

우량종계 육종을 위한 컴퓨터 소프트웨어 시스템 개발에 관한 연구

최연호 · 조상문¹ · 장종준¹

신구전문대학 축산과

Development of a Computer Software System for Improving Chick Breeder

Y. H. Choi, S. M. Joe¹ and J. J. Jang¹

Department of Animal Science, Shingu College

Sungnam, Korea 462-743

ABSTRACT

This study was carried out to develop a computer software system for poultry breeding by using microcomputer(PC). Through this study, SPPB(Statistical Package for Poultry Breeding) was designed and developed, which can help poultry breeder collect and analyse the chick records. A main feature of the system was the application of user-oriented procedure, for example, choice of the flock file, selection of the family size and the desired traits. Creation of the data files and the breeding files, calculation of the elementary statistics, estimation of the heritability and the genetic and phenotypic correlation coefficients can be obtained by user's choice of the sire and dam family size. Also, it is possible to estimate the various selection indices through this system. Easiness of using this system and the flexibility of the file management could help increasing the efficiency of related practical poultry breeding jobs. Correctness and relationships between the unit programs in the system were proved through the run-test of the SPPB using sample data. Because it wasn't able to collect breeding records at the commercial breeding farm, effectiveness of the system was not proved totally. Also, it will be necessary to develop the integrated software system which make possible to computerize the general works at breeding farm and the genetic analyses of the records from chick breeders.

(Key words : microcomputer(PC), software system, genetic analyses, poultry breeding)

서 론

국산종계의 육종사업에는 종계의 선발과 교배를 중심으로 하여 여러가지 시험연구 및 실무적인 작업이 필요하지만, 그 중에서도 가장 먼저 이루어지는

이 논문은 1993년도 한국학술진흥재단의 공모과제 연구비에 의하여 연구되었음.

¹ 신구전문대학 전산과(Department of Computer Science, Shingu College)

것은 우수한 능력을 가진 계통을 조성하는 것이다. 계통의 조성과 계대번식을 통한 실용계 작출에는 가금육종학에 관한 학문적인 배경과 아울러 금육종학에 관한 학문적인 배경과 아울러서 육종사업의 실무에 적용될 수 있는 간편한 자료수집 및 체계적인 육종자료 분석 방법의 개발이 요구된다. 따라서 종계육종 사업의 효율적인 수행을 위해 종계관리 및 자료수집과 자료분석에 컴퓨터를 활용한다는 것은 필수적인 요소가 될 것이다.

성능이 뛰어난 개인용 컴퓨터(PC)의 보급이 폭발적으로 증가하면서 국내의 축산업 분야에도 PC를 활용한 농장관리나 자료분석용 소프트웨어의 개발이 많이 이루어지고는 있으나 아직 미국이나 일본 등의 경우에는 비교가 되지 못할 정도이다(최연호 등, 1990; 최연호, 1992; 伊藤, 1989; 藍, 1989). 특히 종계육종을 위하여 가금육종학의 여러 이론을 적용해야 하는 경우, 종계자료의 유전분석에는 단계별로 복잡한 통계처리 과정이 요구되고 이 처리 과정을 전산화할 수 있는 소프트웨어의 개발이 필요하게 된다. 현재 국내에서 국산종계의 육종에 관한 시험연구를 수행하고 있는 대학이나 개량사업을 담당하고 있는 민간 종계장 및 국가 연구소의 경우를 보면 종계자료의 수집이나 유전분석을 위한 통계처리에 부분적으로 일반 통계처리용 패키지프로그램이나 자체 개발한 프로그램을 활용하고 있으나, 체계적인 소프트웨어 시스템이 개발되어 있지 못하여 효율적인 육종사업을 수행하는데 지장을 주고 있는 형편이다.

일반적으로 종계자료의 수집은 일반 양계장에서 이루어지는 자료수집과는 판이하게 다른 형태의 자료수집 과정을 거치게 되는데, 이 경우에 종계의 관리나 자료수집 과정을 전산화 할 수 있다면 자료수집에 소요되는 인력을 최소화하면서도 정확한 종계자료의 수집이 가능할 것으로 사료된다. 또한 계군의 유전적 자질을 파악하기 위한 유전분석에 필요한 통계처리 과정을 전산화함으로써 시의적절하면서도 정확한 자료의 분석이 가능해지고 이것은 결과적으로 국산종계의 육종사업을 수행하는데 많은 도움을 줄 수 있을 것으로 생각한다.

본 연구는 PC를 이용하여 종계자료의 수집과 유

전분석을 위한 각종 통계처리 과정을 전산화함으로써 국산종계의 육종사업에 도움을 줄 수 있도록 관련 소프트웨어를 설계하고 연구, 개발하는데 그 목적을 두고 수행되었다.

재료 및 방법

1. 시스템 분석 및 기본 설계

현재 수작업이나 부분적인 전산화에 의해 처리되고 있는 종계육종 업무에 관한 새로운 형태의 전산화 구축작업을 위해 다음과 같이 현상분석을 한 후 시스템 기본설계를 실시하였다.

1) 자료발생과 처리의 흐름 파악

현재 국내에서 국산종계의 육종사업에 관련된 시험연구 및 업무를 담당하고 있는 대학의 연구실 및 국립종축원(현 축산기술연구소), 마니육종농장(현 미원마니커 농장)의 육종담당자와 면담 및 종계장의 업무 분석을 통하여 자료의 발생과 처리에 관한 흐름도를 작성하였다.

2) 입출력 분석표 작성

시스템의 입력자료와 출력자료간의 상호관계를 파악하기 위하여 종계장에서 발생하는 각종 자료를 분석하여 시스템의 입력 및 출력 여부를 파악하기 위한 입출력 분석표를 작성하였다.

3) 유전분석을 위한 통계처리 방법 분석

수집된 종계자료의 유전분석에 이용되는 통계처리방법을 평가하기 위해 이에 관한 문헌조사를 통해 처리방법의 간편성과 유전분석 결과의 신뢰도 및 수집되는 자료와의 상호 연관성 등을 조사하였다(최연호, 1988, 1992; Becker, 1975). 일반적으로 종계 육종사업에 활용도가 높은 유전분석의 종류를 결정하고 통계처리의 수준 및 전산처리 절차에 관한 분석작업을 실시하였다(박성현과 허문열, 1983; 강근석 등, 1994; 吉田和阿部, 1987).

2. 소프트웨어 구현

현상분석을 통해 얻어진 결과를 토대로 하여 육종 업무에 활용도가 높은 소프트웨어를 개발하기 위한 기본 방향을 다음과 같이 설정하였다.

- 1) 현재 수작업으로 이루어지고 있는 자료의 수집 방식을 크게 변경시키지 않는 범위내에서 소프트웨어의 활용이 가능하도록 한다.
- 2) 원시자료의 수집과 수집된 자료의 가공에 의해 만들어지는 육종자료의 연관도를 높여서 자료처리의 중복을 최대한 방지한다.
- 3) 개발된 소프트웨어 시스템을 이용하는 이용자의 컴퓨터 조작능력을 고려하여 비전문가라도 이해하기 쉽고 사용하기 용이한 이용자 중심의 시스템으로 개발한다.
- 4) 육종담당자의 가끔육종학에 대한 학문적인 배경을 고려하여 가끔육종학의 여러 이론을 체계화함으로써 육종사업의 수행에 도움을 줄 수 있도록 한다.
- 5) 종계 사육규모의 확대와 계대번식에 따른 자료의 축적을 고려하여 시스템의 유지보수 및 확장이 용이하도록 개발한다.

이상과 같은 소프트웨어 개발상의 기본 지침에 따라 출력설계, 입력설계, 화일설계, 프로세스 설계 등을 실시하였다. 소프트웨어 개발에 사용된 언어는 크게 2 종류로서, 종계장에서의 원시자료 입력 및 관리용 프로그램에는 COBOL 이 사용되었고, 통계처리용 프로그램에는 Turbo-C를 주로 사용하였는데 부분적으로 Turbo-Pascal 을 이용하였다. 또한 사용자의 편의를 위하여 패키지 형태로 각 프로그램을 연결시켜 주화면(main display)에서 각 작업의 선택이 이루어지도록 하였다(조상문, 1989; 조상문과 장종준, 1992; 조상문, 1993; 平尾, 1990).

한편, 개발된 소프트웨어 시스템이 운영될 수 있는 하드웨어의 구성은 일반적인 IBM-PC 호환기종이면 되나 일반적으로 자료의 양이 많고, 또 복잡한 통계처리 과정이 반복해서 이루어지는 까닭에 다음과 같은 하드웨어 사양을 갖추는 것이 시스템 운영상 바람직할 것으로 생각된다.

CPU	: 80386 이상
Main Memory	: 2MB 이상(권장 : 4MB 이상)
OS	: 한글 MS-DOS V5.0 이상
Hard Disk	: 100 MB 이상
Video Card	: VGA 이상
Monitor	: 14 inch 이상 Color Monitor
Printer	: 80 Column 이상

결과 및 고찰

1. 자료화일의 구성

개발된 소프트웨어(SPPB/Statistical Package for Poultry Breeding)의 자료화일은 기본적으로 종계장에서 입력된 개체 자료(progeny record)를 기준으로 하여 ISAM 화일로 구성되었으며, 유전분석을 위하여 부가계와 모가계별로 정리된 별도의 육종자료화일을 구성하였다. 자료화일의 항목내용은 Figure 1에 나타났다.

2. 플로우 차트

자료화일을 중심으로 하여 자료처리 과정을 도식화한 시스템 플로우차트(system flow-chart)와 자료화일의 생성과 출력과정을 나타내는 프로세스 플로우 차트(process flow-chart)를 Figure 2와 Figure 3 에 각각 나타냈다. 주령별로 농장에서 입력되어 생성, 갱신되는 계군자료화일(ODXXXXX.DAT)을 기본으로 하고, 여기에 적절한 통계처리상의 제한이나 형질간의 연산에 의해 생성되는 새로운 형질이나 변수의 추가 과정을 거쳐 육종자료화일(BDXXXXX.DAT)을 생성한다. SPPB의 가장 큰 특징 중 하나는 사용자의 요구에 의해 다양한 형태의 육종자료화일의 생성이 가능하다는 점이다. 실제로 계군의 유전모수를 추정하기 위해 통계처리할 때 부닥치게 되는 가장 큰 문제점은 가계별 구성원수 제한의 융통성 있는 처리이다. 본 소프트웨어 시스템에서는 육종자료화일을 구성하는데 있어서 사용자의 요구를 충분히 받아들여 이상자료의 처리문제, 기존 형질간의 연산에 의한 새로운 형질의 추가 및

FD LABEL RECORD STANDARD			
VALUE OF FILE-ID 'OD94L03.DAT'.			
		94 : 계군 입추년도	
		L : 계종 표시(L - 산란계종, B - 육용계종)	
		03 : 계군 고유번호	
01 OD-Rec.(개체별 Record)			
03 ID.			
05 Sire		PIC 9(6).	부가계 번호
05 Dam		PIC 9(6).	모가계 번호
05 Prog		PIC 9(6).	개체번호(Key Record)
03 BodyWt	OCCURS 10	PIC 9(4).	체중 측정치(최대 10회)
03 EggWt	OCCURS 10	PIC 99v9.	난중 측정치(최대 10회)
03 FirstEgg		PIC 9(3).	초산일령
03 EggNo	OCCURS 60	PIC 9.	주령별 산란수(15-75 주령)
03 Culling.			
05 CullAge		PIC 9(3).	도태일령
05 CullRem		PIC XX.	도태이유
05 FIL		PIC X(5).	
03 Selection	OCCURS 5		
05 SelNo		PIC 9.	선발횟수, 선발여부
05 SelRem		PIC XX.	비고
05 FIL		PIC X(7).	
03 FIL		PIC X(49).	
01 OF-Rec. (농장 내역 Record)			
03 Farm-Key		PIC 9(18).	Key Record
03 F-Code		PIC XX.	농장코드
03 F-Name		PIC X(20).	농장명
03 F-Zip		PIC X(7).	우편번호
03 F-Address		PIC X(40).	주소
03 F-Tel		PIC X(13).	전화번호
03 FIL		PIC X(150).	
01 OG-Rec.(계군 내역 Record)			
03 Flock-Key		PIC 9(18).	Key Record
03 G-Kind.			
05 G-Kind-1		PIC X(3).	계통-1
05 G-Kind-2		PIC X(3).	계통-2
05 G-Sex		PIC XX.	계통 성별
05 G-Country		PIC X(3).	원산지
05 FIL		PIC X(9).	
03 G-IPChu.			
05 G-YY		PIC 9(6).	입추년
05 G-MM		PIC 9(6).	입추월
05 G-DD		PIC 9(6).	입추일
05 G-Su		PIC 9(5).	입추수
05 FIL		PIC X(7).	
03 G-Family.			
05 G-Sire		PIC 9(3).	부가계수
05 G-Dam		PIC 9(3).	모가계수
05 G-Prog		PIC 9(5).	개체수
05 FIL		PIC X(9).	
03 FIL		PIC X(162).	

Figure 1. File description of source file. .

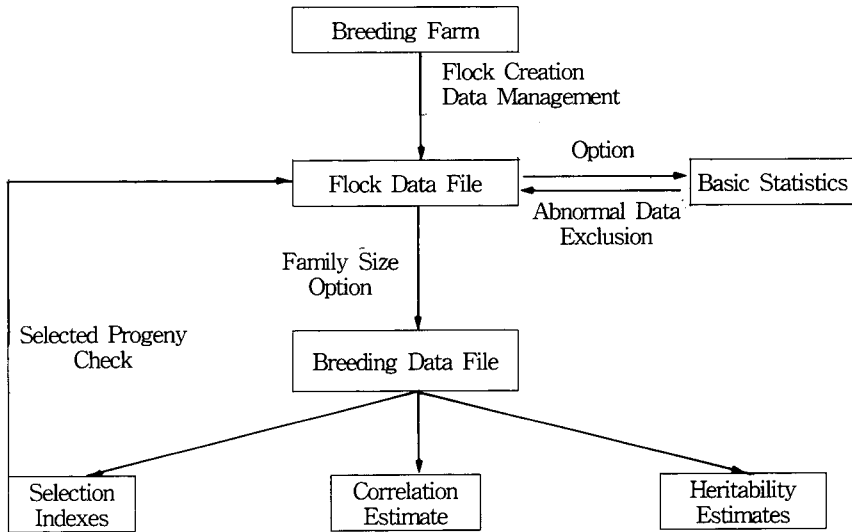


Figure 2. SPPB system flow-chart.

삭제 문제, 부가계와 모가계별 구성원수의 제한 문제 등을 손쉽게 빠르게 처리할 수 있도록 설계·작성하였다.

계군자료화일과 육종자료화일의 가공을 통해서 계군의 유전적인 자질을 파악할 수 있는 여러가지 통계처리 결과가 출력된다. 출력되는 보고서는 대부분 CRT 출력을 위주로 하며, 필요한 경우 해당 단위 프로그램에서 사용자의 요구를 받아 들여 프린터 출력을 할 수 있도록 설계되어 있다.

3. 입력 및 출력 자료

1) 주화면(Main display)

SPPB에서 이루어지는 모든 작업은 주화면에서 해당 작업의 선택으로 처리되며, 각 단위 작업의 처리가 끝난 후에는 다시 주화면으로 복귀하도록 구성되어 있다. Figure 4에 SPPB 작업 내용을 한번에 파악할 수 있는 주화면이 제시되어 있다.

2) 계군등록(Flock creation)

계군등록은 계군 입주시 계군코드, 부화일자, 입추수수, 부가계수, 모가계수, 계종(산란계종 또는 육

용계종), 계통(암계통, 수계통), 생산지코드 등 계군에 관한 기본 사항을 입력하는 프로그램이다. 계군등록 프로그램의 수행에 의해 자동으로 계군자료화일(ODXXXXX.DAT)의 XXXXX에 해당 문자(숫자)가 대치되면서 자료화일이 생성되며, 입력된 자료의 제한적 수정이나 확인이 가능하도록 설계하였다. 계군등록에 이용되는 프로그램의 실행 화면은 Figure 5에 예시하였다.

3) 계군자료관리(Flock data management)

계군자료관리 프로그램에서는 농장에서 발생되는 종계군의 개체별 자료에 대한 입력, 수정, 확인 작업을 할 수 있다. Figure 6에서 보듯이 시스템의 일자(금일)가 표시된 후 일자 수정과 계군코드를 선택하면 자동적으로 해당 계군의 금일 주령(일령)을 계산하여 나타낸다. 자료의 입력은 개체(progeny)별로 처리되는데 계군내의 모든 부가계 번호(sire no)와 부가계내 모가계 번호(dam no)가 순서대로 표시되면서 개체별로 각 형질의 자료를 입력, 수정할 수 있도록 설계하였다. Figure 6에서 가계번호는 6자리로 구성되는데, 6자리의 앞에서부터 2자리씩 각각 부, 모, 자손을 나타낸다. 확인 및 수

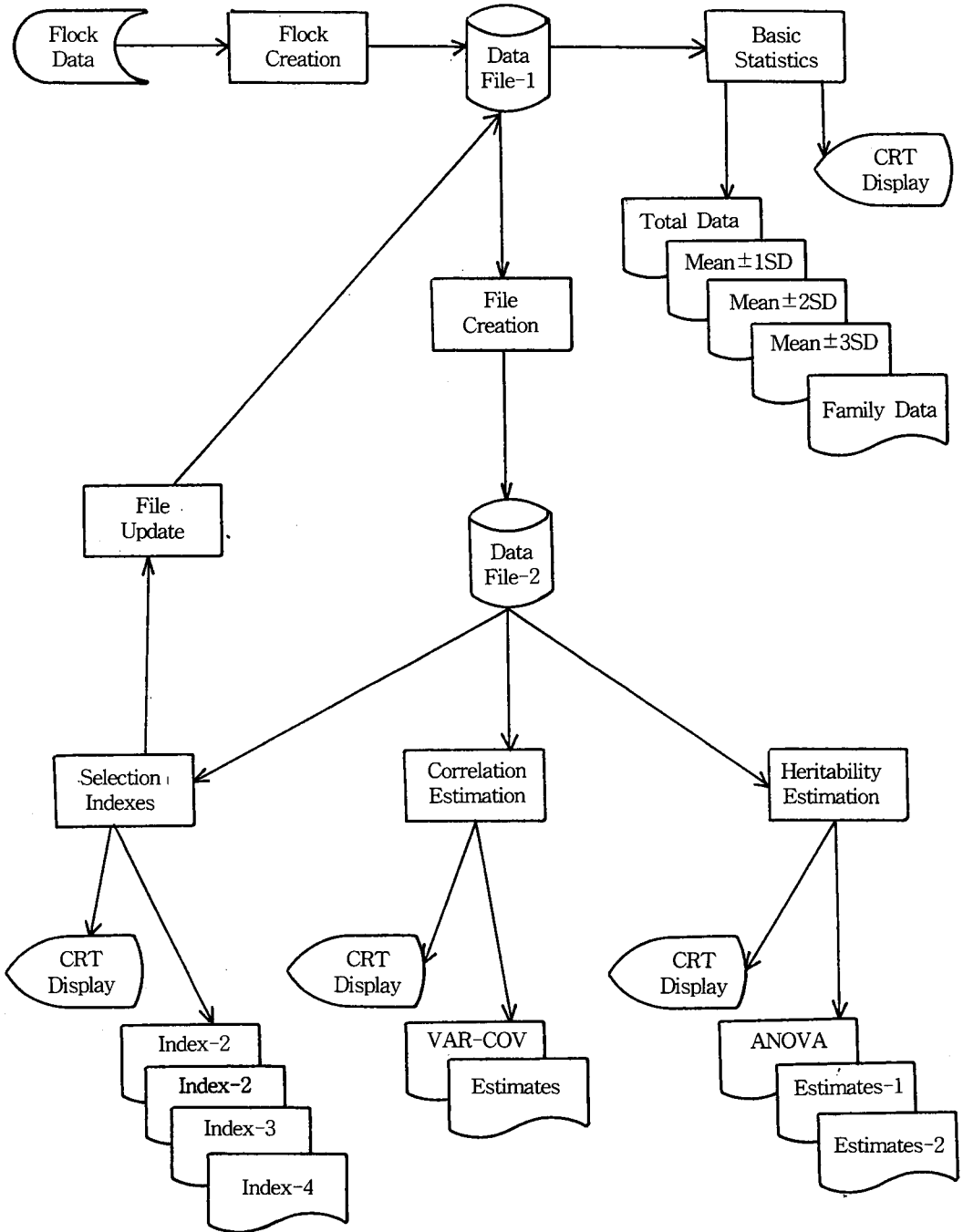


Figure 3. SPPB process flow-chart.

■ SPPB/Statistidal Package for Poultry breeding ■		SHIN GU COLLEGE/1994
(1) Flock Creation (2) Flock Data Management (3) File Creation (4) Basic Statistics (5) Heritability(Sib Correlation)	(6) Heritability(Regression) (7) Correlation (8) Selection (9) Miscellaneous (Q) Quit	
Choose the Job Number :		

Figure 4. Main display.

◆◆ 계 군 등 록 ◆◆		SHIN GU COLLEGE/1994
<input type="checkbox"/> 금 일 : 1995/02/23 <input type="checkbox"/> 현존계군 : <input type="checkbox"/> 계군코드 : <input type="checkbox"/> 부화일자 : <input type="checkbox"/> 계종코드 : <input type="checkbox"/> 계사코드 :	<input type="checkbox"/> 코드확인 : <input type="checkbox"/> 부화수수 : <input type="checkbox"/> 생 산 지 : <input type="checkbox"/> 계 통 :	
〈안내〉 기능키(F3, F5, F7, F9)를 선택하십시오.		
〈선택〉 F3 : 확인	F5 : 수정	F7 : ALLOUT F9 : 종료

Figure 5. Flock creation display.

Flock Data Management/SPPB								SHIN GU COLLEGE/1994
<input type="checkbox"/> 금 일 : 94/01/15 <input type="checkbox"/> 계군코드 : 94LA1 <input type="checkbox"/> 부화일자 : 93/09/05 Sire No : 100203	<input type="checkbox"/> 일자수정(Y/n) : <input type="checkbox"/> 주 령 : 32/03(210) Dam No : 091201							
Progeny	1st	Day	EN32	EW32	BW32	Cull	〈FIL〉	
030101								
030102								
030103								
030104								
030105								
030106								
030107								
030108								
〈선택〉 F3 : 입력	F5 : 확인	F7 : 수정	F9 : 종료					

Figure 6. Flock data management display.

정 작업인 경우에는 원하는 부가계 번호와 모가계번호를 입력함으로써 해당 가계에 속한 개체의 자료화면에 표시되고, 수정을 원하는 부분에 커서를 이동하면서 자료 수정을 할 수 있도록 설계하였다.

4) 육종자료화일 생성(File creation)

종계의 육종학적 가치를 개략적으로 파악하기 위해서는 먼저 종계 집단의 자료 분포 특성을 알아야 한다. 유전모수를 추정하기 위한 통계처리의 이론적 가설은 정규분포를 기본으로 삼고 있기 때문에 대상 계군 자료의 분포상 특징을 알아 내는 것은 중요한 의미가 있을 것이다. 이를 위해서 SPPB에서는 형질별로 중심값과 분산도를 추정하여 정규분포상의 이상치를 보이는 자료 비율을 계산하고 사용자의 선택에 의해 이 자료들을 제외시킴으로써 좀 더 정확한 유전모수의 추정이 가능하도록 설계하였다. 형질별로 평균(mean)과 표준편차(SD)를 구한 후 사용자의 요구(mean \pm 1SD, 2SD, 3SD)를 입력받아 자료화일을 재구성한다.

또한 추정된 유전모수의 신뢰도를 높이기 위해서는 부가계별 모가계 수와 모가계별 자손 수의 최소치에 관한 제한이 필요하다(Robertson, 1959; Dickerson, 1969; Hill, 1970, 1971; Becker, 1975; Ponzoni와 James, 1978). SPPB에서는 이러한 가계별 최소치 제한에 관하여 사용자의 요구를 반영할 수 있도록 부가계별 모가계수 및 모가계별 자손수의 제한치를 입력받아 자료화일을 재구성할 수 있도록 설계하였다. 특히 계군자료화일에 포함되어 있는 기본 형질은 물론이고 사용자의 요구에 따라 특정 기간의 산란수, 특정기간의 평균난중, 산란율, 산란량(egg mass) 등의 새로운 형질을 생성할 수 있도록 형질간의 연산도 가능하도록 설계하였다.

5) 기본통계량 추정(Basic statistics)

분석 대상 계군의 외형적 특성을 파악하기 위한 기본통계량 추정에는 평균(mean), 표준편차(SD), 변이계수(CV%), 최저값(min), 최대값(max), 범위(range), 외도(skewness), 첨도(kurtosis) 등이 포함된다. 프로그램이 실행되면 먼저 대상 계군

의 자료화일명을 입력받은 후 전체 자료에 대한 형질별 기본통계량을 계산하고(Figure 7), mean \pm 1SD(Figure 8), mean \pm 2SD(Figure 9), mean \pm 3SD 을 처리하여 화면에 표시한다. 또한 각 처리별로 표시되는 화면의 하단에 프린터 출력 여부를 묻고 이에 응답함으로써 간단한 조작으로 프린터를 통해 결과를 출력받을 수 있도록 하였다.

부가계별 모가계수와 모가계별 자손수를 사용자 임의로 입력하여 이에 따른 형질별 통계량을 구할 수 있도록 처리한 결과를 Figure 10에 예시하였다. 이 처리는 종료를 표시하는 수치(0)가 입력될 때까지 반복해서 실행되고, 역시 각 처리단계에서 프린터 출력이 가능하도록 설계하였다.

6) 유전력 추정(Heritability)

계군의 유전적 자질을 파악하기 위해서는 먼저 각 형질의 유전력을 추정하는 것이 중요하다. 닭의 여러 경제형질들에 대한 유전력 추정치를 많은 연구자들이 보고하였지만, 이 추정치들은 여러가지 요인에 따라서 서로 다르게 나타나는 것이 대부분이다(Kinney, 1969). 이와 같이 동일 형질에 대한 유전력의 추정치가 대부분 서로 다르게 나타나는 것은 추정방법에 따라 육종학적 해석이 달라지는데 기인되거나(Turner와 Young, 1969; Falconer, 1981), 또는 추정 대상 계군의 유전적 조성에 차이가 있기 때문이다.

일반적으로 unequal nested model의 형식을 취하는 가금에 관한 자료를 이용하여 유전력을 추정하는 경우에는 대부분 반형매간(half-sibs) 이나 전형매간(full-sibs) 의 유사도에 근거하는 분산-공분산분석에 의한 추정방법이 주로 이용되는데, 추정치의 유전학적 해석에 있어서는 오히려 모낭간 회귀분석(regression of daughters on parent)에 의한 방법이 상대적으로 유전분산을 이용하는데 있어서 추정치의 신뢰도가 더 큰 것으로 알려져 있다(Siegel, 1962; Van Vleck과 Doolittle, 1964; Turner와 Young, 1969; 탁태영, 1979; Falconer, 1981; 최연호 1988). 본 연구에서는 사용자가 유전력 추정에 있어서 이상과 같은 육종학적 논점을 충분히 활용하면서 자신의 주관적인

TOTAL DATA									
Total Progeny : 415									
VAR	NO	MEAN	SD	CV(%)	Min	Max	Range	Skewness	Kurtosis
BW1	415	1856.72	179.98	9.7	950.0	3000.0	2050.0	3.23	25.49
BW2	415	2059.66	110.92	5.4	1790.0	2350.0	560.0	0.29	4.06
BW3	415	2501.47	127.41	5.1	2200.0	2900.0	700.0	0.89	5.16
EW1	415	56.87	1.39	2.4	54.5	59.9	5.4	0.30	2.27
EW2	415	59.13	1.14	1.9	57.4	62.1	4.7	0.42	2.70
EW3	415	61.39	1.30	2.1	59.0	63.7	4.7	-0.07	1.72
EW4	415	63.59	1.20	1.9	61.0	65.5	4.5	-0.31	2.05
SM	415	136.00	14.74	10.8	109.0	167.0	58.0	0.08	2.37
EN300	415	136.00	14.74	10.8	109.0	167.0	58.0	0.08	2.37
EN400	415	195.35	17.55	9.0	156.0	230.0	74.0	-0.32	2.58
EN500	415	246.21	15.29	6.2	210.0	275.0	65.0	-0.04	2.80

To continue (Press any key) To print (Press (F2) key)

Figure 7. Basic statistics for total data.

INSIDE ONE SIGMA									
Total Progeny : 415									
VAR	NO	MEAN	SD	CV(%)	Min	Max	Range	Skewness	Kurtosis
BW1	373	1863.73	84.13	4.5	1750.0	2020.0	270.0	0.29	1.87
BW2	328	2049.33	49.78	2.4	1950.0	2150.0	200.0	-0.04	2.01
BW3	326	2485.67	59.63	2.4	2390.0	2600.0	210.0	0.07	1.81
EW1	298	56.73	0.89	1.6	55.6	58.1	2.5	0.16	1.50
EW2	288	59.16	0.71	1.2	58.0	60.2	2.2	-0.26	1.76
EW3	222	61.47	0.78	1.3	60.1	62.5	2.4	-0.32	1.87
EW4	226	63.62	0.64	1.0	62.4	64.7	2.3	-0.02	1.80
SM	262	137.98	7.78	5.6	128.0	150.0	22.0	0.23	1.63
EN300	262	137.98	7.78	5.6	128.0	150.0	22.0	0.23	1.63
EN400	288	198.33	10.03	5.1	178.0	211.0	33.0	-0.52	2.22
EN500	281	244.22	6.23	2.6	233.0	258.0	25.0	0.46	2.65

To continue (Press any key) To print (Press (F2) key)

Figure 8. Basic statistics for data within 1SD.

판단을 고려할 수 있도록 분산-공분산분석방법에 의한 추정과 모낭간 회귀분석에 의한 추정을 별도로 설계하였다.

① 분산-공분산분석에 의한 유전력 추정
(Heritability : Sib-Correlation)

이 방법에 의하여 유전력을 추정하기 위해서는

먼저 추정 대상 형질의 선택과 모가계별 자손수 및 부가계별 모가계수를 선택해야 한다. 사용자가 두 가지 사항에 대한 입력을 끝내면 동일 화면의 하단부에 가계 선택의 결과 정리된 가계수가 계산되어 표시되고 (Figure 11), 다음 화면(Figure 12)에 ANOVA Table과 유전력 추정치 및 추정오차를 알 수 있는 표준오차(SE)가 나타난다. 표준오차의 추정은 Robert-

INSIDE TWO SIGMAS									
Total Progeny : 415									
VAR	NO	MEAN	SD	CV(%)	Min	Max	Range	Skewness	Kurtosis
BW1	408	1842.13	107.23	5.8	1590.0	202.0	430.0	-.040	2.84
BW2	376	2050.98	79.00	3.9	1850.0	2250.0	400.0	0.02	3.84
BW3	378	2486.27	80.12	3.2	2310.0	2650.0	340.0	0.05	2.56
EW1	402	56.77	1.30	2.3	54.5	59.5	5.0	0.19	2.14
EW2	402	59.03	1.02	1.7	57.4	61.0	3.6	0.09	1.98
EW3	415	61.39	1.30	2.1	59.0	63.7	4.7	-0.07	1.72
EW4	402	63.67	1.12	1.8	61.5	65.5	4.0	-0.21	1.86
SM	402	135.00	13.87	10.3	109.0	165.0	56.0	-0.05	2.27
EN300	402	135.00	13.87	10.3	109.0	165.0	56.0	-0.05	2.27
EN400	389	197.88	15.04	7.6	169.0	230.0	61.0	-0.09	2.29
EN500	402	247.38	14.06	5.7	221.0	275.0	54.0	0.25	2.51

To continue (Press any key) To print (Press (F2) key)

Figure 9. Basic statistics for data within 2SD.

FAMILY DATA									
Total Progeny : 415									
VAR	NO	MEAN	SD	CV(%)	Min	Max	Range	Skewness	Kurtosis
BW1	219	1830.46	92.90	5.1	1600.0	1990.0	390.0	-0.23	2.84
BW2	219	2046.16	73.34	3.6	1850.0	2200.0	350.0	-0.42	3.62
BW3	219	2492.37	80.70	3.2	2360.0	2650.0	290.0	0.32	2.04
EW1	219	56.87	1.13	2.0	54.9	59.1	4.2	0.14	1.91
EW2	219	59.02	0.98	1.7	57.4	61.0	3.6	0.06	1.98
EW3	219	61.26	1.20	2.0	59.0	63.1	4.1	-0.10	1.77
EW4	219	63.65	1.09	1.7	61.5	65.2	3.7	-0.17	1.87
SM	219	134.03	12.10	9.0	109.0	153.0	44.0	-0.21	2.26
EN300	219	134.03	12.10	9.0	109.0	153.0	44.0	-0.21	2.26
EN400	219	194.87	13.96	7.2	169.0	220.0	51.0	-0.14	1.92
EN500	219	246.21	12.60	5.1	221.0	275.0	54.0	0.44	3.18

Family Size Option	Sires	Dams	Progeny
Progeny/Dam = 3	Total Data 16	77	415
Dams/Sire = 4	Family Data 10	52	219
	Percentage(%) 62.5	67.5	52.8

To continue (Press any key) To print (Press (F2) key)

Figure 10. Basic statistics for family data.

son(1959), Dickerson(1969), Hill(1970, 1971) 및 Becker(1975) 의 방법을 적용하였다.

② 모낭간 회귀분석에 의한 유전력 추정 (Heritability- regression)

모낭간 회귀분석에 의한 추정방법도 가계 구성원의 수가 다름에 따라서 ① 자손의 평균 능력에 의한 추정방법 ② 자손의 수에 따라 반복 추정하는 방법 ③ 자손의 수에 의해 가중치를 적용하여 추정하는 방법 등으로 나뉘지는데, 일반적으로 가중치를 적

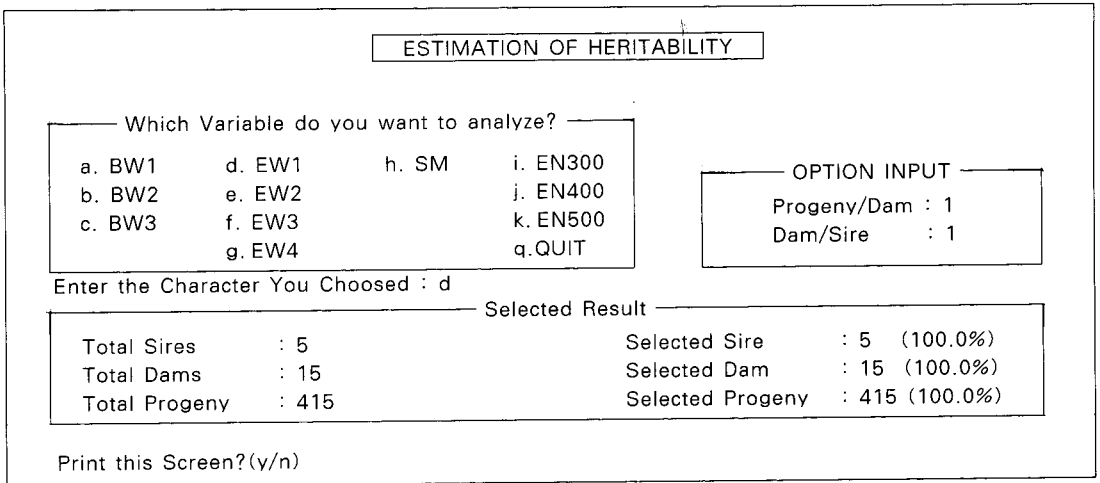


Figure 11. Input display for heritability estimation.

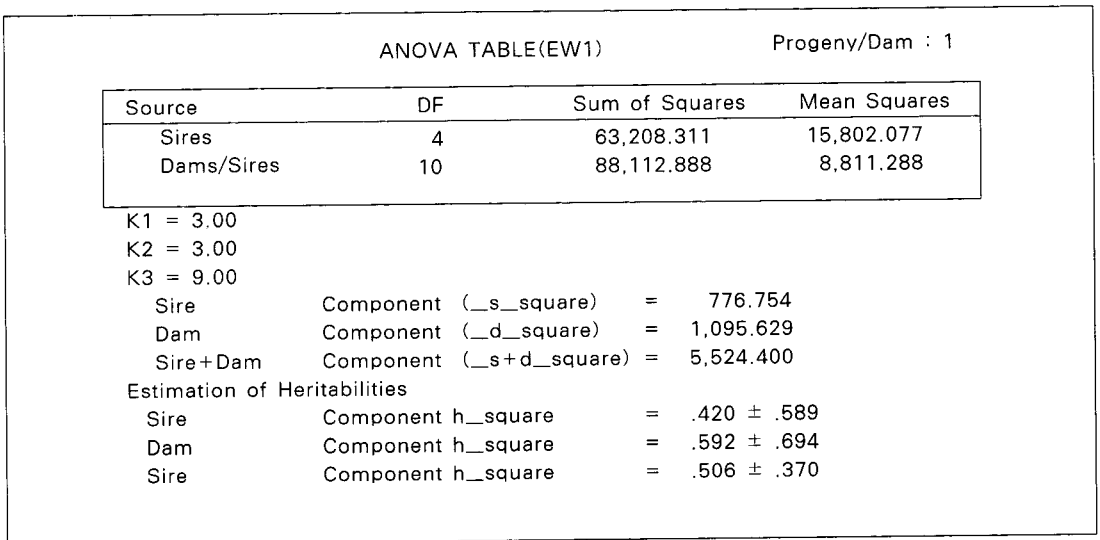


Figure 12. Heritability estimates display.

용하는 방법이 가장 신뢰도가 높다고 알려져 있지만 그 추정방법의 복잡성으로 인하여 통상 반복추정 방법이 많이 이용되고 있다(Kempthorne과 Tandon, 1953 ; Bohren 등, 1961 ; Becker, 1975). 본 시스템에서는 반복추정방법으로 유전력을 추정할 수 있도록 프로그램을 설계·작성하였다.

7) 상관계수 추정(Correlation)

두 형질 사이에서 나타나는 유전상관은 주로 유전자의 다면작용(pleiotropism)과 유전자 연관(linkage)에 의해 나타나는데, 이중 연관에 의한 효과는 세대가 경과함에 따라 유전자 분리와 재조합에 의해 감소되기 마련이므로 매우 밀접한 연관관계

Components Of Variance And Covariance			
Source	BW1 (square)	BW1×BW2 (covariance)	BW2 (square)
Sires	3,360.864	3,240.432	3,193.086
Dams/Sires	6,371.111	4,592.962	3,205.185
Progeny/Dams	3,077.777	3,110.000	5,737.777

Progeny/Dam : 1
Dams/Sire : 1

Genetic Correlations
 r_G_s = 0.989
 r_G_d = 1.016
 r_G_s+e = 0.992

Enviromental Correlations
 r_E_s = -2.192
 r_E_d = -2.383
 r_E_s+e = -2.253

Phenotypic Correlation
 r_P = 0.877

Print this screen?(y/n)
 Do you want another analysis?(y/n)

Figure 13. Correlation coefficients estimates display.

SELECTION INDEXES

This program is designed for estimation of selection index in various methods.

Index Numbers are as follows :

- 1 : Normal Selection Index
- 2 : Realized selection Index
- 3 : Restricted selection Index
- 4 : Desired selection Index
- Q : To end this Program

Please Enter Your Job Number :

Figure 14. Choice of the wanted selection index.

가 아니라면 대부분의 유전상관은 유전자의 다면 작용에 의해 나타나게 된다. 계군의 유전적 자질을 평가하고 특히 특정 형질에 대하여 선발을 실시하는 경우에는 유전상관의 정도를 추정해야 한다 (Falconer, 1981). 본 시스템에서는 형질간의 공분산분석에 의해 표현형상관계수, 요인별 환경상관계수 및 유전상관계수(부분산-공분산, 모분산-공분

산, 부모분산-공분산)를 추정할 수 있도록 하였다.

유전력 추정시와 마찬가지로 사용자가 추정을 원하는 두 형질과 부가계 및 모가계수의 제한치를 입력하면 Figure 13과 같이 상관계수의 추정치를 얻을 수 있다.

Normal Selection Index (Your Input Data)			
(P-Matrix)			
FE	EMA		
0.0625	-0.4810		
-0.4810	9.0000		
(A-Matrix)		(G-Matrix)	
FE	EMA	FE	EMA
-50.0000	12.0000	0.0313	-0.1125
		-0.1125	4.0500
continue? (Y/N)			

Figure 15. Input data in normal selection index.

Normal Selection Index			
(ESTIMATION)			
(1) B-Vector			
FE	EMA		
-0.3934	6.0040		
(2) Genetic Change / One SD of Index			
FE	EMA		
-0.0380	1.3477		
(3) Variance of the Index	:	326.7113	
(4) Variance of the Aggregate G-Value	:	796.3250	
(5) Accuracy of the Selection	:	0.6405	
Print Screen? [F2]			

Figure 16. Estimates display in normal selection index.

8) 선발지수의 추정(Selection)

닭의 주요 경제형질을 대상으로 하여 선발실험을 하는 경우는 비교적 선발지수 추정과 이에 따른 유전적 개량량의 예측이 가능하다(Nordskog과 Festing, 1962; Smith와 Bohren, 1974; Marks, 1981). 그러나 상업용 목적으로 선발, 유지되는 계군에서는 선발형질이 여러 개가 되는 경우가 보통이고, 정확한 선발이론을 기초로 하여 선발을 실시하는 것이 어려우므로 적용된 선발지수를 추정하는 것과 선발에 의한 유전적 개량량을 추정하는 데 많은 어려움이 생긴다(Nordskog 등, 1974). 본 시스템에서는 실험계군 뿐만 아니라 상업용 종계군에서도 선발지수와 선발에 의한 유전적

개량량의 추정이 가능하도록 다음 4가지 추정 방법을 고려하여 프로그램을 설계·작성하였다. 선발지수 추정에 이용할 수 있는 형질의 수는 5가지로 제한하였으나, 그 이상의 형질을 고려해야 되는 경우에도 프로그램을 간단히 수정하여 처리할 수 있도록 하였다.

① Normal Selection Index : 표현형 분산-공분산과 유전분산-공분산 및 각 형질의 경제적 중요도를 고려하여 추정(Becker, 1975)

② Realized Selection Index : 형질별로 육종목표의 상대적인 비중에 의해 선발이 이루어진 경우에 추적에 의해 선발지수를 추정하는 추적선지수방법(selection index introspect)로서 Magee (1965), Allaire와 Henderson(1966), Berger

와 Harvey(1975), Yamada(1977), Lin(1978), Yamada와 Naito(1982) 등의 방법을 이용하여 추정

③ Restricted Selection Index : 특정 형질에 제한을 가한 후 선발지수를 추정(Cunningham 등, 1970)

④ Desired Selection Index : 목표로 하는 유전적 개량량을 설정하고 선발하는 경우 직접 선발지수를 추정하는데 고려되지 않은 형질에서도 유전적 개량량을 추정할 수 있는 선발 지수 추정으로서 Yamada 등(1975) 이 제시한 방법으로 설계프로그램이 실행되면 Figure 14에서 보듯이 사용자는 먼저 원하는 선발지수를 선택하게 되고, 화면의 입력 지시에 따라서 해당 자료를 입력하면 입력자료의 확인 절차(Figure 15)를 거쳐 원하는 선발지수와 추정된 지수의 정확도 및 유전적 개량량 변화치 등의 추정치가 화면에 나타난다(Figure 16).

다른 프로그램에서와 마찬가지로 모든 화면 출력 결과는 사용자의 요구에 따라 프린터로 출력이 가능하며, 특별히 화면 출력 결과를 text 상태의 화일로 저장할 수 있는 프로그램을 패키지에 함께 포함시켰다.

한편, 선발 대상 계군에 적용할 선발지수가 결정되면 다시 육종자료화일을 불러 들여 이 화일의 끝부분에 개체 record 별로 선발 여부를 표시함으로써 교배계획의 작성이나 다음 년도 계군화일의 생성에 도움을 줄 수 있도록 설계하였다.

적 요

본 연구는 PC를 이용하여 종계자료의 수집과 유전분석을 위한 각종 통계처리 과정을 전산화함으로써 국산종계의 육종사업에 도움을 줄 수 있는 관련 소프트웨어를 설계하고 연구, 개발하는 데에 그 목적을 두고 수행하였다.

소프트웨어 설계의 주안점은 종계장에서의 자료입력부터 시작하여 계군에 대한 유전분석까지를 중복지의 자료의 입력이나 처리를 하지 않으면서 동시에 사용자의 요구를 충분히 반영할 수 있도록 패키지

형태로 시스템을 설계하고 작성하는 것이었다. 연구 결과 개발된 SPPB(Statistical Package for Poultry Breeding) 시스템을 활용하여 기본화일 생성, 자료 입력, 육종화일 생성, 기본 통계량 추정, 유전모수 추정, 선발지수 추정과 선발된 개체 및 개체 화일 생성을 전산처리할 수 있다. 대상 자료의 선택이나 추정 방법 등에 융통성을 부여함으로써 처리과정에서 사용자의 육종학적 주관을 고려할 수 있도록 설계하였다.

개발된 시스템의 효율성을 검증하기 위하여 부분적으로 종계자료를 수집하여 전산처리한 결과 각 단위 프로그램의 정확성과 프로그램 사이의 연관성은 만족할 만한 것이었으나, 민간 종계장에서 실제 계군을 대상으로 실험하는 것이 불가능하여 시스템의 완벽성을 입증하지는 못하였다. 또한 종계장에서 이루어지는 일반적인 종계관리 업무의 전산화를통합시킬 수 있는 소프트웨어 시스템의 개발에 관한 연구가 앞으로 폭넓게 진행되어야 될 것으로 생각한다. (색인 : 개인용 컴퓨터(PC), 소프트웨어시스템, 유전분석, 종계육종)

인용문헌

- Allaire FR, Henderson CR 1966 Selection practiced among dairy cows II. Total production over a sequence of lactations. J Dairy Sci 49:1435-1440.
- Becker WA 1975 Manual of procedure in quantitative genetics. Washington State Univ., Pullman, Washington.
- Berger PG, Harvey WR 1975 Realized genetic parameters from index selection in mice. J Animal Sci 40:38-47.
- Bohren BB, McKean HE, Yamada Y 1961 Relative efficiencies of heritability estimates based on regression of offspring on parent. Biometrics 17:481-491.
- Cunningham EP, Moem RA, Gjedrem T 1970 Restriction of selection indexes. Biometrics 26:67-74.

- Dickerson GE 1969 Techniques for research in quantitative animal genetics. Techniques and procedures in Animal Science Research: 36-79.
- Falconer DS 1981 Introduction to quantitative genetics. 2nd ed. Longman Inc. New York.
- Hill WG 1970 Design of experiments to estimate heritability by regression of offspring on selected parents. Biometrics 26:566-571.
- Hill WG 1971 Design and efficiency of selection experiments for estimating genetic parameters. Biometrics 27:293-311.
- Kempthorne O, Tandon OB 1953 The estimation of heritability regression of offspring on parent. Biometrics 9:90-100.
- Kinney TB 1969 A summary of reported estimates of heritabilities and of genetic and phenotypic correlations for traits of chickens. Agricultural Handbook No. 363. USDA.
- Lin CY 1978 Index selection for genetic improvement of quantitative characters. TAG 52:49-56.
- Magee WT 1965 Estimating response to selection. J Animal Sci 24:242-247.
- Marks HL 1981 Selection for egg mass in the domestic fowls 1. Response to selection. Poultry Sci 60:1115-1122.
- Nordskog AW, Festing M 1962 Selection and correlated responses in fowl. Proc 12th World's Poultry Congress. Sydney.
- Nordskog AW, Tolman HS, Casey DW, Lin CY 1974 Selection in small populations of chickens. Poultry Sci 53:1188-1219.
- Ponzoni RW, James JW 1978 Possible biases in heritability estimates from intra-class correlation. TAG 53:25-27.
- Robertson A 1959 Experimental design in the evaluation of genetic parameters. Biometrics 15:219-226.
- Siegel PB 1962^a Selection for breast angle at eight weeks of age I. Gene interactions and heritabilities. Poultry Sci 41:1177-1185.
- Siegel PB 1962^b Selection for body weight at eight weeks of age I. Short term response and heritabilities. Poultry Sci 41:954-962.
- Smith KP, Bohren BB 1974 Direct and correlated response to selection for hatching time in the fowl. Brit Poult Sci 15:597-604.
- Turner HN, Young, SSY 1969 Quantitative genetics in sheep breeding. Cornell Univ Press, New York.
- Van Vleck LD, Doolittle DP 1964 Genetic parameters of monthly egg production in the Cornell Controls. Poultry Sci 43:560-567.
- Yamada Y, Yokouchi K, Nishida A 1975 Selection index when genetic gains of individual traits are of primary concern. Jap J Genetics 50:33-41.
- Yamada Y 1977 Evaluation of the culling variate used by breeders in actual selection. Genetics 86:885-899.
- Yamada Y, Naito M 1982 Evaluation of realized selection in poultry populations selected for egg production. Proc World Congress Genetics Applied to Animal Production.
- 강근석 김성철 김지현 이윤오 이정진 이창수 1994 PC 통계학 자유아카데미 서울.
- 박성현 허문열 1983 전산통계 경문사 서울.
- 조상문 1989 Turbo PASCAL 대은출판사 서울.
- 조상문 장종준 1992 터보 C 와 C++ 생능 서울.
- 조상문 1993 COBOL 85 프로그래밍 대은출판사 서울.
- 최연호 1988 난용종계의 선발에 의한 유전적 개량량 추정에 관한 연구 서울대학교 박사학위 논문집.
- 최연호 조상문 최부들 1990 채란양계 농장의 전산시스템 개발에 관한 연구 한국축산학회지 32(11):724-739.
- 최연호 1992 국산 산란종계의 유전분석을 위한 컴퓨터 프로그램 개발에 관한 연구 신구전문대학 논문집 10:367-386.

탁태영 1979 닭의 양적형질에 대한 유전적모수 및 선발지수 추정에 관한 연구 건국대학교 박사학위 논문.

伊藤捻 1989 컴퓨터-(パソコン)에對する考
え方について デ-リイジャパ社 東京.

藍光輝 1989 畜産におけるマイクロコンピューター利

用の背景と今後の課題 デ-リイジャパ社 東京.

吉田實 阿部猛夫 1987 畜産における統計的方法 中央
畜産會 東京.

平尾秀夫 1990 TURBO PASCALによる統計入門
朝倉書店 東京.