

국내 두록종 농장간 유전적 연결성 추정

조충일 · 최재관 · 박병호 · 김시동 · 권오섭 · 최유림 · 최연호*

농촌진흥청 축산과학원

Evaluation of the Degrees of Genetic Connectedness Among Duroc Breed Herds

Chungil Cho, Jaekwan Choi, Byoungcho Park, Sidong Kim, Ohsu Kwon, Youlim Choi and Yunho Choy*

National Institute of Animal Science, RDA, Korea

ABSTRACT

The genetic connectedness between herds is an essential requirement to make robust across-herd estimation of the breeding values of the animals. In this study, genetic connectedness between herds was evaluated by a connectedness rating method. A total of 24,971 records of days to 90 kg (D90KG) of the pigs on performance testing programs collected from six herds (labeled from 'A' to 'F') of Duroc breed along with pedigree information comprising 456,697 families were used. Results showed that a total of eight boars were used for semen exchange programs among participant farms. Herds 'A' through 'E' were found strongly connected among them. But 'F' herd was genetically connected strongly only with 'A' herd. The highest average connectedness rating was 91.7% between 'A' herd and 'C' herd. The lowest average connectedness rating was 65.1% between 'D' and 'F'. The concept of a single genetic group comprising six Duroc herds studied is meaningful due to high connectedness rates among them. Therefore, with this high genetic ties between participant Duroc farms, the more accurate genetic evaluation would be possible.

(Key words : Connectedness rate, Across-herd genetic evaluation, Duroc, Pig)

서 론

가축의 유전능력 평가는 개체에서 측정된 표현형 정보를 이용하여 가계의 혈통정보의 양과 측정형질의 유전분산의 변이를 고려하여 개체의 유전능력을 평가하게 되므로 혼합개체모형방정식 (Mixed Animal Model Equations)을 이용하면 표현형에 대한 기록이 없는 개체에 대하여 가계 혈통정보를 이용하여 비록 정확도는 낮지만 개체의 유전능력을 추정할 수 있다. 이와 같이 혈통정보는 개체의 능력을 평가하는데 있어서 상당히 중요한 자료라고 할 수 있다.

국내에서는 대가축의 경우 (한우, 젓소) 국가단위에서 종축선발을 진행하고 있다. 반면 돼지의 경우 농장단위에서 자체적 선발 또는 캐나다, 미국 등의 축산 선진국으로부터 우수한 종돈의 수입을 통하여 개량을 진행해 왔다. 그러나 생물다양성협약 (Convention on Biological Diversity)에 지식, 기술로 생산된 유전자원을 상호 합의한 조건에 따라 제공하되, 이로부터 발생된 이익에 대한 접근권을 부여해야 한다고 보고하고 있다 (CBD, 1992). 이에 따라 최근 일부 다국적 종돈회사는 종돈의 사육목적에 따라 로열티를 요구하고 있어 종돈 수입을 통한 돼지개량을 지속할 경우 세대를 지속

하면서 막대한 경제적 부담을 피할 수 없다. 이에 대한 대안으로 국내의 소규모 종돈장들을 하나로 묶어 종돈을 개량하고자 하는 돼지 개량 네트워크사업이 두록 종에서 시행되고 있다. 그러나 돼지 개량 네트워크 사업도 혈연적인 연결성이 존재하지 않으면 타 농장 개체간 유전능력의 상대적인 평가가 어렵고 농장단위에서 독립적인 유전평가만 가능하다. 농장간 유전적으로 연결된 정도의 크기가 높을수록 유전능력 평가의 정확도는 더욱 증가한다고 보고하고 있다 (Zhang 등, 2004). 또한 캐나다 및 중국의 경우 농장간 연결을 통하여 돼지의 국가유전능력평가를 실시하고 있다 (Sun 등, 2009; Xiao 등, 2010).

본 연구에서는 2004년부터 6개의 두록 네트워크 참여 종돈장으로부터 수집된 표현형 정보 및 혈통정보를 이용하여 농장간의 연결성 정도를 분석하고자 실시하였다.

재료 및 방법

일반적으로 가축유전능력 평가에서 개체의 유전능력에 대한 정확도는 혼합모형방정식의 개체부분에 해당하는 부분에 대한 역행렬의 값으로 생성된 예측오차분산 (Prediction error variance; PEV)을

* Corresponding author : Yunho Choy, National Institute of Animal Science, RDA, Korea. Tel. 041-580-3354, E-mail: ychoy000@korea.kr

이용하여 추정한다. 또한 두 개체간 추정 육종가(EBV) 편차에 대한 정확도는 아래와 같이 두 개체간 편차의 분산값을 통하여 추정될 수 있다.

$$Var(\hat{a}_i - \hat{a}_j) = Var(\hat{a}_i) + Var(\hat{a}_j) - 2Cov(\hat{a}_i, \hat{a}_j)$$

서로 다른 두 농장에 있는 두 개체간 추정 육종가 편차의 평균은 다른 농장에 존재하는 모든 개체와의 조합에 대한 PEV의 평균값으로 나타낼 수 있으며, 두 농장간 연결된 정도는 두 농장 내 모든 개체간 EBV의 편차값에 대한 조합의 평균값으로 표현된다. 그러나 이와 같은 방법은 계산하는 방법이 쉽지 않으며 또한 데이터의 크기가 방대해지면 계산량이 증대됨으로 인하여 컴퓨팅 속도의 저하를 가져온다. 이와 유사하게 농장간 연결성에 대한 정도는 농장효과간 편차의 분산값을 이용하여 아래와 같이 계산할 수 있다 (Mathur, 2005).

$$Average(PEV(\hat{a}_k - \hat{a}_j)) \approx Var(\hat{h}_i - \hat{h}_j)$$

여기서, \hat{a}_k 는 i번째 농장의 k번째 개체의 추정 육종가(k=1 부터 i번째 농장 내 유전평가 된 개체 수), \hat{a}_j 는 j번째 농장의 1번째 개체의 추정 육종가(1=1 부터 j번째 농장 내 유전평가 된 개체 수).

Kennedy and Trus (1993)의 모의시험에 의하면 농장간 모든 개체에 대한 PEV 편차의 조합에 대한 평균을 이용하여 농장간 연결된 정도에 대하여 계산한 것과 두 농장효과간 편차의 분산값을 이용하여 계산한 값간에 0.995의 높은 상관성을 보였다고 보고하였다. 따라서 본 연구에서는 농장효과를 이용하여 농장간 연결율에 대한 정도를 계산하였다.

1. 분석자료

본 연구는 두록 부계 네트워크에 참여한 6개 종돈장에서 2004년 1월부터 2010년 12월 사이에 출생한 24,971두의 90 kg 도달일령에 대한 검정자료 및 456,697두의 혈통정보를 이용하여 농장간 연결성의 정도에 대한 분석을 실시하였으며, Table 1에는 두록 농장별, 성별, 산차별, 출생년도-계절별 수준(level) 수에 따른 두수에

대하여 나타냈다.

2. 분석방법

90 kg 도달일령에 대한 개체의 육종가를 추정하기 위한 통계적 모형은 다음과 같다.

$$y_{ijklm} = \mu + herd_i + sex_j + parity_k + ys_l + a_{ijklm} + e_{ijklm}$$

여기서, y_{ijklm} 는 90 kg 도달일령에 대한 관측치이고, 고정효과로는 herd(농장효과), sex(성별), parity(산차), ys(출생년도-계절)를 포함하였으며, 임의효과로써 a는 개체의 상가적 유전효과, e는 임의 잔차효과이며 유전모수 추정을 위해 REMLF90 (Misztal, 2001) 프로그램을 이용하였다.

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z+A^{-1} + \alpha \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

또한 연결율을 계산하기 위해서 계수행렬을 ABTK2.1.1 (Golden 등, 1992)로 만든 후 Gauss-Seidel 소거 방식(Boik 등, 1993)으로 일반화역행렬(generalized iterative inverse matrix)을 구하였다. 농장간 상관으로 표현되는 연결율(Connectedness rate; CR)은 Mathur 등(1998)이 제안한 아래와 같은 방법에 의하여 계산하였다.

$$CR_{ij} = \frac{Cov(\hat{h}_{ij})}{\sqrt{var(\hat{h}_i) var(\hat{h}_j)}}$$

여기서, \hat{h}_i 와 \hat{h}_j 는 각각 i번째, j번째 농장의 추정된 효과를 나타내며 이들의 분산-공분산 값은 일반화 역행렬에서 계수행렬의 X'X에 해당하는 부분행렬의 원소에 해당한다.

결과 및 고찰

두록 네트워크사업에 참여한 6개 농장의 24,971두의 검정도에 대하여 농장간 연결성 추정을 위하여 교류된 정액의 두수를 알아본

Table 1. Number of pigs by herd, sex, parity and year-season of birth in Duroc pigs

Herd	No.	Sex	No.	Parity	No.	YS	No.	YS	No.	YS	No.
A	10,747	1	11,784	1	8,556	20041	314	20063	770	20091	1,416
B	1,713	2	13,187	2	5,048	20042	329	20064	932	20092	1,009
C	753			3	3,851	20043	474	20071	2,024	20093	1,314
D	2,629			4	2,986	20044	324	20072	1,065	20094	1,635
E	6,171			5	1,952	20051	474	20073	1,036	20101	1,220
F	2,958			6	1,292	20052	836	20074	810	20102	267
				7	1,286	20053	914	20081	930	20104	916
						20054	530	20082	969		
						20061	1,594	20083	1,136		
						20062	742	20084	991		
Total	24,971		24,971		24,971						24,971

Table 2. Number of boars that the semen of which were exchanged among six herds in Duroc pedigree

Boar	Herd					
	A	B	C	D	E	F
Boar 1	182	—	51	10	14	—
Boar 2	94	—	52	22	9	—
Boar 3	42	—	—	—	—	43
Boar 4	13	—	—	—	—	41
Boar 5	96	—	5	—	—	—
Boar 6	4	63	43	3	6	—
Boar 7	32	48	6	17	7	—
Boar 8	80	53	—	19	8	—

결과, 총 8두의 종돈 정액이 농장간에 공유되었다 (Table 2). A 농장은 8두의 종돈을 통하여 나머지 5개 농장과 모두 종돈 교류가 이루어졌으며, B-E 농장의 경우 F 농장을 제외한 나머지 4개 농장과의 종돈 교류가 있었으며, F 농장은 오직 A 농장과 혈연적인 연결이 존재하는 것으로 나타났다.

Table 3에는 특정 농장과 나머지 다른 농장간 연결율 (CR)에 대한 기초 통계량을 계산하였다. 그 결과 6개 농장 중 A 농장에서 나머지 다른 농장간 연결율에 대한 평균이 77.9%로 가장 높게 나타났으며, 최소 73%에서 최대 91.7%로 농장간 높은 연결율을 보였다. 반면, F 농장에서 나머지 농장간 연결율에 대한 평균이 68.8%로 나타났으며, F 농장은 D 농장과의 연결율에서 65.1%로 가장 연결율이 낮게 나타났으며, A 농장과 연결율이 73.6%로 가장 높게 나타났다. 이는 Table 2에서 농장간 교류된 정액의 두수와 일치하는 결과로, F 농장은 오직 A 농장과 연결된 종돈이 존재하였으며, F 농장은 A 농장을 통하여 나머지 B, C, D, E 농장과 연결성을 갖는 것으로 나타났다. 또한 Fig. 1에는 6개의 두록 농장간 연결율에 대하여 Heatmap을 이용하여 나타냈다. 그 결과 A와 C 농장간 91.7%로 농장간 가장 높은 연결율을 나타냈으며, D와 F 농장간 연결율이 65.1%로 가장 낮은 것으로 나타났다. 국가단위 돼지 개량 네트워크를 실시하고 있는 중국의 연구사례를 보면, Sun 등 (2009)는 중국 내 36개 Large White 농장 중 16개 농장은 다른 농장과 전혀 연결되지 않았으며, 나머지 20개만이 농장간 연결성이 존재하며 이들 중에서 농장간 연결율이 가장 높은 값이 71.18%였

Table 3. Connectedness rating between herds in Duroc

Herd	No. of herds connected	Connectedness rating (%)		
		Mean	Min	Max
A	5 (B, C, D, E, F)	77.9	73.0	91.7
B	5 (A, C, D, E, F)	69.6	66.3	73.9
C	5 (A, B, D, E, F)	74.5	67.7	91.7
D	5 (A, B, C, E, F)	69.7	65.1	75.3
E	5 (A, B, C, D, F)	71.4	68.0	75.8
F	5 (A, B, C, D, E)	68.8	65.1	73.6

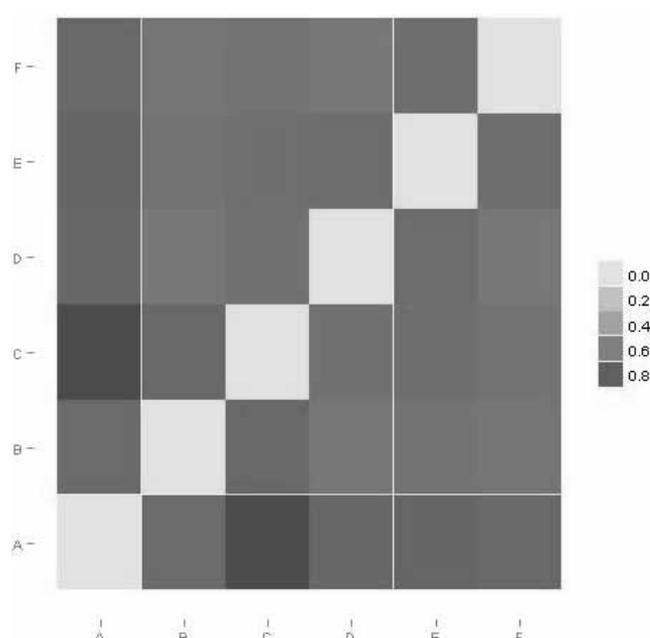


Fig. 1. Connectedness rates among Duroc herds.

으며 평균 농장간 연결율은 3.69% 정도로 보고하였다. 이와 유사한 연구로 Xiao 등 (2010)은 중국 베이징에 Large White 및 Landrace에 대하여 농장간 연결율을 분석한 결과에서 농장간 평균 연결율이 5% 미만으로 낮은 농장간 연결율을 나타냈다고 보고하였다. 이와 같이 중국 내 돼지 농장간 연결율이 낮은 것은 대부분의 대규모 농장이 인공수정에 매우 제한되어 있어 나타난 결과로 해석하였다. 반면 국내 두록 네트워크 참여 농장들은 인공수정을 통한 다수의 정액 교류를 통하여 농장간 높은 연결성을 보였다.

Mathur 등 (1998, 2005)는 농장간 추정 육종가에 대한 상대적 비교를 하기 위해서는 최소 연결율이 3% 이상이 요구된다고 언급하였으며, 보다 높은 농장간 연결율은 EBV의 정확도를 향상시킬 수 있다고 보고하였다 (Zhang 등, 2004). 따라서, 국내 6개 두록 종돈 네트워크 참여 종돈장은 단일 집단 개념에서 유전평가가 가능할 것으로 사료되며, 점진적 종돈네트워크 참여농장의 확대를 통

한 우수 종축선발을 통하여 국내 두록종의 개량을 진행할 수 있을 것으로 사료된다.

인 용 문 헌

요 약

돼지에서 농장간 유전적 연결성은 다른 농장간 추정 육종가의 비교를 위해 매우 중요한 지표이다. 본 연구에서는 유전적 연결고리가 존재하는 6개의 두록 농장에서 수집된 24,971두의 90 kg 도달 일령에 대한 검정자료 및 456,697두의 혈통정보를 이용하였으며, 농장간 연결성은 연결을 수식에 의해 계산하였다. 분석 결과, 두록 농장간 교류를 위하여 총 8두에서 생산된 정액이 사용된 것으로 나타났다. A 농장은 8두의 종돈을 통하여 나머지 5개 농장과 모두 종돈 교류가 이루어졌으며, B-E 농장의 경우 F 농장을 제외한 나머지 4개 농장과 종돈 교류가 있었으며, F 농장은 오직 A 농장과 혈연적인 연결이 존재하는 것으로 나타났다. 그러나 F 농장은 A 농장과 연결을 통하여 나머지 다른 농장과 연결성을 갖게 되어 두록 6개 농장간 연결성이 존재하는 것으로 나타났다. 또한 농장간 연결율이 가장 높은 값은 A 농장과 C 농장간의 91.7%로 6개의 두록 농장 중 농장간 연결율이 가장 높았으며, 반대로 D 농장과 F 농장에서 65.1%로 가장 낮은 연결율을 나타냈다. 국내 6개 두록 종돈장간 연결율은 65% 이상으로 고도의 유전적 연결성이 존재하는 것으로 나타나 단일 집단 개념에서 유전평가가 가능하며, 이를 이용하여 농장내외 개체간 상대적 비교를 통해 우수 종축을 선발할 수 있을 것으로 사료된다.

(주제어: 연결성, 두록, 돼지, 유전능력평가)

사 사

본 연구는 국립축산과학원 축산자원개발부 가축개량평가과 PJ008453052012 (국가단위 돼지 및 닭 개량체계 구축연구) 과제의 일환으로 실시하였다. 본 연구에 이용된 돼지농장검정자료를 수집, 제공해 준 한국종축개량협회에 감사한다.

- Boik, R. J., Tess, M. W. and Todd, C. 1993. Technical note: computing tests of fixed effects in a restricted class of mixed models. *J. Anim. Sci.* 71:51-56.
- CBD. 1992. As defined in the Convention on Biological Diversity. Rio de Janeiro, 5 June 1992.
- Golden, B. L., Snelling, W. M. and Mallinckrodt, C. H. 1992. *Animal Breeder's Tool Kit. User's Guide and Reference Manual.* Colorado State University. Ft. Collins, CO. U.S.A.
- Kennedy, B. W. and Trus, D. 1993. Considerations on genetic connectedness between management units an animal model. *J. Anim. Sci.* 71:2341-2352.
- Mathur, P. K. 2005. Importance of connectedness between herds for effective across herd genetic evaluation. *J. South China Agric. Univ.* 26:61-71.
- Mathur, P. K., Sullivan, B. P. and Chesnais, J. 1998. Estimation of the degree of connectedness between herds or management groups in the Canadian swine population. *Canadian centre for swine improvement, Ottawa, Canada.*
- Misztal, I. 2001. BLUPF90 family of programs. <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy>.
- Sun, C. Y., Wang, C. K., Wang, Y. C., Zhang, Y. and Zhang, Q. 2009. Evaluation of connectedness between herds for three pig breeds in China. *Animal.* 3:482-485.
- Xiao, W., Ding, X., Wang, C., Wang, Y. and Zhang, Y. 2010. The connectedness on large white and landrace in regional joint breeding system in Beijing. *Journal of Animal and Veterinary Advances.* 9:2338-2342.
- Zhang, H., Liu, X. L., Wang, C., Li, J. and Yao-Sheng, C. 2004. Study on the measures of connectedness between herds. *Agric. Sci. China.* 3:143-148.
- (Received Sep. 19, 2012; Revised Oct. 28, 2012; Accepted Oct. 29, 2012)