

## 고품질 한우를 위한 여러 경제형질에서의 주요 SNP 규명

이제영<sup>1,\*</sup>, 김동철<sup>a</sup>

<sup>a</sup>영남대학교 통계학과

### 요약

고품질 한우를 만들기 위해 여러 경제형질에 영향을 주는 유전자 즉 single nucleotide polymorphisms (SNPs)를 규명하려고 한다. 이미 Lee 등 (2008a)에 의해 SNP(19\_1)\*SNP(28\_2)가 등심단면적 (LMA: longissimus muscle dorsi area)에 주요한 유전자로 규명되었다. 여기에 추가로 도체중 (CWT: carcass cold weight)과 일당증체량 (ADG: average daily gain)을 선형 모형에 적용하였으며 또한 상호작용에 더 유리하고 연속형 데이터에도 사용할 수 있는 expanded multifactor dimensionality reduction (expanded MDR)을 이용하여 주요한 SNP를 파악하였다. Expanded MDR 적용결과 등심단면적과 같은 결과인 SNP(19\_1)과 SNP(19\_1)\*SNP(28\_2)의 상호작용 형태가 가장 좋은 SNP로 선정되었으며, 최종적으로 SNP(19\_1)\*SNP(28\_2) 마커가 한우의 여러 경제형질에 우수 유전자임을 규명하였다.

주요용어: CART, MDR, SNP, 한우 경제형질.

### 1. 서론

인간의 질병 또는 가축의 경제적인 특성에 관한 유전자의 규명은 유전학에서 매우 중요한 관심사이다. 또한 우리나라 축산업과 축종을 대표하는 한우의 유전자원 보존과 유전능력 향상을 위한 기술 개발은 우리나라 축산업 발전을 위해 매우 중요한 과제라 할 수 있다. 생명공학의 발달로 인해 이를 응용한 새로운 품종의 개발과 생산물의 품질향상은 이제 피할 수 없는 시대의 흐름이 되었다. 그리고 동물의 출생, 성장, 유지, 생산 활동 등에 관여하는 여러 생체 메카니즘을 조절하여 표현 형질로 나타나게 하는 것은 근본적으로 유전체의 정보, 특히 기능성 유전자의 발현 및 조절 여부에 달려 있다. 따라서 우리 한우의 경쟁력을 높여 세계시장에서 살아남기 위해서는 한우의 여러 경제형질에 영향을 미치는 유전자를 찾아낸 뒤 그 유전체의 정보를 해석한 후 한우를 고품질, 고능력화를 시키는 것이 최종의 목적이다. 일반적으로 인간의 질병과 가축의 경제적인 특성은 하나의 유전자가 아닌 여러 유전자의 상호작용으로 일어난다고 믿고 있다. 그래서 이런 여러 유전자의 상호작용을 고려한 모형으로 선형모형 같은 표준 통계적 모델을 사용해왔다. 그러나 유전자의 수가 많을 경우 상호작용의 조합이 많아지므로 종종 모수들의 상호작용에 대한 해석과 모형을 결정하는 것이 어려울 수 있다. 그래서 multifactor dimensionality reduction (Ritchie 등, 2001; Chung 등, 2005), combinatorial partition method (Nelson 등, 2001), restricted partition method (Culverhouse 등, 2004) 등이 여러 유전자에 대한 상호작용을 결정하는 방법들로 개발되었다. 특히 multifactor dimensionality reduction (MDR)은 상호작용에 대한 명확한 모형의 가정이 없는 비모수적인 방법으로 적당한 high-order 차수의 데이터로 복잡한 관계를 밝힐 수 있었다. 한편, 대부분의 QTL 연구는 집단의 규모가 크거나 반형매(half-sib)에서 sire의 대립유전자가 유전되는 microsatellite marker를 사용한다. 그러나 QTL 연구의 결과들을 현장에 적용하기가 극히 제한적이다. 왜냐하면 기준집단에서 QTL은 다음세대로 유전되기 어렵기 때문이다. 따라서 많은 세대

\* 교신저자: (712-749)경북 경산시 대동 214-1 영남대학교 통계학과, 교수. E-mail: jilee@yu.ac.kr

를 거듭할수록 대립유전자의 유전이 안정적으로 발생되며 개체의 기능적인 유전적 가치를 직접적으로 추정할 수 있는 single nucleotide polymorphism (SNP)을 한우의 경제성 특성에 대한 genetic test의 개발에 이용한다. 본 연구에서는 한우의 여러 경제형질에 관련된 주요 유전인자를 찾기 위해서 Lee 등 (2008a)에 의해 규명된 등심단면적 (LMA: longissimus muscle dorsi area)에 관련된 유전인자를 포함하여 추가로 도체중 (CWT: carcass cold weight), 일당증체량 (ADG: average daily gain)과 같은 한우의 여러 경제형질에 관련된 주요 유전인자로 확대 적용하여 ANOVA (analysis of variance) 모형과 MDR 방법을 이용해 그 결과를 규명한다(2장). 3장에서는 2장에서 나타난 결과를 중심으로 결론을 규명한다.

## 2. 한우의 경제형질에 영향을 주는 SNP

### 2.1. 실험 자료

본 연구 데이터는 농협중앙회 가축개량 사무소에서 개발되었고 16 grand-sire half-sibs families로부터 229두의 수송아지로 구성되었다. 한우의 여러 경제형질인 등심단면적 (LMA: longissimus muscle dorsi area), 도체중 (CWT: carcass cold weight), 일당증체량 (ADG: average daily gain)은 모든 F1 자손으로부터 수집되었고 한국축산물등급판정소의 규격에 따라 측정되었다. 현재까지 소에서는 도체형질(도체중량, 등지방두께, 등심단면적, 일당증체량, 근내지방도)과 연관이 있는 SNP marker들이 일반 가축에서 평가되거나 적용되고 있다 (Barendse 등, 2004; Page 등, 2004). 따라서 본 연구에서는 EST-based SNP 연관지도 (Snelling 등, 2005)에서 Kim 등 (2003)에 의해 규명된 한우 염색체 6번에 위치한 candidate QTL인 ILSTS035 microsatellite marker와 같은 거리에 있는 SNP들 중 polymorphisms가 나타난 SNP(19.1, 18.4, 28.2) 마커를 이용하였다 (Lee 등, 2008b).

### 2.2. ANOVA를 이용한 한우의 경제형질에 대한 SNP 영향

한우의 경제형질 연구에서는 일반적으로 다음과 같은 통계적 모델을 사용한다 (Casas 등, 2005).

$$Y_{ijkl} = \mu + C_i + S_j + \beta \text{age} + M_k + \varepsilon_{ijkl} \quad (2.1)$$

$$\begin{array}{cccc} \text{(P)} & \text{(E)} & \text{(G)} & \\ i = 1, \dots, c, & j = 1, \dots, s, & k = 1, \dots, m, & l = 1, \dots, n, \end{array}$$

여기서  $Y_{ijkl}$ 는 한우의 경제형질이고  $C_i$ (contemporary)는 도축계절과 장소를 같이 고려한 그룹으로 고정 효과이며  $S_j$ 는 sire 그룹의 랜덤 효과,  $M_k$ 는 SNP 마커의 고정효과,  $\beta$ 는 나이에 대한 회귀계수,  $\varepsilon_{ijkl}$ 는  $N(0, \sigma^2)$ 인 확률변수이다. 그러나 우리가 관심을 가지는 부분은 한우의 경제형질에 영향을 주는 것으로 환경효과보다 유전자효과에 관심이 있다. 또한 한우에 영향을 주는 환경효과는 무수히 많으며 통제하기가 매우 어렵다. 따라서 유전자효과인 SNP가 도체중에 어떤 영향을 주는지에 대한 ANOVA 통계적 모형은 다음과 같다.

$$Y_{ijkl} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \gamma_k + (\alpha\beta)_{ij} + (\alpha\gamma)_{ik} + (\beta\gamma)_{jk} + \varepsilon_{ijkl}, \quad (2.2)$$

$$i = j = k = 1, 2, 3, \quad l = 1, 2, \dots, n,$$

여기서  $Y_{ijkl}$ 는 한우의 경제형질이고  $\alpha_i$ 는 SNP(19.1),  $\beta_j$ 는 SNP(18.4),  $\gamma_k$ 는 SNP(28.2)가 된다. 그리고  $\varepsilon_{ijkl}$ 는  $N(0, \sigma^2)$ 인 확률변수이다. Lee 등 (2008a)에 의해서 한우의 등심단면적(표 1)을 ANOVA에 적용해 본 결과 SNP(19.1)이 등심단면적에 유의한 차이가 있었으며 상호작용은 모두 유의한 차이가 없게 나타났다. 그리고 한우의 또 다른 경제형질인 도체중과 일당증체량을 등심단면적과 마찬가지로 ANOVA에 적용 확대해 보았다.

표 1: 한우 경제형질(등심단면적)에 대한 SNP(19\_1), SNP(18\_4), SNP(28\_2)의 주효과와 상호작용 효과 ANPVA 결과

Marker	SS	d.f	MS	F	p-value
SNP(19_1)	465.058	2	232.529	3.776	0.025
SNP(18_4)	7.424	2	3.712	0.060	0.942
SNP(28_2)	241.173	2	120.587	1.958	0.144
SNP(19_1)*SNP(18_4)	61.987	4	15.497	0.252	0.908
SNP(19_1)*SNP(28_2)	214.138	4	53.535	0.869	0.483
SNP(18_4)*SNP(28_2)	163.558	4	40.889	0.664	0.618
SNP(19_1)*SNP(18_4)*SNP(28_2)	111.917	7	15.988	0.260	0.969
오차	12500.402	203	61.578		
전체	13942.157	228			

표 2: 한우 경제형질(도체중)에 대한 SNP(19\_1), SNP(18\_4), SNP(28\_2)의 주효과와 상호작용 효과 ANPVA 결과

Marker	SS	d.f	MS	F	p-value
SNP(19_1)	8577.404	2	4288.702	3.964	0.020
SNP(18_4)	894.170	2	447.085	0.413	0.662
SNP(28_2)	765.030	2	382.515	0.354	0.703
SNP(19_1)*SNP(18_4)	5098.319	4	1274.580	1.178	0.322
SNP(19_1)*SNP(28_2)	5966.916	4	1491.729	1.379	0.243
SNP(18_4)*SNP(28_2)	7689.348	4	1922.337	1.777	0.135
SNP(19_1)*SNP(18_4)*SNP(28_2)	4491.950	7	641.707	0.593	0.761
오차	219632.129	203	1081.932		
전체	253253.886	228			

표 3: 한우 경제형질(일당증체량)에 대한 SNP(19\_1), SNP(18\_4), SNP(28\_2)의 주효과와 상호작용 효과 ANPVA 결과

Marker	SS	d.f	MS	F	p-value
SNP(19_1)	50069.731	2	25034.865	3.396	0.035
SNP(18_4)	2426.204	2	1213.102	0.165	0.848
SNP(28_2)	20038.559	2	10019.280	1.359	0.259
SNP(19_1)*SNP(18_4)	6450.768	4	1612.692	0.219	0.928
SNP(19_1)*SNP(28_2)	61181.286	4	15295.322	2.075	0.085
SNP(18_4)*SNP(28_2)	31936.993	4	7984.248	1.083	0.366
SNP(19_1)*SNP(18_4)*SNP(28_2)	37655.469	7	5379.353	0.730	0.647
오차	1496416.200	203	7371.508		
전체	1714082.300	228			

표 1, 2, 3은 국가 후대 검정우 229두를 이용하여 등심단면적과 도체중, 일당증체량에 영향을 주는 SNP들의 주효과와 상호작용효과에 관하여 알아보기 위해 ANOVA 모형에 적용한 결과이다. Lee 등 (2008a)에 의해 규명된 등심단면적의 결과와 같이 추가로 분석한 한우의 경제형질 즉, 도체중과 일당증체량의 결과도 상호작용에 대한 효과는 모두 통계적으로 유의한 차이가 나타나지 않았으며 하나의 주효과에 대한 것은 SNP(19\_1)이 통계적으로 유의하게(significance = 0.020, 0.035) 나타났다. 하지만 우리는 한우의 경제형질에 영향을 주는 유전자가 개별 SNP유전자가 아닌 여러 개의 복잡한 SNP유전자의 상호작용이 더 영향을 준다고 믿고 있었다. 이들을 규명하기 위해 상호작용에 효과적인 MDR 모형에 적용해 보았다.

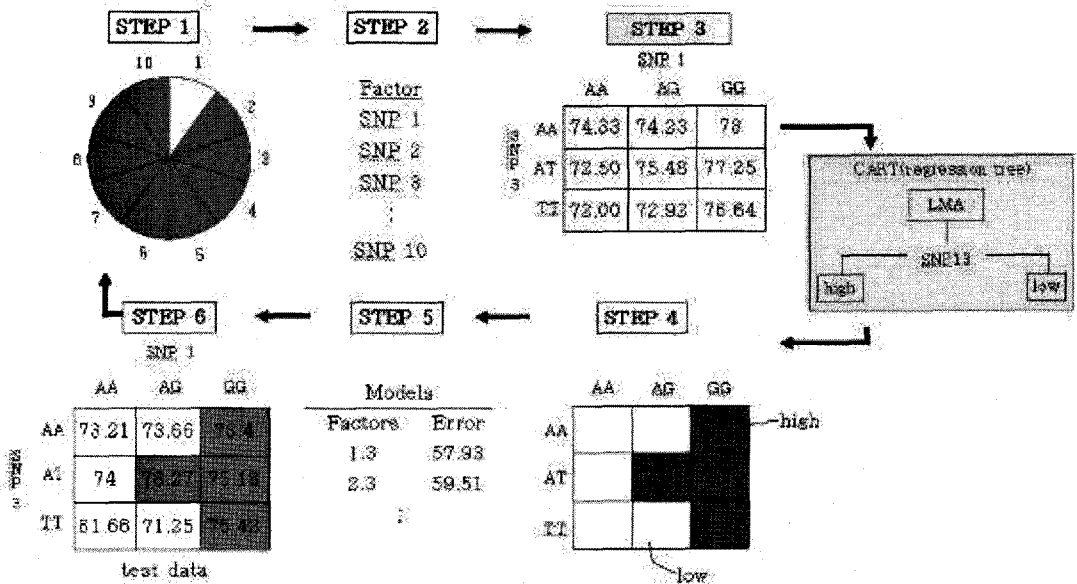


그림 1: Expanded MDR 방법의 일반적인 steps (Lee 등, 2008a)

### 2.3. MDR 방법에 의한 한우 경제형질의 SNP영향

MDR 방법은 case와 control의 이분형 데이터에만 적용이 가능하다 (Ritchie 등, 2003; Lee와 Kim, 2008a; Lee와 Kim, 2008b). 그러나 본 연구의 한우 경제형질은 모두 연속형 자료로 이루어졌다. 따라서 데이터마이닝 중의 한 방법인 CART(classification and regression tree) 방법을 이용하여 연속형 자료에서도 적용 가능한 expanded MDR을 이용한다 (Lee 등, 2008a). 그림 1은 연속형 데이터에 대한 expanded MDR의 6가지 step을 보여준다.

**Step 1.** 데이터를 랜덤으로 10개의 같은 크기로 나눈다. 그리고 그 중 9개를 training set으로 1개를 testing set으로 둔다.

**Step 2.** 데모든(3개) SNP로부터  $k(1, 2, 3)$ 개의 SNP 조합 중 하나를 선택한다.

**Step 3.** 선택된 SNP 조합에서 SNP의 각각 수준을 기초로 한 개체들을 multifactor classes 또는 cells에 기술한다. 예를 들어서  $k = 2$ 일 경우 SNP는 3개의 수준으로 되어있다. 따라서  $3^2 = 9$ 개의 셀을 가진다. 각각 9개의 셀에 경제형질의 평균값을 기술한다.

**Step 4.** CART 방법의 impurity function을 사용하여 variance impurity를 구한다. 평균이 높은 그룹이 high가 되고 평균이 낮은 그룹이 low가 된다.

**Step 5.** Expanded MDR 모델에서  $k$ -factor 조합 중에서 가장 작은 ASE(average squared error)가 선택된다

**Step 6.** MDR과 마찬가지로 나머지 1/10의 데이터인 testing set을 이용하여 P\_ASE(prediction average squared error)를 구한다.

표 4: 등심단면적, 도체중, 일당증체량에 대한 SNP 조합의 average ASE와 average P\_ASE 결과.

No. of factors	Marker	LMA		CWT		ADG	
		ASE	P_ASE	ASE	P_ASE	ASE	P_ASE
1	SNP(19_1)	58.838	59.905	1081.99	1084.42	7014.64	8122.83
	SNP(18_4)	60.617	61.559	1103.57	1108.37	7112.90	8277.56
	SNP(28_2)	60.280	60.477	1088.16	1108.65	7047.34	8141.60
2	SNP(19_1)*SNP(18_4)	58.379	60.676	1068.55	1115.96	6917.81	8452.47
	SNP(19_1)*SNP(28_2)	57.932	59.671	1045.66	1075.89	6714.00	7896.87
	SNP(18_4)*SNP(28_2)	59.151	61.504	1059.59	1116.41	6873.62	8570.60

표 5: 등심단면적, 도체중, 일당증체량에 대한 하나의 유전자효과와 두 개의 상호작용 효과의 CVC 결과.

No. of factors	Marker	LMA	CWT	ADG
1	SNP(19_1)	10	6	5
	SNP(18_4)	0	0	1
	SNP(28_2)	0	4	4
2	SNP(19_1)*SNP(18_4)	0	0	0
	SNP(19_1)*SNP(28_2)	9	6	9
	SNP(18_4)*SNP(28_2)	1	4	1

그 다음 위의 과정의 반복에서 나온 10개의 ASE(average squared error)와 P\_ASE(prediction average squared error)의 평균을 구해 그 값이 가장 낮은 것을 best *n*-factors 모형으로 정한다. MDR 방법과 같이 앞에서 구한 각각의 ASE를 이용하여 CVC(cross validation consistency)를 구하는데 이것은 10번의 cross-validation을 시행할 때 각 시행에서 선택된 best model을 카운트 하는 것이다. 따라서 ASE와 P\_ASE의 평균이 가장 낮고 CVC가 가장 높은 값이 best *n*-factors 모형이다. 한우의 등심단면적에 영향을 주는 SNP는 이미 Lee 등 (2008a)에 의해서 SNP(19\_1)과 SNP(19\_1)\*SNP(28\_2)가 최종 선택되었으며 SNP(19\_1)보다는 SNP(19\_1)\*SNP(28\_2)가 한우의 등심단면적에 더 영향을 준다는 것을 밝혔다. 그리고 한우의 또 다른 경제형질인 도체 중, 일당증체량을 등심단면적과 마찬가지로 expanded MDR에 적용하였다. 표 4와 5는 expanded MDR에 실제 데이터를 적용해서 나온 ASE와 P\_ASE의 결과, CVC의 결과이다.

표 4는 expanded MDR 과정을 10번 반복한 후 각각의 SNP 조합에 대한 ASE와 P\_ASE의 평균을 구한 값이다. Best model은 average ASE와 average P\_ASE가 가장 낮은 것을 선택하는데 위의 표 4를 보면 하나의 요인에 대한 효과에서는 SNP(19\_1)의 ASE가 도체중과 일당증체량에서 각각 1081.99, 7014.64로 가장 낮게 나타났으며 두 개의 요인에 대한 효과에서는 SNP(19\_1)\*SNP(28\_2)의 ASE가 도체중과 일당증체량에서 각각 1045.66, 6714.00으로 가장 낮게 나타났다. 따라서 등심단면적과 마찬가지로 하나의 요인에서는 SNP(19\_1)이 선택되었고 두 개의 요인에서는 SNP(19\_1)\*SNP(28\_2)가 선택되었다. 그리고 SNP(19\_1)과 SNP(19\_1)\*SNP(28\_2)를 보면 상호작용 효과인 SNP(19\_1)\*SNP(28\_2)의 ASE와 P\_ASE가 더 낮은 것을 알 수 있다. 따라서 한우의 경제형질에 영향을 주는 요인은 하나의 요인에 대한 효과보다는 상호작용에 대한 효과가 더 많다는 것을 알 수 있다. 다음으로 CVC 결과를 살펴보면 하나의 요인에서는 SNP(19\_1)이 각각 6, 5로 가장 높게 나타났으며 두 개의 요인에서는 SNP(19\_1)\*SNP(28\_2)가 각각 6, 9로 가장 높게 나타났다. 따라서 앞의 결과와 이 결과를 종합해보면 최종 best model은 요인이 한 개 일 때는 SNP(19\_1)이 선택되고 요인이 두 개 일 때는 SNP(19\_1)\*SNP(28\_2) 마커가 최종 best set.으로 선택되었다.

### 3. 결론 및 토의

우리는 복합질병에 대한 위험 또는 가축의 경제특성의 여러 유전자에 관련된 polymorphism의 조합을 이용하여 ANOVA와 expanded MDR에 적용하여 한우의 여러 경제형질에 영향을 주는 SNP들을 규명하려고 시도한 결과 ANOVA에서는 SNP(19\_1)이 한우의 여러 경제형질에 동일하게 유의한 차이가 있었고 상호작용에 대한 영향은 없는 것으로 나타났다. 하지만 expanded MDR에 적용한 결과 단일 SNP에서는 SNP(19\_1)이 한우의 여러 경제형질에 주요한 영향을 많이 주었으며 두 개의 상호작용에서는 SNP(19\_1)\*SNP(28\_2)가 한우의 여러 경제형질에 주요한 영향을 가장 많이 주는 것으로 나타났다. 또한 SNP(19\_1)과 SNP(19\_1)\*SNP(28\_2)의 ASE와 P-ASE를 비교한 결과 SNP(19\_1)인 하나의 유전자의 효과보다는 SNP(19\_1)\*SNP(28\_2)와 같이 상호작용에 의한 유전효과가 한우의 여러 경제형질에 더 주요한 영향을 주는 인자로 밝혀졌다. 아울러 CVC 검정결과에서도 SNP(19\_1)\*SNP(28\_2)인자가 최종모형임이 밝혀졌다. 따라서 한우의 경제형질에 영향을 주는 SNP를 규명하는 문제에서 ANOVA 모형에서 나타나지 않은 주요한 상호작용에 관계된 인자가 expanded MDR 방법에 의해 규명된 한우의 경제형질 중 Lee 등 (2008a)에 의해 밝혀진 등심단면적 뿐만 아니라 도체중과 일당증체량과 같은 한우의 다른 경제형질에 영향을 주는 유전자는 SNP(19\_1)\*SNP(28\_2) 마커라는 것이 규명되었다. 즉, 한우의 SNP(19\_1)\*SNP(28\_2)마커의 소유 여부가 고품질, 고능력 경제형질을 대표하는 유전자중의 하나라고 할 수 있겠다.

### 참고 문헌

- Barendse, W., Bunch, R., Thomas, M., Armitage, S., Baud, S. and Donaldson, N. (2004). The TG5 thyroglobulin gene test for a marbling quantitative trait loci evaluated in feedlot cattle, *Australian Journal of Experimental Agriculture*, **44**, 669-674.
- Casas, E., White, S. N., Riley, D. G., Smith, T. P. L., Brenneman, R. A., Olson, T. A., Johnson, D. D., Coleman, S. W., Bennett, G. L. and Chase, C. C. (2005). Assessment of single nucleotide polymorphisms in genes residing on chromosomes 14 and 29 for association with carcass composition traits in *Bos indicus* cattle, *Journal of Animal Science*, **83**, 13-19.
- Chung, Y., Lee, S. Y. and Park, T. (2005). Multifactor dimensionality reduction in the presence of missing observations, In *Proceedings of the Autumn Conference, Korea Statistical Society*, **1**, 31-36.
- Culverhouse, R., Klein, T. and Shannon, W. (2004). Detecting epistatic interactions contributing to quantitative traits, *Genetic Epidemiology*, **27**, 141-152.
- Kim, J. W., Park, S. I. and Yeo, J. S. (2003). Linkage mapping and QTL on chromosome 6 in Hanwoo(Korean Cattle), *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, **16**, 1402-1405.
- Lee, J. Y. and Kim, D. C. (2008a). Main SNP identification of Hanwoo carcass weight with multifactor dimensionality reduction(MDR) method, *The Korean Journal of Applied Statistics*, **21**, 53-63.
- Lee, J. Y. and Kim, D. C. (2008b). RPM(restricted partition method) analysis for SNP detection in a Hanwoo cattle, In *Proceedings of the Spring Conference, Journal of Korea Statistical Society*, **70**.
- Lee, J. Y., Kwon, J. C. and Kim, J. J. (2008a). Multifactor dimensionality reduction (MDR) analysis to detect single nucleotide polymorphisms associated with a carcass trait in a Hanwoo population, *Asian - Australasian Journal of Animal Sciences*, **6**, 784-788.
- Lee, Y. S., Bae, J. H., Lee, J. Y., Park, H. S. and Yeo, J. S. (2008b). Identification of candidate SNP for economic traits on chromosome 6 in Korean cattle, *Animal Genetics*, (to appear).
- Nelson, M. R., Kardina, S. L., Ferrell, R. E. and Sing, C. F. (2001). A combinatorial partitioning method to identify multilocus genotypic partitions that predict quantitative trait variation. *Genome Research*, **11**, 458-470.

- Page, B. T., Casas, E., Quaas, R. L., Thallman, R. M., Wheeler, T. L., Shackelford, S. D., Koohmaraie, M., White, S. N., Bennett, G. L., Keele, J. W., Dikeman, M. E. and Smith, T. P. L. (2004). Association of markers in the bovine CAPNI gene with meat tenderness in large crossbred populations that sample influential industry sires, *American Society of Animal Science*, **82**, 3474–3481.
- Ritchie, M. D., Hahn, L. W. and Moore, J. H. (2003). Power of multifactor dimensionality reduction for detecting gene-gene interactions in the presence of genotyping error, missing data, phenocopy and genetic heterogeneity, *Genetic Epidemiology*, **24**, 150–157.
- Ritchie, M. D., Hahn, L. W., Roodi, N., Bailey, L. R., Dupont, W. D., Parl, F. F. and Moore, J. H. (2001). Multifactor-dimensionality reduction reveals high-order interactions among estrogen- metabolism genes in sporadic breast cancer, *The American Society of Human Genetics*, **69**, 138–147.
- Snelling, W. M., Casas, E., Stone, R. T., Keele, J. W., Harhay, G. P., Bennett, G. L. and Smith, T. P. (2005). Linkage mapping bovine EST-based SNP, *BMC Genomics*, **6**, 74–84.

2008년 8월 접수; 2008년 10월 채택

## Important SNPs Identification from the Economic Traits for the High Quality Korean Cattle

Jea-Young Lee<sup>1,a</sup>, Dong Chul Kim<sup>a</sup>

<sup>a</sup>Dept. of Statistics, Yeungnam Univ.

---

### Abstract

In order to make the high quality Korean cattle, it has been identified the gene markers which influence to various economic traits. To identify statistically significances among SNP markers, Lee *et. al.* (2008b) identified SNP(19\_1)\*SNP(28\_2) marker was an important marker in LMA(longissimus muscle dorsi area). In addition, CWT(carass cold weight) and ADG(average daily gain) are applied for expanded multifactor dimensionality reduction (expanded MDR) method from the comprehensive economic traits. The results showed that SNP(19\_1)\*SNP(28\_2) interaction marker was good and a very meaningful for economic traits.

**Keywords:** Classification and regression trees (CART), expanded multifactor dimensionality reduction (MDR), Hanwoo economic trait, single nucleotide polymorphism (SNP).

---

---

<sup>1</sup> Corresponding author: Professor, Department of Statistics, Yeungnam University, Kyungsan, Korea.  
E-mail: jlee@yu.ac.kr