

## 번식한우 사양관리(비육전후)에 따른 지방산결합단백질 4, 5(FABP4, 5) 유전자와 육질의 연관성 분석

김봉순<sup>1</sup> · 장길원<sup>2</sup> · 이승환<sup>2</sup> · 정학재<sup>2</sup> · 양보석<sup>2</sup> · 박진기<sup>2</sup> ·  
김민수<sup>3</sup> · 임선화<sup>3</sup> · 박채원<sup>3</sup> · 민관식<sup>3</sup> · 양병철<sup>2,†</sup>

<sup>1</sup>안성시 농업기술센터, <sup>2</sup>농촌진흥청 축산과학원, <sup>3</sup>한경대학교 동물생명과학과

### Association of Microsatellite Marker in FABP4,5 Gene with Marbling Score and Feeding and Management in Breed Hanwoo

Bong-Sun Kim<sup>1</sup>, Kil-Won Chang<sup>2</sup>, Seung-Hwan Lee<sup>2</sup>, Hak-Jae Chung<sup>2</sup>, Bo-Suk Yang<sup>2</sup>, Jin-ki Park<sup>2</sup>,  
Min-Su Kim<sup>3</sup>, Seon-Hwa Lim<sup>3</sup>, Chae-Won Park<sup>3</sup>, Kwan-Sik Min<sup>3</sup> and Byoung-Chul Yang<sup>2,†</sup>

<sup>1</sup>Agricultural Technology Center of Ansung City, Ansung, 456-870, Korea

<sup>2</sup>National Institute of Animal Science, RDA, Suwon, 441-706, Korea

<sup>3</sup>Animal Biotechnology, Hankyong National University, Kyonggi-do 456-749, Korea

#### ABSTRACT

The bovine fatty acid binding protein 4 and 5 (FABP4 and 5) is a major positional and physiological candidate gene for the bovine marbling and carcass weight. 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 4 and 5 (FABP4 and 5) genes within carcass/meat quality traits and the before/after of fattening in breed Hanwoo. Here, we characterized the nucleotide polymorphism of FABP4 and 5 in 86 cattle. We were detected the variability of three types (GG, AG, and AA) by PCR, and economic traits were analyzed by the mixed regression model implemented in the ASReml program. As the result of statistical and supersonic analysis, FABP4 gene was highly showed significant effect ( $p < 0.006$ ) on marbling score (MS), in contrast FABP5 gene was lowed ( $p < 0.084$ ) on MS before fattening. But, FABP4 gene was highly showed significant effect ( $p < 0.0054$ ) on MS, in contrast FABP5 gene lowest ( $p < 0.0899$ ) on MS in the after of fattening. Compare to supersonic result before fattening in FABP4 gene, it was detected type GG: ( $p < 7.18$ ), AG: ( $p < 8.50$ ), and AA: ( $p < 10.50$ ) (n=50), showed type GG: ( $p < 4.88$ ), AG: ( $p < 2.33$ ), and AA: ( $p < 0.00$ ) after weed out (n=20). Furthermore, it was detected type GG: ( $p < 9.30$ ), AG: ( $p < 7.95$ ), and AA: ( $p < 7.40$ ) (n=50) before fattening in the FABP5 gene. It was shown type GG: ( $p < 2.67$ ), AG: ( $p < 3.50$ ), and AA: ( $p < 5.00$ ) after weed out (n=50). Our results indicate that FABP4 and 5 gene transcription is regulated by the environment of feeding and management, and suggest that feeding and management could be potential key in determining FABP4 and 5 genes transcription for carcass/meat quality traits in breed Hanwoo.

(Key words : Breed Hanwoo, FABP4, FABP5, Marbling score)

#### 서 론

한우 고급육 생산을 위해 오래 전부터 중모우의 개량과 선발에 대한 연구가 진행되어 왔으나, 고급육 생산방법을 효율적으로 개량하기 위해서는 암소의 개량이 필수적이다. 쇠고기의 육질을 좌우하는 요소로는 육색, 등심 단면적, 등지방 두께, 지방색, 연도 및 근내 지방도 등이

있으며, 이 중에 근육 내에 침착해 있는 지방 (intra-muscular fat)의 양은 육질을 결정하는 요소 중에 하나로 등급결정을 하는데 중요한 역할을 하고 있는 것으로 알려져 있다. 하지만 근내 지방도와 같은 형질은 도축 후 육안으로만 측정이 가능하기 때문에 표현형의 성적을 얻기까지 많은 시간과 비용이 소요되기에 가축육종에 있어서 한계라 볼 수 있다. 이러한 문제점의 대안으로 축산의 경제적 가치를 높이고자 몇 년 전부터 육질에 관련된 다수

\* 본 과제는 농촌진흥청 축산생명환경시험연구(과제번호: PJ007577)에서 연구비를 지원 받았습니다.

† Corresponding author : Phone: +82-31-290-1630, E-mail: bcyang@korea.kr

의 유전자들이 발굴되었으며, 현재에는 근내 지방에 중요한 역할을 하는 몇몇의 인자를 탐침하여 그 기전도 많이 연구되어 있는 상태이다 (Lee 등, 2004; Cheong 등, 2007; Cho 등, 2008; Kong 등, 2007). 현재 이러한 마커 선발로 기존의 표현형 및 혈통에 의존한 선발육종 방법에 DNA 표지인자를 이용한 가축의 육종가 추정을 통하여 가축 조기선발을 가능하게 함으로써 연간 얻을 수 있는 개량량을 증가시킬 수 있는 것으로 보고되고 있다 (Darvasi와 Soller, 1994; Lande와 Thompson, 1990). 육질에 관여하는 지방산 결합 단백질 (fatty acid binding protein: FABP)은 지방세포에서 발현하며, 세포내 지방산 농도와 지질 대사를 조절하는 것으로 알려져 있다. 특히, 돼지에서 근내 지방 조절에 기여하는 유력한 후보 유전자로 보고되었다 (Gerbens, 2000). 또한, 지방산 결합 단백질 중에 FABP5는 지방산 신호체계, 세포의 성장 및 조절, 분화, 비만 관련 등에 중요한 역할을 하는 것으로 보고되었다 (Luis 등, 2002; Maeda 등, 2003). FABP5의 경우 유전자 탐침 결과, 지방산 결합 단백질 그룹 중에 하나를 구성하고 있는 FABP4라는 인자와 높은 상동성을 가지고 있는 것으로 보고되었다 (Krieg 등, 1993). 한우 근내지방 및 도체 체중에 관여하는 FABP4 유전자와 기능 및 위치적으로 거의 유사한 유전자로 보고되었으며 (Lee, 2010), 그 뿐만 아니라 기존 연구에서도 FABP4와 FABP5 두 유전자가 지방 침착 (fat deposition)과 밀접하게 관련되어 있다는 것이 보고되었다 (Estelle 등, 2006). 이러한 연구를 바탕으로 본 연구에서는 검정된 한우 번식우 86두를 선발하여 육질에 관여하는 FABP4, FABP5 유전자의 특정부위를 PCR 방법으로 염기서열을 분석한 후 사양관리(비육) 전후로 개체를 나누어 초음파(비육 전) 및 도축 결과(비육 후) 유전자의 상관 관계를 분석하였다.

## 재료 및 방법

### 공시재료 및 Genomic DNA 추출

안성 지역 한우 농가를 대상으로 3산 이상의 한우 번식우 86두를 공시축으로 선정하였다. 각 공시축 개체별로 부터 혈액을 채취하여 항응고제인 EDTA를 포함하고 있는 Vacutainer (BD medical USA)에 5 ml씩 주입하여 4°C에 보관하였다. Genomic DNA 분리는 DNA mini kit (QIAGEN, Germany)을 이용하여 분리 및 정제하였다. 정제한 genomic DNA는 전기영동으로 각 개체별 DNA 분리상태를 확인하였으며, 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 냉장고에 보관하여 실험에 이용하였다. 본 연구에 사용된 형질로는 초음파를 이용하여 측정 한 초음파 근내지방도를 사용하였으며, 공시축의 초음파 근내지방도에 대한 평균 값은 8.0이었다.

### PCR-RFLP을 이용한 개체별 유전자형 판정

FABP4, FABP5 두 개의 유전자로부터 DNA 다형성은 Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP) 기법을 이용하여 기존에 보고되어진 SNP 영역에서 염기서

열을 분석하였다. Marker 분석을 위해 이용한 Primer는 PCR 반응산물이 FABP4는 423 bp, FABP5는 259 bp 되도록 설계하였으며, PCR 증폭 후 제한효소로 절단하고 DNA 크기에 따라 band 현황을 조사하여 유전자형을 분석하였다. PCR-RFLP 증폭을 위한 반응액은 template DNA 2 µl (50 ng), 10 × PCR reaction buffer (10 mM Tris-HCl, pH 8.3, 50 mM KCl, 1.5 mM MgCl<sub>2</sub>) 5 µl, 2.5 mM dNTPs 4 µl, primer 10 pmol 4 µl, 1 unit Taq polymerase 1 µl (Takara, Japan)에 반응액 50 µl로 조 절하였다. 반응 조건으로 95°C에서 10분간 예비변성 후, 94°C에서 45초 변성, 각 annealing 온도는 FABP4(60°C), FABP5(58°C)에서 45초, 그리고 72°C에서 1분간의 cycle 3 단계를 35회 반복한 후 72°C에서 마지막 합성반응을 10분간 수행하였다. PCR 종료 후 3 µl씩의 PCR 산물을 1.5% agarose gel에 전기영동하여 UV 상에서 증폭여부를 확인하였다. PCR-RFLP 분석을 위한 반응액은 PCR 산물 5 µl에 제한효소 2~3 unit을 첨가하고, 각 제한 효소별 활성온도에서 4시간 반응시킨 후 2% agarose gel에 전기영동을 통하여 절단된 DNA 단편의 크기를 확인하였다. 절단된 DNA 밴드를 분석하여 최종적으로 각 개체별 유전자형을 판정하였다.

### 경제형질과의 통계적 관련성 분석

본 연구에서 조사된 한우 도체형질에 대한 유전자형의 효과를 분석하기 위해 ASReml package(Gilmour et al, 2006)를 이용하여 아래와 같은 혼합 선형 모형(Linear Mixed Model)으로 분석을 실시하였으며, p-value 값이 0.05 이하인 경우를 통계적으로 유의한 것으로 인정하여 유전자형에 따른 각 도체형질에 대한 표현형가의 최소 제곱 평균(least square mean)과 표준오차를 추정하였다. 분석 모형은 아래와 같다.

$$Y_{ijk} = \mu + YS_i + b \cdot D_{ijk} + Genotype_j + A_{ijk} + e_{ijk}$$

여기에서,

$Y_{ijk}$  = 각 도체형질의 측정치

$\mu$  = 각 형질의 전체 평균

$YS_i$  = 계절효과

$b$  = 공변이

$D_{ijk}$  = 도축연령(month)

$Genotype_j$  = 유전자형의 효과

$A_{ijk}$  = 개체효과

$e_{ijk}$  = 임의오차,  $N(0, )$

## 결 과

### FABP4,5 유전자형 분석

FABP4와 FABP5 유전자에서 확인된 2개의 SNPs 영역은 Hsp 92 II와 MspA1 I 제한효소 인식부위를 가지고 있어 PCR-RFLP 기법을 이용하여 유전자형 분석을 실시하였다. 먼저 2개의 기능성 유전자의 PCR-RFLP 분석을 위해 관련 유전자 영역에서 특정 염기서열을 포함하는 primer를 이용하여 증폭한 후 PCR 산물인 FABP4 유전자는 제한효소 Hsp 92 II (5'-CATG▼-3')로 FABP5 유전

Table 1. Primer sequence and restriction for PCR-RFLP analysis in FABP4, FABP5 genes in breed Hanwoo

Gene Name	SNP No.	Restriction Enzyme	PCR primer Sequence (5'-3')	Product Size	Annealing Temp. (°C)	SNP Genotype	Fragment size (bp)	Reaction Temp. (°C)
FABP4	1	Hsp 92II	TGT TGT TTT TGG CAT TCA TTG TAC TGC TGG GGG CAC AGT AT	423	60 °C	GG	423	37°C
						AG	423, 218	
						AA	218	
FABP5	7	MspA1 I	CTG TTG GCA CTG CTT GAC TC CAA CAC AAC GCT GCA AAA AT	259	58 °C	AA	259	37°C
						AG	259, 174, 85	
						GG	174, 85	

자는 MspA1 I (5'-CAG▼TG-3') 제한효소로 절단하고 agarose gel상에서 전기영동하여 Table 1에 제시하는 바와 같이 제한효소 인지부위의 여부에 따라 유전자형을 판정하였다 (Table 1).

FABP4 유전자에서는 제한효소 Hsp 92 II (5'-CATG▼-3')로 절단된 크기에 따라 GG type형은 423 bp 크기의 1개의 band, AG type형은 423 bp과 218 bp 크기의 2개의 band, AA type형은 218 bp 크기로 유전자 형이 나누어지며, 유전자형 빈도(genotype frequency)는 GG type: 43.5%, AG type:51.7%, AA type:5.8%로 나타내고 있다. FABP5 유전자에서는 제한효소 MspA 1 I (5'-CAG▼TG-3')에 따라 AA type형은 259 bp 크기의 1개의 band, AG type형은 259 bp와 174 bp 그리고 85 bp 크기의 3개의 band, GG type형은 174 bp와 85 bp 크기의 2개의 band로 유전자 형이 나누어지며, 유전자형 빈도(genotype frequency)는 AA type:37.8%, AG type:41.5%, GG type:20.7%로 나타내고 있다. 본 Fig. 1, 2에서 나타내는 바와 같이 이들 후보유전자들은 한우 번식우에서 A와 G 두 개의 대립유전자에 의해서 GG, AG, AA 3개의 type 형으로 RFLP marker 유전자형으로 나누어지는 것을 확인하였다 (Fig. 1, 2).

검정한 총 개체(86두) 집단 내에서 비육 전 50두(Num:

22~86번)의 개체를 선정하여 초음파 검사를 통해 근내 지방도 등급 결과와 각 후보 유전자들에 대한 대립유전자의 빈도의 결과를 분석한 결과, FABP4 유전자에서는 유의차가 매우 높게( $p<0.006$ ) 나타나고 있으며, FABP5는 FABP4 유전자에 비해 비교적 낮게( $p<0.084$ ) 나타나고 있다. 비육 전 초음파 측정 결과는 전체 평균 8이었으며, FABP4 유전자에서 각 type 별 평균은 GG type 7.18, AG type 8.50, AA type 10.50이었고( $n=50$ ), FABP5 유전자에서는 AA type 7.40, AG type 7.95, GG type 9.30으로 나타났다( $n=50$ )(Fig. 3).

또한 이러한 결과를 토대로 검정한 총 개체(86두) 집단 내에서 비육 전 초음파 검사를 통해 근내 지방도 등급결과와 대립유전자의 빈도의 결과를 분석한 50두(Num: 22-86번) 개체를 제외한 비육 후에 도축한 20두(Num: 1-21번) 개체의 근내 지방도를 분석한 결과와 각 후보 유전자들에 대한 대립유전자의 빈도도 분석해 보았다. 그 결과 FABP4 유전자에서는 높게( $p<0.005$ ) 나타났으며, FABP5는 유전자형간 유의적인 차이가 없었다. 비육 후 도축한 전체 평균은 3.35로 FABP4 유전자에서 각각의 평균은 GG type에서 4.88, AG type은 2.33, AA type은 나타나지 않았으며( $n=20$ ), FABP5 유전자에서 각각의 평균은 AA type에서 5.00, AG type은 3.50, GG type에서

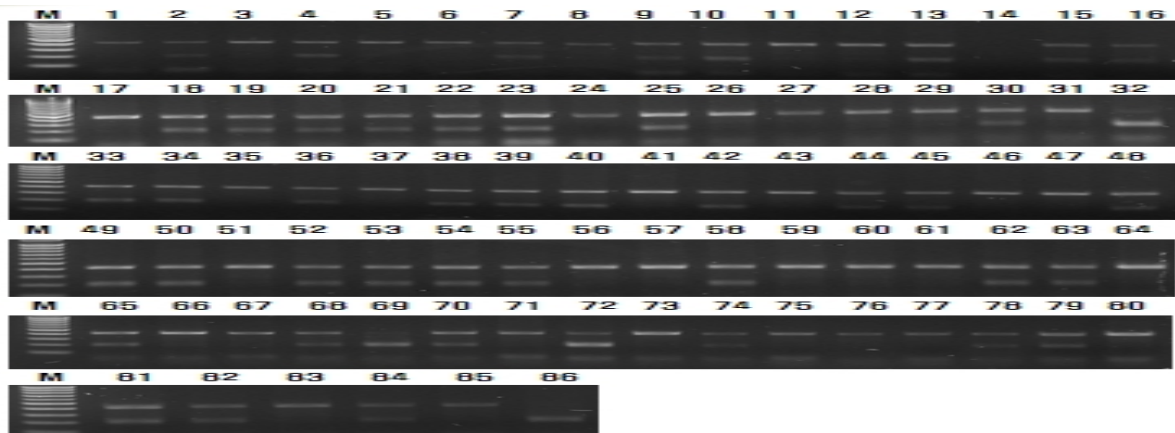


Fig. 1. PCR-RFLP makers of FABP4 gene in following digestion of Hsp 92II enzyme. Lanes 1, 3, 5, 6, 8, 11, 12, 17, 24, 26-29, 31, 35, 37, 41, 43, 46, 47, 51, 56, 57, 59-61, 64, 66, 67, 71, 73, 75-77, 80, 83, 85 :GG type, Lanes 2, 4, 7, 9, 10, 13, 15, 16, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 25, 30, 33, 34, 36, 38, 39, 40, 42, 44, 45, 48, 49, 50, 52, 53, 54, 55, 58, 62, 63, 65, 68, 70, 74, 78, 79, 81, 82, 84: AG type, Lanes. 32,69,72,86 : AA type.

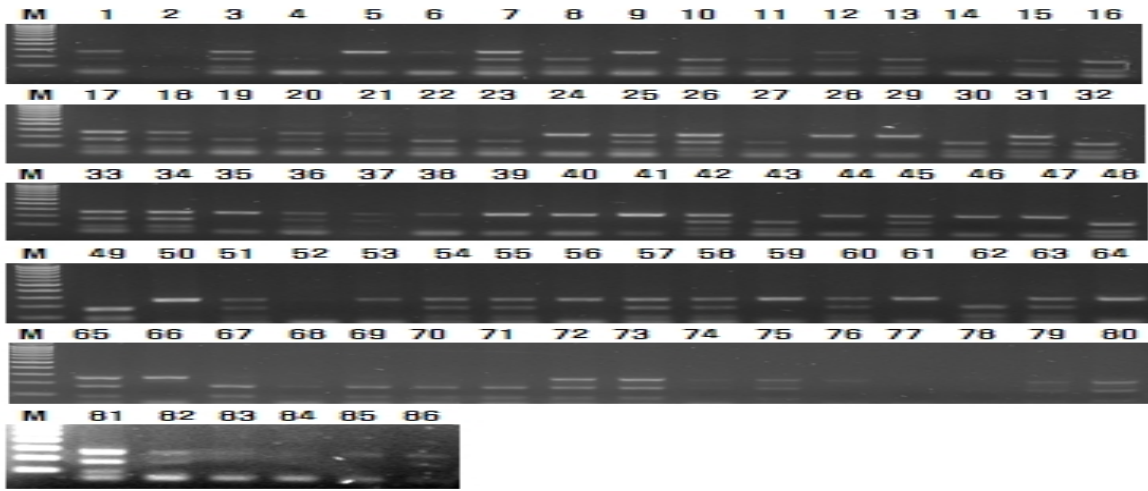


Fig. 2. PCR-RFLP makers of FABP5 gene in following digestion of MspAII enzyme. Lanes 4, 8, 10, 11, 13, 15, 16, 19, 24, 28, 29, 35, 38-41, 44, 46, 47, 50, 52, 53, 56, 59, 61, 64, 66, 76, 83, 84, 85 : AA type, Lanes 1, 3, 7, 12, 17, 18, 20, 21, 25, 26, 31, 33, 34, 36, 37, 42, 45, 51, 54, 55, 57, 58, 60, 63, 65, 72-75, 79-82, 86 : AG type, Lanes 5, 6, 9, 22, 23, 27, 30, 32, 43, 48, 49, 62, 67-71 : GG type.

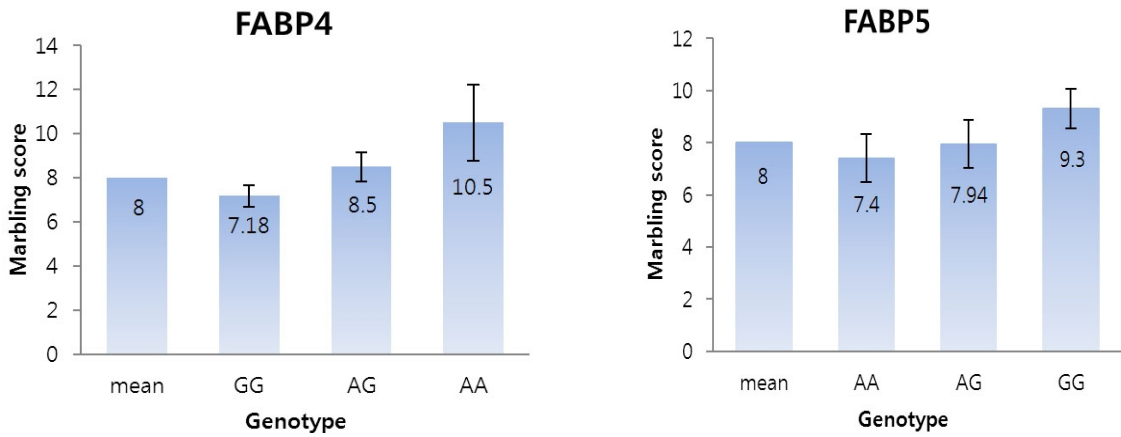


Fig. 3. Least square mean of FABP4 and 5 polymorphisms on supersonic marbling score measured before fattening start in Hanwoo cow (n=50).

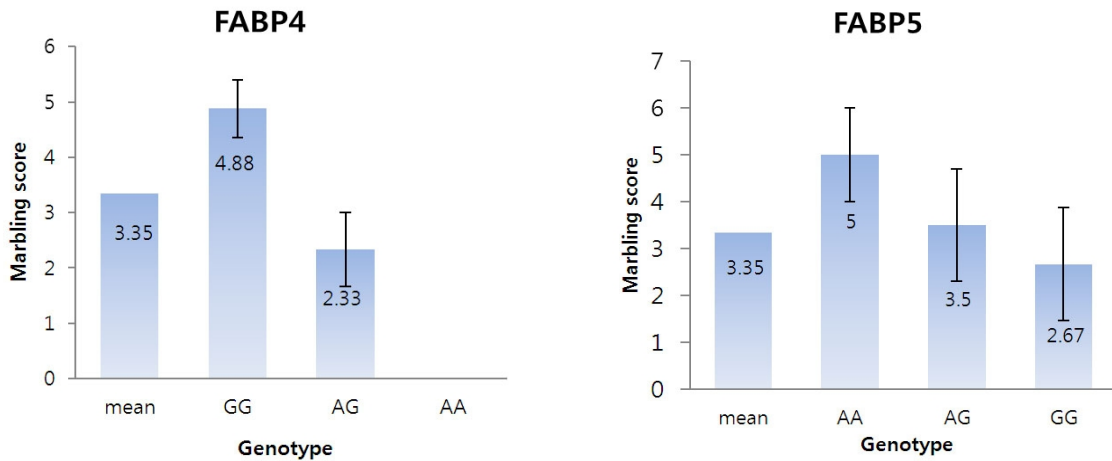


Fig. 4. Least square mean of FABP4 and 5 polymorphisms on weed out marbling score measured in late fattening of Hanwoo cow (n=20).

2.67로 나타났다(n=20) (Fig. 4).

## 고찰

한우 고급육 생산을 위해 중모우의 개량과 선발이 이루어지고 있으나, 좀 더 효율적인 개량을 위해서는 고급육을 생산할 수 있는 한우 암소의 개량이 필수적이다. 따라서 본 연구는 경기도 안성 지역 한우의 육질 개량을 위해 지역 한우농가의 소를 대상으로 육질 초음파 측정과 육질 관련 유전자와의 비교 분석을 하기 위해 실시하였다. 육질 분석을 위해 3산 이상 한우 번식우 86두를 대상으로 초음파로 등심단면적, 등지방두께, 근내지방을 측정하였다. 각 개체별로 혈액을 채취하여 유전자를 분석하였으며, 유전자 분석은 육질 관련 유전자로 알려진 FABP4와 FABP5를 이용하였다. 개체별로 고급육 생산을 위한 사양관리 전과 사양관리 후 표현형과 유전자와의 상관관계를 분석하였다.

번식우의 일반 사양관리 조건(비육 전)에서 FABP4는 육질초음파 측정 결과와 유전자 분석과의 p-value 값이 0.006로 나타났다. 그러나 FABP5는 p-value 값이 0.084의 결과를 보였다. 그리고, 비육 후 도축하였을 때 FABP4는 비육 후 도축 결과와 유전자 분석과의 p-value 값이 0.0054로 나타났다. 그러나 FABP5는 p-value 값이 0.0899의 결과를 보였다. FABP4 유전자에서 비육 전 초음파 측정 결과와 비교하였을 때 GG type은 7.18, AG type은 8.50, AA type은 10.50이었으나(n=50), 비육 후 도축한 결과 GG type에서 4.88, AG type은 2.33으로 나타났으며, AA type은 본 실험 20두에서는 나타나지 않았다(n=20). 또한, 이러한 결과는 Lee 등 (2011)도 FABP4에서 나타나는 두 개의 유전적인 마커 (FABP4SNP 2774C>G; FABP4\_usat3237)가 QTL 위치하고 가장 유사하다고 하였다. 그러나 FABP4는 유전자 발현 분석에 있어서 도체체중과 등근육 부위하고는 상관 관계가 없다고 보고하였다. 또한, 583두의 한우에서 BABP4 유전자의 4.3 kb에서 분석 결과, 16개의 SNP 중에서 3개 (g.2774G>C; g.3473A>T; g.3631G>A)에서 도체체중과 관련이 있다고 보고한 내용과 유사하였다(Lee 등, 2010).

FABP5 유전자에서 비육 전 초음파 측정 결과와 비교하였을 때, GG type은 9.30, AG type은 7.95, AA type은 7.40이었으나(n=50), 비육 후 도축 결과는 GG type에서 2.67, AG type은 3.50, AA type 5.00으로 나타났다(n=20). Estelle 등 (2006)은 FABP4와 FABP5는 QTL 분석 결과, FAT1 QTL에 대한 주요 후보유전자라고 보고하였다. 따라서 본 연구 결과도 FABP4와 FABP5는 육질과 중요한 상관 관계가 있다는 결론과 일치하였다. 또한, 한우에서 ADAMS4와 TGFβ1도 성장 초기 단계에 근내지방 상관관계에 마커로서 중요하게 영향을 미친다고 보고하였다(Lee 등, 2010). Ojeda 등 (2008)은 FABP5의 5.2 kb에서 36개의 다양성을 보고하였는데, 이러한 다양성은 FABP5는 FABP4와는 유전적인 진화과정에서 다양성이 다르다고 발표하였다. 따라서 한우에서도 이들 유전자 사이에서 나타나는 다양성은 비육 개시 전과 비육 후에 다르게 나타난다고 사료된다.

위에 결과를 토대로 두 가지 유전자에서 비육 전과 비

육 후 유전자와 표현형과의 관계가 반대로 나타났음을 알 수 있었다. 즉, 이 결과를 통해 비육 전에는 유전자가 발현하지 않고 있다가 비육개시 후에는 유전자가 발현하여 근육내 지방 침착이 이루어질거라 판단되어 육질 관련 유전자를 보유하고 있더라도 비육을 하지 않고 일반 번식우 사양관리를 하였을 때 육질이 떨어진다는 것을 알 수 있었다.

## 인용문헌

1. Cheong HS, Yoon D, Kim LH, Park BL, Lee HW, Han CS, Kim EM, Cho H, Chung ER, Cheong IJ, Shin HD (2007): Titin-cap (TCAP) polymorphisms associated with marbling score of beef. *Meat Sci* 77:257-263.
2. Cheong HS, Yoon DH, Park BL, Kim LH, Bae JS, Sohng Namgoong, Lee HW, Han CS, Kim JO, Cheong IC, Shin HD (2008): A single nucleotide polymorphism in CAPN1 associated with marbling score in Korean cattle. *BMC Genetics* 9:33.
3. Darvasi A, Soller M (1994): Selective DNA pooling for determination of linkage between a molecular marker and a quantitative trait locus. *Genetics* 138:1365-1373.
4. Estelle T, Perez-Enciso M, Mercade A, Varona L, Alves E, Sanchez A, Folch JM (2006): Characterization of the porcine FABP5 gene and its association with the FAT1 QTL in an Iberian by Landrace cross. *Anim. Genet* 37:589-591.
5. Gerbens F, de Koning DJ, Harders FL, Meuwissen TH, Janss LL, Groenen MA, Veerkamp JH, Van Arendonk JA, te Pas MF (2000): The effect of adipocyte and heart fatty acid-binding protein genes on intramuscular fat and backfat content in Meishan crossbred pigs. *J Anim Sci* 78:552-559.
6. Kong HS, Oh JD, Lee JH, Yoon DH, Choi YH, Cho BW, Lee HK, Jeon GJ (2007) Association of sequence variations in DGAT 1 gene with economic traits in Hanwoo (Korea cattle). *Asian-Aust. Anim. Sci* 20: 817-820.
7. Krieg P, Feil S, Furstenberger G, Bowden GT (1993): Tumor-specific overexpression of a novel keratinocyte lipidbinding protein: identification and characterization of a cloned sequence activated during multistage carcinogenesis in mouse skin. *Biol. Chem* 268: 17362-17369.
8. Lande R, Thompson R (1990): Efficiency of marker assisted selection in the improvement of quantitative traits. *Genetics* 124:743-756.
9. Lee HJ, Lee SH, Cho YM, Yoon HB, Jeon BK, Oh SJ, Kwon MS, Yoon DH (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.

10. Lee SH, van der Werf, Kim NK, Lee SH, Gondro C, Park EW, Oh SJ, Gibson JP, Thompson JM (2011): QTL and gene expression analyses indentify genes affecting carcass weight and marbling on BTA14 in Hanwoo (Korean cattle). *Mamm Genome* 22:580-601.
11. Lee SH, van der Werf, JHJ, Lee SH, Park EW, Oh SJ, Gibson JP, Thompson JM (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* 41:442-444.
12. Luis H, Gutierrez C, Christian L, Carsten H, Martin R, Thorsten H, Heinz R, Friedrich S, Christian L (2002): Solution structure and backbone dynamics of human epidermaltype fatty acid-binding protein (E-FABP). *Biochem* 364:725-737.
13. Maeda K, Uysal KT, Makowski L, Görgün CZ, Atsumi G, Parker RA, Brüning J, Hertzler AV, Bernlohr DA, Hotamisligil GS (2003): Role of the fatty acid binding protein mal1 in obesity and insulin resistance. *Diabetes* 52:300-307.
14. Ojeda A, Estelle J, Folch JW, Perez-Enciso M (2008): Nucleotide variability and linkage disequilibrium patterns at the porcine FABP5 gene. *Anim Gene* 39: 468-473.  
(접수일자: 2012. 9. 5 / 채택일자: 2012. 9. 18)