

제한된 분할방법과 한우 경제형질에서 유전자들간의 상호작용

이제영¹, 김동철²

^{1,2}영남대학교 통계학과

접수 2008년 12월 12일, 수정 2009년 1월 5일, 게재확정 2009년 1월 10일

요약

제한된 분할방법은 어떤 개체의 표현형을 가장 많이 설명할 수 있는 multilocus 유전자형들의 분할된 그룹을 찾는 것이며 연속형 데이터에 적합하다. 또한 이 방법은 인간의 여러 질병에 영향을 주는 유전자를 찾는 방법으로 주로 이용된다. 그러나 본 연구에서는 제한된 분할 방법을 인간의 질병뿐만 아니라 가축의 경제형질에도 적용할 수 있는 것을 보이기 위해 한우의 여러 경제형질인 등심단면적, 도체중과 일당증체량에 영향을 주는 유전자를 규명해 보았다. 그 결과 모든 경제형질에 영향을 주는 유전자로는 SNP (19.1)*SNP (28.2)의 상호작용이 가장 좋은 SNP로 선정되었다. 따라서 이 유전자 SNP (19.1)*SNP (28.2)가 한우의 경제형질에 가장 많은 영향을 준다는 것을 규명하였으며 제한된 분할 방법이 가축의 경제형질에도 적용할 수 있다는 것을 보였다.

주요어: 유전자형, 표현형, RPM, SNP.

1. 서론

대부분의 인간의 질병과 가축의 경제적인 특성은 하나의 유전자가 아닌 여러 유전자의 상호작용으로 일어난다. 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. 따라서 환자대조군연구와 같은 이분형 자료에 적합한 multifactor dimensionality reduction (Ritchie 등, 2003; Hahn 등, 2003; Chung 등, 2005)과 연속형 자료에 적합한 combinatorial partition method (Nelson 등, 2001), restricted partition method (Culverhouse 등, 2004) 등이 여러 유전자에 대한 상호작용을 결정하는 방법들로 개발되었으며 이 방법들은 주로 인간의 질병에 대한 유전자들을 밝혀왔다. 이런 방법들 중 하나인 연속형 자료에 적합한 combinatorial partition method (CPM)의 경우는 계산이 많고 시간이 오래 걸린다는 단점이 있다. 이런 단점을 보완한 것이 restricted partition method (RPM)이다. 따라서 본 연구에서도 연속형 데이터에 적합하며 계산이 빠르고 쉬운 RPM을 소개하며 인간의 질병에 영향을 주는 유전자를 규명하는 것과 같이 가축의 경제형질 즉, 한우의 경제형질에 영향을 주는 유전자를 동일한 방법으로 규명해 본다.

21세기 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 표현형질로 나타나게 하는 것은 근본적으로 유전체의 정보, 특히 기능성 유전자의 발현 및 조절 여부에 달려 있다. 따라서 이런 유전 정보를 이용하여 한우의 경제형질을 개발할 수 있고 한우의 개체를 식별할 수가 있다 (Lee 등, 2006). 또한 대부분의 quantitative trait locus (QTL) 연구

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

² (712-749) 경북 경산시 대동 214-1, 영남대학교 통계학과, 대학원, 석사.

는 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 세대를 거듭할수록 대립유전자의 유전이 안정적으로 발생되며 개체의 기능적인 유전적 가치를 직접적으로 추정할 수 있는 single nucleotide polymorphism (SNP)을 동물의 경제적 특성에 대한 유전자검사의 개발에 이용한다. 따라서 우리 한우의 경쟁력을 높여 세계시장에서 살아남기 위해서는 한우의 여러 경제 형질에 영향을 미치는 유전자 즉, SNP를 찾아낸 뒤 그 유전체의 정보를 해석하여 한우를 고품질, 고능력화를 시켜야 할 것이다. 그 방법으로 앞에서 말했듯이 인간의 질병에 영향을 주는 유전자를 규명하는 것과 동일한 방법인 RPM을 적용하여 한우의 경쟁력을 높일 수 있는 우수한 유전자 SNP를 찾는다.

본 연구는 한우의 경제 형질에 영향을 주는 유전자를 찾는 방법인 RPM을 2절에서 소개한다. 그리고 3절에서는 한우의 여러 경제 형질에 관련된 주요 유전인자를 찾기 위해서 등심단면적 (LMA : longissimus muscle dorsi area)과 도체중 (CWT : carcass cold weight), 일당증체량 (ADG : Average daily gain)과 같은 한우의 경제 형질에 관련된 주요 유전인자 즉, SNP를 RPM을 이용하여 규명하였다.

2. 제한된 분할 방법

RPM과 CPM의 공통점은 두 방법 모두 multilocus genotype들을 표현형에 가장 많이 설명할 수 있게 분할하는 것이다. 그 방법으로는 각각으로 분할된 그룹에 의해 설명되는 비율을 구하고 그 비율을 비교하여 그 비율이 가장 높은 그룹을 선택하는 것이다. 아래 2.1식은 분할된 그룹을 이용한 ANOVA 모형이다.

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + \varepsilon_{ij} \quad i = 1, \dots, k \quad j = 1, \dots, n \quad (2.1)$$

$$Y_{ij} = \text{phenotype}, \quad \tau_i \sim (0, \sigma_k^2), \quad \varepsilon_{ij} \sim N(0, \sigma_e^2)$$

여기서 Y_{ij} 는 phenotype 즉, 표현형이 되고, τ_i 는 genotype 즉, 유전자형들의 분할된 그룹이 되며 평균이 0이고 분산이 σ_k^2 인 랜덤효과이다. 그리고 ε_{ij} 는 평균이 0이고 분산이 σ_e^2 인 오차가 된다.

τ_i 가 랜덤효과이므로 관측값 Y_{ij} 의 분산은 다음과 같이 $Var(Y_{ij}) = \sigma_y^2 = \sigma_k^2 + \sigma_e^2$ 이 된다. 여기서 σ_y^2 는 전체변동이 되고 σ_k^2 는 그룹에 대한 변동이 되며 σ_e^2 은 오차변동이 된다.

여기서 우리가 관심을 가지는 것은 그룹들 간의 변동이 개체간의 변동보다 얼마만큼 표현형을 설명할 수 있는지를 보는 것이다. 따라서 이 표현형을 가장 많이 설명할 수 있게 분할된 그룹을 찾는 통계량으로 전체 변동에서 그룹간의 변동 비율인 σ_k^2/σ_y^2 의 추정량 R^2 을 이용한다. 여기서 σ_k^2 의 추정량인 $\hat{\sigma}_k^2$ 은 기댓값을 취하게 되면 bias가 된다.

$$\begin{aligned} E[\hat{\sigma}_k^2] &= \sum_{i=1}^k \frac{n_i(\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..})^2}{n} + \frac{(k-1)}{n} \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} \frac{(Y_{ij} - \bar{Y}_i)^2}{n-k} \\ &= \sigma_k^2 + \frac{(k-1)}{n} \sigma_e^2 \end{aligned}$$

따라서 unbiased가 되게 하기 위해서 아래 식과 같이 $(k-1) \hat{\sigma}_e^2/n$ 만큼 bias된 부분을 뺀 s_k^2 을 σ_k^2 의

추정량으로 사용한다 (Boerwinkle 등, 1986).

$$\begin{aligned} s_k^2 &= \sum_{i=1}^k \frac{n_i(\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..})^2}{n} - \frac{(k-1)}{n} \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} \frac{(Y_{ij} - \bar{Y}_i)^2}{n-k} \\ &= \frac{S}{S^k n} - \frac{(k-1)}{n} \hat{\sigma}_e^2 \\ \therefore E[s_k^2] &= \sigma_k^2 \end{aligned}$$

여기서 추정량 R^2 은 아래의 식과 같이 나타낸다.

$$R^2 = \frac{\hat{\sigma}_k^2}{\hat{\sigma}_y^2} = \frac{\hat{\sigma}_k^2}{\hat{\sigma}_k^2 + \hat{\sigma}_e^2} = \frac{s_k^2}{s_k^2 + \sigma_e^2}$$

결국 우리가 구하고자하는 R^2 는

$$\frac{s_k^2}{s_k^2 + \sigma_e^2} = \frac{\frac{SSk}{n} - \frac{k-1}{n} \hat{\sigma}_e^2}{\frac{SSk}{n} - \left(\frac{k-1}{n} - 1 \right) \hat{\sigma}_e^2} \quad (2.2)$$

와 같이 나타나게 된다. 이 R^2 을 표현형에 영향을 가장 많이 주는 즉, 설명력이 가장 높게 분할된 그룹을 찾는 통계량으로 사용한다.

앞에서 말한 것과 같이 CPM (Nelson 등, 2001)은 표현형에 가장 많은 설명 할 수 있게 분할되는 그룹을 찾는 것이 목적이다. 따라서 모든 경우의 분할되는 수를 생각해야하기 때문에 위의 식 2.1의 모형의 수가 모든 경우의 분할되는 그룹의 수와 같아진다. 또한 이 분할된 그룹에 대한 식 2.2의 R^2 계산도 아주 많아지게 된다. 아래의 식 2.3은 g 개의 셀에서 k 개의 그룹으로 분할을 할 시에 나타나는 가지 수인 Sterling number of the second kind 공식이다 (Comtet, 1974).

$$S(g, k) = \frac{1}{k!} \sum_{i=0}^{k-1} (-1)^i \binom{k}{i} (k-i)^g \quad (2.3)$$

$g = \text{all cell}, k = \text{group}.$

예를 들어 9개의 유전자형들을 2개의 그룹으로 나눌 경우의 수는 255개가 되며 9개의 유전자형들을 3개의 그룹으로 나눌 시에는 3,025개가 된다. 따라서 9개의 유전자형들을 2개 이상의 그룹으로 나눌 시의 가지 수는 21,146개가 되므로 21,146가지의 경우를 전부 계산해야하는 복잡한 상황이 일어나게 된다. 따라서 이런 문제점을 보완하기 위한 방법인 RPM을 소개한다 (Culverhouse 등, 2004; Lee 등, 2008b).

이 RPM 방법은 간단히 말해서 multi-locus group들을 표현형의 평균이 비슷한 그룹으로 합치는 것이다. 아래 step을 살펴보자.

Step 1. 모든 SNP들로부터 m 개의 SNP 선택한다. 예를 들어 10개의 SNP중에서 SNP1과 SNP2 두개의 SNP를 선택한다.

Step 2. 선택된 SNP들을 조합하여 SNP의 각각 수준을 기초로 한 개체들을 multi-factor classes 또는 각 셀에 기술한다. 예를 들어서 $m=2$ 일 경우 SNP는 3개의 수준으로 되어있다. 따라서 그림 2.1과 같이 $3^2 = 9$ 개의 셀을 가진다. 각각 9개의 셀에 표현형의 수치 값들을 기술한다.

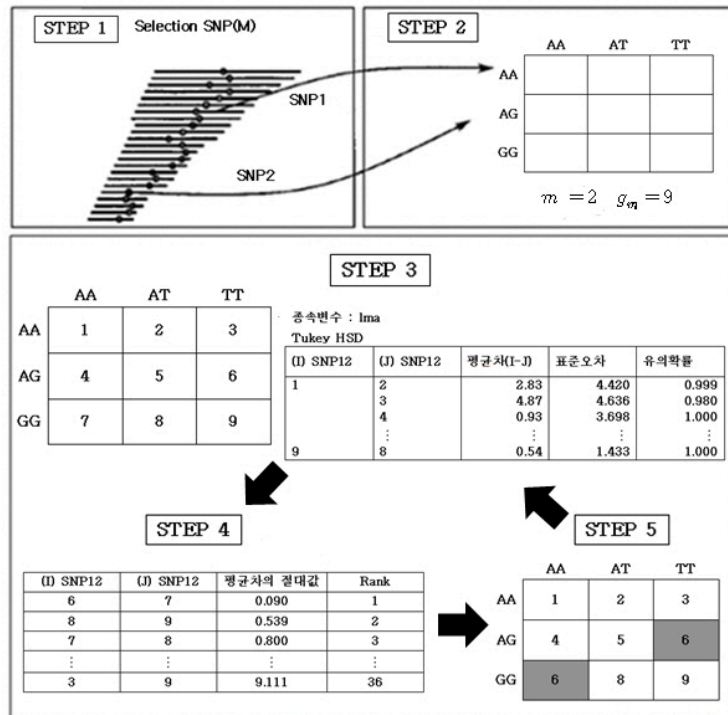


그림 2.1 M=2인 SNP1과 SNP2 두 개의 상호작용에 대한 RESTRICTED PARTITION METHOD (RPM)의 STEP

Step3. 각 각 셀들에서의 표현형 평균차이를 ANOVA 분석을 시행한 후 거기에 따른 multiple comparison으로 검정을 한다. 예를 들어 $m=2$ 일 때 9개의 셀에서의 평균 차이를 ANOVA 분석을 한다. 만약에 모든 그룹들이 유의한 차이가 있다면 이 Step에서 멈추게 된다.

Step4. Multiple comparison의 결과에서 유의한 차이가 없는 것들을 모아서 평균차가 작은 순서대로 순위를 정한다.

Step5. Step4에서 나온 순위 중에서 평균차가 가장 작은 첫 번째 순위인 한 쌍의 셀을 병합한다. 예를 들어 그림 2.1과 같이 6번 셀과 7번 셀 간의 평균차이가 가장 작을 경우 6번과 7번을 하나의 셀로 병합한다.

Step6. Step5의 2개의 셀이 병합된 자료를 이용하여 Step3을 다시 시행한다. 예를 들어 6번과 7번 셀을 하나의 셀로 병합한 자료 즉, 8개의 셀을 이용하여 다시 Step3로 돌아간다.

위의 Step에서 최종으로 나오는 그룹을 이용하여 R^2 를 구한다. 만약에 위의 Step에서 모든 그룹에서 유의한 차이가 없게 되어 결국 하나로 합쳐지면 그때의 R^2 는 0이 된다. R^2 가 0이 된다는 것은 결국 그룹에 대한 설명력이 없다는 것이므로 유전자형들이 표현형과 무관하다는 것을 의미 한다.

사람이나 가축은 무수히 많은 유전자들을 가지고 있다. 따라서 유전자들은 무수히 많은 상호작용형태로 나타난다. 따라서 모든 상호작용에 대하여 RPM을 적용한 후 R^2 를 구하여 비교할 수 있다. 여기서 R^2 가 가장 높은 것이 표현형에 가장 크게 영향을 준다고 할 수 있다. 그러나 R^2 를 이용하여 여러 상호작용에 대한 비교는 할 수 있지만 그 상호작용의 유의성을 알기는 힘들다. 따라서 RPM에서의 유의성은 R^2 를 사용한 permutation test를 이용한다. 이것은 원 자료에서의 R^2 가 변경된 R^2 보다 높은 값의

빈도를 측정하여 이 빈도를 전체 변경된 자료에서의 비율을 이용하여 유의성을 판별하게 된다. 우선 원 자료를 RPM 방법에 적용하여 R^2 를 구한다. 그리고 원 자료에서 나누어진 각각의 그룹에서 하나 이상의 개체들을 교체해준다. 그리고 그 데이터를 이용하여 R^2 를 구한다. 이런 방식으로 n 번 교체를 했을 시에 n 개의 R^2 값이 나오게 된다. 그 다음 n 개의 R^2 값이 원 자료에서 구한 R^2 값보다 높게 나오는 빈도를 구하여 전체 n 번 중에 높게 나온 비율을 구한다. 그 비율이 P-value값이 된다.

다음 장에서 실제 데이터를 앞에서 설명한 RPM방법에 적용해 보자.

3. 제한된 분할 방법 적용사례

표 3.1 일당증체량, 도체중, 등심단면적에 대한 SNP 조합의 R^2 와 P-VALUE 결과

Number of factors	Marker	Genotype	number of animals	R^2 (P-value)	ADG (Average daily gain)	CWT (carcass cold weight)	LMA (longissimus muscle dorsi area)	
1	SNP (19.1)	(AA)	16	R^2	0.019	0	0.026	
		(AG)	75	(P-value)	(0.104)	.	(0.083)	
		(GG)	138					
	SNP (18.4)	(AA)	45	R^2	0	0	0	
		(AT)	112	(P-value)	.	.	.	
		(TT)	72					
	SNP (28.2)	(CC)	54	R^2	0.015	0	0	
		(CT)	118	(P-value)	(0.139)	.	.	
		(TT)	57					
	2	SNP (19.1)*	(AACC)	5	R^2	0.017	0.015	0.038
			(AACT)	6				
		SNP (18.4)	(AATT)	5				
(AGCC)			15					
(AGCT)			35	(P-value)	(0.101)	(0.131)	(0.060)	
(AGTT)			25					
(GGCC)			25					
(GGCT)			71					
(GGTT)			42					
SNP (19.1)*			(AAAA)	3	R^2	0.062	0.052	0.047
SNP (28.2)			(AAAT)	6				
			(AATT)	7				
		(AGAA)	19					
		(AGAT)	38	(P-value)	(0.034)	(0.044)	(0.046)	
		(AGTT)	18					
		(GGAA)	32					
		(GGAT)	74					
		(GGTT)	32					
		SNP (18.4)*	(CCAA)	10	R^2	0.022	0.038	0.027
		SNP (28.2)	(CCAT)	26				
(CCTT)			9					
(CTAA)			31					
(CTAT)			50	(P-value)	(0.098)	(0.066)	(0.077)	
(CTTT)			31					
(TTAA)			13					
(TTAT)			42					
(TTTT)			17					

본 연구 데이터는 농협중앙회 가축개량 사무소에서 개발되었고 16 grand-sire half-sibs families로부

터 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 한국 축산물 등급판정소의 규격에 따라 측정되었다. 현재까지 소에서는 도체형질 (도체중량, 등지방두께, 등심단면적, 일당증체량, 근내 지방도)과 연관이 있는 SNP marker들이 일반가축에서 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)를 이용하였다 (Lee 등, 2008).

앞에서 소개한 RPM 방법에 위에 소개한 실제 데이터를 적용해 본 결과 다음과 같이 나타났다 표 3.1.

하나의 SNP 즉 개별적인 유전자의 경우를 살펴보면 SNP (19.1)에서는 도체중의 R^2 값이 0으로 모든 그룹 간에 유의한 차이가 없게 나타났고 일당증체량과 등심단면적은 각각 0.019와 0.026으로 영향을 주지 못했다 (p-value=0.1035, 0.0829). SNP (18.4)에서는 3개의 경제 형질에서 모두 0으로 나타났으며 SNP (28.2)에서는 일당증체량만 0.015 (p-value= 0.1394)로 나타났고 도체중과 등심단면적에서는 0으로 모든 그룹 간에 유의한 차이가 없게 나타났다. 따라서 개별적인 유전자의 경우에는 3개의 경제 형질에 모두 영향을 주지 못했다. 2개의 SNP의 상호작용 효과를 보면 SNP (19.1)*SNP (28.2)의 상호작용 효과가 일당증체량, 도체중, 등심단면적에 영향을 많이 준다는 것을 알 수 있다 (P-value=0.0335, 0.0440, 0.0464). 이는 개별적인 유전자에서는 3개의 경제 형질에 영향을 주지 않지만 상호작용 형태로 나타나면서 경제 형질에 영향을 주게 되었다. 따라서 한우의 종합적인 경제 형질에서는 개별적인 SNP는 영향을 주지 않지만 복합적인 SNP의 상호작용효과, 즉 SNP (19.1)*SNP (28.2)의 유전자가 영향을 많이 준다는 것을 알 수 있다.

4. 결론 및 토의

우리는 인간의 복합질병에 대한 위험에 관련된 유전자를 찾는 방법인 RPM을 이용하여 한우의 경제특성의 여러 유전자에 관련된 polymorphism 즉, SNP들을 조합하여 적용해보았다. 그 결과 개별적인 SNP에서는 유의한 결과가 나타나지 않았고 두 개 유전자의 상호작용에서는 SNP (19.1)*SNP (28.2)의 유전자가 한우의 경제 형질에 영향을 가장 많이 주는 것으로 나타났다. 이는 앞에서 말한 것과 같이 한우의 경제 형질에 영향을 주는 유전자는 개별적인 유전자의 영향보다는 2개의 상호작용형태의 유전자가 영향을 더 준다는 것을 알게 되었다. 이는 Lee (2007) 와 Lee 등 (2008a)에 의해 밝혀진 한우 종합적인 경제 형질에 영향을 주는 대표 유전자는 SNP (19.1)과 SNP (28.2)의 상호작용이라는 결과와 같이 RPM에 적용했을 경우에도 한우의 여러 경제 형질에 영향을 주는 유전자는 모두 SNP (19.1)과 SNP (28.2)의 상호작용이라는 것이 규명되었다. 즉, SNP (19.1)*SNP (28.2) 유전자가 여러 경제 형질을 대표하는 유전자라고 할 수 있다. 따라서 이 유전자 마커의 유전 정보를 분석하여 경제 형질을 개발하게 되면 한우를 고품질, 고능력화를 시킬 수 있겠다.

본 연구에서는 주로 인간의 질병에 주요한 유전자를 찾는 방법인 RPM을 가축의 경제 형질 즉, 한우의 경제 형질에 주요한 유전자를 찾는 방법으로도 사용될 수 있다는 것을 보였다. 또한 한우의 경제 형질에 gene-gene interaction의 영향을 보였으나 한우의 경제 형질은 유전자뿐만 아니라 환경적인 효과도 영향을 받기 때문에 그 환경적인 효과와 유전자의 상호작용인 gene-environment interaction도 RPM을 이용하여 적용할 수 있을 것이다.

참고문헌

- 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.
- Boerwinkle, E. and Sing, C.f. (1986). Bias of the contribution of single-locus effects to the variance of a quantitative trait. *American Journal of Human Genetics*, **39**, 137-144.
- Chung, Y., Lee, S., Park, T. (2005). Multifactor dimensionality reduction in the presence of missing observations. *Journal of Korea Statistical Society, Proceedings of the Autumn Conference*, **1**, 31-36.
- Comtet, L. (1974). *Advanced combinatorics: The art of infinite expansions*. Reidel, Boston.
- Culverhouse Robert, Tsvika Klein and William Shannon. (2004) Detecting epistatic interactions contributing to quantitative traits. *Genetic Epidemiology*, **27**, 141-152.
- Hahn, L. W., Ritchie, M. D. and Moore, J. H. (2003). Multifactor dimensionality reduction software for detecting gene-gene and gene-environment interactions. *Bioinformatics*, **19**, 376-382.
- 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., Kwon, J. C., Choi, Y. M. (2006). DNA marker traceability in Korean Cattle. *Journal of the Korean Data & Information Science Society, Proceedings of the Autumn Conference*, 155-159.
- Lee, J. Y. (2007). Multifactor dimensionality reduction (MDR) analysis for SNP detection in a Hanwoo population. *Journal of the Korean Data & Information Science Society, Proceedings of the Autumn Conference*, 77-83.
- Lee, J. Y. and Kim, D. C. (2008a). Important SNPs identification from the various economic characters for the high quality Korean cattle. *Journal of Korea Statistical Society*, submitted.
- Lee, Y. S., Bae, J. H., Lee, J. Y., Park, H. S. and Yeo J. S. (2008). Identification of candidate SNP for economic traits on chromosome 6 in Korean cattle. *Animal Genetics*, (to appear).
- Lee, J. Y. and Kim, D. C. (2008b). RPM (restricted partition method) analysis for SNP detection in a Hanwoo cattle. *Journal of Korea Statistical Society, Proceedings of the Spring Conference*, 70.
- Nelson MR, Kardina SL, Ferrell RE, Sing CF. (2001). A combinatorial partitioning method to identify multilocus genotypic partitions that predict quantitative trait variation. *Genome Res*, **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. *Journal 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.
- Snelling, W. M., Casas E., Stone, R. T., Keele, J. W., Harhay G. P., Bennett G. L. and Smith T. PL. (2005). Linkage mapping bovine EST-based SNP. *BMC Genomics*, **6**, 74-84.

Restricted partition method and gene-gene interaction analysis with Hanwoo economic traits

Jea-Young Lee¹ · Dong chul Kim²

^{1,2}Department of Statistics, Yeungnam University

Received 12 December 2008, revised 5 January 2009, accepted 10 January 2009

Abstract

In order to make the high quality Korean cattle, it has been identified the gene which influence to various economic characters. In this paper, we introduce Restricted Partition Method for gene-gene interaction analysis. Further, economic traits, longissimus muscle dorsi area (LMA), carcass cold weight (CWT) and average daily gain (ADG) are applied with Restricted Partition Method (RPM). The SNP (19.1)*SNP (28.2) was selected and was best marker on Single nucleotide polymorphisms (SNPs). It also influenced SNP (19.1)*SNP (28.2) was an very important marker for economic character and to make the thing know it became.

Keywords: Genotype, phenotype, restricted partition method (RPM), SNP.

¹ Corresponding author: Professor, Department of Statistics, Yeungnam University, Kyungsan 712-749, Korea. E-mail: jlee@ynu.ac.kr

² Graduate student, Department of Statistics, Yeungnam University, Kyungsan 712-749, Korea.