

비육돈의 도체형질과 *MYL2*, *ADCYAP1R1* 유전자 다형성의 상관관계

한상현* · 신광윤*,** · 이성수* · 고문석* · 성필남*** · 권기백**** · 조인철*

농촌진흥청 난지농업연구소*, 제주대학교 동물자원학과**,
농촌진흥청 축산과학원***, 축산물등급판정소 제주지역본부****

Genetic Polymorphisms of *MYL2* and *ADCYAP1R1* Genes and Their Association with Carcass Traits in Finished Pigs

Sang-Hyun Han*, Kwang-Yun Shin*,**, Sung-Soo Lee*, Moon-Suck Ko*, Pil-Nam Seong***,
Ki-Baek Kwon**** and In-Cheol Cho*

National Institute of Subtropical Agriculture, RDA, Jeju 690-150, Korea*,
Department of Animal Biotechnology, Cheju National University, 690-756, Korea**,
National Institute of Animal Science, RDA, Suwon 445-839, Korea***,
Jeju Branch Office, Animal Products Grading Service, Jeju 695-905, Korea****

ABSTRACT

DNA variation of *MYL2* intron 5 A345G and *ADCYAP1R1* intron 2 A337G were investigated for carcass trait association in finished pigs. Three genotypes (two homozygotes and their heterozygote) were found at 10.6% AA, 45.6% AG and 43.8% GG in *MYL2* and 60.5% AA, 34.6% AG, and 22.2% GG for *ADCYAP1R1*. In finished pig population, individuals containing genotype G- of *MYL2* had significantly heavier carcass weight by more than 2.4 kg and thicker backfat thickness by more than 1.3 mm than those of AA homozygous pigs ($p < 0.05$). No significant difference was found in other traits tested in this study such as marbling score, meat color, texture, moisture and separation score ($p > 0.05$). The *ADCYAP1R1* intron 2 377GG homozygotes showed coarse texture, i.e., meat quality was inferior than those of AG and AA genotypes, and the moisture level of homozygote AA was higher than those of AG and GG genotypes ($p < 0.05$). The other carcass traits were not significantly associated with *ADCYAP1R1* genotypes ($p > 0.05$). The genetic polymorphism of *MYL2* and *ADCYAP1R1* genes affected the carcass traits in finished pig population. Further studies to explain the association between genetic variations and their phenotypic effects including economic traits in pigs are required including critical mutation in both genes through molecular approaches.

(Key words : Genetic polymorphism, *MYL2*, *ADCYAP1R1*, Carcass trait, Pig)

I. 서 론

가축에서 경제형질의 대부분은 연속변이를 보이는 양적형질로 알려져 있으며, 유전적 특

성을 파악하는 매우 복잡한 연구가 요구된다. 최근 유전체에 산재해 있는 양적형질좌위의 검출과 염기변이의 확인 기술의 발달은 양적형질과 유전적 배경의 상관관계를 추적해내는 단계

Corresponding author : In-Cheol Cho, National Institute of Subtropical Agriculture, RDA, #1696 Odeung-dong, Jeju-si, Jeju 690-150, Korea
Tel : 82-64-754-5731, Fax : 82-64-754-5713, E-mail : choic4753@rda.go.kr

에 접어들고 있다.

가축의 유전체에 대한 분자유전학의 성과들이 축산분야에 적용되기 시작하면서 표현형적으로 명확히 구분되는 질적형질 뿐만 아니라 체중이나 육질 등 양적 형질에 영향을 미치는 유전자의 탐색의 수준에 이르고 있다. 돼지 육질을 비롯한 경제형질과 관련된 유전자 좌위에 대한 추적은 크게 두 가지 경로, 양적형질좌위 (quantitative traits loci, QTL) 탐색과 후보유전자와 표현형의 상관관계를 분석방법이 주를 이루고 있다. 단일염기변이 (single nucleotide polymorphism, SNP)의 차이와 표현형의 연관을 분석하는 후보유전자 접근법은 QTL 영역의 SNP 연관 뿐만 아니라 주요 대사경로에 작용하는 단백질 유전자의 SNP를 이용하여 개체간 차이에 관여하는 유전적 기초를 이해하는 좋은 유전학적 연구 방법으로 이용되고 있다 (Noguera et al., 2003). 특히, 돼지에서는 육질을 결정하는 중요한 요인인 근내지방 축적과 관련된 분자유전학 연구가 활발하게 진행되고 있다. 현재까지 여러 가지 품종 교배가계에 대한 분석을 통하여 Andersson 등 (1994)은 분석을 통해 성장과 지방대사를 조절하는 유전자들이 염색체 (*Sus scrofa* chromosome) 4 (SSC4) 상에 존재한다고 보고된 이래, Jeon 등 (2003)과 Ovilo 등 (2002)은 SSC6과 SSC7 등에서 근내지방 연관 QTL을 주로 보고하였다.

근육발달에 핵심적인 기능을 담당하는 myosin 복합체는 두 개의 heavy chain과 네 개의 light chain으로 구성되며, light chain은 essential light chain (MYL1, MYL3)와 두 개의 regulatory light chain (MYL2)으로 이루어져 있다 (Schiaffino와 Reggiani, 1996; Sanjay 등, 2003). HUMMLC2B로도 알려진 MYL2는 몇 개의 Ca^{2+} 결합 영역을 포함하는 EF-hand Ca^{2+} 결합 단백질로 돌연변이가 심장과 골격근의 이상을 초래하는 것으로 알려져 있다 (Sanbe 등, 1999; Szczesna 등, 2001; Roopnarine 2003; Szczesna-Cordary 등, 2005). 돼지 *MYL2* 유전자는 출생 직후 발현율이 가장 높고, 심장이나 간보다 골격근에서 훨씬 발현량이 높고 (Faerman과 Shani, 1993; Xu 등, 2005; Wang 등, 2006), *MYL2*의 SNP 중

A345G 좌위의 다형성이 Large White × Meishan 교배에서 사후 근육의 pH, DRIP loss, 보수력 등의 도체형질에 대해 유의적인 차이를 나타내었고 (Xu 등, 2007), 마지막 exon의 nonsense 돌연변이가 Large White의 일당증체량에 대한 고도의 유의차를 보고하였다 (Davoli 등, 2003).

다양한 생물학적 기능을 수행하는 neuropeptide의 일종인 pituitary adenylate cyclase-activating polypeptide (PACAP)는 뇌하수체 전엽에서 adenyate cyclase를 자극한다 (Miyata et al., 1989). *ADCYAP1R1*은 PACAP의 type I, G-protein coupled receptor로 시상하부와 뇌하수체 전엽에서 adrenocorticotropin, 황체형성호르몬 (LH), 성장호르몬 (GH), prolactin의 분비를 조절하고, 신장의 수질에서는 adrenaline의 분비를 조절한다 (Pisegna와 Wank, 1993; Spengler 등, 1993; Inagaki 등, 1996; Scaldaferrri 등, 1996; Gray 등, 2002). 배발생 및 발달과정에서 PACAP의 다양한 생물학적 기능이 알려지면서, 수용체들이 돼지에서 중요한 경제형질에 대한 강력한 후보유전자로 관심을 받고 있다. Kollers 등 (2006)은 *ADCYAP1R1* 유전자의 다형성이 등심의 명도와 관련된 여러 형질들과 연관되어 있을 것으로 보고한 바 있다. 특히 골격근 내에서 microvesicular lipid의 침적과 연관되어 있을 것으로 추정하고 있다.

돼지 *MYL2*, *ADCYAP1R1* 유전자의 다형성이 특정 품종 교배집단의 도체형질에 영향을 주는 것으로 알려져 있으나, 현재까지의 연구보고만으로는 우리나라의 현행 양돈산업에 직접 활용하는 데는 무리가 있어, *MYL2*와 *ADCYAP1R1* 유전자의 유전적 다형성을 비육 출하돈 집단에서 조사하고, 이들 유전자형이 우리나라의 돼지 등급판정체계에서 산출된 도체형질에 어느 정도 영향을 미치는지를 확인하기 위해 수행하였다.

II. 재료 및 방법

1. 공시동물과 DNA 추출

본 연구에 이용된 시료는 2006년 12월부터 2007년 7월까지 각기 다른 양돈농가에서 출하

된 비육돈 중 제주도축산물등급판정소에서 냉도체 등급판정 개체를 대상으로 20회에 걸쳐 수집하여 분석하였다. 냉도체 판정 후 등심의 일부를 채취하여 DNA 분리에 이용하였다. DNA 분리는 Birren 등 (1997)의 방법을 변형하여 수행하였다. 채취한 조직은 sucrose-proteinase K 완충액을 첨가하고 55°C에서 over-night 진탕하였다. 추출액에 RNase를 처리한 후, phenol-chloroform을 이용하여 정제하고, ethanol 침전법으로 DNA를 회수하여 TE buffer에 용해하였다. 준비한 DNA 용액은 NanoDrop ND-1000 spectrophotometer로 흡광도를 측정 후 A_{260}/A_{280} 1.8 이상인 DNA 용액들을 50-60 ng/ μ l로 희석하여 PCR 증폭을 위한 주형으로 이용하였다.

2. *MYL2*와 *ADCYAP1R1* 유전자형의 결정

돼지 *MYL2*와 *ADCYAP1R1* 유전자의 증폭을 위해 Xu 등(2007)과 Kollers 등(2006) 등이 보고한 primer를 각각 이용하여 PCR 증폭하였다. PCR 반응은 10× 반응완충액, 20 mM dNTP, 각각 200 mM primer, 1.5 units *Taq* DNA polymerase (TaKaRa, Japan)와 50-60 ng genomic DNA 용액에 멸균한 탈이온수를 첨가하고, PTC-200 (MJ Research, USA)을 이용하였으며, *MYL2* 유전자 증폭은 94°C에서 5분간 초기변성, 94°C 40초-64°C 40초-72°C 90초로 구성된 cycle을 35회, *ADCYAP1R1*은 94°C 30초-65°C 30초-72°C 30초로 구성된 cycle을 30회 반복수 수행하였다. PCR 증폭 산물은 agarose gel 상에서 전기영동법으로 확인한 후, 각각 *Msp* I (*MYL2*)과 *Hae*III (*ADCYAP1R1*) 제한효소로 제한절단하였다. 제한효소 처리의 반응액 조성 및 시간은 공급자의 실험방법을 따랐으며, 37°C에서 overnight 반응한 후 2% agarose gel 상에서 전기영동 확인하였다. 유전자형의 결정은 기존의 보고를 따랐으며, 서열의 다형성을 재확인하기 위해 동형접합자로 확인된 시료들을 무작위로 3 시료씩 선발하여 DNA sequencing에 이용하였다.

3. DNA 염기서열 결정

조사에 이용한 DNA 시료들 중에서 기존에 보고된 *MYL2* intron 5 A345G와 *ADCYAP1R1* intron 2 A337G의 유전자 서열을 최종 확인을 위해 각각의 유전자 PCR 산물에 대한 PCR-RFLP 시료 판독 후 동형접합자의 PCR 산물 3 시료씩을 선발하여 DNA sequencing을 수행하였다. 정제된 PCR 산물을 주형으로 PCR primer를 이용하여 dye-termination 반응을 수행한 후, MegaBase1000 (Amersham Pharmacia, USA)을 이용하여 염기서열을 결정하였고, GenBank database에 등록하였다(GenBank accession no. EU644082-EU644085).

4. 도체형질 측정 및 유의성 분석

출하된 비육돈의 도체형질은 축산물등급판정소 제주지역본부에서 수집하였다. 도체형질의 항목은 Table 2에 제시하였고, 도체형질 측정은 전문 등급판정사 2인이 각각 측정하였고, 동일 개체에서 다른 결과치를 나타낸 시료는 분석에서 제외하였다. 조사항목과 측정치는 비육돈 출하 당시 등급판정기준에 준하였으며, 육량등급은 통계분석에서 제외하였다. 조사된 도체형질 측정치에 대한 *MYL2*, *ADCYAP1R1* 유전자형의 효과를 추정하기 위한 통계분석은 SAS ver 8.01 program package/PC (1999)의 GLM procedure를 이용하였고, 통계모델은 성별, 유전자형을 포함하였다. 평균값의 차이는 Duncan's multiple range test로 유전자형별 유의차 검정을 실시하였다.

III. 결과 및 고찰

제주도 내 양돈농가에서 출하된 비육돈을 시료로 하여 *MYL2*, *ADCYAP1R1* 유전자의 다형성을 검출한 결과, 두 유전자 모두 다형현상을 나타내었다. *MYL2* (Fig. 1)와 *ADCYAP1R1* (Fig. 2) 유전자 모두 전체에서 두 가지 동형접합자형과 이들의 이형접합자형이 모두 검출되었다. DNA 염기서열 분석에서 *MYL2* intron 5에서 4개의 SNP, *ADCYAP1R1* intron 2에서 기존에 보고되지 않은 새로운 삽입/결실 변이가 3지점에

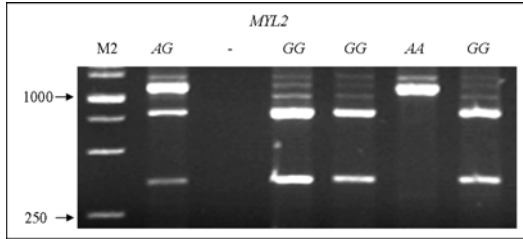


Fig. 1. *Msp*I-RFLP patterns for the *MYL2* intron 5 A345G representing three genotypes (A/A, A/G, and G/G) found in finished pigs. Dash on the top of lane indicates negative control amplifying without DNA. M2 is the 1-kb DNA ladder.

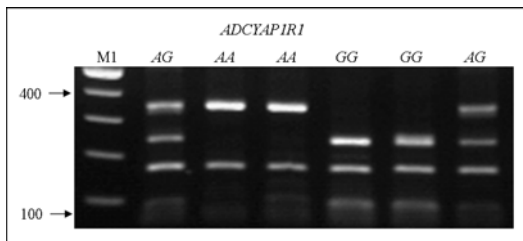


Fig. 2. *Hae*III-RFLP patterns for the *ADCYAP1R1* intron 2 A337G representing three genotypes (A/A, A/G, and G/G) found in finished pigs. M1 is the 100-bp DNA ladder.

서 발견되었다 (data not shown). 반면, 각각의 염기변이들과 삽입/결실 다형성들은 유전자형에 따라 서로 연관되어 있었고, 연관되지 않은 경우 전체 집단에서 다형성 빈도가 0.2% (*MYL2*) 4.9% (*ADCYAP1R1*)로 매우 낮아 연관 분석에서

는 제외하였다. Table 1은 비육출하돈 집단에서 *MYL2*, *ADCYAP1R1*의 유전자형과 대립인자의 빈도를 나타낸 것이다. *MYL2*의 경우 대립인자 345A는 33.3%, G는 66.7%로 조사되었고, *ADCYAP1R1*은 337A가 77.8%, G가 22.2%로 확인되었다. 두 유전자 모두 Hardy-Weinberg 평형에서는 유의적인 수준을 나타내지 않아, 임의교배에 의해 조성된 집단에서 최종 sire로 사용된 품종에 의해 유전자형의 빈도가 결정되는 것으로 사료된다.

비육돈에서 발견된 돼지 *MYL2* 유전자의 세 가지 유전자형을 기준으로 개체군을 다시 구분하여 도체형질간 비교를 수행하였다 (Table 2). 조사된 도체형질들 중에서 도체중과 등지방두께에서 *MYL2* intron 5 A345G 유전자형별 형질 성적이 유의적인 차이를 나타내었다 ($p < 0.05$). 도체중의 경우 AA 동형접합자형인 경우가 AG 이형접합자형이나 GG 동형접합자형인 돼지에 비해 2.4 kg 정도 가벼운 것으로 나타났으며, 등지방두께의 경우 AA 동형접합자형인 돼지들이 AG 이형접합자형이나 GG 동형접합자형에 비해 등지방두께가 약 1.3 mm 정도 얇은 것으로 확인되었다. 이는 결국 대립인자형 G의 존재가 돼지의 등지방 발달을 증가시켜 결과적으로 전체적인 도체중의 증가를 유도한 것으로 추정된다. 조사된 도체형질 중 marbling score, 육색, 조직감, 수분삼출도, 근육분리도와는 유의적인 차이를 보이지 않았다 ($p > 0.05$). Xu 등 (2007)은 Large White × Meishan의 교배에서 생산된 F₂ 집단에서 본 연구에서 이용한 SNP와 동일한 *MYL2* 유전자형이 등심을 포함한 골격근의 24시간 사후 pH, 육색 등에 유전자형에

Table 1. Genotype and allele frequencies of *MYL2* intron 5 A345G and *ADCYAP1R1* intron 2 A337G

Locus	No. of pigs	Genotypic frequency			Allelic frequency		H(o)	H(e)	PIC	χ^2	HWE
		AA	AG	GG	A	G					
<i>MYL2</i> A345G	493	0.106	0.456	0.438	0.334	0.666	0.456	0.445	0.346	0.235	NS
<i>ADCYAP1R1</i> A337G	552	0.605	0.346	0.049	0.778	0.222	0.346	0.346	0.286	0.235	NS

H(o), observed heterozygosity; H(e), expected heterozygosity; PIC, polymorphic information content; HWE, Hardy-Weinberg equilibrium.

Table 2. Least square analysis for carcass traits with the genotype of *MYL2* intron 5 A345G in fattened pigs

Carcass trait	<i>MYL2</i> genotype			Significance
	AA (n=52)	AG (n=225)	GG (n=216)	
Carcass weight	81.94±7.17 ^b	84.84±7.35 ^a	84.00±7.28 ^a	*
Backfat thickness	19.08±4.58 ^a	20.85±5.05 ^b	20.07±4.69 ^{ab}	*
Marbling score	2.29±1.11	2.27±1.06	2.25±1.12	ns
Meat color score	3.42±0.75	3.41±0.73	3.34±0.70	ns
Texture score	1.50±0.73	1.49±0.68	1.52±0.69	ns
Moisture score	1.40±0.72	1.40±0.69	1.43±0.70	ns
Separation score between muscles	1.21±0.50	1.20±0.52	1.17±0.44	ns

LSMean ± Standard error values in the same row with different letter are significantly different.

다른 유의적 차이를 나타내고 ($p < 0.05$), 특히 보수력과 DRIP loss에 대해서는 고도의 유의차를 보이며 ($p < 0.01$), marbling score, 근내지방의 성적과는 유의적인 차이가 없는 것으로 보고하였다. Davoli 등 (2003)은 CDS 영역에서 nonsense 염기변이를 검출하고 다양한 돼지 품종에서 유전자의 다형성을 확인하였으며, 그 중 Large White의 일당증체량에 대하여 고도의 유의차를 나타내고 등지방두께와 반도체중, 근내지방에 대해서는 유의차가 없는 것으로 보고하였다.

전체 비육돈에서 *ADCYAP1R1* intron 2 A337G의 유전자형은 AA, AG, GG 세 가지 모두 검출되었고, 발견된 세 가지 유전자형에 대한 도체형질과의 연관분석을 수행하였다 (Table 3). 도체형질 중에서 *ADCYAP1R1* 유전자형에 따른

도체성적의 평균 차를 나타낸 항목은 조직감과 수분삼출도로 확인되었다 ($p < 0.05$). 반면, 도체중, 등지방두께, 근내지방, 육색, 근육분리도 등은 유의 수준의 차이를 보이지 않았다 ($p > 0.05$). SSC18에 위치한 *ADCYAP1R1*은 Berkshire × Yorkshire의 교배 집단에서 24시간 사후 등심의 육색과 관련된 QTL의 후보영역 내부에 해당되며 (Malek 등, 2001), 근내지방의 축적에 의해 광반사율이 높아지게 되는 요인일 것으로 추정되고 있다 (Kollers 등, 2006). 본 연구결과만을 놓고 보면 유전자형의 분포에 따라 GG 유전자형을 보유한 돼지의 등심의 육색이 더 밝게 나타나지만, AG 이형접합자형을 보유한 돼지들이 AA나 GG 동형접합자형들보다 더 진한 육색을 나타내고 있고, 육색의 성적간 유의차가 없는

Table 3. Least square analysis for carcass traits with the genotypes of *ADCYAP1R1* intron 2 A337G in fattened pigs

Carcass trait	<i>ADCYAP1R1</i> genotype			Significance
	CC (n=334)	CD (n=191)	DD (n=27)	
Carcass weight	83.86±6.98	85.08±7.49	82.56±8.68	ns
Backfat thickness	20.28±4.64	20.24±4.93	21.15±5.26	ns
Marbling score	2.31±1.09	2.19±1.08	2.30±1.14	ns
Meat color score	3.38±0.71	3.46±0.68	3.30±0.87	ns
Texture score	1.50±0.68 ^a	1.47±0.67 ^a	1.59±0.75 ^b	*
Moisture score	1.45±0.72 ^a	1.36±0.64 ^b	1.37±0.74 ^b	*
Separation score between muscles	1.18±0.48	1.16±0.45	1.22±0.51	ns

것으로 조사되었다($p>0.05$).

돼지 유전체에 대한 연구들을 바탕으로 현재까지 100여 편의 연구보고에서 280여 가지 유전형질과 관련된 1,600 여 개의 QTL 좌위가 밝혀졌으며(PigQTLdb, <http://www.animalgenome.org/QTLdb/pig.html>), 각각의 QTL 영역에 대한 주요인 유전변이(causative genetic element)의 탐색을 위해 다양한 노력이 진행되고 있다. 본 연구에서 이용한 *MYL2* 유전자의 경우 근섬유의 구성요소로서 Ca^{2+} /calmodulin-mediated 신호전달 경로에 관여하며, 인간과 mouse에서 유전자의 돌연변이는 familial hypertrophic cardiomyopathy 등 심장과 골격근의 이상을 초래하기도 한다(Sanbe 등, 1999; Szczesna 등, 2001; Roopnarine 2003; Szczesna-Cordary 등, 2005). 돼지에서는 *MYL2*를 경위하는 신호전달경로는 잡종강세에 대한 분자경로의 후보로 간주되고 있다(Xu 등, 2005). 이러한 부분들에 대한 검증과 본 연구결과에서 확인된 근내지방과 무관한 등지방과 도체중에 대한 유전자형 분포의 유의적 차이는 돼지 *MYL2* 유전자의 기능에 대한 세밀한 연구의 필요성을 제시하고 있다.

뇌하수체성 neuropeptide PACAP의 수용체인 *ADCYAP1R1*은 뇌하수체에서 여러 가지 호르몬의 분비 조절을 중재하고, 신장에서 adrenaline의 분비, insulin을 분비하는 pancreatic beta cell에서 PACAP에 의한 insulin 분비 자극 등을 중재하는 배발생 및 성장, 항상성 유지와 관련된 다양한 생물학적 기능들이 알려져 있다(Pisegna와 Wank, 1993; Spengler 등, 1993; Inagaki 등, 1996; Scaldaferrì 등, 1996; Gray 등, 2002). 돼지 *ADCYAP1R1* 유전자의 다형성이 Kollers 등(2006)에 의해 확인된 이후 도체형질 중 광 반사율 QTL과 관련된 등심의 구성요소들과의 연관이 제시되었으나, 본 연구에서는 도체중을 비롯한 성장형질이나 육색 등과 무관하며, 조직감, 수분삼출도 등과의 연관이 확인되었다.

이상의 결과들을 종합해 볼 때, *MYL2* intron 5 A345G와 *ADCYAP1R1* intron 2 A337G의 유전적 다형성이 돼지의 도체형질과 어느 정도의 연관이 있으나, 유전자의 기능에 해당하는 영역과의 연관이 낮고 유전자의 기능과는 다른

도체형질과의 연관을 보여주고 있어, 향후 유전자의 분자 수준의 기능을 세포 내, 조직, 기관 사이의 상호작용에 대한 연구와 더불어 돼지의 다양한 품종에서 도체형질 중 유전자의 생물학적 기능과 관련해 단백질의 기능 또는 발현에 영향을 미칠 수 있는 exon이나 promoter 상의 유전변이 확인이 수반되어야 할 것으로 사료된다.

IV. 요약

비육 출하돈 집단에서 *MYL2* intron 5 A345G와 *ADCYAP1R1* intron 2 A337G에 대한 유전자형의 분포와 도체형질과의 연관관계를 분석하였다. 조사에 이용된 두 유전자 모두 3가지 유전자형이 모두 출현하였으며, 빈도는 각각 *MYL2*에서 AA 10.6%, AG 45.6%, GG 43.8%, *ADCYAP1R1*에서 AA 60.5%, AG 34.6%, GG 22.2%로 확인되었다. *MYL2* 유전자형 중 G 대립인자를 보유한 돼지(-G)의 도체중과 등지방 두께는 AA 동형접합자형을 보유한 도체보다 2.4 kg 이상 더 무겁고, 1.3 mm 이상 등지방두께가 더 두꺼운 경향을 보이고 ($p<0.05$), 근내지방도, 육색, 조직감, 수분삼출도, 근육분리도에서는 유의차를 보이지 않았다($p>0.05$). *ADCYAP1R1*의 유전자형 중 GG 동형접합자형인 도체에서는 조직감이 다소 떨어지는 경향을 보였으며, AA 동형접합자의 수분삼출도가 다소 높은 수준을 나타내었으나 ($p<0.05$), 도체중, 등지방두께, 근내지방, 육색, 근육분리도에는 유의차를 보이지 않았다($p>0.05$). 돼지에서 *MYL2* A345G와 *ADCYAP1R1* A337G의 유전자형이 비육 출하돈의 도체형질에 어느 정도 영향을 주고 있으나, 유전자의 기능에 직접적인 영향을 줄 수 있는 염기변이의 탐색 등 다양한 연구가 수반되어야 할 것으로 사료된다.

V. 사 사

본 연구는 2008년도 농촌진흥청 박사후연수과정지원사업에 의해 이루어진 것임. 등급판정과 연구결과와의 고찰에 도움을 주신 축산물등급

관정소 제주지역본부 임직원 여러분들께 감사드립니다.

V. 인 용 문 헌

- Andersson, L., Haley, C. S., Ellergren, H., Knott, S. A., Johansson, M., Andersson, K., Andersson-Eklund, L., Edfor-Lilja, I., Fredholm, M., Hansson, I., Hakansson, J. and Lundstrom, K. 1994. Genetic mapping of quantitative loci for growth and fatness in pigs. *Science*. 263:1771-1774.
- Birren, B., Green, E. D., Klapholz, S., Myers, R. M. and Roskams, J. 1997. *Genome analysis: A laboratory manual*. Vol. 1 Analyzing DNA. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York, U.S.A., pp. 6-16.
- Davoli, R., Fontanesi, L., Cagnazzo, M., Scotti, E., Buttazzoni, L., Yerle, M. and Russo, V. 2003. Identification of SNPs, mapping and analysis of allele frequencies in two candidate genes for meat production traits: the porcine myosin heavy chain 2B (*MYH4*) and the skeletal muscle myosin regulatory light chain 2 (*HUMMLC2B*). *Anim. Genet.* 34:221-225.
- Faerman, A. and Shani, M. 1993. The expression of the *regulatory myosin light chain 2* gene during mouse embryogenesis. *Development*. 118: 919-929.
- Gray, S. L., Cummings, K. J., Jirik, F. R. and Sherwood, N. M. 2001. Targeted disruption of the pituitary adenylate cyclase-activating polypeptide gene results in early postnatal death associated with dysfunction of lipid and carbohydrate metabolism. *Mol. Endocrinol.* 15:1739-1747.
- Gray, S. L., Yamaguchi, N., Vencova, P. and Sherwood, N. M. 2002. Temperature-sensitive phenotype in mice lacking pituitary adenylate cyclase-activating polypeptide. *Endocrinology*. 143: 3946-3954.
- Inagaki, N., Kuromi, H. and Seino, S. 1996. PACAP/VIP receptors in pancreatic beta-cells: their roles in insulin secretion. *Ann. N.Y. Acad. Sci.* 805:44-51.
- 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.
- Kollers, S., Mote, B., Rothschild, M. F., Plastow, G. and Rocha, D. 2006. Single nucleotide polymorphism identification, linkage and radiation hybrid mapping of the porcine pituitary adenylate cyclase-activating polypeptide type I receptor gene to chromosome 18. *J. Anim. Breed. Genet.* 123: 414-418.
- Malek, M., Dekkers, J. C., Lee, H. K., Baas, T. J., Prusa, K., Huff-Lonergan, E. and Rothschild, M. F. 2001. A molecular genome scan analysis to identify chromosomal regions influencing economic traits in the pig. II. Meat and muscle composition, *Mamm. Genome*. 12:637-645.
- Miyata, A., Arimura, A., Dahl, R. R., Minamino, N., Uehara, A., Jiang, L., Culler, M. D. and Coy, D. H. 1989. Isolation of a novel 38 residue-hypothalamic polypeptide which stimulates adenylate cyclase in pituitary cells. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 164:567-574.
- Noguera, J. L., Varona, L., Gómez-Raya, L., Sánchez, A., Babot, D., Estany, J., Messer, L. A., Rothschild, M. and Pérez-Enciso, M. 2003. *Estrogen receptor* polymorphism in Landrace pigs and its association with litter size performance. *Livest. Sci.* 82:53-59.
- Ovilo, C., Oliver, A., Noguera, J. L., Clop, A., Barrangan, C., Varona, L., Rodriguez, C., Toro, M., Sanchez, A., Perez-Enciso, M. and Sillio, L. 2002. Test for positional candidate genes for body composition on pig chromosome 6. *Genet. Sel. Evol.* 34:465-479.
- Pisegna, J. R. and Wank, S. A. 1993. Molecular cloning and functional expression of the pituitary adenylate cyclase-activating polypeptide type I receptor. *Proc. Nat'l. Acad. Sci. U.S.A.*, 90:6345-

- 6349.
15. Roonarine, O. 2003. Mechanical defects of muscle fibers with myosin light chain mutants that cause cardiomyopathy. *Biophys. J.* 84:2440-2449.
 16. Sanbe, A., Fewell, J. G., Gulick, J., Osinska, H., Lorenz, J., Hall, D. G., Murray, L. A., Kimball, T. R., Witt, S. A. and Robbins, J. 1999. Abnormal cardiac structure and function in mice expressing nonphosphorylatable cardiac regulatory myosin light chain 2. *J. Biol. Chem.* 274:21085-21094.
 17. Sanjay, S., Malay, K. R. and Satyapriya, S. 2003. Human fast skeletal myosin light chain 2 cDNA: isolation, tissue specific expression of the single copy gene, comparative sequence analysis of isoforms and evolutionary relationships. *DNA Seq.* 5:339-350.
 18. SAS. 1999. SAS/STAT software for PC. Release 8.01. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.
 19. Scaldaferrri, L., Arora, K., Lee, S. H., Catt, K. J. and Moretti, C. 1996. Expression of PACAP and its type-I receptor isoforms in the rat ovary. *Mol. Cell. Endocrinol.* 117:227-232.
 20. Schiaffino, S. and Reggiani, C. 1996. Molecular diversity of myofibrillar proteins: gene regulation and functional significance. *Physiol. Rev.* 76:371-423.
 21. Spengler, D., Waeber, C., Pantaloni, C., Holsboer, F., Bockaert, J., Seeburg, P. H. and Journot, L. 1993. Differential signal transduction by five splice variants of the PACAP receptor. *Nature.* 365:170-175.
 22. Szczesna-Cordary, D., Guzman, G., Zhao, J., Hernandez, O., Wei, J. and Diaz-Perez, Z. 2005. The E22K mutation of myosin RLC that causes familial hypertrophic cardiomyopathy increases calcium sensitivity of force and ATPase in transgenic mice. *J. Cell. Sci.* 118:3675-3683.
 23. Szczesna, D., Ghosh, D., Li, Q., Gomes, A. V., Guzman, G., Arana, C., Zhi, G., Stull, J. T. and Potter, J. D. 2001. Familial hypertrophic cardiomyopathy mutations in the regulatory light chains of myosin affect their structure, Ca²⁺ binding, and phosphorylation. *J. Biol. Chem.* 276:7086-7092.
 24. Wang, H. L., Wang, H., Zhu, Z. M., Wang, C. F., Zhu, M. J., Mo, D. L., Yang, S. L. and Li, K. 2006. Subcellular localization, expression patterns, SNPs and association analyses of the porcine *HUMMLC2B* gene. *Mol. Genet. and Genom.* 276:264-272.
 25. Xu, D. Q., Liu, M., Xiong, Y. Z., Deng, C. Y., Jiang, S. W., Li, J. L., Zuo, B., Lei, M. G., Li, F. E. and Zheng, R. 2007. Identification of polymorphisms and association analysis with meat quality traits in the porcine *KIAA1717* and *HUMMLC2B* genes. *Livest. Sci.* 106:96-101.
 26. Xu, D. Q., Xiong, Y. Z., Ling, X. F., Lan, J., Liu, M., Deng, C. Y., Jiang, S. W. and Lei, M. G. 2005. Identification of a differential gene *HUMMLC2B* between F1 hybrids Landrace × Yorkshire and their female parents Yorkshire. *Gene.* 352:118-126.
- (접수일자 : 2008. 2. 11. / 수정일자 : 2008. 4. 22. / 채택일자 : 2008. 5. 6)