

특정 종돈집단의 임신기간, 이유후초종부일, 총산자수 및 사산에 대한 유전모수 추정

이득환* · 손지현

한경대학교

Estimation of Genetic Parameters for Gestation Length, Wean to First Service, Litter Size and Stillborn Piglets in a Closed Nucleus Swine Breeding Herd

Deukhwan Lee* and Jihyun Son

Department of Animal Life Resources, Hankyong National Univerisity, Anseong 456-749, Korea

ABSTRACT

This study was conducted to investigate the genetic relationships among four reproductive traits. Data for this study were 7616 records from 1910 Landrace (L) and 10,454 records from 2283 Yorkshire (Y) in a closed nucleus swine herd. Traits considered on this study were gestation length (GL), total number of piglets born (TNB), wean to first service (WFS), and number of stillborn per litter (NSB). Heritabilities and genetic correlations were estimated by using the Bayesian inferences via Gibbs sampling in a four trait linear-threshold repeatability animal mixed model by designating NSB as a categorical trait in the L and Y purebred populations. Effects on the statistical model were considered for parity, contemporary group as fixed and service sire, permanent environmental, animal additive genetic effects as random. Estimates of heritability were 0.21, 0.23, 0.16, and 0.09 for GL, WFS, TNB, and NSB in the L population and 0.35, 0.16, 0.14 and 0.10 for corresponding traits in the Y population, respectively. Genetic correlation for GL was -0.59 and -0.28 with TNB and -0.58 and -0.17 with NSB in the L and Y populations, respectively. The NSB was positively correlated with TNB in the L and Y populations in genetic and environmental aspects. Therefore, the NSB should be taken into account in selecting sows for improving prolificacy of dam line breeding swine stock.

(Key words) : Swine nucleus herd, Threshold model, Gestation length, Litter size, Stillborn, Genetic parameter)

서 론

양돈산업은 돼지의 경제형질에 대한 능력향상으로 생산성을 증대하여 소득증가를 목표로 하고 있으며 이를 위한 종돈산업은 이들 형질들에 대한 유전능력이 우수한 종돈의 선발 및 교배를 통하여 순수 종돈을 육성하고 이러한 순수 종돈들을 이용하여 품종간 교배를 통한 실용돈을 생산하는 체계로 진행되어 왔다. 품종간 교배에 있어서 특히 모계품종은 주요 개량의 목표가 번식효율의 증대에 크게 역점하고 있으며 이러한 노력은 연간 모돈당 이유자돈수 (PSY) 또는 연간 모돈당 출하자돈수 (MSY)의 증가를 꾀하고 있다.

모돈의 이유자돈수는 모돈의 복당 산자수에 영향 받으며 이유후 발정재귀일에도 영향하고 있으며 (Napel 등, 1998) 복당 산자수는 동복 자돈들의 체중, 건강상태 및 생존율과도 연관성이 있다 (Roehle 등, 2009). 또한 복당 총산자수는 사산, 미라, 발육부진으

로 인한 기형, 저체중 등의 자돈생산성과 밀접한 관련이 있다. 종돈의 사산 또는 미라에 대한 많은 학술적 연구가 있었는데, 사산 및 미라의 원인은 호르몬의 영향 (Jindal 등, 1996), 행동생리의 영향 (Fraser 등, 1997), 분만관리의 소홀 (White 등, 1996 Holm 등, 2004), 다산성 개량을 통한 유전적 원인 (Rydhmer 등, 2008; Roehle 등, 2008) 등을 들 수 있다. 또한 임신기간은 자돈 생존율과 밀접한 관계가 있으며 (Rydhmer 등, 2008) 이유후 초종부일과도 밀접한 관계가 있다 (Mabry, 1996). 사산율을 감소시키고 건강한 자돈을 생산하기 위해서는 임신말기 수일간의 사양관리가 매우 중요한데, 이는 이 기간 동안에 태아 자돈의 두뇌 및 간의 발달이 급속히 증가하기 때문이고 (Hakkarainen, 1975) 또한 임신기간의 지연은 태아자돈의 성숙 및 자돈 생존율에 영향하기도 한다. 자돈의 생존율과 임신기간과는 유전적으로 정의 상관관계를 갖는다고 보고한 사례가 있으나 (Hanenberg 등, 2001; Knol, 2001) 일반적

* Corresponding author : Deukhwan Lee, Department of Animal Life Resources, Hankyong National Univ. Chungang-no Anseong-si Gyeonggi-do, Rep. of Korea 456-749, Tel: 031-670-5091, Fax: 031-676-5091, E-mail: dhlee@hkn.ac.kr

으로 자돈의 생존율에 관련된 자료수집은 보편화된 양자정리의 사양방법을 실시하는 대부분의 종돈장에서 어려움이 있기 때문에 이에 대한 연구가 미진한 실정이다. 분만에 대한 호르몬 분비기전을 살펴보면 분만의 시작은 호르몬 분비의 변화로 시작된다. 분만개시의 시작은 황체의 급격한 감소와 프로게스테론의 혈장농도 감소가 이어지고 동시에 에스트로겐의 증가가 촉진된다. 모든의 뇌하수체 전엽에서 부신피질자극호르몬 (ACTH)의 분비가 촉진되고 이는 태아자돈의 부신피질로부터 Corticosteroid 분비를 촉진시켜 자돈이 출생하게 된다(Hunter, 1980). 임신기간의 변화로 인하여 이러한 모체와 태아간의 호르몬의 교호작용이 그릇되면 태아 사망률에 영향하게 되며 이러한 현상은 유전적 요인에 의하여 영향받을 수도 있다(Rydhmer 등, 2008).

본 연구는 이러한 견지에서 임신기간이 사산 및 총산자수에 유전적으로 어느 정도 영향하고 있는지 알아보고 또한 임신기간과 이유후초중부일 간의 유전적 관계를 알아봄으로써 모계라인 종돈의 다산성 증진에 도움이 될 수 있는 선발지표에 참고자료를 제시하고자 수행하였다.

재료 및 방법

1. 공시 재료

본 연구에 활용된 자료는 특정 종돈농장에서 1997년도에 모계라인 종돈육성을 위하여 Landrace (L) 및 Yorkshire (Y) 기초돈군을 조성하고 이후 종축자원의 외부도입이 전혀 없이 순수 폐쇄종돈의 선발육종을 위하여 수집된 번식자료로써 1998년 7월부터 2012년 8월까지의 번식기록 중 임신기간(Gestation Length; GL), 이유후초중부일까지 일수(Wean to first service WFS), 미라 및 사산을 포함한 복당 총산자수(Total number of piglets born per litter TNB), 그리고 복당 사산자수(Number of stillborn piglets per litter; NSB) 등의 자료를 이용하였다.

본 연구의 수행을 위하여 기초자료로부터 이상치의 자료는 분석에 제외하였는데, 각 형질별 이상치의 기준은 현장 전문가의 자문

과 현실성과 객관성을 고려한 자의적인 판단에 의존하였으며, 형질별 자료의 유효범위를 GL 형질은 114±7일, WFS 형질은 1~16일, TNB 형질은 5~24두 그리고 NSB 형질은 0~23두로 가정하여 자료를 정리하였으며 형질별 이상치로 판단된 기록은 기록이 누락된 것으로 가정하여 본 연구의 유전분석에 이용하였다. 이상치를 제거한 후, 본 연구에 이용된 총기록수는 Landrace 품종에서 1,910두의 모돈으로부터 수집된 7,616복의 기록이었고, Yorkshire 품종은 2,283두의 모돈으로부터 수집된 총 10,454복의 기록이 이용되었다(Table 1). 각 형질별 유전분산 및 유전모수 추정을 위하여 번식기록을 갖는 모돈의 선대 혈통정보를 활용하였는데, Landrace 및 Yorkshire 각 품종별 모돈생산에 공여된 부는 각각 227두 및 272두 이었고 모는 각각 886두 및 1,063두가 공여되었다(Table 1). 모돈당 복수는 평균 3.99두(Landrace) 및 4.56두(Yorkshire)이었다.

2. 통계분석방법

본 연구에 고려된 2개의 모계라인의 품종별 4개 형질들(GL, WFS, TNB, 및 NSB)에 대하여 유전 변이를 추정하였으며 임신기간별 총산자수 및 사산, 산차별 사산 등의 관계를 알아보기 위하여 산포도를 조사하였다. 4개 형질들은 상호 유전적으로 관련성이 있다는 가정하에 모든 형질을 동시에 고려한 다형질 혼합모형을 설정하였는데, NSB 형질을 제외한 기타 형질들은 정규분포의 특성을 갖는 연속변량으로 간주하였고 반면에 NSB 형질은 정규성이 위배되고 순서화된 이산형 변량의 분포특성을 갖기 때문에 잠재변수를 가정하여 각 품종별 동일한 다형질임계-선형반복개체모형(Multivariate Linear-Threshold Repeatability Animal Mixed Model)을 다음과 같이 설정하여 분산분석을 실시하였다.

$$y_{ijklmn} = \mu_n + par_{in} + CG_{jn} + S_{kn} + P_{ijkln} + a_{ijkln} + e_{ijklmn}$$

여기서 y_{ijklmn} 는 NSB 형질을 제외한 n번째 형질의 관측치, μ_n 는 n번째 형질의 전체평균, par_{in} 은 i번째 산차 고정효과(수준수: 11(L), 11(Y)), CG_{jn} 는 j번째 동기군에 대한 고정효과(수준수:

Table 1. Number of records, sows per sire, sows per dam, litters per sow and unadjusted means and standard deviations for gestation length, wean to first service, total number of piglets born and number of stillborn by litter at Landrace and Yorkshire in a closed nucleus herd

	Landrace			Yorkshire		
	N	Mean ± SD	Range	N	Mean ± SD	Range
No. sows/Sire	227	8.41±6.90	1~41	272	8.39±6.46	1~39
No. Sows/Dam	886	2.16±1.53	1~11	1,063	2.15±1.61	1~17
No. Litters/Sow	1,910	3.99±2.48	1~11	2,283	4.56±2.59	1~12
Gestation Length (Day)	7,616	114.10±1.26	109~121	10,454	113.90±1.20	106~120
Wean to first service (Day)	5,779	5.35±1.14	2~16	8,255	4.01±2.23	1~16
Total number of piglet born	7,616	11.50±2.79	5~22	10,454	12.35±3.05	5~24
Number of stillborn by litter	7,616	0.39±0.90	0~10	10,454	0.38±0.91	0~10

748(L), 761(Y)), S_{kn} 는 k번째 교배용돈 임의효과 (수준수: 244(L), 285(Y)), P_{ijkln} 는 n번째 형질에서 각 모돈별 종속변량에 대한 비유전적 임의효과 (수준수: 2721(L), 3350(Y)), a_{ijkln} 는 각 모돈별 종속변량에 대한 상가적 유전효과 (수준수: 2721(L), 3350(Y)), 그리고 e_{ijklmn} 는 n번째 형질에 대한 모형식의 각 요인들로 설명되지 않는 임의 오차효과로 가정하였다.

상기에서 정의한 동기군은 본 연구대상 종돈의 검정방법이 주별 Batch로 작업하였기 때문에 이에 따른 동기군을 정의한 것이며 각 임의효과에 대한 분포의 가정으로 $S \sim MVN(0, V_s \otimes I)$, $P \sim MVN(0, V_p \otimes I)$, $a \sim MVN(0, G \otimes A)$, 및 $e \sim MVN(0, R \otimes I)$ 으로 가정하였으며 여기서 A는 개체간의 혈연계수 행렬이고 \otimes 는 kronecker product이다.

상기의 통계분석모형에서 범주형 관측치를 갖는 NSB 형질은 Lee 등 (2002)이 제시한 논리적 이론에 따라 0~10의 범위를 갖고 있으며 (10이상은 10으로 간주) 아래와 같이 주어진 범주 구간 내에 관측되지 않는 잠재변수가 존재한다는 가정하에 이에 대한 변수 (u)를 생성하였다. 분석의 용이성을 위하여 NSB 형질의 각 관측치에 1의 값을 더하여 변수 (l)를 정의하였고 해당 형질을 j번째 형질로 정의한다면 j번째 형질의 i번째 관측치 $y_{ij} = l$ 일때, $t_{i-1} < u_{ij} < t_i$ 인 잠재변수 u_{ij} 를 생성하였고, 여기서 임계값의 모수벡터 $t = [-\infty = t_0, t_1, \dots, t_{10}, t_{11} = \infty]$ 으로 가정하였다. 또한 모돈이 초산일 경우, WFS 형질은 기록이 누락된 것으로 간주하고 반복모형을 설정하여 분석하였다. 상기의 다변량 선형모형식을 행렬식으로 표기하면 다음과 같다.

$$y = \begin{pmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \\ u \end{pmatrix} \sim MVN \left(\begin{pmatrix} W_1 \theta_1 \\ W_2 \theta_2 \\ W_3 \theta_3 \\ W_4 \theta_4 \end{pmatrix}, R \otimes I_n \right) = MVN(W\theta, R \otimes I_n)$$

여기서, R 은 4×4 크기의 잔차 (공)분산 행렬이고 θ_j 는 각 형질의 위치모수이며 W_j 는 이에 대응되는 계수행렬이다. 범주형 형질 (NSB)의 관측치에 대한 잠재변수는 다음과 같은 분포특성을 갖는 것으로 가정하여 잠재변수를 생성하였다.

$$f(u_i | y_i(NSB) = l, u_{-i}, y_{-j}, \theta, R, t) = \frac{PDF \left(\frac{t_{jl} - \xi_j}{\sigma_j} \right)}{CDF \left(\frac{t_{jl} - \xi_j}{\sigma_j} \right) - CDF \left(\frac{t_{j(l-1)} - \xi_j}{\sigma_j} \right)} I(u_i \in [t_{j(l-1)}, t_{jl}])$$

여기서

$\xi_j = W_j' \theta_j + R_{j(-j)} R_{(-j)(-j)}^{-1} e_{(-j)j}$ 이고 $\sigma_j^2 = R_{jj} - R_{j(-j)} R_{(-j)(-j)}^{-1} R_{(-j)j}$ 이며 CDF는 정규누적밀도함수이고 PDF는 정규확률밀도함수이며 $I(\cdot)$ 은 indicator function이다.

상기의 분석모형에 대한 통계분석방법은 Bayesian inference의 일종인 Gibbs sampling 방법으로 각 형질들에 대한 (공)분산성분을 추정하였다.

Gibbs sampling (GS)을 위한 각 모수의 사전분포는 다음과 같이 가정하였다.

(a) $f(\theta) \propto \text{constant}$ 여기서 θ 는 전체 평균, 산차 및 동기군 효

과이고 constant는 상수이다.

- (b) $f(S | V_s) \sim MVN(0, V_s \otimes I_s)$,
- (c) $f(S | V_p) \sim MVN(0, V_p \otimes I_a)$,
- (d) $f(S | G) \sim MVN(0, G \otimes A)$

여기서 V_s , V_p 및 G 는 각각 교배용돈, 영구환경효과 및 개체의 유전효과와 형질들에 대한 (공)분산 성분으로 정의하였고 I 및 A는 각 요인별 수준수의 크기를 갖는 단위행렬 및 혈연관계 행렬로 정의하였으며 \otimes 은 행렬의 kronecker product로 정의하였다.

임의요인들에 대한 (공)분산성분 행렬은 사전정보를 모르기 때문에 Jeffrey의 noninformative priors (Gelman 등, 1995)를 가정하여 분석하였다.

상기의 사전정보에 대한 가정하에 각 모수의 사후분포함수로부터 GS을 아래와 같이 실시하였다.

- 1) 잠재변수의 GS은 다음과 같이 수행하였다.

$u_i | y_i(NSB) = l, u_{-i}, y_{-j}, \theta, R, t \sim TN_{\xi_j, \sigma_j^2}(\xi_j, \sigma_j^2)$, 여기서 TN은 절단형 정규분포함수이다.

- 2) 지역모수의 GS은 다음과 같이 수행하였다.

$\theta | V_s, V_p, G, R, t, y, u \sim N(\hat{\theta}, [W'(R^{-1} \otimes I_n)W + V]^{-1})$,

여기서 $\hat{\theta} = C^{-1}b$, $C = W'(R^{-1} \otimes I_n)W + V$, $b = W'(R^{-1} \otimes I_n)y$ 이고,

$$V = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & V_s^{-1} \otimes I_s & 0 & 0 \\ 0 & 0 & V_p^{-1} \otimes I_p & 0 \\ 0 & 0 & 0 & G^{-1} \otimes A^{-1} \end{bmatrix} \text{이다.}$$

3) 임의효과에 대한 (공)분산 성분에 대한 GS은 Inverted Wishart 분포함수로부터 non-informative 사전정보에 의한 가정에 따라 (공)분산성분에 대한 prior information을 “Null matrix”로, degree of belief를 -2로 가정하여 아래와 같이 GS하였다.

- $V_s | \theta, V_p, G, R, t, y, u, v_s, v_p, v_a, v_e \sim IW_4(\hat{s}'s, n_s)$,
- $V_p | \theta, V_s, G, R, t, y, u, v_s, v_p, v_a, v_e \sim IW_4(\hat{p}'p, n_p)$,
- $G | \theta, V_s, V_p, R, t, y, u, v_s, v_p, v_a, v_e \sim IW_4(\hat{a}'A^{-1}\hat{a}, n_a)$,
- $R | \theta, V_p, V_s, G, t, y, u, v_s, v_p, v_a, v_e \sim IW_4(\hat{e}'e, n_e)$.

4) 불연속 변량형질인 NSB에 대한 임계치의 GS은 아래와 같이 실시하였다.

$t_j^n | \theta, R, G, V_s, V_p, t_{-j}, u, y \sim U[\text{Min}(u_i | y_i(NSB) = l + 1), \text{Max}(u_i | y_i(NSB) = l)]$, 여기서 U는 균일분포함수이다.

임의로 생성된 잠재변수에 대한 변이의 크기와 중심치를 결정해야 하는 문제 (identifiability)가 발생하기 때문에 이를 위하여 Sorensen 등 (1995)은 임계값의 하나를 “0”으로 제한하고 잔차분산을 “1”로 제한하는 방법을 사용할 수 있다고 하였는데 본 연구에서는 2개의 인접한 임계값을 “0”과 “1”로 제한하여 잠재변수를 생성하였다.

임의요인들에 대한 각 형질간 상호작용이 있는 것을 가정하여 분석을 실시하였으며 50,000회의 GS를 실시하여 초기 10,000회는 burn-in으로 간주하고, 이후 40,000회의 각 모수에 대한 사후분포 특성을 알아보았다. 또한 (공)분산 성분 모수에 대한 사후분포 GS를 이용하여 유전력 및 유전상관, 환경상관을 계산하고 각각의 유

전모수에 대한 사후분포 특성을 알아보았다. 분석에 이용된 통계프로그램은 THRGIBBSF90 (Misztal 등, 2002)을 이용하였다.

결과 및 고찰

1. 환경요인 및 형질간 관련성

본 연구에 활용된 자료를 생성한 농장은 모계 2개 (L, Y) 순수품종을 독립적으로 선발교배를 실시하여 세대를 유지하였으며 주별 Batch로 번식 및 검정을 실시하였는데, 주별 분만 복수는 약 22~28복이 분만하였다. 분석에 고려된 형질들은 두 품종 모두에서 산차 및 분만 Batch에 고도의 유의적인 차이가 있는 것으로 평가되었다. 특히 TNB 형질은 5~6산에서 분만두수가 가장 많았으며 이후 산차가 증가함에 따라 산자수의 감소가 진행되는 것으로 추정되었다. 품종간 산자수 비교에 있어서는 Y 품종이 L 품종보다 다소 많은 자돈을 생산하는 것으로 평가되었다. 또한 NSB 형질은 두 품종 모두 2~3산 이후부터 사산두수가 점차 증가되는 현상을 알 수 있었으며, 2산 또는 3산에서 보다 초산에서 사산두수가 많은 경향을 보였다 (Fig. 1). 이러한 경향치는 임신기간 또는 총산자수에 대한 보정을 실시하면 다소 감소하겠지만 (Leenhouders 등, 1999) 연령이 증가할수록 모돈의 과비, 번식기관의 병리학적인 변화, 자궁근의 약화 등으로 분만과정의 효율성 감퇴에 영향받을 수 있으며 (Pejsak, 1984), 또한 초산에서 상대적으로 높은 사산율은 생식기관의 좁은 분만유도관에 기인할 수 있다 (Pejsak, 1984). 사산두수 (NSB)는 TNB 형질과도 밀접한 관계를 갖는다. 즉 총산자수가 증가하면 사산두수도 증가하는 경향을 보이는데 (Fig. 2), 총산자수가 20두 이상의 경우에 더 높은 사산율을 보이는 경우도 있었으나 검정을 위한 자료의 반복수가 적어 낮은 신뢰도의 결과이므로 Fig. 2에서 표기를 생략하였다. 또한 NSB 형질은 임신기간과 밀접한 관계가 있는 것으로 분석되었다 (Fig. 3). 이는 임신기간이 정상의 임신기간인 약 113~114일보다 짧거나 길어질수록 사산두수가 증가

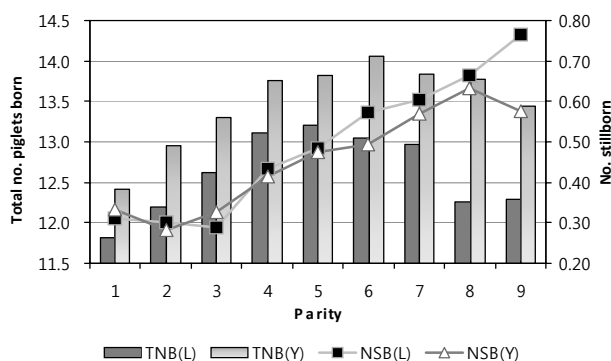


Fig. 1. Plots of least square means for total number of piglets born (TNB) and the number of stillborn piglets per litter (NSB) at Landrace (L) and Yorkshire (Y) purebred in a closed nucleus herd.

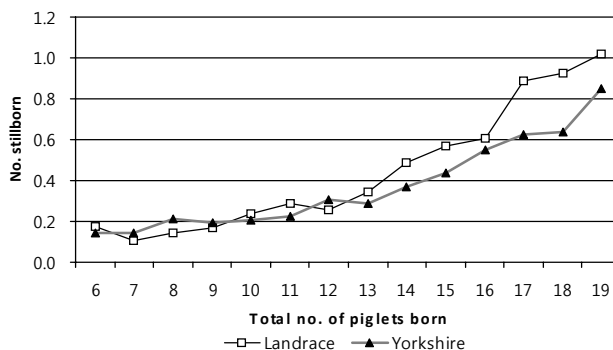


Fig. 2. Plots of least square means for the number of stillborn piglets per litter by total number of piglets born at Landrace and Yorkshire purebred in a closed nucleus herd.

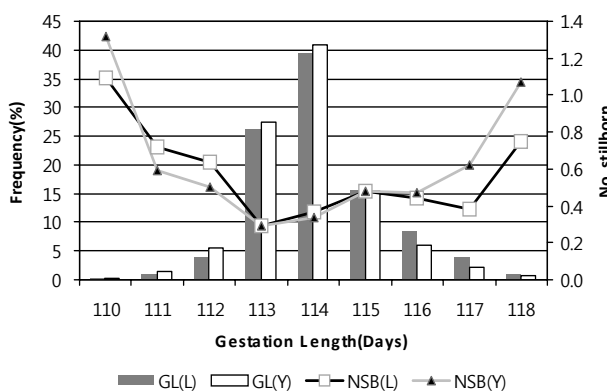


Fig. 3. Plots of frequency of sows by gestation length (GL) and least square means for the number of stillborn per litter (NSB) by gestation length at Landrace (L) and Yorkshire (Y) purebred in a closed nucleus herd.

하는 경향을 보였는데, 임신기간이 짧을 때, 사산두수의 증가는 태아내 자돈의 미성숙에 기인할 수도 있으며 (Zalesky와 Hacker, 1993), 임신기간이 길어진 경우에는 모돈의 호르몬 분비조절기능의 변화, 태아발육의 증대 등에 기인할 수 있겠으나 이에 대한 명확한 해답을 얻기 위한 생리학적 연구가 필요할 것으로 판단된다. 본 연구에서는 또한 품종간 임신기간 또는 사산두수의 뚜렷한 차이는 없는 것으로 분석되었는데, 이는 축군에서 장기간의 선발육종을 실시한 결과로 사료된다. 또한 총산자수와 임신기간과의 관계는 산자수가 많을수록 조기 분만징후로 인하여 임신기간이 짧은 경향을 보였는데 (Fig. 4), 이는 이전의 연구보고와 일치한다 (Sasaki와 Koketsu, 2006; Rydhmer 등, 2008). 평균적으로 면양에서는 복당 새끼가 2두일 때, 1두에서 보다 약 1일의 분만이 빨라지고 (Osinowa 등, 1993) 소에서는 약 5일의 분만시기가 빨라지는 경향이 있다는 연구결과 (Philipsson, 1976)를 바탕으로 유추해 보면 산자수와 임신기간은 생리적 또는 유전적인 관계가 있는 것으로 사료된다. 총산자수 (TNB) 및 사산두수 또는 이후초중부일 (WFS)과의 관계는

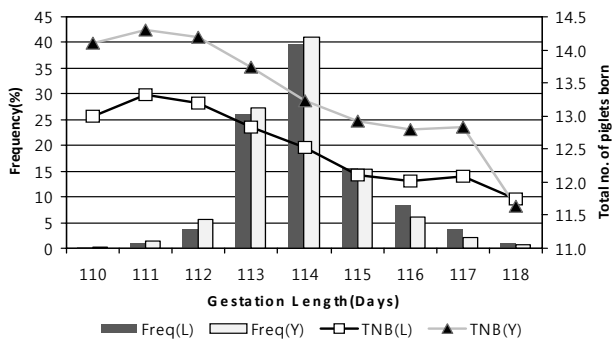


Fig. 4. Plots of frequency of sows by gestation length (GL) and least square means for total number of piglets born per litter (TNB) by gestation length at Landrace (L) and Yorkshire (Y) purebred in a closed nucleus herd.

총산자수가 많고 정상분만의 경우에 이유후초종부일이 4~5일 이내로 짧아지는 경향이 있었으며 사산두수가 많아질수록 이유후초종부일은 다소 늦어지는 경향이 있었으나 유의적인 통계적 차이를 보이지 못하였다. 따라서 임신기간, 총산자수, 사산두수 및 이유후 발정 재귀일 등의 형질간에는 상호 연관성이 있을 것으로 사료되며, 이러한 요인들이 상호 유전적인 관계를 갖는지를 알아보기 위하여 유전분석을 실시하였다.

2. 유전분석모형

본 연구에서 고려된 GL, TNB, WFS 등의 형질은 정규성의 특성을 갖는 분포를 보이고 있었으나 NSB 형질은 정규성에 크게 위배되는 분포형태를 보였다 (Fig. 5). Fig. 5에서 제시된 바와 같이 본 연구에 이용된 2품종 모두에서 총복수 중 약 77% 이상이 사산이 전혀 없는 정상 분만을 실시하였고 약 14%가 복당 1두의 사산이 있는 것으로 조사되었으며 10두 이상의 사산기록을 갖는 복수는 1% 미만으로 매우 낮은 분포형태를 보였다. 이러한 자료의 특성을 고려하여 순서화된 범주형 자료로 간주하였고 이에 따라 임

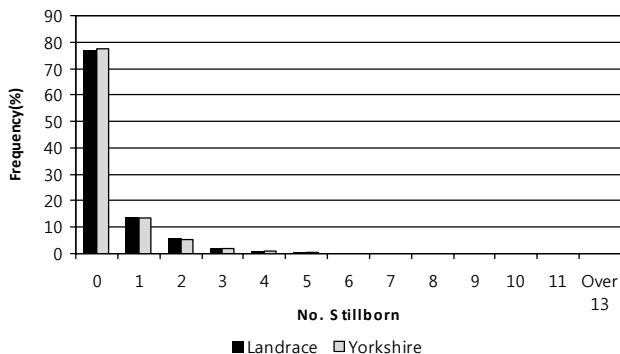


Fig. 5. Plots of frequency of litters by number of stillborn per litter at Landrace and Yorkshire in a closed nucleus herd.

계모형식에 의한 유전분석을 실시하였다. 일반적으로 범주형 자료를 유전분석하기 위한 모형은 동물 개체모형 보다는 Sire Model 또는 Maternal Grand-Sire Model이 적합한 연구보고가 있었다 (Hoeschele, 1995; Luo 등, 2001; Stock 등, 2007). 범주형 자료, 특히 이항분포 형태의 자료에서 계급수가 많은 고정요인을 모형에 고려할 때, 유전분산의 편의 추정이 발생하며 Markov Chain Monte Carlo 방법을 사용할 경우에 함수로부터 추출된 값이 확산되는 현상이 발생하며 (Luo 등, 2001; Stock 등, 2007) 상기의 요인들을 임의요인으로 처리하여 분석하면 편의추정이 다소 감소되는 경향이 있으나 근본적으로 편의현상을 제거하지는 못한다는 연구보고도 있었다 (Odegard 등, 2010). 이에 대한 원인으로 이항분포자료에서 Extreme Categorical Problem (특정요인의 수준내에 모든 관측치가 동일한 범주에 속한 관측치인 경우 발생하는 문제)에 기인할 수도 있으나 이러한 현상은 2개의 범주로 구분되어 이항분포하는 범주형 자료에서 발생하는 문제이다. Odegard 등 (2010)은 이러한 문제를 해결하기 위하여 혈연에 의한 Mendelian sampling contribution 만큼의 보정을 실시하여 임계형 동물개체모형을 통한 유전모수 추정의 정확성을 제시하였다. 본 연구에서 설정된 선형-임계형 동물개체 혼합모형은 임계형 자료가 13개의 범주로 구분된 자료이고 개체들간의 혈연관계가 장기간의 폐쇄육종을 통하여 매우 복잡하게 얽혀있었기 때문에 상기의 문제점을 발견하지 못하였으며 분산성분에 대한 GS이 확산되는 현상을 전혀 발견할 수 없었다.

일반적으로 선형모형식에서 고려한 임의요인들에 대한 분석대상 형질들의 (공)분산 성분들의 사전정보를 고려하면, 이들 모수에 대한 사후분포함수, 예를 들면 유전 (공)분산성분의 사후분포함수는 다음과 같이 표현된다.

$$P(G|data \dots) \propto |G|^{-\frac{1}{2}(a+u_g+4+1)} \exp\left\{-\frac{1}{2}\left[\left((u_g - 4 - 1)S_g + SS_g\right)G^{-1}\right]\right\}$$

여기서 사전정보를 전혀 모른다고 가정하였기 때문에 u_g 는 (공)분산성분의 사전정보 (S_g)에 대한 자유도(4)이고 S_g 는 noninformative prior의 가정에 4×4 크기의 null matrix이며 이에 따라 상기의 수식에서 사전정보는 제거되고 $SS_g = a'A^{-1}a$ 를 이용하여 $G|Data \dots \sim IW_4(\hat{a}'A^{-1}\hat{a}, n_a)$ 에서 GS 하였다. 이러한 가정에 50,000회의 GS에서 얻은 (공)분산 성분의 조건사후분포는 초기 1,000회 GS 이후부터 매우 안정적이었으며 충분히 신뢰할만한 GS 수를 얻을 수 있었다. 이러한 모수의 GS에 대한 분포를 살펴본 결과, 평균 및 최빈수가 거의 일치하는 경향을 보였고 정규성에 근사함을 알 수 있었기 때문에 본 분석방법의 적합성을 얻을 수 있었다. 이러한 추정치는 범주형 자료에서 잠재변수를 생성하기 위한 임계치의 GS에 대한 분포의 변이가 매우 안정정인 것에서 기인된다고 하겠다 (Table 2).

3. 유전모수 추정

Bayesian 추론 방법에 따라 GS에 의한 각 임의요인들에 대한 형질별 (공)분산성분에 조건사후분포의 GS를 활용하고 이들의 평

Table 2. Posterior means and Monte Carlo standard deviations of Gibbs samples of thresholds on categorical data in a linear-threshold animal mixed model

Threshold ¹⁾	Landrace		Yorkshire	
	Mean	SD	Mean	SD
3	1.340	0.217	1.289	0.190
4	1.732	0.304	1.722	0.306
5	2.198	0.374	2.311	0.393
6	2.718	0.429	2.895	0.417
7	3.198	0.455	3.374	0.434
8	3.673	0.492	3.875	0.475
9	4.238	0.553	4.535	0.550
10	5.275	0.755	5.855	0.805

¹⁾ 1st and 2nd thresholds were restricted to 0 and 1.

Table 3. Estimates of heritability (repeatability), genetic correlation and environmental correlation among reproductive traits on Landrace and Yorkshire in a closed nucleus herd

	Landrace				Yorkshire			
	GL	WFS	TNB	NSB	GL	WFS	TNB	NSB
GL	0.21 (0.31)	0.07	-0.59	-0.58	0.35 (0.40)	0.02	-0.28	-0.17
WFS	-0.01	0.23 (0.29)	-0.11	0.17	-0.05	0.16 (0.22)	-0.10	-0.25
TNB	-0.13	-0.06	0.16 (0.25)	0.39	-0.13	-0.05	0.14 (0.22)	0.13
NSB	-0.06	-0.01	0.31	0.09 (0.21)	-0.02	0.03	0.28	0.10 (0.17)

Diagonal: Heritability (repeatability), upper diagonal: genetic correlation, below diagonal: environmental correlation, GL: Gestation Length, WFS: Wean to first service, TNB: Total number of piglets born, NSB: Number of stillborn by litter.

균값에 의하여 계산된 각 형질별 유전력 및 형질간 유전상관을 알아본 결과를 Table 3에 제시하였다. 사전 보고된 연구결과를 살펴보면, 일반적으로 임신기간에 대한 변이성은 매우 낮은 것으로 보고되었는데 (Hanenberg 등, 2001; Rydhmer 등, 2008), 본 연구에서도 임신기간의 변이성을 나타내는 변이계수가 1.0~1.1%으로 낮게 분석되었으며 (Table 1) 이는 젖소에서 약 2% (Hansen 등, 2004; Jamrozik 등, 2005), 말에서 약 3% (Valera 등, 2006)의 변이계수 보다는 작은 것으로 분석되었다. 반면에 유전력은 L 품종에서 0.21 및 Y 품종에서 0.35으로 다른 번식형질의 유전력 보다는 비교적 높은 유전력을 갖는 것으로 추정되었으며, 이는 Hanenberg 등 (2001) 및 Rydhmer 등 (2008)이 연구보고한 추정치 0.30과 유사한 추정치로 판단된다. 또한 두 품종에서 반복력은 0.31 및 0.40으로 추정되어 약 5~10%의 모돈 고유의 비유전적 요인이 작용하고 있는 것으로 추정되었다. Rydhmer 등 (2008)은 종돈집단에서 미경산돈과 경산돈을 분리하여 GL 형질에 대한 유전력을 추정하였을 때, 미경산돈에서 0.33, 경산돈에서 0.31으로 추정되었다고 보고하였으며, 임신기간은 분만개시와 관련이 있고 분만

개시는 동복내의 자돈의 분만시작에 의한 연쇄반응으로 이루어지기 때문에 (Hunter, 1980) 모돈형질뿐만 아니라 동복형질로 간주해야 한다고 주장하였으며 maternal heritability를 0.19으로 추정하였다. 본 연구에서 고려된 분석모형은 maternal 효과를 고려하지 않았기 때문에 이에 대한 연구가 필요할 것으로 판단되었다.

이론적으로 돼지의 분만 후, 약 21~22일의 포유기간과 4~8일간의 건유기간을 거치면 약 25~28일 동안 정상적인 번식기관의 회복을 통하여 임신이 가능한 생리적 환경이 조성되며 (Palmer 등, 1965) 이유후 발정제귀로 인한 초종부일까지 기간은 환경적 요인뿐만 아니라 유전적 요인에 의하여 영향받는다. 본 연구에서 추정된 WFS 형질에 대한 유전력은 L 품종 및 Y 품종에서 각각 0.23 및 0.16으로 추정되었고, 반복력은 0.29 및 0.22으로 추정되어 Napel 등 (1995)이 추정된 실현유전력 0.17 보다는 다소 높으며 추정유전력 0.36 보다는 낮은 유전력의 추정치를 보였다. 특히 Napel 등 (1995)은 이유후초종부일의 자료가 정규성에 위배되기 때문에 log 변환 후 추정함이 바람직하다고 주장하였으며 원시자료의 정규성을 가정하여 추정된 유전력 보다는 다소 높은 추정치를

보였으나 이를 통한 유전적개량량 추정치에는 커다란 영향을 주지 못하였다고 보고하였다. 본 연구에서는 WFS 형질에 대한 자료의 정규성이 다소 어긋나는 경향이 있었으나 정규성을 가정하여 추정하였기 때문에 실제 유전력 보다는 다소 낮게 추정되었을 것으로 사료된다. 반면에 Chansomboon 등 (2010)은 LxY 교잡 실용돈에서 조사된 WFS 형질의 유전력을 0.02으로 매우 낮게 추정되었다고 보고하여 본 연구결과와 상이한 결과를 보였다. 이러한 결과는 본 연구에 이용된 자료가 폐쇄종돈집단에서 장기간의 선발육종을 실시하였고 선발대상형질에서 WFS 형질을 크게 고려하지 않고 선발하였기 때문에 비교적 높은 유전력을 보인 것으로 사료된다.

미라, 사산 및 기형 등을 포함한 총산자수(TNB)에 대한 유전력은 L 품종에서 0.16, Y 품종에서 0.14으로 추정되었고 반복력은 각각 0.25 및 0.22으로 추정되었다. 복당 산자수에 대한 형질은 미라를 포함한 총산자수, 미라를 제외한 총산자수, 생존산자수 등으로 표현하는데, 모돈의 측면에서 생식기관의 배란능력 및 태아 임신능력 등을 총산자수로 표현하기도 한다. 일반적으로 산자수에 대한 유전력은 집단의 유전적 조성에 따라 다르지만 대체적으로 낮은 유전력을 갖는 것으로 보고되었다(Arango 등, 2005; Oh 등, 2006; 송 등, 2010). Arango 등 (2005)은 미국의 22개의 Y 품종 순종집단에서 조사된 생존산자수, 사산두수, 114 kg 도달일령 및 등지방 두께 등을 고려하고 사산두수를 불연속변량의 범주형 자료로 간주하여 설정한 선형-임계형 동물개체모형으로부터 추정된 유전력에서 1산차의 산자수에 대한 유전력을 0.09으로 추정하였고, 다수의 산차기록을 포함하였을 경우에는 0.12으로 추정하여 본 연구결과와 비교할 때, 비교적 낮은 추정치를 제시하였다. 반면에 본 연구에서 TNB 형질의 높은 유전력 추정치는 집단의 특성을 고려할 때, 장기간의 선발을 통한 유전변이의 감소가 예상되었지만 기대치 보다 높은 유전적 추정치를 얻었는데, 이는 총산자수에 대한 선발강도를 크게 고려하지 않았던 것으로 추론되며 금후 집단의 선발육종을 통한 산자수의 개량의 여지가 있을 것으로 사료된다.

자돈사망률은 양돈산업에 있어서 매우 중요하다. 영국의 통계자료에 의하면 2012년도 총산자수에 대한 사산율은 5.2%이고 생존산자수에 대한 이유시까지 사망률은 12.7%으로 보고하였다(BPEX, 2013). 자돈사망은 크게 사산 및 출생후의 압사, 굶어 죽는 개체, 기타 선천적 기형 등이 원인이 된다. 자돈의 출생후 사망은 모돈의 행동생리에 영향받으며 이는 모돈간의 유전적 변이를 보이기 때문에 개량을 통한 생존율을 높일 수도 있고 또한 환경적 요인으로 Outdoor 분만시설을 통하여 생존율을 향상할 수 있다(Baxter 등, 2011). 반면에 임신기간 및 총산자수는 복당 사산두수와 연관성이 있으며(Leenhouwers 등, 1999) 사산형질은 낮은 유전성이 있는 것으로 보고되었다(Rydhmer 등, 2008; Arango 등, 2005). 본 연구에서 추정된 NSB 형질에 대한 유전력은 L 품종에서 0.09 및 Y 품종에서 0.10으로 추정되었으며 반복력에 있어서는 각각 0.21 및 0.17으로 추정되었다(Table 3). Arango 등 (2005)의 연구결과에 의하면 사산두수를 선형으로 간주하여 추정된 유전력은 0.06이었고 범주형 자료로 간주하여 임계모형에서 추정된 유전력은 0.09으로

추정치가 약 50% 상향되었다고 보고하였다. 또한 Grandinson 등 (2002)의 연구결과에 의하면 임계모형에 의한 모돈의 사산두수에 대한 유전력 추정치를 0.05으로 제시하였다. 일반적으로 임계형 자료에 대하여 임계모형으로 유전변이를 추정하면 선형으로 간주한 모형식에 의한 평가 보다 추정치가 다소 상향되는 경향이 있다(Gianla, 1979). 이러한 형질에 대한 선형모형은 사산두수에 대한 정량적인 선형함수로 표현되기 때문에 특히 장소와 시간이 서로 다른 분석자료를 혼합하였을 때, 임계모형에 의한 육종가 추정이 더욱 신뢰도를 높일 수 있을 것으로 사료된다(Arango 등, 2005). 일반적으로 종돈의 현장자료를 활용하여 추정된 사산형질에 대한 유전력은 16개의 연구보고서를 평균하면 약 0.05으로 매우 낮았으며(Rothschild와 Bidanel, 1998) 산자수를 증가시키기 위한 실험축군을 이용하였을 때, 0.17의 높은 유전력을 추정한 연구결과(Johnson 등, 1999)가 있었고 Swedish Yorkshire 모돈의 경우 총산자수 대비 사산율로 정의하여 추정된 유전력 0.13의 연구보고(Damgaard 등, 2003)도 있었다. 이러한 사전 연구결과로 볼 때, 본 연구에서 얻은 사산형질에 대한 유전력 추정치는 임계형 동물개체모형에서 추정된 Arango 등(2005)의 상가에서 제시된 연구결과 또는 Robison과 Quinton (2002)이 Yorkshire 모돈에서 사산형질에 대한 자료의 Logistic 분포를 가정하고 Snell scoring 자료변환으로 추정된 유전력 0.07 보다는 다소 높은 추정치로 사료된다.

본 연구에서 GL 형질에 대한 유전상관 추정치를 살펴보면 TNB 형질에 있어서는 L 품종에서 -0.59 및 Y 품종에서 -0.28으로 부의 상관을 갖는 것으로 추정되었고 환경상관에서도 -0.13으로 부의 상관을 갖는 것으로 추정되었다. 이러한 추정치는 Hanenberg 등 (2001)의 유전상관 추정치 -0.20와 비교될 수 있으며 Rydhmer 등 (2008)이 핵군 종돈집단에서 추정된 유전상관 추정치 -0.15 및 실험축 집단에서 추정된 -0.58과 유사한 추정치로 사료된다. NSB 형질과의 유전상관 추정치는 L 품종에서 -0.58 및 Y 품종에서 -0.17으로 TNB 형질에서의 상관 추정치와 유사한 추정치를 얻었는데, 이는 Hanenberg 등 (2001)의 연구보고에 의한 추정치 0.04와 상이한 결과로 해석된다. 또한 Rydhmer 등 (2008)이 실험집단에서 사산두수의 상가적 유전효과에 대한 상관추정치 0.76과 상이한 결과이며 핵군집단에서 경산돈의 사산기록을 이용한 추정치 -0.23과는 유사한 추정치로 사료된다. 이러한 연구자들의 상이한 결과는 사산에 대한 정의와 관련이 될 수 있다. 여기서 정의한 사산은 분만정후가 개시되었을 때, 이미 죽은 자돈으로 정의한다면 죽은 자돈으로부터 Corticosteroid의 분비가 되지 않기 때문에 분만개시를 유도할 수 없으며 이는 분만의 지연과 관련될 수도 있기 때문이다. 또한 모돈의 자궁내에 생존자돈은 분만지연으로 자돈 성숙의 기회가 많아지고 이에 따라 생존자돈수가 증가할 수 있겠다(Arango 등, 2005). 실제로 Glastonbury (1977)의 연구결과에 따르면 사산두수의 약 15%가 분만 개시 전이 이미 사망하였다고 보고하였는데, 분만개시 이전에 이미 사망한 자돈의 변이가 크다면 임신기간과 사산두수와의 추정치에 대한 변이를 크게 하는 요인이 될 수 있으며 따라서 유전상관 추정치의 차이가 있었던 것으로 사

료된다.

총산자수(TNB)와 NSB 형질간의 유전상관은 L 품종에서 0.39 및 Y 품종에서 0.13으로 대체적으로 낮은 정의 상관을 갖는 것으로 추정되었는데, 이는 Robison과 Quinton(2002)이 제시한 L 품종에서 0.50 및 Y 품종에서 0.49 보다는 다소 낮은 추정치이지만 표현형의 결과(Fig. 2)에서 얻은 경향치와 유사한 경향으로 판단된다. 따라서 산자수가 많을수록 유전적으로 사산두수가 많아질 수 있음을 시사하고 있기 때문에 산자수를 증가시키기 위한 선발지수를 개발할 때 사산두수를 동시에 고려하여 선발함이 바람직할 것으로 판단된다.

따라서 모계종돈의 산자수 개량을 위한 선발지수를 고려할 때, 적정의 임신기간에서 사산두수를 고려한 총산자수를 반영한 선발지수의 개발을 통한 종돈선발이 필요할 것으로 사료된다.

요 약

본 연구는 폐쇄종돈군을 유지하면서 장기간 선발육종을 실시한 Landrace 및 Yorkshire 모계 종돈집단에서 임신기간, 총산자수, 이유후초종부일 및 사산두수에 대한 유전적 변이성을 제시함으로써 이들 형질들에 대한 선발지표에 참고자료를 제시하고자 실시하였다. 분석에 이용된 자료는 상기의 형질들에 대하여 사전 이상치를 제외한 후, Landrace 품종에서 1,910두의 모돈으로부터 수집된 7,616복의 기록 및 Yorkshire 품종 2283두의 모돈으로부터 수집된 총 10,454복의 기록을 이용하였다. 분석형질들에 대한 유전변이를 추정하기 위하여 상기의 4개 형질을 동시에 고려한 혼합모형을 설정하였으며, 특히 사산두수에 대하여는 정규성에 크게 위배되기 때문에 범주형 자료로 가정하여 다형질 선형-임계형 반복동물개체모형을 설정하여 분석하였다. 분석방법으로는 Bayesian 추론의 일종인 Gibbs Sampling (GS) 방법에 의하여 모수의 사후분포 함수로부터 모수에 대한 GS를 50,000회 실시하고 burn-in을 제외한 후 모수의 사후분포에 대한 통계량을 제시하였다.

유전변이를 추정된 결과, 임신기간에 대한 유전력은 0.21~0.35로 추정되었고, 이유후초종부일에서는 0.16~0.23, 총산자수는 0.14~0.16 및 사산두수에 있어서는 0.09~0.10으로 추정되었다. 임신기간에 대한 유전상관 추정치는 총산자수 및 사산두수에서 부의 상관을 갖는 것으로 추정되었고 총산자수와 사산두수와는 정의 상관을 갖는 것으로 추정되었다. 총산자수와 이유후초발정일 간의 유전상관은 낮은 부의 상관을 갖는 것으로 추정되었으며 임신기간과 이유후초종부일 간에는 유전적 상관관계가 매우 미약한 것으로 분석되었다. 따라서 총산자수를 개량하고자 할 때, 사산두수를 고려하여 선발지표를 설정함이 타당할 것으로 판단되었다.

(주제어 : 종돈, 임계모형, 총산자수, 임신기간, 사산두수, 유전모수)

사 사

본 연구는 농촌진흥청 연구개발사업 “개체별 사회적 육종가 분석

프로그램 개발 및 선발효과 분석(과제번호: PJ008442)”에 의해 수행되었으며 이에 감사드립니다.

인 용 문 헌

- Arango, J., Misztal, I., Tsuruta, S., Culbertson, M. and Herring, W. 2005. Threshold-linear estimation of genetic parameters for farrowing mortality, litter size, and test performance of Large white sows. *J. Anim. Sci.* 83:499-506.
- Baxter, E. M., Jarvis, S., Sherwood, L., Farish, M., Roehle, R., Lawrence, A. B. and Edwards, S. A. 2011. Genetic and environmental effects on piglets survival and maternal behavior of the farrowing sow. *Appl. Anim. Behavior Sci.* 130:28-41.
- BPEX. 2013. The BPEX Yearbook 2013-Technical performance data. www.bpex.org.uk. Accessed at Jul. 5. 2013.
- Chansomboon, C., Elzo, M. A., Suwanasoop, T. and Koonawootrittriron, S. Estimation of genetic parameters and trends for wean-to-first service interval and litter traits in a commercial Landrace-Large white swine population in northern Thailand. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 23:543-555.
- Damgaard, L. H., Rydhmer, L., Lovendahl, P. and Grandinson, K. 2003. Genetic parameters for within-litter variation in piglet birth weight and change in within-litter variation during suckling. *J. Anim. Sci.* 81:604-610.
- Fraser, D., Phillips, P. A. and Thompson, B. K. 1997. Farrowing behavior and stillborn in two environments and evaluation of the restraint stillborn hypothesis. *Appl. Anim. Behav. Sci.* 55:51-60.
- Gelman, A., Carlin, J. B., Stern, H. S. and Rubin, D. B. 1995. *Bayesian Data Analysis*. Chapman and Hall, 526 pp.
- Gianola, D. 1979. Heritability of polychotomous traits. *Genetics* 93:1051-1055.
- Glastonbury, J. R. W. 1977. Prewaning mortality in the pig. The prevalence of various causes of preweaning mortality and the importance of some contributory factors. *Aust. Vet. J.* 53:315-318.
- Grandinson, K., Lund, M. S., Rydhmer, L. and Strandberg, E. 2002. Genetic parameters for the piglet mortality traits crushing, stillbirth and total mortality, and their relation to birth weight. *Acta Agric. Scand. Anim. Sci.* 52:167-173.
- Hakkarainen, J. 1975. Developmental changes of protein, RNA, DNA, lipid, and glycogen in the liver, skeletal muscle and brain of the pig. Doctoral thesis. *Acta Vet. Scand., suppl.* 59.
- Hanenberg, E. H. A. T., Knol, E. F. and Merks, J. W. M. 2001. Estimates of genetic parameters for reproduction traits at different parities in Dutch Landrace pigs. *Livest. Prod. Sci.* 69:179-186.
- Hansen, M., Lund, M. S., Pedersen, J. and Christensen, L. G. 2004.

- Gestation length in Danish Holstein has weak genetic associations with stillbirth, calving difficulty, and calf size. *Livest. Prod. Sci.* 91:23-33.
- Hoeschele, I. and Tier, B. 1995. Estimation of variance components of threshold characters by marginal posterior modes and means via Gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.* 27:519-540.
- Holm, B., Bakken, M., Vangen, O. and Rekaya, R. 2004. Genetic analysis of litter size, parturition length, and birth assistance requirements in primiparous sows using a joint linear-threshold animal model. *J. Anim. Sci.* 82:2528-2533.
- Hunter, R. H. F. 1980. *Physiology and technology of reproduction in female domestic animals.* Academic Press, London, England.
- Jamrozik, J., Fatehi, J., Kistemaker, G. J. and Schaeffer, L. R. 2005. Estimates of genetic parameters for Canadian Holstein female reproduction traits. *J. Dairy Sci.* 88:2199-2208.
- Jindal, R., Cosgrove, J. R., Aherne, F. X. and Foxcroft, G. F. 1996. Effect of nutrition on embryonal mortality in gilts: association with progesterone. *J. Anim. Sci.* 74:620-624.
- Johnson, R. K., Nielsen, M. K. and Casey, D. S. 1999. Responses in ovulation rate, embryonal survival, and litter traits to 14 generations of selection to increase litter size. *J. Anim. Sci.* 77:541-557.
- Knol, E. F. 2001. Genetic aspects of piglet survival. Doctoral thesis. Wageningen University, Wageningen, Holland.
- Lee, D. H., Misztal, I., Bertrand, J. K. and Rekaya, R. 2002. National evaluation for calving ease, gestation length and birth weight using linear and threshold model methodologies. *J. Appl. Genet.* 43(2):209-216.
- Leenhouders, J. I., Lende, T. and Knol, E. F. 1999. Analysis of stillbirth in different lines of pig. *Livestock. Prod. Sci.* 57:243-253.
- Luo, M. F., Boettcher, P. J., Schaeffer, L. R. and Dekkers, J. C. M. 2001. Bayesian inference for categorical traits with an application to variance component estimation. *J. Dairy Sci.* 84:694-704.
- Mabry, J. W. 1996. Effects of lactation length on weaning-to-first-service interval, first-service farrowing rate, and subsequent litter size. *Swine health and production* 4:185-188.
- Misztal, I., Tsuruta, S., Strbel, T., Auvray, B., Druet, T. and Lee, D. H. BLUPF90 and related programs (BGF90). Communication No. 28-07 in Proc. 7th World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod., Montpellier, France
- Napel, J., Meuwissen, T. H. E., Johnson, R. K. and Brascamp, E. W. 1998. Genetics of the interval from weaning to estrus in first-litter sows: correlated responses. *J. Anim. Sci.* 76:937-947.
- Napel, J., Vries, A. G., Buiting, G. A. J., Luiting, P., Merks, J. W. M. and Brascamp, E. W. 1995. Genetics of interval from weaning to estrus in first-litter sows: Distribution of data, direct response of selection, and heritability. *J. Anim. Sci.* 73:2193-2203.
- Oh, S. H., Lee, D. H. and See, M. T. 2006. Estimation of genetic parameters for reproductive traits between first and later parities in pig. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 19(1):7-12.
- Osinowa, O. A., Abubakar, B. Y. and Trimmell, A. R. 1993. Genetic and phenotypic relationships between gestation length, litter size and litter birth weight in Yankasa sheep. *Anim. Reprod. Sci.* 34:111-118.
- Palmer, W. M., Teagure, H. S. and Venzke, W. G. 1965. Histologic changes in the reproductive tract of the sow during lactation and early postweaning. *J. Anim. Sci.* 24:1117-1125.
- Pejsak, Z. 1984. Some pharmacological methods to reduce intrapartum death of piglets. *Pig News Inf.* 5:35-37.
- Philipsson, J. 1976. Studies on calving difficulty, stillbirth and associated factors in Swedish cattle breeds. *Acta Agric. Scand. Anim. Sci.* 26:151-164.
- Robinson, J. A. B. and Quinton, V. M. 2002. Genetic parameters of early neo-natal piglet survival and number of piglets born. Communication No. 03-08 in Proc. 7th World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod., Montpellier, France.
- Roche, R., Shrestha, N. P., Mekkawy, W., Baxter, E. M., Knap, P. W., Smurthwaite, K. M., Jarvis, S., Lawrence, A. B. and Edwards, S. A. 2009. Genetic analyses of piglet survival and individual birth weight on first generation data of a selection experiment for piglet survival under outdoor conditions. *Livestock Sci.* 121:173-181.
- Rothschild, M. F. and Bidanel, J. P. 1998. Biology and genetics of reproduction. Pages 313-344 in *The Genetics of the Pig.* M.F. Rothschild and A. Ruvinsky, Ed. CAB Int. Oxford, U.K.
- Rydmer, L., Lundeheim, N. and Canario, L. 2008. Genetic correlations between gestation length, piglet survival and early growth. *Livestock Sci.* 115:287-293.
- Sasaki, Y. and Koketsu, Y. 2006. Variation and repeatability of gestation length across parity associated with reproductive performance in a cohort of gilts on commercial farms. *J. Anim. Sci.* 84(Suppl. 1): 385.
- Sorensen, D. A., Andersen, S., Gianola, D. and Korsgaard, I. 1995. Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.* 27:229-249.
- Stock, K., Distl, O. and Hoeschele, I. 2007. Influence of priors in Bayesian estimation of genetic parameters for multivariate threshold models using Gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.* 39:123-137.
- Valera, M., Blesa, F., Dos Santos, R. and Molina, A. 2006. Genetic study of gestation length in andalusian and Arabian mares.

Anim. Reprod. Sci. 95:75-96.

White, K. R., Anderson, D. M. and Bate, L. A. 1996. Increasing piglet survival through an improved farrowing management protocol. Can. J. Anim. Sci. 76:491-495.

Zalesky, H. M. and Hacker, R. R. 1993. Variables related to the progress of parturition and probability of stillbirth in swine. Can.

Vet. J. 34:109-113.

송규봉, 이준호, 이득환. 2010. Estimation of Genetic Parameters for Direct and Maternal Effects on Litter Size and Teat Numbers in Korean Seedstock Swine Population. 한국동물자원과학회지 52(3호):187-190.

(Received Jul. 11, 2013; Accepted Sep. 13, 2013)