

돼지 지방 합성관련 유전자를 이용한 삼겹살 증대기술 개발  
(Development of Increasing-belly Technique  
Using Genes Associated with Fat Synthesis in  
Pig)

경남과학기술대학교

농림수산식품부

# 제 출 문

농림수산식품부 장관 귀하

이 보고서를 “돼지 지방 합성관련 유전자를 이용한 삼겹살 증대기술 개발” 과제의 보고서로 제출합니다.

2012년 5월 29일

주관연구기관명 : 경남과학기술대학교

주관연구책임자 : 김 철 욱

# 요 약 문

## I. 제 목

돼지 지방 합성관련 유전자를 이용한 삼겹살 증대기술 개발

## II. 연구개발의 목적 및 필요성

우리나라의 돈육소비문화는 다른 외국과는 다르게 구워먹는 문화를 가지고 있다. 그러나 구워 먹을 수 있는 돈육부위가 한정되어 있다. 실제로 국내에서 출하되는 일반적인 출하 규격의 110kg 돼지 1마리를 도축하였을 경우 삼겹살을 비롯한 구워 먹을 수 있는 근내 지방이 침착된 부위(삼겹살, 목살, 갈비)는 35% 정도를 차지한다. 하지만 돈육의 국내 판매량을 보면 구워 먹을 수 있는 부위인 삼겹살과 목등심이 전체 판매량 중 64%를 차지 할 만큼 구워 먹을 수 있는 부위는 판매량이 많다. 이처럼 삼겹살을 비롯해 구워 먹을 수 있는 돈육 소비가 많은 반면에 국내 양돈시장의 삼겹살 및 목등심, 갈비의 생산량은 턱없이 부족하다. 이러한 현상 때문에 국내에서는 이처럼 많은 양의 구워 먹을 수 있는 부위를 감당하기 위해 많은 양의 돈육 수입으로 그 수요를 감당하고 있으며, 게다가 최근의 국가간 FTA체결로 돈육제품이 수입물량이 확대되어 국내 양돈산업의 국제 경쟁력이 점차 약화되고 있는 실정이다.

따라서 본 연구에서는 유전력이 높은 근내지방 관련 유전자와 삼겹살을 만드는데 관여하는 유전자를 확보하여 삼겹살 증대기술을 개발하고 이를 조기 선발에 이용하는 연구의 필요성이 매우 크다고 판단한다. 이처럼 구워 먹을 수 있는 부위를 많이 생산하는 돼지를 조기 선발함으로써 양돈농가의 소득뿐만 아니라 삼겹살의 수입량을 줄일 수 있는 국가 경쟁력에도 많은 도움이 되고자 본 연구를 수행하고자 한다.

## III. 연구개발 내용 및 범위

본 연구과제의 최종 목표를 달성하기 위하여 5년에 걸쳐 연구를 수행하였고, 연차별 연구개발 내용 및 범위는 아래와 같다.

구분	연구개발 내용	연구개발 범위
1차년도	삼겹살 부위의 cDNA library 제작을 통한 지방 합성관련 유전자 정보 검색 및 확보	<ul style="list-style-type: none"><li>○ 실험동물의 시료 채취<ul style="list-style-type: none"><li>- 흑돼지 A형, LYD형</li><li>- 삼겹살, 지방, 근육, 각 부위별 조직</li></ul></li><li>○ 삼겹살 부위의 cDNA library 제작<ul style="list-style-type: none"><li>- Total RNA 분리</li><li>- cDNA library 제작</li></ul></li><li>○ 삼겹살 부위의 cDNA library로부터 유전자 확보(1차)</li></ul>

		<ul style="list-style-type: none"> <li>- 유전자 Cloning</li> <li>- sequencing 및 확보된 유전자 정보 검색</li> <li>○ 지방합성관련 유전자 정보검색 및 확보 <ul style="list-style-type: none"> <li>- 지방합성 관련 gene 검색</li> <li>- DNA/RNA 분석별 primer 제작</li> <li>- PCR로 유전자 확보</li> </ul> </li> </ul>
2차년도	삼겹살 부위 cDNA library로부터 cDNA chip 제작과 이를 이용한 지방연관 유전자 확보	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ 삼겹살 부위의 cDNA library로부터 유전자 확보(2차) <ul style="list-style-type: none"> <li>- 유전자 Cloning</li> <li>- sequencing 및 확보된 유전자 정보 검색</li> </ul> </li> <li>○ cDNA chip 제작 <ul style="list-style-type: none"> <li>- 삼겹살 부위의 cDNA library와 candidate gene에서 얻어진 유전자 amplify</li> <li>- cDNA chip 제작</li> </ul> </li> <li>○ 실험동물 시료채취 <ul style="list-style-type: none"> <li>- 흑돼지 A형, LYD형 그룹</li> <li>- 성장 단계별 지방, 삼겹, 목살, 안심, 전지 부위의 조직 채취, 혈액 채취</li> </ul> </li> <li>○ cDNA chip을 이용한 gene expression 분석 <ul style="list-style-type: none"> <li>- A형과 LYD 종간의 성장단계별 발현 비교</li> <li>- 근내 지방 합성 관련조직별 발현 비교</li> </ul> </li> <li>○ 각각 유전자 발현 분석을 통한 근내지방과 삼겹살 관련 특이유전자 확보 <ul style="list-style-type: none"> <li>- 근내지방과 삼겹살에 대해 클러스터링 수행</li> <li>- 근내지방/삼겹살의 메카니즘 관련 유전자 확인</li> </ul> </li> <li>○ 특이 지방 관련 유전자 확보 및 NCBI 등록</li> </ul>
3차년도	선발된 지방 특이 유전자 특성 분석	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ 실험동물 시료채취 : 각 조직 및 혈액</li> <li>○ 지방 특이 유전자 선발 및 sequencing <ul style="list-style-type: none"> <li>- 선발된 지방 특이 유전자 full sequencing</li> </ul> </li> <li>○ 지방 특이 유전자 선발 및 cDNA 합성 <ul style="list-style-type: none"> <li>- Chip 과 candidate gene 분석 결과에 따른 유전자 선발</li> <li>- 각 조직 부위별, 품종별, 성장단계별 조직으로부터 RNA 분리 및 cDNA 합성</li> </ul> </li> <li>○ RT-PCR 분석 <ul style="list-style-type: none"> <li>- Reverse Transcriptase PCR분석 후 지방 특이적인 유전자를 select한 다음 Real time PCR을 수행</li> </ul> </li> <li>○ 지방 특이 유전자의 단백질 발현양상 분석 <ul style="list-style-type: none"> <li>- 각 부위별, 품종별, 성장단계별 조직으로부터 단백질 분리 및 western blot 제작</li> </ul> </li> </ul>

		<ul style="list-style-type: none"> <li>- Anti-body 제작</li> <li>- X-ray film을 통한 결과 해석</li> </ul>
4차년도	지방 특이 유전자 이용 기술 개발 및 재정립	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ 확보된 특이 유전자에 의한 지방 및 삼겹 관련 유전자의 진단 기술 확립</li> <li>○ 유전자 진단기술 확립을 위한 실험동물 선발 및 사양관리 <ul style="list-style-type: none"> <li>- 30kg 시 A형, LYD형 각각 10두씩 선발</li> <li>- 선발된 실험동물 110kg시 까지 사양관리</li> <li>- 110kg 도축후 각 부위량 측정 및 체폭, 체장 조사</li> <li>- 혈액 및 조직 채취</li> </ul> </li> <li>○ 각 확보된 유전자를 이용하여 진단 가능한 분석 기법 확립 <ul style="list-style-type: none"> <li>- DNA marker 분석으로 조기 선발이 가능한 경우 <ul style="list-style-type: none"> <li>■ SNP, RFLP 분석기법으로 가능한지 확인</li> <li>■ Genotype 분석 후 형질과 연관성 분석</li> </ul> </li> <li>- 유전자 발현 분석으로 조기 진단이 가능한 경우 <ul style="list-style-type: none"> <li>■ 발현양상 분석기법으로 가능한지 확인</li> <li>■ cDNA chip 진단 또는 real time PCR로 발현양상 분석 후 유의성 검증</li> </ul> </li> </ul> </li> <li>○ 개발된 유전자 진단 기술 재정립(1차 screen)</li> </ul>
5차년도	특이 지방관련 유전자 진단 기술 산업화	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ 개발된 유전자 진단기술의 재현성 검증을 위한 실험동물 선발 및 사양관리 <ul style="list-style-type: none"> <li>- 30kg 시 A형, LYD형 각각 10두씩 선발</li> <li>- 선발된 실험동물 110kg시 까지 사양관리</li> <li>- 110kg 도축후 각 부위량 측정 및 체폭, 체장 조사</li> <li>- 혈액 및 조직 채취</li> </ul> </li> <li>○ 재정립된 유전자 진단 기술 재현성 검증 <ul style="list-style-type: none"> <li>- DNA marker 분석일 경우 <ul style="list-style-type: none"> <li>■ SNP, RFLP 분석기법</li> <li>■ Genotype 분석 후 형질과 연관성 분석</li> </ul> </li> <li>- 유전자 발현 분석으로 조기 진단일 경우 <ul style="list-style-type: none"> <li>■ 발현양상으로 분석</li> <li>■ cDNA chip 진단 또는 real time PCR로 발현양상 분석 후 유의성 검증</li> </ul> </li> </ul> </li> <li>○ 유전자 진단 기법별 민감도에 대한 통계분석</li> <li>○ 유전자 진단 기술개발 산업화</li> </ul>

#### IV. 연구개발결과

##### 1. 삼겹살 부위의 cDNA library 제작을 통한 지방합성관련 유전자 정보 검색 및 확보

흑돼지 A형으로부터 분리한 전체 RNA를 사용하여 cDNA library를 구축하였고, 이로부터 얻어진 clone 약 1,061개의 DNA sequencing이 이루어 졌으며, 확보된 clone data는 Excel program을 이용하여 자체 DataBank을 구축하였다.

확보된 clone의 동일성을 조사하기 위해 미국 NCBI(국립 생명공학 정보센터) blast research site를 이용하여 기존에 밝혀진 유전자와의 유사성을 확인하였다. 그 결과 동일한 clone을 제거 시키고 unique한 clone 1,061개를 얻었다. 이 과정을 통해서 확보되어진 유전자는 간접적으로 그 유전자의 기능이 확인되었다. 본래 목표는 800여개의 유전자 확보였지만, 본 연구에서는 그 보다 훨씬 많은 1,061개의 유전자를 확보할 수 있었다.

돼지의 경우 전 세계적으로 확보되어 GenBank에 등록된 유전자원은 현재까지 1,492,120개가 등록되어 있으며 해를 거듭할수록 등록되는 개수가 다른 organism에 비해 늘어나고 있는 추세이다. 그래서 본 연구실에서 확보한 1,061개의 clone은 앞으로 돼지의 유전자를 연구하는데 귀중한 자료가 될 것이다.

##### 2. 삼겹살 부위 cDNA library로부터 cDNA chip 제작과 이를 이용한 지방연관 유전자 확보

돼지의 지방연관 유전자를 확보하기 위해 앞서 1,061여개의 유전자를 확보하였고 추가적으로 1,000여개의 유전자를 확보하였다. 따라서 전체 2,000개의 clone을 이용하여 제작된 cDNA chip을 이용하여 지방연관 유전자를 확보하기 위해 110kg돼지의 근육과 지방 조직으로부터 분리된 RNA를 활용하여 cDNA chip에 hybridization 분석을 수행하였다. 분석결과, 지방 과 관련되는 69개 유전자를 확보할 수 있었다. 이러한 결과들은 아래의 재현성 검증을 위한 RT-PCR분석에 사용되었다.

##### 3. 선발된 지방 특이 유전자 특성 분석

앞서 cDNA chip 분석을 통해 확보되어진 지방연관 유전자 중에서 지방과 가장 연관성이 있다고 추측 되어지는 유전자 10개를 선발하고 도축한 흑돼지의 등심조직 중 지방함량이 상위 5%(지방함량 4% 이상)에 포함되는 상위그룹 6두와 하위 5%(지방함량 1.5% 이하)에 포함되는 하위그룹 6두의 등심에서 RNA를 분리하여 10개의 유전자(Fibronectin, Enolase 1, Collagen alpha-2(I) chain precursor, Adiponectin receptor 2, KIAA1717, ENO3, SCD, Beta-enolase, Myosin heavy chain 2x, Adipocyte complement related 30KD a protein)를 대상으로 RT-PCR을 통하여 재현성 확인을 하였다. 그 결과 세 개의 유전자(Beta-enolase Myosin heavy chain 2x, Adipocyte complement related 30KD a protein)를 제외하고 나머지 유전자들은 지방함량이 높은 상위 그룹에서 특이적으로 높은 발현양상을 나타내었다. 그리고 cDNA chip이 외에 DEG분석을

통해서 얻어진 유전자들에 대해서도 재현성 분석을 수행한 결과, ATP합성에 중요한 ATP1A1 유전자가 지방함량이 높은 상위 그룹에서 특이적으로 높은 발현양상을 나타냄을 알 수 있었다.

그리고 지방조직에서 특이적으로 높은 발현양상을 나타내는 SCD유전자의 후성유전학적 발현조절 기작을 이해하기 위하여, bisulphite sequencing을 수행하였다. 그 결과를 보면 시작코돈(ATG)으로부터 58번째, 471번째, 540번째 CG염기서열에서 지방보다는 근육에서 methylation이 많이 일어났다는 것을 알 수 있다. methylation이 되었다는 것은 그만큼 유전자 발현을 억제하고 있다는 것이고, SCD 유전자 프로모터 중 이 세 곳의 부위가 중요하다는 것을 예상할 수 있었다.

#### 4. 지방 특이 유전자 이용 기술 개발 및 재정립

본 연구에서는 삼겹살(선호부위)를 증대시킬 수 있는 유전자 진단기법을 개발하기 위하여 RNA sequencing을 통해 신규한 후보 SNP 51개를 확보하였고, 버크셔 437두를 분석하여 삼겹살 형질과 연관성이 있는 17개 SNP를 확보 하였다. 또한 논문검색을 통하여 삼겹살 관련 형질과 연관성이 있다고 알려진 8개의 후보 유전자를 확보 할 수 있었다. 확보된 SNP를 GoldenGate 기법과 PCR-RFLP기법으로 유전자형을 분석하여 삼겹살과 연관성이 있는 형질인 도체중, 등지방두께, 근내 지방, 삼겹살량과의 연관성 분석을 통해 삼겹살(선호부위)과 관련성이 있는 20개의 SNP를 확보 하였다. 확보된 유전자에 대해서 삼겹살과 연관성이 있을 것이라고 추측되는 품종별, 갈비뼈 개수별 돼지에서도 재검증을 실시하여 유의한 차이를 얻을 수 있었다.

이를 바탕으로 확보된 20개 SNP의 유전자형을 결정할 수 있는 특이적인 primer들을 이용하여 유전자들의 특성에 맞고 간편한 multiplex 방법을 이용한 삼겹살 증대 유전자 진단 기술을 개발 할 수 있었다 (특허 출원 제 10-2011-0044621).

#### 5. 특이 지방관련 유전자 진단 기술 산업화

앞서 선호부위를 증대시킬 수 있는 유전자 진단기술을 개발하였고, 본 연구에서는 앞서 개발된 유전자 진단기술의 재현성 검증을 실시하여 선호부위를 증대시킬 수 있는 유전자 진단기술의 산업화를 위한 기반을 마련하였다. 이를 위해서 실험동물은 동일한 환경 속에서 사육된 LYD(Landrace\*Yorkshire\*Duroc) 3원 교잡종 202마리를 선발한 후, 도축장에서 도축하여 이용하였으며, 각 선호부위는 농림수산식품부 고시 제2009-49호 '식육의 부위별·등급별 및 종류별 구분방법'에 근거에 따라 구별된 후, 무게를 측정하였다. 그리고 202두로 구성된 돼지 집단에서 15개 SNP에 대하여 유전자형분석을 수행하였다. 그 결과 5개의 SNP에 대하여 선호부위와 유의적으로 연관성이 있음이 재현성 검증을 통해서 확인되었고, 이러한 결과는 향후 선호부위가 증대된 종돈을 개량하는 사업에 활용될 수 있을 것으로 판단된다.

## V. 연구개발 결과의 활용 계획

본 연구과제에서 얻어진 대부분의 결과들은 이미 국제 SCI저널에 게재되었거나 수정 후 게재될 예정이다. 그 외의 결과들, 특히 RNA-Seq을 통해서 확보된 후보 exonic nsSNP들에 대해서, 이들에 대한 생화학적, 분자생물학적 기능분석을 수행한 후 얻어진 결과들은 저명한 국제 SCI저널에 투고할 예정이다. 또한 본 연구과제를 수행하는 동안 출원된 다양한 특허기술들은 특허청의 특허심사결과에 대하여 합리적이고 적극적인 대응을 함으로써, 특허 등록이 완료될 수 있도록 노력 할 것이다.

또한 본 연구과제에서 개발된 유전자 진단기술을 선호부위가 증대된 돼지를 개량하는 사업에 활용하여 양돈농가의 생산성을 향상시켜, 농가 소득증대 및 FTA에 대응한 국제경쟁력의 향상을 꾀할 것이다.



# SUMMARY

## I. Title

Development of Increasing-belly Technique Using Genes Associated with Fat Synthesis in Pig

## II. Object and Significance

Korea has pork consumption culture for roasting, unlike other foreign culture. However, amount of pork parts, which can be baked, is limited. In the domestic shipments of the general release specifications for a 110kg pig slaughter, fat-deposited areas (belly, neck, ribs) accounted for 35%. But in the domestic sales of pork, pork parts for roasting, such as belly, neck and ribs, accounted for 64% among total sales of sites. Thus you can eat roasted pork belly, as well as many on the other hand, the production of belly, neck, and ribs are vastly insufficient. In this study, we identify high heritability of marbling pork-related genes and develop technologies for increasing belly in pork.

## III. Scope and Contents

Year	Scope	Contents
1	Discovery of fat synthetic genes by constructing cDNA library from belly	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ Animal sample               <ul style="list-style-type: none"> <li>- belly, fat, muscle tissues from Birkshire A type or LYD hybrid breeds</li> </ul> </li> <li>○ Construction cDNA library from belly               <ul style="list-style-type: none"> <li>- Total RNA preparation</li> <li>- cDNA library construction</li> </ul> </li> <li>○ Obtaining genes from cDNA library               <ul style="list-style-type: none"> <li>- gene cloning</li> <li>- sequencing and database search</li> </ul> </li> <li>○ Discovery of genes related to fat synthesis               <ul style="list-style-type: none"> <li>- Search of genes related to fat synthesis</li> <li>- Design of primers for PCR</li> <li>- PCR analysis</li> </ul> </li> </ul>
2	Obtaining of fat-related genes through cDNA chip construction	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ Obtaining genes from cDNA library               <ul style="list-style-type: none"> <li>- gene cloning</li> <li>- sequencing and database search</li> </ul> </li> <li>○ Construction of cDNA chip               <ul style="list-style-type: none"> <li>- Amplification of genes obtained from belly tissue and database</li> </ul> </li> </ul>

		<ul style="list-style-type: none"> <li>- cDNA chip construction</li> <li>○ Animal sample</li> <li>- Berkshire A type or LYD hybrid breeds</li> <li>○ gene expression profiling by cDNA chip</li> <li>- Comparison of gene expression profiling between Berkshire A type and LYD hybrid breeds</li> <li>○ Obtaining of belly-unique genes by gene expression profiling</li> </ul>
3	Characterization of fat-related genes selected	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ Selection of fat-related genes and sequencing</li> <li>○ mRNA purification and cDNA synthesis</li> <li>○ RT-PCR analysis</li> <li>○ Protein expression analysis by western blotting using antibodies, specific in fat-related protein</li> </ul>
4	Technical development for the utilization of fat-specific genes	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ Animals</li> <li>- Selection of 30kg stage of Berkshire A type and LYD breeds</li> <li>- Feeding of selected pigs</li> <li>- Slaughter and investigation of economical traits</li> <li>- Collection of blood and tissue samples</li> <li>○ The establishment of genetic diagnostic technologies using fat-specific genes</li> <li>- Genotyping analysis by PCR-RFLP</li> <li>- cDNA chip and real time PCR</li> </ul>
5	The industrialization of genetic diagnostic technologies using fat-specific genes	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ Animals</li> <li>- Selection of 30kg stage of Berkshire A type and LYD breeds</li> <li>- Feeding of selected pigs</li> <li>- Slaughter and investigation of economical traits</li> <li>- Collection of blood and tissue samples</li> <li>○ Test for the reproducibility of genetic diagnostic results</li> <li>- Genotyping analysis by PCR-RFLP, sequencing and multiplex method</li> </ul>

### III. Results

#### 1. Discovery of fat synthetic genes by constructing cDNA library from belly

Using total RNA isolated from Berkshire (type A), cDNA library was constructed. DNA sequencing analyses were performed for about 1,061 clones from the cDNA

library. DataBank of clone data obtained has been established by using the Excel program.

The identities of clones acquired were investigated through the U.S. NCBI (National Center for Biotechnology Information) blast research site. After removing the same clone, 1,061 of unique clones were identified. Through this process, the function of genes was predicted. Though the goal was to obtain 800 clones, we could get 1,061 genes. Thus, these 1,061 clones would be valuable for pig breeding or genomic studies.

## 2. Obtaining of fat-related genes through cDNA chip construction

In addition to the 1,061 genes, about 1,000 genes were obtained to investigate fat-related genes. Therefore, the total of 2,000 genes were collected and then, used to the construction of cDNA chip. Finally, total RNAs from porcine muscle and fat tissues were used for the hybridization with cDNA chip. The chip analysis revealed that 69 genes were associated with fat synthesis.

## 3. Characterization of fat-related genes selected

Through the cDNA chip analysis above, we selected 10 genes (Fibronectin, Enolase 1, Collagen alpha-2 (I) chain precursor, Adiponectin receptor 2, KIAA1717, ENO3, SCD, Beta-enolase, Myosin heavy chain 2x, Adipocyte complement related 30KD a protein) by RT-PCR targets were check reproducibility. As a result, three genes (Beta-enolase Myosin heavy chain 2x, Adipocyte complement related 30KD a protein), and carried out RT-PCR analysis for the reproducibility of the results, by using total RNAs from muscle tissues of high and low pig groups based on fat contents.

As a result, except for three genes (Beta-enolase Myosin heavy chain 2x, Adipocyte complement related 30KD a protein), the remaining genes were highly expressed in pig group with a high fat content. In addition, we identified an ATP1A1 gene, important for ATP synthesis, through DEG analysis. The ATP1A1 gene was highly expressed in pig group with a high fat content.

In addition, to understand the epigenetic regulation of SCD gene expression in fat tissue-specific expression, bisulphite sequencing was performed. The 58<sup>th</sup>, 471<sup>st</sup> and 540<sup>th</sup> CG sequences from the start codon (ATG) were shown to be methylated specifically in the muscle rather than fat. Methylation is known to inhibit gene expression and the The 58<sup>th</sup>, 471<sup>st</sup> and 540<sup>th</sup> CG sequences in SCD gene promoter region are suggested to be important for the SCD expression.

#### 4. Technical development for the utilization of fat-specific genes

To develop gene-diagnostic techniques for increasing marbling pork content, 51 SNP candidates were identified through RNA sequencing. The SNP candidates were genotyped in pig population consisting of 437 Berkshire pigs using PCR-RFLP and GoldenGate analyses. Then, the 437 Berkshire pigs were investigated for meat quality traits. The association analysis of SNPs with meat quality traits revealed that 20 SNPs were identified to associate significantly with carcass weight, backfat thickness, intramuscular fat and belly contents. Based on this, we were able to develop diagnostic techniques (Patent Application No. 10-2011-0044621) for the identification of 20 different SNP genotypes.

#### 5. The industrialization of genetic diagnostic technologies using fat-specific genes

Here, we confirmed the gene-diagnostic techniques developed above. For this, we investigated amount of pork parts for roasting and genotypes of 15 SNPs in pig population consisting of 202 LYD hybrids. Then, we carried out association analyses of 15 SNPs with traits (carcass weight and amount of pork parts for roasting). The association analyses revealed that among 15 SNPs, 5 SNPs were associated significantly with the traits. These results further would be used for pig breeding to improve the amount of pork parts for roasting or to construct Korean-style pig breeds.

#### IV. Plans for the utilization of research results

Most of the results obtained in this research already were published in international SCI journals and is scheduled to be published after minor revision. Besides, exonic nsSNP candidates, obtained through RNA-Seq, will be further assessed for its biochemical and molecular biological characterization. In addition, we will try to complete the final patent registration of the various patent pending technology during this research project.

Finally, we will perform a breeding business to increase the amount of pork parts for roasting or to construct Korean-style pig breeds by utilizing the gene-diagnostic techniques. The business will assist Korean pig farms to improve pig productivity, farm income and international competitiveness responsive to FTA in Korean pig farm.

# CONTENTS

Chapter 1. Overview of Project .....	1
Section 1. Necessity of Research and Development .....	1
Section 2. Objectives of study .....	8
Chapter 2. Status of Technical Development in Domestic and Abroad .....	9
Chapter 3. Research Contents and Results .....	11
Section 1. Strategies for Research and Technical Development .....	11
Section 2. Discovery of Fat Synthetic Genes by Constructing cDNA Library from Belly .....	15
Section 3. Obtaining of Fat-related Genes through cDNA Chip Construction .....	44
Section 4. Chatacterization of Fat-related Genes Selected .....	77
Section 5. Technical Development for Utilization of Fat-specific Genes ..	119
Section 6. Industrialization of Genetic Diagnostic Technologies Using Fat-specific Genes .....	155
Chapter 4. Implementation Degree and Contribution to Related Field .....	242
Section 1. Implementation Degree .....	242
Section 2. Quantitatitive Achievements .....	244
Chapter 5. Plans for the Utilization of Research Results .....	247
Chapter 6. Information of the Foreign Scienrific Technologies Collected during R&D .....	250
Chapter 7. References .....	253

# 목 차

제 1장 연구개발과제의 개요 .....	1
제 1 절 연구개발의 필요성 .....	1
제 2 절 연구개발의 목적 .....	8
제 2장 국내외 기술개발 현황 .....	9
제 3장 연구개발 수행 내용 및 결과 .....	11
제 1 절 연구개발의 추진 전략 .....	11
제 2 절 삼겹살 부위의 cDNA library 제작을 통한 지방합성 관련 유전자 정보 검색 및 확보 .....	15
제 3 절 삼겹살 부위 cDNA library로부터 cDNA chip 제작과 이를 이용한 지방 연관 유전자 확보 .....	44
제 4 절 선발된 지방 특이 유전자 특성 분석 .....	77
제 5 절 지방 특이 유전자 이용 기술 개발 및 재정립 .....	119
제 6 절 지방관련 유전자 진단 기술 산업화 .....	155
제 4장 목표달성도 및 관련분야에의 기여도 .....	242
제 1 절 연구개발을 위한 목표달성도 .....	242
제 2 절 정량적 성과 .....	244
제 5장 연구개발 결과의 활용계획 .....	247
제 6장 연구개발 과정에서 수집한 해외 과학기술 정보 .....	250
제 7장 참고 문헌 .....	253

# 제 1 장 연구개발과제의 개요

## 제 1 절 연구개발의 필요성

우리나라에 있어서 돼지고기는 축산물 소비량의 54%를 차지하며, 쌀 다음으로 생산액이 많은 주요 물품이다. 또한 향후 일본시장 점령을 토대로 수출 주력 산업으로서의 기능도 내재하고 있다. 또한 돼지고기는 우리나라 사람들이 가장 좋아하는 육류중의 하나로서 일인당 육류소비량 중 50%가 넘을 만큼 사람들이 가장 좋아하는 식품이라고 볼 수 있다.

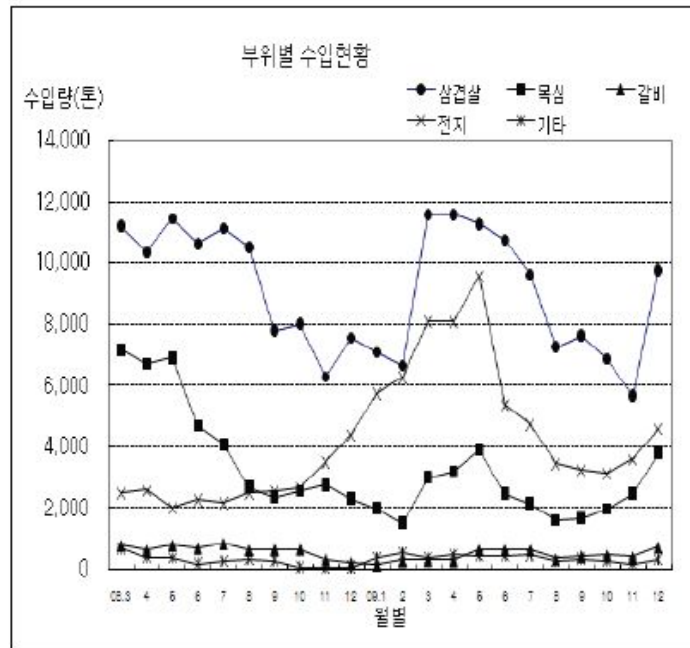
하지만 현재 우리 양돈업계는 환경규제는 물론, 소모성 질병과 함께 언제 나타날지 모르는 구제역 등과 같은 질병현상, 그리고 생산비에 있어서 국제곡물가격 상승에 따른 사료가격 상승으로 인한 농가채산성은 점점 악화되어가고 있는 것이 현실이다. 게다가 거대 경제권과의 FTA를 통하여 득과 실을 따지다보니 상대적으로 현실적 약세가 되는 농축산업에서 상당한 피해를 감수할 수밖에 없는 노릇이기도 하다. 특히 최근의 FTA체결에 따른 관세철폐로 인하여 물량은 더욱더 확대 수입될 것으로 판단되며, 이로 인해 국내산 돈육의 가격경쟁력에서 상대적으로 매우 낮은 실정에 놓이게 될 것이다. 게다가 우리나라는 외국과 다르게 독특하게 구워먹는 문화에 집중되어 있다. 이러한 문화 때문에 돈육의 선호부위(삼겹살, 목살, 갈비 등)와 비 선호부위(전지, 후지 등)의 양극화 현상이 발생되어 국내 양돈 산업의 큰 문제점으로 대두 되고 있다. 아래에는 현재 우리나라 양돈 산업의 문제점과 본 연구의 필요성에 대하여 서술 하였다.

### 첫째, 우리나라의 돈육소비 패턴은 구워먹는 돈육문화이다.

우리나라 소비자의 돈육 소비성향은 외국과 다르게 구워먹는 문화이다. 돼지고기의 정육 중 구워먹을 수 있는 부위는 삼겹살과 목등심 그리고 갈비가 있다. 국내 돈육의 부위별 판매량을 보면 구워 먹을 수 있는 부위의 판매량은 전체 돈육부위 판매량 중 64%를 차지한다. 그러나 정육에서 구워 먹을 수 있는 부위는 Table 1-1-1과 같이 35%에 지나지 않는다. 즉 공급이 수요를 감당하지 못하고 있는 것이다.

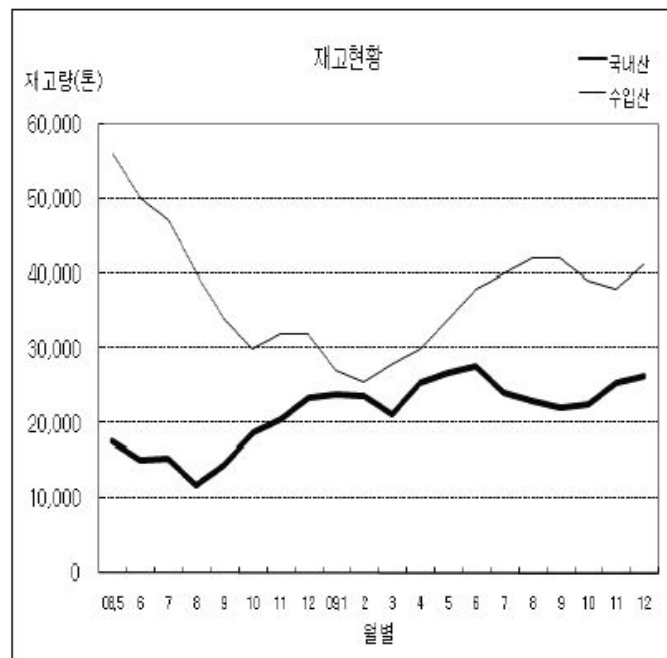
또한 국내에서는 삼겹살 등 구워 먹을 수 있는 돈육의 공급을 늘이기 위해 지속적으로 수입을 하고 있다. Figure 1-1-1에서와 같이 작년 12월 총 수입실적은 검역기준으로 19,077톤이 수입되었으며 이것은 전월 대비 56.9%나 증가하였으면 전년대비로는 32.3%가 증가한 수치였다. 부위별로 보면 삼겹살이 9,748톤 수입되어 전체 수입량의 51.1%를 차지하고 있으며, 앞다리가 23.9%를 점유하고 있다. 이것은 각각 전월 대비 73.3%증가, 28.2%가 증가한 수치이다. 또한 Figure 1-1-2에서와 같이 재고동향을 보면 09년 12월 국내 총 정육 재고량을 추정한 결과 전년대비 54% 증가한 것으로 추정되어 진다. 이 중 국내산의 재고량은 지속적으로 증가하는 것으로 보여 진다. 이와 같이 국내에서는 돈육의 공급을 늘이기 위해 지속적으로 수입을 하고 있는 반면 국내돈육의 재고량 누적은 국내 양돈시장을 더욱더 어렵게 만들고 있는 실정이다. 따라서 이러한 문제점을 해결하기 위해서는 돈육의 품질, 즉 마블링을 증대시킬 수 있는 기술을 개발

하여 구워먹을 수 있는 량의 해결 및 좋은 품질의 돈육생산이 절실히 필요하다.



<Figure 1-1-1. 돼지고기 부위별 수입현황>

자료 : 육류수출입협회(육류, 유통 실태조사, 2010년 1월)



<Figure 1-1-2. 돼지고기 재고현황>

자료 : 육류수출입협회(육류, 유통 실태조사, 2010년 1월)



<Table 1-1-1. 돼지의 부위별 중량 및 생산비율>

부 위		중 량(kg)	
생 돈		110	
지 육		80.09	
정 육		51.93	
부 위		중 량(kg)	비 율(%)
정 육	목등심	4.84	9.32
	삼겹살	9.95	19.16
	갈비	3.21	6.18
	갈매기	0.34	0.65
	안심	1.08	2.09
	등심	6.71	12.92
	뒷다리	13.65	26.28
	앞다리	8.78	16.92
	사 태	3.37	6.48
	합 계	51.93	100

자료 : 축산물 등급판정소 2011년 기준

둘째, 국내산 돈육의 가격경쟁력이 수입국에 비해 매우 낮은 실정이다.

우리나라 양돈업계는 생산비에 있어서 국제곡물가격 상승에 따른 사료가격 상승으로 인하여 생산비가 갈수록 높아지고 있다. 2010년에도 이와 큰 차이를 나타내지 않을 것으로 예상되며 향후 FTA체결에 따른 관세철폐로 인하여 물량은 더욱 확대될 것으로 판단되며, 이로 인해 국내산 돈육의 가격경쟁력에서 상대적으로 수입국에 비해 매우 낮은 실정에 놓이게 되어 시장상황은 점점 악화될 것이라고 예측 되어지고 있다. 우리나라가 이처럼 많은 양의 삼겹살, 목등심, 갈비 등의 구워먹을 수 있는 돈육을 수입하는 또 다른 이유는 Table 1-1-2에서 보는 바와 같이 수입 돈육의 가격이 국내 가격의 절반정도밖에 못 미치기 때문에 값싼 수입 돈육은 지속적으로 늘어나고 불필요한 외화를 낭비하게 되는 것이다. 또한 이러한 수입산 돈육은 국내에 유입된 후 국내산으로 둔갑되어 판매됨으로서 양돈산업의 현장을 더욱더 어렵게 만들고 있으며 소비자들의 국산으로 둔갑된 수입 돈육의 구매에 따라 여러 가지 사회적인 문제점들이 발생되고 있다. 이러한 수입돈육은 국내 소비의 부위별 소비불균형에 의해 우리나라 국민이 선호하는 부위 중심으로 점차 확대됨에 따라 국내산 돈육이 설 자리를 잃어가고 있다. 따라서 불필요한 외화낭비를 줄이기 위해 마블링 증대기술을 개발하여 구워먹을 수 있는 부위를 증대시킬 수 있는 기술개발이 절대적으로 필요하다.

<Table 1-1-2. 국내산 돈육과 수입육의 도매가격 비교>

(단위:원/kg)

부 위	국내산	수입산(수입국)
삼겹	11,333	6,800 (칠 레)
		6,850 (미 국)
목심	10,593	6,950 (칠 레)
		8,100 (미 국)
전지	6,843	2,750 (미 국)
		3,700(프랑스)

자료 : 한국육류유통수출입 협회 2012년 1월 평균가

셋째, 소비자들은 품질이 우수하고 마블링이 많은 돈육을 선호한다.

우리나라의 경제성장은 급속도로 발전되어 왔다. 이러한 경제성장에 맞춰 소비자들의 돈육의 구매 기준도 양적인 측면에서 질적인 측면으로 많이 바뀌었다. 최근 소비자의 소비실태조사를 보면 Table 1-1-3과 같이 최근에 구입한 돼지고기 중에서 가장 선호하는 부위는 삼겹살이 68.7%로 절대적인 비율을 차지하였다. 90년도 초반 하더라도 돈육의 부위를 따지지 않고 양적인 측면에 비중을 두었는데 이제는 가격이 비싸더라도 삼겹살을 선호한다. 또한 Table 1-1-4에서 보면 돈육을 구입할 때 가장 고려하는 사항은 신선도가 44%로 1위이고 다음 항목으로는 27.3%로 우수한 품질이 차지하였다. 즉 신선도와 우수한 품질이 71.3%이상의 대부분을 차지하는 것으로 조사되어 졌다. 그리고 돈육을 구입할 때 육질에 대하여 고려하는 사항으로는 육색이 55.3%와 마블링의 함량이 31.9%로 높은 비율을 나타 내었다(Table 1-1-5). 이와 같이 소비자 실태를 볼때 소비자들은 돼지고기를 구매할 때 신선도와 품질에 의해 구매육이 높은 것을 알 수 있다. 그러므로 품질이 좋고 마블링이 우수한 돈육의 생산기술의 개발로 국내돈육의 품질을 상승시켜 구매자들의 구매욕구를 충족시킬 필요가 있다.

<Table 1-1-3. 최근에 구입한 돼지고기 중에서 가장 선호하는 부위>

항 목	삼겹살	목살	전지	후지	구입하지 않음	합계
선 호 도	2,063명	631명	156명	50명	101명	3,001명

자료 : 한국육류유통수출입 협회 2010년 소비자 실태조사

<Table 1-1-4. 돈육을 구입할 때 가장 고려하는 사항>

항 목	신선도	싼 가격	우수한 품질	브랜드	판매장 1위	안전 및 안심	합계
고려하는 사항	1,323명	145명	821명	44명	88명	580명	3,001명

자료 : 한국육류유통수출입 협회 2010년 소비자 실태조사

<Table 1-1-5. 돈육을 구입할 때 육질에 대하여 고려하는 사항>

항 목	마블링 많음	마블링 적음	육즙이 많음	육색	단단함	기타	합계
고려하는 사항	959명	108명	172명	1,661명	14명	87명	3,001명

자료 : 한국육류유통수출입 협회 2010년 소비자 실태조사

**넷째, 우리나라에서 사육되고 있는 돼지 품종은 한국인의 소비문화와는 맞지 않다.**

국내에서 사육되고 있는 돼지 품종은 외국에서 햄, 소시지 소비를 전문으로 하고 그에 맞게 개량되어서 국내에 도입된 것으로 한국인의 소비문화와는 맞지 않아서 선호부위와 비선호 부위로 구분되는 소비형태가 형성되었다. 이러한듯이 한국의 실정에 맞지 않는 돼지의 사육은 한국인의 입맛에 맞지 않는 비선호부위의 재고누적으로 연결되어 양돈농가의 문제점으로 남아있다. 이러한 문제점을 해결하기 위해서는 우리나라의 돈육소비성향에 맞는 선호부위를 증가시킬 수 있는 기술개발이 꼭 필요하다.

이러한 국내 소비성향에 따른 양돈산업의 문제점을 극복하기 위한 기술의 개발은 소비자들의 선호부위의 충족량을 증대시키고, 선호 부위의 생산합량의 증가는 양돈농가의 소득증대 효과로 이어질 것이다. 또 부족한 선호부위의 수입량을 감소시키는 효과로 외화지출을 막을 수 있을 것이다. 결론적으로 양돈농가의 소득증대와 우리 양돈산업의 국제 경쟁력을 높일 수 있는 방법은 우리나라의 돈육소비성향에 맞는 구워먹을 수 있는 부위 즉 삼겹살과 목살 그리고 갈비 등이 많은 돈육을 생산할 수 있는 기술개발이 절대적으로 필요하다.

#### 가. 연구개발대상 기술의 경제적·산업적 중요성 및 연구개발의 필요성

우리나라의 돈육소비문화는 다른 외국과는 다르게 구워먹는 문화를 가지고 있다. 그러나 구워 먹을 수 있는 돈육부위가 한정되어 있다. 실제로 국내에서 출하되는 일반적인 출하 규격의 110kg 돼지 1마리를 도축하였을 경우 삼겹살을 비롯한 구워먹을 수 있는 근내 지방이 침착된 부위(삼겹살, 목살, 갈비)는 35% 정도를 차지한다(Table 1-1-6). 하지만 돈육의 국내 판매량을 보면 구워 먹을 수 있는 부위인 삼겹살과 목등심이 전체 판매량 중 64%를 차지 할 만큼 구워 먹을 수 있는 부위는 판매량이 많다(Fig 1-1-3). 이처럼 삼겹살을 비롯해 구워 먹을 수 있는 돈육 소비가 많은 반면에 국내 양돈시장의 삼겹살 및 목등심, 갈비의 생산량은 턱없이 부족하다. 이러한 현상 때문에 국내에서는 이처럼 많은 양의 구워 먹을 수 있는 부위를 감당하기 위해 많은 양의 돈육 수입으로 그 수요를 감당하고 있는 실정이다.

Table 1-1-6. 돼지의 부위별 중량 및 생산비율

부 위		중 량(kg)	
생 돈		110	
지 육		80.09	
정 육		51.93	
부 위		중 량(kg)	비 율(%)
정 육	목등심	4.84	9.32
	삼겹살	9.95	19.16
	갈비	3.21	6.18
	갈매기	0.34	0.65
	안심	1.08	2.09
	등심	6.71	12.92
	뒷다리	13.65	26.28
	앞다리	8.78	16.92
	사 태	3.37	6.48
	합 계	51.93	100

자료 : 축산물 등급 판정소 2011년 기준

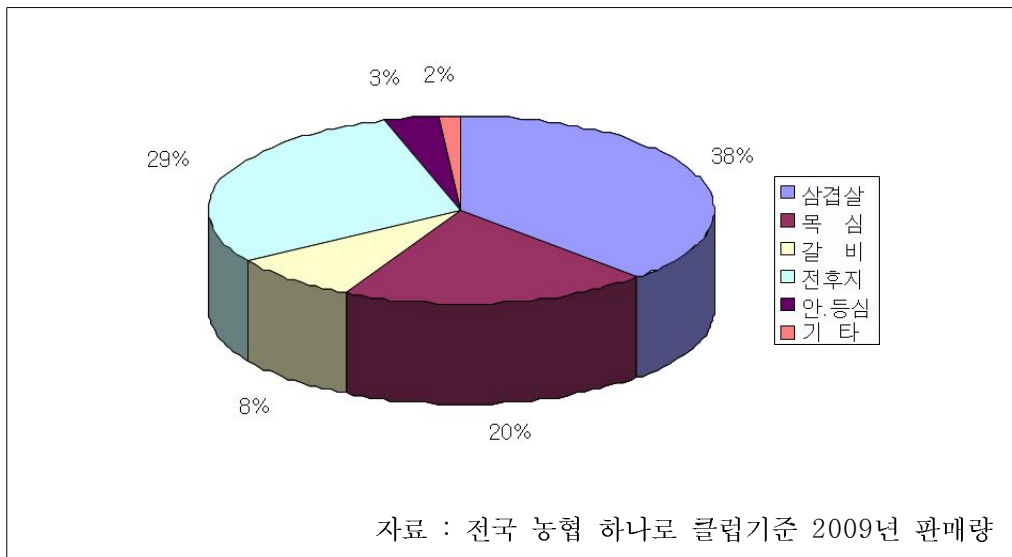


Figure 1-1-3. 국내 돈육 부위별 판매량

▣ 2006년 10월의 삼겹살 수입량은 7,563톤 이었으나 동년 11월의 삼겹살 수입량이 9,489톤으로 한달만에 25.5%나 증가하는 추세를 보였다. 삼겹살뿐만 아니라 목등심과 갈비도 각각 51.2%와 42.7%로 많은 선호부위가 국내로 반입되어 졌다. 이는 선호 부위를 많이 생산하지 않는 한 앞으로도 이러한 추세로 지속적으로 증가할 것이다(Table 1-1-7).

Table 1-1-7. 부위별 수입량 증감 추이

수입부위	2006년 10월 수입량	2006년 11월 수입량	증감 추이
삼겹살	7,563톤	9,489톤	25.5% 증가
목등심	3,816톤	5,770톤	51.2% 증가
갈 비	2,022톤	2,885톤	42.7% 증가

자료 : 수입검역원

▣ 우리나라가 이처럼 많은 양의 삼겹살, 목등심, 갈비 등의 구워먹을 수 있는 돈육을 수입하는 또 다른 이유는 Table 1-1-8에서 보는 바와 같이 수입 돈육의 가격이 국내 가격의 절반정도밖에 못미치기 때문에 값싼 수입 돈육은 지속적으로 늘어나고 불필요한 외화를 낭비하게 되는 것이다. 또한 이러한 수입산 돈육은 국내에 유입된 후 국내산으로 둔갑되어 판매됨으로서 양돈산업의 현장을 더욱더 어렵게 만들고 있으며 소비자들의 국산으로 둔갑된 수입 돈육의 구매에 따라 여러 가지 사회적인 문제점들이 발생되고 있다.

Table 1-1-8. 국내산 돈육과 수입육 가격 비교 (단위 원/kg)

부 위	국내산	수입산
삼겹	10,368	5,855
갈비	6,800	4,900
목심	9,053	5,700
등심	4,175	-
전지	4,638	-
후지	3,015	-
안심	4,720	-

자료 : 한국육류유통수출입 협회 2006년 9월 평균가

▣ 양돈산업의 호황기에도 불구하고 이처럼 극복되지 못하는 많은 문제점을 안고 있는 양돈업계는 앞으로 한국인의 입맛에 맞춰 구워 먹는 고기 즉 삼겹살의 비율을 최대한 증대할 수 있는 기술 개발과 삼겹살이 많이 생산되어지는 돼지에 대한 육종개량을 위한 유전자 진단 기술개발이 절실히 필요한 실정이다.

▣ 삼겹살을 비롯한 구워먹을 수 있는 부위는 정육 중 35.31%(18.34kg)을 차지한다. 본 연구를 통해 선호부위의 생산량의 10%만 증가하게 되면 우리나라 년 간 도축수가 약 12,000천두 이므로 2만2천톤( $12,000\text{천두} \times 20.174\text{kg} - 12,000\text{천두} \times 18.34\text{kg} = 2\text{만}2\text{천톤}$ 이 증가)이 증가하게 되고 현재 선호부위의 소비자 가격이 kg당 12,000원 인점을 감안하면 2천640억원 정도의 엄청난 경제적 이윤이 발생하게 되고 선호부위의 양이 증가한 만큼 수입량도 줄일 수 있을 것이라고 예상된다. 또한 양돈농가에는 비선호 부위를 줄이고 선호부위를 늘림으로서 농가의 소득증대에 기여할 것이고 삼겹살의 양을 늘리기 위해 비육일을 180일에서 230일 정도까지 늘이는데 삼겹살의 양이 많아짐으로서 비육일수를 앞당길 수 있고 그에 대한 제반 경비(사료비, 관리)를 절약할 수 있을 것이다.

## 제 2 절 연구개발의 목적

삼겹살을 비롯한 구워먹을 수 있는 부위는 돼지 등지방의 두께 및 복부의 두께, 배장근의 단면적에 의해서 그리고 이러한 돼지 등지방의 두께 및 복부의 두께, 배장근의 단면적은 유전력이 40%-60% 정도로 지방합성관련 유전자에 의해 크게 차이를 나타내고 있다. 또한 흑돼지의 경우 삼겹살 부위가 차지하는 비율이 일반육에 비해 5 ~ 10%정도 높게 나타난다.

이에 본 연구에서는 유전력이 높은 근내지방 관련 유전자와 삼겹살을 만드는데 관여하는 유전자를 확보하여 삼겹살 증대기술을 개발하고 이를 조기 선발에 이용하는 연구의 필요성이 매우 크다고 판단하였다. 이처럼 구워 먹을 수 있는 부위를 많이 생산하는 돼지를 조기 선발함으로써 양돈농가의 소득뿐만 아니라 삼겹살의 수입량을 줄일 수 있는 국가 경쟁력에도 많은 도움이 되고자 본 연구를 수행하였다.

## 제 2 장 국내외 기술개발 현황

- 외국에서는 근내 지방관련 유전자인 H-FABP와 A-FABP라는 유전자를 이용하여 PCR - RFLP 실험을 통해 연구를 하였고 그 결과 H-FABP 유전자는 Duroc 종에서 근내 지방과 연관성이 있는 것으로 보고되었고 유전자 마커로 활용되고 있다. 그 밖에도 지방 연관 후보유전자는 LEPR, MC4R, MC5R, PPAR, H-FABP, CAST, ADD1, SREBP1, PDHA1, RN-, Halothane 등이 있다(Rothschild and Plastow, 2000). 하지만 구워 먹는 문화는 우리나라의 특유의 식생활이어서 다른 외국에서는 선호부위 즉 삼겹살과 같이 지방이 있는 부위에 관한 연구는 전무한 실정이다.
- 국외에서는 삼겹살이 많은 돈육 생산에 대한 연구의 필요성이 없으므로 이와 직접적으로 관련된 연구는 없고, 지방의 합성과 분해, 수송 등에 관련된 대사과정에 대한 많은 연구결과를 도출하였으므로 본 연구에서는 지방 대사과정에 관련된 다양한 유전자들을 이용하고자 한다(연구내용의 Table 3-1-1, Fig 3-1-2 참조).
- 국내·외에서는 삼겹살과 연관성이 많은 지방조절과 마블링 잘되는 돈육 생산을 위한 사양 관리나 특정물질을 사료에 첨가시키는 연구를 이미 진행하고 있으나 현재 산업협장에 적용한 것은 어려운 상황이다(Table 2-1). 하지만 대부분의 연구는 특정물질이나 질병 제어 및 방제를 통한 육질 개선 방법을 모색하였고 또한 선발 교배를 통한 개량이 주를 이루었다. 물론 이러한 연구들이 잘못된 것은 아니지만 특정 물질일 경우에는 사료비 외에 추가부산물에 들어가는 비용이 추가로 발생하기 때문에 사료비도 부담이 되는 환경에서 실생활 적용에 어려움이 따르고, 선발 교배를 통한 연구가 가장 좋은 방법이기도 하지만 연구를 수행함에 있어 기간과 비용이 엄청나기 때문에 단기간에 걸쳐 두드러진 결과들을 나타내기 어려운 실정이다.
- 우리나라는 외국과는 다르게 유전자원을 이용하여 근내지방과 삼겹살 관련 유전자에 대한 연구가 거의 없다. 따라서 DNA Chip과 같은 빠른 시간 내에 많은 유전자를 탐색할 수 있는 기술과 현재 유전공학기법들을 이용하여 비용과 시간 절약면에서 유전자원을 이용한 연구가 절실히 필요한 실정이다.
- 돼지 등지방의 두께 및 복부의 두께, 배장근의 단면적은 유전력이 40%-60% 정도로 지방합성관련 유전자에 의해 크게 차이를 나타내고 있다. 따라서 본 연구는 이에 중점을 두고 마블링이 잘 되고 선호부위의 생산량이 많은 흑돼지를 이용하여 유전자원을 확보할 것이다. 또한 돼지의 유전자적 특징을 찾아서 삼겹살과 관련된 근본적인 유전자를 찾고 메카니즘을 연구하여 삼겹살과 근내지방이 많이 침착되어지는 부위를 많이 생산할 수 있는 돼지를 조기에 선발할 수 있는 기술을 개발하려고 한다.

Table 2-1. 연구개발 대상 기술의 국·외 현황

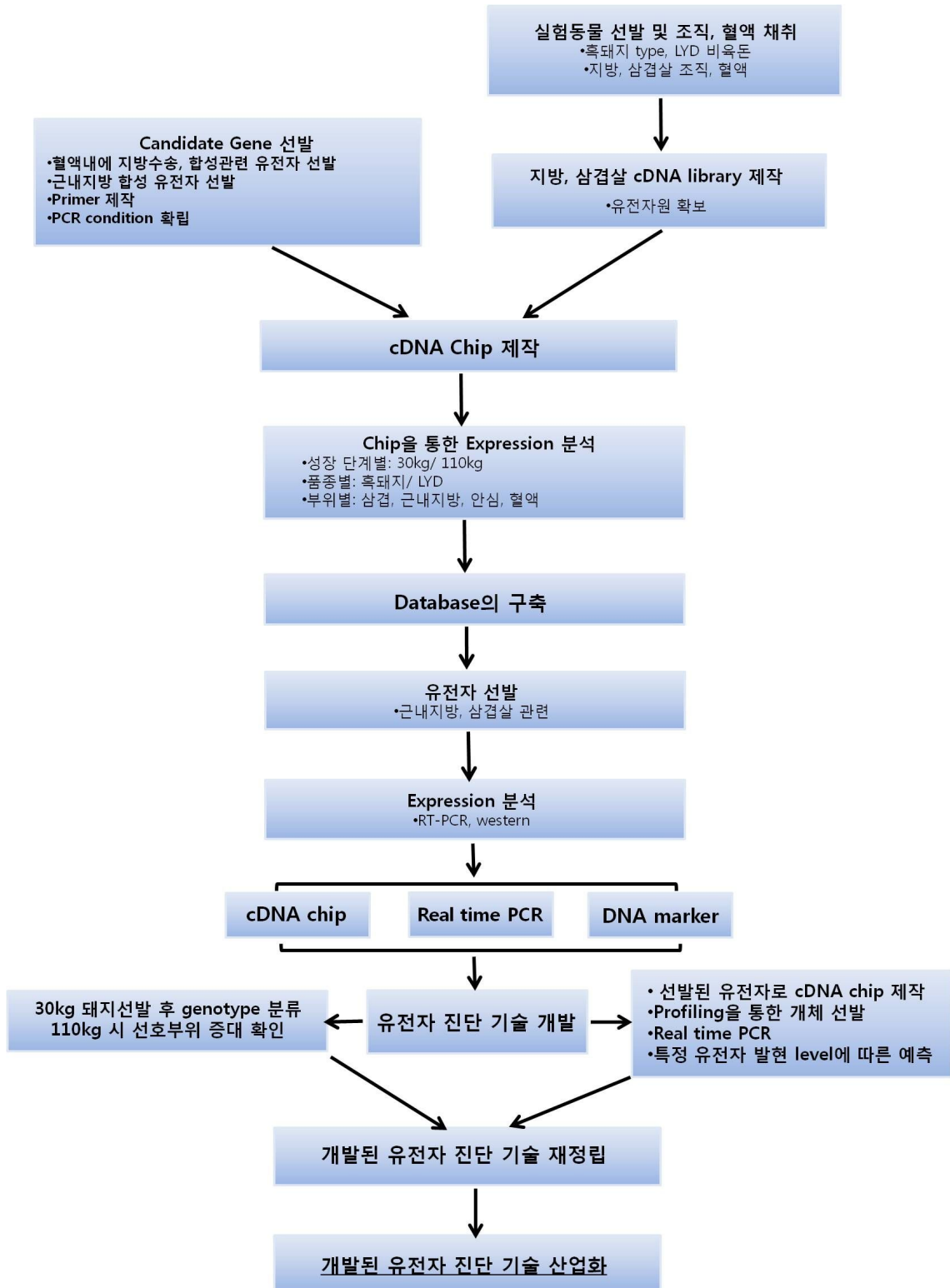
연구수행 기관	연구개발의 내용	연구개발성과의 활용현황
경상대학교	<ul style="list-style-type: none"> <li>- 교배조합별 육질·생산성 구명</li> <li>- 국내 인기 돈육부위의 품질 평가 표준 설정</li> <li>- 브랜드육 식별 및 육질관련 DNA marker 개발</li> <li>- 생체 초음파 검사를 통한 국내 선호부위 생산능력평가와 육질 능력 평가모델 개발</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>· 광역 브랜드 인증제도 도입을 위한 기반조성</li> <li>· 육질생산성이 확보된 브랜드의 농가 관리 체계로 활용</li> <li>· 국내선호 부위 종돈개량을 위한 기반조성</li> <li>· 개발된 교배조합별 육질·생산성 구명을 토대로 광역브랜드 도입 체계로 활용</li> <li>· 삼겹살·목살 품질 평가 기준 작성을 통하여 향후 종돈선발지수 설정에 활용</li> <li>· 초음파를 활용한 국내 선호 부위 검정기술로 활용</li> </ul>
경남양돈산업 클러스터사업단	<p>브랜드 돈육 생산 기술 개발</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- 지역부존자원을 활용하여 제조한 담근 먹이사료</li> <li>- 육질이 우수하면서 마블링이 적절하게 이루어진 고기를 생산</li> <li>- 품질의 고급화와 한국인의 선호도가 낮은 저지방부위도 구워먹을 수 있도록 하여 돼지고기 소비의 불균형을 해소할 수 있는 생산기술을 개발</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>· 개발된 담근 먹이 사료의 자가배합 기술</li> <li>· 장기비육에 의한 고품질 돈육의 생산기술을 농가에 보급</li> </ul>
The Ohio State University	Rendement Napole(RN) Gene의 효과 규명	<ul style="list-style-type: none"> <li>· 높은 당질함량 측정 방법으로 낮은 pH와 창백한 육색, 낮은 육내 수분함량, 요리시 높은 수분손실과의 연관성 측정법 검사</li> </ul>
SNP genetics	호발질환 관련 유전자 발굴	<ul style="list-style-type: none"> <li>· 호발질환 관련 유전자를 이용한 진단법 개발</li> </ul>
영국 `John Innes` 연구 센터	비교 유전체학을 위한 새로운 마커 시스템(SSCP-SNP)의 개발	<ul style="list-style-type: none"> <li>· SSCP-SNP 프라이머가 다른 작물에서도 50%의 성공률로 적용 가능</li> <li>· SSCP-SNP 마커가 COS (conserved orthologous set) 마커로의 전환 가능</li> <li>· 유전체 염기서열과의 정확한 비교분석 연구에 적용될 수 있음을 제시</li> </ul>
일본 과학기술진흥사업단	<ul style="list-style-type: none"> <li>·노년병 SNP 데이터베이스</li> <li>·사람의 미토콘드리아 계통 다형 데이터베이스</li> <li>·단백질 다형 데이터베이스</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>· 노년성 질환과 특정 유전자의 염기배열과의 상관관계 등이 밝혀져, 예방과 치료약 개발</li> </ul>



### 제 3 장 연구개발 수행 내용 및 결과

#### 제 1 절 연구개발의 추진 전략

본 연구과제의 연구 추진 전략은 아래에 나타낸 그림과 같이 수행되었다.



지방 합성 관련 유전자를 이용한 삼겹살 부위 증대 진단 기술의 개발을 위해 본 연구팀은 5차년에 걸쳐 단계별 연구를 수행하였다. 1단계(1 ~ 2차년도)로서 유전자원을 확보하고 cDNA chip 기술을 이용한 유전자 발현양상 분석을 수행하였다. 2단계(3 ~ 4차년도)로서 각 유전자에 대한 marker/SNP 또는 cDNA chip 분석기법을 이용한 체계적인 분석 후 삼겹살 및 선포부위를 증대시킬 수 있는 기술을 개발하였다. 그리고 마지막 3단계(4 ~ 5차년도)로서 확보된 삼겹살 증대와 관련된 유전자의 재현성을 검증하고 유전자에 따른 진단기법을 확립하여 양돈산업에 적용이 가능한지를 타진하여 최종적인 진단 및 분석기술을 개발하고자 하였다.

지방 합성 대사과정은 지방의 함량에 따라 각 기관에도 영향을 미치게 된다(Fig 3-1-1). 그러므로 각 기관별 발현되어지는 유전자의 종류나 양의 차이가 나타나게 된다. 이렇게 기관별로 다르게 발현되는 유전자를 확인하여 이들을 근내 지방 침착 및 삼겹 증대와의 관련성을 확인하고, 이 유전자들의 polymorphism을 확인하는 것은 유전자 진단 기법 개발의 접근에 효과적이다.

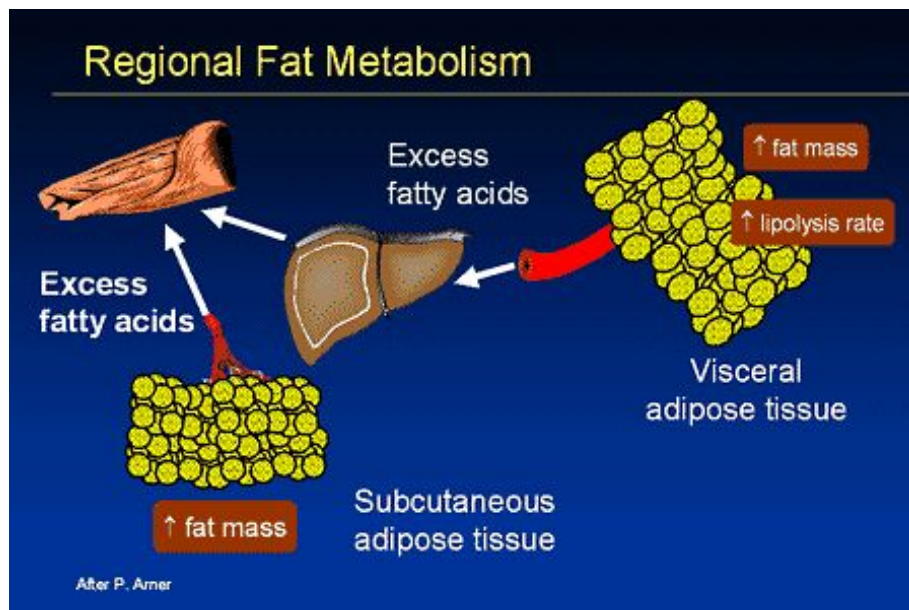


Figure 3-1-1. Regional fat metabolism

특히 혈액에서의 유전자 발현양의 차이는 cDNA chip을 이용한 다량의 유전자를 한 번에 도출하지 않고 조기에 직접 진단이 가능하도록 하여 효과적인 진단기법으로의 개발이 용이하다. 그러므로 본 연구에서는 혈액에서 지방을 수송하거나 합성하는 대사과정에 관련된 유전자들을 확보하여 이들의 혈액에서의 유전자 발현양상 분석을 수행하였다 (Fig 3-1-2).

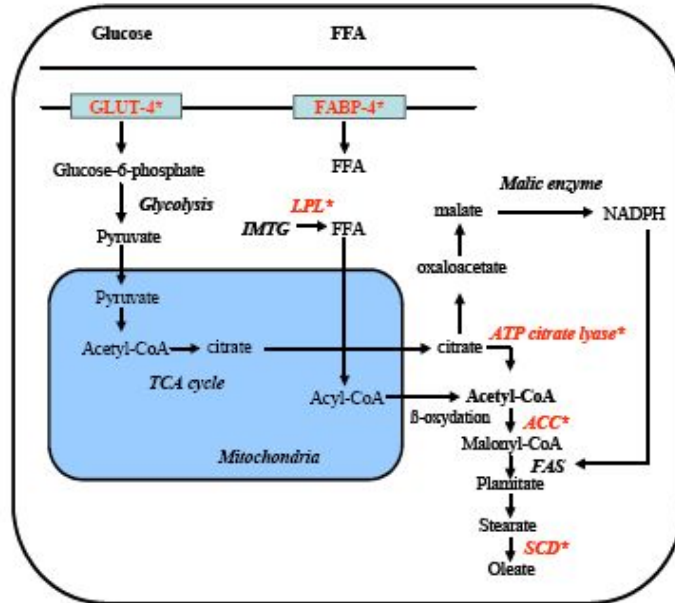


Figure 3-1-2. 혈액에서의 지방산과 carbohydrate 대사과정의 상호작용과 생합성 과정

지금까지 근내 지방 침착 및 삼겹 증대와 관련된 유전자를 확보하기 위해 우선적으로 지방 합성, 수송, 분해 등과 관련된 유전자들에 대한 정보를 검색하였다(Table 3-1-1). 각 유전자들은 이미 지방 합성과 관련하여 많은 연구가 이루어진 중요한 후보 유전자들로서 발현양의 차이나 polymorphism에 의한 분석이 진행되어진 경우도 있다. 본 연구를 수행함에 있어 이러한 선행 연구 결과들의 자료도 참조하였다.

Table 3-1-1. 지방 합성 및 분해 관련 유전자

Genes	Reference
Fatty acid binding protein 4 (FABP4)	Gerbens, F., et al. J. Anim. Sci. 9:1022-1026
GLUT4	Zorzano, A., et al. 2005. Acta. Physiol. Scand. 183:43-58
Acetyl-CoA Carboxylase(ACC)	Murray, R. K., et al. 2000. Prentice-Hall, NJ 230-237
ATP-citrate lyase(ACL)	Smith, S. and Prior, R. 1981. Arch Biochem. Biophys. 211:192-201
Lipoprotein lipase (LPL)	Eckel, R. H. 1989. Lipoprotein lipase. J. Med. 320:1060-1068
Stearoyl-CoA desaturase (SCD)	Taniguchi, M., et al. 2004. Genome 14:142-148
$\beta$ -adrenergic receptors (BAR)	Sheila Collins and Richard S. Surwit. 2001. Recent Prog Horm Res. 56:309-328 Sabells J. dionne, et al. 2001. Diabetes, Jan:50(1):91-95
The leptin receptor (LEPR)	Zhang, Y., et al. 1997. Biochemical and Biophysical Research Communications. 240:492-495. Vincent. A. L., et al., 1997. Journal of Animal Science. 75:2287.
Melanocortin-5 receptor (MC5R)	Boston, B. A. 1999. Ann. NY Acad. Sci. 885:75-84.
Peroxisome Proliferator Activated Receptor-g (PPARg)	Rosen, E. D., and B. M. Spiegelman. 2000. Annual Reviews Cell and Developmental Biology. 16:145-171.
Heart Fatty Acid Binding Protein (HFABP)	Gerbens, F., et al. 1999. Journal of Animal Science. 77:846-852.
Adipocyte determination and differentiation factor-1 (ADD1)	Yerle, M., et al. 1996. Cytogenetics and Cell Genetics. 73:194-202.

A형 흑돼지의 경우에는 근내지방과 삼겹살 관련 부위의 함량이 일반비육돈에 비해 현저히 높게 나타나는 것을 이전의 연구를 통해 확인할 수 있었다. 이러한 지방과 관련된 유전자는 유전력이 뛰어나므로 본 연구에서는 삼겹살 관련 유전자를 확보하기 위해 우선 A형 흑돼지를 이용하였다. A형 흑돼지의 조직으로부터 유전자원을 확보하고 조직 부위별 발현 차이가 크게 나타나는 근육, 삼겹, 지방에서의 흑돼지의 gene expression을 비교분석하여 근내지방 및 삼겹살 관련 유전자들을 확보하였다. 또한 흑돼지에서만 특이하게 많이 발현되는 유전자들을 확인하기 위하여 일반돼지와 흑돼지간의 gene expression을 비교 분석하여 흑돼지 특이 근내지방 및 삼겹살 관련 유전자를 확보하였다. 또한 지방 합성과 관련된 후보 유용유전자를 선발하여 이들 유전자의 polymorphism을 확인하고, 유전자 발현양상을 분석하여 이들이 실제 삼겹살 증대에 미치는 영향에 대해서도 확인하였다.

이렇게 확인되어진 삼겹살 증대에 관련된 유전자는 30kg시 흑돼지에서 이 유전자들의 분석 기법을 적용한 선발을 통해 선발된 돼지를 110kg까지 사양관리한 후 삼겹살 증대에 미치는 영향을 확인하고, 재현성을 검정하여 최종적으로 양돈산업에 이용할 기술로 활용하고자 한다.

## 제 2 절 삼겹살 부위의 cDNA library 제작을 통한 지방합성관련 유전자 정보 검색 및 확보

### 1. 연구 내용

#### 가. 실험동물 확보 및 조직 채취

cDNA chip을 이용한 삼겹살 관련 유전자를 확보하기 위해서 다양한 실험동물을 확보하여 필요한 시료를 채취하였다. 우선 돼지의 유전자원을 확보하기 위한 cDNA library 제작을 위해 산청에 소재하고 있는 성축농장(대표 : 서상식)에서 흑돼지 A형과 비육돈 LYD형을 각각 3두씩 도축하고, 뇌, 근육, 지방, 심장 등의 모든 조직 부위를 채취 하였다.

#### 나. cDNA library 제작

##### (1) 삼겹살 조직으로부터 total RNA 분리

채취한 각 조직으로부터 total RNA를 분리하였다. RNA는 세포내에서 단백질과 결합되어 있으며 그들 간의 친화력이 매우 강하므로 단백질을 얼마나 제거하느냐가 RNA의 순도를 결정하게 된다. 그래서 동물의 조직에서 가장 효율적인 분리가 가능한 Trizol(GibcoBRL, USA) kit를 이용해서 채취된 조직으로부터 total RNA를 분리하였다.

멸균된 막자사발에서 액체질소와 함께 1 ~ 10g의 조직을 미세하게 분쇄하고 0.2 ~ 1g을 달아서 15ml tube에 넣고, Trizol 용액 2ml/mg을 첨가하여 homogenizer로 조직을 완전히 분쇄하고 1.5ml E-tube에 1ml씩 분주하였다. 실온에서 10분 동안 방치한 후 0.2ml chloroform을 첨가하여 잘 혼합한 뒤 다시 10분 동안 방치하고 12,000rpm으로 원심분리하였다. 층사이의 찌꺼기들이 딸려가지 않도록 조심스럽게 상층액만을 새로운 E-tube로 이동시키고, 0.3ml isopropanol을 첨가하여 원심분리하고 다시 70% 에탄올침전과정을 거친 후 순수 total RNA를 DEPC 처리된 20 $\mu$ l ddH<sub>2</sub>O에 녹였다.

분리한 total RNA는 formaldehyde gel에 전기영동 하여 결과를 확인하고, spectrophotometer를 이용하여 A260/280의 흡광도에서 total RNA를 정량하였다. 이때 측정된 흡광도의 비율 값은 1.8이상이어야 한다.

##### (2) Total RNA로부터 poly-A RNA 분리

Poly-A RNA를 분리 정제하기 위해 분리된 total RNA에서 Oligo(dT) cellulose column 또는 RNA Isolation Kit(Amersham Pharmacia Biotech Inc. USA)를 이용하였다. 먼저, Oligo(dT)-cellulose column에 0.1ml High-salt buffer를 2번 처리하고, 1.25mg의 total RNA는

65°C에서 5분간 heating한 후, 0.2ml Sample buffer를 첨가하여 각 sample들을 준비하였다. High-salt buffer 처리된 column에 total RNA를 넣고, 상온에서 2분간 350xg로 원심분리 하였다.

원심분리된 column에 0.25ml High-salt buffer을 2번 처리하고, 0.25ml Low-salt buffer로 poly-A RNA를 깨끗이 세척하였다. 그리고 65°C에서 배양된 0.25ml Elution buffer를 첨가하여 2분간 3500xg에서 원심분리한 다음, 에탄올침전으로 poly-A RNA를 얻었다.

### (3) cDNA library 제작

분리된 poly-A RNA로부터 SuperScript™ Plasmid System Kit(Invitrogen, USA)를 이용한 reverse transcription으로 cDNA를 합성하였다. mRNA에 Not I primer-adaptor를 붙여 first strand를 합성하고, 이로부터 second strand를 합성하여 T4 DNA polymerase로 double strand cDNA를 합성하였다.

cDNA 합성 Kit를 이용하여 cDNA가 얻어지면 이로부터 library를 구축하기 위해 Not I adopter 옆에 Sal I adapter를 붙여서 Not I으로 절단하였다. 그런 후에 column chromatography 방법으로 Not I-Sal I 말단이 부착된 우리가 원하는 크기의 cDNA를 선택하여 여기에 plasmid pCNS-D2 vector(figure 1)를 이용하여 Not I - Sal I - Cut된 cDNA를 함께 ligation하였다. 이 과정에서 DNA가 vector에 삽입되지 않고 vector만이 다시 붙는 self-ligation이 일어날 수도 있다. Ligation 되어진 cDNA를 heat shock 방식으로 *E. coli* (XL1 Blue competent cell)에 transformation하여 LB-ampicillin agar 고체배지에 plating된 cDNA library를 얻었다. mRNA로부터 first strand를 합성하고 second strand를 합성하는 전체 과정을 도식화 하여 figure 2에 나타 내었다.

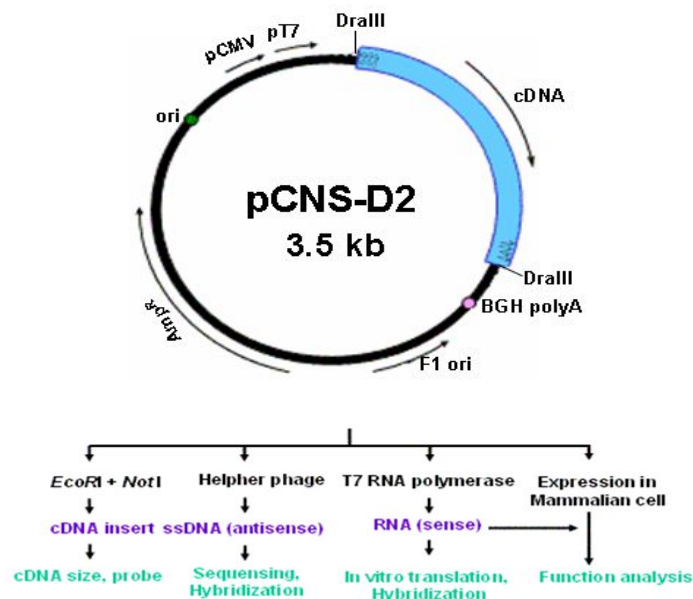


Figure 3-2-1. Multi-functional pCNS-D2 vector

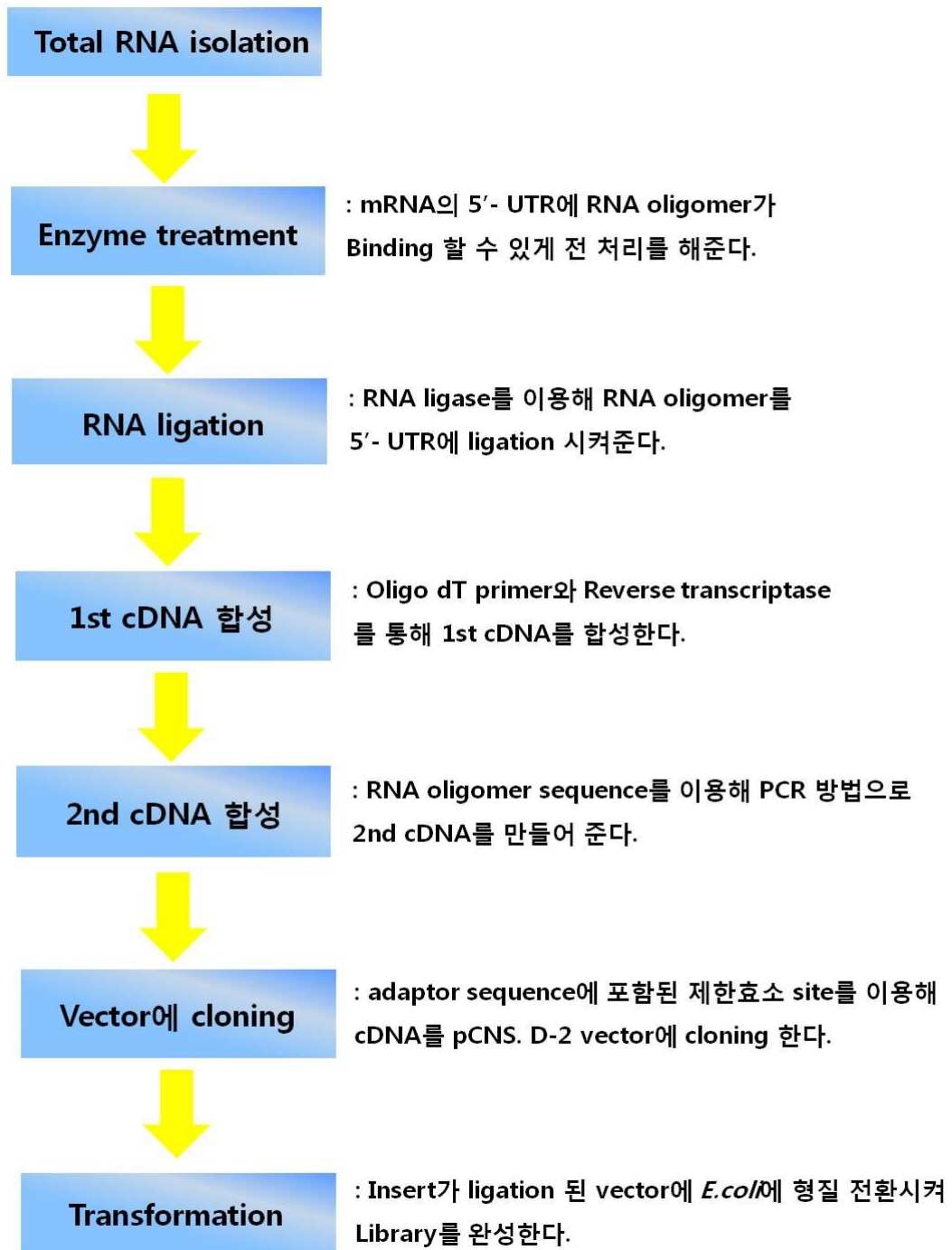


Figure 3-2-2. cDNA library of the production process

#### (4) cDNA library 검증

LB-ampicillin agar 고체배지에 plating된 cDNA library는 멸균된 이쭉시개로 무작위로 96개를 채취하여 LB-ampicillin 액체배지 3ml에 키운 다음 vector의 primer인 T7과 SP6를 이용하여 colony-PCR을 수행 하여 1차에서 확보된 96개 유전자원 중복여부를 전기영동 하여 subtraction이 잘 되었는지 확인하였다.

#### 다. cDNA library로부터 유전자원 확보

##### (1) cDNA clone의 분리

합성된 cDNA library로부터 다량의 유전자원을 확보하기 위해 DNA cloning 과정을 수행 하였다. LB-ampicillin agar plate에 2 ~ 5 $\mu$ l의 cDNA를 spreading하여 37 $^{\circ}$ C에서 8시간 이상 배양하여 나타난 clone을 이쭉시개나 yellow tip을 이용해서 채취하여 3ml LB solution에 넣고 37 $^{\circ}$ C에서 다시 배양한 후, mini-prep kit(Solgent, Korea)를 이용하여 순수 plasmid DNA 만을 정제 하였다. 분리 정제된 DNA는 SP6와 T7 primer를 이용한 PCR 증폭반응을 통해 insert의 삽입여부를 확인 하였다.

##### (2) DNA sequencing

Mini-prep으로 정제된 DNA는 BigDye terminator(Applied Biosystems, USA)와 SP6, T7 primer를 이용하여 Table 3-2-1과 같은 조건으로 PCR(PE9600/9700, Applied Biosystems, USA)을 수행 하였다.

Table 3-2-1. BigDye terminator cyclic sequencing reaction condition

PCR reagent condition		PCR thermal condition
Terminator Ready Reaction Mix	2.0 $\mu$ l	96 $^{\circ}$ C 10"(denaturation)
Template(Plasmid DNA)	1.0 $\mu$ l (300~500ng)	50 $^{\circ}$ C 5"(annealing)
Primer(T7, SP6)	2.0 $\mu$ l (1.6pmol)	60 $^{\circ}$ C 4'(extention)
dH <sub>2</sub> O	5.0 $\mu$ l	
Total volume	10 $\mu$ l	25 cycles

PCR로 증폭된 DNA는 에탄올침전 혹은 Sequencing Reaction Cleanup Kit(Montage<sup>TM</sup> SEQ<sub>96</sub>, Milipore, USA)를 이용하여 정제하고 20 $\mu$ l Injection solution(Milipore, USA) 혹은 HiDi-formamide(Applied Biosystems, USA)에 녹여 ABI3100 Genetic Analyzer(Applied Biosystems, USA)에서 각 유전자에 대한 sequence를 확인하였다.

##### (3) 확보된 유전자 DB 구축 및 정보 검색

확보된 유전자의 sequence 정보는 Excel program을 이용하여 자체 database를 구축 하



였다. 그리고 이 sequence 정보는 NCBI GenBank에서 NCBI translate blast search와 NCBI nucleotide blast search 통해 핵산 염기서열과의 동일성을 확인하여 유전자 각각에 대한 homology(%), description, organism, Accession number 에 대한 정보를 정리 하였다.

## 라. 지방 합성 관련 유전자 확보

### (1) 지방합성 관련 유전자 정보 검색 및 선발

본 연구의 최종목적은 DNA chip 분석을 통하여 삼겹살에 관련이 있는 유전자를 선발하고 그 유전자의 특성을 분석하여 삼겹살을 증대시킬 수 있는 조기 선발 기법을 개발하는데 있다. 근내 지방이나 지방에 관련된 유전자의 정보를 탐색하고 선발하는 것은 이미 지방합성과 연관이 있다고 알려진 유전자를 DNA chip을 제작할 때 같이 사용하여 지방이나 삼겹살에 관련된 유전자를 조금 더 쉽게 찾기 위함이다. 근내 지방 침착 및 삼겹 증대와 관련된 유전자를 확보하기 위해 우선적으로 지방 합성, 수송, 분해 등과 관련된 유전자들에 대한 정보를 검색하고 선발 하였다.

### (2) 선발된 유전자 primer 제작 및 합성

선발된 각 유전자에 대하여는 NCBI에서 유전자의 염기서열을 확보하여 적당한 길이의 probe를 생각하여 PCR을 위한 primer를 제작한다. DNA chip분석을 할 때는 최소 400bp이상은 되어야 만이 결과의 정확도를 높일 수 있기 때문에 probe의 길이는 400bp가 넘게 primer를 제작 하여 합성 하였다.

### (3) PCR 증폭으로 probe DNA 확보

#### (가) Total RNA 분리 및 cDNA 합성

Total RNA 분리는 앞의 cDNA library 제작할 때 분리한 방법과 동일하게 분리 하였다. 분리된 total RNA로부터 Superscript RT(Invitrogen, USA)를 이용하여 first strand DNA를 합성 후 second strand DNA를 합성하였다.

#### (나) PCR증폭을 통한 probe DNA 확보

합성된 cDNA와 primer를 이용하여 적합한 PCR 조건에 맞춰 PCR 분석을 수행하고, 그 결과를 agarose gel 전기영동으로 확인하였다. 합성된 primer에 의해 증폭되는 DNA의 크기가 일치하는 지를 확인하고 단일 band일 경우에는 곧바로 에탄올 침전으로 DNA를 정제하고, 두 개 이상의 band로 나타난 경우에는 gel elution 과정을 거쳐 순수한 DNA를 정제 분리하여 probe DNA를 확보 하였다.

## 2. 연구개발 결과

### 가. 실험동물 확보 및 시료 채취

cDNA library를 제작하기 위하여 경남 산청군 산청읍에 소재하고 있는 성축농장(대표: 서상식)에서 사양관리 방법이 동일하게 사육된 흑돼지 A형과 LYD비육돈의 체중별 30kg, 60kg 그리고 110kg에 도달된 돼지를 각각 선발 확보하였다. 먼저 110kg 흑돼지 A형을 도축하여 삼겹살 조직은 본 연구과제에 삼겹살 관련 유전자원 확보를 위한 cDNA library 제작에 사용되어졌고 나머지 30kg, 60kg 그리고 110kg의 돼지들은 도축하여 근내지방, 삼겹, 목살, 안심 부분 등의 조직 및 혈액을 채취하여 cDNA chip의 재현성 검증이나 유전자 기능분석에 이용하기 위해 채취 하였다. RNA는 공기 중이나 채취 시 다루는 과정에서 쉽게 파괴됨으로 최대한 RNA의 파괴를 막기 위해 알콜로 소독된 장갑을 착용하여 채취 하고, 조직 간의 혼합을 방지하도록 labeling과 소독을 철저히 하여 각 조직을 적당한 크기로 절단하여 액체질소에 곧바로 얼려 -80℃에서 보관하였다.

### 나. cDNA library 제작

#### (1) Total RNA 분리

DNA chip 제작에 필요한 cDNA library 제작을 위해 필요한 조직으로부터 total RNA를 분리하였다. 돼지의 유전자원은 어떠한 돼지를 이용하여도 무방하나 최대한 삼겹살 관련 유전자의 발현이 풍부할 것으로 예측되어지는 흑돼지 A형을 도축하여 삼겹살 조직을 확보하여 total RNA를 분리하였다. Figure 3-2-3은 5g의 삼겹살 조직으로부터 분리된 total RNA를 전기영동 장치에서 확인한 결과이다. RNA는 분리도중 RNase에 의해 잘 깨어지는 경향이 있어 순수 total RNA의 분리가 잘 이루어졌는지 확인하고자 대략 5 $\mu$ g 정도 취하여 65℃에서 15분간 heating하여 1.3% formaldehyde gel에서 전기영동 하였다. Total RNA 분리 시에는 2kb 정도의 28S, 1kb정도의 18S, 그리고 0.5kb이하의 5S RNA로 분리되어 나타나고, 5S의 경우에는 RNA 분리가 깨끗하게 잘 되었을 경우 2개의 band로만 결과를 확인할 수 있다. 이렇게 하여 poly-A RNA의 분리에 필요한 1~1.25mg의 total RNA를 확보하였다.

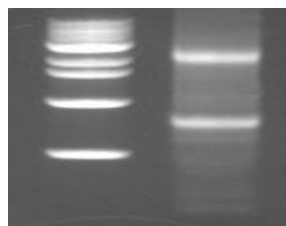


Figure 3-2-3. Total RNA isolated from belly of the A type of black pig.

## (2) cDNA library 구축 및 검증

분리된 poly-A RNA로부터 cDNA를 합성하기 위해서 'SuperScript™ plasmid System' kit(GIBco BRL)를 이용한 reverse transcription으로 cDNA를 합성 하였다.

이렇게 LB-ampicillin agar 고체배지에 plating된 cDNA library 멸균된 이쑤시개로 무작위로 96개를 채취하여 LB-ampicillin 액체배지 3ml에 키운 다음 vector의 primer인 T7과 SP6를 이용하여 colony-PCR을 수행 하여 cDNA library가 잘 제작 되었는지 검증하였다. 그 결과 Figure 3-2-4에서와 같이 0.8 kb 이상 90 개, 0.8 kb 미만인 5개, No insert가 1개로 cDNA library가 잘 제작 되었음을 확인하였다.

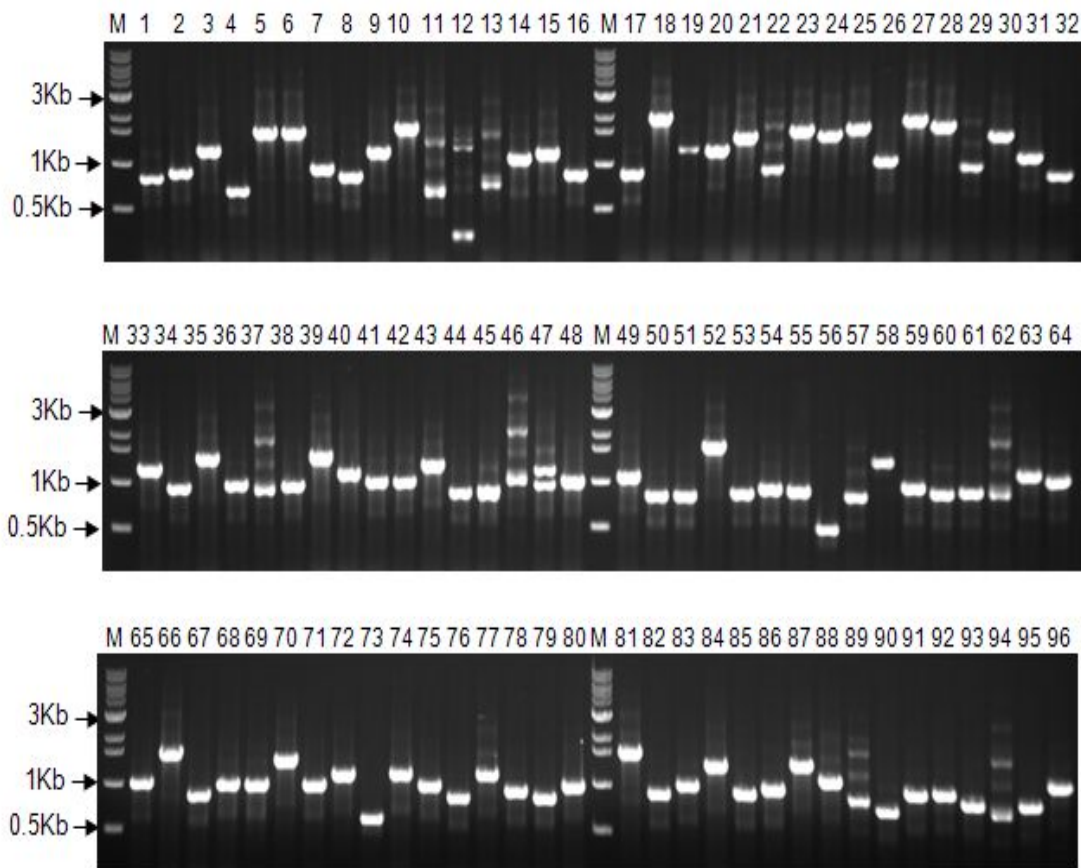


Figure 3-2-4. Colony-PCR performed with T7 and SP6 primers.

### 다. 삼겹살 관련 cDNA library로부터 유전자 확보

#### (1) cDNA clone의 mini-prep

LB-ampicillin agar plate에 spreading해 놓은 cDNA library의 각 clone들에 대해서 cDNA만을 정제하기 위해 mini-preparation을 하였다.

분리 정제된 DNA는 SP6와 T7 primer를 이용한 PCR 증폭반응을 통해 insert의 삽입여부

를 확인하여 size가 800bp이상인 것 1061개를 선택하여 -80℃에서 냉동 보관하였다. Figure 3-2-5는 선택된 1061개의 clone을 PCR 증폭반응 후 전기영동으로 확인한 전체 결과 사진 중 일부에 대해서 나타낸 것이다.

제작된 cDNA library에서 얻어진 clone은 insert DNA가 없이 self-ligation되어 얻어진 것, insert의 size가 0.8kb보다 작은 것 등은 cDNA chip제작에 적합하지 않은 유전자 이므로 제거하였다. 그래서 1차년도 연구목표인 800개의 유전자를 확보하기 위해 대략 1500여개의 clone를 mini-prep하였고, 그 중에서 insert가 0.8kb 이상인 유전자 1차년 목표량 보다 많은 1061개를 확보할 수 있었다. 이 확보된 유전자는 2차 년도에 추가로 확보되는 1000여개의 유전자와 함께 2차년도 후반에 제작되어질 cDNA chip에 모두 이용될 예정이다.

## (2) 확보된 유전자 sequencing

확보된 유전자의 정확한 정보는 DNA sequencing을 수행하여 확인 할 수 있었다. Cloning vector의 SP6, T7 primer 중 1개를 이용하여 전체 유전자의 일부분의 sequence를 일차적으로 확인하였다. 그러므로 전체 유전자의 길이 중 SP6 혹은 T7 쪽 방향의 500bp정도 유전자의 염기서열을 확인 한 것이다.

1061개의 유전자는 mini-prep 후의 PCR결과 확인으로 모두 unique한 유전자로 추정되어 sequencing이 이루어 졌는데 실제 sequencing 결과에서도 그러한 결과를 확인 할 수 있었다. 1061개의 유전자의 DNA sequencing 결과 전체는 여기에서 생략되었고 그 중 일부에 대한 sequence를 Figure 3-2-6에 나타 내었다.

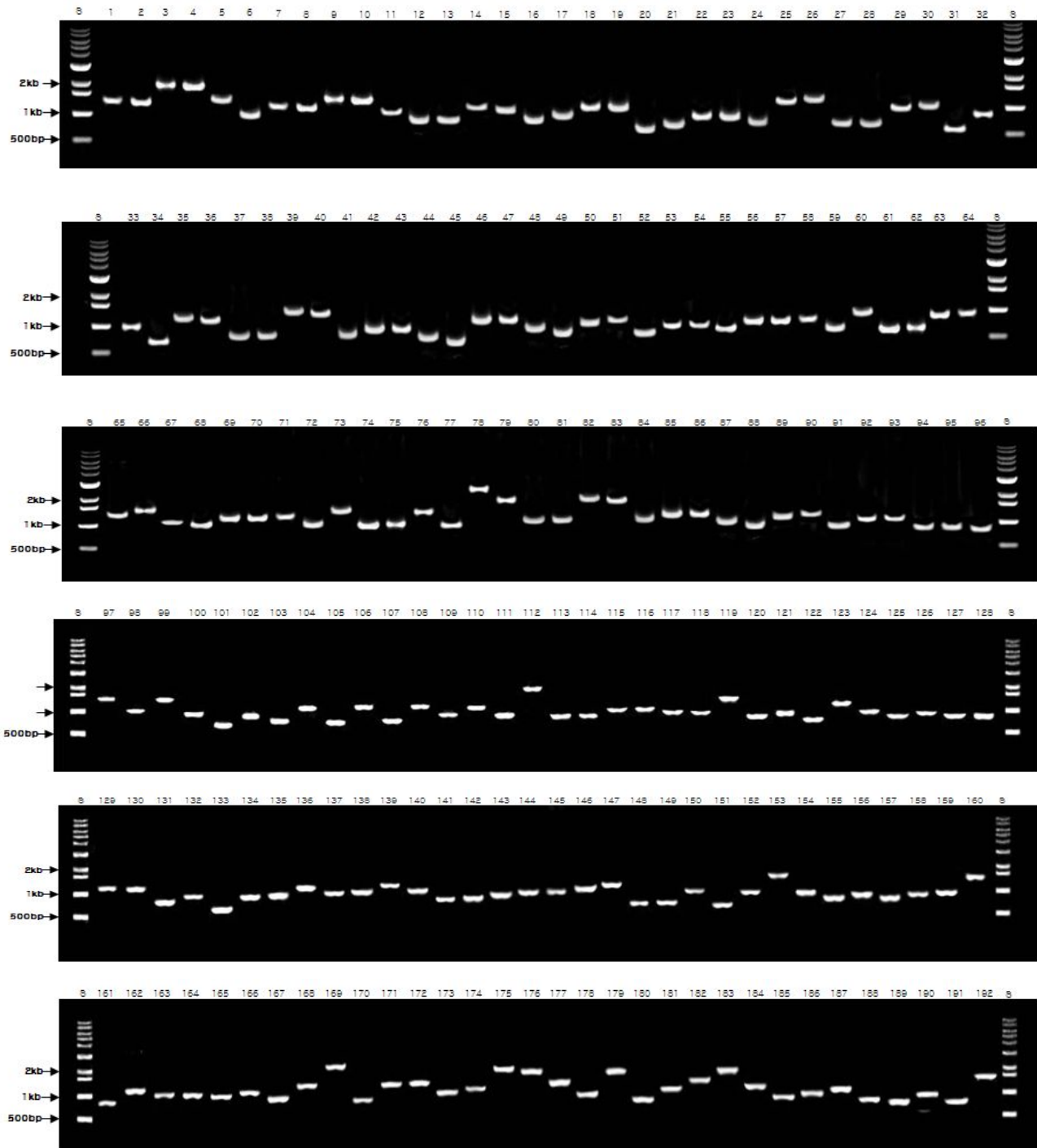


Figure 3-2-5. Amplified DNA fragments by PCR. The DNA samples were electrophoresised in agarose gel and stained with ethidium bromide. Size marker is 1.0kb DNA ladder.

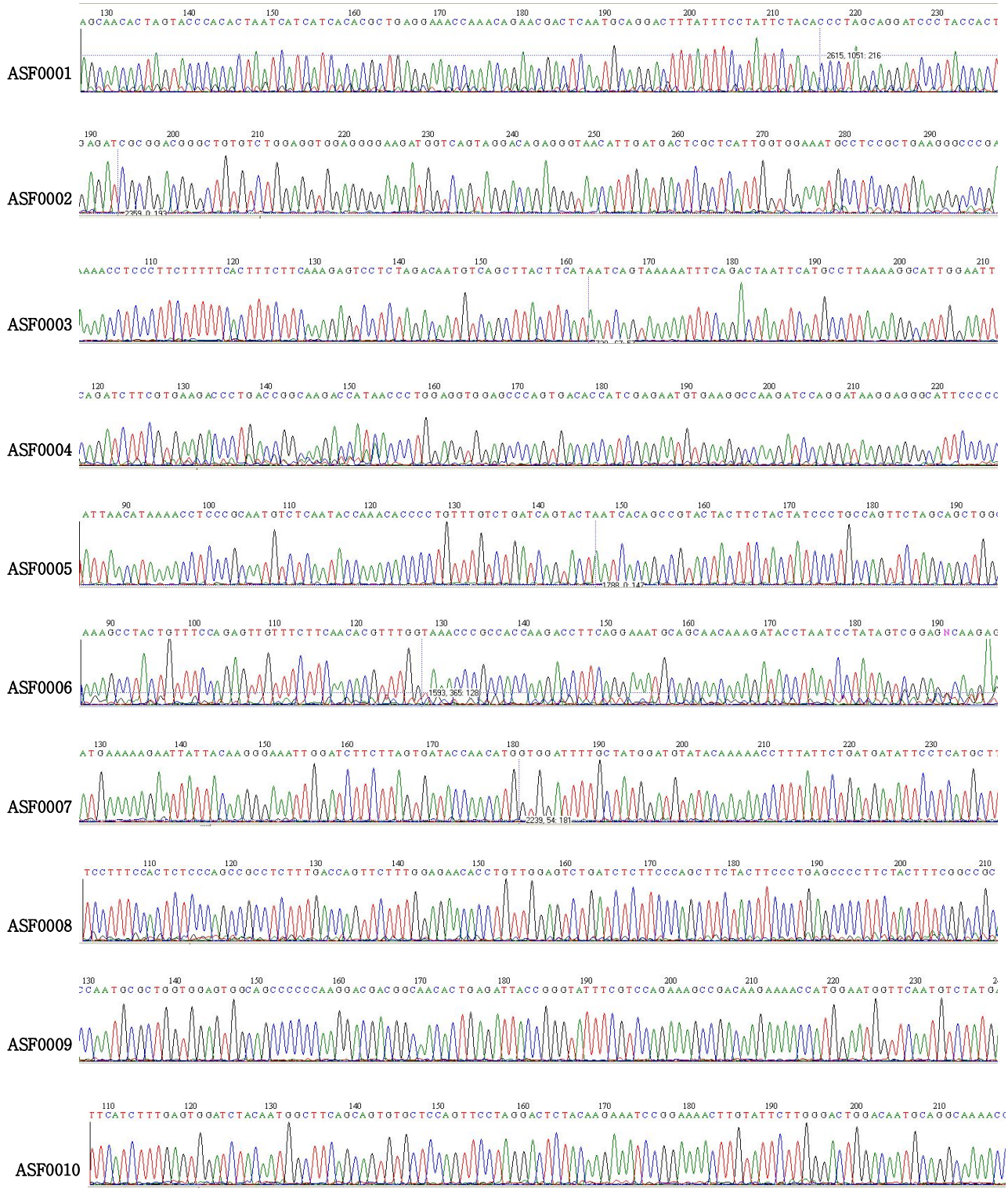


Figure 3-2-6. Sequence histogram of samples

### (3) 유전자 DB 구축 및 정보 검색

1차 년도에 흑돼지 A형의 cDNA library로부터 얻어진 clone 약 1061개의 DNA sequencing이 이루어 졌고 확보된 clone data는 Excel program을 이용하여 자체 DataBank을 구축하였다.

확보된 clone의 동일성을 조사하기 위해 미국 NCBI(국립 생명공학 정보센터) blast reserch site를 이용하여 기존에 밝혀진 유전자와의 유사성을 확인하였다. 그 결과 동일한 clone을 제거시키고 unique한 clone 1061개를 얻었다. 이 과정을 통해서 확보되어진 유전자는 간접적으로 그 유전자의 기능이 확인되어진다. Table 3-2-2는 확보되어진 1061개의 유전자의 정보 검색을 통해 확보한 정보들이다. 1차년도의 clone의 확보 목표는 800여개 였지만 그 보다 많은 1061개의 유전자를 확보할 수 있었다.

돼지의 경우 전 세계적으로 확보되어 GenBank에 등록된 유전자원은 2008년 3월 현재까지 1,492,120개가 등록되어 있으며 해를 거듭할수록 등록되는 개수가 다른 organism에 비해 늘어나고 있는 추세이다. 그래서 본 연구실에서 1차 년도에서 확보한 1061개의 clone은 앞으로 돼지의 유전자를 연구하는데 귀중한 자료가 될 것이라 생각된다.

Table 3-2-2. Belly related genes confirmed by cDNA library

number	Acc. No	Definition	Nucleotide Blast	Organism
1	NM_003118	Homo sapiens secreted protein, acidic, cysteine-rich (osteonectin) (SPARC), mRNA.	172/189 (91%)	Homo sapiens
2	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	837/841 (99%)	Sus scrofa
3	NM_001077042	Bos taurus hypothetical protein MGC127561 (MGC127561), mRNA.	746/923 (80%)	Sus scrofa
4	AB176600	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT2/17.	819/826 (99%)	Sus scrofa
5	AB176597	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT3/16.	804/810 (99%)	Sus scrofa
6	CR956388	Pig DNA sequence from clone Pigl-736G5 on chromosome 7, complete sequence.	114/128 (89%)	Sus scrofa
7	NM_176653	Bos taurus ADP-ribosylation factor 1 (ARF1), mRNA.	708/770 (91%)	Sus scrofa
8	AK231597	Sus scrofa mRNA, clone:ITTO10103H07, expressed in intestine.	722/728 (99%)	Sus scrofa
9	XM_001154802	PREDICTED: Pan troglodytes similar to QKI, transcript variant 2 (LOC472181), mRNA.	656/709 (92%)	Pan troglodytes
10	DQ355513	Sus scrofa beta-enolase 3 (ENO3) mRNA, complete cds.	1061/1081 (98%)	Sus scrofa
11	NM_213975	Sus scrofa ferritin, heavy polypeptide 1 (FTH1), mRNA.	716/733 (97%)	Sus scrofa
12	DQ508264	Sus scrofa breed Meishan muscle glycogen phosphorylase (PYGM) mRNA, partial cds	1024/1057 (96%)	Sus scrofa
13	DQ629176	Sus scrofa TPM3 (TPM3) mRNA, complete cds.	1047/1067 (98%)	Sus scrofa
14	DQ629158	Sus scrofa MLC1f (MYL1) mRNA, complete cds.	1035/1052 (98%)	Sus scrofa
15	NM_001097477	Sus scrofa ribosomal protein L10a (RPL10A), mRNA.	729/737 (98%)	Sus scrofa
16	AK231683	Sus scrofa mRNA, clone:LNG010007F06, expressed in lung.	741/741 (100%)	Sus scrofa
17	AM492627	Sus scrofa mitochondrial CYTB gene for cytochrome b, isolate javtcl.	804/806 (99%)	Sus scrofa
18	AY610233	Sus scrofa clone rdbla0105_b15.y1.abd, mRNA sequence.	541/544 (99%)	Sus scrofa
19	AK240169	Sus scrofa mRNA, clone:UTR010037E05, expressed in uterus	731/744 (98%)	Sus scrofa
20	AB298688	Sus scrofa mitochondrial DNA, complete genome, breed: Ohmini Pig.	624/625 (99%)	Sus scrofa
21	AK231857	Sus scrofa mRNA, clone:LNG010033C07, expressed in lung.	939/944 (99%)	Sus scrofa
22	AB176597	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT3/16.	802/808 (99%)	Sus scrofa
23	NM_213978	Sus scrofa beta-2-microglobulin (B2M), mRNA.	501/502 (99%)	Sus scrofa
24	NM_213975	Sus scrofa ferritin, heavy polypeptide 1 (FTH1), mRNA.	719/734 (97%)	Sus scrofa
25	AL832874	Homo sapiens mRNA: cDNA DKFZp667H163 (from clone DKFZp667H163).	344/426 (80%)	Sus scrofa
26	BC148937	Bos taurus cDNA clone IMAGE:8096980.	935/1020 (91%)	Bos taurus
27	NM_001097483	Sus scrofa tropomyosin 1 (alpha) (TPM1), mRNA.	662/663 (99%)	Sus scrofa
28	NM_214086	Sus scrofa CD34 molecule (CD34), mRNA.	835/843 (99%)	Sus scrofa
29	NM_213975	Sus scrofa ferritin, heavy polypeptide 1 (FTH1), mRNA	719/734 (97%)	Sus scrofa
30	NM_001038520	Bos taurus similar to COMM domain containing protein 9 (MGC134317), mRNA.	568/615 (92%)	Sus scrofa
31	NM_001075121	Bos taurus eukaryotic translation elongation factor 2 (EEF2), mRNA.	589/676 (87%)	Sus scrofa
32	NM_214372	Sus scrofa amyloid beta (A4) precursor protein (peptidase nexin-II, Alzheimer disease) (APP), mRNA.	837/844 (99%)	Sus scrofa
33	DQ629157	Sus scrofa HUMMLC2B (HUMMLC2B) mRNA, complete cds.	677/680 (99%)	Sus scrofa
34	NM_001035306	Bos taurus ribosomal protein L5 (RPL5), mRNA.	887/968 (91%)	Bos taurus
35	AY754869	Sus scrofa muscle creatine kinase (CKM) mRNA, complete cds.	703/706 (99%)	Sus scrofa
36	EU131524	Sus scrofa fast skeletal muscle troponin C (TNNC2) mRNA, complete cds.	706/707 (99%)	Sus scrofa
37	AY754869	Sus scrofa muscle creatine kinase (CKM) mRNA, complete cds.	703/706 (99%)	Sus scrofa
38	NM_001034625	Bos taurus ribosomal protein L8 (RPL8), mRNA.	802/873 (91%)	Sus scrofa
39	NM_174225	Bos taurus actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	993/1053 (94%)	Bos taurus
40	AY706381	Sus scrofa glutamyl-tRNA synthetase mRNA, partial cds.	1022/1036(98%)	Sus scrofa
41	EU131524	Sus scrofa fast skeletal muscle troponin C (TNNC2) mRNA, complete cds.	719/723 (99%)	Sus scrofa
42	NM_001044527	Sus scrofa enolase 3 (beta, muscle) (ENO3), mRNA.	1065/1078(98%)	Sus scrofa
43	NM_213950	Sus scrofa ribosomal protein L29 (RPL29), mRNA.	631/632 (99%)	Sus scrofa
44	XM_617630	PREDICTED: Bos taurus similar to dedicator of cytokinesis 7 (LOC537464), mRNA.	874/961 (90%)	Bos taurus
45	AY487830	Sus scrofa stearyl-CoA desaturase (SCD) gene, exons 1 through 6 and complete cds.	1054/1077(97%)	Sus scrofa
46	AC091538	Sus scrofa clone RP44-26G1, complete sequence.	212/241 (87%)	Sus scrofa
47	AB298688	Sus scrofa mitochondrial DNA, complete genome, breed: Ohmini Pig.	818/819 (99%)	Sus scrofa
48	AJ006412	Homo sapiens mRNA for putative GTP-binding protein, partial.	723/805 (89%)	Homo sapiens
49	X94689	Sus scrofa mRNA for myosin light chain.	836/842 (99%)	Sus scrofa
50	DQ972936	Sus scrofa breed Type II Lanyu mitochondrion, complete genome.	767/767 (100%)	Sus scrofa
51	NM_214374	Sus scrofa myosin, light chain 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), mRNA.	861/871 (98%)	Sus scrofa
52	XM_861710	PREDICTED: Canis familiaris similar to RIKEN cDNA 8030451F13, transcript variant 11 (LOC475442), mRNA.	846/941 (89%)	Canis lupus
53	AF513016	Sus scrofa myosin regulatory light chain ventricular isoform (MLC-2V) mRNA, complete cds.	545/545 (100%)	Sus scrofa
54	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	833/837 (99%)	Sus scrofa
55	NM_001102132	Bos taurus similar to LAG1 homolog, ceramide synthase 5 (S. cerevisiae) (MGC159488), mRNA.	949/1091 (86%)	Bos taurus
56	XM_611725	PREDICTED: Bos taurus similar to uncharacterized hypothalamus protein HTMP (LOC532600), mRNA.	896/1006 (89%)	Bos taurus
57	CU041280	Pig DNA sequence from clone CH242-45J18 on chromosome 1, complete sequence.	728/920 (79%)	Sus scrofa
58	AY609733	Sus scrofa clone Clu_2818.scr.msk.p1.Contig3, mRNA sequence.	875/877 (99%)	Sus scrofa
59	NM_213912	Sus scrofa troponin I (TNNI1), mRNA.	933/946 (98%)	Sus scrofa
60	no match			
61	BT030508	Bos taurus eukaryotic translation gation factor 1 delta (guanine nucleotide hange protein) (EEF1D), mRNA, plete 5' cds.	839/932 (90%)	Bos taurus
62	XM_001113386	PREDICTED: Macaca mulatta hypothetical protein LOC711422, transcript variant 2 (LOC711423), mRNA.	400/461 (86%)	Macaca mulatta
63	BT030549	Bos taurus ribosomal protein L7a (RPL7A), mRNA, complete cds.	773/838 (92%)	Bos taurus
64	AF416744	myosin, light chain 1,transcript variant 2 (LOC100054631), mRNA.	225/233 (96%)	Bos taurus
65	AB210286	Sus scrofa TLR6, TLR1, TLR10 genes for Toll-like receptor 6,Toll-like receptor 1, oll-like receptor 10, complete cds.	263/303 (86%)	Sus scrofa
66	XM_001491022	PREDICTED: Equus caballus similar to Trim1 alpha, transcript variant 2 (LOC100054631), mRNA.	334/362 (92%)	Equus caballus
67	NM_213912	Sus scrofa troponin I (TNNI1), mRNA.	874/886 (98%)	Sus scrofa
68	NM_214374	Sus scrofa myosin, light chain 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), mRNA.	858/866 (99%)	Sus scrofa
69	DQ972936	Sus scrofa breed Type II Lanyu mitochondrion, complete genome.	948/956 (99%)	Sus scrofa
70	NM_213975	Sus scrofa ferritin, heavy polypeptide 1 (FTH1), mRNA.	711/732 (97%)	Sus scrofa
71	NM_001044550	Sus scrofa phosphofructokinase, muscle (PFKM), mRNA.	936/952 (98%)	Sus scrofa
72	NM_004640	Homo sapiens HLA-B associated transcript 1 (BAT1), transcript variant 1, mRNA.	721/779 (92%)	Homo sapiens
73	NM_214332	Sus scrofa guanine nucleotide binding protein (G protein), beta polypeptide 2-like 1 (GNB2L1), mRNA.	1032/1048 (98%)	Sus scrofa



number	Acc. No	Definition	Nucleotide Blast	Organism
74	AB298688	Sus scrofa mitochondrial DNA, complete genome, breed: Ohmini Pig.	726/729 (99%)	Sus scrofa
75	AY610313	Sus scrofa clone rfcc04b_115.y1.abd, mRNA sequence.	448/450 (99%)	Sus scrofa
76	NM_001044527	Sus scrofa enolase 3 (beta, muscle) (ENO3), mRNA.	985/1009 (97%)	Sus scrofa
77	XM_001251063	PREDICTED: Bos taurus similar to ferritin L subunit (LOC782921), mRNA	605/690 (87%)	Sus scrofa
78	CU234169	Pig DNA sequence from clone CH242-454E1 on chromosome 4, complete sequence.	216/263 (82%)	Bos taurus
79	NM_174225	Bos taurus actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	989/1048 (94%)	Bos taurus
80	NM_001099932	Sus scrofa phosphoglycerate kinase 1 (PGK1), mRNA.	851/859 (99%)	Sus scrofa
81	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	838/840 (99%)	Sus scrofa
82	XM_584246	PREDICTED: Bos taurus similar to arylacetamide deacetylase-like 1 (LOC534212), mRNA.	980/1102 (88%)	Bos taurus
83	XM_001497094	PREDICTED: Equus caballus similar to ribosomal protein L4 (LOC100065968), mRNA	994/1074 (92%)	Equus caballus
84	AY609720	Sus scrofa clone Clu_27494.scr.msk.p1.Contig2, mRNA sequence.	849/851 (99%)	Sus scrofa
85	DQ104414	Sus scrofa small muscle protein X-linked (SMPX) mRNA, complete cds.	899/899 (100%)	Sus scrofa
86	NM_0010006	Homo sapiens ribosomal protein S3A (RPS3A), mRNA.	837/900 (93%)	Homo sapiens
87	AY609732	Sus scrofa clone Clu_2818.scr.msk.p1.Contig2, mRNA sequence.	793/794 (99%)	Sus scrofa
88	XR_014665	PREDICTED: Macaca mulatta similar to Zinc finger and BTB domain-containing protein 4 (KAISO-like zinc finger)	560/621 (90%)	Macaca mulatta
89	NM_213912	Sus scrofa troponin I (TNNI1), mRNA.	916/926 (98%)	Sus scrofa
90		no match		
91	EU131524	Sus scrofa fast skeletal muscle troponin C (TNNC2) mRNA, complete cds.	717/721 (99%)	Sus scrofa
92	AB176596	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT2/16.	819/826 (99%)	Sus scrofa
93	AK234647	Sus scrofa mRNA, clone:OVRM10002E06, expressed in ovary.		
94	NM_001034351	Bos taurus troponin C type 1 (slow) (TNNC1), mRNA.	682/748 (91%)	Bos taurus
95	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	840/841 (99%)	Sus scrofa
96	AF416744	Cloning vector pCNS, complete sequence.	292/316 (92%)	
97	BC012597	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle, mRNA (cDNA clone MGC:13546 IMAGE:4291656), complete cds.	1034/1103(93%)	Homo sapiens
98	NM_001035481	Bos taurus similar to Protein HT031 homolog (MGC127628), mRNA.	737/923 (79%)	Bos taurus
99	XM_615814	PREDICTED: Bos taurus similar to FK506-binding protein 5 (Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase) (PPIase) (Rotamase) (51 kd)	604/726 (83%)	Bos taurus
100	EF673726	Sus scrofa clone 0404884 fast skeletal muscle troponin C (TNNC2) mRNA, complete cds.	615/618 (99%)	Sus scrofa
101	XM_001255618	PREDICTED: Bos taurus similar to HBG protein (LOC788610), mRNA.	541/625 (86%)	Bos taurus
102	XM_606371	PREDICTED: Bos taurus partitioning-defective 3 protein (PAR-3), mRNA.	745/829 (89%)	Bos taurus
103	AB298688	Sus scrofa mitochondrial DNA, complete genome, breed: Ohmini Pig.	691/692 (99%)	Sus scrofa
104	NM_001104962	Bos taurus ankyrin 1, erythrocytic (ANK1), mRNA.	873/1013(86%)	Bos taurus
105	AY610391	Sus scrofa clone reru24c_12.y1.abd, mRNA sequence.	591/596 (99%)	Sus scrofa
106	AJ275967	Sus scrofa fh1C gene for four and a half LIM domains 1 protein, isoform C, exons 1-6 and 5b.	868/873 (99%)	Sus scrofa
107	AB176597	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT3/16.	797/807 (98%)	Sus scrofa
108	AM050292	Sus scrofa mRNA for ribosomal protein SA (RPSAP gene).	1004/1014(99%)	Sus scrofa
109	NM_001007518	Sus scrofa heat shock 27kDa protein 1 (Hsp27), mRNA.	624/624 (100%)	Sus scrofa
110	EF416570	Sus scrofa P311 mRNA, complete cds.	939/961 (97%)	Sus scrofa
111	BC102493	Bos taurus ribosomal protein S6, mRNA (cDNA clone MGC:127553 IMAGE:7953793), complete cds.	785/848 (92%)	Bos taurus
112	NM_213954	Sus scrofa aconitase 2, mitochondrial (ACO2), mRNA.	1057/1096(96%)	Sus scrofa
113	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	836/841 (99%)	Sus scrofa
114	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	840/841 (99%)	Sus scrofa
115	BT030503	Bos taurus pyruvate kinase, muscle (PKM2), mRNA, complete cds.	800/946 (84%)	Bos taurus
116	AM050292	Sus scrofa mRNA for ribosomal protein SA (RPSAP gene).	1028/1051(97%)	Sus scrofa
117	AB118909	Sus scrofa tnt1 mRNA for troponin T slow type isoform sTnT2,complete cds.	819/823 (99%)	Sus scrofa
118	NM_001044527	Sus scrofa enolase 3 (beta, muscle) (ENO3), mRNA	910/923 (98%)	Sus scrofa
119	NM_213920	Sus scrofa decorin (DCN), mRNA.	1079/1099(98%)	Sus scrofa
120	AB298688	Sus scrofa mitochondrial DNA, complete genome, breed: Ohmini Pig.	755/756 (99%)	Sus scrofa
121	AY609558	Sus scrofa clone Clu_17947.scr.msk.p1.Contig1, mRNA sequence	705/708 (99%)	Sus scrofa
122	DQ629157	Sus scrofa HUMMLC2B (HUMMLC2B) mRNA, complete cds.	674/675 (99%)	Sus scrofa
123	NM_214332	Sus scrofa guanine nucleotide binding protein (G protein), beta polypeptide 2-like 1 (GNB2L1), mRNA.	1059/1082(97%)	Sus scrofa
124	XM_580381	PREDICTED: Bos taurus similar to presenilin-like protein 1 (LOC504285), mRNA.	557/604 (92%)	Bos taurus
125	NM_001044542	Sus scrofa ribosomal protein L6 (LOC733592), mRNA	806/811 (99%)	Sus scrofa
126	AB176602	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type,complete cds, isoform fTnT4/17.	686/689 (99%)	Sus scrofa
127	XM_616093	PREDICTED: Bos taurus similar to dermatan/chondroitin sulfate 2-sulfotransferase (LOC535975), mRNA.	679/791 (85%)	Bos taurus
128	DQ629176	Sus scrofa TPM3 (TPM3) mRNA, complete cds.	668/688 (97%)	Sus scrofa
129	NM_004570	Homo sapiens phosphoinositide-3-kinase, class 2, gamma polypeptide (PIK3C2G), mRNA.	741/842 (88%)	Homo sapiens
130	DQ355513	Sus scrofa beta-enolase 3 (ENO3) mRNA, complete cds.	1074/1093(98%)	Sus scrofa
131	XM_001495360	PREDICTED: Equus caballus similar to ribosomal protein S5 (LOC100064459), mRNA.	661/733 (90%)	Equus caballus
132	X94689	Sus scrofa mRNA for myosin light chain.	844/850 (99%)	Sus scrofa
133	NM_214211	Sus scrofa ubiquitin A-52 residue ribosomal protein fusion product 1 (UBA52), mRNA.	517/524 (98%)	Sus scrofa
134	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	835/843 (99%)	Sus scrofa
135	NM_001077042	Bos taurus hypothetical protein MGC127561 (MGC127561), mRNA.	720/891 (80%)	Bos taurus
136	NM_214332	Sus scrofa guanine nucleotide binding protein (G protein), beta polypeptide 2-like 1 (GNB2L1), mRNA.	1047/1061(98%)	Sus scrofa
137	DQ629158	Sus scrofa MLC1f (MYL1) mRNA, complete cds.	927/941 (98%)	Sus scrofa
138	NM_213912	Sus scrofa troponin I (TNNI1), mRNA.	896/911 (98%)	Sus scrofa
139	NM_001044527	Sus scrofa enolase 3 (beta, muscle) (ENO3), mRNA.	1050/1071(98%)	Sus scrofa
140	AB176597	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type,complete cds, isoform fTnT3/16.	796/805 (98%)	Sus scrofa
141	AY610456	Sus scrofa clone rmed27c_g16.y1.abd, mRNA sequence.	597/598 (99%)	Sus scrofa
142	AF416744	Cloning vector pCNS, complete sequence.	240/263 (91%)	
143	NM_026131	Mus musculus PDZ and LIM domain 7 (Pdlim7), mRNA.	787/937 (83%)	Mus musculus
144	BT030508	Bos taurus eukaryotic translation elongation factor 1 delta (guanine nucleotide exchange protein) (EEF1D), mRNA, incomplete 5' cds.	864/968 (89%)	Bos taurus
145	AB298688	Sus scrofa mitochondrial DNA, complete genome, breed: Ohmini Pig.	872/879 (99%)	Sus scrofa
146	AC007687	Homo sapiens 3 BAC RP11-494H4 (Roswell Park Cancer Institute Human BAC Library) complete sequence.	543/698 (77%)	Homo sapiens
147	XM_001496130	PREDICTED: Equus caballus similar to Tropomyosin 3, gamma,transcript variant 5 (LOC100056751), mRNA.	853/925 (92%)	Equus caballus
148	AY610244	Sus scrofa clone rdbla0135_n22.y1.abd, mRNA sequence.	550/552 (99%)	Sus scrofa

number	Acc. No	Definition	Nucleotide Blast	Organism
149	EU131524 DQ629177	Sus scrofa fast skeletal muscle troponin C (TNNC2) mRNA, complete cds.	706/708 (99%)	Sus scrofa
150	AB176602	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT4/17.	752/775 (97%)	Sus scrofa
151	AK111405	Oryza sativa (japonica cultivar-group) cDNA clone:002-182-E07, full insert sequence.	613/614 (99%)	Oryza sativa
152	XM_533608	PREDICTED: Canis familiaris similar to myosin binding protein C, fast-type, transcript variant 1 (LOC476404), mRNA.	788/901 (87%)	Canis lupus familiaris
153	NM_001034663	Bos taurus tubulin, beta 2A (TUBB2A), mRNA	814/897 (90%)	Bos taurus
154		no match		
155	AB298688	Sus scrofa mitochondrial DNA, complete genome, breed: Ohmini Pig.	770/772 (99%)	Sus scrofa
156	AY610290	Sus scrofa clone rcov11b_a24.y1.abd, mRNA sequence.	610/612 (99%)	Sus scrofa
157	EF564268	Capra hircus ornithine decarboxylase antizyme 1-like protein mRNA, partial cds.	537/584 (91%)	Capra hircus
158	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	839/841 (99%)	Sus scrofa
159	XM_001251063	PREDICTED: Bos taurus similar to ferritin L subunit (LOC782921), mRNA.	798/915 (87%)	Bos taurus
160	NM_214418	Sus scrofa solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; adenine nucleotide translocator), member 6 (SLC25A6), mRNA.	1003/1041(96%)	Sus scrofa
161	NM_001101255	Bos taurus hypothetical LOC616332 (LOC616332), mRNA	654/762 (85%)	Bos taurus
162	AF165916	Canis familiaris triadin mRNA, complete cds.	661/713 (92%)	Canis lupus familiaris
163	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	821/824 (99%)	Sus scrofa
164	NM_214407	Sus scrofa glutathione peroxidase 4 (GPX4), mRNA.	847/854 (99%)	Sus scrofa
165	XM_001488012	PREDICTED: Equus caballus ribosomal protein S4 (RPS4), mRNA.	780/836 (93%)	Equus caballus
166	AY610249	Sus scrofa clone read09b_n12.y1.abd, mRNA sequence.	513/513 (100%)	Sus scrofa
167	XM_845564	PREDICTED: Canis familiaris similar to ubiquitin conjugating enzyme, transcript variant 2 (LOC474683), mRNA.	776/795 (97%)	Canis lupus familiaris
168	AY880356	Gekko japonicus GekBS125P mRNA, complete cds.	1030/1055(97%)	Gekko japonicus
169	AK239538	Sus scrofa mRNA, clone:THY010111F01, expressed in thymus.	1017/1045(97%)	Sus scrofa
170	AM492627	Sus scrofa mitochondrial CYTB gene for cytochrome b, isolate javct1.	678/679 (99%)	Sus scrofa
171	AY610097	Sus scrofa clone Clu_6922.scr.msk.p1.Contig2, mRNA sequence.	1017/1027(99%)	Sus scrofa
172	AY609486	Sus scrofa clone Clu_131900.scr.msk.p1.Contig1, mRNA sequence.	1085/1102(98%)	Sus scrofa
173	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	836/841 (99%)	Sus scrofa
174	DQ437525	Sus scrofa triosephosphate isomerase 1 (TPI1) mRNA, complete cds.	920/940 (97%)	Sus scrofa
175	BC012597	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle, mRNA (cDNA clone MGC:13546 IMAGE:4291656), complete cds.	922/982 (93%)	Homo sapiens
176	AY609555	Sus scrofa clone Clu_1759.scr.msk.p1.Contig2, mRNA sequence.	991/1027 (96%)	Sus scrofa
177	DQ915223	Sus scrofa ZD3 CpG methylation island genomic sequence	29/29 (100%)	Sus scrofa
178	BC102891	Bos taurus light chain 3, mRNA (cDNA clone MGC:128251 IMAGE:30956953), complete cds.	631/698 (90%)	Bos taurus
179	BC012597	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle, mRNA (cDNA clone MGC:13546 IMAGE:4291656), complete cds.	977/1053(92%)	Homo sapiens
180	BC123802	Bos taurus hypothetical LOC513650, mRNA (cDNA clone MGC:142955 IMAGE:8315249), complete cds.	455/495 (91%)	Bos taurus
181	AM492627	Sus scrofa mitochondrial CYTB gene for cytochrome b, isolate javct1.	859/861 (99%)	Sus scrofa
182	NM_174277	Bos taurus clathrin, light polypeptide B (light chain B) (CLTLB), mRNA.	901/1004 (89%)	Bos taurus
183	DQ972936	Sus scrofa breed Type II Lanyu mitochondrion, complete genome.	919/942 (97%)	Sus scrofa
184	DQ845173	Sus scrofa glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase mRNA, partial cds.	800/804 (99%)	Sus scrofa
185	NM_001098874	Bos taurus similar to ribosomal protein S7 (MGC165697), mRNA.	631/698 (90%)	Bos taurus
186	NM_001078164	Bos taurus :C5orf32 protein (C5orf32), mRNA.	695/810 (85%)	Bos taurus
187	AY754869	Sus scrofa muscle creatine kinase (CKM) mRNA, complete cds.	879/884 (99%)	Sus scrofa
188	EF673726	Sus scrofa clone 0404884 fast skeletal muscle troponin C (TNNC2) mRNA, complete cds.	615/618 (99%)	Sus scrofa
189	NM_001098874 XM_581800	Bos taurus similar to ribosomal protein S7 (MGC165697), mRNA.	633/699 (90%)	Bos taurus
190	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	834/838 (99%)	Sus scrofa
191	NM_001044543	Sus scrofa ribosomal protein L10 (LOC733593), mRNA	745/746 (99%)	Sus scrofa
192	BC012597	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle, mRNA (cDNA clone MGC:13546 IMAGE:4291656), complete cds.	996/1086 (91%)	Homo sapiens
193	AB176602	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT4/17.	761/781 (97%)	Sus scrofa
194	NM_001024689	Bos taurus cysteine and glycine-rich protein 3 (cardiac LIM protein) (CSRP3), mRNA.	818/932 (87%)	Bos taurus
195	NM_001044616	Sus scrofa nebulin-related anchoring protein (NRAP), mRNA.	653/656 (99%)	Sus scrofa
196	EF062580	Sus scrofa cAMP response element-binding protein 2 (CREB2) mRNA,complete cds.	971/989 (98%)	Sus scrofa
197	XM_843847	PREDICTED: Canis familiaris similar to Actin, alpha skeletal muscle (Alpha-actin 1), transcript variant 2 (LOC488984), mRNA.	944/1013 (93%)	Canis lupus familiaris
198	BC102745	Bos taurus crystallin, alpha B, mRNA (cDNA clone MGC:128019 IMAGE:7962636), complete cds.	670/713 (93%)	Bos taurus
199	AY610349	Sus scrofa clone recc2803c_k8.y1.abd, mRNA sequence.	621/622 (99%)	Sus scrofa
200	NM_213978	Sus scrofa beta-2-microglobulin (B2M), mRNA.	501/502 (99%)	Sus scrofa
201	AJ275968	Sus scrofa mRNA for four and a half LIM domains 1 protein, isoform C (fh1C gene).	974/1003 (97%)	Sus scrofa
202	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	823/824 (99%)	Sus scrofa
203	NM_213912	Sus scrofa troponin I (TNNI1), mRNA.	912/931 (97%)	Sus scrofa
204	EU131524 DQ629177	Sus scrofa fast skeletal muscle troponin C (TNNC2) mRNA, complete cds.	689/690 (99%)	Sus scrofa
205	NM_001044607	Sus scrofa enoyl Coenzyme A hydratase 1, peroxisomal (ECH1), mRNA.	970/976 (99%)	Sus scrofa
206	DQ629157	Sus scrofa HUMMLC2B (HUMMLC2B) mRNA, complete cds.	673/683 (98%)	Sus scrofa
207	NM_214322	Sus scrofa Niemann-Pick disease, type C1 (NPC1), mRNA.	614/618 (99%)	Sus scrofa
208	AY609645	Sus scrofa clone Clu_232.scr.msk.p1.Contig2, mRNA sequence.	844/845 (99%)	Sus scrofa
209	XM_001492344	PREDICTED: Equus caballus similar to SEC23A (S. cerevisiae) (LOC100050957), mRNA	910/1027 (88%)	Equus caballus
210	NM_174225	Bos taurus actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	971/1046 (92%)	Bos taurus
211	M86719	Pig mitochondrial NADP-isocitrate dehydrogenase mRNA, 3' end.	934/975 (95%)	Sus scrofa
212	BC151569	Bos taurus nuclear domain 10 protein, mRNA (cDNA clone MGC:179582 IMAGE:8221637), complete cds.	704/811 (86%)	Bos taurus
213	NM_001005726	Sus scrofa annexin A2 (ANXA2), mRNA.	849/854 (99%)	Sus scrofa
214	XM_001502429	PREDICTED: Equus caballus similar to androgen receptor associated coregulator 267-b (LOC100058570), mRNA.	867/962 (90%)	Equus caballus
215	NM_001098598	Sus scrofa ribosomal phosphoprotein large PO subunit (LOC100049695), mRNA.	957/965 (99%)	Sus scrofa
216	AY610234	Sus scrofa clone rdbla0105_m4.y1.abd, mRNA sequence.	550/554 (99%)	Sus scrofa
217	XM_870670	PREDICTED: Bos taurus similar to cytochrome c oxidase subunit IV (LOC618339), mRNA.	555/631 (87%)	Bos taurus
218	AF416744	Cloning vector pCNS, complete sequence.	614/638 (96%)	Cloning vector pCNS

number	Acc. No	Definition	Nucleotide Blast	Organism
219	AK292431	Homo sapiens cDNA FLJ77604 complete cds, highly similar to Homo sapiens influenza virus NS1A binding protein (IVNS1ABP), transcript variant 1, mRNA.	928/1005 (92%)	Homo sapiens
220	AM492566	Sus scrofa partial mitochondrial CYTB gene for cytochrome b, isolate bali5.	1001/1008(99%)	Sus scrofa
221	AB118909	Sus scrofa tnt1 mRNA for troponin T slow type isoform sTnT2, complete cds.	817/824 (99%)	Sus scrofa
222	BX067269	Single read from an extremity of a full-length cDNA clone made from Anopheles gambiae total adult females. 5-PRIME end of clone FK0AAC50DE10 of strain 6-9 of Anopheles gambiae (African malaria mosquito).	47/47 (100%)	Anopheles gambiae
223	NML174049	Bos taurus enolase 1 (ENO1), mRNA.	849/937 (90%)	Bos taurus
224	XM_001502522	PREDICTED: Equus caballus similar to muscle creatine kinase (LOC100065641), mRNA.	765/818 (93%)	Equus caballus
225	XM_001250905	PREDICTED: Bos taurus similar to barrier-to-autointegration factor, transcript variant 1 (LOC785958), mRNA.	804/958 (83%)	Bos taurus
226	BC134665	Bos taurus actin, alpha 1, skeletal muscle, mRNA (cDNA clone MGC:155231 IMAGE:8142832), complete cds.	950/1032(92%)	Bos taurus
227	AY610264	Sus scrofa clone rche22_a10.y1.abd, mRNA sequence.	666/673 (98%)	Sus scrofa
228	AK232664	Sus scrofa mRNA, clone:LVRM10001C04, expressed in liver.	730/733 (99%)	Sus scrofa
229		no match		
230	XM_001499198	PREDICTED: Equus caballus similar to FKBP51 (LOC100053546), mRNA.	595/675 (88%)	Equus caballus
231	AK236137	Sus scrofa mRNA, clone:OVRM10156C12, expressed in ovary.	1060/1096(96%)	Sus scrofa
232	NM_213748	Sus scrofa troponin T type 1 (skeletal, slow) (TNNT1), mRNA.	849/859 (98%)	Sus scrofa
233	AK232967	Sus scrofa mRNA, clone:LVRM10057B02, expressed in liver.	824/869 (94%)	Sus scrofa
234	AK233980	Sus scrofa mRNA, clone:MLN010085B05, expressed in mesenteric lymph node.	781/793 (98%)	Sus scrofa
235	AK230527	Sus scrofa mRNA, clone:AMP010006D08, expressed in alveolar macrophage.	681/686 (99%)	Sus scrofa
236	XM_001093494	PREDICTED: Macaca mulatta phosphodiesterase 7A, transcript variant 1 (PDE7A), mRNA.	792/891 (88%)	Macaca mulatta
237	CR853303	Pig DNA sequence from clone PigE-173F2 on chromosome 6, complete sequence.	102/120 (85%)	Sus scrofa
238	AK234887	Sus scrofa mRNA, clone:OVRM10026H06, expressed in ovary.	895/913 (98%)	Sus scrofa
239	AK233910	Sus scrofa mRNA, clone:MLN010066C12, expressed in mesenteric lymph node.	540/543 (99%)	Sus scrofa
240	AM492627	Sus scrofa mitochondrial CYTB gene for cytochrome b, isolate javct1.	807/811 (99%)	Sus scrofa
241	XM_001504420	PREDICTED: Equus caballus similar to caldesmon skeletal muscle	638/711 (89%)	Equus caballus
242	AK230500	Sus scrofa mRNA, clone:AMP010003E08, expressed in alveolarmacrophage	720/724 (99%)	Sus scrofa
243	NM_214374	Sus scrofa myosin, light chain 1, alkali: skeletal, fast (MYL1), mRNA.	847/852 (99%)	Sus scrofa
244	AK238982	Sus scrofa mRNA, clone:THY010053D09, expressed in thymus.	754/763 (98%)	Sus scrofa
245	AK233419	Sus scrofa mRNA, clone:LVRM10144H02, expressed in liver.	792/793 (99%)	Sus scrofa
246	AK236713	Sus scrofa mRNA, clone:OVRM10219E06, expressed in ovary.	850/854 (99%)	Sus scrofa
247	AK234838	Sus scrofa mRNA, clone:OVRM10021E07, expressed in ovary.	768/790 (97%)	Sus scrofa
248	AK240353	Sus scrofa mRNA, clone:UTR010058C05, expressed in uterus.	922/933 (98%)	Sus scrofa
249	AB298688	Sus scrofa mitochondrial DNA, complete genome, breed: Ohmini Pig.	784/785 (99%)	Sus scrofa
250	AK232958	Sus scrofa mRNA, clone:LVRM10056A03, expressed in liver.	1065/1121(95%)	Sus scrofa
251		no match		
252	AK234773	Sus scrofa mRNA, clone:OVRM10014G03, expressed in ovary.	1091/1123(97%)	Sus scrofa
253	DQ508265	Sus scrofa breed Large White muscle glycogen phosphorylase (PYGM) mRNA, partial cds	966/991 (97%)	Sus scrofa
254	NM_213748	Sus scrofa troponin T type 1 (skeletal, slow) (TNNT1), mRNA.	850/856 (99%)	Sus scrofa
255	NML001101875	Bos taurus similar to TXNIP (MGC154995), mRNA.	840/1017 (82%)	Bos taurus
256	NM_213912	Sus scrofa troponin I (TNNI1), mRNA.	909/922 (98%)	Sus scrofa
257	DQ629157	Sus scrofa HUMMLC2B (HUMMLC2B) mRNA, complete cds.	562/666 (84%)	Sus scrofa
258	AK236716	Sus scrofa mRNA, clone:OVRM10220A07, expressed in ovary.	1108/1148(96%)	Sus scrofa
259	DQ241740	Sus scrofa vestigial-like 2 (VGLL2) gene, last exon and partial cds.	613/616 (99%)	Sus scrofa
260	AK240001	Sus scrofa mRNA, clone:UTR010020B01, expressed in uterus.	725/729 (99%)	Sus scrofa
261	AK231518	Sus scrofa mRNA, clone:ITTO10085C03, expressed in intestine.	805/813 (99%)	Sus scrofa
262	DQ629157	Sus scrofa HUMMLC2B (HUMMLC2B) mRNA, complete cds.	675/678 (99%)	Sus scrofa
263	AM050292	Sus scrofa mRNA for ribosomal protein SA (RPSAP gene).	1024/1048(97%)	Sus scrofa
264	NM_213973	Sus scrofa 90-kDa heat shock protein (HSP90), mRNA.	721/743 (97%)	Sus scrofa
265	AB176597	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT3/16.	794/807 (98%)	Sus scrofa
266	AY610290	Sus scrofa clone rcov11b_a24.y1.abd, mRNA sequence.	607/611 (99%)	Sus scrofa
267	AM050292	Sus scrofa mRNA for ribosomal protein SA (RPSAP gene).	1009/1040(97%)	Sus scrofa
268	XM_606667	PREDICTED: Bos taurus similar to jumonji, AT rich interactive domain 2 protein, transcript variant 6 (LOC528253), mRNA.	730/820 (89%)	Bos taurus
269	EU131524	Sus scrofa fast skeletal muscle troponin C (TNNC2) mRNA, complete cds.	702/707 (99%)	Sus scrofa
270	NML001038000	Sus scrofa FKBP1A-like (LOC654323), mRNA.	724/732 (98%)	Sus scrofa
271	DQ658181	Sus scrofa IL-15 mRNA, complete cds.	485/489 (99%)	Sus scrofa
272	AB298688	Sus scrofa mitochondrial DNA, complete genome, breed: Ohmini Pig.	899/906 (99%)	Sus scrofa
273	NM_001040516 XM_587778	Bos taurus similar to ribosomal protein L19 (LOC510615), mRNA.	695/752 (92%)	Bos taurus
274	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	831/841 (98%)	Sus scrofa
275	XM_870453	PREDICTED: Bos taurus similar to desmuslin (LOC514186), mRNA.	431/509 (84%)	Bos taurus
276	NM_001097477	Sus scrofa ribosomal protein L10a (RPL10A), mRNA.	718/729 (98%)	Sus scrofa
277	AL121769	Human chromosome 14 DNA sequence BAC R-299L17 of library RPCI-11 from chromosome 14 of Homo sapiens (Human), complete sequence.	282/330 (85%)	Homo sapiens
278	XM_618609	PREDICTED: Bos taurus similar to Myomesin 1 (190 kDa titin-associated protein) (190 kDa connectin-associated protein) (LOC538404), mRNA.	586/642 (91%)	Bos taurus
279	BX048372	Single read from an extremity of a full-length cDNA clone made from Anopheles gambiae total adult females. 5-PRIME end of clone FK0AAC50DE10 of strain 6-9 of Anopheles gambiae (African malaria mosquito).	35/35 (100%)	Anopheles gambiae
280	NM_213748	Sus scrofa troponin T type 1 (skeletal, slow) (TNNT1), mRNA.	812/861 (94%)	Sus scrofa
281	BC151407	Bos taurus ribosomal protein L8, mRNA (cDNA clone MGC:179250 IMAGE:7946122), complete cds.	768/857 (89%)	Bos taurus
282	NM_001097483	Sus scrofa tropomyosin 1 (alpha) (TPM1), mRNA.	858/868 (98%)	Sus scrofa
283	BC012597	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle, mRNA (cDNA clone MGC:13546 IMAGE:4291656), complete cds.	888/958 (92%)	Homo sapiens
284	AJ251914	Sus scrofa MHC class I SLA genes, haplotype H01, clone BAC 493A6.	238/284 (83%)	Sus scrofa
285	NM_001044542	Sus scrofa ribosomal protein L6 (LOC733592), mRNA.	887/917 (96%)	Sus scrofa
286	NML001105309	Sus scrofa ubiquitin B (UBB), mRNA.	880/892 (98%)	Sus scrofa
287	AM492627	Sus scrofa mitochondrial CYTB gene for cytochrome b, isolate javct1.	859/864 (99%)	Sus scrofa
288	XM_001171165	PREDICTED: Pan troglodytes skeletal muscle caldesmon 1 (CASQ1), mRNA.	1029/1123(91%)	Pan troglodytes
289	NM_001046319	Bos taurus mitochondrial ribosomal protein S22 (MRPS22), mRNA.	548/594 (92%)	Bos taurus
290	BC134665	Bos taurus actin, alpha 1, skeletal muscle, mRNA (cDNA clone MGC:155231 IMAGE:8142832), complete cds.	728/798 (91%)	Bos taurus

number	Acc. No	Definition	Nucleotide Blast	Organism
291	NM_001046342 XM_612311	Bos taurus methionine aminopeptidase 1D (MAP1D), mRNA.	685/790 (86%)	Bos taurus
292	XM_843490	PREDICTED: Canis familiaris similar to Myosin light chain 1, slow-twitch muscle A isoform (MLC1sa) (Alkali) (LOC006692), mRNA.	565/639 (88%)	Canis lupus
293	AB298688	Sus scrofa mitochondrial DNA, complete genome, breed: Ohmini Pig.	670/670 (100%)	Sus scrofa
294	AB221039	Sus scrofa or10k2, or10r2, cd1a1, or10r3, or10k3 genes for putative olfactory receptor 10K2, putative olfactory receptor 10R2, CD1A1 antigen, putative olfactory receptor 10R3, putative olfactory receptor 10K3, complete cds.	574/615 (93%)	Sus scrofa
295	NM_001097418	Sus scrofa eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 1 (EEF1A1), mRNA.	1046/1101(95%)	Sus scrofa
296	AB298688	Sus scrofa mitochondrial DNA, complete genome, breed: Ohmini Pig.	751/753 (99%)	Sus scrofa
297	U48832	Sus scrofa glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase mRNA, partial cds.	847/866 (97%)	Sus scrofa
298	NM_213975	Sus scrofa ferritin, heavy polypeptide 1 (FTH1), mRNA.	667/704 (94%)	Sus scrofa
299	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	829/845 (98%)	Sus scrofa
300	NM_001083700 XM_599330	Bos taurus similar to Zinc finger protein 200 (MGC140199), mRNA.	776/876 (88%)	Bos taurus
301	NM_001044527	Sus scrofa enolase 3 (beta, muscle) (ENO3), mRNA.	738/745 (99%)	Sus scrofa
302	NM_214332	Sus scrofa guanine nucleotide binding protein (G protein), beta polypeptide 2-like 1 (GNB2L1), mRNA.	1053/1072(98%)	Sus scrofa
303	NM_213920	Sus scrofa decorin (DCN), mRNA.	1081/1103(98%)	Sus scrofa
304	X15073	Pig mRNA for endoplasmic-reticulum Ca(2+)-transport ATPase (class 1).	1053/1082(97%)	Sus scrofa
305	NM_001099394 XM_001249665	Bos taurus similar to mitochondrial carrier triple repeat 1 (LOC781425), mRNA.	575/733 (78%)	Bos taurus
306	BC025840	Mus musculus titin, mRNA (cDNA clone IMAGE:5149168), partial cds.	737/878 (83%)	Mus musculus
307	XM_001254819	PREDICTED: Bos taurus similar to ferritin L subunit (LOC788801), mRNA.	685/766 (89%)	Bos taurus
308	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	835/845 (98%)	Sus scrofa
309	AC010205	Homo sapiens 12 BAC RP11-285E23 (Roswell Park Cancer Institute Human BAC Library) complete sequence.	430/497 (86%)	Homo sapiens
310	AM492627	Sus scrofa mitochondrial CYTB gene for cytochrome b, isolate javct1.	792/807 (98%)	Sus scrofa
311	NM_001024469	Bos taurus ribosomal protein L9 (RPL9), mRNA.	660/725 (91%)	Bos taurus
312	X15073	Pig mRNA for endoplasmic-reticulum Ca(2+)-transport ATPase (class 1).	1020/1083(94%)	Sus scrofa
313	NM_001008688	Sus scrofa carbonic anhydrase III (CA3), mRNA.	962/1006 (95%)	Sus scrofa
314	NM_001098598	Sus scrofa ribosomal phosphoprotein large PO subunit (LOC100049695), mRNA.	991/1029 (96%)	Sus scrofa
315	DQ972936	Sus scrofa breed Type II Lanyu mitochondrion, complete genome.	783/787 (99%)	Sus scrofa
316	NM_001017947	Bos taurus PDZ and LIM domain 7 (PDLIM7), mRNA.	844/940 (89%)	Bos taurus
317	NM_001044594	Sus scrofa calstabin 3 (LOC733664), mRNA.	1019/1071(95%)	Sus scrofa
318	NM_001006592	Sus scrofa myosin regulatory light chain 2 (HUMMLC2B), mRNA.	667/678 (98%)	Sus scrofa
319	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	835/841 (99%)	Sus scrofa
320	AY610140	Sus scrofa clone Clu_79.scr.msk.p1.Contig2, mRNA sequence.	1067/1099(97%)	Sus scrofa
321	AK236578	Sus scrofa mRNA, clone:OVRM10205F11, expressed in ovary	932/962 (96%)	Sus scrofa
322	XM_001503817	PREDICTED: Equus caballus similar to TGF-beta receptor interacting protein 1 (LOC100070298), mRNA.	930/1041 (89%)	Equus caballus
323	NM_174225	Bos taurus actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	998/1064 (93%)	Bos taurus
324	BX069878	Single read from an extremity of a full-length cDNA clone made from Anopheles gambiae total adult females. 5'-PRIME end of clone FK0AAC6CHO5 of strain 6-9 of Anopheles gambiae (African malaria mosquito).	32/32 (100%)	Anopheles gambiae
325	AY610381	Sus scrofa clone resel2c_e15.y1.abd, mRNA sequence.	642/644 (99%)	Sus scrofa
326	NM_001006592	Sus scrofa myosin regulatory light chain 2 (HUMMLC2B), mRNA.	667/676 (98%)	Sus scrofa
327	NM_001044527	Sus scrofa enolase 3 (beta, muscle) (ENO3), mRNA.	1067/1110(96%)	Sus scrofa
328	AK239003	Sus scrofa mRNA, clone:THY010055B11, expressed in thymus.	619/620 (99%)	Sus scrofa
329	NM_001008688	Sus scrofa carbonic anhydrase III (CA3), mRNA.	1007/1065 (94%)	Sus scrofa
330	DQ629158	Sus scrofa MLC1f (MYL1) mRNA, complete cds.	1009/1034 (97%)	Sus scrofa
331	NM_001099932	Sus scrofa phosphoglycerate kinase 1 (PGK1), mRNA.	1017/1057 (96%)	Sus scrofa
332	NM_001014389	Bos taurus H3 histone, family 3A (H3F3A), mRNA.	818/850 (96%)	Bos taurus
333	NM_001098598	Sus scrofa ribosomal phosphoprotein large PO subunit (LOC100049695), mRNA.	1043/1072 (97%)	Sus scrofa
334	no match			
335	AY610290	Sus scrofa clone rcov11b_a24.y1.abd, mRNA sequence	607/612 (99%)	Sus scrofa
336	BC102376	Bos taurus actin, alpha 1, skeletal muscle, mRNA (cDNA clone MGC:155231 IMAGE:8142832), complete cds.	939/1028 (91%)	Bos taurus
337	NM_001034803 XM_870034	Bos taurus cysteine-rich PDZ-binding protein (CRIPT), mRNA.	851/1010 (84%)	Bos taurus
338	BC102904	Bos taurus voltage-dependent anion channel 2, mRNA (cDNA clone MGC:128233 IMAGE:7985125), complete cds.	986/1059 (93%)	Bos taurus
339	NM_001044544	Sus scrofa tubulin alpha (LOC733594), mRNA.	1023/1064 (96%)	Sus scrofa
340	XM_001171409	PREDICTED: Pan troglodytes heat shock 70kDa protein 9B, transcript variant 2 (HSPA9B), mRNA.	805/989 (81%)	Pan troglodytes
341	XM_001491157	PREDICTED: Equus caballus hypothetical protein LOC100054678 (LOC100054678), mRNA.	633/759 (83%)	Equus caballus
342	AY609475	Sus scrofa clone Clu_128610.scr.msk.p1.Contig1, mRNA sequence.	816/841 (97%)	Sus scrofa
343	DQ972936	Sus scrofa breed Type II Lanyu mitochondrion, complete genome.	993/1024 (96%)	Sus scrofa
344	AK234635	Sus scrofa mRNA, clone:OVR010101G02, expressed in ovary.	813/820 (99%)	Sus scrofa
345	EU131524 DQ629177	Sus scrofa fast skeletal muscle troponin C (TNNC2) mRNA, complete cds.	695/703 (98%)	Sus scrofa
346	AK236232	Sus scrofa mRNA, clone:OVRM10166C08, expressed in ovary.	672/676 (99%)	Sus scrofa
347	AK234522	Sus scrofa mRNA, clone:OVR010075E07, expressed in ovary.	818/830 (98%)	Sus scrofa
348	EU131524 DQ629177	Sus scrofa fast skeletal muscle troponin C (TNNC2) mRNA, complete cds.	701/708 (99%)	Sus scrofa
349	AK234402	Sus scrofa mRNA, clone:OVR010055C09, expressed in ovary.	802/828 (96%)	Sus scrofa
350	AB176597	Sus scrofa tnnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT3/16.	785/808 (97%)	Sus scrofa
351	AK232664	Sus scrofa mRNA, clone:LVRM10001C04, expressed in liver.	715/717 (99%)	Sus scrofa
352	AP006184	Sus scrofa CC chemokine receptor genes (CCR9, CXCR6, FYCO1), complete cds, clone: 0268F11.	687/688 (99%)	Sus scrofa
353	XM_001503992	PREDICTED: Equus caballus similar to non-p53 regulated PA26-T1 nuclear protein (LOC100066585), mRNA.	744/814 (91%)	Equus caballus
354	AK232109	Sus scrofa mRNA, clone:LNG010080G09, expressed in lung.	797/813 (98%)	Sus scrofa
355	BC134665	Bos taurus actin, alpha 1, skeletal muscle, mRNA (cDNA clone MGC:155231 IMAGE:8142832), complete cds.	900/979 (91%)	Bos taurus
356	AK234838	Sus scrofa mRNA, clone:OVRM10021E07, expressed in ovary.	988/1019 (96%)	Sus scrofa
357	NM_001083382 XM_583749	Bos taurus PHD finger protein 5A (PHF5A), mRNA.	548/618 (88%)	Bos taurus
358	AK238649	Sus scrofa mRNA, clone:THY010014F03, expressed in thymus.	870/891 (97%)	Sus scrofa
359	AK238294	Sus scrofa mRNA, clone:TCH010077C12, expressed in trachea.	596/612 (97%)	Sus scrofa
360	no match			
361	NM_001097483	Sus scrofa tropomyosin 1 (alpha) (TPM1), mRNA.	985/1018 (96%)	Sus scrofa
362	EF545593	Sus scrofa isolate X269 mitochondrion, complete genome.	708/711 (99%)	Sus scrofa

number	Acc. No	Definition	Nucleotide Blast	Organism
363	NM_213912	Sus scrofa troponin I (TNNI1), mRNA.	889/925 (96%)	Sus scrofa
364	NM_001097477	Sus scrofa ribosomal protein L10a (RPL10A), mRNA.	721/739 (97%)	Sus scrofa
365	AK232254	Sus scrofa mRNA, clone:LVR010003A10, expressed in liver.	928/943 (98%)	Sus scrofa
366	NM_022497	Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein S25 (MRPS25), nuclear gene encoding mitochondrial protein.	483/536 (90%)	Homo sapiens
367	AK236713	Sus scrofa mRNA, clone:OVRM10219E06, expressed in ovary.	841/860 (97%)	Sus scrofa
368	AB176597	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT3/16.	793/808 (98%)	Sus scrofa
369	AK234887	Sus scrofa mRNA, clone:OVRM10026H06, expressed in ovary.	910/931 (97%)	Sus scrofa
370	AK230870	Sus scrofa mRNA, clone:AMP010057E08, expressed in alveolar macrophage.	694/702 (98%)	Sus scrofa
371	AK232529	Sus scrofa mRNA, clone:LVR010063A03, expressed in liver.	896/921 (97%)	Sus scrofa
372	XM_001171409	PREDICTED: Pan troglodytes heat shock 70kDa protein 9B, transcript variant 2 (HSPA9B), mRNA.	753/910 (82%)	Pan troglodytes
373	AK233773	Bos taurus ribosomal protein L7a (RPL7A), mRNA.	887/897 (98%)	Sus scrofa
374	NM_001083377	Bos taurus kelch repeat and BTB (POZ) domain containing 10 (KBTBD10), mRNA.	929/1012(91%)	Bos taurus
375	AK234615	PREDICTED: Canis familiaris similar to nuclear receptor binding SETdomain protein 1 isoform b, transcript	1039/106 (97%)	Sus scrofa
376	AK233980	Bos taurus H3 histone, family 3A (H3F3A), mRNA.	947/985 (96%)	Sus scrofa
377	NM_001097483	Sus scrofa tropomyosin 1 (alpha) (TPM1), mRNA.	896/921 (97%)	Sus scrofa
378	AK233757	Bos taurus ribosomal protein L8 (RPL8), mRNA.	842/862 (97%)	Sus scrofa
379	XM_001497799	PREDICTED: Equus caballus similar to actin, alpha 1, skeletal muscle, transcript variant 2 (LOC100065454), m	867/948 (91%)	Equus caballus
380	NM_001098598	Sus scrofa ribosomal phosphoprotein large PO subunit (LOC100049695), mRNA.	933/962 (96%)	Sus scrofa
381	AK233792	Sus scrofa ubiquitin A-52 residue ribosomal protein fusion product 1 (UBA52), mRNA.	556/564 (98%)	Sus scrofa
382	AK240051	Sus scrofa muscle creatine kinase (CKM) mRNA, complete cds.	775/790 (98%)	Sus scrofa
383	AK236713	Bos taurus tumor protein, translationally-controlled 1, mRNA (cDNA clone MGC:128232 IMAGE:7948168), complete cds.	843/861 (97%)	Sus scrofa
384	CU462963	Pig DNA sequence from clone CH242-397E14 on chromosome 4, complete sequence.	167/197 (84%)	Sus scrofa
385	AK233993	Sus scrofa ubiquitin B (UBB), mRNA.	911/929 (98%)	Sus scrofa
386	AK236713	Bos taurus tumor protein, translationally-controlled 1, mRNA (cDNAclone MGC:128232 IMAGE:7948168), complete cds.	822/841 (97%)	Sus scrofa
387	AB176598	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT4/16.	615/619 (99%)	Sus scrofa
388	AK232108	Bos taurus ribosomal protein L7a (RPL7A), mRNA.	890/900 (98%)	Sus scrofa
389	EU131524 DQ629177	Sus scrofa fast skeletal muscle troponin C (TNNC2) mRNA, complete cds.	700/708 (98%)	Sus scrofa
390	XR_028080	PREDICTED: Bos taurus similar to myosin binding protein C, fast type (LOC520988), mRNA.	653/740 (88%)	Bos taurus
391	AB176597	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT3/16.	801/808 (99%)	Sus scrofa
392	XM_001492988	PREDICTED: Equus caballus similar to factor activating exoenzyme S (LOC100056060), mRNA.	589/655 (89%)	Equus caballus
393	XM_861734	PREDICTED: Canis familiaris similar to RIKEN cDNA 8030451F13, transcript variant 13 (LOC475442), mRNA.	858/972 (88%)	Canis lupus familiaris
394	NM_213810	Sus scrofa alpha-1,3-galactosyltransferase (GGTA1), mRNA.	947/982 (96%)	Sus scrofa
395	AK234838	Sus scrofa glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase mRNA, partial cds.	975/1006(96%)	Sus scrofa
396	CR956376	Pig DNA sequence from clone CH242-7P5 on chromosome 17, complete sequence.	228/264 (86%)	Sus scrofa
397	AK236713	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCPTP), mRNA.	848/863 (98%)	Sus scrofa
398	AK234113	PREDICTED: Canis familiaris similar to H3 histone, family 3B, transcript variant 4 (LOC475916), mRNA.	597/598 (99%)	Sus scrofa
399	XM_001167131	PREDICTED: Pan troglodytes nuclear LIM interactor-interacting factor 2 (CTDSP2), mRNA.	544/687 (79%)	Pan troglodytes
400	AK235032	PREDICTED: Canis familiaris similar to Myosin light chain 1, slow-twitch muscle A isoform (MLC1sa) (Alkali)	729/746 (97%)	Sus scrofa
401	AK236154	PREDICTED: Equus caballus similar to transcriptional adaptor 2 (ADA2 homolog, yeast)-like, (LOC100057641), mRNA.	984/1016 (96%)	Sus scrofa
402	CR974479	Pig DNA sequence from clone PigE-150P18 on chromosome 7, complete sequence.	185/210 (88%)	Sus scrofa
403	XM_001495094	PREDICTED: Equus caballus hypothetical protein LOC100051878 (LOC100051878), mRNA.	483/535 (90%)	Equus caballus
404	BC012597	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle, mRNA (cDNA clone MGC:13546 IMAGE:4291656), complete cds.	852/899 (94%)	Homo sapiens
405	AK239906	Sus scrofa mRNA, clone:UTR010010A12, expressed in uterus.	811/822 (98%)	Sus scrofa
406	AY609990	Bos taurus proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 6 (PSMB6), mRNA.	804/811 (99%)	Sus scrofa
407	AK234838	Sus scrofa glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase mRNA, partial cds.	774/786 (98%)	Sus scrofa
408	XM_001493061	PREDICTED: Equus caballus similar to McKusick-Kaufman syndrome (LOC100064409), mRNA.	858/980 (87%)	Equus caballus
409	NM_001044612	Sus scrofa beta 5-tubulin (LOC733686), mRNA.	1090/1113(97%)	Sus scrofa
410	CR956422	Sus scrofa genomic DNA, chromosome 1q, microsatellite markers.	224/254 (88%)	Sus scrofa
411	AK234489	Sus scrofa mRNA, clone:OVR010072A06, expressed in ovary.	935/962 (97%)	Sus scrofa
412	EU131524	Sus scrofa fast skeletal muscle troponin C (TNNC2) mRNA, complete cds.	706/719 (98%)	Sus scrofa
413	AK232109	Bos taurus tumor protein, translationally-controlled 1, mRNA (cDNA clone MGC:128232 IMAGE:7948168),	800/816 (98%)	Sus scrofa
414	XM_001113477	PREDICTED: Macaca mulatta T-box 15, transcript variant 2 (TBX15), mRNA.	758/977 (77%)	Macaca mulatta
415	AK235858	Bos taurus pyruvate kinase, muscle (PKM2), mRNA, complete cds.	715/721 (99%)	Sus scrofa
416	AY610381	Sus scrofa clone rese12c_e15.y1.abd, mRNA sequence.	642/644 (99%)	Sus scrofa
417	AK232109	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCPTP), mRNA.	832/842 (98%)	Sus scrofa
418	AK233622	Bos taurus similar to ribosomal protein L14 (MGC127119), mRNA.	708/713 (99%)	Sus scrofa
419	AK232109	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCPTP), mRNA.	807/825 (97%)	Sus scrofa
420	DQ629158	Sus scrofa MLC1f (MYL1) mRNA, complete cds.	967/1003 (96%)	Sus scrofa
421	EF545593	Sus scrofa isolate X269 mitochondrion, complete genome.	695/695 (100%)	Sus scrofa
422	AB176598	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT4/16.	617/626 (98%)	Sus scrofa
423	DQ629157	Sus scrofa HUMMLC2B (HUMMLC2B) mRNA, complete cds.	667/671 (99%)	Sus scrofa
424	AY610465	Sus scrofa clone rnca33b_d8.y1.Labd, mRNA sequence.	513/515 (99%)	Sus scrofa
425	AK238726	Sus scrofa cAMP response element-binding protein 2 (CREB2) mRNA, complete cds.	940/976 (96%)	Sus scrofa
426	AK230798	Sus scrofa isolate X269 mitochondrion, complete genome.	777/785 (98%)	Sus scrofa
427	AK236713	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCPTP), mRNA.	856/861 (99%)	Sus scrofa
428	CU041263	Pig DNA sequence from clone CH242-137G6 on chromosome 7, complete sequence.	211/260 (81%)	Sus scrofa
429	AK232109	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCPTP), mRNA.	833/846 (98%)	Sus scrofa
430	NM_001098598	Sus scrofa ribosomal phosphoprotein large PO subunit (LOC100049695), mRNA.	935/963 (97%)	Sus scrofa
431	DQ629176	Sus scrofa TPM3 (TPM3) mRNA, complete cds.	882/912 (96%)	Sus scrofa
432	AK236713	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCPTP), mRNA.	829/861 (96%)	Sus scrofa
433	XR_027685	PREDICTED: Bos taurus similar to Titin (Connectin) (Rhabdomyosarcoma antigen MU-RMS-40.14)	879/945 (93%)	Bos taurus
434	XM_854243	PREDICTED: Canis familiaris hypothetical protein LOC607744 (LOC607744), mRNA	676/787 (85%)	Canis lupus familiaris

number	Acc. No	Definition	Nucleotide Blast	Organism
435		no match		
436	AB176602	Sus scrofa tntt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT4/17.	728/744 (97%)	Sus scrofa
437	AK232272	Sus scrofa RPS6 (RPS6) mRNA, partial cds.	835/844 (98%)	Sus scrofa
438	AK233368	Bos taurus hypothetical protein LOC790872 (MGC165985), mRNA.	859/869 (98%)	Sus scrofa
439	AK230603	Sus scrofa microsomal glutathione S-transferase 1 (MGST1), mRNA.	846/873 (96%)	Sus scrofa
440	AK236713	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	830/855 (97%)	Sus scrofa
441	AK235399	Bos taurus similar to Collagen alpha 1(III) chain precursor (LOC510833), mRNA.	784/794 (98%)	Sus scrofa
442	AK236713	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	854/861 (99%)	Sus scrofa
443	NM_001098604	Sus scrofa vacuolar protein sorting 33 homolog A (S. cerevisiae) (VPS33A), mRNA.	969/993 (97%)	Sus scrofa
444	NM_001031789	Sus scrofa cellular retinol binding protein 1 (CRBP1), mRNA.	720/729 (98%)	Sus scrofa
445	AK232704	Homo sapiens crystallin, alpha B, mRNA (cDNA clone MGC:12326 IMAGE:3933748), complete cds.	729/736 (99%)	Sus scrofa
446	AK232109	Bos taurus tumor protein, translationally-controlled 1, mRNA (cDNA clone MGC:128232 IMAGE:7948168), complete cds.	836/842 (99%)	Sus scrofa
447	NM_001097486	Sus scrofa ATPase inhibitory factor 1 (ATPIF1), mRNA.	474/477 (99%)	Sus scrofa
448	AK235399	PREDICTED: Equus caballus similar to collagen, type III, alpha 1 (Ehlers-Danlos syndrome type IV, autosomal d	860/871 (98%)	Sus scrofa
449	XM_001492856	PREDICTED: Equus caballus similar to CC chemokine ligand 19 (LOC100060649), mRNA.	244/285 (85%)	Equus caballus
450	AK240051	Sus scrofa muscle creatine kinase (CKM) mRNA, complete cds.	994/1016(97%)	Sus scrofa
451	AK239136	Homo sapiens mRNA for Transcription factor BTF3 variant, clone: FCC114C01.	867/873 (99%)	Sus scrofa
452	CU407138	Pig DNA sequence from clone CH242-137P15 on chromosome 5, complete sequence.	190/214 (88%)	Sus scrofa
453	AK240126	Bos taurus similar to 40S ribosomal protein S16 (LOC506297), mRNA.	563/563 (100%)	Sus scrofa
454	AK234522	Sus scrofa mRNA for four and a half LIM domains 1 protein, isoform C (fh11C gene).	800/805 (99%)	Sus scrofa
455	XM_843847	PREDICTED: Canis familiaris similar to Actin, alpha skeletal muscle (Alpha-actin 1), transcript variant 2	920/996 (92%)	Canis lupus familiaris
456	NM_001001535	Sus scrofa muscle-specific intermediate filament desmin (LOC396725), mRNA.	461/467 (98%)	Sus scrofa
457	AK234887	Sus scrofa enolase 3 (beta, muscle) (ENO3), mRNA.	885/897 (98%)	Sus scrofa
458	AF486856	Sus scrofa breed Chinese Zang mitochondrion, complete genome.	1001/1026(97%)	Sus scrofa
459	AK235935	Sus scrofa protein phosphatase 2 (formerly 2A), catalytic subunit, alpha isoform (PPP2CA), mRNA.	744/769 (96%)	Sus scrofa
460	EU131524 DQ629177	Sus scrofa fast skeletal muscle troponin C (TNNC2) mRNA, complete cds.	685/689 (99%)	Sus scrofa
461	AK236713	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	834/839 (99%)	Sus scrofa
462	AB118909	Sus scrofa tntt1 mRNA for troponin T slow type isoform sTnT2, complete cds.	803/819 (98%)	Sus scrofa
463	AB176598	Sus scrofa tntt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT4/16.	629/632 (99%)	Sus scrofa
464	CU457711	Pig DNA sequence from clone CH242-142N21 on chromosome 9, complete sequence.	193/234 (82%)	Sus scrofa
465	AY610139	Sus scrofa clone Clu_78870.scr.msk.p1.Contig2, mRNA sequence.	984/1007 (97%)	Sus scrofa
466	AK234887	Sus scrofa enolase 3 (beta, muscle) (ENO3), mRNA.	942/971 (97%)	Sus scrofa
467	AK236713	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	853/861 (99%)	Sus scrofa
468	NM_001097468	Sus scrofa NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 4, 9kDa (NDUFA4), mRNA.	496/503 (98%)	Sus scrofa
469	AK234973	PREDICTED: Canis familiaris similar to N-acetylneuraminyl cytidyltransferase (CMP-Ac synthetase), transcript va	693/698 (99%)	Sus scrofa
470	AB176602	Sus scrofa tntt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT4/17.	628/632 (99%)	Sus scrofa
471	AK240391	Sus scrofa secreted protein, acidic, cysteine-rich (osteonectin)(SPARC), mRNA.	927/951 (97%)	Sus scrofa
472	EF545593	Sus scrofa isolate X269 mitochondrion, complete genome.	762/770 (98%)	Sus scrofa
473	AK233768	Bos taurus ferritin, light polypeptide, mRNA (cDNA clone MGC:128093 IMAGE:7954568), complete cds.	879/902 (97%)	Sus scrofa
474	AK237194	Bos taurus ribosomal protein L5 (RPL5), mRNA.	741/748 (99%)	Sus scrofa
475	AK239603	Bos taurus hypothetical protein LOC782132 (MGC143137), mRNA.	613/617 (99%)	Sus scrofa
476	BC012597	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle, mRNA (cDNA clone MGC:13546 IMAGE:4291656), complete cds.	876/962 (91%)	Homo sapiens
477	AK232020	Sus scrofa putative preproadipin mRNA, complete cds.	785/792 (99%)	Sus scrofa
478	AK234518	Pongo pygmaeus mRNA: cDNA DKFZp459N1930 (from clone DKFZp459N1930).	971/995 (97%)	Sus scrofa
479	AK233707	Sus scrofa mRNA for ribosomal protein SA (RPSAP gene).	1008/1050(96%)	Sus scrofa
480	AB176601	Sus scrofa tntt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT3/17.	712/724 (98%)	Sus scrofa
481	CT842159	Pig DNA sequence from clone CH242-270B4 on chromosome 7, complete sequence.	271/295 (91%)	Sus scrofa
482	AK230503	Sus scrofa isolate X269 mitochondrion, complete genome.	674/683 (98%)	Sus scrofa
483	AL713647	Homo sapiens mRNA: cDNA DKFZp451A172 (from clone DKFZp451A172).	773/866 (89%)	Homo sapiens
484	AK238622	Bos taurus similar to proliferation-associated 2G4, 38kDa (MGC128827), mRNA.	978/984 (99%)	Sus scrofa
485	AB176596	Sus scrofa tntt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT2/16.	817/826 (98%)	Sus scrofa
486	AK236713	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	834/841 (99%)	Sus scrofa
487	NM_001105486	Bos taurus cortexin 3 (CTXN3), mRNA.	775/1016 (76%)	Bos taurus
488	AK236713	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	845/856 (98%)	Sus scrofa
489	AK240051	Sus scrofa muscle creatine kinase (CKM) mRNA, complete cds.	635/637 (99%)	Sus scrofa
490	AK236713	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	838/854 (98%)	Sus scrofa
491	AK234357	Homo sapiens ribosomal protein S5 (RPS5), mRNA.	725/738 (98%)	Sus scrofa
492	AK232272	Sus scrofa RPS6 (RPS6) mRNA, partial cds.	844/849 (99%)	Sus scrofa
493	AK236713	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	844/850 (99%)	Sus scrofa
494	XR_028080	PREDICTED: Bos taurus similar to myosin binding protein C, fast type (LOC520988), mRNA.	654/740 (88%)	Bos taurus
495	AK232704	Bos taurus crystallin, alpha B, mRNA (cDNA clone MGC:128019 IMAGE:7962636), complete cds.	725/728 (99%)	Sus scrofa
496	AK234361	Bos taurus SARI gene homolog A (S. cerevisiae) (SARIA), mRNA.	723/725 (99%)	Sus scrofa
497	XM_613027	PREDICTED: Bos taurus similar to multiple endocrine neoplasia type 1 candidate protein number 18, tr	730/843 (86%)	Bos taurus
498	AK239485	Sus scrofa succinyl-CoA synthetase alpha subunit (SCS) mRNA, complete cds.	1037/1068(97%)	Sus scrofa
499	AK239515	Sus scrofa guanine nucleotide binding protein (G protein), beta polypeptide 2-like 1 (GNB2L1), mRNA.	1073/1116(96%)	Sus scrofa
500	AK237407	Sus scrofa ribosomal protein L10 (LOC733593), mRNA.	739/745 (99%)	Sus scrofa
501	NM_000976	Homo sapiens ribosomal protein L12 (RPL12), mRNA.	567/626 (90%)	Homo sapiens
502	NM_020189	Homo sapiens enhancer of yellow 2 homolog (Drosophila) (ENY2), mRNA.	555/570 (97%)	Homo sapiens
503	NM_001035006	Homo sapiens ribosomal protein L17 (RPL17), transcript variant 2, mRNA.	562/622 (90%)	Homo sapiens
504	NM_001018005	Homo sapiens tropomyosin 1 (alpha) (TPM1), transcript variant 1, mRNA.	931/1008 (92%)	Homo sapiens
505	NM_000146	Homo sapiens ferritin, light polypeptide (FTL), mRNA.	632/751 (84%)	Homo sapiens
506	NM_001824	Homo sapiens creatine kinase, muscle (CKM), mRNA.	719/846 (84%)	Homo sapiens
507	NM_079420	Homo sapiens myosin, light polypeptide 1, alkali: skeletal, fast (MYL1), transcript variant 1f, mRNA.	883/996 (88%)	Homo sapiens
508	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	760/834 (91%)	Homo sapiens
509	XM_935384	PREDICTED: Homo sapiens similar to 60S ribosomal protein L6 (TAX-responsive enhancer element-binding pr	736/855 (86%)	Homo sapiens

number	Acc. No	Definition	Nucleotide Blast	Organism
510	NW_923295	Homo sapiens chromosome 7 genomic contig, alternate assembly (based on Celera assembly).	530/698 (75%)	Homo sapiens
511	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	763/833 (91%)	Homo sapiens
512	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	767/833 (92%)	Homo sapiens
513	NM_005609	Homo sapiens phosphorylase, glycogen: muscle (McArdle syndrome, glycogen storage disease type V) (PYGM), mRNA.	954/1073 (88%)	Homo sapiens
514	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	1041/1122 (92%)	Homo sapiens
515	NM_005963	Homo sapiens myosin, heavy polypeptide 1, skeletal muscle, adult (MYH1), mRNA.	917/1011 (90%)	Homo sapiens
516	NM_000992	Homo sapiens ribosomal protein L29 (RPL29), mRNA.	501/586 (85%)	Homo sapiens
517		no match		
518	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	762/832 (91%)	Homo sapiens
519	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	1027/1104 (93%)	Homo sapiens
520	NW_925328	Homo sapiens chromosome 12 genomic contig, alternate assembly (based on Celera assembly).	270/336 (80%)	Homo sapiens
521		no match		
522	NM_003280	Homo sapiens troponin C type 1 (slow) (TNNC1), mRNA.	598/684 (87%)	Homo sapiens
523	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	763/831 (91%)	Homo sapiens
524		no match		
525	NM_001920	Homo sapiens decorin (DCN), transcript variant A1, mRNA.	820/919 (89%)	Homo sapiens
526	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	1013/1091 (92%)	Homo sapiens
527	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	1032/1100 (93%)	Homo sapiens
528	NM_133507	Homo sapiens decorin (DCN), transcript variant E, mRNA.	307/355 (86%)	Homo sapiens
529	NM_003281	Homo sapiens troponin I type 1 (skeletal, slow) (TNNI1), mRNA.	626/707 (88%)	Homo sapiens
530	NM_006471	Homo sapiens myosin regulatory light chain MRCL3 (MRCL3), mRNA.	775/883 (87%)	Homo sapiens
531	NM_133378	Homo sapiens titin (TTN), transcript variant N2-A, mRNA.	754/837 (90%)	Homo sapiens
532	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	763/831 (91%)	Homo sapiens
533	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	988/1054 (93%)	Homo sapiens
534		no match		
535	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	766/833 (91%)	Homo sapiens
536	AK234838	Sus scrofa glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase (GAPDH) mRNA, complete cds.	1101/1138 (96%)	Sus scrofa
537	AK239515	Sus scrofa guanine nucleotide binding protein (G protein), beta polypeptide 2-like 1 (GNB2L1), mRNA.	1060/1101(96%)	Sus scrofa
538	AK232109	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	584/586 (99%)	Sus scrofa
539	EF545593	Sus scrofa isolate X269 mitochondrion, complete genome.	696/697 (99%)	Sus scrofa
540	NM_001076887	Bos taurus similar to Flotillin-1 (LOC532573), mRNA.	848/912 (92%)	Bos taurus
541	AK232614	Homo sapiens MAP7 domain containing 1, mRNA (cDNA clone IMAGE:3909529), **** WARNING: chimeric clone ****.	889/902 (98%)	Sus scrofa
542	EU131524 DQ629177	Sus scrofa fast skeletal muscle troponin C (TNNC2) mRNA, complete cds.	708/711 (99%)	Sus scrofa
543	AK231450	PREDICTED: Equus caballus similar to KIAA0615 protein (LOC100057787), mRNA.	876/881 (99%)	Sus scrofa
544	AK231206	Bos taurus similar to HIRA interacting protein 5 (MGC127922), mRNA.	416/416 (100%)	Sus scrofa
545	EF545593	Sus scrofa isolate X269 mitochondrion, complete genome.	858/864 (99%)	Sus scrofa
546	AK234216	Sus scrofa mRNA, clone:OVR010028E12, expressed in ovary.	239/259 (92%)	Sus scrofa
547	AB118909	Sus scrofa tnt1 mRNA for troponin T slow type isoform sTnT2, complete cds.	819/823 (99%)	Sus scrofa
548	AK235032	PREDICTED: Canis familiaris similar to Myosin light chain 1, slow-twitch muscle A isoform (MLC1sa) (Alkali) (LOC606992), mRNA.	824/829 (99%)	Sus scrofa
549	DQ629157	Sus scrofa HUMMLC2B (HUMMLC2B) mRNA, complete cds.	672/673 (99%)	Sus scrofa
550	AK230501	Sus scrofa isolate X269 mitochondrion, complete genome.	729/739 (98%)	Sus scrofa
551	AK236713	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	839/844 (99%)	Sus scrofa
552	DQ629157	Sus scrofa HUMMLC2B (HUMMLC2B) mRNA, complete cds.	669/671 (99%)	Sus scrofa
553		no match		
554		no match		
555	XR_028080	PREDICTED: Bos taurus similar to myosin binding protein C, fast type (LOC520988), mRNA.	627/709 (88%)	Bos taurus
556		no match		
557	AK230798	Sus scrofa isolate X269 mitochondrion, complete genome.	660/673 (98%)	Sus scrofa
558	AK233993	Sus scrofa ubiquitin B (UBB), mRNA.	901/906 (99%)	Sus scrofa
559	AB176596	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT2/16.	820/826 (99%)	Sus scrofa
560	XM_599176	PREDICTED: Bos taurus similar to KIAA0225, transcript variant 1 (LOC520924), mRNA.	696/767 (90%)	Bos taurus
561	AK231518	Bos taurus eukaryotic translation initiation factor 1 (EIF1), mRNA.	953/986 (96%)	Sus scrofa
562	CR956388	Pig DNA sequence from clone PigI-736G5 on chromosome 7, complete sequence.	835/856 (97%)	Sus scrofa
563	AY735454	Sus scrofa ribosomal protein L7 mRNA, complete cds.	825/830 (99%)	Sus scrofa
564	BC012597	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle, mRNA (cDNA clone MGC:13546 IMAGE:4291656)	967/1025 (94%)	Homo sapiens
565	NM_213912	Sus scrofa troponin I (TNNI1), mRNA.	921/936 (98%)	Sus scrofa
566	AK232219	Sus scrofa decorin (DCN), mRNA.	1002/1024 (97%)	Sus scrofa
567	AK240051	Physeter catodon CK mRNA for cytoplasmic creatine kinases, complete cds.	1101/1143 (96%)	Sus scrofa
568	NM_001097478	Sus scrofa ribosomal protein L14 (RPL14), mRNA.	725/735 (98%)	Sus scrofa
569	XM_001494799	PREDICTED: Equus caballus similar to doublecortin domain containing 1 (LOC100051870), mRNA.	572/620 (92%)	Equus caballus
570	AK234584	Bos taurus tubulin, alpha 8 (TUBA8), mRNA.	672/679 (98%)	Sus scrofa
571	AY880396	Gekko japonicus GekBS165P mRNA, complete cds.	672/694 (96%)	Gekko japonicus
572	AK236823	Sus scrofa eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 1 (EEF1A1), mRNA.	998/1047 (95%)	Sus scrofa
573	CR860399	Pongo pygmaeus mRNA: cDNA DKFZp459D2423 (from clone DKFZp459D2423).	37/39 (94%)	Pongo pygmaeus
574	AK236713	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	848/861 (98%)	Sus scrofa
575	XM_613028	PREDICTED: Bos taurus nebulin (LOC407121), mRNA.	641/747 (85%)	Bos taurus
576	AK236823	Sus scrofa eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 1 (EEF1A1), mRNA.	810/814 (99%)	Sus scrofa
577	BC035281	Homo sapiens fibromodulin, mRNA (cDNA clone MGC:34457 IMAGE:5181410), complete cds.	637/779 (81%)	Homo sapiens
578	AK239846	Sus scrofa mRNA, clone:UTR010003C01, expressed in uterus.	858/868 (98%)	Sus scrofa
579	BC012597	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle, mRNA (cDNA clone MGC:13546 IMAGE:4291656)	1027/1100 (93%)	Homo sapiens
580		no match		
581	XM_001115441	PREDICTED: Macaca mulatta similar to skeletal muscle calsequestrin 1 (LOC720233), partial mRNA.	625/793 (78%)	Macaca mulatta
582	EF545593	Sus scrofa isolate X269 mitochondrion, complete genome.	889/891 (99%)	Sus scrofa
583	EF545593	Sus scrofa isolate X269 mitochondrion, complete genome.	766/768 (99%)	Sus scrofa
584	EF545593	Sus scrofa isolate X269 mitochondrion, complete genome.	758/761 (99%)	Sus scrofa

number	Acc. No	Definition	Nucleotide Blast	Organism
585	AK233993	Sus scrofa ubiquitin B (UBB), mRNA.	871/883 (98%)	Sus scrofa
586	AK238726	Sus scrofa cAMP response element-binding protein 2 (CREB2) mRNA, complete cds.	917/953 (96%)	Sus scrofa
587	AY864616	Sus scrofa Ca <sup>2+</sup> -binding protein-like protein mRNA, complete cds.	825/836 (98%)	Sus scrofa
588	AK232219	Sus scrofa decorin (DCN), mRNA.	950/975 (97%)	Sus scrofa
589	AK232220	Bos taurus proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 5 (PSMB5), mRNA.	1004/1041 (96%)	Sus scrofa
590	AK233768	Sus scrofa clone rcov11b_a24.y1.abd, mRNA sequence.	876/903 (97%)	Sus scrofa
591	XM_001491943	PREDICTED: Equus caballus actinin, alpha 2 (ACTN2), mRNA.	867/944 (91%)	Equus caballus
592	XM_001490720	PREDICTED: Equus caballus hypothetical protein LOC100057357 (LOC100057357), mRNA.	936/1030 (90%)	Equus caballus
593	AK233773	Sus scrofa mRNA, clone:MLN010023F07, expressed in mesenteric lymphnode.	864/875 (98%)	Sus scrofa
594	NM_213748	Sus scrofa troponin T type 1 (skeletal, slow) (TNNT1), mRNA.	841/851 (98%)	Sus scrofa
595	NM_001097483	Sus scrofa tropomyosin 1 (alpha) (TPM1), mRNA.	980/1002 (97%)	Sus scrofa
596	AK240051	Sus scrofa muscle creatine kinase (CKM) mRNA, complete cds.	1002/1024 (97%)	Sus scrofa
597	BC134665	Bos taurus actin, alpha 1, skeletal muscle, mRNA (cDNA clone MGC:155231 IMAGE:8142832), complete cds.	923/1000 (92%)	Bos taurus
598	BC012597	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle, mRNA (cDNA clone MGC:13546 IMAGE:4291656), complete cds.	843/897 (93%)	Homo sapiens
599	XR_036035	PREDICTED: Equus caballus similar to homzygously deleted in neuroblastoma-1/UFD2 (LOC100057243), misc RNA.	734/868 (84%)	Equus caballus
600	AK236713	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	726/727 (99%)	Sus scrofa
601	XM_001497799	PREDICTED: Equus caballus similar to actin, alpha 1, skeletal muscle, transcript variant 2 (LOC100065454), mRNA.	933/1013 (92%)	Equus caballus
602	AY610054	Bos taurus similar to Procollagen C-endopeptidase enhancer 2 precursor (Procollagen COOH-terminal proteinase enhancer 2) (LOC513618), mRNA.	975/1002 (97%)	Sus scrofa
603	AB118909	Sus scrofa tnt1 mRNA for troponin T slow type isoform sTnT2, complete cds.	816/823 (99%)	Sus scrofa
604	AK236713	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	854/862 (99%)	Sus scrofa
605	AK236713	Bos taurus tumor protein, translationally-controlled 1, mRNA (cDNA clone MGC:128232 IMAGE:7948168), complete cds.	854/860 (99%)	Sus scrofa
606	AY609756	Sus scrofa clone Clu_29799.scr.msk.p1.Contig3, mRNA sequence.	766/768 (99%)	Sus scrofa
607	DQ629157	Sus scrofa HUMMLC2B (HUMMLC2B) mRNA, complete cds.	666/670 (99%)	Sus scrofa
608	AK240353	Bos taurus cDNA clone IMAGE:7986750, containing frame-shift errors.	915/922 (99%)	Sus scrofa
609	X94689	Sus scrofa mRNA for myosin light chain.	802/815 (98%)	Sus scrofa
610	AY609571	Sus scrofa clone Clu_19159.scr.msk.p1.Contig1, mRNA sequence.	995/1011 (98%)	Sus scrofa
611	AK235032	PREDICTED: Canis familiaris similar to Myosin light chain 1, slow-twitch muscle A isoform (MLC1sa) (Alkali) (LOC606992), mRNA.	824/830 (99%)	Sus scrofa
612	XR_027685	PREDICTED: Bos taurus similar to Titin (Connectin) (Rhabdomyosarcoma antigen MU-RMS-40.14) (LOC540561), mRNA.	702/763 (92%)	Bos taurus
613	AK233082	Sus scrofa PPE4 CpG methylation island genomic sequence.	684/692 (98%)	Sus scrofa
614	EU131524 DQ629177	Sus scrofa fast skeletal muscle troponin C (TNNC2) mRNA, complete cds.	703/708 (99%)	Sus scrofa
615	AK233726	Bos taurus similar to eukaryotic translation initiation factor 3, subunit 12 (MGC127071), mRNA.	770/774 (99%)	Sus scrofa
616	AK232653	PREDICTED: Bos taurus similar to Thiosulfate sulfurtransferase (Rhodanese) (LOC783512), mRNA.	997/1017 (98%)	Sus scrofa
617	AB176601	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT3/17.	763/766 (99%)	Sus scrofa
618	AK231974	Homo sapiens cDNA FLJ77265 complete cds, highly similar to Homo sapiens integrin beta 1 binding protein 1	1007/1031 (97%)	Sus scrofa
619	AK238519	PREDICTED: Bos taurus similar to platelet-type phosphofructokinase, transcript variant 12 (LOC507119)	687/690 (99%)	Sus scrofa
620	AY609883	Sus scrofa clone Clu_37812.scr.msk.p1.Contig3, mRNA sequence.	935/943 (99%)	Sus scrofa
621	AK239131	PREDICTED: Equus caballus hypothetical protein LOC100063867 (LOC100063867), mRNA.	573/576 (99%)	Sus scrofa
622	AK234655	Bos taurus acetyl-Coenzyme A acetyltransferase 1 (acetoacetyl Coenzyme A thiolase) (ACAT1), mRNA.	444/453 (98%)	Sus scrofa
623	AK236357	Bos taurus ribosomal protein L17 (RPL17), mRNA.	620/625 (99%)	Sus scrofa
624	AK236433	Sus domesticus lactate dehydrogenase-A (LDH-A) mRNA, complete cds.	1036/1068 (97%)	Sus scrofa
625	XM_613028	PREDICTED: Bos taurus nebulin (LOC407121), mRNA.	873/963 (90%)	Bos taurus
626	NM_001097477	Sus scrofa ribosomal protein L10a (RPL10A), mRNA.	728/735 (99%)	Sus scrofa
627	DQ991395	Sus scrofa thioredoxin-interacting protein (TXNIP) gene, complete cds.	605/607 (99%)	Sus scrofa
628	AK236299	Sus scrofa mRNA, clone:OVRM10174E11, expressed in ovary.	835/839 (99%)	Sus scrofa
629	NM_213912	Sus scrofa troponin I (TNNI1), mRNA.	600/604 (99%)	Sus scrofa
630	AK234838	Sus scrofa mRNA, clone:OVRM10021E07, expressed in ovary.	777/782 (99%)	Sus scrofa
631	AY609667	Bos taurus transmembrane protein 126A-like (TMEM126A), mRNA.	764/765 (99%)	Sus scrofa
632	AY610307	Bos taurus ribosomal protein S27a, mRNA (cDNA clone MGC:127404 IMAGE:7952323), complete cds.	539/539 (100%)	Sus scrofa
633	BC134665	Bos taurus actin, alpha 1, skeletal muscle, mRNA (cDNA clone MGC:155231 IMAGE:8142832)	770/835 (92%)	Bos taurus
634	AK231590	Sus scrofa mRNA, clone:ITT010103A03, expressed in intestine.	998/1017 (98%)	Sus scrofa
635	NM_001076048	Bos taurus similar to cDNA sequence BC005624 (MGC139215), mRNA.	670/800 (83%)	Bos taurus
636	AK235555	Sus scrofa mRNA, clone:OVRM10093A10, expressed in ovary.	915/931 (98%)	Sus scrofa
637	BC012597	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle, mRNA (cDNA clone MGC:13546 MAGE:4291656)	933/989 (94%)	Homo sapiens
638	AK239883	Sus scrofa mRNA, clone:UTR010007D11, expressed in uterus.	934/951 (98%)	Sus scrofa
639	AK234693	Sus scrofa mRNA, clone:OVRM10007H07, expressed in ovary.	597/616 (96%)	Sus scrofa
640	CT827837	Pig DNA sequence from clone CH242-235H24 on chromosome 14, complete sequence.	170/196 (86%)	Sus scrofa
641		no match		
642	AB182372	Sus scrofa DNA, TCR-alpha/delta chain genes, clone: 0053E09.	222/264 (84%)	Sus scrofa
643	EU333163	Sus scrofa breed Chinese northeast wildboar mitochondrion, complete genome.	765/767 (99%)	Sus scrofa
644		no match		
645	XM_536034	PREDICTED: Canis familiaris similar to SMT3 suppressor of mif two 3 homolog 1 (LOC478874), mRNA.	930/993 (93%)	Canis lupus familiaris
646	XM_870116	PREDICTED: Bos taurus similar to putative SH3BGR protein (LOC617797), mRNA.	672/786 (85%)	Bos taurus
647	NM_001098874	Bos taurus similar to ribosomal protein S7 (MGC165697), mRNA.	583/643 (90%)	Bos taurus
648	NM_001024689	Bos taurus cysteine and glycine-rich protein 3 (cardiac LIM protein) (CSR3P), mRNA.	764/870 (87%)	Bos taurus
649	XM_001501929	PREDICTED: Equus caballus similar to ribosomal protein SA (LOC100055367), mRNA.	890/959 (92%)	Equus caballus
650	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	825/838 (98%)	Sus scrofa
651	BC102745	Bos taurus crystallin, alpha B, mRNA (cDNA clone MGC:128019 IMAGE:7962636), complete cds.	688/728 (94%)	Bos taurus
652	XM_001497094	PREDICTED: Equus caballus similar to ribosomal protein L4 (LOC100065968), mRNA.	928/1028 (90%)	Equus caballus
653	DQ845173	Sus scrofa glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase mRNA, partial cds.	834/837 (99%)	Sus scrofa
654	NM_001098874	Bos taurus similar to ribosomal protein S7 (MGC165697), mRNA.	583/643 (90%)	Bos taurus
655	NM_001034763	Bos taurus SH3 domain binding glutamic acid-rich protein like 3 (SH3BGL3), mRNA.	702/791 (88%)	Bos taurus
656	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	827/837 (98%)	Sus scrofa



number	Acc. No	Definition	Nucleotide Blast	Organism
657	AK233779	Sus scrofa mRNA, clone:MLN010025H07, expressed in mesenteric lymph node.	388/388 (100%)	Sus scrofa
658	CT943649	Pig DNA sequence from clone CH242-264A9 on chromosome 7, complete sequence.	222/245 (90%)	Sus scrofa
659	NM_214374	Sus scrofa myosin, light chain 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), mRNA.	861/872 (98%)	Sus scrofa
660	NM_001097477	Sus scrofa ribosomal protein L10a (RPL10A), mRNA.	702/710 (98%)	Sus scrofa
661	NM_001034266	Bos taurus proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 4 (PSMB4), mRNA.	412/462 (89%)	Bos taurus
662	U48832	Sus scrofa glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase mRNA, partial cds.	782/833 (93%)	Sus scrofa
663	EU333163	Sus scrofa breed Chinese northeast wildboar mitochondrion, complete genome.	779/781 (99%)	Sus scrofa
664	NM_003281	Homo sapiens troponin I type 1 (skeletal, slow) (TNNI1), mRNA.	627/708 (88%)	Homo sapiens
665	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	818/827 (98%)	Sus scrofa
666	XM_845882	PREDICTED: Canis familiaris similar to ribosomal protein L15, transcript variant 2 (LOC477046), mRNA.	674/724 (93%)	Canis lupus familiaris
667	AB286056	Physeter catodon CK mRNA for cytoplasmic creatine kinases, complete cds.	809/930 (86%)	Physeter catodon
668	AB176597	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT3/16.	795/805 (98%)	Sus scrofa
669	XM_854360	PREDICTED: Canis familiaris similar to thioredoxin interacting protein, transcript variant 3 (LOC475829), mRNA.	209/235 (88%)	Canis lupus familiaris
670	NM_001104977 XM_592513	Bos taurus cell division cycle associated 7-like (CDA7L), mRNA.	393/497 (79%)	Bos taurus
671	XM_001170841	PREDICTED: Pan troglodytes leucine rich repeat (in FLII) interacting protein 2, transcript variant 9 (LRRFIP2), mRNA.	522/590 (88%)	Pan troglodytes
672	XR_027685	PREDICTED: Bos taurus similar to Titin (Connectin) (Rhabdomyosarcoma antigen MU-RMS-40.14) (LOC540561), mRNA.	784/838 (93%)	Bos taurus
673	DQ508264	Sus scrofa breed Meishan muscle glycogen phosphorylase (PYGM) mRNA, partial cds.	1005/1042(96%)	Sus scrofa
674	XM_001497713	PREDICTED: Equus caballus similar to actin, alpha 1, skeletal muscle, transcript variant 1 (LOC100065454), mRNA.	974/1053 (92%)	Equus caballus
675	NM_001024689	Bos taurus cysteine and glycine-rich protein 3 (cardiac LIM protein) (CSRP3), mRNA.	787/894 (88%)	Bos taurus
676	XM_843847	PREDICTED: Canis familiaris similar to Actin, alpha skeletal muscle (Alpha-actin 1), transcript variant 2 (LOC488984), mRNA.	892/965 (92%)	Canis lupus familiaris
677	NM_214372	Sus scrofa amyloid beta (A4) precursor protein (peptidase nexin-II, Alzheimer disease) (APP), mRNA.	612/616 (99%)	Sus scrofa
678	AF513016	Sus scrofa myosin regulatory light chain ventricular isoform (MLC-2V) mRNA, complete cds.	545/545 (100%)	Sus scrofa
679	AB221039	Sus scrofa or10k2, or10r2, cd1a1, or10r3, or10k3 genes for putative olfactory receptor 10K2, putative olfactory receptor 10R2, CD1A1 antigen, putative olfactory receptor 10R3, putative olfactory receptor 10K3, complete cds.	535/650 (82%)	Sus scrofa
680	AY321068	Sus scrofa intercellular adhesion molecule-2 gene, exons 1 through 4 and complete cds.	154/204 (75%)	Sus scrofa
681	XM_001501719	PREDICTED: Equus caballus similar to collagen, type III, alpha 1 (Ehlers-Danlos syndrome type IV, autosomal dominant),(LOC100054376), mRNA.	789/867 (91%)	Equus caballus
682	XR_027685	PREDICTED: Bos taurus similar to Titin (Connectin) (Rhabdomyosarcoma antigen MU-RMS-40.14) (LOC540561), mRNA.	500/541 (92%)	Bos taurus
683	NM_213975	Sus scrofa ferritin, heavy polypeptide 1 (FTH1), mRNA.	680/709 (95%)	Sus scrofa
684		no match		
685	NM_001105313	Sus scrofa SPO11 meiotic protein covalently bound to DSB homolog (S. cerevisiae) (SPO11), mRNA.	78/88 (88%)	Sus scrofa
686		no match		
687	XM_001493268	PREDICTED: Equus caballus hypothetical protein LOC100052353 (LOC100052353), mRNA.	649/790 (82%)	Equus caballus
688	NM_214418	Sus scrofa solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; adenine nucleotide translocator), member 6 (SLC25A6), mRNA.	885/917 (96%)	Sus scrofa
689		no match		
690	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	813/820 (99%)	Sus scrofa
691	XM_001251063	PREDICTED: Bos taurus similar to ferritin L subunit (LOC782921), mRNA.	792/914 (86%)	Bos taurus
692	NM_001105309	Sus scrofa ubiquitin B (UBB), mRNA.	881/892 (98%)	Sus scrofa
693	AB118909	Sus scrofa tnt1 mRNA for troponin T slow type isoform sTnT2, complete cds.	802/818 (98%)	Sus scrofa
694	DQ494489	Sus scrofa aldo-keto reductase family 1 member C4 (AKR1C4) gene, complete cds.	161/190 (84%)	Sus scrofa
695	NM_214374	Sus scrofa myosin, light chain 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), mRNA.	850/860 (98%)	Sus scrofa
696	XR_013747	PREDICTED: Macaca mulatta similar to 15 kDa selenoprotein isoform 1 precursor (LOC712469), mRNA.	561/746 (75%)	Macaca mulatta
697	XM_001504747	PREDICTED: Equus caballus hypothetical protein LOC100061187, transcript variant 2 (LOC100061187), mRNA.	922/1022(90%)	Equus caballus
698	XM_001497713	PREDICTED: Equus caballus similar to actin, alpha 1, skeletal muscle, transcript variant 1 (LOC100065454), mRNA.	908/989 (91%)	Equus caballus
699	NM_001017947	Bos taurus PDZ and LIM domain 7 (PDLIM7), mRNA.	476/510 (93%)	Bos taurus
700	AJ251914	Sus scrofa MHC class I SLA genes, haplotype H01, clone BAC 493A6.	231/275 (84%)	Sus scrofa
701	AF464043	Sus scrofa MHC class I antigen (SLA-1) mRNA, SLA-1*me18 allele, complete cds.	520/550 (94%)	Sus scrofa
702	NM_001024689	Bos taurus cysteine and glycine-rich protein 3 (cardiac LIM protein) (CSRP3), mRNA.	734/831 (88%)	Bos taurus
703	DQ972936	Sus scrofa breed Type II Lanyu mitochondrion, complete genome.	885/903 (98%)	Sus scrofa
704	DQ629151	Sus scrofa mitochondrial ATP5G2 (ATP5G2) mRNA, partial cds; nuclear gene for mitochondrial product.	617/624 (98%)	Sus scrofa
705	XM_001154351	PREDICTED: Pan troglodytes hypothetical protein LOC740012 (LOC740012), mRNA.	813/979 (83%)	Pan troglodytes
706	NM_001006592	Sus scrofa myosin regulatory light chain 2 (HUMMLC2B), mRNA.	647/657 (98%)	Sus scrofa
707	XM_537551	PREDICTED: Canis familiaris similar to poly(A) polymerase alpha (LOC480430), mRNA.	693/725 (95%)	Canis lupus familiaris
708	NM_001035354	Bos taurus glycerol-3-phosphate dehydrogenase 1 (soluble) (GPD1), mRNA.	893/983 (90%)	Bos taurus
709	XM_001495143	PREDICTED: Equus caballus hypothetical protein LOC100063841 (LOC100063841), mRNA.	930/990 (93%)	Equus caballus
710	AY377137	Leptonychotes weddellii W12156 cytochrome oxidase subunit I (COX1) gene, complete cds; mitochondrial gene for mitochondrial product.	820/992 (82%)	Leptonychotes weddellii
711	XM_001495360	PREDICTED: Equus caballus similar to ribosomal protein S5 (LOC100064459), mRNA.	635/729 (87%)	Equus caballus
712	XM_001254819	PREDICTED: Bos taurus similar to ferritin L subunit (LOC788801), mRNA.	683/766 (89%)	Bos taurus
713	XM_537362	PREDICTED: Canis familiaris similar to Inner membrane protein OXAL1, mitochondrial precursor (Oxidase assembly 1-like protein) (OXAL1-like protein) (OXAL1Hs) (Hsa), transcript variant 1	704/801 (87%)	Canis lupus familiaris
714	XM_001504963	PREDICTED: Equus caballus similar to lactate dehydrogenase-A (LOC100057016), mRNA.	786/927 (84%)	Equus caballus
715	NM_001040568	Bos taurus cytokine-like nuclear factor n-pac (N-PAC), mRNA.	751/911 (82%)	Bos taurus
716	XM_001112392	PREDICTED: Macaca mulatta similar to Translationally-controlled tumor protein (TCTP) (p23) (Histamine-releasing factor) (HRF) (Fortilin) (TPT1), mRNA.	760/849 (89%)	Macaca mulatta
717	XM_864767	PREDICTED: Bos taurus similar to yeast ribosomal protein S28 homologue, transcript variant 1 (LOC614219), mRNA.	485/519 (93%)	Bos taurus
718	AB176602	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT4/17.	770/778 (98%)	Sus scrofa
719	XM_533799	PREDICTED: Canis familiaris similar to troponin C, slow, transcript variant 2 (LOC476595), mRNA.	631/705 (89%)	Canis lupus familiaris
720	XM_861710	PREDICTED: Canis familiaris similar to RIKEN cDNA 8030451F13, transcript variant 11 (LOC475442), mRNA.	610/673 (90%)	Canis lupus familiaris

number	Acc. No	Definition	Nucleotide Blast	Organism
721	NM_214374	Sus scrofa myosin, light chain 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), mRNA.	842/860 (97%)	Sus scrofa
722	NM_001034671	Bos taurus similar to calmodulin-like 4 (MGCI27323), mRNA.	606/691 (87%)	Bos taurus
723	AF106681	Homo sapiens ras-related GTP-binding protein mRNA, complete cds.	939/1031(91%)	Homo sapiens
724	AF017079	Sus scrofa glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase (GAPDH) mRNA, complete cds.	912/964 (94%)	Sus scrofa
725	NM_213748	Sus scrofa troponin T type 1 (skeletal, slow) (TNNT1), mRNA.	757/787 (96%)	Sus scrofa
726	XM_001498122	PREDICTED: Equus caballus similar to Lice2 beta cysteine protease (LOC100068258), mRNA.	537/693 (77%)	Equus caballus
727	AB176597	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT3/16.	720/733 (98%)	Sus scrofa
728	XM_533175	PREDICTED: Canis familiaris similar to translocase of inner mitochondrial membrane 10 homolog (LOC475968), mRNA.	512/594 (86%)	Canis lupus familiaris
729	NM_001040477	Bos taurus annexin A5 (ANXA5), mRNA.	705/814 (86%)	Bos taurus
730	XM_001495879	PREDICTED: Equus caballus similar to Anaphase promoting complex subunit 5, transcript variant 1 (LOC100058548), mRNA.	920/1028 (89%)	Equus caballus
731	BT021166	Bos taurus Bernardinelli-Seip congenital lipodystrophy 2 (seipin) (BSCL2), mRNA, complete cds.	702/724 (96%)	Bos taurus
732	XR_027685	PREDICTED: Bos taurus similar to Titin (Connectin) (Rhabdomyosarcoma antigen MU-RMS-40.14) (LOC540561), mRNA.	713/769 (92%)	Bos taurus
733	BC102994	Bos taurus solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; adenine nucleotide translocator), member 4, mRNA (cDNA clone MGC:128172 IMAGE:7986034), complete cds.	765/821 (93%)	Bos taurus
734	XR_027685	PREDICTED: Bos taurus similar to Titin (Connectin) (Rhabdomyosarcoma antigen MU-RMS-40.14) (LOC540561), mRNA.	116/125 (92%)	Bos taurus
735	NM_001006592	Sus scrofa myosin regulatory light chain 2 (HUMMLC2B), mRNA.	664/674 (98%)	Sus scrofa
736	NM_213975	Sus scrofa ferritin, heavy polypeptide 1 (FTH1), mRNA.	696/720 (96%)	Sus scrofa
737	NM_001006592	Sus scrofa myosin regulatory light chain 2 (HUMMLC2B), mRNA.	665/674 (98%)	Sus scrofa
738	AB021650	Coryphaenoides acrolepis mRNA for skeletal alpha-actin type-2, complete cds.	845/927 (91%)	Coryphaenoides acrolepis
739	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	819/840 (97%)	Sus scrofa
740	AL806534	Mouse DNA sequence from clone RP23-334A11 on chromosome X Contains the 3' end of the Taf1 gene for TAF1 RNA polymerase II, TATA box binding protein (TBP)-associated factor and the 5' end of the Ogt gene for O-linked N-acetylglucosamine transferase (UDP-N-acetylglucosamine:polypeptide-N-acetylglucosaminyl transferase), complete sequence.	49/50 (98%)	Mus musculus
741	NM_001024568	Bos taurus ribosomal protein S11 (RPS11), mRNA.	506/549 (92%)	Bos taurus
742	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	470/471 (99%)	Sus scrofa
743	BC147944	Bos taurus eukaryotic translation elongation factor 1 beta 2, mRNA (cDNA clone MGC:165766 IMAGE:8013141), complete cds.	750/825 (90%)	Bos taurus
744	XM_001250069	PREDICTED: Bos taurus similar to Rpl17 protein, transcript variant 1 (LOC782402), mRNA.	584/621 (94%)	Bos taurus
745	NM_214373	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	814/826 (98%)	Sus scrofa
746	XM_001502522	PREDICTED: Equus caballus similar to muscle creatine kinase (LOC100065641), mRNA.	765/814 (93%)	Equus caballus
747	XM_536580	PREDICTED: Canis familiaris ribosomal protein S4, transcript variant 1 (RPS4), mRNA.	761/837 (90%)	Canis lupus familiaris
748	XM_534195	PREDICTED: Canis familiaris similar to rp42 homolog, transcript variant 1 (LOC476997), mRNA.	640/755 (84%)	Canis lupus familiaris
749	NM_001034440	Bos taurus similar to phosphatidylethanolamine-binding protein 4 (MGCI27772), mRNA.	649/761 (85%)	Bos taurus
750	XM_534399	PREDICTED: Canis familiaris similar to ribosomal protein L21, transcript variant 1 (LOC608861), mRNA.	390/422 (92%)	Canis lupus familiaris
751	XR_027685	PREDICTED: Bos taurus similar to Titin (Connectin) (Rhabdomyosarcoma antigen MU-RMS-40.14) (LOC540561), mRNA.	807/887 (90%)	Bos taurus
752	EF545593	Sus scrofa isolate X269 mitochondrion, complete genome.	667/668 (99%)	Sus scrofa
753	BC003107	Homo sapiens inhibitor of DNA binding 3, dominant negative helix-loop-helix protein, mRNA (cDNA clone MGC:1988 IMAGE:3543936), complete cds.	708/827 (85%)	Homo sapiens
754	EF545591	Sus scrofa isolate Bihu199 mitochondrion, complete genome.	781/785 (99%)	Sus scrofa
755	AJ427478.2 GI:46240693	Sus scrofa ASIP gene for agouti signalling protein and AHCY gene for S-adenosylhomocysteine hydrolase.	455/551 (82%)	Sus scrofa
756	AK157771	Mus musculus 9.5 days embryo parthenogenote cDNA, RIKEN full-length enriched library, clone:B130031M17 product:mitochondrial ribosomal protein L45, full insert sequence.	568/691 (82%)	Mus musculus
757	XM_001098147	PREDICTED: Macaca mulatta similar to citrate synthase precursor, isoform a (LOC709604), mRNA.	670/730 (91%)	Macaca mulatta
758	X76009	S.scrofa phgpx mRNA for phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase.	756/760 (99%)	Sus scrofa
759	AB210286	Sus scrofa TLR6, TLR1, TLR10 genes for Toll-like receptor 6,Toll-like receptor 1, Toll-like receptor 10, complete cds.	231/262 (88%)	Sus scrofa
760	NM_001046592	Bos taurus growth and transformation-dependent protein (LOC617104),mRNA.	576/661 (87%)	Bos taurus
761	XM_001108623	PREDICTED: Macaca mulatta similar to Troponin C, skeletal muscle (TNNC2), mRNA.	538/590 (91%)	Macaca mulatta
762	XM_533799	PREDICTED: Canis familiaris similar to troponin C, slow, transcript variant 2 (LOC476595), mRNA.	618/690 (89%)	Canis lupus familiaris
763	AY377258	Erignathus barbatus cytochrome oxidase subunit III (COX3) gene, complete cds; mitochondrial gene for mitochondrial product.	656/798 (82%)	Erignathus barbatus
764	XM_859020	PREDICTED: Canis familiaris similar to ribosomal protein L10a, transcript variant 12 (LOC474884), mRNA.	634/682 (92%)	Canis lupus familiaris
765	EU131524	Sus scrofa fast skeletal muscle troponin C (TNNC2) mRNA, complete cds.	701/704 (99%)	Sus scrofa
766	XM_516064	PREDICTED: Pan troglodytes similar to Myosin light chain 1, skeletal muscle isoform (MLC1F) (A1 catalytic) (Alkali myosin light chain 1) (LOC459915), mRNA.	872/986 (88%)	Pan troglodytes
767	XM_536899	PREDICTED: Canis familiaris similar to Myosin regulatory light chain 2, skeletal muscle isoform (G2) (DTNB) (MLC-2) (LOC479772), mRNA.	521/564 (92%)	Canis lupus familiaris
768	XM_533641	PREDICTED: Canis familiaris similar to Creatine kinase M-type (Creatine kinase, M chain) (M-CK) (LOC476435), mRNA.	765/892 (85%)	Canis lupus familiaris
769	XM_001112392	PREDICTED: Macaca mulatta similar to Translationally-controlled tumor protein (TCTP) (p23) (Histamine-releasing factor) (HRF) (Fortilin) (TPT1), mRNA.	769/855 (89%)	Macaca mulatta
770	NM_001044543	Sus scrofa ribosomal protein L10 (LOC733593), mRNA.	757/769 (98%)	Sus scrofa
771	M59739	Human muscle-type phosphofructokinase (PFK-M) gene, exon 22.	81/85 (95%)	Homo sapiens
772	AY598577	Procyon lotor cytochrome c oxidase subunit III (COX3) gene, complete cds; mitochondrial.	646/790 (81%)	Procyon lotor
773	X15073	Pig mRNA for endoplasmic-reticulum Ca(2+)-transport ATPase (class 1).	830/842 (98%)	Sus scrofa
774	D11087	Mesocricetus sp. RPS4 mRNA for ribosomal protein S4, complete cds.	620/699 (88%)	Mesocricetus sp.
775	AK291517	Homo sapiens cDNA FLJ78049 complete cds, highly similar to Homo sapiens ribosomal protein S6 (RPS6), mRNA.	749/822 (91%)	Homo sapiens
776	AB176602	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT4/17.	768/778 (98%)	Sus scrofa
777	NM_002003	Homo sapiens ficolin (collagen/fibrinogen domain containing) 1 (FCN1), mRNA.	726/894 (81%)	Homo sapiens
778	AY640415	Homo sapiens tropomyosin alpha striated muscle isoform (TPM1) mRNA, complete cds; alternatively spliced.	776/824 (94%)	Homo sapiens
779	L14853	Sus scrofa lysozyme mRNA, 3' end.	841/856 (98%)	Sus scrofa
780	AB176602	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT4/17.	770/799 (96%)	Sus scrofa

number	Acc. No	Definition	Nucleotide Blast	Organism
781	NM_198402	Homo sapiens protein tyrosine phosphatase-like (proline instead of catalytic arginine), member b (PTPLB), mRNA.	678/763 (88%),	Homo sapiens
782	AL844571	Mouse DNA sequence from clone RP23-224C23 on chromosome 2 Contains the 3' end of the Rfl1 gene for Rap1 interacting factor 1 homolog (yeast) and the 3' end of the Neb gene for nebulin, complete sequence.	174/188 (92%),	Mus musculus
783	AY911327	Bos taurus clone IMAGE:7961466 ribosomal protein L29/cell surface heparin binding protein HIP mRNA, complete cds.	546/637 (85%),	Bos taurus
784	XM_001091834	PREDICTED: Macaca mulatta similar to Troponin T, fast skeletal muscle (TnTf) (Fast skeletal muscle troponin T) (fTnT) (Beta TnTF), transcript variant 1 (LOC704095), mRNA.	525/597 (87%),	Macaca mulatta
785	XM_001087921	PREDICTED: Macaca mulatta similar to ribosomal protein L19,transcript variant 6 (LOC695987), mRNA.	585/636 (91%),	Macaca mulatta
786	BT030508	Bos taurus eukaryotic translation elongation factor 1 delta (guanine nucleotide exchange protein) (EEF1D), mRNA, incomplete 5' cds.	802/911 (88%),	Bos taurus
787	NM_001009307	Felis catus glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH), mRNA.	868/931 (93%),	Felis catus
788	XM_001146712	PREDICTED: Pan troglodytes similar to Chain A, Crystal Structure Of Human Translationally Controlled Tumour Associated Protein, transcript variant 8 (LOC741416), mRNA.	766/843 (90%),	Pan troglodytes
789	NM_001097458	Sus scrofa cathepsin B (CTSB), mRNA.	668/671 (99%),	Sus scrofa
790	XM_533641	PREDICTED: Canis familiaris similar to Creatine kinase M-type (Creatine kinase, M chain)	857/952 (90%),	Canis lupus
791		no match		
792	AY377137	Leptonychotes weddellii W12156 cytochrome oxidase subunit I (COX1) gene, complete cds; mitochondrial gene for mitochondrial product.	835/1010(82%),	Leptonychotes weddellii
793	XR_036250	PREDICTED: Equus caballus similar to ATP synthase, H+ transporting, mitochondrial F0 complex, subunit B1 (LOC100058893), misc RNA.	754/848 (88%),	Equus caballus
794	NM_001075733 XM_594154	Bos taurus similar to vesicle-associated membrane protein-associated protein A (MGC140014), mRNA.	625/683 (91%),	Bos taurus
795	XR_025057	PREDICTED: Pan troglodytes similar to Mannosidase, alpha, class 2B, member 1 (LOC455745), mRNA.	655/730 (89%),	Pan troglodytes
796	XM_857829	PREDICTED: Canis familiaris similar to ribosomal protein L15, transcript variant 7 (LOC477046), mRNA.	633/676 (93%),	Canis lupus familiaris
797		no match		
798	XM_001136709	PREDICTED: Pan troglodytes similar to muscle beta 1 intergrin cytoplasmic domain binding protein MIBP, transcript variant 2 (LOC736568), mRNA.	508/564 (90%),	Pan troglodytes
799	XR_007822	PREDICTED: Rattus norvegicus similar to 40S ribosomal protein S19 (predicted) (RGD1564006_predicted), mRNA.	400/450 (88%),	Rattus norvegicus
800		no match		
801	XM_533641	PREDICTED: Canis familiaris similar to Creatine kinase M-type (Creatine kinase, M chain) (M-CK) (LOC476435), mRNA.	756/877 (86%),	Canis lupus familiaris
802	AY487830	Sus scrofa stearyl-CoA desaturase (SCD) gene, exons 1 through 6 and complete cds.	807/809 (99%),	Sus scrofa
803	XM_001502213	PREDICTED: Equus caballus lactate dehydrogenase B, transcript variant 2 (LDHB), mRNA.	859/954 (90%),	Equus caballus
804	NM_133432	Homo sapiens titin (TTN), transcript variant novex-1, mRNA.	336/386 (87%),	Homo sapiens
805	XM_516064	PREDICTED: Pan troglodytes similar to Myosin light chain 1,skeletal muscle isoform (MLC1F) (A1 catalytic) (Alkali myosin light chain 1) (LOC459915), mRNA.	674/760 (88%),	Pan troglodytes
806	XM_001146712	PREDICTED: Pan troglodytes similar to Chain A, Crystal Structure Of Human Translationally Controlled Tumour Associated Protein,transcript variant 8 (LOC741416), mRNA.	742/835 (88%),	Pan troglodytes
807	AY377301	Mirounga angustirostris N17 ATP synthase F0 subunit 6 (ATP6) gene, complete cds; mitochondrial gene for mitochondrial product.	554/694 (79%),	Mirounga angustirostris
808	NM_001105313	Sus scrofa SPO11 meiotic protein covalently bound to DSB homolog (S. cerevisiae) (SPO11), mRNA.	262/276 (94%),	Sus scrofa
809	XR_025057	PREDICTED: Pan troglodytes similar to Mannosidase, alpha, class 2B, member 1 (LOC455745), mRNA.	674/756 (89%),	Pan troglodytes
810	AB158487	Sus scrofa PPP1R11, ZNRD1, RNF39, TRIM10, TRIM31, MOG, TRIM15, KRAB, TRIM40 genes, complete cds.	48/49 (97%),	Sus scrofa
811	NM_021019	Homo sapiens myosin, light chain 6, alkali, smooth muscle and non-muscle (MYL6), transcript variant 1, mRNA.	527/553 (95%),	Homo sapiens
812	AJ575652	Sus scrofa partial GBA gene for putative lysosomal glucocerebrosidase precursor, exon 5, breed Landrace, allele PREB-A.	142/165 (86%),	Sus scrofa
813	DQ629176	Sus scrofa TPM3 (TPM3) mRNA, complete cds.	910/940 (96%),	Sus scrofa
814	AY610406	Sus scrofa ribosomal protein L11 (RPL11), mRNA.	597/601 (99%),	Sus scrofa
815	AL713647	Homo sapiens mRNA: cDNA DKFZp451A172 (from clone DKFZp451A172).	781/867 (90%),	Homo sapiens
816	DQ508264	Sus scrofa breed Meishan muscle glycogen phosphorylase (PYGM) mRNA, partial cds.	895/907 (98%)	Sus scrofa
817	EF545593	Sus scrofa isolate X269 mitochondrion, complete genome.	579/580 (99%),	Sus scrofa
818	AB176597	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT3/16.	796/808 (98%),	Sus scrofa
819	EF545593	Sus scrofa isolate X269 mitochondrion, complete genome.	702/703 (99%),	Sus scrofa
820	AF464027	Sus scrofa MHC class II antigen (SLA-DQB) mRNA, SLA-DQB*w allele, complete cds.	937/968 (96%),	Sus scrofa
821	AB221038	Sus scrofa cd1b, cd1e, or10t1, or10j1, or10k1, or10r1, or10k2, or10r2 genes for CD1B antigen, CD1E antigen, putative olfactory receptor 10T1, putative olfactory receptor 10J1, putative olfactory receptor 10K1, putative olfactory receptor 10R1, putative olfactory receptor 10K2, putative olfactory receptor 10R2, complete cds.	259/275 (94%),	Sus scrofa
822	AY610264	Bos taurus cysteine and glycine-rich protein 3 (cardiac LIM protein) (CSRP3), mRNA.	666/674 (98%),	Sus scrofa
823	AK236713	PREDICTED: Pan troglodytes hypothetical protein LOC735922, transcript variant 5 (LOC735922), mRNA.	835/849 (98%),	Sus scrofa
824	AK235373	Sus scrofa ferritin, heavy polypeptide 1 (FTH1), mRNA.	895/911 (98%),	Sus scrofa
825	NM_005181	Homo sapiens carbonic anhydrase III, muscle specific (CA3), mRNA.	687/830 (82%),	Homo sapiens
826	NM_003009	Homo sapiens selenoprotein W, 1 (SEPW1), mRNA.	397/447 (88%),	Homo sapiens
827	NM_001689	Homo sapiens ATP synthase, H+ transporting, mitochondrial F0 complex, subunit C3 (subunit 9) (ATP5G3), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 2, mRNA.	662/709 (93%),	Homo sapiens
828	NM_033296	Homo sapiens Mof4 family associated protein 1 (MRFAP1), mRNA.	596/732 (81%),	Homo sapiens
829	NM_079420	Homo sapiens myosin, light polypeptide 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), transcript variant 1f, mRNA.	817/920 (88%),	Homo sapiens
830	NM_133378	Homo sapiens titin (TTN), transcript variant N2-A, mRNA.	880/959 (91%),	Homo sapiens
831	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	762/830 (91%),	Homo sapiens
832	NM_213674	Homo sapiens tropomyosin 2 (beta) (TPM2), transcript variant 2, mRNA.	662/712 (92%),	Homo sapiens
833	NM_138384	Homo sapiens mitochondrial GTPase 1 homolog (S. cerevisiae) (MTG1), mRNA.	607/710 (85%),	Homo sapiens
834	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	666/721 (92%),	Homo sapiens
835	NM_002046	Homo sapiens glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH), mRNA.	686/769 (89%),	Homo sapiens
836	NM_002046	Homo sapiens glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH), mRNA.	682/764 (89%),	Homo sapiens
837		no match		
838		no match		
839	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	764/832 (91%),	Homo sapiens
840	NM_079420	Homo sapiens myosin, light polypeptide 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), transcript variant 1f, mRNA.	864/985 (87%)	Homo sapiens
841	NM_020478	Homo sapiens ankyrin 1, erythrocytic (ANK1), transcript variant 5, mRNA.	424/497 (85%),	Homo sapiens
842	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	756/829 (91%),	Homo sapiens
843	NM_015952	Homo sapiens RWD domain containing 1 (RWDD1), transcript variant 1, mRNA.	605/646 (93%),	Homo sapiens
844	NM_001006	Homo sapiens ribosomal protein S3A (RPS3A), mRNA.	830/894 (92%),	Homo sapiens

number	Acc. No	Definition	Nucleotide Blast	Organism
845	NM_032017	Homo sapiens serine/threonine kinase 40 (STK40), mRNA.	329/381 (86%).	Homo sapiens
846	NM_016009	Homo sapiens SH3-domain GRB2-like endophilin B1 (SH3GLB1), mRNA.	760/906 (83%).	Homo sapiens
847	NM_002475	Homo sapiens myosin, light chain 6B, alkali, smooth muscle and non-muscle (MYL6B), mRNA.	487/539 (90%).	Homo sapiens
848	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	769/836 (91%).	Homo sapiens
849	NM_002475	Homo sapiens myosin, light chain 6B, alkali, smooth muscle and non-muscle (MYL6B), mRNA.	549/620 (88%).	Homo sapiens
850		no match		
851	NM_000036	Homo sapiens adenosine monophosphate deaminase 1 (isoform M) (AMPD1), mRNA.	844/942 (89%).	Homo sapiens
852	NM_005998	Homo sapiens chaperonin containing TCP1, subunit 3 (gamma) (CCT3), transcript variant 1, mRNA.	876/948 (92%).	Homo sapiens
853	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	759/832 (91%).	Homo sapiens
854	NM_058229	Homo sapiens F-box protein 32 (FBXO32), transcript variant 1, mRNA.	410/456 (89%).	Homo sapiens
855		no match		
856		no match		
857	NM_006098	Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein), betapolypeptide 2-like 1 (GNB2L1), mRNA.	893/1008 (88%).	Homo sapiens
858		no match		
859	NM_001449	Homo sapiens four and a half LIM domains 1 (FHL1), mRNA.	297/358 (82%).	Homo sapiens
860	NM_001007	Homo sapiens ribosomal protein S4, X-linked (RPS4X), mRNA.	618/697 (88%).	Homo sapiens
861	NM_002475	Homo sapiens myosin, light chain 6B, alkali, smooth muscle and non-muscle (MYL6B), mRNA.	491/541 (90%).	Homo sapiens
862		no match		
863	NM_001824	Homo sapiens creatine kinase, muscle (CKM), mRNA.	933/1028 (90%).	Homo sapiens
864	NM_053013	Homo sapiens enolase 3 (beta, muscle) (ENO3), transcript variant 2, mRNA.	888/985 (90%).	Homo sapiens
865	NW_924884	Homo sapiens chromosome 10 genomic contig, alternate assembly (based on Celera assembly).	779/953 (81%).	Homo sapiens
866	NM_001824	Homo sapiens creatine kinase, muscle (CKM), mRNA.	748/874 (85%).	Homo sapiens
867	NM_004849	Homo sapiens ATG5 autophagy related 5 homolog (S. cerevisiae) (ATG5), mRNA.	871/984 (88%).	Homo sapiens
868		no match		
869	NM_002046	Homo sapiens glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH), mRNA.	875/965 (90%).	Homo sapiens
870	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	756/830 (91%).	Homo sapiens
871	NM_014362	Homo sapiens 3-hydroxyisobutyryl-Coenzyme A hydrolase (HIBCH), transcript variant 1, mRNA.	933/1060 (88%).	Homo sapiens
872	NM_013234	Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 3, subunit K (EIF3K), mRNA.	621/704 (88%).	Homo sapiens
873	AK233707	Sus scrofa mRNA for ribosomal protein SA (RPSAP gene).	1008/1049(96%).	Sus scrofa
874	AK234489	Sus scrofa triosephosphate isomerase 1 (TPI1) mRNA, complete cds.	938/958 (97%).	Sus scrofa
875	NM_001034351	Bos taurus troponin C type 1 (slow) (TNNC1), mRNA.	665/746 (89%).	Bos taurus
876	NM_001078687	Sus scrofa small muscle protein, X-linked (SMPX), mRNA.	836/845 (98%).	Sus scrofa
877	DQ629157	Sus scrofa HUMMLC2B (HUMMLC2B) mRNA, complete cds.	667/671 (99%).	Sus scrofa
878	AC104675	Sus scrofa clone RP44-122H18, complete sequence.	205/220 (93%).	Sus scrofa
879	EF545593	Sus scrofa isolate X269 mitochondrion, complete genome.	728/730 (99%).	Sus scrofa
880	AK234522	Sus scrofa mRNA, clone:OVR010075E07, expressed in ovary.	773/777 (99%).	Sus scrofa
881	NM_001098598	Sus scrofa ribosomal phosphoprotein large PO subunit (LOC100049695), mRNA.	931/959 (97%).	Sus scrofa
882	NM_001001535	Sus scrofa muscle-specific intermediate filament desmin (LOC396725), mRNA.	372/435 (85%).	Sus scrofa
883	NM_213912	Sus scrofa troponin I (TNNI1), mRNA.	825/886 (93%).	Sus scrofa
884	BC012597	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle, mRNA (cDNA clone MGC:13546 IMAGE:4291656), complete cds.	724/795 (91%).	Homo sapiens
885	AK240391	Sus scrofa secreted protein, acidic, cysteine-rich (osteonectin) (SPARC), mRNA.	800/810 (98%).	Sus scrofa
886	AK235462	PREDICTED: Equus caballus similar to alpha-CPI (LOC100050579), mRNA.	1030/1079(95%).	Sus scrofa
887	NM_001044606	Sus scrofa ATP synthase H+-transporting mitochondrial F1 complex O subunit (LOC733678), mRNA.	676/718 (94%).	Sus scrofa
888	X62984	S.scrofa LPL mRNA for lipoprotein lipase (triacyl-glycerol-protein acylhydrolase).	484/508 (95%).	Sus scrofa
889	AK240001	Sus scrofa ribosomal protein L10a (RPL10A), mRNA.	714/734 (97%).	Sus scrofa
890	AK236713	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	851/861 (98%).	Sus scrofa
891	AK233284	PREDICTED: Canis familiaris similar to zinc finger protein 207 (LOC480611), mRNA.	1027/1071(95%).	Sus scrofa
892	XM_855980	PREDICTED: Canis familiaris similar to Ubiquinol-cytochrome c reductase complex 11 kDa protein, mitochondrial	613/680 (90%).	Canis lupus
893	NM_174225	Bos taurus actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	915/1055 (86%).	Bos taurus
894	AK240051	Sus scrofa muscle creatine kinase (CKM) mRNA, complete cds.	809/822 (98%).	Sus scrofa
895	AK239551	PREDICTED: Equus caballus similar to GAIP (LOC100051702), mRNA.	724/740 (97%).	Sus scrofa
896	XM_001504132	PREDICTED: Equus caballus similar to FK506 binding protein (LOC100058791), mRNA.	632/690 (91%).	Equus caballus
897	AK240209	Sus scrofa proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 7 (PSMB7), mRNA.	848/864 (98%).	Sus scrofa
898	AK230489	Sus scrofa breed Chinese northeast wildboar mitochondrion, complete genome.	616/626 (98%).	Sus scrofa
899	AK236713	Bos taurus tumor protein, translationally-controlled 1, mRNA (cDNA clone MGC:128232 IMAGE:7948168), complete cds.	843/859 (98%).	Sus scrofa
900	AK240001	Sus scrofa ribosomal protein L10a (RPL10A), mRNA.	698/711 (98%).	Sus scrofa
901	AK239153	Bos taurus FK506 binding protein 3, 25kDa, mRNA (cDNA clone MGC:134043 IMAGE:8041719), complete cds.	894/905 (98%).	Sus scrofa
902	AK240132	Sus scrofa P311 mRNA, complete cds.	616/636 (96%).	Sus scrofa
903	AK234522	Sus scrofa mRNA for four and a half LIM domains 1 protein, isoform C (fh1C gene).	787/794 (99%).	Sus scrofa
904	AK230870	Sus scrofa isolate X269 mitochondrion, complete genome.	645/652 (98%).	Sus scrofa
905	AK233384	Sus scrofa carbonic anhydrase III (CA3), mRNA.	983/1003 (98%).	Sus scrofa
906	CR58690	Pongo pygmaeus mRNA: cDNA DKFz468F0313 (from clone DKFz468F0313).	371/416 (89%).	Pongo pygmaeus
907	BC012597	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle, mRNA (cDNA clone MGC:13546 MAGE:4291656), complete cds.	1013/1106(91%).	Homo sapiens
908	BC102376	Bos taurus actin, alpha 1, skeletal muscle, mRNA (cDNA clone MGC:127298 IMAGE:7951610), complete cds.	949/1029 (92%).	Bos taurus
909	AB176597	Sus scrofa tnn3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT3/16.	803/808 (99%).	Sus scrofa
910	AK239552	Sus scrofa beta-2-microglobulin (B2M), mRNA.	726/729 (99%).	Sus scrofa
911	DQ508264	Sus scrofa breed Meishan muscle glycogen phosphorylase (PYGM) mRNA,partial cds.	904/913 (99%).	Sus scrofa
912	AK240439	Bos taurus cytoskeleton associated protein 1, mRNA (cDNA clone MGC:127845 IMAGE:7953946), complete cds	929/952 (97%).	Sus scrofa
913	NM_214396	Sus scrofa cardiomyopathy associated 3 (CMYA3), mRNA.	898/947 (94%).	Sus scrofa
914	NM_001034440	Bos taurus similar to phosphatidylethanolamine-binding protein 4 (MGC127772), mRNA.	695/819 (84%).	Bos taurus
915	AK236357	PREDICTED: Bos taurus similar to Rpl17 protein, transcript variant 2 (LOC782402), mRNA.	629/644 (97%).	Sus scrofa
916	AK233384	Sus scrofa carbonic anhydrase III (CA3), mRNA.	908/934 (97%).	Sus scrofa
917	AK239566	Sus domesticus lactate dehydrogenase-B (LDH-B) mRNA, complete cds.	861/874 (98%).	Sus scrofa
918	AK236713	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	852/860 (99%).	Sus scrofa
919	DQ629157	Sus scrofa HUMMLC2B (HUMMLC2B) mRNA, complete cds.	671/673 (99%).	Sus scrofa
920	AK231855	Bos taurus abhydrolase domain containing 11 (ABHD11), mRNA.	829/835 (99%).	Sus scrofa
921	AK235603	Bos taurus voltage-dependent anion channel 1 (VDAC1), mRNA.	925/956 (96%).	Sus scrofa

number	Acc. No	Definition	Nucleotide Blast	Organism
922	DQ991395	Sus scrofa thioredoxin-interacting protein (TXNIP) gene, complete cds.	501/503 (99%)	Sus scrofa
923	AK232219	Sus scrofa decorin (DCN), mRNA.	906/929 (97%)	Sus scrofa
924	AK231051	Bos taurus coatamer protein complex, subunit beta 2 (beta prime) (COPB2), mRNA.	1047/1079(97%)	Sus scrofa
925	NM_001034635	Bos taurus actinin, alpha 2 (ACTN2), mRNA.	870/970 (89%)	Bos taurus
926	AK231995	PREDICTED: Canis familiaris similar to FRG1 protein (FSHD region gene 1 protein) (LOC482899), mRNA.	1019/1042(97%)	Sus scrofa
927	NM_213912	Sus scrofa troponin I (TNNI1), mRNA.	875/898 (97%)	Sus scrofa
928	AK236269	Bos taurus polycomb group ring finger 3 (PCGF3), mRNA.	549/555 (98%)	Sus scrofa
929	AK240309	Bos taurus inhibitor of DNA binding 3, mRNA (cDNA clone MGC:127239 IMAGE:7946058), complete cds.	925/947 (97%)	Sus scrofa
930	AK233384	Sus scrofa carbonic anhydrase III (CA3), mRNA.	874/883 (98%)	Sus scrofa
931	AB118909	Sus scrofa tnt1 mRNA for troponin T slow type isoform sTnT2, complete cds.	654/657 (99%)	Sus scrofa
932	AK240001	Sus scrofa ribosomal protein L10a (RPL10A), mRNA.	726/731 (99%)	Sus scrofa
933	AK231750	Bos taurus hypothetical LOC506705 (MGC133876), mRNA.	986/1019 (96%)	Sus scrofa
934	AK236496	PREDICTED: Equus caballus similar to ATPase family, AAA domain containing 3A (LOC100056689), mRNA.	762/773 (98%)	Sus scrofa
935	XM_613028	PREDICTED: Bos taurus nebulin (LOC407121), mRNA.	846/917 (92%)	Bos taurus
936		no match		
937	AB176600	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT2/17.	814/823 (98%)	Sus scrofa
938	AC113382	Homo sapiens chromosome 5 clone RP11-325L7, complete sequence.	772/896 (86%)	Homo sapiens
939	AK239210	Bos taurus similar to Guanine nucleotide-binding protein G(I)/G(S)/G(O) gamma-10 subunit, mRNA (cDNA clone M	813/815 (99%)	Sus scrofa
940	EU333163	Sus scrofa breed Chinese northeast wildboar mitochondrion, complete genome.	813/815 (99%)	Sus scrofa
941	AK232272	Sus scrofa RPS6 (RPS6) mRNA, partial cds.	845/846 (99%)	Sus scrofa
942	AB176601	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT3/17.	714/723 (98%)	Sus scrofa
943	XM_001249467	PREDICTED: Bos taurus similar to diabetes related ankyrin repeat protein, transcript variant 1 (LOC525365),	581/656 (88%)	Bos taurus
944	AF061032	Homo sapiens cosmid 223D9 from Xq28, complete sequence.	40/43 (93%)	Homo sapiens
945	CR956409	Pig DNA sequence from clone CH242-276G9 on chromosome 17, complete sequence.	111/119 (93%)	Sus scrofa
946	AK233768	PREDICTED: Bos taurus similar to ferritin L subunit (LOC782921), mRNA.	876/886 (98%)	Sus scrofa
947	EF545593	Sus scrofa isolate X269 mitochondrion, complete genome.	635/636 (99%)	Sus scrofa
948	AK235921	PREDICTED: Canis familiaris similar to Glutamate dehydrogenase 1, mitochondrial precursor (GDH) (Memory relat.	878/892 (98%)	Sus scrofa
949	AK237407	Sus scrofa ribosomal protein L10 (LOC733593), mRNA.	737/745 (98%)	Sus scrofa
950	AK234402	Sus scrofa ribosomal protein S3 (LOC733671), mRNA.	846/852 (99%)	Sus scrofa
951	AK239465	Sus scrofa ribosomal protein L4 mRNA, partial cds.	882/889 (99%)	Sus scrofa
952	AK236713	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	856/861 (99%)	Sus scrofa
953	AK232272	Sus scrofa RPS6 (RPS6) mRNA, partial cds.	803/854 (94%)	Sus scrofa
954		no match		
955	AK232272	Sus scrofa RPS6 (RPS6) mRNA, partial cds	839/847 (99%)	Sus scrofa
956	AK233622	Sus scrofa ribosomal protein L14 (RPL14), mRNA.	728/736 (98%)	Sus scrofa
957	AK232406	Sus scrofa succinate dehydrogenase complex subunit B (LOC100125544), mRNA.	947/961 (98%)	Sus scrofa
958	AK231841	Sus scrofa beta-2-microglobulin (B2M), mRNA.	946/953 (99%)	Sus scrofa
959	AK234973	Bos taurus similar to N-acylneuraminase cytidylyltransferase (CMP-N-acetylneuraminic acid synthetase) (C	709/717 (98%)	Sus scrofa
960	AK233807	PREDICTED: Equus caballus ribosomal protein S4 (RPS4), mRNA.	886/890 (99%)	Sus scrofa
961	AB176602	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type, complete cds, isoform fTnT4/17.	775/779 (99%)	Sus scrofa
962	AK236713	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	837/845 (99%)	Sus scrofa
963	AC194780	Rhesus Macaque BAC CH250-310L13 ( ) complete sequence.	699/779 (89%)	Macaca mulatta
964	XM_001249467	PREDICTED: Bos taurus similar to diabetes related ankyrin repeat protein, transcript variant 1 (LOC525365), m	244/272 (89%)	Bos taurus
965	AK239515	Sus scrofa guanine nucleotide binding protein (G protein), beta polypeptide 2-like 1 (GNB2L1), mRNA.	990/1003 (98%)	Sus scrofa
966	XR_027685	PREDICTED: Bos taurus similar to Titin (Connectin) (Rhabdomyosarcoma antigen MU-RMS-40.14) (LOC540561),	780/823 (94%)	Bos taurus
967	AK234489	Sus scrofa triosephosphate isomerase 1 (TPI1) mRNA, complete cds.	1005/1028(97%)	Sus scrofa
968	AK236086	Homo sapiens alkB, alkylation repair homolog 5 (E. coli), mRNA (cDNA clone MGC:71143 IMAGE:6339184), c	1007/1042(96%)	Sus scrofa
969	AK240001	Sus scrofa ribosomal protein L10a (RPL10A), mRNA.	707/710 (99%)	Sus scrofa
970	AJ416020	Sus scrofa partial mRNA for adipocyte fatty acid-binding protein (FABP4 gene).	566/573 (98%)	Sus scrofa
971		no match		
972		no match		
973	EF545593	Sus scrofa isolate X269 mitochondrion, complete genome.	756/757 (99%)	Sus scrofa
974	EF545593	Sus scrofa isolate X269 mitochondrion, complete genome.	1001/1012(98%)	Sus scrofa
975	AC091401	Sus scrofa clone RP44-198J22, complete sequence.	213/252 (84%)	Sus scrofa
976	CU179665	Pig DNA sequence from clone CH242-231M2 on chromosome 4, complete sequence.	91/102 (89%)	Sus scrofa
977	XR_027685	PREDICTED: Bos taurus similar to Titin (Connectin) (Rhabdomyosarcoma antigen MU-RMS-40.14)	956/1045 (91%)	Bos taurus
978	AK238849	Bos taurus chaperonin containing TCP1, subunit 2 (beta) (CCT2), mRNA.	731/732 (99%)	Sus scrofa
979	AK235053	PREDICTED: Equus caballus similar to CCAAT binding transcription factor CBF subunit C	914/938 (97%)	Sus scrofa
980	AK236713	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	852/861 (98%)	Sus scrofa
981	AK235763	Bos taurus NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 alpha subcomplex, 8, 19kDa (NDUFA8), mRNA.	794/808 (98%)	Sus scrofa
982	AK236713	Sus scrofa translationally controlled tumor protein (TCTP), mRNA.	840/860 (97%)	Sus scrofa
983	AK232565	Bos taurus similar to ribosomal protein S7 (MGC165697), mRNA.	698/704 (99%)	Sus scrofa
984	AK236713	Bos taurus tumor protein, translationally-controlled 1, mRNA (cDNA clone MGC:128232 IMAGE:7948168), c	846/852 (99%)	Sus scrofa
985	DQ629157	Sus scrofa HUMMLC2B (HUMMLC2B) mRNA, complete cds.	681/686 (99%)	Sus scrofa
986	AK230798	Sus scrofa isolate X269 mitochondrion, complete genome.	677/682 (99%)	Sus scrofa
987	AK234250	Sus scrofa mRNA, clone:OVR010033C11, expressed in ovary.	530/532 (99%)	Sus scrofa
988	EU131524	Sus scrofa fast skeletal muscle troponin C (TNNC2) mRNA, complete cds.	700/704 (99%)	Sus scrofa
989	AK233533	Sus scrofa mRNA, clone:LVRM10168G09, expressed in liver.	1027/1053(97%)	Sus scrofa
990	AK238849	Sus scrofa mRNA, clone:THY010036H06, expressed in thymus.	731/732 (99%)	Sus scrofa
991	AK234210	PREDICTED: Canis familiaris similar to ribosomal protein L15, transcript variant 2 (LOC477046), mRNA.	694/696 (99%)	Sus scrofa
992	DQ629157	Sus scrofa HUMMLC2B (HUMMLC2B) mRNA, complete cds.	605/611 (99%)	Sus scrofa
993	DQ629176	Sus scrofa TPM3 (TPM3) mRNA, complete cds.	1050/1085(96%)	Sus scrofa
994	NM_001097563	Bos taurus arginyl aminopeptidase (aminopeptidase B) (RNPEP), mRNA.	325/357 (91%)	Bos taurus
995	AK237253	Sus scrofa mRNA, clone:SPL010017D02, expressed in spleen.	633/635 (99%)	Sus scrofa

number	Acc. No	Definition	Nucleotide Blast	Organism
996	EF545593	Sus scrofa isolate X269 mitochondrion, complete genome.	815/823 (99%).	Sus scrofa
997	AK237407	Sus scrofa mRNA, clone:SPL010037B07, expressed in spleen.	760/762 (99%).	Sus scrofa
998	NM_001110773	Bos taurus myosin binding protein C, slow type (MYBPC1), mRNA.	711/774 (91%).	Bos taurus
999	AJ416020	Sus scrofa partial mRNA for adipocyte fatty acid-binding protein (FABP4 gene).	568/575 (98%).	Sus scrofa
1000	EU333163	Sus scrofa breed Chinese northeast wildboar mitochondrion, complete genome.	1088/1106(98%).	Sus scrofa
1001	AK236091	Sus scrofa mRNA, clone:OVRM10151F07, expressed in ovary.	661/662 (99%).	Sus scrofa
1002	AK238335	Sus scrofa mRNA, clone:TCH010085G04, expressed in trachea.	924/934 (98%).	Sus scrofa
1003	NM_214374	Sus scrofa myosin, light chain 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), mRNA.	851/874 (97%).	Sus scrofa
1004	AK240051	Sus scrofa mRNA, clone:UTR010025D05, expressed in uterus.	901/915 (98%).	Sus scrofa
1005	AK236091	Sus scrofa mRNA, clone:OVRM10151F07, expressed in ovary.	660/663 (99%).	Sus scrofa
1006	EU333163	Sus scrofa breed Chinese northeast wildboar mitochondrion, complete genome.	794/796 (99%).	Sus scrofa
1007	XM_607571	PREDICTED: Bos taurus similar to Death-associated kinase 2 (LOC529131), partial mRNA.	525/638 (82%).	Bos taurus
1008	AY864615	Sus scrofa Ca2+ -binding protein-like protein mRNA, complete cds.	733/736 (99%).	Sus scrofa
1009	AL713647	Homo sapiens mRNA: cDNA DKFZp451A172 (from clone DKFZp451A172).	693/772 (89%).	Homo sapiens
1010	NM_174225	Bos taurus actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	1070/1146(93%)	Bos taurus
1011	AK234565	Sus scrofa mRNA, clone:OVR010086F09, expressed in ovary.	580/581 (99%).	Sus scrofa
1012	AK240001	Sus scrofa mRNA, clone:UTR010020B01, expressed in uterus.	743/747 (99%).	Sus scrofa
1013	AB176597	Sus scrofa tnt3 mRNA for troponin T fast skeletal muscle type,complete cds, isoform fTnT3/16.	798/808 (98%).	Sus scrofa
1014	AK232417	Sus scrofa mRNA, clone:LVR010042C02, expressed in liver.	673/675 (99%).	Sus scrofa
1015	EU333163	Sus scrofa breed Chinese northeast wildboar mitochondrion, complete genome.	1105/1128(97%).	Sus scrofa
1016	AK234655	Sus scrofa mRNA, clone:OVRM10003D11, expressed in ovary.	743/747 (99%).	Sus scrofa
1017	AK235408	Sus scrofa mRNA, clone:OVRM10077F12, expressed in ovary.	749/771 (97%).	Sus scrofa
1018	NM_004543	Homo sapiens nebulin (NEB), mRNA.	807/894 (90%).	Homo sapiens
1019	BC104562	Bos taurus tumor protein, translationally-controlled 1, mRNA (cDNA clone MGC:128232 IMAGE:7948168), complete cds.	778/860 (90%).	Bos taurus
1020	XR_027599	PREDICTED: Bos taurus similar to ATP synthase, H+ transporting,mitochondrial F1 complex, alpha subunit, isoform 1, cardiac muscle (LOC512953), mRNA.	600/655 (91%).	Bos taurus
1021	NM_005038	Homo sapiens peptidylprolyl isomerase D (cyclophilin D) (PPID), mRNA.	417/478 (87%).	Homo sapiens
1022	AF030472	Gazella ruffrions cytochrome oxidase subunit III (cox iii) gene, mitochondrial gene encoding mitochondrial protein, partial cds.	521/629 (82%).	Gazella ruffrions
1023	AF334829	Homo sapiens mitochondrial RNA-processing endoribonuclease RNA (RMRP) gene, complete sequence.	459/609 (75%).	Homo sapiens
1024	NM_001078039 XM_864804	Bos taurus myozenin 3 (MYOZ3), mRNA.	646/857 (75%).	Bos taurus
1025	NM_0010985462	Pan troglodytes tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	791/868 (91%).	Pan troglodytes
1026	AB286056	Physeter catodon CK mRNA for cytoplasmic creatine kinases, complete cds.	652/760 (85%).	Physeter catodon
1027	BC000733	Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 3, subunit G, mRNA (cDNA clone MGC:2053 IMAGE:3504640), complete cds.	908/987 (91%).	Homo sapiens
1028	CR859327	Pongo pygmaeus mRNA: cDNA DKFZp468G072 (from clone DKFZp468G072).	755/844 (89%).	Pongo pygmaeus
1029	AY236503	Tarsius syrichta cytochrome c oxidase subunit VIc (COX6C) mRNA, complete cds; nuclear gene for mitochondrial product.	322/357 (90%).	Tarsius syrichta
1030	AL391817 AC096676	Human DNA sequence from clone RP11-91B9 on chromosome 1 Contains the PRELP gene for proline arginine-rich end leucine-rich repeat protein and the OPTC gene for opticin, complete sequence.	580/785 (73%).	Homo sapiens
1031	CR617774	full-length cDNA clone CS0DC002YP09 of Neuroblastoma Cot 25-normalized of Homo sapiens (human).	752/795 (94%).	Homo sapiens
1032	NM_079420	Homo sapiens myosin, light chain 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), transcript variant 1f, mRNA.	876/990 (88%).	Homo sapiens
1033	AB174579	Macaca fascicularis brain cDNA clone: QtrA-18027, similar to human succinate dehydrogenase complex, subunit B, iron sulfur(lp) (SDHB), mRNA, RefSeq: NM_003000.1.	683/764 (89%).	Macaca fascicularis
1034	AK129823	Homo sapiens cDNA FLJ26313 fis, clone DMC08902, highly similar to 60S acidic ribosomal protein P0.	895/961 (93%).	Homo sapiens
1035	BT019996	Synthetic construct Homo sapiens troponin T3, skeletal, fast mRNA, partial cds.	547/610 (89%).	synthetic construct
1036	DQ315603	Sus scrofa isolate Vietnam wild boar cytochrome b gene, complete cds; mitochondrial.	883/903 (97%).	Sus scrofa
1037	AB168679	Macaca fascicularis testis cDNA clone: QtsA-14101, similar to human ribosomal protein L10 (RPL10), mRNA, RefSeq: NM_006013.2.	670/747 (89%).	Macaca fascicularis
1038	AB292606	Sus scrofa mitochondrial DNA, 12S rRNA to ND6 region.	705/707 (99%).	Sus scrofa
1039	CR593297	full-length cDNA clone CS0DI027YF22 of Placenta Cot 25-normalized of Homo sapiens (human).	854/972 (87%).	Homo sapiens
1040	M24122 J03954	Human myosin alkali light chain (ventricular) mRNA, complete cds.	683/775 (88%).	Homo sapiens
1041	NM_0010344596	Bos taurus ribosomal protein L17 (RPL17), mRNA	579/613 (94%).	Bos taurus
1042	CU104772	PTB-146P21, complete sequence.	679/740 (91%).	Pan troglodytes
1043	X07897	Human mRNA for slow skeletal troponin C (TnC).	597/685 (87%).	Homo sapiens
1044	DQ239920	Cervus elaphus annexin A2 (ANXA2) mRNA, complete cds.	643/751 (85%).	Cervus elaphus
1045	XM_001139202	PREDICTED: Pan troglodytes hypothetical protein LOC735922, transcript variant 5 (LOC735922), mRNA.	765/840 (91%).	Pan troglodytes
1046	NM_181368	Rattus norvegicus musculoskeletal, embryonic nuclear protein 1 (Mustn1), mRNA.	207/239 (86%).	Rattus norvegicus
1047	AJ250584	Homo sapiens mRNA for stretch responsive muscle (X-chromosome) protein (Srmx gene).	716/840 (85%).	Homo sapiens
1048	AC150879	Bos taurus BAC CH240-491H11 (Children's Hospital Oakland Research Institute Bovine BAC Library (male)) complete sequence.	670/736 (91%).	Bos taurus
1049	AF030472	Gazella ruffrions cytochrome oxidase subunit III (cox iii) gene, mitochondrial gene encoding mitochondrial protein, partial cds.	654/792 (82%).	Gazella ruffrions
1050	AY117678	Homo sapiens p02 protein mRNA, complete cds.	785/861 (91%).	Homo sapiens
1051	X90568	H.sapiens mRNA for titin protein (clone hh1-hh54).	961/1082 (88%).	Homo sapiens
1052	AK240140	Sus scrofa mRNA, clone:UTR010034E02, expressed in uterus.	497/503 (98%).	Sus scrofa
1053	AM181027	Erignathus barbatus complete mitochondrial genome.	522/634 (82%).	Erignathus barbatus
1054	NM_001044614	Sus scrofa thioredoxin interacting protein (TXNIP), mRNA.	198/201 (98%).	Sus scrofa
1055	XM_001492908	PREDICTED: Equus caballus similar to troponin T fast skeletal muscle type (LOC100060717), mRNA.	570/636 (89%).	Equus caballus
1056	AB170789	Macaca fascicularis brain cDNA clone: QorA-10080, similar to human chromosome 17 open reading frame 37 (C17orf37), mRNA, RefSeq: NM_032339.3.	632/740 (85%).	Macaca fascicularis
1057	DQ466081	Sus scrofa breed Nuogu mitochondrion, complete genome.	804/806 (99%).	Sus scrofa
1058	XM_843490	PREDICTED: Canis familiaris similar to Myosin light chain 1, slow-twitch muscle A isoform (MLC1sa) (Alkali) (LOC606992), mRNA.	542/607 (89%).	Canis lupus familiaris
1059	BC149192	Bos taurus cDNA clone IMAGE:8491746.	679/713 (95%).	Bos taurus
1060	DQ315604	Sus scrofa isolate wei cytochrome b gene, complete cds; mitochondrial.	951/959 (99%).	Sus scrofa
1061	S69208	troponin T [human, skeletal and cardiac muscle, mRNA, 932 nt.	731/819 (89%).	Homo sapiens

라. 지방합성 관련 유전자 분석

(1) 지방합성 관련 유전자 정보 검색 및 선발

본 연구에서는 근내 지방 침착 및 삼겹 증대와 관련된 유전자를 확보하기 위해 우선적으로 지방 합성, 수송, 분해 등과 관련된 유전자들에 대한 정보를 검색 및 선발 하였다. 각 유전자들은 이미 지방 합성과 관련하여 많은 연구가 이루어진 중요한 후보 유전자들로서 발현양의 차이나 polymorphism에 의한 분석이 진행되어진 경우도 있다. 본 연구에서는 지방 합성과 분해, 분화와 관련된 많은 유전자들 중에서 Table 3-2-3에 나타난 유전자를 우선 선발하여 1차 년도에 확보하였다.

Table 3-2-3 . Genes related to fat synthesis, and lipolysis

Genes	Reference
Fatty acid binding protein 4 (FABP4)	Gerbens, F., et al. J. Anim. Sci. 9:1022-1026
GLUT4	Zorzano, A., et al. 2005. Acta. Physiol. Scand. 183:43-58
Acetyl-CoA Carboxylase(ACC)	Murray, R. K., et al. 2000. Prentice-Hall, NJ 230-237
ATP-citrate lyase(ACL)	Smith, S. and Prior, R. 1981. Arch Biochem. Biophys. 211:192-201
Lipoprotein lipase (LPL)	Eckel, R. H. 1989. Lipoprotein lipase. J. Med. 320:1060-1068
Stearoyl-CoA desaturase (SCD)	Taniguchi, M., et al. 2004. Genome 14:142-148
$\beta$ -adrenergic receptors ( $\beta$ AR)	Sheila Collins and Richard S. Surwit. 2001. Recent Prog Horm Res.56:309-328 sabells J. dionne, et al. 2001. Diabetes, Jan;50(1):91-95
The leptin receptor (LEPR)	Zhang, Y., et al. 1997. <i>Biochemical and Biophysical Research Communications</i> . 240:492-495. Vincent. A. L., et al., 1997. <i>Journal of Animal Science</i> . 75:2287.
Melanocortin-5 receptor(MC5R)	Boston, B. A. 1999. <i>Ann. NY Acad. Sci.</i> 885:75-84.
Peroxisome Proliferator Activated Receptor-g (PPARg)	Rosen, E. D., and B. M. Spiegelman. 2000. <i>Annual Reviews Cell and Developmental Biology</i> . 16:145-171.
Heart Fatty Acid Binding Protein (HFABP)	Gerbens, F., et al. 1999. <i>Journal of Animal Science</i> . 77:846-852.
Adipocyte determination and differentiation factor-1 (ADD1)	Yerle, M., et al. 1996. <i>Cytogenetics and Cell Genetics</i> . 73:194-202.

**(2) 선발된 유전자 primer 제작 및 합성**

선발된 각 유전자에 대해서는 이미 돼지에서 알려져 있는 염기 서열을 이용하여 primer를 제작 및 합성하였다. Table 3-2-4에 나타낸 바와 같이 이미 알려진 GenBank의 유전정보로부터 forward와 reverse primer를 annealing temperature 가 50℃ 이상이 되도록 제작하고 합성 하였다.

Table 3-2-4 . Primer list of selected genes

Gene	Acc. No	Primer sequence		Annealing	Size
Adiposin	U29948	F	GCAGCATCATGGCAGACCGCT	55℃	790bp
		R	CCCTGTCCCTTAGGTCCTCCT		
Adiponectin	AY135647	F	TGCTGTTGTTGGGAGCTGTTC	57℃	690bp
		R	AGGAAGCCTGTGAAGATGGAG		
GLUT4	AF141956	F	CAGATAGGCTCCGAAGATGGG	53℃	500bp
		R	CAGTTGGTTGAGCGTCCCCAA		
Adiponectin receptor 2	NM_001007192	F	GAGTACAGCAGGACTCCAGA	57℃	1110bp
		R	CACAGTGCCTCCTCTTCACT		
H-FABP	Y16180	F	ATTGCCTTCGGTGTGTTTGAG	53℃	800bp
		R	TCAGGAATGGGAGTTATTGG		
uncoupling protein 2	NM_214289	F	ATGGTTGGATTCAAGGCCA	55℃	563bp
		R	ATGGCATTACGAGCGACAT		
uncoupling protein 3	NM_214049	F	ATGAGCTTCGCCTCCATCC	55℃	667bp
		R	ACGGAGATTCCCGCAGCAT		
lipase, hormone-sensitive (LIPE)	NM_214315	F	TGCACAAATCACGCTACGTG	55℃	607bp
		R	GAAATGGTGACCGTGAGCTT		
stearoyl-CoA desaturase	AY487829	F	TGCCTCACTCGAAAGGGAAC	55℃	1722bp
		R	AGTACAACACTAGCTTCAGAGTTG		
ACO	AF185048	F	CCGGAGCTGCTTACACACAT	55℃	427bp
		R	GGTCATACGTGGCTGTGGTT		
Resistin	AY488504	F	GCACATCCAAGATTTGGCCT	56℃	521bp
		R	TGCATCCTCTTCTCAAGGTTT		
TNF alpha	X57321	F	CAAGCCACTCCAGGACCCC	56℃	1630bp
		R	TTTCTCGCCACTGACCAGTA		



### (3) PCR 증폭으로 probe DNA 확보

합성된 cDNA와 primer를 이용하여 적합한 PCR 조건에 맞춰 PCR 분석을 수행하고, 그 결과를 agarose gel 전기영동으로 확인하였다.

그 결과 Figure 3-2-7과 같이 정확한 size의 결과를 얻을 수 있었다. 이렇게 얻어진 결과들은 밴드의 size를 확인하고 단일 밴드일 경우에는 에탄올 침전으로 DNA를 정제하고 두 개 이상의 밴드는 겔 gel elution 과정을 거쳐 순수한 DNA로 정제 분리하여 cDNA chip 제작에 쓰일 때 까지 -80℃에 보관하였다.

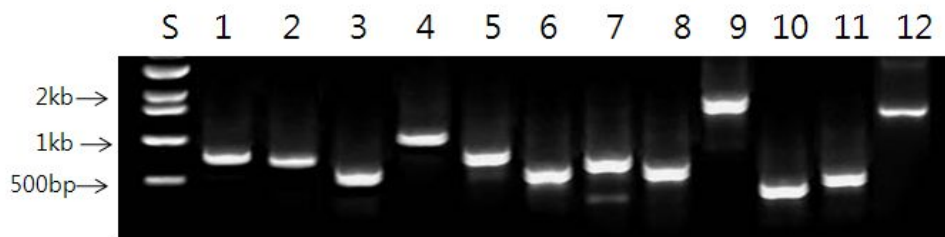


Figure 3-2-7. PCR amplified of selected genes. S; size marker is 1.0kb DNA ladder, 1; Adiposin, 2;Adiponectin, 3;GLUT4, 4;Adiponectin receptor 2, 5;H-FABP, 6;uncoupling protein 2, 7;uncoupling protein 3 8;LIPE, 9;stearoyl-CoA desaturase, 10;ACO, 11;Resistin, 12;TNF alpha.

## 제 3 절 삼겹살 부위 cDNA library로부터 cDNA chip 제작과 이를 이용한 지방연관 유전자 확보

### 1. 연구 내용

#### 가. 실험동물 확보 및 조직 채취

2차 년도에 cDNA chip을 제작과 유전자 발현양상 분석을 위하여 경남 산청군 산청읍에 소재하고 있는 성축농장(대표:서상식)에서 사양관리 방법이 동일하게 사육된 흑돼지 A형과 LYD비육돈의 체중별 돼지를 각각 선발 확보하였다. 선발한 돼지들은 도축하여 근내 지방, 삼겹, 목살, 안심, 지방 등의 조직 및 혈액을 채취하여 cDNA chip 발현분석에 이용하였다.

RNA는 공기 중이나 채취 시 다루는 과정에서 쉽게 파괴됨으로 최대한 RNA의 파괴를 막기 위해 알콜로 소독된 장갑을 착용하여 조직을 채취하고 조직 간의 혼합을 방지하도록 labeling과 소독을 철저히 하여 각 조직을 적당한 크기로 절단하여 액체질소에 곧바로 얼려 -80℃에 보관하였다.

#### 나. cDNA library로부터 유전자원 확보

##### (1) cDNA clone의 분리

1차 년도에 5g정도의 삼겹살 조직으로부터 total RNA를 분리하고, 이로부터 대략 25ng의 cDNA library를 합성할 수 있다. 합성된 cDNA library로부터 더 많은 유전자원을 확보하기 위해 DNA cloning 과정을 수행하였다.

LB-ampicillin agar plate에 2 ~ 5 $\mu$ l의 cDNA를 spreading하여 37℃에서 8시간이상 배양하여 나타난 clone을 이쑤시개나 yellow tip을 이용해서 채취하여 3ml LB solution에 넣고 37℃에서 다시 배양한 후, mini-prep kit(Solgent, Korea)를 이용하여 순수 plasmid DNA만을 정제하였다. 분리 정제된 DNA는 SP6 와 T7 primer를 이용한 PCR 증폭반응을 통해 insert의 삽입여부를 확인 하였다.

##### (2) DNA sequencing

1차년도와 동일하게 Mini-prep으로 정제된 DNA는 BigDye terminator(Applied Biosystems, USA)와 SP6, T7 primer를 이용하여 Table 3-3-1과 같은 조건으로 PCR(PE9600/9700, Applied Biosystems, USA)을 수행한다.

Table 3-3-1. BigDye terminator cyclic sequencing reaction condition

PCR reagent condition		PCR thermal condition
Terminator Ready Reaction Mix	2.0µl	96°C 10"(denaturation)
Template(Plasmid DNA)	1.0µl (300~500ng)	50°C 5"(annealing)
Primer(T3, T7)	2.0µl (1.6pmol)	60°C 4'(extention)
dH <sub>2</sub> O	5.0µl	
Total volume	10µl	25 cycles

PCR로 증폭된 DNA는 에탄올침전 혹은 Sequencing Reaction Cleanup Kit(Montage™ SEQ%, Milipore, USA)를 이용하여 정제하고 20µl Injection solution(Milipore, USA) 혹은 HiDi-formamide(Applied Biosystems, USA)에 녹여 ABI3100 Genetic Analyzer(Applide Biosystems, USA)에서 sequencing 한다.

### (3) 확보된 유전자 DB 구축 및 정보 검색

확보된 유전자의 sequence 정보는 Excel program을 이용하여 자체 database를 구축 하였다. 그리고 이 sequence 정보는 NCBI GenBank에서 NCBI translate blast search와 NCBI nucleotide blast search 통해 핵산 염기서열과의 동일성을 확인하여 유전자 각각에 대한 homology(%), description, organism, Accession number 에 대한 정보를 정리 하였다.

## 다. 지방 합성 관련 유전자 확보

### (1) 지방합성 관련 유전자 정보 검색 및 선발

본 연구의 최종목적은 DNA chip 분석을 통하여 삼겹살에 관련이 있는 유전자를 선발하고 그 유전자의 특성을 분석하여 삼겹살을 증대시킬 수 있는 조기 선발 기법을 개발하는데 있다.

근내 지방이나 지방에 관련된 유전자의 정보를 탐색하고 선발하는 것은 이미 지방합성과 연관이 있다고 알려진 유전자를 DNA chip을 제작할 때 같이 사용하여 지방이나 삼겹살에 관련된 유전자를 조금 더 쉽게 찾기 위함이다.

근내 지방 침착 및 삼겹 증대와 관련된 유전자를 확보하기 위해 우선적으로 지방 합성, 수송, 분해 등과 관련된 유전자들에 대한 정보를 검색하고 선발 하였다.

### (2) 선발된 유전자 primer 제작 및 합성

선발된 각 유전자에 대하여는 NCBI에서 유전자의 염기서열을 확보하여 적당한 길이의 probe를 생각하여 PCR을 위한 primer를 제작한다. DNA chip분석을 할 때는 최소 400bp이상은 되어야 만이 결과의

정확도를 높일 수 있기 때문에 probe의 길이는 400bp가 넘게 primer를 제작 하여 합성 하였다.

### (3) PCR 증폭으로 probe DNA 확보

#### (가) Total RNA 분리 및 cDNA 합성

Total RNA 분리는 앞의 cDNA library 제작할 때 분리한 방법과 동일하게 분리 하였다. 분리된 total RNA로부터 Superscript RT(Invitrogen, USA)를 이용하여 first strand DNA를 합성 후 second strand DNA를 합성하였다.

#### (나) PCR 증폭을 통한 probe DNA 확보

합성된 cDNA와 primer를 이용하여 적합한 PCR 조건에 맞춰 PCR 분석을 수행하고, 그 결과를 agarose gel 전기영동으로 확인하였다.

합성된 primer에 의해 증폭되는 DNA의 크기가 일치하는 지를 확인하고 단일 band일 경우에는 곧바로 에탄올 침전으로 DNA를 정제하고, 두 개 이상의 band로 나타난 경우에는 gel elution 과정을 거쳐 순수한 DNA를 정제 분리하여 probe DNA를 확보 하였다.

## 라. 확보된 지방관련 유전자를 이용한 돼지 cDNA chip 제작

### (1) 분리된 plasmid DNA의 PCR 반응

돼지의 cDNA library와 후보유전자 정보를 이용하여 얻어진 유전자를 이용하여 DNA chip 을 제작하였다.

우선 각 확보되어진 유전자에 대해서 pCNS-D2상에 존재하는 SP6와 T7 primer site의 염기 서열을 바탕으로 primer를 제작하여 min-prep으로 얻어진 유전자원(ESTs)을 PCR을 통해 증폭 한다. PCR 조건은 Table 3-3-2에서와 같다.

Table 3-3-2. PCR condition for general Taq polymerase

PCR mixture(25µl)		Thermal cycles	
10X buffer	10 µl		<u>30 cycles</u>
25mM MgCl <sub>2</sub>	1 µl		94°C 30초
2.5mM dNTPs mix	10 µl	94°C 5분 ⇒	55°C 30초
10pmol primer pair	1 µl		72°C 30초
100uM C6-linked NH <sub>2</sub> -modified T3** primer	1 µl		
10-20ng DNA	5 µl		
1U/µl Taq polymerase	0.2 µl	⇒	72°C 5분
dH <sub>2</sub> O	21.8 µl		
	50 µl	⇒	4°C 저장

## (2) PCR 산물의 정제 및 준비

적당한 PCR 조건에서 증폭된 PCR 산물은 DNA chip 제작에 이용하기 전 정제과정을 거쳐야 한다. 우선 50 $\mu$ l PCR 산물 중 3 $\mu$ l는 1.5% agarose gel, 100v, 약 30분간 전기영동을 실시한 다음 agarose gel상에서 단일 DNA 밴드를 확인한다. 나머지 PCR 산물은 에탄올침전이나 혹은 PCR<sub>96</sub> Cleanup Plate(Millipore, USA)를 이용하여 순수하게 정제한다.

정제된 DNA는 384well plate에 spotting solution과 1:1 volume으로 혼합하여 준비한다. 이때 chip 제작시의 sample이 찍히는 위치에 잘 맞추어서 plate에 순서대로 넣어두는 것이 중요하다.

## (3) DNA chip의 제작

확보되어진 유전자에 대해서 cDNA chip을 제작하였다. 삼겹살 cDNA library에 의해 2,000개 clone으로 구성된 돼지 지방연관 cDNA chip을 제작하였다.

cDNA chip은 제작되어지는 DNA의 농도와 개수, pin의 상태, clone의 위치, slide의 개수 등과 같은 많은 변수가 작용함으로서 여러 번의 반복된 제작과 분석을 통해 chip 제작을 위해 적합한 여러 가지 조건을 맞추었다.

돼지의 cDNA library로부터 클로닝 하여 얻어진 2,000개의 cDNA와 positive control인  $\beta$ -actin(Acc. No. DQ845171)과 18S(Acc. No. AF102857) 유전자로 구성된 2,000 cDNA chip을 직접 OmmiGrid Accent microarrayer(GeneMachines, USA)로 제작하였다.

Slide 위에 찍혀진 spot은 T7과 SP6 primer로 PCR 증폭하였고, DNA 추출 과정을 거쳐 400ng/ $\mu$ l 농도로 준비하고 spotting solution과 동일 농도(1:1)로 혼합하여 준비하였다.

제작된 cDNA chip은 건조하여 Stratalinker<sup>TM</sup> (Stratagene, USA) 에서 60mJ로 UV-crosslinking 시켜 80 $^{\circ}$ C에서 열처리하였다. Slide rack에 슬라이드를 넣고 0.2% SDS에서 1회, ddH<sub>2</sub>O에서 2회 각각 2분 동안 세척하여 95 $^{\circ}$ C에서 2분 동안 끓이고 건조시켰다. 300ml blocking 용액 (1g NaBH<sub>4</sub>, PBS 300ml, 그리고 100% Ethanol)에서 5분 동안 배치한 후 다시 0.2% SDS와 ddH<sub>2</sub>O에서 1분 동안 각각 3회 반복 세척하고 건조시켜 혼성화에 이용하기까지 slide를 보관하였다.

### 마. Probe 제작 및 hybridization

#### (1) 조직으로부터 total RNA 분리

확보된 각 유전자가 삼겹살 및 지방관 연관성이 있는지를 분석하기 위해 110kg에 도달된 돼지의 지방조직과 근육조직과 유전자 발현비교를 위한 동일돼지의 지방조직을 채취하였다.

채취한 각 조직으로부터 total RNA를 분리하였다. RNA는 세포내에서 단백질과 결합되어 있으며 그들 간의 친화력이 매우 강하므로 단백질을 얼마나 제거하느냐가 RNA의 순도를 결정하게 된다. 그래서 동물의 조직에서 가장 효율적인 분리가 가능한 Trizol(GibcoBRL,

USA) kit를 이용해서 채취된 조직으로부터 total RNA를 분리하였다.

멸균된 막자사발에서 액체질소와 함께 1 ~ 10g의 조직을 미세하게 분쇄하고 0.2 ~ 1g을 달아서 15ml tube에 넣고, Trizol 용액 2ml/mg을 첨가하여 homogenizer로 조직을 완전히 분쇄하고 1.5ml E-tube에 1ml씩 분주하였다. 실온에서 10분 동안 방치한 후 0.2ml chloroform을 첨가하여 잘 혼합한 뒤 다시 10분 동안 방치하고 12,000rpm으로 원심 분리하였다. 층사이의 찌꺼기들이 떨어져가지 않도록 조심스럽게 상층액만을 새로운 E-tube로 이동시키고, 0.3ml isopropanol을 첨가하여 원심분리하고 다시 70% 에탄올침전과정을 거친 후 순수 total RNA를 DEPC 처리된 20 $\mu$ l ddH<sub>2</sub>O에 녹였다.

분리한 total RNA는 formaldehyde gel에 전기영동 하여 결과를 확인하고, spectrophotometer를 이용하여 A260/280의 흡광도에서 total RNA를 정량하였다. 이때 측정된 흡광도의 비율 값은 1.8이상이어야 한다.

## (2) 지방연관 probe 제작 및 hybridization

40 $\mu$ g 내외의 total RNA를 사용하여 형광으로 표지된 핵산을 직접 역전사 반응에 의한 cDNA를 합성하여 probe를 준비한 후 제작된 cDNA chip에 hybridization 하였다(3DNA, Genisphere).

우선 40 $\mu$ g의 total RNA를 각각 RT primer(cy3 primer, cy5 primer)와 혼합하여 23 $\mu$ l이 되도록 DEPC water로 맞춘다. 이 혼합액을 80 $^{\circ}$ C에서 10분 동안 incubation한 후 RNase inhibitor, 5X superscript II buffer, dNTP mix, 0.1M DTT, 그리고 Superscript II reverse transcriptase(Invitrogen)와 혼합하여 42 $^{\circ}$ C에서 2시간동안 배양시킨다.

그런 다음 0.5M NaOH/50mM EDTA를 첨가하고 65 $^{\circ}$ C에서 10분 동안 배양한 후 다시 1M Tris-Cl을 넣어 준 후, 두 개의 tube에 준비된 cy3와 cy5를 혼합하고 spin column을 이용하여 cDNA를 농축시킨다. 이렇게 준비된 probe를 ethanol 침전방법으로 cDNA만을 정제하여 ddH<sub>2</sub>O에 녹여 준비한다.

준비된 probe를 SDS-Based buffer와 LNT dT Block과 섞어서 80 $^{\circ}$ C에서 10분 동안 배양시키고, 제작된 chip slide에 올려서 65 $^{\circ}$ C에 16시간 이상 배양한다. 배양된 slide를 2X SSC/0.2% SDS 용액에서 15분 동안 세척하고, 2X SSC, 0.2% SSC, 95% ethanol 순서로 세척하여 건조시킨다.

건조된 slide에 Cy3와 Cy5 형광물질을 올려 준다. 그러면 이전에 slide에 부착되어 있는 RT primer와 형광물질이 반응하여 발현양상을 확인할 수 있게 된다. Slide에 부착된 cDNA와 형광물질의 반응을 높이도록 65 $^{\circ}$ C에서 5시간 배양한 후 다시 slide를 세척하고 건조하여 probe와 반응된 cDNA chip을 얻게 된다.

## 바. DNA chip 분석

DNA chip을 제작하고 제작된 chip을 이용한 유전자 기능분석을 수행하기 위해 제작된 probe를 이용하여 근육과 지방 조직 간에 따른 유전자 발현양상을 분석 하였다.

돼지에서 합성된 cDNA와 이미 제작된 지방과 근육세포 DNA chip을 hybridization 한다. 혼성화 반응이 끝난 DNA chip을 DNA chip scanner와 QuantQrray 프로그램을 이용하여 분석하게 된다. DNA chip scanner는 CCD camera system, non-confocal(혹은 confocal) laser scanner의 구성으로 정밀도가 높은 상을 얻기 위해서 LASER의 종류 이외에 기계적인 부분을 체크해야 한다. 결과확인인 Cy-3-dCTP를 붙인 경우에는 빨강색, Cy-5-dCTP를 붙인 경우에는 녹색 spot을 모니터 상에서 확인할 수 있다.

DNA chip상의 spot의 형태에 따라 정량 법을 달리 해야 되는데 spot의 균일성, 모임 현상, 먼지 등 이물질의 존재 여부에 따라 histogram, fixed circle 방법, adaptive법이 응용하여 비교하고자 하는 개체간의 유전양상을 확인해야한다

Figure 3-3-1은 혼성화 후 Scanner를 통해 발현 양상의 차이를 보여주는 여러 기술들을 나열한 것으로 Image Overlay는 발현의 차이를 비교하고자 하는 data를 열러 화상을 중합하는 것으로 Cy3와 Cy5의 화상을 중합하여 그들 간의 차이를 알아보는 기술 중의 하나이다.

Data Extraction은 Spot의 자동인식과 각 spot signal을 정량하여 Signal 과 background영역을 자동으로 계산하여 spot을 인식하며 spot size 또한 인식하여 줌으로써 좀 더 정확한 비교 결과를 얻을 수 있다.

Scatter Plot은 spot의 화상 , 위치, signal 강도를 표시하여 중요유전자에 대한 정보를 직접 얻을 수 있을 뿐 아니라 실험의 정확도 또한 쉽게 구분 할 수 있다. Gene Pie는 각 spot의 발현비율을 워 그래프로 표시하여 줌으로써 spot의 화상, 위치, Signal 강도, signal 비율이 표시되어짐으로써 정확한 연관 후보 유전자들을 확인할 수 있다

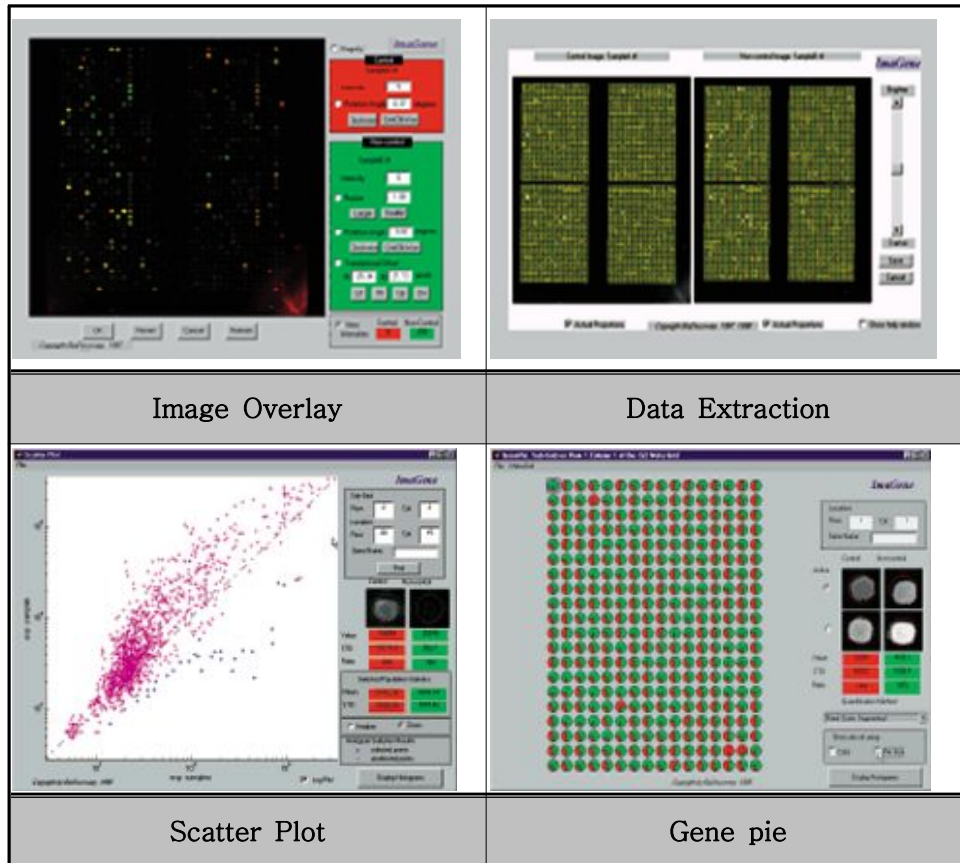


Figure 3-3-1. Gene expression analysis program by cDNA Chip scanner

형광색의 차이 혹은 형광정도의 차이, 즉 각 sample의 발현양상의 차이가 크게 나타나는 유전자들을 먼저 선별하여 다음단계의 기능 분석에 들어가하고자 하였다.

유전자 발현양상을 Scanner에서 분석한 결과, 근육과 지방조직에서 특이하게 발현되어지는 유전자를 확인하여 지방연관 유전자원으로 확보한다. 이러한 전체과정은 대략 3회 정도의 반복적인 재현성 검증을 거쳐서 지방 연관 유전자원으로 확보하였다.



## 2. 연구 개발 결과

돼지의 지방연관 유전자를 확보하기 위해 돼지 지방조직의 cDNA library를 구축하여 1차 년도에 1,000여개의 유전자를 확보하였고 2차 년도에도 1,000여개의 유전자를 확보하였다.

돼지의 조직으로부터 total RNA를 분리하고, mRNA를 합성하였으며, 이로부터 cDNA library를 구축하여 Mini-prep.을 통해 500bp 이상의 유전자를 얻었다. 얻어진 2,000개 clone에 대한 유전자 정보를 확인하고자 NCBI blast search를 통해 2,000개정도의 clone에 대해서 그 결과를 확인하여 DB를 구축하였다. 우선 1년차에 얻어진 1,000개와 2차년도에 얻어진 1,000개 유전자로 구성된 cDNA chip을 제작하여 지방과 관련된 유전자를 확보하고자 발현양상을 분석하였다.

본 연구에서 2차 년도에서 얻어진 세부 연구수행 결과는 다음과 같다.

### 가. 지방 연관 cDNA library로부터 유전자 확보

1차 년도에 cDNA library로부터 1,000개의 유전자를 확보하였고 2차 년도에도 동일한 방법으로 1,000여개의 유전자를 확보 하였다.

#### (1) cDNA clone의 mini-prep

LB-ampicillin agar plate에 spreading해 놓은 cDNA library의 각 clone들에 대해서 cDNA만을 정제하기 위해 mini-preparation을 하였다.

분리 정제된 DNA는 SP6 와 T7 primer를 이용한 PCR 증폭반응을 통해 insert의 삽입 여부를 확인하여 size가 800bp이상인 것 1,000개를 선택하여 -80℃에서 냉동 보관하였다. Figure 3-3-2는 선택된 1,000개의 clone을 PCR 증폭반응 후 전기영동으로 확인한 전체 결과 사진 중 일부에 대해서 나타낸 것이다.

2차 년도에 얻은 1,000개의 유전자도 1차년도와 마찬가지로 1000개의 유전자를 확보하기 위해 대략 2000여개의 clone를 mini-prep하였고, 그 중에서 insert가 0.8kb 이상인 유전자를 2차년도 목표량 보다 훨씬 많은 유전자를 확보 할 수 있었다.

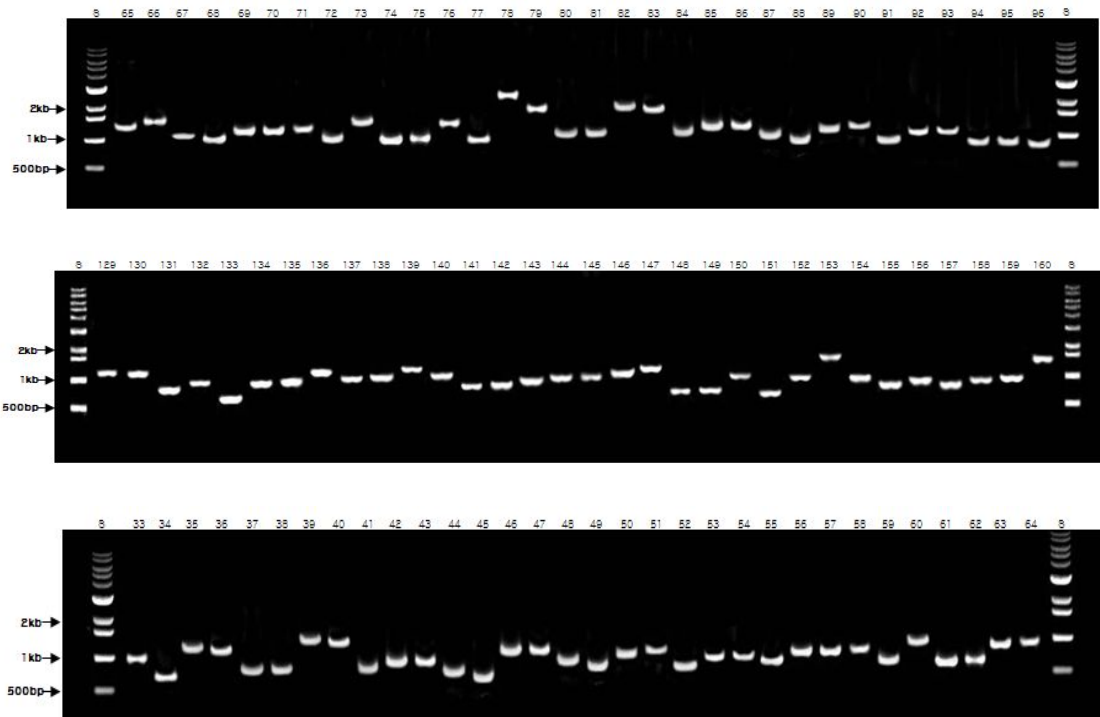


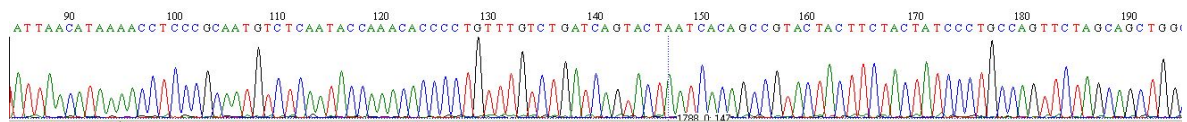
Figure 3-3-2. Amplified DNA fragments by PCR. The DNA samples were electrophoresised in agarose gel and stained with ethidium bromide. Size marker is 1.0kb DNA ladder.

## (2) 확보된 유전자 sequencing

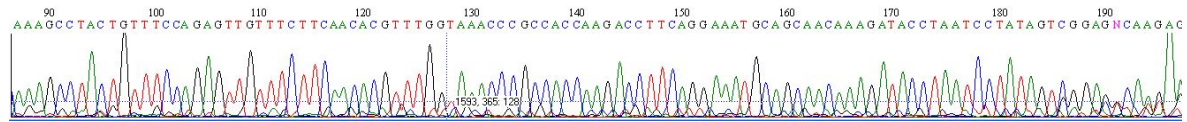
확보된 유전자의 정확한 정보는 DNA sequencing을 수행하여 확인 할 수 있었다. Cloning vector의 SP6, T7 primer 중 1개를 이용하여 전체 유전자의 일부분의 sequence를 일차적으로 확인하였다. 그러므로 전체 유전자의 길이 중 SP6 혹은 T7 쪽 방향의 500bp정도 유전자의 염기서열을 확인 한 것이다.

1000여개의 유전자는 mini-prep 후의 PCR결과 확인으로 모두 unique한 유전자로 추정되어 sequencing이 이루어 졌는데 실제 sequencing 결과에서도 그러한 결과를 확인 할 수 있었다. 1000여개의 유전자의 DNA sequencing 결과 전체는 여기에서 생략되었고 그 중 일부에 대한 sequence를 Figure 3-3-3에 나타 내었다.

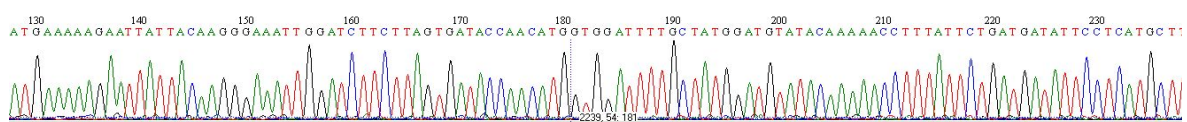
ASF1056



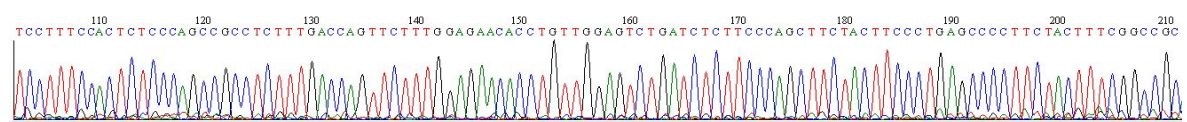
ASF1525



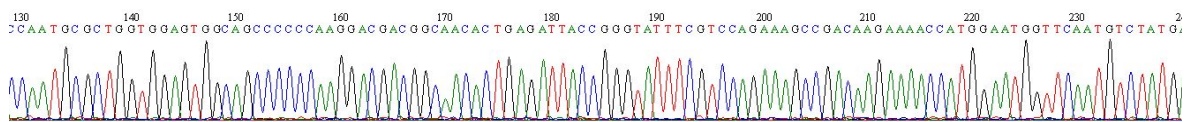
ASF1625



ASF1738



ASF1892



ASF1988

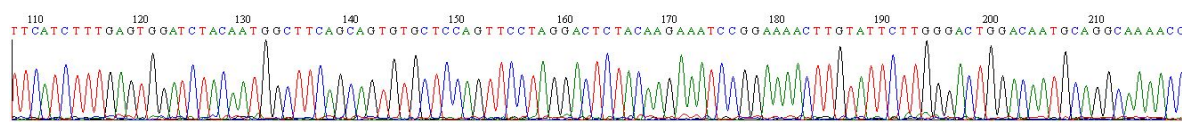


Figure 3-3-3. Sequence histogram of samples

## (2) 유전자 DB 구축 및 정보 검색

1차 년도에 흑돼지 A형의 cDNA library부터 얻어진 clone 약 1061개의 DNA sequencing이 이루어 졌고 확보된 clone data는 Excel program을 이용하여 자체 DataBank을 구축하였다.

2차 년도에도 1차 년도와 마찬가지로 방법으로 DB를 구축하였다. 확보된 clone의 동일성을 조사하기 위해 미국 NCBI(국립 생명공학 정보센터) blast reserch site를 이용하여 기존에 밝혀진 유전자와의 유사성을 확인하였다. 그 결과 동일한 clone을 제거 시키고 unique한 clone 1000여 개를 얻었다. 이 과정을 통해서 확보되어진 유전자는 간접적으로 그 유전자의 기능이 확인되어진다. Table 3-3-3은 확보되어진 1000여개의 유전자의 정보 검색을 통해 확보한 정보들이다.

결과적으로 1차 년도에 확보한 1,000여개의 유전자와 2차 년도에 확보되어진 1,000여개의 유전자를 모두 합하여 본 과제에 필요한 2,000여개의 유전자 DB를 구축하였다.

Table 3-3-3. Belly related genes confirmed by cDNA library

number	Acc. No	Definition	Nucleotide Blast	Organism
1062	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	744/838 (88%),	Sus scrofa
1063	NM_001042781	Homo sapiens troponin T type 3 (skeletal, fast) (TNNT3), transcript variant 3, mRNA.	567/674 (84%),	Sus scrofa
1064	NM_006098	Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (Gprotein), beta polypeptide 2-like 1 (GNB2L1), mRNA.	921/1018 (90%),	Sus scrofa
1065	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	767/841 (91%),	Sus scrofa
1066	NM_002799	Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 7 (PSMB7), mRNA.	722/820 (88%),	Sus scrofa
1067		no match		
1068	NM_003375	Homo sapiens voltage-dependent anion channel 2 (VDAC2), mRNA.	638/711 (89%),	Sus scrofa
1069	NM_002295	Homo sapiens ribosomal protein SA (RPSA), transcript variant 1, mRNA.	795/955 (83%),	Sus scrofa
1070		no match		Sus scrofa
1071	NM_001002	Homo sapiens ribosomal protein, large, P0 (RPLP0), transcript variant 1, mRNA.	989/1078 (91%),	Sus scrofa
1072	XM_938166	PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC642956 (LOC642956), mRNA.	534/641 (83%),	Sus scrofa
1073		no match		
1074		no match		
1075	NM_001824	Homo sapiens creatine kinase, muscle (CKM), mRNA.	603/751 (80%),	Equus caballus
1076	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	737/842 (87%),	Sus scrofa
1077	NM_013292	Homo sapiens fast skeletal myosin light chain 2 (MYLPF), mRNA.	519/569 (91%),	Sus scrofa
1078		no match		Sus scrofa
1079	NM_053013	Homo sapiens enolase 3 (beta, muscle) (ENO3), transcript variant 2, mRNA.	701/798 (87%),	Sus scrofa
1080		no match		
1081		no match		
1082		no match		
1083	NM_004772	Homo sapiens chromosome 5 open reading frame 13 (C5orf13), mRNA.	496/563 (88%),	Sus scrofa
1084	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	642/742 (86%),	Sus scrofa
1085	NM_003279	Homo sapiens troponin C type 2 (fast) (TNNC2), mRNA.	622/712 (87%),	Sus scrofa
1086	NM_053013	Homo sapiens enolase 3 (beta, muscle) (ENO3), transcript variant 2, mRNA.	887/987 (89%),	Sus scrofa
1087	NM_000146	Homo sapiens ferritin, light polypeptide (FTL), mRNA.	611/756 (80%),	Sus scrofa
1088		no match		
1089	NM_006013 NM_032241	Homo sapiens ribosomal protein L10 (RPL10), mRNA.	611/675 (90%),	Sus scrofa
1090	NM_003945	Homo sapiens ATPase, H+ transporting, lysosomal 9kDa, V0 subunit e1 (ATP6V0E1), mRNA.	672/844 (79%),	Sus scrofa
1091	NM_001009	Homo sapiens ribosomal protein S5 (RPS5), mRNA.	640/725 (88%),	Sus scrofa
1092	M_001042782	Homo sapiens troponin T type 3 (skeletal, fast) (TNNT3), transcript variant 4, mRNA.	599/668 (89%),	Sus scrofa
1093	NM_004529	Homo sapiens myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax homolog, Drosophila); translocated to, 3 (MLLT3), mRNA.	668/736 (90%),	Sus scrofa
1094		no match		
1095		no match		
1096	NM_001010	Homo sapiens ribosomal protein S6 (RPS6), mRNA.	745/819 (90%),	Sus scrofa
1097	NM_006013	Homo sapiens ribosomal protein L10 (RPL10), mRNA.	599/686 (87%),	Sus scrofa
1098	NM_006013	Homo sapiens ribosomal protein L10 (RPL10), mRNA.	616/670 (91%),	Sus scrofa
1099	NM_133378	Homo sapiens titin (TTN), transcript variant N2-A, mRNA.	984/1122 (87%),	Sus scrofa
1100		no match		
1101	NM_000973	Homo sapiens ribosomal protein L8 (RPL8), transcript variant 1, mRNA.	768/870 (88%),	Sus scrofa
1102	NM_002790	Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) subunit, alpha type 5 (PSMA5), mRNA.	904/992 (91%),	Homo sapiens
1103	NM_001010	Homo sapiens ribosomal protein S6 (RPS6), mRNA.	745/817 (91%),	Sus scrofa
1104		no match		
1105		no match		
1106	NM_079420	Homo sapiens myosin, light chain 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), transcript variant 1f, mRNA.	852/1030 (82%),	Sus scrofa
1107	NM_001449	Homo sapiens four and a half LIM domains 1 (FHL1), mRNA.	280/341 (82%),	Sus scrofa
1108	NM_003283 XM_352926	Homo sapiens troponin T type 1 (skeletal, slow) (TNNT1), mRNA.	167/195 (85%),	Sus scrofa
1109	NM_016139 XM_001125916	Homo sapiens coiled-coil-helix-coiled-coil-helix domain containing 2 (CHCHD2), mRNA.	522/641 (81%),	Homo sapiens
1110	NT_008413NT_0084	Homo sapiens chromosome 9 genomic contig, reference assembly.	231/289 (79%),	Sus scrofa
1111	NM_000146	Homo sapiens ferritin, light polypeptide (FTL), mRNA.	625/738 (84%),	Sus scrofa
1112	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	671/753 (89%),	Sus scrofa
1113	NM_002046	Homo sapiens glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH), mRNA.	699/783 (89%),	Bos taurus
1114		no match		Sus scrofa
1115	NM_003279	Homo sapiens troponin C type 2 (fast) (TNNC2), mRNA.	621/716 (86%),	Sus scrofa
1116	NM_007262	Homo sapiens Parkinson disease (autosomal recessive, early onset) 7 (PARK7), mRNA.	562/647 (86%),	Sus scrofa
1117	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	405/454 (89%),	Sus scrofa
1118	NM_001010	Homo sapiens ribosomal protein S6 (RPS6), mRNA.	738/816 (90%),	Sus scrofa
1119		no match		
1120	NM_001402	Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 1 (EEF1A1), mRNA.	651/711 (91%),	Bos taurus
1121	NM_016098	Homo sapiens brain protein 44-like (BRP44L), mRNA.	507/624 (81%),	Sus scrofa
1122	NM_133378	Homo sapiens titin (TTN), transcript variant N2-A, mRNA.	582/648 (89%),	Sus scrofa
1123		no match		Bos taurus

1124	NM_003295	Homosapienstumorprotein,translationally-controlled1(TPT1), mRNA.	766/834(91%).	Sus scrofa
1125	NM_003281	Homo sapiens troponin I type 1 (skeletal, slow) (TNNI1), mRNA.	589/679(86%).	Sus scrofa
1126	NM_178865	Homo sapiens serine incorporator 2 (SERINC2), mRNA.	354/406(87%).	Sus scrofa
1127	NM_013292	Homo sapiens fast skeletal myosin light chain 2 (MYL2), mRNA.	473/556 (85%)	Homo sapiens
1128		no match		
1129	NW_001839017	Homo sapiens chromosome 7 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188161), whole genome shotgun sequence.	543/711 (76%).	Homo sapiens
1130		no match		
1131	NM_001005	Homo sapiens ribosomal protein S3 (RPS3), mRNA.	761/825(92%).	Homo sapiens
1132	NM_003280	Homo sapiens troponin C type 1 (slow) (TNNC1), mRNA.	492/582(84%).	Homo sapiens
1133	NM_003281	Homo sapiens troponin I type 1 (skeletal, slow) (TNNI1), mRNA.	627/708(88%).	Homo sapiens
1134	NM_000432	Homosapiensmyosin,lightchain2,regulatory,cardiac,slow (MYL2), mRNA.	511/587(87%).	Homo sapiens
1135	NM_024946	Homo sapiens NEFA-interacting nuclear protein NIP30 (NIP30), mRNA.	948/1079(87%).	Homo sapiens
1136	NM_003970	Homo sapiens myomesin (M-protein) 2, 165kDa (MYOM2), mRNA.	269/307(87%).	Homo sapiens
1137	NM_000992	Homo sapiens ribosomal protein L29 (RPL29), mRNA.	499/584 (85%)	Sus scrofa
1138	NW_001838448	Homosapienschromosome17genomiccontig,alternateassembly (based on HuRef SCAF_1103279188280), whole genome shotgun sequence.	612/715(85%).	Sus scrofa
1139	NM_198402	Homo sapiens protein tyrosine phosphatase-like (proline instead of catalytic arginine), member b (PTPLB), mRNA.	514/577(89%).	Sus scrofa
1140	NM_002168	Homosapiensisocitratehydrogenase2(NADP+),mitochondrial (IDH2), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA.	477/523(91%).	Sus scrofa
1141	NM_004046	HomosapiensATPsynthase,H+transporting,mitochondrialF1 complex, alpha subunit 1, cardiac muscle (ATP5A1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 2, mRNA.	862/938(91%).	Sus scrofa
1142		no match		
1143	NM_001018005	Homosapienstropomyosin1(alpha)(TPM1),transcriptvariant1, mRNA.	623/662(94%).	Sus scrofa
1144	NM_133378	Homo sapiens titin (TTN), transcript variant N2-A, mRNA.	455/493(92%).	Sus scrofa
1145	NM_002624	Homosapiensprefoldin5(PFDN5),transcriptvariant1, mRNA.	461/492 (93%)	Sus scrofa
1146	NM_001824	Homo sapiens creatine kinase, muscle (CKM), mRNA.	768/864(88%).	Sus scrofa
1147		no match		
1148		no match		
1149		no match		
1150	NM_001975	Homo sapiens enolase 2 (gamma, neuronal) (ENO2), mRNA.	502/660 (76%).	Sus scrofa
1151	XR_038356	PREDICTED: Homo sapiens misc_RNA (LOC440595), miscRNA.	385/421(91%).	Sus scrofa
1152		no match		Sus scrofa
1153	NW_001838903	Homo sapiens chromosome 4 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279187004), whole genome shotgun sequence.	268/336(79%).	Sus scrofa
1154	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	578/667(86%).	Sus scrofa
1155	NM_079420	Homo sapiens myosin, light chain 1, alkali; skeletal, fast (MYL1),transcript variant 1f, mRNA.	809/925(87%).	Sus scrofa
1156		no match		Sus scrofa
1157	NM_000432	Homo sapiens myosin, light chain 2, regulatory, cardiac, slow (MYL2), mRNA.	511/573(89%).	Sus scrofa
1158	NM_005801	Homosapienseukaryotictranslationinitiationfactor1(EIF1), mRNA.	625/774(80%).	Sus scrofa
1159	NM_003295	Homosapienstumorprotein,translationally-controlled1(TPT1), mRNA.	744/834(89%).	Sus scrofa
1160	NM_206821	HomosapiensmyosinbindingproteinC,slowtype(MYBPC1), transcript variant 4, mRNA.	611/726(84%).	Equus caballus
1161	NW_001839149	Homo sapiens chromosome 9 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188402), whole genome shotgun sequence.	581/764(76%).	Sus scrofa
1162	NM_001885	Homo sapiens crystallin, alpha B (CRYAB), mRNA.	499/584 (85%)	Sus scrofa
1163		no match		Sus scrofa
1164		no match		Sus scrofa
1165	NM_003283	Homo sapiens troponin T type 1 (skeletal, slow) (TNNT1), mRNA.	132/147(89%).	Sus scrofa
1166		no match		
1167		no match		
1168	NM_001824	Homo sapiens creatine kinase, muscle (CKM), mRNA.	701/839(83%).	Sus scrofa
1169	NM_001885	Homo sapiens crystallin, alpha B (CRYAB), mRNA.	640/692 (92%).	Sus scrofa
1170	NM_133378	Homo sapiens titin (TTN), transcript variant N2-A, mRNA.	732/801(91%).	Sus scrofa
1171	NM_002046	Homo sapiens glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH),mRNA.	836/954(87%).	Sus scrofa
1172	NM_000146	Homo sapiens ferritin, light polypeptide (FTL), mRNA.	606/734(82%).	Sus scrofa
1173	NM_013292	Homo sapiens fast skeletal myosin light chain 2 (MYL2), mRNA.	589/677 (87%)	Sus scrofa
1174	NM_003295	Homosapienstumorprotein,translationally-controlled1(TPT1), mRNA.	756/838(90%).	Sus scrofa
1175		no match		
1176		no match		
1177	NM_005181	Homo sapiens carbonic anhydrase III, muscle specific (CA3), mRNA.	819/990(82%).	Sus scrofa
1178	NM_016404	Homo sapiens hypothetical protein HSPC152 (HSPC152), mRNA.	185/212 (87%)	Sus scrofa
1179	NM_016404	Homo sapiens hypothetical protein HSPC152 (HSPC152), mRNA.	187/214(87%).	Sus scrofa
1180	NM_003279	Homo sapiens troponin C type 2 (fast) (TNNC2), mRNA.	541/597(90%).	Sus scrofa
1181	NM_006013 NM_032241	Homo sapiens ribosomal protein L10 (RPL10), mRNA.	631/701 (90%).	Sus scrofa
1182	NM_002046	Homosapiensglyceraldehyde-3-phosphatedehydrogenase(GAPDH), mRNA.	695/774(89%).	Sus scrofa
1183	NM_003281	Homo sapiens troponin I type 1 (skeletal, slow) (TNNI1), mRNA.	540/601 (89%)	Sus scrofa
1184	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	886/975(90%).	Sus scrofa
1185	NM_005609	Homosapiensphosphorylase,glycogen:muscle(McArdlesyndrome, glycogen storage disease type V) (PYGM), mRNA.	817/914 (89%).	Sus scrofa
1186	NM_001927	Homo sapiens desmin (DES), mRNA.	393/433(90%).	Sus scrofa
1187	NM_001011	Homo sapiens ribosomal protein S7 (RPS7), mRNA.	491/576(85%).	Homo sapiens

1188	NM_079422	Homo sapiens myosin, light chain 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), transcript variant 3f, mRNA.	698/773(90%).	Sus scrofa
1189	NM_007341	Homo sapiens SH3 domain binding glutamic acid-rich protein (SH3BGR), transcript variant 1, mRNA.	294/313(93%).	Sus scrofa
1190	NM_006000	Homo sapiens tubulin, alpha 4a (TUBA4A), mRNA.	889/977(90%).	Sus scrofa
1191	NM_002948	Homo sapiens ribosomal protein L15 (RPL15), mRNA.	652/699(93%).	Sus scrofa
1192		no match		Sus scrofa
1193	NM_001099858	Homo sapiens chromosome7 open reading frame25 (C7orf25), transcript variant 1, mRNA.	807/939(85%).	Sus scrofa
1194		no match		
1195		no match		
1196	NM_000036	Homo sapiens adenosine monophosphate deaminase 1 (isoformM) (AMPD1), mRNA.	971/1097 (88%)	Sus scrofa
1197	NM_001042782	Homo sapiens troponin T type 3 (skeletal, fast) (TNNT3), transcript variant 4, mRNA.	595/668(89%).	Sus scrofa
1198	NM_002046	Homo sapiens glyceraldehyde- 3- phosphate dehydrogenase (GAPDH), mRNA.	757/861 (87%).	Bos taurus
1199	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	796/892 (89%).	Sus scrofa
1200	NM_001042782	Homo sapiens troponin Ttype 3 (skeletal, fast) (TNNT3), transcript variant 4, mRNA.	676/767(88%).	Sus scrofa
1201	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled1 (TPT1), mRNA.	758/831(91%).	Sus scrofa
1202	NM_015964	Homo sapiens tubulin polymerization-promoting protein family member 3 (TPPP3), mRNA.	808/926(87%).	Sus scrofa
1203	NM_001029896	Homo sapiens WD repeat domain 45 (WDR45), transcript variant 2, mRNA.	999/1124(88%).	Sus scrofa
1204	NM_006431	Homo sapiens chaperonin containing TCP1, subunit2 (beta) (CCT2), mRNA.	752/849(88%).	Sus scrofa
1205	NM_000432	Homo sapiens myosin, light chain 2, regulatory, cardiac, slow (MYL2), mRNA.	527/585(90%).	Bos taurus
1206		no match		
1207	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally- controlled1 (TPT1), mRNA.	764/832(91%).	Sus scrofa
1208		no match		Bos taurus
1209	NM_018035	Homo sapiens ATP5S-like (ATP5SL), mRNA.	585/721(81%).	Sus scrofa
1210	XR_038481	PREDICTED: Homo sapiens misc_RNA (LOC440359), miscRNA.	717/869 (82%).	Sus scrofa
1211	NM_006013	Homo sapiens ribosomal protein L10 (RPL10), mRNA.	615/670(91%).	Sus scrofa
1212	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	758/830(91%).	Sus scrofa
1213		no match		
1214		no match		
1215	NM_001009	Homo sapiens ribosomal protein S5 (RPS5), mRNA.	670/762(87%).	Homo sapiens
1216	NM_079422	Homo sapiens myosin, light chain 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), transcript variant 3f, mRNA.	764/847(90%).	Homo sapiens
1217	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally- controlled1 (TPT1), mRNA.	756/842 (89%).	Homo sapiens
1218		no match		
1219	NM_000973	Homo sapiens ribosomal protein L8 (RPL8), transcript variant 1, mRNA.	775/876 (88%)	Homo sapiens
1220	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	817/904(90%).	Homo sapiens
1221	NW_001839017	Homo sapiens chromosome 7 genomic contig, alternate assembly (basedon HuRef SCAF_1103279188161), whole genome shotgun sequence.	540/711(75%).	Homo sapiens
1222	NW_001838981	Homo sapiens chromosome 6 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188350), whole genome shotgun sequence.	480/560(85%).	Sus scrofa
1223	NM_013292	Homo sapiens fast skeletal myosin light chain 2 (MYLPPF), mRNA.	611/695(87%).	Sus scrofa
1224	NM_006098	Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein), beta polypeptide 2-like 1 (GNB2L1), mRNA.	907/1011(89%).	Sus scrofa
1225	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	951/1067(89%).	Equus caballus
1226	NM_133378	Homo sapiens titin (TTN), transcript variant N2-A, mRNA.	726/809(89%).	Sus scrofa
1227	NM_079422	Homo sapiens myosin, lightchain 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), transcript variant 3f, mRNA.	748/830(90%).	Sus scrofa
1228		no match		
1229	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally- controlled 1(TPT1), mRNA.	759/830(91%).	Sus scrofa
1230	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally- controlled 1 (TPT1), mRNA.	759/829(91%).	Sus scrofa
1231	NM_199512	Homo sapiens coiled-coil domain containing 80 (CCDC80), transcript variant 2, mRNA.	645/697(92%).	Çaniş lupus familiaris
1232	NM_000036	Homo sapiens adenosine monophosphate deaminase 1 (isoformM) (AMPD1), mRNA.	768/839(91%).	Sus scrofa
1233	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally - controlled 1(TPT1), mRNA.	767/834(91%).	Sus scrofa
1234	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	833/955(87%).	Sus scrofa
1235		no match		
1236	XM_001724040	PREDICTED:Homo sapiens similar to DNA - binding protein TAXREB107, transcript variant (LOC646483), mRNA.	762/881 (86%).	Sus scrofa
1237	NM_004673	Homo sapiens angiopoietin-like 1 (ANGPTL1), mRNA.	623/725(85%).	Sus scrofa
1238	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally - controlled 1 (TPT1), mRNA.	764/842(90%).	Sus scrofa
1239	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally - controlled 1(TPT1), mRNA.	760/849(89%).	Sus scrofa
1240	NM_002295	Homo sapiens ribosomal protein SA (RPSA), transcriptvariant 1, mRNA.	866/944 (91%).	Sus scrofa
1241	NM_001404XM_935	Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 1 gamma (EEF1G), mRNA.	837/894 (93%).	Sus scrofa
1242	NM_006000	Homo sapiens tubulin, alpha 4a (TUBA4A), mRNA.	736/786(93%).	Sus scrofa
1243	NM_003281	Homo sapiens troponin I type 1 (skeletal, slow) (TNNI1), mRNA.	627/707(88%).	Sus scrofa
1244	NM_002046	Homo sapiens glyceraldehyde - 3 - phosphate dehydrogenase (GAPDH), mRNA.	786/874(89%).	Sus scrofa
1245	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	760/831(91%).	Sus scrofa
1246	NM_001010	Homo sapiens ribosomal protein S6 (RPS6), mRNA.	746/821(90%).	Sus scrofa
1247	NM_001042780	Homo sapiens troponin Ttype 3 (skeletal, fast) (TNNT3),transcript variant 1, mRNA.	585/653(89%).	Sus scrofa
1248	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally- controlled1 (TPT1), mRNA.	760/832 (91%).	Sus scrofa
1249	NM_152263	Homo sapiens tropomyosin 3 (TPM3), transcript variant 1, mRNA.	712/783 (90%).	Sus scrofa
1250	NM_005181	Homo sapiens carbonic anhydrase III, muscle specific (CA3), mRNA.	645/785 (82%).	Sus scrofa

1251		no match		
1252	NM_004468	Homo sapiens four and a half LIM domains 3 (FHL3), mRNA.	660/744(88%),	Sus scrofa
1253		no match		
1254	NM_001404	Homosapienseukaryotictranslationelongationfactor1gamma (EEF1G), mRNA.	914/1051(86%),	Sus scrofa
1255	NM_001010	Homo sapiens ribosomal protein S6 (RPS6), mRNA.	742/818(90%),	Sus scrofa
1256	NM_000146	Homo sapiens ferritin, light polypeptide (FTL), mRNA.	638/758 (84%)	Sus scrofa
1257	NM_001686	Homo sapiens ATP synthase, H+ transporting, mitochondrial F1 complex, beta polypeptide (ATP5B), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA.	751/808(92%),	Sus scrofa
1258	XR_018080	PREDICTED: Homo sapiens similar to MHC class II antigen (LOC642073), mRNA.	100/112 (89%)	Sus scrofa
1259	NM_014341	Homo sapiens mitochondrial carrier homolog 1(C.elegans) (MTCH1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA.	395/420 (94%)	Sus scrofa
1260	NM_000019	Homo sapiens acetyl-Coenzyme A acetyl transferase 1 (ACAT1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA.	495/556(89%),	Equus caballus
1261	XM_209178	PREDICTED: Homo sapiens similar to QM protein, transcript variant 1 (LOC284393), mRNA.	601/701 (85%),	Sus scrofa
1262		no match		
1263	NM_006013	Homo sapiens ribosomal protein L10 (RPL10), mRNA.	625/686(91%),	Sus scrofa
1264	NM_000976	Homo sapiens ribosomal protein L12 (RPL12), mRNA.	535/580(92%),	Sus scrofa
1265	NM_133378	Homo sapiens titin (TTN), transcript variant N2-A, mRNA.	680/746 (91%)	Sus scrofa
1266	NM_206821	Homo sapiens myosin binding protein C, slow type (MYBPC1), transcript variant 4, mRNA.	672/764 (87%),	Canis lupus familiaris
1267	NM_003801	Homo sapiens glycosylphosphatidylinositol anchor attachment protein 1 homolog (yeast) (GPA1), mRNA.	675/791(85%),	Sus scrofa
1268	NM_006013	Homo sapiens ribosomal protein L10 (RPL10), mRNA.	616/670(91%),	Sus scrofa
1269		no match		
1270	NM_001686	Homo sapiens ATP synthase, H+ transporting, mitochondrial F1 complex, beta polypeptide (ATP5B), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA.	756/809(93%),	Sus scrofa
1271	NM_013292	Homo sapiens fast skeletal myosin light chain 2 (MYLPF), mRNA.	525/576 (91%),	Sus scrofa
1272	NM_001001331	Homo sapiens ATPase, Ca++ transporting, plasma membrane 2 (ATP2B2), transcript variant 1, mRNA.	588/694(84%),	Sus scrofa
1273	NM_001207	Homo sapiens basic transcription factor 3 (BTF3), transcript variant 2, mRNA.	745/817 (91%),	Sus scrofa
1274	NM_000146	Homo sapiens ferritin, light polypeptide (FTL), mRNA.	614/734(83%),	Sus scrofa
1275	NM_003879	Homo sapiens CASP8 and FADD-like apoptosis regulator (CFLAR), mRNA.	566/697 (81%),	Sus scrofa
1276		no match		Sus scrofa
1277	NM_001003 NM_001080857	Homo sapiens ribosomal protein, large, P1 (RPLP1), transcript variant 1, mRNA.	449/502 (89%)	Sus scrofa
1278	NM_000146	Homo sapiens ferritin, light polypeptide (FTL), mRNA.	526/628(83%),	Sus scrofa
1279		no match		Sus scrofa
1280	NM_013234	Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 3, subunit K (EIF3K), mRNA.	617/694 (88%)	Sus scrofa
1281	NM_080746	Homo sapiens ribosomal protein L10-like (RPL10L), mRNA.	551/657(83%),	Sus scrofa
1282		no match		
1283		no match		
1284		no match		
1285	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	765/831(92%),	Sus scrofa
1286	NW_001839017	Homo sapiens chromosome 7 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188161), whole genome shotgun sequence.	537/712(75%),	Sus scrofa
1287	NM_001040011	Homo sapiens chromosome 9 open reading frame 119 (C9orf119), mRNA.	503/605(83%),	Homo sapiens
1288	NM_003279	Homo sapiens troponin C type 2 (fast) (TNNC2), mRNA.	538/593(90%),	Sus scrofa
1289		no match		Sus scrofa
1290	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	754/835(90%),	Sus scrofa
1291	NM_053013	Homo sapiens enolase 3 (beta, muscle) (ENO3), transcript variant 2, mRNA.	749/834(89%),	Sus scrofa
1292		no match		
1293	NM_001018005	Homo sapiens tropomyosin 1 (alpha) (TPM1), transcript variant 1, mRNA.	970/1129(85%),	Sus scrofa
1294	NM_001017998	Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G-protein), gamma 10 (GNG10), mRNA.	273/305(89%),	Homo sapiens
1295	NM_001449	Homo sapiens four and a half LIM domains 1 (FHL1), mRNA.	386/481(80%),	Sus scrofa
1296	NM_207422	Homo sapiens TPT1-like protein (FLJ44635), mRNA.	657/758(86%),	Sus scrofa
1297	NT_034772NT_0066	Homo sapiens chromosome 5 genomic contig, reference assembly.	549/723 (75%)	Sus scrofa
1298		no match		
1299	NM_001089588	Homo sapiens hCG1984468 (LOC389672), mRNA.	786/901(87%),	Sus scrofa
1300		no match		
1301	NM_021121	Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 1 beta 2 (EEF1B2), transcript variant 2, mRNA.	670/798 (83%),	Sus scrofa
1302	NM_001005	Homo sapiens ribosomal protein S3 (RPS3), mRNA.	785/872 (90%),	Sus scrofa
1303	NM_079420	Homo sapiens myosin, light chain 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), transcript variant 1f, mRNA.	639/728(87%),	Sus scrofa
1304	NM_079422	Homo sapiens myosin, lightchain 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), transcript variant 3f, mRNA.	765/858(89%),	Sus scrofa

1305	NM_006013	Homo sapiens ribosomal protein L10 (RPL10), mRNA.	629/687 (91%)	Bos taurus
1306	NM_013292	Homo sapiens fast skeletal myosin light chain 2 (MYLPF), mRNA.	498/553 (90%)	Sus scrofa
1307		no match		
1308		no match		
1309	NM_000518	Homo sapiens hemoglobin, beta (HBB), mRNA.	420/515(81%),	Sus scrofa
1310	NM_003973	Homo sapiens ribosomal protein L14 (RPL14), transcript variant 2, mRNA.	583/662(88%),	Sus scrofa
1311	NM_013292	Homo sapiens fast skeletal myosin light chain 2 (MYLPF), mRNA.	519/569(91%),	Sus scrofa
1312	NM_016275	Homo sapiens selenoprotein T (SELT), mRNA.	621/753 (82%),	Homo sapiens
1313	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	761/863 (88%),	Homo sapiens
1314	NM_000258	Homo sapiens myosin, lightchain 3, alkali; ventricular, skeletal, slow (MYL3), mRNA.	480/567 (84%),	Homo sapiens
1315	NM_001614	Homo sapiens actin, gamma 1 (ACTG1), mRNA.	625/763 (81%)	Homo sapiens
1316		no match		
1317	NM_001824	Homo sapiens creatine kinase, muscle (CKM), mRNA.	1011/1119(90%),	Homo sapiens
1318	NM_001207	Homo sapiens basic transcription factor 3 (BTF3), transcript variant 2, mRNA.	734/789(93%),	Homo sapiens
1319	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	759/830 (91%),	Homo sapiens
1320		no match		
1321		no match		
1322		no match		
1323	NM_001011	Homo sapiens ribosomal protein S7 (RPS7), mRNA.	559/649(86%),	Sus scrofa
1324	NM_000661	Homo sapiens ribosomal protein L9 (RPL9), transcript variant 1, mRNA.	484/546 (88%),	Sus scrofa
1325	NM_021121	Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 1 beta 2 (EEF1B2), transcript variant 2, mRNA.	633/694(91%),	Sus scrofa
1326	NM_000146	Homo sapiens ferritin, light polypeptide (FTL), mRNA.	638/758(84%),	Sus scrofa
1327	NM_000090	Homo sapiens collagen, type III, alpha 1 (COL3A1), mRNA.	737/834 (88%)	Sus scrofa
1328	NM_013292	Homo sapiens fast skeletal myosin light chain 2 (MYLPF), mRNA.	517/569(90%),	Sus scrofa
1329		no match		Sus scrofa
1330	NW_001839017	Homo sapiens chromosome 7 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188161), whole genome shotgun sequence.	534/702(76%),	Sus scrofa
1331	NM_003279	Homo sapiens troponin C type 2 (fast) (TNNC2), mRNA.	538/594(90%),	Sus scrofa
1332	NM_001449	Homo sapiens four and a half LIM domains 1 (FHL1), mRNA.	223/268(83%),	Sus scrofa
1333		no match		
1334	NM_001042781	Homo sapiens troponin Ttype 3 (skeletal, fast) (TNNT3), transcript variant 3, mRNA.	592/687(86%),	Sus scrofa
1335	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	750/836(89%),	Sus scrofa
1336	NM_000972	Homo sapiens ribosomal protein L7a (RPL7A), mRNA.	688/798(86%),	Sus scrofa
1337		no match		Sus scrofa
1338	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	745/833(89%),	Equus caballus
1339		no match		
1340	NM_001005	Homo sapiens ribosomal protein S3 (RPS3), mRNA.	682/757(90%),	Sus scrofa
1341	NM_014041	Homo sapiens signal peptidase complex subunit 1 homolog (S. cerevisiae) (SPCS1), mRNA.	608/714(85%),	Sus scrofa
1342	XM_001725340	PREDICTED: Homo sapiens similar to Os05g0242100, transcript variant (LOC100133337), mRNA.	784/876(89%),	Sus scrofa
1343		no match		
1344	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	816/906(90%),	Canis lupus familiaris
1345		no match		
1346		no match		
1347	NM_001042780	Homo sapiens troponin Ttype 3 (skeletal, fast) (TNNT3), transcript variant 1, mRNA.	613/689(88%),	Sus scrofa
1348		no match		Sus scrofa
1349	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	740/812(91%),	Sus scrofa
1350	NM_001960	Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 1 delta (guanine nucleotide exchange protein) (EEF1D), transcript variant 2, mRNA.	775/880(88%),	Sus scrofa
1351	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	762/831 (91%)	Sus scrofa
1352		no match		Sus scrofa
1353	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	760/830(91%),	Sus scrofa
1354	NM_001614	Homo sapiens actin, gamma 1 (ACTG1), mRNA.	617/714(86%),	Sus scrofa
1355	NM_000980	Homo sapiens ribosomal protein L18a (RPL18A), mRNA.	525/572(91%),	Sus scrofa
1356	NM_001449	Homo sapiens four and a half LIM domains 1 (FHL1), mRNA.	380/461(82%),	Sus scrofa
1357		no match		
1358	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	769/857(89%),	Sus scrofa
1359	NM_001677	Homo sapiens ATPase, Na+/K+ transporting, beta 1 polypeptide (ATP1B1), transcript variant 1, mRNA.	681/808 (84%)	Sus scrofa
1360	NM_053013	Homo sapiens enolase 3 (beta, muscle) (ENO3), transcript variant 2, mRNA.	971/1095 (88%),	Sus scrofa
1361	NM_005566	Homo sapiens lactate dehydrogenase A (LDHA), mRNA.	658/803(81%),	Sus scrofa
1362	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	653/742(88%),	Sus scrofa
1363	NM_024299	Homo sapiens chromosome 20 open reading frame 149 (C20orf149), mRNA.	342/389(87%),	Sus scrofa
1364		no match		
1365	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	389/436(89%),	Homo sapiens
1366	NM_002046	Homo sapiens glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH), mRNA.	627/709(88%),	Sus scrofa
1367	NM_013292	Homo sapiens fast skeletal myosin light chain 2 (MYLPF), mRNA.	472/518(91%),	Sus scrofa
1368	NM_006013 NM_032241	Homo sapiens ribosomal protein L10 (RPL10), mRNA.	629/688(91%),	Sus scrofa



1369	NW_001839149	Homo sapiens chromosome 9 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188402), whole genome shotgun sequence.	578/716 (80%)	Sus scrofa
1370	NM_005566	Homo sapiens lactate dehydrogenase A (LDHA), mRNA.	562/698 (80%)	Sus scrofa
1371	NM_004048	Homo sapiens beta-2-microglobulin (B2M), mRNA.	512/668 (76%)	Sus scrofa
1372		no match		
1373	NM_079422	Homo sapiens myosin, lightchain 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), transcript variant 3f, mRNA.	591/739 (79%)	Sus scrofa
1374	NM_004048	Homo sapiens beta-2-microglobulin (B2M), mRNA.	441/566 (77%)	Sus scrofa
1375	XR_039701	PREDICTED: Homo sapiens misc_RNA (LOC100128516), mis_cRNA.	372/432 (86%)	Sus scrofa
1376	NM_003009	Homo sapiens selenoprotein W, 1 (SEPW1), mRNA.	397/447 (88%)	Bos taurus
1377	NM_003009	Homo sapiens selenoprotein W, 1 (SEPW1), mRNA.	396/447 (88%)	Sus scrofa
1378	NM_013292	Homo sapiens fast skeletal myosin light chain 2 (MYLPPF), mRNA.	526/576 (91%)	Sus scrofa
1379	NM_001686	Homo sapiens ATP synthase, H+ transporting, mitochondrial F1 complex, beta polypeptide (ATP5B), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA.	727/817 (88%)	Sus scrofa
1380	NM_003860	Homo sapiens barrier to autointegration factor 1 (BANF1), mRNA.	644/757 (85%)	Sus scrofa
1381	NM_000975	Homo sapiens ribosomal protein L11 (RPL11), mRNA.	577/610 (94%)	Sus scrofa
1382	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	756/826 (91%)	Sus scrofa
1383	NM_003283	Homo sapiens troponin T type 1 (skeletal, slow) (TNNT1), mRNA.	165/182 (90%)	Bos taurus
1384	NW_001837931	Homo sapiens chromosome 10 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188232), whole genome shotgun sequence.	191/234 (81%)	Sus scrofa
1385	NM_078469	Homo sapiens BRCA2 and CDKN1A inter acting protein (BCCIP), transcript variant C, mRNA.	343/408 (84%)	Sus scrofa
1386	NM_002046	Homo sapiens glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH), mRNA.	636/709 (89%)	Bos taurus
1387	NW_001837986	Homo sapiens chromosome 10 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188100), whole genome shotgun sequence.	597/764 (78%)	Sus scrofa
1388	NM_133378	Homo sapiens titin (TTN), transcript variant N2-A, mRNA.	729/801 (91%)	Sus scrofa
1389		no match		
1390		no match		
1391	NM_000432	Homo sapiens myosin, light chain 2, regulatory, cardiac, slow (MYL2), mRNA.	525/583 (90%)	Homo sapiens
1392	NM_002004	Homo sapiens farnesyl diphosphate synthase (farnesyl pyrophosphate synthetase, dimethylallyltranstransferase, geranyltranstransferase) (FDPS), mRNA.	729/843 (86%)	Homo sapiens
1393	NM_013292	Homo sapiens fast skeletal myosin light chain 2 (MYLPPF), mRNA.	515/569 (90%)	Homo sapiens
1394	NM_001824	Homo sapiens creatine kinase, muscle (CKM), mRNA.	444/481 (92%)	Homo sapiens
1395	NM_006331	Homo sapiens EMG1 nucleolar protein homolog (S. cerevisiae) (EMG1), mRNA.	675/764 (88%)	Homo sapiens
1396	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	676/742 (91%)	Homo sapiens
1397		no match		
1398	NM_006073	Homo sapiens triadin (TRDN), mRNA.	637/729 (87%)	Homo sapiens
1399	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	753/830 (90%)	Homo sapiens
1400	NM_001151	Homo sapiens solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; adenine nucleotide translocator), member 4 (SLC25A4), nucleargene encoding mitochondrial protein, mRNA.	744/836 (88%)	Sus scrofa
1401	NM_002178	Homo sapiens insulin-like growth factor binding protein 6 (IGFBP6), mRNA.	687/804 (85%)	Sus scrofa
1402	NM_006013	Homo sapiens ribosomal protein L10 (RPL10), mRNA.	626/687 (91%)	Sus scrofa
1403		no match		Sus scrofa
1404	NM_002475	Homo sapiens myosin, light chain 6B, alkali, smooth muscle and non-muscle (MYL6B), mRNA.	474/521 (90%)	Sus scrofa
1405		no match		
1406	NM_005609	Homo sapiens phosphorylase, glycogen; muscle (McArdle syndrome, glycogen storage disease type V) (PYGM), mRNA.	724/813 (89%)	Sus scrofa
1407	NM_002116	Homo sapiens major histocompatibility complex, class I, A (HLA-A), mRNA.	726/862 (84%)	Sus scrofa
1408	NM_001824	Homo sapiens creatine kinase, muscle (CKM), mRNA.	631/680 (92%)	Sus scrofa
1409	NM_000979	Homo sapiens ribosomal protein L18 (RPL18), mRNA.	539/639 (84%)	Homo sapiens
1410	NW_001839017	Homo sapiens chromosome 7 genomic contig, alternate assembly (based HuRef SCAF_1103279188161), whole genome shotgun sequence.	510/671 (76%)	Sus scrofa
1411	NM_182810	Homo sapiens activating transcription factor 4 (tax-responsive enhancer element B67) (ATF4), transcript variant 2, mRNA.	749/859 (87%)	Sus scrofa
1412	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	752/833 (90%)	Sus scrofa
1413	NM_001449	Homo sapiens four and a half LIM domains 1 (FHL1), mRNA.	561/677 (82%)	Sus scrofa
1414		no match		
1415	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA	733/812 (90%)	Sus scrofa
1416	NM_002475	Homo sapiens myosin, light chain 6B, alkali, smooth muscle and non-muscle (MYL6B), mRNA.	473/518 (91%)	Homo sapiens
1417	NM_002790	Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) subunit, alpha type, 5 (PSMA5), mRNA.	751/843 (89%)	Sus scrofa
1418		no match		Sus scrofa
1419	NM_005181	Homo sapiens carbonic anhydrase III, muscle specific (CA3), mRNA.	678/822 (82%)	Sus scrofa
1420	NM_000977	Homo sapiens ribosomal protein L13 (RPL13), transcript variant 1, mRNA.	561/640 (87%)	Bos taurus
1421	NM_003279	Homo sapiens troponin C type 2 (fast) (TNNC2), mRNA.	509/563 (90%)	Sus scrofa
1422	NM_001100430	Homo sapiens RAP1, GTP- GDP dissociation stimulator 1 (RAP1GDS1), transcript variant 6, mRNA.	793/871 (91%)	Sus scrofa
1423		no match		Sus scrofa
1424	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	662/738 (89%)	Sus scrofa
1425	NM_001961	Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 2 (EEF2), mRNA.	586/740 (79%)	Sus scrofa
1426	NM_002046	Homo sapiens glyceral dehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH), mRNA.	751/822 (91%)	Sus scrofa

1427	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	752/825 (91%)	Bos taurus
1428	NM_002046	Homo sapiens glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH), mRNA.	642/715 (89%)	Sus scrofa
1429		no match		
1430	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	736/810 (90%)	Bos taurus
1431		no match		
1432	NM_001960	Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 1 delta (guanine nucleotide exchange protein) (EEF1D), transcript variant 2, mRNA.	745/861 (86%)	Sus scrofa
1433	NM_001010	Homo sapiens ribosomal protein S6 (RPS6), mRNA.	730/800 (91%)	Sus scrofa
1434	NM_002635	Homo sapiens solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; phosphate carrier), member 3 (SLC25A3), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 2, mRNA.	666/753 (88%)	Homo sapiens
1435	NW_001839017	Homo sapiens chromosome 7 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188161), whole genome shotgun sequence.	514/678 (75%)	Homo sapiens
1436	NM_000661	Homo sapiens ribosomal protein L9 (RPL9), transcript variant 1, mRNA.	592/650 (91%)	Homo sapiens
1437	NM_003186	Homo sapiens transgelin (TAGLN), transcript variant 2, mRNA.	759/842 (90%)	Homo sapiens
1438	NM_079422	Homo sapiens myosin, lightchain 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), transcript variant 3f, mRNA.	683/792 (86%)	Homo sapiens
1439	NM_005566	Homo sapiens lactate dehydrogenase A (LDHA), mRNA.	601/759 (79%)	Homo sapiens
1440	NM_013234	Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 3, subunit K (EIF3K), mRNA.	652/722 (90%)	Homo sapiens
1441		no match		
1442	NM_001079810	Homo sapiens xin actin-binding repeat containing 2 (XIRP2), transcript variant 2, mRNA.	622/774 (80%)	Homo sapiens
1443		no match		
1444	NM_016063	Homo sapiens HD domain containing 2 (HDDC2), mRNA.	483/585 (82%)	Sus scrofa
1445	NM_000146	Homo sapiens ferritin, light polypeptide (FTL), mRNA.	621/735 (84%)	Sus scrofa
1446	NM_003281	Homo sapiens troponin I type 1 (skeletal, slow) (TNNT1), mRNA.	611/709 (86%)	Sus scrofa
1447	NM_001540	Homo sapiens heat shock 27kDa protein 1 (HSPB1), mRNA.	553/623 (88%)	Sus scrofa
1448	XM_001726209	PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC729402 (LOC729402), mRNA.	494/536 (92%)	Sus scrofa
1449	NM_207163	Homo sapiens leiomodulin 2 (cardiac) (LMOD2), mRNA.	398/453 (87%)	Sus scrofa
1450	NM_003283 XM_352926	Homo sapiens troponin T type 1 (skeletal, slow) (TNNT1), mRNA.	166/180 (92%)	Sus scrofa
1451	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	744/824 (90%)	Sus scrofa
1452	NM_018999	Homo sapiens KIAA1128 (KIAA1128), mRNA.	798/932 (85%)	Sus scrofa
1453	NM_053013	Homo sapiens enolase 3 (beta, muscle) (ENO3), transcript variant 2, mRNA.	756/867 (87%)	Sus scrofa
1454	NM_001079810	Homo sapiens xin actin-binding repeat containing 2 (XIRP2), transcript variant 2, mRNA.	757/953 (79%)	Sus scrofa
1455	NM_002615	Homo sapiens serpin peptidase inhibitor, clade F (alpha-2 antiplasmin, pigment epithelium derived factor), member 1 (SERPINF1), mRNA.	578/661 (87%)	Equus caballus
1456	NM_006325	Homo sapiens RAN, member RAS oncogene family (RAN), mRNA.	836/942 (88%)	Sus scrofa
1457		no match		Sus scrofa
1458	NM_000518	Homo sapiens hemoglobin, beta (HBB), mRNA.	515/639 (80%)	Sus scrofa
1459		no match		Sus scrofa
1460	NM_013353	Homo sapiens tropomodulin 4 (muscle) (TMOD4), mRNA.	751/850 (88%)	Sus scrofa
1461	NM_003118	Homo sapiens secreted protein, acidic, cysteine-rich (osteonectin) (SPARC), mRNA.	178/192 (92%)	Canis lupus familiaris
1462	NM_079420	Homo sapiens myosin, lightchain 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), transcript variant 1f, mRNA.	792/917 (86%)	Sus scrofa
1463	NM_003063 NM_032697	Homo sapiens sarcolipin (SLN), mRNA.	476/600 (79%)	Sus scrofa
1464	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	592/659 (89%)	Sus scrofa
1465	NM_001020	Homo sapiens ribosomal protein S16 (RPS16), mRNA.	434/507 (85%)	Sus scrofa
1466	NM_001540	Homo sapiens heat shock 27kDa protein 1 (HSPB1), mRNA.	293/350 (83%)	Sus scrofa
1467	NM_138425	Homo sapiens chromosome 12 open reading frame 57 (C12orf57), mRNA.	359/400 (89%)	Sus scrofa
1468	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	730/807 (90%)	Sus scrofa
1469	NM_013292	Homo sapiens fast skeletal myosin light chain 2 (MYLPF), mRNA.	505/570 (88%)	Sus scrofa
1470	XM_001726209	PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC729402 (LOC729402), mRNA.	494/545 (90%)	Sus scrofa
1471	NM_002046	Homo sapiens glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH), mRNA.	711/794 (89%)	Sus scrofa
1472	NM_139351	Homo sapiens bridging integrator 1 (BIN1), transcript variant 10, mRNA.	476/568 (83%)	Sus scrofa
1473	NW_001842360	Homo sapiens chromosome X genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188416), whole genome shotgun sequence.	436/534 (81%)	Sus scrofa
1474	NM_003279	Homo sapiens troponin C type 2 (fast) (TNNC2), mRNA.	434/503 (86%)	Sus scrofa
1475	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	734/831 (88%)	Sus scrofa
1476	XM_001725340	PREDICTED: Homo sapiens similar to Os05g0242100, transcript variant (LOC100133337), mRNA.	639/713 (89%)	Sus scrofa
1477	NM_001030006	Homo sapiens adaptor-related protein complex 2, beta 1 subunit (AP2B1), transcript variant 1, mRNA.	510/558 (91%)	Sus scrofa
1478		no match		Sus scrofa
1479	NM_001001522	Homo sapiens transgelin (TAGLN), transcript variant 1, mRNA.	254/271 (93%)	Sus scrofa
1480	NM_007104	Homo sapiens ribosomal protein L10a (RPL10A), mRNA.	615/691 (89%)	Sus scrofa
1481	NM_001042780	Homo sapiens troponin T type 3 (skeletal, fast) (TNNT3), transcript variant 1, mRNA.	564/642 (87%)	Sus scrofa
1482	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	729/823 (88%)	Homo sapiens
1483	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	813/879 (92%)	Sus scrofa
1484	NM_001540	Homo sapiens heat shock 27kDa protein 1 (HSPB1), mRNA.	283/356 (79%)	Sus scrofa
1485		no match		Sus scrofa
1486	NM_013292	Homo sapiens fast skeletal myosin light chain 2 (MYLPF), mRNA.	500/570 (87%)	Sus scrofa
1487	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	653/711 (91%)	Sus scrofa
1488		no match		Sus scrofa

1489	NM_007104	Homo sapiens ribosomal protein L10a (RPL10A), mRNA.	591/665 (88%)	Homo sapiens
1490	NM_001101	Homo sapiens actin, beta (ACTB), mRNA.	623/738 (84%)	Sus scrofa
1491	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	804/894 (89%)	Sus scrofa
1492	NW_001837986	Homo sapiens chromosome 10 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188100), whole genome shotgun sequence.	609/762 (79%)	Sus scrofa
1493	NM_001449	Homo sapiens four and a half LIM domains 1 (FHL1), mRNA.	389/479 (81%)	Bos taurus
1494	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	653/753 (86%)	Sus scrofa
1495	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	672/735 (91%)	Sus scrofa
1496	NM_004559	Homo sapiens Y box binding protein 1 (YBX1), mRNA.	870/941 (92%)	Sus scrofa
1497		no match		Sus scrofa
1498	NM_016139 XM_001125916	Homo sapiens coiled-coil-helix-coiled-coil-helix domain containing 2 (CHCHD2), mRNA.	495/615 (80%)	Sus scrofa
1499	NM_001042781	Homo sapiens troponin T type 3(skeletal, fast) (TNNT3), transcript variant 3, mRNA.	602/714 (84%)	Sus scrofa
1500	NM_001011	Homo sapiens ribosomal protein S7 (RPS7), mRNA.	462/550 (84%)	Bos taurus
1501	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	548/649 (84%)	Sus scrofa
1502	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	615/678 (90%)	Sus scrofa
1503	NM_001016	Homo sapiens ribosomal protein S12 (RPS12), mRNA.	378/428 (88%)	Bos taurus
1504	NM_006073	Homo sapiens triadin (TRDN), mRNA.	474/530 (89%)	Sus scrofa
1505		no match		
1506		no match		
1507	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	668/748 (89%)	Homo sapiens
1508	NM_000146	Homo sapiens ferritin, light polypeptide (FTL), mRNA.	615/738 (83%)	Homo sapiens
1509		no match		
1510	XR_039701	PREDICTED: Homo sapiens misc_RNA (LOC100128516), miscRNA.	344/415 (82%)	Homo sapiens
1511	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	703/771 (91%)	Homo sapiens
1512		no match		
1513	NM_003281	Homo sapiens troponin I type 1 (skeletal, slow) (TNNI1), mRNA.	550/630 (87%)	Homo sapiens
1514	NM_001861	Homo sapiens cytochrome c oxidase subunit IV isoform 1 (COX4I1), mRNA.	443/522 (84%)	Homo sapiens
1515	NM_000661	Homo sapiens ribosomal protein L9 (RPL9), transcript variant 1, mRNA.	613/700 (87%)	Homo sapiens
1516	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	695/773 (89%)	Homo sapiens
1517	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	690/777 (88%)	Sus scrofa
1518	NM_005006	Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) Fe-Sprotein 1,75 kDa (NADH-coenzyme Q reductase) (NDUFS1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA.	430/492 (87%)	Sus scrofa
1519	NM_144658	Homo sapiens dedicator of cytokinesis 11 (DOCK11), mRNA.	683/773 (88%)	Sus scrofa
1520		no match		Sus scrofa
1521		no match		Sus scrofa
1522	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	451/520 (86%)	Sus scrofa
1523	NW_001837930	Homo sapiens chromosome 10 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188237), whole genome shotgun sequence.	114/128 (89%)	Sus scrofa
1524	NM_133378	Homo sapiens titin (TTN), transcript variant N2-A, mRNA.	788/884 (89%)	Sus scrofa
1525	NM_002811	Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) 26S subunit, non-ATPase, 7 (PSMD7), mRNA.	485/539 (89%)	Equus caballus
1526		no match		Sus scrofa
1527	NM_053013	Homo sapiens enolase 3 (beta, muscle) (ENO3), transcript variant 2,mRNA.	813/947 (85%)	Sus scrofa
1528	NW_001839017	Homo sapiens chromosome 7 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188161), whole genome shotgun sequence.	488/650 (75%)	Sus scrofa
1529	NM_000972	Homo sapiens ribosomal protein L7a (RPL7A), mRNA.	674/760 (88%)	Sus scrofa
1530	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	752/832 (90%)	Sus scrofa
1531	NM_001824	Homo sapiens creatine kinase, muscle (CKM), mRNA.	656/766 (85%)	Sus scrofa
1532	NT_034772	Homo sapiens chromosome 5 genomic contig, reference assembly.	319/418 (76%)	Sus scrofa
1533	NM_001042781	Homo sapiens troponin T type 3 (skeletal, fast) (TNNT3), transcript variant 3, mRNA.	568/654 (86%)	Sus scrofa
1534		no match		
1535	NW_001839132	Homo sapiens chromosome 8 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188282), whole genome shotgun sequence.	391/491 (79%)	Sus scrofa
1536		no match		
1537	NM_001103	Homo sapiens actinin, alpha 2 (ACTN2), mRNA.	747/874 (85%)	Sus scrofa
1538		no match		Sus scrofa
1539	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	408/463 (88%)	Sus scrofa
1540	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	620/687 (90%)	Sus scrofa
1541		no match		
1542		no match		
1543	NM_003476	Homo sapiens cysteine and glycine-richprotein 3 (cardiac LIM protein) (CSRP3), mRNA.	491/569 (86%)	Sus scrofa
1544		no match		
1545	NM_003476	Homo sapiens cysteine and glycine-richprotein 3 (cardiac LIM protein) (CSRP3), mRNA.	497/581 (85%)	Sus scrofa
1546	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	626/683 (91%)	Sus scrofa
1547		no match		
1548	NM_003279	Homo sapiens troponin C type 2 (fast) (TNNC2), mRNA.	458/532 (86%)	Sus scrofa
1549		no match		
1550	NM_003476	Homo sapiens cysteine and glycine-richprotein 3 (cardiac LIM protein) (CSRP3), mRNA.	552/656 (84%)	Canis lupus familiaris
1551	NW_001838973	Homo sapiens chromosome 6 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188126), whole genome shotgun sequence.	564/674 (83%)	Sus scrofa
1552		no match		
1553		no match		

1554	XM_209178	PREDICTED:Homo sapiens similar to QM protein, transcript variant1 (LOC284393), mRNA.	408/498 (81%)	Sus scrofa
1555		no match		
1556	NM_003281	Homo sapiens troponin I type 1 (skeletal, slow) (TNNI1), mRNA.	555/630 (88%)	Sus scrofa
1557		no match		
1558	NM_006013 NM_032241	Homo sapiens ribosomal protein L10 (RPL10), mRNA.	543/626 (86%)	Sus scrofa
1559	NM_002046	Homo sapiens glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH), mRNA.	459/536 (85%)	Sus scrofa
1560	NM_007104	Homo sapiens ribosomal protein L10a (RPL10A), mRNA.	544/665 (81%)	Sus scrofa
1561	NM_005276	Homo sapiens glycerol-3-phosphate dehydrogenase 1 (soluble) (GPD1), mRNA.	565/701 (80%)	Sus scrofa
1562	NM_001885	Homo sapiens crystallin, alpha B (CRYAB), mRNA.	609/682 (89%)	Sus scrofa
1563		no match		Sus scrofa
1564	NM_183049	Homo sapiens thymosin-like 3 (TMSL3), mRNA.	267/287 (93%)	Sus scrofa
1565		no match		
1566	NM_133378	Homo sapiens titin (TTN), transcript variant N2-A, mRNA.	739/807 (91%)	Sus scrofa
1567	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	668/748 (89%)	Sus scrofa
1568		no match		
1569	NM_021121	Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 1 beta 2 (EEF1B2), transcript variant 2, mRNA.	637/690 (92%)	Sus scrofa
1570	NM_018955	Homo sapiens ubiquitin B (UBB), mRNA.	729/814 (89%)	Sus scrofa
1571	NM_000979	Homo sapiens ribosomal protein L18 (RPL18), mRNA.	225/263 (85%)	Homo sapiens
1572	NM_002046	Homo sapiens glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH), mRNA.	628/715 (87%)	Sus scrofa
1573	NM_001089588	Homo sapiens hCG1984468 (LOC389672), mRNA.	735/837 (87%)	Sus scrofa
1574	XM_927555	PREDICTED: Homo sapiens hypothetical LOC653232, transcript variant (LOC653232), mRNA.	592/666 (88%)	Sus scrofa
1575	NM_002796	Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 4 (PSMB4), mRNA.	633/707 (89%)	Sus scrofa
1576	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	699/777 (89%)	Sus scrofa
1577	NM_014912	Homo sapiens cytoplasmic polyadenylation element binding protein 3 (CPEB3), mRNA.	645/712 (90%)	Sus scrofa
1578	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	661/744 (88%)	Homo sapiens
1579	NM_001402	Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 1 (EEF1A1), mRNA.	679/801 (84%)	Sus scrofa
1580	NM_022061	Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L17 (MRPL17), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA.	555/668 (83%)	Sus scrofa
1581	NM_006000	Homo sapiens tubulin, alpha 4a (TUBA4A), mRNA.	617/660 (93%)	Sus scrofa
1582		no match		
1583	NM_002032	Homo sapiens ferritin, heavy polypeptide 1 (FTH1), mRNA.	685/811 (84%)	Sus scrofa
1584	NM_001002	Homo sapiens ribosomal protein, large, P0 (RPLP0), transcript variant 1, mRNA.	754/859 (87%)	Sus scrofa
1585	NM_001824	Homo sapiens creatine kinase, muscle (CKM), mRNA.	597/665 (89%)	Sus scrofa
1586	NM_053013	Homo sapiens enolase 3 (beta, muscle) (ENO3), transcript variant 2, mRNA.	364/415 (87%)	Sus scrofa
1587	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	581/652 (89%)	Sus scrofa
1588	XM_001718916	PREDICTED: Homo sapiens similar to translationally-controlled tumor protein (LOC389787), mRNA.	573/663 (86%)	Sus scrofa
1589	NM_001010	Homo sapiens ribosomal protein S6 (RPS6), mRNA.	666/738 (90%)	Bos taurus
1590	NM_021199	Homo sapiens sulfide quinone reductase-like (yeast) (SQRD1), mRNA.	618/727 (85%)	Sus scrofa
1591	NM_001231	Homo sapiens calsequestrin 1 (fast-twitch, skeletal muscle) (CASQ1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA.	241/275 (87%)	Sus scrofa
1592	NM_001018005	Homo sapiens tropomyosin 1 (alpha) (TPM1), transcript variant 1, mRNA.	771/861 (89%)	Bos taurus
1593	NM_207422 XM_936433	Homo sapiens TPT1-like protein (FLJ44635), mRNA.	606/716 (84%)	Sus scrofa
1594	NM_145212	Homo sapiens mitochondrial ribosomal protein L30 (MRPL30), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA.	512/603 (84%)	Sus scrofa
1595		no match		
1596	NM_001010	Homo sapiens ribosomal protein S6 (RPS6), mRNA.	691/766 (90%)	Homo sapiens
1597	NM_003279	Homo sapiens troponin C type 2 (fast) (TNNC2), mRNA.	536/596 (89%)	Homo sapiens
1598	NM_206901	Homo sapiens reticulon 2 (RTN2), transcript variant 3, mRNA.	698/821 (85%)	Homo sapiens
1599	NM_003982	Homo sapiens solute carrier family 7 (cationic amino acid transporter, y+ system), member 7 (SLC7A7), mRNA.	297/359 (82%)	Homo sapiens
1600		no match		
1601		no match		
1602	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	490/532 (92%)	Homo sapiens
1603	NW_001839237	Homo sapiens chromosome 9 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279187522), whole genome shotgun sequence.	610/684 (89%)	Homo sapiens
1604	NM_198494 XM_290953	Homo sapiens zinc finger protein 642 (ZNF642), mRNA.	480/595 (80%)	Homo sapiens
1605	NM_002032	Homo sapiens ferritin, heavy polypeptide 1 (FTH1), mRNA.	676/807 (83%)	Homo sapiens
1606	NM_002948	Homo sapiens ribosomal protein L15 (RPL15), mRNA.	637/691 (92%)	Sus scrofa
1607	NM_000281	Homo sapiens pterin-4 alpha-carbinolamine dehydratase/dimerization cofactor of hepatocyte nuclear factor 1 alpha (PCBD1), mRNA.	343/379 (90%)	Sus scrofa
1608		no match		
1609		no match		
1610	XM_001718864	PREDICTED: Homo sapiens similar to hCG1782414 (LOC653156), mRNA.	463/520 (89%)	Sus scrofa
1611	XR_038948	PREDICTED: Homo sapiens misc_RNA (LOC285741), miscRNA.	608/707 (85%)	Sus scrofa
1612	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	737/845 (87%)	Bos taurus
1613	NM_014026	Homo sapiens decapping enzyme, scavenger (DCPS), mRNA.	638/765 (83%)	Sus scrofa

1614	NM_004046	Homo sapiens ATP synthase, H <sup>+</sup> transporting, mitochondrial F1 complex, alpha subunit 1, cardiac muscle (ATP5A1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 2, mRNA.	765/853 (89%)	Sus scrofa
1615	NM_000980	Homo sapiens ribosomal protein L18a (RPL18A), mRNA.	473/555 (85%)	Sus scrofa
1616	NM_198141 XM_370857	Homo sapiens glucosidase, alpha; neutral C (GANC), mRNA.	208/244 (85%)	Homo sapiens
1617		no match		
1618	NM_003280	Homo sapiens troponin C type 1 (slow) (TNNC1), mRNA.	576/669 (86%)	Homo sapiens
1619		no match		
1621	NM_013292	Homo sapiens fast skeletal myosin light chain 2 (MYLPF), mRNA.	430/480 (89%)	Homo sapiens
1622		no match		
1623	NT_034772NT_0	Homo sapiens chromosome 5 genomic contig, reference assembly.	543/725 (74%)	Homo sapiens
1624		no match		
1625	NM_021074	Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) flavoprotein 2, 24kDa (NDUFV2), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA.	607/668 (90%)	Homo sapiens
1626	NM_001080544 XM_933067	Homo sapiens similar to ribosomal protein L19 (LOC653314), mRNA.	566/653 (86%)	Sus scrofa
1627	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	666/735 (90%)	Sus scrofa
1628		no match		Sus scrofa
1629	NM_005801	Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 1 (EIF1), mRNA.	249/282 (88%)	Sus scrofa
1630	NM_014754	Homo sapiens phosphatidylserine synthase 1 (PTDSS1), mRNA.	522/661 (78%)	Sus scrofa
1631	NW_001837986	Homo sapiens chromosome 10 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188100), whole genome shotgun sequence.	665/852 (78%)	Sus scrofa
1632		no match		
1633	NM_013236	Homo sapiens ataxin 10 (ATXN10), mRNA.	673/845 (79%)	Sus scrofa
1634		no match		Sus scrofa
1635	NM_003280	Homo sapiens troponin C type 1 (slow) (TNNC1), mRNA.	585/691 (84%)	Sus scrofa
1636	NM_016599	Homo sapiens myozenin 2 (MYOZ2), mRNA.	460/544 (84%)	Sus scrofa
1637	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	660/735 (89%)	Sus scrofa
1638		no match		
1639	NM_000036	Homo sapiens adenosine monophosphate deaminase 1 (isoform M) (AMPD1), mRNA.	763/875 (87%)	Sus scrofa
1640	NM_006013	Homo sapiens ribosomal protein L10 (RPL10), mRNA.	571/664 (85%)	Homo sapiens
1641	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	451/538 (83%)	Sus scrofa
1642		no match		Sus scrofa
1643	NM_033301	Homo sapiens ribosomal protein L8 (RPL8), transcript variant 2, mRNA.	627/758 (82%)	Sus scrofa
1644		no match		
1645	NM_006013 NM_032241	Homo sapiens ribosomal protein L10 (RPL10), mRNA.	479/569 (84%)	Sus scrofa
1646	NM_003333	Homo sapiens ubiquitin A-52 residue ribosomal protein fusion product 1 (UBA52), transcript variant 2, mRNA.	418/491 (85%)	Sus scrofa
1647	NM_001697	Homo sapiens ATP synthase, H <sup>+</sup> transporting, mitochondrial F1 complex, O subunit (ATP5O), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA.	607/713 (85%)	Homo sapiens
1648	NM_018955	Homo sapiens ubiquitin B (UBB), mRNA.	524/606 (86%)	Sus scrofa
1649	NM_000968	Homo sapiens ribosomal protein L4 (RPL4), mRNA.	689/797 (86%)	Sus scrofa
1650	NM_020478	Homo sapiens ankyrin 1, erythrocytic (ANK1), transcript variant 5, mRNA.	553/710 (77%)	Sus scrofa
1651		no match		
1652		no match		
1653		no match		
1654	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	742/827 (89%)	Sus scrofa
1655	NM_001855	Homo sapiens collagen, type XV, alpha 1 (COL15A1), mRNA.	655/771 (84%)	Sus scrofa
1656		no match		Sus scrofa
1657	NM_002046	Homo sapiens glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH), mRNA.	703/794 (88%)	Sus scrofa
1658	NM_006595 NM_021112	Homo sapiens apoptosis inhibitor 5 (API5), mRNA.	482/596 (80%)	Bos taurus
1659	NM_000365	Homo sapiens triosephosphate isomerase 1 (TPI1), mRNA.	256/283 (90%)	Sus scrofa
1660	NM_007104	Homo sapiens ribosomal protein L10a (RPL10A), mRNA.	564/655 (86%)	Sus scrofa
1661	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	481/529 (90%)	Bos taurus
1662	NM_001010	Homo sapiens ribosomal protein S6 (RPS6), mRNA.	680/757 (89%)	Sus scrofa
1663		no match		Sus scrofa
1664		no match		Sus scrofa
1665	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	698/804 (86%)	Homo sapiens
1666		no match		Homo sapiens
1667	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	703/783 (89%)	Homo sapiens
1668	NW_001838218	Homo sapiens chromosome 15 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188258), whole genome shotgun sequence.	209/270 (77%)	Homo sapiens
1669	NM_002046	Homo sapiens glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPDH), mRNA.	589/660 (89%)	Homo sapiens
1670	NW_001839017	Homo sapiens chromosome 7 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188161), whole genome shotgun sequence.	505/681 (74%)	Homo sapiens
1671	NM_014332	Homo sapiens small muscle protein, X-linked (SMPX), mRNA.	602/729 (82%)	Homo sapiens
1672	NM_001005	Homo sapiens ribosomal protein S3 (RPS3), mRNA.	493/559 (88%)	Homo sapiens
1673	NM_021244	Homo sapiens Ras-related GTP binding D (RRAGD), mRNA.	735/808 (90%)	Homo sapiens
1674		no match		Homo sapiens
1675	NM_001613 XR_017865	Homo sapiens actin, alpha 2, smooth muscle, aorta (ACTA2), mRNA.	457/549 (83%)	Equus caballus
1676	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	544/605 (89%)	Sus scrofa
1677	NM_002797	Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) subunit, beta type, 5(PSMB5), mRNA.	609/687 (88%)	Sus scrofa

1678	NM_003279	Homo sapiens troponin C type 2 (fast) (TNNC2), mRNA.	522/596 (87%)	Sus scrofa
1679	NM_001614	Homo sapiens actin, gamma 1 (ACTG1), mRNA.	749/892 (83%)	Sus scrofa
1680	NM_004247	Homo sapiens elongation factor Tu GTP binding domain containing 2 (EFTUD2), mRNA.	502/611 (82%)	Sus scrofa
1681		no match		
1682		no match		
1683	NM_003476	Homo sapiens cysteine and glycine-rich protein 3 (cardiac LIM protein) (CSRP3), mRNA.	689/809 (85%)	Sus scrofa
1684	NM_001089876	Homo sapiens hCG1983058 (LOC644820), mRNA.	192/230 (83%)	Sus scrofa
1685		no match		
1686		no match		
1687	NM_002634	Homo sapiens prohibitin (PHB), mRNA.	642/734 (87%)	Sus scrofa
1688	NM_001449	Homo sapiens four and a half LIM domains 1 (FHL1), mRNA.	598/728 (82%)	Sus scrofa
1689	XM_001718916	PREDICTED: Homo sapiens similar to translationally-controlled tumor protein (LOC389787), mRNA.	607/681 (89%)	Sus scrofa
1690	XM_001725747	PREDICTED: Homo sapiens similar to translationally-controlled tumor protein (LOC389787), mRNA.	585/661 (88%)	Sus scrofa
1691	NM_001034850	Homo sapiens family with sequence similarity 134, member B (FAM134B), transcript variant 1, mRNA.	689/771 (89%)	Sus scrofa
1692	NM_002787	Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) subunit, alphas type, 2 (PSMA2), mRNA.	732/802 (91%)	Sus scrofa
1693	NM_004102	Homo sapiens fatty acid binding protein 3, muscle and heart (mammary-derived growth inhibitor) (FABP3), mRNA.	517/616 (83%)	Sus scrofa
1694	NM_005004	Homo sapiens NADH dehydrogenase (ubiquinone) 1 beta subcomplex, 8, 19kDa (NDUFB8), mRNA.	479/584 (82%)	Sus scrofa
1695	NT_034772	Homo sapiens chromosome 5 genomic contig, reference assembly.	445/588 (75%)	Sus scrofa
1696	NM_001042782	Homo sapiens troponin T type 3 (skeletal, fast) (TNNT3), transcript variant 4, mRNA.	658/751 (87%)	Sus scrofa
1697	NM_001007533 XM_371086	Homo sapiens dysferlin interacting protein 1 (DYSFIP1), mRNA.	455/540 (84%)	Sus scrofa
1698	NM_001824	Homo sapiens creatine kinase, muscle (CKM), mRNA.	691/830 (83%)	Sus scrofa
1699	NM_002948	Homo sapiens ribosomal protein L15 (RPL15), mRNA.	640/699 (91%)	Sus scrofa
1700	NM_001002	Homo sapiens ribosomal protein, large, P0 (RPLP0), transcript variant 1, mRNA.	697/780 (89%)	Sus scrofa
1701		no match		Sus scrofa
1702	NM_020232	Homo sapiens proteasome (prosome, macropain) assembly chaperone 2 (PSMG2), mRNA.	613/751 (81%)	Homo sapiens
1703	NM_032730	Homo sapiens reticulon 4 interacting protein 1 (RTN4IP1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA.	274/309 (88%)	Sus scrofa
1704	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	727/826 (88%)	Sus scrofa
1705		no match		
1706		no match		
1707	NM_213611	Homo sapiens solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; phosphate carrier), member 3 (SLC25A3), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 3, mRNA.	629/695 (90%)	Sus scrofa
1708	NM_003849	Homo sapiens succinate-CoA ligase, alpha subunit (SUCLG1), mRNA.	804/924 (87%)	Sus scrofa
1709		no match		Sus scrofa
1710	NM_007104	Homo sapiens ribosomal protein L10a (RPL10A), mRNA.	578/663 (87%)	Sus scrofa
1711		no match		
1712	NM_016139	Homo sapiens coiled-coil-helix-coiled-coil-helix domain containing 2 (CHCHD2), mRNA.	518/628 (82%)	Sus scrofa
1713		no match		
1714		no match		
1715		no match		
1716	NM_005609	Homo sapiens phosphorylase, glycogen; muscle (McArdle syndrome, glycogen storage disease type V) (PYGM), mRNA.	691/850 (81%)	Sus scrofa
1717	XR_017470	PREDICTED: Homo sapiens misc_RNA (LOC647030), miscRNA.	550/662 (83%)	Sus scrofa
1718	NM_002948	Homo sapiens ribosomal protein L15 (RPL15), mRNA.	538/641 (83%)	Sus scrofa
1719	NM_002755	Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase 1 (MAP2K1), mRNA.	628/762 (82%)	Sus scrofa
1720	NM_003494	Homo sapiens dysferlin, limb girdle muscular dystrophy 2B (autosomal recessive) (DYSF), mRNA.	659/740 (89%)	Sus scrofa
1721	NM_016599	Homo sapiens myozenin 2 (MYOZ2), mRNA.	620/706 (87%)	Sus scrofa
1722	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	613/722 (84%)	Equus caballus
1723		no match		
1724		no match		
1725	NM_002475	Homo sapiens myosin, light chain 6B, alkali, smooth muscle and non-muscle (MYL6B), mRNA.	450/497 (90%)	Sus scrofa
1726	NM_006019	Homo sapiens T-cell, immune regulator 1, ATPase, H+ transporting, lysosomal V0 subunit A3 (TCIRG1), transcript variant 1, mRNA.	400/485 (82%)	Sus scrofa
1727	NM_001016	Homo sapiens ribosomal protein S12 (RPS12), mRNA.	467/526 (88%)	Sus scrofa
1728	NM_001540	Homo sapiens heat shock 27kDa protein 1 (HSPB1), mRNA.	572/666 (85%)	Canis lupus familiaris
1729	NM_000981 XM_001126177	Homo sapiens ribosomal protein L19 (RPL19), mRNA.	572/650 (88%)	Sus scrofa
1730	NM_025076	Homo sapiens UDP-glucuronate decarboxylase 1 (UXS1), mRNA.	497/591 (84%)	Sus scrofa
1731	NM_012233	Homo sapiens RAB3 GTPase activating protein subunit 1 (catalytic) (RAB3GAP1), mRNA.	716/923 (77%)	Sus scrofa
1732	NM_000146	Homo sapiens ferritin, light polypeptide (FTL), mRNA.	613/742 (82%)	Sus scrofa
1733		no match		Sus scrofa

1734	NM_013292	Homo sapiens fast skeletal myosin light chain 2 (MYLPF), mRNA.	506/571 (88%)	Sus scrofa
1735	NM_079420	Homo sapiens myosin, light chain 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), transcript variant 1f, mRNA.	723/826 (87%)	Sus scrofa
1736	NM_005881	Homo sapiens branched chain ketoacid dehydrogenase kinase (BCKDK), mRNA.	304/362 (83%)	Sus scrofa
1737	NM_003279	Homo sapiens troponin C type 2 (fast) (TNNC2), mRNA.	585/683 (85%)	Sus scrofa
1738	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	663/735 (90%)	Sus scrofa
1739		no match		Sus scrofa
1740	NM_079422	Homo sapiens myosin, light chain 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), transcript variant 3f, mRNA.	719/827 (86%)	Sus scrofa
1741	NM_004543	Homo sapiens nebulin (NEB), mRNA.	732/842 (86%)	Sus scrofa
1742		no match		
1743		no match		
1744	NM_001014	Homo sapiens ribosomal protein S10 (RPS10), mRNA.	510/586 (87%)	Sus scrofa
1745		no match		
1746	NM_133378	Homo sapiens titin (TTN), transcript variant N2-A, mRNA.	112/128 (87%)	Sus scrofa
1747	NM_001015	Homo sapiens ribosomal protein S11 (RPS11), mRNA.	506/571 (88%)	Sus scrofa
1748	NM_001824	Homo sapiens creatine kinase, muscle (CKM), mRNA.	244/279 (87%)	Sus scrofa
1749	NM_006429	Homo sapiens chaperonin containing TCP1, subunit 7 (eta) (CCT7), transcript variant 1, mRNA.	771/895 (86%)	Homo sapiens
1750	NM_001042780	Homo sapiens troponin T type 3 (skeletal, fast) (TNNT3), transcript variant 1, mRNA.	536/613 (87%)	Sus scrofa
1751	NM_018403	Homo sapiens DCP1 decapping enzyme homolog A (S. cerevisiae) (DCP1A), mRNA.	443/518 (85%)	Sus scrofa
1752	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	664/734 (90%)	Sus scrofa
1753	NM_000972	Homo sapiens ribosomal protein L7a (RPL7A), mRNA.	663/754 (87%)	Sus scrofa
1754	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	406/471 (86%)	Sus scrofa
1755	NM_001428	Homo sapiens enolase 1, (alpha) (ENO1), mRNA.	284/385 (73%)	Sus scrofa
1756	NM_005609	Homo sapiens phosphorylase, glycogen; muscle (McArdle syndrome, glycogen storage disease type V) (PYGM), mRNA.	422/502 (84%)	Homo sapiens
1757	NM_003281	Homo sapiens troponin I type 1 (skeletal, slow) (TNNI1), mRNA.	572/657 (87%)	Sus scrofa
1758		no match		
1759	NM_021970	Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase 1 interacting protein 1 (MAP2K1IP1), mRNA.	744/867 (85%)	Sus scrofa
1760		no match		
1761	NM_006098	Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein), beta polypeptide 2-like 1 (GNB2L1), mRNA.	773/876 (88%)	Sus scrofa
1762	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	725/809 (89%)	Sus scrofa
1763		no match		
1764		no match		
1765	NM_005801	Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 1 (EIF1), mRNA.	681/831 (81%)	Sus scrofa
1766	XM_209178	Homo sapiens similar to QM protein, transcript variant 1 (LOC284393), mRNA.	550/684 (80%)	Sus scrofa
1767		no match		
1768	NM_003279	Homo sapiens troponin C type 2 (fast) (TNNC2), mRNA.	583/683 (85%)	Sus scrofa
1769	NT_008583	Homo sapiens chromosome 10 genomic contig, reference assembly.	601/782 (76%)	Sus scrofa
1770	NM_007158	Homo sapiens cold shock domain containing E1, RNA-binding (CSDE1), transcript variant 2, mRNA.	549/615 (89%)	Bos taurus
1771	NM_022473	Homo sapiens zinc finger protein 106 homolog (mouse) (ZFP106), mRNA.	682/832 (81%)	Sus scrofa
1772	NM_004718	Homo sapiens cytochrome c oxidase subunit VIIa polypeptide 2 like (COX7A2L), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA.	222/270 (82%)	Sus scrofa
1773		no match		
1774	NM_005181	Homo sapiens carbonic anhydrase III, muscle specific (CA3), mRNA.	578/723 (79%)	Homo sapiens
1775	NM_003281	Homo sapiens troponin I type 1 (skeletal, slow) (TNNI1), mRNA.	423/511 (82%)	Homo sapiens
1776		no match		
1777		no match		
1778	NM_003333	Homo sapiens ubiquitin A-52 residue ribosomal protein fusion product 1 (UBA52), transcript variant 2, mRNA.	452/521 (86%)	Homo sapiens
1779	NM_001540	Homo sapiens heat shock 27kDa protein 1 (HSPB1), mRNA.	528/612 (86%)	Homo sapiens
1780	NM_079420	Homo sapiens myosin, light chain 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), transcript variant 1f, mRNA.	794/923 (86%)	Homo sapiens
1781	NM_001018005	Homo sapiens tropomyosin 1 (alpha) (TPM1), transcript variant 1, mRNA.	581/715 (81%)	Homo sapiens
1782	NM_002295	Homo sapiens ribosomal protein SA (RPSA), transcript variant 1, mRNA.	811/935 (86%)	Homo sapiens
1783	NW_001839017	Homo sapiens chromosome 7 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188161), whole genome shotgun sequence.	533/714 (74%)	Homo sapiens
1784	NM_006271	Homo sapiens S100 calcium binding protein A1 (S100A1), mRNA.	495/572 (86%)	Sus scrofa
1785	NM_002300	Homo sapiens lactate dehydrogenase B (LDHB), mRNA.	743/853 (87%)	Sus scrofa
1786	XM_001717253	Homo sapiens hypothetical protein LOC100132888 (LOC100132888), mRNA.	465/560 (83%)	Sus scrofa
1787	NM_007104	Homo sapiens ribosomal protein L10a (RPL10A), mRNA.	586/662 (88%)	Sus scrofa
1788	NM_021019	Homo sapiens myosin, light chain 6, alkali, smooth muscle and non-muscle (MYL6), transcript variant 1, mRNA.	487/527 (92%)	Sus scrofa
1789		no match		
1790		no match		
1791	NW_001838877	Homo sapiens chromosome 3 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188143), whole genome shotgun sequence.	97/112 (86%)	Sus scrofa
1792	NM_014332	Homo sapiens small muscle protein, X-linked (SMPX), mRNA.	693/846 (81%)	Sus scrofa
1793	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	684/772 (88%)	Sus scrofa
1794	NM_003970	Homo sapiens myomesin (M-protein) 2, 165kDa (MYOM2), mRNA.	375/447 (83%)	Homo sapiens
1795	NM_001154	Homo sapiens annexin A5 (ANXA5), mRNA.	638/768 (83%)	Sus scrofa
1796		no match		
1797	NM_001089876	Homo sapiens hCG1983058 (LOC644820), mRNA.	295/329 (89%)	Sus scrofa

1798		no match		
1799	NM_079422	Homo sapiens myosin, light chain 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), transcript variant 3f, mRNA.	684/784 (87%)	Sus scrofa
1800	NM_002032	Homo sapiens ferritin, heavy polypeptide 1 (FTH1), mRNA.	586/671 (87%)	Sus scrofa
1801	NM_001442	Homo sapiens fatty acid binding protein 4, adipocyte (FABP4), mRNA.	518/618 (83%)	Homo sapiens
1802		no match		
1803		no match		
1804	NM_003279	Homo sapiens troponin C type 2 (fast) (TNNC2), mRNA.	513/602 (85%)	Sus scrofa
1805	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	321/377 (85%)	Bos taurus
1806	NM_005181	Homo sapiens carbonic anhydrase III, muscle specific (CA3), mRNA.	400/474 (84%)	Sus scrofa
1807	NM_013292	Homo sapiens fast skeletal myosin light chain 2 (MYL2), mRNA.	490/554 (88%)	Sus scrofa
1808	NR_003287	Homo sapiens 28S ribosomal RNA (LOC100008589).	461/500 (92%)	Sus scrofa
1809	NM_053013	Homo sapiens enolase 3 (beta, muscle) (ENO3), transcript variant 2, mRNA.	494/573 (86%)	Sus scrofa
1810	NW_001838589	Homo sapiens chromosome 1 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188310), whole genome shotgun sequence.	125/138 (90%)	Sus scrofa
1811	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	707/796 (88%)	Sus scrofa
1812	NM_006000	Homo sapiens tubulin, alpha 4a (TUBA4A), mRNA.	837/952 (87%)	Bos taurus
1813	NM_007104	Homo sapiens ribosomal protein L10a (RPL10A), mRNA.	576/656 (87%)	Sus scrofa
1814	NM_003281	Homo sapiens troponin I type 1 (skeletal, slow) (TNNI1), mRNA.	555/642 (86%)	Sus scrofa
1815	NM_006402	Homo sapiens hepatitis B virus x interacting protein (HBXIP), mRNA.	446/549 (81%)	Bos taurus
1816	XM_209178	Homo sapiens similar to QM protein, transcript variant 1 (LOC284393), mRNA.	596/675 (88%)	Sus scrofa
1817	NM_198149	Homo sapiens shisa homolog 4 (Xenopus laevis) (SHISA4), mRNA.	283/345 (82%)	Sus scrofa
1818		no match		
1819	NT_034772	Homo sapiens chromosome 5 genomic contig, reference assembly.	531/712 (74%)	Homo sapiens
1820	NM_007031	Homo sapiens heat shock transcription factor 2 binding protein (HSF2BP), mRNA.	627/733 (85%)	Homo sapiens
1821	NM_007031	Homo sapiens heat shock transcription factor 2 binding protein (HSF2BP), mRNA.	627/733 (85%)	Homo sapiens
1822	NM_016406	Homo sapiens ubiquitin-fold modifier conjugating enzyme 1 (UFM1), mRNA.	574/655 (87%)	Homo sapiens
1823		no match		
1824	NM_005520	Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein H1 (H) (HNRPH1), mRNA.	650/771 (84%)	Homo sapiens
1825	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	658/735 (89%)	Homo sapiens
1826	NT_023629	Homo sapiens chromosome 7 genomic contig, reference assembly.	474/646 (73%)	Homo sapiens
1827	XR_019046	Homo sapiens misc_RNA (LOC390671), miscRNA.	267/325 (82%)	Homo sapiens
1828	NW_001839017	Homo sapiens chromosome 7 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188161), whole genome shotgun sequence.	533/711 (74%)	Homo sapiens
1829	NM_053013	Homo sapiens enolase 3 (beta, muscle) (ENO3), transcript variant 2, mRNA.	698/817 (85%)	Sus scrofa
1830	NM_001101	Homo sapiens actin, beta (ACTB), mRNA.	646/770 (83%)	Bos taurus
1831	NM_002948	Homo sapiens ribosomal protein L15 (RPL15), mRNA.	471/552 (85%)	Sus scrofa
1832	NM_003279	Homo sapiens troponin C type 2 (fast) (TNNC2), mRNA.	491/564 (87%)	Sus scrofa
1833	NM_152263	Homo sapiens tropomyosin 3 (TPM3), transcript variant 1, mRNA.	834/921 (90%)	Sus scrofa
1834	NM_005181	Homo sapiens carbonic anhydrase III, muscle specific (CA3), mRNA.	677/796 (85%)	Homo sapiens
1835		no match		
1836	NM_000146	Homo sapiens ferritin, light polypeptide (FTL), mRNA.	628/759 (82%)	Homo sapiens
1837	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	714/798 (89%)	Homo sapiens
1838	NM_002167	Homo sapiens inhibitor of DNA binding 3, dominant negative helix-loop-helix protein (ID3), mRNA.	278/323 (86%)	Homo sapiens
1839	NM_006013	Homo sapiens ribosomal protein L10 (RPL10), mRNA.	561/626 (89%)	Homo sapiens
1840	XR_019418	Homo sapiens misc_RNA (LOC646527), miscRNA.	503/614 (81%)	Homo sapiens
1841		no match		
1842	NM_000146	Homo sapiens ferritin, light polypeptide (FTL), mRNA.	621/759 (81%)	Homo sapiens
1843	NM_001614	Homo sapiens actin, gamma 1 (ACTG1), mRNA.	646/772 (83%)	Homo sapiens
1844	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	712/796 (89%)	Sus scrofa
1845	NM_000089	Homo sapiens collagen, type I, alpha 2 (COL1A2), mRNA.	723/846 (85%)	Sus scrofa
1846		no match		
1847		no match		
1848	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	732/823 (88%)	Sus scrofa
1849	NM_001824	Homo sapiens creatine kinase, muscle (CKM), mRNA.	720/853 (84%)	Sus scrofa
1850		no match		
1851	NM_001042781	Homo sapiens troponin T type 3 (skeletal, fast) (TNNT3), transcript variant 3, mRNA.	522/617 (84%)	Sus scrofa
1852	NM_013292	Homo sapiens fast skeletal myosin light chain 2 (MYL2), mRNA.	582/680 (85%)	Sus scrofa
1853	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	697/790 (88%)	Homo sapiens
1854		no match		
1855	NM_005719	Homo sapiens actin related protein 2/3 complex, subunit 3, 21kDa (ARPC3), mRNA.	205/247 (82%)	Sus scrofa
1856	NW_001838073	Homo sapiens chromosome 13 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188117), whole genome shotgun sequence.	68/77 (88%)	Sus scrofa
1857		no match		
1858	NM_002622	Homo sapiens prefoldin subunit 1 (PFDN1), mRNA.	327/363 (90%)	Sus scrofa
1859	NM_000146	Homo sapiens ferritin, light polypeptide (FTL), mRNA.	371/503 (73%)	Sus scrofa
1860		no match		
1861	NM_005963	Homo sapiens myosin, heavy chain 1, skeletal muscle, adult (MYH1), mRNA.	109/116 (93%)	Sus scrofa
1862	NM_001003	Homo sapiens ribosomal protein, large, P1 (RPLP1), transcript variant 1, mRNA.	354/402 (88%)	Sus scrofa
1863		no match		
1864	NM_001015	Homo sapiens ribosomal protein S11 (RPS11), mRNA.	159/170 (93%)	Bos taurus
1865		no match		
1866		no match		
1867	NM_000976	Homo sapiens ribosomal protein L12 (RPL12), mRNA.	280/329 (85%)	Sus scrofa
1868		no match		
1869		no match		
1870	NM_001984	Homo sapiens esterase D/formylglutathione hydrolase (ESD), mRNA.	279/347 (80%)	Sus scrofa



1871	NM_005566	Homo sapiens lactate dehydrogenase A (LDHA), mRNA.	341/408 (83%)	Bos taurus
1872		no match		Sus scrofa
1873	NM_182810	Homo sapiens activating transcription factor 4 (tax-responsive enhancer element B67) (ATF4), transcript variant 2, mRNA.	300/364 (82%)	Sus scrofa
1874	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	332/379 (87%)	Bos taurus
1875	NM_145064	Homo sapiens SH3 and cysteine rich domain 3 (STAC3), mRNA.	80/85 (94%)	Sus scrofa
1876		no match		
1877		no match		
1878		no match		
1879	NW_001838921	Homo sapiens chromosome 4 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188415), whole genome shotgun sequence.	414/486 (85%)	Homo sapiens
1880	NM_001151	Homo sapiens solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; adenine nucleotide translocator), member 4 (SLC25A4), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA.	547/636 (86%)	Homo sapiens
1881		no match		
1882		no match		
1883		no match		
1884	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	162/185 (87%)	Homo sapiens
1885	XM_001720521	Homo sapiens hypothetical protein LOC100133042 (LOC100133042), mRNA.	357/398 (89%)	Homo sapiens
1886	NM_006035	Homo sapiens CDC42 binding protein kinase beta (DMPK-like) (CDC42BPB), mRNA.	277/357 (77%)	Homo sapiens
1887	NM_005566	Homo sapiens lactate dehydrogenase A (LDHA), mRNA.	597/694 (86%)	Homo sapiens
1888	NM_005276	Homo sapiens glycerol-3-phosphate dehydrogenase 1 (soluble) (GPD1), mRNA.	312/357 (87%)	Sus scrofa
1889		no match		
1890	NM_000992	Homo sapiens ribosomal protein L29 (RPL29), mRNA.	324/364 (89%)	Sus scrofa
1891	XM_209178	PREDICTED: Homo sapiens similar to QM protein, transcript variant 1 (LOC284393), mRNA.	352/400 (88%)	Sus scrofa
1892	NM_001231	Homo sapiens calsequestrin 1 (fast-twitch, skeletal muscle) (CASQ1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA.	393/429 (91%)	Sus scrofa
1893	NM_001824	Homo sapiens creatine kinase, muscle (CKM), mRNA.	358/402 (89%)	Sus scrofa
1894	NM_007104	Homo sapiens ribosomal protein L10a (RPL10A), mRNA.	264/306 (86%)	Sus scrofa
1895	NM_199512	Homo sapiens coiled-coil domain containing 80 (CCDC80), transcript variant 2, mRNA.	322/358 (89%)	Sus scrofa
1896	NM_000366	Homo sapiens tropomyosin 1 (alpha) (TPM1), transcript variant 5, mRNA.	453/513 (88%)	Sus scrofa
1897	NW_001839017	Homo sapiens chromosome 7 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188161), whole genome shotgun sequence.	407/538 (75%)	Sus scrofa
1898	XM_001713655	PREDICTED: Homo sapiens transcription elongation factor B polypeptide 3C (elongin A3) (TCEB3C), mRNA.	313/359 (87%)	Sus scrofa
1899	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	341/374 (91%)	Sus scrofa
1900	NM_000980	Homo sapiens ribosomal protein L18a (RPL18A), mRNA.	499/557 (89%)	Sus scrofa
1901		no match		Sus scrofa
1902	NM_044472	Homo sapiens cell division cycle 42 (GTP binding protein, 25kDa)(CDC42), transcript variant 2, mRNA.	375/403 (93%)	Sus scrofa
1903	NM_006098	Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein), beta polypeptide 2-like 1 (GNB2L1), mRNA.	306/344 (88%)	Sus scrofa
1904		no match		
1905		no match		
1906	NM_001885	Homo sapiens crystallin, alpha B (CRYAB), mRNA.	551/665 (82%)	Sus scrofa
1907		no match		Sus scrofa
1908	NM_016630	Homo sapiens spastic paraplegia 21 (autosomal recessive, Mast syndrome) (SPG21), transcript variant 1, mRNA.	241/267 (90%)	Sus scrofa
1909	NM_000366	Homo sapiens tropomyosin 1 (alpha) (TPM1), transcript variant 5, mRNA.	327/356 (91%)	Sus scrofa
1910	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	737/824 (89%)	Sus scrofa
1911		no match		Sus scrofa
1912	NM_005439	Homo sapiens myeloid leukemia factor 2 (MLF2), mRNA.	691/814 (84%)	Sus scrofa
1913	NM_005566	Homo sapiens lactate dehydrogenase A (LDHA), mRNA.	629/776 (81%)	Equus caballus
1914	NM_017722	Homo sapiens TRM1 tRNA methyltransferase 1 homolog (S. cerevisiae) (TRMT1), mRNA.	780/886 (88%)	Sus scrofa
1915	NM_013292	Homo sapiens fast skeletal myosin light chain 2 (MYLPF), mRNA.	502/572 (87%)	Sus scrofa
1916	NM_002475	Homo sapiens myosin, light chain 6B, alkali, smooth muscle and non-muscle (MYL6B), mRNA.	116/140 (82%)	Sus scrofa
1917	NM_003279	Homo sapiens troponin C type 2 (fast) (TNNC2), mRNA.	310/359 (86%)	Sus scrofa
1918	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	333/376 (88%)	Sus scrofa
1919		no match		
1920		no match		
1921	NM_001920	Homo sapiens decorin (DCN), transcript variant A1, mRNA.	440/512 (85%)	Sus scrofa
1922		no match		Sus scrofa
1923	NT_011109NT_0110	Homo sapiens chromosome 19 genomic contig, reference assembly.	96/109 (88%)	Sus scrofa
1924		no match		
1925	NM_001099771	Homo sapiens ANKRD26-like family C, member 1B (A26C1B), mRNA.	149/188 (79%)	Sus scrofa
1926	NM_079420	Homo sapiens myosin, light chain 1, alkali; skeletal, fast (MYL1), transcript variant 1f, mRNA.	142/155 (91%)	Sus scrofa
1927	NM_001018005	Homo sapiens tropomyosin 1 (alpha) (TPM1), transcript variant 1, mRNA.	361/407 (88%)	Sus scrofa
1928	NM_000518	Homo sapiens hemoglobin, beta (HBB), mRNA.	166/191 (86%)	Sus scrofa
1929	XR_037619	PREDICTED: Homo sapiens misc_RNA (LOC100132795), miscRNA.	174/207 (84%)	Sus scrofa
1930		no match		
1931		no match		

1932	NR_002203 XM_497170	Homo sapiens ferritin, heavy polypeptide-like 8 (FTHL8) on chromosome X.	258/312 (82%)	Sus scrofa
1933		no match		
1934		no match		
1935		no match		
1936		no match		
1937	NM_005594	Homo sapiens nascent polypeptide-associated complex alpha subunit (NACA), mRNA.	258/284 (90%)	Sus scrofa
1938	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	418/462 (90%)	Sus scrofa
1939		no match		
1940	NM_002032	Homo sapiens ferritin, heavy polypeptide 1 (FTH1), mRNA.	156/176 (88%)	Homo sapiens
1941		no match		
1942		no match		
1943	NM_005834	Homo sapiens translocase of inner mitochondrial membrane 17 homolog B (yeast) (TIMM17B), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA.	164/178 (92%)	Sus scrofa
1944	NM_003279	Homo sapiens troponin C type 2 (fast) (TNNC2), mRNA.	432/545 (79%)	Sus scrofa
1945	NM_213611	Homo sapiens solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; phosphate carrier), member 3 (SLC25A3), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 3, mRNA.	195/207 (94%)	Sus scrofa
1946	NM_000973	Homo sapiens ribosomal protein L8 (RPL8), transcript variant 1, mRNA.	271/326 (83%)	Sus scrofa
1947	NM_003849	Homo sapiens succinate-CoA ligase, alpha subunit (SUCLG1), mRNA.	475/568 (83%)	Homo sapiens
1948	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	351/386 (90%)	Sus scrofa
1949		no match		
1950		no match		
1951	NM_133378	Homo sapiens titin (TTN), transcript variant N2-A, mRNA.	689/775 (88%)	Bos taurus
1952		no match		
1953	NT_033899NT_0091	Homo sapiens chromosome 11 genomic contig, reference assembly.	230/256 (89%)	Sus scrofa
1954	NM_001151	Homo sapiens solute carrier family 25 (mitochondrial carrier; adenine nucleotide translocator), member 4 (SLC25A4), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA.	455/532 (85%)	Sus scrofa
1955	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	434/486 (89%)	Sus scrofa
1956		no match		
1957		no match		
1958	NM_001007553	Homo sapiens cold shock domain containing E1, RNA-binding (CSDE1), transcript variant 1, mRNA.	301/330 (91%)	Bos taurus
1959		no match		
1960		no match		
1961	NM_001824	Homo sapiens creatine kinase, muscle (CKM), mRNA.	233/260 (89%)	Bos taurus
1962	XM_209178	PREDICTED: Homo sapiens similar to QM protein, transcript variant 1 (LOC284393), mRNA.	193/224 (86%)	Sus scrofa
1963	NM_000146	Homo sapiens ferritin, light polypeptide (FTL), mRNA.	267/349 (76%)	Sus scrofa
1964	NM_001020	Homo sapiens ribosomal protein S16 (RPS16), mRNA.	420/515 (81%)	Sus scrofa
1965		no match		
1966		no match		
1967	NW_001838537	Homo sapiens chromosome 1 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188323), whole genome shotgun sequence.	185/212 (87%)	Homo sapiens
1968		no match		
1969	XM_209178	PREDICTED: Homo sapiens similar to QM protein, transcript variant 1 (LOC284393), mRNA.	326/369 (88%)	Homo sapiens
1970	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	339/372 (91%)	Homo sapiens
1971	NM_001885	Homo sapiens crystallin, alpha B (CRYAB), mRNA.	354/411 (86%)	Homo sapiens
1972	NM_003279	Homo sapiens troponin C type 2 (fast) (TNNC2), mRNA.	275/317 (86%)	Homo sapiens
1973		no match		
1974		no match		
1975	NM_001089876	Homo sapiens hCG1983058 (LOC644820), mRNA.	226/283 (79%)	Sus scrofa
1976	NM_005619	Homo sapiens reticulon 2 (RTN2), transcript variant 1, mRNA.	422/494 (85%)	Sus scrofa
1977	NW_001838706	Homo sapiens chromosome 21 genomic contig, alternate assembly (based on HuRef SCAF_1103279188379), whole genome shotgun sequence.	172/190 (90%)	Sus scrofa
1978	NM_005181	Homo sapiens carbonic anhydrase III, muscle specific (CA3), mRNA.	243/287 (84%)	Sus scrofa
1979		no match		
1980		no match		
1981	NM_001040034	Homo sapiens CD63 molecule (CD63), transcript variant 2, mRNA.	134/151 (88%)	Sus scrofa
1982		no match		
1983		no match		
1984		no match		
1985	NM_004046	Homo sapiens ATP synthase, H <sup>+</sup> transporting, mitochondrial F1 complex, alpha subunit 1, cardiac muscle (ATP5A1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 2, mRNA.	340/392 (86%)	Sus scrofa
1986	NM_000258	Homo sapiens myosin, light chain 3, alkali; ventricular, skeletal, slow (MYL3), mRNA.	281/332 (84%)	Sus scrofa
1987		no match		
1988	NM_001824	Homo sapiens creatine kinase, muscle (CKM), mRNA.	347/386 (89%)	Homo sapiens
1989		no match		
1990	NM_005594	Homo sapiens nascent polypeptide-associated complex alpha subunit (NACA), mRNA.	288/322 (89%)	Homo sapiens
1991		no match		
1992	NM_133378	Homo sapiens titin (TTN), transcript variant N2-A, mRNA.	206/239 (86%)	Homo sapiens
1993	NM_001011	Homo sapiens ribosomal protein S7 (RPS7), mRNA.	110/118 (93%)	Homo sapiens

1994		no match		
1995	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	274/298 (91%)	Homo sapiens
1996	XM_209178	PREDICTED: Homo sapiens similar to QM protein, transcript variant 1 (LOC284393), mRNA.	200/227 (88%)	Homo sapiens
1997		no match		
1998	NM_002412	Homo sapiens O-6-methylguanine-DNA methyltransferase (MGMT), mRNA.	208/267 (77%)	Sus scrofa
1999	NM_016496 XM_001131240	Homo sapiens membrane-associate dring finger (C3HC4) 2 (MARCH2), transcript variant 1, mRNA.	254/292 (86%)	Sus scrofa
2000	NM_002954	Homo sapiens ribosomal protein S27a (RPS27A), mRNA.	285/325 (87%)	Sus scrofa
2001		no match		Sus scrofa
2002	XM_209178	PREDICTED: Homo sapiens similar to QM protein, transcript variant 1 (LOC284393), mRNA.	177/192 (92%)	Homo sapiens
2003		no match		Sus scrofa
2004	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	339/380 (89%)	Sus scrofa
2005		no match		Sus scrofa
2006	XM_927555	PREDICTED: Homo sapiens hypo the tical LOC653232, transcript variant 1 (LOC653232), mRNA.	456/528 (86%)	Sus scrofa
2007	NM_001540	Homo sapiens heat shock 27kDa protein 1 (HSPB1), mRNA.	175/215 (81%)	Sus scrofa
2008	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	595/682 (87%)	Sus scrofa
2009	NM_001100	Homo sapiens actin, alpha 1, skeletal muscle (ACTA1), mRNA.	595/682 (87%)	Homo sapiens
2010	NM_000258	Homo sapiens myosin, light chain 3, alkali; ventricular, skeletal, slow (MYL3), mRNA.	324/382 (84%)	Sus scrofa
2011	NM_003281	Homo sapiens troponin I type 1 (skeletal, slow) (TNNI1), mRNA.	259/310 (83%)	Sus scrofa
2012		no match		Sus scrofa
2013	NM_001033503	Homo sapiens SAR1 gene homolog B (S.cerevisiae) (SAR1B), transcript variant 1, mRNA.	130/147 (88%)	Bos taurus
2014		no match		Sus scrofa
2015	NM_139312	Homo sapiens YME1-like 1 (S. cerevisiae) (YME1L1), nuclear geneencoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA.	876/971 (90%)	Sus scrofa
2016	NM_001960	Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 1 delta (guanine nucleotide exchange protein) (EEF1D), transcript variant 2, mRNA.	777/878 (88%)	Sus scrofa
2017	NT_034772	Homo sapiens chromosome 5 genomic contig, reference assembly.	310/336 (92%)	Sus scrofa
2018	NM_003295	Homo sapiens tumor protein, translationally-controlled 1 (TPT1), mRNA.	765/831 (92%)	Sus scrofa

**나. 지방합성 관련 유전자 확보**

cDNA chip제작을 위해 이미 알려져 있는 지방합성 관련 유전자를 확보하고자 하였고 1차 년도에 12개의 지방합성 관련유전자를 확보하였다. 2차 년도에도 1차 년도와 동일한 방법으로 지방합성 관련 유전자를 확보하였다.

**(1) 지방합성 관련 유전자 정보 검색 및 선발**

본 연구에서는 근내 지방 침착 및 삼겹 증대와 관련된 유전자를 확보하기 위해 우선적으로 지방 합성, 수송, 분해 등과 관련된 유전자들에 대한 정보를 검색 및 선발 하였다. 각 유전자들은 이미 지방 합성과 관련하여 많은 연구가 이루어진 중요한 후보 유전자들로서 발현양의 차이나 polymorphism에 의한 분석이 진행되어진 경우도 있다. 2차 년도에는 1차년도와 동일하게 지방 합성과 분해, 분화와 관련된 많은 유전자들 중 10여개의 지방관련 유전자를 더 확보하였다.

**(2) 선발된 유전자 primer 제작 및 합성**

선발된 각 유전자에 대해서는 이미 돼지에서 알려져 있는 염기 서열을 이용하여 primer를 제작 및 합성하였다. Table 3-3-4에 나타낸 바와 같이 이미 알려진 GenBank의 유전정보로부터 forward와 reverse primer를 annealing temperature 가 50℃ 이상이 되도록 제작하고 합성 하였다.

Table 3-3-4 . Primer list of selected genes

Gene	Acc. No	Primer sequence		Annealing	Size
LPL (lipoprotein lipase)	NM_214286	F	ATGGCATTACGAGCGACAT	55℃	427bp
		R	GCACATCCAAGATTTGGCCT		
GPAT (glycerol-3-phosphate acyltransferase)	AY284842	F	TGCATCCTCTTCTCAAGGTTT	53℃	536bp
		R	ATGAGCTTCGCCTCCATCC		
DGAT (diacylglycerol acyltransferase)	AY093657	F	ATGGTTGGATTCAAGGCCA	55℃	632bp
		R	GAAATGGTGACCGTGAGCTT		
ADD1 (adipocyte determination and differentiation-dependent factor 1)	AF102873	F	CAAGCCACTCCAGGACCCC	56℃	45.0bp
		R	CACAGTGCCTCCTCTTCACT		
ADFP (Adipose differentiation-related protein)	DQ066658	F	ATTGCTTCGGTGTGTTGAG	55℃	469bp
		R	GAGTACAGCAGGACTCCAGA		
CART (cocaine- and amphetamine-regulated transcript )	NM_001099925	F	CAGATAGGCTCCGAAGATGGG	55℃	607bp
		R	TGCCTCACTCGAAAGGGAAC		
OB (leptin)	AF026976	F	ACGGAGATTCCTCCGAGCAT	53℃	702bp
		R	TCAGGAATGGGAGTTATTGG		
AMPK (AMP-activated protein kinase beta 1)	XM_001929575	F	TGCACAAATCAGCTACGTG	57℃	427bp
		R	TTTCTCGCCACTGACCAGTA		
TAZ (Histone acetyltransferase p300)	XM_001929213	F	GGTCATACGTGGCTGTGGTT	56℃	534bp
		R	CAGTTGGTTGAGCGTCCCCAA		
ADRB3 (adrenergic, beta-3-, receptor)	NM_001099927	F	CCGGAGCTGCTTACACACAT	56℃	689bp
		R	AGTACAACACTAGCTTCAGAGTTG		

### (3) PCR 증폭으로 probe DNA 확보

합성된 cDNA와 primer를 이용하여 적합한 PCR 조건에 맞춰 PCR 분석을 수행하고, 그 결과를 agarose gel 전기영동으로 확인하였다.

그 결과 Figure 3-3-4와 같이 정확한 size의 결과를 얻을 수 있었다. 이렇게 얻어진 결과들은 밴드의 size를 확인하고 단일 밴드일 경우에는 에탄올 침전으로 DNA를 정제하고 두 개 이상의 밴드는 겔 gel elution 과정을 거쳐 순수한 DNA로 정제 분리하여 cDNA chip 제작에 쓰일 때 까지 -80℃에 보관하였다.

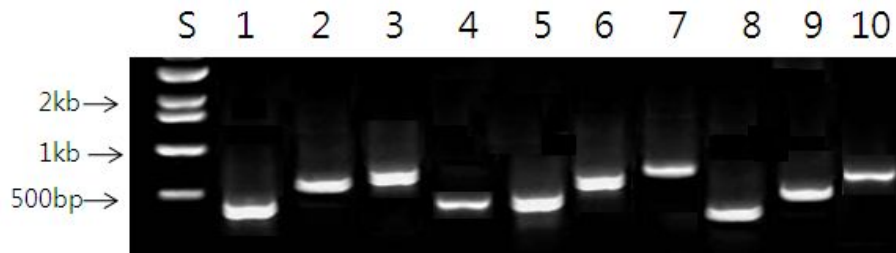


Figure 3-3-4. PCR amplified of selected genes. S; size marker is 1.0kb DNA ladder, 1;LPL, 2;GPAT, 3;DGAT, 4;ADD1, 5;ADFP, 6;CART, 7;OB, 8;AMPK, 9;TAZ, 10;ADRB3.

## 다. 확보된 ESTs를 이용한 돼지 cDNA chip 제작

### (1) 분리된 plasmid DNA의 PCR 증폭 및 정제

확보된 돼지의 ESTs는 cDNA chip 제작에 이용하고자 PCR로서 농도를 증폭하였다. cDNA chip에 이용되는 DNA의 농도는 대략 400ng/ul 로서 50ul 반응액으로 PCR 한 후 전기영동으로 결과를 확인하였고, ethanol 침전법 혹은 cleanup Kit(PCR<sub>96</sub> Cleanup Plates, Millipore)를 이용하여 정제되었다. PCR은 사용된 plasmid DNA의 종류에 따라 pSPORT 일 경우 T7과 SP6 primer를 이용하였고, pBluescript vector인 경우 T3 와 T7 primer를 이용하여 PCR 하였다.

Chip 제작을 위해 증폭한 유전자는 최종으로 2,000개였으며, PCR 증폭한 결과는 Figure 3-3-5에 나타낸 바와 같이 모두 1.0% agarose gel 전기영동분석으로 확인하였다. 정제 후 흡광도로 DNA의 농도를 확인하여 chip 제작에 적합한 농도로 희석하였으며, 농도가 연한 경우 농축하여 적정 농도를 맞추어 이용하였다.

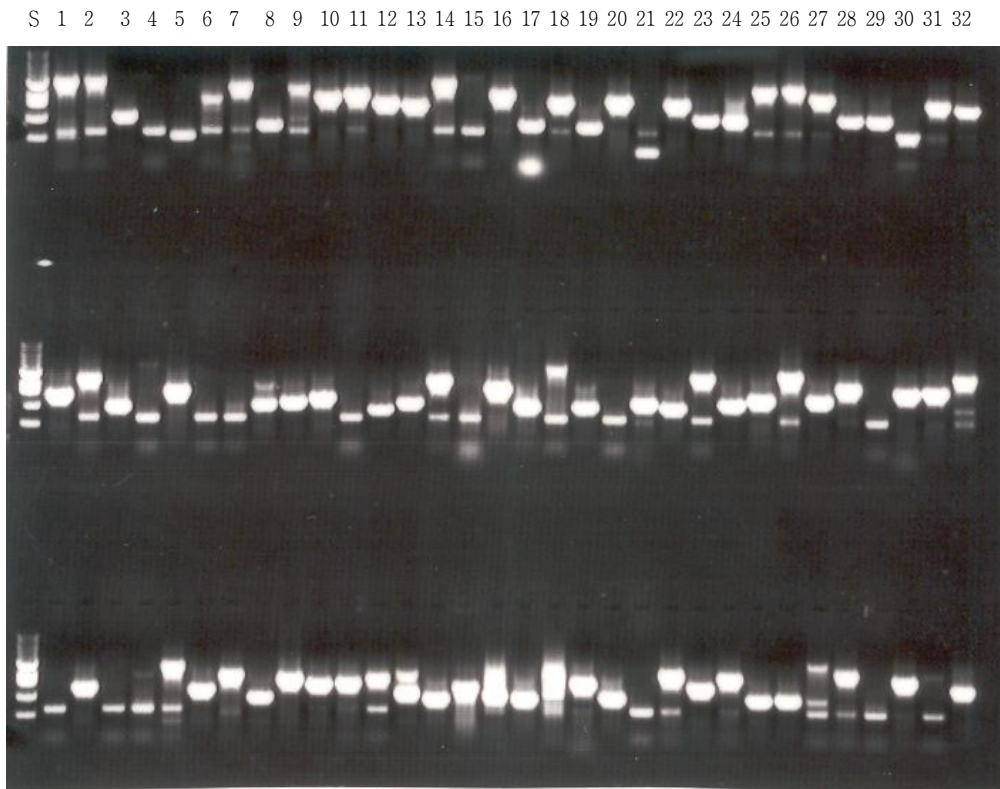


Figure 3-3-5. Amplified DNA fragments by PCR. The DNA samples were electrophoresised in agarose gel and stained with ethidium bromide. Size marker is 100bp DNA ladder.

## (2) 돼지의 cDNA chip 제작

cDNA chip은 제작되어지는 DNA의 농도와 개수, pin의 상태, clone의 위치, slide의 개수 등과 같은 많은 변수가 작용함으로서 여러 번의 반복된 제작과 분석을 통해 chip 제작을 위해 적합한 여러 가지 조건을 맞추어서 지방연관 유전자로 이루어진 2,000 cDNA chip을 제작하였다.

### 라. Target DNA(=probe) 제작

#### (1) 조직으로부터 total RNA 분리

돼지의 지방 연관 유전자를 분석하기 위해 110kg 돼지의 근육과 지방 조직부위를 채취하였다. 조직으로부터 total RNA를 분리하는 과정은 앞에서 설명한 바와 동일하게 진행되었다. 분리된 total RNA를 1.3% formaldehyde gel 전기영동으로 확인하고(Figure 3-3-6), spectrophotometer에서 흡광도(A260/280)를 측정하여 농도와 순도를 확인하였다.

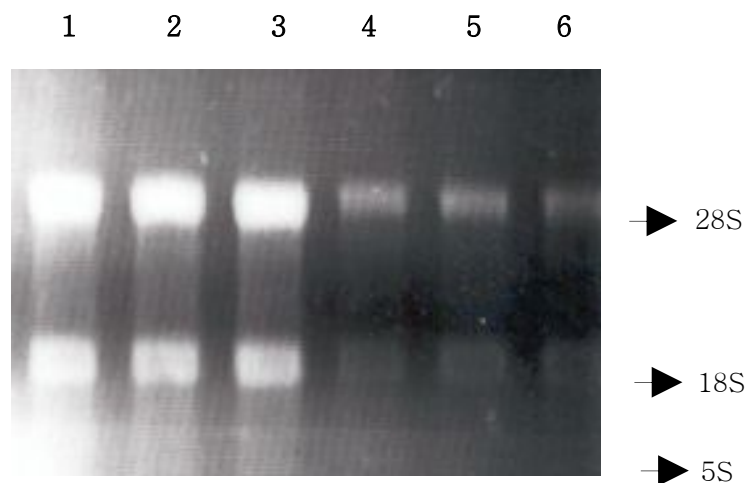


Figure 3-3-6. Total RNA isolated from tissues of pig. 1-3;muscle, 4-6;fat

#### (2) Probe 제작

분리된 total RNA는 제작된 chip 위에 hybridization을 하기 위해 probe로 이용하였다. 제작된 chip에 지방과 연관된 유전자를 얻기 위해 여러 번에 걸쳐 chip hybridization 분석을 수행하였다.

돼지의 지방과 연관된 유전자를 확보하기 위해 110kg 돼지의 근육과 지방 조직에서 total RNA를 분리하여 Cy3 와 Cy5를 붙여 probe로 만들어 chip 분석에 이용하였다. 돼지의 지방과 연관된 유전자를 분석하기 위해서는 지방과 근육 차이에 따른 분석이 이루어져야 하므로 근육과 지방조직을 이용하여 probe를 제작하였다.

## 마. DNA chip 분석 및 지방연관 유전자 확보

### (1) DNA chip 분석

돼지의 지방관 연관된 유전자를 확보하기 위해 110kg돼지의 지방과 근육조직 간에 chip hybridization 분석을 수행하였다.

Figure 3-3-7은 2,000개 clone이 찍힌 chip으로 지방관 근육을 probe로 하여 DNA chip 분석을 수행한 결과를 나타내는 것이다. 지방 조직은 Cy3로 label 하였고, 근육조직은 Cy5로 label 하여 두 성장 단계에서 발현되어지는 유전자를 비교 분석할 수 있었다.

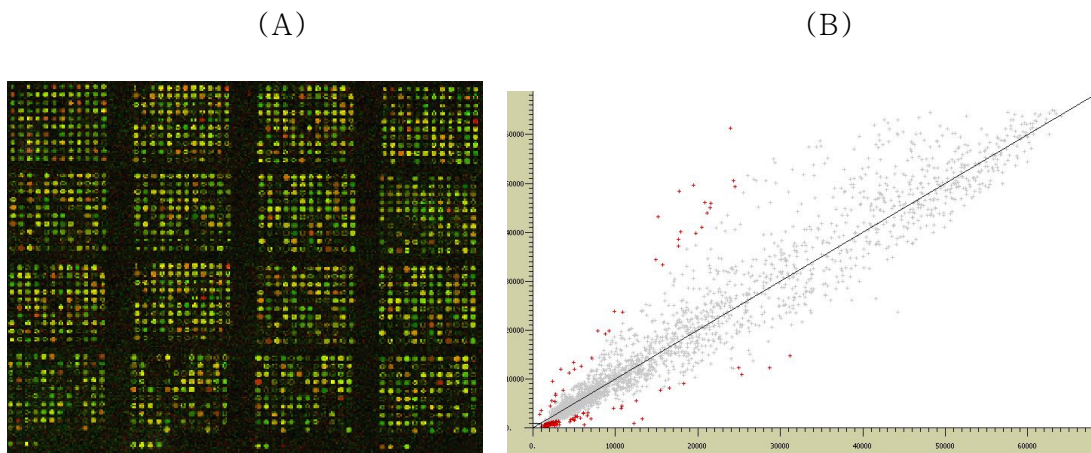


Figure 3-3-7. Chip image was hybridized to cy3 and cy5 probes from muscle and fat of 110kg pig. A and B ; same to upper figure

### (2) DNA chip을 이용한 지방연관 유전자 확보

2,000개의 clone을 이용하여 제작된 cDNA chip을 이용하여 지방연관 유전자를 확보하기 위해 110kg돼지의 근육과 지방 조직으로부터 hybridization 분석을 수행하였다. 분석결과, 지방과 관련된 90개 유전자를 확보할 수 있었다.

DNA chip 분석을 통해 지방과 관련된 유전자로 확인된 clone은 각각 Table 3-3-5 ~ 6에 나타낸 바와 같다. Table의 expression ratio 값은 비교하는 대조구와 시험구 두 집단 간의 cDNA chip 상에서의 발현되어지는 양을 비교하기 위해 Cy3/Cy5 로 계산되어진 것으로서 그 값이 2보다 클수록, 0.5보다 작을수록 서로 발현되어지는 양의 차이가 크게 나타나는 것을 확인할 수 있다. 여기에서는 지방과의 연관성을 확인하기 위해 여러 번 비교 분석한 값 중 1개를 나타내는 것으로서 모두 유의적인 값을 나타내고 있다.



Table 3-3-5 . Genes of over expression in muscle at 110kg bodyweight according to 2000cDNA chip analysis between muscle and fat

Acc.no	Description	Ratio*
AAX37027	actin alpha 1 [synthetic construct].	0.030302
ABC75829	beta-enolase 3 [Sus scrofa].	0.030871
NP_001037992	enolase 3 [Sus scrofa].	0.034291
AAW79052	alkali myosin light chain 3 A2 catalytic [Sus scrofa].	0.037624
EDL96714	actin, alpha 1, skeletal muscle, isoform CRA_a	0.037988
AAX37027	actin alpha 1 [synthetic construct].	0.046754
BAA82146	myosin heavy chain 2x [Sus scrofa].	0.052176
NP_001006592	myosin regulatory light chain 2 [Sus scrofa].	0.058265
BAD15378	troponin T fast skeletal muscle type [Sus scrofa].	0.062366
ABF57019	muscle 6-phosphofructokinase [Sus scrofa].	0.063559
XM_859853	PREDICTED: Canis familiaris tropomyosin, transcript variant 8(TPM1), mRNA.	0.066922
	no match	0.101526
BC104538	Bos taurus tropomyosin 2, mRNA (cDNA clone MGC:129100 IMAGE:8121892), complete cds.	0.107011
XP_539957	PREDICTED: similar to ankyrin 1 isoform 3 [Canis familiaris].	0.136215
AAI02590	Unknown (protein for MGC:127711) [Bos taurus].	0.139637
XP_521550	PREDICTED: similar to alpha-smooth muscle actin [Pan troglodytes].	0.151192
NM_001007192	Sus scrofa adiponectin receptor 2 (ADIPOR2), mRNA.	0.178776
XP_001491713	PREDICTED: similar to developing brain homeobox 1 [Equus caballus].	0.226333
NP_001013608	tropomyosin 1 alpha chain [Bos taurus].	0.227753
Q5XLD3	Creatine kinase M-type (Creatine kinase M chain) (M-CK).	0.239302
AY609859	Sus scrofa clone Clu_36198.scr.msk.p1.Contig1, mRNA sequence.	0.242437

\* Ratio is value that divide at 110kg (Cy5) by expressed level at 60kg (Cy3)

Table 3-3-6 . Genes of over expression in fat at 110kg bodyweight according to 2000cDNA chip analysis between muscle and fat

Acc.no	Description	Ratio*
NP_001034835	fatty acid binding protein 5 [Sus scrofa].	3.015949
AB239589	Pyrus pyrifolia var. culta PsS-AIV1 mRNA for Soluble acid invertase, complete cds.	3.029332
AK232419	Sus scrofa mRNA, clone:LVR010042C12, expressed in liver.	3.135424
XM_874741	Bos taurus similar to thioredoxin interacting protein isoform 2, transcript variant 5 (LOC506790), mRNA	3.145358
XM_876108	PREDICTED: Bos taurus similar to Heterogeneous nuclearrribonucleoprotein G (hnRNP G) (RNA-binding motif protein, X chromosome) (Glycoprotein p43), transcript variant 10 (LOC509591), mRNA.	3.18707
NP_001030178	ribosomal protein L17 [Homo sapiens].	3.374504
CAA75004	ferritin H chain [Gallus gallus].	3.445365
AF486866	Sus scrofa breed Landerace mitochondrion, complete genome.	3.468974
NM_002568	Homo sapiens poly(A) binding protein, cytoplasmic 1 (PABPC1), mRNA.	3.50404
AK172810	Homo sapiens cDNA FLJ23971 fis. clone HEP18208.	3.5184
NM_003118	Homo sapiens secreted protein, acidic, cysteine-rich (osteonectin) (SPARC), mRNA.	3.523841
	no match	3.64741
XP_001167427	PREDICTED: similar to Ribosomal protein L35a isoform 4 [Pan troglodytes].	3.766447
XP_001114353	PREDICTED: similar to Myosin light chain 1, slow-twitch muscle A isoform (MLC1sa) (Alkali) isoform 2 [Macaca mulatta].	3.784747
AAA67217	beta-galactosidase alpha peptide.	3.960752
	No match	4.000632
AAA73456	beta-galactosidase alpha peptide [Cloning vector pSport1].	4.323154
NP_777140	ribosomal protein L3 [Bos taurus].	4.516538
	no match	4.527881
	no match	4.573378
AAB66596	connective tissue growth factor precursor [Bos taurus].	4.75364
BN000245	TPA_inf: Sus scrofa mRNA for putative ISG12(a) protein (ISG12(a) gene).	4.924721
AK240082	Sus scrofa mRNA, clone:UTR010028H12, expressed in uterus.	5.029669
NP_001019807	ferritin, light polypeptide [Canis familiaris].	5.129891
AAA53120	beta-galactosidase-complementation protein.	5.492106
XM_612582	PREDICTED: Bos taurus non-muscle myosin heavy chain (LOC404108), partial mRNA.	5.726442
NM_001017950	Bos taurus follistatin-like 1 (FSTL1), mRNA.	5.960592
AAV53484	endonuclease reverse transcriptase [Bos taurus].	6.121159
	no match	6.390039
NP_001033227	px19-like protein [Bos taurus].	7.139674
NM_174839	Bos taurus AE binding protein 1 (AEBP1), mRNA.	7.158199
AK237425	Sus scrofa mRNA, clone:SPL010042H09, expressed in spleen.	8.703182
P20305	Gelsolin precursor (Actin-depolymerizing factor) (ADF) (Brevin).	8.726518
XP_527436	PREDICTED: similar to elongation factor 1 alpha [Pan troglodytes].	9.148412
XP_588040	PREDICTED: similar to Collagen alpha 1(III) chain precursor isoform 1 [Bos taurus].	9.212178
AY641834	Gekko japonicus GekBS013P mRNA, complete cds.	9.452286
CT476832	Pig DNA sequence from clone XX-BE284E13 on chromosome 11, complete sequence.	9.653086
XM_588040	PREDICTED: Bos taurus similar to Collagen alpha 1(III) chain precursor, transcript variant 1 (LOC510833), mRNA.	9.728304
AC146389	Pan troglodytes BAC clone RP43-143J12 from 7, complete sequence.	10.152874
AK231261	Sus scrofa mRNA, clone:ITT010025D10, expressed in intestine.	10.208241
NM_001040474	Bos taurus glutamate-ammonia ligase (glutamine synthase) (GLUL), mRNA.	10.459579
NP_001003090	alpha 1 type I collagen [Canis familiaris].	10.709492
CAA39807	vimentin [Mus musculus].	11.260574
XM_858055	PREDICTED: Canis familiaris similar to Collagen alpha 1(III) chain precursor, transcript variant 12 LOC478835), mRNA.	11.40239
NM_001031794	Sus scrofa SPARC protein (SPARC), mRNA.	12.16627
O46392	Collagen alpha-2(I) chain precursor.	12.232784
AK237425	Sus scrofa mRNA, clone:SPL010042H09, expressed in spleen.	12.904169
XP_542303	PREDICTED: similar to diacylglycerol O-acyltransferase 2 [Canis familiaris].	12.957079
AK237425	Sus scrofa mRNA, clone:SPL010042H09, expressed in spleen.	13.628938
AY641834	Gekko japonicus GekBS013P mRNA, complete cds.	13.890206
CAA49832	pro1 collagen type III [Rattus norvegicus].	14.130821
XP_863148	PREDICTED: similar to Collagen alpha 1(III) chain precursor isoform 12	14.277909
	no match	14.363244
NP_001003090	alpha 1 type I collagen [Canis familiaris].	15.144587
XM_001105968	PREDICTED: Macaca mulatta collagen type III alpha 1 (COL3A1), mRNA.	15.22623
	no match	15.253687
NP_001003187	alpha 2 type I collagen [Canis familiaris].	16.81515
O46392	Collagen alpha-2(I) chain precursor.	17.054999
AC104481	Sus scrofa clone RP44-361I24, complete sequence.	17.134059
NP_001003090	alpha 1 type I collagen [Canis familiaris].	17.38467
AAU85387	annexin A2 [Sus scrofa].	17.923434
NP_001003090	alpha 1 type I collagen [Canis familiaris].	18.629994
AAH36531	Collagen, type I, alpha 1 [Homo sapiens].	18.786326
DQ156120	Bos taurus adipocyte complement related 30kDa protein (APM1) gene, exons 2, 3 and complete cds.	20.888645
AM259122	Danio rerio mRNA for collagen XV alpha 1 chain (col15a1 gene), isolated from embryo.	21.28697
NM_213781	Sus scrofa stearoyl-CoA desaturase (SCD), mRNA.	21.740572
AY487830	Sus scrofa stearoyl-CoA desaturase (SCD) gene, exons 1 through 6 and complete cds.	23.251442
AAG35549	PRO1933 [Homo sapiens].	30.321523

\* Ratio is value that divide at 110kg (Cy5) by expressed level at 60kg(Cy3)

## 제 4 절 선발된 지방 특이 유전자 특성 분석

### 1. 연구 내용

#### 가. 실험동물 확보 및 조직 채취

실험동물은 경남 산청군 산청읍에 소재하고 있는 산청솔잎흑돼지(대표 : 서상식)에서 동일한 사양관리 방법으로 사육된 흑돼지를 선발하여 3년차에 필요한 돼지들의 조직(등심, 삼겹살, 안심, 지방, 심장, 폐 등) 및 혈액을 채취 한다.

#### 나. 확보된 유전자의 염기서열 분석

2차 년도에서 chip에서 확보된 유전자 중 Genbank에 아직 등록되어 있지 않은 신규 유전자에 대해 full-sequencing 한다. 선발된 유전자들은 Figure 1과 같은 pCNS-D2 vector에 실려 있으므로 pCNS-D2 vector의 특이한 primer들을 이용하여 염기서열을 분석 한다.

유전자의 염기서열 분석은 BigDye terminator(Applied Biosystems, USA)와 SP6, T7 primer를 이용하여 Table 1과 같은 조건으로 PCR(PE9600/9700, Applied Biosystems, USA)을 수행 한다. PCR로 증폭된 DNA는 에탄올침전 혹은 Sequencing Reaction Cleanup Kit(Montage™ SEQ<sub>96</sub>, Milipore, USA)를 이용하여 정제하고 20 $\mu$ l Injection solution(Milipore, USA) 혹은 HiDi-formamide(Applied Biosystems, USA)에 녹여 ABI3100 XL Genetic Analyzer(Applide Biosystems, USA)에서 염기서열을 분석한다.

Table 3-4-1. BigDye terminator cyclic sequencing reaction conditions

PCR reagent condition		PCR thermal condition
Terminator Ready Reaction Mix	2.0 $\mu$ l	96 $^{\circ}$ C 10"(denaturation)
Template(Plasmid DNA)	1.0 $\mu$ l (300~500ng)	50 $^{\circ}$ C 5"(annealing)
Primer(SP6, T7)	2.0 $\mu$ l (1.6pmol)	60 $^{\circ}$ C 4'(extention)
dH <sub>2</sub> O	5.0 $\mu$ l	
Total volume	10 $\mu$ l	25 cycles

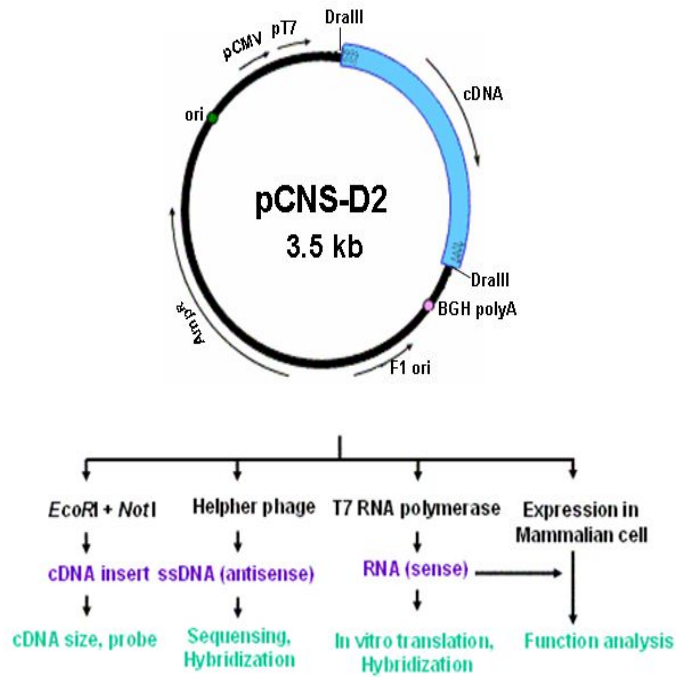


Figure 3-4-1. Multi-functional pCNS-D2 vector

#### 다. 지방관련 유전자의 발현양상 분석

Chip 분석을 통하여 선발된 유전자의 재현성 확인을 위해 성장단계별, 기관별 조직에서 RNA를 분리 cDNA를 합성하여 RT-PCR을 수행한다.

##### (1) Total RNA 분리

각 조직으로부터 total RNA는 TRIzol reagent(Life Technologies)를 이용하여 최적의 방법에 따라 분리한다. 막자사발에서 액체질소와 함께 분쇄한 0.1 ~ 0.2g 조직에 trizol reagent 2ml을 첨가하여 homogenizer로 분쇄하고 잘 혼합하여 1.5ml E-tube로 1ml씩 분주한다. 실온에 10분 동안 방치하고 12,000rpm에서 10분 동안 원심 분리하여 침전물인 세포 잔여물(cell debris) 부분을 제외한 용액을 새로운 튜브로 이동시킨다. 200 $\mu$ l 클로로포름을 첨가하고 원심분리로 상층액만을 이동시켜 500 $\mu$ l 이소프로판올을 첨가하여 침전된 RNA를 얻고 70% 에탄올로 세척 한다. RNA의 농도는 흡광도로 측정하고, 1.5% 포름아마이드 겔(fomamide gel)에서 전기 영동하여 확인한다.

##### (2) cDNA 합성

분리된 total RNA로 부터 Superscript II Rverse Transcriptase (Invitrogen, Germany)를 이용하여 first strand cDNA를 한다. 각 조직으로부터 추출된 5 $\mu$ g의 total RNA에 대해서 1 $\mu$ l 올리고 d(T) primer(Invitrogen, Carlsbad, CA), DEPC-water에 녹인 1 $\mu$ l의 10mM dNTPs(Promega), 4 $\mu$ l의 5X

First strand Buffer(Invitrogen, Carlsbad, CA), 2 $\mu$ l의 10mM DTT(Invitrogen), 1 $\mu$ l의(33U) RNase Inhibitor (Invitrogen), 1 $\mu$ l (200U) SuperScript Reverse Transcriptase II (Invitrogen), 그리고 RNase free water를 잘 혼합하여 20 $\mu$ l로 반응 한다. RT 단계는 42 $^{\circ}$ C에서 1시간동안 인큐베이션하고, 다음으로 70 $^{\circ}$ C에서 15분 동안 가열한 후, 1 $\mu$ l RNase H 을 첨가하고 37 $^{\circ}$ C에서 20분 동안 배양하여 마지막으로 4 $^{\circ}$ C에서 저장 보관 하도록 한다.

### (3) Primer 제작

RT-PCR을 수행하기 위하여 각 유전자에 맞는 primer를 제작한다. primer의 제작은 이미 염기서열이 분석되어 있는 유전자의 염기서열을 확인 한 다음 500bp-700bp의 크기로 CDS부분의 양쪽끝에서 18-19의 염기로 이루어진 primer를 제작한다.

### (4) RT-PCR

RT-PCR은 1 $\mu$ l의 합성된 cDNA, 1.5  $\mu$ l, 10X PCR-buffer, 1  $\mu$ l 15mM MgCl<sub>2</sub>, 1.2 $\mu$ l의 2.5mM dNTPs(Promega), 1 $\mu$ l의 각 primer(10pmol), 0.2 $\mu$ l의 Taq DNA Polymerase (Promega, Heidelberg, Germany) 그리고 9.2 $\mu$ l의 DEPC-ddH<sub>2</sub>O로 15 $\mu$ l를 혼합액으로 반응한다.

PCR 반응액으로 수행한 PCR 조건은 다음과 같다. 95 $^{\circ}$ C에서 3분 반응하고 난 뒤, 94 $^{\circ}$ C에서 30초, 55 $^{\circ}$ C에서 30초, 72 $^{\circ}$ C에서 1분 동안 30 사이클 반응하고, 마지막으로 72 $^{\circ}$ C에서 10분 반응하여 4 $^{\circ}$ C에서 저장한다. 역전사 반응 없이 앞의 반응과 동일한 과정을 거친 음성 대조군을 얻고, 내부 대조군으로서 RT-PCR을 수행한다. 18S rRNA 유전자 (Accession no. AF102857)로서 이 분석의 양성 대조군을 잡아 준다. 반응산물은 EtBr(Sigma, Steinheim, Germany)이 첨가된 1% 아가로오스 겔 전기영동으로 유전자의 발현량을 확인한다.

### (5) 통계분석

RT-PCR로 증폭된 발현량을 정량하고, 발현량의 차이를 확인하기 위하여 SAS program version 9.1(2002)의 ANOVA에 의한 분산분석(analysis of variance)을 실시한 후 던칸의 다중범위 검증 (Duncan's multiple range test)을 통하여 유의성을 확인한다.

## 라. 지방관련 유전자의 단백질 분석

앞에서 서술한 RT-PCR방법을 이용하여 선발한 유전자의 단백질 발현양상을 확인하기 위하여 성장단계별, 조직별, 품종별 별로 Western Immunoblotting 실시한다. Western Immunoblotting은 다음과 같은 순서로 진행한다.

### (1) Blot 제작을 위한 sample 준비 및 정량

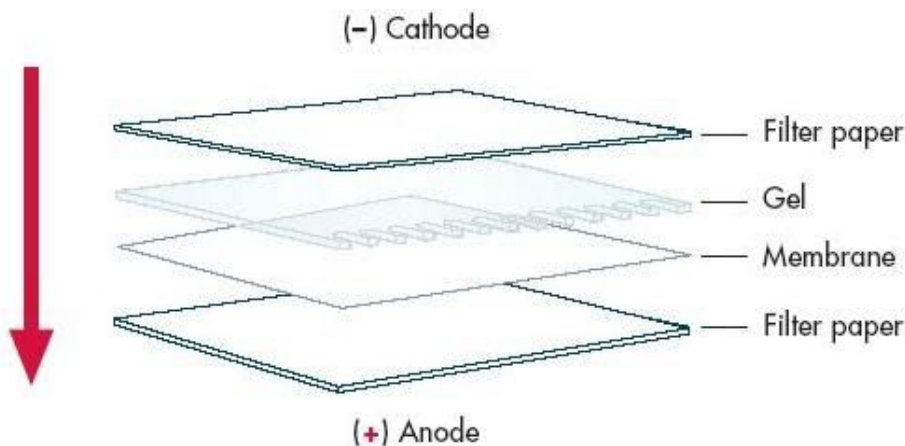
분석하고자 하는 조직을 개체별, 부위별로 채취하고 Protein Lysis buffer를 넣어 잘 풀어 준 뒤에 얼음에서 10분간 정치를 시킨 후 Sonicator나 혹은 Homogenizer에서 미세하게 분쇄한 후 세포가 파괴되고 세포 내부물질과 단백질이 용출되면 저온 초원심분리기를 이용하여 14,000rpm 4℃에서 10분간 원심 분리를 하고 필요 없는 세포 덩어리나 불순물들은 버리고 상층액만을 취하여 새 튜브에 옮겨 담는다. 상층액 내에 단백질이 녹아있으며 이 단백질량을 Bradford assay 정량방법을 이용하여 단백질의 농도를 측정하여 실험에 사용한다.

### (2) Blot 제작을 위한 전기영동 분석 및 확인

10 ~ 15% SDS-PAGE gel을 굳혀 준비하고, 정량된 단백질을 균일한 양으로 Loading한 후 100V에서 2시간동안 전기영동 한다. Coomassie Blue R250시약으로 gel을 2시간 동안 염색시키고 destaining solution 1과 2를 이용하여 1시간동안 단백질외의 gel상의 염색시약들을 제거하고 단백질만이 염색되었을 때 단백질의 순수도와 깨어진 상태 등을 확인한다. 전기영동이 잘 이루어진 것이 확인된 단백질은 transfer와 blocking 실험에 이용한다.

### (3) Gel Transfer & Blocking

확인된 단백질들은 100V에서 3시간동안 전기영동한 후 준비되고, 3MM paper와 PVDF membrane은 메탄올에 1시간동안 적시고 다시 1x transfer buffer에 담겨 준비한 다음, 1x transfer buffer를 transfer buffer tank에 채우고 4℃ 100V에서 2시간동안 전기를 흘려서 단백질을 gel 상에서 membrane으로 아래의 그림과 같이 이동시킨다. 그런 다음 PVDF membrane을 non fat milk solution에서 blocking 시킨 후 TTBS 시약에 세척하여 단백질 발현양상을 확인하기 위한 단백질 blot을 제작한다.



#### (4) Hybridization & Development

제작해 둔 Western blot을 blocking solution에 BSA를 첨가하고 2 hr~o/n 적신 후 blocking solution에 각 유전자의 frist antibody를 처리하고 25°C에서 1시간동안 흔들여 준다. TTBS buffer로 15 분씩 3회 세척 후 다시 second antibody를 처리 하고 25°C에서 1 시간동안 흔들여 주고 blocking solution을 제거하고 TTBS buffer에 15min씩 3회 씻어 준 후 3MM paper에서 물기를 제거 한다. 물기를 제거한 blot을 Amersham 회사의 ECL이라는 발광시료A, B를 섞어서 hybridization된 blot에 적신 후 암실로 이동하여 X-ray film으로 현상하여 각 유전자의 단백질 수준에서의 발현양상을 확인 분석한다.

#### 마. DEG(Differentially Expressed Genes)분석

지방합성 관련 유전자를 추가적으로 확보하기 위해 당초 계획에는 없었으나 집단 간의 양적 차이를 효과적으로 분석 할 수 있는 최근 분석기법으로 확인 한다. 그래서 3년차에는 최근 다양하게 접근하고 있는 분자생물학적 방법의 하나인 Genefishing 기법을 이용하고자 한다. 이 방법은 비교하고자 하는 집단이나 개체 간에 유전자의 발현양적 차이가 나타나는 특이적인 유전자를 확보하는 획기적인 방법으로 이용되고 있다. GeneFishing DEG 분석방법은 2004년에 개발되어 2가지 또는 그 이상의 시료(nucleic acid) 사이에서 서로 다르게 발현되는 유전자 (DEGs: Differentially Expressed Genes)를 탐색할 수 있다. 이 방법은 동위원소사용 없이 agarose gel에서도 PAGE와 동등한 좋은 결과를 얻을 수 있고, direct cloning이 용이하며, 단시간 내에 관심 있는 유전자를 찾을 수 있다. DEG 분석은 다음과 같은 순서로 진행한다.

##### (1) Total RNA 분리

비교 대상이 될 조직에서 total RNA를 분리한다. 분리 방법은 앞에서 서술한 cDNA 합성의 total RNA 분리 방법과 동일한 방법으로 진행한다.

##### (2) ACP를 이용한 cDNA 합성

분리한 Total RNA는 ACP(Annealing Control Primer를 이용하여 cDNA를 합성한다. Total RNA 3 $\mu$ l과 10 $\mu$ M dT-ACP1, RNase-free water(DEPC Water) 5.6 $\mu$ l, total Volume 9.5 $\mu$ l 취하여 80°C에서 3분간 배양시켰다가 다시 2분간 ice에 식힌다. 5X RT buffer, 10 $\mu$ M dNTP, 0.1M DTT, DEPC water, RNase inhibitor(40u/ $\mu$ l), M-MLV reverse transcriptase(200u/ $\mu$ l)를 첨가한 후 incubator에 42°C 90분, 94°C 2분간 반응시켜 first-strand cDNA를 합성한다. 합성된 total 20 $\mu$ l cDNA를 DEPC water80 $\mu$ l를 넣어 완전히 녹인다.

##### (3) Annealing Control Primer based PCR

First-strand cDNA를 합성한 다음 10개의 arbitrary primer, dT-ACP2 primer를 이용하여 second-stand cDNA를 한다. cDNA 7 $\mu$ l, 5mM arbitrary ACP primer 2 $\mu$ l, 10mM dT-ACP2 1 $\mu$ l, 2X SeeAMP Master Mix 10 $\mu$ l 로 구성하여 총 20 $\mu$ l를 PCR 반응 시킨다(Genefishing DEG kit, seegene,

Korea). PCR은 Gene Amp PCR system 9700을 이용하여 94℃ 5분, 50℃3분, 72℃ 1분 1회 반응하여 second-stand cDNA 합성한 후 94℃ 40초, 65℃ 40초, 72℃ 40초 동안 40회를 실시한다.

#### (4) Gel Extraction

PCR product는 2% agrose gel에 전기영동을 실시하여 결과를 확인하여 발현의 차이가 나타나는 band를 잘라서 Gel Extraction Kit( QIAquick, USA)를 이용하여 DNA를 추출한다. Gel Elution Kit(QIAquick, USA)를 이용하여 순수 DNA를 분리 한 다음 QG Buffer를 각 sample에 300 $\mu$ l 취하여 Agarose Gel이 녹을때 까지 50℃ incubate에 넣어 놓고 2~3분마다 tapping을 해준다. 완전히 녹인 gel을 isopropanol 100 $\mu$ l 취하고 섞어준다. QIAquick Spin column을 tube에 끼운 후 1분간 원심 분리시켜 상층액을 버리고 다시 QG Buffer 500 $\mu$ l 취한 후 13,000rpm에서 원심분리 한다. 상층액은 버리고 PE Buffer 750 $\mu$ l를 첨가한 후 원심 분리한 상층액은 버리고 column에 녹아있는 DNA를 깨끗한 3차 증류수에 녹인다.

#### (5) Re-Amplification

분리한 특이 DEG band는 농도가 적으므로 일정농도로 증폭시키기 위한 재 PCR을 실시한다. PCR후 Gene Amp PCR system 9700 PCR 기계를 이용하여 Initial cycle 94℃ 5분, 1 cycle, Denaturation 94℃ 40초 Annealing 65℃ 40초 Extension 7℃ 40초로 전체 35 cycle을 반복한 다음, 마지막으로 72℃ 7분 동안 연장반응 시킨다.

#### (6) 전기영동

증폭된 DNA를 electrophoresis 을 이용하여 Agarose gel을 완충용액(10Xbuffer) 속에 담고 양쪽에 전극을 넣어 증폭된 DNA를 통과시켜 IMAGING System(Kodak, US)를 통해 band를 확인한 후 Ethanol down을 실시한다.

#### (7) sequencing 과 blast searches

Ethanol down 시킨 DNA의 sequencing PCR의 조건은 96℃ 2분, 72℃ 10분, 96℃ 10초, 50℃ 5초, 60℃ 4분 동안 28회를 실시한다. DNA 1 $\mu$ l, Big dye<sup>®</sup> Terminator V 3.1 1 $\mu$ l, 5X buffer 2 $\mu$ l, 5'-RACE Primer 1 $\mu$ l, dH<sub>2</sub>O 5 $\mu$ l 혼합한 다음 ABI3130XL를 이용하여 염기서열을 분석 한다.(Applied Biosystems, U.S.A). 그런 다음 확인된 염기서열은 NCBI GenBank([www.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.ncbi.nlm.nih.gov))의 blast 검색을 이용하여 기존에 밝혀진 유전자와의 유사성을 확인하여 어떤 유전자 인지 확인한다.

### 바. 지방관련 유전자의 Methylation 분석

Methylation 분석 또한 당초 계획에는 없었으나 유전자 선발의 정확도를 높이고자 이 분석법을 이용 하고자 한다. 우리는 현재까지 DNA염기서열의 변화와 재조합만이 형질 변화의 원인으로 생각되어 왔다. 그러나 DNA의 염기서열이 변하지 않더라도 유전자 기능이 변하며 이 변화는 어비로부터 자손에게 전해질 수 있다는 연구결과가 속속 발표 되고 있다. Epigenetics는 바로 이러한 현상, 즉 DNA 염기서열의 변화가 없이도, 유전자 발현패턴 및 유전자 발현활성이 변화되고, 이것이 다음 세대로 유전되는 현상을 연구하는 새로운 영역의 학문이라고 할 수 있다. 일반적인 유전학관점에서 중요한 현상은 염기가 바뀌는 돌연변이가 있지만, epigenetics에서는 염기에 메틸기가 붙는 메틸화(methylation)에 의해서도 유전자발현 패턴이 변화될 수 있



다는 것이다. 만일 특정 유전자의 발현을 개시하게 되는 프로모터 부위의 CpG island가 메틸화되어있다면 그 특정 유전자의 발현이 억제될 수 있기 때문이다.

이러한 methylation 분석을 이용하여 지방에 연관되어져 있는 유전자의 정확한 선발을 위해 선발되어질 유전자에 대하여 프로모터 부위 CpG island를 증폭하고 methylation 정도를 확인한다. methylation 분석은 다음과 같이 진행한다.

(1) 조직으로부터 genomic DNA 분리

채취한 돼지 조직(0.5g)을 E-tube에 넣고 세포를 부쇄 주는 lysis buffer 0.6ml을 넣고 잘 섞어 준다. ICE에 tube를 잠시 둔 후 37°C 항온수조에 10분 동안 배양하고 5 ~ 6회 반복해서 잘 혼합되도록 흔들어준다. 그런 다음 Phenol/Chloroform/Isoamylalcohol 0.5ml을 넣고 vortex하고 tube를 잘 흔들어서 phenol 성분이 샘플과 잘 혼합되도록 하고 13,000rpm에서 10분 동안 원심분리하고 상층액 부분만을 새로운 E-tube로 옮긴다. 이 과정을 1~2회 정도 반복한 후 Chloroform/Isoamylalcohol 0.5ml을 첨가하여 잘 혼합하고 원심분리한 후 상층액만을 새로운 tube로 옮겨 담는다. 새로운 E-tube에는 맑고 투명한 용액만이 남게 되는데 여기에 100% Ethanol과 3M Sodium acetate를 넣어 DNA만을 엉기게 만들어 주어 원심분리로 침전시킨다. 침전된 DNA에 75% ethanol 0.5ml 넣고 원심분리 후 침전된 DNA만 남기고 용액부분을 모두 제거한다. 완전히 건조된 게놈 DNA에 3차 증류수를 넣고 잘 녹여준 후 실험에 적합한 농도로 희석해서 사용한다.

(2) Bisulfite reaction

분리 되어진 genomic DNA Table 3-4-2와 같이 Bisulfite를 처리하고 조건은 Table 3-4-3과 같다.

Table 3-4-2. Bisulfite reaction components

Component	Volume per reaction(μl)
DNA solution(1ng - 2ng)	Variable*(maximum 20μl)
RNase free water	Vareable*
Bisulfite Mix(dissolved), see step 1	85
DNA Protect Buffer	35
Total volume	140

Table 3-4-3. Bisulfite conversion thermal cycler conditions

Step	Time	Temperature
Denaturation	5min	95°C
Incubation	25min	60°C
Denaturation	5min	95°C
Incubation	85min(1h, 25min)	60°C
Denaturation	5min	95°C
Incubation	175min(2h, 55min)	60°C
Hold	Indefinite <sup>+</sup>	20°C

### (3) PCR 및 sequencing

실험대상이 되는 유전자를 선발하고 그 유전자의 특이적인 primer를 이용하여 PCR을 수행하여 유전자를 많이 확보 한 다음 sequencing을 통해 Methylation정도를 분석한다.

#### 사. 지방관련 유전자를 이용한 진단기술 개발

앞에서 설명한 실험방법들의 통하여 진단기법개발에 활용할 지방연관 유전자를 선발한다. 진단 기법은 유전자형을 분석하여 조기진단에 활용할 수 있는 방법과 유전자형 기법으로 선발된 돼지의 도축 시 출하시기를 조절할 수 있는 유전자 진단기술 2가지로 개발한다. 진단기법의 개발 방법은 다음 같다.

##### (1) 유전자형 분석으로 조기진단 기법 개발

지방합성과 관련성이 있다고 선발되어진 유전자의 SNP를 이용하여 유전자형을 분석 후 PCR-RFLP 진단기법과 AS-PCR 진단기법을 개발하고 약 300두정도의 돼지를 사용하여 경제형 질과의 연관성을 찾아 PCR-RFLP 진단기법과 AS-PCR 진단기법의 정확도성을 검증한다. 유전자형 진단기법의 방법은 다음과 같다.

##### (가) 혈액으로부터 DNA 추출

돼지로부터 채취한 혈액은 genomic DNA purification kit(Promega, USA)를 이용하여 순수 DNA를 추출한다. 추출방법은 혈액 300 $\mu$ l을 취하여 1.5ml E-tube에 넣고 Cell lysis solution 900 $\mu$ l과 혼합하여 10분 동안 상온에 방치한다. 원심분리기로 3분간 원심분리한 후, 흰색의 침전물이 생기면 붉은 색의 상층액을 10 ~ 20 $\mu$ l만 남기고 상층액 부분을 모두 제거한다. 흰색의 침전물과 남은 상층액은 vortex를 이용하여 잘 섞어준 다음 Nuclei Lysis solution 300  $\mu$ l을 첨가하여 끈적끈적한 용액을 잘 풀어주고 RNase(10mg/ml) 3 $\mu$ l을 첨가한 후 37°C에서 30분 동안 배양한다. 상온에서 5분정도 방치한 후, Protein Precipitation solution 100 $\mu$ l을 넣고 용액과

vortex로 잘 혼합해 주면 갈색의 작은 단백질 덩어리들이 보이게 된다. 그런 다음 상온에서 13,000rpm으로 5분 동안 원심분리하면 갈색 침전물과 흰색의 투명한 상층액으로 분리되어지고, 여기에서 상층액만을 새로운 E-tube로 이동한다. 여기에 isopropanol 300 $\mu$ l을 넣고 아래위로 용액을 잘 섞어 DNA가 엉기도록 한다. 흰색 실타래 같은 DNA 가닥을 눈으로 확인할 수 있게 되고, 다시 13,000rpm에서 원심분리하고 모든 용액을 완전히 제거한다. 마지막으로 70% 에탄올을 첨가하여 13,000rpm에서 원심분리하고 에탄올을 완전히 제거한다. 침전된 DNA에 3차 증류수 대략 50 $\mu$ l을 첨가하여 DNA를 잘 녹여 실험에 사용하기 전까지 냉동보관 한다.

#### (나) 모근으로부터 DNA 추출

혈액에서도 DNA를 추출하지만 돼지의 혈액을 채취하기 위해서는 돼지에게 스트레스를 많이 주게 된다. 돼지의 혈액이 여의치 않을 때에는 모근에서 DNA를 추출 하여 실험에 사용한다. 분석할 개체의 모근을 5~10개 채취하여 모낭세포가 존재하는 뿌리부분만 절단하여 E-tube에 넣어 준다. 5% Chelex 100ul와 proteinase K 1.5ul를 넣고 잘 혼합하여 55 $^{\circ}$ C에서 1시간동안 배양시켜둔다. 100 $^{\circ}$ C 끓는 물에 샘플을 10분동안 가열하고 13,000rpm에서 10분동안 원심분리하여 상층액만을 새로운 E-tube로 옮겨 담아 적합한 농도의 DNA를 분석에 이용한다.

#### (다) 유전자의 SNP 탐색과 유전자형 분석을 위한 primer 제작

먼저 선발될 유전자의 SNP가 존재하는지 확인 한다. 확인 방법은 논문이나 선행연구를 통하여 확인한다. 그런 다음 NCBI GenBank에서 선발된 유전자의 염기서열을 확인한 후 SNP가 존재하는 부분에서 적당한 크기의 PCR 산물이 생성되도록 primer를 제작한다.

#### (라) 유전자형 분석을 하기 위한 PCR 조건 확립

선발되어질 유전자의 유전자형을 분석하기 위하여 PCR을 실시하는데 여러 번의 test를 통하여 최적화된 PCR 조건을 확립한다. PCR 조건 중 가장 중요한 요인은 제작되어질 primer의 Annenaling 온도가 가장 중요하다. 각각의 primer가 어떻게 제작되어지냐에 따라서 Annenaling 온도가 틀러지고 실험에 결과를 좌우한다. 그러므로 여러 가지 방법과 반복을 통하여 최적화된 조건을 확립한다.

#### (마) 경제형질과의 연관성 분석을 통한 진단기술 검증

본 계획서에는 없었지만 개발되어질 조기 선발 진단기법의 정확성을 확인하기 위하여 약 300두 정도의 돼지의 사용한다. 먼저 돼지의 혈액이나 모근을 채취한 후 DNA를 분리한다. 그리고 돼지의 도축 후 돈육의 지방함량, 등지방두께, 등등 기본적인 육질분석 자료를 수집한다. 한꺼번에 많은 량의 돼지를 도축하기 어렵기 때문에 적당하게 나누어서 실시한다. 그런 다음 최적화 PCR방법으로 PCR을 수행하여 미리 개발되어진 진단기술을 실시하고 경제형질과의 연관성을 분석하여 통계처리를 통해 진단기술을 검증한다.

### (2) 유전자 발현차이에 따른 진단기술 개발

유전자 발현차이에 따른 진단기술은 RT-PCR이나 DEG로 선발되어질 지방관련 유전자를 이

용하여 개발되어질 조기진단 기법의 도출 후 정확성을 확인하는 진단기술이다. RT-PCR 결과 지방이 많은 부위에서 높은 유전자발현을 보이는 유전자를 선발할 예정임으로 조기진단 기술에서 선발된 돼지들은 이 유전자들의 발현이 높아야 한다. 즉 조기 진단된 돼지의 조직에서 이 유전자의 발현이 높으면 조기진단 기술이 정확하다는 것을 알 수 있다. 유전자 발현차이에 따른 진단기술 개발 방법은 다음과 같다.

#### (가) 조직으로부터 total RNA 분리

채취한 여러 조직을 1~3g의 조직을 미세하게 분쇄하여 15ml conical tube에 넣고 TRIzol-reagent(MRC. Inc) 2~8ml을 첨가한 다음 homogenizer로 조직을 완전히 간 후 10분간 실온에서 정치시킨 다음 13000rpm로 10min간 4°C에서 원심분리하고 상층액만 취하여 1.5ml tube로 옮겨 담는다. Chloroform 200~300 $\mu$ l를 첨가한 다음 실온에서 10분간 정치시키고 13,000rpm에서 10분간 4°C로 원심 분리하여 위 맑은 상층액만 1.5ml tube로 옮겨 담는다. 이와 같은 방법으로 한번 더 반복한다. 상층액 만을 옮겨 담은 1.5ml tube에 isopropanol을 500 $\mu$ l 첨가하여 원심분리 시킨 다음 상층액을 버린 다음 70% 에탄올을 넣고 다시 원심 분리 시켜 순수 total RNA를 얻어 0.1% DEPC-water 20 $\mu$ l에 녹인다. 분리한 total RNA는 formaldehyde gel에 전기 영동하여 결과를 확인하고, spectrophotometer를 이용하여 A<sub>260/280nm</sub>에서 흡광도로 total RNA를 정량한다.

#### (나) RT-PCR을 위한 cDNA 합성 및 primer 제작

RT-PCR을 수행하기 위해, 우선 Superscript II Rverse Transcriptase (Invitrogen, Germany)를 이용하여 first strand cDNA를 한다. 각 조직으로부터 추출된 5 $\mu$ g의 총 RNA에 대해서 1 $\mu$ l 올리고 d(T) 프라이머(Invitrogen, Carlsbad, CA), DEPC-water에 녹인 1 $\mu$ l의 10mM dNTPs(Promega), 4 $\mu$ l의 5X First strand Buffer(Invitrogen, Carlsbad, CA), 2 $\mu$ l의 10mM DTT(Invitrogen), 1 $\mu$ l의 (33U) RNase Inhibitor (Invitrogen), 1 $\mu$ l (200U) SuperScript Reverse Transcriptase II (Invitrogen), 그리고 RNase free water를 잘 혼합하여 20 $\mu$ l로 반응 한다. RT 단계는 42°C에서 1시간동안 인큐베이션하고, 다음으로 70°C에서 15분 동안 가열한 후, 1 $\mu$ l RNase H 을 첨가하고 37°C에서 20분 동안 배양하여 마지막으로 4°C에서 저장 보관 하도록 한다. Primer의 제작은 선발 되어질 유전자의 염기서열을 확인 한 다음 500bp-700bp의 크기로 CDS부분의 양쪽 끝에서 18-19의 염기로 이루어진 primer를 제작한다.

#### (다) RT-PCR을 이용한 진단기법 개발

RT-PCR은 1 $\mu$ l의 합성된 cDNA, 1.5  $\mu$ l, 10X PCR-buffer, 1  $\mu$ l 15mM MgCl<sub>2</sub>, 1.2 $\mu$ l의 2.5mM dNTPs(Promega), 1 $\mu$ l의 각 프라이머(10pmol), 0.2 $\mu$ l의 Taq DNA Polymerase (Promega, Heidelberg, Germany) 그리고 9.2 $\mu$ l의 DEPC-ddH<sub>2</sub>O로 15 $\mu$ l를 혼합액으로 반응한다. PCR 반응액으로 수행한 PCR 조건은 다음과 같다. 95°C에서 3분 반응하고 난 뒤, 94°C에서 30초, 55°C에서 30초, 72°C에서 1분 동안 30 사이클 반응하고, 마지막으로 72°C에서 10분 반응하여 4°C에서 저장한다. 역전사 반응 없이 앞의 반응과 동일한 과정을 거친 음성 대조군을 얻고, 내부 대조군으로서 RT-PCR을 수행한다. 18S rRNA 유전자 (Accession no. AF102857)로서 이 분석의 양성 대조군을 잡아 준다. 반응산물은 EtBr(Sigma, Steinheim, Germany)이 첨가된 1% 아가로오스 겔 전기영동으로 유전자의 발현량을 확인 한 다음 3반복의 실험을 통해 통계분석으로 유의성을 확인한 다음 진단기술로 개발한다.

## 2. 연구 개발 결과

본 3년차 연구에서는 돼지의 지방합성에 관련된 유전자를 이용하여 삼겹살을 증대 시키는 기술을 개발하고자 하였다. 3차 년도에 수행한 연구결과는 앞에서 서술한 이론적, 실험적 접근방법을 통하여 결과를 도출하였으며 그 결과는 다음과 같다.

### 가. 실험동물 확보 및 조직 채취

본 연구에 사용된 실험동물은 경남 산청군 산청읍에 소재하고 있는 산청솔잎흑돼지(대표:서상식)에서 사양방법이 동일하게 사육된 흑돼지를 도축하여 실험에 필요한 돼지의 조직(삼겹살, 지방, 등심, 심장, 폐, 등) 및 혈액을 채취 하였다.

### 나. 확보된 유전자의 염기서열 분석

본 연구에서는 2차 년도에서 chip 분석을 통하여 근육에서 특이적으로 발현되는 유전자 21개와 지방에서 특이적으로 발현되는 유전자 69개를 얻을 수 있었다. 그 중 NCBI에 등록되어 있지 않은 유전자 8개를 확보 하였고 sequencing 중 3개는 실험오류로 인하여 실패 하였고 5개의 유전자의 염기서열을 확인할 수 있었다.

Figure 3-4-2~6는 유전자 5개에 대하여 전체 sequence를 나타낸 그림이다. 이 5개의 유전자에 대해서는 NCBI를 통해 등록 하여 임시 번호인 bank it 번호를 부여받은 상태이다. 그 번호는 각각 아래 그림과 같다. 이러한 유전자들이 아직 어떠한 기능을 하는지는 알지 못한다. 하지만 지방에서 많이 발현되어지는 유전자라는 것을 알 수 있었고 앞으로 이러한 유전자들에 대한 기능분석이 필요할 것이다.

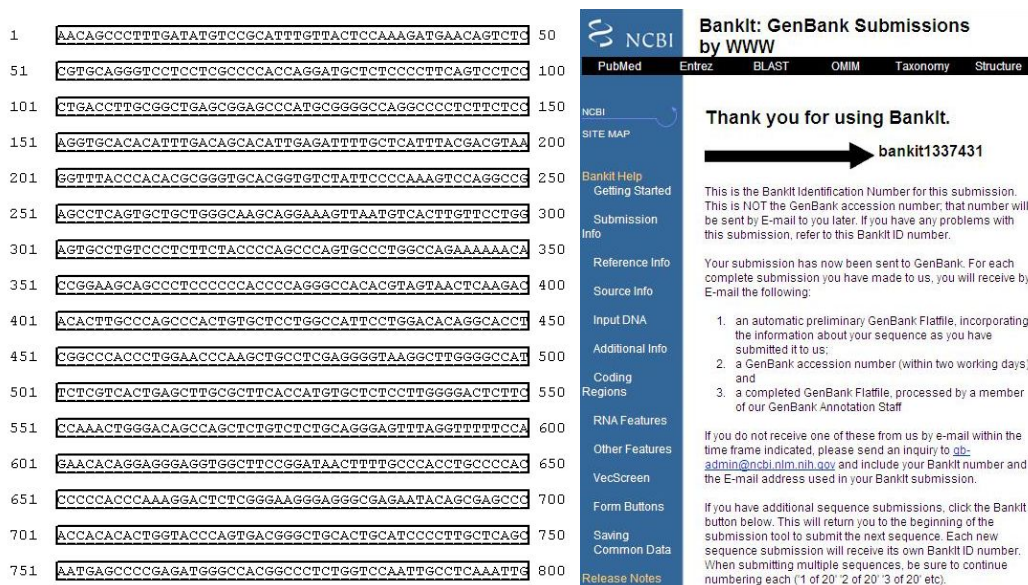


Figure 3-4-2. Nucleotide sequence of bankit 1337431

```

1  AAATAATTTGCCCACTGAAGCTAGGACTATTAGTTTATGAACATAGAGA 50
51  AGGTGGTTACTTTTGCAGATGGAAATTTGAGCTCTATGGGATTATAGCT 100
101  ATTGAAAGTTTTTTTTCTTAAAGCTGAACTGTACCAGGCCAACTTGCTG 150
151  CTCTGAGGATAAGGCTATTGGTCTCTAGAGAAGACTTTTTTTTTGGTTC 200
201  CTAGAAATGTTGGGCTTTTTGTCTAATTAATTTGACTCAGAATAGGG 250
251  ACATTTCTAGGCACACACCACATAATCACTCCTACTCTTAATATCTAAA 300
301  ECTGTCATAGTGATAGGAGAGAAAGATTTGTGAGCAGTGGTGAATTTTC 350
351  ATTGATATATGTTCCAGCAAGTSTCAATTTTTCTTCAACTCCTGCTGACG 400
401  SCTTGAACGGCATTAAAAATATTTATTCAAACCTTAAACCTTGTAAAGT 450
451  TACAGTATGATACAACCTTATTAACCTGTGAGTATTGTCTTTACAACCCA 500
501  TACAGTATGATACAACCTTATTAACCTGTGAGTATTGTCTTTACAACCCA 550
551  TGTATAATACAACCTTATATATATGTGGGTCAGAAATAAACTGAGCCT 600
601  ATGCTCTTTTAAAAAACAACCTTATATATGTGGGTCAGAAATAAACTGAGCCT 650
651  SATCTTACCAGACATCTCCCAATTTGGTCACTTCTGAGGAACTCCAATC 700
701  CTGAGGAAACAGTTAGTAATTTGGGAATTTAGTGTATATAAAATGGGATA 750
751  SAAGTGTAACTGGTGGATCTGGCCATCCCTCTGTGAGGAGACTTTTTC 800
801  TTTGCTACAGGGATGGGGTCTTATTTTATCCCTGCAATCTGAAGTGTCT 850
851  TCCTTTCTTAAAGTCTTTTATTTGCTTTTGTAAAGTATTACAAATCTCG 900
901  SACATGTTTAAAGTAAATTTGCTCAAGAT 929

```

NCBI Bankit: GenBank Submissions by WWW

PubMed Entrez BLAST OMM Taxonomy Structure

NCBI SITE MAP

Bankit Help Getting Started Submission Info Reference Info Source Info Input DNA Additional Info Coding Regions RNA Features Other Features VecScreen Form Buttons

**Thank you for using Bankit.**

➔ **bankit1337437**

This is the Bankit Identification Number for this submission. This is NOT the GenBank accession number; that number will be sent by E-mail to you later. If you have any problems with this submission, refer to this Bankit ID number.

Your submission has now been sent to GenBank. For each complete submission you have made to us, you will receive by E-mail the following:

1. an automatic preliminary GenBank Flatfile, incorporating the information about your sequence as you have submitted it to us;
2. a GenBank accession number (within two working days); and
3. a completed GenBank Flatfile, processed by a member of our GenBank Annotation Staff

If you do not receive one of these from us by e-mail within the time frame indicated, please send an inquiry to [gb-admin@ncbi.nlm.nih.gov](mailto:gb-admin@ncbi.nlm.nih.gov) and include your Bankit number and the E-mail address used in your Bankit submission.

If you have additional sequence submissions, click the Bankit button below. This will return you to the beginning of the

Figure 3-4-3. Nucleotide sequence of bankit 1337437

```

1  SCTATGGAGAAAAAGGGGAGAGAAGAGCGAGTTAGCTCCTTGTAGTGGT 50
51  TACTTAGGAAGGTACTGGACATCATTTGTTTCTCATAAAGTGGCTTTAC 100
101  AATAAAAAATTCAGGGGCATACATCAGAAATGCTCTCAGGTTGACATAAT 150
151  GGAGTGTCTTTTACCATCAGCATGATTATTTTCTGCTATATTTTGT 200
201  STTGTGTTTACCAGATATTTTCTTTAAACAGACTCATTTTTTAAACTTT 250
251  AAATTTGTTTCAAAGGGAACTTTTTTTTGTCTGCTGTTAACTGACAACAT 300
301  STATCACTTGTGCCAAAAATAGAAAGTGAAGTGTGAAAAATAAATCTGCT 350
351  GGGGAGGGGTCTCCGTGCTAGTGTCACTAAGGCTCAGGACCTGAGATCT 400
401  GTCTCTGTTACAAAATGAAACAAACAAGTGTGAAAGGTGTTAAGACCA 450
451  CACCAGCACCCCTGAGACTTTGTCTTGCAGTCAAGGGTGAAGGAA 500
501  CAGGAAGAGGGGTAGGCTGCCCAACAAAGGGTGTGCTCAGATGATGATTC 550
551  GAAGGCCACGAGATCATCTCTGCCACCCGTGGTCTGCCACAGTGA 600
601  SCCGATGGTGTCCCACTGACCCATTCTCAGATGGAGAAACAGCCTCTGA 650
651  SAGTGTAAATGCTTGTGCTCAGTGTCAATGATCTGGATGTTTGTGTTGTT 700
701  TTAAGACACTGTTTCTTGTAGTAGCAGCAGCTGTCCACCTTGTGTTTT 750
751  AATAAAGAGCTCTATTTTTCATATACTA 777

```

NCBI Bankit: GenBank Submissions by WWW

PubMed Entrez BLAST OMM Taxonomy Structure

NCBI SITE MAP

Bankit Help Getting Started Submission Info Reference Info Source Info Input DNA Additional Info Coding Regions RNA Features Other Features VecScreen Form Buttons

**Thank you for using Bankit.**

➔ **bankit1337440**

This is the Bankit Identification Number for this submission. This is NOT the GenBank accession number; that number will be sent by E-mail to you later. If you have any problems with this submission, refer to this Bankit ID number.

Your submission has now been sent to GenBank. For each complete submission you have made to us, you will receive by E-mail the following:

1. an automatic preliminary GenBank Flatfile, incorporating the information about your sequence as you have submitted it to us;
2. a GenBank accession number (within two working days); and
3. a completed GenBank Flatfile, processed by a member of our GenBank Annotation Staff

If you do not receive one of these from us by e-mail within the time frame indicated, please send an inquiry to [gb-admin@ncbi.nlm.nih.gov](mailto:gb-admin@ncbi.nlm.nih.gov) and include your Bankit number and the E-mail address used in your Bankit submission.

If you have additional sequence submissions, click the Bankit button below. This will return you to the beginning of the

Figure 3-4-4. Nucleotide sequence of bankit 1337440

```

1  SCTGAATGCTCTCCTTTCCTGGGTGAGTTCGTCGCGGTCTCACTCCT  50
51  SCTCGCGGGGGGGCCGGGGCCGGGGCGCGGGGACAGAGACTTCTCACT  100
101  TTCTCAAAGATGTTTCGGGGAAAGCGTAACTGCAGGGCGGGGGGGTGC  150
151  SCTCACACAAGCATTGGGGCGGGCGCTGTGGCCGGGTGTGGGGGATGG  200
201  SCCGGAGGCCCGAGGACCATGTGCATGTTTGTTCGGGAGCCTGAAGTCCCT  250
251  SCAGGTACAGGGCCCTGCCCCAGGCTAGCCGCTGGGAGTGAGCAGCCCCGA  300
301  SAGAAGCGGGTGGCAGGCCCGCTCAGGGCTTTGGGAACCGGAGCAGCATC  350
351  CTTCTCGAGGCTGTGCTGCAGCAGAGGCAGAATTCGAAGGCCCAAGGAC  400
401  CAGTCTGGCCATCCATCCACGTGGACTCTGAAAACCGGGCCTTGACAGT  450
451  TGGTGTAGAAATGATGCTCACCTCGTGTGAGGGGACATAAATGCCACTG  500
501  AGGGAACCAAGAAATGGACTTGTCAACCTTCCCTGGGACAGGCACCTTTC  550
551  SGTGTAGTAGATTTCATGAGTTTTTTCATCATCGTCTCTTAACCAAAAGGA  600
601  SCTTTTGCATTTTAAAAATACTGTAAATTTGTTATATTTGGTGTTTTAAAC  650
651  TGGAAATGTCACAAAATGCCATGCAGTTACAGTAAACACAAATGAAAGGG  700
701  AATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGCCCACTTGGGGGGGGTTCGGGCTGCT  750
751  TTCTAAGGGCCCTAATTTTAGSCCCCCCAATATATAA  791

```

Figure 3-4-5. Nucleotide sequence of bankit 1337441

```

1  SACTTGAGGGCCCTGTGAGGGGCTCATGGTGTCTGAGAGCCACCCCTGC  50
51  TAGCTTGATGGCATGCTGGTATGTCCTCCCTAAGAGAGCTTCCCAACCCA  100
101  TCACCCCACTGCCCTTAGCCCAAGCCGCCCCGGCCACCAGTCTCTTGGGA  150
151  CCAAGTCTCCCGTGTAGTATGACTGCACCTGGCCAAAGAGACATTTCCGGG  200
201  CAACCCAGCACCCATCCTCCCAACCCCTCCCTGTCCCCAGGGCCTCCAGCTG  250
251  ACAGATGGGGCCTTGCATGAGTTTGAAGAAATGTTTACTGTCTTTGAAT  300
301  TGGGGATAGTTACTGTGTCACAGTGGGGGCAAGTTCCCGCCTCCAAGGTGT  350
351  CAGCTGTCTGGAGCCAGCAGCCTTGGGGTACAGCCCTTGACAGCACAGGT  400
401  CAGAGAACTTCTTAGAAAACAGCAGCACTTCTGTCCAAGAGCGAGGCAGG  450
451  SCCTAGGCAGGAGTGGGACTTGTCTGCCCCCTTGAATCCAGCCACCCA  500
501  CCAACTTTGGGAAATGACTTGGCTTGGTGGCCTGTGCTCCCTGGTGGGT  550
551  GGCCACGCAAGCGGTGTGCTCTCCAGGTGCCCACTTGGCCCTCACACCT  600
601  TGGTCTACCTGGCGTGTGGAACAAGTCAATGGACTTCACCAAGGCCCGCC  650
651  TTGGGCGGAGGACGCTCTGAGCTTTTTGCCAGGCCCGGATGTGTTGGCT  700
701  CCCAGCGTGTCTGGAGAAATCACACAGTTCCAATGAATTTTGTGCTTCGG  750
751  CCGGGGGGATTTATTTAGAAATAAGTAACAATGAATTTTCTTGAATGTGG  800
801  CCCCAGGTAATGAATGGGATTTTGAAGCTTCTTATACATANTAAATCAAT  850
851  TATACCACTTGAGCCGAGATTTCTTTCTGA  880

```

Figure 3-4-6. Nucleotide sequence of bankit 1337442

**다. chip 분석을 통해 확보한 지방관련 유전자의 발현양상 분석**

2차 년도에 chip 분석을 통해 확보되어진 지방연관 유전자 69개 중에서 지방과 가장 연관성이 있다고 추측 되어지는 유전자 10개를 선발하고 도축한 흑돼지 의 등심조직 중 지방함량이 상위 5%(지방함량 4% 이상)에 포함되는 상위그룹 6두와 하위 5%(지방함량 1.5% 이하)에 포함되는 하위그룹 6두의 등심에서 RNA를 분리하여 10개의 유전자를 RT-PCR을 통하여 재현성 확인을 하였다. Table 3-4-4와 같이 각각의 유전자 별로 primer를 제작하였고 그 결과 7개의 유전자의 유의성(P<0.01)이 있었지만 3개의 유전자는 유의성이 없는 것으로 나타났다. 그 결과는 다음과 같다.

Table 3-4-4.The primers used in the present study.

Genes	Primer	Sequence (5' --> 5')	A.T.
Fibronectin*	F	CACGACAACGGCTACCCCTTC	55
	R	GGGTTTCGAGTCGGCTTAGAGG	
Enolase 1*	F	AGTAGAGGAGGAGCTGGACCGG	55
	R	CAGCTGCATCTCCTGCAGCTCC	
Collagen alpha-2(I) chain precursor*	F	CCTGCTCCATGTCACAGACAC	56
	R	CATTGGAGTCGGACTCCCAGA	
Adiponectin receptor 2*	F	GCTGGAGTGCCAGCCGAGTTC	62
	R	GGCCCCATTTCAGGCTGACTGC	
KIAA1717*	F	ATTGCCTTCGGTGTGTTTGAG	60
	R	TCAGGAATGGGAGTTATTGG	
ENO3*	F	GCCCTCAACTCACTCTTCAG	55
	R	GAAGTGTACAGACTGACCAAA	
SCD*	F	CATTGGAGTCGGACTCCCAGA	55
	R	GCTGTAGCAGTGCACGTCCC	
Beta-enolase	F	GAATCCCACAGAAACCAAGGC	55
	R	CTTGGGTGCTTTGGACTTGAA	
Myosin heavy chain 2x	F	AGGTCGCTCACTGACCCGCT	55
	R	GCTGTAGCAGTGCACGTCCC	
Adipocyte complement related 30KD a protein	F	AGGTCATCACTATTGGCAAC	60
	R	ACTCATCGTACTCCTGCTTG	

\* P<0.01



### (1) Fibronectin 유전자

Fibronectin(FN)는 접착성 glycoprotein으로 혈장, 결합 조직, 그리고 수많은 세포의 표면에서 발견된다. 이 glycoprotein은 gelatin, heparin, 그리고 hyaluronic acid와 상호작용하여 여러 가지 생화학적이고 생물학적인 활동을 나타낸다고 알려져 있다(Lewis 등, 1995)

우리는 FN 유전자를 돼지의 등심에서 지방함량이 높은 개체와 낮은 개체를 이용하여 FN 유전자의 발현량을 확인하였다. 그 결과 Figure 3-4-7에서와 같이 지방함량이 높은 등심 조직에서 유의적으로 많이 발현되어지는 것을 알 수 있었다.( $P < 0.01$ )

이러한 결과는 chip의 분석 결과와 일치함으로서 본 연구에서 제작된 cDNA chip의 정확성과 재현성을 확인할 수 있는 좋은 결과가 되었다. 또한 지방연관 유전자 marker로 사용할 수 있을 것이다.

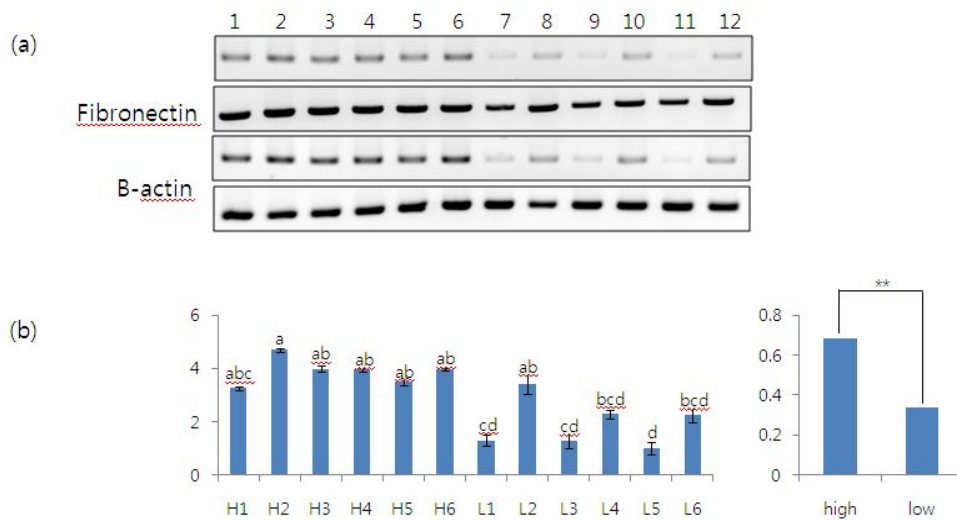


Figure 3-4-7. *Fibronectin* transcript level in *Berkshire* loins with high and low fat content.

(a) RT-PCR analysis of *Fibronectin* gene. Total RNAs were extracted from *Berkshire* loins with high and low fat content and then, subjected to RT-PCR analysis. *B-actin* mRNA level was used as a control, and *Fibronectin* mRNA levels were examined by using *Fibronectin*-specific primers. (b) The histogram represents the *Fibronectin*/*B-actin* ratio measured by densitometer. The H (H1 to H6) and L (L1 to L6) groups indicate high and low fat content groups, respectively. (\*\* $P < 0.01$ )

## (2) Enolase 1 유전자

Enolase는 해당 분해 작용에 중요한 역할을 한다고 알려져 있다(Liu 등, 2001). Enolase는 1934년에 처음 근육조직에서 발견되어졌고 그 이후 다양한 조직에서 발견되고 있다. Enolase 1은 지방조직에서 발견되어 졌다. 이후 Enolase는 해당분해 작용 중 중요한 역할을 하고 있는 효소로 밝혀짐으로 많은 연구가 진행 되어 지고 있다.

본 연구에서도 chip 분석을 통해 근육보다는 지방에서 Enolase 1 유전자가 많이 발현되어짐을 확인하였고 또한 Figure 3-4-8에서와 같이 지방함량이 높은 등심과 지방함량이 낮은 등심의 조직에서 mRNA 발현량을 확인 하였는데 그 결과 또한 지방함량이 높은 등심에서 발현이 유의적으로 높은 것으로 나타났다.( $P < 0.01$ ) 이러한 결과를 바탕으로 Enolase 유전자는 지방에 연관된 marker로 사용될 수 있을 것이다.

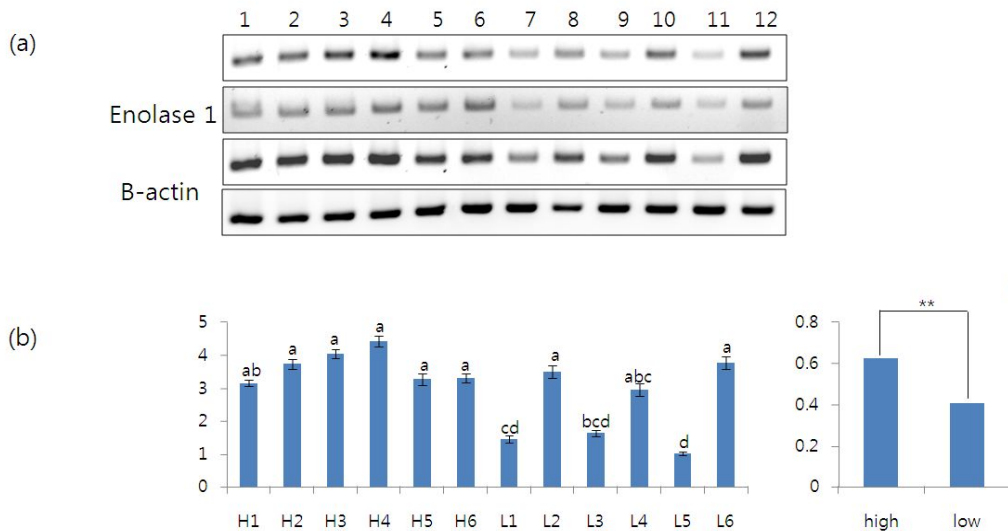


Figure 3-4-8. *Enolase 1* transcript level in *Berkshire* loins with high and low fat content.

(a) RT-PCR analysis of *Enolase 1* gene. Total RNAs were extracted from *Berkshire* loins with high and low fat content and then, subjected to RT-PCR analysis. *B-actin* mRNA level was used as a control, and *Enolase 1* mRNA levels were examined by using *Enolase 1*-specific primers. (b) The histogram represents the *Enolase 1*/*B-actin* ratio measured by densitometer. The H (H1 to H6) and L (L1 to L6) groups indicate high and low fat content groups, respectively. (\*\* $P < 0.01$ )

### (3) Collagen alpha-2(I) chain precursor 유전자

collagen alpha-2(I) chain precursor 유전자는 근조직을 구성하는 collagen 유전자의 family 에 속하는 것이었다. Collagen은 세포와 세포사이에 존재하여 세포를 연결해 주므로 점착성을 좋게 하여 육의 조직감과 연관되어져 있다고 보고되어 있다(Nishiumi 등, 2001).

Figure 3-4-9에서 RT-PCR결과에서 보면 지방함량이 낮은 등심조직보다는 지방함량이 높은 등심조직에서 많이 발현되는 것으로 나타났다( $P<0.01$ ). collagen은 지방조직에서 많이 발현되어 지고 특히 지방함량이 높은 조직에서 많이 발현되어지는 것으로 나타났다. 이는 돈육의 육질을 판단하는 기준 중의 하나인 조직감과 연관성이 있다고 생각되어지면 본 과제에서 이를 바탕으로 현재 논문을 작성하여 투고 완료 하였다(Animal Science Journal)

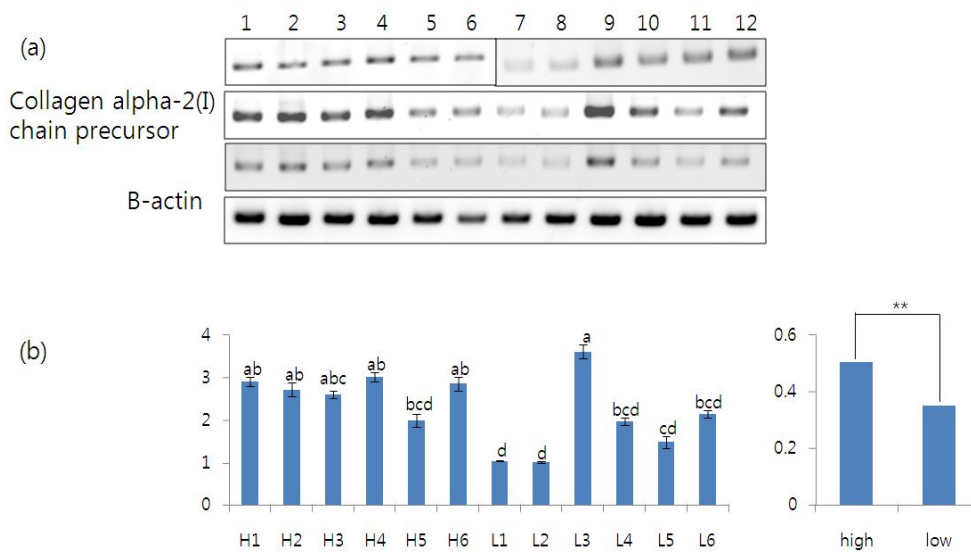


Figure 3-4-9. *Collagen alpha-2(I)* transcript level in *Berkshire* loins with high and low fat content. (a) RT-PCR analysis of *Collagen alpha-2(I)* gene. Total RNAs were extracted from *Berkshire* loins with high and low fat content and then, subjected to RT-PCR analysis. *B-actin* mRNA level was used as a control, and *Collagen alpha-2(I)* mRNA levels were examined by using *Collagen alpha-2(I)*-specific primers. (b) The histogram represents the *Collagen alpha-2(I)*/*B-actin* ratio measured by densitometer. The H (H1 to H6) and L (L1 to L6) groups indicate high and low fat content groups, respectively. (\*\*P<0.01)

#### (4) Adiponectin receptor 2 유전자

Adiponectin은 지방세포에서 분비하는 자체 호르몬으로 아디포사이토카인중의 하나이다. 이러한 adiponectin은 지방조직에서 많이 분비되어져 당뇨병에 관련성이 높다고 알려져 있다. 또한 인슐린의 민감성과 관련성이 많이 있다고 알려져 있다(Pearson 등, 1999). 본 결과에서는 adiponectin receptor 2 유전자를 얻을 수 있었는데 receptor 2는 지방조직에서 많이 보여 지며 receptor 1은 근육조직에서 많이 발현되어 진다고 알려져 있다.

Figure 3-4-10과 같이 adiponectin receptor 2 유전자의 RT-PCR 결과를 보면 다른 유전자와 같이 지방함량이 높은 조직에서 유의적으로 많이 발현되는 것을 알 수 있었다.( $P<0.01$ )이러한 이유를 추측해 보면 adiponectin은 인슐린 민감성에 작용한다. 지방함량이 낮은 조직에서는 인슐린의 민감성이 높은 조직보다는 적을 것이고 당연히 adiponectin의 발현이 낮을 것이다. adiponectin의 수용체인 adiponectin receptor 2도 낮을 것이다. 인슐린 민감성이 높은 조직 즉 지방함량이 높은 돼지에서는 adiponectin receptor 2의 발현량도 높을 것이다. adiponectin의 연구는 많이 진행되어지고 있지만 현재 돼지에서 연구를 시작한지는 얼마 되지 않아 많은 연구결과가 없다. 본 연구에서는 다른 실험들을 추가하여 adiponectin과 adiponectin receptor 1, adiponectin receptor 2에 대해서 논문을 작성하였고 현재 투고 완료 하였다(105/2010-CJAS, Czech Journal of Animal Science)

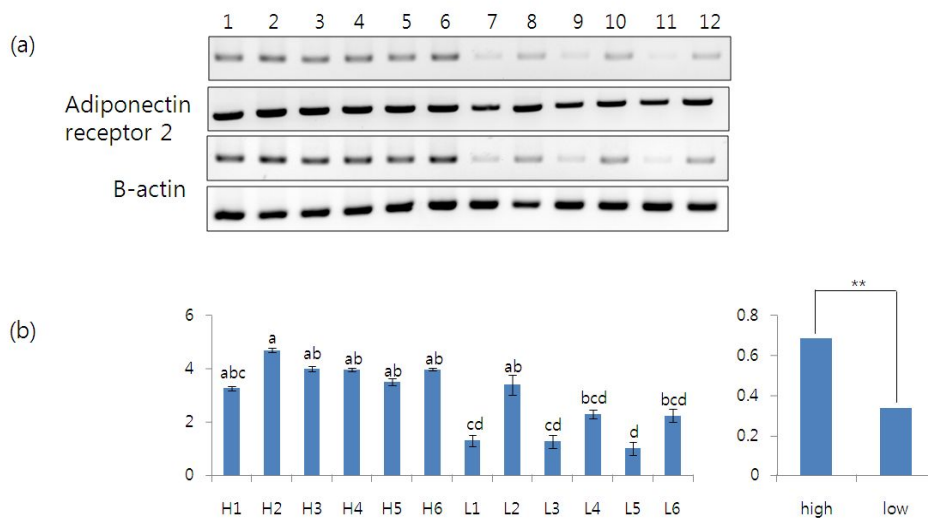


Figure 3-4-10. *Adiponectin receptor 2* transcript level in *Berkshire* loins with high and low fat content. a) RT-PCR analysis of *Adiponectin receptor 2* gene. Total RNAs were extracted from *Berkshire* loins with high and low fat content and then, subjected to RT-PCR analysis. *B-actin* mRNA level was used as a control, and *Adiponectin receptor 2* mRNA levels were examined by using *Adiponectin receptor 2*-specific primers. (b) The histogram represents the *Adiponectin receptor 2*/*B-actin* ratio measured by densitometer. The H (H1 to H6) and L (L1 to L6) groups indicate high and low fat content groups, respectively. (\*\* $P<0.01$ )

### (5) KIAA1717 유전자

H3-K4-specific methyltransferase (KIA1717) 유전자는 histone methylation에 중요한 역할을 하고 전사 조절과 관련되어져 있다. 이 유전자의 genotype 분석결과는 돼지의 marbling과 근내 지방함량에 유의적인 연관성( $p < 0.01$ )이 있는 것으로 보고된 바 있다(Xu 등, 2007).

KIAA1717 유전자도 Figure 3-4-11 같이 RT-PCR을 분석하여 지방함량이 높은 등심에서 유의적인 차이를 얻을 수 있었다( $p < 0.01$ ). 이 유전자의 경우에서 문헌검색에서 다양한 SNP가 존재하는 것으로 알려져 있다. 우리는 이러한 정보를 바탕으로 이 유전자에 대해서는 SNP 분석을 통해 지방함량이 우수한 돼지의 유전자 조기선발 기술로 활용할 것이다.

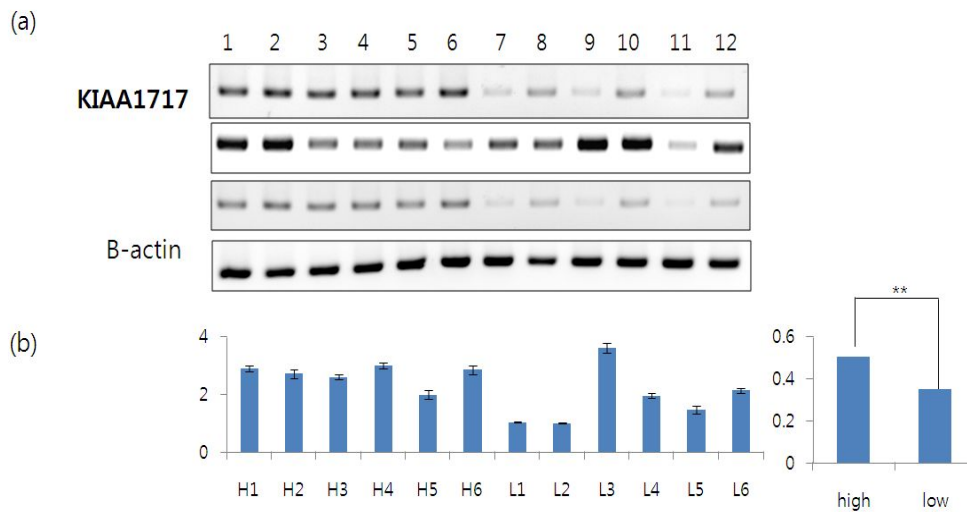


Figure 3-4-11. *KIAA1717* transcript level in *Berkshire* loins with high and low fat content. (a) RT-PCR analysis of *KIAA1717* gene. Total RNAs were extracted from *Berkshire* loins with high and low fat content and then, subjected to RT-PCR analysis. *B-actin* mRNA level was used as a control, and *KIAA1717* mRNA levels were examined by using *KIAA1717*-specific primers. (b) The histogram represents the *KIAA1717/B-actin* ratio measured by densitometer. The number 1 to 6 and 7 to 12 indicate high and low fat content groups, respectively. (\*\* $P < 0.01$ )

### (6) ENO3 유전자

Enolase(2-phospho-D-glycerate hydrolyase)는 해당과정에서 2-phosphoglycerate가 phosphoenolpyruvate로 변화되어지는 과정을 촉매 하는 효소이다. 이 유전자의 T 결실 변이는 돼지의 지방함량, 등지방두께, 마블링 그리고 근내 지방함량과 유의적인 연관성이 있는 것으로 확인된 바 있다(Wu 등, 2008).

Figure 3-4-12와 같은 RT-PCR결과 지방함량이 우수한 상위집단에서 많이 발현됨을 알 수 있었다( $p < 0.01$ ). 이 유전자도 앞에서 언급한 KIAA1717 유전자와 같이 SNP가 알려져 있다. 이 유전자도 유전자형을 분석하여 돼지의 조기진단기술에 활용할 것이다.

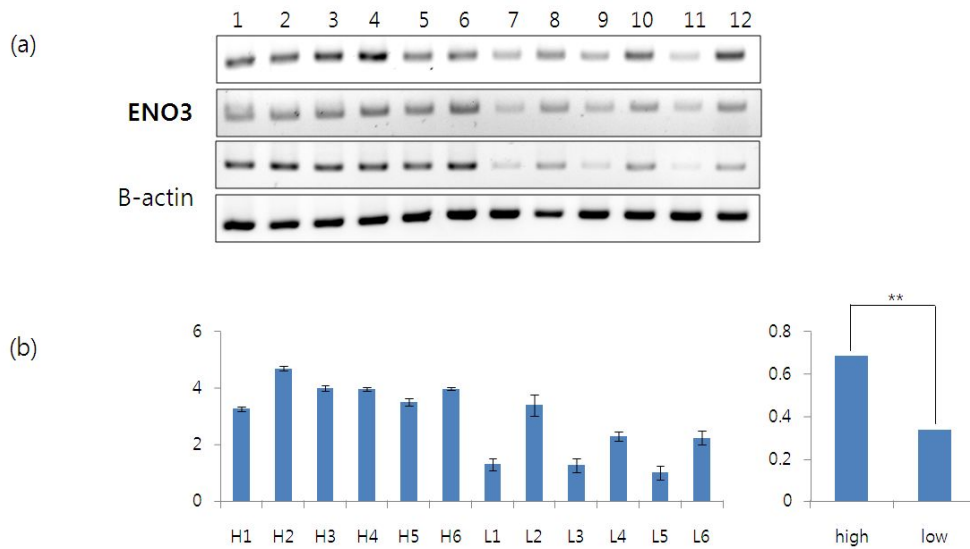


Figure 3-4-12. *ENO3* transcript level in *Berkshire* loins with high and low fat content. (a) RT-PCR analysis of *ENO3* gene. Total RNAs were extracted from *Berkshire* loins with high and low fat content and then, subjected to RT-PCR analysis. *B-actin* mRNA level was used as a control, and *ENO3* mRNA levels were examined by using *ENO3*-specific primers. (b) The histogram represents the *ENO3/B-actin* ratio measured by densitometer. The number 1 to 6 and 7 to 12 indicate high and low fat content groups, respectively. (\*\* $P < 0.01$ )

### (7) SCD (stearoyl-CoA desaturase) 유전자

이 유전자는 고등동물에서 불포화지방산의 합성 과정을 조절하는 주요 효소로 palmitoleic acid(16:1)와 stearic acid(18:1)을 합성하게 된다. 사람의 경우에는 이 유전자의 발현이 증가되면 비만이 되고 이 효소를 줄이면 근육 내 지방의 축적도 줄이게 된다고 보고되고 있다(Robins 등, 1998). 그러므로 돼지의 경우에 있어서는 이 유전자의 높은 발현이 성장이나 육질에 영향을 미친다고 볼 수 있다. 이 유전자가 동물의 지방조직에서 합성되어진다는 보고에 따라 근육과 지방조직간의 유전자 발현양상을 비교한 결과에서는 근육조직에 비해 월등히 높은 발현량을 지방조직에서 확인할 수 있다(2차년 연구보고 참조) 또한 Figure 3-4-13에서 지방함량이 우수한 집단에서 발현량이 높음을 확인할 수 있었다( $P < 0.01$ ). 이 유전자의 경우에는 지방합성에 중요한 역할을 한다고 많은 논문을 통해 알려져 있다. 이 유전자 또한 지방관련 marker로 사용할 것이다.

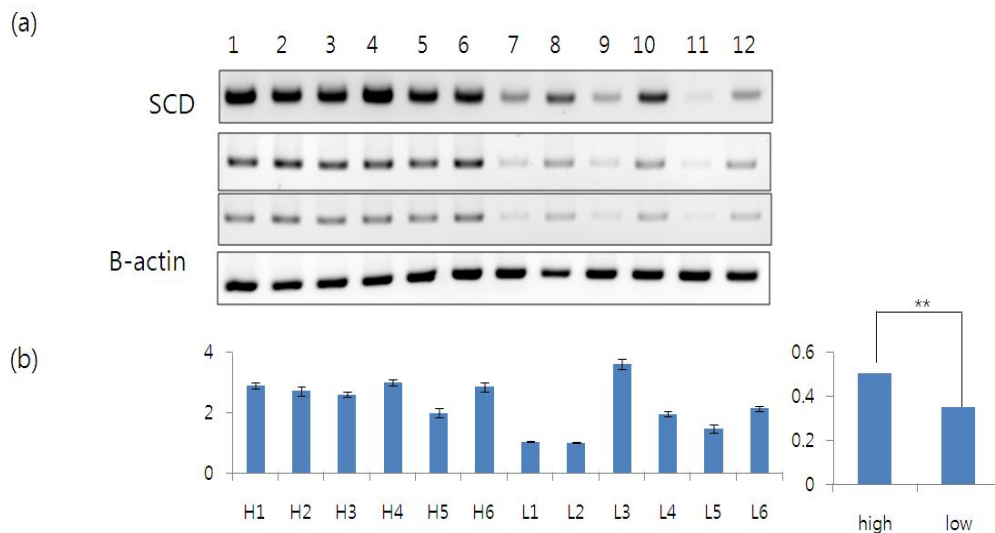


Figure 3-4-13. SCD transcript level in *Berkshire* loins with high and low fat content. (a) RT-PCR analysis of SCD gene. Total RNAs were extracted from *Berkshire* loins with high and low fat content and then, subjected to RT-PCR analysis. *B-actin* mRNA level was used as a control, and SCD mRNA levels were examined by using SCD-specific primers. (b) The histogram represents the *F1170/B-actin* ratio measured by densitometer. The number 1 to 6 and 7 to 12 indicate high and low fat content groups, respectively. (\*\* $P < 0.01$ )

### (8) F1170(Beta-enolase)

Beta-enolase는 Enolase 효소의 한 종류로서 근육수축 등에서 볼 수 있는 해당 계에 관여하한다고 알려져 있다(Scott 등, 2002) 이 유전자의 경우 주로 근섬유에서 많이 발현이 되어 진다고 알려져 있는데 본 연구에서는 chip 분석을 통해 지방에서 많은 발현량을 보였다. Figure 3-4-14에서 보면 개체간의 차이가 나지만 집단 간의 차이가 없어 유의성이 없는 것으로 밝혀졌다. 이 유전자에 대해서는 앞으로 더 연구가 필요하다.

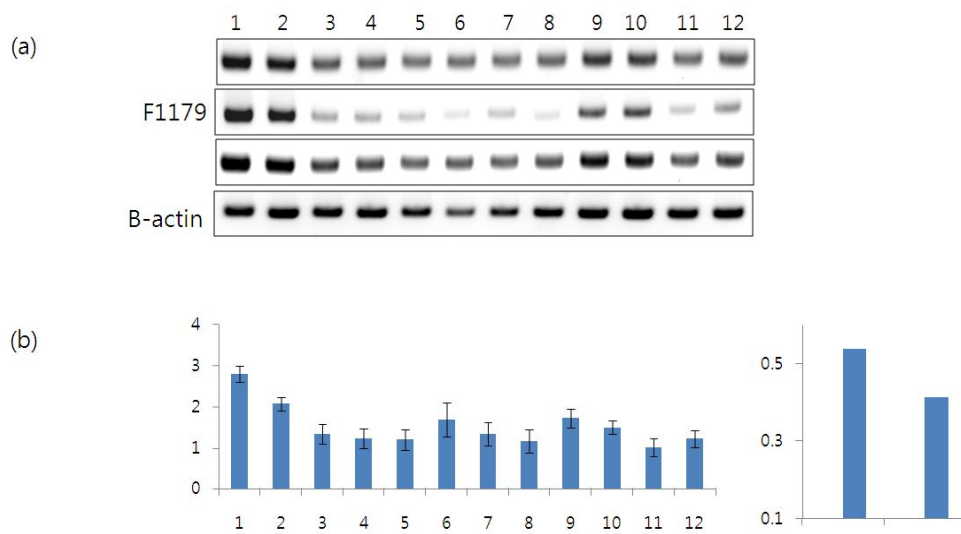


Figure 3-4-14. *F1170* transcript level in *Berkshire* loins with high and low fat content. (a) RT-PCR analysis of *F1170* gene. Total RNAs were extracted from *Berkshire* loins with high and low fat content and then, subjected to RT-PCR analysis. *B-actin* mRNA level was used as a control, and *F1170* mRNA levels were examined by using *F1170*-specific primers. (b) The histogram represents the *F1170/B-actin* ratio measured by densitometer. The number 1 to 6 and 7 to 12 indicate high and low fat content groups, respectively.



**(9) M2661(Myosin heavy chain 2x)**

Myosin heavy chain 2x는 myosin heavy chain의 타입 중의 하나이다. Myosin heavy chain은 주로 동물의 골격근에서 많이 발현되어진다고 알려져 있다(Nishimura 등, 1999). 앞서 설명했던 Beta-enolase도 chip 결과와 이전 발표 결과와 상이하게 나타났는데 이 유전자 또한 이전연구와 달리 우리는 지방에서 많이 발현되어지는 것으로 나타났다. 하지만 Figure 3-4-15에서 개체간의 차이가 나지만 집단 간의 차이가 없어 유의성이 없는 것으로 밝혀졌다. 이 유전자에 대해서는 앞으로 더 연구가 필요하다.

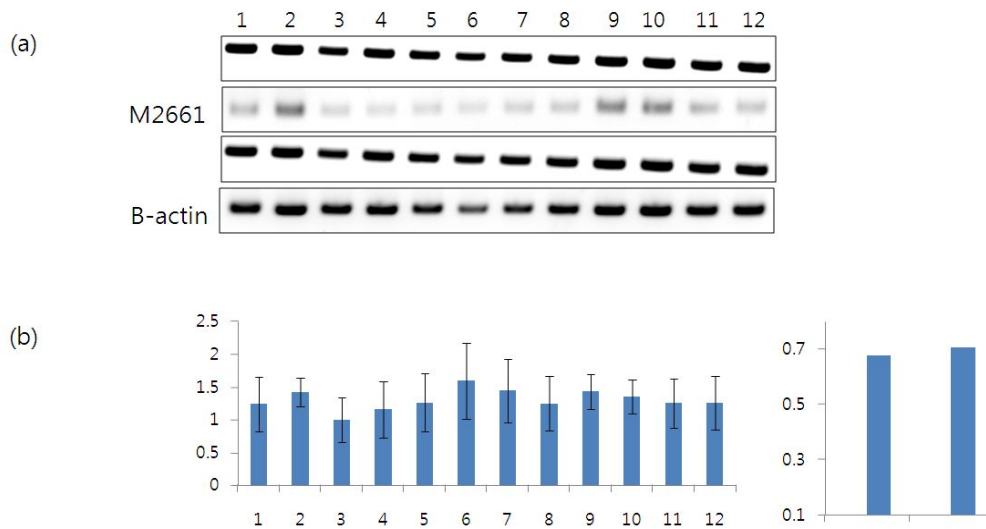


Figure 3-4-15. *M2661* transcript level in *Berkshire* loins with high and low fat content. (a) RT-PCR analysis of *M2661* gene. Total RNAs were extracted from *Berkshire* loins with high and low fat content and then, subjected to RT-PCR analysis. *B-actin* mRNA level was used as a control, and *M2661* mRNA levels were examined by using *M2661*-specific primers. (b) The histogram represents the *M2661/B-actin* ratio measured by densitometer. The number 1 to 6 and 7 to 12 indicate high and low fat content groups, respectively.

**(10) Adipocyte complement related 30KD a protein 유전자**

adipocyte complement related 30KD a protein 유전자는 근육에서 활성화된 protein kinase 의 인산화를 유도하여 지방산의 산화와 glucose 이용을 높이는 작용을 한다(Moeller 등, 2002). 이 유전자는 근육조직에 비해 지방조직에서 현저히 높게 발현되는 것을 확인할 수 있지만 Figure 3-4-16과 같이 개체간의 차이가 나지만 집단 간의 차이가 없어 유의성이 없는 것으로 밝혀졌다. 이 유전자에 대해서는 앞으로 더 연구가 필요하다.

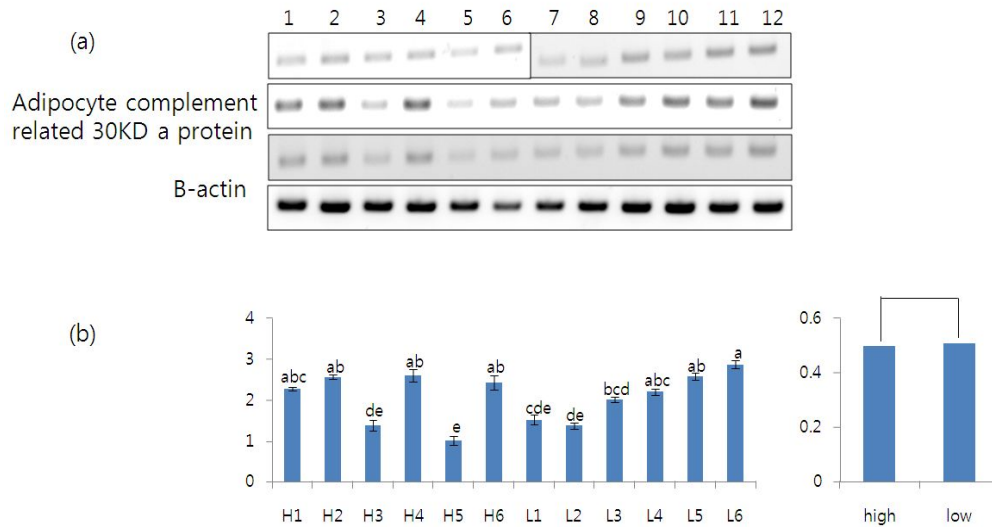


Figure 3-4-16. ACRP (*Adipocyte complement-related protein*) transcript level in *Berkshire* loins with high and low fat content. (a) RT-PCR analysis of ACRP gene. Total RNAs were extracted from *Berkshire* loins with high and low fat content and then, subjected to RT-PCR analysis. *B-actin* mRNA level was used as a control, and ACRP mRNA levels were examined by using ACRP2-specific primers. (b) The histogram represents the ACRP/*B-actin* ratio measured by densitometer. The H (H1 to H6) and L (L1 to L6) groups indicate high and low fat content groups, respectively.

## 라. 지방관련 유전자의 단백질 분석

RT-PCR로 재확인되어진 유전자 10개의 유전자 중 7개의 유전자는 지방함량이 높은 등심에서 유의적으로 많이 발현되어진다는 것을 확인 하였다( $P < 0.01$ ). 7개의 유전자 중 다시 2개의 유전자에 대하여 단백질의 발현양상을 확인하기 위하여 western blotting을 실시하였다. western blotting 분석이 3년차 후반부에 들어 있어 현재 시중에 판매하는 안티바디를 빠르게 구입할 수 있는 단백질을 우선적으로 분석하였다. 나머지 5개의 유전자에 대해서도 안티바디를 제작하여 western blotting을 차후 년에 실시할 예정이다.

단백질 분석은 유전자 발현분석보다 더 다양한 단백질 발현양상을 보기 위해, 각 조직별(지방, 근육), 성장단계별(60kg, 80kg, 110kg), 품종별(Yorkshire, Berkshire)에 대한 blot을 제작하였고, 3반복의 실험을 통하여 단백질 발현양상을 분석하였다. 그 결과는 다음과 같다.

### (1) collagen type 1 protein

Collagen 유전자에 대한 단백질 발현양상을 확인하기 위한 western blotting을 실시하였다. 이 유전자의 RNA 발현양상에서 보면, 근육에 비해 지방조직에서 현저히 높은 유전자 발현량을 확인할 수 있었다. 그래서 이 유전자의 알려져 있는 기능으로 볼 때, 육질과의 연관성을 추측할 수 있었고, 육질과의 연관성을 확인하기 위한 방법으로 유전적으로 발현되어지는 량과 실제 단백질로 발현되어지는 량에 대해서 확인하고자 여러 조직들을 이용하여 그 발현양상을 비교 분석하였다. 그 결과 chip 분석 결과와 같이 근육보다는 지방에서 단백질의 발현양상이 높게 나타나 chip 분석결과의 신뢰성을 더해 주었다.

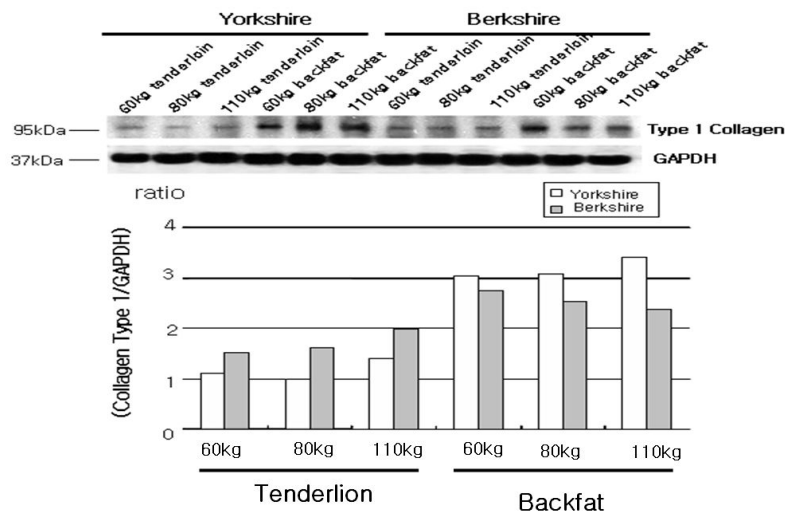


Figure 3-4-17. Western blot analysis of Collagen Type 1 protein in tenderloin and backfat of Yorkshire and Berkshire pigs at different growth stage (60 kg, 80 kg and 110 kg stages). GAPDH levels were used as loading controls. The lower histogram represents the Collagen Type 1/GAPDH ratio measured by densitometer.

## (2) Adiponectin protein

Adiponectin 유전자에 대한 단백질 발현양상을 확인하기 위한 western blotting을 실시하였다. 이 유전자 또한 chip 분석을 통하여 근육보다는 지방에서 유전자의 발현량이 높음을 알 수 있었고 RT-PCR을 통하여 지방함량이 높은 근육에서 많이 발현되는지 알 수 있었다. adiponectin은 인슐린의 민감성과 관련성이 있고 이 인슐린은 지방과의 연관성이 높다. 이러한 이론들을 바탕으로 육질과의 연관성을 확인하기 위하여 여러 가지 조직들을 이용하여 단백질 발현양상을 확인 하였다. 그 결과 근육보다는 지방에서 많이 발현되어짐을 알 수 있었고 품종간의 차이는 없는 것으로 확인되어 졌다. 이는 chip의 결과와 동일한 양상을 보임으로 chip의 결과를 재검정할 수 있었다.

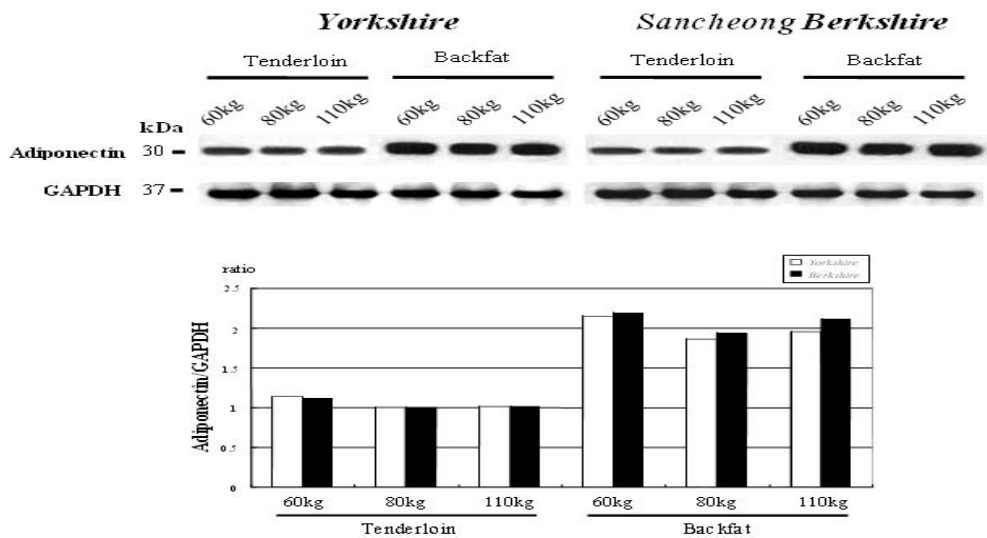


Figure 3-4-18. Western blot analysis of Adiponectin protein in tenderloin and backfat of *Yorkshire* and *Berkshire* pigs at different growth stage (60 kg, 80 kg and 110 kg stages). GAPDH levels were used as loading controls. The lower histogram represents the Adiponectin/GAPDH ratio measured by densitometer.

**다. DEG(Differentially Expressed Genes)분석 결과**

지방합성 관련 유전자를 추가적으로 더 확보하기 위해 당초 계획에는 없었으나 집단 간의 양적차이를 효과적으로 분석 할 수 있는 DEG 분석을 이용하여 지방관련 유전자를 선발 하였다. 비교하고자 하는 집단의 양적 차이를 보기 위하여 돼지의 등심조직에서 지방함량이 높은 개체 2두와 낮은 개체 2두씩을 선발, 10개의 primer set를 이용하여 DEG PCR을 실시하였다. 그 결과 Figure 3-4-19 과 같이 발현차이가 나는 유전자 10개를 얻을 수 있었지만 sequencing 중 6개가 손실되어 표 Table 3-4-5 와 같이 4개의 유전자 결과를 얻을 수 있었다.

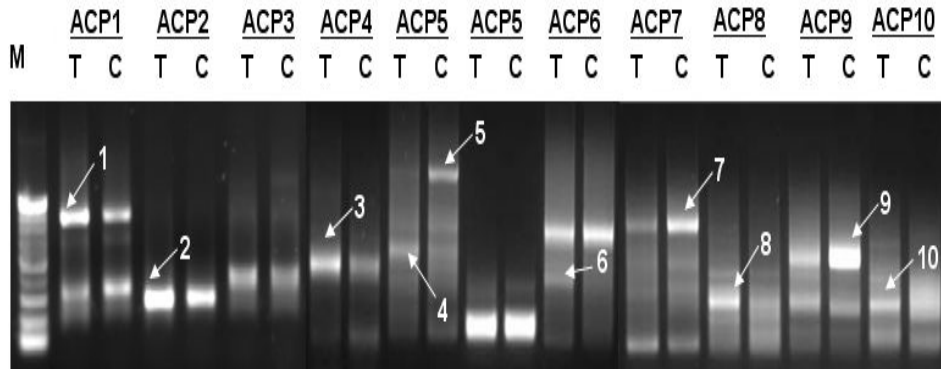


Figure 3-4-19. PCR results for identifying differentially expressed genes between high and low fat content in Berkshire loin using arbitrary annealing primers (ACP1 to ACP10). Lane M: 100bp size marker, lane C: low fat content , lane T: high fat content. The differentially expressed PCR products were indicated as arrows.

Table 3-4-5. Identification of differentially expressed genes between high and low fat content in Berkshire loin

No.	Gene name	GeneBank accession No.	Best matching species	Up-regulated sample
1	Sus scrofa ATPase, Na <sup>+</sup> /K <sup>+</sup> transporting, alpha 1 polypeptide (ATP1A1), mRNA	NM_214249	Sus scrofa (pig)	high fat content
2	Sus scrofa HUMMLC2B (HUMMLC2B) mRNA, complete cds.	DQ629157	Sus scrofa (pig)	high fat content
8	Sus scrofa myosin regulatory light chain ventricular isoform (MLC-2V) mRNA, complete cds.	NM_001113448	Sus scrofa (pig)	high fat content
9	Sus scrofa ATPase inhibitory factor 1 (ATPIF1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA.	NM_001097486	Sus scrofa (pig)	Low fat content

DEG분석결과 얻어진 지방관련 유전자들의 재현성 검정을 위해 chip 분석을 재현성 실험과 같은 RT-PCR을 통하여 발현량을 확인 하였다. 그 결과 ATP1A1 유전자에서만 유의적인 발현량의 차이를 보였고 나머지 3개의 유전자에 대해서는 유의적인 차이를 보이지 않았다. 유의적 차이를 나타내는 ATP1A1 유전자는 chip에서 선발된 다른 유전자와 같이 지방연관 marker로 활용할 수 있다. RT-PCR의 결과는 다음과 같다.

### (1) ATP1A1 유전자

ATP1A1 유전자는 ATP 합성에 관련한 중요한 효소로 알려져 있다. 이전 연구결과를 보면 운동선수와 일반사람을 비교했을 때 운동선수의 근육에서 ATP1A1이 현저하게 많이 발현이 된다고 알려져 있다(Purslow 등, 2004).

Figure 3-4-20에서 보면 ATP1A1 유전자의 발현량이 지방함량이 높은 등심에서 높게 발현됨을 알 수 있다( $P < 0.01$ ). 이 유전자는 chip 분석에서 선발된 유전자와 같이 지방연관 marker로 활용할 것이다.

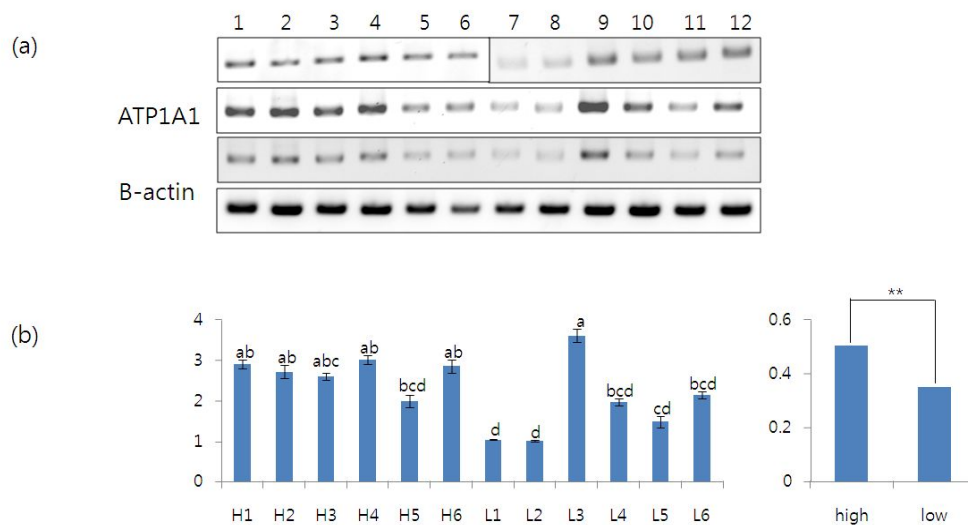


Figure 3-4-20. ATP1A1 transcript level in *Berkshire* loins with high and low fat content. (a) RT-PCR analysis of ATP1A1 gene. Total RNAs were extracted from *Berkshire* loins with high and low fat content and then, subjected to RT-PCR analysis. *B-actin* mRNA level was used as a control, and ATP1A1 mRNA levels were examined by using ATP1A1-specific primers. (b) The histogram represents the ATP1A1/*B-actin* ratio measured by densitometer. The number 1 to 6 and 7 to 12 indicate high and low fat content groups, respectively. (\*\* $P < 0.01$ )

## (2) HUMMLC2 유전자

HUMMLC2 유전자는 돼지의 등지방 두께와 관련성이 있는 유전자라고 알려져 있다(Nishimura 등, 2007). 앞에서 DEG 분석을 통해 지방함량이 높은 등심에서 차등발현 되었지만 Figure 3-4-21에서 보는 바와 같이 RT-PCR에서는 유의성이 없는 것으로 나타났다. 하지만 차후 2007년에 나온 논문들을 바탕으로 다른 실험을 통해 지방합성과의 연관성을 규명한다면 이 유전자를 지방 관련 marker로 사용할 수 있을 것이다.

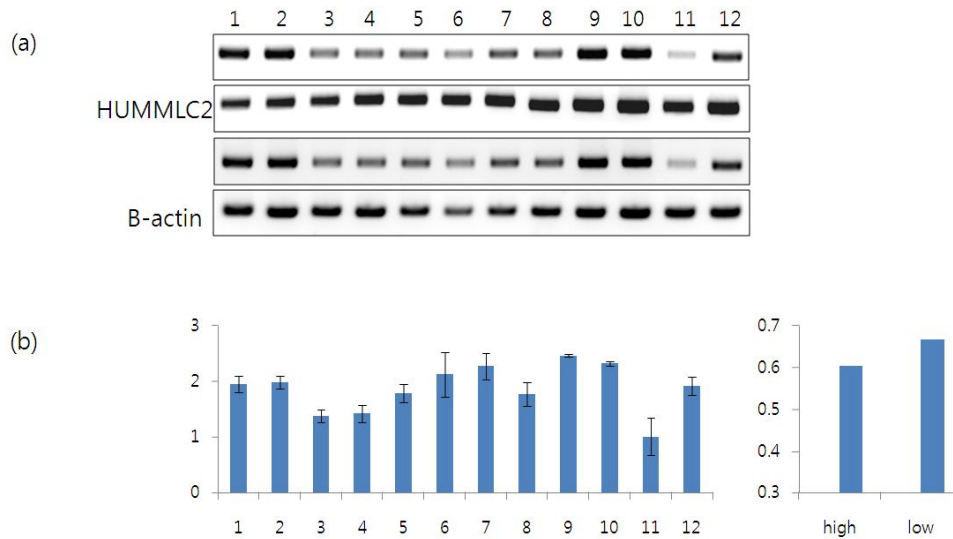


Figure 3-4-21. HUMMLC2 transcript level in *Berkshire* loins with high and low fat content. (a) RT-PCR analysis of HUMMLC2 gene. Total RNAs were extracted from *Berkshire* loins with high and low fat content and then, subjected to RT-PCR analysis. *B-actin* mRNA level was used as a control, and HUMMLC2 mRNA levels were examined by using HUMMLC2-specific primers. (b) The histogram represents the HUMMLC2/*B-actin* ratio measured by densitometer. The number 1 to 6 and 7 to 12 indicate high and low fat content groups, respectively.

### (3) MLC-2C 유전자

MLC-2C 유전자는 세포의 근간물질 중의 하나를 이루는 단백질을 코딩하는 유전자로 알려져 있다 (Stanton 등, 2001). 세포의 근간물질은 세포와 세포사이에 통로를 형성해주거나 세포와 세포를 연결해주는 지지대 역할을 함으로 성장이나 조직감 등에 많은 관련성 있다. 본 결과에서는 지방함량이 높은 등심에서 많이 발현되었지만 재현성 검증 결과 유의성이 없는 것으로 나타났다. 하지만 세포의 근간물질은 조직감과 성장에 많은 연관성 있으므로 차후 다른 연구를 통해 육질 후보 유전자로 활용할 계획이다.

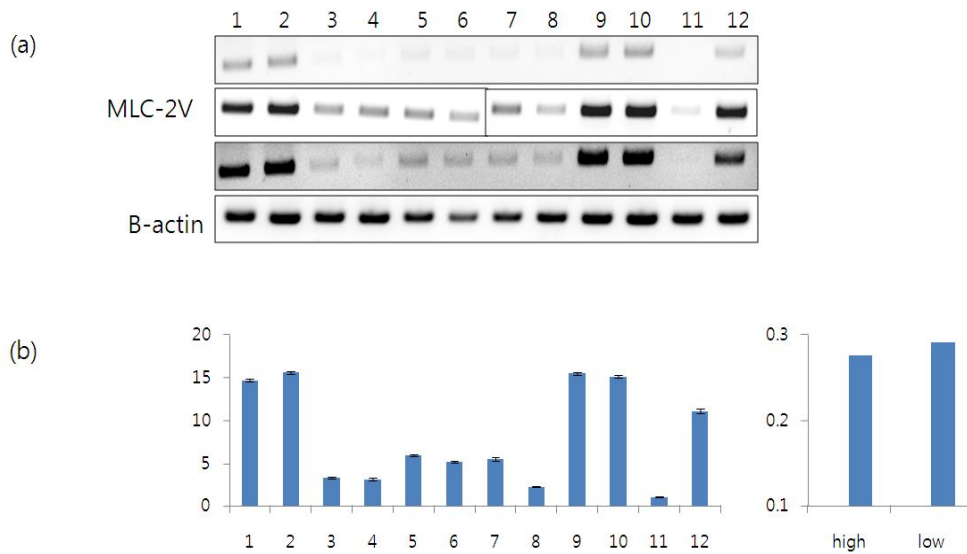


Figure 3-4-22. MLC-2V transcript level in *Berkshire* loins with high and low fat content. (a) RT-PCR analysis of MLC-2V gene. Total RNAs were extracted from *Berkshire* loins with high and low fat content and then, subjected to RT-PCR analysis. *B-actin* mRNA level was used as a control, and MLC-2V mRNA levels were examined by using MLC-2V-specific primers. (b) The histogram represents the MLC-2V/*B-actin* ratio measured by densitometer. The number 1 to 6 and 7 to 12 indicate high and low fat content groups, respectively.



#### (4) ATP1F1 유전자

ATP1F1 유전자는 ATP1A1 와 반대로 ATP 합성을 저해하는 효소로 알려져 있다(Purslow 등, 2004). DEG 분석에서는 이 유전자의 발현이 지방함량이 낮은 그룹에서 높은 발현량을 보였다. 이러한 현상은 이전 연구결과들과 동일하다. 하지만 RT-PCR에서는 지방함량이 낮은 그룹에서 높은 발현량을 보이는 현상이 있었지만 유의적으로 발현이 높은 것은 아니었다.

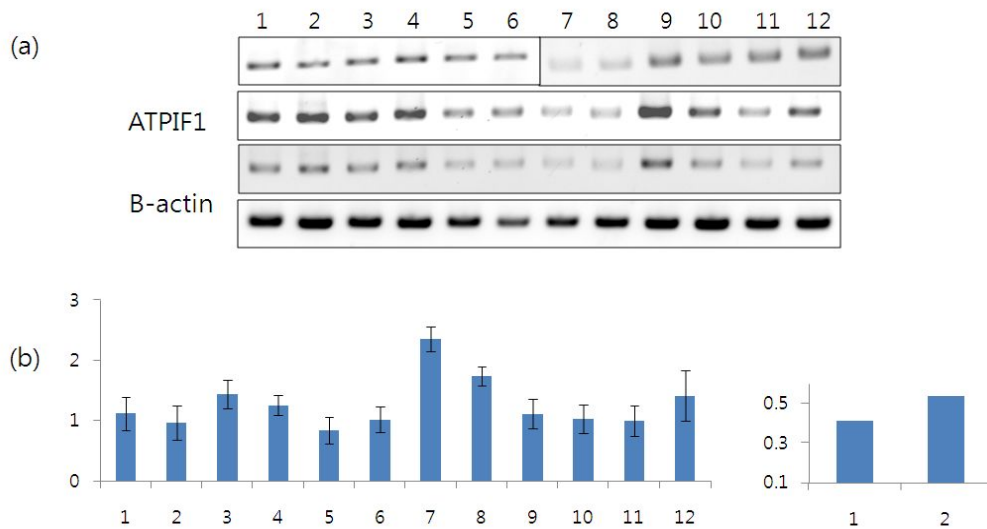


Figure 3-4-23. ATP1F1 transcript level in *Berkshire* loins with high and low fat content. (a) RT-PCR analysis of ATP1F1 gene. Total RNAs were extracted from *Berkshire* loins with high and low fat content and then, subjected to RT-PCR analysis. *B-actin* mRNA level was used as a control, and ATP1F1 mRNA levels were examined by using ATP1F1-specific primers. (b) The histogram represents the ATP1F1/*B-actin* ratio measured by densitometer. The number 1 to 6 and 7 to 12 indicate high and low fat content groups, respectively.

#### 마. Methylation 분석 결과

본 연구는 계획서에는 언급되어 있지 않았지만 유전자 발현량에 따른 돼지 출하시기 조절 진단기법의 정확성을 최신 분자생물학적 방법으로 검증 하였다. mRNA의 발현은 DNA의 methylation과 밀접한 연관성이 있다. DNA의 methylation정도가 높으면 그 유전자의 발현은 낮아지고 methylation정도가 높으면 그 유전자의 발현이 높아진다. 이 분석법으로 우리가 앞에서 확보한 유전자의 methylation정도를 파악하여 진단기술의 정확성을 검증 할 수 있다.. 현재 초기단계로서 지방에서 발현량이 유의적으로 높다고 판단된 8개의 유전자 중 SCD유전자에 대해서 methylation 분석을 실시하였다.

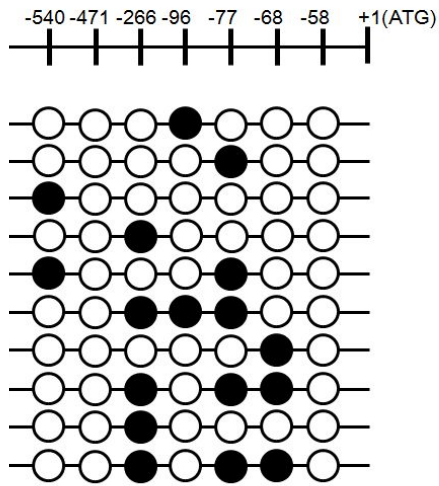
SCD(stearoyl-CoA desaturase)유전자는 지방합성 관련 유전자로 많이 알려져 있다. SCD 유전자는 지방의 저장과 소비 기작 조절에 관여하는 효소로 위스콘신 매디슨 대학의 제임스 엔탐비 교수가 1988년에 존스홉킨스 대학병원에서 박사후 과정을 밟을 당시에 처음으로 발견한 유전자로 알려져 있다. 후속 연구를 통해 지난 2000년에는 SCD 유전자가 결핍된 마우스 모델이 개발되었다. 또한 2002년 7월 12일자 'Science'에서는 SCD 은 간이나 기타 다른 세포조직에 존재하는 지방산(fatty acids)으로부터 단포화 지방(monounsaturated fats)이 생성되는 과정에 촉매 역할을 담당한다고 보고했다. 특히 렙틴이 존재하지 않으면 SCD 수치가 증가해 더 많은 지방이 간에 저장되는 결과가 나타나 이 같은 비만 현상이 유도된다고 한다. 같은 해 8월 12일자 'PNAS'에서는 SCD 유전자를 제거하는 것만으로도 고지방 음식을 아무리 섭취해도 비만에 걸리지 않도록 만들 수 있다는 동물 실험 결과도 발표됐다. 또한 우리의 이전 연구결과에서도 근육과 지방에서 chip 분석을 통해 지방조직에서 높은 발현량을 보였고, RT-PCR을 통해서도 지방조직에서 높은 발현량을 나타 내었다.

먼저 근육과 지방에서 genomic DNA를 분리 하여 bisulphite(중아황산염)처리 하였다. bisulphite를 처리하게 되면 methylation 되어있는 DNA의 티민이 아래의 그림과 같이 우라실로 치환되게 된다. 그런 다음 bisulphite를 처리하지 않은 DNA와 처리한 DNA를 SCD 유전자로 증폭한 뒤 염기서열 분석을 통하여 methylation된 부분을 찾을 수 있었다.

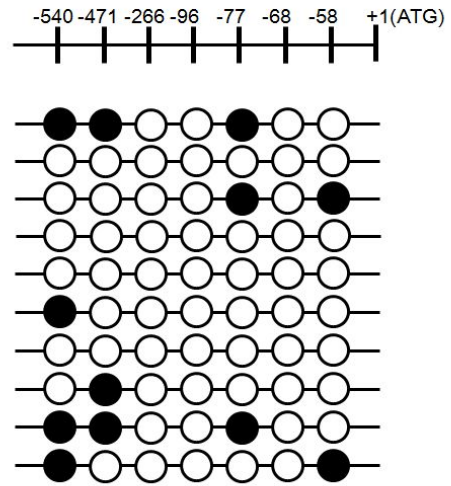
그 결과를 보면 시작코돈(ATG)로부터 58번째, 471번째, 540번째 CG염기서열에서 지방보다는 근육에서 methylation이 많이 일어났다는 것을 알 수 있다. methylation이 되었다는 것은 그만큼 유전자 발현을 억제하고 있다는 추측을 하게 된다. 즉, SCD 유전자 프로모터 중 이 세 곳의 부위가 중요하다는 것을 추측하게 한다. 또한 지방에서 유전자 발현이 높음을 알 수 있다. 이러한 결과로 보아 SCD 유전자는 유전자 선발용 marker로 활용가치가 높고 유전자 진단기술로 적합하다고 판단된다. 현재 이 연구방법은 계속 진행 중이며 차 년도에 나머지 유전자들에 대해서도 진행 할 예정이다.

# A

(a) Fat

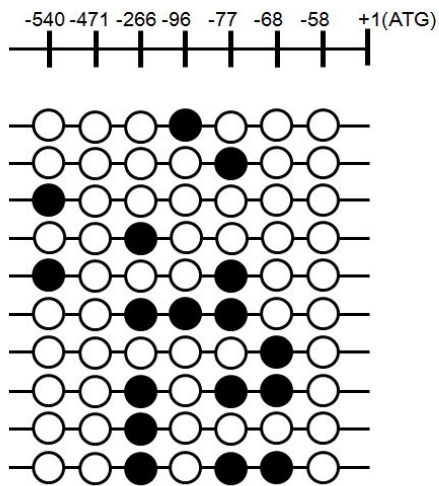


(b) Muscle

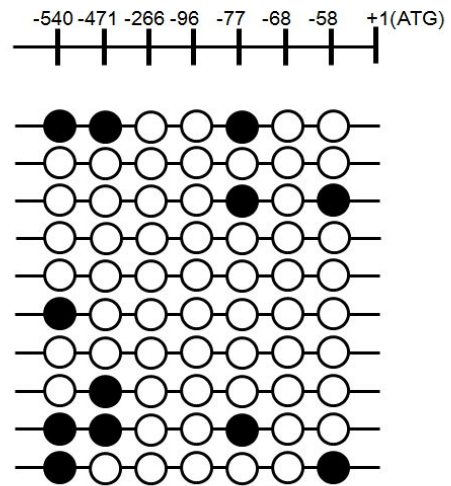


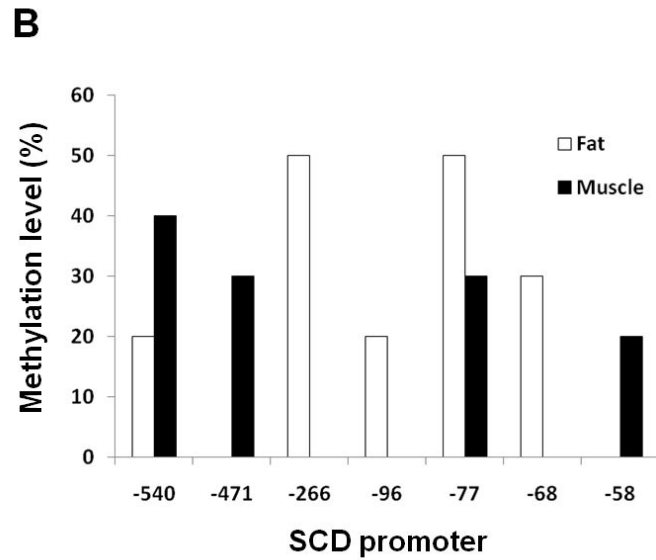
# A

(a) Fat



(b) Muscle





8

Figure 3-4-24. Analysis of CpG methylation of *SCD* promoter regions by bisulfite sequencing. (A) Methylation status of conserved CpGs in the *SCD* promoter regions. The indicated positions represent the conserved CpGs in *SCD* promoter regions extracted from porcine fat (a) and muscle (b). (B) Relative variation in methylation at each of the conserved CpGs of (A).

## 바. 유전자 진단기술 개발 결과

3차 년도에는 2차 년도에서 지방합성과 관련성이 있다고 확보되어진 유전자에 대해서 재현성 검증을 실시하였다. 3차년도의 최종목표는 검증된 유전자를 이용하여 근내 지방이 우수한 개체의 선발기술개발이다. 이러한 최종 목표에 도달하기 위하여 앞에서 검증된 유전자(ENO3, KIA1717)를 이용하여 조기 진단기술을 개발하였다(출원번호10-2010-0027285).

ENO3 유전자와 KIA1717는 RT-PCR결과에서도 유의적이 차이를 보였다. 3-K4-specific methyltransferase (KIA1717) 유전자는 histone methylation에 중요한 역할을 하고 전사 조절과 관련되어져 있다. 이 유전자의 genotype 분석결과는 돼지의 marbling과 근내 지방함량에 유의적인 연관성( $p < 0.01$ )이 있는 것으로 보고된 바 있다(Xu 등, 2007). Enolase(2-phospho-D-glycerate hydrolyase)는 해당과정에서 2-phosphoglycerate가 phosphoenolpyruvate로 변화되어지는 과정을 촉매하는 효소이다. 그 중 ENO3 (beta enolase)는 근육조직에 존재하여 유전자의 발현을 조절한다. 이 유전자의 T 결실 변이는 돼지의 지방함량, 등지방두께, 마블링 그리고 근내지방함량과 유의적인 연관성이 있는 것으로 확인된 바 있다(Wu 등, 2008). 두 유전자는 모두 돼지의 근내지방함량, 등지방두께, 그리고 마블링과 같은 형질에 연관성이 있는 것으로 보고되어 있고 본 연구의 결과에서도 지방연관 조직에서 유의적으로 높은 발현량을 보였다. 이 2개의 유전자의 SNP를 이용하여 아래와 같은 결과를 얻을 수 있었고 등지방 두께와 지방함량이 높은 개체를 선발할 수 있는 진단기술 결과는 다음과 같다.

### (1) 유전자형 분석을 통한 조기진단 기술 개발

#### (가) primer의 제작

선발된 유전자 2개에 대해서 PCR-RFLP 분석과 AS-PCR을 위한 특이적인 primer를 제작 하였다. ENO3(beta enolase) 유전자의 primer는 NCBI GenBank에서 염기서열을 확인하였다(Acc. No. NM\_001044527). 9번 인트론의 404bp 위치에서의 T 염기 결실 변이여부를 확인할 수 있도록 아래와 같이 프라이머를 제작하여 687bp를 증폭하도록 준비하였다.

KIA1717 유전자의 경우에는 GenBank에서 염기서열을 확인하였고(Acc. No. AY900164), 1354bp 위치의 C/T 변이를 확인할 수 있도록 그 주변의 염기서열로 primer를 제작하여 PCR 분석에 이용하였다.

Genes	Primer	Sequence (5' --> 5')	A.T.	Size(bp)
KIAA1717	F1	TTG CAG GGC AGC AGA ATC AG	60	646
	R1	GGT CCC TGG AGT TTC CCA AT		
ENO3	F1	AGA TTC TGC TTC GTC CCA	55	687
	R1	GGC TTC CAC CTT CTC ACT		

AS(AAllele specific)-PCR은 특정 대립유전자만이 결합이 가능하도록 변이가 있는 염기 부위에 primer를 제작하여 PCR을 수행하는 방법이다. 그래서 AA 유전자형에 결합하는 primer와 BB 유전자형에 결합이 가능한 primer를 각각 제작하여 AA 유전자형을 확인할 수 있는 PCR 분석과 BB 유전자형을 확인할 수 있는 PCR 분석을 각각의 PCR tube에서 수행하게 된다. 그래서 AS-PCR 분석용 primer는 염기의 변이가 있는 부분을 아래 표에서 나타낸 바와 같이 제작하였다.

Genes	Primer	Sequence (5' --> 5')	A.T.	Size(bp)
KIAA1717	AA-F	TGG AGC CTC GGT GTC AAC T	62	705
	AA-R	ACC GTG AAG TCC CAC AAC A		
	BB-F	AGT TGG GGC TCA CAC AAC C	62	523
	BB-R	GGT CCC TGG AGT TTC CCA A		
ENO3	AA-F	AGA ACT ATC CTG GTG AGC C	62	1033
	AA-R	GGG AGA GGA CAT TTG AGG G		
	BB-F	ACG AGG TGG AGC TAG GAC T	62	195
	BB-R	CCC CAA GAA AGC TCA GTC A		

(나) PCR 조건의 확립

유전자형 분석을 하기위해 PCR 조건을 확립하였다. 여러 번의 반복 test를 통하여PCR 조건을 확립할 수 있었다.

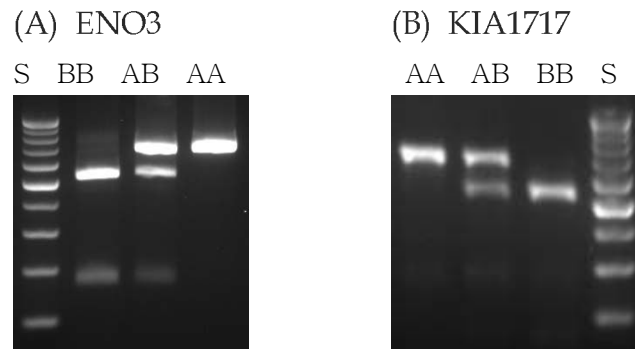
ENO3와 KIAA1717 유전자의 PCR-RFLP와 AS-PCR 분석을 위한 PCR 증폭 조건은 아래 표에 나타낸 바와 같다. 두 실험방법은 사용한 primer의 종류가 다르고 annealing 온도가 다르며, 나머지는 동일한 조건에서 PCR이 수행된다. PCR-RFLP 분석에서는 유전자형에 관계없이 F와 R primer로서 PCR을 수행하고, AS-PCR에서는 두 유전자 각각의 AA test용 F와 R, 그리고 BB test용 F와 R primer를 이용한 PCR을 수행하게 된다.

구 분	조 건
PCR 반응액	10X Taq buffer 1.5ul, 15mM MgCl <sub>2</sub> 1.0ul, 10mM dNTP 1.0ul, 5U Taq polymerase 0.2ul, 5pmol Primer pair (F + R) 1ul, gDNA 100ng, ddH <sub>2</sub> O
PCR 사이클	95℃ 5분 1회, 94℃ 30초, 58℃(AS-PCR 62℃) 30초, 72℃ 40초 35회 반복, 72℃ 10분, 4℃ 보관

(다) 유전자형 분석을 통한 진단 기술 개발

유전자형 분석을 통하여 유전자 조기 진단 기술을 개발 할 수 있었다. 아래 그림에 표시되어 있는 것처럼 ENO3 유전자의 경우에는 AA(uncut type, 687bp), AB(hetero type, 687+519+168bp), 혹은 BB(cut type, 519+168bp) 유전자형을 확인 할 수 있었고 KIA1717 유전

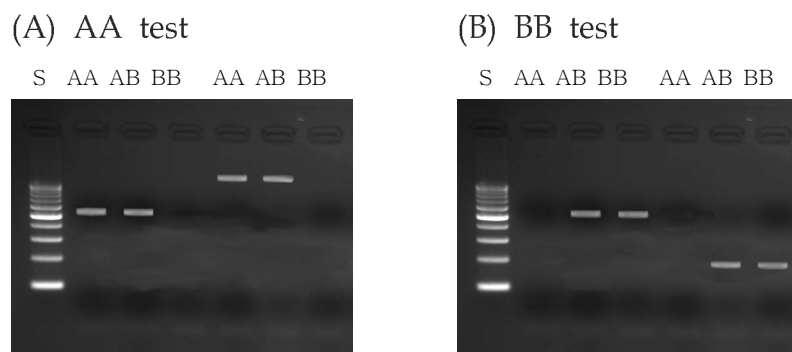
자의 경우에는 AA(uncut type, 647bp), AB(hetero type, 647+506+141bp), 혹은 BB(cut type, 506+141bp) 유전자형을 확인하였다.



<PCR-RFLP results of KIA1717 and ENO3 genes>

AS-PCR은 아래 그림에 나타나 있는 것처럼 특정 allele에 대한 반응만이 가능하도록 특이 primer를 제작하였으므로 샘플이 A allele을 가지는 경우에는 AA test에 밴드가 출현하게 되고, B allele을 가지는 경우에는 BB test에 밴드가 출현하게 된다. 그러므로 AB 헤테로 형태의 유전자형을 가지는 경우에는 두 test에 모두 밴드가 출현한다.

두 유전자의 AS-PCR 결과는 2.0% agarose gel 전기영동에서 결과를 확인 하였다. KIA1717 유전자는 AA test에서 A allele을 가지는 AA, AB 유전자형의 샘플은 705bp 밴드가 출현하게 되고, BB 유전자형의 샘플만 밴드가 나타나지 않았다. 반면 BB test 에서는 B allele을 가지는 BB, AB 유전자형의 샘플만이 523bp 밴드가 출현하게 되고, AA 유전자형의 샘플은 밴드가 나타나지 않았다. ENO3 유전자도 이와 마찬가지로 AA test에서의 A allele을 가지는 1033bp 밴드와 BB test에서의 195bp 밴드를 확인할 수 있다.



<AS-PCR results of KIA1717 and ENO3 genes>

(라) 돼지 323두를 이용한 진단기술의 검증

앞에서 서술한 조기진단기술의 정확성을 검증하기 위하여 berkshire 323두를 도축하였고 육질분석 자료를 활용하여 유전자형과 연관성분석을 통하여 조기진단 기술을 정확성을 검증할

수 있었다. 그 결과 KIA1717 결과표에서 보는 대로 KIA1717 유전자의 C1354T 변이를 확인하여 C 염기를 가지는 BB 유전자형일 경우 등지방 두께가 두껍고, 지방함량이 높으며, 보수력이 높은 반면 가열감량은 낮게 나타났다.

ENO3는 수컷에서 보다 암컷에서 더욱 높은 형질과의 연관성을 확인할 수 있었는데 등지방 두께의 경우에는 암수 모두에서 유의적인 연관성을 확인할 수 있었다.( $P<0.01$ , ( $P<0.05$ ) ENO3 유전자는 4797bp 위치에 T 염기가 결실되어 있는 AA 유전자형이 등지방 두께가 두껍고 지방함량이 높게 나타났다.( $P<0.01$ , ( $P<0.05$ )

그러므로 이 두 유전자의 변이를 확인하는 본 발명의 진단기법을 활용하여 KIA1717 유전자는 BB 유전자형을 가지고, ENO3 유전자는 AA 유전자형을 가지는 개체를 선발함으로써 근내 지방함량이 높아 국내 소비경향에 적합한 우수 종돈을 육종하는데 활용할 수 있게 된다. 이러한 결과는 두 유전자 각각에 대한 이전의 연구 결과와 동일하게 나타남으로서 더욱 신뢰성이 높다고 판단되고 이 방법은 특허로 출원한 상태이다.(출원번호10-2010-0027285)

Table 3-4-6. Association between KIAA1717 genotypes and economic traits of pig

Traits	Genotype			F-value
	AA(n=183)	AB(n=117)	BB(n=19)	
BW	85.11±0.43	85.43±0.52	83.11±1.36	1.33
BFT	23.84±0.34 <sup>b</sup>	25.10±0.45 <sup>ab</sup>	25.89±1.30 <sup>a</sup>	4.25**
pH24	5.85±0.02 <sup>b</sup>	5.91±0.22 <sup>ab</sup>	5.96±0.04 <sup>a</sup>	4.31**
CL	48.62±0.22 <sup>a</sup>	48.07±0.26 <sup>ab</sup>	47.18±0.51 <sup>b</sup>	2.91*
Ca	6.21±0.09	6.19±0.10	5.84±0.21	0.99
Cb	2.75±0.07	2.79±0.09	2.64±0.17	0.22
WHC	57.84±0.17 <sup>b</sup>	58.23±0.22 <sup>b</sup>	59.30±0.63 <sup>a</sup>	3.80*
Coll	0.89±0.01	0.90±0.01	0.86±0.02	0.88
Fat	2.81±0.10 <sup>b</sup>	2.85±0.11 <sup>ab</sup>	2.96±0.14 <sup>a</sup>	3.08*
Mois	75.50±0.07	75.51±0.08	75.51±0.18	0.00
Pro	23.75±0.05	23.73±0.06	23.69±0.14	0.07
DL	4.43±0.14 <sup>a</sup>	4.28±0.16 <sup>a</sup>	3.33±0.30 <sup>b</sup>	3.12*
Closs	28.24±0.27	28.21±0.31	27.73±0.82	0.23
SF	2.75±0.04	2.83±0.06	2.78±0.15	0.58

Least square means (LSM) estimated for each polymorphism is indicated with its standard error.

\*\* $P<0.01$ , \* $P<0.05$ , BW : body weight, BFT : backfat thickness, pH24 : Postmortem pH24 Values, CL : meat color L, Ca : meat color a, Cb :meat color b, WHC : water holding capacity, Coll : collagen, Fat fat content: , Mois : moisture, Pro : protein, DL : drip loss, Colss : cooking loss, SF : shearforce



Table 3-4-7. Association between ENO3 genotypes and economic traits of pig

Sex	Trait	Genotype			F-value
		BB	AB	AA	
M(♂)	BW	85.65±1.09	85.27±0.67	84.22±0.95	0.63
	BFT	24.21±0.57 <sup>b</sup>	25.29±0.49 <sup>ab</sup>	26.76±0.60 <sup>a</sup>	3.13 <sup>*</sup>
	pH24	5.89±0.04	5.92±0.03	5.93±0.03	0.34
	CL	49.85±0.57	48.80±0.32	48.59±0.43	2.04
	Ca	5.86±0.16	6.30±0.12	6.08±0.16	2.30
	Cb	2.94±0.16	2.76±0.11	2.86±0.15	0.40
	WHC	57.95±0.39	58.04±0.28	58.12±0.35	0.05
	Coll	0.85±0.02	0.87±0.02	0.89±0.02	0.87
	Fat	3.37±0.21	3.39±0.16	3.42±0.20	0.02
	Mois	75.35±0.16	75.32±0.12	75.35±0.16	0.02
	Pro	23.54±0.10	23.48±0.08	23.44±0.10	0.21
	DL	4.36±0.32	4.43±0.26	4.03±0.22	0.63
	Closs	28.05±0.49	28.03±0.37	28.62±0.48	0.57
	SF	2.53±0.10	2.60±0.06	2.61±0.07	0.27
F(♀)	BW	84.97±1.07	84.73±0.54	85.68±0.81	0.52
	BFT	22.24±0.72 <sup>ab</sup>	21.85±0.45 <sup>b</sup>	23.70±0.62 <sup>a</sup>	3.26 <sup>*</sup>
	pH24	5.84±0.03	5.84±0.02	5.88±0.03	0.86
	CL	48.51±0.61	47.64±0.34	47.70±0.31	1.01
	Ca	6.50±0.25	6.22±0.12	6.15±0.15	0.91
	Cb	2.88±0.21	2.66±0.11	2.70±0.13	0.54
	WHC	57.53±0.36	57.92±0.26	58.57±0.32	2.22
	Coll	0.96±0.03	0.91±0.01	0.90±0.02	2.54
	Fat	2.30±0.21	2.36±0.10	2.58±0.12	1.20
	Mois	75.85±0.15 <sup>a</sup>	75.73±0.08 <sup>a</sup>	75.42±0.09 <sup>b</sup>	4.37 <sup>**</sup>
	Pro	23.94±0.13	23.93±0.07	24.05±0.09	0.56
	DL	4.74±0.38	4.23±0.18	4.36±0.22	0.91
	Closs	28.88±0.47	28.31±0.34	27.67±0.45	1.55
	SF	3.01±0.13	2.96±0.07	2.93±0.08	0.15

Least square means (LSM) estimated for each polymorphism is indicated with its standard error.

\*\*P<0.01, \*P<0.05, BW : body weight, BFT : backfat thickness, pH24 : Postmortem pH24 Values, CL : meat color L, Ca : meat color a, Cb :meat color b, WHC : water holding capacity, Coll : collagen, Fat fat content: , Mois : moisture, Pro : protein, DL : drip loss, Colss : cooking loss, SF : shearforce

## (2) 유전자 발현량 분석을 통한 진단기술 개발 결과

3년차에서 선발된 유전자의 발현량 분석을 통하여 지방함량의 높고 낮음을 확인하여 돼지의 출하시기를 조절할 수 있는 진단기술을 개발 하였다.

Chip 분석에서 확보되어 RT-PCR로 유의성이 있다고 밝혀진 7개의 유전자와 DEG 분석에서 유의성이 있다고 밝혀진 1개의 유전자 총 8개의 유전자를 이용하여 유전자의 발현량을 확인함으로써 돼지의 출하시기를 조절할 수 있는 진단 기술을 개발한 결과는 다음과 같다.

### (가) primer의 제작

선발된 8개의 유전자의 특이적인 primer은 앞에서 서술한바와 같이 RT-PCR시 이용한 primer와 동일하였다. 아래 표는 8개의 유전자에 발현분석 시 사용한 primer를 나타낸 것이다.

Genes	Primer	Sequence (5' --> 5')	A.T.
Fibronectin*	F	CACGACAACGGCTACCCCTTC	55
	R	GGGTTCGAGTCGGCTTAGAGG	
Enolase 1*	F	AGTAGAGGAGGAGCTGGACCGG	55
	R	CAGCTGCATCTCCTGCAGCTCC	
Collagen alpha-2(I) chain precursor*	F	CCTGCTCCATGTCACAGACAC	56
	R	CATTGGAGTCGGACTCCCAGA	
Adiponectin receptor 2*	F	GCTGGAGTGCCAGCCGAGTTC	62
	R	GGCCCCATTTCAGGCTGACTGC	
KIAA1717*	F	ATTGCCTTCGGTGTGTTGAG	60
	R	TCAGGAATGGGAGTTATTGG	
ENO3*	F	GCCCTCAACTCACTCTTCAG	55
	R	GAAGTGTACAGACTGACCAAA	
SCD*	F	CATTGGAGTCGGACTCCCAGA	55
	R	GCTGTAGCAGTGCACGTCCC	
Beta-enolase	F	GAATCCACAGAAACCAAGGC	55
	R	CTTGGGTGCTTTGGACTTGAA	

### (나) PCR 조건의 확립

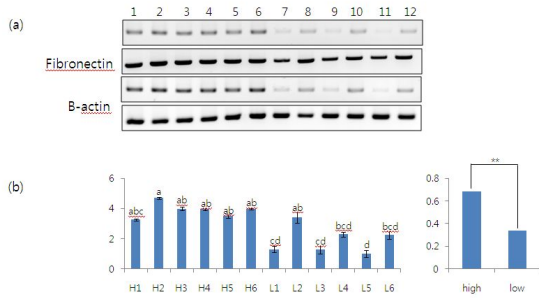
유전자 발현양상을 확인하기 위하여 PCR조건을 확립 하였다. 각각 유전자에서 사용한 primer의 종류가 다르고 annealing 온도가 다르며, 나머지는 아래와 같이 동일한 조건에서 PCR이 수행된다. 유전자와 상관없이 각각의 유전자는 F와 R primer로 PCR을 수행하고 전기 영동을 통해 유전자 발현양상을 확인한다.

구 분	조 건
PCR 반응액	10X Taq buffer 1.5ul, 15mM MgCl <sub>2</sub> 1.0ul, 10mM dNTP 1.0ul, 5U Taq polymerase 0.2ul, 5pmol Primer pair (F + R) 1ul, cDNA 100ng, ddH <sub>2</sub> O
PCR 사이클	95℃ 5분 1회, 94℃ 30초, 55℃, 30초, 72℃ 40초 35회 반복, 72℃ 10분, 4℃ 보관

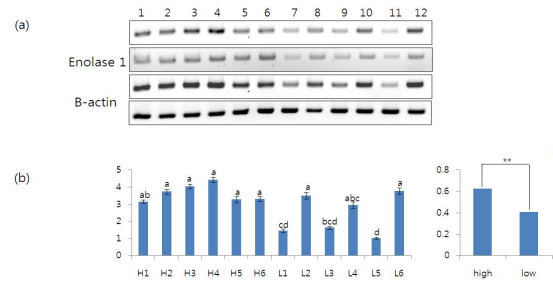
### (다) 유전자 발현양상을 통한 돼지 출하시기 진단 기술 개발

앞에서 서술한 PCR 조건과 각각의 primer를 사용하여 발현양상을 분석하여 돼지 출하시기를 결정하는 진단기술을 개발할 수 있었다. 8개의 유전자 발현양상에 대한 결과는 아래와 같다.

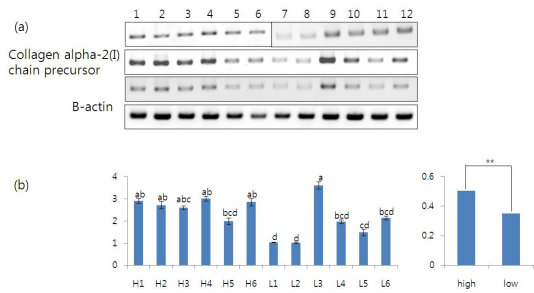
(1) Fibronectin 유전자



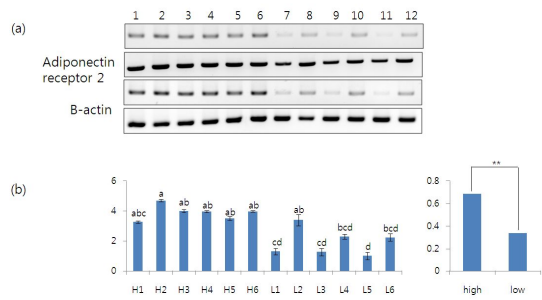
(2) Enolase 1 유전자



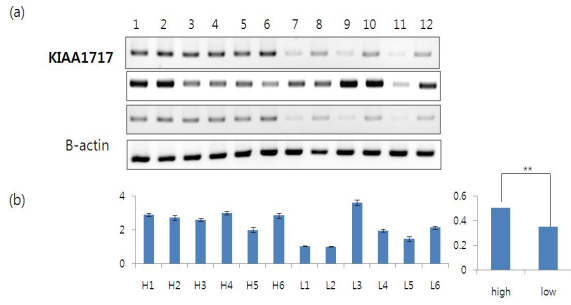
(3) Collagen alpha-2(I) chain precursor 유전자



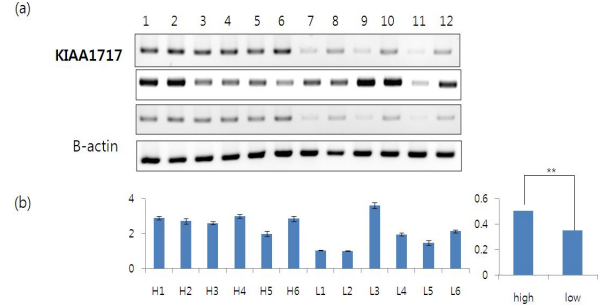
(4) Adiponectin receptor 2 유전자



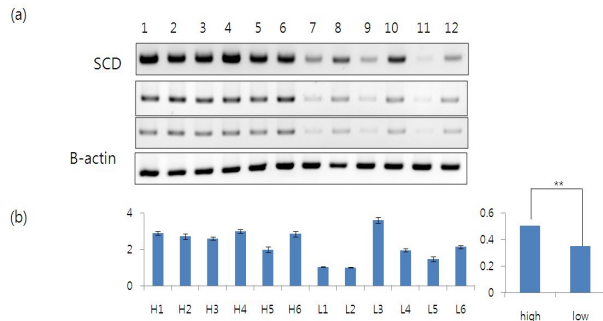
(5) KIA1717 유전자



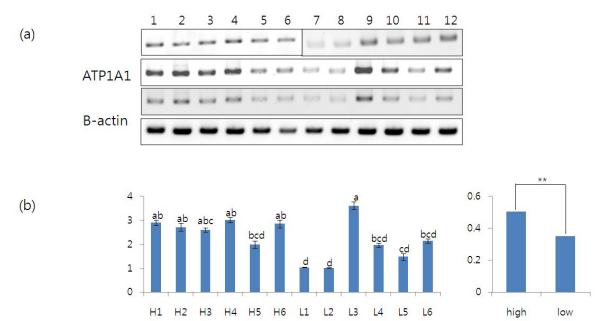
(6) ENO3 유전자



(7) SCD 유전자



(8) ATP1A1 유전자



위에서 그림과 같이 각 유전자의 발현량이 높게 나타나는 것은 근내 지방이 충분히 침착되어 적절한 출하시기가 되고 낮게 나타났을 시 아직 출하시기가 덜 되었다고 볼 수 있다. 8개의 유전자 발현의 높고 낮음은 위 실험에서 사용한 cDNA를 비교대상으로 하여 비교대상보다 높게 나오거나 동일하게 발현되어지면 적절한 출하시기라고 할 수 있고 비교대상보다 낮게 나오게 되면 조금 더 사육하여야 한다는 진단결과가 나오게 된다. 위와 같이 개발되어진 진단기법은 돼지의 출하시기를 결정하는데 적용할 수 있을 것이다. 하지만 본 실험에서는 돼지를 도축 후 조직을 사용하였다. 돼지의 출하시기를 조절하려면 돼지를 도축하지 않고 진단해야 하므로 아직은 진단기법의 사용이 어렵다. 차후 년에 이러한 진단기술을 돼지를 도축하지 않고 돼지의 이각 시 귀 조직이나 혈액을 이용한 방법을 구축하여 특허를 출원할 계획이다. 이러한 기술을 이용한다면 돼지 출하 시 지방함량의 높고 낮음을 판단하여 돼지 출하시기를 결정하는 진단기법으로 이용할 수 있을 것이다.

## 제 5 절 지방 특이 유전자 이용 기술 개발 및 재정립

### 1. 연구 내용

#### 가. 실험동물의 형질조사 및 DNA 확보

##### (1) 실험동물의 확보

실험동물은 Table 3-5-1과 같이 각 장소에서 총 679두의 돼지를 확보 하였다. 437두의 산청 버크셔는 도축장에서 도축하여 육질 분석을 위해 도축된 돼지는 24시간 동안 냉동실에 보관한 후, 등심 조직을 절단하였고, 동일개체의 도축 시 10cc정도의 혈액을 EDTA가 함유된 튜브에 채취하였다. 삼겹살 량을 위하여 확보하였던 LYD 비육돈 46두는 축산과학원에서 소량의 등심조직과 삼겹살량 데이터를 확보 하였다. 랜드레이스, 요크셔, 듀록은 제2종돈 능력검정소에서 각각의 품종별 혈액을 채취 하였다. 또한 갈비뼈 개수를 확인하기 위하여 경남 진주에 소재하고 있는 (주) 아시아씨앤아이(도축장)에서 이분 도체된 돼지에서 소량의 조직을 확보 하였다.

Table 3-5-1. Experimental animals used in this study

Experimental animals	Heads.	Place	Traits	Note
산청 버크셔	437두	산청솔잎흑돼지	등지방두께, 도체중, 근내지방	도축 후 형질 분석
LYD 비육돈	46두	축산과학원	삼겹살량	등심조직 및 삼겹살량 데이터 확보
랜드레이스	32두	제2종돈능력검정소	품종구분	혈액채취
요크셔	32두			
듀록	32두			
LYD 비육돈	100두	(주)아시아씨앤아이	갈비뼈 개수 (15개, 16개)	소량의 조직과 갈비뼈 개수 확인
합 계	679두			

##### (2) 형질 조사

도체중량(kg)은 도축 직후의 온도체 중량을 측정하였고, 등지방 두께(mm)는 좌반도체 11~12번째 늑골사이 및 최종 늑골 바로 위쪽을 척추면 과 수직되게 측정하여 평균으로 하고, 지방은 시료 2g를 4시간 건조시켜 desiccator에서 30분간 방냉 후 중량을 정량하고, Soxhlet 추출기로 추출하며, ether를 제거한 후에 건조기에서 5시간 건조 후에 무게를 측정하여 계산 하였다. 삼겹살량은

축산과학원에서 돼지를 직접 발골 하여 삼겹살량을 측정 하였다. 그리고 갈비뼈 개수는 (주)아시아씨앤아이에서 도축된 돼지의 갈비뼈 개수에서 목살로 사용되어지는 1번부터 5번 갈비뼈를 제외한 나머지의 갈비뼈 개수를 직접 세어 15개와 16개 조사하고 분류하였다

### (3) 조직으로부터 genomic DNA 분리

확보된 등심과 소량의 돼지 조직(0.5g)을 E-tube에 넣고 세포를 부쉬 주는 lysis buffer 0.6ml을 넣고 잘 섞어 주었다. ICE에 tube를 잠시 둔 후 37℃ 항온수조에 10분동안 배양하고 5~6회 반복해서 잘 혼합되도록 섞어 주었다. 그런 다음 phenol/chloroform/isoamylalcohol 0.5ml을 넣고 vortex하고 tube를 잘 흔들어서 phenol 성분이 샘플과 잘 혼합되도록 하고 13,000rpm에서 10분 동안 원심분리하고 상층액 부분만을 새로운 E-tube로 옮겼다. 이 과정을 1~2회 정도 반복한 후 chloroform/isoamylalcohol 0.5ml을 첨가하여 잘 혼합하고 원심분리한 후 상층액 만을 새로운 tube로 옮겨 담았다. 새로운 E-tube에는 맑고 투명한 용액만이 남게 되는데 여기에 100% ethanol과 3M sodium acetate를 넣어 DNA만을 엉기게 만들어 주어 원심분리로 침전 시켰다. 침전된 DNA에 75% ethanol 0.5ml 넣고 원심분리 후 침전된 DNA만 남기고 용액부분을 모두 제거하였다. 완전히 건조된 게놈 DNA에 3차 증류수를 넣고 잘 녹여준 후 실험에 적합한 농도로 희석해서 사용하였다.

### (4) 혈액으로부터 genomic DNA 분리

제 2 종돈능력 검정소 에서 확보한 랜드레이스, 요크셔, 듀록 3품종 96두 돼지로부터 혈액을 채취 하였다. 채취한 혈액은 genomic DNA purification kit를 이용하여 순수 DNA를 추출하였다. 추출방법은 혈액 300 $\mu$ l을 취하여 1.5ml E-tube에 넣고 cell lysis solution 900 $\mu$ l과 혼합하여 10분 동안 상온에 방치한 다음 원심분리기로 3분간 원심분리한 후, 흰색의 침전물이 생기면 붉은 색의 상층액을 10~20 $\mu$ l만 남기고 상층액 부분을 모두 제거 하였다. 흰색의 침전물과 남은 상층액은 vortex를 이용하여 잘 섞어준 다음 Nuclei lysis solution 300  $\mu$ l을 첨가하여 끈적끈적한 용액을 잘 풀어주고 RNase(10mg/ml) 3 $\mu$ l을 첨가한 후 37℃에서 30분 동안 배양하였다. 상온에서 5분정도 방치한 후, Protein precipitation solution 100 $\mu$ l을 넣고 용액과 vortex로 잘 혼합해 주면 갈색의 작은 단백질 덩어리들이 보인다. 그런 다음 상온에서 13,000rpm으로 5분 동안 원심분리하면 갈색 침전물과 흰색의 투명한 상층액 으로 분리되어지고, 여기에서 상층액 만을 새로운 E-tube로 이동하였다. 여기에 isopropanol 300 $\mu$ l을 넣고 아래위로 용액을 잘 섞어 DNA가 엉기도록 하였다. 흰색 실타래 같은 DNA 가닥을 눈으로 확인할 수 있게 되고, 다시 13,000rpm에서 원심분리하고 모든 용액을 완전히 제거 하였다. 마지막으로 70% ethanol을 첨가하여 13,000rpm에서 원심분리하고 ethanol을 완전히 제거하여 침전된 DNA에 3차 증류수 대략 50 $\mu$ l를 첨가하여 DNA를 잘 녹여 실험에 사용하기 전까지 냉동보관 하였다.

## 나. 발굴된 유전자의 발현분석

### (1) Total RNA 분리

3년차에 확보한 3개의 유전자의 발현분석을 확인하기 위하여 확보되어진 품종 및 성장단계별 각 조직들로부터 TRIzol reagent를 이용하여 최적의 방법에 따라 total RNA를 하였다. 막자사발에서 액체질소와 함께 분쇄한 0.1~0.2g 조직에 TRIzol reagent 2ml을 첨가하여 homogenizer로 분쇄하고 잘 혼합하여 1.5ml E-tube로 1ml씩 분주하였다. 실온에 10분 동안 방치하고 12,000rpm에서 10분동안 원심 분리하여 침전물인 세포 잔여물(cell debris) 부분을 제외한 용액을 새로운 튜브로 이동시켰다. 200 $\mu$ l chloroform을 첨가하고 원심분리로 상층액 만을 이동시켜 500 $\mu$ l isopropanol을 첨가하여 침전된 RNA를 얻고 70% ethanol로 세척하였다. RNA의 농도는 흡광도로 측정하고, 1.5% fomamide gel에서 전기 영동하여 확인 하였다.

### (2) cDNA 합성

3차 년도에 확보된 품종 및 성장단계별 조직에서 분리된 total RNA로 부터 superscript II rverse transcriptase를 이용하여 first strand cDNA를 합성 하였다. 각 조직으로부터 추출된 5 $\mu$ g의 total RNA에 대해서 1 $\mu$ l 올리고 d(T) primer, DEPC-water에 녹인 1 $\mu$ l의 10mM dNTPs, 4 $\mu$ l의 5X first strand buffer, 2 $\mu$ l의 10mM DTT 1 $\mu$ l의(33U) RNase inhibitor, 1 $\mu$ l (200U) superscript reverse transcriptase II, 그리고 RNase free water를 잘 혼합하여 20 $\mu$ l로 하였다. RT 단계는 42 $^{\circ}$ C에서 1시간동안 인큐베이션하고, 다음으로 70 $^{\circ}$ C에서 15분 동안 가열한 후, 1 $\mu$ l RNase H 을 첨가하고 37 $^{\circ}$ C에서 20분 동안 배양하여 마지막으로 4 $^{\circ}$ C에 저장 보관 하였다.

### (3) Primer 제작

RT-PCR을 수행하기 위하여 2개의 유전자에 맞는 primer를 제작 하였다. primer의 제작은 NCBI Genbank에서 검색한 염기서열을 확인한 다음 500bp-700bp의 크기로 cDNA sequence부분의 양쪽 끝에서 18-19의 염기로 이루어 졌다. 본 연구에서 사용한 primer에 대한 정보는 Table 3-5-2와 같다.

Table 3-5-2. List of primers used in the present study.

Gene	Acc. no	Primer	Primer sequence (5' --> 3')	Tm( $^{\circ}$ C)
Adiponectin	AY135647	F	CACGACAACGGCTACCCCTTC	55
		R	GGGTTTCGAGTCGGCTTAGAGG	
FABP4	AY610297	F	AGTAGAGGAGGAGCTGGACCGG	55
		R	CAGCTGCATCTCCTGCAGCTCC	

#### (4) PCR 수행

2개 유전자의 발현양상을 확인하기 위하여 PCR을 실시하였다. PCR은 1 $\mu$ l의 합성된 cDNA, 15 $\mu$ l 10X PCR-buffer, 1 $\mu$ l 15mM MgCl<sub>2</sub>, 1.2 $\mu$ l의 2.5mM dNTPs, 1 $\mu$ l의 각 primer(10pmol), 0.2 $\mu$ l의 Taq DNA Polymerase 그리고 9.2 $\mu$ l의 DEPC-water로 15 $\mu$ l를 혼합액으로 반응하였다. PCR 반응액 으로 수행한 PCR 조건은 다음과 같이 실시하였다. 95 $^{\circ}$ C에서 3분 반응하고 난 뒤, 94 $^{\circ}$ C에서 30초, 55 $^{\circ}$ C에서 30초, 72 $^{\circ}$ C에서 1분 동안 30 사이클 반응하고, 마지막으로 72 $^{\circ}$ C에서 10분 반응하여 4 $^{\circ}$ C에서 저장하였다. 역전사 반응 없이 앞의 반응과 동일한 과정을 거친 음성 대조군을 얻고, 내부 대조군으로서 PCR을 수행하였다. GAPDH로서 이 분석의 양성 대조군을 잡아 주었다. 반응산물은 EtBr이 첨가된 1% 아가로오스 겔 전기영동으로 유전자의 발현량을 확인 하였다.

#### 라. 삼겹살 연관 후보 SNP 확보

##### (1) RNA sequencing 분석을 통한 후보 SNP 확보

삼겹살 관련 후보 SNP를 확보하기 위하여 랜드레이스, 요크셔, 듀록, 버크셔 4개 품종의 돼지에 대해 RNA를 분리 하였다. 각 조직으로부터 total RNA는 TRIzol reagent를 이용하여 최적의 방법에 따라 하였다. 막자사발에서 액체질소와 함께 분쇄한 0.1~0.2g 조직에 TRIzol reagent 2ml을 첨가하여 homogenizer로 분쇄하고 잘 혼합하여 1.5ml E-tube로 1ml씩 분주 하였다. 실온에 10분 동안 방치하고 12,000rpm에서 10분 동안 원심 분리하여 침전물인 세포 잔여물(cell debris) 부분을 제외한 용액을 새로운 튜브로 이동 시켰다. 200 $\mu$ l chloroform을 첨가하고 원심분리로 상층액만을 이동시켜 500 $\mu$ l isopropanol을 첨가하여 침전된 RNA를 얻고 70% ethanol로 세척 하였다. 분리된 total RNA는 분석에 용이한 농도와 순도를 확인 하여 검증에 통과된 RNA를 Figure 3-5-2와 같은 방식으로 sequencing 하였다.

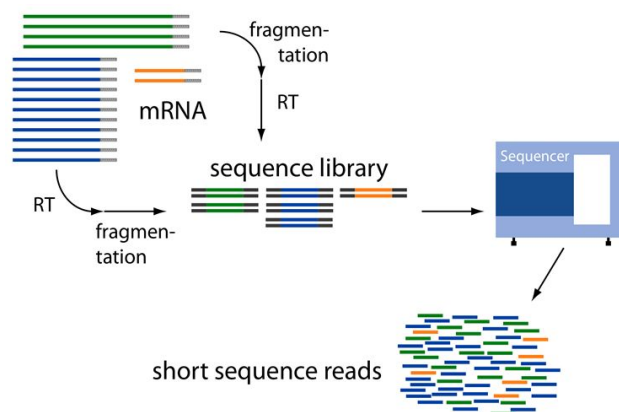


Figure 3-5-1. Overview of next-generation transcriptome sequencing (RNA-Seq) method



Figure 3-5-1에서 보면 분리한 RNA로 RT-PCR을 수행하여 전체 cDNA 합성하고 fragmentation 한다. fragmentation한 cDNA를 sequencer가 읽어낼 수 있는 어댑터를 붙인 sequence library를 제작한다. 제작된 cDNA sequence library를 차세대 염기서열 분석(Next Generation Sequencing)장치를 이용하여 그 결과물로 short sequence reads를 얻는다. 이렇게 얻어진 short sequence reads 정보는 데이터베이스 상에 있는 돼지의 reference sequence와 비교분석 하여 각 후보 SNP를 탐색하였다.

## (2) 문헌 검색을 통한 후보 SNP 확보

RNA sequencing 분석을 통한 SNP 외에도 논문이나 문헌을 통해 이미 밝혀져 있는 SNP를 발굴 하여 본 실험에 이용 하였다. 논문이나 문헌을 통해 발굴된 SNP는 근거자료를 통해 이미 지방대사와 연관성이 있다고 보고되고 있어 이를 통하여 삼겹살 형질과의 연관성을 분석하면 정확하고 빠른 결과를 도출 할 수 있다. 먼저 논문이나 문헌을 통해 지방대사와 관련성이 있는 유전자를 검색한 다음, 그 유전자가 SNP가 존재하는지 그리고 그 SNP가 지방에 관련되는 형질과 연관성이 있는지 검색한다. 이렇게 발굴된 후보 SNP는 RNA sequencing 분석을 통한 후보 SNP와 같이 삼겹살 형질과의 연관성을 분석 하였다.

### 마. 확보된 삼겹살 관련 후보 SNP 유전자의 기능 분류

4차 년도에 원활한 실험과 편의성의 도모를 위해 RNA sequencing 분석을 통해 확보된 SNP 중 지방과 관련성이 있는 SNP와 논문이나 문헌을 통해 발굴된 후보 SNP에 대해서 그 유전자의 기능별로 분류 하였다. 먼저 발굴된 SNP의 고유번호를 확인하여 NCBI 또는 UCSC를 통하여 그 기능을 확인 하였으며, 기능이 확인되어진 유전자들은 크게 metabolism, cellular signaling, immune response, gene expression으로 4가지로 분류 하였다.

### 바. 삼겹살 관련 유전자 확보

삼겹살 관련 유전자 확보를 위하여 삼겹살 관련형질인 도체중, 등지방두께, 근내 지방함량에 대하여 GoldenGate 방식으로 유전자형을 분석하여 삼겹살(선호부위) 관련 형질과 연관이 있는 유전자를 확보 하였고, LYD 비육돈에서 실제 삼겹살 량을 측정하여 삼겹살 연관형질에서 유의하게 나온 결과들과 이미 논문에서 지방형질과 유의하다고 밝혀져 있는 후보 유전자자들을 PCR-RFLP방식을 이용하여 삼겹살에 관련된 유전자를 확보 하였다

## (1) 후보 SNP 유전자와 삼겹살 관련 형질의 연관성 분석

### (가) 후보 SNP의 Multiplex genotype 분석

앞서 RNA sequencing을 통하여 염기서열의 변화로 인해 아미노산의 변화가 생기는 non-Synonymous SNP 51개를 확보 할 수 있었다. 확보된 non-Synonymous SNP로 437두 버크셔종을 이용하여 Figure 3-5-2와 같은 GoldenGate 기법(Illumina)에 의한 multiplex genotype 분석을 실시하였다. 51개 SNP에서 각 SNP 위치에 특이적인 2개의 allele-specific oligos(ASO)와 유전자에 특이적인 locus-specific oligo (LSO)를 genomic DNA와 함께 PCR을 하였다. 그러면 이들은 SNP에 대해 각각 ASO에 특이적인 결과물을 생산하게 된다. 만약 1개의 SNP가 A/G 변이를 가진다면, A 유전자형을 가지는 개체는 A-ASO(프라이머 1)와 반응하게 되고, G 유전자형을 가지는 개체는 G-ASO(프라이머 2)와 반응하게 된다. 이들 프라이머에는 각각 Cy3-와 Cy5- 라는 형광물질을 붙여두어서 VeraCode Beadplate에 혼성화 시킨 후 이것을 Illumina BeadXpress Reader에서 스캔하면 붙여진 형광물질에 따라 어떠한 유전자형을 가지는지 확인 할 수 있었다.

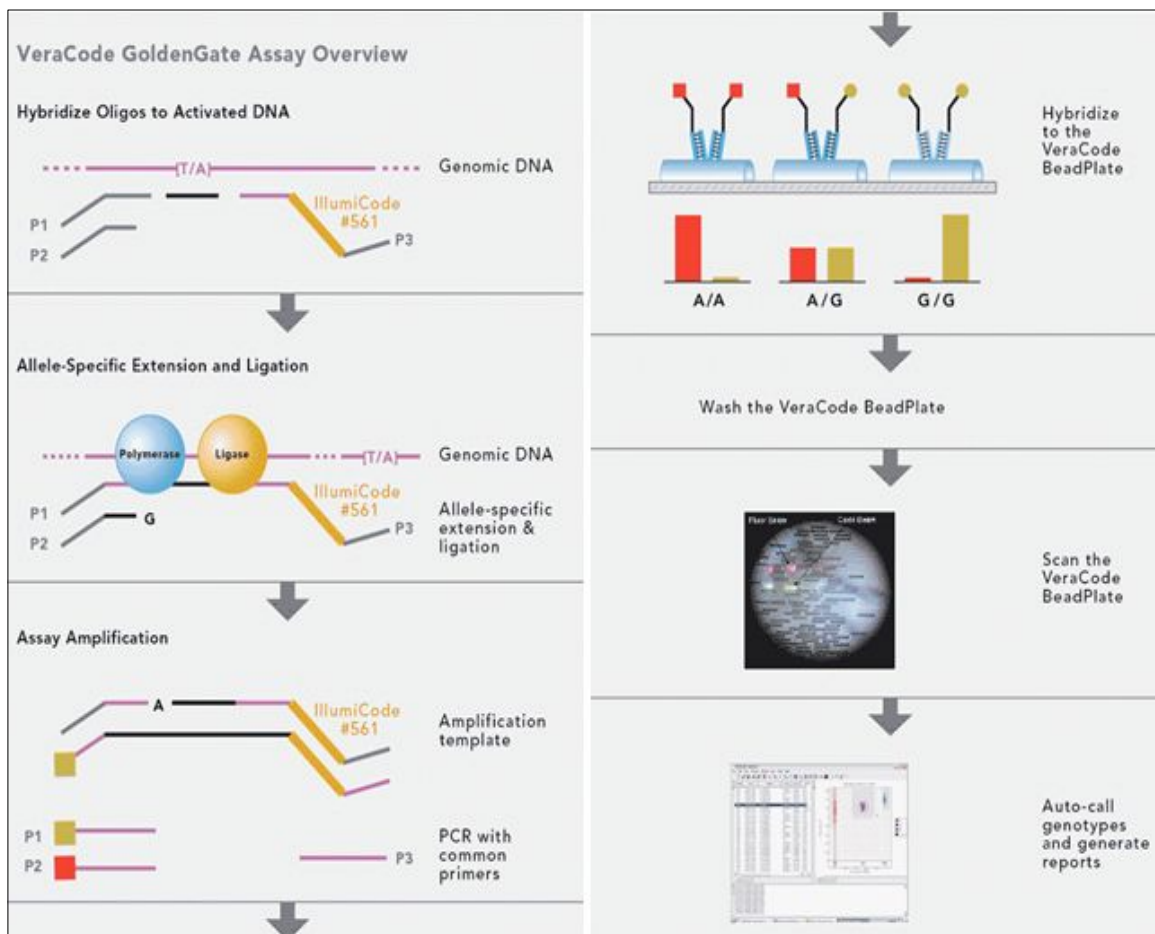


Figure 3-5-2. Overview of VeraCode GoldenGate genotyping analysis

(나) 삼겹살 관련 형질과의 연관성 분석

51개 SNP와 삼겹살과 연관성이 있는 형질인 도체중, 등지방두께, 근내지방과의 연관성 분석을 실시 하였다. 먼저 kolmogorov-smirnov test로 형질별 정규성을 확인한 후, mann-whitney test과 kruskal wallis test로 연관성을 분석 하였다.

(2) 후보 SNP 유전자와 삼겹살량과의 연관성 분석

(가) 후보 SNP의 PCR-RFLP 분석

앞서 확보 되어진 17개 SNP 중 제한효소가 존재하는 5개의 유전자와 이미 논문이나 문헌을 통해 표현형이 지방형질과 연관성이 있다고 밝혀진 8개의 유전자를 이용하여 PCR-RFLP 방식으로 삼겹살량 과 연관성 분석을 하였다. 분석방법은 Table 3-5-3에서와 같이 46두에 대해서 PCR-RFLP 실험을 위하여 제작된 primer들을 사용하여 PCR을 실시하고 특정한 제한효소 반응을 거쳐 전기영동으로 유전자형을 확인하였다. 반응액은 1X PCR buffer, 100uM dNTPs, 0.5uM primer 쌍, 50ng의 DNA 및 H2O를 혼합하여 총 15ul의 부피가 되게 하였으면, PCR 증폭과정은 95℃에서 5분 변성 후, 95℃에서 30초, 62℃(각 유전자별로 틀림)에서 30초, 72℃에서 1분 과정을 35회 반복하고, 마지막 연장반응을 72℃에서 5분 동안 실시하였다. PCR 된 산물은 유전자별로 정해진 각 제한효소를 처리하고 37℃에서 2시간이상 배양하여 4% agarose gel에서 전기 영동하여 결과를 확인하였다.

Table 3-5-3. Information of primers used for PCR-RFLP genotyping analysis

SNP ID	Primer	primer sequences (5' --> 3')	Restriction enzyme
EF683117	F	CAGCAGCAACTCAAGCTGCC	Bsr I
	R	ATTCCCAGGAACAAATTC	
AJ301324	F	CCGGCTGGCTATCACACACT	FspB I
	R	GAAGAAACCGAAGCAATGAGG	
AY705916	F	GGACAACACATAATTTTAAT	Msp I
	R	TTTGATTCCGCGTGGTACTGC	
DQ660373	F	CACTGAAGGGTACGCACACC	Cla I
	R	ATCGTGCAGATGAGTCTGGG	
D89502	F	GGCTTGTCTTCCCCGCCAAC	BssS I
	R	TGACCAGAGGACACTTGTC	
CYP21	F	CTGGGATATGGAGCTGCTGT	BssS I
	R	GGCGTTAGTGGTCTTGCGTT	
CSR3	F	GGTACTGTTCCCAAGGAGA	Taq I
	R	TCCAGGAAAGTGGGTGAAGA	
CYP21A2	F	GTCATCCCCAACCTCCAAG	Hpy166 II
	R	GTGAAGGCCTGGAGCAGTT	
ENO3	F	AGA TTC TGC TTC GTC CCA	Sma I
	R	GGC TTC CAC CTT CTC ACT	
Fox01	F	TATGAGTTCTCCAACAAGGGG	Fok I
	R	GATGAAGAAAGCAACCACTGTC	
Lpin	F	GACGGGTGGCTGTGAATGAT	Hpa II
	R	CTGGCAACTGGAGAGAGAGAAG	
PNAS	F	GCCTTCTGAGTAGCAGTATGAGTTG	Msp I
	R	CCTGCGAGAAGTGAATAATCC	
KIAA1717	F	TTGCAGGGCAGCAGAATCAG	Msp I
	R	GGTCCCTGGAGTTCCCAAT	

### (나) 삼겹살량 과의 연관성 분석

삼겹살 형질과 연관성이 있다고 검증된 5개의 SNP와 이미 논문에서 지방형질과 연관성이 있다고 알려진 8개의 SNP를 PCR-RFLP 방식으로 유전자형을 분석하여 실제 삼겹살량 과의 연관성 분석을 실시하였다. 분석 대상이 되는 SNP에 대해서 permutation 검정을 이용하여 hardy-weinberg equilibrium 검정을 실시했다. 삼겹살량은 kolmogorov-smirnov 검정 결과 정규성 가정을 만족하므로, 분석하는 그룹의 개수에 따라서 student's t-test, ANOVA test를 각각 실시했다. 본 연구 과제의 목적은 후보 유전자 각각이 형질에 대한 기능과 연관되어 있는지에 관한 것이었으므로, 각 유전자 별로 가설을 설정하고 검정하는 것이 본 연구 목적에 부합하다고 판단하여 통계분석을 실시하였다.

### (3) 삼겹살 관련 형질과의 연관성 분석으로 확보된 유전자의 검증

앞서 개발된 2가지의 유전자 진단기법 중 PCR-RFLP 방식을 활용한 유전자 진단기법에 대하여 다양한 형질에서 재현성 검증을 하였다. GoldenGate 기법은 비용과 시간이 많이 소요되어 4차년에는 손쉬운 PCR-RFLP 방식으로만 재현성 검증을 실시하였다. 재현성 검증 위해 제 2종돈능력검정소의 품종별(랜드레이스, 요크셔, 듀록) 각각 32두, 주)아시아씨앤아이 에서 도축되어진 돼지(LYD 비육돈) 중 갈비뼈의 개수가 15개인 개체 50두, 16개인 개체 50두를 이용하여 재현성 검증에 이용하였고, PCR-RFLP 분석은 앞서 개발되어진 진단기법과 동일한 primer를 사용하여 모든 실험이 똑같은 조건하에서 이루어 졌다.

13개의 SNP와 각 형질 품종별, 갈비뼈 개수에 대한 연관성 분석은 대상이 되는 SNP에 대해서 permutation 검정을 이용하여 hardy-weinberg equilibrium 검정을 실시했다. 품종, 갈비뼈 개수별로 SNP과의 연관성 연구는 모수적 방법으로 chi-square test, cochrane-armitage trend test, 비모수 방법으로 Fisher's exact test, Jonckheere-terpstra test를 실시하였다.

### 사. 삼겹살 증대 진단기술 개발

본 연구에서는 유전자의 SNP를 활용하여 삼겹살(선호부위)이 증대된 돼지를 조기에 선발할 수 있는 진단기법을 개발하고자 하였다. 우선 유전자 SNP에 대해서 multiplex genotyping과 PCR-RFLP의 두 가지 기법으로 접근하여 삼겹살과 관련된 유전자를 확보 하였다. 그리고 확보된 유전자에 대해서 삼겹살에 영향을 미치는 품종과 갈비뼈 개수에 대한 연관성으로 재현성을 분석 하였다. 그렇게 해서 얻어지는 유전자는 삼겹살을 증대시킬 수 있는데 중요한 역할을 수행하는 유전자이므로 이 유전자들의 특성에 맞는 간편한 multiplex 진단기법을 개발 하였다. 이 기술은 특허를 출원하여 지적소유권을 선점하고 삼겹살 증대에 따른 양돈농가 소득을 증대 시키는데 큰 도움을 줄 수 있을 것이라고 생각한다.

## 2. 연구 개발 결과

### 가. 실험동물의 확보 및 형질 조사

#### (1) 버크셔 437두 형질(도체중, 등지방두께, 근내 지방함량) 조사

4년차에 이용한 버크셔 437두의 도체중, 등지방두께, 근내 지방 함량과 같은 삼검살 관련 형질의 조사 내용은 Table 3-54와 같았다.

Table 3-54. Meat quality traits such as carcass weight, backfat thickness and intramuscular fat content in 437 Berkshire meat samples

No.	CW(kg) <sup>a</sup>	BF(mm) <sup>b</sup>	IF(%) <sup>c</sup>	No.	CW(kg) <sup>a</sup>	BF(mm) <sup>b</sup>	IF(%) <sup>c</sup>	No.	CW(kg) <sup>a</sup>	BF(mm) <sup>b</sup>	IF(%) <sup>c</sup>	No.	CW(kg) <sup>a</sup>	BF(mm) <sup>b</sup>	IF(%) <sup>c</sup>
1	83	19	3.84	54	90	34	2.01	107	81	23	2.64	160	84	30	3.74
2	82	24	1.79	55	86	24	3.04	108	92	22	2.02	161	85	25	1.52
3	74	18	3.64	56	94	34	2.94	109	92	32	3.60	162	78	29	3.18
4	82	29	1.65	57	88	22	2.13	110	91	25	2.68	163	76	28	4.86
5	86	23	2.45	58	94	23	2.48	111	83	22	2.13	164	86	25	4.58
6	84	18	1.92	59	83	23	2.26	112	85	22	1.98	165	74	22	1.87
7	79	17	2.00	60	81	20	1.91	113	90	21	2.25	166	81	26	2.82
8	81	25	3.34	61	79	26	2.73	114	93	31	3.79	167	81	23	2.46
9	81	16	1.74	62	91	22	1.64	115	78	26	1.76	168	83	17	1.67
10	76	14	1.62	63	89	33	3.62	116	88	25	2.43	169	83	26	2.58
11	80	26	2.33	64	81	19	1.80	117	82	25	2.55	170	87	26	3.18
12	83	21	1.71	65	84	23	1.72	118	78	24	1.97	171	90	27	3.56
13	83	16	1.18	66	92	27	2.02	119	80	23	2.72	172	83	22	2.36
14	89	31	3.66	67	86	20	0.88	120	89	28	4.00	173	84	25	3.89
15	84	19	1.51	68	83	25	1.59	121	98	37	3.60	174	87	28	4.83
16	85	22	3.12	69	83	20	1.01	122	81	22	2.59	175	92	24	5.87
17	73	23	2.06	70	86	28	2.38	123	88	34	2.88	176	83	23	3.12
18	82	25	2.16	71	74	26	3.45	124	85	26	3.35	177	96	36	3.44
19	79	21	2.17	72	76	23	2.34	125	91	24	3.94	178	87	23	3.29
20	81	20	2.55	73	84	27	4.26	126	80	23	3.67	179	94	28	3.74
21	85	27	4.49	74	90	24	3.68	127	83	18	3.81	180	92	29	4.15
22	93	25	1.47	75	90	24	1.55	128	73	23	2.80	181	83	17	1.54
23	80	22	2.04	76	89	25	1.43	129	91	24	2.77	182	81	23	3.47
24	91	16	2.51	77	83	23	2.49	130	99	23	5.19	183	89	26	3.77
25	82	29	4.39	78	80	16	1.83	131	81	23	2.02	184	82	25	2.67
26	83	28	3.66	79	80	16	1.83	132	83	26	4.04	185	84	22	1.67
27	77	19	1.56	80	77	20	3.62	133	84	22	3.67	186	82	23	3.12
28	75	24	2.34	81	81	24	2.57	134	82	23	6.07	187	92	30	2.95
29	85	32	4.57	82	89	34	2.51	135	82	25	4.24	188	92	20	1.57
30	77	19	1.66	83	85	24	2.60	136	88	19	1.93	189	86	24	2.43
31	92	32	3.56	84	80	28	3.40	137	84	34	5.73	190	86	30	2.24
32	77	23	3.21	85	86	21	2.33	138	82	22	1.95	191	87	22	4.29
33	84	14	0.67	86	82	26	2.80	139	76	24	2.94	192	85	28	2.56
34	84	19	1.21	87	77	25	3.32	140	86	28	4.36	193	85	24	1.65
35	84	24	2.39	88	82	21	2.15	141	80	24	4.29	194	87	30	3.01
36	84	15	0.82	89	86	31	3.00	142	82	23	3.55	195	92	29	4.13
37	79	16	1.75	90	82	25	2.14	143	75	22	4.44	196	91	16	2.11
38	89	23	2.13	91	84	23	3.49	144	83	18	2.16	197	75	18	2.41
39	85	22	1.82	92	81	24	4.41	145	76	15	1.62	198	85	24	2.80
40	77	20	1.45	93	82	22	2.38	146	80	26	3.09	199	93	25	2.86
41	81	20	1.77	94	86	22	1.79	147	78	21	2.22	200	85	27	3.25
42	82	33	1.73	95	77	23	2.51	148	82	33	3.35	201	94	33	3.58
43	83	19	1.22	96	84	23	3.41	149	78	28	3.49	202	91	24	1.82
44	74	25	1.67	97	81	18	1.28	150	71	21	3.39	203	93	27	3.33
45	77	18	0.99	98	87	26	2.45	151	90	28	7.30	204	90	29	2.78
46	82	23	4.51	99	81	23	2.78	152	85	34	2.64	205	86	15	2.15
47	80	20	1.20	100	84	22	1.70	153	86	23	3.67	206	93	29	2.60
48	86	26	2.50	101	86	26	2.45	154	75	31	2.51	207	81	25	2.53
49	78	22	2.09	102	79	27	2.66	155	93	34	10.15	208	91	31	4.40
50	92	21	1.90	103	90	25	1.79	156	87	32	4.79	209	75	23	2.81
51	94	28	2.42	104	81	22	3.53	157	81	30	4.11	210	82	31	3.81
52	85	23	3.79	105	94	27	1.72	158	84	25	3.33	211	93	34	3.58
53	81	28	2.15	106	87	23	2.04	159	75	22	1.67	212	85	30	5.54

No.	CW(kg) <sup>a</sup>	BF(mm) <sup>b</sup>	IF(%) <sup>c</sup>	No.	CW(kg) <sup>a</sup>	BF(mm) <sup>b</sup>	IF(%) <sup>c</sup>	No.	CW(kg) <sup>a</sup>	BF(mm) <sup>b</sup>	IF(%) <sup>c</sup>	No.	CW(kg) <sup>a</sup>	BF(mm) <sup>b</sup>	IF(%) <sup>c</sup>
213	82	28	4.91	268	88	28	3.60	332	83	23	3.24	396	98	27	3.24
214	81	30	6.33	269	88	16	2.22	333	88	26	1.69	397	93	37	3.02
215	91	24	2.42	270	82	21	2.49	334	84	29	2.39	398	84	20	2.83
216	90	23	3.45	271	77	25	2.94	335	89	30	2.76	399	88	26	2.23
217	92	33	3.90	272	94	28	1.68	336	94	31	3.74	400	88	43	5.07
218	82	25	2.73	273	87	23	5.55	337	80	31	4.13	401	92	31	1.90
219	93	32	4.28	274	94	31	4.99	338	85	33	4.30	402	94	36	3.03
220	87	16	2.61	275	79	27	2.92	339	89	23	2.27	403	88	26	1.76
221	79	24	3.97	276	87	27	1.92	340	87	27	2.99	404	84	21	3.75
222	84	24	2.68	277	87	29	3.74	341	89	28	1.92	405	89	21	1.30
223	91	20	3.32	278	105	35	4.41	342	89	29	1.96	406	95	26	2.68
224	86	27	2.86	279	87	18	3.65	343	89	19	1.62	407	89	26	5.54
225	78	26	4.19	280	87	30	6.89	344	92	30	3.48	408	79	22	1.73
226	87	25	2.64	281	95	25	2.49	345	81	20	2.46	409	104	16	1.48
227	100	29	2.79	282	84	18	2.55	346	83	28	2.15	410	77	20	5.59
228	89	34	2.74	283	89	17	3.23	347	87	25	2.95	411	89	19	1.72
229	91	22	1.68	284	84	30	4.15	348	88	14	1.14	412	82	19	2.55
230	95	30	3.10	285	85	20	2.03	349	88	30	2.93	413	88	18	1.98
231	88	20	1.52	286	82	30	4.79	350	79	29	3.45	414	85	26	4.78
232	87	28	3.79	287	83	33	5.30	351	83	23	1.52	415	83	12	0.93
233	88	21	1.80	288	89	27	3.25	352	86	24	1.85	416	92	20	0.92
234	92	34	5.75	289	88	20	3.82	353	88	23	2.12	417	93	18	2.08
235	89	29	5.60	290	83	24	2.55	354	88	29	2.06	418	84	18	2.39
236	90	20	2.27	291	92	27	4.07	355	90	31	1.99	419	90	17	2.44
237	86	32	2.98	292	86	26	3.37	356	82	27	3.25	420	87	21	1.50
238	89	31	2.03	293	93	23	2.99	357	93	23	1.65	421	81	20	2.24
239	101	22	2.44	294	94	22	2.93	358	85	22	1.43	422	86	21	1.66
240	90	27	3.42	295	102	25	5.65	359	88	32	1.96	423	81	19	1.80
241	87	21	1.80	296	89	24	1.91	360	87	29	2.50	424	85	19	2.29
242	92	33	1.77	297	81	27	4.95	361	88	32	2.64	425	89	17	1.54
243	82	22	1.86	298	83	20	1.60	362	94	29	3.66	426	86	20	1.00
244	79	18	1.62	299	82	25	3.03	363	92	25	2.43	427	79	23	1.46
245	81	25	2.83	300	90	25	1.28	364	89	27	3.36	428	85	24	1.23
246	80	22	2.04	301	92	23	2.43	365	93	46	2.70	429	80	20	3.55
247	90	27	3.70	302	98	33	2.29	366	85	24	2.64	430	88	13	2.71
248	92	29	4.87	303	83	25	6.04	367	96	37	3.61	431	95	17	2.10
249	88	28	2.95	304	88	31	2.53	368	84	19	1.54	432	80	23	1.83
250	82	16	1.29	305	81	31	4.79	369	90	26	2.15	433	86	15	1.35
251	90	26	1.92	306	90	33	3.56	370	90	23	1.35	434	87	17	2.03
252	85	12	1.48	307	92	22	0.92	371	93	37	3.18	435	85	21	2.96
253	85	24	2.46	308	96	28	4.91	372	83	25	3.07	436	87	14	1.97
254	87	33	4.92	309	96	26	2.98	373	82	35	2.25	437	85	17	1.83
255	79	22	1.64	310	98	21	1.55	374	81	21	1.79				
256	79	16	5.09	311	89	26	4.04	375	94	36	5.22				
257	85	27	3.80	312	82	31	3.67	376	92	24	2.77				
258	79	29	2.02	313	92	25	1.36	377	87	25	3.14				
259	82	25	3.10	314	83	28	2.32	378	93	23	1.74				
260	74	16	2.26	315	85	27	1.47	379	92	28	2.07				
261	82	25	2.65	316	91	38	2.48	380	96	31	2.58				
262	91	30	4.85	317	89	23	2.23	381	94	29	3.17				
263	93	31	2.98	318	91	27	1.93	382	89	32	4.93				
264	74	30	3.71	319	80	19	3.27	383	76	33	2.40				
265	89	29	3.82	320	83	25	2.93	384	83	28	1.40				
257	85	27	1.28	321	87	27	2.13	385	89	36	2.71				
258	79	29	2.43	322	85	29	2.71	386	88	33	2.16				
259	82	25	2.29	323	87	29	1.56	387	88	26	1.66				
260	74	16	6.04	324	89	27	2.02	388	98	36	3.12				
261	82	25	2.53	325	80	19	2.06	389	91	27	1.38				
262	91	30	4.79	326	82	19	1.80	390	84	25	2.16				
263	93	31	3.56	327	80	32	3.55	391	82	25	1.38				
264	74	30	0.92	328	78	29	2.97	392	85	26	1.26				
265	89	29	4.91	329	86	31	2.61	393	83	22	1.73				
266	85	23	2.98	330	96	32	3.36	394	96	34	3.16				
267	81	25	1.55	331	82	30	2.56	395	92	13	1.53				

<sup>a</sup> Carcass weight, <sup>b</sup> Backfat thickness, <sup>c</sup> Intramuscular fat

(2) LYD 46두의 삼겹살량 조사

4년차에 개발된 유전자의 검증을 위하여 이용한 LYD비육돈 46두 삼겹살량을 측정한 결과는 Table 3-5-5와 같았다.

Table 3-5-5. Belly contents in LYD meat samples

No.	Belly content(kg)	No.	Belly content(kg)	No.	Belly content(kg)	No.	Belly content(kg)
1	15.00	13	12.45	25	13.35	37	14.85
2	13.40	14	12.30	26	13.90	38	14.65
3	14.40	15	13.00	27	13.85	39	15.10
4	13.15	16	13.60	28	13.70	40	13.65
5	14.25	17	13.35	29	13.90	41	14.50
6	14.10	18	11.65	30	14.55	42	13.55
7	13.10	19	10.90	31	14.20	43	13.45
8	12.55	20	11.70	32	14.00	44	12.55
9	11.95	21	11.80	33	15.50	45	15.20
10	14.45	22	15.30	34	14.80	46	15.50
11	11.40	23	14.15	35	13.65		
12	12.80	24	13.35	36	14.50		

(3) 품종별, 갈비뼈 개수 조사

4년차에 확보된 유전자의 검증을 위하여 우선 품종에 대한 연관성 확인에 이용할 랜드레이스, 요크셔, 듀룩을 제2종돈능력검정소에서 각각 32두씩 확보 하였고, 갈비뼈에 대한 연관성을 확인하기 위해 (주)아시아씨앤아이에서 15개와 16개의 갈비뼈를 가지는 개체 각각 50두씩을 확보 하였다.

나. 발굴된 유전자의 발현분석

3차 년도에 DNA chip 분석을 통해 확보되어진 유전자들 중 지방대사에 중요한 역할을 하는 Adiponectin, FABP4 유전자를 확보 하였다.

Adiponectin(혹은 ACRP30, AdipoQ)은 지방세포에서 분비되는 호르몬의 일종으로 사람과 동물에서 에너지 조절, glucose 및 지방의 대사에 관여하는 것으로 알려져 있으며 인간의 Adiponectin 은 APM1(adipos most abundant transcript 1)에 암호화 되어져 있고 이 유전자는 당뇨병과 연관된 좌위인 3q27에 위치하고 있다고 밝혀져 있다. 이 유전자의 크기는 16kb이고 코딩되어지는 단백질은 총 244개의 아미노산으로 구성되어 있으며 promoter부위에 TATA box가 없는 것이 특징이다. 이 유전자는 근육에서 AMPK(AMP-activated protein kinase)의 인산화를 유도하여 지방산의 산화와 glucose의 이용을 높이는 작용을 한다. APM1의 이런 생체 내 작용에 의해 근육 내 glucose 함량 조절을 통해 지방의 생성을 조절함으로써 육질에 영향을 주며 특히 근육의 pH, 보수력과 밀접한 관계가 있는 것으로 보고되고 있다.

FABPs는 지방산의 신진대사와 세포막에서 지방산의 유입을 조절하면서 특정효소의 대사 통로로 이용되며, 세포의 성장에도 관여하고 9개의 패밀리로 존재한다고 알려져 있다. 이러한 9개의 패밀리 중 FABP4는 지방세포로 분화되는 동안 지방산과 결합하여 세포내의 지방축적과 지방산의 산화에 주로 작용한다고 알려져 있는 지방산 결합 단백질이다.

이와 같이 2개의 유전자들은 지방합성에 매우 중요한 역할을 담당하고 있는 중요한 유전자들로서 본 연구에서는 이러한 2개 유전자들에 대하여 품종, 성장단계, 기관조직별에 대하여 어떻게 발현되는지 확인하였다(Figure 3-5-3).

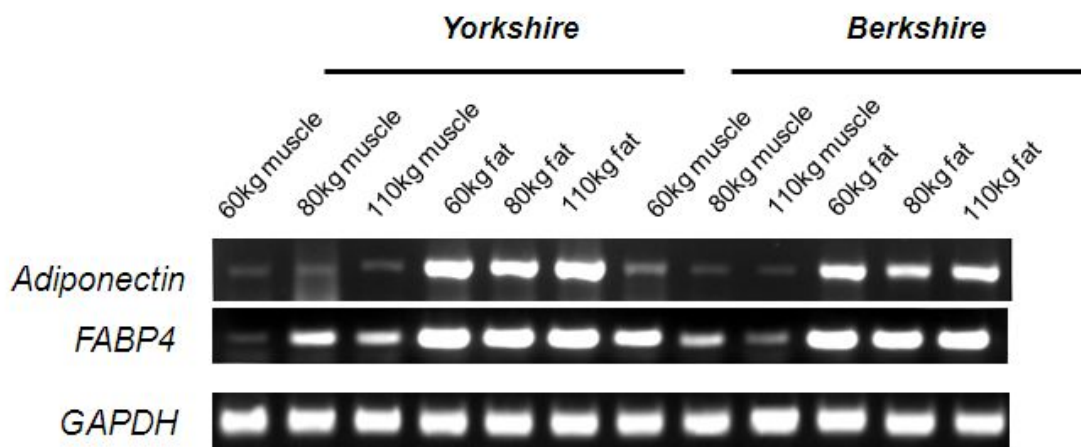


Figure 3-5-3. Expression levels of *adiponectin* and *FABP4* mRNA in the muscle and fat tissues of Berkshire and Yorkshire pigs at various body weights.

그 결과 첫째, 돼지 품종간의 발현양상을 보면 adiponectin의 경우 지방조직에서 버크셔보다 요크셔에서 많은 발현량을 보였지만 FABP4는 품종 간에 발현량의 차이를 나타내지 않았다. Aurora 등의 연구결과에서 보면 살코기 타입의 돼지와 지방 타입의 돼지에서 Adiponectin은 살코기 타입에서 발현량이 높다는 연구 보고가 있었다. 이는 본 연구결과와 동일하였다. Adiponectin은 지방세포에서 분비되는 호르몬의 일종으로 혈액을 통해 운반되어 근육 조직의 지방분화세포를 조직하기 때문에 Adiponectin의 차등발현은 품종의 살코기 타입과 지방 타입을 구분 짓는 중요한 유전자임을 알 수 있다.

둘째, 성장단계별 결과를 보면 adiponectin은 발현량의 차이를 보이지 않았지만 FABP4의 유전자 경우 성장단계별 근육조직에서 60-80kg시 발현이 증가하다가 110kg시 발현이 낮아지는 현상을 보였다. FABP4는 지방산을 세포 내 외부로 수송하는 역할을 하는 단백질로 알려져 있었고 성장과 연관성이 있다고 보고되고 있다. 이러한 사실로 미루어 보어 FABP4가 60-80kg시 많이 발현되어지는 이유가 이 시기에 돼지가 급속한 성장을 이루는 시기임으로 돼지 근육세포가 많은 양의 에너지가 필요함으로 근육세포에서 많은양의 FABP4가 발현되어



세포 외부에서 제공되는 지방산을 근육세포 내부로 운반하는 것으로 판단된다. 또한 110kg시에 발현량이 적어지는 것은 이 시기에는 근육생성이나 성장보다는 지방합성이 지속적으로 이루어지기 때문에 FABP4의 양이 줄어드는 것이라고 생각된다.

셋째, 조직별 결과를 보면 2개의 유전자 모두 근육보다는 지방에서 현저하게 많이 발현되는 것을 알수있었다.

종합적으로 보면 2개의 유전자는 품종, 성장단계, 그리고 조직별에서 발현량의 차이를 보였다. 특히 FABP4의 경우 성장단계별로 발현량의 차이를 보였고, 조직별에서도 근육보다 지방에서 현저하게 높은 발현량을 보였다.

이러한 결과를 바탕으로 FABP4의 성장단계별 유전자 발현 패턴을 설정하여 돼지의 출하시기를 결정하는 진단기법으로 활용할 수 있을 것이다. 즉 FABP4 유전자 발현의 높고 낮음은 Figure 4에서 사용한 cDNA를 비교대상으로 하여 비교대상보다 높고 낮음을 판단하여 출하시기를 결정할 수 있다. 하지만 본 실험에서는 돼지를 도축 후 조직을 사용하였다. 돼지의 출하시기를 조절하려면 돼지를 도축하지 않고 진단해야 하므로 5차 년도에는 이를 더 보완하여 돼지의 이각 시 귀 조직이나 혈액을 이용하여 성장단계별에서 FABP4와 다른 후보 유전자들의 분석을 통하여 출하시기를 조절하는 진단기법으로 활용하고자 한다.

라. 삼겹살 연관 후보 SNP 확보

(1) RNA sequencing 분석을 통한 후보 SNP 발굴

4년차에는 돼지의 삼겹살 연관 후보 SNP를 탐색하기 위해 우리나라에서 가장 많이 사용하고 있는 랜드레이서, 요크셔, 듀록, 버크셔 4품종의 간 조직에서 RNA를 분리하여 RNA sequencing을 실시함으로써 후보 SNP를 탐색하였다. 삼겹살은 여러 가지 지방대사 조절에 의하여 삼겹살의 량, 삼겹살의 품질, 근내 지방 함량이 결정되어지기 때문에 체내에서 여러 가지 대사조절 물질 즉, 효소가 많이 분비되어지는 간 조직을 이용하여 삼겹살 연관 후보 SNP를 탐색하였다. 그 결과 Table 3-5-6과 같이 SNP가 존재하여 아미노산의 서열이 바뀌는 51개의 후보 SNP를 확보하였다.

Table 3-5-6. List of candidate SNPs identified by RNA-Seq analysis

SNP ID	Description
AB000883_3	Sus scrofa mRNA for epoxide hydrolase, complete cds
AB000883	Sus scrofa mRNA for epoxide hydrolase, complete cds
AB004061	Sus scrofa mRNA for STAT2, complete cds
AB062757	Sus scrofa mRNA for carbonyl reductase/NADP-retinol dehydrogenase, complete cds
AB259649	Sus scrofa C1-INH mRNA for C1 inhibitor, complete cds
AB529450	Sus scrofa CDO1 mRNA for cysteine dioxygenase, type I, complete cds.
AF091607_2	Sus scrofa clone gmus3g phosphoglucomutase 1 (PGM1) mRNA, partial cds
AF091607	Sus scrofa clone gmus3g phosphoglucomutase 1 (PGM1) mRNA, partial cds
AF143229_2	Sus scrofa apolipoprotein R precursor (APOR) mRNA, APOR1 allele, partial cds
AF143229	Sus scrofa apolipoprotein R precursor (APOR) mRNA, APOR1 allele, partial cds
AF288821	Sus scrofa ferritin L subunit mRNA, partial cds
AF324155	Sus scrofa corticosteroid binding globulin precursor mRNA, complete cds
AF480162	Sus scrofa eukaryotic elongation factor 1 gamma-like protein (eEF-1 gamma) mRNA, partial cds
AJ293582	Sus scrofa mRNA for ribophorin I
AJ301324	Sus scrofa mRNA for mitochondrial 2,4-dienoyl-CoA reductase, (DECR1 gene), clone 09B01aT3
AY349422	Sus scrofa complement C2 mRNA, partial cds
AY368183	Sus scrofa mannose receptor C1 mRNA, partial cds
AY368622	Sus scrofa glutathione peroxidase 3 (GPX3) mRNA, partial cds
AY374469	Sus scrofa electron transfer flavoprotein alpha subunit precursor (ETFA) mRNA, partial cds; nuclear gene for mitochondrial product
AY489289	Sus scrofa histone H1.3-like protein mRNA, complete cds
AY705916	Sus scrofa medium-chain acyl-coA dehydrogenase (ACADM) mRNA, complete cds
AY902463	Sus scrofa lipid droplet binding protein (CGI-58) mRNA, complete cds
D89502_2	Sus scrofa domestica mRNA for cytochrome P-450, complete cds
D89502	Sus scrofa domestica mRNA for cytochrome P-450, complete cds
DQ291159	Sus scrofa peroxisomal D3,D2-enoyl-CoA isomerase (PECI) mRNA, complete cds
DQ333198	Sus scrofa complement component C9 mRNA, complete cds
DQ530370	Sus scrofa prothrombin protein mRNA, complete cds
DQ530510	Sus scrofa multi-drug resistance associated protein 2 mRNA, partial cds
DQ531718	Sus scrofa pregnane X receptor variant 3 (PXR) mRNA, partial cds, alternatively spliced
DQ629155	Sus scrofa COX7C1 (COX7C1) mRNA, complete cds
DQ660373	Sus scrofa ribosomal protein S3 mRNA, complete cds
DQ845171_2	Sus scrofa beta-actin mRNA, partial cds
EF537044	Sus scrofa paraoxonase 3 transcript variant 1 (PON3) mRNA, complete cds, alternatively spliced
EF683117	Sus scrofa squalene epoxidase (sqle) mRNA, complete cds
EU143328	Sus scrofa cell death-inducing DFFA-like effector B variant 1 (CIDE-B) mRNA, complete cds, alternatively spliced
EU402599	Sus scrofa RING3 mRNA, partial cds
EU616815_2	Sus scrofa breed Meishan jumping translocation breakpoint (JTB) mRNA, complete cds
EU616815	Sus scrofa breed Meishan jumping translocation breakpoint (JTB) mRNA, complete cds
FJ436379_2	Sus scrofa hepatic lipase (LIPC) mRNA, complete cds

FJ439668	Sus scrofa hepatic lipase (LIPC) mRNA, complete cds
GQ368242	Sus scrofa solute carrier family 25 member 3 (SLC25A3) mRNA, complete cds.
GU373680	Sus scrofa FK506 binding protein 4 (FKBP4) mRNA, complete cds.
M36787	Pig liver albumin mRNA, 3' end
M36927_2	Pig plasma gelsolin mRNA, 3' end
M84639	Pig complement cytolysis inhibitor mRNA, complete cds
U14751_2	Sus scrofa hyaluronidase mRNA, complete cds
U14751_3	Sus scrofa hyaluronidase mRNA, complete cds
U36916_2	Sus scrofa porcine inhibitor of carbonic anhydrase (pICA) mRNA, complete cds
U38619	Sus scrofa small intestine diadenosine tetrphosphatase mRNA, complete cds
U87622	Sus scrofa 15-oxoprostaglandin 13-reductase mRNA, complete cds
X78201_2	S.scrofa 17beta-estradiol dehydrogenase mRNA

## (2) 문헌 검색을 통한 후보 SNP 확보

후보 SNP의 탐색은 근내 지방이나 삼겹살의 형질과 연관성이 있는 것으로 이미 보고되어진 많은 유전자 중에서 NCBI GenBank에서 sequence를 확인하여 Table 3-5-7과 같이 SNP가 존재하고 SNP와 돼지의 삼겹살 관련 형질인 등지방, 도체중, 근내 지방 표현형과의 연관성이 있다고 밝혀진 8개의 후보 유전자를 선발 하였다. 이 유전자들은 이미 표현형과 연관성이 있다고 밝혀져 있기 때문에 재현성 검증에 사용하였다.

Table 3-5-7. Description for genes including candidate SNPs

No.	Gene	Description	Reference	Related traits*
1	CYP21	cytochrome P450, family 21, subfamily A	BMC Genet. 2009 Jul 5;10:32.	Marbling
2	CSRP3	cysteine and glycine-rich protein 3 (cardiac LIM protein)	Mol Biol Rep. 2010 Jan;37(1):451-9. Epub 2009 Jul 26.	BFT
3	CYP21A2	cytochrome P450, family 21, subfamily A, polypeptide 2	Anim Breed Genet. 2006 Oct;123(5):343-8.	BFT
4	ENO3	enolase 3 (beta, muscle)	Genet Sel Evol. 2008; 40(5): 563-579.	BFT, MQ
5	Fox1	ataxin 2-binding protein 1 (FOX1), mRNA	Purinergic Signal. 2010 March; 6(1): 125-144.	Marbling
6	Lpin	lipin 1 (Lpin1), transcript variant 3, mRNA	Mol Biol Rep. 2009 May;36(5):1175-80. Epub 2008 Jun 26.	Marbling
7	PNAS	apoptosis-related protein	BMC Genet. 2008; 9: 40. Published online 2008 June 30.	CW
8	KIAA1717	Sus scrofa H3-K4-specific methyltransferase (KIAA1717) gene	Genes Dev. 2002 February 15; 16(4): 479-489	BFT

\* BFT; backfat thickness, MQ; meat quantity, CW; carcass weight

#### 마. 확보된 삼겹살 관련 후보 SNP 유전자의 기능 분류

앞서 RNA sequencing을 통하여 확보된 51개의 유전자와 이미 지방형질과 연관성이 있다고 밝혀진 8개 총 59개 유전자에 대하여 NCBI Genbank를 통하여 각각의 기능을 확인하고 Figure 3-5-4와 같이 기능별로 분류 하였다.

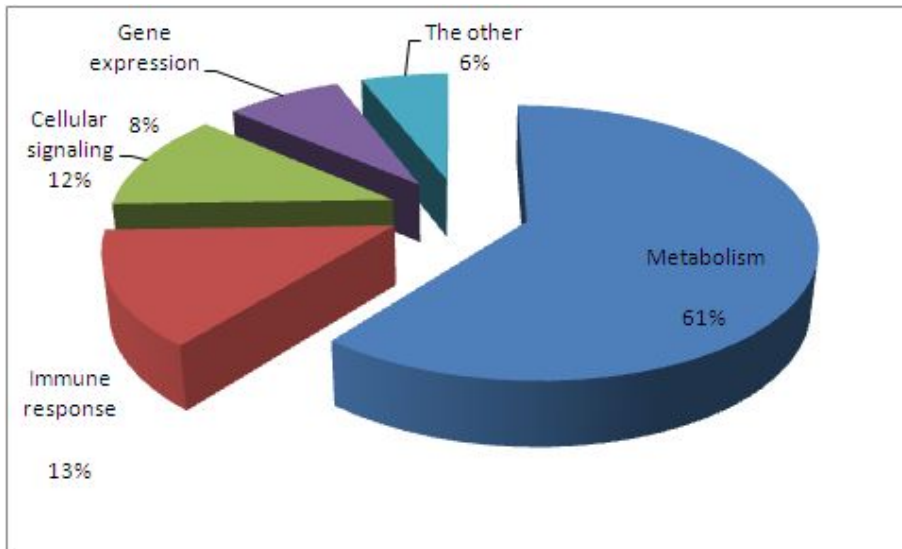


Figure 3-5-4. Functional classification of genes including candidate SNPs

그 결과 Figure 3-5-4에서와 같이 5가지의 기능으로 분류하였고 metabolism에 관련된 유전자 31개, cellular signaling에 관련된 유전자 6개, immune response에 관련된 유전자 7개, Gene expression에 관련된 유전자가 4개, 기타 3개로 나타났다. 51개의 유전자 중 60%가 넘게 대사조절에 관련된 유전자로 밝혀졌는데 이는 RNA sequencing을 통하여 후보 SNP 유전자 발굴 시 많은 종류의 대사조절 물질을 분비하는 간 조직으로부터 RNA를 분리하여 사용하였기 때문에 대사조절에 관련된 유전자가 많이 탐색된 것으로 생각된다.

#### 마. 삼겹살 관련 유전자 확보

##### (1) 후보 SNP 유전자와 삼겹살 관련 형질의 연관성 분석

RNA sequencing을 통하여 확보된 51개 SNP가 삼겹살과 연관성이 있는 3가지 형질 즉, 등지방 두께, 도체중, 근내 지방과 연관성이 있는지 알아보기 위하여 형질이 확보된 산청 버크셔 437두에 대하여 3가지 형질 간에 연관성 분석을 실시하였다. 연관성 분석은 유전자형을 3가지(Dominant, Recessive, Codominant)로 분류하여 3가지 형질과에 대해서 확인 하였다. 그 결과 Table 3-5-8~10에서와 같이 17개의 SNP에서 유의적인 결과를 확인 할 수 있었다( $p < 0.01$ ,  $p < 0.05$ ). Table 3-5-8는 등지방 두께에 따른 연관성 분석 결과이며, Table 3-5-9은 도체중에 따른 연관성 분석결과이며, 근내 지방함량에 따른 연관성 분석 결과는 Table 3-5-10에 나타내었다.

Table 3-5-8. Association analysis of SNPs with backfat thickness

SNPID	Model	genotype	p-value	Backfat thickness		
				N	Mean	std
AF324155	Dominant	GG+AG	0.16732	145.00	24.43	5.20
		AA		257.00	25.07	5.12
	Recessive	GG	0.04339	58.00	23.57	5.45
		AA+AG		344.00	25.05	5.08
	Codominant	AA	0.12712	257.00	25.07	5.12
		AG		87.00	25.01	4.98
GG		58.00		23.57	5.45	
AJ293582	Dominant	CC+CG	0.82268	34.00	25.21	5.88
		GG		380.00	25.00	5.17
	Recessive	CC	0.82384	414.00	25.01	5.22
		GG+CG		380.00	25.00	5.17
	Codominant	GG	0.82384	380.00	25.00	5.17
		CG		34.00	25.21	5.88
CC						
AJ301324	Dominant	GG+CG	0.00594	158.00	24.32	5.56
		CC		274.00	25.37	5.00
	Recessive	GG	0.47717	11.00	24.73	5.46
		CC+CG		421.00	24.99	5.23
	Codominant	CC	0.12531	274.00	25.37	5.00
		CG		147.00	24.29	5.59
GG		11.00		24.73	5.46	
AY489289	Dominant	GG+AG	0.00466	252.00	25.66	5.29
		AA		181.00	23.96	5.15
	Recessive	GG	0.52981	54.00	25.78	6.04
		AA+AG		379.00	24.83	5.17
	Codominant	AA	0.00400	181.00	23.96	5.15
		AG		198.00	25.63	5.08
GG		54.00		25.78	6.04	
AY705916	Dominant	AA+AG	0.05502	73.00	24.48	6.40
		GG		285.00	25.42	4.82
	Recessive	AA	0.22331	9.00	22.89	4.99
		GG+AG		349.00	25.29	5.18
	Codominant	GG	0.23539	285.00	25.42	4.82
		AG		64.00	24.70	6.57
AA		9.00		22.89	4.99	
AY902463	Dominant	CC+AC	0.10145	73.00	24.08	5.52
		AA		324.00	24.93	5.02
	Recessive	CC	0.06032	7.00	28.29	5.02
		AA+AC		390.00	24.71	5.11
	Codominant	AA	0.03202	324.00	24.93	5.02
		AC		66.00	23.64	5.42
CC		7.00		28.29	5.02	
D89502_2	Dominant	GG+AG	0.66129	265.00	24.77	5.23
		AA		172.00	25.22	5.33
	Recessive	GG	0.65265	65.00	24.38	5.32
		AA+AG		372.00	25.05	5.26
	Codominant	AA	0.54377	172.00	25.22	5.33
		AG		200.00	24.90	5.20
GG		65.00		24.38	5.32	
D89502	Dominant	GG+AG	0.81095	241.00	24.88	5.26
		AA		172.00	25.23	5.37
	Recessive	GG	0.84974	48.00	24.71	5.43
		AA+AG		365.00	25.07	5.29
	Codominant	AA	0.77392	172.00	25.23	5.37
		AG		193.00	24.92	5.23
GG		48.00		24.71	5.43	
DQ660373	Dominant	CC+CG	0.35155	106.00	25.25	4.65
		GG		327.00	24.89	5.47
	Recessive	CC	0.56189	8.00	26.25	5.52
		GG+CG		425.00	24.95	5.28
	Codominant	GG	0.70711	327.00	24.89	5.47
		CG		98.00	25.17	4.60
CC		8.00		26.25	5.52	

SNPID	Model	genotype	p-value	Backfat thickness		
				N	Mean	std
EF683117	Dominant	AA+AC	0.04979	43.00	23.60	4.74
		CC		368.00	25.24	5.30
	Recessive	AA	0.20977	1.00	31.00	
		CC+AC		410.00	25.06	5.26
	Codominant	CC	0.05606	368.00	25.24	5.30
		AC		42.00	23.43	4.65
AA		1.00		31.00		
EU143328	Dominant	AA+AG	0.19354	217.00	24.82	5.66
		GG		199.00	25.19	4.85
	Recessive	AA	0.04621	30.00	22.87	6.38
		GG+AG		386.00	25.16	5.16
	Codominant	GG	0.07157	199.00	25.19	4.85
		AG		187.00	25.13	5.50
AA		30.00		22.87	6.38	
EU616815_2	Dominant	AA+AG	0.01667	34.00	26.97	4.46
		GG		400.00	24.77	5.31
	Recessive	AA				
		GG+AG		434.00	24.94	5.28
	Codominant	GG	0.01911	400.00	24.77	5.31
		AG		34.00	26.97	4.46
AA						
EU616815	Dominant	AA+AG	0.04769	30.00	26.63	4.19
		GG		401.00	24.79	5.31
	Recessive	AA				
		GG+AG		431.00	24.92	5.25
	Codominant	GG	0.06414	401.00	24.79	5.31
		AG		30.00	26.63	4.19
AA						
GQ868242	Dominant	CC+AC	0.60398	145.00	24.59	4.93
		AA		286.00	25.14	5.44
	Recessive	CC	0.16379	17.00	26.41	4.76
		AA+AC		414.00	24.89	5.29
	Codominant	AA	0.18564	286.00	25.14	5.44
		AC		128.00	24.34	4.92
CC		17.00		26.41	4.76	
M84639	Dominant	CC+CG	0.99037	160.00	25.01	5.09
		GG		270.00	25.06	5.34
	Recessive	CC	0.65207	12.00	23.75	6.44
		GG+CG		418.00	25.08	5.21
	Codominant	GG	0.68657	270.00	25.06	5.34
		CG		148.00	25.11	4.98
CC		12.00		23.75	6.44	
U36916_2	Dominant	AA+AG	0.04939	239.00	24.61	4.95
		GG		149.00	25.79	5.07
	Recessive	AA	0.39830	43.00	24.35	5.90
		GG+AG		345.00	25.15	4.90
	Codominant	GG	0.07312	149.00	25.79	5.07
		AG		196.00	24.67	4.73
AA		43.00		24.35	5.90	
X78201_2	Dominant	GG+AG	0.49282	240.00	25.00	5.01
		AA		137.00	24.69	5.25
	Recessive	GG	0.04911	61.00	25.98	4.58
		AA+AG		316.00	24.68	5.17
	Codominant	AA	0.18597	137.00	24.69	5.25
		AG		179.00	24.66	5.11
GG		61.00		25.98	4.58	

Table 3-5-9. Association analysis of SNPs with carcass weight

SNPID	Model	genotype	p-value	Carcass weight		
				N	Mean	std
AF324155	Dominant	GG+AG	0.69265	145.00	85.88	5.87
		AA		257.00	85.64	5.62
	Recessive	GG	0.20891	58.00	86.64	5.03
		AA+AG		344.00	85.57	5.80
	Codominant	AA	0.39049	257.00	85.64	5.62
		AG		87.00	85.37	6.34
GG		58.00		86.64	5.03	
AJ293582	Dominant	CC+CG	0.90696	34.00	86.26	6.51
		GG		380.00	85.66	5.57
	Recessive	CC	0.54700	414.00	85.71	5.64
		GG+CG		380.00	85.66	5.57
	Codominant	GG	0.54700	380.00	85.66	5.57
		CG		34.00	86.26	6.51
CC						
AJ301324	Dominant	GG+CG	0.88120	158.00	85.65	5.17
		CC		274.00	85.79	5.95
	Recessive	GG	0.82071	11.00	85.82	5.69
		CC+CG		421.00	85.74	5.68
	Codominant	CC	0.96207	274.00	85.79	5.95
		CG		147.00	85.63	5.15
GG		11.00		85.82	5.69	
AY489289	Dominant	GG+AG	0.72420	252.00	85.83	5.67
		AA		181.00	85.64	5.68
	Recessive	GG	0.08313	54.00	86.81	5.20
		AA+AG		379.00	85.60	5.72
	Codominant	AA	0.33549	181.00	85.64	5.68
		AG		198.00	85.57	5.78
GG		54.00		86.81	5.20	
AY705916	Dominant	AA+AG	0.61784	73.00	85.99	5.69
		GG		285.00	85.66	5.87
	Recessive	AA	0.28756	9.00	83.56	4.93
		GG+AG		349.00	85.79	5.84
	Codominant	GG	0.37501	285.00	85.66	5.87
		AG		64.00	86.33	5.74
AA		9.00		83.56	4.93	
AY902463	Dominant	CC+AC	0.53324	73.00	85.29	4.99
		AA		324.00	85.77	5.81
	Recessive	CC	0.77342	7.00	85.29	4.61
		AA+AC		390.00	85.69	5.68
	Codominant	AA	0.80300	324.00	85.77	5.81
		AC		66.00	85.29	5.06
CC		7.00		85.29	4.61	
D89502_2	Dominant	GG+AG	0.31631	265.00	85.52	5.69
		AA		172.00	86.13	5.61
	Recessive	GG	0.62611	65.00	86.06	5.63
		AA+AG		372.00	85.71	5.67
	Codominant	AA	0.36702	172.00	86.13	5.61
		AG		200.00	85.35	5.71
GG		65.00		86.06	5.63	
D89502	Dominant	GG+AG	0.26050	241.00	85.45	5.68
		AA		172.00	86.17	5.60
	Recessive	GG	0.25184	48.00	86.42	5.47
		AA+AG		365.00	85.66	5.67
	Codominant	AA	0.18635	172.00	86.17	5.60
		AG		193.00	85.21	5.71
GG		48.00		86.42	5.47	
DQ660373	Dominant	CC+CG	0.10533	106.00	84.96	6.42
		GG		327.00	86.07	5.35
	Recessive	CC	0.78284	8.00	86.13	5.54
		GG+CG		425.00	85.79	5.65
	Codominant	GG	0.17768	327.00	86.07	5.35
		CG		98.00	84.87	6.50
CC		8.00		86.13	5.54	

SNPID	Model	genotype	p-value	Carcass weight		
				N	Mean	std
EF683117	Dominant	AA+AC	0.03549	43.00	84.21	4.81
		CC		368.00	85.96	5.78
	Recessive	AA	0.47828	1.00	89.00	
		CC+AC		410.00	85.77	5.71
	Codominant	CC	0.11421	368.00	85.96	5.78
		AC		42.00	84.10	4.81
AA		1.00		89.00		
EU143328	Dominant	AA+AG	0.83805	217.00	85.94	5.90
		GG		199.00	85.77	5.51
	Recessive	AA	0.48037	30.00	86.77	6.60
		GG+AG		386.00	85.79	5.64
	Codominant	GG	0.66382	199.00	85.77	5.51
		AG		187.00	85.81	5.79
AA		30.00		86.77	6.60	
EU616815_2	Dominant	AA+AG	0.62364	34.00	86.12	5.96
		GG		400.00	85.77	5.63
	Recessive	AA	0.73267			
		GG+AG		434.00	85.80	5.65
	Codominant	GG	0.73267	400.00	85.77	5.63
		AG		34.00	86.12	5.96
AA						
EU616815	Dominant	AA+AG	0.67390	30.00	86.07	6.20
		GG		401.00	85.76	5.64
	Recessive	AA	0.77263			
		GG+AG		431.00	85.78	5.68
	Codominant	GG	0.77263	401.00	85.76	5.64
		AG		30.00	86.07	6.20
AA						
GQ868242	Dominant	CC+AC	0.05220	145.00	84.94	5.51
		AA		286.00	86.17	5.74
	Recessive	CC	0.77829	17.00	85.29	6.25
		AA+AC		414.00	85.77	5.67
	Codominant	AA	0.10161	286.00	86.17	5.74
		AC		128.00	84.89	5.43
CC		17.00		85.29	6.25	
M84639	Dominant	CC+CG	0.04536	160.00	86.47	5.78
		GG		270.00	85.36	5.58
	Recessive	CC	0.10627	12.00	89.00	7.05
		GG+CG		418.00	85.68	5.61
	Codominant	GG	0.03996	270.00	85.36	5.58
		CG		148.00	86.26	5.64
CC		12.00		89.00	7.05	
U36916_2	Dominant	AA+AG	0.17771	239.00	85.52	5.68
		GG		149.00	86.24	5.88
	Recessive	AA	0.19443	43.00	86.81	5.74
		GG+AG		345.00	85.67	5.76
	Codominant	GG	0.13113	149.00	86.24	5.88
		AG		196.00	85.24	5.64
AA		43.00		86.81	5.74	
X78201_2	Dominant	GG+AG	0.36475	240.00	85.93	5.99
		AA		137.00	85.26	5.39
	Recessive	GG	0.01724	61.00	87.20	5.76
		AA+AG		316.00	85.39	5.74
	Codominant	AA	0.07698	137.00	85.26	5.39
		AG		179.00	85.50	6.02
GG		61.00		87.20	5.76	



Table 3-5-10. Association analysis of SNPs with Intramuscular fat content

SNPID	Model	genotype	p-value	Intramuscular fat		
				N	Mean	std
AF324155	Dominant	GG+AG	0.12178	145.00	2.67	1.11
		AA		257.00	2.85	1.22
	Recessive	GG	0.00054	58.00	2.38	1.12
		AA+AG		344.00	2.86	1.18
	Codominant	AA	0.01634	257.00	2.85	1.22
		AG		87.00	2.86	1.06
GG		58.00		2.38	1.12	
AJ293582	Dominant	CC+CG	0.02611	34.00	3.19	1.10
		GG		380.00	2.81	1.18
	Recessive	CC	0.07127	414.00	2.84	1.18
		GG+CG		380.00	2.81	1.18
	Codominant	GG	0.07127	34.00	3.19	1.10
		CG		34.00	3.19	1.10
CC		34.00		3.19	1.10	
AJ301324	Dominant	GG+CG	0.06057	158.00	2.66	1.08
		CC		274.00	2.89	1.23
	Recessive	GG	0.57868	11.00	2.66	1.15
		CC+CG		421.00	2.81	1.19
	Codominant	CC	0.16490	274.00	2.89	1.23
		CG		147.00	2.66	1.08
GG		11.00		2.66	1.15	
AY489289	Dominant	GG+AG	0.69878	252.00	2.78	1.18
		AA		181.00	2.83	1.18
	Recessive	GG	0.35274	54.00	2.57	0.84
		AA+AG		379.00	2.84	1.22
	Codominant	AA	0.31103	181.00	2.83	1.18
		AG		198.00	2.84	1.26
GG		54.00		2.57	0.84	
AY705916	Dominant	AA+AG	0.00042	73.00	2.47	1.02
		GG		285.00	2.95	1.20
	Recessive	AA	0.02732	9.00	2.10	0.66
		GG+AG		349.00	2.88	1.19
	Codominant	GG	0.00489	285.00	2.95	1.20
		AG		64.00	2.53	1.06
AA		9.00		2.10	0.66	
AY902463	Dominant	CC+AC	0.33876	73.00	2.64	1.39
		AA		324.00	2.81	1.12
	Recessive	CC	0.25571	7.00	3.12	0.88
		AA+AC		390.00	2.77	1.18
	Codominant	AA	0.29249	324.00	2.81	1.12
		AC		66.00	2.59	1.43
CC		7.00		3.12	0.88	
D89502_2	Dominant	GG+AG	0.03193	265.00	2.68	1.05
		AA		172.00	2.97	1.34
	Recessive	GG	0.03837	65.00	2.49	0.92
		AA+AG		372.00	2.85	1.21
	Codominant	AA	0.01385	172.00	2.97	1.34
		AG		200.00	2.74	1.09
GG		65.00		2.49	0.92	
D89502	Dominant	GG+AG	0.07872	241.00	2.72	1.07
		AA		172.00	2.97	1.34
	Recessive	GG	0.27765	48.00	2.62	0.98
		AA+AG		365.00	2.86	1.22
	Codominant	AA	0.08808	172.00	2.97	1.34
		AG		193.00	2.75	1.10
GG		48.00		2.62	0.98	
DQ660373	Dominant	CC+CG	0.11545	106.00	2.91	1.22
		GG		327.00	2.76	1.17
	Recessive	CC	0.38676	8.00	3.81	2.80
		GG+CG		425.00	2.78	1.13
	Codominant	GG	0.03998	327.00	2.76	1.17
		CG		98.00	2.84	0.99
CC		8.00		3.81	2.80	

SNPID	Model	genotype	p-value	Intramuscular fat		
				N	Mean	std
EF683117	Dominant	AA+AC	0.28077	43.00	28.16	2.84
		CC		368.00	27.37	3.61
	Recessive	AA	0.53005	1.00	29.16	
		CC+AC		410.00	27.45	3.55
	Codominant	CC	0.37071	368.00	27.37	3.61
		AC		42.00	28.14	2.87
AA		1.00		29.16		
EU143328	Dominant	AA+AG	0.50039	217.00	27.32	3.58
		GG		199.00	27.55	3.71
	Recessive	AA	0.52833	30.00	26.90	4.02
		GG+AG		386.00	27.47	3.61
	Codominant	GG	0.64303	199.00	27.55	3.71
		AG		187.00	27.39	3.51
AA		30.00		26.90	4.02	
EU616815_2	Dominant	AA+AG	0.94606	34.00	27.01	4.40
		GG		400.00	27.29	3.74
	Recessive	AA				
		GG+AG		434.00	27.27	3.79
	Codominant	GG	0.67154	400.00	27.29	3.74
		AG		34.00	27.01	4.40
AA						
EU616815	Dominant	AA+AG	0.68383	30.00	27.61	3.39
		GG		401.00	27.29	3.75
	Recessive	AA				
		GG+AG		431.00	27.32	3.72
	Codominant	GG	0.65096	401.00	27.29	3.75
		AG		30.00	27.61	3.39
AA						
CQ368242	Dominant	CC+AC	0.01354	145.00	27.96	3.78
		AA		286.00	26.97	3.73
	Recessive	CC	0.02689	17.00	29.42	4.37
		AA+AC		414.00	27.22	3.72
	Codominant	AA	0.00820	286.00	26.97	3.73
		AC		128.00	27.77	3.67
CC		17.00		29.42	4.37	
M84639	Dominant	CC+CG	0.50725	160.00	27.16	3.60
		GG		270.00	27.37	3.94
	Recessive	CC	0.96899	12.00	26.76	4.31
		GG+CG		418.00	27.30	3.80
	Codominant	GG	0.80249	270.00	27.37	3.94
		CG		148.00	27.19	3.56
CC		12.00		26.76	4.31	
U36916_2	Dominant	AA+AG	0.38113	239.00	27.21	3.94
		GG		149.00	27.81	3.47
	Recessive	AA	0.92991	43.00	27.38	3.92
		GG+AG		345.00	27.45	3.76
	Codominant	GG	0.28976	149.00	27.81	3.47
		AG		196.00	27.17	3.95
AA		43.00		27.38	3.92	
X78201_2	Dominant	GG+AG	0.28570	240.00	27.74	3.42
		AA		137.00	27.32	3.90
	Recessive	GG	0.78360	61.00	27.75	2.90
		AA+AG		316.00	27.56	3.73
	Codominant	AA	0.55239	137.00	27.32	3.90
		AG		179.00	27.74	3.59
GG		61.00		27.75	2.90	

### (가) 등지방 두께

등지방두께와 SNP 유전자형과의 연관성 분석결과 Table 3-5-8과 같이 17개 SNP 중 10개의 SNP에서 유의성을 찾을 수 있었다( $p < 0.01$ ,  $p < 0.05$ ). EF683117, EU616815, U36916-2의 SNP에서는 Dominant 모델에서 유의성이 있는 것으로 확인할 수 있었고( $p < 0.05$ ), 각각 EF683117은 CC타입, EU616815는 AA나 AG타입, U36916-2는 GG타입을 가질 때 등지방 두께가 높을 것을 확인할 수 있었다. 그리고 AF324155, AJ301324, EU143328, X78201-2 SNP에서는 Recessive 모델에서 유의성을 확인할 수 있었고( $p < 0.05$ ). 각각 GG타입, GG타입, AA타입, AA나 AG타입 일 때 등지방 두께가 낮은 것으로 확인할 수 있었다. 또한 AY489289, AY902463, EU616815-2의 SNP에서는 Codominant 모델에서 연관성을 할 수 있었고( $p < 0.01$ ,  $p < 0.05$ ), 각각 AA타입, AC타입, GG타입일 경우 등지방 두께가 낮은 것으로 확인 하였다.

### (나) 도체중

도체중 에서는 Table 3-5-9와 같이 17개 SNP 중 3개의 SNP에서 유의성을 찾을 수 있었다( $p < 0.05$ ). EF683117의 SNP에서는 Dominant 모델에서 연관성이 있었으며( $p < 0.05$ ), CC타입을 가질 때 도체중이 높다는 것을 확인 하였다. M84639의 SNP에서는 Dominant와 Codominant모델에서 연관성이 있었으며( $p < 0.05$ ), GG타입일 때 도체중이 낮다는 것을 확인 하였다. 또한 X78201-2의 SNP에서는 Recessive 모델에서는 GG타입일 때 유의적으로 도체중이 높다는 것을 확인 하였다( $p < 0.05$ ).

### (다) 근내 지방함량

근내 지방 함량에서는 Table 3-5-10과 같이 6개의 SNP에서 유의성을 찾을 수 있었다( $p < 0.01$ ,  $p < 0.05$ ). AF324155의 SNP에서는 Recessive와 Codominant모델에서 GG타입을 가질 때 근내 지방 함량이 낮았으며, AJ293582에서는 Dominant에서 GG타입 일 때 근내 지방 함량이 낮다는 것을 확인 하였다. 그리고 DQ660373에서는 Codominant모델에서 CC타입일 경우 유의적으로 근내 지방 함량이 높았다. 특히 AY705916, D89502-2, GQ368242에서는 3가지 모델 전부에서 높은 연관성을 보였고 각각 GG타입, AA타입, CC타입일 경우 근내 지방 함량이 다른 타입에 비해 높다는 것을 알 수 있었다.

## (2) 후보 SNP 유전자와 삼겹살량과의 연관성 분석

본 연구에서는 LYD 비육돈 46두에 대하여 삼겹살량을 측정하였고 앞서 확보된 17개 SNP 중 제한효소가 존재하는 5개의 SNP와 논문을 통하여 지방형질과 연관성이 있다고 밝혀진 8개의 SNP를 이용하여 삼겹살량과의 연관성을 분석하였다. 그 결과 Table 3-5-11과 같이 13개의 SNP 중 3개의 SNP가 삼겹살량과 직접적인 연관성이 것으로 확인 되었다. 그 결과를 자세히 살펴보면 다음과 같다.

Table 3-5-11. Association analysis of SNPs with belly content

Gene(SNP)	Model	p-value	genotype	N	Mean	std
EF683117 (sqle)	Dominant	0.918072926	CA+AA	16	13.606	1.244
			CC	30	13.643	1.111
	Recessive	0.044093577	AA	4	14.725	0.785
			CC+CA	42	13.526	1.125
	Codominant	0.075245703	CC	30	13.643	1.111
CA			12	13.233	1.155	
AA			4	14.725	0.785	
Fox01	Dominant	0.007209561	AB+AA	14	14.300	0.840
			BB	32	13.338	1.147
	Recessive	0.863681733	AA	46	13.630	1.145
			BB+AB	46	13.630	1.145
	Codominant	0.007209561	BB	32	13.338	1.147
AB			14	14.300	0.840	
AA			14	14.300	0.840	
Lpin	Dominant	0.037508773	AB+BB	14	13.104	1.130
			AA	32	13.861	1.090
	Recessive	0.037508773	BB	0		
			AA+AB	46	13.630	1.145
	Codominant	0.037508773	AA	32	13.861	1.090
AB			14	13.104	1.130	
BB			0			

(가) EF683117

EF683117은 squalene epoxidase를 코딩하는 유전자로 생체 내 지방대사에 중요한 역할을 한다고 알려져 있다. squalene은 세포에 산소를 공급하여줌으로서 생체 내 지방 대사를 활발히 해주는 것으로 알려져 있고 squalene epoxidase는 이를 산화시키는 효소이다. 이러한 squalene epoxidase 유전자의 SNP 결과를 보면 Recessive 모델에서 유의성이 있었고 AA타입을 가질 때 삼겹살량이 높다는 것을 알 수 있다.

(나) Fox1

Fox1 유전자는 곤충에서 포유동물에 걸쳐 광범위하게 존재하면 세포의 생명 주기, 즉 분열, 성숙, 사멸 과정에 관여하는 것으로 있고 이 유전자에 결함이 생겨 정상적인 활성을 상실하면 DNA가 스스로 복제하는 능력을 잃고 세포는 정상적인 분열 활동을 유지하지 못한다. 이러한 Fox1 유전자의 SNP와 삼겹살량의 연관성 분석을 보면 Codominant 모델에서 유의성을 찾을 수 있었고 AB타입 일 때 삼겹살량이 높은 것으로 나타났다. 하지만 총 46두 중 AA타입이 하나도 출현하지 않아 앞으로 더 많은 개체를 사용하면 더 좋은 결과를 얻을 수 있을 것이라고 생각한다.

(다) Lpin

Lpin 유전자는 포유동물의 체지방에서 많이 발현되는 유전자로서 돼지에 있어서 체중과 등지방두께에 연관성이 있다고 알려져 있다. 이러한 Lpin 유전자의 SNP와 삼겹살량간의 연관성을 보면 Dominant와 Codominant 모델에서 유의성을 찾을 수 있었고 AA타입일때 삼겹살량이 높은 것으로 나타났다. 이 유전자도 Fox 유전자와 마찬가지로 BB타입이 출현하지 않아 앞으로 더 많은 개체를 사용하여야 더 좋은 결과를 얻을 수 있을 것이다.

### (3) 삼겹살 관련 형질과의 연관성 분석을 통한 확보된 유전자의 검증

앞서 삼겹살과 관련이 있는 형질 즉, 등지방두께, 도체중, 근내지방, 삼겹살량의 연관성 분석을 통하여 삼겹살과 관련이 있는 20개의 SNP를 확보 할 수 있었다. 본 연구에서는 PCR-RFLP 기법을 이용해 SNP의 검증을 위하여 삼겹살과 관련이 있다고 알려진 품종, 갈비뼈 개수를 이용하여 연관성을 재확인 하였다. 최근 축산과학원에서 발표한 연구보고서에 따르면 체장의 길이와 삼겹살의 함량이 연관성이 있다고 보고 하였다. 그래서 본 실험에서 체장의 길이가 긴 랜드레이스와 요크셔, 체장의 길이가 짧은 듀록종을 이용하여 실험에 이용하였고, 갈비뼈의 개수가 삼겹살의 함량과 연관성이 있을 것이라고 추측하여 갈비뼈 개수가 작은 개체(15개)와 많은 개체(16개)를 사용하였다.

#### (가) 확보된 SNP의 품종에 따른 연관성 분석

돼지의 중요한 경제형질들은 품종에 따라 다른 특징을 보유하고 있다. 특히 국내에서 많이 이용되고 있는 랜드레이스, 요크셔, 듀록 종은 종돈으로 활용하여 이로부터 비육돈을 생산에 활용하고 있다. 랜드레이스와 요크셔는 듀록에 비해 체장의 길이가 길며, 듀록은 육질이 좋은 것으로 알려져 있다. 최근 축산과학원에서 발표한 연구보고서에 따르면 삼겹살량은 체장과 연관성이 높다고 보고되었다. 그래서 본 연구에서는 개발된 진단기법의 재확인을 위해 돼지의 품종에 따른 유전자와의 상관성을 확인해 보았다. 체장이 길다고 알려져 있는 랜드레이스와 요크셔를 하나의 집단으로 묶고 듀록과 두 집단간의 연관성을 확인하였다. 그 결과 Table 3-5-12와 같이 13개 SNP 중에서 품종의 분류에 따라 7개의 SNP에서 유의적 연관성이 있는 것으로 나타났다. 유전자들 각각에 대해서는 다음에 설명한 바와 같다.

#### ① CSRP3

CSRP3 유전자는 유전자형 분석결과에서 랜드레이스(L)과 요크셔(Y) 품종은 AA 유전자형이 57.81%로 매우 높게 나타났으나 듀록(D)품종에서는 AB 유전자형이 62.5%로 가장 높게 나타났다. 대립유전자의 출현율 에서도 L과 Y품종이 A 대립유전자가 D품종에 비해 매우 높은 것을 확인할 수 있었다. 이러한 결과는 통계 모델에서 CSRP3 유전자는 Dominant와 Codominant 형태에서 매우 높은 유의성을 확인할 수 있었다.

#### ② CYP21A2

CYP21A2 유전자는 L과 Y품종 그룹과 D품종간에 대단히 높은 품종간 차이를 확인할 수 있었다. 유전자형 분석에서 보면, L과 Y는 BB 유전자형이 53.13%로 매우 높고, AB 유전자형이 39%로 나타났으며, AA 유전자형은 7.8%로 매우 낮은 출현율을 보였다. 그러나 D품종의 결과에서는 이와 반대로 BB 유전자형은 전혀 출현하지 않고, AA 유전자형이 87.5%로 매우 높게 나타나는 것을 확인하였다. 이러한 결과는 대립유전자의 출현율을 보면 더욱 정확하게 알 수 있는데 L과 Y종에서는 B 대립유전자가 D종에서는 A 대립유전자가 대비적으로 높게 나타나 있다. 그래서 이 유전자의 경우에는 Dominant, Recessive, 그리고 Codominant의 어떠한 유전자 형태에서도 모두 유의적인 연관 결과를 확인할 수 있었다.

### ③ CYP21

CYP21 유전자에서도 L과 Y품종 그룹과 D품종 간에 유의적인 유전자형과 대립유전자의 출현양상을 확인할 수 있었다. 유전자형에서는 L과 Y종이 AB 유전자형이 가장 많고 BB 유전자형이 15.6%로 낮게 출현하였으나 D종에서는 BB 유전자형이 71.88%로 매우 높게 나타나고 AA 유전자형은 전혀 나타나지 않는 것을 알 수 있었다. 이러한 결과로 대립유전자에 대한 출현양상을 보면 L과 Y는 A와 B 대립유전자가 비슷한 비율로 출현하였으나 D종은 B대립유전자가 85.94%로 매우 높고 A 대립유전자는 14.06%로 매우 낮게 나타나는 것을 확인하였다. 이러한 결과로 D 품종은 A 대립유전자와 AA 유전자형을 거의 나타내지 않는 것을 알 수 있다.

### ④ ENO3

ENO3 유전자에서도 L과 Y품종 그룹과 D품종 간에 유전자형과 대립유전자의 출현율에서 유의적인 차이를 확인할 수 있었다. L과 Y품종은 AA 유전자형과 A 대립유전자의 출현율이 각각 31.25%와 41.41%로 나타났으나 D품종에서는 AA유전자형은 전혀 나타나지 않고 A 대립유전자에서도 7.81%만이 출현하는 경향을 나타내었다. 이와 같이 이 유전자에서도 두 품종 그룹 간에 유전자 SNP에 대한 특이적인 차이를 확인할 수 있었다.

### ⑤ LPIN

LPIN 유전자의 SNP는 L과 Y 품종과 D품종 사이에 유의적 차이가 있는 것으로 나타났으나 출현율을 보면 모두 AA 유전자형의 출현율이 높게 나타나는 것을 확인할 수 있다. 그러므로 이 유전자의 경우에는 유의적 차이는 있었으나 유전자형과 대립유전자에서 모두 AA와 A를 많이 가지는 것으로 확인되어 품종간의 특이성을 더욱 명확하게 하기 위해서는 더욱 많은 개체에서의 분석이 필요할 것이라 생각된다.

### ⑥ AJ301324

AJ301324 유전자의 SNP를 확인해 본 결과에서는 L과 Y품종과 D품종 간에 Dominant, Recessive, 그리고 Codominant 모델 모두에서 매우 높은 유의적 품종 간 차이를 확인할 수 있었다. L과 Y품종 그룹에서는 GG 유전자형이 20.31%로 비교적 높게 나타났으나 D품종에서는 전혀 나타나지 않았으며, 이러한 현상은 대립유전자의 출현율에서도 L과 Y품종에서는 G 대립유전자가 47.66%로 높게 나타났으나 D 품종에서는 10.94%밖에 출현하지 않는 것을 확인할 수 있었다.

### ⑦ EF683117

EF683117 유전자의 SNP에서도 L과 Y품종 그룹과 D품종 간에 유전자형과 대립유전자의 출현율에 대한 유의적 차이를 확인할 수 있었다. 그러나 유의적으로 출현차이는 있었으나 더 명확한 출현 차이를 확인하기 위해서는 더욱 많은 개체에서의 확인이 필요할 것이라 생각된다.

L과 Y에서는 AA 유전자형이 4.69%, D품종에서는 21.88%로 차이가 나타났으므로 이를 더욱 많은 개체에서 확인한다면 품종 간 차이에 대해서 더욱 좋은 결과를 얻을 수 있을 것이라 생각된다.

앞서 서술한바와 같이 7개의 유전자 SNP에서 품종별에서 연관성을 확인할 수 있었다. 랜드레이스와 요크셔는 듀록 품종에 비해 체장의 길이가 길다. 축산과학원의 보고에 의하면 체장의 길이와 삼겹살량에는 상관관계가 있다고 하였다. 품종별로 삼겹살량을 측정하지는 않았지만 체장의 길이와 삼겹살량과의 연관성을 볼때 7개의 유전자 SNP는 삼겹살량과 연관성이 있을 것이라고 추측한다.

Table 3-5-12. Association analysis of SNPs with different pig breeds

Gene		CSRP3				CYP21A2			
Breed		AA	AB	BB		AA	AB	BB	
L_Y		37(57.81)	25(39.06)	2(3.13)		5(7.81)	25(39.06)	34(53.13)	
_D		9(28.13)	20(62.5)	3(9.38)		28(87.5)	4(12.5)	0(0)	
		B	A			B	A		
L_Y		29(22.66)	99(77.34)			93(72.66)	35(27.34)		
_D		26(40.63)	38(59.38)			4(6.25)	60(93.75)		
		Dominant	Recessive	Codominant	Allele	Dominant	Recessive	Codominant	Allele
OR(95%CI)		0.286 (0.114,0.714)	0.312 (0.049,1.969)		0.428 (0.224,0.819)	826 (2058,31491)			3087 (1349,11788)
Chisq		0.006			0.009	0.000	0.000	0.000	0.000
F		0.009	0.329		0.011	0.000	0.000	0.000	0.000
JT		0.006	0.196	0.005	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000
TREND								0.000	
Gene		CYP21				ENO3			
Breed		BB	AB	AA		BB	AB	AA	
L_Y		10(15.63)	34(53.13)	20(31.25)		31(48.44)	13(20.31)	20(31.25)	
_D		23(71.88)	9(28.13)	0(0)		27(84.38)	5(15.63)	0(0)	
		A	B			A	B		
L_Y		74(57.81)	54(42.19)			53(41.41)	75(58.59)		
_D		9(14.06)	55(85.94)			5(7.81)	59(92.19)		
		Dominant	Recessive	Codominant	Allele	Dominant	Recessive	Codominant	Allele
OR(95%CI)		13.8 (4.955,38.434)			8.374 (3.811,18.401)	5.748 (1.966,16.806)			8.339 (3.135,22.181)
Chisq		0.000	0.000	0.000	0.000	0.001	0.000	0.001	0.000
F		0.000	0.000	0.000	0.000	0.001	0.000	0.000	0.000
JT		0.000	0.000	0.000	0.000	0.001	0.000	0.000	0.000
TREND				0.000				0.000	
Gene		Lpin				AJ301324(DEC1)			
Breed		AA	AB	BB		CC	CG	GG	
L_Y		50(78.13)	14(21.88)	0(0)		16(25)	35(54.69)	13(20.31)	
_D		19(59.38)	10(31.25)	3(9.38)		25(78.13)	7(21.88)	0(0)	
		B	A			G	C		
L_Y		14(10.94)	114(89.06)			61(47.66)	67(52.34)		
_D		16(25)	48(75)			7(10.94)	57(89.06)		
		Dominant	Recessive	Codominant	Allele	Dominant	Recessive	Codominant	Allele
OR(95%CI)		0.409 (0.163,1.028)			0.368 (0.167,0.814)	10.714 (3.898,29.453)			7.414 (3.143,17.488)
Chisq		0.054			0.011	0.000		0.000	0.000
F		0.090	0.035		0.019	0.000	0.004	0.000	0.000
JT		0.055	0.013	0.034	0.012	0.000	0.006	0.000	0.000
TREND								0.000	
Gene		EF683117(sqle)							
Breed		CC	CA	AA					
L_Y		50(78.13)	11(17.19)	3(4.69)					
_D		14(43.75)	11(34.38)	7(21.88)					
		A	C						
L_Y		17(13.28)	111(86.72)						
_D		25(39.06)	39(60.94)						
		Dominant	Recessive	Codominant	Allele				
OR(95%CI)		0.218 (0.087,0.544)	0.176 (0.042,0.734)		0.239 (0.117,0.489)				
Chisq		0.001		0.002	0.000				
F		0.001	0.014		0.000				
JT		0.001	0.010	0.000	0.000				
TREND				0.000					



## (나) 갈비뼈 개수에서 개발된 유전자 진단기법의 검증

삼겹살을 증대시킬 수 있는 방안으로 앞에서는 품종과 유전자 SNP와의 연관성을 확인해 보았고, 다음으로 삼겹살량과 연관성이 있을 것으로 추정되는 갈비뼈의 개수에 따른 유전자 SNP와의 연관성을 확인해 보았다. 삼겹살은 보통 돼지의 21개의 갈비뼈 중 6번 갈비뼈부터 21번 갈비뼈 부위 등 쪽에 있는 근육과 지방으로 이루어진 부위를 말한다. 돼지의 경우에는 보통 21개의 갈비뼈를 지가고 있지만 개체에 따라 갈비뼈의 개수가 다른 돼지가 있다. 우리는 갈비뼈 개수가 많으면 삼겹살량이 많을 것이라고 예측하여 갈비뼈 개수가 15개, 16개로 분류하여 두 그룹간에 13개 유전자에 대하여 갈비뼈 개수와 연관성을 분석하였다. 그 결과 중 유의적인 출현양상을 나타내는 8개 유전자에 대해서 Table 3-5-13에 나타내었다. 8개 유전자 각각에 대한 연관성 분석결과는 다음과 같았다.

### ① CSRP3

CSRP3 유전자의 SNP는 품종 간에서도 유전자형과 대립유전자 출현양상에 매우 높은 유의적 연관성을 확인할 수 있었고, 갈비뼈 개수에 대해서도 높은 유의적 차이를 확인하였다. 이 유전자에서는 갈비뼈가 16개인 그룹에서는 AB 유전자형이 가장 높게 나타났고 BB 유전자형이 6%밖에 출현하지 않았는데 15개 그룹에서는 AA 유전자형이 가장 높게 출현하여 BB 유전자형도 16%로 비교적 높게 나타났다. 그러나 대립유전자의 출현에서는 두 그룹 간에 큰 차이는 나타나지 않았다. 또한 이 유전자가 Dominant 형태일 때에만 유의성이 있는 것으로 확인되었다.

### ② CYP21

CYP21 유전자의 SNP도 품종 간 연관성 분석에서 유의적 출현양상을 보이는 것으로 나타났는데 갈비뼈 개수와도 연관성이 높은 것으로 확인되었다. 갈비뼈 16개인 그룹에서는 AA 유전자형의 출현이 낮기는 하지만 6%였으나 15개 그룹에서는 전혀 출현하지 않는 것으로 나타났다. 이러한 현상은 대립유전자의 출현빈도와 연관성에서도 16개 집단은 A 대립유전자가 42%로 높게 나타났으나 15개 집단에서는 28%로 낮게 나타나는 것으로 확인되었다. 이 유전자는 Dominant와 Codominant 형태에서 모두 유의성이 있는 결과를 확인할 수 있었다.

### ③ ENO3

ENO3 유전자의 경우에도 품종과 연관성이 있는 것으로 나타나 갈비뼈의 개수와도 유의성을 확인할 수 있었다. 하지만 출현빈도를 보면 유의성은 있었으나 크게 두 그룹 간에 차이가 나타나지는 않아 더욱 많은 개체에서의 확인이 필요한 것으로 생각된다. 비교적 AA 유전자형이 갈비뼈 15개 그룹에서 낮게 출현하는 현상을 나타내었는데 더욱 많은 개체를 확인해 본다면 유의성을 더욱 정확하게 확인할 수 있을 것이다.

#### ④ Fox01

Fox01 유전자는 갈비뼈 개수 16과 15개 모두에서 AA 유전자형은 전혀 출현하지 않는 것으로 나타났다. 이 유전자의 SNP에서 A 대립유전자의 출현율이 매우 낮은 형태였으나 15 그룹에서는 BB 유전자형의 출현율이 100%로 AB, AA 타입이 모두 나타나지 않았으나 16개의 경우에는 AB 유전자형이 16%로 비교적 높게 나타났다. 그래서 Dominant와 Codominant 형태일 경우 이 유전자형은 갈비뼈의 개수와 유의적으로 높은 연관성이 있는 것을 확인할 수 있었다.

#### ⑤ LPIN

LPIN 유전자의 SNP도 돼지의 품종에 따라 유의적인 출현양상을 나타내는 것으로 확인되었고, 갈비뼈의 개수와도 상관관계가 있는 것을 확인하였다. 갈비뼈의 개수와 관계없이 BB 유전자형은 모두 출현하지 않았으나 AB 유전자형의 출현율에서 15개 그룹보다 16개 그룹에서 높은 출현율을 확인할 수 있었다. 그러므로 B 대립유전자가 갈비뼈의 개수가 큰 쪽과 어느 정도 연관성이 있는 것으로 추정되어질 수 있다. 이 유전자도 더욱 많은 개체수에서 정확한 결과를 확인한다면 좋은 유전자 마커로서 이용이 가능할 것이라 생각된다.

#### ⑥ PNAS

PNAS 유전자에서도 BB 유전자형의 출현율은 전혀 없는 것으로 확인되었고, AB 유전자형의 출현율에서 갈비뼈 개수가 15개인 집단에서 유의적으로 높게 나타나는 것을 확인할 수 있었다. 그러므로 이 유전자에서 B 대립유전자는 갈비뼈의 개수가 작게 나타내는 것과 어느 정도 상관관계가 있는 것으로 추측하고 더욱 많은 개체의 재현성 검증을 실시하고자 한다.

#### ⑦ EF683117

EF683117 유전자의 SNP는 돼지의 품종에 따른 연관성 분석에서도 유의성을 확인할 수 있었고, 갈비뼈의 개수에서도 유의적 연관성을 확인할 수 있어 본 연구의 삼겹살 증대와 관련된 좋은 유전자 후보로 확보되어졌다. 이 유전자와 갈비뼈 개수는 유의적 연관성은 확인되었으나 CA 유전자형과 A 대립유전자의 출현에서 두 그룹간에 출현차이가 크게 나타났으나 더욱 정확한 확인이 필요한 것 같다. 더욱 많은 개체에서 확인이 이루어진다면 품종과 갈비뼈개수에 모두 연관성이 있는 것으로 중요한 유전자 마커로서 이용이 가능할 것이라 생각된다.

#### ⑧ DQ660373

DQ660373 유전자는 갈비뼈 개수와의 연관성을 확인해 본 결과 CC 유전자형은 갈비뼈 16개인 그룹에서만 출현하는 것을 확인할 수 있었다. 또한 GG 유전자형은 갈비뼈 15개인 그룹에서 더욱 높게 출현하는 것을 알 수 있었다. 이러한 현상은 대립유전자의 출현양상에 대한 분석결과에서도 C 대립유전자의 출현빈도가 갈비뼈 16개 그룹에서 15개에 비해 높게

나타나는 것을 알 수 있었다. 이러한 양상은 이 유전자가 Dominant와 Codominant 형태를 나타낼 때에 유의성이 매우 높은 것을 확인하였다.

아직 갈비뼈 개수와 삼겹살량의 연관성에 대해서 확실하게 밝혀진 연구결과는 부족하다. 하지만 본 연구에서는 갈비뼈 개수가 삼겹살량과 연관성이 있을 것이라고 추측하고 본 실험을 실시하였고, 8개의 유전자 SNP에서 돼지의 갈비뼈의 개수에 따라 유의적인 출현양상이 나타나는 것을 확인할 수 있었다( $p < 0.01$ ,  $p < 0.05$ ). 갈비뼈 개수도 앞서 실험한 품종별과 마찬가지로 삼겹살량을 측정하여 더욱 많은 개체에서 재현성을 검증한다면 더욱 더 정확한 결과를 얻을 수 있을 것이라 생각된다.

Table 3-5-13. Association analysis of SNPS with different rib numbers

Gene		CSRP3				CYP21			
Rib No.	AA	AB	BB		BB	AB	AA		
16	11(22)	36(72)	3(6)		11(22)	36(72)	3(6)		
15	23(46)	19(38)	8(16)		22(44)	28(56)	0(0)		
	B	A			A	B			
16	42(42)	58(58)			42(42)	58(58)			
15	35(35)	65(65)			28(28)	72(72)			
	Dominant	Recessive	Codominant	Allele	Dominant	Recessive	Codominant	Allele	
OR(95%CI)	3.0 2(1.265,7.209)	0.335 (0.083,1.346)		1.345 (0.759,2.381)	2.786 (1.165,6.659)			1.862 (1.032,3.36)	
Chisq	0.011	0.110	0.003	0.309	0.019			0.038	
F	0.020	0.200		0.383	0.033	0.242		0.054	
JT	0.012	0.112	0.153	0.310	0.020	0.080	0.009	0.038	
TREND			0.267						
Gene		ENO3				FoxO1			
Rib No.	BB	AB	AA		BB	AB	AA		
16	25(50)	11(22)	14(28)		42(84)	8(16)	0(0)		
15	26(52)	18(36)	6(12)		50(100)	0(0)	0(0)		
	A	B			A	B			
16	39(39)	61(61)			8(8)	92(92)			
15	30(30)	70(70)			0(0)	100(100)			
	Dominant	Recessive	Codominant	Allele	Dominant	Recessive	Codominant	Allele	
OR(95%CI)	1.083 (0.494,2.373)	2.852 (0.995,8.173)		1.492 (0.83,2.683)					
Chisq	0.841	0.046	0.086	0.181					
F	1.000	0.078		0.234	0.006			0.007	
JT	0.842	0.047	0.373	0.182	0.003		0.003	0.004	
TREND			0.251						
Gene		Lpin				PNAS			
Rib No.	AA	AB	BB		AA	AB	BB		
16	35(70)	15(30)	0(0)		45(90)	5(10)	0(0)		
15	47(94)	3(6)	0(0)		33(66)	17(34)	0(0)		
	B	A			B	A			
16	15(15)	85(85)			5(5)	95(95)			
15	3(3)	97(97)			17(17)	83(83)			
	Dominant	Recessive	Codominant	Allele	Dominant	Recessive	Codominant	Allele	
OR(95%CI)	6.714 (1.803,24.998)			5.706 (1.597,20.386)	0.216 (0.072,0.644)			0.257 (0.091,0.727)	
Chisq	0.002			0.003	0.004			0.007	
F	0.003			0.005	0.007			0.011	
JT	0.002		0.002	0.003	0.004		0.004	0.007	
TREND									
Gene		EF683117(sqle)				DQ660373(ribosomal protein S3 )			
Rib No.	CC	CA	AA		GG	GC	CC		
16	34(68)	13(26)	3(6)		27(54)	21(42)	2(4)		
15	20(40)	27(54)	3(6)		39(78)	11(22)	0(0)		
	A	C			C	G			
16	19(19)	81(81)			25(25)	75(75)			
15	33(33)	67(67)			11(11)	89(89)			
	Dominant	Recessive	Codominant	Allele	Dominant	Recessive	Codominant	Allele	
OR(95%CI)	0.314 (0.138,0.713)	1 (0.192,5.21)		0.476 (0.248,0.913)	3.02 (1.265,7.209)			2.697 (1.245,5.841)	
Chisq	0.005			0.024	0.011			0.010	
F	0.009	1.000		0.036	0.020	0.495		0.016	
JT	0.005	1.000	0.010	0.024	0.012	0.155	0.009	0.010	
TREND									

### 사. 삼겹살 증대 진단기술 개발

본 연구에서는 두 가지의 분석기법으로 확보되어진 SNP의 유전자형을 분석하여 삼겹살과 관련이 있는 여러 가지 형질에 대하여 연관성 분석을 실시하였다. 그 결과 20개의 SNP에서 삼겹살과 관련이 있는 것으로 나타났다. 우리는 본 연구결과에서 삼겹살(선호부위)이 증대된 돼지를 조기에 선발 할 수 있는 SNP의 유전자형을 결정하는 특이적인 primer들을 제작 할 수 있었고 이를 통하여 유전자들의 특성에 맞고 간편한 multiplex 방법을 이용한 삼겹살 증대 유전자 진단 기술을 개발 할 수 있었다. Table 3-5-15은 본 연구에서 개발된 특이적인 primer들을 나타내었다. 이러한 특이적인 primer를 이용하여 돼지의 유전자형을 분석하였을 때 Table 3-5-14과 같은 결과를 얻을 수 있다.

Table 3-5-14. Summary for the association analysis of SNPs with belly-related traits

Belly-related traits	SNP ID	Genotype	Relative comparison of traits
Backfat thickness	AF324155	GG	low
	AJ301324	GG	low
	AY489289	AA	low
	AY902463	AC	low
	EF683117	CC	High
	EU143328	AA	low
	EU616815-2	GG	low
	EU616815	GG	low
	U36916-2	GG	High
X78201-2	GG	High	
Carcass weight	EF683117	CC	High
	M84639	GG	low
	X78201-2	GG	High
Intramuscular fat content	AF324155	GG	low
	AJ293582	GG	low
	AY705916	GG	High
	D89502-2	AA	High
	DQ660373	CC	High
	GQ368242	AA	low
Belly content	EF683117	AA	High
	Fox 1	AB	High
	Lpin	AA	High

Table 3-5-14에서 보면 선발하고자 하는 돼지의 DNA를 특이적인 primer로 유전자형을 분석하였을 때 그 결과 U36916-2, EF683117, D89502-2의 SNP가 각각 GG타입, CC타입, AA타입으로 나타나면 등지방두께는 두껍고, 도체중은 크며, 근내 지방함량은 높다는 것을 알 수 있다. 또한 EF683117, Fox 1, Lpin의 유전자형이 각각 AA, AB, AA타입으로 나타나면 삼겹살량이 높다는 것을 알 수 있다. 그러므로 이러한 유전자형을 가지는 돼지는 삼겹살을 많이 생산할 수 있는 유전적 능력을 가지고 있다고 판단하여 조기에 선발하여 이용할 수 있다.

Table 3-5-15. Information of primers used for this study.

SNP ID	Primer set	sequence
AF324155	oligo1	ACTTCGTCAGTAACGGACATGCTCCCAGGTCATAGGCTCT
	oligo2	GAGTCGAGGTCATATCGTATGCTCCCAGGTCATAGGCTCC
	oligo3	GAGATGGAGACCTTTGGGACTGAACCGTGGGTGACTAACGAGGTCGCCTATAGTGAGTC
AJ301324	oligo1	ACTTCGTCAGTAACGGACGCCTCCCCGGTAATGAATGCTAG
	oligo2	GAGTCGAGGTCATATCGTGCCTCCCCGGTAATGAATGCTAC
	oligo3	TTTCCTTGAAAAGTATTTGGTGCCTTGCCTCCGAGAGTAAGGGCGTCTGCCTATAGTGAGTC
AY489289	oligo1	ACTTCGTCAGTAACGGACAAGCCCAAGAAGGCTACCGGAA
	oligo2	GAGTCGAGGTCATATCGTAAGCCCAAGAAGGCTACCGGAG
	oligo3	AGCCACCCCAAGAAGACAGTCGTAGGACGCTGTGCCTAGGTCGCCTATAGTGAGTC
AY902463	oligo1	ACTTCGTCAGTAACGGACTGAAGGAGGACAAGGGGAATCTTATT
	oligo2	GAGTCGAGGTCATATCGTTGAAGGAGGACAAGGGGAATCTTATG
	oligo3	GAAATATTATGAGAGAGCTTCAGTGACCCACAGACGTTGGTCCGTAGGTCGCCTATAGTGAGTC
EF683117	oligo1	ACTTCGTCAGTAACGGACGAAAAGCAACAGTCATTCCTCTCCA
	oligo2	GAGTCGAGGTCATATCGTGAAAAGCAACAGTCATTCCTCTCCC
	oligo3	TGAGAGGATGCCTCATGTTATCTCAGATACCGAGACTTGGGCCGTCTGCCTATAGTGAGTC
EU143328	oligo1	ACTTCGTCAGTAACGGACAGCTCCTCCGATGGGCCTCT
	oligo2	GAGTCGAGGTCATATCGTAGCTCCTCCGATGGGCCTCC
	oligo3	CACGCTGCAAGGCCTGCTTCATCACGCCGGGTTAAAGCGTCTGCCTATAGTGAGTC
EU616815-2	oligo1	ACTTCGTCAGTAACGGACGACCAAGGCCACACCTACAACAA
	oligo2	GAGTCGAGGTCATATCGTGACCAAGGCCACACCTACAACAG
	oligo3	CCCTTCGAATTTCCAGAATAATTAGGAAACGTCATCCACGCGGTCTGCCTATAGTGAGTC
EU616815	oligo1	ACTTCGTCAGTAACGGACGACCAAGGCCACACCTACAACAA
	oligo2	GAGTCGAGGTCATATCGTGACCAAGGCCACACCTACAACAG
	oligo3	CCCTTCGAATTTCCAGAATAATGCACCTGAAGCGAACTGTCTGGTCTGCCTATAGTGAGTC
U36916-2	oligo1	ACTTCGTCAGTAACGGACGACGAGCTACTGCTCCAAGCCT
	oligo2	GAGTCGAGGTCATATCGTGCAGCAGCTACTGCTCCAAGCCC
	oligo3	GCATCATGTAAGGACCAGACTGCGTTGCGACTACCGATACGTGTCTGCCTATAGTGAGTC
X78201-2	oligo1	ACTTCGTCAGTAACGGACAAGGTTCTGCTGATGCAACCTTCA
	oligo2	GAGTCGAGGTCATATCGTAAGGTTCTGCTGATGCAACCTTCG
	oligo3	ACTTTCGGATGAAGTTTTCATACGGTCCACTACTCGATGCGTCTGCCTATAGTGAGTC
M84639	oligo1	ACTTCGTCAGTAACGGACCTGGGGACAAGGCCATCTCG
	oligo2	GAGTCGAGGTCATATCGTCTGGGGACAAGGCCATCTCC
	oligo3	ACAAAGAGCTCCAGGGTAAGTATGTTGACCGAACCCATACGGGTCTGCCTATAGTGAGTC
AJ293582	oligo1	ACTTCGTCAGTAACGGACGTGGGGCCAAGATTTTCAGTCACTC
	oligo2	GAGTCGAGGTCATATCGTGTGGGGCCAAGATTTTCAGTCACTG
	oligo3	GGAAACCGTTTACACCACCGTAAGGTGGCGTGACGACTAAGTCTGCCTATAGTGAGTC
AY705916	oligo1	ACTTCGTCAGTAACGGACGTATAGCCCGTGAACACATTGGCCA
	oligo2	GAGTCGAGGTCATATCGTGTATAGCCCGTGAACACATTGGCCG
	oligo3	ACTATATGAACAATTGTTGAGTAATTCCTGATACGCGAGCCTAGACGTGTCTGCCTATAGTGAGTC
D89502-2	oligo1	ACTTCGTCAGTAACGGACGCCTTTATCTCCGGTTGCCGCA
	oligo2	GAGTCGAGGTCATATCGTGCCTTTATCTCCGGTTGCCGCG
	oligo3	GTGCCCTATCACCTCATCGCTAGAACGTCAGACCGGCTTGCCTATAGTGAGTC
D89502	oligo1	ACTTCGTCAGTAACGGACGCGTGGCCACATGACATCTT
	oligo2	GAGTCGAGGTCATATCGTGCCTGGCCACATGACATCTC
	oligo3	TGACATTGAAGTGCAGGGTCGCCACATTCGGTGAACATACGTCTGCCTATAGTGAGTC
DQ660373	oligo1	ACTTCGTCAGTAACGGACTCACGCCATCCACAAACTTCATC
	oligo2	GAGTCGAGGTCATATCGTTCACGCCATCCACAAACTTCATG
	oligo3	ATTTAGCTCTGTCTCGAAGTTCTGATCGCGGCGAGAGCTAAGTCTGCCTATAGTGAGTC
GQ368242	oligo1	ACTTCGTCAGTAACGGACTCCAGAGGAACAACAGCAGTGTGT
	oligo2	GAGTCGAGGTCATATCGTTCAGAGGAACAACAGCAGTGTGG
	oligo3	TCAGACCACAACCTAAGACCCTACTTCGGGCGAACATGACAGCGTCTGCCTATAGTGAGTC
EF683117	F	CAGCAGCAACTCAAGCTGCC
	R	ATTCCCAGGAACAAATTC
Fox01	F	TATGAGTTCTCCAACAAGGGG
	R	GATGAAGAAAGCAACCACTGTC
Lpin	F	GACGGGTGGCTGTGAATGAT
	R	CTGGCAACTGGAGAGAGAGAAG

## 아. 삼겹살 증대 진단기법에 대한 기대효과 및 활용

4년차 연구에서는 3년차에서 확보되어진 지방관련 유전자 Adiponectin, FABP4, SCD에 대하여 돼지의 품종별, 성장단계별, 조직별에 따른 유전자 발현양상을 확인 하였고, 이러한 결과는 돼지의 출하시기를 결정할 수 있는 진단기법 개발 자료로 활용될 것이다.

3개의 유전자 중 SCD유전자에 대하여 methylation 분석을 통하여 SCD유전자가 품종별, 성장단계별, 조직별에 따라 차등 발현되어 지는 원인을 설명하였다. 이러한 SCD 유전자의 promotor 부위의 CpG methylation 분석 결과는 근육과 지방에서 SCD 유전자의 발현 량의 차이를 설명할 수 있는 자료가 될 것이며, 이를 활용하여 한국 사람들이 선호하는 돈육의 지방함량 정도를 후성유전학적으로 측정할 수 있는 지표로 사용할 수 있을 것이다.

또한 삼겹살(선호부위)를 증대킬 수 있는 유전자 진단기법을 개발하기 위하여 RNA sequencing을 통해 신규한 후보 SNP 51개를 확보하였고, 버크셔 437두를 분석하여 삼겹살 형질과 연관성이 있는 17개 SNP를 확보 하였다. 또한 논문검색을 통하여 삼겹살 관련 형질과 연관성이 있다고 알려진 8개의 후보 유전자를 확보 할 수 있었다. 확보된 SNP를 GoldenGate 기법과 PCR-RFLP기법으로 유전자형을 분석하여 삼겹살과 연관성이 있는 형질인 도체중, 등지방두께, 근내 지방, 삼겹살량과의 연관성 분석을 통해 삼겹살(선호부위)과 관련성이 있는 20개의 SNP를 확보 하였다. 확보된 유전자에 대해서 삼겹살과 연관성이 있을 것이라고 추측되는 품종별, 갈비뼈 개수별 돼지에서도 재검증을 실시하여 유의한 차이를 얻을 수 있었다.

이를 바탕으로 우리는 확보된 20개 SNP의 유전자형을 결정할 수 있는 특이적인 primer들을 이용하여 유전자들의 특성에 맞고 간편한 multiplex 방법을 이용한 삼겹살 증대 유전자 진단 기술을 개발 할 수 있었다(특허 출원 제 10-2011-0044621).

우리나라 돈육 소비문화는 구워먹는 문화이다. 이러한 문화에 익숙하기 때문에 우리나라 사람들은 구워먹을 수 있는 고기 즉, 삼겹살, 목살, 갈비 부위의 선호부위를 많이 찾게 된다. 삼겹살(선호부위)은 등지방두께, 도체중, 근내 지방에 의해서 양과 품질이 결정되어진다. 물론 어떠한 방식으로 사육하는가에 따라 그 품질이 결정될 가능성도 있지만 본 연구에서 개발된 유전자 진단기법으로 선발된 돼지는 선호부위 생산량을 높게 할 수 있는 유전능력을 보유하고 있으면서 표현형도 선호부위를 높일 수 있다고 확신한다. 그 이유는 근내 지방함량의 유전력 66%, 삼겹살량의 유전력 66%이므로 환경보다 유전자의 능력이 선호부위 생산량에 크게 영향을 미치기 때문이다. 또한 비슷한 환경에서 사육되어지는 돼지에 있어서 개발된 선발기법으로 선발될 돼지는 선호부위 량이 반드시 많이 생산되어 농가의 소득증대에 기여할 수 있다고 생각한다.

본 기술을 이용한다면 유전적으로 우수한 형질을 가지고 있는 돼지를 조기에 선발함으로써 한국 소비문화에 맞는 돈육의 생산기반을 구축할 수 있을 것이고 양돈 산업의 경쟁력 제고에 크게 기여 할 수 있을 것이다. 또한 삼겹살의 수입을 억제시키는 효과를 가져 올 것으로 기대된다.

5차 년도에는 더 많은 개체에 대해서 다양한 형질 값을 확보하여 4차년도 개발된 진단기법을 더욱 보완하고, 이를 통해 양돈 산업 현장에서 실용화 될 수 있는 진단기술의 상품화를 도모하고자 한다.

본 연구 결과를 활용하여 (주)가야육종 473두에 대한 유전자진단 검증을 실시하여, 선호부위가 1%정도 높게 나타나는 선호부위 증대 돼지 336두, 헤테로 돼지 132두, 일반 돼지 5두에 대한 결과를 확인하였다. 삼겹살을 비롯한 구워 먹을 수 있는 선호부위는 정육 중 35.31% (18.34kg)을 차지한다. 본 연구를 통해 선호부위 생산량의 1%가 증가하게 될 때, 우리나라 연간 도축수가 약 12,000천두 정도이므로 약 2,200톤( $12,000\text{천두} \times 1\% \times 183.4\text{g} = 2,200\text{톤}$ )이 증가하게 되고 현재 선호부위의 소비자 가격이 kg당 12,000원 인 점을 감안하면 264억 원 정도의 엄청난 경제적 이윤이 발생하게 되고 선호부위의 양이 증가한 만큼 수입량도 줄일 수 있을 것으로 예상된다. 또한 양돈농가에서 비선호 부위를 줄이고 선호부위를 늘림으로서 양돈농가의 소득증대에 기여할 것이고 삼겹살의 양을 늘리기 위해 비육일을 180일에서 230일 정도까지 늘리는데 삼겹살의 양이 많아짐으로서 비육일수를 앞당길 수 있고 그에 대한 제반 경비(사료비, 관리)를 절약할 수 있어 그보다 더 큰 경제적 이익이 발생될 수 있을 것으로 사료된다.



## 제 6 절 특이 지방관련 유전자 진단 기술 산업화

### 1. 연구 내용

앞선 5절에서 선호부위를 증대시킬 수 있는 유전자 진단기술을 개발하였다. 본 절에서는 5절에서 개발된 유전자 진단기술의 재현성 검증을 실시하여 선호부위를 증대시킬 수 있는 유전자 진단기술의 산업화를 위한 기반을 마련하였다. 이를 위한 구체적인 연구내용은 아래와 같다.

#### 가. 실험동물 확보

실험동물은 용원축산(경남 양산시 원동면 화계리 7번지, 대표 조용래)에서 동일한 환경 속에서 사육된 LYD(Landrace\*Yorkshire\*Duroc) 3원 교잡종 202마리를 선발한 후, 도축장에서 도축하여 이용하였다.

#### 나. 경제형질 분석 (도체중량, 정육량, 선호 및 비선호 부위 정육부위별 무게 측정)

도체중량(kg)은 도축 직후의 온도체 중량을 측정하였고, 등지방 두께(mm)는 좌반도체 11번과 12번째 늑골사이 및 최종 늑골 바로 위쪽을 척추면과 수직되게 측정하여 평균하였다. 또한 정육부위 별 무게(kg) 측정을 위해서 도체는 동일인이 동일한 발골 기준에 따라 작업하여 비선호 부위(전지, 후지, 안심, 등심)와 선호부위(목심살, 삼겹살, 갈비살, 등심덧살, 갈매기살)로 나뉘었고, 각각의 부위 무게는 개별적으로 저울을 사용하여 측정되었다.

#### 다. 선호부위의 정의

본 연구에 기재된 돈육의 각 선호부위에 대한 정의는 농림 수산 식품부 고시 제2009-49호 '식육의 부위별·등급별 및 종류별 구분방법'에 근거한 것이다.

이를 참고하면 각 부위의 정의는 다음과 같다.

- (1) 삼겹살: 제5갈비뼈(늑골) 또는 제6갈비뼈에서 뒷다리까지의 등심아래 복부부위로서 복부지방과 갈매기살, 오돌 삼겹을 제거하고 지방두께를 7이하로 정형한 것.
- (2) 갈매기살: 갈비뼈(늑골) 안쪽의 가슴뼈(흉골) 끝에서 허리뼈(요추)까지 갈비뼈 윗면을 가로질러있는 얇고 평평한 횡격막 근으로 갈비뼈에서 분리 정형한 것.
- (3) 등심 덧살(일명 가브리살): 대부분 등심부위에서 앞등심 살을 생산한 후 분리되는 근육으로서 피하지방이 7이하가 되도록 정형한 것.
- (4) 목심살(일명 목살): 대부분 목심부위에서 피하지방을 7이하가 되도록 정형한 것.
- (5) 갈비살: 갈비부위에서 뼈를 제거하여 살코기부위만을 정형한 것.

#### 라. 선호부위 및 비 선호 부위 합계량 측정방법

우선 정육부위 별 무게(kg) 측정은 상기 형질 분석 (정육부위별 무게 측정)에서와 같이 용원

축산(경남 양산시 원동면 화제리 7번지, 대표 조용래)에서 발골 전문가 1인에 의해 개체마다 동일한 발골 방식으로 비 선호부위(전지, 후지, 안심, 등심)와 선호부위(목심살, 삼겹살, 갈비살, 등심 덧살, 갈매기살)로 정형 분할되었고, 각각의 분할된 부위의 무게는 개별적으로 저울을 사용하여 측정되었다. 그리고 측정된 각 부위별 무게는 선호부위와 비선호부위로 나누어 그룹화한 후, 각 그룹별로 합산하여 선호부위와 비선호부위의 합계량을 확보하였다. 마지막으로 도체중 또는 정육량 대비 선호부위 합계의 비율(%)은 확보된 선호부위 합계량에 상기 형질 분석에서 얻어진 도체중 또는 정육량(선호부위와 비 선호 부위 합계)을 나누어서 100을 곱하여 계산한 후 얻었다.

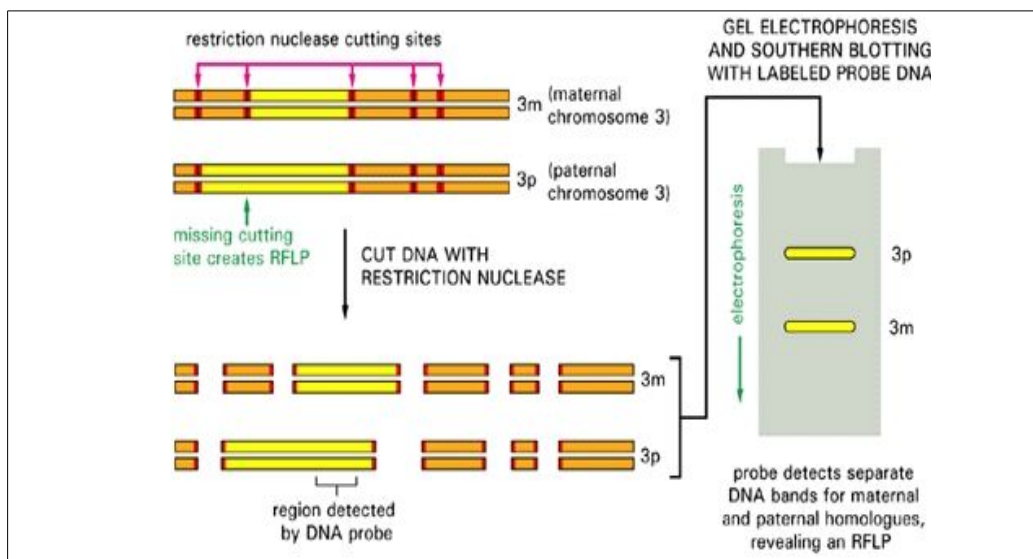
#### 마. SNP 유전자형 분석

##### (1) DNA 분리

용원축산에서 사육되는 돼지 개체 각각에 대해서 DNA를 분리하기 위한 조직을 채취하였고, 이러한 조직들은 genomic DNA purification kit(Promega, USA)를 이용하여 순수 DNA를 분리하였다. 그리고 분리한 genomic DNA는 SNP 유전자형 분석에 이용하기 위해 Nanodrop® ND-1000 spectrophotometer에 의한 흡광도 측정과 전기영동분석을 통해 정확한 농도와 질적 상태를 확인하였다.

##### (2) PCR-RFLP 분석에 의한 유전자형 분석

우선 특정 SNP locus에 대한 primer 제작 및 restriction enzyme 확인한 후, 분리된 genomic DNA와 제작된 primer를 포함한 PCR reaction mixture 준비한다. 그리고 적절한 annealing Tm을 바탕으로 PCR 반응을 해서, 특정 restriction enzyme으로 PCR product를 cutting함으로써, genotype을 확인한다. 구체적인 방법은 아래 그림에서와 같다.



<Figure 3-6-1. PCR-RFLP 실험 과정>

### (3) Sequencing 분석에 의한 유전자형 분석

#### (가) PCR 조건

PCR 반응조건은 95°C에서 5분간 변성시킨 후 94°C에서 30초, annealing temperature 64°C에서 30초, 72°C에서 30초를 1cycle로 하여 40회 반복하였다. 그 후 72°C에서 5분간 신장시킨 후 4°C에서 종료 하였다.

#### (나) PCR 정제

PCR 산물 20  $\mu$ l에 3 M NaOAc 2  $\mu$ l, 와 100% ethanol 100  $\mu$ l를 첨가하여 3,000 rpm에서 40분간 원심 분리 한 뒤 상층액을 제거하고, 70% ethanol 200  $\mu$ l를 첨가하여 다시 3,000 rpm에서 10분간 원심분리 후 상층액을 제거하고, 튜브를 뒤집어서 400 rpm에서 20초간 원심분리 시켜 37°C에서 10분간 건조 시킨다. 완전히 건조 되었는지 육안과 후각으로 확인 후 3차 증류수 20  $\mu$ l 넣고 수시로 tapping 하면서 녹여준 후, NanoDrop ND-1000 spectrophotometer로 흡광도를 측정하여 sequencing PCR을 진행 하였다.

#### (다) sequencing PCR 조건

Sequencing PCR 반응은 정제된 PCR product (50 ng/ $\mu$ l) 2  $\mu$ l, 5X sequencing buffer 2  $\mu$ l, BigDye Terminator v3.1 Cycle sequencing kit (Applied Biosystems, USA) 0.25  $\mu$ l, forward 또는 reverse primer (1.6 pmol) 1  $\mu$ l, 3차 증류수 4.75  $\mu$ l를 혼합하여 전체 10  $\mu$ l 하였다. sequencing PCR 조건은 95°C에서 10초, 50°C에서 4초, 60°C에서 4분을 36회 반복 하였다.

#### (라) sequencing PCR 정제 조건 및 sequencing에 의한 유전자형 확인

sequencing PCR 산물에 50 mM EDTA (pH 8.0)와 600 mM Sodium Acetate (pH 5.2)를 혼합해서 pH 8.0으로 맞춘 ES buffer를 10  $\mu$ l 첨가하여, vortexing 후 3 volume의 100% ethanol 을 첨가하고 3,000 rpm에서 40분간 원심 분리 한 뒤 상층액을 제거하고 70% ethanol 200  $\mu$ l 첨가하여 3,000 rpm에서 10분간 원심 분리 하는 washing을 2회 반복 해 준다. 원심 분리 후 상층액을 제거 하고 튜브의 뚜껑을 열고 뒤집어서 400 rpm에서 20초간 원심 분리 후 37°C에서 10분간 건조 시켰다. 완전히 건조가 되었는지 육안과 후각으로 확인 후 formamid 10  $\mu$ l를 넣고 10동안 2-3분간 vortexing 하였다. Formamide에 녹인 각각의 sample들을 96-well plate에 분주 하여, PCR machine을 이용하여 95°C에서 2분간 denaturation 시키고 반응이 끝남과 동시에 plate를 얼음으로 옮겨 5분 동안 안정화 시켰다. 96-well plate set를 조립하여 Applied Biosystems 3130xl DNA sequencer (Applied biosystems, USA)를 이용하여 분석 하였다.

### 바. 통계 분석

선호부위를 증대시키기 위한 SNP 유전자형을 조사하기 위하여, 도체중량, 정육량, 선호 및

비 선호 부위 정육부위별 무게 측정의 시험결과를 SAS/GLM procedure(SAS, 1999)를 활용하여 분석하고, 처리간의 유의성 검정은 Tukey Test를 통하여 유의차 검정을 실시함. 유전자형과 형질간의 연관성 분석은 우성(dominant)과 열성(recessive) 모델에 대해서 Mann-Whitney와 Student's t test를 실시하였고, 공우성(codominant) 모델에 대해서는 ANOVA와 Kruskal-Wallis tests를 실시하였다.

## 2. 연구 개발 결과

가. 경제형질 분석 (도체중량, 정육량, 선호 및 비선호 부위 정육부위별 무게 측정 등) 결과는 아래 표에서와 같다.

Table 3-6-1. 돼지 개체 별 경제형질 결과

개체 번호	도체중 (kg)	전지 (kg)	후지 (kg)	안심 (kg)	등심 (kg)	복살 (kg)	삼겹살 (kg)	갈비살 (kg)	가브리살 (kg)	감메기살 (kg)	비선호합계 (kg)	선호 합계 (kg)	선호 비율 (%)
2	100	11.56	17.10	1.23	6.83	6.22	14.23	3.24	0.39	0.36	36.72	24.44	24.44
8	112	11.62	17.99	1.44	7.04	6.23	16.94	3.31	0.44	0.40	38.09	27.32	24.39
9	99	10.11	14.47	1.20	6.04	5.33	13.68	3.60	0.43	0.39	31.82	23.43	23.67
10	83	8.48	14.33	0.96	5.59	4.48	10.95	2.68	0.39	0.32	29.36	18.82	22.67
11	88	8.66	13.72	1.23	5.82	4.82	12.08	2.41	0.41	0.30	29.43	20.02	22.75
12	116	12.26	19.25	1.39	7.62	6.52	16.38	4.01	0.42	0.44	40.52	27.77	23.94
13	112	11.62	17.34	1.26	6.92	5.96	15.74	3.32	0.41	0.41	37.14	25.84	23.07
14	98	10.37	15.72	1.21	6.23	5.63	13.45	3.10	0.47	0.36	33.53	23.01	23.48
15	94	9.54	15.95	1.12	6.35	5.49	12.27	3.26	0.32	0.33	32.96	21.67	23.05
16	86	9.34	14.83	1.17	5.24	4.98	10.57	3.14	0.35	0.29	30.58	19.33	22.48
17	76	8.11	13.50	1.09	4.78	4.39	11.53	2.56	0.41	0.32	27.48	19.21	25.28
18	105	10.24	17.02	1.31	6.99	5.63	15.05	3.24	0.40	0.40	35.56	24.72	23.54
19	99	10.55	16.19	1.20	6.61	5.68	13.98	2.92	0.38	0.30	34.55	23.26	23.49
20	95	9.73	15.98	1.18	6.23	5.48	12.20	3.24	0.39	0.37	33.12	21.68	22.82
21	92	10.09	16.26	1.22	6.70	5.60	12.19	2.92	0.31	0.37	34.27	21.39	23.25
22	89	10.13	16.39	1.16	7.17	5.69	11.11	3.31	0.41	0.38	34.85	20.90	23.48
23	112	12.04	18.60	1.52	8.44	7.00	15.83	3.87	0.40	0.41	40.60	27.51	24.56
24	101	10.60	16.63	1.25	6.69	5.80	13.31	3.29	0.33	0.34	35.17	23.07	22.84
25	101	10.31	16.87	1.29	6.56	5.53	14.46	3.26	0.39	0.36	35.03	24.00	23.76
26	101	10.24	16.64	1.33	6.72	6.08	14.31	3.30	0.43	0.37	34.93	24.49	24.25
27	104	11.09	17.06	1.20	6.12	6.43	14.08	3.43	0.43	0.37	35.47	24.74	23.79
28	118	11.99	19.38	1.44	7.84	6.69	16.83	3.52	0.42	0.41	40.65	27.87	23.62
29	108	11.69	18.96	1.45	7.59	6.01	14.65	3.38	0.40	0.35	39.69	24.79	22.95
30	110	11.06	18.08	1.29	6.48	6.17	15.03	3.80	0.47	0.43	36.91	25.90	23.55
31	79	7.77	16.77	0.98	5.61	4.80	9.68	2.47	0.32	0.30	31.13	17.57	22.24
32	109	11.27	18.84	1.29	7.26	6.08	14.79	3.62	0.48	0.42	38.66	25.39	23.29
33	117	14.20	15.20	1.53	7.78	7.07	15.66	3.86	0.45	0.46	38.71	27.50	23.50
34	108	12.90	16.06	1.47	8.28	6.37	13.78	3.37	0.52	0.40	38.71	24.44	22.63
35	134	14.99	21.06	1.40	7.53	7.44	18.63	3.89	0.45	0.43	44.98	30.84	23.01
36	113	13.01	18.00	1.28	7.78	6.26	15.83	3.58	0.52	0.36	40.07	26.55	23.50
37	108	12.87	17.26	1.25	6.40	6.23	15.04	3.48	0.47	0.40	37.78	25.62	23.72
38	114	12.36	14.05	1.27	6.90	5.53	16.15	3.55	0.40	0.33	34.58	25.96	22.77
39	94	11.01	13.21	1.10	5.83	5.19	12.60	2.66	0.38	0.31	31.15	21.14	22.49
40	120	13.83	14.51	1.35	6.50	6.45	16.37	3.50	0.53	0.40	36.19	27.25	22.71
41	111	11.29	14.33	1.21	6.73	6.35	14.18	3.44	0.43	0.36	33.56	24.76	22.31
42	124	14.55	14.83	1.58	6.42	6.92	17.94	4.19	0.51	0.38	37.38	29.94	24.15
43	104	10.26	15.27	1.39	6.78	5.74	13.41	3.48	0.41	0.38	33.70	23.42	22.52
44	121	12.91	19.56	1.31	6.55	6.75	15.94	3.86	0.50	0.42	40.33	27.47	22.70
45	112	11.53	15.98	1.34	6.92	6.37	14.59	3.71	0.42	0.39	35.77	25.48	22.75
46	122	11.72	20.16	1.52	6.98	6.47	16.43	4.04	0.52	0.48	40.38	27.94	22.90
47	109	11.73	17.40	1.05	5.29	5.34	14.15	3.53	0.47	0.38	35.47	23.87	21.90
48	106	11.98	19.85	1.38	7.20	6.13	13.86	3.32	0.36	0.38	40.41	24.05	22.69
49	94	9.97	17.05	1.27	6.43	5.76	11.91	3.52	0.40	0.35	34.72	21.94	23.34
50	92	9.74	16.81	1.07	6.66	5.24	11.98	3.04	0.33	0.37	34.28	20.96	22.78
51	104	11.15	18.70	1.38	7.59	6.49	13.61	3.46	0.35	0.40	38.82	24.31	23.38
52	114	12.07	19.23	1.45	7.50	6.38	17.01	3.83	0.41	0.37	40.25	28.00	24.56
53	109	10.73	15.77	1.13	6.05	6.24	15.89	3.59	0.47	0.36	33.68	26.55	24.36
54	110	10.58	15.40	1.18	5.27	5.50	15.59	3.38	0.39	0.32	32.43	25.18	22.89
55	108	10.70	17.09	1.23	6.48	5.98	14.99	3.05	0.42	0.37	35.50	24.81	22.97
56	101	9.72	17.60	1.33	6.52	5.77	16.62	3.30	0.31	0.39	35.17	26.39	26.13
57	113	11.31	18.09	1.14	6.98	6.58	15.14	3.71	0.36	0.43	37.52	26.22	23.20
58	108	11.52	18.78	1.61	7.73	6.36	16.29	3.81	0.32	0.43	39.64	27.21	25.19

개체 번호	도체중 (kg)	전지 (kg)	후지 (kg)	안심 (kg)	등심 (kg)	목살 (kg)	삼겹살 (kg)	갈비살 (kg)	가브리살 (kg)	갈매기살 (kg)	비선회합계 (kg)	선회 합계 (kg)	선회 비율 (%)
59	106	10.86	17.17	1.18	5.98	6.13	13.93	3.35	0.39	0.31	35.19	24.11	22.75
60	101	9.64	15.49	1.18	5.71	5.39	16.16	3.27	0.48	0.33	32.02	25.63	25.38
61	104	14.78	18.00	1.32	6.81	5.87	15.32	3.60	0.48	0.41	40.91	25.68	24.69
62	118	10.54	18.53	1.34	6.65	5.90	15.42	3.45	0.51	0.38	37.06	25.66	21.75
63	100	9.84	16.93	1.28	6.97	5.75	13.26	3.29	0.38	0.34	35.02	23.02	23.02
64	93	9.58	16.35	1.31	6.81	5.82	12.54	3.20	0.35	0.43	34.05	22.34	24.02
65	106	10.52	18.18	1.35	6.87	5.56	14.64	3.00	0.41	0.35	36.92	23.96	22.60
66	89	9.06	15.13	1.11	6.50	5.53	11.12	3.12	0.35	0.30	31.80	20.42	22.94
67	92	9.43	17.88	1.35	6.97	5.37	10.86	2.96	0.34	0.35	35.63	19.88	21.61
68	110	12.26	19.93	1.26	6.38	6.05	14.73	3.73	0.46	0.39	39.83	25.36	23.05
69	100	9.56	22.74	1.37	6.04	5.39	14.21	2.97	0.35	0.34	39.71	23.26	23.26
70	94	8.99	13.02	1.21	6.86	5.35	11.82	3.23	0.35	0.29	30.08	21.04	22.38
71	97	11.21	14.16	1.07	5.39	4.88	14.10	2.83	0.34	0.30	31.83	22.45	23.14
72	101	12.69	17.64	1.09	7.13	5.74	13.58	3.15	0.37	0.34	38.55	23.18	22.95
73	84	9.40	15.48	1.13	5.50	5.06	11.29	2.66	0.36	0.31	31.51	19.68	23.43
74	84	8.86	14.83	1.07	5.67	5.03	11.49	2.84	0.32	0.33	30.43	20.01	23.82
75	99	9.67	16.69	1.23	7.28	5.45	13.19	3.20	0.40	0.35	34.87	22.59	22.82
76	122	12.19	19.26	1.33	6.50	6.19	18.05	3.53	0.66	0.38	39.28	28.81	23.61
77	107	12.45	18.61	1.35	8.03	5.87	14.39	3.06	0.37	0.37	40.44	24.06	22.49
78	103	12.81	17.28	1.40	6.27	5.97	14.09	3.51	0.45	0.48	37.76	24.50	23.79
79	108	10.88	16.01	1.12	6.25	5.62	15.75	3.30	0.52	0.38	34.26	25.57	23.68
80	96	11.73	17.35	1.17	7.05	5.49	12.85	3.20	0.42	0.40	37.30	22.36	23.29
81	82	10.15	16.00	1.09	5.23	4.84	10.00	2.81	0.30	0.27	32.47	18.22	22.22
82	105	12.01	20.48	1.30	6.53	5.70	14.39	3.30	0.41	0.30	40.32	24.10	22.95
83	90	9.55	20.18	1.26	6.92	5.48	13.08	3.16	0.39	0.37	37.91	22.48	24.98
84	81	9.80	19.92	0.97	5.18	4.76	10.47	2.71	0.31	0.35	35.87	18.60	22.96
85	87	8.79	20.08	1.16	6.37	4.96	11.47	2.97	0.32	0.32	36.40	20.04	23.03
86	98	11.27	19.56	1.23	6.60	5.64	13.48	3.34	0.44	0.32	38.66	23.22	23.69
87	104	11.83	16.88	1.17	7.01	5.34	13.91	3.11	0.41	0.31	36.89	23.08	22.19
88	88	9.90	15.05	1.04	6.26	5.16	11.60	2.95	0.37	0.32	32.25	20.40	23.18
89	87	10.75	14.89	1.06	5.94	4.91	11.09	3.30	0.36	0.33	32.64	19.99	22.98
90	94	10.55	15.13	1.12	5.53	5.60	12.93	2.94	0.35	0.38	32.33	22.20	23.62
91	97	11.51	15.72	1.11	6.22	5.30	12.89	2.89	0.47	0.31	34.56	21.86	22.54
92	90	10.15	18.30	0.98	6.27	5.12	11.32	2.95	0.33	0.27	35.70	19.99	22.21
93	105	12.15	20.60	1.19	6.66	6.19	14.62	2.95	0.44	0.35	40.60	24.55	23.38
94	95	11.00	17.61	1.21	5.79	5.52	12.12	3.49	0.45	0.36	35.61	21.94	23.09
95	106	12.03	21.23	1.39	7.39	5.91	14.67	3.51	0.36	0.30	42.04	24.75	23.35
96	87	9.55	18.14	1.17	7.01	5.11	11.56	3.08	0.48	0.31	35.87	20.54	23.61
97	85	10.30	17.32	1.19	5.65	5.12	11.20	3.17	0.33	0.34	34.46	20.16	23.72
98	94	11.70	18.54	1.33	6.44	5.30	12.62	3.38	0.35	0.41	38.01	22.06	23.47
99	94	10.96	19.02	1.06	5.96	4.86	12.46	2.72	0.40	0.29	37.00	20.73	22.05
100	95	12.28	18.18	1.19	5.96	5.60	12.85	3.03	0.47	0.35	37.61	22.30	23.47
101	101	11.93	18.51	1.31	7.44	5.22	14.18	2.97	0.46	0.38	39.19	23.21	22.98
102	108	13.29	18.86	1.33	6.96	5.81	15.36	3.70	0.61	0.33	40.44	25.81	23.90
103	78	8.36	16.12	1.04	5.44	4.04	10.04	2.90	0.34	0.36	30.96	17.68	22.67
104	127	12.83	17.92	1.22	7.71	6.90	17.19	4.01	0.49	0.32	39.68	28.91	22.76
105	109	10.95	17.45	1.29	5.89	5.46	14.81	3.39	0.40	0.32	35.58	24.38	22.37
106	101	10.62	16.13	1.29	5.93	5.46	14.16	3.35	0.51	0.36	33.97	23.84	23.60
107	100	10.18	16.37	1.27	6.11	5.63	13.31	3.16	0.38	0.38	33.93	22.86	22.86
108	97	10.16	19.35	1.27	6.40	5.19	13.22	2.88	0.45	0.33	37.18	22.07	22.75
109	85	9.19	15.46	1.14	5.75	5.20	11.05	3.16	0.29	0.34	31.54	20.04	23.58
110	103	11.88	17.45	1.07	6.73	6.08	14.65	3.27	0.45	0.36	37.13	24.81	24.09

개체번호	도체중 (kg)	전지 (kg)	후지 (kg)	안심 (kg)	등심 (kg)	목살 (kg)	삼겹살 (kg)	갈비살 (kg)	가브리살 (kg)	갈매기살 (kg)	비선호합계 (kg)	선호 합계 (kg)	선호 비율 (%)
111	92	11.00	15.87	1.08	6.09	5.03	12.81	2.60	0.49	0.26	34.04	21.19	23.03
112	84	8.91	13.78	0.99	4.52	4.26	12.97	3.20	0.33	0.25	28.20	21.01	25.01
113	107	10.83	16.05	1.15	6.41	5.30	13.32	2.98	0.48	0.30	34.44	22.38	20.92
114	102	10.32	151.99	1.13	6.11	5.33	14.18	3.10	0.46	0.34	169.55	23.41	22.95
115	76	8.49	13.85	0.98	5.16	4.81	9.50	2.72	0.27	0.30	28.48	17.60	23.16
116	104	10.93	15.17	1.14	6.68	5.68	15.03	3.24	0.47	0.32	33.92	24.74	23.79
117	115	11.38	18.70	1.35	6.86	6.16	15.64	3.47	0.58	0.31	38.29	26.16	22.75
118	94	11.31	17.98	1.10	6.27	5.59	11.70	3.43	0.34	0.36	36.66	21.42	22.79
119	77	9.12	16.19	1.17	5.77	4.48	9.44	3.02	0.29	0.28	32.25	17.51	22.74
120	91	10.27	17.73	1.05	6.39	5.54	12.14	3.08	0.37	0.33	35.44	21.46	23.58
121	86	10.57	16.60	1.09	5.55	5.34	11.79	3.09	0.38	0.31	33.81	20.91	24.31
122	95	11.93	15.97	1.20	6.25	5.64	12.96	3.08	0.37	0.33	35.35	22.38	23.56
123	90	10.80	14.45	1.07	5.55	5.24	12.22	3.03	0.35	0.35	31.87	21.19	23.54
124	86	10.34	13.28	1.11	5.86	4.83	11.26	2.80	0.40	0.32	30.59	19.61	22.80
125	82	9.94	13.06	0.95	5.03	4.68	11.46	2.85	0.32	0.30	28.98	19.61	23.91
126	90	10.24	13.53	1.00	4.99	4.68	14.19	2.44	0.45	0.31	29.76	22.07	24.52
127	95	11.00	17.03	1.15	6.48	5.15	12.73	2.84	0.33	0.27	35.66	21.32	22.44
128	112	10.29	17.60	1.15	5.66	5.38	16.76	3.22	0.45	0.36	34.70	26.17	23.37
129	87	10.67	13.92	1.34	6.17	5.23	11.18	3.22	0.34	0.40	32.10	20.37	23.41
130	91	11.49	14.85	1.07	5.93	4.96	12.16	2.57	0.30	0.37	33.34	20.36	22.37
131	84	10.34	12.95	1.01	4.59	4.39	13.94	2.57	0.28	0.28	28.89	21.46	25.55
132	93	10.77	18.89	1.09	6.42	5.18	12.52	3.14	0.47	0.31	37.17	21.62	23.25
133	110	12.79	18.08	1.44	6.92	5.60	14.78	3.64	0.43	0.37	39.23	24.82	22.56
134	111	12.74	18.06	1.49	7.09	5.84	16.00	3.69	0.49	0.44	39.38	26.46	23.84
135	98	11.24	15.48	1.15	5.59	4.73	14.15	3.01	0.42	0.39	33.46	22.70	23.16
136	100	9.40	14.71	1.15	5.76	5.01	14.51	3.03	0.40	0.37	31.02	23.32	23.32
137	77	8.14	13.77	1.14	5.63	4.61	9.52	2.65	0.34	0.32	28.68	17.44	22.65
138	108	12.37	16.82	1.26	6.43	5.33	15.02	2.89	0.45	0.34	36.88	24.03	22.25
139	87	10.25	13.54	0.96	5.12	4.54	12.98	2.55	0.38	0.31	29.87	20.76	23.86
140	97	11.73	16.26	1.32	6.93	5.39	13.31	2.92	0.34	0.40	36.24	22.36	23.05
141	104	11.96	19.35	1.28	6.59	5.74	13.03	3.40	0.44	0.35	39.18	22.96	22.08
142	87	10.34	13.43	0.94	5.11	4.24	11.60	2.67	0.30	0.25	29.82	19.06	21.91
143	99	12.15	15.59	1.08	6.09	5.68	13.00	2.95	0.40	0.28	34.91	22.31	22.54
144	82	9.20	14.35	1.20	6.56	5.25	10.12	2.75	0.35	0.31	31.31	18.78	22.90
145	95	11.59	15.35	1.26	6.43	5.29	12.32	3.49	0.41	0.34	34.63	21.85	23.00
146	97	9.46	17.81	1.22	6.70	5.56	14.07	3.03	0.41	0.33	35.19	23.40	24.12
147	91	8.96	17.05	1.02	5.67	4.72	12.32	2.61	0.38	0.28	32.70	20.31	22.32
148	120	12.63	17.00	1.22	6.67	6.48	17.85	3.79	0.57	0.44	37.52	29.13	24.28
149	112	11.64	17.83	1.53	7.77	6.11	17.42	3.73	0.48	0.43	38.77	28.17	25.15
150	107	11.01	18.24	1.60	7.51	5.66	13.45	3.57	0.43	0.41	38.36	23.52	21.98
151	113	11.36	17.55	1.24	7.25	5.86	15.79	3.33	0.48	0.36	37.40	25.82	22.85
152	123	14.74	20.65	1.40	8.49	7.18	17.77	4.08	0.59	0.40	45.28	30.02	24.41
153	98	10.95	16.00	1.25	6.55	5.72	13.67	2.86	0.43	0.33	34.75	23.01	23.48
154	86	9.36	16.55	1.05	5.95	5.08	11.43	2.85	0.34	0.32	32.91	20.02	23.28
155	112	11.45	17.34	1.21	6.81	5.82	15.67	3.55	0.47	0.42	36.81	25.93	23.15
156	94	10.22	14.91	1.05	5.55	5.32	12.62	2.96	0.38	0.32	31.73	21.60	22.98
157	84	9.11	14.57	1.10	4.96	4.55	10.02	2.77	0.22	0.32	29.74	17.88	21.29
158	120	11.47	17.36	1.25	6.87	6.18	16.46	3.91	0.51	0.53	36.95	27.59	22.99
159	113	11.57	16.68	1.04	6.78	6.25	15.31	3.44	0.42	0.39	36.07	25.81	22.84
160	105	11.70	17.47	1.23	7.02	6.38	13.94	3.51	0.47	0.40	37.42	24.70	23.52
161	102	10.61	14.63	1.19	6.68	5.73	14.23	3.25	0.49	0.41	33.11	24.11	23.64
162	122	12.39	24.53	9.65	7.25	6.30	15.65	3.84	0.46	0.44	53.82	26.69	21.88

개체 번호	도체중 (kg)	전지 (kg)	후지 (kg)	안심 (kg)	등심 (kg)	목살 (kg)	삼겹살 (kg)	갈비살 (kg)	가브리살 (kg)	갈매기살 (kg)	비선호합계 (kg)	선호 합계 (kg)	선호 비율 (%)
163	111	11.94	20.61	1.39	6.83	6.56	15.34	3.90	0.50	0.49	40.77	26.79	24.14
164	107	10.14	19.82	1.31	6.78	5.92	15.36	3.50	0.48	0.44	38.05	25.70	24.02
165	82	8.40	15.84	0.98	5.56	4.73	10.63	3.03	0.30	0.36	30.78	19.05	23.23
166	100	9.75	19.00	1.13	6.34	5.83	13.56	2.88	0.40	0.34	36.22	23.01	23.01
167	104	10.04	20.66	1.32	6.93	5.95	13.53	3.44	0.40	0.40	38.95	23.72	22.81
168	101	11.32	20.02	1.32	7.23	5.72	14.36	3.52	0.37	0.39	39.89	24.36	24.12
169	118	12.03	23.15	1.46	8.62	6.49	17.29	3.76	0.53	0.50	45.26	28.57	24.21
170	128	12.70	19.77	1.50	7.73	6.79	18.11	3.63	0.57	0.41	41.70	29.51	23.05
171	89	9.63	14.65	1.18	5.81	5.12	12.15	2.86	0.43	0.31	31.27	20.87	23.45
172	90	9.71	15.79	1.14	6.57	5.25	12.54	2.82	0.40	0.26	33.21	21.27	23.63
173	112	13.08	20.46	1.42	7.00	6.83	16.61	3.88	0.49	0.41	41.96	28.22	25.20
174	92	9.76	16.60	1.22	6.58	5.04	12.41	3.08	0.36	0.34	34.16	21.23	23.08
175	89	9.39	16.00	1.18	6.96	5.46	11.71	3.04	0.32	0.33	33.53	20.86	23.44
176	93	9.88	16.95	1.40	7.09	5.59	11.91	3.41	0.37	0.37	35.32	21.65	23.28
177	79	10.07	12.97	0.91	4.99	4.44	10.42	2.54	0.30	0.29	28.94	17.99	22.77
178	120	15.46	22.04	1.38	7.82	7.25	16.10	3.75	0.42	0.37	46.70	27.89	23.24
179	83	9.63	15.24	1.09	5.98	4.65	12.58	2.72	0.30	0.30	31.94	20.55	24.76
180	77	7.65	12.43	0.94	5.02	4.04	10.72	2.37	0.28	0.32	26.04	17.73	23.03
181	85	12.73	15.76	0.93	5.33	4.43	12.39	2.15	0.35	0.25	34.75	19.57	23.02
182	82	7.80	16.24	0.88	5.26	4.57	11.39	2.41	0.35	0.30	30.18	19.02	23.20
183	82	8.49	16.62	1.08	6.12	4.57	10.95	2.71	0.34	0.30	32.31	18.87	23.01
184	84	8.79	13.45	0.91	5.52	4.51	11.65	2.83	0.34	0.23	28.67	19.56	23.29
185	122	11.91	22.99	1.34	6.71	6.34	17.30	3.41	0.53	0.40	42.95	27.98	22.93
186	84	9.01	14.61	0.98	5.45	4.66	11.60	2.88	0.33	0.33	30.05	19.80	23.57
187	107	12.63	16.65	1.15	7.09	5.67	15.29	3.36	0.57	0.36	37.52	25.25	23.60
188	87	9.29	15.31	1.33	6.43	5.40	10.91	3.23	0.37	0.32	32.36	20.23	23.25
189	108	12.74	19.17	1.15	6.15	5.24	14.61	3.07	0.41	0.41	39.21	23.74	21.98
190	107	10.47	17.95	1.30	7.20	5.39	14.17	3.21	0.50	0.38	36.92	23.65	22.10
191	95	10.47	16.50	1.08	6.11	5.29	13.28	3.06	0.36	0.30	34.16	22.29	23.46
192	81	9.00	13.97	1.14	5.83	5.13	9.88	2.80	0.30	0.28	29.94	18.39	22.70
193	79	8.86	14.18	0.98	5.49	4.65	9.54	2.60	0.34	0.30	29.51	17.43	22.06
194	88	9.60	14.52	0.94	5.60	4.85	12.47	3.16	0.35	0.32	30.66	21.15	24.03
195	80	9.29	14.44	0.96	5.90	5.09	10.22	3.27	0.33	0.26	30.59	19.17	23.96
196	114	12.39	22.58	1.37	7.40	6.64	14.99	3.79	0.47	0.44	43.74	26.33	23.10
197	101	10.44	20.40	1.24	6.57	5.26	13.08	2.95	0.37	0.33	38.65	21.99	21.77
198	119	13.06	20.90	1.60	8.86	7.01	16.75	3.70	0.50	0.42	44.42	28.38	23.85
199	90	9.07	15.77	1.24	6.70	5.01	14.01	3.06	0.36	0.34	32.78	22.78	25.31
200	104	11.72	15.97	1.31	6.57	5.61	14.60	3.19	0.48	0.41	35.57	24.29	23.36
201	81	9.33	14.54	0.96	5.48	4.64	10.17	2.72	0.31	0.28	30.31	18.12	22.37
202	87	10.08	13.60	1.17	5.78	5.00	11.78	3.02	0.40	0.33	30.63	20.53	23.60
203	84	9.08	13.12	1.07	5.61	4.47	11.58	2.60	0.30	0.25	28.88	19.20	22.86
204	87	11.05	14.29	1.01	5.65	5.00	12.13	3.03	0.30	0.28	32.00	20.74	23.84
205	81	9.68	14.19	1.06	5.50	4.51	10.28	2.84	0.28	0.32	30.43	18.23	22.51
206	92	10.76	15.78	1.07	6.27	5.09	11.88	2.79	0.38	0.34	33.88	20.48	22.26
207	84	10.57	14.84	1.08	5.60	5.15	9.36	3.14	0.40	0.34	32.09	18.39	21.89
208	94	11.32	15.42	1.17	6.09	5.35	13.34	3.09	0.38	0.36	34.00	22.52	23.96
209	98	11.75	21.08	1.27	6.73	5.15	13.19	2.95	0.43	0.37	40.83	22.09	22.54
210	105	12.28	15.79	1.10	5.90	5.74	13.73	3.24	0.46	0.36	35.07	23.53	22.41
211	102	10.00	16.04	1.17	6.54	5.21	13.79	3.26	0.42	0.28	33.75	22.96	22.51
212	93	11.38	14.36	1.16	4.99	5.07	11.80	3.16	0.36	0.37	31.89	20.76	22.32
213	89	9.08	18.97	1.12	6.86	5.05	11.64	2.77	0.37	0.28	36.03	20.11	22.60
214	109	10.48	19.59	1.03	5.71	5.05	15.21	3.13	0.32	0.34	35.78	24.05	22.06



나. 15개의 SNP에 대한 유전자형 분석 결과는 아래 표에서와 같다.

Table 3-6-2. 돼지 개체 별 경제형질 결과

개체 번호	Fox01	CYP21A2	X78201	EF683117	DQ660373	Lpin	KIAA1717	CSRP3	AJ301424	U36916	AY705916	D89502	Chr5 (80808752)	Chr7 (22112616)	Chr13 (22924695)
2	BB	BB	AA	CA	GG	AA	AB	AB	CG	AA	CC	AA	GT	CC	AC
8	AB	AA	AA	CC	GG	AA	AA	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AC
9	AB	BB	AA	CA	GC	AA	AB	AB	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AA
10	BB	BB	AA	CC	GG	AA	AA	AB	CC	AA	CC	AG	FL	FL	FL
11	BB	BB	AA	CA	GC	AB	AB	AB	CG	AA	CC	AA	GT	CC	AA
12	BB	AA	AA	CC	CC	AA	AB	AB	CG	AA	CC	AG	GT	CT	AC
13	BB	AB	AA	CC	GC	AB	AB	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AA
14	BB	AB	AA	AA	GC	AA	AB	AB	CC	AA	CC	AA	GG	CT	CC
15	BB	BB	AA	CC	GC	AB	AA	AB	CC	AA	CC	AA	GG	CC	AA
16	AB	BB	AA	CC	GC	AB	AB	AA	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AC
17	AB	AA	AA	CC	GC	AB	AA	AA	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AA
18	BB	BB	AA	CC	GC	AB	AA	AA	CG	AA	CC	AA	GT	CC	AC
19	BB	AB	AA	AA	GC	AA	AB	AA	CC	AA	CC	AA	GG	CT	CC
20	BB	AB	AA	CA	GG	AA	AB	AA	GG	AG	CC	AA	FL	FL	AA
21	BB	BB	AA	CC	GC	AA	AA	AA	CC	AG	CC	AA	GT	CC	AC
22	BB	AB	AA	CA	GC	AA	AA	AB	CG	AA	CC	AG	TT	CC	AC
23	AB	BB	AA	CC	GC	AB	AA	AA	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AC
24	AB	AB	AA	CC	GG	AA	BB	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AA
25	AB	AB	AG	CC	GC	AB	AA	AA	CC	AA	CC	AA	GT	CC	AA
26	AB	AB	AG	CC	GC	AB	AA	AA	CC	AA	CC	AA	GT	CC	AA
27	BB	AB	AA	CC	GC	AA	BB	AA	CC	AA	CC	AG	GT	CT	AA
28	BB	BB	AA	CA	GG	AA	BB	AA	CC	AA	CC	AA	GT	CC	AC
29	BB	AB	AA	CC	GC	AA	BB	AA	CC	AA	CC	AA	GT	CC	AC
30	AB	AB	AA	CC	GG	AA	AB	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AC
31	AB	AA	AA	AA	GC	AB	AA	AA	GG	AA	CC	AA	GG	CC	AA
32	BB	AB	AA	CC	GG	AA	AB	AA	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AA
33	AB	AB	AA	CC	GG	AB	AA	AA	CG	AA	CC	AA	GT	CC	AA
34	BB	BB	AA	CA	GC	AA	AA	AB	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AA
35	BB	BB	AA	CC	GG	AA	AA	AB	CC	AA	TC	AA	TT	CT	CC
36	BB	BB	AA	CC	GC	AA	AA	AA	CG	AA	CC	AA	GT	CC	AC
37	AB	AB	AA	CA	GC	AA	AA	AB	CC	AA	CC	AA	GG	CC	AA
38	BB	AB	AA	CC	GC	AA	AA	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AA
39	BB	AB	AG	CC	GC	AB	AB	AA	CG	AA	CC	AA	GG	CC	AA
40	BB	AA	AA	CC	GC	AA	AB	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AA
41	BB	AB	AA	CC	GC	AB	AB	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AA
42	BB	AA	AA	CC	GG	AA	AB	AA	CG	AA	CC	AA	TT	FL	AA
43	BB	AB	AA	CC	GC	AA	AB	AA	GG	AA	CC	AG	GG	CT	AA
44	AB	AB	AA	CC	GG	AB	AA	AA	GG	AA	CC	AA	FL	CC	AA
45	BB	AA	AA	CA	GC	AB	AA	AA	CG	AA	CC	AA	GT	CC	AA
46	BB	AA	AA	CC	GC	AB	AA	AA	CC	AA	CC	AA	GT	CC	AA
47	AB	BB	AA	CA	GG	AB	AA	AA	CG	AA	CC	AA	TT	FL	AC
48	BB	AB	AG	CC	GG	AB	AA	AB	CG	AA	CC	AA	GT	CT	AC
49	AB	AB	AA	CC	GG	AB	AA	AA	CC	AA	CC	AA	GT	CC	AC
50	BB	BB	AA	AA	GC	AA	AA	AA	GG	AA	CC	AA	TT	CC	CC
51	BB	AB	AA	CC	GC	AB	AA	AA	CG	AG	CC	AA	TT	CT	AC
52	AB	AB	AA	AA	GG	AA	AA	AA	GG	AG	CC	AA	GG	CC	AC
53	BB	AB	AA	CA	GG	AB	AB	AA	CG	AG	CC	AA	GG	CC	AA
54	AB	AB	AA	CA	GC	AA	AA	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AC
55	BB	AB	AA	CA	GC	AB	AB	AB	CG	AA	CC	AA	GT	CC	AA
56	AB	AB	AA	CC	GG	AB	AA	AA	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AA
57	BB	AA	AA	CC	GG	AA	AA	AB	CC	AA	CC	AA	GT	CC	AA
58	AB	AA	AA	CC	GC	AA	AB	AB	CG	AA	CC	AA	TT	CT	AA

개체 번호	Fox01	CYP21A2	X78201	EF683117	DQ660373	Lpin	KIAA1717	CSRP3	AJ301424	U36916	AY705916	D89502	Chr5 (80808752)	Chr7 (22112616)	Chr13 (22924695)
59	BB	AB	AA	CA	GC	AB	AA	AA	CG	AG	CC	AA	GT	CC	AC
60	BB	AA	AA	AA	GG	AB	BB	AA	CG	AA	CC	AA	GG	CC	AA
61	BB	BB	AA	CA	GC	AA	AB	AB	CC	AA	CC	AA	GT	CC	CC
62	BB	BB	AA	CA	GC	AA	AB	AB	CC	AA	CC	AA	GT	CC	CC
63	BB	BB	AA	CC	GC	AA	AB	AA	CC	AA	CC	AA	GT	CC	CC
64	BB	AB	AA	CC	GC	AB	AA	AB	CG	AA	CC	GG	TT	CC	AC
65	BB	AB	AA	CA	CC	AA	AB	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CT	AC
66	AB	AA	AA	CA	GG	AA	AB	AA	CG	AA	CC	AA	GT	CC	AC
67	AB	AB	AA	CC	GC	AB	AA	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AC
68	BB	AA	AA	CC	GG	AA	AA	AA	GG	AA	CC	AA	GT	CC	AA
69	BB	AB	AA	CC	CC	AA	AA	AA	CG	AA	CC	AA	GG	CC	AA
70	AB	AB	AA	CA	GC	AB	AA	AB	CG	AA	CC	AA	GT	FL	AA
71	BB	BB	AA	CC	GC	AB	AA	AB	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AC
72	BB	BB	AA	AA	GC	AA	AB	AB	CG	AA	CC	AA	FL	CC	AC
73	BB	BB	AA	CC	GC	AA	AA	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CC	FL
74	BB	AB	AA	CA	GC	AB	AB	AA	CG	AA	CC	AG	GG	CT	AA
75	BB	AA	AG	CA	GC	AB	AB	AB	CG	AA	CC	AA	GT	CC	AA
76	AB	AA	AA	CC	GC	AB	AB	AB	CG	AA	CC	AG	GT	CT	AC
77	BB	AB	AA	AA	GC	AA	AB	AB	CC	AA	CC	AA	GT	CT	AA
78	BB	AA	AA	CC	GC	AA	AB	AB	CG	AA	CC	AA	GT	FL	AA
79	AB	AB	AA	CC	GC	AB	AB	AB	CG	AA	CC	AA	TT	FL	AA
80	BB	AA	AA	CC	GC	AB	AB	AB	CG	AA	CC	AA	FL	FL	AA
81	BB	AB	AA	AA	GC	AA	BB	AB	CG	AA	CC	AG	TT	CC	AC
82	BB	BB	AG	CA	GC	AA	AA	AA	CC	AA	CC	AA	GG	CC	CC
83	BB	AB	AG	CA	GC	AB	AA	AB	CG	AA	CC	AA	GT	CC	AC
84	BB	BB	AA	CA	CC	AA	AB	AA	CG	AA	CC	AA	FL	CC	AA
85	BB	AB	AA	CA	GC	AA	AB	AB	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AA
86	BB	AA	AA	CC	GC	AA	AB	AB	CG	AA	CC	AA	TT	FL	AC
87	BB	AB	AA	CA	GC	AA	AB	AB	CG	AA	CC	AA	GT	CT	AC
88	BB	AB	AA	CA	GC	AB	BB	AB	CG	AA	CC	AA	GG	CC	AC
89	AB	AB	AA	CC	GG	AB	AA	AB	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AC
90	BB	BB	AA	CA	CC	AA	BB	AA	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AC
91	BB	AB	AA	CA	GC	AB	AA	AA	CG	AA	CC	AA	GG	CT	AC
92	BB	BB	AA	AA	GC	AA	AA	AA	CC	AA	CC	AA	FL	CC	CC
93	BB	BB	AA	CA	GG	AA	AA	AA	CG	AA	CC	AA	GT	CC	AC
94	AB	AA	AA	CC	GG	AB	AB	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AC
95	BB	AB	AA	CA	GC	AA	AB	AA	CC	AA	CC	AA	GT	CT	AA
96	BB	AB	AA	CA	GC	AA	AB	AA	CC	AA	CC	AA	FL	CT	AA
97	BB	AB	AG	CC	GC	AA	AB	AB	CG	AA	CC	AA	GG	CC	AA
98	BB	AB	AA	CC	GG	AA	AB	AA	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AC
99	BB	BB	AA	CA	GC	AA	AB	AA	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AA
100	BB	AA	AA	CC	GC	AA	BB	AA	CG	AA	TC	AA	FL	FL	FL
101	BB	BB	AA	CC	GC	AA	AA	AA	CG	AA	CC	AA	GT	CC	AC
102	BB	AA	AA	CC	CC	AB	AA	BB	CG	AA	CC	AA	FL	CC	FL
103	BB	AA	AA	CC	GC	AA	AA	AB	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AC
104	BB	AB	AA	CA	GG	AB	AA	AB	CC	AA	CC	AA	GT	CC	AA
105	BB	AB	AA	CC	GG	AA	AB	AB	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AC
106	AB	AA	AA	CA	GG	AB	AA	AB	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AA
107	BB	BB	AA	CC	GC	AB	BB	AB	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AC
108	BB	AB	AA	CA	GG	AB	BB	AB	CG	AA	TC	AA	GT	CC	AC
109	BB	AA	AA	CC	GC	AB	AA	AA	CC	AA	CC	AA	GG	CT	AC
110	BB	AA	AA	CC	GC	AA	AA	AA	CC	AA	CC	GG	GT	CT	AA

개체 번호	Fox01	CYP21A2	X78201	EF683117	DQ660373	Lpin	KIAA1717	CSRP3	AJ301424	U36916	AY705916	D89502	Chr5 (80808752)	Chr7 (22112616)	Chr13 (22924695)
111	BB	BB	AA	CC	GG	AA	AA	AA	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AC
112	BB	BB	AA	CC	GG	AB	AA	AA	CC	AA	TC	AA	GT	CC	AA
113	BB	BB	AA	CA	GC	AA	AA	AA	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AC
114	AB	AA	AA	CC	GC	AA	AA	AA	CG	AA	CC	AG	GT	CC	AA
115	BB	AA	AA	CC	GG	AA	AA	AA	CC	AA	CC	AA	GT	CC	AA
116	BB	AB	AA	CC	GG	AB	BB	AB	CC	AA	TC	AA	TT	CC	AA
117	AB	AB	AA	CC	GG	AB	AA	AB	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AA
118	BB	AB	AA	CC	GG	AB	18	AB	CC	AA	CC	AG	GT	CC	AA
119	BB	AB	AA	CC	GC	AB	AA	AB	CC	AA	CC	AG	GG	CT	AA
120	AB	AA	AA	CC	GC	AB	AA	AA	CG	AA	TC	AA	TT	CC	AC
121	AB	AB	AA	CC	GC	AB	AA	AA	CG	AA	TC	AA	TT	CC	AA
122	BB	BB	AA	CC	GC	AA	BB	AA	CG	AA	TC	AA	GG	CC	AC
123	BB	AA	AA	CC	GC	AB	AA	AB	CC	AA	CC	AA	TT	CT	AA
124	BB	AB	AA	AA	GG	AA	AA	AB	CC	GG	CC	AA	GT	CC	AA
125	BB	AB	AA	CC	GC	AB	AA	AB	CG	AA	CC	AA	GT	CT	AC
126	AB	BB	AA	CA	GC	AA	AA	AB	CC	AA	CC	AG	GT	FL	CC
127	BB	AB	AA	CA	GC	AA	AB	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AC
128	BB	AB	AA	CC	GG	AB	AA	AB	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AC
129	AB	AA	AA	CA	GC	AA	BB	AB	CG	AA	CC	AA	TT	CT	AA
130	BB	AB	AA	CC	GC	AA	AB	AA	CG	AA	CC	AA	GT	CC	AC
131	BB	AB	AA	CC	GG	AB	AA	AB	CC	AA	TC	AA	GT	CC	AC
132	BB	AA	AA	CC	GC	AA	AA	AB	CG	AA	TC	AG	GG	CC	FL
133	BB	AA	AA	CC	GC	AB	AA	AA	CC	AA	CC	AA	GT	CC	AA
134	AB	AA	AA	CC	GG	AB	AB	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CT	AA
135	AB	AB	AA	CC	GG	AB	BB	AA	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AA
136	AB	AA	AA	CC	GG	AB	AA	AB	CC	AA	CC	AA	GT	CC	AA
137	BB	AB	AA	CC	GC	AA	AA	AA	CG	AA	CC	AG	GT	FL	AC
138	BB	BB	AA	CC	CC	AA	AA	AB	CC	AA	CC	AA	GG	CC	AC
139	BB	BB	AA	CC	GC	AA	AA	AA	CC	AA	TC	AG	GT	CC	AC
140	BB	BB	AA	CC	GG	AA	AB	AA	CC	AA	CC	AA	GT	CC	AC
141	BB	AB	AA	CC	GG	AB	AA	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AC
142	BB	BB	AA	CC	GG	AA	AB	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AC
143	BB	BB	AA	CC	GG	AA	AB	AA	CC	AA	TC	AG	TT	CC	FL
144	BB	BB	AA	CA	GG	AA	BB	AA	CG	AA	CC	AA	GT	CC	AC
145	AB	AA	AA	CA	GC	AB	AB	AB	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AA
146	BB	AB	AA	CC	GG	AA	AB	AA	CG	AA	TC	AG	GG	CT	AA
147	BB	BB	AA	CC	GG	AA	AB	AA	CG	AA	TC	AA	TT	CC	AC
148	BB	AB	AA	CC	GG	AB	AA	AB	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AC
149	BB	AB	AA	CA	GC	AB	AA	AA	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AA
150	AB	AB	AA	CC	GC	AB	BB	AB	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AA
151	BB	BB	AA	CC	GG	AB	AB	AB	CG	AA	CC	AA	GT	CC	AA
152	BB	BB	AA	CC	GG	AA	AA	AA	CC	AA	TC	AA	GG	CC	AA
153	BB	BB	AA	CC	GC	AA	AA	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AC
154	BB	AB	AG	CC	GG	AB	AB	BB	CG	AA	CC	AG	TT	CT	AC
155	BB	AB	AA	CC	GG	AB	AA	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AC
156	BB	BB	AA	CC	GG	AB	AB	AB	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AC
157	AB	BB	AA	CA	GG	AA	AB	AA	CG	AA	CC	AA	FL	CC	AC
158	AB	BB	AA	CC	GC	AA	AA	AA	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AC
159	BB	BB	AA	CC	GC	AB	AB	AA	CG	AA	CC	AA	GT	CC	AA
160	BB	BB	AG	CC	GC	AB	AA	BB	CG	AA	CC	AA	GG	CC	AA
161	BB	BB	AG	CC	GC	AB	AA	AB	CG	AG	TC	AA	TT	CT	AA
162	AB	AB	AA	CC	GC	AA	AA	AA	CG	AA	CC	AA	GT	CC	AA

개체번호	Fox01	CYP21A2	X78201	EF683117	DQ660373	Lpin	KIAA1717	CSRP3	AJ301424	U36916	AY705916	D89502	Chr5 (80808752)	Chr7 (22112616)	Chr13 (22924695)
163	AB	AB	AA	CA	GC	AA	AB	AA	CG	AG	CC	AA	GT	CC	AC
164	BB	BB	AA	CC	GC	AA	AA	AA	CC	AA	CC	AA	GT	CC	AA
165	AB	AA	AA	CC	GC	AA	AA	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AC
166	BB	BB	AA	CC	GG	AA	BB	AA	CG	AA	CC	AA	GT	CC	CC
167	AB	BB	AA	CC	GC	AA	AB	AA	GG	AA	CC	AA	GT	FL	AC
168	BB	AA	AA	CC	CC	AB	AB	AA	CC	AA	CC	AA	GT	CT	AA
169	AB	AB	AA	CC	GG	AA	AB	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AC
170	BB	AA	AA	CA	GG	AB	BB	AB	CC	AA	CC	AA	GG	CT	AC
171	BB	AB	AG	CC	GG	AB	AA	AB	CC	AA	CC	AG	GT	CT	AA
172	BB	BB	AA	CA	GG	AA	AA	AA	CG	AA	CC	AA	GT	CT	AC
173	AB	BB	AA	CC	GG	AA	AB	AB	CG	AA	CC	AA	GT	CC	AC
174	BB	BB	AA	CC	GG	AA	AB	AA	CG	AA	CC	AA	GT	CT	AC
175	BB	BB	AA	CA	GC	AA	AB	AA	CC	AA	CC	AA	TT	FL	AA
176	AB	AB	AA	CC	GC	AB	AB	AA	CG	AA	CC	AA	GT	CT	AA
177	BB	BB	AA	CA	GC	AA	AA	AA	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AA
178	BB	BB	AA	CA	GC	AA	AB	AA	CC	AA	CC	AA	TT	CC	CC
179	BB	BB	AA	CA	GG	AB	AA	AB	GG	AA	CC	AA	TT	CC	AA
180	AB	BB	AA	CA	GC	AA	AB	AB	CG	AA	CC	AG	GG	CT	AC
181	BB	BB	AA	CC	GC	AB	AB	AB	CG	AG	TC	AG	GT	CC	AC
182	BB	BB	AA	CC	GC	AA	AB	AB	CG	AA	CC	AA	GG	CC	CC
183	BB	BB	AG	CC	GC	AB	AA	AB	CG	AA	CC	AG	GT	CC	AA
184	BB	BB	AA	CC	GG	AB	AA	AA	CG	AA	CC	AA	GT	CC	AA
185	BB	BB	AA	CC	GG	AA	AA	AB	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AC
186	BB	BB	AA	CA	GG	AA	AA	BB	CG	AA	CC	AA	GT	CC	CC
187	AB	BB	AA	CA	GG	AB	AA	AB	CC	AA	CC	AA	GT	CT	CC
188	BB	BB	AA	CA	GC	AA	AB	BB	CC	AA	CC	AA	GT	CC	AA
189	BB	BB	AA	CC	GC	AA	AB	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AA
190	AB	AA	AA	CA	GG	AA	AB	AB	CC	AA	CC	AA	GG	CT	AC
191	BB	AA	AG	AA	GG	BB	AA	AB	CG	AA	CC	AA	GT	CT	AA
192	BB	BB	AA	CA	GG	AB	AB	AB	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AA
193	BB	BB	AA	CC	GG	AA	AB	AA	CG	AA	TC	AA	GT	CC	AC
194	BB	AA	AA	CC	GC	AA	AA	AB	CC	AA	CC	AA	GT	CC	AC
195	BB	BB	AG	CC	CC	AA	AA	AB	CG	AA	CC	AG	GG	CT	AA
196	BB	BB	AA	CC	GC	AA	AA	AA	CC	AA	CC	AA	TT	FL	FL
197	BB	BB	AA	CC	CC	AA	AB	AB	CC	AA	CC	AA	GT	CC	AC
198	BB	BB	AA	CC	GG	AA	AB	AB	CG	AA	CC	AA	GT	CC	CC
199	BB	BB	AA	CC	GC	AA	AB	AA	CC	AA	CC	AA	GT	CC	CC
200	AB	AA	AA	CC	GC	AA	BB	AA	CC	AA	CC	AA	GT	CC	AA
201	AB	AA	AA	CA	GC	AB	BB	AB	CC	AA	CC	AA	GT	CC	AC
202	AB	AB	AA	CA	GC	AB	AB	AB	CC	AG	CC	AA	TT	CC	AA
203	BB	BB	AA	CC	GC	AB	AB	AA	CC	AG	CC	AG	FL	CC	AA
204	BB	BB	AA	AA	GC	AA	AB	AA	CC	AA	CC	AA	GT	CC	FL
205	BB	AB	AA	CC	GC	AA	AA	AA	CG	AG	CC	AA	TT	CC	AC
206	BB	BB	AA	CA	GC	AA	BB	AA	CC	AA	CC	AA	TT	CC	AA
207	BB	AB	AG	CC	GC	AB	AA	AA	CG	AA	CC	AG	TT	CC	AC
208	AB	AA	AA	CA	GC	AB	AB	AA	CG	AA	CC	AA	GT	CT	AC
209	BB	BB	AA	AA	CC	AA	AB	AA	CG	AA	CC	AA	GG	CC	CC
210	BB	AB	AA	CC	GC	AA	AB	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AA
211	BB	BB	AA	CC	GC	AB	AB	AA	CG	AA	CC	AA	TT	CC	AA
212	BB	AA	AA	CC	GC	AA	AA	AA	CC	AA	CC	AA	GT	CC	AC
213	BB	AB	AA	CA	GC	AA	BB	AA	CG	AA	CC	AA	GG	CT	CC
214	BB	BB	AA	CC	GC	AB	AA	AA	CG	AG	TC	AG	TT	CC	AA

다. 도체중, 전지, 후지, 안심, 등심, 목살, 삼겹살 갈비살, 가브리살, 갈매기살, 비선호합계, 선호합계 phenotype별로 15개 SNP, AJ301424, AY705916, chr13-22924695, chr5-80808752, chr7-22112616, CSRP3, CYP21A2, D89502, DQ660373, EF683117, FOX01, KIAA1717, LPin, U36916, X78201에 대해 202두에 대한 형질들의 정규성 검정 (Normality Test)은 Kolmogorov-Smirnov Test 하였다.

라. 정규성 검정 자료를 기반으로 하여 유전자형과 형질간의 연관성 분석을 위해 다음과 같은 방법으로 통계분석을 실시하였다. 즉, 정규성을 만족할 경우 우성(dominant)과 열성(recessive) 모델은 Mann-Whitney와 Student's t test를 수행 하였고, 공우성(codominant) 모델에 대해서는 ANOVA test로 통계분석을 실시하였다. 통계적 연관성 분석의 결과는 아래의 Table 처럼 각각의 phenotype에 따른 SNP의 P-value 값과, 유전자형, 평균값, 표준편차를 나타내었다.

Table 3-6-3. 돼지 개체 별 경제형질과 유전자형 사이의 연관성 분석 결과

변수명	Phenotype	SNP	p-value
A1	도체중(kg)	AJ301424	0.506982063

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.50698206	GG+CG	122	98.295	11.848
		CC	80	99.963	13.326
Recessive	0.72183078	GG	9	100.222	14.087
		CC+CG	193	98.896	12.405
Codominant	0.579330003	CC	80	99.963	13.326
		CG	113	98.142	11.711
		GG	9	100.222	14.087

변수명	Phenotype	SNP	p-value
A1	도체중(kg)	AY705916	0.349174723

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.34917472	TT+TC	18	97.278	13.762
		CC	184	99.120	12.342
Recessive		TT			
		CC+TC	202	98.955	12.449
Codominant	0.550432467	CC	184	99.120	12.342
		TC	18	97.278	13.762
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
A1	도체중(kg)	Chr13_22924695	0.32179125

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.32179125	CC+AC	103	98.466	12.553
		AA	91	99.824	12.473
Recessive	0.61055482	CC	18	101.611	13.844
		AA+AC	176	98.847	12.371
Codominant	0.379025969	AA	91	99.824	12.473
		AC	85	97.800	12.247
		CC	18	101.611	13.844

변수명	Phenotype	SNP	p-value
A1	도체중(kg)	Chr5_80808752	0.162923038

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.47446737	GG+GT	109	98.743	12.295
		TT	81	100.012	12.683
Recessive	0.16292304	GG	30	96.500	12.824
		TT+GT	160	99.806	12.343
Codominant	0.402981469	TT	81	100.012	12.683
		GT	79	99.595	12.061
		GG	30	96.500	12.824

변수명	Phenotype	SNP	p-value
A1	도체중(kg)	Chr7_22112616	0.749382289

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.74938229	TT+CT	40	98.700	12.976
		CC	148	99.000	12.399
Recessive		TT			
		CC+CT	188	98.936	12.489
Codominant	0.893202524	CC	148	99.000	12.399
		CT	40	98.700	12.976
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
A1	도체중(kg)	CSRP3	0.292821756

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.29282176	BB+AB	82	98.122	13.207
		AA	120	99.525	11.926
Recessive	0.37485923	BB	5	94.000	11.511
		AA+AB	197	99.081	12.473
Codominant	0.550406977	AA	120	99.525	11.926
		AB	77	98.390	13.332
		BB	5	94.000	11.511

변수명	Phenotype	SNP	p-value
A1	도체중(kg)	CYP21A2	0.217838375

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.21783837	AA+AB	122	99.697	12.260
		BB	80	97.825	12.726
Recessive	0.6969362	AA	44	99.614	13.408
		BB+AB	158	98.772	12.207
Codominant	0.58058932	BB	80	97.825	12.726
		AB	78	99.744	11.652
		AA	44	99.614	13.408

변수명	Phenotype	SNP	p-value
A1	도체중(kg)	D89502	0.00119691

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.00119691	GG+AG	27	91.926	12.048
		AA	175	100.040	12.185
Recessive	0.91766357	GG	2	98.000	7.071
		AA+AG	200	98.965	12.501
Codominant	0.0049254	AA	175	100.040	12.185
		AG	25	91.440	12.322
		GG	2	98.000	7.071

변수명	Phenotype	SNP	p-value
A1	도체중(kg)	KIAA1717	0.628551806

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.96995596	BB+AB	106	98.962	11.330
		AA	95	99.000	13.701
Recessive	0.62855181	BB	22	98.045	11.524
		AA+AB	179	99.095	12.612
Codominant	0.928226375	AA	95	99.000	13.701
		AB	84	99.202	11.336
		BB	22	98.045	11.524

변수명	Phenotype	SNP	p-value
A1	도체중(kg)	Lpin	0.796906277

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.88959729	BB+AB	86	98.779	12.276
		AA	116	99.086	12.627
Recessive	0.79690628	BB	1	95.000	12.477
		AA+AB	201	98.975	
Codominant	0.940769521	AA	116	99.086	12.627
		AB	85	98.824	12.342
		BB	1	95.000	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
A1	도체중(kg)	U36916	0.261108577

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.75433942	GG+AG	14	97.500	11.581
		AA	188	99.064	12.533
Recessive	0.26110858	GG	1	86.000	12.446
		AA+AG	201	99.020	
Codominant	0.572179184	AA	188	99.064	12.533
		AG	13	98.385	11.551
		GG	1	86.000	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
A1	도체중(kg)	X78201	0.097142795

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.1031655	GG+AG	16	94.000	8.944
		AA	186	99.382	12.632
Recessive		GG			
		AA+AG	202	98.955	12.449
Codominant	0.097142795	AA	186	99.382	12.632
		AG	16	94.000	8.944
		GG			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B1	전지/정육량 비율 (%)	AJ301424	0.317111886

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.31711189	GG+CG	122	17.130	1.622
		CC	80	17.007	1.123
Recessive	0.56357848	GG	9	16.910	0.895
		CC+CG	193	17.089	1.465
Codominant	0.749724994	CC	80	17.007	1.123
		CG	113	17.148	1.668
		GG	9	16.910	0.895

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B1	전지/정육량 비율 (%)	AY705916	0.337263057

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.47916897	TT+TC	18	17.394	1.411
		CC	184	17.051	1.447
Recessive		TT			
		CC+TC	202	17.081	1.443
Codominant	0.337263057	CC	184	17.051	1.447
		TC	18	17.394	1.411
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B1	전지/정육량 비율 (%)	Chr13_22924695	0.369712439

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.40353894	CC+AC	103	17.166	1.175
		AA	91	16.936	1.723
Recessive	0.44446162	CC	18	16.886	1.384
		AA+AC	176	17.076	1.468
Codominant	0.369712439	AA	91	16.936	1.723
		AC	85	17.225	1.126
		CC	18	16.886	1.384

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B1	전지/정육량 비율 (%)	Chr5_80808752	0.249200874

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.97446327	GG+GT	109	17.070	1.650
		TT	81	17.138	1.170
Recessive	0.24920087	GG	30	16.948	0.924
		TT+GT	160	17.127	1.542
Codominant	0.825134595	TT	81	17.138	1.170
		GT	79	17.116	1.856
		GG	30	16.948	0.924

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B1	전지/정육량 비율 (%)	Chr7_22112616	0.894338138

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.99085471	TT+CT	40	17.097	1.117
		CC	148	17.062	1.558
Recessive		TT			
		CC+CT	188	17.069	1.472
Codominant	0.894338138	CC	148	17.062	1.558
		CT	40	17.097	1.117
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B1	전지/정육량 비율 (%)	CSRP3	0.203782514

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.20378251	BB+AB	82	17.058	1.249
		AA	120	17.097	1.568
Recessive	0.68706918	BB	5	16.880	1.174
		AA+AB	197	17.086	1.452
Codominant	0.943173913	AA	120	17.097	1.568
		AB	77	17.069	1.260
		BB	5	16.880	1.174

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B1	전지/정육량 비율 (%)	CYP21A2	0.459060037

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.86806265	AA+AB	122	17.043	1.553
		BB	80	17.140	1.265
Recessive	0.5221321	AA	44	16.841	2.139
		BB+AB	158	17.148	1.180
Codominant	0.459060037	BB	80	17.140	1.265
		AB	78	17.157	1.095
		AA	44	16.841	2.139



변수명	Phenotype	SNP	p-value
B1	전지/정육량 비율 (%)	D89502	0.425881986

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.77178684	GG+AG	27	16.843	2.779
		AA	175	17.118	1.115
Recessive	0.42588199	GG	2	16.750	0.338
		AA+AG	200	17.085	1.450
Codominant	0.652629382	AA	175	17.118	1.115
		AG	25	16.850	2.891
		GG	2	16.750	0.338

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B1	전지/정육량 비율 (%)	DQ660373	0.133374722

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.98284731	CC+GC	132	17.074	1.577
		GG	70	17.094	1.161
Recessive	0.13337472	CC	10	16.620	1.016
		GG+GC	192	17.105	1.460
Codominant	0.585332208	GG	70	17.094	1.161
		GC	122	17.112	1.611
		CC	10	16.620	1.016

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B1	전지/정육량 비율 (%)	EF683117	0.512346792

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.51234679	AA+CA	75	17.216	1.063
		CC	127	17.001	1.626
Recessive	0.65084544	AA	14	17.264	0.861
		CC+CA	188	17.068	1.478
Codominant	0.589631776	CC	127	17.001	1.626
		CA	61	17.206	1.111
		AA	14	17.264	0.861

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B1	전지/정육량 비율 (%)	Fox01	0.099071904

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.29997898	AA+AB	52	16.797	2.020
		BB	150	17.180	1.173
Recessive	0.099071904	AA	202	17.081	1.443
		BB+AB	150	17.180	1.173
Codominant	0.099071904	BB	52	16.797	2.020
		AB	52	16.797	2.020
		AA	52	16.797	2.020

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B1	전지/정육량 비율 (%)	KIAA1717	0.590624444

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.88125844	BB+AB	106	17.133	1.197
		AA	95	17.017	1.686
Recessive	0.59062444	BB	22	17.204	1.039
		AA+AB	179	17.063	1.490
Codominant	0.824065251	AA	95	17.017	1.686
		AB	84	17.115	1.240
		BB	22	17.204	1.039

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B1	전지/정육량 비율 (%)	Lpin	0.135703644

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.58305873	BB+AB	86	17.123	1.160
		AA	116	17.050	1.626
Recessive	0.13570364	BB	1	18.614	
		AA+AB	201	17.074	1.443
Codominant	0.549867185	AA	116	17.050	1.626
		AB	85	17.106	1.155
		BB	1	18.614	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B1	전지/정육량 비율 (%)	U36916	0.246570312

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.24657031	GG+AG	14	17.528	1.480
		AA	188	17.048	1.439
Recessive	0.43019121	GG	1	17.775	
		AA+AG	201	17.078	1.446
Codominant	0.481784734	AA	188	17.048	1.439
		AG	13	17.509	1.539
		GG	1	17.775	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B1	전지/정육량 비율 (%)	X78201	0.853725076

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.90245328	GG+AG	16	17.145	1.219
		AA	186	17.076	1.464
Recessive		GG			
		AA+AG	202	17.081	1.443
Codominant	0.853725076	AA	186	17.076	1.464
		AG	16	17.145	1.219
		GG			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B2	후지/정육량 비율 (%)	AJ301424	0.231733769

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.84680923	GG+CG	122	29.312	5.167
		CC	80	29.007	1.718
Recessive	0.23173377	GG	9	29.921	2.426
		CC+CG	193	29.157	4.218
Codominant	0.792379724	CC	80	29.007	1.718
		CG	113	29.263	5.328
		GG	9	29.921	2.426

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B2	후지/정육량 비율 (%)	AY705916	0.010025054

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.01002505	TT+TC	18	28.089	1.835
		CC	184	29.299	4.302
Recessive		TT			
		CC+TC	202	29.191	4.154
Codominant	0.239135555	CC	184	29.299	4.302
		TC	18	28.089	1.835
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B2	후지/정육량 비율 (%)	Chr13_22924695	0.029407882

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.02940788	CC+AC	103	29.244	1.895
		AA	91	29.149	5.864
Recessive	0.26766464	CC	18	29.271	1.796
		AA+AC	176	29.192	4.412
Codominant	0.987532584	AA	91	29.149	5.864
		AC	85	29.238	1.925
		CC	18	29.271	1.796

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B2	후지/정육량 비율 (%)	Chr5_80808752	0.613774277

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.97233603	GG+GT	109	29.269	5.231
		TT	81	28.896	2.256
Recessive	0.61377428	GG	30	28.959	1.970
		TT+GT	160	29.138	4.525
Codominant	0.74841592	TT	81	28.896	2.256
		GT	79	29.386	6.033
		GG	30	28.959	1.970

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B2	후지/정육량 비율 (%)	Chr7_22112616	0.656504426

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.88671792	TT+CT	40	28.958	1.630
		CC	148	29.296	4.714
Recessive		TT			
		CC+CT	188	29.224	4.248
Codominant	0.656504426	CC	148	29.296	4.714
		CT	40	28.958	1.630
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B2	후지/정육량 비율 (%)	CSRP3	0.203913178

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.30616763	BB+AB	82	28.836	2.014
		AA	120	29.434	5.122
Recessive	0.20391318	BB	5	29.817	1.353
		AA+AB	197	29.175	4.201
Codominant	0.522709376	AA	120	29.434	5.122
		AB	77	28.772	2.040
		BB	5	29.817	1.353

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B2	후지/정육량 비율 (%)	CYP21A2	0.331808152

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.71109514	AA+AB	122	29.276	5.079
		BB	80	29.061	2.087
Recessive	0.88983732	AA	44	29.999	7.894
		BB+AB	158	28.966	2.188
Codominant	0.331808152	BB	80	29.061	2.087
		AB	78	28.868	2.297
		AA	44	29.999	7.894

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B2	후지/정육량 비율 (%)	D89502	0.04801816

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.54059707	GG+AG	27	30.950	9.831
		AA	175	28.920	2.221
Recessive	0.8031979	GG	2	29.049	0.077
		AA+AG	200	29.192	4.174
Codominant	0.04801816	AA	175	28.920	2.221
		AG	25	31.102	10.216
		GG	2	29.049	0.077

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B2	후지/정육량 비율 (%)	DQ660373	0.004382073

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.07727152	CC+GC	132	29.530	4.895
		GG	70	28.551	2.032
Recessive	0.00438207	CC	10	31.204	2.908
		GG+GC	192	29.086	4.187
Codominant	0.116218352	GG	70	28.551	2.032
		GC	122	29.393	5.006
		CC	10	31.204	2.908

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B2	후지/정육량 비율 (%)	EF683117	0.318478575

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.62007043	AA+CA	75	29.130	2.276
		CC	127	29.227	4.947
Recessive	0.31847857	AA	14	29.559	2.023
		CC+CA	188	29.163	4.272
Codominant	0.901284428	CC	127	29.227	4.947
		CA	61	29.031	2.334
		AA	14	29.559	2.023

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B2	후지/정육량 비율 (%)	Fox01	0.307747014

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.30774701	AA+AB	52	29.658	7.376
		BB	150	29.029	2.133
Recessive		AA			
		BB+AB	202	29.191	4.154
Codominant	0.348327676	BB	150	29.029	2.133
		AB	52	29.658	7.376
		AA			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B2	후지/정육량 비율 (%)	KIAA1717	0.629716314

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.62971631	BB+AB	106	29.097	2.158
		AA	95	29.306	5.626
Recessive	0.99845052	BB	22	29.032	1.509
		AA+AB	179	29.216	4.382
Codominant	0.936259883	AA	95	29.306	5.626
		AB	84	29.114	2.305
		BB	22	29.032	1.509

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B2	후지/정육량 비율 (%)	Lpin	0.014872759

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.01487276	BB+AB	86	28.584	1.893
		AA	116	29.641	5.199
Recessive	0.64334347	BB	1	29.334	
		AA+AB	201	29.190	4.164
Codominant	0.199605662	AA	116	29.641	5.199
		AB	85	28.575	1.902
		BB	1	29.334	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B2	후지/정육량 비율 (%)	U36916	0.243554812

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.4786338	GG+AG	14	28.655	1.872
		AA	188	29.231	4.275
Recessive	0.24355481	GG	1	27.395	
		AA+AG	201	29.200	4.162
Codominant	0.841023836	AA	188	29.231	4.275
		AG	13	28.752	1.912
		GG	1	27.395	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B2	후지/정육량 비율 (%)	X78201	0.766940475

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.76694047	GG+AG	16	29.243	2.098
		AA	186	29.186	4.288
Recessive		GG			
		AA+AG	202	29.191	4.154
Codominant	0.958288598	AA	186	29.186	4.288
		AG	16	29.243	2.098
		GG			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B3	안심/정육량 비율 (%)	AJ301424	0.528669101

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.71109453	GG+CG	122	2.199	0.919
		CC	80	2.136	0.162
Recessive	0.5286691	GG	9	2.112	0.142
		CC+CG	193	2.177	0.737
Codominant	0.776902251	CC	80	2.136	0.162
		CG	113	2.206	0.954
		GG	9	2.112	0.142

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B3	안심/정육량 비율 (%)	AY705916	0.029417545

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.02941754	TT+TC	18	2.051	0.131
		CC	184	2.186	0.754
Recessive		TT			
		CC+TC	202	2.174	0.721
Codominant	0.448499455	CC	184	2.186	0.754
		TC	18	2.051	0.131
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B3	안심/정육량 비율 (%)	Chr13_22924695	0.097929471

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.18230473	CC+AC	103	2.118	0.135
		AA	91	2.247	1.063
Recessive	0.09792947	CC	18	2.071	0.134
		AA+AC	176	2.189	0.770
Codominant	0.457845222	AA	91	2.247	1.063
		AC	85	2.128	0.133
		CC	18	2.071	0.134

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B3	안심/정육량 비율 (%)	Chr5_80808752	0.674643226

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.87178686	GG+GT	109	2.208	0.970
		TT	81	2.144	0.164
Recessive	0.77086822	GG	30	2.132	0.150
		TT+GT	160	2.190	0.806
Codominant	0.674643226	TT	81	2.144	0.164
		GT	79	2.237	1.137
		GG	30	2.132	0.150

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B3	안심/정육량 비율 (%)	Chr7_22112616	0.487505378

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.48750538	TT+CT	40	2.154	0.173
		CC	148	2.180	0.837
Recessive		TT			
		CC+CT	188	2.175	0.746
Codominant	0.847097355	CC	148	2.180	0.837
		CT	40	2.154	0.173
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B3	안심/정육량 비율 (%)	CSRP3	0.590296485

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.80732685	BB+AB	82	2.136	0.179
		AA	120	2.200	0.924
Recessive	0.59029648	BB	5	2.131	0.224
		AA+AB	197	2.175	0.729
Codominant	0.824980149	AA	120	2.200	0.924
		AB	77	2.136	0.178
		BB	5	2.131	0.224

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B3	안심/정육량 비율 (%)	CYP21A2	0.007691827

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.00769183	AA+AB	122	2.226	0.916
		BB	80	2.094	0.163
Recessive	0.6139316	AA	44	2.112	0.289
		BB+AB	158	2.191	0.801
Codominant	0.190594952	BB	80	2.094	0.163
		AB	78	2.290	1.123
		AA	44	2.112	0.289

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B3	안심/정육량 비율 (%)	D89502	0.295113282

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.29511328	GG+AG	27	2.059	0.352
		AA	175	2.192	0.761
Recessive	0.78445014	GG	2	2.054	0.381
		AA+AG	200	2.175	0.724
Codominant	0.677037163	AA	175	2.192	0.761
		AG	25	2.060	0.358
		GG	2	2.054	0.381

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B3	안심/정육량 비율 (%)	DQ660373	0.311059446

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.31105945	CC+GC	132	2.204	0.884
		GG	70	2.117	0.159
Recessive	0.55642189	CC	10	2.095	0.135
		GG+GC	192	2.178	0.739
Codominant	0.634015909	GG	70	2.117	0.159
		GC	122	2.213	0.919
		CC	10	2.095	0.135

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B3	안심/정육량 비율 (%)	EF683117	0.146348739

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.53014416	AA+CA	75	2.127	0.159
		CC	127	2.202	0.901
Recessive	0.14634874	AA	14	2.067	0.140
		CC+CA	188	2.182	0.746
Codominant	0.733918657	CC	127	2.202	0.901
		CA	61	2.141	0.161
		AA	14	2.067	0.140

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B3	안심/정육량 비율 (%)	Fox01	0.006667323

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.00666732	AA+AB	52	2.352	1.390
		BB	150	2.112	0.158
Recessive		AA			
		BB+AB	202	2.174	0.721
Codominant	0.038029167	BB	150	2.112	0.158
		AB	52	2.352	1.390
		AA			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B3	안심/정육량 비율 (%)	KIAA1717	0.156414082

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.15641408	BB+AB	106	2.151	0.169
		AA	95	2.200	1.039
Recessive	0.25592856	BB	22	2.182	0.179
		AA+AB	179	2.174	0.764
Codominant	0.871368693	AA	95	2.200	1.039
		AB	84	2.143	0.166
		BB	22	2.182	0.179

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B3	안심/정육량 비율 (%)	Lpin	0.154623409

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.59564977	BB+AB	86	2.140	0.175
		AA	116	2.199	0.941
Recessive	0.15462341	BB	1	1.920	0.723
		AA+AB	201	2.175	
Codominant	0.810416092	AA	116	2.199	0.941
		AB	85	2.143	0.174
		BB	1	1.920	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B3	안심/정육량 비율 (%)	U36916	0.257696863

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.96408982	GG+AG	14	2.111	0.182
		AA	188	2.179	0.746
Recessive	0.25769686	GG	1	2.290	0.723
		AA+AG	201	2.173	
Codominant	0.915104636	AA	188	2.179	0.746
		AG	13	2.098	0.181
		GG	1	2.290	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B3	안심/정육량 비율 (%)	X78201	0.447319562

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.44731956	GG+AG	16	2.150	0.117
		AA	186	2.176	0.751
Recessive		GG			
		AA+AG	202	2.174	0.721
Codominant	0.889629106	AA	186	2.176	0.751
		AG	16	2.150	0.117
		GG			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B4	등심/정육량 비율 (%)	AJ301424	0.578919783

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.57891978	GG+CG	122	11.312	1.146
		CC	80	11.311	0.719
Recessive	0.76162206	GG	9	11.246	0.655
		CC+CG	193	11.314	1.011
Codominant	0.979377041	CC	80	11.311	0.719
		CG	113	11.317	1.178
		GG	9	11.246	0.655

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B4	등심/정육량 비율 (%)	AY705916	0.671140046

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.67114005	TT+TC	18	11.220	0.809
		CC	184	11.320	1.014
Recessive		TT			
		CC+TC	202	11.311	0.997
Codominant	0.684107848	CC	184	11.320	1.014
		TC	18	11.220	0.809
		TT			



변수명	Phenotype	SNP	p-value
B4	등심/정육량 비율 (%)	Chr13_22924695	0.434032193

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.83758314	CC+AC	103	11.342	0.818
		AA	91	11.285	1.201
Recessive	0.43403219	CC	18	11.545	0.793
		AA+AC	176	11.292	1.033
Codominant	0.602488974	AA	91	11.285	1.201
		AC	85	11.299	0.822
		CC	18	11.545	0.793

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B4	등심/정육량 비율 (%)	Chr5_80808752	0.172839758

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.17283976	GG+GT	109	11.351	1.137
		TT	81	11.249	0.789
Recessive	0.3842466	GG	30	11.450	0.716
		TT+GT	160	11.280	1.046
Codominant	0.643537542	TT	81	11.249	0.789
		GT	79	11.313	1.262
		GG	30	11.450	0.716

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B4	등심/정육량 비율 (%)	Chr7_22112616	0.047007722

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.04700772	TT+CT	40	11.584	0.703
		CC	148	11.233	1.051
Recessive		TT			
		CC+CT	188	11.308	0.996
Codominant	0.048165271	CC	148	11.233	1.051
		CT	40	11.584	0.703
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B4	등심/정육량 비율 (%)	CSRP3	0.243834793

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.24383479	BB+AB	82	11.439	0.781
		AA	120	11.224	1.115
Recessive	0.78033218	BB	5	11.452	0.558
		AA+AB	197	11.308	1.006
Codominant	0.324169698	AA	120	11.224	1.115
		AB	77	11.438	0.796
		BB	5	11.452	0.558

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B4	등심/정육량 비율 (%)	CYP21A2	0.012608527

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.21620969	AA+AB	122	11.230	1.100
		BB	80	11.436	0.806
Recessive	0.01260853	AA	44	10.949	1.374
		BB+AB	158	11.412	0.841
Codominant	0.022343006	BB	80	11.436	0.806
		AB	78	11.388	0.880
		AA	44	10.949	1.374

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B4	등심/정육량 비율 (%)	D89502	0.483632158

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.62046773	GG+AG	27	11.142	1.785
		AA	175	11.337	0.816
Recessive	0.54733899	GG	2	11.650	0.603
		AA+AG	200	11.308	1.000
Codominant	0.483632158	AA	175	11.337	0.816
		AG	25	11.101	1.848
		GG	2	11.650	0.603

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B4	등심/정육량 비율 (%)	DQ660373	0.173132193

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.26738097	CC+GC	132	11.343	1.100
		GG	70	11.252	0.769
Recessive	0.17313219	CC	10	11.010	0.711
		GG+GC	192	11.327	1.008
Codominant	0.453724372	GG	70	11.252	0.769
		GC	122	11.370	1.124
		CC	10	11.010	0.711

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B4	등심/정육량 비율 (%)	EF683117	0.065986992

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.06598699	AA+CA	75	11.491	0.873
		CC	127	11.205	1.052
Recessive	0.4786338	AA	14	11.485	0.760
		CC+CA	188	11.298	1.012
Codominant	0.144487812	CC	127	11.205	1.052
		CA	61	11.492	0.903
		AA	14	11.485	0.760

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B4	등심/정육량 비율 (%)	Fox01	0.03838604

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.13748921	AA+AB	52	11.065	1.421
		BB	150	11.397	0.788
Recessive		AA			
		BB+AB	202	11.311	0.997
Codominant	0.03838604	BB	150	11.397	0.788
		AB	52	11.065	1.421
		AA			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B4	등심/정육량 비율 (%)	KIAA1717	0.294616682

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.29461668	BB+AB	106	11.403	0.761
		AA	95	11.203	1.205
Recessive	0.6231976	BB	22	11.450	0.855
		AA+AB	179	11.292	1.015
Codominant	0.357015689	AA	95	11.203	1.205
		AB	84	11.391	0.740
		BB	22	11.450	0.855

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B4	등심/정육량 비율 (%)	Lpin	0.400733377

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.88099649	BB+AB	86	11.327	0.794
		AA	116	11.300	1.127
Recessive	0.40073338	BB	1	10.862	0.999
		AA+AB	201	11.313	
Codominant	0.880519831	AA	116	11.300	1.127
		AB	85	11.332	0.797
		BB	1	10.862	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B4	등심/정육량 비율 (%)	U36916	0.257697902

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.73829696	GG+AG	14	11.192	0.901
		AA	188	11.320	1.005
Recessive	0.2576979	GG	1	12.088	0.998
		AA+AG	201	11.307	
Codominant	0.582433922	AA	188	11.320	1.005
		AG	13	11.123	0.899
		GG	1	12.088	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B4	등심/정육량 비율 (%)	X78201	0.240244895

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.24024489	GG+AG	16	11.579	0.598
		AA	186	11.288	1.021
Recessive		GG			
		AA+AG	202	11.311	0.997
Codominant	0.263548006	AA	186	11.288	1.021
		AG	16	11.579	0.598
		GG			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B5	목살/정육량 비율 (%)	AJ301424	0.704688173

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.70468817	GG+CG	122	9.742	0.853
		CC	80	9.755	0.497
Recessive	0.9048075	GG	9	9.748	0.393
		CC+CG	193	9.747	0.744
Codominant	0.991975222	CC	80	9.755	0.497
		CG	113	9.742	0.881
		GG	9	9.748	0.393

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B5	목살/정육량 비율 (%)	AY705916	0.435708481

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.43570848	TT+TC	18	9.845	0.637
		CC	184	9.738	0.741
Recessive		TT			
		CC+TC	202	9.747	0.732
Codominant	0.555935419	CC	184	9.738	0.741
		TC	18	9.845	0.637
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B5	목살/정육량 비율 (%)	Chr13_22924695	0.177316223

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.177316222	CC+AC	103	9.730	0.491
		AA	91	9.760	0.951
Recessive	0.53430922	CC	18	9.718	0.498
		AA+AC	176	9.747	0.763
Codominant	0.959260473	AA	91	9.760	0.951
		AC	85	9.733	0.493
		CC	18	9.718	0.498

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B5	목살/정육량 비율 (%)	Chr5_80808752	0.377364989

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.89072987	GG+GT	109	9.727	0.864
		TT	81	9.789	0.556
Recessive	0.37736499	GG	30	9.850	0.474
		TT+GT	160	9.735	0.788
Codominant	0.489639288	TT	81	9.789	0.556
		GT	79	9.680	0.970
		GG	30	9.850	0.474

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B5	목살/정육량 비율 (%)	Chr7_22112616	0.821984344

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.87896357	TT+CT	40	9.758	0.471
		CC	148	9.728	0.810
Recessive		TT			
		CC+CT	188	9.734	0.749
Codominant	0.821984344	CC	148	9.728	0.810
		CT	40	9.758	0.471
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B5	목살/정육량 비율 (%)	CSRP3	0.78086665

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.78086665	BB+AB	82	9.764	0.529
		AA	120	9.736	0.845
Recessive	0.85554283	BB	5	9.834	0.630
		AA+AB	197	9.745	0.735
Codominant	0.942157975	AA	120	9.736	0.845
		AB	77	9.760	0.526
		BB	5	9.834	0.630

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B5	목살/정육량 비율 (%)	CYP21A2	0.368543309

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.40065955	AA+AB	122	9.749	0.835
		BB	80	9.744	0.542
Recessive	0.94652751	AA	44	9.624	1.177
		BB+AB	158	9.782	0.548
Codominant	0.368543309	BB	80	9.744	0.542
		AB	78	9.820	0.555
		AA	44	9.624	1.177

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B5	목살/정육량 비율 (%)	D89502	0.149307868

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.76638042	GG+AG	27	9.562	1.448
		AA	175	9.776	0.547
Recessive	0.16029209	GG	2	10.231	0.128
		AA+AG	200	9.742	0.734
Codominant	0.149307868	AA	175	9.776	0.547
		AG	25	9.508	1.494
		GG	2	10.231	0.128

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B5	목살/정육량 비율 (%)	DQ660373	0.00860614

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.30505814	CC+GC	132	9.691	0.813
		GG	70	9.853	0.537
Recessive	0.00860614	CC	10	9.378	0.653
		GG+GC	192	9.767	0.732
Codominant	0.121002281	GG	70	9.853	0.537
		GC	122	9.717	0.822
		CC	10	9.378	0.653

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B5	목살/정육량 비율 (%)	EF683117	0.370413883

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.61130822	AA+CA	75	9.768	0.510
		CC	127	9.735	0.837
Recessive	0.37041388	AA	14	9.658	0.348
		CC+CA	188	9.754	0.753
Codominant	0.787742876	CC	127	9.735	0.837
		CA	61	9.793	0.540
		AA	14	9.658	0.348

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B5	목살/정육량 비율 (%)	Fox01	0.382437949

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.93746327	AA+AB	52	9.671	1.125
		BB	150	9.774	0.535
Recessive		AA			
		BB+AB	202	9.747	0.732
Codominant	0.382437949	BB	150	9.774	0.535
		AB	52	9.671	1.125
		AA			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B5	목살/정육량 비율 (%)	KIAA1717	0.173407436

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.61940088	BB+AB	106	9.765	0.521
		AA	95	9.719	0.913
Recessive	0.17340744	BB	22	9.907	0.410
		AA+AB	179	9.723	0.760
Codominant	0.538455135	AA	95	9.719	0.913
		AB	84	9.728	0.543
		BB	22	9.907	0.410

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B5	목살/정육량 비율 (%)	Lpin	0.247571768

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.24757177	BB+AB	86	9.840	0.533
		AA	116	9.678	0.845
Recessive	0.4202346	BB	1	9.405	0.733
		AA+AB	201	9.749	
Codominant	0.24983296	AA	116	9.678	0.845
		AB	85	9.846	0.535
		BB	1	9.405	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B5	목살/정육량 비율 (%)	U36916	0.544109408

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.54410941	GG+AG	14	9.801	0.556
		AA	188	9.743	0.744
Recessive	0.65568375	GG	1	9.964	0.733
		AA+AG	201	9.746	
Codominant	0.935565362	AA	188	9.743	0.744
		AG	13	9.789	0.577
		GG	1	9.964	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B5	목살/정육량 비율 (%)	X78201	0.323550127

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.32355013	GG+AG	16	9.901	0.523
		AA	186	9.734	0.747
Recessive		GG			
		AA+AG	202	9.747	0.732
Codominant	0.382786537	AA	186	9.734	0.747
		AG	16	9.901	0.523
		GG			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B6	삼겹살/정육량 비율 (%)	AJ301424	0.149085793

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.14908579	GG+CG	122	23.381	2.342
		CC	80	23.794	1.700
Recessive	0.50168064	GG	9	23.080	1.705
		CC+CG	193	23.566	2.135
Codominant	0.363807641	CC	80	23.794	1.700
		CG	113	23.405	2.389
		GG	9	23.080	1.705

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B6	삼겹살/정육량 비율 (%)	AY705916	0.030093211

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.03009321	TT+TC	18	24.575	1.763
		CC	184	23.444	2.125
Recessive		TT			
		CC+TC	202	23.545	2.116
Codominant	0.030093211	CC	184	23.444	2.125
		TC	18	24.575	1.763
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B6	삼겹살/정육량 비율 (%)	Chr13_22924695	0.524084367

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.72911704	CC+AC	103	23.504	1.814
		AA	91	23.614	2.495
Recessive	0.52408437	CC	18	23.761	1.308
		AA+AC	176	23.535	2.226
Codominant	0.805863912	AA	91	23.614	2.495
		AC	85	23.450	1.906
		CC	18	23.761	1.308

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B6	삼겹살/정육량 비율 (%)	Chr5_80808752	0.466635225

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.46663523	GG+GT	109	23.502	2.271
		TT	81	23.732	1.970
Recessive	0.78907383	GG	30	23.697	1.682
		TT+GT	160	23.582	2.226
Codominant	0.648410539	TT	81	23.732	1.970
		GT	79	23.428	2.463
		GG	30	23.697	1.682

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B6	삼겹살/정육량 비율 (%)	Chr7_22112616	0.839313953

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.83931395	TT+CT	40	23.512	1.522
		CC	148	23.574	2.270
Recessive		TT			
		CC+CT	188	23.560	2.129
Codominant	0.870900701	CC	148	23.574	2.270
		CT	40	23.512	1.522
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B6	삼겹살/정육량 비율 (%)	CSRP3	0.281239009

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.28123901	BB+AB	82	23.730	1.795
		AA	120	23.418	2.309
Recessive	0.3707262	BB	5	22.706	1.205
		AA+AB	197	23.566	2.132
Codominant	0.316387789	AA	120	23.418	2.309
		AB	77	23.797	1.812
		BB	5	22.706	1.205

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B6	삼겹살/정육량 비율 (%)	CYP21A2	0.402353495

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.4023535	AA+AB	122	23.452	2.420
		BB	80	23.686	1.545
Recessive	0.71896171	AA	44	23.408	3.061
		BB+AB	158	23.583	1.778
Codominant	0.73491597	BB	80	23.686	1.545
		AB	78	23.477	1.993
		AA	44	23.408	3.061

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B6	삼겹살/정육량 비율 (%)	D89502	0.039251712

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.13324172	GG+AG	27	22.603	3.588
		AA	175	23.690	1.758
Recessive	0.88871291	GG	2	23.336	1.552
		AA+AG	200	23.547	2.124
Codominant	0.039251712	AA	175	23.690	1.758
		AG	25	22.544	3.714
		GG	2	23.336	1.552

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B6	삼겹살/정육량 비율 (%)	DQ660373	0.004450368

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.00445037	CC+GC	132	23.238	2.196
		GG	70	24.122	1.836
Recessive	0.36317933	CC	10	22.950	1.444
		GG+GC	192	23.576	2.144
Codominant	0.015944976	GG	70	24.122	1.836
		GC	122	23.262	2.249
		CC	10	22.950	1.444

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B6	삼겹살/정육량 비율 (%)	EF683117	0.331061077

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.33106108	AA+CA	75	23.370	1.697
		CC	127	23.648	2.329
Recessive	0.57139793	AA	14	23.235	1.956
		CC+CA	188	23.568	2.131
Codominant	0.645778407	CC	127	23.648	2.329
		CA	61	23.401	1.649
		AA	14	23.235	1.956

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B6	삼겹살/정육량 비율 (%)	Fox01	0.475872675

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.58188941	AA+AB	52	23.364	3.009
		BB	150	23.607	1.711
Recessive	0.475872675	AA	202	23.545	2.116
		BB+AB	150	23.607	1.711
Codominant	0.475872675	BB	150	23.607	1.711
		AB	52	23.364	3.009
		AA			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B6	삼겹살/정육량 비율 (%)	KIAA1717	0.65616604

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.90366355	BB+AB	106	23.535	1.630
		AA	95	23.572	2.565
Recessive	0.65616604	BB	22	23.362	1.787
		AA+AB	179	23.576	2.159
Codominant	0.905584509	AA	95	23.572	2.565
		AB	84	23.580	1.595
		BB	22	23.362	1.787



변수명	Phenotype	SNP	p-value
B6	삼겹살/정육량 비율 (%)	Lpin	0.030098623

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.03009862	BB+AB	86	23.919	1.926
		AA	116	23.267	2.214
Recessive	0.89048817	BB	1	23.253	2.121
		AA+AB	201	23.546	
Codominant	0.091016814	AA	116	23.267	2.214
		AB	85	23.927	1.936
		BB	1	23.253	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B6	삼겹살/정육량 비율 (%)	U36916	0.660185017

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.66018502	GG+AG	14	23.785	1.557
		AA	188	23.527	2.154
Recessive	0.88109518	GG	1	23.228	2.121
		AA+AG	201	23.546	
Codominant	0.875053344	AA	188	23.527	2.154
		AG	13	23.828	1.612
		GG	1	23.228	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B6	삼겹살/정육량 비율 (%)	X78201	0.247122303

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.2471223	GG+AG	16	22.956	1.396
		AA	186	23.595	2.162
Recessive		GG			
		AA+AG	202	23.545	2.116
Codominant	0.247122303	AA	186	23.595	2.162
		AG	16	22.956	1.396
		GG			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B7	갈비살/정육량 비율 (%)	AJ301424	0.626928538

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.62692854	GG+CG	122	5.601	0.564
		CC	80	5.658	0.373
Recessive	0.72194939	GG	9	5.680	0.379
		CC+CG	193	5.621	0.502
Codominant	0.642898982	CC	80	5.658	0.373
		CG	113	5.594	0.577
		GG	9	5.680	0.379

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B7	갈비살/정육량 비율 (%)	AY705916	0.163909022

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.16390902	TT+TC	18	5.487	0.401
		CC	184	5.637	0.504
Recessive		TT			
		CC+TC	202	5.623	0.497
Codominant	0.222770745	CC	184	5.637	0.504
		TC	18	5.487	0.401
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B7	갈비살/정육량 비율 (%)	Chr13_22924695	0.015137069

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.01513707	CC+AC	103	5.574	0.411
		AA	91	5.678	0.590
Recessive	0.02559255	CC	18	5.442	0.262
		AA+AC	176	5.641	0.520
Codominant	0.16816036	AA	91	5.678	0.590
		AC	85	5.601	0.432
		CC	18	5.442	0.262

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B7	갈비살/정육량 비율 (%)	Chr5_80808752	0.066857534

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.06685753	GG+GT	109	5.560	0.567
		TT	81	5.707	0.406
Recessive	0.6813449	GG	30	5.635	0.449
		TT+GT	160	5.620	0.520
Codominant	0.089586736	TT	81	5.707	0.406
		GT	79	5.531	0.606
		GG	30	5.635	0.449

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B7	갈비살/정육량 비율 (%)	Chr7_22112616	0.638391273

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.63839127	TT+CT	40	5.619	0.399
		CC	148	5.604	0.529
Recessive		TT			
		CC+CT	188	5.607	0.503
Codominant	0.868901885	CC	148	5.604	0.529
		CT	40	5.619	0.399
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B7	갈비살/정육량 비율 (%)	CSRP3	0.15693405

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.15693405	BB+AB	82	5.688	0.429
		AA	120	5.579	0.536
Recessive	0.22834471	BB	5	5.814	0.210
		AA+AB	197	5.618	0.501
Codominant	0.26443141	AA	120	5.579	0.536
		AB	77	5.679	0.439
		BB	5	5.814	0.210

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B7	갈비살/정육량 비율 (%)	CYP21A2	0.000479043

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.00047904	AA+AB	122	5.690	0.540
		BB	80	5.522	0.406
Recessive	0.00699038	AA	44	5.708	0.724
		BB+AB	158	5.600	0.412
Codominant	0.059243584	BB	80	5.522	0.406
		AB	78	5.680	0.406
		AA	44	5.708	0.724

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B7	갈비살/정육량 비율 (%)	D89502	0.663510143

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.89587732	GG+AG	27	5.542	0.921
		AA	175	5.636	0.397
Recessive	0.77512283	GG	2	5.564	0.156
		AA+AG	200	5.624	0.499
Codominant	0.663510143	AA	175	5.636	0.397
		AG	25	5.541	0.958
		GG	2	5.564	0.156

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B7	갈비살/정육량 비율 (%)	DQ660373	0.093794837

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.45710324	CC+GC	132	5.598	0.538
		GG	70	5.672	0.406
Recessive	0.09379484	CC	10	5.467	0.566
		GG+GC	192	5.631	0.493
Codominant	0.416397411	GG	70	5.672	0.406
		GC	122	5.608	0.537
		CC	10	5.467	0.566

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B7	갈비살/정육량 비율 (%)	EF683117	0.12396992

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.12396992	AA+CA	75	5.584	0.389
		CC	127	5.646	0.551
Recessive	0.1264198	AA	14	5.469	0.330
		CC+CA	188	5.635	0.506
Codominant	0.437272412	CC	127	5.646	0.551
		CA	61	5.611	0.399
		AA	14	5.469	0.330

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B7	갈비살/정육량 비율 (%)	Fox01	0.001017567

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.00101757	AA+AB	52	5.741	0.710
		BB	150	5.582	0.393
Recessive	0.047673765	AA	202	5.623	0.497
		BB+AB	150	5.582	0.393
Codominant	0.047673765	BB	150	5.582	0.393
		AB	52	5.741	0.710
		AA			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B7	갈비살/정육량 비율 (%)	KIAA1717	0.104702631

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.10470263	BB+AB	106	5.589	0.398
		AA	95	5.652	0.585
Recessive	0.17218398	BB	22	5.533	0.308
		AA+AB	179	5.630	0.513
Codominant	0.557570127	AA	95	5.652	0.585
		AB	84	5.604	0.418
		BB	22	5.533	0.308

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B7	갈비살/정육량 비율 (%)	Lpin	0.013119933

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.01311993	BB+AB	86	5.721	0.404
		AA	116	5.551	0.546
Recessive	0.5146135	BB	1	5.440	0.498
		AA+AB	201	5.624	
Codominant	0.046520505	AA	116	5.551	0.546
		AB	85	5.724	0.405
		BB	1	5.440	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B7	갈비살/정육량 비율 (%)	U36916	0.655683864

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.67145401	GG+AG	14	5.618	0.448
		AA	188	5.624	0.501
Recessive	0.65568386	GG	1	5.776	0.498
		AA+AG	201	5.622	
Codominant	0.946738912	AA	188	5.624	0.501
		AG	13	5.606	0.464
		GG	1	5.776	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B7	갈비살/정육량 비율 (%)	X78201	0.531597274

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.96978091	GG+AG	16	5.698	0.444
		AA	186	5.617	0.502
Recessive		GG			
		AA+AG	202	5.623	0.497
Codominant	0.531597274	AA	186	5.617	0.502
		AG	16	5.698	0.444
		GG			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B8	가브리살/정육량 비율 (%)	AJ301424	0.263266687

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.48683018	GG+CG	122	0.704	0.101
		CC	80	0.714	0.103
Recessive	0.26326669	GG	9	0.671	0.071
		CC+CG	193	0.710	0.102
Codominant	0.470719095	CC	80	0.714	0.103
		CG	113	0.707	0.103
		GG	9	0.671	0.071

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B8	가브리살/정육량 비율 (%)	AY705916	0.107304283

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.10730428	TT+TC	18	0.745	0.096
		CC	184	0.705	0.101
Recessive		TT			
		CC+TC	202	0.708	0.101
Codominant	0.107304283	CC	184	0.705	0.101
		TC	18	0.745	0.096
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B8	가브리살/정육량 비율 (%)	Chr13_22924695	0.582286546

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.58228655	CC+AC	103	0.702	0.092
		AA	91	0.709	0.109
Recessive	0.85589892	CC	18	0.709	0.088
		AA+AC	176	0.705	0.101
Codominant	0.804955238	AA	91	0.709	0.109
		AC	85	0.700	0.093
		CC	18	0.709	0.088

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B8	가브리살/정육량 비율 (%)	Chr5_80808752	0.281592217

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.33799434	GG+GT	109	0.701	0.097
		TT	81	0.715	0.102
Recessive	0.4121574	GG	30	0.721	0.091
		TT+GT	160	0.705	0.101
Codominant	0.281592217	TT	81	0.715	0.102
		GT	79	0.694	0.099
		GG	30	0.721	0.091

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B8	가브리살/정육량 비율 (%)	Chr7_22112616	0.969693238

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.96969324	TT+CT	40	0.704	0.114
		CC	148	0.705	0.099
Recessive		TT			
		CC+CT	188	0.705	0.102
Codominant	0.969693238	CC	148	0.705	0.099
		CT	40	0.704	0.114
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B8	가브리살/정육량 비율 (%)	CSRP3	0.036236556

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.03623656	BB+AB	82	0.726	0.103
		AA	120	0.696	0.099
Recessive	0.32910792	BB	5	0.752	0.122
		AA+AB	197	0.707	0.101
Codominant	0.094263062	AA	120	0.696	0.099
		AB	77	0.725	0.102
		BB	5	0.752	0.122

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B8	가브리살/정육량 비율 (%)	CYP21A2	0.342491197

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.74850866	AA+AB	122	0.710	0.109
		BB	80	0.705	0.090
Recessive	0.3424912	AA	44	0.724	0.133
		BB+AB	158	0.704	0.091
Codominant	0.489928177	BB	80	0.705	0.090
		AB	78	0.702	0.092
		AA	44	0.724	0.133

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B8	가브리살/정육량 비율 (%)	D89502	0.58996279

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.58996279	GG+AG	27	0.696	0.132
		AA	175	0.710	0.096
Recessive	0.75198126	GG	2	0.686	0.092
		AA+AG	200	0.708	0.102
Codominant	0.783652772	AA	175	0.710	0.096
		AG	25	0.697	0.136
		GG	2	0.686	0.092

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B8	가브리살/정육량 비율 (%)	DQ660373	0.087251505

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.08725151	CC+GC	132	0.699	0.102
		GG	70	0.725	0.099
Recessive	0.24227048	CC	10	0.672	0.112
		GG+GC	192	0.710	0.101
Codominant	0.154705406	GG	70	0.725	0.099
		GC	122	0.702	0.101
		CC	10	0.672	0.112

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B8	가브리살/정육량 비율 (%)	EF683117	0.231276058

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.97461074	AA+CA	75	0.708	0.094
		CC	127	0.708	0.106
Recessive	0.23127606	AA	14	0.677	0.097
		CC+CA	188	0.711	0.102
Codominant	0.447851402	CC	127	0.708	0.106
		CA	61	0.715	0.093
		AA	14	0.677	0.097

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B8	가브리살/정육량 비율 (%)	Fox01	0.608661965

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.6736382	AA+AB	52	0.714	0.133
		BB	150	0.706	0.088
Recessive		AA			
		BB+AB	202	0.708	0.101
Codominant	0.608661965	BB	150	0.706	0.088
		AB	52	0.714	0.133
		AA			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B8	가브리살/정육량 비율 (%)	KIAA1717	0.733309339

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.73330934	BB+AB	106	0.706	0.090
		AA	95	0.711	0.114
Recessive	0.85238209	BB	22	0.712	0.084
		AA+AB	179	0.708	0.104
Codominant	0.895735557	AA	95	0.711	0.114
		AB	84	0.705	0.092
		BB	22	0.712	0.084

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B8	가브리살/정육량 비율 (%)	Lpin	0.04671432

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.04671432	BB+AB	86	0.725	0.103
		AA	116	0.696	0.099
Recessive	0.50131138	BB	1	0.640	0.102
		AA+AB	201	0.709	
Codominant	0.097307496	AA	116	0.696	0.099
		AB	85	0.726	0.103
		BB	1	0.640	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B8	가브리살/정육량 비율 (%)	U36916	0.248856541

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.40680478	GG+AG	14	0.686	0.112
		AA	188	0.710	0.101
Recessive	0.24885654	GG	1	0.825	0.101
		AA+AG	201	0.708	
Codominant	0.259722886	AA	188	0.710	0.101
		AG	13	0.676	0.108
		GG	1	0.825	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B8	가브리살/정육량 비율 (%)	X78201	0.898222975

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.89822298	GG+AG	16	0.711	0.081
		AA	186	0.708	0.103
Recessive		GG			
		AA+AG	202	0.708	0.101
Codominant	0.898222975	AA	186	0.708	0.103
		AG	16	0.711	0.081
		GG			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B9	갈매기살/정육량 비율 (%)	AJ301424	0.599863536

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.99774675	GG+CG	122	0.619	0.075
		CC	80	0.619	0.069
Recessive	0.59986354	GG	9	0.632	0.044
		CC+CG	193	0.619	0.074
Codominant	0.867743567	CC	80	0.619	0.069
		CG	113	0.618	0.077
		GG	9	0.632	0.044

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B9	갈매기살/정육량 비율 (%)	AY705916	0.157074581

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.15707458	TT+TC	18	0.596	0.056
		CC	184	0.622	0.074
Recessive		TT			
		CC+TC	202	0.619	0.073
Codominant	0.157074581	CC	184	0.622	0.074
		TC	18	0.596	0.056
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B9	갈매기살/정육량 비율 (%)	Chr13_22924695	0.142625858

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.96761586	CC+AC	103	0.620	0.068
		AA	91	0.621	0.078
Recessive	0.14262586	CC	18	0.596	0.055
		AA+AC	176	0.623	0.074
Codominant	0.313445103	AA	91	0.621	0.078
		AC	85	0.625	0.070
		CC	18	0.596	0.055

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B9	갈매기살/정육량 비율 (%)	Chr5_80808752	0.086969638

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.08696964	GG+GT	109	0.612	0.074
		TT	81	0.630	0.071
Recessive	0.32680507	GG	30	0.608	0.056
		TT+GT	160	0.622	0.076
Codominant	0.216513487	TT	81	0.630	0.071
		GT	79	0.613	0.080
		GG	30	0.608	0.056

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B9	갈매기살/정육량 비율 (%)	Chr7_22112616	0.756415838

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.75641584	TT+CT	40	0.614	0.066
		CC	148	0.618	0.074
Recessive	0.756415838	TT	188	0.617	0.073
		CC+CT	148	0.618	0.074
Codominant	0.756415838	CC	148	0.618	0.074
		CT	40	0.614	0.066
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B9	갈매기살/정육량 비율 (%)	CSRP3	0.446229564

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.44622956	BB+AB	82	0.624	0.063
		AA	120	0.616	0.079
Recessive	0.88161668	BB	5	0.615	0.061
		AA+AB	197	0.619	0.073
Codominant	0.733589392	AA	120	0.616	0.079
		AB	77	0.624	0.063
		BB	5	0.615	0.061

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B9	갈매기살/정육량 비율 (%)	CYP21A2	0.206679451

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.21316095	AA+AB	122	0.624	0.076
		BB	80	0.611	0.066
Recessive	0.20667945	AA	44	0.634	0.094
		BB+AB	158	0.615	0.065
Codominant	0.242206017	BB	80	0.611	0.066
		AB	78	0.619	0.064
		AA	44	0.634	0.094



변수명	Phenotype	SNP	p-value
B9	갈매기살/정육량 비율 (%)	D89502	0.138405782

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.39643683	GG+AG	27	0.604	0.107
		AA	175	0.622	0.066
Recessive	0.22476949	GG	2	0.681	0.115
		AA+AG	200	0.619	0.072
Codominant	0.138405782	AA	175	0.622	0.066
		AG	25	0.597	0.106
		GG	2	0.681	0.115

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B9	갈매기살/정육량 비율 (%)	DQ660373	0.468832324

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.46883232	CC+GC	132	0.622	0.077
		GG	70	0.614	0.064
Recessive	0.49248604	CC	10	0.604	0.063
		GG+GC	192	0.620	0.073
Codominant	0.55069792	GG	70	0.614	0.064
		GC	122	0.624	0.078
		CC	10	0.604	0.063

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B9	갈매기살/정육량 비율 (%)	EF683117	0.042716504

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.0427165	AA+CA	75	0.606	0.064
		CC	127	0.627	0.076
Recessive	0.07586509	AA	14	0.586	0.053
		CC+CA	188	0.622	0.073
Codominant	0.067520101	CC	127	0.627	0.076
		CA	61	0.610	0.066
		AA	14	0.586	0.053

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B9	갈매기살/정육량 비율 (%)	Fox01	0.025110531

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.06137789	AA+AB	52	0.639	0.092
		BB	150	0.613	0.064
Recessive		AA			
		BB+AB	202	0.619	0.073
Codominant	0.025110531	BB	150	0.613	0.064
		AB	52	0.639	0.092
		AA			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B9	갈매기살/정육량 비율 (%)	KIAA1717	0.928474441

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.92847444	BB+AB	106	0.619	0.063
		AA	95	0.619	0.083
Recessive	0.95798144	BB	22	0.618	0.062
		AA+AB	179	0.619	0.074
Codominant	0.992037142	AA	95	0.619	0.083
		AB	84	0.620	0.063
		BB	22	0.618	0.062

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B9	갈매기살/정육량 비율 (%)	Lpin	0.235949913

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.76035712	BB+AB	86	0.621	0.058
		AA	116	0.618	0.082
Recessive	0.23594991	BB	1	0.533	0.073
		AA+AB	201	0.620	
Codominant	0.46014389	AA	116	0.618	0.082
		AB	85	0.622	0.057
		BB	1	0.533	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B9	갈매기살/정육량 비율 (%)	U36916	0.574641501

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.82694334	GG+AG	14	0.623	0.077
		AA	188	0.619	0.072
Recessive	0.5746415	GG	1	0.660	0.073
		AA+AG	201	0.619	
Codominant	0.8521491	AA	188	0.619	0.072
		AG	13	0.621	0.079
		GG	1	0.660	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B9	갈매기살/정육량 비율 (%)	X78201	0.862035522

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.86203552	GG+AG	16	0.616	0.064
		AA	186	0.620	0.073
Recessive		GG			
		AA+AG	202	0.619	0.073
Codominant	0.862035522	AA	186	0.620	0.073
		AG	16	0.616	0.064
		GG			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B10	비선호합계/정육량 비율 (%)	AJ301424	0.30419361

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.30419361	GG+CG	122	59.953	3.305
		CC	80	59.460	1.788
Recessive	0.54018284	GG	9	60.189	2.048
		CC+CG	193	59.737	2.842
Codominant	0.461352892	CC	80	59.460	1.788
		CG	113	59.934	3.390
		GG	9	60.189	2.048

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B10	비선호합계/정육량 비율 (%)	AY705916	0.035202568

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.03520257	TT+TC	18	58.753	1.656
		CC	184	59.856	2.881
Recessive		TT			
		CC+TC	202	59.757	2.809
Codominant	0.112075613	CC	184	59.856	2.881
		TC	18	58.753	1.656
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B10	비선호합계/정육량 비율 (%)	Chr13_22924695	0.020679882

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.02067988	CC+AC	103	59.870	1.859
		AA	91	59.617	3.688
Recessive	0.65462287	CC	18	59.773	1.558
		AA+AC	176	59.749	2.965
Codominant	0.819455037	AA	91	59.617	3.688
		AC	85	59.890	1.925
		CC	18	59.773	1.558

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B10	비선호합계/정육량 비율 (%)	Chr5_80808752	0.349540365

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.50143647	GG+GT	109	59.898	3.277
		TT	81	59.426	2.154
Recessive	0.86355627	GG	30	59.490	1.779
		TT+GT	160	59.736	3.018
Codominant	0.349540365	TT	81	59.426	2.154
		GT	79	60.053	3.688
		GG	30	59.490	1.779

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B10	비선호합계/정육량 비율 (%)	Chr7_22112616	0.454269533

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.45426953	TT+CT	40	59.793	1.642
		CC	148	59.772	3.085
Recessive	0.966061326	TT	188	59.776	2.836
		CC+CT	148	59.772	3.085
Codominant	0.966061326	CC	148	59.772	3.085
		CT	40	59.793	1.642
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B10	비선호합계/정육량 비율 (%)	CSRP3	0.352289163

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.35228916	BB+AB	82	59.468	1.926
		AA	120	59.955	3.272
Recessive	0.39844292	BB	5	60.280	1.005
		AA+AB	197	59.744	2.840
Codominant	0.386419898	AA	120	59.955	3.272
		AB	77	59.415	1.963
		BB	5	60.280	1.005

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B10	비선호합계/정육량 비율 (%)	CYP21A2	0.219036349

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.49932388	AA+AB	122	59.775	3.353
		BB	80	59.731	1.689
Recessive	0.21903635	AA	44	59.901	4.735
		BB+AB	158	59.717	1.988
Codominant	0.927556239	BB	80	59.731	1.689
		AB	78	59.703	2.266
		AA	44	59.901	4.735

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B10	비선호합계/정육량 비율 (%)	D89502	0.035217574

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.22235737	GG+AG	27	60.994	5.548
		AA	175	59.567	2.059
Recessive	0.8031979	GG	2	59.503	1.245
		AA+AG	200	59.760	2.821
Codominant	0.035217574	AA	175	59.567	2.059
		AG	25	61.113	5.752
		GG	2	59.503	1.245

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B10	비선호합계/정육량 비율 (%)	DQ660373	0.006522243

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.00652224	CC+GC	132	60.152	3.104
		GG	70	59.014	1.959
Recessive	0.04606894	CC	10	60.930	1.901
		GG+GC	192	59.696	2.839
Codominant	0.014749875	GG	70	59.014	1.959
		GC	122	60.088	3.179
		CC	10	60.930	1.901

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B10	비선호합계/정육량 비율 (%)	EF683117	0.062053214

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.06205321	AA+CA	75	59.964	1.927
		CC	127	59.635	3.219
Recessive	0.10867012	AA	14	60.376	2.079
		CC+CA	188	59.711	2.855
Codominant	0.604252146	CC	127	59.635	3.219
		CA	61	59.869	1.896
		AA	14	60.376	2.079

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B10	비선호합계/정육량 비율 (%)	Fox01	0.134596877

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.13459688	AA+AB	52	59.872	4.568
		BB	150	59.718	1.869
Recessive	0.734149163	AA	202	59.757	2.809
		BB+AB	202	59.757	2.809
Codominant	0.734149163	BB	150	59.718	1.869
		AB	52	59.872	4.568
		AA	202	59.757	2.809

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B10	비선호합계/정육량 비율 (%)	KIAA1717	0.147391381

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.14739138	BB+AB	106	59.785	1.894
		AA	95	59.727	3.586
Recessive	0.41804938	BB	22	59.867	1.830
		AA+AB	179	59.744	2.918
Codominant	0.977845925	AA	95	59.727	3.586
		AB	84	59.764	1.921
		BB	22	59.867	1.830

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B10	비선호합계/정육량 비율 (%)	Lpin	0.00296835

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.00296835	BB+AB	86	59.174	1.948
		AA	116	60.190	3.247
Recessive	0.47136026	BB	1	60.729	
		AA+AB	201	59.753	2.815
Codominant	0.033172628	AA	116	60.190	3.247
		AB	85	59.156	1.952
		BB	1	60.729	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B10	비선호합계/정육량 비율 (%)	U36916	0.796188349

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.79618835	GG+AG	14	59.486	1.648
		AA	188	59.778	2.879
Recessive	0.91804601	GG	1	59.548	
		AA+AG	201	59.758	2.816
Codominant	0.932425063	AA	188	59.778	2.879
		AG	13	59.481	1.715
		GG	1	59.548	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B10	비선호합계/정육량 비율 (%)	X78201	0.25855773

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.25855773	GG+AG	16	60.118	1.489
		AA	186	59.726	2.895
Recessive		GG			
		AA+AG	202	59.757	2.809
Codominant	0.594240341	AA	186	59.726	2.895
		AG	16	60.118	1.489
		GG			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B11	선호합계/정육량 비율 (%)	AJ301424	0.30419361

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.30419361	GG+CG	122	40.047	3.305
		CC	80	40.540	1.788
Recessive	0.54018284	GG	9	39.811	2.048
		CC+CG	193	40.263	2.842
Codominant	0.461352892	CC	80	40.540	1.788
		CG	113	40.066	3.390
		GG	9	39.811	2.048

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B11	선호합계/정육량 비율 (%)	AY705916	0.035202568

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.03520257	TT+TC	18	41.247	1.656
		CC	184	40.144	2.881
Recessive		TT			
		CC+TC	202	40.243	2.809
Codominant	0.112075613	CC	184	40.144	2.881
		TC	18	41.247	1.656
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B11	선호합계/정육량 비율 (%)	Chr13_22924695	0.020679882

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.02067988	CC+AC	103	40.130	1.859
		AA	91	40.383	3.688
Recessive	0.65462287	CC	18	40.227	1.558
		AA+AC	176	40.251	2.965
Codominant	0.819455037	AA	91	40.383	3.688
		AC	85	40.110	1.925
		CC	18	40.227	1.558

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B11	선호합계/정육량 비율 (%)	Chr5_80808752	0.349540365

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.50143647	GG+GT	109	40.102	3.277
		TT	81	40.574	2.154
Recessive	0.86355627	GG	30	40.510	1.779
		TT+GT	160	40.264	3.018
Codominant	0.349540365	TT	81	40.574	2.154
		GT	79	39.947	3.688
		GG	30	40.510	1.779

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B11	선호합계/정육량 비율 (%)	Chr7_22112616	0.454269533

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.45426953	TT+CT	40	40.207	1.642
		CC	148	40.228	3.085
Recessive		TT			
		CC+CT	188	40.224	2.836
Codominant	0.966061326	CC	148	40.228	3.085
		CT	40	40.207	1.642
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B11	선호합계/정육량 비율 (%)	CSRP3	0.352289163

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.35228916	BB+AB	82	40.532	1.926
		AA	120	40.045	3.272
Recessive	0.39844292	BB	5	39.720	1.005
		AA+AB	197	40.256	2.840
Codominant	0.386419898	AA	120	40.045	3.272
		AB	77	40.585	1.963
		BB	5	39.720	1.005

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B11	선호합계/정육량 비율 (%)	CYP21A2	0.219036349

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.49932388	AA+AB	122	40.225	3.353
		BB	80	40.269	1.689
Recessive	0.21903635	AA	44	40.099	4.735
		BB+AB	158	40.283	1.988
Codominant	0.927556239	BB	80	40.269	1.689
		AB	78	40.297	2.266
		AA	44	40.099	4.735

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B11	선호합계/정육량 비율 (%)	D89502	0.035217574

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.22235737	GG+AG	27	39.006	5.548
		AA	175	40.433	2.059
Recessive	0.8031979	GG	2	40.497	1.245
		AA+AG	200	40.240	2.821
Codominant	0.035217574	AA	175	40.433	2.059
		AG	25	38.887	5.752
		GG	2	40.497	1.245

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B11	선호합계/정육량 비율 (%)	DQ660373	0.006522243

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.00652224	CC+GC	132	39.848	3.104
		GG	70	40.986	1.959
Recessive	0.04606894	CC	10	39.070	1.901
		GG+GC	192	40.304	2.839
Codominant	0.014749875	GG	70	40.986	1.959
		GC	122	39.912	3.179
		CC	10	39.070	1.901

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B11	선호합계/정육량 비율 (%)	EF683117	0.062053214

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.06205321	AA+CA	75	40.036	1.927
		CC	127	40.365	3.219
Recessive	0.10867012	AA	14	39.624	2.079
		CC+CA	188	40.289	2.855
Codominant	0.604252146	CC	127	40.365	3.219
		CA	61	40.131	1.896
		AA	14	39.624	2.079

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B11	선호합계/정육량 비율 (%)	Fox01	0.134596877

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.13459688	AA+AB	52	40.128	4.568
		BB	150	40.282	1.869
Recessive	0.734149163	AA	202	40.243	2.809
		BB+AB	150	40.282	1.869
Codominant	0.734149163	BB	150	40.282	1.869
		AB	52	40.128	4.568
		AA			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B11	선호합계/정육량 비율 (%)	KIAA1717	0.147391381

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.14739138	BB+AB	106	40.215	1.894
		AA	95	40.273	3.586
Recessive	0.41804938	BB	22	40.133	1.830
		AA+AB	179	40.256	2.918
Codominant	0.977845925	AA	95	40.273	3.586
		AB	84	40.236	1.921
		BB	22	40.133	1.830

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B11	선호합계/정육량 비율 (%)	Lpin	0.00296835

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.00296835	BB+AB	86	40.826	1.948
		AA	116	39.810	3.247
Recessive	0.47136026	BB	1	39.271	
		AA+AB	201	40.247	2.815
Codominant	0.033172628	AA	116	39.810	3.247
		AB	85	40.844	1.952
		BB	1	39.271	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B11	선호합계/정육량 비율 (%)	U36916	0.796188349

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.79618835	GG+AG	14	40.514	1.648
		AA	188	40.222	2.879
Recessive	0.91804601	GG	1	40.453	
		AA+AG	201	40.242	2.816
Codominant	0.932425063	AA	188	40.222	2.879
		AG	13	40.519	1.715
		GG	1	40.453	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
B11	선호합계/정육량 비율 (%)	X78201	0.25855773

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.25855773	GG+AG	16	39.882	1.489
		AA	186	40.274	2.895
Recessive		GG			
		AA+AG	202	40.243	2.809
Codominant	0.594240341	AA	186	40.274	2.895
		AG	16	39.882	1.489
		GG			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C1	전지/도체중 비율 (%)	AJ301424	0.488446397

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.4884464	GG+CG	122	9.905	0.760
		CC	80	9.782	0.838
Recessive	0.85648978	GG	9	9.847	0.564
		CC+CG	193	9.857	0.802
Codominant	0.543491847	CC	80	9.782	0.838
		CG	113	9.910	0.775
		GG	9	9.847	0.564

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C1	전지/도체중 비율 (%)	AY705916	0.778753452

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.77875345	TT+TC	18	9.860	0.963
		CC	184	9.856	0.776
Recessive		TT			
		CC+TC	202	9.857	0.792
Codominant	0.983486312	CC	184	9.856	0.776
		TC	18	9.860	0.963
		TT			



변수명	Phenotype	SNP	p-value
C1	전지/도체중 비율 (%)	Chr13_22924695	0.240063973

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.24006397	CC+AC	103	9.904	0.829
		AA	91	9.769	0.751
Recessive	0.39375384	CC	18	9.751	0.894
		AA+AC	176	9.850	0.786
Codominant	0.332724392	AA	91	9.769	0.751
		AC	85	9.936	0.817
		CC	18	9.751	0.894

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C1	전지/도체중 비율 (%)	Chr5_80808752	0.217630151

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.36724562	GG+GT	109	9.926	0.764
		TT	81	9.771	0.845
Recessive	0.36287722	GG	30	9.783	0.571
		TT+GT	160	9.874	0.838
Codominant	0.217630151	TT	81	9.771	0.845
		GT	79	9.980	0.822
		GG	30	9.783	0.571

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C1	전지/도체중 비율 (%)	Chr7_22112616	0.363462414

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.36346241	TT+CT	40	9.946	0.782
		CC	148	9.833	0.806
Recessive		TT			
		CC+CT	188	9.857	0.801
Codominant	0.430621117	CC	148	9.833	0.806
		CT	40	9.946	0.782
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C1	전지/도체중 비율 (%)	CSRP3	0.438623372

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.43862337	BB+AB	82	9.816	0.899
		AA	120	9.884	0.713
Recessive	0.5983425	BB	5	10.003	0.779
		AA+AB	197	9.853	0.794
Codominant	0.720247826	AA	120	9.884	0.713
		AB	77	9.804	0.909
		BB	5	10.003	0.779

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C1	전지/도체중 비율 (%)	CYP21A2	0.462571204

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.4625712	AA+AB	122	9.868	0.730
		BB	80	9.839	0.883
Recessive	0.79523065	AA	44	9.833	0.740
		BB+AB	158	9.863	0.808
Codominant	0.907967843	BB	80	9.839	0.883
		AB	78	9.887	0.728
		AA	44	9.833	0.740

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C1	전지/도체중 비율 (%)	D89502	0.301687715

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.30168771	GG+AG	27	10.000	0.927
		AA	175	9.834	0.770
Recessive	0.91770001	GG	2	9.956	0.487
		AA+AG	200	9.856	0.795
Codominant	0.601743049	AA	175	9.834	0.770
		AG	25	10.003	0.960
		GG	2	9.956	0.487

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C1	전지/도체중 비율 (%)	DQ660373	0.128477572

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.12847757	CC+GC	132	9.927	0.783
		GG	70	9.723	0.798
Recessive	0.91823978	CC	10	9.923	0.702
		GG+GC	192	9.853	0.798
Codominant	0.221130025	GG	70	9.723	0.798
		GC	122	9.927	0.792
		CC	10	9.923	0.702

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C1	전지/도체중 비율 (%)	EF683117	0.185306693

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.33437233	AA+CA	75	9.958	0.730
		CC	127	9.797	0.824
Recessive	0.18530669	AA	14	10.109	0.604
		CC+CA	188	9.838	0.802
Codominant	0.277640694	CC	127	9.797	0.824
		CA	61	9.923	0.756
		AA	14	10.109	0.604

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C1	전지/도체중 비율 (%)	Fox01	0.291183242

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.5659768	AA+AB	52	9.756	0.775
		BB	150	9.891	0.797
Recessive	0.291183242	AA	202	9.857	0.792
		BB+AB	150	9.891	0.797
Codominant	0.291183242	BB	150	9.891	0.797
		AB	52	9.756	0.775
		AA			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C1	전지/도체중 비율 (%)	KIAA1717	0.582604802

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.83359312	BB+AB	106	9.854	0.783
		AA	95	9.857	0.810
Recessive	0.5826048	BB	22	9.926	0.772
		AA+AB	179	9.847	0.798
Codominant	0.89390288	AA	95	9.857	0.810
		AB	84	9.835	0.789
		BB	22	9.926	0.772

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C1	전지/도체중 비율 (%)	Lpin	0.11462749

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.56893948	BB+AB	86	9.790	0.867
		AA	116	9.906	0.732
Recessive	0.11462749	BB	1	11.021	
		AA+AB	201	9.851	0.790
Codominant	0.1754507	AA	116	9.906	0.732
		AB	85	9.776	0.862
		BB	1	11.021	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C1	전지/도체중 비율 (%)	U36916	0.270526208

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.27052621	GG+AG	14	10.083	1.088
		AA	188	9.840	0.767
Recessive	0.85037364	GG	1	10.019	
		AA+AG	201	9.856	0.794
Codominant	0.540079941	AA	188	9.840	0.767
		AG	13	10.088	1.133
		GG	1	10.019	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C1	전지/도체중 비율 (%)	X78201	0.309806097

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.34587493	GG+AG	16	10.050	0.719
		AA	186	9.840	0.798
Recessive		GG			
		AA+AG	202	9.857	0.792
Codominant	0.309806097	AA	186	9.840	0.798
		AG	16	10.050	0.719
		GG			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C2	후지/도체중 비율 (%)	AJ301424	0.288358107

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.9342931	GG+CG	122	17.773	12.158
		CC	80	16.696	1.492
Recessive	0.28835811	GG	9	17.485	2.156
		CC+CG	193	17.340	9.704
Codominant	0.731417704	CC	80	16.696	1.492
		CG	113	17.796	12.624
		GG	9	17.485	2.156

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C2	후지/도체중 비율 (%)	AY705916	0.025844654

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.02584465	TT+TC	18	15.914	1.209
		CC	184	17.486	9.932
Recessive		TT			
		CC+TC	202	17.346	9.494
Codominant	0.504008666	CC	184	17.486	9.932
		TC	18	15.914	1.209
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C2	후지/도체중 비율 (%)	Chr13_22924695	0.074733427

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.07473343	CC+AC	103	16.895	1.624
		AA	91	17.902	14.061
Recessive	0.30135519	CC	18	16.927	1.486
		AA+AC	176	17.412	10.162
Codominant	0.772073283	AA	91	17.902	14.061
		AC	85	16.888	1.661
		CC	18	16.927	1.486

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C2	후지/도체중 비율 (%)	Chr5_80808752	0.453500733

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.45350073	GG+GT	109	17.905	12.784
		TT	81	16.515	1.952
Recessive	0.59860979	GG	30	16.750	1.620
		TT+GT	160	17.418	10.628
Codominant	0.46999644	TT	81	16.515	1.952
		GT	79	18.344	14.987
		GG	30	16.750	1.620

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C2	후지/도체중 비율 (%)	Chr7_22112616	0.438625905

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.43862591	TT+CT	40	16.871	1.527
		CC	148	17.554	11.044
Recessive		TT			
		CC+CT	188	17.409	9.821
Codominant	0.697336536	CC	148	17.554	11.044
		CT	40	16.871	1.527
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C2	후지/도체중 비율 (%)	CSRP3	0.094264775

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.23213871	BB+AB	82	16.617	1.770
		AA	120	17.844	12.227
Recessive	0.09426478	BB	5	17.667	0.958
		AA+AB	197	17.338	9.614
Codominant	0.646770849	AA	120	17.844	12.227
		AB	77	16.549	1.793
		BB	5	17.667	0.958

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C2	후지/도체중 비율 (%)	CYP21A2	0.186573706

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.95584107	AA+AB	122	17.769	12.141
		BB	80	16.701	1.695
Recessive	0.99883668	AA	44	19.668	20.036
		BB+AB	158	16.700	1.878
Codominant	0.186573706	BB	80	16.701	1.695
		AB	78	16.698	2.060
		AA	44	19.668	20.036

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C2	후지/도체중 비율 (%)	D89502	0.025113293

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.24598605	GG+AG	27	21.786	25.454
		AA	175	16.661	1.945
Recessive	0.41189027	GG	2	17.261	0.452
		AA+AG	200	17.347	9.542
Codominant	0.025113293	AA	175	16.661	1.945
		AG	25	22.148	26.459
		GG	2	17.261	0.452

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C2	후지/도체중 비율 (%)	DQ660373	0.003484659

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.02267105	CC+GC	132	17.922	11.663
		GG	70	16.261	1.587
Recessive	0.00348466	CC	10	18.684	2.460
		GG+GC	192	17.276	9.720
Codominant	0.481938229	GG	70	16.261	1.587
		GC	122	17.859	12.114
		CC	10	18.684	2.460

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C2	후지/도체중 비율 (%)	EF683117	0.186884655

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.68835773	AA+CA	75	16.901	2.055
		CC	127	17.609	11.880
Recessive	0.18688466	AA	14	17.327	1.582
		CC+CA	188	17.348	9.835
Codominant	0.863331597	CC	127	17.609	11.880
		CA	61	16.803	2.148
		AA	14	17.327	1.582

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C2	후지/도체중 비율 (%)	Fox01	0.132634176

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.55485288	AA+AB	52	19.054	18.470
		BB	150	16.754	1.863
Recessive	0.132634176	AA	202	17.346	9.494
		BB+AB	150	16.754	1.863
Codominant	0.132634176	BB	150	16.754	1.863
		AB	52	19.054	18.470
		AA			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C2	후지/도체중 비율 (%)	KIAA1717	0.664935438

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.98837277	BB+AB	106	16.777	1.856
		AA	95	17.996	13.715
Recessive	0.8780692	BB	22	16.748	1.179
		AA+AB	179	17.428	10.078
Codominant	0.664935438	AA	95	17.996	13.715
		AB	84	16.784	2.002
		BB	22	16.748	1.179

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C2	후지/도체중 비율 (%)	Lpin	0.011472582

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.01147258	BB+AB	86	16.367	1.705
		AA	116	18.072	12.416
Recessive	0.54835749	BB	1	17.368	
		AA+AB	201	17.346	9.518
Codominant	0.450594135	AA	116	18.072	12.416
		AB	85	16.355	1.712
		BB	1	17.368	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C2	후지/도체중 비율 (%)	U36916	0.295513346

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.69931881	GG+AG	14	16.468	1.356
		AA	188	17.411	9.834
Recessive	0.29551335	GG	1	15.442	
		AA+AG	201	17.356	9.517
Codominant	0.932478303	AA	188	17.411	9.834
		AG	13	16.547	1.377
		GG	1	15.442	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C2	후지/도체중 비율 (%)	X78201	0.275847294

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.27584729	GG+AG	16	17.204	2.004
		AA	186	17.358	9.880
Recessive		GG			
		AA+AG	202	17.346	9.494
Codominant	0.950437799	AA	186	17.358	9.880
		AG	16	17.204	2.004
		GG			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C3	안심/도체중 비율 (%)	AJ301424	0.731467496

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.80274413	GG+CG	122	1.280	0.616
		CC	80	1.229	0.119
Recessive	0.88634824	GG	9	1.229	0.083
		CC+CG	193	1.261	0.496
Codominant	0.731467496	CC	80	1.229	0.119
		CG	113	1.284	0.640
		GG	9	1.229	0.083

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C3	안심/도체중 비율 (%)	AY705916	0.014271459

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.01427146	TT+TC	18	1.162	0.094
		CC	184	1.269	0.506
Recessive		TT			
		CC+TC	202	1.259	0.485
Codominant	0.373415136	CC	184	1.269	0.506
		TC	18	1.162	0.094
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C3	안심/도체중 비율 (%)	Chr13_22924695	0.201973087

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.48984627	CC+AC	103	1.223	0.105
		AA	91	1.306	0.712
Recessive	0.20197309	CC	18	1.197	0.097
		AA+AC	176	1.269	0.518
Codominant	0.48681299	AA	91	1.306	0.712
		AC	85	1.228	0.107
		CC	18	1.197	0.097

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C3	안심/도체중 비율 (%)	Chr5_80808752	0.47395173

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.58722695	GG+GT	109	1.292	0.649
		TT	81	1.223	0.128
Recessive	0.99134015	GG	30	1.231	0.097
		TT+GT	160	1.269	0.542
Codominant	0.47395173	TT	81	1.223	0.128
		GT	79	1.315	0.761
		GG	30	1.231	0.097

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C3	안심/도체중 비율 (%)	Chr7_22112616	0.180424042

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.18042404	TT+CT	40	1.254	0.121
		CC	148	1.263	0.562
Recessive	0.917536831	TT	188	1.261	0.501
		CC+CT	148	1.263	0.562
Codominant	0.917536831	CC	148	1.263	0.562
		CT	40	1.254	0.121
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C3	안심/도체중 비율 (%)	CSRP3	0.753741789

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.82922875	BB+AB	82	1.229	0.125
		AA	120	1.280	0.620
Recessive	0.83734315	BB	5	1.264	0.151
		AA+AB	197	1.259	0.490
Codominant	0.753741789	AA	120	1.280	0.620
		AB	77	1.227	0.124
		BB	5	1.264	0.151

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C3	안심/도체중 비율 (%)	CYP21A2	0.018572567

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.01857257	AA+AB	122	1.297	0.615
		BB	80	1.203	0.117
Recessive	0.78064341	AA	44	1.234	0.107
		BB+AB	158	1.267	0.545
Codominant	0.226291146	BB	80	1.203	0.117
		AB	78	1.332	0.764
		AA	44	1.234	0.107

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C3	안심/도체중 비율 (%)	D89502	0.881902714

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.88190271	GG+AG	27	1.225	0.132
		AA	175	1.265	0.518
Recessive	0.96606142	GG	2	1.224	0.261
		AA+AG	200	1.260	0.487
Codominant	0.924780508	AA	175	1.265	0.518
		AG	25	1.225	0.127
		GG	2	1.224	0.261

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C3	안심/도체중 비율 (%)	DQ660373	0.072318164

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.07231816	CC+GC	132	1.289	0.593
		GG	70	1.204	0.109
Recessive	0.44054238	CC	10	1.249	0.060
		GG+GC	192	1.260	0.497
Codominant	0.48402973	GG	70	1.204	0.109
		GC	122	1.292	0.617
		CC	10	1.249	0.060

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C3	안심/도체중 비율 (%)	EF683117	0.550415755

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.77641009	AA+CA	75	1.231	0.111
		CC	127	1.276	0.605
Recessive	0.55041575	AA	14	1.210	0.078
		CC+CA	188	1.263	0.502
Codominant	0.800660951	CC	127	1.276	0.605
		CA	61	1.236	0.117
		AA	14	1.210	0.078

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C3	안심/도체중 비율 (%)	Fox01	0.033105897

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.04000424	AA+AB	52	1.383	0.931
		BB	150	1.217	0.113
Recessive	0.033105897	AA	202	1.259	0.485
		BB+AB	150	1.217	0.113
Codominant	0.033105897	BB	150	1.217	0.113
		AB	52	1.383	0.931
		AA			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C3	안심/도체중 비율 (%)	KIAA1717	0.28520385

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.28520385	BB+AB	106	1.238	0.115
		AA	95	1.284	0.697
Recessive	0.38641591	BB	22	1.258	0.117
		AA+AB	179	1.260	0.513
Codominant	0.778836195	AA	95	1.284	0.697
		AB	84	1.233	0.115
		BB	22	1.258	0.117



변수명	Phenotype	SNP	p-value
C3	안심/도체중 비율 (%)	Lpin	0.354411297

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.92629907	BB+AB	86	1.224	0.129
		AA	116	1.286	0.630
Recessive	0.3544113	BB	1	1.137	0.486
		AA+AB	201	1.260	
Codominant	0.665209688	AA	116	1.286	0.630
		AB	85	1.225	0.129
		BB	1	1.137	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C3	안심/도체중 비율 (%)	U36916	0.460864839

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.97542529	GG+AG	14	1.214	0.123
		AA	188	1.263	0.501
Recessive	0.46086484	GG	1	1.291	0.486
		AA+AG	201	1.259	
Codominant	0.923418739	AA	188	1.263	0.501
		AG	13	1.208	0.126
		GG	1	1.291	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C3	안심/도체중 비율 (%)	X78201	0.171929218

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.17192922	GG+AG	16	1.261	0.081
		AA	186	1.259	0.505
Recessive		GG			
		AA+AG	202	1.259	0.485
Codominant	0.99171142	AA	186	1.259	0.505
		AG	16	1.261	0.081
		GG			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C4	등심/도체중 비율 (%)	AJ301424	0.620793386

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.62079339	GG+CG	122	6.551	0.644
		CC	80	6.508	0.571
Recessive	0.88082107	GG	9	6.564	0.620
		CC+CG	193	6.533	0.617
Codominant	0.883253519	CC	80	6.508	0.571
		CG	113	6.550	0.649
		GG	9	6.564	0.620

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C4	등심/도체중 비율 (%)	AY705916	0.200829319

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.20082932	TT+TC	18	6.357	0.528
		CC	184	6.551	0.622
Recessive		TT			
		CC+TC	202	6.534	0.615
Codominant	0.200829319	CC	184	6.551	0.622
		TC	18	6.357	0.528
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C4	등심/도체중 비율 (%)	Chr13_22924695	0.334631341

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.70252274	CC+AC	103	6.551	0.643
		AA	91	6.517	0.610
Recessive	0.33463134	CC	18	6.671	0.571
		AA+AC	176	6.521	0.631
Codominant	0.625684448	AA	91	6.517	0.610
		AC	85	6.526	0.657
		CC	18	6.671	0.571

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C4	등심/도체중 비율 (%)	Chr5_80808752	0.043942171

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.04394217	GG+GT	109	6.604	0.556
		TT	81	6.423	0.670
Recessive	0.40066353	GG	30	6.613	0.495
		TT+GT	160	6.510	0.632
Codominant	0.131474889	TT	81	6.423	0.670
		GT	79	6.600	0.580
		GG	30	6.613	0.495

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C4	등심/도체중 비율 (%)	Chr7_22112616	0.013058501

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.0130585	TT+CT	40	6.743	0.565
		CC	148	6.480	0.597
Recessive		TT			
		CC+CT	188	6.536	0.599
Codominant	0.013058501	CC	148	6.480	0.597
		CT	40	6.743	0.565
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C4	등심/도체중 비율 (%)	CSRP3	0.332713609

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.33271361	BB+AB	82	6.585	0.606
		AA	120	6.499	0.622
Recessive	0.35600683	BB	5	6.786	0.387
		AA+AB	197	6.528	0.619
Codominant	0.472393079	AA	120	6.499	0.622
		AB	77	6.572	0.617
		BB	5	6.786	0.387

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C4	등심/도체중 비율 (%)	CYP21A2	0.124160339

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.52517051	AA+AB	122	6.512	0.623
		BB	80	6.568	0.606
Recessive	0.12416034	AA	44	6.408	0.573
		BB+AB	158	6.569	0.624
Codominant	0.307494522	BB	80	6.568	0.606
		AB	78	6.570	0.645
		AA	44	6.408	0.573

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C4	등심/도체중 비율 (%)	D89502	0.363733372

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.3783219	GG+AG	27	6.631	0.646
		AA	175	6.519	0.611
Recessive	0.36373337	GG	2	6.928	0.558
		AA+AG	200	6.530	0.616
Codominant	0.528685704	AA	175	6.519	0.611
		AG	25	6.608	0.657
		GG	2	6.928	0.558

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C4	등심/도체중 비율 (%)	DQ660373	0.031125028

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.03112503	CC+GC	132	6.602	0.616
		GG	70	6.406	0.597
Recessive	0.84267697	CC	10	6.572	0.459
		GG+GC	192	6.532	0.623
Codominant	0.097272313	GG	70	6.406	0.597
		GC	122	6.604	0.629
		CC	10	6.572	0.459

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C4	등심/도체중 비율 (%)	EF683117	0.030843032

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.03084303	AA+CA	75	6.655	0.664
		CC	127	6.462	0.575
Recessive	0.23439829	AA	14	6.723	0.462
		CC+CA	188	6.520	0.624
Codominant	0.087998521	CC	127	6.462	0.575
		CA	61	6.640	0.705
		AA	14	6.723	0.462

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C4	등심/도체중 비율 (%)	Fox01	0.185969787

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.18596979	AA+AB	52	6.437	0.634
		BB	150	6.568	0.607
Recessive	0.185969787	AA	202	6.534	0.615
		BB+AB	150	6.568	0.607
Codominant	0.185969787	BB	150	6.568	0.607
		AB	52	6.437	0.634
		AA			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C4	등심/도체중 비율 (%)	KIAA1717	0.435109589

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.43510959	BB+AB	106	6.566	0.587
		AA	95	6.497	0.649
Recessive	0.57057911	BB	22	6.604	0.575
		AA+AB	179	6.525	0.623
Codominant	0.699633837	AA	95	6.497	0.649
		AB	84	6.556	0.593
		BB	22	6.604	0.575

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C4	등심/도체중 비율 (%)	Lpin	0.266123623

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.26612362	BB+AB	86	6.478	0.607
		AA	116	6.576	0.620
Recessive	0.86792127	BB	1	6.432	0.617
		AA+AB	201	6.535	
Codominant	0.538146251	AA	116	6.576	0.620
		AB	85	6.479	0.611
		BB	1	6.432	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C4	등심/도체중 비율 (%)	U36916	0.521168699

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.5211687	GG+AG	14	6.432	0.610
		AA	188	6.542	0.617
Recessive	0.64942364	GG	1	6.814	0.616
		AA+AG	201	6.533	
Codominant	0.662671731	AA	188	6.542	0.617
		AG	13	6.403	0.624
		GG	1	6.814	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C4	등심/도체중 비율 (%)	X78201	0.080662906

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.08066291	GG+AG	16	6.792	0.448
		AA	186	6.512	0.623
Recessive		GG			0.615
		AA+AG	202	6.534	
Codominant	0.080662906	AA	186	6.512	0.623
		AG	16	6.792	0.448
		GG			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C5	목살/도체중 비율 (%)	AJ301424	0.419715367

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.55046455	GG+CG	122	5.634	0.359
		CC	80	5.604	0.317
Recessive	0.41971537	GG	9	5.673	0.176
		CC+CG	193	5.620	0.348
Codominant	0.78545942	CC	80	5.604	0.317
		CG	113	5.631	0.370
		GG	9	5.673	0.176

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C5	목살/도체중 비율 (%)	AY705916	0.542563506

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.54256351	TT+TC	18	5.575	0.391
		CC	184	5.627	0.338
Recessive		TT			0.342
		CC+TC	202	5.622	
Codominant	0.542563506	CC	184	5.627	0.338
		TC	18	5.575	0.391
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C5	목살/도체중 비율 (%)	Chr13_22924695	0.759794307

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.75979431	CC+AC	103	5.612	0.358
		AA	91	5.627	0.334
Recessive	0.87510678	CC	18	5.607	0.245
		AA+AC	176	5.620	0.356
Codominant	0.952222438	AA	91	5.627	0.334
		AC	85	5.613	0.379
		CC	18	5.607	0.245

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C5	목살/도체중 비율 (%)	Chr5_80808752	0.131804632

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.13180463	GG+GT	109	5.654	0.318
		TT	81	5.577	0.385
Recessive	0.27426103	GG	30	5.686	0.304
		TT+GT	160	5.609	0.357
Codominant	0.273116261	TT	81	5.577	0.385
		GT	79	5.642	0.325
		GG	30	5.686	0.304

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C5	목살/도체중 비율 (%)	Chr7_22112616	0.258393931

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.25839393	TT+CT	40	5.673	0.317
		CC	148	5.604	0.351
Recessive	0.258393931	TT	188	5.619	0.345
		CC+CT	148	5.604	0.351
Codominant	0.258393931	CT	40	5.673	0.317
		TT	148	5.604	0.351

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C5	목살/도체중 비율 (%)	CSRP3	0.183593377

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.72779257	BB+AB	82	5.612	0.338
		AA	120	5.629	0.347
Recessive	0.18359338	BB	5	5.823	0.350
		AA+AB	197	5.617	0.342
Codominant	0.342122874	AA	120	5.629	0.347
		AB	77	5.598	0.334
		BB	5	5.823	0.350

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C5	목살/도체중 비율 (%)	CYP21A2	0.320866552

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.32086655	AA+AB	122	5.642	0.313
		BB	80	5.591	0.383
Recessive	0.96783557	AA	44	5.620	0.313
		BB+AB	158	5.623	0.351
Codominant	0.507855857	BB	80	5.591	0.383
		AB	78	5.655	0.314
		AA	44	5.620	0.313

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C5	목살/도체중 비율 (%)	D89502	0.056874528

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.37271996	GG+AG	27	5.689	0.428
		AA	175	5.612	0.328
Recessive	0.05687453	GG	2	6.081	0.251
		AA+AG	200	5.617	0.341
Codominant	0.133760235	AA	175	5.612	0.328
		AG	25	5.658	0.426
		GG	2	6.081	0.251

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C5	목살/도체중 비율 (%)	DQ660373	0.512065712

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.51206571	CC+GC	132	5.634	0.347
		GG	70	5.600	0.335
Recessive	0.80473886	CC	10	5.596	0.377
		GG+GC	192	5.623	0.342
Codominant	0.756097193	GG	70	5.600	0.335
		GC	122	5.637	0.346
		CC	10	5.596	0.377

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C5	목살/도체중 비율 (%)	EF683117	0.415812684

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.41581268	AA+CA	75	5.648	0.337
		CC	127	5.607	0.346
Recessive	0.60077331	AA	14	5.652	0.209
		CC+CA	188	5.620	0.351
Codominant	0.71753634	CC	127	5.607	0.346
		CA	61	5.647	0.361
		AA	14	5.652	0.209

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C5	목살/도체중 비율 (%)	Fox01	0.902371675

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.90237167	AA+AB	52	5.617	0.358
		BB	150	5.624	0.338
Recessive	0.902371675	AA	202	5.622	0.342
		BB+AB	150	5.624	0.338
Codominant	0.902371675	BB	52	5.617	0.358
		AB	52	5.617	0.358
		AA	52	5.617	0.358

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C5	목살/도체중 비율 (%)	KIAA1717	0.185274612

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.76950849	BB+AB	106	5.614	0.320
		AA	95	5.628	0.367
Recessive	0.18527461	BB	22	5.712	0.297
		AA+AB	179	5.609	0.347
Codominant	0.307784533	AA	95	5.628	0.367
		AB	84	5.588	0.323
		BB	22	5.712	0.297

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C5	목살/도체중 비율 (%)	Lpin	0.875691198

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.91729037	BB+AB	86	5.619	0.344
		AA	116	5.624	0.343
Recessive	0.8756912	BB	1	5.568	0.343
		AA+AB	201	5.622	
Codominant	0.983766656	AA	116	5.624	0.343
		AB	85	5.620	0.346
		BB	1	5.568	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C5	목살/도체중 비율 (%)	U36916	0.925136997

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.925137	GG+AG	14	5.630	0.392
		AA	188	5.621	0.340
Recessive	0.9866515	GG	1	5.616	0.343
		AA+AG	201	5.622	
Codominant	0.994711168	AA	188	5.621	0.340
		AG	13	5.631	0.408
		GG	1	5.616	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C5	목살/도체중 비율 (%)	X78201	0.028002059

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.02800206	GG+AG	16	5.802	0.288
		AA	186	5.607	0.343
Recessive		GG			
		AA+AG	202	5.622	0.342
Codominant	0.028002059	AA	186	5.607	0.343
		AG	16	5.802	0.288
		GG			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C6	삼겹살/도체중 비율 (%)	AJ301424	0.161401326

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.16140133	GG+CG	122	13.502	0.707
		CC	80	13.655	0.831
Recessive	0.59674365	GG	9	13.431	0.943
		CC+CG	193	13.569	0.753
Codominant	0.360537094	CC	80	13.655	0.831
		CG	113	13.507	0.690
		GG	9	13.431	0.943

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C6	삼겹살/도체중 비율 (%)	AY705916	0.044430012

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.04443001	TT+TC	18	13.906	0.922
		CC	184	13.529	0.737
Recessive		TT			
		CC+TC	202	13.562	0.760
Codominant	0.044430012	CC	184	13.529	0.737
		TC	18	13.906	0.922
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C6	삼겹살/도체중 비율 (%)	Chr13_22924695	0.401084217

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.48719111	CC+AC	103	13.528	0.795
		AA	91	13.606	0.748
Recessive	0.40108422	CC	18	13.711	0.712
		AA+AC	176	13.550	0.779
Codominant	0.429187719	AA	91	13.606	0.748
		AC	85	13.490	0.810
		CC	18	13.711	0.712

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C6	삼겹살/도체중 비율 (%)	Chr5_80808752	0.133972029

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.13397203	GG+GT	109	13.656	0.736
		TT	81	13.487	0.804
Recessive	0.55246924	GG	30	13.661	0.743
		TT+GT	160	13.570	0.774
Codominant	0.326053729	TT	81	13.487	0.804
		GT	79	13.654	0.739
		GG	30	13.661	0.743

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C6	삼겹살/도체중 비율 (%)	Chr7_22112616	0.462284951

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.46228495	TT+CT	40	13.648	0.563
		CC	148	13.566	0.820
Recessive	0.550646677	TT	188	13.583	0.772
		CC+CT	148	13.566	0.820
Codominant	0.550646677	CC	148	13.566	0.820
		CT	40	13.648	0.563
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C6	삼겹살/도체중 비율 (%)	CSRP3	0.418352887

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.41835289	BB+AB	82	13.615	0.728
		AA	120	13.527	0.783
Recessive	0.72606519	BB	5	13.444	0.605
		AA+AB	197	13.565	0.765
Codominant	0.631363217	AA	120	13.527	0.783
		AB	77	13.626	0.737
		BB	5	13.444	0.605

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C6	삼겹살/도체중 비율 (%)	CYP21A2	0.293128168

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.94603348	AA+AB	122	13.560	0.817
		BB	80	13.567	0.670
Recessive	0.29312817	AA	44	13.669	0.756
		BB+AB	158	13.533	0.761
Codominant	0.489237648	BB	80	13.567	0.670
		AB	78	13.498	0.848
		AA	44	13.669	0.756



변수명	Phenotype	SNP	p-value
C6	삼겹살/도체중 비율 (%)	D89502	0.414038129

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.41403813	GG+AG	27	13.451	0.823
		AA	175	13.580	0.751
Recessive	0.58763012	GG	2	13.854	0.523
		AA+AG	200	13.560	0.763
Codominant	0.53042444	AA	175	13.580	0.751
		AG	25	13.419	0.841
		GG	2	13.854	0.523

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C6	삼겹살/도체중 비율 (%)	DQ660373	0.09847171

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.09847171	CC+GC	132	13.492	0.677
		GG	70	13.695	0.887
Recessive	0.62058533	CC	10	13.679	0.531
		GG+GC	192	13.556	0.771
Codominant	0.14368865	GG	70	13.695	0.887
		GC	122	13.477	0.687
		CC	10	13.679	0.531

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C6	삼겹살/도체중 비율 (%)	EF683117	0.307472189

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.30747219	AA+CA	75	13.491	0.746
		CC	127	13.605	0.768
Recessive	0.90176782	AA	14	13.587	0.992
		CC+CA	188	13.561	0.744
Codominant	0.519608154	CC	127	13.605	0.768
		CA	61	13.469	0.687
		AA	14	13.587	0.992

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C6	삼겹살/도체중 비율 (%)	Fox01	0.99359268

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.99424814	AA+AB	52	13.563	0.889
		BB	150	13.562	0.714
Recessive		AA			
		BB+AB	202	13.562	0.760
Codominant	0.99359268	BB	150	13.562	0.714
		AB	52	13.563	0.889
		AA			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C6	삼겹살/도체중 비율 (%)	KIAA1717	0.263443357

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.26344336	BB+AB	106	13.511	0.667
		AA	95	13.632	0.847
Recessive	0.42787367	BB	22	13.447	0.781
		AA+AB	179	13.583	0.756
Codominant	0.477875783	AA	95	13.632	0.847
		AB	84	13.527	0.638
		BB	22	13.447	0.781

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C6	삼겹살/도체중 비율 (%)	Lpin	0.254363556

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.25436356	BB+AB	86	13.637	0.900
		AA	116	13.507	0.636
Recessive	0.78719737	BB	1	13.768	
		AA+AB	201	13.561	0.762
Codominant	0.480886112	AA	116	13.507	0.636
		AB	85	13.636	0.905
		BB	1	13.768	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C6	삼겹살/도체중 비율 (%)	U36916	0.537318101

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.69390209	GG+AG	14	13.640	0.656
		AA	188	13.557	0.769
Recessive	0.5373181	GG	1	13.093	
		AA+AG	201	13.565	0.762
Codominant	0.70216135	AA	188	13.557	0.769
		AG	13	13.682	0.663
		GG	1	13.093	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C6	삼겹살/도체중 비율 (%)	X78201	0.534074358

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.53407436	GG+AG	16	13.449	0.695
		AA	186	13.572	0.767
Recessive		GG			
		AA+AG	202	13.562	0.760
Codominant	0.534074358	AA	186	13.572	0.767
		AG	16	13.449	0.695
		GG			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C7	갈비살/도체중 비율 (%)	AJ301424	0.115115544

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.7125339	GG+CG	122	3.238	0.256
		CC	80	3.252	0.251
Recessive	0.11511554	GG	9	3.301	0.093
		CC+CG	193	3.241	0.258
Codominant	0.693083889	CC	80	3.252	0.251
		CG	113	3.233	0.264
		GG	9	3.301	0.093

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C7	갈비살/도체중 비율 (%)	AY705916	0.016243618

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.01624362	TT+TC	18	3.107	0.249
		CC	184	3.257	0.250
Recessive		TT			
		CC+TC	202	3.244	0.253
Codominant	0.016243618	CC	184	3.257	0.250
		TC	18	3.107	0.249
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C7	갈비살/도체중 비율 (%)	Chr13_22924695	0.081556719

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.09968172	CC+AC	103	3.214	0.264
		AA	91	3.275	0.245
Recessive	0.08155672	CC	18	3.142	0.186
		AA+AC	176	3.253	0.261
Codominant	0.109377599	AA	91	3.275	0.245
		AC	85	3.229	0.277
		CC	18	3.142	0.186

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C7	갈비살/도체중 비율 (%)	Chr5_80808752	0.642742518

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.64274252	GG+GT	109	3.233	0.259
		TT	81	3.251	0.260
Recessive	0.7430914	GG	30	3.255	0.301
		TT+GT	160	3.238	0.251
Codominant	0.776544347	TT	81	3.251	0.260
		GT	79	3.225	0.243
		GG	30	3.255	0.301

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C7	갈비살/도체중 비율 (%)	Chr7_22112616	0.372653641

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.37265364	TT+CT	40	3.270	0.290
		CC	148	3.229	0.251
Recessive	0.372653641	TT	188	3.238	0.260
		CC+CT	148	3.229	0.251
Codominant	0.372653641	CC	148	3.229	0.251
		CT	40	3.270	0.290
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C7	갈비살/도체중 비율 (%)	CSRP3	0.072135591

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.22459589	BB+AB	82	3.271	0.288
		AA	120	3.225	0.225
Recessive	0.07213559	BB	5	3.445	0.158
		AA+AB	197	3.239	0.253
Codominant	0.126955544	AA	120	3.225	0.225
		AB	77	3.260	0.292
		BB	5	3.445	0.158

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C7	갈비살/도체중 비율 (%)	CYP21A2	0.000412599

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.0004126	AA+AB	122	3.294	0.243
		BB	80	3.167	0.251
Recessive	0.00748652	AA	44	3.334	0.232
		BB+AB	158	3.219	0.254
Codominant	0.000819931	BB	80	3.167	0.251
		AB	78	3.272	0.248
		AA	44	3.334	0.232

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C7	갈비살/도체중 비율 (%)	D89502	0.3573047

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.3573047	GG+AG	27	3.299	0.339
		AA	175	3.235	0.237
Recessive	0.71988008	GG	2	3.308	0.188
		AA+AG	200	3.243	0.254
Codominant	0.483237864	AA	175	3.235	0.237
		AG	25	3.298	0.351
		GG	2	3.308	0.188

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C7	갈비살/도체중 비율 (%)	DQ660373	0.373895818

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.37389582	CC+GC	132	3.255	0.268
		GG	70	3.222	0.223
Recessive	0.84952825	CC	10	3.266	0.376
		GG+GC	192	3.243	0.247
Codominant	0.667663754	GG	70	3.222	0.223
		GC	122	3.254	0.259
		CC	10	3.266	0.376

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C7	갈비살/도체중 비율 (%)	EF683117	0.500420649

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.50748791	AA+CA	75	3.228	0.236
		CC	127	3.253	0.264
Recessive	0.50042065	AA	14	3.200	0.177
		CC+CA	188	3.247	0.258
Codominant	0.719661844	CC	127	3.253	0.264
		CA	61	3.235	0.248
		AA	14	3.200	0.177

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C7	갈비살/도체중 비율 (%)	Fox01	0.003386765

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.00338676	AA+AB	52	3.332	0.229
		BB	150	3.213	0.255
Recessive	0.003386765	AA	202	3.244	0.253
		BB+AB	150	3.213	0.255
Codominant	0.003386765	BB	52	3.332	0.229
		AB	52	3.332	0.229
		AA	52	3.332	0.229

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C7	갈비살/도체중 비율 (%)	KIAA1717	0.103091056

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.10309106	BB+AB	106	3.214	0.253
		AA	95	3.272	0.250
Recessive	0.30371829	BB	22	3.189	0.197
		AA+AB	179	3.248	0.258
Codominant	0.232119278	AA	95	3.272	0.250
		AB	84	3.221	0.266
		BB	22	3.189	0.197

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C7	갈비살/도체중 비율 (%)	Lpin	0.261994761

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.26199476	BB+AB	86	3.267	0.253
		AA	116	3.226	0.253
Recessive	0.92894308	BB	1	3.221	
		AA+AB	201	3.244	0.254
Codominant	0.525159454	AA	116	3.226	0.253
		AB	85	3.268	0.255
		BB	1	3.221	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C7	갈비살/도체중 비율 (%)	U36916	0.778746537

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.77874654	GG+AG	14	3.225	0.267
		AA	188	3.245	0.253
Recessive	0.96198745	GG	1	3.256	
		AA+AG	201	3.244	0.254
Codominant	0.953989579	AA	188	3.245	0.253
		AG	13	3.223	0.278
		GG	1	3.256	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C7	갈비살/도체중 비율 (%)	X78201	0.103929896

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.1039299	GG+AG	16	3.343	0.297
		AA	186	3.235	0.248
Recessive		GG			
		AA+AG	202	3.244	0.253
Codominant	0.103929896	AA	186	3.235	0.248
		AG	16	3.343	0.297
		GG			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C8	가브리살/도체중 비율 (%)	AJ301424	0.051757874

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.70196455	GG+CG	122	0.407	0.047
		CC	80	0.410	0.055
Recessive	0.05175787	GG	9	0.390	0.024
		CC+CG	193	0.409	0.051
Codominant	0.52114023	CC	80	0.410	0.055
		CG	113	0.408	0.048
		GG	9	0.390	0.024

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C8	가브리살/도체중 비율 (%)	AY705916	0.206759079

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.20675908	TT+TC	18	0.422	0.057
		CC	184	0.407	0.049
Recessive		TT			
		CC+TC	202	0.408	0.050
Codominant	0.206759079	CC	184	0.407	0.049
		TC	18	0.422	0.057
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C8	가브리살/도체중 비율 (%)	Chr13_22924695	0.469576128

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.46957613	CC+AC	103	0.404	0.048
		AA	91	0.409	0.050
Recessive	0.7754901	CC	18	0.409	0.049
		AA+AC	176	0.406	0.049
Codominant	0.670547767	AA	91	0.409	0.050
		AC	85	0.403	0.048
		CC	18	0.409	0.049

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C8	가브리살/도체중 비율 (%)	Chr5_80808752	0.300266126

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.86255218	GG+GT	109	0.408	0.044
		TT	81	0.406	0.051
Recessive	0.30026613	GG	30	0.415	0.045
		TT+GT	160	0.405	0.048
Codominant	0.570346353	TT	81	0.406	0.051
		GT	79	0.405	0.044
		GG	30	0.415	0.045

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C8	가브리살/도체중 비율 (%)	Chr7_22112616	0.791903466

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.79190347	TT+CT	40	0.408	0.059
		CC	148	0.406	0.048
Recessive		TT			
		CC+CT	188	0.406	0.051
Codominant	0.791903466	CC	148	0.406	0.048
		CT	40	0.408	0.059
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C8	가브리살/도체중 비율 (%)	CSRP3	0.044721184

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.04472118	BB+AB	82	0.417	0.053
		AA	120	0.402	0.047
Recessive	0.09283972	BB	5	0.445	0.071
		AA+AB	197	0.407	0.049
Codominant	0.055428919	AA	120	0.402	0.047
		AB	77	0.415	0.052
		BB	5	0.445	0.071

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C8	가브리살/도체중 비율 (%)	CYP21A2	0.025845693

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.36095389	AA+AB	122	0.411	0.052
		BB	80	0.404	0.047
Recessive	0.02584569	AA	44	0.423	0.057
		BB+AB	158	0.404	0.047
Codominant	0.083942126	BB	80	0.404	0.047
		AB	78	0.404	0.048
		AA	44	0.423	0.057

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C8	가브리살/도체중 비율 (%)	D89502	0.424445172

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.42444517	GG+AG	27	0.415	0.054
		AA	175	0.407	0.050
Recessive	0.96943265	GG	2	0.407	0.043
		AA+AG	200	0.408	0.050
Codominant	0.705113621	AA	175	0.407	0.050
		AG	25	0.416	0.055
		GG	2	0.407	0.043

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C8	가브리살/도체중 비율 (%)	DQ660373	0.4782626

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.4782626	CC+GC	132	0.406	0.049
		GG	70	0.411	0.052
Recessive	0.61974542	CC	10	0.400	0.063
		GG+GC	192	0.408	0.050
Codominant	0.722968101	GG	70	0.411	0.052
		GC	122	0.407	0.048
		CC	10	0.400	0.063

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C8	가브리살/도체중 비율 (%)	EF683117	0.329061684

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.90342971	AA+CA	75	0.409	0.049
		CC	127	0.408	0.051
Recessive	0.32906168	AA	14	0.395	0.049
		CC+CA	188	0.409	0.050
Codominant	0.54853429	CC	127	0.408	0.051
		CA	61	0.412	0.049
		AA	14	0.395	0.049

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C8	가브리살/도체중 비율 (%)	Fox01	0.282041464

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.28204146	AA+AB	52	0.414	0.057
		BB	150	0.406	0.047
Recessive	0.282041464	AA	202	0.408	0.050
		BB+AB	202	0.408	0.050
Codominant	0.282041464	BB	150	0.406	0.047
		AB	52	0.414	0.057
		AA	202	0.408	0.050

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C8	가브리살/도체중 비율 (%)	KIAA1717	0.373190143

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.37319014	BB+AB	106	0.405	0.046
		AA	95	0.412	0.055
Recessive	0.86465284	BB	22	0.410	0.042
		AA+AB	179	0.408	0.051
Codominant	0.595933854	AA	95	0.412	0.055
		AB	84	0.404	0.047
		BB	22	0.410	0.042

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C8	가브리살/도체중 비율 (%)	Lpin	0.237901967

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.23790197	BB+AB	86	0.413	0.053
		AA	116	0.404	0.048
Recessive	0.5625701	BB	1	0.379	0.050
		AA+AB	201	0.408	
Codominant	0.396295747	AA	116	0.404	0.048
		AB	85	0.413	
		BB	1	0.379	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C8	가브리살/도체중 비율 (%)	U36916	0.175443854

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.25908067	GG+AG	14	0.393	0.058
		AA	188	0.409	0.049
Recessive	0.25424964	GG	1	0.465	0.050
		AA+AG	201	0.408	
Codominant	0.175443854	AA	188	0.409	0.049
		AG	13	0.388	
		GG	1	0.465	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C8	가브리살/도체중 비율 (%)	X78201	0.49091887

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.49091887	GG+AG	16	0.416	0.040
		AA	186	0.407	0.051
Recessive		GG			0.050
		AA+AG	202	0.408	
Codominant	0.49091887	AA	186	0.407	0.051
		AG	16	0.416	
		GG			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C9	갈매기살/도체중 비율 (%)	AJ301424	0.445014971

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.67402897	GG+CG	122	0.358	0.041
		CC	80	0.356	0.042
Recessive	0.44501497	GG	9	0.368	0.024
		CC+CG	193	0.357	0.041
Codominant	0.716441454	CC	80	0.356	0.042
		CG	113	0.358	
		GG	9	0.368	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C9	갈매기살/도체중 비율 (%)	AY705916	0.02927806

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.02927806	TT+TC	18	0.337	0.031
		CC	184	0.359	0.041
Recessive		TT			0.041
		CC+TC	202	0.357	
Codominant	0.02927806	CC	184	0.359	0.041
		TC	18	0.337	
		TT			



변수명	Phenotype	SNP	p-value
C9	갈매기살/도체중 비율 (%)	Chr13_22924695	0.143393121

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.94887269	CC+AC	103	0.358	0.043
		AA	91	0.358	0.039
Recessive	0.14339312	CC	18	0.345	0.036
		AA+AC	176	0.359	0.041
Codominant	0.318043564	AA	91	0.358	0.039
		AC	85	0.361	0.044
		CC	18	0.345	0.036

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C9	갈매기살/도체중 비율 (%)	Chr5_80808752	0.319313624

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.54821587	GG+GT	109	0.356	0.036
		TT	81	0.359	0.046
Recessive	0.31931362	GG	30	0.350	0.031
		TT+GT	160	0.359	0.042
Codominant	0.587901563	TT	81	0.359	0.046
		GT	79	0.358	0.038
		GG	30	0.350	0.031

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C9	갈매기살/도체중 비율 (%)	Chr7_22112616	0.952139154

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.95213915	TT+CT	40	0.357	0.038
		CC	148	0.356	0.041
Recessive	0.952139154	TT	188	0.356	0.041
		CC+CT	148	0.356	0.041
Codominant	0.952139154	CC	148	0.356	0.041
		CT	40	0.357	0.038
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C9	갈매기살/도체중 비율 (%)	CSRP3	0.676467236

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.67646724	BB+AB	82	0.359	0.041
		AA	120	0.356	0.041
Recessive	0.72319348	BB	5	0.364	0.034
		AA+AB	197	0.357	0.041
Codominant	0.881878697	AA	120	0.356	0.041
		AB	77	0.359	0.041
		BB	5	0.364	0.034

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C9	갈매기살/도체중 비율 (%)	CYP21A2	0.015375959

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.0581012	AA+AB	122	0.362	0.041
		BB	80	0.351	0.039
Recessive	0.01537596	AA	44	0.371	0.040
		BB+AB	158	0.354	0.040
Codominant	0.033601352	BB	80	0.351	0.039
		AB	78	0.357	0.042
		AA	44	0.371	0.040

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C9	갈매기살/도체중 비율 (%)	D89502	0.091962492

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.79894396	GG+AG	27	0.359	0.043
		AA	175	0.357	0.041
Recessive	0.09196249	GG	2	0.406	0.080
		AA+AG	200	0.357	0.040
Codominant	0.238728815	AA	175	0.357	0.041
		AG	25	0.356	0.040
		GG	2	0.406	0.080

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C9	갈매기살/도체중 비율 (%)	DQ660373	0.035264127

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.03526413	CC+GC	132	0.362	0.042
		GG	70	0.349	0.038
Recessive	0.79855357	CC	10	0.361	0.041
		GG+GC	192	0.357	0.041
Codominant	0.109141458	GG	70	0.349	0.038
		GC	122	0.362	0.042
		CC	10	0.361	0.041

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C9	갈매기살/도체중 비율 (%)	EF683117	0.066566711

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.06656671	AA+CA	75	0.351	0.041
		CC	127	0.362	0.040
Recessive	0.17182295	AA	14	0.343	0.032
		CC+CA	188	0.359	0.041
Codominant	0.138714574	CC	127	0.362	0.040
		CA	61	0.352	0.043
		AA	14	0.343	0.032

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C9	갈매기살/도체중 비율 (%)	Fox01	0.006222665

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.00622267	AA+AB	52	0.371	0.037
		BB	150	0.353	0.041
Recessive	0.006222665	AA	202	0.357	0.041
		BB+AB	150	0.353	0.041
Codominant	0.006222665	BB	52	0.371	0.037
		AB	52	0.371	0.037
		AA	52	0.371	0.037

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C9	갈매기살/도체중 비율 (%)	KIAA1717	0.734947928

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.73494793	BB+AB	106	0.356	0.040
		AA	95	0.358	0.043
Recessive	0.89355727	BB	22	0.356	0.035
		AA+AB	179	0.357	0.042
Codominant	0.944195488	AA	95	0.358	0.043
		AB	84	0.356	0.041
		BB	22	0.356	0.035

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C9	갈매기살/도체중 비율 (%)	Lpin	0.308238993

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.45059977	BB+AB	86	0.355	0.037
		AA	116	0.359	0.043
Recessive	0.30823899	BB	1	0.316	
		AA+AB	201	0.358	0.041
Codominant	0.474741623	AA	116	0.359	0.043
		AB	85	0.355	0.037
		BB	1	0.316	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C9	갈매기살/도체중 비율 (%)	U36916	0.720621083

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.93142945	GG+AG	14	0.358	0.049
		AA	188	0.357	0.040
Recessive	0.72062108	GG	1	0.372	
		AA+AG	201	0.357	0.041
Codominant	0.938182801	AA	188	0.357	0.040
		AG	13	0.357	0.050
		GG	1	0.372	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C9	갈매기살/도체중 비율 (%)	X78201	0.718261821

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.71826182	GG+AG	16	0.361	0.035
		AA	186	0.357	0.041
Recessive		GG			
		AA+AG	202	0.357	0.041
Codominant	0.718261821	AA	186	0.357	0.041
		AG	16	0.361	0.035
		GG			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C10	비선호합계/도체중 비율 (%)	AJ301424	0.347616252

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.50481009	GG+CG	122	35.509	12.128
		CC	80	34.214	2.349
Recessive	0.34761625	GG	9	35.125	2.850
		CC+CG	193	34.990	9.749
Codominant	0.638186576	CC	80	34.214	2.349
		CG	113	35.540	12.582
		GG	9	35.125	2.850

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C10	비선호합계/도체중 비율 (%)	AY705916	0.037078585

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.03707859	TT+TC	18	33.294	1.790
		CC	184	35.163	9.973
Recessive		TT			
		CC+TC	202	34.996	9.546
Codominant	0.429197684	CC	184	35.163	9.973
		TC	18	33.294	1.790
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C10	비선호합계/도체중 비율 (%)	Chr13_22924695	0.104266166

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.10426617	CC+AC	103	34.573	2.452
		AA	91	35.493	14.003
Recessive	0.54743514	CC	18	34.546	2.079
		AA+AC	176	35.052	10.205
Codominant	0.807400575	AA	91	35.493	14.003
		AC	85	34.579	2.535
		CC	18	34.546	2.079

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C10	비선호합계/도체중 비율 (%)	Chr5_80808752	0.18846967

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.18846967	GG+GT	109	35.727	12.691
		TT	81	33.931	2.898
Recessive	0.82674243	GG	30	34.377	2.086
		TT+GT	160	35.071	10.663
Codominant	0.312533662	TT	81	33.931	2.898
		GT	79	36.239	14.847
		GG	30	34.377	2.086

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C10	비선호합계/도체중 비율 (%)	Chr7_22112616	0.163476737

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.16347674	TT+CT	40	34.814	2.319
		CC	148	35.130	11.048
Recessive		TT			
		CC+CT	188	35.063	9.853
Codominant	0.857679585	CC	148	35.130	11.048
		CT	40	34.814	2.319
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C10	비선호합계/도체중 비율 (%)	CSRP3	0.132868142

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.48560721	BB+AB	82	34.247	2.608
		AA	120	35.508	12.191
Recessive	0.13286814	BB	5	35.719	1.283
		AA+AB	197	34.978	9.664
Codominant	0.615948152	AA	120	35.508	12.191
		AB	77	34.152	2.647
		BB	5	35.719	1.283

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C10	비선호합계/도체중 비율 (%)	CYP21A2	0.240803949

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.89719595	AA+AB	122	35.445	12.134
		BB	80	34.312	2.356
Recessive	0.78736781	AA	44	37.142	19.832
		BB+AB	158	34.399	2.699
Codominant	0.240803949	BB	80	34.312	2.356
		AB	78	34.488	3.024
		AA	44	37.142	19.832

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C10	비선호합계/도체중 비율 (%)	D89502	0.019326441

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.14310082	GG+AG	27	39.642	25.037
		AA	175	34.279	2.779
Recessive	0.5154474	GG	2	35.370	1.758
		AA+AG	200	34.992	9.593
Codominant	0.019326441	AA	175	34.279	2.779
		AG	25	39.984	26.025
		GG	2	35.370	1.758

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C10	비선호합계/도체중 비율 (%)	DQ660373	0.00682784

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.00682784	CC+GC	132	35.739	11.633
		GG	70	33.595	2.340
Recessive	0.01822687	CC	10	36.429	2.688
		GG+GC	192	34.922	9.769
Codominant	0.307998197	GG	70	33.595	2.340
		GC	122	35.683	12.080
		CC	10	36.429	2.688

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C10	비선호합계/도체중 비율 (%)	EF683117	0.09669946

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.25284549	AA+CA	75	34.745	2.763
		CC	127	35.144	11.866
Recessive	0.09669946	AA	14	35.368	2.019
		CC+CA	188	34.968	9.882
Codominant	0.925679667	CC	127	35.144	11.866
		CA	61	34.602	2.902
		AA	14	35.368	2.019

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C10	비선호합계/도체중 비율 (%)	Fox01	0.152663075

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.58854128	AA+AB	52	36.629	18.329
		BB	150	34.430	2.585
Recessive	0.152663075	AA	202	34.996	9.546
		BB+AB	150	34.430	2.585
Codominant	0.152663075	BB	150	34.430	2.585
		AB	52	36.629	18.329
		AA			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C10	비선호합계/도체중 비율 (%)	KIAA1717	0.675149157

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.76698612	BB+AB	106	34.435	2.507
		AA	95	35.635	13.676
Recessive	0.67771289	BB	22	34.536	1.930
		AA+AB	179	35.059	10.120
Codominant	0.675149157	AA	95	35.635	13.676
		AB	84	34.408	2.647
		BB	22	34.536	1.930

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C10	비선호합계/도체중 비율 (%)	Lpin	0.016496897

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.0164969	BB+AB	86	33.860	2.649
		AA	116	35.839	12.345
Recessive	0.39118977	BB	1	35.958	
		AA+AB	201	34.991	9.569
Codominant	0.339336856	AA	116	35.839	12.345
		AB	85	33.835	2.654
		BB	1	35.958	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C10	비선호합계/도체중 비율 (%)	U36916	0.606918517

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.81820954	GG+AG	14	34.197	2.188
		AA	188	35.056	9.877
Recessive	0.60691852	GG	1	33.566	
		AA+AG	201	35.003	9.569
Codominant	0.946963824	AA	188	35.056	9.877
		AG	13	34.246	2.269
		GG	1	33.566	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C10	비선호합계/도체중 비율 (%)	X78201	0.11514333

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.11514333	GG+AG	16	35.307	2.491
		AA	186	34.969	9.924
Recessive		GG			
		AA+AG	202	34.996	9.546
Codominant	0.892573711	AA	186	34.969	9.924
		AG	16	35.307	2.491
		GG			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C11	선호합계/도체중 비율 (%)	AJ301424	0.234565413

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.23456541	GG+CG	122	23.139	0.731
		CC	80	23.277	0.874
Recessive	0.42755575	GG	9	23.163	0.866
		CC+CG	193	23.195	0.790
Codominant	0.48153343	CC	80	23.277	0.874
		CG	113	23.137	0.723
		GG	9	23.163	0.866

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C11	선호합계/도체중 비율 (%)	AY705916	0.387869659

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.42582317	TT+TC	18	23.348	0.891
		CC	184	23.179	0.782
Recessive		TT			
		CC+TC	202	23.194	0.791
Codominant	0.387869659	CC	184	23.179	0.782
		TC	18	23.348	0.891
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C11	선호합계/도체중 비율 (%)	Chr13_22924695	0.317645947

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.31764595	CC+AC	103	23.116	0.802
		AA	91	23.275	0.797
Recessive	0.9824185	CC	18	23.213	0.838
		AA+AC	176	23.188	0.801
Codominant	0.330814439	AA	91	23.275	0.797
		AC	85	23.095	0.798
		CC	18	23.213	0.838

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C11	선호합계/도체중 비율 (%)	Chr5_80808752	0.019242089

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.01924209	GG+GT	109	23.307	0.745
		TT	81	23.081	0.853
Recessive	0.14684437	GG	30	23.367	0.737
		TT+GT	160	23.181	0.808
Codominant	0.137696386	TT	81	23.081	0.853
		GT	79	23.284	0.751
		GG	30	23.367	0.737

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C11	선호합계/도체중 비율 (%)	Chr7_22112616	0.029419843

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.02941984	TT+CT	40	23.356	0.618
		CC	148	23.160	0.847
Recessive	0.172930703	TT	188	23.202	0.807
		CC+CT	148	23.160	0.847
Codominant	0.172930703	CC	148	23.160	0.847
		CT	40	23.356	0.618
		TT			

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C11	선호합계/도체중 비율 (%)	CSRP3	0.110522322

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.15621698	BB+AB	82	23.273	0.735
		AA	120	23.139	0.826
Recessive	0.11052232	BB	5	23.522	0.244
		AA+AB	197	23.185	0.799
Codominant	0.383087968	AA	120	23.139	0.826
		AB	77	23.257	0.754
		BB	5	23.522	0.244

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C11	선호합계/도체중 비율 (%)	CYP21A2	0.014424002

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.21077511	AA+AB	122	23.268	0.792
		BB	80	23.080	0.781
Recessive	0.014424	AA	44	23.417	0.703
		BB+AB	158	23.132	0.805
Codominant	0.075269542	BB	80	23.080	0.781
		AB	78	23.185	0.831
		AA	44	23.417	0.703

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C11	선호합계/도체중 비율 (%)	D89502	0.067314015

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.5981787	GG+AG	27	23.213	0.629
		AA	175	23.191	0.815
Recessive	0.06731401	GG	2	24.054	0.047
		AA+AG	200	23.185	0.791
Codominant	0.293717758	AA	175	23.191	0.815
		AG	25	23.146	0.605
		GG	2	24.054	0.047

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C11	선호합계/도체중 비율 (%)	DQ660373	0.37316069

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.42928355	CC+GC	132	23.149	0.754
		GG	70	23.277	0.856
Recessive	0.37316069	CC	10	23.302	0.795
		GG+GC	192	23.188	0.793
Codominant	0.451948745	GG	70	23.277	0.856
		GC	122	23.137	0.753
		CC	10	23.302	0.795

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C11	선호합계/도체중 비율 (%)	EF683117	0.34064681

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.34064681	AA+CA	75	23.126	0.821
		CC	127	23.233	0.774
Recessive	0.5161685	AA	14	23.177	0.916
		CC+CA	188	23.195	0.784
Codominant	0.628645477	CC	127	23.233	0.774
		CA	61	23.115	0.805
		AA	14	23.177	0.916

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C11	선호합계/도체중 비율 (%)	Fox01	0.274727881

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.31299867	AA+AB	52	23.297	0.930
		BB	150	23.158	0.737
Recessive	0.274727881	AA	202	23.194	0.791
		BB+AB	150	23.158	0.737
Codominant	0.274727881	BB	52	23.297	0.930
		AB	52	23.297	0.930
		AA	52	23.297	0.930

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C11	선호합계/도체중 비율 (%)	KIAA1717	0.046275614

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.04627561	BB+AB	106	23.100	0.752
		AA	95	23.302	0.827
Recessive	0.6369953	BB	22	23.114	0.697
		AA+AB	179	23.206	0.805
Codominant	0.195440379	AA	95	23.302	0.827
		AB	84	23.096	0.770
		BB	22	23.114	0.697



변수명	Phenotype	SNP	p-value
C11	선호합계/도체중 비율 (%)	Lpin	0.323343354

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.32839576	BB+AB	86	23.291	0.837
		AA	116	23.121	0.751
Recessive	0.78378658	BB	1	23.252	0.793
		AA+AB	201	23.193	
Codominant	0.323343354	AA	116	23.121	0.751
		AB	85	23.291	0.842
		BB	1	23.252	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C11	선호합계/도체중 비율 (%)	U36916	0.481981679

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.8626681	GG+AG	14	23.247	0.706
		AA	188	23.190	0.799
Recessive	0.48198168	GG	1	22.802	0.793
		AA+AG	201	23.196	
Codominant	0.816288818	AA	188	23.190	0.799
		AG	13	23.282	0.723
		GG	1	22.802	

변수명	Phenotype	SNP	p-value
C11	선호합계/도체중 비율 (%)	X78201	0.266146716

Model	p-value	Genotype	N	Mean	std
Dominant	0.26614672	GG+AG	16	23.371	0.706
		AA	186	23.178	0.798
Recessive		GG			
		AA+AG	202	23.194	0.791
Codominant	0.352417572	AA	186	23.178	0.798
		AG	16	23.371	0.706
		GG			

라. 상기 연관성 분석을 통해서 유의한 결과들을 얻을 수 있었고, 자세한 사항은 아래와 같다.  
 마. AY705916 유전자형과의 연관성 분석결과, 아래 표와 같이 11개의 형질들에서 유의성을 찾을 수 있었다 ( $P<0.01$ ,  $P<0.05$ ). AY705916은 후지, 안심, 삼겹살, 비선호합계, 선호합계의 정육량 비율에서와 후지, 안심, 삼겹살, 갈비살, 갈매기살, 비선호합계의 도체중 비율의 우성 (dominant), 열성(recessive), 공우성(codominant) 모델에서 유의성이 있는 것으로 확인할 수 있었다 ( $P<0.05$ ).

Table 3-6-4. Association analysis of *AY705916T>C* SNP with pork meat quality traits

SNP		<i>AY705916T&gt;C</i>						
Model		Dominant		Recessive		Codominant		
Genotype		TT + TC (n = 18)	CC (n = 184)	TT (n = 0)	CC+ TC (n = 202)	CC (n = 184)	TC (n = 18)	TT (n = 0)
Traits	도체중(kg)	97.278±13.762	99.120±12.342		98.955±12.449	99.120±12.342	97.278±13.762	
	전지/정육량 비율 (%)	17.394±1.411	17.051±1.447		17.081±1.443	17.051±1.447	17.394±1.411	
	후지/정육량 비율 (%)	28.089±1.835*	29.299±4.302*		29.191±4.154*	29.299±4.302*	28.089±1.835*	
	안심/정육량 비율 (%)	2.051±0.131*	2.186±0.754*		2.174±0.721*	2.186±0.754*	2.051±0.131*	
	등심/정육량 비율 (%)	11.220±0.809	11.320±1.014		11.311±0.997	11.320±1.014	11.220±0.809	
	목살/정육량 비율 (%)	9.845±0.637	9.738±0.741		9.747±0.732	9.738±0.741	9.845±0.637	
	삼겹살/정육량 비율 (%)	24.575±1.763*	23.444±2.125*		23.545±2.116*	23.444±2.125*	24.575±1.763*	
	갈비살/정육량 비율 (%)	5.487±0.401	5.637±0.504		5.623±0.497	5.637±0.504	5.487 ±0.401	
	가브리살/정육량 비율 (%)	0.745±0.096	0.705±0.101		0.708±0.101	0.705±0.101	0.745±0.096	
	갈매기살/정육량 비율 (%)	0.596±0.056	0.622±0.074		0.619±0.073	0.622±0.074	0.596 ±0.056	
	비선호합계/정육량 비율 (%)	58.753±1.656*	59.856±2.881*		59.757±2.809*	59.856±2.881*	58.753±1.656*	
	선호합계/정육량 비율 (%)	41.247±1.656*	40.144±2.881*		40.243±2.809*	40.144±2.881*	41.247±1.656*	
	전지/도체중 비율 (%)	9.860±0.963	9.856±0.776		9.857±0.792	9.856±0.776	9.860±0.963	
	후지/도체중 비율 (%)	15.914±1.209*	17.486±9.932*		17.346±9.494*	17.486±9.932*	15.914±1.209*	
	안심/도체중 비율 (%)	1.162±0.094*	1.269±0.506*		1.259±0.485*	1.269±0.506*	1.162±0.094*	
	등심/도체중 비율 (%)	6.357±0.528	6.551±0.622		6.534±0.615	6.551±0.622	6.357±0.528	
	목살/도체중 비율 (%)	5.575±0.391	5.627±0.338		5.622±0.342	5.627±0.338	5.575±0.391	
	삼겹살/도체중 비율 (%)	13.906±0.922*	13.529±0.737*		13.562±0.760*	13.529±0.737*	13.906±0.922*	
	갈비살/도체중 비율 (%)	3.107±0.249*	3.257±0.250*		3.244±0.253*	3.257±0.250*	3.107±0.249*	
	가브리살/도체중 비율 (%)	0.422±0.057	0.407±0.049		0.408±0.050	0.407±0.049	0.422±0.057	
갈매기살/도체중 비율 (%)	0.337±0.031*	0.359±0.041*		0.357±0.041*	0.359±0.041*	0.337±0.031*		
비선호합계/도체중 비율 (%)	33.294±1.790*	35.163±9.973*		34.996±9.546*	35.163±9.973*	33.294±1.790*		
선호합계/도체중 비율 (%)	23.348±0.891	23.179±0.782		23.19±0.791	23.179±0.782	23.348±0.891		

\* $p<0.05$ ; \*\* $p<0.01$

바. AY902363 유전자형과의 연관성 분석결과, 상기 표와 같이 3개의 형질들에서 유의성을 찾을 수 있었다 ( $P<0.01$ ,  $P<0.05$ ). AY902363은 후지, 갈비살, 비선호합계의 정육량 비율의 우성(dominant), 열성(recessive), 공우성(codominant) 모델에서 유의성이 있는 것으로 확인할 수 있었다 ( $P<0.05$ ).

Table 3-6-5. Association analysis of AY902463C>A SNP with pork meat quality traits

SNP		AY902463C>A						
Model		Dominant		Recessive		Codominant		
Genotype		CC + AC (n = 103)	AA (n = 91)	CC (n = 18)	AA+ AC (n = 176)	AA (n = 91)	AC (n = 85)	CC (n = 18)
Traits	도체중(kg)	98.466±12.553	99.824±12.473	101.611±13.844	98.847±12.371	99.824±12.473	97.800±12.247	101.611±13.844
	전지/정육량 비율 (%)	17.166±1.175	16.936±1.723	16.886±1.384	17.076±1.468	16.936±1.723	17.225±1.126	16.886±1.384
	후지/정육량 비율 (%)	29.244±1.895*	29.149±5.864*	29.271±1.796*	29.192±4.412*	29.149±5.864*	29.238±1.925*	29.271±1.796*
	안심/정육량 비율 (%)	2.118±0.135	2.247±1.063	2.071±0.134	2.189±0.770	2.247±1.063	2.128±0.133	2.071±0.134
	등심/정육량 비율 (%)	11.342±0.818	11.285±1.201	11.545±0.793	11.292±1.033	11.285±1.201	11.299±0.822	11.545±0.793
	목살/정육량 비율 (%)	9.730±0.491	9.760±0.951	9.718±0.498	9.747±0.763	9.760±0.951	9.733±0.493	9.718±0.498
	삼겹살/정육량 비율 (%)	23.504±1.814	23.614±2.495	23.761±1.308	23.535±2.226	23.614±2.495	23.450±1.906	23.761±1.308
	갈비살/정육량 비율 (%)	5.574±0.411*	5.678±0.590*	5.442±0.262*	5.641±0.520*	5.678±0.590*	5.601±0.432*	5.442±0.262*
	가브리살/정육량 비율 (%)	0.702±0.092	0.709±0.109	0.709±0.088	0.705±0.101	0.709±0.109	0.700±0.093	0.709±0.088
	갈매기살/정육량 비율 (%)	0.620±0.068	0.621±0.078	0.596±0.055	0.623±0.074	0.621±0.078	0.625±0.070	0.596±0.055
	비선호합계/정육량 비율 (%)	59.870±1.859*	59.617±3.688*	59.773±1.558*	59.749±2.965*	59.617±3.688*	59.890±1.925*	59.773±1.558*
	선호합계/정육량 비율 (%)	40.130±1.859	40.383±3.688	40.227±1.558	40.251±2.965	40.383±3.688	40.110±1.925	40.227±1.558
	전지/도체중 비율 (%)	9.904±0.829	9.769±0.751	9.751±0.894	9.850±0.786	9.769±0.751	9.936±0.817	9.751±0.894
	후지/도체중 비율 (%)	16.895±1.624	17.902±14.061	16.927±1.486	17.412±10.162	17.902±14.061	16.888±1.661	16.927±1.486
	안심/도체중 비율 (%)	1.223±0.105	1.306±0.712	1.197±0.097	1.269±0.518	1.306±0.712	1.228±0.107	1.197±0.097
	등심/도체중 비율 (%)	6.551±0.643	6.517±0.610	6.671±0.571	6.521±0.631	6.517±0.610	6.526±0.657	6.671±0.571
	목살/도체중 비율 (%)	5.612±0.358	5.627±0.334	5.607±0.245	5.620±0.356	5.627±0.334	5.613±0.379	5.607±0.245
	삼겹살/도체중 비율 (%)	13.528±0.795	13.606±0.748	13.711±0.712	13.550±0.779	13.606±0.748	13.490±0.810	13.711±0.712
	갈비살/도체중 비율 (%)	3.214±0.264	3.275±0.245	3.142±0.186	3.253±0.261	3.275±0.245	3.229±0.277	3.142±0.186
	가브리살/도체중 비율 (%)	0.404±0.048	0.409±0.050	0.409±0.049	0.406±0.049	0.409±0.050	0.403±0.048	0.409±0.049
갈매기살/도체중 비율 (%)	0.358±0.043	0.358±0.039	0.345±0.036	0.359±0.041	0.358±0.039	0.361±0.044	0.345±0.036	
비선호합계/도체중 비율 (%)	34.573±2.452	35.493±14.003	34.546±2.079	35.052±10.205	35.493±14.003	34.579±2.535	34.546±2.079	
선호합계/도체중 비율 (%)	23.116±0.802	23.275±0.797	23.213±0.838	23.188±0.801	23.275±0.797	23.095±0.798	23.213±0.838	

\* $p<0.05$ ; \*\* $p<0.01$

사. GQ368242 유전자형과의 연관성 분석결과, 상기 표와 같이 2개의 형질들에서 유의성을 찾을 수 있었다 ( $P<0.01$ ,  $P<0.05$ ). GQ368242은 등심, 선호합계 도체중 비율의 우성 (dominant), 열성(recessive), 공우성(codominant) 모델에서 유의성이 있는 것으로 확인할 수 있었다 ( $P<0.05$ ).

Table 3-6-6. Association analysis of *GQ368242G>T* SNP with pork meat quality traits

SNP		<i>GQ368242G&gt;T</i>						
		Dominant		Recessive		Codominant		
Model		GG + GT (n = 109)	TT (n = 81)	GG (n = 30)	TT + GT (n = 160)	TT (n = 81)	GT (n = 79)	GG (n = 30)
Traits	도체중(kg)	98.743±12.295	100.012±12.683	96.500±12.824	99.806±12.343	100.012±12.683	99.595±12.061	96.500±12.824
	전지/정육량 비율 (%)	17.070±1.650	17.138±1.170	16.948±0.924	17.127±1.542	17.138±1.170	17.116±1.856	16.948±0.924
	후지/정육량 비율 (%)	29.269±5.231	28.896±2.256	28.959±1.970	29.138±4.525	28.896±2.256	29.386±6.033	28.959±1.970
	안심/정육량 비율 (%)	2.208±0.970	2.144±0.164	2.132±0.150	2.190±0.806	2.144±0.164	2.237±1.137	2.132±0.150
	등심/정육량 비율 (%)	11.351±1.137	11.249±0.789	11.450±0.716	11.280±1.046	11.249±0.789	11.313±1.262	11.450±0.716
	목살/정육량 비율 (%)	9.727±0.864	9.789±0.556	9.850±0.474	9.735±0.788	9.789±0.556	9.680±0.970	9.850±0.474
	삼겹살/정육량 비율 (%)	23.502±2.271	23.732±1.970	23.697±1.682	23.582±2.226	23.732±1.970	23.428±2.463	23.697±1.682
	갈비살/정육량 비율 (%)	5.560±0.567	5.707±0.406	5.635±0.449	5.620±0.520	5.707±0.406	5.531±0.606	5.635±0.449
	가브리살/정육량 비율 (%)	0.701±0.097	0.715±0.102	0.721±0.091	0.705±0.101	0.715±0.102	0.694±0.099	0.721±0.091
	갈매기살/정육량 비율 (%)	0.612±0.074	0.630±0.071	0.608±0.056	0.622±0.076	0.630±0.071	0.613±0.080	0.608±0.056
	비선호합계/정육량 비율 (%)	59.898±3.277	59.426±2.154	59.490±1.779	59.736±3.018	59.426±2.154	60.053±3.688	59.490±1.779
	선호합계/정육량 비율 (%)	40.102±3.277	40.574±2.154	40.510±1.779	40.264±3.018	40.574±2.154	39.947±3.688	40.510±1.779
	전지/도체중 비율 (%)	9.926±0.764	9.771±0.845	9.783±0.571	9.874±0.838	9.771±0.845	9.980±0.822	9.783±0.571
	후지/도체중 비율 (%)	17.905±12.784	16.515±1.952	16.750±1.620	17.418±10.628	16.515±1.952	18.344±14.987	16.750±1.620
	안심/도체중 비율 (%)	1.292±0.649	1.223±0.128	1.231±0.097	1.269±0.542	1.223±0.128	1.315±0.761	1.231±0.097
	등심/도체중 비율 (%)	<b>6.604±0.556*</b>	<b>6.423±0.670*</b>	<b>6.613±0.495*</b>	<b>6.510±0.632*</b>	<b>6.423±0.670*</b>	<b>6.600±0.580*</b>	<b>6.613±0.495*</b>
	목살/도체중 비율 (%)	5.654±0.318	5.577±0.385	5.686±0.304	5.609±0.357	5.577±0.385	5.642±0.325	5.686±0.304
	삼겹살/도체중 비율 (%)	13.656±0.736	13.487±0.804	13.661±0.743	13.570±0.774	13.487±0.804	13.654±0.739	13.661±0.743
	갈비살/도체중 비율 (%)	3.233±0.259	3.251±0.260	3.255±0.301	3.238±0.251	3.251±0.260	3.225±0.243	3.255±0.301
	가브리살/도체중 비율 (%)	0.408±0.044	0.406±0.051	0.415±0.045	0.405±0.048	0.406±0.051	0.405±0.044	0.415±0.045
갈매기살/도체중 비율 (%)	0.356±0.036	0.359±0.046	0.350±0.031	0.359±0.042	0.359±0.046	0.358±0.038	0.350±0.031	
비선호합계/도체중 비율 (%)	35.727±12.691	33.931±2.898	34.377±2.086	35.071±10.663	33.931±2.898	36.239±14.847	34.377±2.086	
선호합계/도체중 비율 (%)	<b>23.307±0.745*</b>	<b>23.081±0.853*</b>	<b>23.367±0.737*</b>	<b>23.181±0.808*</b>	<b>23.081±0.853*</b>	<b>23.284±0.751*</b>	<b>23.367±0.737*</b>	

\* $p<0.05$ ; \*\* $p<0.01$

아. AY489289 유전자형과의 연관성 분석결과, 상기 표와 같이 3개의 형질들에서 유의성을 찾을 수 있었다 ( $P < 0.01$ ,  $P < 0.05$ ). AY489289은 등심의 정육량 비율 에서와 등심, 선호합계 도체중 비율의 우성(dominant), 열성(recessive), 공우성(codominant) 모델에서 유의성이 있는 것으로 확인할 수 있었다 ( $P < 0.05$ ).

Table 3-6-7. Association analysis of *AY489289T>C* SNP with pork meat quality traits

SNP		<i>AY489289T&gt;C</i>						
Model		Dominant		Recessive		Codominant		
Genotype		TT + CT (n = 40)	CC (n = 148)	TT (n = 0)	CC+ CT (n = 188)	CC (n = 148)	CT (n = 40)	TT (n = 0)
Traits	도체중(kg)	98.700±12.976	99.000±12.399		98.936±12.489	99.000±12.399	98.700±12.976	
	전지/정육량 비율 (%)	17.097±1.117	17.062±1.558		17.069±1.472	17.062±1.558	17.097±1.117	
	후지/정육량 비율 (%)	28.958±1.630	29.296±4.714		29.224±4.248	29.296±4.714	28.958±1.630	
	안심/정육량 비율 (%)	2.154±0.173	2.180±0.837		2.175±0.746	2.180±0.837	2.154±0.173	
	등심/정육량 비율 (%)	<b>11.584±0.703*</b>	<b>11.233±1.051*</b>		<b>11.308±0.996*</b>	<b>11.233±1.051*</b>	<b>11.584±0.703*</b>	
	목살/정육량 비율 (%)	9.758±0.471	9.728±0.810		9.734±0.749	9.728±0.810	9.758±0.471	
	삼겹살/정육량 비율 (%)	23.512±1.522	23.574±2.270		23.560±2.129	23.574±2.270	23.512±1.522	
	갈비살/정육량 비율 (%)	5.619±0.399	5.604±0.529		5.607±0.503	5.604±0.529	5.619±0.399	
	가브리살/정육량 비율 (%)	0.704±0.114	0.705±0.102		0.705±0.102	0.705±0.099	0.704±0.114	
	갈매기살/정육량 비율 (%)	0.614±0.066	0.618±0.074		0.617±0.073	0.618±0.074	0.614±0.066	
	비선호합계/정육량 비율 (%)	59.793±1.642	59.772±3.085		59.776±2.836	59.772±3.085	59.793±1.642	
	선호합계/정육량 비율 (%)	40.207±1.642	40.228±3.085		40.224±2.836	40.228±3.085	40.207±1.642	
	전지/도체중 비율 (%)	9.946±0.782	9.833±0.806		9.857±0.801	9.833±0.806	9.946±0.782	
	후지/도체중 비율 (%)	16.871±1.527	17.554±11.044		17.409±9.821	17.554±11.044	16.871±1.527	
	안심/도체중 비율 (%)	1.254±0.121	1.263±0.562		1.261±0.501	1.263±0.562	1.254±0.121	
	등심/도체중 비율 (%)	<b>6.743±0.565*</b>	<b>6.480±0.597*</b>		<b>6.536±0.599*</b>	<b>6.480±0.597*</b>	<b>6.743±0.565*</b>	
	목살/도체중 비율 (%)	5.673±0.317	5.604±0.351		5.619±0.345	5.604±0.351	5.673±0.317	
	삼겹살/도체중 비율 (%)	13.648±0.563	13.566±0.820		13.583±0.772	13.566±0.820	13.648 ±0.563	
	갈비살/도체중 비율 (%)	3.270±0.290	3.229±0.251		3.238±0.260	3.229±0.251	3.270±0.290	
	가브리살/도체중 비율 (%)	0.408±0.059	0.406±0.048		0.406±0.051	0.406±0.048	0.408±0.059	
갈매기살/도체중 비율 (%)	0.357±0.038	0.356±0.041		0.356±0.041	0.356±0.041	0.357±0.038		
비선호합계/도체중 비율 (%)	34.814±2.319	35.130±11.048		35.063±9.853	35.130±11.048	34.814±2.319		
선호합계/도체중 비율 (%)	<b>23.356±0.618*</b>	<b>23.160±0.847*</b>		<b>23.202±0.807*</b>	<b>23.160±0.847*</b>	<b>23.356±0.618*</b>		

\* $p < 0.05$ ; \*\* $p < 0.01$

자. D89502 유전자형과의 연관성 분석결과, 상기 표와 같이 7개의 형질들에서 유의성을 찾을 수 있었다 ( $P<0.01$ ,  $P<0.05$ ). D89502은 도체중에서 우성(dominant), 열성(recessive), 공우성(codominant) 모델에서 유의성을 확인할 수 있었고 ( $P<0.01$ ), 후지, 삼겹살, 비선호합계, 선호합계의 정육량 비율에서와 후지, 비선호합계의 도체중 비율의 우성(dominant), 열성(recessive), 공우성(codominant) 모델에서 유의성이 있는 것으로 확인할 수 있었다 ( $P<0.05$ ).

Table 3-6-8. Association analysis of *D89502G>A* SNP with pork meat quality traits

SNP		<i>D89502G&gt;A</i>						
Model		Dominant		Recessive		Codominant		
Genotype		GG + AG (n = 27)	AA (n = 175)	GG (n = 2)	AA+ AG (n = 200)	AA (n = 175)	AG (n = 25)	GG (n = 2)
Traits	도체중(kg)	91.926±12.00**	100.04±12.19* *	98.000±7.071**	98.97±12.50**	100.04±12.19**	91.440±12.322* *	98.000±7.071**
	전지/정육량 비율 (%)	16.843±2.779	17.118±1.115	16.750±0.338	17.085±1.450	17.118±1.115	16.850±2.891	16.750±0.338
	후지/정육량 비율 (%)	30.950±9.831*	28.920±2.221*	29.049±0.077*	29.192±4.174*	28.920±2.221*	31.102±10.216*	29.049±0.077*
	안심/정육량 비율 (%)	2.059±0.352	2.192 ±0.761	2.054±0.381	2.175±0.724	2.192±0.761	2.060±0.358	2.054±0.381
	등심/정육량 비율 (%)	11.142±1.785	11.337±0.816	11.650±0.603	11.308±1.000	11.337±0.816	11.101±1.848	11.650±0.603
	목살/정육량 비율 (%)	9.562±1.448	9.776±0.547	10.231±0.128	9.742±0.734	9.776±0.547	9.508±1.494	10.231±0.128
	삼겹살/정육량 비율 (%)	22.603±3.588*	23.690±1.758*	23.336±1.552*	23.547±2.124*	23.690±1.758*	22.544±3.714*	23.336±1.552*
	갈비살/정육량 비율 (%)	5.542±0.921	5.636±0.397	5.564±0.156	5.624±0.499	5.636±0.397	5.541±0.958	5.564±0.156
	가브리살/정육량 비율 (%)	0.696±0.132	0.710±0.096	0.686±0.092	0.708±0.102	0.710±0.096	0.697±0.136	0.686±0.092
	갈매기살/정육량 비율 (%)	0.604±0.107	0.622±0.066	0.681±0.115	0.619±0.072	0.622±0.622	0.597±0.106	0.681±0.115
	비선호합계/정육량 비율 (%)	60.994±5.548*	59.567±2.059*	59.503±1.245*	59.760±2.821*	59.567±2.059*	61.113±5.752*	59.503±1.245*
	선호합계/정육량 비율 (%)	39.006±5.548 *	40.433±2.059 *	40.497±1.245 *	40.240±2.821 *	40.433±2.059 *	38.887±5.752 *	40.497±1.245 *
	전지/도체중 비율 (%)	10.000±0.927	9.834±0.770	9.956±0.487	9.856±0.795	9.834±0.770	10.003±0.960	9.956±0.487
	후지/도체중 비율 (%)	21.786±25.454*	16.661±1.945*	17.261±0.452*	17.347±9.542*	16.661±1.945*	22.148±26.459*	17.261±0.452*
	안심/도체중 비율 (%)	1.225±0.132	1.265±0.518	1.224±0.261	1.260±0.487	1.265±0.518	1.225±0.127	1.224±0.261
	등심/도체중 비율 (%)	6.631±0.646	6.519±0.611	6.928±0.558	6.530±0.616	6.519±0.611	6.608±0.657	6.928±0.558
	목살/도체중 비율 (%)	5.689±0.428	5.612±0.328	6.081±0.251	5.617±0.341	5.612±0.328	5.658±0.426	6.081±0.251
	삼겹살/도체중 비율 (%)	13.451±0.823	13.580±0.751	13.854±0.523	13.560±0.763	13.580±0.751	13.419±0.841	13.854±0.523
	갈비살/도체중 비율 (%)	3.299±0.339	3.235±0.237	3.308 3.308±0.188	3.243±0.254	3.235±0.237	3.298±0.351	3.308±0.188
	가브리살/도체중 비율 (%)	0.415±0.054	0.407±0.050	0.407±0.043	0.408±0.050	0.407±0.050	0.416±0.055	0.407±0.043
갈매기살/도체중 비율 (%)	0.359±0.043	0.357±0.041	0.406±0.080	0.357±0.040	0.357±0.041	0.356±0.040	0.406±0.080	
비선호합계/도체중 비율 (%)	39.642±25.037*	34.279±2.779*	35.370±1.758*	34.992±9.593*	34.279±2.779*	39.984±26.025*	35.370±1.758*	
선호합계/도체중 비율 (%)	23.213±0.629	23.191±0.815	24.054±0.047	23.185±0.791	23.191±0.815	23.146±0.605	24.054±0.047	

\* $p<0.05$ ; \*\* $p<0.01$

차. DQ660373 유전자형과의 연관성 분석결과, 상기 표와 같이 10개의 형질들에서 유의성을 찾을 수 있었다 ( $P<0.01$ ,  $P<0.05$ ). DQ660373은 도체중 에서 우성(dominant), 열성(recessive), 공우성(codominant) 모델에서 유의성을 확인할 수 있었고 ( $P<0.05$ ), 후지, 목살, 삼겹살, 비선호합계, 선호합계의 정육량 비율에서와 후지, 등심, 갈매기살, 비선호합계의 도체중 비율의 우성(dominant), 열성(recessive), 공우성(codominant) 모델에서 유의성이 있는 것으로 확인할 수 있었다 ( $P<0.01$ ).

Table 3-6-9. Association analysis of *DQ660373G>C* SNPs with pork meat quality traits

SNP		<i>DQ660373G&gt;C</i>						
Model		Dominant		Recessive		Codominant		
Genotype		CC+GC (n = 132)	GG (n = 70)	CC (n = 10)	GG+GC (n = 192)	GG (n = 70)	GC (n = 122)	CC (n = 10)
Traits	도체중(kg)	97.447±11.475*	101.800±13.74*	98.500±11.237*	98.979±12.533*	101.800±13.744*	97.361±11.535*	98.500±11.237*
	등지방두께(mm)	21.818±5.246	22.157±5.337	21.400±7.058	21.964±5.180	22.157±5.337	21.852±5.107	21.400±7.058
	전지/정육량 비율 (%)	17.074±1.577	17.094±1.161	16.620±1.016	17.105±1.460	17.094±1.161	17.112±1.611	16.620±1.016
	후지/정육량 비율 (%)	29.530±4.895**	28.551±2.032*	31.204±2.908**	29.086±4.187*	28.551±2.032**	29.393±5.006**	31.204±2.908**
	안심/정육량 비율 (%)	2.204±0.884	2.117±0.159	2.095±0.135	2.178±0.739	2.117±0.159	2.213±0.919	2.095±0.135
	등심/정육량 비율 (%)	11.343±1.100	11.252±0.769	11.010±0.711	11.327±1.008	11.252±0.769	11.370±1.124	11.010±0.711
	목살/정육량 비율 (%)	9.691±0.813**	9.853±0.537**	9.378±0.653**	9.767±0.732**	9.853±0.537**	9.717±0.822**	9.378±0.653**
	삼겹살/정육량 비율 (%)	23.238±2.196**	24.122±1.836*	22.950±1.444**	23.576±2.144*	24.122±1.836**	23.262±2.249**	22.950±1.444**
	갈비살/정육량 비율 (%)	5.598±0.538	5.672±0.406	5.467±0.566	5.631±0.493	5.672±0.406	5.608±0.537	5.467±0.566
	가브리살/정육량 비율 (%)	0.699±0.102	0.725±0.099	0.672±0.112	0.710±0.101	0.725±0.099	0.702±0.101	0.672±0.112
	갈매기살/정육량 비율 (%)	0.622±0.077	0.614±0.064	0.604±0.063	0.620±0.073	0.614±0.064	0.624±0.078	0.604±0.063
	비선호합계/정육량 비율 (%)	60.152±3.104**	59.014±1.959*	60.930±1.901**	59.696±2.839*	59.014±1.959**	60.088±3.179**	60.930±1.901**
	선호합계/정육량 비율 (%)	39.848±3.104**	40.986±1.959*	39.070±1.901**	40.304±2.839*	40.986±1.959**	39.912±3.179**	39.070±1.901**
	전지/도체중 비율 (%)	9.927±0.783	9.723±0.798	9.923±0.702	9.853±0.798	9.723±0.798	9.927±0.792	9.923±0.702
	후지/도체중 비율 (%)	17.922±11.663*	16.261±1.587*	18.684±2.460**	17.276±9.720*	16.261±1.587**	17.859±12.114*	18.684±2.460**
	안심/도체중 비율 (%)	1.289±0.593	1.204±0.109	1.249±0.060	1.260±0.497	1.204±0.109	1.292±0.617	1.249±0.060
	등심/도체중 비율 (%)	6.602±0.616**	6.406±0.597**	6.572±0.459**	6.532±0.623**	6.406±0.597**	6.604±0.629**	6.572±0.459**
	목살/도체중 비율 (%)	5.634±0.347	5.600±0.335	5.596±0.377	5.623±0.342	5.600±0.335	5.637±0.346	5.596±0.377
	삼겹살/도체중 비율 (%)	13.492±0.677	13.695±0.887	13.679±0.531	13.556±0.771	13.695±0.887	13.477±0.687	13.679±0.531
	갈비살/도체중 비율 (%)	3.255±0.268	3.222±0.223	3.266±0.376	3.243±0.247	3.222±0.223	3.254±0.259	3.266±0.376
	가브리살/도체중 비율 (%)	0.406±0.049	0.411±0.052	0.400±0.063	0.408±0.050	0.411±0.052	0.407±0.048	0.400±0.063
	갈매기살/도체중 비율 (%)	0.362±0.042**	0.349±0.038**	0.361±0.041**	0.357±0.041**	0.349±0.038**	0.362±0.042**	0.361±0.041**
	비선호합계/도체중 비율 (%)	35.739±11.633*	33.595±2.340*	36.429±2.688**	34.922±9.769*	33.595±2.340**	35.683±12.080*	36.429±2.688**
선호합계/도체중 비율 (%)	23.149±0.754	23.277±0.856	23.302±0.795	23.188±0.793	23.277±0.856	23.137±0.753	23.302±0.795	

\*p<0.05; \*\*p<0.01

## 제 4 장 목표달성도 및 관련분야에의 기여도

### 제 1 절 연구개발을 위한 목표달성도

○ 연차별 목표 대비 달성도

연차별 목표	추진 목표	달성 내용
1년차: 삼겹살 부위의 cDNA library 제작을 통한 지방합성관련 유전자 정보 검색 및 확보	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ 실험동물의 확보 및 시료 채취</li> <li>○ 삼겹살 부위의 cDNA library 제작</li> <li>○ 삼겹살 부위의 cDNA library로부터 유전자 확보 (1차)</li> <li>○ 지방합성관련 유전자 정보검색 및 확보</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ 흑돼지A형과 LYD비육돈의 각 시료 채취</li> <li>○ 삼겹살 cDNA library 제작</li> <li>○ cDNA library로부터 1,000여개 유전자 cloning 및 sequencing</li> <li>○ 지방합성관련 유전자 검색</li> <li>○ primer 제작 및 합성</li> <li>○ PCR을 통한 유전자 probe 확보</li> </ul>
2년차: 삼겹살 부위 cDNA library로부터 cDNA chip 제작과 이를 이용한 지방연관 유전자 확보	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ 삼겹살 부위의 cDNA library로부터 700개 유전자 확보 (2차)</li> <li>○ cDNA chip을 이용한 gene expression 분석</li> <li>○ 유전자 발현 분석을 통한 근내 지방과 삼겹살 관련 특이유전자 확보</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ 당초 목표인 700개 유전자보다 초과한 1,000개 유전자 확보 및 sequencing</li> <li>○ 지방합성, 수송, 분해 관련 유전자 확보</li> <li>○ 2000개 clone으로 구성된 cDNA chip 제작</li> <li>○ 지방연관 유전자 확보</li> </ul>
3년차: 선발된 지방 특이 유전자 특성 분석	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ 지방 특이 유전자 선발 및 sequencing</li> <li>○ 지방 특이 유전자 선발 및 cDNA 합성</li> <li>○ RT-PCR 분석</li> <li>○ 지방 특이 유전자의 단백질 발현양상 분석</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ RT-PCR분석에 의한 chip에서 확보 되어진 유전자의 재현성 검증</li> <li>○ RT-PCR에서 발현차이가 나는 유전자의 단백질 분석</li> <li>○ DEG 분석에 의한 지방관련 유전자의 확보 및 이러한 유전자의 발현조절을 위한 후성유전체 마커 확보</li> <li>○ PCR-RFLP와 AS-PCR 분석으로 선발된 유전자의 유전자형 확보</li> <li>○ RT-PCR 분석으로 선발된 유전자의 발현량 확인</li> </ul>



<p>4년차: 지방 특이 유전자 이용 기술 개발 및 재정립</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ 확보된 특이 유전자에 의한 지방 및 삼겹 관련 유전자의 진단 기술 확립</li> <li>○ 각 확보된 유전자를 이용하여 진단 가능한 분석 기법 확립</li> <li>○ 개발된 유전자 진단 기술 재정립 (1차 screen)</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ 3차년도에서 발굴된 유전자의 RT-PCR을 통한 발현량 분석 확인</li> <li>○ RNA sequencing을 통한 다량의 후보 SNP 확보</li> <li>○ Database 또는 문헌을 통하여 이미 밝혀진 후보 SNP 확보</li> <li>○ 확보된 삼겹살 관련 후보 SNP 유전자의 기능 분류</li> <li>○ 발굴된 후보 SNP와 삼겹살 연관 형질과의 연관성 분석 확인</li> <li>○ 발굴된 후보 SNP와 삼겹살량과의 연관성 분석 확인</li> <li>○ 확보된 유전자에 대한 품종에서 검증</li> <li>○ 확보된 유전자에 대한 갈비뼈에서 검증</li> <li>○ 삼겹살(선호부위)이 증대된 돼지를 조기에 선발할 수 있는 유전자 진단기법 개발</li> </ul>
<p>5년차: 특이 지방관련 유전자 진단 기술 산업화</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ 재정립된 유전자 진단 기술 재현성 검증</li> <li>○ 유전자 진단 기법별 민감도에 대한 통계분석</li> <li>○ 유전자 진단 기술개발 산업화</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ 4년차에서 개발된 유전자 진단기법의 재현성검증으로 유전자 진단기법의 확립</li> <li>○ (주)가야육중에 영농활용 진행으로 산업화 진행 중 「제5장 연구개발 결과의 활용계획 참고」</li> </ul>

## 제 2 절 정량적 성과 (논문, 특허, 기타)

### 1. 논문 게재 및 투고

제목	게재년월	잡지명	권(호)	SCI(E) 유무	Impact factor
Expression Analysis of Galectin-1 from fat in Berkshire Pigs	2008. 02	Asian-Aust. J. Anim. Sci.	21(2)	SCI(E)	0.49
Association of GHRH, H-FABP and MYOG Polymorphisms with Economic Traits in Pigs	2009. 03	Asian-Aust. J. Anim. Sci.	22(3)	SCI(E)	0.49
Discovery of non-synonymous SNP in <i>ApoR</i> gene associated with pork meat quality traits	2011. 10	BBB	75(10)	SCI(E)	1.33
Determination of free amino acids of porcine serum responsible for the meat quality by <sup>1</sup> HNMRandHPLCanalysis	2011. 10	African J. Biotechnol.	10(64)	SCI(E)	0.56
Study for the expression of <i>Adiponectin</i> , fatty acid binding protein (FABP)4, stearoyl-CoA desaturase (SCD) genes and the methylation of <i>SCD</i> promoter in porcine muscle and fat tissues	2011. 12	African J. Agri. Res.	6(30)	SCI(E)	0.26
RNA-Seq approach for genetic improvement of meat quality in pig and evolutionary insight into the substrate specificity of animal carbonyl reductases	2012. 09	PLoS One	7(9)	SCI(E)	4.35
Comparative proteome analysis of porcine longissimus dorsi on the basis of pH24 of post-mortem muscle	2012.09	J. Agri. Sci.	4(9)	SCI(E)	0.34

최종보고서 작성당시 게재 예정이었던 PLoS One, J. Agri. Sci. 논문 두 편이 2012. 09월에 각각 투고 완료되었다.

### 2. 특허 등록

제목	등록일	등록 번호
산청흑돼지 유래의 COXIII 유전자, 이로부터 얻은 산청흑돼지 감별용 프라이머 및 이 프라이머를 이용한 산청흑돼지 감별 방법	2008. 07. 16.	10-0847903
우수한 육질을 가진 돼지를 선별할 수 있는 바이오 마커 및 상기 마커를 이용한 돼지의 육질평가방법	2011. 12. 02.	10-1091542
조직별, 품종별, 성장단계별 유전자 발현양상 분석을 통하여 확보한 유전자를 이용하여 성장 또는 육질이 우수한 종돈을 조기에 선발하는 방법	2012. 02. 13.	10-1118207

### 3. 특허 출원

제목	출원일	출원 번호
돼지대량 유전자원으로 구성된 연구용 4,200 cDNA chip과 대량유전자발현량에 따른 성장, 육질, 산자수 진단용 cDNA chip	2007. 12. 17.	10-2007-0132096
조직별, 품종별, 성장단계별 유전자 발현양상 분석을 통한 돼지의 성장과 육질 진단용 특이 유전자	2007. 12. 18.	10-2007-0133339
성장이 우수한 돼지의 조기진단을 위한 유전자 분석기법	2007. 12. 18.	10-2007-0133159
돼지의 성장, 육질 및 번식형질과 관련된 유전자를 조기에 진단할수 있는 DNA CHIP 과 그 개발방법 및 상기 칩을 이용한 성장, 육질 및 번식 형질이 우수한 종돈선별 방법	2008. 05. 21.	10-2008-0046982
RNA-Seq approach for genetic improvement of meat quality in pig and evolutionary insight into the substrate specificity of animal carbonyl reductases	2009. 11. 11.	10-2009-0108819
돼지 육질 형질 평가 유전자 및 상기 마커를 이용한 육질 형질 평가기법	2009. 11. 11.	10-2009-0108820
돼지의 등 지방 두께와 연관된 KIA1717과 ENO3 유전자를 이용한 DNA marker 진단기법	2010. 03. 26.	10-2010-0027285
돼지의 신규한 유전자 및 육질 형질과 연관성이 있는 에스엔피와 이에 따른 유전자형, 그리고 육질 우수 개체 선별 방법	2010. 12. 29.	10-2010-0137604
(선호부위가 증대된) 돼지의 조기선발을 위한 신규한 SNP 마커와 이를 이용한 평가방법	2011. 05. 12.	10-2011-0044621

### 4. 학술 발표

발표 제목	발표일	학술회의명	개최국	구분
Expression of adiponectin and related genes in berkshire and yorkshire	2007. 10. 18.	한국세포분자생물학회	대한민국	국내
New genes associated with growth and meat quality by expression analysis in pigs	2008. 09. 24.	아시아 아태평양 축산학회	베트남	국제
Identification of differentially expressed genes between high pH and low of pH in Berkshire loin	2009. 10. 15.	한국세포분자생물학회	대한민국	국내
돼지의 도축 24시간 후 pH값과 연관된 유전자들의 발현양상 분석	2010. 06. 24.	한국동물자원과학회	대한민국	국내
버크셔에서 KIAA1717과 HUMMLC2B의 유전자형과 경체형질과의 연관성 분석	2010. 06. 24.	한국동물자원과학회	대한민국	국내
Expression of adiponectin and its related genes in sancheong berkshire	2010. 08. 17.	ICOMST2010	대한민국	국제
Porcine myosin heavy chain gene is expressed significantly in Berkshire loins with high pH24	2010. 08. 17.	ICOMST2010	대한민국	국제
The expression analysis of colla2, colla2 and procollagen type 1 in pig tissues	2010. 08. 17.	ICOMST2010	대한민국	국제
Proteomic and epigenetic approaches to establish the post-mortem pH-related gene expression profiling	2010. 08. 25.	바이오그린21 중간평가 발표회	대한민국	국내
Construction of S. Typhimurium mutants impossible of growth in extracellular environment by ara operon and asd gene	2010. 10. 21.	한국생명과학회	대한민국	국제

Post-mortem pH-related gene expression profiling and DNA methylation analysis	2010. 10. 21.	한국생명과학회	대한민국	국제
Development of new expression systems including various signal sequences to use marker of non-antibiotics	2010. 10. 21.	한국생명과학회	대한민국	국제
Porcine liver RNA-Seq	2011. 06. 23.	한국동물자원과학회지	대한민국	국내
DNA methylation profiling in porcine liver by MeDIP-Seq	2011. 10. 12	EMBO학회	프랑스	국제
Identification of gene expression and asymmetric CpG methylation associated with a post-mortem environment of porcine muscle	2011. 10. 12	EMBO학회	프랑스	국제

## 5. 연구 인력 양성

인력 양성 내용	인력양성 년월	이름
경남과학기술대학교 동물소재공학과 농학 석사학위 취득	2010. 02	김민지
경남과학기술대학교 동물소재공학과 농학 석사학위 취득	2010. 02	강진훈
경남과학기술대학교 동물소재공학과 농학 학사학위 취득	2010. 02	황정혜
경남과학기술대학교 동물소재공학과 농학 석사학위 취득	2011. 02	김영재
경남과학기술대학교 동물소재공학과 농학 학사학위 취득	2011. 02	권슬기
경남과학기술대학교 동물소재공학과 농학 석사학위 취득	2011. 02	이용화
경상대학교 응용생명과학부 이학박사 학위 취득	2011. 08	조은석
경남과학기술대학교 동물소재공학과 농학 석사학위 취득	2012. 02	추무호
생물정보학관련 기업 취업 및 경남과학기술대학교 동물소재공학과 박사과정 진학	2012. 03	정원용

## 6. 기타 (영농활용, 홍보 활동 등)

### 가. 영농활용

- 2007년 본 연구과제를 수행한 이후로 현재까지 50회 이상의 양돈농가 컨설팅 수행
- 가야 육종의 종돈을 대상으로 돼지 스트레스 및 질병관련 유전자 검사
  - 돼지 스트레스 및 질병관련 유전자를 활용하여 돼지 스트레스 및 질병 저항성을 가진 돼지를 선발하는데 도움을 줌으로써 양돈농가의 생산성을 향상시킴.

### 나. 홍보 활동

- 2010년 7월 21일, '대한민국지역인터넷신문 네트워크'를 통해서 돼지 저지방 부위 소비 촉진을 위한 홍보
  - 기사 제목 : 돼지고기 저지방부위 변신은 무죄, 김철욱 교수"돼지고기 우수성 알려'

## 제 5 장 연구개발 결과의 활용 계획

### 1. 논문 및 특허 활용 계획

#### 가. 논문 투고 계획

- 본 연구과제에서 얻어진 대부분의 결과들은 ‘제2절 정량적 성과’에서 기술된 논문들을 통해서 이미 국제 SCI저널에 게재되거나 수정 후 게재될 예정이다.
- 그 외의 결과들, 특히 RNA-Seq을 통해서 확보된 후보 exonic nsSNP들에 대해서, 이들에 대한 생화학적, 분자생물학적 기능분석을 수행한 후 얻어진 결과들은 저명한 국제 SCI저널에 투고할 예정이다.

#### 나. 특허 등록 계획

본 연구과제를 수행하는 동안 출원된 아래의 특허기술들은 특허청의 특허심사결과에 대하여 합리적이고 적극적인 대응을 함으로써, 특허 등록이 완료될 수 있도록 노력 할 것이다.

최종보고서 작성당시 특허출원 중이던 ‘돼지의 등 지방 두께와 연관된 KIA1717과 ENO3 유전자를 이용한 DNA marker 진단기법’ 이 2012년 9월 24일 부로 특허등록 되었다.

제목	출원일	출원 번호
돼지대량 유전자원으로 구성된 연구용 4,200 cDNA chip과 대량유전자발현량에 따른 성장, 육질, 산자수 진단용 cDNA chip	2007. 12. 17.	10-2007-0132096
조직별, 품종별, 성장단계별 유전자 발현양상 분석을 통한 돼지의 성장과 육질 진단용 특이 유전자	2007. 12. 18.	10-2007-0133339
성장이 우수한 돼지의 조기진단을 위한 유전자 분석기법	2007. 12. 18.	10-2007-0133159
돼지의 성장, 육질 및 번식형질과 관련된 유전자를 조기에 진단할수 있는 DNA CHIP 과 그 개발방법 및 상기 칩을 이용한 성장, 육질 및 번식 형질이 우수한 종돈선별 방법	2008. 05. 21.	10-2008-0046982
RNA-Seq approach for genetic improvement of meat quality in pig and evolutionary insight into the substrate specificity of animal carbonyl reductases	2009. 11. 11.	10-2009-0108819
돼지 육질 형질 평가 유전자 및 상기 마커를 이용한 육질 형질 평가기법	2009. 11. 11.	10-2009-0108820
돼지의 등 지방 두께와 연관된 KIA1717과 ENO3 유전자를 이용한 DNA marker 진단기법	2010. 03. 26.	10-2010-0027285
돼지의 신규한 유전자 및 육질 형질과 연관성이 있는 에스엔피와 이에 따른 유전자형, 그리고 육질 우수 개체 선별 방법	2010. 12. 29.	10-2010-0137604
(선호부위가 증대된) 돼지의 조기선발을 위한 신규한 SNP 마커와 이를 이용한 평가방법	2011. 05. 12.	10-2011-0044621

### 2. 영농 활용 계획

본 연구과제를 수행하는 동안 개발된 특허 기술을 활용하여 아래와 같은 사업을 통해서 양돈농가의 생산성을 향상시키고자 한다.

#### 가. 사업명: 유전자 진단기술에 의한 경제형질 우수 종돈 개량 사업

#### 나. 목적

유전자 진단기술을 활용한 선호부위가 증대된 돼지를 개량하는 사업을 통해 양돈농가의 생산성을 향상시켜, 농가 소득증대 및 FTA에 대응한 국제경쟁력의 향상을 꾀하고자함.

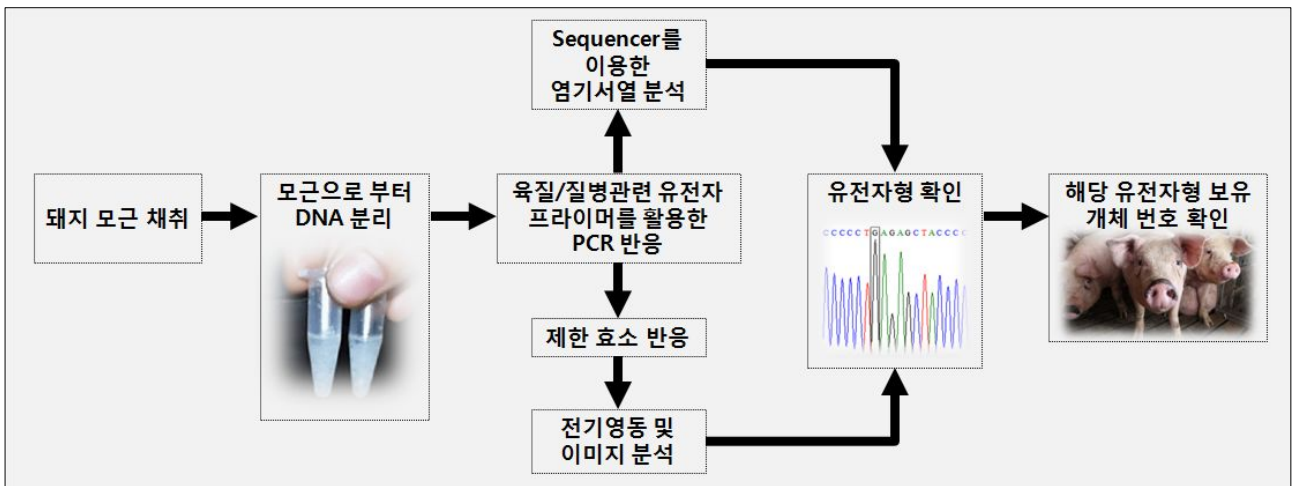
다. 국내 양돈산업 현황 및 사업 필요성

- 우리나라 소비자의 구이중심에 따른 돈육 소비경향은 수급불균형 현상을 크게 야기 시켜, 선호 부위(삼겹살, 목심)를 중심으로 대량의 돈육이 수입됨.
- 최근 국가 간 FTA체결은 수입물량 확대에 의한 국내산 돈육 가격경쟁력 약화로 양돈농가에 큰 어려움을 가중시킴.
- 따라서 선호부위가 증대된 종돈을 유전자 진단기술이 융합된 분자육종방식으로 개량하여 양돈농가의 생산성을 향상시켜, 양돈농가의 소득증대 및 FTA에 대응한 국제경쟁력을 제고 시킬 필요가 있음.

라. 본 사업을 위한 관련 기술

특 허 명	주발명자	출원/등록 번호	관련 연구과제	구분
(선호부위가 증대된) 돼지의 조기선발을 위한 신규한 SNP 마커와 이를 이용한 평가방법	김철욱	10-2011-00446 21	‘돼지 지방 합성관련 유전자를 이용한 삼겹살 증대기술 개발’(농림수산식품부)	출원
산청흑돼지 유래의 COXIII 유전자, 이로부터 얻은 산청흑돼지 감별용 프라이머 및 이 프라이머를 이용한 산청흑돼지 감별 방법	김철욱	10-0847903		등록
우수한 육질을 가진 돼지를 선별할 수 있는 바이오 마커 및 상기 마커를 이용한 돼지의 육질평가방법	김철욱	10-1091542		
조직별, 품종별, 성장단계별 유전자 발현양상 분석을 통하여 확보한 유전자를 이용하여 성장 또는 육질이 우수한 종돈을 조기에 선별하는 방법	김철욱	10-1118207		

마. 유전자 진단 방법



바. 유전자 진단 실시 예

- 유전자 진단 기술에 의한 선호부위 증대 효과
- 아래 표에서처럼 두개의 유전자 DQ660373와 GQ368242에서 GG타입을 가진 개체는 선호 부위의 양이 우수함을 나타냄.

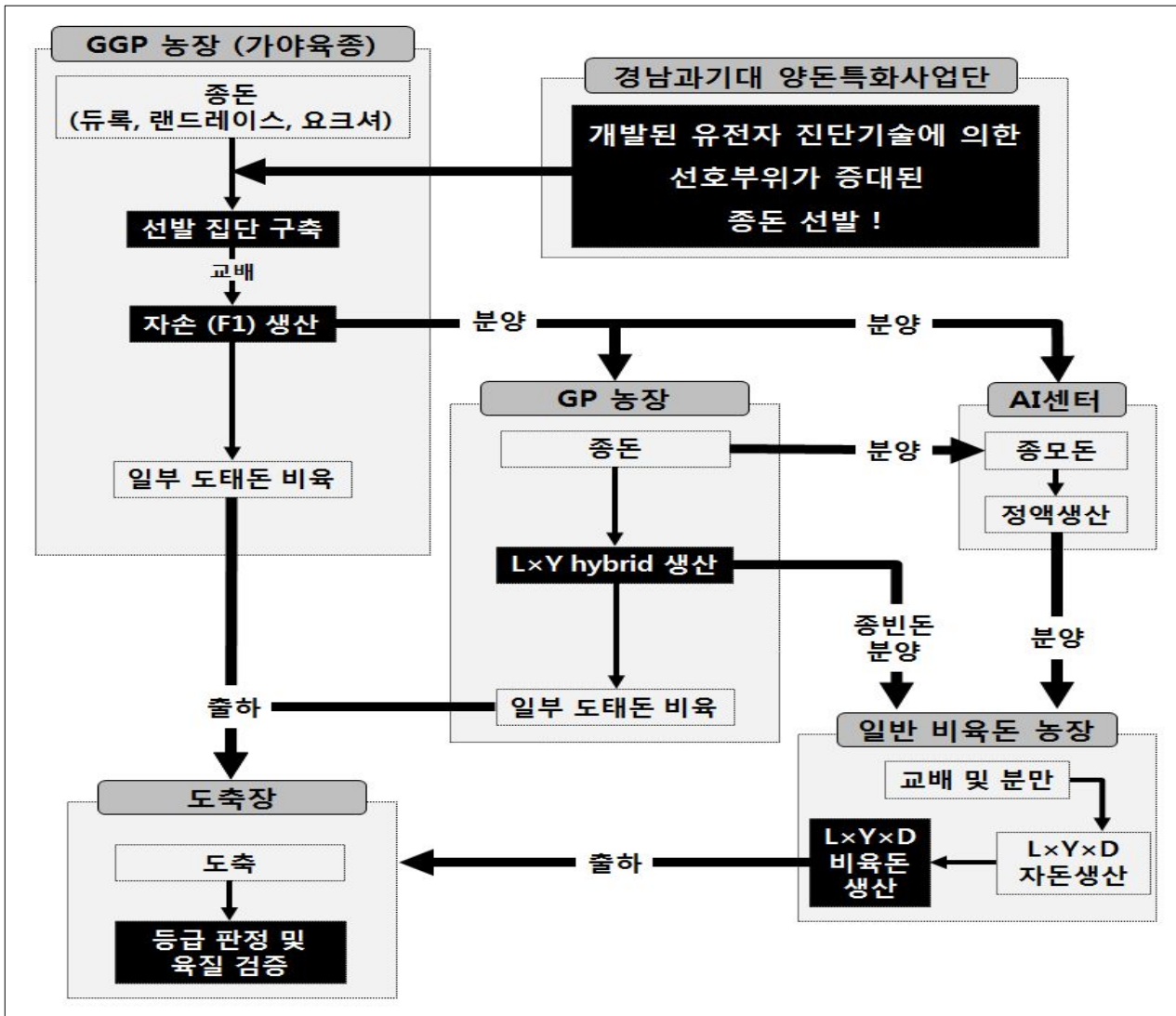
유전자 DQ660373	우성		열성		공우성(Codominant)		
	CC+GC (n = 132)	GG (n = 70)	CC (n = 10)	GG+GC (n = 192)	GG (n = 70)	GC (n = 122)	CC (n = 10)
선호함계/정 육량 (%)	39.848±3.104 **	40.986±1.959 **	39.070±1.901 **	40.304±2.839 **	40.986±1.959 **	39.912±3.179 **	39.070±1.90 1 **

유전자 GQ368242	우성		열성		공우성(Codominant)		
	GG + GT (n = 109)	TT (n = 81)	GG (n = 30)	TT + GT (n = 160)	TT (n = 81)	GT (n = 79)	GG (n = 30)
선호함계/도 체중 (%)	23.307±0.745 *	23.081±0.853 *	23.367±0.737 *	23.181±0.808 *	23.081±0.853 *	23.284±0.751 *	23.367±0.73 7*

\*\* P<0.01, \* P<0.05

### 사. 추진 계획

본 사업은 우선적으로 GGP 농장인 가야육종에서 우선적으로 실시하고자 함 (현재 일부 유전자 진단 기술을 가야육종 농장 473두에 활용하여 선호부위가 1%정도 높게 나타나는 선호부위 증대 돼지 336두, 헤테로 돼지 132두, 일반 돼지 5두에 대한 결과를 확인하였다). 선호부위 증대 돼지를 조기에 선발, 계통 조성하여 농가의 소득 증대에 기여 할 수 있도록 지속적으로 연구하고자 한다.

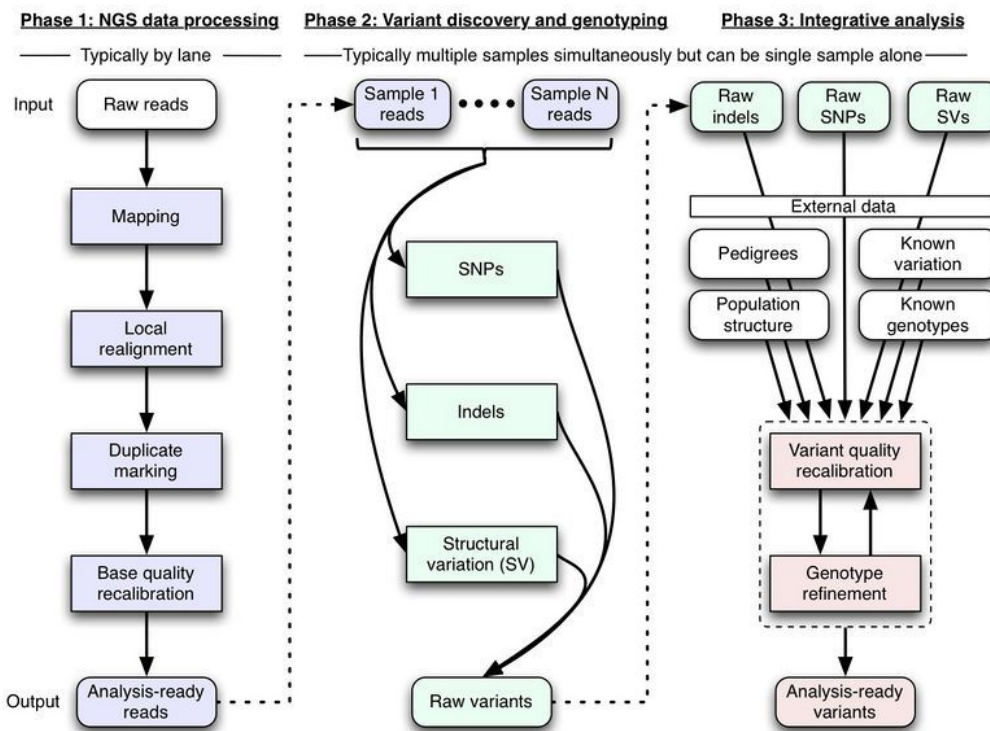


## 제 6 장 연구개발 과정에서 수집한 해외과학기술정보

### 1. 돼지 전체 게놈수준에서 SNP를 탐색하는 방법

#### 가. whole genome resequencing

- 본 기술은 차세대유전체시퀀싱 기술로 전체 게놈의 염기서열에 대한 암호를 해독하는 방법이다. 하지만, 본 기술을 위해서는 분석대상의 게놈에 대한 전체 유전체 암호에 대한 정보가 제공되어야 한다. 비록 본 기술을 수행하는데 고가의 장비가 필요하지만, 전체 게놈에 존재하는 SNP를 탐색할 수 있는 장점이 있다. 구체적인 방법은 아래와 같다.
- 첫 번째 단계에서 차세대유전체시퀀싱 기술로부터 얻어진 게놈의 조각을 유전체에 맵핑하고, 그 조각의 질적 평가와 중복을 제거 한다.
- 다음 단계에서 위의 그림에서와 같이 SNP, Indels, SV 정보를 추출하고, 최종적으로 유전형의 알려진 변이 정보 및 기능 정보를 통합하여 유용한 유전자마커를 탐색 및 발굴 한다.



**Figure 6-1.** Processes of next generation sequencing data;  
Nature Genetics 43, 491 - 498 (2011)

#### 나. Next generation transcriptome sequencing (RNA-Seq)

- 본 기술은 whole genome resequencing와는 달리 전체 mRNA의 염기서열을 해독하는 방법이다. 이렇게 mRNA를 해독함으로써, 유전체 상에서 UTR과 exon 부위의 non-synonymous SNP에 대한 정보를 확인 할 수 있다.
- 본 기술은 whole genome resequencing에 비해서 값이 저렴하고 단기간에 결과를 얻을 수



있는 장점이 있지만, mRNA에 대한 정보만을 얻기 때문에 추가적으로 유전자형분석을 수행하여야하는 번거로움이 존재한다.

○ 구체적인 방법은 아래와 같다.

-> 특정형질관련 조직·세포 채취 및 mRNA 분리.

-> 분리된 mRNA의 fragmentation.

-> reverse transcription(RT) 반응에 의한 sequence library 구축.

-> Illumina Genome Analyzer로 sequence를 해독함으로써, short sequence reads 확보.

-> 얻어진 short sequence reads를 reference sequence database에 어셈블하여 정보 분석.

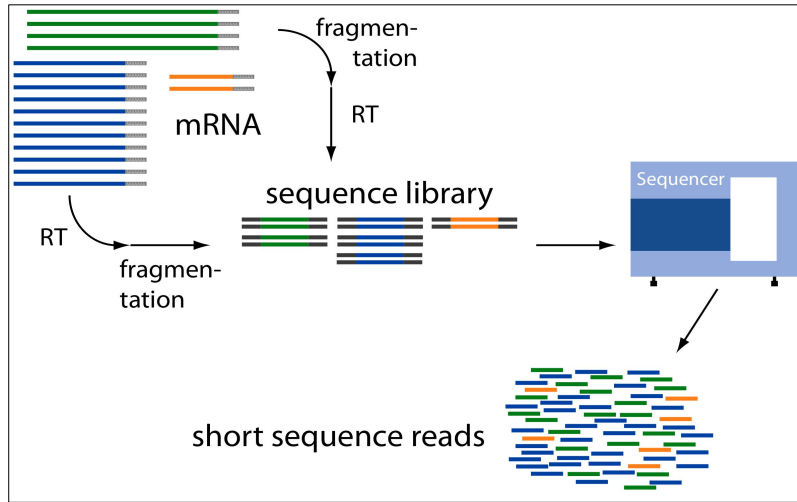


Figure 6-2. Overview of next-generation transcriptome sequencing

## 2. 유전체 마커를 활용한 유전능력 평가모형 개발

가. 검정성적을 토대로 각 경제형질별로 육종가(Breeding Value, BV) 추정 -> Estimated Breeding Value (EBV)

○ EVB 계산에 사용되는 (또는 될 수 있는) 아래의 정보들을 바탕으로 통계알고리즘 개발 개체의 표현형

혈통 정보(혈연관계정보와 표현형정보)

상관된 주요 경제형질 정보

DNA로부터의 정보(유전체 마커)

나. 전통적인 BLUP(Best Linear Unbiased Prediction)-EBV

○ BLUP은 한 동물의 표현형이 없이도 혈통정보를 이용하여 환경효과를 교정한 EBV를 얻을 수 있는 예측 알고리즘임.

○ BLUP-EBV를 첫 번째 선발 전략으로 선택하고자 함.

다. 유전체 마커들(SNP 마커들)을 이용한 GW(genomewide)-EBV

○ G-BLUP(genomic BLUP) 또는 BayesB은 유전체 마커정보들만으로 EBV를 얻을 수 있음.

-> MVB(Molecular Breeding Value)

○ 분자유종가(Molecular Breeding Value, MBV)는 혈연정보보다 EBV를 더욱 정확히 추정해 줄 수 있음.

○ 시간과 노력 면에서 MAS(Marker Assisted Selection)가 GAS(Genotypic Assisted Selection)

보다 현실적이므로, MAS를 두 번째 선발 전략으로 선택하고자 함.

라. 이들을 융합한 방법

- 혈통정보와 유전체 마커정보를 모두 이용하여 더욱 정확한 EBV 계산 모형을 개발하고자 함.  
-> Joint BLUP (J-BLUP)
- 이러한 결합모형(J-BLUP)을 세 번째 선발 전략으로 사용하고 함.

마. 여러 종류의 통합유전체 마커들을 이용한 EBV 계산모형 시도

- 유전체 마커 이외의 통합유전체 마커들(후성유전체 마커, 전사체 마커)을 이용한 선발 또는 EVB 계산은 아직 시도된 바가 없음.
- 우리는 혈통정보와 통합유전체 마커들을 모두 이용하는 EVB 계산모형을 개발하고자 함.  
-> Aggregate BLUP (A-BLUP)
- 이러한 종합모형(A-BLUP)을 네 번째 선발 전략으로 사용하고자 함.

바. 네 가지 선발 전략들을 평가하기 위한 시뮬레이션 모형개발과 수행

- 다산육종의 검정기록(혈통정보)과 확보된 통합유전체 데이터, 그리고 교배계획들에 대해 위에서 개발된 네 가지 선발 전략들을 비교하고 평가할 수 있는 시뮬레이션 모형을 개발하고자 함.
- 이러한 시뮬레이션 결과로부터 가장 효과적인 선발 전략과 교배계획이 선택될 것임.

## 제 7 장 참고 문헌

1. Ashino, S., Wakita, D., Zhang, Y., Chamoto, K., Kitamura, H. and Nishimura, T. 2008. CpG-ODN inhibits airway inflammation at effector phase through down-regulation of antigen-specific Th2-cell migration into lung. *Int. Immunol.* 20(2) : 259-266.
2. Boston, B. A. 1999. The role of melanocortins in adipocyte function. *Ann. N. Y. Acad. Sci.* 885 : 75-84.
3. Choromanska, B., Mysliwiec, P., Dadan, J., Hady, H. R. and Chabowski, A. 2011. The clinical significance of fatty acid binding proteins. *Postepy Hig. Med. Dosw. (Online)*. 65 : 759-763.
4. Christensen, M., Henckel, P. and Purslow, P. P. 2004. Effect of muscle type on the rate of post-mortem proteolysis in pigs. *Meat Sci.* 66(3) : 595-601.
5. Christensen, M., Larsen, L. M., Ertbjerg, P. and Purslow, P. P. 2004. Effect of proteolytic enzyme activity and heating on the mechanical properties of bovine single muscle fibres. *Meat Sci.* 66(2) : 361-369.
6. Clemente-Postigo, M., Queipo-Ortuno, M. I., Fernandez-Garcia, D., Gomez-Huelgas, R., Tinahones, F. J. and Cardona, F. 2011. Adipose tissue gene expression of factors related to lipid processing in obesity. *PLoS One.* 6(9) : e24783.
7. Cohen, P., Miyazaki, M., Socci, N. D., Hagge-Greenberg, A., Liedtke, W., Soukas, A. A., Sharma, R., Hudgins, L. C., Ntambi, J. M. and Friedman, J. M. 2002. Role for stearoyl-CoA desaturase-1 in leptin-mediated weight loss. *Science.* 297(5579) : 240-243.
8. Collins, S. and Surwit, R. S. 2001. The beta-adrenergic receptors and the control of adipose tissue metabolism and thermogenesis. *Recent Prog. Horm. Res.* 56 : 309-328.
9. Derelle, E., Ferraz, C., Rombauts, S., Rouze, P., Worden, A. Z., Robbens, S., Partensky, F., Degroeve, S., Echeynie, S., Cooke, R., Saeys, Y., Wuyts, J., Jabbari, K., Bowler, C., Panaud, O., Piegu, B., Ball, S. G., Ral, J. P., Bouget, F. Y., Piganeau, G., De Baets, B., Picard, A., Delseny, M., Demaille, J., Van de Peer, Y. and Moreau, H. 2006. Genome

analysis of the smallest free-living eukaryote *Ostreococcus tauri* unveils many unique features. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 103(31) : 11647-11652.

10. Dionne, I. J., Turner, A. N., Tchernof, A., Pollin, T. I., Avrithi, D., Gray, D., Shuldiner, A. R. and Poehlman, E. T. 2001. Identification of an interactive effect of beta3- and alpha2b-adrenoceptor gene polymorphisms on fat mass in Caucasian women. *Diabetes.* 50(1) : 91-95.
11. Divakala, K. C., Chiba, L. I., Kamalakar, R. B., Rodning, S. P., Welles, E. G., Cummins, K. A., Swann, J., Cespedes, F. and Payne, R. L. 2009. Amino acid supplementation of hydrolyzed feather meal diets for finisher pigs. *J. Anim. Sci.* 87(4) : 1270-1281.
12. Eckel, R. H. 1989. Lipoprotein lipase. A multifunctional enzyme relevant to common metabolic diseases. *N. Engl. J. Med.* 320(16) : 1060-1068.
13. Gerbens, F., de Koning, D. J., Harders, F. L., Meuwissen, T. H., Janss, L. L., Groenen, M. A., Veerkamp, J. H., Van Arendonk, J. A. and te Pas, M. F. 2000. The effect of adipocyte and heart fatty acid-binding protein genes on intramuscular fat and backfat content in Meishan crossbred pigs. *J. Anim. Sci.* 78(3) : 552-559.
14. 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(4) : 846-852.
15. Han, X., Jiang, T., Yang, H., Zhang, Q., Wang, W., Fan, B. and Liu, B. 2012. Investigation of four porcine candidate genes (H-FABP, MYOD1, UCP3 and MASTR) for meat quality traits in Large White pigs. *Mol. Biol. Rep.* 39(6) : 6599-6605.
16. Karbek, B., Ozbek, M., Bozkurt, N. C., Ginis, Z., Gungunes, A., Unsal, I. O., Cakal, E. and Delibasi, T. 2011. Heart-type fatty acid binding protein (H-FABP): relationship with arterial intima-media thickness and role as diagnostic marker for atherosclerosis in patients with impaired glucose metabolism. *Cardiovasc. Diabetol.* 10 : 37.
17. 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(2) : 131-135.
18. 2000. A missense variant of the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene is associated with fatness, growth, and feed intake traits. *Mamm. Genome*. 11(2) : 131-135.
19. Kota, R. S., Ramana, C. V., Tenorio, F. A., Enelow, R. I. and Rutledge, J. C. 2005. Differential effects of lipoprotein lipase on tumor necrosis factor-alpha and interferon-gamma-mediated gene expression in human endothelial cells. *J. Biol. Chem.* 280(35) : 31076-31084.
20. Lammers, P. J., Kerr, B. J., Weber, T. E., Dozier, W. A., 3rd, Kidd, M. T., Bregendahl, K. and Honeyman, M. S. 2008. Digestible and metabolizable energy of crude glycerol for growing pigs. *J. Anim. Sci.* 86(3) : 602-608.
21. Li, Z., Chu, M. X., Cao, H. H., Li, H. B., Ma, Y. H., Zheng, Y. M. and Zhou, Z. X. 2004. Genetic variation of A-FABP microsatellites in eleven pig breeds. *Yi Chuan*. 26(4) : 473-477.
22. Ling, F., Wei, L., Wang, T., Chen, Y., Zhu, X., Li, J., Liu, T., Du, H., Wang, H. and Wang, J. 2011. Cloning and characterization of the 5'-flanking region of the pig cocaine- and amphetamine-regulated transcript gene. *DNA Cell Biol.* 30(2) : 91-97.
23. Ling, Z. Q., Wang, Y., Mukaisho, K., Hattori, T., Tatsuta, T., Ge, M. H., Jin, L., Mao, W. M. and Sugihara, H. 2010. Novel statistical framework to identify differentially expressed genes allowing transcriptomic background differences. *Bioinformatics*. 26(11) : 1431-1436.
24. Liu, Y., Sturgis, C. D., Grzybicki, D. M., Jasnosz, K. M., Olson, P. R., Tong, M., Dabbs, D. D., Raab, S. S. and Silverman, J. F. 2001. Microtubule-associated protein-2: a new sensitive and specific marker for pulmonary carcinoid tumor and small cell carcinoma. *Mod. Pathol.* 14(9) : 880-885.
25. Murray, R. D., Davison, R. M., Russell, R. C. and Conway, G. S. 2000. Clinical presentation of PCOS following development of an insulinoma: case report. *Hum. Reprod.* 15(1) : 86-88.

26. Nicodemo, M. L., Scott, D., Buchan, W., Duncan, A. and Robins, S. P. 1998. Effects of variations in dietary calcium and phosphorus supply on plasma and bone osteocalcin concentrations and bone mineralization in growing pigs. *Exp. Physiol.* 83(5) : 659-665.
27. Ning, J. and Clemmons, D. R. 2010. AMP-activated protein kinase inhibits IGF-I signaling and protein synthesis in vascular smooth muscle cells via stimulation of insulin receptor substrate 1 S794 and tuberous sclerosis 2 S1345 phosphorylation. *Mol. Endocrinol.* 24(6) : 1218-1229.
28. Nishimura, H. and Yazaki, Y. 1999. Myocardial myosin light chain. *Nihon Rinsho.* 57 Suppl : 256-258.
29. Nishiumi, N., Maitani, F., Tsurumi, T., Kaga, K., Iwasaki, M. and Inoue, H. 2001. Blunt chest trauma with deep pulmonary laceration. *Ann. Thorac. Surg.* 71(1) : 314-318.
30. Nonneman, D. and Rohrer, G. A. 2002. Linkage mapping of porcine DGAT1 to a region of chromosome 4 that contains QTL for growth and fatness. *Anim. Genet.* 33(6) : 472-473.
31. Onodera, S., Chiba, T., Sugai, T. and Habano, W. 2011. A genetic association between ss3-adenoreceptor and cholinergic receptor muscarinic 3 polymorphisms in irritable bowel syndrome. *Hepatology.* 58(110-111) : 1474-1478.
32. Pearson, D., Jackson, L. A., Winkler, B., Foss, B. and Wagener, B. 1999. Use of an automated pharmacy system and patient registries to recruit HMO enrollees for an influenza campaign. *Eff. Clin. Pract.* 2(1) : 17-22.
33. Pirila-Parkkinen, K., Lopponen, H., Nieminen, P., Tolonen, U. and Pirttiniemi, P. 2010. Cephalometric evaluation of children with nocturnal sleep-disordered breathing. *Eur. J. Orthod.* 32(6) : 662-671.
34. Rencic, A., Gehris, A. L., Lewis, S. D., Hume, E. L. and Bennett, V. D. 1995. Splicing patterns of fibronectin mRNA from normal and osteoarthritic human articular cartilage. *Osteoarthritis Cartilage.* 3(3) : 187-196.
35. Rosen, E. D. and Spiegelman, B. M. 2000. Molecular regulation of adipogenesis. *Annu.*

Rev. Cell Dev. Biol. 16 : 145-171.

36. Scott, B. J., Mason, A. G. and Cadden, S. W. 2002. Voluntary and reflex control of the human temporalis muscle. *J. Oral Rehabil.* 29(7) : 634-643.
37. Signer-Hasler, H., Flury, C., Haase, B., Burger, D., Simianer, H., Leeb, T. and Rieder, S. 2012. A genome-wide association study reveals Loci influencing height and other conformation traits in horses. *PLoS One.* 7(5) : e37282.
38. Smith, S. B. and Prior, R. L. 1981. Evidence for a functional ATP-citrate lyase:NADP-malate dehydrogenase pathway in bovine adipose tissue: enzyme and metabolite levels. *Arch. Biochem. Biophys.* 211(1) : 192-201.
39. Sookoian, S. and Pirola, C. J. 2012. DNA methylation and hepatic insulin resistance and steatosis. *Curr. Opin. Clin. Nutr. Metab. Care.*
40. Sovova, E., Hobzova, M., Stejskal, D., Sova, M., Kolek, V. and Zapletalova, J. 2012. Treatment of obstructive sleep apnea with continuous positive airway pressure decreases adipocyte fatty acid-binding protein levels. *Biomed. Pap. Med. Fac. Univ. Palacky Olomouc Czech. Repub.* 156(1) : 58-62.
41. Stanton, T. B., Matson, E. G. and Humphrey, S. B. 2001. *Brachyspira* (Serpulina) *hyodysenteriae* gyrB mutants and interstrain transfer of coumermycin A(1) resistance. *Appl. Environ. Microbiol.* 67(5) : 2037-2043.
42. Szczerbal, I., Lin, L., Stachowiak, M., Chmurzynska, A., Mackowski, M., Winter, A., Flisikowski, K., Fries, R. and Switonski, M. 2007. Cytogenetic mapping of DGAT1, PPARA, ADIPOR1 and CREB genes in the pig. *J. Appl. Genet.* 48(1) : 73-76.
43. Vinayagam, A., Stelzl, U., Foulle, R., Plassmann, S., Zenkner, M., Timm, J., Assmus, H. E., Andrade-Navarro, M. A. and Wanker, E. E. 2011. A directed protein interaction network for investigating intracellular signal transduction. *Sci. Signal.* 4(189) : rs8.
44. Vincent, A. L., Wang, L. and Rothschild, M. F. 1997. Rapid communication: a restriction fragment length polymorphism in the porcine leptin receptor (LEPR) gene. *J. Anim. Sci.* 75(8) : 2287.

45. Wu, J., Zhou, D., Deng, C., Wu, X., Long, L. and Xiong, Y. 2008. Characterization of porcine ENO3: genomic and cDNA structure, polymorphism and expression. *Genet. Sel. Evol.* 40(5) : 563-579.
46. Wulf, D. M., Emmett, R. S., Leheska, J. M. and Moeller, S. J. 2002. Relationships among glycolytic potential, dark cutting (dark, firm, and dry) beef, and cooked beef palatability. *J. Anim. Sci.* 80(7) : 1895-1903.
47. Xu D, Liu C, Fang X, Ge Z, Jalink M, Kyo S, Björkholm M, Gruber A, Sjöberg J. 2007 Mar. The telomerase reverse transcriptase (hTERT) gene is a direct target of the histone methyltransferase SMYD3. *Cancer Res.* 15;67(6)(2626-31).
48. Yerle, M., Echard, G., Robic, A., Mairal, A., Dubut-Fontana, C., Riquet, J., Pinton, P., Milan, D., Lahbib-Mansais, Y. and Gellin, J. 1996. A somatic cell hybrid panel for pig regional gene mapping characterized by molecular cytogenetics. *Cytogenet. Cell Genet.* 73(3) : 194-202.
49. Zhang, Y., Olbort, M., Schwarzer, K., Nuesslein-Hildesheim, B., Nicolson, M., Murphy, E., Kowalski, T. J., Schmidt, I. and Leibel, R. L. 1997. The leptin receptor mediates apparent autocrine regulation of leptin gene expression. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 240(2) : 492-495.
50. Zorzano, A., Palacin, M. and Guma, A. 2005. Mechanisms regulating GLUT4 glucose transporter expression and glucose transport in skeletal muscle. *Acta Physiol. Scand.* 183(1) : 43-58.



## 주 의

1. 이 보고서는 농림수산물식품부에서 시행한 「농림수산물식품부」 사업의 연구보고서입니다.
2. 이 보고서 내용을 발표할 때에는 반드시 농림수산물식품부에서 시행한 「농림수산물식품부」 사업의 연구결과임을 밝혀야 합니다.
3. 국가과학기술 기밀유지에 필요한 내용은 대외적으로 발표 또는 공개하여서는 아니 됩니다.

[부 표]

## 인 쇄 내 용

### I. 인쇄규격

1. 크기 : A4 신판(가로 210mm \* 세로297mm)
2. 제본 : 좌철
3. 용 지
  - 가. 표지 200g/m<sup>2</sup> 양면 아트지
  - 나. 내용 80g/m<sup>2</sup> 모조지
4. 인쇄방법
  - 가. 표지 : 바탕 백색, 활자 흑색
  - 나. 내용 : 흑색 지정활자
  - 다. 양면인쇄

### II. 편집순서

1. 표 지
2. 제출문
3. 보고서 요약서
4. 요약문
5. 영문 요약서(Summary)
6. 영문 목차(Contents)
7. 목 차
8. 본 문
9. 뒷면지

### III. 참고사항

전자조판 인쇄 시에는 이에 준한다.