

## 사육농가의 효과가 한우 암소의 도체형질 유전 평가에 미치는 영향

이창우<sup>1</sup> · 이정목<sup>2</sup> · 이성진<sup>3</sup> · 송영한<sup>3</sup> · 이정구<sup>3</sup> · 김종복<sup>3\*</sup>

<sup>1</sup>강원도축산기술연구센터, <sup>2</sup>평창영월정선축협, <sup>3</sup>강원대학교 동물생명과학대학

## Effects of Raising Farm on Genetic Evaluation for Carcass Traits in Hanwoo Cows

Chang Woo Lee<sup>1</sup>, Cheong Mook Lee<sup>2</sup>, Sung Jin Lee<sup>3</sup>, Young Han Song<sup>3</sup>, Jeong Koo Lee<sup>3</sup> and Jong Bok Kim<sup>3\*</sup>

<sup>1</sup>Gangwon Province Livestock Research Center, <sup>2</sup>Pyongchang-Youngwol-Jungsun Livestock Cooperative Federation, <sup>3</sup>College of Animal Life Sciences, Kangwon National University, 1 Kangwondaehak-gil, Chuncheon-si, Gangwon-do, 200-701, Korea

### ABSTRACT

This research was conducted to analyze the effects of raising farm on the heritability and breeding values of Hanwoo cows for their carcass traits, including cold carcass weight (CWT), back-fat thickness (BFT), eye-muscle area (EMA) and marbling score (MAR). The carcass data and pedigree data were collected from steers raised on Hanwoo farms in Pyeongchang-gun, Gangwon-do, South Korea. Three analytical models were applied for the estimation of heritabilities and breeding values. The first model (model 1) included slaughter house-year-month combination as fixed effects and age at slaughter was fitted as linear and quadratic covariates. The second model (model 2) was similar to model 1, but raising farm was additionally included as random effect. The third model (model 3) was similar to model 1 but farm effects were additionally included as fixed effect. The comparisons between the model 1 and the models including farm effect (model 2 and model 3) revealed that heritability estimates from model 2 or model 3 were smaller to those from model 1 for all carcass traits. Especially, obvious decrease of heritability was observed in CWT where heritability was 0.23 from model 1, 0.15 from model 2 and 0.18 from model 3. The maximum log likelihood of the model 2 and 3 were higher than those of model 1 for all traits. In model 2 that raising farm was included as a random effect, the ratio of farm variance to the total phenotypic variance were ranged from 4% (EMA) to 18% (CWT). Top 10% and bottom 10% of female cows were selected based on the breeding values from model 1, and the Spearman's rank correlation coefficients among models were estimated for each trait within selected group. The correlation coefficients were ranged from 0.57 to 0.95 in top 10% group and from 0.68 to 0.95 in bottom 10% group. These results show that the discrepancies in the rankings of breeding values can be based on the models applied. In conclusion, the results obtained in this study suggest that the herd effect or farm effect should be included in the analytical model when breeding values are estimated with the purpose of improvement of carcass traits of Hanwoo breeding cows.

(Key words : Hanwoo, Carcass trait, Farm effect, Heritability)

### 서 론

최근 우리나라에서 한우 번식용 암소의 유전능력을 향상시키기 위하여 지역별로 한우 사업단을 설립하고 한우 사업단이 주체가 되어 지역단위 한우 암소개량사업을 실시하기 시작했는데 이 사업 중에서도 중요한 분야는 도체 형질에 대한 번식용 암소의 유전능력 평가이다. 번식용으로 이용되고 있는 암소는 자신의 도체 평가를 받을 수 없기 때문에 암소들이 생산한 후손으로부터 조사된 도체형질을 근거로 하여 유전능력을 평가 받는데 후손의 도체성적 뿐만 아니라 후손의 사육환경까지 모두 조사하여 필요한 환경효과에 대한

적절한 보정이 함께 진행되어야만 정확도를 향상시킬 수 있다. 하지만 지금까지 조사된 도축 기록에는 거세우를 사육한 농가에 대한 정보가 없는 것이 다수 나타나고 있다. 거세우를 사육한 농가에 대한 조사가 부실한 이유는 송아지를 생산한 농가와 비육한 농가가 다른 경우 번식농가에 대한 기록만 남아있고 비육농가에 대한 기록은 생략되었거나, 중간 수집상이 구입하여 도축장으로 출하하는 경우 수집상으로부터 비육농가에 대한 정보를 얻을 수 없었거나, 또는 자료를 수집 정리하는 과정에서 부주의로 인해 기록이 누락된 것 등의 원인이 있는 것으로 판단된다.

현실적으로는 가급적 많은 농가에게 필요한 정보를 제공하는 것

\* Corresponding author : Jong Bok Kim, College of Animal Life Science, Kangwon National University, 1 Kangwondaehak-gil, Chuncheon-si, Gangwon-do, 200-701, Korea. Tel: 82-33-250-8624, Fax: 82-33-244-7321, E-mail: Jbkim@kangwon.ac.kr

이 중요하기 때문에 사육농가의 효과가 배제된 분석모델을 이용함으로써 사육농가에 대한 정보가 누락된 자료도 유전분석에 포함하고 있으나 만약 사육농가의 영향이 크게 작용한다면 지금부터라도 한우 암소검정자료 수집에서 사육농가를 정확히 기록하는 조치를 취하고 아울러 분석모형에도 사육농가의 효과를 포함시켜야 한다. 이런 점에서 사육농가를 포함했을 때와 사육농가를 생략했을 때 육종가 추정 결과가 얼마나 달라지는 검토할 필요가 있다.

한편, 사육농가에 대한 효과를 보정하기 어려운 또 다른 이유는 사육농가가 조사되었다 하더라도 거세우 두수가 작은 농가의 점유율이 너무 높은 점을 들 수 있다. 유전능력 평가에 있어서 사육농가의 효과는 도축년도-월 및 도축장소와 함께 동기우 그룹으로 묶어 고정효과로 분석하는 방법 (Rumph 등, 2007. JAS. 85:1120)과 사육농가의 효과를 독립된 고정효과로 포함시키는 방법 (hirooka 등, 1996. JAS. 74:2112)이 널리 이용되고 있지만, 출하두수가 작은 농가의 점유율이 높게 되면 사육농가의 효과를 동기우 그룹으로 묶을 때 빈도가 작은 동기우 그룹이 많이 발생한다. 이런 경우에는 동기우 그룹 당 도축우 두수가 일정 수준 이하인 것들은 제외하고 분석을 진행할 수 있지만 그렇게 되면 많은 정보가 소실됨으로써 유전평가의 정확도가 향상되는 것은 담보하지도 못하면서 유전능력 평가 대상의 범위만 줄이는 결과를 초래하게 된다. 이러한 문제를 해결하는 대안으로 분석모형에 사육농가의 효과를 임의효과로 적합 시킨 후 유전평가를 실시하는 것을 생각해 볼 수 있다. 사육농가의 효과를 임의효과로 적합시키게 되면 전체 분산 중에서 사육농가에 기인하는 부분을 분리해내기 때문에 사육농가의 영향력을 배제한 유전능력 평가결과를 얻는 효과를 기대할 수 있는데, 사육농가의 효과를 임의효과로 포함해서 도체형질에 대한 유전모수를 추정하는 것은 Parkkonen 등 (2000)에 의해서도 보고된 바 있다.

본 연구에서는 유전능력 평가를 위한 통계분석 모형에서 1) 사육농가의 효과를 제거했을 때, 2) 사육농가의 효과를 임의효과로 포함시켰을 때, 그리고 3) 사육농가의 효과를 고정효과로 포함시켰을 때 한우 거세우의 도체중, 등지방두께, 등심면적 및 근내지방도의 유전력에 어떤 차이가 나타나는지 그리고 각각의 방법으로 추정된 유전력에 근거하여 평가한 거세우 어미들의 육종가 순위에서는 어떠한 차이가 있는지를 파악하기 위해서 실시하였다.

## 재료 및 방법

### 1. 도체성적

본 연구에 이용된 자료는 2005년 1월부터 2010년 7월 사이에 강원도 평창한우사업단 관할 한우 사육농가가 비육한 한우 거세우 중에서 도축시 일령이 644일부터 1,200일 사이에 있었던 10,892두의 도체성적을 이용하였다. 도축은 3개 도축장에 진행되었는데 강원도 평창에 소재한 지역 도축장에서 3,926두, 농협 서울 가락동 공판장에서 1,043두, 그리고 농협 부천공판장에서 5,932두가 도축되었다. 도체성적과 관련된 조사항목은 도축장소, 도축년도-월, 개

체등록번호, 아버등록번호, 어미등록번호, 도축일령, 사육농가, 도체중, 등지방두께, 등심면적 및 근내지방도 등 11개였으며 이 중 도체중, 등지방두께, 등심면적 및 근내지방도 등 4개 형질에 대하여 유전력과 육종가 추정을 실시하였는데, 도체중, 등지방두께, 등심면적 및 근내지방도 등의 조사방법 및 절차는 정부에서 고시한 축산물등급판정세부기준 (MFAFF, 2009)에 따라 진행되었다.

Table 1에는 사육 농가를 출하규모별로 몇 개의 계급으로 분류한 후 해당계급에 속하는 농가와 거세우 두수를 정리하여 표시하였다. 도체성적이 수집된 거세우 들은 모두 126두의 아버와 8,280두의 어미로부터 생산되었으며 185 농가에서 사육되었다.

거세우 10,892두를 사육한 농가들의 출하 규모별로 구분해보면 사육규모가 제일 작았던 농가는 1두를 출하한 농가였고 사육규모가 제일 컸던 농가는 594두를 출하한 농가였는데 출하규모가 4두 이하로 작았던 농가는 출하규모가 1두였던 18 농가를 포함하여 모두 61 농가였으며 이들 규모가 작은 농가로부터 출하된 거세우는 전체 10,892두의 1.38%에 불과하였다. 나머지는 출하규모가 5두 이상인 농가에서 출하되었는데 출하규모가 5두 이상인 농가는 124호였고, 이들 농가에서 출하한 거세우 두수는 10,742두였다. 그리고 전체 185 농가 중에서 출하 규모가 100두 이상인 대규모 농가는 19.48%인 36 농가였으며 이들 대규모 농가에서 출하된 거세우는 조사된 전체 거세우 10,892두 중 약 70%인 7,578두였다.

Table 1. Frequency distribution of farm and animals by farm size

Herd size <sup>a</sup>	Frequency		Relative Frequency	
	Farm	Animal	Farm	Animal
1	18	18	9.73	0.17
2	16	32	8.65	0.29
3	8	24	4.32	0.22
4	19	76	10.27	0.70
5~9	21	140	11.35	1.29
10~19	15	209	8.11	1.92
20~49	27	934	14.60	8.58
50~99	25	1881	13.51	17.27
100~594	36	7578	19.46	69.57
total	185	10892	100.00	100.00

<sup>a</sup> Number of steers slaughtered by farm.

### 2. 혈통자료

혈통자료는 도축된 거세우 10,892두를 0 세대로 하여 거세우의 9대 선조까지 추적하여 정리하였는데, 혈통과일에 나타나는 총 개체 수는 22,776두였고 이 중에는 396두의 아버와 11,489두의 어

Table 2. Data structure

Item	Value
Number of:	
Steers with carcass records	10892
Sires in carcass data	126
Dams in carcass data	8280
S - Y - M <sup>a</sup> groups	171
Raising farms	185
Animals in pedigree data	22776
Sires in pedigree data	396
Dams in pedigree data	11489
Generations in pedigree	10
Animals <sup>b</sup> having both sire and dam informations	15652
Animals <sup>b</sup> having sire informations only	6
Animals <sup>b</sup> having dam informations only	6

<sup>a</sup> Slaughter house-year-month contemporary group

<sup>b</sup> Animals in pedigree data

미가 포함되었다(Table 2). 그리고 총 개체 중에 아버지와 어미의 정보를 가지고 있는 것은 15,652두였고 어미의 정보만 가지고 있는 것과 아버지의 정보만 가지고 있는 것은 각각 6두였다.

3. 평균능력

도축우들의 도축시일령과 도체중, 등지방두께, 등심면적 및 마블링에 대한 평균치를 Table 3에 표시하였는데 평균 도축일령은 약 921일이었고 도체중, 등지방 두께, 등심면적 및 마블링에 대한 평균치는 각각 417.47 kg, 13.17 mm, 90.47 cm<sup>2</sup> 및 5.59 등급이었다. 본 연구에 이용된 도축우들의 평균 도축일령 921일은 월령으로 환산할 시 30.7개월령이 되는데 이것은 한국 종축개량협회에서 전국 8개 브랜드 생산지역의 거세우를 대상으로 조사한 29.85개월령 보다 약간 긴 것으로 판단되며, Kim 등(2010)이 홍천 한우 거세우 자료에서 발표한 889일에 비해서도 긴 편인 것으로 판단된다. 그러

나 Won 등(2010)은 강원도 횡성지역 한우 거세우에서 조사한 평균 도축일령을 본 연구의 결과와 비슷한 920일로 보고한 바 있다.

4. 유전모수 및 육종가 추정

동기우 그룹의 형성은 동일한 도축장소, 동일한 도축년도-월에 속하는 개체를 같은 동기우 그룹으로 묶었는데 모두 171개의 동기우 그룹이 형성 되었다(Table 2). 이 중 동기우 그룹당 거세우 기록이 5두 미만인 그룹은 10개였고 1두인 그룹은 전체 그룹의 1.17%인 2개 그룹이었다. 그리고 그룹당 평균 기록 수는 63.70개였다.

한편 동기우 그룹과 사육농가의 수가 독립적으로 분포하는지를 판단하기 위하여 농가당 동기우 그룹의 수를 조사하였는데, 전체 185 농가 중에서 45개 농가가 1개의 동기우 그룹에만 속했고 5개 이상의 동기우 그룹에 속했던 농가는 90개였으며, 가장 많은 62개의 동기우 그룹에 속했던 농가는 1개였다. 그리고 농가당 평균 동기우 그룹의 수는 8.5개였다.

유전력과 육종가 추정은 다음과 같은 세 가지 모형을 이용하여 실시하였다.

**모델 1** : 고정효과로 동기우 그룹효과(171 수준)와 도축시일령의 일차식 및 이차식 회귀항을 적합시키고 임의효과로 상가적 개체 유전 효과와 오차항을 적합시켰다.

**모델 2** : 모델1에 사육농가의 효과(185수준)를 임의 효과로 추가하였다.

**모델 3** : 모델1에 사육농가의 효과(185 수준)를 고정 효과로 추가하였다.

상기 모델을 행렬식으로 표현하면 각각 다음과 같으며, 모델 1과 모델 3;

$$v = Xb + Za + E$$

모델 2;

Table 3. Simple statistics of age at slaughter and four carcass traits(CWT, BFT, EMA and MAR)

Item	MEAN	STD	MIN	MAX	CV
Age at slaughter (day)	921.83	65.88	650	1197	7.15
Cold carcass weight (CWT, kg)	417.47	44.05	225	560	10.55
Back fat thickness (BFT, mm)	13.17	5.35	2	49	40.60
Eye muscle area (EMA, cm <sup>2</sup> )	90.47	9.98	45	141	11.03
Marbling score (MS) <sup>a</sup>	5.59	1.86	1	9	33.34

<sup>a</sup> Scored on a scale 1 (poor) to 9 (best).

$$y = Xb + Z_1q + Z_2a + e$$

위 모델 들에 대한 분산-공분산 구조는 각각 다음과 같다.

모델 1과 모델 3;

$$Var \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

모델 2;

$$Var \begin{bmatrix} \hat{a} \\ q \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_q^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

위 모델 1과 2의 선형모형 행렬식 및 분산-공분산구조에서  $y$ 는 형질별 관측치,  $X$ 는 고정효과  $b$ 에 대한 계획행렬,  $Z$ 는 임의 개체 유전효과  $a$ 에 대한 계획행렬,  $A$ 는 혈연계수행렬,  $I$ 는 대각 성분이 1이고 비대각 성분이 0인 항등행렬(identity matrix),  $\sigma_a^2$ 는 상가적 개체 유전분산, 그리고  $\sigma_e^2$ 는 오차분산이다.

모델 3의 선형모형 및 분산-공분산 구조에서  $y$ 는 형질별 관측치,  $X$ 는 고정효과  $b$ 에 대한 계획행렬,  $Z_1$ 은 임의 사육농가 효과  $q$ 에 대한 계획행렬,  $Z_2$ 는 임의 개체 유전효과  $a$ 에 대한 계획행렬,  $A$ 는 혈연계수행렬,  $I$ 는 대각 성분이 1이고 비대각 성분이 0인 항등행렬(identity matrix),  $\sigma_a^2$ 는 상가적 개체 유전분산,  $\sigma_q^2$ 는 사육농가 분산, 그리고  $\sigma_e^2$ 는 오차분산이다.

모델 2를 적용하여 분석할 때는 기록의 수가 1개인 동기우 그룹도 포함시켰으며, 모델 3을 적용하여 분석을 실시할 때는 거세우 출하두수가 1두인 18개의 사육농가도 포함하였는데 그 이유는 1) 모델 2의 경우 도축기록이 1두인 동기우 그룹은 2개 그리고 모델 3의 경우 사육규모가 1두인 사육농가는 18개로서 전체 거세우 중에서 차지하는 비율이 낮았기 때문에 이들을 포함하더라도 분석결과에 큰 영향을 미치지 않을 것이고, 2) 본 연구의 목적이 사육농가를 포함시켰을 때와 제외 했을 때 나타나는 차이를 밝히는 것인바 사육규모가 작은 농가를 포함시키더라도 본 연구의 목적을 달성하는데 큰 장애가 되지 않을 것이며, 그리고 3) 모델 2나 모델 3의 결과를 모델 1의 결과와 비교할 때는 자료의 크기가 동일한 것이 좀 더 객관적일 것이라는 판단 때문이었다.

각 모델에 근거한 유전력과 육종가 추정은 Meyer (2007)가 개발한 Wombat package를 이용하여 단형질 분석으로 실시했다.

### 5. 암소의 추정 육종가 순위에 대한 모델 간 차이

사육농가의 효과를 분석모형에서 생략했을 때와 사육농가의 효과를 분석모형에 포함했을 때 암소의 추정 육종가 순위에 나타나는 변화여부에 대한 검토는 다음과 같이 실시하였다. 우선 혈통 파일 상에 나타나는 모든 개체(27,226두)에 대해서 형질별로 모델 간 순위 상관 계수를 구하였다. 이어 거세우의 어미 8,280두의 육종가 추정치를 이용하여 모델 1과 모델 2 사이의 순위상관 계수와 모델 1과 모델 3 사이의 순위상관 계수를 형질별로 계산하였다. 그리고

거세우 어미를 모델 1에 근거하여 형질별로 상위 10%와 하위 10%를 선별 한 후 선별된 그룹 내에서 모델 1과 모델 2 사이의 순위상관 계수와 모델 1과 모델 3 사이의 순위 상관 계수를 계산하였다. 순위상관계수 추정을 실시한 후에는 모델 1에 근거하여 상위 10% 그룹으로 선별한 암소들이 모델 2나 모델 3에 근거하여 같은 비율을 선별할 때도 선별된 그룹에 잔존하는 비율을 계산하였고 같은 방법으로 하위 10%에 속한 암소들의 잔존 비율을 계산하였다.

## 결과 및 고찰

### 1. 유전력과 사육농가 분산비율

Table 4에는 도체중, 등지방두께, 등심면적 및 근내지방도의 분산성분 및 유전력을 모형 별로 표시하였다.

사육농가의 효과를 배제한 모델 1에서 도체중, 등지방두께, 등심면적 및 근내지방도의 유전력은 각각 0.23, 0.28, 0.10 및 0.22였고, 사육농가를 임의 효과로 포함시킨 모델 2에서 각각 0.15, 0.25, 0.08 및 0.18 그리고 사육농가를 고정효과로 포함시킨 모델 3에서 각각 0.18, 0.27, 0.08 및 0.21로 나타났다. 그리고 모델 2에서 전체 분산 중 사육농가 분산이 차지하는 비율은 도체중이 18.1%, 등지방두께가 7.2%, 등심면적이 4.3% 그리고 근내지방도가 7.7%였다.

사육 농가를 생략한 모델 1의 유전력 추정치를 사육농가가 포함된 모델 2나 모델 3의 유전력 추정치와 비교해보면 모든 형질에서 모델 1에 의해 추정된 유전력이 모델 2나 모델 3에 의해 추정된 유전력이 더 컸는데, 이러한 차이가 발생한 원인은 분석모형에 사육농가의 효과를 포함함으로써 상가적 개체유전분산과 오차분산이 모두 줄어들었고, 특히 상가적 유전효과가 상대적으로 더 크게 감소하였기 때문이다. 이러한 결과를 볼 때 사육농가의 효과를 분석모형에서 생략한 채로 추정된 유전력은 실제보다 과다 추정되었을 가능성이 있다. 따라서 좀 더 정확한 유전능력 평가를 위해서는 농가효과를 분석모형에 포함시키는 것이 필요한 것으로 판단된다. 또한 모델의 적합도를 판단하는데 이용되고 있는 우도 값(log likelihood value)을 보더라도 모델 1보다는 모델 2나 모델 3의 우도 값이 더 큰 것으로 나타났는데 이것 역시 사육농가를 포함시킨 모델이 본 자료를 분석하는데 더욱 적합할 것이라고 판단하는 근거가 될 수 있다.

한편 본 연구에서 개체 유전분산이나 오차분산은 사육농가 효과가 생략된 모델 1에서 보다는 사육농가 효과를 포함시킨 모델 2나 모델 3에서 작았다. 그러나 전체 분산의 경우에는 사육농가를 임의 효과로 포함시킨 모델 2에서는 모델 1의 전체분산 보다 컸고 사육농가를 고정 효과로 포함시킨 모델 3에서는 모델 1의 전체 분산 보다 작아서 모델 2의 전체분산이 모델 3의 전체 분산보다 더 큰 것으로 나타났다. 모델 2와 모델 3 사이에서 나타나는 전체분산 크기의 차이에 대한 원인 규명에 대해서는 혈통자료의 구조에 대한

Table 4. Variance components, heritability estimated by different models in Hanwoo carcass traits

Traits	Item	Model I	Model II	Model III
CWT	Animal	365.88	268.47	261.02
	Farm		319.50	
	Residual	1219.01	1177.63	1180.98
	Total	1584.89	1765.60	1422.00
	$h^2$	0.23±0.04	0.15±0.03	0.18±0.04
	$q^2$		0.18±0.02	
	log L	-44900.86	-44629.70	-43956.12
BFT	Animal	7.63	7.14	7.04
	Farm		2.02	
	Residual	19.65	19.01	19.041
	Total	27.245	28.173	26.08
	$h^2$	0.28±0.05	0.25±0.04	0.27±0.05
	$q^2$		0.07±0.01	
	log L	-23055.71	-22939.43	-22687.18
EMA	Animal	8.18	7.04	6.45
	Farm		3.77	
	Residual	77.32	76.01	76.03
	Total	85.49	86.82	82.49
	$h^2$	0.10±0.03	0.08±0.02	0.08±0.02
	$q^2$		0.04±0.01	
	log L	-29438.26	-29370.39	-29016.19
MAR	Animal	0.71	0.63	0.64
	Farm		0.263	
	Residual	2.55	2.51	2.48
	Total	3.25	3.40	3.18
	$h^2$	0.22±0.04	0.18±0.04	0.21±0.04
	$q^2$		0.08±0.01	
	log L	-11750.38	-11678.12	-11591.64

$q^2$ : The ratio of fattening-farm variance to total variance

CWT, BFT, EMA and MAR; cold carcass weight, backfat thickness, eye-muscle area and marbling score, respectively.

검토 등을 포함하는 포괄적인 연구가 추가로 필요한 부분인 것으로 판단된다.

본 연구에서 추정된 유전력 들을 한우 능력검정자료를 이용하여 추정한 다른 사람들의 유전력과 비교해보면 대체로 작은 편인 것으로 판단되는데, Roh 등 (2010)은 당대검정 탈락우를 거세 비육시킨 후 평균 일령 930일인 시점에서 도축한 자료에서 추정한 유전력을 도체중 0.34, 등지방두께 0.50, 등심면적 0.39, 근내지방도 0.52로 그리고 후대검정을 마친 거세우를 평균 729일령에 도축한

자료에서 각각의 유전력을 0.33, 0.51, 0.39 및 0.52로 보고하였으며, Hwang 등(2008)은 후대검정용 거세우를 평균 726일령에 도축한 자료에서 추정한 도체중, 등지방두께, 등심면적 및 근내지방도의 유전력을 각각 0.30, 0.44, 0.37 및 0.44로 보고하였다. 그러나 한우 농가로부터 조사된 자료를 이용하여 추정된 유전력들은 Roh 등 (2010)이나 Hwang 등 (2008)이 능력검정자료에서 추정한 것들 보다는 다소 작았는데, Kim 등 (2010)은 강원도 홍천지역 한우 거세우에 대한 도체중, 등지방두께, 등심면적 및 근내지방도의 유전

력 추정치를 각각 0.20, 0.33, 0.07 및 0.25로 보고하였으며, Won 등 (2010)은 강원도 횡성지역 한우 거세우에 대한 유전력 추정치를 각각 0.29, 0.35, 0.24, 및 0.36으로 보고하였고, KAIA (2008)에서는 우리나라 8개 브랜드 사업체에서 조사한 평균 도축월령 29개월의 거세우 자료에서 도체중, 등지방두께, 등심면적, 근내지방도의 유전력을 각각 0.17, 0.21, 0.10 및 0.18로 발표하였다.

우리나라에서 한우 도체형질에 대한 사육농가 분산의 크기를 추정하는 연구 결과는 찾아보기 어려웠지만 우리나라와 유사한 사육환경을 갖추고 있는 것으로 판단되는 일본에서 조사된 연구결과를 보면 Sojo 등 (2006)은 일본 효고현과 돗토리현에서 거래된 흑모화우의 도체중, 등지방두께, 등심면적 및 근내지방도의 사육농가 분산 비율이 효고현 자료에서는 각각 14, 7, 4 및 9% 그리고 돗토리현 자료에서는 각각 9, 6, 3 및 7%였음을 보고하였고, Arakawa 등 (2009)은 일본 흑모화종에서 임의효과로 적합된 사육농가의 분산량을 도체중 499.7 kg<sup>2</sup>, 등지방두께 0.08 cm<sup>2</sup>, 등심면적 4.4 cm<sup>2</sup>, 근내지방도를 0.05 grade<sup>2</sup>로 보고하였는데 이것을 전체분산의 비율로 환산하면 각각 21, 10, 7 및 10%였다. 본 연구에서 모델 2로 추정된 각각의 형질에 대한 사육농가 분산비율 18%, 7%, 4% 및 8%는 Sojo 등 (2006)과 Arakawa 등 (2009)이 일본흑모화종에서 추정된 결과와 비슷한 크기인 것으로 판단된다. 한편 Parkkonen 등 (2000)은 핀란드에서 사육되는 에어셔종과 홀스타인종에 대해 사육농가를 임의효과로 적합시킨 개체모형을 적용하여 분석한 결과 품종이나 성에 따라 도체중에 대한 유전력을 0.07~0.14의 범위로 그리고 사육 농가의 분산 비율은 본 연구에서 추정된 18%에 비해 훨씬 큰 47~57%의 범위를 보고한 바 있다.

2. 육종가의 모델별 평균치

Table 5에는 혈통파일을 구성하는 전체 개체 22,776두와 거세우의 어미 8,280두에 대한 모델별 추정 육종가의 평균치를 형질별로 표시하였다.

전체 자료 22,776두의 경우 모델 2에 의해 추정된 형질별 육종가의 평균치는 도체중, 등지방두께, 등심면적 및 마블링이 각각 1.58, -0.15, 0.22 및 0.12 그리고 모델 1에 의해 추정된 형질별 육종가의 평균치는 각각 1.71, -0.16, 0.23 및 0.12로 나타나서 도체중에서 모델 1에 의한 평균치가 모델 2에 의한 평균치 보다 큰 경향을 보였다. 거세우의 어미 8,280두만을 분류하여 계산한 도체중 육종가의 평균치도 모델 1에서 0.74, 모델 2에서 0.55 그리고 모델 3에서 0.47로 나타나 농가효과를 포함하지 않은 모델 1에서의 평균치가 모델 2나 모델 3에서의 평균치 보다 더 큰 경향을 보였다.

3. 암소 육종가의 모델 간 상관계수

Table 6에는 혈통자료에 나타나는 전 개체 22,776두를 대상으로 하여 형질별로 추정한 육종가의 모델간 순위 상관계수와 더불어 거세우 어미 8,280두를 대상으로 하여 추정한 육종가의 모델 간 순위 상관계수, 모델 1에 근거한 육종가 상위 10%와 하위 10%에 속하는 어미들을 별도로 분리한 후 각 그룹 내에서 모델 간 순위상관계수를 추정한 결과, 그리고 모델 1에 의해 선발된 상위 또는 하위 10%의 어미 들 중에서 동일한 선발비율을 적용하고 모델 2나 모델 3의 육종가에 근거하여 선발한다면 몇 퍼센트가 선발된 그룹에 잔류되는지를 계산한 결과를 표시하였다.

육종가의 모델 간 상관계수를 형질별로 살펴보면 전체 혈통 자료에 있는 22,776두나 거세우 어미 8,280두를 대상으로 추정한 순위상관계수는 큰 차이가 보이지 않았는데, 거세우의 모든 어미를 대상으로 한 자료에서는 모델 1과 모델 2 사이의 상관계수가 0.96~0.99, 모델 1과 모델 3 사이의 상관계수가 0.94~0.98의 범위를 보였다. 그리고 거세우 어미 중에서 모델 1에 근거한 추정 육종가 상위 10%에 해당되는 828두를 대상으로 한 자료에서는 형질별로 모델 1과 모델 2 사이의 상관계수가 0.68~0.95, 모델 1과 모델 3 사이의 상관계수가 0.57~0.91의 범위를 보였으며, 모델 1에 근

Table 5. Means for breeding value (BV, mean ± standard deviation) of all animals in pedigree file and cows of slaughtered steers by model and traits

data set	Traits	Model 1	Model 2	Model 3
All (n=22776)	CWT	1.71±7.70	1.58±6.31	1.46±6.19
	BFT	-0.16±1.24	-0.15±1.16	-0.16±1.15
	EMA	0.23±1.10	0.22±1.00	0.21±0.94
	MAR	0.12±0.35	0.12±0.32	0.12±0.33
Cow <sup>a</sup> (n=8280)	CWT	0.74±6.28	0.55±4.96	0.47±4.82
	BFT	-0.12±1.01	-0.12±0.96	-0.13±0.94
	EMA	0.16±0.85	0.14±0.76	0.12±0.71
	MAR	0.08±0.29	0.07±0.27	0.07±0.28

<sup>a</sup> Dam of steer in the carcass data

CWT, BFT, EMA and MAR; cold carcass weight, backfat thickness, eye - muscle area and marbling score, respectively.

Table 6. Rank correlations between models for all animal (n=22776), all cow (n=8280) and 10% top and 10% bottom cows<sup>a</sup> selected on the breeding values estimated (EBV) by model 1 and percentage of cows in common within selected group

Traits	Comparison	Correlation coefficients				Percentages of cows in common	
		All animal	All cow	Top 10%	Bottom 10%	Top 10% <sup>b</sup>	Bottom 10% <sup>c</sup>
CWT	M1 - M2 <sup>d</sup>	0.95	0.96	0.78	0.75	83.70	81.16
	M1 - M3 <sup>e</sup>	0.94	0.94	0.75	0.68	81.52	78.14
BFT	M1 - M2	0.98	0.98	0.68	0.95	82.00	93.72
	M1 - M3	0.96	0.96	0.57	0.93	77.29	91.43
EMA	M1 - M2	0.98	0.99	0.93	0.93	93.12	90.94
	M1 - M3	0.96	0.96	0.84	0.87	88.29	86.11
MAR	M1 - M2	0.99	0.99	0.95	0.88	92.39	89.01
	M1 - M3	0.98	0.98	0.91	0.79	90.70	85.63

<sup>a</sup> Cows with progeny records

<sup>b</sup> Coincidence percentages of cow among 10% best for cow EBV given by model 1 and 2, and model 1 and 3

<sup>c</sup> Coincidence percentages of cow among 10% worst for cow EBV given by model 1 and 2, and model 1 and 3

<sup>d</sup> Comparison of model 1 with model 2

<sup>e</sup> Comparison of model 1 with model 3

CWT, BFT, EMA and MAR; cold carcass weight, backfat thickness, eye-muscle area and marbling score, respectively

거한 추정 육종가 하위 10%에 해당되는 거세우 어미 828두를 대상으로 한 자료에서는 형질별로 모델 1과 모델 2 사이의 상관계수가 0.75~0.95의 범위를 그리고 모델 1과 모델 3 사이의 상관계수가 0.68~0.93의 범위를 보였다.

한편 모델 1에 근거한 육종가가 상위 10%에 속하는 어미 828두 중에서 모델 2에 근거한 육종가 상위 10%에도 속하는 어미의 비율은 형질별로 82.00~93.12%의 범위였고 모델 3에 근거한 육종가 상위 10%에도 속하는 어미의 비율은 77.29~90.70%의 범위였다. 그리고 모델 1에 근거한 육종가 하위 10%에 속하는 어미 828두 중에서 모델 2에 근거한 육종가도 하위 10%에 속하는 어미의 비율은 형질별로 81.16~89.01%의 범위였고, 모델 3에 근거한 육종가 하위 10%에도 속하는 어미의 비율은 형질별로 78.14~91.43%의 범위였다. 이러한 결과는 육종가에 근거해서 일정한 비율을 선발하거나 도태를 결정하는 현실적인 문제에 닥쳤을 때 육종가 추정에 이용된 모델과 형질에 따라 최대 22.71%에서부터 최하 6.88%에 해당되는 어미들의 생사가 달라질 수 있다는 것을 의미한다.

사육농가의 효과를 분석모형에 포함함으로써 유전분산의 상대적 크기가 작아졌고, 사육농가를 임의효과로 적합 시킨 모델에서 추정된 사육농가의 분산비율은 형질에 따라 최대 18% (도체중)부터 최소 4% (등심면적) 범위였고, 모델의 적합도를 평가하는 지표인 최대우도값은 사육농가의 효과를 포함한 모델에서 커졌으며 거세우 어미 전체나 어미 중 상위 10%를 선별하여 계산한 모델간의 육종가 순위상관계수도 형질에 따라 그 크기의 차이가 심했던 지금까지의 결과를 고려하면 사육농가의 효과를 통계분석 모형에 포함시

김으로써 암소의 도체형질과 관련된 육종가를 좀 더 정확하게 추정할 수 있을 것으로 판단된다.

사육농가의 효과를 고정효과로 포함시킬 것인가 아니면 임의효과로 포함시킬 것인가에 대해서는 일반적인 통계학 이론에 따라 결정할 수 있으나 현실적 상황도 감안하여 결정할 필요가 있다. 사육농가를 임의효과로 포함시킬 경우 사육규모가 작은 농가도 자료로 이용할 수 있지만 고정효과로 포함시킬 경우 사육규모가 작은 농가는 분석 전에 제거되거나 (농가효과를 동기우 그룹에 포함시킬 경우) 제거되지 않고 이용한다고 하더라도 해당 농가의 효과를 적절한 수준까지 보정하지 못함으로써 육종가 추정치의 편의를 유발할 가능성이 있다는 현실적인 사정을 고려할 필요가 있다. 연구자에 따라서는 임의효과로 포함시키는 경우 (Sojo 등, 2006; Arakawa 등, 2009; Parkkonen 등, 2000)와 고정효과로 포함시키는 경우 (Meyer, 2007; Reverter 등, 2000)가 있다. 한편 Schenkel 등 (2004)은 사육농가 (herd)를 분석모형에서 고정효과로 적합시키면 두수가 너무 작은 herd group의 기록들은 분석에서 제외되지만 임의효과로 적합시키면 분석에 이용할 수 있다고 한 바 있다.

## 요 약

본 연구는 도체 평가형질인 도체중, 등지방두께, 등심면적 및 근 내지방도에 대한 유전모수 및 한우 암소 번식우의 육종가 추정에서 사육농가가 미치는 영향력을 파악하기 위하여 실시하였다.

자료는 강원도 평창군내 한우 사육농가에서 비육 출하한 거세우의 도체성적과 거세우의 혈통 자료를 이용하였으며 유전분석은 다

음과 같은 3개의 모델을 적용하여 실시하였다.

모델 1은 도축장소-도축년도-도축월을 동기우 그룹으로 형성한 고정효과로 그리고 상가적 개체 유전 효과를 임의 효과로 포함시켰고, 모델 2는 모델 1에 사육농가의 효과를 임의 효과로 추가하였으며, 모델 3은 모델 1에 사육농가의 효과를 고정효과로 추가하였다.

각 모델을 적용해서 실시한 분석결과를 비교해보면 모델 1에 비해 사육농가의 효과를 포함한 모델 2나 모델 3에서 모든 형질의 유전력 추정치가 작았는데 특히 도체중의 경우 모델 1에서의 유전력이 0.23, 모델 2에서의 유전력이 0.15, 모델 3에서의 유전력이 0.18로 사육농가효과를 포함한 모델에서 유전력 크기의 감소가 더 심했으며, 사육농가를 포함한 모델 2나 모델 3의 최대우도 값 (maximum log Likelihood)은 도체중에서 각각 -44629.70과 -43956.12, 등지방두께에서 각각 -22939.43과 22687.18, 등심면적에서 각각 29370.39와 29016.19, 근내지방도에서 각각 -11678.12와 -11591.64로 사육농가를 포함하지 않은 모델 1에서 각각의 우도함수 값 -44900.86(도체중), -23055.71(등지방두께), -29438.26(등심면적), -11750.38(근내지방도) 보다 더 컸고, 사육농가의 효과를 임의효과로 적합시킨 모델 2에서 사육농가의 분산은 형질에 따라 최대 18%(도체중)에서 최하 4%(등심면적)의 범위로 추정되었다.

그리고 거세우 어미 전체의 육종가를 이용하여 추정한 육종가의 모델 간 순위 상관 계수와 모델 1로 추정한 육종가에 근거하여 상위 10%와 하위 10%에 해당하는 암소를 각각 선발하고 선발된 집단 내에서 추정된 각 형질들의 모델 간 순위 상관계수를 추정한 결과 상위 10% 그룹내에서 형질별로 모델간 상관 계수는 0.57에서 0.95의 범위였고, 하위 10% 그룹 내에서 0.68에서 0.95의 범위였는데 이것은 육종가 추정에 적용된 모델에 따라 육종가 순위에 차이가 발생할 수 있음을 보여준다.

이러한 결과들은 한우 암소의 도체형질 개량을 위한 목적으로 육종가를 추정할 때 분석모형에 사육농가의 효과를 포함시켜야 함을 시사한다.

(주제어 : 한우, 도체형질, 농가효과, 유전력)

## 사 사

본 논문은 농촌진흥청 공동연구사업(과제번호: PJ90693704)의 지원에 의해 이루어졌기에 이에 감사드립니다.

## 인 용 문 헌

Arakawa, A., IWASAKI, H. and Anada, K. 2009. Estimation of breeding values from large-sized routine carcass data in Japanese Black cattle using bayesian analysis. *Animal Science Journal*. 80:617-623.

Hirooka, H., Groen, A. F. and Matsumoto, M. 1996. Genetic parameters for growth and carcass traits in Japanese brown cattle estimated from field records. *J. Anim. Sci.* 74:2112-2116.

Hwang, J. M., Kim, S., Choy, Y. H., Yoon, H. B. and Park, C. J. 2008. Genetic parameter estimation of carcass traits of Hanwoo steers. *Korea. J. Anim. Sci & Technol.* 50(5):613-620.

Kim, J., Kim, D., Lee, J. and Lee, C. 2010. Genetic relationship between carcass traits and carcass price of Korean cattle. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 23:848-854.

Korea Animal Improvement Association. 2008. Hanwoo calf selection method based on breeding value. 1st ed. seoul.

Meyer, K. 2007. Multivariate analyses of carcass traits for Angus cattle fitting reduced rank and factor analytic models. *J. Anim. Breed. Genet.* 124:50-64.

Ministry of Food, Agriculture, Forestry and Fisheries. 2009. The grading standards for livestock products. Official announcement 2009-344(In Korean)

Parkkonen, P., Liinama, A. -E. and Ojala, M. 2000. Estimates of genetic parameters for carcass traits in Finnish Ayrshire and Holstein-Friesian. *Livest. Prod. Sci.* 64:203-213.

Reverter, A., Johnston, D. J., Graser, H. -U., Wolcott, M. L. and Upton, W. H. 2000. Genetic analysis of live-animal ultrasound and abattoir carcass traits in Australian Angus and Hereford cattle. *J. Anim. Sci.* 78:1786-1795.

Roh, S. H., Kim, C. Y., Won, Y. S., Park, C. J., Lee, S. S. and Lee, J. G. 2010. Studies on genetic parameter estimation and sire selection to ultrasound measurement traits of Hanwoo. *Korea. J. Anim. Sci & Technol.* 52(1):1-8.

Rumph, J. M., Shafer, W. R., D. H. Crews, Jr., Enns, R. M., Lipsey, R. J., Quaas, R. L. and Pollak, E. J. 2007. Genetic evaluation of beef carcass data using different endpoint adjustments. *J. Anim. Sci.* 85:1120-1125.

Schenkel, F. S., Miller, S. P. and Wilton, J. W. 2004. Herd of origin effect on weight gain of station-tested beef bulls. *Livest. Prod. Sci.* 86:93-103.

Shojo, M., Okanish, T., Anada, K., Oyama, K. and Mukai, F. 2006. Genetic analysis of calf market weight and carcass traits in Japanese Black cattle. *J. of Anim. Sci.* 84:2617-2622.

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.

Won, J. I., Kim, J. B. and Lee, J. K. 2010. Evaluation of genetic ability for meat quality in Hanwoo cow. *Korea. J. Anim. Sci & Technol.* 52(4):259-264.

(Received May 3, 2011; Revised Jul. 17, 2011; Accepted Jul. 28, 2011)