
		<h1>보 도 자 료</h1>			
<p>2020년 3월 26일(조간)부터 보도될 수 있도록 협조 부탁드립니다. * 인터넷, 방송, 통신은 3월 25일 11시부터 보도 가능</p>					
배포일시	2020. 3. 25. (총 5쪽)	담당부서	난지축산연구소		
담당과장	양병철 소장 (064-754-5701)	담당자	신문철 연구사 (064-754-5741)		

제주흑돼지 포유능력에 관여하는 유전자 발견

- 특정 유전자에 따른 유두수 변화 확인...개량 적용 가능 -

- 농촌진흥청(청장 김경규)은 제주흑돼지의 유두(젖꼭지)수와 관련된 유전자를 확인했다고 밝혔다.
 - 돼지의 유두 수는 포유(젖으로 새끼를 먹여 기름)능력을 평가할 수 있는 형질 중 하나이며, 어미의 산자 수(한배 새끼 수)와 관련이 있어 양돈 산업에서 선발 지표로 활용되고 있다.
- 국립축산과학원은 선행 연구로 제주흑돼지와 랜드레이스 교배집단에서 유두 수 형질에 관여하는 유전자가 BRMS1L임을 확인했다.
 - BRMS1L은 돼지의 7번 염색체에 존재하며, 특정 영역의 염기가 G 또는 A인 단일염기다형성(SNP1))에 따라 유두수가 변화됐다.
 - 이번 연구 결과는 국제학술지인 ‘Livestock Science²⁾’에 게재됐다.

1) Single nucleotide polymorphism : 염기서열 중 하나의 염기서열 차이로 발생하는 개체 간 차이
2) Joint linkage and linkage disequilibrium mapping reveals association of BRMS1L with total teat number in a large intercross between Landrace and Korean native pigs(Livestock Science.2018)


- 제주흑돼지의 포유능력을 개량하기 위한 추가 연구에서 재래흑돼지와 랜드레이스의 BRMS1L 유전자형(A/A, A/G, G/G)에 따른 유두수를 비교했다.
 - 제주흑돼지의 BRMS1L 유전자형은 G/G형이 가장 많았다. 유전자형에 따른 유두 수는 각각 G/G형 13개, A/G형 13.9개, A/A형이 15개로 나타났다.
 - 반면, 개량종인 랜드레이스는 대부분 BRMS1L 유전자형이 A/A형이었으며, 유두 수는 14.5개 인 것으로 확인됐다.
 - 제주흑돼지 개량에 BRMS1L 유전자형이 A/A형인 마커를 적용하면 유두 수를 효과적으로 늘릴 수 있을 것으로 기대된다.
- 농촌진흥청 국립축산과학원 양병철 난지축산연구소장은 “이번 연구 결과를 토대로 제주흑돼지의 유두 수를 늘리게 되면 포유능력이 개선되어 새끼를 더 건강하게 기르는 데 도움이 될 것으로 기대된다.”라고 밝혔다.



제주흑돼지(암컷)

- 한편, 제주흑돼지는 2015년 3월 17일 천연기념물 제550호로 지정되어 올해로 5주년을 맞았다.
 - 국립축산과학원은 제주흑돼지의 고기 맛에 관여하는 육질유전자(변이-MYH3)를 가진 ‘난축맛돈’을 개발·보급하고 있다.

【참고자료】 제주흑돼지 특정 유전자에 따른 유두수 변화

	<p>보도자료 관련 문의나 취재는 농촌진흥청 난지축산연구소 신문철 농업연구사 (☎ 064-754-5741)에게 연락 바랍니다.</p>
---	--

【참고자료】

제주흑돼지 특정 유전자에 따른 유두수 변화

□ 제주흑돼지의 유두수 관련 유전자 BRMS1L

- 제주흑돼지와 랜드레이스 교배 참조축군에서 유두수 형질에 대한 유전자 좌위 분석 결과 7번 염색체 16.6Mb부터 134.0Mb 위치에서 원인 유전자 확인.

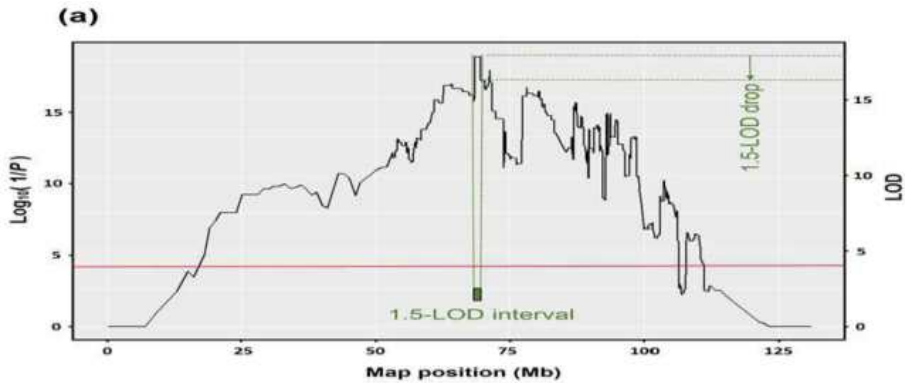


그림1. 유두수 관련 후보유전자 대상으로 작성한 미세지도

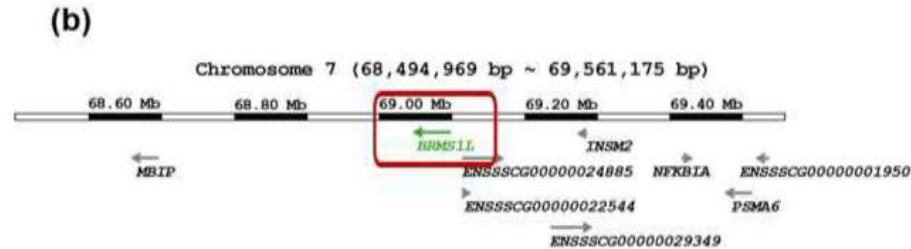


그림2. 7번 염색체 68.4Mb부터 69.6Mb 위치 내 후보유전자

- 7번 염색체 내 미세지도를 통해 24개의 후보유전자를 선발.

- 여기서 발견된 후보유전자들을 평가한 결과 BRMS1L 유전자의 특정 영역에서 염기가 G 또는 A인 단일염기다형성에 따른 유두수의 변화를 확인함.

표 1. 제주흑돼지×랜드레이스 교배 참조축군에서 유전자형에 따른 유두수 표현형

형질	유두수 연관 유전자형(BRMS1L g. -1087 G / A)			P-value
	G/G (170마리)	G/A (577마리)	AA (346마리)	
유두수	12.99±0.16	13.63±0.13	13.66±0.14	1.10×10 ⁻⁸

□ 제주흑돼지 및 개량종의 BRMS1L 유전자형에 따른 유두수 비교

표 1. 제주흑돼지 및 개량종 유두수 표현형 조사

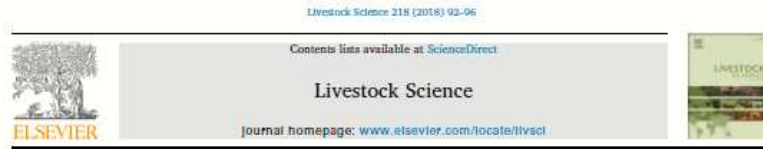
품종	마릿수	유두수		
		좌	우	계
제주흑돼지	28	6.71±0.60	6.61±0.63	13.32±0.98
랜드레이스	72	7.21±0.58	7.31±0.64	14.51±1.03

표 2. 제주흑돼지 유전자형에 따른 유두수 조사

형질	총 유두수 평균	유두수 연관 유전자형(BRMS1L)			P-value
		GG (19)	GA (8)	AA (1)	
유두수	13.87±1.75	13.00±0.85	13.87±0.78	15.00	0.017

표 2. 랜드레이스 유전자형에 따른 유두수 조사

형질	총 유두수 평균	유두수 연관 유전자형(BRMS1L)			P-value
		GG (0)	GA (2)	AA (70)	
유두수	14.51±1.03	-	13.50±0.50	14.54±1.02	0.010



Short communication

Joint linkage and linkage disequilibrium mapping reveals association of *BRMS1L* with total teat number in a large intercross between Landrace and Korean native pigs

Hee-Bok Park^{a,1,2}, Jae-Bong Lee^{b,1}, Sang-Hyun Han^c, Sang-Geum Kim^a, Hyun-Sook Shin^a, Moon-Cheol Shin^a, Yong-Jun Kang^a, In-Cheol Cho^{b,*}

^aSubtropical Livestock Research Institute, National Institute of Animal Science, Rural Development Administration, 59350 Jeju, Republic of Korea
^bKorea Zootechnics Research Institute, Chonbuk National University, 54031 Jeonju, Republic of Korea
^cInstitutional Science Research Institute, Jeju National University, 63243 Jeju, Republic of Korea

ARTICLE INFO

Keywords:
 Reproduction
 Positional candidate gene
 Single nucleotide polymorphism
 Swine

ABSTRACT

Previously, we reported a quantitative trait locus (QTL) that affects total teat number (TTN) on pig chromosome 7 (SSC7) in a large F₂ intercross population between Landrace and Korean native pigs. The aim of this study was to refine the QTL associated with TTN and to identify positional candidate gene(s) within the refined genomic region. TTN was recorded in 1105 F₂ progeny. All experimental animals were genotyped using 980 informative single nucleotide polymorphism (SNP) markers located on SSC7. A haplotype-based linkage and association analysis using the PHASEBOOK programme was applied to refine the QTL region. Additionally, linear mixed-effect models were used to assess the effect of a positional candidate gene on TTN and other economically important traits (i.e., thoracic vertebrae number (THO), carcass body length (CBL) and weight (CW), back fat thickness (BFT) and intramuscular fat content (IMF) in loin muscles). Joint linkage and association analysis refined the critical region to a 4.50 Mb region that included a novel positional candidate gene, *BRMS1L*, that encodes the breast cancer metastasis-suppressor 1-like protein, which could possibly be implicated in normal mammary gland development. Significant association of an SNP marker (g. -1087 G > A) in the 5'-flanking region of *BRMS1L* with TTN ($P = 1.10 \times 10^{-6}$), THO ($P = 5.80 \times 10^{-6}$), and CBL ($P = 0.038$) was observed. Based on these data, we propose *BRMS1L* as a positional candidate gene for TTN in pigs. After validation of the association in other independent populations, these results could be useful in optimizing breeding programmes that improve TTN and other economically important traits in swine.

1. Introduction

Total teat number (TTN) is one of the important reproduction-related traits in swine breeding programmes because it directly represents the mothering ability of sows. There has been a remarkable improvement in sow prolificacy during the past few decades by selective breeding. If the number of teats is less than the litter size, the piglet death rate could increase. Thus, TTN can affect the efficiency, production, and profitability of pig farms (Skjerveold, 1963; Merks et al., 2012).

In our previous genome-wide association study (GWAS) for TTN in an intercross between Landrace and Korean native pigs (KNPs), we localized genome-wide significant association signals on pig

chromosome 7 (SSC7) (Lee et al., 2014). The genomic location of the genome-wide significant SNP markers on SSC7 ranged from 16.6 Mb to 134.0 Mb (a region spanning approximately 117.4 Mb), which covered most of SSC7. Several other previous studies have also localized quantitative trait loci (QTLs) for TTN to this region (Sato et al., 2006; Bidanel et al., 2008; Duijvesteijn et al., 2014). This large QTL region can be accounted for by extensive linkage disequilibrium over relatively long distances in F₂ intercross populations. Therefore, it is necessary to conduct additional analyses to refine this genomic region to reliably identify positional candidate gene(s) associated with TTN.

This paper presents the refinement of a QTL on SSC7 that affects TTN by using a combined linkage and linkage disequilibrium (LALD) analysis in a large F₂ intercross between Landrace and Korean native

* Corresponding author.

E-mail address: choic-4753@kornu.kr (I.-C. Cho).

¹ These authors contributed equally to this work.

² Present address of H.-B. Park: Kongju National University, College of Industrial Sciences, Department of Animal Resources Science, 32439 Chungnam, Yeosu.

<https://doi.org/10.1016/j.livsci.2018.09.014>

Received 25 April 2017; Received in revised form 25 August 2018; Accepted 7 September 2018

1871-1413/© 2018 Published by Elsevier B.V.