

‘제주흑우’ 생산성 높일 유전 정보 찾았다

- ‘제주흑우’ 기반 집단 유전체 분석, 도체중 연관 유전 부위 확인
- 생산성 우수한 개체 선발...유전체 활용 기반 마련
- ‘제주흑우’ 고유 특성 보존과 농가 생산성 향상 기대

농촌진흥청(청장 이승돈)은 ‘제주흑우’의 생산성을 높이는 데 활용할 수 있는 유전 정보를 확보하고, 고기 생산량(도체중)과 관련된 주요 유전 부위를 확인했다고 밝혔다.



제주 흑우

‘제주흑우’는 우리나라 고유 가축 유전 자원이지만, 사육 규모가 1,593마리(흑우 501마리, 제주흑한우 1,092마리)에 불과해 안정적인 증식과 품종 유지가 중요한 품종이다.

또한, 단순히 개체를 보존하는 데 그치지 않고 농가에서 지속적으로 사육할 수 있는 기반 마련을 위해서는 번

식과 성장 특성, 생산성 연구를 병행해야 한다.

이에 농촌진흥청은 ‘제주흑우’의 고유 특성을 유지하면서 생산성을 높일 수 있는 유전 정보 확보 연구를 수행했다.

국립축산과학원 연구진은 ‘제주흑우’와 ‘제주흑우-한우 교배축’ 255마리를 대상으로 전장 유전체를 분석한 결과, 도체중과 밀접하게 관련된 6개 유전 부위를 확인했다.

이 가운데 'SOX5', 'KLF6' 등은 뼈와 근육 발달에 관여하는 것으로 알려진 유전자이며, 'EIF2B3', 'PHACTR3' 등도 도체중과 관련된 주요 후보 유전자로 확인됐다.

또한, 연구진은 근육 발달과 세포 증식, 에너지 대사 등에 관여하는 생물학적 경로가 도체중과 밀접하게 연관된다는 사실도 확인했다. 이는 ‘제주흑우’의 성장 특성을 과학적으로 이해하고 생산성을 높일 수 있는 중요한 기초자료로 기대를 모은다.

농촌진흥청은 이번 연구에서 확보한 유전 정보는 성장 가능성이 높은 개체를 더욱 정확하게 선발하는 유전체 선발 기술의 기초자료로 활용할 계획이다.

이번 연구 결과는 국제학술지 「Biology(Basel)」에 게재됐다.

*제주흑우 및 한우×제주흑우 교배종의 도체중(지육중량)에 대한 다품종 전장유전체 연관성 분석, (2025년 11월, IF 4.3)

농촌진흥청 국립축산과학원 난지축산연구센터 김남영 센터장은 “이번 연구로 ‘제주흑우’ 생산성과 관련된 유전 정보를 확보해 향후 유전체 선발 연구의 기반을 마련했다.”라며 “‘제주흑우’의 고유한 특성을 유지하면서 생산성을 높일 수 있는 유전·육종 연구를 지속해 나가겠다.”라고 밝혔다.

붙임. 제주흑우 도체중 관련 유전체(GWAS) 분석 결과

담당 부서	국립축산과학원 난지축산연구센터	책임자	과 장	김남영 (064-754-5701)
		담당자	연구사	원미영 (064-754-5722)

□ 관련 논문



Article

A Multi-Breed GWAS for Carcass Weight in Jeju Black Cattle and Hanwoo × Jeju Black Crossbreds

Miyoung Won ¹, Jongan Lee ² , Sang-Min Shin ¹, Seung-Eun Lee ¹, Won-Jae Kim ¹, Eun-Tae Kim ¹ , Tae-Hee Kim ³, Hee-Bok Park ³ and Borhan Shokrollahi ^{1,*}

¹ Subtropical Livestock Research Center, National Institute of Animal Science, RDA, Jeju 63242, Republic of Korea; mysoon07@korea.kr (M.W.); adanub@korea.kr (S.-M.S.); selee@korea.kr (S.-E.L.); wonj114@korea.kr (W.-J.K.); etkim77@korea.kr (E.-T.K.)
² Animal Breeding and Genetics Division, National Institute of Animal Science, RDA, Cheonan 31041, Republic of Korea; amasun@korea.kr
³ Department of Animal Resources Science, Kingju National University, Yeosu 3249, Republic of Korea; akfssu@small.kongju.ac.kr (T.-H.K.)
 * Correspondence: borhansh@korea.kr; Tel.: +82-64-757-5745

Simple Summary

Carcass weight is one of the most important traits determining beef yield and economic value in Korea. Jeju Black cattle are a native breed valued for their unique meat quality, but their smaller body size limits productivity. To better understand the genetic factors that influence carcass weight, we analyzed DNA from Jeju Black cattle and Jeju Black × Hanwoo crossbreds using a genome-wide association study (GWAS). We identified several genomic regions and genes that may affect carcass growth, including genes related to skeletal development, muscle formation, and metabolism. These findings provide new genetic information that can support breeding programs aimed at improving carcass yield while preserving the unique characteristics of Jeju Black cattle. The results also help establish a scientific foundation for the sustainable conservation and utilization of this important Korean native breed.

Abstract

Carcass weight (CW) is a major determinant of beef yield and market value in Korea, yet the genetic basis of this trait remains largely unexplored in cattle from Jeju Island. In this study, we performed a genome-wide association study (GWAS) using both a mixed linear model (MLM) and the FarmCPU approach, followed by pathway and network analyses to identify loci and biological functions underlying CW variation. A total of 256 Jeju cattle (92 Jeju Black and 164 Jeju Black × Hanwoo crossbreds) were initially sampled. One crossbred sample failed genotyping, leaving 255 animals (92 Jeju Black and 163 crossbreds) for analysis. Animals were genotyped using the Illumina BovineSNP50 v3 BeadChip, and 39,055 high-quality single nucleotide polymorphisms (SNPs) were retained after quality control. The MLM analysis detected no genome-wide significant associations, whereas the FarmCPU analysis identified six significant loci on *Bos taurus* chromosomes 3, 5, 6, 10, and 13, each explaining 2.55–9.58% of the phenotypic variance. Candidate genes located near these loci included *EIF2B3*, *HECTD3*, *SOX5*, *KLF6*, *PHACTR3*, and two uncharacterized protein-coding genes. Functional enrichment analysis identified biologically relevant pathways including lysine degradation, tryptophan metabolism, glycerolipid metabolism, fatty acid biosynthesis, extracellular matrix–receptor interaction, and signaling cascades such as PI3K–Akt and Rap1, although most pathways were not statistically significant after FDR correction. Protein–protein interaction (PPI) network analysis using STRING highlighted modules of signaling, extracellular matrix, and metabolic genes. These clusters



Academic Editor: Zhen Wang
 Received: 28 October 2025
 Revised: 17 November 2025
 Accepted: 27 November 2025
 Published: 28 November 2025

Citation: Won, M.; Lee, J.; Shin, S.-M.; Lee, S.-E.; Kim, W.-J.; Kim, E.-T.; Kim, T.-H.; Park, H.-B.; Shokrollahi, B. A Multi-Breed GWAS for Carcass Weight in Jeju Black Cattle and Hanwoo × Jeju Black Crossbreds. *Biology* **2025**, *14*, 1699. <https://doi.org/10.3390/biology14121699>

Copyright: © 2025 by the authors. Licensee MDPI, Basel, Switzerland. This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

□ 연구 목적

- 제주흑우의 생산성 향상을 위한 및 유전체 기초자료 확보
 - 도체중 등 경제형질에 직접적인 영향을 미치는 유전체 영역 및 후보유전자 구명
 - 농가 보급 및 활용성 제고를 위한 유전체 선발 가이드라인 마련

□ 연구 대상

- 제주흑우, 제주흑한우(제주흑우 × 한우) 255두 활용
 - 도축 후 조사된 도체중을 표현형 자료로 활용, 유전체 연관 분석

□ 연구 방법

- 소 SNP chips 데이터 기반 개체별 전장유전체연관분석(GWAS) 실시
 - 도체중과 연관된 SNP 및 유전체 영역 도출
 - * MLM 및 FarmCPU 모형 적용 집단구조에 따른 영향 보정
 - * 유의 SNP 인근 후보유전자를 도출하고, 관련 기능 및 생물학적 경로 분석

□ 연구 결과

- 도체중 연관 유의 SNP 6개 및 주요 후보유전자 구명
 - 소의 3·5·6·10·13번 염색체 구간에서 도체중 연관 유의 SNP 검출
 - 근육 형성, 지방대사, 세포 신호전달 관련 경로와의 연관성 확인
- 유전적 기초 데이터를 활용한 개량 가이드라인 제시로 농가 사육 효율성 제고 기대