

듀록 품종의 Melanocortin-4 Receptor(MC4R) 유전자와

성장형질과의 연관성 분석

조규호* · 김명직* · 최봉환* · 전기준* · 유재원* · 정현정* · 김인철* · 이학교** · 전광주**

농촌진흥청 축산과학원*, 한경대학교 유전정보연구소**

Associations of the Porcine Melanocortin-4 Receptor (MC4R)

Gene with Growth Traits in Duroc Pigs

K. H. Cho*, M. J. Kim*, B. H. Choi*, G. J. Jeon*, J. W. Ryu*, H. J. Jung*, I. C. Kim*, H. K. Lee**
and G. J. Jeon**

National Institute of Animal Science, RDA*

Genomic Informatics Center, Hankyong National University**

ABSTRACT

The melanocortin-4 receptor (MC4R) is virtually expressed in all brain regions and plays an important role in energy homeostasis in mammals. MC4R has been intensively studied as a trait gene controlling economically important traits, such as growth and feed conversion, etc. Six hundreds and sixty Duroc pigs were genotyped for the MC4R locus and analyzed their relationships with breeding values for average daily gain (ADG), backfat thickness (BF), days to 90 kg (D90) and feed conversion (FC). The estimated genotype frequencies for the all Duroc pigs were: 30.8%, 45.2%, 24.1% for AA, AB and BB genotypes, respectively. The mutant A allele was significantly associated with ADG, D90 and BF whereas no significant relationship was found with FC. The change of gene frequencies by generation was shown in both selected and culled groups. These results indicate that the MC4R polymorphism could be integrated in the present selection program to realize a marker-assisted selection for the growth traits of the Duroc population.

(Key words : Melanocortin-4 receptor (MC4R), Growth traits, Genotype frequency, Pig)

I. 서 론

양돈산업에 있어서 돼지의 성장형질 및 육질 형질과 관련된 유전자에 대한 탐색이 활발히 이루어지고 있다. 하지만 이러한 양적형질과 관련된 소수의 유전자들만이 현재까지 보고되고 있다. MC4R (Melanocortin-4 receptor) 유전자는 에너지 중심 조절에 중요한 G-protein 쌍의 receptor를 중심으로 발현하며 (Benoit 등, 2000)

에너지 항상성과 음식 섭취의 조절에 중추적인 역할을 하고 있다 (Cone, 1999). 인간의 경우 MC4R 유전자의 변이는 발병 초기나 성인 비만의 4~5% 연관이 있다는 것이 보고 되었다 (Farooqi 등, 2003). 또한 MC4R 유전자는 사료 섭취량과 체중 그리고 체 구성물질 사이에 연관을 가지고 있는 것으로 보고되고 있으며 (Marsh 등, 1999; Wikberg 등, 2000). MC4R 유전자의 자연적으로 발생하는 missense 변이는

Corresponding author : I. C. Kim, Swine Science Division, National Institute of Animal Science, Cheonan 330-801, Korea
Tel : +82-41-580-3447, Fax : +82-41-580-3459, E-mail : kyuhcho@rda.go.kr

지방의 축적, 성장, 그리고 사료 섭취 특성과 관계가 있다(Kim 등, 2000b; Henandez-Sanchez 등, 2003). 하지만, 돼지에서 *MC4R* 유전자의 효과는 모든 계통에서 관찰되어지는 것은 아니며, 이는 Large White와 Wild Boar의 교잡실험에서도 보고되어 졌다(Kim 등, 2000b; Park 등, 2002). 따라서 본 연구는 축산과학원에서 보유 중인 듀록 품종내에서 *MC4R* 유전자의 SNP 발현 특성과 육종가에 의한 선발 후 *MC4R* 유전자 빈도의 변화 및 경제형질에 대한 유전자형간 육종가의 차이를 구명하고자 수행하였다.

II. 재료 및 방법

1. 공시동물

듀록 품종은 우리나라에서 일반적인 3원교잡 비육돈 생산에서 유전자의 50%를 기여할 정도로 중요한 품종이다. 본 연구에 사용된 기록은 축산과학원에서 계통조성중인 듀록 품종을 대상으로 1999년부터 능력검정된 2473두의 일당 증체량(ADG), 등지방두께(BF), 90 kg 도달일령(D90) 및 사료요구율(FC)에 대한 검정기록과 2004년부터 능력검정이 완료된 검정돈 중 2세대에 걸쳐 채취한 660두의 혈액분석 자료를 활용하였다.

2. 능력검정, 선발 및 교배방법

일당증체량은 검정기간 대비 총 증체량으로 계산되었으며, 등지방두께는 A-mode 초음파 기기인 RENCO를 사용하여 5번째 늑골, 마지막 늑골, 최후 요추의 3부의 평균자료를 사용하여 90 kg에 대한 보정 후 평가에 이용하였다. 90 kg도달일령은 검정종료체중을 90 kg으로 보정 후 사용하였다. 사료요구율은 수컷을 위주로 측정하였으며 동복 2두를 한 검정간에 사육 후 검정기간동안 급여한 사료총량에서 허실분을 제거하여 2두의 평균치를 사용하였다. 선발은 검정성적을 기초로 육종가를 분석한 후 육종가 순위에 의하여 다음 세대를 선발하였으며 선발된 개체들의 교배는 암컷 상위돈과 수컷 상위

돈, 암컷 하위돈과 수컷 하위돈을 교배하는 식의 동류교배를 실시하였다.

3. Genomic DNA 정제 및 PCR에 의한 DNA 증폭

공시축의 혈액으로부터 DNA의 분리 및 추출은 Wizard genomic DNA purification kit(Promega Co. USA)를 이용하여 추출하였다. 채취된 전혈 10 ml에 30 ml의 Cell lysis Solution을 첨가한 후 실온에서 10분간 적혈구를 용혈시킨다. 2000×g에서 10분간 원심분리하여 백혈구만을 모은 후 pellet을 잘 현탁시킨 후, 10ml의 Nuclei lysis Solution에 용해시킨다. 15분간 37℃ 진탕배양기에서 RNase A(20µg/ml) 처리를 한 뒤, 3.3ml의 Protein Precipitation Solution을 첨가하고 20초간 강하게 현탁시킨다. 2000×g에서 10분간 원심분리하여 정제하고 isopropanol로 DNA를 침전시킨 다음 70% ethanol로 세척 후, 건조시킨 다음 약 50µl의 TE buffer(pH 8.0)에 녹여 PCR에 이용하였다.

돼지 *MC4R*의 다형성 검정을 위한 primer의 설계는 Genbank (Accession NO. AF087937)의 Kim 등 (2000)이 보고에 근거하여 설계하였다. 실험에 사용된 Primer의 염기서열은 5'-TACCC-TGACCATCTTGAT TG-3' (forward)와 5'-ATAGCAACAGATGATCTCTTTG-3' (reverse)로 작성하였다. 돼지 *MC4R* 유전자를 증폭하기 위한 PCR 반응은 약 50~80ng의 주형 DNA, primer 각 10 pmol, dNTPs 50 uM, 10X reaction buffer 10 mM Tris-HCl, pH 8.3, 50 mM KCl, 1.5 mM MgCl₂ 및 1unit Taq polymerase (IBS, Korea)를 혼합하여 최종 반응액은 50 µl로 하였다. 반응 조건은 GeneAmp PCR System 9600(Perkin-Elmer Co, USA)를 사용하여, 94℃에서 2분간 denaturation한 후 94℃에서 30초(denaturation), 62℃에서 1분간 Annealing, 72℃에서 1분 20초 Extention을 35cycle 수행한 후 마지막으로 72℃에서 10분간 최종 Extention 과정을 수행하였다. PCR 증폭 산물은 증폭된 단편의 크기가 예상된 allele size 범위 내에 존재하는지, PCR 조건의 적정성 여부를 확인하기 위하여 1% TBE

Agarose gel을 이용하여 전기영동 후 UV상에서 관찰하였다. 돼지의 *MC4R* 유전자 다형성분석은 제한효소 *Taq I*을 이용하여 65°C에서 6시간 동안 처리한 후 2 % agarose gel에 전기영동을 실시한 후 유전자형을 결정하였다.

NC)의 allele procedure를 사용하였으며, 추정된 육종가에 대한 유전자형별 분산분석은 일원분산분석 Duncan 다중검정을 실시하였다.

III. 결과 및 고찰

4. 통계분석

2,473두의 일당증체량, 등지방두께, 90kg도달일령 및 사료요구율에 대한 유전모수 및 육종가 분석은 아래의 다형질 혼합모형에 의하여 *MTDFREML Package*(Boldman 등, 1993)를 사용하였다 :

$$Y_{ijk} = \mu + b_o + cg_i + sex_j + animal_k + e_{ijk}$$

여기에서, Y_{ijk} 는 측정된 형질, μ 는 형질의 전체 평균, cg_i 는 동기군 그룹의 효과($i=16$), sex_j 는 ($j=2$) 성의효과, $animal_k$ 는 형질의 상가적 유전효과, e_{ijk} 는 잔차오차이며, b_o 는 회귀계수로서 일당증체량 추정시 개시체중을 공변량으로 사용하였다. 유전자형 빈도분석은 SAS 9.1 (Cary,

1. 유전모수 추정

산육능력 검정이 완료된 듀록종 2,473의 분석결과에 대한 기초통계량 및 다형질 개체모형에 의한 유전모수 추정치는 Table 1 과 Table 2에 제시하였다. Table 1에 나타난 것과 같이 증체 관련 형질은 수컷이 암컷보다 잘 자라는 것으로 조사됐으며 등지방두께는 암컷이 1.24cm로 수컷보다 높았으며, 사료요구율은 수컷이 2.35kg으로 암컷보다 높았다. 유전력 및 유전상관 추정결과 일당증체량의 유전력은 0.36으로 추정되었으며 이는 Pochernyaev와 Nozdrina(1975)가 근교계통돈에서 추정한 0.39보다 약간 낮았다. 등지방두께의 유전력은 0.35로 추정되어

Table 1. Simple statistics of the analyzed traits by sex in Duroc pigs

Sex	No	Traits	No	Mean	Std.	Min.	Max.
Female	1183	ADG (g)	1183	865.6	90.4	616	1,379.0
		BF (cm)	1181	1.24	0.16	0.75	2.12
		D90 (day)	1183	145.0	8.4	116.6	160.0
		FC (kg)	53	2.12	0.3	1.57	3.08
Male	1290	ADG (g)	1289	927.4	112.6	582.0	1,267.0
		BF (cm)	1286	1.21	0.15	0.74	1.92
		D90 (day)	1289	140.5	9.7	114.1	160.0
		FC (kg)	582	2.35	0.35	1.51	3.45
Pooled	2473	ADG (g)	2472	897.8	107.1	582.0	1,379.0
		BF (cm)	2467	1.22	0.16	0.74	2.12
		D90 (day)	2472	142.6	9.4	114.1	160.0
		FC (kg)	635	2.33	0.35	1.51	3.45

ADG: average daily gain, BF: backfat thickness, D90: days to 90kg, FC: feed conversion ratio

Table 2. Heritability(SE ; diagonal) of the traits and genetic correlation(above diagonal) between the traits estimated from multiple traits animal model

Traits	ADG	BF	D90	FC
ADG	0.36 (0.12)	0.14	- 0.26	- 0.52
BF		0.35 (0.006)	0.12	- 0.29
D90			0.41 (0.13)	0.24
FC				0.39 (0.05)

Abbreviate is the same in Table 1.

Johnson 등(1999)의 결과와 일치하였지만, Ferraz와 Johnson(1993)이 추정된 0.40-0.50 보다는 낮았고 Kuhler과 Jungst(1991)가 보고한 0.18 보다는 높았다. 90kg 도달일령의 유전력은 0.41로 추정되어 Young 등(1977)이 보고한 0.78±0.21 보다는 낮았지만 Li와 Kennedy(1994)가 DF-REML 방법으로 추정된 0.30보다는 높았다. 사료요구율의 유전력은 0.39로 추정되었으며, 형질간 유전상관 보고결과를 보면 일당증체량과 등지방두께의 유전상관은 Duroc종과 Yorkshire종에서 각각 -0.06, 0.23이었다고 보고하였으며 (Hetzer, Miller, 1972a), Kennedy 등(1985)은 등지방두께와 90kg 도달일령간에는 음의 유전상관이 있었다고 보고하였고, Bereskin(1986)은 0.176으로 양의 상관결과를 보고하였다.

2. 세대별 유전자 빈도 분석

두록 계통돈 4세대 및 5세대돈에서 채취한 혈액을 이용하여 *MC4R* 유전자에 대한 빈도분석 결과를 Table 3에 제시하였다. 계통조성 과정 중에서 차세대 대체돈의 선발시는 상기의 개체모형을 이용한 육종가를 추정하여 90kg 도달일령과 일당증체량 중심으로 선발이 이루어졌고 *MC4R* 유전자형은 고려되지 않았다. 이러한 축군에서 유전자 빈도 분석결과 전체 660두의 AA형, AB형 및 BB형은 각각 30.8%, 45.2% 그리고 24.1%로 조사되었으며, AA 및 BB형의 동형접합체가 기대빈도 대비 각각 15두씩 많게 나타나 전세대의 동류교배 효과가 작용한 것으로 보인다. 또한 세대를 구분하여 분석한 결과 4세대의 AA형, AB형 및 BB형은 각각 24.0%,

47.9% 그리고 28.1%로 조사되었으며 A 및 B 대립유전자 빈도는 각각 53.3%, 46.7%로 조사되었다. 5세대의 경우에도 AA 및 BB형의 동형접합체가 기대빈도 대비 각각 14두씩 많게 나타나 4세대 선발 계통돈의 동류교배 효과가 있는 것으로 나타났으며, A 및 B 대립유전자 빈도는 각각 57.3%와 42.7%로 나타나, 4세대에 비하여 A형의 유전자 빈도가 6.4% 높아진 것으로 조사되었다. 이는 육종가를 이용한 선발에 의해서도 *MC4R*의 유전자 빈도가 변하는 것으로 볼 수 있다. 또한 5세대 검정돈 중 *MC4R* 유전자형을 고려하지 않고 단순히 육종가에 의한 선발 후 선발돈과 도태돈에 대한 유전자형 빈도를 분석한 결과 선발돈의 AA형, AB형 및 BB형의 유전자형 빈도는 각각 35.7%, 43.4% 그리고 21.0%로 조사되었으며 A 및 B 대립유전자 빈도는 각각 57.3%와 42.7%로 조사된 반면 도태돈의 경우에는 AA형, AB형 및 BB형의 유전자형 빈도는 각각 30.6%, 45.1% 및 24.2%로 조사되었고 A 및 B 대립유전자 빈도도 각각 53.2%와 46.7%로 조사되어, 같은 세대에서도 선발돈과 도태돈의 유전자형 빈도가 다르게 나타나 *MC4R* 유전자가 산육형질과 연관이 있는 것으로 나타났다.

3. 육종가와와의 관계 분석

다형질 개체모형에 의해 추정된 육종가를 이용하여 *MC4R* 유전자에 대한 효과 분석결과를 Table 4에 제시하였다. 동기군 그룹과 성별에 대한 환경효과를 제거한 후 추정된 육종가는 그 개체의 유전적인 가치의 총합이다. 이러한

Table 3. Simple statistics and changes of the *MC4R* polymorphism by generation after selection using only the estimated breeding values in Duroc pigs.

Gen.	No.	PIC	Heterozygosity	Allelic diversity	Test for HWE		Genotype freq.			Gene freq.	
					χ^2	Pr> χ^2	AA	AB	BB	A	B
Total	660	0.3739	0.4515	0.4978	5.701	0.017	0.308	0.452	0.241	0.533	0.467
4 gen.	96	0.3746	0.4792	0.4991	0.154	0.695	0.240	0.479	0.281	0.479	0.521
5 gen.	564	0.3732	0.4468	0.4964	5.625	0.018	0.319	0.447	0.234	0.543	0.457
5 gen.(selected)	143	0.3696	0.4336	0.4892	1.850	0.174	0.357	0.434	0.210	0.573	0.427
5 gen.(culled)	421	0.3740	0.4513	0.4979	3.693	0.055	0.306	0.451	0.242	0.532	0.468

Table 4. The effects of *MC4R* genotypes with the estimated breeding values for the traits analyzed

Traits	<i>MC4R</i> genotype(head)			Model SS3
	AA (202)	AB (290)	BB (156)	
ADG (g)	70.64 ^a ±34.30	63.43 ^a ±39.41	52.19 ^b ±40.71	0.0001
BF (cm)	-0.026 ^a ± 0.055	-0.042 ^b ± 0.056	-0.042 ^b ± 0.059	0.0037
D90 (day)	-8.13 ^a ± 3.49	-7.74 ^a ± 3.89	-6.44 ^b ± 3.88	0.0001
FC (kg)	-0.027 ^{NS} ± 0.082	-0.028 ^{NS} ± 0.098	-0.012 ^{NS} ± 0.111	0.2145

^{a, b} Values with different superscripts within row are significantly different, P<0.05

^{NS} : non-significant

Abbreviate is the same in Table 1.

전제조건은 많은 유전자가 양적형질에 작용한다는 infinitesimal model을 전제로 한다. 이렇게 추정된 육종가와 *MC4R* 유전자형에 대한 분산 분석 결과 일당증체량, 등지방두께 및 90kg 도달일령은 모델에서 *MC4R* 유전자의 효과가 유의하게 나타났지만 ($p < 0.001$) 사료요구율은 모델의 유의성이 나타나지 않았다 ($p < 0.214$). 이는 사료요구율에 대한 검정기록 측정시 여러가지 오차를 발생시킬 수 있는 요인이 존재하기 때문인 것으로 사료되며, 그러한 오류를 통계적인 방법으로 정확히 제거하는 것도 한계가 있기 때문인 것으로 사료된다. 이러한 사료요구율에 대하여는 유전자형별로 유의성이 없는 것으로 나타났지만 조사된 다른 경제형질에서는 유전자형에 대한 유의성이 나타났으며, A타입의 대립유전자 효과가 큰 것으로 조사되었다. 본 연구에 활용된 *MC4R* 유전자내에 존재하는 missense mutation은 돼지의 등지방두께, 사료섭취량 및 일당증체량 등에서 유의적인 효과가 있음을 보고하였다(Kim 등 2000; Hernandez-Sanchez 등, 2003). 그러나 Park 등(2002)의 보고에 따르면 Large White 종과 Wild Boar를 교배시켜 다음 세대에서 *MC4R* 유전자의 염기변이 효과를 분석한 결과 경제형질과의 유의적인 연관관계를 검출할 수 없었다고 하였다. 또한 강력한 후보유전자라 할지라도 집단과 품종에 따라 미치는 영향의 차이가 있음이 여러 논문을 통해 보고 되어지고 있다(Drogemuller 등, 2001; Thaller 등, 2003). 따라서 보유 축종의 집단에 대한 *MC4R* 유전자 염기변이 효과 분석은 분자유종 기법을 활용하기 위해 반드시 선행되

여져야 하는 연구라 사료된다. 축산과학원 보유 Duroc 품종의 *MC4R* 유전자 다형성과 경제형질과의 연관관계 분석결과 RFLP를 이용한 *MC4R* 유전자의 다형성 분석은 돼지 경제형질의 Marker로 이용하여 연관관계가 있는 개량형질의 선발반응과 정확도를 높일 수 있을 것으로 사료된다.

IV. 요약

본 연구는 축산과학원에서 보유중인 듀록 품종내에서 *MC4R* 유전자의 SNP 발현 특성과 육종가에 의한 선발 후 *MC4R* 유전자 빈도의 변화 및 경제형질에 대한 유전자형간 육종가의 차이를 구명하고자 수행하였다. 1999년부터 2005년까지 검정된 검정성적을 바탕으로 일당증체량, 등지방두께, 90kg 도달일령 및 사료요구율에 대하여 유전력과 유전상관 및 육종가를 추정하였으며, 2003년과 2004년에 출생한 660두에 대한 혈액을 채취하여 *MC4R* 유전자에 대한 유전자형 및 대립유전자 분석을 실시하였다. 또한 육종가에 의한 선발 후 유전자의 빈도변화를 세대별 그리고 선발군 및 도태군에 대하여 분석하였으며, 육종가의 분석결과를 이용하여 *MC4R*의 유전자형 효과를 보았다. 분석결과 육종가를 근거하여 선발한 *MC4R* 유전자형은 세대당 그리고 선발군과 도태군에서 차이를 보였으며, 각 형질별 육종가의 분산분석결과 사료요구율을 제외한 기타 경제형질에서 유의적으로 *MC4R* 유전자의 효과가 있는 것으로 나타났다. *MC4R* 유전자의 효과에 대한 보고는

상이한 부분도 있지만 자체 측군에 대한 다형성 분석 및 경제형질과의 연관성 분석에 의하여 측군 및 개량하고자 하는 경제형질에 따라 표지 유전인자로 활용하여 선발반응 및 정확도를 높일 수 있을 것으로 사료된다.

V. 인 용 문 헌

1. Benoit, S., Schwartz, M., Baskin, D., Woods, S. C. and Seeley, R. J. 2000. CNS melanocortin system involvement in the regulation of food intake. *Hormones and Behaviour*. 37:299-305.
2. Bereskin, B. 1986. A genetic analysis of feed conversion efficiency and associated traits in swine. *J. Anim. Sci.* 62:910.
3. Boldman, K. D., Kriese, L. A., Van Vleck, L. D. and Kachman, S. D. 1993. A Manual for Use of MTDFREML. A set of program to obtain estimates of variances and covariances [Draft]. U. S. Department of Agricultural Research Service.
4. Cone, R. D. 1999. The central melanocortin system and energy homeostasis. *Trends Endocrinol Metab.* 10:211-216.
5. Drogemuller, C., Hamann, H. and Distl, O. 2001. Candidate gene markers for litter size in different German pig lines. *J Anim Sci.* 79(10):2565-70.
6. Farooqi, I. S., Keogh, J. M., Yeo, G. S., Lank, E. J., Cheetham, T. and O'Rahilly, S. 2003. Clinical spectrum of obesity and mutations in the melanocortin-4 receptor gene. *New England Journal of Medicine.* 348:1085-1089.
7. Ferraz, J. B. S. and Johnson, R. K. 1993. Animal model estimation of genetic parameters and response to selection for litter size and weight, growth and backfat in closed seedstock population of large white and landrace swine. *J. Anim. Sci.* 71:850.
8. Hernandez-Sanchez, J., Visscher, P., Plastow, G. and Haley, C. 2003. Candidate gene analysis for quantitative traits using the transmission disequilibrium test: The example of the melanocortin 4-receptor in pigs. *Genetics*, 164, 637-644.
9. Hetzer, H. O. and Miller, R. H. 1972. Rate of growth as influenced by selection for high and low fatness in swine. *J. Anim. Sci.* 35:730.
10. Johnson, Z. B., Chewning, J. J. and Nugent, R. A. III. 1999. Genetic parameters for production traits and measures off residual feed intake in large white swine. *J. Anim. Sci.* 77:1679.
11. Kennedy, B. W., Johnson, K. and Hudson, G. F. 1985. Heritabilities and genetic correlations for backfat and age at 90kg in performance tested pigs. *J. Anim. Sci.* 61:78.
12. Kim, K. S., Larsen, N. J. and Rothschild, M. F. 2000a. Rapid communication: linkage and physical mapping of the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene. *J. Anim. Sci.*, 78, 791-792.
13. Kim, K. S., Larsen, N., Short, T., Plastow, G. and Rothschild, M. F. 2000b. A missense variant of the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene is associated with fatness, growth, and feed intake traits. *Mamm. Genome*, 11, 131-135.
14. Kuhlers, D. L. and Jungst, S. B. 1991. Mass selection for increased 200-day weight in a closed line of Landrace pigs. *J. Anim. Sci.* 69:977.
15. Li, X. and Kennedy, B. W. 1994. Genetic parameters for growth rate and backfat in Canadian Yorkshire, Landrace, Duroc, and Hampshire pigs. *J. Anim. Sci.* 72:1450.
16. Marsh, D. J., Hollopeter, G., Huszar, D., Lauffer, R., Yagaloff, K. A., Fisher, S. L., Burn, P. and Palmiter, R. D. 1999. Response of melanocortin-4 receptor-deficient mice to anorectic and orexigenic peptides. *Nat. Genet.*, 21, 119-122.
17. Park, H. B., Carlborg, O., Marklund, S. and Andersson, L. 2002. Melanocortin-4 receptor (MC4R) genotypes have no major effect on fatness in a Large White × Wild Boar intercross. *Anim. Genet.*, 33, 155-157.
18. Pochernyaev, F. K. and Nozdrina, N. A. 1975. Comparative study of different breeding methods in purebred pigs. *A. B. A.* 43:469.
19. Thaller, G., Kramer, W., Winter, A., Kaupe, B., Erhardt, G. and Fries, R. 2003. Effects of DGAT1 variants on milk production traits in German cattle breeds. *J Anim Sci.* 81(8):1911-8.
20. Wikberg, J. E. S., Muceniece, R., Mandrika, I., Prusis, P., Lindblom, J., Post, C. and Skottner, A. 2000. New aspects on the melanocortins and their receptors. *Pharmacol. Res.*, 42, 393-420.
21. Young, L. D., Johnson, R. K. and Omtvedt, I. T. 1977. An analysis of the dependency structure between a gilts's prebreeding and reproductive traits. I. Phenotypic and genetic correlation. *J. Anim. Sci.* 44:557.

(접수일자 : 2007. 5. 28. / 채택일자 : 2007. 7. 12.)