

단일염기다형성 마커를 이용한 백우 품종 식별 방법

김승창, 김관우, 노희종, 김동교, 김성우, 김찬란, 이상훈, 고응규, 조창연*
농촌진흥청 국립축산과학원 가축유전자원센터

Identification of White Hanwoo Breed Using Single Nucleotide Polymorphism Markers

Seungchang Kim, Kwanwoo Kim, Heejong Roh, Dongkyo Kim, Sungwoo Kim,
Chalan Kim, Sanghoon Lee, Yeounggyu Ko, Changyeon Cho*
Animal Genetic Resources Research Center, National Institute of Animal Science, RDA

요약 본 연구는 백우 품종 육성을 위해 분자생물학적 방법을 이용하여 유전적 특성을 파악하고 백우 품종을 식별하기 위한 백우 품종 특이적인 Single Nucleotide Polymorphism (SNP) 마커를 개발하기 위해 수행되었다. 한우 48두와 백우 22두의 혈액에서 추출된 DNA를 이용하여 Illumina Bovine HD 777K SNP chip으로 SNP genotyping을 실시하였다. 각 SNP의 Minor Allele Frequency (MAF) difference (한우와 백우의 차이 절대값)을 계산하고, Fisher's Exact test (Genotype)을 통해 MAF difference의 통계적 유의성(P-value)을 계산하였다. 품종 별 차이를 나타낼 수 있는 마커를 선발기준으로 MAF difference가 100%의 차이를 나타내는 SNP를 식별하였다. 이러한 유전적 차이를 보이는 9개의 단일염기다형성 마커(rs42125585, rs42125591, rs42125833, rs109461720, rs134735704, rs109447299, rs42164846, rs42160000 및 rs137353829)가 선발되었다. 선발된 마커들은 한우와 백우 특이적인 대립유전자를 가지고 서로 다른 대립유전자를 나타내고 있다. 이들 9개의 SNP 마커들을 이용하여 한우와 백우의 품종을 식별할 수 있음을 확인하였고, 이러한 결과들을 바탕으로 백우 품종 식별 마커 특허를 등록하였다. 백우는 원종인 한우에서 분리되어 한국 재래종의 특성을 잘 나타내 주는 계통으로, 이러한 백우가 가지고 있는 유전적 특성 연구는 백우를 식별하고 품종으로서 육종하는데 사용되어 종축으로서의 가치 증진을 위한 기반 연구가 될 것으로 생각된다.

Abstract This study was conducted to develop specific Single Nucleotide Polymorphism (SNP) markers to identify the genetic characteristics and breed of White Hanwoo (WH) using a molecular biological method. SNP genotyping was performed with an Illumina Bovine HD 777K SNP chip using DNA extracted from 48 Hanwoo and 22 WH. The minor allele frequency (MAF) difference of each SNP was calculated and the statistical significance (P-value) of the MAF difference was calculated through Fisher's Exact test (Genotype). SNPs with 100% difference in the MAF difference were selected based on marker selection criteria. The nine SNP markers with genetic differences were selected. The selected markers have different alleles as being Hanwoo- and WH- specific. Therefore, based on these results, it can be concluded that the Hanwoo and WH varieties can be clearly distinguished by using these SNPs. So, the patent of the WH breed identification markers was registered. WH is a breed that shows the characteristics of a Korean native species that is separate from the native Hanwoo. It is expected that genetic characteristics research on the WH can be used to identify the breed and as a knowledge base for enhancing the value of breeding stock.

Keywords : Genotype, Minor Allele Frequency (MAF), Single Nucleotide Polymorphism (SNP), Illumina BovineHD 777K SNP Chip, White Hanwoo

본 논문은 농촌진흥청 연구사업(PJ01098401)의 지원과 국립축산과학원 전문연구원 과정 지원 사업에 의해 수행되었음.

*Corresponding Author : Changyeon Cho(National Institute of Animal Science, RDA)
email: binuk6979@gmail.com

Received December 4, 2019

Revised December 31, 2019

Accepted January 3, 2020

Published January 31, 2020

1. 서론

세계적으로 가축의 개량이 각국의 기호 및 생산성에만 맞추어 진행되면서, 가축 품종에 대한 유전적 다양성은 빠르게 감소하고 있으며, 국제식량농업기구(Food and Agriculture Organization; FAO)에 등재되어 있는 가축품종의 20%에 달하는 품종이 멸종위기의 상황에 처해 있다. 그러나 1992년 생물다양성 협약이 체결되면서 각국이 보유하고 있는 생물유전자원이 국가 고유 재산으로 인정됨에 따라, 전 세계가 생물유전자원에 대한 잠재적인 경제적 가치를 인정받게 되어 자원의 무기화와 전략화 등 자국 자원에 대한 보호정책과 활용을 위한 많은 노력과 연구를 진행하고 있다[1-5].

우리나라는 재래소로 황색, 흑색, 백색, 반색, 렬색(簾色)과 잡색 등 다양한 모색을 가진 다양성이 있었으나[6], 일제강점기에 갈색으로 통일하는 모색단일화 조치로 인해 소 유전자원의 다양성을 상실하게 되었다[7]. 현재, 8개 품종의 소가 가축다양성 정보시스템(Domestic Animal Diversity Information System; DAD-IS)에 등재되어(재래종 4종, 외래종 4종) 있으나, 이들 중 3종은 멸종 위험 종으로 복원이 시급한 실정이다. 백우 또한 멸종 위험의 취약 품종으로서, 이러한 자원소실을 대비하여 유전자원 보전 및 관리의 필요성이 대두되어 백우를 포함한 재래종 소 품종의 복원과 증식 연구가 활발하게 진행되고 있다[8-10].

백우는 대표적인 재래가축인 한우 중에서 알비노증을 가진 희소 품종으로 밝혀진 백색 한우를 이용해 흰색계통 한우를 복원 증식한 것이다(Figure 1). 외래품종인 사료레와 같이 본래의 모색이 흰색으로 흰색 유전자를 가진 품종이 아니라 우리 고유의 품종인 황색한우의 변이

종으로[11], 원종인 한우로부터 분리되어 한국재래종의 특성을 잘 나타내는 계통으로 연구를 통한 증축으로서 가치 증진을 위한 중요한 품종이 될 것으로 생각된다. 그러나 기존 방식의 백우 품종 구별은 고유 모색인 백색이라는 표현형질의 발현으로만 구분하고 있어 색의 발현이 모호한 경우가 많아 백우 품종의 식별 방법에 한계를 가지고 있다.

많은 연구자들에 의해 DNA 다형에 기초한 여러 유전적 마커를 활용하여 기원, 품종형성, 유전적 다양성, 타 품종들과의 유연관계 등 보유자원의 유전적 특성 파악을 위해 분자 생물학적 특성평가가 활발히 진행되고 있다[12]. 특히, 단일염기다형성(Single Nucleotide Polymorphism)과 같은 DNA 마커는 동물의 품종을 식별하는데 강력한 도구로 사용될 수 있다. 1% 이상의 빈도로 존재하는 2개의 대립염기서열(bi-allelic) 변이가 발생하는 것을 나타내는 SNP는 비교적 그 빈도가 높고 안정하며 유전체 전체에 분포되어 있고 이것에 의해 개체의 유전적 다양성이 발생하므로 SNP 마커는 개체간의 유전적 근접성을 알려주는 지표 역할을 할 수 있다. 이 연구의 목적은 백우의 모색이 흰색이라는 특성으로 구별되는 백우의 식별 방법의 한계를 SNP 마커를 이용하여 백우와 한우의 품종을 식별하고자 하는데 있다.

2. 재료 및 방법

2.1 공시재료

본 실험에 사용된 공시축은 한우와 백우의 유전자원은 국립축산과학원 가축유전자원센터에서 사육 중인 백우 22와 강원도 축산기술연구소, 충북 동물위생시험소 축산



Fig. 1. Two breeds of Korean native cattle; (a) Hanwoo, (b) White Hanwoo

시험장 및 전북 동물위생시험소 축산시험장에서 받은 48두의 한우 혈액을 채취하였다. 본 연구의 동물 실험은 국립축산과학원 동물실험윤리위원회의 운영 규정을 준수하고 승인을 받았다.(NIAS-2018049)

공시재료로부터 얻은 혈액샘플에서 Wizard Genomic DNA Purification Kit (Promega, Madison, WI, USA)을 이용하여 genomic DNA를 추출하였다. 분광광도계 NanoDrop 1000 (Thermo Scientific, Waltham, MA, USA)으로 gDNA의 농도 측정 후, BovineHD SNP 777K Bead chip (Illumina, San

2.2 유전자형 분석

Table 1. Genetic diversity in Hanwoo (HW) and White Hanwoo (WH)

Breed	Number of Samples	Marker genotyped in 95% of the samples	Number of polymorphic markers	Markers with MAF>0.05	Mean number of alleles	Markers in HWE (P>0.01)	Heterozygosity (SD)
HW	48	99.40%	657,830	79.00%	1.89	98.70%	0.293(0.178)
WH	22	99.40%	476,142	64.77%	1.65	99.25%	0.223(0.229)

MAF : Minor Allele Frequency; HWE : Hardy-Weinberg Equilibrium; SD : Standard Deviation

Table 2. Information of 9 SNP markers

dbSNPID (rs#)	Chromosome	Position (3.1_UMD)	Location	Gene Name	Nucleotide sequence (20bp[Alleles]20bp)
rs42125585	29	3183320	Intergenic		GGTAGAACCTAGAGATTGTC[G/A] TATACAGTTACATAAGTCAG
rs42125591	29	3194043	Intergenic		CGATGCAGTCTTCTGGAAGA[G/A] TTTCGTTTTGGCTCTGAGGT
rs42125833	29	3212891	Intergenic		ATGTGTGTGTAGAGAGAGT[C/G/A] GATGACCAAAGCTTGTGTAT
rs109461720	29	3237873	Intergenic		CAACTGAAGCCACTTGGCAC[G/A] CTCACATGTTGATTGTGTGA
rs134735704	29	3266388	Intergenic		TATTTTTGAAAATTCTTATT[G/A] TCCTGGGAAAACGTCATAT
rs109447299	29	8329937	Intron	TMEM135	AAGAGTCGGACACCCTTAG[C/T] GACTAAACAACAACAAAACG
rs42164846	29	10174446	Intergenic		CTTGTAGTTTGAAGTAAATA[A/C] TCCTTATATATTCTTACGTC
rs42160000	29	10444243	Intergenic		ACCTCTCCCTCAAGCTTTTG[C/T] TAACACTGCTTTGAATTATT
rs137353829	29	10719555	Intergenic		TATGGCTTTCCCAAACCTCT[G/A] CAAAGTGGAGATATTGCTAT

Table 3. Allele genotype of Hanwoo (HW) and White Hanwoo (WH) marker

dbSNPID (rs#)	HW allele / WH allele	WH Allele Frequency in WH	WH Allele Frequency in HW	Fisher's Exact P-value
rs42125585	G/A	100.0%	0.0%	1.16X10 ⁻¹⁸ ***
rs42125591	G/A	100.0%	0.0%	1.16X10 ⁻¹⁸ ***
rs42125833	G/A	100.0%	0.0%	1.16X10 ⁻¹⁸ ***
rs109461720	G/A	100.0%	0.0%	1.16X10 ⁻¹⁸ ***
rs134735704	G/A	100.0%	0.0%	1.16X10 ⁻¹⁸ ***
rs109447299	C/T	100.0%	0.0%	1.16X10 ⁻¹⁸ ***
rs42164846	A/C	100.0%	0.0%	1.16X10 ⁻¹⁸ ***
rs42160000	C/T	100.0%	0.0%	1.16X10 ⁻¹⁸ ***
rs137353829	G/A	100.0%	0.0%	1.16X10 ⁻¹⁸ ***

***p < 0.001

Diego, CA, USA)으로 유전자형 분석을 실시하였다[13].

GenomeStudio V2011.1 (Illumina, San Diego, CA, USA) 소프트웨어를 이용한 분석을 통해 얻어진 총 SNP의 개수는 777,843개였으며, 이 중 염색체 정보가 없는 SNP와 미토콘드리아 및 성염색체에 존재하는 SNP를 제거하였다. Call Rate가 98% 이하, 대립유전자형 빈도(minor allele frequency, MAF)가 0.05 미만인 SNP를 제거하였고, 중복되는 SNP를 제거하여 최종 분석에 이용한 SNP 마커는 652,453개였다. SNP & Variation Suite 8 (Golden Helix, Bozeman, MT, USA) 소프트웨어를 이용하여 각 SNP의 MAF difference (한우와 백우의 차이 절대값)를 계산하고, Fisher's Exact test (Genotype)을 통해 MAF difference의 통계적 유의성 (P -value)을 계산하였다(Table 1).

3. 결과

다양한 지역에서 사육되었던 한우 48두와 가축유전자원센터에서 보존 관리되고 있는 백우 22두의 유전자형을 분석하여 얻어진 777,843개의 SNP 표지인자 중, 분석에 사용되지 않은 125,390개를 제외한 652,453개의 SNP 표지인자를 이용하여 2품종의 유전적 특성을 연구하였다.

이러한 유전적 차이를 나타내는 9개의 SNP 마커(rs42125585, rs42125591, rs42125833, rs109461720, rs134735704, rs109447299, rs42164846, rs42160000 및 rs137353829)는 모두 29번 염색체에서 확인하였고 이들 대한 정보는 Table 2에서 보는 바와 같다.

각 마커의 대립유전자형은 Table 3에 나타내었고 모두 한 품종에서만 보이는 대립유전자를 나타내고 있다. rs42125585, rs42125591, rs42125833, rs109461720, rs134735704 및 rs137353829에서는 백우의 경우 Adenine nucleotide만 나타나고 한우의 경우 Guanine nucleotide만 나타난다. rs109447299와 rs42160000에서 백우는 Thymine nucleotide, 한우에서는 Cytosine nucleotide만 나타난다. 또 rs42164846에서는 백우는 Cytosine nucleotide만 나타나고 한우는 Adenine nucleotide만 나타나는 품종 특이적 대립유전자를 보여 준다.

총 70두의 재래종 소를 대상으로 SNP 분석을 통해, 한우 품종 그룹 및 백우 그룹을 정확하게 구별할 수 있는 9개의 SNP를 확인하였으며, 이들 SNP를 이용하여 한우와 백우의 품종이 확연히 구별되는 것을 확인하였다. 염

색체에서 단일염기다형성을 가지는 대립유전자의 다양성과 빈도를 이용하여 한국 재래소 2품종에서 품종에 따른 유전적 차이를 확인하였다. 이들 9개의 SNP 마커를 이용하면 백우 품종을 분자생물학적 방법을 통해 정확하게 식별할 수 있어, 가축유전자원의 체계적이고 과학적인 혈통정립을 통해 농업 및 식량 생산 분야에서 다양하게 활용할 수 있을 것이다.

백우 품종은 재래종 소 품종 중 하나로서, 색소결핍증인 알비노증(albinism)을 갖는 한우의 돌연변이 종이다. 자연 상태에서 백우가 태어날 확률은 100만분의 1 정도에 불과하다. 소의 알비노 발생은 외국에서 종종 보고되고 있고 29번 염색체에 위치하는 *TYR* 유전자의 돌연변이를 통해 발생된다고 보고되었다[14-16]. 이와 같은 백우의 모색은 샤로레 등과 같은 외래 품종에서 나타나는 흰색 유전자에 의한 것이 아닌 황색 한우의 변이에 따라 흰색을 나타냄으로서, 같은 흰색계통이라도 외래 품종과 분명히 구별되는 유전적 특징을 가지고 있다[17].

분자유전학적인 기술의 발달로 DNA 마커는 가축의 품종 식별을 위한 중요한 도구로 사용되고 있다[18, 19]. 국제사회에서 각국의 고유품종에 대한 증거로서 분자생물학적 특성평가 자료를 요구하고 있으므로 백우 또한 품종으로서 확립과 고유 품종으로서 인정받기 위해 추가적인 DNA 마커 연구가 필요하다. 현재, 유전자원에 대한 미래 활용가치의 중요성이 더욱 강조됨에 따라 가축 유전자원의 확보, 보존, 관리와 더불어 특성평가 및 활용 등에 더 많은 관심과 노력을 들이고 있다.

4. 고찰

본 연구는 FAO의 DAD-IS에 등록된 우리나라 재래소 2품종(한우와 백우)의 특성평가를 위해 유전형질을 조사하였으며 품종간의 차이가 나타내는 마커를 확인하였다. 9개의 SNP 마커의 대립유전자가 서로 특정 품종에만 존재하고 있는 것으로 조사되었고, 이러한 유전자마커를 이용하여 백우 품종을 식별하는 방법으로 특허(제 10-1985659호)를 등록하였다[20].

최근 생물다양성협약으로 유전자원에 대한 각 국가의 자원 주권을 인정하고, 생명공학기술과 가축관리기술의 발전으로 생산성이 낮게 평가되어 활용도가 떨어진 품종에 대해서도 육종이 가능한 방안이 모색되면서 가축 다양성의 중요성이 높아지고 있다. 기존의 연구에서는 모색 관련 유전자의 변이로 인해 알비노를 발생시키는 기작을

밝혀내었지만[11], 백우 집단의 유전적 특징에 대한 연구는 이루어지지 않았다. 가축의 유전적 다양성을 확보하는 것은 축산업의 육종 고도화로 나타날 수 있는 유전적 결함을 보상할 수 있는 유전자원으로서 높은 가치를 지니며, 지속가능한 축산업의 경쟁력을 확보하는 가장 빠른 방법이 되고 있다. 그러므로 희소자원인 백우를 품종으로 확립시키고 개발하기 위해 표현형질 조사연구와 함께 특성규명을 위한 분자생물학적 분석 연구와 유전체간의 비교 분석 연구도 필요할 것으로 판단된다. 본 연구결과는 재래소 유전자원의 효율적인 보존·관리에 활용하고, 백우 연구를 위한 기초자료로 이용될 것이다.

References

- [1] S. E. Georgescu, M. A. Manea, A. Dudu, M. Costache, "Phylogenetic relationships of the Hucul horse from Romania inferred from mitochondrial D-loop variation.", *Genetics and Molecular Research*. vol. 10, pp 4104-4113. 2011.
DOI: <https://doi.org/10.4238/2011.october.31.7>
- [2] K. I. Kim, J. H. Lee, K. Li, Y. P. Zhang, S. S. Lee, J. Gongora, C. Moran, "Phylogenetic relationships of Asian and European pig breeds determined by mitochondrial DNA D-loop sequence polymorphism." *Animal Genetics*, vol. 33, pp. 19-25, 2002.
DOI: <https://doi.org/10.1046/j.1365-2052.2002.00784.x>
- [3] S. J. Lai, Y. P. Liu, Y. X. Liu, X. W. Li, Y. G. Yao, "Genetic diversity and origin of Chinese cattle revealed by mtDNA D-loop sequence variation." *Molecular Phylogenetics and Evolution*. vol. 38(1), pp 146-154, 2006.
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2005.06.013>
- [4] B. S. Jemaa, M. Boussaha, B. M. Mehdi, J. H. Lee, S. H. Lee, "Genome-wide insights into population structure and genetic history of tunisian local cattle using the illumina bovinesnp50 beadchip." *BMC Genomics* vol 16, pp 677, 2015.
DOI: <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1638-6>
- [5] J. Cañón, P. Alexandrino, I. Bessa, C. Carleos, Y. Carretero, S. Dunner, N. Ferran, D. Garcia, J. Jordana, D. Laloë, A. Pereira, A. Sanchez, K. Moazami-Goudarzi, "Genetic diversity measures of local European beef cattle breeds for conservation purposes. Genetics, Selection, Evolution. vol. 33, pp 311-32, 2001.
DOI: <https://doi.org/10.1186/1297-9686-33-3-311>
- [6] S. H. Sohn, C. Y. Lee, D. H. Kim, G. B. Park, J. G. Lee, C. K. Shin, H. S. Chung, S. C. Kwack, M. K. Park, M. S. Chun, C. S. Baek, Y. D. Ko, "Chromosomal Pattern and Karyotype of the Korean Native Stripped Cattle Chickso." *Journal of Animal Science and Technology*. vol. 42, pp 1-8. 2000.
- [7] S. W. Suh, C. Y. Cho, Y. S. Kim, M. J. Byun, S. B. Choi, Y. M. Cho, K. H. Bae, J. H. Kim, "Molecular Genetic considerations of Jeju Black Cattle using Microsatellite Markers." *Journal of Agriculture & Life Science*. vol. 49, pp 57-65. 2015.
DOI: <https://doi.org/10.14397/jals.2015.49.2.57>
- [8] S. W. Kim, J. S. Choi, C. Y. Choe, D. G. Kim, Y. G. Ko, C. S. So, H. H. Seong, "Studies on the estimation of pregnancy rate of White Hanwoo (albino Korean native cattle) with sexed semen." *Journal of Animal Reproduction and Biotechnology*. vol. 30, pp 45-50. 2015.
DOI: <https://doi.org/10.12750/JET.2015.30.1.45>
- [9] H. Kim, C. Y. Choe, H. H. Seong, "Analysis of Growth and Hematologic Characteristics of Endangered Korean Native Cattle", *Journal of Animal Reproduction and Biotechnology*. vol. 30(3), pp 175-181. 2015.
DOI: <http://dx.doi.org/10.12750/JET.2015.30.3.175>
- [10] S. B. Choi, C. Y. Cho, J. H. Kim, M. J. Byun, S. W. Suh, Y. G. Ko, Y. M. Cho, Y. S. Kim, "The Performance of Growth Traits in Korean Domestic Animal Genetic Resources; Chikso, Heugu, and White Hanwoo.", *The Journal of The Korean Society of International Agriculture*, vol. 27, pp. 398-404, 2015.
DOI: <https://doi.org/10.12719/ksia.2015.27.3.398>
- [11] S. S. Lee, S. H. Han, J. C. Cho, M. S. Ko, H. Y. Jung, N. Y. Kim, J. H. Kim, D. H. Yoon, "A molecular marker and genetic method for detection of albino in *Bos taurus coreanae*.", Korea patent 10-1190614, 2012.
- [12] L. F. Groeneveld, J. A. Lenstra, H. Eding, M. A. Toro, B. Scherf, D. Pilling, R. Negrini, E. K. Finlay, H. Jianlin, E. Groeneveld, S. Weigend, GLOBALDIV Consortium, "Genetic diversity in farm animals - a review", *Animal Genetics*, vol. 41, pp. 6-31, 2010.
DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2010.02038.x>
- [13] S. C. Kim, H. S. Cheong, H. D. Shin, S. S. Lee, H. J. Roh, D. Y. Jeon, C. Y. Cho, "Genetic diversity and divergence among Korean cattle breeds assessed using a BovineHD single-nucleotide polymorphism chip", *Asian-Australasian Journal of Animal Science*, vol. 31(11), pp. 1691-1699, 2018.
DOI: <https://doi.org/10.5713/ajas.17.0419>
- [14] B. H. Schmitz, F. C. Buchanan, Y. Plante, S. M. Schmutz, "Linkage mapping of the tyrosinase gene to bovine chromosome 29." *Animal genetics* vol. 32, pp 119-120. 2001.
DOI: <https://doi.org/10.1046/j.1365-2052.2001.0700i.x>
- [15] S. M. Schmutz, T. G. Berryere, D. C. Ciobanu, A. J. Mileham, B. H. Schmitz, M. Fredholm, "A form of albinism in cattle is caused by a tyrosinase frameshift mutation", *Mammalian Genome*, vol. 15, pp. 62-67, 2004.
DOI: <https://doi.org/10.1007/s00335-002-2249-5>
- [16] M. E. Foreman, M. L. Lamoreux, B. Kwon, J. E. Womack, "Mapping of the bovine albino locus.", *Journal of Heredity*, vol. 85, pp. 318-320, 1994.
DOI: <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a111468>

[17] J. H. Kim, C. Y. Cho, S. C. Kim, S. W. Kim, S. B. Choi, S. S. Lee, "Phylogenetic characterization of white hanwoo using the mitochondrial cytochrome *b* gene", *Journal of Life Science*, vol. 25(9), pp. 970-975, 2015. DOI: <https://doi.org/10.5352/jls.2015.25.9.970>

[18] N. D. Cameron, M. J. van Eijk, B. Brugmans, J. Peleman, "Discrimination between selected lines of pigs using AFLP markers.", *Heredity (Edinb)*, vol. 91, pp 494-501, 2003. DOI: <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800314>

[19] V. Fajardo, I. Gonzalez, I. Lopez-Calleja, I. Martin, P. E. Hernandez, T. Garcia, R. Martin, "PCR-RFLP authentication of meats from red deer (*Cervus elaphus*), fallow deer (*Dama dama*), roe deer (*Capreolus capreolus*), cattle (*Bos taurus*), sheep (*Ovis aries*), and goat (*Capra hircus*).", *Journal of Agriculture and Food Chemistry*, vol. 54(4), pp. 1144-1150. 2006. DOI: <https://doi.org/10.1021/jf051766r>

[20] S. C. Kim, I. S. Jeon, S. S. Lee, C. Y. Cho, H. J. Roh, D. Y. Jeon, "Method for identification of Baekwoo breed using single nucleotide polymorphism markers.", Korea patent 10-1985659, 2019.

김 승 창(Seungchang Kim) [정회원]



- 1999년 2월 : 전남대학교 대학원 생물학과 (이학석사)
- 2009년 2월 : 전남대학교 대학원 생물학과 (이학박사)
- 2018년 2월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구사

<관심분야>
유전육종, 유전자원 관리

김 관 우(Kwan-Woo Kim) [정회원]



- 2015년 2월 : 충남대학교 대학원 축산학과 (농학석사)
- 2018년 8월 : 충남대학교 대학원 축산학과 (농학박사)
- 2018년 8월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 전문연구원

<관심분야>
가축번식, 가축육종

노 희 종(Hee-jong Roh) [학생회원]



- 2018년 8월 : 충남대학교 동물자원과학부 가축번식육종학(이학석사)
- 2019년 3월 ~ : 충남대학교 동물자원과학부 가축번식육종학(박사재학중)
- 2015년 10월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구사

<관심분야>
유전육종, 유전자원 관리

김 동 교(Dongkyo Kim) [정회원]



- 2015년 2월 : 충남대학교 대학원 축산학과 (농학석사)
- 2012년 10월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구사

<관심분야>
유전자원 관리, 분자생물학

김 성 우(Sung Woo Kim) [정회원]



- 1988년 2월 : 경북대학교 낙농학과 입학
- 1998년 7월 : 서울대 농업생명과학학과 (농학석사)
- 2002년 2월 : 서울대 농업생명과학학과 (농학박사)
- 2002년 6월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구사

<관심분야>
번식생리, 동결학, 세포신호전달

김 찬 란(Chan-Lan Kim)

[정회원]



- 1999년 2월 : 서울대학교 수의과 대학 수의학과 (수의학학사)
- 2005년 3월 : 일본 기후연합대학원 수의학과 (수의학박사)
- 2006년 7월 ~ 2014년 10월 : 농림축산검역본부 수의연구사
- 2014년 10월 ~ 현재 : 국립축산과학원 수의연구사

<관심분야>

수의학, 예방의학, 친환경

조 창 연(changyeon cho)

[정회원]



- 1991년 3월 : 동경농업대학 대학원(농학석사)
- 1995년 3월 : 동경농업대학 대학원(농학박사 수료)
- 2001년 4월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구관

<관심분야>

유전육종, 유전자원 관리

이 상 훈(Sang-Hoon Lee)

[정회원]



- 2004년 8월 : 경상대학교 대학원 응용생명과학부 (이학석사)
- 2007년 8월 : 경상대학교 대학원 응용생명과학부 (이학박사)
- 2008년 1월 ~ 2014년 12월 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구사

- 2015년 1월 ~ 현재 : 농촌진흥청국립축산과학원 농업연구관

<관심분야>

분자유종, 염소유전체

고 응 규(Yeoung-Gyu Ko)

[정회원]



- 1997년 8월 : 전북대학교 대학원 축산학과 (농학석사)
- 2004년 3월 : 일본 동경대학교 대학원 수의학과 (수의학박사)
- 1994년 7월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구관

<관심분야>

생명공학, 후성유전체