

한우의 개량 체계 모의실험을 위한 모형 개발

주중철* · 김내수**

연암축산원에대학*, 충북대학교**

Development of Simulation Model for Breeding Schemes of Hanwoo(Korean Cattle)

J. C. Ju*, N. S. Kim**

Yonam College of Agriculture*, Chungbuk National University**

ABSTRACT

A multiple-trait stochastic computer simulation model was constructed to predict the breeding schemes and selection methods on Hanwoo(Korean cattle). The model could be used four kinds of selection criteria (random, phenotype and true or estimated breeding values).

At the test run in various population size for 20 years, all estimated parameters of the each simulated populations were resulted similar to input parameters. The deviations between input and output values of parameter in the large population were smaller than in the small population.

The simulated results obtained from ten small populations consisted with one sire and ten dams in each population for 500 years were as follows; Inbreeding coefficients of population were similar to theoretical estimating function. Mean values of each traits selected were randomly drifted by generation, but they were converged into a value when inbreeding coefficients came close to one. Additive genetic variances within each population were reduced by generation, and they were converged into zero when inbreeding coefficients came close to one. These results indicated that the simulated populations hold to statistical properties of input parameters.

(Key words : Simulation, Korean Cattle, Breeding scheme)

I. 서 론

가축을 개량하기 위한 육종 체계는 많은 시간과 인력 그리고 비용이 들어가는 아주 복잡한 시스템이다. 성공적으로 육종목표를 달성하기 위해서는 축군을 수용할 사육시설, 자본, 인력 등 주변 여건뿐만 아니라 가축집단에 대한 정확한 특성의 파악과 함께 장기적 안목에서 수립된 육종계획이 필요하다. 대상 축군과 유사한 특성을 가지는 가상 축군을 컴퓨터 모의

실험을 통하여 생성하고, 생성된 축군을 여러 가지 방법으로 교배와 선발을 수행해 보면 긴 세월이 소요되거나 현실적으로 실험이 불가능한 육종계획에 필요한 정보를 얻을 수 있으며 육종목표에 가장 빠르게 접근할 수 있고 경제적인 방법을 찾아낼 수 있을 것이다.

본 연구는 한우 집단에 대해 다양한 육종체계 또는 선발방법간의 상호 비교 할 수 있는 모의실험 모형을 개발하고, 개발된 모형의 적정성을 확인하기 위하여 모의실험 프로그램을

Corresponding author : J. C. Ju, Dept. of Animal Husbandry, Yonam College of Agriculture, Sunghwan, Chonan 330-802, Korea.

실행하고, 여기서 얻어진 자료가 모의실험 입력 모수 및 설정 모형과 부합하는가를 검증하기 위하여 수행되었다.

II. 재료 및 방법

1. 모형의 개발

(1) 기초축군 모형

기초축군의 개체생성에 상가적모형(additive genetic model)을 적용하였으며, 각 개체는 혈연 관계가 없고 무한히 큰 모집단에서 표본추출 되었다고 가정하였다. 년도, 계절, 성 등, 고정 효과는 모형에 포함하지 않았고(Sorensen and Kennedy, 1984; Belonsky and Kennedy, 1988), 모의실험에 의해 생성되는 기초축군 내 각 개체의 형질의 표현형가는 다음과 같이 표현된다.

$$y_{ij} = \mu_i + a_{ij} + e_{ij}$$

여기서

y_{ij} 는 i 번째 형질의 j 번째 개체의 표현형가,

μ_i 는 i 번째 형질의 기초집단 평균,

a_{ij} 는 i 번째 형질의 j 번째 개체의 상가적 유전효과,

e_{ij} 는 i 번째 형질의 j 번째 개체의 잔여오차이고,

$a_i \sim N(0, \sigma_a^2)$, $e_i \sim N(0, \sigma_e^2)$, $COV(a_i, e_i) = 0$ 으로 가정하였다.

A , E 를 각각 기초집단의 형질간 상가적 유전효과와 잔여오차의 분산 및 공분산 행렬이라고 하고 이들이 양정치 행렬(positive definite)이면 Cholesky decomposition에 의해 다음 식이 성립한다.

$$A = L_A L_A^T, \quad E = L_E L_E^T$$

여기서

A 는 기초집단의 형질간 상가적 유전효과 분산 및 공분산 행렬,

E 는 기초집단의 형질간 상가적 유전효과 분산 및 공분산 행렬,

L_A , L_E 는 하삼각행렬이고, L_A^T , L_E^T 는 각각의 전치행렬이다.

생성된 기초집단의 형질간 상가적 유전효과와 잔여오차의 분산 및 공분산 값이 A 와 E 가 되도록 하기 위해, 다음과 같이 형질수(n) 만큼 요소(element)를 가지는 정규분포 난수 열벡터 r_{ai} , r_{ei} 를 행렬 L_A^T 와 L_E^T 에 곱하여 각 개체의 형질들의 상가적 유전효과와 잔여오차를 나타내는 열벡터 a_i , e_i 값을 구하였다.

$$a_i = r_{ai} L_A^T, \quad e_i = r_{ei} L_E^T$$

여기서

a_i , e_i 는 i 번째 형질의 상가적 유전효과 및 잔여오차 벡터,

r_{ai} , r_{ei} 는 i 번째 형질의 정규분포 난수 벡터이다.

(2) 자손 모형

자손의 상가적 유전효과는 부모의 상가적 유전효과 평균에 멘델리안 샘플링(Mendelian sampling)을 더한 값이다(Kennedy, 1995; Belonsky and Kennedy, 1988).

$$a_{oi} = \frac{1}{2}(a_{s_i} + a_{d_i}) + ms_{s_i} + ms_{d_i}$$

$$y_{ij} = \mu_i + a_{oi} + e_{ij}$$

여기서

y_{ij} 는 i 번째 형질의 j 번째 개체의 표현형가,

μ_i 는 i 번째 형질의 기초집단 평균,

a_{s_i} 와 a_{d_i} 는 각각 i 번째 형질의 j 번째 개체의 아버지와 어미의 상가적 유전효과,

a_{oi} 와 e_{ij} 는 각각 i 번째 형질의 j 번째 개체의 상가적 유전효과와 잔여오차,

ms_{s_i} 와 ms_{d_i} 는 각각 i 번째 형질의 j 번째 개체의 아버지와 어미로부터 기인하는 멘델리안 샘플링이다.

멘델리안 샘플링은 선발의 영향을 받지 않고 부모의 상가적 유전효과 a_{s_i} , a_{d_i} 에 독립이며, 기초집단의 형질간 상가적 유전효과의 분산 및

공분산행렬이 A 이면 부모의 멘델리안 샘플링의 분산 및 공분산 행렬 A_S, A_D 는 다음과 같다(Kennedy, 1995).

$$A_S = \frac{1}{4} A(1-F_S), \quad A_D = \frac{1}{4} A(1-F_D)$$

여기서

A_S, A_D 는 부모의 멘델리안 샘플링의 분산 및 공분산 행렬, F_S, F_D 는 부모의 근교계수이다.

A_S, A_D 가 양정치 행렬(positive definite)이면 Cholesky decomposition에 의해 다음 식이 성립한다.

$$A_S = L_S L_S^T, \quad A_D = L_D L_D^T$$

생성된 개체들의 형질간의 부모의 멘델리안 샘플링의 분산 및 공분산 값이 A_S, A_D 가 되도록 하기 위해 다음과 같이 L_S^T 와 L_D^T 에 형질수만큼 요소를 가지는 정규분포 난수 행벡터

r_{as_i}, r_{ad_i} 를 곱하여 각 개체 부모의 멘델리안 샘플링을 나타내는 열벡터 ms_{s_i}, ms_{d_i} 값을 구하였다.

$$ms_{s_i} = r_{as_i} L_S^T, \quad ms_{d_i} = r_{ad_i} L_D^T$$

여기서

ms_{s_i}, ms_{d_i} 는 i 번째 형질의 부모의 멘델리안 샘플링 벡터,

r_{as_i}, r_{ad_i} 는 i 번째 형질의 정규분포 난수 벡터이다.

(3) 모의실험 프로그램 작성

1) 프로그램 흐름도

모의실험을 위한 프로그램의 처리 흐름도는 Fig. 1과 같다.

2) 모의실험을 위한 모수

모의실험에 사용되는 모수는 모형명, 시작 및 종료일자, 난수초기값, 매년 새로운 개체로 교체하는 종모우 및 종빈우의 비율, 반복수(난수 값을 달리해서 반복실험 할 횟수), 송아지 육성을, 기초축군의 종모우, 종빈우, 육성숙소,

육성암소의 연령분포, 형질의 이름, 기초집단 평균값, 선발 형질 지정 등, 기초축군의 상가적 유전효과의 분산 및 공분산행렬과 잔여오차의 분산 및 공분산행렬 등으로 구성된다.

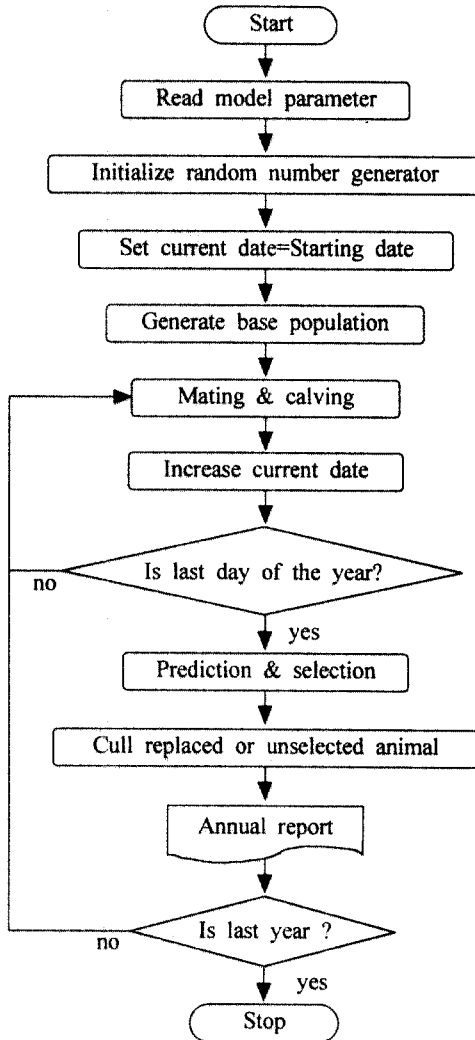


Fig. 1 Flowchart of simulation process.

3) 기초축군 생성

기초축군의 생성을 위해 모의실험 모수를 읽고, 연령분포에 따라 필요한 개체 수만큼 기초축군 모형에 의해 생성하며, 개체의 생년월일은 난수를 사용하여 연중 고르게 분포하도록 하였다.

4) 교 배

축군내 종빈우 중 미경산우는 일령이 809일, 경산우는 최근 분만일로부터 383일이 경과한 경우 교배를 실시한다. 교배 대상 종모우는 축군내 종모우 중에서 임의로 선정한다. 분만할 송아지의 ID를 부여하고, 육종가, 표현형가 및 근교계수를 계산하고, 종빈우의 분만일자를 송아지의 생년월일로 하고 종빈우의 최근분만일과 산차를 수정한다.

5) 개체 육종가 추정

개체의 육종가를 추정하기 위하여 다음과 같이 단형질 개체모형을 이용하였다.

$$y = I\mu + Zu + e$$

여기서, y : 형질의 관측치 벡터,

μ : 형질의 평균 벡터,

Z : 개체의 incidence matrix,

u : 개체효과 벡터 $\sim N(0, I\sigma_u^2)$,

e : 잔여오차 벡터 $\sim N(0, I\sigma_e^2)$ 이고

I : 항등행렬(Identify matrix)

$E(y) = I\mu$, $COV(\mu, e) = 0$ 으로 가정하였다.

육종가 추정은 MTDFREML(Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood) Package(Boldman 등, 1995)를 사용하였으며, MTDFREML의 실행방법 중에서 option 2(알려져 있는 상가적 유전효과 및 잔여오차의 분산 및 공분산을 모수로 주고 개체의 육종가를 추정하는 방법)를 사용하였다. 본 연구에서는 기초집단의 크기가 작아 표본추출오차로 인하여 상가적 유전효과 및 잔여오차의 분산 및 공분산 값의 추정치에 변이가 심하여(Koots와 Gibson, 1996) 기초축군의 상가적 유전효과 및 잔여오차의 분산 및 공분산을 사용하였고, 매년 12월 31일에 대상 개체의 육종가를 추정하였다.

6) 선 발

번식에 사용할 종모우와 종빈우는 평가대상

육성우 중에서 선발하되, 모든 종모우 개체는 새로 선발된 개체들로 대체된다. 기존 종빈우 중 나이가 많은 개체를 모수로 주어진 교체를 만큼을 육성우에서 선발한 개체로 대체하여 종빈우의 수를 일정하게 유지시킨다. 선발대상 육성우 중에서 선발되지 못한 개체는 도태한다. 선발 방법은 임의 선발, 표현형 선발, 추정육종가에 의한 선발 및 육종가에 의한 선발 중에서 선택할 수 있도록 하였다.

(4) 프로그램의 개발 및 운영환경

한우 모의실험 프로그램은 Microsoft Windows98 운영체제에서 Microsoft Visual Basic 6.0을 사용하여 개발하였고, 프로그램은 실행파일로 compile되어 독립된 package로 만들어진 다. 프로그램은 Microsoft Windows98 또는 그 상위 운영체제에서 설치하고 사용할 수 있다.

2. 프로그램의 검증

모의실험의 입력값으로 주어진 형질의 평균 값 및 분산, 공분산 등 모의실험 모수와 이를 사용하여 생성된 기초축군의 자료는 통계적으로 같은 특성을 가져야 한다. 그리고 임의교배에 의해 생성된 자료는 세대가 진행됨에 따라 근교계수가 증가하고 이로 인해 집단내 분산은 감소한다(Kennedy 1995). 또 유전적 부동으로 인해 집단의 평균이 변동하며, 집단간 분산은 증가하게 된다. 모의실험 모형이 이러한 특성을 정확하게 표현하는지 확인하기 위해 다음과 같은 조건을 부여하여 모의실험을 실시하였다.

(1) 모의실험 모수

모의실험에 사용한 형질은 12개월령 체중(BW12), 18개월령 체중(BW18), 초음파 생체측정 배장근단면적(LMAU), 도체측정 배장근단면적(LMAC), 초음파 생체측정 근내지방도(MSU), 도체측정 근내지방도(MSC) 등 6개 형질이다. 실험에 사용한 유전모수는 박(1999)이 1986~1996년(2~22차 검정) 사이의 한우개량사업소 당대검정우 및 후대검정우 자료를 분석하여 얻은 유전력, 유전상관, 표현형상관 추정치와,

Sihn & Park(1990)의 유전상관 및 표현형상관을 사용하여 얻은 평균, 상가적 유전효과의 분산 및 공분산 그리고 잔여오차의 분산 및 공분산 등이다.

Table 1은 모의실험에 사용할 형질들의 이름, 평균, 유전력, 상가적 유전효과 및 잔여오차에 대한 표준편차 및 상대적 변이(relative variation)를 나타낸 것이며, Table 2, 3은 모의실험에 사용할 형질들의 상가적 유전효과 및 잔여오차에 대한 분산 및 공분산 값을 나타낸 것이다. 아직 초음파측정 형질에 대한 유전모수가 추정된 연구결과가 없으므로, 모의실험 대상 형질 중 도체측정 배장근단면적(LMAC)과 초음파측정 배장근단면적(LMAU), 그리고 도체측정 근내지방도(MSC)와 초음파측정 근내지방도(MSU)의 평균과 분산 및 공분산 값은 같은 것으로 가정하였고, LMAC와 LMAU의 상관을 0.8로, MSC와 MSU의 상관을 0.6으로 가정하였다.

(2) 모형을 이용한 실험방법 및 조사 항목

- 1) 축군 크기에 따른 임의교배 집단의 통계적 특성
모의실험에 의해 생성된 기초집단 및 임의교

배에 의해 생성된 그 후손들의 통계적 특성이 주어진 모의실험 모수와 일치하는지 확인하기 위해, Table 1~3과 같이 각 형질들에 대한 입력모수를 부여하였다. 종모우가 각각 10, 100 및 1,000두로 구성되는 G1, G2 및 G3으로 3축군을 설정하고, 종모우 1두당 종빈우 10두 비율을 유지하였다. 종빈우는 나이가 많은 순으로 매년 25% 교체하는 조건을 부여하였고, 송아지 육성율은 95%로 설정하였다. 주어진 조건에 따라 기초축군을 생성하고, 20년간 임의교배하여 자료를 생성하였다.

2) 소규모 임의교배 집단의 통계적 특성 변화

모의실험 축군이 임의교배를 반복함에 따른 근교계수 및 분산의 변화를 확인하기 위하여 종모우 1두, 종빈우 10두를 유지하는 10개 축군의 모의실험을 실시하였다. 대상 형질은 12개월령 체중을 사용하고 모의실험 모수는 Table 1~3과 같으며, 송아지 육성율 95%, 종빈우는 나이순으로 매년 25%를 교체하는 조건을 부여하여 500년간 모의실험을 실시하였다.

3) 조사항목

- (가) 평균, 왜도(skewness) 및 첨도(kurtosis)

Table 1. Means, standard deviations and relative variations of traits for simulation

Trait*	Mean	Heritability	Additive genetic effect		Residual error	
			SD	RV(%)**	SD	RV(%)
WT12(kg)	288.0	0.417	19.21	6.67	22.73	7.89
WT18(kg)	460.8	0.283	22.73	4.93	36.15	7.85
LMAU(cm ²)	80.3	0.321	4.82	6.00	7.00	8.72
LMAC(cm ²)	80.3	0.321	4.82	6.00	7.00	8.72
MSU	1.58	0.309	0.41	26.10	0.62	39.02
MSC	1.58	0.309	0.41	26.10	0.62	39.02

*BW12 and BW18 : body weight at 12 months and 18 months of age

LMAC : longissimus muscle area measured from carcass

LMAU : longissimus muscle area measured by ultrasound scanning from live cattle

MSC : marbling score measured from carcass

MSU : marbling score measured by ultrasound scanning from live cattle

**Relative variation; SD/(phenotypic mean)×100

Table 2. Additive genetic variances and covariances of traits for simulation

Trait	WT12	WT18	LMAC	LMAU	MSC	MSU
WT12	369.15	366.842 (0.84)	0.926 (0.01)	0.926 (0.01)	-0.079 (-0.01)	-0.079 (0.01)
WT18		516.650	24.091 (0.22)	24.091 (0.22)	0.094 (0.01)	0.094 (0.01)
LMAC			23.210	18.568* (0.80)	0.000 (0.00)	0.000 (0.00)
LMAU				23.210	0.000 (0.00)	0.000 (0.00)
MSC					0.170	0.102** (0.60)
MSU						0.170

*Assumed that LMAC/LMAU correlation = 0.8

**Assumed that MSC/MSU correlation = 0.6

Values in parentheses are coefficients of additive genetic correlation.

Table 3. Residual error variances and covariances of traits for simulation

Trait	WT12	WT18	LMAC	LMAU	MSC	MSU
WT12	516.65	624.53 (0.78)	82.541 (0.33)	82.541 (0.33)	2.507 (0.11)	2.507 (0.11)
WT18		1,307.03	168.253 (0.53)	168.253 (0.53)	4.340 (0.14)	4.340 (0.14)
LMAC			49.010	39.208* (0.80)	0.126 (0.02)	0.126 (0.02)
LMAU				49.010	0.126 (0.02)	0.126 (0.02)
MSC					0.380	0.228** (0.60)
MSU						0.380

*Assumed that LMAC/LMAU correlation = 0.8

**Assumed that MSC/MSU correlation = 0.6

Values in parentheses are coefficients of residual error correlation.

각 축군별로 년도별 표현형가, 참육종가(true breeding value) 및 잔여오차(residual error)의 평균, 왜도 및 첨도를 구하고, 전체 년도에 대해 평균과 표준오차를 구하였다.

(나) 분산 및 공분산

각 축군별로 연도별 상가적 유전효과 및 잔

여오차에 대한 분산 및 공분산 값을 구하고, 전체 년도에 대해 평균과 표준오차를 구하였다.

(다) 근교계수

개체의 근교계수를 구하고 각 축군의 년도별 평균값을 계산하였다.

III. 결과 및 고찰

1. 축군의 크기에 따른 임의교배 집단의 통계적 특성

년도별로 표현형가, 상가적 유전자형가 및

잔여오차의 평균, 왜도(skewness) 및 첨도(kurtosis)를 구하고, 이들 통계량의 20년 전체 추정치의 평균 및 표준오차를 구한 결과는 Table 4와 같다.

각 형질의 표현형, 상가적 유전효과 및 잔여오차의 평균, 왜도 및 첨도의 추정치는 모든

Table 4. Estimates of mean, skewness and kurtosis of the random mated populations generated by simulation

Trait	Population*	Phenotype			Additive genetic effect			Residual error		
		Mean	Skew.	Kurt.	Mean	Skew.	Kurt.	Mean	Skew.	Kurt.
BW12 (kg)	G1	286.8 (3.23)	0.09 (0.25)	-0.02 (0.37)	-0.27 (3.17)	0.09 (0.28)	0.15 (0.57)	-0.91 (2.16)	0.08 (0.22)	0.08 (0.49)
	G2	288.8 (1.40)	-0.02 (0.09)	0.02 (0.17)	1.00 (1.01)	0.02 (0.09)	0.00 (0.16)	-0.18 (0.69)	0.02 (0.11)	0.03 (0.23)
	G3	288.2 (0.51)	0.00 (0.03)	-0.01 (0.04)	0.17 (0.39)	0.00 (0.03)	0.00 (0.05)	0.05 (0.25)	0.01 (0.03)	-0.02 (0.06)
BW18 (kg)	G1	457.4 (4.17)	0.02 (0.28)	0.16 (0.47)	-2.21 (3.49)	-0.02 (0.24)	0.20 (0.72)	-1.20 (3.62)	0.03 (0.24)	0.17 (0.59)
	G2	460.6 (2.00)	-0.01 (0.06)	-0.01 (0.18)	0.36 (1.41)	0.03 (0.10)	-0.06 (0.18)	-0.58 (1.08)	-0.01 (0.09)	0.00 (0.17)
	G3	461.1 (0.63)	0.00 (0.02)	-0.01 (0.05)	0.26 (0.45)	0.00 (0.03)	0.00 (0.05)	0.03 (0.34)	0.01 (0.03)	0.00 (0.05)
LMAC (cm ²)	G1	79.3 (1.15)	-0.04 (0.27)	-0.15 (0.45)	-0.73 (0.83)	0.01 (0.26)	-0.10 (0.50)	-0.30 (0.67)	-0.01 (0.29)	0.09 (0.42)
	G2	80.2 (0.27)	-0.04 (0.09)	0.03 (0.16)	0.08 (0.27)	-0.02 (0.10)	-0.10 (0.15)	-0.15 (0.21)	-0.02 (0.10)	-0.01 (0.16)
	G3	80.2 (0.15)	0.00 (0.03)	0.01 (0.05)	-0.12 (0.10)	0.01 (0.03)	0.00 (0.05)	0.00 (0.08)	0.00 (0.02)	0.01 (0.06)
LMAU (cm ²)	G1	79.8 (0.91)	0.00 (0.24)	0.02 (0.36)	-0.18 (0.72)	0.04 (0.19)	-0.31 (0.28)	-0.35 (0.54)	-0.05 (0.25)	0.14 (0.61)
	G2	80.3 (0.32)	-0.01 (0.08)	-0.01 (0.16)	0.13 (0.23)	-0.01 (0.11)	-0.03 (0.15)	-0.11 (0.24)	-0.03 (0.09)	-0.01 (0.13)
	G3	80.2 (0.12)	0.00 (0.03)	-0.01 (0.05)	-0.08 (0.09)	0.00 (0.02)	0.00 (0.05)	-0.01 (0.06)	0.00 (0.03)	-0.01 (0.05)
MSC	G1	1.7 (0.09)	-0.01 (0.29)	-0.06 (0.55)	1.68 (0.08)	0.11 (0.23)	-0.10 (0.46)	0.00 (0.04)	-0.02 (0.31)	0.15 (0.65)
	G2	1.6 (0.03)	0.00 (0.07)	0.00 (0.13)	1.58 (0.02)	0.04 (0.09)	-0.03 (0.17)	-0.01 (0.02)	0.04 (0.08)	-0.02 (0.14)
	G3	1.6 (0.01)	0.01 (0.02)	0.04 (0.06)	1.58 (0.00)	0.01 (0.03)	0.00 (0.04)	0.00 (0.01)	0.02 (0.03)	0.01 (0.06)
MSU	G1	1.7 (0.11)	-0.02 (0.21)	-0.16 (0.43)	1.70 (0.09)	0.02 (0.32)	-0.01 (0.29)	-0.02 (0.06)	-0.01 (0.24)	-0.15 (0.44)
	G2	1.6 (0.02)	0.00 (0.07)	0.02 (0.15)	1.60 (0.02)	0.01 (0.08)	-0.02 (0.12)	0.00 (0.02)	0.00 (0.08)	0.00 (0.13)
	G3	1.6 (0.01)	0.01 (0.03)	0.01 (0.06)	1.58 (0.01)	0.00 (0.03)	-0.02 (0.06)	0.00 (0.01)	0.01 (0.03)	0.01 (0.05)

* Population size: G1(sire 10 hds., dam 100hds.), G2(sire 100hds., dam 1,000hds.), G3(sire 1,000hds., dam 10,000hds.)

Values in parentheses are standard error.

축군에서 입력 모수와 비슷하였으며, 축군의 규모가 클수록 입력 모수에 보다 근접한 결과를 보였고, 표준오차 추정치는 축군의 규모가 클수록 작아지는 경향을 보이고 있는데, 평균,

왜도 및 첨도의 추정 표준오차가 작은 축군에 크게 나타나는 것은 표본추출오차(sampling error)로부터 기인한 것으로 보인다. 김 등 (1994)은 표본의 평균이나 분산은 모집단 전체

Table 5. Estimates of additive genetic variance and covariance of the random mated populations generated by simulation

Trait	Population*	BW12	BW18	LMAC	LMAU	MSC	MSU
BW12	G1	351.499 (54.979)	347.960 (63.151)	-1.326 (11.298)	-5.255 (11.171)	-0.561 (0.731)	-0.284 (0.983)
	G2	363.199 (28.169)	364.503 (30.017)	0.780 (3.379)	0.193 (2.696)	-0.199 (0.350)	-0.163 (0.365)
	G3	372.405 (5.209)	369.701 (6.296)	1.028 (0.789)	0.803 (0.675)	-0.113 (0.092)	-0.162 (0.103)
BW18	G1		491.746 (99.518)	19.990 (12.700)	17.658 (13.573)	-0.715 (1.033)	-0.438 (1.233)
	G2		517.104 (35.267)	23.614 (4.073)	22.517 (3.354)	0.027 (0.434)	-0.042 (0.429)
	G3		517.558 (9.217)	23.608 (1.313)	23.521 (1.360)	0.067 (0.086)	0.025 (0.119)
LMAC	G1			22.358 (4.904)	18.294 (4.498)	-0.110 (0.332)	-0.153 (0.252)
	G2			22.369 (0.955)	17.542 (1.006)	0.038 (0.096)	0.024 (0.080)
	G3			23.044 (0.404)	18.529 (0.329)	-0.005 (0.016)	0.009 (0.019)
LMAU	G1				23.171 (4.701)	-0.156 (0.231)	-0.225 (0.213)
	G2				21.984 (1.166)	0.039 (0.097)	0.029 (0.073)
	G3				23.307 (0.399)	-0.003 (0.020)	0.007 (0.017)
MSC	G1					0.175 (0.026)	0.103 (0.023)
	G2					0.174 (0.010)	0.105 (0.006)
	G3					0.169 (0.003)	0.100 (0.000)
MSU	G1						0.168 (0.026)
	G2						0.171 (0.009)
	G3						0.170 (0.002)

* Population size: G1(sire 10 hds., dam 100hds.), G2(sire 100hds., dam 1,000hds.), G3(sire 1,000hds., dam 10,000hds.)

Values in parentheses are standard error.

를 조사한 것이 아니기 때문에 모집단과 차이가 있을 수 있는데, 모집단으로부터 무작위로 얻은 표본이라도 표본의 크기에 따라 정보의 편이가 존재하게 된다고 하였다. 또한 도체 측

정한 형질과 초음파 생체 측정된 형질의 평균 값은 같은 것으로 가정하였는데, Table 4의 결과도 이런 가정과 부합하였다.

Table 5와 6은 각 축군의 년도별 상가적 유

Table 6. Estimates of residual error variance and covariance of the random mated populations generated by simulation

Trait	Population*	BW12	BW18	LMAC	LMAU	MSC	MSU
BW12	G1	515.500 (66.872)	623.541 (117.228)	82.059 (21.419)	79.615 (21.152)	2.611 (1.218)	2.586 (1.500)
	G2	513.453 (21.191)	617.527 (28.013)	83.226 (5.568)	81.601 (5.355)	2.385 (0.517)	2.479 (0.612)
	G3	516.476 (9.339)	621.872 (11.418)	81.790 (1.878)	82.045 (2.012)	2.524 (0.197)	2.552 (0.182)
BW18	G1		1312.090 (249.704)	170.387 (35.891)	169.645 (37.476)	4.265 (1.861)	4.416 (2.517)
	G2		1290.550 (45.656)	167.612 (9.878)	165.918 (9.184)	4.085 (0.783)	4.280 (0.971)
	G3		1301.990 (16.578)	166.912 (3.274)	167.091 (3.595)	4.334 (0.321)	4.353 (0.298)
LMAC	G1			50.633 (7.448)	39.655 (7.128)	0.051 (0.476)	0.153 (0.524)
	G2			48.952 (2.252)	39.033 (1.699)	0.105 (0.152)	0.079 (0.174)
	G3			48.707 (0.543)	38.923 (0.567)	0.134 (0.034)	0.128 (0.046)
LMAU	G1				48.990 (7.595)	0.177 (0.408)	0.185 (0.444)
	G2				48.390 (1.349)	0.128 (0.139)	0.086 (0.157)
	G3				48.740 (0.656)	0.124 (0.043)	0.120 (0.042)
MSC	G1					0.372 (0.054)	0.240 (0.037)
	G2					0.378 (0.022)	0.227 (0.018)
	G3					0.381 (0.006)	0.229 (0.005)
MSU	G1						0.405 (0.045)
	G2						0.380 (0.019)
	G3						0.381 (0.006)

* Population size: G1(sire 10 hds., dam 100hds.), G2(sire 100hds., dam 1,000hds.), G3(sire 1,000hds., dam 10,000hds.)

Values in parentheses are standard error.

전효과 및 잔여오차의 분산 및 공분산 추정치의 평균 및 표준오차를 나타낸 것이며, 잔여오차의 분산 및 공분산 추정치는 모의실험 모수 (Table 2, 3)와 잘 일치하고 있으며, 축군의 규모가 작을 때, 추정치의 오차가 커지고, 표준오차가 큰 경향은 평균값 추정치와 같은 경향으로 역시 표본추출오차에 의한 것으로 보인다. 그러나 상가적 유전효과와 분산 추정치는 축군의 크기가 작을수록 작아지는 경향을 보이는 데, 이는 축군의 크기가 작을수록 근교계수의 증가가 빠르게 일어나고, 그에 따라 유전분산의 감소가 나타나기 때문으로 보이며, 본 연구에서 모의실험 기간이 20년이므로 충분히 영향을 받을 수 있을 것으로 보인다.

Table 7은 초음파측정 배장근단면적(LMAU)과 도체측정 배장근단면적(LMAC), 그리고 초음파측정 근내지방도(MSU)와 도체측정 근내지방도(MSC)간의 표현형가, 상가적 유전효과 및 잔여오차의 상관성이 주어진 모수(배장근단면적 0.8, 근내지방도 0.6)와 잘 일치함을 보여주고 있고, 축군의 크기가 클수록 모수에 근접하고 표준오차가 작아지는 것은 평균, 분산 및 공분산의 경우와 같았다.

2. 소규모 임의교배 집단의 통계적 특성 변화

모의실험 축군이 임의교배를 반복함에 따른 근교계수, 평균 및 분산의 변화를 확인하기 위하여, 종모우 1두, 종빈우 10두를 유지하는 10개 소집단의 모의실험을 실시하였다. 모든 소집단의 모의실험 모수는 같고, 난수 초기값(seed)만을 다르게 하였다. 모의실험 모수는 Table 1~3에서 12개월령 체중에 대한 것만 사용하였다. 종빈우는 매년 25%를 새로운 개체로 교체하였으며, 따라서 약 4년을 사용하게 되므로 세대의 중첩이 있었다. 종모우는 모두 매년 새로 선발된 개체로 교체하였다. 10개 소집단 중 한 집단의 근교계수의 변화를 나타낸 것이 Fig. 2이다. 임의교배 집단의 근교계수 증가량은 집단의 크기에 의해 달라지는데, 유효집단의 크기가 N_e 인 집단의 t세대의 대략적인 근교계수 추정식은 다음과 같다.

$$F^t = 1 - (1 - \frac{1}{2N_e})^t \quad (1995, Kennedy)$$

위 식에 의해 유효집단의 크기를 비선형 회귀모형으로 추정해 보면 실험조건에 의해 생성된 자료의 유효집단의 크기 N_e 는 50.1598이며, 추정 회귀식은 Fig. 2와 잘 일치하였고, 각 개체의 근교계수 분포는 초기에 변이가 크지만 세대가 증가함에 따라 줄어들었다.

Fig. 3은 10개 소집단별로 개체 TBV(true breeding value) 평균을 그린 것이며, 그 중

Table 7. Estimates of coefficients of correlations between carcass and ultrasound measurements of the random mated populations generated by simulation

Population*	LMAC/LMAU			MSC/MSU		
	Phenotype	Additive genetic effect	Residual error	Phenotype	Additive genetic effect	Residual error
G1	0.797 (0.042)	0.799 (0.046)	0.793 (0.040)	0.633 (0.053)	0.600 (0.075)	0.618 (0.050)
G2	0.799 (0.012)	0.791 (0.014)	0.802 (0.010)	0.602 (0.022)	0.613 (0.016)	0.599 (0.024)
G3	0.799 (0.003)	0.800 (0.004)	0.799 (0.003)	0.599 (0.008)	0.598 (0.008)	0.600 (0.007)

* Population size: G1(sire 10 hds., dam 100hds.), G2(sire 100hds., dam 1,000hds.), G3(sire 1,000hds., dam 10,000hds.)

Values in parentheses are standard error.

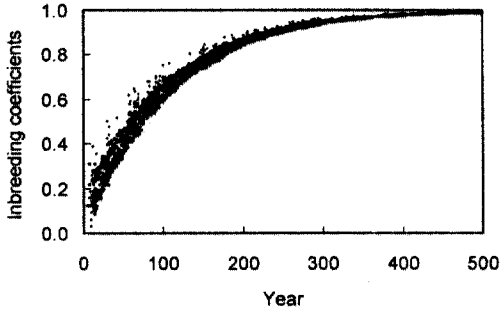


Fig. 2. Trends of inbreeding coefficients within a line in the random mated small populations generated by simulation.

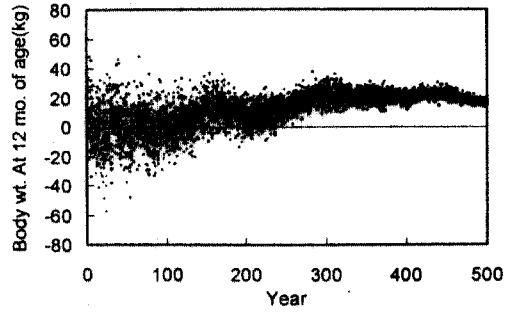


Fig. 4. Scatter plot of individual true breeding values within a line in the random mated small populations generated by simulation.

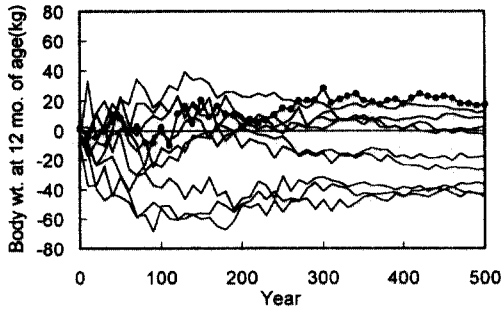


Fig. 3. Trends of average true breeding values of each line in the random mated small populations generated by simulation.

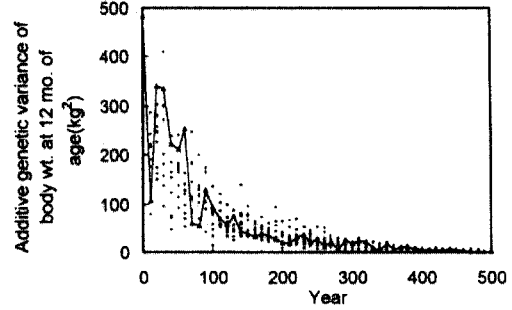


Fig. 5. Trends of additive genetic variances of each line in the random mated small populations generated by simulation.

“●” 표시한 한 개 소집단의 개체 육종가 분포를 나타낸 것이 Fig. 4이다. 각각의 소집단의 평균은 유전적 부동(genetic drift)을 보이며, 근교계수 증가에 따라 변동폭이 줄어들고, 근교계수가 1에 가까워지면 임의의 한 값으로 수렴한다. Kennedy(1995)는 작은 모집단에서 어떤 배우자가 선택되느냐에 따라 유전자 빈도가 크게 변하며, 이를 임의부동(random drift)이라고 하였다.

근교계수가 1에 가까워지면 집단의 평균이 어떤 한 값으로 수렴하는 것은 Fig. 4, 5에서 보는 바와 같이 근교계수의 증가로 인해 집단 내 분산이 감소되고, 따라서 다음 세대에 나

타나는 변이의 폭이 감소하기 때문으로 사료된다.

Fig. 5는 10개 소집단별로 개체 상가적 유전 분산을 그린 것이다. Kennedy (1995)는 소규모 집단의 계통 내 유전분산성분은 $\sigma_G(1-F)$ 로 근교계수의 함수라고 하였다. 이 추정식으로 볼 때, 근교계수가 1로 접근하면 분산은 0으로 접근하며, 계통 평균이 근교계수의 증가에 따라 일정한 값으로 수렴하는 것을 설명하고 있다.

이상의 결과를 볼 때 모의실험 프로그램에 의해 생성된 자료는 모형의 특성과 입력모수의 특성을 유지하는 것으로 판단된다.

IV. 요약

가축 육종 체계 또는 선발방법의 상호 비교를 할 수 있도록 다형질 컴퓨터 모의실험을 위한 확률모형을 개발하고, 기존 연구결과로부터 얻어진 평균과 상가적 유전효과 및 잔여오차의 분산 및 공분산 값을 실험 모수로 사용하여 모의실험 축군을 생성하였고, 선발방법은 임의교배, 표현형가, 참육종가 및 추정육종가에 의한 선발 중에서 선택할 수 있도록 하였다. 개체의 육종가는 MTDFREML package를 사용하여 추정하였다.

모의실험 프로그램의 정확성을 검증하기 위하여 크기가 다른 세 축군을 20년간 임의교배하여 모의실험한 결과, 평균값과 분산 및 공분산 값은 모의실험 모수로 주어진 값과 비슷하였고, 축군의 크기가 클수록 모의실험 모수로 주어진 값에 더욱 근접하였으며 표준오차가 작아졌다.

임의교배를 계속함에 따른 근교계수와 축군 평균 및 분산의 변화를 확인하기 위하여 종모우 1두, 종빈우 10두를 유지하는 소축군 10개를 500년간 모의실험 한 결과, 근교계수의 변화는 이론적 추정함수와 비슷하였으며, 평균값은 작은 축군에서 세대에 따라 임의부동현상을 보였지만 근교계수가 증가하여 1에 가까워지면 일정한 값으로 수렴하였다. 축군내 분산은 근교계수의 증가에 따라 감소하였다.

이상의 결과를 보면, 모의실험 모형에 의해 생성된 축군의 자료는 모의실험 모수와 같은 통계적 특성을 유지하는 것으로 사료된다.

V. 인용문헌

1. Belonsky, G. M. and Kennedy, B. W. 1988. Selection on individual phenotype and best linear unbiased predictor of breeding value in a closed swine herd. *J. Anim. Sci.* 66:1124.
2. Boldman, K. G., Kriese, L. A., Van Vleck, L. D., Van Tassell, C. P. and Kachman, S. D. 1995. A manual for use of MTDFREML. USDA. ARS.
3. Kennedy, B. W. 1995. Quantitative genetics theory in animal breeding. Univ. of Guelph Canada.
4. Koots, K. R. and Gibson, J. P. 1996. Realized sampling variances of estimates of genetic parameters and the difference between genetic and phenotypic correlations. *Genetics.* 143:1409.
5. Shin O. Y. and Park, Y. I. 1990. Estimation of genetic parameters for body weights of Korean Native Cattle. *Korean J. Anim. Sci.* 32(6):315.
6. Sorensen, D. A. and B. W. Kennedy. 1984. Estimation of response to selection using least squares and mixed model methodology. *J. Anim. Sci.* 58:1097.
7. 김내수, 김정우, 박홍양, 상병찬, 여정수, 전광주, 최광수, 홍기창. 생물학도를 위한 응용통계학. 유한문화사. 1994.
8. 박철진. 1999. 한우의 성장 및 도체형질에 대한 유전모수 및 유전적 변화 추세의 추정에 관한 연구. 서울대학교 박사학위논문.

(접수일자 : 2002. 8. 16 / 채택일자 : 2002. 9. 25)