농촌진흥청 보도자료 APEC 2025 KOREA

보도 시점	2025. 10. 29.(목) 11:00 10. 31.(금) 조간	배포	2025. 10. 30.(목) 09:00

등심과 안심, 맛·식감 차이…유전자가 달랐다

- 한우 부위별로 다르게 작동하는 유전자 7종 구명
- 등심은 지방 형성, 안심은 근육 성장 관련 유전자 활발
- 부위별 육질 차이의 과학적 근거 제시

농촌진흥청(청장 이승돈)은 한우 고기 부위 중 등심과 안심에서 서로 다르게 활동하는 유전자 7종을 새롭게 확인했다고 밝혔다.

이번 연구는 한우 등심과 안심 조직을 비교해 각 부위에서 어떤 유전자가 활발히 작동하는지를 분석한 결과다. 그동안 감각적 요인으로만 구분되던 부위별 맛과 식감의 차이를 분자적 수준에서 구명했다는 점에서 의미가 있다.

연구진 분석 결과, 등심에서는 374개, 안심에서는 206개의 유전자가 상대적으로 많이 발현됐다. 특히 등심에서는 근섬유 생성과 지방 합성 관련 유전자가 활발히 작용해 근내지방(마블링) 형성과의 연관 가능성을 확인했다. 즉, 근육 발달과 지방 축적이 동시에 강화되면서 등심 특유의 부드럽고 고소한 풍미가 형성된다는 것이다.

안심에서는 근육 발달과 에너지 대사 관련 유전자 발현이 높게 나타났다. 안심은 다른 근육에 비해 활동량이 적어 조직이 부드럽고 지방 함량이 낮은데, 이러한 조직 특성이 유전자 발현에도 영향을 미쳤다는 해석이다.

연구진은 두 부위를 구분 짓는 대표 유전자 10종씩 총 20종을 우선 선발하고, 정량분석을 진행했다. 이를 통해 실제 근육 조직에서 차이를 재검증한 결과, 부위별 특이 유전자 7종*을 최종 선발했다.

* 등심: ZIC1, SPHKAP, 안심: CLRN2, DPYS, HOXC11, IRX5, MARCHF10

이 연구는 소비자들에게 사랑받는 등심과 안심의 육질 차이를 유전적·생화학적으로 설명할 수 있는 과학적 근거를 제시했다는 점에서 의의가 있다. 앞으로 한우 부위별 특성 이해와 맞춤형 품질 관리 기술 개발의 기초 자료로 활용될 전망이다.

이번 성과는 국제학술지 애니멀 바이오테크놀로지(Animal Biotechnology)에 게재됐다.

농촌진흥청 국립축산과학원 동물바이오유전체과 류재규 과장은 “한우 고기의 부위별 육질 특성을 분자 수준에서 밝힌 의미 있는 연구”라며, “앞으로 육질 예측에 활용할 수 있는 유전자 표지(마커)를 지속적으로 발굴하고, 이를 한우 육질 평가와 품질 관리 기술 고도화에 적용해, 육질 향상과 산업 경쟁력 강화에 기여하겠다.”라고 밝혔다.

붙임. 한우 고기 부위별 전사체 분석 결과 및 논문

담당 부서	국립축산과학원 동물바이오유전체과	책임자	과 장	류재규 (063-238-7250)
		담당자	연구사	김다혜 (063-238-7261)

붙임 | 한우 고기 부위별 전사체 분석 결과

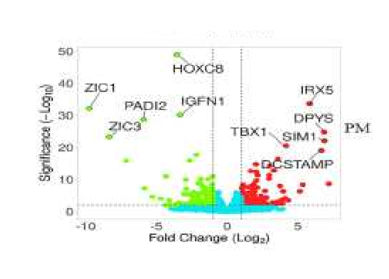
□ 한우 고기 부위별 RNA-seq PCA(리보 핵산 시퀀스 주성분) 및 기능 분석

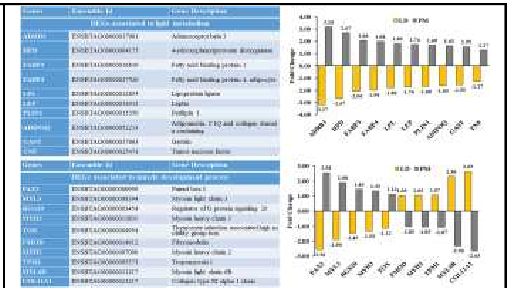
○ 10개월령 한우 등심 및 안심 조직 RNA-seq 분석(각 6Gb 서열정보 생산)

- 두 조직 내 차등발현유전자(DEG) 분석 결과, 등심조직에서 374종, 안심 206종이 각각 발견됨

○ 차등발현유전자 기반 세포 신호전달 경로 분석

- 등심 : 지질 대사 관련 유전자 증가, 안심 : 근육 발달 관련 유전자 증가





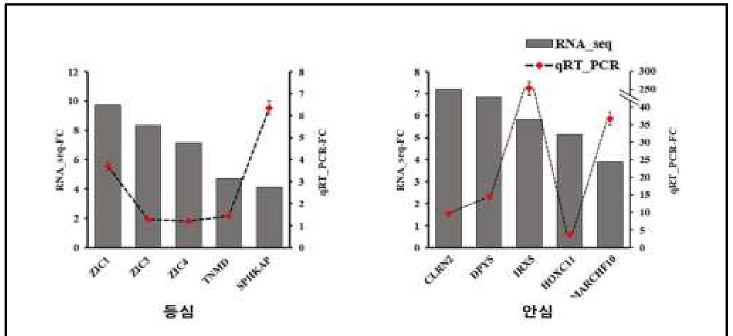
초록색(등심 발현 증가 유전자), 붉은색(안심 발현 증가 유전자)	지질대사 및 근육 발달 관련 유전자 발현도 비교(노란색: 등심, 회색: 안심)

□ 한우 고기 부위별 특이 유전자 발굴 및 유전자 발현 검증

○ 등심 및 안심 부위에 따른 특이 발현 유전자 선정 및 검증

- 조직 특이 발현 유전자 10종(RNA-seq) 대상으로 실제 발현 검증(Realtime PCR) 결과 7종 일치

* ZIC1, SPHKAP, CLRN2, DPYS, HOXC11, IRX5, MARCHF10



등심 및 안심 부위별 특이 유전자 발현 검증

□ 논문게재

ANIMAL BIOTECHNOLOGY
https://doi.org/10.1080/10495398.2024.2379883

Taylor & Francis
Taylor & Francis Group

OPEN ACCESS
Check for updates

Molecular signatures diversity unveiled through a comparative transcriptome analysis of longissimus dorsi and psoas major muscles in Hanwoo cattle

Sunirmal Sheet[a], Sun Sik Jang[b], Jin-A. Lim[a], Woncheoul Park[a] and Dahye Kim[a]

[a]Animal Genomics and Bioinformatics Division, National Institute of Animal Science, Rural Development Administration, Wanju, South Korea; [b]Hanwoo Research Institute, National Institute of Animal Science, RDA, Pyeongchang, South Korea

ABSTRACT

This study investigates the transcriptome-level alterations that influence production traits and early fattening stage myogenesis in Hanwoo cattle, specifically focusing on the highly prized Longissimus dorsi (LD) and Psoas major (PM) skeletal muscles, which hold significant commercial value. We conducted RNA sequencing analysis on LD and PM muscles from 14 Hanwoo steers ($n=7$, each group) at the age of 10 months, all fed the same diet. Our results unveiled a total of 374 and 206 up-regulated differentially expressed genes (DEGs) in LD and PM muscles, respectively, with statistical significance ($p<0.05$) and a $\log_2$fold change ≥ 1. Genes governing muscle development processes, such as *PAX3*, *MYL3*, *COL11A1*, and *MYL6B*, were found to be expressed at higher levels in both tissues. Conversely, genes regulating lipid metabolism, including *FABP3*, *FABP4*, *LEP*, *ADIPOQ*, and *PLIN1*, exhibited higher expression in the PM muscle. Functional enrichment analysis revealed a tissue-specific response, as PM muscle showed increased lipid metabolism allied pathways, including the PPAR signaling pathway and regulation of lipolysis in adipocytes, while LD was characterized by growth and proliferative processes. Our findings validate the presence of a muscle-dependent transcription and co-expression pattern that elucidates the transcriptional landscape of bovine skeletal muscle.

KEYWORDS

Hanwoo cattle; skeletal muscle transcriptome; myogenesis; gene co-expression; longissimus dorsi; psoas major

Introduction

The livestock sector plays a significant role in South Korea, contributing nearly 40% to total agricultural production.[1,2] Within this sector, beef production ranks second, accounting for 30% of meat production.[1] As the Korean economy has grown, per capita beef consumption has risen correspondingly, reaching 11.6 kg annually in 2015, with this upward trend anticipated to continue.[1] Hanwoo beef holds a premium status in the Korean meat market due to its exceptional taste, texture, and superior nutritional value.

Hanwoo cattle carcasses are typically segmented into ten distinct muscle cuts, including loin, tenderloin, rib, brisket, topside, shank, striploin, neck, blade, and rump, each with unique nutritional compositions and physico-chemical properties that influence their flavor profiles.[2–4] Consequently, consumer preferences vary across these individual muscle cuts. Recent trends in the global beef industry have seen a shift toward marketing individual muscle cuts, emphasizing the importance of understanding and catering to these varying consumer preferences in the distribution and marketing of beef products.[5] In this regard, comprehending the genetic relationships or distinctions among the individual muscles of Hanwoo beef holds significant importance.

In Hanwoo beef, the longissimus dorsi (LD) and psoas major (PM) skeletal muscles, commonly referred to as top fillet and under fillet in the meat industry, stand out as highly coveted cuts of the carcass, possessing substantial commercial and culinary significance.[6] The LD muscle is located along the lateral wall of the thorax in the region of the thoracic

CONTACT Woncheoul Park wcpark1982@korea.kr; Dahye Kim dlawlsdk159@naver.com Animal Genomics and Bioinformatics Division, National Institute of Animal Science, Rural Development Administration, Wanju 55365, South Korea.

Supplemental data for this article is available online at https://doi.org/10.1080/10495398.2024.2379883