



암소의 혈통 및 후대의 기록이 암소 추정육종가의 정확도에 미치는 영향

박미나^{1,2†}, 김영국^{1†}, 임다정³, 당창권², Cedric Gondro⁴, 박병호², 김시동², 이승환^{1*}

¹충남대학교 동물자원과학부, ²국립축산과학원 가축개량평가과, ³동물유전체과, ⁴호주 뉴잉글랜드대학교

Factor affecting estimated breeding value of cow from pedigree and progeny records in Hanwoo

Mi Na Park^{1,2†}, Yeong Kuk Kim^{1†}, Dajeong Lim³, Chang Gwon Dang², Cedric Gondro⁴, Byung Ho Park², Si Dong Kim² and Seung Hwan Lee^{1*}

¹Division of Animal & Dairy Science, Chungnam National University, Daejeon 305-764, Korea

²Animal Genome & Bioinformatics Division, National Institute of Animal Science, RDA

³Animal Genetic Improvement Division, National Institute of Animal Science, RDA

⁴University of New England, Armidale, NSW 2351, Australia

ABSTRACT

The purpose of this study was to estimate the cow breeding value and to investigate the factors affecting the accuracy of cows breeding value using carcass data. As a result of genetic evaluation, the accuracy of estimated breeding value was about 33-37% when accuracy of sire breeding value was 60%-70%, and a little higher accuracy of 37-40% was estimated when the accuracy of sire breeding value was 70-80%. In other words, when the accuracy of sire breeding value is increased by 10-20%, the accuracy of breeding value of the subsequent cows is also increased by 4-5%. Furthermore, if the accuracy of the estimated breeding value of sires was as high as 80-90%, the accuracy of the breeding value of the cow was estimated to be 39-42%. These results suggest that about 50% of the accuracy of the breeding value is transferred from the their sire. The accuracy of the estimated breeding value of cows was analyzed by using the cow's parity (number of their progeny). Only cow with their progeny phenotypes were analyzed for the accuracy of the estimated breeding value. As a result, the accuracy was 50-60% when the number of the next generation was 5-6, Low 48% -57%, and accuracy of about 40% in 2 to 3 animals. As a result, it would be more effective to carry out genetic evaluation of the cow's sire (KPN) by ensuring as much information as possible from the sire of cow than to the direct information of the cow's future to raise the accuracy of the estimated breeding price of the cow.

Keywords: Estimated breeding value, pedigree, progeny phenotypes

Introduction

수소와 달리 암소의 능력은 고기소로의 경제가치인 도체형질의 우수함 뿐 만 아니라 송아지 생산과 같은 번식형질의 우수함까

*Corresponding author: Seung Hwan Lee, PhD, Division of Animal & Dairy Science, Chungnam National University, Daejeon 34134, Korea.
Tel: +82-42-821-5772, Fax: +82-42-825-9754, E-mail: slee46@cnu.ac.kr

†These authors equally contributed to this work.

Received: 3 July, 2017, Revised: 20 August, 2017, Accepted: 25 August, 2017



© Journal of Animal Breeding and Genomics 2017. This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

지 고려하여 종합적인 개량을 계획해야 할 것이다. 현행 농가중심 암소개량은 암소개체의 혈통기록을 통하여 선조의 육종가로 부터 산술적으로 암소의 우수함을 판정하고 있다(National Institute of Animal Science, 2009). Fahey et al. (2000)에 따르면, 육우 산업에 있어서 암소개량집단은 기업의 이익을 창출하는 공장으로 표현 할 수 있다. 공장에서의 수익성은 생산된 가축의 수와 각 가축의 상대적인 가치로부터 생산된 가축에 들어가는 비용을 고려한다. 즉 이것을 방정식으로 표현한다면, “이익 = 도축된 개체의 수 $\times$ 도축된 개체의 판매 가격 - 생산비용”으로 표현 할 수 있다. 암소 개량집단은 이 방정식의 모든 부분에 영향을 미친다. 유전능력이 우수한 암소를 선발함으로 생산자는 출산율, 이유시 송아지의 체중, 성장 및 우수한 품질의 고기 등을 통하여 출하 및 경매가격을 향상시킬 수 있을 것이다. 우수한 암소를 선발함으로 얻을 수 있는 높은 출산율과 생존율의 향상은 송아지 생산을 증가시키고, 이들 송아지의 환경적응, 성장률 등은 가축의 상대적 가치에 영향을 미칠 것이다. 물론 하나의 집단의 유전적 개량은 유전적으로 매우 우수한 검증된 씨수소를 선택함으로 얻을 수 있다. 그 이유는 현재 국내 한우 시장에서 한 마리의 씨수소는 평균적으로 일생 동안 약 수천에서 수만마리의 송아지에 유전적인 영향을 미칠 수 있으며, 암소는 일생 동안 약 5-10마리의 자손에게만 자신의 유전자를 전달합니다. 이러한 이유로 암소의 유전능력을 적극적으로 평가하고 활용하여 보다 우수한 개체를 선발하는 것이 현실적으로 매우 어렵다. 따라서, 지자체나 브랜드한우와 같은 생산자 단체에서는 소규모 농가단위에서 암소의 능력을 평가하고 관리함으로 농가의 수익을 증가시키려는 노력의 일환으로 지역내에서 사육하고 있는 암소의 자료를 수집하여 암소개량에 활용하고자 하는 노력을 기울이고 있다(Won et al., 2010). 그러나 소규모 농가에서는 보유하고 있는 개체에 대한 혈통 및 도체자료와 같은 기록관리가 전무한 상태이며 자료가 있다고 하더라도 오류가 많아 이를 활용하여 개체의 능력을 추정하는 것이 매우 어려운 상황이다. 이에 대해서 국가에서 주도하고 있는 쇠고기 생산이력제는 국내에서 생산 및 도축되고 있는 모든 개체들의 등급판정결과에 대해서 개체번호 추적이 가능하고, 추적된 개체번호에 대한 혈통정보추적 역시 가능해짐에 따라서 개체의 도체자료와 같은 표현형 및 개체의 아비, 어미와 같은 혈통자료의 통합이 가능해짐에 따라서 이를 활용한 개체의 유전평가가 가능해 졌다(Koo et al., 2011; Dang et al., 2013).

Koo et al. (2001)은 전국적으로 약 4년간 도축되어진 개체의 자료와 혈통자료 23만두의 자료를 이용하여 환경효과를 제어하는 효과적인 통계모델 연구를 진행 하였으며, Dang et al. (2013)은 강원도 브랜드한우의 자료를 이용하여 보유 암소의 능력을 추정하는 연구를 수행하였다. 그러나, 여전히, 이들 자료에 대해서 평가에 활용되는 개체들의 표현형을 객관적으로 비교하고 보정하기 위한 동기우(contemporary group) 설정은 여전히 큰 문제로 남아있다. 이러한 동기우 설정에 대한 문제를 해결하기 위하여 Cundiff et al. (1969)은 농가에서 확보한 도축시점이 다른 개체들에 대해서 각기 다른 공변이 설정을 통한 유전모수 추정 연구를 수행함으로 다른 환경에서 도축된 개체의 유전능력을 추정하는 모델을 설정하였다. 그러나 암소의 육종가의 정확도를 결정하는 요인은, 암소가 생산한 후대의 자료수 그리고 암소 혈통에 있는 선조 육종가의 정확도 등이 영향을 미칠 것이다. 따라서 본 연구의 목적은 한우의 혈통 및 암소 개체의 후대의 자료수에 따라서 개체의 육종가의 정확도가 얼마나 증가 하는지를 분석하였다.

재료 및 방법

공시재료

본 연구의 목적인 암소의 육종가의 정확도에 영향을 미치는 요인을 분석하기 위하여 2개의 다른 집단을 활용하였다. 첫째는 강원도 평창군 소재 평창영월정선 축산업협동조합 위탁농가에서 5년간 생산된 거세우 10,479두의 자료(Table 1, Dang et al., 2013)를 활용하였고, 혈통정보는 한국종축개량협회 혈통등록기록을 이용하여 도축우 9대 선조까지 정보를 이용하여 유전평가 하였다. 이들 자료를 이용하여 암소의 후대 자료의 수 및 선조의 육종가의 정확도에 따른 암소의 추정육종가의 정확도를 추정 하였다. 둘째로, 암소의 선조의 육종가의 정확도가 암소 개체의 추정육종가의 정확도에 영향을 미치는 요인을 분석하기 위하여 암소의 혈통만을 보유하고 있는 집단(n=400)을 표본 추출하여 암소의 육종가의 정확도를 추정하였다.

도체성적측정

본 연구에서 활용한 도체형질은 국내에서 관행적으로 사용하고 있는 도축 후 24시간 냉장 후 측정치이며, 도체중(CWT)은

좌우 냉도체 합, 그리고 등심단면적(EMA)은 좌우 흉추와 제1요추 사이를 절개하여 그 면적을 면적자로 측정하였다. 등지방두께(BF)는 등심단면적 측정부위와 동일한 부위에서 측정하였고, 근내지방도(MS)는 등심단면적 측정부위에서 지방 침착도를 기준표(1-9점)와 비교하여 등급판정사가 육안으로 측정하였다.

Table 1. Accuracy of cow's breeding value for the cow herd 2(n=400) depend on their sire's EBV accuracy

No of Cow	Acc of Sire EBV	CWT	BFT	EMA	MS
1	60% ~ 70%	0.335±0.000	0.356±0.000	0.349±0.000	0.371±0.000
146	70% ~ 80%	0.370±0.011	0.389±0.011	0.383±0.011	0.401±0.010
16	80% ~ 90%	0.394±0.011	0.411±0.010	0.405±0.010	0.421±0.007

환경효과 제어 및 개체의 육종가 추정

환경효과 제어

10,479두에 대한 표현형자료를 이용하여 기록된 도체중, 등심단면적, 등지방두께 및 근내지방도 4개 형질에 대하여 수행하였으며, 개체의 육종가를 추정하기 위하여 환경효과의 요인을 분석하기 위하여 다음과 같은 분산분석 모형을 설정 하였으며, 이 통계 모델은 Dang et al. (2013)이 사용한 동일 자료를 이용하여 개체의 육종가를 추정하였기 때문에 동일 모델을 사용 하였다.

$$Y_{ijklm} = \mu + Y_i + S_j + farm_k + \beta D_{ijkl} + a_{ijklm} + e_{ijklm}$$

여기서,

Y_{ijkl} = 표현형 기록

μ = 각 도체형질에 대한 전체 평균

Y_i = i 번째 출생년도

$Season_j$ = j 번째 계절 고정효과

$farm_k$ = k 번째 농장 효과 (수준 68개)

D_{ijkl} = 도축일령에 대한 공변이

a_{ijklm} = 상가적 유전효과(혈통기반 개체의 혈연관계행렬)

e_{ijklm} = 임의오차

개체의 육종가 추정

각 형질에 대한 상가적 유전효과에 대한 유전모수(유전분산, 잔차분산 및 유전력) 및 개체의 육종가를 추정하기 위한 혼합선형모형은 아래와 같이 모델을 설정하였다.

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

여기서,

y = 개별 표현형 관측치

X = 출생년도, 출생계절, 성, 그리고 성에 포개어진 도축시 일령의 일차식효과의 계수행렬

β = 고정효과

Z = 상가적 개체 유전효과의 계수행렬

a = 상가적 개체 유전효과

e = 임의 환경효과

개체의 육종가를 추정하기 위하여 본 연구에서는 다형질모형(multivariate model; 4개 도체형질)을 이용하여 추정하였다. 다형질 모형을 이용하여 개체의 유전능력을 평가하기 위하여 각 형질의 분산성분에 대한 초기값 설정은 단형질 모형을 통해서 추정된 분산성분(유전분산, 잔차분산)을 기초로 하여 설정하였으며, 이를 기초로 개체의 육종가를 추정하였다. 따라서 단형질 분석 모형에 적용되는 공분산 구조는 다음과 같았으며,

$$Var = \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

여기서,

A = 혈연계수행렬

I = 대각성분이 1인 단위행렬

σ_a^2 = 상가적 개체 유전분산

σ_e^2 = 오차분산

4개 도체형질(도체중, 등심단면적, 등지방두께 및 근내지방도)을 동시에 적합한 다형질 모델의 공분산 구조는 다음과 같았다.

$$Var = \begin{bmatrix} a_i \\ a_j \\ e_i \\ e_j \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{ii}A & g_{ij}A & 0 & 0 \\ g_{ji}A & g_{jj}A & 0 & 0 \\ 0 & 0 & r_{ii} & r_{ij} \\ 0 & 0 & r_{ji} & r_{jj} \end{bmatrix}$$

여기서,

A = 혈연계수행렬

a_i = i 번째 형질의 개체 유전효과

a_j = j 번째 형질의 개체 유전효과

e_i = i 번째 형질의 임의효과

위의 모델을 이용하여 개체의 육종가 추정은 다형질 개체모형(multitrait animal model)을 이용하여 ASREML에서 추정 하였다(Gilmour 등, 2006).

추정육종가의 정확도 분석

암소 육종가의 정확도 분석은 추정된 암소의 육종가의 표준오차값을 이용하여 개체의 육종가의 정확도를 분석하였다. 개체의 이론적 육종가정확도는 아래와 같이 계산 하였다.

$$Acc = \sqrt{(1 - PEV) / \sigma_A^2}$$

여기에서

PEV = 추정육종가의 오차분산(Prediction Error Variance)

σ_A^2 = 상가적 유전효과(Additive genetic variance)

결과 및 고찰

분산 성분 추정

개체의 유전능력평가를 위하여 Table S1, Table S2와 같이, 유전분산(σ^2_a), 잔차분산(σ^2_e) 및 표현형분산(σ^2_p) 성분을 이용하여 유전력을 추정 하였다. 유전능력평가는 이들 분산성분을 고정하여 반복하여 추정하였으며, 다형질 개체모형 설정을 위한 환경효과 제어는 분산분석에서 통계적 유의차를 보인 출생년도(year), 출생계절(season), 사육농장(farm), 및 도축시 연령(age)을 포함시켜 동기우 설정을 하였다. 본 연구에서 추정한 분산성분을 이용하여 유전력을 추정한 결과 도체중에서는 0.3으로 추정되었고, 등심단면적은 0.21 그리고 근내지방은 0.42로 추정되었다. 등지방두께는 0.42로 추정 되었다. 유전력과 같은 유전모수는 집단별로 다양하게 추정되는데, Choi et al. (2006)이 국가단위 개량사업에서 검정한 검정축(24개월 도축)에 대해서 추정한 결과 도체중 0.32, 등심단면적 0.33, 등지방두께 0.51 그리고 근내지방도 0.5로 추정되었다. 이러한 결과를 비교해 볼 때, 도체중은 매우 비슷하게 추정되었고, 등심단면적은 10% 낮게 추정되었다. 아울러 지방형질인 등지방두께 및 근내지방도 역시 약 10%정도 낮게 추정되었다. 이러한 결과는 32개월령에서 출하된 개체들의 환경효과를 적절히 제어하지 못하는 결과일 수도 있고, 8개월령 정도 장기비육을 통하여 사료와 같은 환경효과가 유전효과를 상쇄하는 결과일 수도 있다(Moon et al., 2007). 유전력은 개체의 육종가의 정확도에 영향을 미치는 요인이기 때문에, 본 연구에서는 국가단위 자료와 다른 결과이었다. Figure 1은 다형질간 유전상관을 추정한 결과이다. 도체중(CWT)과 등심단면적은 유전상관이 0.24이었고, 근내지방(MAR)과 등지방두께(BF)는 -0.23의 유전상관을 그리고 근내지방과 등심단면적(EMA)은 0.61로 매우 높게 분석되었다. 더욱이, 등지방두께(BF)와 등심단면적(EMA)은 -0.27의 유전상관을 보였다. 환경효과가 잘 제어된 국가단위 검정우 자료를 이용하여 분석한 결과에 의하면 도체중(CWT)과 근내지방도(MS)는 0.32, 그리고 도체중과 등심단면적(EMA)은 0.63의 유전상관을 보였다. 그리고 근내지방도(MS)와 등지방(BF)은 0.18, 근내지방도와 등심단면적은 0.12의 유전상관을 보였다(Choi et al., 2006). Lande 등 (1984)에 따르면, 유전상관은 유전자의 다면발현(pleiotropy)현상과 대립유전자간의 상관인 연관불평형(linkage disequilibrium)현상 때문이라고 하였다. 유전상관은 두형질에 공통으로 작용하는 대립유전자(allele)가 한 형질에 대한 선발에 의해서 다른형질과 연관불평형구조사 생김으로 두형질의 상관에 영향을 미친다고 하였다. 또한, 본 연구에서 사용한 농가자료는 32개월령까지 고에너지 사료를 장기비육한 개체들로서 유전자와 환경과의 교호작용(G×E interaction)에 의한 유전상관이 나타나는 현상일 가능성도 배제할 수 없을 것이다.

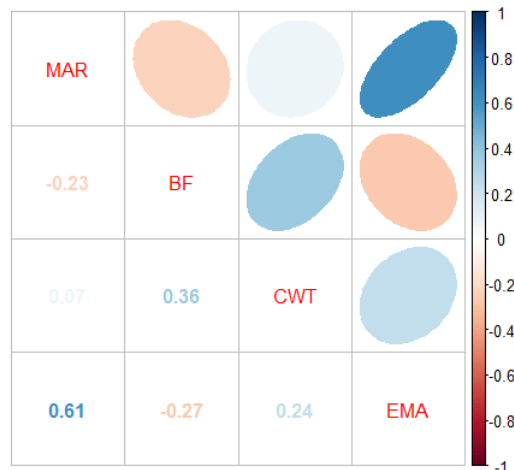


Figure 1. Genetic correlation between carcass traits in Hanwoo.

암소 육종가 정확도에 영향을 미치는 요인 분석

본 유전능력평가에서 사용한 표현형 자료는 10,479두의 도체성적을 사용하였고, 이들 개체의 혈통자료에는 총 9세대로 구성된 21,711두의 개체가 포함되어 있다. 혈통정보를 간략히 요약하여 설명하면, sire로 활용된 KPN은 386두였으며, 이중 sire of sire는 141두, sire of dam은 265두이다. 혈통에 포함된 21,711두 중에서 암소는 10,913두였으며, sires of dam은 323두, dam of dam이 4,340두가 포함되어 있었다. 위에서 언급한 강원지역 브랜드한우의 출하우들의 도체형질 표현형자료와 혈통자료를 통합하여 개체모형(BLUP)으로 개체의 유전능력평가를 수행하였다. 본 연구에서 분석한 암소 선조의 추정육종가의 정확도에 의해서 암소의 추정 육종가의 정확도가 어떻게 영향을 받는지를 분석하기 위하여, 두 개의 암소집단을 선발하였다. 전남지역에서 표본추출된 400두의 암소집단을 활용하여 씨수소의 정확도에 따른 암소의 추정육종가의 정확도를 분석하였다. Table 1에서 보는바와 같이, 비록 한 마리기는 하지만, 씨수소의 육종가의 정확도가 60-70%일 경우, 약 33-37%의 추정육종가의 정확도를 보였고, 씨수소의 육종가의 정확도가 70-80%일 경우, 37-40%로 추정육종가의 정확도가 증가하였다. 즉 씨수소의 추정육종가의 정확도가 10-20% 증가시, 그 후대 암소의 육종가의 정확도 역시 4-5% 증가하는 것으로 나타났다. 더욱이 씨수소의 추정육종가의 정확도가 80-90%로 높을 경우, 암소의 육종가의 정확도는 39-42%로 높게 추정되었다. 이러한 결과는 씨수소 아비로부터 육종가의 정확도의 약 50%가 전달되는 것으로 판단된다(Table 1).

Table 2. Accuracy of cow breeding value depend on their sire's EBV accuracy and number of progeny records

Cow	No of Progeny	CW ± SD	EMA ± SD	MS ± SD	BF ± SD
6	6	0.53 ± 0.04	0.50±0.03	0.60±0.04	0.60±0.04
35	5	0.53 ± 0.06	0.51±0.06	0.60±0.05	0.60±0.05
201	4	0.50 ± 0.07	0.48±0.07	0.56±0.06	0.57±0.06
798	3	0.47 ± 0.09	0.45±0.09	0.53±0.09	0.53±0.09
2230	2	0.43 ± 0.12	0.42±0.12	0.48±0.12	0.48±0.11

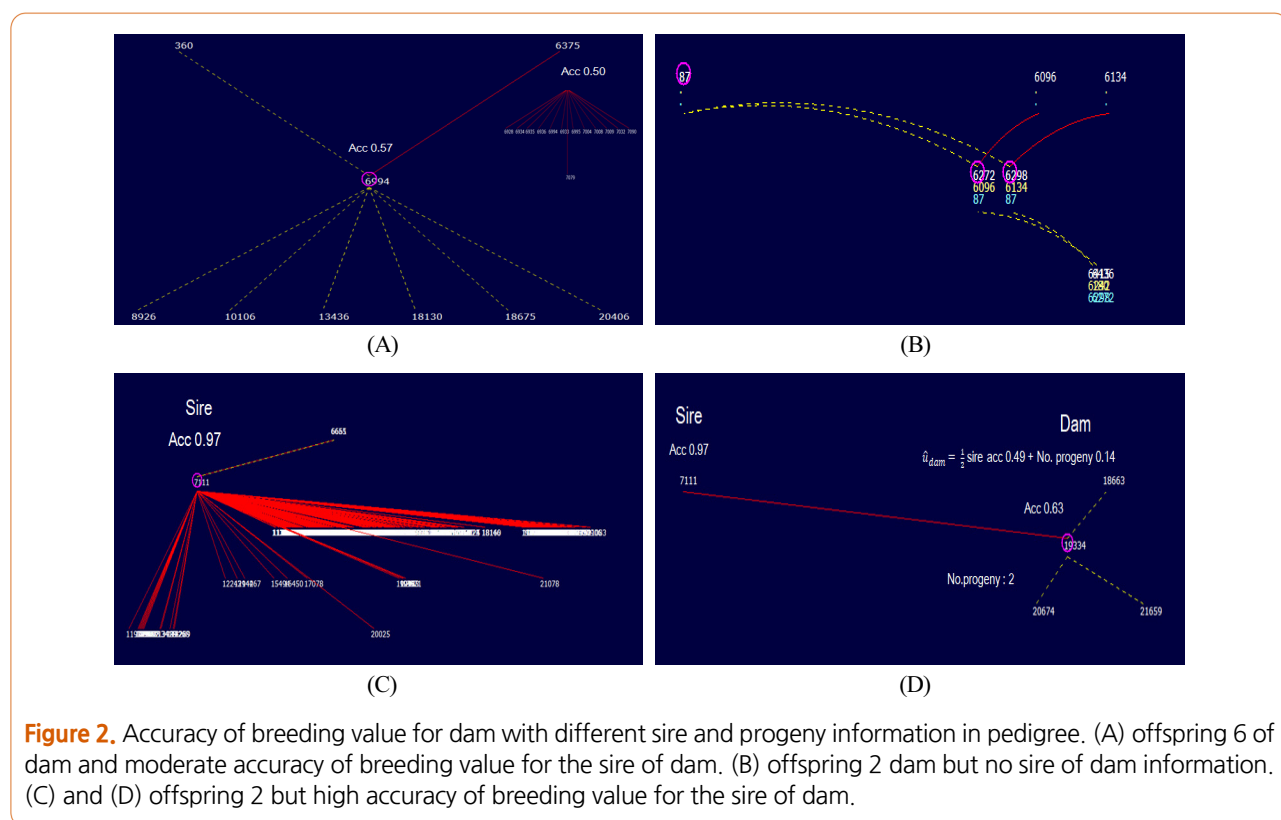


Table 2에서 보는바와 같이, 암소의 추정육종가의 정확도를 암소산차(후대의 수)를 통하여 분석하였다. 암소중 후대가 도축되어 도체형질을 가지고 있는 개체들만 추정육종가의 정확도를 분석한 결과, 후대의 수가 5-6마리인 경우 정확도는 50-60%로 나타났고, 후대의 수가 4마리인 경우는 약간 낮은 48%-57%로 나타났으며, 2마리에서 3마리에서는 약 40%의 정확도를 나타내었다. 이론적으로 암소의 후대정보(10두 기준)만을 이용하여 유전평가를 했을 경우에는 추정육종가의 정확도는 50%를 넘지 않는다(Van Vleck 등, 1987). 그러나 본 연구에서 사용한 자료는 386두의 sire의 후대 10,479두가 표현형 성적을 보유하고 있어 평균 sire 1두당 평균 27두의 후대성적을 보유한다. 그 결과, 본 연구에서 사용한 sire의 평균 추정육종가의 정확도는 80%를 상회할 것이다. 이러한 자료구조에서 Figure 2에서 보여주는것과 같이, 암소의 sire가 매우 높은 육종가의 정확도(Figure 2(C), 0.97)를 보인다면, 암소의 후대가 2마리라도 추정육종가의 정확도는 60%를 상회한다. 반면에, sire의 정보가 없는 암소의 경우는 매우 낮은(10% 미만)의 추정육종가의 정확도를 보이는 것을 확인하였다. 따라서, 농가에서 출하되는 출하우 자료를 활용하여 암소의 육종가를 추정할 경우, 암소의 추정육종가의 정확도를 높이기 위해서는 추정하려고 하는 암소의 아버지(sire)정보를 확보하고, 암소의 아버지(KPN)의 후대정보를 가능한 많이 확보하여 유전능력평가를 수행하는 것이 암소의 육종가의 정확도를 높이는 방법일 것이다. 따라서, 반향매 집단에서 암소의 육종가의 정확도에 영향을 미치는 요인은, 암소후대의 직접정보보다, 암소의 아버지(KPN)의 후대정보를 가능한 많이 확보하여 유전능력평가를 수행하는 것이 효과적일 것이다.

요약

본 연구는 농가에서 사육되어 출하된 개체의 도체형질을 이용하여 암소의 유전능력을 추정하고 암소 육종가의 정확도에 영향을 미치는 요인을 탐색하고자 하였다. 유전능력 평가결과, 씨수소의 육종가의 정확도가 60-70%일 경우, 약 33-37%의 추정육종가의 정확도를 보였고, 씨수소의 육종가의 정확도가 70-80%일 경우, 37-40%로 추정육종가의 정확도가 증가하였다. 즉 씨수소의 추정육종가의 정확도가 10-20% 증가 시, 그 후대 암소의 육종가의 정확도 역시 4-5% 증가하는 것으로 나타났다. 더욱이 씨수소의 추정육종가의 정확도가 80-90%로 높을 경우, 암소의 육종가의 정확도는 39-42%로 높게 추정되었다. 이러한 결과는 씨수소 아버로부터 육종가의 정확도의 약 50%가 전달되는 것으로 판단된다. 암소의 추정육종가의 정확도를 암소산차(후대의 수)를 통하여 분석하였다. 암소중 후대가 도축되어 도체형질을 가지고 있는 개체들만 추정육종가의 정확도를 분석한 결과, 후대의 수가 5-6마리인 경우 정확도는 50-60%로 나타났고, 후대의 수가 4마리인 경우는 약간 낮은 48%-57%로 나타났으며, 2마리에서 3마리에서는 약 40%의 정확도를 나타내었다. 결과적으로 암소의 추정육종가의 정확도를 올리기 위해서는 암소후대의 직접정보보다, 암소의 아버지(KPN)의 후대정보를 가능한 많이 확보하여 유전능력평가를 수행하는 것이 효과적일 것이다.

사사

본 연구는 차세대 바이오그린 21 동물분자유전육종사업단(PJ011349)으로 부터 연구비를 지원받아 수행하였습니다. 이와 더불어, 출하우 도체성적 및 혈통자료를 제공해주신 평창·영월·정선 축산업협동조합 관계자 여러분께 감사드립니다.

References

1. Choi TJ, Kim SD, Agapita JS, Baik DH (2006) Genetic parameter estimation on the growth and carcass traits in Hanwoo. *J Animal Science and Technology* 48(6):759-766.
2. Cundiff LV, Gregory KE, Koch RM, Dickerson GE (1969) Genetic variation in total and differential growth of carcass components in beef cattle. *J Animal Science* 29:233-244.
3. Dang CG, Kim HC, Chang SS, LEE JM, Hong YH, Jeon GJ, Yeon SH, Kang HS, Yang BS, Hong SK, Lee JH, Lee SH (2013) Estimation of genetic parameter for carcass traits of commercial steers in Pyeongchang. *CNU. J Agricultural Science* 40(4):339-345.
4. Farly G, Boothby D, Fordyce G, Sullivan M (2000) Female selection in beef cattle. Department of Primary Industries, Queensland, pp 14-15. AU.

5. Gilmour AR, Gogel BJ, Cullis BR, Thompson R (2006) ASREML User, Guide Release 3.0, VSN international Ltd, Hemel Hempstead, UK.
6. Koo YM, Kim SD, Kim JI, Song CE, Lee KH, Jeoung YH, Lee JY, Jang HG, Park BH, Choi TJ, Cho KH, Lee SS, Lee JG, Kim HS (2011) Research of statistical model for genetic evaluation of Hanwoo carcass traits. *J Animal Science and Technology* 53(4):283-288.
7. Lande, R (1984) The genetic correlation between characters maintained by selection, linkage and inbreeding. *Genetic Research Cambridge*. 44:309-320.
8. 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 Animal Science and Technology* 49(6):689-698.
9. National Institute of Animal Science (NAIS). 2009. Genetic evaluation report of Hanwoo. Vol. 23.
10. Won JI, Kim JB, Lee JK (2010) Evaluation of genetic ability for meat quality in Hanwoo cow. *J Animal Science and Technology* 52(4):259-264.

Supplementary Table S1. Mean and standard deviation for four carcass traits of steers (n=10,479; Dang et al., 2013)

Traits	Min	Max	Median	Mean	SD
Carcass weight (kg)	147	614	402	423.91	44.90
Eye muscle area (cm ²)	32	141	89	91	10.11
Back fat thickness (mm)	1	49	12	13.63	5.33
Marbling score (1-9)	1	9	6	5.6	1.83
Day of Slaughter	353	1597	-	929	59.35

Supplementary Table S2. Genetic, residual variance and heritabilities estimated by multiple trait model (Dang et al., 2013)

Factors	MAR	BF	CWT	EMA
Genetic Variance (σ^2_g)	1.49	12.05	496.37	20.12
Residual variance (σ^2_e)	2.01	16.36	1176.14	77.64
Phenotypic variance (σ^2_p)	3.50	28.41	11672.5	97.76
Heritability (h^2)	0.42±0.04	0.42±0.05	0.30±0.04	0.21±0.04