

거세한우의 도체형질에 대한 유전모수 추정

윤호백*·김시동*·나승환*·장은미**·이학교**·전광주**·이득환**

농촌진흥청 축산기술연구소*, 한경대학교**

Estimation of Genetic Parameters for Carcass Traits in Hanwoo Steer

Yoon H. B.*, S. D. Kim*, S. H. Na*, U. M. Chang**, H. K. Lee**, G. J. Jeon**
and D. H. Lee**

National Livestock Research Institute, R. D. A.*, Hankyong National University**

ABSTRACT

The data were consisted of 1,262 records for carcass traits observed at Hanwoo steers from 1998 to 2001 at Namwon and Deakwanryung branch of National Livestock Research Institute, Rural Development Administration. Pedigrees of young bulls were traced back to search for magnifying inbreeding. Genetic parameters for carcass traits with Gibbs sampling in a threshold animal model were compared to estimates with REML algorithm in linear model. As the results, most of bulls were not inbred and sire pedigree group was non-inbred population. However, most of the bulls fell in some relationship with each other. Heritability estimates as fully posterior means by Gibbs samplers in threshold model were higher than those by REML in linear model. Furthermore, these estimates in threshold model using GS showed higher estimates than estimates using tested young bulls in previous study and same model. Heritability estimate by GS for marbling score was 0.74 and genetic correlation estimate between marbling score and body weight at slaughter was -0.44. Further study for correlation of breeding values between REML algorithm in linear model and Gibbs sampling algorithm in threshold model was needed.

(Key words : Hanwoo, Steer, Genetic parameters, REML, Gibbs sampling)

I. 서 론

한우 당대검정 및 후대검정을 통하여 종모우를 선발하기 위한 검정방법은 1982년부터 축협 중앙회(현 농협중앙회) 가축개량사업소와 농촌진흥청 축산기술연구소 주관으로 실시되어 왔다. 체계적인 한우개량 초기의 산육능력 중심의 개량목표에서 1992년부터 고급육형 한우의 육종전략으로 전환됨에 따라 육질중심의 개량

목표에 중점을 두고 종모우를 선발하게 되었다(가축검정요령, 농림부 고시). 종모우를 선발하기 위한 종축평가방법은 다형질 가축개체모형에 근거하여 실시되어 왔으며(이 등, 1991) 검정축은 거세를 실시하지 않고 수행하였다. 최근 검정방법상의 효율성을 증대하기 위하여 1996년 가을 이후에 출생한 한우 후대검정우에 대하여 이유시 거세를 실시하여 검정을 수행하여 왔다. 하지만 거세우에 대한 육질의 유전능

“본 연구는 한경대학교 2002년도 학술연구조성비의 지원에 의한 것임”

Corresponding author : H. B. Yoon, National Livestock Research Institute, R.D.A., Oryong-ri, Seonghwan-eup, Cheonan 330-801 Korea. Tel : 041-580-3306 E-mail : Yoonhb@freechal.com

력 평가는 지금까지 수행되지 못하였기 때문에 거세우의 유전적 변이에 대한 필요성이 크게 대두되었다.

가축 육종에서 중요한 많은 경제형질은 연속적인 것과 비연속적인 것 두 가지의 일반적인 형질로 분류할 수 있다. 한우에서 임신유무, 질병에 대한 저항성과 특히 육질과 같은 형질들은 비연속적인 범주 혹은 범주형 자료이며 이에 대한 유전능력을 추정하기 위한 방법에 대한 연구가 많이 진행되어 왔다(Gianola, 1982; Gianola and Fouley, 1983; Harville and Mee, 1984; Gilmour et al., 1985, Sorensen 등, 1995; Wang 등, 1997). 반면에 선형모형하에서 BLUP 추정방법은 반응하는 변이가 연속적이라 가정하였을 때, 임의의 효과를 추정하는데 최상의 방법이라 할 수 있다(Henderson, 1973).

범주형 자료에 대한 유전모수 추정을 위한 방법의 일환으로써 Bayesian inference의 일종인 Gibbs sampling이 처음 축산에 응용된 연구는 Sorensen 등(1995)에 의하여 시도되었는데 이는 모수에 대한 사후분포함수의 적분이 필요하지 않기 때문에 용이한 장점이 있다고 하였다. Van Tassell 등(1998)은 Sorensen 등(1995)의 방법론을 연장하여 기록이 누락된 다변량자료에 대한 분석방법을 제시하였고 Lee 등(2001)은 한우의 비거세 검정우에 대한 유전모수를 Gibbs sampling 기법으로 평가하여 그 효율성을 제시하였다.

본 연구는 1) 혈연정보를 통하여 우리나라 한우 종모우의 근친정도를 알아 보고 종모우 선발에 참고자료로 제시하고자 수행하였으며 2) 또한 거세 검정우에서 조사된 검정성적들 중 도체성적에 대한 유전모수를 기존의 비거세우에 대하여 타 연구의 유전모수 추정결과와 비교하여 모수 추정치의 변화정도를 알아보고자 시도하였으며 3) 분석방법들 간에 차이를 알아보고자 근내지방도에 대한 자료를 선형의 정규분포로 간주하고 REML 방법으로 추정된 모수 추정치와 범주형 자료로 간주하고 해당자료의 잠재변수를 생성하여 Gibbs sampling 방법으로 추정하는 Threshold animal model에 의한 모수 추정치를 비교하여 최적한 한우 종모

우 선발 모형을 제시하고자 수행하였다.

II. 재료 및 방법

1. 분석자료

본 연구를 위해 이용한 자료는 농협중앙회 가축개량사업소 및 농촌진흥청 축산기술연구소에서 공동으로 수행하고 있는 한우 검정사업의 일환으로 1998년부터 2001년까지 한우 검정우 1,262두의 도체성적자료를 이용하였다. 이들 자료는 모두 거세우로부터 수집된 자료였으며 344두의 후보종모우들의 자손이었다. 검정우들의 생산은 한우후대검정 요령(농림부 고시)에 의하여 검정의 대상이 되는 후보종모우들의 정액을 전국 협력대상농가의 가임 암소에 공급 교배하여 생산하였다. 계획교배에 의하여 태어난 송아지들 중 외형적인 결함이 없는 개체들을 농협중앙회 주관 농촌진흥청 축산기술연구소 수행으로 축산기술연구소 남원지소와 대관령지소에서 4-5개월령에 매입하여 매입 후 1개월 이내에 거세를 실시하였다. 해당 거세 검정우들은 10개월령부터 24개월령까지 검정을 실시한 후 도축하여 육질을 조사하였다. 기타 사양관리는 한우검정요령 및 해당 검정기관의 관행에 준하여 실시하였다. 본 연구를 위한 사전 분석은 각 개체의 혈통에 대한 경로를 추적하여 잘못 기록된 혈통을 찾은 것 외에는 사전 자료보정(Pre-adjustment)은 실시하지 않았다. 조사된 도체형질은 출하 시 공판장 도달체중(WT), 도체중(CW), 도체율(DP), 배장근단면적(EMA), 등지방두께(BF), 및 근내지방도(MS) 등 이었고 자료의 조사기준은 한우 도체등급판정기준에 준하였다. 특히 근내지방도는 근내 지방 함량이 가장 적은 1점부터 지방 함량이 가장 많은 7점까지 구분하여 조사하였다.

2. 통계분석모형 및 분석방법

(1) 분석모형

분석에 고려된 모형은 WT, CW, DP, EMA,

BF 및 MS 등, 6개의 형질을 동시에 모두 고려한 다형질 가축개체모형 (multivariate animal model)이었으며 각 형질에 대한 모형식은 다음과 같다.

$$y_{ijkl} = t_i + IB_j * IT_k + \beta * Age + a_i + e_{ijkl}$$

여기서 y_{ijkl} 는 해당 형질에 대한 관측치이며 고정효과로 간주한 요인들로서 t_i 는 검정차수, IB_j 는 출생지역(8개 도 및 농협중앙회 서산으로 구분), IT_k 는 검정지역(축산기술연구원 대관령 및 남원), 및 β 는 도축 시 일령에 대한 covariate 등이었으며 임의변량으로 간주한 해당 개체의 유전효과 (a_i) 및 임의의 잔차효과 (e_{ijkl}) 등이었다. 유전 및 잔차의 임의효과에 대한 각 형질들간에 상호작용 효과를 고려하였으며 임의효과 간에 상호작용은 없는 것으로 가정하였다.

(2) EM algorithm in linear model

분석에 고려한 전 형질을 선형의 양적변량으로 간주하고 Expected Maximization방법의 일종인 제한최대우도법(REML)으로 각 형질들에 대한 유전(공)분산 및 환경(공)분산 성분을 추정하였다. 여기서 추정된 (공)분산성분을 이용하여 유전모수를 계산하였으며 BLUPF90(Misztal, 2001) 전산 프로그램을 이용하였다.

(3) Gibbs sampling in threshold model

7개의 범주로 조사된 근내지방도를 범주형 자료로 간주하고 연속형 잠재변수(latent variable)를 생성하여 범주형 개체모형을 설정하였다. 여기서 고려된 모형은 상기의 모형과 유사한데 다른 점은 여러 종속변수 중 근내지방도에서 관측치를 이용하여 절단된 정규분포로부터 생성된 잠재변수를 종속변수로 가정하고 분석에 고려한 것이 다른 점이었다(Lee 등, 2001). 범주형 모형에서의 분석방법은 Bayesian 추론의 일종인 Gibbs sampling 방법을 이용하였다. 기타 모든 모수 및 변수들의 분포를 고려한 사후조건분포함수(fully conditional posterior distribution)로부터 Gibbs sampling을 위한

각 모수의 사전분포정보(prior information)는 모르는 것(non-informative)으로 간주하였다. 다른 모(변)수들에 대한 사전조건하에서의 근내지방도에 대한 잠재변수는 주어진 임계범위내의 정규분포에서 Gibbs sampler에 의해 추출되었으며, 각 효과에 대한 위치를 나타내는 모수(location parameter)에 대한 사후조건값은 Lee 등(2001)이 제시한 방법에 따라 정규분포에서 추출되었다. 각 임의효과에 대한 산포정도를 나타내는 모수(dispersion parameter)에 대한 사후조건은 inverted Wishart distribution에서 추출되었다. 또한 잠재변수에 직접적으로 영향하는 임계값에 대한 사후조건은 uniform distribution에서 추출되었다. 구체적인 수리적 algorithm은 Van Tassell 등(1998) 및 Lee 등(2001)의 연구문헌을 참고할 수 있다. 잠재변수에 대한 Gibbs sampler를 이용한 표본추출은 모수의 Identifiability를 신뢰하기 위하여 2개의 임계값을 고정하였다($t_1 = 0, t_2 = 1$). 본 분석을 위하여 THR-GIBBSF90(Lee, 2001)프로그램을 이용하였다.

각 모수에 대한 Gibbs sample은 110,000회 수행하였으며 이중 처음 30,000 GS은 'burn-in' 구간으로 간주하였고 나머지 80,000 GS을 사후 분석에 이용하였다. 연속적인 GS간의 자기상관을 피하기 위하여 매 10회마다의 GS을 이용하여 각 모수에 대한 사후분포함수의 평균과 표준편차를 계산하였다.

III. 결과 및 고찰

1. 세대별 혈연정보 및 근교계수 추정

한우의 당대검정 및 후대검정을 통한 종축의 선발은 혈통정보가 필수적이다. 우리나라 한우 후대검정에 공시되는 후보종모우의 혈통정보에 대한 자료를 분석하여 본 결과, 후보종모우의 아버지는 모두 알려진 개체이었고 어미의 1%는 알 수 없었다. 이는 부모가 모두 알려진 개체만이 한우 검정에 공시될 수 있다는 한우 검정 요령기준에 비추어 볼 때 혈통자료의 꼬임 현상으로 잘못 기록되었거나 또는 누락된 정보인 것으로 사료되었다. Table 1은 부계 혈연정보에

대한 기록을 선조 4대까지 혈통정보 추적을 통하여 전체 개체에 대한 비율로 제시하였다. Table 1에 제시된 바와 같이 선조 1대는 모두 알려져 있었으며 선조 2대중 아버지의 아버계통은 99%가 알려져 있었으며 아버지의 어미계통은 95% 알 수 있었다. 반면에 부계 4대 선조까지는 아버지의 아버계통에서 22~24% 알 수 있었으며 아버지의 어미계통은 39~45%가 혈통기록을 갖고 있었다.

반면에 모계의 혈통정보에 있어서는 부계의 혈통정보 보다 다소 적게 기록되어 있음을 알 수 있었다(Table 2). 즉 선조 2대까지는 94%가 알려져 있었으며 선조 3대까지는 49~62%가 알려져 있었다. 또한 선조 4대까지는 부계통보다 낮아서 12~25% 정도 알 수 있었다.

이러한 결과는 종축선발을 위한 유전능력 평가 시 혈통정보가 필수임을 고려할 때 보다 철저한 혈통정보의 기록관리가 필요할 것으로 사료되었다.

1,262두의 검정우들에 대한 근친도는 총 128두에서 3.19%의 근친도를 보였고 후보종모우들에 대한 근교계수는 344두의 후보종모우 중 2두의 후보종모우에서 낮은 근친도가 있는 것으로 추정되었다. 하지만 혈연관계가 높은 개체들이 종모우로 선발될 확률이 증가되고 있으며

이는 한우 보증종모우의 수가 많지 않기 때문에 앞으로 근친도의 문제는 깊이있게 검토되고 주의해야 할 것으로 사료된다. 또 다른 고려사항은 혈통을 알 수 없는 개체는 근친될 수 있는 위험에 크게 노출될 수 있다는 것이다. 왜냐하면 혈통을 알 수 없기 때문에 근친을 피할 수 있는 계획 교배가 어렵기 때문이다. 따라서 혈통에 대한 기록관리를 철저히 해야 하는 필요성이 여기에도 있다고 하겠다.

2. 도체형질별 일반능력 추정

한우 후대검정우에 대한 평균 도축일령은 724일(약 24월령) 이었고 이때 체중은 평균 520kg이었으며 표준편차는 55kg으로 많은 개체간 변이를 보였다. 이러한 변이의 요인은 도축일령에 가장 크게 영향받고 있는 것으로 나타났다. 또한 검정차수와 검정지역간에도 커다란 차이가 있는 것으로 분석되었다(Table 3). 지난 4년간의 한우 거세검정우에 있어서 근내지방도에 대한 평균은 3.04점이었으며 표준편차는 1.6점으로 비거세우로 실시한 후대검정성적 2.06 (1.21(Lee 등, 2001) 보다 다소 큰 변이를 보였다. 이러한 근내지방도의 측정치는 근육내 지방이 침착되어 있는 정도를 인위적인 판단하여

Table 1. Percentage of known pedigree information by sire lines up to 4 generations in tested Hanwoo young bulls

Generation	1111 ⁽¹⁾	1112	1121	1122	1211	1212	1221	1222
1	100	100	100	100	100	100	100	100
2	99	99	99	99	95	95	95	95
3	84	84	84	84	74	74	72	72
4	24	22	22	22	45	43	39	37

⁽¹⁾ Indicate path of pedigree (1=sire line, 2=dam line).

Table 2. Percentage of known pedigree information by dam lines up to 4 generations in tested Hanwoo young bulls

Generation	2111 ⁽¹⁾	2112	2121	2122	2211	2212	2221	2222
1	99	99	99	99	99	99	99	99
2	94	94	94	94	94	94	94	94
3	62	62	60	60	50	50	49	49
4	20	17	27	25	25	24	14	12

⁽¹⁾ Indicate path of pedigree (1=sire line, 2=dam line).

Table 3. General performance for economic carcass traits in Hanwoo steer

	Mean	SD	Min.	Max.
Age at slaughter(days)	723.9	20.4	633	772
Alive weight(Kg)	519.7	54.6	310	690
Carcass weight(Kg)	301.1	34.3	170	443
DP(%)	58.9	3.8	41.2	77.3
EMA(cm ²)	74.8	8.7	40	104
BF(mm)	0.73	0.32	0.1	2.6
MS(Sore)	3.04	1.60	1	7

Table 4. F-statistics and significances of test periods, location of birth X of test, and age at slaughter for carcass traits in Hanwoo steer

Source	WT	CW	DP	EMA	BF	MS
Test period	8.25**	6.59**	361.24**	22.86**	6.89**	7.49**
Loc at birth and test	3.39**	3.33**	2.54**	2.66**	2.72**	1.95*
Age at slaughter	61.96**	63.20**	4.52*	21.47**	0.50	7.08**

(** : P<0.01 , * : P<0.05).

최하 1점부터 최고 7점까지 점수화 하여 표기하고 있는데 이들 근내지방도의 점수 분포는 아래 Fig. 1에 제시된 바와 같이 비 연속형 분포를 하고 있었으며 2점을 갖는 개체가 26%으로 가장 많이 분포하는 것으로 조사되었다. 이는 비거세 검정우에서 1~5점 사이에 조사된 성적에서 1점의 비중이 45%으로 가장 많이 분포한 결과(Lee 등, 2001)와 다소 상이한 결과이었다.

3. 도체형질별 일반능력에 대한 요인별 효과 분석

한우의 도체형질들에 대한 유전분석을 위하여 최적 분석모형을 규명하기 위하여 각 분석형질들에 대한 환경요인들의 효과를 SAS GLM 분석(SAS, 2001)을 실시하였는데 여기서 얻은 분산분석에서의 각 요인별 유의성 검정결과를 Table 4에 제시하였다.

Table 4에 제시된 바와 같이 본 연구에 고려된 전 형질에 있어서 검정 차수별로 고도의 유의적인 차이를 보였으며(P<0.01) 또한 검정우의 생산지 및 검정지역간에도 분석에 고려된 전 형질에 있어서 유의적인 차이를 보였고(P<0.01) 근내지방도는 5% 유의수준에서 유의적인 차이를 보였다.

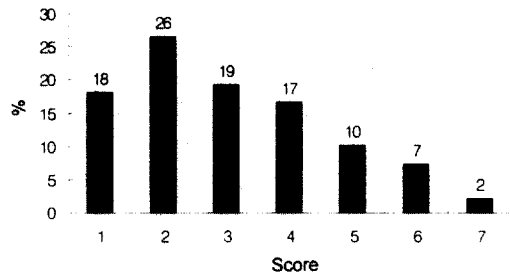


Fig. 1. Distribution of marbling score in Hanwoo steer.

반면에 도축일령은 등지방두께를 제외한 전 형질에 있어서 유의적인 차이를 보였는데 특히 도체율은 5% 유의수준에서 유의적인 차이를 보였다. 따라서 종모우의 유전분석을 위한 모형설정에서 본 연구에 고려된 전 형질에 대하여 점정차수, 검정우의 출생지 및 검정지역을 고정효과로 간주하였으며 도축일령을 공변량으로 한 고정효과로 간주하여 분석모형에 고려하였다. 반면에 어미의 연령에 대한 효과는 전 형질에 유의적인 차이를 보이지 않아 분석모형에 고려하지 않았다.

4. REML방법에 의한 유전모수 추정

다형질 가축개체모형에서 제한최대우도법에

의한 각 형질별 유전력 및 이들 형질들간의 유전상관과 표현형 상관 추정치를 Table 5에 제시하였다. Table 5에 제시된 바와 같이 도축시 생체중에 대한 유전력은 0.33으로 추정되었고 냉도체 중량에 있어서는 0.31으로 추정되었으며 도체율에서는 0.21으로 추정되었다. 배장근 단면적에서는 유전력이 0.27으로 추정되었고 등지방두께는 0.35 및 근내지방도는 연속형 변량 및 관측치를 정규분포로 가정하였을 때 0.48으로 추정되었다. 이러한 추정치는 Lee 등(2001)이 추정된 동일 형질들에 대한 유전력 추정치와 다소 유사하거나 상이한 차이를 보이고 있었는데 이는 Lee 등(2001)의 결과는 한우 비거세 검정우를 대상으로 추정된 반면에 본 연구에서 이용된 자료는 한우 거세 검정우에서 조사된 자료를 이용하였던 차이가 있었으며 또한 분석에 고려된 자료가 다소 적어 추정치의 신뢰도가 비교적 높지 않은 것으로 사료되었다.

각 형질들간의 유전상관 및 표현형 상관 추정치를 살펴보면 출하시 체중은 도체중과 유전상관에서 0.95 및 표현형상관에서 0.94으로 추정되었고, 배장근단면적에서는 각각 0.57 및 0.49으로 추정되었으며 근내지방도에서는 0.29 및 0.16으로 추정되었다. 도체중과 기타 도체형질과의 상관추정치는 배장근단면적에서 0.63의 유전상관과 0.53의 표현형상관을 갖는 것으로 추정되었고 근내지방도에서 이들 추정치는 각각 0.29 및 0.20으로 추정되었다. 도체율과 배장근단면적 간에는 유전상관에서 0.34 및 표현형상관에서 0.25으로 추정되었다. 또한 배장근 단면적과 등지방두께 간에 유전상관은 -0.21의 부의 상관을 보인 반면에 이들 형질간의 표현

형 상관은 0.10으로 낮은 정의상관을 갖는 것으로 추정되었다. 배장근단면적과 근내지방도와의 표현형상관은 0.18의 정의상관을 갖는 것으로 추정된 반면에 유전상관은 0.05으로 거의 상관이 없는 것으로 추정되었다. 이러한 결과에 따르면 출하시 체중 및 도체중량을 증가시키거나 또는 배장근단면적을 증가시키는 방향으로 선발한다고 해도 근내지방도의 저하, 즉 근육내 지방 함량의 감소로 육질을 저하시킨다고 결론지을 수는 없을 것으로 사료된다. 반면에 등지방두께와 근내지방도의 상관 추정치를 볼 때 표현형상관과 유전상관 모두에서 낮은 정의상관(0.14 및 0.18)을 갖는 것으로 보아 등지방두께의 증가는 다소간의 근내지방도를 높일 것으로 사료되었다.

5. Gibbs sampling 방법에 의한 유전모수 추정

Hierachical Bayes Theorem에 기초하여 Threshold 모형에서 잠재변수를 생성하기 위한 임계값을 결정하기 위하여 기타 모수분포의 조건하에 임계값의 사후분포로부터 Gibbs sampling을 실시한 결과, 각 임계값에 대한 분포의 평균과 이들 분포의 표준편차를 Table 6에 제시하였다. Table 6에 제시된 바와 같이 임계값에 대한 분포는 중심치로부터 크게 peak된 분포를 하는 것을 알 수 있었다. 또한 모수의 Identifiability를 위하여 Van Tassell 등(1998)이 제시한 방법과 같이 첫째 및 둘째 임계값을 '0'과 '1'로 제한을 가하였다. 따라서 모수의 분포가 30,000반복 GS에서 안정적인 분포를 함을 알 수 있었다.

Table 5. Genetic parameters for carcass traits by REML algorithms in Hanwoo steer

Traits	WT	CW	DP	EMA	BF	MS
WT	0.33	0.95	0.17	0.57	-0.08	0.29
CW	0.94	0.31	0.38	0.63	0.08	0.29
DP	0.06	0.37	0.21	0.34	0.37	-0.06
EMA	0.49	0.53	0.25	0.27	-0.21	0.05
BF	0.33	0.39	0.19	0.10	0.35	0.18
MS	0.16	0.20	0.13	0.18	0.14	0.48

Diagonals : heritabilities, upper diagonals: genetic correlation, below diagonal: phenotypic correlations.

Table 7에는 Gibbs sampling 방법으로 추정된 유전모수에 대한 사후분포의 평균과 표준편차를 제시하였는데 Table 9에 제시된 바와 같이 각 형질별 유전력에 대한 사후분포의 평균은 출하체중, 도체중, 도체율, 배장근단면적 및 등지방두께에서 각각 0.55, 0.41, 0.25, 0.34 및 0.49로 추정되었으며 이들 평균 추정치에 대한 1표준편차 이내에 REML 방법으로 추정된 유전력이 포함되어 있었으나 REML 방법에 의한 추정치보다 모두 높은 추정치를 보였다. 반면에 근내지방도에 대한 유전력의 사후분포의 평균치는 REML 방법에 의한 유전력 추정치 0.48 보다 다소 높게 추정되어 0.74를 보였다. 이는 Lee 등(2001)이 한우 비거세 검정우 자료를 이용하여 Gibbs sampling 방법으로 추정된 유전력 평균 0.41보다 높은 추정치 이었는데 이러한 현상은 한우를 거세함으로써 고급육에 영향을 미치는 근내지방도의 침착기전이 개체마다 유전적 특성에 따라 더 큰 변이를 보이게 되는 것으로 사료된다. 또한 이와 같이 잠재변수를 이용한 범주형 모형에서의 추정치가 관측치에 대한 선형함수에 의한 REML 방법으로 추정된 유전력 보다 1-2배 더 큰 유전력을 보인다는 타 연구결과(Varona 등, 1999)와도 일치하는 결과라 생각된다.

또한 모수의 사후분포 추론방법으로 추정한

근내지방도의 유전력 추정치의 증가로 인하여 다른 형질들과의 상관 추정치가 REML 방법에 의한 추정치와 다소 차이가 있었는데, 출하체중과 도체중간에는 0.88으로 REML 추정치와 유사한 추정치를 보인 반면에 출하체중과 도체율과는 0.79로 강한 정의 상관을 갖는 것으로 추정되었다. 또한 출하체중과 등지방두께는 0.31로 부의 상관관계를 보였고 특히 출하체중과 근내지방도 간에는 -0.44으로 부의 상관을 보여 REML 추정치 0.29와는 대조적인 상관 추정치를 얻었다. 도체중량에서의 유전상관 추정치는 도체율에서 0.52 및 배장근단면적에서 0.56으로 REML 추정치와 유사한 추정치를 보였다. REML 방법과 두드러진 추정치의 차이점은 도체율과 다른 도체형질과의 상관 추정치에서 보였는데 특히 등지방두께에서는 -0.30으로 부의상관을 보였고 근내지방도에서는 -0.72으로 강한 부의상관을 보여 REML 추정치에서 거의 상관이 없는 것과는 대조적인 추정치를 보였다. 배장근단면적과 등지방두께와의 유전상관은 거의 없는 것으로 추정되었으며 등지방두께와 근내지방도와의 유전상관은 REML 방법에서의 추정치 보다 다소 높은 정의상관(0.46)을 갖는 것으로 추정되었다.

이러한 결과로 볼 때 실측자료와 크게 위배되는 가정을 놓고 분석한 관측치를 이용한 선

Table 6. Posterior means and Monte-Carlo standard deviations for threshold estimates for marbling score in Hanwoo steer

	Threshold 3	Threshold 4	Threshold 5	Threshold 6
Mean	1.8083	2.7574	3.5478	4.7147
SD	0.0053	0.0089	0.0216	0.0156

Table 7. Posterior means(MCSD) of genetic parameters for carcass traits by Gibbs sampling algorithms in Hanwoo steer

Traits	WT	CW	DP	EMA	BF	MS
WT	0.55(.09)	0.88(.05)	0.79(.07)	0.30(.21)	-0.31(.18)	-0.44(.13)
CW		0.41(.10)	0.52(.14)	0.56(.16)	-0.03(.19)	-0.09(.17)
DP			0.25(.06)	0.21(.22)	-0.30(.17)	-0.72(.08)
EMA				0.34(.08)	-0.02(.18)	0.17(.20)
BF					0.49(.08)	0.46(.14)
MS						0.74(.06)

형모형에서의 분석방법보다 잠재변수를 활용한 범주형 모형에서의 추정방법이 보다 바람직할 것으로 사료되며 이는 그 동안 많은 연구 문헌에서 증명된 바가 있으며 Lee(2002)는 모의실험을 통하여 범주형 자료에 대한 분석은 선형 모형에 의한 분석보다 Threshold 모형에 의한 분석이 적합함을 발표한 바 있다.

IV. 요약

1998년도부터 2001년도까지 실시한 한우 후대검정에서 공시된 후보종모우들에 대한 근친도를 조사해 본 결과, 대부분의 종모우들은 근친되지 않고 있어 한우 종모우 집단은 아직 non-inbred 집단으로 간주해도 무방할 것으로 사료되었다. 하지만 많은 개체들간에 혈연관계가 있는 것으로 조사되어 앞으로 근친도가 크게 상향될 것으로 예상되기 때문에 농가에서 보다 계획적인 정액 선택을 통한 교배가 권장된다. 또한 거세 검정우 1262두로부터 조사된 도체성적들에 대한 유전모수를 선형모형하에서 REML 방법으로 추정된 결과와 근내지방도를 범주형자료로 간주하여 Gibbs sampling 방법으로 추정된 결과, 기존의 비거세우를 대상으로 추정된 결과 보다 다소 높게 추정되었으며 GS 방법에 의한 추정치가 REML 방법에 의한 추정치보다 높게 추정되었다. 특히 근내지방도에 대한 유전력 추정치는 GS방법에서 0.74로 아주 고도의 유전력을 갖는 것으로 추정되어 근내지방도에 대한 개량의 용이함을 제시하였다. 또한 근내지방도와 등지방두께 간에는 0.46의 유전상관을 갖는 것으로 추정되었으며 근내지방도와 출하시 체중간에는 -0.44의 부의상관을 갖는 것으로 추정되었다. 반면에 도체율과 근내지방도간에는 -0.72의 강한 부의상관을 갖는 것으로 추정되었는데 도체율에 대한 변이가 상당히 낮은 변이계수를 고려할 때 추정치에 대한 신뢰도가 낮을 것으로 예상되었다. 종모우의 육종가에 대한 추정방법간의 상관은 다소 낮을 것으로 예상되기 때문에 이에 대한 연구가 필요할 것으로 사료된다.

V. 인용 문헌

- Gianola, D. 1982. Theory and analysis of threshold characters. *J. of Anim. Sci.* 54:1079-1096.
 - Gianola, D. and Foulley, J. L. 1983. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. *Genet. Sel. Evol.* 15:201-224.
 - Gilmour, A. R., Anderson, R. D. and Rae, A. L. 1985. The analysis of binomial data by a generalized linear mixed model. *Biometrika* 72:593-599.
 - Harville, D. A. and Mee, R. W. 1984. A mixed model procedure for analyzing ordered categorical data. *Biometrics* 40:393-408.
 - Henderson, C. R. 1973. Sire evaluation and genetic trends. In: *Proc. Of Animal Breeding and Genetic Symp. In Honor of Dr. J. L. Lush.* 10-14. ASAS and ADSA, Champaign, IL
 - Lee, D. H. BLUPF90 family of programs. <http://nce.ads.uga.edu/dhlee/thrgibbsf90.html>. Accessed Dec 3, 2001.
 - Lee, D. H. 2002. Bayesian analysis for categorical data with missing traits under a multivariate threshold animal model. *J. Anim. Sci. & Technol.* 44(2):151-164.
 - Lee, D. H., Misztal, I. and Bertrand, J. K. 2001. Bayesian analysis of carcass traits using multivariate threshold animal models and Gibbs sampling with missing records in Korean cattle. *J. Anim. Sci. & Technol.* 43(1):9-22.
 - Misztal, I. 2001. BLUPF90 family of programs. <http://nce.ads.uga.edu/ignacy/newprograms.html>. Accessed Dec 3, 2001.
 - Sorensen, D. A., Andersen, S., Gianola, D. and Korsgaard, I. 1995. Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.* 27:229-249.
 - Van Tassell, C. P., Van Vleck, L. D. and Gregory, K. E. 1998. Bayesian analysis of twinning and ovulation rates using a multiple-trait threshold model and Gibbs sampling. *J. Anim. Sci.* 76: 2048-2061.
 - Varona, L., Misztal, I. and Bertrand, J. K. 1999. Threshold-linear versus linear-linear analysis of birth weight and calving ease using an animal model: I. Variance component estimation. *J. Anim. Sci.* 77:1994-2002.
 - Wang, C. S., Quaas, R. L. and Pollak, E. J. 1997. Bayesian analysis of calving ease scores and birth weights. *Genet. Sel. Evol.* 29:117-143.
 - 이득환, 이문걸, 신연익. 1991. 한우의 종모우 평가방법에 관한 연구. II. 선발지수법과 BLUP에 의한 단형질 및 다형질 평가방법의 비교. *한국축산학회지* 33:823-830.
- (접수일자 : 2002. 7. 3 / 채택일자 : 2002. 8. 9)