

제주재래흑돼지와 Landrace의 F₂ 집단에서 *ADCYP1R1*, *FABP3*, *MC4R*, *MYL2* 유전자형이 성장형질에 미치는 효과

한상현* · 신광윤*,*** · 이성수* · 고문석* · 정동기** · 전진태**** · 조인철*

농촌진흥청 국립축산과학원*, 제주대학교 동물자원과학과**,
제주특별자치도 축산진흥원***, 경상대학교 응용생명과학부****

Effects of *ADCYP1R1*, *FABP3*, *FABP4*, *MC4R*, *MYL2* Genotypes on Growth Traits in F₂ Population Between Landrace and Jeju Native Black Pig

Sang-Hyun Han*, Kwang-Yun Shin*,***, Sung-Soo Lee*, Moon-Suck Ko*, Dong-Kee Jeong**,
Jin-Tae Jeon**** and In-Cheol Cho*

National Institute of Animal Science, RDA, Jeju 690-150, Korea*,

Department of Animal Biotechnology, Cheju National University, Jeju 690-756, Korea**,

Institute for Livestock Promotion, Cheju-special Self-governing Province, Jeju 690-802, Korea***,

Division of Applied Life Science, Gyeongsang National University, Jinju 660-701, Korea****

ABSTRACT

Genetic polymorphisms was investigated at five single nucleotide polymorphisms (SNP) sites in four porcine genes (*ADCYAP1R1*, *FABP3*, *MC4R*, and *MYL2*) and analyzed their statistical association with growth traits in F₂ reciprocal-crossbred population between Landrace and Jeju native black pig (JNP). All populations, JNP, Landrace and their F₂ were polymorphic for all five SNP loci tested, however, the homozygote *T/T* of *FABP3* g.-158T>C and the homozygote *G/G* of *ADCYAP1R1* intron 2 337A>G were not found in JNP and Landrace, respectively. The genotypes of *ADCYAP1R1* were significantly associated with body weights (BW) at 3 weeks and at 20 weeks (P<0.05), respectively, those of *FABP3* g.-135delT were associated with late average daily gain (LADG) (P<0.01), and those of *FABP3* g.-158T>G were associated with body weights during late growth period such as, BW20 and LADG (P<0.01). Those of *MC4R* were also significantly associated with BW10 suggesting by the difference of early average daily gain (EADG) (P<0.05), and with LADG (P<0.01). The body length of F₂ animals was affected by the genotypes of *ADCYAP1R1*, *MC4R*, and *MYL2* (P<0.05), respectively. Among these, *MC4R* A/A homozygotes showed over 3 cm longer in body length than those of other genotypes. As the useful basic information, these results suggested that SNP markers showing statistical association with growth traits and the results help to select the sires of JNP for improving the productivity in JNP-related crossbreeding system in pig industry and also to construct the molecular breeding system for breed improvement of JNP itself.

(Key words : Jeju native black pig, Landrace, Growth traits, SNP, Association)

Corresponding author : In-Cheol Cho, National Institute of Animal Science, RDA, 77 Chuksan gil, Kwonsun-Gu, Suwon, 441-706, Korea
Tel: 82-31-290-1593, Fax: 82-31-290-1602, E-mail: choic4753@rda.go.kr

I. 서 론

가축 유전체에 대한 연구는 모색과 같은 질적형질에 대한 원인 유전자의 탐색 수준을 넘어 체중이나 신장과 같은 양적형질 유전의 양상을 설명하는 수준에 이르렀다. 국민 소득 수준의 향상과 더불어 고급육에 대한 수요의 증가는 돼지고기의 육질과 관련된 연구를 촉발하였고, 전 세계에서 쏟아지고 있는 다양한 연구 결과들은 분자도움선발(marker-associated selection)을 통한 종돈의 선발과 육성에 대한 적용단계에 접어들고 있다. 경제형질 관련 유전자 추적은 크게 두 가지 경로-양적형질좌위(quantitative traits loci, QTL), 후보유전자접근법(candidate gene approach)-로 진행되고 있으며, 전자의 경우 전체 유전체에 다양한 마커들의 연관 및 유전자 재조합을 추적하는 양상으로 명확한 원인 유전자 구명이 가능하나, 적어도 3세대의 완벽한 가계(reference family)를 광범위하게 구축해야 하는 어려움이 있고, 후자의 경우 대사경로를 중심으로 선정한 유전자군 내지 단일 유전자 좌위의 다형성을 집단유전학(population genetics) 분석에 의해 다형성과 표현형의 통계적 연관을 분석하는 것으로 완벽한 가계를 요구하지는 않지만 충분한 규모의 집단이 필요하며 집단 내 다형성 축군 간 유전적 기초를 이해하는 데 유용하게 이용되고 있다.

최근 교통수단의 발달은 국제간 교역과 인구의 이동을 초고속으로 증가시켰고, 역기능적으로 새로운 악성질병 및 인수공통전염병의 유입도 증가하고 있다. 이는 먹거리에 대한 안전성이 식재료의 선택에 중요한 기준이 되며, 동시에 동물성 단백질의 공급원으로써 재래가축의 수요를 증가하게 하는 요인이 되고 있다. 우리나라의 재래돼지는 크게 한반도에서 길러지고 있는 재래돼지(한국재래돼지)와 제주도의 제주재래흑돼지(Jeju native black pig, JNP)가 대표적이다. 재래돼지에 대한 유전적 다양성이나 계통유연관계에 대한 연구들은 과거 외래 품종의 수입과 사육 장려로 인해 1980년대 이후 재래돼지 복원과 더불어 외래 품종과의 구분에 역점을 두고 진행되어 왔다(정 등, 2001; Kim

등, 2002a, b; 서 등, 2004; 한 등, 2004; Kim 등, 2005; 김 등, 2007), 반면 재래돼지 축군 자체의 개량이나 유용 유전자 발굴을 위한 노력은 매우 최근에서야 시작되었다. Jeon 등(2003)이 한반도의 한국재래돼지와 Landrace 간의 품종교배돈에서 육질과 연관된 QTL 연구보고에서 SSC6에 육질 연관 QTL을 보고한 것이 재래돼지의 경제형질 연관 유전자 연구의 시작이라고 할 수 있으며, 김 등(2005b)은 지방산결합단백질 중 하나인 *FABP3* 유전자의 전사조절부위인 promoter 상의 염기변이가 한국재래돼지와 Landrace F₂ 집단에서 육질 및 성장형질과 연관되어 있음을 보여주었다.

최근 제주도에서 제주재래흑돼지에 대한 사육희망 양돈농가의 수가 증가하고 있으나, 분자유전학 연구에 기반을 둔 유전정보의 분석과 이를 이용한 육성체계는 갖추어져 있지 않다. 현재까지 제주재래흑돼지에 대한 분자유전학적 연구는 고대 화석과 현존 개체들의 진화적 상관관계 추적, 현존 재래돼지 집단의 유전적 구조와 외래 품종과의 차이 등에 대한 연구 결과들이 주를 이루고 있으며, 이외에도 흑모색 관련 유전자인 *melanocortin-1 receptor* 유전자의 다형성(이 등, 2001; 김 등 2001; 조 등, 2002; 조 등, 2004), bio-organ에 대한 연구에의 제주재래흑돼지의 이용가능성을 타진하기 위해 swine leukocyte antigen (SLA) 유전자형에 대한 연구들이 보고되고 있다(Woo 등, 2005; Kim 등, 2006; Woo 등, 2006; Lee 등, 2008). 반면, 제주재래흑돼지의 유전체의 특성을 근거로 한 성장형질이나 도체특성에 대한 유전자 다형성의 영향을 설명할만한 자료는 거의 없는 실정으로 유전자 마커를 도입한 분자유종 체계의 구축에 가장 큰 걸림돌이 되고 있다.

제주재래흑돼지는 우리나라 기후와 풍토에 잘 적응하여 강건한 특성이 있으며(Kwon 등, 2001), 타 품종에 비해 지방이 단단하고 고기가 쫄깃하고 부드러우며, 육색이 붉고 marbling이 잘 되는 특성이 있어 소비자의 선호도가 높은 것으로 보고되었다(권 등, 1998; Kwon 등, 2001; 조 등, 2007b). 한편 재래돼지는 양돈업에서 광범위하게 이용되고 있는 외래 품종들에

비해 사료효율이 낮아 성장이 늦고, 등지방이 두껍고, 산자수도 적어 생산성이 낮은 단점을 보이는데(진 등, 2001), 이는 그 동안 재래돼지의 품종개량이나 유전적 배경에 대한 검증이 없이 고유품종의 복원과 종돈의 분양을 통해 돈육 생산에만 치중한 데서 발생한 문제로 지적되고 있다. 이에 제주재래흑돼지와 외형적으로나 유전적으로 가장 먼 가축화의 역사를 지닌 Landrace 품종과의 교배를 통해 생산된 F₂ 집단에 대하여 그간 돼지에서 성장형질 및 도체형질에 대하여 다양한 영향을 나타내는 것으로 알려진 *ADCYP1R1*, *FABP3*, *MC4R*, *MYL2* 등 4 종의 5좌위의 단일염기변이 다형성과 성장형질의 연관을 파악하고, 기초축군으로 활용된 제주재래흑돼지에서의 유전자형의 분포와 빈도를 추적하여 향후 분자육종을 위한 기반을 마련하고자 수행하였다.

II. 재료 및 방법

1. 공시동물과 DNA 추출

본 연구에 이용된 시료는 현재 농촌진흥청 국립축산과학원 제주출장소에서 사육 중인 제주재래흑돼지와 Landrace에서 미경산 암컷과 수컷 각각 10 두씩을 선발하여 F₁을 생산하였다. F₁에서 다시 미경산 암컷과 수컷을 임의로 선발하여 상호 교차교배를 통해 F₂ 527 두를 생산하였다. 관행사양 조건에 준해 사육한 F₂의 검정성적은 사산과 미이라, 조기 폐사된 개체들을 제외한 436 두의 자료를 이용하였다. 연구에 이용한 DNA는 분만관리 시 절개한 꼬리나

사산이나 미이라 개체의 꼬리에서 Birren 등 (1997)의 방법을 변형하여 수행하였다. 먼저 절개한 꼬리의 중간부 1 cm 정도를 취하여 normal saline으로 2회 세척하고 물기를 제거한 후 600 μ l sucrose-proteinase K 완충액이 들어있는 tube에 집어넣고 55°C에서 over-night 진탕하였다. 추출액을 원심분리하여 얻은 상층액에 RNase를 처리하고 동량의 phenol-chloroform을 가하여 DNA 추출액을 회수하고, iso-propanol로 DNA를 침전시켜 건조한 후 TE buffer에 용해하였다. DNA 용액은 NanoDrop ND-1000 spectrophotometer로 흡광도를 측정하고 A₂₆₀/A₂₈₀ 1.8 이상인 DNA 용액들을 대략 50 ng/ μ l로 희석하여 PCR 증폭을 위한 주형으로 이용하였다.

2. 중합효소연쇄반응(polymerase chain reaction, PCR)

단일염기변이 좌위 5 개를 포함하는 유전자 4 종의 증폭에 이용한 PCR primer의 정보, 유전자형 결정에 이용한 제한효소 등은 Table 1에 제시하였다. PCR 반응은 10 \times 반응완충액, 20 mM dNTP, 각각 200 mM primer, 0.5 units *Taq* DNA polymerase (TaKaRa, Japan)와 50-60 ng genomic DNA 용액에 멸균한 탈이온수를 첨가하고, PTC-200 (MJ Research, USA)을 이용하였다. 주형인 DNA의 단일가닥 변성은 초기에 94°C에서 5분을 수행한 후, 94°C 40초-결합 온도 40초-72°C 50초로 구성된 cycle을 35회 반복하였다. PCR 증폭 산물은 agarose gel 상에서 전기영동법으로 확인한 후 유전자형 분석에 이용하였다.

Table 1. Polymorphic sites and restriction enzymes for genotyping of each locus used in this study

Gene	Polymorphic site	Restriction enzyme	Reference
<i>ADCYP1R1</i>	intron 2 337A>G	<i>Msp</i> I	Kollers et al. (2006)
<i>FABP3</i>	promoter g.-135delT	<i>Hinf</i> I	Gerbens et al. (1999)
<i>FABP3</i>	promoter g.-158T>G	<i>Hpy</i> CH4 V	Kim et al. (2005)
<i>MC4R</i>	892A>G (Asp298Asn)	<i>Taq</i> I	Kim et al. (2000)
<i>MYL2</i>	intron 5 345A>G	<i>Msp</i> I	Xu et al. (2007)

3. 유전자형 결정

연구에 이용한 5종의 유전자형을 결정하기 위해 기존에 보고된 유전자형 결정법에 따라 제한효소 처리와 전기영동 확인과정을 수행하였다. *ADCYP1R1*과 *MYL2*는 *Msp I*, *MC4R*은 *Taq I*, *FABP3*는 *Hinf I* 과 *HpyCH4V*를 각각 처리하였다. 제한효소 처리의 반응액 조성파 시간은 공급자의 manual을 따랐으며, 제시된 최적온도에서 overnight 반응한 후 agarose gel(1.5~3%) 상에서 전기영동 확인하였다. 대립인자형의 결정은 기존의 보고를 따랐다.

4. 성장형질 측정과 유의성 분석

기초축군으로 활용된 제주재래흑돼지와 Landrace의 일반적인 성장형질의 비교를 위해 농촌진흥청 국립축산과학원 제주출장소에서 사육 중인 두 품종의 순종 집단인 검정 성적을 이용하였고, 품종교배에서 생산된 F₂에 대한 성장형질은 생시체중 (body weight at birth, BWB), 3주령체중 (body weight at 3 weeks, BW3), 10주령체중 (body weight at 10 weeks, BW10), 20주령체중 (body weight at 20 weeks, BW20), 3주~10주령 초기일당증체량 (average daily gain from 3 to 10 weeks, EADG), 10주~20주령 후기일당증체량(ADG from 10 to 20 weeks, LADG)과 목에서 둔부까지의 체장 (body length, BL) 등을 측

정하였다. 조사된 성장형질 측정치에 대한 유전자 다형성의 효과는 SAS ver 8.01 program package/PC (1999)의 GLM procedure를 이용하여 추정하였다. 통계모델은 $y = \text{mean} + \text{genotype} + e$ 를 이용하였고, 성별효과는 고려하지 않았다. 평균값의 차이는 Duncan's multiple range test로 유전자형별 유의차 검정을 실시하였다.

III. 결과 및 고찰

1. 제주재래흑돼지와 Landrace 일반적인 성장특성 비교

기초축군으로 이용된 제주재래흑돼지와 Landrace 기초축군의 일반적인 성장형질을 알아보기 위해 제주재래흑돼지 99두와 Landrace 98두에 대한 검정성적을 비교하였다. 전반적으로 제주재래흑돼지의 체중은 생시부터 20주령에 이르기까지 Landrace에 비해 대략 60~70% 수준을 나타내었다 (Table 2). 이 결과는 한국재래돼지가 Landrace 품종에 비해 늦은 성장 양상을 보인다는 것 (조 등, 2001; Choi 등, 2005; 김 등, 2005b)과 유사한 결과로, 우리나라 재래돼지 축군들이 외국에서 유입된 개량돼지 개량돼지품종들에 비해 성장이 더디다는 측면은 제주재래흑돼지와 한국재래돼지가 나타내는 공통적인 특성을 사료되며, 이는 과거 외국에서의 육량이 높은 돼지품종의 수입을 통한 양돈업의

Table 2. Comparison of general growth traits between two founder breeds, Landrace and Jeju native black pig

Breed	Sex	No. of animals	BWB	BW3	BW10	BW20
JNP*	female	51	1.09±0.23	4.68±2.38	21.53±3.11	58.01±3.11
	male	48	1.14±0.21	4.84±2.69	22.56±3.52	61.88±8.68
	total	99	1.12±0.22	4.76±2.27	22.06±3.36	60.21±7.13
Landrace	female	71	1.72±0.36	6.67±1.55	32.82±3.31	101.17±7.71
	male	27	1.80±0.33	6.91±1.46	34.11±2.65	110.93±5.85
	total	98	1.74±0.35	6.74±1.52	33.18±3.18	103.86±8.44

* Jeju native black pig

정착으로 인해 재래돼지에 대한 관심이 거의 없는 상태에서 방치되어 개량이 이루어지지 않은 채 방치되었다가 1980년대 이후 토종유전자의 가치에 대한 인식이 재고되면서 수입된 축군이라는 면으로 설명될 수 있을 것이다.

2. 제주재래흑돼지와 Landrace 기초축군에서 유전자의 다형성

분석에 이용한 4 종의 유전자에서 5 좌위의 SNP에 대한 다형성을 확인한 결과, 조사에 이용한 모든 유전자 좌위에서 기초축군 제주재래흑돼지와 Landrace에서 다형성이 관찰되었다 (Table 3). 하지만 제주재래흑돼지 집단은 *FABP3*의 g.-158T/T 동형접합자가, Landrace 집단에서는 *ADCYAP1R1* 유전자의 intron 2 337G/G 동형접합자가 관찰되지 않았다. *FABP3* promoter g.-158T>G의 경우 김 등 (2005b)의 보고에서 한

국재래돼지 집단에서 G/G 동형접합자가 100%의 출현율을 보이거나, 본 연구에서 조사한 제주재래흑돼지는 T/T 동형접합자는 없으나, 21% 정도에서 T/G 이형접합자가 존재하여 유전적 다양성이 더 높은 것으로 나타났다. 비록 김 등 (2005b)의 보고와 본 연구에서 조사한 두 재래돼지 집단에서 유전자 빈도가 일치하지 않는 것은, 이들 재래돼지 집단들이 우리나라의 대표적인 집단이기는 하지만, 유전적으로 완전히 동일한 배경에서 기원한 것은 아니라는 사실을 의미한다. 이 부분에 대해서는 두 집단 전체 축군에 대한 유전체 정보의 비교분석을 통해 향후 유용유전자형을 보유한 개체들의 교류 등을 통해 두 집단의 상호 개량에 이용할 수 있을 것으로 사료된다. *FABP3*의 g.-135 위치에서의 T 결실 (delT) 다형성의 경우 제주재래흑돼지와 Landrace에서 공히 T 대립인자의 빈도가 delT의 빈도보다 훨씬 높은 양상을 나타내었고,

Table 3. Genotype distribution and allele frequencies of five polymorphic loci of four candidate genes in founders, F₁, and F₂ generations

Gene	Polymorphism	Genotype	JNP (n=19)	Landrace (n=17)	F ₁ (n=70)	F ₂ (n=varied)
<i>ADCYAP1R1</i>	intron 2 337A>G	A/A	0.263	0.294	0.100	0.278
		A/G	0.316	0.706	0.671	0.479
		G/G	0.421	0.000	0.229	0.243
<i>FABP3</i>	promoter g.-135delT	T/T	0.684	0.764	0.686	0.671
		T/delT	0.211	0.118	0.286	0.310
		delT/deT	0.105	0.118	0.029	0.019
<i>FABP3</i>	promoter g.-158T>G	T/T	0.000	0.529	0.017	0.199
		T/G	0.210	0.294	0.700	0.399
		G/G	0.790	0.177	0.229	0.402
<i>MC4R</i>	892A>G	A/A	0.526	0.294	0.300	0.370
		A/G	0.368	0.471	0.557	0.492
		G/G	0.105	0.235	0.143	0.138
<i>MYL2</i>	intron 5 345A>G	A/A	0.368	0.059	0.214	0.316
		A/G	0.474	0.588	0.486	0.391
		G/G	0.158	0.353	0.300	0.293

*MC4R*와 *MYL2*는 두 기초축군에서 모두 이형접합자의 빈도가 제일 높았으며, Landrace의 *MYL2* intron 5의 345A/A 동형접합자 빈도는 G/G 보다 매우 낮은 수준으로 확인되었다.

F₂ 축군에 대한 유전자형 분포를 보면, *FABP3* -135delT/delT 동형접합자의 빈도가 0.019로 매우 낮았으며 분석된 개체 중 8두에서만 관찰되었고, *FABP3*의 두 다형성 좌위의 분석 결과를 제외하고 다른 세 유전자(*ADCYAP1R1*, *MC4R*, *MYL2*)의 경우는 기초축군에서는 두 축군에서 빈도 차가 크게 관찰되었던 경우에서도 F₂의 이형접합자의 빈도가 동형접합자들에 비해 높은 수준을 관찰되었는데, 이는 기초축군의 교배를 통해 생산된 F₁들을 재차 상호교차교배하는 과정을 통해 F₂ 집단 전체에서 발견되는 Mendelian segregation에 의한 현상인 것으로 확인되었다. F₂ 집단의 유전자형의 빈도를 이용한 Hardy-Weinberg equilibrium (HWE)을 시험한 결과, *FABP3*의 g.-158T>G와 *MYL2* intron 5의 345A>G의 p-value는 각각 0.0002, 0.0000638로 HWE에 대한 고도의 유의 수준을 나타내어 유전자형의 Mendelian inheritance와 집단 내 분포의 유의성을 확인시켜주고 있다 (data not shown). 반면, 이 외의 유전자 좌위는 HWE에 대해 유의 수준을 벗어나는 것으로 확인되는데, 이는 F₂ 분석 축군에서 사산(stillbirth), 미이라(mummy), 출생 후 조기 폐사된 개체들을 제외하여 성장형질 검정을 완전히 끝낸 개체들만을 유전자형을 분석한 데서 기인한 sampling-error로 추정된다. 향후 F₂에서 상기된 누락 부분을 추가한다면, 유전자의 다형성과 사산이나 미이라, 유산 등 양돈산업에서 임신돈의 분만율을 감소시켜 경제성을 떨어뜨리는 배아 발생이상에 대한 유전자형의 기여도를 추정하는 데 좋은 자료가 도출될 수 있을 것으로 기대된다.

3. F₂ 집단에서 성장형질과 유전자형의 유의성

Table 3은 제주재래돼지와 Landrace 품종간 교배에서 생산된 F₂ 집단에서 유전자 4종 5 좌위의 유전자형에 대한 성장형질과의 연관성을 분

석한 것이다. *ADCYAP1R1* 유전자는 F₂에서 세 가지 유전자형이 모두 발견되었고, 3주령체중에서 고도의 유의차를 나타내었고 (P<0.01), 후기일당증체량, 체장에서도 유의적인 차이를 나타내었다 (P<0.05). 특이할만한 점은 생육 초기인 3주령체중이 G/G 동형접합자에서 A/-에 비해 더 무거웠으나, 성장검정 최종단계인 20주령체중은 A/A > G/G > A/G 순으로 조사되었으며, 이는 유전자형에 따른 유의차를 나타낸 후기일당증체량에서의 차이가 후기의 성장 양상과 더불어 20주령체중을 결정하는 요인 중 하나임을 보여주는 결과라 하겠다. 체장의 길이 차이가 유전자형에 따라 유의적인 차이를 보였는데 (P<0.05), 이는 *ADCYAP1R1*의 ligand인 뇌하수체성 adenylate cyclase-activating polypeptide 1 (*ADCYAP1*)이 생식과 성장을 관장하는 뇌하수체에서 만들어지고 성장호르몬의 분비를 촉진한다는 면에서 ligand와 receptor의 상호작용이 성장 후기단계에 더 영향을 많이 미치는 것으로 추정되나, 이 부분에 대한 세포 수준의 연구가 뒷받침되어야 할 것으로 사료된다.

FABP3 유전자의 promoter에서 upstream 135번째 염기(g.-135 nt.) 좌위의 다형성은 Gerbens 등 (1999)에 의해 T>C 염기치환이 *HinfI*-RFLP에 의해 구분되는 것으로 보고되었으나, 최근 김 등 (2005b)이 동일 좌위에서 염기서열 T의 insertion/deletion에 의한 것이며 이 경우 역시 제한효소 *HinfI*-RFLP에 의해 그 다형성이 확인되는 것으로 한국재래돼지와 Landrace에서 확인하였으며, 이외에도 g.-158T>G가 g.-114T>C와 완전히 연관된 형태의 다형성을 추가 확인하였다. *HinfI*-RFLP에 의해 F₂ 집단에서 세 가지 유전자형 T/T, T/delT, delT/delT가 모두 발견되었으나, delT/delT 동형접합자는 전체의 1.9%(7두)에서만 관찰되어 빈도가 매우 낮았으며, 이는 기초축군인 제주재래흑돼지와 Landrace 모두 T/- 10.5%, 11.8%로 상대적으로 낮았던 비율이 F₁, F₂로 세대가 진행되는 과정에서 지속적인 감소하게 된 것으로 사료되며, T/delT의 빈도는 세대가 진행됨에 따라 점차 증가하였다. 유전자형과 성장형질의 유의차는 후기일당증체량에서 고도의 유의차를 보였고 (P<0.01), delT/

Table 4. Least square analysis for growth traits with five SNP genotypes in F₂ crossbred between Landrace and Jeju native black pig

Gene	Geno- type	BWB	BW3	BW10	BW20	EADG	LADG	BL
<i>ADCYAP1R1</i>	A/A	1.45±0.02	5.85 ^B ±0.11	27.58±0.48	73.83±0.93	0.44±0.01	0.66 ^a ±0.01	106.21 ^a ±0.53
	A/G	1.46±0.02	5.92 ^B ±0.08	27.21±0.36	71.22±0.71	0.43±0.01	0.63 ^b ±0.01	105.13 ^{ab} ±0.57
	G/G	1.52±0.03	6.31 ^A ±0.12	27.23±0.51	72.22±1.10	0.43±0.01	0.64 ^{ab} ±0.01	104.50 ^b ±0.41
<i>FABP3</i>	T/T	1.49±0.02	6.1±0.08	27.26±0.32	72.65±0.67	0.43±0.01	0.65 ^A ±0.01	105.25±0.36
	T/delT	1.46±0.02	5.94±0.12	27.2±0.48	71.78±0.82	0.43±0.01	0.64 ^A ±0.01	105.88±0.56
	delT/delT	1.33±0.05	5.5±0.34	29.67±1.54	64.83±1.08	0.49±0.03	0.50 ^B ±0.03	105.67±2.28
<i>FABP3</i>	T/T	1.55 ^A ±0.03	6.43 ^A ±0.13	27.40±0.56	74.13 ^A ±1.10	0.43±0.01	0.67 ^A ±0.01	104.03±0.62
	T/G	1.49 ^{AB} ±0.02	6.24 ^A ±0.09	26.98±0.39	72.92 ^{AB} ±0.78	0.42±0.01	0.66 ^A ±0.01	105.34±0.44
	G/G	1.42 ^B ±0.02	5.60 ^B ±0.09	27.13±0.39	70.82 ^B ±0.78	0.44±0.01	0.62 ^B ±0.01	105.32±0.44
<i>MC4R</i>	A/A	1.46±0.02	5.96±0.10	27.29 ^a ±0.40	70.94±0.79	0.44 ^a ±0.01	0.62 ^B ±0.01	106.22 ^A ±0.45
	A/G	1.49±0.02	6.03±0.08	27.72 ^a ±0.35	72.76±0.69	0.44 ^a ±0.01	0.64 ^B ±0.01	104.93 ^B ±0.39
	G/G	1.46±0.04	6.15±0.16	25.86 ^b ±0.66	73.84±1.30	0.40 ^b ±0.01	0.69 ^A ±0.01	103.02 ^C ±0.74
<i>MYL2</i>	A/A	1.43±0.02	6.01±0.11	26.91±0.46	73.67±0.89	0.43±0.01	0.67 ^a ±0.01	105.49 ^{AB} ±0.51
	A/G	1.49±0.02	5.97±0.10	27.40±0.41	71.43±0.80	0.44±0.01	0.63 ^b ±0.01	104.23 ^B ±0.46
	G/G	1.49±0.03	6.17±0.11	27.49±0.48	72.55±0.92	0.44±0.01	0.64 ^{ab} ±0.01	106.54 ^A ±0.53

Means with superscripts in the same column are significantly different: ^a and ^b (P<0.05) and ^A, ^B, and ^C (P<0.01), respectively.

delT 개체들이 성장후기에 일당증체량에서 약 140 g 정도 증체가 더딘 것을 알 수 있었다. 20 주령체중의 경우는 *delT/delT* 동형접합자에 비해 *T/-*에서 7 kg 이상 체중이 무겁게 나타났으나 통계적으로 유의한 수준이 아닌 것으로 확인되었다 (P>0.05).

FABP3 g.-158T>G 염기치환 다형성에 대한 유전자형은 F₂에서 *T/T*, *T/G*, *G/G*가 모두 출현하였으나, 기초축군 중 제주재래흑돼지는 *T/T* 동형접합자를 전혀 보유하고 있지 않았다. F₂에서 생시, 3주령, 20주령체중과 후기일당증체량 등에서 고도의 유의차를 나타내었다 (P<0.01). 특히, 제주재래흑돼지에서 관찰되지 않는 *T/T*는

생육초기에 체중에서 *G/G*에 비해 능력이 뛰어남을 보이고 있어, 향후 제주재래흑돼지를 품종교배체계를 도입한 다원교잡돈의 육성시 g.-158T/- 유전자형을 보유한 개체의 선발이 필요한 부분이라 하겠다. Gerbens 등 (1999, 2001)의 보고에서 *FABP3* 유전자의 *HinfI* 다형성에 대한 경제형질 연관분석에서 도체형질 중 근내지방도의 수준에서 차이를 나타내었고, 김 등 (2005b)은 한국재래돼지와 Landrace의 교배조합 F₂ 집단에서 -158G/-가 *T/T*에 비해 생시, 3주령, 5주령, 12주령 체중이 모두 유의적으로 낮은 수준을 나타내었고, 해당집단의 기초축군인 한국재래돼지의 유전자형이 모두 *G/G*이므로, 한

국재래돼지가 Landrace에 비해 성장이 늦은 것이 *FABP3* 유전자형에 의해 설명될 수도 있음을 제시하였다. 반면, 등지방두께와 도체지방과는 유의적이지 않고, *T/T*가 *G/G*에 비해 근내지방도는 1% 정도 낮은 양상을 보여, 한국재래돼지에서 많이 발견되는 *G/-* 유전자형이 성장에는 부의 상관을 보이거나 근내지방과는 정의 상관이 있을 가능성을 보고하였다.

MC4R 유전자의 892G>A 염기치환이 aspartate를 asparagine으로 아미노산의 치환을 야기하고 (Kim 등, 2000), 유전자형의 차이가 성장형질 및 체 조성, 체지방의 함량 등에 영향을 미친다는 연구들이 비롯한 여러 돼지 품종의 교배에서 연구되었다 (Kim 등, 2000; Park 등, 2002; Bruun 등, 2006; Jokubka 등, 2006; Meidtner 등, 2006). 또한 국내에서도 Duroc 품종에 대해서 일당증체량, 90 kg 도달일령, 등지방두께, 후기생육형질 등에서 유의적인 차이를 보고하였고 (김 등, 2005a; 조 등, 2007a), 비육돈에서 미경산돈과 거세돈을 구분하여 *MC4R* 유전자형과 도체형질과의 연관분석에서는 암수에 따라 도체형질에서 다소 다른 형질연관을 보고하였다 (한 등, 2007). 본 연구에서 조사된 제주재래흑돼지×Landrace F₂ 집단에서는 10주령체중과 초기일당증체량에서 유의차를 보이고 (P<0.05), 후기일당증체량과 체장에서는 고도의 유의차를 나타내었다 (P<0.01). 20주령 체중에서는 유의차를 나타내지 않았으나, *A/A*와 *G/G*가 대략 3kg 정도의 체중 차이를 나타내었다. 특히 세 가지 유전자형이 각각에 대해 체장의 길이에서 고도의 유의차를 나타내고, *G/G>A/G>A/A* 순으로 체장이 증가하며, *G/G*의 체장은 *A/A*에 비해 3 cm 정도 더 증가하는 양상을 보였다. 비록 본 연구에서는 기초축군인 두 품종의 집단 내 다형성과 성장형질에 대한 집단유전학적 조사가 이루어지지 않았으나, Landrace 뿐만 아니라 제주재래흑돼지 집단에서도 공히 다형성이 관찰되어 향후 교배육종뿐만 아니라 각 품종의 순종 집단의 개량을 위한 척도로도 이용 가능할 것으로 사료되며, 제주재래흑돼지의 경우 유전자형에 축군을 분리 육성하여 체장과의 관계를 세밀히 연구해 볼 필요가 있을 것으로 사료된

다.

근섬유의 구성요소 중 하나인 myosin 복합체는 두 개의 heavy chain과 네 개의 light chain으로 구성되어 있는데, 이 중 light chain의 또 다시 essential light chain과 regulatory light chain (*MYL2*)으로 나누어진다. 조절사슬 peptide를 암호화하는 *MYL2* 유전자의 SNP 중 intron 5의 A345G는 Large White×Meishan 교배에서 사후근육의 pH, DRIP loss, 보수력 등의 도체형질과 연관되어 있으며 (Xu 등, 2007), 마지막 exon의 nonsense mutation은 Large White의 일당증체량에 고도의 유의차를 나타내는 것으로 보고되었고 (Davoli 등, 2003), 비육출하돈의 도체중과 등지방두께와도 연관되어 있다고 보고되었다 (한 등, 2008). 제주재래흑돼지와 Landrace에서 *MYL2* 유전자형의 빈도는 제주재래흑돼지는 A 대립인자가, Landrace는 G 대립인자의 빈도가 더 높았다 (Table 2). F₂ 집단에서는 유전자형에 따라 후기 일당증체량에서 *A/A* 동형접합자가 *G/-* 인 개체들에 비해 더 높은 수준을 보였다 (P<0.05). 이러한 결과는 비육돈에서 유전자형에 따른 도체중의 유의차가 후기 일당증체량의 차이에 의한 것으로 사료된다.

성장형질들에 대한 유전자형의 효과를 종합해 보면, 제주재래흑돼지×Landrace의 F₂에서 *FABP3* 유전자들(*g.-135delT*, *g.-158T>G*)은 주로 초기생육에 효과가 크게 나타내고, *MC4R*의 경우는 10주령이후인 후기생육에 주로 관여하는 것으로 조사되어 기존의 보고들과 유사한 결과를 나타내었다. 반면, 10주령에서 20주령 사이에서 측정된 일당증체량은 연구에 이용한 유전자들 중 다형성을 나타내었던 4 종(*ADCYAP1R1*, *FABP3*, *MC4R*, *MYL2*)의 5 SNP 좌위에 대한 유전자형에 따라 모두 통계적 유의차를 나타내었으나, 이 중에서 평균의 차이가 심한 경우는 *FABP3*와 *MC4R*에서 확인되었다. *MC4R*의 경우 후기 일당증체량은 *G/G* 동형접합자에서 0.69±0.01 kg으로 *A/-*에 비해 하루에 보통 50 g 이상 체중이 더 증가하는 것으로 조사되었다. 체장에 대해서는 *ADCYAP1R1*, *MC4R*, *MYL2* 유전자형에서 유의차를 나타내었으나, 이 중에서 *MC4R*의 *A/A* 동형접합자는 타 유전자형에 비해

1.5~3 cm 이상 체장이 증가함하여 조사된 유전자들 중 표현형 차가 가장 크게 나타났다. *MC4R* A/A 동형접합자의 경우 체장은 짧으나 20주령 체중은 오히려 G/-보다 높은 수준을 보여, 생육후기 근내지방도의 축적 증가가 아닌 등지방두께 축적에서 기인한 결과인지는 추후 도체형질 자료에 대한 자료의 검토에서 확인이 필요한 부분으로 사료된다.

최근 제주재래흑돼지를 산업화하고자하는 노력들은 단순히 고기의 생산에 있어 육질 개선을 위한 다원교잡체계의 도입뿐만 아니라, 흑돼지 자체에 대한 소요 증가와 더불어 활발히 전개되고 있다. 이와 같은 실정에서 본 연구에서 선택한 유전자들이 돼지의 성장형질을 완전히 결정한다고 단정 지을 수는 없으나, 제주재래흑돼지와 Landrace의 교배 F₂에서 제주재래흑돼지에서 높은 빈도를 나타내는 유전자형들이 F₂의 성장형질에 기여하고 있기 때문에, 향후 도체형질에 대한 유의성 검증 등을 보완하고 통계적 유의성을 나타내는 유전자형의 조합을 통해 마커-도움선발체계 (marker-associated selection system)를 구축하여 이를 해당 품종들 및 교배집단을 대상으로 추가 검증을 수행한다면 현재 소비자의 요구가 지속적으로 증가하고 있는 제주재래흑돼지 품종의 산업화에 지대한 기여를 할 것으로 사료된다. 뿐만 아니라, 성장이 더딘 특성은 전 세계적으로 인간의 대체장기 개발을 위한 miniature pig 활용 연구가 진행중이나, 현재 개발되어 있는 miniature pig strain들이 모두 고가이며, 연구활용에 여러 가지 제약이 있는 점을 감안하여 분자유종체계를 이용한 miniature pig를 대처할 수 있는 축군으로도 개발이 가능할 것으로 사료된다.

IV. 요약

제주재래흑돼지와 Landrace의 상호교차교배를 통하여 생산된 F₂ 집단에 대해 총 4개의 유전자(*ADCYAP1R1*, *FABP3*, *MC4R*, *MYL2*)에서 5좌위의 단일염기변이의 다형성을 조사하고, 성장형질들과 통계적 연관성을 분석하였다. 조사된 5종의 SNP 좌위에서 모두 다형성이 관찰되

었으나, *FABP3* g.-158T>C 염기치환에 대한 유전자형 중 T/T 동형접합자는 제주재래흑돼지에서는 발견되지 않았고, Landrace에서는 *ADCYAP1R1*의 intron 2 337 G/G 동형접합자가 발견되지 않았다. *ADCYAP1R1* 유전자형은 3주령체중, 20주령체중, *FABP3* 유전자의 g.-135delT에 대한 유전자형은 후기일당증체량에 고도의 유의차를 보였고 (P<0.01), g.-158T>G 유전자형은 성장초기단계의 체중, 20주령체중, 후기일당증체량에 대해 고도의 유의차를 나타내었다 (P<0.01). *MC4R*은 초기일당증체량의 차이에 의해 10주령체중의 유의차를 보였고 (P<0.05), 후기일당증체량과도 고도의 유의차를 나타내었다 (P<0.01). F₂의 체장은 *ADCYAP1R1*, *MC4R*, *MYL2* 유전자형에 대한 통계적 유의차를 나타내었으나 (P<0.05), 이중 *MC4R*의 유전자형에 따른 체장의 차이가 가장 큰 폭으로 확인되었다. 본 연구의 결과들은 제주재래흑돼지와 관련된 다원교잡체계를 이용한 양돈산업에서 성장형질의 생산성 향상을 위한 제주재래흑돼지 종모돈의 선발이나, 제주재래흑돼지 품종 자체의 품종개량을 위한 분자유종체계 구축에서 유용한 기초자료가 될 것으로 사료된다.

V. 사 사

본 연구는 농촌진흥청 ‘바이오그린21사업(과제번호 20070401034029)’의 지원에 의해 이루어진 연구결과의 일부이며 연구비 지원에 감사드립니다.

V. 인용 문헌

1. Bruun, C. S., Jorgensen, C. B., Nielsen, V. H., Andersson, L. and Fredholm, M. 2006. Evaluation of the porcine *melanocortin 4 receptor (MC4R)* gene as a positional candidate for a fatness QTL in a cross between Landrace and Hampshire. *Anim. Genet.* 37:359-362.
2. Birren, B., Green, E. D., Klapholz, S., Myers, R. M. and Roskams, J. 1997. *Genome analysis: A laboratory manual. Vol. 1 Analyzing DNA.* Cold

- Spring Harbor Laboratory Press, New York, U.S.A., pp. 6-16.
3. Choi, Y. S., Park, B. Y., Lee, J. M. and Lee, S. K. 2005. Comparison of carcass and meat quality characteristics between Korean native black pigs and commercial crossbred pigs. *Korean J. Food Sci. Anim. Resour.* 25:322-327.
 4. Davoli, R., Fontanesi, L., Cagnazzo, M., Scotti, E., Buttazzoni, L., Yerle, M. and Russo, V. 2003. Identification of SNPs, mapping and analysis of allele frequencies in two candidate genes for meat production traits: the porcine myosin heavy chain 2B (*MYH4*) and the skeletal muscle myosin regulatory light chain 2 (*HUMMLC2B*). *Anim. Genet.* 34:221-225.
 5. Gerbens, F., van Erp, A. J., Harders, F. L., Verburg, F. J., Meuwissen, T. H., Veerkamp, J. H. and te Pas, M. F. 1999. Effect of genetic variants of the *heart fatty acid-binding protein* gene on intramuscular fat and performance traits in pigs. *J. Anim. Sci.* 77:846-852.
 6. Gerbens, F., Verburg, F. J., van Moerkerk, H. T., Engel, B., Buist, W., Veerkamp, J. H. and te Pas, M. F. 2001. Associations of *heart and adipocyte fatty acid-binding protein* gene expression with intramuscular fat content in pigs. *J. Anim. Sci.* 79:347-354.
 7. Jeon, J. T., Park, E. W., Jeon, H. J. Kim, T. H., Lee, K. T. and Cheong, I. C. 2003. A large-insert porcine library with sevenfold genome coverage: a tool for positional cloning of candidate genes for major quantitative traits. *Mol. Cells* 16:113-116.
 8. Jokubka, R., Maak, S., Kerziene, S. and Swalve, H. H. 2006. Association of a *melanocortin 4 receptor (MC4R)* polymorphism with performance traits in Lithuanian White pigs. *J. Anim. Breed. Genet.* 123:17-22.
 9. Kim, N. E., Woo, C. J., Choi, H. J., Vijaya, R., Uhm, S. J., Lee, H. T. and Park, C. K. 2006. Discovery of single nucleotide polymorphisms in *SLA-1* cDNA from Korean native pigs and phylogenetic analysis. *Korean J. Genetics* 28:353-360.
 10. Kim, K. I., Lee, J. H., Li, K., Zhang, Y. P., Lee, S. S., Gongora, J. and Moran, C. 2002a. Phylogenetic relationships of Asian and European pig breeds determined by mitochondrial DNA D-loop sequence polymorphism. *Anim. Genet.* 33:19-25.
 11. Kim, K. S., Larsen, N., Short, T., Plastow, G. and Rothschild, M. F. 2000. A missense variant of the porcine *melanocortin-4 receptor (MC4R)* gene is associated with fatness, growth, and feed intake traits. *Mamm. Genome* 11:131-135.
 12. Kim, K. S., Yeo, J. S. and Kim, J. W. 2002b. Assessment of genetic diversity of Korean native pig (*Sus scrofa*) using AFLP markers. *Genes Genet. Syst.* 77:361-368.
 13. Kim, T. H., Kim, K. S., Choi, B. H., Yoon, D. H., Jang, G. W., Lee, K. T., Chung, H. Y., Lee, H. Y., Park, H. S. and Lee, J. W. 2005. Genetic structure of pig breeds from Korea and China using microsatellite loci analysis. *J. Anim. Sci.* 83:2255-2263.
 14. Kollers, S., Mote, B., Rothschild, M. F., Plastow, G. and Rocha, D. 2006. Single nucleotide polymorphism identification, linkage and radiation hybrid mapping of the porcine *pituitary adenylate cyclase-activating polypeptide type I receptor* gene to chromosome 18. *J. Anim. Breed. Genet.* 123: 414-418.
 15. Kwon, O. S., Park, J. C. and Huh, T. Y. 2001. Korean native black pigs. Standard guideline for farmer, Rural Development Administration.
 16. Lee, Y. J., Cho, K. H., Kim, M. J., Smith, D. M., Ho, C. S., Jung, K. C., Jin, D. I., Park, C. S., Jeon, J. T. and Lee, J. H. 2008. Sequence-based characterization of the eight *SLA* loci in Korean native pigs. *Int. J. Immunogenet.* 35: 333-334.
 17. Meidtnr, K., Wermter, A. K., Hinney, A., Renschmidt, H., Hebebrand, J. and Fries, R. 2006. Association of the melanocortin 4 receptor with feed intake and daily gain in F₂ Mangalitsa

- × Pietrain pigs. Anim. Genet. 37:245-247.
18. Park, H. B., Carlborg, O., Marklund, S. and Andersson, L. 2002. *Melanocortin-4 receptor (MC4R)* genotypes have no major effect on fatness in a Large White x Wild Boar intercross. Anim. Genet. 33:155-157.
 19. SAS. 1999. SAS/STAT software for PC. Release 8.01. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.
 20. Woo, C. J., Choi, H. J., Kim, J. H., Kim, N. E. and Park, C. K. 2006. Allelic variation and phylogenetic analysis of *SLA-3* between Korean native pigs and other pig breeds. Korean J. Genetics 28:305-310.
 21. Woo, C. J., Kang, I. Y., Yun, H. J., Vijaya R. D., Kim, N. E., Um, S. J., Kim, J. H., Lee, H. T., Lee, J. H. and Park C. K. 2005. Molecular cloning and analysis of allelic variation of the *SLA-2* gene in Korean native pigs. Korean J. Genetics 27: 337-343.
 22. Xu, D. Q., Liu, M., Xiong, Y. Z., Deng, C. Y., Jiang, S. W., Li, J. L., Zuo, B., Lei, M. G., Li, F. E. and Zheng, R. 2007. Identification of polymorphisms and association analysis with meat quality traits in the porcine *KIAA1717* and *HUMMLC2B* genes. Livest. Sci. 106:96-101.
 23. 권오섭, 박종대, 김명직, 조규호, 박무균, 정연후, 이영창, 김용근. 1998. 재래돼지 표현형적 특성 및 핵집단 조성연구. 축산시험연구보고서. 제2권. 878.
 24. 김관석, 신희영, 이종재, 홍성광, 최봉환, 김태현, 이학교, 조병욱. 2005a. 돼지 *melanocortin-4 receptor (MC4R)* 유전자의 경제형질과의 연관성에 관한 연구. 생명과학회지. 15:968-971.
 25. 김명직, 이관호, 오재돈, 조규호, 전기준, 최봉환, 이제현, 홍윤숙, 공홍식, 이학교. 2007. Microsatellite Marker를 이용한 한국재래돼지 집단의 품종특성 및 원산지 추적을 위한 개체식별체계 설정. 한국축산식품학회지. 27:150-156.
 26. 김재환, 박응우, 박정진, 최봉환, 김태현, 서보영, 정일정, 임현태, 오성종, 이정규, 전진태. 2005b. 돼지 *FABP3* promoter 부위 내 신규 돌연변이 탐색과 근내지방도와와의 연관성 분석. 한국동물자원과학회지. 47:1-10.
 27. 김태현, 윤두학, 노환국, 최봉환, 연성흙, 김남순, 이화진, 정일정, 한재용. 2001. 재래돼지 *Melanocortin Receptor 1 (MC1R)*의 변이에 관한 연구. 한국동물자원과학회지. 43:293-302.
 28. 서보영, 김재환, 박응우, 임현태, 조인철, 김병우, 오성종, 정일정, 이정규, 전진태. 2004. 대한민국 내 주요 돼지 품종의 순종 식별을 위한 품종특이 DNA marker의 활용. 한국동물자원과학회지. 46:735-742.
 29. 이성수, 양보석, 정진관, 고서봉, 오성종, 양영훈, 김규일, 李贊東, 馮書堂. 2001. 재래 흑돼지와 중국 재래돈간의 *Melanocortin Receptor 1 (MC1R)* 유전자의 유전자형 분석. 한국동물자원과학회지. 43:1-8.
 30. 정의룡, 김우태, 김연수, 이정규, 한상기. 2001. AFLP Marker 를 이용한 한국 재래돼지의 유전적 다양성 및 품종식별. 한국동물자원과학회지. 43:777-788.
 31. 조규호, 김명직, 최봉환, 전기준, 유재원, 정현정, 김인철, 이학교, 전광주. 2007a. 듀록 품종의 *Melanocortin-4 Receptor (MC4R)* 유전자와 성장형질과의 연관성 분석. 한국동물자원과학회지. 49: 437-442.
 32. 조수현, 박범영, 김진형, 김명직, 성필남, 김영중, 김동훈, 안종남. 2007b. 재래돼지의 출하체중별 도체수율 및 육질특성. 한국동물자원과학회지. 49:523-530.
 33. 조용민, 윤호백, 이영창, 서강석, 김시동, 박영일. 2001. 개체별 성장곡선 모수를 이용한 재래돼지와 랜드레이스종의 성장 특성에 관한 연구. 한국 동물자원과학회지. 43:817-822.
 34. 조인철, 이정규, 정진관, 양보석, 강승률, 김병우. 2002. 랜드레이스, 대요크셔, 듀록 및 제주 흑돈의 *Melanocortin 1 Receptor (MC1R)* 유전자의 유전자형 분석. 한국동물자원과학회지. 44:207-212.
 35. 조인철, 정용환, 정진관, 성필남, 오운용, 고문식, 김병우, 이정규, 전진태. 2004. 돼지 *Melanocortin Receptor 1 (MC1R)* 대립유전자 3의 신규 유전변이 탐색. 한국동물자원과학회지. 46:1-6.
 36. 진상근, 김철욱, 송영민, 장원혁, 김영보, 여정수, 김재우, 강근호. 2001. 랜드레이스와 재래돼지육

- 의 이화학적 특성. 한국축산식품학회지. 21:142-148.
37. 한상현, 조인철, 이종언, 이성수, 강승렬, 최유림, 오운용, 성필남, 고서봉, 오문유, 고문석. 2004. 제주재래돼지 집단에서 집단특이적 mtDNA Haplotype과 유전적 다양성. 한국동물자원과학회지. 46:917-924.
38. 한상현, 이성수, 고문석, 성필남, 박범영, 조인철. 2007. 돼지 *MC4R* 유전자 892G>A 다형성이 비육돈의 도체형질에 미치는 영향. 한국동물자원과학회지. 49:569-576.
39. 한상현, 신광윤, 이성수, 고문석, 성필남, 권기백, 조인철. 2008. 비육돈의 도체형질과 *MYL2*, *ADCYAP1R1* 유전자 다형성의 상관관계. 한국동물자원과학회지. 50:301-308.
- (접수일자 : 2008. 8. 14. / 수정일자 : 2008. 10. 20. / 채택일자 : 2008. 10. 22.)