

The Accuracy of Genomic Estimated Breeding Value Using a Hanwoo SNP Chip and the Pedigree Data of Hanwoo Cows in Gyeonggi Province

Gwang Hyeon Lee¹, Yoon Seok Lee², Seon Jeong Moon³ and Hong Sik Kong^{1,2,4,5*}

¹Department of Applied Biotechnology, The Graduate School of Hankyong National University, Anseong 17579, Korea

²Department of Biotechnology, Hankyong National University, Anseong 17579, Korea

³Korea Institute for Animal Products Quality Evaluation, Sejong 30100, Korea

⁴Genomic Informatics Center, Hankyong National University, Anseong 17579, Korea

⁵Gyeonggi Regional Research Center, Hankyong National University, Anseong 17579, Korea

Received October 24, 2021 / Revised March 4, 2022 / Accepted March 22, 2022

This study was conducted to establish a genetic evaluation system applicable to general farms for improving cows raised on farms. The analysis used Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) and Genomic Best Linear Unbiased Prediction (GBLUP) for 619 cows raised in Gyeonggi-do Province and compared and analyzed the accuracy of the estimated breeding value according to four traits (carcass weight, loin eye muscle area, back fat thickness, and marbling). In the case of the GBLUP method, the size of the reference population was divided into different four groups and analyzed. The analysis results confirmed that the accuracy of the breeding value of each trait increased as the size of the GBLUP reference population increased. Comparing the accuracy of the breeding values estimated using the BLUP and GBLUP methods, it was confirmed that when the breeding values were estimated using the GBLUP method, they increased by 0.10, 0.09, 0.09, and 0.11 for carcass weight, eye muscle area, back fat thickness, and marbling scores, respectively. Applying the GBLUP method to the evaluation and selection of cows can enable precise and accurate individual selection, while increasing the size of the reference population can make even more accurate individual selection possible, thus increasing selection efficiency.

Key words : BLUP, GBLUP, genetic evaluation, Hanwoo, SNP chip

서 론

우리나라 한우 개량은 1980년대부터 당대검정 및 후대검정을 통해 유전능력평가를 실시하여 유전적으로 우수한 보증수소를 선발하고, 선발된 보증수소의 냉동 정액은 전국에서 사육중인 암소의 인공수정을 통해 이루어지고 있다[13, 15]. 이러한 한우개량체계는 암소의 능력에 따라 후대의 도체 성적에 차이가 나타나면서 암소 개량에 대한 관심이 높아졌다[13, 15]. 암소 개량을 위한 전통적인 평가방법에는 개체와 혈연관계가 있는 개체의 도축 정보를 기반으로 한 BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) 방법을 이용하여 개체의 추정육종가 (Estimated Breeding Value; EBV)를 추정하는 방법이 있다[3].

지난 수년 동안 가축의 경제형질에 영향을 미치는 유전자들 또는 유전체 영역을 이용한 직접적인 선발인 마커도움선발 (Marker-assisted selection)에 대한 연구가 이루어졌으며, 이

후 가축에 대한 전장유전체에 대한 해독이 완료되고, 전장유전체에 대한 정보 확보가 가능해지면서 고밀도의 대용량 SNP (Single Nucleotide Polymorphism)가 개발되고, SNP 마커를 이용한 GWAS (Genome Wide Association Study) 및 GEBV (Genomic Estimated Breeding Value) 연구가 이루어졌다[2, 15]. 유전체 선발(Genomic Selection, GS)은 기존 전통적인 육종 방법에 비하여 세대간격을 줄이고, 혈통 오류를 감소시키며, 측정하기 어려운 형질에 대해서도 육종가를 추정할 수 있는 장점이 있다[9, 10].

GBLUP (Genomic Best Linear Unbiased Prediction) 방법은 SNP chip을 사용하여 유전체 전체에 균일하게 퍼져있는 대용량의 SNP 정보를 활용하고, 개체의 유전자형과 표현형 정보를 이용하여 각 SNP의 효과값(SNP effect)을 추정하여 아직 능력을 알 수 없는 개체의 SNP 유전자형을 바탕으로 GEBV를 추정한다[11]. 한우 유전능력평가의 연구결과를 살펴보면, 한우개량사업 후대 검정우 552두 및 226두에 대하여 EBV와 GEBV의 정확도 분석시 GEBV의 정확도가 EBV에 비해 증가되었다고 보고 되었다[8, 9].

따라서, 본 연구에서 일반농가에서 적용 가능한 유전평가기 시스템을 구축을 위해 혈통자료와 표현형자료를 사용하여 육종가를 추정하는 BLUP과 대용량의 유전체 자료를 사용하여 육종가를 추정하는 GBLUP을 이용하여 각 추정 방법의 정확도

*Corresponding author

Tel : +82-31-670-5334, Fax : +82-504-842-4615

E-mail : Kebinkhs@hknu.ac.kr

This is an Open-Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0>) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

를 비교 분석하였다.

재료 및 방법

분석 자료

본 연구에서 사용한 평가집단의 자료는 농촌진흥청 차세대 바이오그린21 사업을 통해 2018년도부터 2020년도까지 경기 지역에서 사육 중인 암소의 꼬리털 샘플을 채취하여 SNP Chip 분석이 진행된 619두를 평가집단으로 선정하였다.

GBLUP을 사용하기 위한 SNP 유전자형 정보는 암소 619두의 꼬리털을 채취하여 모근에서 추출한 DNA (DeoxyriboNucleic Acid)를 Hanwoo 50K SNP Analysis BeadChip을 이용하여 분석하였다.

BLUP 방법의 참조집단은 혈통 정보와 표현형 정보(생년월일, 도축성적, 도축일령, 농장번호 등)를 가진 한우 339,689두의 자료를 수집하였다. 개체의 정보는 축산물품질평가원, 농협 한우개량사업소와 한국축육협회, 축산물이력제에서 정보를 조회하여 자료를 수집하였다. GBLUP 방법의 참조집단은 표현형정보와 유전체정보를 둘 다 보유한 12,000두를 동물분자유전육종사업단에서 제공받아 사용하였으며, 유전체 정보는 Hanwoo 50K SNP Analysis BeadChip을 사용하여 유전자형이 분석되었다.

정확한 분석을 위하여 유전체 데이터 QC (Quality control)를 진행하였으며, 유전자형 정보를 PLINK 1.9 program [1, 14] 분석 형식으로 만들기 위해 GenomeStudio 2.0 [6] program을 사용하여 Finalreport file를 출력하고 Perl 언어를 이용하여 PLINK formatting을 과정을 진행해서 ped, map file을 작성하였다. QC 기준은 sample Call rate가 90% 미만인 sample, SNP의 Call rate가 90% 미만인 SNP, MAF (Minor Allele Frequency)가 1% 미만인 SNP, HWE (Hardy-Weinberg Equilibrium)가 1×10^{-7} 미만인 SNP 정보를 제거하여 총 45,870개의 SNP 정보를 사용하였다.

GBLUP 방법의 참조집단 크기에 따른 유전체 육종가의 정확도 분석을 위해서 참조집단을 크기에 따라 그룹 별로 2,000두씩 차이를 두어 각각 6,000두, 8,000두, 10,000두, 12,000두로 4개의 그룹을 만들어 분석에 활용하였다.

통계분석

육종가 추정을 위한 유전모수의 추정은 REMLF90 program을 사용하였고, 육종가의 추정은 BLUPF90 program [12]을 사용하였다. 한우의 4대 형질에 대한 유전모수를 추정하기 위해 구축한 혈연관계행렬(A-matrix)과, 유전체관계행렬(G-matrix)을 사용하였고 각 형질별 단형질 분석을 진행하였다. 각 형질에 대한 유전분산 및 환경분산을 추정한 후 4대 형질에 대한 육종가 추정을 실시하였다. 각 형질에 대한 상가적 유전효과의 유전모수를 추정하기 위한 혼합선형모형을 작성하면 아래

와 같다[4].

$$Y_p = X\beta + Zu + e$$

$$\text{Var}\left(\begin{matrix} u \\ e \end{matrix}\right) = \begin{pmatrix} A \text{ or } G\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{pmatrix}$$

Y_p 는 도체형질에 대한 관측치, x 는 고정효과에 대한 계수행렬, z 는 개체에 대한 임의효과 벡터, β 는 고정효과에 대한 추정치 벡터, u 는 상가적 유전효과, e 는 임의 오차 벡터이다[5]. A 와 G 는 각각 개체 간의 혈연관계행렬과 유전체관계행렬을 의미한다. I 는 단위행렬(Identity matrix)을 의미하며, σ_a^2 와 σ_e^2 는 각각 상가적 유전분산과 임의 환경 분산을 의미한다. 위의 모형을 사용하여 각 형질별 유전모수 및 육종가를 추정하였다.

정확도 분석

추정된 육종가의 정확도는 BLUP 방법과 GBLUP 방법 모두 동일하게 추정하였다. BLUPF90 program [12] 분석 결과로 제공되는 solution 값 중 개체 별 육종가의 예측오차분산과 REMLF90 program [12] 분석 결과로 추정된 형질에 따른 상가적 유전분산값을 이용하여 추정하였으며 정확도 계산식은 다음과 같다.

$$\text{Accuracy} = \sqrt{1 - \left(\frac{PEV}{\sigma_a^2}\right)}$$

Accuracy는 추정된 육종가의 정확도를 나타내고, 는 추정된 각 육종가의 예측오차분산값, σ_a^2 는 형질 별 상가적 유전분산을 의미한다.

결과 및 고찰

참조집단의 기초통계량 분석

BLUP 방법을 이용한 육종가 추정을 위해 사용된 참조집단은 전국에서 사육된 330,689두의 표현형 자료(도체중, 등심단면적, 등지방두께, 근내지방도)를 사용하였고 기초통계량은 Table 1과 같다. BLUP 방법의 참조집단은 한우 거세우 186,332두로 각각 도체중, 등심단면적, 등지방두께, 근내지방도의 평균과 표준편차는 432.70 ± 54.85 kg, 93.04 ± 12.27 cm², 13.51 ± 5.46 mm, 5.75 ± 2.04 score로 나타났다(Table 1). GBLUP 방법을 이용한 유전체 육종가 추정을 위해 사용된 참조집단은 한우 12,000두이며, 도체중, 등심단면적, 등지방두께, 근내지방도 순으로 평균과 표준편차는 각각 441.21 ± 51.53 kg, 95.92 ± 12.10 cm², 14.41 ± 4.87 mm, 6.10 ± 1.84 score로 나타났다(Table 2).

선행 연구의 기초통계량과 비교하면 Sun [16]은 2006~2011년도 사이에 도축되어 등급판정 된 거세우 4,455두의 도체중, 등심단면적, 등지방두께 및 근내지방도의 평균과 표준편차는 각각 437.08 ± 50.658 kg, 91.67 ± 10.717 cm², 14.99 ± 5.252 mm, 6.09 ± 1.877 score로 본 연구와 비슷하게 나타났으며, Lee 등

Table 1. Reference population statistics according to BLUP method

Analysis method	Sex	Reference population size	Trait	Mean	S.D	Max	Min
BLUP method	Male	186,332	CWT	432.70	54.85	737	138
			LMA	93.04	12.27	182	3
			BFT	13.51	5.46	59	1
			MSC	5.75	2.04	9	1
	Female	153,357	CWT	343.20	50.83	690	122
			LMA	82.54	12.05	195	5
			BFT	12.85	5.68	78	1
			MSC	4.14	1.96	9	1

CWT, Carcass weight; LMA, Loineye muscle area; BFT, Backfat thickness; MSC, Marbling score; S.D, Standard deviation

Table 2. Reference population statistics according to GBLUP method

Analysis method	Reference population size	Trait	Mean	S.D	Max	Min
GBLUP method	12,000	CWT	441.21	51.53	692	159
		LMA	95.92	12.10	156	20
		BFT	14.41	4.87	47	1
		MSC	6.10	1.84	9	1

CWT, Carcass weight; LMA, Loineye muscle area; BFT, Backfat thickness; MSC, Marbling score; S.D, Standard deviation

[9]은 후대검정우 522두의 도체중, 등심단면적, 등지방두께 및 근내지방도의 평균과 표준편차는 각각 352.99±37.83 kg, 82.35 ±8.30 cm², 7.99±3.08 mm, 3.05±1.47 score로 본 연구에 비해 낮은 수치를 보였다. 선행연구에서 사용된 후대검정우는 평균적으로 24개월령에 도축되어 본 연구에서 사용한 일반농가에서 사육된 개체와 도축개월령에서 차이가 발생하여 나온 결과로 사료된다.

유전모수 추정

BLUP과 GBLUP 방법을 이용한 육종가의 추정을 위해 추정된 유전모수는 유전분산(Genetic variance), 잔차분산(Residual variance) 및 유전력(Heritability)이며 그 결과를 Table 3에 나타냈다. BLUP 분석을 위해 추정된 유전모수값의 결과는 도체중, 등심단면적, 등지방두께, 근내지방도 순으로 유전분산

은 1,416.00, 55.56, 14.81, 2,310, 잔차분산은 1,206.00, 83.30, 15.64, 1.745로 추정되었다. 유전력은 추정된 유전분산과 잔차분산을 이용하여 계산하였으며, 추정된 유전력은 도체중, 등심단면적, 등지방두께, 근내지방도 순으로 각각 0.540, 0.400, 0.486, 0.570으로 나타났다. GBLUP 분석을 위해 추정된 유전모수값의 결과는 도체중, 등심단면적, 등지방두께, 근내지방도 순으로 유전분산의 추정값은 827.220, 43.885, 8.131, 1.303, 잔차분산의 추정값은 1,399.700, 83.378, 15.374, 1.678으로 나타났으며, 유전분산과 잔차분산을 이용한 유전력의 추정값은 0.371, 0.345, 0.346, 0.437로 나타났다(Table 3).

선행 연구를 살펴보면, Shin 등[15]은 일반 한우 농가에서 사육한 암소를 대상으로 유전력을 추정하였을 때 도체중, 등심단면적, 등지방두께, 근내지방도 순으로 BLUP 방법은 0.360, 0.442, 0.479, 0.581, GBLUP 방법은 0.520, 0.413, 0.451,

Table 3. Heritability and Variance of test population to analysis method

Analysis method	Type	Trait			
		CWT	LMA	BFT	MSC
BLUP method	Genetic Variance	1,416.00	55.56	14.81	2,310
	Residual Variance	1,206.00	83.30	15.64	1.745
	Heritability	0.540	0.400	0.486	0.570
GBLUP method	Genetic Variance	827.220	43.885	8.131	1.303
	Residual Variance	1,399.700	83.378	15.374	1.678
	Heritability	0.371	0.345	0.346	0.437

CWT, Carcass weight; LMA, Loineye muscle area; BFT, Backfat thickness; MSC, Marbling score

Table 4. Breeding value and accuracy estimated by BLUP and GBLUP

Analysis method	Reference Population size	CWT		LMA		BFT		MSC	
		EBV (kg)	Acc	EBV (cm ²)	Acc	EBV (mm)	Acc	EBV (Score)	Acc
GBLUP method	6,000	-0.027	0.583	0.140	0.573	-0.299	0.574	0.008	0.605
	8,000	0.087	0.613	0.289	0.603	-0.365	0.603	0.007	0.635
	10,000	0.598	0.646	0.389	0.636	-0.335	0.637	0.021	0.668
	12,000	0.792	0.672	0.593	0.662	-0.326	0.662	0.044	0.693
BLUP method	339,689	10.747	0.575	3.207	0.566	-0.232	0.572	0.614	0.578

CWT, Carcass weight; LMA, Loineye muscle area; BFT, Backfat thickness; MSC, Marbling score; EBV, Estimated breeding value; Acc, Accuracy.

0.434로 유전력을 보고하였다. Lee [9]는 BLUP과 GBLUP 방법을 이용하여 일반 한우 농가에서 사육한 암소의 유전력을 추정하였을 때 도체중, 등심단면적, 등지방두께, 근내지방도 각각 BLUP 방법은 0.297, 0.332, 0.310, 0.312, GBLUP 방법은 각각 0.368, 0.339, 0.342, 0.424로 나타났다. 선행연구 결과 중, 고도의 유전력을 보고하였으며 본 연구결과와 부합하였다.

본 연구에서 각 방법으로 추정된 유전력을 비교 하였을 때 BLUP 방법의 유전력이 GBLUP 방법의 유전력 보다 높게 추정되는 것을 확인하였다. 혈통 기반의 BLUP 방법으로 육종가를 추정하기 위한 혈연관계행렬(Numerator Relationship Matrix, NRM)을 작성할 때 동일한 혈연계수를 가진 개체가 많아서 유전분산이 증가하여 유전력이 과추정된 것으로 사료된다.

육종가 및 정확도 비교

BLUP과 GBLUP 방법으로 추정된 육종가와 정확도의 평균을 Table 4에 나타내었다. BLUP 방법으로 추정된 육종가의 평균은 도체중, 등심단면적, 등지방두께, 근내지방도 순으로 10.747, 3.207, -0.232, 0.614로 나타났고 각 형질 별로 0.575, 0.566, 0.572, 0.578의 정확도를 보였다. Lee 등[8]은 한우개량사업 45-49차의 검정기록을 가진 후대검정우를 대상으로 BLUP 방법을 이용하여 정확도를 추정한 결과를 도체중, 등심단면적, 등지방두께, 근내지방도 순으로 각각 0.605, 0.675, 0.675, 0.736이라 보고하였고, Shin 등[15]은 일반 한우농가에서 사육된 암소의 BLUP분석을 통한 정확도를 각각 도체중, 등심단면적, 등지방두께, 근내지방도 순으로 0.438, 0.454, 0.460, 0.467로 나타났다고 보고하였다. 후대검정우는 국가에서 정확한 혈통관리 및 평가집단의 4대 혈통 자료를 사용하여 높은 정확도를 나타낸 것으로 사료되며, 일반 한우농가와 비교하여 본 연구에서 더 높은 정확도를 보이는 것은 약 34만두의 거대함 참조집단을 사용하여 분석했기 때문이라 사료된다.

GBLUP 방법을 이용한 분석은 참조집단의 크기를 2000두씩 늘려 6,000두는 1그룹, 8,000두는 2그룹, 10,000두는 3그룹, 12,000두는 4그룹으로 총 4가지 그룹을 설정하여 유전체 정보를 활용한 GBLUP 분석을 진행하였다. GBLUP 방법을 이용하

여 그룹별로 추정된 유전체 육종가의 평균 결과는 도체중, 등심단면적, 등지방두께, 근내지방도 순으로 1그룹의 경우 -0.027 kg, 0.140 cm², 0.299 mm, 0.008 score로 유전체 육종가의 평균이 나타났고, 2그룹의 경우 0.087 kg, 0.289 cm², -0.365 mm, -0.007 score이며, 3그룹의 경우 0.598 kg, 0.389 cm², -0.335 mm, 0.021 score이고, 마지막으로 4그룹에서 0.792 kg, 0.593 cm², -0.326 mm, 0.044 score로 유전체 육종가가 추정되었다. 추정된 육종가를 바탕으로 추정한 정확도는 도체중, 등심단면적, 등지방두께, 근내지방도 순으로 1그룹에서 0.583, 0.573, 0.574, 0.605, 2그룹에서 0.613, 0.603, 0.603, 0.635, 3그룹에서 0.646, 0.636, 0.637, 0.668, 마지막으로 4그룹에서 0.672, 0.662, 0.662, 0.693으로 나타났다. 각 그룹에서 등심단면적의 정확도가 가장 낮게 추정되었고, 근내지방도의 정확도가 가장 높게 추정되었다. 정확도에 대한 선행연구를 살펴보면, Lee 등[8]은 GBLUP 방법을 사용하여 한우개량사업 45-49차 후대검정우를 대상으로 유전체 육종가의 정확도를 추정하였을 때, 도체중, 등심단면적, 등지방두께 및 근내지방도 각각 0.618, 0.681, 0.681, 0.742로 정확도가 나타났고, Shin 등[15]은 일반 한우농가에서 사육 중인 암소를 대상으로 GBLUP 방법을 사용하여 추정된 유전체 육종가의 정확도를 확인하였을 때, 도체중, 등심단면적, 등지방두께, 근내지방도 순으로 0.541, 0.509, 0.521, 0.515의 정확도를 보고하였다. GBLUP 방법을 이용하여 추정한 유전체 육종가의 정확도는 4그룹에서 가장 높게 나타났으며, 참조집단의 크기가 커질수록 각 형질의 육종가의 정확도도 상승하는 것을 확인하였다.

BLUP 방법으로 추정된 육종가의 정확도와 GBLUP을 사용한 육종가의 정확도를 비교하였을 때, 4가지 형질 전부에서 GBLUP 방법이 약 0.09~0.12 이상 정확도가 높게 나타났다. 따라서 암소의 유전능력평가를 위해서는 보다 큰 참조집단을 이용하여 육종가를 추정하는 것이 좋을 것으로 사료된다. GBLUP 방법은 개체의 유전체 정보를 이용하기 때문에 개체 정보에 대한 신뢰성이 높고, 개체 사이에 차이를 나타내는 멘델리안 샘플링의 효과를 설명할 수 있어 다양한 유전적 혈연계수를 추정할 수 있기 때문에[8, 17] 정확한 유전모수 추정이

가능하다. 또한 GBLUP 방법은 참조집단 개체와 평가집단 개체가 가지고 있는 공통 SNP의 유전자형 정보를 이용하여 유전적 유사도(identity by state)를 이용하여 육종가를 추정하기 때문에 BLUP 방법을 사용하기 위해 필요한 참조집단보다 더 작은 크기로 더 높은 정확도의 육종가를 추정할 수 있다.

본 연구결과 유전체정보를 사용하여 육종가를 추정하는 GBLUP 방법을 암소 평가 및 선발에 적용한다면, 정밀하고 정확한 개체 선발이 가능하고 일반 한우농가에 적용하면 개체를 조기에 선발할 수 있을 것으로 사료된다. 씨수소의 능력과 암소의 능력을 이용하여 계획 교배를 실시하면 유전적 개량량을 증대할 수 있을 것이며, 참조집단의 크기를 더욱 증가시킨다면 보다 정확한 개체 선발을 할 수 있기 때문에 선발의 효율성이 증가할 것으로 사료된다.

감사의 글

본 연구는 농촌진흥청 차세대바이오그린21사업(PJ013322)의 일환으로 수행되었다.

본 논문은 이광현의 석사학위 논문을 토대로 작성되었습니다(한우개량 가속화를 위한 시스템 구축 연구; 2020.12).

본 논문은 한경대학교 동물실험윤리위원회 승인에 의해 수행되었습니다(NO.2021-3).

The Conflict of Interest Statement

The authors declare that they have no conflicts of interest with the contents of this article.

References

1. Chang, C. C., Chow, C. C., Tellier, L. C., Vattikuti, S., Purcell, S. M. and Lee, J. J. 2015. Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets. *GigaScience* **4**, <https://doi.org/10.1186/s13742-015-0047-8>.
2. Dekkers, J. C. and Hospital, F. 2002. The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations. *Nat. Rev. Genet.* **3**, 22-32.
3. Hayes, B. J. and Goddard, M. E. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* **157**, 1819-1829.
4. Henderson, C. R. 1975. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics* **31**, 423-447.
5. Henderson, C. R. and Quaas, R. L. 1976. Multiple trait evaluation using relatives' records. *J. Anim. Sci.* **43**, 1188-1197.
6. Illumina Inc. 2016. GenomeStudio Polyploid Genotyping Module v2.0 Software Guide. Tech Note. Illumina Inc. CA, USA
7. Lee, D. J. 2019. A comparative study of estimated breeding value with Hanwoo cows using genomic information. M.S. dissertation, Kyungpook National University, Daegu, Korea.
8. Lee, J. J. 2012. Genetic Evaluation for Carcass Traits of Hanwoo using Pedigree and SNP Marker-Derived Relationship Matrix. Ph.D. dissertation, Chungbuk National University, Cheongju, Korea.
9. Lee, S. S., Lee, S. H., Choi, T. J., Choy, Y. H., Cho, K. H., Choi, Y. L., Cho, Y. M., Kim, N. S. and Lee, J. J. 2013. Estimation of the accuracy of genomic breeding value in Hanwoo (korea cattle). *J. Anim. Sci. Technol.* **55**, 13-18.
10. Meuwissen, T. 2003. Genomic Selection : the future of marker assisted selection and animal breeding. *FAO.* 54-59.
11. Meuwissen, T. H., Hayes, B. J. and Goddard, M. E. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* **157**, 1819-1829.
12. Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D., Masuda, Y., Aguilar, I., Legarra, A. and Vitezica, Z. 2018. Manual for BLUPF90 family of programs. University of Georgia, Athens, USA.
13. Park, S. R., Lee, S. K., Lee, K. S., Shin, Y. S., Song, Y. H. and Lee, S. J. 2011. Analysis of reproduction and breeding status in Gangwon east area. *Ann. Anim. Resour. Sci.* **22**, 1-5.
14. Purcell, S., Neale, B., Todd-Brown, K., Thomas, L., Ferreira, M. A., Bender, D., Maller, J., Sklar, P., de Bakker, P. I. and Daly, M. J., et al. 2007. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *Am. J. Hum. Genet.* **81**, 559-575.
15. Shin, E. G., Lee, S. H. and Yoon, D. H. 2018. Accuracy of genomic estimated breeding value with Hanwoo cows in the commercial farms. *J. Agric. Life Sci.* **52**, 91-98.
16. Sun, D. W. 2012. Estimation for environmental effect and genetic parameters on carcass traits of Hanwoo and analysis of its contribution to price. Ph.D. dissertation, Gyeongsang National University, Jinju, Korea.
17. Visscher, P. M., Medland, S. E., Ferreira, M. A. R., Morley, K. I., Zhu, G., Combes, B. K., Montgomery, G. W. and Martin, N. G. 2006. Assumption-free estimation of heritability from genome-wide identity-by-descent sharing between full siblings. *PLoS Genet.* **2**, e41.

초록 : 한우 SNP Chip 및 혈통 데이터를 이용한 경기 한우 암소의 유전능력평가 정확도 분석

이광현¹ · 이윤석² · 문선정³ · 공홍식^{1,2,4,5*}

(¹국립한경대학교 일반대학원 생명공학부, ²국립한경대학교 생명공학부, ³축산물품질평가원, ⁴국립한경대학교 유전정보연구소, ⁵고품질친환경농축산물생산기술연구센터)

본 연구는 일반농가에서 적용 가능한 유전평가시스템을 구축을 위해 경기 지역에서 사육중인 암소 619두를 BLUP (Best Linear Unbiased Prediction)과 GBLUP (Genomic Best Linear Unbiased Prediction)을 사용하여 각 형질(도체중, 등심단면적, 등지방두께, 근내지방도) 별 추정 육종가의 정확도를 비교분석 하였다. GBLUP의 경우 참조집단의 크기를 다르게 그룹을 나누어 분석하였다. 분석결과 GBLUP 참조집단의 크기가 커질수록 각 형질의 육종가의 정확도도 상승하는 것을 확인 하였다. BLUP과 GBLUP 방법을 사용하여 추정한 육종가의 정확도를 비교하면, GBLUP 방법을 사용하여 육종가를 추정하였을 때 도체중, 등심단면적, 등지방두께 근내지방도순으로 각각 0.10, 0.09, 0.09, 0.11 이상 상승한 것을 확인할 수 있었다. 따라서, GBLUP 방법을 암소 평가 및 선발에 적용한다면, 정밀하고 정확한 개체 선발이 가능하고 참조집단의 크기를 더욱 키운다면 보다 정확한 개체 선발을 할 수 있기 때문에 선발의 효율성이 증가할 것으로 사료된다.