

Research Article

A study on closed breeding of Hanwoo for preservation and genetic diversity

Hyoun Ju Kim^{1*}, Shil Jin¹, Jeong Il Won¹, Sung-Sik Kang¹, Sung Woo Kim¹, Eunju Kim¹, Sun Sik Jang¹, Youl Chang Baek¹, Sung Jin Moon¹, Myung Sun Park¹, Woo Hun Choi¹, Seung Hwan Lee^{2*}

¹Hanwoo Research Institute, Rural Development Administration National Institute of Animal Science, Pyeongchang 25340, Korea

²Division of Animal and Dairy Science, Chungnam National University, Daejeon, Korea

*Corresponding author: jooss0621@korea.kr, slee46@cnu.ac.kr

ABSTRACT

Hanwoo is Korean native beef cattle which contains high-marbled meat. To maintain genetic diversity and preserve the breed of Hanwoo, the Hanwoo research institute of the National Institute of Animal Science (NIAS) has been conducting research on the formation of Selection line (Sl) using their own sires and 300 cows for 15 years. As a results, principal component analysis (PCA) of the group using Korean proven bull semen and the Sl group showed genetic differences explained by 1.39% and 1.23% variance, although complete differentiation was not achieved. However, due to differences in group size and selection intensity, the genetic improvement rate was somewhat lower. By understanding the characteristics of this herd and continuing related research to form a group with differentiated breeding objectives, it is expected that in the future, the creation of specialized herd with genetic diversity will contributed to the preservation of the Hanwoo breed.

Keywords: Hanwoo, Preservation, Closed population, Genetic improvement

INTRODUCTION

우수한 육질로 알려져 있는 한우는 우리나라 고유의 육우 품종이다. 1950년대 농경 사회에서의 한우는 주로 역용 종으로 길러졌으나, 1960년대 이후 육용으로 사육 목적이 전환되기 시작했다 (Kim et al., 2014). 이로 인해 한우의 능력 개량도 가속화 되기 시작하였다. 1970년대부터 한우 개량 단지가 설립되면서 유전 능력 개량을 위한 본격적인 선발이 이루어지기 시작했으며, 1980년대 이후부터는 표형형 및 후대 검정을 통해 한우의 품질을 위한 검정도 이루어졌다. 한우 최초의 육종 프로그램은 1979년 시작되었으나, 효율성과 체계성 등의 문제로 1999년부터는 현재의 프로그램으로 개편되어 지속적으로 개량되고 있다 (Park et al., 2013).

일반적으로 가축의 유전적 개량량을 높이기 위해서 아래의 Breeders' 수식 (Lush, 1937)을 이용할 수 있다.

$$R = \frac{i_m r_{IAm} + i_f r_{IAf}}{L_m + L_f} \sigma_A$$

여기서 R 은 유전적 개량량, i 는 선발 강도, σ_A 는 유전 표준 편차, r_{IA} 는 선발의 정확도, L 은 세대 간격을 나타낸다. m 과 f 는 각각 수컷, 암컷의 성별을 의미한다. 수식에 따르면, 유전적 개량량은 선발 강도와 정확도가 높고, 형질의 유전적 표준 편차가 클수록, 세대 간격이 작을수록 증가한다. 또한 성별에 따라 개량 효과가 달라질 수 있다. 일반적으로 수컷을 선발하는 것이 암컷을 선발할 때보다 더 빠른 개

량의 효과를 볼 수 있는데, 이는 선발 강도가 높고 더 많은 자손을 검정함으로써 선발의 정확도 역시도 높아질 수 있기 때문이다.

한우 역시 최초의 육종프로그램은 씨수소 선발 중심으로 이루어졌다(Kim et al., 2017). 이 프로그램은 6개월령 수송아지 900두를 사육하여 12개월령에 66두를 선발하는 당대 검정과, 이 66두의 후대 성적을 기반으로 최종 30두를 선발하는 후대 검정을 포함한 두 가지 단계로 이루어져 있다. 당대 검정은 12개월령 체중 및 근내 지방도에 대한 육종가와 선형 심사를 통해 이루어진다. 후대 검정의 경우 66두에 대한 채정을 진행하고 각 개체마다 8-10두의 후대를 생산하여 시작된다. 생산된 수송아지는 24개월까지 비육되며, 후대의 도체 성적을 기반으로 매년 최종 30두의 보증 씨수소가 선발된다. 보증씨수소 선발 시에는 도체중, 등심단면적, 등지방두께 그리고 근내 지방도의 네 가지 도체 형질의 육종가와 선형 심사 결과, 결격 사유 등을 고려한다(Kim et al., 2017). 이러한 개량 과정을 통해 한우 씨수소 집단은 도체중 0.35kg, 등심단면적 0.27cm², 등지방두께 -0.01 mm, 그리고 근내지방도는 -0.037라는 연간 유전적 개량 효과를 얻을 수 있었고, 실제 표현형 역시도 같이 개선된 것을 확인할 수 있다(Park et al., 2013). 2010년대 후반부터는 씨수소뿐만 아니라 암소에 대한 개량 노력도 이루어지고 있다. 우수 능력의 암소를 보유한 농가를 선정하여 우량 씨암소를 선발하고, 당대 검정 우 생산에 활용하며, 개체를 검정하고 유전체 자료를 확보해서 참조 집단을 만드는 등의 사업을 진행하고 있다.

이처럼 한우는 자체 육종 프로그램을 통해 육질과 육량을 모두 고려하는 지수를 기반으로 개량되고 있다. 하지만 생산성을 위한 품종의 개량도 중요하지만, 유전적 다양성 확보, 적정 수준 이상의 유효 집단 크기를 유지하는 등의 종의 보존을 위해 고려해야 할 중요한 항목들이 많다. 한우의 경우 단일 품종으로 국내에서만 사육이 가능하기 때문에, 국내에 보유한 집단이 한우 종 전체를 대표한다. 한우는 고급육 개념의 우수한 육질로 알려져 있고, 사양관리 및 개량 목표 또한 근내 지방 위주로 체계화되어 있다. 그래서 농가들은 생산성을 위해 우수한 정액을 선호하는 경향이 강하고, 이는 집단의 유전적 개량량을 높이는 동시에 근친도를 높일 수 있는 위험을 안고 있다(Daetwyler et al., 2007). 근친도의 증가는 유우와 육우 모두에서 번식 능력 및 생산성의 저하(Carolino and Gama, 2008; Charlesworth and Willis, 2009; Pereira et al., 2016; Doekes et al., 2019)를 일으킬 뿐만 아니라 동형 접합체의 빈도를 높임으로써 집단의 유전적 다양성도 저하시킬 수 있다(Charlesworth, 2003; Boakes et al., 2007).

이에 따라 경제적 가치가 있는 개량에 적용 가능한 형질, 부분육(Lee et al., 2013; Lee et al., 2016), 번식 형질(Lopez et al., 2019; Kim et al., 2022) 등에 대한 유전 특성 분석 등 연구가 계속되고 있지만, 실제 선발에 적용하기에는 추가적인 연구가 필요하다.

이에 따라 국립축산과학원 한우연구소에서는 한우 축군의 근교도 향상 및 유전적 다양성 저하 방지를 위해 보증씨수소를 활용하지 않고 자체 지수로 선발된 씨수소를 이용한 자체 축군 조성 연구를 수행하였다.

MATERIALS AND METHODS

국립축산과학원 한우연구소는 2009년부터 기관 고유 과제으로써 한우의 계통을 조성하기 시작했다. 최초의 이 축군은 (이하 계통축, Selection Line;SI) 앞서 설명한 바와 같이 한우 산업이 가진 문제에 대응하기 위해 암소에 대한 유전적 분화 집단, 유전자 지문 개발을 위한 집단을 구성하기 위해 시작되었다. 또한 현재 한우 씨수소 집단의 긴 세대 간격과 암소의 체계적인 선발 집단의 부재, 개량을 가속화할 수 있는 유전자 정보 활용이나 초음파 기술 등의 한계를 보완하고자 하였다.

계통축군은 성장형 또는 육질형 집단을 조성하는 것을 목표로 가졌으며, 2009년부터 2018년까지 총 10년동안 계통 별 150두씩 300두를 조성하였다. 2018년 이후부터는 가임 암소 기준 300두 규모의 축군을 유지해오고 있다. 계통축군의 종축 선발을 위한 선발 강도로는 암소의 60%를 선발하였고, 수소는 매년 3-5두로 10% 선발하여 폐쇄 집단 육종을 시작하고자 하였다. 씨수소의 선발은 계통 별 각 3두씩을 하였으며, 1차는 이유시, 2차는 12개월령에 선발되었다. 암소는 육종가를 기준으로 성장 및 육질형으로 구분하였고, 각 계통에 맞는 씨수소를 선별하여 교배하였다. 최초 육종가는 혈통을 기반으로 한 Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) 기법을 이용하였지만, 2012년 이후부터는 유전체 자료를 활용한 Genomic BLUP (GBLUP)을 이용하여 추정하기 시작했다. 선발 형질로는 도체중(Carcass weight, CWT), 등심단면적(Eye muscle area, EMA), 등지방 두께(Back fat thickness, BFT), 근내 지방도(Marbling score, MS)의 네 가지 형질을 이용하였다. 선발 지수는 2012년까지 육질형은 '6×MS + 1×EMA - 1×BF', 성장형은 '3×EMA + 3×MS + 1×CWT + (-1)×BF'이었으나, 5년차인 2013년부터는 육질형에서 등지방 두께를 제외한 '6×MS + 1×EMA'의 선발 지수를

이용하여 계통을 구분하여 조성을 진행해왔다. 계통 구분은 선발 지수 결과로 순위를 산출하여 더 높은 순위에 해당하는 계통을 개체의 계통으로 분류하였다.

주성분 분석 (Principal Component Analysis; PCA)

계통 조성 시작 15년째인 2023년까지의 자료를 기반으로 보증씨수소 활용 집단과의 유전적 조성의 차이 확인을 위해 주성분 분석을 수행하였다. 분석에는 농가 보증씨수소 활용 암소 (Commercial female; C_F) 361두, 농가 보증씨수소 활용 수소 및 거세우 (Commercial male; C_M) 5,839두, 한우연구소 보유 보증씨수소 후대 (Base) 373두, 계통축 (SI) 683두를 포함한 총 7,256두의 50K bead chip 자료를 사용하였다. 주성분 분석은 GCTA(Yang et al. 2011) 프로그램을 사용하여 수행하였으며, 시각화는 R 패키지인 'ggplot2'(Wickham, 2016)을 이용하여 작성하였다.

능력 검정

후대의 표현형 검정을 위해 2014년부터 2017년까지 현대 서산 농장과 MOU 체결 후 서산 농장 암소 축군 활용하여 후대 검정을 실시하였다. 이 중 거세우이면서 도축 시기가 28-30개월령인 계통축 씨수소 후대 검정우 60두와 보증씨수소 후대 검정우 62두의 도체 형질에 대한 차이를 분석하기 위해 t-검정을 수행하였다. 또한 육질 및 육량 등급의 비율을 시각화 하기 위해 R 프로그램 사용하여 파이 차트를 작성하였다.

유전적 개량량 시뮬레이션

한우 씨수소 선발 집단과 계통축군과의 유전적 개량량 차이의 원인을 분석하기 위해서 집단의 크기 차이에 따른 유전적 개량량을 Excel 2016을 이용한 결정론적 시뮬레이션을 통해 비교해 보았다. 결정론적 시뮬레이션은 미리 정의된 모델에 따라 결과값을 예측하는 방식으로 동일한 조건 값을 사용했을 때 항상 동일한 결과값을 나타낸다. 임의성이나 불확실성을 배제하여 명확한 결과 값을 알 수 있으며, 시간이 적게 소요되는 장점이 있어 본 연구에 이용하였다. 시뮬레이션을 위한 시나리오는 총 4가지로, 현재 보증씨수소를 선발하는 집단의 크기와 유사한 크기의 집단 (Large population)에서의 유전체 자료 유(Scenario1) 무(Scenario2), 계통축 집단에서의 유전체 자료 유(Scenario3), 무(Scenario4)였다 (Table1).

Table 1. Scenarios for deterministic simulation.

	Scenario1	Scenario2	Scenario3	Scenario4
Large population	O	O	X	X
Selection line population	X	X	O	O
Genotype	O	X	O	X

육종 목표는 주요 경제 형질인 4가지 도체 형질에 대한 유전적 개량량을 최대화 하는 것으로 설정 하였다. 4가지 도체 형질로는 도체중, 등지방두께, 등심단면적, 근내 지방도를 사용하였고, 현재 보증씨수소를 선발하는 지수식인 '1:(-1):1:6'로 경제적 가중치를 두었다. 암소 및 선발 씨수소 두수 이외의 시뮬레이션에 필요한 수태율 (90%), 폐사율 (5%) 등 기타 사항들은 모두 동일하게 설정하였고, 시뮬레이션에 이용한 형질의 유전 및 표현형 정보는 선행 연구들의 평균으로 수행하였다 (Table 2).

Table 2. Heritability, phenotypic mean and genetic and phenotypic correlations among traits.

	Traits	Values	References
Heritability	CWT ¹	0.3	Roh et al., 2004; Choi et al., 2006; Moon et al., 2007; Hwang et al., 2008; Park et al., 2013; Choi et al., 2015; Do et al., 2016; Lee & Lee 2016; Srivastava et al., 2019; Lopez et al., 2020; Mehrban et al., 2020; Park et al., 2020; Mehrban et al., 2021; Kim et al., 2022
	BFT ²	0.34	
	EMA ³	0.33	
	MS ⁴	0.45	
Phenotypic mean	CWT	372.19	Choi et al., 2006; Hwang et al., 2008; Choi et al., 2015; Do et al., 2016; Srivastava et al., 2019; Lopez et al., 2020; Mehrban et al., 2020; Park et al., 2020; Mehrban et al., 2021; Kim et al., 2022
	BFT	10.56	
	EMA	83.64	
	MS	4.13	
Genetic correlation	CWT-BFT	0.19	Park & Park, 2002; Roh et al., 2004; Choi et al., 2006; Moon et al., 2007; Hwang et al., 2008; Park et al., 2013; Choi et al., 2015; Do et al., 2016; Srivastava et al., 2019; Lopez et al., 2020; Mehrban et al., 2020; Park et al., 2020; Mehrban et al., 2021
	CWT-EMA	0.58	
	CWT-MS	0.22	
	BFT-EMA	-0.11	
	BFT-MS	0.07	
Phenotypic correlation	EMA-MS	0.27	
	CWT-BFT	0.32	Roh et al., 2004; Moon et al., 2007; Hwang et al., 2008; Lee et al., 2011; Choi et al., 2015; Do et al., 2016; Srivastava et al., 2019; Lopez et al., 2020; Mehrban et al., 2020; Park et al., 2020; Mehrban et al., 2021
	CWT-EMA	0.56	
	CWT-MS	0.14	
	BFT-EMA	0.06	
	BFT-MS	0.15	
	EMA-MS	0.21	

¹CWT: Carcass weight; ²BFT: Back fat thickness; ³EMA: Eye muscle area; ⁴MS: Marbling score

보증씨수소 집단(Large population)을 위한 시뮬레이션에는 핵심 축군으로 1,200두의 암소를 사용한다고 가정하였으며, 매해 선발되는 30두의 씨수소를 사용한다고 기준을 설정 하였다. 반면, 계통축의 경우 300두의 암소 집단에서 매해 10두의 씨수소를 선발하여 사용한다고 가정하였다. 유전 능력 추정을 위해서 유전체 자료의 유무에 따라 Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) 방법을 이용하였으며, 도체 형질의 경우 본인의 정보를 얻기 불가능 하기 때문에 4세 이전에는 선조들과 반형매의 정보가 있다고 가정하였고, 4세부터는 24개월령에 도축된 자손의 도체 정보가 있는 것으로 가정 하였다. 유전체 자료의 정확도는 전체 형질에 대해 0.4로 가정하였으며, 분석은 다형질분석모델을 활용하여 유전적 개량량을 예측하였다.

RESULTS AND DISCUSSION

국립축산과학원 한우연구소는 2009년 이후부터 자체 씨수소를 선발 및 활용하여 가임 암소 300두 규모의 축군을 조성하였다. 이 축군의 조성 목적인 보증씨수소 활용 집단과의 유전적 조성을 확인하기 위해 보증씨수소를 활용한 집단과의 주성분분석을 실시한 결과, 계통 축군의 분지(SI, 보라색)가 보증씨수소를 이용한 다른 집단에 비해 떨어져 있는 것으로 확인되었으며, PC1과 PC2은 각각 1.39%, 1.23%의 분산을 설명하고 있음을 확인하였다 (Fig 1).

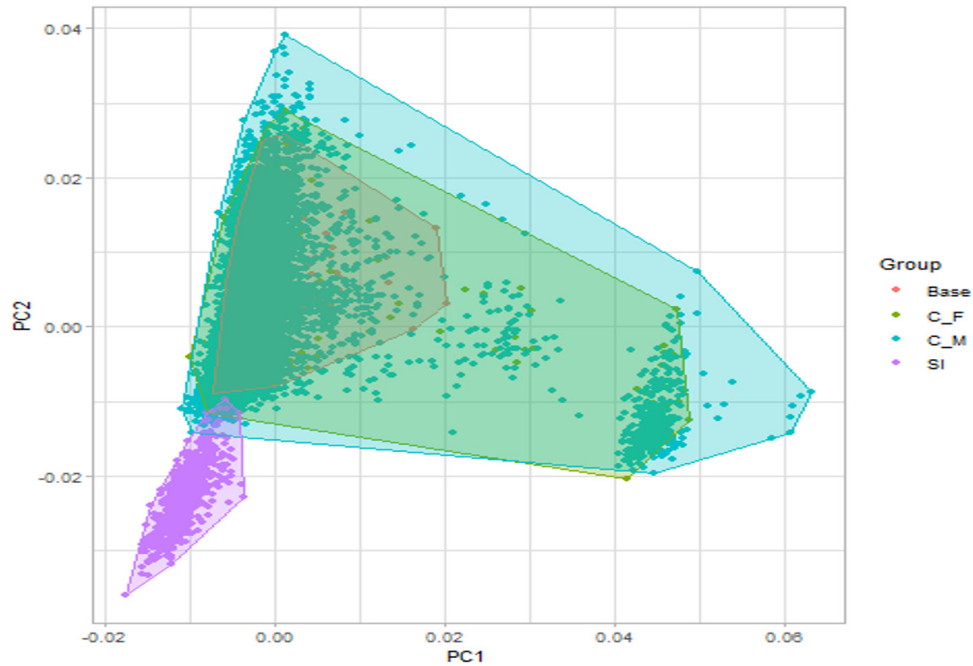


Figure 1. Principal component analysis (PCA) plot for Selection line and commercial farms.

계통 축군의 능력 검정을 위해 후대가 거세우이면서 도축 시기가 28-30개월령인 2014-2015년생 계통축 씨수소 후대 검정우 60두와 보증씨수소 후대 검정우 62두의 도체 형질을 비교해본 결과 (Table 3), 모든 형질에서 두 집단 간의 유의적인 차이는 없는 것으로 나타났다. 다만 수치상으로 보았을 때 다른 형질에서는 보증씨수소 후대 검정우에서 더 높게 나타났지만 근내지방도의 평균이 계통축 검정우에서 조금 더 높게 나타나는 것을 확인 할 수 있었다.

Table 3. Statistics of progeny’s economic traits for Selection line and Korean proven bull.

	Selection line					Korean proven bull					p-value
	n	mean	SD ⁸	min	max	n	mean	SD	min	max	
BFT (mm) ¹	60	15.57	3.81	8	23	62	15.00	4.58	6	30	0.459
EMA(cm ²) ²	60	89.05	7.44	70	103	62	89.60	11.30	66	124	0.752
CWT(kg) ³	60	421.80	35.48	353	524	62	428.70	43.48	267	517	0.333
MS (score) ⁴	60	6.38	1.46	2	9	62	6.18	1.44	2	9	0.435
MC (score) ⁵	60	4.80	0.55	2	6	62	4.90	0.30	4	5	0.200
FC(score) ⁶	60	3.00	0.18	2	4	62	3.02	0.22	2	4	0.662
Texture (score)	60	1.03	0.18	1	2	62	1.03	0.18	1	2	0.974
Maturity (score)	60	2.10	0.30	2	3	62	2.15	0.36	2	3	0.451
Age (months)	60	29.74	0.60	28.11	30.58	62	29.56	0.76	28.11	30.54	0.127
BW (kg) ⁷	60	714.80	60.14	598.3	888.1	62	726.70	73.69	452.5	876.3	0.333

¹BFT: Back fat thickness; ²EMA: Eye muscle area; ³CWT: Carcass Weight; ⁴MS: Marbling score; ⁵MC: Meat color; ⁶FC: Fat color; ⁷BW: Body weight; ⁸SD: Standard deviation

Ta동일 그룹 간의 도체 성적을 비교해본 결과 (Fig 2), 육량은 계통축 씨수소 후대에서 C등급 출현율이 약 6.4%p 더 높게 나타났지만 육질은 1st등급이 계통축 후대에서 7.3%p 더 높게 나타나는 것을 확인 하였다.

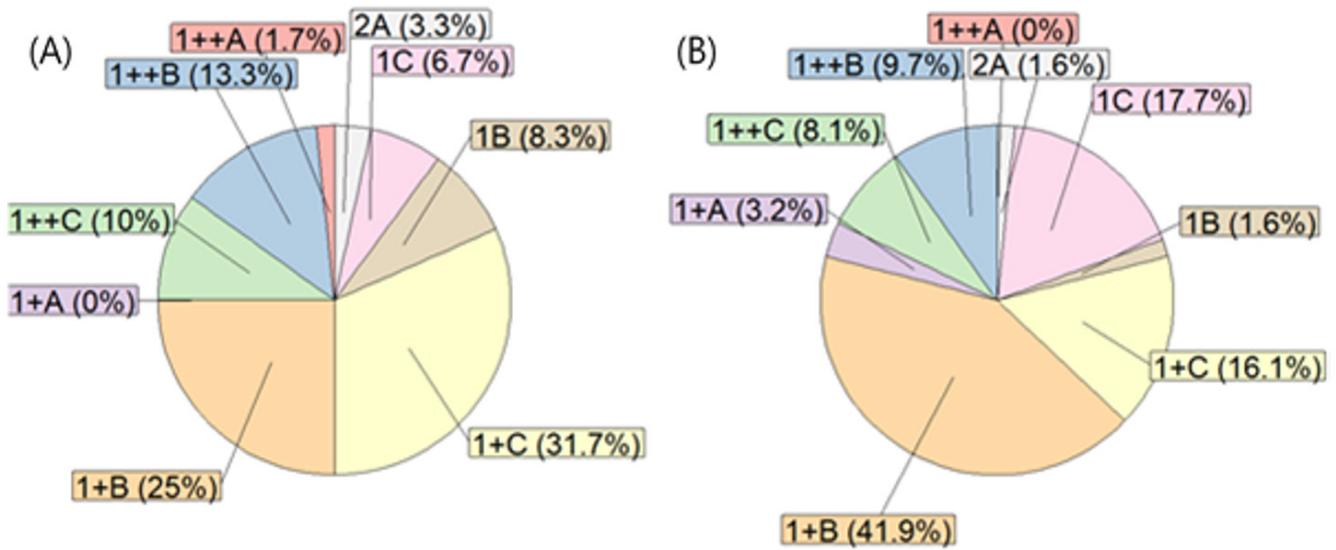


Figure 2. Pie charts of meat grade in Selection line (A) and Korean proven bull (B).

한우연구소 계통축은 15년 이상의 기간을 거쳐 자체 유전자원을 활용한 선발을 통해 조성되어왔으며, PCA 분석 결과 보증씨수소와는 유전적으로 다른 집단을 조성해 나가는 것을 확인할 수 있었다. 능력 검정 결과, 유의적인 차이는 확인할 수 없었지만, 계통축군이 성장 관련 형질보다는 육질 관련 형질이 우수할 수 있음을 확인할 수 있었다. 하지만 이 수준은 과제 계획 시 기대했던 개량 효과를 나타내지는 못한 것으로 보여졌다.

한우 씨수소 선발 집단과 계통축군과의 유전적 개량량 차이의 원인을 분석하기 위해서 집단의 크기 차이에 따른 유전적 개량량을 비교해본 결과, 선발 지수에 대한 국가단위 씨수소 집단의 유전적 개량량은 유전체 정보가 없을 때 6.14, 유전체 정보가 있을 때는 11.83으로 나타났지만, 계통축의 경우 5.64과 11.12로 보증씨수소 활용 집단에 비해 낮은 결과를 보였다. 이는 매년 6% 정도 수준의 차이가 발생할 수 있음을 의미하기 때문에 해마다 집단 간 유전 능력의 차이는 더 벌어질 것으로 예상된다. 이 외에도 선발 강도, 유전적 표준 편차 등 여러가지의 이론적 차이로 인해 유사한 선발 지수를 가진다면 계통 축군이 보증씨수소 활용 집단보다 더 나은 유전 및 표현형 능력을 가지기에는 한계가 있을 것으로 판단된다.

결과적으로 계통축군은 종 보존을 위한 유전적 다양성 확보의 목표는 이루어지고 있지만, 축군의 능력은 보증씨수소 활용 집단에 비해 우수하지 않은 것으로 확인 되었다. 이를 보완하기 위해 차별화된 육종 목표 설정을 통한 축군의 특성화 등 축군의 가치를 높이기 위한 지속적인 노력이 필요할 것으로 사료된다.

CONCLUSION

한우의 유전적 다양성 유지 및 종의 보존을 위해 국립축산과학원 한우연구소에서는 자체 씨소를 활용한 축군 조성 연구를 15년간 수행해 왔다. 한우 보증씨수소 정액을 활용한 집단과 자체 씨수소 활용 집단의 주성분 분석 결과, 완벽한 분지를 형성하지는 않았지만 보증씨수소 집단과의 유전적 차이가 나타나는 것을 확인하였다. 그러나 시뮬레이션 결과, 집단의 크기, 선발 강도 등의 차이로 보증씨수소 집단에 비해 계통축의 유전적 개량량은 다소 낮은 것으로 보여졌다. 이 축군과 관련한 추가 연구를 통해 차별화된 육종 목표 설정 등의 노력으로 집단의 능력을 개선한다면, 향후 유전적 다양성을 보유한 특성화 축군 조성으로 한우 종 보존에 기여할 수 있을 것으로 기대한다.

CONFLICT OF INTERESTS

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

ACKNOWLEDGEMENTS

농촌진흥청(Rural Development Administration) 기관고유연구사업(과제번호: PJ01502803)의 지원에 의해 이루어진 것이며, 연구비 지원에 감사드립니다.

REFERENCES

- Boakes EH, Wang J, Amos W. 2007. An investigation of inbreeding depression and purging in captive pedigreed populations. *Heredity* (Edinb), 98(3), 172-182. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800923>
- Carolino N, Gama LT. 2008. Inbreeding depression on beef cattle traits: Estimates, linearity of effects and heterogeneity among sire-families. *Genetics Selection Evolution*, 40(5), 511-527. <https://doi.org/10.1051/gse:2008018>
- Charlesworth D, Willis JH. 2009. The genetics of inbreeding depression. *Nat Rev Genet*, 10(11), 783-796. <https://doi.org/10.1038/nrg2664>
- Charlesworth D. 2003. Effects of inbreeding on the genetic diversity of populations. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*, 358(1434), 1051-1070. <https://doi.org/10.1098/rstb.2003.1296>
- Choi TJ, Alam M, Cho CI, Lee JG, Park BH, Kim S, Koo YM, Roh SH. 2015. Genetic parameters for yearling weight, carcass traits, and primal-cut yields of Hanwoo cattle. *J. Anim. Sci.*93:1511–1521. doi:10.2527/jas.2014-7953
- Choi TJ, Kim SD, Salces AJ, Baik DH. 2006. Genetic parameter estimation on the growth and carcass traits in Hanwoo (Korean Cattle) *J. Anim. Sci. Technol* (Korean) 48:759–766.
- Daetwyler HD, Villanueva B, Bijma P, Woolliams JA. 2007. Inbreeding in genome-wide selection. *J Anim Breed Genet*, 124(6), 369-376. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2007.00693.x>
- Do CH, Park BH, Kim SD, Choi TJ, Yang BD, Park S, Song H. 2016. Genetic Parameter Estimates of Carcass Traits under National Scale Breeding Scheme for Beef Cattle. *Asian-Australas J Anim Sci*, 29(8), 1083-1094. doi:10.5713/ajas.15.0696
- Doekes HP, Veerkamp RF, Bijma P, de Jong G, Hiemstra SJ, Windig JJ. 2019. Inbreeding depression due to recent and ancient inbreeding in Dutch Holstein-Friesian dairy cattle. *Genet Sel Evol*, 51(1), 54. <https://doi.org/10.1186/s12711-019-0497-z>
- Hwang JM, Kim S, Choy YH, Yoon HB, Park CJ. 2008. Genetic parameter estimation of carcass traits of Hanwoo steer. *J. Anim. Sci. Technol*.50:613–620.
- Kim EH, Sun DH, Kang HC, Yang DY, Myung CH, Kim JY, Lim HT. 2022. Genome-wide association study of reproductive traits of Hanwoo in Gyeongnam province. *Journal of Animal Breeding and Genomics*, 6(4). <https://doi.org/10.12972/jabng.20220017>
- Kim HJ, de Las Heras-Saldana S, Moghaddar N, Lee SH, Lim D, van der Werf JHJ. 2022. Genome-wide association study for carcass traits in Hanwoo cattle using additional relatives' information of non-genotyped animals. *Anim. Genet.* 2022, 53, 863–866
- Kim NS, Lee JJ, Dang CK, Jung YH, Cheon HJ. 2014. Prospect and Retrospect on improvement of Hanwoo(Korean cattle) for 50 years. *Bulleting of the Animal Biotechnology*, 6(6)
- Kim SD, Alam M, Park MN. 2017. Breeding initiatives for Hanwoo cattle to thrive as a beef industry – A review study. *Journal of Animal Breeding and Genomics*, 1(2). <https://doi.org/10.12972/jabng.20170011>
- Lee JG, Choi TJ, Choy YH, Kim S, M A, Choo H, Cho CI, Roh SH, Park B. 2016. A Study on Genetic Parameters of Primal cuts and Carcass Traits in Hanwoo. *Journal of Agriculture & Life Science*, 50(1), 179-192. <https://doi.org/10.14397/jals.2016.50.1.179>
- Lee JG, Lee SS., Cho KH, Cho C, Choy YH, Choi JG, Park B, Na CS, Roh SH, Do C, Choi T. 2013. Estimation of Primal Cuts Yields by Using Body Size Traits in Hanwoo Steer. *Journal of Animal Science and Technology*, 55(5), 373-380. <https://doi.org/10.5187/jast.2013.55.5.373>
- Lee SH, Cho YM, Lee JH, Oh SJ. 2015. Implementation of genomic selection in Hanwoo breeding program. *Korean Journal of Agricultural Science*, 42(4), 397-406. <https://doi.org/10.7744/cnujas.2015.42.3.397>

- Lee SH, Cho YM, Lim D, Kim H, Choi B, Park H, Kim O, Kim S, Kim T, Yoon D, Hong S. 2011. Linkage Disequilibrium and effective population size in Hanwoo Korean cattle. *J Anim Sci*, 24(12), 1660-1665, doi:10.5713/ajas.2011.11165
- Lee SH, Park BH, Sharma A, Dang CG, Lee SS, Choi TJ, Choy YH, Kim HC, Jeon KJ, Kim SD et al. 2014. Hanwoo cattle: origin, domestication, breeding strategies and genomic selection. *Journal of Animal science and Technology*, 56(2). <https://doi.org/10.1186/2055-0391-56-2>
- Lee Y, Lee JY. (2016). Estimation of genetic parameter for carcass traits in commercial Hanwoo steer. *Journal of the Korean Data and Information Science Society*, 27(3), 741-747. doi:10.7465/jkdi.2016.27.3.741
- Lopez BI, Son JH, Seo K, Lim D. 2019. Estimation of Genetic Parameters for Reproductive Traits in Hanwoo (Korean Cattle). *Animals (Basel)*, 9(10). <https://doi.org/10.3390/ani9100715>
- Lush, JL. 1937. *Animal Breeding Plans*. Iowa State Press, Ames.
- Mehrban H, Naserkheil M, Lee DH, Ibanez-Escriche N. 2021. Genetic parameters and correlations of related feed efficiency, growth, and carcass traits in Hanwoo beef cattle. *Anim Biosci*, 34(5), 824-832. doi:10.5713/ajas.20.0135
- Moon WG, Kim BW, Roh SH, Kim HS, Jung DJ, Sun DW, Kim KN, Yoon YT, Jung JH, Jeon JT, Lee JG. 2007. Estimation of environmental effect and genetic parameters for the carcass traits in Hanwoo (Korean cattle). *J. Anim. Sci. Technol.*49:689–698.
- Park B, Choi T, Kim S, Oh SH. 2013. National genetic evaluation (system) of hanwoo (korean native cattle). *Asian-Australas J Anim Sci*, 26(2), 151-156. <https://doi.org/10.5713/ajas.2012.12439>
- Park MN, Alam M, Kim S, Park B, Lee SH, Lee SS. 2020. Genomic selection through single-step genomic best linear unbiased prediction improves the accuracy of evaluation in Hanwoo cattle. *Asian-Australas J Anim Sci*, 33(10), 1544-1557. doi:10.5713/ajas.18.0936
- Pereira RJ, Santana ML, Jr, Ayres DR, Bignardi AB, Menezes GR, Silva LO, Machado CH, Josahkian LA, Albuquerque LG. 2016. Inbreeding depression in Zebu cattle traits. *J Anim Breed Genet*, 133(6), 523-533. <https://doi.org/10.1111/jbg.12219>
- Roh SH, Kim BW, Kim HS, Min HS, Yoon HB, Lee DH, Jeon JT, Lee JG. 2004. Comparison between REML and Bayesian via gibbs sampling algorithm with a mixed animal model to estimate genetic parameters for carcass traits in Hanwoo (Korean native cattle) *J Anim Sci Technol (Kor)*. 46, 719–728
- Srivastava S, Lopez BI, Heras-Saldana SL, Park JE, Shin DH, Chai HH, Park W, Lee SH, Lim D. 2019. Estimation of Genetic Parameters by Single-Trait and Multi-Trait Models for Carcass Traits in Hanwoo Cattle. *Animals (Basel)*, 9(12). doi:10.3390/ani9121061
- Wickham H. 2016. *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*. Springer-Verlag New York.
- Yang J, Lee SH, Goddard ME, Visscher PM. 2011. GCTA: a tool for genome-wide complex trait analysis. *Am J Hum Genet*, 88(1), 76-82. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2010.11.011>

AUTHORS INFORMATION

- Hyoun Ju Kim: <https://orcid.org/0000-0002-7785-6339>
- Shil Jin: <https://orcid.org/0000-0003-1120-3631>
- Jeong il Won: <https://orcid.org/0000-0003-3151-7144>
- Sung-Sik Kang: <https://orcid.org/0000-0002-9453-5377>
- Sung Woo Kim: <https://orcid.org/0000-0001-8521-3010>
- Eunju Kim: <https://orcid.org/0000-0003-4040-0474>
- Sun Sik Jang: <https://orcid.org/0000-0002-8121-4697>
- Youl Chang Baek: <https://orcid.org/0000-0003-4454-5339>
- Sung Jin Moon: <https://orcid.org/0000-0003-0930-5548>
- Myung Sun Park: <https://orcid.org/0000-0002-1260-5694>
- Seung Hwan Lee: <https://orcid.org/0000-0003-1508-4887>