

## SNP 정보를 활용한 재래흑염소와 교잡종 염소의 유전적 다양성 및 유연관계 분석

이상훈, 이진욱, 이은도, 김승창, 이성수, 김관우\*  
농촌진흥청 국립축산과학원 가축유전자원센터

### SNP-based Genetic Diversity and Relationships Analysis of the Korean Native Black Goat and Crossbred Goat

Sang-Hoon Lee, Jinwook Lee, Eun-Do Lee, Seungchang Kim,  
Sung-Soo Lee, Kwan-Woo Kim\*

Animal Genetic Resources Research Center, National Institute of Animal Science, RDA

**요약** 본 연구는 국내 재래흑염소 집단 (당진 계통, 장수 계통, 통영 계통 및 경상대 계통)과 교잡종 염소 집단의 유전적 다양성 및 유전적 유연관계를 조사하기 위해 수행되었다. 각 집단에 존재하는 공통 SNP 45,658개를 이용하여 분석에 이용하였다. 유전적 다양성의 지표가 될 수 있는 기대, 관측 이형접합도는 교잡종, 경상대, 장수, 통영 계통 순으로 나타났다. 집단 사이의 유전적 다양성 정도를 나타내는 분산 성분은 당진과 경상대 계통 사이에서 19.98%로 가장 높게 나타났으며, 장수와 통영 계통 사이에서 8.87%로 가장 낮게 나타났다. 또한, 집단 사이의 유전적 거리는 장수, 통영 계통에서 하나의 분지를 형성하였으며, 당진, 경상대 계통이 하나의 분지로 나타났다. 또한, 교잡종 집단은 당진, 경상대 계통과 하나의 분지를 이루는 것으로 나타났다. 따라서 본 연구 결과는 국내 계통 간의 불필요한 근친교배와 유전자원 흐름을 줄이기 위한 기초자료 및 국내 재래흑염소 유전자원의 고유성을 나타내는 기초자료로 활용이 가능할 것으로 사료된다.

**Abstract** This study was conducted to investigate the genetic diversity and genetic taxonomic relationships between Korean native black goat (KNBG) populations and crossbred goats. The 45,658 common single nucleotide polymorphisms present in the KNBG strain and crossbred goat were used for the analysis. The expected and observed heterozygosity (which can be indicators of genetic diversity) were in the order of crossbred, Gyeongsang National University, Jangsu, then the Tongyeong strains. The variance component represents the degree of genetic diversity between groups. The highest variance (19.98 %) was between the Dangjin and Gyeongsang National University strains. The lowest variance (8.87 %) was between the Jangsu and Tongyeong strains. In addition, the genetic distance between the populations showed that Jangsu and Tongyeong formed one branch (they were very similar genetically). The Dangjin and the Gyeongsang National University strains appeared to form a second branch. Furthermore, the crossbred formed one branch with the Dangjin and the Gyeongsang National University strains. Therefore, the results of this study can be used as basic data to reduce unnecessary inbreeding and genetic resource flow between the KNBG populations. The basic data indicates the uniqueness of the genetic resources of the domestic lineage. These findings provide a basis for differentiating KNBG and Crossbred goats to use to improve the desirable characteristics of this species.

**Keywords** : Genetic Diversity, Genetic Distance, Korean Native Black Goat, Crossbred Goat, SNP

본 논문은 농촌진흥청 연구사업(PJ01431501)의 지원과 국립축산과학원 전문연구원 과정 지원 사업에 의해 수행되었음

\*Corresponding Author : Kwan-Woo Kim(NIAS, RDA)

email: bgring@korea.kr

Received October 12, 2020

Revised November 2, 2020

Accepted November 6, 2020

Published November 30, 2020

## 1. 서론

염소 (*Capra hircus*)는 전 세계에 약 570여종이 분포하는 것으로 보고되고 있으며 종마다 고유한 형태학적 특성을 가지며 고기, 우유, 가죽 및 털 생산 등 이용되는 목적에 따라 다양하게 활용되고 있다[1]. 염소의 사육은 약 2000년 전으로 추정되며 기원은 명확하지는 않지만 중국 또는 몽골을 거쳐 유입된 것으로 추정하고 있다 [2-3]. 우리나라의 경우 염소를 각종 한약재와 함께 끓이는 약재로서 많이 이용되어 왔으나, 최근 들어 영양소가 균형 있게 갖춰져 있고 건강기능성 식품으로 알려지면서, 전골, 수육, 탕 및 불고기 등으로 그 소비가 늘고 있는 추세이다[4-5].

이러한 이유로 인해 염소 사육농가에서는 대부분의 해외 육용종과의 교배를 통하여 육량 생산성이 우수한 교잡종 염소 생산에 치중되어 있어 순수한 혈통의 토종 재래흑염소가 급격히 감소하게 되어 멸종의 위기에 직면하게 되었다[6].

우리나라의 재래흑염소는 4개 계통 (장수, 당진, 통영, 경상대)을 농촌진흥청 국립축산과학원에서 보존하고 있으며 국제식량농업기구 (FAO) 산하의 가축다양성정보시스템 (DAD-IS, <http://dad.fao.org/>)에 등록되어 있다.

재래흑염소는 발육이 느리고 소형종으로 인해 육량 생산량이 낮아 경제성이 떨어지는 단점이 있어 우리나라 고유의 재래흑염소의 품종 특성을 유지하고 체계적인 교배 계획에 의한 생산성을 증대시키기 위한 개량체계의 확립이 필요한 실정이다. 지금까지 재래흑염소의 외모 특성 조사와 표준외모 심사 기준을 설정하기 위한 연구 등 표현형질 조사에 관한 연구가 일부 수행된 바 있다[6]. 따라서 표현형질과 더불어 유전체 정보 분석 등을 통해 이들에 대한 보다 명확한 계통 분류기준을 확립하여야 할 필요성이 있다.

해외 염소 품종들의 경우에는 염소 SNP (Single nucleotide polymorphism) 칩을 분석하여 다양한 품종들에 대한 각각의 품종에 대한 기원 및 유전적 특성 관계 규명 등에 관한 일부 연구 결과들이 보고된바 있다

[7-8]. 국내의 경우 염소 유전체 분석 연구는 초위성체 (MS; Microsatellite) 마커를 활용한 재래흑염소 집단에 대한 유전적 다양성과 계통의 유전적 특성 분석에 관한 연구에 일부 수행되어 보고된 바 있다[9-10]. 그러나 SNP 칩 분석을 활용한 연구는 아직 보고된 바가 없는 실정이다. SNP 칩 분석 및 이를 통해 얻어진 유전체 정보는 집단 내 또는 집단 간 유전적 다양성, 차이, 관계 및 구조의 측정에 있어 중요성이 있는 것으로 보고되었다 [8,11,12]. 따라서 본 연구의 목적은 Illumina Goat SNP50 Bead Chip을 통해 수집된 염소의 SNP 정보를 활용하여 국내 재래흑염소 계통들과 교잡종 염소 집단 내 또는 집단 간의 유전적 다양성과 유전적 관계를 구명하기 위하여 본 연구를 수행하였다.

## 2. 재료 및 방법

### 2.1 공시재료 및 유전체 정보

공시동물은 농촌진흥청 국립축산과학원의 동물실험계획서에 의거 동물보호법 및 국립축산과학원 동물시험 윤리위원회에서 승인된 동물실험방법 (승인번호: 2019-320)에 따라 2019년부터 2020년까지 수행되었다. 본 실험에 사용한 염소는 농촌진흥청 국립축산과학원 가축유전자원센터에서 사육하고 있는 재래흑염소 4 계통 (당진, 장수, 통영, 경상대)과 외래 교잡종 염소에 대해 50,618개의 SNP marker로 구성된 Illumina Goat SNP50 Bead Chip (Illumina, inc., San Diego, CA)을 활용하여 479두의 유전체 정보를 수집하였으며, 유전체 분석의 정확성을 높이기 위한 Quality control은 SNP marker가 성염색체 (Sex chromosome) 상에 있거나 염색체상의 위치 (Position)가 확인되지 않은 SNP를 제거하였으며, SNP Call rate가 90% 이하, Minor Allele Frequency (MAF)가 0.01 이하, Hardy-Weinberg Equilibrium (HWE)의 검정 수행하여 p-value가  $10^{-6}$  이하인 마커 및 개체 Call rate가 90% 이하인 개체를 제거하였다 (Table 1).

Table 1. Quality control criteria

Quality control		Thresholds
Animal	Call rate	< 90%
	Call rate	< 90%
SNP	Minor Allele Frequency	< 1%
	Hardy-Weinberg Equilibrium	< $10^{-6}$

SNP : Single nucleotide polymorphism

## 2.2 유전적 다양성 분석

염소 집단의 유전적 다양성 분석을 위해 PLINK 1.90[13]을 활용하여 관찰된 이형접합도 (Observed heterozygosity), 기대 이형접합도 (Expected heterozygosity) 및 근교계수 (Inbreeding coefficients)를 추정하였으며, 기대 이형접합도 추정은 다음 공식을 활용하였다.

$$H_E = 1 - \sum_{i=1}^n p_{li}^2 \quad (1)$$

여기서,  $p_{li}^2$ 는  $l$ 좌위의  $i$ 번째 대립유전자 빈도,  $n$ 은  $l$ 좌위에 있는 대립유전자 개수이다. 근교계수는 유전체 관계 행렬 (Genomic Relationship Matrix, GRM)을 이용하여 근교계수를 계산하였다.

## 2.3 유전적 분화 분석

염소 집단 사이의 유전적 분화 분석을 위해 개체들 사이의 SNP Haplotype을 기반으로 한 유전적 거리 행렬 (genetic distance matrix)로 집단 사이 또는 집단 내 개체 사이의 유전적 분화 정도를 추정하였으며, R software의 poppr packages[14]를 분석에 이용하였다. 분석의 정확도는 순열검증 (Permutation test) 100 회를 통해 유의성 검정을 하였다.

## 2.4 유전적 거리 추정

염소 집단 사이의 유전적 관계를 설명하기 위해 Nei's DA genetic distance[15]방법과 Poptree2 & MEGA-X software[16-17]를 이용하여 집단 간 유전적 거리를 추정하였다.

## 3. 결과 및 고찰

### 3.1 유전체 정보 QC 결과

Illumina GoatSNP50 Beadchip을 활용해 수집된 50,618개 SNP 정보는 Table 1의 Quality control 기준에 의해 진행되었으며, Quality control 이후 교잡종 염소 집단에서 49,038개, 국내 재래흑염소 4계통에서 45,784개의 SNP 중 계통에 공통으로 존재하는 45,658개의 SNP 정보를 본 분석에 이용하였다 (Table 2).

### 3.2 유전적 다양성

각 염소 집단 내 유전적 다양성 분석 결과는 Table 3에 나타났다. 유전적 다양성의 크기를 나타낼 수 있는 기대 이형접합도 및 관측 이형접합도는 각 집단에서 0.329 ~ 0.400, 0.307 ~ 0.419로 나타났으며, 교잡종 염소에서 가장 높게 나타났으며, 이는 교잡종 염소는 다양한 계통간 교배에 의해 축군이 구성되었기 때문인 것으로 사

Table 2. Basic statistic of SNP data set

Population	SNP Marker	Removed SNP	Selected SNP	Common SNP
Cross breed	50,618	1,580	49,038	45,658
Korean native goat		4,834	45,784	

SNP : Single nucleotide polymorphism

Table 3. Genetic diversity parameters in Korean native black goats and crossbred goats.

Population	Sample size	$H_0 \pm$ S.D.	$H_E$	Inb. Homo $\pm$ S.D.	Inb. GRM $\pm$ S.D.
CB	144	0.400 (0.001)	0.419	0.054 (0.006)	0.067 (0.024)
DJ	82	0.324 (0.001)	0.307	0.020 (0.002)	0.068 (0.020)
JS	87	0.334 (0.001)	0.314	0.013 (0.001)	0.048 (0.017)
TY	118	0.329 (0.001)	0.313	0.018 (0.003)	0.042 (0.012)
GNU	47	0.354 (0.001)	0.332	0.009 (0.001)	0.056 (0.015)

CB : Cross breed, DJ : Dangjin, JS : Jangsu, TY : Tongyeong, GNU : Gyeongsang National University, ( ) : standard deviation,  $H_0$  : observed heterozygosity,  $H_E$  : expected heterozygosity, Inb. Homo : inbreeding coefficient using and, Inb. GRM : inbreeding coefficient using genomic relationship matrix.

료된다. 향후 유전적 다양성과 근교계수의 관계에 대해서는 집단의 구성 상태와 혈통정보를 활용하여 추가적인 연구가 필요할 것으로 사료된다.

### 3.3 유전적 분화

염소 집단 사이의 유전적 다양성의 정도를 나타내는 분산 성분 (Variance component)과 집단 사이의 유전적 차이를 나타내는  $F_{ST}$ 값은 Table 4에 나타났다. 재래흑염소 당진과 경상대 계통에서 가장 높은 유전적 다양성이 19.983%로 가장 높게 나타났으며, 장수와 통영 계통 사이의 유전적 다양성이 8.873%로 가장 낮게 나타났

다.  $F_{ST}$ 값은 장수와 통영 계통 사이에서 0.048로 가장 낮은 값을 나타냈다.

### 3.4 집단 간 유전적 거리 추정

국내 재래흑염소 집단과 교잡종 염소 집단에 대한 Nei's DA genetic distance 추정 결과는 Table 5에 나타났다. 국내 재래흑염소 계통과 교잡종 염소 집단의 유전적 거리는 0.029 ~ 0.058로 추정되었으며, 재래흑염소 당진 계통과 경상대 계통이 유전적으로 가장 멀게 나타났으며, 장수 집단과 통영 집단의 유전적 거리가 가장 가까운 것으로 나타났다. 교잡종 염소 집단과의 유전적

Table 4. Results for genetic differentiation between Korean native black goats and crossbred goats.

Population	CB	DJ	JS	TY	GNU
CB		11.835	10.056	11.684	17.803
DJ	0.061		10.906	11.564	19.983
JS	0.052	0.060		8.873	16.204
TY	0.063	0.062	0.048		15.849
GNU	0.076	0.105	0.504	0.073	

CB : Cross breed, DJ : Dangjin, JS : Jangsu, TY : Tongyeong, GNU : Gyeongsang National University, Upper diagonal : variance component (%), Below diagonal : value

Table 5. Matrix of Nei's DA genetic distances between Korean native black goats and crossbred goats.

Population	CB	DJ	JS	TY
CB				
DJ	0.044			
JS	0.036	0.037		
TY	0.039	0.039	0.029	
GNU	0.052	0.058	0.047	0.046

CB : Cross breed, DJ : Dangjin, JS : Jangsu, TY : Tongyeong, GNU : Gyeongsang National University

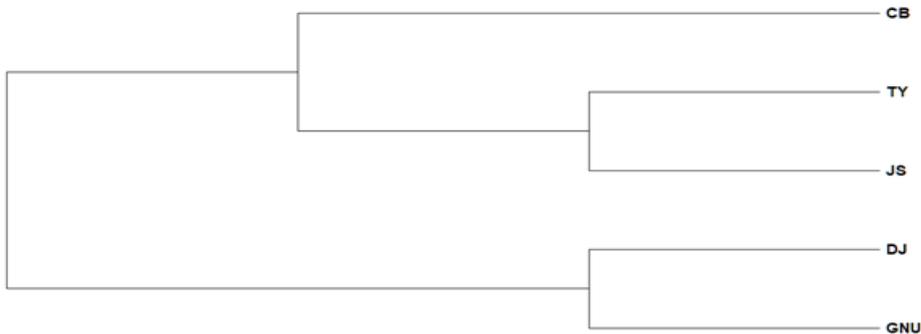


Fig. 1. Phylogenetic tree showing the genetic relationship among the 5 breeds goat considered using the neighbor-joining method and the unbiased Nei's DA genetic distance (CB : Crossbred, DJ : Dangjin, JS : Jangsu, TY : Tongyeong, GNU : Gyeongsang National University).

거리는 장수, 통영 계통에서 가깝게 나타났으며, 유전적 거리에 의한 Phylogenetic tree 결과는 Fig. 1에 나타났다. Phylogenetic tree 결과 재래흑염소 통영계통과 장수 계통이 하나의 분지를 이루었으며, 당진계통과 경상대 계통이 하나의 분지를 이루었으며, 교잡종 염소 집단은 재래흑염소 장수, 통영 계통과 다른 하나의 분지를 형성하였다. 이는, 교잡종 염소 집단의 구성에 있어 재래흑염소 장수, 통영 계통의 축군을 활용한 비율이 높기 때문인 것으로 사료되며, 더 정확한 분석을 위해서는 혈통 (Pedigree) 정보의 활용을 통한 교잡종 염소 집단과 국내 재래흑염소 계통들 사이의 혈연적 관계 존재 유무에 대한 추가적인 분석이 필요할 것으로 사료된다.

#### 4. 결론

본 연구는 SNP 정보를 활용한 국내 재래흑염소 집단과 교잡종 염소 집단의 유전적 다양성, 유전적 분화, 유전적 거리의 추정을 통해 집단 특성을 규명하고자 진행되었다. 본 연구 결과 SNP 정보를 활용한 각 집단의 유전적 다양성 차이가 존재하는 것으로 나타났으며, 국내 집단 사이의 유전적 거리는 당진과 경상대 집단, 통영과 장수 집단 사이의 유전적 거리가 가까운 것으로 나타났다. 이는, 두 집단 사이의 일치하는 유전적 정보가 많은 것으로 추후 유전적 다양성 증대를 위한 유전자원 공유 시 불필요한 근친 교배와 유전자 흐름을 줄이는데 도움이 될 것으로 사료되며, 추후 더 정확한 유전적 다양성에 대한 분석을 위해 더 많은 두수에 대해 고밀도 패널, Sequencing 수준의 데이터 확보 및 활용을 통한 추가적인 연구가 필요할 것으로 사료된다.

#### References

[1] J. N. B. Shrestha, M. H. Fahmy, "Breeding goats for meat production: A review. 1. Genetics resources, management and breed evaluation", *Small Rumin. Res.* Vol. 58, No. 2, pp. 93-106, 2005.  
DOI: [https://doi.org/10.1016/S0921-4488\(03\)00183-4](https://doi.org/10.1016/S0921-4488(03)00183-4)

[2] M. H. Kang, "Studies on the origin of Korean native goat", *Korean J. Anim. Sci.* Vol. 9, pp. 5-10, 1967.

[3] J. H. Kim, C. Y. Cho, S. B. Choi, Y. M. Cho, S. H. Yeon, B. S. Yang, "mtDNA diversity and phylogenetic analysis of Korean native goats", *J. Life Sci.* Vol. 21, No. 9, pp. 1329-1335, 2011.

DOI: <http://dx.doi.org/10.5352/JLS.2011.21.9.1329>

[4] B. K. Kim, J. H. Lee, D. J. Jung, K. H. Cho, E. G. Hwang, M. S. Kim, "Effects of feeding herb resources powder on meat quality and sensory properties in Korean native black goat", *Korean J Food Sci Anim Resour.* Vol. 30, No. 5, pp. 811-818, 2010.  
DOI: <https://doi.org/10.5851/kosfa.2010.30.5.811>

[5] H. B. Song, I. H. Jo, M. J. Jun, Y. K. Park, K. C. Hong, J. C. Park, J. C. Do, H. S. Lim, "Study on the increasing method of income in the goat farmers", *Daegu Univ press.* Gyeongsan, pp. 47-50, 1999.

[6] S. H. Lee, J. Lee, D. Jeon, S. S. Lee, S. Kim, K. W. Kim, "Morphological characteristics and growth performance of Korean native black goats", *J Korea Acad Industr Coop Soc.* Vol. 20, No. 8, pp. 149-155, 2019.  
DOI: <https://doi.org/10.5762/KAIS.2019.20.8.149>

[7] A. Manunza, A. Noce, J. M. Serradilla, F. Goyache, A. Martinez, J. Capote, J. V. Delgado, J. Jordana, E. Munoz, A. Molina, V. Landi, A. Pons, V. Baiteanu, A. Traore, M. Vidilla, M. Sanchez-Rodriguez, A. Sanchez, T. F. Cardoso, M. Amills, "A genome-wide perspective about the diversity and demographic history of seven Spanish goat breeds", *Genet Sel Evol.* Vol. 48, No. 52, pmid:27455838, 2016.  
DOI: <https://doi.org/10.1186/s12711-016-0229-6>

[8] R. B. Onzima, M. R. Upadhyay, R. Mukiibi, E. Kanis, M. A. M. Groenen, R. Crooijmans, "Genome-wide population structure and admixture analysis reveals weak differentiation among Ugandan goat breeds", *Anim Genet.* Vol. 49 No. 1, pp. 59-70, 2018.  
DOI: <https://doi.org/10.1111/age.12631>

[9] B. K. Park, Y. S. Kim, J. Seong, H. S. Kong, "Analysis of genetic diversity and relationships of Korean native black goat using microsatellite markers", *J Anim Reprod Biotechnol.* Vol. 34, No. 3, pp. 183-189, 2019.  
DOI: <https://doi.org/10.12750/JARB.34.3.183>

[10] S. Suh, M. Byun, Y. S. Kim, M. J. Kim, S. B. Choi, Y. G. Ko, "Analysis of genetic diversity and relationships of Korean native goat populations by microsatellite Markers", *J. Life Sci.* Vol. 22, No. 11, pp. 1493-1499, 2012.  
DOI: <https://doi.org/10.5352/JLS.2012.22.11.1493>

[11] S. F. Lashmar, C. Visser, Ev. Marle-Köster, "SNP-based genetic diversity of South African commercial dairy and fiber goat breeds", *Small Rumin. Res.* Vol. 136, pp. 65-71, 2016.  
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2016.01.006>

[12] A. N. Grasso, V. Goldberg, E. A. Navajas, W. Iriarte, D. Gimeno, I. Aguilar, J. F. Medrano, G. Rincon, G. Ciappesoni, "Genomic variation and population structure detected by single nucleotide polymorphism arrays in Corriedale, Merino and Creole sheep", *Genet. Mol. Biol.* Vol. 37, No.2, pp. 389-395, 2014.  
DOI: <https://doi.org/10.1590/S1415-47572014000300011>

[13] C.C. Chang, C.C. Chow, L.C. Tellier, S. Vattikuti, S.M.

- Purcell, J.J. Lee, "Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets", *GigaScience*, Vol. 4, No. 1, pp. 7, 2015.  
DOI: <https://doi.org/10.1186/s13742-015-0047-8>
- [14] Z. N. Kamvar, J. F. Tabima, N. J. Grünwald, "Poppr: an R package for genetic analysis of populations with clonal, partially clonal, and/or sexual reproduction", *PeerJ*, Vol. 2, e281, 2014.  
DOI: <https://doi.org/10.7717/peerj.281>
- [15] M. Nei, F. Tajima, Y. Tateno, "Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. II. Gene frequency data", *J. Mol. Evol.*, Vol. 19, pp. 153-170, 1983.  
DOI: <https://doi.org/10.1007/BF02300753>
- [16] N. Takezaki, M. Nei, K. Tamura, "POPTREE2: Software for Constructing Population Trees from Allele Frequency Data and Computing Other Population Statistics with Windows Interface" *Mol. Biol. Evol.*, Vol. 27, No. 4, pp. 747-752, 2010.  
DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msp312>
- [17] K. Tamura, J. Dudley, M. Nei, S. Kumar, "MEGA4: Molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) Software version 4.0", *Mol. Biol. Evol.*, Vol. 24, No. 8, pp. 1596-1599, 2007.  
DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msm092>

이 상 훈(Sang-Hoon Lee)

[정회원]



- 2004년 8월 : 경상대학교 대학원 응용생명과학부 (이학석사)
- 2007년 8월 : 경상대학교 대학원 응용생명과학부 (이학박사)
- 2008년 1월 ~ 2014년 12월 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구사
- 2015년 1월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구관

<관심분야>

분자유종, 염소유전체

김 승 창(Seungchang Kim)

[정회원]



- 1999년 2월 : 전남대학교 대학원 생물학과 (이학석사)
- 2009년 2월 : 전남대학교 자연과학대학원 생물학과 (이학박사)
- 2018년 2월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구사

<관심분야>

유전육종, 유전자원 관리

이 진 욱(Jinwook Lee)

[정회원]



- 2015년 2월 : 전북대학교 축산학과 (농학석사)
- 2016년 10월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구사

<관심분야>

가축영양, 반추미생물

이 성 수(Sung-Soo Lee)

[정회원]



- 1998년 2월 : 제주대학교 대학원 축산학과 (농학석사)
- 2010년 8월 : 제주대학교 대학원 축산학과 (농학박사)
- 1993년 8월 ~ 2012년 6월 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구사
- 2012년 7월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구관

<관심분야>

가축번식, 염소개량

이 은 도(Eun-Do Lee)

[정회원]



- 2015년 8월 : 충남대학교 낙농학과 (농학학사)
- 2018년 2월 : 충남대학교 대학원 축산학과 (농학석사)
- 2020년 3월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 전문연구원

<관심분야>

가축번식, 가축육종

김 관 우(Kwan-Woo Kim)

[정회원]



- 2015년 2월 : 충남대학교 대학원 축산학과 (농학석사)
- 2018년 8월 : 충남대학교 대학원 축산학과 (농학박사)
- 2018년 8월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 전문연구원

<관심분야>

가축번식, 가축육종