대한민국내 주요 돼지 품종의 순종 식별을 위한 품종특이 DNA marker의 활용

서보영* · 김재환* · 박응우** · 임현태* · 조인철*** · 김병우* · 오성종** · 정일정** · 이정규* · 전진태*

경상대학교 응용생명과학부*, 농촌진흥청 축산연구소**, 농촌진흥청 난지농업연구소***

Application of Breed-specific DNA Markers for the use of Identifying Major Pure Pig Breeds Maintained in Korea

B. Y. Seo*, J. H. Kim*, E. W. Park**, H. T. Lim*, I. C. Cho***, B. W. Kim*, S. J. Oh**, I. C. Cheong**, J. G. Lee* and J. T. Jeon*

Division of Applied Life Science, Gyeongsang National University*,

National Livestock Research Institute, R. D. A.**,

National Institute of Subtropical Agriculture, R. D. A.***

ABSTRACT

This study was conducted for the identification of pure Landrace, Large White and Duroc breeds which are mainly maintained in Korea using DNA markers. We used known *KIT* and *MC1R* mutations, which were related coat color in pigs, and pig mitochondrial DNA variations. The *KIT* mutation was used to distinguish white and colored animals. Duroc breed could be discriminated from other colored breeds using the *MC1R* mutation N121D. Discriminating Landrace and Large White was possible using the 11-bp duplication of D-loop region and alternative initiation codon of *ND2*. In conclusion, identification of Landrace, Large White and Duroc breeds was might be possible using the procedure designed in this study.

(**Key words** : Breed identification, Pig, *MC1R*, *KIT*, D-loop, *ND2*)

I 서 론

우리나라의 양돈업에서 주로 사용되는 종돈은 Duroc, Landrace, Large White 품종이 있으며, 이러한 순종이 적절하게 교잡되어 만들어진 잡종들이 일반비육돈으로 생산된다. 종돈개량을 위하여 국내 종돈 소요량의 40%를 공급할 목적으로 1996년 7개 전문종돈업체 육성이 추진되었고 현재까지 5개 전문 종돈업체를 중심으로 종돈 개량에 노력하고 있으며, 이들 전문 종돈업체 육성의 성공을 위하여 매년 사후관리를 실시하고 있다. 우수한 교배조합에 의한 비육돈 생산라인을 유지하기 위해서는 정확한 혈통을 바탕으로 순수혈통을 유지하고 균일

Corresponding author : J. T. Jeon, Department of Animal Science, Division of Applied Life Science, Gyeongsang National University, Jinju 660-701, Gyeongnam, Korea. Tel: 055-751-5516. Fax: 055-756-7171. E-mail: jtjeon@nongae.gsnu.ac.kr.

한 순종돈을 공급할 수 있는 기반을 유지할 수 있어야 한다. 또한 표현형에 의한 종돈선발의 오류를 보완할 수 있는 유전표지인자를 이용한 품종식별 기술을 종돈장에 도입하는 것이 필요하다.

돼지의 품종구별은 일반적으로 외형적 특징인 모색이나 체형 등의 표현형을 토대로 이루어진다. 하지만 표현형으로 구별되는 돼지 품종이라 할지라도 도축 후 육의 형태로 전환되면 돼지의 품종식별은 거의 불가능하게 된다. 또한 육질개선 등을 위한 3원교잡종 등의 F_2를 생산하는 현 육종체계에서 교잡에 사용된 종돈의 신뢰성 등 종돈으로써 고유한 특성의 보존이 문제시 되고 있다. 이러한 문제점들의 발생을 제거하기 위하여 돼지의 품종을 명확히 구분할 수 있는 DNA marker의 선정과 활용이 필요하다고 사료된다.

현재 돼지에서 나타나는 품종 특이적인 DNA marker를 개발하기 위하여 genomic DNA와 mitochondrial DNA(mtDNA) 내에 존재하는 여러 유전자들을 대상으로 활발하게 이루어지고 있다. Genomic DNA 상에 위치하는 모색관련 유전자 중 *KIT*은 돼지의 우성백색과 유색을 조절하는 유전자이며, 이 유전자의 exon17과 intron17 사이에서 나타나는 splicing 변이와 밀접한 관련이 있다(Marklund 등, 1998). 우성백색 유전자 *I*는 대립유전자 I^P와 *i*에 대하여 완전 우성으로써 Landrace와 Large White는 *I*를 하나 이상 소유하고 있고(*I*/_) 백색모를 나타내게 된다(Marklund 등, 1998). 국내에서 가장 많이 사육되고 있는 착색모 품종인 Duroc은 *i*/*i*이며, 이외에 Berkshire와 Hampshire의 경우도 *i*/*i*로 추정되고 있다(Marklund 등, 1998).

포유류의 모색은 melanocyte 내의 eumelanin과 phaeomelanin의 상대적인 양, 정도, 분포에 의해 조절된다고 보고되어 있다(Evert 등, 2000). 돼지의 6번 염색체 단완의 *Extension* 모색 좌위(*E locus*)에 의해 암호화되어 있는 *MC1R* (melanocortin receptor 1)은 melanocyte 내 eumelanin(black/brown)과 phaeomelanin(red/yellow)의 합성과정에서 중심적인 역할을 수행한다(Kijas 등, 1998; Pielberg 등, 2002). 돼지 *MC1R*과 연관된 *Extension*의 대립유전자는 5가지(E^+, E^{D1}, E^P, E^{D2}, *e*)로 분류되며, *MC1R* 유전자형 1/1, 2/2, 3/3, 3/4, 4/4는 *Extension* 유전자형 E^+/E^+, E^{D1}/E^{D1}, E^P/E^P, E^{D2}/E^{D2} 그리고 *e*/*e*와 각각 밀접하게 연관되어 있다(Kijas 등, 1998). 이와 연관하여 유럽의 야생돼지는 E^+, Large White와 Pietrain은 E^P, Large Black과 Meishan은 E^{D1}, Hampshire는 E^{D2} 대립유전자를 갖고 있는 것으로 보고 되었다(Kijas 등, 1998). 결과적으로 genomic DNA 상에 위치하는 *KIT*와 *MC1R*에서 나타나는 특이적인 유전자형은 돼지의 품종구분을 위한 DNA marker로서 충분히 활용될 수 있을 것으로 사료된다.

Mitochondiral DNA(mtDNA)는 모계유전의 특징을 보이며(Giles 등, 1980; Kavar 등, 1999) 단일복제 핵 DNA에 비해 10배 이상 빠른 염기 치환율을 보이기 때문에 (Brown 등, 1979; Wilson 등, 1985; Avise, 1986) DNA Polymorphism에 근거한 종간의 분석뿐만 아니라, 종내 계통 및 개체간의 식별에도 유용하게 사용되고 있다(Irwin 등, 1991; Ursing 등, 1998; Lin 등, 1999; Bowling 등, 2000; Kim 등, 2002). 특히 mtDNA 내에 존재하는 D-loop 지역에서 Large white와 일부 Duroc종의 경우 11-bp가 중복되는 종 특이적인 현상이 보고 되었다(조, 2004). 또한 *Nucleotide dehydro- genase 2*(*ND2*) 등 일부 유전자들은 변형된 개시codon인 ATA와 ATT를 사용하고 있으므로, 이 들 또한 종 특이적 양상을 보이는 것으로 밝혀졌다(한 등, unpublished results).

따라서 본 연구는 기존에 보고되어 있는 돼지의 품종 특이 DNA marker, 예를 들어 모색 연관 유전자인 *KIT*, *MC1R*과 mtDNA에서 나타나는 품종 특이적인 특징들을 종합적으로 활용하여 현재 국내에서 가장 많이 사육되고 있는 주요품종들의 확실한 순종판별 방법의 정립을

목적으로 실시하였다.

Ⅱ 재료 및 방법

1. 공시동물, DNA 추출 및 정제

본 연구에서 사용한 돼지의 genomic DNA는 제주난지농업연구소에서 제공받은 Landrace 20두, Large White 20두, Duroc 20두, Hampshire 14두, 그리고 Berkshire 12두의 혈액에서 추출하였으며, 추출 시 Wizard Genomic DNA Purification Kit(Promega, USA)를 사용하였다.

2. 돼지의 *KIT* 지역 증폭

Marklund 등(1998)에 의해서 보고된 *KIT*의 exon 17번에서 발생하는 alternative splicing 지역을 증폭하기 위하여 제작된 primer는 KIT21 (5´-GTA TTC ACA GAG ACT TGG CGG C-3´)와 KIT35(5´-AAA CCT GCA AGG AAA ATC CTT CAC GG-3´)이다. PCR 반응은 genomic DNA 30 *ng*, 10×buffer(TaKaRa, Japan) 2.5 μℓ, 0.2 mM dNTP, 10 pmol primer 각각 1.5 μℓ, *Taq* DNA polymerase(TaKaRa, Japan) 2 unit, 증류수 14.8 μℓ를 첨가하여 전체 25μℓ ㅣ 반응액을 제조하였으며, PCR 반응조건은 94℃에서 2분간 변성시킨 후 94℃ 서 30초, 62℃에서 30초, 72℃ 서 45초를 1 cycle로 하여 35회 반복하였다. 그 후 72℃ 서 5분간 신장시킨 후 4℃ 서 종료하였다.

3. 돼지의 *MC1R* 지역 증폭

기존에 보고 된 연구결과(조 등, 2004)를 바탕으로 돼지 *MC1R*의 D121N 변이지역을 증폭하기 위하여 2쌍의 primer를 제작하였다. 1차 PCR은 *MC1R*의 전체 coding 지역을 증폭하기 위한 것으로 MC1R 1F(5´-GAT GCC CGT GCT TGG CCC GG-3´)와 MC1R 3R(5´-CTC ACC AGG AGC ACT GCA GC-3´)을 사용하였다. 2차 PCR은 1차 PCR에 의해서 증폭된 *MC1R* 전체 coding 지역에서 일부 지역을 증폭하기 위한 것으로 MC1R 4F(5´-GTG AGC GTG AGC AAC GTG CTG GA-3´)와 MC1R 4R(5´-CAG CAT GTG GAC GTA CAG TAC-3´)을 사용하였다. 1차 PCR 반응은 *KIT* 지역 증폭과 동일하게 수행하였으며, 2차 nested PCR 반응은 1차 PCR에 의해서 증폭된 PCR product 0.5 μℓ, 10 × buffer(TaKaRa, Japan) 2.5 μℓ, 0.2mM dNTP, 10 pmol primer 각각 1.5 μℓ, *Taq* DNA polymerase(TaKaRa, Japan) 2 unit을 첨가하여 전체 25 μℓ의 반응을 하였다. PCR 반응조건은 1차와 2차 nested PCR 모두 94℃ 서 2분 전 처리한 후 94℃ 서 1분, 68℃ 서 1분, 72℃ 서 1분을 40 cycle을 실행한 후 72℃ 서 10분간 추가 연장반응을 1회 수행하였다.

4. 돼지의 D-loop 지역 증폭‘

기존에 보고된 서열(Genbank accession number: NC_000845, AF034253)을 이용하여 돼지 mtDNA D-loop 지역 내 11-bp 중복이 발생하는 일부분의 증폭을 위한 primer pair를 제작하였다. 증폭을 위해 사용한 primer의 서열은 SD-150F(5´-CAC ACC CTA TAA CGC CTT GC-3´)와 SD-150R(5´-TAA GTG CCT GCT TTC GTA GC-3´)이다. PCR 반응은 *KIT* 지역 증폭과 동일하게 수행하였으며, PCR 반응조건은 94℃ 서 2분 전 처리한 후, 94℃ 서 20초, 55℃ 서 30초, 72℃ 서 30초를 32 cycle을 실행하였으며, 72℃ 서 5분간 추가 연장반응을 1회 수행하였다. 증폭된 PCR product는 5% agarose gel 상에서 전기영동하여 확인하였다.

5. 돼지에서 개시codon을 달리하는 ND2 유전자 증폭

기존에 보고된 연구결과(조, 2004)를 바탕으로 돼지 ND2 지역을 증폭하기 위해 ND2-AG GCT GTG GCT TGT GTT AG-3´)와 ND2-R0 (5´-GCA TCA TAC CCA CGA TTC CG-3´) primer 서열을 사용하였다. PCR 반응은 *KIT* 지

역 증폭과 동일하게 수행하였으며, PCR 반응 조건은 94℃ 서 2분 전 처리한 후, 94℃ 서 20초, 55℃ 서 30초, 72℃ 서 30초를 35 cycle 실행하였다. 그 후 72℃ 서 5분간 추가 연장반응을 1회 수행하였다.

6. Restriction fragment length polymorphsim(RFLP) 분석

KIT, *MC1R* 및 *ND2* 유전자를 대상으로 증폭된 각각의 PCR product를 사용하여 RFLP 분석을 수행하였다. *KIT*의 exon17과 intron17 경계 부분에서 나타나는 변이를 확인하기 위해서 제한효소 *Nla*III(CATG, NEB)로 절단하였으며, *MC1R* 및 *Extension* 유전자형을 확인하기 위해서 제한효소 *Bsp*HI(TCATGA, NEB)로 절단하였다. 또한 *ND2* 개시codon의 변이부위를 확인하기 위해서 제한효소 *Vsp*I(ATTAAT, MBI)를 처리하여 절단하였다. 각 반응은 PCR product 3 μℓ, 10×buffer 1μℓ, 제한효소 5 unit, 증류수를 첨가하여 전체 10 μℓ로 하였으며, 37℃ 서 4시간동안 반응시킨 후 4% agarose gel에서 전기영동하여 확인하였다.

Ⅲ 결과 및 고찰

1. *KIT* exon17의 splicing 지역 변이를 이용한 유·백색의 분류

백색종 *KIT* exon17의 alternative splicing 변이를 갖는 것으로 보고되어 있으며(Marklund 등, 1998), 이를 검증하기 위하여 국내의 주요 유색품종인 Duroc, Berkshire, Hampshire와 백색품종인 Landrace, Large White를 사용하였다. Table 1에서 보는 바와 같이 Duroc 종은 유색종인 Hampshire, Berkshire와 같은 *i/i* 형을 나타내는 Type A를 갖고 있는 반면 백색품종인 Landrace와 Large White는 유색품종과 다른 *I/_* 형을 나타내는 Type B를 나타내었다. Marklund 등(1998)의 결과에서는 Berkshire 종에 대한 유전자형이 보고되어 있지 않았으나, 본 실험을 통하여 Berkshire 종 또한 유색종으로서 alternative splicing 변이를 갖고 있지 않은 것으로 나타났다.

2. *MC1R* N121D 변이를 이용한 Duroc 품종의 분류

모색에 의한 유색품종들의 판별을 위해서 돼지 *MC1R* 내 염기변이에 의해서 발생하는 아미노산 치환(N121D)을 바탕으로 *Bsp*HI을 이용하여 RFLP를 수행하였다(Table 2). 그 결과 Kijas 등(1998)이 보고한 결과와 같이 Duroc종이 특이적인 형태를 보이며 구분되었다. 반면에 Berkshire종과 Hampshire종은 동일한 형태를 나타내어 두 품종간의 구별은 불가능하였다.

3. mtDNA의 D-loop 지역내 11-bp 중복현상을 이용한 Landrace와 Large White의 분류

백색품종인 Landrace와 Large White의 판별을 위해서 조(2004)에 의해서 보고된 mtDNA

Table 1. Identified RFLP types and their frequencies (f) for the splicing mutation in the boundary between exon 17 and intron 17 in *KIT*

Breed	Number of samples tested	Type A*		Type B**	
		No.	f(%)	No.	f(%)
Landrace	20	20	100	0	0
Large white	20	20	100	0	0
Duroc	20	0	0	20	100
Berkshire	12	0	0	12	100
Hampshire	14	0	0	14	100

* White animals, which have one of *I/I*, I/I^P, or *I/i* genotypes.
** Colored animals, which have *i/i* genotype.

Table 2. Identified *MC1R* RFLP types and their frequencies (f) among Duroc, Berkshire, and Hampshire pig breeds

Breed	Number of samples tested	Type A*		Type B	
		No.	f(%)	No.	f(%)
Duroc	20	20	100	0	0
Berkshire	12	0	0	12	100
Hampshire	14	0	0	14	100

* *MC1R* N121D variant.

D-loop 지역에서 나타나는 11- bp 중복현상을 분석하였다(Table 3). 각 품종별로 20두를 분석한 결과 Large White는 모두 11-bp 중복현상을 보인 반면 Landrace는 중복현상이 전혀 발생하지 않았다.

4. *ND2*의 개시 codon의 변이를 이용한 Landrace와 Large White의 분류

Landrace와 Large White의 판별을 더욱 명확히 하기 위해 개시codon을 달리하는 *ND2*를 활용하여 개시codon을 포함하는 일부 지역을 PCR 증폭 후 *Vsp*I를 처리하여 확인하였다(Table 4). Landrace는 개시codon으로 ATT를 사용하는 반면 Large White는 ATA를 사용하는 것으로 확인되었다. 이런 결과는 앞서 밝힌 11-bp 중복현상과 마찬가지로 두 품종이 확실히 판별됨을 보여주었다.

5. Blind Test

KIT, *MC1R* 및 *ND2*의 RFLP 분석과 D-loop 지역의 11-bp 중복현상을 이용한 앞선 결과를 토대로 유색품종과 백색품종을 포함한 돼지 5품종의 판별을 위하여 Fig. 1의 과정을 거쳐 blind test를 실시하였다. 각 품종별로 5두씩 총 25 sample를 선발한 후 실험자가 알 수 없도록 무작위적으로 배열한 후 일련번호(1-25)를 부여하였다. 유·백색종을 구별하기 위하여 *KIT* 내 exon17과 intron17 사이의 경계부분을 *Nla*III로 처리하였다(Fig. 2). 그 결과 10개의 sample(1, 2, 3, 8, 9, 12, 17, 18, 20, 21) 이 *I*/_형을 나타내는 typeA 형태를 보였으며, 이 결과 백색품종인 Landrace와 Large White일 것으로 추정되

Table 3. Identified 11-bp duplication types and their frequencies (f) between Landrace and Large White pig breeds

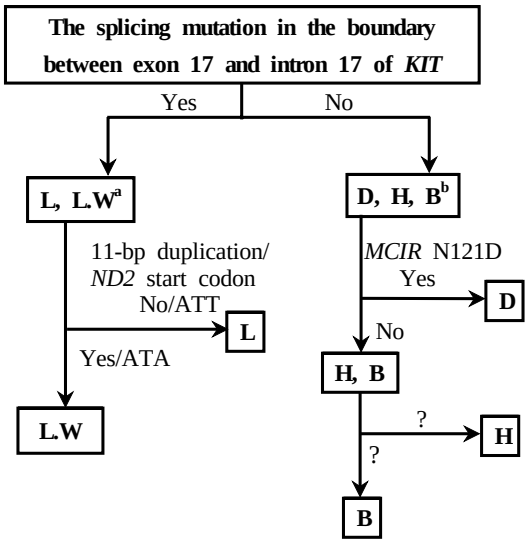
Breed	Number of samples tested	Type A*		Type B	
		No.	f(%)	No.	f(%)
Landrace	20	0	0	20	100
Large white	20	20	100	0	0

* 11-bp duplication

Table 4. Identified *ND2* start codon variation types and their frequencies (f) between Landrace and Large White pig breeds

Breed	Number of samples tested	Type A*		Type B**	
		No.	f(%)	No.	f(%)
Landrace	20	0	0	20	100
Large white	20	20	100	0	0

* Start codon of ND2 gene is ATA.
** Start codon of ND2 gene is ATT.



[a] L: Landrace, L.W: Large White
[b] D: Duroc, H: Hampshire, B: Berkshire
? proper mutations to distinguish these breeds are unknown

Fig. 1. A strategy for pure breed identification in pigs. The splicing site mutation of the *KIT* exon 17 was used for distinguishing white and colored breeds. The 11-bp duplication of D-loop region and AIC of *ND2* can discriminate Landrace and Large White breeds. The *MC1R* N121D mutation was also used for the identification of Duroc breed.

었다. 유색품종으로 추정되는 나머지 15개의 sample들(4, 5, 6, 7, 10, 11, 13, 14, 15, 16, 19, 22, 23, 24, 25)이 *MC1R*의 missence 변이를 갖는지를 확인하기 위하여 *Bsp*HI으로 절단한 결과, Fig. 3에서 보듯이 5개의 sample(4, 5, 15, 16, 23)이 절단되지 않았으므로 Duroc이라고 예상되었다. 나머지 10개의 sample(6, 7, 10, 11, 13, 14, 19, 22, 24, 25)은 Berkshire와 Hampshire로 추정되었다. 앞서 *I*/_형으로 확인된 10개의 sample은 백색품종인 Landrace와 Large White라고 예상되어 이 두 품종을 구별하기 위해서 11-bp 중복현상을 확인하였다. Fig. 4에서 각각 5 sample씩(1, 3, 9, 17, 20과 2, 8, 12, 18, 21) 밴드양상이 구분됨을 확인하였다. 11-bp 중복현상은 Large White에 보여지는 품종특이적인 현상이기 때문에 2, 8, 12, 18, 21번은 Large White, 나머지 5 sample은 Landrace라고 추정되었다. 두 품종을 더욱 명확히 구별하기 위해서 *Vsp*I를 처리하여 ND2의 개시 codon을 확인하였다(Fig. 5). ATT를 개시 codon으로 갖는 1, 3, 9, 17, 20번은 Landrace로, 나머지 5 sample은 Large White로 예상되었다. 모든 blind test가 끝난 후 최종적으로 sample을 확인한 결과, 각각의 과정에서 추정했던 sample의 품종과 동일함을 확인하였다.

본 연구는 우리나라에서 사육되고 있는 돼지 5품종의 구별을 목적으로 수행하였으며, 이를 위하여 기존에 보고되어 있는 품종특이 marker 및 실험기법을 활용하였다. 그 결과, Landrace, Large White 및 Duroc종은 정확히 구분할 수 있었다. Berkshire와 Hampshire종을 구분할 수 있는 적절한 변이가 발견되어진다면 국내에서 사육되는 주요 품종들의 정확한 구분이 가능할 것이며, 특히 Hampshire종의 특이성인 백색 belt에 대한 좌위가 KIT 유전자와 밀접히 연관된 것으로 파악되어 있어(Giuffra 등, 1999), belt의 원인돌연변이가 머지않은 시점에 파악될 것으로 사료된다. 결론적으로 이러한 품종구분 방법을 사용함으로써 현재 유통되고 있는 돈육의 품종과 여러 생산지에서 유지되고 있는 각각의 품종들을 확인할 수 있을 것이다. 하지만

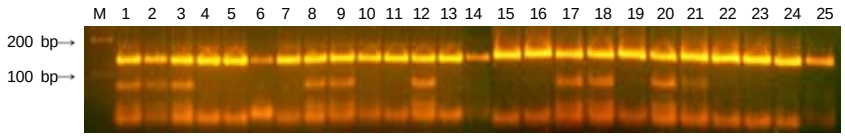


Fig. 2. A result of the blind test by the splicing site mutation in the *KIT* exon 17. The *Nla*III restriction enzyme was used. White animals(*I*/_) were expected to show a particular 50 bp fragment. M, 100 bp ladder and 1 to 25, animals used for this blind test.

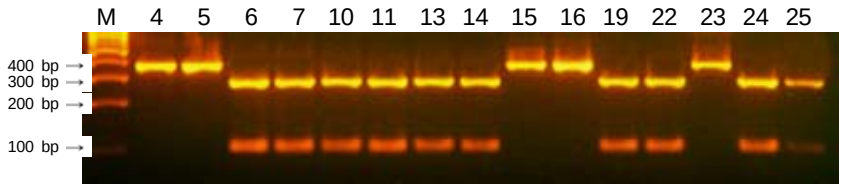


Fig. 3. A result of the blind test by the *MC1R* N121D mutation. The *Bsp*HI restriction enzyme was used. The mutant animals who were not cut by the enzyme (Lane 4, 5, 15, 16 and 23) were inferred as Duroc breed. M, 100 bp ladder and 4 to 25, animals were decided as colored ones by the *KIT* mutation.

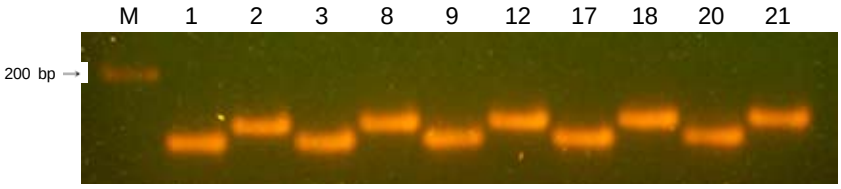


Fig. 4. A result of the blind test by 11-bp duplication in the mtDNA D-loop region. Four percent of agarose gel electrophoresis was sufficient to discriminate the duplicated and non-duplicated. The animals having the duplication (Lane 2, 8, 12, 18 and 21) were inferred as Large White breed.

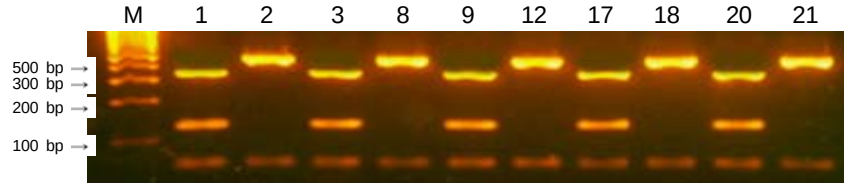


Fig. 5. A result of the blind test by AIC of *ND2* start codon. The *Vsp*I restriction enzyme was applied. Animals having ATT as start codon (Lane 1, 3, 9, 17 and 20) were inferred as Large White breed.

이러한 품종들의 더욱 명확한 구분을 위해서는 보다 많은 DNA 검사가 필요할 것으로 사료된다.

Ⅳ 요 약

본 연구는 돼지의 품종특이 DNA marker를 이용하여 Large White, Landrace, Duroc의 순종 판별을 가능하게 하기 위해서 실시하였다. 순종 판별을 위해 현재 알려져 있는 *KIT*과 돼지 내의 모색과 밀접한 연관성이 있는 *MC1R* 그리고 mitrochondrial DNA상에서 종 특이적인 현상을 보이는 D-loop 지역의 11-bp 중복과 ND2 유전자의 개시codon 변이를 이용하였다. 품종간의 판별을 위해 KIT 유전자 exon17의 splicing 지역 변이를 활용하여 백색종과 유색종을 분류 하였다. MC1R 유전자의 (N121D) 변이를 이용하여 유색종들로부터 Duroc 종이 분류되었다. 그러나 Duroc 이외의 유색종들 간에는 특이한 변이가 발견되지 않아 이 이상의 분류는 불가능 하였다. D-loop 지역의 11-bp 중복현상과 *ND2* 개시 codon의 변이에 의해 백색종인 Landrace(11-bp비중복과 ATT)종과 Large White(11bp 중복과 ATA) 종을 분류할 수 있었다. 결론적으로 본 연구에서 설정된 판별방법을 통하여 Landrace, Large White와 Duroc 종의 순종 판별이 완벽히 가능함을 입증하였다.

Ⅴ 사 사

본 연구는 농촌진흥청 '바이오그린 21사업'의 지원에 의해 이루어진 연구결과의 일부이며 연구비 지원에 감사드립니다.

Ⅵ 인 용 문 헌

1. Avise, J. C. 1986. Mitochondrial DNA and the evolutionary genetics of higher animals. Philos. Trans. R. Soc. Lond. B 312:325-342.
2. Bowling, A. T., Valle, A. D. and Bowling, M. 2000. A pedigree-based study of mitochondrial D-loop DNA sequence variation among arabian horses. Anim. Genet. 31:1-7.
3. Brown, W. M., George, M. and Wilson, A. C. 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. Proc. Natl. Acad. Sci. 76:1967-1971.
4. Evert, R. E., Rothuizen, J. and van Oost, B. A. 2000. Identification of a premature stop codon in the melanocyte-stimulating hormone receptor gene (MC1R) in labrador and golden retrievers with yellow coat color. Anim. Genet. 31:194-199.
5. Giuffra, E., Evans, G., Törnsten, A., Wales, R., Day, A., Looft, H., Plastow, G. and Andersson, L. 1999. The Belt mutation in pigs is an allele at the Dominant white(*I /KIT*) locus. Mamm. Genome 10(12):1132-1136.
6. Giles, R. E., Blanc, H., Cann, H. M. and Wallace, D. C. 1980. Maternal inheritance of human mitochondrial DNA. Proc. Natl. Acad. Sci. 77:6715-6719.
7. Giuffra, E., Törnsten, A., Marklund, S., Rudloff, E. B., Chardon, P., Kijas, J. M. H., Anderson, S. I., Alan, L. and Archibald, L. A. 2002. A Large duplication associated with dominant white color in pigs originated by homologous recombination between LINE elements flanking *KIT*. Mamm. Genome 13:569-557.
8. Irwin, D. M., Kocher, T. D. and Wilson, A. C. 1991. Evolution of the cytochrome b gene of mammals. J. Mol. Evol. 32:128-144.
9. Kavar, T., Habe, F., Brem, G. and Dovc, P. 1999. Mitochondrial D-loop sequence variation among the 16 maternal lines of the Lipizzan horse breed. Anim. Genet. 30:102-108.
10. Kijas, J. M. H., Wales, R., Törnsten, A., Chardon, P., Moller, M. and Andersson, L. 1998. Melanocortin Receptor 1(MC1R) Mutations and Coat Color in Pigs. Genetics 150:1177-1185.
11. Kim, K. I., Lee, J. H., Li, K., Zhang, Y. P., Lee, S. S., Gongora, J. and Moran, C. 2002. Phylogenetic relationships of Asian and European pig breeds determined by mitochondrial DNA D-loop sequence polymorphism. Anim. Genet. 33: 19-25.
12. Lin, C. S., Sun, Y. L. and Liu, C. Y. 1999. Complete nucleotide sequence of pig(Sus scrofa) mitochondrial genome and dating evolutionary divergence within Artiodactyla. Gene 236:107-114.
13. Marklund, S., Kijas, J., Martinez, H. R., Rönnstrand, L., Funa, K., Moller, M., Lange, D., Lilja, I. E. and Andersson, L. 1998. Molecular Basis for the Dominant White Phenotype in the Domestic Pig. Genome Res. 8:826-833.
14. Pielberg, G., Olsson, C., Syvänen, A. C. and Andersson, L. 2002. Unexpectedly High Allelic Diversity at the KIT Locus Causing Dominant White Color in the Domestic Pig. Genetics 160: 305-311.
15. Ursing, B. M. and Arnason, U. 1998. The complete mitochondrial DNA sequence of the pig (Sus scrofa). J. Mol. Evol. 47:302-306.
16. Wilson, A. C., Cann, L., Carr, S. M., George, M. and Gyllensten, U. B. 1985. Mitochondrial DNA and two perspectives on evolutionary genetics. Biol. J. Linn. Soc. 26:375-400.
17. 조인철, 정용환, 정진관, 성필남, 오운용, 고문석, 김병우, 이정규, 전진태. 2004. 돼지 Melanocortin Receptor 1(*MC1R*) 대립유전자 3의 신규 유전변이 탐색. 한국동물자원과학회지. 46:1-6.
18. 조인철. 2004. 돼지 mtDNA와 MC1R 유전자를 이용한 계통유전학적 유연관계: 제주지역 재래돼지와 한반도 야생멧돼지를 중심으로. 경상대학교 박사학위논문.
19. 한상현, 조인철, 최유림, 이종언, 고문석, 김재환, 서보영, 이정규, 전진태. 2004. 돼지 5품종에 있어서 mtDNA ND2 유전자의 선택적 개시코돈의 특성과 빈도. 한국동물자원과학회지 투고중.

(접수일자 : 2004. 8. 30. / 채택일자 : 2004. 10. 20.)