

Research Article

Associations of *FABP3* genotypes with Pork Belly Traits in pigs

Ga-Hyeon Jeong¹, Ye-Eun Won¹, Seung-Hoon Lee², Kyu-Sang Lim^{1,3*}

¹Department of Animal Resources Science, Kongju National University, Chungnam 32439, Republic of Korea

²Department of Animal Science and Technology, Chung-Ang University, Anseong, Gyeonggi-do 17546, Republic of Korea

³Resources Science Research Institute, Kongju National University, Chungnam 32439, Republic of Korea

*Corresponding author: kyusang@kongju.ac.kr

ABSTRACT

Fatty Acid Binding Protein 3 (*FABP3*) is important for the transport and metabolism of intracellular fatty acids, and the genetic variants of *FABP3* gene have been known to affect fat accumulation in pigs. Here, we aimed to investigate *FABP3* single nucleotide polymorphism (SNP) focusing on the pork belly characteristics in pigs, which are highly preferred in South Korea. A total of 257 pigs consisting of Landrace (n=126) and Yorkshire (n=131) were genotyped by the PCR-RFLP method and the general linear model was used in the association analysis. The alleles were similarly distributed in Landrace population, but C allele was predominantly presented in Yorkshire population. In the association analysis in both Landrace and Yorkshire pigs, significant differences were observed between genotypes for Cross-sectional belly characteristics and the specific belly muscle area in slices ($p < 0.05$). These results provide preliminary evidence for a potential use as a biomarker for pork belly traits.

Keywords: Pork belly, *FABP3*, Single nucleotide polymorphism, Association

INTRODUCTION

돼지고기는 전 세계적으로 많이 소비되는 육류 중 하나이며, 특히 한국에서는 삼겹살에 대한 소비자의 선호도가 높게 나타나고 있다(Kim and Kim, 2009). 삼겹살은 몸통피부근(*cutaneous trunci* muscle, CTM), 배곧은근(*rectus abdominis* muscle, RAM), 배바깥경사근(*external abdominal oblique* muscle, EAM), 배속경사근(*Internal abdominal oblique* muscle, IAM)을 포함한 다양한 세부 근육과 근육 사이의 지방으로 구성되어 있다(Soladoye et al., 2015). 지방이 균일하게 분포된 삼겹살은 소비자들로부터 선호를 받는 반면, 지방층이 과도하거나 부족할 경우 돈육의 품질 저하 등의 결과를 초래할 수 있다. 삼겹살에서 근육의 면적이 증가하면 총 근육의 부피와 비율이 증가하고 지방이 감소하는 경향을 나타낸다(Lee et al., 2018). 따라서 삼겹살의 근육과 지방의 적절한 비율이 삼겹살의 품질과 소비자의 만족도를 좌우한다.

Fatty acid-binding proteins (*FABPs*) 유전자들은 지방산의 이동과 저장에 관여하며, 그 중에서 돼지의 6번째 염색체에 위치한 *Fatty acid-binding proteins 3* (*FABP3*; *heart fatty acid-binding protein*, *H-FABP*)는 지질 대사 and 세포 간 지방산 전달을 조절하는 15-kDa 단백질을 인코딩한다(Gerbens et al., 1999). 특히, *FABP3* 유전자는 골격근에서 지방산 이용을 조절하는 데 관여하여 돼지의 지방 특성에 대한 후보유전자로 알려져 있다(Gerbens et al., 1999; Óviló et al., 2002). Gerbens 등(1997)은 *FABP3*의 2번째 intron에 위치한 단일염기다형성(single nucleotide polymorphism, SNP) (g.1811 G>C)을 발견하였고, 돼지의 근내지방도와 등지방두께 및 성장률과 연관성이 있다고 보고하였다(Gerbens et al., 1999; Choi et al., 2003).

근내지방도 및 등지방두께는 육질 평가에서 일반적으로 등심근(*longissimus dorsi* muscle) 부위를 기준으로 측정되고 있으나, 등심근

에서 축적된 지방 수준이 삼겹살의 지방 침착과도 유의한 상관관계를 보인다는 연구 결과가 보고되었다(Kim, 2015). 이는 *FABP3* SNP가 등심근 뿐만 아니라 삼겹살의 지방 축적 및 분포에 영향을 미칠 가능성을 시사한다. 그럼에도 불구하고, 국내에서 가장 선호도가 높은 삼겹살과 관련된 형질에 *FABP3* SNP가 미치는 영향에 대한 연구는 수행되지 않았다.

한편, 돈육 품질과 같은 상업용 돼지의 표현형은 유전요인과 환경요인에 영향을 받으며, 유전적인 영향은 품종 간 차이와 개체 간 차이를 포함한다(Rosenvold and Andersen, 2003). 이러한 유전적 차이는 여러 유전자 변이, 특히 SNP에 의해 조절될 수 있고, 동일 품종 내 뿐만 아니라 품종 간에도 유의미한 차이가 존재한다고 보고되었다(Bovo et al., 2020). 특히 *FABP3*와 같은 지방 대사 관련 유전자의 변이는 돼지의 지방 특성에 중요한 영향을 미치며, 이러한 유전적 차이는 각 품종의 유전적 배경에 따라 다르게 나타날 수 있다(Kim et al., 2022; Roh et al., 2012). Fontanesi 등(2015)의 연구에서는 품종 정보 SNP를 활용한 육종 프로그램에서 돼지의 생산성 및 품질을 개선할 수 있는 유전적 다양성이 밝혀졌으며, 이를 통해 삼겹살의 지방 분포 및 근육 구성에 대한 유전적 개선 가능성을 제시할 수 있다. 따라서 다양한 품종 간 *FABP3* 변이의 대립유전자 빈도 차이를 확인함으로써, 삼겹살의 근육 및 지방 분포와 품질에 대한 품종별 차이를 설명할 수 있을 것으로 기대된다.

따라서, 본 연구의 목적은 랜드레이스와 요크셔 품종에서 *FABP3* SNP의 유전자형을 분석하여 두 품종 간의 대립유전자 빈도를 확인하고, 이 변이가 삼겹살관련 형질에 미치는 영향을 검증하는 것이다.

MATERIALS AND METHODS

공시동물 및 DNA 추출

국내에서 사육된 126두의 랜드레이스 돼지(거세수컷 74두, 암컷 52두)와 131두의 요크셔 돼지(거세수컷 112두, 암컷 19두)를 이용하여 분석을 진행하였다. 공시동물들은 유사한 조건을 제공하는 9개의 농장에서 사육되었다. Genomic DNA는 돼지의 등심근 조직에서 G-DEX™ IIc Genomic DNA Extraction Kit (Intronbio, Seongnam, Korea)를 이용해 제조사가 제공하는 매뉴얼에 따라 추출하였다.

삼겹살 형질 측정

본 연구에서 활용한 삼겹살 형질들은 Lee 등(2023)에 기술된 방법을 이용하여 측정하였다. 삼겹살 슬라이스 세트를 사용하여 여러 삼겹살 형질을 추정했다. 돼지의 도체는 24시간 동안 4°C에서 냉장하였으며, 각 개체의 좌반도체를 축산물품질평가원의 표준 절단선을 따라서 7개의 대분할로 나누고 도체의 축에 수직인 직선으로 4번째와 5번째 흉추 사이의 목심에서 삼겹살을 분리하였다. 삼겹살 무게(belly weight, BWT), 삼겹살 길이(belly length, BEL), 삼겹살 너비(belly width, BEW)는 삼겹살을 수직으로 분할하기 전에 측정하였다. 삼겹살은 meat cutter (KSC-330Q; Fujee, Siheung, Korea)를 사용하여 모든 척추(흉추 6~14번, 요추 1~5번)를 약 3cm인 슬라이스로 절단한 후, 슬라이스 별로 삼겹살의 길이를 측정하였다. 슬라이스 번호는 1번부터 14번까지 표시하였으며, 결과적으로 나온 삼겹살 슬라이스는 steel ruler로 스캔하여 정교하게 보정하였다(DocuPrint, C3360; Canon, Tokyo, Japan). 본 연구에서 사용한 근육은 몸통피부근(*cutaneous trunci* muscle, CTM), 배곧은근(*rectus abdominis* muscle, RAM), 배바깥갈경사근(*external abdominal oblique* muscle, EAM), 배속갈경사근(*Internal abdominal oblique* muscle, IAM)이며, 각 근육의 면적(cm²)은 삼겹살의 각 슬라이스를 스캔하여 이미지화한 후, Image-Pro Plus (Media Cybernetics, USA)를 사용하여 측정 기록하였다. 또한, 각 슬라이스의 이미지에 대해 근육면적을 측정하는 방법과 동일한 방법으로 삼겹살 슬라이스 면적(belly slice area, BSA)과 근육 및 지방면적을 측정하였으며, 슬라이스내 지방 면적을 근육 면적으로 나누고 100을 곱하여 근육면적과 지방면적의 비율(belly slice muscle and fat ratio, BSR)을 계산하였다.

유전자형 분석

FABP3 SNP (g.1811 G>C)에 대한 유전자형은 Polymerase Chain Reaction – Restriction Fragment Length Polymorphism (PCR-RFLP) 방법을 통해 분석하였다. PCR-RFLP에 사용된 primer와 enzyme은 Gerbens 등(1997)이 보고한 바와 같다(Table 1). PCR은 추출된

Genomic DNA로부터 T100 Thermal Cycler (BIO-RAD, Germany)를 이용하여 수행하였다. PCR 반응액 조성은 Distilled Water (D.W)와 10X PCR Buffer (w/20 mM Mg²⁺), 10 mM dNTPs (2.5 mM/each), 10pM primer pairs, i-MAX™ II DNA Polymerase(5U/μL)에 template DNA를 혼합하여 총 반응액은 20μL로 하였다. PCR 반응은 94°C에서 5분 간 pre-denaturation 한 후, 94°C에서 1분(denaturation), 57°C에서 1분(annealing), 72°C에서 1분(extension)의 과정을 35 cycle로 수행하고, 마지막으로 72°C에서 15분 간 final extension 과정을 진행시켰다. 유전자형은 위 PCR 증폭 산물을 *Hae*III (10U/μL) 제한효소를 이용하여 RFLP 방법을 통해 분석하였다(Table 1). PCR 산물에 D.W, 10x rCutSmart™ Buffer 그리고 *Hae*III를 넣어 7μL의 혼합물을 섞어준 후, 37°C 항온수조에서 2시간 반응시켰다. PCR 증폭 산물과 제한효소 처리된 산물은 2% agarose gel에서 전기영동을 실시하여 816bp의 PCR단편 및 유전자형에 따른 단편의 다형성을 확인하였다.

Table 1. Information on the primer set and the restriction enzyme for PCR-RFLP in *FABP3* SNP.

Gene	Sequence (5' to 3')	PCR product size	SNP location	Enzyme
<i>FABP3</i>	F : ATT GCT TCG GTG TGT TTG AG R : TCA GGA ATG GGA GTT ATT GG	816 bp	Intron 2	<i>Hae</i> III

통계분석

삼겹살 형질에 대한 기초통계량은 SAS program package 9.4 (SAS Institute, Cary, NC, U.S.A)의 MEANS procedure를 이용하여 분석하였으며, 삼겹살의 단면 및 세부근육의 면적에 대해서는 각 슬라이스별로 나온 측정값을 통합하여 기초 통계량을 분석하였다. 또한, *FABP3* SNP 유전자형의 효과를 추정하기 위해 General Linear Model (GLM) procedure를 이용하여 분석하였다(SAS Institute, Cary, NC, U.S.A). GLM 분석 모델은 다음과 같다.

$$y_{ijkl} = \mu + B_i + S_j + G_k + \beta * CW_{ijkl} + e_{ijkl}$$

여기서, y_{ijkl} 는 각 형질의 측정치, μ 는 전체 평균을 나타내며, B_i, S_j, G_k , 은 각각 배치, 성별, *FABP3*의 유전자형으로 고정효과이고, $\beta * CW_{ijkl}$ 는 공변량 도체중이며 e_{ijkl} 는 임의오차이다. 결과는 최소 제곱 평균과 표준오차로 나타냈으며, 유전자형별 유의성($p < 0.05$)을 검정하였다.

RESULTS AND DISCUSSION

삼겹살 형질에 대한 기초 통계량

삼겹살의 외관 및 단면과 근육 형질에 대한 기초 통계량은 Table 2에 요약되어 있다. BWT의 평균은 7.08±0.89 kg, BEL의 평균은 54.75±2.74 cm, BEW의 평균은 27.87±1.53 cm, BSL의 평균은 29.39±2.55 cm, BSA의 평균은 144.42±20.50 cm², BSR의 평균은 111.71±35.75 %이다. CTM의 평균은 16.19±6.16 cm², RAM의 평균은 7.64±2.40 cm², EAM의 평균은 12.75±6.23 cm², IAM의 평균은 10.96±5.19 cm²로 나타났다.

Table 2. The descriptive statistics for belly traits.

Traits	N	Mean	SD	Min	Max
Appearance belly characteristics					
Belly weight (BWT, kg)	255	7.08	0.89	4.50	10.30
Belly length (BEL, cm)	254	54.75	2.74	45.00	63.00
Belly width (BEW, cm)	254	27.87	1.53	23.50	32.90
Cross-sectional belly characteristics					
Belly slice length (BSL, cm)	249	29.39	2.55	4.76	38.27
Belly slice area (BSA, cm ²)	252	144.42	20.50	70.79	238.17
Belly slice muscle and fat ratio (BSR, %)	252	111.71	35.75	38.54	400.13
Belly muscle area in slices					
<i>Cutaneous trunci</i> muscle (CTM, cm ²)	252	16.19	6.16	1.00	39.54
<i>Rectus abdominis</i> muscle (RAM, cm ²)	246	7.64	2.40	0.14	20.22
<i>External abdominal oblique</i> muscle (EAM, cm ²)	245	12.75	6.23	0.40	35.09
<i>Internal abdominal oblique</i> muscle (IAM, cm ²)	237	10.96	5.19	0.26	30.21

N, Number of animals; SD, Standard deviation; Min, minimum; Max, maximum.

PCR-RFLP에 의한 품종별 FABP3 유전적 다형성 및 빈도 확인

FABP3의 SNP가 포함된 부위를 증폭하기 위해 Gerbens 등(1997)이 보고한 primer를 이용하여 PCR을 수행한 후 증폭 산물(816 bp)을 확인하였다(Fig. 1). 제한효소 *Hae*III를 활용한 RFLP를 통해 유전자형을 구분하였다. C 대립유전자는 제한효소에 의해 639 bp, 117 bp, 16 bp 밴드를 보이며, G 대립유전자는 405 bp, 278 bp, 117 bp, 16 bp 밴드를 보인다.

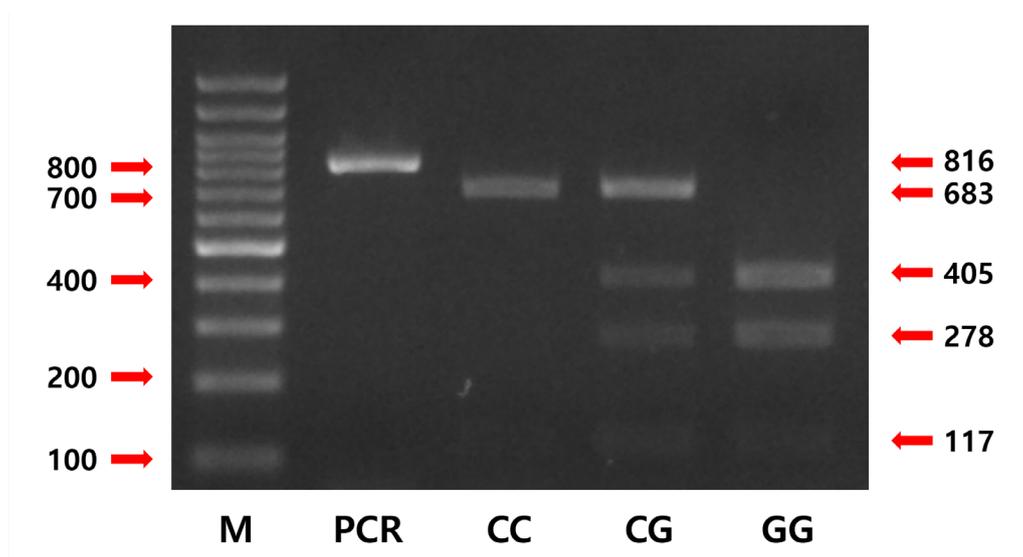


Figure 1. The electrophoresis patterns of PCR-RFLP for FABP3 SNP in pigs. PCR amplified 816bp DNA fragment digested with the restriction enzyme *Hae*III. Lane 1 represents 100bp size markers, and Lane 2 represents SNP PCR product (816bp). Lanes 3 to 5 represent SNP genotypes, CC, CG, and GG types in order.

유전자형 분석을 통해 총 126두의 랜드레이스 돼지집단에서 CC, CG, GG의 3가지 유전자형을 확인한 반면, 총 131두의 요크셔 돼지집단에서는 CC와 CG 2가지 유전자형만 확인할 수 있었다(Table 3). 랜드레이스 돼지 집단에서 유전자형 빈도는 CC, CG, GG 유전자형 각각 0.32, 0.49, 0.19로 나타났다(Table 3). 이에 반해, 요크셔 돼지 집단에서는 대부분 CC 유전자형으로 나타났으며(0.86), CG 유전자형은 0.14의 빈도를 보였고 GG 유전자형은 나타나지 않았다. 랜드레이스와 요크셔 집단 간 SNP에 대한 유전자형의 빈도가 품종 간의 유전적 차이로 인해 상이하게 나타난 것으로 보이며, 각 품종별로 특정 유전자형의 분포가 달라질 수 있음을 시사한다. Pang 등(2006)과 Chen 등(2014)의 연구에서는 랜드레이스 집단에 대한 FABP3 SNP에 대한 유전자형 분석 결과, GG 유전자형의 빈도가 가장 높게 나타났지만(각각 0.53과 0.58) 본 연구에서는 CG 유전자형의 빈도가 가장 높았고 GG 유전자형은 0.19로 상대적으로 낮게 나타났다. 또한, 요크셔 집단에 대해서는 연구에 따라 차이를 보였는데, Fang 등(2006)은 GG 유전자형이 0.5의 빈도로 가장 높게 나타났고 Chen 등(2014)은 0.09로 가장 낮게 관찰되었다. 반면 본 연구에서는 CC 유전자형의 빈도가 0.86으로 가장 높았고, GG 유전자형은 나타나지 않았다.

Table 3. Genotype and allele frequencies of FABP3 SNP locus.

Gene	Breed	N	Genotype			Allele	
			CC	CG	GG	C	G
FABP3	L	126	0.32 (40) ¹	0.49 (62)	0.19 (24)	0.56	0.44
	Y	131	0.86 (113)	0.14 (18)	0.00 (0)	0.93	0.07
	Total	257	0.60 (153)	0.31 (80)	0.09 (24)	0.75	0.25

¹Numbers in bracket indicate the numbers of experimental animals.

N, number of experimental pigs; L, Landrace; Y, Yorkshire

이러한 유전자형 빈도의 차이는 각 연구에서 이용된 개체군의 유전적 배경, 집단의 크기 그리고 선발 과정에서 작용한 선택압(selective pressure)의 차이에서 기인할 가능성이 있다. 특히, 요크셔 집단에서 각 연구마다의 GG 유전자형 빈도의 큰 차이는 특정 유전자형이 육종 전략이나 환경적 요인에 의해 다르게 선발되었을 가능성을 시사한다. 이처럼 품종마다 유전자형 빈도가 다르게 나타나는 것은 돼지 품종의 유전적 구조가 개체군이 놓인 환경적 및 인위적 선택압에 따라 영향을 받을 수 있음을 보여준다.

FABP3 SNP 유전자형과 삼겹살 형질 간의 연관성 분석

FABP3의 2번째 intron에 존재하여 HaeIII에 의해 유전자형이 구별되는 SNP는 등지방두께 및 근내지방도와 관련이 있는 것으로 알려져 있으며, GG 유전자형을 가진 개체들이 CC 유전자형을 가진 개체들에 비해 높은 지방을 포함한다고 알려져 있다(Gerbens et al., 1999). 이는 삼겹살이 다양한 근육과 지방으로 이루어져 있기 때문에, FABP3의 유전변이는 삼겹살과 관련된 형질들에 영향을 미칠 것으로 기대된다. 따라서, 본 연구에서는 국내 랜드레이스와 요크셔 집단에서 유전자형 및 대립유전자의 빈도가 상이하게 나타난 결과를 바탕으로, 삼겹살의 외관 형질과 FABP3 유전변이 간의 연관성 분석을 품종별로 각각 실시하였다. 또한, Trusell 등(2011)의 연구에 따르면 삼겹살의 슬라이스별로 근육과 지방의 분포가 다르게 나타나는 것으로 알려져 있으며, 이를 고려하여 삼겹살의 단면 및 세부 근육 면적에 대한 연관성 분석을 슬라이스별로 진행하였다.

Table 4는 FABP3 SNP 유전자형과 삼겹살의 외관 형질 즉, 삼겹살의 무게(BWT)와 길이(BEN) 및 넓이(BEW)와의 연관성 분석 결과이며, Table 5는 슬라이스별 삼겹살의 단면 형질 및 세부 근육 면적에 대한 연관성 분석 결과를 나타낸다.

랜드레이스 돼지 집단에서는 FABP3 SNP 유전자형과 슬라이스별 삼겹살 단면의 길이(BSL), 면적(BSA), 근육 및 지방의 비율(BSR)과의 유의적인 연관성을 나타냈으며($p < 0.05$; Table 5), 외관 형질(Table 4) 및 세부 근육 형질(Table 5)과는 유의적인 관계가 나타나지 않았다. 삼겹살 단면의 길이 및 면적 모두 슬라이스 번호가 증가함에 따라 감소하는 경향을 보였으며(Fig. 2), 이는 흉추에서 요추로 이동함에 따라 돼지의 해부학적 구조가 달라지기 때문으로 사료된다(Trusell et al., 2011; Lee and Kim, 2024). 랜드레이스 품종 집단에서 삼겹살의 단면 길이는 6번과 9번 사이에서 GG 유전자형이 다른 유전자형에 비해 높은 값을 나타냈다(Fig. 2). 또한 삼겹살 단면의 면적은 8번에서 10번, 14번 면적에서 GG 유전자형과 CG 유전자형 집단이 CC 유전자형을 가진 개체들에 비해 높은 값을 보

였다. 근육면적과 지방면적의 비율은 CG 유전자형 집단이 CC 유전자형 집단과 비교하여 유의적으로 높은 값을 나타냈다($p < 0.05$).

요크셔 돼지 집단에서는 슬라이스별 삼겹살의 세부 근육에서만 유의적인 연관성이 나타났다($p < 0.05$; Table 4 및 Table 5). 분석 결과, 요크셔 돼지 집단에서 몸통피부근(CTM)과 배곧은근(RAM)은 14번 슬라이스에서 유의적인 차이를 보였고, CTM은 CG 유전자형이, RAM은 CC 유전자형이 높은 값을 나타내 상이한 결과를 보였다(Fig. 3). 배바깥경사근(EAM)은 유전자형 간에 유의적인 차이가 없었고, 배속경사근(IAM)은 12, 13, 14번 슬라이스에서 CG 유전자형이 CC 유전자형 집단에 비교하여 유의적으로 높았다.

본 연구를 통해 랜드레이스와 요크셔 집단에서 유전자형에 따라 차이가 나는 형질이 상이한 것을 확인하였다. FABP3 SNP 유전자형이 랜드레이스 돼지에서는 삼겹살 단면에 그리고 요크셔 돼지에서는 삼겹살에 세부 근육에 영향을 줄 수 있음을 뒷받침한다. CG 및 GG 유전자형이 삼겹살 단면의 길이 및 면적과 세부근육에서 유의적으로 증가하는 것으로 나타났다. 삼겹살의 품질은 근육과 지방의 적절한 비율에 의해 결정되며, 본 연구의 결과를 통해 G 대립유전자가 특히 삼겹살의 요추부분에 해당하는 근육들에 영향을 줄 수 있고 삼겹살의 품질 개선에 긍정적인 영향을 미칠 수 있음을 시사한다.

Table 4. Results of the association analysis between appearance belly characteristics traits and FABP3 SNP.

Breed	Traits	Genotype			p-value
		CC	CG	GG	
L	BWT (kg)	7.09 (0.05) ¹	7.20 (0.05)	7.07 (0.07)	0.208
	BEL (cm)	558.46 (2.36)	556.80 (1.95)	556.79 (3.02)	0.846
	BEW (cm)	274.71 (1.27)	274.20 (1.05)	273.13 (1.63)	0.754
Y	BWT (kg)	6.91 (0.05)	6.96 (0.10)	-	0.662
	BEL (cm)	532.94 (2.72)	534.76 (5.64)	-	0.768
	BEW (cm)	285.30 (1.28)	286.84 (2.62)	-	0.589

¹Standard error of least square means.

L, Landrace; Y, Yorkshire; BWT, Belly weight; BEL, Belly length; BEW, Belly width

Table 5. Summary of the association analyses between SNP genotypes and belly traits.

Traits	Belly Slice	Belly Slice														
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	
Cross-sectional belly characteristics	BSL (cm)															
	BSA (cm ²)															
	BSR (%)															
Belly muscle area in slices	CTM (cm ²)															
	RAM (cm ²)															
	EAM (cm ²)															
	IAM (cm ²)															

The box color indicates the significant level of each association test between SNP genotypes and a given belly trait. The boxes with yellow and blue colors represent significant results ($p < 0.05$) in Landrace or Yorkshire population, respectively. The grey boxes represent the non-significant results. BSL, Belly slice length; BSA, Belly slice area; BSR, Belly slice muscle and fat ratio; CTM, *Cutaneous trunci* muscle; RAM, *Rectus abdominis* muscle; EAM, *External abdominal oblique* muscle; IAM, *Internal abdominal oblique* muscle.

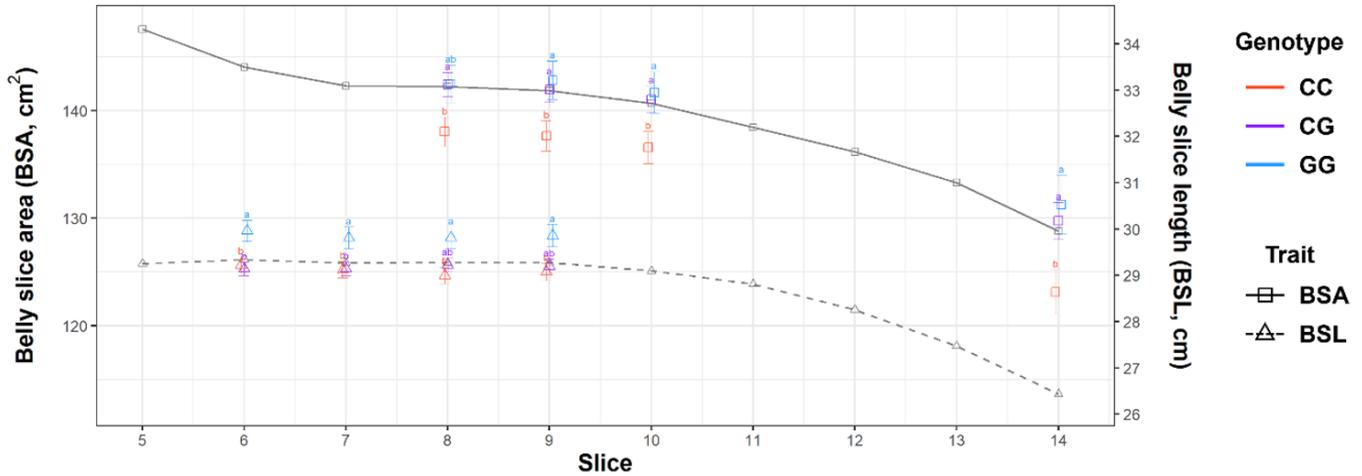


Figure 2. The results of the association analysis between *FABP3* SNP genotypes and belly length and area by slice in Landrace pigs. The black lines indicate the average values across all slices, while the colored points represent slices where significant differences were observed. Genotypes are represented by colors: red for CC, purple for CG, and blue for GG. Superscripts "a" and "b" denote least square means that differ significantly within the same row. BSL, Belly slice length; BSA, Belly slice area.

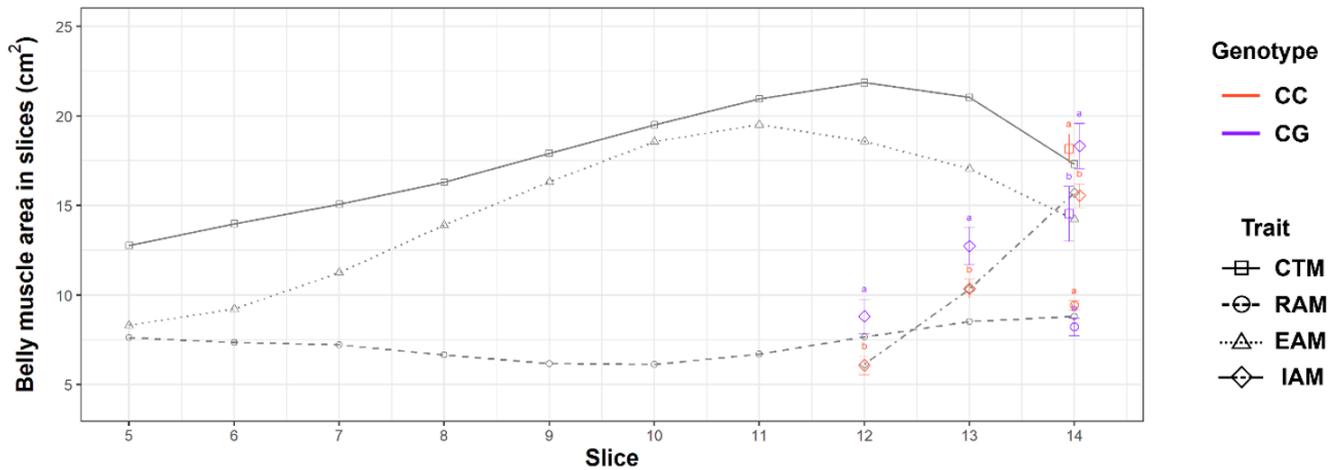


Figure 3. The results of the association analysis between *FABP3* SNP genotypes and belly muscle area by slice in Yorkshire pigs. The black lines indicate the average values across all slices, while the colored points represent slices where significant differences were observed. Genotypes are represented by colors: red for CC, purple for CG. Superscripts "a" and "b" denote least square means that differ significantly within the same row. CTM, *Cutaneous trunci* muscle; RAM, *Rectus abdominis* muscle; EAM, *External abdominal oblique* muscle; IAM, *Internal abdominal oblique* muscle.

CONCLUSION

본 연구는 지방 축적과 관련된 *FABP3* 유전자의 g.1811 G>C 유전자형 빈도를 품종 별로 확인하고, SNP와 삼겹살 형질들 간의 연관성을 알아보고자 실시하였다. 랜드레이스 집단과 요크셔 집단에서 유전자형의 빈도는 상이하게 나타났으며, 랜드레이스 돼지에서는 세가지 유전자형이 모두 나온 반면 요크셔 돼지에서는 대부분 CC 유전자형이었으며 GG 유전자형은 나타나지 않았다. 또한, 랜드레이스와

요르셔 집단에서의 유전자형과 삼겹살 형질 간의 연관성 분석 결과를 통해 CG 및 GG 유전자형이 삼겹살의 품질 개선에 도움을 줄 수 있는 것으로 판단되며, 이는 국내 상업용 돼지의 주요 생산 방식인 LYD 삼원교잡에서 해당 유전자형이 삼겹살 형질에 미치는 영향을 평가하는 데 기초 자료로 활용될 수 있을 것이다.

CONFLICT OF INTERESTS

No potential conflict of interest relevant to this article is reported.

ACKNOWLEDGEMENTS

This work was supported by the research grant of the Kongju National University in 2024.

REFERENCES

- Bovo S, Ribani A, Muñoz M, Alves E, Araujo JP, Bozzi R, Čandek-Potokar M, Charneca R, Di Palma F, Etherington G et al. 2020. Whole-genome sequencing of European autochthonous and commercial pig breeds allows the detection of signatures of selection for adaptation of genetic resources to different breeding and production systems. *Genetics Selection Evolution* 52(1):33. DOI:10.1186/s12711-020-00553-7.
- Chen JN, Jiang YZ, Cen WM, Xing SH, Zhu L, Tang GQ, Li MZ, Jiang AA, Lou PE, Wen AX, Wang Q, He T, Zhu GX, Xie M, Li XW. 2014. Distribution of *H-FABP* and *ACSL4* gene polymorphisms and their associations with intramuscular fat content and backfat thickness in different pig populations. *Genetics and Molecular Reserch* 13(3):6759~6772. DOI:10.4238/2014.August.28.20.
- Choe JH, Yang HS, Lee SH, Go GW. 2015. Characteristics of pork belly consumption in South Korea and their health implication. *Journal of Animal Science and Technology* 57:22. DOI:10.1186/s40781-015-0057-1.
- Choi BH, Kim TH, Lee JW, Cho YM, Lee HY, Cho BW, Cheong IC. 2003. A study of Association of the *H-FABP* RFLP with Economic Traits of Pigs. *Journal of Animal Science and Technology* 45(5):703~710. [in Korean]
- Fontanesi L, Schiavo G, Scotti E, Galimberti G, Calò DG, Samorè AB, Gallo M, Russo V, Buttazzoni L. 2015. A retrospective analysis of allele frequency changes of major genes during 20 years of selection in the Italian Large White pig breed. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 132(3):239-46. DOI:10.1111/jbg.12127.
- Gerbens F, Rettenberger G, Lenstra JA, Veerkamp JH, te Pas MF. 1997. Characterization, chromosomal localization, and genetic variation of the porcine heart fatty acid-binding protein gene. *Mamm Genome* 8(5):328~32. DOI:10.1007/s003359900433.
- Gerbens F, van Erp AJ, Harders FL, Verburg FJ, Meuwissen TH, Veerkamp JH, te Pas MF. 1999. Effect of genetic variants of the *heart fatty acid-binding protein* gene on intramuscular fat and performance traits in pigs. *Journal of Animal Science* 77(4):846~852. DOI:10.2527/1999.774846x.
- Kim. 2015. Shape and Characteristics of Korean's Favorit Pork Belly. *Korean Society for Food Science of Animal Resources* 4(2):30~44. [in Korean]
- Kim and Kim. 2009. Analysis of the Domestic Consumer's Preference and Consumption Behaviors on Pork. *Journal of Animal Science and Technology* 51(1):81~90. [in Korean]
- Kim JY, Kim EH, Kang HC, Myung CH, Kim KW, Lim HY. 2022. Development of microsatellite marker set for deer individual identification and paternity test. *Journal of Animal Breeding and Genomics* 6(4):125~134. DOI:10.12972/jabng.20220014. [in Korean]
- Lee EA, Kang JH, Cheong JH, Koh KC, Jeon WM, Choe JH, Hong KC, Kim JM. 2018. Evaluation of whole pork belly qualitative and quantitative properties using selective belly muscle parameters. *Meat Science* 137:92~97. DOI:10.1016/j.meatsci.2017.11.012.
- Lee SH, Lee SH, Park HB, Kim JM. 2023. Estimation of genetic parameters for pork belly traits. *Animal Bioscience* 36(8):1156~1166. DOI:10.5713/ab.22.0391.
- Lee SH, Kim JM. 2024. Genome to phenome Association for Pork Belly Parameters Elucidates Three Regulation Distinctions: Adipogenesis, muscle formation, and their transcription factors. *Meat Science* 217:109617. DOI:10.1016/j.meatsci.2024.109617.

- Óvilo C, Clop A, Noguera JL, Oliver MA, Barragán C, Rodríguez C, Silió L, Toro MA, Coll A, Folch JM et al. 2002. Quantitative trait locus mapping for meat quality traits in an Iberian x Landrace F2 pig population. *Journal of Animal Science* 80(11):2801~2808. DOI:10.2527/2002.80112801x.
- Pang WJ, Bai L, Yang GS. 2006. Relationship among *H-FABP* gene polymorphism, intramuscular fat content, and adipocyte lipid droplet content in main pig breeds with different genotypes in western China. *Yi Chuan Xue Bao* 33(6):515~524. DOI:10.1016/S0379-4172(06)60080-2.
- Roh JG, Kim SW, Choi JS, Choi YI, Kim JJ, Choi BH, Kim TH, Kim KS. 2012. Characterization and Evaluation of *Melanocortin 4 Receptor (MC4R)* Gene Effect on Pork Quality Traits in Pigs. *Journal of Animal Science and Technology* 54(1) 1~8. DOI:10.5187/jast.2012.54.1.1. [in Korean]
- Rohrmann S, Overvad K, Bueno-de-Mesquita HB, Jakobsen MU, Egeberg R, Tjønneland A, Nailler L, Boutron-Ruault MC, Clavel-Chapelon F, Krogh V et al. 2013. Meat consumption and mortality--results from the European Prospective Investigation into Cancer and Nutrition. *BMC Medicine* 11:63. DOI: 10.1186/1741-7015-11-63.
- Rosenvold K, Andersen HJ. 2003. Factors of significance for pork quality-a review. *Meat Science* 64(3):219~237. DOI:10.1016/S0309-1740(02)00186-9.
- Soladoye P. O., Shand P. J., Aalhus J. L., Gariépy C., and Juárez M. 2015. Review: Pork belly quality, bacon properties and recent consumer trends. *Canadian Journal of Animal Science* 95(3): 325~340. DOI:10.4141/cjas-2014-121.
- Trusell KA, Apple JK, Yancey JW, Johnson TM, Galloway DL, Stackhouse RJ. 2011. Compositional and instrumental firmness variations within fresh pork bellies. *Meat Science* 88(3):472~480. DOI:10.1016/j.meatsci.2011.01.029.

AUTHORS INFORMATION

Ga-Hyeon Jeong: <https://orcid.org/0000-0002-1109-2700>

Ye-Eun Won: <https://orcid.org/0009-0002-5277-2021>

Seung-Hoon Lee: <https://orcid.org/0000-0001-6703-7914>

Kyu-Sang Lim: <https://orcid.org/0000-0001-5406-266X>