

분자육종에 의한 소형 삼살개 개발

Development of miniature Sapsaree by molecular breeding

연구기관
경북대학교
(사단법인 한국삼살개보존회)

농 립 부

제 출 문

농림부 장관 귀하

본 보고서를 “분자 육종에 의한 소형 삼살개 개발에 관한 연구” 과제 (세부과제 “분자 육종을 위한 개 DNA marker 확보와 적용에 관한 연구”, 세부과제 “소형 삼살개 육종을 위한 계통교배 체계 확립에 관한 연구”, 위탁과제 “시험 삼살개의 관리에 관한 연구”)의 최종보고서로 제출합니다.

2004 년 8 월 26 일

주관연구기관명 : 경북대학교 유전공학과

총괄연구책임자 : 하 지 흥

세부연구책임자 : 최 광 수

연 구 원 : 이 현 철

연 구 원 : 이 은 주

연 구 원 : 김 정 철

연 구 원 : 전 성 국

연 구 원 : 이 규 열

위탁연구기관명 : 사단법인 한국삼살개보존회

위탁연구책임자 : 한 국 일

요 약 문

I. 제 목

분자 육종에 의한 소형 삼살개 개발에 관한 연구

II. 연구개발의 목적 및 필요성

급속히 변화하는 국제사회의 여건에 따라 다른 모든 분야와 마찬가지로 농·축산 분야도 생존을 위한 경쟁력 제고가 절실하다. 이를 위해서 선도적, 창의적 기술개발 뿐 아니라 우리가 가지고 있는 생물자원에 선진기술을 접목시켜 상품성을 높일 수 있는 기술을 발전시키는 것이 우리나라의 여건에 비추어 적절한 전략이 될 수 있을 것이다. 이러한 점에서 볼 때, 개발의 필요성 및 성패의 중요한 요소는 가지고 있는 생물자원의 독자성과 개발가능성, 이것의 개발을 위하여 도입 혹은 개발하고자 하는 기술의 선진성 및 기술의 발전가능성과 그의 파급효과 등이 얼마나 있느냐 하는 점일 것이다.

개는 가장 일찍이 가축화된 동물로서 인류에게 여러 가지 목적으로 이용되어왔다. 우리나라의 경우 삼살개를 포함하여 진돗개, 이북의 풍산개 등의 토종견이 있지만 체계적이고 과학적인 육종 과정의 부재로 인해 외국의 우수한 품종에 비하여 뛰어난 상품성을 갖추고 있지는 못하다. 특히 토종견 모두 중형견에 가까운 체격조건을 지니고 있어서 아파트 주거 형태 위주인 현대인의 생활구조 및 기호와는 거리가 멀다.

본 연구를 통해 분자 육종의 바탕이 되는 삼살개의 DNA marker를 선별하여 토종개 연구에 적절히 활용하고자 하였다. 다른 가축(소, 돼지 등)과는 달리 개의 경우 적합한 경제형질에 대한 구체적인 연구와 논의가 없었기 때문에 몇가지 외적 표현형질들에 대하여 이와 관련된 유용유전자 및 관련 marker들의 연관관계를 pedigree 및 QTL(Quantitative Trait Loci) 분석을 통하여 밝혀내고 이를 품종 개량과 분자 육종에 이용하고자 하였다.

집단사육중인 삽살개를 대상으로 분자육종 기술개발이 이루어지면 진돗개, 풍산개 등 토종개 전반에 적용할 수 있을 것이며, 이는 토종개들의 보존과 상품성에 있어서 부가 가치 증대에 크게 이바지하게 될 것이다.

III. 연구개발 내용 및 범위

우리나라의 토종개는 모두 중형견으로서 아파트 공간에서 기르기에는 적절치 못한 면이 있다. 본 연구를 통해 중형견인 삽살개 집단을 활용하여 토종개의 소형화 가능성을 모색하였는데, 주요한 연구개발의 내용과 범위는 다음과 같다.

1. 삽살개 집단의 다양한 형태 특징의 정량화 및 수치화

삽살개 집단의 다양한 외적 형태에 대한 특징을 정량화, 수치화하였다.

가. 체고, 체장, 교합, 모질, 모장, 랑조, 모색분포 등 조사 가능한 형태관련 특징을 정량화하기 위한 기준 설정 및 측정

나. 체고, 체장, 흉심, 체중 등 측정치를 조사하여 기록하고, 측정된 자료를 관리하기 위한 데이터베이스 프로그램 개발

다. 조사 가능한 외적 표현형질들의 데이터베이스화 추진 및 프로그램 개발 : 혈통 및 번식 관리를 위한 database(MySQL 언어를 기반으로 작성하여 Windows 2000 advanced Server를 운영체제로 web에서 구현)를 개발·운영하여 본 연구에 활용하였다.

2. 개체 선발 및 교배를 위한 프로그램 개발

소형견 육종을 위한 삽살개 집단에서의 선발은 정량화 및 수치화 된 기준 설정을 통해 개체선발(individual selection)이 1차적으로 이루어졌다. 이 경우 특정 개체와 혈연관계가 있는 개체들의 능력은 완전히 무시하고 오직 선발하고자 하는 개체의 표현형에만 근거를 두고 추정된 육종가(breeding value)의 크기에 따라 구성하고자 하는 가계의 종건으로서 선발여부를 결정하였다.

삽살개 집단의 경우 비교적 동일한 환경하에서 사육하므로 환경효과가 동일하게 적용된다고 가정할 경우 개체들이 나타내는 표현형가의 차이는 주로 유전적인 차이에 의해 나타날 것이다. 전체 삽살개 집단 중에서 12개월령 이상의 성견이며, 조사 가능한 393두를 대상

으로 하여 체고, 체장, 흉심, 체중 등의 외적 표현형을 측정하여 육종가를 추정하고 선발방법을 결정한 후 선별효과를 추정하여 개체선발을 실시하였다.

3. 소형 삽살개 육종을 위한 계통교배 체계 확립

개체선발로 선택된 개체들은 교배를 통해 삽살개의 소형화에 관여하는 유전자조합의 비율을 증대시키는 것이 중요하다. 교배의 방법에는 여러 가지가 있을 수 있는데, 본 연구에서는 유사교배(positive assortive mating)를 통하여 후대를 생산하였다. 크기가 작은 집단 내에서의 유사교배는 무작위교배보다 동일 대립유전자(identical alleles)가 더 자주 함께 나타나도록 하므로, 결과적으로 근친교배처럼 집단에서 동형접합성(homozygosity)의 증가를 예상할 수 있다. 이러한 교배로 생산된 2대에 거친 자손들을 중심으로 가계도 구성을 이루었다.

4. 소형 삽살개 육종을 위한 분자유종 기술의 연구

전통적인 육종에 이용한 도구는 표현형 기록이었으며, 이런 표현형 기록에 근거하여 통계적 기술에 의한 가축의 유전능력을 평가하였다. 그러나 표현형이 아닌 유전자형, 즉 DNA를 선발의 대상으로 하는 동물 분자유종법(molecular breeding)을 적용하기 위해서는 많은 DNA marker가 필요하다. DNA marker들은 실제 이들이 직접적으로 표현형에 관여하는 유전자일 수도 있지만, 주로 이들 marker와 연관되어 있는 양적형질좌위(quantitative trait loci, QTL)가 주로 관여하는 것이다. DNA marker의 가장 중요한 용도 중의 하나는 유전자형분석(genotyping)인데 유전자형분석을 통해 특정 좌위들에 대한 DNA 다형성(polymorphism)의 형태를 분석함으로써 특정형질에 대한 유전자위들의 후대전달양식을 판단할 수 있다.

가. DNA marker 개발과 이용

분자유종, 표현형과 유전형사이의 연관분석 등을 위해 가장 중요한 요소는 개체간의 차이가 큰(highly informative) DNA marker들의 확보이다. SSLP, SNP, RFLP, RAPD, AFLP, SSCP, DGGE 등의 실험방법 및 DNA 다형성에 따른 다양한 DNA marker들이 있으나 최근까지도 개의 linkage map 작성, 품종내 또는 품종간 연관관계분석 등에 활발하게 사용하고 있는 microsatellite marker를 검색하여 활용하였다

나. 삼살개 분자유종에 적용 가능한 DNA marker 확보

1990년대 중반 이후 다양한 형태의 DNA marker와 유전자형 분석방법들이 개발되어 표현형과 DNA marker사이의 연관관계를 추정하는 것이 가능할 정도가 되었으나 다형성 marker라고 하여 모집단내의 모든 개체에 대하여 다형성을 가지는 것은 아니다. 특히 동일 품종 집단내에서의 유전자형분석의 경우는 품종 고정을 위해 사용된 근친교배에 의해 개체간의 혈연관계가 높아 많은 DNA marker들이 다형성을 상실하게 된다. 그러므로 유전자지도 제작이나 형질유전자 탐색 등을 위해 모집단에 적용 가능한 다형성 DNA marker 숫자와 실제 데이터베이스에 존재하는 다형성 DNA marker의 숫자는 그 차이가 크다.

따라서 삼살개 집단에 적용 가능한 marker 다형성을 먼저 검증한 후 이용 가능한 microsatellite marker를 선별하고자 하였다.

다. 확보된 marker를 가계도와 연관, 분석하여 표현형질과 유전형질의 연관여부 검색

소형화 관련 유전자의 수와 위치 파악을 위해 116개의 microsatellite marker를 활용하여 형태관련 QTL 분석을 수행하였으며 특히 개 16번 염색체의 연관지도 작성을 통한 분석을 세밀하게 진행하여 분자 육종에 의한 소형 삼살개 개발에 관한 연구의 기초기반연구를 완성하였다.

IV. 연구개발 결과 및 활용에 대한 건의

1. 연구개발 결과

가. 가계 분석과 분자유종에 사용될 유용 DNA marker 확보 및 가계분석

1) 개에 적용 가능한 microsatellite marker 중에서 소형 삼살개 가계 분석과 건종간 비교 분석을 위해 116개의 microsatellite marker 확보

2) 소형 선발견 16두를 포함하는 148마리로 구성된 세 개의 가계를 선별하여 소형견 분자유종을 위한 가계를 구성하여 genotyping 수행

3) 개 분자유종에 활용될 유용한 DNA marker 50개를 선별하여 그 유용성을 검증하였다.

나. 표현형질과 marker와의 연관 여부 검색

- 1) 유전자 연관 분석을 위해 삽살개 집단의 특징적인 표현형질에 대한 외형적 특징들을 조사하였다.
- 2) 연관분석에 사용될 marker 13개를 선별하여 canine chromosome 16번에 대한 haplotyping을 수행하여 삽살개 집단 고유의 haplotype block을 확인하였다.

다. 표현형 형질들의 database화를 위한 전산화 프로그래밍 시작품 제작

- 1) 삽살개 집단의 외형적 특징들에 대한 표현형 형질(양적형질, 질적형질)들을 database화하기 위해 전산화 프로그래밍 시작품을 제작하였다(Windows 2000 Server의 IIS를 이용한 Web Server 구축)
- 2) 삽살개 체형과 체중에 영향을 미치는 환경요인의 효과를 분석하였다.
- 3) 삽살개의 체형 및 체중에 대한 유전모수를 추정하였다.
- 4) 삽살개의 소형화에 대한 유전적 개량량을 추정하였다.

2. 활용에 대한 건의

전통적인 육종의 유전능력 평가는 실제 표현형에 작용하는 유전자의 역할에 대한 정보는 알지 못한 채 표현형 정보에만 근거하여 실시하게 된다. 분자유종에 의한 여러 표지인자들은 실제 이들이 직접적으로 표현형에 관여하는 유전자일 수도 있으나 주로 이들 표지인자와 연관되어 있는 양적형질좌위(QTL)가 이들 경제 형질에 주로 관여하는 것이다.

따라서 분자유종의 응용을 위해서는 경제형질(주로 양적형질)에 작용하는 QTL에 대한 지도 작성이 먼저 선행되어야 한다. 본 연구에서는 확립된 개 염색체 16번의 연관지도 분석은 삽살개 소형화에 관여하는 QTL 지도 작성의 기반 자료가 될 것이다. 따라서 앞으로 지속적으로 전통적인 표현형 기록에 DNA marker의 정보를 추가하여 유전능력평가의 정확도를 높여서 삽살개 소형화의 유전적 개량 효율성을 높여 나가야 할 것이다.

SUMMARY

I. Title of Research

Development of miniature Sapsaree by molecular breeding

II. Objective and Necessity of Research and Development

According to the rapid changes of the environment of world trade, we have to make every effort to strengthen the competitiveness of agricultural industry and livestock farming. It will be a pertinent strategy if we develop the advanced and leading technology which may raise the value of commerce of our own biological resources. With this point of view, important factors of objective and necessity of this research are uniqueness and feasibility of technology of biological resources, progress and ripple effect of the technique that introduce or develop.

The dog(*Canis familiaris*) was the first domestic animal and used for various purposes including hunting, guarding, guides for the blind, *etc.* Even though Sapsaree, Jindo dog and Poongsan dog are registered as Korean native breeds, these breeds do not have proper value of commerce because of absence of systematic and scientific breeding. In particular, all of these dogs are medium size and this is a drawback for the value of commerce since most people who live in apartments nowadays.

In this research, we select specific DNA markers of Sapsaree which are the basis of molecular breeding and apply the selected DNA markers to the study of Korean Native Dogs. Unlike other livestock such as cow, pig, *etc.*, economic traits of dogs are not studied and discussed. We identify and perform linkage analysis of genetic markers which are related with several observable phenotypic traits using pedigree and

QTL(Quantitative Trait Loci) analysis. We also apply these markers to animal genetic improvement and molecular breeding.

III. Contents and Scopes of Research and Development

The Korean native dogs(Sapsaree, Jindo dogs and Poongsan dogs) are medium size dog. These are not appropriate with most people who live in apartments nowadays. In this research, we make an attempt to find out the feasibility of developing miniature Sapsaree using medium size Sapsaree population.

1. Standardization and measurement of observable phenotypic traits related with body types

We standardize and measure the various phenotypic traits of Sapsaree breed

- Standardization and measurement of morphological characteristics of Sapsaree breed such as body height, body length, undershot, hair type, hair length, dewclaw, coat color, *etc.*

- We check and record body height, body length, chest depth, body weight and develop database program to manage these data.

- Database promotion and program development for observable phenotypic traits : Database for management of bloodline and breeding(MySQL website database on Windows 2000 advanced Sever platform).

2. Program development of individual selection and breeding.

Selection of individuals for miniature Sapsaree in Sapsaree population is done by individual selection according to standardization and measurement. We determine breeding dogs by the breeding values that are predicted according to phenotypic traits. Kinship individuals related with a specific individual is excluded,

On the assumption that environmental effects are identical to all of Sapsaree population, the differences of phenotypic features may be determined by genetic

variation of individuals. To determine the morphological characteristics of Sapsaree, we examine 393 adult Sapsarees which were one year or older. We measure phenotypic traits (body height, body length, chest depth, body weight) of Sapsaree population. We predict BV (Breeding Value) by phenotypic traits. We also presume selection effects. Finally, we carry out individual selection.

3. Construction and execution of line breeding system for miniature Sapsaree

It is important that the frequency of gene recombination participated in miniaturization must be increased by mating. Methods of mating is various. We produce F1 and F2 by positive assortive mating. In small population, identical alleles can be appeared more frequently by positive assortive mating than random mating. Consequently, homozygosity of population may be increased like inbreeding. We organize the family line with offsprings that was produced by positive assortive mating as the central.

4. Examination of the molecular breeding technique for breeding of miniature Sapsaree

A method in traditional breeding of animals is to record phenotypes. Heritability of livestock is evaluated by statistical methods based on these records. But many DNA markers are needed to apply molecular breeding that is focused on genotype rather than phenotype. DNA markers may be a gene participated in a observable phenotype, but phenotype is mainly determined by QTL (Quantitative Trait Loci) that is linked to DNA markers. One of the most important use of DNA markers is genotyping. It is possible that transfer of specific gene locus is determined by the analysis of DNA polymorphism.

A. Development and utilization of DNA markers

The most important thing in molecular breeding and linkage analysis of phenotype and genotype is the identification of highly informative DNA markers. By newly introduced methods and DNA polymorphisms, the various DNA markers are developed such as SSLP, SNP, RFLP, RAPD, AFLP, SSCP, DGGE, *etc.* We apply microsatellite markers that are used in linkage mapping and linkage analysis of inter- or intrabred.

B. Identification of DNA markers for molecular breeding

After 1990, various DNA markers and methods for genotyping are developed. It is possible to predict the relationship between phenotype and DNA marker. But all of polymorphic markers have not polymorphism to every individual of a population. Especially, in the case of genotype analysis in the same breed, many DNA markers are lost polymorphism because of fixing traits by inbreeding. Therefore, the number of polymorphic DNA markers that is applicable to genetic mapping and identification of QTL is not equal to that of used markers.

Consequently, microsatellite markers are selected after that the polymorphism of DNA markers must be inspected,

C. Detection of associations between markers and QTL

To estimate the number and the locus of genes that are related with miniaturization, 116 microsatellite markers are applied to analyze QTL. In particular, a detailed genetic linkage analysis of canine chromosome 16 is performed.

IV. Results and Suggestions

1. Results of this Research

A. Development and application of DNA markers for Sapsaree molecular breeding

a) 116 microsatellite markers are applied to analyze pedigree of miniature Sapsaree and phylogenetic analysis of dog breeds

b) We constructed three lines of miniature Sapsaree that include 16 selected individuals. We also performed genotyping using microsatellite markers.

c) The availability of 50 DNA markers that may be useful to dog molecular breeding is verified.

B. Linkage analysis using microsatellite marker

a) To determine the morphological characteristics of Sapsaree, we examine 393

adult Sapsarees which were older than one year. We measure phenotypic traits such as body height, body length, chest depth, body weight of Sapsaree population.

b) We performed genetic linkage mapping and haplotyping of canine chromosome 16 using 13 polymorphic microsatellite markers.

C. Construction of database program to manage phenotypic traits

a) To manage phenotypic traits(quantitative traits and qualitative traits) of Sapsaree population, we construct a set of database programs(Windows 2000 Server platform, Web server using IIS).

b) Environmental effects on Sapsaree body types and weight are analyzed.

c) We estimate genetic parameters for Sapsaree body types and weight.

d) We estimate genetic gain for Sapsaree body types and weight.

2. Suggestions

Evaluation of heritability in traditional breeding of animals is performed without the information of the gene function that effects on phenotypes. Many DNA markers of molecular breeding may be the genes that are directly involved phenotype. But phenotype is mainly determined by QTL(Quantitative Trait Loci) that is linked to DNA markers.

In consequence, genetic mapping of QTL effecting to economic trait must be performed first so that it may apply to molecular breeding. Genetic linkage mapping of canine chromosome 16 in this research may serve QTL mapping in breeding miniature Sapsaree. To make accurate estimation of heritability and efficient improvement of miniature Sapsaree, we will continue to add the information of DNA markers with the records of traditional phenotypic traits.

CONTENTS

Presentation sentence	2
Summary	7
Contents	12
Chapter 1. Introduction	16
Section 1. Necessity of research and development	16
1. Technological sides	16
2. Economic and industrial sides	17
3. Social and cultural sides	18
Section 2. Objectives and contents of this research	19
Chapter 2. Status of technology and development in domestic and abroad	23
Section 1. Status of technology and development in domestic	23
Section 2. Status of technology and development in abroad	25
Section 3. The point at issue of domestic technology	26

Chapter 3. Research contents and results	27
Section 1. Methods of research and development	27
1. Standardization and measurement of observable phenotypic traits related with body types	27
2. Pedigree analysis and selection of DNA markers for molecular breeding	29
3. Linkage analysis of genes associated with miniaturization	30
4. Construction and execution of line breeding system	32
5. Examination of the possibility of molecular breeding	36
Section 2. Results of research	36
1. Development and application of DNA markers for Sapsaree molecular breeding	36
2. Construction of line breeding system for miniature Sapsaree	63
3. Laboratory animal care	72
 Chapter 4. Contribution to related field	 90
 Chapter 5. Application plan of research results	 93
 Chapter 6. References	 94

목 차

제 1 장 연구개발과제의 개요	16
제 1 절 연구개발의 필요성	16
1. 기술적 측면	16
2. 경제·산업적 측면	17
3. 사회·문화적 측면	18
제 2 절 연구개발의 목표 및 내용	19
제 2 장 국내외 기술개발 현황	23
제 1 절 국내 현황	23
1. 국내 개 육종 현황	23
2. 본 연구진에 의한 삼살개 집단 보존	23
3. 본 연구진에 의한 개 관련 연구	24
제 2 절 국외현황	25
1. 국외 개 육종 현황	25
2. 개 유전체 연구	25
제 3 절 현 국내 기술상태의 문제점	26
1. 육종 경험 부족	26
2. 개 경제형질에 대한 개념 부재	26
3. 토종개의 혈통 고정 및 순수 토종 생물자원의 과학적인 보존	26
4. 분자육종기술의 발전	26
5. 토종 소형애완견의 탄생	26

제 3 장	연구개발수행 내용 및 결과	27
제 1 절	연구개발 방법	27
1.	토종개 형태 관련 외적 표현형질의 정량화, 계측	27
2.	가계 분석과 분자유종에 사용될 DNA marker 확보	29
3.	소형화 형질 관련 유전자와의 연관관계 분석	30
4.	계통교배 체계 확립 및 이에 따른 육종추진	32
5.	분자 육종 가능성 검토	36
제 2 절	연구결과	36
1.	제 1 세부과제 : 분자 육종을 위한 삼살개 DNA marker의 개발과 적용	36
2.	제 2 세부과제 : 소형 삼살개 육종을 위한 계통교배 체계 확립	63
3.	위탁과제 : 시험 삼살개의 관리	72
제 4 장	목표달성도 및 관련분야에의 기여도	90
제 1 세부과제	: 분자 육종을 위한 개 DNA marker 확보와 적용	90
제 2 세부과제	: 소형 삼살개 육종을 위한 계통교배 체계 확립	90
위탁 연구과제	: 시험 삼살개의 관리	91
제 5 장	연구개발결과의 활용계획	93
제 6 장	참고문헌	94

제 1 장 연구개발과제의 개요

제 1 절 연구개발의 필요성

급속히 변화하는 국제사회의 여건에 따라 다른 모든 분야와 마찬가지로 농·축산 분야도 생존을 위한 경쟁력 제고가 절실하다. 이를 위해서 선도적, 창의적 기술개발 뿐 아니라 우리가 가지고 있는 생물자원에 선진기술을 접목시켜 상품성을 높일 수 있는 기술을 발전시키는 것이 우리나라의 여건에 비추어 적절한 전략이 될 수 있을 것이다. 이러한 점에서 볼 때, 개발의 필요성 및 성패의 중요한 요소는 가지고 있는 생물자원의 독자성과 개발가능성, 이것의 개발을 위하여 도입 혹은 개발하고자 하는 기술의 선진성 및 기술의 발전가능성과 그의 파급효과 등이 얼마나 있느냐 하는 점일 것이다.

개는 가장 일찍이 가축화된 동물로서 인류에게 여러 가지 목적으로 이용되어왔다. 우리나라의 경우 삼살개를 포함하여 진돗개, 이북의 풍산개 등의 토종견이 있지만 체계적이고 과학적인 육종 과정의 부재로 인해 외국의 우수한 품종에 비하여 뛰어난 상품성을 갖추고 있지는 못하다. 특히 토종견 모두 중형견에 가까운 체격조건을 지니고 있어서 아파트 주거 형태 위주인 현대인의 생활구조 및 기호와는 거리가 멀다.

1. 기술적 측면

가. 분자 육종의 바탕이 되는 삼살개의 DNA marker 확보 필요성

미국에서는 개의 유전자 지도 작성을 위해 3,000개 이상의 각종 marker를 개발하였으며, 추가적인 marker를 개발 중에 있다. 본 연구를 통하여 삼살개를 포함한 토종개 연구에 적절히 활용될 수 있는 DNA marker의 선별이 이루어질 것이다.

나. 개의 경제형질에 관한 정의 필요

개를 경제동물로 간주하지 않는 관계로 현재까지 개에 적합한 경제형질에 대한 구체적인 연구와 논의가 없었다. 그러나 본 연구를 통하여 다른 가축(소, 돼지 등)과는 다소 다르지

만 개의 형태와 연관된 몇 가지 외적표현형질들이 경제형질이 될 수 있다는 것을 규정할 필요가 있을 것이다.

다. 각 형질의 유전력 검증, marker와의 연관관계 분석 : Pedigree, QTL (Quantitative Trait Loci) 분석

경제형질에 관한 정의가 이루어지고 이와 관련된 유용유전자와 관련된 marker들의 연관관계를 pedigree 및 QTL(Quantitative Trait Loci) 분석을 통하여 밝혀냄으로써 경제형질과 관련된 유용유전자의 연관지도 작성 및 이를 품종 개량과 분자유종에 이용할 수 있도록 한다.

라. 형태 형질 계량화에 따른 우수 가계 구축

경제형질의 계량화에 따라 우수한 소형 삽살개 가계를 구축해야 한다. 부차적으로 성품이 우수한 가계 또한 필요하며, 이들을 활용하여 외국 소형 애완견들과는 다른 우수한 토종 소형견을 개발할 필요가 있다.

2. 경제·산업적 측면

가. 토종개 보존과 상품성 증대

집단사육중인 삽살개를 대상으로 분자유종 기술개발이 이루어지면 진돗개, 풍산개 등 토종개 전반에 적용시킬 수 있을 것이며, 이는 토종개들의 보존과 상품성에 있어서 부가 가치 증대에 크게 이바지하게 될 것이다.

나. 애견인구의 증가와 이로 인한 애견산업의 발달

경제·산업적인 측면에서 가장 영향을 크게 받을 수 있는 것이 애견산업이다. 애견인구가 지난 20년 동안 크게 증가하여 국내에서만 약 200만 마리 이상의 애완견이 길러지고 있으며, 애완동물 시장 규모가 2001년 자료에 의하면 연간 1조원에 달하고 있다. 그러나 대부분의 애완견들이 수입된 소형 외국 견종들인데, 이는 토종소형견이 없을뿐더러 토종개로서 품종이 고정되어 국제경쟁력을 보유한 개가 없는 것이 그 이유가 될 것이다. 따라서 이제는 토종 애완동물 개발 기술 확보에 따른 소형 애완견의 국산화가 필요한 시점이다.

다. 특수 목적견의 개발로 수입대체 효과

특수 목적견의 개발 역시 장기적인 안목에서 대단히 중요한 애견산업의 한 분야이다. 1차 세계대전 이후 독일 수출액의 2%가 셰퍼드의 수출에 의한 것임을 감안한다면, 개의 첨단 육종방법의 개발은 대단히 중요하다. 토종개를 활용하여 산업적 파급효과가 뛰어난 맹도견, 군견, 경비견 및 마약 탐지견 등의 용도견으로 개발하면 큰 수입대체 효과를 가져올 수 있을 것이다.

3. 사회·문화적 측면

가. 토종동물 자원보호와 문화재 보존

동물자원 중에서 국민정서 및 문화와 맥이 가장 밀접히 닿아 있으며, 국가 문화재로 (천연기념물 제368호 경산의 삼살개) 지정되어 있는 토종개 연구와, 과학적인 육종을 통한 개량, 발전은 토종동물 자원보호와 문화재보존의 이중적 목적을 동시에 충족시키는 결과가 될 것이다.

나. 인간과 가장 밀접한 반려동물로서의 자원

개는 인간과 가장 밀접한 반려동물(companion animal)로서 사회, 문화적인 가치가 큰 자원이다. 산업·정보사회가 더 발전할수록 반려동물의 효용가치는 더 커진다. 선진 각국마다 고유 토종개 품종들이 개발되어 있다. 일본의 경우 세계적으로 인정받는 아키다견, 도사견, 일본 쟁 등 10여종 이상이 있으며, 독일·영국 역시 세계적인 명견들을 개발하여 애견선진국으로서의 명성을 자랑하고 있다. 우리나라의 경우는 진돗개, 풍산개, 삼살개와 비공인 제주개가 있지만 제대로 육종 개량되지 못해서 세계적인 인정을 받지 못하고 있으며 상품성도 크게 뒤지는 상황이다. 따라서 분자육종기술을 통해 우리 토종개들을 세계적 품종으로 발전시켜 세계시장에서 인정받는다면 동물개량분야에서 국가적 자부심을 가질 수 있는 계기가 될 것이다.

제 2 절 연구개발의 목표 및 내용

1. 연구개발의 목표 및 내용

총괄(2001년 ~ 2003년) 목표: 분자유종에 의한 소형 삽살개 개발	
제 1 세부과제	제1목표: 삽살개 특이적인 DNA marker 확보
분자 육종을 위한 개 DNA marker 확보와 적용	제2목표: DNA marker 적용으로 가계내, 가계간의 근친도 측정 및 marker 유용성 검증
	제3목표: 가계 분석에 의해 형태 관련 유전자와 DNA marker 간의 연관관계 분석
제 2 세부과제	제1목표: 소형 삽살개 육종을 위한 종건 선발 및 교배를 위한 프로그램 개발
소형 삽살개 육종을 위한 계통교배 체계 확립	제2목표: 소형 삽살개 육종을 위한 계통교배 확립
위탁연구과제	제1목표: 형태관련 경제 형질의 계측 및 정량화
시험 삽살개의 관리	제2목표: 집단 사육 관리 방법의 최적화
	제3목표: 지속적 사육과 계측으로 우수 집단 유지
내용 및 연구범위 <ul style="list-style-type: none"> • 토종개 연구에 쓰일 DNA marker(STR : short tandem repeat) 확보 • 기초 집단의 다양한 형태 특징을 수치화, 정량화하기 위한 기준 설정 및 조사 • 가계도 정리, 외적형태를 포함한 조사 가능한 표현형질들의 database화 추진 및 프로그램 개발 • 체중 및 체측치 등을 기록하고, 측정된 자료를 관리하기 위한 프로그램 개발 • 체중에 영향을 미치는 요인을 최소자승법으로 효과를 추정하고 보정방법 규명 • 확보된 marker를 가계도와 연관, 분석하여 표현형질 연관여부검색 • 삽살개 소형화에 대한 유전적 개량량 측정 • 소형 삽살개 육종을 위한 계통교배 체계 확립 	

2. 연차별 연구개발 목표와 내용

구 분	연 구 개 발 목 표	연구개발 내용 및 범위
1차년도 (2001)	○ 분자 육종을 위한 개 DNA marker 확보와 적용	<ul style="list-style-type: none"> ○ 삽살개 가계 분석에 활용가능한 DNA marker 100개 확보 -초위성체 증폭 marker 등을 개 집단내 적용하여 가계 분석에 사용 적절한 marker 100개 확보 ○ 표현형질과의 연관관계 분석
	○ 소형 삽살개 육종을 위한 계통교배 체계 확립	<ul style="list-style-type: none"> ○ 삽살개 집단내 개체들의 database 구축 -가계도 정리 -양적형질(체중 및 체측치 등)과 질적형질(모색, 교합, 랑조 등) 등 조사 가능한 표현형 형질들의 database 화를 위한 전산화 프로그래밍 시작품 제작 -조사 가능한 표현형 형질들의 database화 ○ 체중 및 체측치 등의 양적형질에 영향을 미치는 불변환경요인(permanent environmental factors)의 효과 추정 및 보정 방법 규명 -불변환경 요인 : 분만 연도, 성, 어미개의 산차 및 산자수 -추정 방법 : 최소자승법(least square method)
	○ 시험 삽살개의 관리	<ul style="list-style-type: none"> ○ 500두 삽살개에 대한 계측 및 사육관리 체계 확립 - 체고, 체장, 체중, 모장, 교합, 랑조, 모색분포 등 형태관련 특징 조사 ○ 소형화에 따른 특정 가계 선발 및 유지

구분	연구개발 목표	연구개발 내용 및 범위
2차년도 (2002)	○ 분자 육종을 위한 개 DNA marker 확보와 적용	<ul style="list-style-type: none"> ○ DNA marker 200개 확보 및 가계분석 <ul style="list-style-type: none"> - 초위성체 증폭 marker 중 삼살개 가계 분석에 활용가능한 marker 200개를 선별하며, 선발된 소형견 가계내의 개체들간의 혈통 근연 관계 조사 ○ DNA marker와 형태관련 표현형질들의 QTL (Quantitative Trait Locus)에 대한 연구 수행 <ul style="list-style-type: none"> - 소형 삼살개로 구축된 순종 가계와 시츄와의 교잡가계에 대해 marker들을 적용해서 소형화 유전자들과의 연관관계 분석
	○ 소형 삼살개 육종을 위한 계통교배 체계 확립	<ul style="list-style-type: none"> ○ 양적형질(체중 및 체측치 등)에 대한 유전모수 (genetic parameters) 추정 ○ 각 형질간의 유전상관(genetic correlation) 관계를 추정하여 삼살개의 소형화 육종을 위한 선발 대상 형질 선정 ○ 선발 대상 형질의 유전력(heritability)을 추정하여 선발 방법 결정 ○ 선발된 종건의 육종가(breeding value) 추정 및 교배체계 검토
	○ 시험 삼살개의 관리	<ul style="list-style-type: none"> ○ 외적형태 포함한 표현형질들의 조사 및 사육관리 <ul style="list-style-type: none"> - 체고, 체장, 체중, 모장, 교합, 량조, 모색분포 등 형태관련 특징 조사 ○ 소형화에 따른 특정 가계 선발 및 유지 <ul style="list-style-type: none"> - 소형 중국개인 시츄와 삼살개를 교잡시켜 교잡종 line도 구축한다.

구 분	연 구 개 발 목 표	연구개발 내용 및 범위
3차년도 (2003)	<ul style="list-style-type: none"> ○ 분자 육종을 위한 개 DNA marker 확보와 적용 	<ul style="list-style-type: none"> ○ DNA marker들을 활용하여 가계간의 근친도 등을 측정하여 육종과정을 monitoring ○ DNA marker들을 사용하여 표현형질들의 QTL(Quantitative Trait Locus)에 대한 연구를 수행 <ul style="list-style-type: none"> - 소형화 형질에 대한 QTL 이용 가능성 ○ 진도개 육종에 활용 가능성 검토 <ul style="list-style-type: none"> - 소형화 형질에 대한 DNA marker 이용 가능성 조사
	<ul style="list-style-type: none"> ○ 소형 삼살개 육종을 위한 계통교배 체계 확립 	<ul style="list-style-type: none"> ○ 분자육종 성과를 소형 삼살개 육종에 이용하기 위한 가능성 검토 ○ 삼살개의 소형화에 주로 관계되는 형질 결정 ○ 삼살개의 소형화에 대한 유전적 개량량(genetic gain) 추정 ○ 표현형 형질들의 database화를 위하여 제작된 전산화 프로그래밍과 유전모수 추정을 위하여 제작된 전산화 프로그래밍의 수정·보완 ○ 선발 대상 형질의 확정에 따른 종건 선발 및 유전적 개량량 추정을 위한 전산화 프로그래밍 시작품 제작 ○ 소형 삼살개 육종을 위한 교배체계 확립
	<ul style="list-style-type: none"> ○ 시험 삼살개의 관리 	<ul style="list-style-type: none"> ○ 외적형태 포함한 표현형질들의 지속적인 조사 ○ 소형 토종 삼살개 창출 및 관리 ○ 소형화에 따른 특정 가계 유지

제 2 장 국내외 기술개발 현황

제 1 절 국내 현황

1. 국내 개 육종 현황

1938년 진돗개가 천연기념물 제53호로 지정된 후 몇 번에 걸쳐 토종개에 대한 관심 촉발과 간헐적인 연구는 이루어졌으나 체계적이고 지속적인 육종사업과 연구는 거의 행해지지 못했다. 해방후 국내 애견가들에 의해 진돗개 협회들이 여럿 만들어졌으나 진도섬 진돗개 집단의 명확한 계측 자료를 근거로 하지 않은 관계로 진돗개 기준에 대한 다양한 해석이 난립했고, 따라서 체계적이고 조직적인 육종 사업으로 연결되어 진돗개의 상품성을 높이는 일은 이루어지지 않았다. 따라서 지금에 이르기까지 진돗개 애호가들이 주장하는 진돗개의 우수 품성으로는 사냥능력과 회귀 능력뿐이며, 이외에는 달리 내세울 것이 거의 없는 형편이다. 이와 같은 현상은 삼살개, 풍산개 등 토종개 전반에도 해당하는데, 이는 상품으로서 토종개의 가치 증대를 위해 행해진 노력이 부족했거나 방향 설정이 잘못되었음을 보여주고 있다.

현재와 같이 격변하는 세계화 시대에는 단순히 우리 토종이라는 명분만으로는 존재 이유를 정당화시킬 수 없으며, 세계적으로 애호 받는 많은 외국품종 개들과 경쟁해서 그 존재 가치를 인정받아야만 하는 자유경쟁의 장에 우리 토종개들이 와 있음이 현실이다.

상품 가치가 있는 개의 경제형질들이 몇 가지 있으나 시대적 요구에 상응하는 형질로서 체구의 소형화를 들 수 있다. 그러나 현재까지 소형토종개가 품종으로 보존된 것이 없으며 중형견인 진돗개, 삼살개, 풍산개의 소형화 또한 시도된 적이 없었다. 따라서 국내에서는 그동안 보존 차원의 사육과 번식작업은 있었으나 명확한 목표 설정에 의한 개 육종 경험이 없었다고 보는 것이 현실이다.

2. 본 연구진에 의한 삼살개 집단 보존

본 연구진에 의한 삼살개 집단의 형성과 보존유지 작업은 1985년 8두의 원종으로부터 시작되었으며 현재 500여 두에 이르는 집단을 형성하게 되었다. 따라서 삼살개는 원종탐색과 보존 및 집단형성 과정에 대한 상세한 자료들이 존재하는 유일한 토종동물일 것이다.

1989년 전체 두수가 40두 일 때 문화재 관리국에 천연기념물 지정 신청을 하여 1992년 3

월 천연기념물 제368호로 지정받았으며, 1992년부터 사료 및 방역비 일부와 시설투자비 일부를 국고지원 받아 현재까지 집단사육장을 운영하고 있다.

토종개에 대한 여러 방면의 연구를 위해서 이보다 더 좋은 연구 집단을 형성할 수 없을 만큼 개 사육, 번식, 유전에 대한 노하우가 축적되어 있다. 전반적인 토종개 육종을 위한 연구 개발이 이들 집단을 활용하여 수행될 수 있을 것이다.

3. 본 연구진에 의한 개 관련 연구

본 연구진에 의해 수행된 토종개 관련 연구의 대강은 다음과 같다. 1990년부터 2번(6년간)에 걸친 과학기술처 지원의 목적기초 연구를 수행하면서, 토종개 전반에 대한 체계적인 연구를 수행하였다. 10여 편에 이르는 토종개 관련 연구논문이 결과로 출판되었는데, 이들은 다시 1998년, 1999년에 걸쳐 축산학회지에 3편의 총설 논문으로 다시 정리되었다.

“한국 토종개의 기원에 관한 고찰”(하 등, 1998)에서는 Microsatellite loci 분석과 혈액단백질 다형 분석을 통해 삼살개와 진돗개가 북방유래의 개이며, 외형적인 차이가 있음에도 불구하고 혈통적으로 가장 가까운 관계임을 밝혔다.

“한국 토종개 집단의 형태특징과 혈액 단백질”(하 등, 1998)에서는 삼살개와 진돗개, 제주개의 형태적 특징, 혈액단백질 다형에 의한 집단 상호간의 유사점과 상사점을 통계적으로 밝혔다.

삼살개를 대상으로 하여 개로서는 처음으로 미토콘드리아 DNA 전체 염기서열을 분석하여 포유동물 전반에서 차지하는 개의 진화적 위치를 밝혔다(Kim *et al.*, 1998).

“한국 토종개 집단의 유전적 다양성과 구조”(하 등, 1999)에서는 삼살개를 포함한 여러 품종 개 44개체의 미토콘드리아 DNA를 분석하여 품종간의 근연관계를 조사했으며, 또한 212두의 아시아 토종개를 대상으로 microsatellite loci 분석을 하여 집단내의 이형질도, PIC 값 등을 얻어서 진돗개, 삼살개의 집단내 유전적 구성과 구조를 처음으로 밝혔다.

여러 아시아권 토종개들과의 계통진화적 연관관계에 대한 연구를 바탕으로, 사육중인 500여 두의 삼살개들의 혈통학적 data들이 구축, 관리되고 있는데, 최근에는 유전자의 다형과 관련된 개의 행동 연구들이(Kaang *et al.*, 2000) 수행 중에 있다.

제 2 절 국외현황

1. 국외 개 육종 현황

고전육종에 의한 소형견 (miniature) 개발 사례들은 다수 있으나 DNA marker를 이용하는 분자육종의 예는 보고된 바 없다.

영국·독일의 경우 수출액의 큰 부분을 애완견 수출이 담당하고 있으나, 서구에서는 일반적으로 개를 경제동물로 간주하지 않는 관례가 있다.

2. 개 유전체 연구

미국 버클리대학과 미시간대학을 중심으로 연구팀들이 형성되어 개 게놈 프로젝트를 진행하고 있다. J. Rine을 중심으로 한 버클리 팀의 연구방향은 개 행동 유전자 탐색 및 mapping을 위한 marker 탐색(Ostrander *et al.*, 1993; Langston *et al.*, 1997; Neff *et al.*, 1999, Breen *et al.*, 2001)에 있다.

수의학자들로 구성된 미시간대 연구팀 및 펜실베니아 대학연구팀(Blazej *et al.*, 1998; Deschenes, 1994)은, 인위적 육종에 의해 형성되어온 개 품종들 중에는 유전적 질병들이 흔한데 착안하여 유전병과 관계된 개 게놈프로젝트를(Acland *et al.*, 1998; Mellersh *et al.*, 1997) 진행하고 있다.

또한 이들 대학의 연구팀들은 개 유전자 지도 작성을 위한 다양한 DNA marker를 450여 개 개발하였고(Francisco *et al.*, 1996; Lingaas *et al.*, 1997), 추가적인 marker를 개발하여 중에 있다(Gu *et al.*, 1998). 현재 450개 이상의 marker들에 대한 연관지도가 작성되어 있으며, RH(radiation hybridization) panel의 제작을 통해 RH 지도작성도 같이 수행되고 있다(Mellersh, *et al.*, 2000, Breen *et al.*, 2001, Guyon *et al.*, 2003)

개 염색체 지도 작성이 꾸준히 진행되어 2003년 발표된 자료에 의하면 3,270개의 각종 marker(microsatellite, gene marker, chromosome-specific marker)가 표지되어 있는, 1Mb 해상도의 Radiation Hybrid map이 발표된 바 있다(Guyon *et al.*, 2003)

한편 전세계 400여종에 달하는 다양한 종류의 개 품종들에 대한 기원과 품종간의 비교 분석에 관한 활발한 연구를 통해 품종간 연관관계 분석, 진화, 유전적 분화에 관한 다양한 결과를 도출해 내고 있다(Savolainen *et al.*, 2002, Parker *et al.*, 2004)

제 3 절 현 국내 기술상태의 문제점

1. 육종 경험 부족

개를 대상으로 한 체계적인 육종 경험이 없을 뿐만 아니라 토종개의 분자유종을 통한 소형화육종은 국내에서 한번도 시도된 적이 없다.

2. 개 경제형질에 대한 개념 부재

토종개를 모델로 육종연구를 시작하기 위해서는 대량 집단 사육과 선발 및 교배 위주의 고전적 육종 방법을 적용하여야 하나, 선발에 필요한 적절한 표현형질의 정량화가 우선되어야 할 것이다. 그러나, 모델 동물에 대한 연구결과의 부족으로 인해 접목하거나 표준으로 삼을 비교연구가 없으며 독자적으로 축적한 노하우만으로 행하여야만 한다.

다. 앞으로 전망

3. 토종개의 혈통 고정 및 순수 토종 생물자원의 과학적인 보존

본 연구를 통해 분자 육종의 과학적 방법이 도입됨에 따라 이를 바탕으로 한 토종개의 혈통 고정이 보다 손쉬워질 뿐만 아니라 토종의 순수성 보존에 크게 기여하게 될 것이다. 즉 삽살개의 분자 육종에 활용할 수 있는 DNA marker를 확보하여 선발육종의 효율성을 증대시킬 뿐만 아니라 DNA 표지인자를 이용하면 개체식별 및 친자감별이 가능하므로 보다 과학적인 혈통체계 확립에 이용할 수 있고, 형태나 질병 저항성과 관련된 표지인자를 확보, 이용하면 우수한 개체를 효과적으로 선별할 수 있으며, 이를 통해 다른 가축 집단의 과학적 혈통체계구축 및 육종에 응용할 수 있다. 특히, 진돗개, 삽살개 및 제주개 모두에게 적용될 토종개 육종기술이 개발되면 국제 경쟁력 있는 토종개 생산이 조기 실현될 것이다.

4. 분자유종기술의 발전

이에 따라, 개의 유전자구조의 규명과 이를 이용한 분자유종기술의 발달이 빠른 속도로 이루어질 것이고, 이를 응용한 기술 및 정보교류로 인해 애견산업에 대한 큰 파급효과를 가져다 줄 것이다.

5. 토종 소형애완견의 탄생

분자유종기술을 바탕으로 국내에서도 토종 소형애완견을 개발할 수 있는 기회를 갖게 될 것이며, 토종 소형애완견의 육종에 의해 사육농가의 소득증대에 크게 이바지할 것이다. 이로 인하여 외국 소형개의 수입을 줄이고, 토종 소형애완견의 수출시장을 개척할 수 있을 것이다.

제 3 장 연구개발수행 내용 및 결과

제 1 절 연구개발 방법

1. 토종개 형태 관련 외적 표현형질의 정량화, 계측

가. 형태 관련 특징 조사

1) 체격 계측

체고, 체장, 흉심은 소수 첫째자리까지 측정하여 cm로 표시하였고, 체중은 소수 첫째자리까지 측정하여 kg으로 나타내었다. 아래 그림과 사진은 체고와 체장, 흉심의 측정 부위를 나타내는 그림과 실제 모습을 찍은 것이다. 정확한 실측은 계측기를 이용하였다.

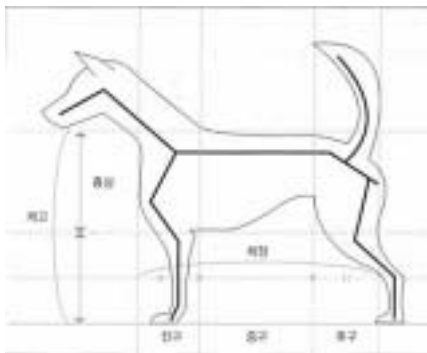


그림. 1. 체고, 체장, 흉심 측정 부위를 나타내는 그림

체고 : 어깨의 정점에서 지면까지의 수직거리

체장 : 어깨의 시작 지점에서 골반 끝까지의 수평거리

흉심 : 견갑골 뒤쪽 직후의 상단부터 가슴 하면까지의 수직거리

2) 형태 관찰과 사진 촬영

정량적인 구분은 불가능하지만 품종 규정에 대단히 중요한 외적 형태의 정성적 특징들에 대한 기록 보존을 위해 디지털카메라를 이용하여 조사 대상인 삼살개의 전신 형태를 촬영하였으며, 이를 컴퓨터 이미지화하여 데이터베이스에 포함시켰다.

3) 개체 조사 설문표

Database 구축을 위해 조사된 형태 관련 개체 특징은 다음 개체 조사 설문표에 나타나 있다.

표 1. 개체조사 설문표

개 체 번 호 :

조사년월일 : 년 월 일

조 사 자 :

항 목					비 고
형 태 조 사					
모 색	<input type="checkbox"/> BTB(Black & Tan : Blue)	<input type="checkbox"/> SY(Strong Yellow)	<input type="checkbox"/> GY(Golden Yellow)	<input type="checkbox"/> C(Chestnut)	
	<input type="checkbox"/> BTD(Black & Tan : Dark)	<input type="checkbox"/> MY(Medium Yellow)	<input type="checkbox"/> DY(Dark Yellow)	<input type="checkbox"/> W(White)	
	<input type="checkbox"/> SBB(Solid Black : Blue)	<input type="checkbox"/> LY(Light Yellow)		<input type="checkbox"/> P(Piebald)	
	<input type="checkbox"/> SBD(Solid Black : Dark)				
체 고	() cm	흉 심	() cm		
체 장	() cm	체 중	() kg		
모 질	<input type="checkbox"/> S(Straight)	<input type="checkbox"/> W(Wavy)	<input type="checkbox"/> C(Curl)		
모 장	<input type="checkbox"/> L(Long)	<input type="checkbox"/> M(Medium)	<input type="checkbox"/> S(Short)	<input type="checkbox"/> VS(Very Short)	
꼬 리	<input type="checkbox"/> C(Curl)	<input type="checkbox"/> U(Upright)	<input type="checkbox"/> S(Sickle)		
교 합	<input type="checkbox"/> N(Normal)	<input type="checkbox"/> C(Cutting)	<input type="checkbox"/> U(Undershot)	<input type="checkbox"/> SU (Serious Undershot)	
랑 조	<input type="checkbox"/> 1 = 0.0 2 = 1.1 3 = 2.2 4 = 1.2 5 = 2.1				
설 반	<input type="checkbox"/> 1 = 없음 2 = 있음				
귀	<input type="checkbox"/> P(Pendent)	<input type="checkbox"/> H(Half-pricked)	<input type="checkbox"/> E(Erect)		
안 색	<input type="checkbox"/> DB(Dark Brown)	<input type="checkbox"/> B(Brown)	<input type="checkbox"/> LB(Light Brown)	<input type="checkbox"/> BG(Blue-Gray)	
고 환	<input type="checkbox"/> 1 = 2개 2 = 1개 3 = 0개				
안 모	<input type="checkbox"/> L(Long)	<input type="checkbox"/> M(Medium)	<input type="checkbox"/> S(Short)	<input type="checkbox"/> VS(Very Short)	
영 김	<input type="checkbox"/> N(Normal)	<input type="checkbox"/> P(Partial)	<input type="checkbox"/> S(Serious)		
결 치	<input type="checkbox"/> 없음	<input type="checkbox"/> 있음			
비 색	<input type="checkbox"/> B(Black)	<input type="checkbox"/> C(Chestnut)			

나. 외적 표현형질의 정량화를 위한 database 기준 설립

- 1) 체고, 체장, 교합, 모질, 모장, 랑조, 모색분포 등 조사 가능한 형태관련 특징을 정량화하여 조사한다.
- 2) 출생자료(부모, 형제관계, 생년월일)와 생화학적 자료가 포함된 개체 카드를 형태특징 자료와 통합하여 기록한다.
- 3) 체중 및 체측치 등의 양적형질에 영향을 미치는 불변환경요인(permanent environmental factors)의 효과 추정 및 보정 방법 규명

- 가) 발육단계에 따라 이유시기, 성성숙일령, 교배적기등 모수를 측정한다.
- 나) 일령의 차이 및 발육단계의 차이 등은 기간에 따라 보정한다.
- 다) 개체별 체중측정치를 조사하고 혈통을 조사하여 근교계수를 계산한다.
- 라) 개체별 분만년도, 어미개의 산차, 생시체중, 산자수 등을 조사한다.
- 마) 불변환경요인에 대해 요인, 수준별로 최소자승법에 의한 효과를 추정한다.

다. 검사시설과 관리방법의 최적화 연구

가계구축에 따른 육종사업 추진에 적합한 검사배치와 관리방법을 확립한다.

2. 가계 분석과 분자유종에 사용될 DNA marker 확보

가. 초위성체 marker 확보

1) 개 염색체 지도 작성을 위해 국제적으로 개발되어 사용되고 있는 STR marker는 현재 1,800개 정도이나, 주로 이중 교배된 개들에게 적용된 것들이기 때문에 삽살개와 같이 동일품종이며 작은 집단내 가계 분석에 쓰일 수 있는지 여부가 불투명하였다. 따라서 자체 marker 개발보다는 다른 견종에서 사용되는 marker 중에서 tetramer marker 위주로 primer를 선정하여 삽살개 집단내 가계 분석에 사용하고, 추가로 (CA)_n 또는 (GT)_n 등의 dinucleotide marker도 가계 분석 및 소형형질과의 연관성 분석에 사용한다.

나. 초위성체 marker탐색을 위한 PCR 증폭

1) 시료로 사용하는 삽살개 집단에서 채취한 혈액으로부터 얻어진 DNA를 template로 하여, 확보된 STR primer를 사용하여 PCR 반응을 수행한다.

2) 30ng의 genomic DNA를 AccuPower Premix(Bioneer, Korea)에 IRDye700 혹은 IRDye800의 dye가 부착된 primer와 함께 넣어 증폭한다.

3) 반응조건은 총부피를 20 μ l로 하여 95 $^{\circ}$ C, 5분, 1 cycle; 94 $^{\circ}$ C, 1분, annealing 온도에서 40초, 72 $^{\circ}$ C 1분, 25 cycle; 그리고 72 $^{\circ}$ C 10분, 1 cycle로 하며, 또한 비특이적인 반응을 최소화하기 위해 4-5 $^{\circ}$ C 높은 온도를 설정하여 반응을 시작한 후, 5 - 6 cycle 동안 각 cycle 당 annealing 온도를 1 $^{\circ}$ C씩 낮추어 최종 annealing 온도에 도달한 다음 나머지 cycle을 수행하는 touchdown방법을 사용한다(GeneAmp PCR system 9600, Applied Biosystems, USA).

3. 소형화 형질 관련 유전자와의 연관관계 분석

가. 얻어진 초위성체 marker를 이용한 DNA genotyping

1) PCR 산물을 LI-COR사의 automatic sequencer인 4200에서 확인한다. Dye의 종류에 따라 2개의 PCR 산물을 동시에 전기영동하여 1회 loading으로 2개의 PCR 산물을 분석한다. 얻어진 allele들의 이미지는 LI-COR사의 Base ImagIR software package(Version 4.1)과 Scanalytics 사의 Gene Profiler (Version 4.03)을 이용하여 분석한다.

2) Size standard와 비교하여 얻어진 각각의 allele은 기준표지자를 사용하여 크기와 빈도 및 대립되는 양상에 따라 grouping하고, 삼살개 가계내의 개체의 특정 표현형질의 발현 상태를 분석한 것과 얻어진 band의 유무와 위치를 연관지음으로써 다형현상을 보이는 marker를 선별하여 기록 한 다음, 이렇게 얻어진 자료들을 삼살개 가계도와 비교 분석하여 특정가계 또는 특정 유전형질을 가지는 그룹에 특이적으로 나타나는 marker로 활용한다.

나. DNA 표지를 이용한 삼살개 집단내 이형질도 및 근친도 측정

각각의 STR 표지자들에 따라 이미지 파일에 나타난 여러 DNA 밴드의 크기를 결정한 다음, 대립 유전자의 빈도와 이형접합도(heterozygosity)를 계산하고, 얻어진 값을 이용하여 각 표지자들에 대한 다양성정보제공율(PIC : Polymorphism Information Content)를 계산하였다. 계산에 따르는 기본원리는 다음의 식에 의거하며, 프로그래밍된 컴퓨터 소프트웨어인 CERVUS Ver 2.0 또는 Genepop Ver 3.3을 이용하였다. 각 견종 집단의 유전적 변이는 위치당 대립형질의 평균수, Hardy-Weinberg법에 따른 이형접합도(H : heterozygosity), 그리고 대립형질 다양성(allelic diversity)를 측정한다.

$$H = 1 - \left(\sum_{i=1}^n P_i^2 \right)$$

$$AD = \left[1 - \sum_{i=1}^n P_i^2 \right] \left[\frac{n}{n-1} \right]$$

$$PIC \text{ value} = 1 - \left(\sum_{i=1}^n P_i^2 \right) - \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n 2P_i^2 P_j^2$$

H : Heterozygosity

AD : Allele diversity

P_i : Frequency of the ith allele(Nei, 1974)

P_j : Frequency of the jth allele

n : Allele number

PIC : Polymorphism Information Content

다. 표현 형질과 marker와의 연관여부 검색

1) Linkage program을 이용한 표현형질과 marker와의 연관 분석

각 marker에 의해 나타나는 alleles에 대해 조사된 특정 형질들을 대상으로 멘델 법칙에 따른 segregation을 확인하고 분석 가능한 형질을 대상으로 Linkage package program을 이용하여 TWOPOINT linkage analysis를 수행하였다.

개 염색체 16번에 10cM 간격으로 존재하는 13개의 표지자를 이용해 genotyping된 삼살 개 가계가 이용되었으며 MLINK program을 이용한 연관분석을 수행한 후 유의미하게 판단되는 LOD score를 가지는 항목들에 대해 ILINK program을 이용한 분석으로 최대 LOD score와 재조합 비율을 계산하고 각 표지자들간의 거리에 따른 결과의 경향성을 파악하고자 하였다. 분석시 사용된 Affected gene frequency는 집단내에 존재하는 각 형질의 비율에 따라 Hardy-Weinberg법에 따라 계산되어 이용되었으며, 개체 조사 결과를 바탕으로 세분화된 각각의 항목별로의 분석을 수행하였다. 또한 이원화가 가능한 형질의 경우에는 함께 분류되는 affective한 형질들을 묶어서 정상, 비정상으로 분류한 분석도 진행하였다. 유전되는 양상에 대한 모델은 각 항목별로 dominant와 recessive mode를 모두 적용하여 분석하였다.

2) LOD score 산출 방법

LOD score는 Morton(1955)에 의하여 처음 정의된 것으로 이는 Linkage에 대한 상수를 상용로그로 처리한 것이다. 우선 특정 질환의 Likelihood (L)와 각 가계에서 표지 유전자의 위치가 전혀 연관되지 않았다는 가정 하에서 계산을 시행한다. 이러한 이론상의 L과 실제 Affective Phenotype을 가지는 가계에서 관찰한 두 위치 사이의 Linkage가 일어난 재조합 비율을 계산한다. 재조합이 전혀 일어나지 않은 경우의 L값을 실제 값으로 나눈 뒤, 이를 상용로그로 처리한 값이 LOD score로 정의된다. $z(x)$ 값은 유전자 상의 단지 두 위치(locus) 상의 연관(linkage)을 보는 것이어서 Two-point LOD score라고 한다. 일단 Linkage가 계산되면 재조합비율의 최대 가능값이 결정되는데 신뢰한계(Confidence limit)는 1에서 최대 LOD score를 빼서 계산하며, LOD-score curve에서 해당되는 θ 값을 확인할 수 있다 (1-lod-unit down method). LINKAGE package program의 MLINK를 통해 Two-point LOD score를 구하였으며 높은 LOD score를 나타내는 형질에 대해 ILINK를 통한 분석으로 최대 가능값을 계산하였다(그림 2).

$$L(\theta) = L(\theta)/L(1/2)$$

$$Z(\theta) = \log_{10}L(\theta) = \log_{10}[L(\theta) / L(1/2)]$$

$$Z(\theta) = \begin{cases} n \log(2) + k \log(\theta) + (n-k) \log(1-\theta) & \text{if } \theta > 0 \\ n \log(2) & \text{if } \theta = 0 \end{cases}$$

θ : Recombination fraction

$1-\theta$: Nonrecombination fraction

$1/2$: Free recombination

k : Recombinants

$n-k$: Nonrecombinants

$L(\theta)$: Likelihood ratio

$Z(\theta)$: LOD score

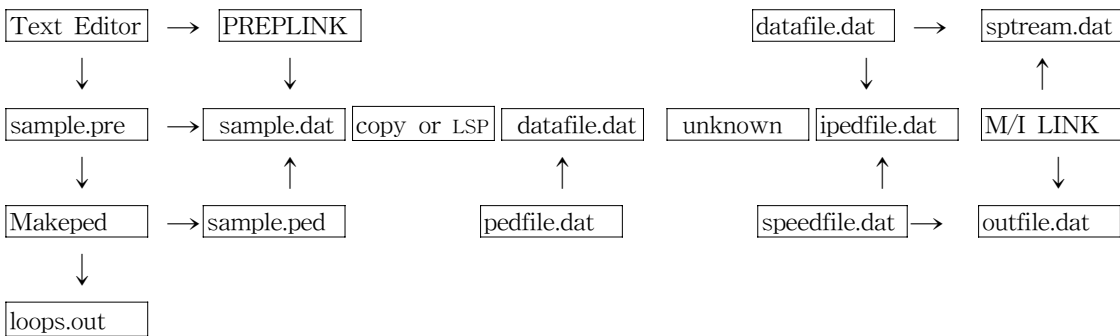


그림. 2. Schematic view of the way how files and programs interact.

4. 계통교배 체계 확립 및 이에 따른 육종추진

가. 삽살개의 체형 및 체중에 영향을 미치는 및 환경요인의 효과

1) 필요성

삽살개의 체형 및 체중은 유전과 환경의 공동작용으로 발현되는 양적형질(量的形質)이기 때문에, 이들 형질에 영향을 미치는 환경변이(環境變異)와 유전변이(遺傳變異)의 크기를 추정하는 것은 변이의 효과와 유전모수 추정 등에 필요한 과정이다. 특히 환경변이 가운데서 그 개체의 일생을 두고 변하지 않는 불변환경요인(permanent environmental factor)의 크기를 추정하는 것은 그 형질에 대한 측정치의 성질을 파악하여 그 표현형가를 평가하는데 필요하다.

2) 자료 및 방법

가) 자 료 : 본 연구에 이용된 자료는 1990~2000년 기간 중에 출생된 12개월령 이상의 삼살개 가운데서 부모의 혈통이 기록되고 형질간의 공분산 추정이 가능한 203두의 삼살개에 대한 측정치이다. 분석 대상 형질로서 체고, 체장, 흉심 및 체중을 측정하였는데, 측정 부위 및 측정 방법은 다음과 같다.

- (1) 체 고 : 기갑 최고부에서 지면까지의 수직 거리
- (2) 체 장 : 흉골 전단에서 좌골단까지의 수평 길이
- (3) 흉 심 : 기갑 최고부에서 흉골 하연(下緣)까지의 수직 길이
- (4) 체 중 : 12시간 절식한 상태에서의 생체중

체고, 체장 및 흉심은 체측기를 이용하여 cm 단위로, 그리고 체중은 저울을 이용하여 kg 단위로 측정하였다.

나) 분석 방법 : 체고, 체장, 흉심 및 체중에 영향을 미치는 불변환경요인 (permanent environmental factor)으로서 출생년도, 성별 및 출생계절의 효과를 분석하였고, 또한 모색이 다른 청삼살개와 황삼살개의 차이를 분석하였다. 분만 년도에 있어서는 분석에 이용된 자료의 제한으로 인하여 출생년도 1990~1998년을 하나의 수준으로 정하였고, 그리고 출생계절은 연례적인 외계 기온 여건을 고려하여 2~4월, 5~7월, 8~10월 그리고 11~1월의 4 수준으로 구분하였다.

삼살개의 체고, 체장, 흉심 및 체중에 영향을 미치는 출생년도, 출생계절, 성 및 모색의 효과를 추정하기 위해 다음과 같은 선형 모형을 설정하고 최소제곱법(Harvey, 1979)으로 분석하였다.

$$y_{ijklm} = \mu + y_i + m_j + s_k + c_l + e_{ijklm}$$

여기서, y_{ijklm} : i 번째 출생년도의 j 번째 계절의 k 번째 성의 l 번째 모색에 속하는 m 번째 개체에 대한 측정치,

- μ : 전체 평균,
- y_i : i 번째 출생년도의 효과($i = 1, 2, 3$),
- m_j : j 번째 출생계절의 효과($j = 1, 2, 3, 4$),
- s_k : k 번째 성의 효과($k = 1, 2$),
- c_l : l 번째 모색의 효과($l = 1, 2$),
- e_{ijklm} : 임의 오차이다.

위의 선형모형(linear model)에 의한 정규 방정식을 풀기 위하여 각 요인의 마지막 수준의 효과를 0으로 하는 제한을 가하였다(Harvey, 1979; SAS Institute, 1996).

$$y_3 = m_4 = s_2 = c_3 = 0$$

본 연구에서 설정한 선형모형(linear model)은 SAS@6.12 Package/PC를 이용하여 분석되었다(SAS Institute, 1996). SAS/GLM 분석 결과 제공되는 4가지 제곱합중에서 불균형된 자료에 적합한 TYPE III 제곱합을 이용하여 분산 분석을 하였으며, 최소제곱 평균치간의 유의성 검정을 위하여 다음과 같은 귀무가설을 5% 유의 수준에서 검정하였다.

$$H_0: \text{LSM}(i) = \text{LSM}(j)$$

여기서, $\text{LSM}(i(j))$: $i(j)$ 번째 효과의 최소제곱 평균치 ($i \neq j$)

나. 삼살개의 체형 및 체중에 대한 유전 모수 추정

1) 필요성

체형과 체중은 양적 형질로서 유전과 환경의 공동작용으로 발현되기 때문에 전체 변이 가운데서 유전변이가 차지하는 비율을 아는 것은 육종가의 추정 및 선발방법의 결정 그리고 선발효과의 추정 등에 필요하다. 유전 변이 가운데서도 교배되는 개체에 따라 발생하는 비상가적 유전효과(non-additive genetic effects)를 배제하고 그 개체의 종축으로서의 가치를 나타내는 육종가를 추정하기 위해서는 상가적 유전변이(additive genetic variation)를 추정하여야 하고, 추정된 육종가의 연차별 변화 추세를 통하여 그 형질의 개량 추세를 추정할 수 있기 때문에 경제형질의 유전모수(genetic parameters)를 정확히 추정하는 것은 중요한 일이다.

2) 분석 방법

본 연구에서 조사한 체고, 체장, 흉심, 체중 형질의 유전 모수와 육종가를 추정하기 위하여 다음과 같은 다형질 혼합 모형을 사용하였다.

$$y_{ijkl} = \mu_i + y_{ij} + s_{ik} + a_{ijkl} + e_{ijkl}$$

여기서, y_{ijkl} : i번째 형질에서 j번째 출생년도의 k번째 성에 속하는 l번째 개체에 대한 측정치,

μ_i : i번째 형질의 전체 평균,

y_{ij} : i번째 형질의 j번째 출생년도의 효과($i = 1, 2, 3$),

s_{ik} : i번째 형질의 k번째 성의 효과($k = 1, 2$),

a_{ijkl} : 개체에 대한 임의효과 $\sim (0, A\sigma_a^2)$ 여기서, A는 혈연 계수행렬,

e_{ijkl} : 임의 오차 $\sim (0, I\sigma_e^2)$ 이다.

위의 다형질 혼합 모형을 행렬식으로 표시하면 다음과 같다(Henderson, 1976).

$$y = Xb + Zu + e$$

여기서, y: 각 형질에 대한 관측치에 대한 $N \times 1$ vector

b: 알려지지 않은 고정 효과의 $NF \times 1$ 의 vector (공분산의 효과 포함)

X: 고정 효과에 대한 $N \times NF$ 의 계수 행렬

u: 알려지지 않은 임의 효과의 $NR \times 1$ 의 vector

Z: 고정 효과에 대한 $N \times NR$ 의 계수 행렬

이상을 Henderson(1976)의 다변량 혼합 모형 방정식으로 나타내면 다음과 같다.

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix}$$

본 연구에서는 MTDFREML Package (Boldman 등, 1995)를 이용하여 유전 모수와 육종가를 추정하였으며, MTDFREML Package에서 G와 R의 적절한 값을 주기 위해 사용된 Simplex 방법(Nelder와 Mead, 1965)에 따라 Simplex의 분산이 10^{-9} 이하로 수렴 될 때까지 반복 추정하였다.

Groeneveld와 Kovac(1990)이 지적한 것과 같이 추정치가 지역 최대값(local maximum)으로 수렴하는 것을 방지하기 위하여 최종적으로 구해진 추정치를 시작 값으로 하여 그 차이가 10^{-9} 이하로 되는 경우를 수렴 값으로 결정하였다.

얻어진 분산-공분산 값을 이용하여 유전력과 유전 분산은 다음과 같이 구하였다.

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2}$$

$$r_G = \frac{\widehat{COV}_{a(i,j)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{a(i)}^2 \times \hat{\sigma}_{a(j)}^2}} \quad (i \neq j)$$

$$r_P = \frac{\widehat{COV}_{p(i,j)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{p(i)}^2 \times \hat{\sigma}_{p(j)}^2}} \quad (i \neq j)$$

여기서, σ_a^2 = additive genetic variance,
 r_G = genetic correlation,
 r_P = phenotypic correlation 이다.

5. 분자 육종 가능성 검토

- 가. 지속적인 사육, 계측수행으로 육종의 성과를 평가
- 나. 개육종에 필요한 marker의 선별과 평가
- 다. 수립된 marker 및 database구축기술의 타집단에 적용가능성 시험

제 2 절 연구결과

1. 제 1 세부과제 : 분자 육종을 위한 삽살개 DNA marker의 개발과 적용

가. 가계 분석과 분자육종에 사용될 유용 DNA marker 확보 및 가계분석

- 1) 가계 분석에 사용 가능한 microsatellite DNA marker 확보

개에 적용할 수 있는 microsatellite marker 중에서 소형 삽살개 가계 분석과 견종간 비교 분석을 위해 다음 표 2와 같은 116개의 microsatellite marker를 준비하여 적용하였다.

II 2. Summary of the dog microsatellites used in the study.

Locus	Repeat	Linkage group*	Forward	Reverse	PIC**	Size(bp)	Ta**
FH2226	(GAAA)~22	CFA7	GGACTACCCCATTGCATTG	GAATCGAGTCCCATATCGGG	0.82	205	ND
FH2227	(GAAA)~35	CFA23	ATCCCAGAACAGAGAGAGTCC	CCTTTGCCCTTTGGAATCAA	0.82	565	58
FH2233	(GAAA)~40	CFA21	CCAATGCCAAATTCCTGACT	ACCATTTCCCTTCCCAAAGT	0.77	292	58
FH2237	(GAAA)~45	CFA2	AGGCTGACCTTATCTTTCAACTG	CAACACAGATGAAACTGGAAGG	0.91	590	ND
FH2238	tetra_repeat		TCTCAGCGTCTCTGGGATC	AGAAAACATTAGTGGTTGCC	-	322-332	-
FH2244	tetra_repeat		AGTGGTTCTGGTTCAGGGTG	GTGCTCTACCCCAGTCAAG	-	465	-
FH2247	tetra_repeat		TTCCCACTTACTTTATCATAGCAT	CAAATGCAGATTAGGGACACA	-	200	-
FH2248	(GAAA)~21	CFA9	CAAGAAAAGATCAAAGCAAACA	CCCAGTGTGAACCCCTCT	0.78	390	ND
FH2258	tetra_repeat		AAAAAGGCACATATGCTGGG	ATGGTCATCAACTGCTTAGCC	-	374-381	-
FH2261	(GAAA)~24	CFA24	TTAAAACAATGCCTAGACAATGC	GCCTCTCCCATTCTGCTAA	0.83	192	58
FH2263	(GAAA)16perfect	CFA9	CATGTAGAGTGATTAGTTGGTCTTT	CTGAATATCCTCTGCCCTTC	0.92	217	ND
FH2274	(GAAA)~33	CFA2	TCACCCTCATCCATCTCAGA	ACGCCAGACACAAAAGACA	0.71	320	58
FH2278	(GAAA)~39	CFA15	TCCACTCTGAGCATGGAGC	GCCCAGTTTTCCAGTAACA	0.87	322	58
FH2279	tetra_repeat		CGCCAGCTAAACTATGGGTC	CATTGGGCTCCATTCTGG	-	240	-
FH2281	(GAAA)~21	CFA24	TGCTGGCACGTATACCAAGA	AGTGTGATGCAGAGTTCCC	0.83	420	58
FH2283	tetra_repeat		TCACCCAGCTTGTGCTATCTC	GCTGTAAGACAGGACACAGGC	-	185	-
FH2289	(GAAA)~39	CFA27	CATGGTCTCAGGATCCTAGGA	CTAAGCATTCTCTGATGGTCTT	0.85	320	ND
FH2290	(GAAA)~21	CFA30	GGCTTGAATGATCTAGCCCA	TGGCTACTGTGCTATCACCT	0.80	590	ND
FH2293	(GAAA)~43	CFA10	GAATGCCCTTCACCTGAAA	AGGAAAAGGAGAGATGATGCC	0.87	227	ND
FH2294	(GAAA)~15	CFA1	GGGTCTGGGATCAAGCC	TTAGTAAAGAGACAGCTGATTGCC	0.87	227	ND
FH2295	(GAAA)~20	CFA15	TCTCGGGATAGTGTATAACTCC	GTCCAGAAAAGGACATTTGACC	0.75	390	ND
FH2301	tetra_repeat		GCTTTGGAATGTCTCTGGA	GCTTACTATAGCCTGGCTGTGG	-	225	-
FH2302	(GAAA)~54	CFA3	AGTATTTTCACAATTGCTCAGTGC	TTTTGGCCTATCTTAAGAGGTCC	0.90	308	58
FH2305	tetra_repeat		TCATTGTCTCCCTTTCCAG	AAGCAGGACATTCATAGCAGTG	-	196-209	-
FH2309	(GAAA)~27	CFA1	GACTGAGTCTTTTCCAGCACAGTG	GGCAGCCTTATTATTCATGGA	0.88	380	ND
FH2312	(GAAA)~51	CFA21	AAAATAACTCATCTATATGCTGCC	ACAACATAAGAATGTGTGCATCA	0.84	318	ND
FH2313	(GAAA)~15+~12	CFA1	AGTAGAAGAGGCCACGCAAA	CACGAAGAAAGCCATGGTTT	0.80	267	ND
FH2316	(GAAA)~60	CFA3	AAATGGCCTGACGAATATGC	GTGCCATGGCATATGGTAAA	0.845	420	58
FH2318	(GAAA)~18	CFA25	CAAGTCTGAGATGAGGCTTGG	TGAGTTCAAATGCCAGCAATC	0.81	300	ND
FH2319	(GAAA)~50	CFA11	GGAACTGTATCCTCAGTGTCC	TGGAAAGGAAGGAAGTGTG	0.89	255	58
FH2320	(GAAA)~28	CFA3	TTAGTTAGGGTTTTGGTTGGG	AGCCACTGCAATAAGGCAAG	0.82	237	ND
FH2321	(GAAA)~35	CFA17	CCACTCTGAGTACAGTTGAATTGG	ACAGTTTTAGTTTTGGAGACAGGG	0.84	315	58
FH2324	(GAAA)~25	CFA25	AGCTCTATGAAAGGTGATTGCC	AGACAGCCATACAATGAGAATTG	0.80	252	ND
FH2325	tetra_repeat		TAAGTCTCAGAGACCCTCATTG	GCAGAGTCAGCTTGGGATTC	-	450	-
FH2326	(GAAA)~42	CFA1	GAATCCCAATGTACATGGC	CAGCCATCCAGGAAATCG	0.83	251	ND
FH2328	(GAAA)~25	CFA29	ACCAGGTAGTTTTCAGAAATGC	AGTTATGGGACTTGAGGCTG	0.66	189	58
FH2335	(GAAA)~27	CFA6	GAGTGGATGCCGATGAC	CTGCTCTGAAACTCTCCTGTCA	0.88	420	ND
FH2339	tetra_repeat		TCCTTATGATAGTTTCCCTGTCTC	CAACTAACACACCCATCACTTC	-	600	-
FH2346	(GAAA)~40	CFA27	AACACGGAGGGAAGAGGTG	CAATCAGTGACAGTAAAGGAGGG	0.85	450	ND
FH2347	(GAAA)~82	CFA12	TTAGCTCTTCTGATCTGTCCCC	TCTCTTTCCACCCCTCC	0.89	405	ND
FH2348	(GAAA)~19	CFA13	GCATGCAAGGTGTTAATTGG	ACACAAGGAAGCTTTGGGG	0.79	430	58
FH2356	tetra_repeat		CTTGCAATCCCGCTCTCACT	TCCTGAAATAGCTCCAGCGC	-	235	-
FH2360	(GAAA)~30	CFA15	CATTGATGCTGAATTTGACTTC	TTACACACTATTTTGTGGTCA	0.86	315	58
FH2361	(GAAA)~16	CFA33	GCTTGGAAAGGTGAGACTGAATG	AGCACTTAGAATGTACCAGGCAC	0.75	370	ND
FH2364	(GAAA)~90	CFA29	TTTCTGTGCAATCAATGTTTAGG	CCCTTCAGGCTGAAACACTC	0.85	510	ND
FH2365	(GAAA)~60	CFA20	TTAATGTGCATATGACTCCCC	TTGGTGAAGTGTCTGCCTTC	0.75	500	58
FH2370	(GAAA)~35	CFA6	CCTGAAAATAGCTAGATGATGG	GTCTTTACCTGCCTATATAGCTGC	0.86	380	58
FH2087A	tetra_repeat		CTGCCACATTCCTGATGC	CAACTCCCTCCCTCATTCA	-	230-246	-
FH2087B	(GAAA)~50	CFA2	CTGCCACATTCCTGATGC	CAACTCCCTCCCTCATTCA	0.84	300	58
AHT131	di_repeat	S12	GAAACTGAATCAGCAAATGACC	TTCTCCCTCTGCCTGTGCT		104-117	
CXX.876	di_repeat	S12	CATGGATTCTGCATTTAC	GGTGGAGAACATACAAGAATATAC		98-120	
REN124F19	(CA)13	CFA16	ACCTTTGTAGCCCAGTTC	GGACGTGTCTTATCTCTTG	ND	152	48.3
REN130B10	(CA)15	CFA16	GTGTCTCTGCCTCTGTGTA	TATTCATTTCTGAACTGGA	0.72	135	46
REN138D05	(CA)15	CFA16	ACAACCCCTTCTAAAAACT	TGGAATGAAAGCCCTATCT	ND	172	48.6
REN176D05	(CT)imp(CA)15	CFA16	CTGTGAACAATGCTGCTGGT	CCAACCCAGAAAATCCAGA		298	60
REN210K18	(GA)17	CFA16	TCCATGTGGTGCATCTAGGA	AATGCACTAGGGAAGCCATTT	0.48	217	60
REN275L19	(CA)15	CFA16	CCTGCATAATCCTGCAATGA	CTATCCTGCTGCACCTAGCC	0.48	230	60
REN292N24	(CA)16	CFA16	GCCCTCAAGCTCAATCTACG	TGCAACAGTCAAGCATGGA	0.66	140	60

卅 2. (Continued)

Locus	Repeat	Linkage group*	Forward	Reverse	PIC**	Size(bp)	Ta***
REN54119	(CA) ⁹	CFA16	CTTCCAGGGATTCTTTCA	GGGCCTACTTTATGTGTCTG	0.85	159	49.5
REN85M08	(CA) ²¹	CFA16	TTCAGAGGTCCCTTAGAGA	AGCACGAGCTTACCCACAT		189	51.2
	SRY	CFY	GAACGCATTCCTGGGTGCTCTC	GGCCATTTTTGGGCTTCTGTAAG		132	60
FH2226	(GAAA)~22	CFA7	GGACTACCCCATTCGATTTG	GAATCGAGTCCCATATCGGG	0.82	205	ND
FH2227	(GAAA)~35	CFA23	ATCCCAGAACAGAGAGAGTCC	CCTTTGCCCTTTGGAATCAA	0.82	565	58
FH2233	(GAAA)~40	CFA21	CCAATGCCAAATTCCTGACT	ACCATTTCCTTTCCCAAAGT	0.77	292	58
FH2237	(GAAA)~45	CFA2	AGGCTGACCTTATCTTTCAACTG	CAACACAGATGAAACTGGAAGG	0.91	590	ND
FH2238	tetra_repeat		TCTCAGCGTCCCTGGGATC	AGAAAAATTTCAGTGGTGGCC	-	322-332	-
FH2244	tetra_repeat		AGTGGTCTGTTTCCAGGGTG	GTGCTCTACCCCCAGTCAAG	-	465	-
FH2247	tetra_repeat		TTCCCACTTACTTTATCATAGCAT	CAAATGCAGATTAGGGACACA	-	200	-
FH2248	(GAAA)~21	CFA9	CAAGAAAAAGATCAAGGCAACA	CCCAGTGTGAACCACCTCT	0.78	390	ND
FH2258	tetra_repeat		AAAAGGCACATATGCTGGG	ATGGTCATCAACTGCTTAGCC	-	374-381	-
FH2261	(GAAA)~24	CFA24	TTAAAACAATGCCTAGACAATGC	GCCTCTCCCATTCATGCTAA	0.83	192	58
FH2263	(GAAA)16perfect	CFA9	CATGTAGAGTGATTAGTTGGTCTTT	CTGAATATCCTCTGCCCTTC	0.92	217	ND
FH2274	(GAAA)~33	CFA2	TCACCCTCATCCATCTCAGA	ACGCCAGACACAAAAAGACA	0.71	320	58
FH2278	(GAAA)~39	CFA15	TCCACTCTGAGCATGGAGC	GCCCAAGTTTTCCAGTAACA	0.87	322	58
FH2279	tetra_repeat		CGCCAGCTAACTATGGGTC	CATTGGGCTCCATTCTGG	-	240	-
FH2281	(GAAA)~21	CFA24	TGCTGGCACGTATACCAAGA	AGTGTATGCAGAGTTCCC	0.83	420	58
FH2283	tetra_repeat		TCACCCAGCTTGTGATATCTC	GCTGTAAGACAGACACAGGC	-	185	-
FH2289	(GAAA)~39	CFA27	CATGGTCTCAGGATCCTAGGA	CTAAGCATTCTCTGATGGTCTT	0.85	320	ND
FH2290	(GAAA)~21	CFA30	GGCTTGAATGATCTAGCCCA	TGGCTACTGTCGATCACCT	0.80	590	ND
FH2293	(GAAA)~43	CFA10	GAATGCCCTTCACCTGAAA	AGGAAAAGGAGAGATGATGCC	0.87	227	ND
FH2294	(GAAA)~15	CFA1	GGGTCTGGGATCAAGCC	TTAGTAAAGAGACAGCTGATTGCC	0.87	227	ND
FH2295	(GAAA)~20	CFA15	TCTCGGGATAGTGTATAACTCC	GTCCAGAAAAGGACATTTGACC	0.75	390	ND
FH2301	tetra_repeat		GCTTTGGAATGTCTCCTGGA	GCTTACTATAGCCTGGCTGTGG	-	225	-
FH2302	(GAAA)~54	CFA3	AGTATTTTCACAATTGCTCAGTGC	TTTTGGCCTATCTTAAGAGGTCC	0.90	308	58
FH2305	tetra_repeat		TCATTGTCTCCCTTCCAG	AAGCAGGACATTCATAGCAGTG	-	196-209	-
FH2309	(GAAA)~27	CFA1	GACTGAGTCTTTTCAGCACAGTG	GGCAGCCTTATTATTCATGGA	0.88	380	ND
FH2312	(GAAA)~51	CFA21	AAAATAACTCATCTATATGCTGCC	ACAACATAAGAATGTGTGCATCA	0.84	318	ND
FH2313	(GAAA)~15+~12	CFA1	AGTAGAAGAGGCCACGCAAAA	CACGAAGAAAGCCATGGTTT	0.80	267	ND
FH2316	(GAAA)~60	CFA3	AAATGGCCTGACGAATATGC	GTGCCATGGCATATGGTAAA	0.845	420	58
FH2318	(GAAA)~18	CFA25	CAAGTCTGAGATGAGGCTTGG	TGAGTTCAAATGCCAGCAATC	0.81	300	ND
FH2319	(GAAA)~50	CFA11	GGAACACTGTATCCTCAGTGTCC	TGGGAAGGAAGGAAGTGTG	0.89	255	58
FH2320	(GAAA)~28	CFA3	TTAGTTAGGGTTTTGGTTGGG	AGCCACTGCAATAAGGCAAG	0.82	237	ND
FH2321	(GAAA)~35	CFA17	CCACTCTGAGTACAGTTGAATTGG	ACAGTTTTAGTTTTGGAGACAGGG	0.84	315	58
FH2324	(GAAA)~25	CFA25	AGCTCTATGAAAGGTGATTGCC	AGACAGCCATACAAATGAGAATTG	0.80	252	ND
FH2325	tetra_repeat		TAAGTCTCAGAGACCCTCATTTCG	GCAGAGTCAGCTTGGGATTC	-	450	-
FH2326	(GAAA)~42	CFA1	GAATCCCCAATGTACATGGC	CAGCCATCCAGGAAATCG	0.83	251	ND
FH2328	(GAAA)~25	CFA29	ACCAGGTAGTTTTTCAGAAATGC	AGTTATGGGACTTGAGGCTG	0.66	189	58
FH2335	(GAAA)~27	CFA6	GAGTGGATGCCCGATGAC	CTGCTCTGAAACTCTCCTGTCA	0.88	420	ND
FH2339	tetra_repeat		TCCTTATGATAGTTCCCTGTCTC	CAACTAACACACCCATCACTTC	-	600	-
FH2346	(GAAA)~40	CFA27	AACACGGAGGGAAGAGGGTG	CAATCAGTGACAGTAAAGGAGGG	0.85	450	ND
FH2347	(GAAA)~82	CFA12	TTAGCTCTTCTGATCTGTCCCC	TCTCTTTCCACCCCTCC	0.89	405	ND
FH2348	(GAAA)~19	CFA13	GCATGCAAAGGTGTTAATTGG	ACACAAGGAAGCTTTGGGG	0.79	430	58
FH2356	tetra_repeat		CTTGCACTCCCGCTCACT	TCCTGAAATAGCTCCAGCGC	-	235	-
FH2360	(GAAA)~30	CFA15	CATTGATGCTGAATTTGACTTC	TTACACACACTATTTTGTGGTCA	0.86	315	58
FH2361	(GAAA)~16	CFA33	GCTTGAAGGTGAGACTGAATG	AGCACTTAGAATGTACCAGGCAC	0.75	370	ND
FH2364	(GAAA)~90	CFA29	TTTCTGTGCAAAATCAATGTTTAGG	CCCTTCAGGCTGAAACACTC	0.85	510	ND
FH2365	(GAAA)~60	CFA20	TTAATGTGCATATGACTCCCC	TTGGTGAAGTGTCTGCCCTTC	0.75	500	58
FH2370	(GAAA)~35	CFA6	CCTGAAAAATAGCTAGATGATGG	GTCTTTACCTGCCTATATAGCTGC	0.86	380	58
FH2087A	tetra_repeat		CTGCCACATTCACATGATGC	CAACTCCCTCCCTCATTTC	-	230-246	-
FH2087B	(GAAA)~50	CFA2	CTGCCACATTCACATGATGC	CAACTCCCTCCCTCATTTC	0.84	300	58
AHT131	di_repeat	S12	GAAACTGAATCAGCAAATGACC	TTCTCCCTCTGCCTGTGTCT		104-117	
CXX.876	di_repeat	S12	CATGGATTCTGCATTTAC	GGTGGAGAACATACAAGAATATAC		98-120	
REN124F19	(CA) ¹³	CFA16	ACCTTTGTAGCCCAAGTTC	GGACGTGTCTTATCTCTTG	ND	152	48.3
REN130B10	(CA) ¹⁵	CFA16	GTGTCTCTGCCTCTGTGTA	TATTCATTTGTAAGTGA	0.72	135	46
REN138D05	(CA) ¹⁵	CFA16	ACAACCCCTTCTAAAAACT	TGGAATGAAAGCCCTATCT	ND	172	48.6
REN176D05	(CT)imp(CA) ¹⁵	CFA16	CTGTGAACAATGCTGCTGGT	CCAACCCAGAAAACTCCAGA		298	60

표 2. (Continued)

Locus	Repeat	Linkage group*	Forward	Reverse	PIC**	Size(bp)	Ta***
REN210K18	(GA)17	CFA16	TCCATGTGGTGCATCTAGGA	AATGCACTAGGGAAGCCATT	0.48	217	60
REN275L19	(CA)15	CFA16	CCTGCATAATCCTGCAATGA	CTATCCTGCTGCACCTAGCC	0.48	230	60
REN292N24	(CA)16	CFA16	GCCCTCAAGCTCAATCTACG	TGCAACAGTCAAGACATGGA	0.66	140	60
REN54119	(CA)9	CFA16	CTTCCAGGGATTCTTTCA	GGGCCTACTTTATGTGTCTG	0.85	159	49.5
REN85M08	(CA)21	CFA16	TTCAGAGTCCCTTAGAGA	AGCACGAGCTTACCCACAT		189	51.2
SRY		CFY	GAACGCATCTTGGTGTGGTCTC	GGCCATTTTTCGGCTTCTGTAAG		132	60

Linkage group* : Hitte *et al.*(2001)

PIC** : Mellersch *et al.*(2000)

Ta*** : Annealing temperature

2) 소형 선발권을 포함하는 가계 구성

소형 선발권 16두를 포함하는 148마리로 이루어진 세 개의 가계를 선발하여 소형견의 분자육종을 위한 가계를 구성하여 DNA genotyping을 수행하였다(그림 3).

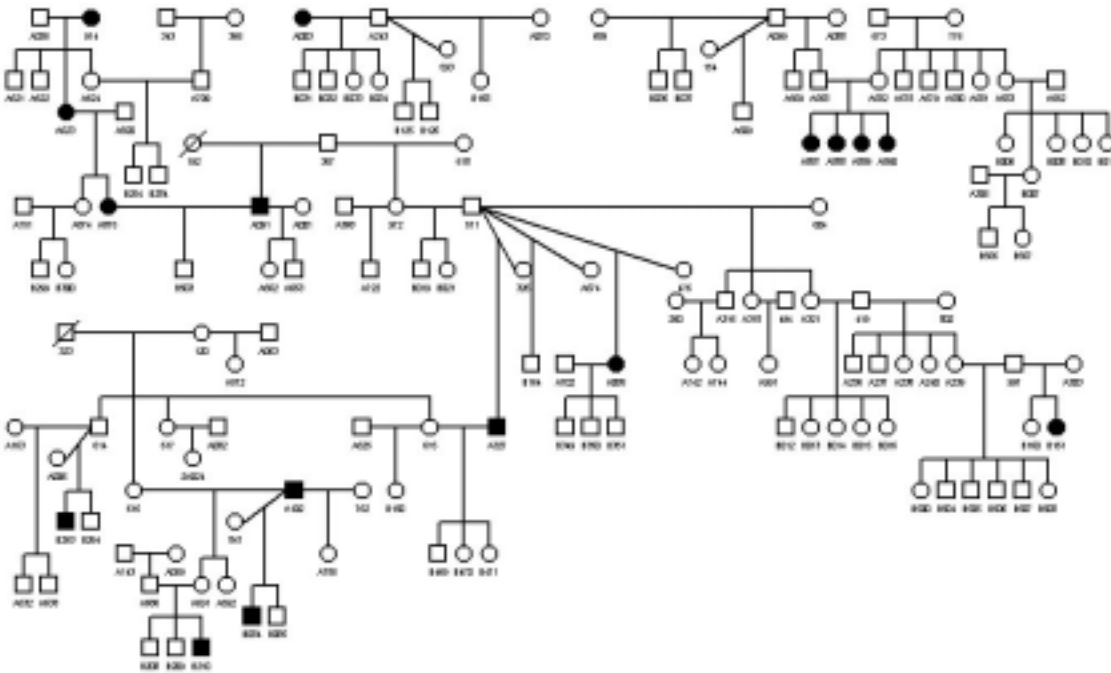


그림 3. 소형견 가계도(148두)

3) 개 분자육종에 활용될 유용한 DNA marker 선별

개에 사용되는 microsatellite marker를 확보하여 다섯 품종 225두(삼살개 집단 중 선발한

51두, 진도견 43두, 레트리버 49두, 롯트 와일러 50두, 독일 셰퍼드 32두)의 유전적 구조와 다양성 또는 microsatellite marker와의 연관관계 규명을 위해 DNA genotyping을 실시하였다.

가) Microsatellite marker의 적용

개에 적용할 수 있는 STR marker 중에서 삽살개 가계 분석에 적합한 marker를 확보하기 위해 삽살개 50두를 대상으로 typing을 하였다.

25~50ng의 삽살개 genomic DNA를 template로 하여 PCR을 수행한 후 agarose gel 전기영동을 실시하여 명확한 band를 이루는 primer를 일차적으로 선별한 후, microsatellite loci 분석을 위해 사용하였다.

50두 실험 대상 집단에 대해 각각의 STR 표지자들이 나타내는 다양한 allele에 대한 여러 DNA band의 크기를 측정된 다음, 대립 유전자의 수와 이형질성 (heterozygosity ; H)을 계산하고, 각 표지자들에 대한 이형질성 정도 (PIC)를 계산하였으며, 현재까지 116개 marker를 적용해 보았는데, 이중 50개에 대한 결과를 표 3에 나타내었다.

표 3. 50종의 microsatellite loci에 대한 alleles, 이형질성(Heterozygosity, H) 및 이형질성 정도(Polymorphism Information Content, PIC)

Markers	Alleles										H	PIC	
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10			
FH2001	Frequency	0.1375	0.3875	0.25	0.0375	0.1875	-	-	-	-	-	0.732	0.688
FH2004	Frequency	0.0385	0.3205	0.2949	0.3462	-	-	-	-	-	-	0.689	0.625
FH2016	Frequency	0.1538	0.0769	0.2051	0.2692	0.1538	0.141	-	-	-	-	0.812	0.786
FH2050	Frequency	0.4894	0.2872	0.2234	-	-	-	-	-	-	-	0.628	0.556
FH2054	Frequency	0.0532	0.234	0.4255	0.2234	0.0319	0.0319	-	-	-	-	0.709	0.663
FH2060	Frequency	0.5319	0.1489	0.3191	-	-	-	-	-	-	-	0.593	0.518
FH2088	Frequency	0.234	0.0106	0.1383	0.0106	0.1064	0.0213	0.2021	0.0106	0.266	-	0.802	0.774
FH2096	Frequency	0.0426	0.6702	0.0532	0.2234	0.0106	-	-	-	-	-	0.496	0.447
FH2100	Frequency	0.0213	0.4468	0.2766	0.2553	-	-	-	-	-	-	0.658	0.591
FH2119	Frequency	0.0319	0.234	0.1489	0.4149	0.1383	0.0319	-	-	-	-	0.730	0.690
FH2130	Frequency	0.1064	0.383	0.0213	0.0745	0.3936	0.0213	-	-	-	-	0.681	0.624
FH2131	Frequency	0.3298	0.0745	0.2447	0.1064	0.2128	0.0319	-	-	-	-	0.768	0.732
FH2132	Frequency	0.0319	0.234	0.3511	0.117	0.266	-	-	-	-	-	0.737	0.690
FH2137	Frequency	0.266	0.117	0.3723	0.1383	0.1064	-	-	-	-	-	0.746	0.707
FH2138	Frequency	0.266	0.2234	0.0106	0.0106	0.2766	0.0532	0.1596	-	-	-	0.774	0.737
FH2140	Frequency	0.3298	0.1064	0.0851	0.234	0.0319	0.0638	0.1489	-	-	-	0.791	0.762

⚡ 3. (Continued)

Markers	Alleles										H	PIC	
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10			
FH2141	Frequency	0.2553	0.2447	0.2128	0.0532	0.234	-	-	-	-	-	0.772	0.733
FH2142	Frequency	0.0638	0.2234	0.117	0.2021	0.1489	0.2447	-	-	-	-	0.809	0.782
FH2145	Frequency	0.0638	0.5	0.266	0.1702	-	-	-	-	-	-	0.646	0.589
FH2146	Frequency	0.266	0.1596	0.0638	0.0319	0.0532	0.1383	0.2234	0.0638	-	-	0.823	0.800
FH2148	Frequency	0.0326	0.0217	0.0217	0.2609	0.3043	0.3587	-	-	-	-	0.709	0.654
FH2152	Frequency	0.3404	0.2447	0.1277	0.1702	0.117	-	-	-	-	-	0.765	0.728
FH2155	Frequency	0.0745	0.3191	0.3617	0.0745	0.1702	-	-	-	-	-	0.727	0.681
FH2158	Frequency	0.0106	0.0426	0.3723	0.2128	0.0638	0.1809	0.0426	0.0745	-	-	0.770	0.740
FH2161	Frequency	0.2447	0.1489	0.2766	0.1915	0.0532	0.0851	-	-	-	-	0.795	0.764
FH2162	Frequency	0.6957	0.2935	0.0109	-	-	-	-	-	-	-	0.430	0.346
FH2164	Frequency	0.0532	0.0638	0.1596	0.2234	0.117	0.1915	0.1915	-	-	-	0.831	0.808
FH2165	Frequency	0.0217	0.0217	0.1522	0.0978	0.0652	0.1848	0.2609	0.1957	-	-	0.822	0.798
FH2174	Frequency	0.2609	0.3043	0.2609	0.0978	0.0761	-	-	-	-	-	0.756	0.714
FH2175	Frequency	0.0319	0.1489	0.1809	0.6064	0.0319	-	-	-	-	-	0.575	0.532
FH2177	Frequency	0.0957	0.3511	0.1489	0.0106	0.3085	0.0106	0.0745	-	-	-	0.744	0.704
FH2201	Frequency	0.0957	0.1489	0.3936	0.3617	-	-	-	-	-	-	0.683	0.624
FH2237	Frequency	0.0213	0.1596	0.1489	0.117	0.1702	0.383	-	-	-	-	0.763	0.730
FH2238	Frequency	0.0851	0.1489	0.3404	0.1809	0.1596	0.0851	-	-	-	-	0.789	0.761
FH2247	Frequency	0.0109	0.3478	0.1413	0.087	0.0761	0.3043	0.0326	-	-	-	0.752	0.714
FH2261	Frequency	0.4574	0.117	0.2766	0.1489	-	-	-	-	-	-	0.678	0.625
FH2263	Frequency	0.7222	0.1444	0.0667	0.0333	0.0333	-	-	-	-	-	0.451	0.422
FH2274	Frequency	0.0761	0.2826	0.1739	0.0109	0.4022	0.0543	-	-	-	-	0.719	0.674
FH2279	Frequency	0.1957	0.0109	0.1087	0.0109	0.3043	0.0217	0.1087	0.0109	0.0652	0.163	0.814	0.790
FH2281	Frequency	0.2717	0.5	0.0326	0.1957	-	-	-	-	-	-	0.637	0.574
FH2283	Frequency	0.0851	0.3085	0.1915	0.0106	0.1702	0.0638	0.1702	-	-	-	0.799	0.770
FH2293	Frequency	0.0326	0.652	0.0326	0.1739	0.0109	0.2391	0.2283	0.2174	-	-	0.807	0.779
FH2302	Frequency	0.0568	0.125	0.2159	0.4205	0.1591	0.0227	-	-	-	-	0.732	0.694
FH2309	Frequency	0.1889	0.0111	0.3111	0.2222	0.2444	0.0222	-	-	-	-	0.758	0.716
FH2313	Frequency	0.1522	0.1087	0.087	0.3261	0.1739	0.1522	-	-	-	-	0.798	0.770
FH2316	Frequency	0.2553	0.1596	0.3085	0.1809	0.0957	-	-	-	-	-	0.772	0.736
FH2318	Frequency	0.0319	0.117	0.1064	0.0532	0.1915	0.3085	0.1277	0.0638	-	-	0.819	0.797
FH2319	Frequency	0.1739	0.25	0.1522	0.4239	-	-	-	-	-	-	0.704	0.655
FH2320	Frequency	0.1413	0.0761	0.1848	0.3913	0.0109	0.1957	-	-	-	-	0.749	0.712
FH2321	Frequency	0.1196	0.0326	0.2065	0.1522	0.2174	0.163	0.1087	-	-	-	0.833	0.811

- ; means not showed alleles.

여기에서 나타난 바와 같이 평균 allele의 수는 5.8개로 나타났으며, 3개의 allele (microsatellite locus #2050, 2060, 2162)부터 10개의 allele (microsatellite loci #2279)까지 다양한 수의 allele이 분포하였다.

어떤 특정 집단에 대해서 PIC 값이 클수록 특정 유전자에 대한 지도작성을 위해 typing 해야 하는 개체수를 감소시키고, genotypes간의 구별할 수 있는 능력이 높으며, 유전자지도의 해상도를 증가시키는데, microsatellite loci의 이형질성(heterozygosity)과 이형질성 정도(PIC) 값은 5종의 marker(#2060, 2096, 2162, 2175, 2263)을 제외하면 각각 0.628~0.833과 0.574~0.811로서 비교적 높은 값을 나타내었다.

따라서 전체 116개의 초위성체 DNA marker 중에서 삼살개 집단에 적용 가능한 82개의 marker를 확보하여 유용성 검증 및 연관관계 분석에 이용하였다.

나) Marker 유용성 검증

선발된 개체들의 가계도에 대한 정확도를 DNA typing으로 검증하고, 82개의 marker에 대한 유용성을 확인하기 위해 148두가 포함된 가계도에 대한 검증을 실시하였다. 각각의 대립형질들은 부모로부터 정확하게 유전되는 양상을 확인하였으며, 친자관계를 정확히 확인할 수 있었다.

다) Primer 선별

적절한 microsatellite marker의 선별을 위하여 25~50ng의 genomic DNA를 template로 하여 약 20여 종의 tetranucleotide STR primer쌍을 가지고 중합효소연쇄반응을 수행한 후 agarose gel 전기영동을 실시하여 명확한 band를 이루는 primer를 일차적으로 선별한 후, microsatellite loci 분석을 위해 사용하였다. 최종적으로 선별된 9종의 microsatellite loci 증폭을 위한 primer 쌍의 염기서열과 실험 조건 등을 다음 표 4에 정리하였다. 소형견 가계 등 개 분자유종에 활용하기 위해 나머지 microsatellite loci에 실험을 수행하고 있다.

선별된 primer를 이용하여 PCR 증폭한 후 agarose gel 상에 전기영동을 하였다. 이 결과 뚜렷하고 단일한 band 양상을 보였으며, 매번 다른 PCR 반응이나 다른 gel을 사용한 전기영동을 통해 나타난 band들은 재현성을 보였으며, 측정에 사용한 band의 신뢰성을 확인할 수 있었다. 각각의 primer에 대한 최적 조건을 정하고 이를 바탕으로 microsatellite loci 분석을 실시하여 9종 (FH2004, FH2060, FH2097, FH2109, FH2130, FH2226, FH2320, FH2326, FH2328)의 marker를 유연관계 분석에 사용하였다.

표 4. Details of the nine dog microsatellites used in the study.

Name ^a	Linkage ^b	Repeat	Primer	Size	Ta ^c
FH2004	CFA11	(GAAA)13	F : CTAAGTGGGGAGCCTCCTCT R : ACTGTGACCTACTGAGGTTGCA	191	58
FH2060	CFA14	(GAAT)7	F : GTTTTGAGGAAGCCTTGCTG R : GAAGGAAGGGGCCAGTATTC	222	59
FH2097	CFA4	(GAAA)~16	F : CAATGTGCAATTCATGGTG R : ATGGAGCAAGATGTGTTTGTG	288	58
FH2109	CFA22	(GAAT)8	F : CAATCCAGCAACCCTCATCT R : CAGGGATTGAGTCCCACATC	176	58
FH2130	CFA26	(GAAA)11	F : GCTGTCCTGCACTTTTCCTC R : GTTAAGGAATAGTTGGGGGTCC	300	58
FH2226	CFA7	(GAAA)~21	F : GGAATACCCCATTCATTTG R : GAATCGAGTCCCATATCGGG	205	58
FH2320	CFA3	(GAAA)28	F : TTAGTTAGGGTTTTGGTTTGGG R : AGCCACTGCAATAAGGCAAG	237	58
FH2326	CFA1	(GAAA)42	F : GAATCCCAATGTACATGGC R : CAGCCATCCAGGAAATCG	251	58
FH2328	CFA29	(GAAA)~25	F : ACCAGGTAGTTTTTCAGAAATGC R : AGTTATGGGACTTGAGGCTG	189	58

a : All markers are described in Francisco *et al.*(1996).

b : The chromosome-specific marker information found in the Canine 2001 map (Hitte *et al.*).

c : Annealing Temperature

라) Microsatellite loci 다양성 분석

다음의 그림은 9종의 microsatellite loci에 대해 GeneAmp 9600(Applied Biosystems)을 이용하여 PCR 반응을 수행한 후 agarose gel 상에 전기영동한 결과를 이미지화하여 나타낸 것이다(그림 4).

이렇게 확인된 PCR 산물은 LI-COR사의 automatic sequencer(LI-COR 4200 Series)를 이용하여 5% acrylamide gel 상에서 IR(Infrared)Dye700으로 표시된 Sizing Standard (50-700bp)와 동시에 전개하여 4-6시간 정도 전기영동을 실시한다. 이렇게 얻어진 이미지는 Gene Profiler(Scanalytics, Inc) 소프트웨어 Version 4.03을 사용하여 대립형질의 크기를 결정하였다(그림 5).

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 M

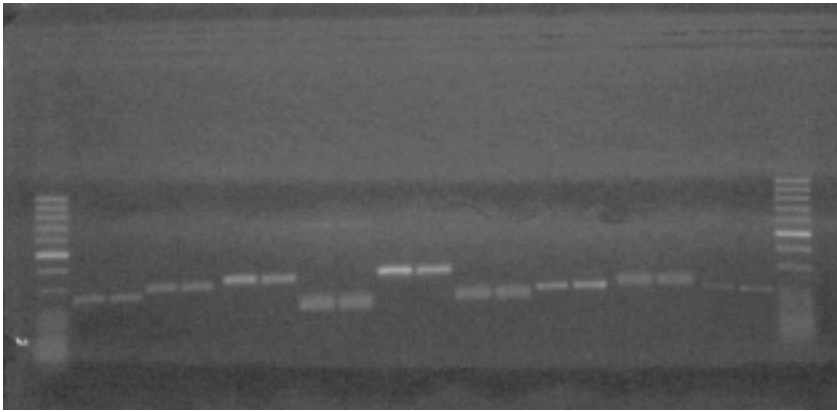
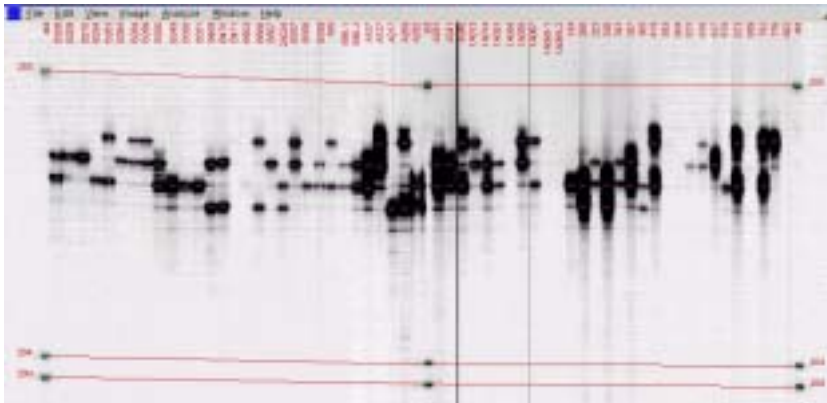


그림. 4. PCR production for microsatellite loci analysis. M : 25/100 Mixed DNA ladder(Bioneer) 1, 2 : FH2004; 3, 4 : FH2060; 5, 6 : FH2097; 7, 8: FH2109; 9, 10 : FH2130; 11, 12 : FH2226; 13, 14 : FH2320; 15, 16 : FH2326; 17, 18 : FH2328

A



B

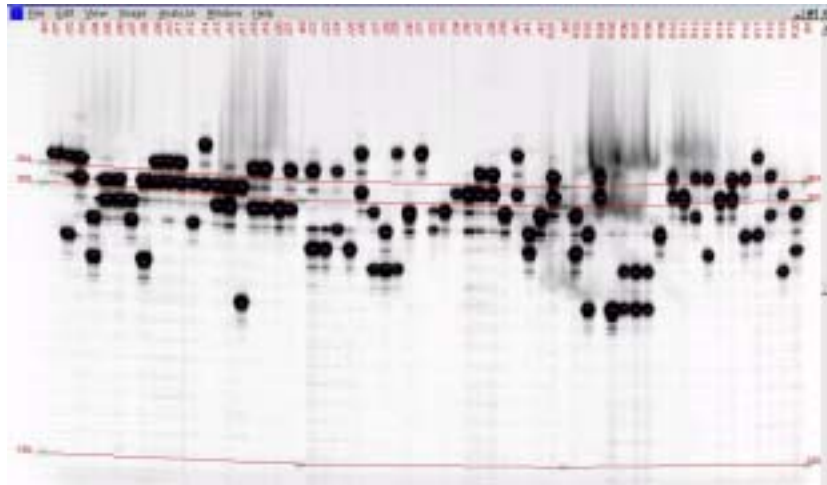


그림. 5. Microsatellite analysis with Gene Profiler Ver. 4.03(A : Sapsaree, B : Jindo dog & Rottweiler)

마) 삽살개 집단의 microsatellite marker 분석

9종의 microsatellite에 대해 조사된 allele frequency가 Hardy-Weinberg rule을 따르므로, 각각의 microsatellite marker 표지자들이 각 집단별로 얼마나 다양한 allele이 존재하는지를 알기 위해, 여러 DNA band의 크기를 측정된 다음, 대립 유전자의 수와 이형접합도 (heterozygosity : H)를 계산하고, 각 표지자들에 대한 다양성정보제공율 (PIC)을 계산하였으며, 이 결과를 표 5에 나타내었다.

여기에서 나타난 바와 같이 4개의 allele (microsatellite locus FH2109)부터 23개의 allele (microsatellite loci FH2226)까지 다양한 수의 allele이 분포하였다. 또한, 각 microsatellite loci의 평균 이형접합도(heterozygosity)와 다양성정보제공율(PIC) 값은 0.821과 0.795이상을 보였으며, 비교적 높은 값을 보여 집단별 유연관계 분석에 유용함을 보여주고 있다.

표 5. Number of alleles(N), Heterozygosity(H_O : Observed, H_E : Expected) and Polymorphism information Content(PIC) over 9 microsatellite loci in the study.

Locus	N*	H_O	H_E	PIC
FH2004	18	0.631	0.744	0.708
FH2060	12	0.640	0.782	0.749
FH2097	12	0.791	0.857	0.839
FH2109	4	0.542	0.635	0.564
FH2130	13	0.640	0.827	0.801
FH2226	23	0.781	0.876	0.863
FH2320	18	0.693	0.894	0.883
FH2326	15	0.787	0.883	0.870
FH2328	16	0.796	0.894	0.882
All	131	0.700	0.821	0.795

* Mean number of alleles per locus : 14.56

바) 품종별 비교 분석

다섯 품종 225마리(진도 43, 레트리바 49, 롯트 50, 셰퍼드 32, 삽사리 51)의 유전적 구조와 다양성 또는 microsatellite marker와의 연관관계 규명을 위해 아홉 종의 tetranucleotide microsatellite를 이용하여 acrylamide gel 상에 전기영동을 전개하였다. Automatic sequencer (LI-COR DNA analyzer 4200 series)와 이미지 분석 프로그램(Gene Profiler)을 이용하여 size

standard와 비교해서 각각의 대립형질에 대한 allele(size;genotype)을 분석하였다.

Population이란 항상 동적이기 때문에(grow, expand, diminish, contract) 이로 인해 유전적 내부구조가 dynamic하게 변하게 된다. 뿐만 아니라 같은 종이라도 오랜 기간에 걸쳐 품종이 고정화 될 있을 경우 품종 특유의 유전적 구조를 가지게 되어 서로 많은 다양성을 보이게 된다. 이를 분석하기 위한 방법으로 microsatellite를 이용하는데, microsatellite는 고등동물의 전체 genome 상에 random하게 분포되어 있는 반복서열을 지닌 염기서열을 말하는데, 이러한 microsatellite loci들은 매우 높은 빈도의 돌연변이율(10^{-4} /gen)을 나타내는 다형성을 지니고 있으므로 집단간 유전적 구조의 비교 분석에 매우 유용하게 이용된다.

품종별 유전적 구조 및 다양성 분석을 위해 구해진 genotype들이 각각의 population에서 어떠한 빈도로 얼마만큼 다양하게 나타나는지를 알기 위해 제일 먼저 allele frequency를 구하고 각각의 allele들이 각 집단별로 독립적으로 골고루 분포하고 있는지를 검증하기 위해 Chi-square test를 통한 Probability test (Hardy-Weinberg equilibrium test)를 실시하였다(표 6).

표 6. Hardy-Weinberg equilibrium test.

Locus	No. of Alleles	Chi-square value	Df ^a	P-value ^{bb}
FH2004	18	305.20	68	0.000000
FH2060	12	299.51	44	<0.00001
FH2097	12	311.45	52	0.000000
FH2109	4	81.62	12	0.000000
FH2130	13	221.92	48	<0.00001
FH2226	23	346.61	88	0.00095
FH2320	18	638.89	68	<0.00001
FH2326	15	311.75	52	0.00008
FH2328	16	534.16	60	<0.00001

* Df : Degree of Freedom

** P-value : Probability

표에서 보듯이 P-value가 0.001이하의 유의한 값들을 보이므로, 각 집단의 allele frequency가 적어도 다른 한 집단에 대해서 서로 다르다는 것을 추정할 수 있다.

품종별 대립 유전자의 수와 이형접합도(heterozygosity, H)를 계산하고 locus별로 다형성 정보제공율(Polymorphic Information Content, PIC)를 계산하여 표 7과 같이 나타내었다.

품종별로 2개에서 16개의 다양한 allele이 분포하고, 평균 allele 수는 4.56(German Shepherd)에서 10.44(진도개)까지 분포하였다. 또한 대부분의 microsatellite가 거의 모든 품종에서 높은 평균 heterozygosity(0.596~0.922)와 평균 PIC 값(0.525~0.814)을 나타내었다. Rottweiler의 경우 FH2004, FH2109 두 locus에서 전체 집단 및 다른 견종에 대한 Heterozygosity와 PIC 값이 훨씬 낮은 값(각각 0.116, 0.111; 0.368, 0.298)을 보여 매우 homogeneous하다고 볼 수 있다. German Shepherd 역시 FH2004, FH2109, FH2130, FH2328의 네 locus에 대한 H값과 PIC 값이 현저하게 낮고(각각 0.538, 0.479; 0.437, 0.337; 396, 0.361; 0.496, 0.369), 평균 allele 수 역시 가장 낮은 4.56개이므로 Rottweiler보다도 더 homogeneous한 집단이라고 볼 수 있다. 이에 반해 진도개의 경우 가장 많은 평균 allele 수 (10.44)를 나타냈으며, 높은 heterozygosity(0.814)와 PIC 값(0.779)을 지니고 있으므로 매우 heterogeneous한 집단이라고 볼 수 있다. 사살개 집단의 경우 allele 수는 6.56개로 비교적 낮게 나오나 heterozygosity와 PIC 값은 높은 값(각각 0.755, 0.706)을 보이는데, 이것은 지역적으로 완전히 고립된 채 제한된 개체들에 의한 근친교배에 의해서 동형접합체가 많아졌으나 계획적인 교배를 통해서 집단의 분화가 효과적으로 잘 일어났음을 말해 준다.

표 7. Number of alleles(N), Heterozygosity(H) and Polymorphic Information Content (PIC) over 9 microsatellite loci in 5 dog populations.

Locus	All populations(225)			Jindo Dog(43)			Retriever(49)		
	N*	H _E **	PIC***	N*	H _E **	PIC***	N*	H _E **	PIC***
FH2004	18	0.744	0.708	14	0.818	0.786	13	0.744	0.696
FH2060	12	0.782	0.749	9	0.727	0.670	8	0.707	0.652
FH2097	12	0.857	0.839	9	0.871	0.845	8	0.786	0.747
FH2109	4	0.635	0.564	4	0.692	0.631	4	0.600	0.512
FH2130	13	0.827	0.801	11	0.834	0.803	8	0.806	0.767
FH2226	23	0.876	0.863	16	0.821	0.792	16	0.898	0.880
FH2320	18	0.894	0.883	10	0.873	0.847	9	0.639	0.598
FH2326	15	0.883	0.870	13	0.867	0.844	11	0.834	0.804
FH2328	16	0.894	0.882	8	0.827	0.793	8	0.841	0.810
Mean	14.56	0.821	0.795	10.44	0.814	0.779	9.44	0.762	0.718

표 7. (Continued)

Locus	Rottweiler(50)			German Shepherd(32)			Sapsaree(51)		
	N*	H _E **	PIC***	N*	H _E **	PIC***	N*	H _E **	PIC***
FH2004	3	0.116	0.111	4	0.538	0.479	4	0.718	0.658
FH2060	5	0.774	0.727	5	0.697	0.628	3	0.643	0.564
FH2097	7	0.762	0.716	4	0.632	0.557	9	0.816	0.782
FH2109	2	0.368	0.298	2	0.437	0.337	4	0.736	0.678
FH2130	7	0.733	0.687	4	0.396	0.361	10	0.706	0.651
FH2226	10	0.768	0.734	9	0.798	0.759	9	0.779	0.739
FH2320	11	0.806	0.772	6	0.667	0.597	6	0.761	0.716
FH2326	8	0.821	0.787	5	0.702	0.638	9	0.810	0.774
FH2328	14	0.842	0.815	2	0.496	0.369	6	0.823	0.788
Mean	7.44	0.665	0.628	4.56	0.596	0.525	6.56	0.755	0.706

N* : Number of alleles

H_E** : Expected Heterozygosity

PIC*** : Polymorphic Information Content

밀접하게 연관된 종 비교를 위해서 한 종내에서만 발견되는 allele의 존재 여부가 종간 유전적 구별의 척도가 될 수 있다. 이를 위해서 각 집단의 allele frequency를 표 8에 정리하였고, 이를 바탕으로 종별로 microsatellite loci의 다양성을 쉽게 분석하기 위해 각 locus에 대한 allele frequency의 분포를 histogram으로 나타내었다(그림 6.)

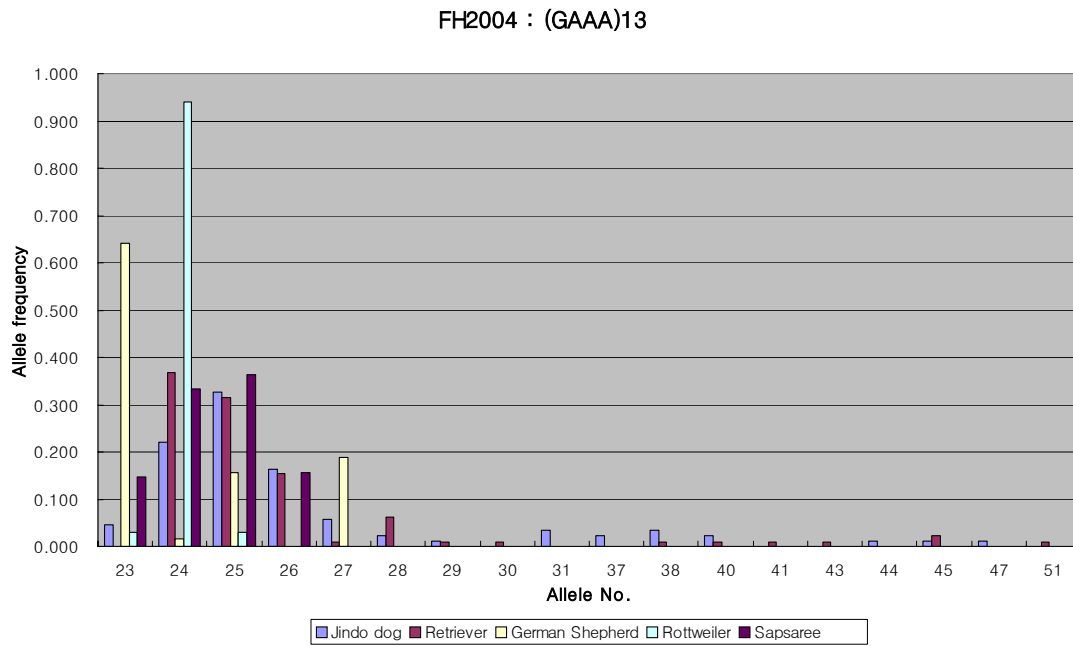
표 8. Allelic frequencies for each microsatellite locus.

Locus	Allele Number (Number of tetranucleotide repeat)																	
	23	24	25	26	27	28	29	30	31	37	38	40	41	43	44	45	47	51
FH2004:(GAAA)13																		
Jindo Dog	0.047	0.221	0.326	0.163	0.058	0.023	0.012	0.000	0.035	0.023	0.035	0.023	0.000	0.000	0.012	0.012	0.012	0.000
Retriever	0.000	0.367	0.316	0.153	0.010	0.061	0.010	0.010	0.000	0.000	0.010	0.010	0.010	0.010	0.000	0.020	0.000	0.010
German Shepherd	0.641	0.016	0.156	0.000	0.188	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Rottweiler	0.030	0.940	0.030	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Sapsaree	0.147	0.333	0.363	0.157	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
FH2060:(GAAT)7																		
Jindo Dog	0.000	0.000	0.000	0.012	0.326	0.372	0.035	0.186	0.023	0.012	0.023	0.012						
Retriever	0.000	0.010	0.082	0.020	0.327	0.418	0.102	0.031	0.010	0.000	0.000	0.000						
German Shepherd	0.000	0.031	0.031	0.422	0.281	0.234	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000						
Rottweiler	0.150	0.000	0.210	0.290	0.070	0.280	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000						
Sapsaree	0.000	0.000	0.000	0.000	0.471	0.235	0.000	0.294	0.000	0.000	0.000	0.000						
FH2097:(GAAA)~16																		
Jindo Dog	0.047	0.116	0.198	0.151	0.070	0.105	0.070	0.198	0.047	0.000	0.000	0.000						
Retriever	0.020	0.184	0.347	0.224	0.102	0.061	0.000	0.051	0.010	0.000	0.000	0.000						
German Shepherd	0.000	0.000	0.266	0.000	0.203	0.516	0.016	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000						
Rottweiler	0.000	0.000	0.060	0.150	0.270	0.360	0.130	0.000	0.000	0.000	0.010	0.020						
Sapsaree	0.294	0.000	0.010	0.118	0.206	0.176	0.029	0.020	0.127	0.020	0.000	0.000						

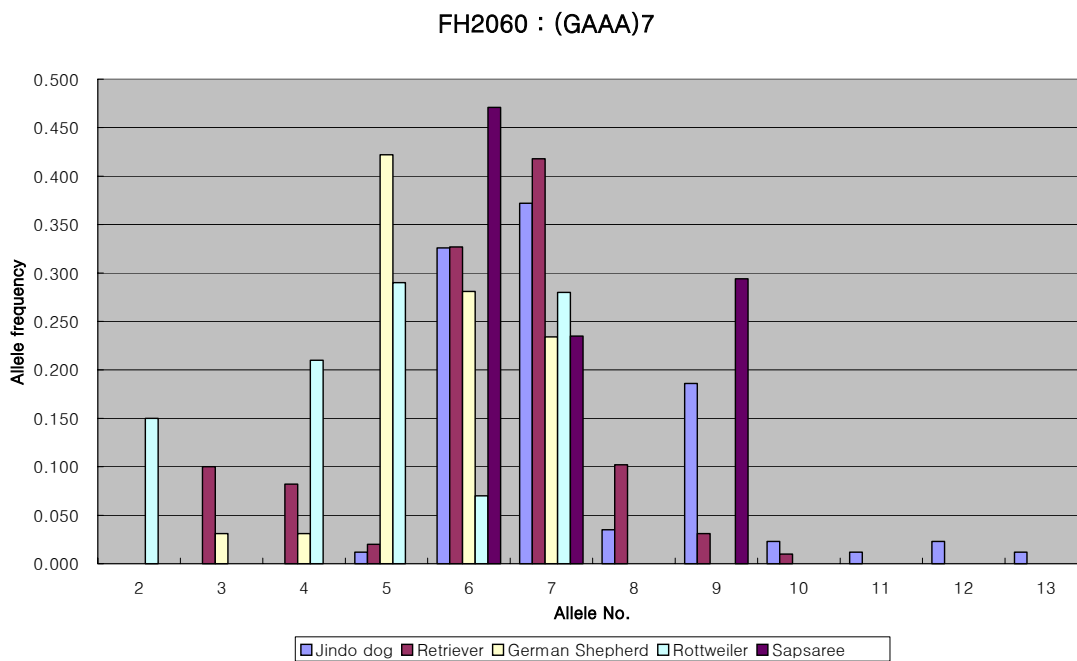
⌘ 8. (Continued)

Locus	Allele Number (Number of tetranucleotide repeat)																	
FH2109:(GAAT)8	6	7	8	9														
Jindo Dog	0.140	0.128	0.291	0.442														
Retriever	0.031	0.082	0.490	0.398														
German Shepherd	0.000	0.000	0.688	0.312														
Rottweiler	0.000	0.000	0.240	0.760														
Sapsaree	0.127	0.265	0.294	0.314														
FH2190:(GAAA)11	9	10	11	12	13	14	15	16	17	22	24	25	35					
Jindo Dog	0.000	0.198	0.047	0.070	0.279	0.198	0.093	0.035	0.012	0.012	0.047	0.012	0.000					
Retriever	0.000	0.214	0.031	0.235	0.214	0.224	0.061	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010					
German Shepherd	0.000	0.000	0.109	0.016	0.109	0.000	0.766	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000					
Rottweiler	0.000	0.180	0.140	0.190	0.430	0.000	0.040	0.010	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000					
Sapsaree	0.010	0.412	0.020	0.098	0.010	0.029	0.343	0.000	0.000	0.039	0.029	0.010	0.000					
FH2226:(GAAA)~21	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	28	29	30	31	32	33	34	35
Jindo Dog	0.023	0.000	0.221	0.349	0.058	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.047	0.012	0.047	0.035	0.035	0.012	0.047
Retriever	0.031	0.000	0.245	0.112	0.071	0.031	0.082	0.061	0.031	0.000	0.000	0.010	0.000	0.031	0.051	0.102	0.061	0.041
German Shepherd	0.000	0.000	0.062	0.078	0.109	0.000	0.047	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.234	0.359	0.078	0.016
Rottweiler	0.000	0.102	0.071	0.418	0.000	0.000	0.031	0.000	0.010	0.010	0.000	0.194	0.041	0.000	0.031	0.092	0.000	0.000
Sapsaree	0.000	0.010	0.186	0.235	0.000	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.098	0.039	0.049	0.353
	36	37	38	39	40													
	0.070	0.000	0.012	0.012	0.012													
	0.031	0.000	0.000	0.010	0.000													
	0.000	0.016	0.000	0.000	0.000													
	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000													
	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000													
FH2320:(GAAA)28	13	15	16	17	18	19	20	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32
Jindo Dog	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.035	0.012	0.058	0.140	0.186	0.128	0.163	0.140	0.128	0.012
Retriever	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.041	0.204	0.561	0.082	0.020	0.020	0.031	0.010	0.000	0.031
German Shepherd	0.469	0.312	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.016	0.000	0.000	0.016	0.000	0.156	0.031	0.000	0.000	0.000	0.000
Rottweiler	0.000	0.320	0.020	0.230	0.020	0.020	0.020	0.000	0.000	0.000	0.070	0.030	0.180	0.080	0.010	0.000	0.000	0.000
Sapsaree	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.157	0.078	0.363	0.255	0.000	0.000	0.010	0.137	0.000
FH2326:(GAAA)42	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55			
Jindo Dog	0.012	0.000	0.058	0.081	0.116	0.291	0.081	0.035	0.093	0.116	0.000	0.035	0.012	0.058	0.012			
Retriever	0.010	0.010	0.010	0.214	0.143	0.071	0.276	0.143	0.071	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.031			
German Shepherd	0.000	0.000	0.000	0.031	0.125	0.406	0.344	0.094	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000			
Rottweiler	0.000	0.000	0.000	0.080	0.030	0.000	0.030	0.210	0.180	0.150	0.280	0.040	0.000	0.000	0.000			
Sapsaree	0.000	0.000	0.000	0.216	0.284	0.235	0.029	0.078	0.000	0.000	0.020	0.000	0.059	0.069	0.010			
FH2328:(GAAA)~25	22	23	24	25	26	27	28	29	30	33	34	35	36	37	38	41		
Jindo Dog	0.012	0.000	0.058	0.093	0.093	0.256	0.256	0.163	0.070	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000		
Retriever	0.061	0.000	0.112	0.051	0.173	0.153	0.255	0.173	0.020	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000		
German Shepherd	0.578	0.000	0.422	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000		
Rottweiler	0.030	0.030	0.060	0.000	0.120	0.040	0.020	0.020	0.000	0.010	0.040	0.240	0.280	0.080	0.020	0.010		
Sapsaree	0.206	0.176	0.147	0.000	0.255	0.137	0.000	0.078	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000		

그림. 6. Histograms showing the distribution of allele frequency among 5 dog populations for each microsatellite loci. A : FH2004, B : FH2060, C : FH2097, D : FH2109, E : FH2130, F : FH2226, G : FH2320, H : FH2326, I : FH2328.

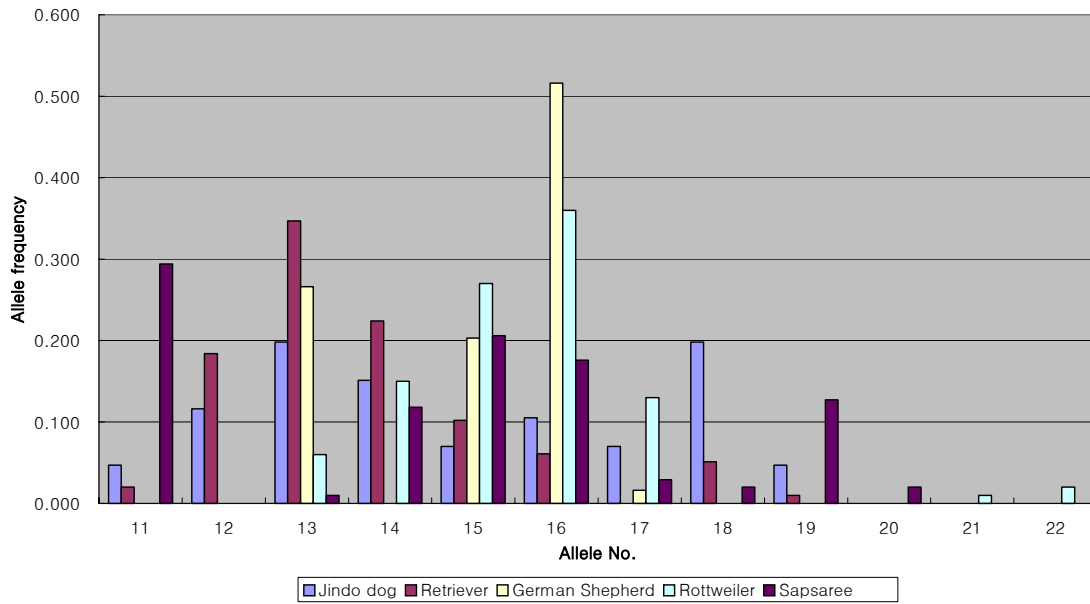


A



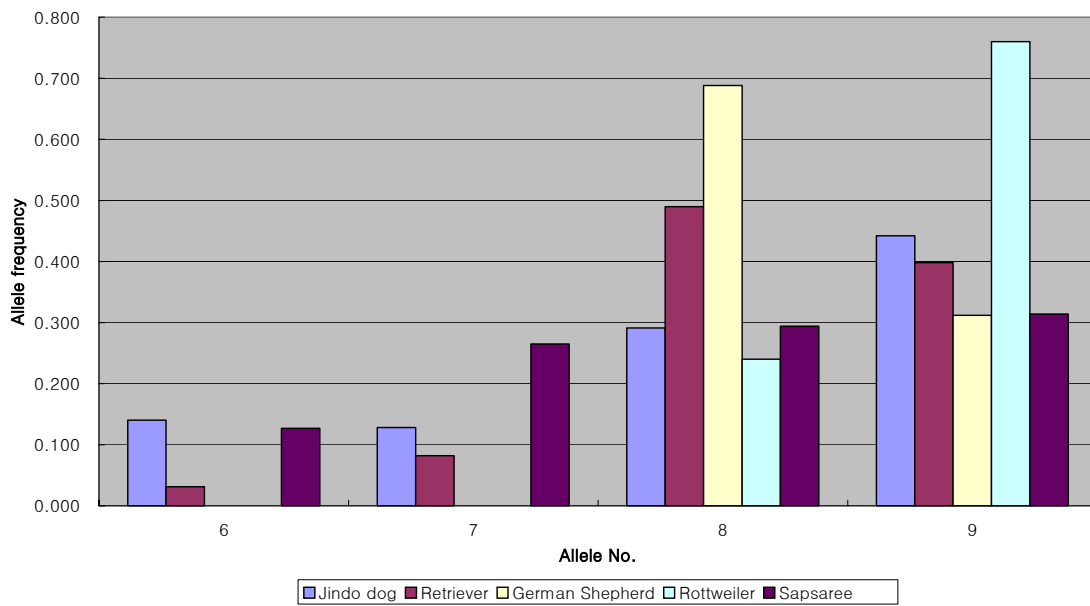
B

FH2097 : (GAAA)~16



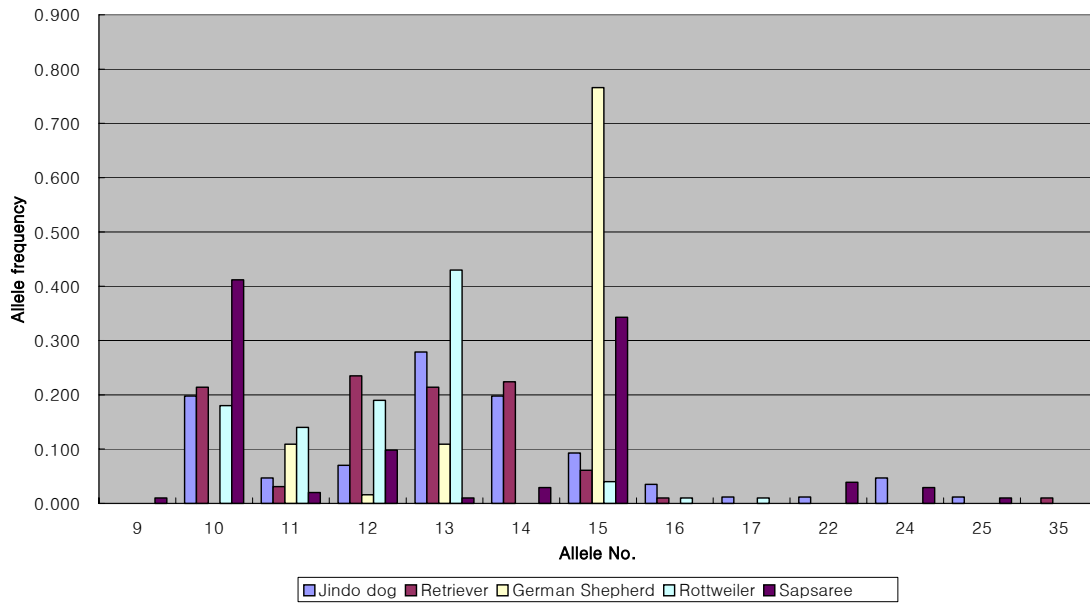
C

FH2109 : (GAAT)8



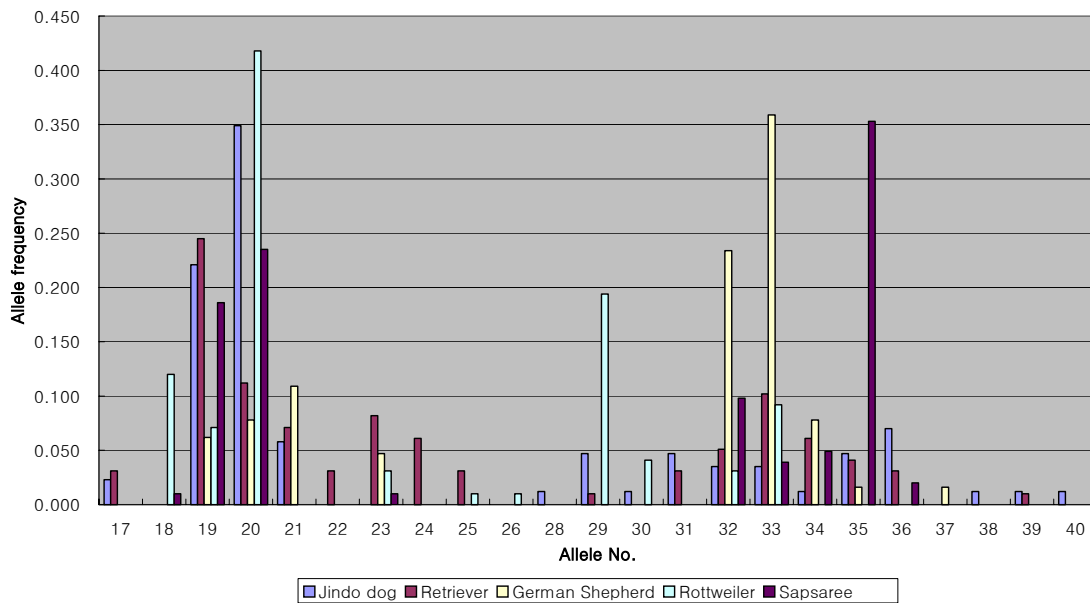
D

FH2130 : (GAAA)11



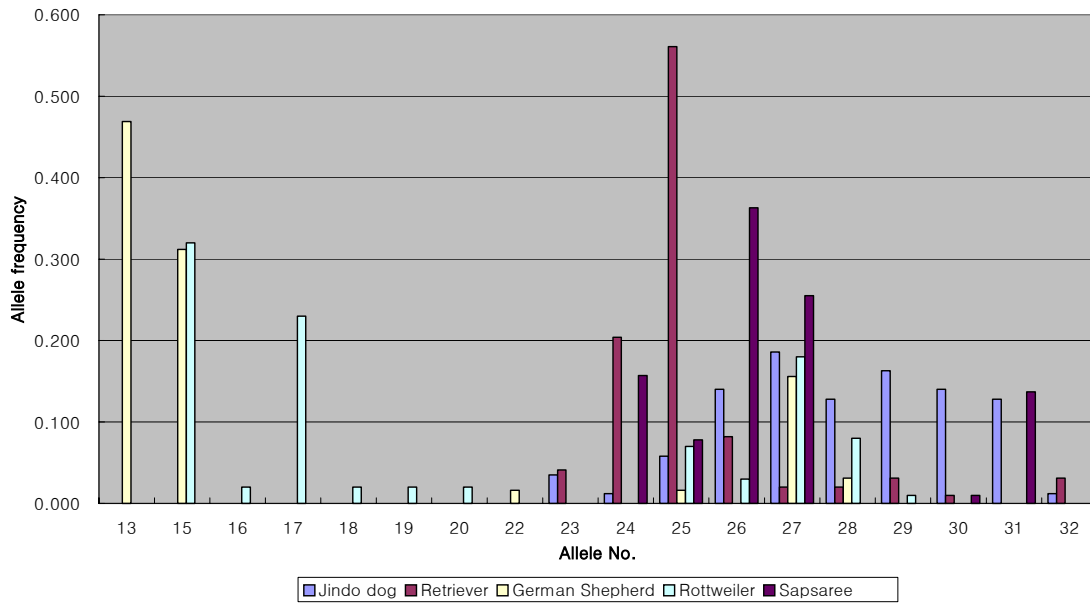
E

FH2226 : (GAAA)~21



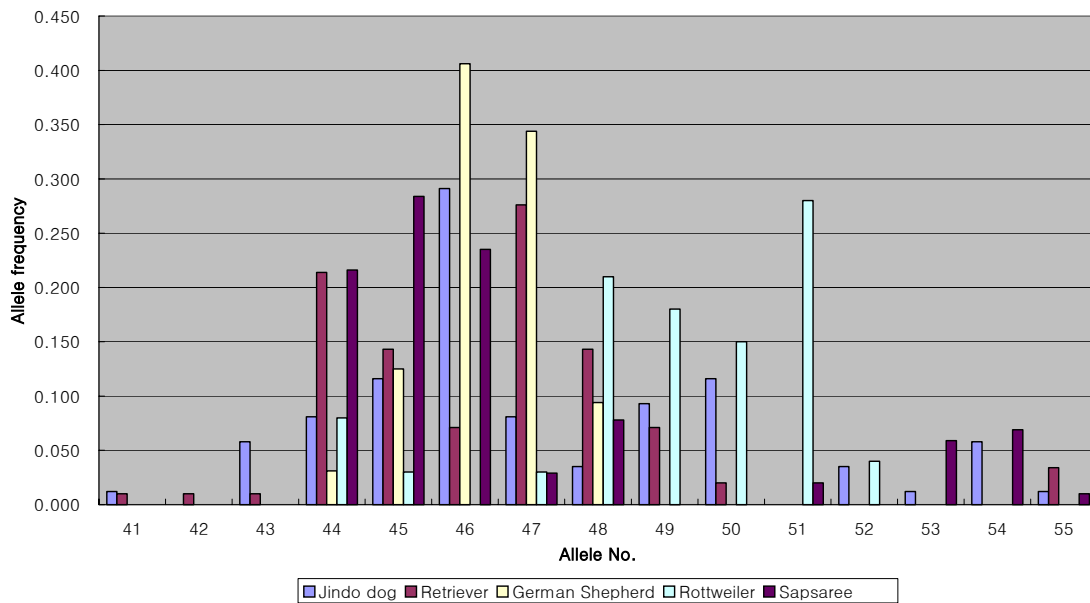
F

FH2320 : (GAAA)28



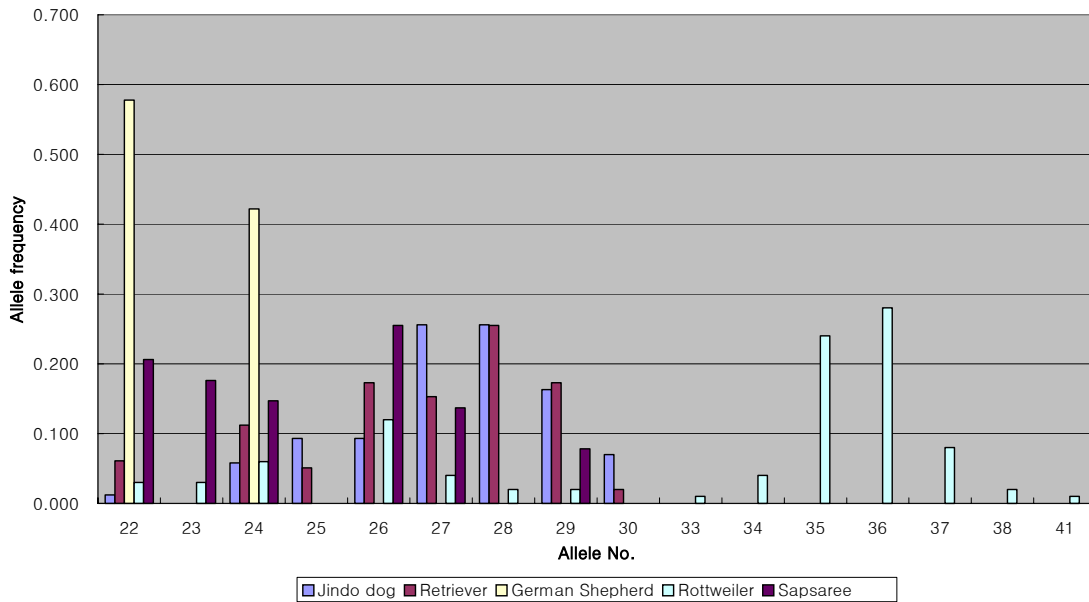
G

FH2326 : (GAAA)42



H

FH2328 : (GAAA)~25



|

FH2004의 경우 비록 낮은 빈도이기는 하나 품종에 따라 유일한 allele을 보이고 있으며, German Shepherd의 경우 다른 품종과는 달리 특이적으로 높은 빈도를 나타내거나 품종 특이적인 allele을 가지는 경우가 많은데, FH2004(allele no. = 24), FH2130(allele no. = 15), FH2320(allele no. = 13, 15, 17)과 FH2328(allele no. = 34, 35, 36, 37)에서 그러한 allele을 가지는 것을 볼 수 있었다. 사살개의 경우 FH2226에서 35번 allele이 특이적으로 높은 빈도로 나타났으며, Retriever의 경우 FH2320에서 25번 allele이 특이적으로 높게 나타났다. 지리적인 여건에 따른 sampling이나 sample size에 따라 allele의 존재는 많은 영향을 받기 때문에 이것만으로 품종 구분을 확연히 말할 수는 없으나 상대적인 비교는 가능하며, 품종적 특성을 나타내는 유전자와의 연관여부도 예측해 볼 수 있다.

각 population의 subdivision을 측정하기 위해 F -statistics(F_{IS} , F_{ST} , F_{IT})을 적용하여 집단 내 혹은 집단간의 유전적 분화(genetic differentiation, gene diversity)의 정도를 알아보았는데, F_{IS} 는 inbreeding coefficient로서 non random mating에 의한 heterozygosity의 감소 정도를 나타내는 척도가 된다. Positive 값은 inbreeding(heterozygosity deficiency)이, negative 값은 outbreeding (heterozygosity excess)을 나타낸다. F_{ST} 는 fixation index로서

genetic drift에 의한 subpopulation의 heterozygosity 감소가 일어나 그 집단의 subdivision에 영향을 미치는 정도를 알아보는 것인데, 이 값은 항상 positive 값을 가지고, 거의 모든 척추동물의 nuclear gene들은 <0.2의 값을 나타낸다. F_{IT} 는 전체 집단에 대한 개체들의 모든 inbreeding coefficient를 나타낸다. GenePop Ver. 3.3을 이용하여 각 품종의 F_{IS} 값들과 각 locus에 대한 F -statistics의 값들을 구하여 표 9에 정리하였다. 표에 의하면 Retriever, Jindo, Sapsaree, Rottweiler, German Shepherd의 순으로 inbreeding coefficient 값이 낮아지는 것을 알 수 있는데, 높은 값일 수록 이형접합도가 낮은 집단을 뜻한다. German Shepherd의 경우 이형접합도가 증가하는, outbreeding이 많이 된 집단인 것으로 나타나서 allele 빈도와 allele 수에 따른 비교와는 다른 결과를 보이는데, 이것은 품종 고정화에 따른 형질 고정의 효과인 것으로 추측된다. F_{ST} 의 값을 보면 0.1466임을 알 수 있는데, 이것은 사용된 marker에 대한 allele frequency의 차이에 따른 품종간 분화비가 14.7%임을 시사하는 것이다.

표 9. Coefficient of genetic differentiation.

Locus	No. of Alleles	F_{IS}					<i>All population</i>		
		Jindo	Retriever	German Shepherd	Rottweiler	Sapsaree	F_{IS}	F_{ST}	F_{IT}
FH2004	18	-0.0237	-0.0426	-0.3427	-0.0370	-0.0656	-0.0828	0.2574	0.1960
FH2060	12	0.1050	-0.0105	0.1501	-0.0082	0.3007	0.0991	0.1121	0.2001
FH2097	12	0.0928	-0.0124	0.1615	-0.1307	-0.0820	-0.0120	0.1080	0.0972
FH2109	4	0.0603	0.2198	-0.0023	0.0233	-0.0394	0.0558	0.1175	0.1668
FH2130	13	0.1090	0.2168	-0.1071	0.0724	0.0844	0.1051	0.1638	0.2517
FH2226	23	0.0940	0.1145	-0.0588	0.0700	-0.0579	0.0396	0.0884	0.1245
FH2320	18	0.1217	0.1386	0.0642	0.0331	0.0474	0.0795	0.1904	0.2548
FH2326	15	-0.0738	0.0708	-0.1143	0.0996	0.1048	0.0330	0.0975	0.1273
FH2328	16	0.1007	0.0046	-0.4611	-0.0701	0.0955	-0.0133	0.1479	0.1366
All	131	0.0646	0.0748	-0.0617	0.0092	0.0390	0.0350	0.1466	0.1765

Allele들의 상대적인 값에 의한 F-statistics와 달리 각각의 locus에 대한 allele sizes를 이용하여 genetic differentiation 정도를 알아볼 수도 있는데, 이를 Rho-statistics라고 한다. Automatic sequencer를 이용할 경우 정확한 allele sizes를 알 수 있으므로 같은 방법으로 아래와 같이 집단간의 유전적 분화 정도를 알아보았다. 표 10에서 RhoST 값이 0.3713인데, 이것은 약 31.8%의 유전적 다양성은 품종에 기인한 것이며 68.2%는 개체간의 차이에 기인한 것이라고 설명할 수 있다.

표 10. Rho-statistics for all populations for each locus.

Locus	No. of Alleles	<i>Rho_{IS}</i>					<i>All population</i>		
		Jindo	Retriever	German Shepherd	Rottweiler	Sapsaree	<i>Rho_{IS}</i>	<i>Rho_{ST}</i>	<i>Rho_{IT}</i>
FH2004	18	-0.0745	0.3521	-0.4565	0.0101	-0.4104	0.1144	0.1415	0.2397
FH2060	12	0.6271	-0.0089	0.2209	-0.2016	0.1573	0.1350	0.3477	0.4358
FH2097	12	-0.0342	-0.0234	0.1677	0.1561	-0.1142	-0.0310	0.0996	0.0717
FH2109	4	-0.0100	0.0031	-0.0023	0.0233	0.0256	0.0084	0.1735	0.1804
FH2130	13	0.6702	0.0779	-0.0493	0.3132	0.6077	0.4692	0.0588	0.5004
FH2226	23	-0.0015	0.1886	0.0837	-0.1795	0.1111	0.0572	0.1031	0.1544
FH2320	18	0.0223	-0.0607	0.9479	0.8969	0.0162	0.7458	0.6035	0.8992
FH2326	15	-0.0918	0.2481	-0.0128	0.1312	-0.0661	0.0209	0.1660	0.1835
FH2328	16	0.1700	0.4426	-0.4611	0.9157	0.1483	0.6970	0.6025	0.8796
All	131	0.0585	0.2208	0.4180	0.4797	0.1383	0.2439	0.3713	0.5247

각각의 품종별로 유전적 연관관계를 알아보기 위해 Genetix 소프트웨어를 이용하여 Nei's DA distance를 구하고, 평균 F_{ST} 값을 배치시킨 2차원 matrix를 작성하여 표 11에 나타내었다. 유전자 분화를 나타내는 척도인 평균 F_{ST} 를 살펴보면 Jindo-Retriever 간의 4.6%에서 German Shepherd-Rottweiler간의 26% 사이에 다양한 값들을 나타내었다. Genetic distance 값인 Nm 의 경우 Jindo dog-Retriever 간의 5.18을 나타내는데 이것은 두 품종간의 높은 gene flow를 나타내는 것이다. 한국의 토종견인 Jindo dog와 Sapsaree 역시 3.88로서 다른 품종 간에 비해서 매우 높은 값을 나타낸다는 것을 알 수 있었다.

표 11. Matrix of mean F_{ST} estimates, Nei's DA distance and migrants per generation(Nm ; Wright, 1969) values between each pair of 5 populations.

<i>F_{ST}</i> (<i>Nm</i> [*]) \ Nei's DA distance	Jindo Dog	Retriever	German Shepherd	Rottweiler	Sapsaree
Jindo Dog	1.0000	0.1376	0.4368	0.3747	0.2067
Retriever	0.0460(5.18)	1.0000	0.4093	0.3527	0.2448
German Shepherd	0.1878(1.08)	0.2030(0.98)	1.0000	0.4202	0.3940
Rottweiler	0.1297(1.68)	0.1466(1.46)	0.2603(0.71)	1.0000	0.4168
Sapsaree	0.0605(3.88)	0.0938(2.42)	0.1853(1.10)	0.1720(1.20)	1.0000

* : Genetic distance values(Nm) are given as follows, $Nm=(1-F_{ST})/4*F_{ST}$

Nei's DA distance를 바탕으로 만들어진 표8의 값들을 이용하여 연관관계 tree를 그려본 결과 다음 그림과 같았다(그림 7). 진도개와 Retriever가 하나의 그룹을 이루었고 그 다음 사살개가 위치하였다. 그러나 제한된 수의 microsatellite loci와 품종별 분석에 의해서 그려진 연관관계에 대한 tree만으로는 품종의 지역별 분포와 품종적 특성을 구분하기에는 다소 어려움이 있다. 따라서 9종류의 microsatellite loci들에 대한 각 집단별 분포를 좀 더 자세히 알아보기 위해 Genetix Ver. 4.03을 이용한 factor correspondence 분석을 실시하였다(그림 8).

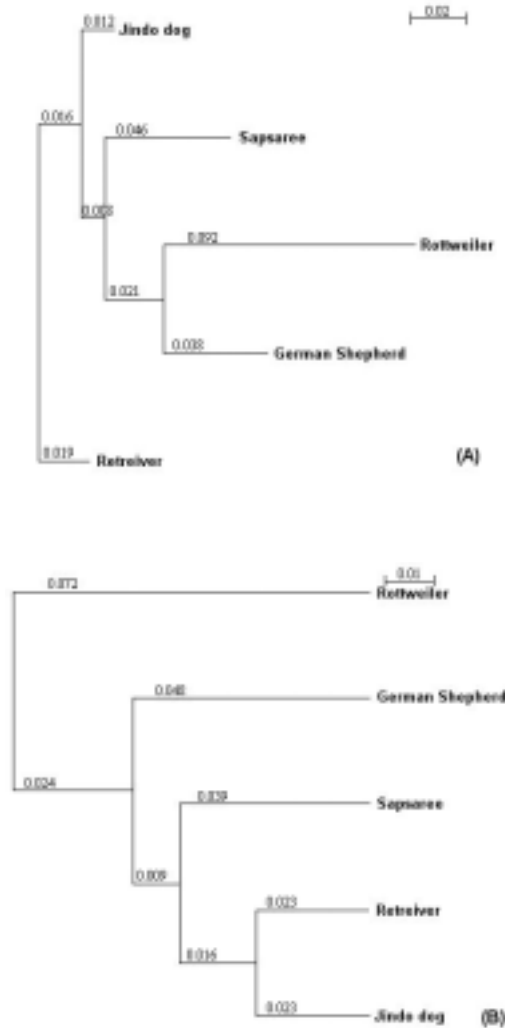


그림. 7. Dendrogram showing the genetic relationships among 5 dog populations based on DA distance. (A) Neighbor-Joining dendrogram, (B) UPGMA dendrogram.

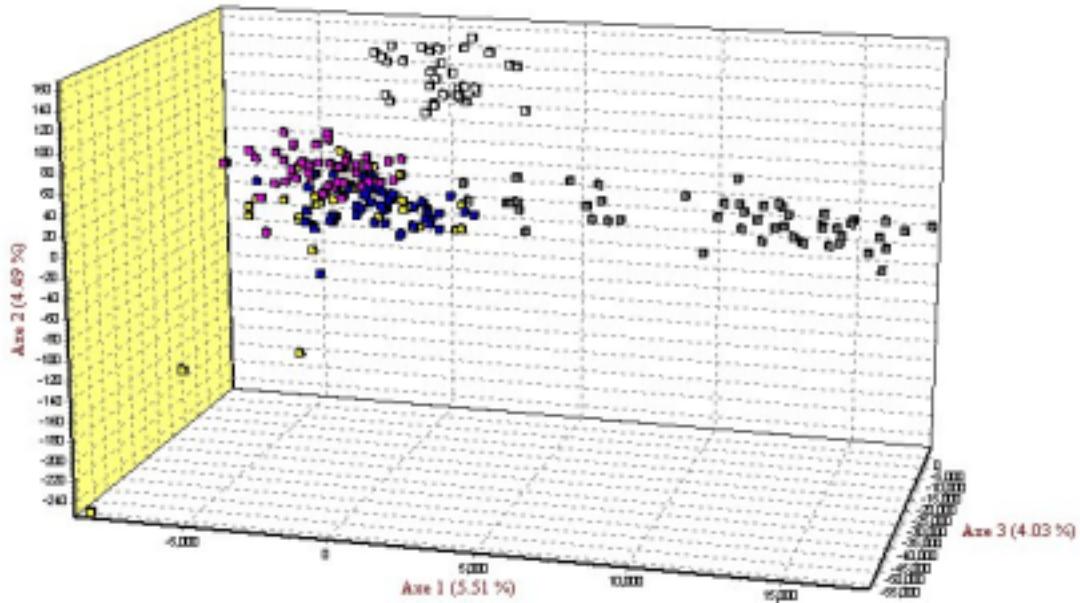


그림. 8. Analysis of factor correspondence with 9 microsatellite loci among 5 dog populations(Genetix Ver. 4.03). Color boxes are represented as follows, ■ : Sapsaree, ■ : Jindo dog, ■ : German Shepherd, ■ : Retriever, ■ : Rottweiler.

German Shepard에 대한 allele의 분포는 다른 품종과는 전혀 다른 위치에서 한 곳에 집중하여 대부분 분포하는 것을 알 수 있다. 사살개, 진도개, Retriever의 경우 서로 중첩되어 나타나지만 진도개는 보다 넓은 범위에 걸쳐서 분포하는 allele들이 보이고 있으며 그림 7의 결과와도 일치하는 것을 알 수 있다. Rottweiler의 경우 광범위한 범위에 걸쳐서 골고루 allele이 분포하는 것으로 나타났다.

나. 표현형질과 marker와의 연관여부 검색

1) 유전자 연관 분석을 위한 사살개 가계 조사

사살개 집단에서 표현되는 특징적인 표현형질에 대해 연관분석에 유용한 개체를 선별하고 관련 가계를 확립, 확장시키기 위해 1차 년도의 개체 조사 자료를 분석하였다. 이후 연관 분석을 위한 가계도를 구성하였다. 사살개의 외형적 특징들은 체격, 모색, 안색, 비색, 설반, 모질, 모장, 털엉김, 안모, 교합, 결치, 랑조, 꼬리모양, 귀모양으로 나누어 조사하였으며, 이중 소형견과 관련된 체격 관련 가계도를 구성하여 연관관계를 분석하였다.

2) 체격 관련 가계의 구성

인간 유전학에서 체형에 관련된 QTL mapping이 수행되어 왔으며 관련 유전자가 additive한 특성을 가지는 것으로 알려져 있다. 1차 년도에 실시한 393두의 삼살개 체형 조사에 대한 분석 결과를 토대로 하여 양적형질에 관여하는 유전자 연관 분석을 시도하였다. 체형의 변이계수가 일반치에 비해 편차가 있는데 정규 분포 곡선으로 보면 더욱 확연하다. 일반적으로 크기에 대한 엄격한 선발 도태가 이루어진 독일 셰퍼드나 콜리의 경우 품종 기준에 있어서 체고 허용 범위가 5cm 내외인 반면 현 삼살개 집단 분포범위는 15cm에 이르는 것으로 파악되었다. 이것은 지금까지 크기에 따른 선발도태가 이루어지지 않았기 때문이라 판단된다. 따라서 우선 현 삼살개 집단에서의 양적형질에 관여하는 유전자 연관 분석의 시도를 위해 비교적 높은 유전력을 가진 것으로 파악된 체고, 체장, 체중을 바탕으로 하여 개체선발을 실시한 후 외적 표현형질과의 연관 분석을 실시하였다.

3) 연관관계 분석에 사용될 marker 선별

개에 적용할 수 있는 microsatellite marker 중에서 연관관계 분석을 위해서 Canine chromosome 16번의 genome-wide screening을 위한 microsatellite marker를 선별하여 적용하였다. Microsatellite marker에 대한 정보는 표 12에 요약하였다.

4) 삼살개 집단에서의 Canine chromosome 16번 microsatellite loci의 양상

개 염색체 16번의 13개 표지자를 이용한 genotyping을 통해 각 표지자에서 출현하는 allele을 size별로 Numbering하여 연관 분석 프로그램에 이용하기 위한 pre file 형태로 정리하였다. 정리된 Allele의 세대에 따른 segregation 분석을 통해 삼살개 집단에 존재하는 염색체 16번의 haplogroup을 비교 분석하였는데, 이것은 크게 8그룹으로 나눌 수 있었다. Haplotype별로 conserve한 haplotypeblock을 표 13에 표시하였는데 이를 통해 Canine chromosome 16번에서의 현존하는 삼살개 집단 고유의 haplotype block이 파악되었다(표 11). 이를 통해 앞으로 삼살개 집단을 이용한 연관 분석 연구를 위해 가장 기본이 되는 친자감별과 개체확인을 위해 유용한 자료가 만들어졌을 뿐만 아니라 추후 다른 품종과의 교배를 통해 양적 형질에 관여하는 유전자 mapping을 위한 연관 분석에 있어서 교차에 의한 재조합 여부를 판단할 수 있는 좋은 기초 자료가 될 것이다.

㉟ 12. Summary of PCR primers used to construct canine genetic linkage analysis.

Locus	Repeat	Linkage group*	Forward	Reverse	PIC**	Size (bp)	Ta***
FH2155	(GAAA)~47	CFA16	TGTAGATGATGGAGACATTGGG	AGGCAAATATGCCAAGGATG	0.70	457	58
FH2175	(GAAA)~18	CFA16	TTCATTGATTCTCCATTGGC	AGGACTCTAAAAACTTGCCTCC	0.78	251	58
AHT131	di_repeat	S12	GAAACTGAATCAGCAAATGACC	TTCTCCCTCTGCCTGTGTCT		104-117	
CXX.876	di_repeat	S12	CATGGATTCTGCATTTAC	GGTGGAGAACATACAAGAATATAC		98-120	
REN124F19 (CA)13		CFA16	ACTTTGTAGCCCAGTTC	GGACGTGTCTTATCTCTTG	ND	152	48.3
REN130B10 (CA)15		CFA16	GTGCTCTGCCTCTGTGTA	TATTCATTTTCGTAAGTGA	0.72	135	46
REN138D05 (CA)15		CFA16	ACAACCCCTTCTAAAAACT	TGGAATGAAAGCCCTATCT	ND	172	48.6
REN176D05 (CT)imp(CA)15		CFA16	CTGTGAACAATGCTGCTGGT	CCAACCCAGAAAACTCCAGA		298	60
REN210K18 (GA)17		CFA16	TCCATGTGGTGCATCTAGGA	AATGCACTAGGAAGCCATTT	0.48	217	60
REN275L19 (CA)15		CFA16	CCTGCATAATCCTGCAATGA	CTATCCTGCTGCACCTAGCC	0.48	230	60
REN292N24 (CA)16		CFA16	GCCCTCAAGCTCAATCTACG	TGCAACAGTCAAGACATGGA	0.66	140	60
REN54119 (CA)9		CFA16	CTCCAGGGATTCTTTCA	GGGCCTACTTTATGTGTCTG	0.85	159	49.5
REN85M08 (CA)21		CFA16	TTCAGAGGTCCCTTAGAGA	AGCACGAGCTTACCCACAT		189	51.2

Linkage group* : Hitte *et al.*(2001)

PIC** : Mellersch *et al.*(2000)

Ta*** : Annealing temperature

㉟ 13. Summary of canine chromosome 16 haplogroup and haplotype block in Sapsaree breed. Shadow region is conserved haplotype block each haplogroup.

TYPE1							TYPE2				TYPE3							TYPE4	
2	2	2	2	2	2	2	4	4	4	4	1	1	1	1	1	1	1	3	3
	2	2	2	2	2	2	1	1	1	1	3	3	3	3	3	3	2	2	
1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	2	4	4	4	4	4	4	3	3	
4	4	4	4	4	4	4	3	3	2	3	2	2	2	2	2	2	3	3	
5	6	8	8	8	8	8	9	9	2	10	2	4	4	10	10	5	4	2	
4	4	4	4	4	4	4	5	5	3	5	3	3	4	5	5	4	1	4	
6	4	4	4	4	4	4	2	2	2	2	2	2	2	1	2	2	4	3	
2	2	2	2	2	2	2	2	2	4	2	4	4	4	1		3	4	2	
4	3	3	3	3	4	4	4	4	4	4	4	4	4	1	4	2	4	4	
1	2	2	2	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	4	1	3	1	1	
4	2	2	2	6	6	6	4	4	6	4	6		6	4		5	5	1	
1	3	3	2	2	2	1	1	2	2	1	3		2			1	1	3	
	2	2	4	2	4	1	3	4	4	3	6		4	2	3	3	3	6	

표 13. (Continued)

TYPE5				TYPE6		TYPE7				TYPE8					
2	2	2	2	3	3	4	4	4	4	3	3	3	3	2	3
2	2	2	2	2	2	3	3	3	1	2	2	2	2	2	3
5	5	5	5	1	1	3	3	3	2	3	3	3	3	5	3
2	2	2	2	1	1	2	2	4	2	2	2	2	2	2	4
4	2	2	2	7	7	4	5	1	4	2	2	2	4	2	1
1	4	4	4	4	4	2	4	6	3	4	4	4	3	4	6
4	3	2	3	6	6	5	2	1	2	3	3	3	2	2	1
4	2	5	2	2	2	5	3	1	4	2	2	2	4	4	1
4	4	4	4	4	4	5	2	4	4	4	1	5	4	4	1
1	1	1	1	1	1	1	3	4	1	1	1	1	1	1	4
5	5	5	2	2	5	2	5	4	2	6	2	2	6	6	4
1	2	2	3	3	1	2	2	3	2	1	2	3	2	2	2
3	6	4	1	2	3	1	6	6	1	3	6	2	4	3	

5) MLINK program을 이용한 linkage analysis

개 염색체 16번에 존재하는 다형성을 가지는 13개의 microsatellite marker를 이용하여 genotyping된 data를 이용한 유전자 연관 분석을 수행하였다. 유전 양상이 밝혀지지 않은 삽살개 집단의 외형, 형태적 특징에 관여하는 유전자의 탐색이므로 우선 삽살개 집단에서 특징적으로 구분된 20항목의 형태적, 행동적 가계들을 LINKAGE package program중의 하나인 MLINK program을 이용하여 dominant와 recessive mode를 각각 적용하여 Two-point linkage analysis를 수행하였다. 각 항목에 대한 affected gene frequency는 조사되어진 각 항목별 표현형질의 출현비율을 분석에 따른 각 genetic mode (dominant, recessive)에 따라 Hardy-Weinberg법에 입각하여 계산하여 적용하였으며, 각 표지자에 대한 allele frequency는 genotyping으로 나타난 각 allele의 출현 빈도가 계산되어 적용되었다. 각 항목별로 구성된 11가계에 대해 우선 재조합비율을 0.05 간격으로 분할하여 LOD값을 나타내는 MLINK program을 이용한 분석을 수행하여 0.05에서 0.5까지의 재조합비율(θ)에서의 LOD score를 구하였으며, 연관의 가능성이 있는 특정 형질을 선별하기 위해 재조합 비율 0.300 이하에서 최대 값을 나타내는 LOD score와 재조합비율(θ), 관련 marker 및 유전 양상(genetic mode)을 표 14에 정리하였고 이를 그림 9로 다시 나타내었다. 안색과 체중 항목에 관련된 가계는 MLINK 분석결과가 inconsistent한 결과를 나타내었으나 나머지 9개 분석 가계는 정상적으로 연관 분석이 이루어졌다.

표 14. All markers examined and corresponding highest LOD score obtained (MLINK analysis, Theta < 0.300).

Phenotype	Marker	LOD score	Recombination(%)	Genetic Model
Undershot	176d05	1.064480	0.250	Recessive
Ear shape	fh2175	0.321753	0.050	Dominant
Tail shape	130b10	0.065208	0.200	Recessive
Coat color	85m08	-0.153674	0.300	Recessive
Coat type	176d05	0.262865	0.050	Dominant
Nose color	275i19	0.131664	0.300	Recessive
Tongue point	fh2155	0.033079	0.050	Dominant
Face hair	fh2175	0.499311	0.050	Dominant
Hair tangling	fh2175	0.225847	0.100	Recessive
Eye color				
Weight			Inconsistent data	

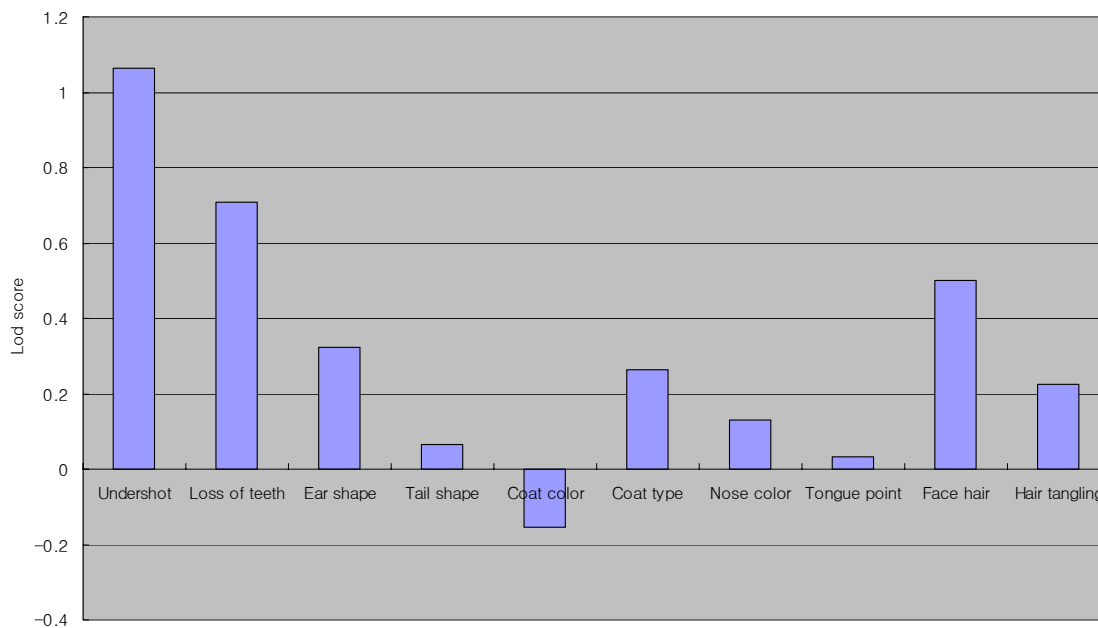


그림 9. Histograms showing distribution of LOD score. All Markers Examined and Corresponding Highest LOD score Obtained. (MLINK analysis, Theta < 0.300)

2. 제 2 세부과제 : 소형 삼살개 육종을 위한 계통교배 체계 확립

가. 표현형 형질들의 database화를 위한 전산화 프로그래밍 시작품 제작

위탁기관에서 조사한 삼살개 집단의 외형적 특징에 대한 자료들을 바탕으로 각 개체들에 대한 정보를 분류, 종합하여 양적형질(체중 및 체측치 등)과 질적형질(모색, 교합, 랑조 등) 등 조사 가능한 표현형 형질들의 database화를 위한 전산화 프로그래밍 시작품을 제작하였으며, 제작한 시스템의 구성 결과는 다음과 같다.

1) 시스템 구성 결과

- ◇ Windows 2000 Server의 IIS(Internet Information Server)를 이용한 Web Server 구축
- ◇ ADO/OLE Control을 이용한 기존 Database 시스템 연계
- ◇ 이용자 권한관리에 의한 사용자 인증 및 보안관리, 사용자 정보관리

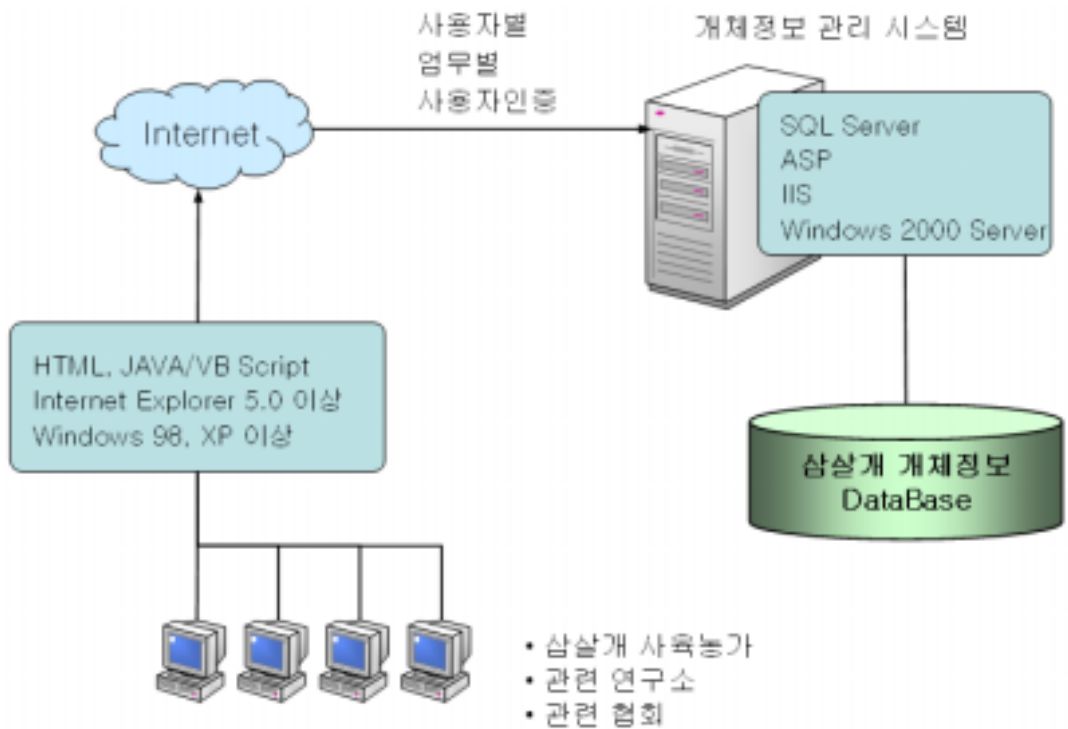
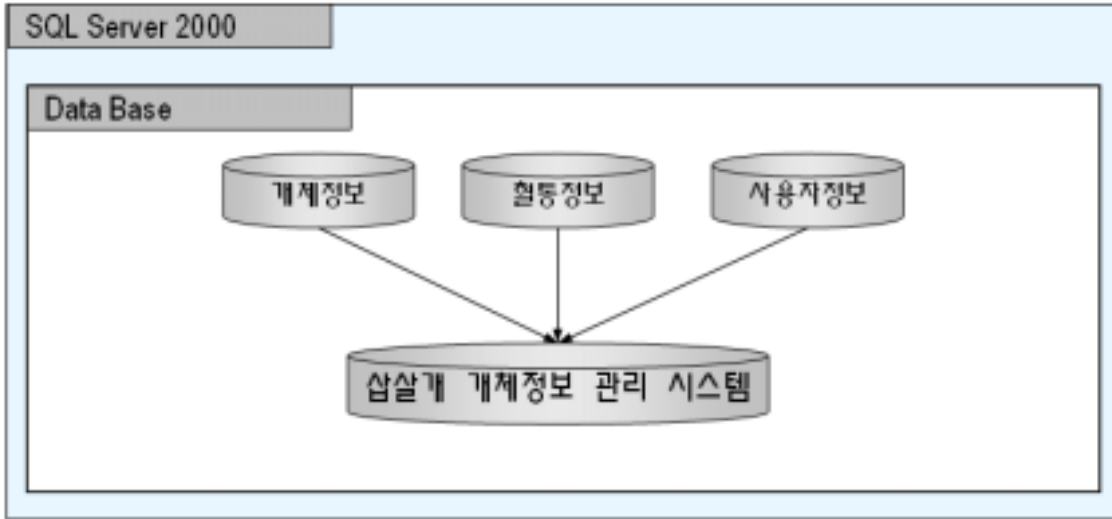


그림 10. 표현형질 전산화 프로그래밍 시작품 구성도

2) 데이터베이스 구성

- ◇ 삽살개 개체정보 Table
- ◇ 삽살개 혈통정보 Table
- ◇ 사용자 정보 Table



가) 삽살개 개체정보 Table (RegiItem)

컬럼명	항목명	길이	Type	NN	Key
cRegiID	개체번호	10	char	N	P
cBreSex	성별	2	varchar	N	
cNumBorn	산자수	2	int		
cBirth	생년월일	10	char		
cHairCol	모색	2	varchar		
cHeight	체고	4	int		
cLenght	체장	4	int		
cBreDep	흉심	4	int		
cWeight	체중	4	int		

나) 삽살개 혈통정보 Table (BloodItem)

컬럼명	항목명	길이	Type	NN	Key
cRegiID	개체번호	10	char	N	P
cSire	부명호	10	varchar		
cDam	모명호	10	varchar		
cSireBirth	부생일	10	char		
cDamBirth	모생일	10	char		

다) 사용자 정보 Table (UserItem)

컬럼명	항목명	길이	Type	NN	KEY
iNo	일련번호	4	int	N	P
cLoginID	로그인아이디	12	char	N	P
cPassword	패스워드	10	char	N	
cUserType	사용자타입	2	char	N	
cName	성명	20	char	N	
cSex	성별	2	char	N	
cBirthday	생년월일	10	char		
cBirthGuBun	생일구분	2	char		
cZipCode	우편번호	6	char	N	
cEmailAddr	메일주소	50	varchar		
cTelephone	전화번호	13	char	N	
cFax	팩스번호	13	char		
cHandphone	핸드폰번호	13	char		
cAddr	주소	255	varchar	N	
iHabitNum	주민등록번호	13	char	N	
cFarmName	농장명	50	varchar		
iCowNum	사육두수	4	int		
cFarmZip	농장우편번호	6	char		
cFarmAddr	농장주소	255	varchar		
cFarmPhone	농장전화번호	13	char		
dRegiDate	등록일시	8	datetime	N	getdate()
admin_check	관리자 여부	50	varchar		

나. 삼살개의 체형 및 체중에 영향을 미치는 환경요인의 효과

1) 체형 및 체중에 대한 측정치의 평균

체고, 체장, 흉심 및 체중의 표현형가(phenotypic value) 즉 측정치에 대한 전체 평균은 표 15에 나타난 바와 같다. 삼살개 203두 전체에 대한 평균치는 체고 50.90cm, 체장 50.50cm, 흉심 20.20cm 그리고 체중 18.97kg이었다. 본 연구에서 조사된 측정치를 1993년에 보고된 삼살개의 체형 측정치 즉 체고 52.6cm, 체장 56.5cm, 흉심 22.0cm 그리고 체중 19.2kg(탁과 하, 1993)와 비교하여 보면 체형이 작아지고 체중이 가벼워지는 경향을 보이고 있다.

표 15. 체형 및 체중의 표현형가에 대한 출생년도의 효과

출생년도	분석 두수	체 고	체 장	흉 심	체 중
전체	203	50.90±0.23	55.50±0.24	20.20±0.11	18.97±0.24
1990~1998	34	51.70±0.54	56.09±0.54	20.92 ^a ±0.25	21.13 ^a ±0.52
1999	95	50.83±0.32	55.66±0.32	20.56 ^a ±0.15	19.08 ^b ±0.31
2000	74	50.60±0.36	54.84±0.37	19.50 ^b ±0.17	17.76 ^c ±0.35

2) 체형 및 체중에 대한 출생년도의 효과

체고, 체장, 흉심 및 체중의 표현형가(phenotypic value) 즉 측정치에 대한 출생년도의 효과를 추정된 결과는 표 13과 같다. 삼살개의 출생년도를 1990~1998년, 1999년 그리고 2000년의 3수준으로 나누었을 때 체고의 경우 표현형가의 최소제곱 평균치(least square mean)는 각각 51.70cm, 50.83cm 및 51.70cm로 추정되었으나 유의차는 인정되지 않았고, 체장의 경우도 표현형가의 최소제곱 평균치는 각각 56.09cm, 55.66cm 및 54.84cm로 추정되었으나 유의차는 인정되지 않았다.

그러나 흉심의 경우는 각 수준의 최소제곱 평균치가 각각 20.92cm, 20.56cm 및 19.50cm로서 유의차가 인정되었는데, 2000년도에 출생한 삼살개의 흉심이 1999년 이전에 출생한 삼살개보다 흉심이 얇은 것으로 나타났다(p<0.05). 체중의 경우도 각 수준의 최소제곱 평균치가 각각 21.13kg, 19.08kg 및 17.76kg으로서 유의차가 인정되었는데, 2000년도에 출생한 삼살개의 체중이 1999년 또는 1998년 이전에 출생한 삼살개에 비하여 가벼웠고, 1999년에 출생한 삼살개도 1998년 이전에 출생한 삼살개에 비하여 가벼웠다(p<0.05).

이와 같은 분석 결과로 보면, 삼살개의 체고와 체장은 생후 12개월 정도면 성장이 완료되

는 것으로 판단된다. 그러나 흉심은 2000년도에 출생한 삼살개가 1999년 이전에 출생한 삼살개보다 얇은 것으로 보아 출생 후 2년 정도까지는 성장을 계속하는 것으로 나타났고, 체중은 2000년에 출생한 삼살개와 1999년에 출생한 삼살개 그리고 1998년 이전에 출생한 삼살개간에 차이가 있는 것으로 보아 출생 후 3년 정도까지 성장을 계속하는 것으로 보인다.

3) 체형 및 체중에 대한 출생계절의 효과

체고, 체장, 흉심 및 체중의 표현형가(phenotypic value)에 대한 출생계절의 효과를 추정 한 결과는 표 16과 같다. 삼살개의 출생계절을 2~4월, 5~7월, 8~10월 그리고 11~1월의 4 수준으로 나누었을 때 체고의 경우 표현형가의 최소제곱 평균치(least square mean)는 각각 51.13cm, 50.99cm, 50.75cm 및 50.93cm로 추정되었으나 유의차는 인정되지 않았고, 체장의 경우도 표현형가의 최소제곱 평균치는 각각 55.75cm, 55.14cm, 55.34cm 및 56.41cm로 추정되었으나 유의차는 인정되지 않았다.

그러나 흉심의 경우는 각 수준의 최소제곱 평균치가 각각 20.42cm, 20.04cm, 20.14cm 및 20.88cm로서 유의차가 인정되었는데, 11~1월에 출생한 삼살개의 흉심이 5~7월 및 8~10월에 출생한 삼살개보다 흉심이 깊은 것으로 나타났다($p < 0.05$). 체중의 경우도 각 수준의 최소제곱 평균치가 각각 19.97kg, 18.59kg, 18.55kg 및 20.50kg으로서 유의차가 인정되었는데, 11~1월에 출생한 삼살개의 체중이 5~7월 및 8~10월에 출생한 삼살개의 체중보다 무거운 것으로 나타났다($p < 0.05$).

표 16. 체형 및 체중의 표현형가에 대한 출생계절의 효과

출생계절	분석 두수	체 고	체 장	흉 심	체 중
2~4월	6	51.13±1.36	55.75±1.37	20.42 ^{ab} ±0.64	19.67 ^{ab} ±1.38
5~7월	99	50.99±0.33	55.14±0.34	20.04 ^b ±0.16	18.59 ^b ±0.34
8~10월.	60	50.75±0.43	55.34±0.43	20.14 ^b ±0.20	18.55 ^b ±0.44
12~1월	38	50.93±0.54	56.41±0.55	20.88 ^a ±0.26	20.50 ^a ±0.55

4) 체형 및 체중에 대한 성의 효과

체고, 체장, 흉심 및 체중의 표현형가에 대한 성의 효과를 추정한 결과는 표 17과 같다. 삼살개의 성을 암컷과 수컷으로 나누었을 때 표현형가의 최소제곱 평균치는 체고의 경우 각각 49.86cm 및 52.23cm, 체장의 경우 54.27cm 및 56.79cm, 흉심의 경우 19.81cm 및 20.84cm, 그리고

체중의 경우 17.84kg 및 20.81kg으로서 유의차가 인정되었는데, 암컷이 수컷에 비하여 체형이 작고 또한 체중도 가벼운 것으로 나타났다($p < 0.05$).

표 17. 체형 및 체중의 표현형가에 대한 성의 효과

성	분석 두수	체 고	체 장	흉 심	체 중
암 컷	100	49.86 ^b ±0.32	54.27 ^b ±0.32	19.81 ^b ±0.15	17.84 ^b ±0.31
수 컷	103	52.23 ^a ±0.33	56.79 ^a ±0.34	20.84 ^a ±0.15	20.81 ^a ±0.32

5) 체형 및 체중에 대한 모색의 효과

삼살개의 모색에 따른 체고, 체장, 흉심 및 체중의 표현형가 차이를 추정한 결과는 표 18과 같다. 삼살개의 모색을 청색과 황색으로 나누었을 때 표현형가의 최소제곱 평균치는 체고의 경우 각각 51.20cm 및 50.65cm, 체장의 경우 55.04cm 및 55.81cm, 흉심의 경우 20.42cm 및 20.08cm, 그리고 체중의 경우 19.22kg 및 18.74kg으로서 유의차가 인정되지 않았다.

표 18. 체형 및 체중의 표현형가에 대한 모색의 효과

모 색	분석 두수	체 고	체 장	흉 심	체 중
청 색	95	51.20±0.34	55.04±0.34	20.42±0.16	19.22±0.35
황 색	108	50.65±0.32	55.81±0.32	20.08±0.15	18.74±0.33

다. 삼살개의 체형 및 체중에 대한 유전 모수 추정

체고, 체장, 흉심 및 체중에 대한 상가적 유전분산(σ_a^2) 및 임의오차 분산(σ_e^2) 그리고 유전력(h^2)을 추정한 결과는 표 19와 같다. 전체 분산($\sigma_a^2 + \sigma_e^2$)에 대한 상가적 유전분산(σ_a^2)의 비로 추정되는 유전력은 체고 0.49, 체장 0.60, 흉심 0.38 그리고 체중 0.42로서 비교적 높게 나타났다. 따라서 이들 형질에 대한 유전력이 높다고 하는 것은 삼살개 집단내의 개체간 변이 가운데서 상가적 유전변이가 차지하는 비율이 높다는 것을 의미하며, 이는 선발방법으로 개체선발이 효과적이라는 것을 나타낸다.

표 19. 체고 체장 흉심 및 체중의 유전력 추정치

형 질	σ_a^2	σ_{ae}^2	h^2
체 고	4.72	4.93	0.49
체 장	6.35	4.27	0.60
흉 심	0.77	1.27	0.38
체 중	3.86	5.32	0.42

체고, 체장, 흉심 및 체중간의 상관계수를 추정한 결과는 표 20과 같다. 표 20에서 대각선 위쪽에는 각 형질간의 표현형 상관계수이고 그리고 대각선 아래쪽에는 유전상관계수이다.

두 형질간의 표현형 상관계수를 보면, 체고와 체장 0.70, 체고와 흉심 0.49, 체고와 체중 0.41, 체장과 흉심 0.51, 체장과 체중 0.52 그리고 흉심과 체중간에는 0.55였다. 두 형질간의 유전상관계수를 보면, 체고와 체장 0.69, 체고와 흉심 0.61, 체고와 체중 0.33, 체장과 흉심 0.51, 체장과 체중 0.44 그리고 흉심과 체중간에는 0.52였다.

표 20. 체고 체장 흉심 및 체중간의 상관계수

형 질	체 고	체 장	흉 심	체 중
체 고	---	0.70	0.49	0.41
체 장	0.69	---	0.51	0.52
흉 심	0.61	0.51	---	0.55
체 중	0.33	0.44	0.52	---

* 대각선상 위는 표현형 상관계수이고, 아래는 유전상관계수임.

유전상관이란 두 형질간의 육종가(breeding value)간의 상관계수로서 체고, 체장, 흉심 및 체중에 있어서 두 형질간의 유전상관계수가 모두 정(正)의 방향으로 크게 나타난 것은 이들 형질간에 상관반응(correlated response)이 나타남을 의미하기 때문에 이들 형질 각각에 대한 개체 선발은 다른 형질의 개량에도 기여하는 간접선발(indirect selection)의 효과가 있음을 나타낸다(오 등, 1992).

라. 삽살개의 소형화에 대한 유전적 개량량 추정

1) 연차별 육종가의 변화 추세

체고, 체장, 흉심 및 체중의 육종가(breeding value)는 집단 평균에 대한 편차로 나타내었는데, 이들 형질의 육종가에 대한 출생년도의 효과를 추정한 결과는 표 21과 같다. 삽살개의 출생년도를 1990~1998년, 1999년 그리고 2000년의 3수준으로 나누었을 때 체고의 경우 육종가의 최소제곱 평균치는 각각 -0.11cm, -0.21cm 및 0.11cm이었고, 체장의 경우도 각각 -0.30cm, -0.36cm 및 -0.23cm로 추정되었다. 그리고 흉심의 경우도 각 수준의 육종가는 각각 -0.13cm, -0.08cm 및 0.06cm로 추정되었고, 체중의 경우도 각 수준의 육종가가 각각 0.15kg, -0.10kg 및 0.05kg으로 추정되었다.

표 21. 체형 및 체중의 육종가에 대한 출생년도의 효과

출생년도	분석 두수	체 고	체 장	흉 심	체 중
1990~1998	34	-0.11±0.28	-0.30±0.32	-0.13±0.11	0.15±0.23
1999	95	-0.21±0.17	-0.36±0.19	-0.08±0.06	-0.10±0.13
2000	74	0.11±0.19	-0.23±0.22	0.06±0.07	0.05±0.15

출생년도에 따른 각 형질의 육종가 변화 추이를 나타내기 위하여 출생년도의 각 수준을 1단위로 한 독립변수로 하고 각 형질의 육종가 최소제곱 평균치를 종속변수로 하는 회귀방정식은 다음과 같이 추정되었다.

체고의 육종가의 회귀방정식: $Y = 0.1067X - 0.2856$

체장의 육종가의 회귀방정식: $Y = 0.0435X - 0.3867$

흉심의 육종가의 회귀방정식: $Y = 0.0849X - 0.2188$

체중의 육종가의 회귀방정식: $Y = -0.0499X + 0.1326$

이 회귀방정식은 각 형질의 육종가 추정치의 변화 추이를 나타내는 것으로, 출생년도를 3수준으로 구분하여 독립변수로 하고 각 형질의 육종가를 독립 변수로 하여 추정된 회귀계수는 체고 0.1067, 체장 0.0435, 흉심 0.0849 그리고 체중 -0.0499로 출생년도의 수준 1단위 변화에 의한 각 형질의 육종가 변화량은 극히 작았다.

따라서 연차별 육종가의 변화 추이를 크게 하여 삽살개의 소형화 개량을 촉진하기 위하여는 육종 집단의 확대 및 선발 강도의 증대가 요구되는 것으로 판단된다.

2) 모색에 따른 체형 및 체중의 육종가 차이

삽살개의 모색 즉 청삽살개와 황삽살개 별로 체고, 체장, 흉심 및 체중의 육종가 추정된 결과는 표 22와 같은데, 형질에 따라 유의차기 인정되었다. 모색별 형질의 육종가 추정치를 보면, 체고의 경우 청삽살개는 0.26cm로 황삽살개의 -0.38cm 보다 높았으나($p < 0.05$), 체장의 경우는 청삽살개 -0.44cm 그리고 황삽살개 -0.18cm로 유의차가 없었다. 흉심의 육종가 추정치는 청삽살개가 0.16cm 그리고 황삽살개가 -0.21cm로 유의차가 인정되었고($p < 0.05$), 그리고 체중의 경우도 청삽살개가 0.28kg 그리고 황삽살개가 -0.25kg으로 황삽살개가 유전적으로 가벼운 것으로 나타났다($p < 0.05$).

청삽살개와 황삽살개의 체형 및 체중의 표현형가에 대한 효과 비교에서는 모색간에 유의차가 인정되지 않았으나, 육종가에 있어서 체고와 흉심 및 체중에서 황삽살개가 왜소한 것으로 나타난 것은 유전적인 차이라고 판단된다.

표 22. 모색에 따른 체형 및 체중의 육종가 차이

모 색	분석 두수	체 고	체 장	흉 심	체 중
청 색	95	0.26 ^a ±0.16	-0.44±0.19	0.16 ^a ±0.06	0.28 ^a ±0.13
황 색	108	-0.38 ^b ±0.15	-0.18±0.18	-0.21 ^b ±0.06	-0.25 ^b ±0.12

3) 소형화를 위한 개체선발 및 교배체계

삽살개의 소형화 육종을 위한 종건 선발 및 교배체계를 확립코자 체중의 육종가 추정치를 크기가 작은 개체부터 오름차순으로 정리한 것은 표 23과 같다. 체중의 육종가가 작은 10두의 개체 가운데서 종건으로 선발 이용하는 경우에 체고, 체장 및 흉심이 모두 왜소화 방향으로 개량될 수 있는 개체 명호는 A258, 564, 604번 등의 개체이다.

개체번호 A609, A568 및 A569번 개체는 모두 부명호 A99번에서 태어난 반형매(half sibs)로서 부명호 A99번 삽살개는 아버지로서 아주 우수한 것이 입증되었고, 개체번호 367, A609 및 564번 개체는 모두 모명호 154번에서 태어난 반형매로서 모명호 154번 삽살개는 어미개로서 아주 우수한 것이 입증되었다.

생년월일이 같은 개체번호 A568과 A569번은 부명호 A099번과 모명호 A088번에서 태어난 전형매(full sibs)로서 이 가계 구성원은 모두 우수한 종건이며, 출생시기가 서로 다른 개체인 개체번호 604번과 880번도 부명호 322번과 모명호 215번에서 태어난 전형매(full sibs)로서 이 가계 구성원도 모두 우수한 종건으로 판명되는데, 이들 부명호 또는 모명호의 삼살개는 그의 후대들이 반복해서 종건으로 선발될 수 있기 때문이다.

따라서 육종가에 의하여 선발되고 후대검정된 이들 종건을 중심으로 부가계(sire family)와 모가계(dam family)를 형성하여 교배를 계속한다면 삼살개의 소형화 개량은 촉진될 것이다.

표 23. 체중의 육종가 추정치의 오름차순별 개체

개체번호	부번호	모번호	생년월일	성별	모색	육종가			
						체고	체장	흉심	체중
A293	440	A053	1999. 08. 08	수	황색	-0.21	0.30	-1.08	-3.40
367	25	154	1993. 10. 02	암	청색	0.21	-1.84	-0.61	-3.34
A609	A099	154	2000. 07. 30	수	청색	1.31	-0.72	-0.09	-2.85
A258	302	564	1999. 07. 25	수	청색	-2.60	-3.84	-1.78	-2.80
A568	A099	A088	2000. 06. 25	수	황색	0.12	-0.79	-0.04	-2.57
564	357	154	1995. 06. 15	암	청색	-2.26	-3.65	-1.09	-2.46
604	322	215	1995. 08. 25	암	황색	-0.49	-2.06	-0.03	-2.24
880	322	215	1997. 10. 02	암	황색	-0.82	-0.94	0.51	-2.19
A569	A099	A088	2000. 06. 25	수	황색	1.48	0.32	-0.13	-2.03
A481	325	593	1999. 12. 28	수	황색	0.31	0.24	-0.23	-2.02

3. 위탁과제 : 시험 삼살개의 관리

가. 형태 관련 외적 표현형질의 정량화, 계측 결과

형태와 관련된 외적 표현형질들의 정량화를 위해 매해 12개월령 이상이며, 조사 가능한 삼살개들을 대상으로 하여 외형적 특징을 18항목(모색, 체고, 체장, 흉심, 체중, 모질, 모장, 꼬리, 교합, 결발가락, 설반유무, 귀, 안색, 고환, 안모, 털엉김상태, 결치, 비색)으로 나누어 조사하여 데이터베이스화하였다. 2001년 조사한 393두에 대한 자료는 표 24에, 2002년 추가된 개체(92두)에 대한 조사 자료는 표 25에, 2003년 추가된 개체(72두)에 대한 조사 자료는 표 26에 나타내었다.

표 24. 삼살개 외형적 특징 및 성품적 특징 조사 결과(2001년, 393두)

개체 번호	출생 년도	성 별	모색 분류	모 색	체 고	체 장	흉 심	체 중	모 질	모 장	꼬 리	교 합	량 조	설 반	귀	안 색	고 환	안 모	영 김	결 치	비 색	정 서	주 친	타 경	적 응	채 혈	공 격	활 동
084	1990	F	Y	SY	49.0	55.4	19.6	23.5	S	L	C	N	1	2	P	DB		M	P	1	B	1	1	1	1	1	1	2
120	1991	F	Y	MY	50.2	53.2	18.6	19.0	W	L	S	C	1	1	P	B		L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	1
130	1991	F	Y	MY	52.0	54.8	18.4	23.5	W	L	U	N	1	1	P	LB		M	P	1	B	1	1	1	1	2	2	1
145	1991	M	B	BTB	56.8	58.0	22.7	26.5	S	L	C	C	1	1	P	DB	1	M	N	1	B	2	2	3	2	2	2	3
154	1991	F	Y	MY	50.2	54.6	20.6	20.0	S	L	S	C	1	1	P	DB		L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
169	1991	M	B	BTB	52.6	54.0	21.4	20.5	S	L	S	N	1	1	P	LB	1	L	N	ROI	B	2	3	3	2	1	2	3
185	1992	M	B	BTB	53.5	56.8	21.9	28.0	S	L	C	N	5	2	P	DB	1	L	P	DRI	B	2	2	3	3	2	2	3
189	1992	M	B	BTD	56.3	63.0	24.5	31.0	S	L	C	N	1	2	P	B	1	L	P	1	B	1	1	1	1	1	2	3
199	1992	M	B	BTD	56.4	61.7	24.5	27.0	S	L	U	N	1	1	P	DB	1	M	N	DRI	B	1	1	4	1	2	1	1
206	1992	F	B	BTB	50.2	54.0	19.4	19.0	S	L	S	N	1	1	P	DB		L	P	1	B	2	2	2	1	2	3	3
210	1992	F	B	BTB	54.0	61.0	20.8	19.0	S	L	C	N	2	1	P	B		L	N	1	B	1	2	2	1	2	2	2
214	1992	F	Y	MY	46.0	51.2	18.4	15.0	W	L	U	C	1	1	P	B		L	N	노견	B	1	1	2	1	2	2	2
215	1993	F	Y	MY	51.5	56.3	25.0	22.0	S	L	S	C	1	1	P	DB		L	P	1	B	1	2	2	2	2	2	2
228	1992	F	B	BTB	49.0	56.0	21.0	22.0	S	L	U	N	1	2	P	DB		L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	2
240	1992	F	B	BTB	47.4	49.8	19.4	18.0	S	L	U	N	1	1	P	LB		L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	2
260	1992	F	Y	MY	46.4	60.7	20.0	20.0	W	L	S	N	1	1	P	LB		L	N	1	C	1	1	1	1	1	1	4
272	1993	F	Y	MY	47.8	50.0	17.3	18.0	S	L	S	N	1	1	P	B		L	S	1	B	3	2	2	2	2	2	3
306	1993	F	B	BTB	52.2	59.7	19.3	20.0	W	L	S	N	3	1	P	B		L	P	1	B	3	4	4	4	3	1	4
325	1993	M	Y	SY	54.1	62.7	22.0	29.5	S	L	S	N	1	1	P	B	1	M	N	1	B	1	2	3	1	2	2	2
326	1993	F	Y	MY	52.4	57.0	21.0	21.5	S	L	S	N	1	1	P	B		M	P	1	B	3	2	3	3	2	3	3
335	1993	F	B	BTD	51.0	53.0	21.0	17.0	S	L	S	N	1	1	P	LB		L	N	1	B	3	3	3	3	3	2	2
338	1993	M	B	BTB	54.8	58.9	21.2	24.0	S	L	U	U	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	3
344	1993	F	B	BTB	48.2	53.5	19.7	20.5	S	L	S	N	1	2	P	DB		M	N	UL1	B	4	3	3	3	3	2	3
348	1993	F	Y	SY	48.4	57.8	19.2	16.0	S	L	S	N	3	1	P	DB		M	P	1	B	2	2	2	2	2	2	2
354	1993	F	B	BTB	52.5	57.5	22.0	25.0	S	L	S	C	1	1	P	LB		M	P	LD1	B	3	3	2	2	2	3	3
357	1993	M	Y	MY	54.1	58.0	20.4	23.0	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	2
365	1993	F	B	BTB	51.6	54.4	21.0	21.0	W	L	U	C	1	1	P	DB		M	S	DRI	B	2	2	3	2	2	1	2
366	1993	F	B	BTB	55.0	56.0	22.0	22.0	S	L	U	C	1	1	P	B		L	S	노견	B	1	1	2	1	2	2	2
367	1993	F	B	BTB	51.5	53.7	19.9	12.0	W	L	U	N	1	1	P	B		M	S	노견	B	2	1	2	1	2	2	3
385	1994	M	B	BTB	54.8	57.4	22.0	30.0	W	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	2	2	2	2	2	2	3
386	1994	F	Y	MY	53.3	57.0	21.7	18.5	S	L	U	N	1	1	P	LB		M	P	DRI	B	1	1	2	1	2	2	2
388	1994	F	B	BTD	49.2	57.4	19.2	17.0	W	L	S	N	1	1	P	DB		L	N	1	B	3	2	1	1	2	2	2
389	1994	M	Y	MY	57.4	61.0	21.4	21.5	S	L	U	N	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	1
398	1994	F	Y	MY	50.6	56.2	20.8	24.5	S	L	C	N	1	1	P	DB		L	P	1	B	1	1	1	1	2	2	1
419	1994	M	B	BTB	51.0	56.0	20.0	23.5	S	L	S	U	1	1	P	DB	1	L	P	UL1	B	1	1	2	1	1	1	4
422	1994	F	B	BTB	46.0	51.4	21.4	21.3	S	L	S	C	1	1	P	B		L	P	1	B	1	2	2	1	2	2	3
430	1994	F	B	BTB	49.4	56.6	20.4	20.5	W	L	S	C	4	1	P	B		L	P	DRI	B	1	2	2	1	2	1	2
440	1994	M	B	BTB	55.2	55.6	20.3	22.5	S	L	U	N	1	1	P	DB	1	M	P	1	B	1	1	2	2	1	3	1
456	1994	F	Y	DY	56.2	59.0	22.5	19.0	C	L	S	N	1	1	P	B		L	P	1	B	2	2	2	2	2	2	2
459	1994	M	B	BTB	57.0	62.6	23.0	24.0	S	L	S	N	3	1	P	B	1	L	N	DRI	B	1	2	2	2	2	2	2
475	1994	F	B	BTB	51.2	55.0	20.6	20.0	S	L	S	N	1	1	P	B		L	P	1	B	2	2	2	2	2	2	2
476	1994	F	Y	MY	48.6	56.1	20.0	20.0	S	L	S	N	1	1	P	B		L	P	1	B	2	2	2	2	2	2	2
494	1995	M	Y	MY	52.4	58.1	21.6	22.5	S	L	U	C	3	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	1
495	1995	M	B	BTD	57.7	65.4	23.0	26.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	1
501	1995	F	B	BTB	47.3	53.5	20.7	24.0	W	L	U	C	1	2	P	DB		M	P	1	B	1	1	1	2	2	2	1
511	1995	M	Y	MY	45.2	55.2	21.4	21.5	S	M	S	N	1	1	P	B	1	M	N	1	B	2	3	2	3	2	2	3
513	1995	F	B	BTB	52.6	55.0	19.4	18.0	S	L	U	N	1	1	P	DB		L	P	1	B	1	2	2	2	2	2	2
522	1995	F	B	BTB	53.6	56.6	19.6	16.0	S	L	U	C	1	1	P	B		M	N	1	B	1	1	2	1	2	2	1
524	1995	F	B	BTD	51.6	55.0	20.2	14.5	W	M	S	C	1	1	P	DB		L	P	1	B	2	2	2	2	2	2	3
527	1995	F	B	BTB	51.0	58.4	20.6	21.0	S	L	-	N	1	1	P	LB		L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	2
529	1995	F	B	BTB	50.8	55.8	19.8	22.0	S	L	S	N	1	1	P	LB		L	N	1	B	4	3	4	4	3	2	2
530	1995	F	Y	MY	53.7	57.0	21.6	22.0	S	L	S	C	1	1	P	LB		M	N	DRI	B	1	2	1	1	2	2	2
544	1995	F	B	BTB	51.2	53.2	19.4	19.5	S	L	S	N	1	1	P	DB		L	P	1	B	3	3	3	2	2	2	3
545	1995	F	Y	MY	51.0	52.8	21.6	18.0	W	L	S	N	1	1	P	DB		L	P	1	B	1	2	2	1	2	2	2
551	1995	F	Y	DY	48.4	52.3	19.8	21.5	W	L	-	N	1	1	P	DB		L	P	1	B	2	2	2	2	2	2	3
552	1995	M	Y	MY	51.4	54.6	19.5	25.0	S	L	S	U	1	1	P	B	1	L	P	1	B	1	1	2	1	1	1	1

표 24. (Continued)

개체 번호	출생 년도	성 별	모색 분류	모 색	체 고	체 장	흉 심	체 중	모 질	모 장	꼬 리	교 합	량 조	설 반	귀	안 색	고 환	안 모	영 김	결 치	비 색	정 서	주 친	타 경	적 응	채 혈	공 격	활 등
564	1995	F	B	BTD	46.1	49.3	19.0	15.0	S	L	C	N	1	1	P	DB	L	N	1	B	1	2	2	1	2	2	3	
571	1995	M	Y	MY	49.8	54.8	20.4	18.5	W	L	U	N	1	1	P	LB	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	1	
593	1995	F	Y	LY	54.1	56.9	20.8	18.0	S	L	C	N	1	1	P	LB	M	P	1	B	3	3	3	3	3	2	2	
595	1995	M	Y	MY	49.1	61.0	23.2	28.0	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	P	1	B	1	2	2	1	2	1	
604	1995	F	Y	SY	48.0	50.0	20.0	14.0	S	L	S	C	1	1	P	DB	L	S	1	B	3	3	3	3	3	2	2	
614	1995	M	Y	LY	52.0	54.8	20.0	22.5	W	L	S	U	1	1	P	B	1	L	S	LD2	B	1	1	2	1	2	1	
615	1995	F	Y	LY	48.6	52.3	17.8	16.5	S	L	U	U	1	1	P	DB	M	P	1	B	3	3	3	3	3	2	2	
616	1995	F	Y	LY	47.4	53.4	18.4	16.0	C	L	U	C	1	1	P	B	M	N	1	B	1	2	2	2	2	2	1	
618	1995	F	Y	MY	51.4	55.3	20.0	19.5	S	L	S	N	1	1	P	B	L	S	문상2	B	1	1	2	1	2	1	1	
620	1995	M	B	BTB	50.1	56.9	20.0	21.0	W	L	U	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	
640	1995	M	Y	GY	56.3	58.0	22.3	20.0	S	L	U	N	1	1	P	DB	1	M	P	DLR1	B	3	3	4	3	3	2	
659	1995	F	B	BTB	55.4	60.0	21.4	21.0	S	L	S	N	1	1	P	LB	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2		
661	1996	M	B	SBD	55.2	55.8	22.2	25.0	S	L	U	C	1	1	P	DB	1	L	P	DL111	B	1	1	2	1	2	1	
664	1996	F	B	SBB	53.2	55.0	21.0	16.0	S	L	S	C	1	1	P	B	L	P	1	B	2	3	3	3	3	2	2	
673	1996	M	B	BTB	56.1	58.0	24.4	26.0	S	L	S	C	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	2	2	1	2	3	
689	1996	F	B	BTB	51.0	53.0	19.3	16.0	W	L	S	N	4	1	P	LB	S	P	1	B	3	3	3	3	3	3	3	
696	1996	F	Y	DY	43.2	49.6	18.4	15.0	S	L	S	N	1	1	P	B	M	P	1	B	3	4	4	2	2	2	3	
697	1996	F	Y	SY	47.3	52.0	19.0	16.0	S	L	C	N	1	1	P	DB	L	N	1	B	1	2	1	2	2	2	2	
699	1996	F	B	BTB	50.5	53.1	20.5	17.0	S	L	U	N	1	1	P	B	L	P	1	B	2	2	3	2	2	2	2	
706	1996	F	Y	DY	52.6	56.0	21.4	23.0	S	L	C	N	1	1	P	DB	M	P	1	B	3	3	4	2	3	1	2	
708	1996	F	Y	MY	53.6	59.6	20.2	21.0	S	L	U	C	1	2	P	B	M	P	장상2	B	1	1	2	1	2	2	1	
709	1996	F	Y	MY	51.2	58.4	20.6	24.0	S	L	S	N	5	1	P	DB	L	S	1	B	1	1	2	1	2	1	1	
718	1996	F	B	BTD	50.8	56.5	21.2	20.0	W	L	U	N	1	1	P	B	M	P	1	B	3	2	3	3	3	2	3	
724	1996	M	B	BTB	54.0	59.6	20.1	21.0	W	L	U	C	1	1	P	DB	1	M	P	1	B	1	1	2	1	2	1	
747	1996	F	Y	DY	48.4	58.0	18.0	13.5	S	L	S	C	1	1	P	LB	L	P	1	B	3	3	3	3	3	2	2	
763	1996	F	B	BTD	51.0	51.8	21.9	19.0	W	L	S	N	1	2	P	B	L	S	1	B	1	2	2	1	2	2	2	
765	1996	F	B	SBB	54.1	61.0	22.6	21.0	S	L	C	N	1	2	P	DB	L	P	1	B	2	2	2	2	2	1	2	
776	1996	F	B	BTB	49.8	53.8	19.0	19.0	S	L	C	C	1	1	P	DB	L	S	1	B	3	3	3	3	3	2	3	
781	1996	F	Y	GY	54.2	58.0	20.4	20.5	S	L	S	N	1	2	P	B	L	P	1	B	2	2	2	2	2	2	2	
782	1996	F	Y	MY	52.0	58.0	19.0	15.0	S	L	S	N	1	1	P	B	M	P	1	B	2	3	3	2	3	2	1	
794	1996	F	Y	MY	49.3	57.4	20.1	20.5	S	L	U	N	1	1	P	B	L	P	1	B	3	3	4	3	2	2	3	
799	1996	F	B	BTD	51.6	54.0	22.0	21.0	S	L	C	N	1	1	P	B	L	P	1	B	3	2	3	2	3	1	4	
836	1997	F	B	BTB	51.9	55.0	19.8	22.0	S	L	S	N	1	1	P	LB	M	N	1	B	3	4	4	2	3	1	2	
847	1997	F	B	BTB	51.0	52.6	19.0	13.5	C	L	C	C	3	1	P	DB	L	S	1	B	2	3	3	2	3	2	2	
855	1997	F	B	BTB	51.0	55.4	20.2	18.0	S	L	U	N	1	1	P	DB	L	S	1	B	3	3	4	3	3	2	3	
859	1997	F	B	BTB	50.8	51.8	20.7	19.5	W	L	U	C	3	1	P	B	L	P	1	B	2	2	2	2	2	2	2	
860	1997	F	B	SBD	51.2	55.6	20.4	20.0	S	L	C	N	1	1	P	LB	L	S	1	B	1	2	2	2	3	2	1	
871	1997	F	Y	LY	55.2	61.6	20.0	23.0	C	L	S	N	1	1	P	LB	M	S	RD1	B	2	2	2	2	2	2	2	
877	1997	F	B	BTD	48.5	51.0	17.2	13.0	W	L	U	C	1	2	P	B	L	P	1	B	2	2	2	2	2	2	2	
879	1997	F	B	BTB	51.8	56.0	21.4	20.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	L	N	1	B	2	2	2	2	2	3	3	
880	1997	F	Y	BTB	49.8	54.7	22.0	15.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	M	P	1	B	3	3	3	3	3	2	2	
887	1997	F	B	BTB	50.2	53.0	20.6	19.5	S	L	S	N	1	1	P	DB	L	P	1	B	3	3	3	3	3	2	3	
891	1997	F	Y	DY	50.3	54.6	22.8	25.5	S	L	S	N	1	1	P	DB	L	P	1	B	3	3	3	3	3	3	3	
893	1997	M	B	SBD	51.8	56.6	20.6	20.5	C	L	C	C	R1	1	P	DB	1	L	N	1	B	1	1	2	1	2	1	
913	1998	F	B	BTB	48.9	53.3	19.8	21.0	S	L	S	N	3	1	P	DB	L	P	DR1	B	3	3	3	3	3	2	3	
914	1998	F	B	SBD	47.4	55.6	19.0	18.0	C	L	C	N	1	2	P	DB	L	N	1	B	1	1	2	2	2	2	2	
924	1998	F	Y	DY	48.6	49.2	19.2	15.0	S	L	S	N	1	1	P	LB	L	S	1	B	1	2	2	2	2	2	3	
928	1998	F	Y	MY	47.0	50.0	17.2	10.0	S	L	C	N	1	1	P	B	L	P	1	B	2	2	2	2	3	2	2	
929	1998	F	B	BTD	52.8	59.4	19.6	22.0	W	L	C	N	1	1	P	DB	L	P	1	B	1	2	2	2	2	2	2	
933	1998	F	B	BTB	53.3	54.4	22.0	23.0	S	L	U	C	1	1	P	LB	L	N	1	B	1	2	2	2	2	2	3	
952	1998	F	B	BTB	51.2	54.0	22.0	20.0	S	L	S	C	1	1	P	B	L	S	1	B	1	1	2	2	2	2	3	
956	1998	M	Y	MY	49.8	55.4	19.8	27.0	S	L	U	C	1	1	P	B	1	M	N	1	B	3	4	3	3	3	2	1
957	1998	F	Y	SY	52.0	53.4	19.6	15.0	S	L	S	U	1	1	P	B	L	P	해문2	B	2	2	2	2	2	2	2	
958	1998	F	B	SBD	49.0	51.8	19.5	16.0	W	L	U	U	1	1	P	B	L	P	1	B	1	2	2	2	2	2	3	
962	1998	M	B	BTB	51.0	55.4	19.2	18.0	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	
972	1998	F	Y	LY	51.0	52.0	18.6	12.0	W	L	S	C	1	1	P	B	M	P	1	B	1	2	2	2	2	2	2	
983	1998	M	B	BTB	56.2	58.5	22.5	22.0	S	L	C	C	1	1	P	DB	1	L	N	1	B	1	1	1	1	1	1	
992	1998	M	Y	LY	51.2	59.4	21.1	20.5	W	L	C	C	1	1	P	LB	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	1	

표 24. (Continued)

개체 번호	출생 년도	성 별	모색 분류	모 색	체 고	체 장	흉 심	체 중	모 질	모 장	꼬 리	교 합	량 조	설 반	귀	안 색	고 환	안 모	영 김	결 치	비 색	정 서	주 친	타 경	적 응	채 혈	공 격	활 동	
997	1998	M	B	BTB	59.0	64.6	24.6	28.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	2	2	2	2	2	2	
999	1998	F	B	BTD	49.3	56.2	19.6	24.0	W	L	U	N	1	1	P	DB		L	P	DR1	B	2	2	2	2	1	2		
양산		F	Y	LY	55.8	57.6	20.8	18.0	S	L	S	N	1	1	P	LB		L	N	1	B	1	1	2	1	1	1		
A001	1998	F	Y	DY	46.0	54.4	17.4	15.5	W	L	U	N	1	1	P	DB		L	P	1	B	1	1	3	2	2	2		
A003	1998	F	Y	LY	46.5	51.8	18.2	13.0	S	L	C	N	1	1	P	LB		L	P	1	B	1	2	2	2	2	2		
A005	1998	F	Y	MY	52.9	56.0	18.0	18.0	S	L	S	N	1	1	P	LB		L	P	1	B	1	2	2	2	2	1		
A006	1998	F	Y	LY	44.0	52.6	17.8	13.0	S	L	S	N	1	1	P	B		L	P	1	B	3	2	2	3	3	2	3	
A007	1998	M	B	BTB	59.2	64.6	22.4	32.5	S	L	U	N	1	2	P	DB	1	L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	1	
A010	1998	M	Y	LY	50.9	55.5	23.0	21.5	S	L	C	U	1	1	P	DB	1	M	S	1	B	2	2	2	2	2	2	2	
A016	1998	M	Y	MY	55.2	56.0	20.0	24.0	S	M	S	N	1	1	P	LB	1	M	P	1	B	2	2	3	2	2	2	2	
A019	1998	M	Y	MY	57.0	60.2	22.0	24.0	S	L	S	N	1	2	P	B	1	M	P	1	B	3	2	2	1	2	2	1	
A020	1998	M	Y	LY	59.0	66.6	23.6	26.0	S	L	U	N	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	1	2	2	2	1	2	
A022	1998	F	Y	MY	47.0	54.8	19.3	16.0	S	L	C	N	1	1	P	DB		L	P	1	B	2	2	4	2	2	2	2	
A035	1998	M	B	BTB	59.0	50.0	22.8	24.0	S	L	U	U	1	1	H	LB	1	M	N	1	B	1	1	3	2	2	1	1	
A053	1998	F	Y	DY	53.1	56.5	21.3	20.0	S	L	C	N	3	1	P	DB		L	S	1	B	1	1	2	1	2	1	1	
A058	1999	F	Y	MY	53.8	54.6	20.2	19.5	S	L	S	N	1	1	P	DB		L	P	1	B	1	1	1	1	2	2	1	
A059	1999	F	B	BTB	52.5	59.0	20.0	22.0	S	L	C	N	1	1	P	B		L	N	LD2	B	3	2	3	3	3	2	3	
A060	1999	M	B	SBB	53.9	61.8	21.4	25.5	S	L	S	N	3	2	P	DB	1	L	S	DR4	B	1	1	1	1	1	1	1	
A061	1998	M	B	SBD	53.6	57.8	20.1	21.5	S	L	C	N	1	1	P	DB	1	M	P	1	B	1	1	2	2	2	2	2	
A063	1998	M	Y	SY	53.7	60.8	19.0	25.5	S	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	1	
A066	1999	M	Y	LY	53.4	57.7	22.7	21.5	C	L	C	C	3	2	P	LB	1	L	P	1	B	1	1	3	2	2	1	1	
A070	1998	F	Y	LY	53.2	57.2	19.8	18.5	S	L	U	N	2	1	P	LB		M	N	1	B	1	1	1	1	2	2	1	
A081	1999	F	B	BTB	54.6	56.7	21.2	19.3	W	L	S	N	1	2	P	DB		M	P	DL1	B	1	1	2	1	2	2	1	
A082	1999	M	B	BTB	59.0	68.2	24.8	31.0	S	L	U	SU	1	2	P	LB	1	L	N	1	B	1	1	4	2	2	1	1	
A085	1999	F	Y	GY	42.2	51.4	19.8	19.6	S	L	U	N	1	1	P	DB		M	N	1	B	1	1	2	2	1	3	1	
A086	1999	F	B	BTB	46.6	50.0	18.2	18.5	W	L	S	N	1	1	P	DB		L	P	1	B	2	2	2	2	2	2	2	
A087	1999	M	Y	MY	52.6	60.4	21.0	20.0	S	L	U	N	1	1	P	DB	1	L	N	1	B	1	1	2	1	2	1	1	
A088	1999	F	Y	DY	50.8	54.6	18.4	18.0	W	L	C	N	1	1	P	DB		M	P	1	B	1	1	2	1	2	2	1	
A091	1999	M	Y	MY	47.1	49.3	20.0	14.5	S	L	C	N	1	1	P	B	1	L	P	1	B	1	1	1	1	1	2	1	
A099	1999	M	B	BTB	54.0	55.4	21.1	25.5	S	L	S	N	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	2	2	2	2	2	2	
A102	1999	M	B	BTB	50.0	55.0	19.0	17.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	S	2	B	2	1	2	2	2	2	2	
A103	1999	F	B	SBB	45.8	47.2	19.8	15.0	S	L	U	C	3	1	P	B		L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	1	
A105	1999	F	B	SBD	54.1	54.4	20.2	16.5	C	L	S	N	1	1	P	DB		L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	4	
A108	1999	F	Y	SY	46.0	50.2	17.8	14.0	S	L	U	N	1	1	P	DB		M	N	1	B	2	2	2	2	2	2	2	
A109	1999	M	B	BTD	51.0	58.0	19.7	22.0	S	L	C	N	1	1	P	B	1	M	P	1	B	1	1	4	2	1	1	4	
A111	1999	M	B	BTB	50.8	55.1	20.0	17.5	S	L	C	N	2	1	P	DB	1	M	N	1	B	1	1	1	2	2	1	1	
A113	1999	M	Y	SY	49.0	55.6	20.4	23.5	S	L	S	N	1	1	P	LB	1	L	S	1	B	2	1	2	2	1	2	1	
A119	1999	F	B	BTB	50.0	52.4	19.5	15.5	W	L	-	N	1	1	P	B		L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	2	
A120	1999	M	B	BTB	49.4	58.4	20.6	24.0	W	L	C	N	3	1	P	DB	1	L	N	1	B	1	1	1	1	1	1	2	4
A122	1999	M	B	BTB	53.0	56.2	21.0	21.0	S	L	C	N	1	2	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	1	1	1	4
A130	1999	F	B	BTD	48.8	56.2	20.4	16.0	S	L	U	N	1	1	P	B		L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	1	
A140	1999	F	Y	MY	46.0	48.0	18.9	13.0	W	L	S	N	1	1	P	DB		L	P	1	B	1	1	1	1	1	2	1	
A146	1999	M	Y	LY	52.6	53.2	20.0	15.5	S	L	U	N	1	1	P	DB	1	L	P	DL3	B	1	1	2	1	1	1	1	
A147	1999	M	Y	LY	52.8	54.5	19.8	21.0	W	L	S	C	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	1	3	2	1	1	1	
A163	1999	F	Y	LY	48.6	58.0	20.4	17.0	S	L	S	N	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	1	
A168	1999	M	B	BTB	49.0	52.8	22.4	24.5	S	L	U	U	1	1	P	DB	1	L	S	DR4	B	2	2	3	3	1	2	1	
A174	1999	M	Y	LY	51.8	57.4	22.0	21.0	S	L	U	C	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	1	1	1	1	1	1	2	4
A175	1999	M	Y	LY	60.0	63.0	26.4	24.0	S	L	S	U	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	1	1	
A176	1999	F	Y	LY	51.0	58.4	22.3	23.0	S	L	U	C	1	1	P	LB		L	P	1	C	1	1	4	1	2	1	2	
A178	1999	F	Y	C	48.4	55.2	20.8	21.0	S	L	U	N	1	1	P	BG		M	P	1	C	1	1	1	1	1	1	1	4
A184	1999	F	Y	DY	48.6	53.6	19.0	18.0	S	L	S	N	1	1	P	DB		L	P	1	B	1	1	1	1	1	1	1	1
A188	1999	F	Y	MY	47.6	55.6	18.8	16.0	S	L	S	U	1	1	P	LB		L	S	1	B	1	1	1	1	1	1	2	1
A192	1999	M	Y	LY	47.0	55.6	19.4	19.0	S	L	C	N	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	1	1	1	1	1	1	4
A193	1999	M	Y	LY	46.0	57.0	20.4	20.0	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	1	1	1	1	1	4
A194	1999	F	Y	LY	46.6	51.7	18.0	15.0	W	L	S	N	1	1	P	B		M	P	1	B	1	1	1	1	1	1	2	4
A195	1999	F	Y	LY	44.8	54.4	20.0	15.0	W	L	U	N	1	1	P	B		L	P	LD2	B	1	1	1	1	1	1	2	4
A196	1999	F	Y	LY	48.0	55.0	19.0	17.0	W	L	U	N	1	1	P	LB		L	N	1	B	1	1	1	1	1	2	2	1
A208	1999	M	Y	MY	55.4	59.0	22.0	24.0	S	L	C	N	1	1	P	DB	1	M	P	1	B	1	1	2	2	2	1	2	

표 24. (Continued)

개체 번호	출생 년도	성 별	모색 분류	모 색	체 고	체 중	흉 심	체 중	모 질	모 장	꼬 리	교 합	량 조	설 반	귀	안 색	고 환	안 모	영 김	결 치	비 색	정 서	주 친	타 경	적 응	채 혈	공 격	활 동	
A213	1999	F	Y	MY	48.4	52.4	19.7	17.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	L	P	1	B	1	1	1	1	1	2	1		
A214	1999	M	B	BTB	54.8	55.0	22.0	19.5	S	L	S	N	3	1	P	DB	1	L	S	1	B	1	1	1	1	1	2	4	
A215	1999	M	B	BTB	61.6	66.4	22.0	31.0	S	L	S	N	3	1	P	DB	1	M	S	1	B	1	1	2	1	1	1	1	
A216	1999	F	B	BTD	52.3	55.8	18.2	21.0	C	L	S	N	3	1	P	DB	L	S	1	B	1	1	1	1	1	1	1	1	
A219	1999	F	B	BTD	54.2	56.7	21.2	18.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	L	N	1	B	1	2	2	1	2	2	2	2	
A220	1999	F	B	BTD	46.0	56.8	21.0	15.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	M	S	1	B	1	1	1	1	1	2	3	4	
A221	1999	F	B	BTB	51.6	54.9	21.5	19.0	C	L	S	C	1	1	P	DB	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	1	1	
A222	1999	F	B	BTB	51.4	50.0	19.4	17.5	S	L	C	N	1	1	P	DB	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	1	1	
A229	1999	M	B	BTB	58.4	60.0	20.6	18.0	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2	
A236	1999	M	B	BTB	53.2	53.3	21.2	24.5	S	L	C	SU	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	4	2	4	3	2	2	2	
A237	1999	M	B	BTB	52.2	58.2	22.0	21.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	1	
A238	1999	F	B	BTB	52.6	57.1	21.0	21.0	S	L	S	C	1	1	P	DB	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	1	1	
A239	1999	F	B	SBB	50.2	55.4	20.4	18.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	L	P	1	B	1	2	2	2	2	2	2	2	
A240	1999	F	B	BTB	43.7	51.7	18.8	15.0	S	L	U	N	2	1	P	DB	M	N	1	B	1	1	1	1	1	2	2	1	
A242	1999	M	Y	LY	54.8	59.0	22.0	28.5	S	L	S	N	2	1	P	LB	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2	
A243	1999	M	Y	MY	56.6	57.6	21.1	20.0	S	L	U	C	1	1	P	DB	1	L	P	UDRI	B	2	2	2	2	2	2	2	
A244	1999	M	Y	LY	50.8	58.6	21.0	21.0	W	L	U	N	1	1	P	LB	1	L	N	1	B	2	1	2	2	1	2	2	
A252	1999	M	Y	LY	47.5	52.0	18.6	20.0	W	L	C	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	2	1	1	1	1	1	4	
A254	1999	M	B	BTB	50.9	56.4	21.8	21.0	S	L	U	C	1	1	P	B	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	1	
A255	1999	F	B	BTB	57.4	57.4	21.4	19.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	L	S	1	B	2	2	2	2	2	2	2	2	
A257	1999	F	B	BTB	50.6	53.0	18.0	18.0	S	L	C	SU	3	1	P	B	L	P	1	B	2	3	3	3	3	1	2	3	
A258	1999	M	B	BTD	47.6	51.6	16.7	15.0	S	L	U	N	1	1	P	DB	1	L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	1	
A264	1999	M	Y	MY	53.8	58.8	20.0	23.0	S	L	S	U	5	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	1	1	1	2	2	1	
A265	1999	M	B	BTD	49.0	51.2	20.0	23.5	W	L	C	C	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	1	1	2	2	1	2	1	
A266	1999	F	B	BTB	47.0	53.5	19.6	16.0	S	L	S	SU	1	2	P	DB	L	P	1	B	2	2	3	2	2	2	2	2	
A267	1999	F	B	BTD	47.6	54.3	18.9	15.5	S	L	U	N	1	1	P	DB	L	N	1	B	1	1	2	1	2	1	1	1	
A271	1999	M	B	SBD	51.4	53.4	21.2	18.5	C	L	S	N	3	1	P	DB	1	L	S	1	B	3	3	3	3	3	2	3	
A275	1999	M	Y	SY	49.1	56.1	20.6	20.0	W	L	C	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	1	
A277	1999	M	B	BTD	46.2	53.4	18.8	17.0	S	M	S	N	1	1	P	LB	1	M	N	DR12	B	2	3	2	3	2	2	2	
A278	1999	F	Y	LY	47.0	50.2	19.2	17.0	S	L	S	N	1	1	P	B	L	S	1	B	2	2	2	3	2	2	2	2	
A279	1999	F	Y	GY	48.8	52.6	19.2	16.0	S	L	U	N	1	1	P	DB	L	P	1	B	1	2	2	1	2	2	1	1	
A281	1999	M	Y	MY	58.2	57.6	22.0	20.0	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	1	
A284	1999	F	Y	DY	46.0	48.6	17.4	13.5	S	L	U	N	1	1	P	B	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	2	2	
A290	1999	F	Y	LY	49.0	57.0	20.4	15.0	S	L	S	N	1	2	P	B	L	P	1	B	1	1	1	1	1	1	1	4	
A291	1999	M	Y	MY	51.9	55.0	18.3	20.0	S	L	U	C	1	1	P	DB	1	L	P	FU1	B	1	1	1	1	1	1	2	1
A292	1999	M	Y	LY	48.3	52.4	20.6	21.0	C	L	U	C	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	3	1	2	1	2	2	2	2
A293	1999	M	Y	SY	53.1	59.3	19.2	11.5	S	L	S	N	1	1	P	DB	2	L	P	1	B	1	2	2	2	2	2	2	2
A294	1999	F	Y	MY	47.6	52.5	18.8	15.0	S	L	C	N	1	1	P	B	L	S	1	B	1	1	2	1	2	1	2	1	
A295	1999	F	Y	LY	52.6	55.0	18.4	17.0	S	L	S	C	1	1	P	LB	M	P	차결심	B	2	2	2	2	2	2	2	2	
A296	1999	M	B	BTD	56.2	59.4	22.8	22.0	W	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	1	1	2	1	1	
A297	1999	F	B	BTD	54.8	59.3	18.9	17.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	1	1	
A302	1999	F	B	BTB	48.3	52.1	19.8	15.5	S	L	U	N	1	2	P	B	L	P	URD4	B	2	2	3	3	2	2	2	3	
A304	1999	M	Y	MY	49.0	55.6	20.6	19.0	S	L	S	C	1	1	P	DB	1	M	S	1	B	1	1	2	1	1	2	1	
A305	1999	M	B	BTB	50.0	58.0	20.4	19.1	S	L	S	N	1	1	P	LB	1	M	N	1	B	1	1	2	1	2	2	1	
A306	1999	M	B	BTB	48.4	53.9	21.0	24.5	S	L	U	C	1	1	P	B	1	M	N	1	B	1	1	2	2	2	1	4	
A307	1999	F	B	BTB	53.2	54.4	21.8	25.0	S	L	S	C	1	1	P	DB	L	P	DR12	B	1	1	2	2	2	2	2	1	
A308	1999	M	Y	LY	56.2	61.6	24.8	27.5	S	L	C	N	1	2	P	DB	1	L	P	DR1	B	2	2	3	2	1	3	2	
A309	1999	M	Y	LY	53.7	56.0	20.2	18.5	W	L	S	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	1	1	1	
A310	1999	F	B	BTB	46.0	49.0	19.0	15.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	L	S	1	B	2	2	2	2	2	2	2	2	
A312	1999	M	B	BTB	52.0	54.4	20.8	20.5	S	L	U	C	1	1	P	B	1	M	P	1	B	1	2	2	1	1	1	2	
A313	1999	M	B	BTB	47.2	53.8	20.8	19.5	S	L	S	SU	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	1	2	4	
A314	1999	M	B	BTD	52.8	56.8	18.8	18.5	S	L	U	SU	1	1	P	LB	1	M	N	1	B	1	1	1	1	1	2	4	
A316	1999	M	Y	LY	53.4	56.3	21.4	21.0	C	L	U	C	1	1	P	LB	1	L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	2	
A318	1999	F	Y	LY	50.6	57.0	20.3	17.5	S	L	S	C	1	1	P	LB	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	1	1	
A321	1999	F	Y	SY	52.2	58.0	18.6	16.0	S	L	C	N	1	1	P	LB	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	2	2	
A326	1999	F	Y	MY	49.4	54.2	21.0	15.0	S	L	C	N	1	1	P	DB	M	S	1	B	1	1	2	2	2	2	2	2	
A327	1999	M	Y	MY	49.2	52.4	19.5	20.0	W	L	U	C	1	1	P	B	1	M	S	1	B	1	1	1	1	1	2	4	
A329	1999	M	B	BTB	52.4	57.4	20.8	21.0	C	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	P	DR1	B	1	1	2	2	2	1	2	

표 24. (Continued)

개체 번호	출생 년도	성 별	모색 분류	모 색	체 고	체 장	흉 심	체 중	모 질	모 장	꼬 리	교 합	량 조	설 반	귀	안 색	고 환	안 모	영 김	결 치	비 색	정 서	주 친	타 경	적 응	채 혈	공 격	활 동
A330	1999	M	Y	GY	54.2	58.4	22.3	22.0	S	L	C	C	1	1	P	LB	1	L	N	1	C	1	1	2	1	2	1	1
A331	1999	F	B	BTB	53.0	54.6	19.9	20.0	W	L	U	N	1	1	P	B	1	L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	1
A332	1999	F	Y	MY	54.4	59.3	21.8	20.0	W	L	S	C	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	1	1	2	2	1
A335	1999	M	Y	MY	52.0	55.8	21.4	21.5	S	M	C	N	1	1	P	LB	1	M	N	1	B	1	1	2	1	2	1	1
A337	1999	M	Y	MY	52.9	56.9	21.0	20.0	C	L	S	C	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	1
A343	1999	F	Y	MY	51.8	62.0	21.4	18.5	S	L	U	C	1	1	P	LB	1	M	P	1	B	1	1	2	1	2	2	1
A344	1999	M	B	BTB	53.5	56.2	23.1	23.0	W	L	C	N	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	1	1	2	2	2	2	2
A350	1999	M	Y	LY	55.4	62.5	22.6	20.0	S	L	C	N	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	1	2	2	2	2	1	1
A351	1999	F	Y	LY	53.4	57.0	20.0	20.0	S	L	C	N	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	1	2	2	2	2	2	2
A352	1999	F	Y	MY	52.0	56.0	20.8	17.5	S	L	C	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	1
A353	1999	M	Y	LY	48.9	53.0	19.8	16.0	W	M	C	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	3	2	2	1	1
A354	1999	F	Y	LY	50.8	59.2	20.4	22.0	W	L	C	N	1	1	P	B	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	1
A355	1999	M	Y	DY	50.8	53.2	20.6	16.0	S	L	C	N	1	1	P	B	1	M	P	1	B	1	1	2	2	1	2	4
A356	1999	F	Y	SY	50.0	56.0	19.5	14.0	S	L	S	N	1	1	P	LB	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	1
A358	1999	M	Y	GY	46.0	52.8	20.0	19.0	S	L	S	U	1	1	P	B	1	M	N	1	B	1	1	1	1	2	2	4
A359	1999	M	Y	MY	51.2	58.8	21.4	19.5	S	L	S	C	1	1	P	DB	1	M	P	1	B	1	1	2	1	2	2	2
A360	1999	F	Y	MY	44.6	52.4	18.2	17.5	W	L	S	N	1	1	P	DB	1	M	S	UDRI	B	1	1	2	2	1	2	2
A361	1999	F	Y	MY	47.2	54.8	17.8	16.0	C	L	S	N	1	1	P	B	1	M	P	1	B	2	2	2	2	3	2	2
A363	1999	M	Y	MY	45.0	49.3	19.7	16.0	W	L	C	C	5	2	P	B	1	M	P	1	B	1	1	3	2	2	1	1
A364	1999	M	Y	LY	51.4	59.4	25.8	24.0	S	L	U	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	1
A366	1999	F	Y	SY	49.2	53.4	19.2	18.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	2
A368	1999	M	Y	MY	52.0	55.2	21.0	20.0	S	L	U	N	1	1	P	B	1	L	P	DLP2	B	1	1	2	2	1	2	1
A369	1999	F	Y	LY	49.2	54.2	20.4	16.0	W	L	C	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	1
A371	1999	F	Y	MY	51.2	52.4	19.1	16.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	2	2	2	2	1	1
A372	1999	F	Y	LY	47.4	52.4	20.4	16.0	S	L	U	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	2	1	2	1	1	2	1
A373	1999	M	Y	LY	47.0	52.4	23.0	18.5	C	L	C	N	2	1	P	B	1	L	S	1	B	1	2	2	1	1	2	1
A374	1999	F	Y	LY	49.2	55.3	20.8	18.5	W	L	S	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	1	1	1	2	4
A377	1999	M	B	BTB	50.8	54.4	21.0	21.5	C	L	S	N	1	2	P	LB	1	L	S	1	B	2	2	3	2	2	1	2
A380	1999	M	Y	LY	48.8	54.6	21.3	20.0	W	L	C	N	1	1	P	LB	1	M	N	1	B	2	2	3	2	2	2	2
A389	1999	M	Y	GY	53.2	57.0	19.8	17.0	S	L	U	C	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	2	2	1	2	2	2	3
A390	1999	M	Y	MY	54.0	56.3	23.2	23.5	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	N	1	B	1	1	3	2	2	2	1
A393	1999	F	Y	SY	48.2	56.6	21.0	19.5	W	L	C	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	2	2	2	1	2	2	2
A394	1999	F	Y	MY	53.2	55.6	21.0	19.0	S	L	C	N	1	2	P	DB	1	L	P	1	B	1	2	2	1	2	2	2
A395	1999	F	Y	MY	45.4	53.9	20.4	17.0	C	L	C	N	1	2	P	B	1	L	S	1	B	1	1	1	1	2	2	1
A398	1999	M	B	BTB	49.0	51.6	22.4	19.5	S	L	U	N	1	1	P	DB	1	M	N	1	B	2	2	2	2	2	2	1
A400	1999	M	B	BTB	46.4	53.0	18.7	16.0	S	L	S	N	5	1	P	DB	1	M	P	1	B	1	2	2	1	2	2	1
A402	1999	F	Y	C	54.2	53.4	21.6	19.0	S	L	U	N	3	1	P	BG	1	L	N	1	C	1	1	1	1	2	2	1
A404	1999	M	Y	MY	54.0	56.0	20.6	22.0	S	L	C	N	1	1	P	LB	1	M	P	1	B	1	1	1	1	1	2	1
A405	1999	M	Y	LY	49.3	56.2	20.5	25.0	S	L	C	C	1	1	P	DB	1	L	S	DLP2	B	1	2	3	2	2	2	1
A421	1999	M	Y	MY	55.0	58.0	22.0	21.0	S	L	S	N	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	1	1	4
A422	1999	M	Y	LY	48.8	56.0	21.4	18.0	S	L	C	N	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	2	2	3	2	2	2	2
A423	1999	F	Y	LY	45.8	55.6	18.0	20.0	S	L	S	N	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	1	1	1	1	2	4
A426	1999	M	Y	LY	52.3	58.0	21.0	22.0	S	L	U	N	1	1	P	B	1	L	P	1	B	1	1	1	1	1	2	4
A430	1999	F	Y	SY	47.3	53.2	19.2	18.5	S	L	C	N	1	2	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	2
A431	1999	F	Y	SY	45.0	50.5	20.3	16.0	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	2	2	2	2	2	2	2
A435	1999	F	B	BTB	46.5	59.4	20.4	19.0	W	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	2	3	2	2	2
A440	1999	M	Y	MY	52.2	56.2	19.6	18.0	S	L	U	N	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	1	1	1	1	2	2	1
A441	1999	F	B	BTB	51.2	56.0	20.8	24.5	S	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	N	1	B	2	2	3	2	2	2	2
A442	1999	F	B	BTB	47.3	56.2	23.3	19.5	W	L	C	N	1	1	P	DB	1	L	P	URD	B	2	2	2	2	2	2	2
A443	1999	F	B	BTB	52.0	53.0	19.2	17.0	S	L	U	N	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	2	1	2	2	2	2	2
A444	1999	F	B	SBD	58.8	55.9	21.7	19.0	S	L	C	N	1	1	P	DB	1	L	N	1	B	1	1	2	1	2	1	1
A445	1999	F	B	SBD	51.8	52.8	20.0	16.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	1	M	N	1	B	1	2	3	3	2	2	2
A447	1999	M	Y	LY	51.2	61.0	21.0	17.5	S	L	C	N	3	1	P	DB	1	L	S	1	B	2	1	2	2	2	2	2
A450	1999	M	Y	LY	51.4	56.8	21.5	25.5	S	L	C	N	1	1	P	B	1	M	S	1	B	1	1	1	1	2	2	2
A451	1999	M	Y	DY	53.0	56.3	22.0	21.5	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	3	4
A452	1999	F	Y	SY	46.2	50.8	18.8	16.0	S	L	C	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	2	2	2	2	2	2	3
A453	1999	F	Y	SY	45.3	55.0	19.5	17.0	S	L	S	N	1	1	P	LB	1	M	P	1	B	1	1	2	1	2	2	2
A456	1999	F	B	BTB	50.0	58.0	20.0	21.0	W	L	C	N	1	1	P	B	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	2

표 24. (Continued)

개체 번호	출생 년도	성 별	모색 분류	모 색	체 고	체 장	흉 심	체 중	모 질	모 장	꼬 리	교 합	량 조	설 반	귀	안 색	고 환	안 모	영 검	결 치	비 색	정 서	주 친	타 경	적 응	채 혈	공 격	활 동
A458	1999	F	B	BTB	52.1	53.3	19.4	18.5	W	L	C	N	1	1	P	DB	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2	
A464	1999	M	B	BTB	59.5	62.1	21.6	23.0	S	L	C	SU	1	2	P	DB	1	L	N	1	B	2	1	3	2	2	1	1
A465	1999	M	B	SBD	54.2	56.2	22.8	22.0	W	L	S	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	1	1
A466	1994	M	B	BTB	55.3	59.4	24.0	23.0	S	L	C	N	3	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	3
A467	1999	F	B	SBD	52.2	55.4	28.7	17.0	S	M	U	N	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	1	2	2	2	2	2	2
A468	1999	F	B	SBD	52.2	59.2	19.3	16.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	1	1	2	2	2	2	2
A469	1999	M	Y	MY	48.8	58.4	21.6	27.0	W	L	S	N	1	1	P	LB	1	M	P	1	B	1	2	2	1	2	2	1
A473	1999	M	Y	LY	50.6	55.5	20.0	20.5	W	L	S	N	1	1	P	B	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	1
A481	1999	M	Y	MY	51.0	56.9	20.5	15.0	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	1
A488	2000	F	B	SBB	46.7	52.9	19.1	20.5	S	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	2
A490	2000	F	B	BTB	45.4	53.0	18.2	14.5	S	L	U	N	1	1	P	B	1	M	S	1	B	2	1	2	1	2	2	1
A491	2000	F	B	BTB	43.5	50.2	17.5	14.5	S	L	C	N	1	1	P	B	1	L	S	DL2	B	2	2	2	2	2	2	2
A492	2000	M	B	SBD	50.7	59.5	22.3	23.0	W	L	U	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	1	2	1
A493	2000	F	B	BTB	54.6	56.0	20.8	15.0	S	L	S	N	1	2	P	B	1	L	P	1	B	1	2	2	2	2	2	2
A494	2000	F	B	BTB	46.0	52.7	21.0	20.5	S	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	2	2	2	2	1
A496	2000	M	B	BTB	49.8	55.6	21.5	24.5	W	L	S	U	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	1
A500	2000	F	B	BTB	50.0	53.2	18.8	20.5	W	L	S	N	1	1	P	B	1	M	S	1	B	1	1	2	1	2	2	1
A503	2000	F	B	BTB	50.2	51.4	18.0	12.0	S	L	S	N	1	1	P	LB	1	L	P	하루	B	1	2	2	2	2	2	2
A509	2000	F	Y	MY	47.8	58.6	20.7	21.0	S	L	C	C	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	2	3	3	3	2	3	2
A521	2000	F	Y	LY	49.4	56.0	18.4	18.0	S	L	S	N	1	1	P	B	1	M	N	1	B	2	3	2	3	2	3	1
A525	2000	M	Y	LY	58.0	60.8	21.4	20.0	S	L	C	N	1	1	P	LB	1	L	N	1	B	1	1	3	2	1	1	1
A527	2000	F	Y	LY	50.8	55.4	20.4	14.0	S	L	S	N	1	1	P	B	1	M	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
A552	2000	M	B	BTB	51.3	55.5	20.9	17.0	C	L	S	N	1	2	P	LB	1	L	P	1	B	1	2	2	2	2	2	2
A561	2000	M	B	BTB	54.0	56.0	22.3	22.5	W	L	C	N	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	1	1	2	2	2	2	2
A562	2000	M	B	BTB	51.8	54.4	20.4	19.0	W	L	S	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	1	1	2	2	2
A563	2000	F	B	BTB	49.4	53.8	19.8	16.5	W	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	1
A564	2000	M	B	BTB	53.0	57.1	18.8	17.0	S	L	C	N	1	1	P	LB	1	L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	2
A565	2000	F	B	BTB	53.0	53.2	20.1	17.0	C	M	S	N	1	2	P	B	1	M	S	1	B	1	1	2	2	2	2	2
A567	2000	F	B	BTB	52.6	54.4	19.7	19.5	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	S	DR4	B	1	1	2	1	2	2	1
A568	2000	M	Y	LY	50.6	54.8	20.2	14.0	S	L	C	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	1
A569	2000	M	Y	LY	54.8	57.4	19.8	16.0	S	L	C	N	1	1	P	LB	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	1	1
A576	2000	M	B	BTB	49.5	52.7	20.6	17.5	S	L	S	N	2	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	2
A578	2000	M	B	BTB	51.0	54.6	20.6	18.5	W	L	C	N	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
A579	2000	M	B	BTB	53.0	56.0	20.4	19.0	W	L	-	N	1	1	P	DB	1	L	P	UL3	B	1	1	2	1	2	2	2
A580	2000	M	B	BTB	53.0	57.2	19.0	22.5	W	L	S	C	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	2	2	2	1	3	2	2
A581	2000	F	B	BTB	46.8	49.6	20.4	17.6	S	L	S	SU	1	1	P	B	1	M	P	1	B	1	1	2	1	2	2	2
A582	2000	F	B	BTB	49.2	46.8	18.8	15.0	W	M	S	N	1	1	P	DB	1	M	P	1	B	1	2	2	2	2	2	2
A583	2000	F	B	BTB	51.2	53.0	19.4	16.0	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	N	1	B	1	2	2	2	2	2	2
A584	2000	F	Y	LY	46.0	49.5	18.3	16.0	W	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	1	2	2	2	2	2	2
A585	2000	F	B	SBB	49.0	55.0	19.0	17.0	W	L	U	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	2	2	1	2	2	2
A592	2000	F	Y	LY	54.8	59.6	20.0	14.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	1	M	P	1	B	1	1	2	2	2	2	2
A600	2000	F	B	BTB	47.2	48.0	17.2	16.0	W	L	C	C	1	1	P	DB	1	M	N	DUR1	B	3	3	2	3	3	2	3
A608	2000	M	Y	MY	52.0	58.0	18.4	16.0	C	L	C	C	1	1	P	B	1	L	P	DUR1	B	1	1	2	2	2	2	2
A609	2000	M	B	BTB	54.8	55.4	20.2	15.0	S	L	C	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	1
A613	2000	F	Y	LY	47.2	53.2	19.4	18.5	S	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	N	DR3	B	1	2	2	2	2	2	2
A617	2000	M	B	BTB	49.0	57.0	19.2	21.0	W	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	1	1	2	2	1
A619	2000	M	B	BTB	49.4	56.0	20.8	19.0	S	L	S	C	1	1	P	B	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	1
A621	2000	M	B	BTB	44.2	48.9	19.6	17.0	S	L	U	N	1	1	P	DB	1	M	N	1	B	4	4	4	4	3	1	4
A622	2000	M	B	SBD	49.6	50.8	20.1	16.0	C	L	C	U	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	3	3	3	3	3	2	3
A624	2000	F	B	BTB	48.5	51.6	18.5	17.0	S	L	U	SU	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	1
A625	2000	M	Y	MY	57.4	55.4	21.2	21.5	S	L	S	C	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	2	2	2	2	2	2	2
A628	2000	M	Y	MY	51.0	56.0	19.2	18.0	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	2
A629	2000	M	Y	MY	52.8	57.5	20.8	23.0	S	L	S	N	1	1	P	LB	1	M	P	1	B	1	1	2	1	2	3	1
A631	2000	M	B	BTB	51.0	57.6	19.4	18.0	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
A632	2000	M	Y	LY	52.4	58.0	19.8	18.0	S	L	U	N	1	1	P	B	1	L	S	문소11	B	2	2	2	2	2	2	2
A633	2000	M	Y	LY	51.4	55.0	18.2	15.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	2	2	2	2	2
A635	2000	M	Y	MY	53.0	57.4	19.7	21.0	S	L	S	N	1	1	P	LB	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
A636	2000	F	Y	LY	50.5	51.2	19.0	15.0	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	1	1	2	2	1

표 24. (Continued)

개체 번호	출생 년도	성 별	모색 분류	모 색	체 고	체 중	흉 심	체 중	모 질	모 장	꼬 리	교 합	량 조	설 반	귀	안 색	고 환	안 모	영 감	결 치	비 색	정 서	주 친	타 경	적 응	채 혈	공 격	활 동
A640	2000	M	Y	GY	49.8	54.8	18.5	21.0	S	L	S	N	2	1	H	DB	1	L	P	1	B	2	2	2	2	2	2	2
A645	2000	M	Y	LY	56.4	58.0	20.0	23.0	S	L	S	N	1	1	P	B	1	M	S	1	B	1	1	2	1	2	2	1
A647	2000	F	Y	LY	50.6	56.0	19.2	14.0	S	L	U	N	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	1
A648	2000	M	Y	LY	54.8	59.4	21.4	19.0	C	L	C	N	1	2	P	LB	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
A649	2000	F	Y	LY	50.2	57.2	19.4	18.0	C	L	C	N	1	1	P	B	1	M	P	1	B	1	1	2	1	2	2	1
A651	2000	M	Y	DY	48.2	50.7	19.8	17.0	S	M	S	N	1	1	P	DB	1	M	N	UR3	B	1	1	1	1	1	2	4
A654	2000	M	Y	DY	51.7	54.0	19.2	19.0	W	L	C	N	1	1	P	B	1	M	P	DL4	B	1	1	2	1	2	2	1
A657	2000	F	Y	LY	54.8	58.0	20.8	20.5	S	L	C	C	1	1	P	LB	1	L	P	DLR2	B	1	1	1	1	2	3	1
A665	2000	M	Y	DY	54.0	60.2	19.0	20.0	W	L	U	N	2	1	P	LB	1	M	P	1	B	1	1	2	1	1	2	4
A666	2000	M	Y	LY	47.8	51.0	19.0	16.0	W	L	S	U	1	1	P	B	1	M	P	1	B	1	2	2	2	2	2	2
A668	2000	M	Y	LY	48.8	51.2	17.9	16.0	W	L	S	N	1	1	P	B	1	M	P	1	B	2	2	2	2	2	2	2
A670	2000	F	Y	MY	50.2	58.0	19.0	18.0	S	L	S	N	1	2	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
A672	2000	F	Y	LY	48.5	55.6	19.4	20.0	W	L	S	N	3	1	P	B	1	L	S	1	B	2	2	1	2	2	2	1
A673	2000	F	Y	LY	51.4	58.4	19.0	21.5	W	L	C	N	4	1	P	B	1	L	S	1	B	2	2	1	2	2	2	2
A674	2000	F	Y	LY	51.7	56.9	19.8	17.5	S	M	U	N	1	1	P	LB	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	1
A676	2000	F	B	BTB	45.8	50.7	17.5	13.0	W	L	U	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	3	1
A678	2000	F	B	BTB	49.6	50.2	16.0	13.0	S	L	S	N	1	1	P	LB	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	1
A680	2000	M	B	BTB	52.2	56.7	21.2	19.0	S	L	U	N	1	1	P	B	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	1
A681	2000	M	Y	MY	54.8	60.6	19.0	25.0	W	L	S	N	1	1	P	B	1	M	P	1	B	1	1	2	1	2	2	4
A685	2000	F	B	BTB	42.8	48.1	15.2	12.0	S	L	C	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	1
A686	2000	M	B	BTB	46.0	53.4	18.6	16.0	W	L	C	N	1	1	P	DB	1	M	P	1	B	3	3	4	2	1	2	4
A688	2000	F	Y	LY	51.4	58.9	19.7	15.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	1	2	2	2	2	2	2
A690	2000	M	B	BTB	52.0	55.3	20.6	22.5	W	L	C	N	1	1	P	DB	1	L	N	1	B	1	1	2	1	1	2	1
A691	2000	F	B	BTB	45.6	50.2	19.4	23.5	W	L	C	N	3	1	P	DB	1	L	P	1	B	3	3	3	3	3	2	3
A692	2000	F	Y	DY	43.7	51.0	16.8	15.0	C	M	U	N	1	1	P	B	1	M	P	1	B	3	4	4	4	3	3	2
A699	2000	M	Y	GY	50.0	56.6	19.2	18.0	S	L	C	N	1	1	P	LB	1	M	N	1	B	1	1	2	3	2	2	1
A700	2000	M	Y	LY	52.4	55.6	21.3	18.5	W	M	S	N	1	1	P	B	1	L	N	1	B	2	2	3	1	2	2	1
A702	2000	M	Y	LY	53.8	59.0	22.0	21.0	S	L	C	N	1	1	P	LB	1	L	S	1	B	2	2	2	2	2	2	2
A703	2000	M	B	BTB	55.2	57.0	21.0	17.0	S	L	U	N	1	1	P	B	1	L	P	1	B	1	1	2	2	2	2	2
A709	2000	M	B	SBD	49.4	56.2	20.2	19.0	W	L	C	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	1	2	4
A711	2000	F	B	BTB	54.4	56.6	20.8	16.0	S	L	S	N	1	1	P	B	1	M	P	1	B	1	1	2	2	2	2	2
A714	2000	M	Y	LY	52.8	61.0	20.8	15.0	S	L	U	N	1	1	P	B	1	L	N	1	B	1	1	2	1	2	1	1
A716	2000	F	B	BTB	56.3	58.0	20.6	16.0	S	L	C	C	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	2
A722	2000	M	Y	MY	51.0	55.2	18.9	17.5	C	L	C	N	1	1	P	B	1	M	P	1	B	1	1	2	1	1	2	4
A729	2000	M	B	BTB	52.6	60.6	21.4	22.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	2	2	2	2	2	2
A735	2000	M	Y	DY	56.1	62.8	19.4	19.0	C	L	S	C	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	2	2	2	2	2	2
A742	2000	F	YW	P	54.2	55.0	18.4	13.0	C	L	S	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	1
A744	2000	F	YW	P	54.0	56.8	22.0	23.0	S	M	C	N	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	1
A746	2000	F	Y	LY	53.7	62.4	21.6	23.0	S	L	U	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	2	1	2	1	2	2	2
A751	2000	M	B	BTB	53.2	58.2	22.2	20.0	S	L	C	SU	1	1	P	LB	1	L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	2
A760	2000	F	B	BTB	53.4	55.2	19.6	19.5	W	L	C	N	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	3
0280	1993	F	C	MY	50.6	56.6	20.0	19.0	S	L	S	N	1	1	P	LB	1	M	P	DRI	C	1	1	1	1	2	3	2
A178	1999	F	C	C	51.0	57.0	20.8	17.0	S	L	S	N	1	1	P	LB	1	M	P	1	C	1	1	1	1	1	2	1
E032		F	Y	MY	46.2	50.6	20.4	19.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	2
E033		F	Y	MY	50.8	54.0	19.0	17.0	S	L	S	C	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	4	3	3	3	3	2	3
E037		F	B	BTB	51.0	54.5	19.7	20.5	S	L	S	N	5	1	P	B	1	M	P	1	B	3	3	3	3	3	2	3
E048		F	B	BTB	45.0	52.4	21.4	23.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B	1	1	2	2	2	2	4

표 25. 삽살개 외형적 특징 및 성품적 특징 조사 결과(2002년, 92두)

개체 번호	출생 년도	성 별	모색 분류	모 색	체 고	체 장	흉 심	체 중	모 질	모 장	꼬 리	교 합	량 조	설 반	귀	안 색	고 환	안 모	영 김	결 치	비 색	정 서	주 친	타 경	적 응	채 혈	공 격	활 동
1A003	2001	F	B	BTB	48.4	49.0	18.0	11.0	S	L	S	U	1	2	P	LB		L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	2
1A027	2001	F	Y	LY	50.4	52.4	16.0	14.0	W	L	U	N	1	2	P	B		L	S	1	C	1	1	2	1	2	2	2
1A034	2001	M	B	BTD	56.2	59.6	20.0	19.0	W	L	U	N	1	2	P	DB	1	L	N	1	B	1	1	1	1	2	2	2
1A053	2001	M	B	BTD	54.0	59.0	20.0	17.0	S	L	C	N	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	2	2	2	2	2	2
2A017	2001	M	Y	MY	55.0	60.0	20.2	20.0	S	L	C	N	1	1	P	LB	1	L	S	1	B	1	1	2	2	2	2	2
2A024	2001	F	B	BTB	53.2	58.8	18.8	17.0	S	L	S	C	1	1	P	LB		L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	2
2A044	2002	F	Y	LY	54.2	58.8	19.2	17.0	S	L	S	N	1	1	P	B		L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	2
6A013	2001	F	Y	MY	52.2	57.0	20.0	18.0	S	L	C	N	1	1	P	B		L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	2
A858	2001	F	B	BTB	52.0	57.2	19.4	17.0	S	L	U	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
A886	2001	F	B	BTD	52.0	56.0	20.0	18.0	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
A894	2001	F	Y	LY	50.0	58.0	22.0	20.0	S	L	U	N	3	1	P	DB		L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
A907	2001	F	Y	MY	48.0	49.0	19.8	15.0	S	L	S	N	1	1	P	LB		L	N	1	B	1	1	2	1	1	2	1
A922	2001	M	Y	LY	53.4	53.0	19.2	18.0	S	L	C	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	2	2	2	2
A942	2001	F	B	SBB	54.6	55.0	18.4	15.0	S	L	S	N	1	1	P	LB		L	S	1	B	1	2	2	2	2	2	2
A950	2001	F	B	BTD	51.6	52.0	16.6	12.0	S	L	S	N	1	1	P	B		M	S	1	B	1	1	2	2	2	2	2
A952	2001	M	B	BTD	55.8	56.0	19.0	16.0	S	L	U	C	1	1	P	LB	1	M	S	1	B	1	1	2	2	2	2	2
A959	2001	M	B	BTB	50.4	60.4	20.0	19.0	S	L	U	N	1	1	P	B	1	L	P	1	B	2	2	3	2	2	2	2
A960	2001	M	Y	MY	53.0	56.1	19.2	15.0	S	L	C	N	1	1	P	B	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	1
A962	2001	F	Y	LY	50.2	57.0	19.0	16.0	S	L	U	N	1	1	P	B		L	P	1	B	1	2	2	2	2	2	2
A966	2001	M	Y	LY	51.2	53.0	19.0	18.0	W	L	U	N	1	1	P	LB	1	L	S	1	B	1	1	2	2	2	2	2
A967	2001	M	Y	MY	50.0	56.2	22.0	16.0	S	M	C	N	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	2	2	1	2	2	2
A987	2001	F	Y	DY	55.4	56.0	20.0	18.0	S	L	C	N	1	1	P	LB		L	P	US3	B	1	2	2	2	2	2	2
A989	2001	M	B	BTB	54.0	58.4	21.0	25.0	S	L	C	C	1	1	P	LB	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	1	2
B009	2001	F	B	SBB	53.0	54.0	18.0	15.0	W	L	S	N	1	1	P	LB		L	P	1	B	1	2	2	2	2	2	2
B025	2001	M	Y	MY	53.4	58.0	20.0	18.0	S	L	C	N	1	1	P	B	1	L	S		B	1	1	2	2	2	2	2
B029	2001	F	Y	LY	50.2	50.4	17.4	13.0	W	L	C	SU	1	1	P	B		L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	2
B051	2001	M	Y	LY	52.0	57.0	21.0	18.0	S	L	C	N	1	1	P	BG	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	1
B056	2001	F	B	SBB	47.6	55.4	19.0	17.0	S	L	S	N	1	1	P	LB		L	S	1	B	1	2	2	2	2	2	2
B059	2001	M	B	SBB	57.0	60.0	18.2	21.0	S	L	C	N	3	1	P	LB	1	L	S	DD-3	B	1	2	2	2	2	2	2
B061	2001	M	B	SBB	57.0	61.0	19.2	24.0	S	L	C	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	2	2	2	2	2	2
B064	2001	M	Y	LY	59.0	59.0	22.0	20.0	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	S		B	1	1	2	2	2	2	2
B065	2001	M	Y	MY	54.2	58.8	19.6	20.0	S	L	S	N	1	1	P	LB	1	L	S	1	B	1	1	2	2	2	2	2
B076	2001	M	Y	LY	58.4	62.5	22.6	22.0	S	L	C	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	1	2
B077	2001	F	Y	LY	57.0	58.4	21.6	23.0	S	L	C	SU	3	1	P	LB		L	S	1	B	1	1	2	1	2	1	2
B078	2001	F	Y	LY	54.4	56.0	19.4	17.0	S	L	C	SU	3	1	P	LB		L	S	1	B	1	1	2	1	2	1	2
B081	2001	M	Y	MY	56.4	57.8	18.8	17.0	S	L	C	C	1	2	P	B	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	2
B082	2001	F	B	BTB	49.6	53.0	18.0	13.0	S	L	C	N	1	1	P	LB		L	P	1	B	1	2	2	2	2	2	2
B086	2001	M	Y	LY	51.6	53.0	10.5	14.0	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	2	2	2	2	2	2
B087	2001	F	Y	DY	58.0	59.0	20.0	22.0	S	L	C	C	1	2	P	B		L	S	LUS3	B	1	1	2	1	2	1	2
B088	2001	F	Y	LY	50.0	51.2	18.2	13.0	S	L	C	N	1	1	P	B		L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
B095	2001	F	B	SBB	48.0	52.0	18.6	16.0	C	L	S	N	3	1	P	LB		L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	1
B096	2001	F	B	SBB	46.4	52.6	15.6	13.0	W	L	C	C	1	1	P	B		L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	2
B100	2001	M	Y	MY	58.0	66.2	21.0	20.0	S	L	S	N	3	1	P	B	1	M	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
B101	2001	M	Y	LY	56.0	56.2	20.0	18.0	S	L	C	C	2	1	P	DB	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
B107	2001	F	B	SBB	48.6	54.9	18.6	13.0	S	L	C	N	1	1	P	LB		L	P	1	B	1	2	2	3	2	2	2
B119	2001	F	B	BTB	52.8	61.0	19.2	13.0	S	L	U	N	1	1	P	B		L	N	1	B	1	1	2	2	2	2	1
B129	2001	M	B	SBB	57.4	58.0	22.0	21.0	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
B132	2001	M	B	BTB	55.2	57.8	20.0	23.0	S	L	C	N	1	1	P	B	1	L	S		B	1	2	2	2	2	2	2
B134	2001	M	Y	MY	56.0	61.2	23.0	26.0	W	L	U	C	1	1	P	LB	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	1	2
B136	2001	M	Y	LY	57.0	61.0	22.2	22.0	S	L	C	C	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	1	1
B137	2001	M	Y	MY	53.0	60.2	21.4	18.0	W	L	C	C	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	2	2	2	2	2	2
B143	2001	F	Y	DY	51.0	53.0	20.0	15.0	S	L	S	N	1	2	P	LB		L	P	1	B	2	3	3	3	2	2	2
B145	2001	F	Y	LY	52.0	54.2	18.4	16.0	W	L	C	N	1	1	P	B		L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
B146	2001	F	Y	LY	54.4	54.2	19.4	17.0	W	L	C	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
B148	2001	M	Y	DY	52.0	57.4	21.0	19.0	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	2
B149	2001	F	Y	LY	49.4	56.0	18.6	16.0	S	M	S	N	1	1	P	B		L	P	1	B	1	2	2	2	2	2	2
B172	2001	M	B	SBB	55.4	59.6	20.7	20.0	W	L	C	N	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	1
B173	2001	M	Y	LY	55.0	59.0	18.0	20.0	S	L	C	N	1	1	P	B	1	L	P	1	B	1	1	2	2	2	2	2

표 25. (Continued)

개체 번호	출생 년도	성 별	모색 분류	모 색	체 고	체 장	흉 심	체 중	모 질	모 장	꼬 리	교 합	량 조	설 반	귀	안 색	고 환	안 모	영 김	결 치	비 색	정 서	주 친	타 경	적 응	채 혈	공 격	활 동
B175	2001	M	Y	LY	54.0	57.6	22.0	22.0	S	L	C	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
B176	2001	M	Y	LY	54.2	57.2	21.2	20.0	W	L	C	N	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	1	2
B177	2001	M	Y	MY	52.2	60.4	19.2	18.0	S	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	1	1	2	2	2	2	2
B179	2001	F	Y	LY	51.4	54.0	18.2	16.0	W	L	C	N	1	1	P	DB		L	S	1	B	1	1	2	2	2	2	2
B180	2001	M	Y	MY	48.6	57.6	20.4	15.0	S	L	C	C	1	1	P	LB	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
B181	2001	F	Y	LY	50.8	54.6	17.2	13.0	S	L	C	N	1	1	P	LB		L	S	1	B	1	2	2	2	2	2	2
B182	2001	M	Y	DY	59.4	62.2	24.0	25.0	S	L	C	N	1	1	P	B	1	L	P	2	B	1	1	2	1	2	2	2
B184	2001	F	Y	MY	52.0	55.6	18.0	17.0	W	L	U	N	1	1	P	B		L	N	1	B	1	1	2	2	2	2	2
B192	2001	M	Y	MY	55.0	59.0	18.4	17.0	S	L	C	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	1	1
B195	2001	F	Y	LY	55.0	58.6	19.0	20.0	S	L	S	N	1	1	P	LB		L	S	1	B	1	1	2	2	2	2	2
B196	2001	F	Y	LY	51.0	57.4	19.6	17.0	S	L	S	N	1	1	P	DB		L	S	1	B	1	2	2	1	2	2	2
B211	2001	M	B	BTB	54.0	59.0	22.0	19.0	S	L	C	N	1	1	P	LB	1	L	S	RUST	B	1	2	2	2	2	2	2
B214	2001	F	C	C	54.2	59.2	18.0	18.0	W	L	C	N	1	1	P	DB		L	S	1	C	1	1	2	1	2	2	2
B216	2001	F	B	SBD	51.0	59.0	20.0	18.0	W	L	S	N	1	1	P	LB		M	N	1	B	1	2	2	2	2	2	2
B226	2001	F	Y	LY	52.2	58.2	20.4	21.0	S	L	S	N	1	1	P	LB		L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
B234	2001	M	B	SBB	53.0	59.0	21.0	19.0	S	L	C	C	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	2	2	2	2	2	2
B235	2001	M	Y	DY	54.0	57.0	22.0	20.0	W	L	C	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	2	2	2	2	2	2
B238	2001	M	B	SBD	55.0	58.0	19.2	16.0	W	L	S	N	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	2	2	2	2	2	2
B246	2001	F	Y	MY	52.6	56.0	19.8	18.0	W	L	S	N	1	1	P	B		L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
B248	2001	F	Y	MY	54.0	56.5	19.2	18.0	W	L	C	SU	1	1	P	B		L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
B249	2001	M	B	BTD	53.0	57.5	18.2	18.0	S	L	S	N	1	1	P	LB	1	L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	1
B253	2001	F	B	BTD	54.8	57.0	19.0	17.0	S	L	S	N	3	1	P	B		L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
B274	2002	F	Y	LY	50.2	55.0	18.0	15.0	W	L	S	N	1	1	P	DB		L	S	1	C	1	1	2	1	2	2	1
B275	2002	F	Y	MY	47.4	55.0	18.0	15.0	S	L	U	N	1	1	P	B	1	L	P	1	B	1	1	2	2	2	2	1
B276	2002	F	Y	MY	52.6	57.4	18.4	12.0	S	M	S	N	1	1	P	DB		M	S	1	B	1	2	2	1	2	2	1
B279	2001	M	B	BTD	54.4	55.6	19.4	15.0	S	L	C	N	1	1	P	B	1	L	N	1	B	1	2	2	2	2	2	2
B280	2001	M	B	BTD	48.6	55.6	18.6	16.0	W	L	S	N	2	1	P	LB	1	M	P	1	B	1	1	2	2	2	2	2
B282	2001	F	B	BTD	47.6	51.2	17.0	13.0	S	L	C	N	3	1	P	LB		M	N	1	B	1	2	2	2	2	2	1
B286	2002	F	Y	LY	51.9	53.8	17.6	15.0	W	L	U	N	1	1	P	B		L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	2
B295	2002	F	Y	LY	52.4	54.4	19.2	16.0	W	L	C	N	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	1
B314	2002	F	B	BTB	49.0	50.9	17.3	13.0	S	L	C	N	1	1	P	B		L	P	1	B	1	2	2	1	2	2	2
B320	2002	F	Y	MY	53.4	56.4	18.8	19.0	S	L	U	N	1	1	H	LB		L	N	1	B	1	2	2	1	2	2	2
B335	2002	F	Y	DY	51.0	57.4	18.0	16.0	S	L	S	N	2	1	P	B		L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	2
B360	2002	M	Y	LY	50.4	53.8	16.8	13.0	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	N	1	B	1	1	2	2	2	2	2

표 26. 삽살개 외형적 특징 및 성품적 특징 조사 결과(2003년, 72두)

개체 번호	출생 연도	성 별	모색 분류	모 색	체 고	체 장	흉 심	체 중	모 질	모 장	꼬 리	교 합	랑 조	설 반	귀	안 색	고 환	안 모	영 김	결 치	비 색	정 서	주 친	타 경	적 응	채 혈	공 격	활 동	
536	1995	F	B	□□	50.6	60.4	20.6	21.5	S	L	C	N	1	2	P	LB		L	P	1	B	1	2	2	2	2	2	3	
705	1996	F	B	BB	54.0	60.0	22.0	20.0	S	L	S	N	4	1	P	LB		L	P	1	B	2	2	3	3	3	3	2	3
899	1997	F	B	BB	52.0	55.6	20.0	21.0	W	L	U	N	4	1	P	LB		L	P	1	B	3	3	3	3	3	1	1	
A064	1998	F	Y	DY	50.0	52.0	18.0	14.0	W	L	U	N	1	1	P	DB		L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	1	
A132	1999	F	B	DB	49.6	52.5	20.2	18.0	S	L	C	N	3	1	P	LB		L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	2	
A143	1999	M	B	BT	52.0	59.0	22.0	20.0	S	L	S	N	1	1	P	LB	2	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	4	
A388	1999	F	B	BT	51.8	55.8	28.4	15.5	W	L	S	N	1	1	P	LB		L	N	1	B	1	1	2	2	2	2	2	
A402	1999	F	C	C	53.3	58.9	22.0	22.5	S	L	S	N	3	1	P	B		L	P	1	C	1	1	2	1	2	2	1	
A475	1999	F	Y	MY	53.4	58.4	21.4	20.5	S	L	U	N	1	1	P	LB		M	N	1	B	1	2	3	2	3	2	2	
A599	2000	F	Y	MY	52.8	61.0	21.4	18.0	S	L	U	N	1	1	P	LB		L	S	1	B	1	1	2	1	2	1	2	
A612	2000	M	Y	DY	59.0	62.0	24.0	24.0	W	L	S	N	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	4	
A615	2000	F	B	BT	48.3	55.2	19.1	18.0	S	L	U	SU	1	1	P	LB		L	N	1	B	3	3	3	3	3	3	2	2
A768	2001	F	B	DB	52.2	55.4	21.1	23.0	S	L	U	N	1	1	P	B		L	P	1	B	3	3	3	3	2	2	2	
A791	2001	F	Y	BY	54.3	61.9	21.6	22.0	S	L	U	N	1	1	P	B		L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2	
A792	2001	M	Y	Y	57.4	61.4	23.6	26.0	S	L	U	N	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	1	4	
A803	2001	M	Y	DY	59.3	61.3	24.6	30.5	S	L	S	C	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	1	
A884	2001	M	Y	BY	62.1	63.4	22.3	25.5	W	L	C	U	1	2	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2	
A957	2001	F	Y	SY	54.0	61.0	19.4	22.5	S	L	C	N	1	1	P	LB		L	S	1	B	1	1	2	1	1	1	4	
B013	2001	F	Y	MY	52.6	58.3	19.4	16.5	S	L	C	N	1	1	P	DB		L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	1	
B033	2001	F	Y	Y	53.1	59.1	18.2	16.5	S	L	C	N	1	1	P	B		L	S	1	B	1	1	2	2	2	2	2	
B034	2001	M	B	DB	53.4	60.5	21.2	22.0	S	L	S	C	1	1	P	LB	1	L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	2	
B062	2001	F	C	C	50.2	54.0	21.6	21.0	S	L	C	C	2	1	P	B		L	P	1	C	3	3	3	3	3	2	2	
B110	2001	M	Y	Y	58.4	65.8	20.0	24.0	W	L	U	N	1	2	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	1	4	
B121	2001	M	W	W	53.0	61.0	22.9	21.5	W	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	C	2	4	2	2	2	1	2	
B128	2001	F	B	BT	50.6	53.9	19.4	22.0	S	L	U	N	1	2	P	B		L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	1	
B140	2001	F	Y	LY	50.2	56.6	21.6	23.0	S	L	U	C	1	1	P	LB		L	N	1	B	3	3	3	3	3	2	2	
B142	2001	F	Y	LY	50.0	54.0	20.6	14.0	S	L	S	N	1	1	P	B		L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	1	
B155	2001	M	B	BB	54.0	57.4	22.0	22.5	S	L	U	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	2	2	3	2	3	2	2	
B171	2001	F	B	AB	55.0	61.4	21.4	24.0	S	L	S	C	1	1	P	LB		L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	4	
B178	2001	M	Y	LY	57.0	57.3	20.3	25.0	S	L	C	N	1	1	P	LB	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2	
B190	2001	F	Y	GY	53.5	58.0	20.6	23.0	S	L	C	U	1	1	P	DB		M	N	1	B	1	1	2	1	2	2	1	
B287	2002	F	Y	Y	49.8	52.2	19.1	17.5	S	L	C	N	1	1	P	LB		L	P	1	B	1	1	2	2	2	2	2	
B300	2002	F	B	BB	52.9	57.0	21.0	20.5	S	L	C	N	1	1	P	B		L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	2	
B303	2002	F	Y	MY	51.4	58.5	20.6	18.5	S	L	U	N	1	1	P	DB		L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	1	
B328	2002	F	Y	Y	50.1	23.6	20.3	16.0	S	L	S	N	1	1	P	DB		L	S	1	C	1	1	2	1	1	1	4	
B359	2002	M	Y	LY	53.3	56.0	19.3	16.0	S	L	C	N	1	1	P	BG	1	L	S	1	C	1	1	2	1	1	2	1	
B368	2002	F	B	BB	50.8	52.3	21.3	22.0	S	L	S	N	1	1	P	B		L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2	
B395	2002	M	B	DB	53.0	56.8	26.2	21.5	S	L	C	N	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	1	
B400	2002	M	Y	MY	55.6	61.6	20.6	22.5	S	L	C	N	1	1	P	DB	1	L	S	1	B	1	1	2	2	2	2	2	
B404	2002	M	Y	MY	57.0	62.7	21.0	23.5	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2	
B408	2002	M	W	W	51.9	56.2	21.0	18.5	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	1	
B408	2002	M	W	W	57.0	62.0	24.2	24.0	C	L	S	N	4	1	P	DB	1	L	S	1	C	2	1	3	2	2	1	2	
B409	2002	F	W	W	50.0	60.0	18.1	20.0	W	L	U	N	1	1	P	DB		L	N	1	C	1	1	2	1	2	2	1	
B410	2002	F	W	W	53.6	56.9	19.8	21.5	S	L	S	N	3	1	P	DB		L	N	1	C	1	1	2	1	2	2	1	
B436	2002	M	B	AB	52.1	56.2	22.3	22.5	W	L	U	N	3	1	P	LB	1	L	N	1	B	1	1	1	2	2	2	2	
B439	2002	F	B	BB	53.4	55.0	19.5	21.0	S	L	S	N	5	1	P	LB		L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	1	
B455	2002	M	W	W	49.3	53.0	19.6	16.5	C	L	U	U	1	1	P	DB	1	L	N	1	C	1	1	2	1	2	1	1	
B457	2002	M	Y	MY	46.8	48.3	19.4	14.5	W	L	C	N	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	1	1	
B458	2002	M	Y	LY	58.0	63.0	21.0	20.5	S	L	S	C	1	1	P	B	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	1	
B460	2002	M	Y	Y	55.0	58.0	22.0	21.5	W	L	S	N	1	1	P	B	1	L	N	1	B	3	3	4	2	3	1	1	
B463	2002	M	Y	GY	53.8	58.0	21.4	22.5	S	L	S	N	1	1	P	DB	1	L	P	1	C	2	2	3	2	2	1	1	
B464	2002	F	Y	Y	52.1	58.5	19.8	20.5	S	L	S	N	1	1	P	B		L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	1	
B465	2002	F	Y	DY	52.2	56.0	19.4	18.0	S	L	C	N	1	1	P	LB		L	S	1	B	1	1	1	1	2	2	1	
B471	2002	F	Y	DY	52.5	54.0	18.3	16.0	C	L	C	N	1	1	P	LB		L	P	1	B	1	1	2	2	3	2	3	
B480	2002	M	B	BB	56.8	61.5	20.8	20.5	S	L	S	C	3	1	P	B	1	L	N	1	B	1	1	2	1	2	2	1	
B485	2002	M	B	BT	57.1	59.1	22.5	22.0	S	L	S	N	1	1	P	LB	1	L	N	1	B	1	2	2	1	2	2	2	
B487	2002	F	B	BT	53.5	54.6	19.3	19.0	S	L	C	N	1	1	P	LB		L	S	1	B	1	1	2	2	3	2	2	

표 26. (Continued)

개체 번호	출생 년도	성 별	모색 분류	모 색	체 고	체 장	흉 심	체 중	모 질	모 장	꼬 리	교 합	량 조	설 반	귀	안 색	고 환	안 모	영 김	결 치	비 색	정 서	주 친	타 인	적 응	채 혈	공 격	활 동
B488	2002	F	B	BB	54.9	57.9	19.9	18.5	S	M	S	N	1	1	P	LB		L	S	1	B	1	1	2	2	3	2	2
B489	2002	M	Y	GY	56.9	62.3	20.6	22.5	W	L	C	N	1	1	P	DB	1	L	P	상우소1	B	1	1	2	1	1	2	4
B491	2002	M	Y	DY	58.6	61.2	21.2	19.5	S	L	C	C	1	1	P	LB	1	L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	1
B496	2002	M	B	BB	53.4	59.5	21.4	21.0	S	L	S	N	3	1	P	LB	1	L	S	좌상소1	B	1	1	2	1	2	2	1
B499	2002	F	B	BT	51.9	58.0	20.2	18.5	S	L	C	N	1	1	P	LB		L	S	1	B	1	1	2	1	2	2	2
B501	2002	M	B	DB	60.0	62.0	20.1	22.5	C	L	S	N	1	1	P	LB	1	L	P	1	B	1	1	2	1	1	1	4
B505	2002	M	B	BB	60.4	65.0	26.0	25.5	S	L	C	N	1	1	P	B	1	L	P	1	B	1	1	2	1	2	2	2
B506	2002	M	C	C	61.0	67.0	23.8	17.0	S	L	C	SU	1	1	P	DB	1	L	N	1	C	1	1	2	2	2	2	2
1A032	2001	M	B	GB	58.3	59.0	22.2	22.5	C	L	U	N	1	1	P	LB	1	L	N	1	B	1	1	1	1	2	2	4
1A128	2002	F	Y	MY	53.3	59.3	20.4	20.0	W	L	C	N	1	1	P	DB		L	N	1	B	2	2	2	2	2	1	2
1A159	2002	M	Y	WY	59.5	67.0	25.0	29.0	S	L	C	N	1	2	P	B	1	L	N	1	B	1	1	3	2	2	2	1
2A002	2001	M	Y	WY	58.5	63.0	23.0	26.0	S	L	C	N	1	1	P	LB	1	L	P	좌하소4	B	1	1	3	1	2	2	1
2A026	2001	M	Y	BY	58.6	66.0	23.0	26.5	S	L	S	N	1	1	P	B	1	L	N	1	B	2	1	3	1	2	1	2
2A054	2001	M	Y	MY	54.0	66.2	21.6	22.5	S	L	S	C	1	1	P	B	1	M	S	좌우하소2	B	2	1	2	2	2	2	1
2A110	2002	F	Y	MY	54.8	56.2	18.8	20.0	S	L	C	N	1	1	P	B		L	S	1	B	1	1	2	2	2	2	1

나. 삽살개 전체 개체들의 database 유지

전체 삽살개들을 대상으로 개체별로 여러 가지 정보를 지속적으로 조사, 수집하여 개발한 관리 program에 입력하여 database를 구축하여 유지하고 있다.

개체의 모든 외형적 특성, 성품, 번식특징, 훈련능력, 가계 정보 등의 자료들을 종합적으로 관리하기 위해서 웹을 기반으로 하는 데이터베이스를 운용하고 있다. MySQL 언어를 기반으로 작성되었으며, Windows 2000 Server를 운영체제로 하는 서버를 단독으로 구축하여 관리하고 있다(그림 11).

아홉 가지의 출생특징(개체번호, 이름, 성별/모색, 부건, 모건, 동배기록, 생년월일, 사망월일, 기타 특징), 열여덟 가지의 형태특징(모색, 체고, 체중, 모질, 모장, 꼬리모양, 교합, 량조, 설반, 귀모양, 결치, 흉심, 체장, 안색, 고환, 안모, 영김상태, 비색), 열 가지의 성품특징(정서, 주인 친근성, 타인 경계심, 적응성, 채혈시 반응, 타인 공격성, 활동성, 습득력, 호기심, 집중력), 일곱 가지의 혈액 및 DNA 특징(혈액형, 콜레스테롤, 혈당량, GOT/GPT, O.D(Optical Density, DNA 순도값), DNA 농도, 유전자 지문 사진), 일곱 가지의 번식특징(발정일, 교접건, 분만일, 분만두수, 구분(자건), 포유특성, 수태능력), 두 가지의 관리기록(병력, 분양관계)과 기타 전체평가, 개체사진 등의 항목을 기록, 관리하고 있다(그림 12).

총 4,433건의 삽입개기 등록이 있습니다. [Page : 282 / 296]

삽입번호	이름	성/모	부과	모과	종류	생년월일	유전자	회생	삽입
SA3980	이름	VM	SA0323	SA0295	DA8665, DA0667, SA0669	2000/09/24	08.10	이름	보거 수경 식재 실패시
SA3987	이름	VM	SA0323	SA0295	DA8666, DA0668, SA0668	2000/09/24	08.10	이름	보거 수경 식재 실패시
SA3986	이름	VM	SA0323	SA0295	DA8667, DA0668, SA0668	2000/09/24	08.10	이름	보거 수경 식재 실패시
SA3985	이름	VM	000413	SA0370	중용	2000/09/13	08.10	이름	보거 수경 식재 실패시
SA3984	이름	EM	SA0440	SA0302	중용	2000/09/21	08.10	이름	보거 수경 식재 실패시
SA3983	홍구	VM	SA0391	SA0301	DA0662	2000/09/22	08.10	김상현	보거 수경 식재 실패시
SA3982	복호	VF	SA0301	SA0301	DA0663	2000/09/22	08.10	대중현	보거 수경 식재 실패시
SA3981	이름	VF	SA0392	SA0127	DA0668	2000/09/21	08.10	이름	보거 수경 식재 실패시
SA3980	이름	VM	SA0392	SA0127	DA0667	2000/09/21	08.10	이름	보거 수경 식재 실패시
SA3980	이름	BF	SA0300	000524	DA0668	2000/09/27	08.10	이름	보거 수경 식재 실패시
SA3980	삽입개	VF	SA0399	SA0354	중용	2000/09/22	08.10	김형성	보거 수경 식재 실패시
SA3987	이름	VF	000399	000412	DA865A, DA0655, SA0656	2000/09/23	08.10	이름	보거 수경 식재 실패시
SA3986	MLL	VF	000399	000412	DA865A, DA0655, SA0657	2000/09/23	08.10	박해영	보거 수경 식재 실패시
SA3985	이름	VM	000399	000412	DA865A, DA0655, SA0657	2000/09/23	08.10	이름	보거 수경 식재 실패시
SA3984	이름	VM	000399	000412	DA8655, DA0655, SA0657	2000/09/23	08.10	이름	보거 수경 식재 실패시

[개체번호] [이름] [이름] [이름]

First ... [Prev] [291] [292] [293] [294] [295] [296] [297] [298] [299] [300] [301] [302] [303] [304] [305] [306] [307] [308] [309] [310] [311] [312] [313] [314] [315] [316] [317] [318] [319] [320] [Next] ... Last

[새로운 삽입개 등록] [전체 목록 보기] [적용 Report]

그림 11. 데이터베이스 메인 화면.

The screenshot shows a web browser window displaying a data entry form. The form is titled "삽입개 정보 입력" and contains several sections for entering detailed information about a specimen. The form is currently displaying information for specimen SA3981.

기본정보

이름	SA3981
성/모	이름
부과	BF
모과	000415
종류	000415
생년월일	SA0002
유전자	1999-08-07
회생	중용

개체정보

성별	남성
체고	10.5 cm
체중	10.5 kg
발달도	L
성숙도	M
수령	R
수종	중용

수집정보

수집일	2000/09/27
수집지	중용
수집자	김형성
수집방법	수경식재
수집장소	수경식재
수집시간	10:00
수집장소	수경식재

개체번호

SA3981

이름

이름

성/모

이름

부과

BF

모과

000415

종류

000415

생년월일

SA0002

유전자

1999-08-07

회생

중용

성별

남성

체고

10.5 cm

체중

10.5 kg

발달도

L

성숙도

M

수령

R

수종

중용

수집일

2000/09/27

수집지

중용

수집자

김형성

수집방법

수경식재

수집장소

수경식재

수집시간

10:00

수집장소

수경식재

그림 12. 개체에 대한 정보 입력을 마친 예.

다. 소형화에 따른 특정 가계 선발 및 유지

본 연구를 통해 계측된 1년 이상된 전체 성견 393 두와 소형 선발견의 몸 크기에 대한 평균값과 분포범위를 표 27에 나타내었으며, 전체 집단에 대한 체고와 체중의 정규분포곡선 자료를 그림 13에 제시하였다. 소형화를 위한 기초 소형 선발견과 선발 가계를 구성하기 위한 체격의 기준으로는 비교적 높은 유전력을 보인 체고(0.49), 체장(0.60), 그리고 체중(0.42)을 바탕으로 삼았다.

데이터베이스의 자료에 근거하여 체고, 체장, 체중이 모집단의 평균값 이하에 속하면서 성품이 우수하고, 형태 특징 중 결격 사유가 없는 우수한 기초 집단 16두를 선발하였는데, 체고와 체중이 선발된 16두의 소형 삼살개들의 표현형 형질들을 표 28에 나타내었고, 그림 14에는 이들의 가계도를 나타내었다.

표 27. 삼살개 전체 집단과 기초 소형견의 계측 평균값과 분포범위

(단위 : cm, kg)

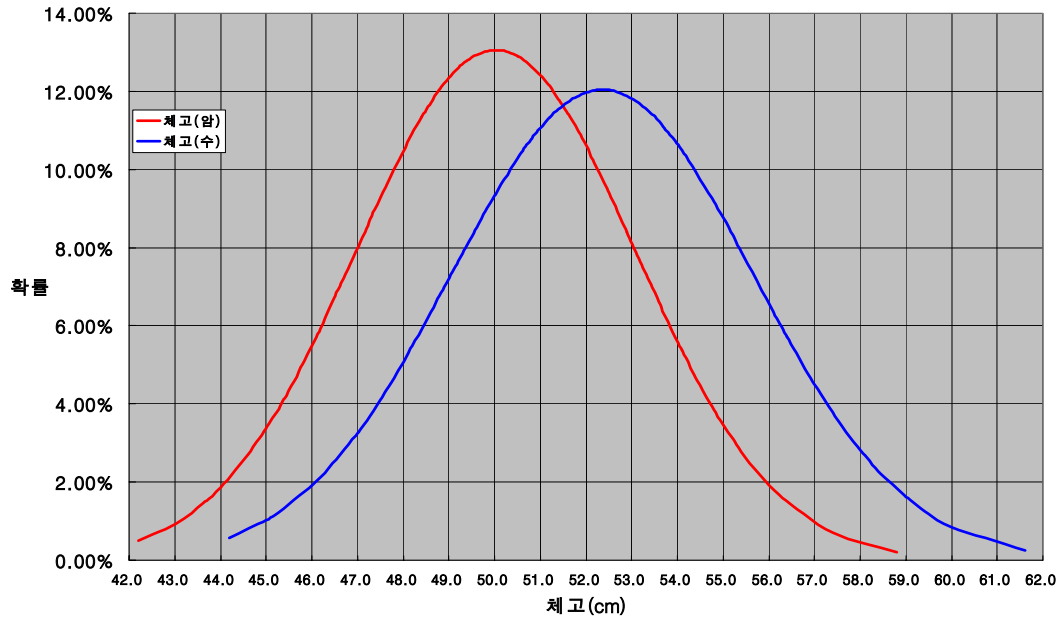
A. 삼살개 전체 집단(393두)

구 분	개체수	체 고(cm)	체 장(cm)	흉 심(cm)	체 중(kg)
평 균(암)	220	50.0	54.6	19.9	18.1
범 위(암)		42.2~58.8	46.8~62.4	15.2~28.7	10.0~25.5
평 균(수)	173	52.4	56.9	20.9	21.1
범 위(수)		44.2~61.6	48.9~68.2	16.7~26.4	11.5~32.5

B. 기초 소형견(16두)

구 분	개체수	체 고(cm)	체 장(cm)	흉 심(cm)	체 중(kg)
평 균(암)	10	45.9	50.8	18.3	15.0
범 위(암)		42.2~49.8	46.0~55.6	17.2~19.8	12.0~19.6
평 균(수)	6	47.8	52.6	19.0	16.1
범 위(수)		45.0~50.0	49.3~55.0	18.0~20.0	13.5~20.0

A. 체고 정규분포곡선. 평균(암=50.0, 수=52.4), 표준편차(암=3.0557, 수=3.3133)



B. 체중 정규분포곡선. 평균(암=18.1, 수=21.1), 표준편차(암=3.0136, 수=3.7414)

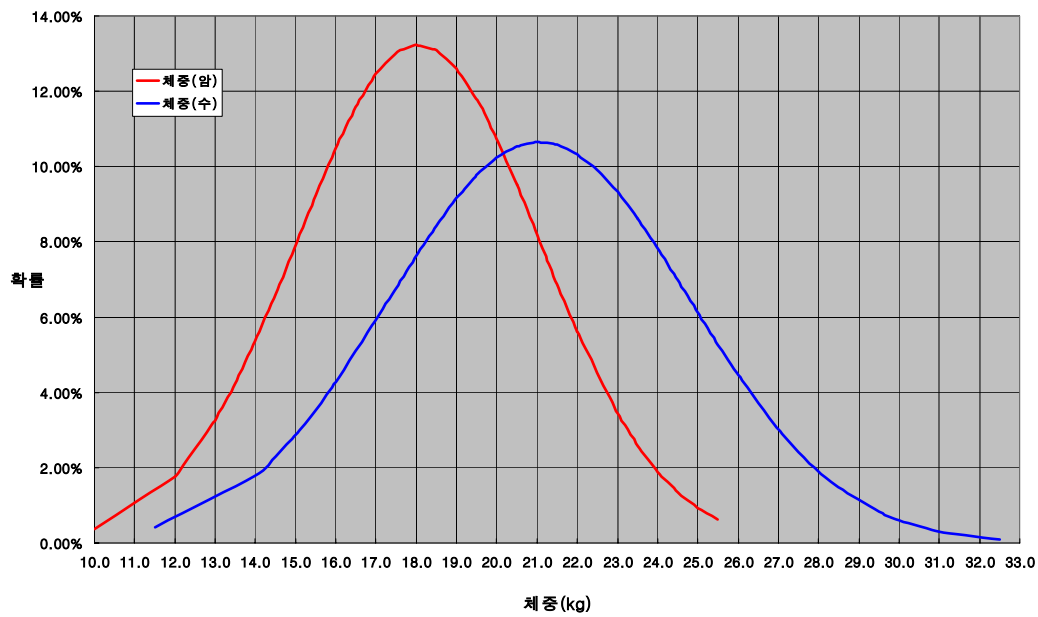


그림 13. 정규분포곡선에 의한 체측값의 분포도(A. 체고, B. 체중)

표 28. 기초 소형견 16두에 대한 외형적 특징

개체번호	출생년도	성별	모색	체고	체장	흉심	체중	모질	모장	꼬리	교합	랑조	설반	귀	안색	고환	안모	영김	결치	비색
914	1998	F	Y	47.0	50.0	17.2	10.0	S	L	C	N	1	1	P	B	-	L	P	1	B
A003	1998	F	Y	46.5	51.8	18.2	13.0	S	L	C	N	1	1	P	LB	-	L	P	1	B
A085	1999	F	Y	42.2	51.4	19.8	19.6	S	L	U	N	1	1	P	DB	-	M	N	1	B
A091	1999	M	Y	47.1	49.3	20.0	14.5	S	L	C	N	1	1	P	B	1	L	P	1	B
A140	1999	F	Y	46.0	48.0	18.9	13.0	W	L	S	N	1	1	P	DB	-	L	P	1	B
A363	1999	M	Y	45.0	49.3	19.7	16.0	W	L	C	C	5	2	P	B	1	M	P	1	B
A600	1999	F	B	47.2	48.0	17.2	16.0	W	L	C	C	1	1	P	DB	-	M	N	2	B
A623	2000	F	B	46.2	46.0	17.2	14.0	S	L	C	C	1	1	P	DB	-	M	N	1	B
A875	2001	F	B	47.8	50.2	18.8	16.5	S	L	C	N	1	1	P	LB	-	L	P	1	B
A887	2001	F	B	47.9	48.0	17.9	13.0	S	L	C	N	1	1	P	DB	-	L	S	2	B
A888	2001	F	B	42.2	50.7	18.4	12.0	S	L	U	U	1	2	P	B	-	L	N	2	B
A889	2001	F	B	47.5	52.0	17.4	16.0	W	L	-	N	1	1	P	DB	-	L	S	1	B
B071	2001	F	Y	45.0	49.2	18.0	14.0	S	M	-	N	1	1	P	B	-	M	S	1	B
B098	2001	F	B	48.0	54.6	18.3	17.0	W	L	U	U	1	1	P	DB	-	L	S	1	B
B210	2001	M	B	46.8	53.8	18.0	15.0	W	L	U	N	1	1	P	B	1	L	P	1	B
B263	2001	M	B	45.2	48.8	18.2	15.5	S	L		N	1	1	P	DB	1	L	P	1	B

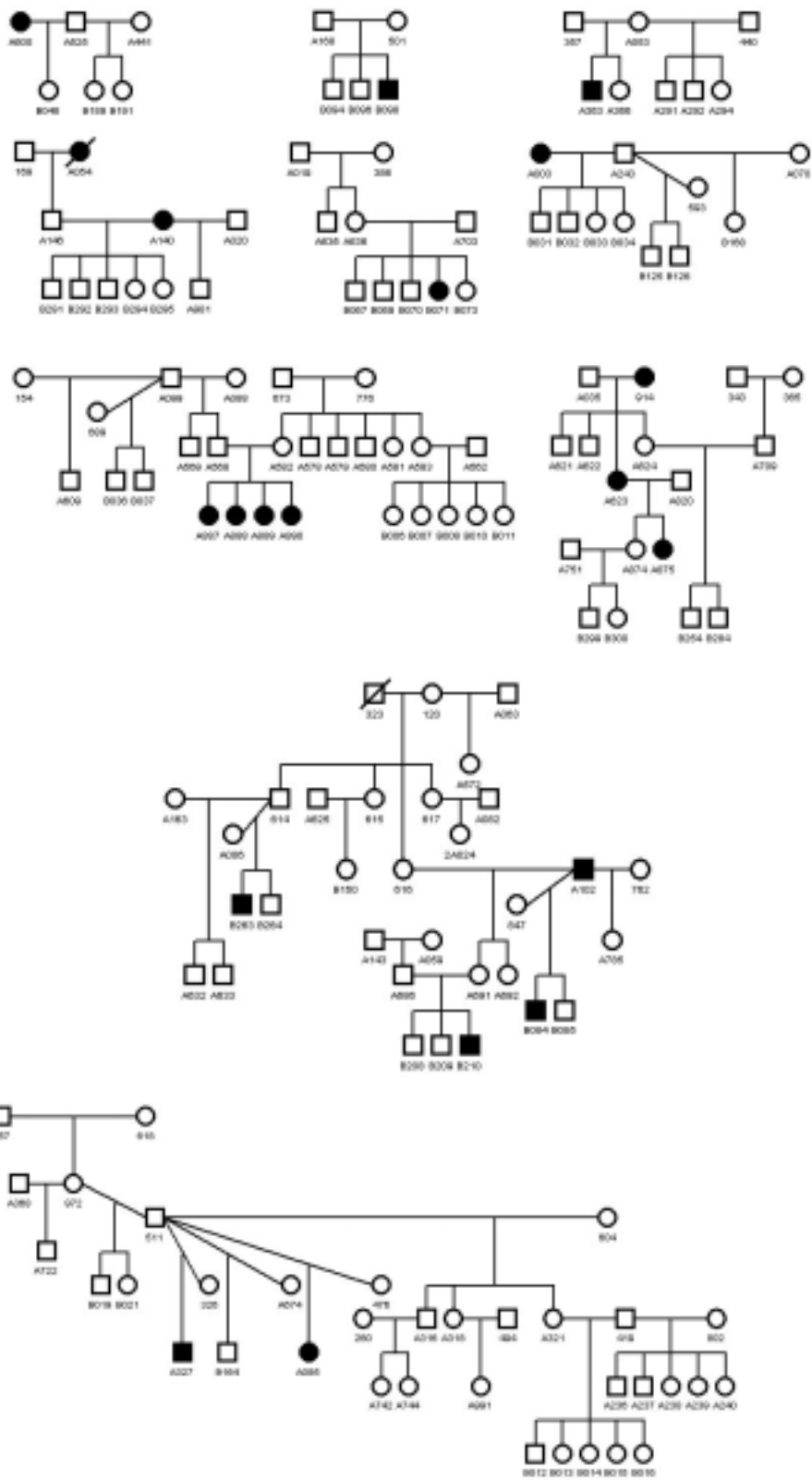


그림 14. 기초 소형견 20두에 대한 전체 가계도(총 166두)

라. 삽살개 집단과 구축된 소형 삽살개들의 사육관리

소형견 육종을 위해 선발된 기초 소형견 및 그 가계도에 포함된 삽살개들은 가계 분석과 QTL 탐색, 양적형질, 질적형질 조사, 유전 모수 추정, 각 형질간의 유전상관 관계 추정 등에 반드시 필요한 개체들이므로 이들의 유지를 위해 각별한 사육관리를 실시하고 있다. 선발된 가계의 삽살개들은 별도의 구분된 견사에서 동일한 사육조건으로 관리되고 있으며, 개체의 질병 예방을 위해서 분만 후 3차에 걸쳐서 종합백신을 접종하였고, 월 1회 이상 구충을 실시하고 있다. 기초 소형견들에 의한 F1, F2 등은 동일한 사육조건에서 관리될 수 있도록 환경적 요인에 의한 형질의 차이를 최소화하였다.

제 4 장 목표달성도 및 관련분야에의 기여도

제 1 세부과제 : 분자 육종을 위한 개 DNA marker 확보와 적용

1. 가계 분석 및 분자 육종에 사용될 DNA marker 200개 확보 및 가계분석

개 염색체 지도 작성을 위해 국제적으로 개발되어 사용되고 있는 STR marker는 현재 1,800개 정도이나, 주로 이중 교배된 개들에게 적용된 것들이기 때문에 삽살개와 같이 동일 품종이며 작은 집단내 가계 분석에 쓰일 수 있는지 여부가 불투명하였다. 따라서 자체 marker 개발보다는 다른 견종에서 사용되는 marker 중에서 tetramer marker 위주로 primer를 선정하여 삽살개 집단내 가계 분석에 사용 가능한지를 확인하였다. 1차년도 연구에서 확인한 116개 marker 외에 추가로 microsatellite marker(tetramer)를 적용시켜 삽살개 가계 분석과 분자육종에 활용 가능한지를 분석하였다.

2. 소형견 가계 분석 및 견종간 DNA marker 분석에 의한 marker의 유용성 검증

소형 선발견 16두를 포함하는 148마리에 대한 전체 가계도를 구성하여 DNA genotyping을 통한 가계 분석을 실시하고 이를 토대로 DNA marker의 유용성을 검증하였다. 또한 품종간 비교연구를 위해 다섯 품종 225두(삽살개 집단 중 선발한 51두, 진도견 43두, 레트리버 49두, 롯트 와일러 50두, 독일 셰퍼드 32두)의 유전적 구조와 다양성 또는 microsatellite marker와의 연관관계 규명을 위해 DNA genotyping을 실시하였다.

3. DNA marker와 형태관련 표현형질들의 QTL(Quantitative Trait Locus)에 대한 연구 수행

제 2 세부과제 : 소형 삽살개 육종을 위한 계통교배 체계 확립

1. 양적형질(체중 및 체측치 등)에 대한 유전모수(genetic parameters)를 추정

가. 체중 및 체측치 등의 양적형질에 영향을 미치는 불변환경요인(permanent environmental factors)의 효과 추정 및 보정 방법을 규명하였다.

- 불변환경 요인 : 분만 연도, 성, 어미개의 산차 및 산자수
- 추정 방법 : 최소자승법(least square method)

나. 유전모수 추정을 위한 전산화 프로그래밍 시작품 제작 및 유전모수를 추정하였다.

2. 각 형질간의 유전상관(genetic correlation) 관계를 추정하여 삽살개의 소형화 육종을 위한 선발 대상 형질 선정

3. 선발 대상 형질의 유전력(heritability)을 추정하여 선발 방법 결정

4. 선발된 종건의 육종가(breeding value)를 추정 및 교배 체계 검토

위탁 연구과제 : 시험 삽살개의 관리

1. 삽살개 집단내 사육관리 및 계측

배식량과 방법, 예방접종, 방역, 번식 및 강아지 관리 방법과 관계된 제반 사양관리 내용을 최적화하였다.

2. 삽살개 집단내 개체들의 database 유지

출생정보, 열 여덟가지의 형태 특징, 성품 특징, 생화학적 특징 등을 종합적으로 관리할 수 있는 웹 기반의 데이터베이스 프로그램을 개발하여 모든 생존 삽살개에 대한 자료를 데이터베이스화 하였다.

3. 소형화에 따른 특정 가계 선발 및 유지

소형견 16두를 founder로 지정하여 특별관리체계에 따라 사육, 육종하고 있으며 이들이 포함된 148마리의 가계를 유지하여 소형화 육종을 위한 개체 선발에 이용하고 있다. 기초 소형견으로 지정한 개체 중에서 평균적인 삽살개와 비교한 사진과 체측값을 그림 15에 나타내었다.

A. A091



B. A623



C. A751



D. 4A108



E. 2A026 and A623



구분	개체번호	출생년도	성별	모색	체고(cm)	체장(cm)	흉심(cm)	체중(kg)
기초 소형견	A091	1999	M	Y	47.1	49.3	20.0	14.5
	A623	2000	F	B	44.9	50.7	18.0	11.5
일반 삽살개	4A108	2001	M	Y	47.4	53.8	19.6	17.0
	A751	2000	M	B	53.2	58.2	22.2	20.0
	2A026	2001	M	Y	58.6	66.0	23.0	26.5

그림 15. 기초 소형견과 평균적인 삽살개와의 비교

제 5 장 연구개발결과의 활용계획

- 개 분자육종(토종개 상품성 증진)을 위한 다량의 microsatellite marker 확보
==> 개의 경제형질 확립과 QTL 탐색을 위한 재료로 활용

- 개 관리와 육종을 위한 통합적 프로그램
==> Web을 통해 운영되는 통합적 데이터베이스 프로그램에 대한 보완과 추후 업그레이드를 통해 삽살개 외의 타견종에도 적용할 상업적으로 활용할 수 있다.

- 삽살개 집단의 사육관리 최적화
==> 배식량과 방법, 예방접종, 방역, 번식 및 강아지 관리 방법과 관계된 제반 사양관리 내용을 최적화하여 우수한 삽살개의 관리와 생산을 위한 기술 지도

제 6 장 참고문헌

- (1) Boldman, K., L. A. Kriese, L. D. Van Vleck, C. P. Van Tassell and S. D. Kachman.(1995) A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances (Draft). U. S. Dept. of Agriculture, Agricultural Research Service.
- (2) Bourdon, R. M. 2000, Understanding animal breeding, Prentice-Hall, Inc. USA
- (3) Harvey, W. R.(1979). Least-squares analysis of data with unequal subclass numbers. USDA Agricultural Research, Science and Education Administration. USA.
- (4) Mrode, R. A.(1996) Linear models for the prediction of animal breeding values. Cab International, UK.
- (5) Rubinsky, A., Sampson, J. 2001, The genetics of the dogs, CABI international, UK.
- (6) SAS.(1996) SAS/STAT guide for personal computers @6.08. SAS inst., Cary, NC., USA.
- (7) Van Vleck, L. D., Boldman, K. G., Kriese, L. A. and Kachman, S. D.(1993) A manual for use of MTDFREML, USDA. ARS.
- (8) 오봉국, 강민수, 김재홍, 김창근, 박영일 등. 1992. 가축육종학. 선진문화사. pp.149-151.
- (9) 하지홍, 2001, 우리 삼살개, 도서출판 창해
- (10) 탁연빈, 하지홍. 1993. 한국 고유견 삼사리의 보호 육성에 관한 연구. 1. 삼사리의 외모와 체형 및 자견의 성장률. 한국수의공중보건학회지 17(3): 345-350.

- (11) 하지홍, 이성은, 김경석, 1999, 한국 토종개 집단의 유전적 다양성과 구조, 한국축산학회지, **41**(6):593-604.
- (12) 하지홍, 탁연빈, 김종봉, 이성은, 김경석, 1999, 혈액단백질 다형과 microsatellite loci 분석을 통한 한국 토종개의 기원 고찰 대한 수의사회지, **35**(2):1-8.
- (13) Bacanu, S. A., Devlin, B., Roeder, K.(2002) Association studies for quantitative traits in structured populations. *Genet Epidemiol.* **22**(1):78-93.
- (14) Breen, M., Jouquand, S., Renier, C., Mellersh, C. S., Hitte, C., Holmes, N. G., Cheron, A., Suter, N., Vignaux, F., Bristow, A. E., Priat, C., McCann, E., Andre, C., Boundy, S., Gitsham, P., Thomas, R., Bridge, W. L., Spriggs, H. F., Ryder, E. J., Curson, A., Sampson, J., Ostrander, E. A., Binns, M. M., Galibert, F.(2001). Chromosome-Specific Single-Locus FISH Probes Allow Anchorage of an 1800-Marker Integrated Radiation-Hybrid/Linkage Map of the Domestic Dog Genome to All Chromosomes. *Genome Research* **11**(10):1784-1795.
- (15) Cockerham, C. C., Weir, B. S.(1984) Covariances of relatives stemming from a population undergoing mixed self and random mating. *Biometrics.* **40**(1):157-164.
- (16) Dickens, H. F., Holmes, N. G., Ryder, E., Breen, M., Thomas, R., Suter, N., Sampson, J., Langford, C. F., Ross, M., Carter, N. P. and Binns, M. M.(1999). Use of cosmid-derived and chromosome-specific canine microsatellites. *J. Heredity.* **90**:52-54.
- (17) Francisco, L. V., Langston, A. A., Mellersh, C. S., Neal, C. L., and Ostrander, E. A.(1996) A class of highly polymorphic tetranucleotide repeats for canine genetic mapping. *Mamm Genome,* **7**:359-362.

- (18) Garnier-Gere, P. and Dillmann, C.(1992) A computer program for testing pairwise linkage disequilibria in subdivided populations. *J. Heredity* **83**:239.
- (19) Gu, W., Acland, G. M., Langston, A. A., Ostrander, E. A., Aguirre, G. D., Ray, K. (1998). Identification of a RAPD marker linked to inherited progressive rod-cone degeneration (prcd) in dogs. *Mammalian Genome* **9**: 740-744.
- (20) Guo, S. W. and Thompson, E. A.(1992) Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles. *Biometrics* **48(2)**:361-372.
- (21) Guyon, R, Lorentzen, T. D., Hitte, C., Kim, L., Cadieu, E., Parker, H. G., Quignon, P., Lowe, J. K., Renier, C., Gelfenbeyn, B., Vignaux, F., DeFrance, H. B., Gloux, S., Mahairas, G. G., Andre, C., Galibert, F., Ostrander, E. A.(2003) A 1-Mb resolution radiation hybrid map of the canine genome. *Proc Natl Acad Sci U S A.* **29;100(9)**:5296-5301.
- (22) Henderson, C. R. and R. L. Quass(1976) Multiple trait evaluation using relative's record. *J. Anim. Sci.* **43**:1188.
- (23) Hitte *et al.*(2001). Chromosome-specific single-locus FISH probes allow anchorage of an 1800-marker integrated radiation-hybrid/linkage map of the domestic dog genome to all chromosomes, *Genome Res.*, **11(10)**:1784-1795.
- (24) Irion, D. N., Schaffer, A. L., Famula, T. R., Eggleston, M. L., Hughes, S. S., Pedersen, N. C.(2003) Analysis of genetic variation in 28 dog breed populations with 100 microsatellite markers. *J Hered.* **94(1)**:81-87.
- (25) Jeoung. D., Myeong. H., Lee, H., Ha, J., Galibert, F., Hitte, C., Park, C.(2000) A SINE element in the canine D2 dopamine receptor gene and its chromosomal location. *Anim Genet.* **31(5)**:334-335.

- (26) Kaang, B. K., Park, C. K., Ha, J. H., Myeong, H. K., Jeoung, D. Il., Kim, H. K., Lee, Y. S., Kim, K. H.(2000) Genomic analysis and functional expression of canine dopamine D2 receptor, *Gene* **257(1)**:99-107.
- (27) Kim, K. S., Tanabe, Y., Park, C. K., Ha, J. H.(2001) Genetic variability in East Asian dogs using microsatellite loci analysis, *J. Heredity.*, **92(5)**:398-403.
- (28) Leonard, J. A., Wayne, R. K., Wheeler, J., Valadez, R., Guillen, S., Vila, C.(2002) Ancient DNA evidence for Old World origin of New World dogs. *Science*. **22;298(5598)**:1613-1616.
- (29) Marshall, T. C., Slate, J., Kruuk, L. and Pemberton, J. M.(1998) Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Molecular Ecology* **7(5)**: 639-655.
- (30) Mellersh, C. S., Hitte, C., Richman, M., Vignaux, F., Priat, C., Jouquand S., Werner, P., Andre, C., DeRose, S., Patterson, D. F., Ostrander. E. A. and Galibert, F.(2000) An integrated linkage-radiation hybrid map of the canine genome. *Mamm Genome*, **11**:120-130.
- (31) Misztal, I.(1990) Restricted maximum likelihood estimation of variance components in a animal model using sparse matrix inversion and a supercomputer. *J. Dairy Sci.* **73**:163-172.
- (32) Morera, L., Barba, C. J., Garrido, J. J., Barbancho, M., de Andres, D. F.(1999) Genetic variation detected by microsatellites in five Spanish dog breeds. *J Hered.* **90(6)**:654-656.
- (33) Neff, M. W., Broman, K. W., Mellersh, C. S., Ray, K., Acland, G. M., Aguirre, G. D., Ziegler, J. S., Ostrander, E. A., Rine, J.(1999) A Second-Generation Genetic Linkage Map of the Domestic Dog, *Canis familiaris Genetics*. **151(2)**:803-820.

- (34) Nei, M.(1972) Genetic distance between populations. *American Naturalist* **106**:283-292.
- (35) Nei, M.(1973) Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc. natl. Acad. Sci. USA* **70**:3321-3323.
- (36) Ostrander, E. A., Galibert, F., Patterson, D. F.(2000) Canine genetics comes of age. *Trends Genet.* **16(3)**:117-124.
- (37) Ostrander, E. A., Mapa, F. A., Yee, M., and Rine, J.(1995) One Hundred and One Simple sequence Repeat-Based markers for the Canine Genome. *Mammalian Genome*, **6**:192-195.
- (38) Park, K., Kang, J., Park, S., Ha, J., Park, C.(2004) Linkage of the locus for canine dewclaw to chromosome 16. *Genomics.* **83(2)**:216-224.
- (39) Parker, H. G., Kim, L. V., Sutter, N. B., Carlson, S., Lorentzen, T. D., Malek, T. B., Johnson, G. S., DeFrance, H. B., Ostrander, E. A., Kruglyak, L.(2004) Genetic structure of the purebred domestic dog. *Science.* **304(5674)**:1160-1164.
- (40) Raymond, M. and Rousset, F.(1995) GENEPOP (version 1.2) : population genetics software for exact tests and ecumenicism. *J. Heredity*, **86**:248-249.
- (41) Richman, M., Mellersh, C. S., Andre, C., Galibert, F., Ostrander, E. A.(2001) Characterization of a minimal screening set of 172 microsatellite markers for genome-wide screens of the canine genome. *J Biochem Biophys Methods.* **30;47(1-2)**:137-149.
- (42) Rousset, F.(1996) Equilibrium values of measures of population subdivision for stepwise mutation processes. *Genetics* **142(4)**:1357-1362.

- (43) Rousset, F.(1997) Genetic differentiation and estimation of gene flow from F-statistics Under Isolation by Distance. *Genetics* **145**:1219–1228.
- (44) Savolainen, P., Zhang, Y. P., Luo, J., Lundeberg, J., Leitner, T.(2002) Genetic evidence for an East Asian origin of domestic dogs. *Science*. **22**:298(5598):1610–1613.
- (45) Spelman RJ, Bovenhuis H.(1998) Moving from QTL experimental results to the utilization of QTL in breeding programmes. *Anim Genet*. **29**(2):77–84.
- (46) Wayne, R. K. and Ostrander, E. A.(1999) Origin, genetic diversity, and genome structure of the domestic dog. *Bioessays*. **21**(3):247–257.
- (47) Weir, B. S., Reynolds, J. and Dodds, K. G.(1990) The variance of sample heterozygosity. *Theor Popul Biol*. **37**(1):235–253.
- (48) Wright, S.(1969) Evolution and the genetics of populations, Vol 2. Chicago: University of Chicago Press.
- (49) Zajc, I., Mellersh, C. S., Sampson, J.(1997) Variability of canine microsatellites within and between different dog breeds. *Mamm Genome*. **8**(3):182–185.

주 의

1. 이 보고서는 농림부에서 시행한 농림기술개발사업의 연구보고서입니다.
2. 이 보고서 내용을 발표할 때에는 반드시 농림부에서 시행한 농림기술개발사업의 연구결과임을 밝혀야 합니다.
3. 국가과학기술 기밀유지에 필요한 내용은 대외적으로 발표 또는 공개하여서는 아니됩니다.