

국내 종돈의 다품종 유전능력 평가

도창희* · 박홍양** · 현재용*

한국종축개량협회*, 건국대학교 축산학과**

Multi-breed Genetic Evaluation for Swine in Korea

C. H. Do*, H. Y. Park** and J. Y. Hyun*

Korea Animal Improvement Association*, Konkuk University Department of Animal Science**

ABSTRACT

This study was carried out for the simultaneous genetic evaluation of swine breeds from the seedstock farms in Korea. The performance tested production records of 96,842 heads and the litter records of 90,396 litters from 1995 to 2001 were analyzed to estimate the breeding values and the breed effects of days to 90kg, daily gain, back fat thickness, loin muscle area, lean meat percent, total litter size and number born alive from Landrace, Yorkshire and Duroc. Estimated breed effects of traits had shown the characteristics of the breeds. Landrace was superior in back fat thickness and lean meat percent to other breeds. Yorkshire had shown good performance in lean meat percent, loin muscle area, total litter size and number born alive. Duroc was superior to the other breeds in days to 90kg and daily gain. Conclusively, the multi-breed genetic evaluation would result in higher connectedness and provide convenience for the routine genetic evaluation process of swine performance and reproduction test.

(Key words : Multi-breed evaluation, Breeding value, Breed effect, Genetic group)

I. 서 론

돼지의 개량은 우수한 품종의 계통을 개발함으로써 핵군(nuclear herd)을 조성하고 핵군을 기초로 순종돈 교잡을 통하여 번식돈군(multiplication herd)을 조성하며 궁극적인 개량효과는 비육돈군(commercial stock)에서 발현된다. 1대 및 2대의 잡종돈의 평가와 상업돈군의 평가는 국내 개량체계상 현실적으로 어렵게 되어 있으나 기업적으로 개량 체계가 정립되어 있고 국가적인 검정과 평가체계가 이룩되어 있는 것은 순종돈군이다. 돼지는 특성상 경제형질의 종류가 많으며, 또한 국내 주요 품종인 Land-

race, Yorkshire 및 Duroc 등 최소 세 품종 이상의 능력평가가 실시되어야 한다.

Wiggans 등(1988)은 혈통이 파악되지 않은 젖소의 출생년도에 따라 연도별 유전적 그룹을 부여하고 유전능력을 평가하였다. 종돈에서도 각 품종에 따라 산육성 또는 산자성 형질에서 유전적 특성은 다양하게 나타날 수 있다. 이러한 특성을 감안하여 품종내 종돈의 능력을 정확하게 평가하는 것이 바람직하다. 본 연구의 목적은 이들 품종에 대해 유전적 그룹의 형성을 통하여 유전적 특성을 추정하고, 유전능력을 평가하기 위하여 수행되었다.

Corresponding author : C. H. Do, Korea Animal Improvement Association, Seoul

Tel: 02) 588-9301 e-mail : chdo@aiak.or.kr

II. 재료 및 방법

1. 재 료

한국종축개량협회에서 농장검정을 받고 1995년 출생부터 2001년까지 검정 종료된 96,842두의 산육능력 자료와 국내에서 혈통등록을 통하여 수집되어진 1995년 이후 2001년 분만된 90,396복의 산자자료를 활용하였다. 평가형질은 등지방 두께(mm), 90kg 도달일령(일), 일당증체량(g), 배장근단면적(cm²)과 정육률(%)(종돈능력 개량보고서(I), 2000), 총산자수(두), 복당생존자돈수(number born alive; 두)에 대하여 평가하였다.

2. 방 법

산육형질과 번식능력의 유전능력을 평가하기 위해 다음의 모형을 설정하였는데 종돈의 모든 혈연관계를 이용하는 Animal model을 이용하였다.

$$y = QZg + Xb + Za + e$$

각 형질에 대한 개체의 기록들은 y 벡터에 의해 표시되며, Q는 개체로부터 혈통이 알려지지 않은 조상과 유전적 그룹과의 관계를 설명하는 행렬이고 조상이 속한 품종으로 귀결된다. g는 고정적 유전적 그룹 효과의 벡터이다.

b는 고정적 농장, 분만년월, 성별의 효과이며, a 및 e는 각각 임의의 상가적 유전효과와 잔차 효과의 벡터들이며, X 및 Z는 위의 효과를 설명하는 행렬들이다.

산육능력 자료분석에서 벡터 b는 다음의 효과로 나누어진다.

$$b_{ijk} = HYS_i + S_j + P_k$$

HYS = 농장 출생 년 계절의 환경 및 관리 효과,

S = 성별효과(암, 수),

P = 개체 어미의 산차효과

산자 유전능력의 평가에서는 벡터 b에서 성별의 효과가 빠져 다음과 같이 된다.

$$b_{ij} = HYS_i + P_j$$

위의 선형 모형은 다음의 기대치와 분산을 가정하였다.

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} QZg + Xb \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad \text{Var} \begin{bmatrix} y \\ a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & GZ' & R \\ Z'G & G & 0 \\ R & 0 & R \end{bmatrix}$$

여기에서 $V = ZGZ' + R$ 이고, $G = A \sigma_a^2$, $R = I\sigma_e^2$ 이다. 위의 가정 하에 다음의 혼합모형방정식(mixed model equation)식을 이용 해를 구했다(Henderson, 1988).

Table 1. Distribution of data used in analysis according to birthdate of performance records and farrowing date of litter size records

Year	Performance(no. of head)				Litter size(no. of records)			
	Landrace	Yorkshire	Duroc	Total	Landrace	Yorkshire	Duroc	Total
1995	909	1,294	1,622	3,825	4,456	7,190	2,398	14,044
1996	3,062	7,239	2,838	13,139	4,208	7,396	2,478	14,082
1997	1,792	4,376	3,430	9,598	3,062	5,704	2,362	11,128
1998	3,779	7,092	3,672	14,543	3,107	5,783	2,505	11,395
1999	4,580	9,584	4,018	18,182	4,132	8,318	3,005	15,455
2000	6,339	16,839	4,251	27,429	4,428	10,152	3,074	17,654
2001	2,113	6,411	1,602	10,126	1,483	4,008	1,147	6,638
Total	22,574	52,835	21,433	96,842	24,876	48,551	16,969	90,396

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

여기에서 A^{-1} 은 혈연계수 행렬의 역행렬이며, α 는 유전분산성분의 오차 분산성분에 대한 비율들이다.

품종을 유전적 그룹으로 정의하고 종돈간의 혈연관계를 이용할 경우 유전적 그룹효과를 추정하는 절차가 복잡해진다. 다음 종돈들을 예로 종돈들의 품종효과 추정과정을 설명하였다 (Quaas, 1988).

종돈 a_1, a_2, a_3, a_4 와 a_5 의 부모가 각각 s_1 과 d_1, s_2 와 d_2, a_1 와 a_2, s_4 와 d_4 그리고 a_4 와 a_3 이고 부모중 s_1, d_1, s_2, d_2, s_4 와 d_4 의 혈통을 모른다면 육종가의 벡터는

$$a = \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \\ a_5 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0.5s_1 + 0.5d_1 + m_1 \\ 0.5s_2 + 0.5d_2 + m_2 \\ 0.5a_1 + 0.5a_2 + m_3 \\ 0.5s_4 + 0.5d_4 + m_4 \\ 0.5a_4 + 0.5a_3 + m_5 \end{bmatrix}$$

m 은 개체유전능력의 Mendelian sampling이며, 다시 아래와 같이 기술할 수 있다.

$$a = \begin{bmatrix} 0.5 & 0 & 0 & 0.5 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0.5 & 0 & 0 & 0.5 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0.5 & 0.5 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0.5 & 0 & 0 & 0.5 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0.5 & 0.5 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} s_1 \\ s_2 \\ s_4 \\ d_1 \\ d_2 \\ d_4 \\ a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \\ a_5 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} m_1 \\ m_2 \\ m_3 \\ m_4 \\ m_5 \end{bmatrix}$$

행렬식으로 다시 정리하면

$$\begin{aligned} a &= [P_b; P] \begin{bmatrix} a_b \\ a \end{bmatrix} + m \\ &= P_b a_b + Pa + m \\ &= (I - P)^{-1} (P_b a_b + m) \end{aligned}$$

식에서 a_b 는 혈통이 없는 부모들의 육종가 벡터이고 행렬식 $[P_b; P]$ 는 혈통이 없는 부모와 자식의 혈연관계를 나타낸다. 육종가 기대값의 벡터는 Mendelian sampling 벡터의 기대치가 0의 벡터이므로 다음과 같다.

$$E(a) = (I - P)^{-1} P_b E(a_b)$$

부모의 혈통이 없는 s_1, s_2 와 d_2 는 품종 1(g_1)이고 d_1, s_4 와 d_4 는 품종 2(g_2)이라면 s_1, s_2, s_4, d_1, d_2 와 d_4 의 유전능력의 기대치 벡터는 다음과 같다.

$$E(a_b) = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 1 & 0 \\ 0 & 1 \\ 0 & 1 \\ 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} g_1 \\ g_2 \end{bmatrix} = Q_b g$$

식에서 Q_b 는 혈통이 없는 선대 종돈과 유전적 그룹과의 관계를 나타낸다. $Q = (I - P)^{-1} P_b Q_b$ 라고 가정하면, $E(a) = Qg$ 이다. 항목 $(I - P)^{-1}$ 은 Power series에 의해서 다음과 같이 표현된다.

$$(I - P)^{-1} = I + P^1 + P^2 + P^3 + \dots$$

$(I - P)^{-1}, Q_b$ 와 P_b 를 모두 곱한 후 Q 가 얻어진다. 따라서 육종가(random individual additive genetic effect) 벡터의 기대치와 품종효과를 포함하는 총유전능력(total genetic effect: u)은 다음과 같이 얻어진다.

$$E(a) = Qg = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 1 & 0 \\ 0.5 & 0.5 \\ 0 & 1 \\ 0.25 & 0.75 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} g_1 \\ g_2 \end{bmatrix}$$

그러므로 총유전능력(u)은 다음과 같다(Quaas, 1988).

$$\hat{u} = \begin{bmatrix} \hat{g}_1 + \hat{a}_1 \\ \hat{g}_1 + \hat{a}_2 \\ 0.5 \hat{g}_1 + 0.5 \hat{g}_2 + \hat{a}_3 \\ \hat{g}_2 + \hat{a}_4 \\ 0.25 \hat{g}_1 + 0.75 \hat{g}_2 + \hat{a}_5 \end{bmatrix}$$

종돈 a_3 와 a_5 는 두 품종간의 hybrid이다. 따라서 품종 g_1 과 품종 g_2 의 효과를 포함하며 자기 자신의 유전능력이 평가된다. 그러나 유전 그룹으로 비상가적 유전효과를 추정할 수는 없다. 비상가적 유전효과를 추정하기 위해서는 적합한 모형과 algorithm의 개발이 필요하다 (Elzo, 1990). 능력평가 프로그램은 Fortran 77로 작성하였다.

III. 결과 및 고찰

성별효과는 모체를 통한 유전적 특성도 일부 포함될 수 있지만 성에 의한 생리적인 차이에 주로 기인하는 것으로 사료된다. 생리적인 능력의 변이는 이용된 BLUP animal model에서 품종 내 기록수의 불균형과 다른 요인들과 혼동(confuse)으로 인해 생리적인 능력의 범위 이상으로 추정될 수도 있다. 또한 품종별 성별효과가 다를 수도 있지만 검정두수의 심한 불균형을 감안하여 독립된 요인으로 분석하였다. 추정을 위해 암태지 효과를 0으로 제한(restriction on female)하였다. 따라서 추정된 수태지의 수치는 암태지와는 차이를 나타낸다. 산차효과는 대부분이 분만연령에 의한 생리적인 차이에 기인할 것으로 사료된다. 추정을 위해 10산 또는 10산 이상 산차효과를 0으로 제한(restriction)하여 상대적인 값으로 추정하였다. 품종효과는 혈연관계가 형성된 이후 후대의 성적을 통하여 품종내 혈통을 거슬러 올라가 조상의 능력으로 추정된다.

Table 2는 유전적 그룹의 형성을 통하여 품종효과를 추정한 결과이다. 순종 품종의 상가적 유전특성은 hybrid에 전달될 수 있는 능력이다. 즉 잡종돈에서 상가적인 유전효과와 더불어 잡종강세 효과가 나타난다. 따라서 잡종강세 효과를 기대하기 이전 전체 번식돈군의 상가적 유전효과를 높이기 위하여 순종 품종의 개량은 매우 중요한 일이다.

Landrace는 등지방 및 정육율에서 우수한 반면 일당증체량에서 다른 품종보다 뒤지는 것으로 나타났다. 전반적으로 산육성에 대한 능력이 다른 품종에 비해 좋지 않은 반면 등지방과

정육율에 있어서는 우수하게 나타난다. Yorkshire는 배장근 단면적과 정육율에서 좋은 성적을 나타내고 있어 돼지고기의 가식부위 육량에 있어 우수한 품종으로 사료된다. 산자형질에서는 Landrace와 Yorkshire가 우수하게 나타나고 있다. 듀록은 90kg 도달일령 및 일당증체량에서 우수하였으며 그 이외의 형질에서는 세 품종 중에서 능력이 가장 나쁘게 나타났다. 따라서 Duroc은 비육돈의 출하일령을 줄이거나 출하시 체중증대를 위해서 종료용돈으로 많이 사용되는 것으로 사료된다. Martel 등(1988)은 Duroc의 정육률이 가장 우수하다고 다른 견해를 보고하였으나 본 연구의 결과는 다른 분석 방법을 통하여 같은 출처의 자료로 분석한 최와 이(2001)의 결과와 형질별 품종간 순위가 일치한다. 따라서 유전적 그룹을 통한 종돈의 유전능력을 추정하는 방법이 품종별 유전효과의 추정에 있어서 각 품종별 원조상의 출생일의 분포가 비슷할 경우 일반적인 품종효과의 추정과 유사한 결과를 보여준다.

Fig. 1부터 Fig. 3까지 품종효과와 개체의 상가적 유전효과를 포함한 유전능력(fixed breed genetic effect plus random individual additive genetic effect)의 분포를 보여준다. 분포는 실제 검정두수를 보여주므로 그래프에서 빈도수에 대한 높이가 상대적인 분포를 보여주지는 않는다. 다만 품종별 변이가 어떻게 형성되었는지를 보여주고 유전능력의 분포가 품종별로 상치하는 정도를 보여준다. Fig. 1의 일당증체량(g)에서 Yorkshire는 Landrace 보다 조금 낮지만 많은 두수의 능력이 겹쳐지지만 Duroc은 Landrace와 겹쳐지는 두수가 적으며 가장 우수하게 나타나고 있다.

Table 2. Breed effects estimated with the genetic grouping strategy for each trait

Traits	Landrace	Yokshire	Duroc
Back fat thickness (mm)	-0.4367	0.0023	0.5263
Days to 90kg	0.1062	0.7882	-2.0548
Daily gain (g)	-0.4143	-3.9143	10.0856
Lean meat percent	0.2883	0.2413	-0.8987
Loin muscle area (cm ²)	0.0372	0.5662	-1.4348
Total litter size (head)	0.1005	0.1555	-0.6805
Number born alive (head)	0.0526	0.1056	-0.4344

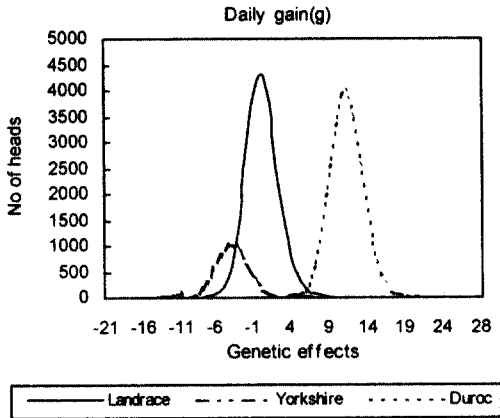


Fig. 1. Distribution of total additive genetic effects in daily gain according to the breeds.

Fig. 2는 90kg 도달일령에 대한 유전능력을 보여준다. Duroc의 성적이 우수하고 Landrace와 Yorkshire의 순서이다. 유전능력의 분포가 정규 분포형태를 갖고 있지만 품종별 평균값에서 아주 높은 빈도를 보여 침략의 형태를 보여준다.

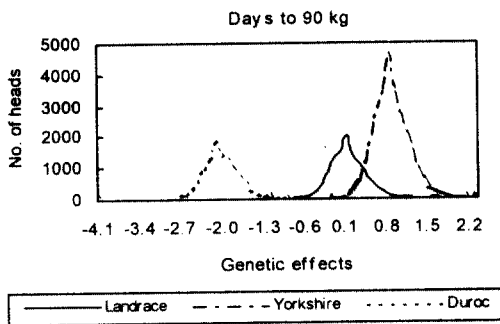


Fig. 2. Distribution of total additive genetic effects in days to 90kg according to the breeds.

Fig. 3에서도 침략의 모양을 보여주는데 이는 불연속변수인 90kg 도달일령과 산자수에 대하여 정규연속분포를 가정한 선형혼합모형으로 추정된 결과라고 사료된다. 품종별 유전능력의 분포는 품종별 유전분산모수의 영향을 받겠지만 본 연구에서는 모든 품종이 같은 유전모수를 채택하여 품종별 변이에 의미를 부여할 필요는 없다. 다만 두 품종간 교잡을 하였을 경

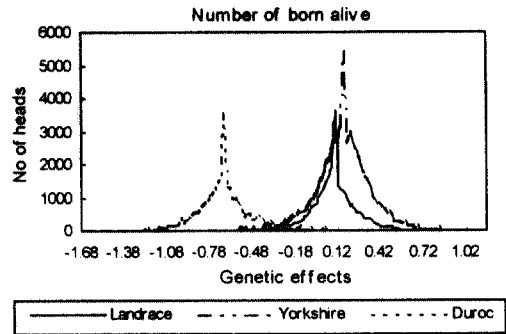


Fig. 3. Distribution of total additive genetic effects in number born alive according to the breeds.

우 잡종돈의 유전능력분포를 짐작할 수 있으리라 기대한다. Fig. 3의 복당생존자돈수능력의 총유전능력분포에서 Duroc과 Landrace의 잡종돈은 상가적인 유전효과가 Duroc과 Landrace의 중간으로 이동된 정규분포를 보여줄 것으로 예측한다.

돼지의 특성상 검정이 종료된 종돈에 대해서는 즉시 유전능력을 추정하여 선발과 도태에 활용되도록 농가에 제공하여야 한다. 컴퓨터의 계산능력이 많이 향상되었다 하더라도 동시에 여러 형질에 대하여 다수 품종을 반복하여 평가하는 일은 상당히 시간 소모적인 일이 될 수 있다. 다품종을 한 모형에 포함할 경우 평가자의 노력이 절감될 수 있다. 육종가(random individual additive genetic effect)는 같은 품종끼리만 비교되도록 품종의 효과를 포함시키지 않았다. 품종의 효과를 포함시키면 능력이 좋은 품종은 모든 개체가 우수하게 나타나고 그렇지 않은 품종의 개체들은 유전능력이 나쁘게 나타난다. 품종내의 선발이 이루어지는 것을 감안할 때 품종의 효과를 포함하지 않는 것이 농가에서 선발지수를 통하여 활용하기 좋다. BLUP animal model에서 품종의 효과를 유전적 그룹으로 도입하지 않고 품종효과를 직접 개체별로 도입하여도 추정치의 효과는 크게 차이가 나지 않을 것으로 사료된다. 다만 국내에서 F1 잡종돈의 혈통증명이 이루어지고 있고 이미 산자능력에서 잡종돈의 유전능력이 평가된다. 이 평가방법이 정착되고 F1 잡종돈의 능력평가가 상

시화 된다면 F1 잡종돈의 총유전능력을 표시하는 것도 고려될 수 있을 것으로 사료된다. 다 품종 평가로 인한 자료의 연결고리(connectedness)의 증대, 정확도의 개선효과가 있을 것으로 사료되지만(Schaeffer, 1983) 그 효과에 대해 본 연구에서 조사하지 않았다.

IV. 요 약

본 연구는 1995년부터 2001년까지 한국종축개량협회가 전국 종돈장으로부터 수집한 Landrace, Yorkshire 및 Duroc의 등지방 두께, 일당증체량, 90kg 도달일령, 등심단면적, 정육률, 총산자수 및 복당생존자돈수에 대해 유전적 그룹을 통한 품종효과의 추정과 유전능력 평가를 위하여 96,842두의 산육능력성적과 90,396복의 산자능력자료를 분석하였다. 추정된 품종효과들은 각 품종의 특징을 보여주는데 Landrace는 등지방, 정육률 및 총산자수에서 우수하였고, Yorkshire는 정육률, 등심단면적, 총산자수 및 복당생존자돈수에서 좋은 결과를 보여주었으며, Duroc은 90kg 도달일령과 일당증체량에서 우수하였지만 가식부위를 결정하는 등지방 두께와 정육률, 번식능력을 보여주는 산자수에서 다른 품종에 뒤지는 것으로 나타났다. 유전적 그룹을 통한 품종효과의 추정으로 품종별 능력평가를 하는 노력을 절감할 수 있고 또한 F1 잡종돈이 포함되어도 평가할 수 있다.

V. 인 용 문 헌

1. Elzo, M. A. 1990. Covariances among sire by breed group of dam interaction effects in multibreed sire evaluation procedures. *J. Anim. Sci.* 68:4079-4099.
2. Henderson C. R. 1988. Theoretical basis and computational methods for a number of different animal models. *J. Dairy Sci.* 71(Suppl. 2):1.
3. Martel, J., Minvielle, F. and Poste, L. M. 1988. Effects of crossbreeding and sex on carcass composition cooking properties and sensory characteristics of pork. *J. Anim. Sci.* 66:41-46.
4. Quaas, R. L. 1988. Additive genetic model with groups and relationships. *J. Dairy Sci.* 71:1388.
5. Roehle, R. and Kennedy, B. W. 1995. Estimation of genetic parameters for litter size in Canadian Yorkshire and Landrace swine with each parity of farrowing treated as a different trait. *J. Anim. Sci.* 73:2959-2970.
6. Schaeffer, L. R. 1983. Notes on linear model theory, best linear unbiased prediction, and variance components. Guelph University, Guelph, Canada.
7. Wiggans, G. R., Misztal, I. and Van Vleck, L. D. 1988. Implementation of an animal model for genetic evaluation of dairy cattle in the United States. *J. Dairy Sci.* 71(Suppl. 2):54.
8. 종돈능력개량보고서(1). 2000. 한국종축개량협회.
9. 최진성, 이정규. 2001. 농장검정돼지의 품종, 성 및 환경요인이 경제형질에 미치는 효과. *동물자원지* : 43(4):431-444.

(접수일자 : 2001. 12. 10 / 채택일자 : 2002. 7. 16)