

한국재래닭 1번 염색체내 초위성체 유전표지를 이용한 경제형질 연관 지역 탐색

김학규¹ · 오재돈¹ · 강보석¹ · 박미나¹ · 채은진¹ · 정한민¹ · 서옥석¹ · 최호성² · 전광주³ · 이학교³ · 공홍식^{3,*}

¹농촌진흥청 축산과학원 가금과, ²전북대학교 동물자원과학부, ³한경대학교 유전정보연구소

Potential Allelic Association of Microsatellite Markers on Chromosome 1 with Economic Traits in Korean Native Chicken

H. K. Kim¹, J. D. Oh¹, B. S. Kang¹, M. N. Park¹, E. J. Chae¹, H. M. Jung¹, O. S. Seo¹,
H. S. Choe², G. J. Jeon³, H. K. Lee³ and H. S. Kong^{3,*}

¹Poultry Science Division, National Institute of Animal Science, RDA, Korea

²School of Animal Science & Biotechnology, Chonbuk National University, Korea

³Genomic Informatics Center, Hankyong National University, Korea

ABSTRACT A total of 17 polymorphic microsatellite markers on chromosome 1 were used for allelic association tests with phenotypic traits in Korean native chicken. Chi-square tests were performed to compare the frequencies of individual alleles between the high and the low trait groups. The frequency of allele 123 of MCW0160 showed a significant difference between the high and the low groups in the trait of egg weight (EW). Three markers, namely ADL0234, UMA1.125 and ADL0101, were found to show significant differences in allelic distribution for the trait of the first lay day (FLD). UMA1.117, ADL0020, UMA 1.019, LMA1 and ADL0238 were found to show significant differences in allelic distribution for the trait of body weight (BW). ADL0101 and ADL0238 were found to show significant differences in allelic distribution for the trait of number of egg production (EP). In this study, we identified the QTL for economic traits at around 94 (MCW0160), 151 (ADL0234), 170 (UMA1.125), 225 (UMA1.117), 285 (ADL0020), 387 (UMA1.019), 418 (LMA1), 500 (ADL0101) and 520 (ADL0238) cM on chromosome 1 in Korean native chicken. The results provided a useful guideline for identification of positional candidate gene and marker-assisted selection for economic traits in Korean native chicken.

(Key words : QTL, microsatellite marker, chromosome 1, Korean native chicken)

서 론

최근 경제적 효율성이 높은 가축만을 이용한 산업화를 통해 종의 다양성이 감소하며 경제성에서 다소 떨어지는 재래 가축 등의 유전자원이 멸종 위기에 까지 처하는 일이 발생하고 있다. 그러나 현재 세계적으로 고유 유전자원의 중요성이 강조되고 있으며, 자국의 유전자원을 보존하고 이를 이용한 산업화에 대한 노력이 꾸준히 진행되고 있다. 고유한 유전자원은 종자 보존 관점에서 보다 중요하게 인식할 필요가 있으며, 한번 소실된 종자는 다시 재생시키기 불가능하므로 고유 유전자원의 보호 육성은 국가적으로 중요한 사업이라 하겠다. 이러한 점에서 재래종의 유전자원 보존 및 능력 개량을 통한 산업화 전략은 국가의 경쟁력을 높이는 데 중요한

역할을 할 것으로 기대된다. 한국재래닭은 복원 사업을 통해 복원이 마무리 되어가고 있으며, 산업화와 유전자원 보존을 위해 각 형질별 유전 특성을 규명하고, 이를 근거로 한 효율적인 개량 전략 모색이 필요한 시점이다. 한국재래닭은 크게 적갈색, 황갈색 및 흑색의 3계통으로 구분되는데, 수입 개량종 육계와 차별화된 육질을 보이는 것이 특징이다. 재래닭 유래 양계 산물이 소비자의 기호에 적합한 소비 패턴을 보임에 따라 이들 재래닭 순계 집단이 보다 경제성 있는 능력을 보유할 수 있도록 유전적 개량이 절실히 필요한 시점이라 하겠다. 이를 위해서 계군의 능력 검정과 이를 근거로 한 선발을 통해 최대의 유전적 개량 효과를 얻는 것이 매우 중요하다.

지금까지의 가축 개량은 우수한 생산 능력을 보이는 개체

* To whom correspondence should be addressed : kebinkhs@hknu.ac.kr

나 가계를 선발하여 후대를 생산하는 방법에 의해 진행되어 왔다. 그리고 이러한 방법은 축종의 다양한 생산 형질의 조사, 능력 검정이 전제되어야 하기 때문에 많은 시간과 비용을 필요로 한다. 최근 유전체 분석 기술의 눈부신 발전에 힘입어 기존의 통계 육종기법의 한계를 보완하거나 새로운 개량 방법의 접근이 시도되고 있다. 현재 인간과 쥐 등은 이미 유전체의 염기서열 분석이 완료되었으며, 이러한 정보를 이용한 신약 개발 등의 많은 연구들이 진행되고 있다(Weinshilboum 와 Wang, 2004). 가축에서도 소, 돼지, 개 등의 염기서열 분석이 진행 또는 계획 중에 있으며, 닭의 경우 최근 draft genome sequence가 발표되었다(Hillier 등, 2004). 또한, 최근 닭의 분자유전 표지와 QTL 탐색을 통한 유전지도 작성 등의 개발과 발전이 매우 활발히 진행되어 왔다(VanKaam 등, 1998; VanKaam 등, 1999; Groenen 등, 2000; Schmid 등, 2000; DeKoning 등, 2004; Schrooten 등, 2004; Schreiweis 등, 2005; Markljung 등, 2008). QTL 좌위의 분포는 특정 유전 집단에 따라 상이하게 존재하기 때문에 한국 재래닭 집단내의 경제형질 관련 유전 좌위의 탐색은 매우 중요하며 분자 육종 체계를 구축함에 있어 반드시 필요한 연구라 할 수 있다. 따라서 본 연구는 한국재래닭 집단의 1번 염색체내 유전 좌위들과 경제형질간의 연관성을 분석하여 향후 분자 육종 체계 구축 및 형질 관련 후보 유전자의 탐색을 위한 기초 자료로 활용하고자 실시하였다.

재료 및 방법

1. 공시 재료

공시 재료로는 한국 재래닭 적각색 계통 140수의 혈액에서 DNA를 확보하여 본 실험에 공시 재료로 이용하였다.

2. Isolation of Genomic DNA

혈액으로부터 genomic DNA 분리에는 Wizard Genomic DNA Purification Kit(Promega Co. USA)를 이용하여 추출하였다. 혈액 10 mL를 0.5M EDTA(pH 8.0)가 1 mL 첨가된 tube에 넣어 잘 혼합하여 응고되지 않도록 처리한 후 DNA를 추출하였다.

3. PCR에 의한 DNA 증폭

총 17개의 microsatellite markers가 본 연구를 위해 사용되었으며, PCR 증폭을 위해 사용된 primer들의 염기서열은 Table 2에 제시하였다. PCR 반응액 조성은 PCR reaction buffer (10

mM Tris-HCl, pH 8.3, 50 mM KCl, 1.5 mM MgCl₂)와 2.5 mM dNTPs, 3 pmol fluorescent dye labeling primer pairs, 10 ng의 template DNA, 0.5U *Taq* DNA polymerase(TaKaRa Shuzo Co., Shiga, Japan)와 ddH₂O를 사용하여 총 반응액은 10 μ L로 하였다. PCR 반응에는 GeneAmp PCR System 9600(Perkin-Elmer Co., USA)를 사용하였고, PCR 조건은 94°C에서 5분간 pre-denaturation 한 후 94°C에서 30초간 denaturation, Table 1에서 보는 것과 같이 각 marker별로 적정한 annealing 온도에서 40초간 annealing, 그리고 72°C에서 1분간 extension을 35 cycles 수행한 후 마지막으로 72°C에서 10분간 최종 extension 과정을 수행하였다. PCR 증폭 산물은 증폭된 단편의 크기가 예상된 allele size 범위 내에 존재하는지, PCR 조건의 적정성 여부를 확인하기 위하여 EtBr(ethidium bromide)이 포함된 2% agarose gel에 전기 영동하고 UV상에서 관찰하였다.

4. 유전자형 분석

PCR 산물은 적정량의 deionized water로 희석하고 DNA : formamide : size standard (Genescan-400 HD)를 1 μ L : 10 μ L : 0.5 μ L 비율로 혼합하여 95°C 이상에서 10분간 denaturation 시키고, MegaBACE 1000 DNA Analysis Systems(Amersham Biosciences. USA)로 분석하였다. GeneScan software version 2.1 (Perkin-Elmer Co., USA)을 이용하여 PCR 산물인 DNA 절편의 양과 크기에 대한 자료를 모아 수집하였다. 전기영동시 Performance Optimized Polymer 4(POP4) (Applied Biosystems, USA)와 10 \times Buffer (with EDTA)를 1 \times 로 희석하여 사용하였고, run time은 22분으로 하였다. 유전자형은 Genotyper software version 2.5(Applied Biosystems, USA)를 이용하여 분석하였다.

5. 통계분석

분석을 위한 첫 번째 단계는 각 유전 좌위별 대립 유전자의 출현 빈도를 계산하여 각 좌위별로 출현 빈도가 가장 높은 두 개의 대립 유전자를 선발하고 분석 대상 집단 개체들의 각 경제형질별 성적을 분석하여, 상위 집단과 하위 집단으

Table 1. Means and standard deviations for the traits analyzed in Korean native chicken

Population	The first lay day (day)	No. of egg production (ea)	Mean of egg weight (g)	Mean of body weight (g)
KNC	154.03 \pm 6.33	82.72 \pm 8.99	48.53 \pm 2.58	1632 \pm 202.7

KNC: Korean native chicken.

Table 2. Primer sequences for the microsatellite markers used in this study

Marker	Forward primer(5'-3')	Reverse primer(5'-3')
MCW0168	GATCAGATTTATTTCCCTCA	CTGATTTCTAGAGCTGACTGA
GCT0006	ATTTCCTATTCCCTCTC	CCAGAAAACATCACCAAC
MCW0106	GGCAACTAAGTTGTGGACTG	GCAGCATTCAGTGGGATAAT
ADL0019	TGCAACTAAGTTGTGGACTG	TCTGCTGGGATTATGTGTCA
ADL0234	CTGGACGCGTGAAAAAGTTC	CCCTGGGGCTCCCTCAGCAC
UMA1.125	CCAGCATGTGATCCCAAGT	AGTGTTCAGGGGCAAGGA
ADL0020	TAGATAAAATCCTTCCCTT	GCAGTGAAAAGAAAAGAAT
UMA1.117	TTAGAATGCACTGGAACAG	TGTTCTTTTGAGGGATGATT
ADL0037	ATGCCCAAATCTCAACTCT	GCTTGAGGACAGGGGTCAGG
UMA1.019	ACACTGGCAGGCGTGTTAG	GCTTGAGGACAGGGGTCAGG
LAMP1	GCGTTGAGTGAGAGGAGCGA	CAACCCGCGGAGAGCGCTAT
MCW0023	TAAAGCTGAGCCTGGGGAACCTAA	ATCCATTTACTGTGAAACAG
MCW0145	ACTTTATTCTCCAAATTTGGCT	AAACACAATGGCAACGGAAC
ADL0101	CCCAAGGAGAACTGATTAC	GAAAAGTGAAAACGCAAACA
ADL0238	AAACCCAAACAAAAGCAGAC	GCTCCTCATAAGCAAAATGC
MCW0107	GAACAGAACTCTGTTTACTG	TCTGCTTACCTCAACTGACA
LEI0169	TTGCTTGTTTGTCTGCTTTTAG	GCGAGGGACCCTTTAGTGC

로 구분하였다. 다음 단계에서 대립 유전자별 경제형질과의 유의적 결합 여부를 확인하기 위하여 Chi-square 검정을 실시하였다(상위 집단 vs 하위 집단 × 대립 유전자 1 vs 대립 유전자 2). 이 분석에서 exact *p*-value를 근사화 시키기 위하여 10,000번의 순열 테스트와 대립 유전자 빈도에 대한 신뢰구간을 얻기 위하여 1,000개의 bootstrap 표본을 이용하였다.

결과 및 고찰

본 연구는 한국재래닭의 1번 염색체내 존재하는 17개의 MS(microsatellite) marker를 이용하여 경제형질과 관련하여 유의적인 연관성을 가진 지역을 탐색하기 위하여 실시하였다. Table 3은 17개의 MS marker의 염색체 상의 위치를 제시하고, 대립 유전자 및 유전자형의 출현 빈도 분석을 통하여 PIC값과 이형 접합도(Heterozygosity)를 제시하였으며, 분석된 대립 유전자의 크기와 범위를 제시하였다. 분석된 MS marker는 1번 염색체의 24~600 cM 사이에 존재하고 있다. 17개의 MS marker의 PIC 값은 0.819~0.061로 다양하게 나타났다. 이 중

LEI0169는 PIC 값이 0.061로 가장 낮게 나타났으며, ADL0238은 0.819로 가장 높은 것으로 나타났다. 분석된 이형 접합도의 값은 0.841~0.128로 나타났으며, 가장 낮은 값을 나타낸 marker는 ADL0101 이었으며, 가장 높은 값은 MCW 0168에서 탐색되었다. 대립 유전자의 크기는 최소 92에서 최대 251로 나타났다. LEI0169의 경우는 이형 접합도가 0.465로 나타난 반면 PIC 값이 0.061로 상당히 낮게 나타났는데, 이는 특정 이형 접합의 유전자형 빈도가 높게 나타난 것에서 기인한 것으로 판단되어진다. ADL0101의 경우는 이형 접합도가 0.128로 나타났으나, PIC 값은 0.508로 비교적 높게 나타난 것을 확인하였는데, 이는 동형 접합체의 빈도가 높는데 비해 다양한 유전자형을 가지고 있어 나타난 것으로 판단된다.

1번 염색체내 경제형질과의 유의적인 연관성을 가진 지역을 탐색하기 위하여 분석된 17개의 MS marker를 대상으로 각 marker별 대립 유전자의 최대 출현 빈도를 지닌 두 개의 대립 유전자를 선발하였다. 이렇게 선발된 34개의 대립 유전자와 출현 빈도를 Table 4에 제시하였다. 선발된 각각의 대립 유전자는 각 경제형질별 성적을 바탕으로 고능력 집단과 저능력 집단으로 나누었으며, 두 집단간의 Chi-square 검정을

Table 3. Characterization of microsatellite markers analyzed on chromosome 1 in Korean native chicken

Marker	Loci (cM)	PIC	He	Allele size	
				Max	Min
MCW0168	24	0.3987	0.8416	120	112
GCT0006	66	0.5954	0.7228	200	184
MCW0106	94	0.6258	0.5842	129	117
ADL0019	122	0.6838	0.8020	108	92
ADL0234	151	0.2945	0.3267	160	158
UMA1.125	170	0.6907	0.8119	166	146
ADL0020	285	0.7582	0.8020	111	95
UMA1.117	325	0.6142	0.5644	139	131
ADL0037	365	0.1372	0.1584	189	179
UMA1.019	390	0.7609	0.7723	166	138
LAMP1	418	0.5191	0.7822	130	112
MCW0023	440	0.6269	0.7030	172	162
MCW0145	455	0.6581	0.6733	212	182
ADL0101	500	0.5080	0.1287	182	174
ADL0238	520	0.8198	0.8020	168	142
MCW0107	565	0.3368	0.4554	118	112
LEI0169	600	0.0613	0.4653	251	231

PIC: Polymorphic Information Content, He: Heterozygosity.

통해 경제형질과의 연관성을 확인하였다. Table 5는 각 대립 유전자별 경제형질과의 연관성 분석을 통해 도출된 유의적인 자료를 정리하여 제시하였다. 분석된 결과에 따르면 난중의 경우 94 cM에 위치한 MCW0106, 1개의 지역에서 유의적인 연관성이 탐색되었다. 시산 일령의 경우 3개의 지역(ADL0234, UMA1.125, ADL0101)에서 유의적인 연관성이 탐색되었고, 체중의 경우 6개의 지역(UMA1.117, ADL0020, UMA1.019, LAMP1, ADL0101, ADL0238)에서 유의적인 연관성이 탐색되었으며, 마지막으로 산란수의 경우 2개의 지역(ADL0101, ADL0238)에서 유의적인 연관성을 확인하였다. ADL0101는 시산일령, 체중 그리고 산란수에서의 유의적인 연관성이 확인되었으며, 산란수에서는 두 개의 대립 유전자(174, 178) 모두에서 유의적인 연관성이 탐색되었음을 확인하였다.

적색야계와 레그혼의 F₂ 집단을 이용해 QTL 탐색을 실시한 Kerje 등(2003)의 보고에 의하면 1번 염색체에서 난중과 연관된 QTL이 탐색되었으며, 그 위치는 MCW010(72 cM)에서

Table 4. Major allele frequencies of microsatellite markers on chromosome 1 in Korean native chicken

Marker	Loci(cM)	Allele	Frequency
MCW0168	24	112	0.559
		118	0.420
GCT0006	66	194	0.475
		200	0.321
MCW0106	94	123	0.495
		127	0.178
ADL0019	122	102	0.396
		92	0.297
ADL0234	151	158	0.797
		162	0.173
UMA1.125	170	146	0.331
		148	0.262
UMA1.117	225	131	0.396
		133	0.376
ADL0020	285	101	0.262
		105	0.257
ADL0037	365	179	0.920
		181	0.074
UMA1.019	390	146	0.262
		160	0.257
LAMP1	418	118	0.579
		130	0.272
MCW0023	440	162	0.351
		170	0.341
MCW0145	455	192	0.450
		202	0.247
ADL0101	500	178	0.559
		174	0.316
ADL0238	520	146	0.222
		160	0.222
MCW0107	565	112	0.762
		118	0.188
LEI0169	600	251	0.410
		235	0.386

Table 5. Major allele frequencies in relation to economic traits on chromosome 1 in Korean native chicken

Marker	Loci(cM)	Allele	Frequency		Traits
			Low	High	
MCW0106	94	123	59.80	40.20	EW*
ADL0234	151	158	39.02	60.98	FLD**
UMA1.125	170	148	69.81	30.19	FLD**
UMA1.117	225	133	40.79	59.21	BW*
ADL0020	285	105	63.46	36.54	BW*
UMA1.019	387	146	37.74	62.26	BW*
LAMP1	418	130	61.82	38.18	BW*
ADL0101	500	174	61.59	38.41	FLD**
		174	68.75	31.25	EP**
		174	37.50	62.50	BW**
		178	61.80	38.20	EP**
ADL0238	520	146	60.10	39.90	EP**
		160	64.44	35.56	BW*

* $P < 0.05$, ** $P < 0.01$.

Low: low-trait group, High: high-trait group, EW: Mean of egg weight, FLD: The first lay day, EP: No. of egg production, BW: Mean of body weight.

ADL019(122 cM)으로 확인되었다. 또한, Ikeobi 등(2003)은 레그혼과 산업육용계 교배 집단의 72~122 cM 사이에서 도체중과 연관된 QTL의 존재를 보고한 바 있다. 본 연구에서 역시 난중과의 연관성이 확인된 유전좌위가 탐색되었고, 탐색된 지역은 MCW0106(94 cM)으로 확인되었다. 난중의 경우, 체중과의 연관성이 높아 체중이 높을수록 난중 역시 높게 나타나는 것으로 알려져 있으며, 따라서 본 연구 결과 난중과의 연관성이 탐색된 MCW0106지역에서 난중 이외에도 체중과의 연관성이 탐색되었음을 확인할 수 있었다.

McElroy 등(2006)의 보고에 따르면 산업육 용계 집단을 대상으로 1번 염색체의 205~241 cM에서 체중과 연관된 QTL의 존재를 확인하였다. 본 연구에 활용된 UMA1.117의 위치는 255 cM으로 체중과의 연관성이 탐색되었으며 McElroy 등(2006)의 보고와 일치하고 있음을 확인할 수 있었다. 레그혼과 산업육용계 교배 집단을 대상으로 체중 관련 QTL을 탐색한 Sewalem 등(2002)의 보고에서는 닭의 염색체 1, 2, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 13, 27번에서 QTL이 탐색되었다. 그 중 1번 염색체에서 탐색된 체중과 관련된 QTL의 위치는 113~118 cM,

374~419 cM 그리고 438~526 cM이다. 본 연구를 통해 체중과의 연관성이 탐색된 위치 중 Sewalem 등(2002)의 보고와 일치하는 위치는 387 cM(UMA1.019), 418 cM(LAMP1), 500 cM(ADL0101) 그리고 520 cM(ADL0238)로 확인되었다. 그 중 ADL0238은 체중 이외에도 시산일령과 산란수에서도 연관성이 탐색되었으며, ADL0238 역시 산란수와의 연관성이 탐색되었다. 산란 형질과 관련된 QTL의 경우, 1번 염색체의 149 cM에서 산란수와 관련된 QTL이 보고되었으며(Sasaki 등, 2004), Hanse 등(2005)의 보고에 따르면 코니쉬와 레그혼 교배 집단의 ADL0019(122 cM)에서 ADL0150(205 cM) 사이에 산란수와 관련된 QTL의 존재를 탐색하였다. 본 연구 결과, ADL0234에서 시산일령과의 연관성이 탐색되었고, 1번 염색체의 151 cM에 위치한 것으로 확인되었다. 이는 Sasaki 등(2004)이 보고한 산란수 관련 QTL의 위치(149 cM)와 매우 인접해 있는 지역이며, Hanse 등(2005)이 보고한 QTL 탐색 지역 내에 존재하는 것으로 확인되었다. Park 등(2005)은 백색플리머스육종을 대상으로 체중이 높은 집단과 낮은 집단간의 교배를 통해 체성분 관련 QTL을 탐색하였으며, 1번 염색체내 LEI0162(445 cM)과 LEI0134(527 cM) 사이에 가슴 근육량과 배의 지방 축적 등과 관련된 QTL이 탐색되었음을 보고하였다. 본 연구에 활용된 ADL0101(500 cM)과 ADL0238(520 cM)은 Park 등(2005)이 보고한 QTL 지역내에 존재하는 것으로 확인되었으며, ADL0101는 시산일령, 산란수 및 체중에서 유의적인 연관성이 탐색되었고, ADL0238은 산란수와 체중에서 연관성이 탐색되었다.

본 연구를 통해 경제형질과의 유의적인 연관성이 탐색된 지역은 총 9개의 지역으로 확인되었으며, 시산일령에서 3개 지역, 산란수에서 3개 지역, 체중에서 6개 지역 그리고 난중에서 1개 지역이 확인되었다. 본 연구를 통해 확인된 결과는 차후 경제형질 등에 영향을 미치는 후보 유전자의 탐색에 기초 자료로 유용하게 활용될 것으로 기대되며, 지속적인 연구를 통해 한국재래닭의 분자 육종 기법의 체계를 정립하는데 크게 기여할 것으로 기대된다.

적 요

본 연구는 한국재래닭의 1번 염색체내 존재하는 17개의 MS(microsatellite) marker를 이용하여 경제형질과 관련하여 유의적인 연관성을 가진 지역을 탐색하기 위하여 실시하였다. 1번 염색체내 경제형질과의 유의적인 연관성을 가진 지역을 탐색하기 위하여 분석된 17개의 MS marker를 대상으로

각 marker별 대립 유전자의 최대 출현 빈도를 지닌 두 개의 대립 유전자를 선발하였다. 선발된 각각의 대립 유전자는 각 경제형질별 성적을 바탕으로 고능력 집단과 저능력 집단으로 나누었으며, 두 집단간의 Chi-square 검정을 통해 경제형질과의 연관성을 확인하였다. 분석된 결과에 따르면 난중의 경우 94 cM에 위치한 MCW0106, 1개의 지역에서 유의적인 연관성이 탐색되었다. 시산일령의 경우, 3개의 지역(ADL0234, UMA 1.125, ADL0101)에서 유의적인 연관성이 탐색되었고, 체중의 경우 6개의 지역(UMA1.117, ADL0020, UMA1.019, LAMP1, ADL0101, ADL0238)에서 유의적인 연관성이 탐색되었으며, 마지막으로 산란수의 경우 2개의 지역(ADL0101, ADL0238)에서 유의적인 연관성을 확인하였다. ADL0101는 시산일령, 체중 그리고 산란수에서의 유의적인 연관성이 확인되었으며, 산란수에서는 두개의 대립 유전자(174, 178) 모두에서 유의적인 연관성이 탐색되었음을 확인하였다.

사 사

본 연구는 농촌진흥청의 FTA 대응기술개발사업(실용계 토종닭의 품종식별 및 집단유전학적 분석)과 경기도지역협력연구센터사업(GRRC)의 일환으로 수행되었다.

인용문헌

- DeKoning DJ, Haley CS, Windsor D, Hocking PM, Griffin H, Morris A, Vincent J, Burt DW 2004 Segregation of QTL for production traits in commercial meat-type chickens. *Genet Res* 83(3):211-20.
- Groenen MA, Cheng HH, Bumstead N, Benkel BF, Briles WE, Burke T, Burt DW, Crittenden LB, Dodgson J, Hillel J, Lamont S, de Leon AP, Soller M, Takahashi H, Vignal A 2000 A consensus linkage map of the chicken genome. *Genome Res* 10:137-147.
- Hansen C, Yi N, Zhang YM, Xu S, Gavora J, Cheng HH 2005 Identification of QTL for production traits in chickens. *Anim Biotechnol* 16(1):67-79.
- Hillier LW, Miller W, Birney E, Warren W, Hardison RC, Ponting CP, Bork P, Burt DW, Groenen MA, Delany ME 2004 Sequence and comparative analysis of the chicken genome provide unique perspectives on vertebrate evolution. *Nature* 432:695-716.
- Ikeobi CON, Woolliams JA, Morrice DR, Law A, Windsor D, Burt DW, Hocking PM 2004 Quantitative trait loci for meat yield and muscle distribution in a broiler layer cross. *Livestock Production Science* 87:143-151.
- Kerje S, Carlborg O, Jacobsson L, Schutz K, Hartmann C, Jensen P, Andersson L 2003. The twofold difference in adult size between the red junglefowl and White Leghorn chickens is largely explained by a limited number of QTLs. *Animal Genetics* 34:264-274.
- Markljung E, Braunschweig MH, Karlskov-Mortensen P, Bruun CS, Sawera M, Cho IC, Hedebro-Velander I, Josell A, Lundstrom K, von Seth G, Jorgensen CB, Fredholm M, Andersson L 2008 Genome-wide identification of quantitative trait loci in a cross between Hampshire and Landrace II: meat quality traits. *BMC Genet* 28:9(1):22.
- McElroy JP, Kim JJ, Harry DE, Brown SR, Dekkers JCM, Lamont SJ 2006 Identification of trait loci affecting white meat percentage and other growth and carcass traits in commercial broiler chickens. *Poultry Science* 85:593-605.
- Park HB, Jacobsson L, Wahlberg P, Siegel PB, Andersson L 2006 QTL analysis of body composition and metabolic traits in an intercross between chicken lines divergently selected for growth. *Physiol Genomics* 25(2):216-223.
- Sasaki O, Odawara S, Takahashi H, Nirasawa K, Oyamada Y, Yamamoto R, Ishii K, Nagamine Y, Takeda H, Kobayashi E, Furukawa T 2004 Genetic mapping of quantitative trait loci affecting body weight, egg character and egg production in F₂ intercross chickens. *Animal Genetics* 35(3):188-194.
- Schmid M., Nanda I, Guttenbach M, Steinlein C, Hoehn M, Schartl M, Haaf T, Weigend S, Fries R, Buerstedde JM, Wimmers K, Burt DW, Smith J, A'Hara S, Law A, Griffin DK, Bumstead N, Kaufman J, Thomson PA, Burke T, Groenen MA, Crooijmans RP, Vignal A, Fillon V, Morisson M, Pitel F, Tixier-Boichard M, Ladjali-Mohammedi K, Hillel J, Maki-Tanila A, Cheng HH, Delany ME, Burnside J, Mizuno S 2000 First report on chicken genes and chromosomes. *Cytogenet Cell Genet* 90:169-218.
- Schreiweis MA, Hester PY, Moody DE 2005 Identification of quantitative trait loci associated with bone traits and body weight in an F₂ resource population of chickens. *Genet Sel Evol* 37(6):677-98.

- Schrooten C, Bink MC, Bovenhuis H 2004 Whole genome scan to detect chromosomal regions affecting multiple traits in dairy cattle. *J Dairy Sci* 87(10):3550-60.
- Sewalem A, Morrice DM, Law A, Windsor D, Haley CS, Ikeobi CO, Burt DW, Hocking PM 2002 Mapping of quantitative trait loci for body weight at three, six, and nine weeks of age in a broiler layer cross. *Poult Sci* 81(12):1775-1781.
- VanKaam JB, Groenen MA, Bovenhuis H, Veenendaal A, Vereijken AL, VanArendonk JA 1999 Whole genome scan in chickens for quantitative trait loci affecting carcass traits. *Poult Sci* 78:1091-1099.
- VanKaam JB, VanArendonk JA, Groenen MA, Bovenhuis H, Vereijken AL, Crooijmans RP, VanDerPoel JJ, Veenendaal A 1998 Whole genome scan for quantitative trait loci affecting body weight in chickens using a three generation design. *Livest Prod Sci* 54:133-150.
- Weinshilboum R, Wang L 2004 Pharma-cogenomics: Bench to bedside. *Nat Rev Drug Discov* 3(9):739-748.
- (접수일자: 2008. 05. 30, 채택일자: 2008. 06. 25)