

## Research Article

# Development and implementation of genomic selection model for economic traits in Korean native cattle (Hanwoo)

So-Young Choi<sup>1</sup>, Hongrip Min<sup>1</sup>, Seunghee No<sup>1</sup>, Dahye Son<sup>1</sup>, Sanghoon Han<sup>2</sup>, Jungjae Lee<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Livestock Research Institute, Nonghyup Agribusiness Group, Anseong, Gyeonggi-do, 17558, Korea

<sup>2</sup>JJ Company, 54 Hyeonchon 1-ro, Pyeongtaek-si, Gyeonggi-do, 17869, Korea

\*Corresponding author: [jungjae.ansc@gmail.com](mailto:jungjae.ansc@gmail.com)

## ABSTRACT

This study investigates the genomic prediction accuracy for four carcass traits (Backfat thickness, Eye muscle area, Carcass weight and Marbling score) and one reproduction trait (Calving Interval) using customized genotyping platform (NHanwoo1) in Korean native cattle. We use 65,351 genotyped animals after the imputation with various genotyping platforms to perform genomic prediction accuracy. A 5-fold cross-validation method using K-Means clustering was employed to estimate genomic prediction accuracy. The K-Means clustering method was utilized using 142,827 pedigree data associated with the 65,351 genotypes ultimately used in the genomic analysis. Genomic prediction accuracies based on BayesC with fixed Pi value of 0.99 were estimated with the results of carcass weight at 0.722, eye muscle area at 0.711, backfat thickness at 0.594, marbling score at 0.642, and calving interval at 0.626. Based on these results of high genomic prediction accuracy, it is suggested that blending the Estimated Breeding Values (EBV) derived from BLUP methods with the MBVs derived from SNP marker effects can produce an integrated genomic estimated breeding value (GEBV) with high reliability for five economic traits in Hanwoo.

**Keywords:** Genotyping platform, Genomic Prediction Accuracy, Bayesian, GEBV, Hanwoo

## INTRODUCTION

한우(*Bos taurus coreanae*)는 한국의 토종 소로, 오랜 시간 동안 한국에서 운송과 농업에 사용되었으며, 육류용 소로 전환된 것은 약 55년 전이다(Park et al., 2013). 한우 산업의 성장을 위한 육종목표 설정과 개량 사업은 1980년대 당, 후대 검정에 의한 씨수소 선발을 통해 시작하게 되었으며, 선발을 위한 주요 형질로 도체 형질의 육량 및 육질에 중점을 두고 현재까지 지속적인 개량의 성과를 나타내고 있다(Kim et al., 2010). 또한, 최근 축산선진국과의 FTA(Free Trade Agreement) 체결을 통해 들어오는 수입산 쇠고기로부터 국내 농가의 안정적인 수익 창출과 경쟁력 확보를 위해 한우의 개량은 필수적으로 고려 및 연구가 이루어지고 있다(Kim et al., 2021). 한국의 소고기 등급제 평가 기준은 도체중(CWT), 등심단면적(EMA), 등지방두께(BFT) 및 근내지방도 점수(MSC)와 같은 도체 특성에 기반하며, 한우 산업은 주로 한우의 도체 특성에 대한 육종가를 높이는 것을 목표로 하고 있다(Mehrban et al., 2019). 다른 중요한 형질 중 하나인 번식 형질은 농가의 수익에 커다란 영향을 미치는 요인 중 하나로, 최근 개량을 통해 암소의 체형과 산육능력은 높아졌지만, 체형이 우수하고 형매의 도축성적도 우수한 암소가 번식능력 저하로 인하여 조기에 도태되는 경향이 있다(Shin et al., 2022). 또한, 목표 출하 시기를 도매가격이 높은 가을로 설정해도 번식 효율이 낮을 경우 다음 발정까지 수정이 지연되기 때문에 목표 출하 시기에서 최소 21일, 42일, 63일 등으로 출하 기간이 늦어지고, 출하를 인위적으로 앞당길 경우 적정 사육기간이 줄어들어 낮은 등급이 출현할 가능성이 높아진다(Choi and Cho, 2016). 이처럼 계획적인 육종목표를 위해 개량하고 있는 씨수소와는 다르게 일반농가에서 사육되는 씨암소 선발을 위

한 유전능력 평가는 별도로 후손에 대한 능력검정 과정을 거치는 것이 아니라 친척들에 대한 도축자료를 수집한 후 수집된 자료에 대한 유전분석을 통해 실시하고 있다(Do et al., 2016). 최근 분자유전학 발전에 따라 가축의 개량에 유전체 선발 기술이 도입되었으며 유전체 선발은 가축의 유전적인 가치와 육종가를 유전체 정보에 기반하여 평가하는 효과적인 방법이다. 실질적으로 가축의 유전체 데이터, 특히 단일 염기 다형성(SNP) 데이터와 최적 선형 불편 예측(BLUP)과 같은 통계적 방법이 필요하며, 이를 통해 유전체 육종가(GEBV)를 계산할 수 있다(Goddard, 2009). 이러한 SNP 데이터는 유전체 육종가를 추정할 수 있으며, 이는 전통적인 BLUP에서 얻은 육종가(EBV)와, 가축의 유전자형 SNP 마커 효과의 합으로부터 얻은 분자 육종가(MBV)와 혼합된다. 유전체 선발 모델링에서 가장 중요한 매개변수는 유전체 육종가를 추정하는 유전체 예측의 정확도이며, 이 매개변수를 바탕으로 전통적인 EBV와 MBV와 혼합될 때 가중치가 결정된다(Kachman, 2008). 따라서, 본 연구는 한우 암소의 다양한 유전체 플랫폼을 이용하여 도체 및 번식형질의 유전체 육종가를 추정하여 농가 단위 개량에 기여하고 유전체 정확도를 추정하여 암소 유전체 데이터의 활용방안을 모색하고자 한다.

## MATERIALS AND METHODS

### 혈통, 표현형 및 유전체 데이터

농협 경제지주와 한국종축개량협회의 혈통자료와 평가 대상우 및 대상의 형매 및 후손들에 대한 혈통 및 표현형 자료를 수집하였다. 농협 경제지주의 3대 혈통자료 1,219,478건중 중복된 혈통자료 83건을 제외하고 1,219,395건의 혈통자료를 사용하였고 한국종축개량협회의 혈통자료 7,410,414건중 중복된 혈통자료 556,519건을 제외하고 6,687,218건의 혈통자료를 사용하였다. 두 기관 혈통자료중 중복 자료 제거 및 통합하여 최종적으로 6,960,669건의 혈통자료를 분석에 이용하였다. 또한 도체 형질 관련 데이터는 농협 경제지주의 농가번호, 출생년월일, 어미의 산차, 도체중, 등심단면적, 등지방두께, 근내지방도의 정보 221,530건을 수집하였고, 번식 형질 관련 데이터 또한 동일한 방법으로 148,332건을 수집하여 분석에 사용하였다.

본 연구를 수행하기 위한 한우 유전체 자료는 농협 축산연구원의 자료를 활용하였는데 아래의 Table 1에 나타난 바와 같이 다양한 유전체 지노타이핑 플랫폼(AxiomCustom300K, NHanwoo1, Hanwoo50Kv1, 및 IlluminaBovine50Kv3)으로 분석되었으며, 총 92,305두의 유전체 자료를 이용하였다. 최종적으로 분석에 이용된 SNP 마커의 수는 각각의 유전체 플랫폼 별로 맵 정보가 없는 SNP 마커, 성염색체 상에 존재하는 SNP 마커 및 call rate가 0.95 이하인 SNP 마커를 제외하였으며, 친자 감별 테스트를 통하여 유전체 정보와 혈통 정보가 일치하지 않는 개체를 최종적인 분석에서 제외하였으며, 기존의 혈통자료에서도 친자 부정이 발생한 개체들에 대해서는 수정 후 최종적으로 92,204두의 유전체 정보 자료를 이용하여 분석하였다. QC 분석이 완료되어진 각 SNP 마커 자료들은 유전체 지노타이핑 플랫폼별로 FImputeV3 프로그램을(Sargolzaei et al., 2014) 이용하여 NHanwoo1 지노타이핑 플랫폼으로 imputation을 수행하였다.

**Table 1.** Summary of genotyped animals and SNP genotyping platforms

| Genotyping Platforms | No. of SNPs | No. of animals |
|----------------------|-------------|----------------|
| NHSeek430K           | 431,609     | 457            |
| NHanwoo1             | 59,278      | 44,607         |
| Hanwoo50Kv1          | 53,866      | 35,165         |
| IlluminaBovine50Kv3  | 53,218      | 11,975         |

## 도체 형질 분석 모델의 통계적 방법

도체 형질에 대한 분산 성분 및 유전 모수를 추정하기 위하여 상가적 유전 효과[additive genetic effect], 고정 효과 [Sex, Contemporary group(Year-Month and Herd) and Dam's parity] 및 공변이 [Carcass age]를 포함한 선형 개체 모형 [linear animal model]을 각각의 도체 형질에 따라 단형질 모형에 적용하였다. 분산 성분 및 유전 모수를 추정하기 위하여 REML(Restricted Maximum Likelihood) 방법을 WOMBAT 소프트웨어를 이용하여 분석하였으며, 분석 모형은 아래와 같이 적용하였다.

$$y = Xb + Zu + e$$

여기서,  $y$ 는 관측치의 벡터,  $X, Z$ 는 고정 및 랜덤 효과들에 대한 incidence matrix,  $b$ 는 고정 효과 [Sex, Contemporary group(Year-Month and Herd) and Dam's parity] 및 공변이에 대한 벡터,  $u$ 는 상가적 유전 효과에 대한 벡터,  $e$ 는 잔차 효과에 대한 벡터이다.

## 번식 형질 분석 모델의 통계적 방법

한우 암소의 분만 간격(CI, Calving Interval)에 대한 분산 성분 및 유전 모수(유전력 및 유전 상관)를 추정하기 위하여 WOMBAT 소프트웨어를 이용하여 다음 분석 모형 식을 적용하였다. 고정 효과로는 농가-출생년도-출생월(Herd-Year-Month; HYM)을 적용하였으며, 어미의 산차를 적용하여 보정하였다.

$$y = Xb + Z_a u_a + Z_m u_m + \epsilon$$

여기서,  $y$ 는 번식간격에 대한 관측치,  $X, Z$ 는 고정 및 랜덤 효과의 incidence matrix,  $b$ 는 고정 효과,  $u_a$ 는 상가적 유전 효과,  $u_m$ 는 모계의 유전 효과,  $\epsilon$ 는 잔차효과를 나타낸다.

## 유전체 분석 모델의 통계적 방법

전장 유전체 연관성 분석 및 유전체 선발 모형을 적용하기 위하여 BayesB와 BayesC 방법론을 이용하고 다양한  $\pi$ 값(0.00, 0.50, 0.75, 0.90, 0.95, 0.99)을 적용하여 비교 분석하였다. BayesB와 BayesC 방법은 아래와 같은 혼합 선형 모형(Mixed linear model)을 적용하였다.

$$y_i = \mu + \sum_{j=1}^k Z_{ij} u_j \delta_j + \epsilon_i$$

여기서,  $y_i$ 는 반응 변수(Deregressed EBVs: DEBVincPA),  $\mu$ 는 전체 집단 평균,  $k$ 는 SNP 마커의 수,  $Z_{ij}$ 는  $i$ 번째 개체의  $j$ 번째 마커의 allele state (0,1,2),  $u_j$ 는 SNP 마커의 효과,  $\delta_j$ 는 SNP 마커가 모델 상에서 존재 유무(0 or 1)를 나타낸다. SNP 마커의 효과 및 분산(김스 샘플링을 이용하여 얻어진 모수 및 효과의 사후 분포)을 추정하기 위하여 총 55,000번의 Markov chain Monte Carlo iteration 중에 초기 5,000번의 iteration은 burn-in 구간으로 제외하였으며, SNP 마커 효과 및 매 5번째 iteration만을 추출(thinning)하여 사후 평균으로 SNP 마커 효과 및 분산을 추정하였다. 이는 Markov chain 상에서 자기 상관(Auto-correlation)이 발생하기 때문에 이로 인한 편향의 발생을 사전에 방지하기 위하여 위와 같은 방법으로 추정하였다. 위 모든 방법들은 GenSel4R 프로그램을 이용하여 수행되었다(Garrick and Fernando, 2013).

## 유전체 분석에 사용된 반응 변수의 회귀 육종가 추정

한우의 기초정보, 표현형 및 혈통자료를 이용하여 추정된 각 개체별 도체 및 번식형질의 육종가와 신뢰도 및 유전분산성분을 이용하여 DEBVs(Deregressed Estimated Breeding Values)를 유전체 선발의 반응 변수로 사용하기 위하여 아래와 같은 공식을 이용하여 재추정하였다.

$$DEBV_i = (PA) + \frac{\hat{g}_i - PA}{r_i^2}$$

또한, 새롭게 추정된 반응 변수들은 개체마다 각기 다른 신뢰도를 가지고 있기 때문에, 이러한 이질적 분산(heterogeneous variance)을 설명하기 위하여 가중치(weighting factor)를 아래와 같은 공식(Garrick et al., 2009)을 가지고 최종 모형 식에 적용하였다.

$$\omega_i = \frac{(1 - h^2)}{c + [(1 - r_i^2)/r_i^2]h^2}$$

여기서,  $r^2$ 는 반응 변수(DEBVs:  $DEBV_{incPA}$ )의 신뢰도,  $h^2$ 는 각 형질 별로 추정된 유전력,  $c$ 는 SNP 마커 정보로 설명되어 질 수 없는 유전적 분산의 비율을 의미하며 0.4 정도의 수준으로 가정하였다(Saatchi et al., 2012). 최종적으로 반응 변수를 DEBVs로 변환한 후에 반응변수에 대한 퀄리티를 확보하기 위해서 신뢰도가 0.10 이하인 개체들을 제거한 후 유전체 및 표현형(DEBVs) 자료가 확보된 참조 축군 92,104두를 이용하여 베이지안 방법을 통한 전장 유전체 연관성 분석 및 유전체 선발 모형 분석을 수행하였다.

## 5-fold 교차 검증 방법을 이용한 유전체 정확도 추정

본 연구에서는 유전체 정확도를 추정하기 위해서, 5-fold 교차 검증 방법을 이용하였으며, 교차 검증을 위하여 K-Means 클러스터링 방법을 이용하였다. K-Means 클러스터링을 통해서 참조 집단(reference population)은 training과 validation 집단으로 나뉘지게 되며, 이때 두 집단(training과 validation)의 혈연적인 관계는 최대한으로 적게 나타날 수 있도록 구성하였다. K-Means 클러스터링 방법은 최종적으로 유전체 분석에 이용되는 29,205두에 연관되어 있는 40,472두의 혈통 자료를 가지고 혈연 행렬(Numerical Relationship Matrix: NRM)를 추정한 후에 이를 다시 Distance Matrix로 변환하여 각 그룹 간의 혈연관계를 최대한으로 적게 나타날 수 있도록 적용하였다. 검증결과는 Table 2에 나타내었으며, 그룹 내(within group)의  $a_{max}$ 와  $a_{ij}$  통계량이 그룹 간(between group)  $a_{max}$ 와  $a_{ij}$  통계량보다 상대적으로 멀리 떨어져 있음을 확인할 수 있다.

**Table 2.** Estimated variance components and heritability for calving interval (CI)

| Clusters | inBreC <sup>1</sup> | $a_{max\_within}$ <sup>2</sup> | $a_{max\_between}$ <sup>3</sup> | $a_{ij\_within}$ <sup>4</sup> | $a_{ij\_between}$ <sup>5</sup> |
|----------|---------------------|--------------------------------|---------------------------------|-------------------------------|--------------------------------|
| 1        | 0.006               | 0.501                          | 0.418                           | 0.028                         | 0.011                          |
| 2        | 0.005               | 0.498                          | 0.482                           | 0.087                         | 0.015                          |
| 3        | 0.004               | 0.503                          | 0.451                           | 0.072                         | 0.011                          |
| 4        | 0.002               | 0.461                          | 0.405                           | 0.011                         | 0.010                          |
| 5        | 0.007               | 0.508                          | 0.473                           | 0.079                         | 0.015                          |
| Avg.     | 0.005               | 0.484                          | 0.446                           | 0.055                         | 0.012                          |

<sup>1</sup>inBreC = the average of inbreeding coefficients within cluster 1.

<sup>2</sup> $a_{max\_within}$  = the average of  $a_{max}$  (the maximum of relationships [ $a_{ij}$ ] for each animal) values within cluster

<sup>3</sup> $a_{max\_between}$  = the average of  $a_{max}$  values between the clustered (training and validation) groups.

<sup>4</sup> $a_{ij\_within}$  = the average of  $a_{ij}$  (realationships) values within cluster 1.

<sup>5</sup> $a_{ij\_between}$  = the average of  $a_{ij}$  values betwwen clustered groups.

## RESULTS

### 도체, 번식형질에 대한 분산 성분 및 유전 모수 추정

도체, 번식형질에 대한 분산 성분 및 유전 모수 추정 결과를 Table 3에 나타내었으며, 유전력은 도체중(CWT), 등심단면적(EMA), 등지방두께(BFT) 및 근내지방도(MSC)에서 각각 0.4322, 0.3734, 0.2914 및 0.5058로 추정되었다. 이를 선행 연구결과와 비교해보면,

Shin et al. (2023)은 한우 암소의 유전력을 도체중, 등심단면적, 등지방두께 및 근내지방도에서 각각 0.50, 0.40, 0.41, 0.54로 본 연구보다 상대적으로 높은 수준으로 보고하였고, Sun et al. (2021)은 경남지방 한우 암소의 유전력을 0.34, 0.26, 0.32, 0.57로 본 연구보다 상대적으로 낮은 수준으로 보고하였다. 이는 대량의 참조집단을 분석에 이용하거나 지역을 한정하여 분석함에 따라 사육환경 차이로 인한 것으로 사료된다. 번식간격(CI)의 유전력은 0.1231 수준으로 저도의 유전력으로 추정되었으며, 이를 선행연구결과와 비교해보면, Shin et al. (2022)는 한우 암소 초산의 분만간격에 대한 유전력을 0.175, Shin et al. (2021)은 한우 암소의 번식간격에 대한 유전력을 0.141로 모두 본 연구와 비슷한 수준으로 보고하였다. 이는 번식관련 표현형 데이터 생성이 아직 균일화 되어 있지 않아 편차가 크고, 농가에 따라 환경적인 영향이 증감하기 때문일 것으로 사료된다.

**Table 3.** Estimated variance components and genetic parameters for carcass and calving interval traits

| Traits | $\sigma_a^2$ | $\sigma_e^2$ | $\sigma_p^2$ | $h^2$  |
|--------|--------------|--------------|--------------|--------|
| CWT    | 901.86       | 1184.84      | 2086.7       | 0.4322 |
| EMA    | 45.23        | 75.89        | 121.12       | 0.3734 |
| BFT    | 5.573        | 13.55        | 19.12        | 0.2914 |
| MSC    | 1.688        | 1.649        | 3.337        | 0.5058 |
| CI     | 895.40       | 450.00       | 5929.30      | 0.1231 |

CWT, Carcass Weight; EMA, Eye Muscle Area; BFT, Back Fat Thickness; MSC, Marbling Score; CI, Calving Interval.

### 추정 방법론 및 $\pi$ 값에 따른 유전체 예측 정확도 추정

유전체 육종가를 추정하기 위한 하나의 모수(parameter)인 유전체 정확도 추정을 위하여 K-Means 클러스터링을 통하여 군집화된 validation 그룹으로부터 추정된 유전체 육종가(Molecular Breeding Values: MBVs)와 DEBV를 종속 변수로 적용하여 단순 상관을 추정하였다. 유전체 정확도 추정을 위해 BayesB와 BayesC 방법론을 이용하여 다양한  $\pi$ 값(0.00, 0.50, 0.75, 0.90, 0.95, 0.99)을 적용하여 비교 분석하였고, 그 결과를 Table 4와 Table 5에 나타내었다. 추정 방법론 중에서는 BayesC 방법론과  $\pi$ 값은 0.50 수준으로 유전체 선발 모형을 적용하였을 때 평균적으로 가장 높은 60% 정도의 유전체 예측의 정확도가 추정되었다. 본 연구에서 사용된 방법론 이외 다양한 방법론과 비교하였을 때, Shin et al. (2018)는 GBLUP 방법론을 통해 한우 암소의 유전체 정보를 활용하여 정확도를 추정한 결과, 각 형질에서 도체중이 0.542, 등심단면적이 0.509, 등지방두께가 0.521, 그리고 근내지방도가 0.513으로 보고하였으며, Lee et al. (2022)는 ssGBLUP 방법론을 통해 한우 암소의 유전체 정보를 활용하여 정확도를 추정한 결과, 각 형질에서 도체중이 0.4764, 등심단면적이 0.4302, 등지방두께가 0.446, 그리고 근내지방도가 0.5141로 본 연구와 비슷하거나 낮은 수준으로 보고하였다. 선행 연구의 결과들은 분석에 사용된 참조집단이 검정우 또는 거세우 집단의 유전체 정보를 활용하였고, 상대적으로 작은 참조집단 규모로 각 형질마다 본 연구 결과와 다른 수준의 정확도가 보고된 것으로 사료된다.

**Table 4.** Estimation of the genomic prediction accuracy using NHanwoo1 genotyping platform according to BayesB method with various  $\pi$  values

| Traits | ResVars   | BayesB     |            |            |            |            |            |
|--------|-----------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|
|        |           | $\pi=0.00$ | $\pi=0.50$ | $\pi=0.75$ | $\pi=0.90$ | $\pi=0.95$ | $\pi=0.99$ |
| CWT    | DEBVincPA | 0.6655     | 0.6672     | 0.6682     | 0.6664     | 0.6614     | 0.6416     |
| EMA    | DEBVincPA | 0.6484     | 0.6497     | 0.6500     | 0.6458     | 0.6379     | 0.6076     |
| BFT    | DEBVincPA | 0.4680     | 0.4673     | 0.4691     | 0.4673     | 0.4593     | 0.4177     |
| MSC    | DEBVincPA | 0.5566     | 0.5551     | 0.5515     | 0.5411     | 0.5292     | 0.4925     |
| CI     | DEBVincPA | 0.5849     | 0.5895     | 0.5922     | 0.5855     | 0.5737     | 0.5255     |

CWT, Carcass Weight; EMA, Eye Muscle Area; BFT, Back Fat Thickness; MSC, Marbling Score; CI, Calving Interval.

**Table 5.** Estimation of the genomic prediction accuracy using NHanwoo1 genotyping platform according to BayesC method with various  $\pi$  values

| Traits | ResVars   | BayesC     |            |            |            |            |            |        |
|--------|-----------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|--------|
|        |           | $\pi=0.00$ | $\pi=0.50$ | $\pi=0.75$ | $\pi=0.90$ | $\pi=0.95$ | $\pi=0.99$ | $C\pi$ |
| CWT    | DEBVincPA | 0.6774     | 0.6776     | 0.6771     | 0.6732     | 0.6658     | 0.6425     | 0.6766 |
| EMA    | DEBVincPA | 0.6567     | 0.6569     | 0.6561     | 0.6514     | 0.6420     | 0.6085     | 0.6477 |
| BFT    | DEBVincPA | 0.4779     | 0.4783     | 0.4783     | 0.4747     | 0.4658     | 0.4222     | 0.4491 |
| MSC    | DEBVincPA | 0.5634     | 0.5621     | 0.5593     | 0.5494     | 0.5356     | 0.4934     | 0.5094 |
| CI     | DEBVincPA | 0.6045     | 0.6049     | 0.6028     | 0.5929     | 0.5783     | 0.5366     | -      |

CWT, Carcass Weight; EMA, Eye Muscle Area; BFT, Back Fat Thickness; MSC, Marbling Score; CI, Calving Interval.

## CONCLUSION

본 연구에서 한우의 도체 및 번식형질에 대한 유전 모수와 유전체 정확도가 다른 연구들과 유사한 수준으로 추정되었고, 이를 바탕으로 한우 암소의 유전체 정보를 활용하여 유전체 육종가 및 정확도를 추정할 수 있으며, 한우 산업의 도체, 번식 형질의 유전적 개량 및 한우 집단의 유전체 데이터 고도화 등에 활용할 수 있을 것으로 사료된다.

## ACKNOWLEDGEMENTS.

본 결과물은 농림축산식품부 및 과학기술정보통신부, 농촌진흥청의 재원으로 농림식품기술기획평가원과 재단법인 스마트팜연구개발사업단의 스마트팜다부처패키지혁신기술개발사업의 지원을 받아 연구되었음(421022-04)

## REFERENCES

- Do CH, Park BH, Kim SD, Choi TJ, Yang BS, Park SB, Song HJ. 2016. Genetic Parameter Estimates of Carcass Traits under National Scale Breeding Scheme for Beef Cattle. *Asian-Australas J Anim Sci*, 29(8), 1083-1094. <https://doi.org/10.5713/ajas.15.0696>
- Kim DJ, Song HJ, Lee SH, Lee JJ, Jin S, Cho SR, Kang SS, Won JI. 2021. Estimation of the genetic parameters of 24-and 30-month carcass traits for sire selection. *Korean Journal of Agricultural Science*, 48(3), 527-534. <https://doi.org/10.7744/kjoas.20210042>
- Lee DJ, Lee SH, Yoon DH. 2022. A comparative study of estimated breeding values with Hanwoo cow using genetic evaluation models. *Journal of Animal Breeding and Genomics*, 6(4). <https://doi.org/10.12972/jabng.20220026>
- Shin EG, Lee SH, Yoon DH. 2018. Accuracy of Genomic Estimated Breeding Value with Hanwoo Cows in the Commercial Farms. *Journal of Agriculture & Life Science*, 52(2), 91-98. <https://doi.org/10.14397/jals.2018.52.2.91>
- Kim HS, Hwang JM, Choi TJ, Park BH, Cho KH, Park CJ, Kim SD. 2010. Research on the Reformation of the Selection Index for Hanwoo Proven Bull. *Journal of Animal Science and Technology*, 52(2), 83-90. <https://doi.org/10.5187/jast.2010.52.2.083>
- Choi IC, Cho JS. 2016. Reproduction and marketing plans for improving profitability of Korean native cattle (Hanwoo) farm. *Journal of Animal Reproduction and Biotechnology*, 31(3), 267-272. <https://doi.org/10.12750/jet.2016.31.3.267>
- Son JH, Koo YM, Jeung YH, Cha DH, Kim SJ, Choi TJ, Park MN, Lee DM, Lee JH. 2020. Estimation of Genetic Parameters on Carcass Traits for Estimated Breeding Value in Hanwoo Cow. *Journal of Agriculture & Life Science*, 54(6), 73-80. <https://doi.org/10.14397/jals.2020.54.6.73>
- Park B, Choi T, Kim S, Oh S. 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>
- Shin SK, Lee JJ, Do CH. 2021. Genetic relationship of age at first calving with conformation traits and calving interval in Hanwoo cows. *J Anim Sci Technol*, 63(4), 740-750. <https://doi.org/10.5187/jast.2021.e73>
- Shin SK, Kim SJ, Son JH, Noh JK, Do CH, Koo YM. 2023. Estimation of Genetic Parameters for Carcass Traits in Hanwoo cows. *Journal of Animal Breeding and Genomics*. <https://doi.org/10.12972/jabng.20230006>

- Shin SK, Choi TJ, Son JH, Do CH, Lee JH, Koo YM. 2022. Estimation of Genetic Parameters for First Calving Interval in Hanwoo Cows. *Journal of Animal Breeding and Genomics*, 6(3). <https://doi.org/10.12972/jabng.20220008>
- Kim SJ, Son JH, Lee JJ, Choi TJ, Lee DM, Lee JG, Lim HT, Koo YM. 2022. Estimation of GEBV and Reliability of Hanwoo Carcass Traits using Bayesian Method. *Journal of Animal Breeding and Genomics*, 6(4). <https://doi.org/10.12972/jabng.20220018>