

Zygote arrest 1 유전자 변이(*g.2540T>C*)와 두록 정액의 운동학적 특성과의 연관성 분석

이미진^{1,3}, 고준호^{1,3}, 조규호¹, 최태정¹, 김용민¹, 김영신¹, 진동일², 조은석^{*}, 김남형³
¹농촌진흥청 국립축산과학원 양돈과, ²충남대학교 농업생명과학대학 동물자원과학부,
³충북대학교 농업생명환경대학 축산학과

Association with Kinetic Characteristics of sperm in Duroc Boar and the *Zygote Arrest 1* gene Polymorphism (*g.2540T>C*)

Mi Jin Lee^{1,3}, Jun Ho Ko^{1,3}, Kyu Ho Cho¹, Tae Jeong Choi¹, Yong Min Kim¹,
Young Sin Kim¹, Dong Il Jin², Eun seok Cho^{1*}, Nam Hyung Kim³

¹National Institute of Animal Science, RDA, Cheonan-si, 31000, Republic of Korea

²Department of Animal Science & Biotechnology, Chungnam National University, Korea

³College of Animal Resource Sciences, Chungbuk National University, Korea

요약 정액의 품질은 정자의 운동학적 특성 및 첨체의 온전성 등에 의해서 결정된다. 이전 연구들에서 정액 품질 검사는 현미경을 이용하여 사람이 직접적으로 수행하기 때문에 오차가 컸다. 최근에는 이러한 기법을 보완하고자 분자생물학적 방법을 통한 검사 방법이 새로이 대두되고 있다. *ZARI* 유전자는 척추동물의 초기 배아 발달에 영향을 미치는 유전자로 알려져 있지만 정액과 연관성 연구는 진행되어 있지 않다. 본 연구는 *ZARI* 유전자의 SNP를 탐색하고 정액의 운동학적 특성과의 연관성을 규명하였다. SNP를 탐색 및 연관성 분석을 하고자 두록 수퇘지 105두의 혈액으로부터 추출한 DNA로부터 *ZARI* 유전자의 전체 염기서열 분석을 실시하였고, 105두의 정액의 운동학적 특성을 분석하였다. 그 결과, *ZARI*의 염색체 2540번째 T 서열이 C로 변환되는 것을 확인하였고, *ZARI* SNP의 유전자형을 분석한 결과 major allele은 T 서열이며 minor allele은 C로 확인되었다. *ZARI*의 유전자형과 정액의 운동학적 특성과의 연관성 분석 결과 MOT (Motility) ($p<0.01$)와 VSL (Straight-line Velocity) ($p<0.05$)에서 유의적인 차이가 나타났다. 또한, 운동학적 특성과 *ZARI* SNP를 비교하였을 때, T allele을 가진 유전자형이 C allele에 비해 MOT와 VSL을 감소시키는 것으로 확인하였다. 따라서 C allele을 가진 돼지가 정액의 MOT와 VSL에서 더 좋은 것으로 판단된다. 이러한 결과들은 우수한 정액을 생산하는 돼지를 판별하는 유전자 진단 기법의 기초자료로 활용할 수 있을 것으로 사료된다.

Abstract The sperm quality is determined by the kinetic characteristics and acrosome integrity of the sperm. In the previous studies, analysis of semen quality had large errors because those experiments by using microscope had been conducted by people. In recent years, the molecular biological methods have been newly developed to complement the previous techniques. The *ZARI* gene is known to be a gene that affects early embryonic development in vertebrates, but there is no study of the association with semen. In this study, we analyzed the association between the kinetic characteristics and *ZARI* single nucleotide polymorphism (SNP) genotype. To detect the SNPs, we performed sequencing using genomic DNA from the whole bloods of Duroc pigs. We identified an SNP in the *ZARI* gene *g.2540T>C*. *ZARI* SNP genotyping in 105 pigs revealed that the major and minor alleles were T and C, respectively. After we analyzed the association between the kinetic characteristics of sperm and the *ZARI* SNP genotype, we found a significant association in MOT ($p<0.01$), VSL ($p<0.05$) of the kinetic characteristics in the Duroc boars. It was confirmed that the boars with T allele were lower in MOT and VSL than C allele. Therefore, pigs with C allele are judged to be better at the MOT and VSL of semen. Based on these results, *ZARI* SNP genotyping may be a useful molecular biomarker to improve semen quality by applying molecular breeding technology.

Keywords : Boar, Candidate gene, Kinetic characteristic, Polymorphism, *Zygote arrest 1*

본 논문은 농촌진흥청 연구사업(PJ01185102)의 지원에 의해 이루어진 것임.

*Corresponding Author : Eun Seok Cho(National Institute of Animal Science)

Tel: +82-41-580-3457 email: segi0486@korea.kr

Received June 11, 2018

Revised (1st July 18, 2018, 2nd July 30, 2018)

Accepted September 7, 2018

Published September 30, 2018

1. 서 론

양돈 산업에서 돼지의 인공수정에 따른 경제적 수익성은 정액의 양과 품질 특성의 평가에 따라서 달라진다 [1]. 이러한 인공수정은 자연교배와 달리 수태지 능력을 후대에 손쉽게 전달할 수 있고, 외부 질병으로부터 자연교배보다는 안정적이라는 장점이 있으며 [2] 우수한 수태지 확보와 사육 유지비 절감 등과 같은 효율적인 번식관리를 위해 이용되고 있다. 하지만 인공수정 위주의 교배 발달로 수태지의 사육 두수가 암태지에 비해 현저히 감소되었으며 이로 인하여 암태지보다 수태지의 관한 연구가 더 미비한 실정이다. 이것은 수태지 두수를 충분히 확보하는데 어려움이 있기 때문인 것으로 사료된다. 최근 세계적으로 돼지의 정액 품질을 향상시키려는 연구들이 많이 진행되고 있다. 이전의 돼지 정액에 관한 연구들은 전통적인 방법으로 진행되었으며 전통적인 방법에는 정자의 육안적인 평가 방법 [3]과 Hypo-osmotic swelling test (HOST) [4], 침체 온전성 검사 [5] 등이 있다. 최근에는 분자유전학적 기술의 발전에 따라 돼지의 정액을 분석하는 연구뿐만 아니라 품질이 우수한 정액을 가진 개체를 선발하려는 연구들도 진행되고 있다. 동물 육종개량에 있어 세계적인 추세는 가축개량 체계의 문제 및 한계점을 극복하고 개량 성과를 조기에 달성하기 위하여 전통적인 방법과 분자유전학적 기법을 접목하여 동물자원의 육종개량 효율을 극대화하는 것이다 [6]. 이러한 추세에 따라 세계적으로 수태지의 번식 형질과 연관된 DNA marker 개발에 관한 연구결과가 몇몇 연구자들에 의해 보고되고 있다 [8-11]. 본 연구에서는 정자의 운동학적 특성과 연관이 있다고 추측되는 유전자의 변이를 발굴하고 운동학적 특성 형질과의 연관성을 분석하고자 하였다. 그리고 유전자 변이의 유전자형을 확인함으로써 정액의 품질을 결정할 수 있는 조기 진단 기술을 확립하고자 하였다. 기존의 방법은 돼지가 성장이 다 이루어지고 나서 판단하는 기술이다. 그러나 위에서 설명한 유전자 변이 조기 진단 기술은 성장이 이루어지지 않은 상태에서 좋은 정액을 생산할 수 있는 개체를 판단할 수 있다. 본 연구에서 선택한 *ZARI* (*Zygote arrest 1*) 유전자는 Maternal effect genes 중 하나로 알려져 있으며 초기 배아 발달에 중요한 영향을 미치는 것으로 알려져 있다 [12]. *ZARI*는 돼지의 8번 염색체 상에 위치하고 있으며 [13], 돼지 [13], 쥐 [14], 소 [15] 닭 [16] 등과 같은 척추동물

물의 배아 발달 단계에서 중요한 영향을 미친다는 연구가 보고된 바 있다. 또한 *ZARI*는 시상하부, 뇌하수체, 난소, 정소, 난포세포에서 발현이 되었다는 연구가 보고되었다 [12]. 따라서 시상하부에서 분비되는 성선자극호르몬(Gonadotropin releasing hormone, GnRH)과 뇌하수체에서 분비되는 난포자극호르몬(Follicle stimulating hormone, FSH), 황체형성호르몬(Luteinizing hormone, LH) 그리고 정소에서 분비되는 테스토스테론의 작용에 의해 정자가 형성되기 때문에 [17] *ZARI* 유전자에 의해 정액의 형성 및 운동학적 특성에 영향을 미칠 것이라고 추측된다. 지금까지 돼지에서 *ZARI*와 정액의 운동학적 특성과의 연구는 보고된 바가 없기 때문에 본 연구에서는 *ZARI* 유전자의 SNP를 발견하고 돼지 정액의 운동학적 특성과의 연관성을 규명하였다.

2. 재료 및 방법

2.1 공시동물

한국 농촌진흥청 국립축산과학원에서 균등한 먹이 및 취급 조건들에서 사육된 두록(Duroc, n=105)의 정액을 수압법을 이용하여 채취하였다. 채취된 정액은 여과지를 이용하여 불순물을 제거한 후 38℃ Beltsville thawing solution (BTS)와 1:1 비율로 희석을 실시하였다.

2.2 액상정액 제조 및 운동학적 특성 분석

희석된 정액은 BTS를 이용하여 정자 농도가 30×10^6 cells/ml 되도록 희석을 통해 액상정액을 제조하였다. 제조된 액상정액은 38℃ Water bath를 이용하여 20분 동안 가온하였다. 가온된 정액에서 5 μ l 표본을 makler chamber (Sefi-Medical Instruments, Israel)와 자동 정자 분석 프로그램(Computer aided sperm analysis, CASA)을 사용하여 샘플 당 최소 100마리의 정자를 평가하기 위하여 38℃에서 약 5번 이상 분석하였다. 각각의 정자는 운동학적 특성인 정자의 운동성(Motility, MOT), 직선운동 속도(Straight-line Velocity, VSL), 곡선운동 속도(Curvilinear Velocity, VCL), 평균운동 속도(Average Path Velocity, VAP), 직진성(Linearity, LIN), 선형성(Straightness, STR), 측두 이동거리(Amplitude of lateral head displacement, ALH), 머리 진동수(Beat cross Frequency, BCF)를 측정하였다.

Table 1. List of primers used for *ZAR1* gene sequencing

Region	Primer	Tm (°C)	Size (bp)
5'UTR	F 5'-AACAGCCAACGTTTTTCTGG-3'	58.1	545
	R 3'-AGCAGGATTCAGCAAGAGA-5'		
Exon1	F 5'-GCCGACTACCTCCACAGCTA-3'	54	370
	R 3'-CTTCTGGAGGGTGTTCGAG-5'		
Exon2	F 5'-CCAAGCTTCTGAGGTGAAGG-3'	60.3	383
Exon3	R 3'-TGGTCAGAAGGTTTGGGGTA-5'		
Exon4	F 5'-TGGTCAGAAGGTTTGGGGTA-3'	59	635
3'UTR	R 3'-AGAAGAGAGTCTGGAGGGGC-5'		

Abbreviations : Tm; Temperature, F; Forward, R; Revers

2.3 Genomic DNA 분리

Genomic DNA는 두록 105두의 혈액에서 Wizard Genomic DNA Purification Kit (Promega, Madison, WI, USA)의 cell lysis solution, nucleotide lysis solution, protein precipitation solution, isopropanol, DNA rehydration solution을 사용하여 제조사의 제조 방법으로 분리하였다.

2.4 PCR 및 유전자형 분석

Polymerase chain reaction (PCR) 혼합액은 distilled water 13.3µl, 10X buffer 2µl, 5pmol primer 2µl, 2.5mmol dNTP 1.5µl, 1.25 U DNA polymerase (Genet Bio, Chungnam, Korea) 0.2µl, 100µg DNA를 사용하여 총 20µl로 제조하였다. PCR 조건은 95°C 5분 이후 95°C 30초, 제작된 primer (Table 1)의 각각의 온도 30초, 72°C에서 30초를 반복하여 총 40번 실시하였고 이후 72°C 5분, 마지막으로 4°C에 보관하였다. 염기서열 분석을 위하여 Big Dye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit V3.0 (Life Technologies Corp., Carlsbad, CA, USA)와 ABI PRISM® 3730 Genetic Analyzer (Life Technologies Corp.)를 이용하여 염기서열 분석을 하였고, SeqMan program (DNASTAR Inc., Madison, WI, USA)을 이용하여 Single Nucleotide Polymorphism (SNP)을 비교하고 유전자형을 결정하였다.

2.5 통계분석

본 연구에서의 통계분석은 SAS 9.4 Package/PC를 이용하여 수행하였다. GLM 분석 결과 제공되는 TYPE III 제곱합을 이용하여 분산 분석을 하였다. 유의수준은 5%로 검정을 하였다.

3. 결과 및 고찰

3.1 SNP 탐색 및 유전자형 분석

두록의 전혈에서 genomic DNA를 추출하여 시퀀싱 분석을 수행한 결과, *ZAR1* 유전자의 5'UTR, Exon 1, Exon 2, Exon 3, Exon 4, 3'UTR 내 SNP을 탐색하였다. 그 결과 exon 3번 영역에서 *g.2540T>C* SNP을 1개 검출하였다. 이 SNP은 두록 돼지에서 발굴된 SNP로서 coding 영역에 포함되어 있었다. 두록 수돼지 105두 대상으로 *ZAR1* 유전자의 유전자형 분석 결과, 유전자형 빈도와 대립유전자 빈도는 Table 2에 제시하였다. *ZAR1*의 유전자형의 *g.2540T>C* SNP에 대한 유전자형 빈도는 TT형 14%(15두), TC형 32%(34두) 및 CC형 54%(56두)로 CC형이 가장 높게 나타났고, TT형이 가장 낮게 나타났다. 대립유전자의 빈도는 T 대립유전자가 3%, C 유전자가 7%로 C 대립유전자가 T 대립유전자보다 높게 나타났다.

Table 2. Genotype and allele frequencies of polymorphisms in Duroc

SNP marker	Frequency			
	SNP genotype (n, %)			SNP allele (%)
<i>g.2540 T>C</i>	TT	TC	CC	T(30) C(70)
	(15, 14)	(34, 32)	(56, 54)	

3.2 SNP 탐색 및 유전자형 분석

두록 수돼지 105 두를 대상으로 수행한 *ZAR1* 유전자의 SNP들에 대한 유전자형 확인 결과와 두록의 정액 운동학적 특성 측정치와의 연관성 통계 분석을 통해 유전자형이 정액의 운동학적 특성에 미치는 효과를 추정하였

Table 3. Association between porcine *ZAR1* gene of *g.2540 T>C* and liquid semen traits

Traits	TT (n=56)	TC (n=34)	CC (n=15)	p-value
MOT (%)	76.85 ±8.99	78.86 ±7.56	87.26 ±3.85	0.0001**
VCL (um/s)	58.85 ±16.48	59.99 ±17.42	69.79 ±16.24	0.0816
VSL (um/s)	24.74 ±4.71	27.03 ±7.44	29.43 ±6.14	0.0172*
VAP (um/s)	40.79 ±10.03	43.11 ±11.62	48.22 ±11.79	0.0637
LIN (VSL/VCL)	47.81 ±8.75	50.14 ±10.75	46.76 ±8.70	0.4109
STR (VSL/VAP)	62.22 ±8.83	63.51 ±8.96	62.10 ±8.31	0.775
BCF (Hz)	5.23 ±1.54	5.06 ±1.50	5.89 ±1.43	0.2154
ALH (um)	2.44 ±0.82	2.44 ±0.87	2.92 ±0.77	0.1246

Abbreviations : MOT; Motility, VCL; Curvilinear velocity, VSL; Straight-line velocity, VAP, Average path velocity, LIN; Linearity, STR; Straightness, BCF; Beat cross frequency, ALH; Amplitude of lateral head displacement

**p<0.01, *p<0.05

다. 액상정액의 운동학적 특성과 *ZAR1* 유전자의 SNP를 분석한 결과 Table 3에 나타내었다. 그 결과 *g.2540 T>C* SNP은 MOT (p<0.01) 및 VSL (p<0.05)에서 유의적 연관성이 확인되었다. 즉 CC 유전자형을 가진 개체들이 TT 유전자형을 가진 개체들에 비해 정액의 MOT가 약 10.41% 정도 유의적으로 높고, VSL이 약 4.69 정도 유의적으로 높게 나타났다. 돼지에서 *ZAR1*의 SNP과 운동학적 특성을 분석한 연구는 전혀 보고되지 않았기 때문에 본 논문의 유전자형 빈도와 비교할 수는 없었지만 CC 유전자형을 가진 개체들이 TT 유전자형을 가진 개체들 보다 정액의 운동학적 특성 관련 유전 능력이 우수한 것으로 분석되었다.

최근 척추동물들의 정액 운동학적 특성과의 연관된 후보 유전자의 SNP 발굴에 대한 연구가 활발히 진행되고 있다. Wiedmann 등(2018)은 돼지에서 *Dynein, axonemal, light chain 4 (DNAL4)* 유전자의 *g.1007A>G* SNP이 운동성과 유의적으로 연관되어 있음을 보고하였으며[11] Menegassi 등(2018)은 Hereford 및 Braford 수소의 번식 형질과 연관된 후보 유전자를 탐색 및 연관성을 분석하였다[18]. Bakhtiar 등(2017)은 양에서 *leptin*

*gene (Bcni and Cail)*의 SNP 2개(170G>A 및 332G>A)를 탐색하였고 두 SNP과 정액의 운동학적 특성 및 고환의 치수가 연관되어 있음을 보고하였다[19]. 염소의 경우에는 follicle stimulating hormone beta (FSHβ) 및 luteinizing hormone beta (LHβ) 유전자의 SNP과 정액 품질과의 연관성을 입증한 연구가 보고되었으며[20] 말에서는 *Phospholipase C zeta (PLCζ)* 유전자의 SNP과 progressive motility (PMOT)가 정의 상관관계가 보고되는[21] 등 후보 유전자들의 특정 SNP과 척추동물들의 부계의 번식 형질 간의 연관성 분석에 관한 연구가 활발히 진행되어 왔다. 현재까지 세계적으로 *ZAR1* 유전자의 SNP와 두록 돼지를 포함한 다른 품종의 정액 품질 간의 연관성 분석에 대한 연구는 전무한 실정이며, 주로 인간의 난임 관련한 유전적 분석 연구에 많이 이용되어 왔다[22]. *ZAR1*은 초기 배아 발달에 중요한 역할을 하며[23] 모계 효과 유전자라고 알려져 있다[9]. *ZAR1* Knock-out (KO) 쥐에서 첫 번째 난할 과정의 성장을 억제시켰다는 보고가 있었으며[24], *silico sequences* 분석으로부터 *ZAR1*이 인간, 쥐, 랫트, 개구리, 제브라피쉬 및 복어 등 척추동물 6종에서 발견되었다[25]. 또한 *ZAR1*은 쥐의 난모세포와 인간의 난소 및 정소에서 제한적으로 발현이 되었고 개구리에서는 난소, 폐 및 근육을 포함하여 더 큰 발현 양상을 보였지만 정소에서는 나타나지 않았다고 보고되었다[25]. 소에서 *ZAR1* cDNA를 복제하여 난모세포 및 정소에서 전사물을 검출하였고 초기 배아 발달 과정에서 mRNA의 감소를 보였으나[26], *ZAR1*과의 유사성을 나타내는 126bp fragment의 발현은 난소, 정소, 심장 및 근육뿐만 아니라 착상 전 배아 발달에서도 확인했다고 보고되었다.[15]. 또한 돼지와 소의 *ZAR1* 유전자는 인간과 매우 유사하며 돼지와 소에서 *ZAR1* mRNA가 정소에서 발현이 되었다고 보고된 바 있다[13]. 이처럼 *ZAR1*은 초기 배아 발달과정에 있어서 감수 분해 조절 인자 중 하나로 간주될 수 있다는 증거들이 나오고 있으나 그 외의 기능에서는 보고된 바가 전혀 없다. 또한 부계에서 *ZAR1*의 정확한 메커니즘은 밝혀지지 않았다. 이는 세계적으로 인공수정 중심의 교배로 모든 보유 두수가 많고 수돼지 보유 두수가 적기 때문에 모든 중심의 연구가 진행된 것으로 사료된다. 따라서 이전 연구들에서 *ZAR1* mRNA가 돼지의 시상하부, 뇌하수체, 정소에서 발현이 되었기 때문에[13] 돼지의 정자 형성 및 운동학적 특성에 영향을 미칠 것으로 판단된다.

4. 결론

본 연구에서는 *ZARI* 유전자의 exon 3번 영역 내 존재하는 *g.2540T>C* SNP와 두록 돼지의 정액 운동학적 특성과의 유의적 연관성이 입증되었다. 특히 MOT ($p<0.01$)와 VSL ($p<0.05$)에서 유의적 연관성을 지닌 것으로 나타났으며, CC 유전자형을 가진 개체들이 TT 유전자형을 가진 개체들에 비해 MOT에서 상대적으로 매우 높게 나타난 것으로 분석되었으며 VSL에서도 CC 유전자형을 가진 개체들이 TT 유전자형을 가진 개체들에 비해 비교적 높은 값을 나타내는 것으로 분석되어 CC 유전자형을 가진 개체가 TT 유전자형을 가진 개체보다 유전 능력이 더 우수한 것으로 판단된다. 따라서 본 연구를 통해 발굴된 *ZARI* 유전자의 *g.2540T>C* SNP는 두록 돼지의 정액 운동학적 특성이 우수한 돼지 개체 조기 선발을 위한 새로운 분자 지표로 활용될 가능성이 있음을 확인하였다. 하지만 국내의 돼지는 자연교배보다 인공수정을 이용한 교배를 보편화되어 사용하기 때문에 수태지의 두수가 많지 않다. 따라서 본 연구에서 사용된 공시동물의 두수 또한 작고 품종이 한정되기 때문에 큰 돼지 집단에서 충분한 검증이 더 이루어져야 한다. 본 연구는 돼지를 비롯한 다양한 가축의 분자유종 모델에 응용 가능하도록 유전적 요인을 규명하는데 이용될 것이며 향후 돼지의 정액 운동학적 특성 관련 분자 지표로서 활용 가치가 매우 높을 것으로 사료된다.

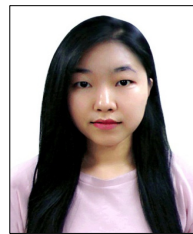
References

- [1] D. B. D. Marques, M. S. Lopes, M. L. W. J. Broekhuijse, S. E. F. Guimaraes, E. F. Knol, J. W. M. Bastiaansen, F. F. Silva, P. S. Lopes, "Genetic parameters for semen quality and quantity traits in five pig lines", *Journal of Animal Science*, Vol.95, No.10, pp.4251-4259, October, 2017.
DOI: <https://dx.doi.org/10.2527/jas2017.1683>
- [2] D. Maes, H. Nauwynck, T. Rijsselaere, B. Mateusen, P. Vyt, A. de Kruif, A. Van Soom, "Diseases in swine transmitted by artificial insemination: an overview", *Theriogenology*, Vol.70, No.8, pp.1337-1345, November, 2008.
DOI: <https://dx.doi.org/10.1016/j.theriogenology.2008.06.018>
- [3] W. Eggert-kruse, H. Schwarz, G. Rohr, T. Demirakca, W. Tilgen, B. Runnebaum, "Sperm morphology assessment using strict criteria and male fertility under in vivo conditions of conception", *Human reproduction*, Vol.11, No.1, pp.139-146, January, 1996.
DOI: <https://dx.doi.org/10.1093/oxfordjournals.humrep.a019007>
- [4] B. Pérez-Llano, J. L. Lorenzo, P. Yenes, A. Trejo, P. García-Casado, "A short hypoosmotic swelling test for the prediction of boar sperm fertility", *Theriogenology*, Vol.56, No.3, pp.387-398, August, 2001.
DOI: [https://dx.doi.org/10.1016/S0093-691X\(01\)00571-4](https://dx.doi.org/10.1016/S0093-691X(01)00571-4)
- [5] G. M. Centola, J. H. Mattox, S. Burde, J. F. Leary, "Assessment of the viability and acrosome status of fresh and frozen thawed human spermatozoa using single wavelength fluorescence microscopy", *Molecular Reproduction and Development*, Vol.27, No.2, pp.130-135, October, 1990.
DOI: <https://dx.doi.org/10.1002/mrd.1080270207>
- [6] J. S. Kim, J. H. Bang, S. C. Shin, E. R. Chung, "Association Between the Single Nucleotide Polymorphism of Glycerol-3-phosphate Dehydrogenase 1 Gene and Meat Yield and Quality Traits in Hanwoo (Korean Cattle)", *Annals of Animal Resource Sciences*, Vol.27, No.3, pp.133-142, December, 2016.
DOI: <http://dx.doi.org/10.12718/AARS.2016.27.3.133>
- [7] S. C. Shin, J. P. Heo, E. R. Chung, "Genetic variants of the FABP4 gene are associated with marbling scores and meat quality grades in Hanwoo (Korean cattle)", *Molecular Biology Reports*, Vol.39, No.5, pp.5323-5330, May, 2012.
DOI: <https://dx.doi.org/10.1007/s11033-011-1331-z>
- [8] D. B. Diniz, M. S. Lopes, M. L. W. J. Broekhuijse, P. S. Lopes, B. Harlizius, S. E. F. Guimaraes, N. Duijvesteijn, E. F. Knol, F. F. Silva, "A genome-wide association study reveals a novel candidate gene for sperm motility in pigs", *Animal Reproduction Science*, Vol.151, No.3-4, pp.201-207, December, 2014.
DOI: <https://dx.doi.org/10.1016/j.anireprosci.2014.10.014>
- [9] E. S. Cho, K. H. Kim, J. S. Woo, M. J. Lee, J. H. Ko, Y. J. Kim, S. J. Sa, "Association with post-thawed semen motility and kinematic characteristics of g.35756T>C on estrogen receptor 1 (ESR1) gene in Duroc pigs", *Journal of Embryo Transfer*, Vol.30, No.3, pp.143-147, 2015.
DOI: <http://dx.doi.org/10.12750/JET.2015.30.3.143>
- [10] Y. Cui, Y. Zhang, Z. Wei, J. Gao, T. Yu, R. Chen, X. Lv, C. Pan, "Pig KDM5B: mRNA expression profiles of different tissues and testicular cells and association analyses with testicular morphology traits", *Gene*, Vol.650, No.15, pp.27-33, April, 2018.
DOI: <https://dx.doi.org/10.1016/j.gene.2018.01.092>
- [11] I. Wiedemann, A. Maehlmeyer, S. Jansen, A. R. Sharifi, C. Knorr, "SNP g.1007A>C within the porcine DNAL4 gene affects sperm motility traits and percentage of midpiece abnormalities", *Reproduction in Domestic Animals*, Vol.53, No.2, pp.401-413, April, 2018.
DOI: <https://dx.doi.org/10.1111/rda.13120>
- [12] J. Dean, "Oocyte-specific genes regulate follicle formation, fertility and early mouse development", *Journal of Reproductive Immunology*, Vol.53, No.1-2, pp.171-180, January, 2002.
DOI: [https://dx.doi.org/10.1016/S0165-0378\(01\)00100-0](https://dx.doi.org/10.1016/S0165-0378(01)00100-0)
- [13] S. Uzbekova, M. R. Sabau, R. D. Tran, C. Perreau, P. Papillier, F. Mompert, A. Thelie, S. Pennetier, J. Cognie, V. Cadoret, D. Royere, P. Monget, P. Mermillod, "Zygote arrest 1 gene in pig, cattle and human: evidence of different transcript variants in male and female germ cells", *Reproductive Biology and Endocrinology*, Vol.4,

- No.1, Article ID 12, March, 2006.
DOI: <https://dx.doi.org/10.1186/1477-7827-4-12>
- [14] R. M. Schultz, "Regulation of zygotic gene activation in the mouse", *BioEssays*, Vol.15, No.8, pp.531-538, August, 1993.
DOI: <https://dx.doi.org/10.1002/bies.950150806>
- [15] T. A. Brevini, F. Cillo, S. Colleoni, G. Lazzari, C. Galli, F. Gandolfi, "Expression pattern of the maternal factor *zygote arrest 1 (Zar1)* in bovine tissues, oocytes, and embryos", *Molecular Reproduction and Development*, Vol.69, No.4, pp.375-380, December, 2004.
DOI: <https://dx.doi.org/10.1002/mrd.20140>
- [16] G. Michailidis, A. Argiriou, M. Avdi, "Expression of chicken *zygote arrest 1 (Zar1)* and *Zar1*-like genes during sexual maturation and embryogenesis", *Veterinary Research Communications*, Vol.34, No.2, pp.173-184, February, 2010.
DOI: <https://dx.doi.org/10.1007/s11259-010-9343-z>
- [17] R. I. McLachlan, N. G. Wreford, L. O'Donnell, D. M. de Kretser, D. M. Robertson, "The endocrine regulation of spermatogenesis: independent roles for testosterone and FSH", *Journal of Endocrinology*, Vol.148, pp.1-9, January, 1996.
DOI: <https://dx.doi.org/10.1677/joe.0.1480001>
- [18] S. R. O. Menegassi, G. R. Pereiea, P. R. L. Aguiar, K. S. S. Pereira, C. K. Junior, J. B. Neto, V. Peripolli, C. G. B. Berlitz, J. O. J. Barcellos, "Candidate genes related to reproductive traits of Hereford and Braford bulls", *Semina: Ciências Agrárias*, Vol.39, No.3, pp.1335-1350, Jun, 2018.
DOI: <https://dx.doi.org/10.5433/1679-0359.2018v39n3p1335>
- [19] R. Bakhtiar, A. Abdolmohammadi, H. Hajarian, Z. Nikousefat, D. K. Neyestanaki, "Identification of g.170G>A and g.332G>A mutations in exon 3 of leptin gene (*Bcln* and *Cail*) and their association with semen quality and testicular dimensions in Sanjabi rams" *Animal Reproduction Science*, Vol.179, pp.49-56, April, 2017.
DOI: <https://dx.doi.org/10.1016/j.anireprosci.2017.01.016>
- [20] S. Nikbin, J. M. Panandam, H. Yaakub, M. Murugaiyah, "Association of novel SNPs in gonadotropin genes with sperm quality traits of Boer goats and Boer crosses", *Journal of Applied Animal Research*, Vol.46, No.1, pp.459-466, 2018.
DOI: <https://dx.doi.org/10.1080/09712119.2017.1336441>
- [21] V. L. C. Bueno, H. B. A. Bastos, L. A. M. Centeno, N. A. Kretzmann, M. Bertolini, R. C. Mattos, S. F. Rechsteiner, "The Role of PLC ζ and WPB2NL Gene Expression in Semen Quality and Fertility of Stallions" *Journal of Equine Veterinary Science*, Vol.66, pp.33-34, July, 2018.
DOI: <https://dx.doi.org/10.1016/j.jevs.2018.05.013>
- [22] B. Meczekalski, "Oocyte-specific genes: Role in fertility and infertility", *Journal of Endocrinological Investigation*, Vol.32, No.5, pp.474-481, May, 2009.
DOI: <https://dx.doi.org/10.1007/BF03346489>
- [23] T. Hamatani, M. G. Carter, A. A. Sharov, M. S. H. Ko, "Dynamics of Global Gene Expression Changes during Mouse Preimplantation Development", *Developmental Cell*, Vol.6, No.1, pp.117-131, January, 2004.
DOI: [https://dx.doi.org/10.1016/S1534-5807\(03\)00373-3](https://dx.doi.org/10.1016/S1534-5807(03)00373-3)
- [24] X. Wu, M. M. Viveiros, J. J. Eppig, Y. Bai, S. L. Fitzpatrick, M. M. Matzuk, "Zygote arrest 1 (*Zar1*) is a novel maternal-effect gene critical for the oocyte-to-embryo transition", *Nature Genetics*, Vol.33, pp.187-191, January, 2003.
DOI: <https://dx.doi.org/10.1038/ng1079>
- [25] X. Wu, P. Wang, C. A. Brown, C. A. Zilinski, M. M. Matzuk, "Zygote Arrest 1 (*Zar1*) Is an Evolutionarily Conserved Gene Expressed in Vertebrate Ovaries", *Biology of Reproduction*, Vol.69, No.3, pp.861-867, September, 2003.
DOI: <https://dx.doi.org/10.1095/biolreprod.103.016022>
- [26] S. Pannetier, S. Uzbekova, C. Perreau, P. Papillier, "Spatio-Temporal Expression of the Germ Cell Marker Genes *MATER*, *ZAR1*, *GDF9*, *BMP15*, and *VASA* in Adult Bovine Tissues, Oocytes, and Preimplantation Embryos", *Biology of Reproduction*, Vol.71, No.4, pp.1359-1366, October, 2004.
DOI: <https://dx.doi.org/10.1095/biolreprod.104.030288>

이 미 진(Mi-Jin Lee)

[정회원]



- 2013년 2월 : 공주대학교 동물자원학과 (농학학사)
- 2016년 9월 : 충북대학교 축산학과 (농학석사)
- 2017년 3월 ~ 현재 : 충북대학교 축산학과 박사과정

<관심분야>

가축육종, 가축번식, 유전체학

고 준 호(Jun-Ho Ko)

[준회원]



- 2015년 2월 : 공주대학교 동물자원학과 (농학학사)
- 2018년 2월 : 충북대학교 축산학과 (농학석사)

<관심분야>

가축육종, 가축번식, 유전체학

조 규 호(Kyu-Ho Cho)

[정회원]



- 2000년 2월 : 한경대학교 농과대학 축산학과 (농학석사)
- 2007년 2월 : 한경대학교 농과대학 축산학과 (농학박사)
- 1996년 8월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구관

<관심분야>
가축육종, 통계육종

김 영 신(Young-Sin Kim)

[정회원]



- 2009년 2월 : 전남대학교 동물공학과 (농학석사)
- 2012년 8월 : 전남대학교 동물공학과 (농학박사)
- 2015년 8월 ~ 2018년 1월 : 농협 중돈개량사업소 연구원
- 2018년 2월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구사

<관심분야>
가축육종, 유전체학

최 태 정(Tae-Jeong Choi)

[정회원]



- 2006년 2월 : 전북대학교 동물자원학과 (농학석사)
- 2009년 2월 : 전북대학교 동물자원학과 (농학박사)
- 2010년 10월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구사

<관심분야>
가축육종, 유전체학

진 동 일(Dong-II Jin)

[정회원]



- 1985년 8월 : 서울대학교 축산학과 (농학석사)
- 1992년 8월 : (미)노스캐롤라이나 주립대학교 동물분자생물학전공 (이학박사)
- 2003년 3월 ~ 현재 : 충남대학교 동물자원과학부 교수

<관심분야>
동물분자생물학

김 용 민(Yong-Min Kim)

[정회원]



- 2002년 2월 : 전남대학교 농과대학 동물자원학부 (농학학사)
- 2016년 2월 : 전남대학교 동물공학과 (가축육종석사)
- 2013년 10월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구사

<관심분야>
가축육종, 유전체학

조 은 석(Eun-Seok Cho)

[정회원]



- 2007년 3월 : 경남과학기술대학교 동물소재공학과 (농학석사)
- 2011년 8월 : 경상대학교 응용생명공학 (이학박사)
- 2012년 1월 ~ 2015년 6월 : 농촌진흥청 국립축산과학원 박사후 연구원
- 2015년 7월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구사

<관심분야>
가축육종, 유전체학

김 남 형(Nam-Hyung Kim)

[정회원]



- 1987년 2월 : 건국대학교 일반대학원 가축번식학 (농학석사)
- 1993년 5월 : 미국 Oregon 주립대학교 가축번식학 (농학박사)
- 2008년 9월 ~ 현재 : 충북대학교 농과대학 축산학과 교수

<관심분야>

가축번식, 생물공학