

Research Article

Comparison of parentage test for Hanwoo identity test marker combinations

Nuri Choi¹, Minjun Kim², Yusam Kim¹, Do Hyun Kim³, Hak Kyo Lee³, Myung Hum Park¹, Bong Hwan Choi⁴, Dongwon Seo^{1*}

¹R&D Center, TNT Research Ltd., Sejong 30141, Korea

²Department of Animal Science, Chungnam National University, Daejeon 34134, Korea

³Department of Animal Biotechnology, Jeonbuk National University, Jeonju 54896, Korea

⁴Animal Genetic Resource Center, National Institute of Animal Science, Hamyang, Korea

*Corresponding author: dwseo@tntresearch.co.kr

ABSTRACT

The identity and parentage verification tests for Hanwoo play a crucial role not only in preventing fraudulent distribution in the market but also in generating greater profits in calf transactions by verifying the parentage of superior bloodlines. Therefore, this study secured the genotypes of 946 Hanwoo cattle using the GeneTrack™ Ver1 Genotyping Kit (GT1), based on the dinucleotide marker combination recommended by ISAG, and the GeneTrack™ Ver2 Genotyping Kit (GT2), based on a combination of tri- to hexanucleotide markers, to compare the results of paternity matches and mismatches for the same animals in the Jeonbuk region. Among the 17 individuals identified as mismatches using the Hanwoo Chip SNP genotypes, 3 animals showed the same mismatch results with SNPs using the GT1 marker combination, while 14 animals were confirmed as mismatches. In the GT2 marker combination, 16 animals showed mismatches, and 1 animal was confirmed as a mismatch. These findings highlight the necessity of verifying marker genotypes and determination errors more accurately through additional samples and the configuration of Trio samples.

Keywords: Hanwoo, Microsatellite markers (MS), parentage test, SNP, identity

INTRODUCTION

2009년 6월에 고시된 소 및 쇠고기 개체식별을 위한 'DNA 동일성 검사방법'은 송아지 출생 직후 개체번호를 부여하고, 사육 및 유통 단계에서 위 변조를 방지하기 위해 DNA 마커 기반으로 고유한 대립 유전자 값을 관리하는 시스템이다. 이 체계 도입 이후, 한우의 불법 유통이 근절되었으며, 소비자에게 품질을 보증할 수 있는 신뢰 기반이 마련되었다. 또한, 개체 고유번호와 혈통 관리를 통해 우수 개체 선별의 기반이 강화되었고, 유전적 다양성을 보호함으로써 한우의 유전적 소실을 예방할 수 있었다. 이러한 시스템은 한우 산업에 긍정적인 영향을 미치며, 품질과 신뢰도를 높이는 데 크게 기여하고 있다(Jin et al., 2023; Jin et al., 2024).

한우의 DNA 동일성 검사 마커는 International Society for Animal Science (ISAG)에서 추천 및 공개된 Microsatellite 마커 조합 (GeneTrack™ Hanwoo Genotyping Kit)을 기반으로 하고, 11개의 동일성검사용 마커와 성별 확인이 가능한 X, Y Chromosome 판별 마커로 구성되어 동일성 검사 인증 기관에서 수행되는 시스템이다(Lim et al., 2005; Yoon et al., 2005). 이 마커 조합은 ISAG에서 권고한 12개 마커를 활용하기 때문에 홀스타인, 저지 등의 유우 판별 마커와 동일한 마커들을 사용하고 있으며, 전 세계적으로도 다양한 활용 사례가 보고되고 있다(Brenig and Schütz, 2016). 최근 연구에 따르면, 이 마커 중 6개가 경제 형질과 연관된 위치에 존재하며, 지속적인 선발로 인해 새로운 대립유전자가 출현하거나 감소하는 사례가 보고되고 있다. 이는 대립유전자형의 빈도 변화로 이어지는 결과를 초

래하고 있다(Brenig and Schütz, 2016). 따라서, 새로운 마커 개발 혹은 ISAG에서 추천하는 SNP 마커로의 전환에 대한 의견도 제기되고 있으며, 실제로 앵거스 집단에서는 SNP 마커를 활용한 혈통 보정 사례가 보고되고 있다(Herráez et al., 2005; Fernández et al., 2013; Schütz and Brenig, 2015; Brenig and Schütz, 2016).

MS 마커로 구성된 동일성 검사 마커 조합은 부모와 자손이 대립유전자를 공유하기 때문에, 부모 중 어느 한쪽에서 존재하지 않는 유전자형 또는 동형 접합 차이를 통해 자손의 친부나 친모를 확인할 수 있는 시스템이다. 이러한 원리를 기반으로 동일성 검사 마커 조합은 경매 낙찰을 목적으로 친자 확인 사업에 활용되고 있다(Sun et al., 2021). 동일성 검사 마커의 도입 이후, 사육 단계에서의 부정 유통이 감소하여 2019년에는 91.4%의 친자 확인율을 기록하였으며, 한국종축개량협회에서도 유사한 결과를 보고하고 있다. 실제로 친자가 일치된 송아지는 불일치된 송아지에 비해 약 34만 원의 부가가치를 부여받아 우수 혈통에 대한 신뢰가 증가하고 있으며, 이로 인해 농가와 지자체의 관심이 꾸준히 확대되고 있다(Sun et al., 2021).

현재 한우의 DNA 동일성 검사에 사용되는 마커 조합은 다형성 정보 계수(PIC)와 기대 이형 접합도(Hexp)가 높은 di-nucleotide repeat 마커를 사용하고 있다. 그러나 이 마커 조합은 multiplex-PCR 과정에서 slippage와 repeat 영역 내 돌연변이 발생으로 인해 stutter 등의 판독 오류를 유발할 가능성이 있는 것으로 보고되고 있다(Chambers and MacAvoy, 2000; Sim et al., 2013). 이러한 문제를 개선하기 위해 tri-, tetra-, penta-, hexa-nucleotide 마커로 구성된 총 13개의 마커 조합이 동일성 검사 및 친자 확인 마커로 활용 가능한 다형성을 보이는 것으로 보고되었다(Kim et al., 2020).

따라서 본 연구는 현재 한우 친자 확인 마커로 사용되고 있는 di-nucleotide 마커 기반의 GeneTrack™ Ver1 마커 조합과 tri-nucleotide 이상의 마커로 구성된 GeneTrack™ Ver2 마커 조합의 친자 확인 정확도를 비교하여, 농가에서 친자 확인 오류를 줄이고 동일성 검사 정확도를 향상시킬 수 있는 방안을 모색하기 위해 수행되었다.

MATERIALS AND METHODS

공시재료 및 마커

본 연구에서는 농협경제지구 한우개량사업소에서 관리하는 한우 보증씨수소(KPN: Korean Proven bulls Number) 946두와 전라북도 지역에서 사육중인 한우 1,722두를 공시하여 분석에 이용하였다. Genomic DNA 추출은 MagMax™ DNA Multi-Sample Kit(Invitrogen™, USA)를 사용하였다. 또한, GeneTrack™ Hanwoo Genotyping Kit Ver1 (GT1)(티엔티리씨치 Ltd., 대한민국)은 국제동물유전학회(ISAG: International Society for Animal Genetics)의 권고 마커 11개(BM1824, BM2113, ETH10, ETH225, ETH3, INRA023, SPS115, TGLA122, TGLA126, TGLA227, TGLA53)와 성별 마커 2개(X, Y)가 포함된 마커 세트를 사용하였다. 이와 함께 3~6bp의 반복 서열을 확인할 수 있는 GeneTrack Hanwoo™ Genotyping Kit Ver2 (GT2)(티엔티리씨치 Ltd., 대한민국)는 13개의 마커로 구성된 세트(BHXC29_14, BPC1_13, BPC1_15, BPC19_08, BPC21_10, BPC7_12, BTEC17_09, BTEC4_11, BTRC11_03, BTRC16_05, BTRC19_02, BTRC6_01, BTRC9_07)를 이용하였다(Kim et al., 2020).

마커조합의 Multiplex PCR 증폭

KPN의 GT1 마커의 유전자형은 한우개량사업소에서 공개된 마커 정보를 활용하여 GT2의 마커 조합을 확보한 개체와 동일한 샘플(946두)만을 선정하여 그 대상으로 사용하였다. GT2 마커의 Multiplex PCR 증폭은 GeneAmp®PCR system 9700(Applied Biosystems™, USA)을 사용하여 실험을 수행하였다. GT2 마커 세트를 이용한 실험의 반응액은 Genomic DNA (20-50ng/μl) 2μl, Primer Mix 7μl, Hot start Taq DNA 중합효소(GenetBio, Korea) 1.5μl, 10X PCR reaction buffer 3μl, 10mM dNTPs 2.4μl를 첨가한 후, D.W를 이용하여 총 20μl로 조성하였다. GT2 마커 세트의 PCR 조건은 95°C에서 15분간 Pre-denaturation을 실시한 뒤 94°C에서 1분, Annealing Temperature를 60°C에서 1°C씩 총 3회를 내려가며 각각 1분, 72°C 1분을 1cycle로 하여 총 35 cycles의 Touchdown PCR을 진행하였고, 65°C에서 1시간 동안 Final-extension을 진행한 뒤 4°C로 종료하였다.

마커조합의 MS마커 유전자형 확보

PCR Product는 Hi-di™ Formamide(Applied Biosystems™, USA)와 GeneScan™ 500LIZ™ dye Size Standard(Applied Biosystems™, USA)의 혼합물 9μl와 D.W로 희석시킨 PCR product 1μl를 혼합하여 95°C에서 3분간 변성이 일어나게 하고, 변성 상태를 유지시키기 위하여 4°C에 보관한다. 그 후, 3500xL Genetic Analyzer(Applied Biosystems™, USA)를 통해 모세관 전기 영동을 실시한 후, GeneMapper™ Software 5(Applied Biosystems™, USA)를 이용하여 대립유전자 크기를 결정하였다. 분석 후 각 마커의 allele 정보는 Microsoft Excel Program (Microsoft, ver. 2013, USA)을 이용하여 정리하였다.

기초통계분석, 유전적 다양성 및 친자확인

확보된 두 마커조합의 allele 정보는 마커의 다형성 정보와, 유전적 다양성의 설명력 등을 확인하기 위해 R software의 ‘adegenet’ 패키지를 이용하여 기초통계 분석 및 다양성 분석을 수행하였다. 또한, 두 마커조합의 친자 일치도를 비교하기 위하여 2024년 전북지역 암소유전체사업에서 GT1 마커의 유전자형으로 친자 불일치가 나타난 개체를 대상으로 한우 유전체 친자감정분석 시스템(http://ped.ghanwoo.co.kr/login_user/)으로 SNP 검증을 통한 아버를 확보한 개체의 GT1 마커 유전자형 재분석과 GT2 마커 유전자형을 추가로 분석하여 친자확인율을 비교하였다.

RESULTS

마커조합의 기초통계 분석

KPN 946두를 대상으로 GT1 마커와 GT2 마커의 기초 통계 분석 결과는 Table 1에 제시되어 있다. GT1 마커는 성별 판별 마커를 제외한 총 11개의 마커가, GT2 마커는 13개의 마커가 기초 통계 분석에 사용되었다(Table 1). 각 마커 조합의 대립유전자 수를 비교한 결과, GT1 마커는 대립유전자 수가 6개에서 17개까지 다양한 범위를 보였으며, 평균 10.4개의 대립유전자가 확인되었다. 반면, GT2 마커는 대립유전자 수가 3개에서 8개로 나타났고, 평균 4.4개의 대립유전자가 확인되어 GT2 마커의 대립유전자 수가 GT1 마커보다 50% 이상 적은 것으로 확인되었다. 관측 이형접합도(Observed Heterozygosity; HObs), 기대 이형접합도(Expected Heterozygosity; HExp), 다형성 정보 계수(Polymorphism Information Contents; PIC)는 GT1 마커가 각각 평균 0.777, 0.766, 0.733으로 높은 다형성 정보를 나타낸 반면, GT2 마커는 각각 0.531, 0.545, 0.493으로 상대적으로 낮은 다형성 정보를 보였다.

Table 1. Results of basic statistical analysis of GeneTrack™ V1 and GeneTrack™ V2 marker combinations (continued)
GeneTrack V1

Locus	k	N	HObs	HExp	PIC
BM1824	7	946	0.737	0.729	0.683
BM2113	12	946	0.745	0.744	0.706
ETH10	8	946	0.809	0.783	0.749
ETH225	9	946	0.697	0.691	0.647
ETH3	8	946	0.773	0.753	0.711
INRA023	10	946	0.801	0.781	0.752
SPS115	6	946	0.72	0.711	0.666
TGLA122	16	946	0.847	0.839	0.818
TGLA126	8	946	0.671	0.662	0.621
TGLA227	13	946	0.852	0.85	0.832
TGLA53	17	946	0.895	0.888	0.876
Average	10.4	946.0	0.777	0.766	0.733

Table 1. Results of basic statistical analysis of GeneTrack™ V1 and GeneTrack™ V2 marker combinations

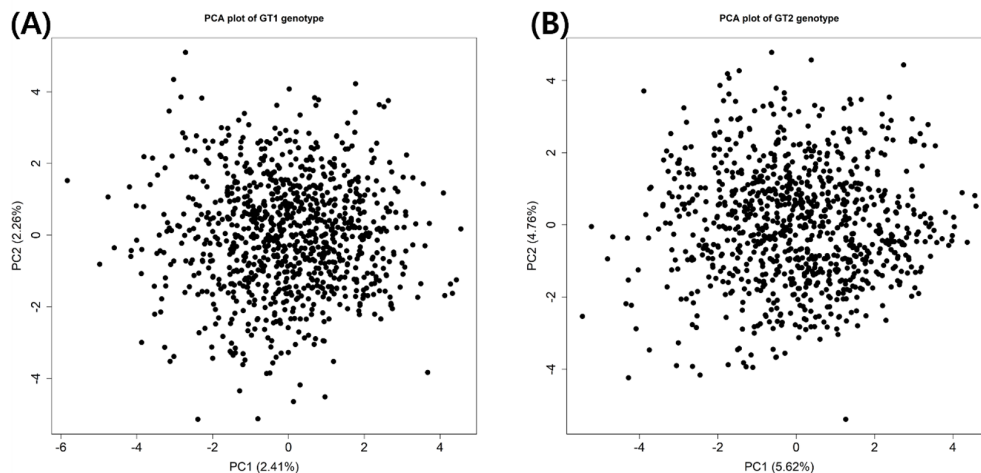
GeneTrack V2					
Locus	k	N	HObs	HExp	PIC
BTRC6_01	4	944	0.424	0.42	0.378
BTRC19_02	4	944	0.727	0.686	0.627
BTRC11_03	3	944	0.347	0.357	0.318
BTEC17_09	5	944	0.765	0.75	0.707
BPC7_12	4	944	0.371	0.368	0.342
BPC21_10	8	943	0.633	0.639	0.613
BTEC4_11	4	941	0.6	0.596	0.54
BTRC16_05	5	943	0.438	0.45	0.372
BPC19_08	4	944	0.601	0.566	0.477
BTRC9_07	3	937	0.209	0.351	0.319
BPC1_13	4	944	0.645	0.667	0.604
BHXC29_14	5	943	0.697	0.693	0.65
BPC1_15	4	932	0.448	0.545	0.463
Average	4.4	942.1	0.531	0.545	0.493

동일성 마커조합의 유전적 다양성 분석 결과 비교

GT1과 GT2 마커 조합의 유전적 다양성에 대한 설명력을 비교하기 위해 두 마커 조합의 대립유전자형 빈도를 계산하여 유전적 다양성 분석을 수행하였다(Figure 1). PCA(Principal Component Analysis) 분석에서는 두 집단의 산포 경향이 유사한 결과를 나타냈으며, 설명력은 GT1 마커 조합의 PCA가 4.67%, GT2 마커 조합의 PCA가 10.38%로 모두 낮은 수준의 설명력을 보였다.

개체 간 Genetic Distance(GD) 분석에서도 두 마커 조합은 유사한 유전적 거리 정보를 나타냈다(Figure 2). GT1 마커 조합에서 최소 거리는 KPN1739과 KPN1742 사이에서 0.123의 GD로 확인되었으며, GT2 마커 조합에서 최소 거리는 KPN950과 KPN1566 사이에서 0.027의 GD를 보였다. 이는 개체별 GD 계산 결과에서 차이가 존재함을 보여준다.

유전 성분을 분석한 Admixture 분석에서는 GT1 마커 조합과 GT2 마커 조합이 설명할 수 있는 유전 성분의 형태가 일부 유사하게 나타났지만, GT1 마커 조합은 더 다양한 대립유전자 조합을 포함하여 유전 성분 구성에서 세밀한 분석 결과를 제공하였다(Figure 3). 두 마커 조합의 적합한 K-value는 1로 확인되었으며, K-value가 증가함에 따라 CV error가 증가하는 경향을 보였다.

**Figure 1.** Comparison of PCA analysis results using (A) GeneTrack™ Ver1 (GT1) and (B) GeneTrack™ Ver2 (GT2) kits

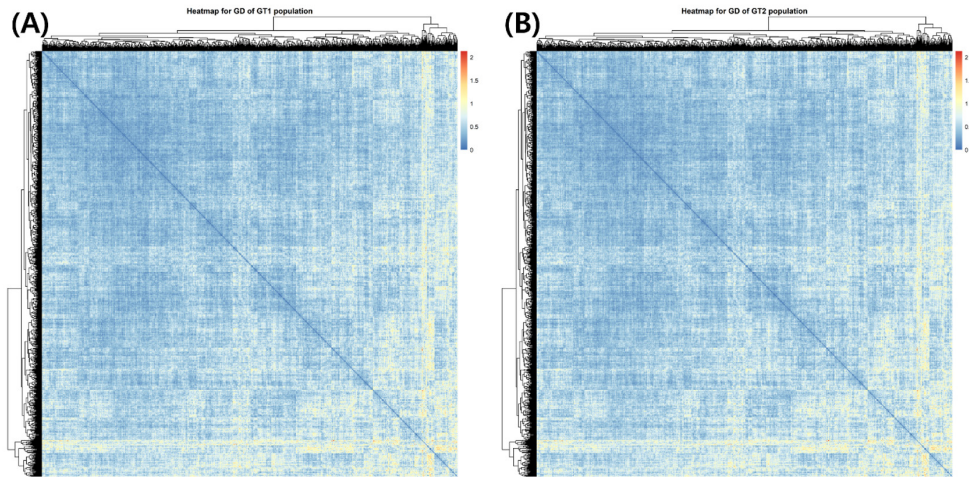


Figure 2. Comparison of Heatmap analysis results by Nei's genetic distance using (A) GeneTrack™ Ver1 (GT1) and (B) GeneTrack™ Ver2 (GT2) kits

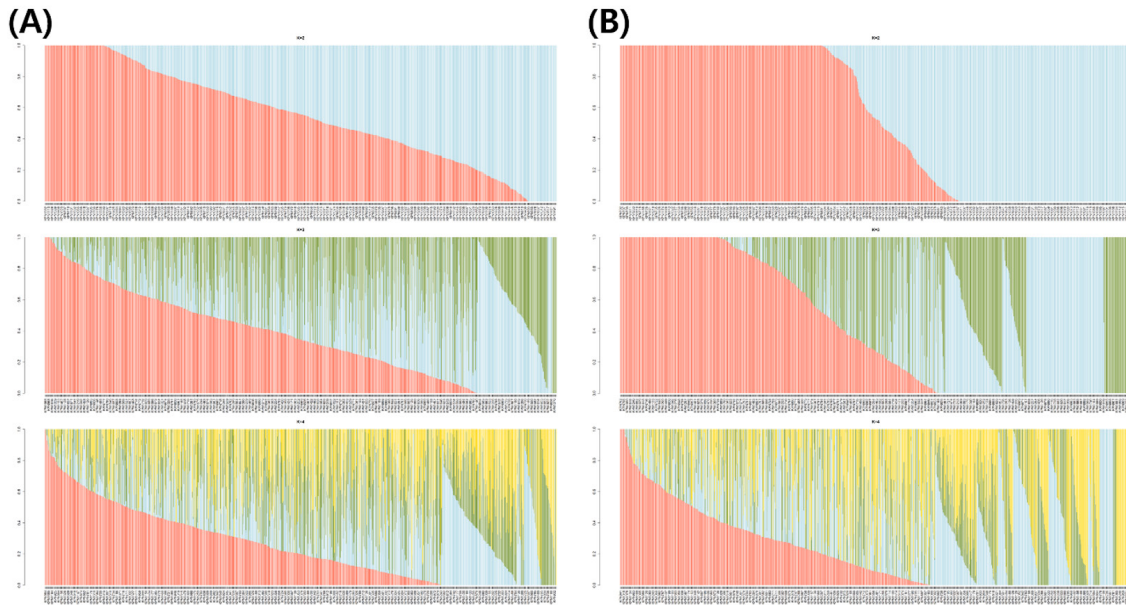


Figure 3. Comparison of admixture analysis results using (A) GeneTrack™ Ver1 (GT1) and (B) GeneTrack™ Ver2 (GT2) kits

두 마커조합의 친자확인 일치율 확인

전북지역 암소 유전체 개량사업을 위해 총 1,722마리의 암소 샘플과 이들의 KPN 정보가 수집되어 친자 확인이 수행되었다. 이 중 289마리의 암소가 종축개량협회 데이터베이스에서 친자 불일치로 확인되었으며, 이를 해결하기 위해 한우개량사업소에서 공개된 KPN 5,000개의 SNP 정보를 활용하여 가능한 KPN 리스트에서 206개의 아비 정보를 추출하였다. 그러나 확인되지 않은 83개 개체에 대해서는 GT1과 GT2 마커를 이용한 친자 확인 유전자형 분석이 수행되었다.

GT1 마커 유전자형 정보로는 3두, GT2 마커 유전자형 정보로는 16두가 친부 일치 결과를 나타냈다. GT1 마커에서 확인된 1두는 GT2 마커에서 불일치로 나타났으며, GT2 마커에서 확인된 2두는 GT1 마커에서 확인된 16두와 중복된 개체로 확인되었다. 이처럼

양쪽 마커에서 친부가 확인된 17마리는 한우 암소 유전체 친자 감정 분석에서도 일치하는 결과를 보였다. 그러나 나머지 69마리는 친부 확인이 불가능하여 유전체 사업에서 제외되었다.

GT1 마커 조합에서 친부 불일치가 확인된 이유는 다양한 패턴의 불일치 결과 때문인 것으로 분석되었다. 불일치 빈도는 1개에서 최대 10개까지 확인되었으며, 구체적으로 BM1824, ETH225, TGLA227은 각각 1개의 불일치, INRA23은 2개, ETH3, SPS115, TGLA126은 각각 3개의 불일치, BM2113은 4개, TGLA53은 5개, TGLA122는 7개, ETH10은 10개로 가장 많은 불일치를 나타냈다.

DISCUSSION

GT1 마커와 GT2 마커 유전자형의 기초 통계 분석 결과, 대립유전자 수(allele count), 관측 이형접합도(Hobs), 기대 이형접합도(Hexp), 다형성 정보 계수(PIC)는 각각 GT1 마커 조합이 GT2 마커 조합보다 5.979, 0.246, 0.221, 0.240 높은 수치를 보였다. 이는 GT1 마커 조합이 대립유전자의 수가 많아 유전적 변이 정보를 더 많이 포함하고 있어, 전반적으로 높은 다형성을 가진 마커 조합임을 나타낸다.

그러나 유전적 다양성 분석 결과(Figure 1~3)에서 확인된 PCA plot, 유전적 거리(genetic distance), 유전 성분(genetic component)의 경향성은 두 마커 조합이 상당히 유사한 패턴을 보였다. 다만, 유전 성분 분석에서는 다형성이 높은 GT1 마커 조합이 보다 세밀한 관찰이 가능하다는 점에서 우위를 보이는 것으로 확인되었다.

동일 개체 출현 빈도(Probability of Identity; PI) 분석에서도 GT1 마커 조합은 $9.48E-13$, GT2 마커 조합은 $1E-08$ 로 약 $1E-04$ 의 차이를 나타냈다. 이로 인해 GT1 마커 조합이 동일성 확인에 있어 더 안정적인 마커로 평가될 수 있다. 그러나 GT2 마커 조합 또한 연간 약 300만 두가 유통되는 한우 시장 규모를 고려할 때 충분히 낮은 동일 개체 출현 빈도를 보여, 시장에서 실질적인 활용 가능성을 갖추고 있음을 확인할 수 있다. 따라서, 두 마커 조합의 장단점을 면밀히 분석하고 활용 방안을 검토함으로써 시장에서 최적의 효과를 발휘할 수 있도록 할 필요가 있다.

본 연구에서 친부 일치 여부를 확인하는 과정에는 몇 가지 한계점이 존재하였다. 우선, KPN 5000개 SNP 정보가 최신으로 업데이트되지 않아 KPN1467 이후 개체는 확인이 불가능하였다. SNP 정보를 통해 친부 확인이 불가능했던 86두를 대상으로 GT1 및 GT2 마커 조합을 사용하여 유전자형 확보 및 친부 찾기를 수행한 결과, GT1 마커 조합은 최신 KPN까지 모든 마커 유전자형이 공개되어 있어 전체 KPN을 대상으로 친부 확인이 가능했다. 반면, GT2 마커 조합은 한우개량사업소에서 최근 개체의 유전자형 확보가 어려운 시기에 획득된 데이터로, KPN1744 이후의 유전자형 정보가 없어 GT1 마커 조합과 동일한 조건으로 비교하기 어려운 점이 있었다. 그러나 KPN 정보가 없는 개체는 68두로 제한적이었기 때문에 결과에 큰 영향을 미치지 않았을 것으로 판단된다. 최종적으로, 친부가 확인되지 않은 69개체의 유전자형 정보는 KPN 데이터베이스에서 최종 확인이 불가능했지만, 농가와 샘플 수집을 수행한 전북대의 조사 결과, 친부 확인 오류나 자가 증부로 인해 KPN에서 친부를 찾을 수 없는 사례가 존재할 수 있음을 확인하였다. 주요 결과로는, GT1 마커 조합이 총 3마리의 친부 일치를 확인한 반면, GT2 마커 조합은 16마리의 친부 일치를 최종적으로 확인하여 GT2 마커 조합이 친부 확인에서 상대적으로 오류가 적은 결과를 보여주었다. 다만, 친부 일치 결과에서 GT1 마커 조합의 002188063447 및 002197728631 두 개체는 GT2 마커 조합과 동일한 일치를 나타낸 반면, 002188064398 개체는 GT1 마커 조합에서 친부 일치를 확인했으나, GT2 마커 조합에서는 1개 마커의 불일치가 발생하였다 (Table 2).

Table 2. Hanwoo SNP chip paternity match results and differences in paternity match between GeneTrack™ Ver1 and Ver2.

개체 ID	KPN ID	GT1		GT2		Hanwoo SNP Chip	
		친자확인	불일치 마커 리스트	친자확인	불일치 마커 리스트	친자확인	
002135225201	KPN1029	부불일치	ETH10 / ETH3 / INRA23 / SPS115 / TGLA122 / TGLA53	일치	-	일치	
002194658970	KPN1076	부불일치	BM1824 / TGLA122 / TGLA126	일치	-	일치	
002194655839	KPN1423	부불일치	ETH10 / TGLA53	일치	-	일치	
002194655806	KPN1423	부불일치	BM2113 / ETH225 / ETH3 / TGLA53	일치	-	일치	
002188063447	KPN990	일치	-	일치	-	일치	
002168651628	KPN950	부불일치	TGLA122 / TGLA126 / TGLA53	일치	-	일치	
002178622288	KPN872	부불일치	TGLA122	일치	-	일치	
002168592973	KPN950	부불일치	ETH10 / INRA23 / TGLA122	일치	-	일치	
002153624832	KPN872	부불일치	BM2113 / TGLA53	일치	-	일치	
002166916822	KPN872	부불일치	BM2113 / ETH10 / SPS115 / TGLA227	일치	-	일치	
002185706169	KPN1416	부불일치	ETH10 / TGLA122 / TGLA126	일치	-	일치	
002179342069	KPN872	부불일치	ETH10	일치	-	일치	
002185707872	KPN872	부불일치	BM2113 / ETH10	일치	-	일치	
002197728623	KPN1064	부불일치	ETH10 / ETH3 / TGLA122	일치	-	일치	
002195902011	KPN1064	부불일치	ETH10 / SPS115	일치	-	일치	
002197728631	KPN1064	일치	-	일치	-	일치	
002188064398	KPN1416	일치	-	부불일치	BPC7_12	일치	

GT1 및 GT2 마커에서 친부가 확인된 개체는 SNP 마커를 이용한 한우 유전체 친자 감정 분석 시스템에서도 모두 일치하는 결과를 보였다. 이로 인해, 친자 확인을 위한 유전자형 정보를 사용할 때 GT2 마커의 유전자형 정보를 함께 고려하는 것이 필요할 수 있음을 확인하였다.

MS 마커를 이용한 친자 확인에서 반복 서열의 불일치가 발생하는 주요 원인으로 자연 발생 돌연변이가 보고되고 있다(Chandra et al., 2022). 이러한 돌연변이는 부모로부터 자손으로 유전되는 과정에서 발생할 수 있으며, 특히 dinucleotide 반복 서열은 다른 반복 서열에 비해 돌연변이율이 높은 것으로 추정된다. 이러한 불안정성은 복제 과정에서 slippage 현상 등으로 인해 반복 횟수가 변동될 가능성에서 기인하는 것으로 확인된다(Huang et al., 2002; Chandra et al., 2022).

이러한 이유로, 친자 확인 검사에서 1~2개의 마커에서 불일치가 발생한 경우 돌연변이 가능성을 고려할 수 있으며, 3개 이상의 마커에서 불일치가 발생하면 친자 관계가 성립하지 않는 것으로 판단하기도 한다. 또한, 서론에서 언급한 것처럼 GT1에서 사용되는 마커들이 한우의 경제 형질과 관련된 영역에 존재할 경우, 새로운 대립유전자의 출현이나 감소가 불일치의 원인일 가능성도 고려할 필요가 있다.

정확한 확인을 위해서는 돌연변이가 의심되는 마커 정보를 클로닝 및 시퀀싱하여 반복 염기서열을 직접 확인하는 것이 필요하며, 더 많은 샘플을 확보하여 면밀히 비교하는 추가 연구가 요구된다.

CONCLUSION

한우 거래시장에서 친자 확인 정보는 우수 혈통을 입증하여 거래 가격과 마진을 향상시키는 중요한 요소로 작용한다. 이를 인증하고 효과적으로 관리하기 위해서는 현재 사용 중인 MS마커의 정확도 검증과 SNP 데이터 활용에 대한 다양한 테스트와 비교 검증이 필요하다.

현재 개발된 마커 정보를 기준으로 보면, 단일 테스트 비용 측면에서는 MS 마커가 SNP 마커보다 경제적이라는 장점이 있다. 그러나 데이터 활용성과 유전 능력 추정을 고려할 때, SNP 마커를 활용하는 것이 활용할 수 있는 데이터의 양과 질에서 더 유리하다. 특히, 5만 개 이상의 SNP 정보를 활용한 친자 확인은 보다 신뢰할 수 있는 결과를 제공할 수 있어, 이를 적극적으로 도입하기 위한 방안

과 정책 마련이 필요하다.

따라서, 경제적 효율성과 데이터 신뢰성을 모두 고려하여 MS 마커와 SNP 마커의 활용을 조화롭게 설계하는 전략이 요구된다. 이러한 접근은 한우 거래 시장에서 정확하고 공정한 혈통 인증 체계를 구축하는 데 기여할 것이다.

CONFLICT OF INTERESTS

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

ACKNOWLEDGEMENTS

본 연구는 농협한우개량사업소의 KPN에 대한 GeneTrack™ Ver2 Genotyping Kit 유전자형 분석에 샘플을 협조해주신 내용에 감사드리고, 본 결과물은 농림축산식품부의 재원으로 농림식품기술기획평가원의 기술사업화지원사업(RS-2022-IP122050)의 지원을 받아 연구되었습니다. 연구비 지원에 감사드립니다.

REFERENCES

- Brenig B and Schütz E. 2016. Recent development of allele frequencies and exclusion probabilities of microsatellites used for parentage control in the German Holstein Friesian cattle population. *BMC Genetics*. 17:18.
- Chambers GK and MacAvoy ES. 2000. Microsatellites: consensus and controversy. *Comparative Biochemistry and Physiology Part B: Biochemistry Molecular Biology*. 126:455–476.
- Chandra D, Mishra VC, Raina A and Raina V. 2022. Mutation rate evaluation at 21 autosomal STR loci: Paternity testing experience. *Legal Medicine*. 58:102080.
- Fernández ME, Goszczynski DE, Lirón JP, Villegas-Castagnasso EE, Carino MH, Ripoli MV, Rogberg-Muñoz A, Posik DM, Peral-García P and Giovambattista G. 2013. Comparison of the effectiveness of microsatellites and SNP panels for genetic identification, traceability and assessment of parentage in an inbred Angus herd. *Genetics and Molecular Biology* 36:185–191.
- Herráez DL, Schäfer H, Mosner J, Fries HR and Wink M. 2005. Comparison of Microsatellite and Single Nucleotide Polymorphism Markers for the Genetic Analysis of a Galloway Cattle Population. *journal Zeitschrift für Naturforschung C*. 60:637–643
- Huang QY, Xu FH, Shen H, Deng HY, Liu YJ, Liu YZ, Li JL, Recker RR and Deng HW. 2002. Mutation Patterns at Dinucleotide Microsatellite Loci in Humans. *The American Journal of Human Genetics*. 70:625–634.
- Jin S, Won JI, Kim HJ, Park B, Kim SW, Kim UH, Kang SS, Lee HJ, Moon SJ, Park MS, Sim YT, Jang SS and Kim NY. 2024. Polymorphism analysis of tri- and tetranucleotide repeat microsatellite markers in Hanwoo cattle. *Journal of Animal Science and Technology*. 66:717–725.
- Jin S, Won JI, Park B, Kim SW, Kim UH, Kang SS, Lee HJ, Moon SJ, Park MS, Lim HT, Kim EH, Kang HC, Jang SS and Kim NY. 2023. Genetic diversity analysis of the line-breeding Hanwoo population using 11 microsatellite markers. *Korean Journal of Agricultural Science*. 50:363 ~ 372-363 ~ 372.
- Kim HR, Lee JW, Go MJ, Park JE, Kim MJ, Baek YC, Park SH, Lim DJ, Lee SD and Choi BH. 2020. Development of a New Microsatellite Markers for Individual Identification and Paternity Evaluation in Hanwoo. *Journal of Agriculture and Life Science*. 54:75–83.
- Sun DW, Park MS, Choi KM, Kim HK, Kang HC, Lee JG, Lee SS, Moon SC and Lim HT. 2021. Effects Through Parental Identification of Korean Cattle (Hanwoo). *Journal of Agriculture and Life Science*. 55:75–81.
- Lim HT, Min HS, Moon WG, Lee JB, Kim JH, Cho IC, Lee HK, Lee YW, Lee JG and Jeon JT. 2005. Analysis and Selection of Microsatellites Markers for Individual Traceability System in Hanwoo. *Journal Animal Science and Technology*. 47:491–500.
- Schütz E and Brenig B. 2015. Analytical and statistical consideration on the use of the ISAG-ICAR-SNP bovine panel for parentage control, using the Illumina BeadChip technology: example on the German Holstein population. *Genetics and Selection Evolution*. 47:3.

- Sim YT, Na JG and Lee CS. 2013. Forensic Characterization of Four New Bovine Tri-nucleotide Microsatellite Markers in Korean Cattle (Hanwoo). *Journal of Animal Science and Technology*. 55:87–93.
- Yoon DH, Kong HS, Oh JD, Lee JH, Cho BW, Kim JD, Jeon KJ, Jo C, Jeon GJ and Lee H. 2005. Establishment of an Individual Identification System Based on Microsatellite Polymorphisms in Korean Cattle (Hanwoo). *Asian-Australasian Journal of Animal Science* 18:762–766.

AUTHORS INFORMATION

- Nuri Choi: <https://orcid.org/0000-0002-5526-5124>
- Minjun Kim: <https://orcid.org/0000-0002-8173-8431>
- Yusam Kim: <https://orcid.org/0000-0001-8023-3450>
- Do Hyun Kim: <https://orcid.org/0000-0001-5421-9073>
- Hak Kyo Lee: <https://orcid.org/0000-0001-5387-4885>
- Myung Hum Park: <https://orcid.org/0000-0002-7920-4756>
- Bong Hwan Choi: <https://orcid.org/0000-0002-4795-3285>
- Dongwon Seo: <https://orcid.org/0000-0003-0548-7068>