

## 국내 듀록의 종돈장간의 교류현황과 유전능력평가에 미치는 효과

서재호<sup>1</sup> · 신지섭<sup>1</sup> · 노재광<sup>1</sup> · 송치은<sup>2</sup> · 도창희<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>충남대학교 농업생명과학대학 동물바이오시스템학과, <sup>2</sup>한국 종축개량협회

## The Situation of Genetic Exchange in Duroc Breed and Impacts on Genetic Evaluation

Jae-Ho Seo<sup>1</sup>, Ji-Seob Shin<sup>1</sup>, Jae-Kwang Noh<sup>1</sup>, Chi-Eun Song<sup>2</sup> and Chang-Hee Do<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Chungnam National University, Daejeon 305-764, Korea, <sup>2</sup>Korea Animal Improvement Association, Seoul Korea

### ABSTRACT

The study was carried to identify the impact on nation-wide genetic evaluation and to obtain basic materials for the development of strategies in Swine Improvement Network Project (SINP). Data consisted of pedigree records of 235,511 and performance records of 70,747 for Duroc from 1987 to 2010 were collected by Korea Animal Improvement Association. Performance traits included three point back fat thickness (Shoulder, Belly, Waist), loin area, days to 90 kg and average daily gain. Exchange of genetic resources cross the breeding farms was not high, and furthermore the sizable farms which can accommodate genetic evaluation within the farm were scarce. Three data sets (individual farm evaluation: I, two sub-group evaluation: S, and whole eight farm evaluation: P) were used for genetic analysis. Genetic variances were larger in subordinate farms than in joiners farms for connectedness, and consequently the heritabilities were generally higher in subordinate farms than in joiner farms with I. The standard errors of heritability were small in the order of I, S and P. Estimated average inbreeding coefficients were 1.12%, 0.95% and 1.53% for joiner and subordinate group with S and population with P, respectively. The estimated correlations of breeding values with I and P were lowest. The correlations of breeding values with I and P for traits ranged 0.22 to 0.45 for moved parent animals and 0.24 to 0.72 for all animals. The results in the study suggest that nation-wide evaluation uses more pedigree information and improves accuracy. Furthermore SINP for connectedness could help to improve the accuracy of evaluation.

(Key words : Swine improvement network project, Duroc, Genetic evaluation, Breeding value, Correlation)

### 서 론

국내 종돈산업은 양적 질적으로 많은 발전을 이루었는데, 특히 질적인 면에서는 종돈등록과 검정을 통하여 품종을 유지 발전시켜 왔다. 농장검정 기록은 한국종축개량협회의 데이터베이스에 수록되고 국가 단위의 유전능력평가에 이용되고 있다. 종돈장에서도 육종 전문가를 채용, 자체적으로 유전능력평가를 수행하기도 한다. 농장의 자체평가는 평가 후 농장 내 선발에 이용되지만, 공인기관의 능력평가가 아니므로 종돈의 판매 시에는 공인된 자료로 사용할 수 없다. 한편 국내 종돈장간 유전자원의 교류가 활성화되지 않아, 종돈장내에 근친이 높아질 때마다 외국으로부터 종돈의 도입이 반복되어왔다. 이런 산업의 모습은 초창기 국내 종돈산업의 기술적인 발전에 크게 기여하였으나, 종돈장내의 적은 모집단에서 선발과 도태가 이루어짐으로써, 종돈의 선발강도가 낮아지고, 어느 정도 시일이 경과되면 다시 근친의 문제가 발생하며, 국가단위의 유전능력

평가에서도 종돈장간의 혈연적 연결성 (connectedness)이 없어 종돈장간의 종돈 능력의 비교가 불가능하여 종돈의 건전한 소비 시장 형성에 도움을 줄 수 없게 되었다.

선행모형에서 연결성 (connectedness)의 문제는 불균형 된 자료에서 추정가능성에 대한 문제이다 (Chakrabarti, 1963). 그러나 임의효과인 육종가의 BLUP을 추정할 때는 계수행렬 (coefficient matrix)에 영향 받지만, 정의된 평균과 분산을 가진 임의효과로 추정되므로, 연결성이 없어도 항상 추정가능성을 갖게 한다 (Fernando 등, 1983). 임의효과의 추정에서 연결성이 부족할 때 추정된 유전능력평가에서 편의가 초래되고 (Hanocq 등, 1996; Lewis 등, 1999; Kuehn 등, 2008), 예측오차분산 (PEV: prediction error variance)이 커지고, 평가의 정확도가 떨어진다 (Foulley 등, 1992). 연결성이 없는 축군 간의 차이에 대한 분석에서 유전적 분산은 축군 내의 유전적 분산만큼 높은 차이가 생길 수 있어 (Lewis 등, 1999), 연결성이 없는 축군 간의 유전능력평가와

\* Corresponding author : Chang-Hee Do, Chungnam National University, Dahak-ro 99, Yuseong, Daejeon, Korea. Tel: 82-42-821-5784, E-mail: ivando@cnu.ac.kr

이를 토대로 한 순위 매김은 의미가 줄어든다.

연결성 (Connectedness)은 일반적으로 축군 간의 종축을 교환하거나 여러 관리그룹 내에서 공통 종모축의 이용을 통해 얻어진다. 영국에서는 유전적 연결을 위해서 협동육종프로그램 (cooperative breeding scheme)을 활용하고 있다(Lewis와 Simm, 2000). 이 프로그램은 양에서 유전적 개량을 증대하기 위해 오래동안 사용된 방법으로서 축군 간을 이어주도록 고안되었으며, 우수 종모축의 사용 시 선발의 정확도를 제고하고, 유전적 개량량을 증대시킨다(Honocq 등, 1996; Roden, 1996; Lewis와 Simm, 2000). 양에서 집단내의 양의 정육율을 증가시키기 위해 AI용 종모축을 이용하였다(Simm 등, 2001). 미국의 양 산업에서도 NSIP (National Sheep Improvement Program)을 통한 유전자원의 교류와 유전평가는 각 생산자들의 선발에 유용하게 이용되고 있다(Notter, 1998). 국내에서도 농림수산식품부에서는 2008년부터 돼지개량네트워크 사업을 시작하여, 질병관리가 잘되는 종돈장간에 종돈자원을 교류하는 사업을 시작하였다.

본 연구에서는 국내 듀록 품종 종돈의 교류현황과 또한 유전자원 교류가 국가단위의 유전능력평가에 미치는 영향을 평가하고, 돼지개량네트워크 사업을 통한 돼지개량 전략 마련을 위한 기초자료를 수집하기 위하여 이 연구를 수행하였다.

## 재료 및 방법

### 1. 공시재료

본 연구에는 1987년부터 2010년까지 총 235,511건의 등록자료와 70,747건의 검정자료를 이용하였으며, 연도별 분포는 Table 1과 같다. 조사에 이용된 형질은 보정되지 않은 등지방두께(어깨, 등, 허리)와 등심단면적, 그리고 보정되어진 90 kg 도달일령과 일평균증체량이다. 등지방 두께는 초음파측정기(Piglog 105 : Carometec A/S, Copenhagen, Denmark)를 사용하여 제 4늑골의 어깨 부위 (Shoulder fat), 최후 늑골의 등 부위 (Back fat), 최후 척추의 허리 부위 (Waist fat)의 3개 부위에서 측정하였고, 등심단면적은 같은 기종의 초음파 측정기를 이용 최후 늑골의 정중선에서 측방 5 cm 부위를 측정하였다(Hamlin 등, 1995). 등지방 두께와 등심단면적은 검정종료체중 측정 시에 조사되었으나 90 kg으로 보정하지 않고 분석에 사용하였다. 일평균 증체량 (Dgain)은 검정기간의 1일 평균 증체량으로 다음 식과 같이 계산되었다.

$$Dgain = (\text{종료 체중} - \text{검정개시 체중}) / (\text{종료일령} - \text{개시일령})$$

90 kg 도달일령 (D90 kg)은 검정 종료 시 체중을 이용하여 다음과 같이 계산하였다.

$$D90\text{ kg} = \text{Age} + \frac{(90\text{ kg} - \text{실측체중}) \times (\text{Age} - 38)}{\text{실측체중}}$$

식에서 Age는 종료체중 측정 시 일령이다.

이 형질들에 대한 기본 통계량은 Table 2에 제시되었다.

Table 1. Distribution of Duroc records registered and tested according to birth year

Birth year	Registry	Performance
≤ 1999	5,954	1,948
2000	13,641	4,521
2001	23,155	6,259
2002	26,456	7,008
2003	23,383	7,047
2004	22,207	7,055
2005	23,033	7,991
2006	23,849	8,119
2007	21,736	7,641
2008	21,614	6,074
2009	23,416	6,946
2010	7,067	138
Total	235,511	70,747

### 2. 분석 방법

검정자료에 대한 기초 분석은 SAS 통계패키지 및 Excel (Micro Software Inc.)을 이용하였고, 종돈의 이동, 혈통의 연계 추적을 위해서 데이터베이스 SQL anywhere (SyBase Inc.)를 이용하였으며 유전능력평가를 위해서 Wombat 프로그램을 이용하였다 (Meyer, 2010). 유전자원 교류 효과를 조사하기 위한 종돈의 다형질 유전능력 평가는 다음의 선형식을 이용하였다.

$$y_i = Xb_i + Za_i + e_i$$

식에서,

$y_i$  :  $i^{th}$  형질의 관측치 vector

X와 Z : 각각의 효과와 기록과 관련된 incidence matrices

$b_i$  : 출생년, 성, 어미의 산차, 검정 종료일령의 공변량과 동기간 그룹 고정효과를 포함하는 vector

$a_i$  :  $i^{th}$  형질에 대한 개체의 유전효과 vector

$e_i$  :  $i^{th}$  형질에 대한 임의의 잔차 vector

유전능력평가를 위해서 전체 자료중 유전적 연계를 가지고 있는 8개 종돈농장의 자료를 가지고 유전능력을 평가하였다. 농장 간 유전적 관계의 연결고리를 가지고 있는 4개의 거점 종돈장 (joiner farm), 이 농장들에 의해서 유전적으로 연결된 4개의 종속 종돈장 (subordinate farm)으로 분류하였다. 유전능력의 분석은 다음의 3단계로 하였다. 먼저 농장간의 혈연관계를 무시하고 종돈장 별로 개별평가 (I)하였고, 둘째로 어느 정도 농장간의 혈연관계가 이용될 수 있도록 거점농장 4개와 종속농장 4개를 각각 그룹으로 만들어 2개의 그룹을 평가 (S)하였고, 끝으로 8개의 농장을 포함하여 농장 간에 교류된 유전자원에 의하여 연결된 혈연관계를 이용하여 동시

Table 2. Basic statistics of the traits

Birth year	No.	Days to 90 kg	S.D.	Daily gain (g)	S.D.	Back fat (mm)	S.D.	Lean (%)	S.D.	Loin (cm <sup>2</sup> )	S.D.
1999	1,948	141.0	10.7	663.5	63.6	13.58	2.74	54.4	4.7	30.5	8.7
2000	4,521	143.8	11.4	646.5	64.2	13.32	2.47	54.2	6.0	30.0	9.0
2001	6,259	144.9	12.5	640.5	67.6	12.53	2.26	56.0	5.3	28.9	6.8
2002	7,008	144.5	11.9	645.5	65.1	11.95	2.25	56.4	5.0	28.4	6.4
2003	7,047	145.6	12.6	639.8	67.8	12.47	2.34	56.6	4.7	29.1	5.8
2004	7,055	146.5	13.2	634.4	68.8	12.69	2.40	56.6	6.2	30.5	5.6
2005	7,991	147.4	12.9	628.1	67.9	12.39	2.61	57.6	6.1	29.1	3.3
2006	8,119	146.3	13.3	635.2	68.5	12.39	2.34	57.5	6.3	29.7	3.6
2007	7,641	145.5	14.1	640.1	72.4	12.27	2.37	56.2	6.6	28.5	3.5
2008	6,074	147.2	14.5	628.8	74.7	12.48	2.47	56.7	5.3	28.3	3.6
2009	6,946	142.3	12.6	654.6	67.2	13.06	2.37	57.1	3.6	27.8	3.5
2010	138	135.5	10.0	681.4	65.3	12.62	2.21	58.3	2.8	28.3	3.6
Total	70,609	145.4	13.0	639.7	69.0	12.55	2.43	56.6	5.6	29.1	5.4

S.D. represents standard deviation.

한 번에 평가 (P)하였다. 전체를 평가하는 세 번째 단계가 모든 혈연정보를 활용하여 분석하게 되므로 세 종류 분석의 기준으로 삼았다. 분석은 유전모수의 추정과 유전능력평가 그리고 근친계수를 계산하였다.

## 결과 및 고찰

### 1. 국내 듀록 품종 사육 및 교류현황

듀록 품종으로 검정에 참여하는 우리나라 종돈장의 수는 60여 개에 달하고 있다. 듀록 품종은 일반적으로 종돈장들에게 수익을 많이 올려주는 품종은 아니어서 국내농가들이 선호하는 것은 아니다. 요크셔와 랜드레이스와 같은 모계 품종을 공급할 때, 소비자가 같이 구매할 수 있도록 부계 종료 웅돈으로 듀록을 구비하고 있는 실정이다. 따라서 듀록 품종 사육 종돈장의 수가 적기도 하고, 더 불어서 종돈 사육규모도 모계 품종인 요크셔나 랜드레이스보다 작다. 이러한 제반 여건은 듀록 품종에 있어서 종돈장들이 계통조성을 하기 어려운 조건하에 있다고 할 수 있다. 듀록 품종의 종돈 사육여건을 감안할 때 다른 품종보다 활발하게 종돈의 교류가 발생할 수 있는 환경임을 알 수 있다. 그러나 종돈의 위생방역 여건상 신뢰하지 못하는 농장에서 종돈의 도입은 적극적으로 피하려 한다. 그럼에도 불구하고 Table 3에서 같이 듀록 종돈의 교류가 일정 부분 이루어지고 있다. 실제로 듀록을 검정하고 있는 종돈장 보다는 훨씬 많은 수의 종돈장들이 타 종돈장의 듀록을 도입하여 사육하고

있는 것을 알 수 있다. 등록 종돈의 교류는 현실적으로 근친을 피하여야 하고, 외국에서 도입하기에는 비용의 문제가 있기 때문인 것으로 사료된다. Table 3은 검정돈의 교류에 대한 현황도 보여주고 있다. 여기에서 살펴보면 검정 종돈장의 수가 급격히 줄어든 것을 알 수 있다. 검정 참여 종돈장들에서 종돈의 이동은 계열 종돈장간의 이동도 일부 포함되어 있다. 따라서 엄밀하게 조사한다면 계열 종돈장들의 종돈은 초기에 같은 기반 돈군 (base population) 을 갖고 있는 종돈일 가능성이 높다.

Table 4, 5와 6은 이동된 종돈과 그 자손들의 수를 보여주고 있다. 등록된 종돈들 중 이동 개체 수는 Table 4에 제시되어 있는데 1999년 출생년부터 2010년 출생년까지 웅돈의 이동이 한국축육개량협회 데이터베이스에 수록되어 있는 두수는 1,012두 이다. 우리나라 종돈 시장의 규모로 볼 때 이 수치가 적은 수는 아니다. 암태지의 경우 그보다 2배 이상 많은 2,279두이다. 이러한 규모의 숫자라면 여기에 이동된 종돈의 자손들이 많이 생산되었을 것이며 웅돈의 경우 이동되고 생산한 자돈수가 암수 포함하면 10만두를 넘고 있다. 종빈돈의 경우 이동 후 생산한 자돈 수는 암수 합하여 4만두 가까이 된다. 여기에는 AI센터에서 활용되는 종모돈 그리고 인공수정용 정액까지 포함되어 있을 가능성이 높다. 이런 수치를 감안하여 보았을 때 종돈업 등록을 하고 종돈장을 영위하면서 발생하는 자료가 한국축육개량협회에서 관리되고 있다는 점이 고무적인 일이라 사료된다. 이동이 없는 것 보다는 가축개량에 기여할 소지가 있지만, 그러나 등록된 종돈의 이동이 모두 개량을 위한 것이라고 생각하는 것은 무리가 있다.

Table 3. Number of farms participated in the trade of registered and tested pigs between farms according to birth year of offspring

Birth year	Registered				Tested			
	Male		Female		Male		Female	
	Seller	Buyer	Seller	Buyer	Seller	Buyer	Seller	Buyer
1999	4	4	4	4	1	1		
2000	18	24	9	12	4	4		
2001	22	48	15	27	4	4	1	1
2002	33	61	21	42	8	11	5	7
2003	31	56	22	33	9	13	5	6
2004	34	50	22	30	9	12	5	5
2005	47	48	27	29	11	14	7	9
2006	46	47	32	30	10	15	8	9
2007	49	54	35	38	12	15	8	12
2008	46	44	24	27	11	12	7	9
2009	38	38	18	26	9	16	8	9
2010	27	29	12	16	7	13	6	6
Pooled total	98	96	67	86	21	45	17	26

Table 4. Number of registered animals (parent and offspring were raised in different farm) according to birth year of offspring

Birth year	Sire			Dam		
	No. of sire	Female	Male	No. of dam	Female	Male
1999	4	10	81	13	12	26
2000	45	387	855	99	119	259
2001	138	3,114	4,210	247	935	1,168
2002	248	5,169	7,269	524	1,783	2,376
2003	277	5,322	7,588	566	2,659	3,443
2004	248	5,815	7,787	536	1,970	2,934
2005	265	5,934	7,566	595	2,065	2,724
2006	244	4,664	6,243	459	2,472	2,906
2007	210	3,284	4,545	339	1,531	1,959
2008	198	3,864	4,662	273	1,406	1,796
2009	248	4,931	5,642	373	1,967	2,073
2010	110	2,080	2,255	163	650	698
Total <sup>1)</sup>	1,102	44,574	58,703	2,279	17,569	22,362

Note <sup>1)</sup> indicates pooled numbers for sires and dams.

Table 5에는 등록 검정된 종돈의 이동두수 현황이 제시되었다. 수치는 그래도 가장 계통조성에 활용된 수치에 근접한 것이라고 말할 수 있다. 앞에 암·수 각각 752두와 1,479두의 검정돈 중에 189두와 571두만이 후손들이 검정을 받았다는 것을 보여주고 있다. 이 수치는 대부분의 검정돈을 공급받아 개량을 위한 것이라기 보다는 종돈을 생산하여 분양 또는 판매하는 데에 검정을 활용한

Table 5. Number of tested animals (parent and offspring were raised in different farm) according to birth year of offspring

Birth year	Only offspring tested						Both parent and offspring tested					
	No. of sire	Offspring		No. of dam	Offspring		No. of sire	Offspring		No. of dam	Offspring	
		Female	Male		Female	Male		Female	Male			
1999	3	2	38	5		12						
2000	20	8	276	11	2	22	2		6			
2001	81	522	1,403	117	305	415	5	4	35	19	116	95
2002	141	742	1,987	314	514	969	19	92	138	69	153	221
2003	177	1,203	2,728	411	825	1,679	70	471	889	204	479	922
2004	147	1,501	2,939	412	623	1,314	41	421	753	125	332	587
2005	163	1,945	3,026	456	920	1,229	52	690	777	192	606	579
2006	150	1,686	2,509	337	1,086	1,310	33	824	1,048	181	825	880
2007	95	848	1,165	215	730	748	18	295	362	94	498	438
2008	88	805	979	153	526	576	15	59	153	48	178	222
2009	96	1,268	1,512	174	495	558	21	363	349	96	262	230
2010	12	25	66	16	7	40	5	5	38	11	2	32
Total <sup>1)</sup>	752	10,555	18,628	1,479	6,033	8,872	189	3,224	4,548	571	3,451	4,206

<sup>1)</sup> indicates pooled numbers for sires and dams.

것으로 보인다. 이들 암·수의 자손들의 검정 두수도 각각 약 7,700두와 7,600두로 급격히 감소하였다. Table 3에 검정된 돼지들의 교류에 참여했던 농가들의 수가 공급자와 공급 받는 자의 수가 큰 차이가 나지 않는 것은 계열 또는 일정한 계약관계에 의해 위탁사육 또는 종돈의 공급과 판매를 대행 해주는 핵심 종돈장의 역할이 그대로 반영된 것으로 사료된다. 이러한 종돈의 이동은 국가적 유전능력평가에 일부 도움이 되기도 하지만, 계열 종돈장들 내에서 유전능력평가가 가치가 있다 할지라도 계열 종돈장을 벗어나 다른 돈군에서는 평가가 제대로 이루어질 수 없다. 또한 선발의 강도와 유전적 변이의 확대를 통한 개량에도 효율적인 도움을 주고 있지 못할 것으로 사료된다.

종돈장간 종돈의 이동이 유전능력평가에 미치는 영향을 조사하기 위하여 유전능력 평가모델에서 동기군의 확보와 환경효과를 제거할 수 있는 고정효과간의 연결성이 있어야 한다(Foulley 등, 1990). 무엇보다도 두수가 충분하게 확보되지 않는 검정은 검정된 개체들의 유전능력을 바르게 평가할 수 없다.

Fig. 1은 종돈장 별 1999년 이래 2010년까지 검정된 두수를 출생년도에 따라 보여주고 있다. 2,000두 이상 검정 농가는 전체 60개 종돈장 중 12개에 불과하였다. 이들 농가의 자료는 55,896두로 전체 자료 70,747두의 79%를 차지하고 있다. 2,000두 미만의 검정농가가 연간 검정두수 2000두 미만 검정으로 등록 품종의 국가적 개량에 이바지 할 수 있는 여지가 거의 없다고 보아도 될 것으로 사료된다. 왜냐하면 농가별로 후대를 위해 후보축을 선발할 때 집단의 규모가 너무 작기 때문이다.

이러한 등록 종돈들의 등록 및 검정과 이동상황을 요약해보면 다

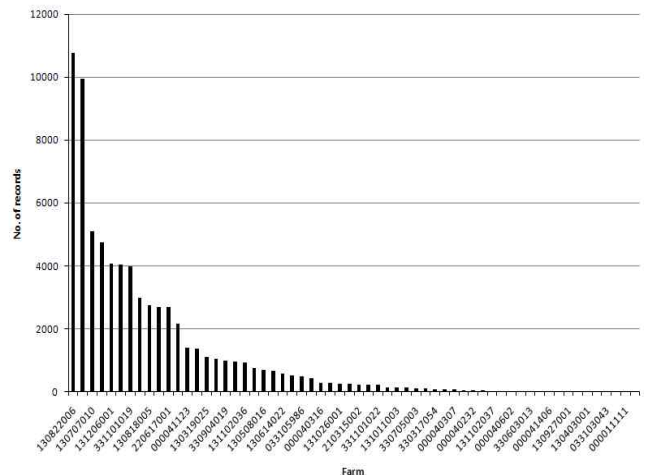


Fig. 1. Distribution of performance test records according to farms.

음과 같이 정리될 수 있다. 1) 등록 용돈 시장규모에 비해 충분한 수의 농가가 등록 종돈 유전자원의 교류에 참여하고 있다. 2) 등록 품종의 등록 두수 또한 충분하다. 3) 등록 품종의 사육규모 또는 검정규모가 적다.

전체 검정자료에서 2,000두 이상의 검정자료를 갖고 있는 12개의 농장을 선정하여 농장간의 종돈의 교환에 대한 조사를 실시하였다. Fig. 2는 2,000두 이상 검정을 수행한 12개 종돈장의 출생년도별 검정자료의 분포를 보여주고 있다. 돼지개량 네트워크 사업이 2009년 말 시작되어 2010년에는 아직 자료가 충분히 확보되지 않

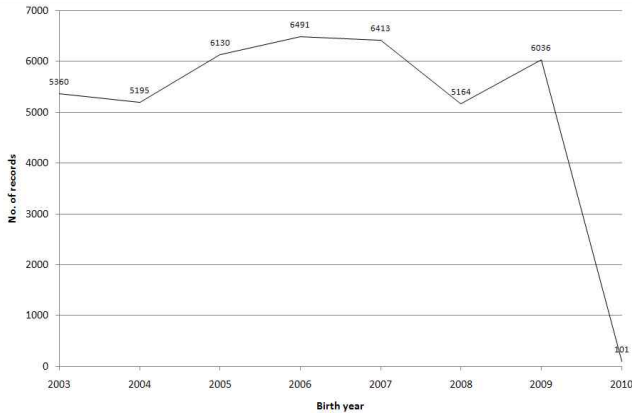


Fig. 2. Distribution of performance records of 12 farms according to birth year.

았다. 정액을 공급하고, 임신기간을 거쳐 태어난 돼지들의 검정성적이 데이터베이스에 저장되기까지는 시간이 걸리기 때문이다. 이들 농가의 연도별 검정 두수를 볼 때 5,000두에서 6,500두 규모로 수행되고 있다. 이들 농가만이라도 원활한 유전자원 교류를 통하여 하나의 돈군 집단과 같은 체제가 이루어지면 듀록의 품종 상 특성을 고려할 때 덴마크와 같은 국가 주도의 개량시스템을 이루기 위해 부족한 수는 아니다. 연 6,000두의 단일 집단 검정이라면 최소 2,000두 정도의 후보돈을 선발하여 우리나라의 듀록 종돈을 세계 시장에 내놓을 수 있는 우수품종을 만들어갈 수 있다. 문제는 규모화된 종돈장들의 유전자원 교류에 의한 단일 집단과 같은 효과를 낼 수 있는가 하는 것이다. 그래서 12개 종돈장을 조사하였는데, 12개의 종돈농가 중에서 유전자원의 교류에 참여한 적이 없는 두 개의 농가가 있었고, 이 농가들을 제외한 10개의 종돈장이 Figure 3에 제시되었다. Fig. 3은 종돈의 흐름을 나타내었는데 총 64두의 종모돈이 교류되었으며, 이들의 자손 중 암돼지 1,722두, 수돼지 1,795두로 총 3,517두 검정되었다. 종돈의 흐름으로만 볼 때 종돈장 0006과 6001은 나머지 종돈장들과 유전적 관계를 갖고 있지 않아 연결성을 개선하는데 기여하지 못하게 된다. 종돈장 7001, 2111, 3562, 그리고 5819는 종돈장 0940, 2006, 7010, 그리고 8005와 연결성을 개선하는데 기여한 주요 종돈장이라고 할 수 있다. 따라서 연결성에 얼마만큼 주도적으로 영향을 미치는가에 따라 구분하였는데, 종돈장 7001, 2111, 3562 및 5819는 연결성에 기여하기 때문에 거점 종돈장(Joiner farm)이고, 나머지 종돈장 0940, 2006, 7010 및 8005는 혈연관계상으로 볼 때 종속 종돈장(Subordinate farm)으로 정의 하였다. 10개의 종돈장에서 교류된 종모돈의 수는 75두에 불과하였다. 2,000두 미만 검정두수를 가진 종돈장을 제외함에 따라서 교환된 종모돈의 숫자가 189두에서 75두로 급격하게 감소되었다. 종빈돈의 교류에 참여한 종돈장의 종빈돈 두수는 Table 5에 제시되었다. 검정 종빈돈 571두에서 235두로 급격하게 감소하였다. 이들의 자손 중 암돼지 2,030두, 수돼지 2,075두, 총 4,105두 검정되었다. 위에서 기술하였듯이 종돈장 0006과 6001은 나머지 종돈장들과 혈연을 통한 유전적 연계를 갖

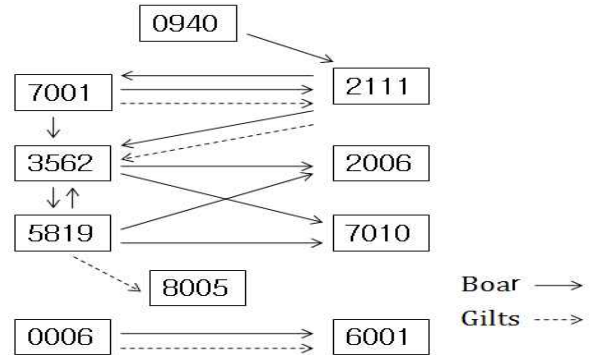


Fig. 3. Flow of boars and gilts among farms.

고 있지 않아 유전능력 평가에서 상대적인 평가도를 나타내주는 혼합모형에 의한 유전능력평가도 추정된 값이 편의 될 수 있다 (Kuehn 등, 2008). 따라서 종돈장 0006과 6001 종돈장을 유전능력 평가에서 제외하였다. 연도별 분포를 보면 거점 종돈장(Joiner farm)간에 출생연도별 효과에 대해서는 3562 종돈장이 다른 종돈장들과 출생연도별 연결성에서 거점 종돈장(Joiner farm)간을 묶어주는 역할을 하고 있다. 오히려 출생연도별 연결성에서는 종속 종돈장(subordinate farm)들이 1999년 이래 지속적인 검정을 통하여 종돈장간 연결을 시켜주고 있다. Fig. 3에서 제시된 바와 같이 농장간의 종돈의 교환을 통하여 이들 농장 간에는 유전적 연계를 갖고 있다.

2. 유전모수와 유전능력 분석

전술한 바와 같이 유전모수의 추정과 유전능력평가는 크게 3단계로 하였다. 첫 째로 Table 6에서 표시된 8개의 각 개별 농장의 혈통기록과 검정기록을 개별적으로 평가(I)하였다. 이때 각 개별 농장의 혈통 자료는 나머지 종돈장과 연계(connectedness)가 있어도 무시되어 진다. 이에 따라 8개 종돈장을 대상으로 8회 분석을 수행하였다. 둘째로 Fig. 3에 근거하여 거점 종돈장(Joiner farm)과 종속 종돈장(Subordinate farm)으로 분류하여 각각 집단(Sub-population)을 형성하여 분석하였다. 이 때 거점 종돈장 간의 혈연적 관계는 반영되지만, 종속 종돈장 간의 혈연관계는 단절이 되어 혈연관계를 무시하게 된다. 따라서 두 개의 Sub-population에 대하여 유전능력평가(S)를 수행하였다. 거점 종돈장과 종속 종돈장은 Table 7에 제시된 바와 같이 각각 4개씩 포함되어 있다. 끝으로 전체 8개 종돈장을 묶어 하나의 집단을 형성하여 분석(P)하였다. 이 때 8개의 종돈간에는 지금까지 수집되어진 모든 혈통 자료가 분석에 포함되어진다.

Table 7에는 추정된 유전력을 제시하였다. 여기에서 살펴보면 유전모수 추정에 있어 종돈장 7001의 등심단면적 유전력이 0.52로 비정상적으로 높고, 또한 표준오차도 높게 추정되었다. 종돈장 7001의 등심단면적의 자료 수는 2,687건의 검정자료 중에서 43건의 자료밖에 없지만 다른 형질과 혈연계수행렬(numerator

Table 6. Number of records according to birth year and farms

Birth year	Subordinate farm				Joiner farm				Total
	0940	7010	8005	2006	7001	2111	3562	5819	
1999	77	479	109	85	2				752
2000	190	623	294	676	31				1,814
2001	429	576	402	968	10				2,385
2002	263	561	199	1,826	15	209			3,073
2003	114	396	400	1,334	5	1,377			3,626
2004	363	488	333	953		1,719			3,856
2005	423	387	512	1,489		742	1,070		4,623
2006	447	310	305	1,143	679		2,005		4,889
2007	196	426	110	992	879		2,465	173	5,241
2008	69	448	41	688	281		2,147	548	4,222
2009	127	358	41	582	785		2,252	1,409	5,554
2010	1	37		30				33	101
Total	2,699	5,089	2,746	10,766	2,687	4,047	9,939	2,163	40,136

Table 7. Heritabilities and standard errors of heritability of traits according to farms

	Farm	No. records	No. pedigree	Back fat thickness			Loin	Days to 90 kg	Daily gain
				Shoulder	Belly	Waist			
Joiner farm	7001	2,687	4,511	0.30 (0.04)	0.42 (0.05)	0.37 (0.05)	0.52 (0.52)	0.58 (0.05)	0.48 (0.05)
	2111	4,047	7,914	0.24 (0.07)	0.19 (0.07)	0.09 (0.06)	0.37 (0.03)	0.37 (0.04)	0.37 (0.04)
	3562	9,939	18,252	0.20 (0.02)	0.38 (0.03)	0.25 (0.03)	0.21 (0.02)	0.32 (0.03)	0.32 (0.03)
	5819	2,163	3,759	0.08 (0.04)	0.13 (0.04)	0.05 (0.03)	0.02 (0.02)	0.23 (0.06)	0.19 (0.05)
Sub-population				0.04 (0.01)	0.29 (0.01)	0.05 (0.01)	0.04 (0.01)	0.09 (0.01)	0.08 (0.01)
Subordinate farm	0940	2,699	6,427	0.20 (0.04)	0.45 (0.06)	0.14 (0.04)	0.34 (0.05)	0.50 (0.06)	0.42 (0.05)
	7010	5,089	18,465	0.31 (0.05)	0.34 (0.05)	0.32 (0.05)	0.24 (0.03)	0.35 (0.04)	0.38 (0.03)
	8005	2,746	9,288	0.17 (0.04)	0.31 (0.05)	0.25 (0.05)	0.26 (0.05)	0.34 (0.06)	0.30 (0.05)
	2006	10,766	19,676	0.27 (0.02)	0.42 (0.03)	0.38 (0.03)	0.29 (0.02)	0.39 (0.03)	0.39 (0.03)
Sub-population				0.34 (0.02)	0.53 (0.02)	0.41 (0.02)	0.51 (0.02)	0.42 (0.02)	0.42 (0.02)
Population				0.34 (0.02)	0.52 (0.01)	0.40 (0.01)	0.53 (0.01)	0.43 (0.01)	0.40 (0.01)

Figures in parenthesis represent standard errors of heritability.

relationship matrix)과 형질간의 분산·공분산 행렬(G)을 통하여 유전능력평가 및 모수 추정 모델에서 연결성이 형성되어 등심에 대한 유전력과 유전상관 그리고 개체별 유전능력이 평가 되었다. 따라서 다형질 유전분석 모형(multi-trait genetic analysis model)은 연결성의 개선에 좋은 영향을 주는 것이 입증되었다고 볼 수 있다. Table 7의 유전력은 농장의 유전과 환경의 변이를 반영하여 주는데, 주요 거점 종돈장(Joiner farm)의 전반적인 형질에서 유전력이 낮게 나타나고 있다. 농장 간에 유전력이 다르다는 것은 농장 내의 환경요인 그리고 유전적 관계 즉 혈연관계에 대한 농장간의 차이에 기인한다고 볼 수 있다.

거점 종돈장(Joiner farm)들의 유전력이 낮은 것은 이 농장들이 혈연관계를 고려하여 가급적 근친을 피하면서 교배를 수행하여 다양한 가계들을 형성하고 있기 때문이며, 또 하나의 이유는 가계간의 유전능력 차이가 크지 않아 결과적으로 유전력이 낮아진 것으로 사료된다. 그러나 이들 농장 간에 추정된 유전력 사이에는 큰 변이가 나타나고 있다. 이와는 반대로 종속 종돈장(Subordinate farm)들의 유전력은 거점 종돈장에 비해 다소 높게 나타났다. 그러나 전체 농장을 포함시켰을 때에는 농장간의 능력 차이와 가계간의 차이로 기인하여 다시 유전능력이 높아진 것으로 사료된다. 따라서 혈연의 연결성이 유전력 추정치에 영향을 크게 미치는 것을 알 수 있다.

유전력의 추정오차를 비교하였을 때 일반적으로 개별 농장들 별로 유전모수를 추정하였을 때 가장 높은 오차를 보였으며(I), 다음은 종속 농장들을 모아 집단을 이루어 평가를 하였을 때 오차가 컸으며, 거점 종돈장은 조금 낮게 나타났다(S). 전체를 모아 평가한 경우에 가장 오차가 낮게 나타났는데, 이러한 경향은 기록 수, 혈연관계 등에 의하여 추정오차의 크기가 달라지는 것을 알 수 있다(P). 결론적으로 혈연적인 연결성이 증가하게 되면 유전력 추정치

의 오차가 작아지게 된다.

Table 8에는 농장별 유전모수 추정으로 얻어진 상가적 유전분산(additive genetic variance)이 제시되어있다. Table 7에서 대체적으로 거점 종돈장(Joiner farm)들이 낮은 유전력을 나타내었는데, Table 8에서 이들 농장의 유전분산도 상대적으로 적게 나타났다. 이는 거점 종돈장(Joiner farm)들이 자체적인 계통조성과 선발을 통하여 유전적으로 균일화를 이루고 있음을 시사한다. 거점 종돈장(Joiner farm)들의 집단을 평가하여도 상가적 유전분산이 낮게 나타났다. 반면에 종속 종돈장(Subordinate arm)들의 집단은 오히려 개별 농장의 분산이나, 거점 종돈장 집단의 분산보다 더 크게 나타나 이 농장들의 종돈 균일성(uniformity)은 크게 떨어짐을 알 수 있다. 전체 집단으로 보았을 때는 유전력과 비슷한 경향을 보이고 있다. 분산이 적은 농장은 우수한 종돈의 도입으로 유전분산을 크게 하여 선발차를 증대시켜 유전적 개량량을 크게 하여야 하고, 분산의 크기가 크게 나타난 종돈장들은 종돈의 혈연관계와 능력을 고려한 정밀한 교배계획을 수립하여 종돈의 균일성을 높일 수 있을 것으로 사료된다.

Table 9에는 근친도와 추정된 육종가의 표준편차가 제시되어 있다. 근친도는 계통조성 시 필연적으로 발생할 수밖에 없다. 그러나 농장에서 교배 시 근친을 특별히 유념하여 전산프로그램 등을 이용한 계획교배를 통하여 획기적으로 낮출 수 있다. 따라서 근친도가 높다는 것이 계통조성을 통한 개량의 척도를 나타내는 것은 아니다. Table 7에서 보여 주듯 종돈장 0940로부터 2111로 이동된 종모돈과 그의 부모(M)는 비교적 높은 근친을 보여주고 있다(Table 9). 전체 종돈(All)에서도 평균 2.05%의 근친계수를 나타내고 있다. 거점 종돈장(Joiner farm) 각 개별농장의 근친의 평균은 1.0%를 나타내고 있다. 반면에 종속 종돈장(Subordinate farm)들은 검정규모가 거점 종돈장(Joiner farm) 보다 비교적 큰

Table 8. Additive variance according to farms, sub-population, and population

Farm	Back fat thickness			Loin	Days to 90 kg	Daily Gain	
	shoulder	Belly	Waist				
7001	1.73	1.57	1.38	9.81	41.17	1227.0	
Joiner farm	2111	2.95	1.04	0.74	6.70	28.42	1148.8
	3562	2.24	1.86	2.61	5.10	36.56	1223.7
	5819	0.50	0.44	0.27	0.34	16.21	451.0
Sub-population		0.58	0.39	0.42	0.75	7.48	206.4
0940	1.46	1.36	0.90	8.10	61.44	1362.9	
Subordinate farm	7010	3.90	3.59	3.21	6.17	29.20	1261.9
	8005	1.75	1.43	1.48	5.73	43.17	863.3
	2006	3.87	2.67	3.02	5.53	35.80	1160.7
Sub-population		4.75	3.73	3.51	14.72	46.69	1432.0
Population		4.32	3.27	3.59	17.31	48.06	1443.0



Table 9. Average of inbreeding coefficients and standard deviation of breeding values

	Farm	Animal	No. of animal <sup>1)</sup>	Average inbreeding (%)	Back fat thickness			Loin	Days to 90 kg	Daily Gain
					Shoulder	Belly	Waist			
Joiner farm	7001	M	26	0.42	0.63	0.63	0.49	1.12	3.07	16.5
		All	4,669	2.92	0.89	0.88	0.79	1.35	5.19	28.7
	2111	M	288	0.02	1.02	0.58	0.60	1.84	3.50	22.6
		All	8,203	0.11	1.08	0.65	0.59	1.80	3.80	24.6
	3562	M	274	0.00	0.90	0.86	0.98	1.55	4.01	23.6
		All	7,468	0.01	0.82	0.80	0.89	1.44	3.76	22.3
5819	M	16	0.00	0.34	0.41	0.33	0.33	2.02	10.8	
	All	3,795	0.97	0.37	0.35	0.24	0.31	2.11	10.7	
Sub average	M	25	0.23	1.42	0.88	1.50	1.21	6.14	34.3	
	All	19,494	1.12	1.29	1.19	1.43	1.23	6.04	32.6	
Subordinate farm	0940	M	9	4.69	0.82	0.69	0.45	1.26	2.84	14.2
		All	6,516	2.05	0.84	0.82	0.65	2.00	6.90	31.0
	7010	M	6	1.39	1.58	1.10	1.36	2.58	3.82	56.5
		All	18,678	1.28	1.26	1.14	1.09	1.58	4.00	26.7
	8005	M	11	0.00	0.42	0.58	0.33	1.42	1.06	6.2
		All	9,387	0.65	0.87	0.81	0.75	1.61	3.87	17.5
2006	M	6	0.00	2.64	2.14	2.40	2.23	7.03	49.9	
	All	11,111	1.59	1.45	1.27	1.30	1.77	4.01	23.2	
Sub average	M	8	4.69	1.05	0.76	0.65	1.69	3.00	17.3	
	All	21,320	0.95	1.68	2.05	1.64	4.07	5.40	25.3	
Overall average			40,381	1.53	1.77	1.83	1.67	4.25	7.22	37.3

<sup>1)</sup> includes the number of animals and their pedigree and M represents the animal moved.

데도 불구하고 각 개별농장의 근친의 평균이 1.39%로서 0.39% 높다. 적은 수의 종돈장의 비교이기는 하지만 종돈의 교류에서 거점 (Joiner) 역할을 하는 종돈장들이 근친이 낮다고 사료된다.

추정된 육종가의 표준편차는 추정된 상가적 유전분산의 함수이다. 그 크기는 양의 상관을 가진다. 그러므로 실제 개체들의 추정 육종가 편차는 농장에서 선발 수행에 따른 선발반응의 체감지표라 할 수 있다. 대체적으로 이동된 종돈 개체들 (M)의 표준편차가 농장의 전체 종돈의 육종가 표준편차보다 작다. 중심극한정리 (Central Limit Theorem)에서 보여주는 것처럼 변수의 분산은 변수 평균의 분산보다 관측치 수의 곱만큼 크다. 마찬가지로 이동된 종돈 (M)은 그 농장에서 부모로 사용되어 추정된 육종가는 생산된 후손들의 평균의 함수이므로 분산이 작아진다. 따라서 꼭 관측치 수만큼은 아니지만 후손들을 포함하는 전체의 표준편차 보다 이동

된 종돈의 표준편차가 작을 수밖에 없다. 그러나 예외적으로 종돈장 7010에서는 종돈장 3562와 5819로부터 도입된 종모돈들 육종가의 표준편차가 크다. 이는 두 종돈장으로부터 도입되어 종돈간의 능력의 차이가 있음을 시사하는 것일 수도 있다. 거점 종돈장 (Joiner farm)을 한 집단으로 놓고 평가했을 때 이동된 종돈 (M)의 수는 거점 종돈장의 25두에 비하여, 종속 종돈장 (Subordinate farm)을 한 집단으로 놓고 평가했을 때 이동된 두수는 8두로 적게 나타나고 있다. 이 수의 차이는 종속 종돈장으로 이동된 종돈은 자기의 검정기록이 없기 때문에 여러 마리의 후손을 갖지 않으면 유전능력을 평가 받을 기회를 잃기 때문이다.

거점 종돈장과 종속 종돈장의 전체 돼지의 평균 근친은 각각 1.12%와 0.95%로 거점 종돈장의 근친이 높게 나타나고 있다. 거점 종돈장에서는 계통조성 시에 나타날 수 있는 근친이 포함되어

있기도 하지만, 종속 종돈장에서는 이동되어 온 종돈들의 혈통이 연결되어 있지 않기 때문에 실제보다 근친이 낮게 추정되어 졌다. 전체 종돈을 한 집단으로 하여 근친을 계산하였을 때에 1.53으로 평균이 높게 추정된 것이 그 근거가 될 수 있다. 개별 종돈장의 유전능력 평가 시 육종가의 표준편차는 작은 데 비하여 여러 농장을 같이 평가하게 되면 종속 종돈장의 몇 개의 형질을 제외하고 표준편차가 커지는 경향을 보였다. 이는 종돈의 유전능력이 종돈장간의 차이로 인해서 육종가의 변이가 커진다고 사료된다. 이러한 결과는 종돈장에서 개별적으로 유전능력 평가를 하여 선발을 시행하면 기대되는 유전적 개량량이 적어지는 것을 시사한다.

거점 종돈장과 종속 종돈장의 농가별 유전 상관 평균을 각각 Table 10에 나타내었다. Upper diagonal은 종속 종돈장의 유전상관 평균이고, below diagonal은 거점 종돈장의 유전상관 평균이다. 거점 종돈장과 종속 종돈장 두 집단 모두 90 kg 도달 일령 형질과 다른 형질 간에는 부의 상관관계를 보였고 나머지 각각의 형질들 간에는 초, 중도 정도의 상관관계를 보였다. 일반적으로 거점 종돈장에 비해서 종속 종돈장의 유전상관이 높게 나타나 이는 집단내의 혈연관계가 더 높은 종속 종돈장들의 특성을 나타내는 것으로 보여진다. Table 10에서 근친이 종속 종돈장들이 높게 나타나고 있는 것과 일치할 보인다. 거점 종돈장들은 종속 종돈장보다 조금 더 개방적이라 할 수 있다.

Table 11에서는 거점 종돈장과 종속 종돈장 모든 농가의 유전상관을 모든 농장을 대상으로 한 유전상관에 대하여 나타내었는데,

이 결과도 Table 10와 같이 90 kg 도달일령 형질과 다른 형질 간에는 초, 중도의 부의 상관관계를 보였고 나머지 형질에서는 초, 중도의 정의 상관관계를 보였는데, 이는 등지방 두께의 세 형질(어께, 등, 허리)과 등심단면적, 일당증체량 형질은 90 kg 도달일령과는 부의 상관관계로 인해 이러한 결과가 나온 것으로 사료된다. 90 kg 도달일령을 제외한 나머지 형질들(등심단면적, 등지방 두께, 일당증체량)은 정의 상관관계를 맺고 있기 때문에 하나의 세 형질 중 하나의 형질만 개량하더라도 나머지 형질들도 같이 개량이 될 것으로 사료되며, 이 결과는 농가의 개량방향과 목표 설정을 하는데 참고가 될 것으로 사료된다. 한편 유전상관을 sub-population에서의 추정치와 비교할 때 큰 차이는 없지만 종속 종돈장의 유전상관의 값과 비슷하게 추정되었다. 전체 집단을 고려할 때는 sub-population의 평가에 의해서 단절되었던 혈연관계가 복원되어 거점 종돈장들만의 평가보다 음에서나 양으로나 유전상관이 비교적 높게 나타난 것으로 사료된다.

이동된 종돈들315두 중 기록이 있는 198두를 가지고 각각 농장별(종속 종돈장, 거점 종돈장) 또는 전체 집단의 육종가에 대하여 순위를 정하고 이동된 종돈들에 대한 각 형질간의 상관과 모든 개체와의 상관을 Table 12에 나타내었다. 이동 종돈의 유전능력의 평가는 개별 종돈장 평가나 sub-population(거점 종돈장과 종속 종돈장) 평가의 경우 두 번 평가 되었을 확률이 높다. 반면에 전체 평가에서는 모든 개체의 혈통이 동시에 고려되면서 한 개의 육종가만 갖도록 되어 있다.

Table 10. Genetic correlations with sub populations (upper-diagonal for joiner farms and lower-diagonal for subordinate farms)

		Back fat thickness			Loin	Days to 90 kg	Daily gain
		Waist	Shoulder	Belly			
Back fat thickness	Waist		0.37	0.34	0.04	-0.29	0.29
	Shoulder	0.48		0.39	0.02	-0.33	0.33
	Belly	0.85	0.86		-0.02	-0.26	0.24
	Loin	-0.34	0.06	-0.06		-0.35	0.34
	Days to 90 kg	-0.30	-0.41	-0.38	-0.22		-0.95
	Daily gain	0.31	0.41	0.39	0.21	-0.95	

Table 11. Genetic correlations in the population (included all farms)

		Back fat thickness			Loin	Days to 90kg
		Waist	Shoulder	Belly		
Back fat thickness	Shoulder	0.68				
	Belly	0.84	0.83			
	Loin	-0.19	0.03	0.01		
	Days to 90 kg	-0.37	-0.39	-0.34	-0.17	
	Daily gain	0.37	0.39	0.35	0.19	-0.96

Table 12. Rank correlations on breeding values

	Correlation <sup>1)</sup>	Back fat thickness			Loin	Days to 90 kg	Daily gain
		Waist	Shoulder	Belly			
Transferred animals	I-S	0.39	0.45	0.43	0.17	0.41	0.51
	I-P	0.33	0.37	0.41	0.22	0.25	0.45
	S-P	0.61	0.60	0.59	0.48	0.60	0.67
All animals	I-S	0.63	0.73	0.70	0.17	0.37	0.80
	I-P	0.49	0.57	0.56	0.44	0.24	0.72
	S-P	0.75	0.76	0.78	0.48	0.64	0.81

<sup>1)</sup> I, S, and P represent Individual farm evaluation, Sub-population evaluation, and Population evaluation, respectively.

각 평가별로 이들의 육종가 순위를 갖고 상관계수를 추정하였다. 추정된 육종가에 의한 상관계수를 보면 개별농가의 평가와 전체평가간의 상관이 가장 낮은 것을 알 수 있다. 여기에는 이동된 종돈뿐만 아니라 전체 종돈도 이에 해당한다. 이는 지금 현재 종돈장들이 자체 유전능력 평가를 통하여 선발하고 계통조성을 하는 것이 정확도 면에서 상당부분 위험을 감수하고 한다는 것을 시사한다. 반면에 sub-population 평가와 개별농가 평가, 그리고 전체 평가는 이보다 상관이 높게 나타나 기대했던 결과가 나타났다. 그러나 농장별 평가와 전체평가간의 상관계수가 이동 종돈에서 0.22에서 0.45, 그리고 전체 종돈에서 0.24에서 0.72의 범위로 비교적 낮게 나타나고, 이는 개별 종돈장 유전능력평가의 위험성을 시사한다. 따라서 국가단위의 유전능력평가의 당위성을 보여주는 증거로 생각되며, 나아가 돼지개량네트워크 사업의 필요성을 말해주고 있다고 사료된다.

요 약

국내 등록 품종 종돈의 교류현황과 또한 유전자원 교류가 국가단위의 유전능력평가에 미치는 영향을 평가하고, 돼지개량네트워크 사업을 통한 돼지개량 전략 마련을 위한 기초자료를 수집하기 위하여 한국중축개량협회의 등록 및 검정 자료를 분석하였다. 자료는 세 곳의 등지방 두께(어깨, 등, 허리)와 등심단면적, 90 kg 도달일령 그리고 일당증체량 형질을 포함하고 있으며, 1987년부터 2010년까지 총 235,511건의 등록 자료와 70,747건의 검정자료를 이용하였다. 수집된 등록 자료를 분석한 결과, 종돈장간의 유전자원의 교류는 극히 미미한 수준으로 나타났다. 등록 후에 검정까지 수행되어진 자료의 수는 더욱 적은 것으로 나타났고, 유전능력평가를 위해 필요한 일정규모의 두 수를 가진 종돈장의 수는 더욱 적었다. 혈연관계의 이용정도에 따라 세 가지 분류의 자료(개별 종돈장, 두 개의 종돈장 그룹, 전체 종돈장)를 이용한 유전능력 평가 및 유전모수의 추정에 있어서, 개별 종돈장 분석에서 종돈장간에 유전모수 추정에 있어 거점 종돈장에 비하여 종속 종돈장의 유전력이 높은

경향을 보여 주었다. 유전력 추정 오차는 개별 종돈장, 두 그룹, 전체 집단 순으로 작게 나타났다. 유전분산이 종속 종돈장들에서 크게 나타남으로써 종속 종돈장들의 유전적 균일성이 거점 종돈장들에 비해 낮은 것으로 나타났다. 근친계수의 추정에서 차이를 보였으며, 개별 종돈장, 거점 종돈장과 종속 종돈장, 그리고 전체 집단을 평가하였을 때 각각 평균 근친이 1.12, 0.95 그리고 1.53으로 나타나 종돈장 간의 혈연관계를 고려한 전체 집단 평가에서 근친이 높았다. 추정된 육종가에 의한 상관계수에서 개별농가의 평가와 전체평가간의 상관이 가장 낮았다. 반면에 sub-population 평가와 개별농가 평가, 그리고 전체 평가는 이보다 상관이 높게 나타났다. 그러나 농장별 평가와 전체평가간의 상관계수가 이동된 종돈에서 형질별로 0.22에서 0.45, 그리고 전체 종돈에서 0.24에서 0.72의 범위로 비교적 낮게 나타났다. 연구된 결과들은 개별 종돈장 평가보다는 국가단위의 유전능력평가가 혈연관계를 더 많이 이용하고, 돼지개량네트워크 사업이 종돈장간의 연결성을 증대시켜 국가단위 유전능력평가의 정확도에 기여한다고 사료된다.

(주제어: 돼지개량네트워크사업, 등록, 유전능력평가, 육종가 상관)

사 사

한국중축개량협회의 종돈 등록 및 검정자료를 제공받아 연구를 수행하였다. 자료를 제공하고, 분석에 협조한 종돈개량부 직원과 임직원 들에게 진심으로 감사를 드린다.

인 용 문 헌

Chakrabarti, C. 1963. On the C matrix in design for experiments. J Indian Stat Assoc 1, 8-23.  
 Fernando, R. L., Gianola, D. and Grossman, M. 1983. Identifying all connected subsets in a two-way classification without interaction. J. Dairy Sci. 66:1399-1402.  
 Foulley, J. L., Bouix, J., Gofinet, B. and Elsen, J. M. 1990.

- Connectedness in genetic evaluation. In: D. Gianola and K. Hammond (Ed.) *Advances in Statistical Methods for Genetic Improvement of Livestock*. p 277. Springer-Verlag, Berlin, FRG.
- Foulley JL, Hanocq E. and Boichard D. 1992. A criterion for measuring the degree of connectedness in linear models of genetic evaluation. *Genet Sel Evol* 24, 315-330.
- Hamlin, K. E. et al. 1995. Real-time ultrasonic measurement of fat thickness and longissimus area: I. Deion of age and weight effects. *J. Anim. Sci.* 73:1713.
- Hanocq E., Boichard, D. and Foulley, J. L. 1996. A simulation study of the effect of Connectedness on genetic trend. *Genet. Sel. Evol.* 28:67-82.
- Kuehn, L. A., Notter, D. R., Nieuwhof, G. J. and Lewis, R. M. 2008. Changes in connectedness over time in alternative sheep sire referencing schemes. *J. Anim. Sci.* 86:536-544.
- Lewis, R. M., Crump, R. E., Simm, G. and Thompson, R. 1999. Assessing connectedness in across-flock genetic evaluations. Page 121 in *Proc. Br. Soc. Anim. Sci.*, Scarborough, UK.
- Lewis, R. M. and Simm, G. 2000. Selection strategies in sire referencing schemes in sheep. *Livest. Prod. Sci.* 67:129-141.
- Meyer, K. 2010. WOMBAT: A program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood. <http://didgeridoo.une.edu.au/km/homepage.php>
- Notter, D. R. 1998. The U.S. National Sheep Improvement Program: Across-flock genetic evaluation and new trait development. *J. Anim. Sci.* 76:2324-2330.
- Roden, J. A. 1996. A comparison of alternative nucleus breeding systems and a sire referencing scheme for sheep improvement. *Anim. Sci.* 62:265-270.
- Simm, G., Lewis, R. M., Collins, J. E. and Nieuwhof, G. J. 2001. Use of sire referencing schemes to select for improved carcass composition in sheep. *J. Anim. Sci.* 79:E255-E259.

(Received Aug. 8, 2011; Revised Sep. 26, 2011; Accepted Oct. 4, 2011)