

MTDFREML 방법과 Gibbs Sampling 방법에 의한 한우의

육질형질 유전모수 추정

김내수* · 이증재* · 주종철**

충북대학교 농업생명환경대학 축산학과*, 천안연암대학**

Estimation of Genetic Parameter for Carcass Traits According to MTDFREML and Gibbs Sampling in Hanwoo(Korean Cattle)

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

Department of Animal Science, Chungbuk National University, Korea*,

Department of Animal Husbandry, Cheonan Yonam College, Korea**

ABSTRACT

The objective of this study was to compare of genetic parameter estimates on carcass traits of Hanwoo(Korean Cattle) according to modeling with Gibbs sampler and MTDFREML. The data set consisted of 1,941 cattle records with 23,058 animals in pedigree files at Hanwoo Improvement Center. The variance and covariance among carcass traits were estimated via Gibbs sampler and MTDFREML algorithms. The carcass traits considered in this study were longissimus dorsi area, backfat thickness, and marbling score. Genetic parameter estimates using Gibbs sampler and MTDFREML from single-trait analysis were similar with those from multiple-trait analysis. The estimated heritabilities using Gibbs sampler were .52~.54, .54~.59, and .42~.44 for carcass traits. The estimated heritabilities using MTDFREML were .41, .52~.53, and .31~.32 for carcass traits. The estimated genetic correlation using Gibbs sampler and MTDFREML of LDA between BF and MS were negatively correlated as $-.34 \sim -.36$, $-.23 \sim -.37$. Otherwise, genetic correlation between BF and MS was positive genetic correlation as $.36 \sim .44$. The correlations of breeding value for marbling score between via MTDFREML and via Gibbs sampler were 0.989, 0.996 and 0.985 for LDA, BF and MS respectively.

(Key words) : Carcass traits, Korean native cattle, MTDFREML, Gibbs sampler, Genetic parameter)

I. 서 론

외국산 소고기 수입의 자율화에 따른 국내산 한우의 경쟁력 제고를 위하여 한우 생산을 고급육 생산으로 전환하게 됨에 따라 1992년부터 한우의 개량 목표는 산육능력중심에서 육질중심 개량의 방향을 정하고 종모우를 선발하게 되었다. 도체형질 중 우리나라의 선발 지수식에 반영하고 있는 형질은 배장근 단면적(longissimus

dorsi area, LDA)과 상강도(marbling score, MS)이며, 등지방 두께(backfat thickness, BF)는 효율적 한우 생산을 위한 주요한 요소로서 작용하고 있다. 외국에서도 90년대 초부터 육우의 배장근 단면적, 등지방 두께 및 상강도(marbling score)와 같은 도체형질에 대한 유전적 개량에 관심을 갖게 되었다. 유전적 개량을 위한 육종 계획을 설립하기 위해서는 유전력 및 유전상관의 추정이 반드시 수반되어야 한다. 그리고 수

Corresponding author : Nae-Soo Kim, Department of Animal Science, Chungbuk National University, 12 Gaeshin-dong, Cheongju, Chungbuk, Korea 361-763

Tel : 043-261-2548, Fax : 043-273-2240, E-mail : rvaukim@chungbuk.ac.kr

많은 연구에서 도체형질에 대한 유전력 및 유전상관 추정치를 보고하였다(Koots 등, 1994a; Koots 등, 1994b; Marshall., 1994; Lee 등, 2000; Lee 등, 2001).

그러나, 가축육종에 포함되는 많은 개량 형질들은 연속적인 것과 비연속적인 것으로 나눌 수 있다. 현재까지 육질 개량의 주요 대상이 되는 형질에 대한 유전 분석은 선형의 정규분포로 간주하고 REML방법에 의해서 많이 실시되어왔다. 그런데, 도체형질의 상강도(marbling score)와 같은 형질은 연속적인 범주형 자료(categorical data)에 속한다. 근년에 이러한 범주형 내지는 정규분포에 근사하지 않는 자료를 분석하고 유전적 모수를 추정하기 위한 대안으로서 Gibbs Sampling algorithm이 제시되었고, Gibbs sampler에 의한 유전 능력 추정 분석 방법들에 대한 연구는 Gianola와 Fouley(1983), Varona 등(1999) 등에 의하여 수행되었다. Gibbs sampler에 의한 방법은 정규 분포하는 잠재변수가 존재한다는 가정 하에 Gibbs sampling algorithm을 응용한 분석방법이다.

그리하여 LDA, BF 및 MS 등의 도체형질 자료를 기존의 선형의 정규분포로 가정한 REML 분석방법과 Gibbs sampling algorithm을 이용한 분석방법으로 유전모수를 추정하여 비교하고자 본 연구를 수행하였다.

II. 재료 및 방법

1. 공시 재료 및 조사 항목

공시자료는 농협중앙회 한우개량부의 한우 종모우 선발 자료와 비육 시험 자료를 이용하였다. 한우 검정 자료 중 제일성을 유지하기 위하여 13차 후대 검정 자료에서부터 22차 검정 자료(1985~1998년 까지의 한우개량자료)만 이용하였으며, 분석에 이용된 자료는 총 1,941두이며 이들의 혈연관계를 파악하기 위한 혈통 자료 23,058두의 혈연 자료를 이용하였다. 자료의 year-season 별, group(후대검정과 비육 시험) 과 거세 여부에 의한 자료 구성은 Table 1에서 보는 바와 같다. Table 1에서 보는 바와 같이

Table 1. Assay of data analysed

Herd (year-season)	Progeny/ beef	Castrate		Herd total
		no	yes	
912	progeny	138	0	138
	beef	0	0	
921	progeny	128	0	128
	beef	0	0	
922	progeny	167	0	169
	beef	2	0	
931	progeny	189	0	189
	beef	0	0	
932	progeny	184	0	208
	beef	24	0	
941	progeny	184	0	279
	beef	54	41	
942	progeny	141	0	226
	beef	41	44	
951	progeny	146	0	265
	beef	57	62	
952	progeny	144	0	174
	beef	26	4	
961	progeny	146	0	165
	beef	19	0	
total	progeny	1,567	0	1,567
	beef	223	151	
Grand total		1,790	151	1,941

후대 검정 자료가 1,790두, 비육 시험 자료가 151두 이며, 이중 비거세우가 1,567두, 거세우가 374두 이며 각 year-season 별 자료는 120두에서 260두 정도로 분포되어 있다.

본 연구에서 조사된 형질은 배장근 단면적(longissimus dorsi area, LDA), 등지방 두께(backfat thickness, BF)와 상강도(marbling score, MS)이었으며, 측정 방법은 다음과 같다.

배장근 단면적은 최후 흉추와 제 1요추 사이를 척추골과 직각이 되게 절개한 후 최후 흉추 쪽의 면적을 면적자로 측정하였고, 등지방 두께는 배장근 단면적 측정 부위에서 척추쪽으로 2/3안쪽으로 들어간 지점에서 측정 하였으며, 상강도는 배장근 단면적 측정 부위에서 지방침착도를 기준표(1 = 지방침착이 거의 없음, ..., 5 = 지방침착이 매우 많음)와 비교하여 육안으로 측정하였다.

2. 분산 성분과 유전 모수의 추정을 위한 통계적 모형

Gibbs sampler 및 MTDFREML 방법에 의한 분산 성분과 유전 모수 추정을 위한 혼합모형식은 아래와 같다.

$$y = X\beta + Zu + e$$

여기에서, β 는 고정효과 벡터로서 year-season, 사육구분(비육/후대검정) 및 거세여부가 포함되었고, X 는 관측치의 존재에 관한 행렬이며, u 는 임의효과의 벡터이고, Z 는 임의효과에 관한 존재 벡터이며, e 는 나머지 효과이다. 한편 이들의 기대값(E)과 분산(V)은 다음과 같다.

$$E \begin{bmatrix} y \\ u \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \text{이고, } V \begin{bmatrix} y \\ u \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Z\sum Z + R\sum R & & \\ \sum Z & \sum 0 & \\ R & 0 & R \end{bmatrix}$$

이다.

Gibbs sampler 및 MTDFREML 방법에 의한 분산 성분과 유전 모수 추정은 단형질(single-trait)에 의한 추정과 다형질(multiple-trait)에 의한 추정 등 두 방법을 이용하였고, 자료의 분석은 MTDFREML(Boldman 등, 1995)과 MTGSAM (Van Tassell 과 Van Vleck, 1995) package program을 이용하였다.

3. Gibbs sampling algorithm

양적 유전에서 관측된 자료 y 의 조건부 분포는 b 와 a 가 주어진 조건에서의 다변량 정규분포이다. 즉,

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

prior distribution으로서 b 와 σ_i^2 는 상수로 간주한다. 즉,

$$p(b) \sim \text{constant}$$

$$p(\sigma_i^2) \propto \text{constant}$$

이에 Gibbs sampler를 적용하기 위하여 full conditional posterior distribution을 유도하여야 한다. MME에서

$$Xb + Za = W\theta \text{이고}$$

$$\Sigma = \begin{pmatrix} 0 & 0 \\ 0 & A^{-1}k \end{pmatrix}$$

여기에서 $k = \sigma_e^2/\sigma_a^2$ 이다.

$\theta' = (b' a')$ 의 조건부 사후분포(conditional posterior distribution)는 다음과 같고,

$$\theta | \sigma_a^2, \sigma_e^2, y \sim N(\hat{\theta}, C^{-1}\sigma_e^2)$$

여기에서 $C = W'W + \Sigma$

$\hat{\theta}$ 는 다음을 만족한다.

$$C\hat{\theta} = W' y$$

b_i 의 조건부 사후분포(conditional posterior distribution)를 유도하면

$$(x'_i x_i)\hat{b}_i = (x'_i y) - (x'_i X_{-i} b_{-i}) - (x'_i Za) \text{이 되고}$$

$$\text{결국 } \hat{b}_i = (x'_i x_i)^{-1} x'_i (y - X_{-i} b_{-i} - Za) \text{이 된다.}$$

III. 결과 및 고찰

1. 자료의 기초통계

자료 분석에 이용된 양적형질의 기초 통계는 Table 2에 제시되어 있다. 공변량으로 이용한 도체중과 분석에 이용된 종속 변수들은 도체형질에 관한 것 중 배장근 단면적(longissimus dorsi area), 등지방 두께(backfat thickness)와 상

Table 2. Basic statistics of traits concerned

	Carcass weight(kg)	Longissimus dorsi area(cm ²)	Back fat thickness(mm)	Marbling score
No. of observation	1935	1926	1933	1941
Mean	325.48	80.80	0.56	1.78
S.D.	39.45	9.73	0.36	1.18
Skewness	-0.11	0.18	2.06	1.41
Kurtosis	-0.05	-0.05	5.88	0.87
CV	12.12	12.04	65.20	66.16
Normality	0.98	0.98	0.80	0.68
Pr.< W	0.0096	0.0001	0.0001	0.0001

강도(marbling score) 등이다. Table 2에서 보는 바와 같이 모든 형질이 대칭성을 나타내는 skewness와 첨도를 나타내는 kurtosis의 값이 받아들일 수 있는 한계에 있으며, 정규분포 검사에 있어서도 또한 모든 형질이 정규분포를 하고 있는 것으로 나타났다. 특히 분류적 자료(categorical data)인 상강도도 현재 도체 등급에서 이용되고 있는 3등급을 5등급으로 세분하여 표시한 결과 정규분포에 근사하고 있는 것으로 나타났다. 다만 등지방 두께와 상강도는 도체 중과 배장근에 비해 평균과 표준 편차의 비인 변동계수가 상당히 높게 나타나 상대적으로 변이가 큰 것으로 파악되었다.

2. 분산 성분 구성 및 유전력 추정

Gibbs sampler 및 MTDFREML 방법에 의한 분산 성분과 유전 모수 추정은 단형질에 의한 추정(Table 3)과 다형질(multiple-trait)에 의한 추정(Table 4) 등 두 방법을 이용하였다. 분산 성분을 추정한 결과 단형질에 의한 추정치에 비하여 다형질에 의한 추정치가 약간 높게 추정되었으나, 유전력 추정치는 거의 변함이 없었다. 그러나 Gibbs sampler에 의한 추정의 경우 상가적 유전 분산이 MTDFREML 추정치에 비하여

모든 형질과 단형질, 다형질 추정치에서 모두 높게 추정되었으나, 환경 분산의 경우는 Gibbs sampler에 의한 추정치가 낮게 추정되어 유전력 추정치에 있어서는 추정방법에 따라 상대적으로 큰 편차를 나타내고 있다.

MTDFREML방법에 의한 LDA, BF 및 MS에서 각각 단형질 및 다형질 유전력 추정치는 0.41(0.41), 0.52(0.53) 및 0.32(0.31)로 나타났다. Utrera와 Van Vleck(2004)이 1962년부터 2004년의 논문으로부터 종합적인 리뷰한 내용에 따르면 LDA, BF 및 MS에서 유전력 추정치의 평균은 0.40, 0.36 및 0.37이었고, Koots 등(1994a)이 1945년부터 1991년의 논문으로부터 종합적인 리뷰한 내용에 따르면 0.41, 0.46 및 0.36이고, Marshall(1994)이 리뷰한 내용에 따르면 각 도체형질의 유전력 추정치가 0.35가 넘는다고 하였다. 이는 본 연구에서 추정한 유전력과 비교해보면, LDA는 비슷한 수준을 보였으나, BF에 대해서는 높게 추정되었으며, MS에 대해서는 다소 낮게 추정되었다. Lee 등(2000)이 추정한 유전력은 LDA, BF 및 MS에서 0.33~0.39, 0.31 및 0.36~0.38이고, Lee와 Bertrand(2001)가 추정한 유전력은 0.342~0.391, 0.310~0.341 및 0.362~0.376으로서 LDA와 BF에 대해서는 높게 추정되었고, MS에 대해서는 다소 낮게 추정

Table 3. Estimates of genetic and environmental variance and heritability estimated from single trait

	LDA*			Backfat thickness			Marbling score		
	σ_A^2	σ_E^2	h^2	σ_A^2	σ_E^2	h^2	σ_A^2	σ_E^2	h^2
MTDFREML	21.28	29.99	0.41	0.039	0.036	0.52	0.21	0.45	0.32
Gibbs sampler	27.30	25.47	0.52	0.046	0.031	0.59	0.29	0.40	0.42

* *Longissimus dorsi* area

Table 4. Estimates of genetic and environmental variance and heritability estimated from multiple traits

	LDA*			Backfat thickness			Marbling score		
	σ_A^2	σ_E^2	h^2	σ_A^2	σ_E^2	h^2	σ_A^2	σ_E^2	h^2
MTDFREML	21.0	30.18	0.41	0.040	0.035	0.53	0.21	0.45	0.31
Gibbs sampler	28.90	24.60	0.54	0.048	0.029	0.54	0.30	0.38	0.44

* *Longissimus dorsi* area

되었다.

Gibbs Sampler에 의한 단형질 및 다형질 유전력 추정치는 각각 0.52(0.54), 0.59(0.54) 및 0.42(0.44)로 나타났다. Lee와 Bertrand(2001)가 본 연구와 같은 알고리즘으로 추정된 유전력은 LDA, BF 및 MS에서 0.330~0.332, 0.305~0.367 및 0.339~0.362으로서 본 연구의 유전력 추정치가 모든 도체형질에 대해서 높게 추정되었다. 윤 등(2002) 역시 같은 알고리즘으로 추정된 유전력은 0.34, 0.49 및 0.74로서 LDA와 BF에 대해서는 본 연구의 유전력 추정치가 높게 추정되었지만, MS에 대해서는 윤 등(2002)이 보고한 유전력보다 본 연구가 다소 낮게 추정되었다. 단형질과 다형질 모두 Gibbs sampler에 의한 유전력 추정치가 MTDFREML 방법에 의한 추정치 보다 약 0.1정도 높게 추정되었으며 그 편차도 약간 더 커졌다.

3. 도체 형질 간 유전 및 환경 공분산

Table 5에는 도체 형질 간 유전 및 환경 공분산 추정치를 나타내고 있으며 Table 6에는 도체 형질 간 MTDFREML과 Gibbs sampler 방법에 의한 유전 및 환경 상관 추정치를 나타내고 있다. MTDFREML 방법과 Gibbs sampler 방법을 통한 유전상관은 LDA와 BF, MS는 각각 -0.36(-0.34), -0.37(-0.23)로 부의 상관을 나타내었고, BF과 MS에서는 0.44(0.36)로 정의 상관을 나타내었다. LDA와 BF, MS에 대한 유전상관은 Lee와 Bertrand(2001)가 제시한 -0.020(-0.079), -0.099(-0.140) 보다 본 연구의 유전상관 추정치가 높은 부의 상관을 나타내었고, BF과 MS 간에는 0.475(0.421)로서 비슷한 수준을 보여주었다. 이는 표에서 보는 바와 같이 공분산량은 Gibbs sampler 방법에 의한 추정치와 MTDFREML 방법에 의한 추정치 간에 차이가 거의 없었으나 유전 및 환경 상관 계수 추정치는 MTDFREML 방법에 의한 추정치가 Gibbs sampler에 의한 추정치에 비하여 약간 높게 추정되었는데 이는 분산 추정량에서의 차이에 기인된 것이다.

Table 5. Genetic and environmental covariance among carcass traits**

	LDA*	Backfat thickness	Marbling score
LDA*		-0.150	0.550
		-0.097	0.470
Backfat thickness	-0.330		0.003
	-0.400		0.002
Marbling score	-0.760	0.040	
	-0.670	0.040	

* *Longissimus dorsi* area.

** upper estimates from MTDFREML and lower ones from Gibbs sampler upper diagonal represent environmental covariance and lower diagonal genetic covariance.

Table 6. Genetic and environmental correlations among carcass traits**

	LDA*	Backfat thickness	Marbling score
LDA*		-0.14	0.15
		-0.11	0.16
Backfat thickness	-0.36		0.03
	-0.34		0.01
Marbling score	-0.37	0.44	
	-0.23	0.36	

* *Longissimus dorsi* area.

** upper estimates from MTDFREML and lower ones from Gibbs sampler upper diagonal represent environmental correlations and lower diagonal genetic correlation.

4. Gibbs sampler와 MTDFREML 방법에 의한 육종가 추정치의 상관

Table 7에는 Gibbs sampler와 MTDFREML 방법에 의한 육종가 추정치와 개수 및 평균 그리고 최대, 최소치를 표시하였다. Gibbs sampler와 MTDFREML 방법에 의하여 추정된 각 개체의 도체 형질에 대한 육종가 추정치의 상관성을 추정하기 위하여 각 형질 별로 육종가 추정치를 평균 100, 표준편차 10으로 표준화하고,

Table 7. Mean estimates of additive genetic effects of carcass traits

Variable*	N	Mean	S.D.	Minimum	Maximum
MLDA	11812	-0.0969	1.9172	-10.6479	12.4145
MLFAT	11812	-0.0031	0.0910	-0.4432	0.7870
MLMS	11812	0.0169	0.1940	-0.9266	1.4079
GLDA	12526	-0.1039	2.2304	-13.2756	14.4690
GFAT	12526	-0.0022	0.0992	-0.5024	0.9325
GMS	12526	0.0198	0.2322	-1.2974	1.7206

* MLDA : breeding values of LDA estimated by MTDFREML,
 MLFAT : breeding values of back fat thickness estimated by MTDFREML
 MLMS : breeding values of marbling score estimated by MTDFREML
 GLDA : breeding values of LDA estimated by Gibbs sampler
 GFAT : breeding values of back fat thickness estimated by Gibbs sampler
 GMS : breeding values of marbling score estimated by Gibbs sampler

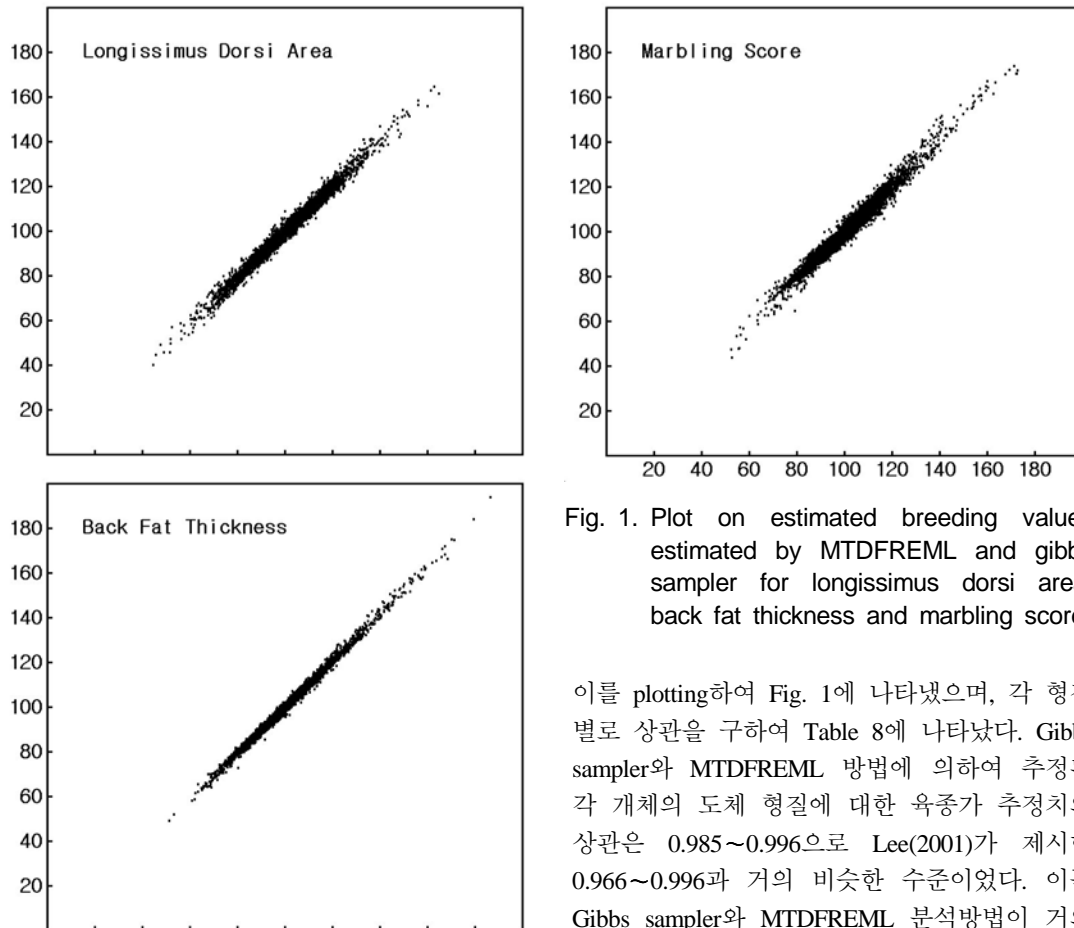


Fig. 1. Plot on estimated breeding values estimated by MTDFREML and gibbs sampler for longissimus dorsi area, back fat thickness and marbling score.

이를 plotting하여 Fig. 1에 나타냈으며, 각 형질 별로 상관을 구하여 Table 8에 나타냈다. Gibbs sampler와 MTDFREML 방법에 의하여 추정된 각 개체의 도체 형질에 대한 육종가 추정치의 상관은 0.985~0.996으로 Lee(2001)가 제시한 0.966~0.996과 거의 비슷한 수준이었다. 이는 Gibbs sampler와 MTDFREML 분석방법이 거의

Table 8. Correlation between breeding values estimated by Gibbs sampler and MTDFREML

	LDA	FAT	MS
correlation	0.9899	0.9959	0.9851
p < 0	0.0001	0.0001	0.0001

유사한 결과를 보여주고 있으나 완전히 일치하지는 않음을 나타낸다.

LDA 형질에 대한 MTDFREML과 Gibbs sampler에 분석방법에 의한 육종가 추정치의 상관관계는 Lee(2001)가 제시한 AI-REML과 TM-GIBBS에 의한 육종가 추정치의 상관관계보다 편차 및 최소, 최대값이 다소 크게 나타났고, BF와 MS 형질에 대해서는 본 연구 결과의 편차 및 최소, 최대값이 적게 나타났다. 동일 형질의 경우 Gibbs sampler에 의한 추정치가 MTDFREML에 의한 추정치에 비하여 약간 크게 나타났다. 이는 Lee(2001)가 제시했던 결과와 동일하게 나타났다.

IV. 요약

본 연구는 Gibbs sampler와 MTDFREML 방법에 의해서 한우 도체형질의 유전력 및 유전(공) 분산을 단형질 및 다형질 개체모형을 가지고 추정하고 비교 하였다. 배장근단면적(longissimus dorsi area), 등지방 두께(backfat thickness), 상강도(marbling score)의 유전 모수를 추정하였으며, 분석에 이용된 자료는 총 1,941두 이고, 혈연계수를 구하기 위한 혈통 자료는 23,058두를 이용하였다. 도체형질에 대한 유전력 추정 시 단형질과 다형질 개체모형에 의한 편차는 크게 나타나지 않았다. 단형질 개체모형에서 Gibbs sampler 방법을 이용한 추정에서는 LDA, BF 및 MS에서 각각 0.52, 0.59 및 0.42로서 고도의 유전력을 보였다. MTDFREML 방법을 통한 추정 시에는 LDA 0.41, BF 0.52로서 고도의 유전력을 보였으며, MS는 0.32로서 중도의 유전력을 보였다. 분석 방법에 의한 유전력 추정은 Gibbs sampler에 의한 방법이 MTDFREML에 의한 방법

에 비해서 0.1정도 높게 추정되었다. MTDFREML 방법과 Gibbs Sampler 방법에 의한 도체 형질 간의 유전상관은 LDA와 BF, MS 간에는 모두 부의 상관을 보였고, BF와 MS에서는 정의 상관을 보였다. MTDFREML과 Gibbs Sampler에서 이들의 분석 방법 간에 육종가 추정치에 대한 상관관계수는 LDA와 BF에서는 0.989 이상의 높은 추정치를 보였으나, MS에 대해서는 이보다 다소 낮은 0.985를 나타내었다. 그리하여, 상강도(marbling score)와 같은 범주형 자료에 대한 유전분석은 기존의 선형의 정규분포를 가정한 REML방법에 의한 것 보다 범주형 모형을 설정하여 Gibbs sampling algorithm을 응용한 분석 방법이 더 적합할 것으로 사료된다.

V. 사 사

본 연구는 충북대학교 학술연구지원(2004) 사업비의 지원 하에 이루어졌으며, 연구비 지원에 감사를 표한다.

VI. 인용 문헌

1. 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. A set of program to obtain estimates of variances and covariances. ARS, USDA, Washington DC.
2. Gianola, D. and Fouley, J. L. 1983. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. Genet. Sel. Evol. 15:201-244.
3. Koots, K. R., Gibson, J. P., Smith, C. and Wilton, J. W. 1994a. Analyses of published genetic parameter estimates for beef production traits. 1. Heritability. Anim. Breed. Abstr. 62:309-338.
4. Koots, K. R., Gibson, J. P., Smith, C. and Wilton, J. W. 1994b. Analyses of published genetic parameter estimates for beef production traits. 2. Phenotypic and genetic correlations. Anim. Breed. Abstr. 62:825-853.
5. 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.
6. Lee, D. H. 2001. Comparison of genetic evaluations for weaning weight and carcass traits using threshold model with bayesian inference and AI-REML in Hanwoo(Korean Cattle). *J. Anim. Sci. & Technol. (Kor.)* 43(3):277-292.
 7. Lee, J. W., Choi, S. B., Kim, J. S., Keown, J. F. and Van Vleck, L. D. 2000. Parameter estimates for genetic effects on carcass traits of Korean Native Cattle. *J. Anim. Sci.* 78:1181-1190.
 8. Marshall, D. M. 1994. Breed differences and genetic parameters for body composition traits in beef cattle. *J. Anim. Sci.* 72:2745-2755.
 9. Utrera, A. R. and Van Vleck, L. D. 2004. Heritability estimates for carcass traits of cattle: a review. *Genet. Mol. Res.* 3(3):380-394.
 10. Van Tassell, C. P. and Van Vleck, L. D. 1995. A Manual for Use of MTGSAM. A Set of Fortran Programs to Apply Gibbs Sampling to Animal Models for Variance Component Estimation[DRAFT]. U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service.
 11. 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.* 77:1944-2002.
 12. 윤호백, 김시동, 나승환, 장은미, 이학교, 전광주, 이득환. 2002. 거세한우의 도체형질에 대한 유전 모수 추정. *한국동물자원과학회지* 44(4):383-390. (접수일자 : 2006. 4. 24. / 채택일자 : 2006. 5. 25.)