단형질 개체모형을 이용한 한우 육종가 추정프로그램 개발

구양모^{1*} · 김정일¹ · 송치은¹ · 이기환¹ · 신재영¹ · 장현기¹ · 최태정² · 김시동² · 박병호² · 조광현² · 이승수² ·
최연호² · 김병우³ · 이정규³ · 송 훈⁴

¹한국종축개량협회, ²국립축산과학원, ³경상대학교, ⁴HoonSong Enterprises

Development of Algorithm in Analysis of Single Trait Animal Model for Genetic Evaluation of Hanwoo

Yangmo Koo¹, Jungil Kim¹, Chieun Song¹, Kihwan Lee¹, Jaeyoung Shin¹, Hyungi Jang¹, Taejeong Choi², Sidong Kim²,
Byoungcho Park², Kwanghyun Cho², Seungsoo Lee², Yunho Choy², Byeongwoo Kim³, Junggyu Lee³ and Hoon Song⁴

¹Korea Animal Improvement Association, 1516-5 Seocho-dong Seocho-gu, Seoul 137-871, Korea, ²National Institute of Animal Science, RDA, 114 Seonghwan-ri Seonghwan-eup Seobuk-gu, Cheonan-si, Chungcheongnam-do, 331-801, Korea,

³Division of Applied Life Science · Institute of Agriculture & Life Sciences, GyeongSang National University, 900 Gajwa-dong, Jinju-si Gyeongsangnam-do, 660-701, Korea, ⁴HoonSong Enterprises 2305 Fox Crescent, Ottawa, Ontario, K2B7K5, Canada

ABSTRACT

Estimate breeding value can be used as single trait animal model was developed directly using the Fortran language program. The program is based on data computed by using the indirect method repeatedly. The program develops a common algorithm and improves efficiency. Algorithm efficiency was compared between the two programs. Estimated using the solution is easy to farm and brand the service, pedigree data base was associated with the development of an improved system.

The existing program that uses the single trait animal model and the comparative analysis of efficiency is weak because the estimation of the solution and the conventional algorithm programmed through regular formulation involve many repetition; therefore, the newly developed algorithm was conducted to improve speed by reducing the repetition.

Single trait animal model was used to analyze Gauss-Seidel iteration method, and the aforesaid two algorithms were compared thorough the mixed model equation which is used the most commonly in estimating the current breeding value by applying the procedures such as the preparation of information necessary for modelling, removal of duplicative data, verifying the parent information of based population in the pedigree data, and assigning sequential numbers, etc. The existing conventional algorithm is the method for reading and recording the data by utilizing the successive repetitive sentences, while new algorithm is the method for directly generating the left hand side for estimation based on effect.

Two programs were developed to ensure the accurate evaluation. BLUPF90 and MTDFREML were compared using the estimated solution. In relation to the Pearson and Spearman correlation, the estimated breeding value correlation coefficients were highest among all traits over 99.5%. Depending on the breeding value of the high correlation in Model I and Model II, accurate evaluation can be found. The number of iteration to convergence was 2,568 in Model I and 1,038 in Model II. The speed of solving was 256.008 seconds in Model I and 235.729 seconds in Model II. Model II had a speed of approximately 10% more than Model I.

Therefore, it is considered to be much more effective to analyze large data through the improved algorithm than the existing method. If the corresponding program is systemized and utilized for the consulting of farm and industrial services, it would make contribution to the early selection of individual, shorten the generation, and cultivation of superior groups, and help develop the Hanwoo industry further through the improvement of breeding value based enhancement, ultimately paving the way for the country to evolve into an advanced livestock country.

(**Key words** : Single trait animal model, Gauss-Seidel iteration, Indirect method)

서 론

컴퓨터의 발달과 진화가 인간에게 많은 이로움을 주고 있다. 특

히 컴퓨터를 이용한 많은 가축개량기법들이 기존 연구에 많이 보고 되었으며, 가축육종 분야에서도 가축을 개량시키는데 주로 이용이 되고 있다.

* Corresponding author : Yangmo Koo, Korea Animal Improvement Association, Korea. Tel: 02-588-9301, Fax: 02-582-3475, E-mail: greatman009@hanmail.net

현재 가축의 개량에 일반적으로 이용되는 육종가 추정 방법에는 선발지수법, 최소제곱법 및 최적선허불편예측법 (BLUP) 등이 많이 사용되고 있다. 이러한 연구결과들을 종합하여 볼 때 Henderson이 제시한 최적선허불편예측법 (BLUP)이 가축의 육종가를 추정하는데 가장 효율적이라고 할 수 있다. BLUP 방법은 육종가 추정 시 필요한 가정을 만족시키는데 가장 탄력적이며, 유전적 이론이나 환경적 조건을 만족시키는데 가장 유리한 방법으로 보고되었다 (Henderson, 1974). 또한 오래전부터 대용량 자료를 이용하여 혼합모형방정식 (MME)을 계산할 때 컴퓨터의 CPU 및 메모리 그리고 계산시간이 오래 소요되는 단점이 있어 MME를 구성하지 않고 바로 해를 구하는 방법이 제시되었다 (Schaeffer와 Kennedy, 1986a). 또 다른 방법인 jacobi iteration 방법은 특히 많은 변수를 가진 경우 수렴속도가 느린 것이 단점이다. 하지만 고정요인에 대한 제한을 가하고 second order jacobi iteration으로 확장하여 successive over relaxation (SOR) 보다 수렴속도를 약 1/2로 개선하였으며, 수준이 많은 요인에는 gauss seidel (GS)를 사용하고, 그 외의 경우에 대해서는 second order jacobi iteration을 이용함으로써 SOR 보다도 빠른 수렴속도를 얻을 수 있는 또 다른 indirect approach 방법을 제시하였다 (Misztal, 1986).

이러한 BLUP 통계기법을 이용하여 세계 주요 축산선진국들이 육우, 유우 그리고 종돈개량에 주요 도구로 사용하면서 전국단위 혹은 농장단위의 평가체계를 구축하고 있다. 전국단위 개량체계는 개체의 선발을 한 농장 내에서만 실시하는 것이 아니라, 전국단위의 집단을 기준으로 실시함으로써 선발강도의 효과를 극대화하는 방식으로 즉, 개체의 능력기록 뿐만 아니라 혈통 (선조, 부·모, 후손 및 형제 등)의 능력기록을 이용하여 정확한 유전능력을 평가함으로써 선발의 정확도를 극대화 하고 있다.

한편, 지금까지 가축의 육종가를 추정하는데 MTDFREML (Boldman 등, 1993), BLUPF90 (Misztal, 2007)과 같은 외국의 공개프로그램을 이용하여 왔으나 이들 프로그램은 연구용으로 활용이 가능한 뿐 상업적 서비스 등에 제약이 있을 뿐만 아니라 프로그램의 유지보수가 어려워 실제 사용에 여러 문제점이 있었다.

본 연구에서는 이러한 문제점을 해결하고자 포트란 언어를 이용한 프로그램을 개발하였다. 개발된 프로그램은 자료를 반복적으로 계산하고 수행해 나가는 간접법을 이용하였다. 일반적인 GS 방법에 의한 알고리즘으로 프로그램을 개발하고, 이의 효율을 개선한 개선 알고리즘으로 프로그램을 개발하여 두 프로그램 간 효율을 비교하여 향후 농가 보유 암소 개체별 유전능력평가에 필요한 유전능력평가 프로그램을 개발하고자 실시하였다.

재료 및 방법

1. 공시재료

단형질 개체모형을 이용한 육종가 추정프로그램 개발을 위해 이용된 재료는 2006년부터 2009년까지 한국종축개량협회에서 등록

된 한우와 축산물품질평가원에 등급 판정된 도체성적이 있는 개체를 확인하여 이상치를 제외한 231,382두의 기록 중 부, 모의 기록이 확인된 혈통등록우 이상 거세우 87,355두의 자료를 이용하였다. 프로그램 검증에 적용한 형질은 도체중만 이용하였으며 관련 혈통 자료는 추적이 가능한 모든 세대를 추적하여 231,696두의 자료를 이용하였다.

2. 개발방법

프로그램은 GNU 포트란으로 컴파일이 가능하도록 포트란 95 언어 규정을 준수하여 작성하였으며, 기존 알고리즘 (GS)을 충실히 구현한 Model I과 기존 알고리즘에서 속도를 개선한 Model II를 각각 개발하였다.

1) Gauss seidel(GS) method

우선 혼합모형방정식 (MME)을 $Ab=r$...①로 표시하고, ①의 식에서 A의 경우는 $p \times p$ 차수의 계수행렬을 뜻하고 있으며, b는 알려지지 않는 해, r은 right hand side로 한다.

GS 또는 SOR 방법을 식으로 표현하면 다음과 같다.

$$b_i^{[n+1]} = b_i^{[n]} + a_i(r - \sum_{j=1}^{i-1} a_{ij}b_j^{[n+1]} - \sum_{j=i+1}^p a_{ij}b_j^{[n]})/a_{ii} \text{ 이고,}$$

여기서 b_i 와 r_i 는 각각 b와 r의 원소이고, a_{ij} 는 A의 원소, n은 iteration, a는 relaxation factor이다.

또한 MME가 $y_{ijkl} = h_i + g_j + s_k + e_{ijkl}$ 이라 한다면, 여기서 h_i 와 g_j 는 고정효과, s_k 와 e_{ijkl} 은 평균이 0일 때 분산공분산의 임의효과라는 다음과 같다.

$$\begin{bmatrix} s \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma_s^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

상기 GS를 사용하여 h_i 를 구하려 한다면 다음과 같은 식으로 구성이 된다.

$$\begin{aligned} h_i &= h_i + (RHS - LHS)/n_{h_i} = h_i + [\sum_{jkl}(y_{ijkl} - h_i - g_j - s_k)]/n_{h_i} \\ &= \sum_{jkl}(y_{ijkl} - g_j - s_k)/n_{h_i} = \overline{(y_{ijkl} - g_j - s_k)} \\ g_j &= \overline{(y_{ijkl} - h_i - s_k)} \\ s_k &= \frac{n_{s_k}}{n_{s_k} + \lambda} \overline{(y_{ijkl} - h_i - g_j)} \end{aligned}$$

2) 프로그램 건전성 검증

서로 다른 알고리즘을 적용하여 개발한 프로그램 2종이 정확한 육종가를 추정해 내는지를 검증하기 위하여 동일한 자료를 BLUPF90 (Misztal, 2007)과 MTDFREML (Boldman 등, 1999)과 분석하여 그 해와 비교하였다.

3) 프로그램 속도분석

프로그램 속도분석을 위하여 g95로 컴파일한 자체개발 Model I, Model II 프로그램의 동작속도를 비교 분석하였다. 속도 측정을 위하여 C 언어를 기반으로 Time 유틸리티를 개발하여 사용하였다. 사용자 입력부분에 따른 시간 지연을 처리하기 위하여 사용자 입력부분을 배치파일로 작성한 후 운영체제의 표준입력을 파일로 변경하고 동일한 조건에서 프로그램 간 수행 속도를 비교하였다.

4) 프로그램 검증에 적용한 통계모형

프로그램 검증을 위하여 사용한 통계모형은 다음과 같다.

$$Y_{ij} = \mu + YS_i + Mon_j + a_{ij} + e_{ij}$$

여기서, Y_{ij} 는 ij 의 각 형질들에 대한 관측치, μ 는 집단의 평균, YS_i 는 i 번째 출생년도-계절의 고정효과, Mon_j 는 j 번째 출하월령의 고정효과, a_{ij} 는 개체의 상가적 유전효과 SIMN (0, G), e_{ij} 는 각 측정치의 임의오차 SIMN (0, R) 분석을 위해 가정한 유전모수는 유전력 (0.35), 유전분산 (768.3), 오차분산 (1404), 분산비 (1.8)를 참고하여 분석을 실시하였다 (Koo, 2010).

각 프로그램 간 동일한 비교를 위하여 수렴척도는 10^{-9} 으로 설정하였고, Intel Pentium M Processor 1.7GHz, 1.00GB RAM, 50GB Hard disk로 이루어진 Windows XP 32bit 운영 체제의 노트북에서 실시하였다.

결과 및 고찰

단형질 개체모형을 이용한 육종가 추정프로그램의 해를 구하는 컴퓨터 프로그램을 개발하기 위하여 간접법을 적용하였다. 적용한 간접법은 indirect on data (IOD) 방법을 적용하되 자료파일과 혈통파일을 하나씩만 이용하는 방법을 적용하였으며 (Schaeffer와 Kennedy, 1986b), 각 효과는 GS 반복법을 적용하였다.

1. Model I (conventional algorithm)

1) 고정효과를 포함하는 통계모형의 해 계산

앞서 언급한 알고리즘을 구현하기 위하여 반복문을 적용하였다. 또한 알고리즘을 구현하기 위해서 가장 바깥의 반복문을 이용하여 반복이 몇 번 반복될 것인지를 결정하고, 바로 그 안쪽 반복문에서는 효과별로 a, b, c와 같은 순으로 반복처리가 되도록 하였다. 그리고 그 안쪽 반복문에서는 읽어 들인 자료의 값을 diagonal (DIAG) 또는 right hand side (RHS) 값을 생성하는데 활용하였다. 즉 읽어 들인 자료가 현재 구하고자 하는 효과가 아니면 RHS 값을 수정하는 작업을 수행하며, 만약 현재 구하고자 하는 효과라면 DIAG 값을 설정하는 작업을 수행하게 하였다. 이와 같은 작업을 모든 자료를 읽으며 수행하고 자료가 끝나게 되면 모든 RHS와 DIAG 값을 작성 완료하였기 때문에 해를 구하는 작업을 수행하면 현재 구하고자 하는 효과의 해를 얻을 수 있었다. 이를 순서도로

Fig. 1. Development of gauss seidel solver for fixed effect model by conventional algorithm.

작성하면 Fig. 1과 같다.

2) 개체효과를 포함하는 통계모형의 해 계산

개체효과를 포함하여 해를 추정할 때에는 혈연계수 행렬이 추가로 삽입이 되어 개체들 간의 유전적인 혈연관계가 얼마나 구성이 되어 있는지를 확인하게 된다. 개체들 간의 상가적 유전형질관계를 나타내는 행렬을 혈연계수 행렬이라 하며, 이 행렬은 대칭행렬로 구성되어 있다. 혈연계수 행렬은 경로계수를 이용하여 계산이 가능하지만, 컴퓨터를 이용한 연산에 알맞은 순환 참조 방법을 이용하였다. 이는 가계도의 개체들을 1부터 n까지 번호를 부여하고 출생 순서로 정렬 시킨 후 계산하는 방식을 사용하였다.

Conventional algorithm은 근교 집단을 가정하고 혈연계수 행렬을 계산하는 알고리즘을 적용하였다. 이는 크게 세 가지로 분류되

는데 그 첫 번째는 자료를 읽은 후 부, 모를 모두 알 경우, 부, 모 중 한쪽만 알 경우, 그리고 부, 모 모두 모를 경우로 나누어지며, 다시 세분화하여 부, 모를 모두 알 경우는 $\text{diagonal}(i,i)$ 에 $2 \times (\text{variance ratio})$ 의 값을 더하고, (i,s) , (i,d) , (s,i) , (d,i) 에 $-1 \times (\text{variance ratio})$ 을 더하며, (s,s) , (d,d) 에 $0.5 \times (\text{variance ratio})$ 를 더하고, (s,d) , (d,s) 에도 $0.5 \times (\text{variance ratio})$ 를 더함으로써 부, 모를 모두 알 경우에 처리를 하도록 하였다. 또한 개체 부, 모 중 한 쪽만 알 경우 (i,i) 에 $4/3 \times (\text{variance ratio})$ 을 더하고, $(i,s\&d)$, $(s\&d,i)$ 에 $-2/3 \times (\text{variance ratio})$ 을 더하고 $(s\&d,d\&s)$ 에 $1/3 \times (\text{variance ratio})$ 을 더하였고, 끝으로 개체의 부, 모를 모두 모를 경우에는 (i,i) 에 $1 \times (\text{variance ratio})$ 만 더함으로써 계산을 하였다. 혈연계수 행렬이 포함된 개체모형의 순서도는 Fig. 2에 제시하였다. 한편, 개체의 혈연계수 행렬을 $\text{LDL}'(A = \text{LDL}')$ 으로 분할하는 방법을 적용하여 D행렬 중 개체에 해당하는 원소의 값을 알고 있다면 본 알고리즘을 약간만 수정하면 근교가 된 집단에 대한 분석도 가능하게 된다. 이를 순서도로 나타내면 Fig. 2와 같다.

Fig. 2에서는 혈연계수 행렬에 대한 부분을 순서도로 나타낸 것으로 프로그램의 처음 시작과 함께 양친을 아는 경우, 양친 중 한 쪽의 부, 모만 아는 경우, 양친을 모르는 경우로 나누어져 처리를 하도록 하였다. 또한 각각의 경우에 대하여 right hand side 생성과 diagonal 값을 생성하고 각각의 variance ratio를 해당 경우에 맞는 값을 지정하여 수행하도록 개발하였다.

Fig. 2. Extension of gauss-seidel solver for individual animal model numerator relationship matrix (NRM) by conventional algorithm.

고정효과를 포함하는 통계모형의 해 계산 알고리즘에 혈연계수 행렬 알고리즘을 적용하여 전체적인 처리 알고리즘을 순서도로 나타내면 Fig. 3과 같다.

2. Model II(improved algorithm)

기존 알고리즘은 여러 개의 반복문을 중첩하여 방정식을 새로 생

Fig. 3. Extension of gauss-seidel solver for individual animal model by conventional algorithm.

성하고 있어 대용량의 자료를 분석할 때 시간이 다소 오래 걸리는 단점이 있었다. 이에 방정식을 사전에 작성하여 반복적으로 방정식을 새로 생성하는 번거로움을 줄이고 해를 구하는 속도를 개선하고자 새로운 알고리즘을 개발하였다.

1) Left hand side (LHS)와 right hand side (RHS) 사전 처리

Improved algorithm은 Model I에서와 같이 반복문을 돌면서 컴퓨터가 수행하는 작업을 분석하여 사전에 반복문을 통하여 수행하던 업무를 끝내놓는 방법을 적용하였다.

Fig. 4. Flow chart of data preprocessing to setup left hand side (LHS) and right hand side (RHS) of Model II.

Fig. 4에서는 improved algorithm의 gauss seidel iteration method 프로그램을 나타낸 순서도이며, conventional algorithm과는 다르게 프로그램 시작 전의 전처리 과정을 나타내었다. 전처리 과정을 하는 이유는 변형된 gauss seidel iteration 프로그램에서는 기존 프로그램에 비해 반복문이 2개 정도 빠져 있기 때문에 계속해서 순차적으로 읽고 쓰는 것을 줄이고 바로 LHS를 설정하기에 사전 데이터 작업이 필요하였다.

상기 순서도는 improved algorithm의 전처리 과정을 나타낸 것

반복

IF status 0이 아니면

End if

Animal = Animal + level of fixed effect

IF sire 0이 아니면

Sire = Sire + level of fixed effect

End if

IF dam 0이 아니면

Dam = Dam + level of fixed effect

End if

만약 부, 모를 모두 알고 있다면

Write of LHS file by animal, sire, dam, value

Write of LHS file by sire, animal, dam, value

Write of LHS file by dam, animal, sire, value

만약 부, 모 중 부족만 알고 있다면

Write of LHS file by animal, sire, dam, value

Write of LHS file by sire, animal, dam, value

만약 부, 모 중 모쪽만 알고 있다면

Write of LHS file by animal, sire, dam, value

Write of LHS file by dam, animal, sire, value

만약 부, 모 모두 모를 경우

Write of LHS file by animal, sire, dam, value

반복 끝

이며, 전처리 이후의 작업은 다음의 pseudocode에서 표기하였다. 기존의 conventional algorithm과는 다르게 정렬될 후에 바로 형 연계를 행렬을 함께 구하여 해를 구하도록 개발하였다.

2) 해를 추정하는 improved algorithm

사전에 준비한 LHS와 RHS를 이용하여 해를 구하는 알고리즘은 기존 Model I에 비하여 단순하게 구성하였다. 우선 자료를 처리하면서 방정식을 작성할 필요가 없고 단순히 방정식 번호(equation number) 즉, 구하고자 하는 해의 수준(level)에 해당하는 자료를 읽어 들여 DIAG와 RHS만을 처리하면 되고, 방정식의 번호가 바뀌는 순간 해당 수준의 해를 구하는 작업만 수행하면 된다. 이를 순서도로 작성하면 Fig. 5와 같다.

3) 추정된 해의 비교

프로그램 알고리즘의 변화에서 가장 중요한 것 중의 하나가 속도 및 효율성에 관한 부분이라 할 수 있다. 이에 대한 개선이 없다면 기존 알고리즘 보다 개선되었다고 말하기 어렵기 때문에 개발된 두 가지 프로그램으로 육종가를 추정하고, 그 추정 값이 정확하게 평가가 이루어졌는지에 대하여 기존에 개발되어 사용되고 있는 BLUPF90 (Misztal, 2007)과 MTDFREML (Boldman 등, 1999)을 이용하여 비교해 보았다.

네 가지 프로그램(Model I, Model II, BLUPF90, MTDFREML)에서 동일하게 분석하여 추정된 육종가의 상관을 살펴보면 Table 1과 같다.

Table 1. Pearson and spearman correlations among estimated breeding values by different algorithms

Program	BLUPF90	MTDFREML	Model I ¹⁾	Model II ²⁾
BLUPF90		0.9951	0.9950	0.9950
MTDFREML	0.9952		0.9999	0.9999
Model I	0.9950	0.9999		1.0000
Model II	0.9950	0.9999	1.0000	

¹⁾ Model I : conventional algorithm, ²⁾ Model I : improved algorithm

Above diagonal are pearson correlation coefficients and those below diagonal represent spearman correlation coefficients.

Fig. 5. Extension of gauss seidel solver for fixed effect model to individual animal model by improved algorithm.

서로 다른 프로그램으로 추정된 육종가간의 상관관계는 전체 항목에서 99.5% 이상의 고도의 정의상관이 나타났으며, 프로그램 추정치간의 높은 상관관계로 볼 때 Model I과 Model II는 정확하게 개발되었고 평가된 것을 확인할 수 있었다.

4) 프로그램 속도 비교

Conventional (Model I)과 improved (Model II)에 대한 알고리즘 개발은 전통적인 방법에 대하여 속도를 개선한 새로운 방법에서 해를 추정하는데 그 목적이 있었다. 속도를 개선하고자 하는 것은 프로그램 개발자 및 유저들이 항상 지니고 있는 문제이며, 유전능력을 평가하는 부분도 이와 다를 것이 없다. 가족의 유전능력평가는 적은 자료를 이용하여 평가를 하는 것이 아니라 대부분이 대용량의 자료를 이용하여 평가를 수행하기 때문에 속도 문제에 민감할 수 밖에 없다. 따라서 전통적인 방법(Model I)과 개선된 방법(Model II)의 속도와 반복횟수가 얼마나 차이가 나는지에 대하여 Table 2에 나타내었다.

해가 수렴 될 때까지의 반복횟수에서 Model I은 2,568 round, Model II는 1,038 round로 수렴 반복 횟수는 Model II가 Model I 보다 적은 횟수에서 수렴이 된 것을 확인할 수 있었으며, 속도는 Model I이 256.008초, Model II는 235.729초로 Model I보다 Model II가 약 10% 정도 개선된 것을 확인할 수 있었다.

Table 2. Comparison of execute time and round of iteration by different program algorithms

Source	Program algorithm	
	Model I ¹⁾	Model II ²⁾
Round of iteration	2,568	1,038
Execute time (second)	256.008	235.729

¹⁾ Model I : conventional algorithm,

²⁾ Model II : improved algorithm.

요 약

단형질 개체모형을 이용한 육종가 추정프로그램의 해를 구하는 컴퓨터 프로그램을 포트란 언어를 이용하여 자체개발하였고, 프로그램은 자료기반으로 반복적으로 계산을 해 나가는 간접법을 이용

한 것으로 일반적인 알고리즘으로 프로그램을 개발하고 이의 효율을 개선한 개선알고리즘으로 프로그램을 개발하여, 두 프로그램 간 효율을 비교하였다.

기존의 전통적인 알고리즘은 순차적인 반복문을 이용하여 자료를 읽고 기록하는 방법이며, 새로운 알고리즘은 효과별로 LHS를 직접 작성하여 추정하는 방법을 사용하였다. 개발된 두 가지 프로그램으로 육종가를 추정하고, 그 추정 값이 정확하게 평가되었는지 알아보기 위하여 기존에 개발되어 사용되고 있는 BLUPF90 (Misztal, 2007)과 MTDFREML (Boldman 등, 1999)과 비교하여 보았다.

서로 다른 프로그램으로 추정된 육종가간의 상관은 전체 항목에서 99% 이상 고도의 상관이 나타났으며, 프로그램 추정치 간의 높은 상관으로 볼 때 Model I, Model II는 정확하게 개발되었고 평가된 것을 확인할 수 있었다.

Solution이 수렴 될 때까지의 반복횟수는 Model I은 2,568 round, Model II는 1,038 round로 수렴되어 Model II가 Model I 보다 작은 반복횟수에서 수렴이 된 것을 확인할 수 있었으며, 수렴속도는 Model I은 256.008초, Model II는 235.729초로 Model II가 Model I 보다 약 10% 정도 개선된 것을 확인할 수 있었다.

개발된 프로그램을 기존 D/B와 연계한다면 농가 및 지자체 등에 지속적인 개량 정보를 제공할 수 있으며, 농가 단위 암소 유전능력 평가로 암소개량을 도모할 수 있을 것이라 사료된다.

(주제어 : 단형질개체모형, 가우스사이텔반복법, 간접법)

인 용 문 헌

Boldman, K. G., Kriese, L. A., Van Vleck, L. D. and Kachman, S. D. 1993. A manual for use of MTDFREML USDA-ARS, Clay Center, Nebraska.

Henderson, C. R. 1974. Rapid Method for Computing the Inverse of a Relationship Matrix. J. Dairy Sci. 58:1727-1730.

Koo, Y. M. 2010. Research on the Development of the Genetic Evaluation System on Hanwoo Carcass Traits. Ph. D. thesis, GyeongSang National University.

Misztal, I. 1986. Survey of some computing methods in BLUP sire evaluation. Mixed-model applications and analysis, a workshop on the interface of practice and theory, April 6-8, Irsee, Germany. Inst. Math. Univ. Augsburg, FRG.

Misztal, I., Gianola, D. and Schaeffer, L. R. 1987. Extrapolation and convergence criteria with Jacobi and Gauss-Seidel iteration in animal models. J. Dairy Sci. 70, 2577-2584.

Misztal, I. 2007. BLUPF90 family of programs. University of Georgia. <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/numpub/blupf90/> Accessed Jan. 2, 2007.

Misztal, I. 2008. Computational Techniques in Animal Breeding. Course Notes. University of Georgia.

Schaeffer, L. R. and Kennedy, B. W. 1986a. Computing solutions to mixed model equations. proc. Third World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Lincoln, NE. July 16, 1986, 12:382.

Schaeffer, L. R. and Kennedy, B. W. 1986b. Computing strategies for solving mixed model equations. J. Dairy Sci. 69:575.

Sorensen, D. A. and Kennedy, B. W. 1984. Estimation of Response to Selection Using Least-Squares and Mixed Model Methodology. J. Anim. Sci. 58:1097-1106.

Van Vleck, L. D. and Dwyer, D. J. 1985. Comparison of iterative procedures for solving equations for sire evaluation. J. Dairy Sci. 68:1006.

(Received Apr. 22, 2013; Revised Jul. 4, 2013; Accepted Jul. 11, 2013)