

## Association of *Melanocortin 4 Receptor (MC4R)* Genotypes with Fatty Acid Compositions in an Intercross Population between Duroc and Jeju Native Pigs

Yong-Jun Kang\*, Sang-Geum Kim, Su-Yeon Kim, Moon-Cheol Shin, Jae-Hoon Woo, Nam-Young Kim, Sang-Min Shin, Jae-Young Choi, Ji-Hyun Yoo, Nam-Geon Park, Byoung-Chul Yang and In-Cheol Cho\*

Subtropical Livestock Research Institute, National Institute of Animal Science, RDA, Jeju 63242, Korea

Received October 14, 2019 / Revised December 30, 2019 / Accepted January 15, 2020

This study was conducted to examine association between *melanocortin-4-receptor (MC4R)* genotypes and fatty acid (FA) composition in an F<sub>2</sub> intercross between Duroc and Jeju (South Korea) Native pigs (JNP). Fourteen FA composition traits were measured in more than 290 F<sub>2</sub> progeny population produced between Duroc and JNP. All experimental pigs were successfully genotyped for the *MC4R* c.1426A>G (p.Asp298Asn) single nucleotide polymorphism (SNP) by using *Taq I* PCR-RFLP methods. We detected three *MC4R* genotypes, AA, AG, and GG with 0.299, 0.542, and 0.159 genotype frequencies, respectively. The *MC4R* AA genotype animals showed higher levels in palmitic acid (C16:0,  $p<0.05$ ), stearic acid (C18:0,  $p<0.01$ ), eicosenoic acid (C20:1n9,  $p<0.05$ ), saturated fatty acid (SFA,  $p<0.01$ ) than GG homozygotes, respectively. Whereas *MC4R* GG genotype showed higher values in linoleic acid (C18:2n6,  $p<0.001$ ), linolenic acid (C18:3n3,  $p<0.001$ ), linolenic acid (C18:3n6,  $p<0.001$ ), arachidonic acid (C20:4n6,  $p<0.001$ ) and unsaturated fatty acid (USFA,  $p<0.01$ ) than AA pigs, respectively. The *MC4R* GG genotype was associated with increasing USFA and decreasing SFA in the F<sub>2</sub> progeny population produced between Duroc and JNP. Our finding suggests that the *MC4R* polymorphisms can be used as a valuable genetic marker for Duroc and JNP breeding programs to improve meat quality and to control FA compositions.

**Key words** : Association, fatty acid, genotype, Jeju native pig, *MC4R*

### 서 론

돼지고기는 전세계 육류 소비량에서 가장 많은 비율을 차지하는 중요한 단백질 공급원으로 고기의 품질은 육색(color), 다즙성(juiciness), 향미(flavor), 연도(tenderness) 등과 같은 특성에 의하여 결정되며 이는 품종, 사육방법, 사료의 영양수준, 도축방법 및 가공방법 등 많은 요인에 의하여 영향을 받는다. 그 중 근내지방함량(intramuscular fat)과 근내지방내의 지방산 조성은 연도, 다즙성, 향미, 지방의 녹는점과 부패 냄새까지 영향을 미치며 이는 육질과 매우 높은 상관 관계를 가지고 있다고 알려져 있다[16]. 특히 고기내 지방산 조성은 이를 섭취하는 사람의 건강에 기여하는 바가 크다[7, 18]. 최근의 육류 소비 패턴 역시 양 위주에서 맛과 건강을 생각하며 소비하는 방향으로 변화하고 있기 때문에 결과적으로 돼지고기내의 지방산 조성은 소비자들의 구매에 있어 중요한 선택 조건으로

작용할 것이다[23].

Rhodopsin-like G-protein coupled membrane receptor의 일종인 *Melanocortin-4 receptor (MC4R)* 유전자는 인간 및 척추동물에서 식욕 및 에너지 대사와 관련한 신호전달(signal transduction)을 조절하여 비만의 유전 요인으로 알려져 있으며, 신체 활동 및 기초대사에 의한 에너지 소비가 균형을 이루도록 조절하는 leptin 호르몬의 반응과 관련되어 있다고 알려져 있다[1]. *MC4R* 유전자는 *Sus scrofa* chromosome 1 (SSC1)의 122.3M 위치에 존재하고, 이 영역에서 육색, pH, 근내지방축적 등 육질과 관련된 양적형질좌위(quantitative traits loci; QTL)들이 발견되고 있으며, *MC4R* 유전자는 다형성은 고기의 육질과 상관관계를 보이는 아주 중요한 후보 유전자로 보고되고 있다[10-12, 15, 20].

*MC4R* 유전자의 p.298 (c.1426) aspartate (D)가 asparagine (N)으로 치환되는 염기변이는 돼지의 성장과 지방 침착에 영향을 미친다고 알려져 있다. G (Asp) 대립유전자를 보유한 개체는 성장율과 등지방 두께, 사료 효율이 낮은 반면, A (Asn) 대립유전자를 보유한 개체는 성장률과 사료효율, 근내지방도가 높다고 알려져 있다[2, 5, 10, 22].

국내의 양돈에서는 랜드레이스(Landrace), 요크셔(Yorkshire), 듀록(Duroc) 품종을 교배하여 3원교잡종이나 다원교잡종을 비육돈으로 사용되고 있다. 이때 듀록을 최종 종모돈(terminal sire)으로 널리 이용되고 있는데 이는 듀록 품종이

#### \*Corresponding authors

Tel : +82-64-754-5716, Fax : +82-64-754-5713

E-mail : choic4753@korea.kr (In-Cheol Cho)

yjkang1201@hotmail.com (Yong-Jun Kang)

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.

가지고 있는 높은 성장율과 다른 타 품종에 비해 육색이 붉고, 근내지방 함량이 높기 때문이다[4].

반면에 제주도에서 오랜 기간 동안 사육되어온 제주재래돼지(Jeju Native pig)는 모색이 전신 흑모색인 특성을 지니고 있고, 다른 품종에 비해 높은 근내지방으로 인해 고기의 식감이 좋으며, 육색이 진한 붉은색을 지니고 있는 특징이 있다. 하지만 다른 개량종에 비하여 산자수가 적고, 사료효율과 성장율이 낮으며 등지방 두께가 두꺼운 단점을 지니고 있다[8].

현재 고유 재래종에 대한 유전자원의 복원 및 보호에 대한 중요성이 강조되고 있어 재래종의 우수한 형질을 나타내는 유전자를 찾아 선발에 활용하려는 연구결과들이 보고되고 있으며, 높은 성장률과 산자수가 많은 다른 품종과의 교배와 분자유전학적인 기법을 통한 재래돼지 문제점 개선을 위한 연구 결과가 보고되었다[13, 23, 24].

본 연구의 목적은 제주재래돼지와 듀록의 교배조합에서 생산된 참조축군 2세대(F<sub>2</sub>) 자손에서 지방산 조성과 MC4R 유전자형의 상관관계를 조사하여 MC4R 유전자형을 이용한 마커도움선발(marker-assisted selection, MAS)에 활용 가능성을 제시하기 위해 수행되었다.

## 재료 및 방법

### 공시동물

연구를 위한 공시동물은 농촌진흥청 국립축산과학원 난지축산연구소에서 제주재래돼지(JNP)와 Duroc 품종간 교배에서 생산된 F<sub>2</sub> 집단을 이용하였다. 최초 부모 세대(F<sub>0</sub>)인 종빈돈과 종모돈은 제주재래돼지(암 4, 수 3), 듀록(암 7, 수 3)을 상호 교차 교배하여 F<sub>1</sub> 세대 130 두(암 69, 수 61)를 생산하였다. 이 중 F<sub>2</sub> 자손을 생산하기 위해 F<sub>1</sub> 번식돈으로 암컷 30 두, 수컷 6 두를 선발하여 F<sub>2</sub> 438 두(암컷 251 두, 수컷 187 두)를 생산하였다. 본 연구의 동물 실험은 국립축산과학원 동물실험윤리위원회의 승인을 받았으며 위원회 규정을 준수하며 수행하였다(No. 2017-241).

### DNA 분리

출생 후 선천성 기형이나 허약으로 도태된 개체들을 제외하고, F<sub>1</sub> 124 두(암 66, 수 58), F<sub>2</sub> 395 두(암 222, 수 173)의 경정맥에서 전혈을 채혈하여 항응고제(ethylenediaminetetraacetic acid, EDTA)가 포함된 튜브에 보관하여 genomic DNA 분리에 이용하였다. DNA 분리는 sucrose-proteinase K 방법을 변형하여 수행하였다[21]. 분리된 DNA는 NanoDrop ND-1000 spectrophotometer (NanoDrop Technologies, USA)으로 흡광도를 측정 후 A<sub>260</sub>/A<sub>280</sub> 비율이 1.8 이상인 genomic DNA를 중합효소연쇄반응(polymerase chain reaction, PCR)의 주형으로 이용하였다.

### MC4R 유전자형 결정

돼지 MC4R 유전자의 c.1426A>G 다형성에 대한 유전자형 결정을 위하여 사용된 primer 서열은 5'-TACCCCTGACCATC TTGATTG-3' (Forward primer)와 5'-ATAGCAACAGATGAT CTCTTTG-3' (Reverse primer)를 이용하여 PCR 증폭하였다 [10]. PCR 반응은 50 ng의 DNA, 10 pmole primer, 10 x buffer 2 ul, dNTP 5 mM, 2.5 units의 *i-Taq* DNA polymerase (Intron Biotechnology, South Korea)를 포함하여 20 ul가 되게 첨가하고 Nexus (Eppendorf, Germany)를 이용하여 PCR을 수행하였다. PCR 반응 조건은 95°C에서 3분 간 초기 변성한 후, 94°C -30초, 62°C -60초, 72°C -60초의 반응을 35회 반복하고, 72°C에서 5분간 최종 신장시켰다. 증폭된 PCR 산물은 1.5% agarose gel 상에서 확인 PCR 산물을 확인한 후, *Taq* I (New England BioLabs, USA) 제한효소를 이용하여 PCR-RFLP를 수행하였고, 제한효소의 처리는 공급자의 매뉴얼에 따라 65°C에서 over-night 처리한 후 3% agarose gel에서 전기영동 후 확인하였다. MC4R 유전자형은 *Taq* I 제한효소 처리 후 226-bp에 절편이 확인된 경우에는 Allele 1 유전자형(AA)으로, 156-bp와 70-bp에 절편이 확인된 경우는 Allele 2 유전자형(GG)으로 판독하였고, Allele 1과 Allele 2가 동시에 확인될 때 이형접합 유전자형으로 판독하였다.

### 지방산 측정 및 통계분석

평균 200일령에 출하한 돼지를 도축한 후 좌도체 등심의 일부를 절개하여 등심 내 지방산 함량(crude fat content, cFat) 측정에 이용하였다[6]. 제주재래돼지, 듀록, F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub> 축군의 MC4R의 대립 유전자 A 와 G, 유전자형(AA, AG, GG)의 분포와 빈도, 각각의 경제형질에 대한 MC4R 유전자형의 효과는 MINITAB version 14.0 (Minitab Inc, USA)의 General linear model (GLM) procedure를 이용하여 분석하였다. 통계모델은  $Y = \mu + \text{sex} + \text{sire} + \text{batch} + \text{genotype} + e$  ( $Y$  = 표현형,  $\mu$  = 공동평균, sex = 성별의 효과, sire = F<sub>1</sub> 웅돈의 효과, batch = 배치효과, genotype = MC4R 유전자형의 효과, e = 임의 잔차값)를 이용하였다. 유전자형별 최소자승 평균값들 간의 차이는 Tukey's simultaneous test로 유전자형별 유의차 검정을 실시하였다.

## 결 과

### 제주재래돼지, 듀록, F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub> 축군에서의 MC4R (c.1426A>G) 유전자형의 분포

본 연구에 이용한 제주재래돼지, 듀록, F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub> 축군에서 MC4R (c.1426A>G) 유전자의 대립유전자 빈도와 분포를 분석하였다 (Table 1). MC4R c.1426A>G 좌위에서 A, G 두 개의 대립유전자가 검출되었고, 이들의 조합인 AA, GG 동형접합체와 AG 이형접합체가 관찰되었다. F<sub>2</sub> 축군 조성에 이용된 부모세대 (F<sub>0</sub>) 중 제주재래돼지 축군에서는 AA 유전자형이 확인되지

않았고, GG 유전자형과 AG 유전자형만 확인되었고, A 대립 유전자와 G 대립유전자의 빈도는 각각 0.20와 0.80으로 확인되었다. 반면, 듀록 축군에서는 AA 유전자형만 확인되었고, GG, AG 유전자형은 관찰되지 않았다. 제주재래돼지와 듀록의 상호-교차교배로 생산된 F<sub>1</sub> 세대에서는 GG 유전자형이 나타나지 않았으며, A 대립유전자와 G 대립유전자의 빈도는 각각 0.626과 0.374로 나타났다. F<sub>1</sub> 세대끼리의 상호-교차교배를 통해 생산된 F<sub>2</sub> 세대에서는 AA, AG, GG 유전자형이 모두 검출되었고, A 대립유전자와 G 대립유전자의 빈도는 각각 0.570과 0.430으로 확인되었다. F<sub>1</sub> 집단은 기대이형접합율(expected heterozygosity, He)와 관찰이형접합율(observed heterozygosity, Ho)가 큰 차이를 나타내었으나( $\chi^2=43.89, p<0.05$ ), F<sub>2</sub> 집단에서는 유의적인 차이가 나타나지 않았다( $\chi^2 = 3.84, p>0.05$ ). 이 결과는 F<sub>2</sub> 세대에서 MC4R의 유전자형 빈도 분포가 평형을 이루었음을 나타낸다고 보여진다.

**제주재래돼지 x 듀록 F<sub>2</sub> 축군의 지방산 조성 and MC4R c.1426A>G 관련성**

제주재래돼지 x 듀록 F<sub>2</sub> 축군의 등심의 지방산 조성 and MC4R c.1426A>G 유전자형과의 관련성을 분석한 결과(Table 2), 포화지방산(Saturated fatty acid, SFA)인 myristic acid (C14\_0) 함량은 MC4R 유전자형에 따라 유의적인 차이를 나타내지 않았다( $p>0.05$ ). 반면에 palmitic acid (C16\_0)와 stearic acid (C18\_0)의 함량은 AA 유전자형을 가지고 있는 개체가 GG 유전자형을 가지고 있는 개체보다 유의적으로 높게 나타났다( $p<0.05, p<0.01$ ). 불포화지방산(unsaturated fatty acid, USFA)에서 단가불포화지방산(Mono-unsaturated fatty acid, MUFA)의 경우에는 oleic acid (C18\_1n9)의 함량은 유의적 차이를 나타내지 않았으나( $p>0.05$ ), eicosenoic acid (C20\_1n9)는 AA 유전자형을 가진 개체가 GG 유전자형을 가지는 개체보다 유의적으로 높게 나타났다( $p<0.05$ ). 특히 GG 유전자형을 가지는 개체들이 AA 유전자형을 가지는 개체들에 비하여 다가불포화지방산(Poly-unsaturated fatty acid, PUFA)인 linoleic acid (C18\_2n6),  $\alpha$ -linoleic acid (C18\_3n3), arachidonic acid (C20\_4n6)의 함량이 유의적으로 높게 나타났다( $p<0.001$ ). 전체적인 지방산 함량을 비교할 때 MC4R c.1426A>G 변이에서

Table 1. Genotype distribution of MC4R gene in founder, F<sub>1</sub> and F<sub>2</sub> populations

Population	No. of animals tested	MC4R genotype			$\chi^2$	Allele		Diversity parameter*		
		GG	AG	AA		G	A	Ho	He	PIC
JBP	5	0.600	0.400	0.000	0.62 <sup>n.s</sup>	0.800	0.200	0.429	0.320	0.269
Duroc	9	0.000	0.000	1.000	n.d.	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000
F <sub>1</sub>	123	0.000	0.748	0.252	43.89 <sup>***</sup>	0.374	0.626	0.748	0.468	0.359
F <sub>2</sub>	345	0.159	0.542	0.299	3.84 <sup>n.s</sup>	0.430	0.570	0.542	0.490	0.370
Total	482	0.185	0.582	0.232	17.21 <sup>***</sup>	0.476	0.523	0.582	0.490	0.370

\*, Ho, He, and PIC indicate the values of observed heterozygosity, expected heterozygosity, and polymorphic information content, respectively.

Table 2. Association of MC4R genotypes with fatty acid (%) of longissimus dorsi muscle in Duroc x JNP population

Trait	MC4R genotypes <sup>†</sup>			Significance
	GG (n=134)	AG (n=281)	AA (n=67)	
C14_0	1.70±0.03	1.70±0.02	1.68±0.03	n.s.
C16_0	26.71±0.42 <sup>a</sup>	27.61±0.27 <sup>ab</sup>	28.22±0.32 <sup>b</sup>	*
C16_1n7	3.64±0.16	3.77±0.10	3.87±0.12	n.s.
C18_0	11.096±0.36 <sup>a</sup>	12.08±0.22 <sup>b</sup>	12.32±0.27 <sup>b</sup>	**
C18_1n9	42.34±0.63	43.68±0.39	43.58±0.48	n.s.
C18_2n6	11.00±0.45 <sup>a</sup>	9.21±0.28 <sup>b</sup>	8.46±0.35 <sup>b</sup>	***
C18_3n3	0.37±0.01 <sup>a</sup>	0.34±0.01 <sup>b</sup>	0.32±0.01 <sup>b</sup>	***
C18_3n6	0.05±0.002 <sup>a</sup>	0.04±0.001 <sup>b</sup>	0.04±0.001 <sup>b</sup>	***
C20_1n9	0.57±0.02 <sup>a</sup>	0.63±0.02 <sup>b</sup>	0.66±0.02 <sup>b</sup>	*
C20_4n6	1.51±0.17 <sup>a</sup>	0.78±0.10 <sup>b</sup>	0.57±0.13 <sup>b</sup>	***
SFA	39.85±0.73 <sup>a</sup>	41.29±0.46 <sup>ab</sup>	42.59±0.55 <sup>b</sup>	**
USFA	60.15±0.73 <sup>a</sup>	58.71±0.46 <sup>ab</sup>	57.41±0.55 <sup>b</sup>	**

<sup>†</sup> Represents Least Square Means (LSM) ± Standard Error (SE).

SFA, saturated fatty acid; USFA, unsaturated fatty acid.

<sup>a-c</sup>Mean with different superscript in the same row are significantly differ at  $p<0.05$ .

\* $p<0.05$ , \*\* $p<0.01$ , \*\*\* $p<0.001$ .

n.s : indicates not significant ( $p>0.05$ ).

GG 유전자형을 가지는 개체들이 AA 유전자형을 가지는 개체들보다 USFA 함량은 높고 SFA 함량은 낮았게 나타났다( $p < 0.01$ ). 따라서 MC4R c.1426A>G의 효과가 USFA중에서도 주로 PUFA의 함량을 높이는 방향으로 작용한 것으로 사료된다.

## 고 찰

본 연구에서 사용된 듀록 축군에서는 G 대립유전자가 관찰되지 않았다. 이는 이전 연구와 유사한 결과로 terminal sire로 사용되는 듀록 품종이 1980년대 중반부터 높은 성장률과 일당 증체량, 높은 근내지방도를 기준으로 집중적으로 선발되었기 때문으로 사료된다. 이는 90 kg 도달일령, 일당증체량을 기준으로 선발교배된 집단이 무작위 교배된 집단에 비하여 A 대립유전자의 빈도가 높아지는 실험결과로 뒷받침된다[4, 5, 9, 17, 24].

반대로 제주재래돼지 축군에서는 G 대립유전자의 빈도가 높게 확인되었다. 이는 이전 연구에서 알려진 한국재래돼지에서와 유사한 결과를 확인하였다[19]. 같은 아시아권인 중국돼지의 경우 Meishan (0.944), Jinhua, Erhualian (0.992)과 같이 G 대립유전자 빈도가 높은 품종과 Xiang (0.289), Luchuan (0.462), Neijiang (0.069)와 같이 낮거나 차이가 나지 않는 품종도 확인되고, 서양 돼지 품종인 Pietrain (0.742), Italian landrace (0.812), Belgian Landrace (0.9) 또한 높은 G 대립유전자를 보유하는 것으로 보아 아시아계 재래종이 가지는 특성이기 보다는 각 축군 별로 다른 기준으로 선발·분화 되었음을 예측하여 할 수 있다[3, 5].

USFA의 함량증가는 고기를 무르게 하며 산화가 빠르게 일어나 육가공품 생산에 있어 가공품의 품질을 떨어뜨리는 요인으로 작용할 수 있다[4]. 그러나 돼지고기 내 지방산 중에서 대표적인 오메가-3 지방산으로 알려져 있는 linolenic acid (C18\_3n3) 등과 같은 USFA는 콜레스테롤을 감소시키며 동맥경화, 심장혈관 및 뇌혈관 질환을 낮추는 효과가 있는 반면에 SFA는 동맥경화, 혈중 지질 증가, 혈전장애 등을 유발하기 때문에 USFA가 높은 돈육은 건강지향적 선택을 하는 소비자들에게 더 매력적일 수 있다[25]. MC4R c.1426A>G 변이에서 GG 유전자형을 가진 개체는 AA 유전자형을 가진 개체에 비하여 SFA 함량은 적고, USFA 함량은 많은 결과를 확인하였다. 이 결과는 이전 연구에서 MC4R c.1426A>G 변이에 대한 효과가 SFA의 감소와 USFA의 증가로 나타난다고 보고와 일치하였다[4, 14]. 돼지고기는 필수아미노산과 인간의 생리적 기능 유지에 필수적 요소로 작용하는 영양소를 함유하고 있어 많이 소비되는 단백질 공급원이지만, 최근에는 고기내 지방 섭취가 건강에 부정적인 영향으로 인해 기피하는 대상이 되고 있는데, 본 연구 결과 MC4R c.1426A>G 대립유전자형으로 돼지고기내의 SFA 함량은 낮추고, USFA 함량은 높이는 돼지 유전자 선발마커로서 사용이 가능할 것으로 생각되며 그 결과 최종

소비자인 사람의 건강에 도움이 되는 돼지고기 생산이 가능할 것으로 사료된다.

## 감사의 글

본 연구는 농촌진흥청 경산과제 “난축맛돈 균질화 연구 및 체계적인 생산체계 구축(과제번호 PJ01262701)”와 2019년도 농촌진흥청 국립축산과학원 전문연구원 연수과정 지원사업에 의해 이루어진 것임.

## The Conflict of Interest Statement

The authors declare that they have no conflicts of interest with the contents of this article.

## References

1. Bruun, C. S., Jørgensen, C. B., Nielsen, V. H., Andersson, L. and Fredholm, M. 2006. Evaluation of the porcine *melanocortin 4 receptor (MC4R)* gene as a positional candidate for a fatness QTL in a cross between Landrace and Hampshire. *Anim. Genet.* **37**, 359-362.
2. Chao, Z., Wang, F., Deng, C. Y., Wei, L. M., Sun, R. P., Liu, H. L., Liu, Q. W. and Zheng, X. L. 2012. Distribution and linkage disequilibrium analysis of polymorphisms of *MC4R*, *LEP*, *H-FABP* genes in the different populations of pigs, associated with economic traits in DIV<sub>2</sub> line. *Mol. Biol. Rep.* **39**, 6329-6335.
3. Chen, M., Wang, A., Fu, J. and Li, N. 2004. Different allele frequencies of *MC4R* gene variants in Chinese pig breeds. *Arch. Anim. Breed.* **47**, 463-468.
4. Choi, J. S., Jin, S. K., Jeong, Y. H., Jung, Y. C., Jung, J. H., Shim, K. S. and Choi, Y. I. 2016. Relationships between single nucleotide polymorphism markers and meat quality traits of duroc breeding stocks in Korea. *Asian-australas. J. Anim. Sci.* **29**, 1229-1238.
5. Davoli, R., Braglia, S., Valastro, V., Annaratone, C., Comella, M., Zambonelli, P., Nisi, I., Gallo, M., Buttazzoni, L. and Russo, V. 2012. Analysis of *MC4R* polymorphism in italian large white and italian duroc pigs: association with carcass traits. *Meat Sci.* **90**, 887-892.
6. Folch, J., Lees, M. and Sloane-stanley, G. 1957. A simple method for the isolation and purification of total lipides from animal tissues. *J. Biol. Chem.* **226**, 497-509.
7. Fortin, A., Robertson, W. M. and Tong, A. K. W. 2005. The eating quality of Canadian pork and its relationship with intramuscular fat. *Meat Sci.* **69**, 297-305.
8. Han, S. H., Lee, S. S., Ko, M. S., Seong, P. N., Park, B. Y. and Cho, I. C. 2007. Effects of a porcine *mc4r* polymorphism (892G> A) on carcass traits in commercial pigs. *J. Anim. Sci. Technol.* **49**, 569-576.
9. Hong, J. K., Kim, D. W., Cho, K. H., Sa, S. J., Choi, S. H.,

- Kim, Y. H., Park, J. C., Schmidt, G. S., Davis, M. E. and Chung, H. Y. 2015. Effects of genetic variants for the swine *FABP3*, *HMGA1*, *MC4R*, *IGF2*, and *FABP4* genes on fatty acid composition. *Meat Sci.* **110**, 46-51.
10. Kim, K. S., Larsen, N., Short, T., Plastow, G. and Rothschild, M. F. 2000. A missense variant of the porcine melanocortin-4 receptor (*MC4R*) gene is associated with fatness, growth, and feed intake traits. *Mamm. Genome.* **11**, 131-135.
11. Kim, K. S., Larsen, N. J. and Rothschild, M. F. 2000. Rapid communication: linkage and physical mapping of the porcine melanocortin-4 receptor (*MC4R*) gene. *J. Anim. Sci.* **78**, 791-792.
12. Kang, W., Cahyadi, M., Park, H. B., Seo, D. W., Jin, S., Kim, S. W., Choi, Y. I., Kim, K. S., Gotoh, T. and Lee, J. H. 2015. Association of variation in the *MC4R* gene with meat quality traits in a commercial pig population. *J. Fac. Agric. Kyushu Univ.* **60**, 113-118.
13. Li, X., Lee, C. K., Choi, B. H., Kim, T. H., Kim, J. J. and Kim, K. S. 2010. Quantitative gene expression analysis on chromosome 6 between Korean native pigs and Yorkshire breeds for fat deposition. *Genes Genomics* **32**, 385-393.
14. Óvilo, C., Fernández, A., Rodríguez, M. C., Nieto, M. and Silió, L. 2006. Association of *MC4R* gene variants with growth, fatness, carcass composition and meat and fat quality traits in heavy pigs. *Meat Sci.* **73**, 42-47.
15. Park, H. B., Han, S. H., Yoo, C. K., Lee, J. B., Kim, J. H., Baek, K. S., Son, J. K., Shin, S. M., Lim, H. T. and Cho, I. C. 2017. Genome scan linkage analysis identifies a major quantitative trait loci for fatty acid composition in longissimus dorsi muscle in an F(2) intercross between Landrace and Korean native pigs. *Asian-australas. J. Anim. Sci.* **30**, 1061-1065.
16. Pena, R. N., Ros-Freixedes, R., Tor, M. and Estany, J. 2016. Genetic marker discovery in complex traits: a field example on fat content and composition in pigs. *Int. J. Mol. Sci.* **17**, 2100.
17. Piórkowska, K., Tyra, M., Rogoz, M., Ropka-Molik, K., Oczkiewicz, M. and Różycki, M. 2010. Association of the melanocortin-4 receptor (*MC4R*) with feed intake, growth, fatness and carcass composition in pigs raised in Poland. *Meat Sci.* **85**, 297-301.
18. Reardon, W., Mullen, A. M., Sweeney, T. and Hamill, R. M. 2010. Association of polymorphisms in candidate genes with colour, water-holding capacity, and composition traits in bovine *M. longissimus* and *M. semimembranosus*. *Meat Sci.* **86**, 270-275.
19. Roh, J. G., Kim, S. W., Choi, J. S., Choi, Y. I., Kim, J. J., Choi, B. H., Kim, T. H. and Kim, K. S. 2012. Characterization and evaluation of melanocortin 4 receptor (*MC4R*) gene effect on pork quality traits in pigs. *J. Anim. Sci. Technol.* **54**, p. 1-8.
20. Rohrer, G. A., Nonneman, D. J., Miller, R. K., Zerby, H. and Moeller, S. J. 2012. Association of single nucleotide polymorphism (SNP) markers in candidate genes and QTL regions with pork quality traits in commercial pigs. *Meat Sci.* **92**, 511-518.
21. Sambrook, J., Fritsch, E. F. and Maniatis, T. 1989. Isolation of high-molecular-weight DNA from mammalian cells. in: molecular cloning: a laboratory manual. 2nd ed., New York: Cold Spring Harbor, Cold Spring Harbor Laboratory Press. 9.14-9.23.
22. Van den Maagdenberg, K., Stinckens, A., Claeys, E., Seynaeve, M., Clinquart, A., Georges, M., Buys, N. and De Smet, S. 2007. The Asp298Asn missense mutation in the porcine melanocortin-4 receptor (*MC4R*) gene can be used to affect growth and carcass traits without an effect on meat quality. *Animal* **1**, 1089-1098.
23. Wang, W., Xue, W., Jin, B., Zhang, X., Ma, F. and Xu, X. 2013. Candidate gene expression affects intramuscular fat content and fatty acid composition in pigs. *J. Appl. Genet.* **54**, 113-118.
24. Zhang, J., Chai, J., Luo, Z., He, H., Chen, L., Liu, X. and Zhou, Q. 2018. Meat and nutritional quality comparison of purebred and crossbred pigs. *Anim. Sci. J.* **89**, 202-210.
25. Zhang, W., Zhang, J., Cui, L., Ma, J., Chen, C., Ai, H., Xie, X., Li, L., Xiao, S., Huang, L., Ren, J. and Yang, B. 2016. Genetic architecture of fatty acid composition in the longissimus dorsi muscle revealed by genome-wide association studies on diverse pig populations. *Genet. Sel. Evol.* **48**, 5.

## 초록 : 제주재래돼지와 듀록 참조축군에서 *Melanocortin 4 Receptor (MC4R)* 유전자형과 지방산 조성간의 관련성 분석

강용준\* · 김상금 · 김수연 · 신문철 · 우제훈 · 김남영 · 신상민 · 최재영 · 유지현 · 박남건 · 양병철 · 조인철\*  
(농촌진흥청 국립축산과학원 난지축산연구소)

본 연구에서는 제주재래돼지와 듀록 품종 사이에서 생산된 F<sub>2</sub> 참조축군에서 *melanocortin-4-receptor (MC4R)* 유전자형과 지방산 조성간의 관련성을 연구하였다. 전체 290 여두의 F<sub>2</sub> 자손을 이용하여 14개의 지방산 조성을 측정하였다. *Taq I* PCR-RFLP 방법을 이용하여 *MC4R* c.1426A>G (p.Asp298Asn)의 단일염기다형성(single nucleotide polymorphism, SNP)을 확인하였다. *MC4R* 세 가지 유전자형(AA, AB, BB)이 모두 발견되었고, 그 빈도는 각각 0.299, 0.542, 0.159로 확인되었다. AA 유전자형을 가진 개체에서 palmitic acid (C16:0,  $p<0.05$ ), stearic acid (C18:0,  $p<0.01$ ), eicosenoic acid (C20:1n9,  $p<0.05$ ), saturated fatty acid (SFA,  $p<0.01$ ) 함량이 GG 유전자형을 가진 개체보다 더 높은 것으로 확인되었다. 반면에 GG 유전자형을 가진 개체는 linoleic acid (C18:2n6,  $p<0.001$ ), linolenic acid (C18:3n3,  $p<0.001$ ), linolenic acid (C18:3n6,  $p<0.001$ ), arachidonic acid (C20:4n6,  $p<0.001$ )과 같은 불포화지방산(unsaturated fatty acid) 함량이 AA 유전자형을 가진 개체보다 더 높은 것을 확인하였다. 제주재래돼지와 듀록 품종 사이에서 생산된 F<sub>2</sub> 참조축군에서 *MC4R* GG 유전자형이 포화지방산은 낮추고, 불포화지방산은 높이는 것으로 확인되었다. 본 연구 결과 *MC4R*의 유전적 다형성이 듀록과 제주재래돼지 교배 프로그램에서 육질 향상과, 고기내의 지방산 함량을 조절할 수 있는 유전적 표지 인자로 활용될 수 있을 것이라 사료된다.