

## 돼지 6번 염색체(6q28 - 6q32)의 BAC clone 염기서열 분석에 의한 Microsatellite Markers 개발

장길원 · 이경태 · 박응우 · 최봉환 · 김태현 · 정일정 · 오성종

농촌진흥청 축산연구소

## Development of Microsatellite Markers using BAC clone Sequencing on Porcine Chromosome 6q28 - 6q32

K. W. Chang, K. T. Lee, E. W. Park, B. H. Choi, T. H. Kim, I. C. Cheong and S. J. Oh

National Livestock Research Institute, RDA, Omockchun-dong Suwon 441-706, Korea

### ABSTRACT

This study was conducted to develop new markers at the region that was related to QTL affecting intramuscular fat and backfat thickness on chromosome 6q28 - 6q32 in pigs. Dozens of repeated sequences were founded using shotgun sequencing of several BAC clones corresponding to that region, of which five new microsatellite markers that identified polymorphism were discovered. The mean number of alleles at each locus observed 2.13(KP0290F2), 4.63(KP0248C11), 7.38(KP1231C91), 2.75(KP1231C92) and 6.25(KP1231C93) in 8 breeds(Landrace, Korean native pig, Duroc, Yorkshire, Berkshire, Wuzhishan pig, Xiang pig, Min pig). The average estimated heterozygosity values at each locus varied from 0.2100(KP0290F2) to 0.8304(KP1231C91) in all populations. In other hand, the average allele of all loci was within range of 0.4517(Berkshire) and 0.6957 (Yorkshire). Of these markers, KP0248C11, KP1231C91 and KP1231C93 were identified to have optimal number of alleles, high heterozygosity values and low standard deviation values. Especially, KP1231C91 and KP1231C93 might be considered as a useful marker for genetic mapping and diversity study.

**(Key words)** : Microsatellite marker, Shotgun sequencing, Polymorphism, Heterozygosity, BAC, pig)

### I 서 론

1991년 유럽에서 처음 시작된 돼지 유전자지도 작성은 초기에 16개에 불과했던 표지인자간 현재 2,000여개 이상으로 증가하였고, 전체 게놈 중 약 2,500 cM을 포함하고 있는 연관지도가 작성되었다. 연관지도 작성에 인간, 마우스, 등과 비교유전자지도 활용함으로써 표지인자의 수는 급속하게 증가되고, 표지인자간의 간격도 계속적으로 좁혀지고 있어 양적형질들에 대한 유전정보를 밝힐 수 있는 틀이 마련되었다고 할 수 있다.

최근에는 각 염색체마다 경제형질과 연관된 QTL(quantitative trait loci) 연구들에 대한 보고가 활발해지고 있다. 특히 돼지의 경제형질 중 관심의 대상이 되고 있는 형질은 주로 생산성과 직결된 성장 및 번식능력과 소비자의 기호와 밀접한 관련이 있는 육질형질 등이 있으며 이들과 연관된 많은 QTL들이 보고되고 있다. 특히 돼지의 6번 염색체(6q28 - 6q32)에서 주요 경제형질인 등지방 두께(BFT; backfat thickness), 근내지방(IMF; Intramuscular fat), 육색과 같이 주로 육질과 연관된 QTL들이 보고되었다(De Koning 등, 1999; Gerbens 등, 1999; Rattink 등, 2000; Rohrer,

Corresponding author : T. H. Kim, Animal Genomics & Bioinformatics division, National Livestock Research Institute, RDA, #564 Omockchun-dong Kwonsun-gu, Suwon 441-706, Korea, Tel : 031-290-1603, Fax : 031-290-1792, E-mail: kim0th@hanmail.net; kth6160@rda.go.kr

2000; Ovilo 등, 2000; Grindflek 등, 2001; Perez 등, 2002). 이와 같이 돼지의 6번 염색체는 주요 경제형질들과 연관되어 있어 유전자 지도 및 QTL 검색에 관한 연구가 활발히 진행되어지고 있다. 우리는 선행 연구에서 6번 염색체의 6q28 - 6q32영역인 SW71(98.6 cM)과 SW1881(121.1 cM) 사이에서 근내지방과 연관된 QTL을 보고하였고(이 등, 2003), 같은 염색체 위치에서 DeKoning 등(1999)은 근내지방 및 등지방 두께와 연관된 QTL을 보고한 바 있다.

따라서 본 연구는 근내지방 함량 연관 QTL이 탐지된 SW71과 SW1881 사이에 존재하는 유용한 microsatellites markers를 개발하여 미세지도 작성에 활용하고, 형질변이와 관련된 주 유전자 (major gene)를 positional cloning 하는데 이용하고자 수행하였다.

## II 재료 및 방법

### 1. 공시재료

본 연구에 공시된 재료로는 한국 재래돼지, 중국 품종인 오지산돈, 향돈, 민돈 그리고 서양품종인 랜드레이스, 듀록, 요크셔, 버크셔 등 총 8 개 품종에서 각각 12두를 임의선발하여, 이들 개체들의 혈액으로부터 추출한 genomic DNA를 이용하였다.

### 2. 실험방법

#### (1) Genomic DNA 추출

공시재료 8 품종에 대한 Genomic DNA는 이 등(2003)의 방법을 이용하여 추출하였으며, 추출된 DNA는 정량분석 후 2ng/μl로 희석하여 PCR을 위한 template로 준비하였다.

#### (2) 염기서열 정보

염기서열 정보는 한국 재래돼지의 혈액으로부터 만들어진 BAC library(Jeon 등, 2003)를 screening 하여 SW71(98.6 cM)과 SW1881(121.1 cM)사이에 존재한다고 보고된 microsatellite markers를 기준으로 BAC 물리지도 작성을 진행하는 과정에서 선발한 11 BAC clones(insert size : 평

균 125kb)에 대하여 8배수 shotgun sequencing 후, 전장 염기서열 완성을 위해 PhredPhrap 프로그램을 사용하여 assembly를 수행하고, 이렇게 얻어진 BAC clone 전장 염기서열 정보를 활용하였다.

#### (3) Primer 제작

RepeatMasker web server(<http://ftp.genome.washington.edu/cgi-bin/RepeatMasker>)를 이용하여 BAC clone의 염기서열 중 반복염기서열이 있는 부위를 검색하여 PCR을 위한 primer를 제작하였다. 각각의 primer 염기서열과 기대되는 절편의 크기는 Table 1과 같다.

#### (4) PCR 반응 및 유전자형 분석

본 연구의 PCR 반응 총액은 15μl로 하였고, 주형 DNA는 10ng을 사용하였으며, 1X reaction buffer(10mM Tris-HCl, pH8.3, 50mM KCl, 1.5mM MgCl<sub>2</sub>)와 0.25mM dNTP, 2pmol primer pairs, 그리고 0.5U Taq polymerase(TaKaRa, Japan)를 사용하였다. 증폭에는 PTC-200 thermal cycler(MJ Research, INC., USA)를 이용하였으며, PCR 조건은 94°C에서 5분간 pre-denaturation 한 후, 94°C에서 30초, 각 좌위별 annealing 온도에서 40초, 72°C에서 1분을 35 cycles 수행한 후, 마지막으로 72°C에서 10분간 최종 extension 과정을 수행하였다. 먼저 증폭산물을 6% urea polyacrylamide gel에 전기영동하여 증폭절편의 패턴을 조사한 후, 다형성을 보인 부위들을 ABI 310 Genetic Analyzer(Applied Biosystems, USA)를 이용하여 전기영동을 실시하였으며, GeneScan software version 2.1(Applied Biosystems, USA) 및 Genotyper software version 2.5(Applied Biosystems, USA)를 이용하여 각 개체에 대한 유전자형을 분석하였다.

#### (5) Heterozygosity의 산출

예측되는 heterozygosity 값의 산출은 Hubert 등 (1992)의 방법을 이용하였다.

$$Heterozygosity = 1 - \sum_{i=1}^n P_i^2$$

with,  $p_i$  = frequency of the  $i$ th allele

Table 1. PCR primer sequences, repeat unit and expected size of microsatellites developed in this study.

Marker name	Source clone	Primer sequence	Repeat unit	Anneal. Temp. (°C)	Expected size (bp)
KP0290F2	290F2	5'- ACC CCT ACA TCT GCT ATG GA -3'(Tet) 5'- ACA ATC TCC CTG TGT GTG TG -3'	TTCC	61	~166
KP0248C11	248C11	5'- ACA AGC CCA GGT TAA AAT TG -3'(Fam) 5'- TTT TAT TTA GCC AAA TGC TCA -3'	AAAT	55	~172
KP1231C91	1231C9	5'- ACT GTG TAC AAG CCC AAG TG -3'(Tet) 5'- CGC ACT GCC TTG TGA TAA T -3'	TAG	61	~215
KP1231C92	1231C9	5'- TAA TTT CCC CAA GTT AGC CA -3'(Tet) 5'- TGA CAC TGA AAG TAA AGG CAA -3'	TTG	57	~106
KP1231C93	1231C9	5'- CCC CAA ATA GTC AAC TCT CAG -3'(Fam) 5'- TTT TCC AAG TTT AGT TGT GAG G -3'	GA	58	~102
KP0142D10	142D10	5'- AGA GCT AGA CTA GGT ACT GGG TTT -3' 5'- GGT TTT CGT AGT GTT GTT CTT G -3'	CTA	57	~168
KP0782D6	782D6	5'- GCT GTT TGC ACC ATA CAC AT -3' 5'- GGG AAA GTG AGA TAG CAT GA -3'	TTTTG	59	~112
KP1257D1	1257D1	5'- ACT GGG AAC CTA GTG CTT TG -3' 5'- CAT TTA TGG CAC TCC TCA CA -3'	TAGA	52	~159
KP1293H1	1293H1	5'- ATG TCC CAG ATC ACC TCT TT -3' 5'- AAT CTC CAT ATG CCA CAG GT -3'	TG	57	~108
KP0992H3	992H3	5'- GAA GGA GGA CGA AGA GAT GA -3' 5'- GCT GAC GAA GAA GAA CAT CC -3'	GGA	57	~197
KP0115A2	115A2	5'- ATT TTC CAA GCA AAG CTG AC -3' 5'- TCG CTC TTT TTA TGG TTT CC -3'	TTG	57	~196

### III 결과 및 고찰

돼지 염색체 6번에서 근내지방 함량 연관 QTL이 존재하는 것으로 탐지된 SW71에서 SW1881 내에 존재하는 microsatellites를 개발하여 미세 유전자지도도를 작성하는데 활용하기 위하여 그 영역내에 존재하는 것으로 확인된 9개의 BAC clones(Table 1)을 이용하였다. BAC clone들의 염기서열을 결정한 자료를 활용하여 2-, 3- 또는 4-염기반복 unit를 3개에서 5개 이상 가지고 있는 11개 영역에 대하여 primers를 제작하여 PCR로 증폭시킨 후 6% urea polyacrylamide gel에서 전기영동한 결과, KP290F2 (TTCC), KP248C11(AAAT), KP1231C91(TAG), KP1231C92(TTG) 그리고 KP1231C93(GA)에서 다형성을 확인하였다. 그러나 나머지 6개 부위 (KP0142D10, KP0782D6, KP1257D1, KP1293H1, KP0992H3 그리고 KP0115A2)에서는 다형성을 보이지 않아 다형성을 보인 5개 영역에 대하여

형광물질을 붙인 primer를 새로 제작하여 돼지 8 품종(랜드레이스, 재래돼지, 듀록, 요크셔, 버크셔, 오지산돈, 향돈, 민돈)에 대하여 ABI 310 Genetic Analyzer(Perkin-Elmer Co., USA)를 이용하여 전기영동을 실시하였다(Fig. 1). 각 개체에 대하여 유전자형을 분석하여 품종별 각 좌위에 대한 대립 유전자의 범위를 Table 2에 제시하였다.

8개 품종에서 5가지 반복염기서열 부위에 대한 유전자형을 분석한 결과 KP0290F2는 재래돼지와 버크셔 품종에서 TTCC 염기서열이 7번 반복되어 나타나는 하나의 대립유전자(168bp)만 나타났으며, 8개 품종의 대립유전자 수는 평균 2.13개로 나타났다. KP1231C92(TTG)에 관한 유전자형 분석에서는 버크셔와 오지산돈에서 9번 반복되어 나타나는 하나의 대립유전자(109bp)만 검색되었다. 다른 세 부위에서는 대립유전자들이 평균 4.63에서 7.38개로 많이 나타나고 있음을 볼 수 있었다. 이는 Rohrer 등(1994)이 연관지도 작성에 이용한 marker들과 Alexander 등(1996)

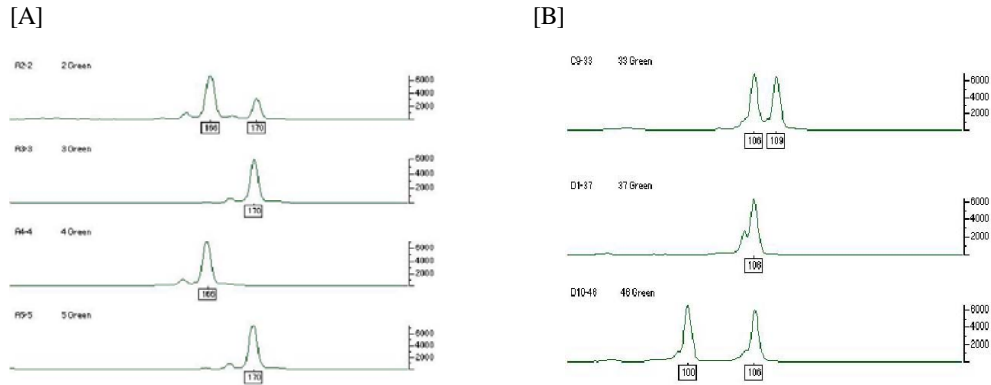


Fig. 1. Electropherogram shows different alleles([A]; KP0290F2, [B]; KP1231C92).

Table 2. Allele range of microsatellite markers analyzed in this study

Breed	KP0290F2 <sup>c</sup> (TTCC)	KP0248C11* (AAAT)	KP1231C91* (TAG)	KP1231C92* (TTG)	KP1231C93* (GA)
Landrace	7 ~ 8**	6 ~ 10	3 ~ 10	6 ~ 9	2 ~ 16
Korean native pig	7	6 ~ 9	3 ~ 11	6 ~ 9	2 ~ 16
Duroc	7 ~ 8	6 ~ 10	3 ~ 11	6 ~ 9	6 ~ 16
Yorkshire	7 ~ 8	6 ~ 10	3 ~ 13	6 ~ 9	2 ~ 16
Bershire	7	6 ~ 10	3 ~ 13	9	2 ~ 16
Wuzhishan pig	7 ~ 8	6 ~ 10	3 ~ 13	9	2 ~ 16
Xiang pig	7 ~ 9	6 ~ 10	3 ~ 13	6 ~ 9	2 ~ 16
Min pig	6 ~ 7	6 ~ 9	3 ~ 13	7 ~ 9	2 ~ 16
Average of Allele no.	2.13	4.63	7.38	2.75	6.25

\* Microsatellite marker name.

\*\* Repeated number of microsatellite markers.

이 발표한 microsatellite marker들이 가지는 대립 유전자의 수(2~11개)와도 비슷한 결과를 나타내었고, 현재까지 보고된(USDA-MARC, <http://www.marc.usda.gov>) 돼지 6번 염색체상에 존재하는 40여개의 microastellite marker들이 가지는 대립유전자들의 수와도 비슷한 결과를 보였다. 따라서 앞으로 유전자 지도 작성 및 QTL 검색하기 위한 marker로서 충분히 활용할 수 있을 것으로 판단되며, 주로 GT:CA dinucleotide microsatellites의 개발 방법을 이용한 이전의 보고(Rohrer 등; 1994, Alexander 등; 1995a, 1995b, 1996)와는 달리 di-, tri-tetranucleotide microsatellites와 같이 보다 다양한 marker들을 개발하여 연관분석 뿐만이 아닌 친자감별 등에 이용할 수도 있을 것으로 보여 활용성이 높은 marker들을 검색할 수 있을 것이라 사료된다. 또한 본 연구에서는 8개 품

종에 대해 수행하여 단지 다형성을 보이는 marker를 찾아낸 Rohrer 등(1994)과 Alexander 등(1996)과는 달리 품종 별 차이를 보이는 대립유전자들을 검색할 수 있었다. KP0290F2의 경우 TTCC 염기서열이 9번 반복되어 나타나는 대립유전자(178bp)가 향돈에서만 나타났으며, 민돈에서는 6번 반복되어 나타나는 대립유전자(162bp)가 나타나 다른 품종과의 차이를 보였다. KP1231C93의 경우 듀록에서 다른 품종에서 높은 빈도로 나타난(GA)<sub>2</sub>와 (GA)<sub>3</sub>의 두 대립유전자(94, 96bp)가 나타나지 않아 다른 품종들과 차이를 보였다. 품종별 차이를 보이는 특이한 대립유전자들은 표본 수가 적어 확신 할 수는 없으나 앞으로 시료 수를 더 늘려 분석한다면 이를 이용한 품종 특이성 marker들도 검색할 수 있을 것이라 사료된다.

Table 3. Heterozygosity values, mean and standard deviation of each microsatellite marker and each breed

Breed	KP0290F2*	KP0248C11*	KP1231C91*	KP1231C92*	KP1231C93*	Mean ± STD
Landrace	0.4965	0.7118	0.8058	0.4167	0.7257	0.6313 ± 0.1659
Korean native pig	0.0000	0.7222	0.8636	0.5590	0.6860	0.5662 ± 0.3346
Duroc	0.2778	0.7361	0.7891	0.5173	0.5868	0.5814 ± 0.2021
Yorkshire	0.4688	0.7150	0.8594	0.6805	0.7550	0.6957 ± 0.1435
Bershire	0.0000	0.7150	0.7900	0.0000	0.7535	0.4517 ± 0.4132
Wuzhishan pig	0.1975	0.7407	0.8672	0.0000	0.6181	0.4847 ± 0.3698
Xiang pig	0.1527	0.6100	0.8554	0.5416	0.7191	0.5758 ± 0.2646
Min pig	0.0950	0.5408	0.8125	0.5350	0.7963	0.5559 ± 0.2901
Mean ± STD	0.2110 ± 0.1922	0.6865 ± 0.0717	0.8304 ± 0.0342	0.4057 ± 0.2604	0.7051 ± 0.0714	-

\* Microsatellite marker name.

Table 3에서 볼 수 있듯이 8품종을 이용한 유전자형 분석 후 이들에 대한 품종별, 반복염기서열 부위별 heterozygosity 값을 산출한 결과, 0.0000에서 0.8672까지의 범위 내에 나타남을 알 수 있었다. 또한 품종별 5가지 반복서열 부위에 대한 heterozygosity 값의 평균을 비교하였을 때, 0.4517에서 0.6957로 비교적 높게 나타났고 편차도 크게 나타났다. 이는 버크셔 품종의 경우 KP0290F2와 KP1231C92에서는 0.0000, 그리고 나머지 부위에서는 0.7150이상으로 나타난 것과 같이 품종 내에서 검색된 반복서열 부위들 사이에 차이가 있음을 보여준다. 또한 각 검색 부위별 heterozygosity 값의 평균과 표준편차를 산출한 결과 KP0290F2에서 가장 낮았고, KP1231C91에서 가장 높게 나타났다. 또한 KP290F2를 제외하고, 현재까지 보고된(Rohrer 등; 1994, Alexander 등; 1995a, 1995b, 1996, USDAMARC, <http://www.marc.usda.gov>) 돼지 6번 염색체상에 존재하는 40여 개의 microastellite marker들의 heterozygosity 값들의 범위(0.3 ~ 1.0)에 포함된다. 특히 KP0248C11, KP1231C91 그리고 KP1231C93들은 heterozygosity 값이 높게 나타나 유용한 marker로서 이용이 가능할 것이라 사료된다.

본 연구는 돼지 6번 염색체에서 근내지방 함량과 등지방 두께와 관련된 QTL이 탐색되어진 영역에서 대량 염기서열 분석을 이용하여 반복 염기서열 분석을 통한 다양한 표지인자들을 검색하기 위한 방법으로 KP1231C91, KP1231C93과 같은 부위는 미세지도 작성 및 QTL 검색에 있어서 marker로서 이용 가능할 것으로 보이며, positional cloning에도 이용 할 수 있을 것이라 사료된다. 또한 이와 같은 방법을 이용한 marker 개발을 통해 돼지 계통 연구가 완성되어 염기배열이 밝혀지기 전에 이용 가능한 표지인자들을 다량으로 확보 할 수 있을 것이라 사료된다.

#### IV 요 약

돼지 6번 염색체에서 근내지방 함량과 등지방 두께와 관련된 QTL이 탐색되어진 영역(6q28-6q32)에서 미세지도 작성을 위한 유용한 marker를 개발하기 위하여 실시하였다. 대량 염기서열 분석 자료를 근거로, 반복염기서열 분석을 수행한 결과 KP0290F2(TTCC), KP0248C11(AAAT), KP1231C91 (TAG), KP1231C92(TTG) 그리고 KP1231C93(GA)의 5 부위에서 다형성을 나타내었다. 이 부위들에

대한 랜드레이스, 재래돼지, 듀록, 요크셔, 버크셔, 오지산돈, 향돈 그리고 민돈의 8품종에 대한 유전자형 분석 결과 평균 대립유전자의 수는 2.13, 4.63, 7.38, 2.75 그리고 6.25로 나타났다. 그리고 8 품종에 대한 KP0290F2, KP0248C11, KP1231C91, KP1231C92 그리고 KP1231C93에 대한 평균 heterozygosity 값을 산출한 결과, 0.2110, 0.6865, 0.8304, 0.4057 그리고 0.7051로 나타났으며, 5 markers에 대한 8 품종의 평균 heterozygosity 값은 0.6313, 0.5662, 0.5814, 0.6957, 0.4517, 0.4847, 0.5758 그리고 0.5559로 나타났다. KP0248C11, KP1231C91 그리고 KP1231C93은 적절한 대립유전자 수를 나타내었고, 또한 heterozygosity 값이 높게 나타났을 뿐만 아니라, 표준편차도 적게 나타난 점으로 미루어 보아 앞으로 유용한 marker로서 이용이 가능할 것이라 사료된다.

본 연구의 결과 개발된 marker는 SW71(98.6 cM)과 SW1881(121.1 cM) 영역내에 존재하는 유용한 유전자를 발굴하기 위한 미세지도 작성에 유용하게 활용될 수 있는 marker로 판단되며, positional cloning에도 이용 할 수 있을 것이라 사료된다. 또한 돼지 게놈 연구가 완성되어 염기 배열이 밝혀지기 전에 이용 가능한 표지인자들을 다량으로 확보 할 수 있을 것이라 사료된다.

## V 사 사

본 연구는 2001년부터 2003년까지 농촌진흥청의 한돈 국제공동연구(돼지 육질연관 QTL 및 주유전자 분석시스템 개발연구)로 수행된 연구 결과의 일부이며 연구비 지원에 감사합니다.

## VI 인용 문헌

- Alexander, L. J., Rohrer, G. A., Stone, R. T. and Beattie, C. W. 1995a. Porcine SINE associated microsatellite markers: evidence for new artiodactyls SINEs. *Mammalian Genome*. 6:464-468.
- Alexander, L. J., Troyer, D. L., Rohrer, G. A., Smith, T. P. L. and Beattie, C. W. 1995b. Physical assignments of 6871 porcine cosmid and lambda clones containing polymorphic microsatellites. *Mammalian Genome*. 7:368-372.
- Alexander, L. J., Rohrer, G. A. and Beattie, C. W. 1996. Cloning and characterization of 414 polymorphic porcine microsatellites. *Animal Genetics*. 27:137-148.
- De koning, D. J., Janss, L. L. G., Rattink, A. P., van Oers, P. A. M., de Vries, B. J., Groene, M. A. M., der Poel, J. J., de Groot, P. N., Brascamp, E. W. and van Arendonk, J. A. M. 1999. Detection of quantitative trait loci for back fat thickness and intramuscular fat content in Pig (*Sus scrofa*). *Genetics* 152:1679-1690.
- Gerbens, F., van Erp, A. J., Harders, F. L., Verburg, F. J., Meuwissen, T. H., Verkamp, J. H. and te Pas, M. F. 1999. Effect of genetic variants of the heart fatty acid-binding protein gene on intramuscular fat and performance traits in pigs. *J. of Anim. Sci.* 77:846-852.
- Grindflek, E., Szyda, J., Liu, Z. and Lien, S. 2001. Detection of quantitative trait loci for meat quality in a commercial slaughter pig cross. *Mamm Genome*. 12:299-304.
- Jeon, J. T., Park, E. W., Jeon, H. J., Kim, T. H., Lee, K. T. and Cheong, I. C. 2003. A large-insert Porcine library with sevenfold genome coverage: a tool for positional cloning of candidate genes for major quantitative traits. *Mol. Cells*. 16:113-116.
- Ovilo C., Perez-Enciso, M., Barragan, G., Clop A., Rodriguez, C., Oliver, M. A., Toro, M. A. and Noguera, J. L. 2000. A QTL for intramuscular fat and backfat thickness is located on porcine chromosome 6. *Mamm. Genome*. 11:344-346.
- Ovilo, C., Oliver, M. A., Noguera, J. L., Clop A., Barragan, G., Varona, L., Rodriguez, C., Toro, M. A., Perez-Enciso, M. and Silio, L. 2002. Test for positional candidate genes for body composition on pig chromosome 6. *Genet. Sel. Evol.* 34(4): 465-479.
- Perez-Enciso, M., Clop, A., Folch, J. M., Sanchez, A., Oliver, M. A., Ovilo, C., Barragan, C., Varona, L. and Noguera, J. L. 2002. Exploring alternative models for sex-linked quantitative trait loci in outbred population: Application to an Iberian x landrace pigs intercross. *Genetics*. 161(4):1625-1632.
- Rohrer, G. A., Alexander, L. J., Keele, J. W., Smith, T. P. and Beattie, C. W. 1994. A microsatellite linkage map of the porcine genome. *Genetics*. 136:231-245.
- Rohrer, G. A. 2000. Identification of Quantitative trait loci affecting birth characters and accumulation of back fat and weight in Meishan-White composite resource population. *J. Anim. Sci.* 78:2547-2553.
- RepeatMasker web server. <http://ftp.genome.washington.edu/cgi-bin/RepeatMasker>.
- USDA-MARC. <http://www.marc.usda.gov>.
- 이혜영, 최봉환, 김태현, 박응우, 윤두학, 이학고, 전광주, 정일정, 홍기창. 2003. 돼지 염색체 6번의 연관지도 및 양적형질 유전자좌위 탐색. *한국동물자원과학회지*. 45(6):939-948.

(접수일자 : 2004. 3. 8. / 채택일자 : 2004. 5. 28.)