

발간등록번호

11-1543000-000645-01

과제번호 3110233

고효율 종돈 계통조성 및 생산량 확대기술 개발

Development of Genetic Improvement Systems in Pigs
Using Genomic and Reproductive Technologies

충북대학교 산학협력단

농림축산식품부

제 출 문

농림축산식품부 장관 귀하

이 보고서를 “고효율 종돈 계통조성 및 생산량 확대기술 개발” 연구과제의 보고서로 제출합니다.

제1세부과제: 돼지유전체 경제형질 마커의 조기진단 및 분자유종 시스템 개발

제2세부과제: 고능력 종돈 생산효율 증대를 위한 보조생식기법 및 임신효율 증진기법 개발

제1협동과제 : PRRS 바이러스 저항성 유전자 마커의 유용성 평가 및 종돈선발 적용

제2협동과제 : 한국형 고효율 종돈계통 조성

2014 년 11 월 07 일

주관연구기관명 : 충북대학교

주관연구책임자 : 김 관 석

세부연구책임자 : 김 관 석

세부연구책임자 : 현 상 환

협동연구기관명 : 전북대학교

협동연구책임자 : 김 원 일

협동연구기관명 : 정피엔씨연구소

협동연구책임자 : 정 영 철

위탁연구기관명 : 다비육종

위탁연구책임자 : 정 중 현

요 약 문

I. 제 목: 고효율 종돈 계통조성 및 생산량 확대기술 개발

II. 연구개발의 목적 및 필요성

종돈의 질병저항성과 생산능력을 조기진단하고 향상 시킬 수 있는 DNA정보를 이용한 선발방법과 우수한 능력의 종돈의 번식능력 향상에 기여할 수 있는 생식기술을 다음과 같이 개발하고자 함.

III. 연구개발 내용 및 범위

1) 종돈개량을 위해 돼지의 주요 경제형질인 최소 번식(5종), 면역(5종), 성장(5종), 고품질 육질 (5종), 사료효율 (5종)에 관해 발굴된 유전자마커를 활용할 수 있는 분석키트 개발과 DB구축

- 종돈 품종별 유전자형 분석: 25종에 대해서 1,000두 이상

2) 고효율 종돈 계통조성을 위해 기존의 통계적 선발지수와 유전자마커(MAS)를 통합한 새로운 선발지수 개발과 보급. 기존의 GGP 돈군에서의 순종 선발 시스템을 GGP, PS 개체정보를 이용한 GGP순종 선발 시스템을 개발하여 선발 강도를 높이고 개량 스피드를 높임.

- 종돈품종별 육종가 분석: 6개 형질에 대해서 1,000두 이상 (계통별 200두 이상)

3) 양돈 산업에 가장 큰 경제적인 피해를 주는 PRRS 바이러스 저항성 유전자 마커의 국내적용 시험과 개발을 통해 PRRS 바이러스 감염에 저항성이 높은 종돈 선발 및 적용 시험 연구

- 선행연구에서 증명된 PRRS 저항성관련 유전자 10종 이상 분석하고 유용성 평가
- 실제 농장에서의 유용성이 있는 유전자를 최소 1종 이상 발굴

4) 우수형질 종돈의 유전자원 보존과 생산 효율 증대를 위한 인공수정 번식기법 개발 및 임신효율 증진 분석기법을 개발하여 전국 종돈장 및 양돈장에 보급(AI센터 중심 보급)

- 고효율 종돈 유래 체외수정란 작성 기술 개발

- 비외과적 수정란 이식기술 개발
- 악성 전염병 대비 우수형질 종돈 보전

IV. 연구개발결과

제1세부과제: 돼지유전체 경제형질 마커의 조기진단 및 분자유종 시스템 개발

차별화된 고품질의 안전한 돈육생산에 필요한 종돈을 육성하고 선발하기 위해 번식, 성장, 육질, 사료효율에 관련된 유전체 정보를 형질별 DNA 마커 진단법으로 개발하였고, 국내 종돈의 유전적 능력을 효율적이고 신속히 진단하고 체계적으로 저장할 수 있는 시스템을 확립하였음

- 면역/번식/육질 향상 육종기술개발을 위한 종돈집단 확보와 종돈축군의 유전자형 자료의 확립
- 형질별 고능력 종돈선발을 위한 DNA 분석 시스템 개발
- 형질별 고능력 종돈 유전자 분석체계를 이용한 한국형 종돈의 선발기반 확립

제2세부과제 : 고능력 종돈 생산효율 증대를 위한 보조생식기법 및 임신효율 증진기법 개발

고효율 종돈 유래 체외수정란의 획득에 필요한 안전하고 효율적인 OPU 기술의 개발을 통해 양질의 종돈 체외수정란 대량 생산 시스템을 확립하고 악성전염병 스크리닝 시스템과 구제역 등 악성전염병 대비 우수형질 종돈 및 종모돈 체세포 및 동결정액 보존체계를 마련하여 유전자원 보존과 우수 종돈의 후대생산 효율증대기술을 보급함. 특히 국내 사양환경에 적합한 자궁각내 심부정액주입 기법 및 비외과적 수정란 이식기법을 개발하여 보급 및 교육을 통해 상용화 기반을 구축함

- 고효율 종돈 유래 체외수정란 작성 기술 개발 및 (비)외과적 수정란이식기술 개발
- 악성전염병 대비 우수형질 종돈 유전자원 보존 사업
- 수정란 이식 기술 개발 및 임신기전 분석

제1협동과제 : PRRS 바이러스 저항성 유전자 마커의 유용성 평가 및 종돈선발 적용

PRRS 바이러스의 감염에 저항성이 높은 돼지들에서 발견되는 유전자 마커들을 분석하여 실험실 수준과 실제 농장수준에서 동물실험을 수행하여 PRRS 바이러스 저항성 유전자 마커들의 유효성을 평가하고 유효한 마커들을 이용하여 PRRS 바이러스 감염에 저항성이 높은 종돈 개발연구

- PRRS 감염에 대한 저항성과 관련된 것으로 알려진 유전자 마커의 실제 PRRS

감염에 의한 피해 감소 효과를 PRRS 바이러스 감염 후 임상증상 및 검사 결과를 바탕으로 한 평가 기법 확립

- PRRS에 대한 저항성과 관련된 유전자들을 확립된 평가 기법을 이용하여 실제 농가에서의 PRRS 감염에 의한 피해의 감소효과를 평가하여 PRRS 저항성 마커의 유용성을 증명
- PRRS 저항성 유전자 마커와 다른 세부과제에서 발굴된 유전자 마커와의 연계성 및 유효성 평가하고 경제적 유용성을 증명

제2협동과제 : 한국형 고효율 종돈계통 조성

한국형 고효율 종돈계통조성을 위한 방법을 개발하고 기존의 통계육종 기반 선발지수에 순종돈의 유전적마커(MAS) 유전자형을 분석하여 분자유종기술을 통합한 선발지수를 개발함. 또한 GGP 순종선발을 기존의 GGP 돈군정보에 추가해서 GP, PS 정보를 이용하므로써 보다 스피드 있는 종돈개량 방안을 개발 보급함. 이를 기반으로 국가 종돈개량사업에 정책적으로 접목할 수 있는 인프라 및 네트워크 구축방안 제시

- 통계육종가와 유전자마커 유전자형 통합 선발지수 개발
- 종돈 혈통이력추적기술을 이용한 후대의 개량자료 수집기술 개발
- 계통조성 기반 종돈장 정보를 위한 데이터베이스 구축

V. 연구성과 및 성과활용 계획

- 1) 유전자마커정보를 종돈산업현장에서 간편하게 활용할 수 있도록 보급하고 구축함
- 2) 체세포복제 및 수정란이식은 전염병발생 살처분된 우수한 종돈자원 복구와 종돈수입시 비용과 질병전파를 차단할 수 있는 방안으로 활용될 수 있도록 할 예정임
- 3) PRRS 바이러스 감염에 의한 피해를 유전적 선발로 줄일수 있는 진단방법으로 보급예정이며, 북미 PRRS Host Genetic Consortium과 자료공유 및 공동연구 계획함
- 4) 남원흑돈클러스터 (지리산 흑돈)의 브랜드화와 버크셔K의 6차산업화 성공모델로 될 수 있도록 지속적인 기반기술로 활용하며, GSP 종축사업단과 연계된 결과활용을 계획

SUMMARY

(영문 요약문)

I. Title: Development of solutions (technology) to pork origin traceability

II. Content of Specific research

Objective 1: Identify genetic markers associated with economic traits suitable for use in commercial pigs

The goal of this research is to provide the genetic information necessary to maintain superior production levels. The approach use genetic markers and genomic technologies to understand how the genome regulates animal performance and knowledge about the genes located in the region from the swine genome sequence.

Objective 2: Develop reproductive technologies for manipulating pig embryos for the purpose of increasing genetically superior breeding stock.

Reproductive technologies have involved such areas as pigs produced/sow, more consistent pig flow to market, New reproductive technologies are required in use for conservation and supply of safe (disease-free) and affordable pig breeding stock transportation around the world

Objective 3: Evaluation of genetic markers involved in pig responses to PRRSV infection.

This research focus on the identification of genetic markers in host genes that control resistance/susceptibility to PRRSV infection and application to pig breeding stock for improved health, survivability and growth.

Objective 4: Develop a database and selection model capable of storing field data and facilitating the analysis of genetic evaluation in pig breeding stock.

This project is to develop a comprehensive database for the storage of pedigree and management information in the repository. The database is utilized to analyze information for molecular breeding values across pig management system and environmental conditions.

CONTENTS

(영 문 목 차)

Chapter I. Introduction

- Part 1. Research Background 9
- Part 2. Research Objectives 11

Chapter 2. Skill condition

- 1. Current status of DNA information research for pig breeding 13
- 2. Economic value estimation of target traits in pig industry 16
- 3. Current status of reproductiv technologies for pig industry 19
- 4. Current status of PRRSV Researches 23

Chapter 3. Result

- Part 1. Development of molecular breeding system for economic traits in pigs 26
- Part 2. Development of reproductive technologies for efficient breeding in pigs 80
- Part 3. Evaluation of genetic markers for resistance to PRRSV infection 93
- Part 4. Efficient pig breeding system in Korea 119
- Part 5. SNP based selection methods for high quality pork production 170

Chapter 4. Achievement of goal and contribution to relative area 199

Chapter 5. Plan of practical application 202

Chapter 6. Science and technology information of other countries 210

Chapter 7. References 213

목 차

제 1 장 연구개발과제의 개요

제1절 연구개발의 필요성	9
1. 지속적인 종돈개량을 위한 비법	9
2. 국내 양돈산업의 전염성질병 방재의 중요성	9
3. 국내 양돈산업의 문제점과 대응방안	10
제2절 연구의 목표	11
1. 연구개발의 최종목표 및 주요내용	11
2. 연구개발의 추진체계	12

제 2 장 국내외 기술개발 현황

제1절 DNA 정보를 이용한 종돈개량 연구현황	13
제2절 양돈 경제형질의 가치추정과 종돈개량 동향	16
1. 덴마크 선발지수의 선발형질별 경제적 가치 동향	16
제3절 양돈산업 생식기술 개발현황	19
1. 일반적인 인공수정 방법	19
제4절 양돈 전염성질병, PRRSV 연구현황	23
1. PRRS 바이러스의 분류	23
2. PRRS 바이러스의 구성	23
3. PRRS 바이러스의 다양한 유전형	24
4. PRRS 바이러스의 다양한 면역반응과 독력	24
5. PRRS 바이러스 백신과 예방법	25

제 3 장 연구개발수행 내용 및 결과

제1절 돼지유전체 경제형질 마커의 조기진단 및 분자유종 시스템 개발	26
1. 돼지 염색체 12번 내의 근내지방 관련 QTL 영역 발굴 및 마커 효과 검증	26
2. 고밀도 SNP Chip 을 이용한 돼지품종별 유전체 특성 분석	32
3. 돼지 유전체 전장분석을 통한 경제형질 마커 발굴	35
4. 흑돈 판별 마커 선발 및 개발	50
5. 자돈의 이유 후 폐사율 (Mortality) 및 질병저항성 관련 단일염기 변이 마커 발굴	54
6. 우수 종돈 선발용 SNP 마커 세트 개발 및 검증	62
제2절 고효율 종돈 생산 효율 증대를 위한 보조생식기법 및 임신효율 증진기법 개발	80
1. 고효율 종돈 유래 체외수정란 작성 기술 개발 및 외과적 수정란 이식 기술 개발	80

2. 악성전염병 대비 우수형질 종돈 및 종모돈 유전자원 보존 사업	82
3. 수정란 이식 기술 개발 및 임신기전 분석SNP	84
4. 질병유입의 감소를 위한 돼지수정란 화학적 한정 배양 체계 적용	88
제3절 PRRS 바이러스 저항성 유전자 마커의 유용성 평가 및 종돈선발 적용	93
1. PRRSV 저항성 관련 유전자와 PRRSV 공격감염에 의한 실험실적 지표의 상관관계 분석	93
2. PRRSV 저항성 관련 유전자 마커의 국내 돼지의 분포율 조사	101
3. 유전형 분석에 의해 선발한 이유자돈을 이용한 PRRSV 저항성 관련 유전자와 PRRSV 공격 감염에 의한 실험실적 지표의 상관관계 분석	105
4. 국내 양돈농장의 질병발생 조사 및 분석결과	110
5. PRRS 저항성 유전자의 실제 양돈농장 적용 및 평가	112
제4절 한국형 고효율 종돈계통조성	119
1. 종돈의 계통조성 및 개량 방법	119
2. 마커도움선발(MAS)를 이용한 종돈 선발	137
3. 경제형질별 유전적 개량추세 분석	159
제5절 고품질 종돈 육성을 위한 SNP 마커 선발기술 개발	170
1. 종돈의 구성	170
2. 종돈의 유전적 특징	171
3. 마커도움선발	182
제 4 장 목표달성도 및 관련분야에의 기여도	199
제 5 장 연구개발 성과 및 성과활용 계획	
제1절 연구개발의 목표대비 성과	202
1. 연구개발 성과	202
제2절 연구개발의 활용계획	205
1. 연구결과의 활용계획	205
제 6 장 연구개발과정에서 수집한 해외과학기술정보	
제1절 미국 양돈 사료효율 개선 프로그램	210
제2절 미국 PRRS 저항성 연구 컨소시엄	212
제 7 장 참고문헌	213

제1장 연구개발과제의 개요

제1절 연구개발의 필요성

1. 지속적인 종돈개량을 위한 비법

- 국내 돼지생산량은 지난 30년 동안 크게 증가하였고, 또한 국내돼지의 유전적 개량을 위해 많은 돼지품종과 라인이 여러 양돈국가로부터 국내에 도입되어 왔고, 최근 국내 환경에 적합한 (국내 소비자들이 선호하는 돼지고기를 생산할 수 있는) 종돈 개발에 대한 연구가 모색되어야 한다.
- 그동안 도입된 여러 돼지품종 및 라인들이 국내에서 지속적인 개량수단으로 활용되지 못한 것은 돼지 개량체계의 전문성이 부족하였고, 개량방향 설정의 중요성을 인식하지 못하였을 뿐만아니라, 궁극적으로 국내 양돈산업의 수익구조에 종돈개량을 통한 영향력이 크지 않기 때문이라고 판단한다.
- 최근 농업부문에 있어서 종자산업의 중요성이 부각되고 있고, 고비용 돼지고기 생산 구조를 개선하고, 궁극적으로 안전하고 고품질의 돼지고기를 적절한 가격에 공급할 수 있는 (현대화된 사양시설의 기반에) 경쟁력 있는 양돈산업이 되기 위해서는 우선적으로 객관적으로 판단할 수 있는 우수한 돼지종돈 생산 및 활용에 대한 새로운 방안을 모색되어야 한다.

2. 국내 양돈산업의 전염성질병 방제의 중요성

- 국내 축산업은 상시적인 전염병 발생으로 인한 피해가 누적되고 있지만, 백신예방 접종이나 그동안 시행해온 차단방역으로는 전염병 발생억제에 어려움을 겪고 있다.
- 종돈의 특정전염병이나 병원체에 대한 감수성을 유전적으로 차단하거나, 항병력이나 면역력을 유전적으로 강화할 수 있는 연구를 통해 전염성질병 발생으로 인한 피해를 줄이는 노력도 시도해볼만 하다 (Hawken 등, 1998).
- 돼지유전체 정보의 해독을 통해서 얻어진 유전자 분석 기술은 특정 질병에 대한 항병력이나 질병관련 유전능력을 향상시킬 수 있는 유전자 마커 선별을 가능하게 되었고, PRRS 바이러스에 대한 피해를 줄일 수 있는 염색체 영역을 발굴하였다 (Boddicker 등, 2014).
- 국내 양돈산업에서 문제되는 질병은 소위 “4P 질병” 이라고 하는 돼지소모성질환이

며, 이들 질병의 발생에는 PRRS 바이러스가 대부분 복합감염되어 발생하기 때문에 PRRS 방어가 질병문제 해결의 핵심과제로 대두되고 있으며 PRRS에 의한 양돈산업의 직접적인 피해가 년 간 500억 원 이상 인 것으로 분석되고 있으나 아직까지도 PRRS 예방을 위한 효과적이고 방법이 개발되어 있지 않다.

3. 국내 양돈산업의 문제점과 대응방안

- 현재까지 우리 양돈산업이 고비용 구조를 보이는 주된 원인은 2003년 이후 지속되고 있는 PRRS 등 돼지 소모성 질병으로 생산성이 양돈선진국에 비해 매우 낮기 때문이다.
- 또한 우리 양돈용가의 평균 MSY는 15두를 약간 상회하고 있는데, 이를 선진국 수준인 24두 이상 향상시켜야 수입개방이 확대되어도 경쟁력을 확보할 수 있을 것이다.
- 국제곡물가의 지속적인 상승 (전년도대비 옥수수 97%, 대두 37%, 밀 73% 상승)과 생산두수 감소, 중국의 돼지고기 수입증가 등에 따라 미국산 돼지고기가격은 빠른 상승 (전년도 대비 30% 상승)을 보이고 있고, 또한 오일가격의 상승은 전 세계적 농축산물의 가격폭등의 잠재적 요인으로 고려되고 있다.
- 국제곡물가의 지속적인 상승환경 속에 우리나라 양돈업계에서는 근내지방축적 육질 중심의 개량을 도모해왔는데, 앞으로는 사료효율이 우수한 산육능력과 적절한 수준의 근내지방침착을 균형을 이룰 수 있도록 하고, 이에 따라 축산분뇨질감에 기여할 수 있도록 종돈의 선발과 이용을 도모하여야 한다.
- 국내양돈 산업현장에 사용되는 종돈은 유럽과 북미지역에서 수입하여 판매되고 있어, 종돈의 유전적인 능력을 예측하는데 있어서, 제공될 수 있는 데이터가 매우 빈약하여 본 과제에서는 종돈의 유전적인 능력을 예측하는데 필요한 자료생성방안을 제시하고, 최신 유전자분석기법을 적용하여 한국형 종돈계통 구축에 기여하여야 한다.

제2절 연구의 목표

1. 연구개발의 최종목표 및 주요내용

가. 종돈 경제형질 마커진단을 통한 사료효율 >5%, >산자수 1두, 육질균일화

- 차별화된 고품질의 안전한 돈육생산에 필요한 종돈을 육성하고 선발하기 위해, 본 연구팀이 이미 개발한 번식, 성장, 기능성 육질, 사료효율에 관련된 유전체 정보를 형질별 DNA 마커 진단법으로 개발하여 국내 종돈의 유전적 능력을 효율적이고 신속히 진단하고 체계적으로 저장할 수 있는 시스템을 확립함

나. 고효율 종돈생산을 위한 선발강도강화 (>20%) 및 세대간격 감소 (>20%)

- 고효율 종돈 유래 체외수정란의 획득에 필요한 안전하고 효율적인 OPU 기술의 개발을 통해 양질의 종돈 체외수정란 대량 생산 시스템을 확립하고 악성전염병 스크리닝 시스템과 구제역 등 악성전염병 대비 우수형질 종돈 및 종모돈 체세포 및 동결정액 보존체계를 마련하여 유전자원 보존과 우수 종돈의 후대생산 효율증대기술을 보급함. 특히 국내 사양환경에 적합한 자궁각내 심부정액주입 기법 및 비외과적 수정란 이식기법을 개발하여 보급 및 교육을 통해 상용화 기반을 구축함

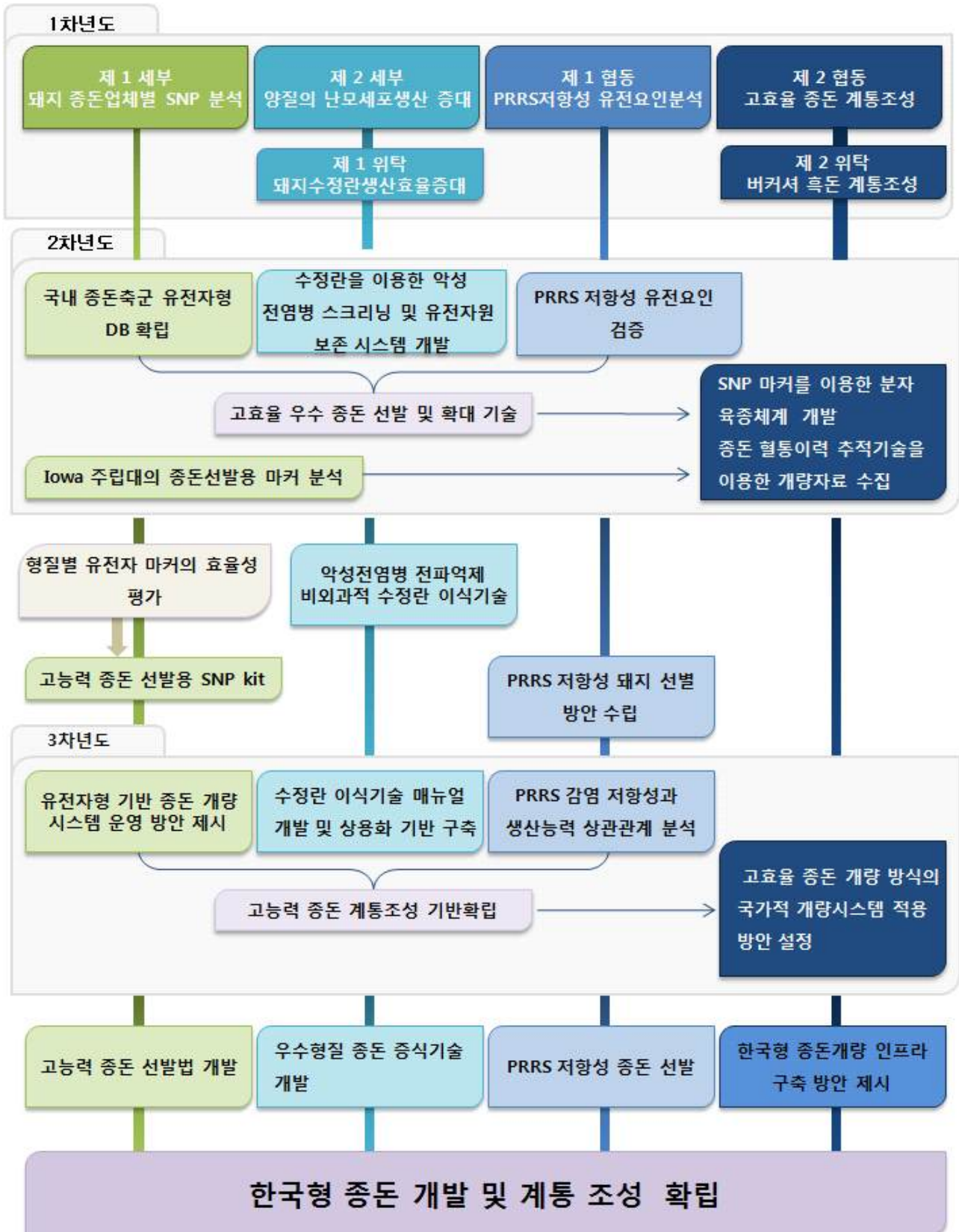
다. 종돈 PRRS 바이러스 감염 저항형질 마커를 이용한 종돈선발

- PRRS 바이러스의 감염에 저항성이 높은 돼지들에서 발견되는 유전자 마커들을 분석하여 실험실 수준과 실제 농장수준에서 동물실험을 수행하여 PRRS 바이러스 저항성 유전자 마커들의 유효성을 평가하고 유효한 마커들을 이용하여 PRRS 바이러스 감염에 저항성이 높은 종돈 개발연구

라. 한국형 고효율 종돈계통 조성

- 한국형 고효율 종돈계통조성을 위한 방법을 개발하고 기존의 통계육종 기반 선발지수에 순종돈의 유전적마커(MAS) 유전자형을 분석하여 분자육종기술을 통합한 선발지수를 개발함. 또한 GGP 순종선발을 기존의 GGP 돈군정보에 추가해서 GP, PS 정보를 이용함으로써 보다 스피드 있는 종돈개량 방안을 개발 보급함. 이를 기반으로 국가 종돈개량사업에 정책적으로 접목할 수 있는 인프라 및 네트워크 구축방안 제시

2. 연구개발의 추진체계



제2장 국내외 기술개발 현황

제1절 DNA 정보를 이용한 종돈개량 연구현황

- 현재 고효율성 종돈의 개발을 위한 분자표지인자의 활용은 글로벌 종축기업과는 달리 국내에서는 산업적으로는 적극 활용되고 있지 않고 있다. 그 이유는 종돈업체나 산업적 수요는 증가하고 있지만, 이를 체계적으로 적용할 수 있는 전문기관이 부재하기 때문이다.
- 다수의 검정된 유전자를 활용한 종돈개량관련 경제형질 육종 프로그램의 구체적인 상품화는 국내 종축개량협회와 축산물품질평가기관등과 전문연구소와 대학 연구기관 등 그리고 정부기관의 복잡한 이해관계아래 통일적이고 체계적으로 마련되기 어렵다고 판단되었다.
- 하지만 산자수 및 육질과 관련하여 분자표지인자를 활용한 선발방식에 대한 국내종돈회사의 관심은 매우 증대되고 있고, 특히 2014년 12월28일부터 시행예정인 돼지고기이력제의 모니터링 수단으로도 종돈 유전자 정보를 활용하는 방안을 검토할 수 있다.
- 본 연구과제의 시작시점인 2011년 농촌진흥청 차세대 바이오그린21 사업의 지원으로 동물유전체육종사업단의 연구과제로 돼지분야의 생산성 및 품질향상을 위한 다양한 연구가 또한 시작되었다 (2011-14).
 - 돼지의 강건성과 스트레스 연관 유전자 발굴 및 제어기술 개발을 통한 육종연구 (책임자 축산원 조인철)
 - 유전체 선발기술을 이용한 한국형 부계 종돈 육질개량 연구 (책임자 순천대 서강석)
 - 유전체 선발기술을 이용한 모계 종돈 육종기술 개발 (책임자 축산원 김태현)
 - 질병저항성 종돈 개량을 위한 면역조절 기전 구명 및 바이오마커 활용 응용기술 개발 (책임자 충북대 최중국)
 - 자돈소모성 질환 내성증대를 위한 PCV와 숙주세포의 상호 기전구명과 이를 이용한 DNA마커 개발 (책임자 고려대 전태훈)
- 동물유전체육종사업단의 최근 홍보내용에 따르면 한국형 종돈 생산을 위한 유용 유전체 정보를 발굴하였다고 소개하였다(News Letter 5호). 육질형질과 산자수 형질 그리고 면역과 관련된 유의적인 SNP들을 kit 상품화 및 이를 이용한 한국형 종돈 육종프로그램개발을 추진하는 방향은 본 과제의 연구내용과 유사하여 향후 연구결과를 공동으로 활용할 수도 있다고 판단함

- 한국형 종돈개량의 우수 종돈선발을 위한 유전적 공유 사업으로 “돼지개량네트워크” 사업이 농림축산식품부의 지원으로 시행되고 있다. 참여종돈장으로는 국립축산과학원, 금보DDF, 농협중앙회종돈사업소, 삼성종돈, 선진한마을, 신청봉영농조합법인, 원산종돈이며, 핵군 AI 센터는 다비육종 중원SP 센터이다.

이 사업의 한계점은 종돈의 개량기본은 “핵돈군의 선발과 교배에 의해서 후대능력향상”인데 1) 참여종돈장의 수가 너무 작고, 2) 참여종돈장간의 정액공유에 따른 전염성질병발생위험, 3) 국가단위 유전능력 평가체제를 구축하는데 필요한 장기적이고 지속적인 선발과 교배를 이루어 낼 수 있을 것인가? 궁극적으로 국내 여건에 맞는 한국형 종돈선발이 종돈장간의 정액공유만으로 어떻게 가능할 것인가? 라는 사업발전방향을 모색하여야 한다.

- 2013년 농수산업에서 필요한 20개 종자를 국산화하기 위한 10년짜리 프로젝트가 골든시트 프로젝트이며 종축사업단이 닭과 돼지 종자를 국산화하기 위해 시작되었고 돼지종돈의 경우 본 연구과제와 유사하거나 중복되는 연구내용이 있는지 검토하였다.
- 종돈개량에 대한 다양한 연구과제의 지원이 실효성을 거두기 위해서는 중복되는 연구과제에 대한 투자를 방지할 수 있어야 하는데, 이미 연구비 지원으로 개발된 내용에 대해서 이를 활용하기 보다는, 동물유전체육종사업단이나 골든시트프로젝트 등 후속 연구지원기관에서 유사한 내용의 개발된 연구를 신규과제로 지원하는 경우도 발생하였고, 일부 연구자에게는 동일한 연구과제를 이름을 달리하여 지원하는 경우도 있어서 정부연구개발예산의 낭비를 초래하는 부작용 또는 문제점을 개선하여야 한다.
- 종돈개량은 양돈산업이 생산하는 정보활용을 통해서 이루어지는 것이다. 종돈개체가 가지고 있는 유전자정보, 그리고 혈통정보와 자손에서 수집되어 지는 경제적으로 중요한 형질에 대한 정보, 그리고 사육환경에 대한 정보를 데이터로 연결하고 통합적으로 분석하여 가장 우수한 개체를 선발하여 종축으로 보존하고 후손을 생산하는데 이용하는 것이다. 국내 종축개량사업에서 이러한 데이터를 수집하고 활용할 수 있는 충분한 기반체계를 이미 갖추고 있다. 다만 이를 활용할 수 있도록 관련기관과 이해 당사자들 간의 긴밀한 정책적 역할조정이 필요할 것으로 생각된다. 왜냐하면 새로운 개량방법을 적용하기 위해서는 기존의 국가정책주도로 구축된 시스템에 변화없이 불가능하기 때문이고, 기존에 활용되고 있는 기술들 (예 한우 초음파진단기술, 한우이력제 등)과 충돌이 발생하는 경우, 새로운 기술이 받아들여져 국내 가축개량을 위해 산업적으로 유용하게 활용되는데 제한요인이 되기도 한다.

○ 본 연구에도 사용되었지만 이미 수년전 개발된 Porcine 60K SNP 칩은 돼지유전체분야 연구에 중요한 도구가 되어 많은 유용한 결과를 도출하고 있다.

- 유전적 다양성 연구: 중국재래돼지와 서구종 사이의 유전적 차이를 발굴하고 중국재래돼지의 유전적특징을 밝히는데 활용되었다 (Ai 등 2013).
- 국내에서도 제주재래돼지의 개량을 위해서 우수 육질관련 유전좌위를 발굴하는데 이용되었고 (Kim 등, 2011), 유전체 선발을 통해서 재래가축 개량속도를 가속화할 수 있는 수단으로도 활용될 수 있다 (Akanno 등 2013).

(표 2-1-1) Porcine 60K SNP 칩을 이용하여 보고된 경제형질좌위

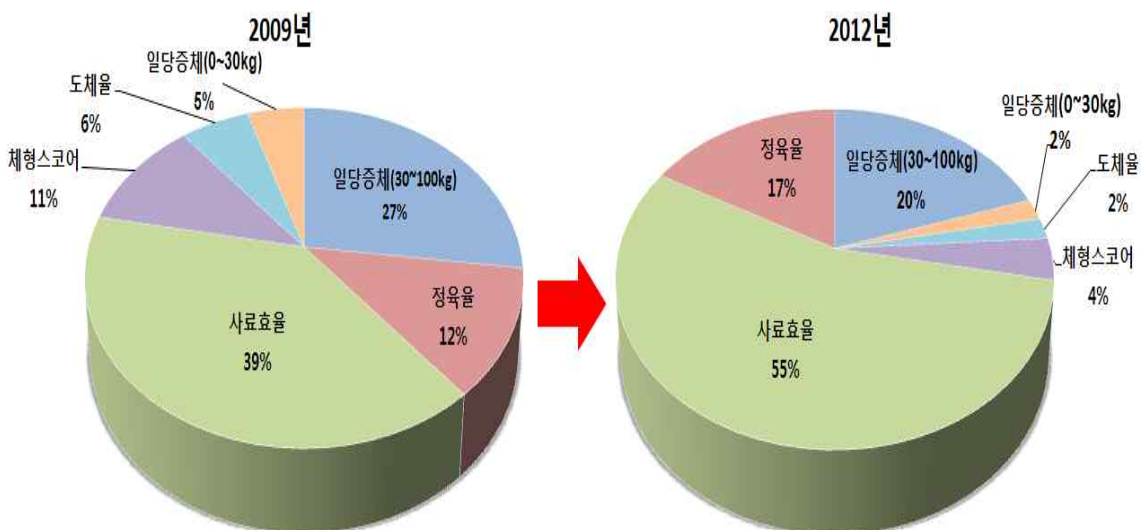
집단	형질	집단크기	염색체 및 마커	비고
Swiss Large White	육질, 도체 및 번식형질 26개 육종가	192두	4개의 유의적인 QTL 발굴	Becker 등, 2013
Commercial crosses	PRRSV 감염후 42일 증체량	~200두	염색체 4번	Boddicker 등, 2014
Danish Duroc	사료효율 형질	1,272두	염색체 1번MAP3K5와 PEX7, ENSSSCG0000022338 (9번), DSCAM (13번)	Do 등, 2014
Indigenous Chinese pigs (Tongcheng pigs)	모색과 번식 선발영역	-		Wang 등 2014
Large White x Minzhu	성장과 외모	605 F2	7번 염색체 좌위	Liu 등 2014,
Danish Landrace	웅취	938 두	14번 CYP2E1	Rowe 등 2014
Korean Landrace	성장	490 두	16번 ALGA0092396	Jung 등 2014
Iberian x Landrace	지방산조성	470 두	8번 ELOVL6 유전자	Revilla 등 2014
Berkshire	선발신호		Whole genome sequencing	Li 등 2014
Yorkshire와 Landrace 각각	pH	450 두	PRKAG3 유전자 프로모터 영역	Uimari 등 2014
Large White	육질, 도체, 사료효율 등 19개 형질	385 두	23번 QTL 영역 반수체 구성	Sanchez 등 2014

제2절 양돈 경제형질의 가치추정과 종돈개량 동향

- 선발지수는 가장 경제적으로 영향을 많이 주는 가축의 형질을 육종의 목표로 선택한 다음, 각 형질의 유전력, 유전적 상관도 등의 유전모수를 파악하고 각 형질의 경제적 가치를 감안하여 가중치를 달리주어 작성하게 된다.
- 즉, 여러 가지 형질을 유전적인 특성과 경제적 가치를 감안해 선발을 통해 최대의 경제적으로 유리하게 개체를 선발하는 것이다. 따라서 종돈의 선발지수는 국가별로 각 종돈의 유전적 특성과 비육돈의 시장 가치에 따라서 달라진다.

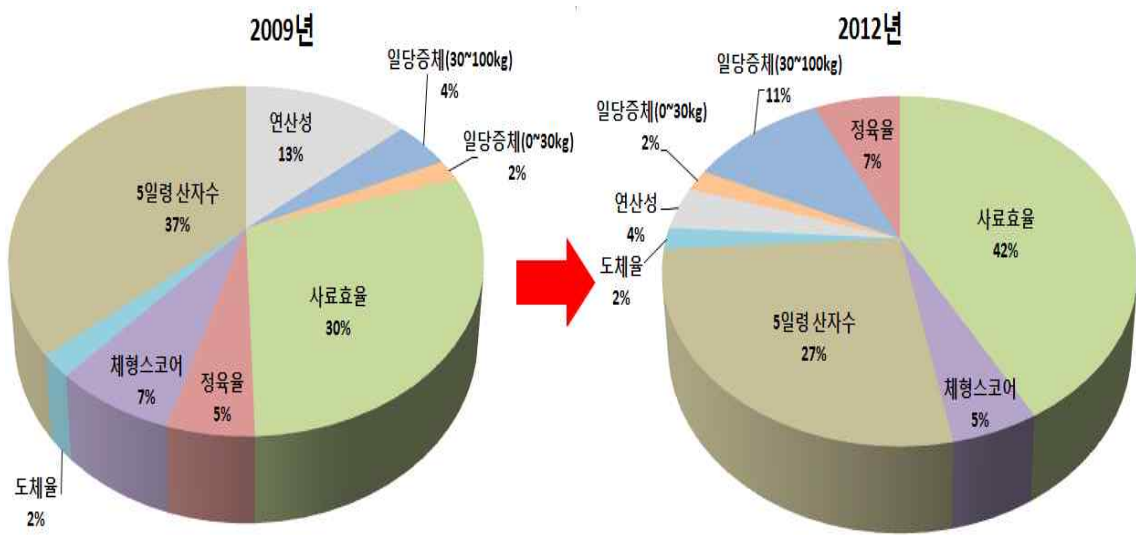
1. 덴마크 선발지수의 선발형질별 경제적 가치 동향

- Danish Pig Research Center는 2012년 연간보고서에 의하면 덴마크 양돈 산업의 2012년 현재 종돈개량 구조는 25개 핵돈군(GGP) 종돈장의 모돈 9,000두와 125개의 증식도군(GP) 농장의 모돈 58,000두, 비육돈을 생산하는 번식돈군(PS)의 모돈 115만두로 구성되어 있고 연간 2,600만두의 비육돈을 생산하고 있다.
- 덴마크는 순종돈 선발시 양돈 산업의 수익성에 기여하는 각 형질의 경제적 가치에 따라서 선발지수에 반영하고 있기 때문에 시대에 따라 바뀌어 왔다.
- 2012년 현재의 부계 종돈인 듀록선발시에 가장 큰 비중은 사료효율로 55%, 그 다음은 후기 성장기간(30-100kg)의 일당증체중(20%), 정육율 (17%), 외모체형스코어(4%)순이었다. 2009년까지 사용했었던 선발지수의 사료효율 39% 비중을 55%로 크게 높였다.



(그림 2-2-1) 듀록 부계선발지수의 형질별 가중치변화(2009년→2012년)

- 한편 모계품종인 랜드레이스와 대요크셔 선발지수에서 가장 큰 비중은 역시 사료효율로 42%였고 그 다음은 산자수(27%), 일당증체중(11%), 정육율(7%)순이었다.
- 이전의 모계지수에서는 가장 높은 비율은 분만후 5일령 산자수가 37%로 가장 높은 비율이었고 사료효율은 27%였으나 최신 모계지수에서는 모계 종돈 선발 시에도 사료효율에 가장 큰 비중을 두고 있다.
- 사료곡물가격 급등으로 수익성에 사료효율이 미치는 영향이 더욱 커지는 것을 반영하는 한편, 산자수는 현실적으로 최대한 개량이 달성되었다고 판단한 것이다.



(그림 2-2-2) 랜드레이스, 대요크셔 모계선발지수의 형질별 가중치변화(2009년→2012년)

- 덴마크가 분석한 각 경제형질의 단위 변화에 따른 경제적 가치를 보면 사료효율이 가장 커서 사료요구율 1.0에 따라 17.84유로, 연산성 1년 연장시 5.7유로, 외모체형스코어 1.0에 따라 1.68유로 등으로 추정했다.
- 따라서 지난 4년간 유전적 개량에 의한 비육돈 1두당 경제적 효과는 1.29유로로 연간 2,600만두를 출하함으로써 유전적 개량을 통한 경제적 가치는 3,354만유로(약480억원)로 추정했다.

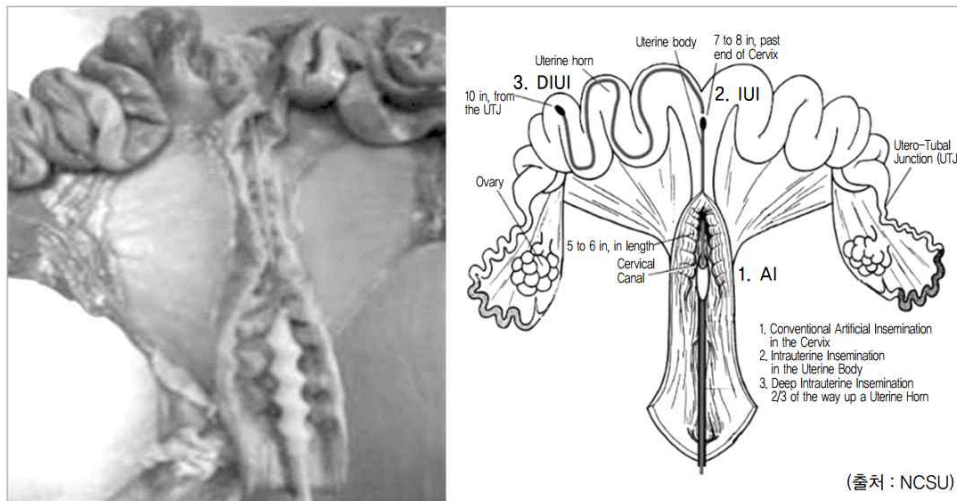
(표 2-2-1) 덴마크 비육돈의 유전적 개량도에 따른 경제적 효과

	유전적 개량도	경제형질 단위별 경제적 가치(유로)	유전적 개량도에 따른 경제적 가치	유전적 전달(%)	두당 경제적 효과
일당증체 (0-30kg)	-1.0 g/day	0.01	-0.01	(100 %)	-0.01
일당증체 (30-100kg)	12.7 g/day	0.02	0.25	80 %	0.20
사료효율	-0.036 FEs/kg	-17.84	0.64	80 %	0.53
정육율	0.10 %	1.15	0.12	150 %	0.17
도체율	-0.02 kg/pig	-0.66	0.01	(100 %)	0.01
5일령 생존자돈수	0.28 pig**	1.48**	0.41	85 %	0.35
체형스코어	0.03 point*	1.68	0.05	(100 %)	0.05
연산성	-0.001 %**	5.70**	-0.01	(100 %)	-0.01
모든 품종 최근 4년간의 평균			1.46		1.29

* 듀록, ** 란드레이스와 대요크셔

제3절 양돈산업 생식기술 개발현황

- 1990년대 초반 돼지인공수정이 양돈산업에 접목되면서 그에 따른 연구와 실험의 반복으로 우리나라 인공수정 기술은 나날이 발전을 거듭해 왔다. 인공수정의 장점은 고능력 종모돈을 집약적으로 관리하여 유전적으로 뛰어난 종모돈의 정액을 보다 많은 농장에서 이용하고 고능력 종모돈으로 인한 유전적인 개량 효과와 개량의 속도를 향상시킬 수 있으며, 정액검사를 통한 불량 정액을 선별할 수가 있어 정액 품질 관리가 가능하고, 편리하며, 경제인 것 등을 말할 수 있다. 여러 가지의 장점 중 가장 우선시되는 것을 꼽으라면 경제성일 것이다. 그러나 여기서 말하는 교배와 관련된 경제성보다도 생산된 비육돈의 유전적인 변이를 최소화하여 균일한 비육돈을 생산할 수 있다는 것이다. 이러한 편리성과 경제성의 이면에는 정액을 생산하는 인공수정센터의 관리나 센터에서 사육하는 종모돈의 관리 소홀로 동시 다발적으로 양돈농장에 치명적인 피해를 줄 수 있다는 단점도 가지고 있다.
- 돼지 인공수정에는 세 가지 방식이 있는데, 정액을 어느 곳에 주입하는가에 따라 아래와 같이 세 가지로 나눌 수 있다(그림 2-3-1). 전통적인 인공수정 방식은 자궁경 입구(자궁 추벽 약 2번째 마디)까지 주입기를 삽입한 후 정액을 주입하는 방식으로 우리나라에서는 일반적으로 정액 약 80~100ml(총 정자수 25~30억)이 사용되어지고 있다.



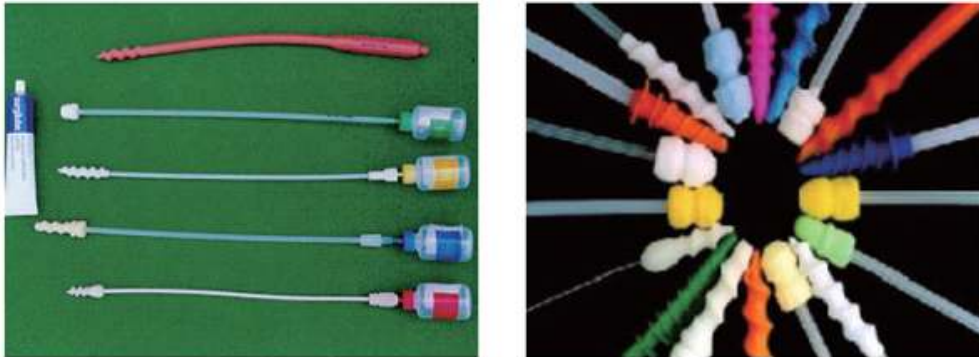
(그림 2-3-1) 여러 가지 인공수정 방식

1. 일반적인 인공수정 방법

가. 정액 주입 기구

- 자연교미 시 자궁경관 추벽에 수태지의 음경이 결합되어 정액을 사정하게 되는 것과 같이 인공수정용 주입기도 수태지 음경 모양을 본떠 만들어진 것과 주입기 선

단에 정액의 역류를 방지하기 위한 스펀지를 부착한 것 등 형태가 다양하나 소독의 번거로움을 피하고 자궁경관에 잘 맞도록 만들어진 1회용 플라스틱 제품이 많이 사용되고 있다(그림 2-3-2).



(그림 2-3-2) 일반적인 돼지정액주입기 형태

나. 정액 주입 요령

- 인공수정 시에는 암돼지가 체내에 생리적인 준비가 갖춰지도록 시술자가 인위적으로 도와주면 좋는데 자연교미때의 수돼지 행동처럼 시술자나 보조자가 암돼지의 등을 눌러준다든지 옆구리를 부드럽게 마찰하고 외음부를 자극하는 등 암돼지를 안정시키고 수정할 준비를 갖추도록 도와주는 것이 바람직하다. 주입기를 삽입하기 전에 먼저 외음부를 알코올 솜이나 물로 깨끗하게 소독하고 한 손으로 돼지의 외음부를 최대한 벌려 주입기가 가능한 한 질내 깊숙이 들어가도록 한 다음 처음 10~15cm 깊이까지는 주입기의 선단을 30°정도 위로 향해 경사지게 삽입하다가 방광 입구를 지난 다음부터는 주입기를 수평으로 유지하면서 서서히 삽입한다. 약 25~30cm 정도 깊이에 이르러 주입기 선단이 자궁경관 입구에도 닿으면 저항감을 느끼게 되는데, 이때부터는 주입기를 시계 반대 방향으로 돌리면서 서서히 밀어 넣으면 주입기 선단이 자궁경관 추벽을 2~3개 정도 지나치는 촉감을 느낄 수 있다.



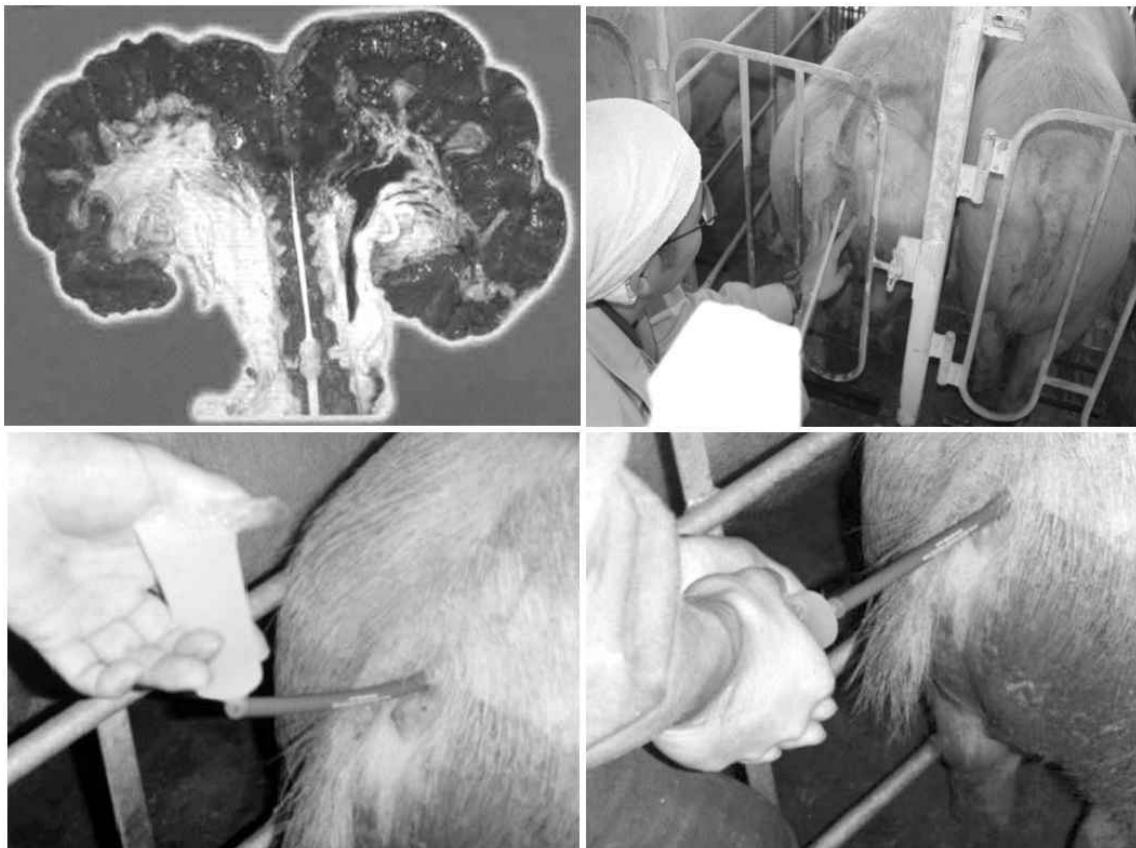
(그림 2-3-3) 주입기 삽입요령 및 주입기가 생식기 내에 삽입된 모습

- 주입기는 가능한 한 자궁경관 추벽 깊숙이 삽입되도록 해야 하나 무리하게 삽입해서 질이나 자궁경관에 상처가 생기지 않도록 주의해야 한다. 주입기 삽입이 완료되면 정액병의 선단을 위생적으로 자르고 정액병을 주입기 뒷부분에 연결해 서서히 정액이 흘러들어 가도록 주입병에 압력을 가한다. 정액 주입시 정액이 역류되거나 주입병에 압력을 가해도 정액이 들어가지 않으면 주입기를 조금 빼내서 다시 결합해 보도록 한다. 정액 주입이 끝나면 주입기를 시계 바늘 방향으로 돌리면서 서서히 빼낸 후 돼지가 안정을 취할 수 있도록 해주고 정액 주입량과 역류된 정액량을 기록해두어 다음 주입시에 참고하도록 한다(그림 2-3-3).

다. 정액 주입 시 주의 사항

- 주입기는 사용 전에 소독을 철저히 해야 하며 윤활제를 이용하면 삽입이 용이하다. 정액 주입은 5~10분간에 걸쳐 서서히 하고 주입 시간 동안에도 정액이 저온 충격을 받거나 직사광선에 노출되지 않도록 세심하게 주의해야 한다. 암돼지가 항상 기분 좋은 상태가 되도록 인내심을 가지고 부드럽게 다루는 것이 중요하다.

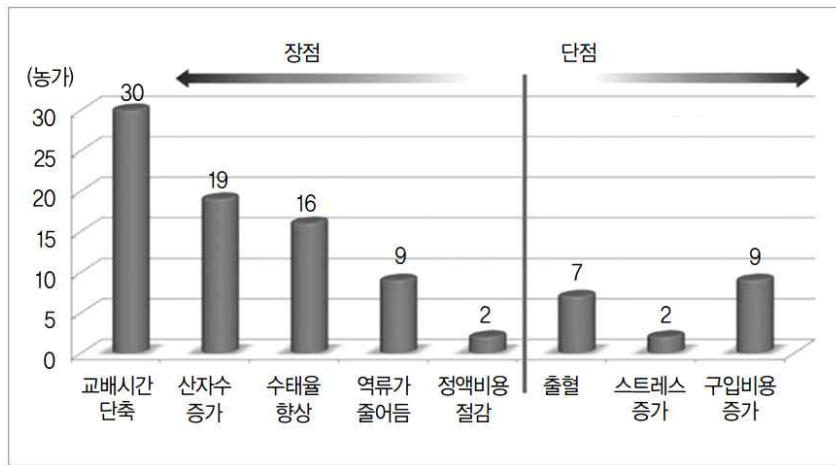
- 최근 도입된 심부주입 인공수정 방법



(그림 2-3-4) 심부주입기가 생식기 내에 삽입된 모습 및 심부주입기의 올바른 삽입요령

- 국내에 도입된 심부주입 인공수정법은 자궁경관에 정액을 주입하는 전통적인 인공수정 방법과 달리 자궁경관을 지나서 더 깊은 위치에 있는 자궁체에 정액을 주입하는 방법이다(그림 2-3-4). 수년 전부터 이 방법이 일부 농가에 도입되어 사용되고 있었으나 본격적으로 기술교육과 함께 도입되고, 연구된 것은 2011년 도드람 양돈농협에서 이 기술을 조합원 생산성 향상 차원으로 도입·보급하면서부터이다. 이렇게 사용되기 시작한 심부주입 인공수정법은 도드람양돈농협의 경우만 보더라도 매월 카테타 공급량이 1만2천개를 넘어설 정도로 일반화되고 있다.

- 기존 심부 인공수정(AI) 사용 농가들의 심부주입 장·단점



(그림 2-3-5) 심부 인공수정 사용농가들의 장·단점

- (그림 2-3-5)에서와 같이 2013년 10월 기준으로 3개 농·축협(도드람양돈농협, 부경양돈농협, 논산계룡축협) 72개 농가를 대상으로 한 설문조사에서 농가에서 생각하는 심부주입 인공수정의 장점으로서는 교배시간 단축, 산자수 증가, 수태율 향상, 역류가 줄어드는 부분, 정액비용절감을 들었다. 단점으로는 내부 카테타(심부내관) 구매 등으로 인한 구입비용 증가, 무리한 주입으로 인한 출혈, 작업 미숙으로 인한 스트레스 증가를 들었다.

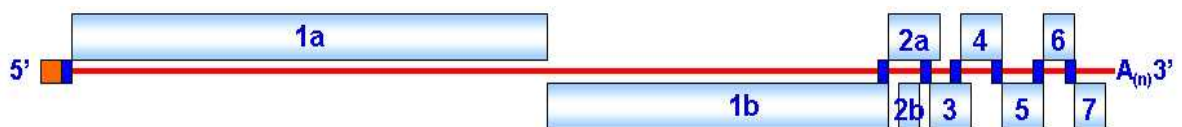
제4절 양돈 전염성질병, PRRSV 연구현황

1. PRRS 바이러스의 분류

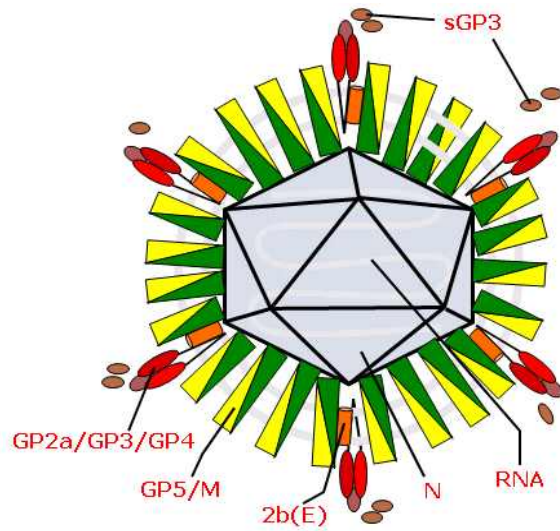
- PRRS 바이러스는 말의 Equine arteritis virus (EAV)와 영장류의 Simian hemorrhagic fever virus (SHFV) 등과 같은 Arteriviridae family에 속하며 Coronaviridae와 같이 Nidovirales order로 분류된다. PRRS 바이러스는 대략 15 kb의 positive, single-strand RNA 유전자를 가진 envelope 바이러스로 유전적으로 30% 이상 차이를 보이는 North American PRRS 바이러스 (북미주, type II)와 European PRRS 바이러스 (유럽주, type I)로 구분되며 두 type은 항원적으로 또한 매우 다른 것으로 알려져 있다.

2. PRRS 바이러스의 구성

- PRRS 바이러스는 최소 10개의 open reading frame (ORF)를 가지고 있는 것으로 알려져 있다. ORF 1a와 1b는 바이러스의 복제에 중요한 역할을 하는 것으로 알려진 nsp (비구조단백질, nonstructural protein) 1a 와 1 β 및 2-12 등의 13개의 비구조단백질을 생산하며 ORF 2-7는 구조단백질을 생산한다. 이들 구조단백질 유전자 중 ORF 2a, 3와 4는 각각 GP2a, GP3 와 GP4 같은 minor envelope 단백질을 생산하며 이들 세 단백질들은 바이러스 envelope 상에서 heterotrimer (GP2a/GP3/GP4) 구조를 이루고 있다. 나머지 minor envelope 단백질은 GP2b 또는 E 단백질은 ORF2a에 포함된 ORF2b에 의해 생산되며 ion channel의 기능을 가지고 있는 것으로 알려져 있다. ORF 5 와 6는 각각 major envelope (GP5) 단백질과 membrane (M) 단백질을 생산하며 이 두 단백질은 heterodimer (GP5/M) 구조로 envelope 상에 존재한다. 또한 GP5a로 명명된 6 kDa의 작은 단백질이 ORF5에서 발현되는 것으로 알려져 있다.
- 이들 envelope 위의 heterotrimer 와 heterodimer 구조들은 바이러스와 세포 간의 결합에 아주 중요한 역할을 하는 것으로 알려져 있으며 바이러스 중화항체 생성과 바이러스 독력에 밀접하게 관련이 있는 것으로 알려져 있다. 마지막으로 ORF7은 바이러스의 nucleocapsid (N) 단백질을 생산한다. 바이러스 감염 초기에 N 단백질에 대하여 높은 수준의 항체가 생산되지만 이들 초기 항체들은 바이러스의 중화 작용이 없는 항체들이다.



(그림 2-4-1) PRRS 바이러스 유전자의 구성



(그림 2-4-2) PRRS 바이러스 입자의 구조

3. PRRS 바이러스의 다양한 유전형

○ PRRS 바이러스는 미국에서 1987년에 처음으로 발견되었고, 그 후 몇 년 뒤인 1991년에 네델란드에서 확연히 다른 type의 PRRS 바이러스가 발견되었다. 이 후에 미국에서 발견된 type은 북미주 (North American 또는 type II)로 유럽에서 발견된 type은 유럽주 (European 또는 type I)로 분류가 되었다. 이 둘 PRRS 바이러스들은 유전적으로 매우 다양해서 North American type과 European type의 바이러스들은 유전적으로 30% 이상의 차이를 보이는 것은 물론이고, 같은 type의 PRRS 바이러스들도 일반적으로 5-20%의 유전적 차이를 보인다. 이 와 같이 유전적으로 다른 두 바이러스들 간에는 효과적인 교차방어가 성립되지 않으므로 이 전에 PRRS 바이러스에 감염이 되었다하더라도 다른 유전형의 PRRS 바이러스에 의해 재감염이 빈번히 일어난다.

○ 따라서 현재 시판되고 있는 약독화 백신들 (Ingelvac® PRRS MLV와 Ingelvac® PRRS ATP)은 유전적으로 다른 PRRS 바이러스들의 감염을 효과적으로 방어할 수가 없는 것으로 알려져 있다. 최근에 본 연구진은 다양한 PRRS 바이러스들 간의 교차면역에 대한 reverse genetics를 이용한 연구를 통하여 ORF 2-6의 구조단백질 유전자들이 다양한 PRRS 바이러스들 간의 교차중화항체 생성에 중요한 역할을 하고 있으며, 특히 ORF3, ORF5, 및 ORF6가 교차면역반응을 유도하는데 중요하다는 것을 밝혀내었다.

4. PRRS 바이러스의 다양한 면역반응과 독력

- PRRS 바이러스에 대한 방어에는 중화항체와 interferon-gamma를 분비하는 T cell의 작용이 모두 중요한 것으로 알려져 있다. 하지만, 다양한 유전형의 PRRS 바이러스들은 동물에 감염 시에 다양한 수준의 면역반응을 일으킨다. 즉, 많은 PRRS 바이러스들이 감염 후에도 inflammatory cytokines과 type I interferon을 생산하지 않고 이 후에도 높은 중화항체거나 interferon-gamma를 분비하는 T cell를 생산하지도 않는 반면, 어떤 PRRS 바이러스들은 높은 수준의 중화항체가와 interferon-gamma를 생산하여 높은 방어면역을 일으키기도 한다.
- 최근의 일련의 연구들에 의해 PRRS 바이러스의 nsp1 β 가 inflammatory cytokines과 type I interferon의 분비와 관계가 있음이 밝혀졌지만 이러한 바이러스 간의 차이를 설명할 수 있는 정확한 유전자의 위치는 아직 알려지지 않았다. 또한 PRRS 바이러스들은 유전형에 따라 다양한 독력을 보이는 것으로 보고가 되어있지만 이러한 다양한 독력의 기전과 기능은 아직 밝혀지지 않았다.

5. PRRS 바이러스 백신과 예방법

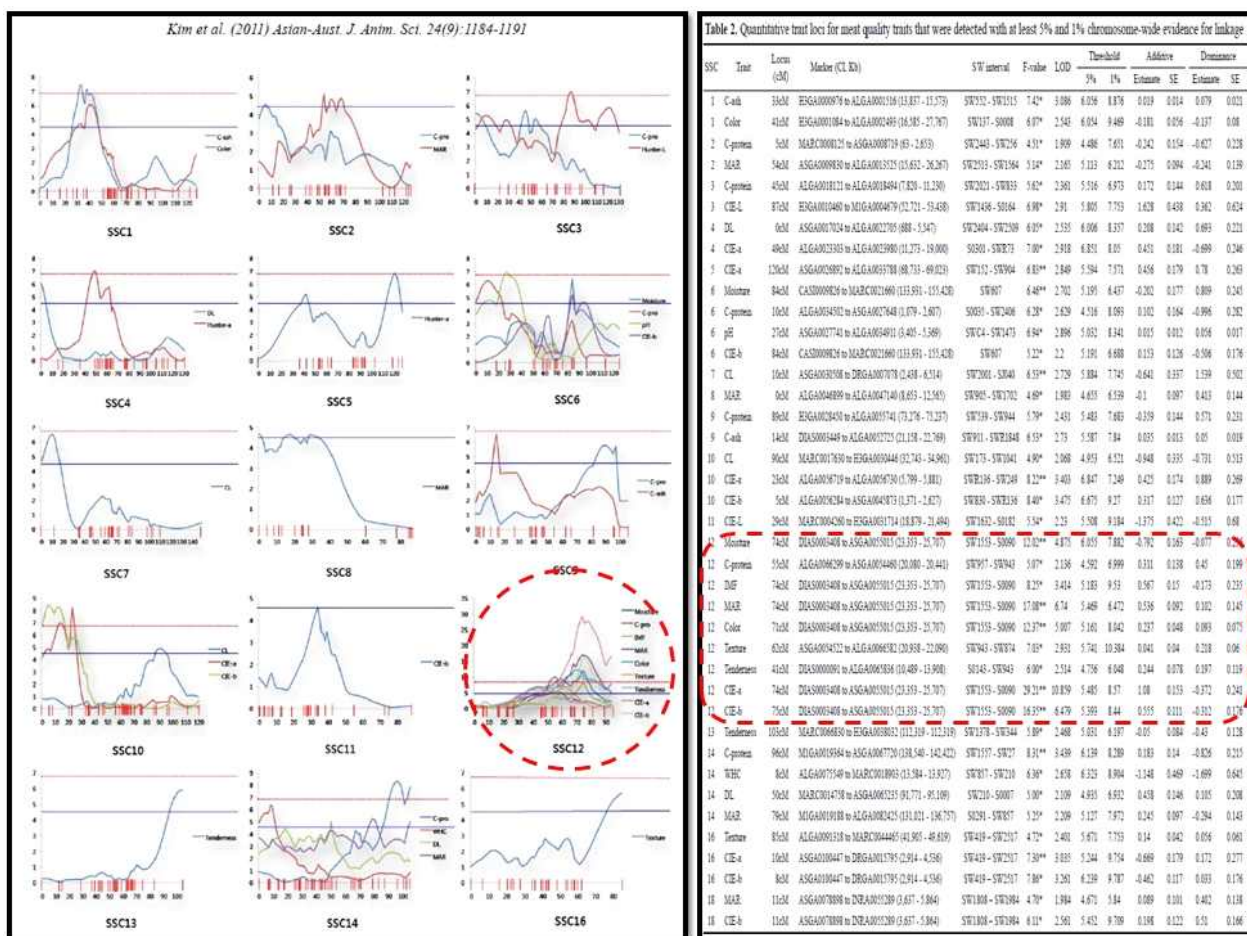
- 능동적으로 증식하지 않는 불활화 백신 또는 ORF5 단백질 등의 일부 바이러스 단백질을 이용한 recombinant 백신은 효과적인 방어면역을 유도하지 못함으로 약독화 백신이 많이 사용되고 있다.
- 하지만, 시판되는 약독 백신들은 매우 빠르게 강독의 야외주 바이러스로 회귀해 버려 백신을 사용한 농장에 전파되어 또 다른 문제를 야기하기도 한다. 따라서 안정성이 높은 백신을 생산하기 위하여서는 약독화 백신의 강독 바이러스로의 변이를 막아내는 방법에 대한 연구가 시급하다. 또 다른 PRRS 바이러스에 대한 예방법으로, 시판되는 약독 백신들이 다양한 PRRS 바이러스들의 감염을 효과적으로 방어하지 못 하기 때문에 바이러스에 감염된 돼지의 혈청을 같은 농장의 돼지에 접종하여 바이러스에 노출시키는 serum therapy도 많이 이용되고 있다. 하지만, 이 방법은 강독의 야외주 바이러스를 그대로 씌므로 높은 위험이 따르고 다른 유전형의 유입을 빨리 알 수 있고 관리할 수 있는 시스템이 잘 갖추어진 농장에서 제한적으로 사용되어야 한다.
- PRRS 바이러스 단백질을 adenovirus 등에 도입하여 생산된 백신들도 마우스에 접종하였을 때 PRRS 바이러스 특이 면역을 일으키는 데는 성공하였으나 돼지를 이용한 동물실험에서는 괄목할 만한 성과를 얻지는 못하였다. PRRS 바이러스 유전자를 이용한 DNA 백신 또한 마우스 등을 이용한 실험에서 바이러스 특이 면역을 유도하는 데는 성공하였으나 실제로 돼지에서 상용화하기에는 현실적으로는 어려운 수준이다.

제3장 연구개발수행 내용 및 결과

제1절 돼지유전체 경제형질 마커의 조기진단 및 분자육종 시스템 개발

1. 돼지 염색체 12번 내의 근내지방 관련 QTL 영역 발굴 및 마커 효과 검증

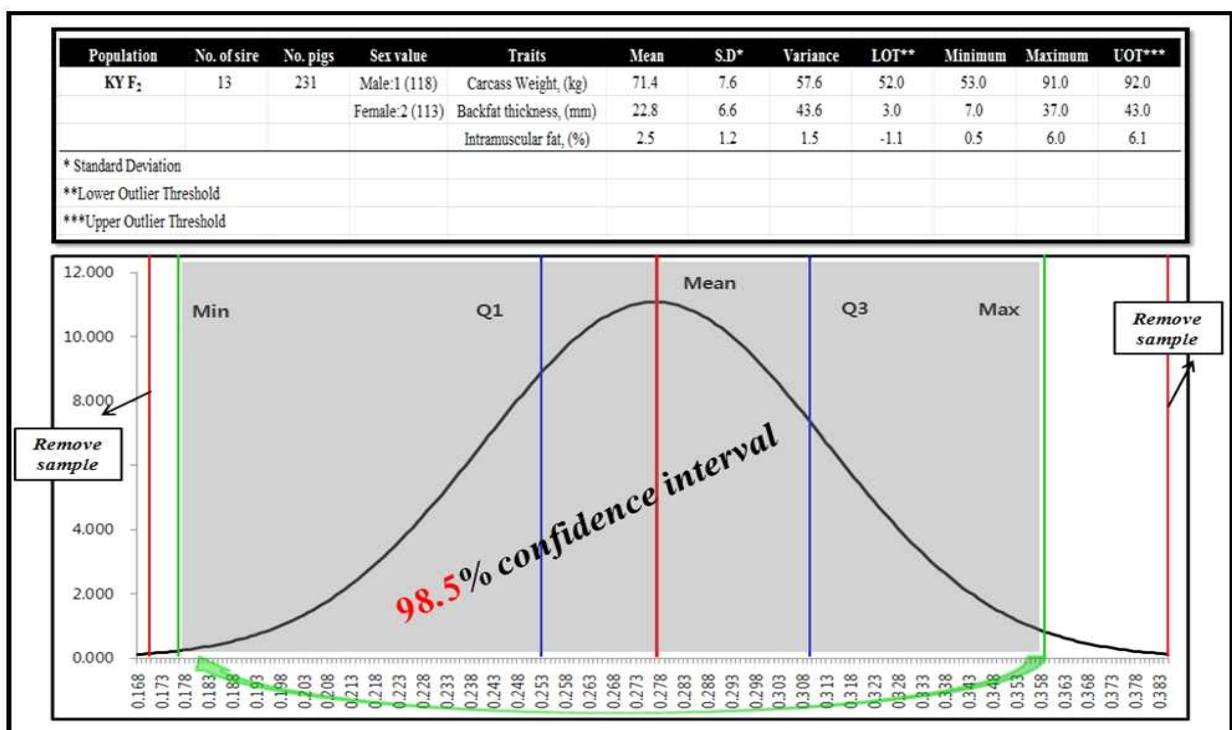
- 돼지고기내의 근내지방 (intramuscular fat: IMF) 함량은 고기의 맛에 부드러운 조직감과 풍미에 영향을 주기 때문에 고품질 돈육을 생산하기 위해 개량되어야 할 때 우 중요한 경제 형질중의 하나이다.
- 본 연구팀의 선행연구결과로 재래돼지와 요크셔종의 양방향 교배집단에서 육질에 관련된 QTL (Quantitative Traits Locus) 영역이 돼지염색체 12번에서 발굴되었는데, 특히 근내지방 및 풍미에 관한 불포화지방산 조성에 관련된 QTL 영역의 유전자 마커를 종돈선발도구로 활용할 수 있도록 연구하였다 (그림 3-1-1).



(그림 3-1-1) 재래돼지와 요크셔 교잡돈집단에서 QTL 분석

가. 분석방법

- 돼지 염색체에서 근내지방 함량에 영향을 미치는 마커를 발굴하기 위해서 Illumina Porcine 60K BeadChip (Illumina, San Deigo, CA, USA)을 이용하여 GWAS (Genome Wide Association Study) 연구를 통해 돼지의 근내지방에 가장 영향을 미치는 마커를 선발 하였다.
- GWAS 분석에 이용된 시료는 한국재래돼지 (Korean Native pig: KNP) 와 요오크셔 (Yorkshire: YS) 종의 전형매 (Full-sib) 교배를 통하여 생산된 F2 집단 249두를 이용하였다 (그림 3-1-2).



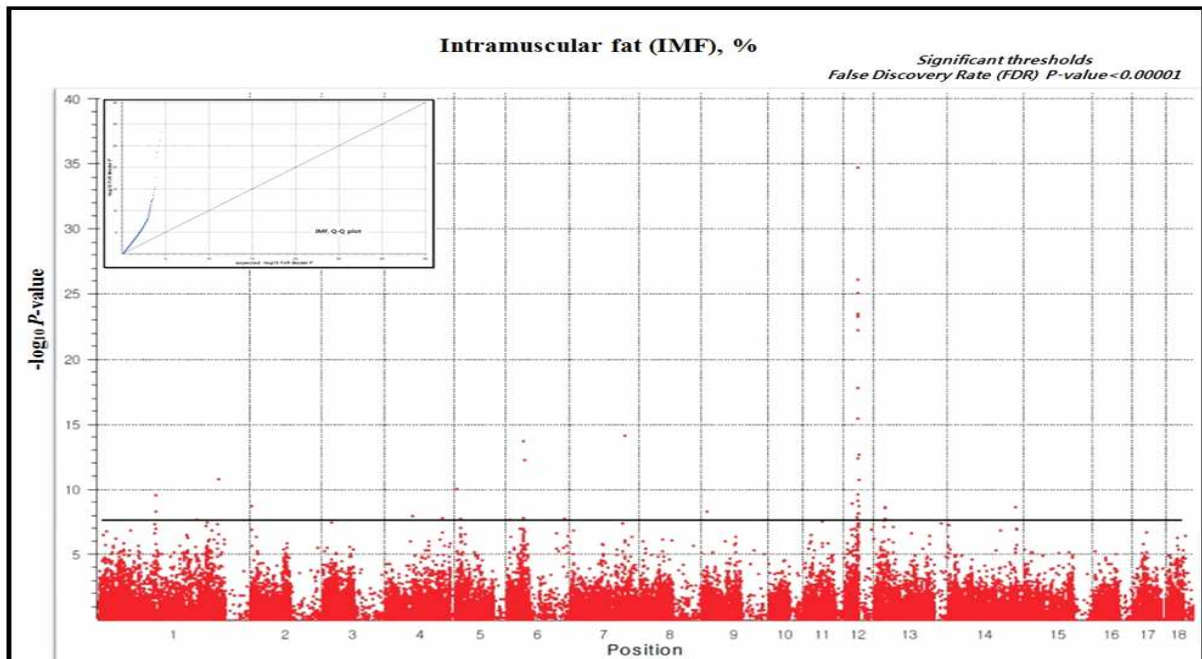
(그림 3-1-2). 재래돼지 요크셔 교잡돈집단의 도체 및 육질관련 표현형 보정

- Porcine 60K BeadChip (Illumina, USA) 에 의한 유전자형 분석은 고순도의 정량된 DNA(750 ng/ μ l) 와 Porcine 60K BeadChip analysis Kits (Illumina, USA) 를 이용하여 유전자형을 분석하였다.
- 분석된 SNP 정보는 Bead Studio version 3.1.(Illumina, USA) 을 통해 SNP marker별 대립유전자형을 분류한 후 Golden Helix 7.0 SVS software 이용하여 minor allele frequency (MAF) 0.05 이하, genotyping error가 0.1 이상 그리고 hardy-weinberg equilibrium (HWE p-value) 이 0.0001 이하인 SNP marker를 제거 하여 Microsoft Excel (Microsoft, USA) 을 이용하여 자료를 취합하였다.

나. 분석결과

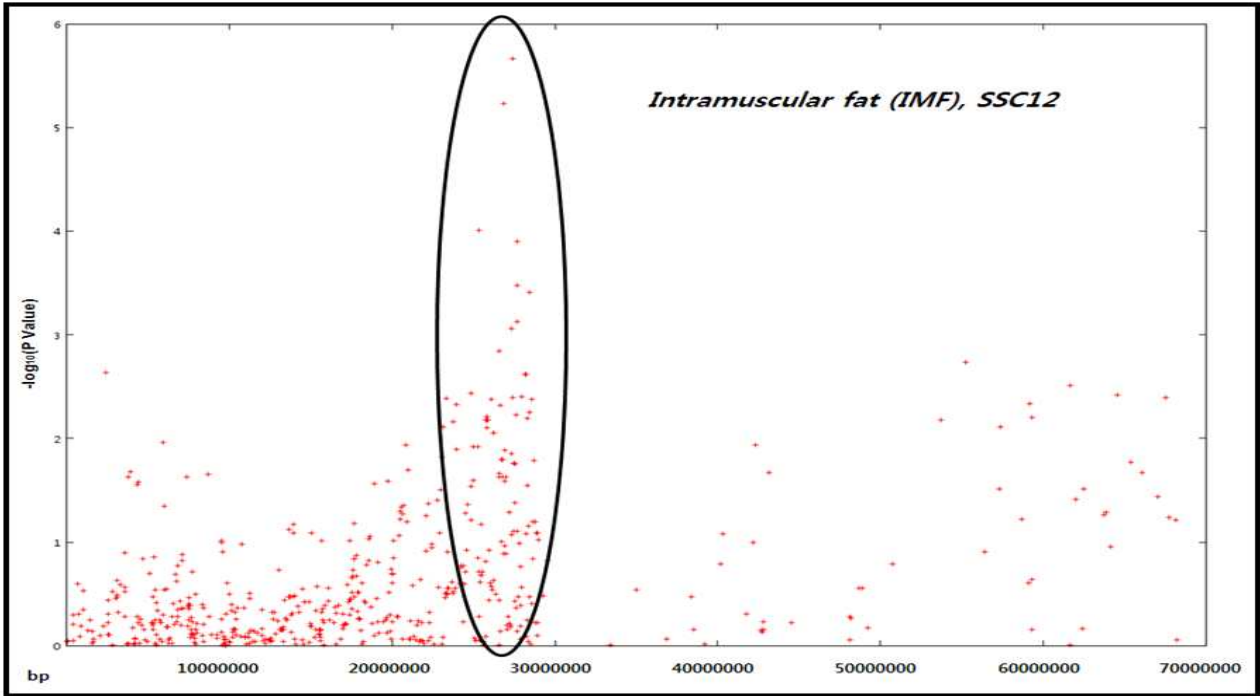
(1) 재래돼지와 요크셔 돼지염색체 12번 QTL의 재확인

- 돼지 총 염색체중 근내지방 함량과 가장 유의적인 효과를 보이는 영역은 염색체 12번으로 나타났다 (그림 3-1-3).



(그림 3-1-3) 재래돼지 요크셔 교잡돈집단의 근내지방에 관련된 GWAS 분석

- 그리고 염색체 12번의 26~28Mbp 사이에 존재하는 10개의 단일염기변이 (SNP) 들이 가장 효과를 나타내며 밀집해 있는 것을 관찰 할수 있었다 (그림 3-1-3).



(그림 3-1-4) 재래돼지 요크셔 교잡돈집단의 염색체 12번 26~28Mbp 영역에 근내지방에 관련된 SNP 마커.

○ 또한 염색체 12번의 26~28Mbp 사이에 존재하는 10개의 단일염기변이 (SNP) 들중 가장 효과가 높은 마커는 M1GA0017062로 27,393,623 bp 에 존재하는 단일염기변이로 관찰되었다 (표 3-1-1). 또한 이 영역은 김 등 (2011) 의 발굴된 QTL 영역내에 존재하는 마커로 나타났다.

(표 3-1-1) GWAS 분석을 통해 근내지방함량에 가장 유의적인 연관이 있는 SNP 마커

Trait/SNP Marker	SSC	bp	SNP code	$-\log_{10}(P\text{-value})$	MAF ^a	SNP effect ^b	FDR ($P\text{-value}$) ^c
Intramuscular fat							
ASGA0053996	12	15522312	[T/G]	8.94	0.127	0.646	0.000001
ALGA0066729	12	24648681	[A/G]	7.92	0.093	1.018	0.000009
ALGA0066945	12	26354444	[A/G]	8.21	0.114	-0.360	0.000006
M1GA0016958	12	26581252	[T/C]	9.12	0.311	-0.084	0.000001
ALGA0066986	12	26867891	[A/G]	17.80	0.259	-0.156	0.000000
ASGA0055110	12	26916152	[A/G]	9.61	0.286	0.551	0.000000
ALGA0067055	12	27305775	[T/C]	12.40	0.258	-1.571	0.000000
M1GA0017062	12	27393623	[T/C]	34.74	0.177	1.232	0.000000
DIAS0000860	12	27535131	[T/C]	25.06	0.244	1.329	0.000000
ASGA0055225	12	27555707	[T/C]	22.23	0.288	1.002	0.000000
ALGA0067099	12	27582482	[T/C]	23.51	0.244	0.954	0.000000
MARC0004712	12	27642227	[A/G]	23.30	0.227	0.861	0.000000
DIAS0003803	12	27699301	[A/G]	15.49	0.301	-0.023	0.000000
ASGA0055250	12	27917988	[A/G]	26.13	0.239	1.128	0.000000
MARC0094338	12	28196686	[A/G]	8.75	0.277	0.649	0.000002
MARC0022924	12	28281078	[A/G]	8.15	0.198	-1.430	0.000006
ALGA0067189	12	28425124	[T/C]	10.75	0.216	-0.220	0.000000
ASGA0055345	12	28462945	[T/G]	12.66	0.205	-0.295	0.000000
ASGA0094812	12	58702424	[T/C]	9.88	0.107	-0.932	0.000000
MARC0017000	12	60018478	[T/C]	12.07	0.106	-0.160	0.000000
MARC0009546	12	65387966	[T/C]	14.94	0.368	0.878	0.000000

^a Minor Allele Frequency
^b Allelic substitution effect
^c False discovery rate

(2) 돼지염색체 12번 QTL 마커의 상용집단 검증

(가) 분석집단

- ① 재래돼지와 요크셔 품종의 양방향 교배로 생산된 F2 집단 350두
- ② 재래돼지와 랜드레이스 품종의 양방향교배로 생산된 F2 집단 467두
- ③ 남원지역 버크셔농장에서 수집한 버크셔집단 398두
- ④ 도드람 양돈조합에서 생산된 비육돈 202두
- ⑤ 고려대학교(홍기창 교수연구팀)에서 보유한 버크셔집단 195두
- ⑥ 고려대학교(홍기창 교수연구팀)에서 보유한 랜드레이스집단 60두
- ⑦ 고려대학교(홍기창 교수연구팀)에서 보유한 요크셔집단 28두를 이용하였다

(표 3-1-2). 돼지 7집단의 근내지방함량에 관련 표현형 정보

Population	Traits	No. of pigs	Mean	Std. Dev ^a	Minimum	Maximum	C.V ^b
F2 offspring from KNP cross YS	Intramuscular fat, (%)	245	2.7	1.6	0.5	10.4	59.1
F2 offspring from KNP cross LR	Intramuscular fat, (%)	467	2.1	2.0	0.1	23.6	97.0
Dasan Berkshire population	Intramuscular fat, (%)	398	2.8	1.2	0.7	10.2	44.1
Dodram pig population	Intramuscular fat, (%)	202	2.3	0.8	0.9	4.7	34.5
KU_Berkshire population	Intramuscular fat, (%)	195	2.9	1.5	0.6	10.2	50.1
KU_Landrace population	Intramuscular fat, (%)	60	2.8	1.8	0.9	8.7	62.9
KU_Yorkshire population	Intramuscular fat, (%)	28	2.4	0.9	0.6	4.9	39.7
a Standard deviation							
b Coefficient of variation (%)							

- 유전자 마커: 선발된 염색체 12번내의 26~28Mbp 사이에 존재하는 10개의 단일염기 변이들을 타 품종 및 상업돈 품종에서의 검증을 위하여 추가적인 유전자형 분석을 실시하였다 (그림 3-1-5).
- 통계분석: 경제형질 측정치에 대한 10개의 단일염기변이의 유전자형 효과를 추정하기 위해 SAS 9.1 Package/PC를 이용하여 일반선형모형 (GLM) 분석을 하였으며, 유전자형의 효과가 유의한 형질들에 대해 최소유의차 검정으로 평균간 차이에 대한 유의성을 조사하였다. 통계분석에 이용한 모형들은 다음과 같다. 여기서 Y_{ijklm} : 도체 형질 관측치, μ : 전체의 평균, S_i : 성별의 효과, G_j : 유전자형 효과, D_k : 품종, L_i : 체중에 대한 공변량, b_i : 체중에 대한 회귀계수, e_{ijklm} : 임의오차를 나타낸다.

$$Y_{ijklm} = \mu + S_i + G_j + D_k + b_i L_i + e_{ijklm}$$

- 선발된 총 10개의 단일염기변이들 중 M1GA0017062 (27,393,623bp) 변이와 DIAS0000860 (27,535,131bp) 변이는 7개의 돼지 품종집단 중 5개의 돼지 품종집단에서 근내지방 함량에 유의적인 효과를 나타내었다.
- 특히 버크셔집단과 도드람 비육돈의 집단에서도 유의적인 효과가 관찰되었다. 하지만 KU_랜드레이스 집단 60두와 요크셔 집단 28두는 그 두수가 너무 적어 그 효과

를 추정하지 않았다. (ALGA0067055: 27,305,775bp, M1GA0017062: 27,393,623bp, DIAS0000860: 27,535,131bp, ASGA0055225: 27,555,707bp, ALGA0067099: 27,582,482bp, ASGA0055250: 27,917,988bp).

- 총 6개의 단일염기변이 마커들은 버크셔 품종집단에서도 유의적인 효과를 관찰 할 수 있었으며, 그 중 4개의 단일염기변이 마커는 (ALGA0067055, M1GA0017062, DIAS0000860, ASGA0055225) 도드람 상업돈 집단에서 그 효과를 관찰 할 수 있었다 (그림 3-1-5).

①

Ori marker	Chr	Pos.	SNP code	Flanking sequence
ALGA0067055	12	27,305,775	[T/C]	GGGTGCAITTAGTGGGAATGCTGATAAAGCACCGCCTTAGGCCAGAGGAAGCTAACCC[A G]GGTAGCGATGGCATAGTACCAATGACCACAGAAGCAGAGATGTTGCCCTCTAAGAAGGG
M1GA0017062	12	27,393,623	[T/C]	GGGGTCCCTGGCTCAGCTGGAACACAGGGATATTGACTAGGAAGCCGGTTAACAGGAAAC[T C]TGCCACTCCTGGGAGACGTCAGCCACTTTCCAACCACCTCCCTCCAGCCTTCCCCCTTG
DIAS0000860	12	27,535,131	[T/C]	TTTCTCCTCCAGCTCCTCCGGCGAGCCTCGGATCTGGCCAGTCTTCTCTGGTCTCT[A G]AAGTCCCTCCTCATGGTGGCCATCTCTTTCCCGCTCCCGCTCTTGAGCAGGGGCTTA
ASGA0055225	12	27,555,707	[T/C]	GCTTACCTGAGCCGAGGTGGCAGGTGGCTGGAAGAAAGGAGCTATTGCCGACGCGTGGG[A G]CTAAATTTTCCTGCTTTAGTCTTTTGTGACTTAGATTTTCTTAAGGAACCATGTAGATGG
ALGA0067099	12	27,582,482	[T/C]	GAAGATAGAATAAAAAAGCTCCGTGGAGAAGCTGGAGAAAAGGAGGCCCTTGGGAAGGG[A G]CTGGGTGATCAGAGAGGTGATCTGACATTGATGTCAGCAGGATGGTGGGGTGGAAAGC
ASGA0055250	12	27,917,988	[A/G]	AACGAAGAGGAGGAAGAGCCTCATAGGTGAAGAAAGAGTCAGTACAGTTTGAGAAGCTC[A G]GGAGGCTGGATGCTGAGGGAAGTCATATGCTGGGTGGAGTGGTGTCCAGGGCGGAA
MARC0094338	12	28,196,686	[A/G]	AAGACAGAGGACAGAAGAGGAACAAGCTGAGTCAGTAACTCATCACAGATCAGTCTTT[A G]TCTTCTTTTCACTTAGCTCTTTCCCTGTCTCTGGCATTGACAGAAGTGAAGAAGT
ALGA0067189	12	28,425,124	[T/C]	GCTCGGCTAAGCGTCTCTGCTCCATGTGATGGCAACTGGCTCATTGGATGATTA[C]CCTGSAAGCTCAGCTGGGGCCAGAACGGCCAACCTCACTCGCATGCTGGTCTCAGCTC
M1GA0017195	12	28,588,902	[T/C]	TCCTCAGGGAGCAAACTTTAAAGGCTTCTGCACCAACCGACGTGAGCCGGTCCCA[T C]ATGGGTGTCACAGGTCGACGGGAAGCAGGACCCGAGGGCAGGATGAAAGAGACCCCTAA
ASGA0099848	12	61,691,530	[A/G]	ACTTTGCTTAGGACTTGAAGATTCCCTACCCAATAAATCGTGTATGCTCTGGAAAAAC[A G]AACAACAACAACAAACGGAAG
ASGA0100802	12	62,090,884	[T/C]	CTTCAGAACGATATTTCCAAGTGCCAAATA[A G]CAATGTTTCTAAGTTGCAGAAGACAATAGCTGTCTGTTGAAAGATGGTACTGAAAGT
MARC009546	12	65,387,966	[T/C]	CTTGCTCCAAGTGAATCACAGCTTACAGCAATTCATAATGAAAAGAAATGGGGTTCT[T C]GCCAGGCTGCTTACTTACTGCATAGTTTGAAGGTGAGGCT

②

SNP_name	Chr	Pos.	SNP code	Traits	Validation population (-log10 P-value)						
					KY F ₂ (n=350)	KL F ₂ (n=467)	Dasan Berkshire (n=398)	Dodram pigs (n=202)	고려대학교_Berkshire (n=195)	고려대학교_Landrace (n=60)	고려대학교_Yorkshire (n=28)
H3GA0034813	12	27,235,933	[T/G]	Intramuscular fat, (%)	3.75**						
ALGA0067055	12	27,305,775	[T/C]	Intramuscular fat, (%)	3.52**	8.47****	2.00*	1.78			
M1GA0017062	12	27,393,623	[T/C]	Intramuscular fat, (%)	16.78****	11.38****	3.21**	2.12*	1.61		
DIAS0000860	12	27,535,131	[T/C]	Intramuscular fat, (%)	7.65****	16.71****	2.99**	1.95	1.50		
ASGA0055225	12	27,555,707	[T/C]	Intramuscular fat, (%)	7.08****	11.3****	2.12*	2.00*			
ALGA0067099	12	27,582,482	[T/C]	Intramuscular fat, (%)	9.31****	11.9****	1.90				
ASGA0055250	12	27,917,988	[A/G]	Intramuscular fat, (%)	9.31****	16.43****	2.12*				
MARC0094338	12	28,196,686	[A/G]	Intramuscular fat, (%)	4.4***	12.02****					
ALGA0067189	12	28,425,124	[T/C]	Intramuscular fat, (%)	9.13****	8.32****					
M1GA0017195	12	28,588,902	[T/C]	Intramuscular fat, (%)		6.79****					
				Significant level >0.05							
				* >0.01							
				** >0.001							
				*** >0.0001							
				**** >0.00001							
				n/a: not analysis							

(그림 3-1-5) ① 염색체 12번내의 근내지방함량에 가장 유의적인 10 개의 SNP 마커 ② 돼지 7집단에서의 10개의 SNP 마커 검증

2. 고밀도 SNP Chip 을 이용한 돼지품종별 유전체 특성 분석

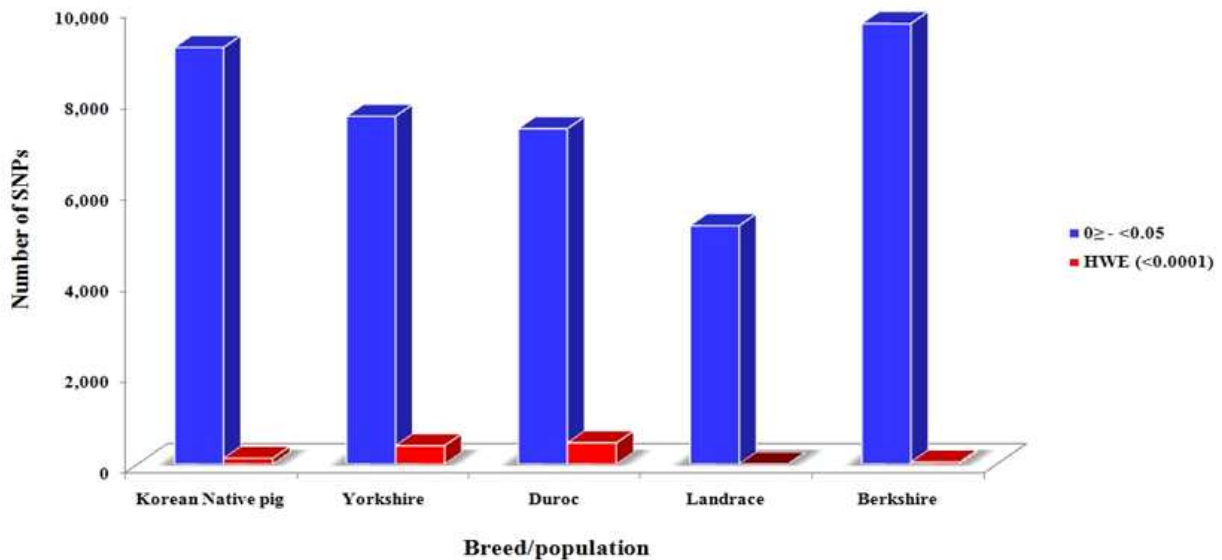
가. 분석방법

- 돼지 품종별로 염색체내에 존재하는 SNP들의 다형성 수준을 분석하기 위하여 Porcine Illumina 60K chip을 이용하여 국내 양돈산업에서 널리 활용되는 4개 돼지 품종에서 유전체 조성분석을 수행하였다.

(표 3-1-3) 고밀도 SNP Chip 분석을 통해 순종돼지 5품종집단에서의 분포

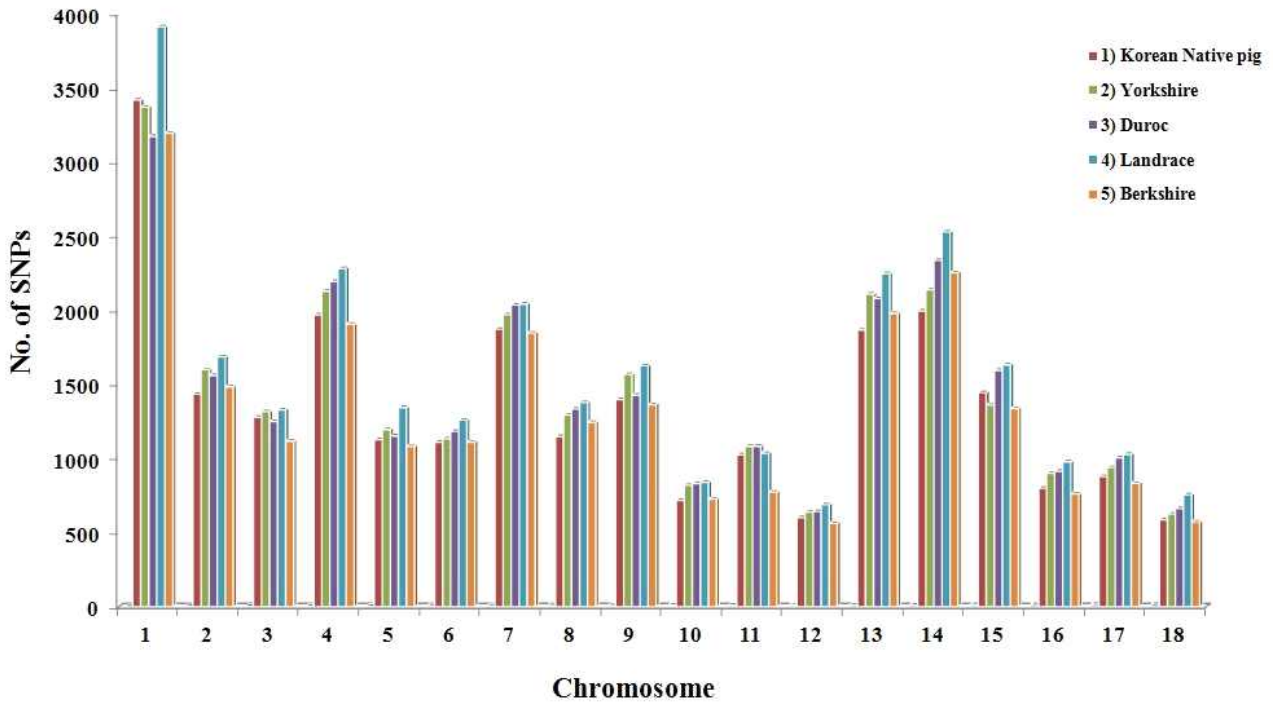
Breed/Population	No. of pig	Total SNPs	Fixed (0)	Rare (>0 - < 0.05)	Intermediate (≥0.05 - <0.10)	Common (≥0.10 - ≤0.50)	MAF ^a ± S.D
Yorkshire	18	43,798	7,124 (16%)	2,287 (5%)	3,847 (9%)	30,540 (70%)	0.221 ± 0.163
Duroc	30	43,798	5,668 (13%)	3,325 (8%)	4,621 (11%)	30,184 (69%)	0.215 ± 0.160
Landrace	8	43,798	6,542 (15%)	0 (0%)	2,953 (7%)	34,303 (78%)	0.231 ± 0.156
Berkshire	30	43,798	8,226 (19%)	3,759 (9%)	4,172 (9%)	27,641 (63%)	0.190 ± 0.160
Overall	86	43,798	6,890 (16%)	3,081 (7%)	3,898 (9%)	30,667 (70%)	0.214 ± 0.160
Korean Native pig	20	43,798	9,582 (22%)	1,994 (5%)	4,993 (11%)	27,229 (62%)	0.188 ± 0.162

- 표 3-1-3에서 보여지는 것처럼 품종간에 유전자형의 빈도차이가 있음이 나타났으며, 품종형성에 영향을 미칠 수 있는 유전자형을 발굴하기 위해서 하디와인버그 평형에 벗어나는 유전자형을 품종별로 추가적인 분석을 수행하였다 (그림 3-1-6).



(그림 3-1-6). 순종돼지 5품종집단에서 고정빈도를 나타내는 SNP 마커 출현빈도 및 하디와인버그 평형 분석

○ 돼지 품종별로 염색체내에 존재하는 SNP들의 다형성 수준을 분석한 결과는 그림 3-1-7과 같이 나타났으며, 이를 기반으로 고효율종돈 계통 조성에 필요한 유전자형 선발에 추가적으로 활용이 가능하였다.



(그림 3-1-7) 순종돼지 5품종집단에서 다형성수준에 따른 SNP 마커들의 염색체별 출현빈도

○ 유전자형에 따른 집단내 유전적 다형성을 계산하였을 때 다산종돈의 집단에서 가장 유전적 다형성이 낮은 것으로 나타났는데, 이는 다산종돈이 집단내 선발교배에 기인한 것으로 파악되었다 (표 3-1-4).

(표 3-1-4) 순종돼지 5품종집단의 기대이형접합도, 관측이형접합도, 근교계수 및 하디와인버그 평형 분석결과

Breed/Population	No. of pig	H_0	H_E	F_{IS}	HWE (P -value <0.001)
Yorkshire	18	0.360	0.381	0.055	>0.465
Duroc	30	0.357	0.366	0.024	>0.470
Landrace	8	0.313	0.382	0.183	>0.429
Berkshire	30	0.355	0.352	-0.008	>0.491
Korean Native pig	20	0.351	0.350	-0.002	>0.490

- 대량 유전자형 분석에 따른 품종내 유전적 조성을 분석하기 위해서 Structure 프로그램을 사용하였는데 그 결과는 그림 3-1-8과 같다.

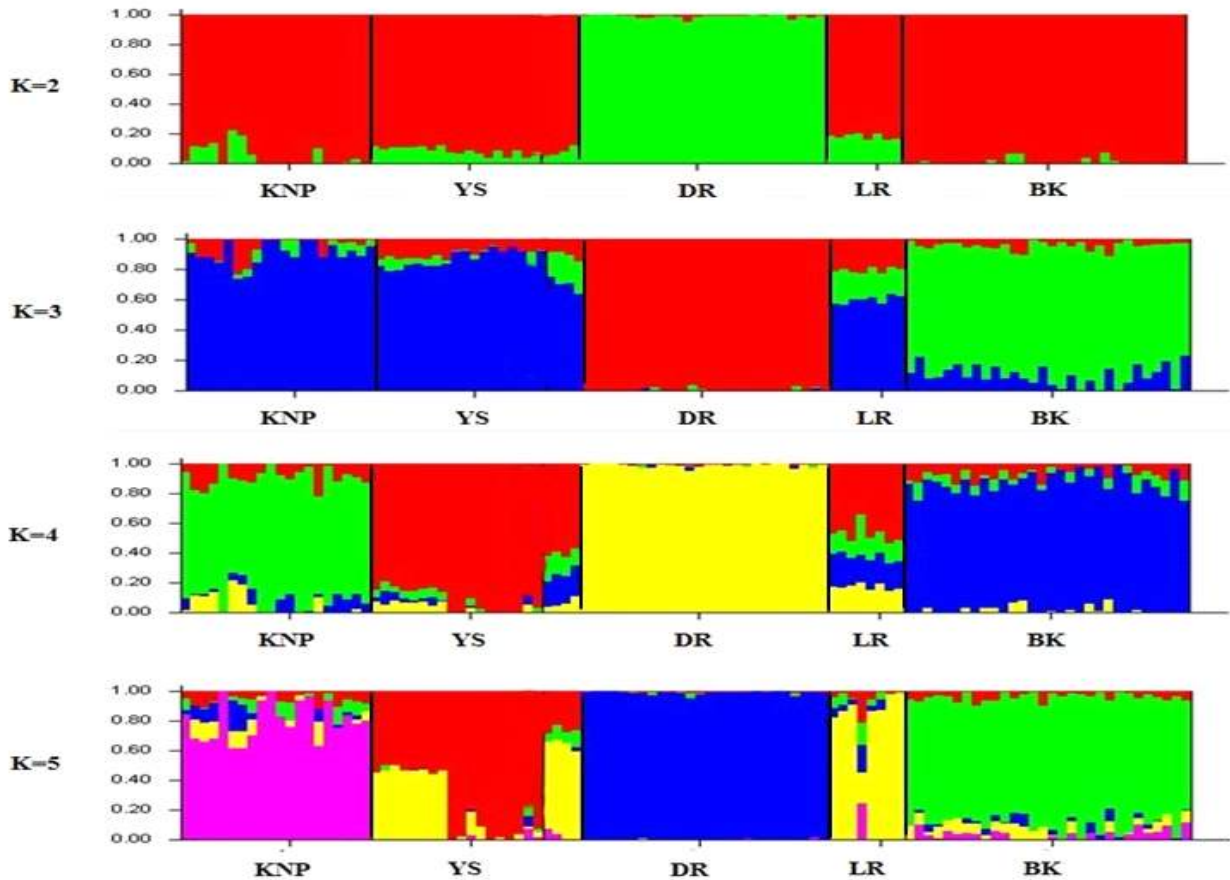


그림 3-1-8. 순종돼지 5품종집단의 genetic structure 분석결과

나. 분석결과

- 한국재래돼지가 보유한 유전적 조성을 색깔별로 나타낼 수 있었는데, K=2에서는 듀록집단이 다른 집단과 뚜렷한 특징을 나타냈으며, K=3에서는 듀록과 버크셔, K=4에서는 추가적으로 한국재래돼지집단이 다르게 구분되었다. 이상의 결과는 한국재래돼지가 보유한 유전적 조성이 품종간 교배체계에서는 모계형으로 활용하는 것이 이상적이라는 것을 나타내는 것이며, 버크셔는 단일품종체계로 활용하는 것이 이상적일 수 있다고 사료된다.
- 한국재래돼지를 듀록품종과 교배하여 F1 웅돈라인을 구축하는 체계와 재래돼지를 요크셔나 랜드레이스와 교배하여 F1 모돈라인을 수립하는 체계에서 후자의 교배체계가 바람직할 수 있다는 제시를 할 수 있었다.

3. 돼지 유전체 전장분석을 통한 경제형질 마커 발굴

- 최종년도에 돼지 4 실험축군 (① 재래돼지 x 요오크셔 교잡돈, ② 재래돼지 x 랜드 레이스 교잡돈, ③ 듀록, ④ 버크셔)에서 Illumina 60K SNP chip을 이용한 전장유전체분석이 이루어 졌으며, 아래의 경제 형질별 유의적인 마커가 선별하고자 하였다.
- 분석에 사용된 위의 네 개 집단에서 공통적인 형질인 도체 및 육질형질 에대한 전장분석 연구를 수행하였다 (표 3-1-5).

(표 3-1-5) 돼지 4집단의 도체 및 육질관련 형질 정보

Korean Native pig x Yorkshire F2 population							
Meat quality traits	Abbreviation	N	Average	Std. Dev. ^b	Min	Max	CV ^c
Carcass weight, (kg)	CWT	346	71.0	10.8	25.0	102.0	15.3
Backfat Thickness, (mm)	BFT	346	21.5	6.9	6.0	37.0	32.3
Intramuscular fat, (%) ^a	IMF	346	2.5	1.5	0.5	10.4	58.5
Redness. (CIE a) ^a	CIE-a	346	5.7	2.0	1.4	12.1	35.5
Yellowness, (CIE b) ^a	CIE-b	346	7.4	1.8	3.3	14.7	24.4
Korean Native pig x Landrace F2 population							
Carcass weight, (kg)	CWT	476	71.7	12.3	30.7	115	17.2
Backfat Thickness, (mm)	BFT	476	25.7	8.3	6.0	53.0	32.2
Intramuscular fat, (%) ^a	IMF	476	2.1	2.0	0.1	23.6	96.2
Redness. (CIE a) ^a	CIE-a	476	9.7	2.5	4.5	18.3	26
Yellowness, (CIE b) ^a	CIE-b	476	5.1	2.2	0.7	14.3	42.8
Berkshire pig population							
Carcass weight, (kg)	CWT	487	86.4	5.9	71.0	105	6.9
Backfat Thickness, (mm)	BFT	487	25.3	5.1	12.0	46	20.3
Intramuscular fat, (%) ^a	IMF	487	2.7	1.2	0.7	10.2	43.6
Redness. (CIE a) ^a	CIE-a	487	6.1	1.1	3.4	9.6	17.9
Yellowness, (CIE b) ^a	CIE-b	487	2.6	1.0	0.3	6.1	38.2
Duroc pig population							
Carcass weight, (kg)	CWT	390	87.5	11.3	57.1	125.0	12.9
Backfat Thickness, (mm)	BFT	341	20.6	5.4	6.0	35.0	26.2
Intramuscular fat, (%) ^a	IMF	336	3.3	1.5	0.9	11.3	45.5
Redness. (CIE a) ^a	CIE-a	266	8.5	3.2	2.3	16.0	37.6
Yellowness, (CIE b) ^a	CIE-b	266	7.6	6.3	0.6	95.6	82.9

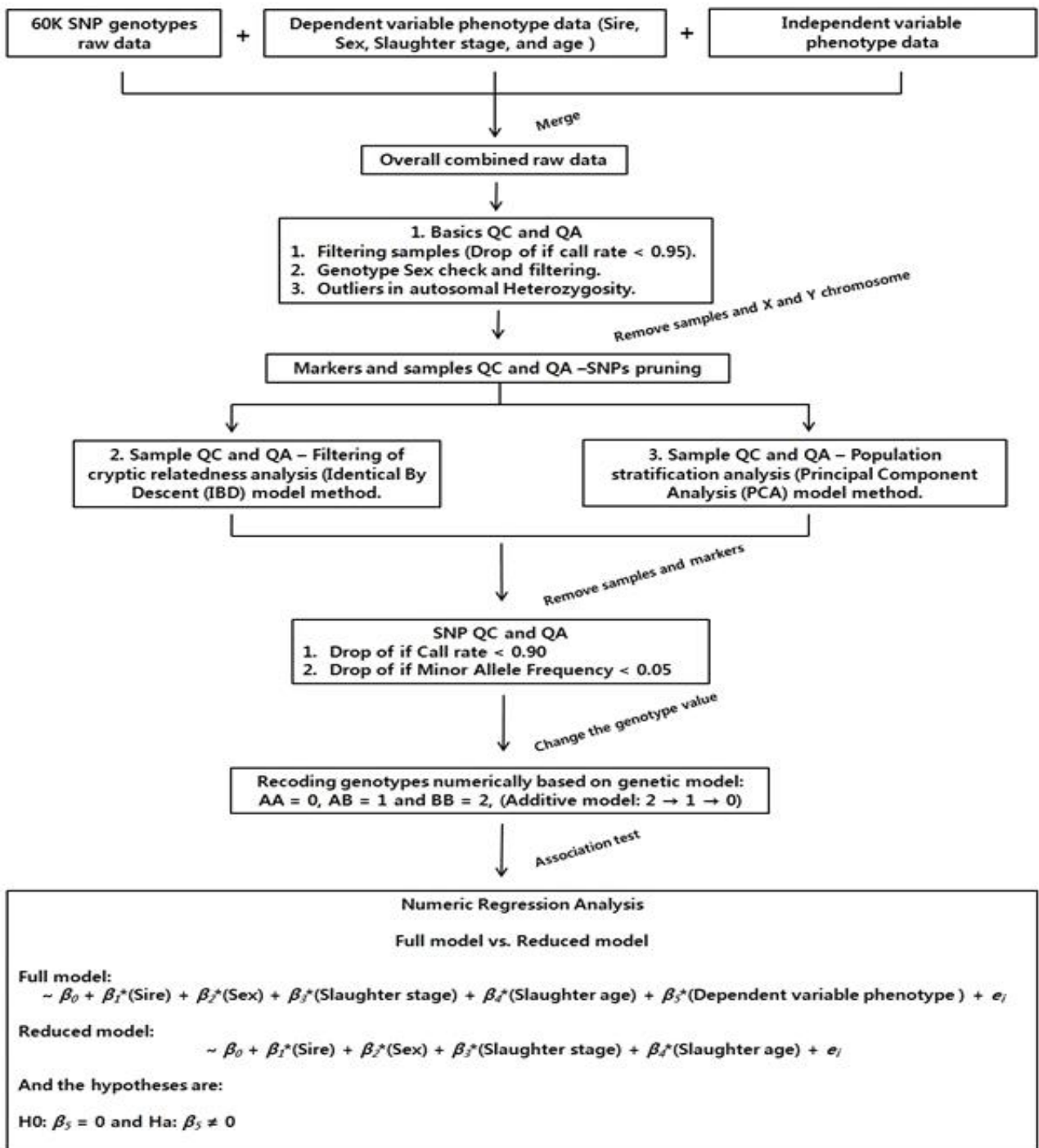
^a Three pork quality traits was measured in *M. Longissimus*

^b Standard deviation

^c Coefficient of variation

○ GWAS 분석을 수행하기 위한 단계는 다음과 같고 각 집단별로 발굴된 유의적인 SNP들을 다음 표에 정리하였다 (그림 3-1-9).

Step and processes for GWAS analysis



(그림 3-1-9) 전장분석을 위한 프로세스

(표 3-1-6) 재래돼지와 요크셔 교잡돈집단의 도체 및 육질형질에 대한 GWAS 분석 결과

Significant cut off (-logP-value)	Marker name	SSC	Position	"ss" number	"rs" number	SNP code	Minor allele	MAF	-log P-value	Additive allele substitution effect	
										Effect	S.E
CWT, (kg)											
> 3.5	H3GA0001369	1	34,224,154	ss131163216	rs81353353	[T/C]	G	0.28	3.7	-3.6	1.0
	ASGA0101182	1	40,319,296	ss131067793	rs81322226	[T/C]	G	0.41	5.1	-4.2	0.9
	ALGA0014960	2	112,610,287	ss131197682	rs81362535	[T/C]	G	0.46	3.7	3.2	0.8
	ISU10000831	4	20,946,901	ss86352133	rs80936084	[A/G]	A	0.27	4.0	-3.7	0.9
	ALGA0031790	5	40,752,588	ss131285494	rs80964107	[A/G]	G	0.28	4.0	3.7	0.9
	H3GA0016263	5	41,156,049	ss131285513	rs81383905	[T/C]	A	0.27	4.4	4.0	1.0
	ALGA0031841	5	45,725,788	ss131285806	rs81383984	[T/G]	A	0.33	3.5	3.4	0.9
	MARC0008678	7	115,280,699	ss107837366	rs81248338	[T/C]	A	0.16	3.8	4.4	1.1
	ALGA0101388	10	56,852,977	ss131568129	rs81477701	[A/G]	A	0.18	3.9	-4.1	1.1
	H3GA0056616	11	4,057,088	ss131030180	rs81304673	[A/G]	A	0.27	3.5	3.6	1.0
	ASGA0057018	13	31,040,063	ss131487076	rs81444447	[A/G]	G	0.29	3.9	3.5	0.9
	MARC0066018	13	65,793,823	ss107845076	rs81253259	[T/C]	A	0.09	4.1	5.9	1.5
	ASGA0099603	13	72,692,075	ss131063315	rs81320133	[A/G]	A	0.08	3.8	6.0	1.6
	ALGA0119502	13	85,088,440	ss131077811	rs81326684	[A/G]	A	0.34	3.7	3.4	0.9
	ASGA0058293	13	85,461,105	ss131491920	rs80828892	[A/G]	A	0.11	4.4	5.9	1.4
BFT, (mm)											
> 3.5	ASGA0004028	1	102,221,981	ss131178948	rs80924413	[A/G]	A	0.24	3.5	-2.4	0.6
	MARC0093314	1	240,647,680	ss107877619	rs81273046	[A/C]	C	0.11	4.5	3.6	0.9
	ASGA0006487	1	255,190,904	ss131147814	rs80929478	[T/C]	A	0.29	4.1	2.2	0.6
	DIAS0003022	3	16,913,715	ss478937633	-	[T/C]	G	0.06	4.0	4.4	1.1
	MARC0112788	3	18,496,008	ss107907974	rs81291435	[T/C]	A	0.39	3.7	2.1	0.6
	MARC0036081	3	25,709,611	ss107809057	rs81230076	[T/C]	G	0.34	3.5	2.2	0.6
	ALGA0108384	3	106,284,354	ss131100085	rs81336278	[A/C]	A	0.36	4.3	2.2	0.5
	ALGA0021273	3	124,975,663	ss131230556	rs81377047	[A/G]	A	0.41	4.2	-2.3	0.6
	H3GA0011017	3	134,666,102	ss131233554	rs81378392	[A/G]	A	0.36	3.6	2.1	0.6

	ASGA0031237	7	11,699,473	ss131324677	rs80978779	[T/C]	A	0.21	3.7	2.7	0.7
	ALGA0049576	8	132,335,580	ss131378246	rs81404305	[T/C]	G	0.46	4.0	2.3	0.6
	ALGA0062355	11	55,844,999	ss131444637	rs80887541	[A/G]	A	0.20	3.6	2.4	0.6
	ALGA0062788	11	63,943,112	ss131446643	rs80867887	[T/C]	G	0.07	4.1	-4.3	1.1
	MARC0053584	18	22,256,896	ss107829977	rs81243688	[A/G]	A	0.50	3.6	2.0	0.5
	H3GA0050740	18	38,113,548	ss131556069	rs81468857	[T/C]	A	0.24	3.5	2.4	0.7
<hr/>											
IMF, (%)											
> 9.0	ALGA0002193	1	31,601,912	ss131162068	rs80858519	[A/G]	A	0.09	10.9	1.3	0.2
	ASGA0098614	1	32,005,422	ss131564355	rs81474234	[T/C]	A	0.09	10.4	1.3	0.2
	DRGA0000505	1	35,268,275	ss120022487	rs80878762	[A/G]	A	0.15	10.1	0.9	0.1
	ALGA0008769	1	251,359,762	ss131147015	rs81351399	[T/C]	G	0.32	10.8	0.7	0.1
	INRA0006758	1	252,272,976	ss478940329	-	[T/C]	G	0.11	10.6	1.1	0.2
	DRGA0002233	1	252,802,485	ss120021934	rs81296779	[T/C]	G	0.10	11.8	1.2	0.2
	ALGA0117622	12	45,706,569	ss131125950	rs81347428	[A/G]	A	0.10	9.1	1.2	0.2
	H3GA0034599	12	51,023,547	ss131465669	rs81436128	[A/G]	G	0.19	11.6	0.9	0.1
	ALGA0066945	12	55,043,036	ss131467162	rs81436793	[A/G]	A	0.09	11.0	1.4	0.2
	MARC0093869	12	57,444,589	ss107879448	rs81274130	[A/G]	A	0.27	24.8	1.2	0.1
	ALGA0114393	12	58,787,500	ss131116619	rs81343356	[T/C]	G	0.33	18.2	1.0	0.1
	H3GA0022758	12	59,744,174	ss131322922	rs80920694	[T/C]	G	0.43	11.7	0.8	0.1
	ASGA0084548	12	61,534,391	ss131117922	rs81343948	[T/G]	C	0.15	9.2	1.0	0.2
	ALGA0067317	12	63,723,468	ss131470957	rs81438521	[A/G]	A	0.13	15.4	1.5	0.2
	MARC0114025	12	63,759,674	ss107797819	rs81222510	[T/C]	A	0.16	14.9	1.3	0.1
<hr/>											
CIE-a											
> 10.0	ASGA0105266	12	45,716,769	ss131568331	rs81477883	[T/C]	A	0.09	11.4	2.0	0.3
	H3GA0034599	12	51,023,547	ss131465669	rs81436128	[A/G]	G	0.19	14.5	1.5	0.2
	ALGA0066854	12	51,804,175	ss131466303	rs81436411	[T/C]	G	0.23	10.5	1.2	0.2
	ALGA0066945	12	55,043,036	ss131467162	rs81436793	[A/G]	A	0.09	15.6	2.3	0.3
	ALGA0066969	12	55,879,615	ss131467418	rs81436903	[A/G]	A	0.17	12.0	-1.4	0.2
	MARC0093869	12	57,444,589	ss107879448	rs81274130	[A/G]	A	0.27	39.8	2.1	0.1
	ASGA0092942	12	57,631,099	ss131045358	rs81311789	[T/C]	G	0.38	18.1	-1.3	0.1

	ALGA0067087	12	58,034,326	ss131468564	rs81437426	[T/C]	A	0.33	11.3	-1.1	0.2
	ALGA0114393	12	58,787,500	ss131116619	rs81343356	[T/C]	G	0.33	35.5	1.9	0.1
	H3GA0022758	12	59,744,174	ss131322922	rs80920694	[T/C]	G	0.43	21.1	1.4	0.1
	ASGA0096092	12	59,894,843	ss131053906	rs81315685	[A/G]	A	0.46	15.3	-1.2	0.1
	ALGA0112318	12	61,037,397	ss131110906	rs81340903	[T/C]	A	0.43	12.7	-1.1	0.1
	ALGA0067317	12	63,723,468	ss131470957	rs81438521	[A/G]	A	0.13	11.2	1.8	0.2
<hr/>											
CIE-b											
> 7.0	H3GA0034599	12	51,023,547	ss131465669	rs81436128	[A/G]	G	0.19	9.0	1.0	0.2
	ALGA0066854	12	51,804,175	ss131466303	rs81436411	[T/C]	G	0.23	7.9	0.9	0.2
	MARC0093869	12	57,444,589	ss107879448	rs81274130	[A/G]	A	0.27	10.7	1.0	0.1
	ALGA0114393	12	58,787,500	ss131116619	rs81343356	[T/C]	G	0.33	11.7	1.0	0.1
	H3GA0022758	12	59,744,174	ss131322922	rs80920694	[T/C]	G	0.43	12.2	1.0	0.1
	MARC0062541	12	62,873,756	ss107841659	rs81251157	[T/C]	A	0.32	7.0	0.8	0.1

(표 3-1-7) 재래돼지와 랜드레이스 교잡돈집단의 도체 및 육질형질에 대한 GWAS 분석 결과

Significant cut off (-logP-value)	Marker name	SSC	Position	"ss" number	"rs" number	SNP code	Minor allele	MAF	-log P-value	Additive allele substitution effect	
										Effect	S.E
CWT, (kg)											
> 8.0	ALGA0007873	1	224,407,266	ss131141872	rs81350550	[A/C]	A	0.45	8.3	-4.4	0.7
	ALGA0017911	3	19,589,423	ss131231969	rs81377671	[T/C]	A	0.48	8.6	5.2	0.8
	MARC0045227	4	135,257,220	ss107821020	rs80904492	[A/G]	A	0.44	8.1	-4.4	0.8
	MARC0023987	5	43,754,964	ss107909360	rs81292413	[A/C]	C	0.45	8.5	-5.1	0.8
	ALGA0118913	5	83,507,087	ss131076134	rs80815525	[T/C]	A	0.35	8.1	-4.6	0.8
	M1GA0008066	5	84,080,344	ss131294180	rs80936749	[A/G]	G	0.31	8.3	-4.7	0.8
	H3GA0019887	7	10,118,287	ss131363150	rs80864346	[A/G]	G	0.42	9.0	-5.2	0.8
	ASGA0039480	8	107,928,111	ss131375118	rs80863734	[A/G]	G	0.42	10.3	-5.0	0.7
	ALGA0061195	11	18,860,594	ss131437807	rs80910898	[T/C]	G	0.44	8.9	-4.9	0.8
	ALGA0074404	14	4,197,974	ss131512021	rs80792287	[T/C]	A	0.35	8.1	-4.6	0.8
	H3GA0043799	15	15,784,677	ss131531261	rs80975642	[T/G]	A	0.49	9.3	5.0	0.8
	ASGA0068936	15	22,529,218	ss131522359	rs80896813	[A/G]	G	0.44	8.3	-4.5	0.8
	ASGA0069796	15	69,071,780	ss131525594	rs81453408	[A/G]	A	0.44	8.9	4.7	0.8
	CASI0007894	15	69,514,819	ss478935376	-	[A/G]	G	0.44	8.5	4.6	0.8
	ASGA0069800	15	69,882,897	ss131525606	rs81453411	[A/C]	C	0.47	9.6	5.0	0.8
	DIAS0001114	15	80,970,451	ss478936790	rs340033396	[T/C]	A	0.48	8.5	4.5	0.7
BFT, (mm)											
> 6.0	H3GA0001453	1	38,243,433	ss131164385	rs81353548	[T/C]	A	0.32	7.4	-3.4	0.6
	H3GA0001881	1	67,386,736	ss131171287	rs81354562	[T/C]	A	0.45	6.3	-2.9	0.6
	MARC0051329	1	162,226,234	ss107827949	rs81242377	[A/G]	G	0.46	6.0	-2.7	0.5
	ALGA0006602	1	166,999,933	ss131134047	rs80854621	[A/G]	G	0.47	6.1	-2.7	0.5
	ASGA0004992	1	167,665,746	ss131134113	rs80843328	[T/C]	G	0.48	6.0	-2.7	0.5
	ALGA0007007	1	179,976,145	ss131136847	rs80957102	[A/G]	A	0.37	6.7	2.8	0.5
	ASGA0005057	1	180,163,164	ss131134627	rs81000337	[T/C]	G	0.46	6.1	-2.7	0.5
	DRGA0001879	1	210,071,404	ss120021520	rs80933468	[T/C]	G	0.29	6.4	-2.8	0.6

	INRA0005750	1	210,320,978	ss478940120	-	[A/G]	G	0.29	6.5	-2.9	0.6
	DRGA0001917	1	214,688,882	ss120021006	rs80866197	[A/G]	G	0.38	7.5	-3.0	0.5
	ALGA0007873	1	224,407,266	ss131141872	rs81350550	[A/C]	A	0.45	6.1	-2.4	0.5
	ALGA0008072	1	231,664,317	ss131142952	rs80910931	[T/C]	A	0.31	6.9	-2.8	0.5
	ALGA0115981	1	231,910,051	ss131121120	rs81345353	[T/C]	A	0.31	6.8	-2.8	0.5
	MARC0070565	1	233,235,636	ss107851375	rs81257243	[T/C]	G	0.41	7.5	-2.9	0.5
	ASGA0031362	7	13,745,553	ss131335423	rs80918291	[T/C]	G	0.47	6.5	-2.7	0.5
<hr/>											
IMF, (%)											
> 6.0	ASGA0089780	1	10,797,646	ss131037242	rs80885154	[T/C]	A	0.48	7.3	-0.5	0.1
	MARC0086427	1	177,284,652	ss107870196	rs81268714	[T/C]	G	0.48	6.2	0.4	0.1
	ALGA0007007	1	179,976,145	ss131136847	rs80957102	[A/G]	A	0.37	6.2	0.5	0.1
	ASGA0103496	9	66,393,790	ss131074052	rs81325003	[A/C]	A	0.26	7.3	-0.5	0.1
	M1GA0026976	9	148,739,594	ss131071335	rs81323793	[T/C]	A	0.40	6.5	-0.5	0.1
	MARC0056843	12	49,758,178	ss107834742	rs81246803	[A/G]	A	0.45	6.1	0.4	0.1
	ASGA0055070	12	55,274,126	ss131467248	rs81436831	[A/G]	G	0.35	7.6	-0.5	0.1
	ALGA0067003	12	56,473,389	ss131467737	rs81437045	[A/G]	A	0.47	8.1	0.5	0.1
	M1GA0017015	12	56,859,709	ss131467985	rs81437155	[A/G]	A	0.31	6.6	-0.5	0.1
	ASGA0092942	12	57,631,099	ss131045358	rs81311789	[T/C]	G	0.10	7.3	-0.8	0.1
	DIAS0000861	12	58,421,697	ss478936619	-	[T/C]	G	0.38	13.8	0.7	0.1
	MARC0017535	12	58,918,656	ss107901285	rs81286743	[T/G]	A	0.38	10.0	0.6	0.1
	MARC0009817	12	59,163,310	ss107859496	rs81262159	[T/G]	C	0.44	8.5	0.6	0.1
	ASGA0035681	12	59,681,965	ss131323015	rs80981893	[A/C]	A	0.23	7.9	-0.6	0.1
	ASGA0096092	12	59,894,843	ss131053906	rs81315685	[A/G]	A	0.45	8.7	-0.6	0.1
	M1GA0017107	12	60,284,802	ss131469193	rs80838117	[T/C]	G	0.39	8.0	-0.6	0.1
	MARC0048623	12	60,334,054	ss107822008	rs81238603	[A/G]	G	0.28	6.3	-0.5	0.1
	ALGA0067220	12	61,451,913	ss131469902	rs81438042	[T/C]	A	0.33	6.7	-0.5	0.1
	ALGA0092770	17	4,538,128	ss131547530	rs80989153	[T/G]	A	0.08	6.1	-0.8	0.2
	ALGA0083755	15	439,259	ss131526904	rs81453867	[T/C]	A	0.23	6.1	-0.6	0.1
<hr/>											
CIE-a											
> 5.0	ASGA0084722	9	147,893,463	ss131120316	rs81344997	[A/G]	G	0.26	6.7	0.8	0.2

	H3GA0034312	12	40,568,309	ss131462462	rs81434686	[A/G]	G	0.41	5.1	-0.7	0.2
	ASGA0090672	12	49,330,153	ss131039543	rs81309043	[T/G]	A	0.36	6.2	-0.9	0.2
	ALGA0067003	12	56,473,389	ss131467737	rs81437045	[A/G]	A	0.47	6.4	0.8	0.2
	MARC0093869	12	57,444,589	ss107879448	rs81274130	[A/G]	A	0.46	5.1	0.7	0.2
	DIAS0000861	12	58,421,697	ss478936619	-	[T/C]	G	0.38	11.3	1.2	0.2
	MARC0017535	12	58,918,656	ss107901285	rs81286743	[T/G]	A	0.38	9.8	1.1	0.2
	MARC0009817	12	59,163,310	ss107859496	rs81262159	[T/G]	C	0.44	9.4	1.0	0.2
	H3GA0022758	12	59,744,174	ss131322922	rs80920694	[T/C]	A	0.48	5.1	-0.8	0.2
	ASGA0096092	12	59,894,843	ss131053906	rs81315685	[A/G]	A	0.45	6.0	-0.8	0.2
	MARC0018791	14	1,414,619	ss107902574	rs80880254	[A/G]	A	0.10	5.1	1.1	0.2
<hr/>											
CIE-b											
> 5.0	MARC0072970	1	8,375,779	ss107853867	rs81258794	[A/G]	G	0.20	5.3	0.7	0.2
	DIAS0001377	1	86,680,297	ss478936966	-	[T/C]	A	0.46	5.8	-0.8	0.2
	MARC0021257	1	94,067,800	ss107905722	rs80806122	[T/C]	G	0.49	5.4	-0.7	0.2
	MARC0016206	7	86,360,617	ss107899976	rs80867330	[T/G]	A	0.24	5.9	0.8	0.2
	M1GA0025611	12	52,370,093	ss131568566	rs81478106	[T/C]	G	0.33	6.0	-0.7	0.1

(표 3-1-8) 버크셔집단의 도체 및 육질형질에 대한 GWAS 분석 결과

Significant cut off (-logP-value)	Marker name	SSC	Position	"ss" number	"rs" number	SNP code	Minor allele	MAF	-log P-value	Additive allele substitution effect	
										Effect	S.E
CWT, (kg) > 3.0	MARC0076837	1	156,101,190	ss107859300	rs80872195	[A/C]	A	0.40	3.2	-1.5	0.4
	H3GA0003037	1	156,365,270	ss131132991	rs80795118	[A/G]	A	0.37	3.3	-1.5	0.4
	DIAS0002061	1	169,228,082	ss478937270	-	[T/C]	G	0.33	3.2	-1.5	0.4
	MARC0038676	1	172,532,305	ss107811048	rs81231367	[A/G]	G	0.10	3.5	-2.5	0.7
	ALGA0006943	1	176,849,156	ss131136397	rs81349579	[A/G]	G	0.37	3.9	-1.6	0.4
	ALGA0116099	2	83,883,097	ss131121488	rs81345504	[A/G]	A	0.19	4.5	2.3	0.5
	MARC0082473	2	84,153,945	ss107866700	rs81266640	[A/C]	C	0.20	3.2	1.8	0.5
	MARC0060899	4	123,191,532	ss107840457	rs81250390	[T/G]	A	0.31	3.0	-1.5	0.5
	ASGA0022422	4	123,629,284	ss131243874	rs80894524	[T/C]	A	0.26	4.2	-2.0	0.5
	ALGA0112677	5	86,985,375	ss131111848	rs81341307	[T/C]	G	0.10	3.1	2.3	0.7
	ALGA0041046	7	47,594,745	ss131349957	rs81397897	[A/G]	A	0.23	3.7	-1.9	0.5
	ALGA0047819	8	46,379,710	ss131369055	rs81400307	[A/C]	A	0.39	3.0	-1.5	0.5
	ASGA0093454	8	80,065,203	ss131046617	rs81312372	[T/C]	G	0.12	3.1	-2.1	0.6
	ALGA0048340	8	83,338,047	ss131372263	rs81401715	[T/C]	G	0.35	3.3	1.6	0.5
	ASGA0096210	8	85,280,494	ss131054259	rs81315847	[A/G]	A	0.38	3.3	1.6	0.4
	ALGA0061195	11	18,860,594	ss131437807	rs80910898	[T/C]	G	0.05	3.8	-3.5	0.9
	MARC0034096	12	1,884,918	ss107806956	rs81228618	[T/C]	G	0.40	3.0	-1.5	0.4
	ASGA0053056	12	10,620,492	ss131472875	rs81439394	[A/C]	C	0.16	3.0	-1.9	0.6
	MARC0012973	12	23,192,030	ss107879192	rs81273976	[T/C]	G	0.44	3.3	1.5	0.4
	ASGA0096892	13	27,953,874	ss131056101	rs81316719	[T/C]	A	0.18	3.9	-2.2	0.6
MARC0078546	13	47,873,552	ss107861067	rs81263187	[A/C]	C	0.34	3.0	1.5	0.5	
ASGA0059120	13	154,181,915	ss131495730	rs81448733	[T/C]	A	0.17	3.0	1.9	0.6	
ASGA0060410	14	1,627,671	ss131508005	rs80823003	[T/C]	A	0.44	4.1	-1.8	0.5	

	ALGA0086882	15	123,526,089	ss131528449	rs80937215	[A/C]	C	0.38	3.1	-1.5	0.4
BFT, (mm)											
> 5.0	ASGA0004992	1	167,665,746	ss131134113	rs80843328	[T/C]	A	0.32	5.8	1.8	0.4
	ASGA0005342	1	184,631,336	ss131137310	rs80896471	[T/G]	C	0.36	5.4	1.7	0.4
	M1GA0001347	1	249,012,768	ss131145984	rs80798416	[A/G]	G	0.30	5.0	1.9	0.4
	ALGA0109178	6	28,750	ss131102295	rs81337222	[T/G]	A	0.24	18.8	4.5	0.5
	INRA0028453	7	118,839,878	ss478941985	-	[T/C]	G	0.34	5.1	1.6	0.4
	ALGA0047473	8	35,164,192	ss131367335	rs81399561	[T/C]	A	0.16	6.4	2.5	0.5
	ALGA0047511	8	35,645,566	ss131367520	rs81399645	[A/G]	A	0.16	6.3	2.6	0.5
	MARC0097057	8	93,813,497	ss107882906	rs81276088	[T/C]	A	0.18	5.1	2.1	0.5
	ASGA0102045	8	103,308,192	ss131070000	rs81323253	[A/G]	A	0.10	5.6	3.1	0.6
	H3GA0056457	8	123,676,086	ss131567278	rs81476911	[T/G]	A	0.45	5.9	1.8	0.4
	ALGA0088966	16	7,787,814	ss131538094	rs81461120	[T/C]	G	0.21	7.5	-2.9	0.5
IMF, (%)											
> 6.0	MARC0069139	1	259,389,266	ss107850604	rs81256749	[T/C]	G	0.46	6.1	-0.4	0.1
	ALGA0106490	2	60,128,850	ss131094840	rs81333988	[T/C]	G	0.17	6.1	-0.6	0.1
	DIAS0001132	3	70,912,330	ss478936804	-	[A/G]	G	0.41	7.1	0.5	0.1
	DRGA0005041	4	108,721,936	ss120030921	rs80797264	[A/G]	A	0.37	8.1	-0.6	0.1
	ALGA0109178	6	28,750	ss131102295	rs81337222	[T/G]	A	0.24	14.1	0.9	0.1
	H3GA0053623	6	572,442	ss131119746	rs81344756	[T/C]	G	0.40	7.6	0.5	0.1
	ASGA0105577	6	1,105,396	ss131032559	rs81305725	[A/G]	G	0.41	6.3	0.4	0.1
	ASGA0105198	6	1,116,484	ss131031573	rs80944341	[T/C]	A	0.41	6.3	0.4	0.1
	MARC0036255	6	130,597,212	ss107809697	rs81230514	[T/C]	A	0.28	6.1	0.5	0.1
	ALGA0037491	6	142,687,014	ss131314872	rs81393423	[T/C]	G	0.41	6.1	0.4	0.1
	DRGA0017701	6	150,009,722	ss478939275	-	[A/G]	G	0.48	7.2	-0.5	0.1
	H3GA0019527	7	3,841,924	ss131344774	rs80949107	[T/C]	G	0.39	6.4	-0.5	0.1
	DRGA0007316	7	21,106,644	ss120019246	rs80873118	[A/G]	A	0.21	6.4	0.5	0.1
	MARC0056863	7	21,892,554	ss107836235	rs80860555	[A/G]	A	0.25	6.5	0.5	0.1
	ALGA0042253	7	62,506,406	ss131356430	rs81398068	[T/C]	G	0.29	6.5	0.5	0.1
	MARC0087505	9	132,202,508	ss107871354	rs81269425	[A/G]	G	0.40	6.9	-0.5	0.1

H3GA0028217	9	132,887,794	ss131406261	rs81416671	[A/G]	A	0.19	6.0	-0.6	0.1	
ASGA0045319	9	148,183,187	ss131411824	rs81419174	[T/G]	C	0.42	6.1	-0.4	0.1	
H3GA0028743	9	148,358,620	ss131411850	rs81419187	[A/C]	C	0.34	6.1	-0.4	0.1	
ALGA0108033	10	76,891,595	ss131568114	rs81477689	[A/C]	C	0.47	6.5	-0.5	0.1	
ASGA0051853	11	75,566,450	ss131451436	rs80986043	[A/G]	G	0.27	6.1	-0.5	0.1	
H3GA0032530	11	75,844,822	ss131451500	rs80809051	[T/C]	G	0.07	6.4	-0.9	0.2	
M1GA0017861	13	208,831,561	ss131483122	rs81442898	[T/G]	C	0.31	6.3	-0.5	0.1	
INRA0044054	14	54,088,354	ss478942915	-	[A/G]	G	0.19	7.2	-0.6	0.1	
INRA0044092	14	56,941,399	ss478942916	-	[T/C]	G	0.18	6.1	-0.6	0.1	
BGIS0004826	14	60,647,432	ss478934667	-	[T/C]	G	0.18	7.7	-0.7	0.1	
ALGA0078315	14	68,584,611	ss131516300	rs80784834	[A/G]	G	0.43	6.1	-0.4	0.1	
H3GA0046637	16	55,468,487	ss131536601	rs81459820	[T/C]	G	0.24	7.1	0.5	0.1	
H3GA0052370	17	472,820	ss131084119	rs81329407	[A/G]	A	0.49	6.0	0.4	0.1	
ASGA0097925	17	570,516	ss131058803	rs81317993	[A/G]	A	0.40	6.2	-0.5	0.1	
MARC0056600	18	37,699,670	ss107831635	rs81244769	[T/C]	A	0.23	6.7	0.6	0.1	
<hr/>											
CIE-a											
> 5.0	H3GA0003712	1	230,336,000	ss131142603	rs81350676	[T/G]	A	0.30	6.3	0.4	0.1
	DIAS0002810	1	249,996,465	ss478937542	-	[A/G]	G	0.22	5.5	0.5	0.1
	H3GA0004054	1	250,527,178	ss131146661	rs80875802	[A/G]	G	0.24	5.8	0.4	0.1
	ASGA0106099	2	141,692,399	ss131033917	rs81306388	[A/G]	G	0.28	5.3	-0.4	0.1
	MARC0089379	6	59,540,732	ss107872814	rs81270239	[A/G]	G	0.18	5.1	-0.5	0.1
	ASGA0028292	6	61,243,231	ss131302650	rs81387971	[A/G]	G	0.27	6.0	-0.5	0.1
	MARC0001383	6	61,377,057	ss107878138	rs81273359	[T/G]	A	0.27	5.5	-0.4	0.1
	ASGA0058649	13	108,216,937	ss131493295	rs81447686	[A/C]	A	0.42	5.1	0.4	0.1
	ALGA0107456	13	109,488,413	ss131097616	rs81335211	[A/C]	C	0.40	5.8	0.4	0.1
	ALGA0072947	13	181,415,178	ss131477617	rs81441414	[A/G]	G	0.45	6.0	-0.4	0.1
<hr/>											
CIE-b											
> 7.0	H3GA0010298	3	110,463,860	ss131225891	rs81374958	[T/C]	G	0.43	8.0	-0.4	0.1
	H3GA0056401	6	71,225,469	ss131566474	rs81476174	[A/G]	A	0.16	7.3	-0.5	0.1

ASGA0104276	6	74,457,523	ss131029146	rs81304230	[T/C]	A	0.21	7.2	-0.5	0.1
DIAS0002770	9	32,311,950	ss478937520	-	[T/C]	A	0.17	7.8	-0.5	0.1
ASGA0045319	9	148,183,187	ss131411824	rs81419174	[T/G]	C	0.42	8.7	-0.4	0.1
ALGA0108033	10	76,891,595	ss131568114	rs81477689	[A/C]	C	0.47	7.6	-0.4	0.1
ALGA0060501	11	5,813,021	ss131444709	rs80847732	[A/G]	G	0.19	7.5	-0.5	0.1
ALGA0068790	13	22,577,083	ss131485479	rs81443648	[A/C]	A	0.15	7.2	-0.6	0.1
ASGA0071993	16	4,504,791	ss131535057	rs81458476	[T/C]	A	0.22	7.0	-0.4	0.1

(표 3-1-9) 듀록집단의 도체 및 육질형질에 대한 GWAS 분석 결과

Significant cut off (-logP-value)	Marker name	SSC	Position	"ss" number	"rs" number	SNP code	Minor allele	MAF	-log P-value	Additive allele substitution effect	
										Effect	S.E
CWT, (kg)											
> 3.0	MARC0085146	1	125,636,388	ss107869303	rs80858223	[T/C]	G	0.48	10.5	5.5	0.8
	ALGA0006602	1	166,999,933	ss131134047	rs80854621	[A/G]	G	0.27	7.1	-5.0	0.9
	ASGA0010456	2	68,616,148	ss131190601	rs81359512	[A/G]	A	0.19	17.3	-10.4	1.1
	MARC0090993	2	162,453,907	ss107875173	rs81271611	[A/G]	G	0.30	8.2	6.1	1.0
	ASGA0089343	3	2,758,532	ss131036094	rs81307397	[T/C]	G	0.35	9.5	5.3	0.8
	DRGA0004048	3	84,739,803	ss120026040	rs81299468	[A/G]	G	0.31	8.5	-5.1	0.8
	ALGA0109178	6	28,750	ss131102295	rs81337222	[T/G]	A	0.14	13.7	9.5	1.2
	MARC0048489	6	4,997,898	ss107821954	rs81238557	[A/G]	A	0.42	8.1	-4.8	0.8
	MARC0056863	7	21,892,554	ss107836235	rs80860555	[A/G]	G	0.45	7.0	-4.6	0.9
	ASGA0039614	8	116,381,614	ss131376200	rs81403410	[T/C]	G	0.48	7.1	-4.4	0.8
	ALGA0055683	9	144,128,911	ss131410132	rs81418390	[T/C]	G	0.40	8.3	-4.6	0.8
	ALGA0086425	15	100,657,594	ss131527393	rs81454048	[T/G]	A	0.45	9.6	-4.9	0.8
	ASGA0072329	16	13,121,257	ss131541976	rs81464630	[A/G]	G	0.39	7.4	-4.5	0.8
	ASGA0074201	16	76,283,557	ss131539245	rs81462157	[A/G]	G	0.36	9.0	-4.8	0.8
	ALGA0091756	16	76,726,473	ss131539391	rs81462291	[T/C]	A	0.43	7.7	4.5	0.8
	MARC0015777	17	49,152,292	ss107899054	rs80974563	[T/C]	A	0.42	7.0	-4.2	0.8
	MARC0034532	17	66,752,335	ss107806104	rs80924606	[A/G]	A	0.16	7.4	-6.1	1.1
	ALGA0098763	18	54,747,548	ss131558460	rs81471009	[T/G]	A	0.37	9.3	5.2	0.8
BFT, (mm)											
> 5.0	ALGA0013012	2	37,793,961	ss131185289	rs80809042	[A/G]	G	0.23	5.5	-2.3	0.5
	H3GA0006598	2	42,601,908	ss131186535	rs81357751	[A/G]	G	0.22	6.8	-2.5	0.5
	MARC0019605	2	43,329,092	ss107903891	rs81288542	[T/C]	G	0.34	6.5	2.4	0.5
	ASGA0010129	2	44,171,290	ss131187044	rs81357969	[T/C]	A	0.40	8.2	2.5	0.4
	ASGA0010456	2	68,616,148	ss131190601	rs81359512	[A/G]	A	0.19	19.2	-6.6	0.7

	H3GA0007214	2	99,766,021	ss131195449	rs81361601	[T/C]	G	0.43	5.9	-2.2	0.4
	MARC0032884	2	100,770,307	ss107802429	rs81225592	[T/C]	G	0.42	5.5	-2.1	0.5
	CASI0005590	2	101,976,686	ss478935092	-	[A/C]	C	0.24	6.3	-2.6	0.5
	ALGA0014604	2	102,162,653	ss131195630	rs81361667	[A/G]	A	0.25	5.8	-2.4	0.5
	H3GA0012847	4	66,904,261	ss131266130	rs80887111	[A/G]	A	0.30	6.2	-2.2	0.4
	ALGA0028809	4	126,555,144	ss131245166	rs80942312	[T/C]	G	0.23	5.7	-2.6	0.5
	ALGA0057132	10	13,683,904	ss131435291	rs81429577	[T/G]	C	0.46	5.5	-1.9	0.4
<hr/>											
IMF, (%)											
> 6.0	DRGA0001438	1	110,332,293	ss120021265	rs81296587	[A/G]	A	0.49	9.3	-0.7	0.1
	ASGA0010456	2	68,616,148	ss131190601	rs81359512	[A/G]	A	0.19	11.6	-1.2	0.2
	M1GA0004980	3	139,051,396	ss131234092	rs81378632	[A/G]	A	0.35	11.8	-0.8	0.1
	ALGA0046142	8	4,483,182	ss131365249	rs80967702	[A/G]	G	0.18	9.2	0.9	0.1
	DRGA0008260	8	4,734,499	ss478938660	-	[T/C]	A	0.17	10.0	1.0	0.1
	MARC0057101	8	5,259,011	ss107835827	rs81247442	[T/C]	G	0.17	9.1	1.0	0.2
	M1GA0015764	12	2,225,680	ss131472267	rs81439116	[A/G]	G	0.34	9.5	-0.8	0.1
	ASGA0052479	12	2,274,484	ss131472688	rs81439307	[A/G]	G	0.34	9.6	-0.8	0.1
	H3GA0032997	12	2,537,626	ss131475847	rs81440749	[T/C]	G	0.32	9.2	-0.8	0.1
	ASGA0059450	13	184,360,040	ss131478220	rs80812901	[A/G]	G	0.45	10.4	-0.7	0.1
	MARC0014344	13	184,730,556	ss107897572	rs81284190	[T/C]	A	0.42	9.0	-0.7	0.1
	ALGA0073164	13	185,990,580	ss131478638	rs81441677	[A/C]	A	0.50	9.1	0.7	0.1
	MARC0105089	13	186,364,149	ss107892239	rs81281280	[A/C]	C	0.45	11.5	0.8	0.1
	ASGA0059530	13	186,851,186	ss131478828	rs80850304	[A/C]	A	0.47	12.3	0.8	0.1
	ALGA0120575	13	187,210,755	ss131080817	rs81327991	[T/C]	A	0.25	11.0	1.0	0.1
	ALGA0085205	15	49,999,189	ss131524386	rs81452835	[A/C]	C	0.39	9.5	-0.7	0.1
	ASGA0069504	15	50,938,371	ss131524425	rs81452868	[A/C]	C	0.40	10.6	-0.8	0.1
	ALGA0085232	15	51,225,684	ss131524443	rs80956611	[T/C]	A	0.49	10.7	0.7	0.1
	ASGA0069520	15	51,731,364	ss131524492	rs80848086	[C/G]	C	0.49	10.1	0.7	0.1
	H3GA0044381	15	57,849,765	ss131524979	rs80918725	[A/G]	G	0.25	9.8	0.9	0.1
	ASGA0075436	17	10,408,138	ss131542693	rs80928858	[A/G]	A	0.27	9.2	0.8	0.1
	MARC0044618	17	22,868,454	ss107816988	rs80827498	[T/C]	A	0.49	9.5	0.7	0.1

CIE-a											
> 5.0	ALGA0000022	1	697,944	ss131164029	rs80958395	[A/G]	G	0.32	6.6	0.7	0.1
	ALGA0112666	2	15,395,500	ss131111816	rs81341296	[T/C]	A	0.31	9.4	1.7	0.3
	MARC0071175	2	161,409,635	ss107851632	rs80910247	[A/G]	A	0.23	28.4	1.9	0.1
	ASGA0013632	3	14,660,453	ss131225670	rs81374865	[T/C]	A	0.43	7.6	0.7	0.1
	ASGA0013639	3	14,724,843	ss131225918	rs81374969	[T/C]	G	0.30	6.8	-0.7	0.1
	ASGA0099036	3	91,633,615	ss131061870	rs81319444	[T/G]	A	0.49	6.9	-0.6	0.1
	ALGA0024707	4	40,529,850	ss131260600	rs80928919	[A/G]	A	0.49	6.5	-0.6	0.1
	ALGA0109178	6	28,750	ss131102295	rs81337222	[T/G]	A	0.14	12.7	1.3	0.2
	ALGA0107570	6	64,757,197	ss131566661	rs81476351	[T/C]	G	0.39	13.6	1.3	0.2
	ASGA0057461	13	49,101,499	ss131488899	rs81445313	[A/G]	A	0.41	6.7	-0.6	0.1
	ALGA0088966	16	7,787,814	ss131538094	rs81461120	[T/C]	G	0.44	6.7	-1.7	0.3
CIE-b											
> 7.0	ALGA0112666	2	15,395,500	ss131111816	rs81341296	[T/C]	A	0.31	19.2	-3.5	0.3
	MARC0103441	2	24,595,565	ss107888352	rs81279282	[T/C]	A	0.21	4.4	2.9	0.7
	ASGA0010456	2	68,616,148	ss131190601	rs81359512	[A/G]	A	0.19	4.0	3.2	0.8
	MARC0071175	2	161,409,635	ss107851632	rs80910247	[A/G]	A	0.23	6.8	-4.6	0.9
	ASGA0013639	3	14,724,843	ss131225918	rs81374969	[T/C]	G	0.30	3.8	2.3	0.6
	MARC0054496	5	50,154,062	ss107829556	rs81243428	[A/C]	A	0.25	3.7	2.7	0.7
	ALGA0107570	6	64,757,197	ss131566661	rs81476351	[T/C]	G	0.39	3.7	-3.1	0.8
	ALGA0088966	16	7,787,814	ss131538094	rs81461120	[T/C]	G	0.44	7.9	2.7	0.4
	DIAS0003526	17	13,486,096	ss478937870	-	[A/G]	G	0.46	3.7	-2.1	0.6

4. 흑돈 판별 마커 선발 및 개발

가. 분석방법

○ 흑돈 판별 마커개발을 위해 흑돈 그룹 (버크셔 406두, 한국재래돼지 19두) 과 비흑돈 그룹 (듀록 84두, 요크셔 18두, 랜드레이스 8두) 나누어 Illumina Porcine 60K BeadChip (Illumina, San Deigo, CA, USA)을 이용하여 총 535두의 유전자형을 분석하였다.

○ Calling 된 SNP 정보는 reporting tool에서 Scanning 된 결과는 Bead Studio version 3.1.(Illumina, USA) 을 통해 SNP marker별 대립유전자형을 분류하였다. 그 후 Golden Helix 7.0 SVS software 이용하여 흑돈 그룹 (버크셔 406두, 한국재래돼지 19두) 과 비흑돈 그룹 (듀록 84두, 요크셔 18두, 랜드레이스 8두) 과의 유전자형 빈도를 계산하여 마커들 순으로 정리를 하였다 (표 3-1-10).

(표 3-1-10) 흑돈(재래돼지, 버크쇼) 집단과 비흑돈(듀록, 요크셔, 랜드레이스) 집단에서의 대립유전자의 빈도차이가 크게 나는 SNP 마커

No.	Chr	Marker	Position	Gene Name	Korean Native pig 60K chip 원본 K+Y_pop KNP (n=19)				Berkshire pig 60K chip 원본 Berkshire_pop BS (n=406)				Duroc pig 60K chip 원본 Duroc_pop DP (n=84)				Yorkshire pig 60K chip 원본 K+Y_pop YY (n=18)				Landrace pig 60K chip 원본 K+L_pop LL (n=8)			
					Minor Allele	Major Allele	maf	MAF	Minor Allele	Major Allele	maf	MAF	Minor Allele	Major Allele	maf	MAF	Minor Allele	Major Allele	maf	MAF	Minor Allele	Major Allele	maf	MAF
1	0	ALGA0100532	0		B	A	0.31	0.69	A	B	0.09	0.91	B	A	0.27	0.73	A	B	0.17	0.83	A	B	0.13	0.88
2	0	ALGA0100696	0		A	B	0.31	0.69	A	B	0.39	0.61	A	B	0.23	0.77	A	B	0.39	0.61	A	B	0.31	0.69
3	0	ALGA0100804	0		A	B	0.47	0.53	A	B	0.09	0.91	A	B	0.14	0.86	A	B	0.19	0.81	A	B	0.38	0.63
4	0	ALGA0100881	0		B	A	0.05	0.95	B	A	0.07	0.93	A	B	0.04	0.96	?	A	0.00	1.00	B	A	0.43	0.57
5	0	ALGA0100978	0		A	B	0.18	0.82	B	A	0.29	0.71	A	B	0.11	0.89	B	A	0.31	0.69	B	A	0.31	0.69
6	0	ALGA0100987	0		A	B	0.21	0.79	A	B	0.25	0.75	B	A	0.47	0.53	A	B	0.28	0.72	A	B	0.25	0.75
7	0	ALGA0101032	0		A	B	0.13	0.87	A	B	0.21	0.79	B	A	0.45	0.55	A	B	0.25	0.75	B	A	0.50	0.50
8	0	ALGA0101170	0		B	A	0.05	0.97	B	A	0.09	0.91	B	A	0.04	0.96	B	A	0.25	0.75	B	A	0.13	0.88
9	0	ALGA0101209	0		A	B	0.11	0.89	A	B	0.10	0.90	A	B	0.47	0.53	?	B	0.00	1.00	A	B	0.06	0.94
10	0	ALGA0101247	0		A	B	0.39	0.61	A	B	0.17	0.83	B	A	0.23	0.77	?	B	0.00	1.00	?	B	0.00	1.00
11	0	ALGA0101302	0		A	B	0.47	0.53	B	A	0.28	0.72	A	B	0.17	0.83	A	B	0.47	0.53	B	A	0.25	0.75
12	0	ALGA0101320	0		A	B	0.39	0.61	B	A	0.47	0.53	A	B	0.26	0.74	A	B	0.06	0.94	?	B	0.00	1.00
13	0	ALGA0101384	0		?	B	0.00	1.00	A	B	0.00	1.00	A	B	0.02	0.98	A	B	0.11	0.89	A	B	0.19	0.81
14	0	ALGA0101441	0		A	B	0.37	0.63	B	A	0.14	0.86	A	B	0.47	0.53	B	A	0.42	0.58	B	A	0.44	0.56
15	0	ALGA0101549	0		A	B	0.03	0.97	A	B	0.16	0.84	A	B	0.20	0.80	B	A	0.44	0.56	B	A	0.31	0.69
16	0	ALGA0101633	0		A	B	0.05	0.95	A	B	0.16	0.84	A	B	0.23	0.77	A	B	0.17	0.83	?	B	0.00	1.00
17	0	ALGA0101716	0		B	A	0.47	0.53	B	A	0.43	0.57	A	B	0.39	0.61	B	A	0.39	0.61	A	B	0.31	0.69
18	0	ALGA0101775	0		B	A	0.25	0.75	B	A	0.33	0.67	A	B	0.36	0.64	A	B	0.42	0.58	A	B	0.21	0.79
19	0	ALGA0101810	0		A	B	0.17	0.83	A	B	0.15	0.85	A	B	0.49	0.51	B	A	0.22	0.78	A	B	0.14	0.86
20	0	ALGA0101866	0		A	B	0.29	0.71	B	A	0.10	0.90	A	B	0.07	0.93	B	A	0.28	0.72	B	A	0.13	0.88
21	0	ALGA0102024	0		A	B	0.47	0.53	A	B	0.04	0.96	B	A	0.21	0.79	A	B	0.03	0.97	?	B	0.00	1.00
22	0	ALGA0102027	0		A	B	0.05	0.97	A	B	0.09	0.91	A	B	0.17	0.83	A	B	0.42	0.58	A	B	0.38	0.63
23	0	ALGA0102048	0		A	B	0.21	0.79	B	A	0.41	0.59	B	A	0.31	0.69	A	B	0.42	0.58	A	B	0.19	0.81
24	0	ALGA0102373	0		?	B	0.00	1.00	A	B	0.00	1.00	A	B	0.43	0.57	?	B	0.00	1.00	?	B	0.00	1.00
25	0	ALGA0102419	0		B	A	0.08	0.92	A	B	0.09	0.91	A	B	0.31	0.69	A	B	0.50	0.50	A	B	0.31	0.69
26	0	ALGA0102443	0		B	A	0.50	0.50	B	A	0.33	0.67	B	A	0.39	0.61	B	A	0.33	0.67	A	B	0.31	0.69
27	0	ALGA0102488	0		A	B	0.24	0.76	B	A	0.47	0.53	B	A	0.17	0.83	B	A	0.17	0.83	A	B	0.07	0.93
28	0	ALGA0102490	0		A	B	0.36	0.64	B	A	0.30	0.70	A	B	0.28	0.72	A	B	0.31	0.69	A	B	0.38	0.63
29	0	ALGA0102491	0		B	A	0.03	0.97	B	A	0.37	0.63	B	A	0.34	0.66	A	B	0.28	0.72	A	B	0.19	0.81
30	0	ALGA0102499	0		A	B	0.31	0.69	A	B	0.07	0.93	A	B	0.35	0.65	?	B	0.00	1.00	A	B	0.38	0.63
31	0	ALGA0102461	0		A	B	0.29	0.71	A	B	0.32	0.68	B	A	0.29	0.71	B	A	0.33	0.67	B	A	0.38	0.63
32	0	ALGA0102463	0		B	A	0.34	0.66	B	A	0.50	0.50	B	A	0.29	0.71	B	A	0.31	0.69	A	B	0.44	0.56
33	0	ALGA0102464	0		A	B	0.05	0.97	A	B	0.05	0.95	A	B	0.01	0.99	?	B	0.00	1.00	?	B	0.00	1.00
34	0	ALGA0102465	0		A	B	0.34	0.66	B	A	0.38	0.62	B	A	0.38	0.62	B	A	0.17	0.83	A	B	0.44	0.56
35	0	ALGA0102478	0		A	B	0.34	0.66	B	A	0.40	0.60	A	B	0.46	0.54	B	A	0.50	0.50	A	B	0.13	0.88
36	0	ALGA0102491	0		A	B	0.42	0.58	?	B	0.00	1.00	A	B	0.05	0.97	A	B	0.22	0.78	B	A	0.44	0.56
37	0	ALGA0102503	0		B	A	0.39	0.61	B	A	0.12	0.88	B	A	0.48	0.52	B	A	0.47	0.53	B	A	0.38	0.63
38	0	ALGA0103113	0		B	A	0.34	0.66	B	A	0.37	0.63	B	A	0.48	0.52	B	A	0.47	0.53	B	A	0.44	0.56

○ 흑돈 그룹 (버크셔 406두, 한국재래돼지 19두) 과 비흑돈 그룹 (듀록 84두, 요크셔 18두, 랜드레이스 8두) 간의 빈도차이가 가장 크게나는 총 35개의 마커들 염색체별로 선발하였다 (표 3-1-11).

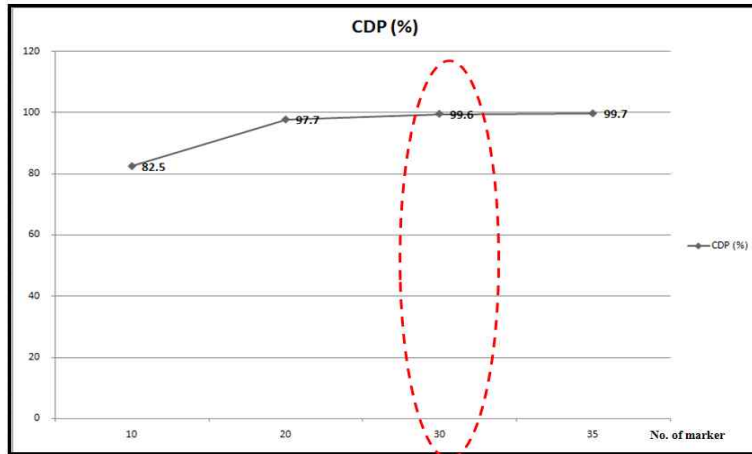
○ 선발된 마커들은 흑돈 판별에 이용될 적당한 마커수를 찾기 위해 그룹 간 누적식별력 (Cumulative power of discrimination: CDP) 시뮬레이션을 이용하였다 (Fan et al., 2002).

$$CDP=(1-[(1-H_a)(1-H_b)(1-H_c)(1-H_d)(1-H_e)]) \times 100\%$$

- 여기서 Ha에서 He까지는 개별 SNP의 전체 평균이형질성인데, 흑돈 판별에 이용될 적당한 마커수를 찾기위해 10, 20, 30, 35개 단일염기 변이 (Single Nucleotide Polymorphism: SNP) 마커들을 각각 계산하였다.
- 각각 마커의 개수별 그룹 간 누적식별력 (Cumulative power of discrimination: CDP) 은 SNP 마커 10개를 사용했을 경우 82.5%, 20개를 사용했을 경우 97.7%, 30개를 사용했을 경우 99.6%, 35개를 사용했을 경우 99.7% 로 계산되어졌다 (그림 3-1-10). 따라서 흑돈 판별에 이용될 적정 SNP 마커 수는 25~30개로 관찰되었다.

(표 3-1-11) 흑돈 판별을 위해 선발된 후보 SNP 마커들

No.1	No.2	Chr.	Marker	Position	Gene Name	Black pigs				Commercial pigs			
						Minor Allele	Major Allele	maf	MAF	Minor Allele	Major Allele	maf	MAF
1	1660	0	ALGA0111237	0		B	A	0.05	0.95	A	B	0.19	0.81
2	3793	0	ALGA0123719	0		A	B	0.02	0.98	B	A	0.19	0.81
3	5699	0	ASGA0094439	0		B	A	0.03	0.97	A	B	0.20	0.80
4	6260	0	ASGA0097533	0		A	B	0.03	0.97	B	A	0.20	0.80
5	7532	0	ASGA0104264	0		B	A	0.01	0.99	A	B	0.10	0.90
6	16486	1	M1GA0001198	131652983		B	A	0.04	0.96	A	B	0.07	0.93
7	24298	4	ALGA0023676	15285683		A	B	0.02	0.98	B	A	0.18	0.82
8	28892	5	H3GA0016973	59245657		A	B	0.05	0.95	B	A	0.19	0.81
9	28990	5	M1GA0008093	63158125	F1SK98_PIG	B	A	0.04	0.96	A	B	0.17	0.83
10	29157	5	ALGA0033788	69023749		B	A	0.02	0.98	A	B	0.10	0.90
11	32088	7	MARC0063300	31992691	F1RZV6_PIG	B	A	0.03	0.97	A	B	0.20	0.80
12	32795	7	ASGA0034121	57402316		B	A	0.01	0.99	A	B	0.20	0.80
13	32830	7	ALGA0042155	58512248	F1RI93_PIG	A	B	0.04	0.96	B	A	0.17	0.83
14	36010	8	ALGA0048945	51266055		B	A	0.02	0.98	A	B	0.11	0.89
15	36396	8	MARC0023064	107819769		B	A	0.02	0.98	A	B	0.20	0.80
16	36972	9	ASGA0041769	7802341		B	A	0.03	0.97	A	B	0.15	0.85
17	41273	11	H3GA0031836	30531333		B	A	0.05	0.95	A	B	0.19	0.81
18	41280	11	ASGA0050684	31083273		B	A	0.02	0.98	A	B	0.19	0.81
19	41305	11	DRGA0011181	32094344	F1RJ44_PIG	B	A	0.03	0.97	A	B	0.20	0.80
20	41311	11	ALGA0062014	32222258		B	A	0.05	0.95	A	B	0.20	0.80
21	41865	11	ALGA0063331	54524791		B	A	0.04	0.96	A	B	0.07	0.93
22	41957	11	ALGA0063621	57364004		B	A	0.04	0.96	A	B	0.20	0.80
23	42696	12	MARC0037889	15692611		A	B	0.01	0.99	B	A	0.10	0.90
24	44334	13	ALGA0070164	35339379		B	A	0.02	0.98	A	B	0.17	0.83
25	47701	14	BGIS0001979	41742490	F1RGB7_PIG	B	A	0.04	0.96	A	B	0.07	0.93
26	49167	14	MARC0070934	100423451	F1SD06_PIG	B	A	0.03	0.97	A	B	0.20	0.80
27	49183	14	ASGA0065469	100968247		B	A	0.03	0.97	A	B	0.20	0.80
28	49198	14	DRGA0014351	101468879		B	A	0.04	0.96	A	B	0.20	0.80
29	49200	14	DRGA0014352	101546257		B	A	0.02	0.98	A	B	0.20	0.80
30	49628	14	ALGA0081210	119931631	F1S835_PIG	B	A	0.03	0.97	A	B	0.07	0.93
31	49796	14	ALGA0081505	127397943		A	B	0.01	0.99	B	A	0.18	0.82
32	49802	14	ALGA0081516	127564193		B	A	0.05	0.95	A	B	0.06	0.94
33	49804	14	ASGA0066426	127607455		B	A	0.05	0.95	A	B	0.06	0.94
34	51893	15	ALGA0086332	59051758		B	A	0.05	0.95	A	B	0.07	0.93
35	57639	X	DBNP0000138	27378265		B	A	0.04	0.96	A	B	0.07	0.93



(그림 3-1-10) 마커의 개수별 (10, 20, 30, 35개) 그룹 간 누적식별력 결과

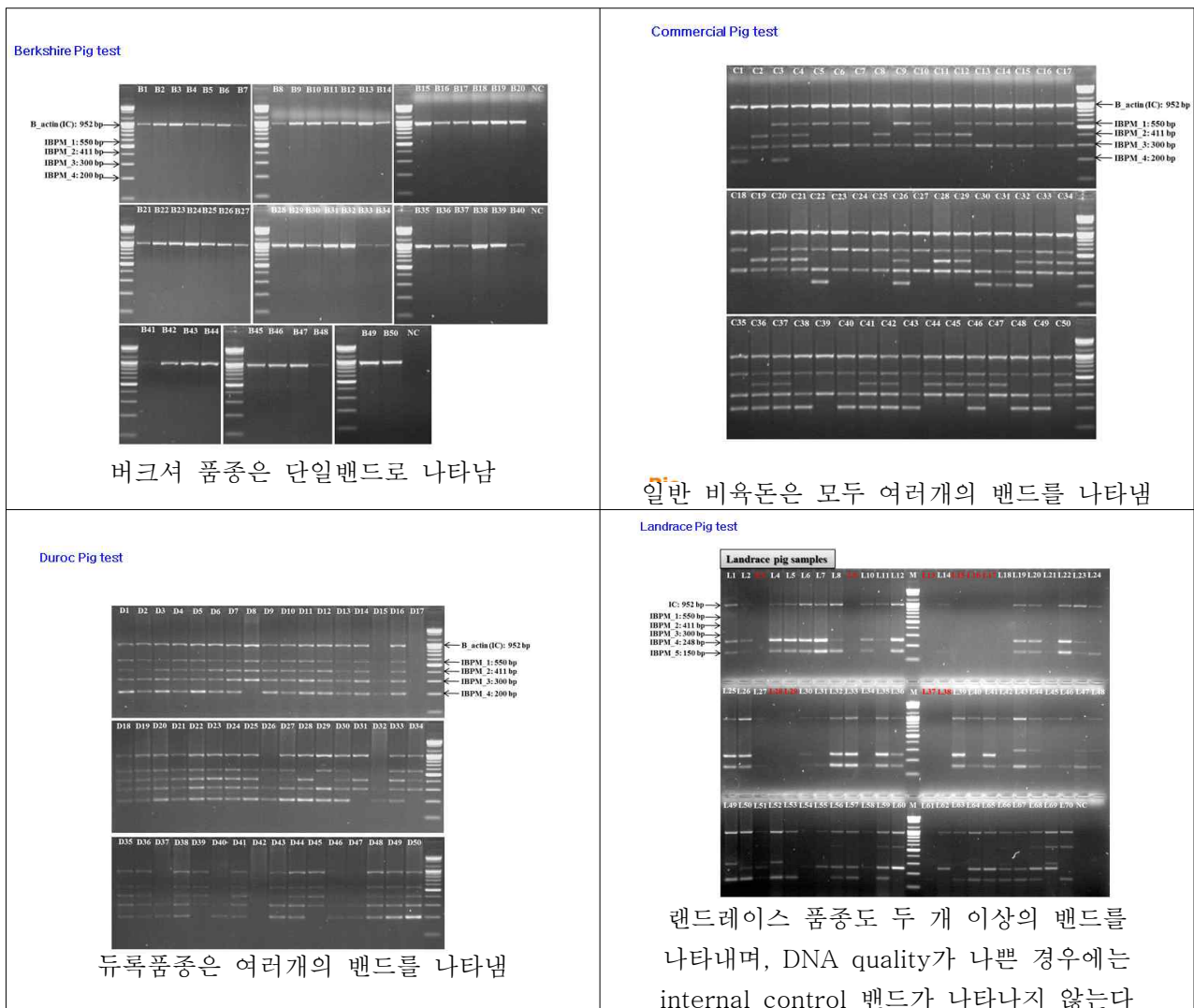
○ 선발된 35개의 단일염기변이 (SNP) 마커 콘텐츠를 검증하여 흑돈 관별 마커개발에 이용하였다 (표 3-1-12).

(표 3-1-12). 선발된 35개의 후보 SNP 마커 정보

No.	Chr.	Marker	Position	Flanking sequence
1	0	ALGA0111237	0	CTGCAGTGTAGGAAGAAGTCCAGGCCAGG[A G]GAATGGGTTGAGAATAAAGTCCACACTCTCAGGGAGATTGTGGGAGGCAATAGACTTTT
2	0	ALGA0123719	0	TGGGTATAATAGTTTTTCTTACTCTGACCCCTCAGCGCTGATTTCAAGATGTGTAACCTG[A G]YTCGACCCAG
3	0	ASGA0094439	0	CTATAAT[A G]TAATTTTAAATTTTCGAAAGTAGATCTGGGACGAAGATTATCCAAGGGACAGCAGGAAA
4	0	ASGA0097533	0	CTTAAGTAATGAGGATGGAACCTTCAAAATGGGATTAGTGCTTGTAAAGAAGGGT[A G]ACAG
5	0	ASGA0104264	0	GTGTAAACGGGAGAGTTAGGGCACAGAGTAACTGGGAAGTCAAGATGTGGCTTAGGAG[A G]CCTGAGAATGAG
6	1	MIGA0001198	131652983	CTAAGCCTAAATCCATAGAAAATGTAGTTAACATGGGCTTTCATGCTAAAGTTCATAGC[C G]GGGGGGCGGGGGGAGAAAAAGAACTTCCATGACTGTAGAAAGTCAAAAGCACAA
7	4	ALGA0023676	15285683	AAAGACAACCCACATGTGTACATACAGATGAGGACAGGACAGCCAGATGGTACAG[A G]ATGGTRAAGGCCCTACAAGACAGAGCTACAAAAACGCAAGAGAGAAACAAAGCAGTA
8	5	H3GA0016973	59245657	CTTTGTTACCTGAAACTCAGATAGTCAATAACAACAATAAGCACAGCCCTCCGCTT[C A G]GAAGGATGTCAAACAAGCATGTGGCATGGCTACAACCTTCTAATAGGGAAGACCATTAC
9	5	MIGA0008091	63158125	AGAGGCATCTTTAGAAAAATCAGTTAGATCATGCTCTGTGCTTTTACCAACTCAGC[A G]GCTTCCCGGGGCTTCTGTGTACCACTCAACTGGCCTTCAAGAGCTGCCCGCCCT
10	5	ALGA0033788	69023749	ATTTAGTCTCCAGCAATATATGTACAGGAAAAATAGCATCTCATGTTATGAATAATA[A G]GCAGATTTATATTTGGTCATATAGCTTACTCAAGTCCAGCCAAATCAGCAGAATCAAGCT
11	7	MARC0063300	31992691	AGTATCGGAATCCAGCCCGGAACAAAAACCTTCTTGAAGGCTTTAAGTTTCAAGGCA[A G]CAAAATTTAAAACTGAACATTTCAACAGGAAAACTTTGGTCACTAAAATCTTCCAA
12	7	ASGA0034121	57402316	TGTTTGTAGCATGCTTCTTGATAAGTAACAGAAATCACTCAATCTGGCTCAAA[A G]TAAAGGATTTGTTAGCTCACATACCTGGAAAGTCCAGAGCCAGGATTTACATAGGGGTC
13	7	ALGA0042155	58512248	TCCGGGCTGTGGGAGGAGGTAACAGATGACAAGACTCTGCCAAGCTGGAGAGAAGC[A G]GTTCAGGTTGGAGCAGGCCACCCACAGCAGCCAGGGGCTAACTGGTGAAGCTGGCAGA
14	8	ALGA0048945	51260655	AGGCAGCTGAGGATGCTGGGAAATCCCTACCAGCCATAACATCTAGCTCTCACT[A G]GGGCTGACCTAAATATCTCAAAATATCTGGGGATTTGGGCAGCTGTCTCTCATTATG
15	8	MARC0023064	107819769	GGCCCTTCAAGAACTACATGCCTCACTAGGATAGATTTTCATGAAGTCAATGCTGAG[A G]ATCAGTTCCTCTATTCAAAACAGCAAAAGTAACTGTCTTTCATGGAATACTAA
16	9	ASGA0041769	7802341	CTATCGGCCCAATTTTTCTCCACCAGCAGCATGAGCTCCTTGAAGACAGGAGCCAT[A G]GCCCTCACTGCTGTACTGCCAGCCCTGAGCATGGGTGCTACTGCTGCTCAAGGGCAA
17	11	H3GA0031836	30531333	AGGCATAGGGCTGCAGATGCAGCTCTAATTCAGCCCTAGCAGTGGAAATCCCTATGC[A G]GCAGGGATGGCATGAAAAGAAAAAAATGTGACTACAAATATTTGACTGTATGTA
18	11	ASGA0050684	31083273	AAATGAGCAAAAGCATGATATGGCCACCAGCAGTGTAAAAGTGTAGGCTGATGTGGTTG[A G]TAGCTAGACCTCTCACAAATCTCTGCATTTGGCCACCCACAGTGAATAATTAAGAA
19	11	DRGA0011181	32094344	AGAATTTAGCACAGCTCCCTATCTGAAATCAATAGGTTTAGGTTTCATATAAAAAAGC[A G]TATTTTAAACATTTTCAAAAGTTTCCATGATTAAGAAACTCTCATGTTTATAAAAT
20	11	ALGA0062014	32222258	CAGAATAGAGGCAAGACTTTGCACAGCTGGGCCAAGATTGTTCTAGCTTTTCTGGCTGGG[A G]TCCTTTTCCAGGAGCTTCAGTGTCTGGGTGCTGCTCCATGGGGGTGAGCCCTCCAGAG
21	11	ALGA0063331	54524791	ATCGAACCTGTGCTCACAGATGCCAGTCAAGTTGTTCCGCTGAGCCACAGTGGAA[C G]TCCGAGCATAAGCAAAAGTTGATAAGAGCTTAGATGAGATGGGAAGAGAACAGCATT
22	11	ALGA0063621	57364004	AAAAAGACAAGACACAGCTGCCTCTCTTTGGGGCAAAATGAAATCCCATGGTGGTGGAG[A G]TCCAAAGATCCATGCAATGGTAGAGCTTAGCATGGTTCTAGAAAAAGCAGACAAGGGAGG
23	12	MARC0037889	15692611	AAAAACTCATGCAGGCTAATATTGTGTTATCCACAGGATGCCACAAAGGTTGCAACAA[A G]CAGCAGCTAAGCTGGTATAGATCCAGATAGTGGGCAAGTAGGCTAAAGGTCAGGCTTTC
24	13	ALGA0070164	35339379	ATTCACACTAATGTGGGTTATCTTAGGAGCTAGTTCCTAACCTAAAGGAGCTGTGTC[A G]GTAGGTAGGAAAGTGTAGAAATGTGTTTCTCAGAAAAGCCCTGCTCACAGGCTGTGA
25	14	BGIS0001979	41742490	GCTCGGCATTCACTTGGGTACATCTCATAGATGACATCGATGCTGGCCGCTGATGTTG[C G]CAGGAAGGGGGGCACTTCTCCAGCATTCTCCCTCGCTCAGTGTCTGGCCCTGGAGAG
26	14	MARC0070934	100423451	ATTTGCTTTATCCATCAAAAAATATCAAAATACCCAGCATATACAGAATAAAGGTG[A G]CTGG
27	14	ASGA0065469	10098247	AGGGGTGTGCCAATAGAAAATAAAATCTTAGCTCTGACAGATGCTCAACAACAATCT[C A G]TTATCTCTTACAGTGAAGCTGCACCCTCTCATCCCATGTAAGAAAAGAAACCTGCT
28	14	DRGA0014351	101468879	GGGAAAAATGCTGTATTACTAAGGAGGAGCTATTGTAATACTGAAGACAATTCATCTAC[A G]TAACTAAAGGTGAGAGTTTAAAAAGAAATTAATAAAATCAGCGTGTATGCTATGTTTTT
29	14	DRGA0014352	101546257	AGGAAATCCATAGCTGGAACAAAAAACTATTATCATTTGTTTAGCTGAATGAA[A G]GAAATTCATTTTATGTGTCATTTAAATGGGAACCTAACAGAACTCTATATTTGAGGC
30	14	ALGA0081210	119931631	AATCCCTGGCCTCGCTCAGTGGATTAAAGGATCCGCTGGTGTGTCATAGCTGCAGTATAGTT[C G]GCAGAGGAGGCTCAGATCTGGCATTTGCTGACTATGGTGTAGGCCATCAGCTGCAGCTC
31	14	ALGA0081505	127397943	CTTCATTATAAAATGCTATCGTTGGAAGTTTCTGTGTGGCAGATAGTTAAGGACCTG[C A G]TGCTGCCACAGCTGTGGAGCATGTGGCTGGGTTCAATCCCTGGCTGGGAACTCCATA
32	14	ALGA0081516	127564193	CTCTCTTTATACCACCTGCTTTCTATGGAAGAGTTGTTCCATGTAATAAAGCAGT[A G]AAGCATTCAACAAAGGGTCTTGAATTTGCCAGAAAGGAAACATCTGTTAATAATGG
33	14	ASGA0066426	127607455	TCATAAATAGAAGTTCAGACACAACACAGACACCAGCTACACACCTACACCCTAGGAC[C A G]TACTTAAACACATGTGTTCCAAATCTGAACATGATAAGCTGGTGAAGAACACATCATTC
34	15	ALGA0086332	59051758	CGAGGCTTCACTGGAATGCTAGTGGGAGGACGACCAAGTTTGGAGCTACACT[C G]CAGGTGAGATTTATAGTGTAAATAGTTATGCTCATGAACATATGGTATGTAATAGTCAAC
35	X	DBNP0000138	27378265	AATGTGATCCGCTAGTGGCTGGCAGATGGCCAGAATGAACCAGCCAGGAGGCA[C G]GTGGGTCATCATCAACACTGCCAGCATAGCTGCTTTGAGGGCCAGGTGTGTGAGCAGG

나. 분석결과

- 버크셔와 재래돼지에서 듀룩품종과 확연한 빈도차이를 나타내는 SNP 마커를 우선적으로 발굴하였는데, 그 이유는 국내 양돈산업의 일반비육돈 생산에서 듀룩품종을 옹돈으로 대부분 이용하기 때문이다. 본 연구를 위해서 확보된 종돈회사 PIC Korea와 국내 굴지의 돼지고기 생산조합인 도드람양돈농협의 시료를 활용하였다. 아래의 결과에서처럼 마커조합을 통해 흑돈고기를 식별할 수 있는 가능성을 확인하였다.
- 아래의 결과를 흑돈관별용 간편진단키트로 개발하여 상품화하기 위해서 추가적인 연구를 수행하였고, 총 4종의 흑돈식별 PCR 프라이머 세트와 한 종의 내부 control 밴드를 증폭하는데 이용하는 세트로 구성된 흑돈 식별 유전자 진단키트로 개발 완료하였다.
- 요크셔 품종도 랜드레이스 품종과 동일한 밴드양상을 나타내었으며, 최종적으로 국내에 유통되는 흑돼지고기에 추가적인 검증실험을 수행하고 있다. 확립된 기술은 축산물품질평가원과 농산물품질관리원 그리고 돼지고기 이력추적을 원하는 브랜드 돈육업체 (지리산 흑돈) 등에 진단법의 기술이전과 진단키트의 상용화에 활용할 예정이다.

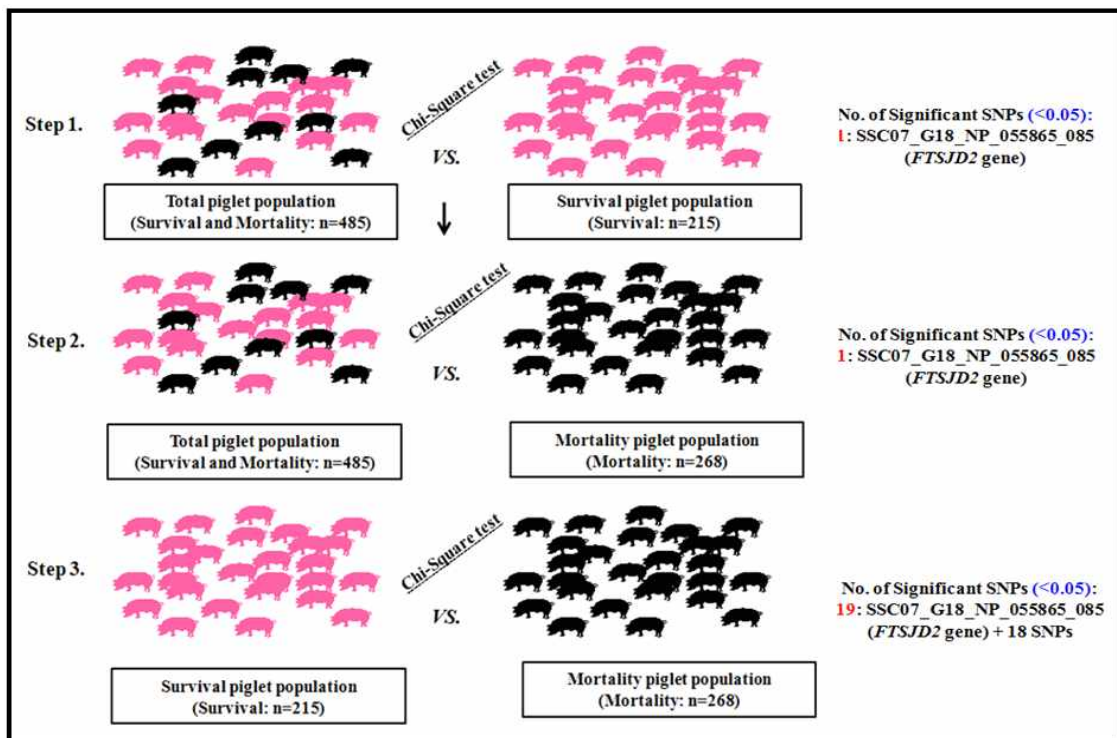


5. 자돈의 이유 후 폐사율 (Mortality) 및 질병저항성 관련 단일염기 변이 마커 발굴

가. Sequenom MassArray 분석을 이용한 마커발굴

○ 238개의 후보 단일염기변이 마커 중 집단 간의 유적인 효과를 나타내는 단일염기변이 마커들을 최종 선별하기 위해 아래의 그림 3-1-11.의 단계로 진행하였다.

- ① 첫 번째로 총 485두와 생존한 215두 집단 간의 대립유전자 빈도를 구해 Chi-Square test를 수행하였으며, 그 결과 유의적인 마커는 단 하나로 FTSJD2 유전자내의 NP_055865_085 단일염기변이 마커로 관찰되었다 (P-value<0.05)
- ② 두 번째로 총 485두와 폐사된 268두 집단 간의 대립유전자 빈도를 구해 Chi-Square test를 수행하였으며, 그 결과 유의적인 마커는 첫 번째 수행한 결과와 동일한 FTSJD2 유전자내의 NP_055865_085 단일염기변이 마커로 관찰되었다.
- ③ 세 번째 생존한 215두 집단과 폐사된 268두 두 집단 간의 대립유전자의 빈도를 구해 Chi-Square test를 수행하였고, 그 결과 FTSJD2 유전자내의 NP_055865_085 단일염기변이 마커를 포함한 총 19개의 유의적인 최종 검증 단일염기변이 마커가 도출되었다 (표 3-1-13).



(그림 3-1-11). 자돈의 생존율에 유의적인 영향을 미치는 후보 SNP 마커들을 선별하기 위한 프로세스

(표 3-1-13). 집단단별 빈도차이가 통계적으로 유의한 19개의 후보 SNP 마커 선발

Marker	Allele	Total	Minor Allele Freq.		Chi-Square test 1. (Total - Dead)	Chi-Square test 2. (Total - Live)	Chi-Square test 3. (Live - Dead)
			Dead	Live			
SSC07_G18_NP_055865_085	A	0.417	0.357	0.478	0.030	0.041	0.000
SSC13_G17_NP_006497_189	A	0.257	0.220	0.305	0.103	0.058	0.002
SSC12_G24_NP_002461_323	C	0.241	0.207	0.277	0.096	0.117	0.005
SSC01_G13_NP_937895_290	A	0.267	0.232	0.306	0.124	0.094	0.006
SSC12_G24_NP_079425_377	C	0.372	0.408	0.322	0.189	0.082	0.009
SSC13_G17_NP_001329_350	A	0.307	0.276	0.349	0.194	0.082	0.009
SSC16_G07_NP_004408-1_256	A	0.240	0.275	0.203	0.145	0.134	0.011
SSC06_G28_NP_892028_239	T	0.239	0.290	0.182	0.158	0.131	0.012
SSC06_G28_NP_006305_280	C	0.313	0.284	0.357	0.262	0.106	0.017
SSC15_G09_NP_062824_111	C	0.490	0.483	0.500	0.349	0.070	0.021
SSC06_G28_NP_113647_509	T	0.307	0.281	0.348	0.300	0.123	0.025
SSC06_G28_NP_996882_132	A	0.429	0.394	0.469	0.219	0.176	0.026
SSC10_G05_NP_004437_413	C	0.465	0.492	0.423	0.307	0.128	0.028
SSC17_G13_NP_001191_161	A	0.021	0.035	0.005	0.269	0.129	0.029
SSC13_G17_NP_001329_091	C	0.087	0.070	0.109	0.248	0.185	0.032
SSC09_G06_NP_056076_109	G	0.252	0.225	0.280	0.209	0.217	0.032
SSC14_G12_NP_005234_085	G	0.226	0.199	0.257	0.232	0.213	0.034
SSC12_G24_NP_002461_411	C	0.242	0.216	0.269	0.202	0.234	0.034
SSC07_G18_NP_001008844_272	G	0.446	0.419	0.485	0.295	0.167	0.035
SSC13_G17_NP_004695_156	C	0.112	0.091	0.137	0.244	0.206	0.036
SSC14_G12_NP_055118_256	C	0.155	0.134	0.183	0.266	0.196	0.037
SSC15_G09_NP_005205_581	G	0.171	0.151	0.198	0.297	0.189	0.041

- 생존한 집단과 폐사된 집단 간의 유의적인 효과가 있는 19개 마커를 선발하였으며, 이를 검증하기 위해 농협 위축돈 179두와 정상돈 200두의 꼬리 조직에서 추출한 Genomic DNA를 건국대학교에서 제공받아 마커 검증에 이용하였다.
- 4개의 단일염기변이 마커를 검증하기 위해 Oligo 6 software 를 이용하여 프라이머를 제작하였으며, 유전자형 분석은 PCR-RFLP method를 이용하여 실시하였다 (표 3-1-14).

(표 3-1-14) 유전자형 분석을 통해 검증할 4개의 후보 SNP 마커들에 대한 PCR 프라이머 및 제한효소

Gene&SNP	GenBank.no	Primer sequences(5'→3')	Fragment size(bp)	T _A (°C)	Restriction Enzyme(°C)	Size(bp) of the allelic polymorphism
LOC100156744_G>A	NP_001008844_272	CAATGGCGTGACCGATGG TGTGGCTGTGGCGTAGGCT	472bp	60°C	<i>Hpy188I</i> (37°C)	307,263,165bp
LOC100620746_A>C	NP_006497_189	GTGCTAAACTGCCTAAG AACCCTAGCACTGTATGG	102bp	54°C	<i>MseI</i> (37°C)	102,60bp
MYHC_C>A	NP_002461_323	CGCCGAAAGCTCACTGTG CTGGGGAGGAACCTGCTG	265bp	55°C	<i>BslI</i> (55°C)	265,214bp
Doesn't map to any assembly_G>A	NP_937895_290	CGGGAACCTGCAGTATGA GGTGGTCTGGTGCATCA	291bp	56°C	<i>EcoR5</i> (37°C)	291,245bp

- 최종 선발된 4개의 마커를 검증하기 위해 농협 위축돈 179두와 정상돈 200두 두 집단 간의 대립유전자의 빈도를 계산하여 Chi-Square test를 수행하였으며, 그 결과 NP_001008844_272, NP_006497_189 그리고 NP_937895_290 3개의 마커는 집단의 대립유전자의 빈도가 매우 유의적인 효과가 검증 되었다. 하지만 MYHC (NP_002461_323) 단일염기변이는 두집단 간의 대립유전자의 빈도차이가 유의적인 효과를 관찰 할 수 없었다 (표 3-1-15).

(표 3-1-15). 4개의 후보유전자의 유전자형 분석을 통해 생존집단과 비생존집단간의 통계적으로 유의적인 빈도차이를 보인 마커

Pig Population	Gene/location	Gene	Genotype (N. of number)			Total N of pig	Mortality "1" allele frequency	Survival "1" allele frequency	P-value
Mortality	LOC100156744	G>A	AA: 17 (10%)	AG: 72 (41%)	GG: 86 (49%)	175	0.30	0.47	<0.0001
Survival	LOC100156744	G>A	AA: 53 (28%)	AG: 76 (39%)	GG: 64 (33%)	193			
Mortality	LOC100620746	A>C	CC: 91 (51%)	CA: 78 (44%)	AA: 9 (5%)	178	0.73	0.83	<0.0001
Survival	LOC100620746	A>C	CC: 145 (73%)	CA: 42 (21%)	AA: 12 (6%)	199			
Mortality	MYHC	C>A	AA: 45 (26.5%)	AC: 80 (47%)	CC: 45 (26.5%)	170	0.5	0.55	Not significant
Survival	MYHC	C>A	AA: 67 (34%)	AC: 79 (41%)	CC: 49 (25%)	195			
Mortality	doesn't map to any assembly	G>A	AA: 44 (25%)	AG: 104 (59%)	GG: 28 (16%)	176	0.56	0.33	<0.0001
Survival	doesn't map to any assembly	G>A	AA: 29 (15%)	AG: 72 (36%)	GG: 98 (49%)	199			

나. Porcine Illumina 9K SNP Chip 분석을 이용한 유용 마커발굴

○ 본 연구의 공시재료로는 충북 청원군 샘터농장의 한국재래돼지 (Korean Native pig: KNP) 와 요오크셔 (Yorkshire: YS) 종의 전형매 (Full-sib) 교배를 통하여 55 가계집단에서 생산된 생후 14주 내의 폐사된 268두와 생존한 215두, 총 485두 가운데, 16개의 동일가계내 정상돈과 폐사돈만을 선발하여 Illumina Porcine 9K chip을 이용한 유전자형 분석을 수행하였고, 그 결과에 따라 >0.3 빈도차이를 나타내는 유전좌위를 검증하였음.

Pedigree	Offspring	Sire	Dam	Alive/Dead	Pedigree	Offspring	Sire	Dam	Alive/Dead
P1	6-7	KY103-23	KY102-14	Alive	P9	2-6	YK1-24	YK2-9	Alive
	6-12	KY103-23	KY102-14	Alive		5-24	YK1-24	YK2-9	Alive
	8-3	KY103-23	KY102-14	Alive		7-12	YK1-24	YK2-9	Alive
	8-6	KY103-23	KY102-14	Alive		19-3	YK1-24	YK2-9	Dead
	8-10	KY103-23	KY102-14	Alive		19-4	YK1-24	YK2-9	Dead
	8-12	KY103-23	KY102-14	Alive		19-5	YK1-24	YK2-9	Dead
	112-6	KY103-23	KY102-14	Dead		19-6	YK1-24	YK2-9	Dead
112-8	KY103-23	KY102-14	Dead	P10	1-7	KY103-11	YK3-18	Alive	
112-11	KY103-23	KY102-14	Dead		1-13	KY103-11	YK3-18	Alive	

	112-12	KY103-23	KY102-14	Dead		1-17	KY103-11	YK3-18	Alive	
	112-3	KY103-23	KY102-14	Dead		1-21	KY103-11	YK3-18	Alive	
	112-5	KY103-23	KY102-14	Dead		2-11	KY103-11	YK3-18	Alive	
P2	1-9	YK3-37	KY102-16	Alive		2-13	KY103-11	YK3-18	Alive	
	1-16	YK3-37	KY102-16	Alive		2-33	KY103-11	YK3-18	Alive	
	1-18	YK3-37	KY102-16	Alive		5-18	KY103-11	YK3-18	Alive	
	2-5	YK3-37	KY102-16	Alive		5-22	KY103-11	YK3-18	Alive	
	2-17	YK3-37	KY102-16	Alive		5-33	KY103-11	YK3-18	Alive	
	2-21	YK3-37	KY102-16	Alive		7-15	KY103-11	YK3-18	Alive	
	3-8	YK3-37	KY102-16	Alive		7-22	KY103-11	YK3-18	Alive	
	12-22	YK3-37	KY102-16	Alive		12-5	KY103-11	YK3-18	Dead	
	106-3	YK3-37	KY102-16	Dead		12-13	KY103-11	YK3-18	Dead	
	106-5	YK3-37	KY102-16	Dead		12-14	KY103-11	YK3-18	Dead	
106-7	YK3-37	KY102-16	Dead							
P3	6-1	KY103-11	KY102-23	Alive	P11	2-22	YK1-37	YK3-20	Alive	
	6-9	KY103-11	KY102-23	Alive		5-3	YK1-37	YK3-20	Alive	
	6-10	KY103-11	KY102-23	Alive		7-11	YK1-37	YK3-20	Alive	
	6-15	KY103-11	KY102-23	Alive		7-18	YK1-37	YK3-20	Alive	
	6-18	KY103-11	KY102-23	Alive		7-27	YK1-37	YK3-20	Alive	
	6-23	KY103-11	KY102-23	Alive		24-4	YK1-37	YK3-20	Dead	
	114-4	KY103-11	KY102-23	Dead		24-6	YK1-37	YK3-20	Dead	
	114-9	KY103-11	KY102-23	Dead		24-7	YK1-37	YK3-20	Dead	
	114-2	KY103-11	KY102-23	Dead						
P4	6-8	KY102-17	KY103-14	Alive	P12	2-22	YK1-37	YK3-20	Alive	
	6-13	KY102-17	KY103-14	Alive		5-3	YK1-37	YK3-20	Alive	
	8-1	KY102-17	KY103-14	Alive		7-11	YK1-37	YK3-20	Alive	
	3-11	KY103-11	KY103-14	Alive		7-18	YK1-37	YK3-20	Alive	
	7-9	KY103-11	KY103-14	Alive		7-27	YK1-37	YK3-20	Alive	
	113-1	KY102-17	KY103-14	Dead		24-10	YK1-37	YK3-20	Dead	
	113-3	KY102-17	KY103-14	Dead		24-11	YK1-37	YK3-20	Dead	
	113-4	KY102-17	KY103-14	Dead	24-12	YK1-37	YK3-20	Dead		
	113-6	KY102-17	KY103-14	Dead	24-2	YK1-37	YK3-20	Dead		
	113-7	KY102-17	KY103-14	Dead	24-13	YK1-37	YK3-20	Dead		
	113-8	KY102-17	KY103-14	Dead						
	P5	6-14	YK3-25	YK1-1	Alive	P13	1-1	YK2-36	YK3-24	Alive
		6-21	YK3-25	YK1-1	Alive		1-19	YK2-36	YK3-24	Alive
6-24		YK3-25	YK1-1	Alive	2-9		YK2-36	YK3-24	Alive	
6-29		YK3-25	YK1-1	Alive	3-31		YK2-36	YK3-24	Alive	
8-2		YK3-25	YK1-1	Alive	5-16		YK2-36	YK3-24	Alive	
29-1		YK3-25	YK1-1	Dead	5-21		YK2-36	YK3-24	Alive	
29-2		YK3-25	YK1-1	Dead	10-26		YK2-36	YK3-24	Alive	
					12-17		YK2-36	YK3-24	Alive	

	29-3	YK3-25	YK1-1	Dead		22-10	YK2-36	YK3-24	Dead
	29-4	YK3-25	YK1-1	Dead	P14	6-30	YK1-37	YK3-34	Alive
	29-5	YK3-25	YK1-1	Dead		8-15	YK1-37	YK3-34	Alive
P6	2-18	YK3-5	YK1-26	Alive		8-18	YK1-37	YK3-34	Alive
	4-22	YK3-5	YK1-26	Alive		35-1	YK1-37	YK3-34	Dead
	7-19	YK3-5	YK1-26	Alive		35-2	YK1-37	YK3-34	Dead
	7-23	YK3-5	YK1-26	Alive		35-4	YK1-37	YK3-34	Dead
	7-31	YK3-5	YK1-26	Alive		35-6	YK1-37	YK3-34	Dead
	16-5	YK3-5	YK1-26	Dead		35-7	YK1-37	YK3-34	Dead
	16-8	YK3-5	YK1-26	Dead	P15	1-3	YK2-36	YK3-38	Alive
	16-11	YK3-5	YK1-26	Dead		3-21	YK2-36	YK3-38	Alive
	16-12	YK3-5	YK1-26	Dead		3-32	YK2-36	YK3-38	Alive
	16-1	YK3-5	YK1-26	Dead		5-25	YK2-36	YK3-38	Alive
	16-3	YK3-5	YK1-26	Dead		7-13	YK2-36	YK3-38	Alive
	16-4	YK3-5	YK1-26	Dead		7-17	YK2-36	YK3-38	Alive
						11-3	YK2-36	YK3-38	Alive
				11-14		YK2-36	YK3-38	Alive	
				11-23		YK2-36	YK3-38	Alive	
				12-2		YK2-36	YK3-38	Alive	
				12-11		YK2-36	YK3-38	Alive	
				13-7	YK2-36	YK3-38	Dead		
				13-8	YK2-36	YK3-38	Dead		
				13-9	YK2-36	YK3-38	Dead		
				13-10	YK2-36	YK3-38	Dead		
				13-11	YK2-36	YK3-38	Dead		
P7	3-30	YK3-5	YK2-25	Alive	P16	2-26	YK1-24	YK3-43	Alive
	4-14	YK3-5	YK2-25	Alive		3-6	YK1-24	YK3-43	Alive
	5-14	YK3-5	YK2-25	Alive		5-2	YK1-24	YK3-43	Alive
	7-6	YK3-5	YK2-25	Alive		5-19	YK1-24	YK3-43	Alive
	7-21	YK3-5	YK2-25	Alive		5-27	YK1-24	YK3-43	Alive
	10-7	YK3-5	YK2-25	Alive		7-1	YK1-24	YK3-43	Alive
	11-8	YK3-5	YK2-25	Dead		7-7	YK1-24	YK3-43	Alive
	11-9	YK3-5	YK2-25	Dead		14-3	YK1-24	YK3-43	Dead
	11-11	YK3-5	YK2-25	Dead		14-7	YK1-24	YK3-43	Dead
	11-12	YK3-5	YK2-25	Dead		14-8	YK1-24	YK3-43	Dead
	11-2	YK3-5	YK2-25	Dead					
	11-13	YK3-5	YK2-25	Dead					
	11-3	YK3-5	YK2-25	Dead					
	11-5	YK3-5	YK2-25	Dead					
	11-6	YK3-5	YK2-25	Dead					
P8	6-4	YK1-37	YK2-37	Alive					
	6-5	YK1-37	YK2-37	Alive					
	6-16	YK1-37	YK2-37	Alive					
	6-19	YK1-37	YK2-37	Alive					
	6-22	YK1-37	YK2-37	Alive					
	6-25	YK1-37	YK2-37	Alive					
	6-26	YK1-37	YK2-37	Alive					
	8-7	YK1-37	YK2-37	Alive					
	28-1	YK1-37	YK2-37	Dead					
	28-4	YK1-37	YK2-37	Dead					
	28-5	YK1-37	YK2-37	Dead					

- 총 8,662개의 SNP 대립유전자의 빈도차이를 F0 품종간 비교하였고 또한 가계내에서 폐사돈과 정상돈 사이에 비교를 하, SNP마커가 0.3 정도의 유의적인 빈도차이를 17개를 발굴하였으며, 이들 좌위에 대한 주변 유전자를 탐색하였다 (표 3-1-16, 17).

(표 3-1-16). 재래돼지와 요크셔 교잡돈집단에서 생산된 생존집단과 비생존집단 사이의 대립유전자의 빈도가 >0.30 이상 차이가나는 17개의 후보 SNP 마커 정보

No	Marker	Chr	Position	SNP code	“rs“ number	Alive		Dead		Difference allele frequency value (>0.30)	Within Gene	Nearest Gene
						Allele	Allele Frequency	Allele	Allele Frequency			
1	MARC0027411	1	6,296,102	[A/G]	rs81222624	G	0.02	G	0.45	0.43		PARK2
2	ASGA0006375	1	251,476,192	[A/G]	rs80992911	A	0.43	A	0.00	0.43	ANKS6	
3	DRGA0002473	1	275,720,770	[T/C]	rs81296573	A	0.30	A	0.00	0.30	LOC100520476	
4	H3GA0006751	2	48,912,355	[T/G]	rs81358791	A	0.36	A	0.03	0.33		LOC100625473
5	H3GA0012680	4	48,380,713	[A/G]	rs80941309	A	0.38	A	0.00	0.38		LOC100517938
6	ASGA0025539	5	52,446,897	[A/C]	rs81384102	C	0.32	C	1.00	0.68		LOC100153435
7	ALGA0036944	6	127,456,723	[T/G]	rs81392150	C	0.43	C	0.00	0.43		LOC100514238
8	ALGA0050238	8	145,397,998	[A/C]	rs81406014	A	0.33	A	0.00	0.33		LOC100513165
9	ASGA0051711	11	73,504,032	[A/G]	rs80793012	A	0.45	A	0.00	0.45	LOC100524825	
10	MARC0063610	13	159,609,464	[T/C]	rs80932511	G	0.42	G	0.00	0.42		LOC100520460
11	ALGA0081394	14	129,244,631	[T/C]	rs80991448	A	0.20	A	1.00	0.80		SORCS1
12	M1GA0019204	14	135,859,504	[A/G]	rs80803605	A	0.14	A	0.50	0.36	ABLIM1	
13	ALGA0083683	15	1,614,547	[A/C]	rs80959439	A	0.41	A	0.08	0.32		LOC100521523
14	ALGA0083658	15	9,702,181	[T/C]	rs80814569	A	0.35	A	0.00	0.35		LOC100521340
15	H3GA0044707	15	91,845,045	[A/G]	rs81453950	A	0.50	A	1.00	0.50		CWC22
16	ALGA0086432	15	101,042,541	[A/G]	rs80859828	A	0.50	A	0.00	0.50		MSTN
17	ASGA0080057	18	48,608,448	[T/C]	rs81470216	G	0.48	G	0.00	0.48	LOC100516841	

(표 3-1-17). 생존집단과 비생존집단 사이의 대립유전자의 빈도가 >0.30 이상 차이가나는 17개의 후보 SNP 마커 >0.30 이상 차이가나는 17개의 후보 SNP 마커에 대한 재래돼지집단과 요크셔집단간의 빈도비교

No	Marker	Chr	Position	SNP code	"rs" number	KNP		YS		Difference allele frequency value (>0.30)	Within Gene	Nearest Gene
						Allele	Allele Frequency	Allele	Allele Frequency			
1	MARC0027411	1	6,296,102	[A/G]	rs81222624	G	0.00	G	0.25	0.25		PARK2
2	ASGA0006375	1	251,476,192	[A/G]	rs80992911	A	0.50	A	0.56	0.06	ANKS6	
3	DRGA0002473	1	275,720,770	[T/C]	rs81296573	A	0.47	A	0.38	0.09	LOC100520476	
4	H3GA0006751	2	48,912,355	[T/G]	rs81358791	A	0.44	A	0.19	0.25		LOC100625473
5	H3GA0012680	4	48,380,713	[A/G]	rs80941309	A	0.69	A	0.25	0.44		LOC100517938
6	ASGA0025539	5	52,446,897	[A/C]	rs81384102	C	0.16	C	0.13	0.03		LOC100153435
7	ALGA0036944	6	127,456,723	[T/G]	rs81392150	C	0.31	C	0.56	0.25		LOC100514238
8	ALGA0050238	8	145,397,998	[A/C]	rs81406014	A	0.94	A	0.00	0.94		LOC100513165
9	ASGA0051711	11	73,504,032	[A/G]	rs80793012	A	0.53	A	0.63	0.09	LOC100524825	
10	MARC0063610	13	159,609,464	[T/C]	rs80932511	G	0.44	G	0.63	0.19		LOC100520460
11	ALGA0081394	14	129,244,631	[T/C]	rs80991448	A	0.06	A	0.00	0.06		SORCS1
12	M1GA0019204	14	135,859,504	[A/G]	rs80803605	A	0.06	A	0.00	0.06	ABLIM1	
13	ALGA0083683	15	1,614,547	[A/C]	rs80959439	A	0.16	A	0.56	0.41		LOC100521523
14	ALGA0083658	15	9,702,181	[T/C]	rs80814569	A	0.47	A	0.44	0.03		LOC100521340
15	H3GA0044707	15	91,845,045	[A/G]	rs81453950	A	0.66	A	0.13	0.53		CWC22
16	ALGA0086432	15	101,042,541	[A/G]	rs80859828	A	0.38	A	0.75	0.38		MSTN
17	ASGA0080057	18	48,608,448	[T/C]	rs81470216	G	0.31	G	0.69	0.38	LOC100516841	

6. 우수 종돈 선발용 SNP 마커 세트 개발 및 검증

○ 돼지 4 실험축군 (① 재래돼지 x 요오크셔 교잡돈, ② 재래돼지 x 랜드레이스 교잡돈, ③ 듀록, ④ 버크셔)에서 Illumina 60K SNP chip을 이용한 전장유전체분석이 이루어 졌으며, 각각의 경제 형질별 (① 도체형질, ② 육질, ③ 면역) 별 유의적인 마커가 최종선발되었다 (표 3-1-18).

(표 3-1-18) 돼지 검증집단에 이용할 최종 선발된 117개의 SNP 마커들에 대한 정보

Traits	No.	Marker name	SNP code	SSC	Pos.	"rs or ss" number	Category & comment	Sig_breed
Growth related traits	1	ASGA0101182	[T/C]	1	40,319,296	rs81322226	Growth related trait (Carcass weight)	KNP x (YS +LR)
	2	ISU10000831	[A/G]	4	20,946,901	rs80936084	Growth related trait (Carcass weight)	KNP x (YS +LR)
	3	H3GA0016263	[T/C]	5	41,156,049	rs81383905	Growth related trait (Carcass weight)	KNP x (YS +LR)
	4	ASGA0039480	[A/G]	8	107,928,111	rs80863734	Growth related trait (Carcass weight)	KNP x (YS +LR)
	5	DIAS0000861	[T/C]	12	58,421,697	ss478936619	Growth related trait (Carcass weight)	KNP x (YS +LR)
	6	DIAS0000861	[T/C]	12	58,421,697	ss478936619	Growth related trait (Carcass weight)	KNP x (YS +LR)
	7	DIAS0000861	[T/C]	12	58,421,697	ss478936619	Growth related trait (Carcass weight)	KNP x (YS +LR)
	8	MARC0017535	[T/G]	12	58,918,656	rs81286743	Growth related trait (Carcass weight)	KNP x (YS +LR)
	9	MARC0066018	[T/C]	13	65,793,823	rs81253259	Growth related trait (Carcass weight)	KNP x (YS +LR)
	10	ASGA0058293	[A/G]	13	85,461,105	rs80828892	Growth related trait (Carcass weight)	KNP x (YS +LR)
	11	MARC0085146	[T/C]	1	125,636,388	rs80858223	Growth related trait (Carcass weight)	Duroc
	12	ASGA0010456	[A/G]	2	68,616,148	rs81359512	Growth related trait (Carcass weight)	Duroc
	13	ASGA0089343	[T/C]	3	2,758,532	rs81307397	Growth related trait (Carcass weight)	Duroc
	14	ALGA0109178	[T/G]	6	28,750	rs81337222	Growth related trait (Carcass weight)	Duroc
	15	ALGA0086425	[T/G]	15	100,657,594	rs81454048	Growth related trait (Carcass weight)	Duroc
	16	ALGA0109178	[T/G]	6	28,750	rs81337222	Growth related trait (Carcass weight)	Berkshire
	17	H3GA0019527	[T/C]	7	3,841,924	rs80949107	Growth related trait (Carcass weight)	Berkshire
	18	ASGA0045319	[T/G]	9	148,183,187	rs81419174	Growth related trait (Carcass weight)	Berkshire
	19	M1GA0017861	[T/G]	13	208,831,561	rs81442898	Growth related trait (Carcass weight)	Berkshire
	20	ALGA0086873	[A/G]	15	123,269,270	rs81454406	Growth related trait (Carcass weight)	Berkshire
Intramuscular fat traits	21	ASGA0098229	[A/C]	6	31,333	rs81476061	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)
	22	MARC0057020	[T/C]	6	39,767	rs81246855	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)
	23	DIAS0002084	[T/C]	12	14,931	ss478937275	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)
	24	M1GA0016777	[A/C]	12	21,752	rs81435372	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)
	25	ALGA0067216	[T/C]	12	28,517	rs81438023	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)
	26	ALGA0067249	[A/C]	12	28,672	rs81438185	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)
	27	ASGA0099848	[A/G]	12	61,692	rs81478038	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)
	28	H3GA0034642	[A/G]	12	25,301,666	rs81436430	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)
	29	ALGA0066986	[A/G]	12	26,867,891	rs81436988	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)
	30	M1GA0017062	[G/A]	12	27,393,623	rs81437379	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)
	31	MARC0004712	[A/G]	12	27,642,227	rs81232645	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)
	32	DIAS0003803	[G/A]	12	27,699,301	ss478937959	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)

	33	MARC0017000	[A/G]	12	60,018,478	rs81286101	Meat Quality (IMF)	+LR) KNP x (YS +LR)
	34	MARC0037347	[A/C]	13	19,655	rs81231177	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)
	35	ASGA0010456	[A/G]	2	68,616,148	rs81359512	Meat Quality (IMF)	Duroc
	36	M1GA0004980	[A/G]	3	139,051,396	rs81378632	Meat Quality (IMF)	Duroc
	37	MARC0105089	[A/C]	13	186,364,149	rs81281280	Meat Quality (IMF)	Duroc
	38	ASGA0059530	[A/C]	13	186,851,186	rs80850304	Meat Quality (IMF)	Duroc
	39	ALGA0120575	[T/C]	13	187,210,755	rs81327991	Meat Quality (IMF)	Duroc
	40	ALGA0106490	[T/C]	2	60,128,850	rs81333988	Meat Quality (IMF)	Berkshire
	41	ALGA0037491	[T/C]	6	142,687,014	rs81393423	Meat Quality (IMF)	Berkshire
	42	ALGA0108033	[A/C]	10	76891595	rs81477689	Meat Quality (IMF)	Berkshire
	43	INRA0044092	[T/C]	14	56,941,399	ss478942916	Meat Quality (IMF)	Berkshire
	44	MARC0056600	[T/C]	18	37,699,670	rs81244769	Meat Quality (IMF)	Berkshire
Survival rate related traits	45	MARC0027411	[A/G]	1	6,296	rs81222624	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS
	46	ASGA0006375	[A/G]	1	251,476	rs80992911	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS
	47	DRGA0002473	[T/C]	1	275,721	rs81296573	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS
	48	H3GA0006751	[T/G]	2	48,912	rs81358791	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS
	49	H3GA0012680	[A/G]	4	48,381	rs80941309	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS
	50	ASGA0025539	[A/C]	5	52,447	rs81384102	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS
	51	ALGA0036944	[T/G]	6	127,457	rs81392150	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS
	52	ALGA0050238	[A/C]	8	145,398	rs81406014	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS
	53	ASGA0051711	[A/G]	11	73,504	rs80793012	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS
	54	MARC0063610	[T/C]	13	159,609	rs80932511	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS
	55	ALGA0081394	[T/C]	14	129,245	rs80991448	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS
	56	M1GA0019204	[A/G]	14	135,860	rs80803605	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS
	57	ALGA0083683	[A/C]	15	1,614,547	rs80959439	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS
	58	ALGA0083658	[T/C]	15	9,702,181	rs80814569	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS
	59	H3GA0044707	[A/G]	15	91,845,045	rs81453950	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS
	60	ALGA0086432	[A/G]	15	101,042,541	rs80859828	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS
	61	ASGA0080057	[T/C]	18	48,608,448	rs81470216	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS
Blood composition traits (Immunity)	62	ALGA0003271	[T/C]	1	42,786	rs80828418	Immunity (Lymphocyte)	KNP x YS
	63	ALGA0023828	[T/C]	4	17,218	rs80924162	Immunity (Lymphocyte)	KNP x YS
	64	H3GA0032363	[C/T]	11	55,220	rs81431697	Immunity (Lymphocyte)	KNP x YS
	65	ALGA0067602	[A/G]	13	3,570	rs81445692	Immunity (Lymphocyte)	KNP x YS
	66	M1GA0019807	[G/A]	14	145,639	rs80805723	Immunity (Lymphocyte)	KNP x YS
	67	ASGA0079719	[A/G]	18	24,680	rs81469291	Immunity (Lymphocyte)	KNP x YS
	68	ASGA0030288	[A/G]	6	44,238	rs81394215	Immunity (Immuno globulin)	KNP x YS
	69	H3GA0021269	[A/G]	7	44,938	rs80899780	Immunity (Immuno globulin)	KNP x YS
	70	CASI0008911	[G/A]	13	129,859	ss478935543	Immunity (Immuno globulin)	KNP x YS
	71	ASGA0070402	[A/G]	15	76,723	rs80784840	Immunity (Immuno globulin)	KNP x YS
	72	ASGA0076724	[A/C]	17	32,707	rs80875592	Immunity (Immuno globulin)	KNP x YS
Differentiation between YS and LR breed	73	MARC0030984	[T/C]	1	164,813,189	rs80907928	Yorkshire vs. Landrace (diff=1.00)	YS vs. LD
	74	H3GA0006905	[A/C]	2	36,860,337	rs81359893	Yorkshire vs. Landrace	YS vs. LD

							(diff.=1.00)	
	75	ALGA0020474	[T/G]	3	46,718,121	rs81374625	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD
	76	MARC0072059	[T/C]	4	59,045,914	rs80838833	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD
	77	ALGA0032087	[T/C]	5	44,336,357	rs81384310	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD
	78	ASGA0096926	[T/C]	6	145,525,346	rs81476019	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD
	79	ASGA0035157	[A/G]	7	96,537,322	rs81398311	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD
	80	MARC0055215	[A/G]	8	38,577,923	rs81245267	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD
	81	ALGA0053194	[T/C]	9	29,743,249	rs81411554	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD
	82	DRGA0010563	[T/C]	10	34,220,383	rs81302432	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD
	83	MARC0052931	[T/G]	11	40,397,532	rs81244421	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD
	84	H3GA0034333	[T/C]	12	20,697,934	rs81434803	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD
	85	ALGA0072356	[T/C]	13	89,799,510	rs81448690	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD
	86	ASGA0063207	[T/C]	14	46,848,972	rs80954165	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD
	87	ALGA0088237	[A/G]	15	93,954,126	rs80890714	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD
	88	ASGA0074201	[A/G]	16	45,805,292	rs81462157	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD
	89	ALGA0095537	[A/G]	17	42,836,916	rs80885277	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD
	90	ALGA0098883	[A/G]	18	33,252,203	rs81471331	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD
Economic traits	91	Neogen-ASGA0037226_FUT1	[A/G]	7	130,229,391	rs80969683	Candidate SNPs in swine 9K panel	-
	92	Neogen-Roslin(CCKAR)	[A/G]	8	20,572,946	rs327360010	Candidate SNPs in swine 9K panel	-
	93	Neogen-PRKAG3	[A/G]	15	133,803,829	-	Candidate SNPs in swine 9K panel	-
	94	Neogen-MC4R	[A/G]	1	178,554,175	rs81219178	Candidate SNPs in swine 9K panel	-
	95	Neogen-HMGA	[C/T]	7	34,987,205	rs80981303	Candidate SNPs in swine 9K panel	-
	96	Neogen-EPOR	[C/T]	2	70,430,597	rs321721168	Candidate SNPs in swine 9K panel	-
	97	Neogen-ERC1	[T/C]	5	70,619,000	rs335413212	Candidate SNPs in swine 9K panel	-
	98	Neogen-CAST_77013_98_g.49228	[A/G]	2	106,977,407	rs196949783	Candidate SNPs in swine 9K panel	-
	99	Neogen-CAST_67857_306_g.49223	[T/C]	2	106,977,401	rs196954065	Candidate SNPs in swine 9K panel	-
	100	Neogen-CAST_67855_289_g.48759	[A/G]	2	106,976,937	rs196956779	Candidate SNPs in swine 9K panel	-
	101	Neogen-CAST_67855_230_g.48699	[T/G]	2	106,976,878	rs196948729	Candidate SNPs in swine 9K panel	-
	102	Neogen-CAST_67853_270_g.48309	[A/G]	2	106,976,488	rs196959950	Candidate SNPs in swine 9K panel	-
	103	Neogen-CAST_67831_430_g.12979	[T/G]	2	106,941,192	rs196956236	Candidate SNPs in swine 9K panel	-
	104	Neogen-CAST_66602_392_g.48191	[A/C]	2	106,976,361	rs196958989	Candidate SNPs in swine 9K panel	-
Breed specific allele uncertain breeds	105	GSN_BV726581_264	[G/A]	1	-	rs45435111	Breed specific allele in five pig breeds	-
	106	DCTN1_BV726656_287	[G/T]	3	71,755,747	rs10721062	Breed specific allele in five pig breeds	-
	107	DCTN1_BV726655_256	[C/T]	3	71,758,333	rs10720550	Breed specific allele in five pig breeds	-
	108	H2AFV_BV727017_256	[A/G]	8	129,745,123	rs45433448	Breed specific allele in five pig breeds	-
	109	CAPN5_BV726833_333	[A/G]	9	12,332,860	rs45433489	Breed specific allele in five pig breeds	-
	110	CAPN5_BV726833_340	[C/T]	9	12,332,867	rs45433490	Breed specific allele in five pig breeds	-
	111	LGALS9_BV726873_109	[C/T]	12	46,020,864	rs335253816	Breed specific allele in five pig breeds	-
	112	LGALS9_BV726873_232	[A/C]	12	46,020,987	rs345198442	Breed specific allele in five pig breeds	-
	113	LGALS9_BV726873_256	[A/G]	12	46,021,011	rs337259518	Breed specific allele in five pig breeds	-
	114	LGALS9_BV726873_276	[A/G]	12	46,021,031	rs344569111	Breed specific allele in five pig breeds	-

115	MAPK9_BV726600_246	[C/T]	14	96,925,459	rs45431685	Breed specific allele in five pig breeds	-
116	PPAPDC1B_BV726992_49	[A/G]	15	55,409,135	rs45432240	Breed specific allele in five pig breeds	-
117	LIFR_BV726981_496	[C/T]	16	24,931,523	rs45434002	Breed specific allele in five pig breeds	-

○ 전장유전체분석을 통해 최종 선발된 위의 117개의 마커를 상업돈 라인에 적용을 통해 본 마커들을 검증 하여 종돈선발에 적용가능성과 효과를 분석하였다.

○ 마커효과 검증에 사용된 상업돈 라인은 (① PIC KOREA에서 생산된 합성돈, ② 도드람에서 생산된 합성돈, ③ 종축개량협회에서 생산된 듀록) 집단의 정보는 표 3-1-19 에 제시하였다. 또한 이용된 3집단의 상업돈의 육질형질 및 도체형질은 (Table 3-1-20) 에 제시하였다.

(표 3-1-19) 최종마커 검증을 위해 이용된 상업돈 3집단의 정보

Population	No. of pigs	Breed	SEX
도드람	446	합성돈	암:205,거세:241
종개협	186	Duroc 품종	암:186
PIC Korea	128	합성돈	암:63,거세:65
Total	760		암:454,거세:306

(표 3-1-20) 상업돈 3집단의 도체 및 육질분석형질 정보

Population 1.	No. of pigs	Breed	Phenotype	Average	S.D	Min	Max	C.V
도드람	446	상업돈(1)	CW (kg)	87.4	5.4	72.0	105.0	6.2
			BFT (mm)	23.1	4.7	12.0	39.0	20.3
			Moisture (%)	74.1	1.1	66.5	81.9	1.4
			IMF (%)	2.3	0.8	0.7	6.3	34.8
			WHC (%)	56.8	5.4	2.5	72.9	9.4
			pH	5.5	0.2	2.5	6.1	3.4
			Drip loss (%)	5.1	1.8	1.3	14.7	36.0
			Cooking loss (%)	31.0	2.8	21.8	46.8	9.2
			Sheerforce	1209.0	306.2	506.7	2356.7	25.3
			Lightness	60.5	4.5	48.1	74.3	7.4
			Redness	6.7	1.8	1.3	13.4	26.9
Yellowness	9.6	1.3	5.7	15.8	13.8			
Population 2.	No. of pigs	Breed	Phenotype	Average	S.D	Min	Max	C.V
종개협	186	Duroc (2)	CW (kg)	88.1	8.6	70.0	116.0	9.7
			BFT (mm)	22.7	4.8	8.0	34.0	21.0
			Moisture (%)	73.1	1.1	69.7	75.6	1.5

			IMF (%)	3.0	1.0	1.3	6.5	33.3
			WHC (%)	58.7	4.1	47.2	74.3	7.1
			pH	5.7	0.2	5.5	6.5	2.7
			Drip loss	3.7	1.3	1.6	9.6	34.2
			Cooking loss	27.9	3.3	19.9	38.3	11.9
			Sheerforce	1500.3	335.5	918.3	2745.0	22.4
			Lightness	55.9	2.8	45.8	66.2	5.0
			Redness	4.9	1.0	2.1	7.8	20.4
			Yellowness	8.2	1.0	5.7	11.2	11.6
Population 3.	No. of pigs	Breed	Phenotype	Average	S.D	Min	Max	C.V
PIC Korea	128	상업돈(3)	CW (kg)	77.8	6.8	65.0	100.0	8.8
			BFT (mm)	16.7	3.8	10.0	30.0	22.5
			Moisture (%)	73.7	0.9	70.6	75.3	1.2
			IMF (%)	2.3	0.9	0.7	5.6	40.8
			WHC (%)	59.1	4.1	47.7	75.5	7.0
			pH	5.6	0.1	5.3	6.0	1.8
			Drip loss	4.3	1.2	1.7	8.6	28.7
			Cooking loss	31.0	3.9	21.5	42.9	12.4
			Sheerforce	1155.6	308.5	580.0	2153.3	26.7
			Lightness	62.0	3.8	53.3	71.6	6.1
			Redness	6.8	1.5	3.2	11.6	21.5
			Yellowness	9.7	1.1	7.6	12.6	11.2
			Total Population	No. of pigs	Breed	Phenotype	Average	S.D
Total	760	Total	CW (kg)	85.9	7.6	65.0	85.9	8.8
			BFT (mm)	21.9	5.1	8.0	21.9	23.5
			Moisture (%)	73.8	1.1	66.5	73.8	1.5
			IMF (%)	2.5	0.9	0.7	2.5	37.5
			WHC (%)	57.7	5.0	2.5	57.7	8.7
			pH	5.6	0.2	2.5	5.6	3.3
			Drip loss	4.6	1.7	1.3	4.6	37.2
			Cooking loss	30.2	3.4	19.9	30.2	11.3
			Sheerforce	1270.7	340.0	506.7	1270.7	26.8
			Lightness	59.6	4.6	45.8	59.6	7.7
			Redness	6.3	1.8	1.3	6.3	28.3
			Yellowness	9.3	1.3	5.7	9.3	14.4

○ 검증에 이용된 유전자형 분석은 최종 117개의 마커중 Multiplex PCR panel에 의해 제작된 94개의 SNP 들의 조합을 이용하여 Multiplex PCR primer 및 Panel 들을 디자인하였다.

○ 분석결과 8개의 단일염기변이 마커는 유전자형 고정 및 유전자형분석 에러 (① ALGA0072356, ② ALGA0081394, ③ ALGA0083658, ④ DRGA0002473, ⑤

MARC0063610, ⑥ ALGA0109178, ⑦ Neogen-CAST_67857_306_g.49223, ⑧ DCTN1_BV726655_256) 로 인해 상업돈라인 집단에서의 검증은 제거 하였다 (표 3-1-21).

- 8개의 마커를 제외한 총 86개의 단일염기변이와 표현형질간의 연관성 분석은 유전자형 효과를 추정하기 위해 SAS 9.2 Package/PC를 이용하여 선형모형 (GLM)분석을 하였으며, 유전자형의 효과가 유의한 형질들에 대해 최소유의차 검정으로 평균 간 차이에 대한 유의성을 조사하였다. 통계분석에 이용한 모형은 다음과 같다.

$$Y_{ijklmn} = \mu + S_i + G_j + D_k + b_1 L_j + b_2 T_m + e_{ijklmn}$$

- 여기서 Y_{ijklmn} : 도체형질 관측치, μ : 전체의 평균, S_i : 성별에 대한 고정효과, G_j : 유전자형 효과, D_k : 도축차수, L_j : 생체중에 대한 공변량, T_m : 도축일령에 대한 공변량, b_1 b_2 : 생체중과 도축일령에 대한 회귀계수, e_{ijklmn} : 임의오차를 나타낸다.

(표 3-1-21) 검증에 이용된 94개의 단일염기변이 유전자형 분석 및 빈도분석 결과

No.	Marker	SNP code	SSC	Pos.	Minor Allele	MAF	Genotype DD Count	Genotype Dd Count	Genotype dd Count
1	MARC0027411	[A/G]	1	6,296	A	0.35	AA: 171	HH: 131	GG: 365
2	ALGA0003271	[T/C]	1	42,786	A	0.12	AA: 5	HH: 172	GG: 573
3	ASGA0101182	[T/C]	1	40,319,296	A	0.21	AA: 40	HH: 233	GG: 483
4	MARC0085146	[T/C]	1	125,636,388	G	0.35	GG: 100	HH: 322	AA: 328
5	MARC0030984	[T/C]	1	164,813,189	A	0.03	AA: 0	HH: 44	GG: 707
6	ASGA0006375	[A/G]	1	268,795,123	G	0.27	GG: 58	HH: 288	AA: 401
7	DRGA0002473	[T/C]	1	295,017,152	fixed	0.00	AA: 0	HH: 0	GG: 740
8	H3GA0006751	[T/G]	2	48,912	C	0.25	CC: 86	HH: 203	AA: 466
9	H3GA0006905	[A/C]	2	36,860,337	A	0.04	AA: 0	HH: 57	CC: 699
10	ALGA0106490	[T/C]	2	60,128,850	G	0.43	GG: 113	HH: 428	AA: 215
11	Neogen-CAST_67831_430_g.12979	[T/G]	2	106,941,192	G	0.26	GG: 69	HH: 249	TT: 430
12	Neogen-CAST_66602_392_g.48191	[A/C]	2	106,976,361	A	0.29	AA: 119	HH: 193	CC: 441
13	Neogen-CAST_67853_270_g.48309	[A/G]	2	106,976,488	G	0.23	GG: 27	HH: 286	AA: 435
14	Neogen-CAST_67855_230_g.48699	[T/G]	2	106,976,878	T	0.22	TT: 26	HH: 284	GG: 438
15	Neogen-CAST_67855_289_g.48759	[A/G]	2	106,976,937	A	0.22	AA: 26	HH: 284	GG: 439
16	Neogen-CAST_67857_306_g.49223	[T/C]	2	106,977,401	fixed	0.00	CC: 0	HH: 0	TT: 757
17	Neogen-CAST_77013_98_g.49228	[A/G]	2	106,977,407	A	0.22	AA: 26	HH: 285	GG: 439
18	ASGA0089343	[T/C]	3	2,758,532	G	0.23	GG: 43	HH: 197	AA: 385
19	ALGA0020474	[T/G]	3	46,718,121	A	0.19	AA: 4	HH: 173	CC: 307
20	DCTN1_BV726655_256	[C/T]	3	71,758,333	fixed	0.00	TT: 0	HH: 0	CC: 750
21	MIGA0004980	[A/G]	3	139,051,396	A	0.09	AA: 62	HH: 0	GG: 609
22	ALGA0023828	[T/C]	4	17,218	A	0.23	AA: 35	HH: 279	GG: 441
23	ISU10000831	[A/G]	4	20,946,901	A	0.46	AA: 167	HH: 354	GG: 235
24	H3GA0012680	[A/G]	4	50,359,981	A	0.09	AA: 71	HH: 0	GG: 682
25	MARC0072059	[T/C]	4	59,045,914	T	0.04	TT: 10	HH: 44	CC: 701
26	ASGA0025539	[A/C]	5	52,447	C	0.17	CC: 15	HH: 214	AA: 497

27	H3GA0016263	[T/C]	5	41,156,049	G	0.45	GG: 120	HH: 433	AA: 197
28	ALGA0032087	[T/C]	5	44,336,357	A	0.50	AA: 190	HH: 372	GG: 191
29	Neogen-ERC1	[T/C]	5	70,619,000	T	0.09	TT: 3	HH: 122	CC: 627
30	ALGA0109178	[T/G]	6	28,750	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a
31	MARC0057020	[T/C]	6	39,767	G	0.09	GG: 5	HH: 121	AA: 622
32	ASGA0030288	[A/G]	6	44,238	A	0.04	AA: 28	HH: 0	GG: 725
33	ALGA0036944	[T/G]	6	128,386,175	C	0.48	CC: 179	HH: 348	AA: 202
34	ASGA0096926	[T/C]	6	145,525,346	A	0.28	AA: 61	HH: 300	GG: 389
35	H3GA0021269	[A/G]	7	44,938	A	0.17	AA: 26	HH: 203	GG: 520
36	H3GA0019527	[T/C]	7	3,841,924	A	0.45	AA: 141	HH: 390	GG: 219
37	ASGA0035157	[A/G]	7	96,537,322	G	0.31	GG: 55	HH: 352	AA: 342
38	Neogen-ASGA0037226_FUT1	[A/G]	7	130,229,391	G	0.07	GG: 1	HH: 103	AA: 644
39	ALGA0050238	[A/C]	8	145,398	C	0.35	CC: 97	HH: 335	AA: 317
40	MARC0055215	[A/G]	8	38,577,923	A	0.45	AA: 156	HH: 370	GG: 226
41	ASGA0039480	[A/G]	8	107,928,111	A	0.38	AA: 93	HH: 378	GG: 280
42	H2AFV_BV727017_256	[A/G]	8	129,745,123	A	0.23	AA: 16	HH: 289	GG: 390
43	CAPN5_BV726833_333	[A/G]	9	12,332,860	G	0.14	GG: 103	HH: 0	AA: 637
44	CAPN5_BV726833_340	[C/T]	9	12,332,867	C	0.13	CC: 94	HH: 4	TT: 645
45	ALGA0053194	[T/C]	9	29,743,249	A	0.37	AA: 112	HH: 331	GG: 313
46	ASGA0045319	[T/G]	9	148,183,187	C	0.22	CC: 38	HH: 247	AA: 463
47	DRGA0010563	[T/C]	10	34,220,383	G	0.13	GG: 55	HH: 32	AA: 451
48	H3GA0032363	[C/T]	11	55,220	G	0.49	GG: 179	HH: 386	AA: 191
49	ASGA0051711	[A/G]	11	77,040,959	G	0.38	GG: 77	HH: 287	AA: 224
50	DIAS0002084	[T/C]	12	14,931	A	0.34	AA: 92	HH: 324	GG: 339
51	MIGA0016777	[A/C]	12	21,752	A	0.14	AA: 2	HH: 214	CC: 540
52	ALGA0067216	[T/C]	12	28,517	G	0.36	GG: 247	HH: 48	AA: 455
53	H3GA0034333	[T/C]	12	20,697,934	G	0.36	GG: 97	HH: 353	AA: 305
54	MIGA0017062	[G/A]	12	27,393,623	G	0.29	GG: 42	HH: 353	AA: 353
55	MARC0004712	[A/G]	12	27,642,227	A	0.06	AA: 5	HH: 86	GG: 667
56	DIAS0003803	[G/A]	12	27,699,301	G	0.11	GG: 2	HH: 156	AA: 572
57	LGALS9_BV726873_109	[C/T]	12	46,020,864	T	0.40	TT: 12	HH: 430	CC: 121
58	LGALS9_BV726873_256	[A/G]	12	46,021,011	A	0.48	AA: 132	HH: 428	GG: 166
59	ALGA0066986	[A/G]	12	56,313,314	A	0.06	AA: 0	HH: 85	GG: 665
60	MARC0017535	[T/G]	12	58,918,656	A	0.49	AA: 188	HH: 363	CC: 199
61	ASGA0099848	[A/G]	12	60,260,816	A	0.30	AA: 57	HH: 337	GG: 349
62	ASGA0098229	[T/G]	12	60,440,086	C	0.32	CC: 58	HH: 365	AA: 327
63	ALGA0067249	[A/C]	12	62,290,077	A	0.44	AA: 168	HH: 275	CC: 254
64	ALGA0067602	[A/G]	13	3,570	A	0.33	AA: 87	HH: 328	GG: 342
65	MARC0037347	[A/C]	13	19,655	A	0.37	AA: 81	HH: 390	CC: 285
66	CASI0008911	[G/A]	13	129,859	G	0.08	GG: 3	HH: 109	AA: 644
67	MARC0063610	[T/C]	13	159,609	fixed	0.00	CC: 0	HH: 0	TT: 749
68	MARC0066018	[T/C]	13	65,793,823	A	0.17	AA: 33	HH: 188	GG: 539
69	ALGA0072356	[T/C]	13	89,799,510	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a
70	MARC0105089	[A/C]	13	186,364,149	C	0.17	CC: 1	HH: 13	AA: 29
71	ASGA0059530	[A/C]	13	186,851,186	A	0.38	AA: 99	HH: 364	CC: 285
72	ALGA0120575	[T/C]	13	187,210,755	A	0.28	AA: 36	HH: 351	GG: 364

73	MIGA0019807	[G/A]	14	145,639	A	0.27	AA: 55	HH: 294	GG: 403
74	ASGA0063207	[T/C]	14	46,848,972	A	0.41	AA: 127	HH: 357	GG: 265
75	INRA0044092	[T/C]	14	56,941,399	G	0.10	GG: 1	HH: 145	AA: 604
76	MAPK9_BV726600_246	[C/T]	14	96,925,459	T	0.37	TT: 93	HH: 363	CC: 293
77	ALGA0081394	[T/C]	14	129,661,988	A	0.50	0	HH: 754	AA: 0
78	MIGA0019204	[A/G]	14	136,174,025	T	0.06	TT: 0	HH: 88	CC: 651
79	ASGA0070402	[A/G]	15	76,723	G	0.28	GG: 37	HH: 333	AA: 366
80	ALGA0083683	[A/C]	15	1,614,547	A	0.40	AA: 121	HH: 357	CC: 269
81	ALGA0083658	[T/C]	15	9,702,181	fixed	0.00	AA: 0	HH: 0	GG: 752
82	PPAPDC1B_BV726992_49	[A/G]	15	55,409,135	G	0.37	GG: 80	HH: 391	AA: 281
83	H3GA0044707	[A/G]	15	91,845,045	G	0.37	GG: 98	HH: 358	AA: 302
84	ALGA0088237	[A/G]	15	93,954,126	G	0.16	GG: 18	HH: 213	AA: 524
85	ALGA0086425	[T/G]	15	100,657,594	C	0.15	CC: 107	HH: 6	AA: 643
86	ALGA0086432	[A/G]	15	101,042,541	A	0.50	AA: 176	HH: 344	GG: 178
87	ALGA0086873	[A/G]	15	123,269,270	C	0.35	CC: 102	HH: 323	TT: 333
88	LIFR_BV726981_496	[C/T]	16	24,931,523	C	0.48	CC: 165	HH: 391	TT: 200
89	ASGA0074201	[A/G]	16	45,805,292	G	0.49	GG: 180	HH: 373	AA: 201
90	ASGA0076724	[A/C]	17	32,707	C	0.37	CC: 103	HH: 352	AA: 295
91	ALGA0095537	[A/G]	17	42,836,916	G	0.11	GG: 8	HH: 143	AA: 600
92	ASGA0079719	[A/G]	18	24,680	A	0.36	AA: 81	HH: 379	GG: 291
93	ALGA0098883	[A/G]	18	33,252,203	A	0.36	AA: 102	HH: 320	GG: 315
94	MARC0056600	[T/C]	18	37,699,670	G	0.28	GG: 34	HH: 350	AA: 371

- 연관성 분석 결과 총 86개의 마커 중 61개의 마커에서는 하나 이상의 표현형질과의 유의적인 효과를 나타내었고 나머지 25개의 마커는 본 상업돈 3집단에서의 표현형질의 유의적인 상관관계를 추정할 수 없었다(표 3-1-22).

(표 3-1-22) 연관성분석을 통해 유의적인 효과를 나타낸 결과 (**P*-value<0.01)

No	Marker	SSC	Category & comment	CW	BFT	Mois	IMF	pH	DL	CL	SF	CIE-L	CIE-a	CIE-b
1	ALGA0003271	1	Immunity (Lymphocyte)	*	*			*		*		*	*	*
2	ASGA0101182	1	Growth related (Carcass weight)	*	*			*	*	*		*	*	
3	MARC0030984	1	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	*	*			*		*	*	*	*	*
4	ASGA0006375	1	Survival rate (Alive vs. Dead)	*										
5	H3GA0006751	2	Survival rate (Alive vs. Dead)	*										
6	H3GA0006905	2	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	*	*						*			
7	Neogen-CAST _67831_430_ g.12979	2	Candidate SNPs in Neogen swine 9K panel		*									
8	Neogen-CAST _66602_392_ g.48191	2	Candidate SNPs in Neogen swine 9K panel					*		*				
9	Neogen-CAST _67853_270_ g.48309	2	Candidate SNPs in Neogen swine 9K panel					*		*		*		
10	Neogen-CAST _67855_230_ g.48699	2	Candidate SNPs in Neogen swine 9K panel					*				*		
11	Neogen-CAST _67855_289_ g.48759	2	Candidate SNPs in Neogen swine 9K panel					*				*		
12	Neogen-CAST _77013_98_ g.49228	2	Candidate SNPs in Neogen swine 9K panel					*				*		
13	ASGA0089343	3	Growth related (Carcass weight)			*	*							
14	ALGA0020474	3	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)								*	*		*
15	ISU10000831	4	Growth related (Carcass weight)	*	*	*		*		*	*	*		
16	MARC0072059	4	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	*	*									
17	ASGA0025539	5	Survival rate (Alive vs. Dead)		*									
18	H3GA0016263	5	Growth related (Carcass weight)							*				
19	ALGA0032087	5	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)					*			*			
20	Neogen-ERC1	5	Candidate SNPs in Neogen swine 9K panel					*				*		
21	ASGA0030288	6	Immunity (Immuno globulin)					*		*				*
22	ALGA0036944	6	Survival rate			*	*							

			(Alive vs. Dead)										
23	ASGA0096926	6	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)		*	*			*				
24	H3GA0021269	7	Immunity (Immuno globulin)						*	*			*
25	ASGA0035157	7	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	*		*							
26	ALGA0050238	8	Survival rate (Alive vs. Dead)									*	
27	H2AFV_BV727_017_256	8	Breed specific allele in five pig breeds	*			*	*					
28	ALGA0053194	9	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)					*					
29	ASGA0045319	9	Growth related (Carcass weight)	*	*								
30	DRGA0010563	10	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	*	*		*		*			*	
31	ASGA0051711	11	Survival rate (Alive vs. Dead)	*							*		*
32	ALGA0067216	12	Meat Quality (IMF)		*	*	*	*					
33	MARC0004712	12	Meat Quality (IMF)						*				
34	DIAS0003803	12	Meat Quality (IMF)						*				
35	LGALS9_BV726873_109	12	Breed specific allele in five pig breeds				*		*		*	*	*
36	LGALS9_BV726873_256	12	Breed specific allele in five pig breeds		*		*	*	*	*	*	*	*
37	ALGA0066986	12	Meat Quality (IMF)				*						
38	ASGA0099848	12	Meat Quality (IMF)	*					*				
39	ASGA0098229	12	Meat Quality (IMF)						*				
40	ALGA0067249	12	Meat Quality (IMF)	*	*		*	*	*	*	*	*	*
41	CASI0008911	13	Immunity (Immuno globulin)						*	*			
42	MARC0066018	13	Growth related (Carcass weight)		*								
43	ASGA0059530	13	Meat Quality (IMF)		*					*	*		*
44	ALGA0120575	13	Meat Quality (IMF)				*		*				
45	M1GA0019807	14	Immunity (Lymphocyte)		*								
46	ASGA0063207	14	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)							*			

47	MAPK9 _BV726600_24 6	14	Breed specific allele in five pig breeds		*		*	*	*	*		*	*	*
48	M1GA0019204	14	Survival rate (Alive vs. Dead)		*				*	*		*	*	*
49	ASGA0070402	15	Immunity (Immuno globulin)	*	*	*	*	*		*		*	*	*
50	PPAPDC1B _BV726992_49	15	Breed specific allele in five pig breeds				*		*	*		*	*	*
51	H3GA0044707	15	Survival rate (Alive vs. Dead)				*	*	*	*		*	*	
52	ALGA0088237	15	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)			*								
53	ALGA0086425	15	Growth related (Carcass weight)		*							*		
54	ALGA0086432	15	Survival rate (Alive vs. Dead)		*			*		*		*	*	*
55	ALGA0086873	15	Growth related (Carcass weight)						*					
56	LIFR _BV726981_49 6	16	Breed specific allele in five pig breeds							*		*	*	*
57	ASGA0076724	17	Immunity (Immuno globulin)						*			*		
58	ALGA0095537	17	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)									*		*
59	ASGA0079719	18	Immunity (Lymphocyte)		*	*	*		*	*		*		
60	ALGA0098883	18	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)					*						
61	MARC0056600	18	Meat Quality (IMF)			*	*	*		*		*	*	

○ 하지만 실험축군에서 분석되어 선발된 마커별 대립유전자의 효과와 3차년도에 상업 축군 3집단에서의 마커별 대립유전자의 효과를 비교하였을 때 실험축군에서 예상되는 연관성이 상업축군에서 동일한 효과를 나타내었기에 종돈선발에 적용가능성이 높다고 나타났다. (표 3-1-23).

표 3-1-23. 참조집단과 검증집단에서의 대립유전자 효과 추정 및 정보

SNP panel information						Genotype Count			Reference population		Commercial population		Commercial population
No1.	Marker	SSC	Pos.	Category & comment	Sig_breed	DD:(n)	Dd:(n)	dd:(n)	Positive_sig (+) Allele	CW (kg)	Positive_sig (+) Allele	CW (kg)	Sig_other traits
1	ASGA0101182	1	40,319,296	Growth related (Carcass weight)	KNP x (YS +LR)	AA:40	HH: 233	GG: 483	A	** (<0.001)	A	** (<0.001)	BFT, pH, driploss, cooking loss, CIE-L, a
2	ISU10000831	4	20,946,901	Growth related (Carcass weight)	KNP x (YS +LR)	AA: 167	HH: 354	GG: 235	G	** (<0.001)	G	** (<0.001)	BFT, moisture, pH, cooking loss, sheerforce, CIE-L
3	H3GA0016263	5	41,156,049	Growth related (Carcass weight)	KNP x (YS +LR)	GG: 120	HH: 433	AA: 197	A	** (<0.001)	not significat		Cooking loss
4	ASGA0039480	8	107,928,111	Growth related (Carcass weight)	KNP x (YS +LR)	AA: 93	HH: 378	GG: 280	A	** (<0.001)	not significat		not significat
5	MARC0066018	13	65,793,823	Growth related (Carcass weight)	KNP x (YS +LR)	AA: 33	HH: 188	GG: 539	A	** (<0.001)	not significat		BFT
6	MARC0085146	1	125,636,388	Growth related (Carcass weight)	Duroc	GG: 100	HH: 322	AA: 328	G	** (<0.001)	not significat		not significat
7	ASGA0089343	3	2,758,532	Growth related (Carcass weight)	Duroc	GG: 43	HH: 197	AA: 385	G	** (<0.001)	G	* (<0.01)	Moisture,IMF,
8	ALGA0109178	6	28,750	Growth related (Carcass weight)	Duroc	n/a	n/a	n/a	A	** (<0.001)	not genotype analysis		not genotype analysis
9	ALGA0086425	15	100,657,594	Growth related (Carcass weight)	Duroc	CC: 107	HH: 6	AA: 643	G	** (<0.001)	G	* (<0.01)	BFT, CIE-L
10	H3GA0019527	7	3,841,924	Growth related (Carcass weight)	Berkshire	AA: 141	HH: 390	GG: 219	A	** (<0.001)	not significat		not significat
11	ASGA0045319	9	148,183,187	Growth related (Carcass weight)	Berkshire	CC: 38	HH: 247	AA: 463	A	** (<0.001)	A	* (<0.01)	BFT

No1.	Marker	SSC	Pos.	Category & comment	Sig_breed	Genotype Count			Positive_sig (+) Allele	IMF (%)	Positive_sig (+) Allele	IMF (%)	Sig_other traits
						GG:	HH:	AA:					
1	MARC0057020	6	39,767	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)	GG: 5	HH: 121	AA: 622	G	** (<0.001)	not significat		not significat
2	DIAS0002084	12	14,931	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)	AA: 92	HH: 324	GG: 339	A	** (<0.001)	not significat		not significat
3	M1GA0016777	12	21,752	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)	AA: 2	HH: 214	CC: 540	C	** (<0.001)	not significat		Cookingloss
4	ALGA0067216	12	28,517	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)	GG: 247	HH: 48	AA: 455	A	** (<0.001)	A * (<0.01)		BFT,Moisture,pH
5	M1GA0017062	12	27,393,623	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)	GG: 42	HH: 353	AA: 353	A	** (<0.001)	not significat		not significat
6	MARC0004712	12	27,642,227	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)	AA: 5	HH: 86	GG: 667	A	** (<0.001)	not significat		not significat
7	DIAS0003803	12	27,699,301	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)	GG: 2	HH: 156	AA: 572	G	** (<0.001)	G * (<0.01)		Cookingloss
8	ALGA0066986	12	56,313,314	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)	AA: 0	HH: 85	GG: 665	G	** (<0.001)	AA:0, AG: 85, GG: 665		pH
9	ASGA0099848	12	60,260,816	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)	AA: 57	HH: 337	GG: 349	G	** (<0.001)	not significat		CW, cookingloss
10	ASGA0098229	12	60,440,086	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)	CC: 58	HH: 365	AA: 327	C	** (<0.001)	not significat		Cookingloss
11	ALGA0067249	12	62,290,077	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)	AA: 168	HH: 275	CC: 254	A	** (<0.001)	A * (<0.01)		CW, BFT, driploss, cookingloss, sheerforcw, CIE-L, a
12	MARC0037347	13	19,655	Meat Quality (IMF)	KNP x (YS +LR)	AA: 81	HH: 390	CC: 285	A	** (<0.001)	not significat		not significat
13	M1GA0004980	3	139,051,396	Meat Quality (IMF)	Duroc	AA: 62	HH: 0	GG: 609	G	** (<0.001)	not significat		not significat
14	MARC0105089	13	186,364,149	Meat Quality (IMF)	Duroc	CC: 1	HH: 13	AA: 29	C	** (<0.001)	not significat		not significat
15	ASGA0059530	13	186,851,186	Meat Quality (IMF)	Duroc	AA: 99	HH: 364	CC: 285	A	** (<0.001)	not significat		BFT, sheerforce, CIE-L, b
16	ALGA0120575	13	187,210,755	Meat Quality (IMF)	Duroc	AA: 36	HH: 351	GG: 364	A	** (<0.001)	A * (<0.01)		Driploss
17	ALGA0106490	2	60,128,850	Meat Quality (IMF)	Berkshire	GG: 113	HH: 428	AA: 215	A	** (<0.001)	not significat		not significat
18	INRA0044092	14	56,941,399	Meat Quality (IMF)	Berkshire	GG: 1	HH: 145	AA: 604	A	** (<0.001)	not significat		not significat
19	MARC0056600	18	37,699,670	Meat Quality (IMF)	Berkshire	GG: 34	HH: 350	AA: 371	A	** (<0.001)	A * (<0.01)		BFT, moisture, pH, cooking loss,

											sheerforce, CIE-L, a		
No1.	Marker	SSC	Pos.	Category & comment	Sig_breed	Genotype Count			Positive sig (+) Allele	Immuno globulin	Positive sig (+) Allele	<i>not trait</i>	Sig_other traits
1	ASGA0030288	6	44,238	Immunity (Immuno globulin)	KNP x YS	AA: 28	HH: 0	GG: 725	G	** (<0.001)			pH, cookingloss, CIE-a
2	H3GA0021269	7	44,938	Immunity (Immuno globulin)	KNP x YS	AA: 26	HH: 203	GG: 520	A	** (<0.001)			Sheerforce, CIE-L, b
3	CASI0008911	13	129,859	Immunity (Immuno globulin)	KNP x YS	GG: 3	HH: 109	AA: 644	G	** (<0.001)			Sheerforce, CIE-L
4	ASGA0070402	15	76,723	Immunity (Immuno globulin)	KNP x YS	GG: 37	HH: 333	AA: 366	G	** (<0.001)			CW, BFT, moisture, IMF, pH, cookingloss, CIE-L, a, b
5	ASGA0076724	17	32,707	Immunity (Immuno globulin)	KNP x YS	CC: 103	HH: 352	AA: 295	C	** (<0.001)			Cookingloss, CIE-L
No1.	Marker	SSC	Pos.	Category & comment	Sig_breed	Genotype Count			Positive sig (+) Allele	Lymphocyte	Positive sig (+) Allele	<i>not trait</i>	Sig_other traits
1	ALGA0003271	1	42,786	Immunity (Lymphocyte)	KNP x YS	AA: 5	HH: 172	GG: 573	A	** (<0.001)			CW, BFT, pH, cookingloss, CIE-L, a, b
2	ALGA0023828	4	17,218	Immunity (Lymphocyte)	KNP x YS	AA: 35	HH: 279	GG: 441	A	** (<0.001)			not significat
3	H3GA0032363	11	55,220	Immunity (Lymphocyte)	KNP x YS	GG: 179	HH: 386	AA: 191	G	** (<0.001)			not significat
4	ALGA0067602	13	3,570	Immunity (Lymphocyte)	KNP x YS	AA: 87	HH: 328	GG: 342	G	** (<0.001)			not significat
5	M1GA0019807	14	145,639	Immunity (Lymphocyte)	KNP x YS	AA: 55	HH: 294	GG: 403	A	** (<0.001)			BFT
6	ASGA0079719	18	24,680	Immunity (Lymphocyte)	KNP x YS	AA: 81	HH: 379	GG: 291	A	** (<0.001)			BFT, moisture, IMF, driploss, cookingloss, CIE-L
No1.	Marker	SSC	Pos.	Category & comment	Sig_breed	Genotype Count			Alive Allele frequency	Dead Allele frequency	Positive sig (+) Allele	<i>not trait</i>	Sig_other triats

1	MARC0027411	1	6,296	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS	AA: 171	HH: 131	GG: 365	G: 0.02	G: 0.45		not significant	
2	ASGA0006375	1	268,795,123	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS	GG: 58	HH: 288	AA: 401	A: 0.43	A: 0.00		CW	
3	DRGA0002473	1	295,017,152	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS	AA: 0	HH: 0	GG: 740	A: 0.30	A: 0.00	AA:0, AG:0, GG: 740		
4	H3GA0006751	2	48,912	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS	CC: 86	HH: 203	AA: 466	A: 0.36	A: 0.03		CW	
5	H3GA0012680	4	50,359,981	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS	AA: 71	HH: 0	GG: 682	A: 0.38	A: 0.00		not significant	
6	ASGA0025539	5	52,447	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS	CC: 15	HH: 214	AA: 497	C: 0.32	C: 1.00		CW, BFT	
7	ALGA0036944	6	128,386,175	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS	CC: 179	HH: 348	AA: 202	C: 0.43	C: 0.00		Moisture, IMF	
8	ALGA0050238	8	145,398	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS	CC: 97	HH: 335	AA: 317	A: 0.33	A: 0.00		CIE-a	
9	ASGA0051711	11	77,040,959	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS	GG: 77	HH: 287	AA: 224	A: 0.45	A: 0.00		CW, CIE-L, a	
10	MARC0063610	13	159,609	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS	CC: 0	HH: 0	TT: 749	G: 0.42	G: 0.00	CC:0. CT:0. TT:749		
11	ALGA0081394	14	129,661,988	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS	GG: 0	HH: 754	AA: 0	A: 0.20	A: 1.00	AA:0, AG:754, GG:0		
12	M1GA0019204	14	136,174,025	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS	TT: 0	HH: 88	CC: 651	A: 0.14	A: 0.50	AA: 0, AG:88, GG:651	CW,BFT,cookingloss,s heerforce, CIE-L, a, b	
13	ALGA0083683	15	1,614,547	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS	AA: 121	HH: 357	CC: 269	A: 0.41	A: 0.08		not significant	
14	ALGA0083658	15	9,702,181	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS	AA: 0	HH: 0	GG: 752	A:0.35	A: 0.00	AA:0, AG:0, GG: 752		
15	H3GA0044707	15	91,845,045	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS	GG: 98	HH: 358	AA: 302	A: 0.50	A: 1.00		IMF, pH, driploss, cookingloss, sheerforce, CIE-L	
16	ALGA0086432	15	101,042,541	Survival rate (Alive vs. Dead)	KNP x YS	AA: 176	HH: 344	GG: 178	A: 0.50	A: 0.00		IMF, pH, cookingloss, CIE-L, a, b	
No1.	Marker	SSC	Pos.	Category & comment	Sig_breed	Genotype Count			YS Allele frequency	LD Allele frequency	Positive sig (+) Allele	<i>not trait</i>	Sig_other triats
1	MARC0030984	1	164,813,189	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD	AA: 0	HH: 44	GG: 707	G: 1.00	G: 0.00			CW, BFT, pH, cookingloss, sheerforce, CIE-L, a, b

2	H3GA0006905	2	36,860,337	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD	AA: 0	HH: 57	CC: 699	C: 0.00	C: 1.00	CW, BFT, sheerforce
3	ALGA0020474	3	46,718,121	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD	AA: 4	HH: 173	CC: 307	C: 1.00	C: 0.00	Sheerforce, CIE-L, b
4	MARC0072059	4	59,045,914	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD	TT: 10	HH: 44	CC: 701	G: 1.00	G: 0.00	CW, BFT
5	ALGA0032087	5	44,336,357	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD	AA: 190	HH: 372	GG: 191	G: 0.00	G: 1.00	pH, sheerforce
6	ASGA0096926	6	145,525,346	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD	AA: 61	HH: 300	GG: 389	G: 0.00	G: 1.00	Moisture, IMF, cookingloss,
7	ASGA0035157	7	96,537,322	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD	GG: 55	HH: 352	AA: 342	G: 0.00	G: 1.00	Moisture
8	MARC0055215	8	38,577,923	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD	AA: 156	HH: 370	GG: 226	G: 0.00	G: 1.00	not significat
9	ALGA0053194	9	29,743,249	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD	AA: 112	HH: 331	GG: 313	G: 1.00	G: 0.00	pH
10	DRGA0010563	10	34,220,383	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD	GG: 55	HH: 32	AA: 451	G: 0.00	G: 1.00	CW, BFT, IMF, cookingloss, CIE-a
11	H3GA0034333	12	20,697,934	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD	GG: 97	HH: 353	AA: 305	G: 0.00	G: 1.00	not significat
12	ALGA0072356	13	89,799,510	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD	n/a	n/a	n/a	G: 0.00	G: 1.00	not genotype analysis
13	ASGA0063207	14	46,848,972	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD	AA: 127	HH: 357	GG: 265	G: 0.00	G: 1.00	CIE-L
14	ALGA0088237	15	93,954,126	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD	GG: 18	HH: 213	AA: 524	A: 1.00	A: 0.00	BFT
15	ASGA0074201	16	45,805,292	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD	GG: 180	HH: 373	AA: 201	G: 0.00	G: 1.00	not significat
16	ALGA0095537	17	42,836,916	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD	GG: 8	HH: 143	AA: 600	G: 0.00	G: 1.00	CIE-L, b
17	ALGA0098883	18	33,252,203	Yorkshire vs. Landrace (diff.=1.00)	YS vs. LD	AA: 102	HH: 320	GG: 315	G: 0.00	G: 1.00	pH
No1.	Marker	SSC	Pos.	Category &	Sig_breed	Genotype Count					Significant_traits in Commercial population

					comment						
1	Neogen-CAST _67831_430_ g.12979	2	106,941,192	Candidate SNPs in Neogen swine 9K panel	-	GG: 69	HH: 249	TT: 430	-	-	BFT (<0.01)
2	Neogen-CAST _66602_392_ g.48191	2	106,976,361	Candidate SNPs in Neogen swine 9K panel	-	AA: 119	HH: 193	CC: 441	-	-	pH(<0.01), cookingloss(<0.01),
3	Neogen-CAST _67853_270_ g.48309	2	106,976,488	Candidate SNPs in Neogen swine 9K panel	-	GG: 27	HH: 286	AA: 435	-	-	pH (<0.01), cookingloss (<0.01), CIE-L (<0.01)
4	Neogen-CAST _67855_230_ g.48699	2	106,976,878	Candidate SNPs in Neogen swine 9K panel	-	TT: 26	HH: 284	GG: 438	-	-	pH (<0.01), CIE-L (<0.01)
5	Neogen-CAST _67855_289_ g.48759	2	106,976,937	Candidate SNPs in Neogen swine 9K panel	-	AA: 26	HH: 284	GG: 439	-	-	pH (<0.01), CIE-L (<0.01)
6	Neogen-CAST _67857_306_ g.49223	2	106,977,401	Candidate SNPs in Neogen swine 9K panel	-	CC: 0	HH: 0	TT: 757	-	-	CC:0, CT:0, TT:757
7	Neogen-CAST _77013_98_ g.49228	2	106,977,407	Candidate SNPs in Neogen swine 9K panel	-	AA: 26	HH: 285	GG: 439	-	-	pH (<0.01), CIE-L (<0.01)
8	Neogen-ERC1	5	70,619,000	Candidate SNPs in Neogen swine 9K panel	-	TT: 3	HH: 122	CC: 627	-	-	pH (<0.001), CIE-L (<0.01)
9	Neogen- ASGA0037226 _FUT1	7	130,229,391	Candidate SNPs in Neogen swine 9K panel	-	GG: 1	HH: 103	AA: 644	-	-	not significant

No1.	Marker	SSC	Pos.	Category & comment	Sig_breed	Genotype Count					Significant_traits in Commercial population
1	DCTN1 _BV726655_25 6	3	71,758,333	Breed specific allele in five pig breeds	-	TT: 0	HH: 0	CC: 750	-	-	TT:0, CT:0, CC:750
2	H2AFV _BV727017_25 6	8	129,745,123	Breed specific allele in five pig breeds	-	AA: 16	HH: 289	GG: 390	-	-	CW(<0.01), MF(<0.01), pH(<0.01),
3	CAPN5 _BV726833 _333	9	12,332,860	Breed specific allele in five pig breeds	-	GG: 103	HH: 0	AA: 637	-	-	not significant
4	CAPN5 _BV726833 _340	9	12,332,867	Breed specific allele in five pig breeds	-	CC: 94	HH: 4	TT: 645	-	-	not significant
5	LGALS9 _BV726873	12	46,020,864	Breed specific allele in five pig breeds	-	TT: 12	HH: 430	CC: 121	-	-	BFT (<0.001), pH (<0.001), CIE-L (<0.01), CIE-a (<0.01), CIE-b (<0.01)

	_109			breeds							
6	LGALS9 _BV726873 _256	12	46,021,011	Breed specific allele in five pig breeds	-	AA: 132	HH: 428	GG: 166	-	-	BFT (<0.01), IMF (<0.01), pH (<0.001), driploss (<0.01), cookingloss (<0.001), sheerforce (<0.001), CIE-L (<0.001), CIE-a (<0.001), CIE-b (<0.001)
7	MAPK9 _BV726600 _246	14	96,925,459	Breed specific allele in five pig breeds	-	TT: 93	HH: 363	CC: 293	-	-	BFT (<0.001), IMF (<0.01), pH (<0.001), driploss (<0.01), cookingloss (<0.001), CIE-L (<0.001), CIE-a (<0.001), CIE-b (<0.001)
8	PPAPDC1B _BV726992 _49	15	55,409,135	Breed specific allele in five pig breeds	-	GG: 80	HH: 391	AA: 281	-	-	pH (<0.001), cookingloss (<0.001), sheerforce (<0.01), CIE-L (<0.001), CIE-a (<0.001), CIE-b (<0.001)
9	LIFR _BV726981 _496	16	24,931,523	Breed specific allele in five pig breeds	-	CC: 165	HH: 391	TT: 200	-	-	Cookingloss (<0.01), CIE-L (<0.01), CIE-a (<0.01), CIE-b (<0.01)

제2절 고효율 종돈 생산 효율 증대를 위한 보조생식기법 및 임신효율 증진기법 개발

1. 고효율 종돈 유래 체외수정란 작성 기술 개발 및 외과적 수정란 이식 기술 개발

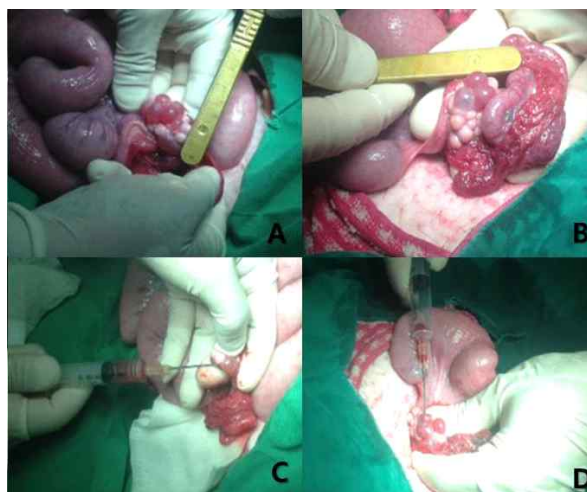
가. 우수 형질의 종모돈에서 난자를 획득할 수 있도록 OPU 기법을 수행

○ 연구개발 내용: OPU 기법을 통해 획득한 난자의 특성을 분석하고, 단위 발생, 체외수정 등 발생실험을 진행하여 시험관적으로 난자의 발달능을 확인

① 돼지에서의 체내난자회수(Ovum Pick Up, OPU) 기법을 개발하기 위하여, 발정개시 20시간째 8개월령모돈 10두를 대상으로 외과적 수술과정을 통하여 복부를 절개하여 난소의 배란상태를 분석하였음 (그림 3-2-1).

② 실험군 중 3mm 이하의 미성숙 난포를 가진 개체 모돈 1두, 8~10mm 이상의 난포를 가진 모돈 6두(OPU 최적개체), 출혈체 양상의 배란중인 모돈 2두, 황체를 가진 배란후 모돈 1두가 관찰되었음 (그림 3-2-1. AB).

③ 돼지는 다태동물이어서 자궁 및 난관의 길이가 소보다 길며 굴곡이 심한편이며, 난관에서의 OPU를 시행할 경우 노화된 난자들이 회수되는바, 돼지에서의 OPU는 배란직전(8~10mm) 난포에서 회수하는 것이 보다 실험에 가용할 수 있는 난자를 얻을 수 있었음 (그림 3-2-1.CD).



(그림 3-2-1). 우수 형질의 종모돈에서 난자를 획득할 수 있도록 OPU 기법을 수행. A, B: 난포크기 측정, C, D: 주사기를 이용하여 난포 내 Cumulus Oocyte Complexs(COCs) 추출.

- 돼지의 특성상 배란 적기를 외음부 종창, 발적 및 back pressure 등의 외형적 징후를 통하여 판단하며, 경산돈보다 8개월령의 미경산돈의 경우 전형적인 외형적 발정개시 징후를 나타내었음을 알 수 있었으며, OPU의 최적시기는 발정개시 이후 20시간째로 사료됨
- 난구세포와 결합된 난자(Cumulus-Oocytes complex, COC)의 획득방법은 in vitro에서와 동일한 방법으로 18-gauge needle이 장착된 주사기로 난포액을 흡입 회수하였으나, 확장된 난구세포의 끈적거리는 특성으로 인해 COCs의 획득이 쉽지 않았고, 1마리의 종돈에서는 2개의 난소만이 존재하여서 COCs를 획득할 수 있는 난포의 개수도 4~5개로 제한적임을 알 수 있었음
- 또한, in vitro에서와는 달리 in vivo상태의 난소의 난포에는 많은 양의 혈액이 존재하였고, 실험실과 농장간 거리로 인해 빠른 세정작업이 이루어지지 못하여 결과적으로 난자의 성숙이 저해되는 결과를 가져왔음
- 최종적으로 성숙된 난자의 수가 적음으로 인해 체외 생산할 수 있는 체외수정란의 수도 제한적이었고, 돼지의 경우 다태동물로써 최소 4개 이상의 수정란이 착상되어야 임신이 유지되므로, 보다 많은 수의 난자를 회수 할 수 있도록 개선이 요구되며, 특히 OPU 기법에 있어 18-gauge needle이 장착된 주사기를 대체할 수 있는 기자재 개발이 필요함
- 또한, 그 대안으로 우수종모돈의 체세포를 이용한 체세포핵이식 방법이 좀 더 많은 배아를 생산할 수 있어서 현재의 OPU방식보다는 더욱 효율적으로 종모돈의 우수한 유전자원을 보존 생산할 수 있는바, 현시점에서는 일차적으로 우수한 종모돈의 체세포를 동결보존하고, 악성질병 발병시 체세포핵이식 기법을 이용하여 우수한 유전자원을 보존함이 타당한 것으로 판단됨

나. 우수 종모돈 유래의 난자와 우수 종돈 유래의 정자로 체외 수정란 생산 및 체세포핵이식배아를 생산하여 수정란 이식 실시

- 우수종모돈의 스트레스 및 수술비용을 최소화하기 위해 본 연구에서는 체외수정란의 이식과 난자의 채취를 한번의 수술로 진행하였으며, 체외

수정란 이식을 위한 가장 최적의 시기는 배란직전이고, 그 시기에 난포 크기는 8mm이상임

- 따라서 본 연구팀은 선행실험으로 도축장에서 채취한 난소 중 8mm이상의 난포만을 선별하여 난자를 획득하였고, 획득한 난자를 이용하여 체외성숙 시킨 후 체외수정 및 체세포핵이식을 통해 배아를 생산하였음
- 대리모돈에 이식하기에 앞서 그 배아의 발달을 확인을 위해 in vitro culture를 실시하였으며, 기존에 3-7mm의 난포에서 채취한 oocyte보다 그 발달율이 유의적으로 증가한 것을 확인할 수 있었음 (표 3-2-1, 2).

(표 3-2-1) Effects of the new IVM (18 hours) system on embryonic development after in vitro fertilization.

Groups	Embryos cultured, N ^a	No. (%) of embryos developed to		Total cell number in blastocyst (N) ^b
		≥Two-cell	Blastocyst	
Control	208	151 (70.9 ± 3.6)	68 (30.7 ± 4.2) ^c	67.2 ± 6.7 (30) ^c
New IVM	56	39 (72.0 ± 7.9)	30 (56.6 ± 2.5) ^d	95.8 ± 9.1 (18) ^d

^a Five times replicated.

^b Number of examined blastocysts.

^{c,d} Values with different superscripts within a column differ significantly (P < 0.05).

(표 3-2-2) 체외수정 후 배아발달에 있어 새로운 체외성숙(18시간) 시스템의 효과

Groups	Embryos cultured, N ^a	No. (%) of embryos developed to		Total cell number in blastocyst (N) ^b
		≥Two-cell	Blastocyst	
Control	138	117 (84.5 ± 2.6) ^c	22 (15.8 ± 2.2) ^c	38.6 ± 4.9 (11) ^c
New IVM	65	60 (95.0 ± 2.9) ^d	18 (29.2 ± 1.7) ^d	63.3 ± 9.9 (10) ^d

^a Four times replicated.

^b Number of examined blastocysts.

^{c,d} Values with different superscripts within a column differ significantly (P < 0.05).

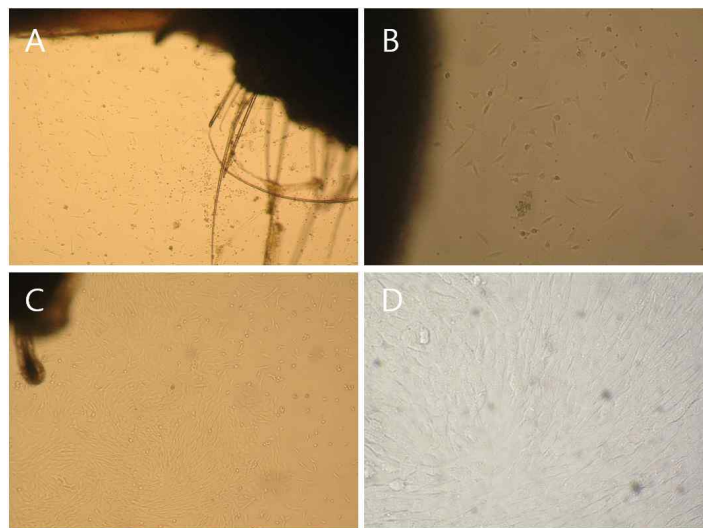
2. 악성전염병 대비 우수형질 종돈 및 종모돈 유전자원 보존 사업

가. 제1협동 연구팀에서 발견한 PRRS 저항성 형질을 가진 것으로 추정되는 개체의 조직을 채취하여 체세포를 확보

- 초기에 PRRS 저항성 형질을 가진 것으로 추정되는 개체의 조직을 채취하여 체세포를 확보하기 위해 Primary culture를 실시하였으나 오염으로

인해 체세포 확보에 실패하였으며, 이 후 Primary culture 프로토콜을 여러 번의 실험을 통해 개선하였고, 이후에 종모돈 및 종돈의 피부조직을 채취하여 세포배양을 시도한 결과 오염없이 체세포를 안정적으로 확보할 수 있었음 (그림 3-2-2)

- 추후 PRRS 저항성 형질을 가진 것으로 추정되는 개체의 조직이 채취되는 경우, 개선된 Primary culture 프로토콜을 이용하여 안정적으로 체세포 확보를 할 수 있을 것이라 생각되어짐



(그림 3-2-2) 개선된 Primary culture 프로토콜을 이용하여 수립된 porcine cell line 사진. A, B : 종모돈 세포주 ; C, D : 종돈세포주.

가. 동결 보존된 세포를 이용하여 복제 돼지를 생산하여 우수 형질 개체의 증식과 보존에 기여

- 본 연구팀은 앞서 개선시킨 Primary culture 프로토콜을 이용하여 성공적으로 배양한 다양한 종류의 체세포들을 동결보존하였다가 적시에 동결되어있던 세포들을 풀어서 SCNT 배아를 지속적으로 생산하였음 (Figure 3-2-3)

NT No.	Date	Egg Num.	No. of cleavage (%)				early(%)	expended(%)	hatched(%)	BL from.	
			2	4	8	Total(%)					
1	2013-08-22	32	4	5	1	10	(31.25%)	3 (9.38%)	0 (0.00%)	(0.00%)	3 (9.38%)
2	2013-09-06	61	11	15	1	27	(44.26%)	2 (3.28%)	4 (6.56%)	3 (4.92%)	7 (11.48%)
3	2013-09-26	32	5	7	3	15	(46.88%)	2 (6.25%)	0 (0.00%)	1 (3.13%)	2 (6.25%)
4	2014-01-23	43	8	11	9	28	(65.12%)	3 (6.98%)	2 (4.65%)	1 (2.33%)	5 (11.63%)
5	2014-06-04	75	4	9	7	20	(26.67%)	5 (6.67%)	7 (9.33%)	4 (5.33%)	12 (16.00%)
6	2014-06-12	75	5	31	2	38	(50.67%)	6 (8.00%)	6 (8.00%)	1 (1.33%)	12 (16.00%)
7	2014-06-19	60	1	19	7	27	(45.00%)	7 (11.67%)	9 (15.00%)	2 (3.33%)	16 (26.67%)
8	2014-06-26	70	3	10	8	21	(30.00%)	1 (1.43%)	6 (8.57%)	3 (4.29%)	7 (10.00%)

그림 3-2-3. 동결보존되어 있던 다양한 cell line을 사용한 체세포핵이식 배아의 시험관내 발달 데이터.

3. 수정란 이식 기술 개발 및 임신기전 분석

가. 임신 시기의 배아를 회수하여 분자 생물학적 분석을 통해 종돈품종별 임신기전의 차이에 대한 연구를 수행

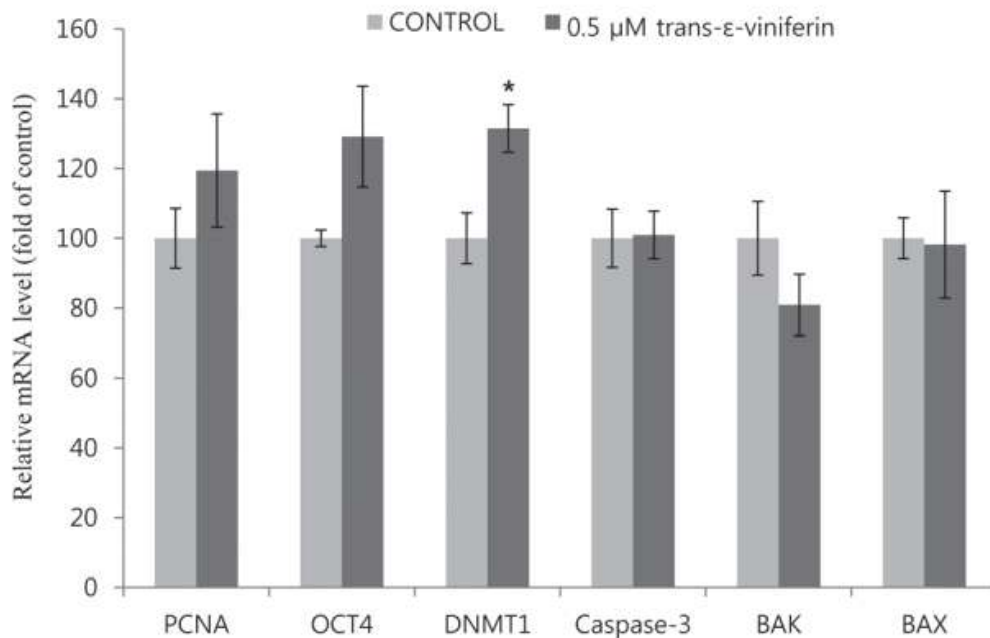


그림 3-2-4. 체외성숙동안 trans-ε-viniferin을 처리하여 성숙된 난자 내 PCNA, OCT4, DNMT1, Caspase-3, BAK, BAX mRNA의 발현.

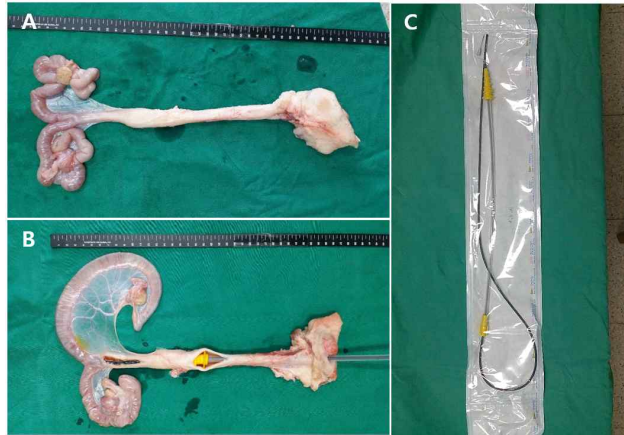
실험은 세번반복했음. *P<0.05 vs. control.

○ Trans-ε-viniferin은 머루에서 추출한 천연 성분으로 항산화, 항염증 효과가 있는 물질로 알려져 있으며, 체외 성숙에 있어 trans-ε-viniferin의 영향을 분자생물학적인 방법을 통해 확인하고자 하였음

- 체외성숙이 끝난 후, 성숙된 난자에서 total RNA를 추출한 후 역전사 과정을 통해서 합성된 cDNA를 이용하여 PCNA, OCT4, DNMT1, Caspase-3, BAK, BAX 유전자의 발현량을 Real-time PCR을 통해 확인하였음 (그림 3-2-4)
- 그 결과 0.5uM trans-ε-viniferin처리 그룹에서 DNA를 메틸레이션 시키는 DNMT1이 유의적으로 증가하였고, 이전의 실험에서는 0.5uM trans-ε-viniferin처리 그룹에서 난자 내 GSH양이 증가하고 ROS가 감소하였으며, 결과를 종합해 보았을 때, DNMT1의 발현의 증가로 세포질의 질이 향상된 것으로 생각되어지며, 착상전 배아발달에 주요마커로 제시되었음.

나. 돼지인공수정기와 배아이식기법 개선을 통하여 비외과적 수정란 이식기법을 확립하고 이의 산업적활용방안과 경제적 가치에 대해서 분석함

- 우수한 형질자원을 가진 개체의 효율적 유전자원 보존을 위한 비외과적 수정란 이식기 개발을 위하여 2년차 (2013년)에 돼지 전용 비외과적 수정란이식기 카테터 (출원번호 10-2013-0046564, 2013년 4월 26일)를 고안하여 대한민국 특허청에 특허 출원한 바 있음
- 타 발명자의 기존 이식기 특허와 관련하여 현재 의견제출을 통지(2014년 6월 23일자) 받았으며, 의견서 및 보정서 제출 마감일은 2014년 8월 23일이며, 돼지에 대한 종특이성으로 특허 등록을 예상하고 있음
- 본 연구과제의 3년이라는 짧은 연구기간내 본 제품을 상용화 하기에는 무리가 있으며, 향후 추가적인 3년의 연구기간이 지원 될 경우, 본 특허내용을 상용화시킬 수 있을 것으로 예상되며 동결정액 주입용 자궁각 인공수정기로서의 활용도 가능함
- 국내양돈산업에서의 인공수정기 수요시장성은 년 4,500,000개 [900,000두 (900만두 10%)*2회(중부횟수)*2.5(회전율) = 4,500,000개]가 소요되며, 한개 단가 10,000원을 책정하면 년 4백5십억원 규모의 매출을 보이고 있음
- 또한 최근 양돈 선진국에서 우수형질 종돈의 동결 정액을 수입하고 있는 실정이며, 본 연구과제로 개발된 카테터를 이용하여 우수형질 종돈의 동결정액 인공수정 사업으로 확대될 경우, 종돈 수입 대체효과를 가져와 국내 양돈 산업의 경쟁력을 강화시킬 수 있을 것으로 기대됨



(그림 3-2-5) 돼지 자궁 및 카테터 테스트사진. A: 실제 돼지 자궁 조직, B: 카테터가 돼지 자궁에 삽입된 형태, C: E.O (ethylene oxide) gas 로 멸균한 카테터

- 본 연구팀에서 실제 이식전에 카테터가 어떤 형태로 돼지 자궁으로 삽입되는지 알기위해 도축장에서 도축된 돼지의 자궁 조직으로 테스트함. 테스트에 사용한 자궁 조직은 6개월령 정도의 배란전상태의 돼지의 조직을 사용하였음 (그림 3-2-6). 실제로 카테터를 이용하여 수정란을 이식할 때에는 돼지가 발정기에 속할 경우 이식을 실시하는데 이 시기에 돼지의 자궁은 경도가 단단해짐. 따라서 카테터를 자궁경부와 자궁뿔까지 삽입하기가 좀 더 용이해질 것임. 이 후 이식관을 통해 수정란을 자궁뿔 내부로 이식하여 좀 더 손쉽고 빠르게 수정란을 이식할 수 있을 것으로 생각되어 짐.



(그림 3-2-6) 농장에서 카테터를 이용하여 발정대리모돈에게 배아 이식을 실시. a: 실제 자궁뿔내 삽입된 길이를 보여주는 카테터. b: 카테터의 스크류부분과 돼지 외음부에 윤활액을 도포함. c: 카테터를 대리모의 자궁내로 삽입하고 있는 사진. d: 카테터 삽입 후 이식관을 자궁뿔까지 넣고, 1ml 주사기를 이용하여 수정란 주입.

※ 카테터를 이용한 수정란 이식법

- ① 대리모든의 발정상태를 확인(외음부 팽창&승가 허용)
- ② 발정기 대리모든의 외음부와 항문주변을 비누와 물로 세척
- ③ 외음부와 주변을 베타딘과 알코올을 사용하여 소독
- ④ 질내부에 이식기가 잘 들어갈 수 있도록 윤활액(Lubricant)을 바른다.
(질내부 & 이식기 스크류 부분)(Figure 2-3-3b).
- ⑤ 이식기를 외음부 내부로 삽입하여 노란 스크류 부분을 자궁 경부까지 넣는다.
- ⑥ 스크류 콕을 돌려서 자궁경부를 개방한다.
- ⑦ 개방 후 이식관을 밀어 넣어 자궁뿔 내부까지 넣어준다(Figure 2-3-3c).
- ⑧ PZM media를 사용하여 3회(각 1mL씩 3mL) washing 한다.
- ⑨ 배아를 조심히 실린지 내부로 주입하여 이식한다(Figure 2-3-3d).
- ⑩ PZM media을 사용하여 1회 washing 한다.
- ⑪ 이식기를 제거한다.

○ 본 연구팀은 카테터를 이용한 수정란 이식법을 자궁조직을 사용하여 여러 번의 테스트를 하였고, 실제 농장에서 카테터를 이용하여 수정란 이식을 실시하였음. 그 결과 위와 같은 이식 프로토콜을 확립할 수 있었음.

○ 카테터를 이용한 이식수술 데이터는 Figure 3-2-7와 같고, 수정란을 이식 받은 모든은 현재까지 재발정이 오지 않은 상태임. 본 수술법을 사용하여 수정란을 이식한 결과 수술시간을 단축시킬 수 있었고 비외과적인 방법으로 마취과정이 불필요함에 따라 수술비용 절감 및 모든의 스트레스를 최소화 할 수 있었음.

일자 : 2014.08.01	시술자 : 현상환	보조 : 윤준철
수란돈 번호 : 200	체중 : 170 kg	생년 : 13년 12월 생 (8개월령)
발정일자 : 2014.07.30	최근진단일 : 2014.08.31	진단결과 : 재발정 오지 않음.
비고 : 이식기		분만예정일 : 2014.11.23
세포주 : Normal IVF embryo: 4 cell stage : 62개 Transgenic embryo : 69개		이식된 배아갯수 : 131

(그림 3-2-7) 본 연구팀에서 카테터를 이용하여 실시한 이식수술 데이터

4. 질병유입의 감소를 위한 돼지수정란 화학적 한정 배양 체계 적용

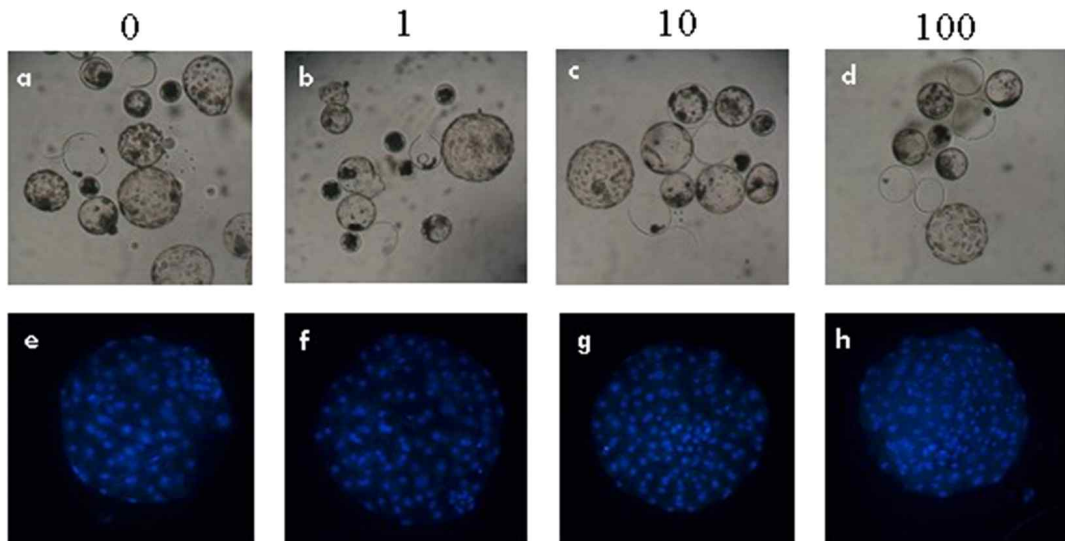
가. 난포액 성분 분석 결과를 바탕으로 체외 배양액 조성 방법을 개량하여 체외 수정 배아의 생산 효율 향상 및 질병유입의 감소 도모

(표 3-2-3) 체외성숙동안 myostatin을 처리 한 후 체외수정시킨 돼지배아의 발달

Group (ng/ml)	No. of embryos cultured *	No. (%) of embryos developed to		Total cell number (n)**
		≥ 2-cell	Blastocyst	
0	174	91 (52.0 ± 3.7)	26 (15.0 ± 1.0) ^a	92.6 ± 9.8 (19) ^a
1	174	98 (51.5 ± 5.4)	29 (16.6 ± 0.8) ^{a, b}	124.9 ± 10.5 (21) ^b
10	176	108 (61.5 ± 1.6)	38 (21.5 ± 1.5) ^b	131.3 ± 15.4 (21) ^b
100	178	97 (54.7 ± 2.9)	26 (14.8 ± 2.6) ^a	130.3 ± 14.6 (19) ^b

*Four times replicated. **Number of examined blastocysts.

^{a, b} Values with different superscripts within a column differ significantly ($P < 0.05$).



(그림 3-2-8) 발달 7일째 배반포를 (a-d; x100) Hoechst-33342으로 염색한 사진(e-h; x400). Myostatin은 0 (a and e), 1- (b and f), 10- (c and g) and 100 ng/ml (d and h)농도로 체외성숙과정동안 처리함.

- Myostatin은 Growth Differentiation Factor 8 (GDF8)으로 더 잘 알려져 있고, 이전 연구에서 small antral follicles의 granulosa cells에서 GDF8의 발현이 나타남
- 본 연구팀은 체외수정배아의 생산효율을 높이기 위해 우선 GDF8을 체외성숙 과정에 처리하여 성숙된 난자를 획득하였고, 이렇게 획득한 난자를 이용하여 체외수정을 실시함

- 그 결과 10ng/ml로 처리한 그룹에서 유의적으로 배반포 형성율이 향상됨을 보였고, 배반포의 cell수를 통해 배반포의 발달정도를 평가하였을 때 GDF8를 처리한 모든 그룹이 Control 그룹에 비해 유의적으로 많은 수의 cell을 가지는 것으로 나타남 (표 3-2-3, 그림 2-2-8)

- 따라서 위 결과로 봤을 때 체외성숙과정에서 GDF8의 처리를 함으로써 좋은 질의 난자를 획득할 수 있고, 최종적으로 체외수정배아의 생산효율을 높일 수 있다고 할 수 있음

나. 다정자 침입을 방지하는 인자를 탐색하여 효율적 수정란 생산

(표 3-2-4) Ge-132을 체외성숙과정에 처리한 난자의 인공수정후 10시간째 정자침투율

	Ge-132 Concentration (µg/mL)			
	0 (control)	100	200	400
Number of oocytes examined	104	106	111	127
Penetrated (%) [*]	87.7 ± 4.5	89.8 ± 3.8	87.2 ± 2.7	82.2 ± 7.4
MPN formed (%) [†]	88.9 ± 5.2	93.9 ± 3.8	97.5 ± 2.5	93.9 ± 1.9
Monospermy (%) [‡]	25.1 ± 3.6 ^a	45.3 ± 5.3 ^b	47.7 ± 4.0 ^b	48.9 ± 9.0 ^b
Polyspermy (%) [‡]	63.8 ± 5.6	48.6 ± 7.2	49.8 ± 4.8	45.0 ± 10.1
Efficiency of fertilization [‡]	21.7 ± 2.1 ^a	40.7 ± 5.3 ^b	41.4 ± 2.5 ^b	38.8 ± 3.2 ^b

Data are given as mean±SEM. Values with different superscript. Letters within rows are significantly different (P<0.05), experiment was repeated three times. MPN, male pronucleus.
^{*}Percentage of the number of oocytes examined.
[†]Percentage of the number of oocytes penetrated.
[‡]Efficiency of fertilization: was the percentage of monospermic oocytes from total examined.

- Carboxyethylgermaniums sesquioxide (Ge-132)는 항산화효과를 가진다고 잘 알려진 유기게르마늄임
- 본 연구팀은 Ge-132를 체외성숙과정에 첨가하여 성숙된 난자를 얻고, 그 난자를 이용하여 체외수정을 실시하였을 때, 영향을 확인하고자 실험을 진행하였음
- 그 결과 Ge-132을 체외성숙과정에 처리하여 체외수정을 진행하였을 때 처리안한 control 그룹에 비해 유의적으로 단정자수정율이 높게 나타났고, 수정 후 2일째 배아의 분할율도 유의적으로 높게 나타났으며, 수정 후 7일째 배반포를 평가 했을 때 Ge-132를 100ug/ml로 처리한 그룹에서 유의적으로 Expanded 배반포의 비율이 control에 비해 높게 나타났음
- 또한, 배반포의 질을 평가하기 위해 배반포당 세포수를 확인하였는데 200ug/ml로 처리한 그룹에서 control에 비해 유의적으로 세포수가 많게 나타났음
- 이 결과로 보았을 때, 체외성숙과정에 있어 Ge-132의 처리는 양질의 수정란을 획득하는데 있어 중요한 작용을 할 것이라 생각되어짐

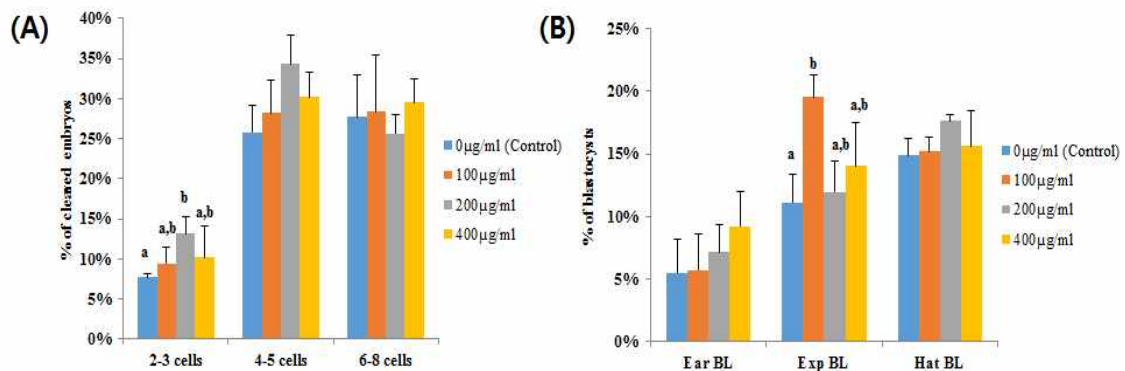
(표 3-2-5) 체외성숙 동안 Ge-132를 처리한 후 체외수정 시킨 배아발달

Ge-132 Concentration ($\mu\text{g}/\text{mL}$)	Embryo cultured, N	Embryos developed to (N, %)		Total cell numbers in Blastocyst (N)
		≥ 2 -cells	Blastocyst	
0 (control)	181	111 (61.3 \pm 2.9) ^a	57 (31.6 \pm 3.0)	71.5 \pm 7.8 ^a (19)
100	178	118 (66.0 \pm 3.7) ^{a,b}	72 (40.5 \pm 3.5)	87.3 \pm 7.8 ^{a,b} (18)
200	182	133 (73.1 \pm 1.2) ^b	67 (36.7 \pm 1.3)	101.3 \pm 10.6 ^b (19)
400	186	130 (69.9 \pm 0.9) ^{a,b}	72 (38.9 \pm 4.0)	95.1 \pm 10.1 ^{a,b} (20)

Values with different superscript letters within a column differ significantly ($P < 0.05$). Experiment was repeated four times. The data represent means \pm SEM.

* Percentage of total cultured oocytes.

† Number of examined blastocysts.



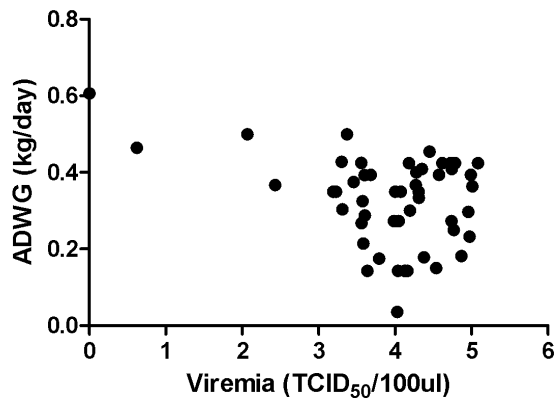
(그림 3-2-9) 체외성숙 동안 Ge-132를 다른 농도로 처리한 난자를 체외수정시킨 후 2일째 분할패턴(A)과 7일째 배반포발달율(B).

제3절 PRRS 바이러스 저항성 유전자 마커의 유용성 평가 및 종돈선발 적용

1. PRRSV 저항성 관련 유전자와 PRRSV 공격감염에 의한 실험실적 지표의 상관관계 분석

가. 돼지의 PRRSV 저항성 평가를 위한 동물실험의 실시

- 3~4주령의 돼지 50마리를 같은 농장에서 구입하여 5 개의 돈방에 사육하고 동일한 사육환경에서 7일간의 순치기간을 둠
- 순치 기간 중 귀조직을 채취하여 각 개체의 유전자 검사 실시
- 순치 후 공격감염 전에 모든 돼지들의 체중을 측정하고 혈액을 채취
- 모든 돼지들에 1×10^3 TCID₅₀/ml로 준비된 복미형 PRRS 바이러스인 VR2332 주를 근육주사를 이용하여 공격접종 실시
- 공격감염 후에는 증체량 (Average daily weight gain: ADWG)를 측정하기 위하여 매주 체중을 측정하고 바이러스의 혈중 농도(viremia)를 측정하기 위하여 혈액을 매주 채취
- 공격접종 4주후에 돼지를 안락사 시키고 병리검사를 실시하여 폐의 병변을 확인하고 육안적 병변과 현미경적인 병변을 scoring함. 폐, 편도, 림프절 등을 수거
- 폐에서 유전자를 추출하여 각 개체의 유전자 검사를 실시하여 실험 초기의 유전형질을 검증
- 공격감염 4주 동안의 혈중 바이러스 평균 농도가 10 TCID₅₀/100ul 미만인 개체가 2마리 관찰되었으며 이들의 일일평균 증체량(ADWG)도 상대적으로 높은 0.4 kg/day 이상이었음. 그 중 1마리는 공격감염 후 4 주 동안 바이러스에 대해 항원 및 항체 음성을 유지하며 0.6 kg/day 이상의 증체량을 보여 완벽한 저항성을 가지고 있는 것으로 분석되었음 (Fig 1).
- 또한 4주 동안의 혈중 바이러스 평균 농도가 10^4 TCID₅₀/100ul 미만이고 증체량(ADWG)이 0.4 kg/day 이상인 개체가 4마리 관찰되었음



(그림 3-3-1) 북미형 PRRS 바이러스인 VR233를 접종한 돼지 50마리의 4주 동안 혈중바이러스 농도(viremia)와 증체량(ADWG)의 상관관계

나. PRRSV 공격감염에 의한 MHC type과 PRRS 저항성 관련 유전자의 상관관계 분석

○ Table 3-1-1에서 보인 것과 같이 전북 김제 소재 2만두 규모의 T농장과 5천두 규모의 전북 정읍 소재 D 농장에서 모근, 꼬리 및 귀조직을 이용하여 국내 양돈장의 MHC class I과 II 유전자의 typing을 실시함.

1) DQB1

- ① Homozygous 0201 등 17 종의 type이 발견됨
- ② Homozygous 0201 (24.4%), Heterozygous 0201/0202 (17.1%), Heterozygous 0202/0601 (7.3%), Heterozygous 0202/0402 (7.3%), 기타 (43.9)%

2) DRB1

- ① Heterozygous 0201/0402 등 15 종의 type이 발견됨
- ② Heterozygous 0201/0402 (14.6%), Heterozygous 0402/0901 (12.2%), Homozygous 0201 (12.2%), Heterozygous 0201/0701 (9.7%), 기타 (51.2)%

3) SLA1

- ① Heterozygous 0401/13ms21 등 22 종의 type이 발견됨
- ② Heterozygous 0401/13ms21 (24.46%), Heterozygous

0301(-19)/0801(-19) (7.3%), Homozygous 0101/w11jh01(-4) (4.9%), 기타 (63.4)%

4) SLA2

- ① Heterozygous 0201(-26)/w13ms20 등 27 종의 type이 발견됨
- ② Heterozygous 0201(-26)/w13ms20 (19.5%), Heterozygous 12Lw01/12Lw01(-2) (9.8%), 기타 (70.7)%

5) SLA3

- ① Homozygous 0101 등 12 종의 type이 발견됨
- ② Homozygous 0101 (29.3%), Heterozygous Wu05(-16)Wu05(-18) (14.6%), Homozygous Wu05(-16) (7.3%), 기타 (48.8)%

(표 3-3-1) 공격접종 실험에 이용된 이유자돈 50두의 MHC 유전자 typing 결과

No ¹	DQB1	DRB1	SLA1	SLA2	SLA3
1	0201/0601	UT*	0401	0201(-26)/05rh07	Wu05(-9)/Wu05(-16)
2	0201/0601	UT	w09sm09(-9)	05sy01/w09sn01(-23)	0101/Wu05(-16)
3	0201/0901	0201/0901	0401/0501	0401/0501	Wu05(-9)/Wu05(-12)
4	0202/0901	0402/0901	08sk01/ms5(-4)	040202/0502	0101(-15)/Wu05(-16)
5	0202	0402/kn05	0301(-19)/w11jh01(-4)	040202(-7)/jh01(-1)	0602(-22)/Wu05(-16)
6	0303	0404	0101/an01	es22	Wu05(-9)/Wu05(-12)
7	0201	UT	0801/an01	0502	0701sm19/Wu05(-16)
8	0201/0303	0201/0403	UT	040202/w06sv01(-37)	UT
9	0201	0201/0701	0401/1201	0701(-24)/w09sn01(-10)	Wu05(-16)/Wu05(-18)
10	0303/0402	0404/0901	0401/13ms21	040202/0701(-24)	Wu05(-16)
11	0201/0202	0402/0501	UT	0701(-24)/12Lw01	UT
12	0201/0503	1101	0401/w11jh01(-4)	040202/jh01(-1)	0401
13	0201	0201/0701	0401/1201	0701(-24)/w09sn01(-10)	Wu05(-16)/Wu05(-18)
14	0202/0303	0402/0404	0801(-7)/15dh01(-3)	12Lw01/12Lw01(-2)	Wu05(-16)/Wu05(-18)
15	0201	0201	0301(-5)/0401(-5)	0401(-3)/07rh12	UT

16	0201	0201	0401/13ms21	0201(-26)/w13m20	0101
17	0201	0201/0701	0401/13ms21	0201(-26)/w13m20	0101
18	0201/0601	UT	0401/15dh01	05sy01(-1)/05sy01(-5)	0602(-5)/Wu05(-16)
19	0201	0201/0901	0401/13ms21	0201(-26)/w13m20	0101
20	0201/0202	0201/0402	0401/13ms21	0201(-26)/w13m20	0101
21	0701	kn05	0401(-5)/0701	0201(-10)/w06sv01(-37)	Wu05(-16)
22	0201	0201/0901	0401/13ms21	0201(-26)/w13m20	0101
23	0201/0402	0201/0901	0401/13ms21	0201(-26)/w13m20	0101
24	0201/0203	UT	UT	UT	UT
25	0201	0201	0401/13ms21	0201(-26)/w13m20	0101
26	0402	0901/kn05	0301(-19)/0801(-19)	w06sv01(-37)	Wu05(-16)
27	0201/0204	UT	rh03/w11jh01(-4)	05rh03/jh01	0601
28	0201/0303	0201/0403	UT	jh01/w08sw01	UT
29	UT	0402/0901	UT	w06sv01(-37)/w09sn01(-10))	UT
30	0201/0202	0201/0402	0702/w11jh01(-14)	jh01/w09sn01(-10)	UT
31	0202/0402	0402/0901	0301(-19)/0801(-19)	12Lw01/12Lw01(-2)	Wu05(-16)/Wu05(-18)
32	0202/0402	0402/0901	0301(-19)/0801(-19)	12Lw01/12Lw01(-2)	Wu05(-16)/Wu05(-18)
33	0202/0303	0402/0404	0801(-7)/15dh01(-3)	12Lw01/12Lw01(-2)	Wu05(-16)/Wu05(-18)
34	0201/0202	0201/0402	0401/13ms21	0201(-26)/w13m20	0101
35	0201/040101	0201	0101/w11jh01(-4)	0102/12Lw01(-2)	0101
36	0202/0402	0402/0901	UT	UT	UT
37	0201	0201/0701	0702(-14)/st11	jh01/w09sn01(-10)	Wu05(-19)
38	0201/0202	0201/0402	08sy01/w11jh01(-4)	12Lw01/jh01	0101
39	0201/0202	0201/0402	0401/13ms21	12Lw01/w13sm20	0101
40	0201/0202	0201/0402	UT	UT	UT
41	0201/040101	0201	0101/w11jh01(-4)	0102	0101
42	0202/0303	0402/0404	0801(-7)/15dh01(-3)	12Lw01/12Lw01(-2)	Wu05(-16)/Wu05(-18)
43	0201/0202	0201/0402	0401/13ms21	0201(-26)/w13m20	0101
44	0201/040101	0201	0101/w11jh01(-4)	0102/12Lw01(-2)	0101
45	0202/0402	0402/0901	UT	UT	UT
46	0201	0201/0701	0702(-14)/st11	jh01/w09sn01(-10)	Wu05(-19)
47	0201/0202	0201/0402	08sy01/w11jh01(-4)	12Lw01/jh01	0101
48	0201/0202	0201/0402	0401/13ms21	12Lw01/w13sm20	0101

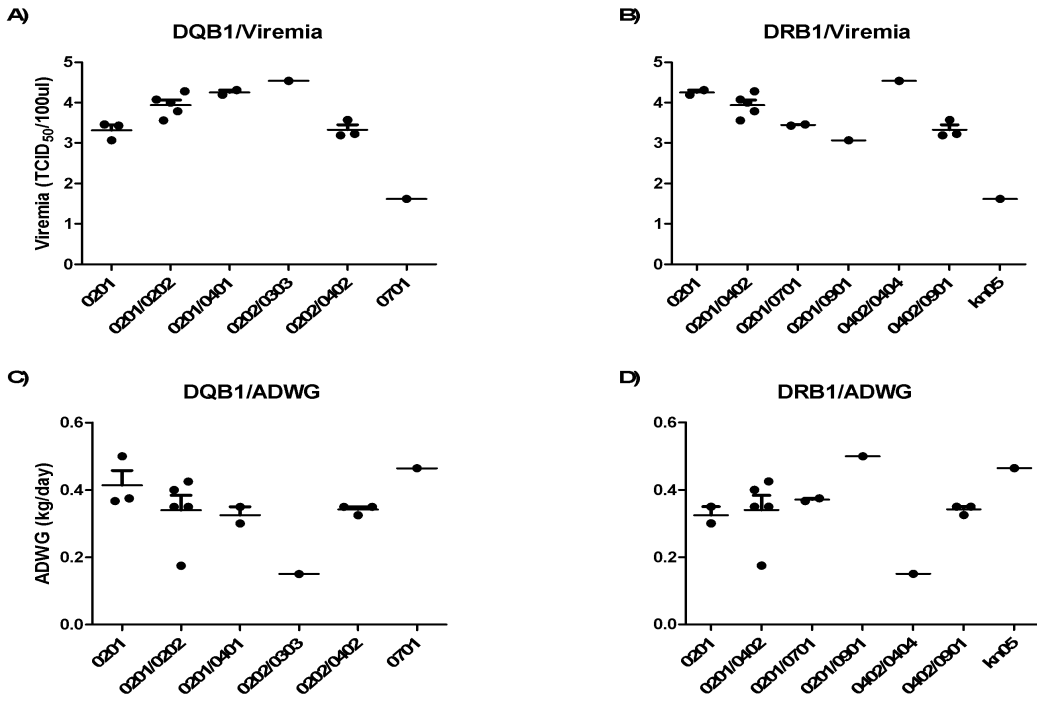
49	0201/0202	0201/0402	UT	UT	UT
50	0201/040101	0201	0101/w11jh01(-4)	0102	0101

¹: Animal no.

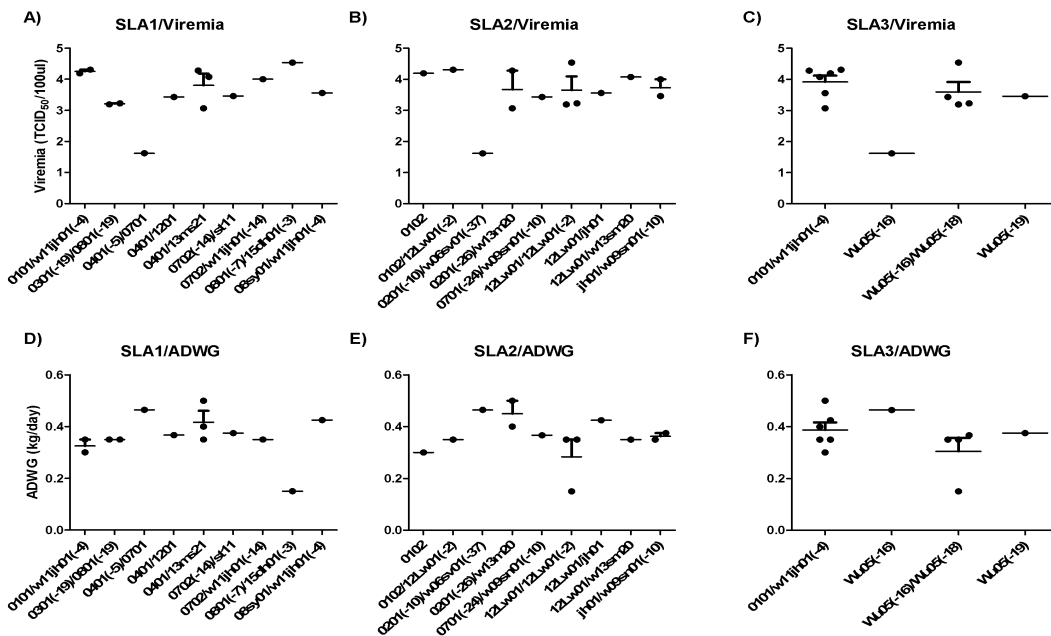
*UT: Untypable

다. Major Histocompatibility Complex (MHC) typing과 PRRS 저항성과의 상관관계

- DQB1, DRB1, SLA1, SLA2 및 SLA3 유전자에 대한 분석결과 viremia 레벨이 유의적으로 낮고 증체량이 상대적으로 높아 PRRS에 저항성을 보이는 개체인 #24는 다소 특이한 MHC 유전자로 분석되어 homozygous 701(DQB1), homozygous Kn05(DRB1), heterozygous 0401(-5)/0701(SLA1), heterozygous 0201(-10)/w06sv01(-37) (SLA2), homozygous Wu05(-16)(SLA3)로 분석됨 (그림 3-3-2, 3).
- 전반적으로 DQB1과 DRB1 유전자 (SD $10^{0.276}$)가 SLA1, 2, 3 (SD $10^{0.649}$)보다 viremia 레벨과 잘 일치가 됨
- 일일 평균 증체량은 MHC 유전자들과 다소 차이가 있는 것으로 관찰됨 (그림 3-3-2, 3).



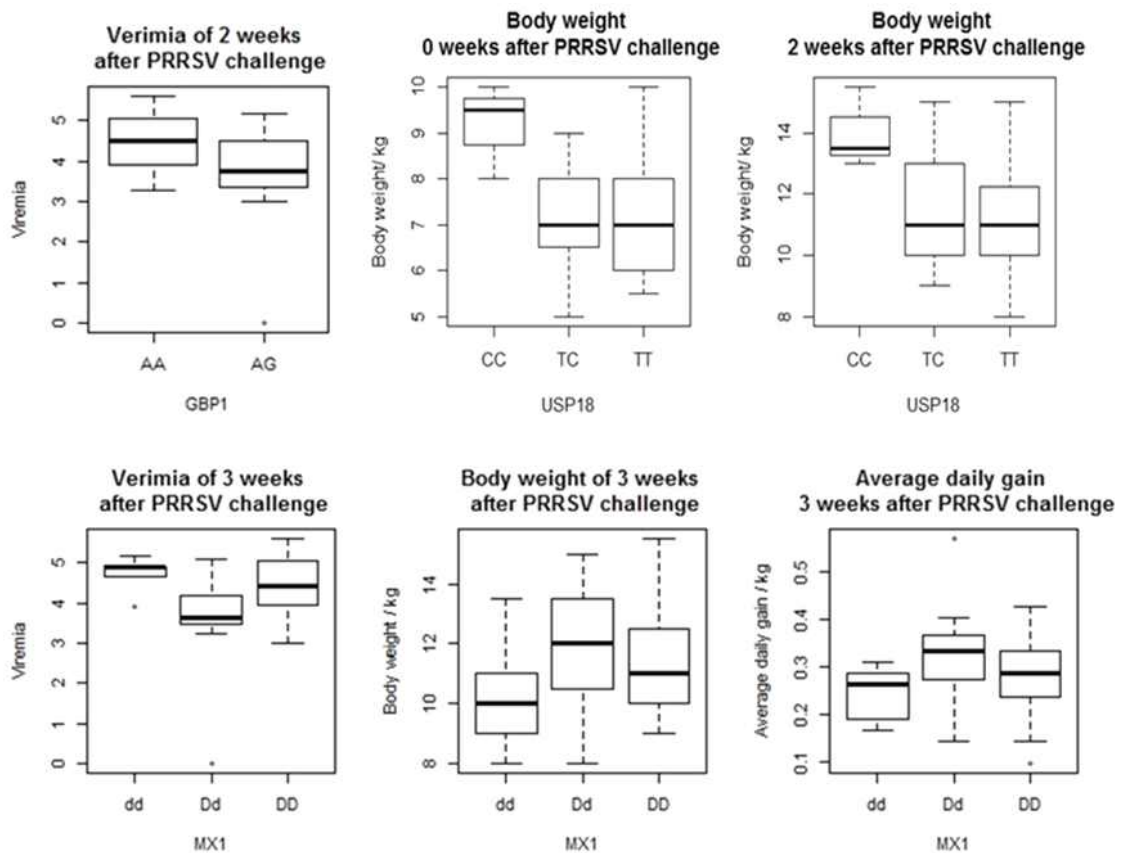
(그림 3-3-2) DQB1과 DRB1 유전자의 PRRSV 공격감염 후 viremia와 증체율과의 상관관계



(그림 3-3-3) SLA1, SLA2, SLA3 유전자의 PRRSV 공격감염 후 viremia와 증체율과의 상관관계

라. 다양한 면역반응 관련 유전자와 PRRSV 저항성과의 상관관계

- 다양한 바이러스의 감염에 대한 방어에 중요한 것으로 알려진 다양한 유전자와 PRRSV 저항성과의 상관관계를 분석함
- Guanylate-binding protein(GBP)1과 2 유전자는 인터페론과 같은 사이토카인에 의해 유도가 되며 C형 간염바이러스 및 수포성 구내염 바이러스 등의 RNA 바이러스에 대한 방어와 관련이 있는 것으로 밝혀져 있음.
- CD163과 CD169 단백질은 PRRSV의 감염세포인 폐포대식세포에 존재하며 PRRSV의 감염에 가장 중요한 리셉터가 되는 것으로 밝혀져 있음.
- MX1과 USP18는 인플루엔자 등의 바이러스 감염에 대한 저항성에 중요한 유전자로 밝혀져 있으므로 PRRSV에 대한 저항성과의 상관관계를 분석하였음.



(그림 3-3-4) GBP1, USP18 및 MX1 유전자의 PRRSV 공격감염 후 viremia와 증체율과의 상관관계

- Table 3-1-2에서 보인 것과 같이 GBP1 유전자는 감염 후 viremia 농도와 유의성 있게 연관성이 있는 것으로 분석되었고 MX1과 USP18 유전자는 2주 또는 3주간의 증체율과 전체기간의 증체율과 유의성 있게 분석되었음.

(표 3-3-2) 다양한 유전형과 PRRS에 대한 저항성과의 상관관계분석

	Viremia 1주	Viremia 2주	Viremia 3주	Viremia 평균	1주 증체율	2주 증체율	3주 증체율	전체 증체율
GBP1	0.7163	0.01699 *	0.06792	0.1413	0.53437	0.83761	0.761348	0.4892
CD163	0.6775	0.66426	0.5279	0.9244	0.58632	0.4126	0.380528	0.3221
CD169	0.2918	0.55982	0.33418	0.2812	0.77298	0.43305	0.240518	0.3464
MX1	0.5481	0.19748	0.01963 *	0.1567	0.05982	0.18453	0.006978 **	0.03857 *
USP18	0.6601	0.37069	0.49682	0.7719	0.05310	0.03944 *	0.225694	0.9694

- 하지만 Table 3-1-3에서 보인 것과 같이 GBP1, CD163과 CD169의 일부 유전형들은 공격실험을 위해 선발된 동물 그룹에서 수적 불균형이 심하여 유전형을 미리 검사하여 유전형간의 균형을 유지하면서 동물을 선발하는 것이 필요한 것으로 평가됨

(표 3-3-3) 다양한 유전형과 PRRS에 대한 저항성과의 상관관계분석

유전자	유전형	동물수	유전자	유전형	동물수
GBP1	AA	33	CD169	GG	39
	AG	12		AG	9
	GG	5		AA	2
GBP2	CC	45	MX1	DD	29
	CA	2		Dd	14
	AA	3		dd	7
CD163	TT	18	USP18	TT	24
	TC	27		TC	20
	CC	5		CC	5

2. PRRSV 저항성 관련 유전자 마커의 국내 돼지의 분포율 조사

- 연구개발내용: 국내 양돈장에서 유전형의 불균형이 심한 것으로 분석된 GBP와 CD163 유전자들의 국내 양돈장에서 분포율을 조사하고 PRRS 저항성 유전자의 영향을 정확하게 평가하기 위한 공격접종용 돼지들을 선발하고자함

가. Guanylate-binding protein(GBP)1 typing

- Table 3-3-4에서 보인 것과 같이 전국 양돈장 22곳의 689 마리의 돼지에서 채취한 혈액을 이용하여 genomic DNA를 분리한 후 guanylate-binding protein(GBP)1 유전자를 typing 함.
- GBP1 단백질은 인터페론과 같은 사이토카인에 의해 유도가 되며 C형 간염바이러스 및 수포성 구내염 바이러스 등의 RNA 바이러스에 대한 방어와 관련이 있는 것으로 밝혀져 있음.
- PRRSV에 대한 저항성이 높은 것으로 발표된 AG 유전형의 분포율은 0.05-0.52%로 농장별로 매우 다양하였다.

(표 3-3-4) 전국 22개 농장의 689 마리의 돼지들의 GBP1 유전자 typing

Farm No.	GBP1			Total	Minor Allele Freq.	AG Freq.
	AA	AG	GG			
117	18	17	5	40	0.34	0.43
131	8	8	1	17	0.29	0.47
157	15	17	1	33	0.29	0.52
127	16	15	2	33	0.29	0.45
81	12	9	2	23	0.28	0.39
129	13	10	2	25	0.28	0.40
125	10	8	1	19	0.26	0.42
161	23	18	1	42	0.24	0.43
173	23	12	3	38	0.24	0.32
178	16	14	0	30	0.23	0.47
86	23	13	2	38	0.22	0.34
107	14	9	0	23	0.20	0.39
137	23	10	1	34	0.18	0.29
1	13	7	0	20	0.18	0.35
71	29	10	0	39	0.13	0.26
174	29	10	0	39	0.13	0.26

155	23	7	0	30	0.12	0.23
154	32	8	0	40	0.10	0.20
74	25	5	0	30	0.08	0.17
139	20	4	0	24	0.08	0.17
128	11	2	0	13	0.08	0.15
182	33	3	0	36	0.04	0.08
111	18	1	0	19	0.03	0.05

나. Guanylate-binding protein(GBP)2 typing

- 표 3-3-5에서 보인 것과 같이 전국 양돈장 22곳의 689 마리의 돼지에서 채취한 혈액을 이용하여 genomic DNA를 분리한 후 guanylate-binding protein(GBP)1 유전자를 typing 함.
- GBP2 단백질은 인터페론과 같은 사이토카인에 의해 유도가 되며 C형 간염바이러스 및 수포성 구내염 바이러스 등의 RNA 바이러스에 대한 방어와 관련이 있는 것으로 밝혀져 있음.
- GBP2 유전자내 변이는 PRRSV관련 형질에 연관성이 높은 것으로 보고 됨

(표 3-3-5) 전국 22개 농장의 689 마리의 돼지들의 GBP2 유전자 typing

Farm No.	GBP2			Total	Minor Allele Freq.	AG Freq
	GG	AG	AA			
117	20	17	2	39	0.27	0.27
129	13	10	1	24	0.25	0.25
81	14	8	2	24	0.25	0.25
131	10	7	1	18	0.25	0.25
173	24	12	3	39	0.23	0.23
125	13	5	2	20	0.23	0.23
178	17	11	1	29	0.22	0.22
161	25	16	1	42	0.21	0.21
107	17	11	0	28	0.20	0.20
127	23	12	0	35	0.17	0.17
137	23	10	0	33	0.15	0.15
154	31	8	1	40	0.13	0.13
71	29	9	0	38	0.12	0.12
174	32	7	1	40	0.11	0.11
128	11	3	0	14	0.11	0.11
86	30	8	0	38	0.11	0.11
74	25	4	1	30	0.10	0.10
1	16	4	0	20	0.10	0.10
157	27	6	0	33	0.09	0.09
139	21	2	1	24	0.08	0.08
111	17	1	1	19	0.08	0.08
155	28	2	0	30	0.03	0.03
182	39	1	0	40	0.01	0.01

다. CD163 typing

- Table 3-3-6에서 보인 것과 같이 전국 양돈장 22곳의 689 마리의 돼지에서 채취한 혈액을 이용하여 genomic DNA를 분리한 후 CD163 유전자를 typing 함.
- CD163 단백질은 PRRSV의 감염세포인 폐포대식세포에 존재하며 PRRSV의 감염에 가장 중요한 리셉터가 되는 것으로 밝혀져 있음.

○ PRRSV에 대한 저항성이 높은 것으로 평가된 CC 유전형의 분포율은 0.00-0.55%로 농장별로 매우 다양하였다.

(표 3-3-6) 전국 22개 농장의 689 마리의 돼지들의 CD163 유전자 typing

Farm No.	CD163			Total	Minor Allele Freq.	CC Freq.
	TT	TC	CC			
137	1	17	16	34	0.72	0.47
71	5	12	21	38	0.71	0.55
173	4	15	12	31	0.63	0.39
174	5	20	13	38	0.61	0.34
125	2	8	5	15	0.60	0.33
131	2	10	5	17	0.59	0.29
81	2	15	6	23	0.59	0.26
161	5	25	12	42	0.58	0.29
155	4	17	8	29	0.57	0.28
178	1	23	5	29	0.57	0.17
117	8	18	13	39	0.56	0.33
1	3	12	4	19	0.53	0.21
74	5	17	6	28	0.52	0.21
154	9	22	9	40	0.50	0.23
157	9	17	9	35	0.50	0.26
86	9	16	8	33	0.48	0.24
107	6	16	5	27	0.48	0.19
129	8	7	7	22	0.48	0.32
111	4	12	3	19	0.47	0.16
127	8	20	5	33	0.45	0.15
139	5	15	2	22	0.43	0.09
182	13	16	6	35	0.40	0.17
128	7	7	0	14	0.25	0.00

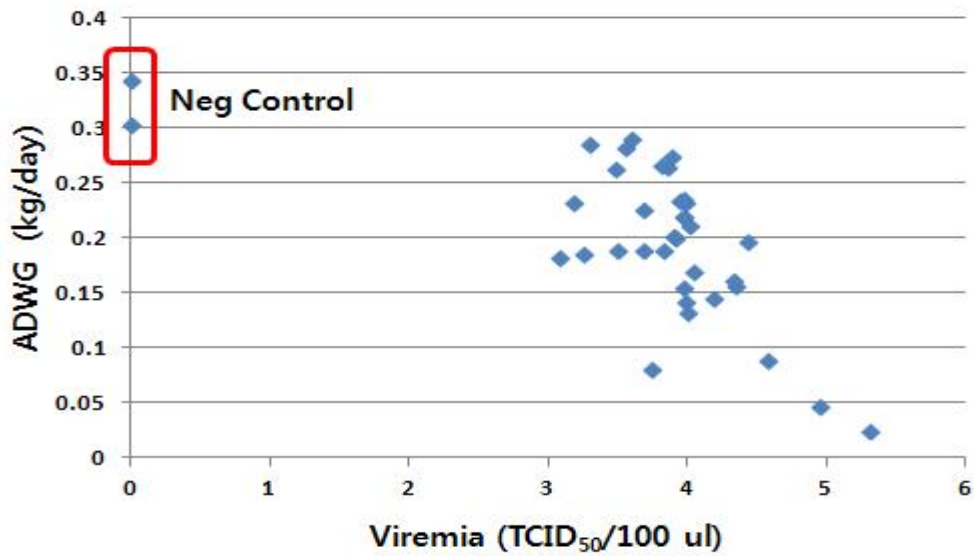
3. 유전형 분석에 의해 선발한 이유자돈을 이용한 PRRSV 저항성 관련 유전자와 PRRSV 공격감염에 의한 실험실적 지표의 상관관계 분석

가. 돼지의 PRRSV 저항성 평가를 위한 동물실험의 실시

- 4주령의 돼지 40마리를 위의 국내 22곳의 양돈장을 검사한 결과 균형 잡힌 비율의 유전형이 검출된 D 농장에서 구입하여 같은 돈방에 사육하고 동일한 사육환경에서 7일간의 순치기간을 둠
- 순치 기간 중 귀조직을 채취하여 각 개체의 유전자 검사 실시
- 순치 후 공격감염 전에 모든 돼지들의 체중을 측정하고 혈액을 채취
- 38 마리의 돼지들에 1×10^3 TCID₅₀/ml로 준비된 북미형 PRRS 바이러스인 JA142 주를 근육주사를 이용하여 공격접종 실시하고 2 마리의 자돈은 음성대조군으로 유지함
- 공격감염 후에는 증체량 (Average daily weight gain: ADWG)를 측정하기 위하여 매주 체중을 측정하고 바이러스의 혈중 농도(viremia)를 측정하기위하여 혈액을 매주 채취
- 공격접종 4주후에 돼지를 안락사 시키고 병리검사를 실시하여 폐의 병변을 확인하고 육안적 병변과 현미경적인 병변을 scoring함. 폐, 편도, 림프절 등을 수거

나. 혈중바이러스 농도(Viremia)와 일당 증체율의 상관관계

- 바이러스를 접종하지 않은 두 마리의 자돈에서는 혈중에서 바이러스가 검출되지 않았고 25일간의 실험기간 동안 일당 0.3 kg 이상의 증체율을 보임 (그림 3-3-5)
- 바이러스를 접종한 38 마리의 자돈들에서는 다양한 수준의 증체율과 혈중 바이러스 농도를 보였으며 그중 5 마리의 자돈에서 폐사가 관찰되었으며 폐사돈은 상대적으로 높은 수준의 혈중 바이러스 농도와 낮은 수준의 증체율이 관찰됨



(그림 3-3-5) 유전형 검사에 의해 선발된 돼지 40마리에 JA142를 접종한 후 4주 동안 혈중바이러스 농도(viremia)와 증체량(ADWG)의 상관관계

다. PRRSV 공격감염에 의한 다양한 유전형과 PRRS 저항성과의 상관관계 분석

- 선발된 자돈들의 GBP1, CD163 과 MX1 유전자에 대한 유전형의 분포를 분석한 결과 저항성과 관련되었다고 예상되는 GBP1 AG 유전형, CD163 CC 형, MX1 DD 유전형의 분포가 상당히 균형적인 것으로 분석됨(표 3-3-7)
- GBP1, CD163 과 MX1 유전자의 유전형과 혈중 바이러스 농도와 증체율을 분석한 결과 CD163 유전형이 바이러스 감염 후 18일에 검출된 혈중 바이러스 농도와 유의적으로 관련이 있는 것으로 분석되었으며(표 3-3-8) CD163 CC 유전형이 PRRSV에 대한 저항성이 높은 것으로 분석되었음(그림 3-3-6)
- GBP1 유전형은 바이러스 감염 후 11과 18일에 검출된 혈중 바이러스 농도와 유의적으로 관련이 있는 것으로 분석되었으며 바이러스 감염 후 4주의 증체율과 전체 실험기간 동안의 증체율과 유의성 있게 연관된 것으로 분석되었으며(표 3-3-8) GBP1 AG 유전형이 PRRSV에 대한 저항성이 높은 것으로 분석 되었음(그림 3-3-6)

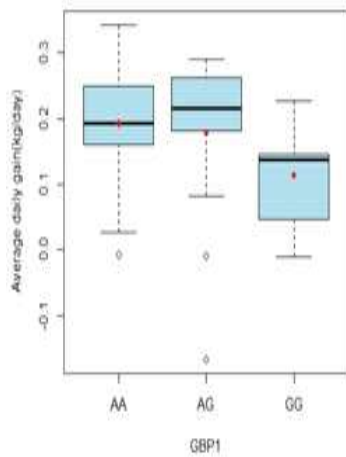
○ MX1 유전형은 혈중 바이러스 농도와 증체율과는 유의성 있는 관련이 없는 것으로 분석되었음.

Table 3-3-7. 유전형 검사에 의해 선발된 자돈 40 마리의 GBP1, CD163 및 MX1 유전자 분포율

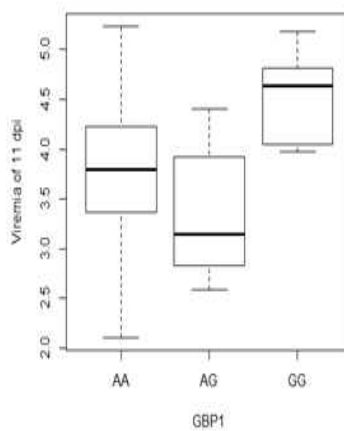
유전자	유전형	동물수
GBP1	AA	18
	AG	14
	GG	6
	TT	5
CD163	TC	16
	CC	17
	DD	32
MX1	Dd	6
	dd	0

Table 3-3-8. 유전형 검사에 의해 선발된 자돈 40 마리의 PRRS 저항성과의 관계

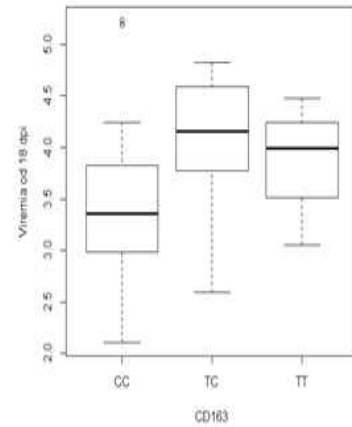
유전형	2주 증체율	4주 증체율	전체 증체율	Viremia 4일	Viremia 11일	Viremia 18일	Viremia 25일	Viremia 평균
CD163	0.265	0.129	0.257	0.929	0.693	0.097	0.256	0.345
GBP1	0.348	0.0278 *	0.0868	0.131	0.0246 *	0.00427 **	0.214	0.11
MX1	0.167	0.421	0.165	0.212	0.22	0.156	0.731	0.597



<GBP1 유전형과 전체 증체율>



<GBP1 유전형과 11일 viremia>



<CD163 유전형과 18일 viremia>

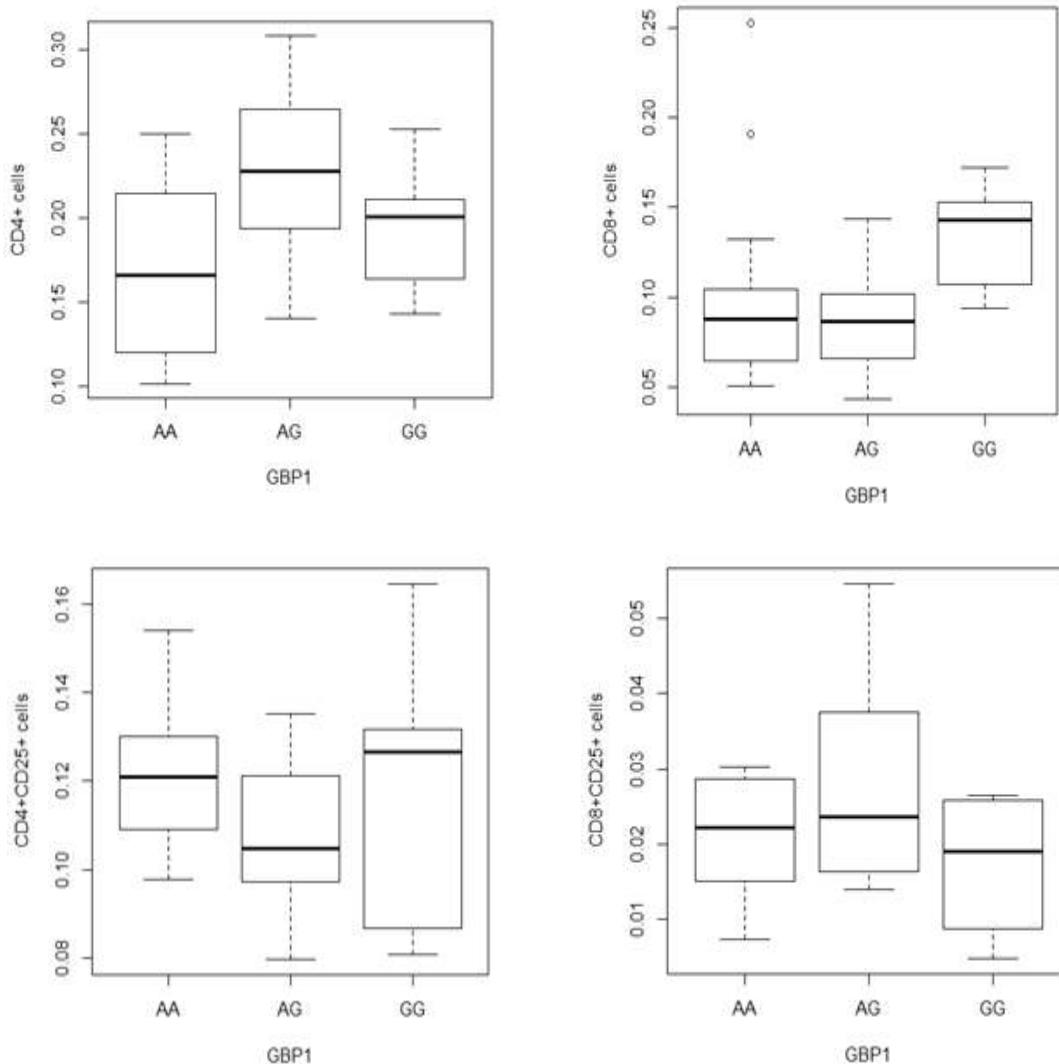
(그림 3-3-6) 유전형 검사에 의해 선발된 돼지 40마리에 JA142를 접종한 후 4주 동안 혈중바이러스 농도(viremia)와 증체량(ADWG)의 상관관계

라. PRRSV 공격감염에 의한 다양한 유전형과 T cell 반응의 상관관계 분석

- CD163과 GBP1의 PRRSV에 대한 높은 저항성의 기전을 이해하기 위하여 T cell의 면역반응을 분석한 결과 특히 GBP1 유전형은 바이러스 감염 18일에 CD4 T cell, CD8 T cells, 감작 CD4 T cell(CD4+CD25+)과 감작 CD8 T cells(CD8+CD25+)의 발현과 유의성있게 연관되어있는 것으로 분석되었음(표 3-3-9)
- GBP1 AG 유전형은 바이러스 감염 후 높은 수준의 CD4 T cell 발현과 감작 CD8 T cell의 발현을 효과적으로 유도하는 것으로 분석되었고 다소 낮은 수준의 CD8 T cells과 감작 CD8 T cells의 발현을 유도하는 것으로 관찰되었다(표 3-3-9, 그림 3-3-7)

(표 3-3-9) 유전형 검사에 의해 선발된 돼지 40마리에 JA142를 접종한 후 18일에 수거한 T cell 반응과 GBP1, CD163 및 MX1 유전형과의 연관관계

Genotype	CD4+		CD8+		CD4+CD25+		CD8+CD25+		CD8+ $\gamma\delta$ TCR		
	mean	s.d	mean	s.d	mean	s.d	mean	s.d	mean	s.d	
CD163	CC	18.62	4.72	9.08	3.78	11.48	1.35	2.28	0.94	0.48	2.19
	TC	18.16	5.81	10.10	5.67	12.05	1.90	2.65	1.22	6.03	1.74
	TT	22.86	5.15	9.74	0.92	12.29	3.43	2.11	0.48	4.78	1.41
GBP1	AA	17.18 ^b	5.02	9.77 ^{ab}	5.31	12.03 ^a	1.58	2.12 ^{ab}	0.73	5.78	1.40
	AG	21.75 ^a	5.25	8.27 ^b	2.66	10.83 ^b	1.58	2.85 ^a	1.35	5.85	2.63
	GG	18.07 ^{ab}	3.29	12.51 ^a	2.88	13.73 ^{ab}	1.86	2.255 ^b	0.42	5.58	1.96
Mx1	Dd	19.85	4.30	8.80	2.95	11.01	1.00	2.46	0.87	6.61	2.46
	DD	18.75	5.52	9.73	4.65	11.98	1.96	2.39	1.06	5.60	1.80



(그림 3-3-7) 유전형 검사에 의해 선발된 돼지 40마리에 JA142를 접종한 후 18일에 수거한 T cell 반응과 GBP1 유전형과의 연관관계

마. PRRSV 공격감염에 의한 다양한 유전형과 폐 바이러스 농도 및 폐병변의 상관관계 분석

○ CD163과 GBP1 유전형은 바이러스 감염 후 25일 후에 부검을 실시하여 채취한 폐의 육안적 병변과 유의성 있는 관련성이 관찰되었으나 폐에서 검출된 바이러스의 농도와는 유의성있는 상관관계가 관찰되지 않았다 (표 3-3-10).

표 3-3-10. 유전형 검사에 의해 선발된 돼지 40마리에 JA142를 접종한 후 25일에 부검을 실시하고 수거한 폐의 바이러스 농도 및 폐병변과 GBP1, CD163 및 MX1 유전형과의 연관관계

유전형	폐 바이러스 농도	폐병변
CD163	0.9816	0.05264
GBP1	0.9816	0.07989
MX1	0.9816	0.85994

4. 국내 양돈농장의 질병발생 조사 및 분석결과

가. 검사대상 양돈장의 질병 및 검사방법

(표 3-3-11) 모니터링 대상 돼지농장 정보

돼지농장	지역	사육규모	이전 병력	비고
A	전북 김제	25,000두	PRRS, PCV2 양성	
B	경북 성주	20,000두	PRRS, PCV2, APP 양성	
C	전남 무안	5,000두	PRRS, PCV2, 양성	
D	전북 진안	10,000두	PRRS, PCV2, 대장균, 살모넬라 설사증, PED 양성	
E	경북 경산	10,000두	PRRS, PCV2 양성	
F	경기 평택	15,000두	PRRS, PCV2 양성	

(표 3-3-12) 돼지농장의 모니터링 대상 질병에 대한 검사방법

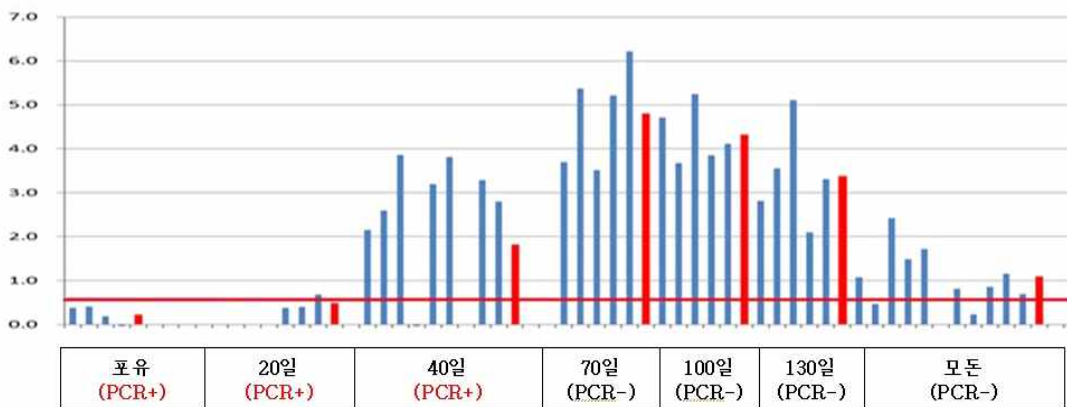
질병명	검사방법		비고
	항원	항체	
돼지생식기호흡기증후군(PRRS)	RT-PCR	ELISA	
돼지썩코바이러스병(PCV2)	PCR	ELISA	
돼지인플루엔자(SIV)	RT-PCR	ELISA	
돼지유행성설사병(PED)	RT-PCR	-	
돼지로타바이러스	RT-PCR	-	
살모넬라	균 분리동정	ELISA	
대장균	균 분리동정	ELISA	
홍막폐렴(APP)	균 분리동정	ELISA	



(그림 3-3-8) 질병 모니터링 대상 돼지농장 사진

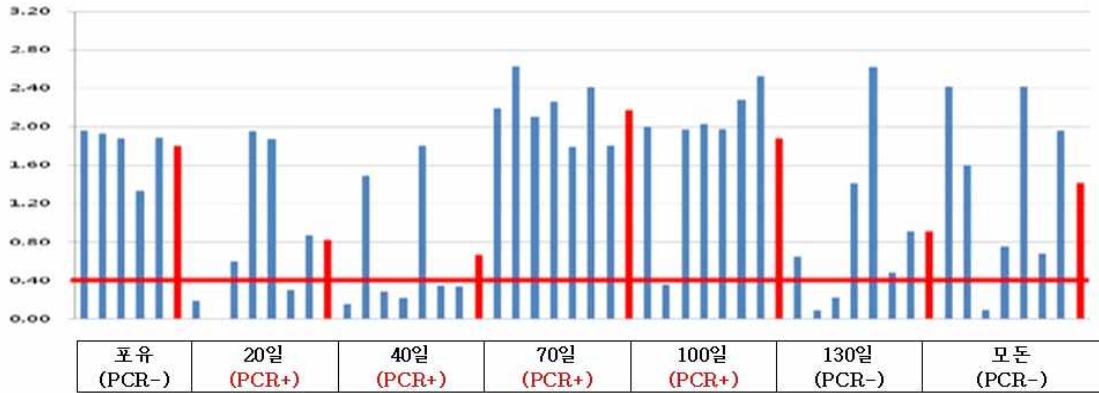
나. 질병 모니터링 결과

○ B 농장을 2012년 9월에서 2013년 5월까지 포유, 이유, 육성, 모돈, 후보돈 및 웅돈 250두를 검사한 결과 PRRS 바이러스가 포유, 이유 및 40일령 육성돈군에서 발견되었으며, PCV2는 항원음성을 유지하였고, 기타 모니터링 대상 질병들은 검출되지 않았다.



(그림 3-3-9) B 농장의 PRRS 항원 및 항체 검사 결과, Y축은 ELISA 결과 OD값을 나타내며, 0.4 이상 양성으로 판독. 붉은색 바는 각 구간의 평균항체가를 나타냄

○ F 농장의 2012년 9월에서 2013년 5월까지 포유, 이유, 육성, 모돈, 후보돈 및 웅돈 200두를 검사한 결과 40~100일령의 육성 및 비육돈에서 PRRS 바이러스가 발견되었으며, PCV2는 항원음성을 유지하였다. 70~130일령의 육성 및 비육돈에서 설사증이 발생하였으며, chloramphenicol, gentamycin, tylosin, ceftiofur, tetracycline 등 다양한 항생제에 높은 저항성을 가지는 살모넬라가 분리되었으나 다른 모니터링 대상 질병은 발생하지 않았다 (그림 3-3-9).



(그림 3-3-10) F 농장의 PRRS 항원 및 항체 검사 결과. Y축은 ELISA 결과 OD값을 나타내며 0.4 이상 양성으로 판독. 붉은색 바는 각 구간의 평균항체가를 나타냄

(표 3-3-13) 모니터링 및 현장적용 대상으로 선정된 돼지농장 정보

돼지농장	지역	사육규모	현장 상재 질병	현장적용 대상	비고
A	전북 김제	25,000두	PRRS 안정화 단계	x	PRRS 감염이 비지속적임
B	경북 성주	20,000두	PRRS, 살모넬라 양성	○	PRRS 분석에 적합
C	전남 무안	5,000두	PRRS 안정화 단계	x	PRRS 감염이 비지속적임
D	전북 진안	10,000두	PRRS 안정화	x	상재 질병 없으므로 제외
E	경북 경산	10,000두	APP, 병원성 대장균 양성	x	PRRS는 현재 음성
F	경기 용인	15,000두	PRRS 양성	○	PRRS 분석에 적합

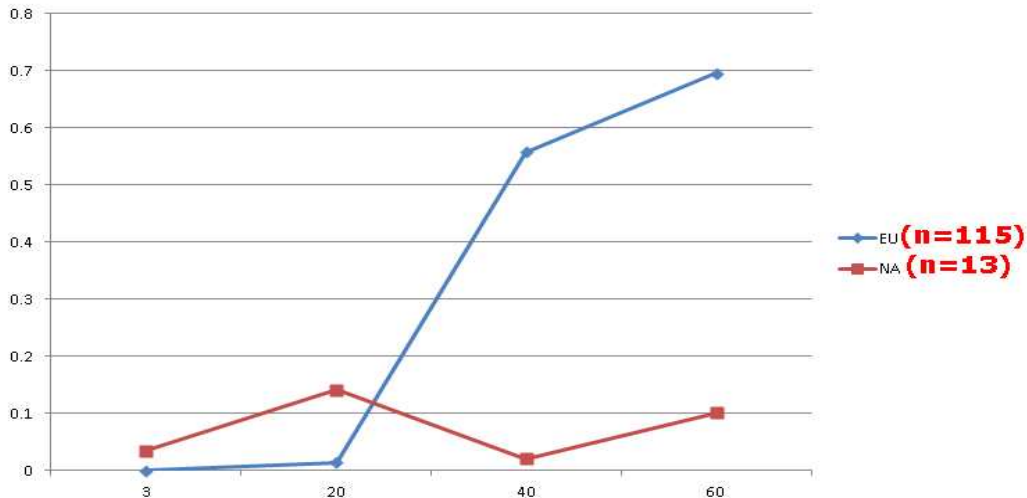
5. PRRS 저항성 유전자의 실재 양돈농장 적용 및 평가

가. 경북 성주 소재 B 양돈장은 PRRS에 지속적인 감염을 보이는 20,000두 규모의 양돈장으로 선정하였고 18마리의 모돈을 선정하여 분만 전 유전자 분석을 위해 모근을 채취하였고 분만 후 221마리의 자돈을 대상으로 실험을 다음과 같이 진행하였다.

(1) 실험방법

- 분만 후 3일에 자돈의 유전자 분석을 위하여 단미 조직을 채취하였고 분만 후 3, 20, 40, 60일에 각각 모든 자돈의 체중을 측정하고 혈액을 채취하였음.

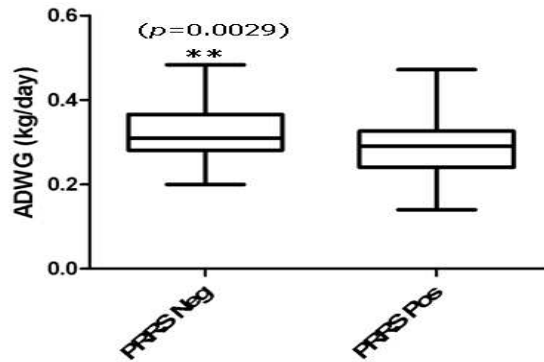
- 실험기간동안 폐사 또는 측정 에러가 발생한 22마리를 제외한 199 마리의 유전자 분석 결과, 혈중 바이러스 농도와 일당증체량을 분석하여 PRRS 저항성 유전자 마커의 유효성을 평가함.
- 분만 후 3일에서 60일까지의 모든 자돈의 혈액을 PRRSV real-time PCR로 검사한 결과 총 128마리에서 PRRSV를 검출하였고 이 중 115마리는 유럽형 바이러스에 양성을 13마리는 북미형 바이러스에 양성을 보였음. 유럽형 바이러스는 이유 후 40일령에 감염이 시작되어 60일까지 혈중바이러스 농도가 급격하게 증가하는 경향을 보인 반면 북미형 바이러스는 3일령의 포유자돈에서 처음 검출되어 60일령까지 꾸준하게 검출되는 경향을 보여줌 (Figure 3-5-1).



(그림 3-3-11) The average levels of viremia in pigs from B farm during 3-60 days after birth

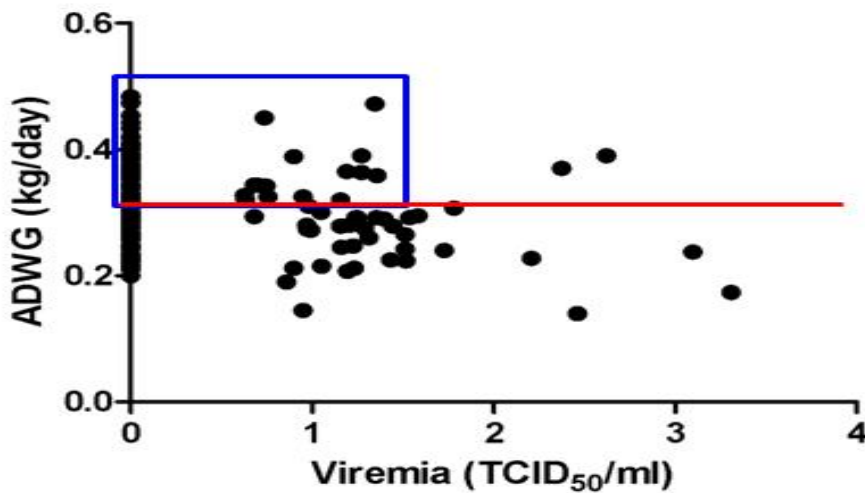
(1) 실험결과

- PRRS 양성 자돈과 음성 자돈의 일당증체량(ADWG)를 분석한 결과 PRRS 음성을 유지하고 있는 자돈의 평균 일당증체량은 PRRS 양성에 비교하여 일당 약 20g 이상 높은 것으로($p < 0.01$) 분석되었으며 30g 이상의 일당증체량이 해당농장에서 높은 수준의 증체량인 것으로 관찰되었음 (그림 3-3-12).



(그림 3-3-12). Average daily weight gains(ADWG) in pigs from B farm during 3-60 days after birth

- 모든 자돈의 혈중 바이러스 농도와 일당증체량(ADWG)의 상관관계를 분석한 결과 PRRSV에 감염되었음에도 불구하고 비교적 낮은 수준의 혈중 바이러스 농도(<100 TCID₅₀/ml)를 보이며 PRRS 음성 자돈의 평균 일당증체량 이상(>30 g/day)의 증체량을 보이는 자돈들이 관찰되었다 (그림 3-3-13).



(그림 3-3-13). Correlation between viremia and ADWG of pigs from B farm during 3-60 days after birth

- 모든 자돈에서 PRRS 저항성 유전자 후보인 GBP1과 GBP2의 유전자를 검사한 결과 DD 타입이 124 마리 또는 135마리로 대부분을 차지하였고 Dd가 59마리 또는 56마리가 관찰되었으며 dd 타입이 1 마리 또는 5마리가 관찰되었다 (표 3-3-14).

(표 3-3-14) Summary of weight gain after weaning based on genotype

Genotype	GBP1			GBP2		
	mean	std	n	av	std	n
DD	0.3496	0.0850	124	0.3526	0.0972	135
Dd	0.3666	0.1017	59	0.3740	0.0770	56
dd	0.3125	.	1	0.4138	0.0688	5

Note: D is the major allele, d is the minor allele

- 자돈의 GBP1과 GBP2 유전형과 PRRS 감염여부 및 저항성 여부를 비교한 결과 GBP1 또는 GBP2의 dd 타입의 자돈들이 PRRS 바이러스에 대한 감수성이 낮은 것으로 관찰 되었으며 PRRS 바이러스에 감염된 후에도 다른 돼지들과 비교하여 낮은 혈중바이러스농도와 높은 일당증체량을 보였다 (Table 3-5-2).

(표 3-3-15) Allele frequency comparison

	GBP1				GBP2			
	DD (AA)	Dd (AG)	dd (GG)	d_Freq.	DD (CC)	Dd (AC)	dd (AA)	d_Freq.
PRRS neg	47	25	1	0.7397	48	27	2	0.8052
PRRS pos	77	34	0	0.6126	87	29	3	0.5882

Note: D is the major allele, d is the minor allele

나. PRRS 관련 평가를 실시하기위해 선정된 경기 용인 소재 F양돈장을 대상으로 PRRS 저항성 유전자와 PRRS 저항성에 대한 평가를 실시하였는데 실험방법은 다음과 같다.

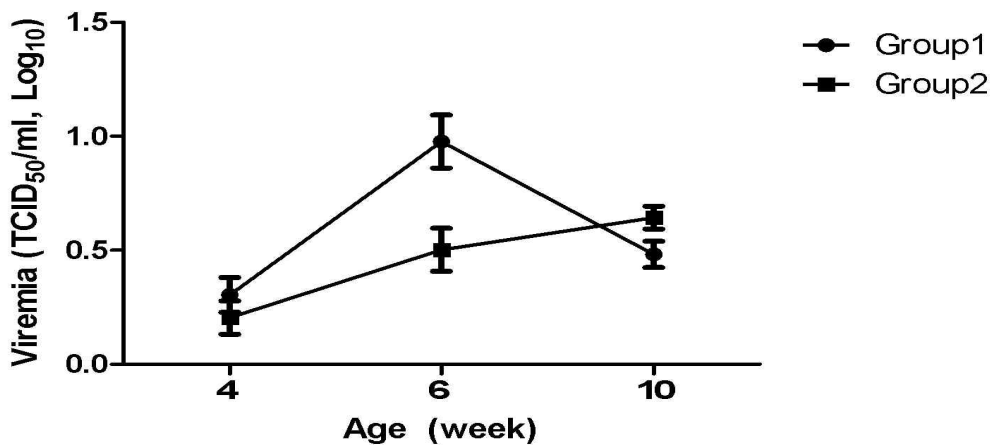
(1) 실험방법

- 자돈 50마리를 선정하여 두차례에 걸쳐 총 100마리의 자돈을 이용하여 평가를 실시함. 10주까지 관찰 기간 동안 그룹1과 그룹2에서 4마리 또는 2마리의 자돈이 각각 폐사하였음.
- 4주령의 자돈을 무작위로 선정하여 이유 전에 이표를 부착하고 유전자 분석을 위하여 귀조직을 채취함.

- PRRS 저항성 유전자 마커의 유효성을 평가하기 위하여 4, 6, 10주에 모든 자돈의 체중을 측정하여 일당체중증체량을 분석하고 채혈한 혈액을 PRRSV real-time PCR로 검사하여 혈중바이러스농도를 분석하고 검사 결과를 자돈의 유전형과 비교하여 분석함.

(2) 실험결과

- 4, 6, 10주에 채혈한 혈액의 혈중 바이러스 농도를 측정한 결과 그룹1과 그룹 2 모두 4주에 혈중에 바이러스가 검출되었으며 그룹1의 자돈들에서는 6주에 최고치의 혈중바이러스농도가 관찰된 반면 그룹2의 자돈들에서는 10주에서 가장 높은 혈중바이러스농도가 관찰되어 4주부터 지속적인 증가추세를 보임 (그림 3-3-14). 6주를 제외하고는 두 그룹간의 바이러스 혈중농도의 차이는 발견되지 않았음.



(그림 3-3-14) The levels of Viremia in pigs from group1 and group2

- 채취한 혈청의 PRRSV 특이 항체를 ELISA(AniGen)으로 검사해 본 결과 두 그룹의 4주령 자돈에서는 비슷한 양성률과 평균 항체가를 보였으나 그룹2의 6주령자돈에서는 PGA 처치 그룹의 양성률은 38%로 그룹1의 58.3%에 비해 유의성 있게 낮았고 평균 항체가도 낮았음. 하지만 10주령에서는 양성률과 평균 항체가가 두 그룹 모두 비슷하여 그룹2의 자돈은 6주 이후에 많은 개체가 PRRSV에 감염이 된 것을 관찰할 수 있었음(표 3-3-15).

(표 3-3-15) PRRSV-specific antibody measured by ELISA

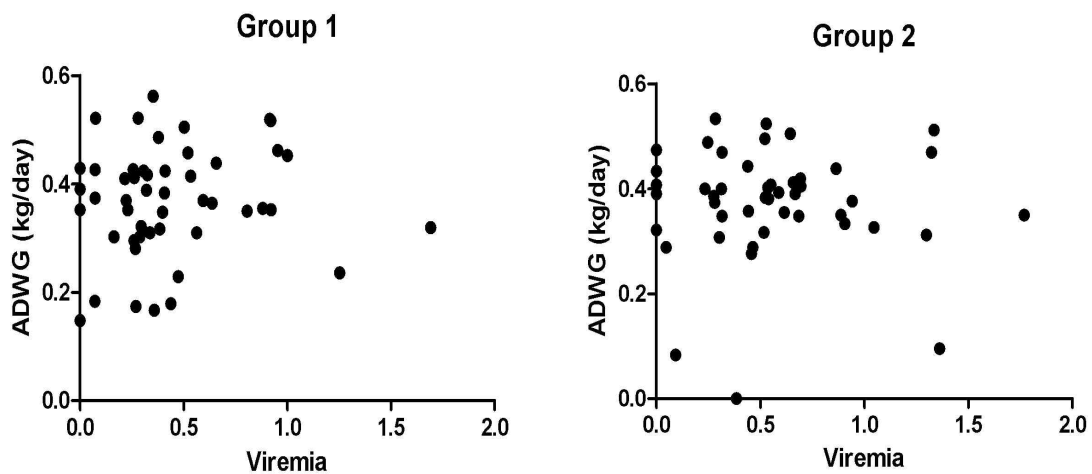
	Group 1			Group 2		
	4주	6주	10주	4주	6주	10주
S/P mean	0.360562	1.173891	2.786997	0.368108	0.763068	3.046103
No. of positive pigs (%)	11/50 (22%)	28/48 (58.3)	45/46 (97.8)	9/50 (18)	19/50 (38)	48/48 (100)
No. of seroconversion (%)		18/48 (37.5)	19/46 (41.3)		10/50 (20)	30/48 (62.5)

○ 그룹1과 그룹2 자돈들의 4주에서 10까지의 일당 증체량(ADWG)를 분석한 결과 두 그룹 모두 유사한 증체량을 보였음(Table 3-3-16).

(표 3-3-16) Average daily weight gain of pigs

	Ave. of ADWG (kg/day)	Std	N
Group 1	0.3728	0.1076	46
Group 2	0.3682	0.1019	48

○ 두 그룹 자돈들의 일당증체량과 혈중바이러스농도의 상관관계를 분석한 결과 PRRSV에 감염되었음에도 불구하고 비교적 낮은 수준의 혈중 바이러스 농도(<100 TCID50/ml)를 보이며 PRRS 음성 자돈의 평균 일당증체량 이상(>30 g/day)의 증체량을 보이는 자돈들이 두 그룹 모두에서 다수 관찰되었음(그림 3-3-15).



(그림 3-3-15) The levels of Viremia in pigs from PGA or no treatment groups

- 모든 자돈에서 PRRS 저항성 유전자 후보인 GBP1의 유전자를 검사한 결과 그룹1 또는 그룹2에서 DD 타입이 22마리 또는 26마리로 대부분을 차지하였고 Dd가 13마리 또는 8마리가 관찰되었으며 dd 타입은 관찰되지 않았음. 또한 GBP2의 유전자를 검사한 결과 그룹1 또는 그룹2에서 DD 타입이 32마리 또는 33마리로 대부분을 차지하였고 Dd가 15마리 또는 16마리가 관찰되었으며 dd 타입은 0마리 또는 1마리가 관찰되었음(표 3-3-17).

(표 3-3-17) Allele frequency comparison

	GBP1				GBP2			
	DD (AA)	Dd (AG)	dd (GG)	d_Freq.	DD (CC)	Dd (AC)	dd (AA)	d_Freq.
Group1	22	13	0	0.1857	32	15	0	0.1596
Group2	26	8	0	0.1176	33	16	1	0.1800

Note: D is the major allele, d is the minor allele

- PRRS 저항성 유전형으로 예상되는 dd 유전형의 자돈이 평가에 이용한 94마리의 자돈 중 1마리만 관찰이 되어 통계적인 분석에 어려움이 있으나 dd 유전형의 자돈은 다른 자돈과 비교하여 상대적으로 높은 일당 증체량과 낮은 혈중바이러스농도를 보였음.

제4절 한국형 고효율 종돈계통조성

1. 종돈의 계통조성 및 개량 방법

가. 기초돈군 조성

- 본 연구에서 활용한 A종돈장은 호남지역에 위치한 생산자 조합이며 1993년~1995년 사이에 스웨덴에서 종빈돈 108두, 북아일랜드에서 112두, 미국에서 111두 등 총 331두, 종모돈은 스웨덴과 북아일랜드에서 각각 24두, 미국에서 61두 등 총 109두를 수입해 기초 돈군을 조성하였다.
- 1994년부터 본격적으로 농장검정을 실시하는 한편, 1995년부터 계통조성을 실시해왔고, 2000년 농림부 종돈업 육성사업에 참여해 GGP 돈군을 재조성해 2001년부터 3개 품종별 각각 4개 라인을 구분해 본격적인 계통조성사업을 시작했다. 품종별 모돈 두수는 랜드레이스 100두, 대요크셔 300두, 듀록 100두로 또한 각 계통별 웅돈의 두수는 각 계층별 5두로 시작했다.

나. 계통조성

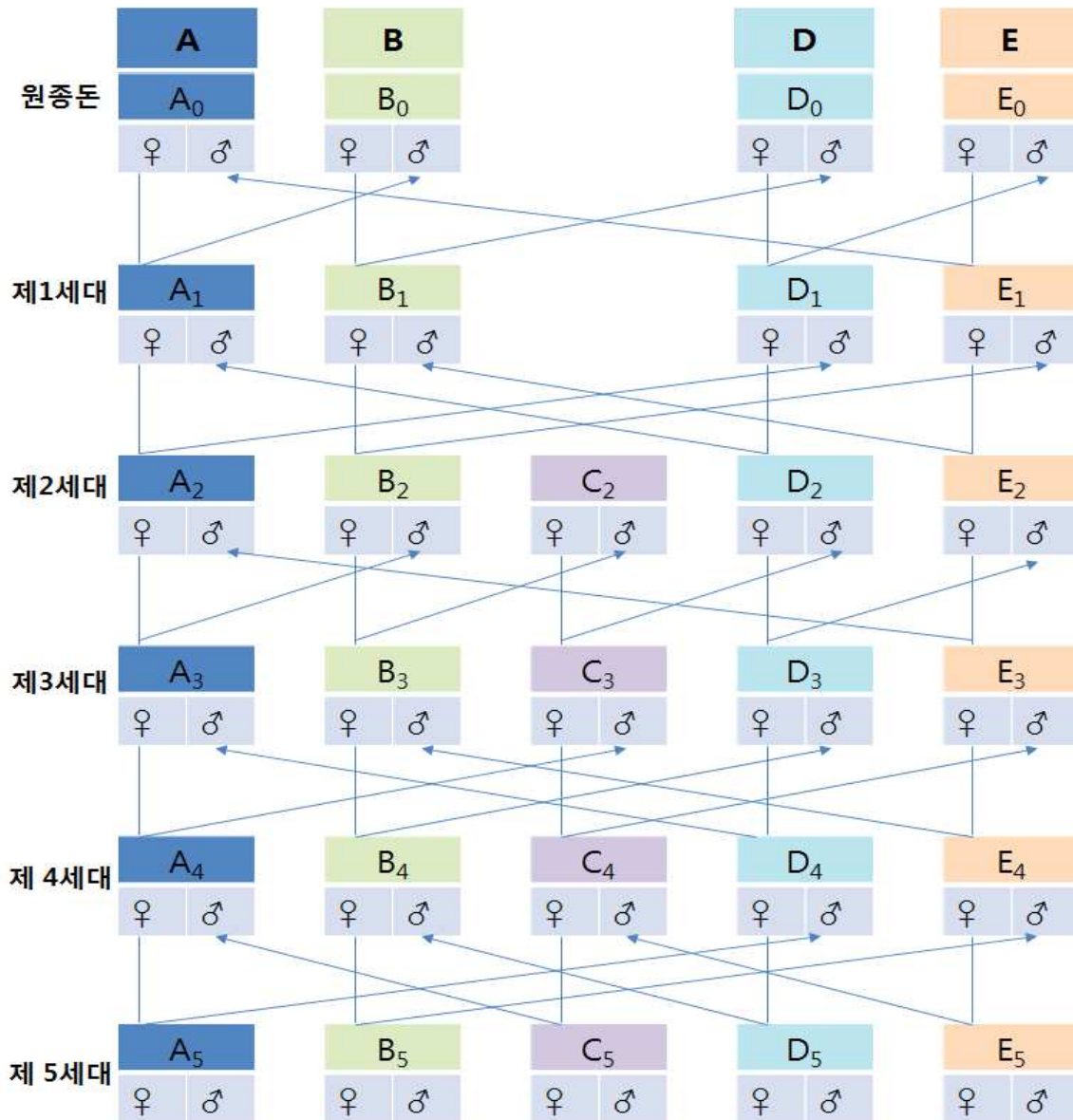
- 근친 교배를 근간으로 유전자가 균일하면서 어떤 특징을 갖는 축군을 형성시켜 가는 과정이고 계통군이란 계통조성 돈군간의 계획적인 교배에 의하여 생산된 돼지로서 유전적 및 생산물의 균일성을 갖는 돼지를 말한다.
- 현대 양돈의 비육돈 생산 방식은 잡종 강세 효과를 이용한 잡종 교배 방식을 이용하는데, 순종의 순수도가 높아질수록 잡종 강세의 효과가 높아지기 때문에 계통조성 방법은 가장 현실적인 방법이라고 할 수 있다.
- 또한 유전적 능력이 유사하고 체격과 체중이 균일한 계통 조성이 된 종돈을 활용할 경우 대량으로 도축하고 가공하는 가공업체와 고기를 판매하는 유통업체의 경우, 균일한 지육중량과 크기의 지육과 일정한 고기의 품질을 생산할 수 있다.
- 현재 국내의 순종돈군 수요대비 대부분을 수입에 의존하고 있으므로 수입종돈을 무질서하게 교배시키게 되면 근친도가 급격히 높아져서 짧은 기간에 혈연 계수가 올라가므로 수시로 종돈을 수입하지 않으면 안 되게 된다. 계통 조성은 종돈을 체계적으로 교배시켜 기존 보유 종돈과 함께 근친도를 적절히 유지하면서 유전적 개량을 극대화 시키는 도구로 사용할 수 있는 가장 효과적인 방법이라고 할 수 있다.

(표 3-4-1) 연도별 국내 종돈수입 두수 및 금액

(단위 : 두/천불)

구분	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	
미 국	993	635	592	303	366	2,992	404	
캐나다	736	894	475	532	633	4,179	2,099	
덴마크	89	41	46	-	46	-	92	
프랑스	-	142	149	90	334	-	-	
계	두수	1,850	1,832	1,262	944	1,379	7,171	4,744
	금액(천\$)	3,538	3,629	2,718	2,033	2,970	10,895	5,914

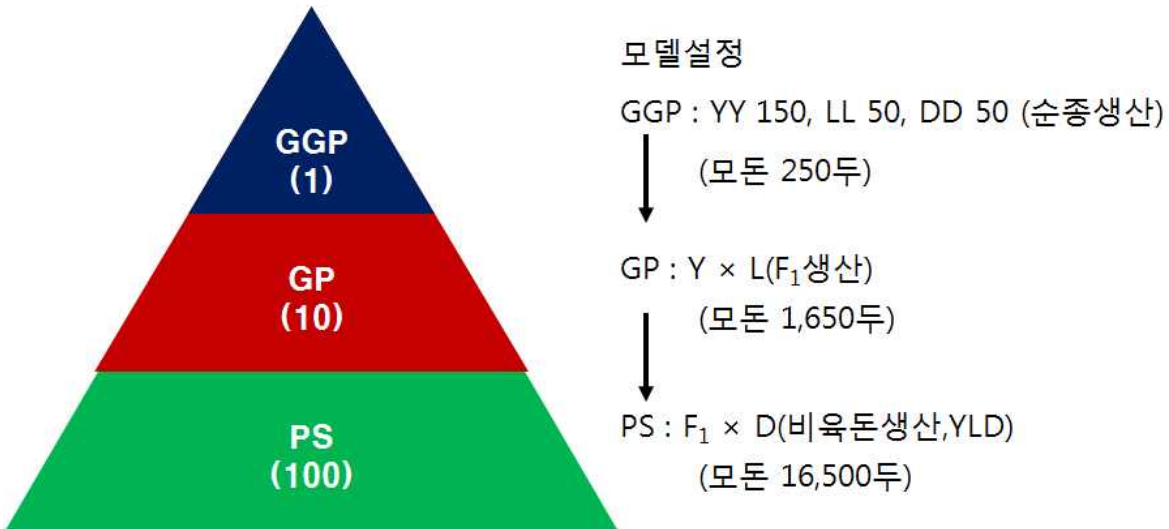
(자료 : 한국종축개량협회)



(그림 3-4-1) 계통조성 및 유지를 위한 가계별 교배 체계도

다. 유전적 개량량 및 정확도 비교

- GGP농장(순종)만 분석했을 때와 GGP-GP농장(F1생산)과 GGP-GP-PS농장(비육돈생산농장)을 연계하여 분석하였을 때의 유전적 개량량과 정확도를 비교 분석 실시하였다.



여기서 ()는 번식모돈 두수의 비율을 나타냄

(그림 3-4-2) 종돈 개량피라미드

- 본 연구의 시뮬레이션 데이터 생성을 위하여 QMSim 프로그램(Sargolzaei & Schenkel, 2009)을 이용하였다.

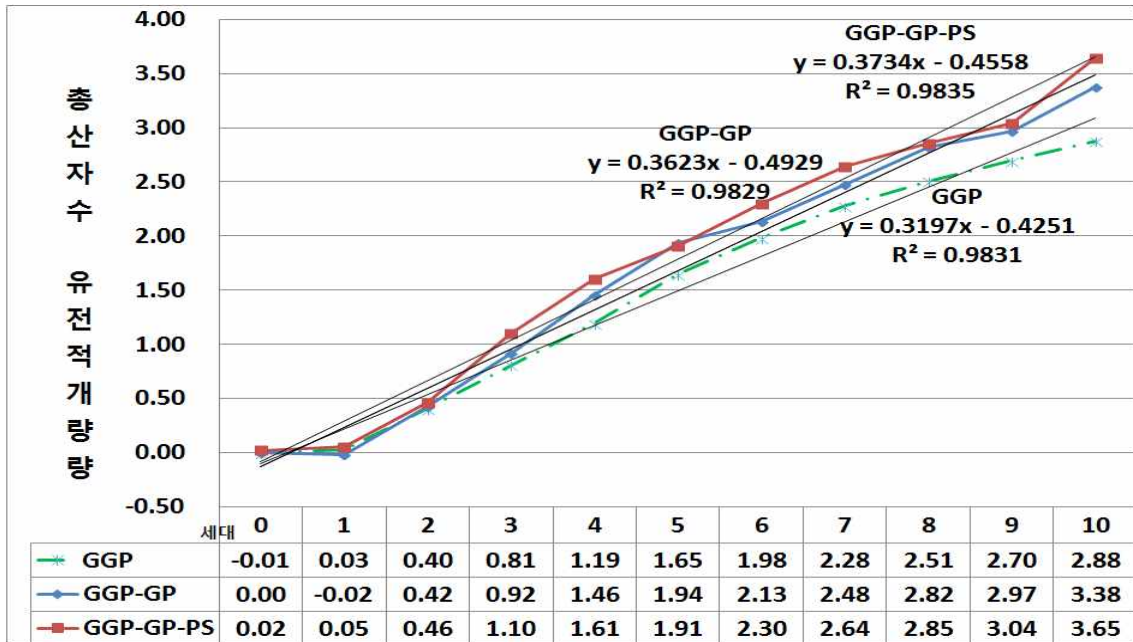
※ QMSim프로그램 활용

- 교배방법 : positive assortative mating
- 선발 : 종모돈 선발 5%이내, 종빈돈 선발 40%이내
- 선발기준 : EBV(estimated breeding value)
- 반복수 : 10회
- 세대수 : 10세대

(표 3-4-3) 시뮬레이션 모형에서 모수

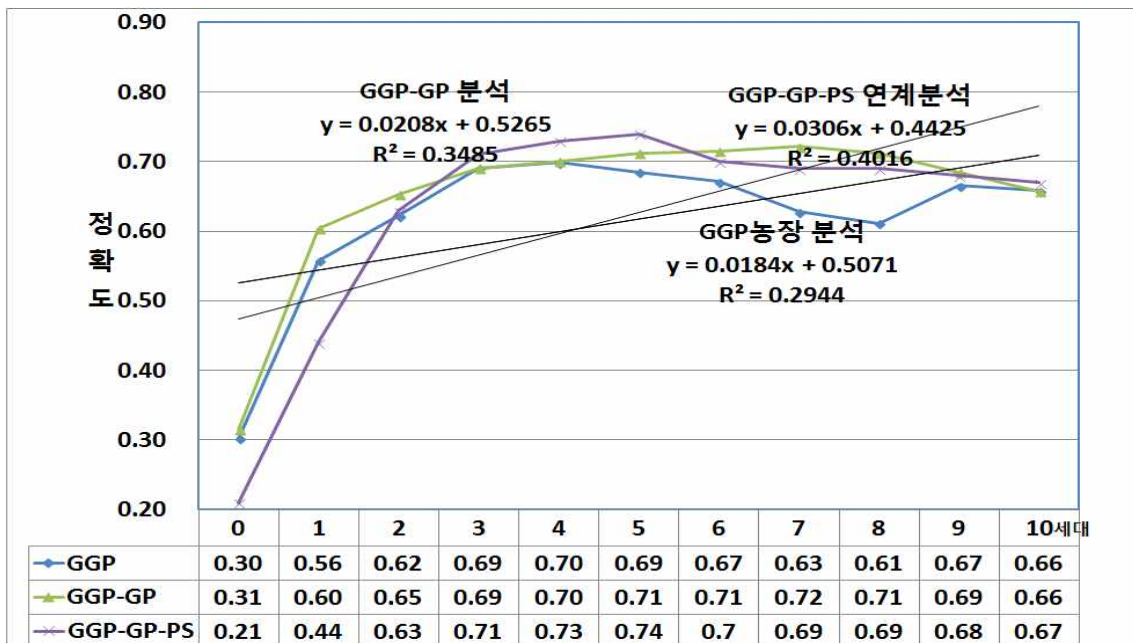
structure		Parameters
Historical population	Number of generation	10
	Number of animals	100(0) - 2100(2000)
	Total number of animals	250, 1650, 16,500
Recent population	Heritability	0.15
	Phenotypic variance	1

- GGP-GP-PG농장을 연계하여 분석하는 것이 GGP-GP농장 및 GGP농장만을 분석하는 것보다 유전적 개량량이 각각 3%, 16% 증가하였으며, GGP-GP농장을 연계하여 분석하는 것이 GGP농장만을 분석하는 것보다 유전적 개량량이 13% 증가하였다.



(그림 3-4-3) 유전적 개량량 추세

- GGP-GP-PG농장을 연계하여 분석하는 것이 GGP-GP농장 및 GGP농장만을 분석하는 것보다 정확도 각각 47%, 66%가 증가하였으며, GGP-GP농장을 연계하여 분석하는 것이 GGP농장만을 분석하는 것보다 정확도가 13% 증가하였다.



(그림 3-4-4) 정확도(accuracy) 추세

라. 종돈업체별 계통조성을 위한 종돈생산기반 DB 구축

- 대부분 종돈장 업체는 종돈 선발 및 개량을 할 때 GGP 농장의 순종돈의 능력 데이터만을 분석해서 유전능력을 개량하고 있다. 실제 일반 비육농장(PS)에서 사용하는 후보돈은 GP 농장에서 생산된 F1 후보돈을 구입하여 비육돈 생산에 사용한다.
- 따라서 GP 농장의 모돈과 PS 농장의 모돈 두수는 GGP 농장 모돈두수보다 10배 이상 많다. 그렇기 때문에 GGP 농장만의 자료를 사용하는 것 보다 GP 농장과 PS 농장의 모든 데이터를 연계해서 사용할 수 있다면 종돈 개량의 속도를 훨씬 빠르고 정확도 높은 개량을 할 수 있다.
- GGP-GP-PS 농장을 모두 연계된 데이터베이스를 구축을 하기 위해서는 무엇보다도 사용하기 쉬운 프로그램과 정확한 데이터 유지가 매우 중요하다. 농림수산식품부 연구과제 “돼지고기 원산지 판별기술 개발(과제번호:20083092)”에서 이력추적 연계를 위한 프로그램으로 개발된 “픽디자이너(PigDesigner)”를 기본으로 본 연구과제에서는 종돈장 육종가를 분석하는 BLUP 기능을 추가하여 유전능력분석기능을 실시간으로 처리할 수 있게 기능을 확장하였고, GGP-GP-PS 농장의 번식기록을 통합하는 프로그램을 설계했다.



(그림 3-4-5) 초기 버전 ‘픽디자이너’ 첫 화면 및 자료입력 화면

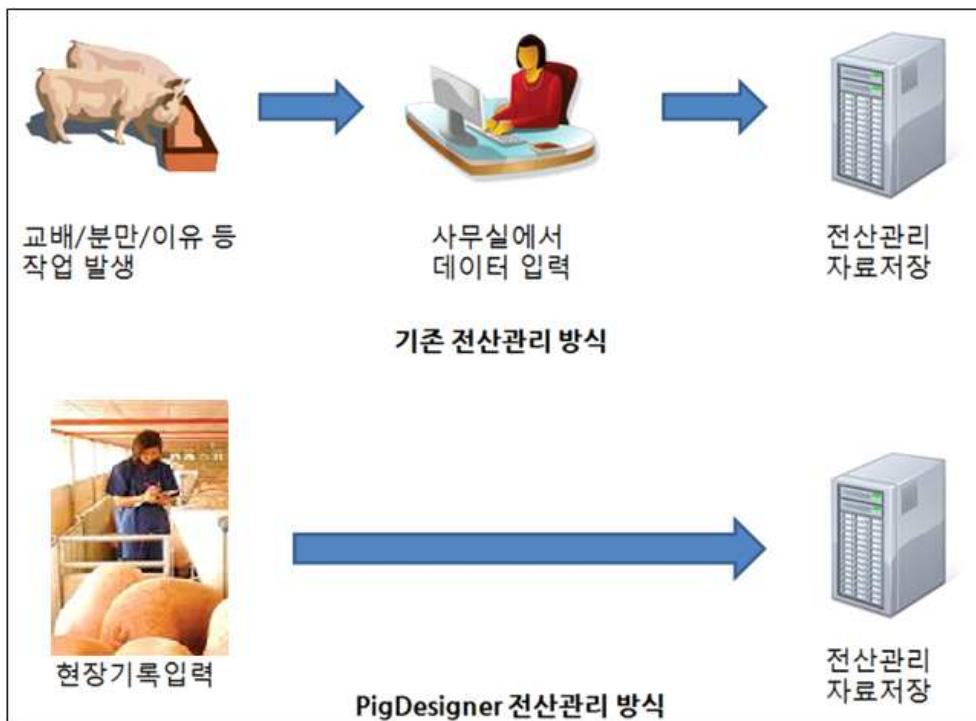
- (그림 4-1-5)은 초기 버전의 ‘픽디자이너’ 화면이다. 초기 버전은 HTML4 기반으로 작성되었지만 ActiveX 와 같은 웹 표준에 벗어나는 기능을 사용하지 않았기 때문에 IE, Chrome, Safari 와 같은 웹 브라우저에서 사용할 수 있었다.
- 아이폰 및 안드로이드폰과 같은 스마트폰의 등장으로 일반 PC 시장보다 모바일 시장이 커지고 있고 무선 네트워크 이용으로 데이터 관리가 동적인 개념으로 변화되고 있고 실시간 이용 가능한 방식으로 발전하고 있다.

○ 이번 종돈생산기반 DB 구축 작업은 가장 최상위 종돈장(GGP)부터 가장 하위의 일반 비육농장(PS)까지 사용자가 사용하기 쉽고, 실시간으로 자료를 연계한 통합관리 기능과 유전능력평가 기능 그리고 쉬운 유지보수에 중점에 두고 프로그램을 설계했다.

(1) 픽디자이너 스마트 혈통관리 프로그램

○ 픽디자이너는 국내의 뛰어난 유무선 네트워크를 이용한 최신 프로그램이다. 인터넷 웹 표준을 준수하기 때문에 다양한 기기를 지원한다.

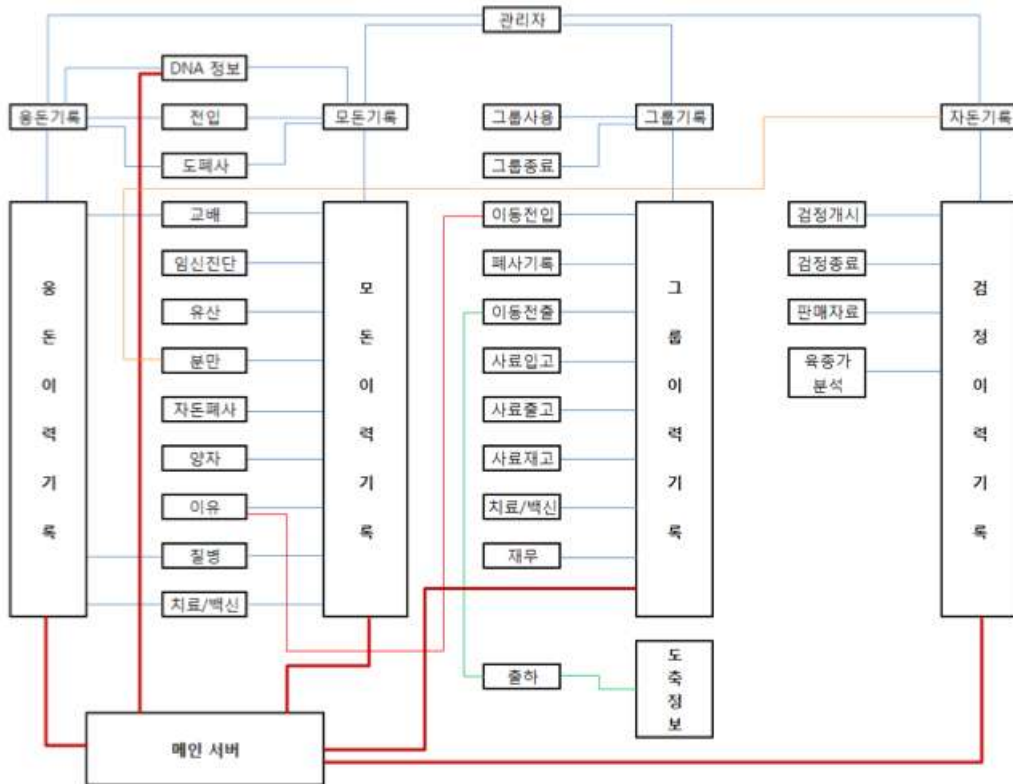
- JAVA 기반 64bit 환경에서 운영
- HTML5 및 인터넷 표준을 준수, ActiveX 사용하지 않음
- 국내 최초 멀티 플랫폼 프로그램
 - 사용 OS : Windows XP/7/8, Unix, Linux, Mac, iOS, Android, 기타 모바일 운영체제
 - 사용 브라우저 : Chrome, Safari, Opera, FireFox, IE10 이상, 기타 모바일 웹 브라우저
- 국내 최초 데스크탑 PC, 스마트폰, 태블릿 PC 단일 시스템으로 운영(유지보수 간편)
- 육종가 분석 프로그램 내장으로 가장 빠르고 정확한 BLUP 분석



(그림 3-4-6) 기존의 전산관리 방식과 픽디자이너 전산관리 방식 비교

(2) 픽디자인어 프로그램 핵심 기술

- 첫째 : 이력관리를 위한 기본 프로그램으로 설계
 - 모든 입력 자료는 작업일자 기준으로 처리
 - 자료 최종 수정일자 및 사용자 정보를 각각의 이력기록 테이블에 저장



(그림 3-4-7) 픽디자인어 데이터 연결도

- 둘째 : 작업 현장에서 신속한 자료처리를 위해 다양한 모바일 기기 지원
 - 픽디자인어는 작업현장에서 신속히 자료를 입력할 수 있도록 다양한 스마트폰 및 태블릿 PC를 통한 자료입력을 지원할 수 있도록 개발되었다.
 - 개체관리 및 작업 관리시 QR 코드와 바코드를 이용해서 쉽게 개체정보에 접근할 수 있다. 블루투스 RFID 리더를 이용하면 RFID 태그도 사용할 수 있다.



(그림 3-4-8) 작업 현장에서 픽디자이너 활용

○ 셋째 : 다국어 지원 사양관리 프로그램

- 최근 국내 양돈장에 외국인 근로자가 지속적으로 늘어나고 있는 추세
- 사양관리 프로그램에 다국어를 지원함으로써 외국인 근로자 활용이 가능
- 한국어 외에 영어, 중국어, 일본어, 베트남어 사용 가능

○ 넷째 : DNA 데이터베이스와 연계된 프로그램

- DNA 이력추적으로 위한 기본정보 구축
- 이력추적을 위한 기본정보 제공을 위해 활용
- 이력추적을 위해 유전자 마커 97개 사용, 기타 실용 마커도 등록하여 사용 가능

○ 다섯째 : 가장 빠르고 효율적인 BLUP 시스템

- 지난 15년 이상 안정적으로 국내 종돈장에 서비스 중인 정피엔씨연구소의 데스크 탑용 BLUP 프로그램을 서버 베이스 양돈장 관리용 전산프로그램인 '픽디자이너'에 적용, 유닉스(Unix) 환경에서 가장 빠르고 효율적으로 실행할 수 있게 개발하였다.
- 육종가 분석형질은 단형질 뿐만 아니라 다형질 분석에서도 기존의 BLUP 프로그램 보다 처리속도가 빠르다.

○ 여섯째 : 농장 연계 시스템

- 여러 농장을 하나의 그룹으로 관리
- 그룹 관리자가 사용자 권한 부여
- 통합육종을 위한 GGP-GP-PS 농장 통합관리

(3) 픽디자이너 주요 기능

- 픽디자이너는 (그림 3-4-10)과 달리 모바일 환경을 고려해서 PC 와 동일한 사용자 경험을 제공할 수 있게 디자인 하였다. 각 기기를 지원하는 전용 어플 대신 인터넷 URL를 이용한 인터넷 접속을 통해서 사용할 수 있다 (<http://pigdesigner.com>).



(그림 3-4-9) 픽디자이너 초기화면



(그림 3-4-10) 픽디자이너 모바일 초기 화면

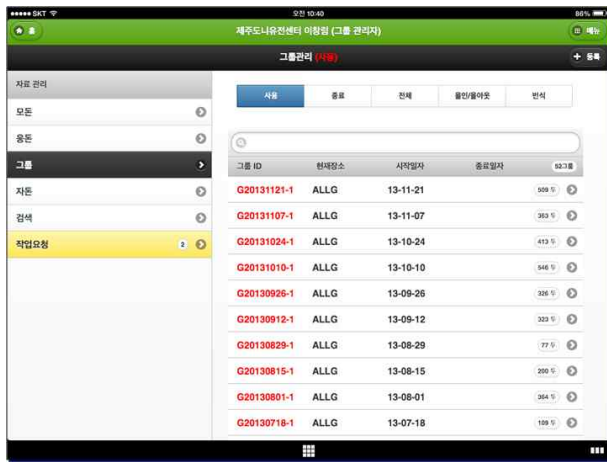
- 스마트폰의 경우 초기 화면이 표시되는데 화면 하단의 “메뉴” 부분을 손으로 터치하면 메뉴가 확장되면서 전체 메뉴 항목이 표시된다.
- 메뉴 및 화면 구성 단순화 새롭게 디자인된 픽디자이너는 기존의 픽디자이너와 달리 화면 구성을 다르게 적용하였고 단순화 하였다. 모든, 응돈, 그룹, 자돈, 검색 등 가장 핵심적인 내용만 메뉴화 하였고 화면 구성도 동일화 하였다. 스마트폰의 경우 모든 개체정보를 조회할 수 있으며 각종 보고서 내용도 일반 PC와 동일하게 조회할 수 있다.



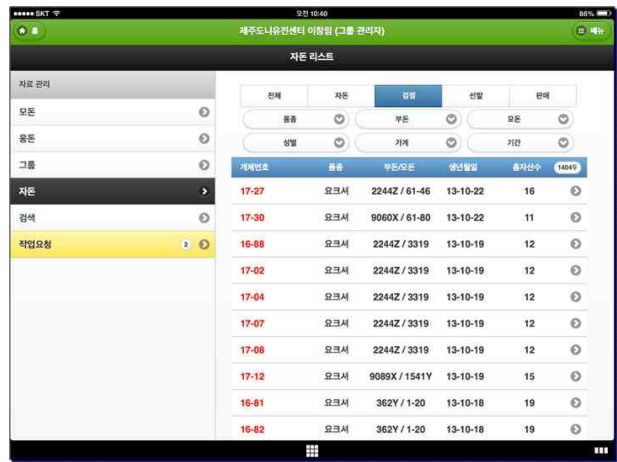
(모든)



(웅돈)



(그룹)



(자돈)

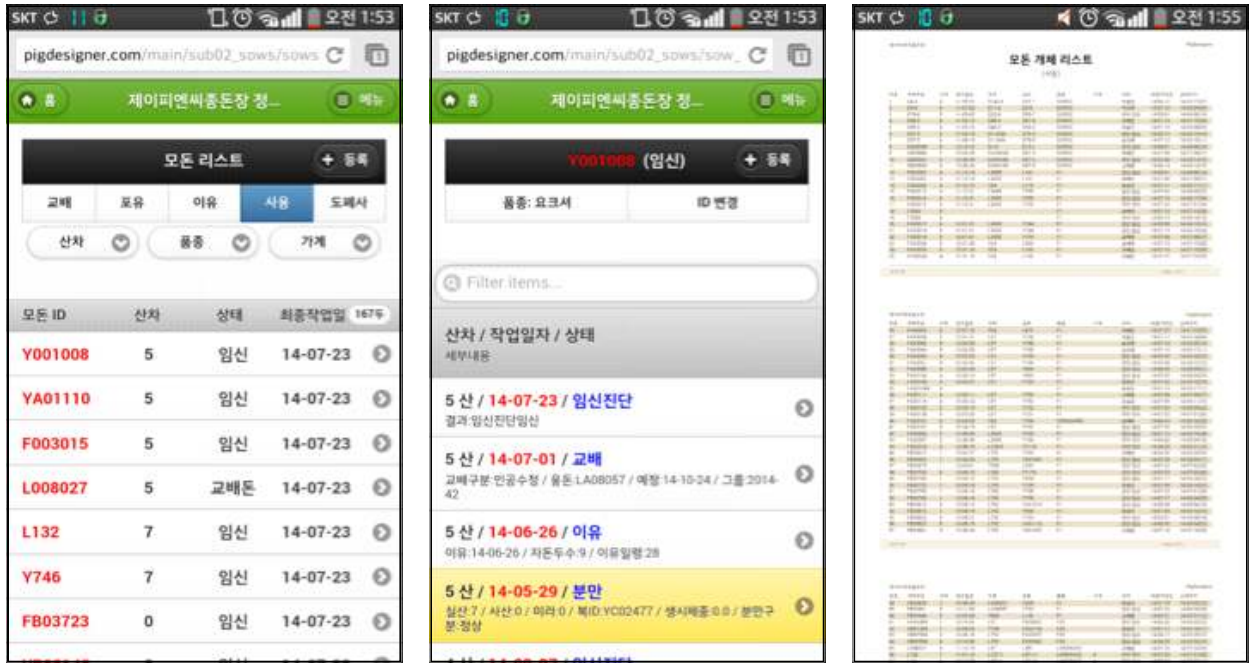


(검색)



(작업요청)

(그림 3-4-11) 픽디자이너 메뉴별 화면 구성



(그림 3-4-12) 픽디자이너 스마트폰 모든 개체 조회 화면 및 보고서 출력 화면

- 모든의 정확한 번식기록을 입력하기 위해 픽디자이너에서는 자료입력의 오류를 최소화 하기 위해 항상 모든의 기본 이력내역을 보여주며 모든의 현재 상태별로 입력할 수 있는 메뉴를 제한하여 표시한다.
- (그림 3-4-13)의 모든 “YB01781”의 경우 현재 상태가 ‘포유돈’이므로 현재 입력 가능한 작업내용만 표시된다(표 3-4-4). 교배정보를 입력하려면 현재의 상태가 교배돈(또는 임신돈)의 상태이거나 이유돈의 상태일 때만 교배정보를 입력할 수 있다.



(임신 상태에서 입력할 수 있는 작업 메뉴)

(포유돈 상태에서 입력할 수 있는 작업 메뉴)

(그림 3-4-13) 모든 상태별 입력할 수 있는 작업 메뉴

(표 3-4-4) 자료 등록시 모든 상태별 표시되는 메뉴

모든 상태	표시 메뉴
전입	교배, 도폐사, 질병, 치료, 체평점, 장소
교배	교배, 임신진단, 유산, 분만, 도폐사, 질병, 치료, 체평점, 장소
유산	교배, 도폐사, 질병, 치료, 체평점, 장소
임신	교배, 유산, 분만, 도폐사, 질병, 치료, 체평점, 장소
미임/불임	교배, 도폐사, 질병, 치료, 체평점, 장소
분만/포유	자돈폐사, 양자, 복체중, 부분이유, 이유, 질병, 치료, 체평점, 장소
재포유	자돈폐사, 양자, 복체중, 부분이유, 이유, 질병, 치료, 체평점, 장소
이유	교배, 재포유, 도폐사, 질병, 치료, 체평점, 장소
부분이유	자돈폐사, 양자, 복체중, 부분이유, 이유, 질병, 치료, 체평점, 장소
도폐사	없음

- 정확한 혈통관리를 위해 종돈장의 경우 자돈에 이각을 하는 단계부터 시작된다. 자돈 이각을 부여하는 규칙 중 하나는 근본적으로 모든 즉 복(腹)이 다른 경우 이각의 중복을 허용하지만 모돈이 같은 복(腹)의 경우 중복을 허용하지 않는다.
- GGP 농장에서 생산된 자돈의 경우 GP 농장의 모돈으로 사용되고, 다시 GP 농장에서 생산된 자돈은 PS 농장에서 모돈으로 사용된다. 픽디자이너에서는 GGP, GP, PS 농장의 모든 정보와 GGP, GP의 자돈 정보를 하나로 묶어 BLUP 분석을 실시한다 (PS의 자돈은 모두 비육처리 하므로 별도로 이각관리를 하지 않는다). 그렇기 때문에 자돈의 이각이 매우 중요하다.
- 자돈 이각자료를 처리하는 순서는 다음과 같다(그림 3-4-14).
 - 분만기록 단계에서 자돈 이각자료 입력(복 ID)
 - 이각자료를 입력한 자돈은 초기 메뉴 “자돈”에서 자료 조회 및 관리
 - 농장검정을 실시 후 검정자료 발생시 검정성적과 기존의 자돈정보와 병합 실시
 - 농장에 번식자료와 검정자료를 기반으로 한 육종가 분석
 - “자돈” 메뉴에서 품종별, 가계별, 선발구분별 자료 조회 및 육종가 보고서 출력
- 자돈 이각과 더불어 중요한 것은 모돈, 웅돈에 부여된 개체번호이다. 이각이 중복되더라도 개체번호의 중복은 허락하지 않는다. 종돈장의 각 종돈에는 한국종축개량협회에 등록된 혈통번호가 있지만 혈통번호가 등록하지 않은 개체도 존재한다. GGP-GP-PS 연계 과정에서 누락되는 자료 없어 통합 분석을 위해서는 혈통번호보다 중복되지 않은 개체번호를 유지 관리가 매우 중요하다. 픽디자이너에서는 전체 근친도 계산을 하면서 전체 등록된 개체의 가계정보를 점검하여 중복여부를 확인할 수 있다.



(2산차 분만기록에 복 ID 정보가 입력되어있음)



(분만정보 조회 화면, 복 ID 밑에 자돈 버튼 활성화)



(복 ID는 같은 복을 대표하는 번호, 복 시작번호로 사용)



(농장검정성적을 자돈자료와 결합)



(번식 육종가 분석)



(산육 육종가 분석)



(농장검정성적, 자돈자료 결합 전)



(농장검정성적 결합 및 육종가 분석후 최종 보고서)

(그림 3-4-14) 분만후 자돈이각 단계부터 검정돈 육종가 보고서 출력까지의 단계

GGP

변식 육종가 보고서 (사용)

번호	계통번호	가계	부본	모든	상차	표현형가			육종가			근원도	부계치수	모계치수	분석주자
						상차	상산	재귀값	상산	상산	재귀값				
1	Y74-48	G	Y9583	Y1307	2	21.0	19.0	5.0	0.10796	0.1485	0.6934	0.0000	98	104	1422
2	Y77-04	F	Y362	Y1222	2	21.0	14.0	5.0	0.7805	0.1477	0.3996	0.0000	99	102	1424
3	Y62-22	Y	Y9060	Y3217	2	20.0	16.0	5.0	0.6317	0.0718	-0.0905	0.0000	91	96	1414
4	Y52-23	R	Y9342	Y4525	3	18.5	18.5	4.5	1.5394	0.1938	-0.2883	0.0000	100	114	1424
5	Y67-84	Y	Y9060	Y1248	2	19.0	18.0	5.0	0.7715	0.0298	-0.2686	0.0000	85	90	1420
6	Y70-87	Y	Y9060	Y1313	2	19.0	19.0	5.0	1.2806	0.0964	-0.2773	0.0000	91	106	1418
7	Y73-09	Y	Y9583	Y1482	2	19.0	17.0	5.0	0.6780	0.0413	-0.0155	0.0000	114	120	1424
8	Y30-83	W	Y9342	Y4563	2	18.0	17.0	5.0	0.5480	0.0907	-0.1571	0.0000	98	99	1416
9	Y61-11	W	Y9060	Y3165	1	18.0	15.0	5.0	0.9984	0.0618	-0.2969	0.0000	92	102	1409
10	Y619	W	Y99802U	Y6037W	6	18.0	17.0	10.6	1.8662	0.3718	2.4415	0.0000	108	127	1418
11	Y62-18	G	Y9060	Y3217	2	18.0	15.0	5.0	0.5272	0.0524	-0.1177	0.0000	91	94	1420
12	Y64-09	Y	Y9972	Y917	2	18.0	17.0	5.0	1.2958	0.0928	-0.3656	0.0000	100	103	1417
13	Y64-48	W	Y9583	Y615	2	18.0	14.0	5.0	1.0105	0.0955	0.2299	0.0000	100	107	1414
14	Y64-54	W	Y9972	Y9400	2	18.0	18.0	5.0	0.7436	0.0743	-0.5003	0.0000	96	106	1417
15	Y68-10	G	Y9060	Y1348	2	18.0	17.0	4.0	1.2868	0.0484	-0.4393	0.0000	89	105	1420
16	Y73-05	G	Y9583	Y1482	2	18.0	17.0	5.0	0.6988	0.0528	-0.1275	0.0000	96	99	1422
17	Y16-45!	W	Y9089	Y1355	4	18.0	16.7	5.7	0.8883	0.1018	-0.0198	0.0000	89	94	1420
18	Y2917	G	Y99802U	Y9394K	5	17.8	14.8	7.8	1.3135	0.2193	1.3549	0.0000	103	114	1410
19	Y1416	Y	Y2964W	Y6420W	6	17.4	16.4	4.4	1.6597	0.1237	-0.6823	0.0000	87	113	1418
20	Y3158	W	Y965X	Y4137W	6	17.3	12.7	11.7	0.7515	0.2023	1.3903	0.0000	88	92	1422
21	Y4548	W	Y6136W	Y2099K	4	17.3	15.3	4.3	1.2274	0.0980	-0.4780	0.0000	91	106	1422
22	Y1396	G	Y2668W	Y5226W	6	17.2	14.6	4.6	1.4675	0.1082	-0.3182	0.0000	79	82	1408
23	Y1350	G	Y2668W	Y4935W	6	17.2	15.4	4.8	1.1388	0.0366	-0.6724	0.0000	101	111	1408
24	Y3206	Y	Y2964W	Y1998W	5	17.2	15.7	5.2	1.5256	0.0990	-0.8870	0.0000	97	116	1410
25	Y1-71	R	Y9032	Y684	4	17.0	14.7	10.0	0.2643	0.2223	1.3743	0.0000	104	123	1420
26	Y52-83	Y	Y9060	Y2828	2	17.0	15.0	4.5	1.3271	0.0750	-0.3314	0.0000	93	107	1410

GP

변식 육종가 보고서 (사용, Y)

번호	계통번호	가계	부본	모든	상차	표현형가			육종가			근원도	부계치수	모계치수	분석주자
						상차	상산	재귀값	상산	상산	재귀값				
1	Y36-21	Y	Y9583	Y593	2	21.0	14.0	21.0	1.0573	0.3787	2.7157	0.0000	99	103	1411
2	Y58-22	Y	Y9583	Y9303	2	20.0	20.0	5.0	1.0273	0.2252	1.3870	0.0000	97	104	1411
3	Y71-34	Y	Y362	Y1424	2	20.0	17.0	5.0	0.4091	0.0199	-0.5640	0.0000	97	96	1420
4	Y65-57	Y	Y9060	Y2872	2	19.0	16.0	5.0	0.5788	0.1295	0.9044	0.0000	81	83	1416
5	Y59-77	Y	Y9060	Y3408	2	19.0	15.0	5.0	0.7567	0.0853	0.6569	0.0000	89	93	1413
6	Y69-25	Y	Y9060	Y1202	1	19.0	16.0	8.0	1.7564	0.1928	0.2104	0.0000	99	103	1352
7	Y31-68	Y	Y9583	Y3096	3	18.5	16.5	5.0	1.0011	0.1699	0.5999	0.0000	99	106	1410
8	Y91-81	Y	Y9060	Y9239	3	18.5	18.5	5.0	1.4528	0.1681	-0.4825	0.0000	86	106	1417
9	Y92-35	Y	Y9060	Y2917	3	18.0	17.0	13.0	1.8176	0.4159	2.6705	0.0000	91	109	1415
10	Y63-41	Y	Y9060	Y921	2	18.0	16.0	5.0	0.9092	0.0341	-0.1898	0.0000	89	98	1414
11	Y64-04	W	Y9972	Y917	2	18.0	14.0	5.0	1.2958	0.0928	-0.3656	0.0000	97	91	1417
12	Y64-17	Y	Y9420	Y810	2	18.0	15.0	5.0	0.8042	0.0991	-0.2181	0.0000	89	88	1417
13	Y64-54	W	Y9972	Y1990	2	18.0	18.0	5.0	0.7653	0.0378	-0.4291	0.0000	107	104	1417
14	Y68-13	Y	Y9060	Y1348	2	18.0	18.0	5.0	1.2884	0.0617	-0.2816	0.0000	94	110	1420
15	Y31-46	Y	Y9060	Y774	3	17.5	15.5	5.0	0.6873	0.0420	-0.3540	0.0000	99	99	1409
16	Y35-23	Y	Y9583	Y861	3	17.5	15.5	5.5	0.5497	0.1381	0.8400	0.0000	100	102	1419
17	Y46-83	Y	Y9972	Y1003	3	17.5	16.0	5.0	1.4679	0.0932	-0.5027	0.0000	108	114	1420
18	Y49-06	Y	Y9607	Y1086	3	17.0	13.0	5.0	0.5997	0.0597	-0.3059	0.0000	97	101	1424
19	Y48-70	Y	Y942	Y990	2	17.0	14.0	5.0	1.0987	0.2090	1.7443	0.0000	100	104	1423
20	Y52-55	Y	Y9060	Y1405	2	17.0	16.0	5.0	0.2259	0.0332	0.0676	0.0000	89	87	1412
21	Y52-86	Y	Y9060	Y3169	2	17.0	15.0	5.0	1.0567	0.1100	0.4142	0.0000	96	107	1409
22	Y53-74	Y	Y9060	Y3201	2	17.0	15.0	5.0	0.8282	0.0582	-0.0421	0.0000	89	97	1410
23	Y55-60	Y	Y9060	Y2722	2	17.0	14.0	5.0	0.1839	0.0048	-0.3339	0.0000	85	83	1410
24	Y57-39	Y	Y9972	Y9188	2	17.0	14.0	5.0	1.0979	0.1518	0.9794	0.0000	92	99	1411
25	Y63-83	Y	Y9972	Y655	2	17.0	16.0	5.0	0.3543	0.0143	-0.5146	0.0000	104	99	1418
26	Y76-46	Y	Y9060	Y1063	1	17.0	16.0	5.0	1.2743	0.1138	0.1308	0.0000	90	101	1409

GGP 검정돈

산육 육종가 보고서 (2014-01-01 ~ 2014-01-31, 1419)

번호	계통번호	부본	가계	모든	가계	표현형가				육종가				부계치수	모계치수	선형점분
						상차	상산	재귀값	상산	상산	재귀값	상산	상산			
1	Y23-93	Y9342	G	Y50-75	W	F	0.6790	0.9210	139	0.0236	-0.2064	-3.4435	0.2322	123	123	GGP
2	Y24-93	Y9342	G	Y3165	W	F	0.7714	1.2460	152	0.0047	-0.8838	-0.8883	0.3909	103	108	GP
3	Y22-87	Y9342	G	Y3223	W	F	0.6918	1.2650	156	0.0118	-0.0347	-3.5487	0.3932	113	107	GP
4	Y23-46	Y9060	R	Y72-11	G	F	0.5832	1.2560	156	-0.0111	-0.0857	1.8740	0.9978	34	106	GP
5	Y24-70	Y99-98	R	Y585	G	F	0.8096	1.2330	146	0.0045	-0.0503	-0.9462	0.3052	103	102	S1
6	Y23-65	Y9089	W	Y999	Y	F	0.6272	1.1860	147	-0.0035	-0.0398	0.6028	0.5405	98	102	S1
7	Y23-56	Y9342	G	Y50-75	W	F	0.5679	1.2520	158	-0.0013	-0.0791	-0.4606	0.2222	101	102	S1
8	D23-97	0146-05	C	D104-2	A	F	0.8646	1.1945	141	-0.0036	-0.0659	0.2292	-0.5048	94	98	S1
9	Y24-62	Y9089	W	Y7-43	Y	F	0.5959	1.5390	148	0.0005	0.0136	0.0808	0.2097	96	92	S2
10	Y23-50	Y362	Y	Y73-51	W	F	0.9864	1.5080	153	0.0082	0.0759	-0.6278	0.0210	97	87	S2
11	D23-98	D14-05	C	D104-2	A	F	0.8921	1.5530	138	0.0011	0.0745	-0.3874	-0.0036	88	86	S2
12	Y23-76	Y362	Y	Y14-61!	R	F	0.5975	1.5170	151	-0.0082	0.1385	-0.2823	-0.2460	85	72	CULL

(그림 3-4-15) GGP 검정돈 육종가 분석에 GGP 모돈의 번식자료, GP 모돈의 번식자료를 이용하여 분석

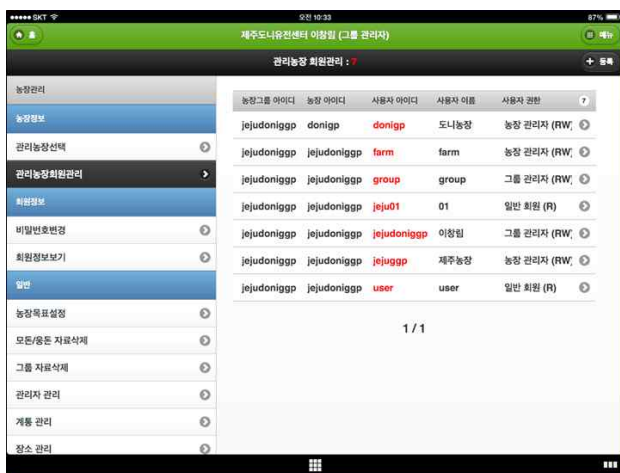


(그림 3-4-16) 그룹 단위 자료 분석

- 픽디자이너는 여러 농장을 하나의 그룹 단위로 묶어서 관리한다. 그렇기 때문에 GGP, GP, PS 농장을 하나의 그룹으로 묶어 육종가 분석을 할 수 있다.
 - 기본적으로 육종가 분석은 농장 그룹 단위로 분석
 - 농장 그룹 단위로 데이터를 취합해서 분석하기 때문에 다른 농장 그룹과 연계해서 분석 할 수 있다 (그림 3-4-16).
 - 기본 육종가분석과 그룹 육종가 분석의 사용방법 및 선발지수를 다르게 적용가능
 - GGP 농장 통합 육종가 분석 가능

○ 픽디자이너는 기본적으로 농장 그룹 단위로 사용할 수 있게 설계되었다. 농장에 접근할 수 있는 사용자의 등급을 그룹 관리자, 농장 관리자, 일반 회원 등 3개의 그룹으로 설정할 수 있으며 읽기 권한과 쓰기 권한을 각각 부여할 수 있다. 읽기 권한만 부여된 경우 자료를 검색 등 조회만 할 수 있지만 자료의 신규 추가, 수정 및 삭제 등을 할 수 없다. 쓰기 권한을 부여 받은 사용자만 자료의 신규 추가, 수정 및 삭제 등을 할 수 있다. 여러 사용자가 농장의 자료에 접근하여 사용할 수 있기 때문에 정확한 자료의 유지와 자료 유실에 대비할 수 있다. 각 자료를 입력하거나 수정한 기록 등 가자 마지막으로 자료에 접근한 사용자 정보에 표시되어 있는 각각의 이력 기록 테이블에 저장된다.

- 그룹 관리자(RW) : 그룹에 속한 모든 농장의 자료에 접근하여 조회, 입력 및 수정 가능.
- 농장 관리자(RW) : 소속된 농장의 자료에만 접근하여 조회, 입력 및 수정 가능.
- 일반 회원(W) : 소속된 농장의 자료에만 접근하여 조회만 가능. 입력 및 수정 불가.



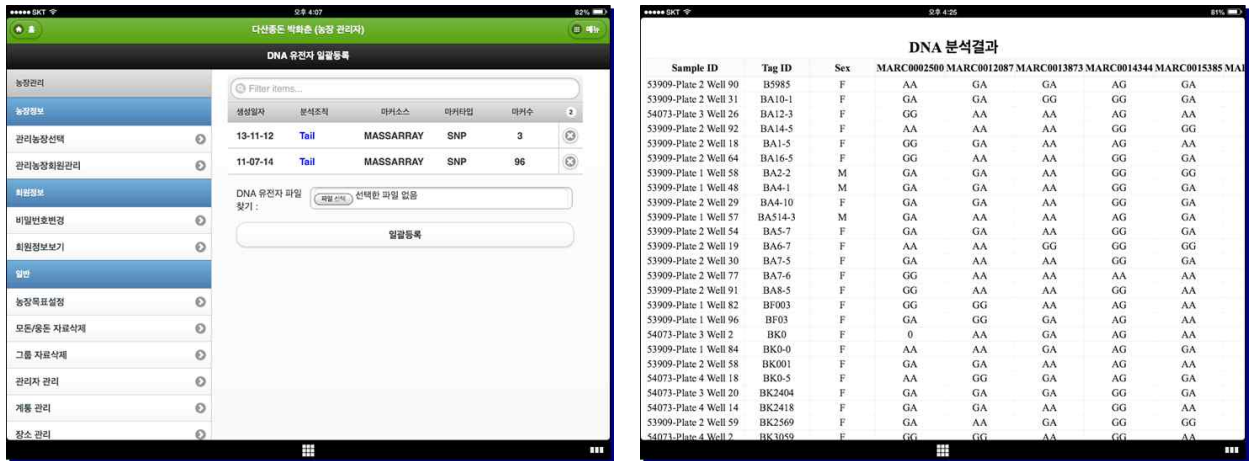
(관리농장 회원관리 화면)



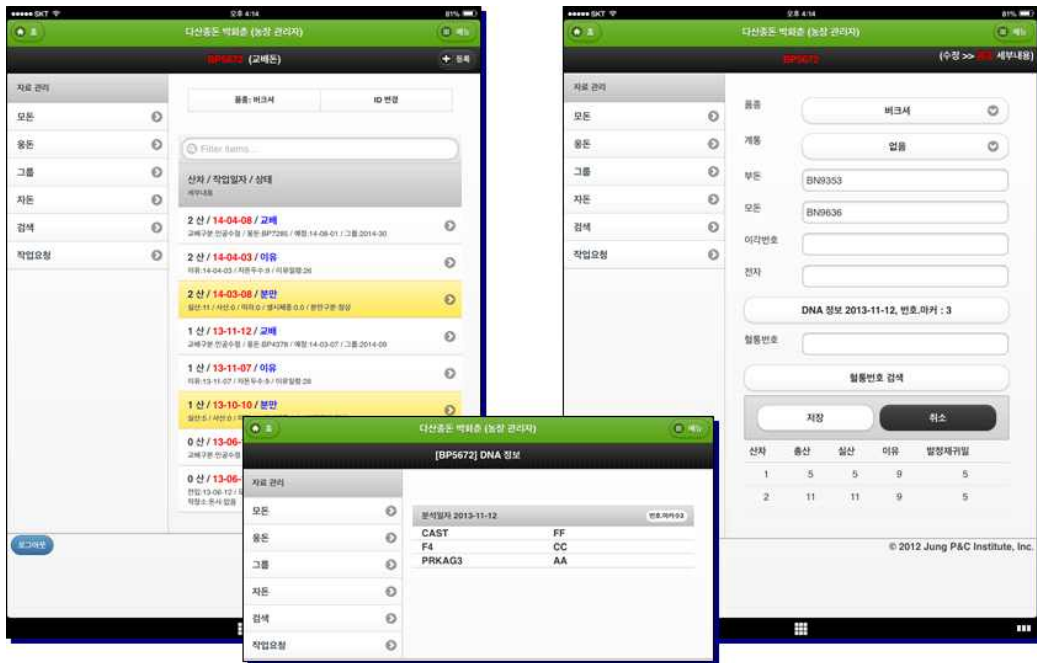
(작업요청 리스트)

(그림 3-4-17) 회원관리 및 작업요청 리스트 화면

○ 픽디자인너는 유전자 정보를 저장하고 관리를 할 수 있다.



(그림 3-4-18) DNA 정보 입력 및 조회



(그림 3-4-19) DNA 정보 개체별 조회

○ 픽디자인너는 각각의 이력기록을 중심으로 자료를 처리한다. 그렇기 때문에 새로운 작업의 추가 및 불필요한 작업의 삭제 등이 쉽게 처리할 수 있다. 그리고 하나의 소스(Source)를 기반으로 운영되는 프로그램이기 때문에 사용자가 사용하는 운영체제에 따른 별도로 추가로 프로그램을 제작할 필요가 없다. 프로그램 실행 중 발생할 수 있는 버그 문제에 대해 신속히 대응하기 위해 접속로그 및 오류 추적 시스템을 구축하였다.

vi_ip	vi_timestamp	vi_file	vi_agent	vi_query_stri
110.70.52.41	2014-09-03 11:30:27	sub09-02.jsp	Mozilla/5.0 (Linux; Android 4.4.2; IM-A890K Build/	
110.70.52.41	2014-09-03 11:30:21	sub09-01.jsp	Mozilla/5.0 (Linux; Android 4.4.2; IM-A890K Build/	
110.70.52.41	2014-09-03 11:29:42	mate_report_l.jsp	Mozilla/5.0 (Linux; Android 4.4.2; IM-A890K Build/	
110.70.52.41	2014-09-03 11:29:33	sub09-02.jsp	Mozilla/5.0 (Linux; Android 4.4.2; IM-A890K Build/	
110.70.52.41	2014-09-03 11:29:28	sub09-01.jsp	Mozilla/5.0 (Linux; Android 4.4.2; IM-A890K Build/	
110.70.52.41	2014-09-03 11:29:17	sow_History_List.jsp	Mozilla/5.0 (Linux; Android 4.4.2; IM-A890K Build/in_SowKey=	
110.70.52.41	2014-09-03 11:29:16	sub02-1-Mate-WeanKey.jsp	Mozilla/5.0 (Linux; Android 4.4.2; IM-A890K Build/SowTag=&Sc	
110.70.52.41	2014-09-03 11:29:16	sub02-1-Mate-ok.jsp	Mozilla/5.0 (Linux; Android 4.4.2; IM-A890K Build/	
110.70.52.41	2014-09-03 11:29:04	sub02-1-Form.jsp	Mozilla/5.0 (Linux; Android 4.4.2; IM-A890K Build/in_SowKey=	
110.70.52.41	2014-09-03 11:29:00	sub02-1-Form.jsp	Mozilla/5.0 (Linux; Android 4.4.2; IM-A890K Build/in_SowKey=	
110.70.52.41	2014-09-03 11:28:56	sow_History_List.jsp	Mozilla/5.0 (Linux; Android 4.4.2; IM-A890K Build/in_SowKey=	
110.70.52.41	2014-09-03 11:28:55	search.jsp	Mozilla/5.0 (Linux; Android 4.4.2; IM-A890K Build/in_SearchTyp	
110.70.52.41	2014-09-03 11:28:50	search.jsp	Mozilla/5.0 (Linux; Android 4.4.2; IM-A890K Build/	
110.70.52.41	2014-09-03 11:25:52	mate_report_l.jsp	Mozilla/5.0 (Linux; Android 4.4.2; IM-A890K Build/	
110.70.52.41	2014-09-03 11:25:22	sow_History_List.jsp	Mozilla/5.0 (Linux; Android 4.4.2; IM-A890K Build/in_SowKey=	
110.70.52.41	2014-09-03 11:25:21	sub02-1-Mate-WeanKey.jsp	Mozilla/5.0 (Linux; Android 4.4.2; IM-A890K Build/SowTag=H12	
110.70.52.41	2014-09-03 11:25:21	sub02-1-Mate-ok.jsp	Mozilla/5.0 (Linux; Android 4.4.2; IM-A890K Build/	
110.70.52.41	2014-09-03 11:24:58	sub02-1-Form.jsp	Mozilla/5.0 (Linux; Android 4.4.2; IM-A890K Build/in_SowKey=	
110.70.52.41	2014-09-03 11:24:47	HistoryGateWay.jsp	Mozilla/5.0 (Linux; Android 4.4.2; IM-A890K Build/in_Electronic	
110.70.52.41	2014-09-03 11:24:47	sow_History_List.jsp	Mozilla/5.0 (Linux; Android 4.4.2; IM-A890K Build/in_SowKey=	
121.157.131.175	2014-09-03 11:24:43	index.jsp	Mozilla/5.0 (Windows NT 5.1) AppleWebKit/537.36	
121.157.131.175	2014-09-03 11:24:36	index.jsp	Mozilla/5.0 (Windows NT 5.1) AppleWebKit/537.36	
121.157.131.175	2014-09-03 11:24:36	index.jsp	Mozilla/5.0 (Windows NT 5.1) AppleWebKit/537.36	
121.157.131.175	2014-09-03 11:24:26	index.jsp	Mozilla/5.0 (Windows NT 5.1) AppleWebKit/537.36	

(그림 3-4-20)은 픽디자이너에서 관리하는 로그 기록
(시간별 접속한 IP 주소, 최종 접근한 작업시간, 접속한 웹 브라우저 정보 등을 담고 있고 안드로이드
스마트폰을 이용해서 자료를 입력하고 조회한 로그 기록이 저장)

2. 마커도움선발(MAS)를 이용한 종돈 선발

- 돼지 개량은 전통적으로 돼지를 선발하고 적절한 교배체계를 선택하여 선발된 돼지를 교배하여 우수한 후대를 생산하는 방식으로 이루어져 왔다.
- 특히 우수한 개체를 선발하는 기술은 혈통기록이 거의 없었던 시기에는 단순히 선발하고자 하는 개체의 표현형에만 의존하여 선발하여 왔던 것에서 개체 자신의 능력과 혈연관계가 있는 개체들의 능력을 모두 이용하여 개체들의 유전적 능력을 추정하고 이를 바탕으로 선발하는 방법으로 발달하여 왔다.
- 분자 유전학적 분석 기술의 발달로 인하여 돼지의 경제형질에 영향을 미치는 유전자를 찾아서 개체 선발에 이를 이용하면 개체의 능력을 조기에 판단할 수 있기에 능력검정에 필요한 시간을 단축시킬 수 있는 잇점이 있기 때문에 1980년부터 마커도움선발(MAS, marker assisted selection)이라는 이론과 연구가 시작되었으며, 1990년대 들어 관련 연구가 급격히 증가하였다.
- 마커도움선발(MAS)은 가축의 경제형질에 영향을 주는 몇 개의 주유전자(major gene) 유전자형을 파악해 선발에 이용하는 것으로 개발되었다. 그러나 최근 유전자 분석기술이 개선되고 비용이 저렴해지면서 마커도움선발(MAS)은 대량의 유전자를 스캔하여 다수의 유전자마커를 대량의 가축데이터와 연계해서 분석해 지노믹(분자) 추정육종가(G-EBV)를 계산하는 방법의 하나가 되었다.
- 본 연구에서는 1차년도에 순종돈 706두에 대해 5가지 형질의 유전자 마커(ESR, FABP1, IGF2, PRKAG3, F4)를 분석하였고 2차년도에는 추가로 3개 형질의 유전자 마커(MC4R, CAST, HMGA)를 분석하였고, 3차년도에 200두를 총 8개 마커의 유전자형의 육종가에 대해 분석을 실시하였다.
- 8개 형질의 유전자 마커는 세계적으로 산업에 실용화 가능한 주유전자(major gene)와 같은 3개의 유전자형으로 구분할 수 있는 단일 염기치환(SNP) 후보유전자 마커이다.
- 각 유전자 마커중 세 유전자형에 대한 효과는 유용한 경제적 효과를 보이는 유전자형을 AA, 경제적으로 비효과적인 유전자형을 BB, 헤테로 유전자형을 AB로 통일하였다.
- 버크셔종의 경우 CAST, F4, FABP1, IGF2, MC4R 유전자의 경우 한쪽의 유전자형 빈도가 대부분을 차지하고 있는 것으로 나타났다. 이 결과는 실험에 활용한 버크셔종의 경우 육질형질 쪽으로 개량 방향을 설정하여 꾸준히 지속함으로써 유전적으로 고정화되어 가고 있다는 것을 알 수 있다.

가. 유전자 마커의 빈도 분석

(표 3-4-5) 분석용 데이터 기본 항목

항 목	설 명	항 목	설 명
id	개체번호	tnb_bv	총산자수 육종가
sex	성별	nba_bv	실산자수 육종가
birthdate	생년월일	w2e_bv	발정재귀일령 육종가
parity	산차	s_index	부계지수
adg	일당증체중 표현형가	d_index	모계지수
bfat	등지방두께 표현형가	inbreed	근친도
fcr	사료효율 표현형가	esr	ESR 유전자
90kg	90kg도달일령 표현형가	fabp1	FABP1 유전자
tnb	총산자수 표현형가	igf2	IGF2 유전자
nba	실산자수 표현형가	prkag3	PRKAG3 유전자
w2e	발정재귀일령 표현형가	f4	F4 유전자
adg_bv	일당증체중 육종가	mc4r	MC4R 유전자
bfat_bv	등지방두께 육종가	cast	CAST 유전자
fcr_bv	사료효율 육종가	hmga	HMGA 유전자
90kg_bv	90kg도달일령 육종가		

(표 3-4-6) 버크셔종 유전자 마커별 유전자형 빈도

유전자마커		유전자형			합계
		AA	AB	BB	
CAST	두수	1	14	428	443
	빈도	0.00	0.03	0.97	1
F4	두수	1	24	429	454
	빈도	0.00	0.05	0.94	1
FABP1	두수	7	71	351	429
	빈도	0.02	0.17	0.82	1
HMGA	두수	240	4	8	252
	빈도	0.95	0.02	0.03	1
IGF2	두수	-	19	436	455
	빈도	0.00	0.04	0.96	1
MC4R	두수	10	88	327	425
	빈도	0.02	0.21	0.77	1
PRKAG3	두수	189	25	45	259
	빈도	0.73	0.10	0.17	1
총합계		448	245	2,024	2,717

- 듀록종의 CAST, F4, HMGA, IGF2 유전자와 MC4R, PRKAG3 유전자의 유전자 빈도는 상반되는 형태를 보였다. 이 결과는 10년 넘게 계통조성한 결과 듀록종의 경우 일당증체율이 우수하면서, 적절한 등지방두께를 유지하는 방향으로 개량이 이루어졌기 때문이라는 것을 알 수 있다.

(표 3-4-7) 듀록종 유전자 마커별 유전자형 빈도

유전자마커		유전자형			합계
		AA	AB	BB	
CAST	두수	25	63	46	134
	빈도	0.19	0.47	0.34	1
F4	두수	52	71	25	148
	빈도	0.35	0.48	0.17	1
FABP1	두수	28	126	688	842
	빈도	0.03	0.15	0.82	1
HMGA	두수	23	7	109	139
	빈도	0.17	0.05	0.78	1
IGF2	두수	392	319	509	1,220
	빈도	0.32	0.26	0.42	1.00
MC4R	두수	245	377	640	1,262
	빈도	0.19	0.30	0.51	1
PRKAG3	두수	36	351	1,522	1,909
	빈도	0.02	0.18	0.80	1
총합계		801	1,314	3,539	5,654

- 랜드레이스종의 경우 FABP1, HMGA 및 PRKAG3 유전자와 MC4R 유전자의 유전자 빈도가 상반되게 조사된 것은 개량 목표를 일당증체율과 등지방두께 및 복당 산자수 중심으로 이루어졌기 때문이고, 특히 일당증체율에 대한 가중치가 높기 때문에 이러한 결과가 나타난 것이다.

(표 3-4-8) 랜드레이스종 유전자 마커별 유전자형 빈도

유전자마커		유전자형			합계
		AA	AB	BB	
ESR	두수	-	2	4152	4154
	빈도	-	-	1	1
CAST	두수	54	209	1,304	1,567
	빈도	0.03	0.13	0.83	1
F4	두수	65	403	1,304	1,772
	빈도	0.04	0.23	0.74	1
FABP1	두수	11	145	2,085	2,241
	빈도	0.01	0.06	0.93	1
HMGA	두수	620	67	224	911
	빈도	0.68	0.07	0.25	1
IGF2	두수	101	446	1,080	1,627
	빈도	0.06	0.27	0.66	1
MC4R	두수	2	71	2,276	2,349
	빈도	0.00	0.03	0.97	1
PRKAG3	두수	12	248	1,807	2,067
	빈도	0.01	0.12	0.87	1
총합계		865	1,589	10,080	12,534

- 요크셔종의 경우 ESR유전자의 유전자형 빈도가 모두 고르게 조사되어 향후 마커도움선발에 직접적으로 가중치를 부여하여 선발하는데 효과적일 것으로 사료된다.
- 특히 CAST, IGF2유전자와 같은 육질관련 유전자 마커와 F4, FABP1, HMGA, MC4R, PRKAG3유전자와 같은 일당증체율 및 강건성 관련 마커들의 유전자 마커의 빈도가 상반되게 조사되어 향후 마커도움선발의 효과를 조사한후 선발에 직접적인 적용이 필요할 것으로 사료된다.

(표 3-4-9) 요크셔종 유전자 마커별 유전자형 빈도

유전자마커		유전자형			합계
		AA	AB	BB	
ESR	두수	270	2002	13,283	15,555
	빈도	0.02	0.13	0.85	1
CAST	두수	1399	305	1,843	3,547
	빈도	0.39	0.09	0.52	1
F4	두수	637	1163	4,159	5,959
	빈도	0.11	0.20	0.70	1
FABP1	두수	22	390	10,823	11,235
	빈도	0.00	0.03	0.96	1
HMGA	두수	1,943	231	1,215	3,389
	빈도	0.57	0.07	0.36	1
IGF2	두수	1,628	705	2,801	5,134
	빈도	0.32	0.14	0.55	1
MC4R	두수	563	1,376	5,470	7,409
	빈도	0.08	0.19	0.74	1
PRKAG3	두수	6	353	10,620	10,979
	빈도	0.00	0.03	0.97	1
총합계		6,198	4,523	36,931	47,652

나. 유전자 마커의 효과 분석

- 본 연구에 이용된 마커도움선발(MAS) 8개 마커의 유전자형의 육종가 분석에 활용된 경제형질은 일당중체중, 등지방두께, 90kg도달일령, 부계지수, 모계지수, 총산자수, 실산자수, 발정재귀일령이며 개체모델(Animal Model)을 적용하여 얻어진 육종가(breeding value, BV)를 표현형으로 간주하였다. 각 마커 유전자형의 육종가를 위한 분석모델은 다음과 같다.

$$\beta X_1 + \beta_2 X_2 + \beta_3 X_3 + \dots + \beta_k X_k + e$$

- 여기서, Y : 각 형질의 표현형(육종가) 벡터, β_k : k번째 유전자의 효과값(스칼라), X_k : k번째 유전자의 유전자형에 대한 벡터로 1(AA), 0(Aa), 또는 -1(aa)값을 가지며 A와 a는 allele(대립인자로), A는 a에 비하여 표현형에 정의 효과를 나타냄. 위 모델을 SAS proc GLM을 구동하여 수행하였다.
- 유전자 마커의 임계값 설정: 주어진 형질에 관여하는 후보유전자의 효과에 대한 유의도는 $P=0.001$ 로 설정하였으며, 만약 P 값이 이보다 더 클 경우 모델에서 제외하였고 최종 유의적인 마커들에 대하여 지노믹(분자)육종가를 추정하였다.

(1) 마커의 육종가 분석결과

- 전반적으로 각 품종에 대하여 형질별로 유의적인 마커의 유전자형 효과들이 검증되었다. 하지만 유의적인 마커 숫자는 대요크셔종에서 제일 많이 발굴되었지만 반면에 버크셔 종과 랜드레이스종에서는 소수의 유전자들만이 발굴되었는데, 이는 부분적으로 샘플 차이로 인하여 기인되는 것으로 보인다. 즉 시료가 크면 표준오차 값이 낮아지고 검정통계량(t값)이 높아져 유의성이 높아지기 때문이다.
- 본 연구에 적용된 유전자들은 기 미국, 유럽 등에서 효과가 검증된 유전자로 들이므로 효과 값들은 모두 정(+), 즉 형질을 증가하는 것으로 대립인자(allele substitution effect)가 모델에 설정되었지만, 본 분석결과는 상당수의 유전자들의 효과가 상반되는 부(-)의 효과를 보이고 있다.
- 이는 각 마커들의 특성, 즉, 육질관련 또는 성장관련 마커를 동시에 산육 및 번식형질의 수치로 분석한 결과로 보인다. 또한 표현형에 매우 크게 (예: 주요유전자) 기인하지 않고 품종마다 또는 품종 내 다른 집단 특성으로 인하여 타 유전자들의 효과 즉 polygenic background 효과들의 영향을 받은 것으로 기인된다.
- 따라서 본 결과를 마커도움 선발로 적용할 경우 동일한 유전적 구성(품종, 혈연)과 동

일한 환경(같은 농장)에 있는 개체들을 선발할 경우 적용이 가능 하며, 그렇지 않는 경우(다른 품종, 집단, 또는 농장)여기에서 분석된 마커의 분자유종 효과는 상대적으로 적을 것으로 예상된다.

- 또한 각 마커의 특성에 따라서 고유의 효과(예: 육질, 사료효율, 성장속도)를 발휘하는 용도로 선발지수에 이용하면 선발효과를 높일 수 있다. 본 연구에서 발굴된 유전자의 해당 품종/형질에 대한 효과는 대체적으로 매우 낮다. 즉 전체 유전분산 중에서 각 유의적인 SNP 마커의 효과로 설명된 분산의 비율은 5% 미만인 경우가 상당수이다.
- 하지만 몇 SNP 마커의 경우 (예: 버크셔종의 PRKAG3, 요크셔종에 대한 IGF2의 일당 증체량 효과) 유전분산의 20% 이상을 차지하고 있다. 이러한 유전자를 마커도움선발로 해당 품종 및 형질에 적용할 경우 적지 않은 선발반응 효과를 기대할 것으로 보인다.
- 전체유전분산중에서 유의적인 유전자로 설명되어지는 분산의 비율을 각 품종 및 형질별로 비교한 결과 품종별로 형질별로 다양한 차이를 보이고 있다(아래 표 참조). 예를 들면 일당증체량의 경우 대요크셔종에서 유의적인 마커들에 의해서 53%를 설명되는 반면에 랜드레이스의 경우 0.4% 밖에 설명되어지지 않고 있다.
- 이러한 결과는 분석대상의 유전자들의 효과가 품종마다 특이하며 또는 시료의 숫자에 의하여 검정력이 달라진 것에 기인되는 것으로 보인다.

(표 3-4-10) 경제형질별 전체 유전분산 중에서 유의성 있는 지노믹(분자)육종가로 설명된 분산의 비율(%)

$NP/\sigma_{BV}^2(\%)$	버크셔	듀록	랜드레이스	대요크셔
일당증체량	27	6.1	0.4	52.9
등지방두께	19.5	34	2.2	14.1
모계지수	8.7	3.1	3.4	7.8
생존자돈수	0	5.3	11.4	8
부계지수	28.4	6.4	0.4	53.3
총산자수	9.2	2.9	4	6.6
발정재귀일령	0	3.2	12.5	6.4
90kg도달일령	25.6	4.5	0.3	58.1

(표 3-4-11) 버크셔종의 경제형질에 대한 유전자 마커별 통계적 검정 결과

경제형질	유전자 마커	PROB	log ₀	Additive genetic effect			
				효과측정치	표준오차	t-검정통계량	P value
일당증체 중	CAST	0.7590	0.1	-0.004	0.013	-0.29	0.7749
	F4	0.6523	0.2	-0.003	0.013	-0.27	0.7909
	FABP1	0.0123	1.9	0.006	0.005	1.21	0.2260
	HMGA	0.0008	3.1	-0.012	0.004	-2.87	0.0044
	IGF2	0.2054	0.7	-	-	-	-
	MC4R	0.0088	2.1	-0.012	0.004	-3.01	0.0027
	PRKAG3	0.0000	16.8	0.015	0.002	8.25	<.0001
등지방두께	CAST	0.7702	0.1	-0.03	0.08	-0.43	0.6706
	F4	0.1973	0.7	-0.03	0.08	-0.42	0.6721
	FABP1	0.1393	0.9	0.04	0.03	1.20	0.2291
	HMGA	0.0008	3.1	-0.08	0.03	-2.86	0.0046
	IGF2	0.0467	1.3	-	-	-	-
	MC4R	0.0002	3.6	0.097	0.025	3.95	<.0001
	PRKAG3	0.0000	10.1	-0.064	0.012	-5.38	<.0001
총산자수	CAST	0.2326	0.6	0.09	0.13	0.73	0.4668
	F4	0.7626	0.1	0.09	0.13	0.72	0.4695
	FABP1	0.5598	0.3	0.05	0.05	1.05	0.2926
	HMGA	0.6256	0.2	0.04	0.04	0.97	0.3332
	IGF2	0.5756	0.2	-	-	-	-
	MC4R	0.2015	0.7	0.03	0.04	0.85	0.3952
	PRKAG3	0.1170	0.9	0.04	0.02	1.90	0.0586
발정재귀 일령	CAST	0.0184	1.7	-0.41	0.33	-1.25	0.2120
	F4	0.3948	0.4	-0.40	0.33	-1.22	0.2220
	FABP1	0.0393	1.4	-0.26	0.13	-2.04	0.0421
	HMGA	0.2112	0.7	0.24	0.14	1.73	0.0845
	IGF2	0.0798	1.1	-	-	-	-
	MC4R	0.9539	0.0	-0.03	0.11	-0.28	0.7823
	PRKAG3	0.1411	0.9	0.12	0.06	1.98	0.0483

(표 3-4-12) 듀록종의 경제형질에 대한 유전자 마커별 통계적 검정 결과

경제형질	유전자 마커	PROB	log ₀	Additive genetic effect			
				효과측정치	표준오차	t-검정통계량	P value
일당증체 중	CAST	0.0090	2.0	-0.002	0.001	-2.20	0.0280
	F4	0.0377	1.4				
	FABP1	0.0046	2.3	0.002	0.001	3.12	0.0019
	HMGA	0.0000	34.7	-0.007	0.001	-10.59	<.0001
	IGF2	0.0006	3.2	-0.002	0.001	-3.02	0.0026
	MC4R	0.0006	3.2	-0.002	0.001	-2.93	0.0035
	PRKAG3	0.0043	2.4	0.002	0.002	1.08	0.2800
등지방두 께	CAST	0.0000	29.3	0.047	0.004	11.43	<.0001
	F4	0.0005	3.3	-	-	-	-
	FABP1	0.0000	9.9	-0.024	0.004	-5.34	<.0001
	HMGA	0.0000	13.1	0.033	0.005	7.14	<.0001
	IGF2	0.0019	2.7	0.001	0.004	0.31	0.7561
	MC4R	0.0000	21.5	0.047	0.005	10.04	<.0001
	PRKAG3	0.0000	5.3	-0.055	0.011	-4.96	<.0001
총산자수	CAST	0.0014	2.8	0.028	0.010	2.66	0.0079
	F4	0.1819	0.7	-	-	-	-
	FABP1	0.0011	3.0	0.027	0.010	2.85	0.0045
	HMGA	0.0000	9.7	0.050	0.010	4.75	<.0001
	IGF2	0.0011	3.0	-0.003	0.009	-0.35	0.7242
	MC4R	0.0000	10.6	-0.079	0.011	-7.00	<.0001
	PRKAG3	0.0125	1.9	-0.057	0.025	-2.32	0.0207
발정채귀 일령	CAST	0.0553	1.3	-0.06	0.03	-2.00	0.0460
	F4	0.0000	10.1	-	-	-	-
	FABP1	0.0001	4.1	-0.12	0.03	-4.29	<.0001
	HMGA	0.0076	2.1	-0.08	0.03	-2.64	0.0083
	IGF2	0.0016	2.8	0.08	0.03	3.10	0.0020
	MC4R	0.1631	0.8	-0.04	0.03	-1.15	0.2505
	PRKAG3	0.0015	2.8	0.00	0.07	-0.05	0.9572

(표 3-4-13) 랜드레이스종의 경제형질에 대한 유전자 마커별 통계적 검정 결과

경제형질	유전자 마커	PROB	log ₀	Additive genetic effect			
				효과측정치	표준오차	t-검정통계량	P value
일당증체 중	CAST	0.0000	6.5	-0.001	0.002	-0.81	0.4175
	ESR	0.0455	1.3	-	-	-	-
	F4	0.7656	0.1	0.001	0.001	0.43	0.6658
	FABP1	0.0031	2.5	-0.003	0.003	-0.89	0.3736
	HMGA	0.7512	0.1	0.000	0.001	0.10	0.9179
	IGF2	0.0109	2.0	0.003	0.001	2.67	0.0076
	MC4R	0.2459	0.6	-0.010	0.008	-1.27	0.2060
	PRKAG3	0.4628	0.3	-0.003	0.003	-0.84	0.4004
등지방두 께	CAST	0.0002	3.7	0.001	0.010	0.11	0.9134
	ESR	0.7577	0.1	-	-	-	-
	F4	0.0000	8.9	-0.042	0.009	-4.42	<.0001
	FABP1	0.3233	0.5	-0.002	0.023	-0.10	0.9189
	HMGA	0.0004	3.4	0.008	0.006	1.37	0.1725
	IGF2	0.0000	4.4	0.000	0.008	-0.01	0.9931
	MC4R	0.0023	2.6	0.109	0.053	2.06	0.0398
	PRKAG3	0.0000	6.3	-0.046	0.022	-2.09	0.0363
총산자수	CAST	0.0000	19.5	0.19	0.03	7.58	<.0001
	ESR	0.3428	0.5	-	-	-	-
	F4	0.0000	12.1	0.11	0.02	4.66	<.0001
	FABP1	0.6076	0.2	0.06	0.06	1.00	0.3193
	HMGA	0.0000	17.2	0.13	0.01	9.02	<.0001
	IGF2	0.0000	6.2	0.04	0.02	1.89	0.0596
	MC4R	0.1352	0.9	-0.23	0.13	-1.74	0.0818
	PRKAG3	0.0689	1.2	0.01	0.05	0.15	0.8825
발정재귀 일령	CAST	0.0004	3.4	-0.08	0.05	-1.63	0.1028
	ESR	0.4618	0.3	-	-	-	-
	F4	0.0000	6.5	0.01	0.04	0.30	0.7617
	FABP1	0.1648	0.8	0.14	0.10	1.38	0.1685
	HMGA	0.0000	24.5	-0.26	0.03	-9.25	<.0001
	IGF2	0.0152	1.8	0.11	0.04	2.88	0.0041
	MC4R	0.0000	9.6	1.21	0.24	4.98	<.0001
	PRKAG3	0.5602	0.3	0.06	0.10	0.59	0.5524

(표 3-4-14) 대요크셔종의 경제형질에 대한 유전자 마커별 통계적 검정 결과

경제형질	유전자 마커	PROB	log ₀	Additive genetic effect			
				효과측정치	표준오차	t-검정통계량	P value
일당증체 중	CAST	0.0000	63.2	0.007	0.000	14.84	<.0001
	ESR	0.0000	123.7	0.009	0.001	10.98	<.0001
	F4	0.0000	101.2	0.006	0.001	11.88	<.0001
	FABP1	0.0000	50.0	0.012	0.003	4.12	<.0001
	HMGA	0.0000	104.5	0.009	0.000	22.23	<.0001
	IGF2	0.0000	278.4	0.013	0.000	35.54	<.0001
	MC4R	0.0000	234.0	0.013	0.001	24.24	<.0001
	PRKAG3	0.0000	19.3	0.014	0.005	2.60	0.0092
등지방두 께	CAST	0.0000	8.8	-0.016	0.003	-6.32	<.0001
	ESR	0.4209	0.4	-0.005	0.004	-1.31	0.1910
	F4	0.0000	7.6	-0.016	0.003	-5.28	<.0001
	FABP1	0.9128	0.0	0.000	0.015	-0.02	0.9805
	HMGA	0.0026	2.6	-0.008	0.003	-2.89	0.0038
	IGF2	0.0000	99.4	-0.044	0.002	-20.73	<.0001
	MC4R	0.0000	33.1	0.037	0.003	12.03	<.0001
	PRKAG3	0.2998	0.5	-0.017	0.029	-0.60	0.5475
총산자수	CAST	0.0000	45.1	0.09	0.01	14.61	<.0001
	ESR	0.0000	68.2	0.13	0.01	9.16	<.0001
	F4	0.0000	11.7	-0.03	0.01	-3.96	<.0001
	FABP1	0.0000	7.4	0.04	0.04	0.98	0.3252
	HMGA	0.0000	43.3	0.09	0.01	14.20	<.0001
	IGF2	0.0079	2.1	0.00	0.01	-0.73	0.4684
	MC4R	0.0000	13.1	-0.02	0.01	-3.18	0.0015
	PRKAG3	0.0001	4.3	-0.10	0.07	-1.41	0.1582
발정재귀 일령	CAST	0.0000	38.8	-0.13	0.01	-12.95	<.0001
	ESR	0.0000	25.7	-0.07	0.02	-3.92	<.0001
	F4	0.0000	12.4	-0.07	0.01	-6.81	<.0001
	FABP1	0.7257	0.1	-0.04	0.06	-0.68	0.4936
	HMGA	0.0000	6.7	0.06	0.01	5.43	<.0001
	IGF2	0.0000	8.8	-0.05	0.01	-6.11	<.0001
	MC4R	0.0126	1.9	0.03	0.01	2.50	0.0123
	PRKAG3	0.1217	0.9	0.12	0.11	1.09	0.2739

(표 3-4-15) 일당증체중에 대한 품종별 유전자 마커의 형질에 대한 분산의 비율(%)

품종	유전자	Additive genetic effect				A 유전자 빈도	$\sigma_{NP}^2/\sigma_{BV}^2(\%)$
		효과추정치	표준오차	t-검정 통계량	P value		
버크셔	PRKAG3	0.015	0.002	8.25	<.0001	0.78	21.6
	MC4R	-0.012	0.004	-3.01	0.0027	0.13	5.5
듀록	FABP1	0.002	0.001	3.12	0.0019	0.45	0.5
	IGF2	-0.002	0.001	-3.02	0.0026	0.45	0.4
	MC4R	-0.002	0.001	-2.93	0.0035	0.34	0.4
	HMGA	-0.007	0.001	-10.59	<.0001	0.51	4.8
랜드레이스	IGF2	0.003	0.001	2.67	0.0076	0.20	0.4
대요크셔	ESR	0.009	0.001	10.98	<.0001	0.08	1.9
	FABP1	0.012	0.003	4.12	<.0001	0.02	0.8
	IGF2	0.013	0.000	35.54	<.0001	0.39	20.4
	PRKAG3	0.014	0.005	2.60	0.0092	0.02	0.9
	F4	0.006	0.001	11.88	<.0001	0.20	2.7
	MC4R	0.013	0.001	24.24	<.0001	0.17	9.1
	CAST	0.007	0.000	14.84	<.0001	0.44	5.7
	hmgA	0.009	0.000	22.23	<.0001	0.61	11.4

(표 3-4-16) 등지방두께에 대한 품종별 유전자 마커의 형질에 대한 분산의 비율(%)

품종	유전자	Additive genetic effect				A 유전자 빈도	$\sum\sigma_{SNP}^2/\sigma_{BV}^2(\%)$
		효과추정치	표준오차	t-검정 통계량	P value		
버크셔	PRKAG3	-0.064	0.012	-5.38	<.0001	0.78	10.2
	MC4R	0.097	0.025	3.95	<.0001	0.13	9.3
듀록	FABP1	-0.024	0.004	-5.34	<.0001	0.45	2.7
	PRKAG3	-0.055	0.011	-4.96	<.0001	0.11	4.5
	MC4R	0.047	0.005	10.04	<.0001	0.34	9.2
	CAST	0.047	0.004	11.43	<.0001	0.46	12.0
	HMGA	0.033	0.005	7.14	<.0001	0.51	5.6
랜드레이스	F4	-0.042	0.009	-4.42	<.0001	0.15	2.2
대요크셔	IGF2	-0.044	0.002	-20.73	<.0001	0.39	8.9
	F4	-0.016	0.003	-5.28	<.0001	0.20	0.7
	MC4R	0.037	0.003	12.03	<.0001	0.17	2.9
	CAST	-0.016	0.003	-6.32	<.0001	0.44	1.3
	HMGA	-0.008	0.003	-2.89	0.0038	0.61	0.3

(표 3-4-17) 총산자수에 대한 품종별 유전자 마커의 형질에 대한 분산의 비율(%)

품종	유전자	Additive genetic effect				A 유전자 빈도	$\sigma_{NP}^2/\sigma_{BV}^2(\%)$
		효과추정치	표준오차	t-검정 통계량	P value		
듀록	FABP1	0.027	0.010	2.85	0.0045	0.45	0.4
	MC4R	-0.079	0.011	-7.00	<.0001	0.34	3.0
	CAST	0.028	0.010	2.66	0.0079	0.46	0.5
	HMGA	0.050	0.010	4.75	<.0001	0.51	1.4
랜드레이스	F4	0.11	0.02	4.66	<.0001	0.15	1.7
	CAST	0.19	0.03	7.58	<.0001	0.10	4.0
	HMGA	0.13	0.01	9.02	<.0001	0.72	5.6
대요크셔	ESR	0.13	0.01	9.16	<.0001	0.08	1.5
	F4	-0.03	0.01	-3.96	<.0001	0.20	0.2
	MC4R	-0.02	0.01	-3.18	0.0015	0.17	0.1
	CAST	0.09	0.01	14.61	<.0001	0.44	3.1
	HMGA	0.09	0.01	14.20	<.0001	0.61	3.2

(표 3-4-18) 발정재귀일령에 대한 품종별 유전자 마커의 형질에 대한 분산의 비율(%)

품종	유전자	Additive genetic effect				A 유전자 빈도	$\sum\sigma_{SNP}^2/\sigma_{BV}^2(\%)$
		효과추정치	표준오차	t-검정 통계량	P value		
듀록	FABP1	-0.12	0.03	-4.29	<.0001	0.45	1.6
	IGF2	0.08	0.03	3.10	0.0020	0.45	0.8
	HMGA	-0.08	0.03	-2.64	0.0083	0.51	0.7
랜드레이스	IGF2	0.11	0.04	2.88	0.0041	0.20	0.5
	MC4R	1.21	0.24	4.98	<.0001	0.02	5.9
	HMGA	-0.26	0.03	-9.25	<.0001	0.72	6.1
대요크셔	ESR	-0.07	0.02	-3.92	<.0001	0.08	0.2
	IGF2	-0.05	0.01	-6.11	<.0001	0.39	0.6
	F4	-0.07	0.01	-6.81	<.0001	0.20	0.7
	CAST	-0.13	0.01	-12.95	<.0001	0.44	4.0
	HMGA	0.06	0.01	5.43	<.0001	0.61	0.7

다. 유전자 마커의 산업적 적용

- 버크셔중 마커도움선발(MAS) 활용: 버크셔의 한 개체에 대하여 유전자형에 따른 지노믹육종가의 경우 일당증체량에 유의성 있는 유전자(SNP)들은, PRKAG3와 MC4R인데, 두 SNP 마커의 유전자형 조합에 따른 지노믹육종가는 다음과 같이 산출할 수 있다.

(표 3-4-19) 2개 SNP 마커의 유전자형조합에 따른 일당증체중의 지노믹(분자)육종가

개체	PRKAG3	MC4R	PRKAG3 유전자형가	MC4R 유전자형가	분자육종가
1	AA	mm	0.015	-0.012	0.003
2	AA	Mm	0.015	0	0.015
3	AA	MM	0.015	0.012	0.027
4	AG	mm	0	-0.012	-0.012
5	AG	Mm	0	0	0
6	AG	MM	0	0.012	0.012
7	GG	mm	-0.015	-0.012	-0.027
8	GG	Mm	-0.015	0	-0.015
9	GG	MM	-0.015	0.012	-0.003

- 버크셔의 한 개체에 대하여 유전자형에 따른 지노믹육종가의 경우 등지방두께에 유의성 있는 유전자(SNP)들은, PRKAG3와 MC4R인데, 두 SNP 마커의 유전자형 조합에 따른 지노믹육종가는 다음과 같이 산출할 수 있다.

(표 3-4-20) 2개 SNP 마커의 유전자형조합에 따른 등지방두께의 지노믹(분자)육종가

개체	PRKAG3	MC4R	PRKAG3 유전자형가	MC4R 유전자형가	분자육종가
1	AA	mm	-0.064	0.097	0.033
2	AA	Mm	-0.064	0	-0.064
3	AA	MM	-0.064	-0.097	-0.161
4	AG	mm	0	0.097	0.097
5	AG	Mm	0	0	0
6	AG	MM	0	-0.097	-0.097
7	GG	mm	0.064	0.097	0.161
8	GG	Mm	0.064	0	0.064
9	GG	MM	0.064	-0.097	-0.033

○ **듀록종 마커도움선발(MAS) 활용 방안:** 듀록종의 한 개체에 대하여 유전자형에 따른 지노믹육종가의 경우 일당증체량에 유의성 있는 유전자(SNP)들은, FABP1, IGF2, MC4R, HMGA인데, 네 개의 SNP 마커의 유전자형 조합에 따른 지노믹육종가는 다음과 같이 산출할 수 있다.

(표 3-4-21) 4개 SNP 마커의 유전자형조합에 따른 일당증체중의 지노믹(분자)육종가

순번	FABP1	IGF2	MC4R	HMGA	유전자형 효과				분자육종가
					FABP1	IGF2	MC4R	HMGA	
1	HH	QQ	MM	CC	0.002	-0.002	-0.002	-0.007	-0.009
2	HH	QQ	MM	CT	0.002	-0.002	-0.002	0	-0.002
3	HH	QQ	MM	CC	0.002	-0.002	-0.002	0.007	0.005
4	HH	QQ	Mm	CC	0.002	-0.002	0	-0.007	-0.007
5	HH	QQ	Mm	CT	0.002	-0.002	0	0	0
6	HH	QQ	Mm	CC	0.002	-0.002	0	0.007	0.007
7	HH	QQ	mm	CC	0.002	-0.002	0.002	-0.007	-0.005
8	HH	QQ	mm	CT	0.002	-0.002	0.002	0	0.002
9	HH	QQ	mm	CC	0.002	-0.002	0.002	0.007	0.009
10	HH	Qq	MM	CC	0.002	0	-0.002	-0.007	-0.007
11	HH	Qq	MM	CT	0.002	0	-0.002	0	0
12	HH	Qq	MM	CC	0.002	0	-0.002	0.007	0.007
13	HH	Qq	Mm	CC	0.002	0	0	-0.007	-0.005
14	HH	Qq	Mm	CT	0.002	0	0	0	0.002
15	HH	Qq	Mm	CC	0.002	0	0	0.007	0.009
16	HH	Qq	mm	CC	0.002	0	0.002	-0.007	-0.003
17	HH	Qq	mm	CT	0.002	0	0.002	0	0.004
18	HH	Qq	mm	CC	0.002	0	0.002	0.007	0.011
19	HH	qq	MM	CC	0.002	0.002	-0.002	-0.007	-0.005
20	HH	qq	MM	CT	0.002	0.002	-0.002	0	0.002
21	HH	qq	MM	CC	0.002	0.002	-0.002	0.007	0.009
22	HH	qq	Mm	CC	0.002	0.002	0	-0.007	-0.003
23	HH	qq	Mm	CT	0.002	0.002	0	0	0.004
24	HH	qq	Mm	CC	0.002	0.002	0	0.007	0.011
25	HH	qq	mm	CC	0.002	0.002	0.002	-0.007	-0.001
26	HH	qq	mm	CT	0.002	0.002	0.002	0	0.006
27	HH	qq	mm	CC	0.002	0.002	0.002	0.007	0.013

- 듀록종의 한 개체에 대하여 유전자형에 따른 지노믹육종가의 경우 등지방두께에 유의성 있는 유전자(SNP)들은, FABP1, PRKAG3, MC4R, CAST, HMGA인데, 다섯개의 SNP 마커의 유전자형 조합에 따른 지노믹육종가는 다음과 같이 산출할 수 있다.

(표 3-4-22) 5개 SNP 마커의 유전자형조합에 따른 등지방두께의 지노믹(분자)육종가

순번	FABP1	PRKAG3	MC4R	CAST	HMGA	유전자형 효과					분자육종가
						FABP1	PRKAG3	MC4R	CAST	HMGA	
1	HH	AA	MM	EE	CC	-0.024	-0.055	0.047	0.047	0.033	0.048
2	HH	AA	MM	EE	CT	-0.024	-0.055	0.047	0.047	0	0.015
3	HH	AA	MM	EE	TT	-0.024	-0.055	0.047	0.047	-0.033	-0.018
4	HH	AA	MM	Ee	CC	-0.024	-0.055	0.047	0	0.033	0.001
5	HH	AA	MM	Ee	CT	-0.024	-0.055	0.047	0	0	-0.032
6	HH	AA	MM	Ee	TT	-0.024	-0.055	0.047	0	-0.033	-0.065
7	HH	AA	MM	ee	CC	-0.024	-0.055	0.047	-0.047	0.033	-0.046
8	HH	AA	MM	ee	CT	-0.024	-0.055	0.047	-0.047	0	-0.079
9	HH	AA	MM	ee	TT	-0.024	-0.055	0.047	-0.047	-0.033	-0.112
10	HH	AA	Mm	EE	CC	-0.024	-0.055	0	0.047	0.033	0.001
11	HH	AA	Mm	EE	CT	-0.024	-0.055	0	0.047	0	-0.032
12	HH	AA	Mm	EE	TT	-0.024	-0.055	0	0.047	-0.033	-0.065
13	HH	AA	Mm	Ee	CC	-0.024	-0.055	0	0	0.033	-0.046
14	HH	AA	Mm	Ee	CT	-0.024	-0.055	0	0	0	-0.079
15	HH	AA	Mm	Ee	TT	-0.024	-0.055	0	0	-0.033	-0.112
16	HH	AA	Mm	ee	CC	-0.024	-0.055	0	-0.047	0.033	-0.093
17	HH	AA	Mm	ee	CT	-0.024	-0.055	0	-0.047	0	-0.126
18	HH	AA	Mm	ee	TT	-0.024	-0.055	0	-0.047	-0.033	-0.159
19	HH	AA	mm	EE	CC	-0.024	-0.055	-0.047	0.047	0.033	-0.046
20	HH	AA	mm	EE	CT	-0.024	-0.055	-0.047	0.047	0	-0.079
21	HH	AA	mm	EE	TT	-0.024	-0.055	-0.047	0.047	-0.033	-0.112
22	HH	AA	mm	Ee	CC	-0.024	-0.055	-0.047	0	0.033	-0.093
23	HH	AA	mm	Ee	CT	-0.024	-0.055	-0.047	0	0	-0.126
24	HH	AA	mm	Ee	TT	-0.024	-0.055	-0.047	0	-0.033	-0.159
25	HH	AA	mm	ee	CC	-0.024	-0.055	-0.047	-0.047	0.033	-0.14
26	HH	AA	mm	ee	CT	-0.024	-0.055	-0.047	-0.047	0	-0.173
27	HH	AA	mm	ee	TT	-0.024	-0.055	-0.047	-0.047	-0.033	-0.206

- **랜드레이스종 마커도움선발(MAS) 활용:** 랜드레이스종 한 개체에 대하여 유전자형에 따른 지노믹육종가의 경우 일당증체량에 유의성 있는 유전자(SNP)는 IGF2, 등지방두께는 F4, 실산자수는 F4, CAST, HMGA, 발정재귀일령은 IGF2, MC4R, HMGA인데, 이들 SNP 마커의 유전자형 조합에 따른 지노믹육종가는 다음과 같이 산출할 수 있다.

(표 3-4-23) SNP 마커의 유전자형조합에 따른 일당증체중의 지노믹(분자)육종가

순번	IGF2	IGF2 유전자형가	분자육종가
1	QQ	0.003	0.003
2	Qq	0	0
3	qq	-0.003	-0.003

(표 3-4-24) SNP 마커의 유전자형조합에 따른 등지방두께의 지노믹(분자)육종가

순번	F4	IGF2 유전자형가	분자육종가
1	CC	-0.042	-0.042
2	CT	0	0
3	TT	0.042	0.042

(표 3-4-25) SNP 마커의 유전자형조합에 따른 실산자수의 지노믹(분자)육종가

순번	F4	CAST	HMGA	유전자형가			분자육종가
				F4	CAST	HMGA	
1	CC	EE	CC	0.11	0.19	0.13	0.43
2	CC	EE	CT	0.11	0.19	0	0.3
3	CC	EE	TT	0.11	0.19	-0.13	0.17
4	CC	Ee	CC	0.11	0	0.13	0.24
5	CC	Ee	CT	0.11	0	0	0.11
6	CC	Ee	TT	0.11	0	-0.13	-0.02
7	CC	ee	CC	0.11	-0.19	0.13	0.05
8	CC	ee	CT	0.11	-0.19	0	-0.08
9	CC	ee	TT	0.11	-0.19	-0.13	-0.21
10	CT	EE	CC	0	0.19	0.13	0.32
11	CT	EE	CT	0	0.19	0	0.19
12	CT	EE	TT	0	0.19	-0.13	0.06
13	CT	Ee	CC	0	0	0.13	0.13
14	CT	Ee	CT	0	0	0	0
15	CT	Ee	TT	0	0	-0.13	-0.13
16	CT	ee	CC	0	-0.19	0.13	-0.06
17	CT	ee	CT	0	-0.19	0	-0.19
18	CT	ee	TT	0	-0.19	-0.13	-0.32

(표 3-4-26) SNP 마커의 유전자형조합에 따른 실산자수의 지노믹(분자)육종가

순번	F4	CAST	HMGA	유전자형가			분자육종가
				F4	CAST	HMGA	
19	TT	EE	CC	-0.11	0.19	0.13	0.21
20	TT	EE	CT	-0.11	0.19	0	0.08
21	TT	EE	TT	-0.11	0.19	-0.13	-0.05
22	TT	Ee	CC	-0.11	0	0.13	0.02
23	TT	Ee	CT	-0.11	0	0	-0.11
24	TT	Ee	TT	-0.11	0	-0.13	-0.24
25	TT	ee	CC	-0.11	-0.19	0.13	-0.17
26	TT	ee	CT	-0.11	-0.19	0	-0.3
27	TT	ee	TT	-0.11	-0.19	-0.13	-0.43

(표 3-4-27) SNP 마커의 유전자형조합에 따른 발정재귀일령의 지노믹(분자)육종가

순번	IGF2	MC4R	HMGA	유전자형가			분자육종가
				F4	CAST	HMGA	
1	QQ	MM	CC	0.11	1.21	-0.26	1.06
2	QQ	MM	CT	0.11	1.21	0	1.32
3	QQ	MM	TT	0.11	1.21	0.26	1.58
4	QQ	Mm	CC	0.11	0	-0.26	-0.15
5	QQ	Mm	CT	0.11	0	0	0.11
6	QQ	Mm	TT	0.11	0	0.26	0.37
7	QQ	mm	CC	0.11	-1.21	-0.26	-1.36
8	QQ	mm	CT	0.11	-1.21	0	-1.1
9	QQ	mm	TT	0.11	-1.21	0.26	-0.84
10	Qq	MM	CC	0	1.21	-0.26	0.95
11	Qq	MM	CT	0	1.21	0	1.21
12	Qq	MM	TT	0	1.21	0.26	1.47
13	Qq	Mm	CC	0	0	-0.26	-0.26
14	Qq	Mm	CT	0	0	0	0
15	Qq	Mm	TT	0	0	0.26	0.26
16	Qq	mm	CC	0	-1.21	-0.26	-1.47
17	Qq	mm	CT	0	-1.21	0	-1.21
18	Qq	mm	TT	0	-1.21	0.26	-0.95
19	qq	MM	CC	-0.11	1.21	-0.26	0.84
20	qq	MM	CT	-0.11	1.21	0	1.1
21	qq	MM	TT	-0.11	1.21	0.26	1.36
22	qq	Mm	CC	-0.11	0	-0.26	-0.37
23	qq	Mm	CT	-0.11	0	0	-0.11
24	qq	Mm	TT	-0.11	0	0.26	0.15
25	qq	mm	CC	-0.11	-1.21	-0.26	-1.58
26	qq	mm	CT	-0.11	-1.21	0	-1.32
27	qq	mm	TT	-0.11	-1.21	0.26	-1.06

○ **요크셔종 마커도움선발(MAS) 활용 방안:** 요크셔종의 한 개체에 대하여 유전자형에 따른 지노믹육종가의 경우 총산자수에 유의성 있는 유전자(SNP)들은, ESR, F4, MC4R, CAST, HMGA인데, SNP 마커의 유전자형 조합에 따른 지노믹육종가는 다음과 같이 산출할 수 있다.

(표 3-4-28) SNP 마커의 유전자형조합에 따른 총산자수의 지노믹(분자)육종가

순번	ESR	F4	MC4R	CAST	HMGA	유전자형 효과					분자육종가
						ESR	F4	MC4R	CAST	HMGA	
1	AA	CC	MM	EE	CC	-0.13	-0.03	0.02	0.09	0.09	0.04
2	AA	CC	MM	EE	CT	-0.13	-0.03	0.02	0.09	0	-0.05
3	AA	CC	MM	EE	CC	-0.13	-0.03	0.02	0.09	-0.09	-0.14
4	AA	CC	MM	Ee	CC	-0.13	-0.03	0.02	0	0.09	-0.05
5	AA	CC	MM	Ee	CT	-0.13	-0.03	0.02	0	0	-0.14
6	AA	CC	MM	Ee	CC	-0.13	-0.03	0.02	0	-0.09	-0.23
7	AA	CC	MM	ee	CC	-0.13	-0.03	0.02	-0.09	0.09	-0.14
8	AA	CC	MM	ee	CT	-0.13	-0.03	0.02	-0.09	0	-0.23
9	AA	CC	MM	ee	CC	-0.13	-0.03	0.02	-0.09	-0.09	-0.32
10	AA	CC	Mm	EE	CC	-0.13	-0.03	0	0.09	0.09	0.02
11	AA	CC	Mm	EE	CT	-0.13	-0.03	0	0.09	0	-0.07
12	AA	CC	Mm	EE	CC	-0.13	-0.03	0	0.09	-0.09	-0.16
13	AA	CC	Mm	Ee	CC	-0.13	-0.03	0	0	0.09	-0.07
14	AA	CC	Mm	Ee	CT	-0.13	-0.03	0	0	0	-0.16
15	AA	CC	Mm	Ee	CC	-0.13	-0.03	0	0	-0.09	-0.25
16	AA	CC	Mm	ee	CC	-0.13	-0.03	0	-0.09	0.09	-0.16
17	AA	CC	Mm	ee	CT	-0.13	-0.03	0	-0.09	0	-0.25
18	AA	CC	Mm	ee	CC	-0.13	-0.03	0	-0.09	-0.09	-0.34
19	AA	CC	mm	EE	CC	-0.13	-0.03	-0.02	0.09	0.09	0
20	AA	CC	mm	EE	CT	-0.13	-0.03	-0.02	0.09	0	-0.09
21	AA	CC	mm	EE	CC	-0.13	-0.03	-0.02	0.09	-0.09	-0.18
22	AA	CC	mm	Ee	CC	-0.13	-0.03	-0.02	0	0.09	-0.09
23	AA	CC	mm	Ee	CT	-0.13	-0.03	-0.02	0	0	-0.18
24	AA	CC	mm	Ee	CC	-0.13	-0.03	-0.02	0	-0.09	-0.27
25	AA	CC	mm	ee	CC	-0.13	-0.03	-0.02	-0.09	0.09	-0.18
26	AA	CC	mm	ee	CT	-0.13	-0.03	-0.02	-0.09	0	-0.27
27	AA	CC	mm	ee	CC	-0.13	-0.03	-0.02	-0.09	-0.09	-0.36

- 요크셔종의 발정재귀일령에 유의성 있는 유전자(SNP)들은, ESR, F4, IGF2, CAST, HMGA인데, SNP 마커의 유전자형 조합에 따른 지노믹육종가는 다음과 같이 산출할 수 있다.

(표 3-4-29) SNP 마커의 유전자형조합에 따른 발정재귀일령의 지노믹(분자)육종가

순번	ESR	F4	MC4R	CAST	HMGA	유전자형 효과					분자육종가
						ESR	F4	MC4R	CAST	HMGA	
1	AA	CC	QQ	EE	CC	-0.07	-0.05	-0.07	-0.13	0.06	-0.26
2	AA	CC	QQ	EE	CT	-0.07	-0.05	-0.07	-0.13	0	-0.32
3	AA	CC	QQ	EE	CC	-0.07	-0.05	-0.07	-0.13	-0.06	-0.38
4	AA	CC	QQ	Ee	CC	-0.07	-0.05	-0.07	0	0.06	-0.13
5	AA	CC	QQ	Ee	CT	-0.07	-0.05	-0.07	0	0	-0.19
6	AA	CC	QQ	Ee	CC	-0.07	-0.05	-0.07	0	-0.06	-0.25
7	AA	CC	QQ	ee	CC	-0.07	-0.05	-0.07	0.13	0.06	0
8	AA	CC	QQ	ee	CT	-0.07	-0.05	-0.07	0.13	0	-0.06
9	AA	CC	QQ	ee	CC	-0.07	-0.05	-0.07	0.13	-0.06	-0.12
10	AA	CC	Qq	EE	CC	-0.07	-0.05	0	-0.13	0.06	-0.19
11	AA	CC	Qq	EE	CT	-0.07	-0.05	0	-0.13	0	-0.25
12	AA	CC	Qq	EE	CC	-0.07	-0.05	0	-0.13	-0.06	-0.31
13	AA	CC	Qq	Ee	CC	-0.07	-0.05	0	0	0.06	-0.06
14	AA	CC	Qq	Ee	CT	-0.07	-0.05	0	0	0	-0.12
15	AA	CC	Qq	Ee	CC	-0.07	-0.05	0	0	-0.06	-0.18
16	AA	CC	Qq	ee	CC	-0.07	-0.05	0	0.13	0.06	0.07
17	AA	CC	Qq	ee	CT	-0.07	-0.05	0	0.13	0	0.01
18	AA	CC	Qq	ee	CC	-0.07	-0.05	0	0.13	-0.06	-0.05
19	AA	CC	qq	EE	CC	-0.07	-0.05	0.07	-0.13	0.06	-0.12
20	AA	CC	qq	EE	CT	-0.07	-0.05	0.07	-0.13	0	-0.18
21	AA	CC	qq	EE	CC	-0.07	-0.05	0.07	-0.13	-0.06	-0.24
22	AA	CC	qq	Ee	CC	-0.07	-0.05	0.07	0	0.06	0.01
23	AA	CC	qq	Ee	CT	-0.07	-0.05	0.07	0	0	-0.05
24	AA	CC	qq	Ee	CC	-0.07	-0.05	0.07	0	-0.06	-0.11
25	AA	CC	qq	ee	CC	-0.07	-0.05	0.07	0.13	0.06	0.14
26	AA	CC	qq	ee	CT	-0.07	-0.05	0.07	0.13	0	0.08
27	AA	CC	qq	ee	CC	-0.07	-0.05	0.07	0.13	-0.06	0.02

라. 분자유종가의 적용방안

- 어떤 임의의 개체는 두 유전자의 유전자형에 따라서 위 아홉가지 조합이 가능하다. 각 조합의 경우에 따라 (표)와 같은 분자유종가 값을 가지게 된다.
- 실제 농가 현장에 적용할 경우, 본 보고에서 적용되어진 유전자들은 전체 유전분산의 일정 부분만을 설명하므로 이 유전자들에 의하여 설명되어지지 않은 유전자들의 효과, 즉 다중유전자(polygenic) 효과도 동시에 고려해야 한다.
- 따라서 기존의 표현형과 혈통정보를 고려한 전통 다중유전자육종가 값과 지노믹육종가 값을 동시에 고려한 선발지수로 다음과 같이 적용할 수 있다.

$$\text{개체 종합 육종가} = \text{전통 다중유전자 육종가} + \text{지노믹육종가}$$

개체 1번의 일당증체중의 전통 다중유전자 육종가(polygenic EBV)가 0.10 이라고 한다면, 1번의 일당 증체중의 종합 육종가는 $0.10+0.003=0.103$ 이 된다. 따라서 기존의 선발지수 적용 시 일당증체중 0.10 대신에 0.103을 사용하므로써 MAS육종가의 효과를 추가 할 수 있다.

듀록 부계 선발지수(SLI)

$$= 92 + (638 \times \text{일당증체중 육종가}) - (63 \times \text{평균등지방두께 육종가})$$

[예제]

(표 3-4-30) 듀록종 수컷에 대해 유전자마커를 분석한 결과

개체번호	성별	유전자형					
		FABP1	IGF2	PRKAG3	MC4R	CAST	HMGA
DAB8261	M	HH	QQ	AG	mm	EF	TC
DAB8229	M	HH	QQ	AG	MM	EF	TC
DAB8145	M	HH	Qq	GG	Mm	EF	TT
DAB7387	M	HH	QQ	AG	mm	EE	TT
DAB5138	M	HH	QQ	GG	-	-	-
DAB5136	M	HH	QQ	GG	-	-	-
DAB5134	M	HH	QQ	GG	-	-	-

(표 3-4-31) 일당증체중에 대한 분자(지노믹)육종가 계산

개체번호	성별	일당증체중에 대한 분자(지노믹)육종가				
		FABP1	IGF2	MC4R	HMGA	분자육종가
DAB8261	M	0.002	-0.002	0.002	0	0.002
DAB8229	M	0.002	-0.002	-0.002	0	-0.002
DAB8145	M	0.002	0	0	0.007	0.009
DAB7387	M	0.002	-0.002	0.002	0.007	0.009
DAB5138	M	0.002	-0.002	0	0	0
DAB5136	M	0.002	-0.002	0	0	0
DAB5134	M	0.002	-0.002	0	0	0

(표 3-4-32) 등지방두께에 대한 분자(지노믹)육종가 계산

개체번호	성별	등지방두께에 대한 분자(지노믹)육종가					
		FABP1	PRKAG3	MC4R	CAST	HMGA	분자육종가
DAB8261	M	-0.024	0	-0.047	0	0	-0.071
DAB8229	M	-0.024	0	0.047	0	0	0.023
DAB8145	M	-0.024	0.055	0	0	-0.033	-0.002
DAB7387	M	-0.024	0	-0.047	0.047	-0.033	-0.057
DAB5138	M	-0.024	0.055	-	-	-	0.031
DAB5136	M	-0.024	0.055	-	-	-	0.031
DAB5134	M	-0.024	0.055	-	-	-	0.031

(표 3-4-33) 등지방두께에 대한 분자(지노믹)육종가 계산

개체번호	성별	일당증체중			등지방두께			기존 선발지수	개체종합 선발지수
		전통 육종가	지노믹 육종가	종합 육종가	전통육 종가	지노믹 육종가	종합 육종가		
DAB8261	M	0.0968	-0.071	0.0988	-0.186 1	-0.071	-0.2571	165.5	171.2
DAB8229	M	0.0793	0.023	0.0773	-0.056 1	0.023	-0.0331	146.1	143.4
DAB8145	M	0.0522	-0.002	0.0612	-0.131 1	-0.002	-0.1331	133.6	139.4
DAB7387	M	0.053	-0.057	0.062	-0.006 8	-0.057	-0.0638	126.2	135.6
DAB5138	M	0.0309	0.031	0.0309	-0.145 9	0.031	-0.1149	120.9	119.0
DAB5136	M	0.0293	0.031	0.0293	-0.142	0.031	-0.111	119.6	117.7
DAB5134	M	0.0253	0.031	0.0253	-0.180 5	0.031	-0.1495	119.5	117.6

3. 경제형질별 유전적 개량추세 분석

- A종돈장은 지난 15년간 지속적으로 육종가를 분석해서 종돈 개량을 하고 있다. 매주 순종 후보돈에 대해 50~150두 규모로 농장검정을 실시하고 있으며 일당증체중, 등지방두께, 90kg도달일령 등의 산육형질들을 BLUP(최적선형불편예측치) 방식에 의해 분석을 하고 있다.
- GGP, GP 농장의 번식농장을 하나로 묶어 복당 총산자수, 이유두수, 발정재귀일령 등의 번식형질도 BLUP 방식의 분석을 통해 매주 선발지수를 산출하여 자체 보충용 및 종돈판매용 후보돈 등을 선발한다. 2008~2014년까지 A종돈장의 형질별 유전적 개량 추세를 분석한 결과는 다음과 같다.

가. 경제형질별 유전적 모수 추정

- A 농장의 2001년부터 2014년까지의 농장검정자료와 번식자료를 활용하여 WOMBAT의 애니멀 모델(Animal Model)을 이용해 각 품종별 유전모수를 추정하였다.

(표 3-4-34) 버크셔종의 유전력, 표현형상관 및 유전상관

	일당증체량	등지방두께	복당 총산자수	발정재귀일령
일당증체량	0.58	0.07	0.07	-0.2
등지방두께	0.09	0.61	0.21	-0.1
복당 총산자수	-	0.06	0.08	-0.2
발정재귀일령	0.01	0.02	-	0.05

(표 3-4-35) 듀록종의 유전력, 표현형상관 및 유전상관

	일당증체량	등지방두께	복당 총산자수	발정재귀일령
일당증체량	0.3	-0.14	-0.01	-0.14
등지방두께	0.31	0.43	0.25	-0.1
복당 총산자수	-0.04	0.08	0.16	-0.09
발정재귀일령	0.01	0.02	-0.02	0.05

(표 3-4-36) 랜드레이스의 유전력, 표현형상관 및 유전상관

	일당증체량	등지방두께	복당 총산자수	발정재귀일령
일당증체량	0.32	0.05	0.26	-0.35
등지방두께	-0.14	0.44	-0.03	-0.17
복당 총산자수	-0.07	0.02	0.17	-0.14
발정재귀일령	0.1	-0.04	-0.04	0.06

(표 3-4-37) 요크셔종의 유전력, 표현형상관 및 유전상관

	일당증체량	등지방두께	복당 총산자수	발정재귀일령
일당증체량	0.56	-0.15	0.04	-0.11
등지방두께	-0.23	0.43	0.04	-0.08
복당 총산자수	-0.15	0.04	0.19	-0.19
발정재귀일령	0.04	0.02	-0.03	0.08

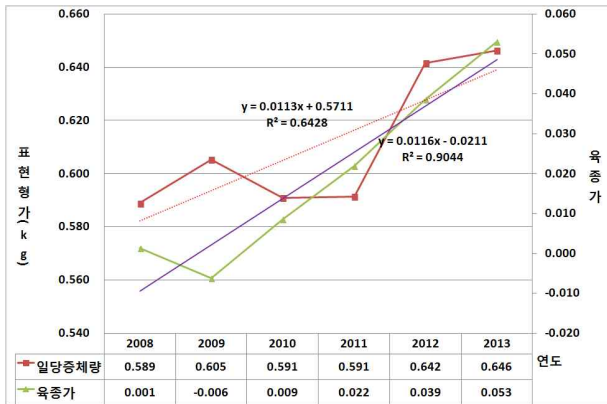
Genetic correlation coefficients are above diagonal and phenotypic correlations are below diagonal.

- 품종별 일당증체량에 대한 유전력은 버크셔종, 듀록종, 랜드레이스종 및 요크셔종에서 각각 0.58, 0.30, 0.32 및 0.56으로 중도의 유전력을 나타냄
- 등지방두께에 대한 유전력은 버크셔종, 듀록종, 랜드레이스종 및 요크셔종에서 각각 0.61, 0.43, 0.44 및 0.43로 추정되었음
- 복당총산자수에 대한 유전력은 버크셔종, 듀록종, 랜드레이스종 및 요크셔종에서 각각 0.08, 0.16, 0.17 및 0.19로 추정되었으며 발정재귀일령에 대한 유전력은 버크셔종, 듀록종, 랜드레이스종 및 요크셔종에서 각각 0.05, 0.05, 0.06 및 0.08로 추정되었음.

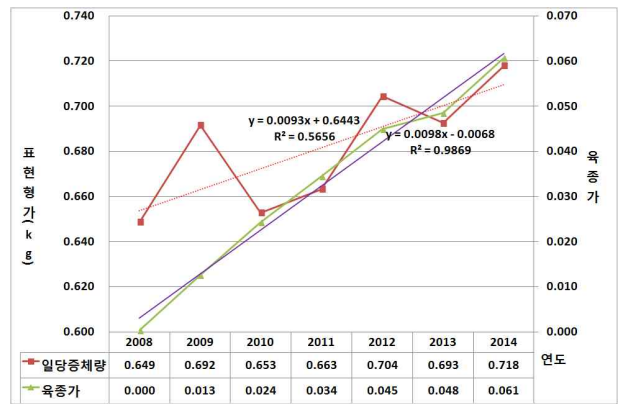
나. 경제형질별 유전적 개량추세

(1) 일당증체중

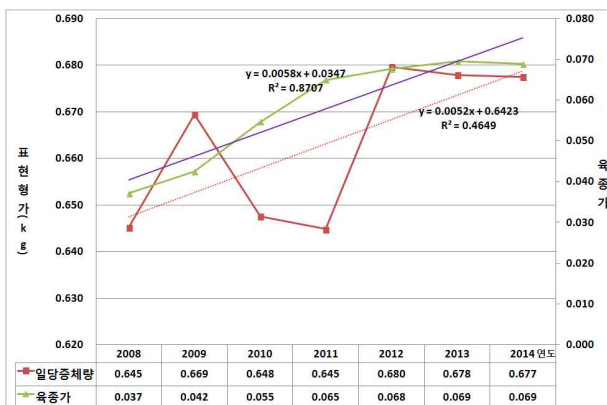
- 일당증체중 형질은 유전적 개량속도는 매년 9g씩 증가하고 있다. 듀록의 경우 일당 증체중은 매년 11g씩, 랜드레이스는 9g씩, 대요크셔는 8g씩 개량되고 있다.
- 그러나 2008년의 표현형가 일당증체중이 전년도보다 감소했으나 2009년도에는 다시 본 궤도에 오르다가 2010년 다시 감소하였다. 이 같은 현상은 랜드레이스, 요크셔, 듀록 모두에게서 나타나고 있는데 위생상태 등 환경적 요인이 일시적으로 영향을 주었던 것으로 보인다.



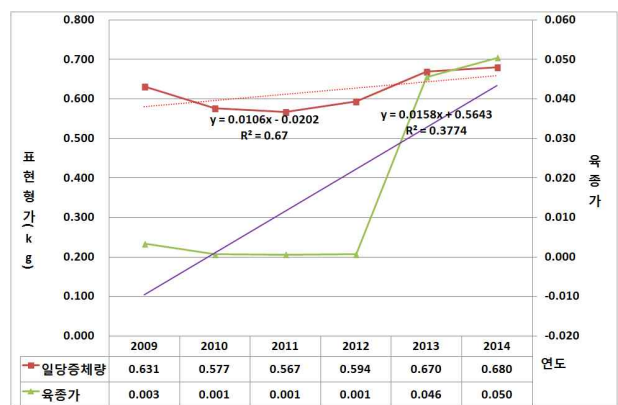
Berkshire



Duroc



Landrace



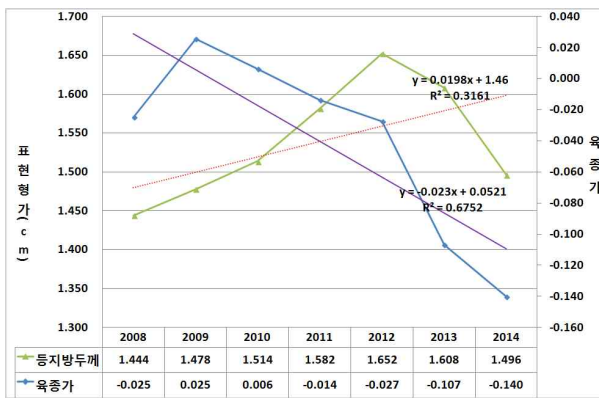
Yorkshire

(그림 3-4-21) 품종별 일당증체중에 대한 개량추이

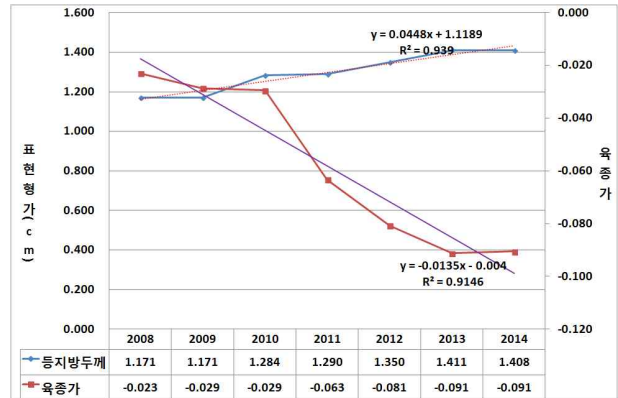
(2) 등지방두께

○ A 종돈장은 지난 2004년까지 전반적으로 등지방두께가 얇은 쪽으로 육종개량을 했으나 2005년 선발지수를 개정해서 등지방두께가 두꺼워지는 방향으로 개량을 시작하였다.

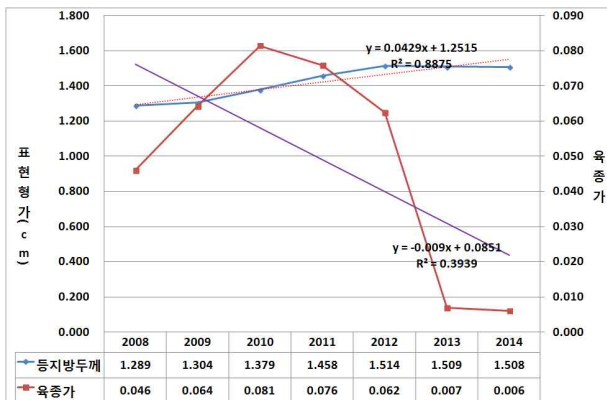
○ 버크셔종은 '12년이후부터는 등지방두께가 얇아지는 쪽으로 개량이 되고 있고 듀록종, 랜드레이스종 및 요크셔종의 육종가는 '10년부터 얇아지는 쪽으로 개량이 이루어지고 있지만, 표현형가는 두꺼워지고 있다.



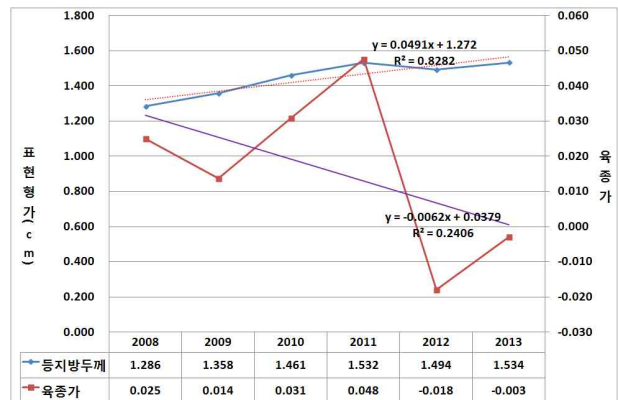
Berkshire



Duroc



Landrace

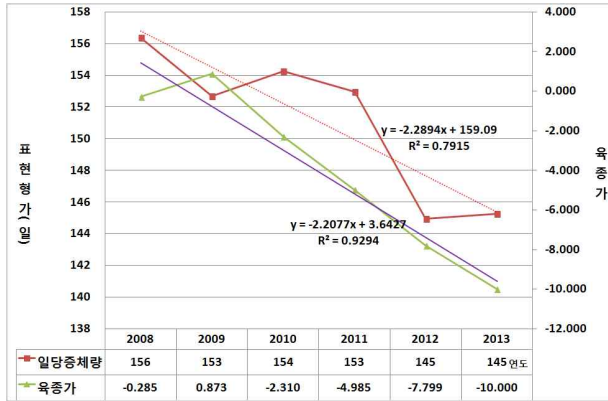


Yorkshire

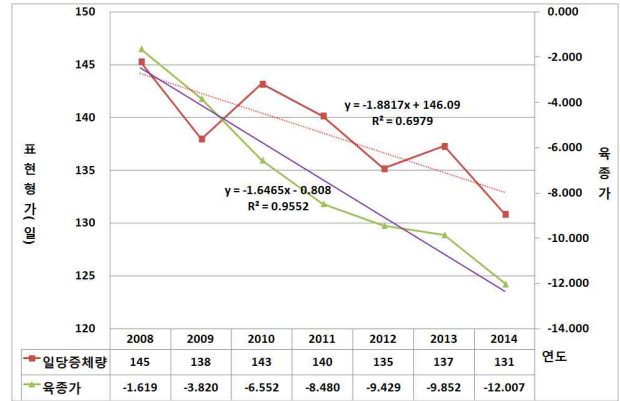
(그림 3-4-22) 품종별 등지방두께에 대한 개량추이

(3) 90kg도달일령

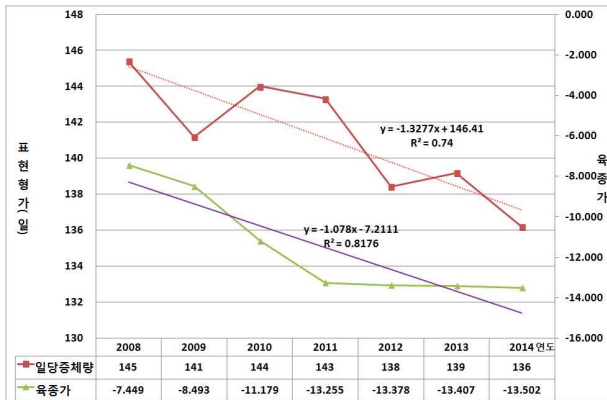
○ 2008년부터 2014년까지 A 종돈장의 90kg 도달일령 육종적 개량추세는 매년 2.10일 씩 지속적으로 단축되고 있다. 버크셔종의 경우 매년 2.21일, 듀록은 1.65일 랜드레이스 매년 1.08일, 요크셔는 2.31일 지속적으로 단축되고 있다.



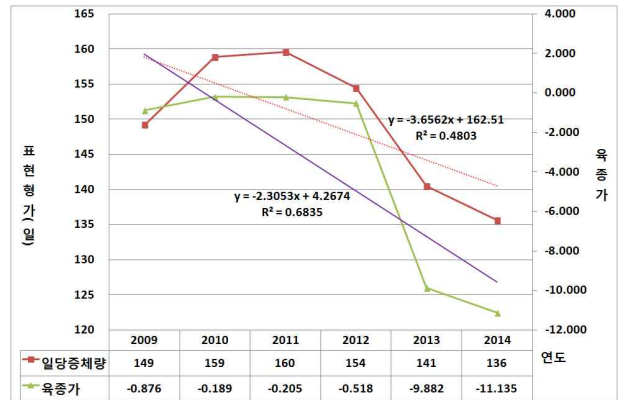
Berkshire



Duroc



Landrace

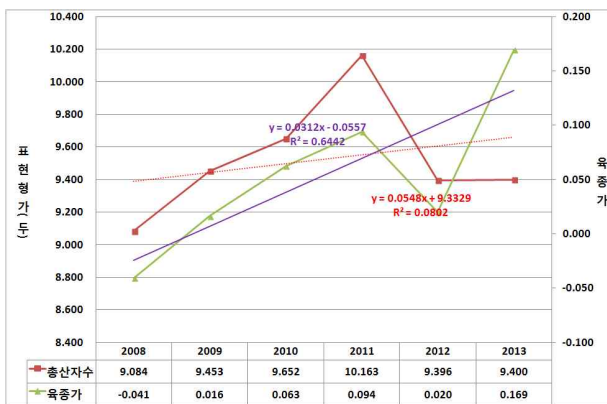


Yorkshire

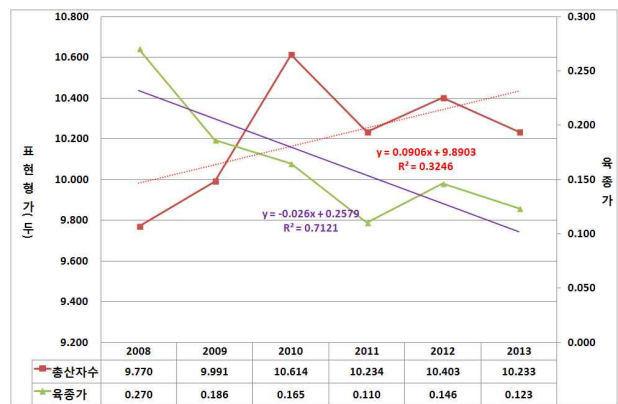
(그림 3-4-23) 품종별 총산자수에 대한 개량추이

(4) 복당 총산자수

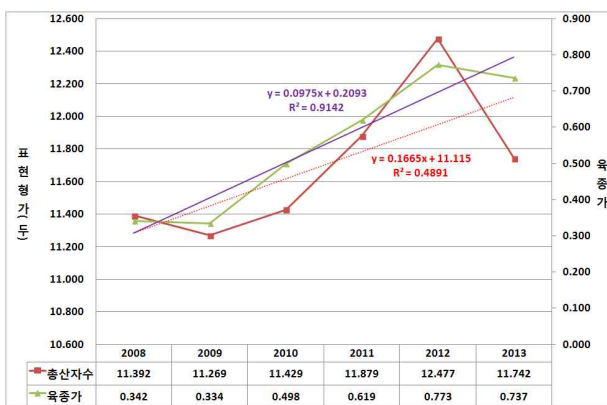
- 2008년부터 2012년까지 전체 품종 평균 복당 총산자수의 육종개량추세를 보면 육종가는 계속적으로 상승하고 있다. 매년 총산자수 표현형가는 복당 평균 0.03두씩, 육종가로는 0.08두씩 증가하고 있다.
- 표현형가와 육종가의 차이는 유전적요인 외의 다른 요인인 사양기술, 관리능력, 사료, 시설 등이 포함되기 때문이다. 대요크셔의 경우 매년 표현형가 - 0.03두 감소하였으나 육종가는 0.10두씩 증가하는 것으로 나타났다.
- 산자수 형질에 가중치가 높은 선발비수를 적용한 백색품종의 산자수는 표현형가, 육종가 모두 동반 성장하고 있어서 사양관리기술도 함께 개선되고 있음을 알 수 있다. 선발지수에 산자수형질 가중치가 없는 부계품종인 듀록의 경우 감소하였던 산자수가 2011년에 상승세로 반전되었으나 2012년은 소폭 감소하였다.



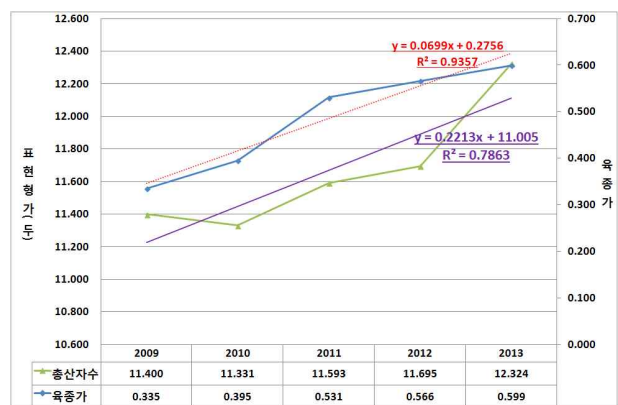
Berkshire



Duroc



Landrace

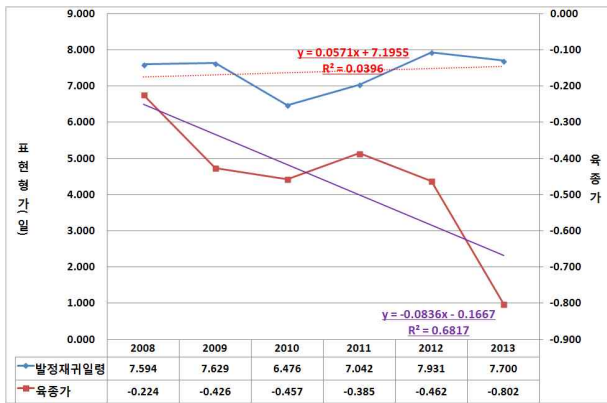


Yorkshire

(그림 3-4-24) 품종별 복당총산자수에 대한 개량추이

(5) 발정재귀일령

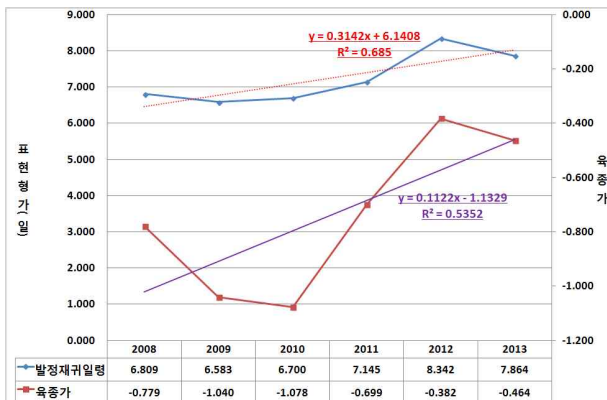
○ 지난 2008년부터 2013년까지의 A 종돈장의 전체 발정재귀일령의 개량추세를 보면 표현형가는 4년간 평균 매년 0.09일씩 증가하는 양상을 보이고 있는 반면 육종가로는 -0.27일씩 단축되고 있다. 이러한 육종가와 표현형가 간의 괴리현상이 듀록, 랜드레이크, 요크셔 모두 동일하게 보이고 있어서 위생상태, 사료, 사양관리 방식 등 환경적 요인 때문인 것으로 추정된다.



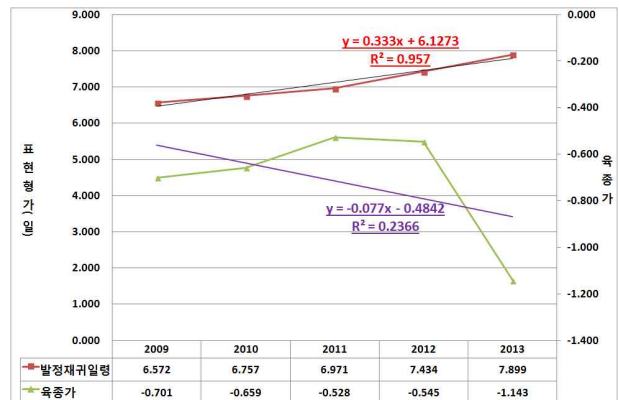
Berkshire



Duroc



Landrace



Yorkshire

(그림 3-4-25) 품종별 발정재귀일령에 대한 개량추이

다. 유전적 개량에 따른 경제적 효과

○ 지난 5년간 A 종돈장의 각 품종별 개량정도를 살펴보면 백색종인 랜드레이크와 대요크셔의 복당 산자수, 발정재귀일령의 유전적 능력이 개량되고 있다. 또한 백색계의 등지방두께도 2005년 이후 급속히 두꺼워지고 있다. 유전적 개량의 경제적 효과를 살펴보면 다음과 같다.

① 복당 총산자수 증가에 따른 경제적 효과 : 7,382만원/년

모든사육두수 5,800두
× 모든회전을 2.3회전
× 매년 복당총산자수 증가 0.084두
× 포유개시비율 90%
× 복당포유개시두수의 경제적 효과 73,200원
= 7,382만원/년

② 계열화 비육번식농장 또는 분양 농가 효과 : 19,092만원/년

연간 F1분양 15,000두
× 모든회전을 2.3회전
× 매년 복당총산자수 증가 0.084두
× 포유개시비율 90%
× 복당포유개시두수의 경제적 효과 73,200원
= 19,092만원/년

③ 출하일령단축 : 37,413만원/년

[모든 5,800두
× 모든회전을 2.3회전
× 복당출하두수 8두
× 출하일령단축(1.88일) ×1일 단축시 경제적효과 520원]
+ [연간 분양후보돈 F1 후보돈 15,000두
× 모든회전을 2.3회전
× 복당출하두수 8두
× 출하일령단축(1.88일)
× 1일 단축시 경제적효과 520원]
= 37,413만원/년

■ 종합적 경제적 효과 : 63,887만원/년

① 매년 복당산자수 증가에 따른 효과
+ ② F1분양에 따른 경제적 효과
+ ③출하일령단축에 따른 효과
= 63,887만원/년

라. 선발지수 형질별 가중치에 따른 형질의 반응

- A농장은 1995년부터 2004년까지 종돈의 개량 목표를 일당 증체중이 무겁고 등지방이 얇아지도록 설정하고 그것을 목표로 육종가 선발지수를 만들어서 적용하였다. 그러나 비육돈의 등지방 두께가 너무 얇아져 2005년부터는 육종가 선발지수에서 등지방 두께 형질의 가중치를 크게 낮춘 새로운 선발지수를 적용하였다.

① 부계지수(SLI)	가중치
= 95	
+ (1,065 × 일당증체중육종가)	(50%)
- (135 × 평균등지방두께 육종가)	(50%)
② 모계지수(MLI)	
= 95	
+ (32 × 실산자수육종가)	(50%)
+ (530 × 일당증체중육종가)	(25%)
- (67 × 평균등지방두께 육종가)	(25%)

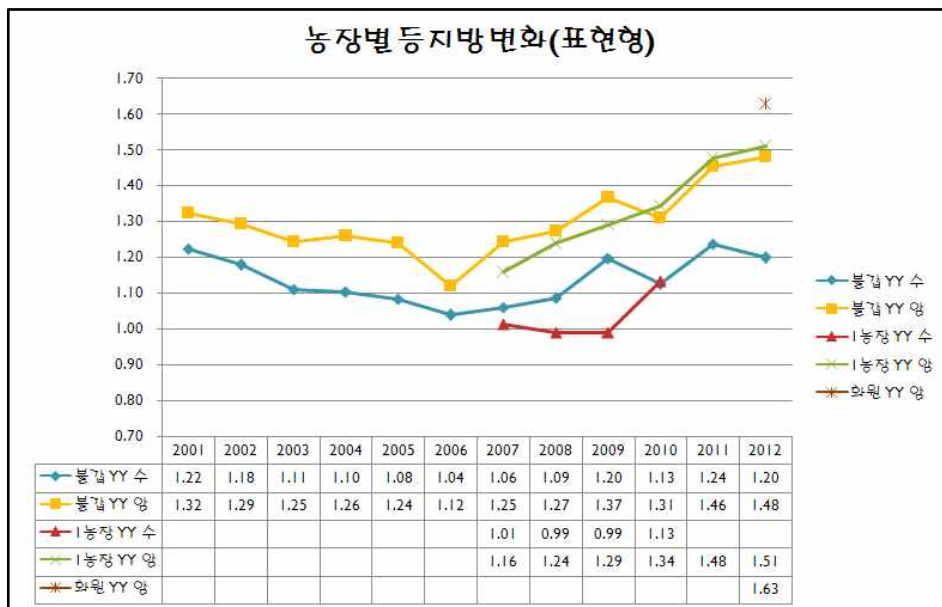
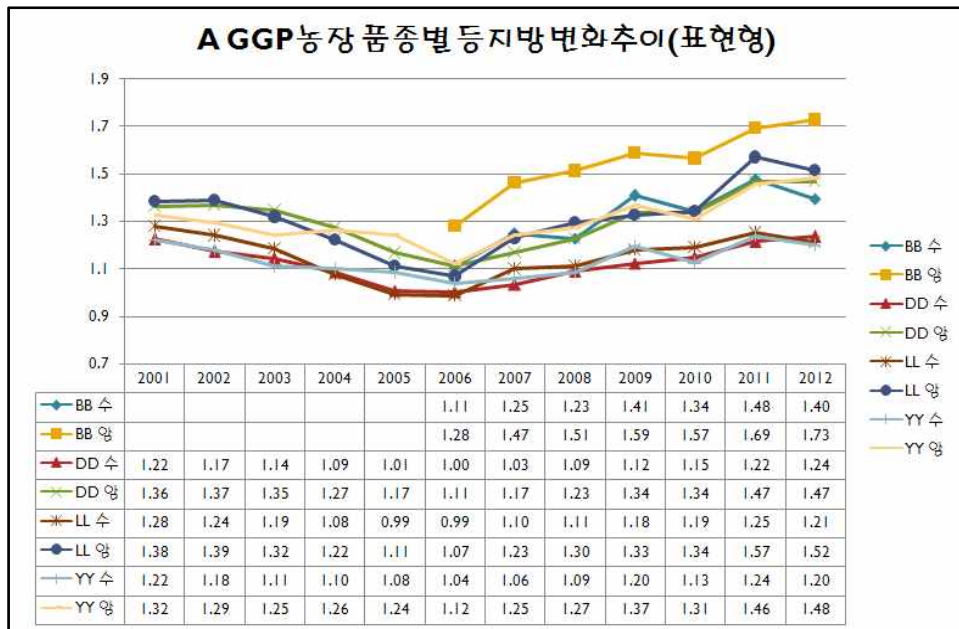
- 즉, 2004년까지의 등지방두께형질의 가중치를 부계지수에서는 50%, 모계지수에서는 25%로 설계했으나 2005년에 적용하는 선발지수는 부계지수는 등지방 두께의 가중치를 5%, 모계지수에서는 랜드레이스와 대요크셔 모두 9%로 낮추었다.

① 부계지수(SLI)	가중치
= 92	
+ (638 × 일당증체중 육종가)	(95%)
- (63 × 평균등지방두께 육종가)	(5%)

② 모계지수(MLI)	가중치
● 랜드레이스 모계지수(MLIL)	
= 82	
+ (16 × 총산자수육종가)	(75%)
- (1.5 × 발정재귀일육종가)	(10%)
+ (382× 일당증체중육종가)	(6%)
- (99 × 평균등지방두께육종가)	(9%)
● 요크셔, 듀록 모계지수(MLIL)	
= 91	
+ (15 × 총산자수육종가)	(75%)
- (2.0 × 발정재귀일육종가)	(10%)
+ (349× 일당증체중육종가)	(6%)
- (96 × 평균등지방두께육종가)	(9%)

○ A 농장의 2013년까지의 순종돈, F1, 비육돈(2만7,100두)의 도체중과 등지방 두께 변화를 연도별로 등지방의 두께 변화 추세를 분석한 결과 순종돈은 물론 비육돈의 등급판정결과 등지방 두께가 매년 증가세를 보이고 있었다.

○ 더구나 A 농장의 GGP농장 모든 품종의 등지방 두께가 2007년 이후 계속 두꺼워지고 있고 또한 동일한 순종이지만 1, 2농장의 요크셔도 나란히 등지방 두께가 두꺼워지고 있었다. 나아가서 삼원교배 중 비육돈의 등지방 두께도 두꺼워지고 있으며 비육돈 지육의 평균 등지방 두께가 등급판정 시 A등급의 등지방 두께 상한선에 달하고 있다.



마. 돼지 경제형질별 경제적 가치 비교

- 종돈개량의 최종목표는 최단시간에 최대의 경제적 이익을 양축가에게 돌려주는 것이다. 종돈개량은 어느 특정한 한 가지 형질만 개량하는 것이 아니고 2~3개의 형질을 동시에 개량하여야 하므로 각 경제형질의 유전적 모수는 물론 단위당 경제적 가치를 산출하는 것이 필수적이다.
- 따라서 최고의 효율성있는 종돈개량은 정확한 유전적 모수와 경제적 가치의 규명이 전제 조건이다. 한국의 종돈검정의 경제형질은 중앙검정소에서 일당증체량, 사료요구율, 등지방두께 등 3가지를, 농장점검에서는 일당증체량과 등지방두께 외에 산자수를 측정한다.

(표 3-4-38) 종돈의 검정형질별 경제적 가치 비교

검정형질	단위당 경제가치(원)	표준 편차	표준편차단위당 경제가치(원)	상대적 경제가치	비고
포유개시 산자수(두)	73,200	2.9	212,280	33.3	종축개량협회 농장검정 (2012.12) 실 산자수 10.7±2.9두
3주령(이유) 자돈수(두)	107,059	1.1	117,765	18.5	A농장 기준
사료요구율	69,000	0.16	11,040	1.7	제1검정소(2007) 사료요구율 2.38±0.16
등지방 두께(cm)	15,052	0.424	6,382	1.0	A농장 비육돈 42,000두 박피평균 1.88±0.424cm
일당 증체량(kg)	62,400	0.092	5,741	0.9	제1검정소 0.98±0.092kg (2007년)

- 한국의 종돈개량 선발지수 설계를 위한 각 형질의 상대적 경제적 가치를 보면 번식형질인 복당 포유개시 산자수가 등지방두께 형질보다 33.3배나 더 중요해 가장 중요한 형질이였다.
- 그 다음은 3주령 이유두수(18.5배) 사료요구율(1.7배), 등지방두께, 일당증체량(0.9배) 순이었다.

제5절 고품질 종돈 육종을 위한 SNP마커 선발기술 개발

1. 종돈의 구성

- 본 연구에서 활용된 버크셔종의 기초돈군은 2006년부터 2009년까지 미국의 7개 종돈장에서 모든 300두를 도입하여 총 5개 유전적 그룹으로 분리하고 그룹별 교배를 통해 2010년부터 2012년에 태어난 순종 버크셔종 1,605두를 대상으로 105~120 kg에 도축을 실시하여 공시재료로 이용하였다. 유전적 그룹은 기초돈군 조성이 도입한 7개 종돈장을 대상으로 혈연관계가 없는 종돈장을 그룹화 하였다.

(표 3-5-1) 버크셔종 기초돈군의 조성 방법

구분	육질그룹				성장그룹
	백두산	한라산	지리산	금강산	태백산
웅돈 1	장군봉	삼각봉	덕두봉	비로봉	장군봉
웅돈 2	백운봉	백록담	반야봉	옥녀봉	문수봉
웅돈 3	천문봉	장순봉오름	바래봉	월출봉	부쇠봉
웅돈 4	지반봉	방매오름	연하봉	-	천제단
웅돈 5	청석봉	불래오름	노고단	영랑봉	두리봉

- 각각의 유전적 그룹내의 명호는 부모중 웅돈명을 그대로 부여 받는다. 예를 들어 (부)의 육질그룹이 백두산이고 모의 육질그룹이 지리산일 경우 그 자손은 부의 유전적 그룹을 그대로 물려받아 백두산이 된다.
- 유전적 그룹(genetic group)별 4개의 육질그룹과 1개의 성장그룹으로 분류한 것을 나타내었다. 육질계통 구분은 2004년부터 2008년 전미버크셔후대검정 자료를 근거로 하여 기초돈군을 도입하였고, 또한 도입농장에 따라 유전적 그룹(genetic group)을 분류하였다.
- 백두산그룹은 미국아이오와 주립대학 실험농장, 한라산그룹은 Phenotypic Acres와 Oakhill farm, 지리산그룹은 Cornover(AJC), Shadybrook Farm, W.K.F(Dustin), D&W Berks, 금강산그룹은 GFF에서 도입한 돼지로 유전적 그룹을 분류하였고, 태백산그룹은 Oak Hill과 Tuthil farm에서 성장능력이 우수한 계통을 도입하여 명명한 것이다.
- 특히 백두산그룹은 2004~2008년까지 총 5회에 걸쳐 Iowa State University 실험농

장에서 도입한 유전적그룹인 BLACK VELVET LINE 51, DURANGO 51-1, UNLIMITED, DURA MAX 110-1 가계로 이루어졌다. 특히 성장그룹인 태백산그룹의 특징은 일당증체중이 매우 우수하면서 등지방두께가 얇은 것이 특징이고, 육질그룹과 비교해서도 육질면에서도 떨어지지 않는다.

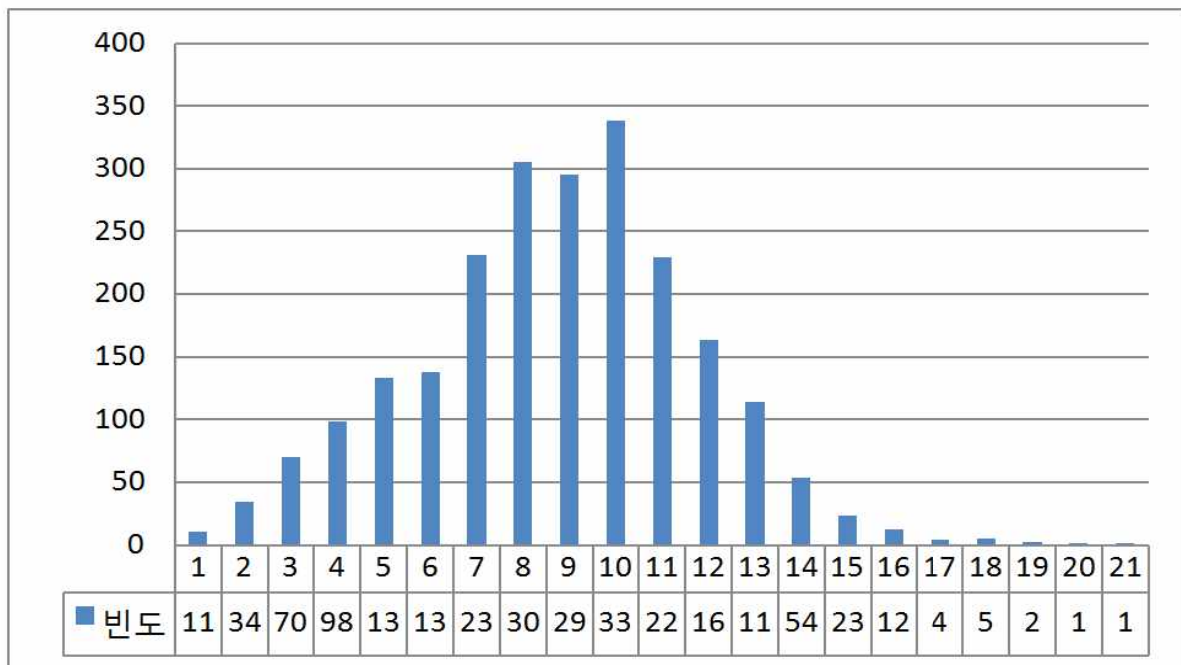
2. 종돈의 유전적 특징

가. 번식형질

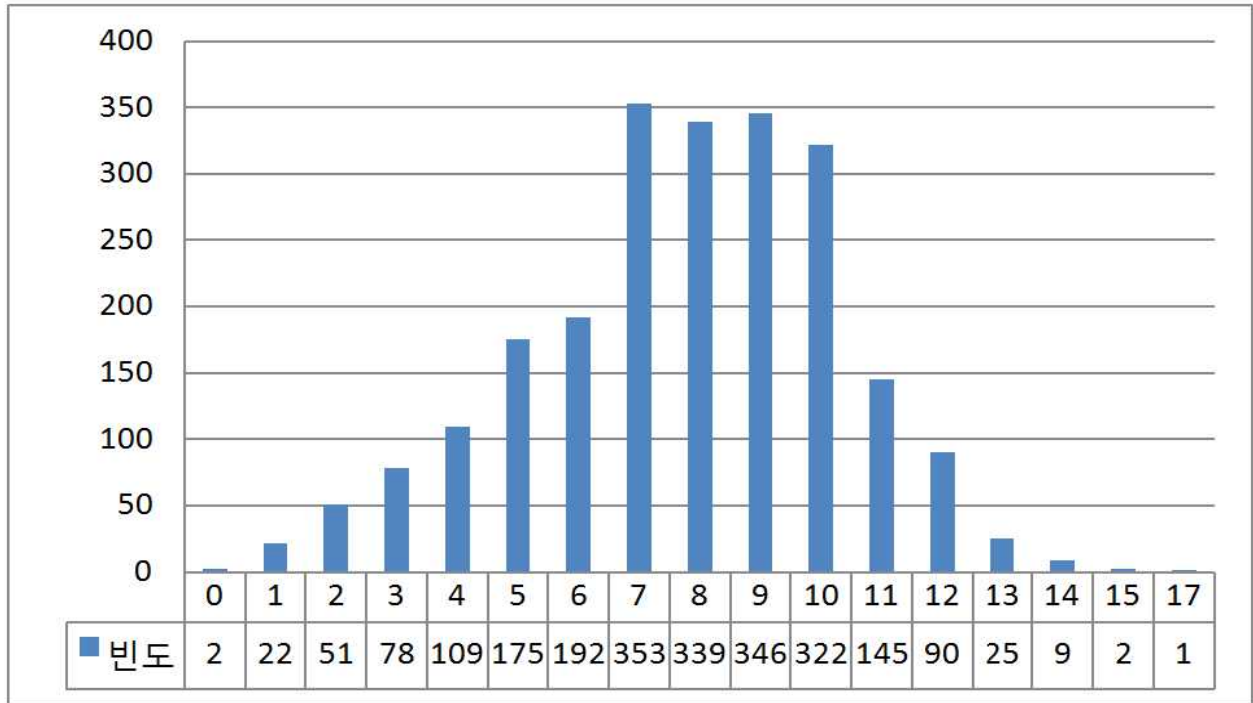
- 본 연구에서 활용된 번식형질의 경우는 총 2,270두를 활용하여 총산자수, 실산자수, 이유두수에 대한 유전모수를 추정하였고, 개체 능력검정 자료중 총산자수가 zero인 개체는 유산이거나 분만 중 난산으로 인한 사망으로 추정하여 삭제하여 총 2,261두의 번식 능력검정자료에 대한 기초분석을 실시하였다.

(표 3-5-2) 번식형질자료의 분포 및 특성

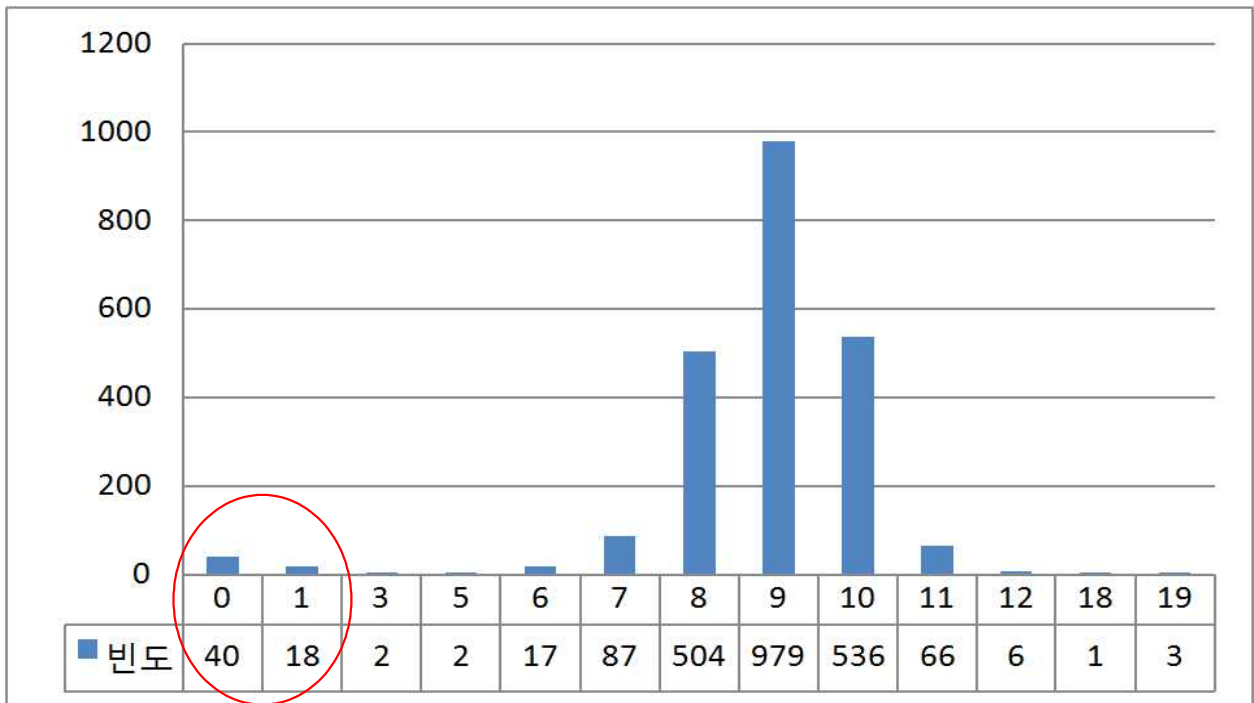
번식형질	기록수	평균	표준편차	최소값	최대값	왜도
총산자수	2,261	8.74	2.99	1	21	-0.04
실산자수	2,261	7.74	2.56	0	17	-0.33
이유두수	2,261	8.77	1.71	0	19	-2.74
포유기간	2,261	25.71	4.55	0	42	-2.70



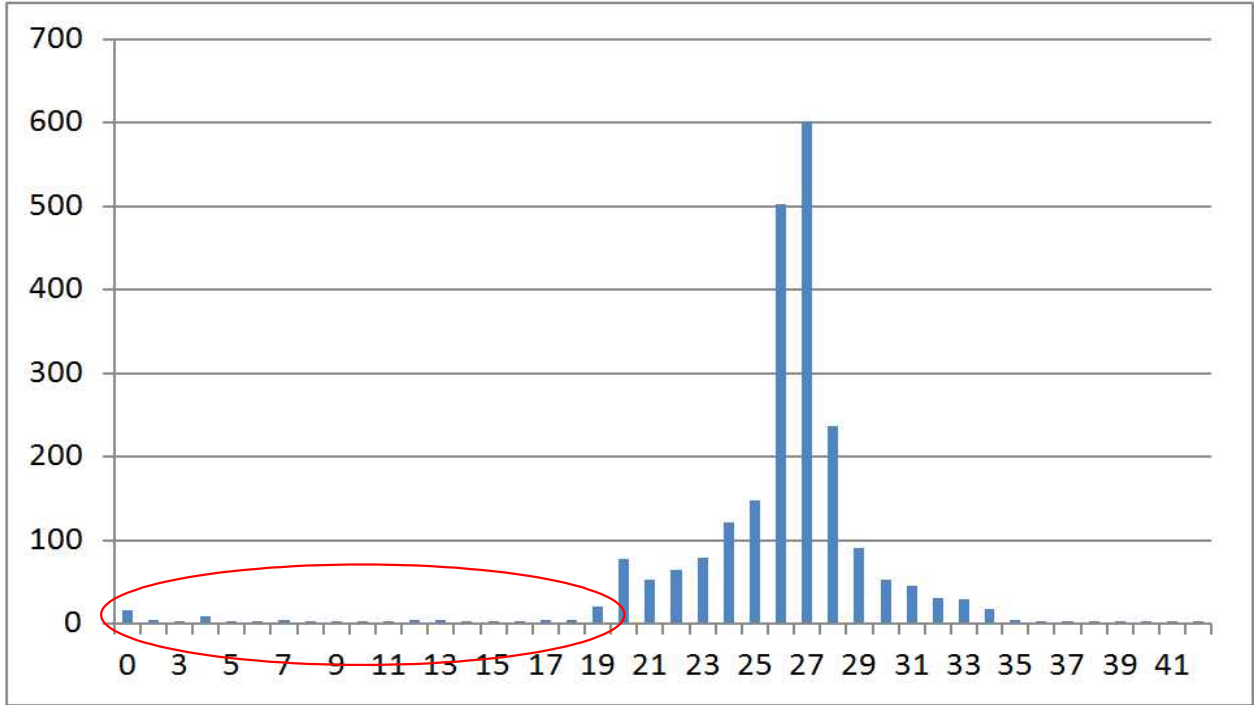
(그림 3-5-1) 총산자수의 분포도



(그림 3-5-2) 실산자수의 분포도



(그림 3-5-3) 이유두수의 분포도



(그림 3-5-4) 포유기간의 분포도

(1) 분석모형 및 결과

- 버크셔종의 유전모수를 추정하기 위하여 개체모형(animal model)을 활용하여 유전모수를 추정하였다. 또한 총산자수를 기준으로 8두이상인 개체들과, 8두이하인 개체 두 그룹으로 나누어 유전모수를 추정하였다. 분석에 활용한 형질 및 효과는 다음과 같다.

(표 3-5-3) 분석에 활용된 형질 및 효과

번식형질	고정효과	임의효과
총·실산자수·이유두수	산차·분만주차·포유기간	교배용돈·개체효과·영구환경

- 분석은 두 개 그룹으로 하고 포유기간이 18일 이전 자료는 정확도가 매우 떨어져 모수추정에서는 제외하였다.

$$Xb + Zu + e$$

- 여기서, Y = 형질에 대한 관측치 벡터, X = 고정효과 (산차·분만주차·포유기간)에 대한 벡터, b = 알려지지 않은 고정효과에 대한 추정치 벡터, Z = 개체에 대한 임의효과 벡터 $\sim N(0, A^2)$, u = 개체에 대한 추정치 벡터, e = 임의 오차 벡터 $\sim N(0, A\sigma_a^2)$

- 버크셔종의 번식성적을 두 그룹으로 나눈 결과 총산자수의 유전력은 0.063~0.067로 저도의 유전력으로 조사되었고, 또한 각 개체별 교배용돈의 효과도 0.0491~0.0635로 아주 낮게 추정되었다.

(표 3-5-4) 번식형질에 대한 유전모수

자료	번식형질	상가적	영구환경	교배용돈	오차	유전력	반복력	용돈(%)
A	총산자수	0.5860	0.6958	0.0635	7.4014	0.067	0.147	0.007
	실산자수	0.4004	0.6111	0.0331	5.3410	0.063	0.158	0.005
	이유두수	0.0000	0.0956	0.0047	2.7273	0.000	0.034	0.002
B	총산자수	0.5520	0.6057	0.0491	7.5126	0.063	0.133	0.006
	실산자수	0.4086	0.5183	0.0304	5.4150	0.064	0.145	0.005
	이유두수	0.0000	0.0152	0.0049	0.9018	0.000	0.016	0.005

^A2,261, ^B2,208 (이유두수 3두이하 제거)

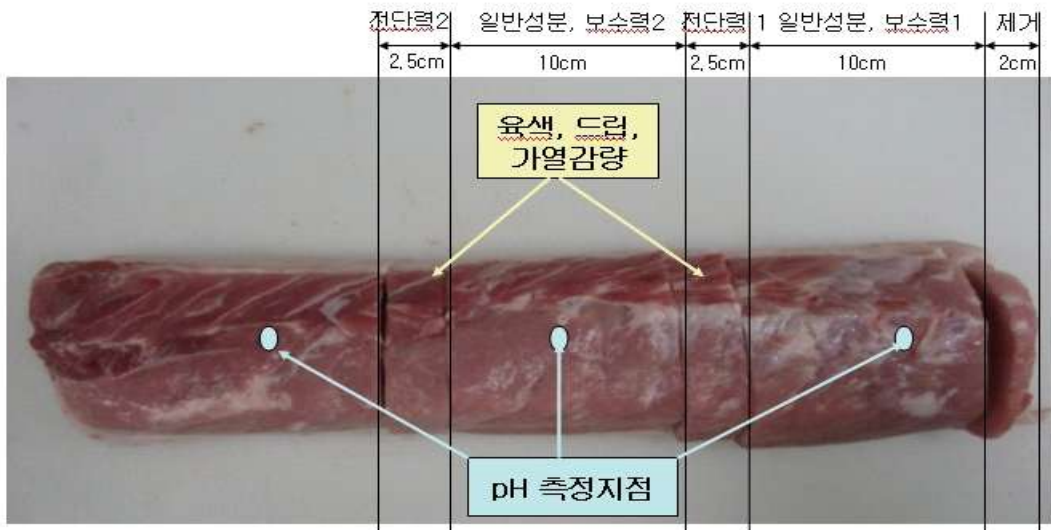
- 버크셔종의 번식성적을 두 그룹으로 나눈 결과 총산자수의 유전력은 0.063~0.067로 저도의 유전력으로 조사되었고, 또한 각 개체별 교배용돈의 효과도 0.0491~0.0635로 아주 낮게 추정되었다.

(표 3-5-5) 총산자수와 실산자수의 분산성분 및 유전모수

Variable	유전분산(공분산)		유전모수(유전상관)	
Animal	0.5875	0.4687 0.3999	0.0672	0.9668 0.0626
PE	0.6965	0.6036 0.6130	0.0796	0.9238 0.0960
Boar	0.0647	0.0425 0.0309	0.0074	0.9515 0.0048
Residual	7.4002	5.7526 5.3412	0.8458	0.9150 0.8365
Phenotype	8.7489	6.8673 6.3849	1.0000	0.9188 1.0000

나. 육질형질

- 다산육종에서 선발된 버크셔종 1,942여두를 남원의 상업용 도축장(남원제일푸드)에서 도축하여 예냉실에서 도체를 냉각시킨 다음날 부분육으로 발골 시 등심시료를 채취하였다.
- 채취한 등심을 진공 포장하고 아이스박스에 넣어 냉장상태로 실험실로 운송하였다. 운송전 등심샘플은 진공포장하여 운송한 등심은 그림 3-5-5와 같이 분석항목에 맞게 절단하여 도축후 45분 pH와 24시간후 pH(도체 pH-meter, pK 21), 육색(CIE L, a, b, 색차계 이용), 여과지흡수량, 육즙손실량, 가열감량, 드립감량, 전단력(Instron 이용), 등심근단면적을 측정하였다.



(그림 3-5-5) 버크셔 S1 등심의 시료 전처리

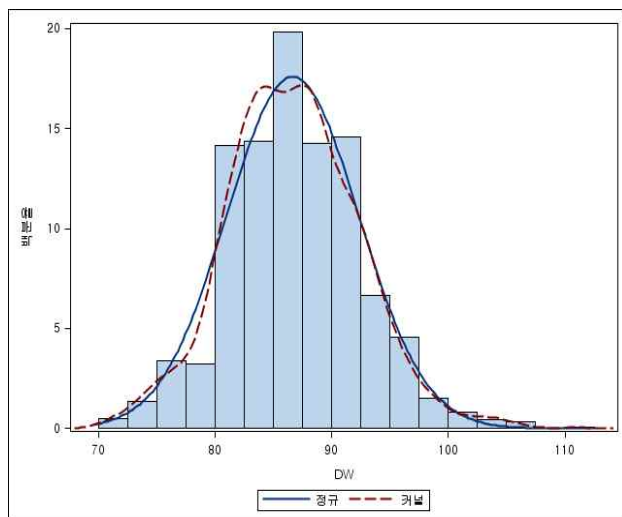
- 버크셔 계통조성을 위한 1,942두 전체 등심의 육질 특성에 대해 분석한 결과는 표 1에 나타내었다. 실험돈의 도체중의 범위는 $86.62 \pm 5.67\text{kg}$ 이고 등지방두께는 $25.11 \pm 58.23\text{mm}$ 였다. 도축후 45분 pH는 최소 6.06 ± 0.29 로 조사되었다. 근육의 최종 $\text{pH}_{24\text{h}}$ 는 사후대사 진행도를 가늠할 수 있는 측정항목으로 최종 육질과의 연관성이 큰데, 도축후 24시간 pH 분포는 5.78 ± 0.22 로 조사되었다.
- 육색은 식육제품을 소비자가 선택 시 가장 중요하게 판단하는 기준이며, 이상육 판별에 중요한 평가지표이다. CIE LAB색도 표현은 Lightness는 밝기를 나타내며 그 범위는 0 (흑색)~100(백색)을 기준으로 일반적인 돈육의 경우 그 범위는 40.9~56.1이다.
- Redness는 적색과 녹색을 표현하며 그 범위는 3.9~7.7이며 Yellowness는 황색과 청색을 표현하며 그 범위는 7.2~14.4이다. 특히 명도의 경우 이상육을 판별하는 기준이

된다. 본 연구에서 조사된 육색 명도(CIE L*)는 49.05 ± 3.18 이었다. 육색 적색도(CIE a*)는 최대 8.47 ± 4.34 로 분포되었고, 육색 황색도(CIE b*)는 3.59 ± 1.48 로 분포되었다.

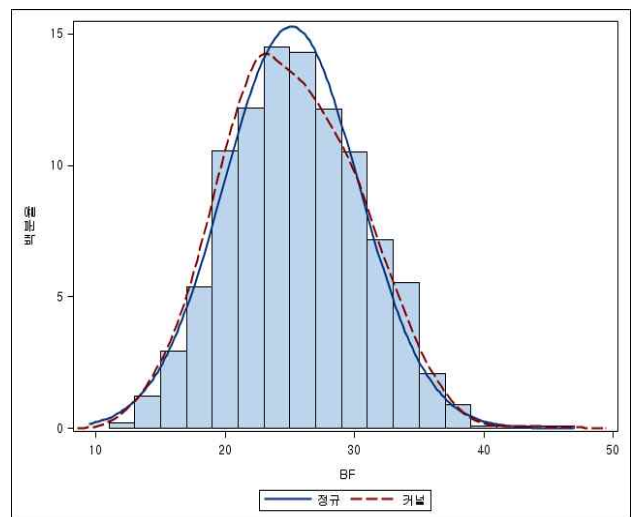
- 지방함량은 유전적인 요인 및 환경적인 요인에 의해 수치가 차이가 나며, 본 실험에서는 환경적인 요인을 동일하게 적용하여 실험을 실시하였다. NPPC마블링은 2.64 ± 1.06 의 범위로 조사되었다.
- 육즙손실량(%)은 4.14 ± 2.07 로 조사되었다. 근육의 조성 평가 척도인 가열감량(%)은 23.80 ± 6.00 범위로 매우 다양하였다. 전단력(kg)은 2.82 ± 0.76 로 매우 다양한 분포를 보였다.

(표 3-5-6) 육질 및 성장자료의 분포 및 특성

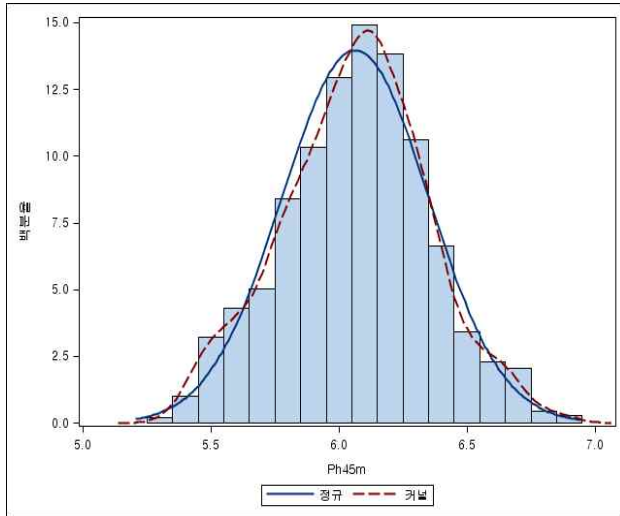
육질성장형질	기록수	평균	표준편차	최소값	최대값	왜도
도체중(kg)	1,942	86.62	5.67	71.00	111.00	0.20
등지방(mm)	1,942	25.11	5.23	12.00	46.00	0.19
Ph45m	1,942	6.06	0.29	5.30	6.90	-0.03
Ph24H	1,941	5.78	0.22	5.02	6.74	0.92
명도	1,941	49.05	3.18	38.01	58.43	-0.01
적색도	1,942	8.47	4.34	2.63	19.95	1.17
황색도	1,942	3.59	1.48	0.12	8.29	0.23
보수력	1,942	57.90	11.10	10.00	130.00	0.17
육즙손실량(%)	1,942	4.14	2.07	0.11	25.37	1.38
가열감량(%)	1,942	23.80	6.00	6.81	46.16	-0.50
전단력(kg)	1,942	2.82	0.76	0.07	6.64	0.96
근내지방도	1,942	2.64	1.06	0.67	10.15	1.26



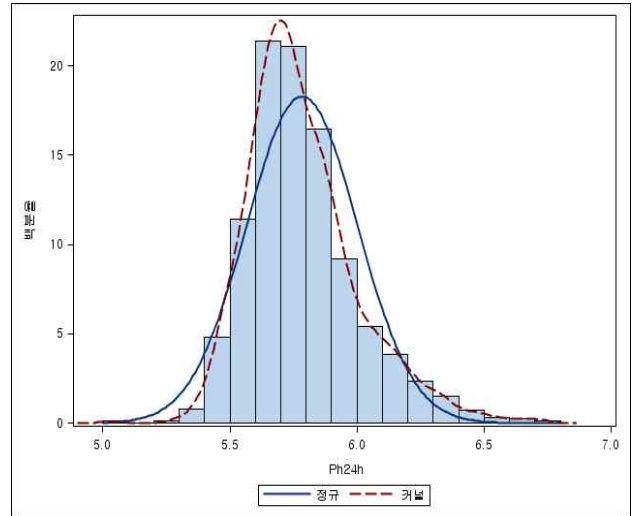
(그림 3-5-6) 도체중의 분포도



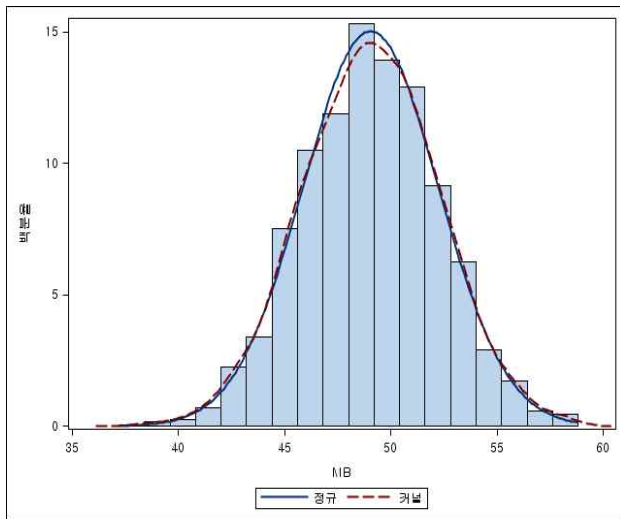
(그림 3-5-7) 등지방두께의 분포도



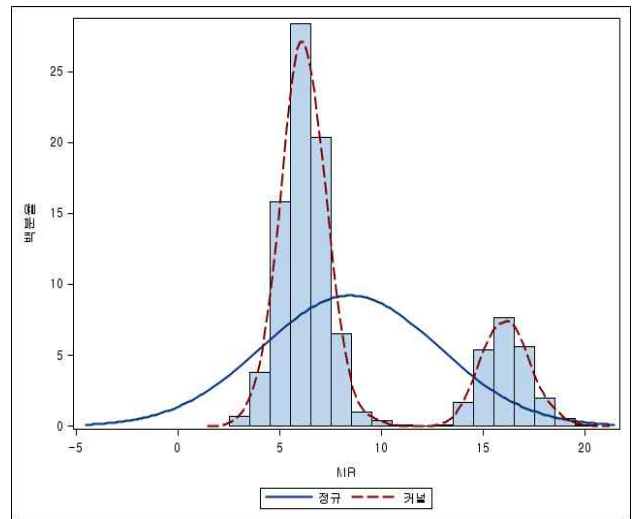
(그림 3-5-8) pH_{45m}의 분포도



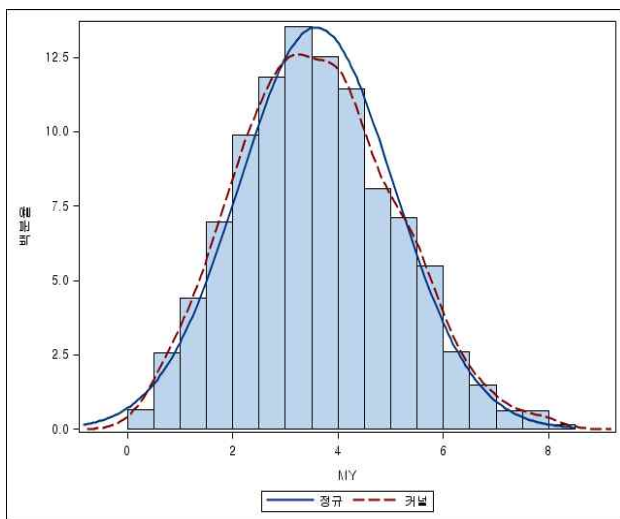
(그림 3-5-9) pH_{24hor}의 분포도



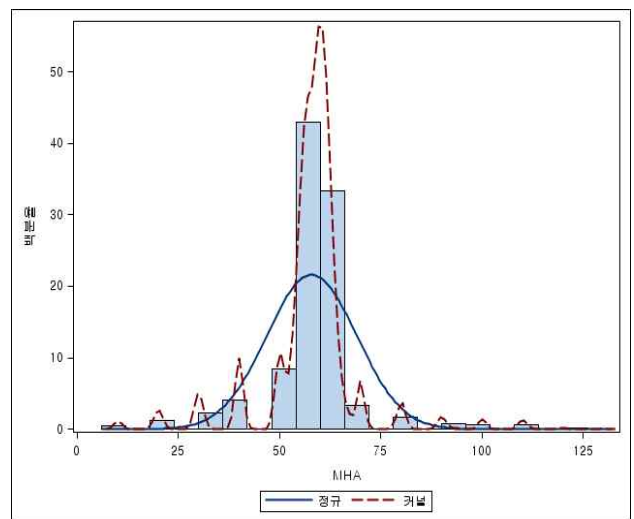
(그림 3-5-10) 명도의 분포도



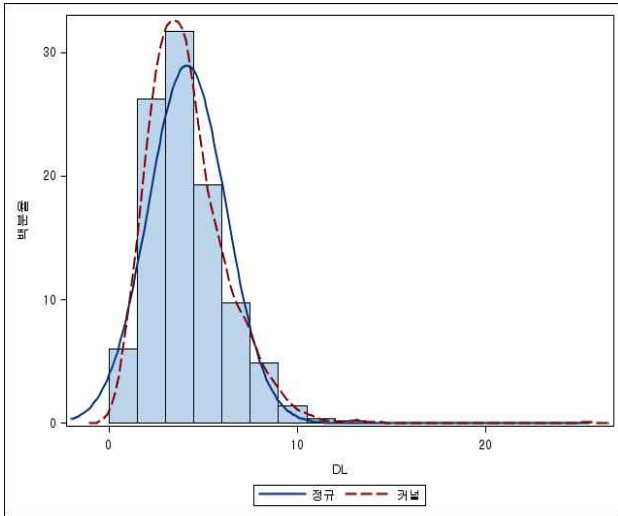
(그림 3-5-11) 적색도의 분포도



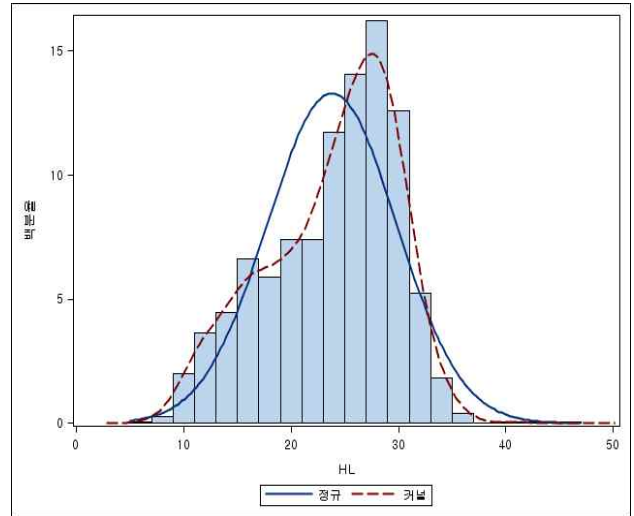
(그린 3-5-12) 황색도의 분포도



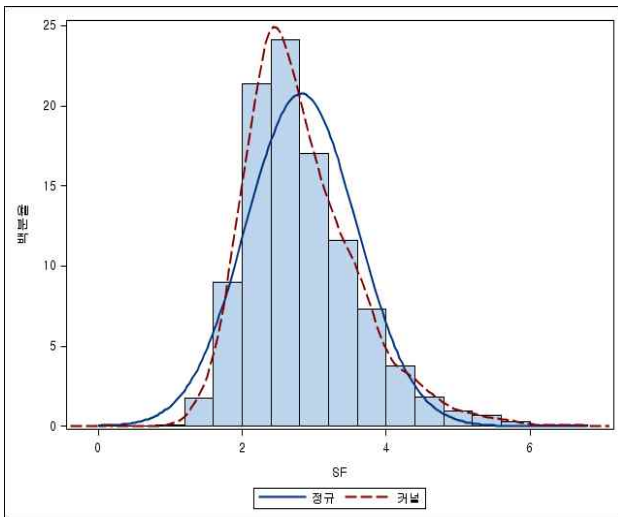
(그린 3-5-13) 보수력의 분포도



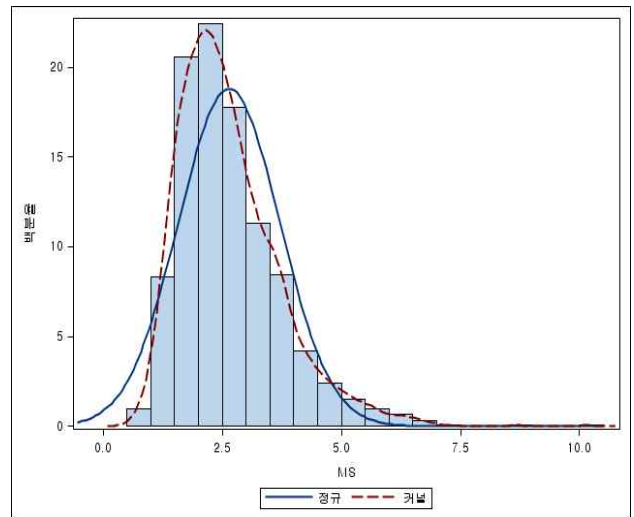
(그림 3-5-14) 육즙손실량의 분포도



(그림 3-5-15) 가열감량의 분포도



(그림 3-5-16) 전단력의 분포도



(그림 3-5-17) 근내지방도의 분포도

(1) 분석모형

- 버크셔종의 유전모수를 추정하기 위하여 개체모형(animal model)을 활용하여 유전모수를 추정하였다. 분석에 활용한 형질 및 효과는 다음과 같다.

(표 3-5-7) 분석에 활용된 형질 및 효과

형질	고정효과	임의효과
육질형질	생년월·성별·일령	개체효과

$$Yb + Zu + e$$

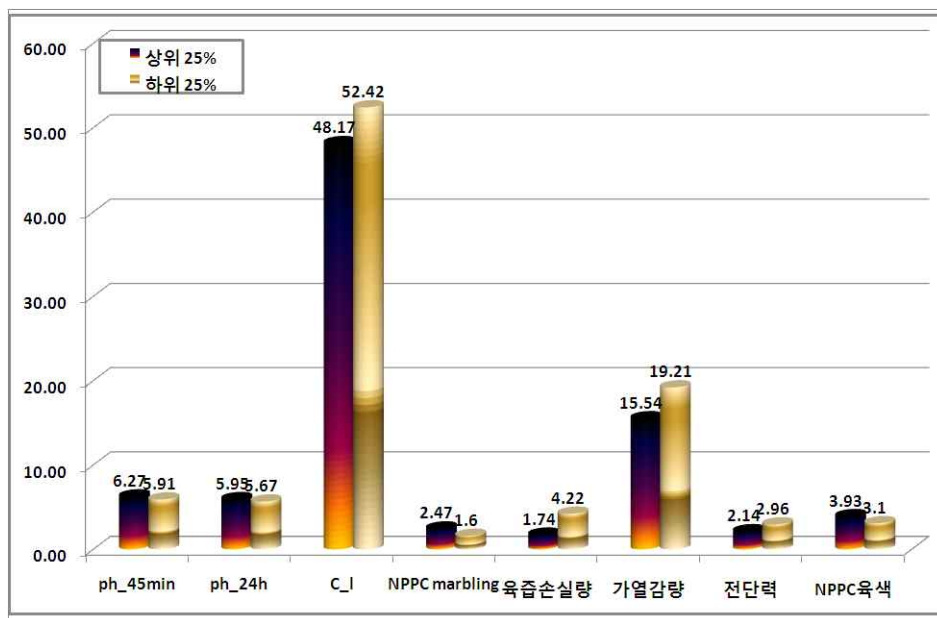
- 여기서,
 Y = 형질에 대한 관측치 벡터, X = 고정효과 (생년월·성별·일령)에 대한 벡터,
 b = 알려지지 않은 고정효과에 대한 추정치 벡터, Z = 개체에 대한 임의효과 벡터 $\sim N(0, A^{-2})$, u = 개체에 대한 추정치 벡터, e = 임의 오차 벡터 $\sim N(0, A\sigma_e^2)$

(2) 유전모수

- (표 3-5-7)에는 성장형질 및 육질형질의 유전력, 표현형상관 및 유전상관도를 추정한 결과 나타내었다.
- 도체중과 등지방두께의 유전력은 각각 0.37과 0.57로 중도의 유전력으로 추정되었고, 사후 돈육의 품질에 있어 주요 지표인 pH_{45m}, pH_{24h}는 각각 0.48과 0.35로 추정되었다.
- 육색의 주요 지표인 명도, 적색도, 황색도는 각각 0.19, 0.36 및 0.28로 조사되었고, 보수력의 주요 지표인 육즙손실과 가열감량은 0.33 및 0.45로 조사되어 중도의 유전력으로 조사되었다.
- 연도의 지표인 전단력은 0.39, 근내지방도는 0.43으로 대부분의 육질형질은 중도의 유전력으로 조사되었다.
- 육질형질별 표현형상관을 조사한 결과 등지방두께는 사후 45분 pH, 명도, 황색도, 가열감량 및 전단력은 저도의 (부)의 상관관계로 조사되었지만, 적색도, 근내지방도와는 저도의 (정)의 상관관계로 조사되었다.
- 도축 24시간 후 pH는 명도(lightness), 적색도(redness), 황색도(yellowness), 육즙손실량, 가열감량, 전단력과는 (부)의 상관관계로 조사되었다. 육색중 명도(Lightness)

는 육즙손량 및 가열감량과는 중도의 (부)의 상관관계로 조사되었다.

- 육질형질별 유전상관을 조사한 결과 등지방두께는 명도, 황색도, 육즙손실량, 가열감량 및 전단력과는 저도의 (부)의 상관관계로 조사되었지만, 사후 45분 및 24시간 pH 및 근내지방도와는 저도의 (정)의 상관관계로 조사되었다.
- 사후 24시간 pH와 육색과 육즙손실량과는 중도의 (부)의 상관관계로 조사되었고, 가열감량과 전단력과는 (정)의 상관관계로 조사되었다.
- 유전능력평가 결과 상위 25%와 하위 25%의 기준을 설정하여 실제 선발기준 및 형질을 설정하고 개량방향을 설정하였다.
- 구해진 기준에 따라 육질 상위 25%에 해당하는 개체와 하위 25%에 해당하는 개체를 기준으로 선발하였다.
- 상위 25%에 해당하는 개체의 평균 육질 특성은 도축 45분후 pH 6.27, 도축 시간후 pH 5.95, 육색 명도 48.17, NPPC마블링 2.47, 육즙손실량 1.74, 가열감량 15.54, 전단력 2.14였으며, 하위 25%에 해당하는 개체의 평균 육질 특성은 도축 45분후 pH 5.91, 도축 시간후 pH 5.67, 육색 명도 52.42, NPPC마블링 1.6, 육즙손실량 4.22, 가열감량 19.21, 전단력 2.96로 분석되었다.
- 이러한 선발돈의 육질분석 결과는 향후 우수한 유전자원의 고정으로 국내 육질형질의 대표 종돈으로 활용할 수 있을 것으로 기대된다.



(그림 3-5-18) 유전능력평가에 따른 상·하위 25% 특성비교

(표 3-5-8) 육질 및 성장형질에 대한 유전력 및 상관계수

육질 및 성장형질	(1)	(2)	(3)	(4)	(5)	(6)	(7)	(8)	(9)	(10)	(11)	(12)
도체중 (1)	0.37	0.27	0.29	-0.05	-0.24	-0.08	-0.19	-0.12	0.00	-0.36	-0.04	0.04
등지방 (2)	0.26	0.57	0.16	0.07	-0.30	0.01	-0.19	0.18	-0.14	-0.28	-0.30	0.27
Ph45m (3)	-0.02	-0.02	0.48	0.06	-0.45	0.23	0.01	-0.32	-0.05	-0.23	0.04	0.14
Ph24H (4)	0.00	0.07	0.10	0.35	-0.33	-0.51	-0.51	0.20	-0.41	0.05	-0.32	0.13
명도 (5)	-0.05	-0.04	-0.17	-0.13	0.19	0.03	0.75	-0.10	0.53	0.68	0.14	0.16
적색도 (6)	0.04	0.10	-0.03	-0.12	-0.07	0.36	0.41	-0.01	0.34	0.11	-0.02	0.03
황색도 (7)	-0.06	-0.02	-0.05	-0.32	0.57	0.40	0.28	-0.25	0.43	0.62	0.19	-0.02
보수력 (8)	0.02	0.05	-0.10	0.02	-0.01	-0.03	-0.05	0.21	0.04	0.06	-0.06	-0.08
육즙손실 (9)	0.03	0.00	-0.27	-0.27	0.35	0.20	0.34	0.01	0.33	0.20	0.05	-0.22
가열감량(10)	-0.08	-0.16	-0.15	-0.19	0.33	0.12	0.40	-0.03	0.28	0.45	0.44	0.09
전단력 (11)	-0.03	-0.19	-0.14	-0.15	0.04	0.04	0.09	-0.02	0.23	0.32	0.39	-0.17
근내지방(12)	0.06	0.33	0.11	-0.01	0.14	0.18	0.26	-0.02	-0.04	-0.02	-0.16	0.43

대각 : 유전력, 상상각 : 유전상관, 하삼각 : 표현형 상관

3. 마커도움선발

가. 보유돈의 경제형질관련 마커의 유전자 빈도

(1) PRKAG3 유전자

- 돼지의 15번째 염색체에 위치한 PRKAG3(protein kinase adenosine-monophosphate gamma 3 subunit)유전자는 RN(Rendement Napole) 유전자라고도 불린다.
- PRKAG3 유전자 내 199I 돌연변이로 인한 3개 유전형, 즉 11(199 I /199I), 12(199I/199V), 22(199V/199V)이며, 그중 199 I /199I 유전자형이 다른 유전자형보다 산도도 높고 진한 육색으로 좋은 육질 특성을 보인다.
- PRKAG3를 분석한 결과 11(199 I /199I)유전자형 빈도가 94.2%로 대부분을 차지하였으며, 12(199I/199V)유전자형 빈도가 5.7%를 차지하였다. 이러한 결과는 그동안 다산육종에서 산도와 육색을 중점적으로 육종한 결과라고 할 수 있다. 이 결과를 기반으로 하여 다산육종에서는 헤테로 타입의 모돈은 도태할 계획이다.

(표 3-5-9) 보유돈 PRKAG3 유전자 분석결과

유전자형	11(199 I /199I)	12(199I/199V)	22(199V/199V)
유전자형 빈도(두)	94.2(378)	5.7(23)	-

(2) MC4R 유전자

- MC4R은 식욕에 영향을 주는 렙틴(Leptine)유전자에 영향을 준다. 돼지 1번 염색체에 존재하는 MC4R(melanocortin 4 receptor) 유전자형 변이는 사료섭취량, 일당증체중, 등지방두께 형질에 영향을 주는 것으로 알려졌다.
- 미국 아이오와 주립대가 PIC 돼지 451두에 대한 TaqI 효소 이용 MC4R PCR-RFLP 변이에 조사연구에 의하면 MM, Mm, mm의 3개 유전자형으로 구분되며 MC4R 유전자형중 mm타입이 MM타입이나 Mm타입보다 등지방두께가 두꺼웠다.
- 또한 육질의 연도를 표시하는 인트론 수치도 가장 낮아서 다른 유전자형보다 부드러운 특징을 보였다. MC4R유전자 분석 결과 mm유전자형 빈도가 72.5%로 대부분을 차지하였으며, Mm유전자형 빈도가 24.6%, MM유전자형빈도가 2.7%를 차지하였다.
- 성장률은 우수하였지만 mm유전자형이 다른 유전자형에 비하여 등지방두께가 두껍다는 단점이 있기 때문에 추후에 선발시 등지방두께가 얇으면서도 mm유전자형의 개체를 선발하는데 중점을 두는 것이 필요하다.

(표 3-5-10) 보유돈 MC4R 유전자 분석결과

유전자형	MM	Mm	mm
유전자형 빈도(두수)	2.7(11)	24.6(99)	72.5(291)

(3) 질병저항 F4 유전자

- 세계적으로 가장 많이 사용되고 있는 질병관련 마커는 대장균으로 인한 설사에 저항성유전자형 판별이 가능한 F4ab/ac (K88)유전자이다.
- F4유전자 분석 결과 CC유전자형 빈도가 96.1%로 보유돈의 대부분이 저항성유전자형을 보유하고 있었으며, CG유전자형 빈도가 3.9%,를 차지하였다. 후보돈 선발시 CC유전자형을 선발하고 보유돈인 CG유전자형 개체를 도태할 것이다.

(표 3-5-11) 보유돈 F4 전자 분석결과

유전자형	CC	CG	GG
유전자형 빈도(두수)	96.1(385)	3.9(16)	-

(4) CAST 유전자

- CAST유전자는 육질관련 유전자로서 연도, pH에 관여하는 것으로 알려져 있다. 유전자형은 EE, EF, FF유전자형이 있으며, F유전자를 보유한 개체가 연도와 pH가 우수한 것으로 보고되었다.
- 보유돈의 CAST유전자를 분석한 결과 FF유전자형이 94.2%로 대부분을 차지하였고, EF유전자형이 5.7%를 차지하였다. 추후 EF유전자형의 개체는 도태할 계획이다.

(표 3-5-12) 유돈 CAST 유전자 분석결과

유전자형	EE	EF	FF
유전자형 빈도(두수)	-	5.7(23)	94.2(377)

(5) IGF 유전자

- 체내 성장호르몬에 관여하는 IGF2 유전자는 등지방두께와 정육율에 영향을 준다. IGF2 QQ유전자는 IGF qq 유전자보다 등지방이 얇고 정육율은 2%높다.
- 따라서 균일한 형태와 체중의 비육돈생산이 가능하다. IGF유전자 분석 결과 qq유전자형 빈도가 44.1%, Qq유전자형 빈도가 44.3%였으며 QQ유전자형 빈도는 11.4%로

조사되었다.

- q유전자를 보유한 돼지가 Q유전자를 보유한 개체보다 등지방두께가 두껍고, 정육량이 낮기 때문에 추후 선발지수 개발시 유전자형에 따른 가중치를 줄 필요가 있다.

(표 3-5-13) 보유돈 IGF 유전자 분석결과

유전자형	QQ	Qq	qq
유전자형 빈도(두수)	11.4(46)	44.3(178)	44.1(177)

(6) H-FABP 유전자

- H-FABP (Heart Fatty Acid Binding Protein: 심장지방산 결합단백) 유전자는 지방산을 이동시키는 기능에 관련된 유전자로 돼지에서 근내지방 비율과 상관관계가 있는 것으로 밝혀졌다.

- 한편, 근내지방(IMF)은 고기의 맛에 영향을 주지만 지금까지의 우려는 IMF는 등지방두께와 높은 상관도가 있는 것으로 알려져 왔다. HFABP3 유전자형: HH = allele 1 동형접합체 Hh=allele 1과 2의 이형접합체 hh=allele 2 동형접합체로 구분된다. 보유돈의 H-FABP유전자 분석결과 QQ유전자형과 Qq유전자형빈도가 89.3%를 차지한 결과는 과거 선발시 마블링을 선발대상형질에서 배제한 결과가 반영된 것이다.

(표 3-5-14) 보유돈 H-FABP 유전자 분석결과

유전자형	QQ	Qq	qq
유전자형 빈도(두수)	11.4(46)	44.3(178)	44.1(177)

(7) HMGA 유전자

- HMGA유전자는 성장관련 유전자로서 등지방두께와 밀접한 관련이 있다. 버크셔종의 가장 큰 단점은 등지방두께가 두껍다는 것이 가장 큰 단점이므로 추후 선발지수 개발시 가중치를 두어 선발하는 것이 바람직 할 것이다.

(표 3-5-15) 보유돈 HMGA유전자 분석결과

유전자형	CC	CT	TT
유전자형 빈도(두수)	97.5(391)	2.4(10)	

나. 보유통의 유전자 마커의 효과분석

(1) 분석모형

○ SNP 효과를 고정효과로 보정하여 Animal Model에 적용할 수 있는데 모델식은 아래와 같다.

· Fixed effect model:

$$Xb + Zu + e$$

○ 여기서, Y는 표현형 벡터이고, b는 벡터로 다수의 SNP를 보정하여 각 SNP의 세유전자형 효과 (AA, AB, BB)를 측정하며, X는 고정효과와 관련된 설계행렬, u는 개체들의 다중유전자효과(EPD), Z는 EPD 관련 설계행렬 임.

○ SNP 효과를 임의효과로 보정할 경우 모델식은 발굴된 n개의 SNP에 대하여 모델식은 아래와 같다.

· Random effect model:

$$\mu + Zu + Zq_1q_1 + Zq_2q_2 + \dots + Zq_nq_n + e$$

○ 여기서, μ 는 전체 평균이며 q는 벡터로 각 개체들의 후보유전자형 효과이며, Zq는 관련 설계행렬이며 나머지 기호는 고정효과와 동일함

○ 위 두 모델은 REML방법을 적용한 개발된 프로그램을 활용하고 고정효과모델을 적용할 경우 SNP의 유전양상(상가적 또는 우성효과)을 구명할 수 있는 반면에 임의효과모델을 적용 시 마커의 상대적인 크기를 전체분산 대비율로 측정할 수 있다. 발굴되어진 SNP 마커들이 전체 표현형 분산의 부분적으로 공헌하기 때문에 마커효과와 기존 표현형 가를 동시에 고려한 마커도움선발(marker assisted selection)방법을 적용한다.

○ 마커도움선발(marker assisted selection) 분석모형 :

$$Y = Xb + Zu + e$$

○ 여기서, b는 벡터로 마커효과에 대한 측정가며, u는 마커효과를 보정한 개체들의 다중유전자효과의 측정가임. 따라서 각 개체별 마커도움 분자육종가는 $b + \bar{u}$ 를 조합한 측정치임. 다형질과 다중마커효과를 고려할 경우 가중치와 분자육종가를 동시에 고려하여 선발에 적용할 수 있다.

(2) 분석결과

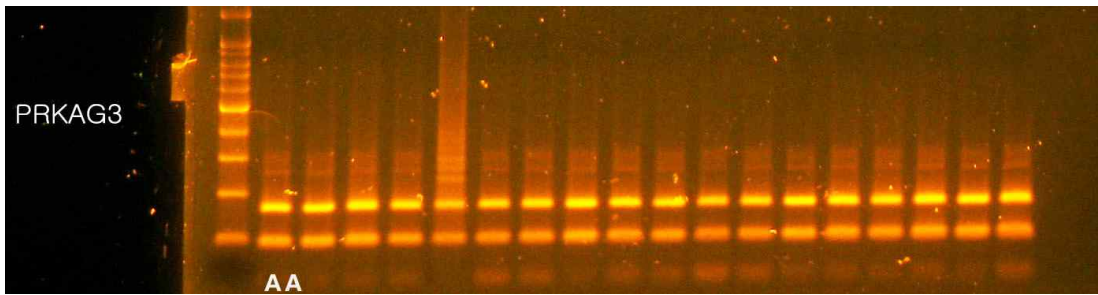
- 버크셔종의 경제형질별 유전자마커에 대한 효과를 추정된 결과가 (표 3-5-16)에 나타내었다.

(표 3-5-16) 버크셔종의 경제형질에 대한 유전자 마커별 통계적 검정 결과

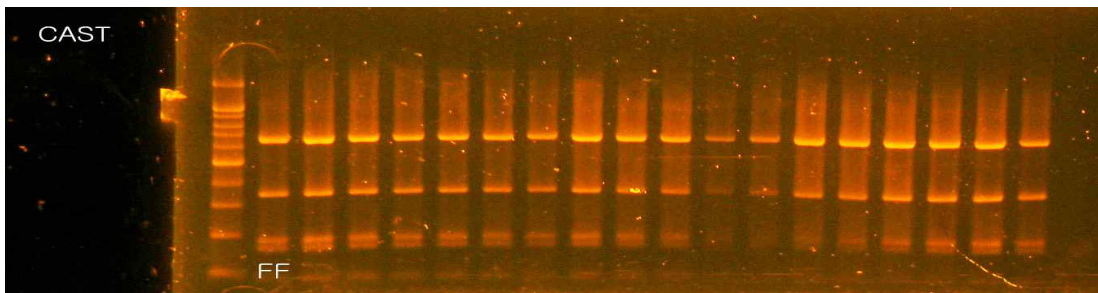
경제형질	유전자마커	PROB	log ₀	Additive genetic effect			
				효과추정치	표준오차	t-검정통계량	P value
등지방두께	CAST	0.7702	0.1	-0.03	0.08	-0.43	0.6706
	F4	0.1973	0.7	-0.03	0.08	-0.42	0.6721
	FABP1	0.1393	0.9	0.04	0.03	1.20	0.2291
	HMGA	0.0008	3.1	-0.08	0.03	-2.86	0.0046
	IGF2	0.0467	1.3	-	-	-	-
	MC4R	0.0002	3.6	0.097	0.025	3.95	<.0001
	PRKAG3	0.0000	10.1	-0.064	0.012	-5.38	<.0001
총산자수	CAST	0.2326	0.6	0.09	0.13	0.73	0.4668
	F4	0.7626	0.1	0.09	0.13	0.72	0.4695
	FABP1	0.5598	0.3	0.05	0.05	1.05	0.2926
	HMGA	0.6256	0.2	0.04	0.04	0.97	0.3332
	IGF2	0.5756	0.2	-	-	-	-
	MC4R	0.2015	0.7	0.03	0.04	0.85	0.3952
	PRKAG3	0.1170	0.9	0.04	0.02	1.90	0.0586
발정재귀일령	CAST	0.0184	1.7	-0.41	0.33	-1.25	0.2120
	F4	0.3948	0.4	-0.40	0.33	-1.22	0.2220
	FABP1	0.0393	1.4	-0.26	0.13	-2.04	0.0421
	HMGA	0.2112	0.7	0.24	0.14	1.73	0.0845
	IGF2	0.0798	1.1	-	-	-	-
	MC4R	0.9539	0.0	-0.03	0.11	-0.28	0.7823
	PRKAG3	0.1411	0.9	0.12	0.06	1.98	0.0483

(3) 마커분석결과의 현장적용

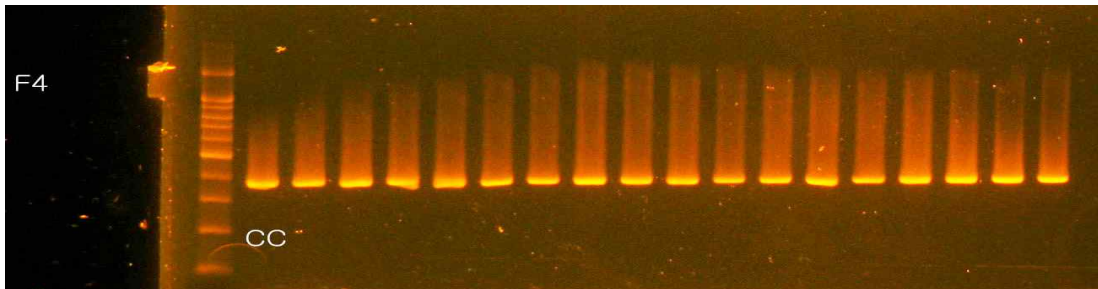
- 버크셔종의 경제형질관련 유전자마커 분석결과 각 마커별 보유돈의 유전자 빈도를 고려하여 PRKAG3, F4, CAST유전자를 대상으로 각 개체별 현황판에 표시를 하여 선발돈과 도태돈을 구분하였다.
- PRKAG3, F4 및 CAST유전자별로 선발돈의 경우 (녹색)으로 표시하고, 도태돈의 경우에는 (붉은색)으로 표시하여 직접 현장에 적용하였다. 예를들어 BN9353개체(수)의 경우 PRKAG3, F4 및 CAST유전자 모두 (녹색)으로 표시되어 선발대상돈이고, BP6083개체는 모두 (붉)으로 표시되어 도태를 실시하였다.



(그림 3-5-19) PRKAG3 유전자 분석결과(AA형 94.2% → 향후 100%)



(그림 3-5-20) CAST 유전자 분석결과(FF형 94.2% → 향후 100%)



(그림 3-5-21) F4 유전자 분석결과(CC형 96.0% → 향후 100%)

(표 3-5-17) 종모돈의 유전자 마커 분석 결과 및 현장적용

순번	개체번호	성별	생일	아버지	어미	PRKAG3	F4	CAST
1	BN9353	수	11-01-28	2-2	BK2569	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
2	BP675	수	10-05-27	BK9295	BK3122	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
3	BP1289	수	11-08-05	BK9295	BK9843	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
4	BP3438	수	12-03-26	BK9295	BN9199	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
5	BP5085	수	12-08-11	BN9353	BP1364	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
6	BP6083	수	12-11-13	BN1365	BP1600	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
7	BP6444	수	12-12-20	BP1354	BP424	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
8	BP4378	수	12-06-10	BN1365	BP686	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)

(녹) : 우수, (붉) : 도태

(표 3-5-18) 종빈돈의 유전자 마커 분석 결과 및 현장적용

순번	개체번호	성별	생일	아버지	어미	PRKAG3	F4	CAST
1	BP4757	암	12-07-09	BN1365	BP299	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
2	BP2678	암	12-01-13	BK3948	BK8387	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
3	BP4772	암	12-07-09	BN1365	BK8198	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
4	BP4570	암	12-06-23	BN1365	BN2831	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
5	BP5258	암	12-09-01	BN1365	BN7982	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
6	BP5641	암	12-10-05	BN9353	BP614	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
7	BP5672	암	12-10-05	BN9353	BN9636	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
8	BP5696	암	12-10-08	BN9824	BN9977	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
9	BP5730	암	12-10-16	BN9824	BN7965	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
10	BN4617	암	10-03-12	BK4205	BK6359	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
11	BN4860	암	10-03-11	BA514-3	62-4	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
12	BN7787	암	10-09-18	BK3948	BK3667	산도(녹)	저항성(붉)	연도(녹)
13	BN8672	암	10-11-03	BK9295	BN2639	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
14	BP1601	암	11-09-10	BK9295	BK8090	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
15	BP2081	암	11-10-30	BK3948	BN8044	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
16	BP2147	암	11-11-04	BN1200	BN392	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
17	BP2433	암	11-12-14	BK9295	BN5840	산도(녹)	저항성(녹)	연도(붉)
18	BP2473	암	11-12-17	BN1365	BK8093	산도(붉)	저항성(녹)	연도(녹)
19	BP424	암	11-05-05	BK9295	BN4596	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
20	BP937	암	11-06-19	BN1993	BK8698	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
21	BN3074	암	09-09-19	BA514-3	BK5826	산도(녹)	저항성(녹)	연도(붉)
22	BN4538	암	10-01-22	BK3948	BK6285	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
23	BP2239	암	11-11-19	BN1200	BK4921	산도(붉)	저항성(녹)	연도(녹)
24	BP23	암	11-03-31	BK9295	BK4615	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
25	BP297	암	11-04-22	BK9295	BN1775	산도(붉)	저항성(녹)	연도(녹)

(표 3-5-19) 종빈돈의 유전자 마커 분석 결과 및 현장적용

순번	개체번호	성별	생일	아버지	어미	PRKAG3	F4	CAST
25	BP297	암	11-04-22	BK9295	BN1775	산도(붉)	저항성(녹)	연도(녹)
26	BP3085	암	12-02-14	BK9295	BN4703	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
27	BP3837	암	12-04-22	BK3948	BP34	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
28	BP4987	암	12-07-30	BN9824	BP1153	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
29	BP733	암	11-06-03	BK9295	1-5	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
30	BP976	암	11-06-08	BN1993	BK8654	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
31	BP3796	암	12-04-19	BK9295	BN6341	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
32	BP1468	암	11-08-27	BK9295	BN2240	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
33	BP3403	암	12-03-19	BN1365	BK6488	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
34	BP5671-1	암	12-10-05	BN9353	BN9636	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
35	BN4795	암	10-04-18	BK3948	BK2274	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
36	BN9006	암	10-12-18	BN1227	BK5826	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
37	BP1365	암	11-08-20	BK9295	BN4668	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
38	BP273	암	11-04-15	BN1200	BN1445	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
39	BP357	암	11-04-30	BK3948	BK9093	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
40	BP4119	암	12-05-16	BN1365	BN9890	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
41	BP4121	암	12-05-16	BN1365	BN9890	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
42	BP4222	암	12-05-25	BN1365	BN4729	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
43	BP4282	암	12-05-29	BK9295	BN5778	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
44	BP440	암	11-05-06	BK9295	BK8808	산도(붉)	저항성(녹)	연도(녹)
45	BP448	암	11-05-06	BK9295	BK4229	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
46	BP708	암	11-06-03	BN1200	BK6488	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
47	BP933	암	11-06-19	BN1993	BK8698	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
48	BP6142	암	12-11-17	BP1354	BN5729	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
49	BP5708	암	12-10-12	BN1365	BN9280	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
50	BP5866	암	12-10-28	BN9353	BP641	산도(녹)	저항성(붉)	연도(녹)

(녹) : 우수, (붉) : 도태

(표 3-5-20) 중빈돈의 유전자 마커 분석 결과 및 현장적용

순번	개체번호	성별	생일	아버지	어미	PRKAG3	F4	CAST
51	BP5961	암	12-11-02	BP1354	BN6899	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
52	BN3365	암	09-11-05	BK4205	BK6345	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
53	BN4748	암	10-06-18	BK9341	BK6742	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
54	BP1862	암	11-10-08	BN1200	BK7877	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
55	BP2742	암	12-01-14	BK3948	BN8845	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
56	BP3120	암	12-02-18	BK3948	BN8684	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
57	BP3517	암	12-03-27	BK9295	BN4655	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
58	BP4017	암	12-05-07	BN1993	BN8038	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
59	BP5495	암	12-09-28	BP1354	BP1066	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
60	BP5795	암	12-10-21	BN1365	BN5778	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
61	BP5911	암	12-11-03	BN9353	BN4689	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
62	BP595	암	11-05-20	BN1200	BF03	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
63	BP731	암	11-06-03	BK9295	1-5	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
64	BN8970	암	10-12-10	BK3948	BK8808	산도(붉)	저항성(녹)	연도(녹)
65	BP1340	암	11-08-20	BK3948	BK8387	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
66	BP4131	암	12-05-16	BN1365	BN4869	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
67	BP5852	암	12-10-28	BN9353	BP1652	산도(붉)	저항성(녹)	연도(녹)
68	BP5909	암	12-11-03	BN1365	BN4687	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
69	BP6060	암	12-11-13	BP1354	BN8056	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
70	BN2670	암	10-02-18	BK7502	BK6881	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
71	BN2813	암	09-07-02	BK3948	BK6412	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
72	BN8826	암	10-11-21	BN1200	BK8198	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
73	BN9199	암	11-01-07	514-3	1-5	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
74	BN9849	암	11-03-18	2-2	BN2381	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
75	BP1250	암	11-07-29	BK9295	BK2404	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
76	BP1364	암	11-08-20	BK9295	BN4668	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
77	BP1428	암	11-08-27	BN1200	BK9422	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
78	BP2109	암	11-11-05	BN1993	BA7-5	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
79	BP2313	암	11-11-26	BN1365	BN5379	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
80	BP2469	암	11-12-17	BN1365	BK8093	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
81	BP2529	암	11-12-24	BK3948	BK2404	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
82	BP2649	암	12-01-07	BK9295	BN2037	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
83	BP3713	암	12-04-10	BK3948	BN9373	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
84	BP3838	암	12-04-22	BK3948	BP34	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)

(녹) : 우수, (붉) : 도태

(표 3-5-21) 종빈돈의 유전자 마커 분석 결과 및 현장적용

순번	개체번호	성별	생일	아버지	어미	PRKAG3	F4	CAST
85	BP590	암	11-05-20	BN1365	BK3704	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
86	BP4816	암	12-07-13	BN1993	BP438	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
87	BP5606	암	12-10-04	BN9824	BP23	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
88	BP5620	암	12-10-04	BN9824	BN6672	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
89	BP5710	암	12-10-12	BN1365	BN9280	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
90	BP3603	암	12-04-01	BN1365	BP23	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
91	BP4262	암	12-05-28	BK9295	BK5213	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
92	BN7091	암	10-09-09	BK4452	BK6956	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
93	BN7982	암	10-10-01	BN1	BK2356	산도(붉)	저항성(녹)	연도(녹)
94	BN9373	암	11-01-28	BK9295	BK4753	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
95	BP1141	암	11-07-13	BK9295	BK5985	산도(녹)	저항성(녹)	연도(붉)
96	BP2223	암	11-11-16	BK3948	BN7965	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
97	BP2233	암	11-11-16	BN1200	BK8698	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
98	BP2400	암	11-12-09	BN1365	BN914	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
99	BP2457	암	11-12-17	BN1365	BN6010	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
100	BP2470	암	11-12-17	BN1365	BK8093	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
101	BP2612	암	12-01-01	BK9295	BN8816	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
102	BP310	암	11-04-22	BK9295	BN1775	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
103	BP5023	암	12-08-06	BN1365	BN1330	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
104	BP817	암	11-06-10	BN1200	7-5	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
105	BP3900	암	12-04-28	BN1365	BN9922	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
106	BP2261	암	11-11-26	BN1365	BN7910	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
107	BP3923	암	12-04-28	BN1365	BN6040	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
108	BP2518	암	11-12-24	BK3948	BN5717	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
109	BP5904	암	12-11-03	BN1365	BN4687	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
110	BN3	암	09-02-13	BK3948	BK3654	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
111	BN9035	암	10-12-25	BN1227	BK4992	산도(녹)	저항성(녹)	연도(붉)
112	BN9044	암	10-12-24	BN1227	BK7987	산도(녹)	저항성(녹)	연도(붉)
113	BP1116	암	11-07-09	BN1365	BN5877	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
114	BP1118	암	11-07-09	BN1365	BN5877	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
115	BP1153	암	11-07-15	BK9295	8-5	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
116	BP1427	암	11-08-27	BN1200	BK9422	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
117	BP1434	암	11-08-24	BN1200	BN4619	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
118	BP2645	암	12-01-06	BK9295	BK7120	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)

(녹) : 우수, (붉) : 도태

(표 3-5-22) 종빈돈의 유전자 마커 분석 결과 및 현장적용

순번	개체번호	성별	생일	아버지	어미	PRKAG3	F4	CAST
119	BP2710	암	12-01-13	BN1365	BN2628	산도(붉)	저항성(녹)	연도(녹)
120	BP3794	암	12-04-19	BN1365	BN5379	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
121	BP3730	암	12-04-07	BN1365	BN9686	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
122	BN6598	암	10-07-24	BN1993	1-5	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
123	BP4619	암	12-06-25	BN1365	BN4838	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
124	BP6018	암	12-11-09	BP1354	BN5717	산도(녹)	저항성(붉)	연도(녹)
125	BP6102	암	12-11-07	BP1354	BN7031	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
126	BN4336	암	10-01-13	BK4205	BK4195	산도(녹)	저항성(녹)	연도(붉)
127	BN9882	암	11-03-24	BK9295	BN4251	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
128	BP1269	암	11-08-06	BK9295	BK8031	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
129	BP1471	암	11-09-01	BK9295	BN4336	산도(녹)	저항성(녹)	연도(붉)
130	BP2435	암	11-12-14	BK9295	BN5840	산도(녹)	저항성(녹)	연도(붉)
131	BP2638	암	12-01-06	BK9295	BK7120	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
132	BP4370	암	12-06-08	BN1365	BP923	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
133	BP569	암	11-05-16	514-3	BN1392	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
134	BP656	암	11-05-26	BK9295	BK6848	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
135	BP5883	암	12-10-28	BN9353	BN9890	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
136	BP2698	암	12-01-13	BN1365	BN4305	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
137	BP5928	암	12-11-02	BK9295	BN4668	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
138	BP6095	암	12-11-17	BP1354	BN4764	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
139	BP6130	암	12-11-17	BP1354	BN4694	산도(붉)	저항성(녹)	연도(녹)
140	BP5988	암	12-11-03	BP1354	BN8068	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
141	BP6013	암	12-11-09	BP1354	BN5717	산도(녹)	저항성(붉)	연도(녹)
142	BP1279	암	11-08-06	BK9295	BN4729	산도(붉)	저항성(녹)	연도(녹)
143	BP1289-1	암	11-08-05	BK3948	BK5971	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
144	BP2346	암	11-12-07	BK3948	BK7066	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
145	BP2490	암	11-12-18	BN1365	BK1	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
146	BP2564	암	11-12-31	BK9295	BK5213	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
147	BP425	암	11-05-05	BK9295	BN4596	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
148	BP4438	암	12-06-11	BN1365	BN6063	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
149	BP6050	암	12-11-13	BP1354	BN9928	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
150	BP689	암	11-05-27	BK3948	BK5992	산도(붉)	저항성(녹)	연도(녹)
151	BP5775	암	12-10-14	BK3948	BP1573	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
152	BP5918	암	12-11-03	BK9295	BP298	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)

(녹) : 우수, (붉) : 도태

(표 3-5-23) 종빈돈의 유전자 마커 분석 결과 및 현장적용

순번	개체번호	성별	생일	아버지	어미	PRKAG3	F4	CAST
153	BP6136	암	12-11-17	BP1354	BN5729	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
154	BP5778	암	12-10-14	BK3948	BP1573	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
155	BP5865	암	12-10-28	BN9353	BP641	산도(녹)	저항성(붉)	연도(녹)
156	BP5751	암	12-10-19	BN9395	BP1522-1	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
157	BP6197	암	12-11-29	BN9353	BN5885	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
158	BN9294	암	11-01-20	BN1993	10-1	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
159	BP5779	암	12-10-14	BK3948	BP1573	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
160	BN5840	암	10-06-30	BK9208	BN1296	산도(녹)	저항성(녹)	연도(붉)
161	BN8038	암	10-10-08	2-2	BK2282	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
162	BN9636	암	11-03-07	BN1993	BN4804	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
163	BN9700	암	11-03-12	2-2	12-3	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
164	BP0-1	암	11-09-01	BK9295	BN4336	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
165	BP123	암	11-04-09	BK9295	BN4764	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
166	BP4002	암	12-05-06	BN1365	BN343	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
167	BP852	암	11-06-12	BK3948	BK7987	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
168	BP4041	암	12-05-10	BK9295	BP641	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
169	BP5571	암	12-09-30	BP1289	BP416	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
170	BP5711	암	12-10-12	BN1365	BN9280	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
171	BP2478	암	11-12-17	BK9295	BK6717	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
172	BP3315	암	12-03-13	BN9439	BN6620	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
173	BP4608	암	12-06-25	BN9353	BK6285	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
174	BP4392	암	12-06-10	BK3948	BN8660	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
175	BN8352	암	10-10-28	2-2	BK9471	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
176	BN9279	암	11-01-20	BK4118	BK2053	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
177	BN9686	암	11-03-12	BK9295	BK2759	산도(녹)	저항성(녹)	연도(붉)
178	BP2334	암	11-12-03	BK9295	14-5	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
179	BP3732	암	12-04-07	BN1365	BN9686	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
180	BP3840	암	12-04-22	BK3948	BP34	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
181	BP3854	암	12-04-23	BN1365	BK6704	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
182	BP4297	암	12-05-29	BK9295	BN4666	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
183	BP4401	암	12-06-10	BN1365	BN6899	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
184	BP4464	암	12-06-13	BN1365	BP817	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
185	BP4591	암	12-06-25	BN1365	BN8743	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
186	BP614	암	11-05-20	BN1200	BK5903	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)

(녹) : 우수, (붉) : 도태

(표 3-5-24) 종빈돈의 유전자 마커 분석 결과 및 현장적용

순번	개체번호	성별	생일	아버지	어미	PRKAG3	F4	CAST
187	BP970	암	11-05-26	BK9295	BK6848	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
188	BP0-02	암	12-11-09	BP1354	BN4305	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
189	BP3083	암	12-02-14	BK9295	BN4703	산도(붉)	저항성(녹)	연도(녹)
190	BP5581	암	12-09-30	BN1365	BP1421	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
191	BP6022	암	12-11-09	BP1354	BN4305	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
192	BN5122	암	10-02-20	BA514-3	BK8698	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
193	BN7965	암	10-10-01	BK9208	BK1406	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
194	BN9728	암	11-03-13	BN1365	BN2664	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
195	BN9977	암	11-03-26	BN1365	BN1808	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
196	BP0-01	암	11-07-31	BN1200	BN5254	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
197	BP1260	암	11-07-31	BN1200	BN5254	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
198	BP2724	암	11-01-13	BK3948	BK9471	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
199	BP34	암	11-03-31	514-3	BN4326	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
200	BP4050	암	12-05-10	BK9295	BK9807	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
201	BP4930	암	12-07-25	BN1365	BN4860	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
202	BN2270	암	09-08-15	BK4118	BK5192	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
203	BP4931	암	12-07-25	BN1365	BN4860	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
204	BP2613	암	12-01-01	BK9295	BN8816	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
205	BP2492	암	11-12-18	BN1365	BK1	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
206	BP4298	암	12-05-29	BK9295	BN4666	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
207	BN9066	암	10-12-27	2-2	BK9425	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
208	BN4729	암	10-02-10	BK9341	BK4559	산도(붉)	저항성(녹)	연도(녹)
209	BN5778	암	10-05-28	BK4452	BK8031	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
210	BN7910	암	10-09-26	BK3948	BK4340	산도(붉)	저항성(녹)	연도(녹)
211	BP1522	암	11-09-03	BN1365	BN2831	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
212	BP2501	암	11-12-17	BN1365	BN8079	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
213	BP2509	암	11-12-23	BK3948	BN7136	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
214	BP3304	암	12-03-11	BK3948	BN1420	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
215	BP354	암	11-04-29	BN1200	BK6118	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
216	BP3563	암	12-03-29	BK9295	BN1392	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
217	BP5885	암	12-10-28	BN9353	BN9890	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
218	BP3976	암	12-05-06	BK9295	BN8343	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
219	BP6182	암	12-11-24	BN1365	BN8817	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
220	BN6063	암	10-02-04	BN1993	BK8198	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)

(녹) : 우수, (붉) : 도태

(표 3-5-25) 종빈돈의 유전자 마커 분석 결과 및 현장적용

순번	개체번호	성별	생일	아버지	어미	PRKAG3	F4	CAST
221	BN6609	암	10-07-30	BK3948	BK7808	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
222	BN9890	암	11-03-25	BK9295	BN4857	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
223	BP0-30	암	11-09-01	BK9295	BN4336	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
224	BP1474	암	11-09-01	BK9295	BN4336	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
225	BP1652	암	11-09-16	BN5362	BK8198	산도(붉)	저항성(녹)	연도(녹)
226	BP2428	암	11-12-15	BK9295	BN5728	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
227	BP2697	암	12-01-13	BN1365	BN4305	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
228	BP4112	암	12-05-15	BN1365	BN9928	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
229	BP641	암	11-05-22	BN1365	BN1420	산도(녹)	저항성(붉)	연도(녹)
230	BP685	암	11-05-27	BK3948	BK5992	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
231	BP4465	암	12-06-13	BN1365	BP817	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
232	BP5709	암	12-10-12	BN1365	BN9280	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
233	BP6621	암	13-01-03	BN8909	BP933	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
234	BP7128	암	13-02-15	BP675	BP2564	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
235	BP287	암	11-04-23	BN1200	BK8198	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
236	BN4668	암	10-02-03	BK9341	BK4264	산도(녹)	저항성(녹)	연도(붉)
237	BN4861	암	10-03-11	BA514-3	62-4	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
238	BP3000	암	12-02-04	BK3948	BN8817	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
239	BP3742	암	12-04-15	BK9295	BN6672	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
240	BP5529	암	12-09-30	BN9353	BN6341	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
241	BP6446	암	12-12-22	BN1365	BP683	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
242	BP6449	암	12-12-22	BN1365	BP683	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
243	BN6597	암	10-08-04	BN1993	10-1	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
244	BN804	암	09-04-25	9-7	BK2448	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
245	BN8068	암	10-10-07	2-2	BK6182	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
246	BP1497	암	11-09-01	BK9295	BN82	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
247	BP1744	암	11-10-15	BK3948	BN6621	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
248	BP2363	암	11-12-08	BK3948	B5985	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
249	BP2656	암	12-01-13	BK3948	BN6063	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
250	BP3485	암	12-03-24	BK9295	BN5876	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
251	BP923	암	11-06-19	BN1993	BK6696	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
252	BP1625	암	11-09-10	BK9295	BN2707	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
253	BP0-03	암	12-11-09	BP1354	BN4305	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
254	BP6303	암	12-12-08	BP1354	BN8705	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)

(녹) : 우수, (붉) : 도태

(표 3-5-26) 종빈돈의 유전자 마커 분석 결과 및 현장적용

순번	개체번호	성별	생일	아버지	어미	PRKAG3	F4	CAST
255	BP6826	암	13-01-09	BN9353	BN2813	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
256	BN4305	암	10-04-29	BK198	BK4328	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
257	BN4619	암	10-03-12	BK4205	BK6359	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
258	BN4655	암	10-06-21	BK9341	BK6716	산도(붉)	저항성(녹)	연도(붉)
259	BN5717	암	10-05-14	BA514-3	BK3391	산도(녹)	저항성(붉)	연도(녹)
260	BN7031	암	10-09-11	BK3948	BK2207	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
261	BN8506	암	10-11-05	BK9295	BK8135	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
262	BN8992	암	10-12-15	BN1227	BN1956	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
263	BP1258	암	11-07-31	BN1200	BN5254	산도(붉)	저항성(녹)	연도(녹)
264	BP2620	암	12-01-06	BK9295	BK9083	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
265	BP3348	암	12-03-17	BK9295	BN8970	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
266	BP3387	암	12-03-18	BN1365	BN4748	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
267	BP388	암	11-04-29	BN1200	BN1375	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
268	BP4137	암	12-05-16	BN1365	BN4869	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
269	BP5774	암	12-10-14	BK3948	BP1573	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
270	BP4923	암	12-07-24	BN1365	BK9066	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
271	BP6818	암	13-01-15	BN9353	BP2234	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
272	BP3188	암	12-02-26	BK9295	BN6622	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
273	BP4016	암	12-05-07	BN1993	BN8038	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
274	BP4057	암	12-05-13	BK9295	BK8093	산도(붉)	저항성(녹)	연도(녹)
275	BP6827	암	13-01-09	BN9353	BN2813	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
276	BN4764	암	10-02-20	BK4205	BK8385	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
277	BN5729	암	10-05-28	BK3948	BK5213	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
278	BN8690	암	10-11-16	BN1200	BN1420	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
279	BP0-3	암	11-06-01	BK9295	BK4753	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
280	BP1368	암	11-08-23	BK9295	BN5615	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
281	BP1449	암	11-08-27	BK9295	BN2240	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
282	BP3625	암	12-04-05	BN1365	BN9849	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
283	BP3667	암	12-04-08	BK3948	BK8789	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
284	BP3901	암	12-04-28	BN1365	BN9922	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
285	BP5179	암	12-08-20	BK3948	BN8826	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
286	BN5625	암	10-05-14	BK4452	BK5037	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
287	BN8817	암	10-11-15	BN1200	BN1775	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
288	BN8877	암	10-11-30	BK9295	BK6185	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)

(녹) : 우수, (붉) : 도태

(표 3-5-27) 종빈돈의 유전자 마커 분석 결과 및 현장적용

순번	개체번호	성별	생일	아버지	어미	PRKAG3	F4	CAST
289	BN9922	암	11-03-24	BK9295	BN4305	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
290	BP5377	암	12-09-13	BN1365	BN4336	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
291	BP5058	암	12-08-10	BN1365	BP1365	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
292	BP5225	암	12-08-29	BN1365	BN9849	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
293	BP4837	암	12-07-16	BN1993	BN6621	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
294	BN1775	암	09-08-25	BK4205	BK6184	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
295	BN5885	암	10-06-04	BK3948	BK9424	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
296	BN9928	암	11-03-24	BK9295	BN4331	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
297	BP1318	암	11-08-19	BK9295	BN4305	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
298	BP1503	암	11-09-01	BK9295	BK6375	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
299	BP1573	암	11-09-08	BK3948	BK9066	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
300	BP2922	암	12-01-28	BK9295	BN4838	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
301	BP3283	암	12-03-05	BK9295	BK5903	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
302	BP3414	암	12-03-18	BN1365	BN3	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
303	BP3605	암	12-04-01	BN1365	BP23	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
304	BP3631	암	12-04-05	BN1365	BN8063	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
305	BP5243	암	12-08-31	BN1993	BP852	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
306	BP5642	암	12-10-05	BN9353	BP614	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
307	BP1446	암	11-08-30	BK9295	BN2664	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
308	BP1473	암	11-09-01	BK9295	BN4336	산도(녹)	저항성(녹)	연도(붉)
309	BP4125	암	12-05-16	BN1365	BN9890	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
310	BN6672	암	10-08-09	BK9208	7-6	산도(녹)	저항성(붉)	연도(녹)
311	BN9378	암	11-01-28	BK9295	BK4753	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
312	BP2607	암	11-12-31	BK9295	BK9843	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
313	BP3086	암	12-02-14	BK9295	BN4703	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
314	BP3270	암	12-03-05	BK9295	BN4850	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
315	BP3305	암	12-03-11	BK3948	BN1420	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
316	BP3585	암	12-04-01	BK9295	BN4336	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
317	BP3600	암	12-04-01	BN1365	BP23	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
318	BP3756	암	12-04-14	BN1365	BN8352	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
319	BP472	암	11-05-13	BK9295	BK5826	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
320	BP5393	암	12-09-14	BN9353	BN397	산도(녹)	저항성(녹)	연도(붉)
321	BP5671	암	12-10-05	BN9353	BN9636	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
322	BP6909	암	13-01-29	BP1354	BK8654	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)

(녹) : 우수, (붉) : 도태

(표 3-5-28) 중빈돈의 유전자 마커 분석 결과 및 현장적용

순번	개체번호	성별	생일	아버지	어미	PRKAG3	F4	CAST
323	BP5199	암	12-08-26	BK9295	BN6622	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
324	BP2897	암	12-01-28	BK3948	BK6047	산도(녹)	저항성(붉)	연도(녹)
325	BP298	암	11-04-22	BK9295	BN1775	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
326	BP5110	암	12-08-13	BN9353	BN4703	산도(붉)	저항성(녹)	연도(녹)
327	BP5399	암	12-09-14	BN9353	BN5877	산도(녹)	저항성(붉)	연도(녹)
328	BP5735	암	12-10-19	BN9353	BN7136	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
329	BN4694	암	10-02-10	BK9341	BK1063	산도(붉)	저항성(녹)	연도(녹)
330	BN6621	암	10-07-29	BK3948	BK5185	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
331	BN7311	암	10-09-26	BK3948	BK4340	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
332	BN8637	암	10-11-12	BN1227	BN2831	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
333	BP1009	암	00-06-25	BK9295	BK6006	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
334	BP1238	암	11-07-31	BK9295	BK6286	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
335	BP2515	암	11-12-24	BK3948	BN5717	산도(녹)	저항성(붉)	연도(녹)
336	BP300	암	11-04-22	BK9295	BK0-5	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
337	BP3663	암	12-04-08	BK3948	BK8789	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
338	BP4796	암	12-07-13	BN9353	BP970	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
339	BP5667	암	12-10-05	BN9353	BN9636	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
340	BP5789	암	12-10-20	BN9353	BK5213	산도(붉)	저항성(붉)	연도(붉)
341	BP7156	암	13-02-20	BP1354	BP2457	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
342	BP7436	암	13-03-16	BP675	BP354	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)
343	BP7960	암	13-04-27	BP1354	BP1503	산도(녹)	저항성(녹)	연도(녹)

(녹) : 우수, (붉) : 도태

제4장 목표달성도 및 관련분야에의 기여도

구분 (연도)	세부과제명	세부연구목표	달성도 (%)	연구개발 수행내용
1차 연도 (2011- 12)	<제1세부> 돼지유전체 경제형질 마커의 조기진단 및 분자유종 시스템 개발	면역/번식/육질 향상 육종기술개발을위한 종돈집단의 관련유전자 자료의 확보와 종돈축군의 유전자형 자료의 확립	100%	<ul style="list-style-type: none"> ▪ 돼지 질병/생존율/면역관련 유전자 발굴 및 유전자형을 분석
	<제2세부> 고효율 종돈 생산 효율 증대를 위한 보조생식기법 및 임신효율 증진기법 개발	고효율 종돈 유래 체외수정란 작성 기술 개발 및 외과적 수정란이식기술 개발	100%	<ul style="list-style-type: none"> ▪ 양질의 체외성숙 난모세포 생산 기술 개발 ▪ 우수형질 종돈의 OPU 기술 개발 ▪ 정자 농도 및 수정시간에 따른 분석 ▪ 외과적 이식기술 개발 ▪ 종돈 형질에 따른 착상기전 분석
	<제1협동> PRRS 바이러스 저항성 유전자 마커의 유용성 평가 및 종돈선발 적용	국내 돼지의 PRRS 저항성 유전자 마커 양성률 조사 및 실험실 수준의 마커 유효성 평가	100%	<ul style="list-style-type: none"> ▪ PRRS 감염의 저항성과 관련된 MxA, IFNA, USP18 등의 유전자 마커의 국내 돼지의 분포를 조사 ▪ 유전자 마커를 이용하여 돼지를 분류하고 PRRS 바이러스 감염 후 임상증상 및 생산성 지표를 분석하여 마커의 유효성 평가
	<제2협동> 한국형 고효율 종돈계통 조성	통계육종가와 유전자마커 유전자형 통합 선발지수 개발	100%	<ul style="list-style-type: none"> ▪ SNP마커를 보정한 분자유종가추정 방법 개발 및 적용 ▪ 표현형 육종가와 유전자 마커를 조합한 선발지수 개발 및 MAS 평가

구분 (연도)	세부과제명	세부연구목표	달성도 (%)	연구개발 수행내용
2차 연도 (2012- 13)	<제1세부> 돼지유전체 경제형질 마커의 조기진단 및 분자유종 시스템 개발	형질별 고능력 종돈선발을 위한 DNA 분석 마커 발굴	100%	<ul style="list-style-type: none"> 돼지 질병/생존율/면역관련 유전자 발굴 및 유전자형을 분석 유전자형 정보를 활용한 종돈선발 기준의 결정 및 우량형질 종돈계통의 선발 적용
	<제2세부> 고효율 종돈 생산 효율 증대를 위한 보조생식기법 및 임신효율 증진기법 개발	악성전염병 대비 우수형질 종돈 유전자원 보존 사업	100%	<ul style="list-style-type: none"> 양질의 체외성숙 난모세포 생산 난포액 및 난구세포를 이용한 악성전염병 스크리닝 시스템 개발 우수형질 종돈별 수정율 영향인자 분석 종돈 형질에 따른 유산기전 분석 구제역 등 악성 전염병 대비 6종 이상의 우수 형질 종돈 체세포 확보 및 동결보존 체외수정란을 이용한 악성전염병 스크리닝 시스템 개발
	<제1협동> PRRS 바이러스 저항성 유전자 마커의 유용성 평가 및 종돈선발 적용	PRRS 저항성 유전자 마커의 농장 수준의 유효성 평가	100%	<ul style="list-style-type: none"> PRRS 발생의 양상이 체계적으로 분석되고 PRRS 감염 저항성 마커의 양성률이 적절한 농장을 선별 실험실적 평가에서 PRRS의 저항성에 대한 유효성이 입증된 마커에 의해 농장의 돼지들을 분류하고 PRRS 바이러스에 의한 평가지표를 출하 시까지 분석
	<제2협동> 한국형 고효율 종돈계통 조성	통계육종가와 유전자마커 유전자형 통합 선발지수 개발	100%	<ul style="list-style-type: none"> 종돈 혈통이력추적기술을 이용한 후대의 개량자료 수집기술 개발 SNP마커를 보정한 분자유종가추정 방법 개발 및 적용 표현형 육종가와 유전자 마커를 조합한 선발지수 개발 및 MAS 평가

구분 (연도)	세부과제명	세부연구목표	달성도 (%)	연구개발 수행내용
3차 연도 (2013- 14)	<제1세부> 돼지유전체 경제형질 마커의 조기진단 및 분자유종 시스템 개발	형질별 고능력 종돈선발을 위한 DNA 분석 마커 검증	100%	<ul style="list-style-type: none"> ▪ 형질별 유전자형 조합에 따른 육 종가분석 효율성 검증 ▪ 종돈의 유전자형에 따른 자손의 형질 능력 평가 (계통조성 효과 모니터링) ▪ 유전자형 분석과 종돈 개량시스템의 통합적 운영 방안 제시
	<제2세부> 고효율 종돈 생산 효율 증대를 위한 보조생식기법 및 임신효율 증진기법 개발	수정란 이식 기술 개발 및 임신키전 분석	100%	<ul style="list-style-type: none"> ▪ 양질의 종돈 체외수정란 대량 생산 시스템 확립 ▪ 종돈 형질에 따른 임신기전 분석 ▪ 자궁각내 정액주입 기법 및 비외과적 이식 기법 개발 ▪ 비외과적 수정란 이식기 개발 ▪ 수정란 이식 기술 매뉴얼 개발, 보급 및 교육을 통한 상용화 기반 구축
	<제1협동> PRRS 바이러스 저항성 유전자 마커의 유용성 평가 및 종돈선발 적용	다른 유전자 마커와의 연계성 평가 및 계통 조성된 종돈의 PRRS에 대한 저항성 평가	100%	<ul style="list-style-type: none"> ▪ 다른 세부과제에서 발굴된 유전자 마커와의 연계성 및 유효성 평가 ▪ PRRS 감염의 저항성과 관련된 유전자 마커와 여러 생산성 및 경제성 마커를 바탕으로 계통 조성된 종돈의 PRRS 감염에 대한 저항성 평가
	<제2협동> 한국형 고효율 종돈계통 조성	고효율 종돈계통근성 방법의 국가적 종돈개량 시스템 구축방안 연구	100%	<ul style="list-style-type: none"> ▪ 표현형 육종가와 유전자 마커를 조합한 선발지수 개발 및 MAS 평가 ▪ 계통조성 기반 종돈장 정보를 위한 데이터베이스 구축 ▪ 고효율 종돈개량 방식의 국가적 개량시스템 적용방안 설정

제5장 연구개발 성과 및 성과활용 계획

제1절 연구개발의 목표대비 성과

1. 연구개발 성과

가. 연구개발결과의 목표 대비 실적

(1) 연구성과 목표 및 달성도

(단위 : 건수)

구분		특허		신품종				유전자원 등록	논문		기타
		출원	등록	품종명 명칭등록	품종수 생산 입판 신고	품종보호			SCI	비SCI	
						출원	등록				
1차년도	목표	-						2	2		
	달성							2	1		
2차년도	목표	2						3	3		
	달성	2						4	2		
3차년도	목표	3		1		2	4	5	5		
	달성	1	2	1				1	2		
계	목표	5		1		2	4	10	10		
	달성	3	2	1		1		7	5		

* 연차별 연구성과 목표는 향후 연차평가 등의 정량적 평가지표로 활용됨

(1) 연구성과 활용 목표

(단위 : 건수)

구분		기술실시(이전)	상품화	정책자료	교육지도	언론홍보	기타
활용건수	목표	4	4	5	5	2	
	달성	4	1	1	8	4	

* 언론홍보: 김원일, PRRS의 효과적인 관리를 위한 진단의 중요성, 월간 피그엔포크 한돈, 2013 (1월호), p262-269

* 교육지도: 김원일, 기후변화에 따른 가축 사양관리 및 신종질병 대응방안, 2013년 4월 11일, 경북대학교 양돈전문경영자양성과정, 경상북도 군위군 소재 친환경 농업교육 및 연구센터

가. 논문게재 성과

계재연 도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외 구분	SCI구분
		주저자	교신저자	공동저자				
2012	The Effects of Resveratrol on Oocyte Maturation and Preimplantation Embryo Development	Kwak SS	Hyun SH	-	Journal of Embryo Transfer	27(2)	국내	학진등재
2012	Effects of a short co-incubation time for spermatozoa-oocytes using commercial liquid stored boar semen on porcine in vitro fertilization efficiency	Kwak SS	Hyun SH	-	Journal of animal and veterinary advances	11(8)	국외	SCI
2012	The effects of resveratrol on porcine oocyte in vitro maturation and subsequent embryonic development after parthenogenetic activation and in vitro fertilization.	Kwak SS	Hyun SH	Cheong SA, Jeon Y	Theriogenology	78(1)	국외	SCI
2013	Effect of trans-ε-viniferin on in vitro porcine oocyte maturation and subsequent developmental competence in preimplantation embryos	Jeon Y	Hyun SH	Kwak SS, Cheong SA, Seong YH	J. Vet. Med. Sci.	75(10) 1277-86	국외	SCI
2013	Analysis of Legumain and Cystatin 6 Expression at the Maternal/Fetal Interface in Pigs	Shim J	Ka H	Seo H, Choi Y, Yoo I, Lee CH, Hyun SH, Lee E	Molecular Reproduction & Development	80(7) 570-80	국외	SCI
2013	Porcine insulin-like growth factor 1 (IGF1) gene polymorphisms are associated with body size variation	Pengxia Niu	K-S Kim	S-W Kim, B-H Choi, T-H Kim, J-J Kim	Genes Genom	35(4) 523-528	국외	SCI
2013	Effects of ozone, ultraviolet and disinfectant against porcine reproductive and respiratory syndrome virus	Yong-Dae Yoon	Won-Il Kim		Korean Journal of Veterinary Service	36(3) 157-162	국내	학진등재
2013	Different immunological features of two genetically distinct type 2 PRRS viruses	Nadeem Shabir	Won-Il Kim	Amina Khatun	Korean Journal of Veterinary Service	37(1) 1-9	국내	학진등재
2014	The new system of shorter porcine oocyte in vitro maturation (18 hours) using ≥ 8 mm follicles derived from cumulus-oocyte complexes	Kwak SS	Hyun SH	Yoon JC, Cheong SA, Jeon Y, Lee ES	Theriogenology	81(2) 291-301	국외	SCI

게재연도	논문명	저자			학술지명	Vol.(No.)	국내외 구분	SCI구분
		주저자	교신저자	공동저자				
2014	Identification of genomic regions associated with piglet survival and mortality	YJ Choi	KS Kim	SWKim, JH Yoon, BH Choi, TH Kim	J Biomed Res	15(2) 78-85	국내	학진등재
2014	Genetic Structure of and Evidence for Admixture between Western and Korean native pig breeds revealed by Single Nucleotide polymorphisms	Z Edea	KS Kim	SWKim	Asian-Australasian Journal of Animal Sciences	27(9) 1263-1269	국외	SCI
2014	A whole genomic scan to detect selection signatures between Berkshire and Korean native pig breeds	Z Edea	KS Kim		Journal of Animal Science and Technology	Accepted	국내	학진등재

가. 특허 성과

구분	연도	특허명	출원인	출원국	출원/등록 번호
등록	2014	돼지 질병 진단용 프라이머 세트 및 이를 함유하는 진단용 키트	충북대학교 산학협력단 전북대학교 산학협력단 제넷바이오	대한민국	10-1376118
등록	2014	중합효소연쇄반응을 이용한 축종판별방법	충북대학교 산학협력단,	한국	10-1296221
출원	2013	카테터	충북대학교 산학협력단	한국	10-2013-0046564
출원	2014	흑돈육과 비흑돈육 판별에 유용한 단일염기다형성 마커 및 이의용도	충북대학교 산학협력단	한국	10-2014-0085425
출원중	2014	돼지생식기 호흡기 증후군바이러스 감염증에 저항성이 높은 돼지 선발용 유전자 마커	충북대학교 산학협력단 전북대학교 산학협력단	한국	

가. 기술료 징수 현황

기 징수액	당해연도 징수액	향후 징수액	합계

가. 사업화 현황

사업화명	사업화내용	사업화 업체 개요				기매출액	당해연도 매출액	매출액 합계
		업체명	대표자	종업원수	사업화형태			
종돈 육종 계통 조성	제주양돈농협계통 도니유전센터 종돈 계통조성	정피엔씨연구소	정영철	12명	종돈육종계통조성권설정	-	30,000,000원	30,000,000원
돼지질병진단키트	돼지전염성 질병진단키트	제넷바이오	박용현	5명	공동기술개발		10,000,000원	10,000,000원

제2절 연구개발의 활용계획

1. 연구결과의 활용계획 (정피엔씨연구소 정종현 박사: GSP 프로젝트 연계)

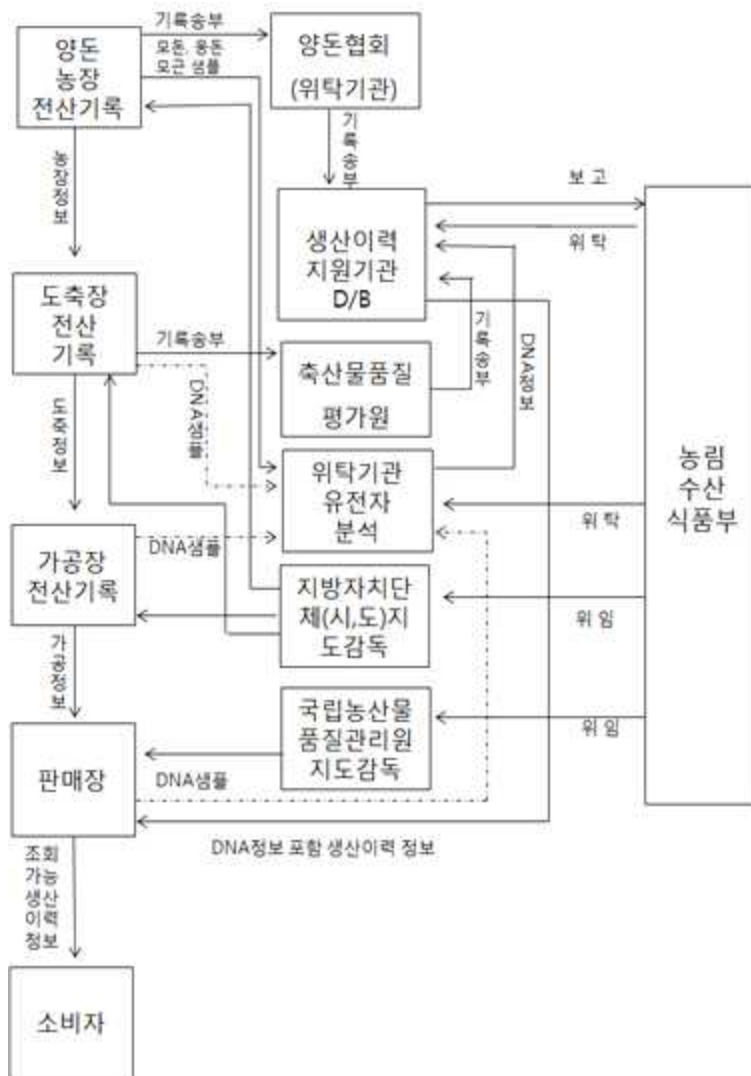
가. 종돈이력제 구축

- 2014년 3월 농림축산식품부 방역총괄과에서는 농장단위 돼지고기이력제 시행을 앞두고, 종돈의 출생·이동·폐사 등 종돈의 개체관리 및 사육현황을 관리할 수 있는 프로세스를 확립하고자 종돈의 이력관리 시범사업을 추진하였고, 이를 단계별로 확대하여 돼지이력제에 적용하고자 하였다.

(표 5-2-1) 기관별 역할과 기능

기 관	역할 및 기능
농림축산식품부	<ul style="list-style-type: none"> ▪ 사업계획 수립 및 추진점검, 시스템 구축 ▪ 예산확보 및 집행상황 감독, 관련 법령 개정 등 ▪ 사업총괄 및 지도·감독, DB운영
시·도	<ul style="list-style-type: none"> ▪ 시범사업 참여업체 지도·감독, 교육·홍보 ▪ 농장에 대한 문신기 공급 및 유지보수 관리 ▪ 돼지의 이동시 농장식별번호 표시 지도·감독
축산물품질평가원	<ul style="list-style-type: none"> ▪ 가축사육시설 확인 및 농장식별번호 부여 ▪ 전산시스템 운영관리 및 유통 단계별 이력정보 관리 ▪ 시범사업 참여 업체 총괄 관리(지도·감독, 교육·홍보) ▪ 이력지원실(콜센터) 운영 관리
한국종축개량협회	<ul style="list-style-type: none"> ▪ 종돈의 출생·이동·폐사 신고 접수 시스템 등록 ▪ 시범사업 참여 종돈장 관리(지도·감독, 교육·홍보) ▪ 종돈의 이력관리 업무 지원
이력지원실	<ul style="list-style-type: none"> ▪ 참여농가에 대한 가축사육시설 시스템 등록 ▪ 사육현황, 이동 등 각종신고 접수 및 시스템 등록 ▪ 위탁기관(종개협) 및 참여농가 제도이행 관련 업무 지원 ▪ 정보 변경 관리, 이력번호 수기 부여, 이력관리시스템 운영지원
시범사업 참여 브랜드경영체	<ul style="list-style-type: none"> ▪ 사육현황 및 이동 신고 대행업무 폐지(이력지원실 대행) - '12년 참여 브랜드경영체('13년 참여 브랜드경영체 해당없음) ▪ 시범사업 참여 농가 관리(교육 등) ▪ 참여농가 제도이행 관련 업무 지원

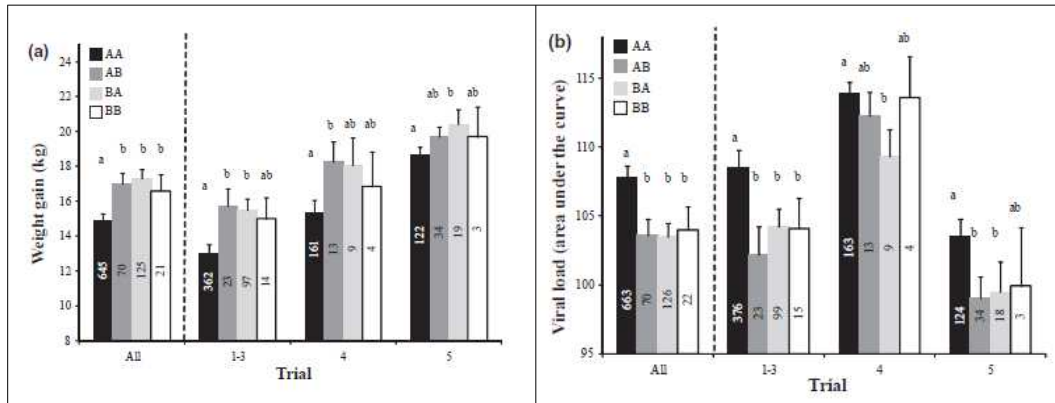
- 하지만 2014년 10월28일에 언론을 통해 알려진 돼지이력제시행 종돈개체표시방안은 낮은 수준의 개체식별형태인 이각만으로 실시될 예정이며, 또한 종축개량협회에서 발행하는 혈통증명서에 개체번호와 농장번호를 표시하는 것으로 시행될 전망이다.
- 본 연구과제에서 개발된 DNA 유전자형의 경우 1)종돈개체식별과 2)친자감별 그리고 종돈개량에 필요한 유전능력 3)분자육종가 예측 등에 유용하게 활용될 수 있으며, 4)품종확인도 가능한 마커들로 구성되어 있어, 이를 저렴한 비용으로 산업적으로 활용할 수 있도록하여 차별화된 종돈 마케팅의 수단이 될 것이다.



(그림 5-2-1) 종돈의 유전자형 정보를 이용한 돼지고기 이력추적 운영모델

나. PRRS 저항성 마커 활용

- 돼지염색체 4번에 존재하는 단일염기다형성 (SNP) 마커 “WUR10000125”가 PRRSV에 감염후 Viral load와 weight gain에 우성적 효과를 가지고 있다는 것이 발표되었다 (Boddicker 등 2014).



(그림 5-2-2) 유전자형에 따른 PRRSV 인공감염 후 weight gain 과 viral load의 차이

- 본 연구팀의 연구결과는 위의 연구와 동일하게 GBP1 유전자내의 SNP가 PRRSV의 감염으로 인한 피해를 줄일수 있다는 연구결과를 확인하고, 이를 PRRS의 피해를 입고 있는 농장에서 맞춤형 유전자교배를 통해 PRRSV로 인해 피해를 감소하는데 활용될 수 있을 것으로 판단한다.
- 이를 위한 효과를 검증하고 산업적으로 활용하기 위해서는 현재 낮은 빈도로 존재하는 PRRSV 저항성 대립유전자를 높일 수 있는 유전자형 도출선발을 실시하여, PRRSV 감염으로 인한 양돈장의 피해를 줄 일수 있을 것이다.
- 국내 PRRSV 저항성 유전자의 빈도를 높일 수 있도록 GGP 농장에서 선발할 필요가 있고, 이를 위해서 PIC Korea 종돈업체에서는 GGP 농장에서 유전자 선발을 수행하고 있음

다. 국내 유통 흑돼지고기 판별

- 국내 유통중인 흑돼지고기는 대부분 듀록품종의 교잡으로 생산성이 향상된 흑돼지고기여서 순종 흑돼지고기 (버크셔나 재래돼지)로부터 식별할 수 있도록 하여 순수 흑돼지 사육농가의 정당한 수익을 보장하고 흑돼지고기의 올바른 브랜드화를 유도하여야 한다.
- 이를 위해서 간편하게 순종 흑돼지고기를 식별할 수 있는 DNA 분석기법을 보완하여 축산물품질평가원이나 농산물품질관리원에서 활용될 수 있도록 할 예정이다.

라. PRRS 유전자 기능 등 활용계획

- PRRS 감염에 대한 저항성과 관련된 유전자들(GBP1 및 CD163등)을 유전자 마커로 특허화 하고 유전자 마커 분석법을 산업화 할 계획임
- 개발된 유전자 마커를 활용하여 PRRS 바이러스가 지속적으로 감염되는 다양한 형태의 농장들에 적용하고 생산성을 높이는 것에 대한 유용성을 계속 검증을 실시할 계획임.
- 개발된 유전자 마커의 PRRS 저항성에 대한 기전을 연구하여 자세한 기전을 밝히고 추가적인 PRRS 제어방법 개발에 도움이 되는 성과를 도출할 계획임.
- 따라서 현재까지 확인된 PRRS 저항성 관련 유전자들 중 본 연구과제 수행의 결과로 실제 유용성이 증명된 유전자 마커의 성공적인 발굴은 PRRS의 피해를 효과적으로 줄일 수 있는 유일한 방법이 될 수 있으므로 양돈산업에 이익을 불러올 수 있도록 지속적으로 추진할 계획임

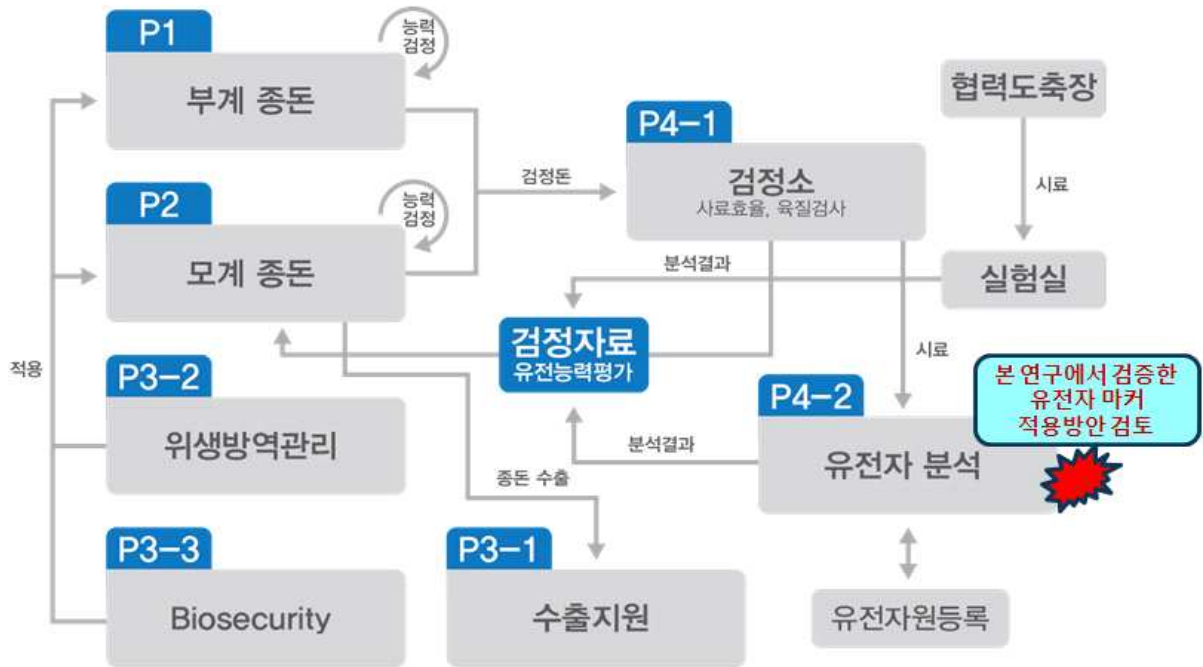
마. 카테터 활용계획

- 본 연구과제로 개발된 카테터는 돼지의 자궁각까지 넣을 수 있어서 일반적으로는 심부주입 인공수정에 활용될 수 있다. 또한 실험실 수준에서는 우수종돈의 체세포를 동결보존한 후 필요시 체세포핵이식을 통해 복제배아를 생산하고 돼지의 자궁내로 이식하는데 활용될 수 있다.

바. GSP과제 연계방안

- GSP과제는 총 4개 프로젝트로 부계종돈, 모계종돈, 수출지원 및 선발기술개발 등으로 구성되어있고, 본 연구과제 결과를 적용할 수 있는 프로젝트는 4-2협동과제인 'GSP 참여 종돈 유전자원 활용 및 선발기술 개발'에서 활용하는 유전자마커에 적용할 수 있음.

- GSP과제에서 활용하는 유전자 마커는 21개 유전자에 대해 8,435개의 변이를 확보하였으며 이 중 추가적인 필터링 조건을 통해 245개의 유력한 변이(significant candidate SNP)를 선별해냈음.



- GSP 4-2과제에서 적용하는 유전자마커는 다른 돈군집에서 선별한 유전자 마커이므로 GSP과제에서 적용하기 위해서는 검증의 단계가 필요함. 하지만 본 연구에서는 기존에 개발된 마커를 직접 검증한 결과이므로 본 연구를 GSP사업과 연계하여 직접적으로 종돈을 선별하는데 적용할 수 있음.

제6장 연구개발과정에서 수집한 해외과학기술정보

제1절 미국 양돈 사료효율 개선 프로그램

2000년도부터 미국 아이오와주립대학교 축산학과는 돼지 사료효율개선을 위한 선발축군을 조성하고, 사료효율에 영향을 주는 유전적 환경적 요인에 대한 체계적인 연구를 하고 있다 (

The screenshot shows the homepage of the National Program of Swine Feed Efficiency. At the top, there is a blue header with the text "NATIONAL PROGRAM OF SWINE FEED EFFICIENCY". Below the header is a navigation menu with links: Home Page, About, Publications, Presentations, Events, Partners, RFI Project, and Contact Us. The main content area is titled "Home Page" and contains a paragraph about the program's long-term goal: "Our long term goal is to increase nutrient utilization and feed efficiency in the pig, to strengthen the competitiveness of the pork industry and to reduce its demand on grains and proteins. We will use a truly multi-disciplinary approach in this project, including nutrition, physiology, microbiology, behavior, immunology, quantitative genetics, swine genomics, proteomics, transcriptomics, bioinformatics and statistics. Through this grant, we will develop new knowledge and new tools to benefit our pork industries and agriculture in general." Below this text is a large image of several pigs in a farm setting. To the right of the main content is a sidebar with a search box labeled "Google Custom Search" and a magnifying glass icon. Below the search box are three sections: "Recent updates" with a sub-section for "September 2014" listing a publication by Colpoys, J. D., C.E Abell, J. M. Young, A.F. Keating, N. K. Gabler, S. T. Millman, J. M. Siegford, and A.K. Johnson; "August 2014" with a sub-section for "Swine podcasts" listing two presentations; and "Appearances" listing a conference by Dr. John F. Patience.

<http://www.swinefeedefficiency.com/index.html>

지금까지 사료효율개선을 위하여 수행해온 외부지원 연구프로젝트는 다음과 같다.

Dekkers	Feed intake recording and selection strategies	\$ 41,802	Monsanto	00-02
Dekkers	Graduate fellowship in genetic improvement of feed efficiency in pigs	\$ 36,288	Monsanto	03-07
Dekkers, Tuggle, Nettleton, Anderson, Honavar	Integration of Functional Genomics and Quantitative Genetics to Improve Feed Efficiency in Pigs	\$876,000	USDA-NRI	05-08
Nettleton, Chen, Dekkers, Liu, Tuggle	Development of High-Dimensional Data Analysis Methods for the Identification of Differentially Expressed Gene Sets	552,927	NSF/NIH Joint Init. Math Biology	07-10
Dekkers, Johnson, Spurlock, Lonergan, Huff-Lonergan, Gabler, Anderson, Tuggle	Identification of biological factors responsible for differences in feed efficiency between selection lines for residual feed intake	101,949	National Pork Board	07-08
Dekkers, Baas	Selection lines to enhance genetic selection for feed efficiency	15,454	Iowa Pork Prod. Assoc.	07-08
Rothschild, Dekkers	Large-scale Association Analyses of Candidate Genes for Feed Efficiency Traits in Pigs	120,253	National Pork Board	08-09
Rothschild, Stalder, Dekkers	Large-scale SNP Association Analyses of Feed Efficiency and Longevity	100,000	National Pork Board	09
Dekkers, Patience	Effect of selection for growth efficiency on reproduction and lactational efficiency	30,533	National Pork Board	09
Gabler, Patience, Lonergan, Dekkers	The Physiological Basis Of Differences In Efficiency, Metabolism And Energy Partitioning Between Lines Of Pigs Selected For Residual Feed Intake	349,421	USDA-AFRI	10-13
Dekkers, and others	FIRE feeders for research on the genetic and biological basis of feed efficiency	20,400	Iowa Pork Prod. Assoc.	10
Rothschild, Dekkers	Identification of genetic drug targets for residual feed intake	265,838	Pfizer Anim. Health	11
Patience, Anderson, Campbell, Dekkers, DeRouche, Dunshea, Gabler, Gilbert, Huff-Lonergan, Johnson, Kerr, Liu, Lonergan, Mabry, Nettleton, Rothschild, Rowland, Tokach, Tuggle, Van Kessel, Weber	Enhancing sustainability and competitiveness of the US pork industry by improving nutrient utilization and feed efficiency through innovative scientific and extension approaches	4,788,043	USDA-NIFA	11-15
Rothschild, Dekkers	Development of Genome Enhanced EBVs for Sow Feed Intake and Efficiency	120,000	Genome Alberta	11-13
Dekkers, Rothschild	GWAS for Sow Feed Efficiency and Reproduction and Genomic Selection using Low Density Panels	112,615	Iowa Pork Producers Association	12
Beitz, Kraus, Gabler, Lonergan, Dekkers	Impact of Mitochondrially Targeted Novel Antioxidant on Pig Feed Efficiency	59,949	National Pork Board	12
Gabler, Dekkers, Patience, Lonergan, Rothschild, Tuggle	Deep Sequencing to Identify Genetic Drug Targets for Residual Feed Intake	24,158	Pfizer Animal Health	12
Tuggle, Dekkers, Ross, Cunnick, Ellinwood, Gauger, Wannemuehler, Rowland, Wyatt, Vincent, Loving	Characterization and utilization of a novel immune-compromised pig for biomedical modeling	118,734	ISU Bailey Grant	12-14
TOTAL		\$7,846,321		

제2절 미국 PRRS 저항성 연구 컨소시엄

PRRS는 양돈장에서 가장 생산성을 떨어뜨리는 호흡기질병 복합감염 질병으로 모돈에서 유사산을 일으키고, 성장률을 억제하고 폐사율을 증가시키며 아직 확실한 대안이 없는 질병이다. 미국 농무성 산하 연구소와 아이오와주립대의 연구자를 중심으로 PRRSV 민감성과 저항성 관련 유전인자를 찾기 위한 연구를 시작하였고 이를 위한 컨소시엄을 구축하였다.

PHGC Database Home News Login



This website is designed for the purpose of allowing quick and easy access to the information contained in the PRRS Host Genetics Consortium (PHGC) database. This database houses the information from the PHGC Project as well as from the earlier Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome (PRRS) 'Big Pig Study.'

Abstract

In any consortium project where large amounts of phenotypic and genotypic data are collected across several research labs, issues arise with maintenance and analysis of datasets. The PRRS Host Genomic Consortium (PHGC) Database was developed to meet this need for the PRRS research community. The schema for the database was originally designed based on data sets generated from the PRRS virus "Big Pig" project. This included data on pig, sex, birth date and infection details, PRRS viral levels in serum over time and tissue levels at kill, anti-PRRSV antibody (ELISA and neutralizing antibody) responses, serum cytokine levels and tissue gene expression results, and Swine Leukocyte Antigen (SLA) alleles. It has been expanded to include genomic DNA and RNA data (sample data, gels and Agilent images), broader gene expression results (20K Pigoligoarray and RNA-seq data as acquired) and genotypic information (60K SNP chip data on all pigs and available parents).

This internet accessible relational database was designed to allow for the addition of new data types as they are generated over the course of the project. This flexibility will allow us to house and manage all of the PHGC project data, to build quality control (QC) filters and design improved procedures for data flow, and allow real-time data updates and sharing among users from geographically different locations. Furthermore, use of a centralized database will allow us to control external access to the data, e.g., data could be made available to the general public, restricted to only consortium members, or even to just a few members. Overall, the PHGC database will allow us to properly manage large datasets and affords new possibilities for exploration of the resultant data. Access to PHGC Database is monitored by the USDA ARS maintained Cooperative Research and Development Agreement (CRADA) Material Transfer Agreement (MTA).

©2008-2014

Eric Fritz-Waters

Email:
ercfrtz@iastate.edu

This website runs on [Bootstrap](#)

Acknowledgements

The PHGC has had funding from the US National Pork Board (NPB) (#07-233, #09-208, #10-033 for PRRSV infection, #12-061 for tonsil persistence; and #09-244, #10-033, and Genome Alberta - Alberta Livestock Genomics Program #29, for analyses of serum cytokines); PRRS Coordinated Agricultural Project (PRRS-CAP), USDA-NIFA Award #2008-55620-19132, for SNP genotyping and GWAS analyses; and USDA NIFA AFRI Animal Genome #2010-65205-20433 for gene expression analyses. Additional PHGC trials, GWAS, gene and protein expression analyses have been funded by Genome Canada project #2209_F; and USDA-NIFA Translational Genomics grant # 2013-68004-20362. In addition, funds have come from the USDA sponsored National Research Support Project 8 (NRSP-8) Swine Genome and Bioinformatics research programs, from swine breeding companies and PigGen Canada, Inc, and from Kansas State University and USDA ARS project 1245-32000-098 support.

<http://www.animalgenome.org/lunney/index.php>

제7장 참고 문헌

- Bejerholm, C., Barton-Gode, P.A. (1986). Effect of intramuscular fat level on eating quality of pig meat. Proc.32nd Meeting of European Meat Research Workers., Gent, Belgium, 389-391.
- Boddicker NJ, Garrick DJ, Rowland RR, Lunney JK, Reecy JM, Dekkers JC. Validation and further characterization of a major quantitative trait locus associated with host response to experimental infection with porcine reproductive and respiratory syndrome virus. Anim Genet. 2014 Feb;45(1):48-58. doi: 10.1111/age.12079. Epub 2013 Aug 5. PubMed PMID: 23914972.
- Brewer, M. S., & McKeith, F. K. (1999). Consumer-rated quality characteristics as related to purchase intent of fresh pork. Journal of Food Science., 64, 171 - 74.
- Choi, J. G., C. I. Cho, I. S. Choi, S. S. Lee, T. J. Choi, K. H. Cho, B. H. Park and Y. H. Choy. (2013). Genetic parameter estimation in seedstock swine population for growth performance. Asian-Aust. J. Anim., 26, 470~475.
- Ciobanu, D., Bastiaansen, J., Malek, M., Helm, J., Woollard, J., Plastow, G. and Rothschild, M. F. (2001). Evidence for new alleles in the protein kinase adenosine monophosphate-activated gamma γ 3-subunit gene associated with low glycogen content in pig skeletal muscle and improved meat quality. Genetics., 159, 1151-1162.
- de Koning DJ, Janss LLG, Rattink AP, van Oers PAM, de Vries BJ et al. (1999). Detection of quantitative trait loci for backfat thickness and intramuscular fat content in pigs (*Sus scrofa*). Genetics., 152, 1679 - 690.
- DeVol, D. L., F. K. McKeith, P. J. Bechtel, J. Novakofski, R. D. Shanks and T. R. Carr. (1988). Variation in composition and palatability traits and relationships between muscle characteristics and palatability in a random sample of pork carcasses. J. Anim. Sci., 66, 385-395
- Eikelenboom, G.; Hoving-Bolink, A.H.; Vander Wal, P.G. (1996). The Eating Quality of Pork - The influence of intramuscular fat. Fleischwirtschaft., 3, 18.

- Ferraz, J. B. S. and Johnson, R. K. (1993). Animal model estimation of genetic parameters and response to selection for litter size and weight, growth, and backfat in closed seedstock populations fo Large White and Landrace swine. *J. Anim. Sci.*, 71, 850
- Gerbens F., Rettenberger G., Lenstra J.A., Veerkamp J.H., Meuwissen T.H.E., Tepas M.F.W. (1997). Characterization, chromosomal localization, and genetic variation of the porcine heart fatty acid-binding protein gene. *Mamm. Genome.*, 8, 328-332.
- Hodgson, R.R.; Davis, G.W.; smith, G.C.; Savell, J.W.; Cross, H.R. (1991). Relations between pork loin palatability traits and physical characteristics of cooked chops. *J.Anim.Sci.*, 69, 4858-4865.
- Hovenier, R., Kanis, E., van Asseldonk, Th., Westerink, N.G., (1992). Genetic parameters of pig meat quality traits in a halothane negative population. *Livest. Prod. Sci.*, 32, 309 - 21.
- Houston, R. D., Cameron, N. D., Rance, K. A., 2004. A melanocortin- 4 receptor (MC4R) polymorphism is associated with performance traits in divergently selected large white pig populations. *Anim. Genet.*, 35, 386 - .390.
- Johnson, Z. B., Chewning, J. J. and Nugent, R. A. (1999). Genetic parameters for production traits and measures off residual feed intake in Large White swine. *J. Anim. Sci.*, 77, 1679-1685.
- Jones, S. D. M., Tong, A. K. W. and Talbot, S. (1991). A survey of marbling fat in Canadian beef carcasses. *Can. J. Anim. Sci.*, 71, 987 - 91.
- Kang. H. S., K. I. Nam., K. T. Kim., C. J. Na and K. S. Seo. (2012). Estimation of heritability and genetic parameter for growth and body traits of pig. *J. Ani Sci and Tech.*, 54, 83~87.
- Kim, K. S., Larsen, N. J., Rothschild, M. F., (2000). Rapid communication: linkage and physical mapping of the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene. *J. Anim. Sci.*, 78, 791 - .792.
- Meidtner K., Wermter A-K., Hinney A., Remschmidt H., Hebebrand J. & Fries R. (2006). Association of the melanocortin 4 receptor with feed intake and daily gain in F2 Mangalitsa · Pie'train pigs. *Animal Genetics.*, 37, 245

- Melton, B.E., W.E., Huffman (1995). "Beef and Pork packing costs and input demand: Effect of unionization and technology" *American Journal of Agriculture Economics.*, 77, 471-485
- Milan, D., Jeon, J. T., Looft, C., Amarger, V., Robic, A., Thelander, M., Rogel-Gaillard, C., Paul, S., Iannuccelli, N., Rask, L., Ronne, H., Lundstrom, K., Reinsch, N., Gellin, J., Kalm, Roy, P. L., Chardon, P. and Andersson, L. (2000). A mutation in PRKAG3 associated with excess glycogen content in pig skeletal muscle. *Science.*, 288, 1248-51.
- Ovilo C, Pe´rez-Enciso M, Barraga´n C, Clop A, Rodr´ıguez C et al. (2000). A QTL for intramuscular fat and backfat thickness is located on porcine Chromosome 6. *Mamm Genome.*, 11, 344 - 46.
- Ramsey, C.B.; Tribble, L.F., Wu, C.; Lind, K.D. (1990). Effects of grains, marbling, and sex on pork tenderness and composition. *J. Anim. Sci.*, 68, 148-154.
- Rothschild M, Jacobson C, Vaske D, Tuggle C, Wang L, Short T, Eckardt G, Sasaki S, Vincent A, McLaren D, Southwood O, van der Steen H, Mileham A and Plastow G (1996). The estrogen receptor locus is associated with a major gene influencing litter size in pigs. *Proc Natl Acad Sci USA.*, 93, 201-205.
- Seeley RJ, Yagaloff KA, Fisher SL, Burn P, Thiele TE, van Dijk G, Baskin DG, Schwartz MW (1997). Melanocortin receptors in leptin effects. *Nature.*, 390, 349.
- Urban T, Mikolasova R, Kuciel J, Ernst M, et al. (2002). A study of associations of the H-FABP genotypes with fat and meat production of pigs. *J. Appl. Genet.*, 43, 505-509.
- Van steenberg, E. J., Kanis, E. and Van Der Steen, H. A. M. (1990). Genetic parameters of fattening performance and exterior traits of boars tested in central station. *Livest. Prod Sci.*, 24, 65.
- 정영철. 2009. 고수율, 고급 돈육 생산 돼지 개발 연구. IPET 최종보고서. (239-241) 현장리포트(정현규) (1904.1.2) 7:8 AM 페이지 239. (254-259) 집중번식(손중호) (2013.2.22) 9:49 PM 페이지 256.