

한국 토종닭 집단의 혈통구조 및 유효집단크기 추정

차재범 · 박병호 · 박미나 · 강하연 · 김용민 · 김종대 · 허강녕 · 추효준 · 강보석[†]

농촌진흥청 국립축산과학원

Inbreeding Levels and Pedigree Structure of Korean Indigenous Chicken Population

Jaebeom Cha, Byounggho Park, Mina Park, Hayoun Kang, Yongmin Kim, Chongdae Kim,
Kangnyeong Heo, Hyojun Choo and Boseok Kang[†]

National Institute of Animal Science, RDA, Pyeongchang 25342, Rep of Korea

ABSTRACT The purpose of this study was to estimate the inbreeding level and effective population size of Korean indigenous chickens. In the study, two variables were considered to evaluate the pedigree completeness: (1) the proportion (%) of animals with complete pedigree, and (2) the proportion of animals with inbreeding coefficients greater than zero. In the proportion of animals having complete pedigree, all strains reached almost 100% completeness in 1~2 years. In the proportion of animals with inbreeding coefficients greater than zero, all strains reached almost 100% completeness in 5~6 years. We considered that the pedigree recoding system is well managed and that the inbreeding coefficient is a reliable measure. Over the past 20 years, the increase of inbreeding coefficients in Korean indigenous chicken strains has been 7.6~10.9%. The S strain showed the most rapid increase of inbreeding coefficient of 8.2% in 10 years. The reason for this rapid increase is considered to be associated with the fact that the numbers of sires and dams involved in reproduction was 115 and 91, respectively, which are lower than those of the other strains. According to average rates of increase in inbreeding coefficients (ΔF), all strains have ΔF values of 0.39~0.85%, which is lower than 1%, and the effective population size is above 50. The results showed that inbreeding levels were within the acceptable range and that Korean indigenous chicken population can be regarded as safe from the threat of extinction.

(Key words: inbreeding, inbreeding coefficient, pedigree structure, effective population size, Korean indigenous chicken population)

서 론

가축의 개량을 위해 중요하게 고려해야 할 요인 중 하나는 집단의 근친이다. 집단의 근친은 혈통자료를 이용하여 추정된 근교계수로 제시할 수 있으며, 이것은 한 개체의 두 대립유전자가 후대에게 전달될 확률을 의미한다(Koenign and Simianer, 2006). 집단에서 선발 및 유전적 부동에 의해 발생하는 근친은 대립유전자를 호모화하는데(Wooliams and Bijima, 2000), 만약 이 하나의 대립유전자가 호모화되어 버리면 다른 하나의 대립유전자는 소실될 것이기 때문에 유전적 다양성은 작아진다고 볼 수 있을 것이다. 또한, 이렇게 유전적 다양성이 줄어들게 되면 여러 환경에 적응하는 다양한 유전자가 소실되었기 때문에 여러 가지 환경에 적응하는 적응성(Fitness) 관련 형질들에 부정적 영향을 미친다고 보고된다(Fernandez

et al., 2005). 더욱이, 소규모집단에서 이런 근친의 부정적인 영향은 적응에 관련한 능력을 떨어뜨려 집단을 더욱 작게 만들고, 세대가 지남에 따라 집단이 점점 작아져 그 집단은 멸종된다는 멸종의 소용돌이(Extinction Vortex) 이론이 보고되고 있다(Primack, 2000). 그래서 FAO에서는 유전적 다양성을 나타내는 유효집단의 크기를 50 이상은 유지해야 한다고 보고했다(FAO, 2000; Melka and Schenkel, 2010). 그래서 본 연구에서는 한국 토종닭 9계통의 각 계통별 근교계수와 유효집단크기를 추정하였으며, 이 결과를 근거로 하여 한국 토종닭 집단의 혈통 구조 및 근친 수준 정도를 평가하고자 한다.

재료 및 방법

1. 혈통자료

기초 혈통자료는 1993년부터 2013년까지 20년 동안 국립축

[†] To whom correspondence should be addressed : kbs2901512@korea.kr

산과학원 가금연구소가 보유 중인 토종닭 5품종 9계통 167,706 수의 혈통자료를 이용하였으며(Table 1), R program(Version 3.1.3)에서 작성한 코드와 R Package ‘pedigree’를 이용하여 혈통 데이터를 가공하고, 근교계수 및 유효집단크기를 추정하였다. ID 열(column)에 없는 Missing sire 218수, dam을 1,213수를 추가하였고, 마지막 년도인 2013년도를 Key로 사용하여 25,268수의 혈통추적(Trace)을 하였다. 세대 순 정렬(Stack)과, 오류체크(중복오류 28건, 성별오류 9건, 개체-아버지-어미 오류 0건)로 37건의 데이터를 삭제하였으며, 리넘버링(Renumbering) 과정을 진행하여 최종 분석에 사용된 개체 수는 9계통 25,231수를 혈통분석에 이용하였으며, 최종 혈통분석에 사용한 혈통기록의 수를 계통과 부화 년도에 따라 Table 2에 제시하였다.

2. 혈통의 품질

근교계수는 집단의 크기, 성비, 육종방법, 교배방법 및 혈통 완성도에 의해 영향을 받는다(Gutierrez et al., 2003). 이 논문에서 추정하는 근교계수의 신뢰도를 제시하기 위하여 혈통의 완성도를 1) 집단에서 부모를 모두 아는 개체의 비율과 2) 집단에서 근교계수가 0이 아닌 개체의 비율인 2가지 방법으로 제시하였다.

3. 근교계수(Inbreeding Coefficients) 계산

개체별 근교계수를 추정하기 위하여 R program(v3.1.3)의 Package ‘pedigree’ 중 ‘CalcInbreeding’ 함수를 이용하여 추정하였다.

4. 유효집단크기(Effective Population Size) 추정

가금연구소의 토종닭 집단은 매년 세대교체가 이루어지기 때문에 세대간격을 1년으로 설정하였으며, 이 논문에서 사용한 유효집단크기의 추정은 아래와 같이 1) 아버지와 어미의 수를 이용하여 유효집단크기를 추정하는 모델과, 2) 평균 근교계수변화량(ΔF)를 이용하여 유효집단크기를 추정하는 2가지 모델을 사용하여 추정하였다. 첫 번째 모델은 아버지·어미의 수를 가지고 대략적인 유효집단크기를 추정하는 방식으로(Wright, 1931) 모델은 아래에 나타내었다.

$$N_e = \frac{4 \times N_{sire} \times N_{dam}}{N_{sire} \times N_{dam}}$$

여기서 N_e 는 유효집단 크기, N_{sire} 는 교배에 참여한 아버지의 수, N_{dam} 은 교배에 참여한 어미의 수를 의미한다.

두 번째 수식은 평균 근교계수 변화량인 $\Delta F(\%)$ 를 이용하여 유효집단크기를 추정한다(Falconer and Mackay, 1996).

$$N_e = \frac{1}{2 \times \Delta F \times L}$$

여기서, N_e 는 유효집단크기이며, L 은 세대간격으로 가금연구소에서 매년 세대교체가 이루어지기 때문에 1로 가정하였다. ΔF 은 평균 근교계수 변화량으로 세대에 따라 근교계수가 얼마나 변하였는가로 아래와 같이 계산된다.

$$\Delta F_t = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$$

$$\Delta F = \frac{1}{n-1} \sum_2^n \Delta F_t$$

Table 1. Basic information for the 9 strains of Korean indigenous chicken

Breed	Strain	Color	Generation	Year	Type
Korean Native Chicken	R	Red brown	20	1993~2013	Meat quality
	Y	Yellow brown	20	1993~2013	
	L	Black	20	1993~2013	
Korean <i>Ogol</i> Chicken	O	Black	18	1993~2013	
Korean Rhode Island Red	C	Red brown	19	1994~2013	Dual purpose
Korean Leghorn	F	White	20	1993~2013	Egg productions
	K	White	20	1993~2013	
Korean Cornish	S	Red Brown	10	2003~2013	Meat quantity
	H	Black	6	2007~2013	

Table 2. Number of records and generations by strain

Birth year	Strain ¹								
	R	Y	L	O	C	F	K	S	H
1993	90	86	53			63	69		
1994	103	93	57		75	67	74		
1995	108	98	63	58	77	73	76		
1996	114	109	80	55	92	82	87		
1997	114	117	96	60	87	79	82		
1998	96	96	85	53	78	69	79		
1999	91	87	89	50	78	72	74		
2000	90	98	83	51	74	68	74		
2001	91	98	68	48	77	68	82		
2002	96	87	57	44	78	64	79		
2003	94	91	51	46	86	75	83	36	
2004	104	98	67	47	94	92	98	28	
2005	114	104	85	55	101	94	98	38	
2006	115	99	96	56	99	89	100	49	
2007	114	101	95	54	97	90	96	52	72
2008	111	93	107	60	104	109	100	56	96
2009	115	105	113	73	115	116	113	66	95
2010	109	107	106	71	120	114	119	62	92
2011	130	127	130	84	146	150	168	68	131
2012	214	212	193	114	216	209	211	87	180
2013	1,488	1,432	1,017	713	1,320	1,644	1,606	706	1,226
Total	3,701	3,538	2,791	1,792	3,214	3,487	3,568	1,248	1,892
Generation	20	20	20	18	19	20	20	10	6

¹ R, Y, L: Korean native chicken; O: Korean *ogol* chicken; C: Korean Rhode Island Red; F, K: Korean Leghorn; S, H: Korean Cornish.

여기서, ΔF 는 평균 근교계수 변화량, ΔF_t 은 t 세대의 평균 근교계수이며, F_{t-1} 은 $t-1$ 세대의 평균 근교계수를 나타낸다 (Falconer and Mackay, 1996).

결과 및 고찰

1. 혈통의 품질(Quality of Pedigree)

혈통의 품질은 혈통에서 개체와 아버, 어미 기록이 얼마나 정확하게 충실히 기록되었는가를 나타내는 것이다. 예를 들어 혈통의 품질 없이 근교계수를 제공했다면, 근교계수가

0인 개체에 대하여 이 개체가 정말 혈연관계가 없어서 근교계수가 0이 나타난 것인지, 아니면 기록이 없어서 0이 나타난 것인지를 판단하기 어려울 것이다. 따라서 혈통의 품질을 가지고 이 논문에서 추정하는 근교계수의 품질을 제시하고자 한다.

혈통의 품질을 제시하기 위하여 계통과 부화 년도에 따라 집단에서 부모를 모두 아는 개체의 비율을 Fig. 1에 나타내었다. 재래종인 R계통, Y계통, L계통과 화이트 레그혼인 F계통, K계통은 93년부터, 로드아일랜드레드 C계통, 오클게 O계통, 코니쉬 S계통, H계통은 각각 1994년, 1995년, 2003

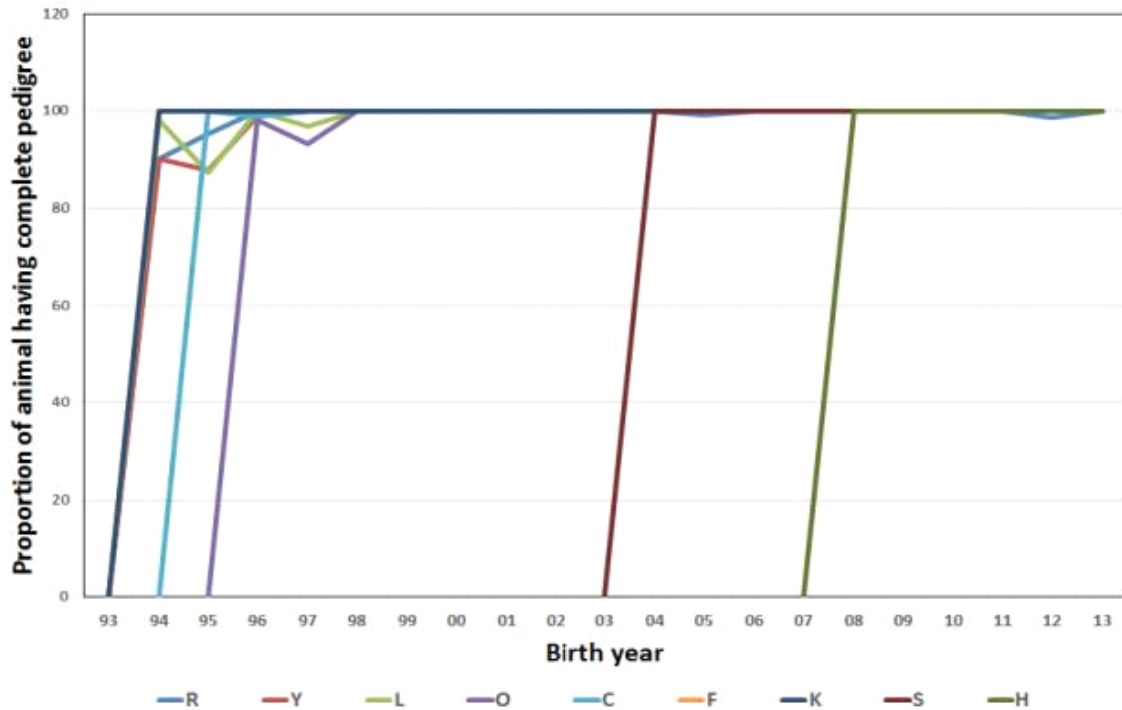


Fig. 1. Proportion (%) of animal having complete pedigree.

R, Y, L: Korean native chicken; O: Korean *ogol* chicken; C: Korean Rhode Island Red; F, K: Korean Leghorn; S, H: Korean Cornish.

년, 2007년부터 혈통이 시작되었으며, 대부분 1~2년 사이에 부모를 모두 아는 개체 비율이 거의 100%에 도달하는 것을 볼 수 있다. 이는 가금연구소의 혈통 기록이 충실히 관리되었다는 것을 의미하며, 또한, 앞으로 계산되는 근교계수도 신뢰할 만하다는 것을 의미한다.

두 번째로 근교계수가 0이 아닌 개체의 비율을 계통과 부화 년도에 따라 Fig. 2에 나타내었다. 이 그래프의 모든 계통에서 공통적으로 나타나는 특징은 기초집단인 0세대로부터 5~6년 사이에 비율이 100%에 가깝게 도달한다는 것이며, 가금연구소 교배방법인 30가계 윤회교배로 근친관리를 할 경우 5~6년 정도면 모든 개체가 서로 연관될 것으로 사료된다. 또한, 가금연구소 토종닭 집단이 폐쇄집단이기 때문에, 근교계수가 100%에 도달하면 100%로 유지가 되어야 하는데 반해, 그래프가 100% 근처에서 약간의 흔들림이 존재하는 이유는 혈통자료의 누락 및 혈통오류 확인작업에서 삭제된 데이터의 영향으로 사료된다.

2. 집단의 평균 근교계수

본 연구에서 추정된 혈통기록 수, 평균 근교계수, 표준편차, 최대값을 계통과 세대에 따라 Table 3과 Table 4에 제시하였고, 계통과 세대에 따른 평균근교계수의 변화를 Fig. 3

에 나타내었다. 토종닭 집단의 모든 계통이 공통적으로 근교계수(%)가 세대가 지남에 따라 지속적으로 상승한 경향을 보이며, 원인을 살펴보면 가금연구소 토종닭 집단은 각 계통마다 폐쇄집단을 유지하였기 때문에, 새로운 개체의 유입이 없었으며, 위 혈통의 품질에서처럼 혈통관리가 충실했기 때문에, 근교계수가 세대에 따라 깔끔하게 지속적으로 증가하는 그래프를 나타낸 것으로 사료된다.

또, 하나의 경향은 초기 2~3세대에서 근교계수가 12.5%와 25%가 나타나는 것을 볼 수 있는데, 이는 초기 전자매(full-sib)나 반자매(half-sib)의 교배로 생성되는 근교계수이며, 차츰 희석되어 4세대 정도부터 정확한 근교계수를 추정할 수 있는 것으로 사료된다.

전 계통에서 20세대 동안 7.6~10.9%의 근교계수 상승도를 보이는데, 각 계통 별로 확인해 보면 R계통, Y계통, L계통, F계통, K계통은 93년부터 2013년까지 총 20세대 동안의 근교계수는 7.6%, 8.5%, 10.4%, 10.9%, 9.5%로 나타났다. C계통은 19세대로 8.1%까지 상승하였으며, O계통은 18세대로 11.8%, S계통, H계통은 각각 10세대, 6세대로, 8.2%, 2.4%까지 상승하였으며, S계통이 급격하게 근교계수가 증가한 것을 볼 수 있는데, 그 원인을 보면 교배에 참여한 아버지·어미의 수가 적어서 이런 결과가 나온 것으로 사료된다.

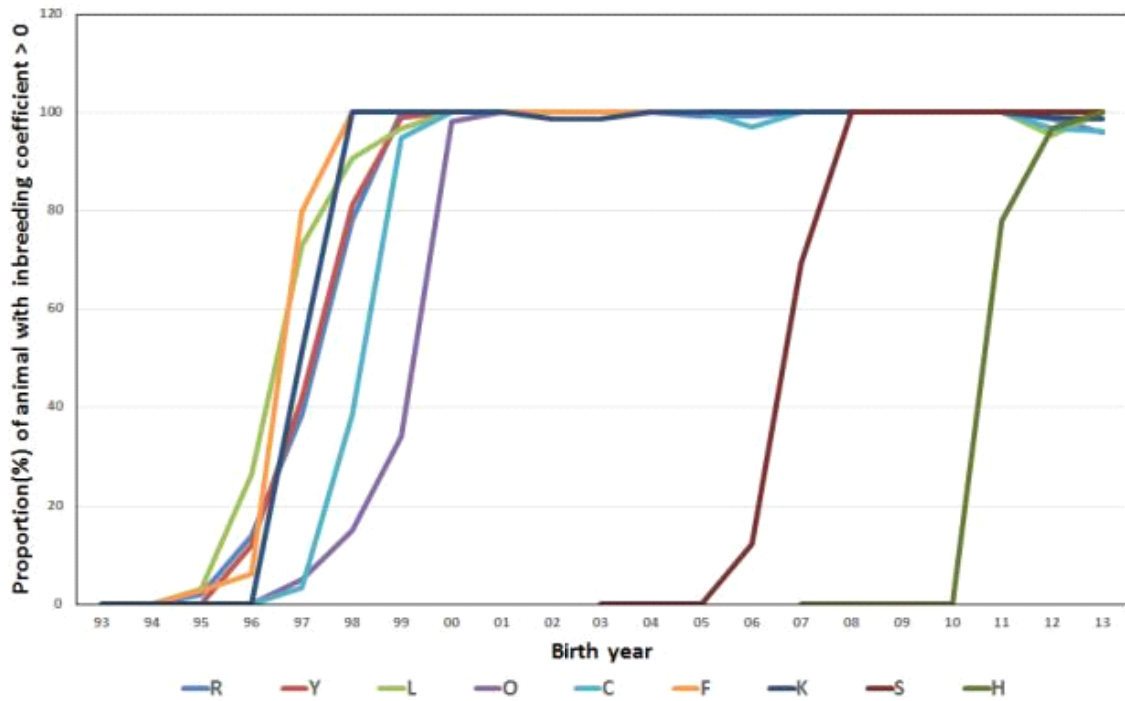


Fig. 2. Proportion of animal (%) having inbreeding coefficients are greater than zero.
 R, Y, L: Korean native chicken; O: Korean *ogol* chicken; C: Korean Rhode Island Red; F, K: Korean Leghorn; S, H: Korean Cornish.

Table 3. Basic statistics of inbreeding coefficient (%) according generation in R, Y, L, O and C Strain

Gen	Strain ¹																			
	R				Y				L				O				C			
	N	Mean	S.D.	Max	N	Mean	S.D.	Max	N	Mean	S.D.	Max	N	Mean	S.D.	Max	N	Mean	S.D.	Max
0	90	0.0	0.0	0.0	86	0.0	0.0	0.0	53	0.0	0.0	0.0	58	0.0	0.0	0.0	75	0.0	0.0	0.0
1	103	0.0	0.0	0.0	93	0.0	0.0	0.0	57	0.0	0.0	0.0	55	0.0	0.0	0.0	77	0.0	0.0	0.0
2	108	0.3	2.7	25.0	98	0.0	0.0	0.0	63	0.8	4.4	25.0	60	0.6	2.7	12.5	92	0.0	0.0	0.0
3	114	0.6	1.7	12.5	109	0.5	1.4	6.3	80	2.1	4.6	18.8	53	0.8	2.5	12.5	87	0.1	0.6	3.1
4	114	0.7	1.5	9.4	117	0.9	2.3	15.6	96	2.5	2.7	14.1	50	0.5	1.0	3.9	78	0.4	0.5	2.3
5	96	0.9	0.9	3.7	96	1.3	1.8	8.6	85	2.8	2.7	16.8	51	1.3	0.6	2.1	78	1.3	2.2	14.1
6	91	1.1	0.9	4.6	87	1.9	1.7	5.7	89	3.6	2.2	10.0	48	1.7	0.5	3.4	74	1.5	0.4	2.7
7	90	1.5	0.5	3.2	98	1.8	1.2	9.3	83	3.5	1.0	5.8	44	2.7	0.7	5.4	77	2.2	0.5	3.6
8	91	1.9	0.7	5.3	98	2.0	0.7	5.4	68	3.6	0.7	5.6	46	3.6	0.4	4.5	78	2.5	0.3	3.3
9	96	2.3	1.4	15.3	87	2.7	1.4	8.3	57	4.0	1.8	16.1	47	4.4	0.4	5.4	86	3.3	0.4	5.0
10	94	2.5	0.4	3.5	91	2.7	0.2	3.7	51	4.6	0.5	6.2	55	6.2	2.8	20.1	94	3.9	1.4	15.7
11	104	3.5	1.8	15.4	98	3.3	0.3	3.9	67	4.9	0.2	5.8	56	6.2	0.5	7.4	101	4.4	0.4	5.4
12	114	4.0	0.8	7.4	104	3.9	0.4	4.6	85	5.6	0.3	7.0	54	7.4	1.3	13.0	99	4.7	0.9	5.8
13	115	4.3	0.5	5.3	99	4.4	0.4	6.5	96	6.4	0.5	7.5	60	8.0	0.5	8.9	97	5.4	0.6	6.1
14	114	4.8	0.6	7.6	101	5.0	0.3	6.0	95	7.1	0.5	9.4	73	8.9	0.5	11.1	104	5.7	0.5	6.5

Table 3. Continued

Gen	Strain ¹																			
	R				Y				L				O				C			
	N	Mean	S.D.	Max	N	Mean	S.D.	Max	N	Mean	S.D.	Max	N	Mean	S.D.	Max	N	Mean	S.D.	Max
15	111	5.4	0.5	6.7	93	5.6	0.3	6.8	107	7.8	0.4	9.1	71	9.6	0.6	11.7	115	6.3	0.6	8.2
16	115	6.0	1.5	20.6	105	6.3	0.8	14.1	113	9.1	3.3	30.9	84	10.5	0.7	12.5	120	6.6	0.3	7.4
17	109	6.1	0.2	6.8	107	6.5	0.5	10.0	106	9.0	0.3	10.0	114	11.7	1.1	15.2	146	7.6	0.7	10.7
18	130	7.1	0.8	9.6	127	7.3	0.7	9.7	130	9.9	0.5	11.9	713	11.8	0.6	13.8	216	7.7	1.6	11.9
19	214	7.1	1.0	10.6	212	7.7	0.7	13.1	193	9.7	2.3	14.0					1,320	8.1	2.2	13.6
20	1,488	7.6	1.9	13.0	1,432	8.5	1.2	13.6	1,017	10.4	1.7	16.6								

¹ R, Y, L: Korean native chicken; O: Korean *ogol* chicken; C: Korean Rhode Island Red.

Table 4. Basic statistics of inbreeding coefficient (%) according generation in F, K, S and H Strain

Gen	Strain ¹															
	F				K				S				H			
	N	Mean	S.D.	Max	N	Mean	S.D.	Max	N	Mean	S.D.	Max	N	Mean	S.D.	Max
0	63	0.0	0.0	0.0	69	0.0	0.0	0.0	36	0.0	0.0	0.0	72	0.0	0.0	0.0
1	67	0.0	0.0	0.0	74	0.0	0.0	0.0	28	0.0	0.0	0.0	96	0.0	0.0	0.0
2	73	0.3	2.1	12.5	76	0.0	0.0	0.0	38	0.0	0.0	0.0	95	0.0	0.0	0.0
3	82	0.3	1.5	12.5	87	0.0	0.0	0.0	49	0.4	1.0	3.1	92	0.0	0.0	0.0
4	79	0.9	0.6	2.3	82	0.6	0.6	2.3	52	2.3	2.1	9.4	131	1.2	1.2	4.7
5	69	1.9	0.8	3.3	79	1.6	1.0	6.6	56	3.2	1.9	12.5	180	1.7	1.5	7.8
6	72	2.1	0.6	3.9	74	1.4	0.6	2.8	66	3.4	0.8	5.3	1,226	2.4	1.1	4.6
7	68	2.8	0.3	3.5	74	2.1	0.5	3.6	62	4.9	0.8	6.3				
8	68	3.3	0.2	3.9	82	2.8	0.8	5.5	68	6.2	0.7	7.7				
9	64	4.0	0.4	4.8	79	3.2	0.5	3.9	87	7.1	0.5	7.8				
10	75	4.6	0.4	5.9	83	4.0	0.7	7.3	706	8.2	1.5	13.3				
11	92	5.4	0.4	6.4	98	4.4	0.6	5.3								
12	94	5.8	0.3	6.4	98	5.1	0.4	6.7								
13	89	6.6	0.6	9.0	100	5.8	0.4	7.1								
14	90	7.2	0.4	8.4	96	6.4	0.9	10.1								
15	109	7.7	0.2	8.2	100	6.9	0.5	8.9								
16	116	8.1	0.3	9.2	113	7.1	0.2	7.6								
17	114	8.5	0.2	9.2	119	7.5	0.2	8.7								
18	150	9.6	0.7	12.3	168	8.5	0.8	11.7								
19	209	10.3	1.0	13.5	211	9.0	1.6	15.1								
20	1,644	10.9	1.5	16.4	1,606	9.5	1.6	14.3								

¹ F, K: Korean Leghorn; S, H: Korean Cornish.

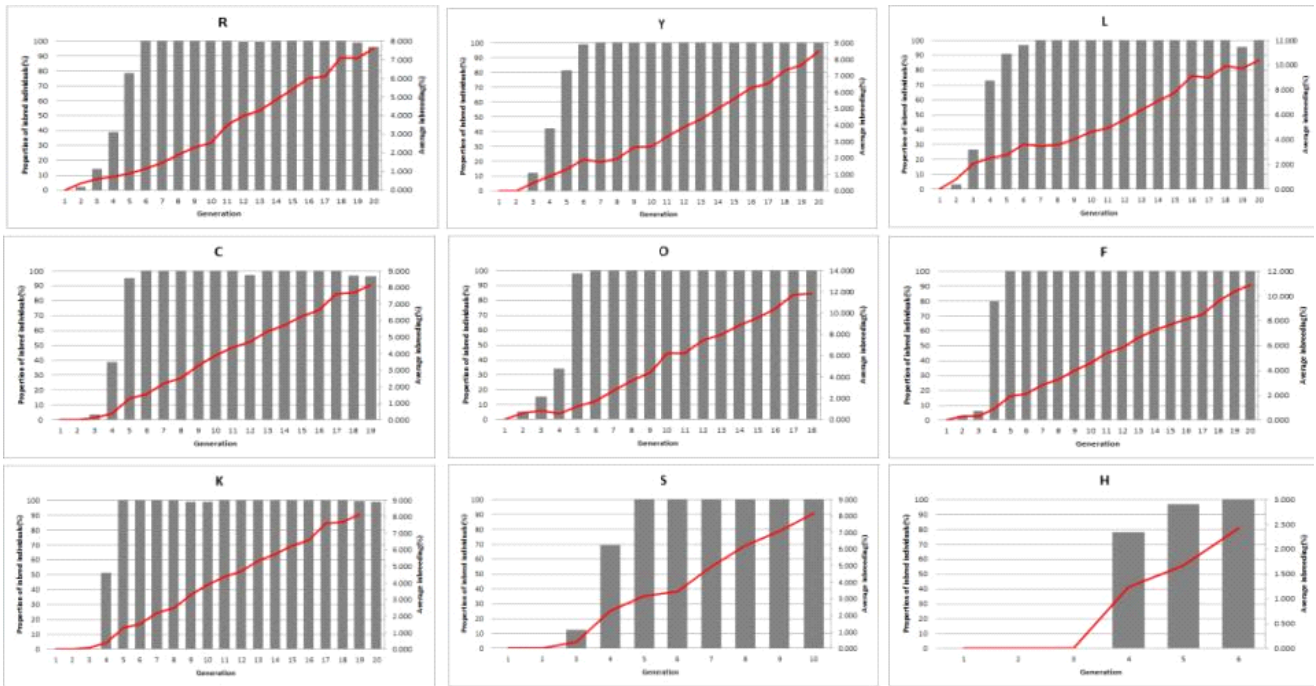


Fig. 3. Average of inbreeding coefficients (% , Line) and proportion of animal (% , Bar) having inbreeding coefficients greater than zero in 9 strains of Korean indigenous chicken.

R, Y, L: Korean native chicken; O: Korean *ogol* chicken; C: Korean Rhode Island Red; F, K: Korean Leghorn; S, H: Korean Cornish.

3. 아버와 어미의 수를 이용한 집단의 유효집단크기 추정
교배에 사용된 아버와 어미의 각 평균, 최소값, 최대값, 아버와 어미의 수를 이용하여 추정한 유효집단크기를 Table 5에 제시하였다. 전 계통에서 교배에 이용된 아버, 어미의 각 평균은 17~30수, 91~202수로 나타났으며, 최소값은 각각 10~25수, 34~149수로, 최대값은 각각 22~49수, 126~284수로 나타났으며, 아버와 어미의 평균수로 계산한 유효집단크기는 56~105로 나타났다.

각 계통 별로 살펴보면, O계통과 S계통은 평균 아버와 어미의 수는 아버지에서 각 18수, 17수, 어미에서 각 115수, 91수로 다른 계통에 비해 낮았으며 아버, 어미 수로 계산한 유효집단크기도 또한 각각 62수, 56수로 작게 나타났다. L계통은 평균 아버, 어미수가 작지 않음에도 불구하고, 아버, 어미의 최소값이 12수, 66수로 상당히 작게 나타났으며, 이 병목현상 때문에 ΔF 로 추정된 유효집단크기는 낮을 것이라고 사료된다. 이렇게 집단을 폐쇄적으로 유지하는데, 매년 적절한 크기의 아버와 어미를 교배에 참여하는 것이 필요하며, 한 해라도 이런 병목현상이 일어나면 유전적 다양성은 급격히 소실된다고 보고된다.(Zenger KR et al., 2006)

아버와 어미의 평균수로 계산한 유효집단크기는 R계통, Y계통, L계통, O계통, C계통, F계통, K계통, S계통, H계통

에서 각각 105수, 104수, 91수, 62수, 94수, 91수, 94수, 56수, 87수로 나타났으며, R계통이 105수로 가장 크게 나타났고, S계통에서 56수로 낮게 추정되었으며, 전 계통에서 유효집단크기가 50 이상을 보였다.

4. ΔF 을 이용한 집단의 유효집단크기 추정

세대별 평균 근교계수 변화량(ΔF), 모든 세대의 평균 근교계수 변화량(ΔF), ΔF 로 추정된 유효집단크기, 아버와 어미의 평균 마리수로 추정된 유효집단크기, 마지막으로 유효집단크기(ΔF 로 추정)와 유효집단크기(아버·어미의 평균수로 추정)의 차이를 Table 6에 나타냈다. 모든 계통에서 ΔF (%)을 보면 0.39~0.85%로 1%를 넘지 않는 것을 볼 수 있으며, 유효집단크기도 또한 59~127수로 나타났다. 30가계로 구분하여 윤환교배를 실시하는 현 토종닭 집단은 집단이 빠른 시일 내 급격히 소실될 위기에 처할 수 있는 유효집단크기 50수(Braude and Low, 2010)보다 크게 나타났다는 점에서 현재 토종닭 집단은 단시간에 근교되화나 집단의 멸종으로부터의 위험으로부터 안전하다고 사료된다.

각 계통 별로 보면 R계통, Y계통, L계통, O계통, C계통, F계통, K계통, S계통, H계통의 ΔF 값(%)은 0.39%, 0.44%, 0.55%, 0.70%, 0.45%, 0.57%, 0.50%, 0.85%, 0.41%로 나타났으

Table 5. Number of sires and dams in each strain and their effective population sizes (N_e)

Strain ¹	Sex	Mean	Min	Max	N_e ²
R	Sire	30	25	49	105
	Dam	204	149	280	
Y	Sire	30	25	48	104
	Dam	202	136	284	
L	Sire	26	12	37	91
	Dam	167	66	233	
O	Sire	18	12	24	62
	Dam	115	69	185	
C	Sire	27	23	30	94
	Dam	172	102	210	
F	Sire	27	22	30	91
	Dam	164	113	211	
K	Sire	27	21	32	94
	Dam	170	108	210	
S	Sire	17	10	22	56
	Dam	91	34	126	
H	Sire	25	18	30	87
	Dam	172	126	210	

¹ R, Y, L: Korean native chicken; O: Korean *ogol* chicken; C: Korean Rhode Island Red; F, K: Korean Leghorn; S, H: Korean Cornish.

² Effective population size estimated by the number of sire and dam, $N_e = \frac{4 \times N_{sire} \times N_{dam}}{N_{sire} + N_{dam}}$

며, ΔF 로 추정된 유효집단크기는 각각 127수, 113수, 91수, 72수, 112수, 87수, 100수, 59수, 123수로 추정되었다. S계통이 ΔF 가 0.85%로 가장 높게 나타났으며, R계통의 ΔF 는 0.39로 가장 낮게 유지되고 있었다. 이는 S의 번식에 이용되는 아버지·어미의 수가 적게 유지되었고, 이러한 요인이 근교계수를 빠르게 상승하는 것으로 사료된다. 반대로 R계통의 경우, 모든 계통에서 번식에 참여하는 아버지·어미의 수가 가장 많았으며, ΔF 도 0.39%로 낮게 유지되었고, 당연히 유효집단크기도 127수로 모든 계통에서 가장 높았다. 이는 번식에 참여하는 아버지·어미의 수를 늘리면 유효집단크기가 증가하는 것으로 사료된다.

ΔF 로 추정된 유효집단크기는 집단의 교배에 참여하는 아버지·어미의 수, 육종방법, 교배방법, 혈통완성도 등 집단의 교배의 상황을 전반적으로 반영한다면, 단순히 교배에 참여하는 아버지·어미의 수로 추정된 유효집단크기는 단순한 random mating을 가정한 유효집단크기로 사료된다. 그래서 ' ΔF 로 추정된 유효집단크기'에서 '교배에 참여한 아버지·어미의 수로 추정된 유효집단크기'를 빼면 random mating과 비교하여 현재의 교배방법의 효율성을 나타낼 것으로 생각하여 Table 6의 마지막 행에 제시하였다.

Table 6에 제시된 유효집단크기의 차이는 L계통, F계통을 제외하고 R계통, Y계통, O계통, C계통, K계통, S계통, H계통에서 22수, 9수, 10수, 18수, 6수, 3수, 36수 크게 나타났으며, 이는 가금연구소에서 적용하는 윤환교배(30가계)의 근친저하 효과로 사료된다. ΔF 와 아버지·어미 수로 추정된 유효집단크기의 차이가 없었던 L계통의 경우 2003년 번식에 참여한 아버지·어미수가 각각 12수, 66수로 이때의 병목현상이 발생하여 유전적 다양성이 줄어든 것으로 보이며, Table 6에서 보듯이 L계통은 11세대 이후 평균 근교계수 변화량이 급격히 증가하는 것을 볼 수 있다. 그래서 L계통의 ΔF 로 추정된 유효집단크기가 아버지·어미의 수로 추정된 유효집단크기와 차이가 없는 것으로 사료된다. F계통은 오류체크, 세대당 번식에 참여한 아버지·어미 수를 찾아보았지만, 원인을 찾을 수 없었다.

적 요

본 연구에서는 가금연구소에서 집단의 혈통 구조 및 근친 수준을 평가하기 위하여 근교계수와 유효집단크기를 추정하였으며, 추정된 근교계수의 신뢰 정도를 제시하기 위하여 혈통의 품질로써 1) 아버지·어미를 모두 아는 개체의 비율과 2) 근교계수가 0이 아닌 개체의 비율을 태어난 부화 년도와 계통에 따라 제시하였다.

아버지·어미를 모두 아는 개체의 비율에서 대부분 계통이 1~2년 사이에 거의 100%에 도달하였으며, 근교계수가 0이 아닌 개체의 비율에서 기초집단인 0세대부터 5~6년 사이에 비율이 100%에 가깝게 도달하는 것을 보면 가금연구소 혈통기록 시스템이 잘 이루어졌으며, 이 논문에서 추정된 근교계수가 신뢰할 수 있음을 나타낸다.

각 계통의 평균 근교계수에서는 20세대 동안 7.6~10.9%의 근교계수 상승도를 보였다. 세대당 가장 높은 근교계수 상승도를 보인 계통은 S계통으로 10세대 동안 8.2%의 근교

Table 6. The rates of increase in inbreeding coefficients (ΔF_t), ΔF and effective population size (N_e)

Generation	Strain ¹								
	R	Y	L	O	C	F	K	S	H
1	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
2	0.35	0.00	0.79	0.63	0.00	0.34	0.00	0.00	0.00
3	0.23	0.49	1.29	0.20	0.11	-0.04	0.00	0.38	0.00
4	0.15	0.42	0.48	-0.31	0.27	0.60	0.56	1.89	1.23
5	0.15	0.40	0.26	0.76	0.93	1.06	1.05	0.94	0.45
6	0.27	0.60	0.84	0.44	0.23	0.17	-0.18	0.27	0.77
7	0.32	-0.13	-0.14	1.01	0.66	0.74	0.68	1.54	
8	0.44	0.20	0.12	0.97	0.33	0.43	0.72	1.33	
9	0.42	0.73	0.44	0.76	0.80	0.72	0.41	0.95	
10	0.23	0.03	0.65	1.89	0.62	0.67	0.80	1.18	
11	0.98	0.64	0.33	0.04	0.49	0.81	0.44		
12	0.52	0.57	0.69	1.30	0.37	0.48	0.70		
13	0.29	0.51	0.82	0.55	0.68	0.87	0.72		
14	0.61	0.68	0.81	0.98	0.39	0.62	0.66		
15	0.60	0.63	0.71	0.76	0.56	0.50	0.59		
16	0.62	0.73	1.44	0.99	0.37	0.49	0.16		
17	0.12	0.26	-0.15	1.38	1.07	0.39	0.39		
18	1.07	0.84	1.04	0.18	0.08	1.22	1.11		
19	-0.06	0.37	-0.20		0.49	0.78	0.53		
20	0.59	0.88	0.74			0.62	0.61		
ΔF (%) ²	0.39	0.44	0.55	0.70	0.45	0.57	0.50	0.85	0.41
N_e (a) ³	127	113	91	72	112	87	100	59	123
N_e (b) ⁴	105	104	91	62	94	91	94	56	87
N_e (a)- N_e (b)	22	9	0	10	18	-4	6	3	36

¹ R, Y, L: Korean native chicken; O: Korean *ogol* chicken; C: Korean Rhode Island Red; F, K: Korean Leghorn; S, H: Korean Cornish.

² The average of increase in inbreeding coefficient of individuals born in generation, ΔF (%) = $\frac{1}{n-1} \sum_2^n \Delta F_t$

³ Effective population size estimated by ΔF (%), $N_e = \frac{1}{2 \times \Delta F \times L}$

⁴ Effective population size estimated by the number of sire and dam, $N_e = \frac{4 \times N_{sire} \times N_{dam}}{N_{sire} \times N_{dam}}$

계수 상승도를 보였으며, 평균 번식에 참여한 아버·어미의 수가 다른 계통에 비해 낮은 것이 원인인 것으로 사료된다.

평균 근교계수 변화량(ΔF)으로 추정된 유효집단크기를 보면 모든 계통에서 평균 근교계수 변화량이 0.39~0.85%로 1%

이하로 관리되는 것을 보이며, 따라서 유효집단크기도 모든 계통에서 50 이상의 값을 보였으며, 현 교배 관리에서 토종 닭 집단이 단시간에 근친퇴화나 집단의 멸종으로부터의 위험으로부터 안전하다고 사료된다. 그리고 유효집단크기를

유지하기 위하여, 즉 유전적 다양성을 유지하기 위하여, 적정 수의 아버·어미가 번식에 참여해야 된다고 사료된다.

사 사

본 논문은 농촌진흥청 연구사업(토종닭 순계 능력 향상 및 산업화 기술 개발, PJ012714012017)의 지원에 의해 이루어진 것으로 이에 감사드립니다.

REFERENCES

- Braude S, Low BS 2010 An Introduction to Methods and Models in Ecology, Evolution and Conservation Biology. 1th ed. Princeton University Press, USA.
- Cho CI 2014 The analysis of pedigree structure and inbreeding coefficient in Hanwoo cows. *J Agric & Life Sci* 48: 187-196.
- Dang CG 2011 Estimation of inbreeding coefficients and effective population size in breeding bulls of Hanwoo(Korean Cattle). *J Anim Sci & Technol* 53:297-302.
- Falconer DS, Mackay TFC 1996 Introduction to Quantitative Genetics. 4th ed. Longman Scientific and Technical. Harlow, UK.
- FAO 2000 Secondary guidelines for development of farm animal genetic resources management plans. Management of Small Populations at Risk. FAO, Rome, Italy.
- Fernandez J, Villanueva B, Pong-Wong R, Toro MA 2005 Efficiency of the use of pedigree and molecular marker information in conservation programs. *Genetics* 170:1313-1321.
- Gutiérrez, JP, Altarriba J, Díaz C, Quintanilla AR, Cañón J, Piedrafitra J 2003 Genetic analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genet Sel Evol* 35:43-64.
- Hong JK 2014 Inbreeding levels and effective population size of duroc populations of major swine breeding farms in Korea. *CNU J Agric Sci* 41:41-46.
- Kim J 2015 Estimation of effective population size of Jeju horse in Korea. *J Agric & Life Sci* 49:67-73.
- Kim SD 2006 Inbreeding levels and pedigree structure of Landrace, Yorkshire and Duroc populations of major swine breeding farms in republic of Korea. *Asian-Aust J Anim Sci* 19:1217-1224.
- Koenig S, Simianer H 2006 Approaches to the management of inbreeding and relationship in the German Holstein dairy cattle population. *Livest Sci* 103:40-53.
- Melka MG, Schenkel F 2010 Analysis of genetic diversity in four Canadian swine breeds using pedigree data. *Can J Anim Sci* 90:331-340.
- Primack RB 2000 A Primer of Conservation Biology. 5th ed. Sinauer Associates. Sunderland.
- Woolliams JA, Bijma P 2000 Predicting rates of inbreeding in populations undergoing selection. *Genetics* 154:1851-1864.
- Zenger KR, Khatkar MS, Cavanagh JAL, Hawken RJ, Raadsma HW 2006 Genome-wide genetic diversity of Holstein Friesian cattle reveals new insights into Australian and global population variability, including impact of selection. *Animal Genetics* 38:7-14.

Received Apr. 17, 2017, Revised Jun. 19, 2017, Accepted Jun. 23, 2017