

Effects of Polymorphisms in the 3' Untranslated Region of the Porcine Mitochondrial calcium uptake 1 (MICU1) Gene on Meat Quality Traits

Yae-Sol Jee^{1†}, Eun-Seok Cho^{2†}, Hyeon-Jeong Jeon¹, Si-Woo Lee¹, Kyu-Sang Lim¹, Tae-Hun Kim^{1*} and Kyung-Tai Lee^{1*}

¹Animal Genomics and Bioinformatics Division, National Institute of Animal Science, Rural Development Administration, Wanju 55365, Korea

²Swine Science Division, National Institute of Animal Science, Rural Development Administration, Cheonan 31000, Korea

Received September 13, 2016 / Revised October 5, 2016 / Accepted October 5, 2016

Mitochondrial calcium uptake 1 (MICU1) including two canonical EF hands, located in the mitochondrial inner membrane, is known to play a crucial role in the calcium uptake in mitochondria. Mitochondrial calcium uptake in muscular cells is related to post mortem shortening by calcium release from muscles. Therefore, the porcine MICU1 gene has been estimated as a genetic candidate for meat quality traits. In this study, variations on the exonic regions of the porcine MICU1 gene were investigated by sequencing cDNAs and tested for their association with meat quality traits. A total of 667 Berkshire heads (347 sows and 320 castrated boars) were used for this association test. Three SNPs were detected on the 3' untranslated region (UTR) of the porcine MICU1 gene. SNP1 (c.*136G>A) was associated with drip loss ($p=0.017$) and intramuscular fat content ($p=0.039$). In addition, SNP2 (c.*222G>A) and SNP3 (c.*485G>A) were associated with drip loss ($p=0.018$) and intramuscular fat content ($p<0.001$), respectively. In conclusion, it was verified that three variations on the 3' UTR of the porcine MICU1 gene were significantly associated with meat quality traits. It was also suggested that molecular biological analyses are needed to validate the function of variations on the 3' UTR of the porcine MICU1 gene.

Key words : Drip loss, intramuscular fat content, MICU1 gene, pig

서 론

양돈산업의 경쟁력을 갖는데 있어서 육질은 생산성과 함께 매우 중요한 요소이다. 육질을 결정하는 주요 형질로는 근내 지방함량, 육색, 풍부한 육즙 등으로 구별될 수 있다. 그리고 돼지고기는 도축 후 사후대사(postmortem metabolism)과정을 거치게 되는데, 사후대사속도에 따라 육질이 결정된다. 세포질 내 칼슘(cytosolic calcium)함량 변화는 사후대사속도와 밀접한 관련이 있다. 세포 내 칼슘은 2차 신호전달자로서, 물질대사, 세포증식 및 분화, 세포사멸, 근수축/이완 등 다양한 세포 내 기작들을 조절하는 역할을 한다[1]. 사후 근소포체(sarcoplasmic reticulum)에 저장되어 있던 칼슘이온이 세포질 내로 유입되면서 세포질 내 칼슘농도가 증가한다. 이로 인해 근수축이 일어나고, Ca²⁺-activated ATPases의 활성을 증가시

킴으로써 해당과정의 속도를 증가시켜 육질저하를 가져온다[2]. 대표적인 예로, 돼지 스트레스 증후군(porcine stress syndrome, PSS)가 있으며, Ca²⁺ release channel protein결합이 생긴 돼지는 사후 근육의 세포질내 칼슘농도가 급격히 상승하며 이상육 또는 물똥지육(pale, soft, exudative; PSE) 발생을 크게 증가한다[5].

한편, 미토콘드리아 내 칼슘(mitochondrial calcium)농도는 세포질 내 칼슘농도와 연관되어 있다. 미토콘드리아의 칼슘 흡수는 mitochondrial Ca²⁺ uniporter (MCU)라는 칼슘이온 채널에 의해 일어나며[4], 최근에는 mitochondrial calcium uptake 1 (MICU1) 단백질이 MCU를 조절하는 센서 역할을 하는 것으로 보고되었다[3, 11]. MICU1은 미토콘드리아의 내막에 위치하며, 칼슘 흡수와 관련된 2개의 canonical EF hands를 가지고 있다[10]. 돼지 MICU1 유전자는 14번 염색체에 위치하며, 12개의 exon으로 구성되어 있다. 또한, 이 유전자는 혈중칼슘농도, 지방크기, 육색, 체중 등의 다양한 형질관련 양적형질과 위 영역에 포함되어 있다(PigQTLdb, <http://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/SS/index>) [8]. 따라서 MICU1 유전자는 사후 근육 내 칼슘농도 변화 및 그에 따른 사후대사에 주요한 영향을 줄 수 있으므로 육질관련 중요한 후보유전자로 판단된다.

본 연구에서는 버크셔 품종 집단에서 돼지고기 육질과 관련이 있을 것으로 예상되는 MICU1 유전자의 단백질 암호화 영

†Authors contributed equally.

*Corresponding authors

Tel : +82-63-238-7305, Fax : +82-63-238-7347

E-mail : thkim63@korea.kr (Tae-Hun Kim)

leekt@korea.kr (Kyung-Tai Lee)

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.

Table 1. Means, standard deviations (SD), and ranges for meat quality traits in Berkshire pigs

Traits	N	Mean	SD	Min	Max
Ultimate muscle pH					
pH _{24h}	667	5.78	0.20	5.37	6.72
Water holding capacity					
Drip loss (%)	667	4.42	1.89	1.15	14.38
Cooking loss (%)	667	26.12	4.29	10.33	39.02
Meat color					
Lightness (L*)	667	48.54	2.75	38.01	57.68
Redness (a*)	667	6.18	1.01	3.40	9.62
Yellowness (b*)	667	3.24	1.20	0.33	6.85
Meat composition					
Moisture (%)	667	75.38	1.02	69.98	77.47
Crude Protein (%)	667	23.96	0.75	21.46	26.24
Intramuscular fat (%)	667	2.82	1.17	0.67	10.15
Tenderness					
Shear force (kg/0.5 inch ²)	667	2.89	0.69	1.45	5.66

역에서 변이를 탐색하고, 이들의 육질 형질과의 연관성을 분석함으로써 *MICU1* 유전자의 유전적 기능을 확인하였다.

재료 및 방법

공시돈

본 연구에서 이용된 실험방법과 분석절차들은 2009년도의 국립축산과학원(완주, 한국)의 동물윤리위원회에 의해 승인되었다(2009-077). 공시돈은 버크셔 품종의 돼지 667두(암돼지 347두, 거세돈 320두)로 동일한 농장에서 같은 사료를 먹고 자랐으며, 약 110 kg 정도에 축산물품질평가원의 규정과 절차에 따라 도축되었다. 도축 후에 도체무게(carass weight, CWT)를 측정하고, 육질분석 및 DNA추출을 위해 등심근(*longissimus dorsi* muscle, LD) 시료를 채취하였다.

육질형질 측정

도축 후 24시간 후, 근육 pH를 측정했다(근육pH_{24h}). 유리육즙(drip loss)은 LD시료를 진공포장 전의 무게와 하루 방치

후, 유출된 육즙을 제거한 다음 측정된 무게의 차이로 산출하였다. 가열감량(cooking loss)은 75°C에서 10분간 가열하여 가열 전과 후의 무게를 측정했다. 육색(meat color)은 Hunter system을 이용하여 L*, a*, b*로 측정하였다[6]. 돈육의 일반성분 분석항목은 수분(muscle moisture), 단백질(crude protein content), 근내지방함량(intramuscular fat, IMF)이었다. 전단력(shear force)은 Warner-Bratzler shear force meter(G-R Electrical)를 이용하여 측정했다(Table 1).

SNP 발굴 및 유전자형 분석

버크셔 품종 돼지의 LD 조직에서 genomic DNA 및 RNA를 각각 Wizard Genomic DNA Purification Kit (Promega, Madison, WI)과 TRIzol reagent (Invitrogen)을 이용해서 추출했다. Nanodrop ND-1000 spectrophotometer (Nanodrop Technologies Inc)를 이용하여 추출된 RNA의 농도를 측정했다. 그 다음 RNase-Free DNase Set (Qiagen)으로 DNA를 제거하였으며, cDNA 합성은 1µg의 RNA와 1µl의 random hexamers (100 ng/µl; Promega), 4µl의 dNTP (각 2.5 mM)을 섞고 13µl로 부피를 RNase-free ddH₂O로 맞추었다. 반응은 65°C에서 5분, 얼음에 3분을 한 후, 4µl의 5x First-Strand buffer, 1µl의 DTT(0.1 M), 1µl의 RNase inhibitor(40 units/µl), 1µl의 SuperScript II RT(200 units/µl; Invitrogen)을 더하고 25°C에서 5분, 50°C에서 60분, 70°C에서 15분 동안 반응하였다. 돼지 *MICU1* 유전자의 단백질 코딩 영역을 증폭하기 위한 primer는 이미 보고되어 있는 cDNA 서열(Acc. No. NM_001243605)을 바탕으로 제작되었다(Table 2). Amplicon 1은 1번부터 8번 exon 영역을 포함하고, amplicon 2는 7번부터 12번 exon을 포함하도록 제작하였으며, amplicon 3은 12번 exon의 나머지 영역을 증폭할 수 있도록 하였으며, amplicon 4는 12번 exon의 amplicon 2와 3을 다시 검증할 수 있도록 제작하였다(Fig. 1). PCR 반응 부피는 20µl이었으며, primer는 10 pmol, dNTP는 0.25 mM, 2µl의 10x PCR buffer, 1.25 U DNA polymerase(GenetBio, Chungnam, Korea), 100 ng genomic DNA가 포함되었다. PCR 반응은 DNA Engine Tetrad[®] 2 Thermal Cycler (Bio-Rad, Hercules, CA, USA)에서 수행하였으며, 반

Table 2. Primer sets for PCR amplification of the porcine *MICU1*

Amplicon	Primer number	Primer sequence (5'→3')	Annealing temperature (°C)	Size (bp)
1	P1	Forward: GCTGAAGCTCCGCTGTAGAC	60	905
	P2	Reverse: CAGCTTCCCCTTGAGATCAG		
2	P3	Forward: CAGGTTCAAAGCATCATTCG	60	858
	P4	Reverse: CGGAATGAGAGCCTAGCAGA		
3	P5	Forward: CCCAAACAGTAACCCACAC	60	832
	P6	Reverse: GGGAGGGTTATTGCAAAC		
4	P7	Forward: GACTGTGATGGCAATGGAGA	60	854
	P8	Reverse: GCTCAACCTCTGCTGCTCTT		

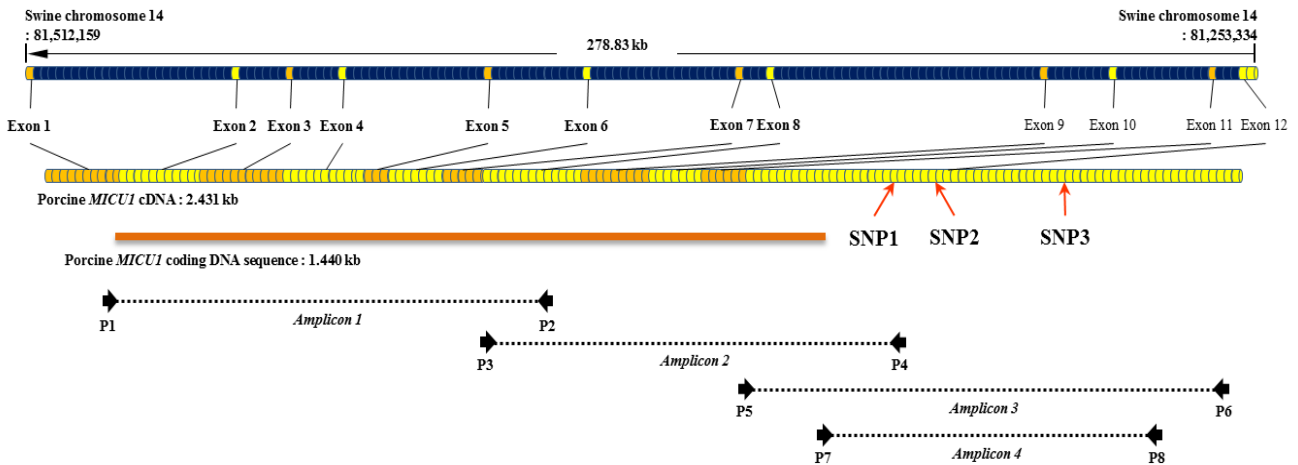


Fig. 1. Genomic structure and SNP positions of the porcine *MICU1* gene. Three SNPs could be found on the 3' UTR of the porcine *MICU1* gene in Berkshire pigs.

응 조건은 94°C에서 5분 초기 열변성, 그리고 94°C에서 30초, 62°C에서 30초, 72°C에서 1분 조건으로 35회 순환한 후, 마지막에는 72°C에서 10분 동안 최종 합성단계를 수행하였다. PCR 산물은 Big Dye Cycle Sequencing Ready Reaction Kit V3.0(Life Technologies, Carlsbad, CA, USA)와 ABI PRISM® 3730 Genetic Analyzer (Life Technologies)를 이용하여 염기서열해독을 실시하였으며, Lasergene7 package의 SeqMan 프로그램(DNASTAR, Madison, WI, USA)을 사용하여 염기서열 비교를 수행하여 변이 탐색을 수행했다.

통계분석

돼지 *MICU1* 유전자에서 발굴된 변이들에 대해 육질 형질들과의 연관성 분석에는 SAS 9.2 프로그램을 이용했다. 혼합 모델이 이용되었으며, 고정효과로는 유전자형과 성별이 포함되었고, 모체효과는 임의효과로 포함시켰다. 공변량으로 도체중이 포함되었다.

결과 및 고찰

SNP 발굴 및 대립유전자형 빈도

돼지 *MICU1* 유전자에 대해 버크셔 공시돈 667두에서 개체별 RNA를 추출하여 cDNA를 합성한 후, 염기서열해독을 통해 단백질을 암호화하는 영역에서의 변이를 탐색하였다. 그 결과, 총 3개의 단일염기다형성(single nucleotide polymorphism, SNP)을 3' 비해독 영역(untranslational region; UTR)에서 발견하였으며, 이들은 돼지 dbSNP에 기 보고된 변이임을 알 수 있었다(Fig. 1). 하지만 이들 변이에 대한 돼지의 특정 품종 집단 내에서의 유전적 특성이 연구되어 보고된 바는 없었다. SNP1 (c.*136G>A, rs340960884) 좌위에서 GG 유전자형, AG 유전자형을 가진 개체가 각각 58%, 35%의 높은 빈도로 나타났으며, AA 유전자형은 43두로 7%만 나타났다(Table 3).

SNP2 (c.*222G>A, rs319543203)의 경우에도 SNP1과 유사한 유전자형 빈도를 나타내어, 두 좌위에서 G 대립유전자빈도가 76%로 높게 나타났다. 또한 SNP3 (c.*485G>A, rs337425956) 좌위에서도 AA 유전자형을 가진 개체가 가장 적었으며(10%), 나머지 두 유전자형을 가진 개체는 유사한 비율로 나타났다 (AG 유전자형 43%, GG유전자형 47%). 대립유전자형 빈도도 다른 SNP와 유사하게 G 대립유전자의 빈도가 높았다(68%). 그리고 돼지 *MICU1*의 3'UTR에서 발견된 세 SNP들은 모두 하디-바인베르크 평형 상태에 있음을 확인했다.

최근 염기서열해독 기술의 급격한 발전과 비용 하락으로 인해 개체 수준의 전장 유전체 염기서열 정보가 대량으로 생산되고 있다. 이러한 정보로부터 유럽 유전체 데이터베이스인 Ensembl에서는 대량의 유전체 변이 정보를 정리하여 그 활용도를 높이고자 시도하였다[9]. 돼지 *MICU1* 유전자의 cDNA

Table 3. Genotype and allele frequencies for SNPs in the *MICU1*

SNP	N	Genotype			Allele		χ^2 (HWE) ¹
		AA	AG	GG	A	G	
SNP1	667	0.06 (43) ²	0.35 (234)	0.58 (390)	0.24	0.76	0.327
SNP2	667	0.06 (42)	0.35 (233)	0.59 (392)	0.24	0.76	0.354
SNP3	667	0.10 (69)	0.43 (287)	0.47 (311)	0.32	0.68	0.817

N, number of experimental pigs; HWE, Hardy-Weinberg equilibrium.

¹ χ^2 (HWE), Hardy-Weinberg equilibrium by the χ^2 -test, $df = 1$, $\chi^2_{0.05} = 3.841$. Its p -value was above 0.05.

²Numbers in parentheses indicate the numbers of experimental animals.

Table 4. The effects of the *MICU1* SNPs on meat quality traits in Berkshire pigs

Traits	SNP1				SNP2				SNP3			
	AA (n=43)	AG (n=234)	GG (n=390)	p- value ¹	AA (n=42)	AG (n=233)	GG (n=392)	p- value	AA (n=69)	AG (n=287)	GG (n=311)	p- value
pH _{24h}	5.72 (0.03)	5.79 (0.01)	5.78 (0.01)	0.083	5.72 (0.03)	5.78 (0.01)	5.78 (0.01)	0.172	5.78 (0.02)	5.78 (0.01)	5.77 (0.01)	0.807
Drip loss (%)	5.13 ^a (0.29)	4.54 ^b (0.13)	4.32 ^b (0.10)	0.017	5.13 ^a (0.29)	4.54 ^{ab} (0.13)	4.32 ^b (0.10)	0.018	4.18 (0.23)	4.45 (0.12)	4.51 (0.11)	0.406
Lightness (L*)	49.36 (0.42)	48.31 (0.18)	48.61 (0.14)	0.057	49.31 (0.42)	48.34 (0.18)	48.59 (0.14)	0.099	48.60 (0.33)	48.50 (0.16)	48.59 (0.16)	0.927
Intramuscular fat (%)	2.98 ^{ab} (0.16)	2.96 ^a (0.07)	2.74 ^b (0.06)	0.039	3.00 (0.17)	2.94 (0.07)	2.76 (0.06)	0.060	2.86 ^{ab} (0.13)	2.62 ^b (0.06)	3.02 ^a (0.06)	<0.001

¹Significant differences between genotypes are indicated using different superscript letters ($p < 0.05$).

²Values are expressed as least squares means and standard error.

영역에서 총 55개의 변이가 정리되어있다(http://asia.ensembl.org/Sus_scrofa/Gene/Variation_Gene). 이를 간략히 요약하면, 단백질 암호화 영역에서는 미스센스 변이 6개를 포함하여 총 23개 변이가 보고되어있으며, 5' UTR에서는 4개, 그리고 3'UTR에서는 총 28개의 변이가 보고되어있다. 하지만 본 연구에서는 3'UTR에서 3개의 변이만을 찾을 수 있었으며, 이들은 Ensembl 변이정보에 포함되었다. 따라서 유전자 내 변이 분포는 돼지의 집단에 따라 큰 차이가 있으므로, 집단 수준에서 유전적 특성을 분석하기 위해서는 여전히 별도로 변이 탐색 및 빈도 분석 단계가 필요하다.

MICU1 유전자형의 육질형질과의 연관성

돼지 *MICU1* 유전자형이 분석된 공시돈 667두에 대해 총 10개의 육질 형질이 측정되었으며, 크게 "근육pH, 보수력, 육색, 일반성분, 연도"의 5개 항목으로 구분하였다(Table 1). 본 연구에서 버크셔 품종 집단에서 확인된 3개의 돼지 *MICU1* 유전자 변이에 대해 측정된 육질 형질과의 연관성 분석을 수행하였다(Table 4). SNP1 유전자형과 SNP2 유전자형은 유리육즙과 유의적인 연관을 나타냈다(각각 $p=0.017$, $p=0.018$). 두 좌위에서 모두 AA 유전자형을 가진 개체들이 다른 유전자형을 가진 개체들보다 유리육즙이 높게 나타났으며, 이는 보수력이 상대적으로 좋지 않다는 것을 의미한다. 또한, SNP1 유전자형은 근내지방함량과도 유의적인 관계를 나타냈다($p < 0.039$). AG 유전자형을 가진 개체들이 GG 유전자형을 가진 개체들보다 높은 근내지방함량을 가지고 있었다. SNP3 좌위도 근내지방함량에서 유전자형간 유의적인 차이가 나타났다($p < 0.001$). SNP3 좌위에서 GG를 가진 개체들은 AG를 가진 개체들보다 근내지방함량이 유의적으로 높게 나타났으며, AA 유전자형을 가진 개체들은 그 중간 정도의 근내지방함량을 가지고 있었다. 따라서 버크셔 품종 집단에서 SNP1과 SNP2의 GG 유전자형을 선발할 경우, 유리육즙 손실이 낮을 것이고, SNP3의 GG 유전자형을 선발할 경우에는 근내지방함량이 높을 것으

로 기대된다.

일반적으로 유전자의 3'UTR에는 특정 micro-RNA (miRNA)의 목적 서열을 포함하고 있을 수 있으므로, 이 영역 내의 SNP는 유전자발현조절과 관련하여 중요한 의미를 가질 수 있다[12]. 이에 돼지 *MICU1* 유전자의 3'UTR 영역에 대한 miRNA target scan을 실시한 결과(<http://www.mirbase.org>) [7], 총 4개의 miRNA (hsa-miR-6796-5p, hsa-miR-3907, hsa-miR-6843-3p, mmu-miR-5128)의 목적 서열을 포함하고 있었다. 하지만 본 연구에서 발견한 3개의 SNP는 탐색된 miRNA의 목적 서열에 위치하고 있지는 않았다. 그럼에도 불구하고, 탐색된 miRNA들이 사람 및 쥐에서 보고된 것으로, 돼지 *MICU1*의 3'UTR 서열과 완전 일치하지 않기 때문에 향후 돼지의 특이 miRNA에 대한 후속 연구를 통해 SNP와의 상호작용에 대한 확인이 필요할 것으로 판단된다.

감사의 글

본 연구논문은 농촌진흥청 연구사업(세부과제명: 한우 및 돼지 분자표지의 농장 현장 검증 및 실용화 기술 개발, 세부과제번호: PJ01022002)의 지원에 의해 이루어진 것이다.

References

- Berridge, M. J., Bootman, M. D. and Roderick, H. L. 2003. Calcium signalling: dynamics, homeostasis and remodelling. *Nat. Rev. Mol. Cell Biol.* **4**, 517-529.
- Bowker, B. C., Grant, A. L., Forrest, J. C. and Gerrard, D. E. 2000. Muscle metabolism and PSE pork. *Proceedings of the American Society of Animal Science*.
- Collins, S. and Meyer, T. 2010. Cell biology: A sensor for calcium uptake. *Nature* **467**, 283.
- De Stefani, D., Raffaello, A., Teardo, E., Szabò, I. and Rizzuto, R. 2011. A forty-kilodalton protein of the inner membrane is the mitochondrial calcium uniporter. *Nature* **476**, 336-340.

5. Fujii, J., Otsu, K., Zorzato, F., de Leon, S., Khanna, V. K., Weiler, J. E., O'Brien, P. J. and MacLennan, D. H. 1991. Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia. *Science* **253**, 448-451.
6. García-Esteban, M., Ansorena, D., Gimeno, O. and Astiasarán, I. 2003. Optimization of instrumental colour analysis in dry-cured ham. *Meat Sci.* **63**, 287-292.
7. Kozomara, A. and Griffiths-Jones, S. 2014. miRBase: annotating high confidence microRNAs using deep sequencing data. *Nucleic Acids Res.* **42**, D68-73.
8. Li, X., Yang, S., Tang, Z., Li, K., Rothschild, M. F., Liu, B. and Fan, B. 2014. Genome wide scans to detect positive selection in Large White and Tongcheng pigs. *Anim. Genet.* **45**, 329-339.
9. McLaren, W., Gil, L., Hunt, S. E., Riat, H. S., Ritchie, G. R., Thormann, A., Flicek, P. and Cunningham, F. 2016. The ensembl variant effect predictor. *Genome Biol.* **17**, 122.
10. Perocchi, F., Gohil, V. M., Girgis, H. S., Bao X. R., McCombs J. E., Palmer A. E. and Mootha, V. K. 2010. MICU1 encodes a mitochondrial EF hand protein required for Ca²⁺ uptake. *Nature* **467**, 291-296.
11. Wang, L., Yang X., Li, S., Wang, Z., Liu, Y., Feng, J., Zhu, Y. and Shen, Y. 2014. Structural and mechanistic insights into MICU1 regulation of mitochondrial calcium uptake. *EMBO J.* **33**, 594-604.
12. Wang, X. J., Reyes, J. L., Chua, N. H. and Gaasterland, T. 2004. Prediction and identification of Arabidopsis thaliana microRNAs and their mRNA targets. *Genome Biol.* **5**, R65.

초록 : 돼지 *mitochondrial calcium uptake 1 (MICU1)* 유전자의 3'UTR 내 SNP가 육질에 미치는 영향

지예슬^{1†} · 조은석^{2†} · 전현정¹ · 이시우¹ · 임규상¹ · 김태현^{1*} · 이경태^{1*}

(¹농촌진흥청 국립축산과학원 동물유전체과, ²농촌진흥청 국립축산과학원 양돈과)

*Mitochondrial calcium uptake 1 (MICU1)*은 2개의 canonical EF hands를 가지고 미토콘드리아 내막에 위치하여, 미토콘드리아의 칼슘 섭취에 중요한 기능을 하는 것으로 알려져 있다. 근육 세포의 미토콘드리아 칼슘 섭취는 사후에 급속냉각 또는 냉장 시, 근육 내 칼슘 방출로 인한 강직과 관련되어 있으므로 궁극적으로는 육질 형성에 관련이 있을 것으로 판단된다. 따라서 본 연구에서는 돼지 *MICU1* 유전자의 exon영역의 변이를 탐색하고, 발굴된 변이에 대해 육질 형질과의 연관성 분석을 실시하였다. 이를 위해 버크셔 667두(암퇘지 347두, 거세수퇘지 320두)가 이용되었으며, *MICU1* 유전자의 cDNA를 염기서열 해독하여 비교함으로써 exon 영역의 변이를 발굴하였다. 그 결과 *MICU1*의 3' 비해독 영역(untranslated region, UTR)에서 3개의 단일염기다형성(single-nucleotide polymorphism, SNP)를 발견했다. 그리고 이들 SNP에 대해 공시돈의 육질형질(근육 pH, 육즙 손실, 육색, 근내지방함량)과 연관성 분석을 실시했다. SNP1 (c.*136G>A)에서는 육즙 손실($p=0.017$), 근내지방함량($p=0.039$)과 연관되어 있었고, SNP2 (c.*222G>A)와 SNP3 (c.*485G>A)에서는 각각 육즙 손실($p=0.018$)과 근내지방함량($p<0.001$)과 연관되어 있는 것을 확인하였다. 따라서 본 결과를 바탕으로, 돼지에서 육질과 관련된 후보 유전자로 추정된 *MICU1* 유전자로부터 3' 비해독 영역의 변이가 유의적으로 육질 형질과 관련되어 있다는 것이 확인되었다. 향후 *MICU1* 유전자의 3' 비해독 영역의 변이들에 기능적 역할을 정확히 파악하기 위한 분자생물학적 특성 연구가 필요할 것으로 판단된다.