

핵돈군간 산육형질의 통합자료를 이용한 요크셔 종돈의 선발비율 변화[†]

조광현¹ · 김성훈² · 박경도³

¹농촌진흥청 국립축산과학원 · ²피그진코리아 (주) · ³전북대학교 동물생명공학과
접수 2016년 1월 24일, 수정 2016년 2월 26일, 게재확정 2016년 3월 22일

요약

일당증체량 (kg), 등지방두께 (mm), 90kg도달일령 (일), 등심깊이 (mm)와 정육율 (%)에 대한 유전력은 각각 0.40, 0.44, 0.40, 0.25와 0.48로 추정되었다. 모형 1과 모형 2에서 산육형질에 대한 육종가 및 순위간의 상관계수는 각각 0.995~1.000과 0.991~1.000의 범위에서 추정되었으며, 고도의 유의적인 수준 ($p < 0.0001$)을 나타냄으로서 농장별로 추정된 육종가와 거의 일치하였다. 산육형질별 top 5%와 top 10%의 선발두수에 대한 농장별 상대적 선발비율은 그 동안 폐쇄축군을 유지하면서 각 농장들이 추구하는 개량형질에 따라서 현저히 다르게 나타났으며, 농장간 통합검정자료를 이용한 국가단위 유전능력평가 체계를 구축하여 우수 종돈을 선발하는 것이 더욱 바람직하다고 판단되었다.

주요용어: 등심깊이, 등지방두께, 일당증체량, 정육율, 90kg도달일령.

1. 머리말

국내 종돈의 생산체계는 핵돈군 (GGP; 순종돈 생산농장), 증식돈군 (GP; F1 생산농장)과 비육돈군 (PS; 비육돈 생산농장)의 피라미드식 구조로 되어 있으며, 종돈의 개량은 순종돈을 생산하는 핵돈군에 중점을 두고 있다. 이러한 원인은 피라미드 구조에서 유전자의 흐름은 상부에서 하부로만 전달되어지고 하부의 유전자는 상부로 이동되지 않기 때문이며, 최상부의 핵돈군은 종돈에 대한 능력검정 및 선발을 통하여 개량되며, 개량된 우수한 유전자는 하부로 전달되어 경제적으로 우수한 비육돈을 생산하는 데 이용된다. 따라서 우수한 핵돈군의 조성은 종돈 개량의 파급효과가 매우 크기 때문에 (Kang 등, 2012), 한 나라의 양돈 산업의 경쟁력을 결정짓는 중요한 요인으로 작용한다. 그러나 국내 종돈장들의 규모가 양돈 선진국에 비하여 상대적으로 작고 그동안 폐쇄축군을 유지하면서 농장 특유의 개량 방식에 의존할 수밖에 없었던 것이 현실이다. 종돈의 개량 효율은 그 집단의 크기에 따라 급격히 증가하기 때문에 개량을 위한 검정의 단위를 증가시키는 것이 중요하다 (Song 등, 2010). 정부는 이러한 종돈개량의 중요성을 인식하고 각 종돈장간의 유전적 연결을 통하여 종돈의 개량 단위를 확대시키는 돼지개량네트워크 구축사업을 추진하고 있다. 따라서 본 연구의 목적은 산육형질에 대한 농장간 통합자료를 이용하여 종돈의 육종가, 순위 및 순종돈 생산농장내 선발 비율의 변화를 구명함으로써 국가단위 종돈개량체계 구축을 위한 기초자료를 제공하는데 있다.

[†] 이 본 연구는 농림축산식품부·해양수산부·농촌진흥청·산림청 Golden Seed 프로젝트 사업 (PJ009920-2015)에 의해 이루어진 것임.

¹ (31000) 충남 천안시 서북구 성환읍 신방1길 114, 농촌진흥청 국립축산과학원, 연구사.

² (16866) 경기도 용인시 수지구 용구대로 2794, 피그진코리아 (주), 대표.

³ 교신저자: (54896) 전북 전주시 덕진구 백제대로 567, 전북대학교 동물생명공학과, 연구교수.

E-mail: doobalo@jbnu.ac.kr

2. 재료 및 방법

2.1. 공시재료

본 연구에서는 설립연도가 서로 다른 3곳의 GGP 종돈장으로부터 1998년 3월부터 2015년 4월 사이에 태어난 개체들의 검정기록을 수집한 후, 표본오류로 여겨지는 자료들은 분석에서 제외하였다. 수집된 총 118,902두의 일당증체량 (kg), 등지방두께 (mm), 90kg도달일령 (일), 등심깊이 (mm)와 정육률 (%) 등 5개의 산육형질은 보정식 (NIAS, 2010)을 이용하여 보정치를 산출한 후 분석에 이용하였다. 현재 돼지개량네트워크 구축사업의 일환으로 농장간 유전적 연계를 위한 우수 종돈들의 정액이 각 종돈장에 보급되고 있으나 본 자료에서는 아직 이들 자손의 검정기록이 확보되지 않아 각 농장간 유전적 연계는 나타나지 않았다. B농장의 검정기록이 전체의 38.1%를 차지하는 44,988개였으며, A농장의 경우 전체의 28.4%로 33,773개였다. 전체 자료에서 종부돈과 종모돈의 수는 각각 978두와 8,085두였으며, 자료의 분포 및 특성은 Table 2.1에 제시하였다.

Table 2.1 Distributional properties of data, means and standard deviations for productive traits by great grand parent (GGP) farm

Item	GGP Farm			Whole dataset
	A	B	C	
No. of records	33,773	44,988	40,141	118,902
sires	293	332	353	978
dams	2,571	2,884	2,630	8,085
Traits				
DG (g)	617.81±62.89	589.59±50.52	602.60±59.65	602.00±58.48
BF (mm)	14.40± 3.15	14.85± 2.91	13.55± 2.51	14.29± 2.91
D90 (day)	148.25±12.31	151.33± 9.71	148.55±10.94	149.52±11.01
LD (mm)	46.56± 4.84	46.92± 4.75	48.40± 4.72	47.32± 4.83
MR (%)	58.62± 2.80	57.90± 2.66	58.37± 2.40	58.26± 2.63

DG: daily gain, BF: backfat thickness, D90: days at 90kg, LD: loin eye depth, MP: meat rate

2.2. 통계적 방법

통합검정자료를 이용한 형질들의 유전모수 및 개체의 육종가를 추정하기 위한 모형 1과 농장별 개체의 육종가를 추정하기 위한 모형 2는 다음과 같다.

$$y_{tijk} = HYS_{ti} + SEX_{tj} + a_{tk} + e_{tijk} \quad (2.1)$$

$$y_{tijk} = YS_{ti} + SEX_{tj} + a_{tk} + e_{tijk} \quad (2.2)$$

위에서, y_{tijk} = t 번째 산육형질 (일당증체량, 등지방두께, 90kg도달일령, 등심깊이, 정육률)의 관측치 ($t = 1, 2, \dots, 5$), HYS_{ti} = t 번째 산육형질의 i 번째 농장-출생년도-계절의 고정효과 ($i = 1, 2, \dots, 188$), YS_{ti} = t 번째 산육형질의 i 번째 출생년도-계절의 고정효과, SEX_{tj} = t 번째 산육형질의 j 번째 성별의 고정효과 ($j=1, 2$), a_{tk} = t 번째 산육형질의 k 번째 개체의 육종가 ($k = 1, 2, \dots, 120, 874$), e_{tijk} = t 번째 산육형질의 임의오차이다. $Var(a) = A \otimes \sigma_a^2$, $Var(e) = I \otimes \sigma_e^2$, $A_{(120,874 \times 120,874)}$ = 개체들 간의 상가적 유전 혈연관계를 나타내는 혈연계수행렬이며, $I_{(120,874 \times 1)}$ = 단위행렬이다.

다형질 평가모형을 수행하기 위한 5개 산육형질들에 대한 분산-공분산성분은 VCE 6.0 (Groeneveld 등, 2008)을 이용하여 추정하였다. 유전력 (h^2)은 5개의 산육형질들의 유전적 변이 중에서 다음 세대에 전달되는 비율, 즉 표현형 분산 중에서 상가적 유전분산이 차지하는 비율이며, 유전력 (h^2), 유전상관

(r_G) 및 표현형 상관 (r_P) 은 다음과 같다.

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}, r_G = \frac{\widehat{COV}_{a(i,j)}}{\sqrt{\sigma_{a(i)}^2 \times \sigma_{a(j)}^2}} (i \neq j), r_P = \frac{\widehat{COV}_{p(i,j)}}{\sqrt{\sigma_{p(i)}^2 \times \sigma_{p(j)}^2}} (i \neq j)$$

위에서, σ_a^2 = 상가적 유전분산, σ_e^2 = 오차분산, σ_p^2 = 표현형 분산, $\widehat{COV}_{a(i,j)}$ = 두 형질간 유전공분산이며, $\widehat{COV}_{p(i,j)}$ = 두 형질간 표현형 공분산이다. 그리고 두 모형간 비교를 위한 개체의 육종가는 전체자료와, 각 농장별로 PEST program (Groeneveld, 1990)을 수행하여 추정하였다.

3. 결과 및 고찰

3.1. 유전모수

일당증체량, 등지방두께, 90kg도달일령, 등심깊이와 정육율에 대한 유전력 (\pm 표준오차)은 각각 0.40 ± 0.01 , 0.44 ± 0.01 , 0.40 ± 0.01 , 0.25 ± 0.01 과 0.48 ± 0.01 로 추정되었다 (Table 3.1). 일당증체량의 유전력은 국내에서 보고된 0.466 (Song 등, 2010)과 0.50 (Choi 등, 2004)보다 낮게 추정되었으며, 국외에서 보고된 0.45 (Chen과 Baas, 2002)와 0.28 (Lutaaya과 Misztal, 2001)의 중간값으로 추정되었다. 반면에, 등지방두께의 유전력은 국내외에서 보고된 0.444 (Song 등, 2010), 0.47 (Kang 등, 2012), 0.47 (Johnson과 Nugent, 2003), 0.48 (Chen과 Baas, 2002)과 거의 비슷한 결과를 나타내었다. 90kg도달일령의 유전력은 Kang 등 (2012)이 보고한 0.29보다는 높게, Song 등 (2010)의 0.466, Chen과 Baas (2002)가 보고한 0.45보다는 낮게 추정되었다. 또한 등심깊이의 유전력은 국내외에서 보고된 0.26 (Kang 등, 2012), 0.226 (Song 등, 2010)과 0.29 (Johnson과 Nugent, 2003)와 비슷한 결과를 나타내었다. 정육율에 대한 유전력의 범위는 0.44 0.57 (Stern 등, 1994)이라 알려져 있으며, Kang 등 (2010)이 보고한 0.448과 거의 비슷하였다. 한편, 일당증체량과 90kg도달일령의 유전 및 표현형 상관계수는 각각 -0.99와 -0.98로 고도의 상관을 나타내고 있었으며, 등지방두께와 정육율의 유전 및 표현형 상관계수는 각각 -0.87와 -0.63로 높은 상관을 나타내었다. 산육형질들간 상관계수의 추세는 국내의 보고 (Song 등, 2010; Kang 등, 2012)와 거의 일치하였다.

Table 3.1 Heritabilities \pm standard errors (diagonal), genetic (upper) and phenotypic (lower) correlations among productive traits using a model 1

Traits	1	2	3	4	5
1. Daily gain (g)	0.40 \pm 0.01	0.26	-0.99	0.27	-0.06
2. Backfat thickness (mm)	0.27	0.44 \pm 0.01	-0.24	-0.16	-0.87
3. Days at 90kg (day)	-0.98	-0.25	0.40 \pm 0.01	-0.24	0.07
4. Loin eye depth (mm)	0.28	-0.03	-0.26	0.25 \pm 0.01	0.41
5. Meat rate (%)	-0.05	-0.63	0.06	0.32	0.48 \pm 0.01

3.2. 육종가

산육형질들에 대한 개체의 육종가는 통합검정자료를 이용한 모형 1과 농장별 자료만을 이용한 모형 2에 의하여 추정되었으며, 통합검정자료를 이용한 유전능력 평가의 적합성 검정은 모형 1과 2에서 추정된 육종가 및 순위간의 상관계수를 이용하였다.

추정된 육종가는 BLUP (best linear unbiased prediction) 이론에 따라 평균은 0이고 정규분포를 따르며 (Henderson, 1975), 분산의 크기에 따라 범위가 달라진다 (Cho 등, 2014). Table 3.2에는 모형 1에서 추정된 산육형질에 대한 육종가의 범위와 각 농장별 육종가의 범위를 제시하였다. 일당증체량, 등지

방두께, 90kg도달일령, 등심깊이와 정육률에 대한 육종가의 범위는 각각 207.06g, 11.28mm, 39.26일, 14.71mm와 12.21%였으며, 즉 산육형질들에 대한 120,874두의 육종가가 대부분 이들 범위내에 존재한다는 것을 의미한다. 일반적으로 다음 세대의 종축으로 선발되어지는 우수한 개체들은 육종가 분포에서 극단치에 위치한다. 예로, 일당증체량이 우수한 개체들은 정 (+)의 극단치, 등지방두께가 우수한 개체들은 부 (-)의 극단치 부분에 분포한다. 그러나 농장별 육종가의 범위는 어떤 형질에서 어느 농장의 개체가 선발될 확률이 높다는 것을 반듯이 의미하지는 않는다. 육종가의 최대치와 최소치는 아주 뛰어나거나 아주 열등한 개체 1마리에 의해 결정될 수도 있기 때문이다. 추정된 육종가의 범위만 고려한다면 일당증체량과 90kg도달일령은 B농장, 등지방두께와 등심깊이는 C농장, 정육률은 A농장에서 가장 우수한 개체들이 선발될 것으로 보여 진다.

Table 3.2 Minimum (Min.) and maximum (Max.) of breeding values estimated by model 1 for productive traits

Traits	Whole		GGP Farm					
			A		B		C	
	Min.	Max.	Min.	Max.	Min.	Max.	Min.	Max.
DG	-102.58	104.48	-102.58	95.57	-89.89	104.48	-93.93	85.70
BF	-5.17	6.11	-4.78	5.99	-4.65	5.88	-5.17	6.11
D90	-17.35	21.91	-14.95	21.91	-17.35	19.66	-15.00	17.72
LD	-7.38	7.33	-7.38	6.06	-7.01	5.78	-5.59	7.33
MR	-6.85	5.36	-6.85	5.11	-6.01	4.43	-6.03	5.36

모형 1과 모형 2에서 추정된 산육형질에 대한 육종가간의 상관계수는 0.995~1.000의 범위에서 추정되었으며, 고도의 유의적인 수준 ($p < 0.0001$)을 나타내었다. 순위 상관계수 역시 0.991~1.000의 범위에서 고도의 유의적인 수준 ($p < 0.0001$)을 나타냄으로써 통합자료를 이용했을 경우 추정된 육종가는 그동안 농장별로 추정된 육종가와 거의 차이가 없다는 것을 증명하였다 (Table 3.3). 결과적으로 농장간 통합자료에 의한 국가단위 유전능력평가 체계의 구축은 가능성이 있다고 보여 진다. 또한 돼지개량네트워크 사업에 따른 GGP 농장간 유전적 연계가 이루어진다면 추정된 육종가의 정확도 역시 증가할 것으로 생각되어 진다. 즉, 개체모형에서 혈연계수행렬의 연계는 개체의 정확도를 증가시킨다. 그러나 우선적으로 GGP 농장에서 측정된 산육형질들에 대한 표현형 값의 신뢰도를 높이기 위해서 표준화된 측정방법의 통일이 필요하다. 표준화된 측정방법이 수행되지 않은 자료에서 농장효과를 모형에 포함시켜 유전능력을 평가하는 것은 육종가의 신뢰도를 높이는데 한계가 있다고 생각된다.

Table 3.3 Breeding value and rank correlations between model 1 and 2 for productive traits in each farm

Traits	GGP farm					
	A		B		C	
	BV	Rank	BV	Rank	BV	Rank
Daily gain (g)	1.000	0.995	0.999	0.998	0.995	0.991
Backfat thickness (mm)	1.000	0.999	0.999	0.997	0.998	0.993
Days at 90kg (day)	1.000	0.993	0.998	0.995	0.995	0.998
Loin eye depth (mm)	1.000	0.997	1.000	1.000	0.998	0.997
Meat rate (%)	1.000	0.999	0.999	0.997	0.999	0.988

All values (Pearson correlation coefficient) were significantly at the 0.0001 level

3.3. 선발비율

Table 3.4에는 산육형질별 기록이 있는 두수 (118,902두) 중에서 Top 5%의 농장별 선발두수 (5,945두)를 제시하였다. 3곳의 농장은 보유두수는 같지 않기 때문에 보유 두수가 많은 B농장에서 더 많이 선발되어질 것이다. 따라서 전체두수에서 선발된 두수를 각 농장별 보유두수로 나누어 상대적 비율을 추정하였다. 일당 증체량의 경우 B농장에서 3,309두가 선발되고 상대적 비율도 7.4%로 높다. 등지방두께의 경우는 C농장이 8.9%로 압도적으로 높았다. 또한 90kg도달일령에서 B농장이 7.6%로 가장 높고 C농장은 1.1%에 불과하였다. 등심깊이는 B 농장에서 5.6%, 정육률은 C농장에서 8.8%로 높게 나타났다. 이러한 원인은 각 농장들이 그 동안 폐쇄축군을 유지하면서 특정형질에 대하여 개량해 온 결과로 보여 진다. Top 10%의 경우에도 top 5%의 추세와 거의 일치하였다 (Figure 3.1).

Table 3.4 Selected animals upper top 5% (5,945 heads) of breeding value from animals with a record for productive traits in each farm

Traits	Mean±SD	Selected animals			Relative ratio (%) ¹		
		A	B	C	A	B	C
Daily gain (g)	52.14±11.08	2,030	3,309	606	6.0	7.4	1.5
Backfat thickness (mm)	-2.71± 0.39	1,236	1,122	3,587	3.7	2.5	8.9
Days at 90kg (day)	-9.07± 1.87	2,051	3,435	459	6.1	7.6	1.1
Loin eye depth (mm)	3.17± 0.58	1,728	2,514	1,703	5.1	5.6	4.2
Meat rate (%)	2.70± 0.40	1,481	945	3,519	4.4	2.1	8.8

¹5,945 heads/heads of farm)×100, ^A33,773 heads, ^B44,988 heads, ^C40,141 heads

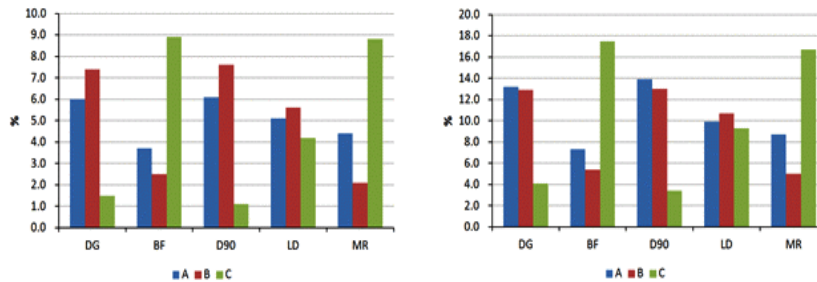


Figure 3.1 Relative ratios of top 5% (left) and top 10% (right) animals selected from GGP farms by productive traits (DG: daily gain, BF: backfat thickness, D90: days at 90kg, LD: loin eye depth, MP: meat rate)

4. 결론

종돈장간의 유전적 연결 (네트워크)을 통하여 작은 규모의 종돈장 단위의 개량에서 국가단위의 종돈 개량체계를 구축하는 것은 국내 양돈시장의 국제경쟁력을 높이는 것임에 틀림없으며, 그 동안 GGP 농장들의 자료 수집이 어려움을 겪던 것과 달리 통합검정자료에 의한 유전능력평가가 가능해 졌다. 본 연구에서 통합평가모형으로 추정된 육중가와 순위가 농장별로 추정된 것과 거의 일치함으로써 각 종돈장간의 유전적 연결을 통한 종돈의 개량 단위를 확대시키기 위하여 농장간 통합자료에 의한 국가단위 유전 능력평가 체계의 구축이 우수 종돈을 선발하는데 더 바람직하다고 판단되었다

References

Chen, P. and Baas, T. J. (2002). Genetic parameters and trends for lean growth rate and its components in U.S. Yorkshire, Duroc, Hampshire, and Landrace pigs. *Journal of Animal Science*, **80**, 2062-2070.

- Cho, K. H., Lee, J. H. and Park, K. D. (2014). Adjustment of heterogeneous variance by milk production level of dairy herd. *Journal of the Korean Data & Information Science Society*, **25**, 737-743.
- Choi, C. S., Lee, I. J., Cho, K. H., Seo, K. S. and Lee, J. G. (2004). Estimation of genetic parameters for economic traits in swine. *Korean Journal of Animal Science*, **46**, 145-154.
- Groeneveld, E. (1990). PEST user's manual. *Institute of Animal Husbandry and Animal Behaviour*, Federal Agricultural Research Centre (FAL), Germany.
- Groeneveld, E., Kovac, M. and Mielenz, N. (2008). VCE user's guide and reference manual version 6.0, *Institute of Farm Animal Genetics*, Friedrich Loeffler Institute (FLI), Germany.
- Henderson, C. R. (1975). Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*, **31**, 423-447.
- Johnson, Z. B. and Nugent, R. A. (2003). Heritability of body length and measures of body density and their relationship to backfat thickness and loin muscle area in swine. *Journal of Animal Science*, **81**, 1943-1949.
- Kang, H. S., Nam, K. C., Yunxiao, L., Kim, K. T., Lee, M. S., Yoon, J. T. and Seo, K. S. (2012). Estimation of genetic parameters and genetic trends for major economic traits in swine. *Journal of Animal Science and Technology*, **54**, 89-94.
- Lutaaya, E. and Misztal, I. (2001). Genetic parameter estimates from joint evaluation of purebreds and crossbreds in swine using the crossbred model. *Journal of Animal Science*, **79**, 3002-3007.
- NIAS (National Institute of Animal Science). (2010). *Report of estimation of breeding value in swine*, The Rural Development Administration(RDA), Korea.
- Song, K. L., Kim, B. W., Roh, S. H., Sun, D. W., Kim, H. S., Lee, D. H., Jeon, J. T. and Lee, J. G. (2010). Estimation of genetic parameters for growth traits in Yorkshire. *Journal of Agriculture & Life Science*, **44**, 41-52.
- Stern, S., Johansson, K., Rydhmer, L. and Andersson, K. (1994). Performance testing of pigs for lean tissue growth rate in a selection experiment with low and high protein diets: II. Correlated responses of lean percentage and growth rate. *Acta Agriculturae Scandinavica*, **44**, 1-7.

Changes rate in selection of Yorkshire pig for productive traits using the integrated test records among GGPs[†]

Kwang-Hyun Cho¹ · Sung-Hoon Kim² · Kyung-Do Park³

¹National Institute of Animal Science, RDA

²Pigene Korea Co., LTD.

³Department of Animal Biotechnology, Chonbuk National University

Received 24 January 2016, revised 26 February 2016, accepted 22 March 2016

Abstract

Heritability estimates for daily gain (g), backfat thickness (mm), days to 90kg (day), loin eye depth (mm) and meat percent (%) were 0.40, 0.44, 0.40, 0.25 and 0.48, respectively. Estimates of correlation between breeding value and rank for meat productivity traits by model 1 and 2 were 0.995 1.000 and 0.991 1.000, respectively and highly significant ($p < 0.0001$), and they were almost identical to the breeding values estimated by different farms. When top 5% and top 10% animals were selected by meat productive traits at different farms, markedly different animals were selected by farms since the selected improvement traits in each farm maintaining closed herds were different. Therefore, it seems to be desirable that superior pigs should be selected after the establishment of evaluation system for genetic performance at national level using the integrated data obtained from various farms.

Keywords: Backfat thickness, daily gain, days to 90kg, loin eye depth, meat percent.

[†] This research was supported by Golden Seed Project (PJ0099202015), Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs (MAFRA), Ministry of Oceans and Fisheries (MOF), Rural Development Administration (RDA) and Korea Forest Service (KFS).

¹ Junior researcher, National Institute of Animal Science, RDA, Chungnam 31000, Korea.

² CEO, Pigene Korea Co. LTD., Gyeonggi 16866, Korea.

³ Corresponding author: Research professor, Department of Animal Biotechnology, Chonbuk National University, Jeonju 54896, Korea. E-mail: doobalo@jbnu.ac.kr