

한우 14번 염색체 QTL 영역내 Fatty acid binding protein 5 유전자의 다형성과 도체 및 육질 형질과의 관련성 분석

허강녕^{1*} · 김남국² · 이승환¹ · 김남영¹ · 전진태³ · 박응우⁴ · 오성종¹ · 김태현¹ · 성환후¹ · 윤두학⁵

¹농촌진흥청 국립축산과학원, ²국립농산물품질관리원 경남지원, ³경상대학교, ⁴농촌진흥청 연구정책국, ⁵경북대학교

Association between the Polymorphism of the Fatty acid binding protein 5 (FABP5) Gene within the BTA 14 QTL Region and Carcass/Meat Quality Traits in Hanwoo

Kang-Nyeong Heo^{1*}, Nam-Kuk Kim², Seung-Hwan Lee¹, Nam-Young Kim¹, Jin-Tae Jeon³, Eung-Woo Park⁴, Sung-Jong Oh¹, Tae-Hun Kim¹, Hwan-Hoo Seong¹ and Duhak Yoon⁵

¹National Institute of Animal Science, RDA, Korea, ²Gyeongnam Provincial Office, National Agricultural products Quality management Service (NAQS), Busan 661-804, Korea, ³Gyeongsang National University, Jinju 660-701, Korea, ⁴Cooperation & Governance Unit Research Policy Planning Division Research Policy Bureau, RDA, Korea, ⁵Kyungpook National University, Sangju 742-711, Korea

ABSTRACT

The aim of this study was to evaluate the association between economic traits of Korean cattle (Hanwoo) and genetic variation in fatty acid binding protein 5 (FABP5) gene within QTL region of carcass weight and marbling score traits on BTA 14. We sequenced for detection of single nucleotide polymorphism (SNP) with 24 unrelated Hanwoo samples and identified four SNPs (-1141A>G, 949A>G, 969A>G and 1085C>G). Relationship between the genotypes of 583 Hanwoo individuals by PCR-RFLP and economic traits were analyzed by the mixed regression model implemented in the ASReml program. As the result of statistical analysis, SNP1 (-1141A>G) showed significant effect ($p<0.003$) on marbling score (MS) and SNP2 (949A>G) showed significant effect ($p<0.034$) on eye muscle area (EMA). Further studies are required to validate the significant SNPs in a bigger population, but the SNPs (-1141A>G and 949A>G) of FABP5 could be a genetic marker to estimate molecular breeding value (MEBV) for carcass traits in Hanwoo.

(Key words : Hanwoo, FABP5, SNP, PCR-RFLP)

서 론

쇠고기의 육질을 좌우하는 요인으로는 육색, 지방색, 연도 및 근내지방도 등이 있으며, 이 중 근내지방(intra-muscular fat)은 육의 풍미와 연도를 증가시켜 등급결정에 있어 가장 중요한 요인으로 작용하고 있다. 미국, 일본 및 한국에서 쇠고기의 등급을 결정하는 중요한 요인 중 하나이며(Lee 등, 2007), 이와 관련한 유전자들의 발굴 및 생리·생화학적 기작을 밝히는 연구는 축산업 전반에서 중요한 부분을 차지하고 있다. 그러나 가축의 경제형질 중 근내지방도와 같은 형질은 도축시 측정이 가능하고, 표현형의 성적을 얻기 까지 많은 시간이 소요되어 비용발생 등 가축육종에 있어서 단점

중 하나이다. 이러한 문제점의 대안으로 DNA 분자수준에서 직접 유전자의 구조 및 기능 해석을 통하여 가축의 경제형질을 조절하는 양적형질좌위(quantitative trait loci; QTL) 및 경제형질좌위(economic trait loci; ETL)에 직접 또는 간접적으로 영향을 미치는 표지인자를 선발한다면 마커도움선발(marker assisted selection; MAS)이 가능할 것이다. 이러한 마커도움선발은 종래의 표현형 및 혈통에 의존한 선발육종방법을 DNA 표지인자를 이용한 가축의 육종가 추정을 통하여 가축조기선발을 가능하게 함으로써 연간 얻을 수 있는 개량량을 증가시킬 수 있다(Darvasi와 Soller, 1994; Lande와 Thompson, 1990). 따라서 가축의 경제형질관련 DNA 마커 발굴은 가축경제형질과 생물학적으로 연관된 후보유전

* Corresponding author : Kang-Nyeong Heo, Poultry Science Division, National Institute of Animal Science, RDA, Eoryng-ri, Seonghwan-eup, Cheonan-si Chungcheongnam-do, 330-801, Korea. Tel: +82-41-580-6713, E-mail: knheo0616@korea.kr

자를 중심으로 단일염기다형성 (single nucleotide polymorphism, SNP) 발굴 및 통계적 관련성 연구방법을 통하여 활발히 진행되고 있으며, 현재까지 다양한 형질과 관련된 SNP들이 발굴되었다(Lee 등, 2004; Cheong 등, 2007; Cho 등, 2008; Kong 등, 2007). 또한, 가축의 경제형질과 관련된 유전체상의 연관영역을 검출하고 그 연관영역으로부터 후보 유전자를 선별하는 QTL 연구(Casas 등, 2003; Gutierrez-Gil 등, 2007), 특이 발현 유전자탐색(Lee 등, 2007), microarray (Wang 등, 2009) 및 proteomics (Hollung 등, 2007) 등 다양한 연구기법들이 활용되고 있다.

FABP5는 지방산 신호체계, 세포의 성장 및 조절, 분화 등의 기능에 관여하는 14-15 kDa의 근내세포 지질결합단백질로 분류되어 지며 (Luis 등, 2002), 지방세포 (adipocyte)에 아주 작은 부분이 포함되어 있지만 비만관련 장애에 중요한 역할이 동물 연구로부터 확인되고 있다 (Maeda 등, 2003). 또한 FABP5는 FABP4와 높은 상동성을 가지며 (Krieg 등, 1993), Lee 등(2010)이 보고한 한우 근내지방 및 도체중과 유의한 효과를 보인 FABP4 유전자와 기능적·위치적으로 매우 유사한 유전자로 알려져 있다. 돼지를 대상으로 한 QTL 연구에서 FABP5는 돼지 염색체 4번(SSC4)에 존재하며 FABP4와 아주 가까이 존재하고 있으며, FABP4와 FABP5 두 유전자가 지방침착 (fat deposition)과 밀접히 관련되어 있다고 보고되었다 (Estelle 등, 2006).

따라서 본 연구는 근내지방도 및 도체중과 관련성이 보고된 QTL 영역에 위치하는 FABP5 유전자를 대상으로 단일염기다형성 (SNP)을 발굴하고 도체형질과의 관련성 분석을 위하여 수행하였다.

재료 및 방법

1. 공시재료 및 genomic DNA 추출

한우 후대검정사업을 통해 혈통기록과 도체성적을 보유한 제 32차~35차 후대검정우 집단 총 583두를 공시축으로 사용하였으며, 총 583두에 대한 sire 및 dam을 모두 포함한 혈통정보는 총 1420두이다. 공시축 각 개체에서 채취된 혈액을 Miller 등(1998)의 salting out 방법을 수정, 보완하여 genomic DNA를 분리, 정제하였다. 추출한 genomic DNA는 ND-1000 UV-Vis Spectrophotometer (NanoDrop Technologies, USA)를 이용하여 농도 측정 후 TE buffer (10 mM Tris-HCl, pH 7.4; 1 mM EDTA)에 용해하여 냉동고에 보관하면서 실험에 이용하였다.

2. PCR primer 설계 및 증폭

FABP5 유전자로부터 SNP를 검출하기 위해 조부 (grand-sire)와 부 (sire)가 서로 다른 한우 24두를 선별하여 사용하였으며, 염기서열 결정을 위해 NCBI (National Center for Biotechnology Information) GenBank에 등록된 유전자 정보 (NC_007312.3

(GeneID: 281760))를 이용하였다. Primer3 프로그램 (http://fokker.wi.mit.edu/cgi-bin/primer3/primer3_www.cgi)을 이용하여 PCR 반응산물이 700~1,000 bp 되도록 프라이머를 디자인하여, 각 프라이머는 200 bp 정도 중복되도록 제작하였다 (Table 1). PCR 반응은 template DNA 1 µL (50 ng), 10×PCR reaction buffer (10 mM Tris-HCl, pH 8.3, 50 mM KCl, 1.5 mM MgCl₂) 2 µL, 2.5 mM dNTPs, primer 10 pmol, 1 unit Taq polymerase (G&P, Korea)에 총 반응액 20 µL로 보정 후 Tetrad 2 Peltier Thermal Cycler (Bio-Rad, USA)를 이용하여 증폭하였다. 합성반응은 95°C에서 10분간 예비변성 (pre-denaturation) 후, 95°C에서 1분 변성 (denaturation), 각 프라이머별 적정 온도에서 1분간 접합 (annealing), 그리고 72°C에서 1분간 합성 (extension) 반응의 3단계를 35회 반복한 후 72°C에서 마지막 합성 (final extension) 반응을 10분간 수행하였다. PCR 수행 후 3 µL의 PCR 산물을 1.5% agarose gel에 전기영동하여 UV 상에서 증폭여부를 확인하였다.

3. 염기서열 분석

PCR 산물을 MultiScreen[®] PCR 96-Well Plate kit (Millipore, USA)를 사용하여 정제한 후 PCR-direct sequencing 방법으로 FABP5 유전자의 염기서열을 분석하였다. 먼저 정제한 PCR 산물 2 µL에 Big-dye terminator (Applied Biosystems, USA) 0.5 µL, 5 pmol 프라이머 1 µL, 5×buffer (400 mM tris, 10 mM MgCl₂) 1.75 µL를 넣고 총 반응액을 10 µL로 조정하였다. PCR 반응은 95°C에서 10초간 변성, 50°C에서 5초간 접합, 60°C에서 4분간 합성의 3단계 과정을 35회 반복 수행하였다. PCR 산물은 isopropanol 및 ethanol 정제과정 후 건조된 pellet에 8 µL의 Hi-Di[™] formamide를 넣고 95°C에서 2분간 변성 과정을 거쳐 염기서열 분석기 (Applied Biosystems, ABI 3730, USA)로 각 개체의 염기서열을 결정하였으며, 염기서열 변이 분석은 SeqMan 프로그램 (DNASTar, USA)을 이용하였다.

4. PCR-RFLP를 이용한 유전자형 결정 (genotyping)

PCR-direct sequencing을 통해 총 4개의 SNP를 검출하였고, PCR-RFLP법을 이용하여 4개 SNP (프로모터 1개, 인트론 3개)에 대하여 유전자형 분석을 수행하였다. 각 SNP에 대한 제한효소 등은 Table 2에 제시하였다.

PCR-RFLP 분석은 PCR 반응물 3 µL에 제한효소 2~3 unit을 첨가하고 각 제한효소별 활성온도에서 4시간 이상 반응시킨 후 1.5~2% agarose gel에 전기영동을 통하여 절단된 DNA 단편의 크기를 확인하였다. 절단된 DNA 밴드를 분석하여 최종적으로 각 개체별 유전자형을 판정하였다 (Fig. 1).

5. 경제형질과의 통계적 관련성 분석

Table 1. Primer sequence for SNP identification and genotyping

Type	Primer name	Sequence (5'→3')	Product size (bp)
Sequencing	EFABP1F	TGCAGGTGAGTAAAGGTCCTG	959
	EFABP1R	ATGATCCCAGGAATCGATCA	
	EFABP2F	GCTCCGCTCAGCTGAAAATA	957
	EFABP2R	AGTGGGCCTACGGACAGAC	
	EFABP3F	GCAAGCGCTCGGTCTTTAT	966
	EFABP3R	CCGGGTACAGTCGACCTC	
	EFABP4F	GCATCTTTTGTCCAGGTG	976
	EFABP4R	TTCACCTCCTAGGGCCTGTG	
	EFABP5F	GGGCTCCCAGTTCTACACAA	1000
	EFABP5R	TTGGTTCTAGGCCAAATCTCA	
	EFABP6F	AACTGCACTCACAAAGGAGAAA	960
	EFABP6R	CAGCAGCAGTCATCAATAACAA	
	EFABP7F	GCTGATGGTCGTCACAAAGA	895
	EFABP7R	AGGACGTGCGTTCTGAGTTT	
	EFABP8F	ATGGCTCTGCGAAAAGTGG	695
	EFABP8R	TTCCTCCAACCTAGTTCTCCTG	
	EFABP9F	TGAAAACACCGATTTAACAACCT	952
	EFABP9R	TGGTGGTAGTTGAATGCTACG	
	EFABP10F	GTGGAACATTGCGGTAAAGG	955
	EFABP10R	TGATTACTAGCCAATGATGGTGA	
EFABP11F	AAATCTGTTTGTGCTACACCAGT	998	
EFABP11R	GCATCAATGAATCCAACCTCTTTC		
EFABP12F	TGGCCAATAAGCTACCAATCA	701	
EFABP12R	AGCTGAGACATGCCAGAGTTG		
EFABP13F	GCAATCCTTGGGGAGCTAGT	993	
EFABP13R	GAGTCTGCCCTCCCTTTAGC		
Genotyping	-1141A>G-RFLP-F	TCGTTAGGGAAGGAGCAAGA	359
	-1141A>G-RFLP-R	TGGAAATTGCCACACAGAGA	
	949A>G-RFLP-F	GCTACCGCTTCAGCTTCCAT	674
	949A>G-RFLP-R	TTGACACAGTGAGGGAGGACA	
	969A>G-RFLP-F	GCTACCGCTTCAGCTTCCAT	674
	969A>G-RFLP-R	TTGACACAGTGAGGGAGGACA	
	1085C>G-RFLP-F	GCTACCGCTTCAGCTTCCAT	674
	1085C>G-RFLP-R	TTGACACAGTGAGGGAGGACA	

도체 형질의 표현형 측정치와 각 SNP의 유전자형간의 통계적 관련성 분석은 ASReml 프로그램 (Gilmour 등, 2006)의 혼합선형 모델을 이용하였고, p-value 값이 0.05 이하인 경우를 통계적으로 유의한 것으로 인정하였고, 분석 모형은 아래와 같다.

$$Y_{ijk} = \mu + YSi + b \cdot Dijk + Genotypej + Aijk + eijk$$

위 식에서,

Y_{ijk} = 각 형질의 측정치, μ = 각 형질의 전체 평균, YSi = 계절 효과, b = 공변이, $Dijk$ = 도축연령 (month), $Genotypej$ = 유전자형

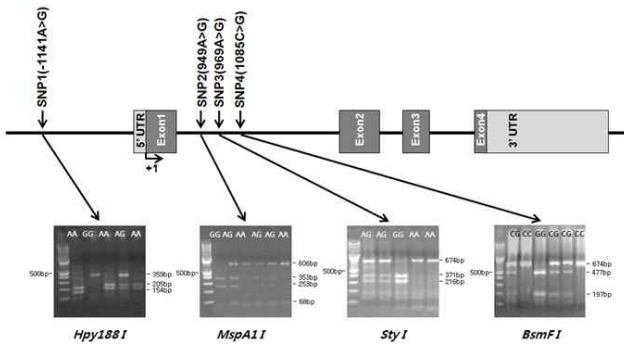


Fig. 1. Location of 4 SNP markers on bovine FABP5.

의 효과, A_{ijk} = 개체효과, e_{ijk} = 임의오차

결과 및 고찰

1. FABP5 유전자의 염기서열 분석 및 SNP 탐색

FABP5 유전자는 소 염색체 14번(BTA14)의 41,734,584 ~ 41,741,360 bp 사이에 위치하며 4개의 exon (엑손)으로 구성되어 있다. FABP5의 resequencing을 위하여 NCBI GenBank (Accession No. NC_007312.3)로부터 promoter (전사조절) 영역이 포함된 약 6.8 kb의 서열을 이용하여 PCR-direct sequencing을 수행하였다. 그 결과 FABP5에서 총 4개의 SNPs를 검출하였으며 promoter 영역에서 1개, intron (인트론) 1 영역에서 3개를 검출하였다 (Fig. 1).

2. FABP5 유전자형 분석

확인된 4개의 SNPs 영역은 제한효소 인식부위를 가지고 있어 PCR-RFLP 기법을 이용하여 유전자형 분석을 실시하였다. 4개의 SNPs에 대한 후대검정우 583두의 유전자형 분석을 위해 SNP 부위에 대한 제한효소 인식부위 존재여부를 파악하고, PCR-RFLP 분석을 위해 제한효소 인식부위가 다수 존재하는 경우는 프라이머를 적합하게 다시 설계 및 제작하여 PCR을 수행하였다 (Table 1). SNP1 (-1141A>G)은 제한효소 *Hpy188 I* (5'-TCN▼GA-3') 인지부위가 존재하여 PCR-RFLP 분석을 통해 3종류의 유전자형 (AA, AG, GG) DNA 단편을 검출하였다. AA 유전자형은 제한효소 인지부위가 1개 존재하여 205 bp, 154 bp로 2개의 DNA band를 가지고, GG 유전자형은 제한효소 인지부위가 존재하지 않아 359 bp를 가지는 단일 DNA band로 나타났으며, AG 유전자형은 이들 3개의 DNA 단편이 모두 검출되었다 (Fig. 1). 각 SNP에 대한 유전자형 및 대립유전자의 빈도는 Table 3에 제시하였다.

3. 한우 경제형질과의 통계적 관련성 분석

SNP와 도체형질과의 관련성 분석을 위하여 도체형질 기록치를 보유한 후대검정우 583두를 활용하였으며, 도체 형질의 표현형 추정치와 각 SNP의 유전자형간의 통계적 관련성 분석은 ASReml 프로그램 (Gilmour 등, 2006)의 혼합선형모형을 이용하였다. 그 결과 4개의 SNP 중 promoter 및 intron 1 영역에 존재하는 SNP1 (-1141A>G)과 SNP2 (949A>G)에서 근내지방도 (MS, $p < 0.003$)와 배최장근 단면적 (EMA, $p < 0.034$)에서 유의적인 차이가 관찰되었으나, 다른 2개의 SNPs (969A>G, 1085C>G)의 경우 도체형질과 유의적인 관련성을 확인할 수 없었다 (Table 4). 유의적인 관련성을 보인 SNP1 (-1141A>G)과 SNP2 (949A>G) 모두 GG 유전자형이 AA와 AG 유전자형 보다 더 높은 근내지방도와 배최장근

Table 2. Restriction enzymes for PCR-RFLP of FABP5 gene in Hanwoo

SNP	Restriction enzyme	Genotype	Fragment size (bp)	Reaction temp. (°C)
SNP 1 (-1141A>G)	<i>Hpy188 I</i> (5'-TCN▼GA-3')	AA	205 154	37
		AG	359 205 154	
		GG	359	
SNP 2 (949A>G)	<i>MspA1 I</i> (5'-CMG▼CKG-3')	AA	606 68	37
		AG	606 353 253 68	
		GG	353 253 68	
SNP 3 (969A>G)	<i>Sty I</i> (5'-C▼CWWGG-3')	AA	674	37
		AG	674 371 303	
		GG	371 303	
SNP 4 (1085C>G)	<i>BsmF I</i> (5'-GGGACNNNNNNNNNN▼NNNN-3')	CC	674	65
		CG	674 477 197	
		GG	477 197	

Table 3. Genotype, allele frequency and genetic characteristics of 4 SNPs in Hanwoo FABP5 gene

SNPs	Genotype			Allele frequency		Heterozygosity		PIC	HWE (p-value)
						Obs.	Exp.		
SNP 1 (-1141A>G)	AA	AG	GG	A	G	0.100	0.102	0.097	0.657
	0.897	0.1	0.003	0.95	0.05				
SNP 2 (949A>G)	AA	AG	GG	A	G	0.492	0.490	0.369	0.963
	0.180	0.492	0.328	0.43	0.57				
SNP 3 (969A>G)	AA	AG	GG	A	G	0.443	0.457	0.352	0.509
	0.426	0.443	0.131	0.65	0.35				
SNP 4 (1085C>G)	CC	CG	GG	C	G	0.472	0.489	0.369	0.470
	0.339	0.472	0.189	0.58	0.42				

Obs., Observed; Exp., Expected; PIC, Polymorphism information content; HWE, Hardy-Weinberg equilibrium.

Table 4. Least square means and standard errors on phenotypic measurements from carcass traits of Korean cattle (Hanwoo) by FABP5 genotypes

Type	Genotype	CW(kg)	EMA(cm ²)	BF(cm)	MS(1~7)
SNP1 (-1444A>G)	AA	316.093± 1.968	74.838±0.561	7.374±0.195	2.525±0.069^a
	AG	315.718± 4.679	74.426±1.265	6.922±0.431	2.816±0.168^a
	GG	322.452±22.097	77.151±5.850	6.659±1.981	5.026±0.799^b
	p-value	0.953	0.870	0.518	0.003
SNP2 (949A>G)	AA	316.636± 2.392	74.998±0.685^a	7.516±0.238	2.554±0.086
	AG	310.272± 2.829	73.282±0.795^a	7.263±0.276	2.482±0.101
	GG	317.759± 3.615	76.194±0.992^b	7.030±0.344	2.697±0.130
	p-value	0.11	0.034	0.363	0.395
SNP3 (969A>G)	AA	314.110± 2.457	75.193±0.693	7.120±0.237	2.628±0.087
	AG	309.584± 4.010	73.378±1.067	7.667±0.368	2.569±0.141
	GG	315.022± 2.399	74.461±0.674	7.366±0.230	2.507±0.085
	p-value	0.455	0.267	0.352	0.518
SNP4 (1085C>G)	CC	311.459± 2.743	73.549±0.777	7.353±0.269	2.454±0.099
	CG	315.603± 2.395	74.926±0.688	7.408±0.238	2.558±0.087
	GG	317.708± 3.452	75.681±0.954	7.087±0.330	2.729±0.125
	p-value	0.269	0.126	0.654	0.188

CW, carcass weight; EMA, eye muscle area ; BF, backfat thickness; MS, marbling score(1~7).

^{a,b}Means with different letter in the same column are significantly different (p<0.05).

단면적을 가짐을 확인할 수 있었다. 유전자의 기능적 측면에서 exon 영역내 아미노산의 변화를 초래하는 non-synonymous SNP (nsSNP)에 비해 synonymous SNP (sSNP)와 intron SNP (iSNP)의 경우 유전자 기능에 관여하지 않는 것으로 알려져 왔으나, 최근 연구에 의하면 intron 영역도 유전자 발현 및 alternative splicing

과정에 관여하는 것으로 보고되었다(Kawase 등, 2007; Liu 등, 2004). 또한 intron 영역의 SNP의 경우 상대적으로 exon 영역의 SNP에 비하여 특정 위치의 염기 변이가 유전자의 발현에 미치는 영향은 상대적으로 낮으나 경우에 따라서 특정 유전자에서는 전사나 번역에 중요한 역할을 하는 경우도 있다고 보고되었다(Ajit 등,

2003). 본 연구에서 발굴한 한우 FABP5 변이인 SNP1 (-1141A>G), SNP2 (949A>G)도 promoter 및 intron 영역 내에 위치하지만 각각 근내지방도 ($p<0.003$)와 배최장근 단면적 ($p<0.034$)과 유의적인 차이를 확인하였으며, 이러한 결과를 바탕으로 선발을 위한 유전자 마커로서의 가치를 가질 것으로 판단된다.

최근 소의 육질 개량의 측면에서 근내지방도는 가장 중요한 요소로 여겨지고 있으며, 한우를 대상으로 한 경제형질 관련 마커 발굴 연구를 살펴보면 DGAT1 (Kong 등, 2007), TG (Shin과 Chung, 2007), CAPN1 (Cheong 등, 2008), ADFP (Cheong 등, 2009) 등을 포함하여 다양한 유전자 마커가 근내지방도와 유의성이 보고되었고 현재도 활발한 연구가 진행되고 있다.

최근까지 BTA14 QTL 영역에 존재하는 유전자들을 대상으로 육우의 경제형질과 관련성 연구가 많이 진행되고 있다 (Wibowo 등, 2008). 2,4-dienoyl CoA reductase 1 (DECR1)는 등지방두께 (BF), core binding factor, runt domain, α subunit 2, translocated to 1 (CBFA2T1)은 근내지방도 (Marques 등, 2008), fatty acid binding protein 4 (FABP4)는 도체중 및 근내지방도 (Lee 등, 2010), exostion1 (EXT1)은 근내지방도, 등심단면적 및 등지방두께 (Kim 등, 2011)와 관련성이 있다고 보고되었다. 이외에도 BTA14 QTL 영역에 존재하는 많은 유전자들이 경제형질과 관련성 연구가 진행되고 있으며, FABP5 유전자도 경제형질 (근내지방도, 배최장근 단면적)과 관련성이 확인되었다. 아직까지 소에 있어 FABP5 유전자가 경제형질 특히, 근내지방도와 관련되어 있다는 보고는 없으나, 본 연구를 통해 FABP5의 SNPs가 근내지방도와 관련되어 있음을 확인할 수 있었다. 따라서 추후 지속적인 연구를 통해 유전자 기능과 SNPs의 관계 및 경제형질과의 관련성 구명에 활발한 연구가 진행되어야 할 것으로 판단된다.

요 약

본 연구는 한우에서 소 염색체 14번 (BTA14)에서 근내지방도 및 도체중과 관련성이 보고된 QTL영역 (48-58cM) 내의 FABP5 유전자를 대상으로 SNP를 발굴하고 도체형질과의 관련성 분석을 위하여 수행하였다. PCR 및 염기서열결정법을 통해 FABP5 유전자내 4개의 SNP (-1141A>G, 949A>G, 969A>G, 1085C>G)를 발굴하였고, 이중 promoter 영역에 위치하는 SNP의 경우 미 보고된 신규 SNP로 확인되었다. 발굴된 4개의 SNP를 대상으로 표현형 기록치를 보유한 후대검정후 583두에 대하여 유전자형 분석 및 관련성 분석을 수행하였다. 분석 결과 4개의 SNP중 SNP1 (-1141A>G)은 근내지방도에 있어서 G유전자형이 A유전자형에 비해서 근내지방도가 2.2 정도 높았고, SNP2 (949A>G)는 배최장근 단면적에 있어서 G유전자형이 A유전자형보다 배장근단면적에 있어서 3 cm² 만큼 높은 효과를 보였다. 본 결과에 대해 추후 지속적인 연구가 요구되어지며, FABP5의 SNPs은 한우의 도체 및 육질 관련 형질을 위한 유전자 마커로서 활용 가능할 수 있을 것으로 사료된다.

(주제어: 한우, FABP5 유전자, 단일염기다형성, 제한효소절편길이다형성)

사 사

본 연구는 농촌진흥청 연구개발사업 어젠다 (5-6-14)의 과제번호 PJ006406에 의해 추진되어진 것임. 실험에 이용된 한우 후대검정우 시료는 농협중앙회 한우개량사업소의 협조로 확보되었으며, 시료 확보를 위해 도움을 주신 것에 깊은 감사를 드립니다.

인 용 문 헌

Ajit, C., Suvannasankha, A., Zaeri, N. and Munoz, S. J. 2003. Terbinafine-associated hepatotoxicity. *Am. J. Med. Sci.* 325(5): 292-295.

Casas, E., Keele, J. W., Shackelford, S. D., Koochmarai, M. and Stone, R. T. 2003. Identification of quantitative trait loci for growth and carcass composition in cattle. *Anim. Genet.* 35:2-6.

Cheong, H. S., Yoon, D., Kim, L. H., Park, B. L., Lee, H. W., Han, C. S., Kim, E. M., Cho, H., Chung, E. R., Cheong, I. J. and Shin, H. D. 2007. Titin-cap (TCAP) polymorphisms associated with marbling score of beef. *Meat Sci.* 77:257-263.

Cheong, H. S., Yoon, D. H., Park, B. L., Kim, L. H., Bae, J. S., Sohng Namgoong, Hae Won Lee, Han, C. S., Kim, J. O., Cheong, I. C. and Shin, H. D. 2008. A single nucleotide polymorphism in CAPN1 associated with marbling score in Korean cattle. *BMC Genetics.* 9:33.

Cheong, H.S, Yoon, DH, Bae, JS, Kim, LH, Kim, EM, Kim, JO, Hong, J, Kim, N. and Shin, HD. 2009. ADFP promoter polymorphism associated with marbling score in Korean cattle. *BMB reports.* 42(8):529-34.

Cho, S., Park, T. S., Yoon, D., Cheong, H. S., Namgoong, S., Park, B. L., Lee, H. W., Han, C. S., Kim, E. M., Cheong, I. C., Kim, H. and Shin, H. D. 2008. Identification of genetic polymorphisms in FABP3 and FABP4 and putative association with back fat thickness in Korean native cattle. *BMB reports.* 41:29-34.

Darvasi, A. and Soller, M. 1994. Selective DNA pooling for determination of linkage between a molecular marker and a quantitative trait locus. *Genetics.* 138:1365-1373.

Estelle, T., Perez-Enciso, M., Mercade, A., Varona, L., Alves, E., Sanchez, A. and Folch, J. M. 2006. Characterization of the porcine FABP5 gene and its association with the FAT1 QTL in an Iberian by Landrace cross. *Anim. Genet.* 37(6):589-591.

Gilmour, A. R., Gogel, B. J., Cullis, B. R. and Thompson, R. 2006. *ASREML User Guide Release 2.0* VSN International Ltd., Hemel

- Hempstead, HP1 IES, UK.
- Gutiérrez-Gil, B., Wiener, P., Nute, G. R., Burton, D., Gill, J. L., Wood, J. D. and Williams, J. L. 2007. Detection of quantitative trait loci for meat quality traits in cattle. *Anim. Genet.* 39:51-61.
- Hollung, K., Veiseth, E., Jia, X., Færgestad, E. M. and Hildrum, K. I. 2007. Application of proteomics to understand the molecular mechanism behind meat quality. *Meat Sci.* 77:97-104.
- Kawase, T., Akatsuka, Y., Torikai, H., Morishima, S., Oka, A., Tsujimura, A., Miyazaki, M., Tsujimura, K., Miyamura, K., Ogawa, S., Inoko, H., Morishima, Y., Kodera, Y., Kuzushima, K. and Takahashi, T. 2007. Alternative splicing due to intronic SNP in HMSD generates a novel minor histocompatibility antigen. *Blood.* 110:1055-1063.
- Kim, B. S., Kim, N. K., Lee, S. H., Cho, Y. M., Heo, K. N., Park, E. W., Yang, B. K. and Yoon, D. 2011. Association study between the polymorphisms of Exostosin-1 gene and economic traits in Hanwoo. 53(1):7-13
- Kong, H. S., Oh, J. D., Lee, J. H., Yoon, D. H., Choi, Y. H., Cho, B. W., Lee, H. K. and Jeon, G. J. 2007. Association of sequence variations in DGAT 1 gene with economic traits in Hanwoo (Korea cattle). *Asian-Aust. Anim. Sci.* 20:817-820.
- Krieg P., Feil S., Furstenberger, G. and Bowden, G. T. 1993. Tumor-specific overexpression of a novel keratinocyte lipid-binding protein: identification and characterization of a cloned sequence activated during multistage carcinogenesis in mouse skin. *Biol. Chem.* 268:17362-17369.
- Lande, R. and Thompson, R. 1990. Efficiency of marker assisted selection in the improvement of quantitative traits. *Genetics.* 124:743-756.
- Lee, H. J., 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). *Kor. J. Anim. Sci. Technol.* 46:947-956.
- Lee, S. H., Park, E. W., Cho, Y. M., Kim, S. K., Lee J. H., Jeon, J.T., Lee, C. S., Im, S. K., Oh, S. J, Thompson, J. M. and Yoon D. 2007. Identification of differentially expressed genes related to intramuscular fat development in the early and late fattening stages of hanwoo steers. *Biochem. Mol. Biol.* 40(5):757-764.
- Lee, S. H., van der Werf, J. H. J., Lee, S. H., Park, E. W., Oh, S. J., Gibson, J. P. and Thompson, J. M. 2010. Genetic polymorphisms of the bovine Fatty acid binding protein 4 gene are significantly associated with marbling and carcass weight in Hanwoo (Korean Cattle). *Anim. Genet.* 41(4):442-444.
- Liu, Z., Sun, H. X., Zhang, Y. W., Li, Y. F., Zuo, J., Meng, Y. and Fang, F. D. 2004. Effect of SNPs in protein kinase Cz gene on gene expression in the reporter gene detection system. *World J. Gastroenterol.* 10:2357-2360.
- Luis, H., Gutierrez, C., Christian, L., Carsten, H., Martin, R., Thorsten, H., Heinz, R., Friedrich, S. and Christian, L. 2002. Solution structure and backbone dynamics of human epidermal-type fatty acid-binding protein (E-FABP). *Biochem.* 364:725-737.
- Maeda, K., Uysal, K. T., Makowski, L., Görgün, C. Z., Atsumi, G., Parker, R. A., Brüning, J., Hertzler, A. V., Bernlohr, D. A. and Hotamisligil, G. S. 2003. Role of the fatty acid binding protein mall in obesity and insulin resistance. *Diabetes.* 52:300-307.
- Marques, E., Nkrumah, J. D., Sherman, E. L. and Moore, S. S. 2009. Polymorphisms in positional candidate genes on BTA14 and BTA26 affect carcass quality in beef cattle. *J. Anim. Sci.* 87:2475-2484.
- Miller, S. A., Dykes, D. D. and Polesky, H. F. 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucl. Acids Res.* 16:1215.
- Shin, S. C. and Chung, E. R. 2007. Association of SNP Marker in the Thyroglobulin Gene with Carcass and Meat Quality Traits in Korean Cattle. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 20(2):172-177.
- Wang, Y. H., Reverter, A., Tan, S. H., Jager, N. D., Eang, R., McWilliam, S. M., Cafe, L.M., Greenwood, P. L. and Lehnert, S. A. 2009. Gene expression patterns during intramuscular fat development in cattle. *J. Ainm. Sci.* 87:119-130.
- Wibowo, T. A., Gaskins, C. T., Newberry, R. C., Thorgaard G. H., Michal, J. J. and Jiang, Z. 2008. Genome Assembly Anchored QTL Map of Bovine Chromosome 14. *Int. J. Biol. Sci.* 4:406-414.

(Received Mar. 18, 2011; Revised Apr. 14, 2011; Accepted May 19, 2011)