

한우의 올레인산과 근내지방도에 영향을 미치는 유전자 내 에스엔피 규명

오동엽¹ · 여정수² · 이제영³

¹경상북도축산기술연구소 · ²영남대학교 생명공학부 · ³영남대학교 통계학과

접수 2014년 6월 5일, 수정 2014년 7월 2일, 게재확정 2014년 8월 4일

요약

동물 유전학에 있어 한우의 우수한 품질개발과 통계학의 역할을 살펴본다. 본 연구는 한우에서 25 30개월에 특이적으로 유전자 발현이 일어나, 쇠고기 맛에 영향을 미치는 불포화지방산 및 육질등급에 직접적인 연관이 있는 것으로 알려진 6개의 유전자 (SCD, SREBPs, PPAR γ , FABP4, FASN, LPL)내의 30개 에스엔피와 가계 정보가 정확하고 도체 기록이 되어있으며, 포화지방산 및 불포화지방산과 다가불포화 지방산을 분석한 한우 개체 513두에 대하여 연관 분석을 실시하였다. 그 중 FABP4; g.3977-325 T>C 에스엔피가 우수한 결과를 나타내고 있었다. 특히 선정된 에스엔피의 F-값은 91.36 및 30.00으로 다른 29개의 에스엔피들 보다 우수한 효과를 보여주고 있었으며, 현장 농가에 직접적으로 재 검정한 결과 1+등급 이상이 나올 확률이 70.10%로 우수한 마커임을 입증할 수 있었다.

주요용어: 불포화 지방산, 유전자 발현, 육질등급, 한우.

1. 서론

우리나라 소비자들이 국민 식생활 수준의 변화와 웰빙 열풍으로 육류 소비 경향이 양에서 질 위주로 전환되면서 우수한 육질의 고급육을 선호하는 추세로 전환되기 시작하였다. 그러나 근래에 이르러 WTO, 한미 FTA 협정과 앞으로 이어질 유럽연합, 일본, 호주, 중국과 FTA에 따른 쇠고기의 수입은 한우 사육농가의 위기의식과 더불어 큰 피해가 예상되고 있다. 따라서 소비자의 기호와 입맛을 충족시킬 수 있는 차별화 된 우수한 품질의 쇠고기 생산이 수입개방과 소비자 의식 변화에 부응하기 위한 시대적 요구로 대두되고 있다. 한우 고급육이란 우리나라 사람들이 좋아하는 풍미와 맛을 갖춘 품질 좋은 고기라고 할 수 있는데, 이는 근내지방이 잘 침착 되어 한우 고유의 맛을 내는 것으로 객관적으로는 현 도체등급 판정결과 중 육질 1등급 이상으로 평가되는 쇠고기를 말하는 것이다. 한우 쇠고기의 육질을 결정하는 근내지방도 (marbling score)와 같은 형질은 유전적 개량에 있어 특히 후대검정 등으로 평균 세대간격이 길고 선발강도 및 선발의 정확도가 낮기 때문에 유전적 변화속도가 느리고 유전적 개량 효율도 크지 않아 이에 따른 효율적인 측면에서 많은 제약 요인을 갖고 있다.

21세기의 생명공학시대에 SNP (single nucleotide polymorphism) 발굴의 중요성과 유용성 때문에 2000년 중반부터 산업과 학계에서는 SNP 발굴을 위한 대규모의 노력을 진행하여 왔다. 육우산업 또한 상업적으로 이용 가능한 DNA 분자표지로서 근내지방도와 연관된 thyroglobulin 유전자 marker인

¹ (750-871) 경북 영주시 안정면 대룡산로 186, 경상북도축산기술연구소, 연구원.

² (712-749) 경북 경산시 대동 214-1, 영남대학교 생명공학부, 교수.

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

GeneSTAR (Genetic Solutions 사), 마블링 및 식육증진과 관련된 leptin 유전자 marker인 IgenityTM-L (Merial 사), 쇠고기 맛과 관련성이 입증된 calpain과 calpastatin 유전자 marker인 Tender GENE TM사 등 종축산업에 관련된 생명공학 기업들이 중심이 되어 DNA검사를 위한 유전자 상품으로 개발하여 상업적으로 시판하고 있다.

특히 일본의 축산기술연구소의 경우 Kobe 대학과 공동으로 2005년부터 쇠고기 품질의 맛에 중점을 둔 근육 내 불포화지방산 함량과 관련된 SCD (Stearoyl-CoA desaturase) 후보 유전자의 SNP marker 발굴의 활용에 최대의 관심을 쏟고 있으며 (Tsuji, 2008), 현재에는 수많은 생명공학 벤처기업들이 genotyping을 제공하는 연구에 뛰어들어 앞으로 더 많은 성장이 예상된다.

따라서 본 연구에서는 포유동물의 불포화지방산 합성과정 조절 및 분화와 지방대사의 생리적 기능을 갖는 SCD, SREBPs, PPAR γ , FABP4, FASN, LPL 유전자를 한우의 도체 및 육질뿐만 아니라 쇠고기 맛에 영향을 미치는 불포화지방산관련 기능성 후보 유전자로 선발하여 이들 후보 유전자들의 SNPs를 발굴하고, 발굴된 후보 SNPs를 한우에 적용함으로써 고급육화 및 개량을 위한 기초자료로 제시하고자 실시하였다. 본 연구에서는 경제형질 및 맛에 영향을 미치는 불포화 지방산과 관련된 유전자를 바탕으로 우선 포유동물의 불포화지방산 합성과정 조절 및 분화와 지방대사의 생리적 기능을 갖는 SCD, SREBPs, PPAR γ , FABP4, FASN, LPL 후보 유전자 내의 SNPs를 발굴하여 근내지방도 및 올레인산 (C18:1)의 연관성을 분석할 것이며, 분석된 SNPs를 활용 한우에서 새로운 경제형질 및 불포화지방산 연관 DNA marker를 개발하고, Perez-Enciso와 Misztal (2004)의 방식에 따라 최상의 DNA marker 개발하여 쇠고기 맛과 육질의 통계육종방법에 보조수단으로써 사용된다면 종축 선발과 우수한 고능력 한우를 조기에 선발하여 우리나라 한우의 고급육 차별화 전략 및 국제경쟁력 제고를 위해 유용한 수단으로 활용될 것이라 판단된다.

2. 연구배경

근래에 들어서 국민 식생활 수준의 변화가 웰빙 열풍으로 변함으로 육류 소비 경향이 양에서 질 위주로 전환되어 소비자가 맛있고 고품질 쇠고기를 선호하는 추세에 따라 고급육 생산을 위해서 육질뿐만 아니라 맛에 영향을 미치는 지방산 조성에 대한 필요성이 부각되기 시작하였다. 일반적으로 쇠고기의 육질은 근내지방도, 육색, 지방색 및 조직감 등에 의해 결정되며 이러한 요인들은 관능적 특성의 기준이 되는 연도, 다즙성, 풍미 등과도 밀접하게 관련되는 것으로 보고되었다 (Lee 등, 1994, 2013b; Monson 등, 2005; Oh, 2014). 쇠고기의 독특한 풍미는 불포화지방산 함량이 영향을 미친다고 알려져 있는데 (Melton 등, 1982) 한우가 다른 품종과는 달리 불포화지방산, 특히 oleic acid (C18:1) 함량이 많은 것으로 알려져 있고 (Chung 등, 2007), MUFA (mono-unsaturated fatty acid)의 80% 이상을 차지하고 있는 oleic acid (C18:1)가 쇠고기의 풍미를 좌우하는 요소라는 사실도 입증되었다 (Yoshimura와 Namikawa, 1983).

일본의 흑모화우 (Japanese Black cattle)의 경우 Holstein, Japanese Brown이나 Charolais 보다 높은 비율의 MUFA (mono-unsaturated fatty acid)를 가진다는 것이 밝혀졌고, Japanese Black Cattle의 쇠고기는 현저하게 높은 근내지방도 때문에 높게 평가되는 쇠고기를 생산한다고 보고되었다 (Ibi 등, 2005). 또한 고기의 다즙성도 불포화 지방산의 비율이 많을수록 좋아지고 oleic acid (C18:1)를 높은 비율로 함유하고 있는 고기가 좋은 평가를 받을 수 있으며 인간에 있어 oleic acid (C18:1)의 섭취는 혈중 유해 콜레스테롤로써 알려진 저 밀도 단백 콜레스테롤의 함량을 떨어뜨리거나 증가시키지 않는 것으로 알려져 있는 Waldman 등 (1965)결과에서 쇠고기 맛과 연관되는 요인들이 불포화지방산에 좌우되고 있다는 사실을 알 수가 있다. 특히 고기의 포화지방산을 불포화지방산으로 전환하는데 관여하는 효소인 SCD (Stearoyl-CoA desaturase)는 stearic acid (C18:0) 및 palmitic acid (C16:0)를 w-9계

열의 단일 불포화 지방산인 oleic acid (C18:1)로 전환하는 주요 효소라는 사실이 밝혀진 이후 SCD 유전자 연구로 불포화 지방산의 증가와 고기의 맛이 향상 될 뿐만 아니라 인류의 건강에 유용한 불포화 지방산 연구가 활발하게 진행되고 있고 (Mannen, 2011; Zhang 등, 2008), 지방산 합성에 주요역할을 하는 FASN 유전자 및 FABP4 (fatty-acid binding protein 4) 유전자와 LPL (lipoprotein lipase)내에서도 지방산 및 등급이 SNP와 밀접한 연관이 있다는 보고 (Kim 등, 2010; Lee 등 2014; Oh 등, 2013a)가 이루어지고 있다. Oh 등 (2013a)이 밝힌 SCD 유전자내의 6개의 SNPs의 경우 haplotype의 분석을 근거로 SNPs interaction을 보았을 때 그 효과가 더욱 증대되는 결과를 볼 수 있었다. 국외의 경우 Barendse 등 (2008)은 Brahman, Belmont Red와 Santa Gertrudis 품종에서 Calpain 3 유전자의 SNPs와 haplotype이 고기 연도와 관련이 있다고 보고하였고, Matsushashi 등 (2011)의 경우 지방산 합성을 조절하는 SCD, FASN, SREBF1, GH유전자내의 SNPs사이에서 SCD 유전자와 GH유전자 내의 SNPs가 강한 연관성이 있다고 보고하였다. 이처럼 최근에 이르러 쇠고기 맛 (Lee 등, 2013a)에 영향을 미치는 지방산 및 등급의 중요성이 점차 부각됨에 따라 이러한 요소들과 SNP와의 관계의 연구가 진행되어가고 있다.

3. 재료 및 방법

3.1. 실험재료

실험동물은 경북 지역의 14곳의 시·군 단위에서 사육 되어진 거세우로, (주)참품한우 사양관리 지침에 따라 26~33개월에서 출하하는 2,420두의 genomic DNA sample 중 능력자료 및 가계와 도체기록이 정확한 513두에 대한 지방산 조성을 분석하였다. 본 실험에서 사용 되어진 한우의 등심조직은 흥추 제 13, 요추 제 1마디 38번 최장근 부분에서 절개하여 채취하였으며, 각 조직은 피하지방을 제거한 뒤 80℃에서 보관하였다.

본 연구에서는 한우의 근내지방도 및 올레인산 (C18:1)과 후보 유전자내 SNPs 간의 분석을 실시하였다. Table 3.1에서는 측정된 도체형질 및 지방산의 평균과 표준편차를 나타내었다.

Table 3.1 The means and standard deviation of the marbling score and oleic acid in Hanwoo populations

Trait	Description	Mean±SD	Min	Max
MS	Marbling Score	5.43±1.93	1	9
Fatty acid composition (%)				
C18:1	Oleic acid	44.30±2.66	36.85	53.69

3.2. PCR 증폭 및 SNP genotyping

먼저 후보 SNP 발굴을 위해 NCBI database (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)를 활용하였으며 SNP에 사용된 primer는 primer3 software (http://frodo.wi.mit.edu/cgi-bin/primer3/prime_www.cgi)를 이용하여 합성하였다. genomic DNA 추출은 한우 조직의 약 12mg을 1.5ml tube에 넣고 cell lysis solution (AL buffer) 300 μ l를 첨가한 뒤, 37℃에서 12시간 동안 배양시켰다. 추출한 DNA를 이용하여 PCR을 실시하였으며, SBE 반응을 위해 ABI PRISM® SNaPshot™ Multiplex Kit (Applied Biosystems, Foster City, CA)를 사용하였고, 전기영동이 끝난 PCR product는 GeneMapper v4.0 software (Applied Biosystems, Foster City, CA)에 데이터를 입력하여 자동분석을 실시하였다.

3.3. 통계적 분석방법

3.3.1. 통계분석

각 후보 유전자의 SNPs 연관분석 (association analysis)은 (주)참품한우에 소속되어 있는 일반농가 집단의 근내지방도 및 지방산 조성의 측정기록으로 SPSS v19.0 (SPSS Inc., Chicago, IL)을 사용하여 다음과 같은 통계모형으로 공분산분석과 유의성 검정을 실시한다.

$$Y_{ijklm} = \mu + year_i + month_j + farm_k + SNP + \beta age_l + e_{ijklm}$$

여기서, Y_{ijklm} = 한우 경제형질의 관측값

μ = 경제형질의 모평균

$year_i$ = 도축년도

$month_j$ = 도축 월령

$farm_k$ = 사육농장지역

β = 도축일령관련 공분산

e_{ijklm} = 정규분포를 따르는 확률오차

SNP = 단일 유전효과 인자로 상가적효과 (a)와 우성효과 (d)로 분류됨.

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

$$P = E + G$$

P 는 개체의 표현형이고 E 는 환경적인 효과, G 는 유전적인 효과이다. 그러나 우리가 관심을 가지고 있는 부분은 한우의 경제형질에 영향을 주는 유전적인 효과를 밝혀내는 것이기 때문에 위 모형에서 환경적인 요인들 (SNP를 제외한 모두)을 보정한 모형만을 연구에 이용한다.

맛에 영향을 미치는 지방산과 육질등급에 연관되는 각각의 유전자내 SNPs 중 최적의 SNP를 선별하기 위하여 Qxpak 소프트웨어 (Perez-Enciso와 Misxtal, 2004) 프로그램을 이용하여 다음과 같은 통계 모형으로 유의성 검정을 실시하였다. 즉 SNP 단일 유전효과를 검정하기 위해 SNP를 제외한 축소모형과 완전모형과의 제곱합에 대한 F 통계량을 계산하였다.

$$F = \frac{(SSR(F) - SSR(R))/(df(f) - df(r))}{SSR(F)/df(R)}$$

여기서, $SSR(F)$ = SNP 인자를 포함한 완전모형에 의한 제곱합

$SSR(R)$ = SNP 인자를 제외한 축소모형에 의한 제곱합

$df(f)$ = 완전모형에 의한 자유도

$df(r)$ = 축소모형에 의한 자유도.

3.3.2. FDR (q값)

유전자를 분석하거나, 또는 SNP와 질병과의 연관 관계 분석 (association analysis, 일반적으로 case-control study)에서 질병에 영향을 줄 수 있는 allele 또는 genotype을 보유한 SNP를 찾아낼 때 다양한 통계적인 방법을 적용하게 된다. 하지만, RNA expression 실험이나 SNP를 이용한 GWAS (genome-wide association study)를 수행할 경우에는 최소 수백 개에서 수만 개 이상의 유전자 또는 SNP를 동시에 테스트를 하기 때문에 다중검정조정 (multiple test correction)을 수행할 필요가 있다. 다중검정조

정 방법으로는 크게 FWER (family-wise error rate)과 FDR (false discovery rate)이 있는데, FWER은 테스트 대상이 모두 독립이라는 가정을 이용하기 때문에 매우 보수적 검정을 하게 된다. 반면 FDR은 p-값이 유의한 값들 중에 거짓양성 (false positive)인 것들의 비율이 어느 정도인지를 나타내는 것이므로 FWER에 비해 덜 보수적이며, q-값은 테스트 대상인 유전자 또는 SNP의 분석 결과인 p-값이 거짓 양성 (false positive)인 것으로 잘못 판단 내릴 확률을 나타내는 수치이기 때문에 FWER에서 제외될 수 있는 참양성 (true positive)들을 살릴 수 있다는 장점이 있다 (Storey, 2003). p-값은 SNP에서 관측되는 genotype (또는 allele) 빈도가 case와 control 그룹에서 실제로는 차이가 나지 않음에도 불구하고 통계분석 결과 차이가 나는 것으로 (false positive) 잘못 판단 내릴 확률이고, q-값은 SNP에서 관측되는 genotype (또는 allele) 빈도가 case와 control 그룹에서 통계적으로 차이가 나는 것으로 판단을 내렸는데, 실제로는 차이가 나지 않을 (false discovery) 확률이라 할 수 있다.

4. 결과 및 고찰

4.1. 한우 쇠고기 지방산에 연관된 후보 유전자 내 SNPs의 탐색 및 적용

본 연구에서는 근육조직에서 발생되어지는 인지질 대사 (lipid metabolism)와 지방산 합성 (fatty acid synthesis)를 중심으로 관련된 유전자들을 수집하여 이들의 특징을 규명하고자 한다.

Figure 4.1은 근육의 지방세포에서 지방산 합성과 관련된 유전자들의 대사경로에 대한 모식도이다. 지방합성 경로는 크게 두 가지로 구분하여 설명할 수 있는데 소장과 간에서 생산된 chylomicron과 VLDL (very-low-density lipoprotein)이 LPL (lipoprotein lipase) 유전자에 의해 FA (free fatty acid) 형태로 바꾸어준다고 보고되고 있다 (Gotoda 등, 1991). 두 번째 과정은 지방산생합성의 substrate인 Malonyl-CoA가 FASN (fatty acid synthase) 유전자를 통해 18:0-CoA가 생성되며, SCD (Stearoyl-CoA desturase) 유전자에 의해 stearic acid (C18:0) 및 palmitic acid (C16:0)를 w-9계열의 단일 불포화 지방산인 oleic acid (C18:1)로 전환 이후 두 가지 합성경로로 통해 바뀐 FA는 FABP (fatty acid binding protein) 유전자에 의해 운반되어 Fatty acyl-CoA 형태로 변환되고, 이후 lipid synthesis가 된다. Lipid droplets 과정과 lipolysis를 거친 FA는 다시 FABP 유전자에 의해 운반되어 지방전사조절인자인 SREBPs (sterol regulatory element binding proteins)나 PPAR γ (peroxisome proliferator-activated receptor gamma) 유전자의 활성도를 높이기 위한 substrate가 됨으로써, FABP, LPL 및 SCD, FASN 유전자에 영향을 미친다고 보고되고 있다 (Rosenson, 2007).

4.2. 한우 쇠고기 맛에 연관된 후보 SNPs의 탐색

먼저 Figure 4.1에서 설명하였던 것을 근거로 Figure 4.2와 같이 NCBI database에서 한우의 쇠고기 맛에 영향을 미치는 불포화지방산에 관련된 유전자 영역을 검색한 이후 상세한 정보를 확보하여 (예 : FASN), 유전자 내 SNP geneview report에서 모든 SNPs들의 정보를 확인한다. 유전자 내에 존재하는 각각의 SNP 들의 정보는 개별로 나타나고 있으며 이중 한 개의 SNP의 상세한 정보를 보자고 할 때에는 개별적으로 클릭하여 확인한다. 앞서 살펴본 Figure 4.1과 Figure 4.2에 근거에 따라 본 연구에서는 쇠고기 맛에 연관되고 특이적으로 발현이 되며, 지방산 합성 및 대사과정에 관여하는 총 6개의 유전자를 대상으로 30개의 후보 SNPs들을 확인 할 수 있었고 (Figure 4.1, Figure 4.2와 Table 4.1), 이를 대상으로 synonymous SNP를 포함한 exon, intron, non-synonymous, upstream, downstream SNP의 모든 SNP를 탐색하여 한우에 적용시키기 위하여 본 실험을 수행하고자 한다.

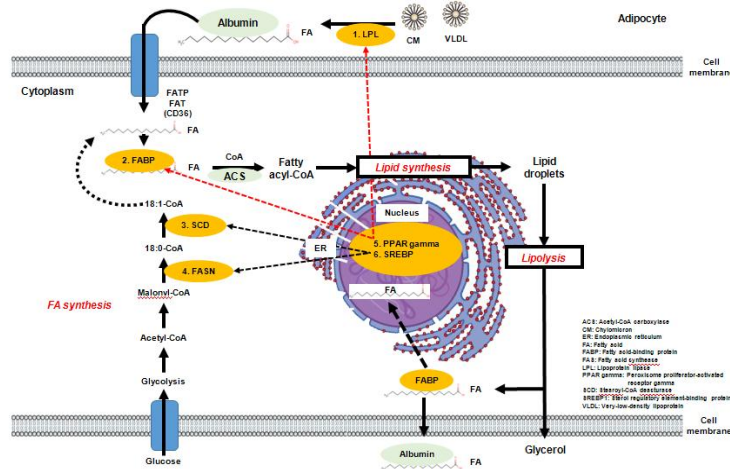


Figure 4.1 The schematic diagram of metabolic pathway of gene related with fatty acid synthesis in adipocyte of skeletal muscle



Figure 4.2 Detection of SNP related to fatty acid and marbling score in cattle genome at NCBI site

Table 4.1 Information of candidate gene related with fatty acid synthesis in beef cattle

Gene	chromosome	Base pair	SNP	function	references
SCD (stearoyl-CoA desaturase)	26	17,088	8	Fat metabolism gene	Barton <i>et al.</i> (2009) Ohsaki <i>et al.</i> (2009) Oh <i>et al.</i> (2013a)
SREBPs (sterol regulatory element binding proteins)	19	16,036	2	Fatty acid synthesis transcription gene	Abe <i>et al.</i> (2008) Ohsaki <i>et al.</i> (2009) Lee <i>et al.</i> (2013c)
PPAR γ (peroxisome proliferator-activated receptor gamma)	22	72,705	3	Fatty acid synthesis transcription gene	Dinh <i>et al.</i> (2010) Taniguchi <i>et al.</i> (2004)
FABP4 (fatty acid binding protein 4)	14	4,391	6	Fatty acid and glucose transport gene	Hoashi <i>et al.</i> (2007) Michal <i>et al.</i> (2006)
FASN (fatty acid synthase)	19	18,123	5	Fatty acid synthesis gene	Abe <i>et al.</i> (2008) Taniguchi <i>et al.</i> (2004)
LPL (lipoprotein lipase)	8	27,174	6	Fat metabolism gene	Lee <i>et al.</i> (2004) Oh <i>et al.</i> (2013b)

4.3. 최적의 SNPs 선발을 통한 유전자 현장농가 검정

4.3.1. 선발된 SNPs 중 최적의 우수 SNPs 선정

쇠고기 맛에 영향을 미치는 근내지방도 및 oleic acid (C18:1)에 영향을 미치는 6개의 유전자를 대상으로 최적의 SNPs를 찾아 농가 집단에 적용하여 실효성 검정을 하는 것이 본 연구 결과들의 산업적 가치를 높이고 농가 소득을 극대화하는 척도라 판단된다. 이에 따라 한우농가에서 임의로 도축예정 개체를 농가의 상황에 따라 출하하고, 도축시 이들 개체의 등심을 채취하여 지방산 분석과 도축자료를 이용하여 유전자의 현장농가 검정을 수행하였다.

4.3.2. Oleic acid (C18:1)와 근내지방도에서의 우수 SNPs의 효과

본 연구의 대상이었던 6개의 유전자 (SCD, SREBPs, PPAR γ , FABP4, FASN, LPL)내 oleic acid (C18:1)와 근내지방도에 연관되는 유의한 30개의 SNPs들에 대한 각각의 유전적 효과인 상가적 효과 (additive effect)와 우성효과 (dominance effect) 값을 추정하여 요약한 결과를 Table 4.2과 Table 4.3에 제시하였다.

Table 4.2 Effect of SNPs within 6 candidate gene related with oleic acid of intramuscular fat

Gene	No	Marker	F-Value	p-Value	q-Value	Additive Effect	Dominance Effect
SCD	1	g.6850+77 A>G	38.95	0.00	0.000	1.29±0.56	-0.20±0.20
	2	g.8646+128 A>G	17.43	0.00	0.000	0.67±0.26	-0.01±0.16
	3	g.10153 A>G	15.21	0.00	0.000	0.59±0.25	0.29±0.16
	4	g.10213 T>C	16.41	0.00	0.000	0.69±0.27	0.18±0.14
	5	g.10329 C>T	16.91	0.00	0.000	0.71±0.31	0.06±0.14
	6	g.13757 C>A	15.84	0.00	0.000	0.14±0.26	-0.55±0.16
	7	g.14047 C>T	48.51	0.00	0.000	1.01±0.24	0.32±0.17
	8	g.14578 A>G	23.44	0.00	0.000	0.73±0.25	0.46±0.16
SREBPs	9	g.3270+10274 C>T	44.39	0.00	0.000	0.92±0.19	0.04±0.19
	10	g.13544 T>C	62.70	0.00	0.000	1.86±0.39	-0.65±0.21
PPAR γ	11	g.1159-71208 A>G	27.25	0.00	0.000	-1.04±0.31	0.35±0.14
	12	g.42555-29812 G>A	33.97	0.00	0.000	0.85±0.14	-0.11±0.25
	13	g.72367 G>T	72.06	0.00	0.000	1.66±0.14	0.78±0.21
FABP4	14	g.2634+1018 A>T	40.54	0.00	0.000	1.12±0.14	-0.27±0.19
	15	g.2988 A>G	5.18	0.00	0.000	-0.46±0.20	-0.46±0.16
	16	g.3690 G>A	8.15	0.00	0.000	0.69±0.16	0.18±0.17
	17	g.3710 G>C	2.93	0.03	0.002	-0.69±0.19	-0.91±0.15
	18	g.3977-325 T>C	91.36	0.00	0.000	-1.79±0.18	-1.27±0.14
	19	g.4221 A>G	4.70	0.00	0.000	-0.44±0.20	-0.45±0.16
FASN	20	g.12870 T>C	37.19	0.00	0.000	-0.94±0.22	-0.51±0.17
	21	g.13126 T>C	46.89	0.00	0.000	1.02±0.21	-0.52±0.17
	22	g.15532 C>A	30.64	0.00	0.000	-1.07±0.19	-0.32±0.15
	23	g.16907 T>C	43.30	0.00	0.000	1.75±0.13	0.97±0.20
	24	g.17924 G>A	44.05	0.00	0.000	1.59±0.38	1.15±0.20
LPL	25	g.6960 A>T	11.10	0.00	0.000	0.58±0.20	0.39±0.16
	26	g.6974 G>A	31.72	0.00	0.000	-1.15±0.12	0.11±0.34
	27	g.21604 G>A	7.23	0.00	0.000	1.14±0.16	1.48±0.18
	28	g.22488 G>T	10.99	0.00	0.000	1.02±0.17	0.96±0.16
	29	g.22649 G>A	1.02	0.38	0.020	0.62±0.16	0.88±0.18
	30	g.25670 C>T	1.80	0.15	0.008	0.20±0.16	0.83±0.31

Table 4.3 Effect of SNPs within 6 candidate gene related with marbling score of intramuscular fat

Gene	No	Marker	F-Value	p-Value	q-Value	Additive Effect	Dominance Effect
SCD	1	g.6850+77 A>G	1.65	0.18	0.102	0.03±0.36	0.32±0.14
	2	g.8646+128 A>G	0.19	0.90	0.361	0.05±0.18	0.14±0.12
	3	g.10153 A>G	0.55	0.65	0.290	0.06±0.17	0.55±0.12
	4	g.10213 T>C	5.96	0.00	0.000	0.31±0.19	0.23±0.11
	5	g.10329 C>T	4.81	0.00	0.000	0.25±0.21	0.30±0.11
	6	g.13757 C>A	0.72	0.54	0.253	0.09±0.17	0.06±0.12
	7	g.14047 C>T	1.85	0.14	0.082	0.16±0.18	0.05±0.12
	8	g.14578 A>G	1.18	0.32	0.167	0.10±0.18	0.35±0.12
SREBPs	9	g.3270+10274 C>T	7.71	0.00	0.000	0.29±0.13	0.10±0.15
	10	g.13544 T>C	6.36	0.00	0.000	0.71±0.32	-0.62±0.14
PPAR γ	11	g.1159-71208 A>G	0.00	1.00	0.386	-0.05±0.23	0.14±0.11
	12	g.42555-29812 G>A	3.88	0.01	0.007	0.26±0.11	0.20±0.17
	13	g.72367 G>T	8.92	0.00	0.000	0.41±0.11	0.06±0.15
FABP4	14	g.2634+1018 A>T	5.28	0.00	0.000	0.39±0.10	0.07±0.16
	15	g.2988 A>G	1.16	0.32	0.167	-0.18±0.15	-0.28±0.11
	16	g.3690 G>A	11.27	0.00	0.000	0.49±0.11	0.01±0.13
	17	g.3710 G>C	0.41	0.74	0.317	-0.23±0.14	-0.35±0.11
	18	g.3977-325 T>C	30.00	0.00	0.000	-0.73±0.15	-0.25±0.11
	19	g.4221 A>G	0.33	0.81	0.337	-0.11±0.15	-0.26±0.11
FASN	20	g.12870 T>C	7.90	0.00	0.000	-0.31±0.15	-0.01±0.12
	21	g.13126 T>C	6.86	0.00	0.000	0.29±0.16	-0.06±0.12
	22	g.15532 C>A	11.45	0.00	0.000	-0.47±0.15	-0.09±0.11
	23	g.16907 T>C	7.23	0.00	0.000	0.66±0.10	0.52±0.17
	24	g.17924 G>A	7.97	0.00	0.000	0.61±0.10	0.47±0.17
LPL	25	g.6960 A>T	7.04	0.00	0.000	0.33±0.14	0.11±0.12
	26	g.6974 G>A	6.40	0.00	0.000	-0.48±0.09	-0.29±0.26
	27	g.21604 G>A	2.61	0.05	0.032	0.34±0.11	0.31±0.13
	28	g.22488 G>T	0.92	0.43	0.213	0.31±0.12	0.12±0.12
	29	g.22649 G>A	1.93	0.12	0.072	0.21±0.12	0.03±0.12
	30	g.25670 C>T	0.08	0.97	0.379	-0.01±0.12	0.57±0.19

Table 4.2을 살펴본 결과 30개의 SNPs에서 p-값과 q-값에서 유의적인 차이가 나타났으나 Table 4.3의 근내지방도의 경우 SCD 유전자 (g.10213 T>C, g.10329 C>T), SREBPs 유전자 (g.3270+10274 C>T, g.13544 T>C), PPAR γ 유전자 (g.42555-29812 G>A, g.72367 G>T), FABP4 유전자 (g.2634+1018 A>T, g.3690 G>A, g.3977-325 T>C), FASN 유전자 (g.12870 T>C, g.13126 T>C, g.15532 C>A, g.16907 T>C, g.17924 G>A), LPL 유전자 (g.6960 A>T, g.6974 G>A, g.21604 G>A)의 총 17개의 SNPs에서만 유의적인 차이를 확인 할 수 있었다.

특히 본 연구의 Table 4.2을 살펴보면 SREBPs 유전자와 FABP4 유전자의 g.13544 T>C 및 g.3977-325 T>C SNPs의 상가적 효과와 우성효과의 경우 1.86, -0.65 및 -1.79, -1.27으로 가장 큰 수치를 나타내고 있었다.

Table 4.3 또한 Table 4.2의 결과와 동일하게 SREBPs 유전자와 FABP4 유전자의 g.13544 T>C 및 g.3977-325 T>C SNPs에서 상가적 효과와 우성효과가 각각 0.71, -0.62 및 -0.73, -0.25로 절대적인 수치가 가장 높게 나타났다. 이러한 결과들을 토대로 본 연구에선 FABP4 유전자의 g.3977-325 T>C SNP를 선정하여 현장농가집단에 재 검증을 실시하고자 한다.

4.3.3. 현장 농가 집단에 대한 선발된 우수 SNP marker 실증 검증

앞서 선정된 SNP중 현장에서 가장 확실하고 용이하게 쇠고기 지방산과 육질등급 개량에 적용이 가능한 FABP4 g.3977-325 T>C SNP를 토대로 경산 및 구미, 김천, 봉화, 영덕, 영주, 청송, 칠곡, 포항지역 36개의 현장농가에서 99두의 출하개체를 대상으로 지방산 분석을 포함한 유전자 검정을 한 결과를 Table 4.4에 제시하였다.

Table 4.4 Effect of the polymorphic SNP within FABP4 gene related with carcass trait and fatty acid composition of intramuscular fat in field trial

Trait	g.3977-325 T>C				
	CC	CT	TT	Total	
	(N=12) LSmean±SE	(N=53) LSmean±SE	(N=34) LSmean±SE	(N=99) LSmean±SE	
Carcass Weight(kg)	435.75±17.38	429.32±6.72	421.15±6.76	427.29±4.73	ns
Backfat thickness(mm)	10.33±1.05a	12.41±0.58ab	13.73±0.74b	12.62±0.43	*
MS(marbling score)	6.50±0.48b	5.28±0.24ab	4.67±0.33a	5.22±0.19	**
Fatty acid composition (%)					
C14:0	3.35±0.23	3.26±0.08	3.31±0.08	3.29±0.06	ns
C16:0	25.68±0.54a	26.99±0.24b	26.81±0.35b	26.78±0.19	*
C18:0	8.58±0.65a	9.88±0.23ab	9.64±0.29b	9.64±0.29	*
C14:1	1.00±0.11	0.99±0.04	1.07±0.06	1.02±0.03	ns
C16:1	6.08±0.56b	5.38±0.21a	5.36±0.21a	5.45±0.15	ns
C18:1	46.06±0.67b	43.88±0.31a	42.75±0.47a	43.76±0.26	***
C18:2n6	2.34±0.19a	2.97±0.11b	3.07±0.18b	2.93±0.09	*
C18:3n3	0.40±0.06b	0.32±0.03ab	0.28±0.03a	0.32±0.02	*
C18:3n3/ C18:2n6	1:5.85	1:9.28	1:10.96	1:9.16	
SFA ¹	37.61±0.68a	40.15±0.35b	39.77±0.54b	39.71±0.29	**
MUFA ²	56.40±1.08b	53.27±0.46a	52.32±0.64a	53.32±0.37	***
M/S ³	1.51±0.05b	1.33±0.02a	1.32±0.03a	1.35±0.02	***
C14 index ⁴	22.91±1.92	23.09±0.74	24.24±1.02	23.46±0.57	ns
C16 index ⁵	18.92±1.48	16.48±0.55	16.64±0.64	16.83±0.41	ns
C18 index ⁶	84.41±1.08b	81.64±0.39a	81.59±0.54a	81.96±0.32	*

a, b, c Means with different superscripts within the same column are significantly different ($p < 0.05$),

* $p < 0.05$, ** $p < 0.01$, *** $p < 0.001$, ns = non-significant SFA¹ = Saturated fatty acid.

MUFA² = Mono unsaturated fatty acid. M/S³ = Mono unsaturated fatty acid/saturated fatty acid.

C14 index⁴ = $[C14:1/(C14:0+C14:1)] \times 100$. C16 index⁵ = $[C16:1/(C16:0+C16:1)] \times 100$.

C18 index⁶ = $[C18:1/(C18:0+C18:1)] \times 100$

먼저 도체형질간의 관계를 분석해 본 결과 한우의 도체중에는 아무런 영향을 미치지 못하였으나 등지방두께 및 근내지방도에선 CC유전자형이 10.33 및 6.50으로 유의적인 차이를 보여주고 있었다. 또한 포화지방산중 가장 비중을 많이 차지하고 있는 palmitic acid (C16:0)와 포화지방산 전체 함량의 경우 CC유전자형에서 25.68% 및 37.61%로 가장 낮게 나타났으며 불포화지방산인 oleic acid (C18:1)와 MUFA의 경우 46.06% 및 56.40%로 가장 높은 유의적인 차이를 나타내고 있었다.

근내지방도에서 유의적인 차이가 나타났기 때문에 앞서 분석한 방법과 동일한 방식으로 등급분포를 정리한 결과는 Table 4.5에 나타내었다.

Table 4.5에서 보면 알 수 있듯이 CC유전자형의 경우 1+등급이상 출현율이 75.0%이며, oleic acid (C18:1)의 함량이 46.06%를 나타내고 있었다. 이와 정 반대의 TT유전자형에선 1+등급이상 출현율이 35.3%이며 oleic acid (C18:1)의 함량이 42.75%로 볼 수 있었다. 이후 유전자 실효성 검증의 정확도를 더 높이기 위하여 경상북도의 경산 및 구미, 김천, 봉화, 영덕, 영주, 청송, 칠곡, 포항지역 175농가에서 출하된 일반 비육우 1,808두의 출하개체를 대상으로 본 연구 결과의 집단적 가치와 유전자 실증검정을 한번 더 검사한 결과를 Table 4.6에 제시하였다.

Table 4.5 The appearance ratio of beef grade in genotype of g.3977-325 T>C SNP related with oleic acid in field trial

SNP	Region	Type	Oleic acid	Beef grade					Total	
				1++	1+	1	2	3		above 1+
g.3977-325 T>C	intron	CC	46.06±0.67b	3	6	3	-	-	9	12
				25.00%	50.00%	25.00%	-	-	75.00%	100%
		CT	43.88±0.31a	4	26	13	10	-	30	53
				7.50%	49.10%	24.50%	18.90%	-	56.50%	100%
		TT	42.75±0.47a	3	9	14	6	2	12	34
				8.80%	26.50%	41.20%	17.60%	5.90%	35.30%	100%
Total			43.76±0.26	10	41	30	16	2	51	99
				10.10%	41.40%	30.30%	16.20%	2.00%	51.50%	100%

a, b, c Means with different superscripts within the same column are significantly different ($p < 0.05$),

* $p < 0.05$, ** $p < 0.01$, *** $p < 0.001$, ns = non-significant

먼저, Table 4.5에서 제시한 99두의 C와 T의 유전자 빈도가 각각 0.39, 0.61로 나타났으며 Table 4.6에서는 C와 T의 유전자 빈도가 각각 0.54, 0.46로 많은 차이가 나타났다. 하지만 본 연구의 현장농가 재 검정 집단은 경산 및 구미, 김천, 봉화, 영덕, 영주, 청송, 칠곡, 포항지역의 동일한 현장농가 개체들의 집단이기 때문에 단순히 집단간 크기에 따라 큰 차이가 나타난 것으로 사료된다.

Table 4.6의 결과에선 CC유전자형에서 근내지방도지수가 6.31이며 1+ 이상등급 출현율이 70.10%를 나타내고 있었다. 또한 TT유전자형일 경우 48.1 및 37.10%를 보여주고 있었다. 최근에는 FABP4 유전자내의 SNPs와 지방산과의 연관성을 밝힌 연구에서 Michal 등 (2006)은 염색체 14에 존재하는 FABP4 유전자 내의 2개의 SNPs는 근내지방도에 긍정적인 영향을 미친다고 보고 하였으며, c.220 A>G (I74V) SNP는 일본의 Japanese black cattle와 holstein의 palmitoleic acid (C16:1)에 깊은 연관성이 있다고 보고 되었다 (Hoashi 등, 2008; Mannen 등, 2011; Narukami 등, 2011). 게다가 Oh (2014)는 가축의 근내지방 및 성장이 왕성하게 이루어지는 12개월과 27개월 사이에서 FABP4 유전자의 발현이 왕성하게 증가함을 보고 하였다. 이러한 결과를 종합하여 볼 때, FABP4 유전자의 조절영역의 유전변이가 형질을 조절하는 주요 유전변이 일 가능성을 알 수 있다. 이러한 결론들을 미루어 볼 때 최종 선발된 4개의 SNPs중 FABP4; g.3977-325 T>C를 현장농가 집단에 적용할 경우 정확도도 높고 조기선발을 통한 생산비를 절감 할 뿐 아니라 한우 쇠고기 맛에 영향을 주는 불포화지방산에 관련된 분석을 하여 유전적인 측면에서 맛이 좀 더 좋은 쇠고기를 생산할 수 있을 것이다.

Table 4.6 The distribution of beef grade of g.3977-325 T>C related with marbling score in field trial

SNP	Type	No	Marbling score	Beef grade					Total		
				1++	1+	1	2	3		above 1+	
g.3977-325 T>C	CC	538	6.31±0.07c	144	233	120	37	4	377	538	
				26.80%	43.30%	22.30%	6.90%	0.070%	70.10%	100%	
	CT	860	5.20±0.06b	114	300	290	144	12	414	860	
				13.30%	34.90%	33.70%	16.70%	1.40%	48.20%	100%	
	TT	410	4.81±0.09a	43	109	166	85	7	152	410	
				10.50%	26.60%	40.50%	20.70%	1.70%	37.10%	100%	
Total			1808	5.44±0.09	301	642	576	266	23	943	1808
					16.60%	35.50%	31.90%	14.70%	1.30%	52.10%	100%

a, b, c Means with different superscripts within the same column are significantly different ($p < 0.05$),

* $p < 0.05$, ** $p < 0.01$, *** $p < 0.001$, ns = non-significant

5. 결론

본 연구에서는 25~30개월에 특이적으로 유전자 발현이 일어나, 쇠고기 맛에 영향을 미치는 불포화 지방산 및 육질등급에 직접적인 연관이 있는 6개의 유전자 (SCD, SREBPs, PPAR γ , FABP4, FASN, LPL)의 299개의 SNPs중 불포화지방산과 연관이 있는 30개의 우수한 SNPs를 발견할 수 있었다.

특히 SCD 유전자 내에 존재하는 exon5 영역의 g.10153 A>G, g.10213 T>C, g.10329 C>T SNPs와 SREBPs 유전자 내 exon13 영역의 g.13544 T>C, PPAR γ 유전자 내 exon7 영역의 g.72367 G>T SNP, FABP4 유전자 내 exon2 영역의 g.2988 A>G 와 exon3 영역의 g.3690 G>A, g.3710 G>C 및 exon4 영역의 g.4221 A>G SNPs, FASN 유전자의 exon23, 24, 34, 37, 39 영역에 위치한 g.12870 T>C, g.13126 T>C, g.15532 C>A, g.16907 T>C, g.17924 G>A SNPs, LPL 유전자 내 exon2 영역의 g.6960 A>T, g.6974 G>A SNPs와 exon9 영역의 g.22649 G>A SNP의 총 16개의 후보 SNPs는 지방산 조성뿐만 아니라 도체 등급에 영향을 주는 근내지방도에 또한 직접적인 영향을 미친다고 볼 수 있겠다.

따라서 6개의 유전자 (SCD, SREBPs, PPAR γ , FABP4, FASN, LPL)중 불포화지방산뿐만 아니라 근내지방도에도 영향을 미치는 기능성 SNPs를 1차적으로 30개를 선발하였으며, 특히 FABP4; g.3977-325 T>C SNP를 현장농가에 실증유전자 검정을 거친 결과 그 우수성을 입증하였다.

References

- Abe, T., Saburi, J., Hasebe, H., Nakagawa, T., Kawamura, T., Saito, K., Nade, T., Misumi, S., Okumura, T., Kuchida, K., Hayashi, T., Nakane, S., Mitsuhashi, T., Nirasawa, K., Sugimoto, Y. and Kobayashi, E. (2008). Bovine quantitative trait loci analysis for growth, carcass, and meat quality traits in an F2 population from a cross between Japanese Black and Limousin. *Journal of Animal science*, **86**, 2821-2832.
- Barendse, W., Harrison, B. E., Bunch, R. J. and Thoma, M. B. (2008). Variation at the Calpain 3 gene is associated with meat tenderness in zebu and composite breeds of cattle. *BMC Genetics*, **9**, 41-48.
- Barrett, J. C., Fry, B., Maller, J. and Daly, M. J. (2005). Haploview : Analysis and visualization of LD and haplotype maps. *Bioinformatics*, **21**, 263-265.
- Barton, L., Kott, T., Bures, D., Rehak, D., Zahradkova, R. and Kottova, B. (2009). The polymorphism of stearoyl-CoA desaturase (SCD1) and sterol regulatory element binding protein-1 (SREBP-1) genes and their association with the fatty acid profile of muscle and subcutaneous fat in Fleckvieh bulls. *Meat Science*, **9**, 309-330.
- Chung, K. Y., Lunt, D. K., Kawachi, H., Yano, H. and Smith, S. B. (2007). Lipogenesis and stearoyl-CoA desaturase gene expression and enzyme activity in adipose tissue of short- and long-fed Angus and Wagyu steers fed corn- or hay-based diets. *Journal of Animal Science*, **85**, 380-387.
- Craig, D. W. and Stephan, D. A. (2005). Applications of whole genome high-density SNP genotyping. *Expert Review of Molecular Diagnostics*, **5**, 159-170.
- de Bakker, P. I., Yelensky, R., Pe'er, I., Gabriel, S. B., Daly, M. J. and Altshuler, D. (2005). Efficiency and power in genetic association studies. *Nature Genetics*, **37**, 1217-1223.
- Dinh, T. T. N., Blanton, J. R., Riley, D. G., Chase, C. C., Coleman, S. W., Phillips, W. A., Brooks, J. C., Miller, M. F. and Thompson, L. D. (2010). Intramuscular fat and fatty acid composition of longissimus muscle from divergent pure breeds of cattle. *Journal of Animal science*, **88**, 756-766.
- Falconer, D. S. (1989). *Introduction to quantitative genetics*, 3rd ed. Longman Scientific & Technical, Harlow, United Kingdom.
- Gabriel, S. B., Schaffner, S. F., Nguyen, H., Moore, J. M., Roy, J., Blumenstiel, B., Higgins, J., DeFelice, M., Lochner, A., Faggart, M., Liu-Cordero, S. N., Rotimi, C., Adeyemo, A., Cooper, R., Waed, R., Lander, E. S., Daly, M. J. and Altshuler, D. (2002). The structure of haplotype blocks in the human genome. *Sciences*, **296**, 2225-2229.
- Gotoda, T., Yamada, N., Kawamura, M., Kozaki, K., Mori, N., Ishibashi, S., Shimano, H., Takaku, F., Yazaki, Y. and Furuichi, Y. (1991). Heterogeneous mutations in the human lipoprotein lipase gene in patients with familial lipoprotein lipase deficiency. *Journal of Clinical Investigation*, **88**, 1856-1864.
- Hedrick, P. W. (1987). Gametic disequilibrium measures: Proceed with caution. *Genetics*, **117**, 331-341.

- Hoashi, S., Ashida, N., Ohsaki, H., Utsugi, T., Sasazaki, S., Taniguchi, M., Oyama, K., Mukai, F. and Mannen, H. (2007). Genotype of bovine sterol regulatory element binding protein-1(SREBP-1) is associated with fatty acid composition in Japanese Black cattle. *Mammalian Genome*, **18**, 880-886.
- Horton, J. D., Shah, N. A., Warrington, J. A., Anderson, N. N., Park, S. W., Brown, M. S. and Goldstein, J. L. (2003). Combined analysis of oligonucleotide microarray data from transgenic and knockout mice identifies direct SREBP target genes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, **100**, 12027-12032.
- Ibi, T., Hirooka, H., Kahi, A. K., Sasae Y. and Sasaki, Y. (2005). Genotype environment interaction effects on carcass traits in Japanese Black cattle. *Journal of Animal Science*, **83**, 1503-1510.
- 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. *Journal of Animal Science*, **52**, 9-16.
- Korea Animal Genetics & Breeding Lab. (2003). *Animal breeding studies*, Sunjin-Munwha Publishing Co, Seoul, Korea.
- Lee, H., Lee, M. H. and Chung, M. S. (1994). Comparison of flavor characteristics and palatability of beef obtained from various breeds. *Korean Journal for Food Science of Animal Resources*, **26**, 500-506.
- Lee, H., Lee, S. H., Cho, Y. M., Yoon, H. B., Jeon, B. K., Oh, S. J., Kwon, M. S. and Yoon, D. H. (2004). Association between the polymorphism on intron 5 of the lipoprotein lipase gene and carcass traits in Hanwoo (Korean cattle). *Journal of Animal Science and Technology*, **46**, 947-956.
- Lee, J., Jin, M., Lee, Y., Ha, J., Yeo, J. and Oh, D. (2014). Gene-gene interaction of fatty acid synthase (FASN) using multifactor dimensionality reduction method in Korean cattle. *Molecular Biology Reports*, **41**, 2021-2027.
- Lee, J., Lee, Y., Lee, J., Oh, D., Jeong, D. and Kim, J. (2013a). Identification of Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs) of the Bovine Growth Hormone (bGH) Gene associated with growth and carcass traits in Hanwoo. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, **26**, 1359-1364.
- Lee, J., Lee, J., Yeo, Y., Kim, J. (2013b). A SNP harvester analysis to better detect SNPs of CCDC158 gene that are associated with carcass quality traits in Hanwoo. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, **26**, 766-771.
- Lee, Y., Oh, D., Lee, J., La, B. and Yeo, J. (2013c). Novel single nucleotide polymorphism of bovine SREBP1 gene IA association with fatty acid composition and marbling score in commercial Korean cattle (Hanwoo). *Molecular Biology Reports*, **40**, 247-254.
- Mannen, H. (2011). Identification and utilization of genes associated with beef qualities. *Animal Science Journal*, **82**, 1-7.
- 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. *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.
- Michal, J. J., Zhang, Z. W., Gaskins, C. T., and Jiang, Z. (2006). The bovine fatty acid binding protein 4 gene is significantly associated with marbling and subcutaneous fat depth in Wagyu x Limousin F2 crosses. *Animal Genetics*, **37**, 400-402.
- Monson, F., Sanudo, C. and Sierra, I. (2005). Influence of breed and ageing time on sensory meat quality and consumer acceptability in intensively reared beef. *Meat Science*, **71**, 471-479.
- Oh, D. Y. (2014). *Identification of the SNP within candidate gene associated with fatty acid composition in Hanwoo*, Ph.D. Thesis, Yeungnam University, Kyungbuk.
- Oh, D., Jin, M. H., Lee, Y. S., Ha, J. J., Kim, B. K., Yeo, J. S. and Lee, J. Y. (2013a). Identification of Stearyl-CoA desaturase (SCD) gene interactions in Korean native cattle based on the multifactor - dimensionality reduction method. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, **26**, 1218-1228.
- Oh, D., La, B., Lee, Y., Bun, Y., Lee, J., Yeo, G. and Yeo, J. (2013b). 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.
- Ohsaki, H., Thnaka, A., Hoashi, S., Sasazaki, S., Oyama, K., Taniguchi, M., Mukai, F. and Mannen, H. (2009). Effect of SCD and SREBP genotypes on fatty acid composition in adipose tissue of Japanese Black cattle herds. *Journal of Animal Science*, **80**, 225-232.
- Perez-Enciso, M and Misztal, I. (2004). Qxpk: A versatile mixed model application for genetical genomics and QTL analyses. *Bioinformatics*, **20**, 2792-2798.
- Rosenson, R. S. (2007). Effects of peroxisome proliferator-activated receptors on lipoprotein metabolism

- and glucose control in type 2 diabetes mellitus. *The American Journal of Cardiology*, **199**, 96-104.
- Scheet, P. and Stephens, M. (2006). A fast and flexible statistical model for large-scale population genotype data : Applications to inferring missing genotypes and haplotypic phase. *The American Journal of Human Genetics*, **78**, 629-644.
- Snelling, W. M., Casas, E., Stone, R. T., Keele, J. W., Harhay, G. P., Bennett, G. L. and Smith, T. P. L. (2005). Linkage mapping bovine EST-based SNP. *BMC Genomics*, **6**, 74-83.
- Storey, J. (2003). The positive false discovery rate : A Bayesian interpretation and the q-value. *The Annals of Statistics*, **31**, 2013-2035.
- 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. *Mammalian Genome*, **14**, 142-148.
- Tsuji, S. (2008). Kobe beef as international brand. In *Symposium of Gyeongbuk Hanwoo Cluster*, Daegu, Korea.
- Vreeland, W. N., Meagher, R. J. and Barron, A. E. (2002). Multiplexed, highthroughput genotype by single-base extension and endlabeled free-solution electrophoresis. *Analytical Chemistry*, **74**, 4328-4333.
- Waldman, R. C., Suess, G. G., Lewis, R. W., Bray, R. W. and Brungardt, V. H. (1965). Certain fatty acids of bovine tissue and their association with carcass characteristics. *Journal of Animal Science*, **24**, 869.
- Wang, N., Akey, J. M., Zhang, K., Chakraborty, R. and Jin, L. (2002). Distribution of recombination crossovers and the origin of haplotype blocks: The interplay of population history, recombination, and mutation. *American Journal of Human Genetics*, **71**, 1227-34.
- Yoshimura, T. and Namikawa, K. (1983). Influence of breed, sex and anatomical location on lipid and fatty acid composition of bovine subcutaneous fat. *Japanese Journal of Zootechnical Science*, **54**, 97-100.
- 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. *Animal Genetics*, **39**, 62-70.

Major SNP identification for oleic acid and marbling score which are associated with Korean cattle

Dong-Yep Oh¹ · Jung-Sou Yeo² · Jea-Young Lee³

¹Gyeongsangbuk-Do Livestock Research Institute

²School of Biotechnology, Yeungnam University

³Department of Statistics, Yeungnam University

Received 5 June 2014, revised 2 July 2014, accepted 4 August 2014

Abstract

This study is to identify the relationship between unsaturated fatty acids, which are indicators of beef flavor, and unsaturated fatty acid biosynthetic enzymes, which are associated with SNPs in the SCD, SREBPs, PPAR γ , FABP4, FASN and LPL in Hanwoo population. For analysis of fatty acid in Hanwoo, we used to Hanwoo steer(n=513). Also, following an analysis of the relationship raised from Gyeongbuk province region. FABP4; g.3977-325 T>C was selected and the distribution of beef grade of g.3977-325 T>C related in field trial was proved very excellent.

Keywords: Beef grade, gene expression, Hanwoo, unsaturated fatty acid.

¹ Researcher, Gyeongsangbuk-do Livestock Research Institute, Yeungju 750-871, Korea.

² Professor, School of Biotechnology, Yeungnam University, Kyungsan 712-749, Korea.

³ Corresponding author: Professor, Department of Statistics, Yeungnam University, Kyungsan 712-749, Korea. E-mail: jlee@yu.ac.kr