



한우육종농가 혈통 및 근교계수 분석

송철원, 브라이언, 서강석*

순천대학교 동물자원학과

Inbreeding Coefficient and Pedigree Analysis of Hanwoo Cattle Population

Choul Won Song, Bryan Irvine M. Lopez and Kang Seok Seo*

Department of Animal Science and Technology, Suncheon National University, Suncheon, 57922, Korea

Abstract

The objective of this study was to estimate the levels of inbreeding and to analyze the pedigree structure of the Hanwoo cattle population using pedigree records from bulls, cows and heifers registered from January 1990 to March 2017. Data used in this study obtained by National Agricultural Cooperative Federation from 98 farms were composed of 90,800 heads with 121,336 animals in pedigree. Analysis were carried out in whole dataset and a subset group composed of animals with fully identified ancestors when their pedigree structures were traced back up to third generations. The subset group was consist of 44,879 heads with 64,175 animals in pedigree. The percentages of parents, grandparents and great-grandparents known in whole dataset were 93.82%, 88.35% and 80.89%, respectively. Corresponding percentages in subset group were 99.88%, 77.67% and 70.79%, respectively. The average inbreeding coefficient in the whole dataset was 0.73% and ranges from 0.08 to 1.05%. In subset group, the average inbreeding coefficient was 0.40% and ranges from 0.04 to 0.53%. The average generation interval was 5.5 year and 5.1 year for whole and subset group, respectively. Effective population sizes, estimated from the increasing rate of inbreeding were 190 and 496 for whole and subset group, respectively. In conclusion, the results suggests that optimizing planned mating schemes is needed to control the rate of inbreeding. Moreover, effective population size should be increased to maintain genetic diversity in Hanwoo cattle population.

서론

한우의 기원은 *Bos primigenius*에서 유래된 *Bos taurus*가 중국 북부지역을 통하여 만주로 유입된 것으로 추정하고 일부는 인도를 거쳐 중국남부로 이동된 *Bos Indicus*와 혼혈되어 한반도 안에서 사육된 것으로 알려져 있다. 한우는 농경, 물자운반, 퇴비생산, 제사 및 고기생산을 위해 사육되다, 광복 이후 1954년 가축보호법 제정으로 소를 보호 증식하기 시작하였고 1963년 축산법 제정으로 한우 사육 목적이 고기생산으로 바뀌면서 개량과 증식에 많은 관심을 가지게 되었다.

번식기술의 발달로 인공 수정이 보편화되면서, 1980년대 이전에는 축산진흥대회와 같은 품평회를 통한 외모가 우수한 씨수소를 선발하여 활용하였고, 1980년대 이후에는 당·후대검정결과를 동물개체모형(Animal Model)을 이용하여 추정된 육종가를 활용하여 씨수소 선발에 활용하고 있다(당창권, 2011).

*Corresponding author: ChangHee Do, Division of Animal and Dairy Science, Chungnam National University, Daejeon 34134.

Received: 6 February, 2018, Revised: 10 March, 2018, Accepted: 8 June, 2018



© Journal of Animal Breeding and Genomics 2018. 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.

현재 한우의 정액은 매년 66두의 후보씨수소를 선발하여 후대검정 공시 후 30두의 보증씨수소를 선발하여 농가에 보급하고 있으나, 적은 수의 씨수소 사용은 혈연관계가 있는 개체들이 교배 될 가능성 또한 증가되어 세대 당 근교 된 개체의 확률이 높아 지고(Weigel, 2001), 근교는 보통 근교퇴화로 알려져 있는 개체의 성장, 비유, 및 생존능력 감소를 가져오며, 유효집단크기가 작 아지면 개체의 유전적 다양성이 감소(FAO, 2008)시킨다고 알려져 있다.

본 연구에서는 한우육종농가에서 생성된 혈통 자료를 이용하여 한우 집단의 근교계수 및 혈통 분석을 통해 육종농가 집단의 유전적 다양성 정도를 알아보고 한우개량에 대한 기초자료로 활용하기 위하여 실시하였다.

재료 및 방법

1. 공시재료

본 연구는 혈통의 정확도가 근교계수에 미치는 영향을 알아보기 위하여, 전체집단과 혈통이 정확한 친자감별을 마친 집단으 로 나누어 진행하였다. 한우개량사업소(농협중앙회)에서 제공한 1990년~2017년 3월까지의 98개 육종농가에서 사육되었던 전 체 개체자료 90,800두의 친자감별 유무 및 혈통자료, 후대검정우 36~62차 5,544두의 자료를 이용하였고, 중복개체 658두를 제외 한 95,686두였으며, 관련된 개체의 혈통정보를 (사)중축개량협회의 121,336건을 제공받아 진행되었다.

친자감별을 마친 개체는 39,729두, 침자감별을 미실시한 개체는 51,071두로 친자감별을 마친 개체 중 육종농가 사업이전 3,032 두와 육종농가 사업이후 36,697두였다. 육종농가 개체와 후대검정우 개체를 합하여 45,273두였으나, 중복개체 428두 제거 후 총 44,845두를 본 연구의 대상 개체로 선정 분석하였으며, 아버의 혈통정보는 중축개량협회에서 제공한 자료를 사용하였으며, 총 혈통자료로 사용한 두수는 64,175두였다.

육종농가의 지역별 농가 두수는 강원도, 경기도, 경상남도, 경상북도, 전라남도, 전라북도, 제주도, 충청남도, 충청북도 각각 13 농가 12,346두, 11농가 8,211두, 9농가 9,550두, 16농가 13,706두, 16농가 13,414두, 16농가 20,126두, 2농가 1,053두, 16농가 4,590 두, 9농가 7,804두이었고, 육종농가 사업이전 사육개체는 43,048두, 육종농가 사업이후 47,752두이었다.

2. 분석방법

본 연구의 혈통 분석을 위하여 개체식별번호와 중축개량협회 혈통등록번호, KPN 명호를 통합하여 개체정보를 정리하였으며,

Table 1. Number of animals by year, province and sex

Year	No	Year	No	Province	Farm	No	Sex	No
1990	25	2004	2,900	GW	13	12,346	Female	48,004
1991	12	2005	3,547	GG	11	8,211	Male	42,796
1992	27	2006	3,657	GN	9	9,550		
1993	36	2007	4,811	GB	16	13,706		
1994	86	2008	5,115	JN	16	13,414		
1995	201	2009	5,639	JB	16	20,126		
1996	352	2010	6,298	JJ	2	1,053		
1997	524	2011	6,814	CN	6	4,590		
1998	932	2012	7,202	CB	9	7,804		
1999	543	2013	7,289					
2000	1,252	2014	7,957					
2001	1,280	2015	8,452					
2002	1,911	2016	9,004					
2003	2,391	2017	2,543					
Total	9,572		81,228		98	90,800		90,800

GW : Gangwon-do, GG : Gyeonggi-do, GN : Gyeongsangnam-do, GB : Gyeongsangbuk-do, JN : Jeollanam-do, JB : Jeollabuk-do, JJ : Jeju-do, CN : Chungcheongnam-do, CB : Chungcheongbuk-do

친자감별을 마친 집단의 개체정보는 육종농가 자료를 우선 사용하였다.

1) 혈통완성도

집단의 크기, 혈통완성도 및 육종계획 등은 개체의 근교계수에 영향을 미치며(Gutierrez et al., 2003), 이 중에서도 혈통완성도는 추정된 근교계수의 정확도에 영향을 끼친다. 본 연구에서 혈통완성도는 개체, 부모세대, 조부모세대, 그리고 증조부세대까지 총 4대에 걸쳐 조상을 알고 있는 비율로 나타내었으며, 평균혈통완성정도는 각 개체 별로 부, 모, 조부, 조모, 외조부, 외조모, 조부의 부, 조부의 모, 조모의 부, 조모의 모, 외조부의 부, 외조부의 모, 외조모의 부 및 외조모의 모를 알고 있는 비율을 아래와 같은 공식으로 계산하였다.

$$\text{혈통완성도}(\%) = (\text{알고 있는 선조의 개수} \div 14) \times 100$$

2) 근교계수

근교계수의 정의는 공통조상이 하나 이상인 경우도 각 공통조상을 통하여 전수동일이 될 확률을 합해줌으로써 모든 공통조상으로 연결되는 모든 독립적인 경로를 통한 전수동일의 확률로 이를 수식으로 나타내면 다음과 같다(김 et al. 2005).

여기서, F_x 는 개체의 근교계수이고, n 은 부친으로부터 공통조상에 이르는 세대이며, n' 은 모친으로부터 공통조상에 이르는 세대 F_A 는 공통조상의 근교계수이다. 개체별 근교계수 계산을 위하여 김 et al. (2012)에 의해 이용된 포트란 코드를 사용하였으며, 프로그램은 GNU Fortran Compiler로 컴파일하였다. 평균 근교계수는 Meuwissen & Luo (1992)의 알고리즘을 이용하여 계산하였으며, 이를 수식으로 나타내면 다음과 같다.

여기서, ΔF 는 근교계수의 비율이며, n 은 세대수, ΔF_t 는 $(F_t - F_{t-1}) / (1 - F_{t-1})$ 이고, t 는 세대 수에 태어난 개체들의 평균 근교계수이다.

3) 세대간격

세대간격은 아버지에서 수송아지, 아버지에서 암송아지, 어머니에서 수송아지 그리고 어머니에서 암송아지 등 4가지 경로에 의해 계산되어진다. 그 수식은 다음과 같다.

여기서, L 은 세대간격이고, L_{ff} 는 아버지의 생년월일에서 수송아지의 생년월일을 뺀 값들의 평균, L_{fm} 은 아버지의 생년월일에서 암송아지의 생년월일을 뺀 값들의 평균, L_{mf} 은 어머니의 생년월일에서 수송아지의 생년월일을 뺀 값들의 평균이며, L_{mm} 은 어머니의 생년월일에서 암송아지의 생년월일을 뺀 값들의 평균이다.

4) 유효집단 크기

유효집단의 크기는 아래와 같은 수식에 의해 계산하였다(Falconer and Mackay, 1996).

여기서, N_e 는 유효집단 크기이고, L 은 세대간격, ΔF 는 평균 세대간 근교계수 병화량이며, 세대 간 이형접합체의 상대적 감소 크기로 아래와 같이 계산된다.

여기서, F_t 는 t 세대의 근교비율, 그리고 F_{t-1} 은 $t-1$ 세대의 근교비율이다

결과 및 고찰

1. 혈통완성도 및 근교계수

1) 혈통완성도

근교계수에 영향을 주는 요인은 혈통의 정확도로 근교계수가 높은 개체임에도 혈통정보가 없으면 근교계수는 0으로 추정된다. 집단의 혈통완성도는 개체 간 혈연계수에 연관되어 있어 근교계수에 영향을 미친다(Gutierrez et al., 2003). 따라서 본 분석에 앞서 대상 두수에 대한 4대 혈통까지 추적하여 혈통완성도를 조사하였다.

육종농가와 후대검정우의 전체혈통완성도의 결과는 Fig 2와 같으며, 친자감별을 마친 개체와 후대검정우의 혈통완성도의 결과는 Fig 3으로 나타내었다.

전체집단의 경우 95,686두 부를 아는 비율은 92.68%, 모를 아는 비율은 94.95%였으며, 조부모를 아는 비율은 92.51%, 외조부

모를 아는 비율은 84.20%, 증조부모세대를 아는 경우는 66.47~90.83% 나타났으며, 총 84.87%로 나타났다.

친자감별을 마친 집단의 경우 45,273두 부를 아는 비율은 99.92%, 모를 아는 비율은 99.88%였으며, 조부모를 아는 비율은 99.91%, 외조부모를 아는 비율은 55.43%, 증조부모세대를 아는 경우는 29.62~99.41% 나타났으며, 총 76.72%로 나타났다.

두 집단간 부모 세대에서는 친자감별을 마친 집단이 6.06% 높게 추정되었으며, 조부세대와 증조부세대에서는 각각 10.68%, 10.10%로 전체집단이 높은 것으로 나타났다. 세대를 모두 알고 있는 경우는 전체집단에서 63.856%, 친자감별을 마친 집단은 28.422%로 나타났다.

원정일. (2015)은 우리나라 Holstein 검정우 집단의 혈통완성도는 부모세대를 아는 경우는 69%, 조부모세대를 모두 아는 경우는 42%, 증조부모세대를 아는 경우는 22~66%로 보고하였으며, 14개의 선조를 모두 아는 비율(100%)은 19.06%로 본 연구의 한우의 집단과는 차이가 있었다.

조 et al. (2014)은 한우암소검정사업 참여여가체 중 혈통완성도가 가장 높은 지역은 강원도로 부모를 모두 아는 암소의 비율을 90%, 조부모를 모두 아는 경우 90%, 외조부를 모두 아는 경우 67% 증조부모를 아는 경우는 39~90%로 보고하였으며, 강원도가 평균 80.0%로 가장 높게 평가된 것으로 보고 하여, 본 연구의 전체집단보다는 낮은 혈통완성도를 친자감별을 마친 집단보다는 높게 나타났다.

선조를 알고 개수의 비율은 Table 2와 같으며, 친자감별을 마친 집단의 혈통완성도에서 8개의 선조를 알고 있는 비율이 가장 높았으며 전체집단은 14개 선조를 모두 아는 비율이 가장 높게 확인되는데, 이는 친자감별을 마친 집단에서의 선조가 친자감별이 되지 않아 제외 됐을 것으로 사료된다.

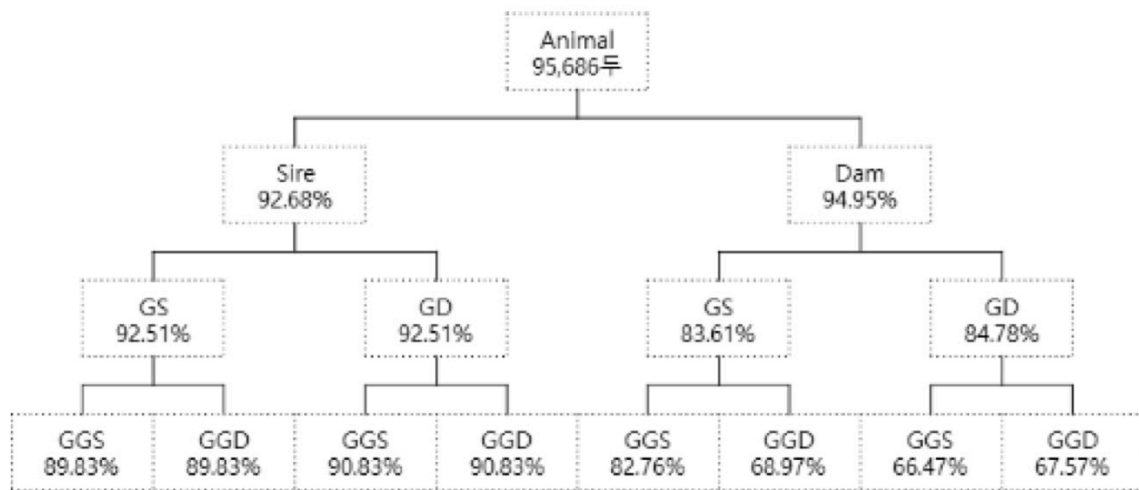


Fig 1. Pedigree completeness level in the whole pedigree data of Hanwoo population

2) 근교계수

본 연구에서 공시된 육종농가, 후대검정우 개체의 근친 비율은 Table 3에 표시하였다. 전체집단과 친자감별을 마친 집단 모두 근친된 개체의 비율은 년도가 지날수록 증가하고 있으며 2016년 근친인 개체의 비율은 전체집단, 친자감별을 마친 집단에서 각각 95.50%와 57.84%것으로 나타났으며, 평균 근교계수는 각각 0.73%와 0.40%이었고, 전체집단에서는 2015년 근교계수는 1.05%로 가장 높았으며, 친자감별을 마친 집단에서는 2008년 근교계수는 0.53%로 가장 높게 나타났는데, 이는 친자감별이 2008년부터 시행되면서 농가의 인식이 많이 바뀐 결과로 보이며, 2009년 이후 0.36~0.46%로 평균과 유사한 근교계수를 보였다.

Melka et al. (2013)은 2003년~2007년까지 분석한 캐나다 젖소 5품종Ayrshire, Brown Swiss, Canadienne, Guernsey 및 Milking Shorthorn에 대해 근교계수를 각각 0.93%, 1.07%, 1.26% 1.09% 및 0.80% 보고하여 본연구보다 다소 높게 나왔으며,

황 et al. (2013)은 1995~2007년까지 수집하여온 한우개량육성농가사업의 암소 혈통자료 분석에서 2007년 근교계수를 0.30%로, 근친의 개체 수의 비율은 1998년 0.2%에서 2007년 11.4%로 증가하고 있다고 보고하여, 본 연구가 높게 나타났다.

당 et al. (2011)은 1983~2008년까지 1,128두에 대한 보증 및 후보씨수소의 분석결과 평균 근교계수는 2007년 0.71%, 2008년 0.97%로 보고하였으며, 근친비율은 2007년 12.77%, 2008년 42.86%로 본 연구의 2007년, 2008년 근교계수는 0.524%, 0.532% 보다 높게 보고하였으며, 근친비율은 동일년 28.99%, 29.05%로 2007년보다는 낮게, 2008년 보다는 높게 보고하였다.

조 et al. (2014)은 2000~2012년의 한우암소검정사업 참여여개체 지역별 근교계수의 평균을 강원도 0.63%, 경기도 0.46%, 경상남도 0.49%, 경상북도 0.48%, 전라남도 0.71%, 전라북도 0.51%, 충청남도 0.40%, 충청북도 0.61% 제주도 0.55%로 보고하였다.

Table 2. Number and percentage of animals having complete pedigree by generation in whole and subset group

Generation	Whole group		Subset group	
	No. of animals	Percentage	No. of animals	Percentage
0	4,433	4.633%	33	0.074%
1	1,737	1.815%	2	0.004%
2	132	0.138%	5	0.011%
3	160	0.167%	10	0.022%
4	599	0.626%	11	0.025%
5	114	0.119%	3	0.007%
6	950	0.993%	264	0.588%
7	569	0.595%	8	0.018%
8	6,877	7.187%	19,825	44.174%
9	1,662	1.737%	4	0.009%
10	394	0.412%	234	0.521%
11	12,434	12.995%	53	0.118%
12	3,188	3.332%	11,568	25.776%
13	1,336	1.396%	104	0.232%
14	61,101	63.856%	12,755	28.421%
Total	95,686	100.000%	44,879	100.000%

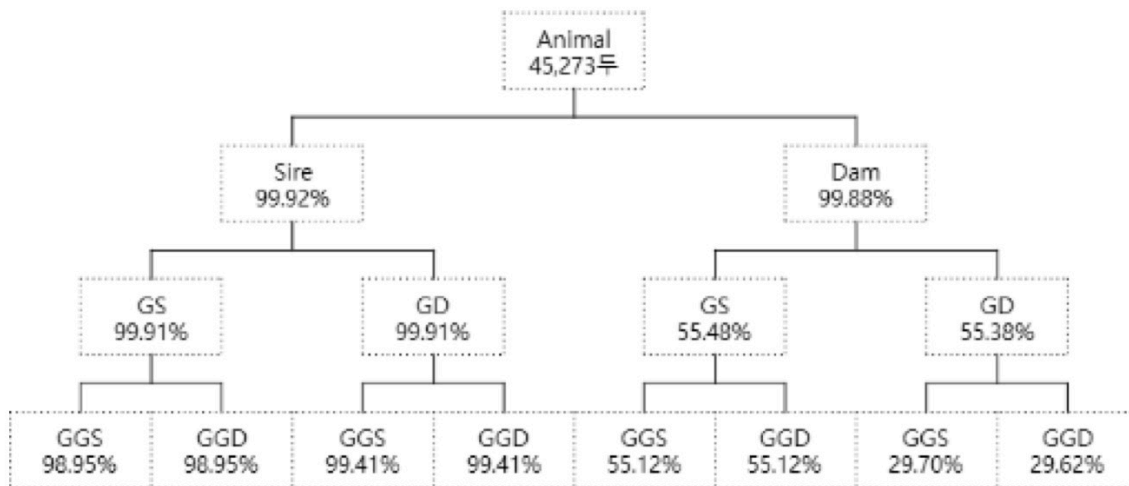


Fig 3. Pedigree completeness level in the subset pedigree data of Hanwoo population

2. 세대간격 및 유효집단 크기

Table 4는 연도별 전체집단과 친자감별을 마친 집단의 세대간격으로, 전체집단에서의 세대간격은 아버지와 수송아지에서 5.9~8.7년, 어미와 수송아지는 1.8~4.3년, 아버지와 암송아지에서 5.9~8.3년, 어미와 암송아지는 3.5~4.3년으로 나타났으며 평균의 경우 각각 7.1년, 3.7년, 7.2년, 3.9년이며, 아버지의 평균은 7.2년, 어미의 평균은 3.8년, 수송아지의 평균은 5.4년, 암송아지의 평균은 5.6년이었으며, 세대간격은 5.5년으로 나타났다.

친자감별을 마친 집단에서는 각각 5.9~8.0년, 3.8~4.2년, 3.4~6.2년, 3.7~4.7년으로 평균 각각 6.9년, 3.9년, 5.2년, 5.1년으로 나타났으며, 아버지의 평균은 6.1년, 어미의 평균은 4.1년, 수송아지인 경우 평균 5.4년, 암송아인 경우 평균 4.7년이었으며, 세대간격은 5.1년으로 나타났다.

한우는 종모우를 약 5년간 당대, 후대검정을 통해 선발되며 평균 2년간 정액이 사용되는 것으로 보아 아버지의 세대간격은 약 7년으로 추정되며, 7.2년과 6.1년으로 이 친자감별을 마친 집단은 약 1년 짧은 것으로 나타났으며, 어미의 경우 약 24개월에 초산을 하고 번식간격이 약 12개월인 것으로 보아 두집단 모두 약 3산차로 추정된다. 또한 친자감별을 마친 집단의 경우 수송아지의 아버지와 암송아지의 아버지에서 약 1,7개월의 차이가 있는 것으로 후대검정우 자료의 영향으로 판단되며, 전체집단에서는 집단의 크기가 큰 관계로 상쇄된 것으로 사료된다.

당 et al. (2011)은 아버지에서 수송아지의 세대간격 범위를 2.97년~8.54년 어미에서 수송아지의 세대간격 범위를 1.79~6.96년으로 평균 각각 6.95년, 5.17년 세대간격의 범위를 2.38~7.23년으로 평균 6.06년으로 추정하였고, 조 et al. (2014)은 아버지에서 암송아지, 어미에서 암송아지의 각각 세대간격을 7.63년, 4.11년으로 평균 5.87년으로 보고하여, 본 연구와 다소 차이를 보였다.

유효집단의 크기는 Table 5와 같으며, 근교계수의 증감에 의해 유효집단의 크기도 증감의 폭이 크게 나타났으며, 전체집단에서는 평균 190두, 친자감별을 마친 집단에서는 평균 502두로 당 et al. (2011)의 연구에서의 유효집단 크기는 46~220두, Martinez et al. (2008) 콜롬비아 3개 품종에 대해 27~143두로, Maiwashe et al. (2006) 아프리카 4개 품종에 대해 108~168두, Nomura et al. (2001) 일본 흑모화우의 14~52두 보고하였는데, 본 연구 결과와 다소 차이가 있는 것으로 나타났다.

Table 3. Number of animals, number and percentage of inbred animals and average inbreeding coefficient by birth year in whole and subset group

Year	Whole group				Subset group			
	No. of animals	No. of inbred	Inbreeding percentage, %	F, %	No. of animals	No. of inbred	Inbreeding percentage, %	F, %
~2001	5,271	62	1.18%	0.08%	198	1	0.51%	0.04%
2002	1,911	71	3.72%	0.23%	155	2	1.29%	0.09%
2003	2,667	148	5.55%	0.23%	488	33	6.76%	0.12%
2004	3,227	349	10.81%	0.42%	511	78	15.26%	0.38%
2005	3,752	602	16.04%	0.39%	542	112	20.66%	0.34%
2006	4,025	853	21.19%	0.51%	920	230	25.00%	0.44%
2007	5,204	1,163	22.35%	0.53%	1,059	307	28.99%	0.52%
2008	5,484	1,847	33.68%	0.59%	1,511	439	29.05%	0.53%
2009	5,972	2,229	37.32%	0.64%	1,997	431	21.58%	0.36%
2010	6,702	2,957	44.12%	0.80%	2,625	653	24.88%	0.42%
2011	7,096	4,186	58.99%	0.79%	2,940	903	30.71%	0.39%
2012	7,613	5,544	72.82%	0.97%	4,004	1,425	35.59%	0.41%
2013	7,699	6,077	78.93%	0.94%	5,309	1,961	36.94%	0.37%
2014	8,407	7,326	87.14%	1.02%	6,669	2,884	43.24%	0.40%
2015	8,896	8,170	91.84%	1.05%	7,725	3,724	48.21%	0.46%
2016	11,761	11,232	95.50%	0.86%	8,226	4,758	57.84%	0.37%
Total	95,687	52,816	55.20%	0.73%	44,879	17,941	39.98%	0.40%

인용문헌

김시동, 권오섭, 나승환, 박병호, 이승수, 이재구, 조광현, 조충일, 최연호, 최유림, 최재관, 최태정. 2012. 동물육종을 위한

Table 4. Generation intervals across 4 selection pathways and the weighted average for Hanwoo population

Year	Whole group					Subset group				
	Sire/Son	Dam/Son	Sire/Daughter	Dam/Daughter	L	Sire/Son	Dam/Son	Sire/Daughter	Dam/Daughter	L
1997	8.7	1.8	8.3	3.8	5.7	-	-	-	-	-
1998	8.3	2.9	8.3	3.7	5.8	-	-	-	-	-
1999	7.0	3.0	8.0	3.6	5.4	-	-	-	-	-
2000	7.5	3.5	7.5	3.5	5.5	-	-	-	-	-
2001	6.5	3.6	6.8	3.8	5.2	-	-	-	-	-
2002	6.8	4.0	7.1	3.9	5.5	-	-	-	-	-
2003	6.7	3.7	6.9	4.0	5.3	7.0	3.9	3.7	4.5	4.8
2004	6.9	3.8	7.0	3.9	5.4	7.0	4.0	3.6	4.7	4.8
2005	7.1	4.1	7.1	4.0	5.6	7.0	3.8	3.4	4.3	4.6
2006	7.8	4.1	7.8	4.1	5.9	7.7	4.2	4.8	4.4	5.3
2007	7.7	4.2	7.8	4.3	6.0	7.8	4.0	5.2	4.4	5.4
2008	8.0	4.3	8.0	4.2	6.1	8.0	4.1	6.2	4.4	5.7
2009	8.0	4.0	7.9	4.0	6.0	7.9	4.0	6.6	4.2	5.7
2010	7.6	3.9	7.6	3.9	5.8	7.5	4.0	6.2	4.2	5.5
2011	7.2	3.9	7.2	3.9	5.5	6.7	3.8	6.0	4.0	5.1
2012	6.6	3.9	6.6	3.9	5.2	6.2	3.8	5.4	4.0	4.8
2013	6.6	3.9	6.7	3.9	5.3	6.4	3.8	5.8	3.9	5.0
2014	6.1	3.9	6.1	3.8	5.0	6.0	3.8	5.4	3.9	4.8
2015	6.0	3.9	6.0	3.9	5.0	6.0	3.9	5.5	4.0	4.8
2016	5.9	3.9	5.9	3.9	4.9	5.9	3.9	5.7	3.9	4.9
2017	6.0	3.8	6.1	3.9	5.0	-	-	-	-	-
Total	7.1	3.7	7.2	3.9	5.5	6.9	3.9	5.2	4.2	5.1

Table 5. Generation interval, inbreeding coefficient, individual increase in inbreeding and effective population size for the Hanwoo population

Year	Whole group				Subset group			
	L, Year	F, %	ΔF , %	Ne	L, Year	F, %	ΔF , %	Ne
2003	5.3	0.23%			4.8	0.12%		
2004	5.4	0.42%	0.19%	49	4.8	0.38%	0.27%	39
2005	5.6	0.39%	-0.03%	-	4.6	0.34%	-0.04%	-
2006	5.9	0.51%	0.12%	70	5.3	0.44%	0.10%	93
2007	6.0	0.53%	0.02%	488	5.4	0.52%	0.08%	113
2008	6.1	0.59%	0.06%	138	5.7	0.53%	0.01%	1098
2009	6.0	0.64%	0.05%	166	5.7	0.36%	-0.17%	-
2010	5.8	0.80%	0.16%	53	5.5	0.42%	0.06%	147
2011	5.5	0.79%	-0.01%	-	5.1	0.39%	-0.03%	-
2012	5.2	0.97%	0.19%	51	4.8	0.41%	0.02%	469
2013	5.3	0.94%	-0.03%	-	5.0	0.37%	-0.04%	-
2014	5.0	1.02%	0.08%	126	4.8	0.40%	0.03%	402
2015	5.0	1.05%	0.03%	357	4.8	0.46%	0.06%	184
2016	4.9	0.86%	-0.20%	-	4.9	0.37%	-0.09%	-
Total	5.5	0.73%	0.05%	190	5.1	0.40%	0.02%	501

혈통분석 알고리즘 과 프로그래밍 농촌진흥청 국립축산과학원.

당창권, 이종재, 김내수. 2011. 한우 씨수소의 근교계수와 유효집단크기의 추정. JAST 53(4) 297~302.

원정일. 2015. 우리나라 홀스타인종 검정우의 번식형질에 대한 유전분석. 강원대학교 박사학위논문.

조충일, 최태정, 아람마부, 이재구, 조광현, 박병호, 이승수, 최연호, 노승희, 박수봉, 최재관. 2014. 한우 암소집단의 혈통구조 및 근교계수 분석. 농업생명과학연구 제48권 4호 pp.187-196.

진혁진. 2012. 가계도 분석에 따른 한우번식우의 유전 능력 평가. 충북대학교 석사학위논문.

Falconer DS, Mackay TFC 1996 Introduction to Quantitative Genetics. 4th ed. Longman Scientific and Technical. Harlow, UK.

Food and Agriculture Organisation(FAO). 2008. Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans. Management of small populations at risk. J. A. Woolloams, G. P. Gwaze, T. H. E. Meuwissen, D. Planchenault, J.P. Renard, M. Thibier and H. Wagner, ed Food and Agriculture Organisation of the United Nations.

Gutiérrez, J. P., Altarriba, J., Díaz, C., Quintanilla, R., Cañón, J., & Piedrafita, J. 2003. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. Genetics Selection Evolution, 35(1), 43-64.

Lutaaya, B. E., Misztal, I., Bertrand, J. K., & Mabry, J. W. 1999. Inbreeding in populations with incomplete pedigrees. Journal of Animal Breeding and Genetics, 116(6), 475-480.

Maiwashe, A., Nephawe, K. A., van Westhuizen, R. R., Mostert, B. E. and Theron, H. E. 2006. Rate of inbreeding and effective population size in four major South African dairy cattle breeds. S. Afr. J. Anim. Sci. 36(1):50-57.

Martinez, R. A., Garcia, D., Gallego, J. L., Onofre, G., Perez, J. and Canon, J. 2008. Genetic variability in Colombian Creole cattle populations estimated by pedigree information. J. Anim. Sci. 86:545-552.

Meuwissen, T. H. E. and Luo, Z. 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. Genet. Sel. Evol. 24:305-313.

Nomura, T., Honda, T. and Mukai, F. 2001. Inbreeding and effective population size of Japanese Black cattle. J. Anim. Sci. 79:366-370.

Weigel, K. A. 2001. Controlling inbreeding in modern breeding programs. J. Dairy Sci. 84(E. Suppl.):E177-E184.

김민수 외 37명. 2005. 동물육종학. pp121-124