

ANIMAL

Social genetic effects on days to 90 kg in Duroc and Yorkshire pigs

Yong-Min Kim¹, Eun-Seok Cho¹, Kyu-Ho Cho¹, Soo-Jin Sa¹, Yong-Dae Jeong¹, Jae-Seok Woo¹, Il-Joo Lee², Joon-Ki Hong^{1*}

¹National Institute of Animal Science, Rural Development Administration, Cheonan 31000, Korea

²Darby Genetic Inc. Anseong 17529, Korea

*Corresponding author: john8604@korea.kr

Abstract

In pigs, individuals in the same pen may show aggressive behavior toward each other, such as tail biting. Such social interactions among pen mates may considerably affect their welfare and performance, both in negative and positive ways. The present study was conducted to investigate social genetic effects on days to 90 kg using data from 12,208 Duroc and Yorkshire pigs that were born between 2008 and 2012. Heritability was estimated using the five following animal models: a basic model with direct heritable effects only (Model 1), a social model with direct and social heritable effects (Model 2), a model accounting for covariance between direct and social heritable effects (Model 3), and two models considering a dilution factor with direct and social heritable effects (Models 4 and 5). The optimal model to represent Duroc pigs was Model 1 which only uses direct heritable effects. Direct heritability (0.21) was higher than total heritability (0.09) and covariance was negative. Model 2 was evaluated as the optimum model for Yorkshire pigs. Yorkshire data showed that total heritability (0.5) was twice as high as direct heritability (0.25) and covariance was positive. Our results suggest that the efficiency of social effects differed among breeding lines. Further research on social effects related to breeds by group size would clarify which is the most efficient selection method that accounts for social genetic effects.

Keywords: animal model, pig, social genetic effect

Introduction

가축 선발에서 개체 간 투쟁을 감소시키는 것은 동물 복지와 집단 생산성 향상 측면에서 중요하다(Craig and Muir, 1996). 기존 선발방법은 개체의 능력에만 의존하여 선발되어왔으나 특정 경제형질은 같은 돈방 내 사회적 관계에 영향을 받을 수 있다(Griffing, 1967; Muir, 2005). 돈방 동료 같은 사회적 동료의 표현형에 영향을 주는 개인의 유전효과를 간접적 유전효과(indirect genetic effect) 또는 사회적 유전효과(social genetic effect)라고 한다(Bijma et al., 2007). 사회적 유전효과는 소(Van Vleck et al., 2007), 닭(Bijma et al., 2007; Ellen et al., 2008), 사슴(Wilson et al., 2011) 및 멩크(Alemu et al., 2014)와 같이 다양한 축종에서 연구되었다. 돼지의 경우, 성장형질(Arango et al., 2005; Chen et al., 2008; Canario et al., 2010), 등지방두께(Hsu et al., 2010) 및 사



 OPEN ACCESS

Citation: Kim YM, Cho ES, Cho KH, Sa SJ, Jeong YD, Woo JS, Lee IJ, Hong JK. 2016. Social genetic effects on days to 90 kg in Duroc and Yorkshire pigs. Korean Journal of Agricultural Science 43:595-602.

DOI: <http://dx.doi.org/10.7744/kjoas.20160062>

Editor: Jung Min Heo, Chungnam National University, Korea

Received: May 23, 2016

Revised: June 27, 2016

Accepted: June 29, 2016

Copyright: ©2016 Korean Journal of Agricultural Science.

This is an Open-Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

료효율(Bergsma et al., 2013)에 대한 유전효과 구명 연구가 추진되었으며, 사회성 유전효과와 함께 행동지표 연구도 병행하여 추진되었다(Canario et al., 2012).

종돈장의 경우, 축군 운영 과정 중에 주간 단위 또는 월간 단위 그룹 규모가 달라 질 수 있다. 다시 말하면 돈방 내 사육두수가 상황에 따라 변할 수 있다. 돈방 내 사육두수는 상호작용하는 돼지의 두수를 의미하기 때문에 그룹의 규모가 다양한 상황에서 사회성 유전모수 추정 시 희석인자를 고려해야 한다. Bijma (2010)는 사회성 유전효과가 그룹 내 각 개체마다 분배되기 때문에 그룹의 규모가 클수록 개체마다의 사회성 유전효과의 영향은 적어지며, 그룹 규모의 희석 수준에 따라 개체 자신의 직접적 유전효과와 동료에 대한 사회성 유전효과의 상관 관계가 달라질 수 있다고 보고한 바 있다.

따라서, 본 연구는 돼지 사회성 유전효과에 대한 최적 모형을 설정하는 것이 목적이며, 이를 위해 90 kg 도달일령 형질을 활용하여 설정 모형에 따른 사회성 유전 모수를 추정하였다. 모형은 직접적 유전효과와 사회성 유전효과의 공분산 여부, 그룹의 규모의 희석효과에 따라 설정하였다.

Materials and Methods

공시재료

본 연구에 이용된 자료는 2012년부터 2015년까지 국내의 한 종돈장에서 농장 검정된 두록 종과 요크셔 종 2개 품종 12,208두에 대한 능력검정 자료와 혈통자료를 수집하여 조사 분석에 이용하였으며, 분석형질로는 90 kg 도달일령(D90)을 이용하였다.

90 kg 도달일령(D90)은 다음과 같은 보정식에 의해 보정을 실시하였다.

$$D90 = \text{측정시일령} + \frac{(90 - \text{측정체중}) \times (\text{측정시일령} - 38)}{\text{측정체중}}$$

통계적 분석방법

본 연구에서의 성장형질에 대한 유전모수의 추정은 Table 1에 제시된 모델식을 WOMBAT version 1.0 (Meyer, 2007)을 이용하여 Restricted maximum likelihood (REML) 방법으로 추정하였다. Model 1은 다음과 같은 식을 이용하였다.

$$y = Xb + Z_{Dd} + Wl + Vg + e \quad (1)$$

y 는 90 kg 도달일령에 대한 관측치 벡터, X , Z , W , V 는 고정, 개체, 동복, 그룹의 기록에 관련한 빈도행렬이다. b 는

Table 1. A summary of alternative random effect models applied to the data.

Model	Random effects	Description
1	A + G + L + E	Typical animal model
2	A + S + G + L + E	Model 1 + social genetic effects
3	A + S + G + L + E	Model 2 + covariance (A, S)
4	A + S _d + G + L + E	Model 2 + dilution (S _d)
5	A + S _d + G + L + E	Model 3 + dilution (S _d)

A, additive genetic; S, social genetic; L, litter size; G, group; S_d, social genetic effects modeled dilution factors; E, environment effect.

고정효과 벡터로 농장 효과, 동기군 효과, 성별 효과, 교배 효과, 그룹 규모를 고정 효과로 하였으며, a 는 개체에 대한 직접 유전효과 벡터 $a \sim N(0, A\sigma_a^2)$; l 은 비유전적인 동복 효과 벡터 $l \sim N(0, I\sigma_l^2)$, g 는 비유전적 그룹 효과 벡터 $g \sim N(0, I\sigma_g^2)$ 이며, e 는 잔차 효과 벡터 $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$ 이다. N 은 정규분포를 나타내며, I 및 A 는 각 요인별 수준수의 크기를 갖는 단위행렬 및 혈연관계 행렬로 정의하였다(Lynch and Walsh, 1998).

Model 2는 Model 1에 사회성 효과 $s \sim N(0, A\sigma_s^2)$ 를 추가한 식으로 s 는 개체의 사회성 유전효과에 대한 벡터이다.

$$y = Xb + Z_D a_D + Z_S a_S + Wl + Vg + e \quad (2)$$

Model 3의 경우는 Model 2에 직접 유전효과와 사회성 유전효과와의 공분산을 함께 고려하여 유전모수를 Multivariate normal (MVN) 분포에 따라 추정하였다.

$$\begin{bmatrix} a_D \\ a_S \end{bmatrix} \sim MNV(0, C \otimes A), \quad C = \begin{bmatrix} \sigma_{a_D}^2 & \sigma_{a_D a_S} \\ \sigma_{a_D a_S} & \sigma_{a_S}^2 \end{bmatrix}$$

에서 $\sigma_{a_D}^2$ 는 직접 유전효과와의 분산, $\sigma_{a_S}^2$ 는 사회성 유전효과와의 분산, $\sigma_{a_D a_S}$ 는 직접 유전효과와 사회성 유전효과 간의 공분산이다. 그리고 \otimes 는 해당 행렬의 Kronecker product로 정의하였다.

사회성 유전효과에 영향을 받는 형질에 대한 선발은 Total breeding values (TBV)를 이용하여 추정하였다(Bijma et al., 2007). TBV는 표현형에 대한 직접 유전효과와 $n - 1$ 그룹에서의 표현형에 미치는 사회성 유전효과와의 합이며 이를 통해 사회성 유전효과를 설명할 수 있다.

TBV의 수식은 다음과 같다.

$$TBV_i = a_{Di} + (n-1)a_{Si}$$

TBV의 유전분산은 다음과 같다.

$$\sigma_{TBV}^2 = \sigma_{a_D}^2 + 2(n-1)\sigma_{a_D a_S} + (n-1)^2\sigma_{a_S}^2$$

$\sigma_{a_D}^2$ 는 상가적 유전분산이며, $2(n-1)\sigma_{a_D a_S} + (n-1)^2\sigma_{a_S}^2$ 는 사회성 유전효과와의 유전분산이다.

본 연구에서의 표현형 분산에 대한 수식은 다음과 같다(Bergsma et al., 2008).

$$\sigma_P^2 = \sigma_{a_D}^2 + (n-1)\sigma_{a_S}^2 + \sigma_{ag}^2 + \sigma_{al}^2 + \sigma_{ae}^2$$

여기서 n 은 그룹의 규모를 나타낸다.

통합유전력(Total heritability, T_2)는 표현형분산에 대한 유전분산으로 다음과 같은 수식으로 계산하였다.

$$T^2 = \sigma_{TBV}^2 / \sigma_P^2$$

본 분석에 이용된 T_2 는 당연히 정확한 유전력 값은 아니다. 하지만, T_2 를 통해서 표현형분산에서의 개체의 유전분산과 사회성 유전분산에 대해 알 수가 있다. T_2 는 기존의 $h^2 = \sigma_a^2 / \sigma_P^2$ 와 비교하였을 시 유전분산에서의 사회성 유전효과에 대해 빠르게 판단할 수 있다는 장점이 있다. 예를 들어, $h^2 = 0.3$, $T^2 = 0.6$ 이면 전체 유전분산이 기존의 직접 유전분산보다 2배 이상이며 이는 사회성 유전효과가 50% 기여한다고 판단할 수 있는 것이다.

희석인자(Dilution factors)

그룹의 규모가 클수록 개체마다의 사회적 유전효과의 영향은 작아진다. 이는 그룹 전체의 사회적 유전효과의 값이 각 개체마다 배분되어야 하기 때문이다(Bijma, 2010). 희석인자는 그룹의 규모에 미치는 영향을 나타내는데 희석인자가 0인 경우는 사회적 유전효과가 그룹의 규모에 의존하지 않는다는 뜻이며, 희석인자가 1이면 그룹의 규모에 전적으로 비례한다는 뜻이다. 수식은 다음과 같으며 n 은 그룹의 규모, d 는 희석인자를 나타낸다.

$$Z_i = [(\bar{n} - 1)/(n - 1)]d$$

Results and Discussion

일반분석

Table 2은 두록 종과 요크셔 종에 대한 분석두수와 결과값을 나타내었다. 두록 종은 총 2,699두의 검정자료를 이용하였으며 90 kg 도달일령은 137.8일(Standard Deviation, SD = 4.0)이었다. 등지방두께는 13.5 mm (SD = 1.3), 일당증체량은 673.2 g (SD = 28.3)의 결과값으로 조사되었으며 그룹의 규모는 16.4두(SD = 1.3)로 한 Pen에 16.4두의 돈군으로 구성되어 있는 것으로 분석되었다. 요크셔 종의 경우에는 총 9,509두의 검정자료를 이용하여 분석하였으며 90 kg도달일령이 149.8일(SD = 8.5)로 두록 종에 비해 12일가량 늦은 것으로 나타났다. 등지방두께, 일당증체량 및 그룹 규모는 각각 15.1 mm (SD = 2.3), 604.5 (SD = 47.6) 및 17.5 (SD = 1.9)로 조사되었다.

Table 2. Number of animals per test year and means with corresponding standard deviations for group size, days to 90 kg (D90), Back fat bac (BF), and average daily gain (ADG) in Duroc and Yorkshire nucleus herd.

Test year	n	Group size	D90 (day)	BF (mm)	ADG (g/d)
Duroc					
2012	1,408	17.0 (1.1)	137.0 (4.0)	13.2 (1.1)	680.4 (30.8)
2013	670	16.2 (1.4)	138.9 (3.8)	13.6 (1.1)	670.0 (23.6)
2014	621	15.9 (1.1)	137.5 (3.9)	13.8 (1.5)	668.8 (28.2)
Total	2,699	16.4 (1.3)	137.8 (4.0)	13.5 (1.3)	673.2 (28.3)
Yorkshire					
2012	3,224	17.4 (1.9)	150.5 (8.6)	15.8 (2.5)	599.2 (47.0)
2013	2,819	17.4 (1.9)	151.5 (7.7)	14.8 (2.3)	593.1 (41.3)
2014	3,073	17.6 (1.9)	148.0 (8.6)	14.5 (2.1)	616.6 (49.3)
2015	393	17.3 (1.7)	145.5 (8.1)	15.2 (1.8)	635.3 (48.4)
Total	9,509	17.5 (1.9)	149.8 (8.5)	15.1 (2.3)	604.5 (47.6)

희석인자와 공분산

Table 3은 두록 종에 대한 모델 별 비교 결과이다. 공분산을 고려하지 않은 희석인자 별 비교에서 Model 2 ($d = 0.0$), Model 4 ($d = 0.5$) 및 Model 4 ($d = 1.0$)의 ΔAIC 는 각각 2.0, 2.0 및 3.0로 희석인자를 0으로 설정한 Model 2 ($d = 0.0$)의 ΔAIC 가 가장 낮았다. 공분산을 함께 고려한 희석인자 별 비교에서는 Model 3 ($d = 0.0$), Model 5 ($d = 0.5$) 및 Model 5 ($d = 1.0$)의 ΔAIC 는 각각 2.0, 3.7 및 3.9로 희석인자 0으로 설정한 Model 3의 ΔAIC 가 가장 낮았으며, 희석인자가 높아짐에 따라 ΔAIC 도 증가하였다. 또한 희석효과를 높이면 공분산이 -0.4, -0.3 및 -0.2로 증가하였다.

Table 3. Genetic parameters, group effects (σ_{ag}^2), litter effects (σ_{al}^2), and total heritability (T^2) for days to 90 kg with the five models in a Duroc nucleus herd.

Model	Dilution	σ_{aD}^2	σ_{as}	σ_{aS}^2	σ_{ag}^2	σ_{al}^2	σ_{ae}^2	σ_p^2	σ_{aTBV}^2	h^2	s^2	T^2	-2LogL	Δ AIC
1		16.6			9.7	3.5	47.6	77	-	0.21	-	-	-6921.7	0
2	0.0	16.6		0.00	9.7	3.5	47.6	77	17	0.21	0.0000	0.21	-6921.7	2.0
3	0.0	16.6	-0.4	0.01	10.3	3.4	47.1	78	7	0.21	0.0021	0.09	-6921.4	2.0
4	0.5	16.6		0.00	9.7	3.5	47.6	77	17	0.21	0.0000	0.21	-6921.7	2.0
4	1.0	16.6		0.00	9.7	3.5	47.6	77	17	0.21	0.0000	0.21	-6921.7	3.4
5	0.5	16.6	-0.3	0.00	10.2	3.4	47.3	78	9	0.21	0.0011	0.12	-6921.5	3.7
5	1.0	16.6	-0.2	0.00	10.0	3.4	47.4	77	12	0.21	0.0004	0.15	-6921.6	3.9

σ_{aD}^2 , additive genetic variance; σ_{as} , covariance between additive and social genetic effects; σ_{aS}^2 , variance due to social genetic effects; σ_{ag}^2 , group variance; σ_{al}^2 , litter size variance; σ_{ae}^2 , residual variance; σ_p^2 , phenotypic variance; σ_{aTBV}^2 , total heritable variance; h^2 , direct heritability; s^2 , social heritability; T^2 , total heritability; Δ AIC, change in Akaike's information criteria from the best (minimum) model AIC.

요크셔 종의 경우(Table 4), 공분산을 고려하지 않은 희석인자 별 비교에서 Model 2 ($d=0.0$), Model 4 ($d=0.5$) 및 Model 4 ($d=1.0$)의 Δ AIC는 각각 0, 1.6 및 1.5로 희석인자를 0으로 설정한 Model 2의 Δ AIC가 가장 낮았다. 공분산을 함께 고려한 희석인자 별 비교에서는 Model 3 ($d=0.0$), Model 5 ($d=0.5$) 및 Model 5 ($d=1.0$)의 Δ AIC는 각각 0.7, 2.0 및 2.6로 희석인자 0로 설정한 Model 3의 Δ AIC가 가장 낮았으며, 두록 종과 유사하게 희석인자가 높아짐에 따라 Δ AIC도 증가하였다. 희석인자가 0에서 0.5로 상승 시, 모형의 공분산은 0.1에서 0.2로 증가하였으며, 희석인자 0.5와 1의 모형의 공분산은 동일했다.

Table 4. Genetic parameters, group effects (σ_{ag}^2), litter effects (σ_{al}^2), and total heritability (T^2) for days to 90 kg with the five models in Yorkshire nucleus herd.

Model	Dilution	σ_{aD}^2	σ_{as}	σ_{aS}^2	σ_{ag}^2	σ_{al}^2	σ_{ae}^2	σ_p^2	σ_{aTBV}^2	h^2	s^2	T^2	-2LogL	Δ AIC
1		14.5			7.6	2.3	35.3	60	-	0.24	-	-	-23334.4	2.6
2	0.0	14.5		0.06	6.4	2.3	35.3	59	30	0.25	0.0209	0.50	-23332.1	0
3	0.0	14.8	0.1	0.06	6.2	2.3	35.3	59	35	0.25	0.0226	0.59	-23337.9	0.7
4	0.5	14.5		0.05	6.6	2.3	35.3	59	28	0.25	0.0183	0.47	-23332.5	1.6
4	1.0	14.5		0.04	6.7	2.3	35.3	60	25	0.25	0.0149	0.42	-23332.9	1.5
5	0.5	14.8	0.2	0.05	6.3	2.3	35.3	60	34	0.25	0.0199	0.58	-23332.1	2.0
5	1.0	14.8	0.2	0.04	6.5	2.3	35.3	60	32	0.25	0.0159	0.54	-23338.4	2.6

σ_{aD}^2 , additive genetic variance; σ_{as} , covariance between additive and social genetic effects; σ_{aS}^2 , variance due to social genetic effects; σ_{ag}^2 , group variance; σ_{al}^2 , litter size variance; σ_{ae}^2 , residual variance; σ_p^2 , phenotypic variance; σ_{aTBV}^2 , total heritable variance; h^2 , direct heritability; s^2 , social heritability; T^2 , total heritability; Δ AIC, change in Akaike's information criteria from the best (minimum) model AIC.

직접적 유전효과와 사회성 유전효과의 공분산은 희석인자에 따라 민감하게 변화한다고 보고된바 있다(Bunter et al., 2015). 본 실험 결과 역시 희석인자 수준에 따라 직접적 유전효과와 사회성 유전효과의 공분산이 변화하였으며, 두 품종 모두 희석효과를 무시할 경우가 공분산이 가장 낮았다. Bijma (2010)는 희석효과가 높은 형질의 경우 사회성 유전효과는 그룹 규모에 많은 영향을 받기 때문에, 그룹 규모를 최소화하는 것을 권장했다. 본 실험의 Δ AIC 결과로 볼 때, 그룹크기에 영향을 받지 않는 모형이 적합하다고 조사되었다. 하지만 Bijma (2010)와 Bunter et al. (2015)의 실험과 비교해 볼 때, 본 실험의 평균 그룹 규모가 매우 크기 때문에(14.5 및 16.6두) 향후 그룹 크기가 10두 미만인 집단에서 희석효과를 비교할 필요가 있을 것으로 사료된다.

통합유전력(T_2)

공분산의 고려여부와 희석인자의 설정에 따른 모형의 적합도 분석 결과, 두록 종의 경우(Table 3)는 사회성 유전효과를 고려하지 않은 기존모형(Model 1)에서 적합도가 가장 높은 것으로 조사되었으며 사회성 유전효과를 고려한 모형 중에서는 공분산 효과 없이 희석효과를 무시한 Model 2가 다른 모형보다 적합한 것으로 추정되었다. Model 2에서의 통합유전력(T_2)은 0.21로 기존의 개인 중심 유전력(h^2)과 동일하였으며 사회성 유전력(s^2)은 거의 0에 수렴하는 결과 값으로 추정되었다. 게다가 공분산을 고려한 Model 3에서의 사회성 유전력(s^2)은 0.002, 직접적 유전효과와 사회성 유전효과와의 공분산은 부의 관계(-0.4)로 통합유전력(T_2)는 0.09로 감소하였다.

두록 종과 유사한 선행연구를 보면, Bouwman et al. (2010)이 통합유전력(T_2)는 0.11, 직접 유전분산과 사회성 유전분산의 공분산은 -0.28로 부의 상관으로 보고하였으며 Canario et al. (2010) 역시 공분산이 부의 관계(-0.02)이며 통합유전력(T_2) 개선 효과는 조사되지 않았다고 보고하였다. 본 연구에서의 두록 종은 직접 유전효과와 사회성 유전효과와의 공분산이 부(-)의 효과이며, 기존의 개인 중심의 유전력(h^2)보다 통합유전력(T_2)의 개선 효과가 없기 때문에 사회성을 반영하지 않는 것이 모델 적합도가 높게 나오는 것으로 사료된다.

요크셔 종의 경우(Table 4)는 공분산과 희석효과가 없는 Model 2가 다른 개체모형에 비해 가장 적합도가 높은 것으로 조사되었으며 통합유전력(T_2)은 0.50으로 개인 중심 유전력(h^2) 0.25보다 2배 이상 높은 유전력으로 추정되었다. 공분산을 고려한 Model 3에서는 사회성 유전력(s^2)은 0.02, 직접적 유전효과와 사회성 유전효과와의 공분산은 0.1의 양(+)의 관계로 사회성 유전효과와의 영향이 있는 것으로 분석되었으며 통합유전력(T_2)은 0.59로 증가하였다.

두록 종과 달리 요크셔 종에서는 통합유전력이 2배 이상 개선되는 효과를 가져왔으며, 모델 적합도 ΔAIC 역시 사회성 효과를 반영한 모델이 기존모델보다 대부분 높았다. 요크셔 종과 유사한 연구결과를 살펴보면, Chen et al. (2008)은 성장률에 대한 통합유전력(T_2)은 0.59, 공분산은 0.24로, Bergsma et al. (2008)은 통합유전력(T_2)은 0.71, 직접 유전효과와 사회성 유전효과와의 공분산은 0.20으로 양(+)의 관계라고 보고하여 본 연구의 요크셔 종의 연구결과와 비슷한 경향치를 보였다. 선행 연구의 경우 대부분 직접 유전효과와 사회성 유전효과와의 공분산을 고려하여 사회성 통합 모델을 설정 하였다. 하지만 본 연구의 결과에서 공분산을 반영하지 않는 모델(Model 2)이 적합도가 가장 높은 것으로 조사되었다. 물론, 공분산을 반영한 통합 모델(Model 3, 4) 역시 기존모델보다 적합하지만, 농가 활용을 위해 최적의 모델을 설정하기 위해서는 추가적인 연구가 필요하다. 특히 희석인자와 연계하여 평균 그룹규모를 낮출 필요가 있다(Bijma, 2010).

그 동안의 선행 연구를 보면, 품종 또는 집단마다 사회성을 반영한 통합모델의 효과가 다르게 분석되었다(Bergsma et al., 2008; Chen et al., 2008; Bijma, 2010; Bouwman et al., 2010). 본 연구 결과 역시 두록 종과 요크셔 종에서 사회성 유전효과에 대한 모수 추정 시 품종 별 서로 다른 결과가 도출되었으며, 특히 요크셔 종에서 사회성 반영 모델에 대해 긍정적인 효과를 가져왔다. 따라서 선발 적용 시 그 집단에 사회성 통합 모델이 적합한지 확인할 필요가 있으며, 사회성 통합 모델 내 공분산 반영 여부, 희석인자 설정 등 다양한 효과를 고려하여, 최적의 모델을 선택하는 것이 필요하다.

Conclusion

본 연구는 돼지의 사회성 유전효과에 대한 최적 모형을 설정하는 것을 목적으로, 이를 위해 90 kg 도달일령 형질을 활용하여 설정 모형에 따른 사회성 유전 모수를 추정하고자 2012년부터 2015년까지 국내의 한 종돈장에서 농장 검정된 두록 종과 요크셔 종 2개 품종 12,208두에 대한 능력검정 자료와 혈통자료를 수집하여 조사 분석에 이용하였다. 모형은 직접적 유전효과, 사회성 유전효과 그리고 직접적 유전효과와 사회성 유전효과와의 공분산을 고려한 모형과 희석인자를 이용하였다. 두록 종의 경우 사회성 유전효과를 고려하지 않은 기존모형(Model 1)에서 가장 적합도가

높았으며 사회적 유전효과를 고려한 모형 중에서는 공분산과 희석효과를 무시한 Model 2가 다른 모형에 비해 적합한 것으로 분석되었다. 두록 종에서의 직접 유전효과와 사회적 유전효과와의 공분산은 부(-)의 효과였으며, 기존의 개인 중심의 유전력(h^2) 0.21보다 통합유전력(T^2)이 0.09로 낮았다. 요크셔 종은 Model 2가 다른 개체모형에 비해 가장 적합도가 높은 것으로 분석되었으며 Model 2에서의 통합유전력(T^2)은 0.50으로 개인 중심 유전력(h^2) 0.25보다 2배 이상 높은 유전력으로 추정되었다. 공분산을 고려한 모형에서는 공분산이 양(+)의 상관을 보여 사회적 유전효과의 영향이 있는 것으로 분석되었다. 따라서, 본 연구 결과를 통해 돼지의 품종별로 사회적 유전효과에 대한 차이가 있는 것으로 사료되며 품종별 최적 모형을 설정하여 선발 및 개량을 진행하는 것이 중요할 것으로 판단된다.

Acknowledgements

본 논문은 농촌진흥청 지원사업(세부과제명 : 상호작용 성장 형질을 활용한 중돈 검정 및 평가 기술 개발, 세부과제번호 : PJ00997101)의 지원에 의해 이루어진 것임.

References

- Alemu SW, Bijma P, Møller SH, Janss L, Berg P. 2014. Indirect genetic effects contribute substantially to heritable variation in aggression-related traits in group-housed mink (*Neovison vison*). *Genetics Selection Evolution* 46:30.
- Arango J, Misztal I, Tsuruta S, Culbertson M, Herring W. 2005. Estimation of variance components including competitive effects of large white growing gilts. *Journal of Animal Science* 83:1241-1246.
- Bergsma R, Kanis E, Knol EF, Bijma P. 2008. The contribution of social effects to heritable variation in finishing traits of domestic pigs (*Sus scrofa*). *Genetics* 178:1559-1570.
- Bergsma R, Mathur P, Kanis E, Verstegen M, Knol E, Van Arendonk J. 2013. Genetic correlations between lactation performance and growing-finishing traits in pigs. *Journal of Animal Science* 91:3601-3611.
- Bijma P. 2010. Estimating indirect genetic effects: Precision of estimates and optimum designs. *Genetics* 186:1013-1028.
- Bijma P, Muir WM, Van Arendonk JA. 2007. Multilevel selection 1: Quantitative genetics of inheritance and response to selection. *Genetics* 175:277-288.
- Bouwman A, Bergsma R, Duijvesteijn N, Bijma P. 2010. Maternal and social genetic effects on average daily gain of piglets from birth until weaning. *Journal of Animal Science* 88:2883-2892.
- Bunter K, Lewis C, Newman S. 2015. Social genetic effects influence reproductive performance of group-housed sows. *Journal of Animal Science* 93:3783-3793.
- Canario L, Lundgren H, Haandlykken M, Rydhmer L. 2010. Genetics of growth in piglets and the association with homogeneity of body weight within litters. *Journal of Animal Science* 88:1240-1247.
- Canario L, Turner S, Roehe R, Lundeheim N, D'Eath R, Lawrence A, Knol E, Bergsma R, Rydhmer L. 2012. Genetic associations between behavioral traits and direct-social effects of growth rate in pigs. *Journal of Animal Science* 90:4706-4715.
- Chen C, Kachman SD, Johnson RK, Newman S, Van Vleck LD. 2008. Estimation of genetic parameters for average daily gain using models with competition effects. *Journal of Animal Science* 86:2525-2530.
- Craig J, Muir W. 1996. Group selection for adaptation to multiple-hen cages: Beak-related mortality, feathering, and body weight responses. *Poultry Science* 75:294-302.
- Ellen E, Visscher J, Van Arendonk J, Bijma P. 2008. Survival of laying hens: Genetic parameters for direct and associative effects in three purebred layer lines. *Poultry Science* 87:233-239.
- Griffing B. 1967. Selection in reference to biological groups I. Individual and group selection applied to populations of unordered

- groups. Australian Journal of Biological Sciences 20:127-140.
- Hsu W, Johnson RK, Van Vleck LD. 2010. Effect of pen mates on growth, back fat depth, and longissimus muscle area of swine. Journal of Animal Science 88:895-902.
- Lynch M, Walsh B. 1998. Genetics and analysis of quantitative traits: Sinauer Sunderland, MA.
- Muir WM. 2005. Incorporation of competitive effects in forest tree or animal breeding programs. Genetics 170:1247-1259.
- Van Vleck LD, Cundiff L, Koch R. 2007. Effect of competition on gain in feedlot bulls from Hereford selection lines. Journal of Animal Science 85:1625-1633.
- Wilson AJ, Morrissey M, Adams M, Walling CA, Guinness F, Pemberton JM, Clutton-Brock TH, Kruuk L. 2011. Indirect genetics effects and evolutionary constraint: an analysis of social dominance in red deer, *Cervus elaphus*. Journal of Evolutionary Biology 24:772-783.