

한우 2번 염색체 양적형질좌위 영역에서 육질 연관 후보 DNA 마커 규명에 관한 연구[†]

이윤석¹ · 오동엽² · 여정수³

¹(주)참품한우 부설연구소 · ²³영남대학교 생명공학부

접수 2011년 4월 26일, 수정 2011년 5월 26일, 게재확정 2011년 6월 17일

요약

한우산업은 유전적으로 우수한 개체를 선발하기 위하여 전통적인 육종방법에 유전체정보를 활용하여 정확하게 예측하는 기술을 개발하고 있는 실정이다. 따라서 본 연구에서는 이미 규명되어진 한우 2번 염색체 양적형질좌위를 바탕으로 발현염기서열표식 (EST) 단일염기 다형성 연관지도상에서 선발된 12개의 염기표식영역 표지인자내 단일염기다형성들과 한우집단의 육질과의 연관성을 평가하였다. 한우 2번 염색체 양적형질좌위영역에 있는 12개의 염기표식영역 표지인자를 이용하여 30차에서 33차 후대검정우 집단에서 가계정보가 서로 다른 20두에서 직접 염기서열분석을 한 결과 10개의 다형성이 있는 단일염기다형성을 확인할 수 있었다. 이 중에서 근내지방도 정규분포상 양쪽 집단과 단일염기다형성 유전자형간 빈도분석을 한 결과 HWSNP_1-1과 HWSNP_9-4 단일염기다형성에서 40%이상의 빈도차이를 나타내었다. 이 2개의 단일염기다형성들로 한우집단 ($n=233$)에서 근내지방도와와의 연관성을 살펴본 결과 HWSNP_1-1 단일염기다형성에서만 유의적인 차이를 나타내었다 ($P<0.05$). 따라서 본 연구에서는 HWSNP_1-1 단일염기다형성은 유전체정보를 활용한 한우 육질 개량에 있어 가장 효율적인 보조수단으로 활용가치가 높을 것이라 판단된다.

주요용어: 근내지방도, 단일염기다형성, 양적형질좌위, 한우.

1. 서론

오늘날 동물 육종개량의 세계적인 추세는 기존의 가축개량 체계가 안고 있는 문제점과 한계점을 극복하고 개량성과를 조기에 달성하기 위하여 전통적인 통계 육종학적 방법에 첨단 유전물질 분석기법인 분자유전학적 기법을 접목시켜 상호 보완적인 관계에서 동시에 구사함으로써 동물자원의 육종개량 효율을 최대한 극대화시켜 나가고 있다. 특히, 동물의 주요 경제형질과 연관된 DNA 표지인자를 선발표지인자로 이용하는 마스 (marker-assisted selection)의 선발육종기술의 개발은 전통적인 선발육종 체계의 한계성을 초월하여 획기적으로 가축의 유전능력을 증진시킬 수 있는 새로운 첨단 분자유전기술 분야로 인정받고 있다 (Dekkers 등, 2002; Thallman, 2004; Spangler 등, 2007).

한우 전체 계놈에서 육질과 관련된 단일염기다형성을 탐색함에 있어 여러 연구자들은 첫 번째로 효율적인 유전자를 탐색할 수 있는 고밀도 유전자지도를 이용하여 양적형질좌위분석을 하였다. 최근 양적형

[†] 본 논문 (특허)은 농촌진흥청 차세대 바이오그린21사업 (과제번호: PJ008135032001)의 지원에 의해 이루어진 것임.

¹ (712-210) 경북 경산시 삼풍동 506-3번지, 보명빌딩 4층, 소장.

² (712-749) 경북 경산시 대동 214-1, 영남대학교 생명공학부, 박사과정.

³ 교신저자: (712-749) 경북 경산시 대동 214-1, 영남대학교 생명공학부, 교수. E-mail: jsyeo@yu.ac.kr

질좌위 분석자료를 살펴보면 Hu 등 (2010)은 359개 경제형질에 대한 4,281개 양적형질좌위를 규명하여 데이터베이스화 하였다. McClure 등 (2010)은 일반농가 앵거스 집단에서 390개 초위성체, 11개 단일염기다형성, 1개 중복 좌위를 이용하여 14가지 경제형질에 대해 양적형질좌위분석을 실시한 결과 육질을 평가하는 근내지방도에서 69개의 양적형질좌위 발굴하였으며 이 중 2번과 5번 염색체에서 가장 많이 발견되었다. 또한 이전 연구결과에서는 소 2번 염색체에서 근내지방도와 관련된 양적형질좌위가 많이 발견되었다 (Casas 등, 1998; MacNeil 등, 2002; Alexander 등, 2007; Abe 등, 2008).

국내에서도 많은 육종학자들이 양적형질좌위분석을 실시하였지만 분석에 적합한 집단을 구성하기에는 부족한 실정이었지만 Kim 등 (2003)은 각각의 초위성체에 대한 분석을 통하여 양적형질좌위를 규명하였다. 그래서 한우 2번 염색체의 단일염기다형성 탐색은 한우에서 규명된 양적형질좌위를 기준으로 연관불평형 영역을 지정하는 것이다. 축우에서 연관불평형에 관한 연구결과를 살펴보면 젓소에서 10cM 이상 되는 연관불평형 영역이 상당수 존재한다는 것을 보고하였고 일본 화우와 갈모 화우의 반형매 집단에서 10cM 이상의 연관불평형 영역을 발견하였다 (Farnir 등 2000; Hayes 등 2003; Odani 등 2006). 또한 인간의 연관불평형 영역크기보다 축우의 영역크기가 길게 나타나는 이유는 축우에서 유전적 부동 (genetic drift), 선발 (selection), 계획교배와 같은 자연적인 요인이 아닌 인위적인 요인들 때문이다.

따라서 본 연구에서는 한우 2번 염색체에서 EST 단일염기 다형성 연관지도상에 한우 육질 관련 양적형질좌위영역에서 단일염기다형성을 발굴하고 근내지방도와의 연관분석을 평가하여 육질 관련 후보유전자를 규명하고자 한다.

2. 실험재료 및 방법

2.1. 실험동물 및 재료

본 연구에서는 가축유전자원시험장과 한우시험장에서 6개월령일 때 거세를 하여 평균 719일령일 때 검정을 종료하고 출하를 한 개체인 농협중앙회 한우개량사업소의 후대검정집단인 30차에서 33차 국가 후대검정우집단 233두의 능력자료를 사용하였다. 또한 분석에 사용된 형질인 근내지방도는 축산물품질평가원에서 등급판정부위인 배최장근단면에 나타난 지방분포이다. 계놈 DNA는 페놀-클로로포름 방식을 이용하여 추출하였다.

2.2. 직접 염기서열 분석

직접 염기서열 분석을 하기 위해 30차에서 33차 국가후대검정집단 233두에서 근내지방도 정규분포상 평균 $pm1.5SD$ 에 있으며 혈연관계가 없는 20두 개체로 BigDye Terminator (Ver 3.1) cycle sequencing kit (Applied Biosystems, Foster City, CA)를 사용하여 염기서열을 분석하였다. 또한 염기표식영역 표지인자의 시발체는 GenBank에 제시된 염기서열로 Primer3 프로그램 (http://frodo.wi.mit.edu/cgi_bin/primer3/primer3.www.cgi)를 사용하여 제작하였다. 분석된 염기서열 자료들은 Sequencher 4.6 프로그램 (Gene Codes Corp., Ann Arbor, MI)을 이용하여 가시적으로 편집하였다.

2.3. 단일염기다형성 유전자형 분석

단일염기다형성 유전자형을 분석하기 위해 PCR 반응은 20ng genomic DNA, 0.25U Taq polymerase (Solgent Co., Ltd, south korea), 1X buffer, 0.2mM dNTP, 5pmol 시발체 (forward/reverse)를 첨가하여 전체 15 μ l가 되도록 하고 혼합한 후 94 $^{\circ}$ C 5분에서 1cycle, 94 $^{\circ}$ C에서 30초, 합성온도에서 30초, 72 $^{\circ}$ C에서 3분의 조건으로 35cycle, 72 $^{\circ}$ C 3분에서 1cycle을 반응시켰다. 생성된 PCR product에서

1 μ l를 전기 영동하여 생성물을 확인하였고 PCR 생성물에 5U SAP와 2U Exo I를 첨가하여 잘 혼합한 다음, 37 $^{\circ}$ C 에서 1시간 동안 반응시켰다.

반응이 끝난 다음 75 $^{\circ}$ C에서 15분간 불활성화 시켰다. ABI PRISM SNaPshotTM Multiplex Kit (Applied Biosystems, Foster City, CA)을 사용하여 정제된 PCR 생성물 1 μ l, SNaPshot multiplex ready reaction mix 1 μ l, 5pmol extension 시발체 1 μ l를 넣어 전체 10 μ l가 되게 하고 잘 혼합하여 96 $^{\circ}$ C에서 10초, 50 $^{\circ}$ C에서 5초, 60 $^{\circ}$ C에서 30초의 조건으로 25cycle을 반응시켰다. 반응된 PCR 생성물에 1U SAP를 첨가해준 다음 37 $^{\circ}$ C에서 1시간 동안 배양하였고 75 $^{\circ}$ C에서 15분 동안 불활성화 시켰다. 최종적으로 정제된 PCR 생성물 1 μ l를 GeneScan-120 LIZ size standard (Applied Biosystems, Foster City, CA) 0.25 μ l와 Hi-Di formamide 9.5 μ l (Applied Biosystems, Foster City, CA)를 첨가하여 잘 섞어준 다음 95 $^{\circ}$ C에서 5분간 변성시킨 후 ABI PRISM 3130XL Genetic Analyzer (Applied Biosystems, Foster City, CA)에 전기영동을 하였다. 전기영동이 끝난 자료는 GeneMapper v4.0 software (Applied Biosystems, Foster City, CA)를 통해서 분석하였다 (그림 2.1).

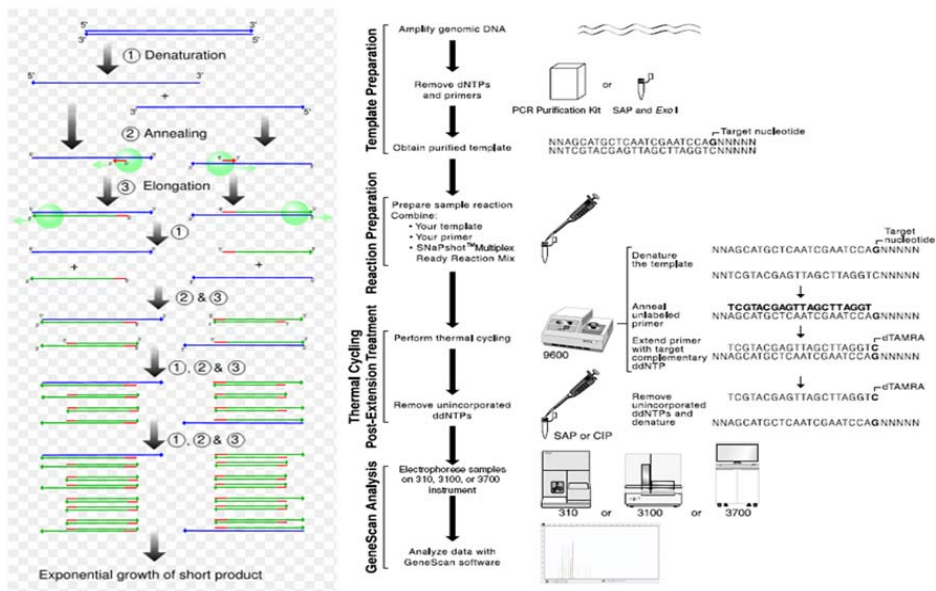


그림 2.1 단일염기다형성 분석도

2.4. 통계분석

본 연구에서 각 단일염기다형성에 대한 하디-와인버그 법칙 (HWE; Hardy-Weinberg Equilibrium)은 개체의 유전자형 빈도가 집단에서 평형이 되는가를 알아보기 위해 χ^2 통계량을 이용한 적합도 검정을 실시하였다 (Abe 등, 2008). 그리고 각 단일염기다형성의 연관분석은 30차에서 33차 국가후대검정우 집단 233두의 생시체중, 개월별 체중과 도체형질 (도체중, 등지방두께, 등심단면적과 근내지방도)의 측정기록으로 SPSS 14.0버전 (SPSS Inc., Chicago, IL)을 사용하여 분석하였다. 분석방법은

GLM의 ANCOVA (analysis of covariance) 방식을 사용하였으며 통계모델은 다음과 같다.

$$Y_{ijklm} = \mu + YS_i + P_j + S_k + M_l + \beta_{age} + e_{ijklm} \quad (2.1)$$

여기서,

$$Y_{ijklm} = \text{근내지방도 측정치,}$$

$$\mu = \text{전체평균,}$$

$$YS_i = \text{출생년도와 계절의 고정효과,}$$

$$P_j = \text{출생지의 고정효과,}$$

$$S_k = \text{아버지의 임의효과,}$$

$$M_l = \text{단일염기다형성의 고정효과,}$$

$$\beta_{age} = \text{사육일령의 공변이,}$$

$$e_{ijklm} = \text{임의오차.}$$

3. 한우 육질 관련 후보 단일염기다형성 탐색

한우 후보 단일염기다형성 탐색은 한우 2번 염색체에서 육질 관련 양적형질좌위인 TEXAN-2, IL-STS098 초위성체 좌위에서 양쪽으로 10cM정도 떨어진 TGLA431과 URB042 초위성체 (그림 3.1 위쪽 붉은박스), BL1001과 RM171 초위성체 (그림 3.1 아래쪽 붉은박스)를 선정하여 20cM정도가 되는 2개의 영역을 지정하였고 육질과 연관된 단일염기다형성을 발굴하기 위해 EST 단일염기 다형성 연관지도상 2개의 양적형질좌위 영역에서 12개 염기표식영역 표지인자를 발굴하였다 (그림 3.1).

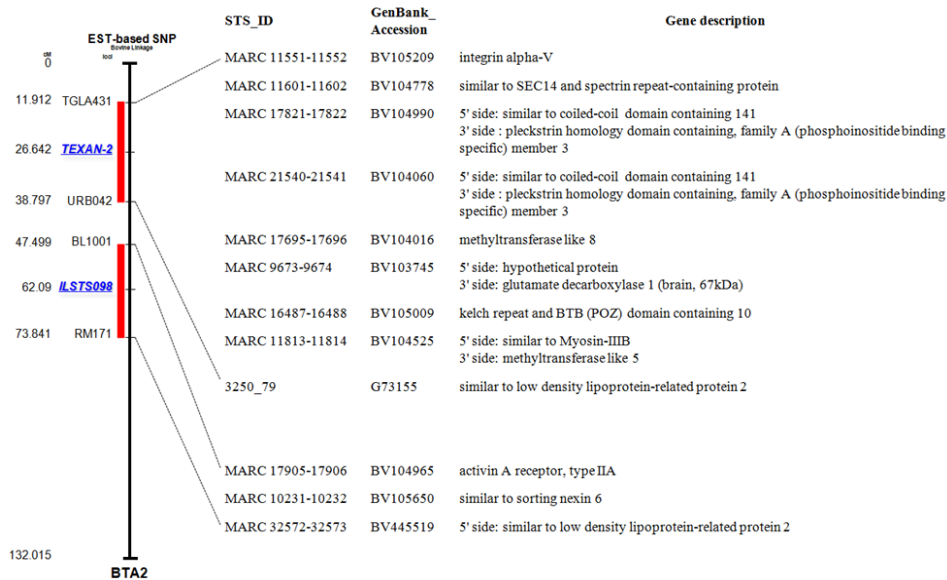


그림 3.1 한우 염색체 2번 EST 단일염기 다형성 연관지도상의 12개 염기표식영역 표지인자

4. 한우 육질 관련 후보 단일염기다형성 발굴

한우 2번 염색체에서 육질 관련 후보 단일염기다형성은 한우 2번 염색체 EST 단일염기 다형성 연관 지도상 양적형질좌위 영역에서 선정된 12 염기표식영역 표지인자의 염기서열을 이용하여 직접 염기서열 분석방법으로 발굴하였다. 직접 염기서열 분석에 사용된 개체는 30차에서 33차 국가후대검정우집단 233두에서 근내지방도 정규분포상에서 평균±2SD에 있으며 혈연관계가 없는 20두를 사용하였다. 그 결과 MARC11601-11602 염기표식영역에서 2개의 단일염기다형성, MARC17821-17822 염기표식영역에서 1개의 단일염기다형성, MARC9673-9674 염기표식영역에서 3개의 단일염기다형성, 3250-79 염기표식영역에서 4개의 단일염기다형성을 확인할 수 있었고 나머지 8개의 염기표식영역에서는 단일염기다형성을 확인할 수 없었다.

표 4.1 한우 2번 염색체에서 12개 염기표식영역내 10개 다형성 단일염기다형성의 유전자형과 빈도

단일염기다형성	염기표식영역_ID	GeneBank번호	유전자형 (개체수)				H ¹	MAF ²	HWE ³
			빈도						
HWSNP_1-1	MARC11601-11602	BV_104778	CC (3)	CT (9)	TT (8)	20	0.469	0.375	0.090
			0.150	0.450	0.400	1			
HWSNP_1-2	MARC11601-11602	BV_104778	CC (3)	CT (9)	TT (8)	20	0.469	0.375	0.090
			0.150	0.450	0.400	1			
HWSNP_2-1	MARC17821-17822	BV_104990	GG (17)	GA (3)	AA (0)	20	0.139	0.075	0.716
			0.850	0.150	0.000	1			
HWSNP_5-1	MARC9673-9674	BV_103745	TT (14)	AT (6)	AA (0)	20	0.255	0.150	0.184
			0.700	0.300	0.000	1			
HWSNP_5-2	MARC9673-9674	BV_103745	TT (14)	CT (6)	CC (0)	20	0.255	0.150	0.184
			0.700	0.300	0.000	1			
HWSNP_5-3	MARC9673-9674	BV_103745	GG (14)	GT (6)	TT (0)	20	0.255	0.150	0.184
			0.700	0.300	0.000	1			
HWSNP_9-1	3250-79	G73155	GG (16)	GA (4)	AA (0)	20	0.180	0.100	0.560
			0.800	0.200	0.000	1			
HWSNP_9-2	3250-79	G73155	CC (16)	CT (4)	TT (0)	20	0.180	0.100	0.560
			0.800	0.200	0.000	1			
HWSNP_9-3	3250-79	G73155	CC (16)	CT (4)	TT (0)	20	0.180	0.100	0.560
			0.800	0.200	0.000	1			
HWSNP_9-4	3250-79	G73155	GG (1)	GA (11)	AA (8)	20	0.439	0.325	0.106
			0.050	0.550	0.400	1			

¹이형접합체율 (Heterozygosity), ²소수 대립유전자 빈도 (Minor allele frequency),

³하디-웨인버그 평형 (Hardy-Weinberg equilibrium principle) 유의확률 값.

표 4.1에 제시한 10개 단일염기다형성에 대한 정보력을 살펴보면 MARC11601-11602 염기표식영역에 나타나는 HWSNP_1-1과 HWSNP_1-2 단일염기다형성은 유전자형빈도, 이형접합체율 (H), 소수 대립유전자 빈도 (MAF)가 동일한 유형으로 나타나기 때문에 단일염기다형성간 강한 연관을 나타나는 사실을 확인할 수 있었고 MARC9673-9674 염기표식영역에서 발굴된 HWSNP_5-1, HWSNP_5-2와 HWSNP_5-3 단일염기다형성에서도 유전자형은 다르지만 유전자형빈도, 이형접합체율, MAF 모두 동일하게 나타나서 3개 단일염기다형성간 강한 연관을 가지고 있었다. 또한 3250-79 염기표식영역에서도 HWSNP_9-4 단일염기다형성을 제외한 나머지 단일염기다형성간에서도 강한 연관을 보여주었다.

한우 2번 염색체 육질 관련 양적형질좌위 영역에서 발굴된 10개 단일염기다형성에 대한 검증은 육질을 결정하는 근내지방도에서 정규분포상 평균±1.5SD 양쪽에 있는 10두를 대상으로 각 유전자형 빈도 차이가 40% 이상이 되는 단일염기다형성을 선정하였다.

표 4.2에서와 같이 HWSNP_1-1 단일염기다형성은 TT 유전자형에서 60%로 가장 많은 빈도차이를 나타내었고 HWSNP_9-4 단일염기다형성에서는 AA 유전자형에서 40%로 두 번째로 많은 빈도차이를 보여주고 있다. HWSNP_1-2 단일염기다형성의 GG 유전자형에서도 60%로 가장 많은 빈도차이를 나타내었지만 HWSNP_1-1과 강한 연관을 가지고 있기 때문에 전체집단에 적용할때에는 HWSNP_1-1 단일염기다형성만 분석하였다. 또한 HWSNP_9-1의 GG 유전자형, HWSNP_9-2와 HWSNP_9-3의 CC 유전자형에서도 40%의 빈도차이를 나타냈었지만 각각 유전자형에서 변이가 많이 나타나지 않았

표 4.2 근내지방도 성적이 높은집단 (High)과 낮은집단 (Low)에서 한우 육질 관련 후보 단일염기다형성의 빈도차이

단일염기다형성	GenBank 번호	유전자형	집단	빈도 (%)
HWSNP_1-1	BV104778	CC	High	0
			Low	30
		CT	High	30
			Low	60
		TT	High	70
			Low	10
HWSNP_1-2	BV104778	AA	High	0
			Low	30
		AG	High	30
			Low	60
		GG	High	70
			Low	10
HWSNP_9-1	G73155	GG	High	100
			Low	60
		AG	High	0
			Low	30
HWSNP_9-2	G73155	CC	High	100
			Low	60
		CT	High	0
			Low	30
HWSNP_9-3	G73155	CC	High	100
			Low	60
		CT	High	0
			Low	30
HWSNP_9-4	G73155	AA	High	60
			Low	20
		AG	High	40
			Low	70
		GG	High	0
			Low	10

기 때문에 전체집단에 적용시 통계적인 오류발생에 요인이 될 수 있으므로 분석되지 않았다. 따라서, HWSNP_1-1과 HWSNP_9-4 단일염기다형성을 한우 2번 염색체 육질 관련 후보 단일염기다형성으로 선정하고 30차에서 33차 국가 후대검정우집단 233두에 검증을 실시하였다.

5. 한우 2번 염색체에서 발굴된 육질 관련 후보 단일염기다형성 검증

한우 육질 관련 후보 단일염기다형성 검증은 30차에서 33차 국가 후대검정우집단 233두에 적용하였고 HWSNP_1-1과 HWSNP_9-4 단일염기다형성들과 ANCOVA 분석을 실시한 결과는 표 5.1에 제시하였다. 한우의 유전적인 요인에 대한 효과를 보기 위해 사용되어진 ANCOVA 분석에 있어 아버지의 효과, 지역, 출생지와 단일염기다형성은 고정효과, 사육일령은 공변으로 처리해서 분석하였고 환경적인 요인에 대한 효과는 표 5.1에서 나타내지 않았다.

HWSNP_1-1 단일염기다형성은 유전자형별로 근내지방도에서 유의적인 차이를 나타내었으며 TT 유전자형 (6.904)을 가지는 개체의 근내지방도가 CC와 CT 유전자형 (4.169, 4.584)을 가지는 개체의 근내지방도보다 높게 나타났다. 이는 HWSNP_1-1 단일염기다형성은 한우집단에서 TT 유전자형을 가지는 개체를 선발한다면 다른 유전자형을 가지는 개체보다 근내지방도가 높은 성적이 나타날 것이다. 하지만 HWSNP_9-4 단일염기다형성에서는 유전자형별로 유의적인 차이를 나타내지 않았다.

표 5.1 한우 국가후대검정우 집단에서 HWSNP_1-1과 HWSNP_9-4 단일염기다형성에 대한 근내지방도 평균과 표준오차

단일염기다형성	유전자형 (개체수)			유의확률
	평균 ± 표준오차			
HWSNP_1-1	CC (106)	CT (95)	TT (32)	0.025
	4.169±0.451 ^{ab}	4.584±0.433 ^a	6.904±0.760 ^b	
HWSNP_9-4	AA (149)	AG (58)	GG (25)	0.405
	5.084±0.307	4.517±0.499	5.675±0.806	

6. 결론

한우산업에 있어 근내지방도는 농가소득에 중요한 요인으로 작용하고 있다. 농가소득에 중요한 요인인 근내지방도는 복유전자 (ploypgene) 작용에 의해 형성이 되어지고 있다. 따라서 본 연구에서는 근내지방도 형성에 관련이 있는 후보 유전자를 발굴하기 위해서 한우 2번 염색체 양적형질좌위영역에 있는 12개의 염기표식영역 표지인자를 이용하여 30차에서 33차 후대검정우 집단에서 가계정보가 서로 다른 20두에서 직접 염기서열 분석을 한 결과 10개의 다형성이 있는 단일염기다형성을 확인할 수 있었다. 이 중에서 근내지방도 정규분포상 양쪽 집단과 단일염기다형성 유전자형간 빈도분석을 한 결과 HWSNP_1-1과 HWSNP_9-4 단일염기다형성에서 40%이상의 빈도차이를 나타내었다. 이 2개의 단일염기다형성들로 한우집단 ($n=233$)에서 근내지방도와와의 연관성을 살펴본 결과 HWSNP_1-1 단일염기다형성에서만 유의적인 차이를 나타내었다 ($P<0.05$). 따라서 본 연구에서는 HWSNP_1-1 단일염기다형성은 현재 사용되어지고 있는 통계적인 육종방식에 유전적 효과로 포함되어진다면 개량의 효과를 극대화 할 수 있는 가장 효율적인 보조수단으로 활용가치가 높을 것이라 판단된다.

참고문헌

- Abe, T., Saburi, J., Hasebe, H., Nakagawa, T., Kawamura, T., Saito, K., Nade, T., Misumi, S., Okumura, T., Kuchida, K., Hayashi, T., Nakane, S., Mitsuhashi, T., Nirasawa, K., Sugimoto, Y. and Kobayashi, E. (2008). Bovine quantitative trait loci analysis for growth, carcass, and meat quality traits in an F2 population from a cross between Japanese Black and Limousin. *Journal of Animal Science*, **86**, 2821-2832.
- Alexander, L. J., Macneil, M. D., Geary, T. W., Snelling, W. M., Rule, D. C. and Scanga, J. A. (2007). Quantitative trait loci with additive effects on palatability and fatty acid composition of meat in a Wagyu-Limousin F2 population. *Animal Genetics*, **38**, 506-513.
- Casas, E., Keele, J. W., Shackelford, S. D., Koohmaraie, M., Sonstegard, T. S., Smith, T. P. L., Kappes, S. M. and Stone, R.T. (1998). Association of the muscle hypertrophy locus with carcass traits in beef cattle. *Journal of Animal Science*, **76**, 468-473.
- Cho, D. (2010). Mixed-effects LS-SVM for longitudinal data. *Journal of the Korean Data & Information Science Society*, **21**, 363-369.
- Dekkers, J. C. and Hospital, F. (2002). The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations. *Nature Review Genetics*, **3**, 22-32.
- Farnir, F., Coppieters, W., Arranz, J. J., Berzi, P., Cambisano, N., Grisart, B., Karim, L., Marcq, F., Moreau, L., Mni, M., Nezer, C., Simon, P., Vanmanshoven, P., Wagenaar, D. and Georges, M. (2000). Extensive genome-wide linkage disequilibrium in cattle. *Genome Research*, **10**, 220-227.
- Hayes, B. J., Visscher, P. M., McPartlan, H. C. and Goddard, M. E. (2003). Novel multilocus measure of linkage disequilibrium to estimate past effective population size. *Genome Research*, **13**, 635-643.
- Kim, J. W., Park, S. I. and Yeo, J. S. (2003). Linkage mapping and QTL on chromosome 6 in Hanwoo (Korean Cattle). *Asian-Australian Journal of Animal Science*, **16**, 1402-1405.
- Lee, J. Y., and Lee, J. H. (2010). Support vector machine and multifactor dimensionality reduction for detecting major gene interactions of continuous data. *Journal of the Korean Data & Information Science Society*, **21**, 1271-1280

- Lim, S. Y., Baek, J. S. and Kim, M. S. (2010). Video character recognition improvement by support vector machines and regularized discriminant analysis. *Proceedings of Journal of the Korean Data & Information Science Society*, 1-10.
- MacNeil, M. D., and Grosz, M. D. (2002). Genome-wide scans for QTL affecting carcass traits in Hereford x composite double backcross populations. *Journal of Animal Science*, **80**, 2316-24.
- McClure, M. C., Morsci, N. S., Schnabel, R. D., Kim, J. W., Yao, P., Rolf, M. M., McKay, S. D., Gregg, S. J., Chapple, R. H., Northcutt, S. L. and Taylor, J. F. (2010). A genome scan for quantitative trait loci influencing carcass, post-natal growth and reproductive traits in commercial Angus cattle. *Animal Genetics*, 1365-2052.
- Odani, M., Narita, A., Watanabe, T., Yokouchi, K., Sugimoto, Y., Fujita, T., Oguni, T., Matsumoto, M. and Sasaki, Y. (2006). Genome-wide linkage disequilibrium in two Japanese beef cattle breeds. *Animal Genetics*, **37**, 139-144.
- Hu, Z. L., Park, C. A., Fritz, E. R. and Reecy, J. M. (2010). QTLdb: A comprehensive database tool building bridges between genotypes and phenotypes. Invited lecture with full paper published electronically on *The 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Leipzig, Germany.
- Shim, J., Park, H. and Seok, K. H. (2009). Variance function estimation with LS-SVM for replicated data. *Journal of the Korean Data & Information Science Society*, **20**, 925-931.
- Spangler, M. L., Bertrand, J. K. and Rekaya, R. (2007). Combining genetic test information and correlated phenotypic records for breeding value estimation. *Journal of Animal Science*, **85**, 641-649.
- Thallman, R. M. (2004). *DNA testing and marker assisted selection*. <http://www.beefimprovement.org/proceedings/04proceedings/thallman.pdf> Accessed: Feb. 10, 2009.

Study on identification of candidate DNA marker related with beef quality in QTL region of BTA 2 in Hanwoo population[†]

Yoonseok Lee¹ · Dong-Yep Oh² · Jung-Sou Yeo³

¹Charmpoom Hanwoo Research Institution

^{2,3}School of biotechnology, Yeungnam University

Received 26 April 2011, revised 26 May 2011, accepted 17 June 2011

Abstract

By direct sequencing of 12 STS marker, we identified 10 polymorphic SNPs. As a result of genotype frequency analysis between 10 polymorphic SNPs and extreme population ($n=20$) for marbling score in Hanwoo ($n=233$), there was over 40 percent of frequency difference of HWSNP_1-1 and HWSNP_9-4 SNP. HWSNP_1-1 SNP was significantly associated with marbling score in large-scale population ($n=233$). Therefore we suggested that HWSNP_1-1 SNP can be useful as a positional candidate for beef quality for marker-assisted selection in Hanwoo.

Keywords: Hanwoo, marbling score, QTL, SNP.

[†] This work was supported by a grant from the Next-Generation BioGreen 21 Program (No. PJ008135032011), Rural Development Administration, Republic of Korea.

¹ Research director, Charmpoom Hanwoo Research Institution, Gyeongsan 712-210, Korea.

² Graduate student, School of biotechnology, Yeungnam University, Gyeongsan 712-749, Korea.

³ Corresponding Author: Professor, School of biotechnology, Yeungnam University, Gyeongsan 712-749, Korea. E-mail: jsyeo@yu.ac.kr