

한우에서 Cattle QTLdb와 BcSNPdb를 이용한 육질연관 후보 SNP 발굴

김대현* · 이윤석* · 오영숙** · 최창본*** · 여정수***

영남대학교 대학원 동물생명과학과*, 영남대학교 생명공학연구소**, 영남대학교 생명공학부***

Discovery of Candidate SNP Related to Meat Quality Using the BcSNPdb and Cattle QTLdb in Hanwoo

Dae Hyun Kim*, Yoon-Seok Lee*, Young Sook Oh**, Chang Bon Choi*** and Jung-Sou Yeo***

Department of Animal Resources and Biotechnology Graduate School Yeungnam University*, Institute of Biotechnology Yeungnam University**, School of Biotechnology Yeungnam University***

ABSTRACT

This study was aimed to find SNPs related with marbling score in Hanwoo (Korean cattle) using BcSNPdb. This study was searched QTL region related with marbling score and extracted 3,605 SNPs by applying BcSNPdb. Among these SNPs, 347 nonsynonymous SNP were selected and 160 SNPs were verified by PCR and finally proven with application to experimental data of the national progeny test. BTS_003888, BTS_012665 and BTS_009454 candidate SNPs were revealed significantly associated with marbling score ($P < 0.05$), and BTS_025951 candidate SNPs was significantly associated with backfat thickness ($P < 0.05$). From the result, SNPs from BTS_003888, BTS_009454, BTS_052584 and BTS_025951 were considered to be useful for the advancement in selective improved model in marbling score and backfat thickness of Hanwoo.

(Key words : Hanwoo, BcSNPdb, Marbling score, Backfat thickness, SNP)

I. 서 론

인간 계놈 연구가 종결된 이후 많은 학자들은 SNP (single nucleotide polymorphism)에 의해 개체간의 외적 모습이나 형질이 다르게 나타나는 유전적 변이에 대한 관심이 높아지고 있다. 이 중에서도 nonsynonymous SNP는 일반적인 synonymous SNP와는 달리 유전자 발현과정에서 아미노산의 변이를 나타내고 있다.

이러한 nonsynonymous SNP에 관한 연구들을 살펴보면 축우에서 diacylglycerol O-acyltransferase

1 (DAGT1) 유전자는 우유의 14번 염색체에 위치하고 있으며 missense mutation을 통해 우유의 구성분과 유량에 관련이 된다고 보고되어졌다 (Grisart 등, 2002). 하지만 그 후 Moore 등 (2003)과 Thaller 등 (2003)에 의하면 우유뿐만 아니라 근육 내 지방 축적에도 확실한 효과가 나타나는 것으로 보고하였는데 근육 중 *semitendinosus*에서만 효과가 있고 *longissimus dorsi*에서는 DGAT1에 의해서 효과가 나타나지 않는다고 보고하였다. Thyroglobulin (TG)는 갑상선 호르몬의 전구단백질로 4번 염색체에 위치

Corresponding author : Yeo Jung-Sou, School of Biotechnology, Yeungnam University, Gyeongsan, 712-749, Korea. Tel : 053-810-3021. Fax : 053-813-2936. E-mail : jsyeo@yu.ac.kr

하고 있으며 근내지방도와 관련되어 있었다 (Barendse 등, 1999). 그리고 Casas 등 (2005)이 calcium-activated neutral protease 1 (CAPN1) 유전자의 경우에 *Bos indicus*에서도 고기의 연도와 관련이 있음을 보고하였다. 특히 최근에 한우의 CAPN1과 growth hormone-releasing hormone (GHRH)에서 도체중, 등심단면적 그리고 근내지방도에 연관된 SNP를 발굴하였다 (Cheong 등, 2006; Cheong 등, 2008). 그리고 Cho 등 (2008)의 연구결과에 따르면 epidermal-fatty acid binding protein 4 (FABP4) 유전자의 SNP에서 한우의 등지방 두께에 대해서 유의적으로 나타났다 ($p < 0.05$).

그리고 이미 선진국의 경우 육우산업에서 DNA 분자표지를 상업적으로 이용하고 있다. 대표적인 예로서 근내지방도와 연관된 TG와 leptin 유전자의 SNP로서 GeneSTAR와 Igenity™-L 상품이 있으며, 쇠고기 연도와 연관된 Calpain과 Calpastatin 유전자 SNP로서 Tender GENE™이 있었다.

따라서 한우에 대한 국가적인 경쟁력을 갖추고 우리나라 한우산업의 안정화를 도모하기 위해서는 외국과 같이 경제형질에 관련된 DNA 분자표지의 개발과 산업적 활용가치를 높이는 것이 필요한 과제라 본다. 그래서 본 연구에서는 축우에서 만들어진 Cattle QTLdb와 한우를 바탕으로 만들어진 BcSNPdb를 활용하여 한우의 육질에 연관된 SNP를 발굴하고자 한다.

II. 재료 및 방법

1. 공시동물과 육질 측정

본 연구에서는 환경적 변이가 거의 없는 농협중앙회 한우개량사업소에서 사육되어진 30차에서 35차 국가후대검정우집단 476두를 사용하였고, 이러한 집단은 유전적 변이에 따른 형질과의 관계를 평가하기에 적합하였다. 실험형질은 육질과 관련된 등지방두께와 근내지방도를 사용하였다. 등지방두께는 배최장근단면의 오른쪽면을 따라 복부쪽으로 3분의 2 들어간 지점의 등지방을 mm 단위로 측정하였고 근내지

방도는 등급판정부위에서 배최장근단면에 나타난 지방분포정도를 근내지방도 기준과 비교하여 판정하였다.

2. 육질 관련 SNP 선정

한우의 육질에 연관된 후보 SNP 발굴을 위해 Cattle QTLdb (Hu 등, 2007)와 BcSNPdb (Moon 등, 2007)를 활용하였다. 먼저 Cattle QTLdb에서 근내지방도와 관련된 QTL의 위치를 확인 후 BcSNPdb에 적용하였고 이 중 non-synonymous SNP를 선정하였다.

3. SNP genotyping

PCR 반응은 20ng genomic DNA, 0.25U Taq polymerase (Solgent Co., Ltd, south korea), 1x buffer, 0.2mM dNTP, 5 pmol primer (forward / reverse)를 첨가하여 전체 15 μ l가 되도록 하고 혼합한 후 94 $^{\circ}$ C 5분에서 1 cycle, 94 $^{\circ}$ C에서 30초, 합성온도에서 30초, 72 $^{\circ}$ C에서 3분의 조건으로 35 cycle, 72 $^{\circ}$ C 3분에서 1 cycle을 반응시켰다. 생성된 PCR product에서 1 μ l를 전기 영동하여 생성물을 확인하였고 PCR 생성물에 5U SAP 5 μ l와 2U Exo I 0.1 μ l를 첨가하여 잘 혼합한 다음, 37 $^{\circ}$ C에서 1시간 동안 반응시켰다. 반응이 끝난 다음 75 $^{\circ}$ C에서 15분간 불활성화 시켰다. ABI PRISM SNaPshot™ MultiplexKit (Applied Bio- systems, Foster City, CA)을 사용하여 정제된 PCR 생성물 1 μ l, SNaPshot multiplex ready reaction mix 1 μ l, 5 pmol extension primer 1 μ l를 넣어 전체 10 μ l가 되게 하고 잘 혼합하여 96 $^{\circ}$ C에서 10초, 50 $^{\circ}$ C에서 5초, 60 $^{\circ}$ C에서 30초의 조건으로 25 cycle을 반응시켰다. 반응된 PCR 생성물에 5U SAP 1 μ l를 첨가해준 다음 37 $^{\circ}$ C에서 1시간 동안 배양하였고 75 $^{\circ}$ C에서 15분 동안 불활성화 시켰다. 최종적으로 준비된 PCR 생성물 1 μ l를 GeneScan-120 LIZ size standard (Applied Biosystems, Foster City, CA) 0.25 μ l와 Hi-Di formamide 9.5 μ l (Applied Biosystems, Foster City, CA)를 첨가하여 잘 섞어준 다음 95 $^{\circ}$ C에서 5분간 변성시킨

후 ABI PRISM 3130XL Genetic Analyzer (Applied Biosystems, Foster City, CA)에 전기영동을 하였다. 전기영동이 끝난 자료는 GeneMapper v4.0 software (Applied Biosystems, Foster City, CA)를 통해서 분석하였다.

4. 통계 분석

한우에서 선정된 SNP의 이형접합체, 다양성 정보지수, 하디와인버그 평형빈도는 Haploview (Barrett 등, 2005)로 분석하였고 각 유전자형에 대한 육질과의 연관성을 분석하기 위하여 SPSS v14.0 (SPSS Inc., Chicago, IL)를 이용하여 최소자승법으로 분석하였다. 분석모델은 다음과 같다.

$$Y_{ijklm} = \mu + YS_i + P_j + GS_k + SNP_l + \beta_{age} + e_{ijklm}$$

Where,

Y_{ijklm}	= 육질의 표현형 관측치
μ	= 전체평균
YS_i	= 출생계월의 고정효과
P_j	= 출생장소의 고정효과
GS_k	= 조부의 임의효과
SNP_l	= SNP의 고정효과
β_{age}	= 도축까지 일령에 대한 공변량
e_{ijklm}	= 임의오차

III. 결과 및 고찰

1. 한우의 육질 연관 SNP 선정

한우의 육질 연관 SNP 선정은 Cattle QTLdb에서 한우의 육질에 관련된 영역을 검색하여 각 염색체에 따른 위치를 파악 할 수 있었다. 그리고 확인된 염색체에 대한 영역을 cM단위에서 bp 단위로 환산하여 BcSNPdb에 적용한 결과 2, 3, 4, 8, 10, 14, 16, 17, 27의 염색체에서 총 3,605개의 SNP를 발굴하였다. SNP에 대한 정보를 정리하여 아미노산의 변이가 있는 347개의 nonsynonymous SNP만을 대상으로 실험에 적용하였다. 그리고 347개의 SNP에 관련

된 gene, mRNA ID, BTA, variation, QTL region 등에 대한 정보를 정리하였다. 또한, BcSNPdb의 경우 SNP의 양쪽으로 50bp의 염기서열만을 나타내고 있기 때문에 primer design을 위해서는 추가적인 염기서열이 필요하게 되었다. 본 연구에서는 두 개의 database를 사용하였기 때문에 오류가 발생할 수 있다. 그래서 347개의 SNP 양쪽의 추가적인 염기서열은 UCSC Genome Browser (<http://genome.cse.ucsc.edu/index.html>)를 활용하여 확보하였다.

확보된 DNA 염기서열과 BcSNPdb에서 얻어진 염기서열을 정렬하여 비교분석하였다. 그 결과 총 347개의 SNP 중에서 245개의 SNP만이 정확하게 일치하였으며 나머지 102개의 일치하지 않는 SNP는 실험대상에서 제외시켰다. 그리하여 검증된 245개의 SNP에 대하여 primer design을 하였으며 PCR 반응에서 단일 밴드를 형성하는 160개의 SNP만을 실험에 적용하였다.

이러한 160개의 SNP에 대해서 다형성을 확인한 결과 20개의 SNP에서만 다형성을 확인하였고 각 SNP에 대한 정보는 Table 1에 나타내었다. 다형성이 확인된 20개의 SNP를 혈연관계가 없으며 근내지방도 성적을 근거로 정규분포상에서 평균±2SD 범위 밖의 성적이 높은 집단 50두와 낮은 집단 50두에 적용한 결과 BTS_003888, BTS_012665, BTS_018201, BTS_025951, BTS_009454, BTS_052584 SNP에서 빈도차이가 나타났다. 그래서 정규분포상에서 근내지방도 평균±2SD로 구분된 집단을 사용하였기 때문에 다형성이 형성된 20개의 SNP 중 근내지방도에서 빈도차이가 나타난 6개의 SNP는 한우 육질에 관련된 후보 SNP로 판단되어진다.

육질 관련 후보 SNP에 대한 DNA marker의 효율성을 Table 2에 나타내었다. Table 2에서 BTS_003888, BTS_025951, BTS_009454, BTS_052584의 후보 SNP는 다른 SNP에 비해서 이형접합체율, 다양성 정보상수, 하디와인버그 평형빈도가 모두 높게 나타났다는 것은 다음세대의 유전적 평형을 예측할 수가 있어 DNA marker로서 가치를 가질 수 있다고 할 수 있다.

또한, 본 연구와 유사한 Cheong 등(2008)의 연구 결과를 보면 근내지방도(marbling score)에

Table 1. The information of candidate SNPs showed polymorphism on the BcSNPdb

SNP	Gene	BTA	Sequences	Tm	Product size
BTS_000197	AIBP	3	F ¹⁾ CGTTTTGGGTGCTTCTCATT R ²⁾ CTCACGTGTGAAAGGGGATT E ³⁾ CTTCTCCACAAAATAAAAAGCAGAT	60	432
BTS_040408	MGC137718	3	F GGGCAGGGAGAGGTAAAAAT R TAGTGCTGCTTCCCCTCTTT E TGAACATGGCTCAGCGGTGGAACCA	60	448
BTS_038474	LOC514233 MGC128467	3	F TGCACCTTTAGGCCTCCAT R CACATGAGCGTCACATTTCC E CGTGAATCCAGCCCTACGCCGTCAC	60	401
BTS_003888	LOC505212 LOC533523	3	F CCCCATCAAGAGCAGGTAGA R AAGCCCAGATGTTTCTCCT E TTGAAAAGAGGCTTGGAGAGAAGTG	62	442
BTS_012665	BCAS2	3	F CCCTAATTGTGCCTCAGCTT R CCACTGATGGTTTCCAAAAGA E TTCAAATGAAGCAGCAACACGGAGA	58	407
BTS_018201	LOC526059 LOC784008	3	F ACCAGTGCCTCAGGAAACAT R ATGCCCTCAGACTTTCAG E TTTAGAATTTCTAATGAATTGAGTG	60	404
BTS_018391	LOC782422 LOC506537	3	F AGCCAATCATGCACACAAAC R CTTGAACCTCTCCACCTCA E TGCTGTGGCAGTACGGCTGTGGGT	63	421
BTS_025951	LOC506123	3	F GAACTTGCACCGCAACTCTA R TGCTACTCCAAAACGCTTA E ATGAGAAGGTTAGCGAACCCTGCT	60	438
BTS_027448	LOC513654 MGC138942	3	F TGCAGAATACCCCTTCTTGG R TCATCCCCAAATGGTTGTCT E TAAAGTAGTCTCTGGGGCCAGGT	60	468
BTS_035475	LOC540952 LOC785422	3	F ACATCCACTGTCCCCAAGAG R GTGGCTGCTCCTTTCATCTT E CTGACATTTATTTTGTCCCTTCC	58	423
BTS_049551	LOC780933	4	F AGCCCTCACACTGCAGACTT R TTCCACAGAACCCCACTCTC E TTCATCAGCGATCCAAGAG	60	424
BTS_013999	LOC539712	8	F AAACGCATCGATTTTCATTCC R GACACAGGAGAGTCGGTGGT E AAGAGATTTTTCCAAGGCATCACCA	60	407
BTS_009454	LOC521217 MGC127546	10	F ATCTTAGGGGAGGGGGCTAT R TTCCGTTGGAGATACTTGTGG E GTTCCCAATTCTCTCGGGGGGAA	58	442
BTS_032387	LOC527574 LOC540339	10	F CAGGGGCTAGGGAATAAAGG R TGGCTGCTTAATAGGCCAAG E CCATGAGTCCAAAAGAACATTCATG	62	419
BTS_000658	MGC127744 CA2	14	F AGATGAGAGACGCCATCACC R GGAGACCTCTACAGCGGTTTA E TTCCGTTTACCCTTTTCTATGATG	60	420
BTS_008451	SDC2	14	F AGAATTCACACCCAGGCACT R AGGTTTCCCTCAGGAGCATT E CATCGTCAATAGGATACACTCTGA	60	485
BTS_004657	MGC143025 LOC617176	16	F ATGAGCAAGTCGAGAGCACA R CGGCTTCTCACTTTCTACGG E CCATGAGGGGAACACTTGAGGTCCA	62	472
BTS_032944	PDPN	16	F ACAAGCCTGCGATGTATCCT R CCTGAGTGTGGCCCTAGTTT E ACACATACCAGTCTTGATGCCTTT	60	437
BTS_011037	PPID	17	F GCCCTCATCTTTCCACAAT R CCCCTTCTGTGAATGGTTG E GTAGTGTGGCCAAGTGAT	60	420
BTS_052584	LOC786852	17	F AATCAGAGCTTCCCCAAGT R GGCCTGTCACCCAGAAAAT E GTCCCCGGGTCAGCAGAAGCTGTCA	60	423

¹⁾ Forward sequence, ²⁾ Reverse sequence, ³⁾ Extension sequence

Table 2. The statistical informations and the frequencies of genotypes of candidate SNPs

SNP	Region	Genotype	No. of head	Frequency	H ¹⁾	PIC ²⁾	HWE ³⁾
BTS_003888	Exon	AA	130	0.289	0.5741	0.5412	0.7622
		AC	195	0.433			
		CC	125	0.278			
		Total	450	1			
BTS_012665	Exon	AA	6	0.013	0.1441	0.1334	0.1482
		AG	33	0.072			
		GG	421	0.915			
		Total	460	1			
BTS_018201	Exon	CC	109	0.237	0.2366	0.2145	0.1024
		CG	244	0.530			
		GG	107	0.233			
		Total	460	1			
BTS_025951	Exon	AA	31	0.067	0.5586	0.4608	0.6842
		AG	201	0.436			
		GG	229	0.497			
		Total	461	1			
BTS_009454	Exon	CC	126	0.269	0.6021	0.5331	0.7844
		CG	251	0.536			
		GG	91	0.194			
		Total	468	1			
BTS_052584	Exon	CC	123	0.273	0.4336	0.4196	0.4325
		CG	214	0.476			
		GG	113	0.251			
		Total	450	1			

¹⁾ Heterozygosity,

²⁾ Polymorphism information content,

³⁾ P-value for deviation of genotype distribution from Hardy-Weinberg equilibrium

관련하여 유의성이 나타난 경우 이형접합체율 (0.165), 하디와인버그 평형빈도 (0.345)가 본 연구에서 나타난 추정치 보다 낮은 것을 알 수 있다. 따라서 다른 연구결과와 비교해 볼 때 본 연구의 결과가 SNP marker로서의 효율성과 분별력에서 뒤떨어지지 않는다고 할 수 있겠다.

2. 한우 도체형질 연관분석

Table 2의 국가후대검정우 476두에 적용한 결과를 바탕으로 각 형질 별로 SNP type과 아비정보, 일령, 장소 등의 환경적인 요인을 고려

한 최소자승평균 (least squares means)을 구하여 유의성이 인정된 결과는 Table 3에 제시하였다. Table 3에서와 같이 BTS_003888의 AA 유전자형, BTS_012665의 GG 유전자형, 그리고 BTS_009454의 CC 유전자형을 가지는 개체들은 다른 유전자형을 가지는 개체에 비해서 근대지방도 성적이 상대적으로 우수하고, 유의성 분석 결과 전체 한우에 적용하였을 때도 95% 이상 신뢰 할 수 있는 결과를 보여주고 있다($P < 0.05$). BTS_012665의 AA와 AG 유전자형은 전체 한우집단에서 나타나는 빈도가 10% 정도이고 GG 유전자형이 90%를 나타내고 있어 특이한 한우의 유전적 구성으로 판단된다. BTS_

Table 3. Least square analysis of 4 candidate SNPs related to marbling score and backfat thickness

SNP	Genotype	Number of head	BF ¹⁾		MAR ²⁾	
			LS mean \pm SE	P-value	LS mean \pm SE	P-value
BTS_003888	AA	130	7.56 \pm 0.37	0.525	6.96 \pm 0.62	0.043 ³⁾
	AC	195	6.98 \pm 0.29		5.98 \pm 0.45	
	CC	125	7.04 \pm 0.29		4.56 \pm 0.45	
	Total	450	7.55 \pm 0.13		4.97 \pm 0.18	
BTS_012665	AA	6	8.33 \pm 1.76	0.787	4.33 \pm 1.38	0.019 ³⁾
	AG	42	6.78 \pm 0.39		3.11 \pm 0.34	
	GG	417	7.61 \pm 0.14		5.16 \pm 0.20	
	Total	465	7.61 \pm 0.24		4.98 \pm 0.26	
BTS_025951	AA	32	7.18 \pm 0.40	0.019 ³⁾	3.75 \pm 0.57	0.748
	AG	200	7.03 \pm 0.18		4.8 \pm 0.27	
	GG	233	8.05 \pm 0.21		5.28 \pm 0.27	
	Total	465	7.54 \pm 0.55		4.99 \pm 0.14	
BTS_009454	CC	130	7.53 \pm 0.26	0.919	6.25 \pm 0.41	0.002 ⁴⁾
	CG	249	7.58 \pm 0.17		4.28 \pm 0.21	
	GG	86	7.47 \pm 0.35		5.02 \pm 0.46	
	Total	465	7.57 \pm 0.68		4.97 \pm 0.32	

¹⁾ Backfat thickness(mm), ²⁾ Marbling score(1-21)

³⁾ Mean with different superscripts within same column are significantly different(P<0.05)

⁴⁾ Mean with different superscripts within same column are significantly different(P<0.01)

025951의 경우는 등지방두께 (backfat thickness)에서 AA, AG 유전자형을 가지는 개체가 GG 유전자형을 가지는 개체에 비해서 성적이 상대적으로 낮아 경제적으로 유리하고, 유의성 분석 결과도 95%이상 신뢰 할 수 있는 결과를 보이고 있지만 근내지방도와 동시에 고려할 때 선발의 가치는 변할 수 있다.

또한, 한우의 도체형질인 근내지방도에서 Cheong 등 (2008)도 유의적인 결과를 제시했으나 총 412두 중 5두만이 나타나는 낮은 빈도의 결과는 본 연구의 BST 012665 SNP 유전자형의 낮은 빈도와 비슷한 결과로 이러한 SNP marker의 효율성에 대한 한우집단의 분석이 필요할 것이라 생각된다.

이렇게 Table 3에서 얻어진 근내지방도와 연관된 3종류의 SNP(BTS_003888, BTS_012665, BTS_009454)에 대한 한우의 최종 경제가치인 등급별 분포를 분석한 결과는 Table 4와 같다.

등급 별 분포는 먼저 BTS_003888의 경우 AA 유전자형의 집단에서 고급육인 1등급이상 비율이 25.4%로 AC 유전자형을 가지는 집단의 9.3%와 CC 유전자형을 가지는 집단의 6.4%에 비해 각각 2배, 3배 우수한 유전능력을 잠재하고 있는 것을 알 수가 있다. BTS_012665에서 GG 유전자형을 가지는 개체만이 고급육인 1+와 1 등급을 생산하는 것으로 나타났고 특이하게 AG와 AA 유전자형을 가지는 개체는 주로 2, 3 등급에서만 출현하였다. BTS_009454 SNP에서는 CC 유전자형을 가지는 개체가 CG, GG 유전자형을 가지는 개체보다 1+와 1 등급에서 상대적으로 많이 출현하였고, 반대로 2, 3의 등급에서는 CG, GG 유전자형을 가지는 개체가 CC 유전자형을 가지는 개체보다 상대적으로 많이 출현하였다

이러한 결과로 미루어 볼 때 BTS_003888의 AA 유전자형과 BTS_009454의 GG 유전자형의

Table 4. Distribution of beef grade on the genotypes of 3 candidate SNPs in the 30th to 35th population of the national progeny-test

SNP	Genotype	Grade				Total
		1 ⁺⁾¹	1	2	3	
BTS_003888	AA	9(6.9%)	24(18.5%)	53(40.8%)	44(33.8%)	130
	AC	5(2.6%)	13(6.7%)	79(40.5%)	98(50.3%)	195
	CC	2(1.6%)	6(4.8%)	43(34.4%)	74(59.2%)	125
	Total	16(3.6%)	43(9.6%)	175(38.8%)	216(48.0%)	450
BTS_012665	AA	0(0%)	1(16.7%)	1(16.7%)	4(66.6%)	6
	AG	0(0%)	0(0%)	13(31%)	29(69%)	42
	GG	16(3.8%)	44(10.6%)	165(39.6%)	192(46%)	417
	Total	16(3.4%)	45(9.7%)	179(38.5%)	225(48.4%)	465
BTS_009454	CC	7(5.4%)	24(18.5%)	49(37.7%)	50(38.4%)	130
	CG	5(2%)	14(5.6%)	101(40.6%)	129(51.8%)	249
	GG	4(4.7%)	7(8.1%)	29(33.7%)	46(53.5%)	86
	Total	16(3.4%)	45(9.7%)	179(38.5%)	225(48.4%)	465

¹⁾ Marbling score(1-21), 1⁺=Marbling score(16-21), 1=Marbling score(10-15),
2=Marbling score(4-9), 3=Marbling score(1-3)

선발을 통한 고급육 개량을 할 수 있으며 BTS_012665의 AA와 AG 유전자형 개체들의 도태는 저급육 생산을 줄일 수 있는 가능성을 제시하고 있다. 따라서 지금까지 확보된 데이터베이스에서 육질과 연관된 SNP 정보를 얻고 이들의 활용 가능성과 산업적 가치에 대한 분석결과가 한우산업에 기여하기 위해서는 앞서 규명된 한우의 근내지방도 연관 SNP들과 선발 개량모형에 포함하여 진일보하는 보탬의 기틀이기를 기대한다.

IV. 요약

본 연구는 한우의 근내지방도와 연관된 SNP를 규명하고자 Cattle QTLdb와 BcSNPdb를 이용하였다. 먼저 Cattle QTLdb에서 근내지방도에 관련된 QTL 영역을 탐색한 후 BcSNPdb에 적용하여 총 3605개의 SNP를 발굴하였고 이 중에서 347개의 nonsynonymous SNP를 선정하여 PCR 반응이 확인된 160개의 SNP를 확인하였다. 확인된 160개의 SNP를 30차에서 35차 국가후대검정우 (n=476)에서 혈연관계가 없으며 근

내지방도 성적을 근거로 정규분포상에서 평균 $\pm 2SD$ 범위 밖의 성적이 높은 집단 50두와 낮은 집단 50두에 적용한 결과 6개의 근내지방도 관련 SNP (BTS_003888, BTS_012665, BTS_018201, BTS_025951, BTS_009454, BTS_052584)를 확인하였다. 확인된 6개의 SNP를 30차에서 35차 국가후대검정우 집단 (n=476)에 적용한 결과 BTS_003888, BTS_009454, BTS_052584의 SNP에서 근내지방도와 유의적인 차이를 나타내었고 BTS_025951의 SNP에서는 등지방두께와 유의적인 차이를 보였다 ($P < 0.05$). 따라서 본 연구의 결과에서 밝혀진 BTS_003888, BTS_009454, BTS_052584, BTS_025951 SNP들은 한우의 근내지방도와 등지방두께의 선발개량모형에 포함하여 진일보하는 보탬의 기틀이기를 기대한다.

V. 사사

이 논문은 한국학술진흥재단 (KRF-2003-05-F0006)의 지원으로 수행되었으며 연구비 지원에 감사드립니다.

VI. 인 용 문 헌

1. Barendse, W. 1999. Assessing lipid metabolism. International patent application PCT/AU98/00882, international patent publication WO 99/23248.
 2. Barrett, J., Fry, C. B., Maller, J. and Daly, M. J. 2005. Haploview: analysis and visualization of LD and haplotype maps. *Bioinformatics*. 21(2):263-265.
 3. Casas, E., white, S. N., Riley, D. G., Smith, T. P., Breneman, R. A., Olson, T. A., Johnson, D. D., Coleman, S. W., Bennett, G. L. and Chase, C. C. Jr. 2005. Assessment of single nucleotide polymorphisms in genes residing on chromosomes 14 and 29 for association with carcass composition traits in *Bos indicus* cattle. *J. Anim. Sci.* 83:13-19.
 4. Cheong, H. S., Yoon, D. H. and Kim, L. H., 2006. Growth hormone-releasing hormone (GHRH) polymorphisms associated with carcass traits of meat in Korea cattle. *BMC Genet.* 7:35.
 5. Cheong, H. S., Yoon, D. H., Park, B. L., Kim, L. H., Bae, J. S., Namgoong, S., Lee, H. W., Han, C. S., Kim, J. O., Cheong, I. C. and Shin, H. D. 2008. A single nucleotide polymorphism in CAPN1 associated with marbling score in Korean cattle. *BMC Genet.* 9:33-39.
 6. Cho, Seoae., Pak, T. S., Yoon, D. H., Cheong, H. S., Namgoong, S., Park, B. L., Lee, H. W., Han, C. S., Kim, E. M., Cheong, I. C., Kim, H. B. and Shin, H. D., 2008. Identification of genetic polymorphisms in *FABP3* and *FABP4* and putative association with back fat thickness in Korean native cattle. *BMB report.* 41(1):29-34.
 7. Grisart, B., Coppieters, W., Farnir, F., Karim, L., Ford, C., Berzi, P., Cambisano, N., Mni, M., Reid, S., Simon, P., Spelman, R., Georges, M. and Snell, R. 2002. Positional candidate cloning of a QTL in dairy cattle: identification of a missense mutation in the bovine DGAT1 gene with major effect on milk yield and composition. *Genome Res.* 12:222-231.
 8. Hu, Z. L., Fritz, E. R. and Reecy, J. M. 2007. AnimalQTLdb: a livestock QTL database tool set for positional QTL information mining and beyond. *Nucleic. Acids. Res.* 35:604-609.
 9. Moon, S., Shin, H. D. and Cheong, H. 2007. BcSNPdb Bovine Coding Region Single Nucleotide Polymorphisms Located Proximal to Quantitative Trait Loci. *J. Biochem. Mol. Biol.* 40(1):95-99.
 10. Moore, S. S., Li, C., Basarab, J., Snelling, W. M., Kneeland, J., Murdoch, B., Hansen, C. and Benkel, B. 2003. Fine mapping of quantitative trait loci and assessment of positional candidate genes for backfat on bovine chromosome 14 in a commercial line of *Bos taurus*. *J. Anim. Sci.* 81:1919-1925.
 11. Thaller, G., Kuhn, C., Winter, A., Ewald, G., Bellmann, O., Wegner, J., Zuhlke, H. and Fries, R. 2003. DGAT1, a new positional and functional candidate gene for intermuscular fat deposition in cattle. *Anim. Genet.* 34:354-357.
- (접수일자 : 2008. 11. 25. / 수정일자 : 2008. 12. 4. / 채택일자 : 2008. 12. 5.)