

넙치 성장호르몬 유전자 제 2 인트론 영역의 다형 분석 및 유전자 marker로서의 활용

강 정하^a*, 문 은정^b, 이 상준^b, 이 정호^a, 김 경길^a

^a 국립수산과학원 남해수산연구소 어류육종연구센터

^b 국립수산과학원 생명공학연구단

육종형질과 관련된 유전자 marker 혹은 특정 유전자의 다형 marker 등에 의한 선발은 표현형과 유전자형을 동시에 포함하게 되므로 생물의 사육 초기에서도 최종단계에서 발견될 특성을 미리 선발할 수도 있고, 만약 계획적인 육종 프로그램이 확립되어 있다면 유용 유전자 marker를 가지는 친어를 선발하여 우량 개체만 생산할 수 있는 교배 지침을 작성할 수 있으므로 분자육종을 가능하게 한다. 본 연구는 넙치 성장관련유전자의 두 번째 인트론 영역의 polymorphism 규명 및 성장형질과의 LD (linkage disequilibrium)를 조사할 수 있는 유전자 marker로서의 활용 가능성을 검토하였다.

넙치 성장호르몬 유전자의 polymorphism 분석을 위해 성장호르몬 유전자 내 총 5개 인트론 부위를 각각 증폭할 수 있는 primer쌍을 제작하여 PCR 하였고, 그 결과 제1 및 제2인트론 영역에 다형의 존재함을 확인하였다. 그 외의 영역 (제3, 4, 5 인트론)에서는 길이에 의한 어떠한 다형도 존재하지 않았다. 특히 제2인트론 영역은 매우 높은 다형성을 나타내고 있어 아가로스 젤 상에서도 약 390 bp 에서 850 bp 사이에 15개 이상의 대립형 (allele)이 존재하고 있었다. 이들 다형을 구체적으로 조사하기 위해 제2 인트론 영역의 염기서열을 분석한 결과, 이들 영역 내에는 (GT)_n repeat microsatellite 배열의 존재함으로 인해 그들의 반복 unit 수에 따라 length polymorphism이 발생하고 있음을 알 수 있었다. 이들의 다형성 정도는 매우 높았으며 di-nucleotide repeat 차이를 분리해 내기 위해서는 정확한 sizing에 의한 genotype 분석이 필수적이다.

본 연구에서는 동일한 환경조건에서 사육된 넙치를 성장차이에 따라 지연그룹과 속성장 그룹으로 나누어 각각의 개체들이 가지고 있는 성장호르몬 유전자 다형 pattern과 성장형질과의 연관성 분석을 실시하고 있고 이를 위해 ABI 3100 sequencer를 이용하여 1kb standard marker에 의한 GeneScan 방법으로 large molecular size genotyping을 진행 중 이다.

*Corresponding author: jhkang@nfrdi.re.kr