

ARTICLE

돼지 질병 및 스트레스 저항성 관련 유전자형이 생산성에 미치는 영향

정 가 현¹ · 임 규 상^{1,2*}

¹공주대학교 동물자원학과, ²공주대학교 자원과학연구소

Effect of Disease and Stress Resistance Associated Genotypes on Productivity in Pigs

Ga-Hyeon Jeong¹, Kyu-Sang Lim^{1,2*}

¹Department of Animal Resource Science, Kongju National University, Chungnam 32439, Korea

²Resource Science Research Institute, Kongju National University, Chungnam 32439, Korea

Received: October 31, 2023
Revised: December 01, 2023
Accepted: December 18, 2023

*Corresponding author :
Kyu-Sang Lim
Department of Animal Resource
Science, Kongju National University,
Chungnam 32439, Korea
Resource Science Research Institute,
Kongju National University, Chungnam
32439, Korea
Tel : +82-41-330-1249
E-mail : kysang@kongju.ac.kr

Copyright © 2023 Resources Science
Research Institute, Kongju National University.
This is an Open Access article distributed
under the terms of the Creative Commons
Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0>)
which permits unrestricted non-commercial
use, distribution, and reproduction in any
medium, provided the original work is
properly cited.

ORCID

Ga-Hyeon Jeong
<https://orcid.org/0000-0002-1109-2700>
Kyu-Sang Lim
<https://orcid.org/0000-0001-5406-266X>

Abstract

Porcine infectious diseases are still causing great damage to the pig industry. Various molecular genetic analyses on improving stress or disease resistance have been continuously conducted to solve these obstacles. *GBP5* SNPs and *RYRI* SNPs are known to be casual mutations related to resistance to porcine reproductive respiratory syndrome virus (PRRSV) infection and porcine stress syndrome (PSS), respectively. The objective of this study was to validate the effect of the two SNP genotypes on basic economic traits related to productivity, including lean meat production capacity and meat quality in Landrace pigs. The pigs were genotyped by the PCR-RFLP method, and the unfavorable allele was not shown in the *RYRI* SNP locus. Regarding *GBP5* SNP locus, the frequency of the GT genotype, consisting of T allele resistant to PRRSV infection, was 0.13. In the association analysis of *GBP5* genotypes, there was no significant association between the productivity related traits ($p < 0.05$). The results implicated that the *GBP5* genotypes could be integrated to the typical breeding program without loss in their productivity.

Keywords

Disease resistance, *GBP5*, *RYRI*, Single nucleotide polymorphism, Productivity traits

1. 서론

양돈산업에 있어 전염병은 돈육 생산의 주요 손실 원인 중 하나로서(Morgan and Prakash, 2006), 폐사율 증가, 생산성 감소, 동물복지 감소, 무역제한 등 다양한 피해를 주고 있다(Morgan and Prakash, 2006; Dehove *et al.*, 2012). 국내에서 돼지 생식기 호흡기 증후군(porcine reproductive and respiratory syndrome, PRRS)은 매년 발생하고 있는 전염병으로 2017년부터 2023년까지의 발생건수는 241건에 달한다(국가가축방역통합시스템, 2023년 9월 현재). 이렇듯 PRRS는 양돈산업에서 경제적으로 막대한 손실을 유발하며, 현재까지 개발되어 이용되고 있는 PRRS백신도 그 효과가 제한적인 상황으로, 세계적으로 관리하기 가장 어려운 돼지질병 중 하나이다(Chae, 2021). 이에 따라, 그동안 적육생산능력, 육질 및 번식능력 향상에 초점이 맞추어져 있던 돼지 육종 프로그램의 목표가 최근에는 생존율, 강건성, 질병저항성 향상 등으로 확장되고 있다(Mellencamp *et al.*, 2008). 일반적으로 높은 방역수준을 유지하고 있는 중돈농장에서는 질병 및 스트레스 저항성과 관련된 형질을 측정하기 어려운 한계가 있어 전통적인 선발방법으로는 접근이 매우 제한적이었다. 이에, 질병저항성 향상을 위해 단일염기다

형성(single nucleotide polymorphism, SNP) 등 유전자 마커를 활용한 마커도움선발(marker assisted selection, MAS)이 하나의 대안으로 제시되어 왔다(Neumann *et al.*, 2021; Wakchaure *et al.*, 2015). 대표적인 예로 각각 PRRS 및 돼지스트레스증후군(porcine stress syndrome, PSS)의 주요 원인변이로 알려진 *GBP5* SNP 유전자형(Muñoz *et al.*, 2018; Koltes *et al.*, 2015)과 *RYR1* SNP 유전자형(Carolino *et al.*, 2007; Fujii *et al.*, 1991)이 있다.

전장 유전체 연관성 분석(genome-wide association study, GWAS)를 통해 PRRS 바이러스(PRRSV) 감염 후 바이러스혈증 및 체중증가와 관련된 돼지 4번 염색체의 양적형질좌위(quantitative trait loci, QTL)가 발견되었으며, 특히 이 영역 내 주요 마커로서 *GBP1*(guanylate-binding protein 1) 유전자의 WUR SNP(rs80800372; WUR10000125)(Boddicker *et al.*, 2012)가 보고되었다. 이후 Koltes 등(2015)은 PRRSV 저항성에 대한 원인변이로서 *GBP5* SNP(rs340943904)를 보고하였으며, WUR SNP와 연관불균형 상태에 있음을 확인했다. 이어진 다른 연구들에서도 *GBP5* SNP의 GT 유전자형을 가진 돼지가 GG 유전자형 돼지에 비해 낮은 바이러스 혈증, 높은 성장률을 나타내며, 항체반응을 강하게 나타내는 것으로 보고되었다(Kim *et al.*, 2021; Khatun *et al.*, 2020; Pena *et al.*, 2019).

이러한 SNP마커들을 MAS 프로그램에 효과적으로 적용시키기 위해서는 기존 육량, 육질 등 생산성 형질에 미치는 영향에 대한 확인이 필요하며, 몇몇 연구에서 수행되었다(Geraci *et al.*, 2019; Kim *et al.*, 2021). Geraci 등(2019)은 이탈리아 안코르사 집단에서 일당증체량, 등지방두께, 근내지방도 등에 유의적인 영향이 없는 것으로 보고했으나, Kim 등(2021)은 한국 재래 돼지(KNP)집단에서 *GBP5* SNP의 GG유전자형을 가진 돼지에 비해 GT 유전자형을 가진 돼지가 낮은 일당증체량을 나타낸 것으로 보고하였다. 따라서, *GBP5* SNP 유전자형이 생산성 형질에 미치는 영향은 품종 및 집단에 따라 다르게 나타나는 것으로 판단된다.

PSS는 스트레스성 과대사 증후군(Popovski *et al.*, 2016)으로, 유전적으로 스트레스에 민감한 돼지에서 높은 빈도로 이상육인 PSE육(pale, soft, exudative, PSE)이 발생했다(Fujii *et al.*, 1991; Guàrdia *et al.*, 2004). 골격근 내 칼슘조절에 관여하는 *RYR1* 유전자의 변이(rs344435545)가 PSE 발생과 주요하게 관련되어 있음이 보고되었으며(Fujii *et al.*, 1991), 불리한 유전형질을 갖는 T 대립유전자가 국내 집단에서 지속적으로 제거되었으며, 이로 인해 국내 PSE 발생률도 크게 감소했다(Hwang and Kim, 2002, Kim *et al.*, 2004).

이에 본 연구의 목적은 국내 랜드레이스(Landrace) 집단에서 PRRS저항성과 관련되어 있는 *GBP5* SNP 유전자형이 주요 생산성 관련 형질에 미치는 영향을 검증하며, 이와 더불어, PSE발생빈도와 관계 있는 *RYR1* SNP 유전자형에 대한 분석을 실시하여 그 빈도를 확인하는 것이다.

II. 재료 및 방법

공시재료 및 DNA 추출

국내에서 사육되고 있는 126두의 랜드레이스 돼지(거세수컷 74두, 암컷 52두)의 데이터를 사용하였다. 동물들은 유사한 주거 조건을 제공하는 3개의 농장에서 사육되었으며, 동일한 도축장에서 도축되었다. 랜드레이스 등심 조직시료에서 G-DEX™ IIc Genomic DNA Extraction Kit(Intronbio, Seongnam, Korea)를 이용해 제작사에서 제공한 protocol에 따라 추출하였다.

형질 측정

모든 형질은 Lee 등(2023)에 기술된 방법을 이용하여 측정하였다(Lee *et al.*, 2023). 사후 45분 이내에 8번째 흉추의 배최장근 중앙에서 근육 시료를 채취하였다. 근육 샘플을 $0.5 \times 0.5 \times 1.0 \text{ cm}^3$ 조각으로 잘라 액체 질소로 즉시 냉동하고, 다음 분석이 있을 때까지 -80°C 에 저장하였다. 13/14번째 흉추에서 spear type electrode(Model 290A; Orion Research Inc.; USA)를 사용하여 사후 45분 pH값($\text{pH}_{45\text{min}}$)을

측정하였다. 사후 24시간 뒤에 4°C에서 샘플 표면을 30분간 공기에 노출시키고, 8/9번째 흉추에서 chromameter(CR-300; Minolta Camera Co.; Japan)를 이용하여 명도(L^*)를 측정하였다. 보수력 항목으로 육즙손실량(drip loss)을 측정하기 위해 표면적이 표준화된 근육 샘플을 4°C에서 48시간 동안 팽창된 비닐 봉지에 매달고, 유리 육즙의 무게를 측정한 후 초기 샘플 무게에 대한 백분율로 표현하였다. 돈육 색상(NPPC color, Ncol)과 마블링 스코어(NPPC marbling, Nmar)는 NPPC(National Pork Producers Council) 돼지고기 품질 표준(Meisinger *et al.*, 1999)에 따라 결정되었다. 도체중량(carass weight, CW)은 도축 직후 측정하였다. 등심근 단면적(*longissimus dorsi* muscle area, LEA)은 흉추 제5번과 6번 사이의 가시근과 배최장근을 도체 등급판정용 면적자(1cm²)를 이용하여 단면적을 cm² 단위로 측정하였다. 온도체 등지방두께(hot backfat thickness, HBF)는 측정자를 등지방 측정위치에 척추와 직각으로 대고 측정하여, 마지막 흉추와 제1요추 사이의 등지방두께와 제11흉추와 제12흉추 사이의 등지방두께를 mm 단위로 측정한 평균값을 정수로 적용하였다.

Polymerase chain reaction - Restriction fragment length polymorphism(PCR-RFLP)을 이용한 유전자형 분석

*GBP5*와 *RYR1* SNP좌위에 대한 유전자형 분석을 실시하였다. 유전자형 분석을 위해 PCR-RFLP방법을 사용했으며, PCR을 수행하기 위해 Primer3(<https://primer3.ut.ee/>)를 이용하여 각 유전자에 위치한 SNP를 포함한 부위를 증폭하는 primer를 디자인하였다(Table 1).

추출된 DNA로부터 PCR은 T100 Thermal Cycler(BIO-RAD, Germany)을 이용하여 수행되었다. PCR 반응액의 총 부피는 20 μ L로, 증류수 12.7 μ L, 10 \times 반응 완충액(w/20 mM Mg²⁺) 2 μ L, 10 mM dNTPs(2.5 mM/each) 2 μ L, 각각 primer 10pM 1 μ L씩, i-MAXTMII DNA Polymerase(5U/ μ L) 0.3 μ L에 DNA template 1 μ L를 혼합하였다. PCR 반응은 94°C에서 5분간 pre-denaturation 한 후, 94°C에서 30초, *GBP5* SNP는 59°C, *RYR1* SNP는 60에서 30초, 72°C에서 30초의 과정을 33 cycle로 수행하고, 마지막 단계인 final extension 과정은 72°C에서 5분간 진행시켰다. 증폭된 DNA 산물은 3% agarose gel에서 전기영동을 실시하여 각각 414bp 및 412bp PCR단편을 확인했다. 유전자형 분석을 위하여 위 PCR 증폭산물을 Table 1에 제시되어 있는 제한효소를 이용하여 RFLP 분석을 실시하였다. 증폭된 PCR 산물 3 μ L에 각각 *Hha* I(20 U/ μ L) 또는 *Alu* I(10 U/ μ L) 0.3 μ L를 넣고, 10 \times 반응 완충액 0.7 μ L, 증류수 3 μ L를 넣어 7 μ L의 혼합물을 잘 섞어주고, 37°C 항온수조에서 2시간 반응하였다. 제한효소가 처리된 PCR 증폭산물은 3% agarose gel에서 전기영동을 실시하여 유전자형을 확인하였다.

통계분석

랜드레이스 돼지의 CW, LEA, HBF, pH_{45min}, L^* , Drip loss, Nmar 및 Ncor에 대한 기초통계량과 *GBP5* 유전자형의 효과를 각각 SAS program package 9.4(SAS Institute, Cary, NC, U.S.A)의 MEANS procedure와 GLM procedure을 이용하여 분석하였다. GLM 분석 모델에는 SEX, Block, *GBP5* 유전자형이 고정효과로 포함되어 있다. 결과는 최소 제곱 평균과 표준오차로 나타내었으며, 유전자형별 유의성(p<0.05)을 검정하였다.

Table 1. Information on primer sets and restriction enzymes for genotyping

Gene	SNP ID	Sequence	PCR size	Enzyme
<i>RYR1</i>	rs344435545	F : TCC TTT CCT CCT CTG CTG AT R : CTA AGC TCT GGG GTC AAA GG	414 bp	<i>Hha</i> I
<i>GBP5</i>	rs340943904	F : TGC AAG ACA GAA ACG CTA CC R : CAA TAC CTG CTG GTG CAG TC	412 bp	<i>Alu</i> I

III. 결과 및 고찰

측정형질에 대한 기초 통계량

Table 2는 육량 및 육질 형질에 대한 기술 통계량을 요약한다. CW의 평균은 84.00±7.29 kg, LEA의 평균은 35.50±4.49 cm², HBF의 평균은 18.00±3.89 mm이다. pH_{45min}의 평균은 6.06±0.26, L*의 평균은 46.14±1.91, Drip loss의 평균은 3.49±1.55 %이다. Nmar의 평균은 1.88±0.67, Ncol의 평균은 2.8±30.50이다.

GBP5 및 RYR1 유전적 다형성 및 빈도 확인

Fig. 1은 GBP5 SNP의 PCR산물(412 bp) 및 제한효소 *Alu* I을 이용한 RFLP에 의해 구분된 3가지 유전자형을 나타낸다. G 대립유전자는 *Alu* I 효소에 의해 158 bp, 120 bp, 97 bp와 38 bp 밴드를 보이며, T 대립유전자는 278 bp, 97 bp, 38 bp 밴드를 보인다.

총 126두에 대한 GBP5 SNP 유전자형 분석 결과, 대부분 GG 유전자형으로 나타났으며(0.85), PRRSV감염에 저항성을 갖는 T 대립유전자를 포함하는 GT 및 TT 유전자형의 빈도는 각각 0.13, 0.02로 나타났다(Table 3). 이에 G와 T 대립유전자들의 빈도는 각각 0.91, 0.09로 나타났다.

Table 2. The descriptive unadjusted statistics for productivity-related traits

Traits	N ¹⁾	Mean	S.D ²⁾	Minimum	Maximum
Lean meat production ability					
CW (kg)	126	84.00	7.29	71.00	106.00
LEA (cm ²)	126	35.50	4.49	24.00	54.00
HBF (mm)	126	18.00	3.89	10.00	31.00
Meat quality					
pH _{45min}	117	6.06	0.26	5.45	6.84
L*	125	46.14	1.91	41.55	50.28
Drip loss (%)	125	3.49	1.55	0.87	7.66
Nmar	125	1.88	0.67	1.00	4.17
Ncol	125	2.83	0.50	1.67	4.00

¹⁾ Number of animals.

²⁾ Standard deviation.

CW, carcass weight; LEA, *longissimus dorsi* muscle area; HBF, hot backfat thickness; Nmar, NPPC marbling; Ncol, NPPC color.

Table 3. Genotype and allele frequencies of GBP5 and RYR1 loci

Gene	SNP ID	N	Genotype			Allele	
			GG	GT	TT	G	T
GBP5	rs340943904	126	0.85	0.13	0.02	0.91	0.09
			(107) ¹⁾	(16)	(3)		
RYR1	rs344435545	80	1.00	0.00	0.00	1.00	0.00
			(80) ¹⁾	(0)	(0)		

N, number of experimental pigs.

¹⁾ Numbers in bracket indicate the numbers of experimental animals.

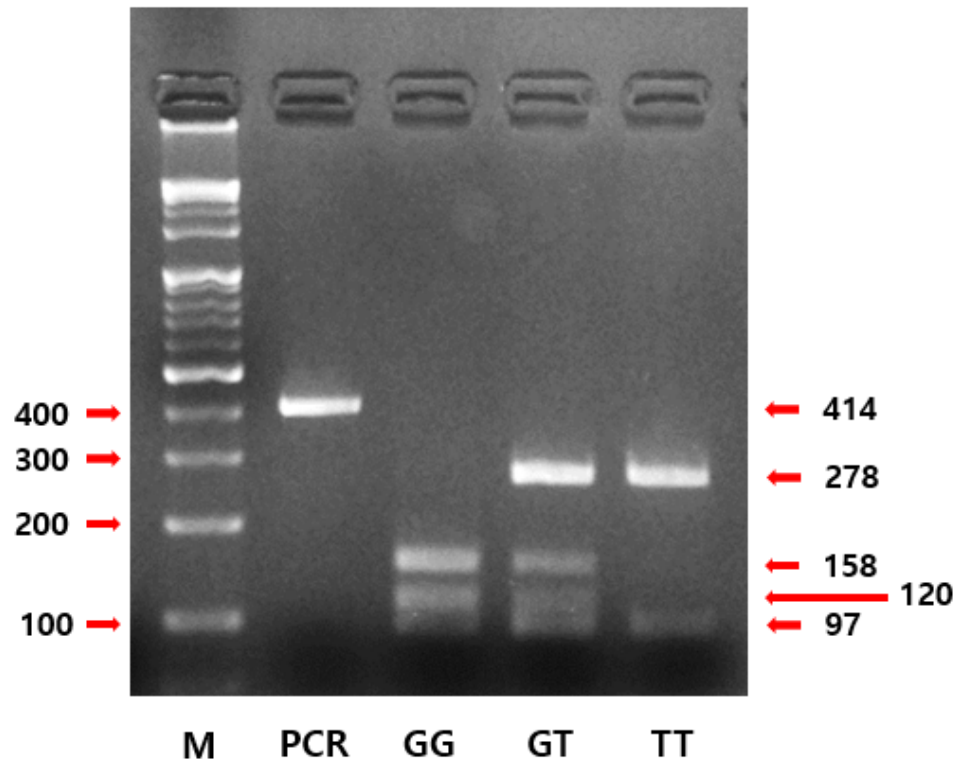


Fig. 1. PCR-RFLP patterns using *Alu* I for *GBP5* SNP(rs340943904). PCR amplified 414bp DNA fragment digested with the restriction enzyme *Alu* I. Lane 1 represents 100bp size markers, and Lane 2 represents *GBP5* PCR product(412bp). Lanes 3 to 5 represent *GBP5* SNP genotypes, GG, GT, and TT types in order.

PSS는 *RYRI*의 염기변이에 의해 발생하는 증후군이다(Fujii *et al.*, 1991). 또한 국내에서 사육되고 있는 랜드레이스 PSS 유전자형 빈도 실험 결과, 2002년에는 NN 유전자형이 55.3%, Nn 31.6%, nn 13.2%였으며, 2004년에는 NN 87.64%, Nn 11.24%, nn 1.12%로 열성동형접합체 즉, PSE 육을 발생하는 *RYRI* SNP TT 유전자형 돼지가 점점 도태되어 가고 있는 것을 확인할 수 있다(Hwang *et al.*, 2002, Kim *et al.*, 2004). 이를 통해 변이가 없을 것으로 예상하였으며, 본 연구에서는 전체 랜드레이스 126두 전체에서 분석하지 않고 배치별로 8~9두씩 선별하여 총 80두에서 유전자형 분석을 하였다. 그 결과, 예상과 같이 T대립유전자는 나타나지 않았고 모두 CC 유전자형을 보였으며(Table 3), PSS DNA마커가 양돈현장에서 효과적으로 적용된 사례임을 확인할 수 있었다.

Pena 등(2019) 또한 저항성이 있는 유전자형인 GT type은 248두 중 82두로 0.33의 낮은 빈도를 보였으며, 본 분석에서도 0.13으로 낮았다. 이는 DNA 마커를 이용한 PSS와 같이, *GBP5* SNP를 이용하면 PRRS에 대한 MAS 효과를 기대할 수 있을 것이다.

***GBP5* SNP(rs340943904)와 육량·육질형질 간의 연관성 분석**

이전 연구에서 *GBP5* SNP(rs340943904)와 생산성 관련 형질들 간의 연관성 분석 결과는 유의성이 보이지 않았지만(Geraci *et al.*, 2019), 국내 랜드레이스 집단 내에서의 연관성 연구가 없는 실정이다. 따라서, 저항성이 있는 것으로 알려진 T대립유전자를 포함하고 있는 GT 및 TT 유전자형과 GG 유전자형에 대해 생산성 관련 형질 간의 연관성 분석을 실시하였다(Table 4).

Table 4. Results of the association study between productivity-related traits and *GBP5* rs340943904 SNP

Traits	Genotype		p-value
	GG (n=107)	GT&TT (n=19)	
Lean meat production ability			
CW (kg)	84.61 (0.60) ¹⁾	86.53 (1.47)	0.2312
LEA (cm ²)	35.58 (0.43)	35.92 (1.06)	0.9573
HBF (mm)	17.90 (0.35)	18.85 (0.86)	0.3080
Meat quality			
pH _{45min}	6.06 (0.02) ¹⁾	6.14 (0.06)	0.2408
L*	46.00 (0.17)	45.96 (0.43)	0.9264
Drip loss (%)	3.53 (0.15)	3.93 (0.36)	0.3029
Nmar	1.86 (0.07)	2.01 (0.17)	0.4049
Ncol	2.88 (0.05)	2.96 (0.11)	0.5352

¹⁾ Standard error of least square means.

CW, carcass weight; LEA, *longissimus dorsi* muscle area; HBF, hot backfat thickness; Nmar, NPPC marbling; Ncol, NPPC color.

GBP5 SNP 유전자형과 육량형질(CW, LEA, HBF) 및 육질형질(pH_{45min}, L*, Drip loss, Nmar, Ncol) 간의 연관성 분석 결과, 두 유전자형 간의 유의한 차이는 보이지 않았다. *GBP5* SNP 유전자형 및 대립유전자 빈도 결과, 현재 국내 랜드레이스 집단 내에서 GT 유전자형 빈도가 126두 중 16두로 나왔기 때문에 *GBP5* SNP를 이용한 PRRS 저항성 관련 선발 프로그램을 활용했을 때 PSS처럼 효과가 기대가 된다. 또한, *GBP5*를 질병저항성과 관련된 돼지 선발 프로그램을 활용하더라도 기존에 중요 시되는 생산성 관련 형질들에는 크게 영향을 주지 않을 것으로 판단된다. 향후에 질병저항성 관련 유전인자들에 대해서도 본 연구와 같이 생산성 관련 형질들과의 관계를 확인하는 연구가 필요할 것이다.

IV. 요약

본 연구는 양돈산업에 큰 피해를 주는 질병 및 스트레스와 관련된 *RYR1*과 *GBP5* SNP들의 유전자형 및 대립유전자의 빈도를 확인하고, *GBP5* SNP와 생산성 관련 형질들 간의 연관성을 알아보고자 실시하였다. 본 분석한 모든 개체들은 *RYR1* SNP에 대해 모두 CC 유전자형을 나타냈다. 또한, PRRSV 감염에 따른 숙주내 PRRSV 증식 및 일당증체량과 관련된 *GBP5* SNP는 주요 육량 및 육질형질들 간의 유의적인 연관성은 보이지 않았다. 따라서, PSS를 유발하는 *RYR1* 유전자의 T대립유전자의 빈도는 국내 집단에서 매우 효과적으로 감소된 것으로 판단되며, 이와 더불어 *GBP5* 유전자형은 기존 생산성 관련 형질에 크게 영향을 주지 않으면서 PRRS에 대한 저항성을 향상시킬 수 있는 DNA 마커로 이용될 수 있을 것으로 판단된다.

V. 사사

본 연구는 공주대학교 3단계 산학연협력 선도대학 육성사업(LINC 3.0) 및 한국연구재단 생애첫연구사업(과제번호 1711196497)의 지원으로 수행되었습니다.

VI. 참고문헌

1. Boddicker, N., Waide, E. H., Rowland, R. R., Lunney, J. K., Garrick, D. J., Reecy, J. M., & Dekkers, J. C. 2012. Evidence for a major QTL associated with host response to porcine reproductive and respiratory syndrome virus challenge. *Journal of Animal Science* 90:1733-1746.
2. Carolino I, Vicente A, Sousa C.O., Gama L.T. 2007. SNaPshot based genotyping of the *RYRI* mutation in Portuguese breeds of pigs. *Livestock Science* 111:264-269.
3. Chae C. 2021. Commercial PRRS modified-live virus vaccines. *Vaccines*, 9:185.
4. Dehove A, Commault J, Petitclerc M, Teissier M, Macé J. 2012. Economic analysis and costing of animal health: a literature review of methods and importance. *Rev Sci Tech* 31:605-604.
5. Fujii, J., Otsu, K., Zorzato, F., de Leon, S., Khanna, V. K., Weiler, J. E., O'Brien, P. J., & MacLennan, D. H. 1991. Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia. *Science (New York, N.Y.)* 253:448-451.
6. Geraci C., Varzandi A. R., Schiavo G., Bovo S., Ribani A., Utzeri V. J., Galimberti G., Buttazzoni L., Ovilo C., Gallo M., Dall'Olio S., Fontanesi L. 2019. Genetic markers associated with resistance to infectious diseases have no effects on production traits and haematological parameters in Italian Large White pigs. *Livestock Science* 223:32-38.
7. Guàrdia, M. D., Estany, J., Balasch, S., Oliver, M. A., Gispert, M., & Diestre, A. 2004. Risk assessment of PSE condition due to pre-slaughter conditions and *RYRI* gene in pigs. *Meat Science* 67:471-478.
8. Hwang EK, Kim YS. 2002. Detection of the Ryanodine receptor gene mutation associated with porcine stress syndrome from pig hair roots by PCR-RFLP. *Korean J Vet Res* 42:65-71.
9. Khatun, A., Nazki, S., Jeong, C. G., Gu, S., Mattoo, S. U. S., Lee, S. I., Yang, M. S., Lim, B., Kim, K. S., Kim, B., Lee, K. T., Park, C. K., Lee, S. M., & Kim, W. I. 2020. Effect of polymorphisms in porcine guanylate-binding proteins on host resistance to PRRSV infection in experimentally challenged pigs. *Veterinary Research* 51:14.
10. Kim, G. W., Kim, J. W., Yoo, J. Y., Park, H. Y. 2004. Detection of porcine stress syndrome from genomic DNA of hair follicle by PCR-RFLP in breeding pig. *Reproductive & Developmental Biology* 28:37-43.
11. Kim, S., Cho, E. S., Kim, Y. S., Lim, Y., Jeong, S. A., Song, M., Lee, K. T., & Kim, J. M. 2021. Novel insight into linkage disequilibrium and additive effect of *GBPI* and *GBP5* SNP haplotypes associated with porcine reproductive and respiratory syndrome virus susceptibility in Korean native pigs. *Animal Genetics* 52:897-898.
12. Koltes, J. E., Fritz-Waters, E., Eisley, C. J., Choi, I., Bao, H., Kommadath, A., Serão, N. V., Boddicker, N. J., Abrams, S. M., Schroyen, M., Loyd, H., Tuggle, C. K., Plastow, G. S., Guan, L., Stothard, P., Lunney, J. K., Liu, P., Carpenter, S., Rowland, R. R., Dekkers, J. C., ... Reecy, J. M. 2015. Identification of a putative quantitative trait nucleotide in guanylate binding protein 5 for host response to PRRS virus infection. *BMC Genomics* 16:412.

13. Lee, S. H., Lee, S. H., Park, H. B., & Kim, J. M. 2023. Estimation of genetic parameters for pork belly traits. *Animal Bioscience* 36:1156–1166.
14. Meisinger, D. J., McKeith, F. K., Forrest, J., Morgan, M., & Brewer, M. S. 1999. New NPPC color and marbling standards. In *Proc. 52nd Annual Recip. Meat Conf* 4:20.
15. Mellencamp MA, Galina-Pantoja L, Gladney CD, Torremorell M. 2008. Improving pig health through genomics: a view from the industry. *Dev Biol (Basel)* 132:35-41.
16. Morgan N, Prakash A. 2006. International livestock markets and the impact of animal disease. *Rev Sci Tech* 25:517-528.
17. Muñoz, M., Bozzi, R., García, F., Núñez, Y., Geraci, C., Crovetto, A., García-Casco, J., Alves, E., Škrlep, M., Charneca, R., Martins, J. M., Quintanilla, R., Tibau, J., Kušec, G., Djurkin-Kušec, I., Mercat, M. J., Riquet, J., Estellé, J., Zimmer, C., Razmaite, V., ... Óvilo, C. 2018. Diversity across major and candidate genes in European local pig breeds. *PloS one* 13:e0207475.
18. Neumann, G. B., Korkuć, P., Arends, D., Wolf, M. J., May, K., Reißmann, M., Elzaki, S., König, S., & Brockmann, G. A. 2021. Design and performance of a bovine 200 k SNP chip developed for endangered German Black Pied cattle (DSN). *BMC Genomics* 22:905.
19. Pena, R. N., Fernández, C., Blasco-Felip, M., Fraile, L. J., & Estany, J. 2019. Genetic markers associated with field PRRSV-induced abortion rates. *Viruses* 11:706.
20. Popovski, Z. T., Tanaskovska, B., Miskoska-Milevska, E., Andonov, S., & Domazetovska, S. 2017. Associations of biochemical changes and maternal traits with mutation 1843 (C>T) in the *RYR1* gene as a common cause for porcine stress syndrome. *Balkan Journal of Medical Genetics : BJMG* 19:75–80.
21. Wakchaure, Rajesh & Ganguly, Subha & Praveen, Praveen & Kumar, Avinash & Sharma, Subhash & Mahajan, Tanvi. 2015. Marker assisted selection (MAS) in animal breeding: A review. *Journal of Drug Metabolism and Toxicology (OMICS Group, USA)* 6:1-4.