

IGFBP2 유전자 C1032T SNP가 닭의 산란 및 육량 형질에 미치는 영향

최소영¹ · 원종영¹ · 김중대² · 홍영호³ · 정동기⁴ · 이성진^{1*}

강원대학교 동물생명과학대학¹, 농촌진흥청 국립축산과학원², 중앙대학교 동물생명공학과³, 제주대학교 생명과학부⁴

Effects of C1032T SNP in *IGFBP2* Gene on Growth and Egg Production Traits in Chickens

So-Young Choi¹, Jong-Young Won¹, Chong-Dae Kim², Yeong Ho Hong³, Dong-Kee Jeong⁴ and Sung-Jin Lee^{1*}

¹College of Animal life Sciences, Kangwon National University, Korea,

²Poultry Science Division, National Institute of Animal Science, R.D.A., Korea,

³Department of Animal Science and Technology, Chung-Ang University, Korea,

⁴Department of Animal Biotechnology, Cheju National University, Korea

ABSTRACT

The insulin-like growth factor binding proteins (IGFBPs) is involved in the regulating effects and the biological activities of the insulin-like growth factors (IGFs). Recently, It has been reported that the *IGFBP2* gene polymorphism was associated growth and skeletal development in chicken. This study was designed to investigate the association of the C1032T SNP of *IGFBP2* gene with growth and egg production traits in Korean native chicken (KNC) population as well as other chicken breeds. A total of 225 chickens from the three breeds (Rhode Island Red, Cornish, Leghorn) and 245 chickens from the six strains of Korean native chickens including Black, Gray, Ogol, Red, White, and Yellow, were genotyped by PCR-RFLP (polymerase chain reaction-restricted fragment length polymorphism) and analyzed the association between their genotypes and economic traits by SAS program. The results showed that the SNP (single nucleotide polymorphism) was significantly associated with multiple traits, including body weight of 150 days ($p < 0.001$ and $p < 0.05$) in the Rhode Island Red and the KNC (White) and egg production number ($p < 0.05$) in the KNC (Black) breed. These results suggest that *IGFBP2* C1032T SNP could be used as a DNA marker for the improvement of economic traits in Korean native chicken breeding.

(Key words: *IGFBP2*, SNP, PCR-RFLP, Korean native chicken, Economic traits)

I. 서론

우리 민족의 주요한 단백질 공급원이던 한국재래계는 1900년도 이후 조선총독부의 개량품종 확대와 축산물 수

요 증가와 개량종의 높은 생산성에 비해 경제성이 낮아 사육지역이 매우 감소하여 현재는 일부 소규모 농가를 기반으로 사육되고 있다(Kim 등, 2011). 경제성장에 따라 소비자들의 소비 기준이 양이 많은 개량종 육계보다 육질이 좋

* Corresponding author: Sung-Jin Lee, Dept. of Animal Biotechnology, College of Animal Life Sciences, Kangwon National University, Chuncheon 200-701, Korea. Tel: +82-33-250-8636, E-mail: sjlee@kangwon.ac.kr

것하고 글라이신, 알라닌, 프롤린 등 맛과 관련된 아미노산의 함량이 높아 한국인의 입맛에 맞는 재래계에 대한 선호도가 높아지고 있다(Choe 등, 2010; Fukunaga 등, 1989).

Genome project에 의한 사람 유전체 염기서열 분석을 필두로 경제동물의 유전체 염기서열의 분석이 활발히 진행되었으며 닭의 경우 2004년도에 염기서열 분석 초안이 발표된 이후 GenBank(www.ncbi.nih.gov/Genbank)등을 통해 유전자 정보를 공유하며 현재는 유전체의 구조에 대한 연구뿐만 아니라 유전자의 기능을 이해하여 유전정보를 활용하기 위한 연구가 활발히 진행되고 있다(Wallis 등, 2004; Jung 등 2008). 특히 유전자 상의 분자유전학적 마커를 활용한 선발(marker-assisted selection, MAS)은 오랜 시간과 많은 노동력을 필요로 하던 전통적인 선발육종방식의 단점을 보완 할 수 있는 방법으로 대두되고 있다. 최근 돼지와 소의 경우에 유용한 경제형질을 가지는 우수한 개체로 개량하는데 DNA marker를 활용하여 선발의 정확도를 높이는데 활용하고 있으며 닭의 경우에도 유전체 상의 단일염기의 변이를 의미하는 SNP(single nucleotide polymorphism)과 경제형질간의 연관성 분석을 위한 연구가 계속되었다(Kim 등, 2013; Jung 등, 2008).

간에서 합성되어 포유류 및 조류의 성장과 발달에 관여한다고 알려진 인슐린 유사 성장인자(Insulin-like Growth Factor, 이하 IGF)는 IGF-1과 IGF-2로 분류되며 인슐린 유사 성장인자 결합단백질(Insulin-like Growth Factor Binding Protein, IGFBP)에 결합하여 혈장내에 존재하는 것으로 알려져 있다(Oelz 등, 1970; Bacxter, 1986). 현재까지 6종의 IGFBP가 있음이 보고되었으며, 그중에서도 *IGFBP2*는 체내에 두 번째로 많이 존재하는 IGF 결합단백질로 IGF-1보다 IGF-2에 우선적으로 결합한다. *IGFBP2*가 세포 표면에 결합하거나, 단백질 분해효소에 의해 IGF와의 유리되지 않으면 IGF가 세포의 IGF 수용체에 결합하는 것이 불가능하기 때문에 *IGFBP2*의 유전적 변이는 IGF의 활성화에 영향을 미칠것이라 사료된다(Russo 등, 1997; Bunn 등, 2003).

Li 등(2006)의 복부지방을 기준으로 선발된 중국 Northeast Agricultural University의 부계축군 5계통과 중국재래종의 산란계 암컷과의 F2 교배종 1,208수를 대상으로 수행한 선행 연구에서 *IGFBP2* 유전자 내 C1032T SNP가 닭의 체중과 골형성에 유의적인 연관성이 있는 것으로 나타났다.

따라서 본 연구에서는 닭의 성장 및 골형성과 관련이 있는 *IGFBP2* 유전자의 단일염기의 변이와 재래계의 성장 및 산란 형질에서의 효과를 PCR-RFLP방법으로 계군의 변이를 확인하고 경제형질과의 유의적 검증을 통하여 확인함으로써 *IGFBP2* 유전자 내 C1032T SNP이 고능력의 재래

계 선발을 위한 DNA marker로서의 활용가능성을 알아보고자 하였다.

II. 재료 및 방법

1. 공시재료 및 DNA추출

본 연구에 사용된 공시재료는 축산과학원에서 사육된 닭의 날개정맥에서 추출한 혈액을 제공받았다. 경제형질 조사 항목으로는 150일령 체중(BW 150), 270일령 체중(BW 270), 시산일령(AFE), 시산난중(WFE), 산란수(EPN), 난중(EW) 등 6가지 항목의 기록된 측정치를 사용하였다.

2. DNA추출

닭의 적혈구에서 DNA를 추출하기 위한 전처리 단계로 1X Red Blood Cell Lysing Buffer(Sigma-Aldrich, USA)를 90 μ l, 적혈구 시료를 10 μ l, 1X SSC를 100 μ l를 첨가한 용액을 실온에서 10 분간 보관하였다. 이후 적혈구가 용해된 200 μ l의 시료를 G-spin total DNA extraction kit(Intron Biotechnology, Korea)를 이용하여 닭의 genomic DNA를 추출하였다. 추출한 genomic DNA는 1.5% 아가로오스겔 전기영동을 통해 확인하였으며 NanoDrop 2000 분광감도계(Thermo Scientific, USA)를 이용하여 DNA농도 및 순도를 측정 한 후 실험에 이용하였다.

3. PCR-RFLP를 이용한 *IGFBP2* 유전자 SNP의 유전자형 분석

본 연구에서는 재래계 및 외래계를 대상으로 *IGFBP2* 유전자의 C1032T SNP의 유전자형을 확인하기 위해서 Li 등(2006)의 실험을 위해 고안된 primer sequence를 GenBank(Accession No. NC_006094.3)에서 검토 후 유전체 증폭에 활용하였다(Table 1). DNA증폭을 위해 Veriti[®] 96-Well Thermal Cycler(Applied Biosystems, USA)를 사용하였으며 주형의 genomic DNA 50ng, forward primer 10pmol, reverse primer 10pmol, 각각의 dNTP 2.5mM과 20mM Mg²⁺를 포함하는 PCR reaction buffer, *Taq* DNA polymerase(Intron Biotechnology, Korea) 1.0U를 첨가하여 PCR반응액을 총 20 μ l로 조성하여 다음과 같은 반응 조건을 수행하였다.

Table 1. Information of primer pairs used in this study

| Primer name | Sequence | Annealing T _m (°C) |
|-------------|---------------------------|-------------------------------|
| Forward | 5'-GTCCCAGATAAACCTTGCT-3' | 56 |
| Reverse | 5'-GCTGGCAAGGGGTCTG-3' | |

PCR은 94°C에서 7분간 최초 변성 후 94°C에서 40초간 변성, 56°C에서 40초간 primer 결합, 72°C에서 40초간 DNA 증합효소에 의한 신장, 이상 3단계를 33번 반복하여 유전체를 증폭하였으며 최종 72°C을 7분간 유지함으로 반응을 종결하였다. 증폭된 산물은 1.5% 아가로오스 겔 상에서 전기영동을 실시하여 증폭여부 및 산물의 크기를 확인하였다.

증폭산물의 특정부위를 인지하여 제한효소에 의해 절단된 양상을 확인하기 위해 *Eco*ZI 효소(Fermentas Life Sciences, USA)를 사용하였다. 제한효소의 반응을 위해 PCR 증폭산물 10μl와 *Eco*ZI 5U, 10X reaction buffer 2μl를 포함하는 총 20μl의 반응용액을 조성하여 37°C에서 5분간 배양하였다. DNA절편양상은 ethidium bromide(EtBr)이 첨가된 2% 아가로오스 겔 상에서 Genesta™ DNA ladder(GeneAll Biotechnology, Korea)와 함께 전기영동을 실시하여 UV상에서 확인하여 절편의 유무와 절편의 길이를 확인 할 수 있었다.

4. 통계분석

한국재래계 *IGFBP2* 유전자에 대한 각 유전자형과 경제형질과의 연관성을 분석하기 위한 통계분석은 SAS 9.2 package(SAS Institute, USA)를 이용하여 PROC GLM (general linear model) 방법으로 통계분석 하였으며, SNP 유전자형 효과의 유의성이 나타난 형질에 대해서는 Duncan's multiple range test에 의한 유전자형별 유의성 검정을 실시하였다. 통계분석에 이용한 모형은 다음과 같다.

$$Y_{ij} = \mu + G_i + e_{ij}$$

위 식에서, Y_{ij} 는 육종가 추정치, μ 는 각 육종가의 평균 값, G_i 는 i 번째 SNP 유전자형의 효과를, e_{ij} 는 임의오차를 나타낸다.

III. 결과 및 고찰

IGFBP2 유전자의 C1032T SNP과 재래계 및 외래계의 경제형질과의 연관성 분석을 위해서 닭의 150일령 체중,

270일령 체중, 시산일령, 시산난중, 산란수, 난중을 측정하였으며 PCR-RFLP방법을 이용하여 변이에 따라 다르게 나타나는 DNA 절편을 전기영동법을 통하여 확인하였다. 관측된 절편의 양상은 3가지였으며, 각각 CC유전자형이 368bp, TT유전자형이 266bp, 102bp이며, CT유전자형이 368bp, 265bp, 103bp로 확인되었다.

Li 등(2006)의 중국 Northeast Agricultural University의 부계축군 5계통과 중국재래종의 산란계 암컷과의 F2교배종 1,208수를 대상으로 실시한 연구 결과는 CT유전자형의 빈도가 0.53으로 가장 높게 나타났으며, TT유전자형의 빈도가 0.24, CC유전자형의 빈도가 0.23으로 이형접합의 빈도가 과반수 이상으로 높게 나타났다. 로드아일랜드 레드, 레그혼, 코니쉬 및 6계통의 한국재래계를 대상으로 SNP의 유전자형을 확인하여 각각 유전자형의 빈도를 확인한 결과 종마다 유전자형 빈도가 상이하게 나타났으며 레그혼, 재래계(Gray)와 같은 일부 계통은 오랜 육종과정을 통해서 특정 유전자형으로 고착 된 것을 확인 할 수 있었다(Table 2).

로드아일랜드 레드, 레그혼, 코니쉬 및 한국재래계 6계통을 대상으로 닭의 성장과 C1032T SNP간의 연관성 분석을 위해서 150일령과 270일령에 체중을 각각 측정하였으며, 산란성적과의 연관성 분석을 위해 시산일령, 시산난중, 270일령 산란수, 난중을 측정하였다.

선행연구에서는 *IGFBP2* 유전자 C1032T SNP의 TT 유전자형을 가진 집단이 다른 두가지 유전자형을 가진 집단에 비해 1주령부터 15주령까지의 체중이 전반적으로 높게 나타났으며 SNP과 닭의 체중 및 골격형성의 연관성을 보고 한 바 있다. 본 실험에서는 닭의 150일령 체중과 C1032 TSNP의 연관성분석을 통해 로드아일랜드 레드종에서 유의적($p < 0.05$)인 연관성을 발견 할 수 있었다 (Tables 3, 4). 선행연구 논문의 결과와는 달리 난육 겸용종으로 개량되어 온 로드아일랜드 레드 집단과 대부분의 재래계군에서는 CC유전자형을 가진 집단의 체중이 높게 나타났는데 비해, 오직 재래계(White)에서만 TT유전자형 집단의 체중이 다른 유전자형 집단의 체중에 비해 유의적으로 높게 나타났음을 확인 할 수 있었다. 이러한 차이는 종간의 차이에 기인한 것으로 특히 재래계(White)군의 체중은 육용계인 코니쉬에 비교하면 150일령 체중이

Table 2. Allele and genotype frequencies for the C1032T SNP in *IGFBP2* gene in chicken breeds

| Breed | No. of animals | Allele frequency | | Genotype frequency | | |
|------------------|----------------|------------------|------|--------------------|------|------|
| | | C | T | CC | CT | TT |
| Rhode Island Red | 83 | 0.36 | 0.64 | 0.10 | 0.52 | 0.39 |
| Leghorn | 73 | 0.32 | 0.68 | 0.08 | 0.48 | 0.44 |
| Cornish | 69 | 0.01 | 0.99 | 0.00 | 0.03 | 0.97 |
| KNC (Black) | 41 | 0.33 | 0.67 | 0.10 | 0.46 | 0.44 |
| KNC (Gray) | 44 | 0.86 | 0.14 | 0.73 | 0.27 | 0.00 |
| KNC (Ogol) | 41 | 0.60 | 0.40 | 0.24 | 0.71 | 0.05 |
| KNC (Red) | 39 | 0.44 | 0.56 | 0.10 | 0.67 | 0.23 |
| KNC (White) | 42 | 0.68 | 0.32 | 0.45 | 0.45 | 0.10 |
| KNC (Yellow) | 38 | 0.14 | 0.86 | 0.03 | 0.24 | 0.74 |

Table 3. Association of the C1032T SNP in *IGFBP2* gene with body weights in the three foreign chicken breeds

| Trait | Genotype | Breed | | |
|---------------------|----------|-----------------------------|----------------|---------------|
| | | Rhode Island Red | Cornish | Leghorn |
| BW150 ¹⁾ | CC | 2136.88±126.70 ^A | 3729.17±82.76 | - |
| | CT | 1968.49±30.43 ^A | 3746.29±42.83 | 1355.0±30.0 |
| | TT | 1843.28±28.47 ^B | 3771.56±66.89 | 1590.97±25.58 |
| | p-value | p<0.001 | NS | NS |
| BW270 ²⁾ | CC | 2254.38±98.66 | 4136.67±113.16 | - |
| | CT | 2201.40±34.64 | 3822.43±70.26 | 1507.5±137.5 |
| | TT | 2203.75±30.59 | 3870.31±92.25 | 1729.70±26.70 |
| | p-value | NS | NS | NS |

¹⁾ BW150; Body weight of 150 days, ²⁾ BW270; Body weight of 270 days.

^{A,B} Different superscripts with in columns are significantly different (p<0.001).

NS Means non significance.

Table 4. Association of the C1032T SNP in *IGFBP2* gene with body weights in Korean native chicken breeds

| Trait | Genotype | Strain of Korean native chickens | | | | | |
|---------------------|----------|----------------------------------|---------------|---------------|----------------|------------------------------|---------------|
| | | Black | Gray | Ogol | Red | White | Yellow |
| BW150 ¹⁾ | CC | 2200±138.76 | 1704.38±37.60 | 1663.5±50.85 | 2091.25±141.90 | 1548.15±36.34 ^a | 1825 |
| | CT | 2028.95±42.23 | 1630.83±52.58 | 1723.10±47.34 | 2018.08±53.05 | 1697.89±47.06 ^b | 1845.56±69.03 |
| | TT | 2041.11±69.95 | - | 1652.5±52.5 | 1873.89±91.00 | 1723.75±116.66 ^{ab} | 1780±77.61 |
| | p-value | NS | NS | NS | NS | p<0.05 | NS |
| BW270 ²⁾ | CC | 2398.33±160.99 | 1860.47±42.11 | 1905.0±52.66 | 2437.5±99.22 | 1690.52±38.17 | 2105 |
| | CT | 2287.63±54.71 | 1784.17±63.77 | 2019.14±56.66 | 2492.88±74.39 | 1800±49.03 | 2213.89±79.25 |
| | TT | 2338.06±88.24 | - | 1922.5±147.5 | 2188.33±117.75 | 1913.75±181.04 | 2158.75±91.72 |
| | p-value | NS | NS | NS | NS | NS | NS |

¹⁾ BW150; Body weight of 150 days, ²⁾ BW270; Body weight of 270 days.

^{a,b} Different superscripts with in columns are significantly different (p<0.05).

NS Means non significance.

1kg 이상 적으며, 오골계를 제외한 다른 재래계와 비교해도 200g 넘게 차이가 날 정도로 재래계 중에서도 가장 증체율이 낮은 계군이므로 *IGFBP2* 유전자 C1032T SNP 뿐만 아니라 보다 많은 SNP에 대한 연구가 더 필요할 것으로 판단되며 이를 기초로 이러한 SNP 데이터는 재래계(White)의 체중 증대를 위한 육종에 활용 가능할 것으로 사료된다.

IGFBP2 유전자 C1032T SNP과 닭의 산란형질과의 연관성은 Li 등(2006)에 의한 연구에서 밝혀진 바 없지만 재래계는 주로 산란과 육용을 겸하는 겸용종으로 사육되며, 재래계의 보존과 육종을 위해서는 산란수를 비롯한 산란형질 또한 매우 중요하다. 따라서 본 연구에서는 SNP와 닭의 산란형질과의 연관관계를 조사하였다. 닭의 주요한 산란형질(시산일령, 시산난중, 산란수, 난중)에 대한 연관성 분석결과 재래계(Black)에서 산란수와 연관성($p < 0.05$)를

확인 할 수 있었다(Table 5).

특히 재래계(Black)와 재래계(Yellow)에서 이형접합성 유전자형인 CT유전자형이 가장 높은 산란수를 보였지만 재래계(Black)와 재래계(Yellow)를 포함한 대부분의 재래계 집단에서 C유전자형을 가지는 개체집단 보다는 T유전자형을 가지는 개체집단의 성적이 좋게 나타났다(Table 5). 반면에 재래계(Red)에서는 CC유전자형을 가진 계군의 성적이 높게 나타났는데 각 유전자형 간의 차이가 크지 않으며 개체수를 늘려 실험을 수행하면 보정이 가능 할 것이라고 사료된다. 산란수 형질을 제외한 다른 산란형질에서는 유전자형에 따른 경제형질의 유의적인 차이를 보이지는 않았지만 TT유전자형을 가지는 집단의 시산일령이 다른 유전자형 집단에 비해 조금 빠르게 나타나며, 시산일령과 270일령 난중에서는 CC유전자형이 더 좋게 나타났다 (Table 6).

Table 5. Association between the *IGFBP2* C1032T SNP and egg production number from birth to 270 days of age in chicken breeds

| Genotype | Breed | | | | | | | | |
|----------|------------------|------------|-------------|-------------------------|------------|------------|------------|-------------|--------------|
| | Rhode Island Red | Cornish | Leghorn | KNC (Black) | KNC (Gray) | KNC (Ogol) | KNC (Red) | KNC (White) | KNC (Yellow) |
| CC | 107.5±4.70 | 60.67±9.77 | - | 83.00±6.18 ^a | 80.87±2.85 | 80.2±6.31 | 92.00±9.40 | 81.21±5.40 | 91 |
| CT | 105.09±1.86 | 53.17±4.21 | 101.5±16.50 | 98.21±3.07 ^b | 83.08±1.96 | 91.03±2.75 | 87.54±3.29 | 87.47±3.35 | 103.33±2.37 |
| TT | 107.56±1.62 | 53.12±4.03 | 110.12±2.30 | 85.06±4.85 ^a | - | 94.5±13.5 | 90.56±3.91 | 92.5±11.86 | 94.86±4.49 |
| p-value | NS | NS | NS | $p < 0.05$ | NS | NS | NS | NS | NS |

^{a,b} Different superscripts with in columns are significantly different ($p < 0.05$).
NS Means non significance.

Table 6. Association of the *IGFBP2* C1032T SNP with egg production traits in Korean native chickens

| Trait | Genotype | Strain of Korean native chickens | | | |
|--------------------------|----------|----------------------------------|-------------|--------------|-------------|
| | | Black | Gray | Ogol | White |
| EW ¹⁾ (g) | CC | 56.30±1.25 | 49.807±0.62 | 53.47±0.87 | 49.52±0.84 |
| | CT | 56.24±0.78 | 48.57±1.23 | 52.99±0.72 | 50.18±1.06 |
| | TT | 55.56±1.00 | - | 50.55±2.95 | 46.53±0.99 |
| | p-value | NS | NS | NS | NS |
| AFE ²⁾ (days) | CC | 144.00±2.58 | 146±3.23 | 151.2±3.59 | 149.26±2.91 |
| | CT | 135.47±2.29 | 140±3.44 | 147.96±2.63 | 149.79±3.04 |
| | TT | 137.47±2.39 | - | 143.00±17.00 | 143.75±9.31 |
| | p-value | NS | NS | NS | NS |
| WFE ³⁾ (g) | CC | 39.75±3.01 | 33.28±0.87 | 37.5±0.80 | 31.17±1.16 |
| | CT | 36.53±1.33 | 31.83±1.06 | 36.62±0.94 | 32.11±0.98 |
| | TT | 36.94±1.15 | - | 34.5±0.5 | 31.25±2.17 |
| | p-value | NS | NS | NS | NS |

¹⁾ EW; Egg weight, ²⁾ AFE; Age at first egg, ³⁾ WFE; Weight of first egg.
NS Means non significance.

재래계의 국내 고유의 종계로서의 가치를 높이기 위해서는 외래육계와 산란계에 필적할 만한 육량과 산란형질의 개선이 필요하다. 따라서 재래계의 효과적인 육종을 위한 보조적인 수단으로 활용할 유전적 표지인자를 검증하였으며 보다 큰 계군을 대상으로 한 보완실험을 할 필요가 있으나 *IGFBP2* 유전자 C1032T SNP은 유난히 육량형질이 부진한 재래계(White)의 재래계군의 육량형질을 증진하고 재래계 전반의 산란형질을 향상 시키는데 도움이 될 것이라 사료된다.

IV. 요약

IGF는 간에서 합성되어 IGFBP에 결합한 형태로 혈액을 통해 순환하다 결합 단백질로부터 유리되면 수용체에 결합하여 포유류 및 조류의 성장과 발달에 관여한다. 중국의 토종닭에서의 육량성적 및 골격형성과 *IGFBP2* 내의 변이와의 상관관계는 밝혀진 바 있으나 이를 한국재래계의 선발을 위한 마커로 이용하기 위해서는 재래계 집단내에서 활용가능성을 확인할 필요가 있으며, 한국 재래계는 산육과 산란을 겸하는 겸용종으로 산육뿐만 아니라 산란에 대한 검증이 필요하다. 따라서 본 연구는 기존에 보고된 *IGFBP2* 유전자의 C1032T SNP과 한국 재래계의 산란 및 산육성적과의 연관성을 분석하고 재래계와 외래종의 차이점을 발견하고자 PCR-RFLP방법을 사용하여 유전자형분석을 실시하였다. 외래종(로드아일랜드 레드, 레그혼, 코니쉬) 225수와 모색에 의해 구분되는 한국재래계 6계통(Black, Gray, Ogol, Red, White, Yellow) 245수를 대상으로 선행연구를 참고하여 한 쌍의 프라이머를 제작하여 PCR을 수행하였으며, PCR증폭산물을 *EcoZ1* 제한효소를 사용하여 유전자형에 따른 절편길이의 차이를 확인 하였다. 확인된 유전자형과 150일령, 270일령 체중과 4가지 산란형질(시산일령, 시산난중, 산란수, 난중) 측정치와의 연관성을 SAS program을 이용하여 분석한 결과 로드아일랜드 레드종과 재래계(White)군에서 150일령 체중과 C1032T SNP과의 유의적인 연관성을 확인 할 수 있었다. 또한 재래계(Black)군 내에서 SNP의 유전자형이 산란수와 유의적인 연관관계에 있음을 확인하였다. *IGFBP2* 유전자 C1032T SNP은 재래계통 중에서도 육량성적이 낮은 재래계(White)의 체중증대와 재래계 전반에 걸쳐 산란성적을 높이기 위한 육종의 보조적인 수단으로서 활용 할 수 있을 것이라 사료된다.

사사

본 연구는 GSP 종축사업단 프로젝트(PJ009925012015)에 의해 이루어졌습니다.

V. REFERENCES

1. Baxter, R. C. 1986. The somatomedins: Insulin-like growth factors. *Adv. Clin. Chem.* 25:49-115.
2. Bunn, R. C. and Fowlkes, J. L. 2003. Insulin-like growth factor binding protein proteolysis. *Trends Endocrinol. Metab.* 14:176-181.
3. Choe, J. H., Nam, K., Jung, S., Kim, B., Yun, H. and Jo, C. 2010. Differences in the quality characteristics between commercial Korean native chickens and broilers. *Korean J. Food Sci. Ani. Resour.* 30(1):13-19.
4. Fukunaga, T., Koga, K., Maita, Y. and Matsuoka, S. 1989. Free amino acid, carnosine and 5'-inosinic acid contents in the breast and leg meats from the cross and tripe-cross chickens of Satsuma native fowl. *Bull. Fac. Agric. Kagoshima Univ.* 39:223-232.
5. Jung, K. C., Lee, Y. J., M. S. A. Bhuiyan, Jang, B. K., Choi, K. D. and Lee, J. H. 2008. Genotype analysis of apoVLDL-II gene in Korean Chicken Breeds. *Korean J. Poult. Sci.* 35(4):335-339.
6. Kim, H., Choi, S. Y., Lee, J. Y., Hong, Y. H. and Lee, S. J. 2013. Current status of study about association of SNPs on meat quantity and egg production traits in chickens: An overview. *Ann. Anim. Resour. Sci.* 24(2):178-188.
7. Kim, M. J. 2011. The Study on the Significance of Chickens based on the Korean Folk Cultural Perspectives. Konyang University. A master's thesis.
8. Li, Z. H., Li, H., Zhang, H., Wang, S. Z., Wang, Q. G. and Wang, Y. X. 2006. Identification of a single nucleotide polymorphism of the insulin-like growth factor binding protein 2 gene and its association with growth and body composition traits in the chicken. *J. Anim. Sci.* 84:2902-2906.
9. Oelz, O., Jakob, A. and Froesch, E. R. 1970

- Nonsuppressible insulin-like activity (NSILA) of human serum. V. Hypoglycaemia and preferential metabolic stimulation of muscle by NSILA-S. *Eur. J. Clin. Invest.* 1(1):48-52.
10. Rajaram, S., Baylink, D. J. and Mohan, S. 1997. Insulin-Like growth factor-binding proteins in Serum and Other Biological Fluids: Regulation and Functions. *Endocr. Rev.* 18(6):801-831
11. Rechler, M. M. and Brown, A. L. 1992. Insulin-like growth factor binding proteins: Gene structure and expression. *Growth Regul.* 2(2):55-68.
12. Roghani, M., Lassarre, C., Zapf, J., Pova, G. and Binoux, M. 1991. Two insulin-like growth factor (IGF)-binding proteins are responsible for the selective affinity for IGF-II of cerebrospinal fluid binding proteins. *J. Clin. Endocrinol. Metab.* 73(3):658-666.
13. Russo, V. C., Bach, L. A., Fosang, A. J., Baker, N. L. and Werther, G. A. 1997. Insulin-like growth factor binding protein-2 binds to cell surface proteoglycans in the rat brain olfactory bulb. *Endocrinology.* 138(11):4858-4867.
14. Wallis, J. W., Aerts, J., Groenen, M. A., Crooijmans, R. P., Layman, D., Graves, T. A., Scheer, D. E., Kremitzki, C., Fedele, M. J., Mudd, N. K., Cardenas, M., Higginbotham, J., Carter, J., McGrane, R., Gaige, T., Mead, K., Walker, J., Albracht, D., Davito, J., Yang, S. P., Leong, S., Chinwalla, A., Sekhon, M., Wylie, K., Dodgson, J., Romanov, M. N., Cheng, H., de Jong, P. J., Osoegawa, K., Nefedov, M., Zhang, H., McPherson, J. D., Krzywinski, M., Schein, J., Hillier, L., Mardis, E. R., Wilson, R. K. and Warren, W. C. 2004. A physical map of the chicken genome. *Nature.* 432(7018):761-764.

(Received 13 May 2015, Revised 09 June 2015, Accepted 10 June 2015)