

한우의 도체형질 유전모수 추정을 위한 REML과 Bayesian via Gibbs Sampling 방법의 비교 연구

노승희* · 김병우* · 김효선* · 민희식* · 윤호백** · 이득환*** · 전진태* · 이정규*

경상대학교 응용생명과학부 · 농업생명과학연구원*, 축산연구소**, 환경대학교***

Comparison between REML and Bayesian via Gibbs Sampling Algorithm with a Mixed Animal Model to Estimate Genetic Parameters for Carcass Traits in Hanwoo(Korean Native Cattle)

S. H. Roh*, B. W. Kim*, H. S. Kim*, H. S. Min*, H. B. Yoon**, D. H. Lee***,
J. T. Jeon* and J. G. Lee*

Division of Applied Life Science · Institute of Agriculture & Life Sciences, Gyeongsang National University*,
National Livestock Research Institute, R.D.A**, Hankyong National Univ***

ABSTRACT

The aims of this study were to estimate genetic parameters for carcass traits on Hanwoo(Korean Native Cattle) and to compare two different statistical algorithms for estimating genetic parameters. Data obtained from 1526 steers at Hanwoo Improvement Center and Hanwoo Improvement Complex Area from 1996 to 2001 were used for the analyses. The carcass traits considered in these studies were carcass weight, dressing percent, eye muscle area, backfat thickness, and marbling score. Estimated genetic parameters using EM-REML algorithm were compared to those by Bayesian inference via Gibbs Sampling to find out statistical properties. The estimated heritabilities of carcass traits by REML method were 0.28, 0.25, 0.35, 0.39 and 0.51, respectively and those by Gibbs Sampling method were 0.29, 0.25, 0.40, 0.42 and 0.54, respectively. This estimates were not significantly different, even though the estimated heritabilities by Gibbs Sampling method were higher than ones by REML method.

Since the estimated statistics by REML method and Gibbs Sampling method were not significantly different in this study, it is inferred that both methods could be efficiently applied for the analysis of carcass traits of cattle. However, further studies are demanded to define an optimal statistical method for handling large scale performance data.

(Key words : Hanwoo(Korean Native Cattle), Carcass traits, Genetic parameters, REML method, Gibbs Sampling method)

I 서 론

한우개량은 육량과 육질에 많은 초점을 맞추어 연구되었고 산업적으로 발전되어 왔다. 이러한 개량을 목적으로 개량기관 또는 농가로부터

수집된 데이터들은 다양한 분석모형 및 분석방법들에 의하여 분석이 시도되었는데 특히 분석모형에 있어서 단형질 개체모형(Single trait animal model)이나 다형질 개체모형(Multiple traits animal model) 등의 통계분석 모형을 이용

Corresponding author : J. G. Lee, Division of Applied Life Science · Institute of Agriculture & Life Sciences, Gyeongsang National University, Jinju 660-701, Korea. E-mail : jglee@snu.ac.kr.

한 동물의 유전적 변이를 분산성분으로 추정을 하여 왔으며 이러한 분석모형들에 있어서 유전 변이 추정에 대한 분석에 있어서 다양한 방법으로 통한 추정의 정확도를 기하려고 많은 연구가 이루어졌다.

분산과 공분산의 추정은 가축육종에 있어 선발 지수식의 설정, 혼합모형에서 BLUP(Best Linear Unbiased Prediction)을 얻기 위하여, 유전력, 유전상관, 표현형상관 및 환경상관의 추정, 육종 계획의 수립 및 양적 형질에 대한 유전적 기작의 설명 등에 널리 이용되고 있다(Henderson, 1986). 지난 수십년 동안 최대우도법(Maximum Likelihood Method)을 이용한 유전 및 환경 분산과 공분산을 추정하는 방법이 널리 이용되어 왔다.

REML(Restricted Maximum Likelihood) 분석방법과 더불어 토마스베이즈(Thomas Bayes)가 18 세기에 Bayes 이론을 처음으로 발표한 이후 Bayes 이론에 대하여 많은 관심을 가져오고 있다. Gianola and Foulley(1983)는 불연속 범주형 자료에 대한 유전 분석을 위하여 Bayesian 추론의 활용성을 발표했으며 Gianola와 Fernando (1986)은 Bayesian 이론을 실용가능성 있게 발전시켰다. 그러나 비록 Bayesian 추론이 이론적으로 강력하지만, 추정의 해를 얻기 위해서는 모수에 대한 주변사후분포(Marginal Posterior Distribution) 함수의 적분을 통한 복잡한 계산과정이 요구된다는 단점이 있었다. 최근 이러한 복잡한 수식을 거치지 않고 용이하게 모수의 사후분포를 알아보기 위한 방법으로써 Monte-

Carlo Markov Chain(MCMC) 방법 또는 Gibbs sampling 방법이 널리 이용되고 있다.

지금까지 모수추정에 있어서 REML 방법이 많이 이용되어져 왔으며, REML 방법은 G-Matrix의 inverse를 통한 통계학적 계산이 이루어져 대용량의 데이터일 경우 다소 시간적 여유가 필요하였으나, Gibbs Sampling 방법은 G-Matrix를 inverse 하지 않고 계산하기 때문에 수행속도가 빠르다는 장점이 있다. 이러한 특징을 근거로 하여 본 연구에서는 육량과 육질을 대표하는 한우 도체형질 즉 배최장근단면적 및 근내지방도 등의 자료를 바탕으로 REML 방법과 Bayesian 추론방법으로써 Gibbs Sampling 방법을 이용하여 유전모수를 추정하고 서로 다른 추정 방법간에 추정치를 비교함으로써 Gibbs Sampling 방법의 적용가능성에 대한 기초 자료를 제공하고자 함에 있다.

II 재료 및 방법

1. 공시재료 및 조사항목

본 연구는 1996년도부터 2001년도까지 한우 후대검정의 일환으로 수행된 농협중앙회 가축 개량사업소, 한우개량단지에서 출생한 송아지 1,536두의 후대검정 자료를 이용하였다. 본 연구에 이용된 분석자료는 도체형질인 배최장근 단면적, 등지방두께, 근내지방도, 도체중, 도체율이며, 여기에 대한 정보는 Table 1과 같다. 분석에 이용된 총 개체수는 자료를 갖지 않은

Table 1. Means, standard deviation, coefficient variations, minimum, maximum for carcass traits in Hanwoo(Korean Native Cattle)

Units ¹⁾	Mean	SD	Min	Max	CV, %
SA	726.13	20.34	633	772	2.82
CW	301.93	33.95	170	443	11.25
DP	58.51	3.64	41	77	6.26
EMA	74.93	8.39	40	104	11.44
BF	0.73	0.31	0.1	2.6	42.83
MS	2.92	1.58	1	7	54.19

¹⁾ SA : Slaughter Age, CW : Carcass Weight, DP : Dressing Percent, EMA : Eye Muscle Area, BF : Backfat Thickness, MS : Marbling Score(scale : 1 ~ 1).

선조를 포함하여 총 6,162두가 분석에 이용되었다.

2. 통계적 분석방법

(1) 환경요인의 효과

본 연구에서 조사한 도체중, 도체율, 배최장 근 단면적, 등지방두께, 근내지방도에 영향을 미치는 출생년도 - 계절, 출생지역, 도축일령의 효과를 추정하기 위해 다음과 같은 선형혼합모형을 이용하여 최소제곱법(Havey, 1979)으로 분석하였다.

$$Y_{ijk} = \mu + YS_i + T_j + \beta x + e_{ijk}$$

여기서,

- Y_{ijk} : i 번째 출생년도 - 계절의 j 번째 출생지역의 k 번째 개체에 대한 측정치
- μ : 전체평균
- YS_i : i 번째 출생년도 - 계절의 효과(i = 1, 2, ..., 11)
- T_j : j 번째 출생지역의 효과(j = 1, 2)
- β : 도축일령에 대한 회귀계수
- x : 도축일령의 평균에 대한 편차
- e_{ijk} : 임의오차의 효과

본 연구에서 설정한 혼합모형은 PC용 SAS@ 8.1 Package를 이용하였고, GLM(Generalized Linear Model) 분석을 통하여 각 요인들에 대한 유의성 검정을 실시하였는데 최소제곱 평균치간의 유의성 검정을 위하여 다음과 같은 귀무가설을 유의수준 5%로 각각 검정하였다.

$$H_0; LSM(i) = LSM(j)$$

여기서, $LSM(i(j))$: i(j)번째 효과의 최소 제곱 평균치($i \neq j$)

(2) 유전모수의 추정

1) REML(Restricted Maximum Likelihood) 추정방법

각 형질에 대한 상가적 유전효과에 대한 유전모수 및 육종가 추정을 위하여 다음과 같은

다형질 혼합모형을 이용하였다.

$$Y_{ijkl} = \mu_i + YS_{ij} + T_{ik} + Age_{ijkl}(Cov) + a_{ijkl} + e_{ijkl}$$

여기서,

- Y_{ijkl} : i 번째 형질의 j 번째 출생년도 - 계절의 k 번째 출생지역의 l 번째 도축일령에 대한 측정치
- μ_i : i 번째 형질의 전체평균
- YS_{ij} : i 번째 형질의 j 번째 출생년도-계절의 효과(i = 1, 2, ..., 11)
- T_{ik} : i 번째 형질의 k 번째 출생지역의 효과(j = 1, 2)
- $Age_{ijkl}(Cov)$: 도축일령의 공변이(Covariate)
- a_{ijkl} : 개체의 임의효과 $\sim N(0, A\sigma_a^2)$
- e_{ijkl} : 임의오차 $\sim N(0, I\sigma_e^2)$

이상의 다형질 혼합모형을 행렬에 의한 방정식으로 표기하면 다음과 같다.(Henderson, 1976)

$$Y = Xb + Zu + e$$

여기서,

- Y : 각 형질의 관측치에 대한 벡터
- X : 고정효과(출생년도 - 계절, 출생지역, 공변이)에 대한 계수행렬
- Z : 개체에 대한 임의효과에 관한 계수 행렬 $\sim N(0, A\sigma_a^2)$
- b : 알려지지 않은 고정효과에 대한 추정치 벡터
- u : 개체에 대한 육종가 벡터
- e : 각 형질에 대한 임의 오차 벡터 $\sim N(0, I\sigma_e^2)$

이에 기초하여 혼합모형방정식(MME)을 다음과 같이 할 수 있다.(Henderson, 1976)

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}Z & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix} \quad \text{①}$$

위의 ① 방정식에 대한 우도함수(likelihood function)의 자연 log는 다음과 같다.

$$\log \Lambda = -0.5[(n-p)\log(2\pi) + \log|K'VK| + y'K(K'VK)^{-1}K'y]$$

본 연구에서는 이러한 EM-REML Algorithm을 바

탕으로 하여 전산 프로그램한 REMLF90(Misztal, 2001)을 이용하여 유전모수를 추정하였으며 각 Round별 분산의 차이가 10^{-10} 이하로 수렴 될 때까지 반복 추정하였다.

얻어진 분산 - 공분산 값을 이용하여 유전력과 유전분산은 다음과 같이 구하였다.

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_e^2}$$

$$r_G = \frac{COV_{a(i,j)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_a^2(i) \times \hat{\sigma}_a^2(j)}} \quad (i \neq j)$$

$$r_P = \frac{COV_{p(i,j)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_p^2(i) \times \hat{\sigma}_p^2(j)}} \quad (i \neq j)$$

여기서, $\sigma_a^2 =$ 상가적 유전분산

$r_G =$ 유전상관

$r_P =$ 표현형상관이다.

2) Bayesian Inference via Gibbs Sampling 추정방법

① Prior Densities and Model Assumptions.

Gibbs Sampling은 Animal Model을 가진 강력한 결합사후분포로부터 분산성분을 얻기 위한 통계적 방법이다. 계산상으로 단지 이 프로그램은 Henderson의 Mixed Model 식을 계산하고 큰 샘플 수에서 임의수를 만들어 내는데 유용하다.

즉, 단순 형질에서 $y = Xb + Za + e$ 로부터 Bayesian 이론을 응용하여 사후결합분포가 얻어진다. 만약 임의변의의 벡터가 θ 이고 y 가 데이터 벡터이면 다음과 같이 정리 할 수 있다.

$$p(\theta, y) = p(\theta) p(y|\theta) = p(y) p(\theta|y)$$

여기서,

$$p(\theta|y) = \frac{p(\theta) p(y|\theta)}{p(y)}$$

$$= (\text{prior for } \theta) \frac{p(y|\theta)}{p(y)}$$

$$= \text{posterior probability function of } \theta$$

혼합선형 모형에서 분산을 알고, 고정효과(b)와 상가적유전가(a)를 바탕으로 자료의 조건부 분포(conditional distribution)는 다음과 같이 표

현할 수 있다.

$$y|b, a, \sigma_e^2 \sim N(Xb + Za, I\sigma_e^2)$$

X와 Z는 자료에 대한 b와 a에 관한 계획행렬이며, I는 항등행렬이고 σ_e^2 는 잔차분산이다. 개체를 표본 추출한 기초집단은 유전자형이 Hardy-Weinberg 평형 및 연관평형 상태에 있는 것으로 가정하고 유전적인 변이는 무수히 많은 상가적(비 상가적)인 유전자좌의 합으로 나타난다고 가정한다. 그러면 a의 분포 또한 다변량 정규분포하게 된다.

$$a|A, \sigma_a^2 \sim N(0, A\sigma_a^2)$$

여기서 A와 σ_a^2 는 각각 기초집단의 상가적 혈연 계수행렬과 상가적 유전분산이다. 따라서 우리가 추론하고자 하는 모수는 b, a, σ_a^2, σ_e^2 이다. Bayesian 분석을 하기위해, b, σ_a^2, σ_e^2 의 사전분포가 명확히 설명되어야 한다. 명확하지 않은 사전분포에 대한 개념을 근사 시키는 b에 대한 사전분포로 다음과 같이 가정할 것이다.

$$p(b) \propto \text{Constant}$$

이것은 부적절한 사전 분포이므로 p(b)에 대한 상한과 하한을 설정함으로써 적절하게 만들 수 있다(informative prior).

분산 성분의 사전 분포는 다음과 같은 형태의 균일 분포가 될 수 있다.

$$p(\sigma_i^2) \propto \text{Constant}, \quad 0 \leq \sigma_i^2 < \sigma_{i\max}^2 \quad (i=e,a)$$

여기서 형질의 정보에 따라, $\sigma_{i\max}^2$ 는 σ_i^2 가 가질 수 있다고 생각되는 초기치의 최대값이다. 다른 방법으로 분산 성분에 더욱 정보가 많은 사전분포를 할당할 수도 있으며 척도화된 역카이 제곱 분포라고 가정할 수 있다. 따라서 다음과 같이 정의할 수 있다.

$$p(\sigma_i^2|v_i, S_i^2) \propto (\sigma_i^2)^{-((v_i/2)+1)} \exp\left[-\frac{v_i S_i^2}{2\sigma_i^2}\right]$$

$$(i = a, e)$$

이것을 바탕으로 모형의 모수에 대한 결합 사후분포는 아래와 같이 정의할 수 있으며,

$$p(b, a, \sigma_a^2, \sigma_e^2 | y) \propto p(b, a, \sigma_a^2, \sigma_e^2) p(y | b, a, \sigma_a^2, \sigma_e^2) \\ = p(b) p(a | \sigma_a^2) p(\sigma_a^2) p(\sigma_e^2) p(y | b, a, \sigma_a^2, \sigma_e^2)$$

이것을 다시 다음과 같이 정리 할 수 있다.

$$p(b, a, \sigma_a^2, \sigma_e^2 | y) \\ \propto (\sigma_e^2)^{-\left(\frac{n+v}{2} + 1\right)} \\ \exp\left[-\frac{(y - Xb - Za)'(y - Xb - Za) + v_e S_e^2}{2\sigma_e^2}\right] \\ \propto (\sigma_e^2)^{-\left(\frac{q+v}{2} + 1\right)} \exp\left[-\frac{a' A' a + v_a S_a^2}{2\sigma_e^2}\right] \quad (2)$$

② 완전조건부 사후밀도(Fully conditional Posterior Densities)

Gibbs Sampling을 적용하기 위해서는 반드시 완전 조건부 사후분포를 유도해야 하는데 이것은 ② } 식으로부터 유도되어 진다.

$$p(b | a, \sigma_e^2, y) \\ \propto \exp\left[-\frac{(y - Xb - Za)'(y - Xb - Za)}{2\sigma_e^2}\right] \\ \propto \exp\left[-\frac{b' X X b - 2b' X (y - Za)}{2\sigma_e^2}\right] \\ \propto \exp\left[-\frac{[b - (X X)^{-1} X (y - Za)]' (X X) [b - (X X)^{-1} X (y - Za)]}{2\sigma_e^2}\right] \\ \propto \exp\left[-\frac{[(b - \tilde{b})' (X X) (b - \tilde{b})]}{2\sigma_e^2}\right] \quad (3)$$

여기서 $\tilde{b} = (X X)^{-1} X (y - Za)$ 이다. 고정효과 의 완전조건부 사후밀도는 정규밀도에서 비롯 되었다. 그러므로

$$b | a, \sigma_e^2, y \sim N(\tilde{b}, (X X)^{-1} \sigma_e^2)$$

$\alpha = \sigma_e^2 / \sigma_a^2$ 로 하여 임의 효과의 완전조건부 사 후밀도를 구하면

$$p(a | b, \sigma_a^2, \sigma_e^2, y) \\ \propto \exp\left[-\frac{(y - Xb - Za)'(y - Xb - Za)}{2\sigma_e^2} - \frac{a' A^{-1} a}{2\sigma_a^2}\right] \\ \propto \exp\left[-\frac{\left\{a' (Z Z + A^{-1} \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2}) a - 2a' Z (y - Xb)\right\}}{2\sigma_e^2}\right] \\ \propto \exp\left[-\frac{(a - \tilde{a})' (Z Z + A^{-1} \alpha) (a - \tilde{a})}{2\sigma_e^2}\right]$$

여기에서 $\tilde{a} = (Z Z + A^{-1} \alpha)^{-1} Z (y - Xb)$ 이다.

③ } 또한 정규밀도에서부터 출발한다.

그러므로 다음과 같이 쓸 수 있다.

$$a | b, \sigma_a^2, \sigma_e^2, y \sim N(\tilde{a}, (Z Z + A^{-1} \alpha)^{-1} \sigma_e^2)$$

그러나, 각 임의효과 의 조건부 분포는 행렬 을 분할하고 조건부 정규밀도로부터 얻을 수 있다. a 의 i 번째 요소를 a_i 로 정의하고, A^{-1} 의 i 번째 열벡터를 a^{ii} , a^{ii} 가 제거된 A^{-1} 의 i 번째 줄을 a^{-1} 로 하고, a_i 의 i 번째 요소가 없 는 임의 개체효과 의 벡터를 a_{-i} 로 정의한다. 그리고 $X_{(i)}$ 는 행렬 X의 i 번째 열 벡터라고 하 고, y_i 는 관측치로 한다. 그러면 i 번째 개체로 부터

$$a_i | b, a_{-i}, \sigma_a^2, \sigma_e^2, y \sim N\left[\frac{(y_i - X_{(i)} b - a^{-1} a_{-i} \alpha)}{1 + a^{ii} \alpha}, \frac{\sigma_e^2}{1 + a^{ii} \alpha}\right]$$

그리고 만약 i 번째 개체가 측정되지 않으면

$$a_i | a_{-i}, \sigma_a^2, \sigma_e^2, y \sim N\left[\frac{(a^{-1} a_{-i} \alpha)}{a^{ii} \alpha}, \frac{\sigma_e^2}{a^{ii} \alpha}\right]$$

마지막으로 분산성분과 관련하여 분산성분의 조건부 분포는

$$p(\sigma_a^2 | a) \propto (\sigma_a^2)^{-\left(\frac{S^2 + \alpha_a + 1}{2}\right)} \times \exp\left[-\frac{\frac{a' A^{-1} A}{2} + \frac{1}{S_a^2}}{\alpha_a^2}\right]$$

그리고

$$p(\sigma_e^2 | b, a, y) \propto (\sigma_e^2)^{-\left(\frac{n + \alpha_e + 1}{2}\right)} \times \exp\left[-\frac{\frac{(y - Xb - Za)'(y - Xb - Za)}{2} + \frac{1}{S_e^2}}{\sigma_e^2}\right]$$

특히 역카이 제곱분포(IG)를 통하여 다음을 얻을 수 있다.

$$\sigma_a^2 | a \sim IG\left[\frac{r}{2} + \alpha_a, \frac{1}{\frac{a' A^{-1} a}{2} + \frac{1}{\gamma_a}}\right]$$

그리고

$$\sigma_e^2 | b, a, y \sim IG\left[\frac{n}{2} + \alpha_e, \frac{1}{\frac{(y - Xb - Za)'(y - Xb - Za)}{2} + \frac{1}{\gamma_e}}\right]$$

③ Gibbs Sampling Algorithm

다형질 Gibbs Sampler를 실행시키기 위한 알 고리즘은 다음과 같이 정리할 수 있다.

1) σ_a^2 와 σ_e^2 의 초기값을 준다.

- 2) $N(0, A\sigma_a^2)$ 로부터 $p(a|A, \sigma_a^2)$ 에서 임의변량의 실현값인 a^* 를 생성한다.
- 3) $N(Za, I\sigma_e^2)$ 로부터 $p(\theta, y|\sigma_a^2, \sigma_e^2)$ 을 이용하여 임의변량의 실현값인 y^* 를 생성한다.
- 4) $y - y^*$ 를 계산한다.
- 5)
$$\begin{bmatrix} \tilde{b}^* \\ \tilde{a}^* \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ a^* \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + G^{-1} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} X'(y - y^*) \\ Z'(y - y^*) \end{bmatrix}$$
를 계산한다.
- 6) $\tilde{S}_i, (i = a, e)$ 를 계산한다.
- 7) $\sigma_i^2\theta, y \sim \tilde{v}_i, \tilde{S}_i\chi_{v_i}^{-2}, (i = a, e)$ 로부터 분산성분을 추출하고, 혼합모형 방정식의 계수 행렬을 갱신한다.
- 8) 2번으로 돌아가며 체인이 끝날 때 까지 계속 수행한다.

여기에서 임의변량의 실현값을 위첨자 “*”로 나타내었다.

각 형질의 상가적 유전효과에 대한 유전모수 추정은 다형질 모형을 이용하여, Gianola and Fernando(1986), Jensen(1994) 등이 Bayesian Inference를 바탕으로 한 Gibbs Sampling 방법으로 프로그래밍된 GIBBSF90(Misztal, 2001)을 이용하였으며, Gibbs sampling을 각 parameters에

대하여 100,000번 samples을 취하였고 초기 1,000 samples을 Burn-in period로 간주하여 사후 분석에서 제외하였다. 그리고 매번 5번째의 값을 취하여 분석에 이용하였다.

III 결과 및 고찰

1. 환경요인의 효과

(1) 출생년도 - 계절의 효과

도체형질에 대한 출생년도 - 계절의 효과는 Table 2와 같다. 본 연구에서 조사된 형질들에서 1999년 봄에 배최장근단면적이 다른 년도보다 유의적으로 높게 추정되었다.

도체중은 290.05 ± 2.63 으로 1998년 가을에 가장 낮았으며, 1999년 봄에 유의적일 가장 높게 나타났다. 도체율의 경우에는 2000년 가을에 56.71 ± 0.23 으로 가장 낮았으며, 1996년 가을에 가장 높게 나타났다. 배최장근단면적에서는 1998년 가을에 69.58 ± 0.64 으로 가장 낮았고, 1999년 봄에 80.84 ± 0.68 으로 가장 높게 나타났다. 등지방두께와 근내지방도에서는 1997년 가을과 2000년 가을에 각각 $0.63 \pm 0.02, 2.35 \pm 0.22$ 로 가장 낮게 나타났으며, 1999년 봄과 1997년 봄에 각각 $0.81 \pm 0.03, 3.66 \pm 0.11$ 로 가장 높게 나타났다.

Table 2. Least-square means and standard errors for carcass traits of Hanwoo steers by Year-Season

Year-Season ¹⁾	Carcass weight (kg)	Dressing percent (%)	Eye muscle area (cm ²)	Backfat thickness (cm)	Marbling score
1996 Fall	299.86 ^b ± 3.01	68.74 ^a ± 0.20	73.54 ^{bcd} ± 0.74	0.79 ^a ± 0.03	3.41 ^a ± 0.14
1997 Spring	293.62 ^{bc} ± 2.33	57.95 ^{bc} ± 0.15	73.40 ^{cd} ± 0.57	0.72 ^{bcd} ± 0.02	3.66 ^a ± 0.11
Fall	297.38 ^b ± 2.45	57.78 ^c ± 0.16	75.15 ^b ± 0.60	0.63 ^e ± 0.02	2.90 ^b ± 0.12
1998 Spring	296.05 ^{bc} ± 2.31	57.82 ^c ± 0.15	74.89 ^b ± 0.56	0.66 ^{de} ± 0.02	2.92 ^b ± 0.11
Fall	290.05 ^c ± 2.63	57.89 ^{bc} ± 0.17	69.58 ^e ± 0.64	0.64 ^e ± 0.03	2.68 ^{bc} ± 0.13
1999 Spring	312.18 ^a ± 2.77	57.61 ^c ± 0.18	80.84 ^a ± 0.68	0.81 ^a ± 0.03	2.99 ^b ± 0.13
Fall	298.85 ^b ± 3.17	58.09 ^{bc} ± 0.21	72.46 ^d ± 0.77	0.76 ^{ab} ± 0.03	2.77 ^{bc} ± 0.15
2000 Spring	309.65 ^a ± 2.94	58.31 ^b ± 0.19	75.30 ^b ± 0.72	0.75 ^{abc} ± 0.03	3.34 ^a ± 0.14
Fall	297.85 ^{bc} ± 3.44	56.71 ^d ± 0.23	72.45 ^d ± 0.84	0.74 ^{abc} ± 0.03	2.39 ^c ± 0.16
2001 Spring	297.79 ^{bc} ± 4.58	56.87 ^d ± 0.30	73.63 ^{bcd} ± 1.12	0.72 ^{abcde} ± 0.04	2.35 ^c ± 0.22
Fall	291.45 ^{bc} ± 3.35	57.04 ^d ± 0.22	74.43 ^{bcd} ± 0.82	0.67 ^{cde} ± 0.03	2.42 ^c ± 0.16

¹⁾ Year-Season at slaughter.

* Means with the same letter are not significantly different at P < 0.05.

조(2000)는 도체중은 1996년 봄, 도체율은 1991년 가을, 배최장근단면적은 1996년 봄, 등지방두께는 1995년 가을, 근내지방도는 1990년 봄에 각각 348.85 ± 3.27 , 59.67 ± 0.18 , 86.05 ± 0.88 , 0.724 ± 0.031 , 2.92 ± 0.09 로 보고하였다.

(2) 출생지역의 효과

도체형질에 대한 출생지역의 효과를 분석한 결과는 Table 3과 같다. 한우개량사업소에서 출생한 개체에 대해서는 도체율, 근내지방도가 각각 58.7 ± 0.14 , 2.99 ± 0.10 로 유의적으로 높게 나타났고, 한우개량단지에서 출생한 개체는 도체중, 배최장근단면적, 등지방두께에서 각각 305.09 ± 1.0 , 75.36 ± 0.24 , 0.75 ± 0.01 로 유의적으로 높게 나타났다. 박(1999)이 보고한 자료에서는 한우개량단지에서 각각 $330.81 \pm 1.69\text{kg}$, $82.80 \pm 0.43\text{cm}^2$, $0.490 \pm 0.012\text{cm}$ 로 높게 나타났다고 보고하였는데, 본 연구와는 도체율에서 다소 상이한 결과치를 보였다.

2. 도체형질의 유전모수

(1) 도체형질의 유전력

본 연구에서 Gibbs Sampling법과 REML법으

로 통계적 알고리즘을 서로 달리하여 도체형질의 유전력을 추정한 결과는 Table 4에 제시되어 있다.

Bayesian Inference를 바탕으로 한 Gibbs Sampling 방법을 통하여 추정한 유전력은 도체중, 도체율, 배최장근단면적, 등지방두께, 근내지방도에서 각각 0.29, 0.25, 0.40, 0.42, 0.54로 나타났다. Lee 등(2001)의 연구에서는 각각 0.205, 0.351, 0.330, 0.305, 0.339로 발표를 하였는데, 이는 도체율을 제외한 다른 형질에서 높은 추정치를 보였다. 또, Lee 등(2002)이 발표한 Gibbs Sampling을 이용한 Threshold 개체모형에서 같은 형질로 각각 0.293, 0.407, 0.380, 0.426, 0.425로 보고하였는데, 본 연구와는 도체율에서 0.25보다 높게 추정되었다. 그리고 배최장근단면적과 근내지방도에서는 각각 0.40, 0.54로 보다 높게 추정되었고, 도체중과 등지방두께에서는 유사하게 추정되었다.

도체형질에 대하여 REML 방법으로 추정한 유전력은 도체중, 도체율, 배최장근단면적, 등지방두께, 근내지방도에서 각각 0.28, 0.25, 0.35, 0.39, 0.51로 나타났다. 윤 (2001)이 한우개량단지와 한우개량사업소를 대상으로 한 유전

Table 3. Least-square means and standard errors for carcass traits of Hanwoo steers by Location

Location ¹⁾	Carcass weight (kg)	Dressing percent (%)	Eye muscle area (cm ²)	Backfat thickness (cm)	Marbling score
HIC	$292.13^b \pm 2.1$	$58.7^a \pm 0.14$	$72.95^b \pm 0.51$	$0.68^b \pm 0.02$	$2.99^a \pm 0.10$
HIA	$305.09^a \pm 1.0$	$58.54^b \pm 0.07$	$75.36^a \pm 0.24$	$0.75^a \pm 0.01$	$2.81^b \pm 0.05$

¹⁾ HIC : Hanwoo Improvement Center, HIA : Hanwoo Improvement Complex Area.

* Means with the same letter are not significantly different at $P < 0.05$.

Table 4. Genetic variance(σ_a^2), residual variance(σ_e^2) and heritability(h^2) of carcass traits estimated for the data from Gibbs Sampling and REML.

	Gibbs sampling			REML		
	h^2	σ_a^2	σ_e^2	h^2	σ_a^2	σ_e^2
Carcass weight	0.29	301.01	745.93	0.28	286.5	741.4
Dressing percent	0.25	11.33	33.31	0.25	11.06	32.82
Eye muscle area	0.40	25.11	37.98	0.35	21.48	40.07
Backfat thickness	0.42	0.40	0.55	0.39	0.37	0.57
Marbling score	0.54	1.31	1.10	0.51	1.19	1.15

력은 도체중, 도체율, 배최장근단면적, 등지방두께, 근내지방도에서 각각 0.33, 0.13, 0.36, 0.45, 0.59로 추정 되었는데, 이는 도체중, 등지방두께에서 다소 높게 나타났고, 도체율은 낮았으며, 배최장근단면적과 근내지방도는 유사한 결과를 보였다.

REML방법과 Gibbs Sampling 방법 모두 근내지방도에서는 고도의 유전력이 추정되었고, 도체율에서는 중도의 유전력이 추정되었다.

REML방법과 Gibbs Sampling 방법을 통한 유전력 추정에서 다소 큰 차이는 보이지 않았으나, 비교적 Gibbs Sampling 방법이 REML 방법보다 근소하게 유전력이 높게 추정되었다. 이는 일정 Period 동안 반복 추정하는 Gibbs Sampling 방법을 통한 사전정보 추정의 정확도가 사후밀도 함수에 영향을 미치기 때문인 것으로 사료되어 진다.

(2) 도체형질의 유전상관 및 표현형 상관

Table 5는 도체형질에 대하여 REML 방법과 Gibbs Sampling방법을 통한 유전상관을 제시하였다.

Table 5에 제시된 바와 같이 REML 방법을 통한 유전상관은 도체중과 도체율, 배최장근단면적, 등지방두께, 근내지방도는 각각 0.571, 0.651, 0.138, 0.410로 정의상관을 나타내었고,

도체율과 배최장근단면적, 등지방두께, 근내지방도에서는 각각 0.428, 0.315, 0.153으로 정의상관을 나타냈다. 그리고 배최장근단면적과 등지방두께에서 -0.139로 부의상관을 배최장근단면적과 근내지방도는 0.156로 정의상관을 나타내었다. 등지방두께와 근내지방도의 유전상관은 0.238로 정의상관을 나타내었다.

REML 방법을 통한 유전상관에서 도체중과 배최장근단면적의 유전상관은 윤(2001)이 보고한 0.74보다 낮았으며, 조(2000)이 발표한 0.54보다 높은 정의상관을 보였다. 도체중과 근내지방도의 유전상관을 보면 조(2000)이 보고한 0.04보다 높았으며, Lamb 등(1990)이 Hereford를 연구한 발표자료에서 보고한 0.640 보다 낮은 정의상관을 보였다. 그리고 Park 등(2002)이 보고한 0.07보다 높은 정의 상관을 보였다. 도체율과 근내지방도의 유전상관에서는 Lee 등(2000)이 발표한 0.06보다 높은 정의상관을 보였다. 배최장근 단면적과 등지방두께에서 박(2002)은 0.30으로 정의상관을 보였는데, 본 연구에서는 이와는 상반된 -0.139으로 부의 상관을 보였다.

Gibbs Sampling 방법을 통한 유전상관은 도체중과 도체율, 배최장근단면적, 등지방두께, 근내지방도는 각각 0.814, 0.695, 0.071, 0.417으로 모두 정의상관을 나타내었고, 도체율과 배

Table 5. Genetic correlation coefficients among carcass traits in Hanwoo steers by REML and Gibbs Sampling

	Carcass weight (kg)	Dressing percent (%)	Eye muscle area (cm ²)	Backfat thickness (cm)	Marbling score
Carcass weight		0.571	0.651	0.138	0.410
Dressing percent	0.814 (0.083)		0.428	0.315	0.153
Eye muscle area	0.695 (0.099)	0.438 (0.146)		-0.139	0.156
Backfat thickness	0.071 (0.151)	0.446 (0.125)	-0.126 (0.143)		0.238
Marbling score	0.417 (0.127)	0.149 (0.150)	0.136 (0.144)	0.238 (0.122)	

Genetic correlations by REML are above the diagonal; genetic correlations by Gibbs Sampling are below the diagonal; and the values within parentheses are Monte-Carlo standard deviation for posterior distributions of estimates.

Table 6. Phenotypic correlation coefficients among carcass traits in Hanwoo steers

	Carcass weight (kg)	Dressing percent (%)	Eye muscle area (cm ²)	Backfat thickness (cm)	Marbling score
Carcass weight		0.185	0.570	0.429	0.183
Dressing percent			0.089	0.158	0.185
Eye muscle area				0.147	0.165
Backfat thickness					0.153
Marbling score					

최장근단면적, 등지방두께, 근내지방도에서는 0.438, 0.446, 0.149로 모두 정의상관을 보였다. 배최장근단면적과 등지방두께에서는 -0.126으로 부의상관을 보였고, 등지방두께와 근내지방도에서는 0.238로 정의상관을 나타내었다.

Gibbs Sampling 방법을 통한 유전상관에서는 도체중과 배최장근단면적의 유전상관은 Lee 등(2001)이 보고한 0.262보다 높은 정의상관을 보였고, 배최장근단면적과 근내지방도의 유전상관은 Lee 등(2001)이 보고한 자료와는 상의한 결과치를 나타내었다.

Table 6은 도체형질간의 표현형상관을 나타낸 표이다.

도체중과 도체율, 배최장근단면적, 등지방두께, 근내지방도는 각각 0.185, 0.570, 0.429, 0.183으로 정의상관을 보였고, 도체율과 배최장근단면적, 등지방두께, 근내지방도는 각각 0.089, 0.158, 0.185로 나타났다. 배최장근단면적과 등지방두께, 근내지방도는 각각 0.147, 0.165로 나타났고, 등지방두께와 근내지방도는 0.153으로 정의상관으로 나타났다.

배최장근단면적과 근내지방도의 유전상관에서 Shin 등(1991)과 박(2002)이 보고한 0.06, 0.02보다 높은 정의상관을 보였다.

IV 요약

본 연구는 한우의 도체형질들에 대한 유전적 변이를 분석방법에 따라 어떠한 차이가 있는지를 알아보고자 한우 후대검정자료를 이용하여 분석하였다. 분석에 이용된 도체성적 관련 자료는 가축개량사업소와 한우개량단지에서 1996

년부터 2001년까지 태어난 후대검정우 1526두로부터 조사였다. 한우에 있어서 주요 개량형질인 육량과 육질에 영향을 미치는 도체중, 도체율, 배최장근단면적, 등지방두께, 근내지방도를 대상으로 유전력과 유전상관을 추정하였다. 유전모수 추정에 있어서 REML 분석법과 Bayesian 추론방법으로써 Gibbs Sampling 분석법을 사용하였는데 각각의 모수들에 대한 Gibbs Sampler는 100,000회 실시하였고 초기 1,000회는 모수의 사후분포에 대한 부정확성으로 간주하여 모수의 사후분포특성 규명에서 제외하였다. 각각의 형질들에 대한 유전변이는 이러한 두 가지 분석방법을 상호 비교 함으로써 최적의 통계분석방법을 모색하였다.

도체형질에 대한 유전력 추정은 REML 방법을 통한 추정에서는 근내지방도가 0.51로 고도의 유전력을 보였고, 도체율이 0.25로 중도의 유전력이 추정되었다. Gibbs Sampling 방법을 통한 추정에서도 근내지방도가 0.54로 고도의 유전력을 도체율에서 0.25로 중도의 유전력을 보였다. REML 분석방법과 Gibbs Sampling 분석방법에서의 유전력은 다소 큰 차이는 보이지 않았으나, 대체로 Gibbs Sampling 방법으로 분석한 유전력 추정치가 높게 추정되었다.

그리고, 유전상관분석에서는 REML 방법을 통한 분석에서 도체중과 배최장근단면적에서 0.651로 높은 정의 유전상관을 나타내었고, 배최장근단면적과 등지방두께에서 -0.139로 부의 유전상관을 나타내었다. Gibbs Sampling 방법에서는 도체중과 도체율, 배최장근단면적에서 각각 0.814, 0.695으로 높은 정의 상관을 나타내었고, 배최장근단면적과 등지방두께에서 -0.126

으로 부의상관을 나타내었다. Gibbs Sampling 방법을 통한 분석에서 특정 형질간 유전상관이 높게 나타났으며, 다소 큰 차이를 보이지 않았다.

REML 분석방법과 Bayesian Inference를 바탕으로 한 Gibbs Sampling 분석에서 모수 추정은 큰 차이를 보이지 않았다. 따라서 방대한 현장 정보를 활용하여 보다 정확한 모수 추정을 수행하기 위해서는 분석모형에 대한 계수행렬의 역행렬 계산을 통한 REML 방법의 한계성을 극복할 수 있는 방법으로써 Gibbs Sampling 분석 방법이 가능할 것으로 사료된다.

V 인 용 문 헌

- Gianola, D. and Foulley, J. L. 1983. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. *Genet. Sel. Evol.* 15:201-244.
- Gianola, D. and Fernando, R. L. 1986. Bayesian methods in animal breeding theory. *J. Anim. Sci.* 63:217-244.
- Jensen, J., Wang, C. S., Sorensen, D. A. and Gianola, D. 1994. Bayesian inference on variance and covariance components for traits influenced by maternal and direct genetic effects, using the Gibbs sampler. *Acta. Agric. Scand.* 44:193-201.
- Lee, D. H. and Bertrand. J. K. 2001. Comparison of Genetic Parameter Estimates for Carcass Traits According to Modeling with REML and Gibbs sampling in Korean Cattle. *J. Anim. Sci. & Technol.(kor.)* 43(1):23-34.
- Lee. D. H. 2002. Investigation of Biases for Variance Components on Multiple Traits with Varying Number of categories in Threshold Models Using Bayesian Inferences. *Asian-aust. J. Anim. Sci.* Vol 15, No. 7:925-931.
- 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. (kor.)* 43(1):9-22.
- Park. C. J. and Park. Y. I. 2002. Estimation of Eeetic Correlations for the Growth and Carcass Traits in Hanwoo. *J. Anim. Sci. & Technol.(Kor.)* 44(6):685-692.
- Shin, O. Y., lee, M. G. and Lee, D. H. 1991. Studies on the sire evaluation methods in Korean native cattle. I. Estimation of genetic parameters for growth and carcass traits. *Korean J. Anim. Sci.* 33:817-822.
- Van Tassell, C. P. and Casella, G. 1995. Effects of selection on estimates of variance components using Gibbs sampling and restricted maximum likelihood. *J. Dairy Sci.* 78:678-692.
- Van Tassell, C. P. and Van Vleck, L. D. 1996. Multiple-trait Gibbs samplers for animal models: Flexible programs for Bayesian and likelihood-based(co) variance component inference. *J. Anim. Sci.* 74:2586-2597.
- 박철진, 1999, 한우의 성장 및 도체형질에 대한 유전모수 및 유전적 변화추세의 추정에 관한 연구. 서울대학교 박사학위 논문.
- 박철진. 2002. 한우의 성장형질과 도체형질에 대한 유전상관 추정. *동물자원지* 44(6):685-692.
- 신언익, 김종복, 한광진, 박영일. 1990a. 한우의 경제형질에 대한 환경요인의 효과. *한축지.* 32(4): 184-198.
- 신언익, 김종복, 한광진, 박영일. 1990b. 한우의 경제형질에 대한 환경요인의 효과. *한축지.* 32(4): 190-197.
- 윤호백. 2001. 거세와 비거세 한우의 경제형질에 대한 유전모수와 육종가 추정. 서울대학교 박사학위 논문.
- 조용민. 2000. 한우의 성장곡선모수 추정 및 경제형질과의 상관관계에 관한 연구. 서울대학교 박사학위 논문.

(접수일자 : 2004. 7. 12. / 채택일자 : 2004. 9. 17.)