

Association between *IDH3B* Genotypes and Economic Traits in a Crossbred F₂ Population between Duroc and Jeju Native Black Pigs

Hee-Bok Park^{1†}, Sang-Hyun Han^{2*}, Yong-Jun Kang¹, Moon-Cheol Shin¹, Jae-Bong Lee³ and In-Cheol Cho^{1*}

¹Subtropical Livestock Research Institute, National Institute of Animal Science, Rural Development Administration, Jeju 63242, Korea

²Educational Science Research Institute, Jeju National University, Jeju 63243, Korea

³Korea Zoonosis Research Institute, Chonbuk National University, Iksan 54531, Korea

Received December 30, 2016 / Revised February 17, 2017 / Accepted February 17, 2017

This study examined the association between genotypes of the *isocitrate dehydrogenase 3, beta subunit (IDH3B)* gene and economic traits in an F₂ population of Duroc and Jeju (South Korea) native black pigs (JBPs). The genotypes was determined the presence/absence of a 304-bp insertion/deletion fragment in the promoter region of the *IDH3B* gene for JBP, Duroc, and their F₁ and F₂ progeny. Three genotypes (*AA*, *AB* and *BB*) were found in the F₁ and F₂ populations, but there was no *AA* genotype found in JBP and no *BB* in Duroc. Association analysis showed the significant differences with carcass weights (CW), backfat thicknesses (BFT) and eye muscle area (EMA) ($p < 0.05$), but not with growth traits including body weights and average daily gains at different stages, reproductive traits including teat numbers, and crude fat contents (CFAT) measured in *longissimus dorsi* ($p > 0.05$). The F₂ pigs possessing the *IDH3B BB* homozygote had heavier CW (72.92 ± 11.133 kg), thicker BFT (25.75 ± 6.06 mm), and larger EMA (23.82 ± 4.825 cm²) than those from the other genotypes ($p < 0.05$). These results were estimated that there are biological roles related with *IDH3B* genotypes resulting development of EMA, BFT, and CW but not with intramuscular fat deposition during late period of pig production. Our findings suggest that the 304-bp insertion allele of porcine *IDH3B* may be a genetic marker for marker assistant selection for improving meat productivity of the Jeju Black pig and Duroc-related molecular breeding systems.

Key words : Association, Duroc, economic trait, *IDH3B*, Jeju Native Black pig

서 론

국민소득의 향상과 삶의 질에 대한 관심이 증가함에 따라, 단백질 공급원으로써의 돈육 소비도 양 위주에서 맛 위주의 소비로 변화하고 있다. 제주도에서 오랜 기간 동안 사육되어 온 제주재래돼지(Jeju Native Black pig, JBP)는 전신이 흑모색이며, 개량종에 비해 고기의 식감이 좋고, 육색이 더 선명한 붉은 색을 띄며, 근내지방 함량이 높으나, 산자수가 적고, 사료 효율이 낮아 성장속도가 느리고, 등지방이 두껍다는 단점들이 있어[5, 13, 21, 22], JBP 품종을 단독으로 흑돼지산업에 적용하기 보다는 산육성과 산자수가 뛰어난 다른 품종과의 교배를 통한 산업화 연구가 시도되고 있다[1-4, 15, 27]. 반면 Duroc 품종은 환경적응성이 뛰어나고, 산육량이 좋으면서 육질이 우

수하여, Landrace, Large White 등과 삼원교잡이나 다원교잡을 통해 비육돈을 생산하는 양돈산업에서 최종 종모돈(terminal sire)로써 우리나라를 비롯한 전세계적으로 널리 이용되고 있다[16, 26].

근래에 한국재래돼지(Korean Native pig, KNP)와 외국 돼지품종들 사이에서 생산된 교배축군에 대한 분자유전학적 연구를 통해 몇몇 육질, 성장, 모색 등에 대한 양적형질좌위(quantitative trait loci, QTL)와 후보유전자들 탐색결과들이 보고되었다[3, 5, 8, 9, 20, 27]. KNP×Landrace 교배에서 등지방두께와 근내지방도 관련 QTL이 돼지 염색체 6번(*Sus scrofa* chromosome 6, SSC6), SSC7, SSC8에 있으며[6, 15, 17], *IDH3B*, *ryanodine receptor 2 (RYR2)*, *prostaglandin I2 synthase (PTGIS)*, *nuclear protein 4 (NOLA)* 등의 유전자들이 지방축적과 연관되어 있다고 제안되었다[18]. 한편, 중국 재래돼지 품종인 Meshian과 유럽 품종인 Large White의 교배에서 *IDH3B*의 promoter 상에 존재하는 유전적 변이가 *IDH3B* 유전자 발현의 차이를 나타내면서 등지방 축적에 관여하며, 특히 promoter에 304-bp 절편이 삽입된 대립 유전자가 유럽 기원의 돼지 품종들에서 더 높은 빈도를 나타낸다고 하였다[23]. 또한 Landrace와 JBP 교배에서 *IDH3B*의 유전자형이 등지방두께, 도체중, 도체장에 유의적인 차이를 나타낸다고 보고되었다[15].

† Authors contributed equally.

*Corresponding author

Tel : +82-64-754-5710, Fax : +82-64-754-5713

E-mail : choic4753@korea.kr

This is an Open-Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0>) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

하지만 JBP와 Duroc의 교배축군에 대한 유전적 특성에 관한 연구결과는 아직 보고된 바 없다. 이에 본 연구에서는 JBP와 Duroc의 상호교배 F₂ 자손의 번식형질, 성장형질, 도체형질 등 경제형질에 대한 *IDH3B* 유전자형의 상관관계를 살펴보고자 하였다.

재료 및 방법

공시동물

연구를 위해 JBP와 Duroc 품종간 교배에서 생산된 F₂ 집단을 이용하였다. 모든 동물의 생산과 관리는 농촌진흥청 국립축산과학원 난지축산연구소에서 수행하였다. 최초 부모 세대 (F₀)인 JBP (암컷 4 두, 수컷 3 두), Duroc (암컷 7 두, 수컷 3 두)을 종빈돈과 종모돈으로 F₁ 세대 130 두(암컷 69 두, 수컷 61 두)를 생산하였다. 이 중 암컷 30 두와 수컷 6 두를 선발하여 F₂ 438 두(암컷 187 두, 수컷 251 두)를 생산하였고, F₁의 교배 시 암수의 선발은 최초 부모의 품종과 반대로 선발하였다. F₁과 F₂의 모든 수컷은 거세하지 않았다. 동물실험은 제주대학교 동물실험윤리위원회의 승인(승인번호 2015-0023)을 받았으며 위원회의 동물실험 취급과 관리에 따른 규정에 준하여 수행하였다.

DNA 분리 및 *IDH3B* 유전자형 결정

사육과정에서 출생 후 선천성 기형이나 허약으로 도태된 개체들을 제외하여, F₁ 124 두(암컷 66 두, 수컷 58 두), F₂ 395 두(암컷 222 두, 수컷 173 두)의 전혈을 수집하거나, 도축 이후 근육을 수집하여 genomic DNA에 이용하였다. DNA 분리는 Sambrook et al. [25]의 방법을 변형하여 수행하였다. 백혈구와 근육조직은 nuclei lysis buffer로 가수분해하고, 가수분해 시 RNase를 함께 처리하였다. 이후 3 M sodium acetate (pH 5.2) 용액을 첨가하여 단백질을 제거하였으며, DNA는 에탄올 침전법으로 회수하고 TE (10 mM Tris, pH 7.2; 1 mM EDTA, pH 8.0) 용액에 수화하여 보관하였다. 준비한 DNA는 NanoDrop ND-1000 spectrophotometer (NanoDrop Technologies, USA)로 흡광도를 측정 후 A₂₆₀/A₂₈₀, A₂₆₀/A₂₃₀ 비율이 모두 1.8 이상인 용액들을 중합효소연쇄반응(polymerase chain reaction, PCR)의 주형으로 이용하였다. *IDH3B* 유전자형의 결정을 위해 Kang et al. [15]에 의해 고안된 primer들을 이용하였다. PCR 반응은 100 ng의 DNA, 1.0 nmole의 primer F와 R, 2.5 units의 *i-Taq* DNA polymerase (Intron Biotechnology, South Korea)를 포함하여 25 μ l가 되게 하였다. PCR은 95°C에서 3분 간 초기 변성한 후, 94°C-30 초, 60°C-60 초, 72°C-60 초의 반응을 35 회 반복하고, 72°C에서 5 분간 최종 신장시켰다. 증폭된 PCR 산물은 1.5% agarose gel 상에서 전개한 후 UV-조사를 통해 확인하였다. *IDH3B* 유전자형은 Ren et al. [23]의 방식에 따라 promoter 상에서 304-bp 절편이 삽입된

경우(648-bp)는 대립 유전자 A, 결실된 경우(344-bp)는 대립 유전자 B로 판독하였다. 각각의 유전자형에서 추가적인 염기 변이의 유무는 AA와 BB 유전자형을 보유한 3 개체의 PCR 산물을 정제한 후 DNA sequencing을 수행하여 확인하였다. DNA sequencing은 PCR 증폭 시 이용한 primer들을 그대로 이용하여 수행하였고, MegaBACE 1000 automated sequencer (Amersham-Pharmacia, USA) 상에서 전개하였다. JBP, Duroc, F₁, F₂ 축군의 *IDH3B*의 대립 유전자 A와 B, 유전자형 AA, AB, BB의 분포와 빈도, 유전적 다양성 지수는 CERVUS 3.0.7 program [14]을 이용하여 비교하였다.

경제형질 측정 및 통계분석

생산된 모든 개체들은 3주령(생후 21일)에 이유하였으며, 출생 시 체중(birth weight, BW), 3주령 체중(body weights at 3th week, 3WW), 10주령 체중(body weights at 10th week, 10WW), 20주령(body weights at 20th week, 20WW)에 측정하였다. 출생 시, 유두수는 좌측 유두수(left teat number, TeatL)와 우측 유두수(right teat number, TeatR)를 측정하였고, 전체 유두수(total number of teats, totalTN)를 산출하였다. 일당증체량(average daily gain, ADG)은 출생부터 이유 시까지의 이유기 일당증체량(wearing ADG, wADG), 이유 후부터 10주령의 초기 일당증체량(early ADG, eADG), 10주령부터 20주령의 후기 일당증체량(late ADG, lADG)을 측정된 BW, 3WW, 10WW, 20WW를 이용하여 산출하였다. 평균 200일령에 출하한 돼지를 도축한 후 도체중(carass weight, CW), 24 시간 예냉 후 등지방두께(backfat thickness, BF)와 등심단면적(eye muscle area, EMA)을 측정하였다. 도체의 등심의 일부를 절개하여 등심 내 지방산 함량(crude fat content, cFat) 측정에 이용하였다. 도체성적은 축산물평가원 제주지원의 전문 등급 판정사에 의해 측정된 결과를 이용하였다. 각각의 경제형질에 대한 *IDH3B* 유전자형의 효과는 SAS ver 8.01 program package/PC [24]의 General linear model (GLM) procedure를 이용하여 추정하였다. 통계모델은 $Y = \mu + genotype + \varepsilon$ (여기서, Y = 표현형, μ = 전체평균, genotype = *IDH3B* 유전자형 AA, AB, BB의 효과, ε = 임의의 잔차값)를 이용하였고, 성별효과는 고려하지 않았다. 평균값의 차이는 Duncan's multiple range test로 유전자형별 유의차 검정을 실시하였다.

결과 및 고찰

JBP, Duroc, F₁, F₂의 *IDH3B* 유전자형의 분포

연구에 이용한 JBP, Duroc, F₁, F₂ 집단에서 *IDH3B* 유전자의 대립 유전자 빈도와 분포를 분석하였다(Table 1). *IDH3B* 유전자의 promoter 상에서 A, B 두 개의 대립 유전자와 AA, AB, BB 세 가지 유전자형이 검출되었다. F₁과 F₂의 경우 세 가지 유전자형(AA, AB, BB)이 모두 검출되었으나, JBP에서는 AA

Table 1. Genotype distribution of *IDH3B* gene in founder, F₁ and F₂ populations

Population	<i>IDH3B</i> genotype			No. of animals tested	Allele		χ^2	Diversity parameter*		
	AA	AB	BB		A	B		Ho	He	PIC
JBP	0.000	0.429	0.571	7	0.214	0.786	n.d.	0.429	0.363	0.280
Duroc	0.700	0.300	0.000	10	0.850	0.150	n.d.	0.300	0.268	0.222
F ₁	0.073	0.734	0.194	124	0.440	0.560	27.76	0.734	0.495	0.371
F ₂	0.195	0.509	0.296	395	0.449	0.551	0.212	0.509	0.495	0.372

* , Ho, He, and PIC indicate the values of observed heterozygosity, expected heterozygosity, and polymorphic information content, respectively.

유전자형이 발견되지 않았고, B 대립 유전자의 빈도는 0.786을 나타내었다. Duroc은 BB 유전자형이 발견되지 않았고, A 대립 유전자의 빈도는 0.850이었다. Ren et al. [23]의 연구결과에서도 유럽 돼지품종들(Large White, Landrace, Duroc)은 A 대립 유전자의 빈도가 월등히 높으며, 중국 재래돼지품종인 Meishan과 Tongcheng은 B 대립 유전자의 빈도가 높으며, AA 유전자형은 발견되지 않는다고 기술하였다. Kang et al. [15]의 보고 역시, JBP의 *IDH3B* 유전자형 중 AA는 발견되지 않고, B 대립 유전자의 빈도가 97.37%, Landrace는 BB 유전자형은 없고, A 대립 유전자의 빈도가 85.3%로 검출되었다고 하였다. 이상의 결과들은 우리나라와 중국의 재래돼지품종들에서는 *IDH3B* A 대립 유전자의 빈도가 대단히 낮고, 유럽 돼지품종들은 매우 높게 나타난다는 점에서 유사한 결과를 보였다.

F₂ 집단의 경제형질과 *IDH3B* 유전자형의 연관

IDH3B 유전자형과 F₂의 출생 시 수집한 번식형질인 유두수 (teatL, teatR, totalTN)와 출생 시 체중(BW)의 연관성을 분석하였다(Table 2). 조사된 번식형질 중에서 *IDH3B* 유전자형에 대한 유의적인 차이를 나타내는 형질은 없었다($p>0.05$). 성장

형질로 측정된 3주령체중(3WW), 10주령체중(10WW), 20주령체중(20WW)과 일당증체량(wADG, eADG, lADG) 역시 *IDH3B* 유전자형에 따른 통계적인 유의차는 없었다($p>0.05$). 조사된 도체형질 중 등심 내 조지방함량(cFat)은 *IDH3B* 유전자형에 따른 유의적인 차이는 없었다($p>0.05$). 반면, 도체중(CW), 등지방두께(BFT), 등심단면적(EMA)의 수준은 *IDH3B* 유전자형에 따라 유의적인 차이를 나타내었다($p<0.05$). CW는 F₂ 전체의 평균이 69.72±11.571 kg으로 조사되었고, *IDH3B* 유전자형 AA인 동형접합 개체들은 평균 72.92±11.133 kg으로, BB (68.19±11.173 kg), AB (69.28±11.802 kg)보다 약 3 kg 이상 더 무거웠다. BFT의 경우 전체 F₂는 평균 24.18±5.858 mm의 수준이나, *IDH3B* AA 개체들은 평균 25.75±6.06 mm로, BB (23.42±5.557 mm), AB (23.98±5.864 mm)보다 약 1.7 mm 이상 더 두꺼웠다. EMA는 전체 평균이 21.55±4.161 cm²이나, AA 개체들은 23.82±4.825 cm²로, BB (21.33±4.406 cm²), AB (20.71±3.459 cm²)보다 약 2.5 cm² 이상 더 넓었다.

연구결과에서 *IDH3B* promoter의 유전적 다형성은 JBP×Duroc F₂ 집단에서 번식형질과 성장형질에 대한 연관성이 없었으나($p>0.05$), CW, BFT, EMA 등 도체형질에 대해서는 유의

Table 2. Mean and SE of traits in a Duroc×JBP F₂ population

Trait ¹	Overall	<i>IDH3B</i> genotypes			P	Significance ²
		AA	AB	BB		
BW (kg)	1.8±0.397	1.81±0.469	1.83±0.357	1.75±0.406	0.248	n.s.
TeatL	6.88±0.743	6.97±0.676	6.84±0.747	6.9±0.784	0.429	n.s.
TeatR	6.95±0.762	6.97±0.654	6.97±0.76	6.89±0.84	0.654	n.s.
totalTN	13.83±1.276	13.94±1.094	13.81±1.267	13.78±1.416	0.691	n.s.
3WW (kg)	6.51±1.549	6.80±1.733	6.42±1.552	6.44±1.383	0.195	n.s.
10WW (kg)	26.12±5.939	27.03±5.779	25.42±5.028	26.70±7.309	0.104	n.s.
20WW (kg)	68.05±9.982	69.67±10.46	67.90±10.307	67.07±8.882	0.321	n.s.
wADG (kg/day)	0.22±0.071	0.24±0.081	0.22±0.071	0.22±0.064	0.153	n.s.
eADG (kg/day)	0.40±0.11	0.42±0.098	0.39±0.092	0.41±0.141	0.102	n.s.
lADG (kg/day)	0.61±0.114	0.61±0.102	0.61±0.125	0.60±0.103	0.850	n.s.
CW (kg)	69.72±11.571	72.92±11.133 ^a	69.28±11.802 ^b	68.19±11.173 ^b	0.041	*
BFT (mm)	24.18±5.858	25.75±6.06 ^a	23.98±5.864 ^{ab}	23.42±5.557 ^b	0.049	*
EMA (cm ²)	21.55±4.161	23.82±4.825 ^a	20.71±3.459 ^b	21.33±4.406 ^b	0.031	*
CFAT (%)	5.35±3.195	5.3±2.827	5.44±3.456	5.22±3.003	0.870	n.s.

¹, all abbreviations of each trait are given in the Materials and Methods section.

², LS Mean ± SE values in the same row are significantly different at 5% (*) significance thresholds. n.s. indicates not significant.

적인 차이를 나타내었다($p < 0.05$). 이는 *IDH3B* 유전자형이 돼지의 초기발생이나 20주령까지는 뚜렷한 영향을 미치지 않지만, 20주령 이후 도축 시까지 비육단계에서의 등심과 등지방의 발달에 차이를 유발하는 것으로 보인다. 특이할 만한 점은 *IDH3B* 유전자형에 따른 등심 내 조지방함량 수준은 유의적인 차이를 나타내지 않는다는 점으로($p > 0.05$), 이 결과들을 *IDH3B* promoter 상의 304-bp 삽입/결실 다형성을 나타내는 유전자형들이 20주령 이후 근내지방의 축적과 상관없이 등지방과 등심의 발달과정에서 특이적인 생물학적 기능을 수행하고 있다고 추정된다.

IDH3B 유전자 다형성이 돼지의 경제형질에 미치는 영향

*IDH3B*는 nicotinamide adenine dinucleotide (NAD)-특이적 IDH (NAD-IDH)의 beta 소단위체를 암호화하고, NAD-IDH는 Krebs 회로에서 isocitrate를 alpha-ketoglutarate로 전환시키고, NAD+를 NADH로 환원시키는 효소로써, 세포 내 에너지대사에 필수적인 효소이다[7, 10, 12]. 사람의 미토콘드리아에서 IDH3의 결핍은 retinitis pigmentosa를 유발하는 몇 가지 증례가 보고되었다[11]. MacDonald et al. [19]은 미토콘드리아에서 IDH3가 결핍되더라도 세포질성 IDH1의 활성화에 의해 보정될 수 있다고 제안하였다. 한편 돼지에서의 연구들 중에서 Ren et al. [23]은 중국재래돼지 품종들과 유럽 품종들의 등지방에서 차등 발현되는 유전자들을 조사하여, *IDH3B*의 isoform들이 유럽 품종들에서 전형적으로 증가된 발현 양상을 나타냄을 확인하였다. 또한 Large White×Meishan F₂ 축군에서 *IDH3B* 유전자 promoter에 304-bp 절편을 보유한 개체들은 BFT가 두꺼운 수준을 보인다고 하였다. Landrace×KNP F₂ 집단에서 *IDH3B*가 지방 축적과 연관된 핵심적인 유전자 마커들 중 하나로 제안되었고[18], Landrace×JBP F₂에서는 *IDH3B* promoter의 유전자 다형성이 도체형질 중 CW, 도체장, BFT의 수준에 유의적인 차이를 나타내었으나, EMA, 육색, 근내지방도의 수준에는 유의적인 차이를 보이지 않는다고 기술하였다[15]. 본 연구의 결과에서도 304-bp 절편을 보유한 AA에서 BFT, CW가 증가한다는 점은 기존의 연구결과들[15, 23]과 유사하나, EMA 수준에서 유의적 차이를 나타내는 것은 또 다른 결과라 하겠다.

본 연구를 통해서 JBP와 Duroc 품종간 교배를 통해 조성된 F₂ 축군에서 *IDH3B* promoter의 304-bp 절편의 유무에 따라 돼지의 도체형질에 영향을 줄 수 있음을 확인하였다. 이는 유전자 서열의 다형성이 BFT와 CW, EMA의 수준에 영향을 줄 수 있음을 보여주는 결과라 하겠다. 본 연구결과는 JBP의 산업화에 있어 더딘 성장속도와 두꺼운 등지방이 큰 걸림돌이 되고 있다는 점에서 향후 산육량 증대와 함께 등지방 감소가 요구되는 흑돼지 실용화축군의 육성전략 수립에 적용 가능한 분자마커로써 유용하게 이용될 것으로 기대된다.

감사의 글

본 연구는 2017년도 농촌진흥청(국립축산과학원) 박사후연수과정 지원사업과 농촌진흥청 경상연구과제 “재래돼지 집단 유전특성 및 번식형질 유전자 특성 분석 연구”(PJ01198501)의 지원에 의해 이루어진 것임.

References

1. Cho, C. I., Lee, J. H. Park, B. H. and Lee, D. H. 2013a. A whole genome-wide association study for growth traits in a F₂ crossbred population between Landrace and Jeju indigenous pig. *J. Agr. Life Sci.* **47**, 75-84.
2. Cho, I. C., Kim S. K., Kim, Y. K., Kang, Y. J., Yang, S. N., Park, Y. S., Cho, W. M., Cho, S. R., Kim, N. Y., Chae, H. S., Seong, P. N., Park, B. Y., Lee, J. H., Lee, J. B., Yoo, C. K., Han, S. H. and Ko, M. S. 2013b. Association between numerical variations of vertebrae and carcass traits in Jeju native black pigs, Landrace pigs, and crossbred F₂ population. *J. Life Sci.* **23**, 854-862.
3. Cho, I. C., Park, H. B., Yoo, C. K., Lee, G. J., Lim, H. T., Lee, J. B., Jung, E. J., Ko, M. S., Lee, J. H. and Jeon, J. T. 2011. QTL analysis of white blood cell, platelet and red blood cell-related traits in an F₂ intercross between Landrace and Korean native pigs. *Anim. Genet.* **42**, 621-626.
4. Cho, I. C., Yoo, C. K., Lee, J. B., Jung, E. J., Han, S. H., Lee, S. S., Ko, M. S., Lim, H. T. and Park, H. B. 2015. Genome-wide QTL analysis of meat quality-related traits in a large F₂ intercross between Landrace and Korean native pigs. *Genet. Sel. Evol.* **47**, 7.
5. Cho, S. H., Park, B. Y., Kim, J. H., Kim, M. J., Seong, P. N., Kim, Y. J., Kim, D. H. and Ahn, C. N. 2007. Carcass yields and meat quality by live weight of Korean Native Black pigs. *J. Anim. Sci. Technol.* **49**, 523-530.
6. Choi, B. H., Lee, H. Y., Hong, K. C., Cheong, I. C. and Kim, T. H. 2004. Identification of quantitative trait loci (QTL) for meat color trait on chromosome 7 in pig. *J. Anim. Sci. Technol.* **46**, 525-536.
7. Cohen, P. F. and Colman, R. F. 1972. Diphosphopyridine nucleotide dependent isocitrate dehydrogenase from pig heart. Characterization of the active substrate and modes of regulation. *Biochemistry* **11**, 1501-1508.
8. Han, S. H., Shin, K. Y., Lee, S. S., Ko, M. S., Jeong, D. K., Oh, H. S., Yang, B. C. and Cho, I. C. 2010. SINE indel polymorphism of *AGL* gene and association with growth and carcass traits in Landrace x Jeju Black pig F₂ population. *Mol. Biol. Rep.* **37**, 467-471.
9. Han, S. H., Shin, K. Y., Lee, S. S., Ko, M. S., Oh, H. S. and Cho, I. C. 2012. Porcine *SPP1* gene polymorphism association with phenotypic traits in the Landrace×Jeju (Korea) Black pig F₂ population. *Mol. Biol. Rep.* **39**, 7705-7709.
10. Hathaway, J. A. and Atkinson, D. E. 1963. The effect of adenylc acid on yeast nicotinamide adenine dinucleotide isocitrate dehydrogenase, a possible metabolic control mecha-

- nism. *J. Biol. Chem.* **238**, 2875-2881.
11. Hartong, D. T., Dange, M., McGee, T. L., Berson, E. L., Dryja, T. P. and Colman, R. F. 2008. Insights from retinitis pigmentosa into the roles of isocitrate dehydrogenases in the Krebs cycle. *Nature Genet.* **40**, 1230-1234.
 12. Huh, T. L., Kim, Y. O., Oh, I. U., Song, B. J. and Inazawa, J. 1996. Assignment of the human mitochondrial NAD⁺-specific isocitrate dehydrogenase alpha subunit (*IDH3A*) gene to 15q25.1 → q25.2 by *in situ* hybridization. *Genomics* **32**, 295-296.
 13. Jin, S., Kim, C., Song, Y., Jang, W., Kim, Y., Yeo, J., Kim, J. and Kang, K. 2001. Physicochemical characteristics of longissimus muscle between the Korean native pig and Landrace. *Kor. J. Food Sci. Anim. Resour.* **21**, 142-148.
 14. Kalinowski, S. T., Taper, M. L. and Marshall, T. C. 2007. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Mol. Ecol.* **16**, 1099-1106.
 15. Kang, Y. J., Jeong, D. K., Cho, I. C. and Han, S. H. 2016. Association between genotypes of the *isocitrate dehydrogenase 3, beta subunit (IDH3B)* gene and carcass traits in an F₂ crossbred population of Landrace×Jeju (Korea) Black pigs. *J. Life Sci.* **26**, 414-418.
 16. Kim, H. S., Kim, B. W., Kim, H. Y., Lim, H. T., Yang, H. S., Lee, J. I., Joo, Y. K., Do, C. H., Joo, S. T., Jeon, J. T. and Lee, J. G. 2007. Estimation of terminal sire effect on swine growth and meat quality traits. *J. Anim. Sci. Technol.* **49**, 161-170.
 17. Lee, K. T., Byun, M. J., Kang, K. S., Hwang, H., Park, E. W., Kim, J. M., Kim, T. H. and Lee, S. H. 2012. Single nucleotide polymorphism association study for backfat and intramuscular fat content in the region between SW2098 and SW1881 on pig chromosome 6. *J. Anim. Sci.* **90**, 1081-1087.
 18. Li, X., Kim, S. W., Do, K. T., Ha, Y. K., Lee, Y. M., Yoon, S. H., Kim, H. B., Kim, J. J., Choi, B. H. and Kim, K. S. 2011. Analyses of porcine public SNPs in coding-gene regions by re-sequencing and phenotypic association studies. *Mol. Biol. Rep.* **38**, 3805-3820.
 19. MacDonald, M. J., Brown, L. J., Longacre, M. J., Stoker, S. W. and Kendrick, M. A. 2013. Knockdown of both mitochondrial isocitrate dehydrogenase enzymes in pancreatic beta cells inhibits insulin secretion. *Biochim. Biophys. Acta* **1830**, 5104-5111.
 20. Maharani, D., Park, H. B., Lee, J. B., Yoo, C. K., Lim, H. T., Han, S. H., Lee, S. S., Ko, M. S., Cho, I. C. and Lee, J. H. 2013. Association of the gene encoding *stearoyl-CoA desaturase (SCD)* with fatty acid composition in an intercross population between Landrace and Korean native pigs. *Mol. Biol. Rep.* **40**, 73-80.
 21. Moon, Y. H. 2004. Physicochemical properties and palatability of Loin from crossbred Jeju Black pigs. *Kor. J. Food Sci. Ani. Resour.* **24**, 238-245.
 22. Park, J. C., Kim, Y. H., Jung, H. J., Park, B. Y., Lee, J. I. and Moon, H. K. 2005. Comparison of meat quality and physicochemical characteristics of pork between Korean native black pigs (KNBP) and Landrace by market weight. *J. Anim. Sci. Technol.* **47**, 91-98.
 23. Ren, Z., Liu, W., Zheng, R., Zuo, B., Xu, D., Lei, M., Li, F., Li, J., Ni, D. and Xiong, Y. 2012. A 304 bp insertion/deletion mutation in promoter region induces the increase of porcine *IDH3β* gene expression. *Mol. Biol. Rep.* **39**, 1419-1426.
 24. SAS program package. 1999. SAS/STAT software for PC. Release 8.0.1. SAS Institute Inc, Cary, NC, USA.
 25. Sambrook, J., Fritsch, E. F. and Maniatis, T. 1989. Isolation of high-molecular-weight DNA from mammalian cells. In: *Molecular cloning: a laboratory manual*, 2nd ed., New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press. pp. 9.14-9.23.
 26. Won, J. I., Lee, K. S., Kim, S. D., Yoon, H. B., Jeon, S. K., Yoon, J. H., Kim, J. B. and Lee, J. K. 2014. Estimation of growth curve parameters for evaluation of growth characteristics of purebred Korean Native pigs and crossbred between Korean Native sows and Duroc boars. *J. Agr. Life Sci.* **48**, 155-163.
 27. Yoo, C. K., Park, H. B., Lee, J. B., Jung, E. J., Kim, B. M., Kim, H. I., Ahn, S. J., Ko, M. S., Cho, I. C. and Lim, H. T. 2014. QTL analysis of body weight and carcass body length traits in an F₂ intercross between Landrace and Korean native pigs. *Anim. Genet.* **45**, 589-592.
 28. Zeng, A. P. and Deckwer, W. D. 1994. Pathway analysis of oxygen utilization and tricarboxylic acid cycle activity in *Saccharomyces cerevisiae* growing on glucose. *J. Biotechnol.* **37**, 67-77.

초록 : 제주재래흑돼지와 듀록 교배 세대에서 IDH3B 유전자형과 경제형질의 연관성

박희복^{1*} · 한상현^{2*} · 강용준¹ · 신문철¹ · 이재봉³ · 조인철^{1*}

(¹국립축산과학원 난지축산연구소, ²제주대학교 교육과학연구소, ³전북대학교 인수공통질병연구소)

제주재래흑돼지와 듀록의 교배 F₂ 집단에서 경제형질과 *isocitrate dehydrogenase 3, beta subunit (IDH3B)* 유전자의 유전자형의 연관성을 시험하였다. *IDH3B* 유전자형은 promoter 영역에서 304-bp 삽입/결실 절편의 유무를 기준으로 기초축군과 F₁, F₂에서 판독하였다. 세 가지 유전자형(AA, AB, BB)이 F₁과 F₂에서는 모두 발견되었으나, JBP에서는 AA 유전자형이, Duroc에서는 BB 유전자형이 발견되지 않았다. 연관 분석결과에서 도체중(CW), 등지방두께(BFT)와 등심단면적(EMA)의 수준이 유전자형에 따라 유의적인 차이를 보였으나($p < 0.05$), 각기 다른 성장시기별로 측정된 체중들과 일당증체량을 포함한 성장형질, 유두수를 포함한 번식형질, 등심 내 조지방함량(CFAT)의 수준은 유의적인 차이가 없었다($p > 0.05$). *IDH3B* AA 동형접합자인 F₂ 돼지들은 다른 유전자형을 보유한 개체들에 비해 도체중이 더 무겁고(72.92 ± 11.133 kg), 등지방두께는 더 두껍고(25.75 ± 6.06 mm), 등심단면적은 더 넓은 수준(23.82 ± 4.825 cm²)을 보였다($p < 0.05$). 이상은 비육돈 생산 후기에 근내지방의 축적과 상관없이, 등심단면적, 등지방두께, 도체중의 증가가 *IDH3B* 유전자형과 연관된 생물학적 작용에 의한 결과라 하겠다. 돼지 *IDH3B*의 304-bp 삽입 대립 유전자는 제주재래흑돼지와 Duroc-관련 분자유종체계에서 돈육 생산성 향상을 위한 분자도움선발의 유전적 마커로 이용될 것으로 기대된다.