가 있는 개체, 2단계는 호반무늬가 있지만 전신을 덮지 않은 개체(약호반), 3단계는 전신에 호반무늬를 가진 개체(호반무늬)로 분류하였고, 흑우에서는 흑색을 나타내고 있으나 색깔과 전체분포도를 기준으로 3단계로 나누었다. 한우 이모색은 모색의 분포도에 따라 백모, 흑모와 반점의 유무에 따라 백반, 흑반으로 나누었다. 한우의 흑비발현 정도에 따라 1단계에서 5단계로 나누었고, 2~3단계를 중간비, 4~5단계를 흑비로 하여 조사를 하였다.

### 1. 모색 분류



2. 이모색 및 반점분류



3. 비 경



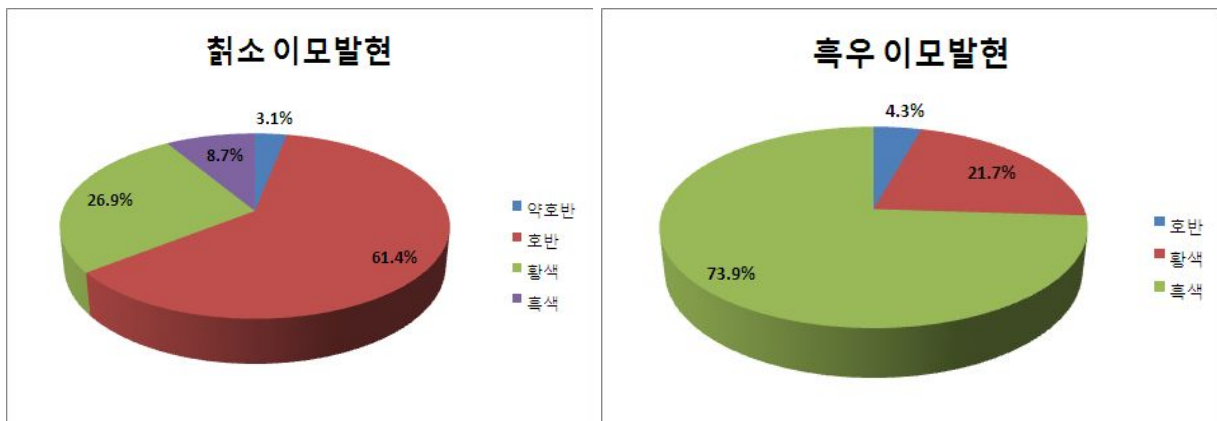
Figure 5-1. 모색발현 및 흑비경 발현우 기준

나. 칩소, 흑우의 계통조성 이모발현 두수

Table 5-1. 칩소, 흑우의 계통조성 이모발현 두수

축종	모색 (발현율%)				
	약호반	호반	황색	흑색	합계
칩소	12 (3.1)	240 (61.4)	105 (26.9)	34 (8.7)	391 (100)
흑우		5 (4.3)	25 (21.7)	85 (73.9)	115 (100)
합계	12 (2.4)	245 (48.4)	130 (25.7)	119 (23.5)	506 (100)

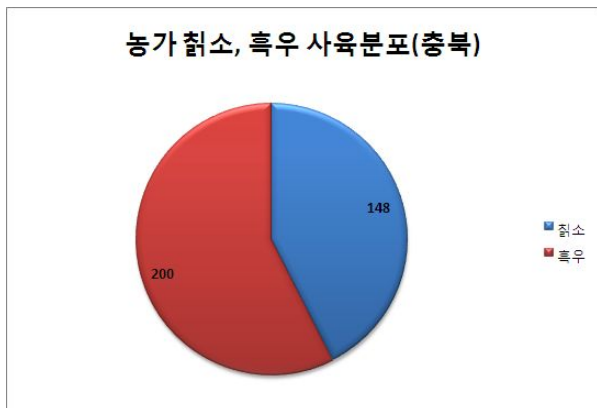
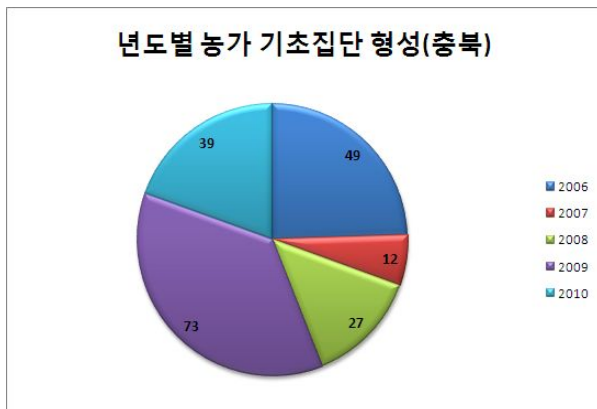
칩소, 흑우에 대한 외모에 따른 계통조성은 Table 5-1과 같으며, 칩소에서는 약호반, 호반, 황색, 흑색 다양하게 발현되었고, 호반무늬에서 61.4%로 가장 많은 발현을 보였으며, 흑우에서는 호반, 황색, 흑색으로 발현되었으나, 흑색을 나타내는 개체는 73.9%로 가장 큰 빈도를 보였다.



다. 한우 칩소·흑우 및 흑비경우에 대한 기초집단 구성

Table 5-2. 충북 축산위생연구소 칩소, 흑우 기초집단 구성

축군 형성	농가					연구소					합계
	칩소		흑우		소계	칩소		흑우		소계	
	수	암	수	암		수	암	수	암		
2006		34		15	49	15	38	5	22	80	129
2007	2	8		2	12	1	3	1	2	7	19
2008	13	10	1	3	27	8	9	4	4	25	52
2009	26	26	13	8	73	5	10	4	7	26	99
2010	15	14	6	4	39	5	7	3	2	17	56
합계	56	92	20	32	200	34	67	17	37	155	355



충북 축산위생연구소에서의 칩소, 흑우의 기초집단 구성은 농가와 연구소로 이원화하여 구성 하였으며, 2006년도에는 기존 사육개체를 기반으로 기초집단을 구축한 결과 두수가 많았으며, 2007년도에는 기본 집단에서 태어난 개체를 새로이 집단에 추가하게 되어 분만한 개체가 적어 늘어난 두수가 많지 않았다. 농가에서는 칩소, 흑우가 각각 148두, 200두로 구성하였으며, 연구소에서는 각각 101두, 155두를 기초집단으로 구성하였다.

Table 5-3. 강원 축산기술연구센터 칩소 기초집단 구성

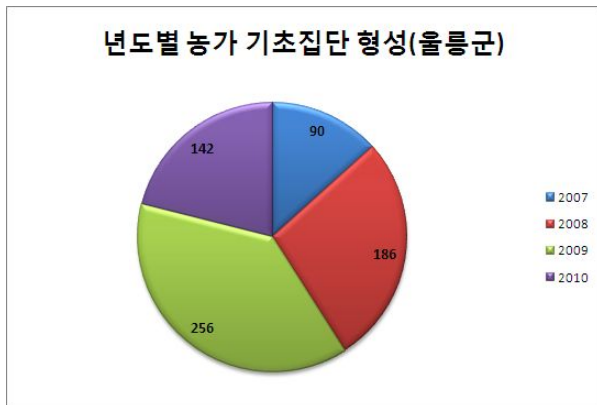
축군형성	수	암	합계
2006	19	34	53
2007	4	3	7
2008	9	12	21
2009	10	5	15
2010	11	15	26
합계	53	69	122



강원 축산기술연구센터에서 축소에 대하여 기초집단을 구성한 결과 총 122두를 조성하였으며, 연도별 증가두수는 2007년도 7두, 2008년도 21두, 2009년도 15두, 2010년 26두로 증가하였다.

Table 5-4. 울릉군 농업기술센터 축소 기초집단 구성

축군형성	농가			울릉군			합계
	수	암	소계	수	암	소계	
2007	8	82	90	8	22	30	120
2008	27	159	186	10	7	17	203
2009	69	187	256	6	4	10	266
2010	69	73	142	2	3	5	147
합계	173	501	674	26	36	62	736

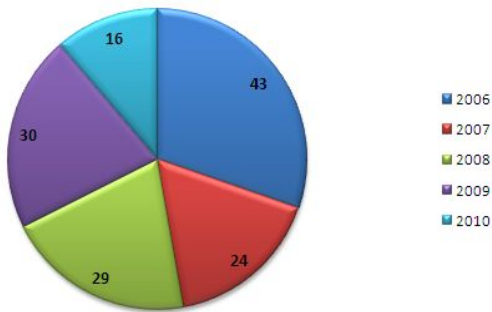


울릉군 농업기술센터는 2006년에는 기초집단이 없었으나, 2007년부터 외부의 축소를 매입하여 축군을 조성하여 농가와 센터로 이원화로 하여 구성하였고, 축소의 기초집단 구성은 농가, 센터에서 각각 674두, 62두로 농가에서 기초집단을 구성한 규모가 더 많아 총 736두의 규모로 조성되었다.

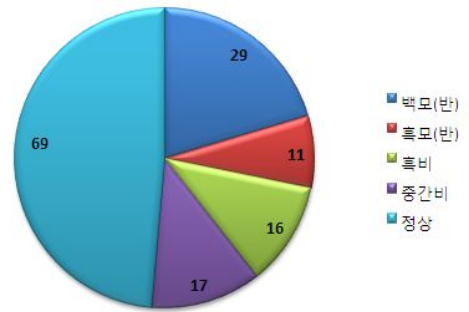
Table 5-5. 한우 이모, 흑비발현우 기초집단 구성

축군 형성	수						암						총합 계
	백모 (반)	흑모 (반)	흑비	중간 비	정상	소 계	백모 (반)	흑모 (반)	흑비	중간 비	정상	소 계	
2006							16	10	11	6		43	43
2007				1	6	7	5		1	5	6	17	24
2008	3	1	2		8	14	1		2		12	15	29
2009	3			4	9	16	1			1	12	14	30
2010					8	8					8	8	16
합계	6	1	2	5	31	45	23	10	14	12	38	97	142

년도별 이모, 흑비 발현 기초집단 형성



이모, 흑비 발현별 집단 형성



한우 이모 및 흑비 발현우는 한우개량사업소에서 발현되는 개체를 대상으로 집단을 조성 하였으며, 이모 발현우의 구성은 백모(반), 흑모(반)로 하였고, 흑비 발현우는 흑비, 중간비, 정상(육색)으로 분류하여 구성하여, 백모(반) 29두, 흑모(반) 11두, 흑비 16두, 중간비 17두, 정상(육색) 69두로 총 142두로 구성하였다.



## 2. 한우 외모특성에 대한 유전양태 조사

### 가. 칩소, 흑우의 교배형태에 따른 모색 발현양상 조사

칩소와 흑우에서 모색발현은 황색, 약호반, 호반, 흑색 등 다양한 모색이 존재하고 있으므로, 칩소와 흑우의 교배형태에 따른 칩소와 흑우의 발현양상을 조사한 결과 Table 5-6에 제시하였다.

Table 5-6. 칩소, 흑우의 교배형태에 따른 모색 발현 양상

축종	교배형태 <sup>주)</sup>	약호반 (발현율)	호반 (발현율)	황색 (발현율)	흑색 (발현율)	합계 (발현율)
칩소	약호반 × 칩소	3 (23.1)	3 (23.1)	7 (53.8)		13 (100)
	호반 × 칩소	5 (2.4)	94 (45.2)	81 (38.9)	28 (13.5)	208 (100)
	황색 × 칩소	1 (2.6)	10 (26.3)	25 (65.8)	2 (5.3)	38 (100)
	흑색 × 칩소		1 (25)	3 (75)		4 (100)
	소계	9 (3.4)	108 (41.1)	116 (44.1)	30 (11.4)	263 (100)
흑우	호반 × 흑우		1 (25)	1 (25)	2 (50)	4 (100)
	황색 × 흑우			1 (20)	4 (80)	5 (100)
	흑색 × 흑우		5 (8.6)	17 (29.3)	36 (62.1)	58 (100)
	소계		6 (9)	19 (28.4)	42 (62.7)	67 (100)
합계		9	114	135	72	330

주) 교배형태 : 어미 × 아버

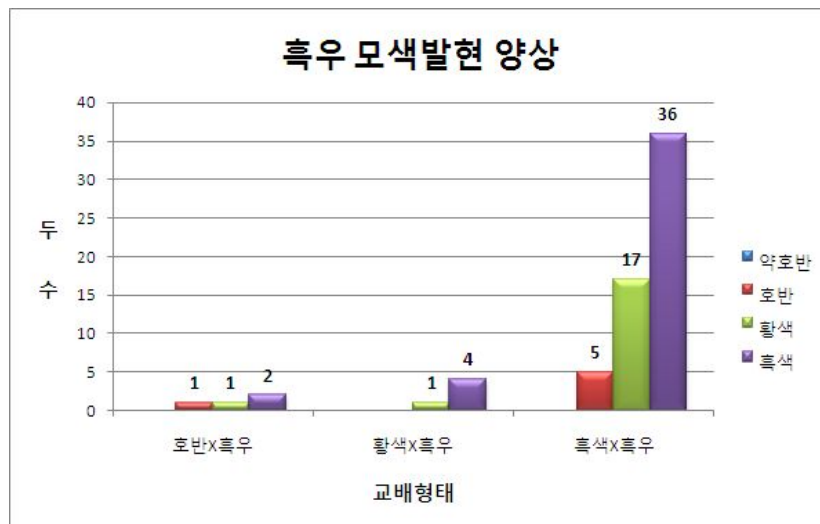
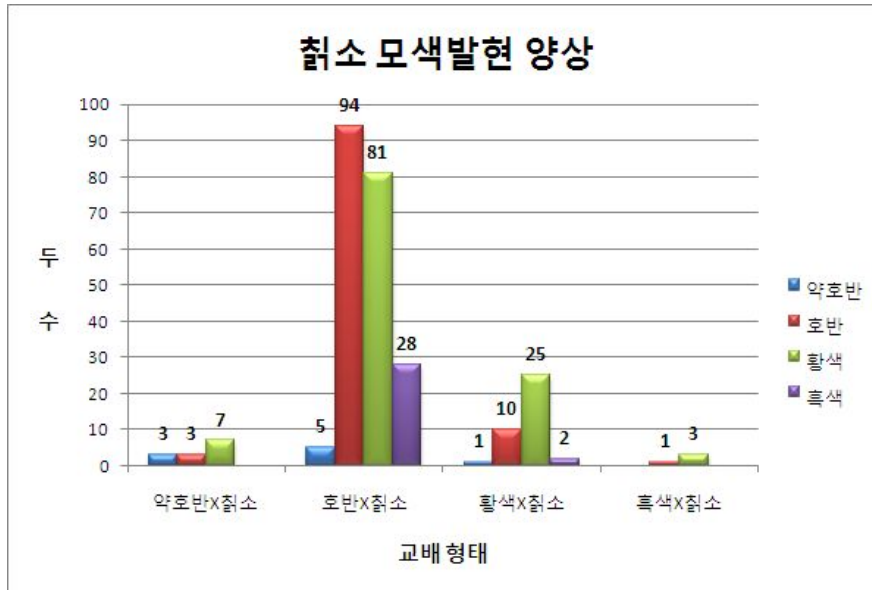


표6의 결과에서 보듯이 취소에 호반무늬가 있는 취소를 대상으로 교배한 결과 호반, 황색, 흑색, 약호반 순으로 발현되었으며, 취소중에서 황색을 발현하는 취소와 교배를 한 결과 황색이 65.8%로 가장 많이 발현된 결과를 나타내었다. 취소에서는 여러형태의 모색이 발현되는 바 외모특성을 고정 시키기 위해서는 선발, 도태를 활용하여 더 많은 세대를 거치면서 외모를 고정 시킴으로써 고정 될 것으로 사료된다.

흑우와 여러 가지 모색을 가진 흑우와의 교배에서는 흑색의 발현빈도가 가장 두드러지게 나타났다. 취소는 다양하게 모색이 발현되는 반면 흑우에서는 흑색을 나타내는 빈도가 가장 뚜렷한 것으로 보아 흑우에서 모색고정이 더 뚜렷한 것으로 사료된다.

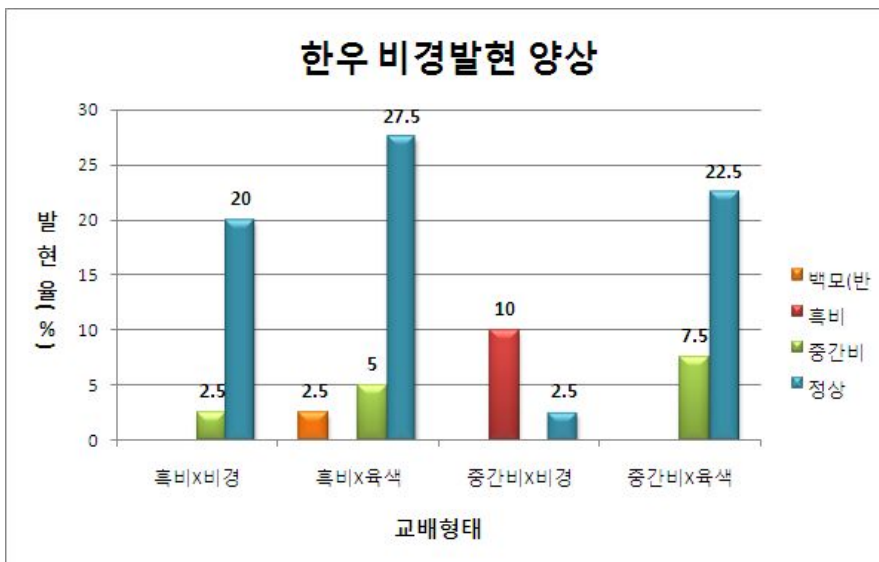
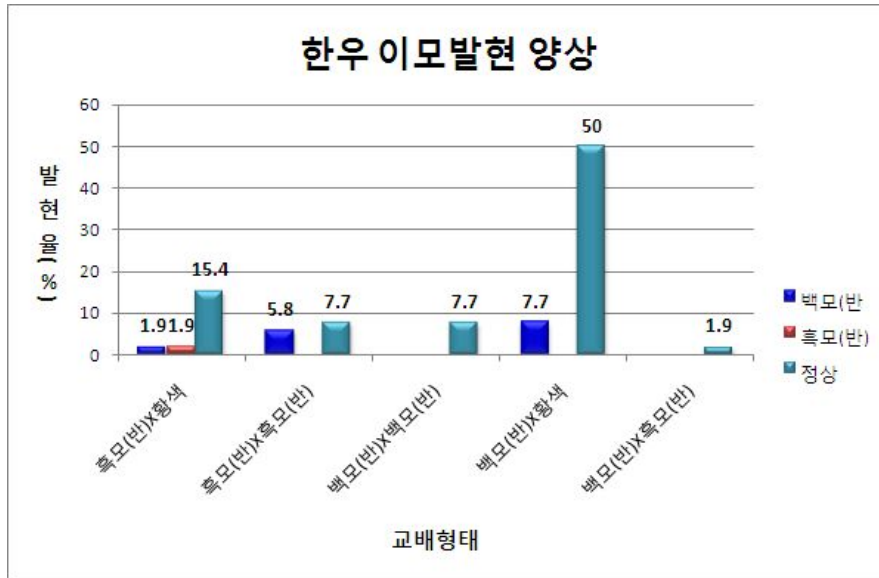
나. 이모 및 흑비 발현 양태조사

Table 5-7. 한우 이모 발현우에 대한 모색 발현 양상

교배형태 (어미×아버지)	분만두수	송아지 모색 및 비경				
		백모(반) (발현율)	흑모(반) (발현율)	흑비 (발현율)	중간비 (발현율)	정상 (발현율)
흑모(반) × 황색	10 (19.2)	1 (1.9)	1 (1.9)			8 (15.4)
흑모(반) × 흑모(반)	7 (13.5)	3 (5.8)				4 (7.7)
백모(반) × 백모(반)	4 (7.7)					4 (7.7)
백모(반) × 황색	30 (57.7)	4 (7.7)				26 (50)
백모(반) × 흑모(반)	1 (1.9)					1 (1.9)
합계	52 (100)	8 (15.4)	1 (1.9)			43 (82.7)

Table 5-8. 한우 비경 발현우에 대한 모색 발현 양상

교배형태 (어미×아버지)	분만두수	송아지 모색 및 비경				
		백모(반) (발현율)	흑모(반) (발현율)	흑비 (발현율)	중간비 (발현율)	정상 (발현율)
흑비 × 비경	9 (22.5)				1 (2.5)	8 (20)
흑비 × 육색	14 (35)	1 (2.5)			2 (5)	11 (27.5)
중간비 × 비경	5 (12.5)			4 (10)		1 (2.5)
중간비 × 육색	12 (30)				3 (7.5)	9 (22.5)
합계	40 (100)	1 (2.5)		4 (10)	6 (15)	29 (72.5)



이모 및 비경발현우에 대한 교배 분만우에 대하여 외모조사를 한 결과 백모(반) 어미와 백모(반), 흑모(반) 아버지의 교배에서 태어난 개체는 이모의 발현개체를 보이지 않았으며, 백모(반)과 황색 아버지의 교배에서 백모(반) 출현두수가 4두, 발현율이 7.7%를 보였다. 흑모(반) 어미와 아버지를 교배한 흑모(반) 출현우는 3두이며, 흑모(반) 어미와 황색 아버지 사이에서 분만한 개체에서는 백모(반), 흑모(반) 출현이 각각 1두가 나타났다. 이러한 결과를 볼 때 이모발현개체에 대하여 외모적으로 뚜렷한 양상을 보이지 않았으며, 송아지가 이모발현되는 경우는 어미와 아버지의 단순한 영향보다는 1970~80년대에 외국 육우의 도입으로 인한 요인과 토종 순수 한우의 모색이 교차효과로 인하여 발생할 수 있을 것이라 보이며, 유전학적으로 접근하는 것이 더

효과적일 것으로 사료된다.

중간비발현 어미와 비경발현 아버와의 교배에서 4두가 흑비경발현이 나타났으며, 대부분 정상으로 발현되었다. 본 결과 어미와 아버의 비경상태에 따라서 일부 영향을 받으나, 대부분 정상으로 발현되어 비경이 유전적 양태에 의한 발현으로 사료되어지지 않는다.

### 3. 한우 칙소·흑우 및 흑비경우에 대한 계획교배 실시

#### 가. 칙소, 흑우, 흑비경우 인공수정 실적

Table 5-9. 강원도 칙소에 대한 번식성적

년도	칙소			전체		
	수정	분만	분만율 (%)	수정	분만	분만율 (%)
2005	12	12	100	12	12	100
2006	5	5	100	5	5	100
2007	15	15	100	15	15	100
2008	15	15	100	15	15	100
2009	23	23	100	23	23	100
2010	33	4	12.1	33	4	12.1
합계	103	74	71.8	103	74	71.8

Table 5-10. 강원도 칙소 씨수소의 번식성적

아비명호	칙소			전체		
	수정	분만	분만율 (%)	수정	분만	분만율 (%)
223201	12	12	100	12	12	100
243205	20	20	100	20	20	100
243206	4	4	100	4	4	100
263004	6	6	100	6	6	100
263008	32	32	100	32	32	100
칙 0815	1			1		
칙 5999	28			28		
합계	103	74	71.8	103	74	71.8

강원도의 칙소 번식성적은 강원도센터에서 사육 관리하여 분만율이 대부분 100%를 유지하였으며, 2010년에는는 현재(2011년 4월)까지 12.1%로 아직 분만을 하지 않은 개체들이 많

이 존재하기 때문에 분만율이 낮게 나타난 것으로 사료되며, 7두의 최소 종우를 이용하여 교배에 활용하였다. 유전적 고정화를 위하여 근친교배를 실시하여야 하나 근친퇴화를 방지하기 위하여 이계교배(최소내에서 혈연관계가 먼 개체간 교배)를 실시하기 위하여 가능한 최소종우를 7두로 하여 교배를 실시하였다.

Table 5-11. 충북도 최소, 흑우에 대한 번식성적

구분	년도	최소			흑우			전체		
		수정	분만	분만율 (%)	수정	분만	분만율 (%)	수정	분만	분만율 (%)
농가	2008	44	37	84.1	12	10	83.3	56	47	83.9
	2009	96	42	43.8	37	12	32.4	133	54	40.6
	2010	77	25	32.5	39	10	25.6	116	35	30.1
	소계	217	104	48.4	88	32	36.4	305	136	44.9
연구소	2005	6	6	100	5	4	80.0	11	10	90.9
	2006	7	7	100	8	7	87.5	15	14	87.5
	2007	4	4	100	3	3	100	7	7	100
	2008	9	9	100	14	12	85.7	23	21	91.3
	2009	10	10	100	11	10	90.9	21	20	95.2
	2010	12	4	33.3	8	3	37.5	20	7	35
	소계	48	40	81.6	49	39	79.6	97	79	80.6
합계		264	144	54.6	137	71	51.8	401	215	53.6

충북도의 연구소 수정은 자연종부로 대부분 실시하고 있으며, 농가의 수정은 연구소에서 공급된 정액으로 사용 한 것으로 연구소와 농가의 차이가 있는 것으로 사료되며, 동결정액 생산 시 한우개량사업소 같이 주기적으로 훈련이 된 종모우로 생산한 정액보다는 불규칙적으로 가끔 자연종부로 사용되는 개체에서 생산한 동결정액이 다소 품질이 떨어진 것으로 사료되며, 동결정액 제조에 대한 연구가 더 진행되어야 할 것이다.

2010년에는 현재(2011년 4월)까지 연구소 35%, 농가 30.1%로 아직 분만을 하지 않은 개체들이 많이 존재하기 때문에 분만율이 낮게 결과를 보였다.

Table 5-12. 충북도 칩소, 흑우 씨수소의 번식성적

구분	아비 명호	칩소			흑우			전체		
		수정	분만	분만을 (%)	수정	분만	분만을 (%)	수정	분만	분만을 (%)
농가	0848 (강원)	7	3	42.9	2	1	50	9	4	44.4
	충북칩 종 315	3			1			4		
	충북칩 종 600				1			1		
	칩종 2	4	4	100				4	4	100
	칩종 4	12	2	16.7				12	2	16.7
	칩종4	99	51	51.5	14	7	50	113	58	51.3
	칩종 5	81	40	49.4	17	7	41.2	98	47	48
	흑종 1	2			9	7	77.8	11	7	63.6
	흑종 2				1			1		
	흑종 3	8	4	50	44	15	34.1	52	19	36.5
	BC 99	1	1	100				1	1	100
	CJB-1	11	10	90.9	2	2	100	13	12	92.3
	CJBC-1	1	1	100				1	1	100
	소계	229	116	50.7	91	39	42.9	320	155	48.4
연구소	0848 (강원)	2	2	100				2	2	100
	충북칩 종 530	10	6	60	1			11	6	54.5
	칩 2122	3	1	33.3				3	1	33.3
	칩종 08-4	1	1	100				1	1	100
	칩종 2	27	20	74.1	3	2	66.7	30	22	73.3
	칩종 3	3	2	66.7				3	2	66.7
	칩종 4	55	23	41.8				55	23	41.8
	칩종4	23	22	95.7	2	2	100	25	24	96
	칩종 5	30	13	43.3				30	13	43.3
	흑종 1	1	1	100	5	4	80	6	5	83.3
	흑종 2				30	22	73.3	30	22	73.3
	흑종 3				23	15	65.2	23	15	65.2
	BC 99	1	1	100				1	1	100
	CJB-1	4	4	100	2	2	100	6	6	100
	CJBC-1	1	1	100				1	1	100
	korea 3-1-3				1	1	100	1	1	100
	소계	161	97	60.2	67	48	71.6	228	145	63.6
합계	390	213	54.6	158	87	114.5	548	300	54.7	

충북도의 칩소, 흑우의 기초집단조성을 위하여 다양한 칩소, 흑우종을 바탕으로 농가

와 연구소에 교배를 실시하였으며, 일부 종우는 인공수정용 정액을 생산하여 농가에 공급하여 인공수정을 통한 기초집단을 조성하는데 이용하였다. 농가에서는 11두의 칩소와 9두의 흑우 종우를 사용하여 교배에 이용하였으며, 연구소에서는 13두의 칩소와 8두의 흑우 종우를 이용하였다.

Table 5-13. 한우와 칩소, 흑우의 임신기간 비교

구분	임신기간			
	두수	평균±표준편차	최소값	최대값
칩소	213	287.4±12.11	237	412
흑우	73	286.1±10.99	236	336
전체	286	287±11.85	236	412
한우 <sup>주1)</sup>	2708	285.7±7.70	233	340

주1) 2000~2006년 한우암소 평균 성적

칩소, 흑우의 임신기간과 초종부일령에 대한 결과는 표13에 나타내었다. 임신기간은 한우와 비교한 결과 285.7~287일로 비슷한 결과를 보였다.

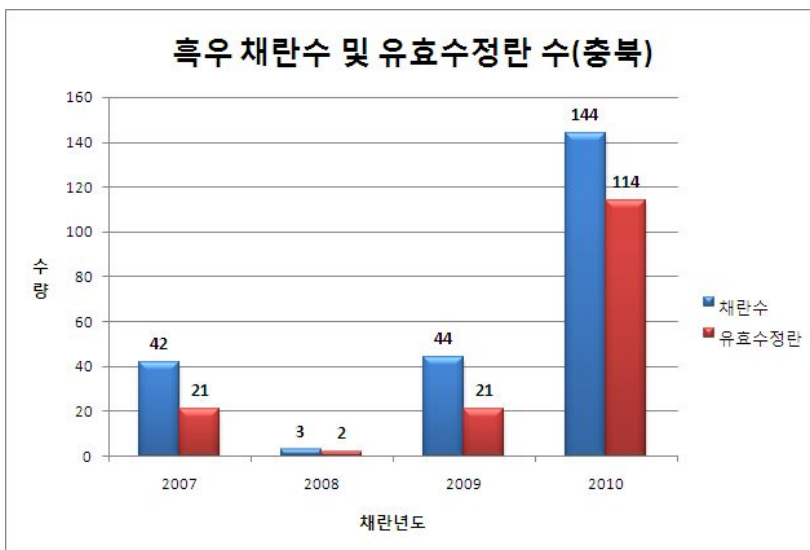
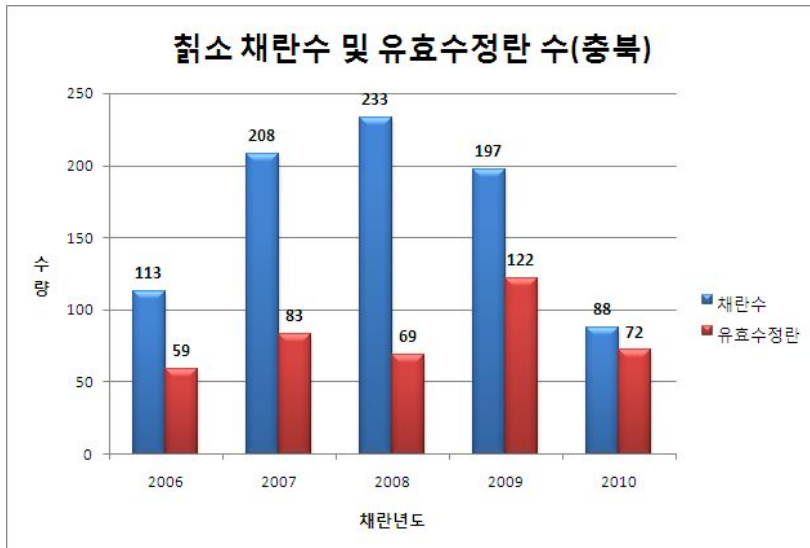
#### 나. 칩소·흑우 체내수정란 생산

Table 5-14. 충북도 체내수정란 생산 및 유효수정란 실적

축종	사육지	2006			2007			2008		
		채란수	유효수정란	유효율 (%)	채란수	유효수정란	유효율 (%)	채란수	유효수정란	유효율 (%)
칩소	농가	12	7	58.3						
	연구소	101	52	51.5	208	83	39.9	233	69	29.6
	소계	113	59	52.2	208	83	39.9	233	69	29.6
흑우	농가									
	연구소				42	21	50	3	2	66.7
	소계				42	21	50	3	2	66.7
합계		113	59	52.2	250	104	41.6	236	71	30.1



축종	사육지	2009			2010			합계		
		채란수	유효수정란	유효율 (%)	채란수	유효수정란	유효율 (%)	채란수	유효수정란	유효율 (%)
취소	농가	48	31	64.6	19	12	63.2	79	50	63.3
	연구소	149	91	61.1	69	60	87	760	355	46.7
	소계	197	122	61.9	88	72	81.8	839	405	48.3
흑우	농가	10	7	70	9	8	88.9	19	15	78.9
	연구소	34	14	41.2	135	106	78.5	214	143	66.8
	소계	44	21	47.7	144	114	79.2	233	158	67.8
합계		241	143	59.3	232	186	80.2	1072	563	52.5



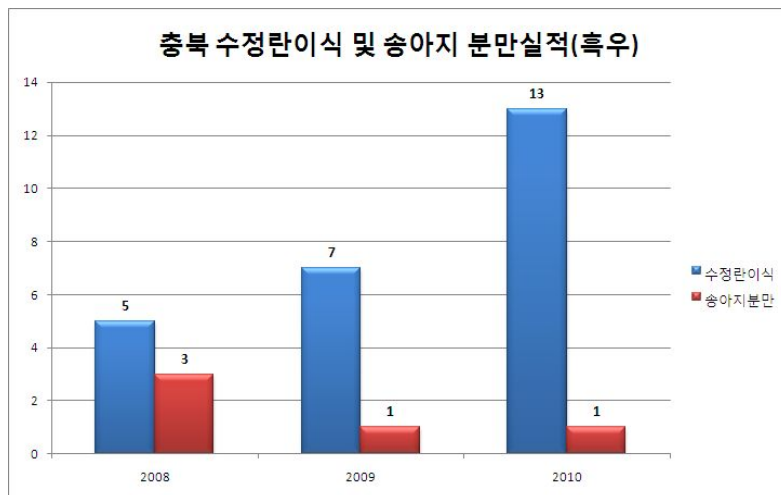
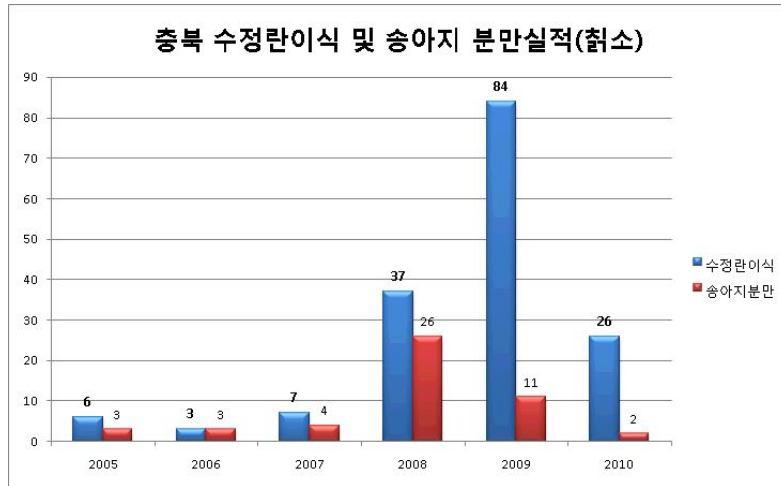
충북도 축산위생연구소에서 수정란 채란은 칩소와 흑우에 대하여 채란을 실시하였으며, 칩소에서 채란수는 839개를 채취하였으나, 405개가 유효수정란으로 유효율이 평균 48.3%를 나타냈으며, 흑우에서는 채란수가 233개 채취하였고, 158개가 유효수정란으로 유효율이 67.8%를 달성하였다. 칩소에서 연도별 채란두수를 보면 2006년부터 꾸준히 증가하다가 2009년과 2010년에 떨어지는 경향을 보였다. 이는 칩소 위주로 공란우를 활용하여 호르몬을 반복 처리하다 보니 번식장애, 난소질환 등 문제점 발생하여, 호르몬 처리를 되도록 안한 개체의 공란우 선발을 흑우에 비중을 많이 두었으며, 가능한 범위내에서 농가 보유 소도 공란우로도 활용하였으나, 농가에서도 번식장애, 난소질환 등으로 인하여 과배란 처리를 하는 것에 대하여 꺼려하는 경향으로 인해 낮은 경향을 보인 것으로 사료되며, 과배란 처리시 한우, 젃소 뿐만아니라 칩소, 흑우에 대한 공란우의 사양관리에 대한 연구가 더 많이 진행되어야 할 것으로 사료된다.

#### 다. 칩소, 흑우 체내수정란 이식

Table 5-15. 충북도 연도별 체내수정란 이식 및 송아지 분만실적

축종	사육지	2005			2006			2007		
		수정란 이식	송아지 분만	분만율 (%)	수정란 이식	송아지 분만	분만율 (%)	수정란 이식	송아지 분만	분만율 (%)
농가										
칩소	연구소	6	3	50	3	3	100	7	4	57.1
	소계	6	3	50	3	3	100	7	4	57.1
농가										
흑우	연구소									
	소계									
합계		6	3	50	3	3	100	7	4	57.1

축종	사육지	2008			2009			2010			합계		
		수정란 이식	송아지 분만	분만율 (%)	수정란 이식	송아지 분만	분만율 (%)	수정란 이식	송아지 분만	분만율 (%)	수정란 이식	송아지 분만	분만율 (%)
농가													
칩소	연구소	16	8	50	25	7	28	18	1	5.6	75	26	34.7
	소계	37	26	70.3	84	11	13.1	26	2	7.7	163	49	30.1
농가													
흑우	연구소	1		0				2		0	3	0	0
	소계	5	3	60	7	1	14.3	13	1	7.7	25	5	20
합계		42	29	69	91	12	13.2	39	3	7.7	188	54	28.7



희귀한우의 기초집단 조성의 극대화를 위하여 수정란이식을 실시한 결과 충북도에서는 2005년부터 실시하였으나, 인공수정에 의해 집단을 조성하였기 때문에 이식두수가 저조하였으며, 수정란이식에 참여할 기초집단을 형성된 이후(2008년)부터 수정란이식을 실시한 결과 2008년도에는 분만율이 69%였으며, 2009년도에는 13.2%였고, 2010년도에는 7.7%로 낮은 결과를 보였다. 2010년도에 이식을 실시한 개체는 2011년도에 분만하는 개체들이 존재함으로 본 연구에서는 일부 두수가 누락되어 실적이 저조한 결과를 나타낸 것으로 사료된다.

#### 4. 한우 흑우·최소, 흑비경에 대한 경제형질 검정

##### 가. 최소·흑우에 대한 능력검정 실시

Table 5-16. 칩소, 흑우의 능력검정 성적

검정지	축종	성별	생시체중		90일령체중		6개월령체중		12개월령체중	
			두수	평균 ±표준편차	두수	평균 ±표준편차	두수	평균 ±표준편차	두수	평균 ±표준편차
강원	칩소	수	40	25.6±3.35	31	81.8±13	19	148.7±33.74	13	273.2±54.12
		암	40	23.8±2.73	31	73±13.57	19	112.3±19.97	14	206.4±40.13
충북	칩소	수	30	24.1±1.79	8	76.5±9.98	12	138.3±55.35	2	228±3.45
		암	34	22.9±2.58	8	70.2±14.67	21	131.7±45.86	3	231.4±34.62
	흑우	수	16	22.7±2.23	6	57.3±11.7	9	120.5±23.49		
		암	24	22.8±1.62	11	77.7±25.49	6	125.3±25.24	1	130
농협 주)	한우	수	113	24.7±3.89	113	80.9±12.9	113	157.0±17.94	113	366.7±31.3

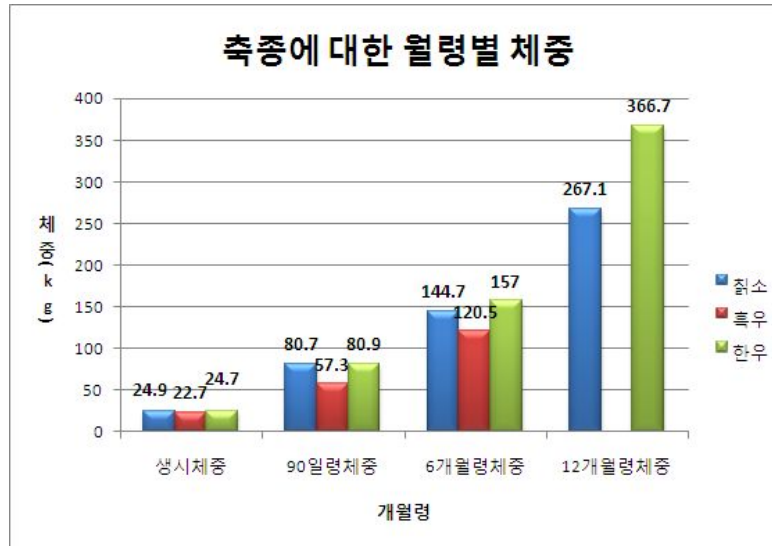
주) 제59차 당대검정우 성적(농협 한우개량사업소 생산우)

칩소와 흑우의 능력검정 결과 칩소는 생시체중이 평균적으로 22.9kg에서 25.6kg이었으며, 6개월령체중이 112.3kg에서 148.7kg으로 측정이 되었고, 흑우는 생시체중과 6개월령 체중에서 각각 22.7kg, 125.3kg으로 나타났다. 칩소는 암소보다 수소가 성장능력이 더 좋았으며, 흑우는 수소보다 암소에서 성장능력이 뛰어난 것으로 나타났으나, 검정두수가 적어 실질적으로 이러한 현상이 발생하는지는 더 많은 두수를 이용한 검정참여를 실시하여야 할 것이다. 성장형질에 대한 분석을 위하여 90일령, 6개월령, 12개월령에 대하여 다음과 같이 보정을 하여 이용하였다.

$$90\text{일령 보정 체중} = \text{생시체중} + \frac{(\text{이유체중} - \text{생시체중})}{(\text{이유일} - \text{생년월일})} \times 90$$

$$6\text{개월령 보정 체중} = \text{이유체중} + \frac{(\text{6개월령체중} - \text{이유체중})}{(\text{6개월령측정일} - \text{이유일})} \times (180 - (\text{이유일} - \text{생년월일}))$$

$$12\text{개월령 보정 체중} = 6\text{개월령체중} + \frac{(\text{12개월령체중} - \text{6개월령체중})}{(\text{12개월령측정일} - \text{6개월령측정일})} \times (365 - (\text{6개월령측정일} - \text{생년월일}))$$



#### 나. 젖소·흑우 출하에 따른 등급판정

Table 5-17. 젖소, 흑우의 등급판정 결과비교

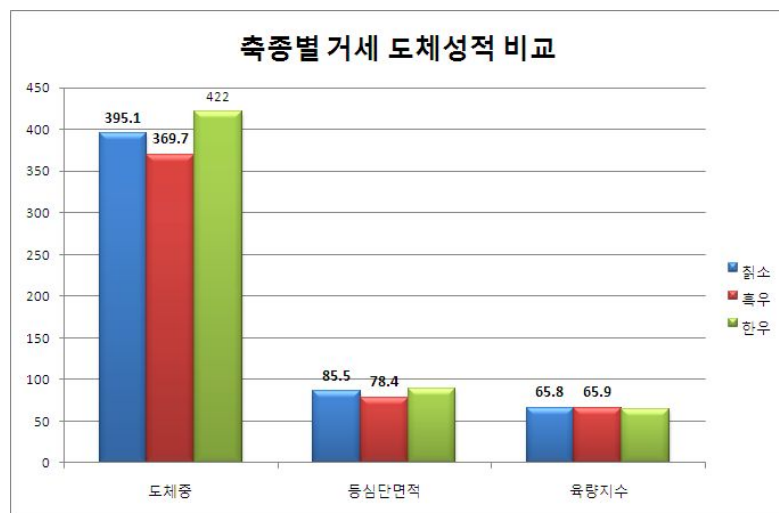
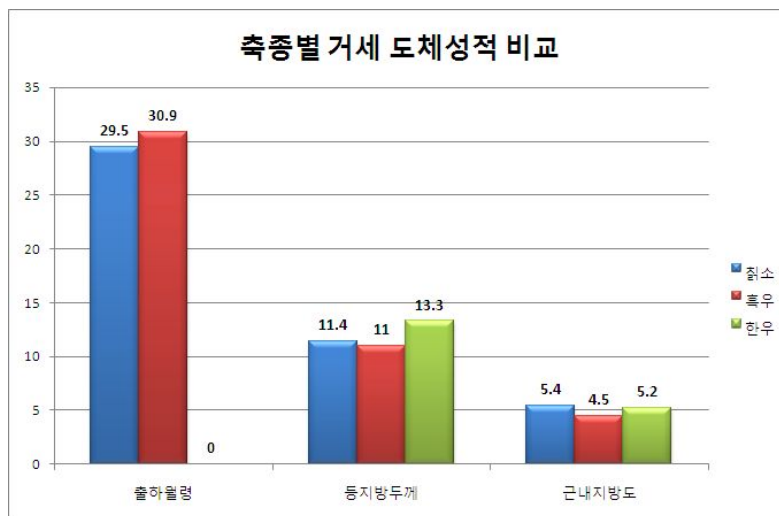
축종	성별	두수	등급판정결과					육량지수
			출하월령	도체중	등심단면적	등지방두께	근내지방도	
젖소	수	11	32.6	458.8	98.1	6.9	1.2	68.8
	거세	23	29.5	395.1	85.5	11.4	5.4	65.8
	암	4	87.1	338.3	81	10.8	2.5	67.1
	평균	38	36.5	407.6	88.7	10.1	3.9	66.8
흑우	거세	16	30.9	369.7	78.4	11	4.5	65.9
	암	4	59.2	354.3	78.8	11	4.8	66.3
	평균	20	36.6	366.6	78.5	11	4.6	65.9
전체평균		58	36.5	393.4	85.1	10.4	4.1	66.5
한육우 <sup>주)</sup>	거세	83,072	-	422	89.1	13.3	5.2	64.5
	암	65,547	-	327	78.5	12.7	4.2	65.8

주) 2010년 10월~12월 소도체등급판정결과(축산물품질평가원)

젖소와 흑우 도체성적은 거세우에서 개월수가 평균 29.5~30.9개월령에 도축하였으며, 암소는 평균 59.2~87.1개월령에 도축하였다. 젖소 거세우의 도체중, 등심단면적, 등지방두께, 근

내지방도는 각각 395.1kg, 85.5cm<sup>3</sup>, 11.4mm, 5.4로 나타났으며, 흑우 거세우는 도체중, 등심단면적, 등지방두께, 근내지방도에서 각각 369.7kg, 78.4cm<sup>3</sup>, 11mm, 4.5의 결과를 보여 칩소가 흑우 보다 도체중, 등심단면적, 근내지방도가 좋았으며, 등지방두께는 더 얇게 나타내었다. 칩소와 한우의 도체성적은 도체중, 등심단면적에서 한우가 더 높게 나타났고, 등지방두께에서는 칩소 거세가 더 얇았다. 그리고, 근내지방도에서는 칩소가 한우보다 0.2 정도 높은 결과를 보였다.

칩소, 흑우의 도축두수가 적어 한우와 직접적인 비교에는 한계가 있으나 본 결과에 의하면 증체부분에서는 한우보다 낮았고, 근내지방도는 칩소에서 미미하게 높은 결과를 보였다.



다. 흑비경 및 이모발현우에 대한 능력검정

Table 5-18. 당·후대차수, 이모 및 흑비발현 두수

당후대, 차수	빈도	이모	빈도	비경	빈도
당대 52차	212	황색	2761	육색	2517
당대 53차	202	백모(반)	176	약흑	546
당대 54차	253	흑모(반)	164	중간비	27
당대 55차	190	백모+흑모	11	흑비	22
당대 56차	202				
당대 57차	193				
당대 58차	191				
당대 59차	196				
후대 39차	183				
후대 40차	182				
후대 41차	174				
후대 42차	176				
후대 44차	192				
후대 45차	190				
후대 46차	204				
후대 47차	172				
total	3112		3112		3112

Table 5-19. 형질별 후대검정우 기초자료

형질	N	Means±STD.	Min	Max
6개월령 체중	3112	166.18±26.75	74.3	260.5
12개월령 체중	3112	347.54±38.54	212.1	487.4
18개월령 체중	1473	491.26±42.48	356.3	648.3
24개월령 체중	1472	641.76±58.85	416.7	837.7
도축일령	1472	718.11±18.53	665	776
도체중	1472	362.19±36.88	220	488
등심단면적	1472	80.42±8.78	57	121
등지방두께	1472	9.77±3.8	3	35
근내지방도	1472	3.32±1.62	1	9

흑비경 발현우와 이모발현우가 성장형질(6, 12, 18, 24개월령체중)과 도체형질(도체중, 등심단면적, 등지방두께, 근내지방도)에 미치는 영향을 파악하고자 분산분석을 실시하였다. 분석에 이용된 자료는 당·후대검정우에서 비경, 이모발현 양상을 조사한 결과 총 3,112두의 자료를 바탕으로 SAS package(Ver 9.1)를 이용하여 GLM분석 방법으로 분산분석을 실시하였고, 경제형질에 비경과 이모발현의 효과 추정을 위하여 선형모형을 이용하여 분석하였다.

$$y_{ijk} = \mu + HYS_i + H_j + N_k + e_{ijk}$$

여기서,

$y_{ijk}$  : i번째 당후대검정우, j번째 이모발현양상, k번째 비경발현양상에 대한 각 형질별 측정치

$\mu$  : 전체평균

$HYS_i$  : i번째 당후대검정우의 효과 (i=당대52차, ..., 후대47차)

$H_j$  : j번째 이모발현양상의 효과 (j=황색, 백모(반), 흑모(반), 백모+흑모)

$N_k$  : k번째 비경발현양상의 효과 (k=육색, 약흑, 중간비, 흑비)

$e_{ijk}$  : 임의오차이다.

Table 5-20. 성장형질에 대한 분산분석

비경색	6개월령 체중	12개월령 체중	18개월령 체중	24개월령 체중
당후대검정	232307.268**	1499126.81**	130305.28**	363950.86**
이모발현	1402.88 <sup>ns</sup>	1581.60 <sup>ns</sup>	4998.79 <sup>ns</sup>	14734.17 <sup>ns</sup>
비경발현	1303.30 <sup>ns</sup>	2144.17 <sup>ns</sup>	8780.76 <sup>ns</sup>	13334.88 <sup>ns</sup>
Error	1977243.49	2914167.34	2520656.94	467963.50

\*:p<0.05, \*\*:p<0.01, <sup>ns</sup> : Not Significant at 0.05 level of significance



성장형질인 6개월령, 12개월령, 18개월령, 24개월령체중에 대한 분산분석결과 당후대검정 즉, Contemporary Group에 대하여 고도의 유의성을 보였으며, 이모발현우 및 비경발현우에 대하여 유의성이 나타나지 않았다.

Table 5-21. 도체형질에 대한 분산분석

비경색	도체중	등심단면적	등지방두께	근내지방도
당후대검정	172155.59**	14402.71**	2430.08**	187.69**
이모발현	6924.09 <sup>ns</sup>	435.80 <sup>ns</sup>	56.90 <sup>ns</sup>	4.04 <sup>ns</sup>
비경발현	3425.0 <sup>ns</sup>	98.89 <sup>ns</sup>	26.61 <sup>ns</sup>	10.57 <sup>ns</sup>
Error	1816434.53	97117.81	18740.08	3660.10

\*:p<0.05, \*\*:p<0.01, <sup>ns</sup> : Not Significant at 0.05 level of significance

도체형질인 도체중, 등심단면적, 등지방두께, 근내지방도에 대한 분산분석결과 성장형질 분석결과와 같이 당후대검정 즉, Contemporary Group에 대하여 고도의 유의성을 보였으며, 이모발현우 및 비경발현우에 대하여 유의성이 나타나지 않았다. 성장형질과 도체형질에 대하여 이모, 비경발현우에 대해서는 유의성이 없었으므로 이모, 비경발현우가 성장형질과 도체형질에 영향을 미치지 않는 것을 알 수 있다.

Table 5-22. 성장형질에 대한 비경발현우의 효과

비경색	6개월령 체중	12개월령 체중	18개월령 체중	24개월령 체중
육색	166.44±2.078	347.5±2.523	495.22 <sup>a</sup> ±3.601	649.1±4.918
약흑	165.36±2.309	345.47±2.803	489.66 <sup>b</sup> ±3.856	642.13±5.266
중간비	160.1±5.351	342.98±6.496	488.71 <sup>ab</sup> ±8.746	644.39±11.944
흑비	166.1±5.783	350.85±7.021	489.1 <sup>ab</sup> ±11.303	640.78±15.436

비경발현우의 6개월, 12개월, 24개월령 체중에서는 유의적인 차이를 보이지 않았으나, 18개월령 체중에서 육색이 약흑보다 유의적으로 높은 결과를 보였다. 후대검정우 출하개월령인 24개월령에 유의적인 차이가 없는 것으로 보아 18개월령 체중에서는 차이는 환경적인 요인이거나 개체별 차이로 인하여 발생한 것으로 사료된다.

Table 5-23. 성장형질에 대한 이모발현우의 효과

이모색	6개월령 체중	12개월령 체중	18개월령 체중	24개월령 체중
황색	164.39±1.891	345.86±2.295	488.26±3.471	637.88 <sup>b</sup> ±4.74
백모(반)	167.22±2.674	348.77±3.246	494.33±5.53	650.51 <sup>a</sup> ±7.552
흑모(반)	164.74±2.679	344.91±3.253	492.64±4.809	641.53 <sup>ab</sup> ±6.567
백모, 흑모	161.65±7.92	347.26±9.615	487.46±13.063	646.49 <sup>ab</sup> ±17.84

이모 발현우에 대한 개월령별 체중을 분석한 결과 6개월, 12개월, 18개월령에서는 유의적인 차이가 발생하지 않았으나, 24개월령에서는 백모(반) 출현개체가 황색우보다 유의적으로 높게 나타났다. 이모가 발현되었다고 하여 체중능력의 차이에는 미발생우와 차이가 없는 것을 알 수 있다.

Table 5-24. 도체형질에 대한 비경발현우의 효과

비경색	도체중	등심단면적	등지방두께	근내지방도
육색	367.36±3.058	80.81±0.707	9.57±0.311	3.21 <sup>a</sup> ±0.137
약흑	363.86±3.275	80.54±0.757	9.49±0.333	3.17 <sup>ab</sup> ±0.147
중간비	366.95±7.427	79.26±1.717	8.85±0.754	3.06 <sup>ab</sup> ±0.333
흑비	362.67±9.598	79.3±2.219	10.45±0.975	2.37 <sup>b</sup> ±0.431

비경이 발현되는 개체(약흑, 중간비, 흑비)와 미발현 개체간에는 근내지방도에서 육색과 흑비경에서 육색이 유의적으로 높게 나타났으나 다른 형질에 대해서는 유의적인 차이없이 비슷한 경향을 보였다. 비경발현으로 인하여 농가에서 손해보는 경향을 불식시키는 것으로 비경 발생에 따른 능력차이가 없으므로 종축용 등록이나 판매로 인한 불이익을 없어야 될 것으로 사료된다.

Table 5-25. 도체형질에 대한 이모발현우의 효과

이모색	도체중	등심단면적	등지방두께	근내지방도
황색	360.33±2.947	79.39 <sup>b</sup> ±0.681	9.83±0.299	3.08±0.132
백모(반)	367.64±4.696	80.53 <sup>ab</sup> ±1.086	9.78±0.477	3.13±0.211
흑모(반)	364.92±4.084	81.09 <sup>a</sup> ±0.944	10.35±0.415	3.11±0.183
백모, 흑모	367.96±11.093	78.9 <sup>ab</sup> ±2.565	8.4±1.127	2.5±0.498

이모 발현우에 대한 도체형질의 유의성 검정은 등심단면적에서 흑모(반)를 발현하는 개체에서 유의적으로 높게 나타났으나 다른형질에 대해서는 유의적인 차이가 없었다. 이모가 발현된 개체와 미발현 개체간에 큰 차이가 발생하지 않는 것을 알 수 있다.

Table 5-26. 비경 및 이모발현우와 능력검정과의 상관관계

발현 양상	6개월령 체중	12개월령 체중	18개월령 체중	24개월령 체중	도체중	등심 단면적	등지방 두께	근내 지방도
이모 발현우	0.040*	-0.010**	0.028	0.042	0.062*	0.056*	0.028	0.010
비경 발현우	0.075**	-0.184**	-0.006	-0.065*	-0.048	-0.098**	0.031	-0.052*

\*:p<0.05, \*\*:p<0.01

이모, 비경발현우와 능력검정 자료와의 상관관계에서는 대부분 낮은 상관관계를 보여 이모와 비경이 발현되었다고 하여 능력검정 성적에 영향을 미치는 경우는 극히 드문 결과를 보였다.

한우 이모 및 흑비경 발현우에 대한 연구결과 흑비경우의 능력검정을 통하여 흑비 발현의 유무에 따라 능력검정 결과에 차이를 보이지 않아 한우종축등록기준의 흑비경에 대하여 기준을 완화할 수 있도록 농림수산식품부에 시책건의를 통하여 흑비경 발현우에 대한 기준을 일부 완화할 수 있는 결과를 도출하였다.

또한 강원도내 축소 사육농가를 중심으로 축소의 기초집단을 빠르게 늘리고, 축소 산업을 성장 가능한 사업으로 확대하기 위해 강원축소발전협의회를 구성하여 축소 제품의 규모화와 판로개척에 기여하고 있고, 협의회를 통해 안정적인 정액수급으로 강원도 축소 농가의 계통조성과 축소 육질 개량을 위한 기반을 조성하였다.

강원, 충북, 울릉군에서 희귀한우(축소, 흑우)에 대하여 조성된 기초집단을 바탕으로 육질, 육량, 성장능력등 다양한 연구를 통하여 브랜드가치를 높이고, 한우와 희귀한우에 대한 육질에 대한 일반조성분, 지방산분석을 통하여 차이점을 도출하여 유전적다양성을 유지할 수 있는 연구과제가 더 필요할 것으로 사료된다. 또한 한우의 능력검정기준을 바탕으로 희귀한우에 대한 세부적인 능력검정을 실시하여 씨수소를 선발할 수 있는 연구가 추가적으로 더 필요할 것으로 사료된다.

## 제 4 절    결과요약

본 연구수행을 통하여 희귀한우(흰소, 흑우)의 기초집단과 능력검정을 실시하였으며, 이모 및 비경발현우에 대하여 능력검정을 실시하였다. 희귀한우의 기초집단 조성결과 충청도에서는 총 355두를 조성하였으며, 흰소에 대해서는 농가와 도 연구소에서 각각 148두, 101두를 확보하였고, 흑우에 대하여 농가와 도 연구소에서 각각 52두, 54두를 조성하였다. 강원도에서는 흰소에 대하여 122두를 조성하였으며, 울릉군에서는 흰소에 대하여 농가 674두, 군자체 보유축 62두로 총 736두를 조성하였다. 그리고, 한우의 이모 및 비경발현우 시험을 위한 기초집단으로는 이모발현우가 40두, 흑비, 중간비, 육색발현우가 각각 16두, 17두, 69두로 총 142두를 조성하여 연구에 활용하였다.

이모발현양상 조사를 위하여 흰소간 교배를 통한 조사결과 호반무늬가 있는 개체가 45.2%, 황색이 38.9%로 호반무늬 개체가 많이 출현하는 빈도를 보였으나, 황색비율도 전체비율에서 차지하는 비율이 높아 흰소에 대한 모색고정은 아직 더 많은 세대수를 거치면서 고정을 시킬 필요성이 존재하였다. 흑우간 교배에서는 흑색이 62.1%, 황색이 29.3%, 호반무늬가 8.6%로 흑우의 모색고정은 흰소보다 높은 결과를 보였다. 한우 이모발현우에 대한 결과에서는 흑모(반)과 황색을 교배한 결과 황색이 15.4%, 흑모가 1.9%로 나타났으며, 백모(반)과 황색간 교배에서는 정상이 50%, 백모가 7.7%로 나타났고, 흑모(반)간의 교배에서는 육색이 7.7%, 흑모(반) 출현은 없었으며, 백모(반)간의 교배에서는 육색이 7.7%였고 백모(반) 출현이 없었다. 이모발현우에 대한 유전양상은 뚜렷한 결과를 보이지 않아 이모발현은 다른 더 많은 요인에 의하여 발현될 가능성이 많은 것으로 사료되어진다. 비경 발현우에 대한 교배에서는 흑비와 육색발현우간의 교배에서 육색이 27.5%, 중간비가 5%였고, 중간비와 육색발현우간의 교배에서는 육색이 22.5%, 중간비가 7.5%로 비경에 대한 유전양태 역시 당대의 어미, 아버지의 영향보다는 다른 혈통적인 요인이나 환경적인 요인에 의하여 발생할 가능성이 높은 것으로 사료되어진다.

흰소와 흑우의 번식성적에 대한 조사결과 강원도의 흰소에 대하여 수정 103두, 분만 74두로 분만율이 71.8%를 보였고, 충청도의 흰소에서는 수정 264두, 분만 144두로 분만율이 54.6%로 나타났고, 흑수에서는 수정 137두, 분만 71두로 분만율이 51.8%를 보였다.

기초집단조성을 위한 수정란생산에서는 흰소에서 839개를 채란하여 유효수정란은 405개로 유효율이 48.3%였고, 흑우에서는 233개를 채란하여 그 중에서 유효수정란은 158개로 유효율이 67.8%를 보였다. 그리고, 수정란이식 실적에서는 흰소에서 163두에 대해서 이식하여 49두가 분만하였으며, 흑우에서는 25두에 이식하여 5두가 분만하여 각각 분만율이 30.1%와 20%로 다소 낮은 결과를 보였다.

최소, 흑우의 능력검정 성적조사에서 최소, 흑우, 한우에 대하여 생시체중은 각각 24.9 kg, 22.7kg, 24.7kg이었으며, 90일령체중에서는 각각 80.7kg, 57.3kg, 80.9kg이었고, 6개월령 체중에서는 각각 144.7kg, 120.5kg, 157kg으로 나타났고, 12개월령 체중에서는 267.1kg, 130kg, 366.7 kg으로 나타냈다. 능력검정 성적에서는 한우에 대하여 다소 높은 경향치를 보였으며, 12개월령 체중에서는 흑우가 130kg으로 낮은 이유는 암소에 대한 체중으로 두수가 1두로 조사하여 낮은 결과를 보였다.

최소, 흑우의 도체성적조사 결과 최소의 출하개월령은 36.5개월령으로 근내지방도에서 3.9를 보였고, 흑우의 출하개월령은 36.6개월령으로 근내지방도가 4.6으로 흑우에 대해서 더 높은 근내지방도를 보였다. 향후 최소, 흑우에 대한 도체성적을 더 조사하여 한우와의 관계를 조사한다면 육질과 육량면에서 한우와 비교 검토가 가능할 것으로 사료된다.

비경발현우에 대한 능력검정 조사에서 육색, 중간비, 흑비에 대하여 6개월령을 조사한 결과 각각 166.44kg, 160.1kg, 166.1kg로 나타났으며, 12개월령에서는 각각 347.5kg, 342.98kg, 350.85kg로 나타났고, 18개월령에서는 각각 495.22kg, 488.71kg, 489.1kg이었으며, 24개월령에서는 649.1kg, 644.39kg, 640.78kg으로 각 개월령에 대한 비경발현우별로 유의적인 차이를 보이지 않았다. 도체형질에 대한 조사에서는 도체중에서 각각 367.36kg, 366.95kg, 362.67kg이었으며, 등심단면적에서 각각 80.81cm<sup>2</sup>, 79.26cm<sup>2</sup>, 79.3cm<sup>2</sup>으로 나타났고, 근내지방도에서는 각각 3.21, 3.06, 2.37로 육색과 흑비경에서 유의적인 차이를 보였으나 다른 형질에 대해서는 유의적인 차이를 보이지 않아 흑비경발생우가 육색보다 능력검정에서 월등하게 뛰어난 성적을 보이지 않았다.

이모발현우에 대한 능력검정 조사에서 황색, 백모(반), 흑모(반)에 대하여 6개월령 체중에서는 각각 164.39kg, 167.22kg, 164.74kg로 나타났고, 12개월령 체중에서 각각 345.86kg, 348.77kg, 344.91kg이었으며, 18개월령 체중에서 각각 488.26kg, 494.33kg, 492.64kg으로 측정되었고, 24개월령 체중에서 각각 637.88kg, 650.51kg, 641.53kg으로 황색과 백모에서 유의적으로 백모(반)이 높게 나타났으나 다른 형질에서는 유의적인 차이를 보이지 않았다. 도체형질 조사에서는 도체중에서 각각 360.33kg, 367.64kg, 364.92kg으로 나타났고, 등심단면적에서 79.39cm<sup>2</sup>, 80.53cm<sup>2</sup>, 81.09cm<sup>2</sup>로 황색과 흑모(반)에서 흑모(반)에서 유의적으로 높게 나타났으며, 근내지방도에서는 각각 3.08, 3.13, 3.11로 나타냈다. 이모 및 흑비발현우에 대한 능력검정에서 발현우와 비발현우간에 큰 차이를 보이지 않아 종축용 혈통등록이나 씨수소 선발시 발현우에 대한 고려가 있어야 될 것으로 사료된다.

## 제 5 절 참고문헌

1. 농협중앙회. 2003. 제10차 한우추세조사
2. 축산물품질평가원. 2010년 10월~12월 소도체등급판정결과





순번	지역	사육지	개체 바코드	개체 명호	어미명호	아비명호	성별	생년월일	축종	외모	축군형 성시기
102	강원도	연구소	2037213601	2102012	282000	263008	암	2010-09-07	칩소	호반	2010
103	강원도	연구소	2057463908	2103009	253011	263008	수	2010-09-18	칩소	호반	2010
104	강원도	연구소	2057477046	2103009	993001	263008	수	2010-11-16	칩소	호반	2010
105	강원도	연구소	2050132782	2102006	263014	263008	암	2010-05-05	칩소	황색	2010
106	강원도	연구소	2050132799	2102007	253009	263008	암	2010-05-19	칩소	황색	2010
107	강원도	연구소	2050132803	2102008	263006	263004	암	2010-05-25	칩소	황색	2010
108	강원도	연구소	2037214055	2103006	253007	263008	수	2010-07-13	칩소	황색	2010
109	강원도	연구소	2057477038	2102014	983001	263008	암	2010-10-23	칩소	황색	2010
110	강원도	연구소	2057477054	2102015	282003	263008	암	2010-11-16	칩소	황색	2010
111	강원도	연구소	2057477062	2102016	203001	263008	암	2010-11-24	칩소	황색	2010
112	강원도	연구소	2057477079	11201	282005	283001	암	2011-01-09	칩소	황색	2010
113	강원도	연구소	2061550432	11202	253006	283001	암	2011-02-17	칩소	황색	2010
114	강원도	연구소	2061550465	11301	223002	283001	수	2011-02-22	칩소	황색	2010
115	강원도	연구소	2061550473	11302	263013	283001	수	2011-02-23	칩소	황색	2010
116	강원도	연구소	2061550607	11203	253004	283001	암	2011-03-03	칩소	황색	2010
117	강원도	연구소	2061550738	11303	263002	283001	수	2011-03-12	칩소	황색	2010
118	강원도	연구소	2061550779	11204	233001	283001	암	2011-03-14	칩소	황색	2010
119	강원도	연구소	2063854909	11304	263005	283001	수	2011-03-30	칩소	황색	2010
120	강원도	연구소	2063854925	11305	263015	283001	수	2011-03-31	칩소	황색	2010
121	강원도	연구소	2063854992	11306	263014	283001	수	2011-04-07	칩소	황색	2010
122	강원도	연구소	2057463810	2102013	272001	263008	암	2010-09-07	칩소	흑색	2010
123	울릉군	기술센터	199402500				수	2001-03-01	칩소		2007
124	울릉군	기술센터	2039079761				암	2002-08-01	칩소		2007
125	울릉군	기술센터	2004364943				암	2002-10-01	칩소		2007
126	울릉군	기술센터	179384383				수	2003-06-24	칩소		2007
127	울릉군	기술센터	191175846				암	2005-04-03	칩소		2007
128	울릉군	기술센터	191175983				암	2005-04-03	칩소		2007
129	울릉군	기술센터	135497031				암	2005-04-07	칩소		2007
130	울릉군	기술센터	190786029				수	2005-07-04	칩소		2007
131	울릉군	기술센터	2004361129				암	2005-10-01	칩소		2007
132	울릉군	기술센터	184920422				암	2006-04-06	칩소		2007
133	울릉군	기술센터	191893559				암	2006-04-07	칩소		2007
134	울릉군	기술센터	191893566				암	2006-04-07	칩소		2007
135	울릉군	기술센터	198218850				수	2006-04-07	칩소		2007
136	울릉군	기술센터	203464418				암	2006-04-07	칩소		2007
137	울릉군	기술센터	198218843				암	2006-05-01	칩소		2007
138	울릉군	기술센터	2004360370				암	2006-07-01	칩소		2007
139	울릉군	기술센터	2004363151				수	2006-07-01	칩소		2007
140	울릉군	기술센터	2004363160				암	2006-07-01	칩소		2007
141	울릉군	기술센터	2004363397				암	2006-07-01	칩소		2007
142	울릉군	기술센터	2004364620				암	2006-07-01	칩소		2007
143	울릉군	기술센터	2004364638				암	2006-07-01	칩소		2007
144	울릉군	기술센터	2004364935				수	2006-07-01	칩소		2007
145	울릉군	기술센터	2004364951				암	2006-07-01	칩소		2007
146	울릉군	기술센터	2004364960				암	2006-07-01	칩소		2007
147	울릉군	기술센터	2004365001				수	2006-07-01	칩소		2007
148	울릉군	기술센터	2039079114				암	2007-03-13	칩소		2007
149	울릉군	기술센터	2001487030				암	2007-03-21	칩소		2007
150	울릉군	기술센터	2004364646				암	2007-03-27	칩소		2007
151	울릉군	기술센터	2007355415				수	2007-04-12	칩소		2007



순번	지역	사육지	개체 바코드	개체 명호	어미명호	아비명호	성별	생년월일	축종	외모	축군형 성시기
152	울릉군	기술센터	2004363014				암	2007-10-01	칩소		2007
153	울릉군	기술센터	2004363022				수	2008-03-01	칩소		2008
154	울릉군	기술센터	2001487048				수	2008-03-17	칩소		2008
155	울릉군	기술센터	2004363039				수	2008-04-01	칩소		2008
156	울릉군	기술센터	2004363047				수	2008-05-01	칩소		2008
157	울릉군	기술센터	2004363573				수	2008-06-01	칩소		2008
158	울릉군	기술센터	2004363581				수	2008-06-01	칩소		2008
159	울릉군	기술센터	2004363740				암	2008-06-01	칩소		2008
160	울릉군	기술센터	2004360941				암	2008-07-01	칩소		2008
161	울릉군	기술센터	2004363604				암	2008-07-01	칩소		2008
162	울릉군	기술센터	2039079122				암	2008-07-23	칩소		2008
163	울릉군	기술센터	2004360950				수	2008-08-01	칩소		2008
164	울릉군	기술센터	2004363590				암	2008-08-01	칩소		2008
165	울릉군	기술센터	2004361104				수	2008-09-01	칩소		2008
166	울릉군	기술센터	2004361090				암	2008-10-01	칩소		2008
167	울릉군	기술센터	2039079737				수	2008-10-21	칩소		2008
168	울릉군	기술센터	2039079745				수	2008-10-27	칩소		2008
169	울릉군	기술센터	2039079753				암	2008-10-30	칩소		2008
170	울릉군	기술센터	2004361112				암	2009-01-15	칩소		2009
171	울릉군	기술센터	2004360976				암	2009-01-21	칩소		2009
172	울릉군	기술센터	2039079139				수	2009-03-22	칩소		2009
173	울릉군	기술센터	2039081589				수	2009-05-29	칩소		2009
174	울릉군	기술센터	2039080459				암	2009-06-19	칩소		2009
175	울릉군	기술센터	2039080750				수	2009-07-25	칩소		2009
176	울릉군	기술센터	2039080686				수	2009-08-17	칩소		2009
177	울릉군	기술센터	2039081732				수	2009-09-03	칩소		2009
178	울릉군	기술센터	2039081628				수	2009-09-10	칩소		2009
179	울릉군	기술센터	2039081757				암	2009-09-11	칩소		2009
180	울릉군	기술센터	2039084614				암	2010-04-25	칩소		2010
181	울릉군	기술센터	2039083121				수	2010-06-13	칩소		2010
182	울릉군	기술센터	2039083814				암	2010-06-16	칩소		2010
183	울릉군	기술센터	2039082098				암	2010-07-21	칩소		2010
184	울릉군	기술센터	2039082102				수	2010-07-23	칩소		2010
185	울릉군	농가	2004353792				암	2007-11-20	칩소	흑색	2007
186	울릉군	농가	2004353776				수	2007-11-21	칩소	흑색	2007
187	울릉군	농가	2004353694				암	2007-11-18	칩소	호반	2007
188	울릉군	농가	2004363135				수	2007-11-22	칩소	호반	2007
189	울릉군	농가	2004353725				수	2007-11-23	칩소	호반	2007
190	울릉군	농가	2004353805				수	2007-11-24	칩소	호반	2007
191	울릉군	농가	2004353733				암	2007-11-26	칩소	호반	2007
192	울릉군	농가	2004353750				암	2007-11-28	칩소	호반	2007
193	울릉군	농가	2004353686				암	2007-11-30	칩소	호반	2007
194	울릉군	농가	2004353768				암	2007-11-30	칩소	호반	2007
195	울릉군	농가	2004353741				수	2007-12-06	칩소	호반	2007
196	울릉군	농가	2004363127				수	2007-12-09	칩소	호반	2007
197	울릉군	농가	2004353678				수	2007-12-11	칩소	호반	2007
198	울릉군	농가	2004353709				수	2007-12-12	칩소	호반	2007
199	울릉군	농가	2004353717				암	2007-12-14	칩소	호반	2007
200	울릉군	농가	2004353784				암	2007-12-20	칩소	호반	2007
201	울릉군	농가		U118(03333)			암		칩소		2007

순번	지역	사육지	개체 바코드	개체 명호	어미명호	아비명호	성별	생년월일	축종	외모	축군형 성시기
202	울릉군	농가		U77(118457)			암		최소		2007
203	울릉군	농가		U94(7-04261)			암		최소		2007
204	울릉군	농가		U121(8055)			암		최소		2007
205	울릉군	농가		u12(7418)			암		최소		2007
206	울릉군	농가		u45(8294)			암		최소		2007
207	울릉군	농가		u110			암		최소		2007
208	울릉군	농가		u16(7221)			암		최소		2007
209	울릉군	농가		u39(7212)			암		최소		2007
210	울릉군	농가		u44(7257)			암		최소		2007
211	울릉군	농가		u46(7237)			암		최소		2007
212	울릉군	농가		u71(7247)			암		최소		2007
213	울릉군	농가		u10(7208)			암		최소		2007
214	울릉군	농가		U112(5-03331)			암		최소		2007
215	울릉군	농가		u14(7243)			암		최소		2007
216	울릉군	농가		u18(6836)			암		최소		2007
217	울릉군	농가		U19(7654)			암		최소		2007
218	울릉군	농가		u20(7228)			암		최소		2007
219	울릉군	농가		u24(5127)			암		최소		2007
220	울릉군	농가		u27(7239)			암		최소		2007
221	울릉군	농가		u7(7241)			암		최소		2007
222	울릉군	농가		U90(7-02169)			암		최소		2007
223	울릉군	농가		U-74(8934)			암		최소		2007
224	울릉군	농가		u13(7229)			암		최소		2007
225	울릉군	농가		u17(7250)			암		최소		2007
226	울릉군	농가		u53(7378)			암		최소		2007
227	울릉군	농가		u54(4486)			암		최소		2007
228	울릉군	농가		u80(7443)			암		최소		2007
229	울릉군	농가		u30(7210)			암		최소		2007
230	울릉군	농가		u33(6704)			암		최소		2007
231	울릉군	농가		u41(7235)			암		최소		2007
232	울릉군	농가		U50(118460)			암		최소		2007
233	울릉군	농가		U67(7-04519)			암		최소		2007
234	울릉군	농가		U73(118459)			암		최소		2007
235	울릉군	농가		U100(5-03229)			암		최소		2007
236	울릉군	농가		U104(7-04623)			암		최소		2007
237	울릉군	농가		U105(7-04621)			암		최소		2007
238	울릉군	농가		U-107(8935)			암		최소		2007
239	울릉군	농가		U119(5-0334)			암		최소		2007
240	울릉군	농가		U-52(8928)			암		최소		2007
241	울릉군	농가		U-6(8936)			암		최소		2007
242	울릉군	농가		U-69(7-04336 0)			암		최소		2007
243	울릉군	농가		U72(118458)			암		최소		2007
244	울릉군	농가		U-101(8930)			암		최소		2007
245	울릉군	농가		U21(117963)			암		최소		2007
246	울릉군	농가		U-58(8931)			암		최소		2007
247	울릉군	농가		U91(118456)			암		최소		2007
248	울릉군	농가		U99(5-03332)			암		최소		2007
249	울릉군	농가		U-34(8937)			암		최소		2007
250	울릉군	농가		u15(2987)			암		최소		2007
251	울릉군	농가		u32(7236)			암		최소		2007
252	울릉군	농가		u48(7237)			암		최소		2007
253	울릉군	농가		u59(1384)			암		최소		2007

순번	지역	사육지	개체 바코드	개체 명호	어미명호	아비명호	성별	생년월일	축종	외모	축군형 성시기
254	울릉군	농가		U-109(8939)			암		취소		2007
255	울릉군	농가		U-79(7139)			암		취소		2007
256	울릉군	농가		u11(7204)			암		취소		2007
257	울릉군	농가		u22(7209)			암		취소		2007
258	울릉군	농가		u26(0691)			암		취소		2007
259	울릉군	농가		u29			암		취소		2007
260	울릉군	농가		u3(7224)			암		취소		2007
261	울릉군	농가		U-40(8938)			암		취소		2007
262	울릉군	농가		U-51(8929)			암		취소		2007
263	울릉군	농가		U-68(7166)			암		취소		2007
264	울릉군	농가		U-70(0423)			암		취소		2007
265	울릉군	농가		U-82(7430)			암		취소		2007
266	울릉군	농가		U-83(8293)			암		취소		2007
267	울릉군	농가		u9(7227)			암		취소		2007
268	울릉군	농가		U-61(8927)			암		취소		2007
269	울릉군	농가		U-63(8926)			암		취소		2007
270	울릉군	농가		u102			암		취소		2007
271	울릉군	농가		u47(8290)			암		취소		2007
272	울릉군	농가		u55(1491)			암		취소		2007
273	울릉군	농가		u57(9435)			암		취소		2007
274	울릉군	농가		u75			암		취소		2007
275	울릉군	농가	2004361008				암	2008-08-14	취소	흑색	2008
276	울릉군	농가	2004360827				수	2008-08-22	취소	흑색	2008
277	울릉군	농가	2004363063				암	2008-02-02	취소	호반	2008
278	울릉군	농가	2004363098				수	2008-02-04	취소	호반	2008
279	울릉군	농가	2004363119				암	2008-02-06	취소	호반	2008
280	울릉군	농가	2004363143				수	2008-02-08	취소	호반	2008
281	울릉군	농가	2004363055				암	2008-02-10	취소	호반	2008
282	울릉군	농가	2004363080				암	2008-02-11	취소	호반	2008
283	울릉군	농가	2004363071				수	2008-02-12	취소	호반	2008
284	울릉군	농가	2004363102				수	2008-03-01	취소	호반	2008
285	울릉군	농가	2004363485				암	2008-04-16	취소	호반	2008
286	울릉군	농가	004363178 004363186				암	2008-04-26	취소	호반	2008
287	울릉군	농가	2004363194				암	2008-04-26	취소	호반	2008
288	울릉군	농가	2004363469				수	2008-04-26	취소	호반	2008
289	울릉군	농가	2004363565				암	2008-04-27	취소	호반	2008
290	울릉군	농가	2004363209				암	2008-04-27	취소	호반	2008
291	울릉군	농가	2004363549				수	2008-04-27	취소	호반	2008
292	울릉군	농가	2004363477				암	2008-04-28	취소	호반	2008
293	울릉군	농가	2004363410				수	2008-04-29	취소	호반	2008
294	울릉군	농가	2004363532				암	2008-04-29	취소	호반	2008
295	울릉군	농가	2004363557				수	2008-04-30	취소	호반	2008
296	울릉군	농가	2004363452				암	2008-04-30	취소	호반	2008
297	울릉군	농가	2004363508				수	2008-05-01	취소	호반	2008
298	울릉군	농가	2004363436				수	2008-05-01	취소	호반	2008
299	울릉군	농가	2004363516				수	2008-05-02	취소	호반	2008
300	울릉군	농가	2004363612				암	2008-05-03	취소	호반	2008
301	울릉군	농가	2004363731				암	2008-05-03	취소	호반	2008
302	울릉군	농가	2004363493				암	2008-05-05	취소	호반	2008
303	울릉군	농가	2004363217				암	2008-05-07	취소	호반	2008
304	울릉군	농가		4363444			수	2008-05-07	취소	호반	2008
305	울릉군	농가	2004363401				암	2008-05-11	취소	호반	2008
306	울릉군	농가	2004363428				수	2008-06-17	취소	호반	2008

순번	지역	사육지	개체 바코드	개체 명호	어미명호	아비명호	성별	생년월일	축종	외모	축군형 성시기
307	울릉군	농가		4360249			수	2008-06-28	취소	호반	2008
308	울릉군	농가	2004361418				수	2008-06-30	취소	호반	2008
309	울릉군	농가	2004361969				수	2008-06-30	취소	호반	2008
310	울릉군	농가	2004363758				수	2008-06-30	취소	호반	2008
311	울릉군	농가		4360216			수	2008-07-02	취소	호반	2008
312	울릉군	농가	2004360835				암	2008-08-14	취소	호반	2008
313	울릉군	농가	2004360819				수	2008-08-16	취소	호반	2008
314	울릉군	농가	4364531	4364531			암	2008-08-19	취소	호반	2008
315	울릉군	농가	2004360860				암	2008-08-20	취소	호반	2008
316	울릉군	농가	2004360851				수	2008-08-21	취소	호반	2008
317	울릉군	농가	2004360984				수	2008-08-22	취소	호반	2008
318	울릉군	농가	2004360843				암	2008-08-25	취소	호반	2008
319	울릉군	농가	2004360992				암	2008-08-28	취소	호반	2008
320	울릉군	농가		4361016			암	2008-09-13	취소	호반	2008
321	울릉군	농가		4364540			암	2008-09-14	취소	호반	2008
322	울릉군	농가		4361049			암	2008-09-18	취소	호반	2008
323	울릉군	농가		4360917			수	2008-09-19	취소	호반	2008
324	울릉군	농가		4364189			수	2008-09-22	취소	호반	2008
325	울릉군	농가		4364172			암	2008-10-01	취소	호반	2008
326	울릉군	농가	2015496765				암	2008-09-09	취소		2008
327	울릉군	농가	015496757 015496749				수	2008-09-20	취소		2008
328	울릉군	농가	2015496749				수	2008-09-26	취소		2008
329	울릉군	농가	2015496636				수	2008-09-30	취소		2008
330	울릉군	농가		15996620			암	2008-10-19	취소		2008
331	울릉군	농가		15496610			암	2008-10-24	취소		2008
332	울릉군	농가		2144			암		취소		2008
333	울릉군	농가		5901			암		취소		2008
334	울릉군	농가		5902			암		취소		2008
335	울릉군	농가		8510(u89)			암		취소		2008
336	울릉군	농가		5918			암		취소		2008
337	울릉군	농가		8055(U121)			암		취소		2008
338	울릉군	농가		199-301-414( U133)			암		취소		2008
339	울릉군	농가		011-141-615			암		취소		2008
340	울릉군	농가		028-985-031( U25)			암		취소		2008
341	울릉군	농가		028-985-120( U66)			암		취소		2008
342	울릉군	농가		156-945-837( U141)			암		취소		2008
343	울릉군	농가		202-901-044( U147)			암		취소		2008
344	울릉군	농가		5967			암		취소		2008
345	울릉군	농가		6430			암		취소		2008
346	울릉군	농가		723841			암		취소		2008
347	울릉군	농가		6429(u71)			암		취소		2008
348	울릉군	농가		7237(U46)			암		취소		2008
349	울릉군	농가		3218			암		취소		2008
350	울릉군	농가		3597			암		취소		2008
351	울릉군	농가		5674			암		취소		2008
352	울릉군	농가		723563			암		취소		2008
353	울릉군	농가		117962(U20)			암		취소		2008
354	울릉군	농가		117967(U21)			암		취소		2008
355	울릉군	농가		117969(U7)			암		취소		2008
356	울릉군	농가		117972(U10)			암		취소		2008
357	울릉군	농가		5127(U24)			암		취소		2008

순번	지역	사육지	개체 바코드	개체 명호	어미명호	아비명호	성별	생년월일	축종	외모	축군형 성시기
358	울릉군	농가		5642(u150)			암		최소		2008
359	울릉군	농가		6134(u14)			암		최소		2008
360	울릉군	농가		6378(u128)			암		최소		2008
361	울릉군	농가		U111(8504)			암		최소		2008
362	울릉군	농가		U43(8289)			암		최소		2008
363	울릉군	농가		U90			암		최소		2008
364	울릉군	농가		8933			암		최소		2008
365	울릉군	농가		002 0390 7902 6			암		최소		2008
366	울릉군	농가		3006			암		최소		2008
367	울릉군	농가		4588			암		최소		2008
368	울릉군	농가		5437			암		최소		2008
369	울릉군	농가		7974			암		최소		2008
370	울릉군	농가		117958(U13)			암		최소		2008
371	울릉군	농가		3764(u156)			암		최소		2008
372	울릉군	농가		5796(u154)			암		최소		2008
373	울릉군	농가		6379(u2)			암		최소		2008
374	울릉군	농가		7-04486(U54)			암		최소		2008
375	울릉군	농가		7378(U53)			암		최소		2008
376	울릉군	농가		o690(u31)			암		최소		2008
377	울릉군	농가		U126(5148)			암		최소		2008
378	울릉군	농가		U145(3757)			암		최소		2008
379	울릉군	농가		003-137-670( U137)			암		최소		2008
380	울릉군	농가		008-497-156			암		최소		2008
381	울릉군	농가		011-141-666( U139)			암		최소		2008
382	울릉군	농가		011-141-974			암		최소		2008
383	울릉군	농가		028-985-111( U86)			암		최소		2008
384	울릉군	농가		3742			암		최소		2008
385	울릉군	농가		4678			암		최소		2008
386	울릉군	농가		U135(4165)			암		최소		2008
387	울릉군	농가		1532			암		최소		2008
388	울릉군	농가		3217			암		최소		2008
389	울릉군	농가		3219			암		최소		2008
390	울릉군	농가		4587			암		최소		2008
391	울릉군	농가		5441			암		최소		2008
392	울릉군	농가		5672			암		최소		2008
393	울릉군	농가		6497			암		최소		2008
394	울릉군	농가		U106(8509)			암		최소		2008
395	울릉군	농가		U155(0768)			암		최소		2008
396	울릉군	농가		U65(7644)			암		최소		2008
397	울릉군	농가		6499			암		최소		2008
398	울릉군	농가		5785(u152)			암		최소		2008
399	울릉군	농가		6025(U30)			암		최소		2008
400	울릉군	농가		6027(u73)			암		최소		2008
401	울릉군	농가		8078			암		최소		2008
402	울릉군	농가		723556			암		최소		2008
403	울릉군	농가		6153(u119)			암		최소		2008
404	울릉군	농가		6156(u104)			암		최소		2008
405	울릉군	농가		6158(u72)			암		최소		2008
406	울릉군	농가		6160(U100)			암		최소		2008
407	울릉군	농가		989(0854)			암		최소		2008
408	울릉군	농가		6279			암		최소		2008
409	울릉군	농가		002-652-246			암		최소		2008

순번	지역	사육지	개체 바코드	개체 명호	어미명호	아비명호	성별	생년월일	축종	외모	축군형 성시기
410	울릉군	농가		195-074-329( U81)			암		최소		2008
411	울릉군	농가		5923(723429)			암		최소		2008
412	울릉군	농가		5931(723427)			암		최소		2008
413	울릉군	농가		4789			암		최소		2008
414	울릉군	농가		8937			암		최소		2008
415	울릉군	농가		6377(u23)			암		최소		2008
416	울릉군	농가		127			암		최소		2008
417	울릉군	농가		5675			암		최소		2008
418	울릉군	농가		6142			암		최소		2008
419	울릉군	농가		6960			암		최소		2008
420	울릉군	농가		7-14345			암		최소		2008
421	울릉군	농가		016-034-835			암		최소		2008
422	울릉군	농가		028-985-015( U76)			암		최소		2008
423	울릉군	농가		156-945-845( U148)			암		최소		2008
424	울릉군	농가		201-654-408			암		최소		2008
425	울릉군	농가		3372			암		최소		2008
426	울릉군	농가		4790			암		최소		2008
427	울릉군	농가		5438			암		최소		2008
428	울릉군	농가		6371(u108)			암		최소		2008
429	울릉군	농가		6372(u123)			암		최소		2008
430	울릉군	농가		8939(u109)			암		최소		2008
431	울릉군	농가		028-985-179( U87)			암		최소		2008
432	울릉군	농가		028-985-187( U56)			암		최소		2008
433	울릉군	농가		156-945-811( U144)			암		최소		2008
434	울릉군	농가		8929			암		최소		2008
435	울릉군	농가		0423(U70)			암		최소		2008
436	울릉군	농가		0691(U26)			암		최소		2008
437	울릉군	농가		117959(U11)			암		최소		2008
438	울릉군	농가		117965(U29)			암		최소		2008
439	울릉군	농가		8293(U83)			암		최소		2008
440	울릉군	농가		8938(U40)			암		최소		2008
441	울릉군	농가		6066			암		최소		2008
442	울릉군	농가		6201			암		최소		2008
443	울릉군	농가		6225			암		최소		2008
444	울릉군	농가		6225			암		최소		2008
445	울릉군	농가		6229			암		최소		2008
446	울릉군	농가		6231			암		최소		2008
447	울릉군	농가		6292			암		최소		2008
448	울릉군	농가		6382			암		최소		2008
449	울릉군	농가		4362335			암		최소		2008
450	울릉군	농가		1769			암		최소		2008
451	울릉군	농가		3481			암		최소		2008
452	울릉군	농가		4679			암		최소		2008
453	울릉군	농가		5396			암		최소		2008
454	울릉군	농가		6391			암		최소		2008
455	울릉군	농가		U-136(5798)			암		최소		2008
456	울릉군	농가		U-153(5760)			암		최소		2008
457	울릉군	농가		3472			암		최소		2008
458	울릉군	농가		5447			암		최소		2008
459	울릉군	농가		6064			암		최소		2008
460	울릉군	농가		8290(u47)			암		최소		2008

순번	지역	사육지	개체 바코드	개체 명호	어미명호	아비명호	성별	생년월일	축종	외모	축군형 성시기
461	울릉군	농가		39079018			수	2009-03-22	취소	흑색	2009
462	울릉군	농가		39079155			수	2009-03-26	취소	흑색	2009
463	울릉군	농가		39080274			암	2009-04-17	취소	흑색	2009
464	울릉군	농가		39080346			수	2009-04-25	취소	흑색	2009
465	울릉군	농가		39080848			암	2009-05-01	취소	흑색	2009
466	울릉군	농가		39080830			수	2009-05-01	취소	흑색	2009
467	울릉군	농가		39081597			암	2009-05-28	취소	흑색	2009
468	울릉군	농가		39081853			암	2009-06-07	취소	흑색	2009
469	울릉군	농가		39081505			암	2009-06-15	취소	흑색	2009
470	울릉군	농가		39080619			암	2009-07-02	취소	흑색	2009
471	울릉군	농가		39080805			암	2009-07-21	취소	흑색	2009
472	울릉군	농가		39081183			암	2009-08-14	취소	흑색	2009
473	울릉군	농가		39081271			수	2009-08-31	취소	흑색	2009
474	울릉군	농가		39079882			수	2009-01-16	취소	호반	2009
475	울릉군	농가		39079665			암	2009-01-22	취소	호반	2009
476	울릉군	농가		39079657			암	2009-01-23	취소	호반	2009
477	울릉군	농가		39079219			수	2009-01-27	취소	호반	2009
478	울릉군	농가		39079673			암	2009-02-02	취소	호반	2009
479	울릉군	농가		39079227			암	2009-02-02	취소	호반	2009
480	울릉군	농가		39079649			암	2009-02-04	취소	호반	2009
481	울릉군	농가		39079690			수	2009-02-04	취소	호반	2009
482	울릉군	농가		39079681			수	2009-02-06	취소	호반	2009
483	울릉군	농가		39079392			암	2009-02-22	취소	호반	2009
484	울릉군	농가		39079962			암	2009-03-22	취소	호반	2009
485	울릉군	농가		39079384			암	2009-03-23	취소	호반	2009
486	울릉군	농가		39079091			암	2009-03-24	취소	호반	2009
487	울릉군	농가		39080266			수	2009-03-28	취소	호반	2009
488	울릉군	농가		39080196			수	2009-04-01	취소	호반	2009
489	울릉군	농가		39080081			수	2009-04-01	취소	호반	2009
490	울릉군	농가		39080188			암	2009-04-02	취소	호반	2009
491	울릉군	농가		39080073			수	2009-04-05	취소	호반	2009
492	울릉군	농가		39080258			수	2009-04-07	취소	호반	2009
493	울릉군	농가		39080049			암	2009-04-07	취소	호반	2009
494	울릉군	농가		39080952			암	2009-04-22	취소	호반	2009
495	울릉군	농가		39080821			수	2009-05-01	취소	호반	2009
496	울릉군	농가		39080813			수	2009-05-02	취소	호반	2009
497	울릉군	농가		39080311			암	2009-05-02	취소	호반	2009
498	울릉군	농가		39081907			수	2009-05-25	취소	호반	2009
499	울릉군	농가		39081417			수	2009-05-27	취소	호반	2009
500	울릉군	농가		39081521			수	2009-05-28	취소	호반	2009
501	울릉군	농가		39081601			수	2009-05-29	취소	호반	2009
502	울릉군	농가		39081829			수	2009-05-29	취소	호반	2009
503	울릉군	농가		39081433			암	2009-05-30	취소	호반	2009
504	울릉군	농가		39081476			수	2009-05-30	취소	호반	2009
505	울릉군	농가		39081484			수	2009-06-01	취소	호반	2009
506	울릉군	농가		39081812			암	2009-06-01	취소	호반	2009
507	울릉군	농가		39081564			수	2009-06-03	취소	호반	2009
508	울릉군	농가		39081923			수	2009-06-03	취소	호반	2009
509	울릉군	농가		39081468			수	2009-06-06	취소	호반	2009
510	울릉군	농가		39081861			암	2009-06-11	취소	호반	2009
511	울릉군	농가		39080506			암	2009-06-17	취소	호반	2009
512	울릉군	농가		39081870			수	2009-06-17	취소	호반	2009
513	울릉군	농가		39080784			수	2009-07-01	취소	호반	2009
514	울릉군	농가		39080598			수	2009-07-05	취소	호반	2009

순번	지역	사육지	개체 바코드	개체 명호	어미명호	아비명호	성별	생년월일	축종	외모	축군형 성시기
515	울릉군	농가		39080776			수	2009-07-08	취소	호반	2009
516	울릉군	농가		39080563			암	2009-07-17	취소	호반	2009
517	울릉군	농가		39080643			수	2009-07-17	취소	호반	2009
518	울릉군	농가		39080539			수	2009-07-19	취소	호반	2009
519	울릉군	농가		39081062			암	2009-08-15	취소	호반	2009
520	울릉군	농가		39081126			암	2009-08-18	취소	호반	2009
521	울릉군	농가		39081175			수	2009-08-18	취소	호반	2009
522	울릉군	농가		39081138			암	2009-08-20	취소	호반	2009
523	울릉군	농가		39081255			암	2009-08-21	취소	호반	2009
524	울릉군	농가		39081191			수	2009-08-22	취소	호반	2009
525	울릉군	농가		39081263			암	2009-08-23	취소	호반	2009
526	울릉군	농가		39081206			수	2009-08-23	취소	호반	2009
527	울릉군	농가		39080679			암	2009-08-24	취소	호반	2009
528	울릉군	농가		39081247			수	2009-08-25	취소	호반	2009
529	울릉군	농가		39081394			수	2009-08-27	취소	호반	2009
530	울릉군	농가		39081222			수	2009-08-30	취소	호반	2009
531	울릉군	농가		39081214			수	2009-09-01	취소	호반	2009
532	울릉군	농가		39081298			수	2009-09-05	취소	호반	2009
533	울릉군	농가		39081351			수	2009-09-10	취소	호반	2009
534	울릉군	농가		39081636			수	2009-09-17	취소	호반	2009
535	울릉군	농가		39081708			암	2009-10-05	취소	호반	2009
536	울릉군	농가		39081716			암	2009-11-20	취소	호반	2009
537	울릉군	농가		39081644			수	2009-09-16	취소	흑색	2009
538	울릉군	농가		39079938			수	2009-01-18	취소		2009
539	울릉군	농가		39079704			수	2009-01-18	취소		2009
540	울릉군	농가	201154951				수	2009-01-19	취소		2009
541	울릉군	농가		39079796			수	2009-01-29	취소		2009
542	울릉군	농가		39079632			암	2009-02-13	취소		2009
543	울릉군	농가	2011154978				수	2009-02-20	취소		2009
544	울릉군	농가		39080032			암	2009-03-15	취소		2009
545	울릉군	농가		39079317			암	2009-03-18	취소		2009
546	울릉군	농가		39079497			수	2009-03-18	취소		2009
547	울릉군	농가		39080016			암	2009-03-20	취소		2009
548	울릉군	농가		39080024			암	2009-03-24	취소		2009
549	울릉군	농가		39080170			수	2009-03-25	취소		2009
550	울릉군	농가		39080207			암	2009-03-29	취소		2009
551	울릉군	농가		39080379			수	2009-03-31	취소		2009
552	울릉군	농가		39080387			암	2009-04-04	취소		2009
553	울릉군	농가		39080395			암	2009-04-05	취소		2009
554	울릉군	농가		39080514			암	2009-04-22	취소		2009
555	울릉군	농가		39080354			암	2009-04-25	취소		2009
556	울릉군	농가		39081548			수	2009-05-27	취소		2009
557	울릉군	농가		39081845			암	2009-06-03	취소		2009
558	울릉군	농가		39081425			암	2009-06-03	취소		2009
559	울릉군	농가		39081450			암	2009-06-06	취소		2009
560	울릉군	농가		39081492			수	2009-06-10	취소		2009
561	울릉군	농가		039080571			수	2009-07-05	취소		2009
562	울릉군	농가		39080580			수	2009-07-06	취소		2009
563	울릉군	농가		39080602			암	2009-07-13	취소		2009
564	울릉군	농가		39080635			수	2009-07-17	취소		2009
565	울릉군	농가		39080792			암	2009-07-18	취소		2009
566	울릉군	농가		39080547			수	2009-07-18	취소		2009
567	울릉군	농가	201732304				수	2009-07-24	취소		2009
568	울릉군	농가		39081087			암	2009-08-16	취소		2009



순번	지역	사육지	개체 바코드	개체 명호	어미명호	아비명호	성별	생년월일	축종	외모	축군형 성시기
569	울릉군	농가		39081095			암	2009-08-16	취소		2009
570	울릉군	농가		39081118			암	2009-08-17	취소		2009
571	울릉군	농가		39081079			암	2009-08-18	취소		2009
572	울릉군	농가		39081100			수	2009-08-20	취소		2009
573	울릉군	농가		39081154			암	2009-08-21	취소		2009
574	울릉군	농가		39081142			수	2009-08-23	취소		2009
575	울릉군	농가		39081749			수	2009-08-26	취소		2009
576	울릉군	농가		39081327			수	2009-08-26	취소		2009
577	울릉군	농가		39081409			수	2009-08-29	취소		2009
578	울릉군	농가		39081693			암	2009-09-22	취소		2009
579	울릉군	농가		39082696			암	2009-09-23	취소		2009
580	울릉군	농가		39081677			암	2009-09-27	취소		2009
581	울릉군	농가		39081804			수	2009-09-30	취소		2009
582	울릉군	농가		39082731			수	2009-10-10	취소		2009
583	울릉군	농가	2006015581				수	2009-12-01	취소		2009
584	울릉군	농가	2006015590				수	2009-12-04	취소		2009
585	울릉군	농가	2006015604				수	2009-12-07	취소		2009
586	울릉군	농가	2047773213				수	2009-12-08	취소		2009
587	울릉군	농가		5902			암		취소		2009
588	울릉군	농가		7946			암		취소		2009
589	울릉군	농가		8510			암		취소		2009
590	울릉군	농가		11141787			암		취소		2009
591	울릉군	농가	189537328				암		취소		2009
592	울릉군	농가		0141(133)			암		취소		2009
593	울릉군	농가		104			암		취소		2009
594	울릉군	농가		6430			암		취소		2009
595	울릉군	농가		6432			암		취소		2009
596	울릉군	농가		6469			암		취소		2009
597	울릉군	농가		7237			암		취소		2009
598	울릉군	농가		10591200			암		취소		2009
599	울릉군	농가		14142856			암		취소		2009
600	울릉군	농가		7257(u44)			암		취소		2009
601	울릉군	농가		2651366			암		취소		2009
602	울릉군	농가		2678053			암		취소		2009
603	울릉군	농가		6378(U128)			암		취소		2009
604	울릉군	농가		8934			암		취소		2009
605	울릉군	농가		002 0390 7961 6			암		취소		2009
606	울릉군	농가		3764			암		취소		2009
607	울릉군	농가		4588			암		취소		2009
608	울릉군	농가		5796			암		취소		2009
609	울릉군	농가		10591023			암		취소		2009
610	울릉군	농가	201656716				암		취소		2009
611	울릉군	농가		3757(U145)			암		취소		2009
612	울릉군	농가		4167			암		취소		2009
613	울릉군	농가		6323			암		취소		2009
614	울릉군	농가		7971			암		취소		2009
615	울릉군	농가		2678088			암		취소		2009
616	울릉군	농가		3142634			암		취소		2009
617	울릉군	농가		3767(U137)			암		취소		2009
618	울릉군	농가		8511(7907)			암		취소		2009
619	울릉군	농가		4165			암		취소		2009
620	울릉군	농가		4678			암		취소		2009
621	울릉군	농가		6276			암		취소		2009

순번	지역	사육지	개체 바코드	개체 명호	어미명호	아버명호	성별	생년월일	축종	외모	축군형 성시기
622	울릉군	농가		7582			암		최소		2009
623	울릉군	농가		7582			암		최소		2009
624	울릉군	농가		7587			암		최소		2009
625	울릉군	농가		6424			암		최소		2009
626	울릉군	농가		6459			암		최소		2009
627	울릉군	농가		7943			암		최소		2009
628	울릉군	농가		2908			암		최소		2009
629	울릉군	농가		2909			암		최소		2009
630	울릉군	농가		3217			암		최소		2009
631	울릉군	농가		4587			암		최소		2009
632	울릉군	농가		6004			암		최소		2009
633	울릉군	농가		7990			암		최소		2009
634	울릉군	농가		768 7927			암		최소		2009
635	울릉군	농가		7947(4587)			암		최소		2009
636	울릉군	농가		2651374			암		최소		2009
637	울릉군	농가		8497164			암		최소		2009
638	울릉군	농가		10591082			암		최소		2009
639	울릉군	농가		10591099			암		최소		2009
640	울릉군	농가		10591154			암		최소		2009
641	울릉군	농가		11146775			암		최소		2009
642	울릉군	농가		14142897			암		최소		2009
643	울릉군	농가		16034290			암		최소		2009
644	울릉군	농가		16080996			암		최소		2009
645	울릉군	농가	201654460				암		최소		2009
646	울릉군	농가		6202			암		최소		2009
647	울릉군	농가		10591015			암		최소		2009
648	울릉군	농가	201656778				암		최소		2009
649	울릉군	농가		6154			암		최소		2009
650	울릉군	농가		5224			암		최소		2009
651	울릉군	농가		5763			암		최소		2009
652	울릉군	농가		5929			암		최소		2009
653	울릉군	농가		7677			암		최소		2009
654	울릉군	농가		7914			암		최소		2009
655	울릉군	농가		6030			암		최소		2009
656	울릉군	농가		6035			암		최소		2009
657	울릉군	농가		4456416			암		최소		2009
658	울릉군	농가	195074312				암		최소		2009
659	울릉군	농가		010602218(최소 )			암		최소		2009
660	울릉군	농가		115			암		최소		2009
661	울릉군	농가		247			암		최소		2009
662	울릉군	농가		2046			암		최소		2009
663	울릉군	농가		2160			암		최소		2009
664	울릉군	농가		2419			암		최소		2009
665	울릉군	농가		6167			암		최소		2009
666	울릉군	농가		7317			암		최소		2009
667	울릉군	농가		7319			암		최소		2009
668	울릉군	농가		7456			암		최소		2009
669	울릉군	농가		7520			암		최소		2009
670	울릉군	농가		4789			암		최소		2009
671	울릉군	농가		6377			암		최소		2009
672	울릉군	농가		8937			암		최소		2009
673	울릉군	농가		4363707			암		최소		2009
674	울릉군	농가	201565773				암		최소		2009

순번	지역	사육지	개체 바코드	개체 명호	어미명호	아비명호	성별	생년월일	축종	외모	축군형 성시기
675	울릉군	농가		5675			암		최소		2009
676	울릉군	농가		0858(98)			암		최소		2009
677	울릉군	농가		9113(113)			암		최소		2009
678	울릉군	농가		3483			암		최소		2009
679	울릉군	농가		7981			암		최소		2009
680	울릉군	농가		4363661			암		최소		2009
681	울릉군	농가		11141800			암		최소		2009
682	울릉군	농가		7978(8)			암		최소		2009
683	울릉군	농가		7991(8501)			암		최소		2009
684	울릉군	농가		4162			암		최소		2009
685	울릉군	농가		5138			암		최소		2009
686	울릉군	농가		5438			암		최소		2009
687	울릉군	농가		5737			암		최소		2009
688	울릉군	농가		6434			암		최소		2009
689	울릉군	농가		6478			암		최소		2009
690	울릉군	농가		5131			암		최소		2009
691	울릉군	농가		6164			암		최소		2009
692	울릉군	농가		7210			암		최소		2009
693	울릉군	농가		8079			암		최소		2009
694	울릉군	농가		8932(U60)			암		최소		2009
695	울릉군	농가		6201			암		최소		2009
696	울릉군	농가		6225			암		최소		2009
697	울릉군	농가		6231			암		최소		2009
698	울릉군	농가		6384			암		최소		2009
699	울릉군	농가		6188			암		최소		2009
700	울릉군	농가		6387			암		최소		2009
701	울릉군	농가		6413			암		최소		2009
702	울릉군	농가		7918(7586)			암		최소		2009
703	울릉군	농가		3132737			암		최소		2009
704	울릉군	농가		630			암		최소		2009
705	울릉군	농가		630			암		최소		2009
706	울릉군	농가		5126			암		최소		2009
707	울릉군	농가		5676			암		최소		2009
708	울릉군	농가		6389			암		최소		2009
709	울릉군	농가		6415			암		최소		2009
710	울릉군	농가		8926(U63)			암		최소		2009
711	울릉군	농가		8927(U61)			암		최소		2009
712	울릉군	농가		851			암		최소		2009
713	울릉군	농가		851			암		최소		2009
714	울릉군	농가		5447			암		최소		2009
715	울릉군	농가		6080			암		최소		2009
716	울릉군	농가		9116			암		최소		2009
717	울릉군	농가		39085004			수	2010-04-04	최소	흑색	2010
718	울릉군	농가		39084698			암	2010-04-20	최소	흑색	2010
719	울릉군	농가		39082524			암	2010-05-04	최소	흑색	2010
720	울릉군	농가		39082508			수	2010-05-08	최소	흑색	2010
721	울릉군	농가		39083130			수	2010-05-31	최소	흑색	2010
722	울릉군	농가		39083030			암	2010-06-08	최소	흑색	2010
723	울릉군	농가		39083855			수	2010-06-17	최소	흑색	2010
724	울릉군	농가		39083960			수	2010-06-22	최소	흑색	2010
725	울릉군	농가		39083228			수	2010-01-01	최소	호반	2010
726	울릉군	농가		39083236			수	2010-01-01	최소	호반	2010
727	울릉군	농가		39082811			수	2010-01-06	최소	호반	2010
728	울릉군	농가		39082838			수	2010-01-14	최소	호반	2010

순번	지역	사육지	개체 바코드	개체 명호	어미명호	아버명호	성별	생년월일	축종	의모	축군형 성시기
729	울릉군	농가		39083390			수	2010-01-14	취소	호반	2010
730	울릉군	농가		39083349			암	2010-01-23	취소	호반	2010
731	울릉군	농가		39083873			암	2010-01-25	취소	호반	2010
732	울릉군	농가		39084190			암	2010-02-15	취소	호반	2010
733	울릉군	농가		39084085			수	2010-03-02	취소	호반	2010
734	울릉군	농가		39084077			암	2010-03-09	취소	호반	2010
735	울릉군	농가		39082959			암	2010-03-10	취소	호반	2010
736	울릉군	농가		39084028			암	2010-03-21	취소	호반	2010
737	울릉군	농가		39084036			암	2010-03-21	취소	호반	2010
738	울릉군	농가		39084052			암	2010-03-21	취소	호반	2010
739	울릉군	농가		39084010			수	2010-03-22	취소	호반	2010
740	울릉군	농가		39084876			수	2010-03-28	취소	호반	2010
741	울릉군	농가		39084841			암	2010-03-30	취소	호반	2010
742	울릉군	농가		39084997			암	2010-04-01	취소	호반	2010
743	울릉군	농가		39084892			수	2010-04-03	취소	호반	2010
744	울릉군	농가		39084884			암	2010-04-03	취소	호반	2010
745	울릉군	농가		39084905			수	2010-04-05	취소	호반	2010
746	울릉군	농가		39084817			수	2010-04-06	취소	호반	2010
747	울릉군	농가		39084727			수	2010-04-16	취소	호반	2010
748	울릉군	농가		39084663			수	2010-04-18	취소	호반	2010
749	울릉군	농가	2039084850				수	2010-04-20	취소	호반	2010
750	울릉군	농가		39082436			암	2010-05-05	취소	호반	2010
751	울릉군	농가		39083113			수	2010-05-07	취소	호반	2010
752	울릉군	농가		39084743			수	2010-05-08	취소	호반	2010
753	울릉군	농가		39082590			수	2010-05-12	취소	호반	2010
754	울릉군	농가		39083189			암	2010-06-05	취소	호반	2010
755	울릉군	농가		39083847			수	2010-06-11	취소	호반	2010
756	울릉군	농가		39083986			암	2010-06-12	취소	호반	2010
757	울릉군	농가		39083871			암	2010-06-13	취소	호반	2010
758	울릉군	농가		39180880			암	2010-06-14	취소	호반	2010
759	울릉군	농가		39082071			수	2010-07-05	취소	호반	2010
760	울릉군	농가		39084331			암	2010-07-29	취소	호반	2010
761	울릉군	농가		39084340			암	2010-07-29	취소	호반	2010
762	울릉군	농가	2039082397				수	2010-09-08	취소	호반	2010
763	울릉군	농가		39082688			수	2010-11-21	취소	호반	2010
764	울릉군	농가		39082637			암	2010-11-26	취소	호반	2010
765	울릉군	농가		39083244			수	2010-12-28	취소	호반	2010
766	울릉군	농가		39083285			수	2010-01-01	취소		2010
767	울릉군	농가		39083324			수	2010-01-02	취소		2010
768	울릉군	농가		39083404			수	2010-01-04	취소		2010
769	울릉군	농가	2047773221				수	2010-01-11	취소		2010
770	울릉군	농가		39083381			수	2010-01-13	취소		2010
771	울릉군	농가	2047773248				수	2010-01-15	취소		2010
772	울릉군	농가		39083316			수	2010-01-20	취소		2010
773	울릉군	농가	2047773256				암	2010-01-21	취소		2010
774	울릉군	농가		39083357			암	2010-01-22	취소		2010
775	울릉군	농가	2047773264				암	2010-01-25	취소		2010
776	울릉군	농가		39082820			암	2010-01-27	취소		2010
777	울릉군	농가		39084964			암	2010-02-19	취소		2010
778	울릉군	농가		39084044			암	2010-02-21	취소		2010
779	울릉군	농가		39084181			수	2010-02-23	취소		2010
780	울릉군	농가		39084930			수	2010-02-28	취소		2010
781	울릉군	농가		39084108			수	2010-03-02	취소		2010
782	울릉군	농가		39084093			암	2010-03-08	취소		2010

순번	지역	사육지	개체 바코드	개체 명호	어미명호	아비명호	성별	생년월일	축종	외모	축군형 성시기
783	울릉군	농가		39084116			수	2010-03-10	취소		2010
784	울릉군	농가		39084948			암	2010-03-16	취소		2010
785	울릉군	농가		39084204			암	2010-03-25	취소		2010
786	울릉군	농가		39084778			암	2010-04-05	취소		2010
787	울릉군	농가		39084702			수	2010-04-07	취소		2010
788	울릉군	농가		39084680			암	2010-04-10	취소		2010
789	울릉군	농가		39082209			암	2010-04-11	취소		2010
790	울릉군	농가		39084647			수	2010-04-12	취소		2010
791	울릉군	농가		39084639			수	2010-04-13	취소		2010
792	울릉군	농가		39084671			수	2010-04-18	취소		2010
793	울릉군	농가	2039084655				수	2010-04-20	취소		2010
794	울릉군	농가		39084622			수	2010-04-20	취소		2010
795	울릉군	농가		39084809			수	2010-04-30	취소		2010
796	울릉군	농가		39084735			암	2010-05-01	취소		2010
797	울릉군	농가		39084760			암	2010-05-03	취소		2010
798	울릉군	농가		39082565			암	2010-05-04	취소		2010
799	울릉군	농가		39082516			암	2010-05-05	취소		2010
800	울릉군	농가		39082452			암	2010-05-07	취소		2010
801	울릉군	농가		39082469			암	2010-05-07	취소		2010
802	울릉군	농가		39082493			수	2010-05-08	취소		2010
803	울릉군	농가		39082557			암	2010-05-08	취소		2010
804	울릉군	농가		39082485			암	2010-05-08	취소		2010
805	울릉군	농가		39082410			암	2010-05-09	취소		2010
806	울릉군	농가		39082604			수	2010-05-09	취소		2010
807	울릉군	농가		39082444			암	2010-05-10	취소		2010
808	울릉군	농가		39083033			수	2010-05-10	취소		2010
809	울릉군	농가		39083105			암	2010-05-15	취소		2010
810	울릉군	농가		39082573			수	2010-05-17	취소		2010
811	울릉군	농가		39083017			수	2010-05-19	취소		2010
812	울릉군	농가		39082581			암	2010-05-20	취소		2010
813	울릉군	농가		39083164			암	2010-05-24	취소		2010
814	울릉군	농가		39083201			수	2010-06-02	취소		2010
815	울릉군	농가		39083076			암	2010-06-05	취소		2010
816	울릉군	농가		39083156			암	2010-06-07	취소		2010
817	울릉군	농가		39083822			암	2010-06-08	취소		2010
818	울릉군	농가		39083863			암	2010-06-13	취소		2010
819	울릉군	농가		39082055			암	2010-06-15	취소		2010
820	울릉군	농가		39083927			암	2010-06-16	취소		2010
821	울릉군	농가		39083839			수	2010-06-16	취소		2010
822	울릉군	농가		39082063			암	2010-06-18	취소		2010
823	울릉군	농가		39083951			암	2010-06-19	취소		2010
824	울릉군	농가		39082186			수	2010-07-02	취소		2010
825	울릉군	농가		39082039			암	2010-07-17	취소		2010
826	울릉군	농가		39084323			암	2010-07-20	취소		2010
827	울릉군	농가		39084399			암	2010-07-24	취소		2010
828	울릉군	농가		39082143			수	2010-07-26	취소		2010
829	울릉군	농가		39082160			암	2010-07-27	취소		2010
830	울릉군	농가		39082135			암	2010-07-29	취소		2010
831	울릉군	농가		39082151			암	2010-07-29	취소		2010
832	울릉군	농가		39082127			암	2010-07-30	취소		2010
833	울릉군	농가		39084307			수	2010-08-03	취소		2010
834	울릉군	농가		39082233			수	2010-08-07	취소		2010
835	울릉군	농가		39084270			수	2010-08-09	취소		2010
836	울릉군	농가		39084237			수	2010-08-09	취소		2010





순번	지역	사육지	개체 바코드	개체 명호	어미명호	아비명호	성별	생년월일	축종	외모	측근형 성시기
939	충북도	농가	002037373544	충북흑소 843	충북젖소 418	cjb-1	암	2009-01-02	젖소	흑색	2008
940	충북도	농가	002028274084	충북흑소 970	충북흑소 862	흑종 1	암	2009-01-09	흑소	흑색	2008
941	충북도	농가	002037373536	충북흑소 995	충북젖소 313	젖종 4	수	2009-01-19	젖소	흑색	2008
942	충북도	농가	002028353348	충북흑소 957	충북젖소 556	CJBC-1	수	2009-01-20	젖소	흑색	2008
943	충북도	농가	002006066671	충북흑소 956	충북젖소 501	cjb-1	수	2009-03-08	젖소	흑색	2008
944	충북도	농가		충북흑소 954	충북흑소 891	cjb-1	암	2009-03-13	흑소	흑색	2008
945	충북도	농가	002037530647	충북젖소 689	충북젖소 417	젖종 4	수	2009-03-20	젖소	흑색	2008
946	충북도	농가	002037533729	충북흑소 965	충북흑소 872	흑종 1	암	2009-04-12	흑소	흑색	2008
947	충북도	농가		충북흑소 964	젖 1(윤자)	젖종 4	암	2009-04-19	젖소	흑색	2008
948	충북도	농가	002037420585	충북젖소 318	충북흑소 952	젖종 4	수	2009-05-08	흑소	호반	2009
949	충북도	농가	002043318965	충북젖소 531	충북젖소 558	젖종 4	수	2009-05-25	젖소	호반	2009
950	충북도	농가		충북젖소 546	충북흑소 806	충북젖종 315	수	2009-05-27	흑소	호반	2009
951	충북도	농가	002029909468	충북젖소 611	충북흑소 870	흑종 1	암	2009-06-27	젖소	호반	2009
952	충북도	농가	002029909484	충북젖소 635	충북젖소 301	젖종 4	수	2009-07-31	젖소	호반	2009
953	충북도	농가	002046392632	충북젖소 536	충북젖소 518	젖종 4	암	2009-08-05	젖소	호반	2009
954	충북도	농가	002046392624	충북젖소 537	충북젖소 358	젖종 4	암	2009-08-05	젖소	호반	2009
955	충북도	농가	002029909601	충북젖소 613	충북젖소 511	젖종 4	암	2009-08-28	젖소	호반	2009
956	충북도	농가	002046393914	충북젖소 539	충북젖소 352	젖종 4	암	2009-09-08	젖소	호반	2009
957	충북도	농가		충북젖소 547	충북젖소 402	충북젖종 315	수	2009-09-14	젖소	호반	2009
958	충북도	농가	002029909572	충북젖소 636	충북젖소 411	젖종 4	수	2009-09-16	젖소	호반	2009
959	충북도	농가	002046397362	충북흑소 962	충북젖소 698	젖종 4	암	2009-10-06	젖소	호반	2009
960	충북도	농가	002045726712	충북젖소 638	충북젖소 469	젖종 4	암	2009-10-12	젖소	호반	2009
961	충북도	농가		충북젖소 540	충북젖소 503	젖종 5	수	2009-11-18	젖소	호반	2009
962	충북도	농가	002045723964	충북젖소 634	충북젖소 411	젖종 5	수	2009-12-04	젖소	호반	2009
963	충북도	농가	002045723989	충북젖소 489	충북젖소 606	젖종 5	수	2010-01-07	젖소	호반	2009
964	충북도	농가	002050150986	충북젖소 441	충북젖소 563	젖종 5	암	2010-01-10	젖소	호반	2009
965	충북도	농가	002045717823	충북젖소 480	충북젖소 462	젖종 5	암	2010-01-13	젖소	호반	2009
966	충북도	농가	002050150994	충북젖소 435	충북젖소 517	0848(강원)	암	2010-02-07	젖소	호반	2009
967	충북도	농가	002050150902	충북젖소 446	충북젖소 417	0848(강원)	수	2010-02-07	젖소	호반	2009
968	충북도	농가	002049407106	충북젖소 478	충북젖소 556	젖종 5	암	2010-03-22	젖소	호반	2009
969	충북도	농가	002052423025	충북젖소 449	충북흑소 863	흑종 1	수	2010-04-01	흑소	호반	2009
970	충북도	농가	002049407122	충북젖소 500	충북젖소 460	젖종 4	수	2010-04-06	젖소	호반	2009
971	충북도	농가	002052423009	충북젖소 448	충북젖소 602	젖종 4	수	2010-04-12	젖소	호반	2009
972	충북도	농가	002052424340	충북젖소 615	충북젖소 408	젖종 4	수	2010-04-26	젖소	호반	2009
973	충북도	농가	002052424270	충북젖소 617	젖6-2	젖종 4	수	2010-04-30	젖소	호반	2009
974	충북도	농가	002042029214	충북흑소 967	충북흑소 863	흑종 1	수	2009-05-01	흑소	황색	2009
975	충북도	농가	002006066655	충북젖소 586	충북흑소 692	cjb-1	수	2009-05-03	흑소	황색	2009
976	충북도	농가	002006066680	충북젖소 585	충북젖소 302	cjb-1	수	2009-05-08	젖소	황색	2009
977	충북도	농가	002006066825	충북젖소 595	충북젖소 555	젖종 2	암	2009-05-12	젖소	황색	2009
978	충북도	농가	002006066833	충북젖소 593	젖영주2	젖종 4	암	2009-05-13	젖소	황색	2009



순번	지역	사육지	개체 바코드	개체 명호	어미명호	아비명호	성별	생년월일	축종	외모	축군형 성시기
979	충북도	농가	002006066892	충북칩소 583	충북칩소 359	CJB-1	수	2009-05-16	칩소	황색	2009
980	충북도	농가	002043318973	충북칩소 532	충북칩소 562	칩종 4	수	2009-05-26	칩소	황색	2009
981	충북도	농가		충북칩소 529	충북흑소 880	흑종 1	암	2009-05-27	흑소	황색	2009
982	충북도	농가	002043323740	충북칩소 525	충북칩소 408	칩종 4	암	2009-06-01	칩소	황색	2009
983	충북도	농가		충북칩소 528	충북칩소 360	칩종 2	수	2009-06-08	칩소	황색	2009
984	충북도	농가	002043321821	충북칩소 534	충북칩소 553	칩종 4	암	2009-07-07	칩소	황색	2009
985	충북도	농가	002037420472	충북칩소 663	충북칩소 455	칩종 4	암	2009-07-14	칩소	황색	2009
986	충북도	농가	002046392616	충북칩소 535	충북칩소 316	칩종 4	암	2009-07-25	칩소	황색	2009
987	충북도	농가	002029910997	충북흑소 819	칩영주2	칩종 4	암	2009-09-05	칩소	황색	2009
988	충북도	농가	002029910997	충북흑소 819	칩영주2	칩종 4	암	2009-09-05	칩소	황색	2009
989	충북도	농가		충북흑소 821	충북칩소 407	충북칩종 315	암	2009-10-08	흑소	황색	2009
990	충북도	농가	002045723841	충북칩소 639	충북칩소 520	흑종 1	암	2009-10-19	칩소	황색	2009
991	충북도	농가	002046443075	충북흑소 992	충북칩소 898	흑종 1	수	2009-11-01	흑소	황색	2009
992	충북도	농가	002046403091	충북흑소 823	충북흑소 862	흑종 1	수	2009-11-11	흑소	황색	2009
993	충북도	농가		충북칩소 548	충북흑소 894	충북칩종 600	암	2009-11-20	흑소	황색	2009
994	충북도	농가		충북칩소 651	충북칩소 646	충북칩종 600	수	2009-11-20	칩소	황색	2009
995	충북도	농가		충북칩소 652	충북칩소 599	충북칩종 600	수	2009-11-20	칩소	황색	2009
996	충북도	농가		충북흑소 876	충북흑소 850	충북칩종 315	암	2009-11-20	흑소	황색	2009
997	충북도	농가		충북칩소 533	충북칩소 307	칩종 5	암	2009-11-30	칩소	황색	2009
998	충북도	농가		충북칩소 550	충북흑소 854	충북칩종 600	암	2009-12-01	흑소	황색	2009
999	충북도	농가	002045723956	충북칩소 633	충북칩소 632	칩종 4	수	2009-12-01	칩소	황색	2009
1000	충북도	농가	002045723930	충북칩소 664	칩6-2	칩종 5	암	2009-12-02	칩소	황색	2009
1001	충북도	농가		충북칩소 549	충북흑소 837	충북칩종 600	수	2009-12-07	흑소	황색	2009
1002	충북도	농가	002050150927	충북흑소 978	충북흑소 841	흑종 1	암	2010-02-17	흑소	황색	2009
1003	충북도	농가	002050151028	충북흑소 701	충북흑소 893	0848(강원)	수	2010-03-07	흑소	황색	2009
1004	충북도	농가	002052074129	충북칩소 475	충북칩소 404	칩종 4	수	2010-04-08	칩소	황색	2009
1005	충북도	농가	002052074442	충북칩소 487	충북칩소 510	칩종 4	암	2010-04-08	칩소	황색	2009
1006	충북도	농가	002055790634	충북칩소 484	충북칩소 302	칩종 4	암	2010-04-30	칩소	황색	2009
1007	충북도	농가		충북칩소 687	충북칩소 609	칩종4	수	2009-05-08	칩소	흑색	2009
1008	충북도	농가		충북흑소 827	충북흑소 886	흑종 1	수	2009-05-25	흑소	흑색	2009
1009	충북도	농가	002043321830	충북흑소 804	충북흑소 892	칩종 4	수	2009-07-11	흑소	흑색	2009
1010	충북도	농가	002046392202	충북흑소 817	충북흑소 888	칩종 4	암	2009-07-21	흑소	흑색	2009
1011	충북도	농가	002046397348	충북흑소 885	충북칩소 505	칩종 4	수	2009-09-10	칩소	흑색	2009
1012	충북도	농가		충북흑소 825	충북칩소 316	충북칩종 315	수	2009-09-25	칩소	흑색	2009
1013	충북도	농가	002046399116	충북흑소 991	충북흑소 889	흑종 1	수	2009-10-19	흑소	흑색	2009
1014	충북도	농가	002050537791	충북흑소 989	칩 입질3	칩종 5	수	2010-02-24	칩소	흑색	2009
1015	충북도	농가	002052423033	충북흑소 986	충북칩소 403	0848(강원)	수	2010-03-22	칩소	흑색	2009
1016	충북도	농가	002049407067	충북흑소 726	충북칩소 313	칩종 4	암	2010-03-29	칩소	흑색	2009
1017	충북도	농가	002050537806	충북흑소 990	칩 9	칩종 4	수	2010-03-30	칩소	흑색	2009
1018	충북도	농가	002052074434	충북흑소 722	충북흑소 880	칩종 4	암	2010-04-13	흑소	흑색	2009
1019	충북도	농가	002052074426	충북흑소 708	충북흑소 859	칩종 4	수	2010-04-18	흑소	흑색	2009

순번	지역	사육지	개체 바코드	개체 명호	어미명호	아비명호	성별	생년월일	축종	외모	축군형 성시기
1020	충북도	농가	002052424331	충북흑소 705	취6-2	취종 4	암	2010-04-25	취소	흑색	2009
1021	충북도	농가	002052422838	충북취소 427	충북취소 568	취종 4	수	2010-05-01	취소	호반	2010
1022	충북도	농가	002051603554	충북취소 361	충북흑소 993	취종 4	수	2010-05-03	취소	호반	2010
1023	충북도	농가	002055790642	충북취소 485	충북취소 360	취종 4	암	2010-05-03	취소	호반	2010
1024	충북도	농가	002055794412	충북취소 477	충북취소 501	취종 5	암	2010-05-08	취소	호반	2010
1025	충북도	농가	002052423068	충북취소 432	충북취소 573	취종 5	암	2010-05-10	취소	호반	2010
1026	충북도	농가	002055794445	충북취소 476	충북취소 359	취종 5	수	2010-05-12	취소	호반	2010
1027	충북도	농가	002055794453	충북취소 483	충북취소 691	취종 5	암	2010-05-26	취소	호반	2010
1028	충북도	농가	002054870523	충북취소 429	충북취소 609	취종 4	수	2010-06-03	취소	호반	2010
1029	충북도	농가	002054870507	충북취소 430	충북취소 409	취종 4	수	2010-06-08	취소	호반	2010
1030	충북도	농가	002055794461	충북취소 481	충북취소 555	취종 5	수	2010-06-13	취소	호반	2010
1031	충북도	농가	002055794470	충북취소 482	충북흑소 818	취종 5	수	2010-06-16	흑소	호반	2010
1032	충북도	농가	002054869024	충북취소 422	충북취소 571	취종 4	수	2010-06-22	취소	호반	2010
1033	충북도	농가	002054876466	충북취소 434	충북취소 358	취종 5	수	2010-07-21	취소	호반	2010
1034	충북도	농가	002056114712	충북취소 495	충북취소 648	취종 5	암	2010-08-03	취소	호반	2010
1035	충북도	농가	002056114384	충북취소 364	충북흑소 805	취종 5	수	2010-08-05	흑소	호반	2010
1036	충북도	농가	002056114376	충북취소 363	충북취소 458	취종 5	수	2010-08-07	취소	호반	2010
1037	충북도	농가	002057537937	충북취소 431	충북취소 576	취종 4	암	2010-09-08	취소	호반	2010
1038	충북도	농가	002057537857	충북취소 450	충북취소 698	취종 4	수	2010-09-22	취소	호반	2010
1039	충북도	농가	002050151036	충북취소 438	충북취소 693	취종 5	암	2010-12-14	취소	호반	2010
1040	충북도	농가	002052075773	충북흑소 725	충북흑소 952	흑종 3	암	2010-05-11	흑소	황색	2010
1041	충북도	농가	002053653656	충북취소 362	취 동량1	취종 4	암	2010-05-27	취소	황색	2010
1042	충북도	농가	002054876458	충북취소 433	충북취소 518	취종 4	수	2010-07-12	취소	황색	2010
1043	충북도	농가	002056114831	충북취소 622	취 고성1	취종 2	암	2010-07-20	취소	황색	2010
1044	충북도	농가	002057537865	충북취소 444	충북취소 503	취종 4	수	2010-09-26	취소	황색	2010
1045	충북도	농가	002057537824	충북취소 443	충북취소 685	흑종 3	암	2010-10-13	취소	황색	2010
1046	충북도	농가	002057582364	충북취소 630	충북취소 411	취종 5	암	2010-10-20	취소	황색	2010
1047	충북도	농가	002052075724	충북흑소 727	충북흑소 952	흑종 3	수	2010-05-07	흑소	흑색	2010
1048	충북도	농가	002052075716	충북흑소 724	충북흑소 952	흑종 3	암	2010-05-11	흑소	흑색	2010
1049	충북도	농가	002055794496	충북흑소 709	충북취소 301	취종 5	수	2010-06-19	취소	흑색	2010
1050	충북도	농가	002053661793	충북흑소 728	충북흑소 952	흑종 3	수	2010-06-19	흑소	흑색	2010
1051	충북도	농가	002054870599	충북흑소 977	충북흑소 888	흑종 3	암	2010-06-21	흑소	흑색	2010
1052	충북도	농가	002055794507	충북흑소 714	충북취소 669	취종 5	암	2010-06-24	취소	흑색	2010
1053	충북도	농가	002056101983	충북흑소 706	충북취소 700	취종 5	수	2010-07-11	취소	흑색	2010
1054	충북도	농가	002056101991	충북흑소 721	충북흑소 870	취종 5	수	2010-07-12	흑소	흑색	2010
1055	충북도	농가	002056114796	충북흑소 730	충북취소 455	취종 5	수	2010-07-25	취소	흑색	2010
1056	충북도	농가	002054834620	충북흑소 985	충북취소 352	취종 4	암	2010-08-01	취소	흑색	2010
1057	충북도	농가	002057537890	충북흑소 974	충북흑소 970	흑종 3	암	2010-09-27	흑소	흑색	2010
1058	충북도	농가	002057537953	충북흑소 975	충북취소 578	취종 5	암	2010-10-08	취소	흑색	2010
1059	충북도	농가	002057537961	충북흑소 984	충북흑소 889	흑종 3	수	2010-10-09	흑소	흑색	2010
1060	충북도	연구소	000172439196	취 1(윤자)			암	1994-04-15	취소	호반	2006

순번	지역	사육지	개체 바코드	개체 명호	어미명호	아비명호	성별	생년월일	축종	외모	축군형 성시기
1061	충북도	연구소	000132427388	취4			암	1997-11-05	취소	호반	2006
1062	충북도	연구소	000132426801	취 5			암	1998-06-29	취소	호반	2006
1063	충북도	연구소	000132424057	취종 2			수	1999-01-01	취소	호반	2006
1064	충북도	연구소	000171995464	취 영주1			암	2000-05-11	취소	호반	2006
1065	충북도	연구소	000175654923	취 고성1			암	2002-01-15	취소	호반	2006
1066	충북도	연구소	000171843598	취6			암	2002-03-07	취소	호반	2006
1067	충북도	연구소	000181150563	취 칠곡1			암	2002-03-25	취소	호반	2006
1068	충북도	연구소	000134204487	취 가금1			암	2002-04-15	취소	호반	2006
1069	충북도	연구소	000175654411	취 칠곡2			암	2002-04-15	취소	호반	2006
1070	충북도	연구소	000172150831	취 보은1			암	2002-05-06	취소	호반	2006
1071	충북도	연구소	000175654930	취 고성2			암	2002-06-13	취소	호반	2006
1072	충북도	연구소	000171995471	취 영주2			암	2002-06-20	취소	호반	2006
1073	충북도	연구소	000132425168	취 7			암	2002-09-22	취소	호반	2006
1074	충북도	연구소	000132426413	취 8			암	2002-10-22	취소	호반	2006
1075	충북도	연구소	000159532631	취 용인1			암	2002-12-13	취소	호반	2006
1076	충북도	연구소	000172439196	취 9			암	2003-03-08	취소	호반	2006
1077	충북도	연구소	000172430950	취 1-6	취 1(윤자)		암	2003-05-07	취소	호반	2006
1078	충북도	연구소	000180798414	취 거제1			암	2003-09-20	취소	호반	2006
1079	충북도	연구소	000182190667	취10			암	2004-01-03	취소	호반	2006
1080	충북도	연구소	000175654428	취 이천1			암	2004-01-05	취소	호반	2006
1081	충북도	연구소	000171995488	취 양평1			암	2004-01-06	취소	호반	2006
1082	충북도	연구소	000171994566	취종4			수	2004-04-10	취소	호반	2006
1083	충북도	연구소	000175655005	취 11			암	2004-04-28	취소	호반	2006
1084	충북도	연구소	000175654916	취 거제2			암	2004-09-10	취소	호반	2006
1085	충북도	연구소	002014142821	취 입실3			암	2005-03-18	취소	호반	2006
1086	충북도	연구소	000186379976	취 동량1			암	2005-04-09	취소	호반	2006
1087	충북도	연구소	000198218119	취 입실1			암	2005-04-25	취소	호반	2006
1088	충북도	연구소	000171995402	취 1-8	취 1(윤자)		암	2005-08-30	취소	호반	2006
1089	충북도	연구소	000171995419	취 6-2	취 6		암	2005-10-03	취소	호반	2006
1090	충북도	연구소	002010591187	취 입실2			암	2006-01-08	취소	호반	2006
1091	충북도	연구소	000175654565	취 162-6			암	2006-03-08	취소	호반	2006
1092	충북도	연구소	000175654527	취 보은1-2	취보은1	취종 2	수	2006-04-05	취소	호반	2006
1093	충북도	연구소	000175654541	취 9-1	취 9	취종 4	수	2006-06-04	취소	호반	2006
1094	충북도	연구소	000175654510	취 1-6-1	취 1-6	취종 4	수	2006-06-06	취소	호반	2006
1095	충북도	연구소	000175654558	취 06-1	취 칠곡1	취종 4	암	2006-06-26	취소	호반	2006
1096	충북도	연구소	000175654572	취 영주1-1	취 영주1	취종 2	암	2006-08-01	취소	호반	2006
1097	충북도	연구소	000175654626	취12			암	2006-08-26	취소	호반	2006
1098	충북도	연구소	000175654626	취 7-2	취 7(취 8)	취종 4	암	2006-08-26	취소	호반	2006
1099	충북도	연구소	000175654602	취 영주2-1	취영주2	취종 2	수	2006-09-03	취소	호반	2006
1100	충북도	연구소	000175654602	취종5	취영주2		수	2006-09-03	취소	호반	2006
1101	충북도	연구소	000175654619	취 가금1-2	취 가금1	취종 2	수	2006-09-10	취소	호반	2006
1102	충북도	연구소	000175654862	취 거제2-1	취거제2	취종 2	수	2007-01-02	취소	호반	2006
1103	충북도	연구소	000175654831	취칠곡 2-06306-1	취 칠곡2	취종 2	수	2007-03-19	취소	호반	2006
1104	충북도	연구소	000175654886	취 고성1-3	취 고성1	취종 3	수	2007-03-24	취소	호반	2006
1105	충북도	연구소	000175654855	취 1-9	취 1(윤자)	취종 2	수	2007-03-29	취소	호반	2006
1106	충북도	연구소	000132424730	취 2			암	1996-06-24	취소	황색	2006
1107	충북도	연구소	000182190186	취 6-11	취 6		암	2003-08-10	취소	황색	2006
1108	충북도	연구소	000171995150	취 04-11			암	2004-09-08	취소	황색	2006
1109	충북도	연구소		취 6-7	취 6	취종 2	수	2006-08-13	취소	황색	2006
1110	충북도	연구소	000175654664	취 5-2	취 5	취종 2	암	2006-10-02	취소	황색	2006
1111	충북도	연구소		취 6-1-4	취 6-1	취종 2	암	2006-11-26	취소	황색	2006
1112	충북도	연구소	000175654763	취 4-6	취 4	취종 2	수	2006-12-17	취소	황색	2006

순번	지역	사육지	개체 바코드	개체 명호	어미명호	아버명호	성별	생년월일	축종	외모	축군형 성시기
1113	충북도	연구소	000175654671	취 양평1-2	취 양평1	취종 2	수	2007-01-03	취소	황색	2006
1114	충북도	연구소	000175654824	취 고성2-3	취고성2	취종 3	암	2007-01-22	취소	황색	2006
1115	충북도	연구소	000175654220	취 용인1-2	취용인1	취종 3	수	2007-03-28	취소	황색	2006
1116	충북도	연구소	000132427974	흑종 1			수	1995-08-18	흑소	흑색	2006
1117	충북도	연구소	000132425720	흑 6			암	1997-04-07	흑소	흑색	2006
1118	충북도	연구소	000132426405	흑 3-1	흑 3		암	1998-02-14	흑소	흑색	2006
1119	충북도	연구소	000132427437	흑 6-1	흑 6		암	1999-04-16	흑소	흑색	2006
1120	충북도	연구소	000132427990	흑 2-2	흑 2		암	2000-04-24	흑소	흑색	2006
1121	충북도	연구소	000132427982	흑종 2			수	2001-02-26	흑소	흑색	2006
1122	충북도	연구소	000132206002	흑 2-3	흑 2		암	2001-04-01	흑소	흑색	2006
1123	충북도	연구소		흑 6-1-2	흑 6-1		암	2002-05-24	흑소	흑색	2006
1124	충북도	연구소	000171994528	흑 6-12	흑 6		암	2003-08-10	흑소	흑색	2006
1125	충북도	연구소	000182190506	흑6-1-13	흑 6-1		암	2003-08-18	흑소	흑색	2006
1126	충북도	연구소	000182190315	흑 6-13	흑 6		암	2003-08-18	흑소	흑색	2006
1127	충북도	연구소	000171995228	흑 04-7			암	2004-08-06	흑소	흑색	2006
1128	충북도	연구소	000171995129	흑 04-8			암	2004-08-06	흑소	흑색	2006
1129	충북도	연구소	000171995204	흑 04-9			암	2004-09-07	흑소	흑색	2006
1130	충북도	연구소	000171995136	흑 6-5	흑 6		암	2004-09-14	흑소	흑색	2006
1131	충북도	연구소	000171995273	흑 05-1			암	2005-03-19	흑소	흑색	2006
1132	충북도	연구소	000175654404	흑종 3			수	2005-03-26	흑소	흑색	2006
1133	충북도	연구소	000171995235	취 고성2-2	취고성2		암	2005-09-17	취소	흑색	2006
1134	충북도	연구소	000171995235	흑 8(취 고성2-2)			암	2005-09-17	취소	흑색	2006
1135	충북도	연구소	000171995426	흑 2-3-1	흑 2-3		암	2005-09-19	흑소	흑색	2006
1136	충북도	연구소	000175654589	흑 3-1-6	흑 3-1	흑종 1	암	2006-07-14	흑소	흑색	2006
1137	충북도	연구소	000175654633	흑 04-11-1	흑 04-11	취종 2	암	2006-10-24	흑소	흑색	2006
1138	충북도	연구소	000175654640	흑 2-8	흑 2	흑종 2	수	2006-11-13	흑소	흑색	2006
1139	충북도	연구소	000175654657	흑 2-2-3	흑2-2	흑종 2	암	2007-01-01	흑소	흑색	2006
1140	충북도	연구소	000175654718	취 6-2-1	취6-2	취종 2	암	2007-05-18	취소	호반	2007
1141	충북도	연구소	000175654800	취 11-1	취11	취종 4	암	2008-02-08	취소	호반	2007
1142	충북도	연구소	000175654909	흑 2-3-2	취 고성1	취종 2	수	2007-07-23	취소	황색	2007
1143	충북도	연구소	000175654725	취 고성2-2-1	취고성2- 2	취종 3	암	2007-06-13	취소	흑색	2007
1144	충북도	연구소	000175654763	흑 04-8-1	흑04-8	흑종 2	수	2007-12-22	흑소	흑색	2007
1145	충북도	연구소	000175654787	흑 2-2-4	흑 2-2	흑종 2	암	2007-12-28	흑소	흑색	2007
1146	충북도	연구소	000175654794	흑 3-1-7	흑 3-1	흑종 1	암	2008-03-13	흑소	흑색	2007
1147	충북도	연구소	000175654985	취 용인1-3	취용인1	취종 4	수	2008-08-17	취소	호반	2008
1148	충북도	연구소	000175654220	취 이천1-2	취 이천1	취 2122	수	2008-08-19	취소	호반	2008
1149	충북도	연구소		취 2008-1	취영주2	취종 2	수	2008-09-16	취소	호반	2008
1150	충북도	연구소	002037397246	취종 08-4	취영주2	취종 2	수	2008-09-22	취소	호반	2008
1151	충북도	연구소	002037397676	취 1-8-1	취 1-8	취종4	수	2008-11-01	취소	호반	2008
1152	충북도	연구소	002006066559	취 영주1-2	취 영주1	취종4	암	2009-01-05	취소	호반	2008
1153	충북도	연구소	002006066534	취 보은1-3	취보은1	취종 4	암	2009-01-09	취소	호반	2008
1154	충북도	연구소	000175654275	취 09-2	취고성2	취종 4	암	2009-04-17	취소	호반	2008
1155	충북도	연구소	000175654992	취 칠곡2-2	취 칠곡2	취종4	암	2008-07-18	취소	황색	2008
1156	충북도	연구소	002037397211	취 2008-2	취 10	취종 4	암	2008-09-18	취소	황색	2008
1157	충북도	연구소	002037397254	취 2008-3	취고성2	취종 4	수	2008-09-19	취소	황색	2008
1158	충북도	연구소	000037397334	취 8-3	흑 7(취 8)	취종4	암	2008-09-28	취소	황색	2008
1159	충북도	연구소	002037397367	취 2008-5	취 1(윤자)	취종 4	수	2008-10-13	취소	황색	2008
1160	충북도	연구소	002006066542	취 입실3-2	취 입실3		암	2009-01-01	취소	황색	2008
1161	충북도	연구소	002037397797	취 6-2-2	취6-2	취종 5	암	2009-01-17	취소	황색	2008
1162	충북도	연구소	000175654244	흑 05-1-1	흑05-1	흑종 3	암	2009-01-28	흑소	황색	2008
1163	충북도	연구소	000175654183	흑 04-7-1	흑04-7	흑종 2	수	2009-04-30	흑소	황색	2008

순번	지역	사육지	개체 바코드	개체 명호	어미명호	아비명호	성별	생년월일	축종	외모	축군형 성시기
1164	충북도	연구소	000037397668	취 고성2-2-2	취고성2- <sub>2</sub>	흑종 3	암	2008-09-01	취소	흑색	2008
1165	충북도	연구소	000037397318	흑 04-8-2	흑04-8	흑종 3	수	2008-09-02	흑소	흑색	2008
1166	충북도	연구소	002050540914	흑 8-3	흑 8(취 고성2-2)	흑종 3	암	2008-09-23	흑소	흑색	2008
1167	충북도	연구소	002037397748	흑 6-8	흑6	흑종 2	수	2009-01-25	흑소	흑색	2008
1168	충북도	연구소	000175654145	흑 04-9-1	흑04-9	흑종 2	수	2009-02-02	흑소	흑색	2008
1169	충북도	연구소	000175654237	흑 6-1-13-3	흑6-1-1 3	흑종 2	암	2009-02-05	흑소	흑색	2008
1170	충북도	연구소	000175654268	흑 04-11-2	흑04-11	흑종 2	암	2009-03-08	흑소	흑색	2008
1171	충북도	연구소	000175654251	취 09-1	취 고성1	취종 4	수	2009-03-14	취소	흑색	2008
1172	충북도	연구소	000175654435	취 09-3	취고성2	취종 4	수	2009-05-02	취소	호반	2009
1173	충북도	연구소	000175654152	취 11-2	취11	취종 4	수	2009-05-21	취소	호반	2009
1174	충북도	연구소		취 입실2-2	취 입실2		암	2009-06-08	취소	호반	2009
1175	충북도	연구소		취 09-7	취보은1	취종 2	암	2009-07-01	취소	호반	2009
1176	충북도	연구소	000175654206	취 영주1-1-1	취영주1	취종 5	수	2009-08-19	취소	호반	2009
1177	충북도	연구소	002050540906	취 거제1-2	취 거제1	취종 5	암	2009-09-22	취소	호반	2009
1178	충북도	연구소	000175654459	취 12-1(충북취소 618)	취12	취종 5	암	2009-05-21	취소	황색	2009
1179	충북도	연구소	000175654466	취 09-4	취 1-6	취종 2	암	2009-06-26	취소	황색	2009
1180	충북도	연구소	000175654442	취 09-5	취 1-6	취종 2	수	2009-06-27	취소	황색	2009
1181	충북도	연구소		취 10-2	취 10	취종4	암	2010-01-01	취소	황색	2009
1182	충북도	연구소	002053664538	취 2010-1	취 동량1	취종 4	암	2010-01-04	취소	황색	2009
1183	충북도	연구소	002053664546	취 2010-2	취 동량1	취종 4	암	2010-01-04	취소	황색	2009
1184	충북도	연구소	002057579413	흑 04-11-3	흑04-11	흑종 3	수	2010-02-23	흑소	황색	2009
1185	충북도	연구소	002057580073	흑 6-9	흑 6	흑종 2	암	2010-03-02	흑소	황색	2009
1186	충북도	연구소	002057580090	흑 2-2-4-1	흑 2-2-4	흑종 3	암	2010-03-18	흑소	황색	2009
1187	충북도	연구소	000175654633	흑 04-11-1-1	흑 04-11-1	흑종 3	수	2009-05-07	흑소	흑색	2009
1188	충북도	연구소	002050540939	흑 2-3-1-1	흑 2-3-1	흑종 3	수	2009-06-10	흑소	흑색	2009
1189	충북도	연구소	000175654190	취 09-6	취고성2	취종 2	암	2009-06-28	취소	흑색	2009
1190	충북도	연구소	000175654176	취 영주2-2	취영주2	취종 4	암	2009-07-17	취소	흑색	2009
1191	충북도	연구소	002050540883	흑 2-2-5	흑 2-2	흑종 2	암	2009-08-10	흑소	흑색	2009
1192	충북도	연구소	002050540891	흑 3-1-8	흑 3-1	흑종 2	암	2009-09-10	흑소	흑색	2009
1193	충북도	연구소		흑 6-12-1	흑 6-12	흑종 2	암	2009-09-26	흑소	흑색	2009
1194	충북도	연구소		취 보은1-4	취 보은1	취종 5	수	2010-01-02	취소	흑색	2009
1195	충북도	연구소		흑 8-4	흑 8(취 고성2-2)	흑종 2	암	2010-01-02	흑소	흑색	2009
1196	충북도	연구소	002057579593	흑 6-11-1	흑 6-11	흑종 3	암	2010-02-09	흑소	흑색	2009
1197	충북도	연구소	002057579501	흑 04-7-2	흑 04-7	흑종 2	수	2010-04-29	흑소	흑색	2009
1198	충북도	연구소	002057579497	취 동량1-3	취 동량1	취종4	수	2010-05-02	취소	호반	2010
1199	충북도	연구소	002057579528	취 11-3	취11	취종4	암	2010-05-07	취소	호반	2010
1200	충북도	연구소	057579464	취 2010-3	취입실1	취종 4	암	2010-05-12	취소	호반	2010
1201	충북도	연구소	00205759156	취 입실2-3	취 입실2	취종4	암	2010-06-26	취소	호반	2010
1202	충북도	연구소		취 양평1-4	취 양평1	취종 5	암	2010-06-27	취소	호반	2010
1203	충북도	연구소		취 8-4	흑 7(취 8)	korea3-1 -3	암	2010-07-15	취소	호반	2010
1204	충북도	연구소		취 6-2-3	취6-2	취종 5	암	2010-08-26	취소	호반	2010
1205	충북도	연구소	002037328781	취강원09308			수	2009-10-03	취소	호반	2010
1206	충북도	연구소	002057580065	취 2010-4	취 1-8	취종 5	수	2010-05-28	취소	황색	2010
1207	충북도	연구소		취 1-6-2	취 1-6	취종4	수	2010-06-13	취소	황색	2010
1208	충북도	연구소		흑 6-1-13-4	흑 6-1-13	흑종 2	수	2010-07-24	흑소	황색	2010
1209	충북도	연구소	00205774926	취 영주1-1-2	취 영주1-1	취종4	수	2010-08-13	취소	황색	2010
1210	충북도	연구소	00205759188	취 입실1-3	취 입실1	취종4	암	2010-06-15	취소	흑색	2010
1211	충북도	연구소		흑 04-11-1-2-①	흑 04-11-1	흑종 3	암	2010-08-04	흑소	흑색	2010

순번	지역	사육지	개체 바코드	개체 명호	어미명호	아비명호	성별	생년월일	축종	외모	축군형 성시기
1212	충북도	연구소		혹 04-11-1-2-②	혹 04-11-1	혹종 3	수	2010-08-04	혹소	혹색	2010
1213	충북도	연구소		혹 2-3-1-2	혹 2-3-1	혹종 2	암	2010-08-25	혹소	혹색	2010

## 2. 이모 및 비경발현우 기초축군 형성자료

연번	개체명호	개체바코드	생일	성별	어미바코드	아비명호	혹비 및이모	축군형성 시기
1	001469	KOR000134952945	2000-08-16	암	KOR000150161364	KPN267	혹비	2006
2	011051	KOR000143212215	2001-02-15	암	KOR000155730263	KPN218	혹비	2006
3	011165	KOR000143212736	2001-03-13	암	KOR000134952606	KPN212	혹비	2006
4	011656	KOR000143213338	2001-09-20	암	KOR000120687118	KPN252	백모(반)	2006
5	021808	KOR000167888534	2001-10-15	암	KOR000106960439	KPN200	백모(반)	2006
6	041007	KOR000176327826	2004-02-06	암	KOR000164692073	KPN324	백모(반)	2006
7	041123	KOR000176326645	2004-03-02	암	KOR000143213429	KPN387	백모(반)	2006
8	041504	KOR000176329271	2004-08-06	암	KOR000143212835	KPN330	백모(반)	2006
9	041526	KOR000176328694	2004-08-12	암	KOR000150166463	KPN354	백모(반)	2006
10	051556	KOR000195283905	2005-08-19	암	KOR000150166463	KPN504	혹모(반)	2006
11	061031	KOR000195285916	2006-02-14	암	KOR000143210433	KPN499	백모(반)	2006
12	061038	KOR000195287132	2006-02-15	암	KOR000150169673	KPN485	백모(반)	2006
13	061046	KOR000195286586	2006-02-16	암	KOR000155731609	KPN494	백모(반)	2006
14	061083	KOR000195287118	2006-02-22	암	KOR000165056485	KPN456	백모(반)	2006
15	061126	KOR000195286012	2006-03-11	암	KOR000120685401	KPN487	백모(반)	2006
16	061139	KOR000195286685	2006-03-29	암	KOR000120689049	KPN369	백모(반)	2006
17	061510	KOR000195288023	2006-08-11	암	KOR000176327116	KPN413	중간비	2006
18	061523	KOR000195287606	2006-08-15	암	KOR000143210904	KPN499	혹비	2006
19	061534	KOR000195287811	2006-08-17	암	KOR000175840609	KPN479	혹비	2006
20	061536	KOR000195287705	2006-08-19	암	KOR000176327635	KPN460	중간비	2006
21	061550	KOR000195288054	2006-08-22	암	KOR000167888534	KPN487	백모(반)	2006
22	061560	KOR000195287569	2006-08-24	암	KOR000143129337	KPN431	혹비	2006
23	061567	KOR000195287828	2006-08-27	암	KOR000174596057	KPN504	백모(반)	2006
24	061568	KOR000195287637	2006-08-27	암	KOR000155733556	KPN499	혹비	2006
25	061570	KOR000195287989	2006-08-28	암	KOR000150169756	KPN538	중간비	2006
26	061597	KOR000195288719	2006-09-04	암	KOR000163423628	KPN452	중간비	2006
27	061603	KOR000195288542	2006-09-07	암	KOR000143211374	KPN521	혹비	2006
28	061617	KOR000195288672	2006-09-17	암	KOR000174596064	KPN431	중간비	2006
29	061635	KOR000195289242	2006-09-25	암	KOR000174596682	KPN479	중간비	2006
30	061637	KOR000195289099	2006-09-25	암	KOR000132680580	KPN457	백모(반)	2006
31	063801	KOR000192493109	2006-04-16	암		KPN487	혹모(반)	2006
32	063802	KOR000192493116	2006-04-24	암		KPN487	혹모(반)	2006
33	063803	KOR000173654192	2006-12-21	암		KPN487	혹모(반)	2006
34	063804	KOR000174994372	2006-08-15	암		KPN487	혹모(반)	2006
35	063805	KOR000188351659	2006-03-09	암		KPN487	혹모(반)	2006
36	063806	KOR000199761744	2006-07-18	암			혹모(반)	2006
37	063807	KOR000199759284	2006-07-20	암		KPN487	혹모(반)	2006
38	063808	KOR000192492409	2006-02-01	암		KPN487	혹모(반)	2006
39	063809	KOR000195630075	2006-02-13	암		KPN487	혹모(반)	2006
40	75621	KOR000150161364	1997-03-11	암	KOR000120680881	KPN253	혹비	2006
41	85533	KOR000155732144	1998-02-17	암	KOR000132680019	KPN147	백모(반)	2006
42	98021	KOR000139908167	1997-12-25	암	KOR000163104989	KPN146	혹비	2006
43	996539	KOR000143211738	1999-08-13	암	KOR000120680203	KPN136	혹비	2006
44	071508	KOR002008358134	2007-08-10	암	KOR000143212372	KPN340	중간비	2007
45	071509	KOR002008358100	2007-08-11	암	KOR000175840395	KPN492	백모(반)	2007
46	071529	KOR002008358757	2007-08-19	암	KOR000132680374	KPN502	중간비	2007
47	071530	KOR002008358812	2007-08-19	암	KOR000195281628	KPN367	중간비	2007
48	071537	KOR000201735084	2007-08-22	암	KOR000175840982	KPN391	혹비	2007
49	071580	KOR002008360096	2007-09-04	암	KOR000132683766	KPN340	백모(반)	2007
50	071584	KOR002008360166	2007-09-05	암	KOR000174596262	KPN282	중간비	2007

연번	개체명호	개체바코드	생일	성별	어미바코드	아비명호	흑비 밋이모	측군형성 시기
51	071593	KOR002008360383	2007-09-10	암	KOR000176326645	KPN340	백모(반)	2007
52	071606	KOR002008360713	2007-09-19	암	KOR000176328861	KPN282	중간비	2007
53	071620	KOR000201734698	2007-10-03	암	KOR000143575390	KPN505	백모(반)	2007
54	081001	KOR000201729878	2008-02-04	암	KOR000188351659	KPN538	정상	2007
55	081010	KOR000201730737	2008-02-12	암	KOR000192493109	KPN538	백모(반)	2007
56	081011	KOR000201730751	2008-02-13	암	KOR000143212215	KPN716	정상	2007
57	081085	KOR000201735879	2008-02-26	암	KOR000192492409	KPN538	정상	2007
58	081126	KOR000201736791	2008-03-07	암	KOR000195287118	KPN557	정상	2007
59	081127	KOR000201736807	2008-03-07	암	KOR000134952945	KPN431	정상	2007
60	081185	KOR002008352279	2008-04-08	암	KOR000143211738	KPN588	정상	2007
61	082003	KOR000201729915	2008-02-07	수	KOR000195285916	KPN557	정상	2007
62	082007	KOR000201729991	2008-02-10	수	KOR000143212736	KPN431	중간비	2007
63	082072	KOR000201730058	2008-02-25	수	KOR000139908167	KPN431	정상	2007
64	082076	KOR000201735992	2008-02-26	수	KOR000195630075	KPN538	정상	2007
65	082098	KOR000201736395	2008-03-02	수	KOR000195287132	KPN557	정상	2007
66	082138	KOR000201737101	2008-03-11	수	KOR000150161364	KPN431	정상	2007
67	082172	KOR002008352096	2008-04-01	수	KOR000155732144	KPN557	정상	2007
68	081503	KOR002008349065	2008-08-04	암	KOR000199759284	KPN538	정상	2008
69	081504	KOR002008349081	2008-08-05	암	KOR000195287989	KPN431	정상	2008
70	081512	KOR002008349282	2008-08-09	암	KOR000195287705	KPN431	흑비	2008
71	081517	KOR002008349379	2008-08-11	암	KOR000195288542	KPN431	정상	2008
72	081542	KOR002008349901	2008-08-17	암	KOR000195286685	KPN608	정상	2008
73	081571	KOR002008350515	2008-08-21	암	KOR000195286012	KPN517	정상	2008
74	081606	KOR002008351149	2008-08-28	암	KOR000195287637	KPN431	정상	2008
75	081607	KOR002008351157	2008-08-28	암	KOR000195288023	KPN431	흑비	2008
76	081616	KOR002008351340	2008-08-30	암	KOR000173654192	KPN538	백모(반)	2008
77	081625	KOR002008351639	2008-09-03	암	KOR000167888534	KPN582	정상	2008
78	081644	KOR002008353162	2008-09-14	암	KOR000176328694	KPN538	정상	2008
79	082512	KOR002008349215	2008-08-08	수	KOR000143213338	KPN582	정상	2008
80	082519	KOR002008349338	2008-08-10	수	KOR000174994372	KPN538	백모(반)	2008
81	082534	KOR002008349643	2008-08-14	수	KOR000195287828	KPN582	백모(반)	2008
82	082577	KOR002008350488	2008-08-21	수	KOR000195287811	KPN431	정상	2008
83	082584	KOR002008350646	2008-08-23	수	KOR000195288719	KPN431	흑비	2008
84	082591	KOR002008350855	2008-08-25	수	KOR000195287606	KPN431	정상	2008
85	082625	KOR002008351438	2008-09-01	수	KOR000195289242	KPN431	흑비	2008
86	082640	KOR002008351680	2008-09-05	수	KOR000195288054	KPN582	정상	2008
87	091073	KOR002031073951	2009-02-24	암	KOR000195286586	KPN550	정상	2008
88	091137	KOR002031075586	2009-03-14	암	KOR000195287118	KPN619	정상	2008
89	091176	KOR002029423628	2009-04-11	암	KOR000192492409	KPN493	정상	2008
90	091181	KOR002029423685	2009-04-17	암	KOR000176329271	KPN391	정상	2008
91	092064	KOR002031073994	2009-02-24	수	KOR000192493109	KPN449	흑모(반)	2008
92	092135	KOR002031075844	2009-03-18	수	KOR000192493116	KPN565	정상	2008
93	092147	KOR002029423054	2009-03-22	수	KOR000195287132	KPN525	정상	2008
94	092161	KOR002029423247	2009-03-27	수	KOR000195283905	KPN511	정상	2008
95	092170	KOR002029423360	2009-03-30	수	KOR000195285916	KPN716	백모(반)	2008
96	092179	KOR002029423521	2009-04-08	수	KOR000139908167	KPN449	정상	2008
97	091503	KOR002029423757	2009-08-07	암	KOR000195287811	KPN641	정상	2009
98	091520	KOR002008353953	2009-08-14	암	KOR000199759284	KPN593	정상	2009
99	091533	KOR002029424063	2009-08-17	암	KOR000195287606	KPN783	정상	2009
100	091544	KOR002029424268	2009-08-19	암	KOR000195286012	KPN565	백모(반)	2009
101	091549	KOR002029424436	2009-08-21	암	KOR000195287705	KPN588	정상	2009
102	091592	KOR002029425269	2009-08-28	암	KOR000195288672	KPN619	정상	2009
103	091601	KOR002029425515	2009-08-30	암	KOR000173654192	KPN593	정상	2009
104	091613	KOR002029425775	2009-09-01	암	KOR000176328694	KPN391	정상	2009
105	091633	KOR002045204768	2009-09-09	암	KOR002008358757	KPN692	중간비	2009
106	091653	KOR002029424967	2009-08-26	암	KOR000195286685	KPN517	정상	2009
107	092506	KOR002008353890	2009-08-13	수	KOR000195288054	KPN565	정상	2009
108	092516	KOR002029423870	2009-08-15	수	KOR000167888534	KPN628	백모(반)	2009
109	092551	KOR002029424516	2009-08-22	수	KOR000188351659	KPN593	정상	2009

연번	개체명호	개체바코드	생일	성별	어미바코드	아비명호	흑비 밋이모	축군형성 시기
110	092557	KOR002029424670	2009-08-23	수	KOR000195287989	KPN556	정상	2009
111	092560	KOR002029424766	2009-08-24	수	KOR002008358812	KPN608	중간비	2009
112	092567	KOR002029424934	2009-08-25	수	KOR000174994372	KPN593	백모(반)	2009
113	092588	KOR002029425316	2009-08-29	수	KOR000195287569	KPN622	백모(반)	2009
114	092603	KOR002029425523	2009-08-30	수	KOR000201734698	KPN610	정상	2009
115	092605	KOR002029425540	2009-08-31	수	KOR000199761744	KPN593	정상	2009
116	092641	KOR002045204563	2009-09-07	수	KOR000201735084	KPN619	중간비	2009
117	092674	KOR002045205175	2009-09-22	수	KOR000195288542	KPN493	중간비	2009
118	092689	KOR002045205360	2009-09-29	수	KOR000143213338	KPN413	정상	2009
119	101080	KOR002049976047	2010-02-26	암	KOR000195286586	KPN626	정상	2009
120	101115	KOR002049976740	2010-03-03	암	KOR000139908167	KPN658	정상	2009
121	101160	KOR002049977687	2010-03-16	암	KOR000195287118	KPN517	정상	2009
122	101180	KOR002049978116	2010-03-27	암	KOR000176329271	KPN631	정상	2009
123	102135	KOR002049977324	2010-03-09	수	KOR000195285916	KPN517	정상	2009
124	102161	KOR002049977759	2010-03-18	수	KOR000195287132	KPN606	정상	2009
125	102175	KOR002049978001	2010-03-24	수	KOR000195289242	KPN653	중간비	2009
126	102182	KOR002049978173	2010-03-29	수	KOR000195288474	KPN642	정상	2009
127	101509	KOR002056204185	2010-08-10	암	KOR000195287705	KPN792	정상	2010
128	101528	KOR002056204415	2010-08-15	암	KOR002008358100	KPN705	정상	2010
129	101551	KOR002056204827	2010-08-19	암	KOR000195287811	KPN627	정상	2010
130	101578	KOR002056205274	2010-08-22	암	KOR000195288672	KPN763	정상	2010
131	101582	KOR002056205379	2010-08-22	암	KOR000195287569	KPN622	정상	2010
132	101614	KOR002057700331	2010-08-27	암	KOR000195286685	KPN677	정상	2010
133	101650	KOR002057701131	2010-09-05	암	KOR000195287989	KPN677	정상	2010
134	101656	KOR002057701246	2010-09-06	암	KOR002008358812	KPN802	정상	2010
135	102507	KOR002056204101	2010-08-09	수	KOR000195288054	KPN390	정상	2010
136	102540	KOR002056205090	2010-08-21	수	KOR000143213338	KPN699	정상	2010
137	102542	KOR002056205112	2010-08-22	수	KOR000195286012	KPN390	정상	2010
138	102545	KOR002056205231	2010-08-21	수	KOR000176328694	KPN844	정상	2010
139	102576	KOR002057700253	2010-08-26	수	KOR000195288542	KPN677	정상	2010
140	102582	KOR002057700411	2010-08-28	수	KOR002008358757	KPN627	정상	2010
141	102584	KOR002057700438	2010-08-28	수	KOR000201735084	KPN825	정상	2010
142	102663	KOR002057701990	2010-10-20	수	KOR000195287606		정상	2010

### 3. 교배형태에 따른 칩소, 흑우 외모특성 조사

순번	사육지	개체명호	축종	어미외모	교배 형태	인공수 정일	수정란 이식일	교배씨 수소	공란우 바코드	송아지명 호	성별	분만 일자	송아지 모색	임신 기간
1	강원도	993002	칩소	약호반	약호반 X칩소	2005-04-27		223201		263001	수	2006-02-05	약호반	284
2	강원도	203001	칩소	약호반	약호반 X칩소	2005-05-12		223201		263003	수	2006-03-08	황색	300
3	강원도	253001	칩소	약호반	약호반 X칩소	2007-05-25		243206		283000	수	2008-03-11	호반	291
4	강원도	203001	칩소	약호반	약호반 X칩소	2008-01-11		243205		282008	암	2008-10-25	황색	288
5	강원도	253001	칩소	약호반	약호반 X칩소	2008-05-10		263008		293002	수	2009-03-29	호반	292
6	강원도	203001	칩소	약호반	약호반 X칩소	2009-02-17		263008		293009	수	2009-12-09	황색	295
7	강원도	253001	칩소	약호반	약호반 X칩소	2009-03-28		263004		2102009	암	2010-06-14	황색	290
8	강원도	282003	칩소	약호반	약호반 X칩소	2010-02-03		263008		2102015	암	2010-11-16	황색	286
9	강원도	203001	칩소	약호반	약호반 X칩소	2010-02-05		263008		2102016	암	2010-11-24	황색	292
10	강원도	253001	칩소	약호반	약호반 X칩소	2010-11-23		칩 5999						
11	강원도	993002	칩소	약호반	약호반 X칩소			223201		253001	암	2005-01-24	약호반	



순번	사육지	개체명호	축종	어미외모	교배형태	인공수정일	수정란이식일	교배씨수소	공란우바코드	송아지명호	성별	분만일자	송아지모색	임신기간
12	강원도	253001	젖소	약호반	약호반X X젖소			223201		263014	암	2006-12-06	황색	
13	강원도	203001	젖소	약호반	약호반X X젖소			243206		272001	암	2007-05-08	호반	
14	강원도	203001	젖소	약호반	약호반X X젖소			243206		273004	수	2007-04-29	약호반	
15	강원도	973001	젖소	호반	호반X X젖소	2005-06-08		223201		263008	수	2006-08-30	호반	295
16	강원도	993001	젖소	호반	호반X X젖소	2005-06-23		223201		263009	수	2006-04-04	황색	285
17	강원도	223001	젖소	호반	호반X X젖소	2005-07-08		223201		263010	수	2006-05-05	호반	301
18	강원도	993003	젖소	호반	호반X X젖소	2005-08-09		223201		263011	수	2006-05-22	약호반	286
19	강원도	223002	젖소	호반	호반X X젖소	2005-09-26		223201		263012	암	2006-07-08	황색	285
20	강원도	253008	젖소	호반	호반X X젖소	2006-05-08		243205		273000	수	2007-02-09	호반	277
21	강원도	993001	젖소	호반	호반X X젖소	2006-06-14		243205		273002	수	2007-03-30	호반	289
22	강원도	253009	젖소	호반	호반X X젖소	2007-07-05		243205		282001	암	2008-04-19	황색	289
23	강원도	223001	젖소	호반	호반X X젖소	2007-07-19		243205		283007	수	2008-04-25	흑색	281
24	강원도	253011	젖소	호반	호반X X젖소	2007-07-26		243205		283002	수	2008-05-02	호반	281
25	강원도	993003	젖소	호반	호반X X젖소	2007-08-17		243205		282003	암	2008-06-12	약호반	300
26	강원도	253007	젖소	호반	호반X X젖소	2007-08-30		243205		283004	수	2008-06-22	호반	297
27	강원도	973001	젖소	호반	호반X X젖소	2007-09-21		243205		282004	암	2008-07-10	호반	293
28	강원도	223002	젖소	호반	호반X X젖소	2007-09-29		243205		282005	암	2008-07-12	호반	287
29	강원도	993001	젖소	호반	호반X X젖소	2007-10-01		243205		283005	수	2008-07-16	흑색	289
30	강원도	253008	젖소	호반	호반X X젖소	2007-12-18		243205		282007	암	2008-10-04	호반	291
31	강원도	263007	젖소	호반	호반X X젖소	2008-01-15		243205		283006	수	2008-10-23	호반	282
32	강원도	253006	젖소	호반	호반X X젖소	2008-05-13		243205		292001	암	2009-03-04	약호반	295
33	강원도	253011	젖소	호반	호반X X젖소	2008-06-10		263008		292002	암	2009-03-28	황색	291
34	강원도	253009	젖소	호반	호반X X젖소	2008-07-14		263004		292004	암	2009-04-23	황색	283
35	강원도	993001	젖소	호반	호반X X젖소	2008-12-17		263008		293008	수	2009-10-03	호반	290
36	강원도	223002	젖소	호반	호반X X젖소	2009-04-30		263008		2103001	수	2010-02-12	약호반	288
37	강원도	253008	젖소	호반	호반X X젖소	2009-05-04		263008		2103004	수	2010-02-26	호반	298
38	강원도	253006	젖소	호반	호반X X젖소	2009-05-08		263008		2103002	수	2010-02-22	호반	290
39	강원도	253002	젖소	호반	호반X X젖소	2009-05-20		263008		2102002	암	2010-03-12	황색	296
40	강원도	993003	젖소	호반	호반X X젖소	2009-06-20		263008		2102005	암	2010-04-07	황색	291
41	강원도	253009	젖소	호반	호반X X젖소	2009-07-30		263008		2102007	암	2010-05-19	황색	293
42	강원도	263007	젖소	호반	호반X X젖소	2009-09-09		263008		2102010	암	2010-06-20	황색	284
43	강원도	253007	젖소	호반	호반X X젖소	2009-09-18		263008		2103006	수	2010-07-13	황색	298
44	강원도	282004	젖소	호반	호반X X젖소	2009-11-10		263008		2102011	암	2010-08-23	황색	286

순번	사육지	개체명호	축종	어미외모	교배형태	인공수정일	수정란이식일	교배씨수소	공란우마코드	송아지명호	성별	분만일자	송아지모색	임신기간
45	강원도	272001	젖소	호반	호반X 젖소	2009-11-24		263008		2102013	암	2010-09-07	황색	287
46	강원도	253011	젖소	호반	호반X 젖소	2009-12-01		263008		2103009	수	2010-09-18	황색	291
47	강원도	993001	젖소	호반	호반X 젖소	2010-01-26		263008		2103009	수	2010-11-16	황색	294
48	강원도	282005	젖소	호반	호반X 젖소	2010-03-23		젖 5999						
49	강원도	223001	젖소	호반	호반X 젖소	2010-04-30		젖 5999						
50	강원도	223002	젖소	호반	호반X 젖소	2010-05-11		젖 5999						
51	강원도	253006	젖소	호반	호반X 젖소	2010-05-11		젖 5999						
52	강원도	282007	젖소	호반	호반X 젖소	2010-07-01		젖 5999						
53	강원도	973001	젖소	호반	호반X 젖소	2010-07-13		젖 5999						
54	강원도	253002	젖소	호반	호반X 젖소	2010-10-04		젖 5999						
55	강원도	292003	젖소	호반	호반X 젖소	2010-11-09		젖 5999						
56	강원도	263007	젖소	호반	호반X 젖소	2010-11-11		젖 5999						
57	강원도	282004	젖소	호반	호반X 젖소	2010-11-11		젖 5999						
58	강원도	253008	젖소	호반	호반X 젖소	2010-11-13		젖 5999						
59	강원도	282006	젖소	호반	호반X 젖소	2010-11-15		젖 5999						
60	강원도	253003	젖소	호반	호반X 젖소	2010-11-19		젖 5999						
61	강원도	272001	젖소	호반	호반X 젖소	2010-12-06		젖 5999						
62	강원도	253011	젖소	호반	호반X 젖소	2010-12-08		젖 5999						
63	강원도	963002	젖소	호반	호반X 젖소					203001	암	2009-11-24	약호반	
64	강원도	973001	젖소	호반	호반X 젖소					213201	수	2001-05-04	호반	
65	강원도	993003	젖소	호반	호반X 젖소					223001	암	2002-02-26	호반	
66	강원도	973001	젖소	호반	호반X 젖소					223002	암	2002-04-21	호반	
67	강원도	993003	젖소	호반	호반X 젖소					233002	암	2003-03-20	황색	
68	강원도	973001	젖소	호반	호반X 젖소					243003	암	2004-04-07	황색	
69	강원도	993001	젖소	호반	호반X 젖소					243201	수	2004-02-09	호반	
70	강원도	993003	젖소	호반	호반X 젖소					243204	수	2004-04-14	호반	
71	강원도	963002	젖소	호반	호반X 젖소					243205	수	2004-04-20	호반	
72	강원도	223001	젖소	호반	호반X 젖소			223201		253002	암	2005-02-25	호반	
73	강원도	223002	젖소	호반	호반X 젖소			223201		253006	암	2005-03-08	호반	
74	강원도	993001	젖소	호반	호반X 젖소			223201		253007	암	2005-03-11	호반	
75	강원도	963002	젖소	호반	호반X 젖소			223201		253008	암	2005-03-21	호반	
76	강원도	973002	젖소	호반	호반X 젖소			223201		253011	암	2005-05-24	호반	
77	강원도	973001	젖소	호반	호반X 젖소			223201		253210	수	2005-04-11	호반	

순번	사육지	개체명호	축종	어미외모	교배형태	인공수정일	수정란이식일	교배씨수소	공란우마코드	송아지명호	성별	분만일자	송아지모색	임신기간
78	강원도	253007	젖소	호반	호반X 젖소					263015	암	2006-12-31	황색	
79	강원도	943001	젖소	호반	호반X 젖소					973002	암	1997-05-05	호반	
80	강원도	963002	젖소	호반	호반X 젖소					983001	암	1998-05-07	황색	
81	강원도	973003	젖소	호반	호반X 젖소					993001	암	1999-05-20	호반	
82	강원도	233002	젖소	황색	황색X 젖소	2005-05-10		223201		263002	암	2006-02-26	황색	292
83	강원도	243003	젖소	황색	황색X 젖소	2005-05-08		223201		263007	암	2006-03-25	호반	290
84	강원도	233001	젖소	황색	황색X 젖소	2005-05-18		223201		263006	암	2006-03-25	황색	280
85	강원도	983001	젖소	황색	황색X 젖소	2005-05-20		223201		263004	수	2006-03-13	호반	266
86	강원도	233001	젖소	황색	황색X 젖소	2006-05-09		243205		273001	수	2007-03-27	황색	291
87	강원도	983001	젖소	황색	황색X 젖소	2006-07-06		243205		272000	암	2007-04-19	황색	287
88	강원도	243003	젖소	황색	황색X 젖소	2006-08-03		243206		273003	수	2007-05-14	호반	284
89	강원도	233001	젖소	황색	황색X 젖소	2007-05-16		243206		282000	암	2008-03-01	황색	290
90	강원도	263002	젖소	황색	황색X 젖소	2007-05-08		243206		283001	수	2008-03-18	흑색	284
91	강원도	983001	젖소	황색	황색X 젖소	2007-07-30		243205		282002	암	2008-05-09	황색	284
92	강원도	253004	젖소	황색	황색X 젖소	2007-07-30		243205		283003	수	2008-05-09	황색	284
93	강원도	243003	젖소	황색	황색X 젖소	2007-12-06		243205		282006	암	2008-03-19	호반	288
94	강원도	263005	젖소	황색	황색X 젖소	2008-02-04		243205		282009	암	2008-11-19	약호반	289
95	강원도	263002	젖소	황색	황색X 젖소	2008-05-27		263008		293001	수	2009-03-19	호반	296
96	강원도	263014	젖소	황색	황색X 젖소	2008-05-20		263008		292003	암	2009-04-04	호반	288
97	강원도	263015	젖소	황색	황색X 젖소	2008-05-27		263008		293003	수	2009-04-16	황색	293
98	강원도	253004	젖소	황색	황색X 젖소	2008-07-11		263004		293004	수	2009-04-22	황색	285
99	강원도	263006	젖소	황색	황색X 젖소	2008-08-19		263004		293005	수	2009-05-31	황색	285
100	강원도	983001	젖소	황색	황색X 젖소	2008-11-27		263008		293006	수	2009-03-14	황색	291
101	강원도	233001	젖소	황색	황색X 젖소	2008-12-08		263008		293007	수	2009-03-27	흑색	293
102	강원도	263005	젖소	황색	황색X 젖소	2009-05-07		263008		2103003	수	2010-02-25	황색	294
103	강원도	263013	젖소	황색	황색X 젖소	2009-05-14		263008		2102001	암	2010-02-23	황색	285
104	강원도	263002	젖소	황색	황색X 젖소	2009-05-05		263008		2103005	수	2010-03-26	호반	294
105	강원도	253004	젖소	황색	황색X 젖소	2009-05-09		263004		2102003	암	2010-03-18	황색	282
106	강원도	263015	젖소	황색	황색X 젖소	2009-05-15		263008		2102004	암	2010-04-04	황색	293
107	강원도	263014	젖소	황색	황색X 젖소	2009-07-15		263008		2102006	암	2010-05-05	황색	294
108	강원도	263006	젖소	황색	황색X 젖소	2009-08-14		263004		2102008	암	2010-05-25	황색	284
109	강원도	282002	젖소	황색	황색X 젖소	2009-11-11		263008		2103007	수	2010-08-17	황색	279
110	강원도	243003	젖소	황색	황색X 젖소	2009-11-13		263008		2103008	수	2010-08-22	황색	282

순번	사육지	개체명호	축종	이미외모	교배형태	인공수정일	수정란이식일	교배씨수소	공란우마코드	송아지명호	성별	분만일자	송아지모색	임신기간
111	강원도	282000	취소	황색	황색X취소	2009-11-20		263008		2102012	암	2010-09-07	황색	291
112	강원도	983001	취소	황색	황색X취소	2010-01-06		263008		2102014	암	2010-10-23	황색	290
113	강원도	272000	취소	황색	황색X취소	2010-01-26		취소 0815						
114	강원도	263013	취소	황색	황색X취소	2010-05-14		취소 5999						
115	강원도	253004	취소	황색	황색X취소	2010-05-20		취소 5999						
116	강원도	263002	취소	황색	황색X취소	2010-05-27		취소 5999						
117	강원도	233001	취소	황색	황색X취소	2010-06-01		취소 5999						
118	강원도	263015	취소	황색	황색X취소	2010-06-11		취소 5999						
119	강원도	263005	취소	황색	황색X취소	2010-06-17		취소 5999						
120	강원도	263014	취소	황색	황색X취소	2010-06-18		취소 5999						
121	강원도	263012	취소	황색	황색X취소	2010-11-15		취소 5999						
122	강원도	243003	취소	황색	황색X취소	2010-11-22		취소 5999						
123	강원도	282000	취소	황색	황색X취소	2010-11-24		취소 5999						
124	강원도	263006	취소	황색	황색X취소	2010-11-25		취소 5999						
125	강원도	292002	취소	황색	황색X취소	2010-11-30		취소 5999						
126	강원도	983001	취소	황색	황색X취소					233001	암	2003-03-01	황색	
127	강원도	983001	취소	황색	황색X취소					243202	수	2004-04-06	호반	
128	강원도	233001	취소	황색	황색X취소			223201		253004	암	2005-03-02	황색	
129	강원도	983001	취소	황색	황색X취소			223201		253009	암	2005-03-26	호반	
130	강원도	233002	취소	황색	황색X취소			223201		253205	수	2005-03-05	호반	
131	강원도	253004	취소	황색	황색X취소			223201		263013	암	2006-12-04	황색	
132	충북농가	충북취소 609	취소	호반문	호반문X취소	2008-07-09		취소 4						
133	충북농가	충북취소 518	취소	호반문	호반문X취소	2008-10-24		취소 4						
134	충북농가	충북취소 511	취소	호반문	호반문X취소	2008-11-16		취소 4						
135	충북농가	충북취소 402	취소	호반문	호반문X취소	2008-12-03		충북취소 315						
136	충북농가	충북취소 316	취소	호반문	호반문X취소	2008-12-14		충북취소 315						
137	충북농가	충북취소 407	취소	호반문	호반문X취소	2008-12-27		충북취소 315						
138	충북농가	충북취소 520	취소	호반문	호반문X취소	2009-01-09		혹종 1						
139	충북농가	충북취소 503	취소	호반문	호반문X취소	2009-02-10		취소 5						
140	충북농가	충북취소 307	취소	호반문	호반문X취소	2009-02-17		취소 5						
141	충북농가	충북취소 418	취소	호반문	호반문X취소	2009-02-25		취소 5						
142	충북농가	충북취소 556	취소	호반문	호반문X취소	2009-03-26		취소 5						
143	충북농가	충북취소 465	취소	호반문	호반문X취소	2009-04-10		0848(강원)						

순번	사유지	개체명호	축종	이미외모	교배형태	인공수정일	수정란이식일	교배씨수소	공란우마코드	송아지명호	성별	분만일자	송아지모색	임신기간
144	중복농가	중복취소 409	취소	호반문	호반문 X취소	2009-06-06		취중 4						
145	중복농가	중복취소 408	취소	호반문	호반문 X취소	2009-06-09		취중 4						
146	중복농가	중복취소 317	취소	호반문	호반문 X취소	2009-06-10		0848(강원)						
147	중복농가	중복취소 642	취소	호반문	호반문 X취소	2009-06-17		취중 5						
148	중복농가	중복취소 511	취소	호반문	호반문 X취소	2009-06-18		취중 5						
149	중복농가	중복취소 305	취소	호반문	호반문 X취소	2009-06-23		흑종 1						
150	중복농가	중복취소 317	취소	호반문	호반문 X취소	2009-07-01		취중 4						
151	중복농가	중복취소 409	취소	호반문	호반문 X취소	2009-07-01		취중 4						
152	중복농가	중복취소 562	취소	호반문	호반문 X취소	2009-07-03		취중 4						
153	중복농가	중복취소 459	취소	호반문	호반문 X취소	2009-07-07		취중 4						
154	중복농가	중복취소 555	취소	호반문	호반문 X취소	2009-07-10		취중 4						
155	중복농가	중복취소 571	취소	호반문	호반문 X취소	2009-07-13		취중 4						
156	중복농가	중복취소 305	취소	호반문	호반문 X취소	2009-07-16		흑종 3						
157	중복농가	중복취소 408	취소	호반문	호반문 X취소	2009-07-23		취중 4						
158	중복농가	중복취소 459	취소	호반문	호반문 X취소	2009-07-27		취중 4						
159	중복농가	중복취소 408	취소	호반문	호반문 X취소	2009-07-29		취중 4						
160	중복농가	중복취소 162-6	취소	호반문	호반문 X취소	2009-08-01		취중 5						
161	중복농가	중복취소 360	취소	호반문	호반문 X취소	2009-08-01		취중 4						
162	중복농가	중복취소 317	취소	호반문	호반문 X취소	2009-08-04		취중 5		폐사	암	2010-05-18		287
163	중복농가	중복취소 574	취소	호반문	호반문 X취소	2009-08-16		취중 4						
164	중복농가	중복취소 574	취소	호반문	호반문 X취소	2009-08-18		취중 4		폐사	암	2010-05-11		266
165	중복농가	중복취소 609	취소	호반문	호반문 X취소	2009-08-18		취중 4						
166	중복농가	중복취소 685	취소	호반문	호반문 X취소	2009-08-31		취중 4						
167	중복농가	중복취소 316	취소	호반문	호반문 X취소	2009-09-03		취중 4		폐사	수	2010-06-11		281
168	중복농가	중복취소 518	취소	호반문	호반문 X취소	2009-09-04		취중 4						
169	중복농가	중복취소 305	취소	호반문	호반문 X취소	2009-09-20		흑종 3						
170	중복농가	중복취소 306	취소	호반문	호반문 X취소	2009-09-30		취중 5						
171	중복농가	중복취소 511	취소	호반문	호반문 X취소	2009-10-04		취중 5						
172	중복농가	중복취소 505	취소	호반문	호반문 X취소	2009-10-07		취중 5						
173	중복농가	중복취소 457	취소	호반문	호반문 X취소	2009-10-18		취중 5						
174	중복농가	중복취소 511	취소	호반문	호반문 X취소	2009-10-25		취중 5						
175	중복농가	중복취소 505	취소	호반문	호반문 X취소	2009-10-27		취중 4						
176	중복농가	중복취소 696	취소	호반문	호반문 X취소	2009-11-05		흑종 3		폐사	수	2010-08-08		271

순번	사육지	개체명호	축종	이미외모	교배형태	인공수정일	수정란이식일	교배씨수소	공란우마코드	송아지명호	성별	분만일자	송아지모색	임신기간
177	충북농가	충북취소 698	취소	호반문	호반문 X취소	2009-11-23		취중 4						
178	충북농가	충북취소 412	취소	호반문	호반문 X취소	2009-11-26		취중 5						
179	충북농가	충북취소 505	취소	호반문	호반문 X취소	2009-12-16		취중 5						
180	충북농가	충북취소 553	취소	호반문	호반문 X취소	2009-12-16		취중 5						
181	충북농가	충북취소 307	취소	호반문	호반문 X취소	2010-01-07		취중 5						
182	충북농가	충북취소 511	취소	호반문	호반문 X취소	2010-02-27		취중 5						
183	충북농가	충북취소 553	취소	호반문	호반문 X취소	2010-04-04		취중 4						
184	충북농가	충북취소 553	취소	호반문	호반문 X취소	2010-04-30		취중 5						
185	충북농가	충북취소 418	취소	호반문	호반문 X취소	2010-05-06		취중 4						
186	충북농가	충북취소 417	취소	호반문	호반문 X취소	2010-05-10		취중 5						
187	충북농가	충북취소 562	취소	호반문	호반문 X취소	2010-05-12		취중 5						
188	충북농가	충북취소 573	취소	호반문	호반문 X취소	2010-06-23		취중 5						
189	충북농가	충북취소 690	취소	호반문	호반문 X취소	2010-07-07		흑종 3						
190	충북농가	충북취소 459	취소	호반문	호반문 X취소	2010-07-10		취중 5						
191	충북농가	충북취소 317	취소	호반문	호반문 X취소	2010-07-14		취중 4						
192	충북농가	충북취소 609	취소	호반문	호반문 X취소	2010-07-17		취중 4						
193	충북농가	충북취소 574	취소	호반문	호반문 X취소	2010-07-21		취중 4						
194	충북농가	충북취소 573	취소	호반문	호반문 X취소	2010-07-22		취중 4						
195	충북농가	충북취소 571	취소	호반문	호반문 X취소	2010-07-25		취중 4						
196	충북농가	충북취소 536	취소	호반문	호반문 X취소	2010-07-28		취중 4						
197	충북농가	충북취소 302	취소	호반문	호반문 X취소	2010-07-31		취중 5				임신		
198	충북농가	충북취소 459	취소	호반문	호반문 X취소	2010-08-01		취중 5				임신		
199	충북농가	충북취소 301	취소	호반문	호반문 X취소	2010-08-04		취중 5				임신		
200	충북농가	충북취소 305	취소	호반문	호반문 X취소	2010-08-18		흑종 3						
201	충북농가	충북취소 618	취소	호반문	호반문 X취소	2010-09-09		취중 4				임신		
202	충북농가	충북취소 455	취소	호반문	호반문 X취소	2010-09-23		취중 5				임신		
203	충북농가	충북취소 352	취소	호반문	호반문 X취소	2010-10-05		취중 5						
204	충북농가	충북취소 537	취소	호반문	호반문 X취소	2010-10-07		취중 4						
205	충북농가	충북취소 539	취소	호반문	호반문 X취소	2010-10-11		취중 4						
206	충북농가	충북취소 458	취소	호반문	호반문 X취소	2010-11-08		취중 5				임신		
207	충북농가	충북취소 408	취소	호반문	호반문 X취소	2010-11-18		취중 4						
208	충북농가	충북취소 518	취소	호반문	호반문 X취소	2010-11-24		취중 4						
209	충북농가	충북취소 307	취소	호반문	호반문 X취소	2010-12-03		취중 4						

순번	사유지	개체명호	축종	이미외모	교배 형태	인공수정일	수정란이식일	교배씨수소	공란우마코드	송아지명호	성별	분만일자	송아지모색	임신기간
210	중복농가	중복취소 505	취소	호반문	호반문 X취소	2010-12-05		취종 4						
211	중복농가	중복취소 312	취소	호반문	호반문 X취소		2009-01-13	취종 5	00017030181					
212	중복농가	중복취소 409	취소	호반문	호반문 X취소		2009-07-09	취종 4	002013438816					
213	중복농가	중복취소 553	취소	호반문	호반문 X취소		2009-10-05	취종 5	002026719395					
214	중복농가	중복취소 609	취소	호반문	호반문 X취소		2009-07-23	취종 4	002013438865					
215	중복농가	중복취소 609	취소	호반문	호반문 X취소		2009-07-28	취종 4	002013438865					
216	중복농가	중복취소 609	취소	호반문	호반문 X취소		2009-08-25	취종 4	002013438865					
217	중복농가	중복취소 609	취소	호반문	호반문 X취소		2009-09-28	취종 4	002013438865					
218	중복농가	중복취소 609	취소	호반문	호반문 X취소		2009-11-25	취종 4	002013438865					
219	중복농가	중복취소 316	취소	호반문	호반문 X취소		2010-08-05	취종 4	000182190186					
220	중복농가	중복취소 316	취소	호반문	호반문 X취소		2010-08-05	취종 4	000132425720					
221	중복농가	중복취소 408	취소	호반문	호반문 X취소		2010-09-14	취종 4	002013438857					
222	중복농가	중복취소 417	취소	호반문	호반문 X취소		2010-04-12	취종 4	000175654718					
223	중복농가	중복혹소 870-3	혹소	호반문	호반문 X혹소	2009-05-18		취종 5						
224	중복농가	중복혹소 886	혹소	호반문	호반문 X혹소	2009-07-20		취종 4						
225	중복농가	중복혹소 962	혹소	호반문	호반문 X혹소	2010-10-14		취종 4						
226	중복농가	중복혹소 962	혹소	호반문	호반문 X혹소		2010-11-26	혹종 3	002046397364			임신		
227	중복농가	중복취소 418	취소	호반문	호반 X취소	2008-03-23		CJB-1		중복혹소 843	암	2009-01-02	흑색	285
228	중복농가	중복취소 556	취소	호반문	호반 X취소	2008-04-02		CJBC-1		중복취소 957	수	2009-01-20	흑색	293
229	중복농가	중복취소 313	취소	호반문	호반 X취소	2008-04-09		취종 4		중복혹소 995	수	2009-01-19	흑색	285
230	중복농가	중복취소 465	취소	호반문	호반 X취소	2008-04-19		BC 99		중복취소 580	암	2009-01-29	황색	285
231	중복농가	중복취소 508	취소	호반문	호반 X취소	2008-05-02		취종 2		중복취소 683	수	2009-02-10	호반	284
232	중복농가	중복취소 606	취소	호반문	호반 X취소	2008-05-09		취종 4		중복취소 596	암	2009-02-18	호반	285
233	중복농가	중복취소 501	취소	호반문	호반 X취소	2008-05-23		cjb-1		중복혹소 956	수	2009-03-08	흑색	289
234	중복농가	중복취소 642	취소	호반문	호반 X취소	2008-05-29		cjb-1		중복취소 584	암	2009-03-13	황색	288
235	중복농가	중복취소 417	취소	호반문	호반 X취소	2008-06-08		취종 4		중복취소 689	수	2009-03-20	흑색	285
236	중복농가	중복취소 691	취소	호반문	호반 X취소	2008-06-09		cjb-1		중복취소 598	암	2009-03-28	황색	292
237	중복농가	중복취소 403	취소	호반문	호반 X취소	2008-06-13		취종 4		중복취소 572	수	2009-03-25	호반	285
238	중복농가	중복취소 317	취소	호반문	호반 X취소	2008-07-03		취종 4		중복취소 688	수	2009-04-14	황색	285
239	중복농가	중복취소 409	취소	호반문	호반 X취소	2008-07-05		취종 4		중복취소 684	수	2009-04-16	호반	285
240	중복농가	중복취소 602	취소	호반문	호반 X취소	2008-07-09		취종 4		중복취소 690	암	2009-04-20	호반	285
241	중복농가	중복취소 510	취소	호반문	호반 X취소	2008-07-15		cjb-1		중복취소 406	암	2009-04-30	호반	289
242	중복농가	중복취소 700	취소	호반문	호반 X취소	2008-07-15		cjb-1		중복취소 647	암	2009-04-29	황색	288

순번	사유지	개체명호	축종	이미외모	교배형태	인공수정일	수정란이식일	교배씨수소	공란우마코드	송아지명호	성별	분만일자	송아지모색	임신기간
243	충북농가	충북칩소 302	칩소	호반문	호반X칩소	2008-07-17		cjb-1		충북칩소 585	수	2009-05-08	황색	295
244	충북농가	충북칩소 555	칩소	호반문	호반X칩소	2008-07-29		칩종 2		충북칩소 595	암	2009-05-12	황색	287
245	충북농가	충북칩소 609	칩소	호반문	호반X칩소	2008-07-29		칩종 4		충북칩소 687	수	2009-05-08	흑색	283
246	충북농가	충북칩소 359	칩소	호반문	호반X칩소	2008-08-04		CJB-1		충북칩소 583	수	2009-05-16	황색	285
247	충북농가	충북칩소 558	칩소	호반문	호반X칩소	2008-08-10		칩종 4		충북칩소 531	수	2009-05-25	호반	288
248	충북농가	충북칩소 562	칩소	호반문	호반X칩소	2008-08-14		칩종 4		충북칩소 532	수	2009-05-25	황색	284
249	충북농가	충북칩소 408	칩소	호반문	호반X칩소	2008-08-20		칩종 4		충북칩소 525	수	2009-06-01	황색	285
250	충북농가	충북칩소 360	칩소	호반문	호반X칩소	2008-08-20		칩종 2		충북칩소 528	수	2009-06-08	황색	292
251	충북농가	충북칩소 553	칩소	호반문	호반X칩소	2008-09-25		칩종 4		충북칩소 534	암	2009-07-07	황색	285
252	충북농가	충북칩소 455	칩소	호반문	호반X칩소	2008-10-10		칩종 4		충북칩소 663	암	2009-07-14	황색	277
253	충북농가	충북칩소 316	칩소	호반문	호반X칩소	2008-10-13		칩종 4		충북칩소 535	암	2009-07-25	황색	285
254	충북농가	충북칩소 301	칩소	호반문	호반X칩소	2008-10-19		칩종 4		충북칩소 635	수	2009-07-31	호반	285
255	충북농가	충북칩소 358	칩소	호반문	호반X칩소	2008-10-24		칩종 4		충북칩소 537	암	2009-08-05	호반	285
256	충북농가	충북칩소 352	칩소	호반문	호반X칩소	2008-11-22		칩종 4		충북칩소 539	암	2009-09-03	호반	285
257	충북농가	충북칩소 505	칩소	호반문	호반X칩소	2008-11-29		칩종 4		충북흑소 885	수	2009-09-10	흑색	285
258	충북농가	충북칩소 411	칩소	호반문	호반X칩소	2008-12-05		칩종 4		충북칩소 636	수	2009-09-16	호반	285
259	충북농가	충북칩소 698	칩소	호반문	호반X칩소	2008-12-25		칩종 4		충북흑소 962	암	2009-10-06	호반	285
260	충북농가	충북칩소 469	칩소	호반문	호반X칩소	2008-12-31		칩종 4		충북칩소 638	암	2009-10-12	호반	285
261	충북농가	충북칩소 606	칩소	호반문	호반X칩소	2009-03-21		칩종 5		충북칩소 489	수	2010-01-07	호반	292
262	충북농가	충북칩소 417	칩소	호반문	호반X칩소	2009-03-23		0848(강원)		충북칩소 446	수	2010-02-07	호반	290
263	충북농가	충북칩소 403	칩소	호반문	호반X칩소	2009-06-12		0848(강원)		충북흑소 986	수	2010-03-22	흑색	283
264	충북농가	충북칩소 556	칩소	호반문	호반X칩소	2009-06-17		칩종 5		충북칩소 478	암	2010-03-22	호반	278
265	충북농가	충북칩소 313	칩소	호반문	호반X칩소	2009-06-25		칩종 4		충북흑소 726	암	2010-03-29	흑색	277
266	충북농가	충북칩소 460	칩소	호반문	호반X칩소	2009-06-26		칩종 4		충북칩소 500	수	2010-04-06	호반	284
267	충북농가	충북칩소 510	칩소	호반문	호반X칩소	2009-06-29		칩종 4		충북칩소 487	암	2010-04-08	황색	283
268	충북농가	충북칩소 602	칩소	호반문	호반X칩소	2009-07-07		칩종 4		충북칩소 448	수	2010-04-12	호반	279
269	충북농가	충북칩소 568	칩소	호반문	호반X칩소	2009-07-15		칩종 4		충북칩소 427	수	2010-05-01	호반	290
270	충북농가	충북칩소 302	칩소	호반문	호반X칩소	2009-07-21		칩종 4		충북칩소 484	암	2010-04-30	황색	283
271	충북농가	충북칩소 360	칩소	호반문	호반X칩소	2009-07-28		칩종 4		충북칩소 485	암	2010-05-03	호반	279
272	충북농가	충북칩소 573	칩소	호반문	호반X칩소	2009-08-04		칩종 5		충북칩소 432	암	2010-05-10	호반	279
273	충북농가	충북칩소 359	칩소	호반문	호반X칩소	2009-08-04		칩종 5		충북칩소 476	수	2010-05-12	호반	281
274	충북농가	충북칩소 501	칩소	호반문	호반X칩소	2009-08-04		칩종 5		충북칩소 477	암	2010-05-08	호반	277
275	충북농가	충북칩소 691	칩소	호반문	호반X칩소	2009-08-04		칩종 5		충북칩소 483	암	2010-05-26	호반	295



순번	사유지	개체명호	축종	이미외모	교배형태	인공수정일	수정란이식일	교배씨수수	공란우마코드	송아지명호	성별	분만일자	송아지모색	임신기간
276	충북농가	충북젖소 609	젖소	호반문	호반X젖소	2009-08-24		젖종 4		충북젖소 429	수	2010-06-03	호반	283
277	충북농가	충북젖소 409	젖소	호반문	호반X젖소	2009-08-25		젖종 4		충북젖소 430	수	2010-06-08	호반	287
278	충북농가	충북젖소 555	젖소	호반문	호반X젖소	2009-08-30		젖종 5		충북젖소 481	수	2010-06-13	호반	287
279	충북농가	충북젖소 360	젖소	호반문	호반X젖소	2009-09-04		젖종 5		충북젖소 482	수	2010-06-16	호반	285
280	충북농가	충북젖소 301	젖소	호반문	호반X젖소	2009-09-13		젖종 5		충북흑소 709	수	2010-06-19	흑색	279
281	충북농가	충북젖소 571	젖소	호반문	호반X젖소	2009-09-18		젖종 4		충북젖소 422	수	2010-06-22	호반	277
282	충북농가	충북젖소 518	젖소	호반문	호반X젖소	2009-09-27		젖종 4		충북젖소 433	수	2010-07-12	황색	288
283	충북농가	충북젖소 358	젖소	호반문	호반X젖소	2009-09-30		젖종 5		충북젖소 434	수	2010-07-21	호반	294
284	충북농가	충북젖소 700	젖소	호반문	호반X젖소	2009-10-01		젖종 5		충북흑소 706	수	2010-07-11	흑색	283
285	충북농가	충북젖소 455	젖소	호반문	호반X젖소	2009-10-05		젖종 5		충북흑소 730	수	2010-07-25	흑색	293
286	충북농가	충북젖소 352	젖소	호반문	호반X젖소	2009-10-17		젖종 4		충북흑소 985	암	2010-08-01	흑색	288
287	충북농가	충북젖소 648	젖소	호반문	호반X젖소	2009-10-22		젖종 5		충북젖소 495	암	2010-08-03	호반	285
288	충북농가	충북젖소 458	젖소	호반문	호반X젖소	2009-10-24		젖종 5		충북젖소 363	수	2010-08-07	호반	287
289	충북농가	충북젖소 576	젖소	호반문	호반X젖소	2009-12-02		젖종 4		충북젖소 431	암	2010-09-08	호반	280
290	충북농가	충북젖소 503	젖소	호반문	호반X젖소	2009-12-14		젖종 4		충북젖소 444	수	2010-09-26	황색	286
291	충북농가	충북젖소 698	젖소	호반문	호반X젖소	2009-12-15		젖종 4		충북젖소 450	수	2010-09-22	호반	281
292	충북농가	충북젖소 685	젖소	호반문	호반X젖소	2009-12-27		흑종 3		충북젖소 443	암	2010-10-13	황색	290
293	충북농가	충북젖소 411	젖소	호반문	호반X젖소	2010-01-05		젖종 5		충북젖소 630	암	2010-10-20	황색	288
294	충북농가	충북젖소 403	젖소	호반문	호반X젖소	2010-04-21		젖종 5		00205943 1382	수	2011-02-17	황색	302
295	충북농가	충북젖소 556	젖소	호반문	호반X젖소	2010-04-30		흑종 3		00205945 3776	수	2011-02-18	흑색	294
296	충북농가	충북젖소 465	젖소	호반문	호반X젖소	2010-05-11		젖종 4		00206463 9093	수	2011-03-26	황색	319
297	충북농가	충북젖소 412	젖소	호반문	호반X젖소	2010-05-22		젖종 5		젖11-04-1	수	2011-04-26	황색	
298	충북농가	충북젖소 460	젖소	호반문	호반X젖소	2010-06-07		젖종 4		00206394 8203	암	2011-03-25	황색	291
299	충북농가	충북젖소 568	젖소	호반문	호반X젖소	2010-06-16		젖종 5		00206463 9181	암	2011-04-01	호반	289
300	충북농가	충북젖소 510	젖소	호반문	호반X젖소	2010-06-22		젖종 4		00205207 4442	암	2011-03-28	호반	279
301	충북농가	충북젖소 457	젖소	호반문	호반X젖소	2010-06-23		젖종 4		폐사	수	2011-04-02	황색	283
302	충북농가	충북젖소 359	젖소	호반문	호반X젖소	2010-06-24		젖종 4		00206394 5959	수	2011-03-27	호반	276
303	충북농가	충북젖소 602	젖소	호반문	호반X젖소	2010-06-30		젖종 5		00206464 6654	수	2011-04-20	황색	294
304	충북농가	충북젖소 662	젖소	호반문	호반X젖소	2010-07-04		젖종 4		00206593 6076	암	2011-04-13	흑색	283
305	충북농가	충북젖소 691	젖소	호반문	호반X젖소	2010-07-04		젖종 4		젖11-04-2	수	2011-04-22	황색	292
306	충북농가	충북젖소 501	젖소	호반문	호반X젖소	2010-07-11		젖종 5		00206595 1113	암	2011-04-17	황색	280
307	충북농가	충북젖소 408	젖소	호반문	호반X젖소		2009-07-30	젖종 4	002013 438857	충북젖소 615	수	2010-04-26	호반	270
308	충북농가	충북젖소 408	젖소	호반문	호반X젖소		2009-07-30	젖종 4	002013 438857	충북젖소 616	수	2010-04-27	호반	271

순번	사유지	개체명호	축종	이미외모	교배형태	인공수정일	수정란이식일	교배씨수소	공란우마코드	송아지명호	성별	분만일자	송아지모색	임신기간
309	충북농가	충북호소 886	흑소	호반문	호반X 흑소	2008-03-18		흑종 1		충북호소 827	수	2009-06-25	흑색	285
310	충북농가	충북흰소 580	흰소	황색	황색X 흰소	2010-03-22		흰종 4						
311	충북농가	충북흰소 534	흰소	황색	황색X 흰소	2010-07-16		흰종 4		흰11-04-3	수	2011-04-26	황색	284
312	충북농가	충북흰소 525	흰소	황색	황색X 흰소	2010-07-29		흰종 4				임신		
313	충북농가	충북흰소 535	흰소	황색	황색X 흰소	2010-10-15		흰종 4						
314	충북농가	충북흰소 618	흰소	황색	황색X 흰소	2010-10-21		흰종 4						
315	충북농가	충북흰소 663	흰소	황색	황색X 흰소	2010-11-09		흰종 5						
316	충북농가	충북흰소 404	흰소	흑색	흑색X 흰소	2008-06-19		cjb-1		충북흰소 658	수	2009-04-06	호반	290
317	충북농가	충북흰소 692	흰소	흑색	흑색X 흰소	2008-07-02		CJB-1						
318	충북농가	충북흰소 692	흰소	흑색	흑색X 흰소	2008-08-02		CJB-1		충북흰소 586	수	2009-05-03	황색	274
319	충북농가	충북흰소 404	흰소	흑색	흑색X 흰소	2009-06-21		흰종 5						
320	충북농가	충북흰소 404	흰소	흑색	흑색X 흰소	2009-06-29		흰종 4		충북흰소 475	수	2010-04-08	황색	283
321	충북농가	충북흰소 404	흰소	흑색	흑색X 흰소	2009-07-25		흰종 4						
322	충북농가	충북흰소 668	흰소	흑색	흑색X 흰소	2009-08-03		흰종 5						
323	충북농가	충북흰소 692	흰소	흑색	흑색X 흰소	2009-08-04		흰종 5						
324	충북농가	충북흰소 668	흰소	흑색	흑색X 흰소	2010-06-30		흰종 4		00206595 4226	수	2011-04-06	황색	280
325	충북농가	충북흰소 404	흰소	흑색	흑색X 흰소	2010-08-05		흰종 5				임신		
326	충북농가	충북호소 894	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-02-08		충북흰종 600						
327	충북농가	충북호소 859	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-05-20		CJB-1		충북호소 953	수	2009-03-08	황색	292
328	충북농가	충북호소 891	흑소	흑소	흑색X 흑소	2008-05-29		cjb-1		충북호소 954	암	2009-03-13	흑색	288
329	충북농가	충북호소 872	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-07-01		흑종 1		충북호소 965	암	2009-04-12	흑색	285
330	충북농가	충북호소 863	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-07-20		흑종 1		충북호소 967	수	2009-05-01	황색	285
331	충북농가	충북호소 952	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-07-27		흰종 4		충북흰소 318	수	2009-05-08	호반	285
332	충북농가	충북호소 880	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-08-15		흑종 1		충북흰소 529	암	2009-05-27	황색	285
333	충북농가	충북호소 806	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-08-15		충북흰종 315						
334	충북농가	충북호소 870	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-09-15		흑종 1		충북흰소 611	암	2009-06-27	호반	285
335	충북농가	충북호소 892	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-09-29		흰종 4		충북호소 804	수	2009-07-11	흑색	285
336	충북농가	충북호소 888	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-10-09		흰종 4		충북호소 817	암	2009-07-21	흑색	285
337	충북농가	충북호소 899	흑소	흑색	흑색X 흑소	2009-04-28		흰종 5						
338	충북농가	충북호소 872	흑소	흑색	흑색X 흑소	2009-06-19		흑종 1						
339	충북농가	충북호소 965	흑소	흑색	흑색X 흑소	2009-06-24		흑종 1						
340	충북농가	충북호소 863	흑소	흑색	흑색X 흑소	2009-06-27		흑종 1		충북흰소 449	수	2010-04-01	호반	278
341	충북농가	충북호소 859	흑소	흑색	흑색X 흑소	2009-07-01		흰종 4		충북호소 708	수	2010-04-18	흑색	291

순번	사육지	개체명호	축종	이미외모	교배형태	인공수정일	수정란이식일	교배씨수소	공란우마코드	송아지명호	성별	분만일자	송아지모색	임신기간
342	충북농가	충북혹소 993	혹소	흑색	흑색X혹소	2009-07-08		취종 4		충북취종소 361	수	2010-06-03	호반	299
343	충북농가	충북혹소 880	혹소	흑색	흑색X혹소	2009-07-08		취종 4		충북혹소 722	암	2010-04-13	흑색	279
344	충북농가	충북혹소 951	혹소	흑색	흑색X혹소	2009-07-13		흑종 3						
345	충북농가	충북혹소 952	혹소	흑색	흑색X혹소	2009-07-13		흑종 3						
346	충북농가	충북혹소 968	혹소	흑색	흑색X혹소	2009-08-21		흑종 3						
347	충북농가	충북혹소 952	혹소	흑색	흑색X혹소	2009-09-01		흑종 3		충북혹소 728	수	2010-06-19		291
348	충북농가	충북혹소 969	혹소	흑색	흑색X혹소	2009-09-11		흑종 3						
349	충북농가	충북혹소 888	혹소	흑색	흑색X혹소	2009-09-18		흑종 3		충북혹소 977	암	2010-05-21	흑색	276
350	충북농가	충북혹소 969	혹소	흑색	흑색X혹소	2009-09-30		흑종 3						
351	충북농가	충북혹소 870	혹소	흑색	흑색X혹소	2009-10-01		취종 5		충북혹소 721	수	2010-07-12	흑색	284
352	충북농가	충북혹소 968	혹소	흑색	흑색X혹소	2009-10-01		흑종 3						
353	충북농가	충북혹소 863	혹소	흑색	흑색X혹소	2009-10-20		흑종 3						
354	충북농가	충북혹소 892	혹소	흑색	흑색X혹소	2009-10-26		흑종 3		폐사	수	2010-08-08		286
355	충북농가	충북혹소 969	혹소	흑색	흑색X혹소	2009-11-05		흑종 3						
356	충북농가	충북혹소 970	혹소	흑색	흑색X혹소	2009-12-16		흑종 3		충북혹소 974	암	2010-09-27	흑색	285
357	충북농가	충북혹소 862	혹소	흑색	흑색X혹소	2009-12-17		흑종 3						
358	충북농가	충북혹소 889	혹소	흑색	흑색X혹소	2010-01-01		흑종 3		충북혹소 984	수	2010-10-09	흑색	281
359	충북농가	충북혹소 898	혹소	흑색	흑색X혹소	2010-02-11		흑종 3						
360	충북농가	충북혹소 862	혹소	흑색	흑색X혹소	2010-03-20		흑종 3		00205942 6831	수	2011-01-03	흑색	289
361	충북농가	충북혹소 863	혹소	흑색	흑색X혹소	2010-05-14		흑종 3						
362	충북농가	충북혹소 898	혹소	흑색	흑색X혹소	2010-05-16		흑종 3		00206463 9116	수	2011-03-27	황색	315
363	충북농가	충북혹소 968	혹소	흑색	흑색X혹소	2010-05-25		흑종 3		00206160 4859	암	2011-03-11	흑색	290
364	충북농가	충북혹소 863	혹소	흑색	흑색X혹소	2010-06-04		흑종 3						
365	충북농가	충북혹소 872	혹소	흑색	흑색X혹소	2010-06-22		흑종 3		00206464 6611	수	2011-04-06	황색	288
366	충북농가	충북혹소 859	혹소	흑색	흑색X혹소	2010-06-30		취종 4						
367	충북농가	충북혹소 965	혹소	흑색	흑색X혹소	2010-07-02		흑종 3						
368	충북농가	충북혹소 964	혹소	흑색	흑색X혹소	2010-07-07		흑종 3						
369	충북농가	충북혹소 993	혹소	흑색	흑색X혹소	2010-07-08		취종 5		00206593 6084	암	2011-04-14	흑색	280
370	충북농가	충북혹소 863	혹소	흑색	흑색X혹소	2010-07-19		흑종 3						
371	충북농가	충북혹소 859	혹소	흑색	흑색X혹소	2010-07-22		취종 5				임신		
372	충북농가	충북혹소 965	혹소	흑색	흑색X혹소	2010-07-23		흑종 3						
373	충북농가	충북혹소 888	혹소	흑색	흑색X혹소	2010-07-25		흑종 3						
374	충북농가	충북혹소 964	혹소	흑색	흑색X혹소	2010-07-27		흑종 3						

순번	사유지	개체명호	축종	어미외모	교배형태	인공수정일	수정란이식일	교배씨수소	공란우마코드	송아지명호	성별	분만일자	송아지모색	임신기간
375	충북농가	충북혹소 965	혹소	혹색	혹색X혹소	2010-08-12		혹종 3						
376	충북농가	충북혹소 888	혹소	혹색	혹색X혹소	2010-08-22		혹종 3						
377	충북농가	충북혹소 817	혹소	혹색	혹색X혹소	2010-08-24		혹종 3						
378	충북농가	충북혹소 980	혹소	혹색	혹색X혹소	2010-09-23		혹종 3						
379	충북농가	충북혹소 888	혹소	혹색	혹색X혹소	2010-10-02		혹종 3						
380	충북농가	충북혹소 970	혹소	혹색	혹색X혹소	2010-11-16		혹종 3						
381	충북농가	충북혹소 969	혹소	혹색	혹색X혹소	2010-11-18		혹종 3						
382	충북농가	충북혹소 889	혹소	혹색	혹색X혹소	2010-12-01		혹종 3						
383	충북농가	충북혹소 983	혹소	혹색	혹색X혹소	2010-12-02		혹종 3						
384	충북농가	충북혹소 952	혹소	혹색	혹색X혹소		2009-07-21	혹종 3	002000831030	충북혹소 727	수	2010-05-07	혹색	290
385	충북농가	충북혹소 952	혹소	혹색	혹색X혹소		2009-07-21	혹종 3	002000831030	충북혹소 724	암	2010-05-11	혹색	294
386	충북농가	충북혹소 952	혹소	혹색	혹색X혹소		2009-07-21	혹종 3	002000831030	충북혹소 725	암	2010-05-11	황색	294
387	충북농가	충북혹소 891	혹소	혹소	혹소X혹소	2009-06-25		취종 4						
388	충북도	취고성1	취소	호반문	호반문X취소	2006-04-01		취종 3						
389	충북도	취고성2	취소	호반문	호반문X취소	2010-02-02		취종 5						
390	충북도	취영주1	취소	호반문	호반문X취소	2010-07-09		취종 4						
391	충북도	취영주1-2	취소	호반문	호반문X취소	2010-07-20		0848(강원)				임신		
392	충북도	취 1-8	취소	호반문	호반문X취소	2010-07-26		취종 4				임신		
393	충북도	취가금1	취소	호반문	호반문X취소	2010-07-26		취종 5				임신		
394	충북도	취영주2	취소	호반문	호반문X취소	2010-08-20		취종 4				임신		
395	충북도	취7	취소	호반문	호반문X취소	2010-08-26		충북취종 530				임신		
396	충북도	취거제2	취소	호반문	호반문X취소	2010-10-08		취종 08-4				임신		
397	충북도	취보은1	취소	호반문	호반문X취소	2010-10-08		충북취종 530				임신		
398	충북도	취보은1-3	취소	호반문	호반문X취소	2010-10-10		0848(강원)				임신		
399	충북도	취 4	취소	호반문	호반문X취소	2010-10-27		충북취종 530				임신		
400	충북도	취 7	취소	호반문	호반문X취소		2005-11-05	취종 4	000132425168					
401	충북도	취 8	취소	호반문	호반문X취소		2005-11-21	취종 4	000132426413					
402	충북도	취고성1	취소	호반문	호반문X취소		2005-11-05	취종 2	000175654923					
403	충북도	취고성1	취소	호반문	호반문X취소		2006-05-28	취종 2	000175654923					
404	충북도	취 1-6	취소	호반문	호반문X취소		2007-12-11	취종 2	000172430950					
405	충북도	취고성2	취소	호반문	호반문X취소		2007-12-14	취 2122	000175654930					
406	충북도	취영주2	취소	호반문	호반문X취소		2007-12-06	취종 2	000171995471					
407	충북도	취6	취소	호반문	호반문X취소		2008-04-02	취종 4						

순번	사육지	개체명호	축종	어미외모	교배형태	인공수정일	수정란이식일	교배씨수소	공란우마코드	송아지명호	성별	분만일자	송아지모색	임신기간
408	충북도	취6	취소	호반문	호반문 X취소		2008-08-22	취종 4						
409	충북도	취고성2	취소	호반문	호반문 X취소		2008-01-03	취 2122	000175 654930					
410	충북도	취보은1	취소	호반문	호반문 X취소		2008-09-16	취종 2	002172 150831					
411	충북도	취영주2	취소	호반문	호반문 X취소		2008-07-07	취종 4	000171 995471					
412	충북도	취영주2	취소	호반문	호반문 X취소		2008-07-09	취종 4	000171 995471					
413	충북도	취 12	취소	호반문	호반문 X취소		2009-11-30	취종 5						
414	충북도	취 1-8	취소	호반문	호반문 X취소		2009-04-06	취종 4	000171 995402					
415	충북도	취 1-8	취소	호반문	호반문 X취소		2009-04-07	취종 4	000171 995402					
416	충북도	취 1-8	취소	호반문	호반문 X취소		2009-05-16	취종 4	000171 995402					
417	충북도	취 1-8	취소	호반문	호반문 X취소		2009-06-09	취종 4	000171 995402					
418	충북도	취 1-8	취소	호반문	호반문 X취소		2009-08-19	취종 5	000171 995402					
419	충북도	취 1-8	취소	호반문	호반문 X취소		2009-08-27	취종 5	000171 995402					
420	충북도	취 1-8	취소	호반문	호반문 X취소		2009-09-03	취종 5	000171 995402					
421	충북도	취1-8	취소	호반문	호반문 X취소		2009-11-25	취종 4	000171 995402					
422	충북도	취 6-2	취소	호반문	호반문 X취소		2009-02-24	취종 5	000171 995419					
423	충북도	취 6-2	취소	호반문	호반문 X취소		2009-04-23	취종 5	000171 995419					
424	충북도	취 6-2	취소	호반문	호반문 X취소		2009-05-04	취종 5	000171 995419					
425	충북도	취 6-2	취소	호반문	호반문 X취소		2009-06-23	취종 5	000171 995419					
426	충북도	취 6-2	취소	호반문	호반문 X취소		2009-09-24	취종 5	000171 995419					
427	충북도	취 6-2	취소	호반문	호반문 X취소		2009-10-13	취종 5	000171 995419					
428	충북도	취 6-2	취소	호반문	호반문 X취소		2009-11-30	취종 5	000171 995419					
429	충북도	취 6-2	취소	호반문	호반문 X취소		2009-12-01	취종 5	000171 995419					
430	충북도	취 8	취소	호반문	호반문 X취소		2009-05-15	취종 5	000132 426413					
431	충북도	취 8	취소	호반문	호반문 X취소		2009-08-08	취종 4	000132 426413					
432	충북도	취 8	취소	호반문	호반문 X취소		2009-08-26	취종 4	000132 426413					
433	충북도	취 9	취소	호반문	호반문 X취소		2009-05-25	취종 4	000172 439196					
434	충북도	취고성1	취소	호반문	호반문 X취소		2009-09-30	취종 2	000175 654923					
435	충북도	취고성1	취소	호반문	호반문 X취소		2009-10-06	취종 2	000175 654923					
436	충북도	취동량1	취소	호반문	호반문 X취소		2009-02-09	취종 4	000186 379976					
437	충북도	취동량1	취소	호반문	호반문 X취소		2009-03-31	취종 4	000186 379976					
438	충북도	취동량1	취소	호반문	호반문 X취소		2009-07-07	취종 4	000186 379976					
439	충북도	취동량1	취소	호반문	호반문 X취소		2009-07-15	취종 4	000186 379976					
440	충북도	취동량1	취소	호반문	호반문 X취소		2009-07-24	취종 4	000186 379976					

순번	사유지	개체명호	축종	어미외모	교배 형태	인공수 정일	수정란 이식일	교배씨 수소	공란우 마코드	송아지명 호	성별	분만 일자	송아지 모색	임신 기간
441	충북도	취 동량1	취소	호반문	호반문 X취소		2009-07-27	취중 4	000186 379976					
442	충북도	취영주2	취소	호반문	호반문 X취소		2009-01-31	취중 4	000171 995471					
443	충북도	취영주2	취소	호반문	호반문 X취소		2009-03-09	취중 4	000171 995471					
444	충북도	취입실1	취소	호반문	호반문 X취소		2009-03-12	취중 4	000198 218119					
445	충북도	취입실1	취소	호반문	호반문 X취소		2009-06-08	취중 4	000198 218119					
446	충북도	취입실1	취소	호반문	호반문 X취소		2009-07-27	취중 4	000198 218119					
447	충북도	취입실1	취소	호반문	호반문 X취소		2009-08-05	취중 4	000198 218119					
448	충북도	취입실1	취소	호반문	호반문 X취소		2009-08-24	취중 4	000198 218119					
449	충북도	취입실3	취소	호반문	호반문 X취소		2009-06-06	취중 5	002014 142821					
450	충북도	취입실3	취소	호반문	호반문 X취소		2009-08-11	취중 4	002014 142821					
451	충북도	취입실3	취소	호반문	호반문 X취소		2009-09-16	취중 4	002014 142821					
452	충북도	취칠곡2	취소	호반문	호반문 X취소		2009-05-11	취중 4	000181 150563					
453	충북도	취 10	취소	호반문	호반문 X취소		2010-08-07	취중 5	000182 190667			임신		
454	충북도	취 10	취소	호반문	호반문 X취소		2010-08-06	취중 5	000182 190667					
455	충북도	취 12	취소	호반문	호반문 X취소		2010-06-22	충북취 중 530	000175 654626					
456	충북도	취 12	취소	호반문	호반문 X취소		2010-07-30	충북취 중 530	000175 654626					
457	충북도	취 8	취소	호반문	호반문 X취소		2010-07-30	충북취 중 530	000132 426413			임신		
458	충북도	취 8	취소	호반문	호반문 X취소		2010-06-16	충북취 중 530	000132 426413					
459	충북도	취 고성1	취소	호반문	호반문 X취소		2010-08-06	취중 4	000175 654923					
460	충북도	취 고성1	취소	호반문	호반문 X취소		2010-08-07	취중 5	000175 654923					
461	충북도	취 고성1	취소	호반문	호반문 X취소		2010-08-09	취중 4	000175 654923					
462	충북도	취 보은1	취소	호반문	호반문 X취소		2010-08-03	충북취 중 530	002172 150831			임신		
463	충북도	취 보은1	취소	호반문	호반문 X취소		2010-05-27	충북취 중 530	002172 150831					
464	충북도	혹 7(취 8)	혹소	호반문	호반문 X혹소	2010-10-23		충북취 중 530						
465	충북도	취 보은1	취소	호반문	호반 X취소	2010-06-24		취중 2		취 보은1-2	수	2006-04-05	호반	285
466	충북도	취 1-6	취소	호반문	호반 X취소	2010-09-02		취중 4		취 1-6-1	수	2006-06-06	황색	277
467	충북도	취 9	취소	호반문	호반 X취소	2010-09-02		취중 4		취 9-1	수	2006-05-04	황색	275
468	충북도	취 영주1	취소	호반문	호반 X취소	2010-10-22		취중 2		취 영주1-1	암	2006-08-01	호반	283
469	충북도	취 영주2	취소	호반문	호반 X취소	2010-11-20		취중 2		취 영주2-1	수	2006-09-03	호반	287
470	충북도	취 가금1	취소	호반문	호반 X취소	2010-12-04		취중 2		취 가금1-2	수	2006-09-10	호반	280
471	충북도	취 4	취소	호반문	호반 X취소	2010-03-03		취중 2		취 4-6	수	2006-12-17	황색	289
472	충북도	취 거제2	취소	호반문	호반 X취소	2010-03-15		취중 2		취 거제2-1	수	2007-01-02	호반	293
473	충북도	취 양평1	취소	호반문	호반 X취소	2010-03-17		취중 2		취 양평1-2	수	2007-01-03	황색	292

순번	사육지	개체명호	축종	이미외모	교배형태	인공수정일	수정란이식일	교배씨수소	공란우바코드	송아지명호	성별	분만일자	송아지모색	임신기간
474	충북도	취고성2	취소	호반문	호반X 취소	2006-04-01		취중 3		취고성2-3	암	2007-01-22	흑색	296
475	충북도	취1(윤자)	취소	호반문	호반X 취소	2006-06-14		취중 2		취 1-9	수	2007-03-29	호반	288
476	충북도	취용인1	취소	호반문	호반X 취소	2006-06-26		취중 3		취용인1-2	수	2007-03-28	황색	275
477	충북도	취 6-2	취소	호반문	호반X 취소	2006-08-14		취중 2		취 6-2-1	암	2007-05-18	호반	277
478	충북도	취 11	취소	호반문	호반X 취소	2007-04-29		취중4		취 11-1	암	2008-02-08	호반	285
479	충북도	취칠곡2	취소	호반문	호반X 취소	2007-10-05		취중4		취칠곡2-2	암	2008-07-18	황색	287
480	충북도	취용인1	취소	호반문	호반X 취소	2007-10-23		취중4		취용인1-3	수	2008-08-17	황색	299
481	충북도	취이천1	취소	호반문	호반X 취소	2007-11-19		취 2122		취이천1-2	수	2008-08-19	황색	274
482	충북도	취 1-8	취소	호반문	호반X 취소	2008-01-15		취중4		취 1-8-1	수	2008-11-01	호반	291
483	충북도	취영주1	취소	호반문	호반X 취소	2008-03-23		취중4		취영주1-2	암	2009-01-05	호반	288
484	충북도	취보은1	취소	호반문	호반X 취소	2008-03-29		취중4		취보은1-3	암	2009-01-09	호반	286
485	충북도	취 6-2	취소	호반문	호반X 취소	2008-04-10		취중 5		취 6-2-2	암	2008-12-03	호반	237
486	충북도	취 11	취소	호반문	호반X 취소	2008-08-09		취중4		취 11-2	수	2009-05-21	호반	285
487	충북도	취 12	취소	호반문	호반X 취소	2008-08-09		취중 5		취 12-1	암	2009-05-21	황색	285
488	충북도	취영주2	취소	호반문	호반X 취소	2008-09-27		취중4		취영주2-2	암	2009-07-17	흑색	293
489	충북도	취영주1-1	취소	호반문	호반X 취소	2008-11-01		취중 5		취영주1-1-1	수	2009-08-19	황색	291
490	충북도	취거제1	취소	호반문	호반X 취소	2008-12-07		취중 5		취거제1-2	암	2009-09-22	호반	289
491	충북도	취 10	취소	호반문	호반X 취소	2009-03-22		취중4		취 10-2	암	2010-01-01	황색	285
492	충북도	취보은1	취소	호반문	호반X 취소	2009-03-23		취중 5		취보은1-4	수	2010-01-02	흑색	285
493	충북도	취동량1	취소	호반문	호반X 취소	2009-07-12		취중4		취동량1-3	수	2010-05-02	호반	294
494	충북도	취 11	취소	호반문	호반X 취소	2009-07-15		취중4		취 11-3	암	2010-05-07	호반	296
495	충북도	취 1-6	취소	호반문	호반X 취소	2009-09-04		취중4		취 1-6-2	수	2010-06-13	황색	282
496	충북도	취입실1	취소	호반문	호반X 취소	2009-09-06		취중4		취입실1-3	암	2010-06-15	흑색	282
497	충북도	취양평1	취소	호반문	호반X 취소	2009-09-14		취중 5		취양평1-4	암	2010-06-27	호반	286
498	충북도	취입실2	취소	호반문	호반X 취소	2009-09-17		취중4		취입실2-3	암	2010-06-26	호반	282
499	충북도	취영주1-1	취소	호반문	호반X 취소	2009-10-29		취중4		취영주1-1-2	수	2010-08-13	황색	288
500	충북도	취 6-2	취소	호반문	호반X 취소	2009-11-17		취중 5		취 6-2-3	암	2010-08-26	호반	282
501	충북도	취12	취소	호반문	호반X 취소	2010-07-01		충북취중 530		취12-2(폐사)	수	2011-04-18	황색	291
502	충북도	취영주2	취소	호반문	호반X 취소		2008-08-19	취중 4	000171 995471	충북취소 593	암	2009-05-13	황색	267
503	충북도	취칠곡1	취소	호반문	호반X 취소		2005-09-30	취중 4		취 06-1	암	2006-05-26	황색	269
504	충북도	취 6-2	취소	호반문	호반X 취소		2009-07-29	취중 4	000171 995419	충북취소 705	암	2010-04-25	흑색	270
505	충북도	취 10	취소	호반문	호반X 취소		2010-03-26	취중 5	000182 190667	쌍둥이	수암	2010-12-23	황색	272

순번	사유지	개체명호	축종	어미외모	교배형태	인공수정일	수정란이식일	교배씨수소	공란우마코드	송아지명호	성별	분만일자	송아지모색	임신기간
506	충북도	취고성1	취소	호반문	호반X 취소		2009-10-20	취중 2	000175 654923	충북취소 622	암	2010-07-20	황색	273
507	충북도	취 6-2	취소	호반문	호반X 취소		2009-10-01	취중 5	000171 995419	폐사	수	2010-07-01	황색	273
508	충북도	취고성2	취소	호반문	호반X 취소		2008-07-17	취중 4	000175 654930	취09-2	암	2009-04-17	호반	274
509	충북도	취 6-2	취소	호반문	호반X 취소		2009-07-29	취중 4	000171 995419	충북취소 617	수	2010-04-30	호반	275
510	충북도	취입실3	취소	호반문	호반X 취소		2009-05-25	취중 5	002014 142821	충북혹소 989	수	2010-02-24	흑색	275
511	충북도	취6	취소	호반문	호반X 취소		2008-06-15	취중 4		충북취소 594	암	2009-03-20	황색	278
512	충북도	취1(윤자)	취소	호반문	호반X 취소		2008-07-15	취중 4	000172 439196	충북혹소 964	암	2009-04-19	흑색	278
513	충북도	취 5	취소	호반문	호반X 취소		2005-12-28	취중 2		취 5-2	암	2006-10-02	황색	278
514	충북도	취 1-6	취소	호반문	호반X 취소		2008-09-22	취중 2	000172 430950	취09-5	수	2009-06-27	황색	278
515	충북도	취철목2	취소	호반문	호반X 취소		2006-06-13	취중 2	000181 150563	취국 2-06306-1	수	2007-03-19	호반	279
516	충북도	취동량1	취소	호반문	호반X 취소		2009-03-31	취중 4	000186 379976	취2010-1	암	2010-01-04	황색	279
517	충북도	취동량1	취소	호반문	호반X 취소		2009-03-30	취중 4	000186 379976	폐사	암	2010-01-03	황색	279
518	충북도	취 8	취소	호반문	호반X 취소		2005-11-20	취중 4	000132 426413	혹 7-2	암	2006-08-26	흑색	279
519	충북도	취영주2	취소	호반문	호반X 취소		2007-12-11	취중 2	000171 995471	2008-1	수	2008-09-16	호반	280
520	충북도	취 1-6	취소	호반문	호반X 취소		2008-09-19	취중 2	000172 430950	취09-4	암	2009-06-26	황색	280
521	충북도	취보은1	취소	호반문	호반X 취소		2008-09-24	취중 2	002172 150831	취09-7	암	2009-07-01	황색	280
522	충북도	취1(윤자)	취소	호반문	호반X 취소		2008-01-06	취중 4	000172 439196	2008-5	수	2008-10-13	황색	281
523	충북도	취입실1	취소	호반문	호반X 취소		2009-08-03	취중 4	000198 218119	취 2010-3	암	2010-05-12	호반	282
524	충북도	취 9	취소	호반문	호반X 취소		2009-06-20	취중 4	000172 439196	충북혹소 990	수	2010-03-30	흑색	283
525	충북도	취고성2	취소	호반문	호반X 취소		2008-09-17	취중 4	000175 654930	취09-6	암	2009-05-28	흑색	284
526	충북도	취 10	취소	호반문	호반X 취소		2007-12-06	취중 4	000182 190667	2008-2	암	2008-09-18	황색	287
527	충북도	취영주2	취소	호반문	호반X 취소		2007-12-10	취중 2	000171 995471	2008-4	수	2008-09-22	호반	287
528	충북도	취고성2	취소	호반문	호반X 취소		2008-07-17	취중 4	000175 654930	취09-3	수	2009-05-02	호반	289
529	충북도	취고성2	취소	호반문	호반X 취소		2008-06-26	취중 4	000175 654930	충북혹소 998	수	2009-04-12	황색	290
530	충북도	취고성1	취소	호반문	호반X 취소		2008-05-27	취중 4	000175 654923	취09-1	수	2009-03-14	흑색	291
531	충북도	취고성1	취소	호반문	호반X 취소		2006-10-04	취중 2	000175 654923	혹 2-3-2	수	2007-07-23	황색	292
532	충북도	취고성2	취소	호반문	호반X 취소		2007-11-30	취중 4	000175 654930	2008-3	수	2008-09-19	황색	294
533	충북도	취동량1	취소	호반문	호반X 취소		2009-04-17	취중 4	000186 379976	취2010-2	암	2010-02-05	황색	294
534	충북도	취동량1	취소	호반문	호반X 취소		2009-08-05	취중 4	000186 379976	충북취소 362	암	2010-05-27	황색	295
535	충북도	취 1-8	취소	호반문	호반X 취소		2009-08-04	취중 5	000171 995402	취 2010-4	수	2010-05-28	황색	297
536	충북도	취영주2	취소	호반문	호반X 취소		2008-11-24	취중 4	000171 995471	충북혹소 819	암	2009-09-05	황색	
537	충북도	취입실2	취소	호반문	호반X 취소					취 입실2-2	암	2009-06-08	호반	
538	충북도	취입실3	취소	호반문	호반X 취소					취 입실3-2	암	2009-01-01	호반	



순번	사육지	개체명호	축종	어미외모	교배형태	인공수정일	수정란이식일	교배씨수소	공란우마코드	송아지명호	성별	분만일자	송아지모색	임신기간
539	충북도	흑 7(퀴8)	흑소	호반문	호반X 흑소	2005-11-20		퀴중4		흑 7-2	암	2006-08-26	흑색	279
540	충북도	흑 7(퀴8)	흑소	호반문	호반X 흑소	2007-12-14		퀴중4		퀴 8-3	암	2008-09-28	황색	289
541	충북도	흑 7(퀴8)	흑소	호반문	호반X 흑소	2009-09-25		korea3-1-3		퀴 8-4	암	2010-07-15	호반	293
542	충북도	흑 04-11	흑소	황색	황색X 흑소	2006-01-05		퀴중 2						
543	충북도	흑 04-11	흑소	황색	황색X 흑소	2006-02-02		퀴중 2		흑 04-11-1	암	2006-10-24	흑색	264
544	충북도	흑 2	흑소	황색	황색X 흑소	2006-02-02		흑중 2		흑 2-8	수	2006-11-13	흑색	284
545	충북도	흑 04-11	흑소	황색	황색X 흑소	2008-05-24		흑중 2		흑 04-11-2	암	2009-03-08	흑색	288
546	충북도	흑 6-11	흑소	황색	황색X 흑소	2009-04-19		흑중 3		흑 6-11-1	암	2010-02-09	흑색	296
547	충북도	흑 04-11	흑소	황색	황색X 흑소	2009-05-08		흑중 3		흑 04-11-3	수	2010-02-23	황색	291
548	충북도	흑 05-1-1	흑소	황색	황색X 흑소	2010-04-16		흑중 3						
549	충북도	흑 6-11	흑소	황색	황색X 흑소	2010-08-26		흑중 3						
550	충북도	흑 6-11	흑소	황색	황색X 흑소		2010-05-13	흑중 3	000182 190186					
551	충북도	흑 6-11	흑소	황색	황색X 흑소		2010-09-03	흑중 3	000182 190186					
552	충북도	흑 6-11	흑소	황색	황색X 흑소		2010-09-03	흑중 3	002046 397364					
553	충북도	흑 6-1-13	흑소	흑색	흑색X 흑소	2005-08-18		흑중 2		흑 6-1-13-1	수	2006-05-14		269
554	충북도	흑 3-1	흑소	흑색	흑색X 흑소	2005-09-26		흑중 1						
555	충북도	흑 6	흑소	흑색	흑색X 흑소	2005-11-02		흑중 2		흑 6-7	수	2006-08-13	황색	284
556	충북도	흑 3-1	흑소	흑색	흑색X 흑소	2005-11-20		흑중 1		흑 3-1-6	암	2006-07-14	흑색	236
557	충북도	흑 6-1	흑소	흑색	흑색X 흑소	2006-02-26		흑중 2						
558	충북도	흑 2-2	흑소	흑색	흑색X 흑소	2006-03-06		흑중 2		흑 2-2-3	암	2006-12-24	흑색	293
559	충북도	흑 6-1	흑소	흑색	흑색X 흑소	2006-03-06		흑중 2		흑 6-1-4	암	2006-11-26	황색	265
560	충북도	흑 2-2	흑소	흑색	흑색X 흑소	2006-03-22		흑중 2		흑 2-2-4	암	2007-01-01	흑색	285
561	충북도	흑 고성2-2	흑소	흑색	흑색X 흑소	2006-03-25		퀴중 2		퀴 고성2-2-1	암	2007-05-13	흑색	292
562	충북도	흑 2-3	흑소	흑색	흑색X 흑소	2006-10-07		흑중 2		흑 2-3-2	수	2007-07-23	황색	289
563	충북도	흑 3-1	흑소	흑색	흑색X 흑소	2007-05-01		흑중 1		흑 3-1-7	암	2008-03-13	흑색	286
564	충북도	흑 고성2-2	흑소	흑색	흑색X 흑소	2007-11-21		흑중 3		퀴 고성2-2-2	암	2008-09-01	호반	285
565	충북도	흑 04-8	흑소	흑색	흑색X 흑소	2007-11-24		흑중 3		흑 04-8-2	암	2008-09-02	흑색	283
566	충북도	흑 04-9	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-04-04		흑중 2						
567	충북도	흑 6-1-13	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-04-07		흑중 2						
568	충북도	흑 6	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-04-12		흑중 2		흑 6-8	수	2009-01-25	흑색	288
569	충북도	흑 05-1	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-04-14		흑중 3		흑 05-1-1	암	2009-01-28	황색	289
570	충북도	흑 6-1-13	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-04-27		흑중 2		흑 6-1-13-3	암	2009-02-05	흑색	284
571	충북도	흑 04-9	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-05-04		흑중 2		흑 04-9-1	수	2009-02-02	흑색	274

순번	사육지	개체명호	축종	어미외모	교배형태	인공수정일	수정란이식일	교배씨수소	공란우마코드	송아지명호	성별	분만일자	송아지모색	임신기간
572	충북도	흑 04-7	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-07-18		흑중 2		흑 04-7-1	수	2009-04-30	황색	286
573	충북도	흑 04-11-1	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-07-26		흑중 3		흑 04-11-1-1	수	2009-05-07	황색	285
574	충북도	흑 2-3-1	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-08-29		흑중 3		흑 2-3-1-1	수	2009-05-10	흑색	285
575	충북도	흑 2-2	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-10-17		흑중 2		흑 2-2-5	암	2009-08-10	흑색	297
576	충북도	흑 3-1	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-11-30		흑중 2		흑 3-1-8	암	2009-09-10	흑색	284
577	충북도	흑 6-12	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-12-07		흑중 2		흑 6-12-1	암	2009-09-26	흑색	293
578	충북도	흑8	흑소	흑색	흑색X 흑소	2008-12-07		흑중 3		흑 8-3	암	2008-09-23	흑색	
579	충북도	흑 3-1	흑소	흑색	흑색X 흑소	2009-03-23		흑중 2		흑 3-1-8	암	2010-01-02	흑색	285
580	충북도	흑8	흑소	흑색	흑색X 흑소	2009-03-23		흑중 3		흑 8-4	암	2010-01-02	흑색	285
581	충북도	흑 6	흑소	흑색	흑색X 흑소	2009-05-04		흑중 2						
582	충북도	흑 6	흑소	흑색	흑색X 흑소	2009-05-04		흑중 2		흑 6-9	암	2010-03-02	황색	271
583	충북도	흑 2-2-4	흑소	흑색	흑색X 흑소	2009-05-06		흑중 3		흑 2-2-4-1	암	2010-03-18	황색	285
584	충북도	흑 04-7	흑소	흑색	흑색X 흑소	2009-07-11		흑중 2		흑 04-7-2	수	2010-04-29	흑색	292
585	충북도	흑 6-1-13	흑소	흑색	흑색X 흑소	2009-10-05		흑중 2		흑 6-1-13-4	수	2010-07-24	흑색	292
586	충북도	흑 04-11-1	흑소	흑색	흑색X 흑소	2009-10-21		흑중 3		흑 04-11-1-2-②	수	2010-08-04	흑색	287
587	충북도	흑 2-3-1	흑소	흑색	흑색X 흑소	2009-11-12		흑중 2		흑 2-3-1-2	암	2010-08-25	흑색	286
588	충북도	흑 04-9	흑소	흑색	흑색X 흑소	2010-05-15		흑중 3		흑 04-9-3	암	2011-04-01	황색	290
589	충북도	흑8	흑소	흑색	흑색X 흑소	2010-05-15		흑중 2		흑 8-5	수	2011-04-02	황색	291
590	충북도	흑 6-5	흑소	흑색	흑색X 흑소	2010-05-20		흑중 3		흑 6-5-2	암	2011-04-01	황색	285
591	충북도	흑 05-1	흑소	흑색	흑색X 흑소	2010-10-08		흑중 3						
592	충북도	흑 04-11-1	흑소	흑색	흑색X 흑소	2010-10-23		흑중 3						
593	충북도	흑 2-2-4	흑소	흑색	흑색X 흑소	2010-12-01		흑중 3						
594	충북도	흑 04-8	흑소	흑색	흑색X 흑소		2007-03-07	흑중 2	000171 995129	흑 04-8-1	수	2007-12-22	흑색	290
595	충북도	흑 2-2	흑소	흑색	흑색X 흑소		2008-05-27	흑중 2	000132 427990					
596	충북도	흑 6-1-13	흑소	흑색	흑색X 흑소		2009-06-12	흑중 2	000182 190506					
597	충북도	흑 04-7	흑소	흑색	흑색X 흑소		2010-08-26	흑중 2	002046 397364					
598	충북도	흑 04-7	흑소	흑색	흑색X 흑소		2010-08-26	흑중 2	002046 397364					
599	충북도	흑 04-9	흑소	흑색	흑색X 흑소		2010-08-09	흑중 3	000171 995204			임신		
600	충북도	흑 6	흑소	흑색	흑색X 흑소		2010-08-20	흑중 3	000132 425720			임신		

#### 4. 교배형태에 따른 이모 및 흑비경발현우 외모특성 조사

순번	어미명호	생일	어미이모	교배형태	교배씨수소	수정일	송아지명호	송아지성별	송아지생년월일	송아지외모
1	061031	2006-02-14	백반	백모(반)X백모(반)	KPN557	2007-05-04	082003	수	2008-02-07	

순번	어미명호	생일	어미이모	교배형태	교배 씨수소	수정일	송아지 명호	송아지 성별	송아지 생년월일	송아지 외모
2	061038	2006-02-15	백반	백모(반)X백모(반)	KPN557	2007-05-14	082098	수	2008-03-02	
3	061083	2006-02-22	백반	백모(반)X백모(반)	KPN557	2007-05-24	081126	암	2008-03-07	
4	85533	1998-02-17	백반	백모(반)X백모(반)	KPN557	2007-06-17	082172	수	2008-04-01	
5	011656	2001-09-20	백모	백모(반)X황색	KPN582	2007-11-01	082512	수	2008-08-08	
6	061139	2006-03-29	백반	백모(반)X황색	KPN608	2007-11-04	081542	암	2008-08-17	
7	061567	2006-08-27	백모	백모(반)X황색	KPN582	2007-11-06	082534	수	2008-08-14	백모
8	061126	2006-03-11	백반	백모(반)X황색	KPN517	2007-11-20	081571	암	2008-08-21	
9	061550	2006-08-22	백모	백모(반)X황색	KPN582	2007-11-22	082640	수	2008-09-05	
10	021808	2001-10-15	백모	백모(반)X황색	KPN582	2007-11-23	081625	암	2008-09-03	
11	061046	2006-02-16	백반	백모(반)X황색	KPN550	2008-05-27	091073	암	2009-02-24	
12	061083	2006-02-22	백반	백모(반)X황색	KPN619	2008-05-29	091137	암	2009-03-14	
13	061038	2006-02-15	백반	백모(반)X황색	KPN525	2008-06-04	092147	수	2009-03-22	
14	061031	2006-02-14	백반	백모(반)X황색	KPN716	2008-06-08	092170	수	2009-03-30	백반
15	041504	2004-08-06	백반	백모(반)X황색	KPN391	2008-06-27	091181	암	2009-04-17	
16	061550	2006-08-22	백모	백모(반)X황색	KPN565	2008-11-01	092506	수	2009-08-13	
17	061126	2006-03-11	백반	백모(반)X황색	KPN565	2008-11-02	091544	암	2009-08-19	백반
18	021808	2001-10-15	백모	백모(반)X황색	KPN628	2008-11-04	092516	수	2009-08-15	백반
19	071620	2007-10-03	백모	백모(반)X황색	KPN610	2008-11-20	092603	수	2009-08-30	
20	041526	2004-08-12	백모	백모(반)X황색	KPN391	2008-11-22	091613	암	2009-09-01	
21	061139	2006-03-29	백반	백모(반)X황색	KPN517	2008-12-22	091653	암	2009-08-26	
22	011656	2001-09-20	백모	백모(반)X황색	KPN413	2008-12-27	092689	수	2009-09-29	
23	061046	2006-02-16	백반	백모(반)X황색	KPN626	2009-05-11	101080	암	2010-02-26	
24	061031	2006-02-14	백반	백모(반)X황색	KPN517	2009-05-25	102135	수	2010-03-09	
25	061083	2006-02-22	백반	백모(반)X황색	KPN517	2009-05-31	101160	암	2010-03-16	
26	061038	2006-02-15	백반	백모(반)X황색	KPN606	2009-06-02	102161	수	2010-03-18	
27	041504	2004-08-06	백반	백모(반)X황색	KPN631	2009-06-10	101180	암	2010-03-27	
28	061550	2006-08-22	백모	백모(반)X황색	KPN390	2009-11-02	102507	수	2010-08-09	
29	011656	2001-09-20	백모	백모(반)X황색	KPN699	2009-11-04	102540	수	2010-08-21	
30	061139	2006-03-29	백반	백모(반)X황색	KPN677	2009-11-07	101614	암	2010-08-27	
31	061126	2006-03-11	백반	백모(반)X황색	KPN390	2009-11-09	102542	수	2010-08-22	
32	071509	2007-08-11	백모	백모(반)X황색	KPN705	2009-11-12	101528	암	2010-08-15	
33	071509	2007-08-11	백모	백모(반)X황색	KPN705	2009-11-12	101528	암	2010-08-15	
34	041526	2004-08-12	백모	백모(반)X황색	KPN844	2009-11-14	102545	수	2010-08-21	
35	041526	2004-08-12	백모	백모(반)X흑모(반)	KPN538	2007-12-05	081644	암	2008-09-14	
36	061570	2006-08-28	중간비	중간비X비경	KPN431	2007-11-03	081504	암	2008-08-05	
37	061536	2006-08-19	중간비	중간비X비경	KPN431	2007-11-03	081512	암	2008-08-09	흑비
38	061597	2006-09-04	중간비	중간비X비경	KPN431	2007-11-16	082584	수	2008-08-23	흑비
39	061510	2006-08-11	중간비	중간비X비경	KPN431	2007-11-19	081607	암	2008-08-28	흑비
40	061635	2006-09-25	중간비	중간비X비경	KPN431	2007-11-20	082625	수	2008-09-01	흑비
41	061536	2006-08-19	중간비	중간비X육색	KPN588	2008-11-07	091549	암	2009-08-21	
42	061570	2006-08-28	중간비	중간비X육색	KPN556	2008-11-13	092557	수	2009-08-23	
43	061617	2006-09-17	중간비	중간비X육색	KPN619	2008-11-13	091592	암	2009-08-28	
44	071530	2007-08-19	중간비	중간비X육색	KPN608	2008-11-19	092560	수	2009-08-24	중간비
45	071529	2007-08-19	중간비	중간비X육색	KPN692	2008-12-04	091633	암	2009-09-09	중간비

순번	어미명호	생일	어미이모	교배형태	교배 씨수소	수정일	송아지 명호	송아지 성별	송아지 생년월일	송아지 외모
46	061635	2006-09-25	중간비	중간비X육색	KPN828	2009-06-10	102175	수	2010-03-24	중간비
47	061617	2006-09-17	중간비	중간비X육색	KPN763	2009-11-03	101578	암	2010-08-22	
48	061536	2006-08-19	중간비	중간비X육색	KPN792	2009-11-04	101509	암	2010-08-10	
49	071529	2007-08-19	중간비	중간비X육색	KPN627	2009-11-16	102582	수	2010-08-28	
50	071529	2007-08-19	중간비	중간비X육색	KPN627	2009-11-16	102582	수	2010-08-28	
51	071530	2007-08-19	중간비	중간비X육색	KPN802	2009-11-24	101656	암	2010-09-06	
52	061570	2006-08-28	중간비	중간비X육색	KPN677	2009-11-30	101650	암	2010-09-05	
53	063801	2006-04-16	흑모(반)	흑모(반)X황색	KPN449	2008-05-13	092064	수	2009-02-24	흑반
54	063802	2006-04-24	흑모(반)	흑모(반)X황색	KPN565	2008-06-03	092135	수	2009-03-18	
55	051556	2005-08-19	흑모(반)	흑모(반)X황색	KPN511	2008-06-15	092161	수	2009-03-27	
56	063808	2006-02-01	흑모(반)	흑모(반)X황색	KPN493	2008-06-26	091176	암	2009-04-11	
57	063805	2006-03-09	흑모(반)	흑모(반)X황색	KPN593	2008-11-17	092551	수	2009-08-22	
58	063806	2006-07-18	흑모(반)	흑모(반)X황색	KPN593	2008-11-18	092605	수	2009-08-31	
59	063803	2006-12-21	흑모(반)	흑모(반)X황색	KPN593	2008-11-21	091601	암	2009-08-30	
60	063804	2006-08-15	흑모(반)	흑모(반)X황색	KPN593	2008-11-22	092567	수	2009-08-25	백모
61	063807	2006-07-20	흑모(반)	흑모(반)X황색	KPN593	2008-12-14	091520	암	2009-08-14	
62	051556	2005-08-19	흑모(반)	흑모(반)X황색	KPN626	2009-06-16	102182	수	2010-03-29	
63	063805	2006-03-09	흑모(반)	흑모(반)X흑모(반)	KPN538	2007-05-07	081001	암	2008-02-04	
64	063801	2006-04-16	흑모(반)	흑모(반)X흑모(반)	KPN538	2007-05-10	081010	암	2008-02-12	백모
65	063809	2006-02-13	흑모(반)	흑모(반)X흑모(반)	KPN538	2007-05-17	082076	수	2008-02-26	
66	063808	2006-02-01	흑모(반)	흑모(반)X흑모(반)	KPN538	2007-05-18	081085	암	2008-02-26	
67	063807	2006-07-20	흑모(반)	흑모(반)X흑모(반)	KPN538	2007-11-03	081503	암	2008-08-04	
68	063804	2006-08-15	흑모(반)	흑모(반)X흑모(반)	KPN538	2007-11-03	082519	수	2008-08-10	백모
69	063803	2006-12-21	흑모(반)	흑모(반)X흑모(반)	KPN538	2007-11-20	081616	암	2008-08-30	백모
70	011165	2001-03-13	흑비	흑비X비경	KPN431	2007-05-01	082007	수	2008-02-10	중간비
71	98021	1997-12-25	흑비	흑비X비경	KPN431	2007-05-08	082072	수	2008-02-25	
72	001469	2000-08-16	흑비	흑비X비경	KPN431	2007-05-19	081127	암	2008-03-07	
73	75621	1997-03-11	흑비	흑비X비경	KPN431	2007-05-22	082138	수	2008-03-11	
74	996539	1999-08-13	흑비	흑비X비경	KPN431	2007-06-23	081185	암	2008-04-08	
75	061603	2006-09-07	흑비	흑비X비경	KPN431	2007-11-04	081517	암	2008-08-11	
76	061523	2006-08-15	흑비	흑비X비경	KPN431	2007-11-17	082591	수	2008-08-25	
77	061534	2006-08-17	흑비	흑비X비경	KPN431	2007-11-19	082577	수	2008-08-21	
78	061568	2006-08-27	흑비	흑비X비경	KPN431	2007-11-21	081606	암	2008-08-28	
79	011051	2001-02-15	흑비	흑비X육색	KPN716	2007-05-03	081011	암	2008-02-13	
80	98021	1997-12-25	흑비	흑비X육색	KPN449	2008-06-30	092179	수	2009-04-08	
81	061534	2006-08-17	흑비	흑비X육색	KPN641	2008-11-03	091503	암	2009-08-07	
82	061523	2006-08-15	흑비	흑비X육색	KPN783	2008-11-04	091533	암	2009-08-17	
83	061560	2006-08-24	흑비	흑비X육색	KPN622	2008-11-23	092588	수	2009-08-29	백반
84	071537	2007-08-22	흑비	흑비X육색	KPN619	2008-11-29	092641	수	2009-09-07	중간비
85	061603	2006-09-07	흑비	흑비X육색	KPN493	2008-12-06	092674	수	2009-09-22	중간비
86	98021	1997-12-25	흑비	흑비X육색	KPN658	2009-05-21	101115	암	2010-03-03	
87	061560	2006-08-24	흑비	흑비X육색	KPN622	2009-11-12	101582	암	2010-08-22	
88	061603	2006-09-07	흑비	흑비X육색	KPN550	2009-11-14	102576	수	2010-08-26	

순번	어미명호	생일	어미이모	교배형태	교배 씨수소	수정일	송아지 명호	송아지 성별	송아지 생년월일	송아지 외모
89	061534	2006-08-17	흑비	흑비X육색	KPN587	2009-11-16	101551	암	2010-08-19	
90	071537	2007-08-22	흑비	흑비X육색	KPN825	2009-11-19	102584	수	2010-08-28	
91	071537	2007-08-22	흑비	흑비X육색	KPN825	2009-11-19	102584	수	2010-08-28	
92	061523	2006-08-15	흑비	흑비X육색	KPN683	2009-12-15	102663	수	2010-10-20	

## 5. 최소, 흑우 능력검정 자료조사 내역

순번	지역	축종	개체 바코드	개체 명호	성별	생년 월일	생시 제중	3개월령체중			6개월령체중			12개월령체중		
								측정일	체중	보정 체중	측정일	체중	보정 체중	측정일	체중	보정 체중
1	강원도	최소	194408156	263008	수	2006-03-30	25	2006-06-12	65	74	2006-09-14	91	94.3	2007-03-21	217	223
2	강원도	최소	188540435	263004	수	2006-03-13	25	2006-06-01	69	75	2006-09-14	104	102.3	2007-03-21	225	219.9
3	강원도	최소	2037328781	293008	수	2009-10-03	21				2010-04-14	111	104.9	2010-09-17	276	292.9
4	강원도	최소	188540381	263003	수	2006-03-08	25	2006-06-01	81	84	2006-09-14	130	125.3	2007-03-21	270	260.3
5	강원도	최소	2037328685	293006	수	2009-09-14	25				2010-04-14	139	121.8	2010-09-16	283	281.1
6	강원도	최소	2006093187	283003	수	2008-05-09	30	2008-08-11	93	90	2008-09-19	142	201.1	2009-03-19	298	342
7	강원도	최소	2037328636	293009	수	2009-12-09	26	2010-03-09	76	76	2010-06-14	169	162.3	2010-12-13	375	370.5
8	강원도	최소	188540046	263001	수	2006-02-05	23	2006-05-11	105	101	2006-08-28	198	177.5	2007-02-06	355	354
9	강원도	최소	2037327081	293004	수	2009-04-22	30	2009-07-14	84	89				2010-04-14	212	215.7
10	강원도	최소	2037327188	293005	수	2009-05-31	26	2009-09-08	86	80				2010-06-14	256	247.5
11	강원도	최소	2037327024	293001	수	2009-03-19	27	2009-06-15	99	101				2010-04-14	295	278.2
12	강원도	최소	201172377	273004	수	2007-04-29	20							2008-04-03	176	187.5
13	강원도	최소	2037328773	293007	수	2009-09-27	23							2010-09-16	271	278.7
14	강원도	최소	194408484	263010	수	2006-05-05	32	2006-08-08	55	54	2006-10-16	100	110.4			
15	강원도	최소	194408651	263011	수	2006-05-22	26	2006-08-08	69	76	2006-10-16	114	135.5			
16	강원도	최소	2037328732	2103001	수	2010-02-12	24	2010-05-14	71	71	2010-09-17	196	159.3			
17	강원도	최소	2037328757	2103002	수	2010-02-22	26	2010-05-14	73	78	2010-09-17	200	172.8			
18	강원도	최소	194408200	263009	수	2006-04-04	29	2006-07-05	74	73	2006-10-16	122	115.0			
19	강원도	최소	2050132926	2103005	수	2010-03-26	23	2010-06-16	76	81	2010-09-16	144	148.4			
20	강원도	최소	2037329820	2103004	수	2010-02-26	34	2010-05-14	79	87	2010-09-17	204	181.2			
21	강원도	최소	201159996	283001	수	2008-03-18	24	2008-06-26	86	80	2008-09-19	178	172.6			
22	강원도	최소	2006093138	283002	수	2008-05-02	25	2008-07-30	91	92	2008-09-19	156	207.0			
23	강원도	최소	201159941	283000	수	2008-03-11	26	2008-06-11	95	94	2008-09-19	193	181.2			
24	강원도	최소	2037214055	2103006	수	2010-07-13	28	2010-10-15	106	103	2010-12-13	138	152.6			
25	강원도	최소	2037214135	2103007	수	2010-08-17	24	2010-11-16	51	51						
26	강원도	최소	2037214209	2103008	수	2010-08-22	25	2010-11-16	65	67						
27	강원도	최소	201171875	273003	수	2007-05-14	26	2007-08-10	66	67						
28	강원도	최소	201171400	273001	수	2007-03-27	25	2007-06-30	72	70						
29	강원도	최소	2006067756	283006	수	2008-10-23	26	2009-01-13	75	80						

순번	지역	축종	개체 바코드	개체 명호	성별	생년 월일	생시 체중	3개월령체중			6개월령체중			12개월령체중		
								측정일	체중	보정 체중	측정일	체중	보정 체중	측정일	체중	보정 체중
30	강원도	취소	2011714 24	273002	수	2007-03 -30	25	2007-06 -30	80	79						
31	강원도	취소	2006093 275	283005	수	2008-07 -16	24	2008-10 -15	85	84						
32	강원도	취소	2037327 049	293002	수	2009-03 -29	31	2009-06 -15	92	101						
33	강원도	취소	2006093 242	283004	수	2008-06 -22	28	2008-09 -17	95	97						
34	강원도	취소	2057463 908	2103009	수	2010-09 -18	31	2010-12 -17	98	98						
35	강원도	취소	2011710 73	273000	수	2007-02 -09	25	2007-05 -30	102	88						
36	강원도	취소	2037327 129	293003	수	2009-04 -16	15									
37	강원도	취소	2061550 473	11302	수	2011-02 -23	23									
38	강원도	취소	2057477 046	2103009	수	2010-11 -16	23									
39	강원도	취소	2037329 811	2103003	수	2010-02 -25	24									
40	강원도	취소	2061550 465	11301	수	2011-02 -22	26									
41	강원도	취소	1885405 58	263007	암	2006-03 -25	25	2006-06 -12	55	59	2006-09- 14	70	71.1	2007-03- 21	165	167
42	강원도	취소	1944080 71	263006	암	2006-03 -25	16	2006-06 -12	51	56	2006-09- 14	79	81.1	2007-03- 21	195	197.5
43	강원도	취소	1885404 97	263005	암	2006-03 -20	23	2006-06 -01	46	51	2006-09- 14	84	84.7	2007-03- 21	198	197.4
44	강원도	취소	2006067 836	282009	암	2008-11 -19	21	2009-02 -18	75	74	2009-04- 02	85	95.7	2009-08- 25	120	140.8
45	강원도	취소	2006067 705	282007	암	2008-10 -04	26	2009-01 -13	90	83	2009-04- 02	124	124.0	2009-08- 25	135	138
46	강원도	취소	1885402 99	263002	암	2006-02 -26	29	2006-05 -17	81	88	2006-08- 28	125	123.7	2007-02- 06	210	220.5
47	강원도	취소	2006067 625	282006	암	2008-09 -19	30	2008-12 -11	80	84	2009-04- 02	137	129.4	2009-08- 25	205	216.7
48	강원도	취소	2011721 48	282000	암	2008-03 -01	25	2008-05 -30	73	73	2008-09- 17	161	145.0	2009-03- 19	268	257.5
49	강원도	취소	2006093 200	282002	암	2008-05 -09	25	2008-08 -11	63	61				2009-03- 19	172	197.3
50	강원도	취소	2037327 090	292004	암	2009-04 -23	24	2009-07 -14	77	82				2010-04- 14	166	168.9
51	강원도	취소	2006093 259	282004	암	2008-07 -10	24	2008-10 -15	86	82				2009-06- 10	229	247
52	강원도	취소	2011716 39	272000	암	2007-04 -19	25	2007-07 -25	87	83				2008-04- 28	269	262.5
53	강원도	취소	2006093 234	282003	암	2008-06 -12	24	2008-09 -17	88	83				2009-06- 10	222	223
54	강원도	취소	2006093 267	282005	암	2008-07 -12	25	2008-10 -15	94	90				2009-06- 10	236	255.1
55	강원도	취소	2037328 804	2102001	암	2010-02 -23	26	2010-05 -14	55	59	2010-09- 01	114	108.6			
56	강원도	취소	2050132 688	2102005	암	2010-04 -07	21	2010-07 -15	58	55	2010-09- 01	85	103.6			
57	강원도	취소	1944087 81	263012	암	2006-07 -08	25	2006-10 -20	68	62	2007-01- 30	106	96.3			
58	강원도	취소	2050132 653	2102004	암	2010-04 -04	23	2010-07 -15	70	65	2010-09- 01	94	109.0			
59	강원도	취소	2050132 879	2102003	암	2010-03 -18	25	2010-06 -16	75	75	2010-09- 01	121	128.8			
60	강원도	취소	2050132 803	2102008	암	2010-05 -25	22	2010-08 -16	76	81	2010-12- 07	117	111.2			
61	강원도	취소	2037214 022	2102010	암	2010-06 -20	24	2010-09 -14	77	80	2010-12- 07	103	106.1			
62	강원도	취소	2037330 004	2102002	암	2010-03 -12	26	2010-06 -16	77	74	2010-09- 01	132	137.0			
63	강원도	취소	2050132 799	2102007	암	2010-05 -19	25	2010-08 -16	78	79	2010-12- 07	127	117.5			
64	강원도	취소	2050132 782	2102006	암	2010-05 -05	27	2010-08 -16	88	80	2010-12- 07	134	119.3			
65	강원도	취소	2037214 014	2102009	암	2010-06 -14	27	2010-09 -14	96	95	2010-12- 07	140	142.1			
66	강원도	취소	2037213 601	2102012	암	2010-09 -07	18	2010-12 -17	46	43						

순번	지역	축종	개체 바코드	개체 명호	성별	생년 월일	생시 체중	3개월령체중			6개월령체중			12개월령체중		
								측정일	체중	보정 체중	측정일	체중	보정 체중	측정일	체중	보정 체중
67	강원도	취소	2037213 425	2102011	암	2010-08- 23	19	2010-11- 16	59	61						
68	강원도	취소	2037327 016	292001	암	2009-03- 04	25	2009-06- 15	66	61						
69	강원도	취소	2057463 810	2102013	암	2010-09- 07	21	2010-12- 17	68	63						
70	강원도	취소	2037327 032	292002	암	2009-03- 28	26	2009-06- 15	91	100						
71	강원도	취소	2037327 057	292003	암	2009-04- 04	27	2009-07- 14	91	84						
72	강원도	취소	2061550 432	11202	암	2011-02- 17	21									
73	강원도	취소	2057477 054	2102015	암	2010-11- 16	21									
74	강원도	취소		08208	암	2008-10- 25	22									
75	강원도	취소		282008	암	2008-10- 25	22									
76	강원도	취소	2057477 079	11201	암	2011-01- 09	23									
77	강원도	취소	2057477 062	2102016	암	2010-11- 24	23									
78	강원도	취소	2011723 84	272001	암	2007-05- 03	23									
79	강원도	취소	2057477 038	2102014	암	2010-10- 23	24									
80	강원도	취소	2006093 066	282001	암	2008-04- 19	24	2008-07- 18								
81	충북농가	취소	0373972 46	2008-4	수	2008-09- 22	25						2009-09- 01	213	224.5	
82	충북농가	취소	0373973 67	2008-5	수	2008-10- 13	25	2009-03- 18	130	86						
83	충북농가	취소	0373972 54	2008-3	수	2008-09- 19	23	2009-03- 18	150	87						
84	충북농가	취소	0373972 20	2008-1	수	2008-09- 16	28									
85	충북농가	취소	0373972 11	2008-2	암	2008-09- 18	23									
86	충북도	취소	1756548 62	취 계2-1	수	2007-01- 02	23						2007-11- 08	200	231.4	
87	충북도	취소	0575801 96	취 1-6-2	수	2010-06- 13	24			2010-10- 19	98.0	128.1				
88	충북도	취소	1756545 72	취 영주1-1 -1	수	2009-08- 19	26			2009-12- 21	99	132				
89	충북도	취소	0575800 65	취 2010-4	수	2010-05- 28	23			2010-10- 19	126. 5	152.4				
90	충북도	취소	1756548 55	취 1-9	수	2007-03- 29	23			2007-11- 08	130	109				
91	충북도	취소	1756548 86	취 고성1-3	수	2007-03- 24	23			2007-11- 08	130	107.1				
92	충북도	취소	1756546 71	취 양평1-2	수	2007-01- 03	23			2007-07- 03	138	137.4				
93	충북도	취소	0575794 97	취 동량1-3	수	2010-05- 02	25			2010-10- 19	138. 0	144.6				
94	충북도	취소	0373976 76	취 1-8-1	수	2008-11- 01	20			2009-06- 03	147	126.8				
95	충북도	취소	1756542 20	취 용인1-2	수	2007-03- 28	23			2007-11- 03	150	126.9				
96	충북도	취소	1756547 63	취 4-6	수	2006-12- 17	25			2008-07- 25	151	63.7				
97	충북도	취소	1756542 51	취 09-1	수	2009-03- 14	25			2009-06- 03	152	307.2				
98	충북도	취소	1756548 31	취 칠곡 2-06306 -1	수	2007-03- 19	23			2007-11- 08	155	124.5				
99	충북도	취소	002 0575 7492 6	취 영주1-1 -2	수	2010-08- 13	26	2010-12- 01	70	62						
100	충북도	취소	1756544 35	취 09-3	수	2009-05- 01	25	2009-09- 01	92	74						
101	충북도	취소	0536645 62	취 보은1-4	수	2010-01- 02	25	2010-06- 30	93	59						
102	충북도	취소	1756549 85	취 용인1-3	수	2008-08- 17	24	2008-12- 10	95	80						

순번	지역	측종	개체 바코드	개체 명호	성별	생년 월일	생시 제중	3개월령체중			6개월령체중			12개월령체중		
								측정일	체중	보정 체중	측정일	체중	보정 체중	측정일	체중	보정 체중
103	충북도	취소	175654220	취이천1-2	수	2008-08-19	25	2008-12-10	95	81						
104	충북도	취소	175654763	취 4-6	수	2007-12-17	25	2008-04-03	96	84						
105	충북도	취소	175654541	취 9-1	수	2006-06-04	20									
106	충북도	취소	175654510	취 1-6-1	수	2006-06-06	22									
107	충북도	취소	175654619	취가담1-2	수	2006-09-10	23									
108	충북도	취소	175654527	취보은1-2	수	2006-04-05	23									
109	충북도	취소	175654442	취 09-5	수	2009-06-27	24									
110	충북도	취소	175654152	취 11-2	수	2009-05-21	25									
111	충북도	취소	175654602	취영주2-1	수	2006-09-03	28									
112	충북도	취소	175654800	취 11-1	암	2008-02-08	23	2008-04-03	60	84	2008-06-25	92	108.2	2009-09-01	265	182.7
113	충북도	취소	175654725	취고성2-2-1	암	2007-06-13	23							2007-12-13	142	260.3
114	충북도	취소	050540906	취가계1-2	암	2009-09-22	25							2010-08-06	222	251.1
115	충북도	취소	175654459	취 12-1	암	2009-05-21	18	2009-09-01	54	49	2009-12-21	97	83.7			
116	충북도	취소	175654176	취영주2-2	암	2009-07-17	22	2009-09-01	57.5	92	2009-12-21	123	136.6			
117	충북도	취소	00205757515 6	취입살2-3	암	2010-06-26	23				2010-12-01	68	74.3			
118	충북도	취소	00205757516 4	취양평1-4	암	2010-06-27	24				2010-12-01	70	76.7			
119	충북도	취소	057580188	취입살1-3	암	2010-06-15	24				2010-12-01	85	89			
120	충북도	취소	175654992	취칠곡2-2	암	2008-07-18	24				2008-12-10	95	112.1			
121	충북도	취소	175654718	취 6-2-1	암	2007-05-18	20				2007-12-13	105	93.2			
122	충북도	취소	175654466	취 09-4	암	2009-06-26	22				2009-12-21	105	105.9			
123	충북도	취소	057579464	취 2010-3	암	2010-05-12	24				2010-10-19	105.0	115.1			
124	충북도	취소	00205758012 9	취 8-4	암	2010-07-15	25				2010-12-01	120	148			
125	충북도	취소	057579528	취 11-3	암	2010-05-07	23				2010-12-01	130	115.6			
126	충북도	취소	175654190	취 09-6	암	2009-06-28	26				2009-12-21	130	132.4			
127	충북도	취소	053664538	취 2010-1	암	2010-01-04	23				2010-06-30	140.0	142			
128	충북도	취소	053664546	취 2010-2	암	2010-02-05	22				2010-06-30	154.0	185.9			
129	충북도	취소	175654664	취 5-2	암	2006-10-02	16				2007-07-03	160	110.6			
130	충북도	취소	175654824	취고성2-3	암	2007-01-22	18				2007-11-08	160	106.1			
131	충북도	취소	050540922	취 10-2	암	2010-01-01	27				2010-06-30	163.5	163.5			
132	충북도	취소	006066542	취입살3-2	암	2009-01-01	23				2009-06-03	182	210.1			
133	충북도	취소	006066534	취보은1-3	암	2009-01-09	23				2009-06-03	189	229.1			
134	충북도	취소	006066559	취영주1-2	암	2009-01-05	25				2009-06-03	192	226.7			
135	충북도	취소	00205757519 7	취 6-2-3	암	2010-08-26	24	2010-12-01	50	48						
136	충북도	취소		취입살2-2	암	2009-06-08	18	2009-09-01	63	66						
137	충북도	취소	175654275	취 09-2	암	2009-04-17	26	2009-09-01	109	81						



순번	지역	축종	개체 바코드	개체 명호	성별	생년 월일	생시 체중	3개월령체중			6개월령체중			12개월령체중		
								측정일	체중	보정 체중	측정일	체중	보정 체중	측정일	체중	보정 체중
138	충북도	취소	037397797	취 6-2-2	암	2008-12-03	23	2009-06-03	115	69						
139	충북도	취소	037397334	취 8-3	암	2008-09-28	25	2009-03-18	120	75						
140	충북도	취소	175654558	취 06-1	암	2006-06-26	20									
141	충북도	취소		취 160-6	암	2006-06-26	20									
142	충북도	취소	037397668	고성 2-2-2	암	2008-09-01	25									
143	충북도	취소	175654572	취 영주 1-1	암	2006-08-01	25									
144	충북도	취소		취 09-7	암	2009-07-01	26									
145	충북도	흑우	050540939	흑 2-3-1-1	수	2009-06-10	18	2009-09-01	45	47	2010-06-30	240.0	107.3			
146	충북도	흑우	175654183	흑 04-7-1	수	2009-04-30	23	2009-09-01	71	58	2009-12-21	109	90.2			
147	충북도	흑우	175654633	흑 04-11-1-1	수	2009-05-07	25	2009-09-01	79	67	2009-12-21	112	97.7			
148	충북도	흑우	175654763	흑 04-8-1	수	2007-12-22	24	2008-04-03	84	76	2008-07-25	146	126.2			
149	충북도	흑우	037397748	흑 6-8	수	2009-01-25	23				2009-06-03	120	158.3			
150	충북도	흑우	057579501	흑 04-7-2	수	2010-04-29	24				2010-10-19	120.0	123.9			
151	충북도	흑우	175654145	흑 04-9-1	수	2009-02-02	23				2009-09-01	131	115.1			
152	충북도	흑우	057579413	흑 04-11-3	수	2010-02-23	23				2010-10-19	132.0	105.4			
153	충북도	흑우	175654640	흑 2-8	수	2006-11-13	25				2007-07-03	200	160.8			
154	충북도	흑우	00205757560 3	흑 04-11-1-2-②	수	2010-08-04	18	2010-12-01	49	41						
155	충북도	흑우	00205757559 9	흑 6-1-13-4	수	2010-07-24	23	2010-12-01	69	55						
156	충북도	흑우		흑 1-6-1	수	2006-08-17	20									
157	충북도	흑우		흑 1-6-2	수	2006-08-17	21									
158	충북도	흑우		흑 6-1-13-1	수	2006-05-14	23									
159	충북도	흑우	175654909	흑 2-3-2	수	2007-07-23	25									
160	충북도	흑우		흑 6-7	수	2006-08-13	25									
161	충북도	흑우	175654794	흑 3-1-7	암	2008-03-13	24	2008-04-03	40	93				2009-09-01	175	130
162	충북도	흑우	175654237	흑 6-1-13-3	암	2009-02-05	20				2009-06-03	119	171			
163	충북도	흑우	057580073	흑 6-9	암	2010-03-02	23				2010-10-19	128.0	104.8			
164	충북도	흑우	050540891	흑 3-1-8	암	2009-09-10	24				2010-06-30	143.5	97.4			
165	충북도	흑우	175654657	흑 2-2-3	암	2007-01-01	23				2007-07-03	145	143			
166	충북도	흑우	057579593	흑 6-11-1	암	2010-02-09	24				2010-10-19	145.0	110.4			
167	충북도	흑우	175654244	흑 05-1-1	암	2009-01-28	20				2009-09-01	146	125			
168	충북도	흑우	050540883	흑 2-2-5	암	2009-08-10	24	2009-09-01	36	73						
169	충북도	흑우	00017565463 3	흑 04-11-1-2-①	암	2010-08-04	18	2010-12-01	45	38						
170	충북도	흑우	00205757518 9	흑 2-3-1-2	암	2010-08-25	21	2010-12-01	50	48						
171	충북도	흑우	175654268	흑 04-11-2	암	2009-03-08	23	2009-09-01	86	55						

순번	지역	축종	개체 바코드	개체 명호	성별	생년 월일	생시 제중	3개월령체중			6개월령체중			12개월령체중		
								측정일	체중	보정 체중	측정일	체중	보정 체중	측정일	체중	보정 체중
172	충북도	흑우	175654787	흑 2-2-4	암	2007-12-01	24	2008-04-03	100	79						
173	충북도	흑우	175654787	흑 2-2-4	암	2007-12-28	24	2008-04-03	100	95						
174	충북도	흑우	050540914	흑 8-3	암	2008-09-23	23	2009-03-18	120	73						
175	충북도	흑우	037397318	흑 04-8-2	암	2008-09-02	22	2009-03-18	140	76						
176	충북도	흑우	057580090	흑 2-2-4-1	암	2010-03-18	23	2010-06-30	155	137						
177	충북도	흑우		흑 8-4	암	2010-01-02	23	2010-06-30	155	89						
178	충북도	흑우		흑 6-12-1	암	2009-09-26	22									
179	충북도	흑우		흑 04-9-2	암	2009-12-28	23									
180	충북도	흑우	175654589	흑 3-1-6	암	2006-07-14	23									
181	충북도	흑우	175654626	흑 7-2	암	2006-08-26	23									
182	충북도	흑우	050540891	흑 3-1-8	암	2010-01-02	24									
183	충북도	흑우	175654633	흑 04-11-1	암	2006-10-24	25									
184	충북도	흑우	132427437	흑 6-1-4	암	2006-11-26	25									

## 6. 퀘소, 흑우 도체성적조사 내역

순번	개체명호	축종	성별	생년월일	출하 월령	도축일	출하 체중	도체중	등심 단면적	등지방 두께	근내 지방도	육량 지수
1	993003	퀘소	암	1999-07-19	130.6	2010-06-15		223	73	4	1	73
2	263001	퀘소	수	2006-02-05	35	2009-01-06		522	96	13	2	63
3	263003	퀘소	수	2006-03-08	33.9	2009-01-06		506	107	9	1	68
4	263004	퀘소	수	2006-03-13	33.8	2009-01-06		476	103	4	1	71
5	263008	퀘소	수	2006-03-30	33.2	2009-01-06		424	93	7	1	69
6	263009	퀘소	수	2006-04-04	33	2009-01-06		419	92	12	1	66
7	263010	퀘소	수	2006-05-05	32	2009-01-06		450	106	3	1	72
8	263011	퀘소	수	2006-05-22	31.5	2009-01-06		502	115	6	1	70
9	273001	퀘소	수	2007-03-27	34	2010-01-27		461	81	5	1	68
10	273002	퀘소	수	2007-03-30	33.9	2010-01-27		474	82	8	1	66
11	273003	퀘소	수	2007-05-14	32.4	2010-01-27		433	98	3	1	72
12	283003	퀘소	수	2008-05-09	26.1	2010-07-13		380	106	6	2	72
13	충북퀘소 309	퀘소	거세	2008-1-10	20.1	2009-09-14	548	338	83	8	4	69.09
14	충북퀘소351	퀘소	거세	2005-12-7	32.6	2008-08-26	760	455	89	12	6	64.56
15	충북퀘소 354	퀘소	거세	2007-5-23	27.7	2009-09-14	601	371	84	9	5	67.8
16	충북퀘소 416	퀘소	거세	2007-4-10	29.1	2009-09-14	710	438	105	16	7	64.55
17	충북퀘소 419	퀘소	거세	2007-5-1	28.4	2009-09-14	528	326	84	7	6	70.13
18	충북퀘소 463	퀘소	거세	2007-4-1	29.4	2009-09-14	567	350	76	11	5	66.01
19	충북퀘소 466	퀘소	암	2001-10-1	95.2	2009-09-14	549	339	85	10	1	68.07
20	충북퀘소 468	퀘소	거세	2007-1-1	32.4	2009-09-14	714	441	95	19	7	61.3
21	충북퀘소506	퀘소	거세	2005-12-22	32.1	2008-08-26	630	379	80	6	6	68.96
22	충북퀘소 508	퀘소	암	2001-10-1	95.2	2009-09-14	601	371	88	10	4	67.7
23	충북퀘소 512	퀘소	거세	2007-3-29	29.5	2009-09-14	598	369	88	15	9	64.62
24	충북퀘소564	퀘소	거세	2006-1-1	31.7	2008-08-26	720	437	89	12	7	64.99
25	충북퀘소 567	퀘소	거세	2007-4-8	29.2	2009-09-14	682	421	75	16	6	61.06
26	충북퀘소 569	퀘소	거세	2007-6-1	27.4	2009-09-14	608	375	68	9	2	65.62
27	충북퀘소 645	퀘소	거세	2007-6-1	27.4	2009-09-14	774	478	98	12	4	65.18

순번	개체명호	축종	성별	생년월일	출하 월령	도축일	출하 체중	도체중	등심 단면적	등지방 두께	근내 지방도	육량 지수
28	중복꿩소 695	꿩소	거세	2007-1-2	32.3	2009-09-14	648	400	82	10	7	66.22
29	중복꿩소 696	꿩소	거세	2007-3-24	29.7	2009-09-14	601	371	84	12	7	65.93
30	중복꿩소314	꿩소	암	2008-5-20	27.4	2010-09-02	676	420	78	19	4	59.59
31	중복꿩소355	꿩소	거세	2007-11-9	33.7	2010-09-02	716	444	90	8	6	67.45
32	중복꿩소405	꿩소	거세	2007-12-17	32.5	2010-09-02	592	367	78	8	6	67.74
33	중복꿩소452	꿩소	거세	2008-8-1	25	2010-09-02	601	371	91	9	5	68.71
34	중복꿩소453	꿩소	거세	2008-1-10	31.7	2010-09-02	536	331	78	5	3	70.48
35	중복꿩소557	꿩소	거세	2008-6-1	27	2010-09-02	554	372	78	9	2	67
36	꿩4-5	꿩소	거세	2004-7-2	32.3	2007-03-14	580	367	82	15	2	63.89
37	꿩6-1	꿩소	거세	2004-11-7	28.1	2007-03-14	638	416	92	18	4	62.14
38	꿩9450	꿩소	거세	2006-4-5	28.7	2008-08-26	800	471	97	17	8	60.09
39	흑4-10	흑우	거세	2004-9-8	30.3	2007-03-21	563	359	85	9	2	68.22
40	중복흑소 811	흑우	거세	2008-12-1	21	2010-09-02	523	327	76	11	6	66.57
41	중복흑소 826	흑우	거세	2008-2-1	31	2010-09-02	528	328	65	6	4	68.24
42	중복흑소 831	흑우	거세	2007-3-7	30.2	2009-09-14	572	353	65	9	4	65.76
43	중복흑소 835	흑우	거세	2007-2-24	30.6	2009-09-14	637	393	78	7	9	67.74
44	중복흑소 839	흑우	암	2008-12-26	20.2	2010-09-02	442	273	63	5	2	69.92
45	중복흑소 851	흑우	거세	2007-2-28	30.5	2009-09-14	671	414	78	11	5	64.74
46	중복흑소 856	흑우	암	2003-1-1	80.3	2009-09-14	671	414	93	17	8	62.94
47	중복흑소 871	흑우	거세	2007-4-29	28.5	2009-09-14	666	411	85	8	6	67.6
48	중복흑소 873	흑우	암	2003-3-20	77.7	2009-09-14	444	274	64	6	1	69.4
49	중복흑소 879	흑우	거세	2006-11-13	34	2009-09-14	619	382	86	14	5	64.67
50	중복흑소900	흑우	거세	2006-4-5	28.7	2008-08-26	600	356	79	6	5	69.39
51	중복흑소824	흑우	거세	2008-5-17	27.5	2010-09-02	656	408	85	6	1	68.92
52	중복흑소855	흑우	거세	2008-3-1	30	2010-09-02	770	479	92	31	6	52.5
53	중복흑소882	흑우	거세	2007-1-1	43.9	2010-09-02	478	292	69	15	3	64
54	흑04-12	흑우	거세	2004-10-1	29.5	2007-03-21	513	332	79	9	4	68.09
55	흑04-6	흑우	거세	2004-8-5	31.4	2007-03-21	548	336	76	11	3	66.35
56	흑2-2-2	흑우	거세	2004-8-3	31.5	2007-03-21	589	358	78	8	3	67.96
57	흑9526	흑우	거세	2005-8-26	35.9	2008-08-26	650	387	78	15	6	62.89
58	중복흑소 892	흑우	암	2005-10-10	58.6	2010-09-02	734	456	95	16	8	62.82

## 주 의

1. 이 보고서는 농림수산식품부에서 시행한 농림기술개발연구과제의 연구보고서입니다.
2. 이 보고서 내용을 발표할 때에는 반드시 농림수산식품부에서 시행한 농림기술개발연구과제의 연구결과임을 밝혀야 합니다.
3. 국가과학기술 기밀유지에 필요한 내용은 대외적으로 발표 또는 공개하여서는 아니됩니다.