

## 엘피엘 유전자에 대한 한우의 우수 유전자 조합 선별

진미현<sup>1</sup> · 오동엽<sup>2</sup> · 이제영<sup>3</sup>

<sup>13</sup>영남대학교 통계학과 · <sup>2</sup>경상북도 축산기술연구소

접수 2013년 8월 23일, 수정 2013년 9월 24일, 게재확정 2013년 10월 21일

### 요약

지질 단백질 리파제 (lipoprotein lipase; LPL) 유전자는 지방산 합성을 조절하는 유전자로 알려져 있다. 특히, 한우의 LPL 유전자 내의 지방산 합성과 단일염기다형성 (SNP) 사이의 유전적 연관성이 밝혀진 바 있다. 최근에는 LPL 유전자 내의 3가지 SNP 즉, c.322G>A, c.329A>T 그리고 c.1591G>A는 한우의 불포화 지방산 조성도와 도체형질과 관련된 새로운 유전자로 밝혀진 바 있다 (Oh 등; 2013). 본 논문은 최근 밝혀진 3개의 새로운 LPL 유전자를 활용 한우의 도체형질은 물론 맛과 향이 좋은 여러 경제형질에 영향을 주는 우수 유전자 조합을 선별하려 하였다. 우수 유전자 선별 조합을 선별하기 위해 유전자 조합 방법으로 많이 활용되는 다중인자 차원 축소 방법을 이용하였다. 순수 유전자 효과만의 결과를 활용하기 위해 실험에서 얻어진 자료의 환경요인을 보정한 후 분석을 시도하였다 (Matsushashi 등, 2011).

주요용어: 경제형질, 다중인자 차원 축소 방법, 단일염기다형성, 유전자형.

### 1. 서론

지방산은 소고기의 등급과 밀접한 연관을 가지고 있으며 특히, 지방산은 지방산 합성에 의해 결정되어 왔고 지질 단백질 리파제 (lipoprotein lipase; LPL) 유전자는 지방산 합성을 조절하는 유전자로 알려져 있다. 그 중 단일불포화지방산 (monounsaturated fatty acid; MUFA)은 소고기의 맛과 부드러움에 매우 긍정적으로 작용하며 (Melton 등, 1982), 올레인산 (oleic acid; C18:1)은 소고기 지방에 있어 주로 MUFA의 중심의 역할로 요리된 소고기 향의 원인이 된다고 여겨져 왔다 (Melton 등, 1982; Mandell 등, 1998; Matsusushi 등, 2011). 이 외에도 소고기의 근내지방도 (marbling score; MS), 도체중량 (carcass weight; CWT), 등지방두께 (backfat thickness; BFT) 등이 소고기 품질에 주요한 지표가 되고 있다. 이 때 소고기 유전자의 상호작용을 계산하기 위해서 선형모형과 같은 통계적 모형을 사용해왔으나 유전자의 수가 늘어남에 따라 그 모형의 복잡도가 증가되거나 해석이 어려워져 사실상 해석이 불가능해지는 경우가 종종 발생한다. 그래서 제안된 방법이 다중인자 차원 축소 (multifactor dimensionality reduction, MDR; Richie 등, 2001)방법이다. 하지만 MDR 방법은 사례군-대조군으로 이루어진 이분형 데이터에서만 적용이 가능하고 연속형 데이터에는 적용이 불가능하다는 한계가 있다. 연속형 데이터에도 MDR 방법을 적용하기 위해 CART (classification and regression tree)방법을 활용한 확장된 다중인자 차원 축소 (expanded multifactor dimensionality reduction; E-MDR; Lee 등, 2008)방법, SVM (support vector machine)을 이용한 다중인자 차원 축소 (support vector machine

<sup>1</sup> (712-749) 경상북도 경산시 대동 214-1, 영남대학교 통계학과, 석사과정.

<sup>2</sup> (750-871) 경상북도 영주시 안정면 대룡산로 186, 경상북도 축산기술연구소, 연구원.

<sup>3</sup> 교신저자: (712-749) 경상북도 경산시 대동 214-1, 영남대학교 통계학과, 교수. E-mail: jlee@yu.ac.kr

multifactor dimensionality reduction; SVM-MDR; Lee 등, 2010a) 방법, 유전자 행렬 맵핑을 활용한 우수 유전자 조합 선별 (Lee 등, 2010b) 등이 개발되었다. 또한 MDR 방법은 인간의 질병중의 하나인 섭량의 위험인자를 규명 (Lee 등, 2011)하기도 하였다. 본 연구는 MDR 방법을 적용하여 가축의 경제적인 특성에 영향을 미치는 우수 유전자를 규명하려 한다. 또한 한우의 경제형질에 영향을 주는 유전적인 효과만을 살펴보기 위해, 일반선형모형을 이용하여 환경적인 요인을 보정하고 유전적인 요인들만 분석에 이용하였다. 분석에 사용된 SNP는 한우의 맛과 육질에 영향을 준다고 밝혀진 지방산합성효소 (Oh 등, 2011)에 영향을 미치는 LPL의 SNP 3개를 이용하였고, 경제형질은 올레인산 (oleic acid; C18:1), 단일불포화지방산 (monounsaturated fatty acid; MUFA), 근내지방도 (marbling score; MS), 도체중량 (carcass weight; CWT), 등지방두께 (backfat thickness; BFT)이다. 본 연구는 이들 6개의 경제형질에 각각 영향을 미치는 우수 유전자를 찾아낸 후, 이들을 한우의 경제형질에 영향을 주는 우수 유전자로 활용하도록 한다. 또한 선별된 우수 유전자 중에서 우수 유전자형 (genotype)도 찾아 분석한다. 본 연구는 다음과 같이 구성되었다. 2절에서는 환경적 요인을 보정한 우수 유전자 조합 선별을 위해 일반선형모형 및 MDR 방법과 그 절차를 소개하고 3절에서는 우수 유전자 조합을 선별하기 위한 MDR 방법을 한우 데이터에 적용한 결과를 제시하였다. 4절에서는 3절에서 선별된 우수 유전자 조합에서 우수 유전자형을 선별한 결과를 소개하고 5절에서는 연구의 결과를 요약한다.

## 2. 우수 유전자 조합 선별을 위한 통계적 방법

2절에서는 우수 유전자 조합을 선별하기 위해 사용한 통계적 방법들에 대해서 살펴보고 각 방법의 특징과 절차를 소개한다.

### 2.1. 보정된 일반선형모형

유전분석에서 어느 개체의 표현형은 그 개체의 유전적인 효과와 환경적인 효과에 의해 결정이 된다. 즉, 개체의 표현형은 다음과 같이 나타낼 수 있다.

$$P = E + G \quad (2.1)$$

$P$ 는 개체의 표현형 (phenotype)이고  $E$ 는 환경적인 효과 (environmental effect),  $G$ 는 유전적인 효과 (genetic effect)이다. 그래서 한우의 경제형질에 대한 연구에서는 다음과 같은 일반선형모형을 사용한다 (Casas 등, 2005).

$$y_{ijklm} = \mu + farm_i + \beta age_j + sire_k + SNP_l + e_{ijklm} \quad (2.2)$$

$$i = 1, \dots, f, j = 1, \dots, a, k = 1, \dots, s, l = 1, \dots, l, m = 1, \dots, n$$

여기서  $y_{ijklm}$ 는 한우의 표현형인 경제형질이고  $farm_i$ 와  $\beta$ 는 환경적인 효과로 각각 고정효과인 장소와 일령에 대한 회귀계수를 의미한다.  $sire_k$ 와  $SNP_l$ 는 유전적인 효과로 아버지의 효과와 SNP의 고정효과를 나타내었고  $e_{ijklm}$ 는 랜덤오차이다. 그러나 우리가 관심을 가지고 있는 부분은 한우의 경제형질에 영향을 주는 유전적인 효과를 밝혀내는 것이기 때문에 환경적인 요인을 보정한 아래의 (2.3)의 모형을 연구에 이용한다 (Matsuhashi 등, 2011).

$$y_{ijklm} - (farm_i + \beta age_j) = \mu + sire_k + SNP_l + e_{ijklm} \quad (2.3)$$

$$i = 1, \dots, f, j = 1, \dots, a, k = 1, \dots, s, l = 1, \dots, l, m = 1, \dots, n$$

## 2.2. 다중인자 차원 축소 방법

인간의 질병 유무와 같은 이분형 자료에 대한 유전자의 상호작용 효과를 찾기 위해 다중인자 차원 축소 (MDR; Richie 등, 2001) 방법이 제시되었으며, 이 방법은 일반화된 선형 모형의 전통적 통계기법과는 달리 모수에 대한 추정과 모형에 대한 가정이 필요하지 않은 비모수적 방법이다. 실험군-대조군의 비율을 통해 독립변수를 고위험군과 저위험군으로 분류한 뒤, 목표변수에 대한 오분류율을 비교하는 방법이며 아래는 MDR 방법의 과정을 나타내었다

- 단계 1. 데이터를 크기가 동일한 10개의 셋으로 나눈다. 그 중 9개를 학습용 자료, 나머지 하나를 검증용 자료로 설정한다.
- 단계 2. 선택된 위험 요인 조합에서 요인의 각 수준을 기초로 한 개체들을 각 셀에 기술한다. 예를 들어서  $k=2$ 인 경우, 위험 요인은 2개의 수준으로 되어있으므로  $3^2=9$ 개의 셀을 가진다. 각각 9개의 셀에 실험군-대조군의 도수를 기술한다.
- 단계 3. 실험군-대조군의 비를 구하여 1보다 크거나 같으면 고위험군, 1보다 작으면 저위험군으로 정한다. 예를 들어 실험군=3, 대조군=5 인 경우 그 비는 0.6이므로 그 셀은 저위험군으로 정한다.
- 단계 4. 학습용 자료의 모든 셀에서 잘못 분류된 비율인 학습용 자료의 오분류율과 검증용 자료를 이용하여 잘못 예측된 분류 비율인 검증용 자료의 오분류율을 구한다.
- 단계 5. 단계 1에서 정의한 10쌍의 모든 데이터 셋에 대해서 위의 과정을 반복하여 학습용 자료의 오분류율의 평균과 검증용 자료의 오분류율의 평균을 구한다.
- 단계 6. 구해진 학습용 자료의 오분류율의 평균과 검증용 자료의 오분류율의 평균값을 비교해서 가장 낮은 조합을 우수 위험 요인 조합으로 선정한다.

이들 기법에 근거하여 한우의 경제형질에 영향을 미치는 3개 SNP의 단일 및 조합을 확인하고 우수 유전자를 선별하도록 한다.

## 2.3. 순열검정

MDR 방법을 적용시킨 결과 선택된 최적 유전자 조합의 통계적 유의성 검정을 위해서 본 논문에서는 t-검정과 순열검정 (Good, 2000)을 통한 p-값을 계산한다. 순열검정의 절차는 다음과 같다.

- 단계 1. 가설 설정 - 각 방법을 통해 선별된 우수 유전자형 조합이 특성치에 영향력이 있다.
- 단계 2. 통계량과 기각역 설정 - 분석에 사용할 통계량으로 F-측정치를 선택한다. - 특정 유전자형 조합을 가진 그룹과 그 외의 그룹으로 나누어 그룹 간 데이터를 서로 바꾸었을 때 특정 유전자 조합을 가진 그룹의 통계량이 높다면, 특성치에 영향력이 있다고 판단한다.
- 단계 3. 선별된 유전자형 조합에 대한 통계량 계산 - 각 방법을 통해 선별된 우수 유전자형 조합의 F-측정치를 계산한다.
- 단계 4. 관측치의 재배열과 재배열 후의 통계량 계산 - 두 그룹의 데이터를 n개만큼 랜덤 추출하여 서로 교환한 후 그룹의 F-측정치를 구한다. 이 과정을 10,000번 반복한다.
- 단계 5. 결론 (p-값 계산) - 각 F-측정치를 내림차순으로 정렬한 후 기존의 F-측정치와 비교하여 p-값을 구한다.

위의 순열검정을 통해서 각각의 우수 유전자 조합에 대해 p-값을 나타내고, 그 결과를 통해 한우의 경제형질에 영향을 미치는 우수 유전자 조합을 규명한다.

### 3. MDR 방법 적용 및 결과

#### 3.1. 실험자료

이 데이터는 경북지역에서 자란 18 아비로부터 얻어진 612두의 한우로 구성되었다. 한우의 맛과 향에 영향을 준다고 알려져 있는 올레인산 (oleic acid; C18:1)과 단일불포화지방산 (monounsaturated fatty acid; MUFA), 한우의 육질에 영향을 준다고 알려진 근내지방도 (marbling score; MS), 도체중량 (carcass weight; CWT), 등지방두께 (backfat thickness; BFT), 포화지방산 (saturated fatty acids; SFA)을 분석에 사용 (Oh 등, 2013)하였다. 환경적인 요인을 보정한 각 경제형질의 평균과 표준편차를 Table 3.1에 나타내었다. 사용된 SNP는 한우의 맛과 육질에 영향을 미치는 지방산 합성을 조절하는 유전자로 알려진 LPL 중에서 c.322G>A, c.329A>T 그리고 c.1591G>A이다.

**Table 3.1** Mean and standard deviation (S.D.) of adjusted traits

Traits	Prescription	N	Mean	S.D.
CWT	Carcass weight (Kg)	612	427.25	43.89
MUFA	Monounsaturated fatty acid (%)	612	52.98	3.30
BFT	Backfat thickness (cm)	612	13.18	5.20
C18:1	Oleic acid (%)	612	44.20	2.65
SFA	Saturated fatty acid (%)	612	40.46	2.87
MS	Marbling score	612	5.39	1.93

S.D.; standard deviation, CWT; carcass weight, MUFA; monounsaturated fatty acid, BFT; backfat thickness, C18:1; oleic acid, SFA; saturated fatty acid, MS; marbling score

#### 3.2. MDR 방법을 활용한 유전자 조합 선별 결과

다음은 한우 데이터에 MDR 방법을 적용시킨 결과이다. MDR 과정에서 필요한 그룹 변수로는 한우의 경제형질인 올레인산, 단일불포화지방산, 근내지방도, 도체중량 등을 각각 고려한 값으로써 데이터 마이닝 기법 중의 하나인 K-평균 군집분석을 이용하여 이분화한 값을 사용하였다. Table 3.2와 Table 3.3은 한우의 지방산 및 도체경제형질에 영향을 주는 경제형질별로 각각 단일 SNP와 SNP조합의 학습용 자료의 오분류율과 검증용 자료의 오분류율을 나타낸 것이다. 단일 SNP와 SNP조합의 각각에서 경제형질별로 가장 높은 검증용 자료의 정확도 (Testing Bal. Acc.; %)를 가지는 것을 진하게 나타내었으며 그 결과는 다음과 같다. 먼저 단일 SNP의 결과를 살펴보면 Table 3.1에서 근내지방도와 도체중량에서 가장 높은 검증용 자료의 정확도값을 가지는 SNP로 c.322G>A가, 등지방두께형질에서는 g.1591G>A가 선별되었다. 다음으로 Table 3.3에서 SNP조합의 결과를 살펴보면, 올레인산과 포화지방산에서 (c.322G>A, c.329A>T)조합이 가장 높은 검증용 자료의 정확도를 가지는 것으로 나타났으며 단일불포화지방산과 도체중량에서는 (c.322G>A, g.1591G>A)조합이 가장 우수한 조합으로 선별되었다.

**Table 3.2** Accuracy summary of gene single results for each traits

Model	C18:1		MUFA		MS	
SNP	Training Bal. Acc. (%)	Testing Bal. Acc. (%)	Training Bal. Acc. (%)	Testing Bal. Acc. (%)	Training Bal. Acc. (%)	Testing Bal. Acc. (%)
c.322G>A	0.5502	0.5502	0.5418	0.5022	0.5326	<b>0.5326</b>
c.329A>T	0.5638	0.5638	0.5381	0.4942	0.5224	0.5224
g.1591G>A	0.5233	0.4925	0.5245	0.5076	0.5185	0.5114
Model	CWT		BFT		SFA	
SNP	Training Bal. Acc. (%)	Testing Bal. Acc. (%)	Training Bal. Acc. (%)	Testing Bal. Acc. (%)	Training Bal. Acc. (%)	Testing Bal. Acc. (%)
c.322G>A	0.5363	<b>0.5263</b>	0.5350	0.5350	0.5334	0.5334
c.329A>T	0.5086	0.4473	0.5208	0.5300	0.5415	0.5415
g.1591G>A	0.5247	0.5129	0.5754	<b>0.5387</b>	0.5247	0.4973

SNP; single nucleotide polymorphism, Training Bal. Acc.; training balanced accuracy, Testing Bal. Acc.; testing balanced accuracy, C18:1; oleic acid, MUFA; monounsaturated fatty acid, MS; marbling score, CWT; carcass weight, BFT; backfat thickness, SFA; saturated fatty acid

**Table 3.3** Accuracy summary of gene combination results for each traits

Model	C18:1		MUFA		MS	
SNP combination	Training Bal. Acc. (%)	Testing Bal. Acc. (%)	Training Bal. Acc. (%)	Testing Bal. Acc. (%)	Training Bal. Acc. (%)	Testing Bal. Acc. (%)
(c.322G>A c.329A>T)	0.5888	<b>0.5888</b>	0.5514	0.4954	0.5399	0.5245
(c.322G>A g.1591G>A)	0.5636	0.5439	0.5591	<b>0.5174</b>	0.5459	0.4986
(c.329A>T g.1591G>A)	0.5769	0.5384	0.5514	<b>0.4954</b>	0.5356	0.4404
Model	CWT		BFT		SFA	
SNP combination	Training Bal. Acc. (%)	Testing Bal. Acc. (%)	Training Bal. Acc. (%)	Testing Bal. Acc. (%)	Training Bal. Acc. (%)	Testing Bal. Acc. (%)
(c.322G>A c.329A>T)	0.5432	0.4965	0.5645	0.4236	0.5165	<b>0.5558</b>
(c.322G>A g.1591G>A)	0.5488	<b>0.5368</b>	0.6157	0.5239	0.5583	0.5517
(c.329A>T g.1591G>A)	0.5405	0.4864	0.5899	<b>0.4154</b>	0.5485	0.5188

SNP; single nucleotide polymorphism, Training Bal. Acc.; training balanced accuracy, Testing Bal. Acc.; testing balanced accuracy, C18:1; oleic acid, MUFA; monounsaturated fatty acid, MS; marbling score, CWT; carcass weight, BFT; backfat thickness, SFA; saturated fatty acid

#### 4. 우수 유전자형 선별 결과

3절에서는 각 경제형질별로 경제형질에 영향을 주는 우수한 단일 SNP와 SNP조합을 살펴보았다. 4절에서는 각 경제형질별로 선별된 우수 SNP 내의 어떤 유전자형이 경제형질의 가치를 높이는지를 규명하기 위해 우수 유전자형을 선별하고 순열 검정을 실시하여 선별된 유전자형의 통계적 유의성을 살펴본다. Table 4.1은 선별된 유전자형이 통계적으로 유의한지를 알아보기 위해 t-검정과 순열검정을 실시한 결과이다. 먼저 단일 SNP의 경우 c.322G>A가 우수한 SNP라고 확인된 도체중량과 근

내지방도에서는 AA, GG 유전자형이 다른 유전자형보다 더 높은 평균을 가지는 것으로 이들 유전자형이 우수 유전자형임을 확인할 수 있다. c.1591G>A가 우수 SNP로 나타난 등지방두께에서는 AA, AG 유전자형이 다른 유전자형보다 높은 평균을 가졌으며 통계적으로도 유의하였다. 올레인산과 포화지방산에 영향을 주는 것으로 선별된 우수 조합 (c.322G>A, c.329A>T)에서는 올레인산의 평균이 44.71인 AAAT, AATT, GAAT, GATT, GGTT를 우수 유전자형으로, 40.83의 평균을 가지는 GAAA, GGAA, GGAT 유전자형을 포화지방산의 우수 유전자형으로 선별하였다. 단일불포화지방산에 영향을 주는 (c.329A>T, c.1591G>A)조합에서는 평균이 53.33인 ATAG, TTAG, TTGG 유전자형을 우수 유전자형으로 선별하였다. 이들 선별된 우수 유전자형들 모두 t-검정과 순열검정 (Good, 2000) 결과 매우 유의한 p-값을 나타내어 경제형질에 유의한 영향을 주는 유전자형임을 확인하였다.

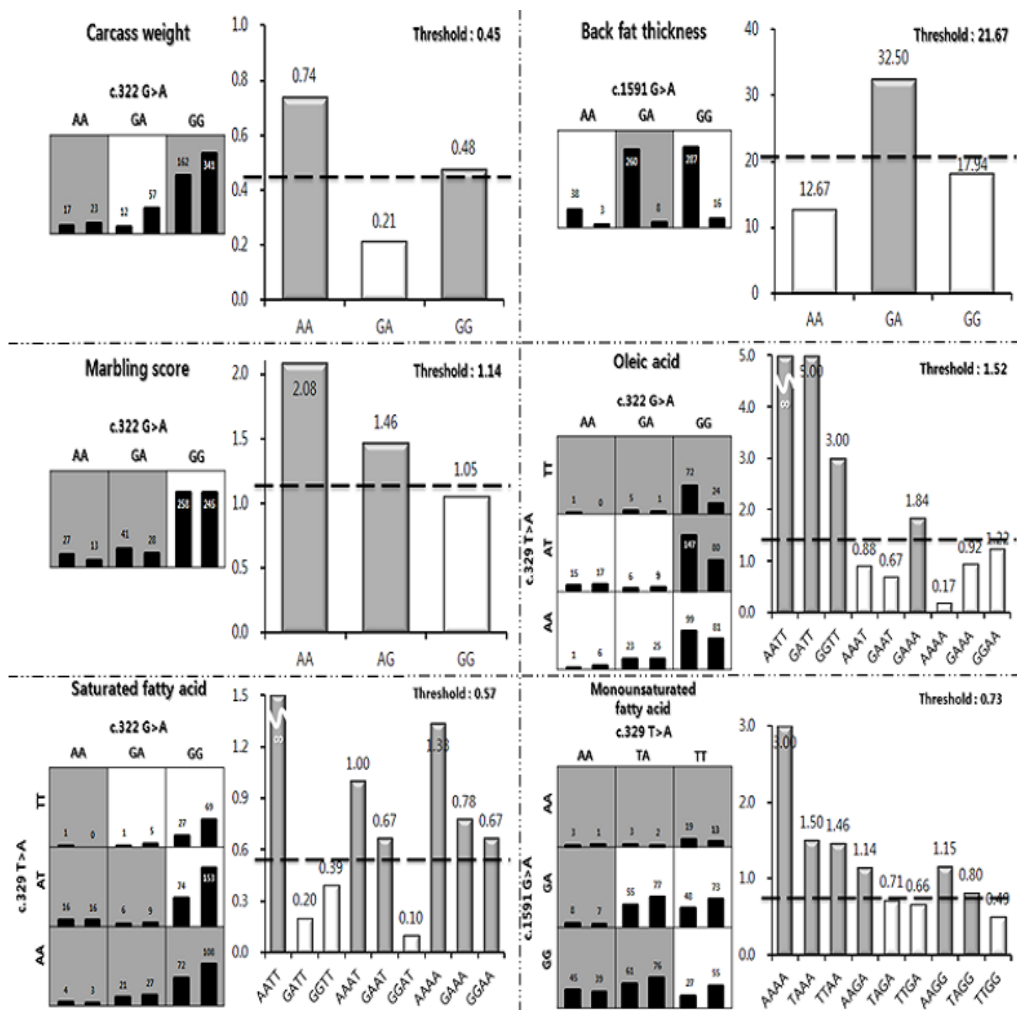


Figure 4.1 The best single and combination SNP between c.322G>A, c.329A>T and g.1591G>A for LPL genes of Korean cattle

**Table 4.1** The superior genotype results of each trait and permutation

Traits	SNP	Superior genotypes	N	Mean $\pm$ S.D.	t-test (p-value)	permutation (p-value)
CWT	c.322G>A	AA, GG	543	429.25 $\pm$ 43.71	0.002	< 0.001
		Other	69	411.52 $\pm$ 42.36		
BFT	c.1591G>A	AA, GG	344	13.76 $\pm$ 5.41	0.002	< 0.001
		Other	268	12.43 $\pm$ 4.84		
MS	c.322G>A	AA, GG	109	5.79 $\pm$ 1.98	0.018	< 0.001
		Other	503	5.31 $\pm$ 1.91		
C18:1	(c.322G>A	AAAT, AATT, GAAT, GATT, GGTT	282	44.71 $\pm$ 2.86	< 0.001	< 0.001
	c.329A>T)	Others	330	43.76 $\pm$ 2.37		
SFA	(c.322G>A	GAAA, GGAA, GGAT	329	40.83 $\pm$ 2.64	< 0.001	< 0.001
	c.329A>T)	Others	283	40.03 $\pm$ 3.08		
MUFA	(c.329A>T	ATAG, TTAG, TTGG	335	53.33 $\pm$ 3.35	0.004	< 0.001
	c.1591G>A)	Others	277	52.33 $\pm$ 3.20		

SNP; single nucleotide polymorphism, S.D.; standard deviation, C18:1; oleic acid, MUFA; monounsaturated fatty acid, MS; marbling score, CWT; carcass weight, BFT; backfat thickness, SFA; saturated fatty acid

## 5. 결론 및 토의

본 연구는 고품질의 소고기를 선호하는 소비자들이 늘어남에 따라 한우의 맛과 육질에 영향을 미치는 것으로 알려진 지방산합성효소 (FASN)에 영향을 주는 지질 단백질 리파제 (LPL)의 3개 SNP를 이용하여 한우의 경제형질에 영향을 미치는 우수 유전자를 알아보고자 하였다. 특히 환경적인 요인을 보정하여 유전적인 요인만으로 한우 경제형질에 연관된 우수 유전자를 선별하였고, 그 결과 도체중량과 근내지방도에 영향을 주는 SNP는 c.322G>A가 선별되었고, 등지방두께에 영향을 주는 우수 SNP로는 c.1591G>A가 선별되었다. 올레인산과 포화지방산은 (c.322G>A, c.329G>A)조합이 좋은 영향을 미치는 SNP조합으로 선별되었으며 불포화지방산의 경우 (c.329A>T, c.1591G>A)조합이 우수 SNP조합으로 나타났다. 또한 이들 우수 유전자 중에서도 경제형질을 높이는 우수 유전자형을 선별한 결과 도체중량과 등지방두께에서는 각각 유전자의 AA, GG 유전자가 우수 유전자형으로 선별되었으며 근내지방도에서는 AA, AG 유전자형이 선별되었다. 올레인산에서는 AAAT, AATT, GAAT, GATT, GGAA가, 포화지방산에서는 GAAA, GGAA, GGAT, 불포화지방산에서는 ATAG, TTAG, TTGG 유전자형이 각각 우수 유전자형으로 선별되었다. 선별된 우수 유전자형들이 한우의 경제형질에 유의한 영향을 주는지 알아보기 위해 t-검정과 순열검정을 적용한 결과 모두 통계적으로 유의성을 가지는 것으로 확인할 수 있었다. 한편 Table 3.3에 나타난 학습용 자료의 오분류율과 검증용 자료의 오분류율의 값이 절반가량 동일하거나 아주 근소하게 차이가 남을 확인할 수가 있다. 학습용 자료의 오분류율과 검증용 자료의 오분류율은 각각 학습용 자료의 정확도와 검증용 자료의 정확도를 토대로 구해지는 값이며, 본 연구에서는 정확도를 실험군과 대조군의 수가 균등하지 않아 편향된 결과를 초래할 문제를 방지하기 위하여 균등화된 정확도 (Velez 등, 2007)를 사용하였다. 이 균등화된 정확도를 계산하는 과정에서 학습용 자료의 정확도와 검증용 자료의 정확도가 같게 나타나거나 근소한 차이를 보여 학습용 자료의 오분류율과 검증용 자료의 오분류율의 값도 같아지거나 근소한 차이가 나타난 것으로 생각된다. 실제 이러한 문제가 균등화된 정확도를 이용함으로써 생겨난 결과인지에 대한 좀 더 깊이 있는 연구가 필요한 것으로 생각된다.

## References

- Casas, E., White, S. N., Riley, D. G., Smith, T. P. L., Breneman, R. A., Olson, T.A., Johnson, D. D., Coleman, S. W., Bennett, G. L. and Chase, C. C. (2005). Assessment of single nucleotide polymorphisms in genes residing on chromosomes 14 and 29 for association with carcass composition traits in *Bos indicus* cattle. *Journal of Animal Science*, **83**, 13-19.
- Good, P. (2000). *Permutation test: A practical guide to resampling methods for testing hypotheses*, Springer-Verlag, New York.
- Mandell, I., Buchanan-Smith, G. and C. P. Campbell. 1998. Effects of forage vs grain feeding on carcass characteristics, fatty acid composition, and beef quality in Limousin-cross steers when time on feed is controlled. *Journal of Animal Science*, **76**, 2619-2630.
- Matsuhashi, T., Maruyama, S., Uemoto, Y., Kobayashi, N., Mannen, H., Abe, T., Sakaguchi, S. and Kobayashi, E. (2011). Effects of bovine fatty acid synthase, stearoyl-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. *Journal of Animal Science*, **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. *Journal of Animal Science*, **55**, 77-87.
- Lee, J. H., Lee, Y. S., Lee, Y. W. and Lee, J. Y. (2011). A study on interaction effect among risk factors of delirium using multifactor dimensionality reduction method. *Journal of the Korean Data & Information Science Society*, **22**, 1257-1264.
- Lee, J. Y., Kwon, J. C. and Kim, J. J. (2008). Multifactor Dimensionality reduction (MDR) analysis to detect single nucleotide polymorphisms associated with a carcass trait in a Hanwoo population. *Journal of the Korean Data & Information Science Society*, **21**, 784-788.
- Lee, J. Y. and Lee, J. H. (2010a). Support vector machine and multifactor dimensionality reduction for detecting major gene interactions of continuous data. *Journal of the Korean Data & Information Science Society*, **21**, 1271-1280.
- Lee, J. Y., Lee, J. H. and Lee, Y. W. (2010b). Detection of major genotype combination by genotype matrix. *Journal of the Korean Data & Information Science Society*, **21**, 387-395.
- Oh, D. Y., Lee, Y. S., La, B. M., Yeo, J. S., Chung, E. Y., Kim, Y. Y. and Lee, C. Y. (2011). Fatty acid composition of beef is associated with exonic nucleotide variants of the gene encoding FASN. *Molecular Biology Reports*, **39**, 4083-4090.
- Oh, D. Y., La, B. M., Lee, Y. S., Byun, Y. H., Lee, J. Y., Yeo, G. H. and Yeo, J. S. (2013). Identification of novel single nucleotide polymorphisms (SNPs) of the lipoprotein lipase (LPL) gene associated with fatty acid composition in Korean cattle. *Molecular Biology Reports*, **40**, 3155-3163.
- Ritchie, M. D., Hahn, L. W., Roodi, N., Bailey, L. R., Dupont, W. D., Parl F. F. and Moore, J. H. (2001). Multifactor-dimensionality reduction reveals high-order interactions among estrogen- metabolism genes in sporadic breast cancer. *American Journal of Human Genetics*, **69**, 138-147.
- Velez, D. R., White, B. C., Motsinger, A. A., Bush, W. S., Ritchie, M. D., Williams, S. M. and Moore, J. H. (2007). A balanced accuracy function for epistasis modeling in imbalanced datasets using multifactor dimensionality reduction. *Genetic Epidemiology*, **31**, 306-315.



## Major gene identification for LPL gene in Korean cattles

Mi-Hyun Jin<sup>1</sup> · Dong-yep Oh<sup>2</sup> · Jea-Young Lee<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Department of Statistics, Yeungnam University

<sup>2</sup>Gyungshangbuk-Do Livestock Research Institute

Received 23 August 2013, revised 24 September 2013, accepted 21 October 2013

### Abstract

The lipoprotein lipase (LPL) gene can be considered a functional candidate gene that regulates fatty acid composition. Oh et al (2013) investigated the relationship between unsaturated fatty acids and five novel SNPs, and had confirmed that three polymorphic SNPs (c.322G>A, c.329A>T and c.1591G>A) were associated with fatty acid composition. We have used generalized linear model for adjusted environmental effects and multifactor dimensionality reduction (MDR) method to identify gene-gene interaction effect of statistical model in general. We applied the MDR method on the identify major interaction effects of exonic single nucleotide polymorphisms (SNPs) in the LPL gene for economic traits in Korean cattles population.

*Keywords:* Gene interaction, genotype, multifactor dimensionality reduction, single nucleotide polymorphism.

---

<sup>1</sup> Graduate student, Department of statistics, Yeungnam University, Kyungsan 712-749, Korea.

<sup>2</sup> Institutor, Gyungshangbuk-Do Livestock Research Institute, Yeongju 750-871, Korea.

<sup>3</sup> Corresponding author: Professor, Department of Statistics, Yeungnam University, Kyungsan 712-749, Korea. E-mail: [jlee@yu.ac.kr](mailto:jlee@yu.ac.kr)