

성장기 돼지의 단백질대사에 사료단백질의 질이 미치는 영향 - 수치모형을 사용하여 -

이 옥 희

용인대학교 식품영양학과

Effects of Feed Protein Quality on the Protein Metabolism of Growing Pigs - Using a Simulation Model -

Ok-Hie Lee

Dept. of Food Science and Nutrition, Yong-in University, Yongin 449-714, Korea

Abstract

This study was conducted to describe qualitatively the protein metabolism of pigs during growth depending on the feed protein quality and to describe quantitatively amino acids requirements, using a simulation model. The used model has a non-linear structure. In the used model, the protein utilization system of a pig, which is in the non-steady-state, is described with 15 flux equations and 11 differential equations and is composed with two compartments. Protein deposition(g/day) of pigs on the 30th, 60th, 90th, and 120th day of feeding duration with three-quality protein, beginning with body weight 20kg, were calculated according to the empirical model, PAF(the product of amino acid functions) of Menke, and was used as object function for the simulation. The mean of relative difference between the simulated protein deposition and PAF calculated values, lied in a range of 8.8%. The simulated protein deposition showed different behavior according to feed protein quality. In the high-quality protein, it showed paraboloidal form with extending growth simulation up to 150th day. So the maximum of protein deposition was acquired on the 105th day of simulated growth time and then it decreased fast. In the low-quality protein, this form of protein deposition in the course of simulated growth did not appear until 150th day. The simulated protein mass also showed a difference in accordance with feed protein quality. The difference was small on the 30th day of simulated growth, but with duration of the simulated growth it was larger. On the 150th day the simulated protein deposition of high quality protein was 1.5 times higher as compared to the low-quality protein. The simulated protein synthesis and break-down rates(g/day) in the whole body showed a parallel behavior in the course of growth, according to feed protein quality. It was found that the improvement of feed protein quality increased protein deposition in the whole body through a increase of both protein synthesis and breakdown during growth. Also protein deposition efficiency, which was calculated from simulated protein deposition and protein synthesis, showed a difference in dependence on the protein quality of feed protein. The protein deposition efficiency was higher in pigs fed with high quality protein, especially at the simulation time 30th day. But this phenomena disappeared with growth, so on the 150th day of growth, the protein deposition of the high feed protein quality was lowest among the three different quality of feed protein. The simulated total requirement of the 10 essential amino acids for the growth of pigs was 28.1(g/100g protein), similar to NRC. The requirement of lysine was 4.2(g/100g protein).

Key words: protein quality, simulation model, protein metabolism, amino acids requirement

서 론

아미노산은 체단백질의 합성을 위한 재료로써, 균형 잡힌 아미노산 조성이 체단백질 축적과 성장에 미치는 영향에 대해서는 이미 잘 알려져 있다. 이때 성장기의 단백질 축적은 식이 중 특히 제1 제한아미노산의 공급수

준에 의해 영향을 받는다. 불균형한 아미노산 조성의 식이단백질 공급이 단백질 이용에 미치는 효과는 아미노산의 과부족정도 및 아미노산의 종류에 의해서 달라진다고 한다(1). 이러한 식이단백질의 아미노산 조성의 불균형은 Harper 등(2)에 의해 소위 "advers effects" 즉 imbalance, antagonism, toxicity로 분류되며, 그 영향

은 음의 질소평형상태, 성장저하 및 식이섭취의 감소 등을 초래함이 잘 알려져 있다. 따라서 아미노산의 필요량을 설정하고 균형잡힌 아미노산 조성과 단백질의 질의 평가를 위해 많은 척도들이 개발, 사용되었다. 식이 단백질의 질을 평가하고 아미노산의 필요량을 추정하는 척도들은 사람 또는 실험동물에게 다양한 종류의 단백질을 섭취시킨 후 나타나는 체중 및 질소균형의 변화에 기초하거나, 또는 식이단백질 자체의 아미노산 조성에 의거하여 하나의 수식으로써 나타낸 것들이다. 이런 판정 척도로써 생물가(BV), NPU, CS(chemical score), EAA-index, PER, PEI, NPR, 아미노산가 등(3,4)이 잘 알려져 있다.

그리고 컴퓨터 기법의 발달과 더불어 최근에는 수치 모델(simulation model)을 사용하여, 인체나 흰쥐, 돼지에서 동위원소를 부착한 아미노산을 체내에 투입한 후 채취된 시료에서 측정된 실험치로, 체내 단백질대사계의 kinetics을 산출하여, 단백질 이용률을 평가하고 단백질 및 아미노산의 필요량을 추정하는 경향이 증가하고 있다(5,6). 이때 단백질대사의 연구에 사용되는 수치 모델은 시스템의 내부 구조에 관한 설명을 내포하고 있으며, 수치모델은 식이섭취 변화에 따른 시스템의 동적 행위(dynamic behavior)와 생화학적 적응기전을 나타내어, 시스템의 작용에 대해 새로운 통찰력을 제시하기 때문에 최근 단백질대사 뿐 아니라 다른 영양소대사의 연구에도 사용이 증가하는 추세이다(7,8).

단백질 및 아미노산대사를 나타내는 수치모델로써 확률모델(probabilistic model, stochastic model)과 compartmental model의 두가지가 있다(5,6). 확률모델은 오직 하나의 대사 pool을 포함하고 있어 단백질대사 시스템에 대한 모델구조가 결정되어 있지 않고, 시스템 구성요소들의 작용을 확률로써 표시되므로, 단백질대사계의 전체 반응의 크기만 파악할 수 있다. 그 반면에 compartmental model은 생리적 또는 kinetics상 구분이 되는 몇개의 compartment들로 단백질대사 시스템을 구성하여 이들 compartment를 구성하는 pool들 사이의 물질교환을 나타내고 있다(9). 따라서 이 모델을 통해 단백질 및 아미노산대사 시스템의 내부구조와 작용방식에 대해 많은 정보를 획득하고, 아미노산 필요량을 추정할 수 있다. 이런 이유들로 식이단백질의 체내 이용 및 단백질과 아미노산의 추정에는 확률모델 보다는 compartmental model이 더 많이 사용되어 왔다.

단백질대사 연구에 사용되는 compartmental model 들은 대부분 Waterlow(8)의 모델에 기초하고 있다. Waterlow의 모델은 precursor pool과 protein pool로 구성되어 두개의 compartment를 가진 대사 모델이다. 그러

나 Waterlow의 모델 및 그와 유사한 모델들을 아미노산 tracer를 투여한 후 측정된 혈액 또는 뇨의 동위원소 activity를 아미노산의 flux 및 단백질 회전을 구하는데 이용하기 위한 것으로, 이들은 오직 단기적인 대사 상태만을 제시할 수 있다. 따라서 장기간의 단백질 이용이나, 식이단백질의 종류에 따른 단백질 이용의 차이를 나타내는데 사용 가능성은 의문시된다. 또 isotope을 이용한 실험측정치를 사용하기 때문에 단백질대사면에서 몇가지의 비현실적인 제약조건(5)을 갖고 있어, 아미노산의 구성인 다른 식이단백질의 영향이나, 성장기와 같은 non-steady-state의 단백질대사를 나타내기에는 적당치 않다. 그리고 전보(10)에 보고한 바와 같이 다양한 조성의 식이단백질로 돼지를 사육시 체내 단백질 축적을 나타낼 수 있는 수치모델이 개발되었다. 따라서 본 연구에서는 전보(10)에 보고된 수치모델을 사용하여 성장기에 있는 돼지에게 단백질의 아미노산조성이 다른 사료를 섭취시켰을 때 단백질대사에 미치는 영향을 조사하고, 필수아미노산의 필요량을 추정하고자 시도하였다.

연구방법

식이 및 simulation 대상

본 연구를 위해서는 질이 다른 단백질식이로 돼지를 사육하여 성장기 동안 매일 축적되는 단백질량에 대한 실험측정치가 필요하다. 그러나 문헌에는 이런 식이로 성장 전기간을 통한 장기간 동안의 단백질이용 시스템에 미치는 영향을 나타낸 실험 측정치가 부족하다. 그래서 본 연구에서는 전보에서처럼 Menke 등(11)에 의해 개발된 PAF(Product of amino acid functions)이라는 단백질 질을 나타내는 실험적 모델을 이용하여 저급(diet 1), 중급(diet 2) 및 고급(diet 3) 세가지 질의 단백질식이로 체중 20kg인 돼지를 120일간 사육시 매 30일마다의 하루 축적되는 단백질량을 먼저 계산하여, 이를 실험측정치를 대신하여 사용하였다. 이때 식이내 단백질 농도는 ARC(12)에 의하면 돼지의 성장을 위한 필요량을 충족시키는 수준으로 알려진, 단백질량에 대한 대사열량의 비율로 나타낼 때 11.4g/MJ이다. 본 연구에 사용된 식이의 아미노산 조성은 Table 1에 나타나 있다. 여기에서 PAF는 생물가처럼 그 값이 높을수록 식이단백질의 질이 좋음을 나타낸다.

모델의 구조 및 방정식

본 연구에 사용된 모델의 구조와 방정식은 Fig. 1과

Table 1. Amino acid concentrations in feeds

(g/100g protein)

Diet	PAF ¹⁾	Lys	M+C ²⁾	Trp	Thr	Ile	Val	His	Leu	P+T ³⁾	Arg
1	0.331	2.2	4.0	1.1	2.8	5.2	6.5	2.7	8.4	9.6	4.1
2	0.576	5.0	3.6	1.2	3.7	4.1	5.1	2.3	7.1	7.5	5.5
3	0.676	7.7	3.5	1.4	4.7	5.8	6.5	2.9	10.0	9.4	3.5

¹⁾The product of amino acid functions, ²⁾Methionine + cystine, ³⁾Phenylalanine + tyrosine

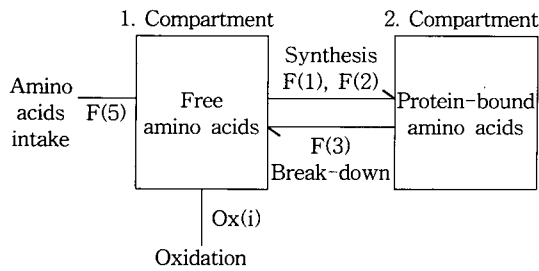


Fig. 1. The structure of the simulation model.

Table 2에 각각 나타내었다.

상태변수의 초기치

상태변수란 모델시스템의 행위를 나타내는 변수이다. Lie(10)의 모델은 precursor pool의 열가지 아미노산과 체단백질 pool로 총합 열한가지의 상태변수를 갖고 있다. Precursor pool에 속한 유리아미노산의 초기치로써, Wiesmüller(13)가 제시한 체중 10kg 돼지의 각 장기 및 조직, 그리고 혈장의 유리아미노산 함량을 이용하여 체중 20kg 돼지에 함유된 체내 총 유리아미노산 양으로 환산하여 사용했다. 이때 유리아미노산의 함량 및 체중에 대한 각 장기의 비율은 체중 10kg에서 20kg으로 성장하는 동안 크게 변화하지 않는다고 가정하였다. 체단백질 pool의 초기치로써 총 체단백질량은 체중의 14%를 차지한다고(14) 보아, 체중 20kg의 경우 2.8kg으로 가정하였다. 각 상태변수들의 초기치는 Table 3에 나타내었다.

모델값의 타당성 검증 및 수치적분

전보와 같이 본 연구에 사용된 모델은 복잡한 상호관계를 나타내기 위해 많은 수의 parameter와 상태변수를 포함하고 있다. 그래서 모델의 단백질 축적량을 구하기 위해 수치적 방법(numerical method)을 적용하여, 시각 0에서 상태변수의 주어진 값에 대해 미분방정식을 수치적으로 적분하는 simulation 방법을 사용하였다. 이때 simulation으로 산출한 성장기간동안의 단백질 축적량과 PAF식에서 구한 단백질축적이 근접할 때, 모델의 값이 타당하다고 보았다. 이때 simulation방법은

Table 2. Equations of the simulation model

Flux equations:

- 1) $F(1) = \frac{K1 + K2 \times M}{K3 + K4 \times M}$; maximal protein synthesis capacity
- 2) $F(2) = F(1) \times \text{Factor}$; protein synthesis
- 3) $F(3) = M \times K5$; protein break-down
- 4) $F(4) = F(2) - F(3)$; net protein synthesis
- 5) $F(5) = M \times K6$; amino acid intake
- 6) $Ox(i) = AA(i) \times KO(i)$; amino acid oxidation

Differential equations:

- 7) $d AA(i)/dt = F(5) \times AAF(i) - F(4) \times AAR(i) - Ox(i)$
- 8) $d M/dt = F(4)$

Function equations:

- 9) $Conc(i) = \frac{AA(i)}{M}$
- 10) $AF(i) = \frac{Conc(i)}{KA(i) + Conc(i)}$
- 11) $\text{Factor} = AF(1) \times AF(2) \times \dots \times AF(10)$

Symbol

(i)=No. of lysine, methionine + cystine, tryptophan, isoleucine, valine, leucine, phenylalanine + tyrosine, and arginine

a) State variables

M=Fat-free protein mass(kg)

AA(i)=Quantity of individual free amino acid in blood and all tissues(kg)

b) Parameter

K1-K4=Parameter for the maximal protein synthesis capacity

K5=Parameter for the protein break-down

K6=Parameter for the amino acids intake

KA(i)=Parameter for the amino acid affinity

KO(i)=Parameter for the amino acid oxidation

AAR(i)=Amino acid requirement for the protein deposition(% or g/100g protein)

c) Function

Conc(i)=Concentration of individual free amino acid in blood and all tissues(kg/kg fat-free protein mass)

AF(i)=Amino acid function

Factor=Efficiency of maximal protein synthesis capacity

d) Flux

OX(i)=Oxidation flux of the individual amino acids

e) Amino acids composition of feed

AAF(i)=Percentage or amount of the individual amino acids of feed protein(% or g/100g protein)

Table 3. Starting values of the variables for simulation

Free amino acid	AS(i)	kg
Lys		0.002588
M+C		0.005096
Trp		0.000008
Thr		0.005168
Ile		0.003216
Val		0.004044
His		0.033376
Leu		0.002192
P+T		0.006608
Arg		0.000968
Sum of free amino acids		0.063264
Protein mass, M		2.8

Lie(10)와 같으며, 이때 사용된 적분연산자는 자동보정 기법과 후방차분법에 근거한 Gear(15)의 표준적분연산자이다. 타당성 검증의 기준치로서 이의 모델로 계산된 하루 단백질 축적량과 대상기능 사이에서 계산된 값 사이의 상대적 차이를 제공한 후 이것을 비교 시점마다 더해서 구한 Q²-value가 사용되었다. 이때 Q²-value의 계산에는 세가지의 식이와 120일 동안 매 30일 마다의 단백질 축적량을 사용하여, 도합 12개의 비교시점이 사용되었다. Q²-value의 계산공식은 Lie(10)의 방법과 같다.

Simulation 결과의 처리

Simulation 결과가 PAF-식에서 계산된 단백질 축적량과 어느 정도 일치한가를 나타내기 위해 각 식이마다 두값 사이의 상대적 차이(relative difference, %Diff)를 계산하였다. 상대적 차이의 계산은 다음 식(1)에 따른다.

$$\%Diff = \frac{S-E}{\text{Min}(E, S)} \times 100 \quad (1)$$

Min(E, S)=Smaller value between simulation(S) and PAF-equation(E)

Simulation된 단백질 축적량과 단백질 회전과의 관

계는 MS-chart program을 사용하여 나타내었다.

연구결과 및 고찰

본 연구는 수치모형을 사용하여 단백질 섭취가 권장량 수준일 때 단백질의 질이 다른 사료의 공급이 성장기간 동안 돼지의 단백질대사에 미치는 영향을 나타내고 아미노산의 필요량을 추정하고자 하였다.

상대적 차이

Simulation 결과의 타당성을 가장 명확하게 검증하는 방법은 수치모형의 결과가 실제 시스템에서 획득한 측정치에 근접한가를 조사하는 것이다. 본 연구에서는 Menke 등(11)에 의해 개발된 실험적 모델인 PAF-식에 의해 계산된 성장률과 매일의 단백질 축적량을 simulation의 타당성 검증을 위한 자료로 이용하였다. Simulation을 통해 산출된 본 모델의 단백질 축적량, PAF식에서 계산된 양 및 두 크기 사이의 근접도를 나타내는 상대적 차(relative difference, %Diff) 등은 Table 4에 나타내었다.

상대적 차이들의 전체 평균은 8.8%이다. 일반적으로 simulation에서는 추정된 값과 실제 시스템에서의 측정치와의 일치도가 60% 정도임에 비추어 볼 때 본 연구의 상대적 차이는 아주 낮은 것이다. 이에 따라 본 연구에서 이용한 모델은 질이 다른 사료단백질의 단백질 축적에 미치는 영향을 잘 반영한다고 할 수 있겠다.

본 연구에 이용된 수치모형은 Waterlow의 모델을 기초로 한 two-compartmental model이지만, 그와는 달리 비선형 구조로써 성장기에 있어서 질이 다른 단백질 섭취의 영향을 나타내는 대사모델이다. 전보에서 본 바와 같이 Lie(10)의 모델에서 단백질대사를 구성하는 모든 과정은 대사 pool의 크기에 비례하여 일정하게 일어나는 것이 아니라, 식이로의 아미노산 공급에 따라 그 반응속도가 변화하고, 단백질 축적량은 그에 따라 포화

Table 4. Comparison of simulated protein deposition(g/day) in the whole body(S) with one calculated by PAF-model(E)

Simulation time	30th day			60th day			90th day			120th day			Diff	
	Method	E	S	%Diff	E	S	%Diff	E	S	%Diff	E	S		%Diff
Diet														
1		31	31	0.0	41	40	-2.5	51	50	-2.0	58	61	5.2	2.4
2		57	60	5.3	86	86	0.0	118	114	3.5	136	134	-1.5	2.6
3		70	90	28.6	111	140	26.1	155	187	20.6	175	192	9.7	21.3
Diff				11.3			9.5			8.7				8.8

%Diff=Relative difference between PAF-model(E) and simulations(S)

Diff=Mean of relative differences

된다고 가정하였다. 이때 성장기에 공급되는 단백질의 아미노산 양 및 그 조성은 대사과정 중 유리아미노산 pool을 변화시켜 우선적으로 체내 단백질 합성에 영향을 주어 단백질 축적률이 변화된다. 그리고 유리아미노산 및 체단백질 pool은 성장과 식이로의 필수아미노산 공급에 따라 크기가 변화하는 non-steady-state에 있다. 식이로의 아미노산 공급은 필수아미노산의 공급에 따라 precursor pool의 유리아미노산의 함량에 영향을 준다. 그에 따라 ribosomal capacity와 같은 소위 단백질 합성 기구의 용량 보다는 ribosomal activity(5,6)처럼 단백질 합성기구의 활성도가 우선적으로 변화되어 단백질 합성이 변화한다. 그에 따라 식이의 필수아미노산 공급에 체단백질량은 이차적으로 영향받아, 다시 단백질 합성 기구의 크기를 나타내는 ribosomal capacity에도 영향을 주게 된다. 이는 결국 성장기 전기간동안 단백질 축적량, 체단백질량의 증가 및 성장율의 변화를 초래하게 된다. 이와 같은 개념에 따라 단백질 축적이 식이단백질의 질의 변화에 민감하게 영향받는 것을 simulation을 통해 나타낼 수 있었다. 이제까지 설명한 바에서 보듯이 본 simulation의 장점은 수치모델의 기초를 이루고 있는 단백질대사에 대한 개념과 이론들을 명확하고 편견없이 시험할 수 있다는 점이다.

식이단백질의 질에 따른 체단백질량 및 단백질 turnover

식이단백질 질이 성장기의 단백질대사 시스템에 미치는 영향을 나타내기 위해서 저급(diet 1), 중급(diet 2), 고급(diet 3)이라는 세가지 질의 단백질식이에서 단백질 축적량(g/day), 체단백질량(kg), 그리고 단백질 합성량 및 분해량(g/day) 등 단백질 대사상의 각 구성요소들의 시간에 따른 변화들을 Fig. 2, 3, 4에 나타내었다. 이때 각 구성요소들의 동적행위를 성장 전기간에

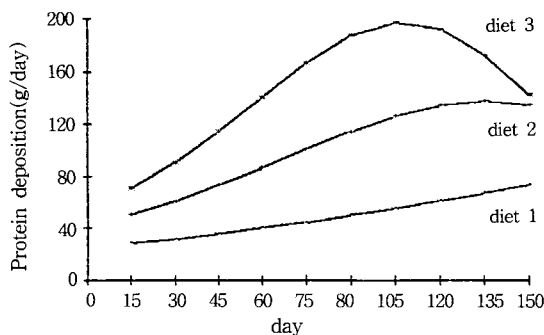


Fig. 2. Protein deposition(difference between protein synthesis and protein breakdown).

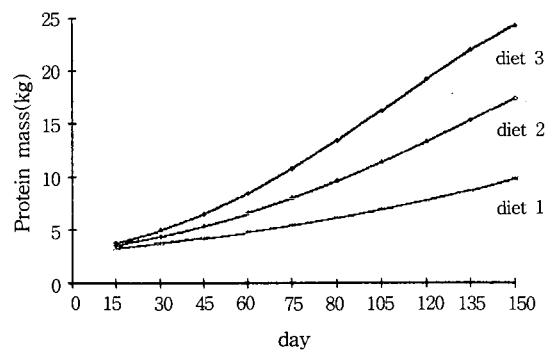


Fig. 3. Protein mass during growth.

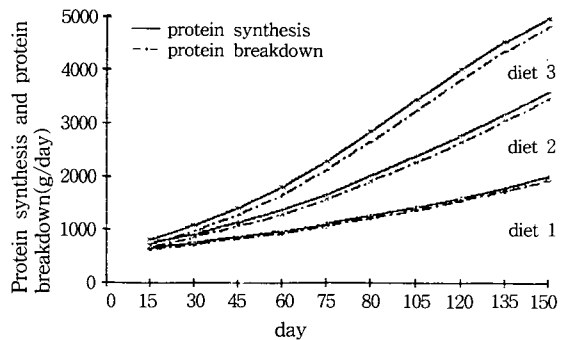


Fig. 4. Protein synthesis and protein breakdown during growth.

걸쳐 나타내기 위해 simulation 시간을 150일 까지 연장하였다. 하루에 축적되는 단백질량은 양질의 사료단백질을 공급하였을 때 성장함에 따라 증가하여 사육 105일에 최대량에 도달한 후 급격히 감소하여 성장함에 따라 전체적으로 curvilinear한 형태를 보인다. 그 반면 저급단백질을 섭취시 이런 형태는 나타나지 않았고, 150일의 simulation 시간내에 축적되는 단백질이 최대량에 도달하지 못한다. 또한 체단백질량은 성장함에 따라 모든 식이에서 증가하나 그 증가율은 단백질 질에 상응하는 차이를 나타내었다. 즉 성장 초기에는 단백질 질에 따른 차이가 적으나 simulation 시간이 길어짐에 따라 그 차가 점차 커져 사육 150일에는 양질의 단백질로 사육하였을 때 저급 단백질을 공급한 경우의 2.5배에 달하였다.

단백질 회전률(turnover rate, g/day)은 Fig. 4에서 보듯이 simulation 시간 내내 일정하게 식이단백질의 질에 상응하는 차이를 보여 질이 높을수록 단백질 합성량과 분해량은 병행하여 높았다. 실험연구에 의하면 필수아미노산의 공급은 우선적으로 단백질 합성량에 영향을 주어 그에 병행하여 단백질 분해량도 약간 감소하여 전체적으로 성장률에 영향을 준다(16-19). 이렇게 단

백질 turnover의 두 구성 요소가 사료단백질의 질에 따라 모두 병행하여 변화하는 점은, 단백질대사가 우선적으로 합성량의 변화에 의해 좌우됨을 본 연구도 보여주고 있다. 또한 *in vivo* 및 *in vitro*의 실험연구 결과에서(16,20,21) 결핍된 필수아미노산의 공급을 증가할 때 근육과 총 체조직의 단백질 합성으로의 RNA 활성도가 증가한 결과에 따르면, 단백질의 질에 따라 단백질 합성량이 차이를 보이는 사실은 양질의 단백질을 공급할 때 단백질을 합성할 유전적 잠재력이 최대한 발휘될 가능성이 있음을 의미한다고 볼 수 있다. 즉 질이 다른 사료단백질의 공급은 대사 pool의 아미노산량에 영향을 주어 단백질 합성기구의 활성도를 변화시키고 총 단백질 합성량에 영향을 준다. 사료단백질의 질이 낮을 때 단백질 분해량이 저하되는 것은 Hayase 등(22)의 연구 결과에 따르면 근육의 단백질 분해를 반영한 것이다. 본 연구에서 식이단백질의 질이 저하하면서 단백질 분해가 감소하는 양상은 다음과 같은 이유로 생각된다. 첫째, 단백질 분해에 사용되는 열량이 기초대사율의 15%를 차지하기 때문에(23) 단백질 분해량의 감소는 열량요구량을 낮춘다. 둘째 단백질 질의 저하에 따라 net protein synthesis의 감소가 일어나는데, 이러한 단백질 축적의 저하를 적게하기 위해서 단백질 분해가 감소되면, 조직단백질 유지를 위한 필수아미노산의 필요량이 감소되어 생물이 낮은 단백질의 섭취에 어느정도 적응할 수 있다. 셋째로 postabsorptive state에서 단백질 분해량이 감소하면 유리아미노산 pool로 아미노산 유입이 감소하여 결국 아미노산의 산화량이 감소된다. 위에 언급한 단백질 합성과 분해가 식이의 단백질 질의 변화에 따라 병행하여 변화하는 양상은 근육단백질의 turnover 양상(5,21)과 일치한다. 그리하여 본 연구에서는 자라는 돼지의 체내 총 단백질대사는 근육에 의해 주로 결정됨(21)을 확인해 주었다.

단백질의 질이 성장에 미치는 영향을 나타내기 위해 150일의 simulation 기간 동안의 체단백질량과 매일 단백질 축적량과의 관계를 Fig. 5에 제시하였다. 단백질 질에 따라 체단백질 1kg에 대한 1일 단백질 축적량은 시간이 지남에 따라 각기 다른 형태를 보인다. 양질의 단백질을 공급시 단백질 축적은 성장함에 따라 parabolic 형태를 보인다. 이것은 체중의 증가에 따라 매일의 단백질 축적량이 일정하지 않고, 어린돼지에서 증가하여 체중 40~100kg에서 최대량에 도달했다가 그후 감소하는 양상을 보인 다른 실험연구(24) 결과와 일치한다. 그러나 질이 낮은 단백질 섭취의 경우 질이 높은 경우 보다 단백질 축적률이 성장기간 내내 낮으면서, parabolic 형태는 나타나지 않았다. 단백질 축적률이 최고에

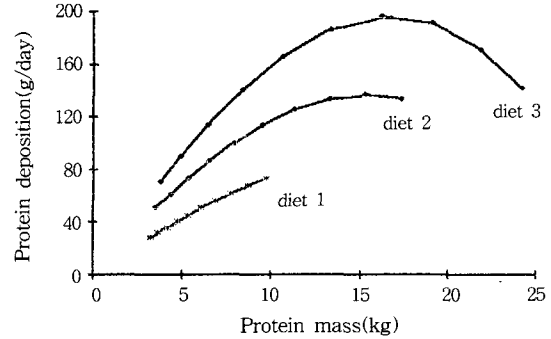


Fig. 5. Protein deposition in dependence on protein mass.

도달하는 시기는 단백질 질이 좋을수록 빠르며 단백질 질이 제일 낮은 diet 1의 경우 단백질 축적량이 150일의 simulation 기간이내에 최고에 도달하지 못했다. 이는 대사체중에 대한 단백질 축적률이 성장함에 따라 parabolic 형태를 보이고 65~75kg 체중에서 최고 수준에 도달하나 질이 낮은 단백질 식이의 경우 체중 85kg에도 도달하지 못하는 Thorbek(25)의 연구결과와 비슷하다. Illori와 Conrad(26)의 보고에 의하면 질이 낮은 단백질의 경우, 성장률의 저하 뿐만 아니라 성장부진이 일어난다고 한다. 성장률은 체단백질량에 대한 단백질 축적량의 기능으로 볼 수 있기 때문에, 따라서 본 simulation 결과는 두가지 측면을 보여 준다고 할 수 있다. 첫째 단백질 질이 높을수록 돼지의 성장률이 높으며, 성장함에 따라 단백질 축적률 또는 성장률이 급격하게 저하한다. 둘째 질이 낮은 경우에 성장율이 낮을 뿐 아니라 성장과정이 지연되어 정상적인 성장을 저해할 수 있다.

이제까지 설명한 바와 같이 본 연구에서 질이 다른 단백질식이를 섭취하였을 때 돼지의 단백질 축적, 총 체단백질량 뿐 아니라, 개별 연구에서 조사하기 힘든 성장 전기간에 걸쳐 단백질 합성량과 분해량 등 단백질 대사의 동적상태를 나타낼 수 있어, 정상적으로 수행하기 어려운 실험을 simulation을 통해 가능함을 보여 준다.

단백질 축적과 회전률의 관계

Simulation으로 사육 150일 동안 아미노산 조성이 다른 세가지 사료로부터 축적되는 단백질량과 단백질회전의 두 요소의 관계는 Fig. 6과 7에 나타내었다. 총 체단백질 축적량과 단백질대사의 parameter들의 관계는 위 Fig.에서 보듯이 단백질 질에 따라 다른 형태를 나타내었다. 단백질 질이 높은 diet 3의 경우 성장 초기에 단백질 축적률이 최대에 도달하고 그 후 점차 감소하여 성장기간 동안 parabolic형태의 곡선을 나타내었으나, 단백질 질이 낮은 diet 1의 경우 이런 곡선은 나타나지

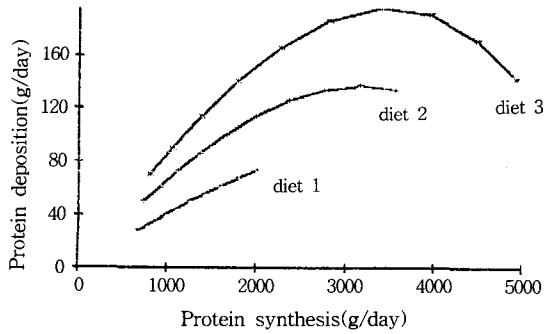


Fig. 6. Protein deposition in dependence on protein synthesis.

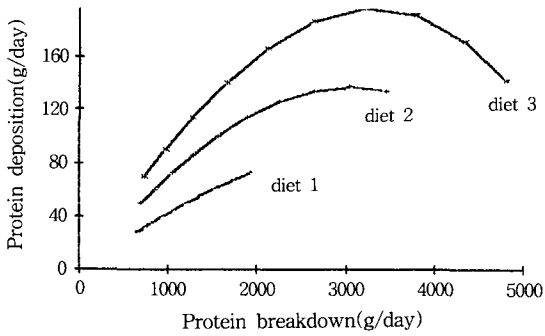


Fig. 7. Protein deposition in dependence on protein breakdown.

않고, 사육 150일에도 단백질 축적이 최대량에 도달하지 않았다. 즉 단백질 축적율은 simulation 시간이 길어짐에 따라 점차 감소하여 단백질 질이 높은 경우 성장에 따라 마침내 감소하였다. 만약 simulation 시간을 더 연장하는 경우 완전히 성장이 이루어져 단백질 축적이 더 이상 일어나지 않은 질소균형 상태가 되더라도, Waterlow 등(15)에서 보고한 바와 같이 체단백질 회전은 활발하게 일어남을 짐작할 수 있다.

일반적으로 단백질 축적 효율은 하루 합성된 단백질량에 대해 축적되는 단백질 비율로 나타내는데, 본 연구에서는 simulation으로 산출된 단백질 축적량과 합성량으로 계산하였다. Fig. 8에 사육 30, 60, 90, 120일과 150일마다 세가지의 질이 다른 단백질을 공급하였을 때 돼지의 단백질 축적효율을 나타내었다. 단백질 축적효율은 성장기 초기에 사료단백질의 질에 따른 차이를 뚜렷이 나타내었다. 이 효율은 simulation 시간으로 사육 30일에 0.04~0.08를 나타내어, Fuller 등(27)의 연구에서 두가지 질의 단백질식으로 2주 동안 사육하였을 때 체중 47kg에서의 0.096~0.217 보다 낮았다. 본 simulation연구에서 비교적 단백질 축적 효율이 낮은 사실은

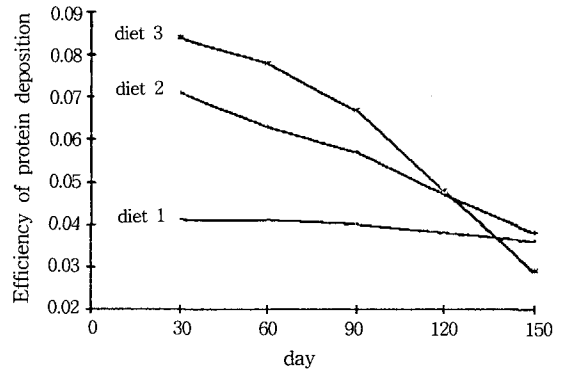


Fig. 8. Efficiency of protein deposition during growth.

성장기에 단백질 합성량에 필요한 식이아미노산과 단백질의 대부분은 체조직의 유지를 위해 필요함을 뜻한다. 그리고 사육 초기에 단백질 축적 효율은 양질의 단백질 식이인 diet 3의 경우 질이 낮은 diet 1 또는 diet 2의 경우 보다 훨씬 높으나 동물의 나이가 증가함에 따라 급격히 감소하여 사육 150일에는 오히려 diet 1의 경우 보다 낮았다. 그리고 단백질 질에 상관없이 성장함에 따라 감소하였다. 특히 단백질 질이 높은 경우 그 감소 정도가 심해 사육 120일에는 사육 30일의 축적 효율의 약 3/4이 감소한 상태를 보여, Reeds 등(28)의 연구 결과에서 나타난 체중 30kg에서 90kg으로 성장시 단백질 축적 효율의 감소량과 비슷하다. 이와 같은 단백질 축적 효율의 저하는 앞서 언급한 바와 같이 단백질 질에 상관없이 성장함에 따라 단백질 합성이 증가하지만 단백질 분해량의 증가폭이 더 커서, simulation기간을 연장했을 때는 단백질 회전은 활발히 일어나지만 단백질 축적은 더 이상 일어나지 않는 steady-state에 도달함을 반영한다. 이는 동물의 나이가 어릴수록 식이의 아미노산 부족에 성장이 크게 영향을 받아 성장률이 낮고 성장지연이 일어나나 시간이 흐름에 따라 성장단계 초기의 낮은 성장률을 보상하기 위해 동물의 나이가 많을 때까지 단백질 축적과 그에 따른 체중 증가가 계속 일어날 수 있음을 본 연구는 보여 준다.

위에서 본 바와 같이 성장기 초기에는 단백질 turnover의 차가 적음에도 불구하고 단백질 축적 효율은 질에 상응하는 차이를 보여 질이 좋을수록 합성된 단백질 중 더 많은 비율이 체단백질 축적에 이용되는 현상을 보였다. 이는 균형잡힌 아미노산 조성의 단백질 공급은 체조직의 성장에 이용되나, 불균형한 아미노산의 공급은, 체조직 유지에 주로 사용됨을 뜻한다. 성장함에 따라 식이에 의한 이런 영향은 사라져, 특히 질이 낮은 식이의 경우 아미노산 공급 부족에 적응하여, 오히려 단백질 질이 좋은 경우 보다 성장과 체단백질 축적에 더 많은 부

분의 아미노산이 사용됨을 보여 주었다.

체단백질의 아미노산 조성 또는 아미노산 필요량

Table 5에는 본 연구의 simulation으로 추정된 아미노산 요구량 뿐 아니라, 본 simulation 연구의 대상 기능인 PAF-식(11), ARC(12), NRC(23) 그리고 다른 실험 연구결과들(30,31)의 아미노산 권장량들도 함께 나타내었다.

Simulation을 통해 체단백질의 아미노산 조성이 산출되었다. 각 조직과 장기 단백질의 아미노산 조성은 서로 다를 뿐 아니라, 성장에 의해 어느 정도 영향을 받는다. 단백질이 축적되는 강도 또한 성장단계에 따라 변화한다(30). 즉 성장하는 동안 각 장기가 체중에서 차지하는 비율 뿐 아니라, 이들 각 부위의 아미노산 조성도 변화한다. 그러나 이 두요소가 서로 상충하여 성장하는 동안 전체 체조직의 아미노산 조성은 크게 변화하지 않는다(30,32). Oslage와 Schulz(33)에 의하면 체중 4kg 된 돼지의 체단백질에는 거의 다 성장한 단계에서 나타나는 아미노산 조성이 이미 구성되어 있다고 한다. 이런 사실들에 기초하여 본 연구의 모델에서는 성장하는 동안 체조직의 아미노산 조성은 거의 일정하다고 가정했다. 한편 아미노산 필요량을 측정하는데는 축적되는 체단백질의 아미노산 조성과 축적을 위한 각 아미노산의 이용률에 대한 연구자료가 필요하나, 위 두가지 요소를 모두 고려한 연구자료는 사실상 드문 실정이다. 한편 대부분의 실험연구에서 측정된 아미노산 권장량은 체조직 특히 근육의 아미노산 조성과의 유사함을 보인다(12).

그래서 일반적으로 이상적으로 배합된 아미노산 조성의 개념(34)에 따라 식이로 섭취해야 할 각 아미노산의 양을 설정하는데 전체 체내조직 또는 근육의 아미노산 조성을 많이 이용한다(30,34). 그리고 Cole(34)에 따르면 성장단계에 따라 체중이 증가하면 오직 단백질 필요량만 변화하고, 식이로 섭취해야 할 이상적인 아미노산 조성은 성장률이나 체중에 영향을 받지 않는다. 상기에 언급한 여러 사실들에 근거하여, 본 연구에서도 체단백질의 아미노산 양과 조성을 성장기에 섭취해야 할 아미노산의 필요량으로 사용하였다.

본 연구에서 대부분의 아미노산 요구량은 다른 연구 결과들 보다 비교적 낮으며, 특히 돼지사료에서 일반적으로 제1 제한아미노산인 lysine의 권장량은 낮아 식이단백질 100g당 4.2g이었다. 그러나 본 연구결과는 lysine, isoleucine, valine을 제외한 대부분의 필수아미노산 필요량은 NRC(29)에서 제시한 양과 비슷하였다. 열 가지 필수아미노산의 총 필요량은 식이단백질 100g당 도합 28.1g으로 NRC의 31.8g과 큰 차이를 보이지 않는다. 본 simulation연구의 아미노산 필요량이 다른 연구 결과에 비해 특히 낮은 이유는 대개의 연구에서 식이단백질의 체내 이용에 있어서 섭취된 아미노산 간의 단백질 축적을 위한 availability 차이를 고려않는 반면(12, 30), 본 simulation에 사용된 모델에서는 흡수된 아미노산들이 precursor pool로 간 후 단백질 합성에 참여할 때 KA(i)라는 affinity parameter와 AF(i)를 사용하여 단백질 합성에 있어서 활성도 차이를 고려하므로써 궁극적으로 아미노산 간의 단백질 축적에 있어서의 이용률 차이를 고려하였기 때문으로 생각된다. 다른 아미노산의 transaminase에 비해 lysine-1-oxoglutarate-reductase의 낮은 Km값(35)을 갖는 lysine이 본 연구에서 다른 연구에 비해 필요량이 특히 낮은 점은 이를 뒷받침한다.

요 약

Simulation의 결과와 PAF식으로 계산된 성장기의 단백질 축적량과의 상대적 차이는 8.8%를 보여 본 연구의 타당성이 확인되었다. 성장률을 나타내는 총 체단백질량에 대한 단백질 축적량은 양질의 단백질을 섭취할 경우 성장함에 따라 parabolic 형태를 띠나, 사료단백질의 질이 낮아짐에 따라 150일 simulation 기간내에 이러한 형태는 사라졌다. 성장하는 동안 단백질 회전율의 두요소가 항상 병행하여 증가하였다. 단백질 합성량과 분해량은 서로 병행하여 단백질 질에 따라 차이를 보였는데, 질이 높은 단백질을 섭취하였을 때 단백질축적

Table 5. Amino acids requirement (g/100g protein)

	Sim ¹⁾	NRC ²⁾	PAF ³⁾	ARC ²⁾	Fuller ⁴⁾	Kirch-essner ⁵⁾
Lys	4.2	5.8	10.2	7.0	5.9	7.2
M+C	2.3	2.8	3.95	3.5	3.5	4.4
Trp	0.9	0.8	1.65	1.0	1.2	1.0
Thr	3.9	3.3	3.10	4.2	4.7	3.6
Ile	2.2	3.2	4.10	3.8	3.6	3.4
Val	2.1	3.3	6.10	4.9	4.4	4.5
His	1.2	1.4	2.75	2.3		3.9
Leu	4.4	4.2	5.2	7.0	6.5	7.9
P+T	4.1	4.5	4.9	6.7	7.2	6.3
Arg	2.8	2.5	0.8	6.6		6.0

¹⁾Simulation
²⁾Amino acids composition in idealen protein
³⁾Amino acids composition in reference protein of PAF-model
⁴⁾Estimated amino acids requirement according to N-deposition efficiency with amino acid reducing method
⁵⁾Amino acids composition in whole body of pig with 60~100kg body weight

의 증가는 높은 단백질 합성량과 분해량에 의해 일어남을 보여 주었다. 이는 근육단백질의 대사형태(5)를 반영하며, 그리하여 돼지의 총 단백질대사는 근육단백질에 의해 결정됨을 확인해 주었다. 그리고 단백질 질이 낮을 경우 매일의 단백질 대사율과 성장률이 저하할 뿐 아니라 성장지연도 일어남을 보여 주었다. 본 연구에서 추정된 필수아미노산의 총 필요량은 28.1g이며, 일반적으로 돼지 사료의 제1 제한 아미노산인 lysine의 필요량은 4.2 g이다. 이러한 아미노산 필요량은 NRC에서 권장하는 균형잡힌 아미노산 조성과의 유사하다. 이와 같이 본 연구는 동위원소를 사용한 실험을 시행할 필요없이 simulation을 통해 다양한 질의 사료단백질에 따른 단백질 축적량에 대한 자료만으로 성장기의 단백질 회전률과 단백질대사의 동적행위를 나타내어 식이의 단백질 질의 변화에 적용하는 기전을 나타낼 수 있음을 보여 주었다.

감사의 글

이 연구는 독일 사민당의 Friedrich-Ebert-Stiftung의 연구비에 의해 시행되었으며 이에 감사드립니다.

문 헌

1. Aguilar, T. S., Harper, A. E. and Benevenga, N. J.: Efficiency of utilization of indispensable amino acids for growth by the rat. *J. Nutr.*, **102**, 1199(1972)
2. Harper, A. E., Benevenga, N. J. and Wohlhuetter, R. M.: Effects of ingestion of disproportionate amounts of amino acids. *Physiol. Rev.*, **50**, 428(1970)
3. 김숙희, 유춘희, 강명희, 김선희, 김경자, 이종미, 이현옥: 영양학. 신광출판사, p.453(1997)
4. Eggum, B. O., Bach, K. U., Knudsen, U. and Jacobson, I.: The effect of amino acid imbalance on nitrogen retention(biological value) in rats. *Brit. J. Nutr.*, **45**, 175(1981)
5. Waterlow, J. C., Garlic, P. J. and Millward, D. J.: *Protein turnover in mammalian tissues and in the whole body*. North-Holland Publishing Co., Amsterdam, p.805(1978)
6. Young, V. R., Fugawa, N., Bier, D. M. and Matthews, D.: Some aspects of *in vivo* human protein and amino acid metabolism with particular reference to nutritional modulation. In "*Wahl der Nahrungsprotein, Grundlagen und Diätetik*" Barth, C. A. and Furst, P.(Hrsg.), J. F. Bergman Verlag, Munchen, p.1(1988)
7. Irving, C. S., Thomas, M. R., Malphus, E. W., Marks, L., Wong, W. W., Bouton, T. W. and Klein, P. O.: Lysine and protein metabolism in young women subdivision based on the model-use of multiple stable labels. *J. Clin. Invest.*, **77**, 1321(1986)
8. Waterlow, J. C.: Lysine turnover in man measured by intravenous infusion of L-[U-14C] lysine. *Clin. Sci.*, **33**, 507(1967)
9. Carson, E. R., Cobelli, C. and Finkelstein, L.: *The mathematical modeling of metabolic and endocrine systems-model formation, identification and validation*. Wiley interscience Publ., New York(1983)
10. Lie, O. H.: Wachstumsdynamik des Schweines in Abhängigkeit von der Aminosäurezusammensetzung im Futter. Dissertation, Hohenheim Universität(1992)
11. Menke, K. H., Gruber, F. and Gaus, G.: The product of amino acid functions(PAF) as a measure of protein quality for pigs. In "*Protein metabolism and nutrition*" Pion, R. and Arnal, M. B.(eds.), 4th Int. Symp. Clermont-Ferrand INRA Publ., Vol. 16, II, p.431(1983)
12. ARC: The nutrient requirement of pigs. Agricultural research council(ed.), Commonwealth Agricultural Bureaux, London(1981)
13. Wiesmüller, W.: Die dynamik des aminosäurestoffwechsels monogastrischer tierarten unter verschiedenen leistungsbedingen. *Wiss. Z. Univ. Rostock*, **22** Math-Naturwiss. Reihe 899(1973)
14. Berschauer, F.: Der proteinansatz beim schwein und seine beeinflussung durch exogene und endogene faktoren. *Übers. Tierernährg.*, **5**, 123(1977)
15. Gear, C. W.: *Numerical initial value problems in ordinary differential equations*. Prentice-hall Inc. Englewood(1971)
16. Omstedt, P. T. and Von der Decken, A.: Dietary amino acids: effect of depletion and recovery on protein synthesis *in vitro* in rat skeletal muscle and liver. *Brit. J. Nutr.*, **31**, 67(1974)
17. Muramatsu, T. K., Kita, A., Tasaki, A. and Okumura, J.: Influence of dietary protein intake on whole-body protein turnover in chicks. *Brit. Poul. Sci.*, **28**, 471(1987)
18. Bates, P. C. and Millward, D. J.: Characteristics of skeletal muscle growth and protein turnover in a fast growing rat strain. *Brit. J. Nutr.*, **46**, 7(1981)
19. Mulvaney, D. R., Merkel, R. A. and Bergen. W. G.: Skeletal muscle protein turnover in young male pigs. *J. Nutr.*, **115**, 1057(1985)
20. Flaim, K. E., Peavy, D. E., Everson, W. V. and Jefferson, L. S.: The role of amino acids in the regulation of protein synthesis in perfused rat liver. 1. Reduction in rates of synthesis resulting from amino acid deprivation and recovery during flow through perfusion. *J. Biol. Chem.*, **257**, 2939(1982)
21. Bergner, H.: N-Stoffwechsel und seine Regelmechanismen. *Arch. Tierernährg.*, **39**, 377(1989)
22. Hayase, K., Yokogoshi, H. and Yoshida, A.: Effect of dietary proteins and amino acid deficiency on urinary excretion of nitrogen and the urea synthesizing system in rats. *J. Nutr.*, **110**, 1327(1980)
23. Millwards, D. J. and Rivers, J. P. W.: The need for indispensable amino acids and the metabolic basis for their requirements. *Eur. J. Clin. Nutr.*, **42**, 367(1989)
24. Jentsch, W. and Hoffman, L.: Die Verwertung der Futterenergie durch wachsende Schweine. 2. Mitteilung: Energie und Stickstoffansatz in Mastabschnitt 30-

- 125Kg. *Arch. Tierernahrg.*, **27**, 869(1977)
25. Thorbek, G. S., Henkel, A., Chwalibog, A. and Eggum, B. C. : Studies on nitrogen retention in growing pigs. *Arch. Tierernahrg.*, **10**, 869(1987)
26. Ilori, J. O. and Conrad, J. H. : The effect of lysine and tryptophan supplementation of corn diets for growing-finishing pigs. *Nutr. Rep. Int.*, **15**, 19(1977)
27. Fuller, M. F., Reeds, P. J., Cadenhead, A., Seve, B. and Preston, T. : Effects of the amount and quality of dietary protein on nitrogen metabolism and protein turnover of pigs. *Brit. J. Nutr.*, **58**, 287(1987)
28. Reeds, P. J., Cadenhead, A., Fuller, M. F., Lobley, G. E. and McDonald, J. D. : Protein turnover in growing pigs. Effect of age and food intake. *Brit. J. Nutr.*, **43**, 445(1980)
29. NRC : Nutrient requirement of swine. National reserach council, 9th ed. National Academy Press, Washington DC(1988)
30. Kirchgessner, M., Kreuzer, K. and Roth, F. X. : Aminosäurezusammensetzung und-retention in Ganzkörper, Muskelpartien, Innerreien und Blut bei 60kg schweren Mastschweinen beiderlei. Geschlechts. *Z. Tierphysiol. Tierernahrg. Futtermittelkde.*, **61**, 93(1989)
31. Fuller, M. F., McWilliam, F. R., Wang, T. C. and Giles, L. R. : The optimum dietary amino acid pattern for growing pigs. 2. Requirements for maintenance and for tissue protein accretion. *Brit. J. Nutr.*, **62**, 255(1989)
32. Wunsche, J., Meinel, M., Kreienbring, F. and Bock, H. D. : Aminosäurenansatz bei Ferkeln in Abhaengigkeit von der Ernährung. *Tierernahrg. Futtermittelkde.*, **9**, 166 (1975)
33. Oslage, H. J. and Schulz, E. : Aminosäurenansatz in verschiedenen Organen und im Gesamtkörper wachsender Schweine sowie Ableitungen zum Aminosäurenbedarf. in: 5th Int. Symp. Amino acids, Budafest, p.1 (1977)
34. Cole, D. J. A. : The amino acid requirements of pig. the concept of an ideal protein. *Pig. News. Informat.*, **1**, 201(1980)
35. Waterlow, J. C. and Fern, F. B. : Free amino acid pools and their regulation. In "Nitrogen metabolism in man" Waterlow, J. C. and Stephen, J. M. C.(eds.), Applied Science Publishers, London, p.16(1981)

(1997년 5월 27일 접수)