

한우의 Fatty Acid Synthase (*FASN*)와 Acetyl CoA Carboxylase- α (*ACACA*)

유전자내의 단일염기변이가 한우집단내의 도체형질에 미치는 영향

전은경¹ · 김상욱¹ · 최윤정¹ · 김내수¹ · 조만욱² · 이명일² · 정용호³ · 이진석⁴ · 김관태⁴ · 고경철⁴ · 김관석^{1*}

¹충북대학교 농업생명환경대학 축산학과, ²농협중앙회 축산연구원, ³한국종축개량협회 한우개량부, ⁴축산물품질평가원

Effect of the Fatty Acid Synthase and Acetyl CoA Carboxylase Genes on Carcass Quality in Commercial Hanwoo Population

Eun-Kyeong Jeon¹, Sang-Wook Kim¹, Yun-Jeong Choi¹, Nae-Soo Kim¹, Man-Weuk Cho², Myoung-II Lee²,
 Yong-Ho Jeong³, Jin-Suk Lee⁴, Kwan-Tae Kim⁴, Kyung-Chul Koh⁴ and Kwan-Suk Kim¹

¹Department of Animal Science, Chungbuk National University, Cheongju 361-763, Korea, ²NongHyup Livestock Research Center, Anseong 456-824, Korea, ³Korean Animal Improvement Association, Hanwoo Improvement Division, Seoul 137-073, Korea, ⁴Korea Institute for Animal Products Quality Evaluation., Gunpo 435-010, Korea

ABSTRACT

This study was conducted to investigate the combined effect of fatty acid synthase (*FASN*) and Acetyl CoA Carboxylase- α (*ACACA*) genes on carcass traits of Korean cattle (Hanwoo). A total of 1,057 commercial Hanwoo cattle provided by the NongHyup Livestock Research Center (NLRC) and Hanwoo Performance Competition (HPC) were used to analyze the effect of four single nucleotide polymorphisms (SNPs) within *FASN* (*g.11280A>G*, *g.16024A>G*, *g.16039T>C*, and *g.17924A>G*) and one SNP within *ACACA* (*g.2274G>A*) genes. In addition, the effect of genotypic combinations between *FASN* (*g.17924A>G*) and *ACACA* (*g.2274G>A*) SNPs has been studied with carcass traits. Significant associations were identified between *g.17924A>G* of *FASN* and carcass weight and back fat, and between the *ACACA* gene SNP *g.2274G>A* and longissimus muscle area with HPC samples. It was also found that both effects of *FASN* *g.17924A>G* and *ACACA* *g.2274G>A* polymorphisms were consistent in NLRC samples. Combined analyses of both NLRC and HPC samples also revealed the significant associations between the *FASN* *g.17924A>G* and carcass weight and back fat and between the *ACACA* *g.2274G>A* and back fat, respectively. The effect of the genotypic combination of *g.17924A>G* within *FASN* and *g.2274G>A* within *ACACA* genes showed that the combination of both GG genotypes of *FASN* and *ACACA* SNPs causes higher carcass weight and marbling score. The results of this study indicate that the two SNP markers within the *FASN* and *ACACA* genes can be utilized to select superior Hanwoo cows and calves in commercial Hanwoo farms.

(Key words : *FASN*, *ACACA*, Hanwoo, Carcass Traits, interaction)

서 론

한우개량협회의회가 1967년 설립되면서 역우에서 육우로 한우의 개량이 시작되었으며(Roh et al., 2010), 최근 소비자들이 우수한 품질의 소고기를 선호하고 있어 고품질의 한우소고기의 생산을 위한 사양관리와 개량방법에 관한 많은 연구가 이루어 지고 있다. 특히 고급 한우 소고기 생산을 목적으로 한우를 개량하기 위해서는 유전적으로 우수한 한우종축을 정확히 선발하기 위한 보조적 수단으로 한우개체의 DNA 정보를 활용하는 연구가 수행되어야 할 것이다.

소 근육내의 지방산 조성은 크게 포화지방산(saturated fatty acids: SFAs)과 불포화지방산(unsaturated fatty acids: UFAs) 과 불포화지방산(saturated fatty acids: SFAs)으로 구성되어 있으며, 특히 불포화지방산(SFAs)의 조성은 소고기의 육질과 매우 밀접한 연관이 있는데, 그 중 단일불포화지방산(Monounsaturated fatty acids: MUFAs)의 하나인 올레인산(Oleic acid: C18:1) 은 그 함량이 높으면 산화를 막아주며 근내지방의 침착과 양의 상관관계에 기여하고 있으며, 연도와 풍미를 좋게 해준다고 알려져 있다(Melton et al., 1982; Smith et al., 2006).

소의 육질 및 지방산 조성 형질과 관련된 유전자들을 살펴보면

* Corresponding author : Kwan-Suk Kim, College of Agriculture, Life and Environment Sciences, Chungbuk National University. Tel: 043-261-2547 Fax: 043-273-2240, E-mail: kwansukkim@chungbuk.ac.kr

Fatty Acid Synthase (*FASN*)와 Acetyl CoA Carboxylase- α (*ACACA*) 등이 있으며, 이들은 소 염색체 19번에 위치해 있다 (Roh et al., 2005). 최근 Uemoto 등 (2010)은 일본 화우 품종집단에서 Illumina BovineSNP50 BeadChip을 이용하여 유전체 전장분석 (Genome Wide Association Study)을 통해 49~55 Mbp 사이의 염색체 영역이 올레인산 함량을 조절하는 중요한 영역이라 보고하였으며, 소 염색체 19번은 일본 화우의 지방산 및 육질을 조절하는 매우 중요한 염색체로 보고하였다.

FASN 유전자는 지방과 간 조직에서 지방산을 합성하는 복합효소로서, 소 *FASN* 유전자내의 g.17924G>A 단일염기변이는 앵거스와 한우품종에서 불포화지방산인 올레인산 (C18:1) 함량에 영향을 미치는 것으로 보고되었다 (Zhang et al., 2008; Bhuiyan et al., 2009; Oh et al., 2011). Li 등 (2009)은 한우품종에서 *FASN* 유전자내의 염기서열분석을 통해 총 27개의 단일염기변이를 발굴하였으며, 연관불균형 (linkage disequilibrium: LD) 조사를 통해 g.11280G>A, g.13125T>C와 g.17924G>A 등 총 3개의 단일염기변이들의 반수체형을 보고 하였고, 그 후 Kim 등 (2010)은 한우 후대검정 축군 925두를 이용하여 *FASN* 유전자내 3개의 단일염기변이들이 도체형질에 영향을 미치는 효과를 분석하였는데, g.11280G>A 단일염기변이는 도체중과 등지방두께 및 육량지수에 유의적인 효과를 나타내었으며, g.17924G>A 변이는 도체중에 유의적인 연관성이 있는 것으로 보고하였다.

Abe 등 (2009)은 일본 화우와 리무진 품종의 F2집단에서 *FASN* 유전자내의 아미노산을 변화시키는 새로운 두 단일염기변이 g.16024A>G (Thr1950Ala), g.16039T>C (Trp1955Arg)들을 발굴하였으며, 이들의 반수체형은 소의 지방내의 지방산 조성 중 팔미트산 (C16:0)과 올레인산 (C18:1)들에 유의적인 연관성이 있다고 보고하였다. Zhang 등 (2009)은 *ACACA* 유전자의 Promoter I 영역에서 8개의 단일염기변이들을 발견 하였으며 특히 g.2274G>A 단일염기변이는 등지방 두께에 유의적인 연관성이 있으며, g.2350T>C 단일염기변이는 지방산 조성에 유의적인 연관성이 있음을 보고 하였다. 또한 Shin 등 (2011)은 한우의 intron I 영역에서 *ACACA* 유전자를 두 단일염기변이 g.2344T>C, g.2447C>A를 발굴하였으며, g.2344T>C의 단일염기변이에서 생체중과 도체중에, g.2447C>A의 단일염기변이는 육색에 유의적인 효과가 각각 있다고 보고하였다.

따라서 본 연구는 한우 19번 염색체 상에 존재하는 *FASN*과 *ACACA* 유전자들 내의 단일염기변이들의 상호작용이 한우상업집단의 육질향상과 육량증대에 동시에 영향을 줄 수 있는 유전인자임을 평가하기 위해서 수행하였다.

재료 및 방법

1. 공시재료, 도체형질, DNA 추출 및 농도 측정

본 연구는 한국종축개량협회의 주관으로 실시하는 전국한우능력평가대회에서 도축된 425두 (11~13회)와 농협중앙회 축산연구원의 한우인증사업에서 제공받은 632두의 한우 DNA 샘플 (2008년도 1월부터 2009년 1월 사이에 출하) 등, 총 1057두의 상용한우 DNA와 도축정보를 이용하였다.

시료채취는 냉도체 판정 후 채취된 등심조직에서 QIAprep® Spin Miniprep Kit (QIAGEN, USA)를 이용하여 DNA를 추출하였으며, 조사된 형질은 농림부 고시 (MIFAFF. Guideline for Livestock product grading system, 2004-66)의 측정방법을 이용하여 한우 등급판정결과와 도체형질인 도체중, 등지방두께, 배장근 단면적과 근내지방도의 기초통계량 항목에 대하여 나타내었다 (Table 1).

2. PCR-RFLP 방법을 이용한 *FASN* (g.11280A>G, g.16024A>G, g.16039T>C)과 *ACACA* (g.2274G>A) 유전자형 결정

소 *FASN* (GenBank accession number AF285607)의 g.11280G>A (Exon21-Silent), g.16024A>G (Thr1950Ala), g.16039T>C (Trp1955Arg) g.17924G>A (Thr2158Ala)와 *ACACA* (GenBank accession number AJ276233)의 g.2274G>A 단일염기변이들을 포함하는 영역의 증폭을 위해 Oligo 6 (Molecular Biology Insights, Cascade, CO, USA) 프로그램을 이용하여 네 개의 Primer 세트를 제작하였다 (Table 2). DNA 증폭을 위해 사용한 PCR 기계는 PTC-200 thermocycler (MJ Research, Watertown MA, USA) 이용하였으며, DNA 중화효소는 hTaq polymerase (Enzynomics, Korea)를 사용하였다. PCR 반응조건은 주형 DNA

Table 1. Means and standard deviations for carcass traits measured on Commercial Hanwoo populations

	Hanwoo Performance Competition (HRC)				NongHyup Livestock Research Center (NLRC)			
	Mean	SD	Median	N	Mean	SD	Median	N
Carcass weight (CW) kg	433.38	43.25	432.00	425	410.33	39.79	410.00	632
Longissimus muscle area (LMA) cm ²	91.78	9.78	91.00	425	85.59	8.74	85.00	632
Backfat thickness (BF) mm	13.16	5.07	12.00	425	12.60	4.39	13.00	632
Marbling score (MAR) 1-9	18.18	5.90	19.00	425	3.59	1.52	3.00	632

Table 2. PCR primers and restriction enzymes used for SNP genotyping

Gene & SNP	GenBank no	Primer sequences (5'>3')	Fragment size (bp)	T _A (°C)	Restriction Enzyme (°C)	Size(bp) of the allelic polymorphism
<i>FASN</i> g.11280 A>G	AF285607	CCACAGTGGCCGACGTG AACTTCTCCAGGATGGGCACC	133	58	<i>TaqI</i> (65)	133, 67
<i>FASN</i> g.16024 A>G	AF285607	CTACCAAGCCAGGCAGGTC GCCATTGTACTTGGGCTTGT	336	61	<i>HhaI</i> (37)	336, 262
<i>FASN</i> g.16039 T>C	AF285607	CTACCAAGCCAGGCAGGTC GCCATTGTACTTGGGCTTGT	336	61	<i>NciI</i> (37)	336, 247
<i>FASN</i> g.17924 A>G	AF285607	ACCTTGACACGGCTCAACTC GTAGCCATAGGTGGGGATG	127	58	<i>MscI</i> (37)	127, 93
<i>ACACA</i> g.2274G>A	AJ276233	AACTGAACTGAGGCAACTTAG TCCTATCTATAATTGGCAGTC	633	52.5	<i>AciI</i> (37)	633, 434
<i>FASN</i> g.17924 A>G	AF285607	CTCCACCACCGTGTCC TCCTGTACACTGTAGGCCATAG	133	55	<i>HRM Genotyping</i>	

25 ng primer 0.01uM, dNTP 5 mM, 10XPCR buffer 2.5 ul, 그리고 h-Taq DNA polymerase를 0.625 units를 넣어 최종 반응액 25 ul을 이용하였다.

FASN 유전자 g.11280G>A 변이에 대한 유전자형 분석은 증폭한 PCR 산물에서 G 변이를 인식하는 제한효소 *Taq I*을 처리하여 수행하였다. 또한 g.16024A>G 변이에 대한 유전자형분석은 A 염기를 인식하는 *Hha I*을 처리하여 수행하였으며, g.16039T>C 변이에 대한 유전자형 분석은 T 염기를 인식하는 *Nci I* 처리하여 수행하였다(Table 2). 그리고 *ACACA* 유전자 g.2274G>A 변이는 G 염기를 인식하는 제한효소 *Aci I*을 처리하여 수행하였다. 각각의 변이들에 대한 유전자형 판정은 제한효소 2 unit를 넣어 각각의 최적반응 조건에서 6시간 이상 반응을 통해 절단된 단편들을 2.5% MetaPhor agarose gel (LONZA, USA)에서 90mV 전압으로 40분간의 전기영동을 수행한 후 실시하였다.

3. High Resolution Melt (HRM) 시스템을 이용한 *FASN* (g.17924G>A) 유전자형 결정

FASN g.17924 G>A의 단일염기변이 분석은 Idoho technology의 Light Scanner의 HRM 시스템을 이용하여 한우 시료 1060 두에서 유전자형 결정을 수행하였다. HRM 시스템을 이용할 목적으로 제작된 Primer쌍은 Table 2에 나타났다. PCR 반응조건은 DNA 50ng, Primer 0.1 uM, 2XSensiMix HRMTM 10 ul, 그리고 LCGreen 0.5 ul를 넣어 최종 반응액 20ul을 이용하였다. 반응조건은 최초 95°C에서 15분간 예비가열 한 후 95°C에서 30초 동안 변성시키고, annealing 온도에서 30초 그리고 72°C에서 40초 합성(extension)시키는 총 40회 반복중복하고 72°C에서 5분 마지막 합성단계(final extension)를 수행하였고 HRM 시스템을 이용하여 유전자형 결정을 하였다.

4. 통계분석

(1) *FASN*와 *ACACA* 유전자의 단일염기변이들과 상용 한우도체형질간의 연관성 분석

경제형질 측정치에 대한 *FASN*(g.11280G>A, g.16024A>G, g.16039T>C, g.17924G>A), *ACACA*(g.2274G>A) 변이들의 유전자형 효과를 추정하기 위해 SAS 9.1 Package/PC를 이용하였으며 최소유치자 검정으로 유전자형의 형질연관성을 조사하였다. 이용한 통계분석 모형은 다음과 같다.

1) 한우능력평가 상업집단 425두의 통계분석 모형 (MIXED Model)

$$Y_{ijkl} = \mu + S_i + G_j + D_k + b_l L_l + e_{ijkl}$$

- Y_{ijkl} : 도체형질 관측치
- μ : 전체의 평균
- S_i : 아버에 대한 임의효과 (54두)
- G_j : 유전자형 효과
- D_k : 도축차수의 고정효과 (1~5차)
- L_l : 생체중에 대한 공변량
- b_l : 생체중에 대한 회귀계수
- e_{ijkl} : 임의오차를 나타낸다.

2) 농협축산연구원 한우 632두 통계분석 모형과 한우능력평가 한우 328두를 통합한 1060두의 통계분석 모형 (GLM Model)

$$Y_{ij} = \mu + D_i + G_j + e_{ij}$$

- Y_{ij} : 도체형질 관측치
- μ : 전체의 평균
- D_j : 도축차수 (1~19차)

G_i : 유전자형 효과
 e_{ij} : 임의오차를 나타낸다.

(2) *FASN* (g.17924G>A)와 *ACACA* (g.2274G>A) 단일 염기변이간의 상호작용 분석

FASN (g.17924A>G)과 *ACACA* (g.2274A>G) 단일염기변이간의 상호작용 효과 및 유전자형 효과를 추정하기 위해 SAS 9.1 Package/PC를 이용하여 일반선형모형 (GLM) 분석을 하였으며, 유전자형의 효과는 두 SNP 조합 유전자형 (g.17924A>G + g.2274A>G) 효과를 추정하기 위해 최소유역차 검정으로 평균간 차이에 대한 유의성을 조사하였다. 적용한 통계분석 모형은 다음과 같다.

$$Y_{ij} = \mu + D_i + G_j + e_{ij}$$

Y_{ij} : 도체형질 관측치
 μ : 전체의 평균
 D_i : 도축차수의 고정효과 (1~24차)
 G_j : 두 단일염기변이 조합의 유전자형 효과
 e_{ij} : 임의오차를 나타낸다.

결과 및 고찰

1. 한우상업집단에서의 *FASN*와 *ACACA* 유전자의 단일염기 변이들의 빈도 분석

본 연구에서 한국종축개량협회에서 제공받은 한우능력평가 시료 425두 (HPC)와 농협축산연구원의 한우인증사업에서 제공받은 시료

632두 (NLRC)에서 *FASN* 유전자내의 g.11280G>A, g.16024A>G, g.16039T>C, g.17924A>G와 *ACACA* 유전자내의 g.2274T>C 단일염기변이의 유전자형의 빈도를 Table 3에 요약하였다.

FASN g.17924G>A와 *ACACA* g.2274A>G의 단일염기변이들의 유전자형 조합의 빈도는 Table 4에 나타났다. *FASN* 유전자의 AA 유전자형과 *ACACA* 유전자의 AA 유전자형의 조합을 가진 개체의 빈도가 가장 낮은 0.001로 나타났으며, 또한 *FASN* 유전자의 GG 유전자형과 *ACACA* 유전자의 GG 유전자형의 조합인 개체가 가장 많은 0.373의 빈도를 나타내었다.

2. 한우상업집단에서 *FASN*와 *ACACA* 유전자의 단일 염기 변이들과 도체형질과의 연관성 분석

종축개량협회에서 제공받은 한우능력평가 집단 (n=425)에서 *FASN* 유전자 내의 g.11280G>A, g.16024A>G 그리고 g.16039T>C 단일염기변이들은 도체형질과의 연관성분석 결과에서 유의적인 효과가 없는 것으로 나타났다 (data not shown). 하지만 *FASN* g.17924G>A 단일염기변이는 도체중 (P<0.05), 등지방두께 (P<0.05)에 유의적인 연관성이 있는 것으로 나타났는데 GG 유전자형을 가진 개체는 도체중이 무겁고 등지방두께가 얇은 것으로 나타났다. 또한 농협축산연구원에서 제공받은 한우집단 632두에서도 *FASN* 유전자 내의 g.11280G>A, g.16024A>G 그리고 g.16039T>C 단일염기변이들 역시 도체형질과의 연관성분석 결과에서 유의적인 효과가 없는 것으로 나타났지만 (data not shown), *FASN* g.17924G>A 단일염기변이에서 도체중 (P<0.05)에 유의적인 연관성이 있는 것으로 나타났다. 또한 농협축산연구원의 한우인증집단

Table 3. Genotype and minor allele frequencies of *FASN* gene and *ACACA* gene polymorphisms

Hanwoo Population	Gene/location	AA change	<i>FASN</i> Gene	No. of Genotype (%)			Total N of cattle	Minor allele frequency	Heterozygosity	HWE P-value
HPC	<i>FASN</i> / Exon21	Silent	g.11280A>G	AA: 72 (20%)	AG: 120 (34%)	GG: 167 (46%)	359	0.368	0.465	0.002
	<i>FASN</i> / Exon34	Thr → Ala	g.16024 A>G	AA: 82 (20%)	AG: 173 (42%)	GG: 165 (38%)	420	0.408	0.483	0.004
	<i>FASN</i> / Exon34	Trp → Arg	g.16039 T>C	TT: 76 (18%)	TC: 167 (42%)	CC: 158 (40%)	401	0.403	0.481	0.032
	<i>FASN</i> / Exon39	Thr → Ala	g.17924 A>G	AA: 11 (3%)	AG: 95 (24%)	GG: 292 (73%)	398	0.147	0.251	0.423
NLRC	<i>FASN</i> / Exon39	Thr → Ala	g.17924 A>G	AA: 14 (2%)	AG: 170 (28%)	GG: 426 (70%)	610	0.162	0.279	0.668
HPC+NLRC	<i>FASN</i> / Exon39	Thr → Ala	g.17924 A>G	AA: 25 (3%)	AG: 266 (26%)	GG: 717 (71%)	1008	0.156	0.263	0.993
HPC	<i>ACACA</i> / Promotor	Silent	g.2274A>G	AA: 20 (5%)	AG: 129 (34%)	GG: 231 (61%)	380	0.222	0.339	0.801
NLRC	<i>ACACA</i> / Promotor	Silent	g.2274A>G	AA: 36 (7%)	AG: 190 (33%)	GG: 334 (60%)	560	0.234	0.339	0.244
HPC+NLRC	<i>ACACA</i> / Promotor	Silent	g.2274A>G	AA: 56 (5%)	AG: 319 (34%)	GG: 565 (61%)	940	0.229	0.339	0.254

Table 4. Combined frequencies of the *FASN* g.17924 A>G and *ACACA* g.2274A>G polymorphisms (n=828)

<i>ACACA</i> g.2274G>A Genotype	<i>FASN</i> g.17924 A>G Genotype		
	AA	AG	GG
AA	0.001	0.001	0.004
AG	0.009	0.074	0.210
GG	0.072	0.135	0.373

에서도 통계적인 유의성은 없지만 등지방두께에 동일한 유전자형 효과가 나타났다(Table 5).

종축개량협회에서 제공받은 한우집단(n=425)과 농협축산연구원에서 제공받은 한우집단(n=632)을 통합하여 *FASN* g.17924A>G 단일염기변이와 도체형질간의 연관성 분석을 추가적으로 실시하였는데, 그 결과 동일하게 도체중에서 유의적인 효과가 나타났으며 역시 GG 형을 가진 개체가 높게 관찰되었다(P<0.05). 등지방두께에서도 농협축산연구원 한우집단에서 한우종축개량협회에서 제공받은 한우집단과 통합 분석 결과에서는 유의적인 연관성이 있는 것으로 나타났다(P<0.05). 본 연구결과는 Kim 등(2010)의 24개월령인 한우 후대검정우 집단에서 나타난 *FASN* g.17924G>A 단일염기변이가 도체중과 등지방두께에 미치는 영향이 다양한 사양관리 아래의 30개월령 한우집단에서도 지속되는 것으로써 *FASN* 유전자가 육질 뿐만 아니라 육량을 개선하는데 매우 중요한 유전자 마커임을 증명하는 것으로 사료된다.

또한 Abe 등(2009) 등의 결과에서는 *FASN* 유전자내의 g.16024A>G와 g.16039T>C 단일염기변이가 일본화우집단에서 근 내지방의 지방산 조성에 유의적인 영향을 보고하였는데, 본 한우 집단에서는 지방산 조성에 관한 형질이 수집되지 않아서, 한우 근 내지방의 지방산 조성에 관한 추가적인 연구가 필요할 것으로 사료된다.

ACACA 유전자내의 g.2274G>A 단일염기변이와 도체형질과의 연관성분석 결과는 종축개량협회에서 제공받은 한우능력평가 한우집단(n=425)과 농협축산연구원에서 제공받은 한우집단(n=632)에서 배장근 단면적에 유의적인 연관성을 나타내었다(Table 5). 하지만 한우능력평가 한우집단과 농협축산연구원 한우집단을 통합하여 분석하였을 때에는 g.2274G>A 단일염기변이와 배장근 단면적에서는 유의성이 나타나지 않았으나 등지방두께에서 유의적인 연관성이 관찰되었다(P<0.05). *ACACA* 유전자의 GG 유전자형을 가진 개체가 AG와 AA 유전자형을 가진 개체보다 등지방 두께가 두꺼운 것으로 나타난 결과는 Zhang 등(2009)의 보고와 일치하였다. *ACACA* 단일염기변이(g.2274G>A)의 유전자형 효과가 본 연구에 사용된 한우집단의 다양한 사양환경과 집단표본의 크기, 다른 유전자와의 상호작용 등의 복잡한 요인에 의해 통계적인 유의성이 다르게 나타난 것으로 사료되어, 같은 염색체 내의 *FASN* 유전자와의 상호작용 효과에 대해서 추가적인 연구를 수행하였다.

3. *FASN* (g.17924G>A)와 *ACACA* (g.2274G>A) 유전자의 단일염기 변이간의 상호작용 효과 분석

Table 5. Phenotypic association of *FASN* g.17924A>G and *ACACA* g.2274A>G polymorphisms

Gene	Phenotypic trait	HPC (n=425)			P-value	NLRC (n=632)			P-value	HPC + NLRC (n=425 and 632)			P-value
		Genotypic least squares means (SE)				Genotypic least squares means (SE)				Genotypic least squares means (SE)			
		AA	AG	GG		AA	AG	GG		AA	AG	GG	
<i>FASN</i> g.17924A>G	CW	424.85 (13.29)e	437.26 (5.65)e, f	464.01 (4.766)f	0.0013	399.85 (11.03)	424.72 (4.12)	427.14 (3.24)	0.0406	409.58 (8.55)	413.30 (3.38)	440.26 (2.70)	0.0009
	LMA	96.41 (2.98)	92.50 (1.27)	92.07 (1.07)	0.3308	87.59 (2.42)	84.70 (0.90)	85.44 (0.71)	0.3997	89.79 (1.89)	86.48 (0.75)	86.78 (0.60)	0.2212
	BF	16.42 (1.56)e	12.86 (0.66)e, f	11.96 (0.56)f	0.0008	13.71 (1.20)	12.88 (0.45)	12.67 (0.35)	0.6131	15.02 (0.96)	13.00 (0.38)	12.49 (0.30)	0.0118
	MAR	22.76 (1.62)	20.87 (0.69)	20.83 (0.58)	0.4829	2.92 (0.41)	3.67 (0.15)	3.53 (0.12)	0.1532	2.98 (0.40)	3.72 (0.15)	3.63 (0.12)	0.1743
<i>ACACA</i> g.2274G>A	CW	410.95 (10.91)	426.54 (5.87)	429.18 (5.27)	0.1904	408.06 (7.16)	410.01 (2.48)	408.07 (2.82)	0.8663	412.98 (6.16)	418.95 (3.15)	416.05 (2.91)	0.5031
	LMA	88.37 (2.38)	90.54 (1.28)	92.76 (1.15)	0.0267	85.19 (1.55)	86.56 (0.75)	85.81 (0.61)	0.0158	87.75 (1.16)	87.81 (0.59)	88.13 (0.55)	0.8367
	BF	12.29 (1.30)	12.35 (0.70)	12.20 (0.63)	0.9606	12.47 (0.73)	12.87 (0.35)	13.82 (0.29)	0.2283	12.34 (0.68)	13.00 (0.35)	14.39 (0.32)	0.004
	MAR	18.49 (1.30)	21.03 (0.70)	21.41 (0.63)	0.0508	3.38 (0.27)	3.73 (0.13)	3.55 (0.10)	0.2835	3.59 (0.29)	4.02 (0.15)	3.97 (0.13)	0.3671

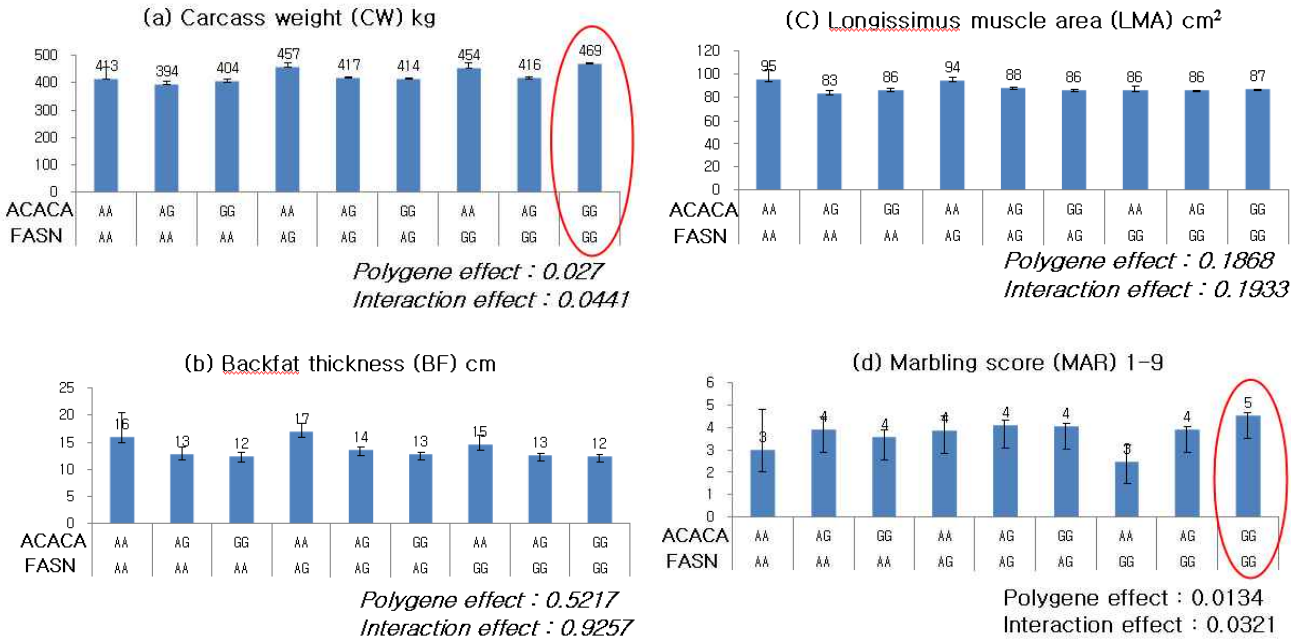


Fig. 1. Combined effects of the Fatty acid synthase (*FASN*) and Acetyl-CoA Carboxylase- α (*ACACA*) genotypes for (a) carcass weight (kg); (b) back-fat thickness (mm); (c) Longissimus muscle area cm²; (d) marbling score. Carcass traits.

FASN g.17924G>A와 *ACACA* g.2274A>G의 유전자들의 단일염기변이들의 조합이 도체형질에 영향을 미치는 지를 알아보기 위해 한우종축개량협회에서 제공받은 한우능력평가 집단과 농협축산연구원에서 제공받은 집단을 통합하여 총 1,060두를 이용하여 분석을 수행하였다. 통합된 한우집단에서의 *FASN* 유전자의 g.17924G>A와 *ACACA* 유전자의 g.2274A>G 단일염기변이들 가운데, *FASN* 유전자의 GG 유전자형과 *ACACA* 유전자의 GG 유전자형 조합을 가진 개체에서 가장 높은 도체중(P<0.05)과 근내지방도(P<0.05)를 발현하였다(Fig. 1).

Graugnard 등 (2009)은 소의 지방조직 합성과 에너지 대사에 관여하는 유전자 발현네트워크에 대한 연구를 앵거스와 앵거스×시멘탈 집단의 근육조직에서 수행하였는데, *FASN*과 *ACACA* 유전자의 발현양에서 차이가 나타나는 것을 보고하였다. Taniguchi 등 (2004)와 Matsuhashi 등 (2011)은 *FASN*과 *SCD* 유전자 내의 변이가 일본화우 상업집단에서 근육내 지방산 조성에 영향을 미치는 유용한 마커로 보고하였는데, 한우집단에서 통합적인 다중유전자 효과에 추가적인 연구가 필요할 것으로 사료된다.

본 연구의 결과에서는 지방산 합성과정에서 필수적인 효소인 *FASN*과 *ACACA* 단백질 유전자내의 단일염기변이들이 한우상업집단의 근내지방도와 도체중에 상가적인 영향을 주는 것을 밝혀낸 것으로, 우수한 육량과 육질의 한우소고기 생산을 위해서 *FASN*과 *ACACA* 유전자를 우량 종모우 및 암소의 선발에 활용이 가능할 것으로 판단한다.

요 약

본 연구는 지방산의 합성의 완성 및 지방세포의 성장 및 합성에 영향을 미치는 *FASN*과 *ACACA* 유전자내의 단일염기변이(SNP)들을 한우의 도체형질에 미치는 영향을 조사하기 위해 수행되었다. 한우 능력평가집단 425두와 농협 축산연구원에서 제공받은 632두를 대상으로 *FASN* 유전자내의 4개(g.11280A>G, g.16024A>G, g.16039T>C, g.17924A>G)의 단일염기변이들과 *ACACA* 유전자내의 1개(g.2274G>A) 단일염기변이들이 도체형질에 미치는 효과를 분석하였다. 한우능력평가집단에서 *FASN* g.17924A>G는 도체중과 등지방두께에 유의적인 연관성을 나타내었으며, *ACACA* g.2274G>A는 배장근 단면적에 유의적인 연관성을 나타내었다. 농협 축산연구원의 샘플에서도 *FASN* g.17924A>G는 도체중에서 *ACACA* g.2274G>A는 배장근 단면적에서 동일한 유의적인 연관성이 관찰되었다. 한우 능력평가집단과 농협 축산연구원 샘플을 통합하여 *FASN* 유전자 g.17924A>G와 *ACACA* 유전자 g.2274G>A 변이를 분석한 결과에서는 *FASN* g.17924A>G는 도체중과 등지방두께에 유의적인 연관성이 나타났으며, *ACACA* g.2274G>A는 등지방두께에서 유의적인 연관성을 나타내었다. 또한 *FASN* g.17924A>G와 *ACACA* g.2274G>A의 유전자형조합에 따른 분석에서 도체중과 근내지방도에서 상호작용효과가 추정되었으며, 도체중과 근내지방도에 유의적인 상가적 효과를 나타내었다. *FASN* g.17924G>A의 GG 유전자형과 *ACACA* g.2274A>G의 GG 유전자형의 조합을 가진 개체는 다른 유전자형 조합을 가

진 개체보다 높은 도체중과 근내지방도를 발현하는 개체인 것으로 관찰되었다 ($P < 0.05$). 본 연구의 결과는 두 유전자내의 단일염기변이들을 육량과 육질이 우수한 송아지 생산에 활용될 수 있을 것으로 사료된다.

(주제어: 지방산합성 유전자, 한우개량, 도체형질, 근내지방도)

감사의 글

이 논문은 2011년 농림수산식품부 농림기술개발사업의 지원(과제명: 한우 육량·육질 조기 선발용 DNA Kit 산업화 기술 개발)에 의하여 수행되었으며, 전은경, 김상욱, 최윤정은 2단계 BK21사업의 장학금 수혜를 받았습니다. 본 논문의 질적 수준 향상을 위해 수고해주신 익명의 심사위원님들께 감사의 말씀을 드립니다.

인용문헌

- Abe, T., Saburi, J., Hasebe, H., Nakagawa, T., Misumi, S., Nade, T., Nakajima, H., Shoji, N., Kobayashi, M. and Kobayashi, E. 2009. Novel Mutations of the *FASN* Gene and Their Effect on Fatty Acid Composition in Japanese Black Beef. *Biochem. Genet.* 47:397-411.
- Bhuiyan, M. S. A., Yu, S. L., Yoon, D., Cho, Y. M., Park, E. W., Kim, N. K., Kim, K. S. and Lee, J. H. 2009. DNA Polymorphisms in *SREBF1* and *FASN* Genes Affect Fatty Acid Composition in Korean Cattle (Hanwoo). *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 22:765-773.
- Braunard, D. E., Piantoni, P., Bionaz, M., Berger, L. L., Faulkner, D. B. and Looor, J. J. 2009. Adipogenic and energy metabolism gene networks in longissimus lumborum during rapid post-weaning growth in Angus and Angus \times Simmental cattle fed high-starch or low-starch diets. *BMC Genomics.* 31:142.
- Kim, S. W., Lee, J. H., Won, Y. S., Kim, N. S. and Kim, K. S. 2010. Effect of the Fatty Acid Synthase Gene for Beef Quantity Traits in Hanwoo Breeding Stock. *Korean. J. Anim. Sci. & Technol.* 52:9-16.
- Li, S., Kim, S. W., Lee, J. J., Lee, J. H., Yoon, D., Kim, J. J., Jeong, Y. C., Jeon, S. H., Choi, J. W., Kim, N. S. and Kim, K. S. 2009. Characterization of the Bovine *FASN* Gene Variation for Carcass and Beef Quality Traits in Hanwoo. *Korean. J. Anim. Sci. & Technol.* 51:165-192.
- Matsuhashi, T., Maruyama, S., Uemoto, Y., Kobayashi, N., Mannen, H., Abe, T., Sakaguchi, S. and Kobayashi, E. 2011. Effects of bovine fatty acid synthase, stearyl-coenzyme A desaturase, sterol regulatory element-binding protein 1, and growth hormone gene polymorphisms on fatty acid composition and carcass traits in Japanese Black cattle. *J. Anim. Sci.* 89:12-22.
- Melton, S. L., Amiri, M., Davis, G. W. and Backus, W. R. 1982. Flavor and chemical characteristics of ground beef from grass-forage- grain and grain-finished steers. *J. Anim. Sci.* 55: 77-87.
- Oh, D., Lee, Y., La, B., Yeo, J., Chung, E., Kim, Y. and Lee, C. 2011. Fatty acid composition of beef is associated with exonic nucleotide variants of the gene encoding *FASN*. *Mol. Biol. Rep.* 10:1190-1197.
- Roh, R., Zaragoza, P., Gautier, M., Eggen, A. and Rodellar, C. 2005. Radiation hybrid and genetic linkage mapping of two genes related to fat metabolism in cattle: fatty acid synthase (*FASN*) and glycerol-3-phosphate acyltransferase mitochondrial (*GPAM*). *Anim. Biotechnol.* 16:1-9.
- Roh, S. H., Kim, C. Y., Won, Y. S., Park, C. J., Lee, S. S. and Lee, J. G. 2010. Studies on Genetic Parameter Estimation and Sire Selection to Ultrasound Measurement Traits of Hanwoo. *Korean. J. Anim. Sci. & Technol.* 52:1-8.
- Shin, S. C., Heo, J. P. and Chung, E. R. 2011. Effect of Single Nucleotide Polymorphisms of Acetyl-CoA Carboxylase α (*ACACA*) Gene on Carcass Traits in Hanwoo (Korean Cattle). *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 24:744-751.
- Smith, S. B., Lunt, D. K., Chung, K. Y., Choi, C. B., Tume, R. K. and Zembayashi, M. 2006. Adiposity, fatty acid composition, and delta-9 desaturase activity during growth in beef cattle. *Anim. Sci. J.* 77:478-486.
- Taniguchi, M., Utsugi, T., Oyama, K., Mannen, H., Kobayashi, M., Tanabe, Y., Ogino, A. and Tsuji, S. 2004. Genotype of stearyl-CoA desaturase is associated with fatty acid composition in Japanese Black cattle. *Mamm. Genome.* 15:2101-10.
- Uemoto, Y., Abe, T., Tameoka, N., Hasebe, H., Inoue, K., Nakajima, H., Shoji, N., Kobayashi, M. and Kobayashi, E. 2010. Whole genome association study for fatty acid composition of oleic acid in Japanese Black cattle. *Anim. Genet.* 42:141-148.
- Zhang, S., Knight, T. J., Reecy, J. M. and Beitz, D. C. 2008. DNA polymorphisms in bovine fatty acid synthase are associated with beef fatty acid composition. *Anim. Genet.* 39:62-70.
- Zhang, S., Knight, T. J., Reecy, J. M., Wheeler, T. L., Shackelford, S. D., Cundiff, L. V. and Beitz, D. C. 2009. Association of polymorphisms in the promoter I of bovine acetyl-CoA carboxylase- α gene with beef fatty acid composition. *Anim. Genet.* 41:471-420.
- Ministry for Food, Agriculture, Forestry and Fisheries. 2004. Guideline for Livestock Product Grading System. MIFAFF 2004-66.

(Received Aug. 3, 2011; Revised Sep. 29, 2011; Accepted Sep. 30, 2011)