

초음파측정 활용 고급육형 한우개량을 위한 선발반응

Monte Carlo 모의실험

이 득 환

한경대학교 동물생명자원학과

Monte Carlo Simulations of Selection Responses for Improving High Meat Qualities Using Real Time Ultrasound in Korean Cattle

D. H. Lee

Dept. of Animal Life and Resources, Hankyong National University

ABSTRACT

Simulation studies were carried out to investigate the responses of selection for three carcass traits (longissimus muscle area: EMA, fat thickness: BF, and marbling score: MS) based on either adjusted phenotypes (APH) or estimated breeding values (EBV) in multivariate animal model with different breeding schemes. Selection responses were estimated and compared on six different models with respect to breeding schemes using either carcass measurements or real time ultrasonic (RTU) scans generated by Monte Carlo computer simulation supporting closed breeding population. From the base population with 100 sires and 2000 dams, 20 sires and 1000 dams by each generation were selected by either APH or EBV for 10 generations. Relative economic weights were equal of three traits as $EMA(1) : BF(-1) : MS(1)$ for standardized either APH or EBV. For first two models which were similarly designed with current progeny-test program in Korean cattle, three carcass traits with records either only on male progenies (Model 1) or on male and female progenies (Model 2) were used for selecting breeding stocks. Subsequently, generation intervals on males were assumed as 6~10 years in these two models. The other two models were designed with tools of selection by RTU rather than carcass measurements with genetic correlations of 0.81~0.97 between RTU and corresponding carcass traits in addition to whether with records (Model 4) or without records (Model 3) on female. In these cases, generation intervals on males were assumed as 2~4 years. The remaining last two models were designed as similar with Models 3 and 4 except genetic correlations of 0.63~0.68 between RTU and corresponding carcass traits with records (Model 6) and without records (Model 5) on females.

The results from 10 replicates on each model and selecting methods suggested that responses indirect selection for carcass traits in Model 4 were 1.66~2.44 times efficient rather than those in Model 1. Otherwise, in Model 6 with assuming moderate genetic correlations, those efficiencies were 1.18~2.08 times with comparing to responses in Model 1. However, selection response for marbling score was the smallest among three carcass traits because of small variation of measurements. From these results, this study suggested that indirect selection using RTU technology for improving high meat qualities in Korean cattle would be valuable with modifying measuring rules of marbling score forward to large variation or modifying relative economic weight for selection.

(Key words : Monte Carlo simulation, Real-time ultrasound, Breeding scheme, Carcass)

본 연구는 2002년도 한경대학교 학술연구조성비의 지원에 의한 것임.

Corresponding author : D. H. Lee, Dept. of Animal Life and Resources, Hankyong National University, Seokjong dong 67, Ansung-si, Kyonggi-do, 456-749, Korea.

I. 서 론

1980년대 이후 한우를 체계적으로 개량하기 위하여 한우 검정사업, 즉 당대 및 후대검정을 통한 보증종모우의 선발로써 개량을 시도하여 왔다. 특히 1991년부터 외국 축산물 개방압력에 대한 대응 전략으로써 한우의 품질 고급화를 도모하고자 등급판정제도가 시작되었고 이에 부응하여 품질을 고급화하려는 방향으로 한우개량을 시도하여 왔다. 그러나 한우고기의 품질을 나타내는 육질은 도축해야만이 측정이 가능하기 때문에 혈연관계가 있는 개체, 특히 후대축을 도축해서 자료를 조사하고 해당형질에 대한 유전적 능력을 평가하는 후대검정에 의존하는 수밖에 없었다. 하지만 숫소 중심의 선발방법으로써 지금까지 수행되고 있는 한우 당대 및 후대검정은 많은 시간과 경비가 소요된다는 단점이 있다. 이러한 단점을 극복하고자 1999년 이후에 축산기술연구소 및 농협중앙회 일부에서는 생체로부터 육질을 조기에 판정할 수 있는 생체단층촬영기법에 대한 연구가 진행되어 왔다. 생체단층촬영에 대한 정확한 자료의 수집으로부터 도축하여 조사되는 실측치의 정확한 예측이 개량효율에 크게 영향을 끼치며(Brethour, 2000; Stelzleni et al., 2002) 또한 후대검정의 대응방안으로 수행할 수 있는 생체단층촬영자료를 활용한 종축평가 및 선발이 유전적 개량량에 어느 정도 상대적 효율성이 있을 것인가에 대한 사전 연구가 필요할 것으로 사료된다. 국내에서 이에 대한 연구를 살펴보면 주와 김(2002)은 초음파 측정치를 이용한 모의실험을 위한 모형을 개발하기 위한 연구를 시도한 바 있으나 초음파 측정치를 이용한 검정방법별 유전적 개량량을 추정하는 연구는 아직 시도된 바가 없다. 따라서 본 연구는 모의실험을 통하여 기존의 후대검정에 따른 유전적 개량량과 생체단층촬영기법을 이용한 검정방법별 유전적 개량량을 비교 검토하여 고급육형 한우개량사업을 위한 검정모형을 도출하고

그 효율성을 알아봄으로써 새로운 검정체계를 도출, 제시하고자 본 연구를 수행하였다.

II. 재료 및 방법

본 연구를 위해 수행한 모의실험은 현실 타당성에 근접하기 위한 육종계획과 관련된 다수의 검정모형을 설정하고 이에 대한 모의실험을 실시하였다. 모의실험 방법은 Monte Carlo 모의실험으로도 일컬어지는 Stochastic 모의실험 방법을 택하였다. 본 모의실험에 육질개량을 위하여 고려된 형질들은 도축하여 실제 조사될 수 있는 형질들로서 배장근단면적(EMA), 등지방두께(BF), 및 근내지방도(MS) 등 이었고 생축으로부터 초음파촬영기법으로 조사된 초음파 배장근단면적(LEMA), 초음파 등지방두께(LBF), 및 초음파 근내지방도(LMS) 등이었다.

본 모의실험에 있어서 각 형질별 선발을 위한 상대적 경제 가중치는 표현형에 근거한 선발 및 육종가에 근거한 선발 모두에서 각 형질별 표현형 및 육종가 추정치들을 표준화한 수치에 동일한 가중치를 부여하였다. 단 BF(LBF)의 경우는 감소하는 방향으로 가중치를 부여하였으며 EMA(LEMA) 및 MS(LMS)는 증가하는 방향으로 가중치를 부여하였다. 종축선발을 위한 모의실험은 10세대 동안 진행되었고 출생년도는 세대와 중첩되도록 설계하였으며 이때 개체별 혈연관계를 고려하였다. 본 모형에서 자료생성을 위하여 고려한 고정효과는 암컷과 수컷으로 구분한 성별 효과, 10세대에 걸쳐 세대와 중첩되고 평균 세대당 6수준으로 하여 총 60수준을 임의 배정한 검정년도-계절 효과, 그리고 검정지역을 3곳으로 구분한 검정지역별 고정효과를 부여하였다. 각 고정효과는 Table 1에 제시된 각 형질별 평균 및 표준편차를 이용하였으며 각각의 고정효과는 각 형질별 평균을 중심으로 ± 2 SD 이내의 균일분포(Uniform distribution) 함수에서 임의 생성하였다. 육종가에 대한 자료생성은 Falconer와 Mackay(1996)가

Table 1. Parameters commonly assumed in several simulation models

	Parameters
Base population (Heads)	100(M), 2000(F)
Generation interval of female (yrs)	3~8
No. of animal for selection/Generation (Heads)	20(M), 1000(F)
Fixed effects (Levels)	Sex(2), Year-Season(60), Test-Station(3)
Random effects	Animal, Residual
Means of carcass measures	74.74cm ² (EMA) : 7.22mm(BF) : 3.07점(MS)
SD of carcass measures	8.30cm ² (EMA) : 3.29mm(BF) : 1.61 점(MS)
Means of RTU measures	74.08cm ² (LEMA) : 6.87mm(LBF) : 3.31 점(LMS)
SD of RTU measures	7.57cm ² (LEMA) : 2.67mm(LBF) : 1.43 점(LMS)
⁽¹⁾ EW for selection by carcass measures	1(EMA) : -1(BF) : 1(MS)
⁽²⁾ EW for selection by RTU measures	1(LEMA) : -1(LBF) : 1(LMS)
Generations in simulation	10

⁽¹⁾ Economic weights for standardized phenotypic or breeding values of traits by carcass measures.
⁽²⁾ Economic weights for standardized phenotypic or breeding values of traits by RTU measures.

제시한 infinitesimal genetic model에 기초하여 다음과 같이 생성하였다.

$$a_o = 0.5 a_s + 0.5 a_d + m$$

여기서 a_o 는 자손의 해당 형질에 대한 육종가이고, a_s 는 부의 육종가, a_d 는 모의 육종가, 및 m 은 Mendelian sampling contribution이다.

부모를 모르는 기초집단의 경우 3가지 도축 형질에 대한 개체의 육종가는 $a \sim MVN(0, G)$ 으로부터 생성하였으며 부모를 알 경우에는 상기의 식에서 Mendelian sampling에 의한 기여도 $m \sim MVN(0, \{0.5 - 0.25[F_s + F_d]\}G)$ 을 고려하여 생성하였다. 여기서 F_s (F_d)는 아버지(어미)의 근교계수이며 G 는 제시한 해당 형질들에 대한 선발을 가하기 전의 초기 유전 (공)분산성분이다. 근교계수 추정방법은 Meuwissen과 Luo(1992)가 제시한 방법을 recursive algorithm(Misztal, Personal communication)으로 변형하여 계산하였다. 개체별 해당형질들에 대한 육종가 생성은 다형질 정규분포함수에서 Cholesky decomposition

방법으로 다수의 형질을 동시에 임의 생성하였으며 임의오차에 대한 생성은 $e \sim MVN(0, I \otimes R)$ 의 가정하에 다형질 정규분포함수에서 동시 생성하였다. 또한 각 형질별 반복기록이 없는 것을 가정하였다. 본 모형을 식으로 표현하면 다음과 같다.

$$y_{im} = \mu_i + Sex_{ij} + YS_{ik} + T_{il} + a_{im} + e_{im}$$

여기서 y_{im} 는 i 형질에 대한 m 개체의 관측치, μ_i 는 i 형질의 전체평균, Sex_{ij} 는 i 형질의 j 성에 대한 고정효과(수준=2), YS_{ik} 는 i 형질의 k 년도-계절에 대한 고정효과(수준 60), T_{il} 은 i 형질의 l 검정지역에 대한 고정효과(수준=3), a_{im} 은 i 형질의 m 개체의 임의 상가적 유전효과, 및 e_{im} 은 i 형질의 m 개체에 대한 임의 환경효과이다.

상기의 모형으로부터 세대별 모든 개체에 대하여 모수 및 생성된 모수를 모형에 적합시켜 생성된 표현형값은 분석모형에 따라 표현형 기록을 missing 처리(Table 2)하였으며, 이들 표현형 자료를 이용하여 표현형 순위 및 육종가를

Table 2. Information of parameters on several simulation models according to breeding schemes

	Model 1	Model 2	Model 3	Model 4	Model 5	Model 6
⁽¹⁾ Interval (M)	6~10	6~10	2~4	2~4	2~4	2~4
⁽²⁾ Rec. of Sire	No	No	RTU	⁽⁷⁾ RTU	RTU	RTU
⁽³⁾ Rec. of female	No	⁽⁵⁾ Carcass	No	RTU	No	RTU
⁽⁴⁾ Selection	⁽⁶⁾ Carcass	Carcass	RTU	RTU	RTU	RTU

⁽¹⁾ Generation interval of male; ⁽²⁾ Measures of sires; ⁽³⁾ Measures of females;
⁽⁴⁾ Selection criteria for meat qualities; ⁽⁵⁾ No carcass measures of dam;
⁽⁶⁾ Selection by carcass measures; ⁽⁷⁾ Selection by real-time ultrasonic measures.

추정하였다. 종축의 육종가 추정방법은 상기의 모형에 적합하여 매 세대 preconditioned conjugate gradient 방법을 이용한 다변량 BLUP 추정(Tsuruta 등, 2001) 방법으로 추정하였으며 각 형질별 육종가의 표준화한 값에 동일 가중치를 부여하여 선발지수식을 계산하였고 지수에 의한 상위 종축을 선발하였으며 선발된 종축은 임의교배를 실시하였다. 자료생성 및 분석의 일부를 변형한 6가지 가정된 모형에서 표현형에 근거한 선발과 육종가에 근거한 선발 및 검정모형은 다음과 같이 가정(Table 2)하여 실시하였다.

1. 모형 1 (Model 1)

본 연구에서 고려한 첫번째 검정모형(Model 1)은 현재 수행하고 있는 한우 당, 후대검정과 유사한 검정모형을 설계하였다. 즉 숫소 100두 및 암소 2,000두의 혈연관계가 없는 기초 집단 축를 이용하여 매세대 숫소는 20두씩 선발하였으며 암소는 1,000두씩 선발하였다. 번식에 활용하는 연령은 수컷의 경우, 후대검정까지 필한 6세부터 10세까지 5년간 활용하는 것을 가정하여 년당 4두씩 선발하였으며, 암컷의 경우는 번식가능 연령인 3세부터 8세까지 6년간 활용하는 것을 가정하여 년당 167두씩 선발하였다. 또한 Model 1에서 고려한 도체형질들(EMA, BF, 및 MS)에 대한 기록은 세대별 선

발된 종모우의 자손 중 숫송아지만 기록을 갖는 것으로 가정하였고 종모우, 종빈우 및 종축 선발에 탈락한 암송아지 모두는 기록이 없는 것으로 가정하였다. EMA, BF 및 MS에 대한 육종가 및 임의오차에 대한 자료생성은 Table 3에 제시한 해당 형질들에 대한 (공)분산 성분을 모수로 이용하였다. 해당형질에 선발방법은 숫송아지를 후대검정에 공시한다는 가정하에 자손들의 표현형에 근거한 선발과 육종가 추정치에 근거한 선발로 구분하였다.

2. 모형 2(Model 2)

본 연구에서 고려한 모형 2(Model 2)는 종빈우로 선발되지 않은 암송아지가 3~8세대 도축하여 육질관련 자료가 조사된 가정을 제외하고 Model 1과 동일하게 구성하였다.

3. 모형 3(Model 3)

모형 3 (Model 3)에서는 도축에 의한 육질자료 실측치 대신 초음파 측정(Real-Time Ultrasonic Measures) 자료에 근거한 선발을 가정하였다. 즉 종모우의 선발대상인 20~22개월령된 숫송아지에서 초음파 단층촬영기법에 의한 LEMA, LBF, 및 LMS 측정치들을 모두 조사한다는 가정하에 이들 자료에 근거하여 매 세대 20두씩, 2세대 종모우를 선발하고 2~4세에 종축으로 활

용하는 것을 가정하였다(7두선발/년). 단 암송 아지는 초음과 측정자료가 없는 것을 가정하였다. 종빈우의 번식에 공용되는 시기는 Model 1과 동일하게 가정하였다. 초음과 및 도축 측정형질들 (6가지 형질)에 대한 육종가 및 오차에 대한 자료생성은 이와 김(2003)이 추정하여 제시한 유전 및 잔차 (공)분산성분 행렬(Table 3)을 이용하였다. 종축선발은 초음과 측정형질들에 대한 표현형 및 육종가에 의한 선발로 구분하여 Model 1과 유사하게 1(LEMA): 1(LBF): 1(LMS)의 가중치로 선발지수식을 계산하고 이에 근거하여 종축을 선발하였다.

4. 모형 4(Model 4)

모형 4(Model 4)는 종빈우를 포함한 암, 숫 송아지 모두에서 초음과 측정치를 갖는다는 가정하에 모의실험을 실시하였는데 기타 모수 및 가정은 Model 3과 동일하게 실시하였다.

5. 모형 5(Model 5)

모형 5(Model 5)는 Model 3과 동일한 가정하에 실시하였는데, 단 자료생성을 위한 유전 및 환경 (공)분산 성분을 Table 3에 제시된 값 대

Table 3. Residual and genetic (co)variances (upper diagonal) and their parameters (below diagonal) for simulations in Models 3 and 4

	EMA	BF	MS	LEMA	LBF	LMS
Residual						
EMA	48.160 (⁽¹⁾ 0.80)	4.736	1.699	32.200	3.986	0.461
BF	0.270	6.169 (0.62)	0.068	5.208	3.630	0.439
MS	0.240	0.030	1.071 (0.46)	0.890	-0.078	0.525
LEMA	0.740	0.340	0.140	38.900 (0.83)	4.099	0.406
LBF	0.310	0.780	-0.040	0.350	3.519 (0.59)	0.088
LMS	0.070	0.190	0.550	0.070	0.050	0.860 (0.45)
Genetic						
EMA	11.790 (⁽²⁾ 0.20)	-3.310	0.609	7.807	-2.389	0.702
BF	-0.500	3.722 (0.38)	0.389	-0.909	2.964	-0.160
MS	0.160	0.180	1.266 (0.54)	0.879	0.557	1.029
LEMA	0.810	-0.170	0.280	7.937 (0.17)	-0.403	0.495
LBF	-0.440	0.970	0.310	-0.090	2.490 (0.41)	0.084
LMS	0.200	-0.080	0.890	0.170	0.050	1.052 (0.55)

(¹) Value in parenthesis: proportion of residual variance on total variance; (²) Value in parenthesis: heritability.

신 Table 4에 제시된 값을 활용하였다. 이는 도축직전인 약 22개월령에 거세우에서 조사된 자료를 이용한 추정치(이와 김, 2003)가 종축선발을 위한 검정방법을 고려할 때, 다소 현실성이 결여된다고 사료되어 도축 실측치와 초음파 측정치와의 상관이 다소 낮게 조정된 (공)분산성분을 모수로 가정하였다.

6. 모형 6(Model 6)

모형 6(Model 6)은 Model 4와 유사하게 설계, 가정하였으나 모수에 고려한 (공)분산성분

을 Table 3 대신 Table 4에 제시된 값을 이용하였다.

자체 개발한 전산프로그램을 이용하여 최종 생성된 자료는 12,100기록이었고 각각의 검정 모형 및 선발방법별 초기 Seed값을 달리하여 10회씩 반복 실험하였으며, 따라서 본 모의실험에 생성된 총 자료건수는 모두 1,452,000기록이었다. 검정모형 및 선발방법별 유전적 개량량 추정을 위하여 각각 반복별로 10세대까지 선발 후, 출생년도에 대한 육종가의 단순회귀식으로 추정하였고 10개 반복별 회귀계수 추정치들의 평균 및 표준편차를 제시하였다.

Table 4. Residual and genetic (co)variances (upper diagonal) and their parameters (below diagonal) for simulations in Models 5 and 6

	EMA	BF	MS	LEMA	LBF	LMS
Residual						
EMA	48.160 (⁽¹⁾ 0.80)	4.736	1.699	30.200	3.986	0.461
BF	0.27	6.169 (0.62)	0.068	5.208	3.030	0.439
MS	0.24	0.03	1.071 (0.46)	0.890	-0.078	0.525
LEMA	0.70	0.34	0.14	38.900 (0.83)	4.099	0.406
LBF	0.31	0.65	-0.04	0.35	3.519 (0.59)	0.088
LMS	0.07	0.19	0.55	0.07	0.05	0.860 (0.45)
Genetic						
EMA	11.790 (⁽²⁾ 0.20)	-3.310	0.609	6.407	-2.389	0.702
BF	-0.50	3.722 (0.38)	0.389	-0.909	2.064	-0.160
MS	0.16	0.18	1.266 (0.54)	0.879	0.557	0.729
LEMA	0.66	-0.17	0.28	7.937 (0.17)	-0.403	0.495
LBF	-0.44	0.68	0.31	-0.09	2.490 (0.41)	0.084
LMS	0.20	-0.08	0.63	0.17	0.05	1.052 (0.55)

(¹) Value in parenthesis: proportion of residual variance on total variance; (²) Value in parenthesis: heritability.

III. 결과 및 고찰

고급육형 한우개량의 목표를 위하여 도체형질을 중심으로 선발지수식을 이용하여 육질에 관여하는 도체형질들을 개량하기 위한 목표를 설정하고 후대검정을 통하여 종모우를 선발한다는 가정하에 설정된 Model 1에서 표현형에 근거한 선발을 실시할 때, 10년간 개량량을 살펴보면 배장근단면적은 1.03cm²(Table 5)가 증가하고, 등지방두께는 0.49mm(Table 6)가 감소

하며, 근내지방도는 0.23점(Table 7)이 증가한다는 결과를 얻었다. 또한 이때 개량량 추정을 위한 회귀식에 대한 결정계수는 각각 0.78, 0.74 및 0.72로써 신뢰도가 다소 낮음을 알 수 있었다. 반면에 Model 1에서 육종가에 의한 선발시 EMA, BF, 및 MS 등의 10년간 유전적 개량량이 각각 1.22cm², -0.64mm 및 0.37점으로 표현형에 근거한 선발에서의 개량량 보다 다소 크게 개량되고 있음을 알 수 있었다. 또한 이때 대응되는 형질별 회귀식의 추정에 있어서

Table 5. Means(Gain), empirical standard deviations(ESD), determinants(R²), and relative efficiencies(RE) of expected genetic gain by year for longissimus muscle area according to phenotypic and BLUP selection in simulation (10 replicates)

	Phenotypic Selection				BLUP Selection			
	R ²	⁽¹⁾ Gain	ESD	⁽²⁾ RE	R ²	⁽¹⁾ Gain	ESD	⁽²⁾ RE
Model 1	0.78	1.03	0.05	1.00	0.91	1.22	0.05	1.00
Model 2	0.86	1.49	0.06	1.44	0.94	2.21	0.06	1.81
Model 3	0.83	1.78	0.10	1.73	0.88	2.20	0.11	1.81
Model 4	0.86	2.12	0.11	2.06	0.91	2.97	0.11	2.44
Model 5	0.83	1.85	0.10	1.80	0.87	2.11	0.11	1.74
Model 6	0.85	2.07	0.11	2.01	0.89	2.53	0.11	2.08

⁽¹⁾ Mean of genetic gain(cm²) for 10 yrs; ⁽²⁾ Relative efficient for genetic gain on it of Model 1.

Table 6. Means(Gain), empirical standard deviations(ESD), determinants(R²), and relative efficiencies(RE) of expected genetic gain by year for fat thickness according to phenotypic and BLUP selection in simulation (10 replicates)

	Phenotypic Selection				BLUP Selection			
	R ²	⁽¹⁾ Gain	ESD	⁽²⁾ RE	R ²	⁽¹⁾ Gain	ESD	⁽²⁾ RE
Model 1	0.74	-0.49	0.03	1.00	0.88	-0.64	0.03	1.00
Model 2	0.82	-0.59	0.04	1.19	0.91	-1.17	0.04	1.83
Model 3	0.81	-1.22	0.07	2.47	0.85	-1.29	0.07	2.01
Model 4	0.84	-1.29	0.07	2.60	0.88	-1.41	0.07	2.20
Model 5	0.72	-0.88	0.07	1.79	0.75	-0.98	0.07	1.53
Model 6	0.74	-0.89	0.07	1.81	0.81	-1.10	0.07	1.72

⁽¹⁾ Mean of genetic gain(mm) for 10 yrs; ⁽²⁾ Relative efficient for genetic gain on it of Model 1.

Table 7. Means(Gain), empirical standard deviations(ESD), determinants(R²), and relative efficiencies(RE) of expected genetic gain by year for marbling score according to phenotypic and BLUP selection in simulation (10 replicates)

	Phenotypic Selection				BLUP Selection			
	R ²	⁽¹⁾ Gain	ESD	⁽²⁾ RE	R ²	⁽¹⁾ Gain	ESD	⁽²⁾ RE
Model 1	0.72	0.23	0.02	1.00	0.78	0.37	0.02	1.00
Model 2	0.82	0.39	0.02	1.73	0.84	0.46	0.02	1.26
Model 3	0.70	0.42	0.04	1.84	0.72	0.50	0.04	1.36
Model 4	0.74	0.55	0.04	2.42	0.76	0.61	0.04	1.66
Model 5	0.50	0.26	0.04	1.15	0.58	0.39	0.04	1.07
Model 6	0.58	0.39	0.04	1.72	0.61	0.43	0.04	1.18

⁽¹⁾ Mean of genetic gain(point) for 10 yrs; ⁽²⁾ Relative efficient for genetic gain on it of Model 1.

결정계수는 각각 0.91, 0.88 및 0.78으로 표현형에 의한 선발에서의 그것 보다 다소 높은 신뢰도를 보이고 있음을 알 수 있었다. 이때 고려한 유전상관은 EMA와 BF은 -0.50으로 높은 부의 상관을 갖는 것을 가정하였고 EMA와 MS간에는 0.16으로 낮은 정의상관을 갖는 것으로 가정하였으며 BF과 MS간에는 0.18으로 낮은 정의 유전상관을 갖는 것을 가정하여 모의시험하였다. 여기서 모의실험에 고려한 이러한 모수들은 실제 한우 도체성적에서 추정된 유전모수(이와 김, 2003)를 적용한 것이기 때문에 어느 정도 신뢰할 수 있을 것으로 사료된다. 하지만 본 모형에서 추정된 개량량은 현재 실시하고 있는 한우 당, 후대검정으로부터 얻는 개량량 보다는 다소 낮을 수 있다고 사료되었는데, 이는 본 모형에서 고려한 선발강도가 현행 실시하고 있는 검정에서의 그것 보다 다소 낮을 것으로 사료되었기 때문이다.

Model 1과 달리 빈우로 선발되지 못한 암송아지가 도축하여 육질관련 형질에 대한 자료가 조사된다는 가정하에 설정된 Model 2에서 각 형질별 유전적 개량량은 Model 1에서의 그것 보다 다소 높게 추정되었다. 즉 표현형에 근거한 선발시 10년간 유전적 개량량(결정계수)은

EMA, BF, 및 MS에서 각각 1.49cm²(0.86), -0.59mm(0.82), 및 0.39점(0.82)으로 추정되었으며 Model 1에서의 표현형에 근거한 선발과 비교하였을 때, 각각의 형질에서 1.44배, 1.19배 및 1.73배의 상대적으로 효율이 있는 것으로 추정되었다. 육종가에 의한 선발에서 해당 형질들에 대한 10년간 개량량(결정계수)은 각각 2.21cm² (0.94), -1.17mm(0.91) 및 0.46점(0.84)으로 추정되었으며 상대적 효율성은 각각 1.22배, 1.83배 및 1.26배의 효율성이 있는 것으로 추정되었다. 또한 육종가에 의한 개량량 추정치는 표현형에 근거한 추정치 보다 모든 형질에서 상대적으로 높은 것으로 추정되었고 회귀식에 의한 개량량의 정확도가 높은 것으로 추정되었다.

도축해야만 측정이 가능한 도체형질 대신 이와 상관관계가 있는 초음파 측정치를 이용하여 간접선발을 하였을 때 육질의 개량정도를 추정한 모형(Model 3)에서 가정한 초음파 측정치와 도축 실측치와의 상관은 EMA-LEMA에서 0.81, BF-LBF에서 0.97, 및 MS-LMS에서 0.89이었다. 이는 이와 김(2003)이 추정한 초음파 측정치와 도축측정치들의 유전력 및 해당 형질들 간의 유전 및 환경상관 추정치들로써 초음파 측정

치를 이용한 도체형질의 개량효율성이 시간적, 경제적으로 타당할 것으로 예상되었고 (Brethour, 2000), 특히 본 모형에서 종모우로의 활용은 초음파 측정자료가 조사되어 종축평가가 가능한 만 2세부터 4세까지 3년간 공유하는 것을 가정하였기 때문에 그 만큼의 세대간격을 줄임으로써 개량효율을 높일 수 있을 것으로 예상하였다. Model 3에서 10년간 유전적 개량량(결정계수) 추정치를 살펴보면, 표현형에 기초한 선발에서 EMA는 $1.78\text{cm}^2(0.83)$ 으로 Model 1에서 표현형에 근거한 선발시 개량량과 비교하여 1.73배의 개량효율이 있는 것으로 추정되었으며 BF에서는 $-1.22\text{mm}(0.81)$ 으로 Model 1에 비하여 2.47배의 효율성이 있는 것으로 추정되었다. 또한 MS의 개량량은 초음파 측정치의 표현형에 근거하여 선발하였을 때 10년간 0.42점(0.70)이 개량되어 Model 1에 비해 상대적 효율이 1.84배인 것으로 추정되었다. 반면에 본 모형에서 육종가에 근거한 선발을 실시할 때, 본 모형에 고려된 모든 형질에서 표현형에 근거한 선발에서의 개량량 보다 높게 추정되었으며 또한 이들 추정치의 신뢰도가 높은 것으로 추정되었다. EMA는 10년간 유전적 개량량이 $2.20\text{cm}^2(R^2=0.88)$ 으로 Model 1에서 육종가에 의한 선발에서 보다 상대적 개량효율이 1.81배의 효율을 갖는 것으로 추정되었고 BF의 경우에는 -1.29mm 으로 동일한 모형에서 표현형에 근거한 선발에서 보다 다소 높은 개량량을 갖는 것으로 추정되었으며 개량량 추정치에 대한 결정계수가 0.85으로 표현형 선발에서의 그것 보다 다소 높게 추정되었다. 또한 BF개량에 대한 상대적 효율성은 Model 1에서의 육종가에 의한 선발보다 2.01배의 효율성이 있는 것으로 추정되었다. 반면에 다형질 BLUP추정 방법에 의한 MS의 육종가에 의한 선발시 개량량은 0.50점($R^2=0.72$)으로 Model 1에 의한 개량량과 비교하여 1.36배의 개량효율성이 있는 것으로 추정되었다. 하지만 추정치에 대한 신뢰도는 기타 형질에서의 추정치 보다 다소 낮게

추정되었는데 이는 자료의 분포상 EMA 및 BF의 변이보다 낮은 변이를 갖는데 기인한 것으로 사료되었다.

Model 4는 암컷에 대하여도 초음파기기를 활용하여 도체성적 자료가 조사된다는 가정을 제외하고는 Model 3과 동일하게 수행하였기 때문에 보다 많은 기록에 의한 상대적 개량량이 높을 것을 예상하였다. Model 4에서 표현형에 근거한 선발을 실시할 때, EMA의 경우 10년간 개량량은 2.12cm^2 으로 Model 1과 비교할 때 상대적 효율성이 2.06배로 고도의 효율성이 있는 것으로 추정되었으며 개량량에 대한 신뢰도가 다소 높게 추정되었다($R^2=0.86$). 또한 육종가에 의한 선발은 표현형에 의한 선발에서 보다 유전적 개량량이 더욱 높게 추정되어 10년간 $2.97\text{cm}^2(R^2=0.91)$ 의 개량량이 있는 것으로 추정되었으며 Model 1에서의 육종가에 의한 선발시 개량량과의 상대적 효율성이 2.44배로 상당히 높은 효율성이 있는 것으로 추정되었다 (Table 5). 또한 Table 6에 제시된 바와 같이 BF의 경우, 표현형에 근거한 선발시 10년간 개량량은 $-1.29\text{mm}(R^2=0.86)$ 으로 Model 1의 표현형에 의한 선발에서 보다 2.60배의 효율성이 있는 것으로 추정되었다. 육종가에 의한 선발시 개량량은 $-1.41\text{mm}(R^2=0.88)$ 으로 표현형에 의한 선발보다 높은 개량량을 보였으며 Model 1에서의 육종가에 의한 개량량과 비교할 때 2.20배의 효율성을 보였다. Model 4에서 MS의 개량량 추정치를 살펴보면 표현형에 근거한 선발시 10년간 0.55점($R^2=0.74$)으로 Model 1의 표현형에 근거한 선발시 개량량에 비하여 2.42배의 효율성이 있는 것으로 추정되었다. 육종가 추정치에 의한 선발시 개량량은 0.61점($R^2=0.76$)으로 Model 1에서의 개량량 보다 1.66배의 개량 효율성이 있는 것으로 추정되었다. 반면에 연간 개량량을 추정하기 위한 회귀식에서의 결정계수가 타 형질에서의 그것 보다 낮은 이유는 MS의 표현형 변이가 비교적 적는데 기인한 것으로 사료되며 이러한 결과로 볼 때, 한

우개량을 위한 MS의 자료조사에 있어서 변이를 크게 할 수 있는 방안에 대한 연구가 필요할 것으로 사료되었다.

Model 3과 동일한 모형을 설정하고 육종가 추정을 위한 (공)분산성분의 모수를 달리하여 모의실험을 실시한 Model 5에서의 결과를 Table 5, 6, 및 7에 제시하였다. 비록 Model 3 및 Model 4에 이용된 유전 및 환경 (공)분산성분이 실제 자료를 통하여 추정되었다고는 하지만 이는 거세우의 출하직전 초음파 측정치를 이용한 모수 추정치인 반면에, 종모우로 선발 가능한 숫소가 비거세우이고 장기비육은 종모우로써의 활용가치가 저하된다는 현실성을 고려할 때, 초음파 측정치와 도축 실측치와의 상관성이 다소 낮아 질 수 있다는 가정하에 동일형질에 대하여 초음파 측정치와 도축 실측치와의 유전 (공)분산성분을 다소 낮게 조정하였으며 여기서 가정한 유전상관은 EMA-LEMA에서 0.66, BF-LBF에서 0.68, 및 MS-LMS에서 0.63이었다. 본 모형에서 표현형 선발에 의한 유전적 개량량을 살펴보면 10년 동안 초음파 측정치에 의한 선발시 EMA의 개량량은 1.85cm^2 ($R^2=0.83$)으로 Model 1에서 표현형 선발에서의 개량량과 비교하면 1.80배의 효율성이 있는 것으로 추정되었고 Model 3에서 표현형 선발에서의 개량량과 비슷한 개량량이 있는 것으로 추정되었다. 또한 육종가에 의한 선발시 동일 기간 동안의 개량량은 2.11cm^2 ($R^2=0.87$)으로 표현형에 의한 선발에서의 개량량 보다 상대적으로 높은 개량량을 보였으며 Model 4에서의 표현형 선발 또는 Model 2에서의 육종가에 의한 선발시 개량량과 유사한 추정치를 보였다. 또한 Model 1에서의 육종가에 의한 선발시 개량량과 비교할 때, 1.74배의 개량효율이 있는 것으로 추정되었다. Model 5에서의 BF에 대한 개량량을 살펴보면 표현형에 의한 선발시 10년간 -0.88mm ($R^2=0.72$)의 개량량이 있는 것으로 추정되었으며 이는 Model 4에서 육종가에 의한 선발에서의 개량량과 유사한 개량정도가 있

는 것으로 추정되었다. 또한 Model 1에서의 표현형에 의한 선발시 개량량 보다는 1.79배의 개량효율이 있는 것으로 추정되었다. 반면에 육종가에 의한 선발시 10년 동안의 개량량은 -0.98mm 으로 Model 1에서의 육종가에 의한 선발시 개량량 보다 1.53배의 개량효율이 있는 것으로 추정되었다. 한편 회귀식에 의한 개량량 추정치의 결정계수가 기타 모형에서의 그것 보다 다소 낮게 추정되었는데 ($R^2=0.75$) 이는 도축실측치의 개량을 위한 간접선발로 활용되는 초음파 측정치의 유전상관이 다소 낮은 것에 기인된 것으로 사료되었다. Model 5에서 MS의 유전적 개량량을 살펴보면 표현형에 근거한 선발시 10년간 유전적 개량량은 0.26점으로 Model 1에서의 표현형에 근거한 선발에서의 개량량보다 1.15배의 개량효율이 있는 것으로 추정되었으며 이때 개량량에 대한 신뢰도가 낮게 추정되었다 ($R^2=0.50$). 반면에 육종가에 의한 선발시 개량량은 0.39점 ($R^2=0.58$)으로 현행 실시하고 있는 후대검정과 유사한 검정모형인 Model 1에서의 육종가에 의한 선발시 개량량과 유사한 개량효율(1.07배)이 있는 것으로 추정되었다.

Model 6은 암, 수 모두 초음파에 의한 도체 성적자료가 조사된다는 가정을 제외하고는 Model 5와 동일하게 실시하였는데, 여기서 얻어진 유전적 개량량을 살펴보면 다형질을 동시에 고려한 표현형에 의한 선발시 10년 동안 EMA은 2.07cm^2 ($R^2=0.85$)으로 Model 1에서 표현형에 의한 선발시 개량량 보다 2.07배의 개량 효율이 있는 것으로 추정되었고 Model 4에서의 표현형에 의한 선발시 개량량 보다 다소 낮은 개량 효율을 보이는 것으로 추정되었으며 Model 5에서의 육종가에 의한 선발시 개량량과 유사한 개량효율을 보이는 것으로 추정되었다. 반면에 육종가에 의한 선발시 동일 기간 동안의 개량량은 2.53cm^2 ($R^2=0.89$)으로 다소 높은 개량효율이 있는 것으로 추정되었는데 Model 1에서의 육종가에 의한 선발시 개량효

을 보다 2.08배의 개량효율이 있는 것으로 추정되었다. 동일 모형에서 BF의 유전적 개량량은 표현형에 의한 선발시 $-0.89\text{mm}(R^2=0.74)$ 으로 Model 1에서의 표현형에 의한 선발시 개량량 보다 1.81배의 개량효율이 있는 것으로 추정되었다. 또한 BF에 대한 육종가에 의한 선발시 동일 기간 동안의 개량량은 $-1.10\text{mm}(R^2=0.81)$ 으로 Model 1에서의 육종가에 의한 선발시 개량량 보다 1.72배의 개량효율이 있으며 Model 2에서의 육종가에 의한 선발시 개량량과 유사한 개량효율이 있는 것으로 추정되었다. 또한 Model 6에서의 MS에 대한 유전적 개량량을 살펴보면 표현형에 의한 선발시 10년 동안 개량량은 0.39점($R^2=0.58$)으로 Model 1에서의 표현형에 의한 선발시 개량량과 비교하여 1.72배의 효율성이 있는 것으로 추정된 반면에 Model 2에서의 표현형에 의한 선발에서의 개량량과 유사한 개량효율이 있는 것으로 추정되었다. 반면에 Table 7에 제시된 바와 같이 추정치에 대한 신뢰도는 다소 낮은 것을 알 수 있었다. 또한 육종가에 의한 선발시 동 기간 동안의 MS에 대한 개량량은 0.43점으로 Model 1에서의 육종가에 의한 선발을 실시하여 얻은 개량량 보다 1.18배의 개량 효율이 있는 것으로 추정되었으나 이에 대한 신뢰도는 다소 낮은 것으로 추정되었고($R^2=0.61$) Model 2에서의 육종가에 의한 선발시 개량량과 유사한 개량효율이 있는 것으로 추정되었다.

이러한 결과를 종합해 볼 때, 초음파 측정치를 이용하여 도체형질을 개량하기 위해서는 도체형질과 초음파 측정치와의 유전적 상관관계가 70% 이상에서 효율성이 증가될 것으로 사료되며 개량량의 신뢰도를 높이기 위해서는 조사되는 자료수가 많아야 그 효율성이 증대될 것으로 사료되었다. 특히 MS의 개량을 위해서는 자료의 특성상 표현형 변이가 적기 때문에 정규성을 가정한 본 모형에서 변이를 크게 할 수 있는 조사방법에 대한 재고가 필요할 것으로 사료되었다.

IV. 요약

고급육형 한우개량을 위하여 현행 실시하고 있는 한우 후대검정에서 조사되는 배장근단면적, 등지방두께 및 근내지방도 등에 대한 유전적 개량량과 초음파 측정장치를 이용한 해당 형질들의 육질관정자료에 의한 간접선발시 유전적 개량량을 모의실험을 통하여 추정하고 상호 그 효율성을 비교하였다. 본 연구에 적용된 Monte Carlo 모의실험은 각 설정 모형별, 표현형 선발 및 다형질 BLUP 추정방법에 의한 육종가 추정치에 의한 선발을 적용하여 각각 10 반복씩 반복 실험하였다. 각 모형별 모의실험 방법은 종축집단의 크기 및 세대 수 그리고 설정모형을 동일하게 설계하였으며 수컷 100두와 암컷 2,000두의 기초집단으로부터 매 세대 수컷 20두와 암컷 1,000두를 3가지 형질에 동일한 가중치를 두어 10세대 동안 선발하였다. 최종 생성된 자료를 이용하여 유전적 개량량을 추정하였고 이를 각 모형별, 선발방법별로 비교, 분석하였다. 분석결과 현행 실시하고 있는 한우 후대검정과 유사한 모의실험에서의 각 형질별 육종가 추정치에 의한 선발시 유전적 개량량과 비교한 결과, 초음파 측정치와 도축 실측치 간의 유전상관을 0.81~0.97으로 가정하고 암, 수 모두 초음파 측정자료를 조사한다는 가정으로 초음파 측정치의 육종가에 의한 선발을 실시할 때, 1.66~2.44 배의 개량 효율성이 있는 것으로 추정되었으며 이들 상관을 0.63~0.68으로 가정한 모의실험에서는 1.18~2.08 배의 개량 효율성이 있는 것으로 추정되었다. 따라서 고급육형 한우개량을 위한 초음파 측정치를 이용한 검정방법을 활용하고 이를 이용한 종축선발을 실시할 때 개량효율을 크게 향상시킬 수 있을 것으로 사료되었다. 반면에 각 형질별 개량 효율성을 살펴보면 개량효율성이 가장 낮은 형질은 근내지방도로서 이는 표현형 변이가 상대적으로 낮은 형질에 선발의 가중치를 동일하게

가정한 것에 기인된 것으로 사료되며 따라서 근내지방도의 변이를 크게 할 수 있는 자료조사방법의 변경, 또는 선발의 가중치를 높이는 방법에 대한 연구가 필요할 것으로 사료되었다.

V. 인 용 문 헌

1. Brethour, J. R. 2000. Using serial ultrasound measures to generat models of marbling and backfat thickness changes in feedlot cattle. *J. Anim. Sci.* 78:2055-2061.
 2. Falconer, D. S. and Mackay, T. F. C. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics.* Longman Group Ltd. Essex, England.
 3. Lee, D. H. and Kim, H. C. 2003. Genetic relationship between ultrasonic and carcass measurements for meat qualities in Korean steers. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 2003: (in process).
 4. Meuwissen, T. H. E. and Luo, Z. 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet. Sel. Evol.* 24:305-313.
 5. Stelzleni, A. M., Perkins, T. L., Brown, A. H. Jr., Pohlman, F. W., Johnson, Z. B. and Sandelin, B. A. 2002. Genetic parameter estimates of yearling live animal ultrasonic measurements in Brangus cattle. *J. Anim. Sci.* 80:3150-3153.
 6. Tsuruta, S., Misztal, I. and Strandén, I. 2001. Use of the preconditioned conjugate gradient algorithm as a generic solver for mixed-model equations in animal breeding applications. *J. Anim. Sci.* 79: 1166-1172.
 7. 주종철, 김내수. 2002. 한우의 개량체계 모의실험을 위한 모형개발. *한국동물자원과학회지* 44:507-518.
- (접수일자 : 2003. 1. 7 / 채택일자 : 2003. 3. 24)