

21301005
5CG500

보안 과제(), 일반 과제(O) / 공개(O), 비공개()발간등록번호(O)
Golden Seed 프로젝트 사업 2단계 최종보고서

발간등록번호

11-1543000-003980-01

참여종돈장 통합육종체계 확립 및 국산종돈 개발

2022. 03. 25

프로젝트연구기관 / (주)정피엔씨연구소
세부프로젝트연구기관 / (주)정피엔씨연구소
피그진코리아(주)
농업회사법인(주)다비육종

농림축산식품부, 농촌진흥청
(전문기관)농림식품기술기획평가원

참여종돈장

통합육종체계

확립

및

국산종돈

개발

2022

농림축산식품부
농촌진흥청
농림식품기술기획평가원

제출문

제 출 문

농림축산식품부, 농촌진흥청 귀하

본 보고서를 “Golden Seed 프로젝트 사업”(개발기간 : 2017. 1. ~ 2021. 12.) 참여종돈장 통합육종체계 확립 및 국산종돈 개발 프로젝트과제의 최종보고서로 제출합니다.

2022. 03. 25

프로젝트연구개발기관명 : (주)정피엔씨연구소 (정영철)

(인)

세부프로젝트연구기관명 : (주)정피엔씨연구소 (정영철)

(인)

피그진코리아(주) (김성훈)

(인)

농업회사법인(주)다비육종 (이일주)

(인)

위탁과제연구기관명 : (사)한국축산경제연구원 (노경상)



프로젝트연구책임자 : 정 영 철

1 세부프로젝트연구책임자 : 정 영 철

2 세부프로젝트연구책임자 : 김 성 훈

3 세부프로젝트연구책임자 : 이 일 주

4 위탁프로젝트연구책임자 : 노 경 상

국가연구개발혁신법 시행령 제33조에 따라 보고서 열람에 동의합니다.

<보고서 요약서>

보고서 요약서

| | | | | | |
|------------------|--|---|------------------------------|---|---|
| 과제고유번호 | 213010-05-5-CG500 | 해당단계 연구기간 | 2017.01.01. ~2021.12.31 | 단계구분 | (2단계)/ (2단계) |
| 연구사업명 | 단위사업 | Golden Seed 프로젝트사업 | | | |
| | 사업명 | GSP중축사업단 | | | |
| 프로젝트명 | 프로젝트명 | 참여중돈장 통합육종체계 확립 및 국산중돈 개발 | | | |
| | 세부프로젝트명 | GSP 참여중돈장 통합육종시스템 확립 및 적용 GSP 참여중돈장 통합육종을 위한 자료수집 및 관리 우수유전자원 공유를 통한 참여중돈장 간 혈연연결 | | | |
| 프로젝트책임자 | 정영철 | 해당단계 참여연구원 수 | 총: 15명 내부: 3명 외부: 12명 | 해당단계 연구개발비 | 정부:347,000천원 민간:116,000천원 계:463,000천원 |
| | | 총 연구기간 참여연구원 수 | 총: 79명 내부: 12명 외부: 67명 | 총 연구개발비 | 정부:1,571,000천원 민간:535,000천원 계:2,106,000천원 |
| 연구기관명 및 소속부서명 | (주)정피엔씨연구소 피그진코리아(주) 농업회사법인(주)다비육종 | | | 참여기업명 가야육종, 금보디디에프, 농협중 돈개량사업소, 다비육종, 선진한 마을 | |
| 국제공동연구 | 상대국명 해당사항 없음 | | | 상대국 연구기관명: 해당사항 없음 | |
| 위탁연구 | 연구기관명:(사)한국축산경제연구원 | | | 연구책임자:노경상 | |

※ 국내외의 기술개발 현황은 연구개발계획서에 기재한 내용으로 같음

| | |
|-------------------------|----|
| 연구개발성과의 보안등급 및 사유 | 일반 |
|-------------------------|----|

9대 성과 등록·기탁번호

| 구분 | 논문 | 특허 | 보고서 원문 | 연구시 설·장비 | 기술요약 정보 | 소프트 웨어 | 화합물 | 생명자원 | | 신품종 | |
|-------------|----|----|-----------|-------------|------------|-----------|-----|----------|----------|-----|----|
| | | | | | | | | 생명 정보 | 생물 자원 | 정보 | 실물 |
| 등록·기탁 번호 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - |

국가과학기술종합정보시스템에 등록된 연구시설·장비 현황

| 구입기관 | 연구시설·장 비명 | 규격 (모델명) | 수량 | 구입연월일 | 구입가격 (천원) | 구입처 (전화) | 비고 (설치장소) | NTIS 등록번호 |
|------|--------------|-------------|----|-------|--------------|-------------|--------------|--------------|
| - | - | - | - | - | - | - | - | - |

| 요약 | 보고서 면수 |
|---|--------|
| <p>골든시드프로젝트(GSP) 중축사업단 제 1 프로젝트의 목적은 참여종돈장 순종돈 유전적 능력의 통합평가 플랫폼 구축을 통한 국산 종돈 3품종을 개발하는 것임. 나아가서 선진국과 유전능력을 견줄 수 있는 국산 종돈개발로 수입종돈을 대체하고 지속적인 국산 종돈 개량시스템을 유지하는 것임.</p> <p>주요 성과는 참여종돈장의 통합 유전능력평가 플랫폼인 GSP-Solution을 개발하여 지난 5년간(2017년 ~ 2021년)의 개량 목표인 백색계 복당 생존산자수 13.0두, 유색계 90kg 도달일령 126일을 달성했음. 또한 종돈개량 전문인력 양성을 위한 교육도 실시함. 국산 종돈 3품종의 특허를 출원했고 유전체 정보를 이용한 육종가 산출 시스템을 개발함. 또한 통합 유전능력 평가를 통해 최우수 핵돈 응돈 선발과 공유시스템을 구축함. 결론적으로 국내 대형 종돈기업이 참여한 GSP 프로젝트를 통해 선진구과 경쟁이 가능한 종돈 유전 능력 개발 시스템 구축으로 경쟁력 있는 국산 GSP 종돈을 개발함</p> | 438 |

Summary

The objective of GSP project is to develop Korean purebred pigs of 3 breeds, through integrated genetic evaluation platform for representative breeding farms in Korea.




Eventually, the Korean purebred of 3 breeds developed can be competitive to European purebreds and sustainable improvement pig breeding system in Korea.

Main achievement of GSP project is development of integrated genetic evaluation platform, GSP-Solution program. Reproductive performance of number of born alive for white breeds was 13.0 heads at the end of project year of 2021. Growth performance of age at 90kg for sire breed of Duroc was 128 days as initial aim of the project.

Animal breeding technique has been transformed to staffs of pig breeding companies by periodical education. Three breeds of pigs applied for official patent registration. Nucleus boars were selected and shared their genetic materials chosen by integrated genetic evaluation program.

In conclusion, Korean pig's genetic performance can be competitive to globally advanced pig genetic companies.

<요약문>

| | |
|------------------------|--|
| <p>연구의 목적 및 내용</p> | <p>1. 최종목표</p> <ul style="list-style-type: none"> ○ 수입대체 및 수출용 국산 종돈 3종개발, 2021년 수입대체 100% 가. 부계종돈(두록) : 부계경제형질의 개량 목표치 ○ 90kg 도달일령 : (' 17)135일→(' 21)128일, ○ 등지방두께 : (' 17) 13mm →(' 21)12mm ○ 근내지방도(3이상) 발현율 :(' 17) 53% →(' 21) 55%, ○ 사료요구율 개선 : (' 17) 2.20 →(' 21) 2.0. <p>나. 모계종돈(요크셔, 랜드레이스) : 모계 경제형질의 개량목표치</p> <ul style="list-style-type: none"> ○ 복당 총산자수 : (' 17년) 13.0두 → (' 21년) 15.0두, ○ 복당 생존산자수 : (' 17년) 11.5두 → (' 21년) 13.0두 ○ 사료요구율 : (' 17년) 2.30 → (' 21년) 2.20 <p>다. 1세부 프로젝트 연구 목적</p> <ul style="list-style-type: none"> ○ GSP 종돈 3종(GSP 두록, GSP 랜드레이스, GSP 요크셔 개발) ○ GSP 참여종돈장 주간단위 통합 유전능력평가 시스템 구축 및 활용 (선발지수 개발 및 적용) ○ 우수 육종인력 양성을 위한 교육프로그램 개발 및 운영 ○ GSP 종돈 경쟁력 확보를 위한 신규 검정형질 개발 및 적용 ○ 선발효율 극대화를 위한 생명정보 적용기법 개발 및 적용 ○ 산·학·연 협력모델 구축(제 1위탁과제 : 한국축산경제연구원) |
| <p>연구개발성과</p> | <p>1. 최종목표</p> <ul style="list-style-type: none"> ○ 수입대체 및 수출용 국산 종돈 3종개발 및 특허출원 <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: flex-start;"> <div style="text-align: center;">  <p>10-2021-0138578</p> </div> <div style="text-align: center;">  <p>10-2021-0138579</p> </div> <div style="text-align: center;">  <p>10-2021-0138580</p> </div> </div> <p>가. 부계종돈(두록) : 부계경제형질의 개량 목표치</p> <ul style="list-style-type: none"> ○ 90kg 도달일령 : 125.6일 ○ 등지방두께 : 12.9mm <p>나. 모계종돈(요크셔, 랜드레이스) : 모계 경제형질의 개량목표치</p> <ul style="list-style-type: none"> ○ 복당 총산자수 : 15.30두(요크셔), 14.60두(랜드레이스) |

○ 사료효율 개량: 잔류사료 섭취량 추정 및 활용

| 요크 서종 | 일당용수량 (ADG) | 평균등사입단계 (ABF) | 사료이용률 (FCR) | 잔류사료섭취량 (RFI) |
|--------------|-------------|---------------|-------------|---------------|
| 일당용수량(ADG) | 0.328 | 0.144 | -0.260 | 0.327 |
| 평균등사입단계(ABF) | -0.077 | 0.428 | 0.136 | 0 |
| 사료이용률(FCR) | -0.303 | 0.103 | 0.297 | -0.189 |
| 잔류사료섭취량(RFI) | 0.071 | 0 | 0.568 | 0.047 |

| 랜드레이스 종 | 일당용수량 (ADG) | 평균등사입단계 (ABF) | 사료이용률 (FCR) | 잔류사료섭취량 (RFI) |
|--------------|-------------|---------------|-------------|---------------|
| 일당용수량(ADG) | 0.105 | -0.135 | -0.083 | -1.034 |
| 평균등사입단계(ABF) | -0.135 | 0.130 | 0.015 | 0 |
| 사료이용률(FCR) | -0.484 | 0.144 | 0.326 | 0.906 |
| 잔류사료섭취량(RFI) | 0.210 | -0.000 | 0.446 | 0.0003 |

대각선(Diagonal): 순전계; 상삼각 행렬(Above Diagonal): 유전성분; 하삼각 행렬(Below Diagonal): 표현형 성분

| 요크 서종 | 일당용수량 (ADG) | 평균등사입단계 (ABF) | 사료이용률 (FCR) | 잔류사료섭취량 (RFI) |
|--------------|-------------|---------------|-------------|---------------|
| 일당용수량(ADG) | 0.369 | 0.151 | 0.006 | 0.108 |
| 평균등사입단계(ABF) | 0.024 | 0.478 | 0.469 | 0 |
| 사료이용률(FCR) | -0.080 | 0.355 | 0.227 | 0.587 |
| 잔류사료섭취량(RFI) | 0.002 | 0 | 0.480 | 0.034 |

| 랜드레이스 종 | 일당용수량 (ADG) | 평균등사입단계 (ABF) | 사료이용률 (FCR) | 잔류사료섭취량 (RFI) |
|--------------|-------------|---------------|-------------|---------------|
| 일당용수량(ADG) | 0.343 | 0.103 | 0.221 | -0.054 |
| 평균등사입단계(ABF) | -0.031 | 0.496 | 0.621 | -0.000 |
| 사료이용률(FCR) | -0.033 | 0.316 | 0.335 | 0.689 |
| 잔류사료섭취량(RFI) | -0.000 | 0 | 0.492 | 0.033 |

대각선(Diagonal): 유전계; 상삼각 행렬(Above Diagonal): 유전성분; 하삼각 행렬(Below Diagonal): 표현형 성분

D- 종돈장

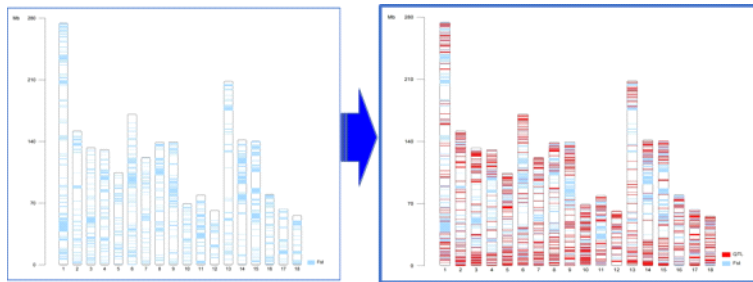
S- 종돈장

○ 유전체 유전능력 평가 서비스 제공

| REG | BLUP 유전체 정보 | | BLUP + 유전체 정보 | | Rank(EBV) | Rank(MBV) | Rank(GE-EBV) | 순위 상관 계수 r(EBV, MBV) : 0.91 r(EBV, GE-EBV) : 0.99 |
|---------|-------------|--------|---------------|--------|-----------|-----------|--------------|---|
| | EBV | Acc | MBV | GE EBV | | | | |
| YAC9829 | 2.6200 | 0.5401 | 0.9206 | 2.7536 | 0.6029 | 1 | 1 | 1 |
| YAC7008 | 1.9780 | 0.4214 | 0.5028 | 1.9759 | 0.5174 | 2 | 32 | 3 |
| YAC3008 | 1.8910 | 0.4542 | 0.7032 | 2.0265 | 0.5404 | 3 | 4 | 2 |
| YAD1166 | 1.8590 | 0.5921 | 0.4259 | 1.8351 | 0.6423 | 4 | 71 | 8 |
| YAC5920 | 1.8270 | 0.3982 | 0.6443 | 1.9456 | 0.5014 | 5 | 6 | 5 |
| YAC4113 | 1.8210 | 0.3987 | 0.6470 | 1.9423 | 0.5017 | 6 | 5 | 6 |
| YAC5224 | 1.7680 | 0.4076 | 0.6095 | 1.8720 | 0.5078 | 7 | 7 | 7 |
| YAD0406 | 1.7570 | 0.5311 | 0.5789 | 1.8273 | 0.5962 | 8 | 11 | 9 |
| YAC3254 | 1.7500 | 0.4148 | 0.7522 | 1.9494 | 0.5128 | 9 | 2 | 4 |
| YAD0209 | 1.6470 | 0.5392 | 0.5526 | 1.7172 | 0.6022 | 10 | 18 | 11 |
| YAD1106 | 1.5610 | 0.5352 | 0.7133 | 1.7301 | 0.5992 | 11 | 3 | 10 |
| YAD0516 | 1.5150 | 0.4879 | 0.5018 | 1.5818 | 0.5645 | 12 | 33 | 13 |
| YAD0431 | 1.4550 | 0.4728 | 0.5424 | 1.5571 | 0.5537 | 13 | 20 | 14 |
| YAC9397 | 1.4460 | 0.3482 | 0.4509 | 1.5040 | 0.4675 | 14 | 55 | 16 |
| YAC3043 | 1.4410 | 0.2743 | 0.5976 | 1.6197 | 0.4192 | 15 | 8 | 12 |
| YAC3570 | 1.4320 | 0.3826 | 0.4521 | 1.4907 | 0.4907 | 16 | 53 | 19 |
| YAD8215 | 1.4000 | 0.5407 | 0.5416 | 1.4978 | 0.6033 | 17 | 21 | 17 |
| YAD5513 | 1.3870 | 0.5767 | 0.5675 | 1.4926 | 0.6305 | 18 | 12 | 18 |
| YAD7144 | 1.3690 | 0.5562 | 0.4979 | 1.4454 | 0.6150 | 19 | 35 | 21 |
| YJA2370 | 1.3510 | 0.5108 | 0.4275 | 1.3971 | 0.5812 | 20 | 68 | 24 |
| YAC2239 | 1.3480 | 0.3078 | 0.5838 | 1.5276 | 0.4409 | 21 | 9 | 15 |
| YAD2288 | 1.3470 | 0.5441 | 0.4693 | 1.4131 | 0.6059 | 22 | 46 | 22 |
| YAD4790 | 1.3450 | 0.5358 | 0.4704 | 1.4129 | 0.5997 | 23 | 45 | 23 |
| YAE3419 | 1.3410 | 0.5018 | 0.5412 | 1.4542 | 0.5746 | 24 | 22 | 20 |

주간단위
유전체 유전능력평가
서비스 제공

○ 상업용 저밀도(low-density) 유전체 플랫폼 개발



GSP 저밀도 유전체플랫폼 개발
특허 출원(출원번호 10-2020-0128966)

○ 종돈 개량의 기술·경제·사회적 효과(60% 보급 기준)

- 랜드레이스, 요크셔의 복당 생존산자수 개량 효과 : 959억원 절감
- 두록 등지방두께 개량 효과 : 47억원 판매가 증가
- 두록 90kg 도달일령 개량 효과 : 1,157억원 절감

○ 산·학·연 협력모델 구축(제 1위탁과제 : 한국축산경제연구원)

연구개발성과의
활용계획
(기대효과)

1. 정성적 효과
- 가. 기술적 성과
- 종돈 개량 통합 시스템의 개발로 한국형 종돈 생산 체계 구축
 - * 국제적 수준의 육종프로그램 개발로 유전능력평가 신뢰 향상
 - * 우수종돈 생산기술 확보로 독자적 한국형 종돈품종 확보 가능
 - * 육종목적형 선발지수식 및 종돈심사표준 개발로 한국형 종돈생산 기술보유
 - * 종돈자료 통합관리에 따른 종돈개량 연구자료의 활용 및 편의성 증대
 - * 종돈개량 육종인력 및 인프라 기반 확보
- 나. 경제산업적 성과
- GSP 종돈개량목표 달성에 따른 직접적 개량효과
 - 글로벌 종돈회사의 종돈 로열티 요구에 따른 국산종돈 수요 증가
 - 유전자 공유를 통한 우수 유전자원의 활용도 증가
 - 종돈장간 유전자 연결을 통한 종돈의 균일성 확대 및 국내 종돈능력 향상
 - 한국형 종돈개량 시스템 구축을 통한 종돈 수입 대체 및 종돈수출 기반조성 가능
- 다. 사회적 성과
- 국산종돈 통합육종에 따른 개량효과 극대화 및 글로벌 경쟁력 제고
 - 참여종돈장간 이해관계 조정을 통한 통일된 개량시스템 구축 및 정책제시
 - 한국형 모계 종돈 개발로 우리나라 양돈산업의 FTA 대응력 강화
2. 정량적 성과

| 성과 목표 | 브랜드 및 품종개발 | | 특허 | | 논문 | | 자료 발간 | 유전자원 | | 기술 이전 | 우수 인력 창출 | 정책 자료 | 현장 기술 지원 | 홍보 성과 | DB 구축 |
|---------|------------|----|----|----|-----|------|-------|------|----|-------|----------|-------|----------|-------|-------|
| | 출원 | 등록 | 출원 | 등록 | SCI | 비SCI | | 수집 | 등록 | | | | | | |
| 최종 목표 | 4 | 3 | | | | 6 | 20 | | 3 | | | | 20 | 15 | |
| 실적 | | | 4 | 1 | 2 | | 12 | | 1 | 1 | 7 | 2 | 137 | 36.2 | 2 |
| 달성율 (%) | | | | | | | 60 | | 33 | | | | 685 | 241 | |

| 국문핵심어 (5개 이내) | 유전능력평가 | 선발지수 | 선발강도 | 인공수정 | 동결정액 |
|------------------|----------------------------|-----------------|---------------------|-------------------------|--------------|
| 영문핵심어 (5개 이내) | genetic ability evaluation | selection index | selection intensity | artificial insemination | frozen semen |

※ 국문으로 작성(영문 핵심어 제외)

< 목 차 >

| | |
|---|-----------|
| 제 1 장 연구개발과제의 개요 | 1 |
| 제 1 절 연구개발 목표 | 1 |
| 1. 최종목표 | 1 |
| 2. 1세부 프로젝트 : GSP 참여종돈장 통합육종시스템 확립 및 적용 | 1 |
| 3. 2세부 프로젝트 : GSP참여종돈장 통합육종을 위한 자료수집 및 관리 | 2 |
| 4. 3세부 프로젝트 : 우수유전자원 공유를 통한 참여종돈장 간 혈연연결 | 2 |
| 제 2 절 연구개발의 필요성 | 2 |
| 1. 농업을 둘러싼 글로벌 메가트렌드 변화 | 2 |
| 2. 산업적 측면 | 3 |
| 3. 기술적 측면 | 17 |
| 4. 정책적 측면 | 18 |
| 5. 시장적 측면 | 19 |
| 6. 환경적 측면 | 20 |
| 제 3 절 연구개발 범위 | 20 |
| 1. GSP 종돈개발을 위한 육종 전략 수립 | 20 |
| 2. GSP 참여종돈장 통합 유전능력평가 시스템 구축 및 활용 | 20 |
| 3. 주간단위 선발 및 교배시스템 구축 | 23 |
| 4. 분기별 유전적 개량량 분석을 통한 유전적 개량추이 분석 및 점검 | 23 |
| 5. 선발효율 극대화를 위한 생명정보 적용기법 개발 및 적용 | 24 |
| 6. 참여종돈장 육종 우수인력 양성을 위한 정기교육프로그램 개발 | 24 |
| 7. GSP 참여종돈장 유전적 개량량 모니터링 | 24 |
| 8. GSP 종축사업단 발전 방안 제시(축산경제연구원 위탁) | 24 |
| 9. 우수유전자원 고유 및 참여종돈장간 혈연연결 | 24 |
| | |
| 제 2 장 국내외 기술개발 현황 | 26 |
| 제 1 절 해외 선행 연구 사례 | 26 |
| 1. 돼지 경제형질 가치 연구 | 26 |
| 제 2 절 기타 기술개발 현황 | 37 |
| 1. 육종 개량의 가속화 방안 | 37 |
| 2. 동결정액 | 37 |
| | |
| 제 3 장 연구개발 수행 내용 및 결과 | 39 |

[제 1 세부 : GSP참여종돈장 통합육종시스템 확립 및 적용]

| | |
|--|-----|
| 제 1 절 GSP사업 참여종돈장의 분석자료 | 39 |
| 1. GSP 종돈장의 유전적 특성 분석을 위한 수집 데이터 내용 | 39 |
| 2. GSP 종돈장 유전 개량특성 분석 결과 | 40 |
| 제 2 절 GSP 참여종돈장의 최근 5년간 품종별 경제형질에 대한 연도별 유전적 개량량 | 60 |
| 1. 참여종돈장의 산육형질에 대한 표현형 및 유전적 개량량 추세 | 60 |
| 2. 참여종돈장의 번식형질에 대한 표현형 및 유전적 개량량 추세 | 81 |
| 3. 품종별 농장별 유전적 개량량 비교 | 95 |
| 제 3 절 국내 종돈의 경제형질별 경제적 가치 연구 및 선발지수 개발 | 96 |
| 1. 한국 양돈산업의 경제형질에 따른 경제적 가치 추정 | 96 |
| 2. 생산비에 따른 종돈 형질의 경제적 가치 | 98 |
| 3. GSP 종돈의 경제형질별 경제적 가치 상대 비교 | 104 |
| 4. 양돈장의 생산성 변화에 따른 표준화 생산비 변화 | 106 |
| 5. GSP 참여종돈장의 통합 선발지수 개발 | 109 |
| 제 4 절 GSP 참여종돈장의 GGP농장간 혈연연결도 변화추세 | 118 |
| 1. 혈연연결도(Connectedness rate)의 개념 | 118 |
| 2. 혈연연결도의 추정 방법에 따른 장·단점 | 121 |
| 3. 종돈장간의 혈연연결 유무 | 122 |
| 4. GSP 참여종돈장간 혈연연결도 분석 방법 | 122 |
| 5. 참여종돈장간 통합분석을 위한 기준 | 122 |
| 6. 혈연연결도를 증가시키는 방안 | 123 |
| 7. GSP 참여종돈장간 혈연연결도 분석 결과 | 123 |
| 제 5 절 참여종돈장별 단위 기간 당 유전적 개량량 점검 | 125 |
| 1. 선발강도 및 세대간격 계산(예제) | 126 |
| 제 6 절 사료효율(FCR) 및 잔여사료섭취량(RFI) 추정 및 활용 | 131 |
| 1. 사료효율 개요 | 131 |
| 2. 전자 개체 급이기 데이터 종합 | 136 |
| 3. Imputation | 140 |
| 4. 사료효율 계산 | 144 |
| 제 7 절 GSP 참여종돈장 유전능력평가 운영 | 153 |
| 1. 분석결과 게시판 | 153 |
| 2. 메뉴구성 | 153 |
| 3. 육종가 보고서 조회 | 154 |
| 제 8 절 유전체 정보를 적용하기 위한 산업용 모델 개발 | 156 |
| 1. 전장 유전체 분석을 통한 돼지 요크셔종의 산육형질 및 번식형질에 관련된 | |

| | |
|---|-----|
| 양적형질 자위 탐색 | 156 |
| 2. 요크셔종의 산육형질과 번식형질에 대한 유전체 선발 (Genomic Selection) 모형 | 167 |
| 3. 유전체 선발 모형 위한 파이프라인 개발 (GSPipeline.v1.1) | 174 |
| 4. 새로운 번식형질에 대한 유전체 선발 (Genomic Selection) 모형 적용에 관한 연구 .. | 177 |
| 제 9 절 PRRS 저항성 돼지 개발을 위한 선행 연구 | 183 |
| 1. 국내 PRRS 비발생 종돈장 사육돈의 PRRS 저항성인자 탐색조사 | 183 |
| 2. PRRS 저항성 돼지 개발을 위한 후보 유전자 | 183 |
| 3. PRRS 저항성 후보 유전자에 따른 선행연구 결과 | 183 |
| 4. PRRS 저항성유전자형 TaqMan probe 방식의 Genotyping | 183 |
| 제 10 절 참여종돈장 유전체정보 분석 결과 | 193 |
| 1. 유전체 정보를 활용한 친자감별 | 193 |
| 2. 두록종 대한 유전체선발(genomic selection) 모형 | 194 |
| 3. 요크셔종의 대한 유전체선발(genomic selection) 모형 | 202 |
| 4. 생시 체중 및 총유두수에 대한 유전체 선발 모형 적용 | 214 |
| 5. 후보유전자 발굴을 위한 전장유전체(GWAS) 분석 | 233 |
| 6. 저밀도 유전체 지노타이핑 플랫폼 개발 | 263 |
| 제 11 절 인력양성을 위한 교육 프로그램 | 288 |
| 1. 1년차 | 288 |
| 2. 2년차 | 291 |
| 3. 3년차 | 297 |
| 제 12 절 GSP 통합 종돈 개량의 경제적 파급효과 | 303 |
| 1. 연구 내용 및 방법 | 303 |
| 2. GSP 사업 종돈 연구 투입 산출 성과 | 303 |
| 3. GSP 통합 종돈 개량의 경제적 파급효과 | 309 |
| 제 13 절 GSP 종축의 산업화에 따른 참여종돈장간 협력체계 개선 | 317 |
| 1. 서론 | 317 |
| 2. 실적 | 318 |
| 3. 연차별 연구수행 내용 | 319 |

[제 2 세부 : GSP참여종돈장 통합육종을 위한 자료수집 및 관리]

| | |
|---------------------|-----|
| 1. 개량돈군 조성 | 332 |
| 2. 통합 DB 구축 | 334 |
| 3. 사료효율 | 335 |
| 4. 생산 보급 | 361 |
| 5. 성과목표 대비 실적 | 364 |

[제 3 세부 : 우수유전자원 공유를 통한 참여종돈장 간 혈연연결]

- 제 1 절 GSP A.I. 센터의 운영 367
 - 1. AIR Filtration의 개요 및 사용목적 368
 - 2. 특징 368
 - 3. Air Filter란? 369
 - 4. Air filtration의 기대효과 369
- 제 2 절 GSP 종모돈 입식 373
 - 1. 우수 유전자원 입식 및 관리방안 374
- 제 3 절 GSP 신선, 동결정액 공유 384
 - 1. 우수 유전자원 신선정액 제조 후 농장 공급 384
- 제 4 절 GSP 신선, 동결정액 공유 388
 - 1. 장기희석제 운영 실험 388
 - 2. 동결정액 제조 매뉴얼 388
 - 3. 동결정액을 활용한 교배 후 수태율, 분만을 확인 398
- 제 5 절 동결정액 해동 후 활력 및 보존성 검사 진행 402
 - 1. 동결정액 해동 후 활력 및 보존성검사 진행 402
 - 2. 우수 유전자원 동결정액 제조 후 공유 403
- 제 6 절 유전자원 보존 403
 - 1. 동결, 신선정액 제조 403
 - 2. 우수 유전자원 보존 및 외부질병 차단 409
- 제 7 절 인공수정 및 육종 정보 교육 실시 411
 - 1. 농장 동결정액 용해 교육 예시 411
 - 2. 당시 상황 411
 - 3. 원산 농가에서의 문제점 411
 - 4. 해결방안 411
 - 5. 결과 412
 - 6. 연구수행 결과 및 정리 418

제 4 장 목표 달성도 및 관련 분야 기여도 420

- 1. 목표 420
- 2. 목표달성여부 421

제 5 장 연구결과의 활용 계획 등 426

제 6 장 연구개발과정에서 수집한 해외과학기술정보 427

제 1 절 최근의 세계 중돈산업 동향 427

- 1. 서론 427
- 2. 세계 중돈 산업의 규모와 글로벌 중돈기업의 시장 점유율 427
- 3. 대륙별 글로벌 중돈기업의 시장점유율 428
- 4. 글로벌 중돈기업의 판매전략 429
- 5. 글로벌 중돈기업의 이합 집산 요인 430

제 2 절 기타 수집한 해외 과학기술정보 430

제 7 장 참고문헌 432

- <별첨 1> 연구개발보고서 초록
- <별첨 2> 연구성과 활용계획서

제 1 장 연구개발과제의 개요

제 1 절 연구개발 목표

1. 최종목표

- 수입대체 및 수출용 국산 종돈 3종개발, 2021년 수입대체 100%

가. 부계종돈(두록) : 부계경제형질의 개량 목표치

- 90kg 도달일령 : (' 17)135일→(' 21)128일,
- 등지방두께 : (' 17) 13mm →(' 21)12mm
- 근내지방도(3이상) 발현율 :(' 17) 53% →(' 21) 55%,
- 사료요구율 개선 : (' 17) 2.20 →(' 21) 2.0.

나. 모계종돈(요크셔, 랜드레이스) : 모계 경제형질의 개량목표치

- 복당 총산자수 : (' 17년) 13.0두 → (' 21년) 15.0두,
- 복당 생존산자수 : (' 17년) 11.5두 → (' 21년) 13.0두
- 사료요구율 : (' 17년) 2.30 → (' 21년) 2.20

2. 1세부 프로젝트 : GSP 참여종돈장 통합육종시스템 확립 및 적용

- GSP 종돈 3종(GSP 두록, GSP 랜드레이스, GSP 요크셔 개발)
- GSP 참여종돈장 주간단위 통합 유전능력평가 시스템 구축 및 활용(선발지수 개발 및 적용)
- 우수 육종인력 양성을 위한 교육프로그램 개발 및 운영
- GSP 종돈 경쟁력 확보를 위한 신규 검정형질 개발 및 적용
- 선발효율 극대화를 위한 생명정보 적용기법 개발 및 적용
- 산·학·연 협력모델 구축(제 1위탁과제 : 한국축산경제연구원)

3. 2세부 프로젝트 : GSP참여종돈장 통합육종을 위한 자료수집 및 관리

- 개량돈군 조성(L : 800두 이상, Y : 2,500두, D : 400두 이상)
- GSP 참여종돈장 산육, 번식, 혈통자료 수집 및 관리체계 구축
- 수입대체 및 국내매출액 도출을 위한 참여종돈장 종돈생산·보급실적 관리
- GSP 참여종돈장 사료효율 측정 애로사항 해결 및 매뉴얼화

4. 3세부 프로젝트 : 우수유전자원 공유를 통한 참여종돈장 간 혈연연결

- 돼지 육종 개량의 효과를 크게 하기 위해 우수 종모돈의 유전적 연결(Genetic Connectedness)를 통한 선발 집단을 크게 하는데 그 목적을 두고,
- 국내로 돼지 전염병(ASF, FMD 등) 유입 시 종돈 이동 금지 조치에 대비하여 동결정액 공유로 GSP 참여종돈장 간 유전적 연결도를 지속적으로 향상시킨다.
- 그리고 우수종모돈을 선발 후 동결 보존하여 참여 종돈장에 자율적 공급 체계 구축함과 더불어
- 중국 및 유럽 등 아프리카열병(ASF) 확산으로 인해 차후 종돈수입 및 유전자원 공유가 어려워질 수 있는 상황 발생 대비 우수 유전자원 동결 보존 필요하는데 그 목적을 둔다.

제 2 절 연구개발의 필요성

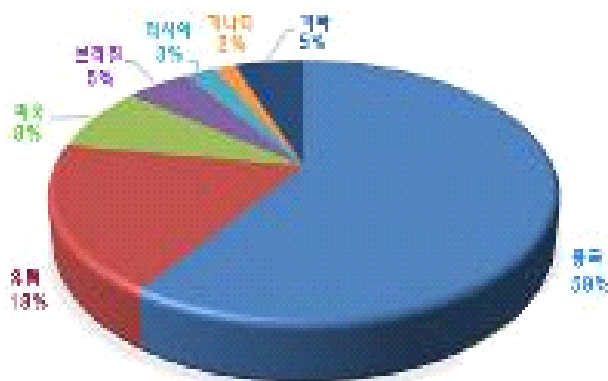
1. 농업을 둘러싼 글로벌 메가트렌드 변화

- 전 세계가 글로벌화 되면서 식량안보 대응을 위한 가축 생산성 향상기술 개발 및 신품종 개발을 위한 가축 유전자원 확보 경쟁 가열
- 지구 온난화, 기상재해 등의 기후변화에 강한 작물 및 종축에 대한 수요가 증대되고 있으며, 소득증대에 따른 가격과 양 중심의 축산물 소비에서 영양과 안전성을 겸비한 고품질 친환경 안전축산물의 수요가 증대
- IT, BT등의 첨단기술과 축산기술의 융복합을 통한 새로운 산업 창출

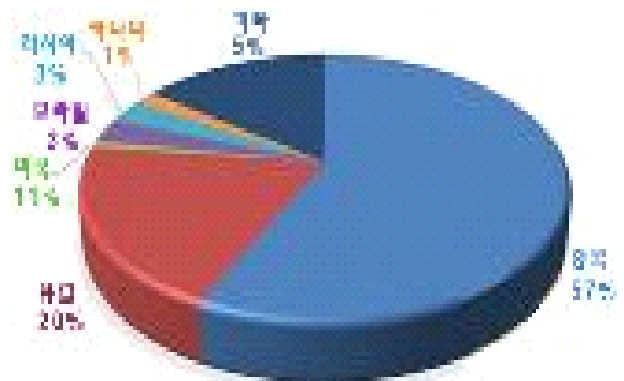
2. 산업적 측면

가. 세계 양돈산업 현황

- 세계의 주요 국가별 2015년 기준 돼지 사육두수는 7억9,582만9천두로 그 중 중국의 돼지 두수는 4억6,583만두로 전세계 사육두수중 59% 차지하였고, 유럽은 1억4,834만1천두로 18%, 미국은 6,777만6천두로 8%를 차지하였음. 한편, 2015년 돈육 생산량(지육기준)은 총 1억1,032만1천톤으로 중국이 5,487만톤으로 세계의 57%, 유럽연합이 2,335만톤으로 20%, 미국이 1,112만1천톤으로 11%를 생산하였음.



[그림 1-1] '15년 주요 국가별 돼지사육두수 비율



[그림 1-2] '15년 주요 국가별 돈육 생산 비율

[자료 : 미국농업부(USDA)]

- '15년 세계 돼지고기 생산량은 생산은 전년대비 1.1% 증가한 1억1,184만5천 톤이었으며 주요 국가별 돼지고기 생산량이 증가한 국가를 살펴보면 중국이 2015년 돈육 생산량은 전년대비 1.5% 증가한 5천735만 톤이었음. 미국은 2014년의 PED 피해에서 회복하면서 전년대비 5.1% 많은 1,085만8천톤, 러시아는 6.4% 증가한 349만4천 톤이었음. 세계 2위 돈육 생산지역인 EU의 2015년 돈육 생산과 소비는 근소한 차이로 전년 수준을 유지하였음.
- '16년에 세계에서 돼지고기를 가장 많이 수출한 나라는 EU-27(3,300천 톤), 미국(2,356천 톤), 캐나다(1,350천 톤), 브라질(900천 톤), 중국(180천 톤) 순이며, 이들 5개 수출국의 수출량은 8,086천 톤으로 전체 수출 물량의 94.7%를 차지하고 있어 세계적으로 돼지고기 물동량에 지대한 영향을 미치고 있음

[표 1-1] 주요국가별 돼지고기 수출량(단위 : 천톤)

| 국가 \ 연도 | '12 | '13 | '14 | '15 | '16 |
|---------|-------|-------|-------|-------|-------|
| EU-27 | 2,165 | 2,227 | 2,164 | 2,389 | 3,300 |
| 미국 | 2,440 | 2,262 | 2,309 | 2,272 | 2,356 |
| 캐나다 | 1,243 | 1,246 | 1,218 | 1,239 | 1,350 |
| 브라질 | 661 | 585 | 556 | 627 | 900 |
| 중국 | 235 | 244 | 276 | 231 | 180 |
| 칠레 | 180 | 164 | 163 | 178 | 175 |
| 총 수출량 | 7,263 | 7,008 | 6,962 | 7,224 | 8,538 |

[자료 : USDA-FAS, 2016]

- 세계에서 돼지고기를 가장 많이 수입하는 나라는 중국으로 연간 돼지고기 수입량은 2012년도에 730천 톤, 2016년도에 2,400천톤으로 폭발적인 증가로 수입하고 있으며, 2016년 현재 전 세계 수입량의 29% 정도를 차지하고 있어 세계 돼지고기 수급에 많은 영향을 미칠 것으로 예측되고 있음. 중국에 이어 일본의 경우 2012년 이후 꾸준히 1,200천 톤 이상을 매년 수입하고 있으며, 필리핀의 경우 같은 기간 1.8배 증가하였음

[표 1-2] 주요국가별 돼지고기 수출량(단위 : 천톤)

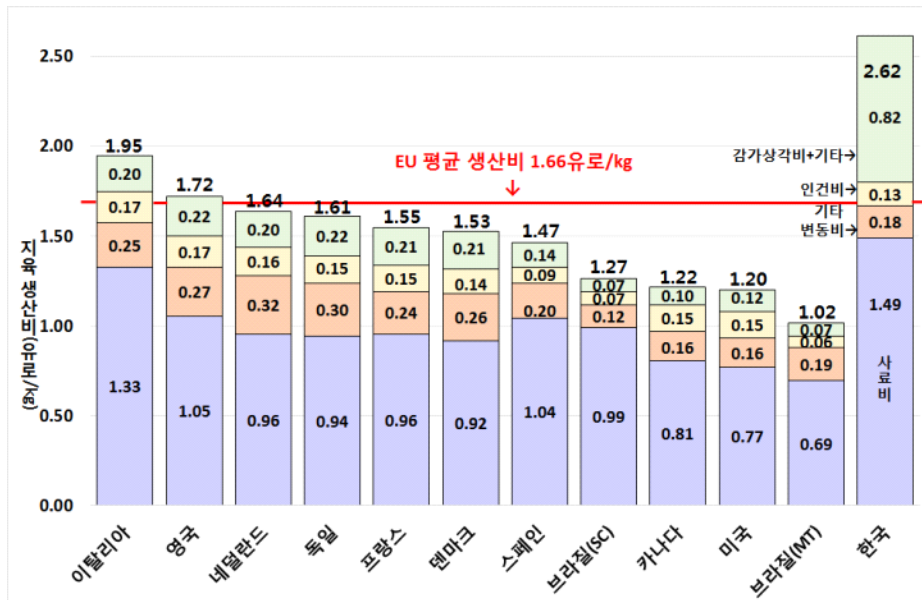
| 국가 \ 연도 | '12 | '13 | '14 | '15 | '16 |
|---------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 중국 | 730 | 770 | 761 | 1,029 | 2,400 |
| 일본 | 1,259 | 1,223 | 1,332 | 1,270 | 1,320 |
| 멕시코 | 706 | 783 | 818 | 981 | 1,025 |
| 미국 | 364 | 399 | 459 | 506 | 517 |
| 홍콩 | 414 | 399 | 347 | 397 | 485 |
| 러시아 | 1,077 | 868 | 515 | 408 | 410 |
| 기타 | 1,806 | 1,765 | 1,621 | 1,516 | 1,547 |
| 소계 | 6,356 | 6,207 | 5,853 | 6,107 | 7,704 |

[자료 : USDA-FAS, 2016]

- '14년 세계 주요국가의 비육돈 지육 kg당 생산비는 사료비, 인건비, 건물감가상각비를 포함한 고정비, 기타 변동비의 4개 항목으로 구분하여 비교한 결과 EU회원국의 평균 지육 kg당 생산비는 1.66유로(2,300원, 1유로=1,386원, 2014년 평균 환율)이었고 '13년의 1.83유로보다 9.3% 낮아졌음. EU에서 가장 낮은 생산비를 보인 국가는 스페인으로 1.47유로(2,037원)였고 그 다음은 덴마크의 1.53유로(2,120원)였음. 한편 미국은 1.20유로(1,663원)였으나 북부 브라질이 1.02유로(1,413원)로 모든 비교 국가 중 생산비가 가장 낮았음.
- 유럽 각국의 연도별 생산비 추세는 곡물가격 급등했었던 2008년이후 2009년에는 일시 생

산비가 낮아졌으나 2013년까지 매년 상승세를 보였음. '14년 유럽의 14년의 생산비가 전년보다 13%나 낮아진 것은 유럽 각국의 사료비가 낮아졌기 때문임

- '14년 국내 비육돈 생산비는 지육 kg 당 3,641원(2.62유로)으로 유럽 평균보다 158%(1.58배) 미국보다는 220%(2.2배), 브라질보다는 260%(2.6배) 더 높았음.



[그림 1-3] '14년 주요국가의 비육돈 지육 kg당 생산비비교

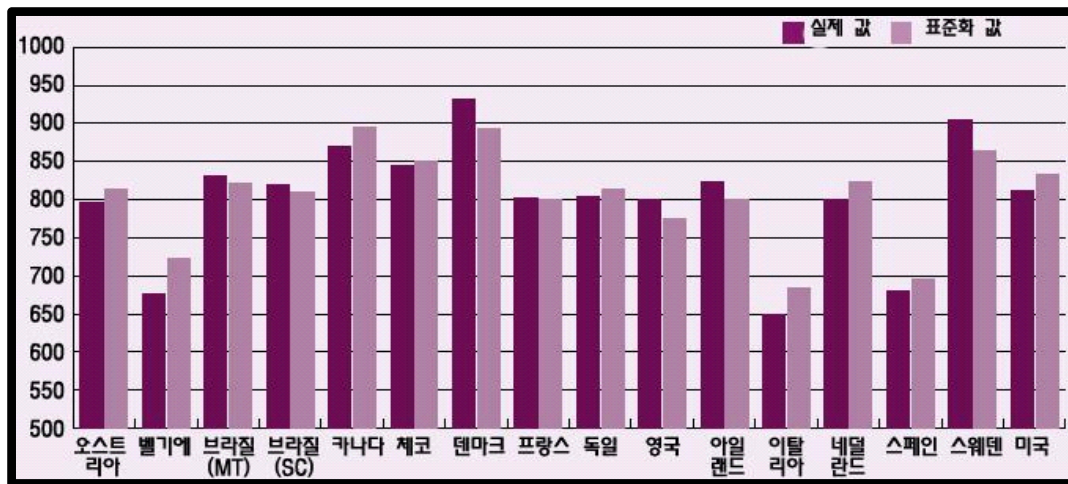
- 유럽 각국의 번식 성적 요인을 분석해보면 덴마크가 연간 출하두수가 가장 많았으나 두당 출하체중이 166kg인 이탈리아와 129kg인 미국의 모든 두당 연간 출하생체중이 각각 4,727kg, 3,674kg으로 가장 매출액이 높았음

[표 1-3] '14년 주요국가의 번식 성적

| 국가 | 모든 두당 연간 이유두수(두) | 연간 모든 두당 판매두수(두) | 연간 모돈회전율 | 출하 생체중(kg) | 모든두당 연간 출하생체중(kg) |
|------|---------------------|---------------------|-------------|---------------|----------------------|
| 덴마크 | 30.46 | 28.48 | 2.26 | 111 | 3,161 |
| 네덜란드 | 29.18 | 27.79 | 2.37 | 119 | 3,389 |
| 벨기에 | 27.81 | 25.99 | 2.32 | 113 | 3,218 |
| 독일 | 27.36 | 26.09 | 2.32 | 121 | 3,446 |
| 프랑스 | 27.35 | 25.74 | 2.35 | 118 | 3,360 |
| EU평균 | 26.53 | 25.13 | 2.30 | 119 | 3,389 |
| 캐나다 | 22.73 | 21.50 | 2.27 | 124 | 3,532 |
| 미국 | 24.57 | 22.44 | 2.37 | 129 | 3,674 |

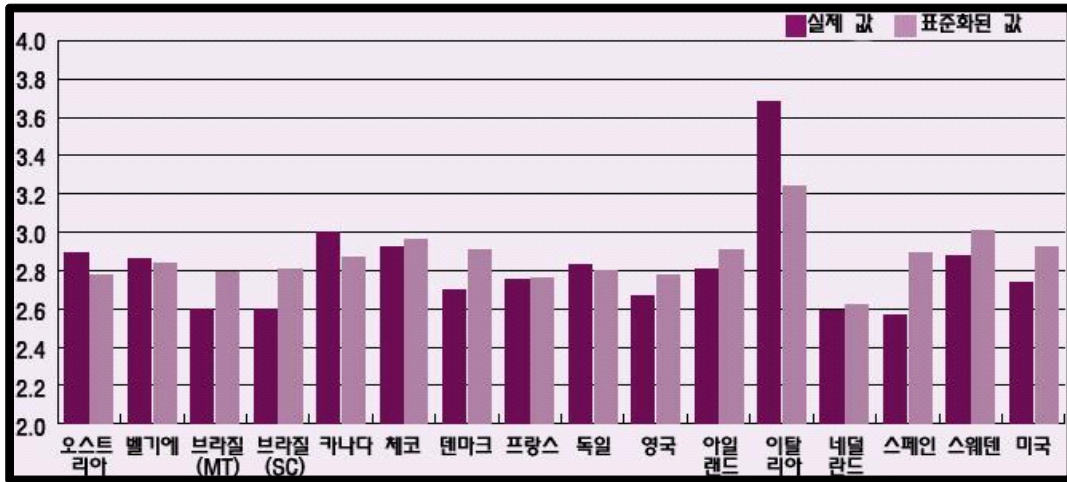
[자료 : AHDB, 2014]

- 세계 주요국가의 '14년 비육돈(30kg~출하체중) 일당증체량을 비교한 결과 덴마크가 931g으로 가장 높았고, 이탈리아가 650g으로 가장 낮았음. 표준화 일당증체량(각국의 데이터를 자돈사 입식 체중 8kg, 전출체중 30kg, 출하체중 120kg으로 표준화해서 조정)의 경우 캐나다와 덴마크의 일당증체량이 890g으로 가장 우수하였고, 상위그룹은 830g이상 대, 하위그룹은 600g대로 약 35%의 격차를 보였음

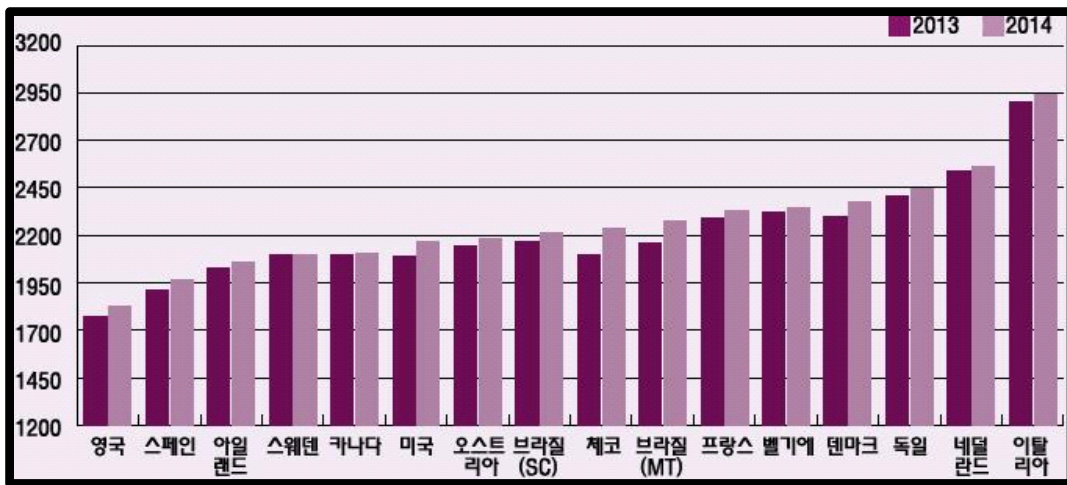


[그림 1-4] '14년 주요국가의 실제 및 표준화된 비육돈 일당증체량(g)
(각국의 데이터를 자돈사 입식체중 8kg, 전출체중 30kg, 출하체중 120kg으로 표준화해서 조정)

- '14년 세계 주요국가의 비육돈 사료요구율을 비교한 결과 네덜란드의 사료요구율이 2.60으로 가장 우수하였고, 덴마크는 실체는 2.70이었으나 표준화시 2.90이었음. 출하체중이 166kg인 이탈리아의 표준화 사료요구율 3.23을 제외하고는 유럽 각국의 표준화 사료요구율은 차이가 크게 줄었음



[그림 1-5] '14년 주요국가별 비육돈 사료요구율



[그림 1-6] '14년 주요국가별 연간 모든 두당 지육 생산량(kg)

- '14년 세계 주요국가의 평균 모든 두당 연간 지육 생산량(kg)은 2,281kg으로 전년 2,234kg보다 2.1% 증가하였음. 주요 국가별 비육돈 이탈리아가 2,942kg으로 가장 높은 생산성을 보였고, 그 뒤를 네덜란드, 독일, 덴마크가 각각 2,565kg, 2,444kg, 2,378kg이었음. 반면에 하위그룹인 영국, 스페인, 아일랜드는 각각 1,823kg, 1,969kg, 2,061kg이었음

나. 국내 양돈산업 현황

- 2014년 양돈생산액은 6조 6,150억원으로 축산업 생산액(18조 7,820억원)의 35.2%, 농업 생산액(44조 9,170억원)의 14.7%를 차지하였음. 국내 연도별 돼지사육두수는 육류의 소비량 확대 및 전업화·규모화 진전에 따라 국내 돼지사육두수와 농가당 평균사육두수는 지속적으로 증가하고 있는 추세임



[그림 1-7] 국내 연도별 돼지사육두수 및 사육호수

[자료 : 농림축산식품부 주요통계]

- 국내 돼지고기 수급동향은 국민소득의 증가에 따라 1인당 돼지고기 소비량은 '10년부터 '15년까지 연평균 4.3%증가하였지만 국내산 돼지고기 자급율은 '10년 80.9%에서 점차 감소하여 '15년 69.8%이었음

[표 1-4] 연도별 돼지고기 수급동향(단위 : 천톤, kg)

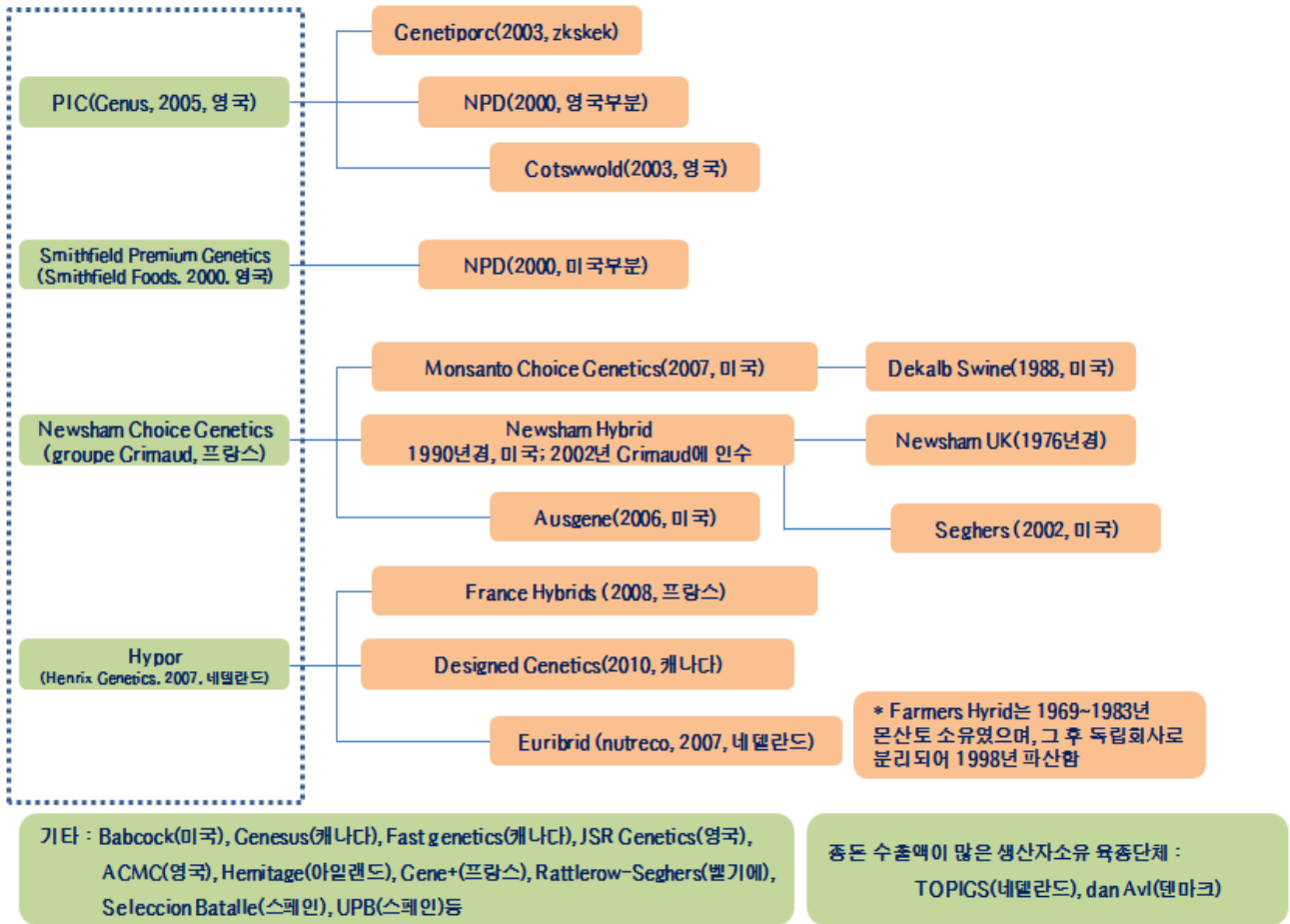
| 구분 | | '10 | '11 | '12 | '13 | '14 | '15 |
|--------|------|-------|-------|---------|---------|---------|---------|
| 공급 | 전년이월 | 48.0 | 47.5 | 55.2 | 120.0 | 107.7 | 91.2 |
| | 생산 | 761.0 | 578.6 | 749.7 | 853.8 | 830.0 | 841.5 |
| | 수입 | 179.5 | 374.0 | 275.2 | 185.0 | 273.9 | 357.9 |
| | 소계 | 988.6 | 993.5 | 1,080.1 | 1,158.8 | 1,211.8 | 1,290.6 |
| 수요 | 소비 | 940.6 | 937.8 | 958.8 | 1,049.3 | 1,118.8 | 1,204.8 |
| | 수출 | 0.5 | 0.5 | 1.3 | 1.8 | 1.8 | 2.0 |
| | 차년이월 | 47.5 | 55.2 | 120.0 | 107.7 | 91.2 | 83.8 |
| | 소계 | 988.6 | 993.5 | 1,080.1 | 1,158.8 | 1,211.8 | 1,290.6 |
| 1인당소비량 | | 19.2 | 18.8 | 19.2 | 20.9 | 21.8 | 23.7 |
| 자급률(%) | | 80.9 | 61.7 | 78.2 | 81.4 | 74.1 | 69.8 |

[자료: 농림축산식품부 주요통계]

다. 세계 종돈산업 현황

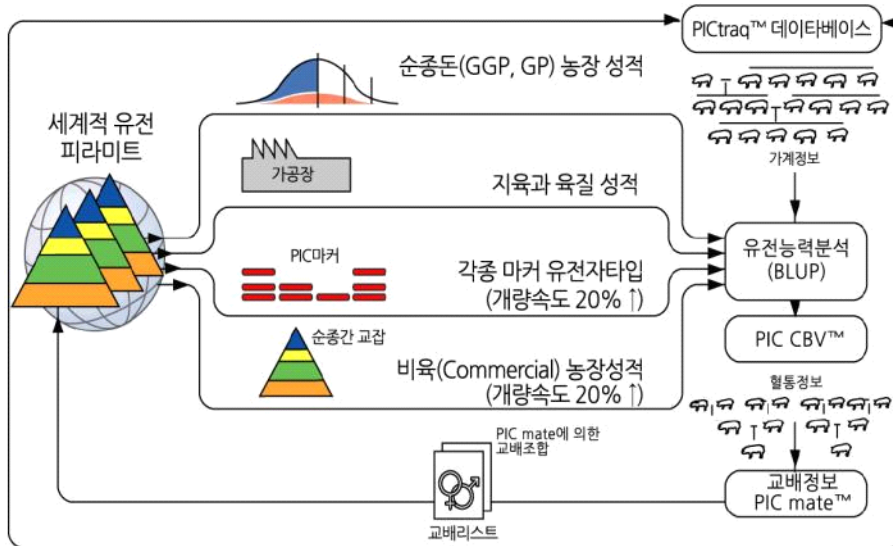
- 전세계적으로 돼지 육종회사는 자국내의 순종등록기관을 통해 순종을 품종등록하고, 지속적으로 육종개량을 통해 실용돈군의(commercial herd)의 유전적 개량을 추진하고 있음. 또한 **대규모 또는 소규모 육종회사끼리 인수·합병을 통해 개량을 위한 유전적 기반을 확대시키면서 유전적 개량속도를 극대화 하고 있음.** 전세계적으로 종돈 전문회사들의 종돈에 대한 지적 재산권의 강화로 인해 **종돈 개량에 투입한 비용 회수뿐만 아니라 그 종돈의 자손(유전자를 포함한 모든 물질 : 정액, 수정란 등)까지 로열티를 적용하고 있음**

○ 세계 종돈 시장은 메이저 육종회사 5곳(PIC, 영국; Hypor, 네덜란드; PIGS-Online 네덜란드; Monsanto, 미국; Topigs, 네덜란드)이 전세계에서 5대 품종 종돈의 42% 시장 점유하고 있음.



[그림 1-8] 세계 종돈업체의 지난 20여년간의 통합 현황

- PIC : 세계 제1의 종돈생산공급업체는 PIC로 연간 약 2백만두의 종돈(약 4억달러 매출규모, 2007년 기준)을 생산하고 있는 PIC는 북미지역 종돈시장의 30~40%를, 유럽종돈시장의 11%를 차지하고 있으며 약 1,500명의 직원이 일하고 있다. 전 세계 각국 40개 종돈장에 160만두의 모돈을 사육하고 있다. PIC는 Sygen사 소속이며 Sygen사는 2005년에 세계최대 중우생산업체인 영국의 ABS사를 보유한 GENUS그룹에 합병되었음. 전세계 1위 글로벌종돈회사인 PIC는 전 세계의 PIC육종개량농장이 참가한 데이터베이스 「PIGTraqTM」 (피그트랙)에 방대한 데이터를 집약하여 활용하는 것으로 육종개량을 추진하고 있음



[그림 1-9] PIC의 글로벌 종돈 개량 시스템

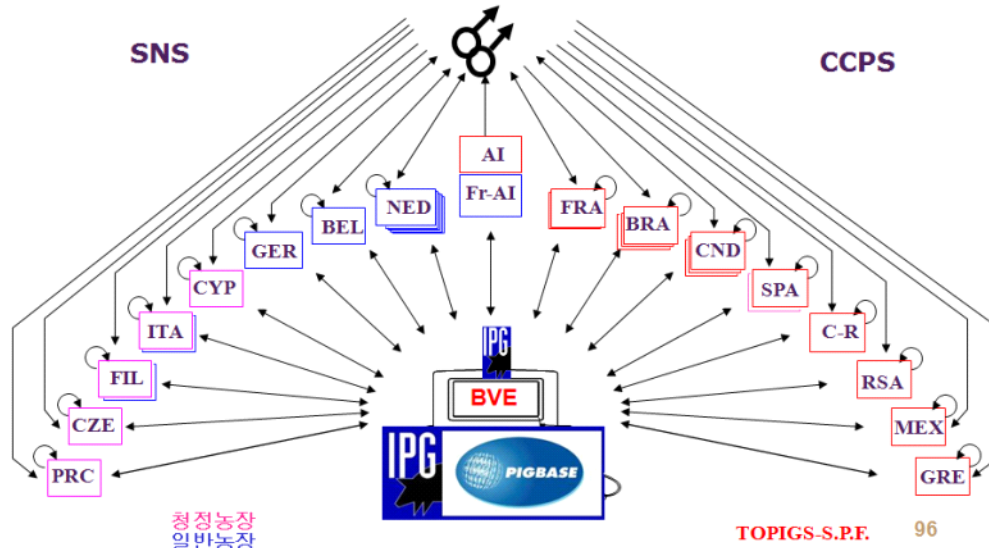
- Hypor : 세계 2위의 종돈회사인 Hypor는 네덜란드 Hendrix그룹의 자회사로 캐나다, 스페인, 벨지움 종돈시장의 20~24%를 차지하고 있으며 네덜란드, 이태리, 독일, 폴란드, 일본, 멕시코, 필리핀 시장에도 진출하였고 약 25,000두의 GGP와 약 100,000두의 GP 순종돈으로 실용돈을 생산해 판매하고 있으며 연 매출액은 2008년 기준 3,500만유로이며 250명의 직원을 고용하고 있음



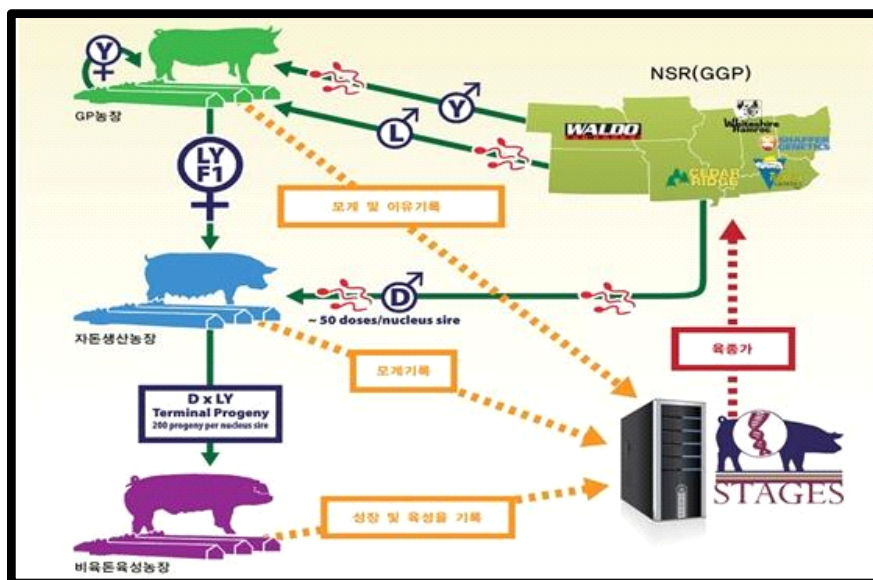
[그림 1-10] Hypor international

- Topigs : 세계 3위의 종돈회사인 Topigs사는 네덜란드의 3천명의 농민회원을 가진 Picture Group Pig Breeders조합이 77.5%의 지분을 가지고 있고 나머지 22.5% 지분은 유럽최대 도축가공업체인 Vion Food Group이 가지고 있음. Topigs사는 2012년 기

준 연간 125만두의 실용종돈을 판매하고 있고 네덜란드 종돈시장의 85%를 차지하고 있으며 직원 400명, 연 매출액 2008년 기준 1억 3백만 유로 규모임. Topigs는 35개국, 950개 육종농장에서 모든 45만두의 자료를 PIGBASE라는 데이터베이스로 주간단위로 수집하여 육종가를 추정하여 각 국가로 피드백하고 있음



[그림 1-11] Topigs 종돈 개량 시스템

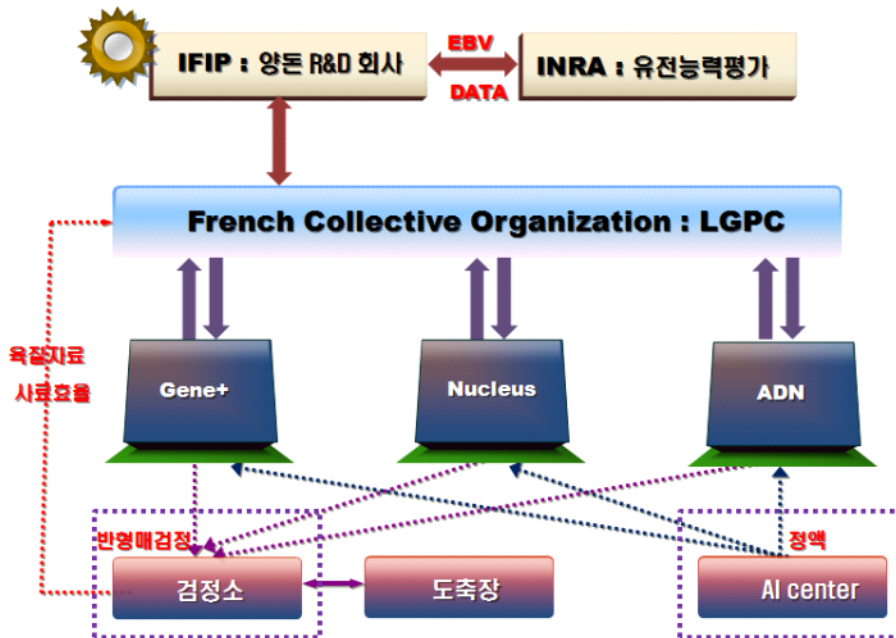


[그림 1-12] 미국의 종돈개량 시스템

- 미국 : 미국에서는 National Swine Registry (NSR)에서는 퍼듀 대학에서 개발한 Swine Testing and Genetic Evaluation System (STAGES)을 운영하며 종돈의 유전 능력을 종돈장과 상업돈 생산자에게 제공하고 있음. STAGES 프로그램에서는 정확한 자료 수집을 통해 얻어진 자료를 BLUP을 이용하여 유전능력 평가를 실시하고 종돈장에 선발 지표로서 제공하고 있음. 약 2백만 건의 능력검정 성적이 Database에 기록되

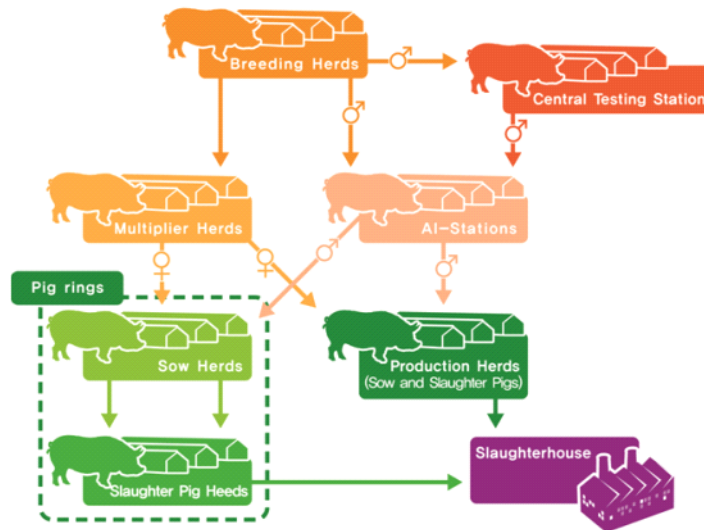
어 있으며 DNA 유전자 분석을 통해 확인된 혈통 성적과 함께 매일 저녁 평가되어 제공됨

- 프랑스 : 프랑스의 종돈개량시스템은 종돈장(Nucleus, Gene+, AND)이 연합하여 네트워크를 통한 유전적 연결성을 확보하였으며, 민간과 정부의 협력을 통해 개량기술을 개발하였음. IFIP(Technical Institute in Pig Production)와 INRA이 연계하여 국가적 종돈개량 프로그램을 운영하고 있음



[그림 1-12] 프랑스의 국가단위 종돈 개량 시스템

- DanBred : 덴마크 국내시장의 90%이상 시장을 점유하고 있는 동사는 전통적인 랜드 레이스, 대요크셔, 두록을 이용한 3품종교배 비육돈 생산방식을 기본으로 종돈을 개량해오고 있음. 2012년 25개 GGP 농장의 원종 9,000두, 125개 GP 농장의 58,000두 순종돈으로 약 1백만 두의 실용돈(암퇘지)을 생산해 국내에 25만두 판매, 해외로 45만두를 수출하고 있음. DanBred는 모든 능력검정자료를 중앙 데이터베이스로 자료를 수집하여 유전능력평가를 실시한 후 육종농가에 공급. 특이한 점은 경제적 가치를 고려하여 육종목표를 양돈생산자들이 결정한다는 점임



[그림 1-13] DanBred 종돈 개량 시스템

라. 국내 종돈산업의 현황

- 국내 종돈장의 경우 사육규모가 작으며 종돈개량시스템이 미흡하여 수입에 의존도가 매우 높음. 과거 미국의 수입에 의존도가 높았지만, 현재에는 캐나다(Genesus사, Alliance사), 프랑스(Nucleus, Gene+, ADN), 덴마크(DanBred)에서 종돈이 수입되고 있음.
- 프랑스나 덴마크등 유럽연합의 경우 종돈가격뿐만 아니라 종돈의 자손(정액, 수정란)까지 비용회수를 위한 로얄티를 책정하여 육종자문이나 교육의 형태로 지불을 하고 있는 실정임. 추후 미국이나 캐나다 등에서도 로얄티 요구의 움직임을 보이고 있음
- 국내 종돈장의 모돈 사육두수가 500여두 미만으로 외국의 종돈장에 비해 작은 규모이며 모돈 두당 검정 두수가 매우 낮고 체계적인 종돈개량 시스템 미흡하여 종돈 수입 의존도가 높음. 그에 반해 덴마크의 경우 30개의 GGP 농장에서 13,000두의 모돈을 보유(농장당 평균 430두 모돈 보유)하고 있으며, 농장 간에 유전자를 공유하는 open system을 운영하여 유전적 개량을 극대화 시키고 있음

[표 1-5] 국내 주요 종돈장의 사육두수, 등록 및 능력검정현황(단위 : 두)

| 종돈장명 | 모든 사육두수 | 종돈 분양두수 | 자돈 등기두수 | 능력 검정두수 | 모든두당 능력검정두수 |
|------|---------|---------|---------|---------|-------------|
| 가야 | 540 | 1,431 | 1,230 | 3,651 | 6.8 |
| 금보 | 300 | 397 | | 1,329 | 4.4 |
| 농협 | 530 | 233 | 1,888 | 5,560 | 10.5 |
| 다비 | 1,300 | 1,490 | 1,181 | 5,820 | 4.5 |
| 선진 | 560 | 2,055 | 1,461 | 4,240 | 7.6 |

[자료 : 대한한돈협회, 2013]

- 국내 종돈 수요두수는 매년 20천두이고 이중 1~2천 두(5~10%)를 수입에 의존하고 있음. 국내에 수출하는 업체의 경우 종돈가격 뿐만 아니라 그 종돈의 자손(정액, 수정란) 까지 비용 회수를 요구하고 있는 실정임. 종돈 수출업체의 영업기밀로 정확한 로열티 추산은 어려우나 업체별로 1~5억 원의 로열티를 지불하는 것으로 추정되는데, 로열티는 육 종자문이나 교육 등의 형태로 지급되고 있음

[표 1-6] 국내에 연도별 수출국가별 종돈 수입 두수(단위 : 두)

| 구 분 | '09 | '10 | '11 | '12 | '13 | '14 | '15 |
|--------|-----|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 미 국 | 303 | 366 | 2,992 | 404 | 905 | 247 | 429 |
| 캐나다 | 532 | 633 | 4,179 | 2,099 | 763 | 1,085 | 1,054 |
| 덴마크 | - | 46 | - | 92 | - | 32 | 140 |
| 프랑스 | 90 | 334 | - | - | 483 | 219 | 253 |
| 계 (두수) | 944 | 1,379 | 7,171 | 4,744 | 2,065 | 1,525 | 1,873 |

※ 11~12년도 구제역 여파

[표 1-7] 국내 연도별 종돈 수요대비 수입두수(단위 : 두)

| 구 분 | '09 | '10 | '11 | '12 | '13 | '14 | '15 |
|---------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| 모든두수(두) | 60,000 | 60,000 | 60,000 | 60,000 | 60,000 | 60,000 | 60,000 |
| *수요량(두) | 18,000 | 18,000 | 18,000 | 18,000 | 18,000 | 18,000 | 18,000 |
| 수입량(두) | 944 | 1,379 | 7,171 | 4,744 | 2,065 | 1,525 | 1,873 |
| 수입비율(%) | 5.2 | 7.7 | 39.8 | 26.4 | 11.5 | 8.5 | 10.4 |

※ 추정두수임.

- 반면에 우리나라의 종돈수출은 '87년 일본수출을 시작으로 주로 동남아시아 국가에 한 하여 추진되었으나, 최근 구제역 발생으로 인하여 수출이 중단된 2008년까지 3,900여두 약 20억 정도의 수출실적을 보여 종돈수출입의 역조현상이 심각한 상황임

[표 1-8] 연도별, 국가별 돼지(중돈) 수출현황

| 구분 | 수출국 | 순중(두) | F1(두) | 계(두) | 금액(천\$) | 비고 |
|-----------|-----------------|-------|-------|-------|---------|--------|
| 1987~1994 | 일본 | 72 | - | 72 | - | |
| 1996 | 일본 | - | 180 | 180 | 351 | |
| 1998 | 홍콩, 말레이시아 | 127 | 1,316 | 1,443 | 440 | |
| 1999 | 필리핀, 홍콩 | 159 | 166 | 325 | 109 | |
| 2000 | 필리핀, 홍콩 | 114 | 200 | 314 | 59 | F1 금액 |
| 2001 | 말레이시아, 필리핀, 베트남 | 282 | 0 | 282 | 175 | |
| 2002 | 말레이시아 | 34 | 0 | 34 | - | |
| 2005 | 필리핀, 베트남, 북한 | 751 | 112 | 863 | 675 | |
| 2008 | 태국, 캄보디아 | 79 | 300 | 379 | 72 | |
| 계 | - | 1,618 | 2,274 | 3,892 | 1,881 | 약20.4억 |

참조 : 1. 한국중축개량협회(수출입신고기관) 제공
 2. 미신고 수출물량 : 싱가포르 256두('05~'10) , 북한 744두('05~'07)

○ 대부분의 양돈 선진국은 양돈산업에서 가장 효율적인 피라미드 조직체계를 구성하고 있지만, 국내 중돈장의 경우 순중돈 생산 중돈장(GGP)와 1대 교잡종 생산 중돈장(GP)의 역할분담이 명확하지 않고 혼재되어 있어 개량효율이 떨어짐. 그러므로 중돈장 전문화 사업의 진행을 통해 전문적인 중돈장 확대가 필요

[표 1-9] GGP-GP간 구분과 연계가 안 되는 비효율적 육종피라미드

| 생산단계 | GGP | GP | GGP+GP | GP+PS | 연간비육돈 |
|--------|-------|--------|--------|-------|----------|
| 농장수(A) | 15 | 50 | 57 | 17 | |
| 모돈수(B) | 5,690 | 34,532 | 23,186 | 2,968 | 13,850천두 |
| B/A | 379 | 690 | 406 | 174 | |

[표 1-10] 국내 대표 종돈장별 육종프로그램 체크리스트 및 현황

| 구분 | A-종돈장 | N-종돈장 | S-종돈장 | D-종돈장 | K-종돈장 |
|-------------------------|-------|----------|--------|----------|----------|
| 가. 순종돈 보유 | DD | YY,LL,DD | YY, LL | YY,LL,DD | YY,LL,DD |
| 품종별 각 50두 이상 | O | O | O | O | O |
| 나. 육종 프로그램 | | | | | |
| (1) 계통교배 | O | O | O | X | O |
| (2) 근친도 분석교배 | X | X | O | O | X(종개협) |
| (3) 농장별 육종가 선발 | O | O | O | O | O(종개협) |
| ① 산육검정 | O | O | O | O | O |
| ② 번식검정 | O | O | O | O | O |
| ③ 농장 유전모수 산출 | O | O | O | O | O |
| ④ 육종가 선발지수 | X | O | X | O | O(종개협) |
| ⑤ 외모 스코어심사 | O | O | O | O | O |
| 다. 농장전산시스템 | | | | | |
| (1) GGP 종돈개체별 기록 | O | O | O | O | O |
| (2) 농장단계별 기록 | O | O | O | O | O |
| (3) 순종돈 종축개량협회 | O | O | O | O | O |
| 라. 유전개량 속도향상을 위한 신기술 적용 | | | | | |
| (1) 유전자 마커이용 | X | O | X | X | X |
| (2) GP농장 성적이용 | X | O | X | X | X |
| (3) PS농장 성적이용 | X | X | X | X | X |
| (4) 유전체 정보이용 | X | X | △(분석중) | X | X |

[표 1-11] 국내 대표 종돈장별 유전능력 평가 시스템 조건 및 현황

| 구분 | A-종돈장 | N-종돈장 | S-종돈장 | D-종돈장 | K-종돈장 |
|--------------------------------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 가. GGP 육종 기본 조건 구비 | △ | O | O | O | O |
| 나. 핵돈 AI센터, 도입종돈 보유 | O | O | O | O | O |
| 다. 농장 간 순종돈 개체 ID 통일 시스템 | X | X | X | X | X |
| 라. 각 경제형질 측정 방법 통일 | X | X | X | X | X |
| 마. 농장 전산관리 프로그램 통일, 기록 출력양식 통일 | X | X | X | X | X |
| 바. 후보돈 산육 검정 방법 통일 | O | O | O | O | O |
| 사. 최우수 종돈 활용방안 합의 | X | X | X | X | X |

3. 기술적 측면

○ 국내 돼지생산량은 지난 30년 동안 크게 증가하였고, 또한 국내 돼지의 유전적 개량을 위해 많은 돼지품종과 라인이 여러 양돈국가로부터 국내에 도입되어 왔음. 도입된 여러 돼지 품종 및 라인들이 국내에서 지속적인 개량수단으로 활용되지 못한 것은 돼지 개량체계의 전문성이 부족하였고, 개량방향 설정의 중요성을 인식하지 못한데 기인함. GSP참여종돈장의 경제형질에 대한 목표는 산자수 등 번식성적과 일당 증체중 등 산육성적이 최소한 수입종돈과 동일한 수준이거나 격차가 난다면 따라잡는 계획과 기간을 설정해 외국산 종돈과 동일한 수준을 갖추어야 할 것임.

○ 2013년 기준 덴마크와 한국의 양돈 생산성을 비교해 보면 번식형질에서 현격한 차이를 보이고 있다. 영국 BPEX(돈육생산관련 단체) 발표 복당 총산자수는 덴마크가 16.0두인 반면 한돈협회 발표 2013년 전산기록 농가의 평균은 12.0두, 실산자수 차이는 15.4두와 11.1두, 복당 이유두수는 13.3두와 10.0두, 모돈 두당 연간 이유두수(PSY)는 30.3두와 21.2두, 모돈 두당 연간 출하두수(MSY)는 28.1두와 17.6두로 한국의 생산성은 덴마크의 62.6%로 약 16년간의 격차를 보이고 있음

[표 1-12] 덴마크와 한국의 생산성 차이(2013년)

| 번식형질 | 덴마크(A) | 한국(B) | 연간 개량도* | A-B(년) |
|--------------------------|--------|-------|---------|--------|
| 복당 총산자수(두) | 16.0 | 12.0 | 0.3 | 13.3년 |
| 복당 실산자수(두) | 15.4 | 11.5 | 0.3 | 13.0년 |
| 복당 이유두수(두) | 13.3 | 10.0 | 0.3 | 11.0년 |
| 모돈 두당 연간 이유두수(PSY)(두) | 30.0 | 21.2 | 0.6 | 14.7년 |
| 모돈 두당 연간 출하두수(MSY)(두) | 28.1 | 17.6 | 0.6 | 17.5년 |

※ 연간 개량도는 국가적 개량시스템을 갖춘 덴마크의 실적임 [자료: 영국 BPEX, 한돈협회, 2014]

○ 국내 종돈의 사료요구율은 덴마크, 네덜란드 돼지의 사료요구율에 비해 10% 이상 낮았음. 사료요구율을 0.1 개량시 사료비의 3.2%(두당 7천원)를 절감할 수 있으므로 생산비에서 매우 중요한 형질이고 할 수 있음. 사료요구율 측정은 대한한돈협회 검정소를 통해 이루어지고 있으나, 복당 2두 검정에 의한 측정으로 신뢰도가 떨어지며 종돈개량용으로 활용이 미흡함. 그러므로 농장검정에서도 사료요구율 측정이 가능토록 하며, 검정소의 경우 기존 사료요구율 측정이 필요함

[표 1-13] 우리나라 및 주요국가의 사료요구율 비교

| 항 목 | 덴마크 | 네덜란드 | 한국 |
|--------------|-----------------------------|----------------------------|----------------------------|
| 사료요구율 | 2.83 | 2.73 | 3.16 |
| 사료비 | 186천원 (2.83×110kg×600원) | 180천원 (2.73×110kg×600원) | 208천원 (3.16×110kg×600원) |
| 두당 절감액 | 2만원 | 2.8만원 | 0 |
| 덴마크 수준으로 개량시 | (3.16-2.83)×110kg×600원=21천원 | | 두당: 21천원 연간: 2,940억절감 |

* 사료요구율(FCR)=사료섭취량/(실측체중-검정개시체중)
 덴마크: '08년기준, Denmark Annual Report 2009 , 네덜란드: '09년, Agrovision 전산 976개 농장 평균
 한국: '09년 MSY 22두 달성농가, 22개농가, 양돈협회 보고서

[표 1-14] 국내 종돈장의 사료요구율측정기 사용 현황

| 농 장 | | 대수 | 제조사 | 사용여부 | 비고 |
|-----|------|----|-----|---|---|
| 금보 | 금보 | 6 | 아세모 | 수리중 | 저울 및 출입문 제거 등 setting |
| 농협 | 불갑 | 7 | 아세모 | 테스트 중 | 오작동 수리 완료 및 테스트 중 |
| | | 2 | 오스본 | | |
| | | 1 | 하이스 | | |
| 다비 | 성진 | 9 | 아세모 | ○ | |
| | 대덕 | 12 | 아세모 | ○ | |
| | | 2 | 아세모 | ○ | 9월부터 사용 |
| | | 2 | 오스본 | 수리중 | 메인보드 수리 후 사용 |
| 선진 | 태안 | 30 | 아세모 | 12월 사용 개시 | 2016.8 분만 개시 |
| | 선진육종 | 4 | 오스본 | 수리중 | |
| 신청봉 | 신청봉 | 1 | 아세모 | 수리중 | |
| 합 계 | | 76 | | - 아세모 : 67대 - 오스본 : 8대 - 하이스 : 1대 | -사용 중 : 63대 (16년 12월 사용 포함) -수리 후 사용 가능 : 9대 -폐기 예정 : 4대 |

- 측정기 사용 대책 : 현장 담당자들의 원활한 작동을 위한 그림 위주로 매뉴얼 보강하였고, 각 농장 방문 교육은 방역 및 일정 상 어려움이 있어 공급사에 보유하고 있는 측정기 활용 한 집체 교육(동아지엔이/12월중순)

4. 정책적 측면

○ 정부에서는 체계적인 가축개량 추진을 통한 축산물의 생산성 및 품질 향상을 위해 축산법에 근거하여 중장기 가축개량목표를 설정하여 고시하고 있음(축산법 제 5조 제 1항). 생산성 향상을 위해 시설지원, 농가컨설팅 및 우수 씨돼지 공급관련 정책을 마련하였고, 국내 종돈장의 질별정정화를 위해 가축전염병 예방법, 종돈장 방역실시요령 및 위생 방역관리 우수종돈장 인증을 실시하고 있으며, 돼지의 거래단계별 정보를 기록·관리, 질병 등 문제발생시 신속히 조치하기 위한 농장단위 돼지이력제를 도입하여 운영하고 있음

- 우리나라 양돈 농가들의 MSY 수준을 22두 이상으로 향상시키지 못할 경우 유럽, 미국 등에 비해 경쟁력이 떨어지므로, 종돈개량을 통한 생산성 향상이 최선의 방법으로 평가되고 있음

[표 1-15] 2020년 가축(종돈)개량목표 (2013년 개정)

| 구분 | '10 | | '15 | | '20 | | 년간개량량 | |
|------------|------|------|------|------|------|------|-------|-------|
| | L | Y | L | Y | L | Y | L | Y |
| 총산자수 | 11.5 | 12.0 | 11.8 | 12.6 | 12.1 | 13.2 | 0.06 | 0.12 |
| 생존산자수 | 10.4 | 10.5 | 10.6 | 11.0 | 10.9 | 11.5 | 0.05 | 0.10 |
| 사료요구율 | 2.43 | 2.42 | 2.38 | 2.37 | 2.32 | 2.19 | △0.01 | △0.01 |
| 근내지방도(4이상) | 12.0 | | 14.5 | | 17.0 | | 0.5 | |

5. 시장적 측면

- 국내 종돈산업의 기반이 무너지면 한돈산업 전반에 부정적인 효과를 미칠 것으로 예상되는바 이러한 문제를 해결하기 위해 국내 우수유전자원의 공유로 국내종돈장간 혈연 연결을 통한 개량돈군 규모 확대가 시급함. 위생도를 향상시킨 핵군AI센터를 활용하여 질병위생도에 대한 불안감 해소 및 상호신뢰 할 수 있는 우수유전자원 공유로 국내종돈의 대외경쟁력 강화가 필요함

- 국내 돼지고기의 가격경쟁력을 결정짓는 주요 요인은 생산성과 생산비임. 그러므로 생산성과 생산비를 고려한 경제형질의 개량에 박차를 가하고 또한 개량돈군의 규모를 확대하여 선발강도를 증가시킴으로서 유전적 개량량을 극대화할 필요가 있음
 - 연도별 생산성 (MSY) : (' 12) 16.7두 → (' 13) 18.0 → (' 14) 18.6 → (' 15) 18.3
 - 연도별 생산비 : (' 11) 302천원/두 → (' 12) 294 → (' 13) 290 → (' 14) 276
- 동물사료는 연간 1,600만 톤이 생산되고 있고, 이 중 90%이상의 사료 원료를 수입에 의존하고 있으며 바이오 연료 생산 확대 및 급성장하는 개발도상국(인도, 중국 등)의 육류 소비량 증가 등에 의해 향후 10년 이내 사료 원료 가격이 40% 이상 상승할 것으로 예상되고 있음(OECD 보고서)
 - 최근 7년간 국내 양돈배합사료의 가격은 두 배 이상(104%) 증가하였으며 이와 같은 인상폭은 앞으로 더욱 심화될 것으로 예상됨

- 비육돈 생산비 중 사료비는 53% 내외를 차지하고 있으나, 사료요구율 개선을 위한 개량은 극히 미비한 실정

6. 환경적 측면

- 기후온난화로 인해 변화하고 있는 환경에 적합한 종돈개량이 매우 시급하고, 전세계적으로 질병발생의 위험에 대처할 수 있는 강건성이 강한 종돈개발이 필요함. 또한 최종소비자의 위생 및 안전성에 대한 관심 증대로 인해 건강하면서 소비자의 기호에 적합한 종돈개량이 필요함

- FMD(구제역) 발생 이후 위생, 안전성 및 건강에 대한 소비자 관심 증대
 - 소비자의 건강 및 기호성 변화에 따른 과지방 형성이 적은 돼지고기 생산 필요
- 미국, 유럽 등 양돈 선진국을 중심으로 고온기 가축의 생산성 유지를 위한 다방면의 연구가 지속적으로 추진되고 있음.
 - 우리나라의 지난 36년간('73~'08) 평균기온은 0.99℃ 상승(11.9℃→12.89)
 - * 지역별 온도 상승 : 도시(1.23℃) > 농촌(0.81℃) > 산촌(0.63℃)
 - 가축의 고온에 대한 저항성은 유전적인 특성과 연관성이 높아 0.80 정도 정의 상관성이 있는 것으로 보고함(2004. S. Oseni, Greece)
 - 우리나라 환경에 적합한 한국종돈의 개량이 시급함
- 동남아 및 중국 등 종돈 수출 대상국에 맞는 고온 스트레스 적응 등의 환경 적응성 종돈 수출을 위한 기술 개발 필요성 대두

제 3 절 연구개발 범위

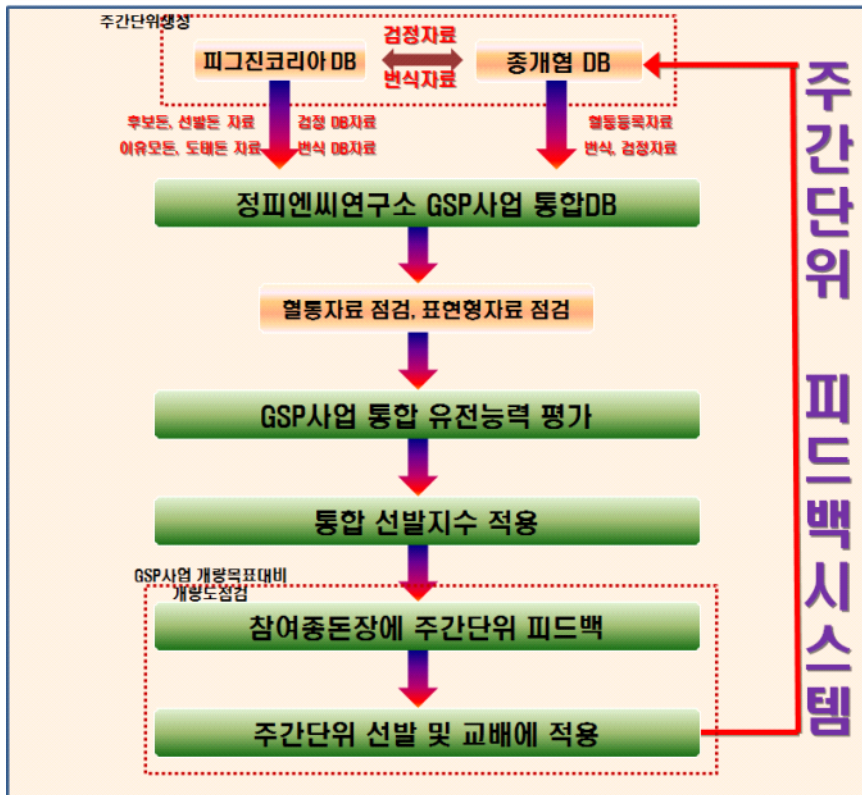
1. GSP 종돈개발을 위한 육종 전략 수립

- GSP참여종돈장 모니터링 및 선발강도 극대화를 위한 육종전략 수립
- 신규 검정항목 발굴·적용을 위한 검증 및 정책자료 제시

2. GSP참여종돈장 통합 유전능력평가 시스템 구축 및 활용

- GSP사업 참여종돈장 전산관리프로그램, 한국종축개량협회 DB를 통합한 데이터베이스구축

GSP사업 주간단위 유전능력평가 시스템 및 모니터링



- GGP농장 출생자돈 전 두수개체관리 기록 전산관리, 개체번호, 부모 개체번호, 출생년월일, 품종, 라인, 종개협 등록번호, 농장관리 단계별 전산기록 관리, 번식돈-교배, 분만 이유, 자돈, 육성돈 종돈-검정종료체중, 등지방두께 등, 검정기록 전산관리, 번식자료, 순종돈의 종축개량협회 혈통 등록자료

○ GSP 통합유전능력평가를 위한 모델 개발

- 유전능력평가는 다형질 개체모형(multiple traits animal model)을 활용하여 분석을 실시하였으며, 유전능력평가 분석프로그램 ASReml ver 4.0을 활용하여 분석을 실시하였다.

$$y = X\beta + Zu + e$$

여기서, y 는 형질에 대한 측정치, X 는 고정효과(농장, 연도 및 계절, 성별, 산차)의 행렬, Z 는 임의효과(동복효과, 개체육중가)의 행렬 및 e 는 임의 오차이다.

○ GSP사업 참여종돈장 통합 유전능력평가 평가(ASReml ver 4.0)

- 부계(두록) 참여종돈장 통합 유전능력평가 시스템
 - 유전모수(유전력, 유전분산, 유전상관)추정
- 모계(랜드레이스, 요크셔) 참여종돈장 통합 유전능력평가 시스템
 - 유전모수(유전력, 유전분산, 유전상관)추정

○ GSP사업 참여종돈장의 혈연 연결도(Connecteness) 분석

- Kenney 와 Trus(1993)는 혈연 관계 정도를 측정하는 기준으로 Connetedness Rate(CR)를 제안 했음. 현재 캐나다 CCSI는 CR을 사용하고 있음.

$$CR = \frac{Cov(h_1, h_2)}{\sqrt{Var(h_1) Var(h_2)}}$$

즉, CR은 BLUP Animal Model 육종가의 농장간 공분산(Cov(h1, h2)을 각 농장의 육종가 분산을 곱한 값의 제곱근 값으로 나눈 것임. 그 범위는 0~8로 계산됨.

● 종돈장 간 혈연 연결(Connetedness)을 위한 조건

AI센터 웅돈의 자손을 공유한 종돈장 간에는 혈연관계가 있다고 볼 수 있음.

[표 2- 1] 종돈장 간의 AI센터 웅돈의 자손여부에 따른 혈연관계

| 종돈장 | AI센터 웅돈 | | | |
|-----|---------|---|---|---|
| | A | B | C | D |
| 1 | X | X | - | - |
| 2 | X | X | - | - |
| 3 | - | - | X | X |

(1, 2농장과 3농장 간에는 혈연 연결이 없음)

| 종돈장 | AI센터 웅돈 | | | |
|-----|---------|---|---|---|
| | A | B | C | D |
| 1 | X | X | - | - |
| 2 | - | X | X | - |
| 3 | - | - | X | X |

(1, 2, 3 농장간에는 혈연 연결이 있음)

CR은 유전력이 높을수록 높아지는데 일당 증체중, 등지방두께 등의 산육 형질은 최소한의 CR은 3.0이고 복당 산자수 등 번식형질은 최소한 CR은 1.5이다.

[표 2- 2] 종돈장 간 통합분석을 위한 최소한의 혈연 연결

| AI 웅돈의 각 농장 자손 공유두수 비율 | 혈연 연결 비율 (CR : Connetedness Rate, 0~8) | |
|------------------------|---|------|
| | 산육형질 | 번식형질 |
| 최소 15% | 3.0 | 1.5 |

○ 종돈장 간 혈연 관계(Connetedness)를 높이는 방법 : 한 개의 종돈장은 3두이상의 웅돈을 공유하면서 각 모돈의 자손 10두이상을 검정해야 한다. 통합분석의 정확도를 높이기 위해서는 최소한 CR이 5.0은 되어야 함.

3. 주간단위 선발 및 교배시스템 구축

- 참여종돈장별 또는 통합형 주간 단위 선발 및 교배시스템 구축
- 부계 및 모계 참여종돈장 통합 및 농장별 선발지수 개발 및 산업적 적용
 - 형질별 경제적 가치와 선발 가중치 분석
 - 통합 및 농장별 선발지수개발 및 맞춤형 교배시스템 농장 적용
 - 육종가를 활용한 선발지수 사용
 - 선발지수를 이용한 GGP, GP 구분과 선발
- GSP사업 부계 및 모계 유전적 개량량 분석
 - 분기별 및 년단위 유전적 개량량 제시

4. 분기별 유전적 개량량 분석을 통한 유전적 개량추이 분석 및 점검

- 참여종돈장별 GSP사업 개량목표 대비 유전적 개량량 분석
 - 부계 품종의 유전적 개량량
 - 모계 품종의 유전적 개량량
 - 유전적 교류 방안 검토 및 제시
- GSP사업 개량목표 대비 통합형 유전적 개량량 분석
 - 부계 품종의 유전적 개량량
 - 모계 품종의 유전적 개량량
 - 유전적 교류 방안 검토 및 제시



5. 선발효율 극대화를 위한 생명정보 적용기법 개발 및 적용

- 생명정보 적용기법 적용을 위한 산업용 첨단 분석 프로그램 개발
- 산업용 유전체 분석 프로그램 개발 : single step BLUP

6. 참여종돈장 육종 우수인력 양성을 위한 정기교육프로그램 개발 및 운영

- 검정, 육종, 사양 및 방역관리로 구분하여 교육프로그램 개발 및 운영

7. GSP참여종돈장 유전적 개량량 모니터링 : 축산물품질평가원 자료 연계

- GSP참여종돈장 모계 육생산성(생체중, 도체중, 도체율 등) 분석
- 국내 비육돈 도체자료 수집분석을 통한 개량성과 모니터링

8. GSP 종축사업 발전 방안 제시(축산경제연구원 위탁)

- 정례·수시협의회를 통한 참여업체 요구사항 조사
- 제도·정책·기술적 대안 제시
- 산·학·연 협력모델 구축

9. 우수유전자원 공유 및 참여종돈장간 혈연 연결

- 우수종모돈 선발(능력평가)과 우수 YY, LL 유전자원을 공유한다.
 - 참여종돈장 GGP농장 활용
 - 종모돈 중 GSP solution을 통한 선발을 통해 GSP A.I. 센터 입식
- 정액채취 및 질병검사 진행한다.
 - 질병검사 : 정액포장 → 센터냉장실에 보관 → 시료검사 → PRRS결과표확인
- 동결제조 : 정액 동결 정액 교배 시험 및 보존
- 동결보존 : 두 GSP A.I. 센터
- 동결정액 공급 : 참여종돈장 요청시 동결정액 공급
- 동결정액 시험연구

- 양사 자체 종돈장 동결정액 시험 교배
- 교배후 수태율, 분만율 등 성적평가 실시

제 2 장 국내외 기술개발 현황

제 1 절 해외 선행 연구 사례

1. 돼지 경제형질 가치 연구

가. 돼지 경제형질의 상대적 경제가치 연구 결과

[표 2-1] 돼지경제형질의 상대적 경제가치 연구결과 비교

| | Kennedy (1994) | NSIF(2001) | De Vries(1989) | Anderson and Palmo(1998) | Quinton et.al.(2006) |
|------------|-------------------|------------|----------------|-----------------------------|-------------------------|
| 복당생존산자수 | 100% | 100% | 100% | 100% | |
| 복당총산자수 | | | | | 100% |
| 생시복당체중(kg) | | 7.26 | | | |
| 이유시육성율(%) | | | 12.36 | 13.26 | 14.2 |
| 이유복당체중(kg) | 6.8 | 8.14 | | | |
| 이유산자수 | | 44.44 | | | |
| 일당증체량(g) | | | 1.31 | 1.66 | |

나. 미국의 돼지 경제형질의 유전력과 경제적 가치 비교

[표 2-2] 미국의 돼지 경제형질의 유전력과 경제적 가치 비교

| 경제형질 | 단위 | 유전력 | 표준편차 | 경제적가치 (달러/단위) ^a |
|-------------|------|------|-----------------------------------|-------------------------------|
| 복당실산자수 | (L) | 0.10 | 2.50 | 13.50 |
| 생시복당체중(파운드) | (LB) | 0.29 | 7.20 | 0.45 |
| 21일령체중(파운드) | (W) | 0.15 | 16.0 | 0.50 |
| 21일령산자수 | (NW) | 0.06 | 2.35 | 6.00 |
| 250파운드 일령 | (D) | 0.30 | 13.0 | 0.12 |
| 등지방두께(인치) | (B) | 0.40 | .10 ^b .20 ^c | 15.00 |
| 사료요구율 | (F) | 0.30 | 0.25 | 13.00 |
| 일당증체량(파운드) | (G) | 0.30 | 0.20 | 3.00 |
| 지육정육율(%) | (M) | 0.48 | 1.50 | 1.10 |

^A 경제가치는 단위당 달러(즉, 두, 인치, 파운드)

^B A모드 초음파 측정, ^C B모드 초음파 측정

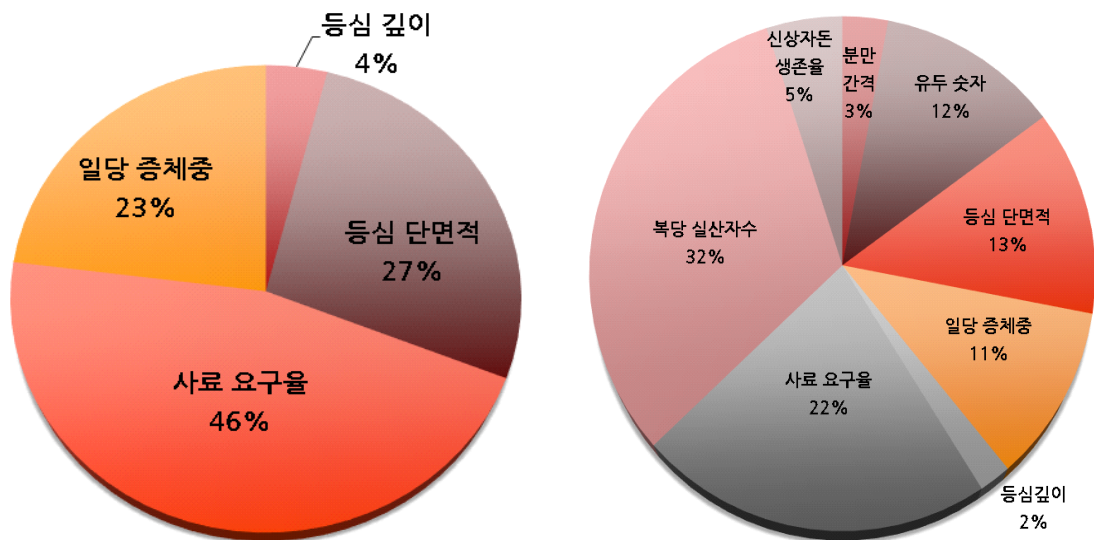
다. 미국의 경제형질간 유전력 및 표현형가의 상관도

[표 2-3] 미국의 경제형질간 유전적 및 표현형가적 상관도

| | 유전적 상관도 | | | | | | | | | |
|--------------|---------|-----|------|------|------|------|------|------|------|-----|
| | L | LB | W | NW | D | B | F | G | M | |
| 표현형가적 상관도 | L | - | 0.63 | 0.12 | 0.88 | 0.2 | 0.0 | 0.2 | - | - |
| | LB | 0.8 | - | 0.69 | 0.67 | 0.43 | 0.4 | - | 0.0 | - |
| | W | 0.0 | 0.66 | - | 0.93 | 0.0 | 0.0 | 0.3 | - | - |
| | NW | 0.6 | 0.7 | 0.86 | - | - | - | - | - | - |
| | D | 0.1 | 0.0 | 0.0 | - | - | 0.2 | 0.65 | - | 0.1 |
| | B | 0.0 | 0.1 | 0.0 | - | 0.18 | - | 0.33 | 0.22 | 0.9 |
| | F | - | - | - | - | 0.6 | 0.25 | - | 0.7 | 0.4 |
| | G | - | 0.2 | - | - | - | 0.2 | 0.4 | - | 0.2 |
| | M | - | - | - | - | 0.1 | 0.7 | 0.3 | 0.1 | - |

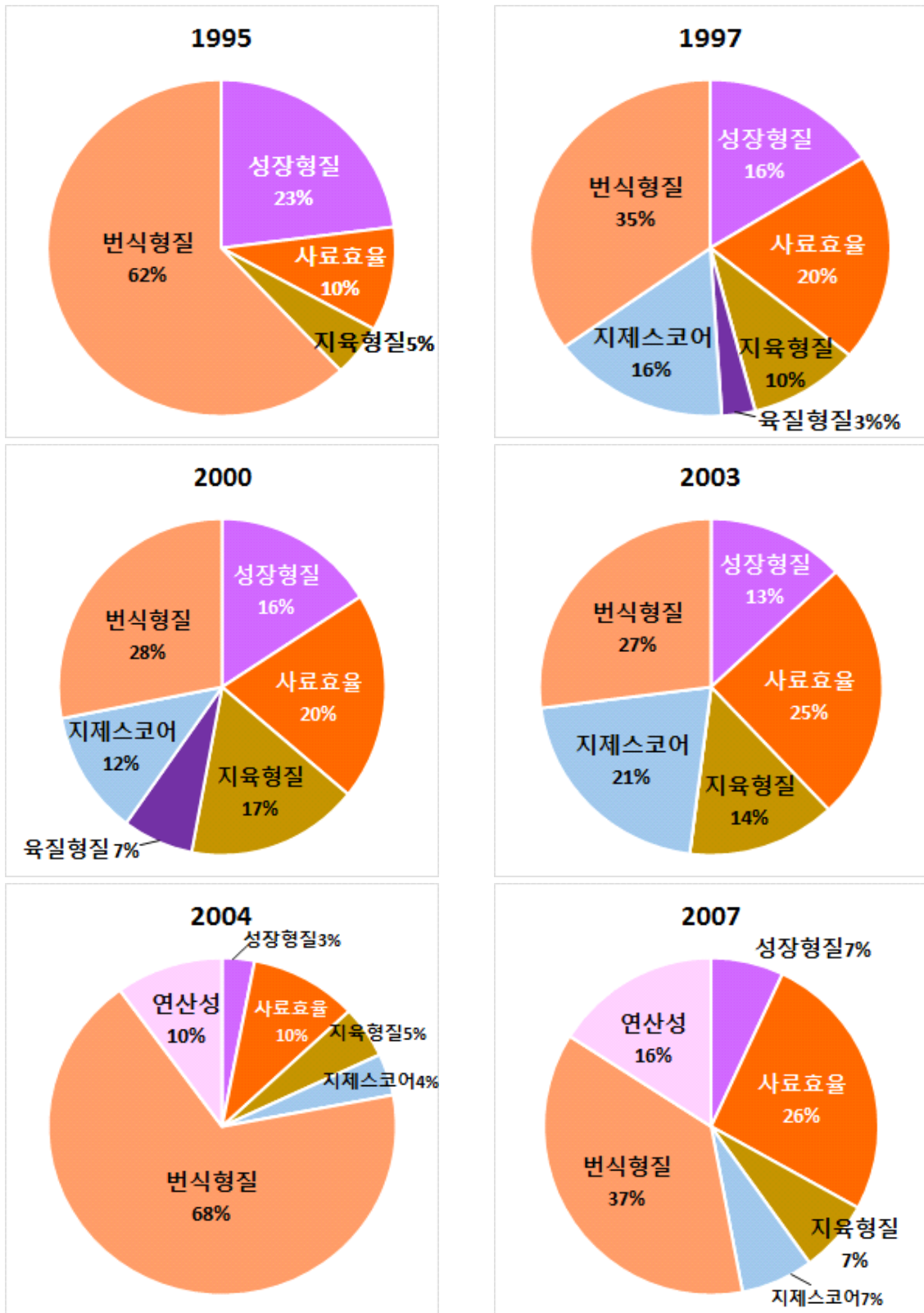
라. 캐나다의 종돈선발지수의 형질별 가중치

○ 최근 캐나다도 종돈 선발지수의 경제형질별 가중치를 변경하였다. 덴마크와 같이 부계, 모계 지수모두 사료효율 형질의 비중을 높였고 특히 모계지수에서는 복당 산자수의 번식형질은 50%로 낮추고 사료효율 등 성장형질 비율을 높였다.

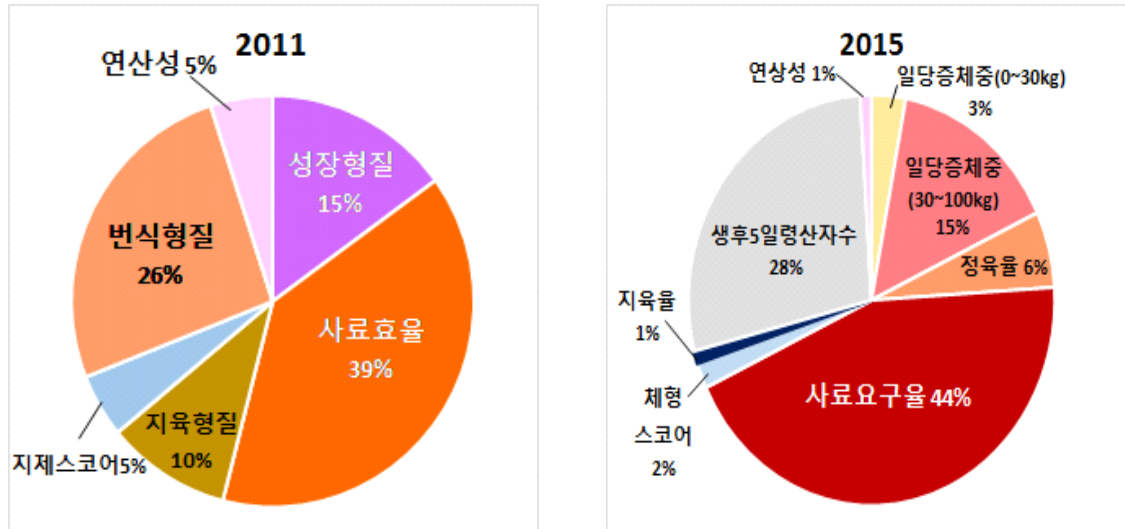


[그림 2-1] 캐나다의 부계 및 모계 선발지수 형질별 가중치(2013)

마. 덴마크의 선발지수 형질별 가중치 변화



[그림 2-2] 덴마크의 연도별 경제형질의 선발지수 가중치 변화



[그림 2-2] 덴마크의 연도별 경제형질의 선별지수 가중치 변화

바. 최근의 덴마크 종돈 개량 추세 및 현황

○ Danish Pig Research Center(SEGES)와 Dan Avl사의 2015년 연간보고서 등을 참조하여 최근 덴마크 순종돈의 유전적 개량도와 경제적 효과 분석 등의 내용을 소개하고자 한다.

(1) 덴마크 종돈의 유전적 개량구조

○ 덴마크 양돈 산업의 2015년 현재 종돈 개량 구조는 45개 핵돈군(GGP) 종돈장(25개업체)의 순종 모돈 6,300두와 150개의 증식돈군(GP)농장의 모돈 60,000두, 비육돈을 생산하는 번식돈군(PS)의 모돈 100만두로 구성되어 있고 연간 3,130만두의 돼지를 생산하고 있다. 검정제도는 중앙 능력검정소의 웅돈 검정과 각 순종농장의 농장검정으로 구분되어 있다. 검정소는 각 종돈장으로부터 출품을 받아서 일당증체량, 정육율, 사료효율, 외모체형 스코어, 도체율을 측정한다. 검정 후 우수한 웅돈은 AI센터로 보내지고 AI센터의 웅돈유전자는 각 순종농장으로 공급하는 시스템이다. 농장검정 목적은 자기 농장내 최우수 유전능력을 지닌 암, 수 후보돈을 선발하기 위함으로 초기(0~30kg) 및 후기 일당증체량(30~100kg), 정육율, 외모체형 스코어, 산자수, 연산성 등을 검정한다. 그러나 검정소와 농장검정의 결과는 통합되어 분석된다.



[그림 2-3] 덴마크의 종돈개량 피라미드 구조(2015년)

(2) 덴마크의 양돈 생산성

- 덴마크의 양돈생산성은 번식형질의 경우 모든 두당 연간 이유두수(PSY)는 매년 상승해 2015년에는 31.26두였고 최고 성적 농장은 40.0두를 넘어섰다. 모든 두당 출하두수(MSY)는 2015년에 29.17두가 되었다. 또한 같은 해 모든 두당 연간 지육 체중은 2,429kg으로 2.4톤을 넘어섰다. 2013년의 덴마크 상위 5개농장 중 최고 성적 농장은 PSY가 38.4두였고 상위 25% 농장 평균은 33.0두였다.

[표 2-4] 덴마크의 연도별 양돈생산성 추세

| | 연도별 생산성 | | |
|-------------------|---------|-------|-------|
| | 2013 | 2014 | 2015 |
| PSY(모든두당 연간이유두수) | 30.00 | 30.46 | 31.26 |
| MSY(모든두당출하두수) | 28.11 | 28.48 | 29.17 |
| 모돈회전율 | 2.25 | 2.26 | 2.27 |
| 자돈사사고율(%) | 2.90 | 2.90 | 3.10 |
| 비육사사고율(%) | 3.50 | 3.70 | 3.70 |
| 비육돈일당증체량(g) | 916 | 931 | 947 |
| 비육돈사료요구율 | 2.68 | 2.70 | 2.67 |
| 출하체중(kg) | 108 | 111 | 110 |
| 도체체중(kg) | 81.8 | 83.5 | 83.3 |
| 모돈두당 연간생산지육체중(kg) | 2299 | 2378 | 2429 |

[자료 : 영국 ADHB, 2016]

[표 2-5] 덴마크의 번식 생산성 상위 5개 농장(2013년)

| 농장 순위 | 랭킹 | | | | | 평균 | 상위 Top 25 % |
|------------|------|------|------|------|------|------|-------------|
| | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | | |
| 연간 모돈당이유두수 | 38.4 | 36.1 | 36.0 | 35.1 | 35.0 | 30.0 | 33.0 |
| 복당생존자돈수 | 18.0 | 17.5 | 16.9 | 17.0 | 16.8 | 15.4 | 16.2 |
| 복당이유자돈수 | 16.1 | 15.5 | 15.6 | 15.2 | 14.8 | 13.3 | 14.4 |
| 이유시체중(kg) | 7.0 | 8.9 | 7.0 | 7.0 | 7.4 | 7.0 | 6.7 |
| 포유중폐사율(%) | 10.8 | 11.3 | 7.6 | 10.6 | 12.1 | 13.7 | 11.5 |
| 분만율(%) | 93.4 | 93.2 | 91.4 | 91.3 | 89.8 | 86.6 | 90.0 |

(3) 순종돈의 실제 성적 비교

- 중앙검정소에서 2014년 중 총 351두의 순종용돈 능력검정(그중 두록은 2,258두)을 실시했고 GGP종돈장에서는 용돈 40,215두, 암돼지 51,441두를 검정했다. GGP 농장의 순종용돈 검정성적은 일당 증체중은 두록이 백색종보다 높았으나 정육율은 랜드레이스가 62.6%로 가장 높았다. 체형스코어는 요크셔가 높았고, 등지방 두께는 두록이 7.3mm로 랜드레이스(8.0mm), 요크셔(8.5mm)보다 얇았다. GGP농장의 암돼지 검정결과도 용돈과 유사했다.

[표 2-6] 덴마크 능력 검정소의 용돈 산육 검성 성적(2014년)

| 품종 | 두수 | 일당 증체중(g) (30-100kg) | 사료요구율 | 정육율 (%) | 측정시 등지방두께(mm) |
|-------|-------|-------------------------|-------|---------|---------------|
| 두록 | 2,258 | 1,122 | 2.30 | 62.0 | 7.3 |
| 랜드레이스 | 450 | 1,017 | 2.40 | 60.8 | 7.7 |
| 요크셔 | 443 | 918 | 2.48 | 60.5 | 8.0 |
| 합계 | 3,451 | | | | |

[표 2-7] 덴마크의 농장 검정 용돈 산육 능력 검정결과 (2014년)

| 품종 | 두수 | 일당증체량 | | 정육율 (%) | 체형 스코어 | 등지방두께 | 검정 종료체중 |
|-------|--------|--------|----------|---------|--------|-------|---------|
| | | 0~30kg | 30~100kg | | | | |
| 두록 | 7,948 | 400 | 1,172 | 61.3 | 2.93 | 7.3 | 95.7 |
| 랜드레이스 | 16,064 | 372 | 1,045 | 62.6 | 2.99 | 8.0 | 94.6 |
| 요크셔 | 16,203 | 359 | 1,010 | 61.7 | 3.13 | 8.5 | 94.2 |
| 합계 | 40,215 | | | | | | |

[표 2-8] 덴마크의 암퇘지 농장 산육 능력 검정결과(2015년)

| 품종 | 두수 | 일당증체량 | | 정육율 (%) | 체형 스코어 | 등지방두께 | 검정 종료체중 |
|-------|--------|--------|----------|---------|--------|-------|---------|
| | | 0~30kg | 30~100kg | | | | |
| 두록 | 10,185 | 403 | 1,107 | 61.3 | 3.01 | 7.0 | 95.2 |
| 랜드레이스 | 21,389 | 377 | 975 | 63.0 | 3.09 | 7.5 | 94.0 |
| 요크셔 | 19,867 | 362 | 962 | 61.5 | 3.19 | 8.9 | 94.1 |
| 합계 | 51,441 | | | | | | |

○ 능력검정소의 검정성적은 두록의 30~100kg 기간 중 일당 증체중이 1,079g으로 백색종보다 높았고 사료요구율(2.33)도 우수했다. 등지방두께도 6.9mm로 백색종보다 얇았고 지육율도 75.2%로 백색종보다 높았다. 한편, GGP농장의 품종별 실 산자수는 두록이 9.4두, 랜드레이스 15.4두, 요크셔가 15.3두였고, 출생 후 5일령 시 복당 산자수는 랜드레이스가 12.1두, 요크셔는 12.9두였고 초산돈이 차지하는 비율은 두록이 67.8%, 랜드레이스가 53.6%, 요크셔가 52.4%로 세대교체율이 빠른 것으로 나타났다.

○ 또한 덴마크 AI센터의 용돈 입식 후 사용월령은 두록이 12.5개월, 랜드레이스 5.9개월, 요크셔 6.0개월로 유전적 개량도를 높이기 위해서 백색종은 특히 짧았다.

④ 덴마크의 모계 및 부계 종돈 선발형질 비중, 산자수 ↓, 사료효율 ↑

○ 덴마크는 순종돈 선발시 양돈 산업의 수익성에 기여하는 각 형질의 경제적 영향도를 선발지수에 반영하고 있기 때문에 매 3년마다 바꾸고 있다. 2015년 현재의 부계 종돈인 두록선발시에 가장 큰 비중은 사료효율로 52%, 그 다음은 후기 성장기간(30-100kg)의 일당증체량(23%), 정육율(13%), 외모체형스코어(5%)순이었다. 한편 모계품종인 랜드레이스와 요크셔 선발지수에서 가장 큰 비중은 역시 사료효율로 44%였고 그 다음은 산자수(28%), 일당증체량(15%), 정육율(6%)순이었다. 2009년의 모계지수에서는 가장 높은 비율은 분만 후 5일령 산자수가 37%로 가장 높은 비율이었으나 점차 그 비중을 낮추었고 모계 종돈 선발 시에도 사료효율에 가장 큰 비중을 두고 있다. 사료곡물가격 급등으로 수

익성에 사료효율이 미치는 영향이 더욱 커지는 것을 반영하는 한편, 산자수는 현실적으로 최대한 개량이 달성되었다고 판단한 것이다.

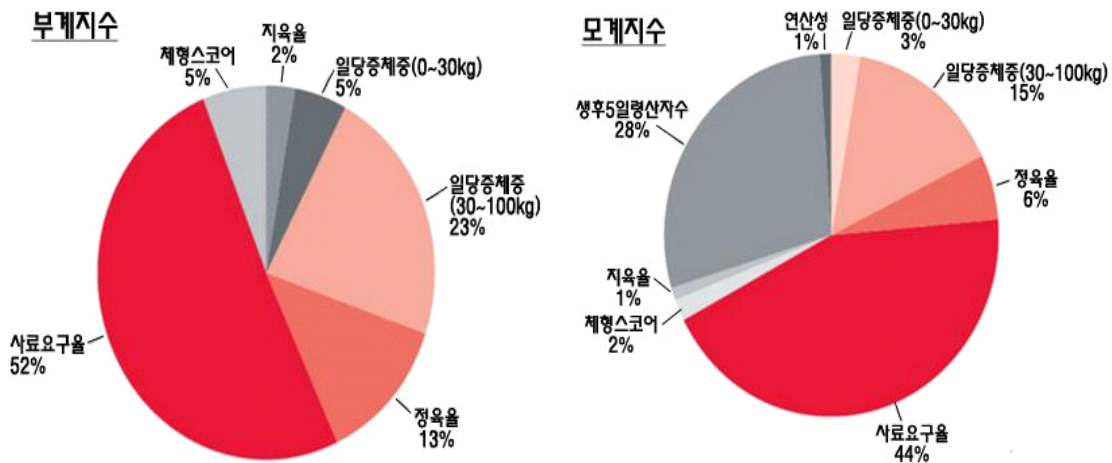
[표 2-9] 덴마크의 핵돈군(GGP) 순종돈의 번식 성적(2014년)

| 품종 | 복당실산자수 | 분만후5일령산자수 | 초산복의비율(%) |
|-------|--------|-----------|-----------|
| 두록 | 9.4 | - | 67.8 |
| 랜드레이스 | 15.4 | 12.1 | 53.6 |
| 요크셔 | 15.3 | 12.9 | 52.4 |

[표 2-10] 덴마크 AI센터의 웅돈두수와 사용월수

| 품종 | 연간입식 웅돈두수 | 웅돈의 사용월수 | 2014년 8월기준 사용웅돈두수 | 2014년 8월기준 사용웅돈선발지수 |
|-------|--------------|-------------|----------------------|------------------------|
| 두록 | 2,840 | 12.5 | 3,115 | 118 |
| 랜드레이스 | 715 | 5.9 | 425 | 128 |
| 요크셔 | 837 | 6.0 | 457 | 129 |

[자료 : Annual Report 2015, SEGES Pig Research Center]



[그림 2-4] 덴마크의 종돈선발지수 경제형질별 가중치(2015년)

[표 2-11] 덴마크의 선발지수 가중치(%) 변화

| 경제형질 | 모계지수 | | | 부계지수 | | |
|-----------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| | 2009년 | 2012년 | 2015년 | 2009년 | 2012년 | 2015년 |
| 생후5일령산자수(L5) | 37 | 27 | 28 | - | - | - |
| 사료요구율 | 30 | 42 | 44 | 39 | 55 | 52 |
| 일당증체량(0~30kg) | 4 | 11 | 15 | 27 | 20 | 23 |
| 일당증체량(30~100kg) | 2 | 2 | 3 | 5 | 2 | 5 |
| 정육율(%) | 5 | 7 | 6 | 12 | 17 | 13 |
| 지육율(%) | 2 | 2 | 1 | 5 | 2 | 2 |
| 체형스코어 | 7 | 5 | 2 | 11 | 4 | 5 |
| 연산성 | 13 | 4 | 1 | - | - | - |

(4) 유전적 개량속도

○ [표 2-12]는 3개 순종품종과 비육돈의 3년간(2011~2014)경제형질 개량도를 나타낸 것이다. 두록의 30~100kg 기간 중 유전적 일당증체량(g)은 연간 20.6g으로 랜드레이스의 10.5g, 요크셔의 12.1g 보다 커서 비육돈(D(LY))의 16.0g 개량에 두록이 큰 역할을 하고 있음을 알 수 있다. 사료요구율 역시 비육돈의 개량도는 0.039개선되었는데 역시 두록의 0.048개선이 가장 큰 기여를 했다. 정육율, 출생 0~30kg기간 중 초기 일당증체량 역시 두록 개량도가 가장 큰 역할을 했다. 번식형질로는 분만 후 5일령 산자수의 경우 요크셔가 기간 중 0.21두 증가해 랜드레이스의 0.16두보다 많았다.

[표 2-12] 덴마크의 품종별, 형질별 연간 유전적 개량도 (2011~2014년)

| 품종 | 일당증체량 | | 사료 요구율 | 정육율 (%) | 5일령산자수 (LP5) | 외모심사 스코어 |
|-------|--------|----------|-----------|------------|-----------------|-------------|
| | 0~30kg | 30~100kg | | | | |
| 두록 | 4.0 | 20.6 | -0.048 | 0.15 | - | 0.04 |
| 랜드레이스 | 0.1 | 10.5 | -0.031 | 0.05 | 0.16 | 0.05 |
| 요크셔 | 1.1 | 12.1 | -0.027 | 0.03 | 0.21 | 0.05 |
| 3품종평균 | 2.3 | 16.0 | -0.039 | 0.10 | 0.19 | 0.04 |

[자료: Dan Bred International 2015]

(5) 덴마크 종돈개량 유전능력 평가 방법

○ 덴마크 종돈개량 유전능력평가 방법은 BLUP 통계분석법을 사용하며 덴마크 종돈개량 유전능력 분석을 위한 통계분석 BLUP 모델은 다음과 같다.

$$Y = S + K + a + l + p + e$$

여기서, S는 동기그룹, K는 성별, a는 개체육종가, l은 동복효과, p는 돈방효과 및 e는 임의오차 임.

- 또한 BLUP 분석을 위한 데이터는 GGP 순종돈뿐만 아니라 GP의 순종돈군과 하이브리드 돈군의 복수까지 통합해서 분석하고 있다.

[표 2-13] 덴마크의 유전능력 분석 데이터 수집 복수(2014년)

| 품종 | 순종복수 | | 하이브리드 복수 | |
|-------|-------|--------|------------|-------------|
| | GGP돈군 | GP돈군 | 하이브리드원종돈복수 | 하이브리드교잡생산복수 |
| 두록 | 3,918 | 1,672 | 63 | 1,042 |
| 랜드레이스 | 5,150 | 10,868 | 5,748 | 81,453 |
| 요크셔 | 4,999 | 15,865 | 10,156 | 81,453 |

(6) 덴마크 종돈개량의 경제적 효과

- 덴마크가 분석한 각 경제형질의 단위 변화에 따른 경제적 가치를 보면 사료효율이 가장 커서 사료요구율 1.0에 따라 147크로네(DKK), 연산성 1년 연장 시 42.5DKK, 외모체형스 코어 1.0에 따라 12.5DKK 등으로 추정했다. 따라서 지난 3년간 유전적 개량에 의한 비육돈 1두당 경제적 효과는 11.22DKK로 연간 3,100만두를 출하함으로써 유전적 개량을 통한 경제적 가치는 3억4,782만 DKK(약 569억 원)로 추정했다.

(7) 덴마크의 연도별 종돈 유전자원(종돈+정액)판매 실적

- 덴마크의 연도별 종돈판매실적을 보면 국내판매두수는 감소세이지만 해외 판매두수는 매년 증가세를 보이고 있다. 2008/2009년에 총 43만두 수준이었으나 2015년에는 총 20만두 대까지 증가했다. 2014년의 경우 순종돈은 국내에 4,695두, 해외로는 2만2,000두 판매했고 하이브리드종돈(LY, YL)의 경우 내수용으로는 25만7,853두를 해외로는 44만247두를 수출해 총 69만 8100두를 판매했다. 또한 두록과 비육돈 생산용 하이브리드용돈을 내수용으로 432두, 수출용으로 2,071두 판매했다.

[표 2-14] 덴마크 연간 유전적 개량도와 비육돈 두당 경제적 효과 추정(2015)

| | 유전적 개량 (연간) | 경제형질 단위별 경제적 가치(DKK) | 비육돈 두당 경제적 가치 (DKK) | 유전적 전달 (%) | 두당 경제적 효과 (DKK) |
|--------------------|-------------|----------------------|---------------------|------------|-----------------|
| 일당증체(g) (0-30kg) | 3.17 | 0.11 | 0.35 | 100% | 0.35 |
| 일당증체(g) (30-100kg) | 17.5 | 0.13 | 2.28 | 80% | 1.82 |
| 사료효율 | -0.034 | -147 | 495 | 80% | 3.96 |
| 정육율 | 0.12 | 9.7 | 1.14 | 150% | 1.71 |
| 도체율 | -0.03 | -5.1 | 0.17 | 100% | 0.17 |
| 5일령 생존자돈수 | 0.24 | 9.8 | 2.37 | 85% | 2.01 |
| 체형스코어 | 0.04 | 12.5 | 0.49 | 100% | 0.49 |
| 연산성 | 0.017 | 42.5 | 0.71 | 100% | 0.71 |
| 모든 품종 최근 3년간의 평균 | | | 12.45 | | 11.22 |

* 두록, ** 랜드레이스와 요크셔, DKK : 덴마크 크로네

[표 2-15] 덴마크의 연도별 국내 종돈 및 정액 판매 추세

| | 2007/08 | 2008/09 | 2009/10 | 2010/11 | 2011 | 2012 | 2013 | 2014 |
|--------------------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|
| 순종 암퇘지 | 14,972 | 12,694 | 5,230 | 4,711 | 4,640 | 6,551 | 5,132 | 4,695 |
| 하이브리드 암퇘지 | 321,600 | 297,900 | 274,700 | 268,963 | 236,121 | 241,223 | 249,895 | 257,853 |
| LL와 YY용돈 | 150 | 150 | 75 | 45 | 5 | 16 | 16 | 17 |
| DD와 교잡용돈 | 2,340 | 1,940 | 1,290 | 1,328 | 1,093 | 685 | 543 | 432 |
| DD와 교잡용돈 정액 (백만도스) | 4.3 | 4.3 | 4.6 | 4.7 | 4.6 | 4.7 | 4.9 | 5.1 |
| LL,YY 정액(도스) | 276,400 | 267,200 | 268,300 | 260,080 | 242,817 | 234,662 | 232,488 | 218,005 |

[표 2-16] 덴마크의 연도별 국외 종돈 및 정액 판매 추세

| | 2007/08 | 2008/09 | 2009/10 | 2010/11 | 2011 | 2012 | 2013 | 2014 |
|--------------------------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|-----------|-----------|
| 순종 암돼지 | 4,755 | 12,618 | 10,214 | 12,226 | 22,007 | 23,465 | 28,693 | 22,000 |
| 하이브리드 암돼지 | 84,960 | 133,900 | 171,700 | 243,098 | 271,144 | 347,575 | 421,347 | 440,247 |
| LL와 YY웅돈 | 810 | 930 | 970 | 1,481 | 997 | 995 | 1,562 | 1,287 |
| DD와 교잡웅돈 | 1,017 | 1,300 | 1,300 | 1,493 | 1,780 | 2,090 | 2,277 | 2,071 |
| DD와 교잡웅돈 정액 (백만도스) | 0 | 0 | 411,000 | 671,500 | 657,000 | 777,711 | 1,116,687 | 1,771,001 |
| LL,YY 정액(도스) | 23,000 | 51,000 | 101,000 | 156,100 | 220,000 | 290,896 | 424,519 | 581,399 |

제 2 절 기타 기술개발 현황

1. 육종 개량의 가속화 방안

○ 서 등(2013)은 유전적 연결이 되어야 검정 단위를 확대시킬 수 있고, 이를 통해 유전적 개량량을 극대화 할 수 있다고 하였고, 종돈장간 우량 종돈 교류에 의한 유전적 연결로 국가단위 유전 평가 체계를 구축하는 것이 경쟁력있는 종돈 개량을 할 수 있다고 하였다. 또한 한국과 덴마크의 GGP 모돈두수는 각각 2008년 16,671두, 2006년 15,735두로 비슷한 규모이나 번식성적의 지표인 PSY의 경우 각각 17.3두, 26.4두의 차이를 나타내는 것은 유전적 연결이 가능한 개량 단위가 작기 때문이라고 하였다. 그러므로 종돈장간 유전적 연결성을 갖출 필요가 있다고 하였다.

2. 동결정액

○ 세계적으로 돼지 번식에는 액상 정액을 이용한 인공수정이 90% 이상 활용되고 있고 (Knox, 2016), 이 중에서 95%가 보존 후 3일 미만의 정액을 사용하고 있다 (Rodriguez-Gil 등, 2013). 액상 정액은 보관 및 유통기간이 짧고, 보존 온도는 17℃로 시간적, 공간적 제약이 있다는 단점을 가지고 있다. 돼지의 동결 정액은 pellet 동결 정액 제조법(Pursel 등, 1975) 및 maxi-straw 동결 정액 제조법(Westendorf 등, 1975) 등의 개발이 되어 액상 정액이 가지고 있는 제약 없이 웅돈의 개량과 유전자원보존 등에 매우

활용 가치가 높다고 판단되지만, 돼지 정자의 생리적 특성으로 인한 예민한 내동성, 낮은 번식효율(수정율과 산자수 감소), 용해 과정의 문제 및 비용 과다 등의 원인으로 인하여 제한적으로 활용되고 있는 실정이다(김 등, 2005).

- 돼지 정자의 동결보존을 위한 보존용기 비교 연구에서, 용해 후 정액 품질은 mini straw (0.25 ml)가 maxi (5 ml) straw보다 높다고 하였고(Bwanga 등, 1990), 또 다른 연구에 의하면 플라스틱 bag (5ml) 에 동결-용해 된 정자들로 수정 후 생식 기도에서 회수된 수정란의 수가 mid straw (2.5 ml)에 보존된 정자로 수정된 것 보다 더 높았다고 하였다 (Bwanga 등, 1991). Saravia 등(2005)은 Flat Packs과 0.5 ml straw (각각 2×10^9 정자/ml)를 이용하여 동결된 정자들에 대한 성상을 비교했을 때 Flat Packs에 보존된 정자가 0.5 ml 스트로우 보존된 정자에 비해 용해 후 생존율이 유의하게 높았다고(49.4 ± 1.4 vs 38.2 ± 2.6) 보고하였다. 최근에는 대부분 돼지 동결정액 프로토콜은 0.5 ml (5~6억 정자/straw)을 이용하여 이루어지고 있는데, 현장에서 인공수정을 위해 6~10개의 straw를 용해 하는 과정에서 현장 사용자의 불편 때문에 용해 온도 및 시간을 제대로 지키지 않아 정자의 세포막 손상 및 침체손상으로 번식 성적이 액상정액에 비해 저조하게 나타나고 있다고 보고하였다(McLaughlin 등, 1993).

제 3 장 연구개발 수행 내용 및 결과

[제 1 세부 : GSP참여종돈장 통합육종시스템 확립 및 적용]

제 1 절 GSP사업 참여종돈장의 분석자료

1. GSP 종돈장의 유전적 특성 분석을 위한 수집 데이터 내용

- GSP 참여종돈장 6개사(다비육종, 농협경제지주 종돈개량사업소, 가야육종, 선진, 금보 DDF, 농촌진흥청 국립축산과학원)의 각 농장별 수집 가능한 시점부터 2021년 9월까지의 품종별 검정 및 번식자료를 분석 정리하였다. 종돈의 경제형질은 산육형질(일당증체량, 등지방두께, 90kg도달일령)과 번식형질(복당 생존산자수, 이유두수)에 대해 분석을 실시하였다.

[표 3-1] GSP 참여종돈장의 품종별 검정 및 번식자료 데이터 수

| | A농장 | | | B농장 | | | C농장 | |
|------|---------|--------|--------|---------|--------|--------|---------|---------|
| | YY | LL | DD | YY | LL | DD | YY | LL |
| 혈통자료 | 101,359 | 34,544 | 34,897 | 315,339 | 55,287 | 93,719 | 210,548 | 161,141 |
| 검정자료 | 56,120 | 21,334 | 20,892 | 140,240 | 14,619 | 26,524 | 38,292 | 30,292 |
| 번식자료 | 14,431 | 4,759 | 4,640 | 34,345 | 3,024 | 5,298 | 10,526 | 8,655 |

| | D농장 | | | F농장 | | | G농장 |
|------|--------|-------|--------|--------|-------|--------|-------|
| | YY | LL | DD | YY | LL | DD | DD |
| 혈통자료 | 43,801 | 3,407 | 10,262 | 71,626 | 8,684 | 14,669 | 1,759 |
| 검정자료 | 18,284 | 1,586 | 4,849 | 39,262 | 3,661 | 5,882 | 1,705 |
| 번식자료 | 6,565 | 395 | 1,035 | 12,494 | 1,036 | 1,590 | 220 |

※ YY : 요크셔종, LL : 랜드레이스종, DD : 두록종

(1) A농장

- A농장은 체계적인 혈통관리를 실시하고 있으며 A농장의 경우 혈통관리를 자체적으로 부여한 개체번호와 (사)한국중축개량협회에 등록 시 사용하는 이각번호와 동일하게 사용한다. 분석에 사용한 개체는 혈통자료는 170,800두, 검정자료 98,346두, 번식자료 23,830건을 분석에 활용하였다.

(2) B농장

- B농장의 경우 혈통관리를 (사)중축개량협회에 등록된 혈통번호 중심으로 관리를 하고

있다. 농장에서 전산에 등록하여 사용하는 개체번호는 이각번호를 사용한다. 이번 분석에 사용한 개체는 혈통자료 464,345두, 검정자료 181,383두, 번식자료 42,667복을 사용하였다.

(3) C농장

- C농장은 혈통관리를 농장의 개체번호 중심으로 체계적으로 관리를 하고 있다. 산육형질 검정 시 타종돈장과 달리 검정 개시체중을 35kg 시점부터 시작하므로 타농장과의 자료 비교를 위해 농장 검정고시를 토대로 보정하여 분석에 활용하였다. 이번 분석에 사용한 개체는 혈통자료 371,689두, 검정자료 68,584두, 번식자료 19,181건을 사용하였다.

(4) D농장

- D농장은 혈통관리를 (사)중축개량협회의 자료를 중심의 혈통번호를 사용하고 있으며, 전산관리는 이각 중심의 개체번호를 이용한다. 분석에 사용한 개체는 혈통자료 57,470두, 검정자료 24,719두, 번식자료 7,995건을 사용하였다.

(5) F농장

- F농장은 혈통관리를 (사)중축개량협회에 등록된 혈통번호 중심으로 관리를 하고 있다. 농장에서 전산에 등록하여 사용하는 개체번호는 이각번호를 사용한다. 분석에 사용한 개체는 혈통자료 94,979두, 검정자료는 48,805두, 번식자료 15,120건을 사용하였다.

(6) G농장

- G농장은 혈통관리를 (사)중축개량협회에 등록된 혈통번호 중심으로 관리를 하고 있다. 연구 참조용 축군으로 구성되어있고 두록 품종만 있으며 연 1회 생산 및 검정을 실시한다. 분석에 사용한 개체는 혈통자료 1,759두, 검정자료는 1,705두, 번식자료 220건을 사용하였다.

2. GSP 종돈장 유전 개량특성 분석 결과

가. GSP 종돈장 경제형질에 대한 기초통계량 분석

- GSP사업 참여종돈장의 품종별 경제형질에 대한 기초통계량을 분석한 결과 5개 종돈장의 요크셔종의 90kg도달일령은 135~143일, 등지방두께는 1.21~1.41cm, 총산자수는 13.21~15.12두, 생존자돈수는 11.41~13.37두로 조사되었다. 랜드레이스종은 90kg도달일령은 134~144일, 등지방두께는 1.20~1.35cm, 총산자수는 11.27~14.23두, 생존자돈수는 10.19~12.75두로 조사되었다. 5개 종돈장의 두록종 90kg도달일령은 129.7~138.5일, 등지방두께

는 1.23~1.32cm, 총산자수는 8.8~10.3두, 생존자돈수는 7.55~9.26두로 조사되었다

[표 3-2] GSP 참여종돈장의 최근 6년간 품종별 경제형질의 평균과 표준편차

| 구분 | A-종돈장 | | | B-종돈장 | | | C-종돈장 | |
|-----------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|
| | 요크셔 | 랜드레이스 | 두록 | 요크셔 | 랜드레이스 | 두록 | 요크셔 | 랜드레이스 |
| (성장형질) | | | | | | | | |
| 일당증체량(kg) | 0.67±0.07 | 0.68±0.06 | 0.70±0.06 | 0.64±0.07 | 0.65±0.07 | 0.69±0.08 | 0.63±0.07 | 0.63±0.06 |
| 등지방두께(mm) | 1.32±0.26 | 1.27±0.26 | 1.26±0.24 | 1.30±0.22 | 1.35±0.25 | 1.25±0.25 | 1.21±0.21 | 1.20±0.20 |
| 90kg도달일령 | 135.1±10.0 | 133.9±9.2 | 130.8±8.6 | 141.4±12.1 | 139.7±10.9 | 134.4±11.3 | 143.5±11.3 | 143.8±10.8 |
| 생시체중(kg) | 1.54±0.32 | 1.62±0.35 | 1.72±0.36 | 1.46±0.40 | 1.42±0.31 | 1.52±0.31 | 1.49±0.30 | 1.54±0.30 |
| (번식형질) | | | | | | | | |
| 총산자수(두) | 15.12±3.52 | 13.89±3.28 | 10.32±2.45 | 14.68±3.65 | 13.59±3.29 | 9.08±2.91 | 14.96±4.43 | 14.23±3.81 |
| 생존산자수(두) | 13.31±2.96 | 12.36±2.75 | 9.26±2.28 | 13.37±3.40 | 12.75±3.09 | 8.11±3.09 | 12.94±3.83 | 12.50±3.43 |
| 이유두수(두) | 11.91±1.20 | 11.65±1.24 | 7.80±0.89 | 11.13±3.90 | 11.46±2.25 | 7.24±3.40 | 11.03±3.54 | 11.25±3.10 |

| 구분 | D-종돈장 | | | F-종돈장 | | | G-종돈장 |
|-----------|------------|------------|------------|------------|------------|------------|-----------|
| | 요크셔 | 랜드레이스 | 두록 | 요크셔 | 랜드레이스 | 두록 | 두록 |
| (성장형질) | | | | | | | |
| 일당증체량(kg) | 0.67±0.08 | 0.68±0.08 | 0.69±0.08 | 0.65±0.06 | 0.65±0.06 | 0.68±0.07 | 0.72±0.08 |
| 등지방두께(mm) | 1.41±0.23 | 1.33±0.21 | 1.32±0.23 | 1.34±0.22 | 1.35±0.24 | 1.27±0.19 | 1.23±0.22 |
| 90kg도달일령 | 137.0±11.2 | 136.6±13.5 | 134.9±11.9 | 142.2±10.4 | 141.7±10.0 | 138.5±10.2 | 129.7±9.2 |
| 생시체중(kg) | 1.43±0.17 | 1.41±0.18 | 1.45±0.17 | 1.38±0.30 | 1.38±0.28 | 1.54±0.33 | |
| (번식형질) | | | | | | | |
| 총산자수(두) | 13.21±3.56 | 11.27±3.16 | 9.43±2.72 | 14.32±3.92 | 12.89±3.83 | 9.79±2.88 | 8.82±2.75 |
| 생존산자수(두) | 11.74±3.19 | 10.19±2.88 | 8.37±2.58 | 11.41±3.19 | 10.94±3.21 | 8.48±2.67 | 7.55±2.71 |
| 이유두수(두) | 10.56±1.63 | 9.62±2.07 | 8.01±2.47 | 10.63±1.15 | 10.67±1.08 | 9.06±2.33 | 7.40±2.39 |

나. GSP 종돈장 경제형질에 대한 통계분석 모형

- 유전능력평가는 다형질 개체모형(multiple traits animal model)을 활용하여 분석을 실시하였으며, 유전능력평가 분석프로그램 ASReml ver 4.1을 활용하여 분석을 실시하였다.

$$y = X\beta + Zu + e$$

여기서, y 는 측정치, X 는 고정효과(농장, 연도 및 계절, 성별, 산차)의 행렬, Z 는 임의효과(동복효과, 개체육중가)의 행렬 및 e 는 임의 오차이다.

- 육중가에 대한 정확도(accuracy)의 계산은 다음의 공식에 의해 계산하였다.

$$\sqrt{1 - \frac{s_i^2}{(1+f_i)\sigma_A^2}}$$

여기서, s_i^2 는 개체의 형질에 대한 표준편차(standard error), f_i 는 개체의 근친도(inbreeding coefficient), σ_A^2 은 유전분산(genetic variance)이다.

다. GSP 종돈장의 품종별 경제형질에 대한 유전력

- GSP사업 참여종돈장의 경제형질별 유전력을 분석한 결과 산육형질인 90kg 도달일령, 등지방두께 등은 글로벌 연구결과와 일치하는 평균 0.30~0.48 범위로 중상수준의 높은 유전력을 보였고 번식형질인 총산자수, 생존산자수는 평균 0.08~0.145 범위의 낮은 유전력을 보였다. 그러나 농장별로 포유자돈 양자 관리에 영향을 받는 이유두수는 유의성 있는 유전력이 산출되지 않았다. GSP 종축 프로젝트에서 선택한 새로운 형질인 생시체중은 0.16~0.312의 비교적 높은 중 정도의 유전력을 보였다.

[표 3-3] 요크셔종에 대한 참여종돈장의 경제형질에 대한 유전력(heritabilities) 추정

| 형질 | A-종돈장 | B-종돈장 | C-종돈장 | D-종돈장 | F-종돈장 | G-종돈장 | 통합 분석 |
|----------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 산육형질 | | | | | | | |
| 90kg도달일령(DAYS) | 0.340 | 0.336 | 0.385 | 0.230 | 0.225 | | 0.393 |
| 등지방두께(ABF) | 0.438 | 0.396 | 0.489 | 0.343 | 0.386 | | 0.429 |
| 생시체중(IBW) | 0.166 | 0.289 | 0.267 | 0.172 | 0.259 | | 0.364 |
| 번식형질 | | | | | | | |
| 총산자수(TNB) | 0.124 | 0.132 | 0.136 | 0.125 | 0.106 | | 0.134 |
| 생존산자수(NBA) | 0.110 | 0.110 | 0.114 | 0.090 | 0.080 | | 0.108 |
| 이유두수(WEN) | 0.005 | 0.038 | 0.118 | 0.010 | 0.042 | | 0.100 |

[표 3-4] 랜드레이스종에 대한 참여종돈장의 경제형질에 대한 유전력(heritabilities) 추정

| 형질 | A-종돈장 | B-종돈장 | C-종돈장 | D-종돈장 | F-종돈장 | G-종돈장 | 통합 분석 |
|----------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|----------|
| 산육형질 | | | | | | | |
| 90kg도달일령(DAYS) | 0.337 | 0.403 | 0.356 | 0.037 | 0.214 | | 0.394 |
| 등지방두께(ABF) | 0.428 | 0.524 | 0.516 | 0.080 | 0.475 | | 0.489 |
| 생시체중(IBW) | 0.174 | 0.269 | 0.236 | 0.031 | 0.342 | | 0.306 |
| 번식형질 | | | | | | | |
| 총산자수(TNB) | 0.060 | 0.123 | 0.133 | 0.012 | 0.020 | | 0.131 |
| 생존산자수(NBA) | 0.075 | 0.107 | 0.104 | 0.011 | 0.020 | | 0.094 |
| 이유두수(WEN) | 0.007 | 0.034 | 0.031 | 0.016 | 0.009 | | 0.071 |

[표 3-5] 두록종에 대한 참여종돈장의 경제형질에 대한 유전력(heritabilities) 추정

| 형질 | A-종돈장 | B-종돈장 | C-종돈장 | D-종돈장 | F-종돈장 | G-종돈장 | 통합 분석 |
|----------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|----------|
| 산육형질 | | | | | | | |
| 90kg도달일령(DAYS) | 0.337 | 0.284 | | 0.210 | 0.235 | 0.083 | 0.302 |
| 등지방두께(ABF) | 0.428 | 0.347 | | 0.171 | 0.221 | 0.024 | 0.358 |
| 생시체중(IBW) | 0.174 | 0.253 | | 0.108 | 0.266 | | 0.309 |
| 번식형질 | | | | | | | |
| 총산자수(TNB) | 0.151 | 0.090 | | 0.040 | 0.054 | 0.151 | 0.136 |
| 생존산자수(NBA) | 0.137 | 0.092 | | 0.036 | 0.055 | 0.109 | 0.118 |
| 이유두수(WEN) | 0.006 | 0.025 | | 0.038 | 0.014 | 0.076 | 0.045 |

라. GSP 종돈장의 품종별 경제형질의 표현형가 및 육종가

(1) A농장

[표 3-6] A농장의 요크셔에 대한 연도별 산육형질의 표현형가 및 육종가

| GGP 농장 | 연도 | No. | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----------|------|-------|-------------|-------------|-------------|--------|--------|--------|
| | | | IBW (kg) | ABF (mm) | DAYS (일) | IBW | ABF | DAYS |
| A-1 | 2014 | 2,357 | 1.61 | 1.50 | 138.2 | 0.041 | 0.129 | -2.512 |
| | 2015 | 2,504 | 1.63 | 1.38 | 138.5 | 0.043 | 0.079 | -2.970 |
| | 2016 | 2,492 | 1.67 | 1.38 | 133.6 | 0.029 | 0.078 | -4.156 |
| | 2017 | 2,450 | 1.68 | 1.24 | 137.3 | 0.029 | 0.047 | -3.588 |
| | 2018 | 3,012 | 1.58 | 1.28 | 135.3 | -0.014 | 0.057 | -5.612 |
| | 2019 | 1,808 | 1.66 | 1.27 | 133.3 | -0.028 | 0.040 | -6.829 |
| | 2020 | 2,302 | 1.68 | 1.25 | 137.7 | -0.035 | 0.028 | -6.475 |
| | 2021 | 2,051 | 1.62 | 1.26 | 136.6 | -0.025 | 0.028 | -6.904 |
| A-2 | 2015 | 331 | 1.32 | 1.34 | 135.0 | 0.022 | -0.057 | -2.823 |
| | 2016 | 424 | 1.53 | 1.38 | 129.2 | 0.020 | -0.030 | -2.630 |
| | 2017 | 1,218 | 1.38 | 1.44 | 134.6 | -0.016 | 0.030 | -2.158 |
| | 2018 | 1,436 | 1.32 | 1.36 | 133.9 | -0.006 | -0.002 | -2.647 |
| | 2019 | 752 | 1.44 | 1.45 | 133.5 | 0.013 | 0.040 | -2.369 |
| | 2020 | 1,250 | 1.56 | 1.46 | 133.5 | -0.017 | 0.034 | -4.906 |
| | 2021 | 981 | 1.44 | 1.40 | 134.4 | -0.011 | 0.001 | -4.940 |

※ ADG : 일당증체량, ABF : 평균 등지방두께, DAYS : 90kg 도달일령

[표 3-7] A농장의 요크셔에 대한 연도별 번식형질의 표현형가 및 육종가

| 농장 | 연도 | No | 표현형가(두) | | | 육종가 | | |
|-----|------|-----|---------|-------|-------|--------|--------|--------|
| | | | TNB | NBA | WEN | TNB | NBA | WEN |
| A-1 | 2014 | 665 | 12.93 | 12.09 | 10.81 | -0.143 | -0.021 | -0.017 |
| | 2015 | 738 | 13.22 | 11.81 | 10.88 | -0.155 | -0.024 | -0.016 |
| | 2016 | 664 | 13.17 | 11.90 | 10.71 | -0.249 | -0.100 | -0.019 |
| | 2017 | 676 | 13.88 | 12.45 | 11.29 | -0.283 | -0.110 | -0.019 |
| | 2018 | 619 | 14.59 | 12.95 | 11.40 | 0.061 | 0.166 | -0.008 |
| | 2019 | 472 | 14.92 | 13.32 | 12.18 | 0.172 | 0.284 | -0.008 |
| | 2020 | 586 | 15.47 | 13.79 | 12.42 | 0.344 | 0.398 | -0.003 |
| | 2021 | 444 | 15.50 | 13.54 | 12.10 | 0.545 | 0.580 | 0.006 |
| A-2 | 2016 | 87 | 15.72 | 13.18 | 11.89 | -0.096 | -0.141 | 0.004 |
| | 2017 | 279 | 16.37 | 14.05 | 12.10 | 0.237 | 0.100 | 0.007 |
| | 2018 | 412 | 16.37 | 13.96 | 12.18 | 0.094 | 0.036 | 0.002 |
| | 2019 | 376 | 16.25 | 14.12 | 12.66 | 0.023 | -0.021 | -0.003 |
| | 2020 | 403 | 16.55 | 14.33 | 13.10 | 0.004 | -0.028 | -0.003 |
| | 2021 | 318 | 16.13 | 13.91 | 12.24 | -0.037 | -0.021 | -0.009 |

NBA : 생존산자수, WEN : 이유두수

[표 3-8] A농장의 랜드레이스종에 대한 연도별 산육형질의 표현형가 및 육종가

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|-----|-------------|-------------|-------------|-------|--------|--------|
| | | | IBW (kg) | ABF (mm) | DAYS (일) | IBW | ABF | DAYS |
| A-1 | 2014 | 833 | 1.65 | 1.48 | 136.8 | 0.040 | 0.040 | -1.910 |
| | 2015 | 925 | 1.57 | 1.41 | 136.3 | 0.046 | 0.006 | -2.363 |
| | 2016 | 860 | 1.65 | 1.37 | 133.1 | 0.036 | -0.005 | -2.477 |
| | 2017 | 529 | 1.70 | 1.24 | 135.0 | 0.036 | -0.040 | -2.965 |
| | 2018 | 582 | 1.59 | 1.28 | 136.2 | 0.019 | -0.020 | -2.713 |
| | 2019 | 663 | 1.72 | 1.17 | 131.8 | 0.016 | -0.029 | -3.503 |
| | 2020 | 511 | 1.73 | 1.19 | 135.4 | 0.010 | -0.022 | -3.662 |
| | 2021 | 554 | 1.78 | 1.22 | 135.1 | 0.010 | -0.022 | -3.856 |
| A-2 | 2015 | 117 | 1.42 | 1.41 | 130.7 | 0.013 | -0.023 | -5.293 |
| | 2016 | 153 | 1.65 | 1.35 | 128.4 | 0.020 | -0.030 | -4.099 |
| | 2017 | 328 | 1.49 | 1.36 | 132.1 | 0.016 | 0.027 | -4.392 |
| | 2018 | 5 | 1.54 | 1.07 | 126.8 | 0.024 | -0.040 | -6.061 |

ADG : 일당증체량, ABF : 평균 등지방두께, DAYS : 90kg 도달일령

[표 3-9] A농장의 랜드레이스종에 대한 연도별 번식형질의 표현형가 및 육종가

| 농장 | 연도 | No | 표현형가(두) | | | 육종가 | | |
|-----|------|-----|---------|-------|-------|--------|--------|--------|
| | | | TNB | NBA | WEN | TNB | NBA | WEN |
| A-1 | 2014 | 221 | 12.76 | 11.95 | 10.76 | 0.170 | 0.243 | 0.008 |
| | 2015 | 231 | 13.05 | 11.80 | 10.74 | 0.134 | 0.198 | 0.007 |
| | 2016 | 150 | 13.68 | 12.30 | 9.83 | 0.209 | 0.287 | 0.011 |
| | 2017 | 147 | 13.29 | 11.85 | 11.03 | 0.165 | 0.252 | 0.005 |
| | 2018 | 175 | 13.70 | 12.33 | 10.90 | 0.214 | 0.294 | 0.010 |
| | 2019 | 167 | 14.11 | 12.47 | 10.62 | 0.312 | 0.327 | 0.012 |
| | 2020 | 193 | 14.50 | 13.01 | 12.28 | 0.269 | 0.300 | 0.010 |
| | 2021 | 155 | 14.23 | 12.42 | 10.87 | 0.274 | 0.308 | 0.013 |
| A-2 | 2016 | 26 | 12.15 | 10.35 | 11.00 | -0.157 | -0.217 | -0.010 |
| | 2017 | 65 | 13.78 | 12.15 | 11.23 | -0.027 | -0.052 | -0.002 |

NBA : 생존산자수, WEN : 이유두수

[표 3-10] A농장의 두록종에 대한 연도별 산육형질의 표현형가 및 육종가

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|-------|----------|----------|----------|-------|--------|--------|
| | | | IBW (kg) | ABF (mm) | DAYS (일) | IBW | ABF | DAYS |
| A-1 | 2014 | 1,060 | 1.65 | 1.43 | 134.8 | 0.000 | 0.022 | 1.117 |
| | 2015 | 1,029 | 1.67 | 1.39 | 135.1 | 0.003 | 0.000 | 0.782 |
| | 2016 | 1,163 | 1.74 | 1.36 | 130.6 | 0.008 | -0.019 | 0.159 |
| | 2017 | 1,117 | 1.76 | 1.25 | 131.7 | 0.010 | -0.024 | -0.170 |
| | 2018 | 1,114 | 1.65 | 1.29 | 131.8 | 0.012 | -0.027 | -1.353 |
| | 2019 | 766 | 1.77 | 1.22 | 128.9 | 0.011 | -0.015 | -2.298 |
| | 2020 | 1,005 | 1.78 | 1.21 | 131.6 | 0.010 | -0.030 | -2.606 |
| | 2021 | 868 | 1.74 | 1.21 | 129.0 | 0.010 | -0.013 | -3.383 |

ADG : 일당증체량, ABF : 평균 등지방두께, DAYS : 90kg 도달일령

[표 3-11] A농장 두록종에 대한 연도별 번식형질의 표현형가 및 육종가

| 농장 | 연도 | No | 표현형가(두) | | | 육종가 | | |
|-----|------|-----|---------|------|------|-------|-------|-------|
| | | | TNB | NBA | WEN | TNB | NBA | WEN |
| A-1 | 2014 | 205 | 10.10 | 9.32 | 8.25 | 0.550 | 0.441 | 0.037 |
| | 2015 | 220 | 10.26 | 9.21 | 8.06 | 0.484 | 0.388 | 0.034 |
| | 2016 | 256 | 9.84 | 8.69 | 7.64 | 0.427 | 0.337 | 0.031 |
| | 2017 | 252 | 10.52 | 9.43 | 7.80 | 0.497 | 0.422 | 0.029 |
| | 2018 | 253 | 10.41 | 9.45 | 8.04 | 0.552 | 0.474 | 0.032 |
| | 2019 | 203 | 10.51 | 9.42 | 6.72 | 0.639 | 0.552 | 0.035 |
| | 2020 | 257 | 10.30 | 9.24 | 7.53 | 0.406 | 0.368 | 0.018 |
| | 2021 | 180 | 10.44 | 9.38 | 6.98 | 0.420 | 0.396 | 0.015 |

NBA : 생존산자수, WEN : 이유두수

(2) B농장

[표 3-12] B농장 요크셔종에 대한 연도별 산육형질의 표현형가, 육종가 및 정확도

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|------|------|------|-------------|-------------|-------------|--------|--------|---------|
| | | | IBW (kg) | ABF (mm) | DAYS (일) | IBW | ABF | DAYS |
| B-1 | 2014 | 4292 | | 1.45 | 148 | -0.009 | 0.145 | -1.711 |
| | 2015 | 3198 | 1.46 | 1.53 | 145 | -0.011 | 0.184 | -3.543 |
| | 2016 | 4367 | 1.45 | 1.45 | 145 | -0.045 | 0.081 | -4.727 |
| | 2017 | 3769 | 1.44 | 1.33 | 149 | -0.054 | 0.042 | -0.363 |
| | 2018 | 4037 | 1.48 | 1.21 | 151 | -0.083 | -0.039 | -2.222 |
| | 2019 | 1121 | 1.42 | 1.30 | 149 | -0.091 | -0.029 | -3.591 |
| | 2021 | 769 | 1.44 | 1.19 | 136 | -0.086 | -0.068 | -11.620 |
| | B-2 | 2014 | 4016 | | 1.41 | 135 | 0.033 | 0.016 |
| 2015 | | 5112 | 1.53 | 1.45 | 140 | -0.013 | 0.022 | 0.213 |
| 2016 | | 4824 | 1.56 | 1.38 | 142 | -0.068 | -0.032 | 0.395 |
| 2017 | | 5636 | 1.58 | 1.31 | 135 | -0.079 | -0.036 | -0.837 |
| 2018 | | 5635 | 1.51 | 1.27 | 136 | -0.136 | -0.064 | -4.330 |
| 2019 | | 5654 | 1.51 | 1.32 | 137 | -0.150 | -0.060 | -5.609 |
| 2020 | | 5146 | 1.53 | 1.28 | 139 | -0.122 | -0.099 | -6.651 |
| 2021 | | 4718 | 1.49 | 1.27 | 135 | -0.120 | -0.067 | -8.070 |
| B-4 | 2016 | 4715 | 1.470 | 1.39 | 144 | 0.005 | -0.012 | -0.290 |
| | 2017 | 5720 | 1.410 | 1.27 | 138 | -0.039 | -0.042 | -1.827 |
| | 2018 | 5282 | 1.450 | 1.26 | 144 | -0.056 | -0.041 | -1.360 |
| | 2019 | 4017 | 1.450 | 1.26 | 146 | -0.094 | -0.066 | -2.465 |
| | 2020 | 3711 | 1.210 | 1.30 | 146 | -0.225 | -0.059 | -4.836 |
| | 2021 | 3676 | 1.210 | 1.20 | 143 | -0.206 | -0.095 | -5.170 |

IBW : 생시체중, ABF : 평균 등지방두께, DAYS : 90kg 도달일령

[표 3-13] B농장 요크셔종에 대한 연도별 번식형질의 표현형가, 육종가 및 정확도

| 농장 | 연도 | No | 표현형가(두) | | | 육종가 | | |
|-----|------|------|---------|-------|-------|--------|--------|--------|
| | | | TNB | NBA | WEN | TNB | NBA | WEN |
| B-1 | 2014 | 949 | 13.94 | 12.79 | 11.67 | -0.485 | -0.326 | -0.159 |
| | 2015 | 1025 | 14.42 | 13.17 | 12.16 | -0.490 | -0.303 | -0.089 |
| | 2016 | 1045 | 14.26 | 13.08 | 11.90 | -0.287 | -0.128 | -0.008 |
| | 2017 | 1067 | 14.63 | 13.29 | 11.64 | -0.055 | 0.049 | 0.031 |
| | 2018 | 1044 | 14.00 | 12.50 | 11.46 | 0.377 | 0.379 | 0.060 |
| | 2019 | 77 | 13.56 | 12.38 | 11.46 | 0.452 | 0.441 | 0.048 |
| | 2020 | 93 | 13.42 | 11.97 | 11.15 | 0.830 | 0.775 | -0.024 |
| | 2021 | 467 | 12.82 | 11.42 | 10.41 | 1.320 | 1.212 | -0.020 |
| B-2 | 2014 | 887 | 15.07 | 13.27 | 11.75 | -0.338 | -0.302 | 0.003 |
| | 2015 | 981 | 15.47 | 13.60 | 11.81 | -0.246 | -0.237 | 0.021 |
| | 2016 | 896 | 14.84 | 13.43 | 11.64 | -0.037 | -0.016 | 0.037 |
| | 2017 | 1018 | 15.30 | 14.06 | 11.09 | 0.259 | 0.257 | 0.055 |
| | 2018 | 1037 | 14.61 | 13.42 | 12.12 | 0.570 | 0.525 | 0.107 |
| | 2019 | 1009 | 14.90 | 13.68 | 12.84 | 0.903 | 0.787 | 0.101 |
| | 2020 | 984 | 14.32 | 13.32 | 12.70 | 1.232 | 1.075 | 0.108 |
| | 2021 | 722 | 14.44 | 13.63 | 12.83 | 1.454 | 1.275 | 0.088 |
| B-4 | 2015 | 437 | 14.03 | 12.61 | 11.11 | -0.179 | -0.173 | 0.034 |
| | 2016 | 953 | 13.98 | 12.64 | 10.07 | -0.350 | -0.268 | 0.026 |
| | 2017 | 1060 | 14.40 | 13.08 | 11.93 | 0.132 | 0.112 | 0.033 |
| | 2018 | 913 | 15.69 | 14.04 | 13.55 | 0.777 | 0.724 | -0.001 |
| | 2019 | 868 | 15.68 | 14.09 | 13.69 | 1.094 | 1.026 | -0.016 |
| | 2020 | 835 | 15.30 | 13.75 | 12.96 | 1.429 | 1.355 | -0.058 |
| | 2021 | 726 | 15.36 | 14.12 | 15.07 | 1.671 | 1.576 | -0.073 |

TNB : 총산자수, NBA : 생존산자수, WEN : 이유두수

[표 3-14] B농장 랜드레이스종에 대한 연도별 산육형질의 표현형가, 육종가 및 정확도

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|------|-------------|-------------|-------------|--------|--------|--------|
| | | | IBW (kg) | ABF (mm) | DAYS (일) | IBW | ABF | DAYS |
| B-2 | 2014 | 1468 | | 1.56 | 141 | -0.001 | 0.093 | 0.038 |
| | 2015 | 2026 | 1.43 | 1.50 | 142 | -0.026 | 0.043 | -1.407 |
| | 2016 | 1798 | 1.48 | 1.46 | 145 | -0.040 | 0.030 | -1.046 |
| | 2017 | 2076 | 1.50 | 1.40 | 138 | -0.033 | 0.015 | -2.688 |
| | 2018 | 2157 | 1.38 | 1.34 | 138 | -0.057 | -0.038 | -4.021 |
| | 2019 | 1695 | 1.36 | 1.35 | 139 | -0.077 | -0.068 | -4.839 |
| | 2020 | 1697 | 1.43 | 1.28 | 141 | -0.108 | -0.113 | -6.003 |
| | 2021 | 1600 | 1.39 | 1.27 | 136 | -0.095 | -0.116 | -8.006 |

IBW : 생시체중, ABF : 평균 등지방두께, DAYS : 90kg 도달일령

[표 3-15] B농장 랜드레이스종에 대한 연도별 번식형질의 표현형가, 육종가 및 정확도

| 농장 | 연도 | No | 표현형가(두) | | | 육종가 | | |
|-----|------|-----|---------|-------|-------|--------|--------|--------|
| | | | TNB | NBA | WEN | TNB | NBA | WEN |
| B-2 | 2014 | 332 | 14.67 | 12.95 | 11.82 | -0.344 | -0.298 | -0.027 |
| | 2015 | 354 | 14.81 | 13.13 | 11.58 | -0.020 | -0.011 | -0.004 |
| | 2016 | 319 | 14.04 | 13.13 | 11.60 | 0.184 | 0.175 | 0.011 |
| | 2017 | 392 | 13.90 | 13.05 | 11.02 | 0.335 | 0.308 | 0.000 |
| | 2018 | 310 | 13.56 | 12.69 | 11.74 | 0.385 | 0.325 | 0.029 |
| | 2019 | 307 | 14.22 | 13.11 | 12.25 | 0.625 | 0.511 | 0.011 |
| | 2020 | 318 | 12.46 | 11.83 | 11.64 | 0.774 | 0.633 | 0.029 |
| | 2021 | 226 | 13.21 | 12.61 | 12.46 | 1.063 | 0.913 | 0.071 |

TNB : 총산자수, NBA : 생존산자수, WEN : 이유두수

[표 3-16] B농장 두록종에 대한 연도별 산육형질의 표현형가, 육종가 및 정확도

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|------|-------------|-------------|-------------|--------|--------|--------|
| | | | IBW (kg) | ABF (mm) | DAYS (일) | IBW | ABF | DAYS |
| B-1 | 2020 | 658 | 1.65 | 1.40 | 138 | 0.013 | -0.067 | -7.354 |
| | 2021 | 1885 | 1.71 | 1.35 | 125 | 0.074 | -0.056 | -9.798 |
| B-3 | 2014 | 1315 | | 1.37 | 135 | -0.038 | 0.112 | 3.900 |
| | 2015 | 2139 | | 1.29 | 138 | -0.036 | 0.105 | 4.295 |
| | 2016 | 2831 | | 1.32 | 138 | -0.038 | 0.056 | 1.327 |
| | 2017 | 2133 | 1.37 | 1.34 | 138 | -0.021 | 0.009 | 0.153 |
| | 2018 | 2172 | 1.39 | 1.17 | 134 | -0.018 | -0.035 | -3.297 |
| | 2019 | 1750 | 1.41 | 1.11 | 132 | 0.003 | -0.032 | -6.092 |
| | 2020 | 1004 | 1.60 | 1.29 | 130 | 0.085 | -0.057 | -8.705 |
| B-4 | 2016 | 339 | 1.70 | 1.30 | 136 | 0.037 | -0.041 | -2.217 |
| | 2017 | 546 | 1.75 | 1.24 | 128 | 0.044 | -0.054 | -3.311 |
| | 2018 | 1310 | 1.64 | 1.29 | 137 | -0.002 | 0.001 | -1.734 |
| | 2019 | 1393 | 1.72 | 1.05 | 134 | 0.011 | -0.076 | -3.540 |
| | 2020 | 1270 | 1.40 | 1.26 | 138 | -0.108 | -0.129 | -5.647 |
| | 2021 | 1234 | 1.32 | 1.24 | 138 | -0.085 | -0.110 | -3.936 |

IBW : 생시체중, ABF : 평균 등지방두께, DAYS : 90kg 도달일령

[표 3-17] B농장 두록종에 대한 연도별 번식형질의 표현형가, 육종가 및 정확도

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|-----|-------|------|-------|--------|--------|--------|
| | | | TNB | NBA | WEN | TNB | NBA | WEN |
| B-1 | 2020 | 278 | 8.67 | 7.89 | 7.18 | 0.055 | 0.104 | -0.001 |
| | 2021 | 312 | 8.95 | 8.18 | 7.43 | 0.104 | 0.123 | 0.004 |
| B-3 | 2014 | 275 | 9.39 | 8.47 | 9.65 | 0.069 | 0.083 | -0.003 |
| | 2015 | 477 | 9.27 | 8.35 | 9.85 | -0.052 | -0.009 | -0.003 |
| | 2016 | 471 | 8.86 | 8.10 | 8.55 | -0.014 | 0.051 | -0.004 |
| | 2017 | 387 | 8.63 | 7.93 | 8.83 | 0.049 | 0.089 | -0.019 |
| | 2018 | 361 | 8.60 | 7.91 | 9.15 | 0.081 | 0.105 | -0.014 |
| | 2019 | 304 | 8.43 | 7.65 | 8.74 | 0.137 | 0.164 | -0.023 |
| | 2020 | 63 | 7.89 | 7.41 | 8.52 | 0.182 | 0.172 | 0.010 |
| | 2021 | 221 | 9.82 | 8.57 | 8.84 | 0.185 | 0.167 | -0.040 |
| B-4 | 2016 | 72 | 8.76 | 7.75 | 7.83 | 0.140 | 0.139 | -0.024 |
| | 2017 | 118 | 9.58 | 8.37 | 10.67 | 0.060 | 0.062 | -0.006 |
| | 2018 | 257 | 9.61 | 8.32 | 8.07 | 0.139 | 0.100 | 0.000 |
| | 2019 | 310 | 9.80 | 8.22 | 8.17 | 0.119 | 0.057 | -0.005 |
| | 2020 | 266 | 10.36 | 8.76 | 8.06 | 0.189 | 0.161 | -0.022 |
| | 2021 | 221 | 9.82 | 8.57 | 8.84 | 0.185 | 0.167 | -0.040 |

TNB : 총산자수, NBA : 생존산자수, WEN : 이유두수

(3) C농장

[표 3-18] C농장 요크셔종에 대한 연도별 산육형질의 표현형가 및 육종가

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|------|-------------|-------------|-------------|--------|--------|--------|
| | | | IBW (kg) | ABF (mm) | DAYS (일) | IBW | ABF | DAYS |
| C-1 | 2014 | 2716 | 1.380 | 1.34 | 152 | -0.119 | 0.051 | 0.066 |
| | 2015 | 1908 | 1.32 | 1.34 | 151 | -0.118 | 0.036 | 0.057 |
| | 2016 | 2679 | 1.35 | 1.31 | 148 | -0.130 | 0.009 | 0.046 |
| | 2017 | 2603 | 1.48 | 1.25 | 152 | -0.118 | -0.025 | 0.053 |
| | 2018 | 2712 | 1.53 | 1.23 | 147 | -0.119 | -0.051 | 0.017 |
| | 2019 | 2448 | 1.55 | 1.29 | 148 | -0.097 | -0.063 | 0.015 |
| | 2020 | 2494 | 1.56 | 1.27 | 146 | -0.089 | -0.086 | 0.003 |
| | 2021 | 1886 | 1.58 | 1.25 | 141 | -0.059 | -0.132 | -0.030 |
| C-2 | 2017 | 1867 | 1.43 | 1.11 | 139 | -0.051 | -0.025 | -0.037 |
| | 2018 | 1964 | 1.52 | 1.12 | 141 | -0.054 | -0.042 | -0.034 |
| | 2019 | 2522 | 1.47 | 1.12 | 137 | -0.081 | -0.080 | -0.056 |
| | 2020 | 2196 | 1.47 | 1.12 | 136 | -0.073 | -0.088 | -0.061 |
| | 2021 | 1652 | 1.44 | 1.19 | 136 | -0.059 | -0.072 | -0.054 |

IBW : 생시체중, ABF : 평균 등지방두께, DAYS : 90kg 도달일령

[표 3-19] C농장 요크셔종에 대한 연도별 번식형질의 표현형가, 육종가

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|-----|-------|-------|-------|--------|--------|--------|
| | | | TNB | NBA | WEN | TNB | NBA | WEN |
| C-1 | 2014 | 709 | 13.37 | 12.36 | 10.44 | -1.488 | -1.224 | -0.925 |
| | 2015 | 700 | 13.38 | 12.30 | 9.69 | -1.248 | -1.054 | -0.964 |
| | 2016 | 716 | 12.59 | 11.53 | 9.74 | -1.200 | -1.020 | -0.910 |
| | 2017 | 742 | 13.03 | 11.86 | 9.89 | -1.165 | -0.954 | -0.942 |
| | 2018 | 726 | 13.28 | 11.82 | 10.41 | -1.013 | -0.823 | -0.866 |
| | 2019 | 698 | 14.63 | 12.80 | 10.76 | -0.645 | -0.504 | -0.635 |
| | 2020 | 695 | 15.02 | 13.08 | 10.98 | -0.229 | -0.138 | -0.426 |
| | 2021 | 534 | 15.54 | 13.27 | 10.72 | 0.119 | 0.220 | -0.256 |
| C-2 | 2016 | 117 | 15.51 | 13.41 | 11.34 | 0.279 | 0.134 | 0.086 |
| | 2017 | 404 | 16.16 | 13.99 | 12.01 | 0.162 | 0.156 | 0.151 |
| | 2018 | 429 | 16.88 | 14.39 | 12.27 | 0.578 | 0.538 | 0.154 |
| | 2019 | 493 | 17.17 | 14.30 | 12.25 | 0.630 | 0.558 | 0.154 |
| | 2020 | 449 | 17.58 | 14.18 | 12.48 | 0.546 | 0.543 | 0.107 |
| | 2021 | 329 | 16.89 | 13.43 | 12.09 | 0.552 | 0.495 | 0.027 |

TNB : 총산자수, NBA : 생존산자수, WEN : 이유두수

[표 3-20] C농장 랜드레이스종에 대한 연도별 산육형질의 표현형가, 육종가

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|------|-------------|-------------|-------------|--------|--------|--------|
| | | | IBW (kg) | ABF (mm) | DAYS (일) | IBW | ABF | DAYS |
| C-1 | 2014 | 2125 | 1.47 | 1.24 | 150 | -0.064 | -0.006 | 0.066 |
| | 2015 | 1707 | 1.41 | 1.28 | 151 | -0.075 | 0.000 | 0.066 |
| | 2016 | 1814 | 1.48 | 1.25 | 149 | -0.057 | -0.029 | 0.054 |
| | 2017 | 1765 | 1.59 | 1.19 | 152 | -0.063 | -0.062 | 0.059 |
| | 2018 | 2226 | 1.63 | 1.21 | 147 | -0.077 | -0.064 | 0.023 |
| | 2019 | 2274 | 1.63 | 1.29 | 146 | -0.070 | -0.059 | 0.014 |
| | 2020 | 2323 | 1.58 | 1.24 | 145 | -0.080 | -0.092 | 0.009 |
| | 2021 | 1889 | 1.58 | 1.21 | 141 | -0.066 | -0.133 | -0.004 |
| C-2 | 2017 | 1295 | 1.43 | 1.15 | 142 | -0.050 | 0.018 | -0.030 |
| | 2018 | 1415 | 1.54 | 1.15 | 142 | -0.053 | -0.005 | -0.028 |
| | 2019 | 1997 | 1.46 | 1.17 | 139 | -0.070 | -0.024 | -0.042 |
| | 2020 | 1823 | 1.46 | 1.14 | 139 | -0.045 | -0.049 | -0.041 |
| | 2021 | 1393 | 1.45 | 1.16 | 136 | -0.022 | -0.056 | -0.044 |

IBW : 생시체중, ABF : 평균 등지방두께, DAYS : 90kg 도달일령

[표 3-21] C농장 랜드레이스종에 대한 연도별 번식형질의 표현형가, 육종가

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|-----|-------|-------|-------|--------|--------|--------|
| | | | TNB | NBA | WEN | TNB | NBA | WEN |
| C-1 | 2014 | 577 | 12.34 | 11.16 | 10.88 | -1.009 | -0.931 | -0.292 |
| | 2015 | 521 | 12.69 | 11.29 | 8.88 | -0.923 | -0.871 | -0.323 |
| | 2016 | 508 | 12.09 | 10.88 | 9.46 | -0.826 | -0.813 | -0.309 |
| | 2017 | 590 | 12.51 | 11.23 | 9.61 | -0.886 | -0.871 | -0.326 |
| | 2018 | 601 | 12.71 | 11.23 | 10.34 | -0.697 | -0.677 | -0.280 |
| | 2019 | 647 | 13.92 | 12.21 | 9.16 | -0.340 | -0.325 | -0.190 |
| | 2020 | 677 | 14.49 | 12.44 | 10.20 | -0.025 | -0.014 | -0.115 |
| | 2021 | 518 | 15.00 | 12.91 | 10.81 | 0.241 | 0.227 | -0.047 |
| C-2 | 2016 | 82 | 14.46 | 13.67 | 11.38 | 0.867 | 0.692 | 0.097 |
| | 2017 | 381 | 15.16 | 13.89 | 11.24 | 0.440 | 0.411 | 0.112 |
| | 2018 | 436 | 15.47 | 13.57 | 10.89 | 0.701 | 0.624 | 0.116 |
| | 2019 | 438 | 15.67 | 13.64 | 10.80 | 0.702 | 0.637 | 0.126 |
| | 2020 | 423 | 15.95 | 13.55 | 10.54 | 0.551 | 0.508 | 0.092 |
| | 2021 | 332 | 15.26 | 12.96 | 10.53 | 0.376 | 0.408 | 0.098 |

TNB : 총산자수, NBA : 생존산자수, WEN : 이유두수

(4) D농장

[표 3-22] D농장 요크셔종에 대한 연도별 산육형질의 표현형가, 육종가

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|------|-------------|-------------|-------------|--------|--------|--------|
| | | | IBW (kg) | ABF (mm) | DAYS (일) | IBW | ABF | DAYS |
| D-1 | 2014 | 1443 | 1.15 | 1.31 | 140 | 0.010 | -0.002 | 1.376 |
| | 2015 | 1373 | 1.43 | 1.38 | 142 | 0.011 | 0.036 | 0.411 |
| | 2016 | 2564 | 1.52 | 1.39 | 136 | 0.008 | 0.042 | 0.018 |
| | 2017 | 2332 | 1.42 | 1.42 | 134 | 0.008 | 0.048 | 0.293 |
| | 2018 | 2656 | 1.30 | 1.44 | 142 | 0.002 | 0.035 | 0.991 |
| | 2019 | 1399 | 1.43 | 1.44 | 139 | -0.007 | 0.029 | -1.203 |
| | 2020 | 1726 | 1.48 | 1.38 | 136 | -0.006 | -0.006 | -0.202 |
| | 2021 | 1807 | 1.48 | 1.39 | 134 | -0.003 | -0.026 | -1.470 |

IBW : 생시체중, ABF : 평균 등지방두께, DAYS : 90kg 도달일령

[표 3-23] D농장 요크셔종에 대한 연도별 번식형질의 표현형가, 육종가

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|-----|-------|-------|-------|--------|--------|--------|
| | | | TNB | NBA | WEN | TNB | NBA | WEN |
| D-1 | 2014 | 435 | 12.27 | 11.11 | 9.77 | -0.050 | -0.008 | 0.008 |
| | 2015 | 792 | 12.96 | 11.68 | 9.91 | -0.107 | -0.051 | 0.006 |
| | 2016 | 845 | 12.97 | 11.32 | 10.24 | -0.154 | -0.097 | -0.002 |
| | 2017 | 871 | 12.91 | 11.53 | 10.40 | -0.160 | -0.141 | -0.006 |
| | 2018 | 718 | 13.20 | 11.88 | 10.80 | -0.169 | -0.157 | -0.012 |
| | 2019 | 849 | 13.60 | 11.99 | 10.78 | -0.379 | -0.302 | -0.011 |
| | 2020 | 781 | 13.11 | 11.75 | 10.62 | -0.346 | -0.273 | -0.012 |
| | 2021 | 625 | 13.48 | 11.93 | 10.49 | -0.308 | -0.229 | -0.008 |

TNB : 총산자수, NBA : 생존산자수, WEN : 이유두수

[표 3-24] D농장 랜드레이스종에 대한 연도별 산육형질의 표현형가, 육종가

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|-----|-------------|-------------|-------------|--------|--------|--------|
| | | | IBW (kg) | ABF (mm) | DAYS (일) | IBW | ABF | DAYS |
| D-1 | 2014 | 228 | 1.16 | 1.21 | 133 | 0.001 | 0.011 | 0.328 |
| | 2015 | 130 | 1.37 | 1.19 | 139 | 0.003 | -0.004 | -0.590 |
| | 2016 | 73 | 1.55 | 1.27 | 137 | 0.003 | 0.020 | 0.697 |
| | 2017 | 65 | 1.40 | 1.33 | 133 | 0.003 | 0.025 | 0.757 |
| | 2018 | 144 | 1.28 | 1.34 | 141 | -0.001 | 0.009 | 0.394 |
| | 2019 | 56 | 1.40 | 1.40 | 136 | 0.003 | 0.029 | 0.739 |
| | 2020 | 49 | 1.51 | 1.27 | 134 | -0.003 | 0.017 | 0.221 |
| | 2021 | 52 | 1.45 | 1.34 | 133 | -0.003 | 0.027 | 0.419 |

IBW : 생시체중, ABF : 평균 등지방두께, DAYS : 90kg 도달일령

[표 3-25] D농장 랜드레이스종에 대한 연도별 번식형질의 표현형가, 육종가

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|----|-------|-------|-------|-------|--------|--------|
| | | | TNB | NBA | WEN | TNB | NBA | WEN |
| D-1 | 2014 | 58 | 11.02 | 10.17 | 10.03 | 0.041 | -0.020 | 0.008 |
| | 2015 | 38 | 11.79 | 10.66 | 9.76 | 0.048 | 0.012 | -0.010 |
| | 2016 | 30 | 11.43 | 10.17 | 10.33 | 0.004 | -0.023 | 0.004 |
| | 2017 | 38 | 10.97 | 10.05 | 8.37 | 0.108 | -0.014 | 0.008 |
| | 2018 | 34 | 12.29 | 10.94 | 8.97 | 0.046 | -0.020 | 0.018 |
| | 2019 | 31 | 11.71 | 10.65 | 10.94 | 0.068 | 0.006 | -0.009 |
| | 2020 | 30 | 10.07 | 9.37 | 10.07 | 0.050 | -0.028 | 0.011 |
| | 2021 | 18 | 10.94 | 9.72 | 9.33 | 0.041 | -0.004 | -0.005 |

TNB : 총산자수, NBA : 생존산자수, WEN : 이유두수

[표 3-26] D농장 두록종에 대한 연도별 산육형질의 표현형가, 육종가

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|-----|-------------|-------------|-------------|--------|-------|--------|
| | | | IBW (kg) | ABF (mm) | DAYS (일) | IBW | ABF | DAYS |
| D-1 | 2014 | 325 | 1.19 | 1.19 | 137 | -0.002 | 0.008 | 1.549 |
| | 2015 | 300 | 1.42 | 1.26 | 144 | -0.003 | 0.003 | 1.173 |
| | 2016 | 539 | 1.53 | 1.25 | 138 | 0.003 | 0.008 | 0.770 |
| | 2017 | 453 | 1.44 | 1.32 | 134 | -0.005 | 0.032 | 1.448 |
| | 2018 | 557 | 1.31 | 1.35 | 138 | -0.005 | 0.033 | 1.645 |
| | 2019 | 304 | 1.45 | 1.35 | 135 | -0.004 | 0.023 | 0.516 |
| | 2020 | 254 | 1.52 | 1.33 | 132 | -0.009 | 0.022 | 0.472 |
| | 2021 | 337 | 1.50 | 1.34 | 129 | -0.007 | 0.022 | -0.477 |

IBW : 생시체중, ABF : 평균 등지방두께, DAYS : 90kg 도달일령

[표 3-27] D농장 두록종에 대한 연도별 번식형질의 표현형가, 육종가

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|-----|------|------|------|--------|--------|--------|
| | | | TNB | NBA | WEN | TNB | NBA | WEN |
| D-1 | 2014 | 88 | 9.25 | 8.30 | 8.15 | -0.002 | -0.001 | 0.011 |
| | 2015 | 100 | 9.48 | 8.62 | 8.89 | 0.040 | 0.039 | 0.021 |
| | 2016 | 118 | 9.26 | 8.31 | 8.84 | 0.001 | 0.002 | -0.009 |
| | 2017 | 111 | 9.45 | 8.51 | 8.49 | -0.057 | -0.049 | 0.021 |
| | 2018 | 88 | 9.65 | 8.43 | 7.89 | 0.024 | 0.024 | -0.032 |
| | 2019 | 103 | 9.35 | 8.06 | 7.19 | -0.124 | -0.108 | -0.062 |
| | 2020 | 85 | 9.65 | 8.34 | 7.68 | -0.096 | -0.085 | -0.081 |
| | 2021 | 56 | 9.12 | 8.32 | 7.43 | 0.080 | 0.074 | 0.018 |

TNB : 총산자수, NBA : 생존산자수, WEN : 이유두수

(5) F농장

[표 3-28] F농장 요크셔에 대한 연도별 산육형질의 표현형가, 육종가 및 정확도

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|------|-------------|-------------|-------------|--------|--------|-------|
| | | | IBW (kg) | ABF (mm) | DAYS (일) | IBW | ABF | DAYS |
| F-1 | 2014 | 4625 | 1.30 | 1.28 | 153 | -0.046 | -0.031 | 2.311 |
| | 2015 | 4550 | 1.32 | 1.42 | 142 | -0.053 | 0.009 | 1.394 |
| | 2016 | 4633 | 1.31 | 1.44 | 141 | -0.073 | 0.031 | 1.020 |
| | 2017 | 5064 | 1.31 | 1.42 | 140 | -0.098 | 0.005 | 1.779 |
| | 2018 | 4190 | 1.40 | 1.34 | 140 | -0.069 | -0.015 | 0.218 |
| | 2019 | 3681 | 1.45 | 1.26 | 143 | -0.065 | -0.040 | 0.494 |
| | 2020 | 4370 | 1.43 | 1.24 | 147 | -0.071 | -0.040 | 0.711 |
| | 2021 | 2069 | 1.42 | 1.28 | 144 | -0.072 | -0.043 | 0.539 |

IBW : 생시체중, ABF : 평균 등지방두께, DAYS : 90kg 도달일령

[표 3-29] F농장 요크셔에 대한 연도별 번식형질의 표현형가, 육종가 및 정확도

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|------|-------|-------|-------|--------|--------|--------|
| | | | TNB | NBA | WEN | TNB | NBA | WEN |
| F-1 | 2014 | 1398 | 12.99 | 10.57 | 10.33 | -0.277 | -0.082 | 0.041 |
| | 2015 | 1352 | 12.57 | 10.67 | 10.52 | -0.241 | -0.094 | 0.014 |
| | 2016 | 1324 | 13.30 | 11.02 | 10.57 | -0.172 | -0.079 | -0.038 |
| | 2017 | 1358 | 13.92 | 11.19 | 10.45 | -0.040 | 0.005 | -0.039 |
| | 2018 | 1289 | 15.10 | 11.66 | 10.53 | 0.140 | 0.065 | -0.068 |
| | 2019 | 1314 | 14.91 | 11.71 | 10.80 | 0.249 | 0.055 | -0.084 |
| | 2020 | 992 | 14.19 | 11.42 | 10.61 | 0.343 | 0.111 | -0.091 |
| | 2021 | 697 | 14.68 | 11.61 | 11.01 | 0.427 | 0.247 | -0.015 |

TNB : 총산자수, NBA : 생존산자수, WEN : 이유두수

[표 3-30] F농장 랜드레이스종에 대한 연도별 산육형질의 표현형가, 육종가

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|-----|-------------|-------------|-------------|--------|--------|--------|
| | | | IBW (kg) | ABF (mm) | DAYS (일) | IBW | ABF | DAYS |
| F-1 | 2014 | 303 | 1.40 | 1.41 | 155 | -0.076 | 0.128 | 2.829 |
| | 2015 | 258 | 1.37 | 1.44 | 145 | -0.067 | 0.077 | 4.257 |
| | 2016 | 566 | 1.27 | 1.42 | 144 | -0.076 | 0.031 | 3.199 |
| | 2017 | 549 | 1.35 | 1.38 | 140 | -0.070 | 0.006 | 2.475 |
| | 2018 | 456 | 1.41 | 1.31 | 139 | -0.088 | -0.002 | 1.083 |
| | 2019 | 352 | 1.48 | 1.28 | 141 | -0.064 | -0.003 | 0.595 |
| | 2020 | 223 | 1.44 | 1.33 | 145 | -0.039 | 0.004 | 0.036 |
| | 2021 | 136 | 1.49 | 1.29 | 142 | -0.072 | 0.017 | -0.068 |

IBW : 생시체중, ABF : 평균 등지방두께, DAYS : 90kg 도달일령

[표 3-31] F농장 랜드레이스종에 대한 연도별 번식형질의 표현형가, 육종가

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|-----|-------|-------|-------|--------|-------|--------|
| | | | TNB | NBA | WEN | TNB | NBA | WEN |
| F-1 | 2014 | 81 | 11.77 | 9.54 | 10.31 | -0.059 | 0.107 | -0.020 |
| | 2015 | 69 | 11.77 | 10.58 | 10.65 | 0.011 | 0.111 | -0.008 |
| | 2016 | 124 | 12.32 | 10.85 | 10.70 | -0.052 | 0.066 | -0.020 |
| | 2017 | 133 | 12.98 | 10.89 | 10.39 | -0.066 | 0.101 | -0.025 |
| | 2018 | 124 | 12.82 | 10.51 | 10.76 | 0.066 | 0.069 | -0.003 |
| | 2019 | 106 | 13.30 | 11.17 | 10.78 | 0.034 | 0.068 | -0.004 |
| | 2020 | 40 | 12.68 | 11.28 | 10.37 | 0.023 | 0.039 | -0.008 |
| | 2021 | 51 | 13.55 | 11.65 | 11.18 | 0.039 | 0.019 | 0.004 |

TNB : 총산자수, NBA : 생존산자수, WEN : 이유두수

[표 3-32] F농장 두록종에 대한 연도별 산육형질의 표현형가, 육종가 및 정확도

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|-----|-------------|-------------|-------------|--------|--------|--------|
| | | | IBW (kg) | ABF (mm) | DAYS (일) | IBW | ABF | DAYS |
| F-2 | 2014 | 188 | 1.39 | 1.27 | 146 | -0.030 | 0.003 | 0.794 |
| | 2015 | 299 | 1.59 | 1.41 | 148 | 0.006 | -0.009 | 1.117 |
| | 2016 | 380 | 1.68 | 1.26 | 141 | -0.010 | -0.011 | 0.542 |
| | 2017 | 374 | 1.71 | 1.32 | 142 | 0.040 | -0.001 | 1.328 |
| | 2018 | 404 | 1.69 | 1.27 | 142 | -0.019 | -0.002 | 0.318 |
| | 2019 | 269 | 1.44 | 1.21 | 134 | -0.048 | 0.010 | -1.801 |
| | 2020 | 458 | 1.38 | 1.28 | 137 | -0.043 | 0.010 | -1.733 |
| | 2021 | 287 | 1.31 | 1.26 | 133 | -0.050 | 0.007 | -2.057 |

IBW : 생시체중, ABF : 평균 등지방두께, DAYS : 90kg 도달일령

[표 3-33] F농장 두록종에 대한 연도별 번식형질의 표현형가, 육종가 및 정확도

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|-----|-------|------|-------|--------|--------|--------|
| | | | TNB | NBA | WEN | TNB | NBA | WEN |
| F-2 | 2014 | 66 | 9.55 | 8.44 | 9.05 | 0.077 | 0.109 | 0.023 |
| | 2015 | 89 | 7.78 | 7.34 | 8.74 | -0.110 | -0.055 | -0.022 |
| | 2016 | 115 | 8.70 | 7.87 | 7.32 | -0.056 | -0.020 | -0.016 |
| | 2017 | 118 | 8.69 | 7.62 | 7.47 | -0.091 | -0.022 | -0.021 |
| | 2018 | 101 | 10.20 | 8.82 | 10.23 | -0.010 | 0.071 | 0.000 |
| | 2019 | 90 | 10.76 | 9.12 | 7.39 | 0.087 | 0.091 | 0.015 |
| | 2020 | 65 | 10.95 | 9.00 | 7.55 | 0.138 | 0.050 | 0.013 |
| | 2021 | 66 | 10.64 | 8.85 | 7.14 | 0.027 | 0.069 | -0.004 |

TNB : 총산자수, NBA : 생존산자수, WEN : 이유두수

(6) G농장

[표 3-34] G농장 두록종에 대한 연도별 산육형질의 표현형가, 육종가

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|-----|-------|------|------|--------|-------|--------|
| | | | ADG | ABF | DAYS | ADG | ABF | DAYS |
| G-1 | 2016 | 252 | 0.710 | 1.11 | 131 | -0.001 | 0.001 | 0.097 |
| | 2017 | 207 | 0.736 | 1.13 | 128 | 0.000 | 0.002 | 0.047 |
| | 2018 | 286 | 0.682 | 1.27 | 133 | 0.002 | 0.002 | -0.179 |
| | 2019 | 251 | 0.719 | 1.29 | 131 | 0.005 | 0.000 | -0.524 |
| | 2020 | 226 | 0.731 | 1.33 | 127 | 0.002 | 0.000 | -0.280 |
| | 2021 | 169 | 0.757 | 1.29 | 125 | 0.002 | 0.000 | -0.238 |

ADG : 일당증체량, ABF : 평균 등지방두께, DAYS : 90kg 도달일령

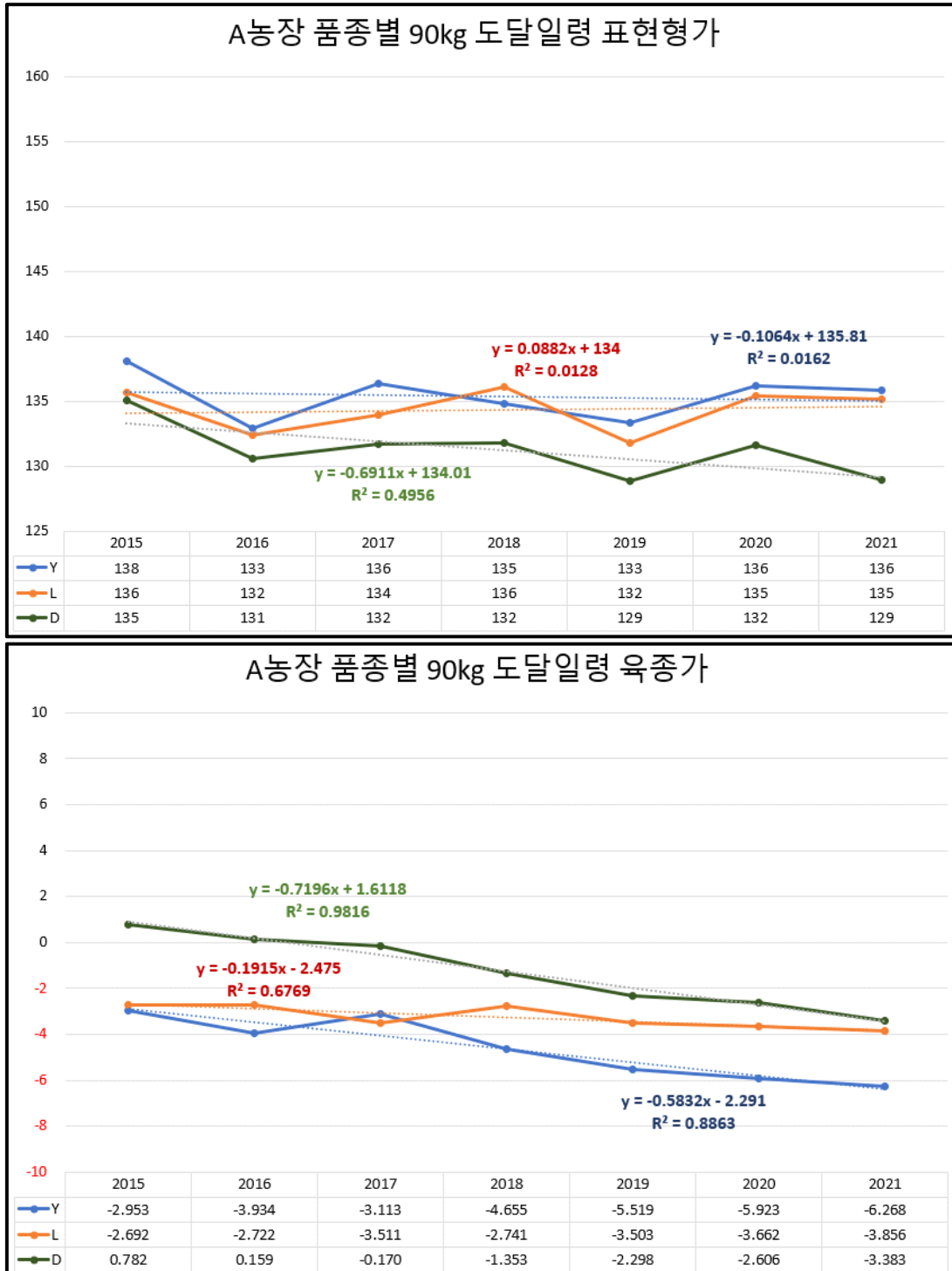
[표 3-35] G농장 두록종에 대한 연도별 번식형질의 표현형가, 육종가

| 농장 | 연도 | No | 표현형가 | | | 육종가 | | |
|-----|------|----|------|------|------|--------|--------|--------|
| | | | TNB | NBA | WEN | TNB | NBA | WEN |
| G-1 | 2016 | 43 | 8.91 | 7.09 | 7.09 | 0.006 | -0.004 | -0.004 |
| | 2017 | 28 | 9.36 | 7.71 | 7.68 | 0.073 | 0.107 | 0.088 |
| | 2018 | 46 | 9.83 | 9.04 | 8.33 | -0.030 | 0.059 | 0.053 |
| | 2019 | 39 | 8.62 | 7.05 | 7.25 | -0.120 | -0.036 | -0.023 |
| | 2020 | 36 | 8.83 | 8.06 | 7.31 | 0.119 | 0.203 | 0.167 |
| | 2021 | 28 | 6.75 | 5.64 | 6.17 | 0.116 | 0.167 | 0.136 |

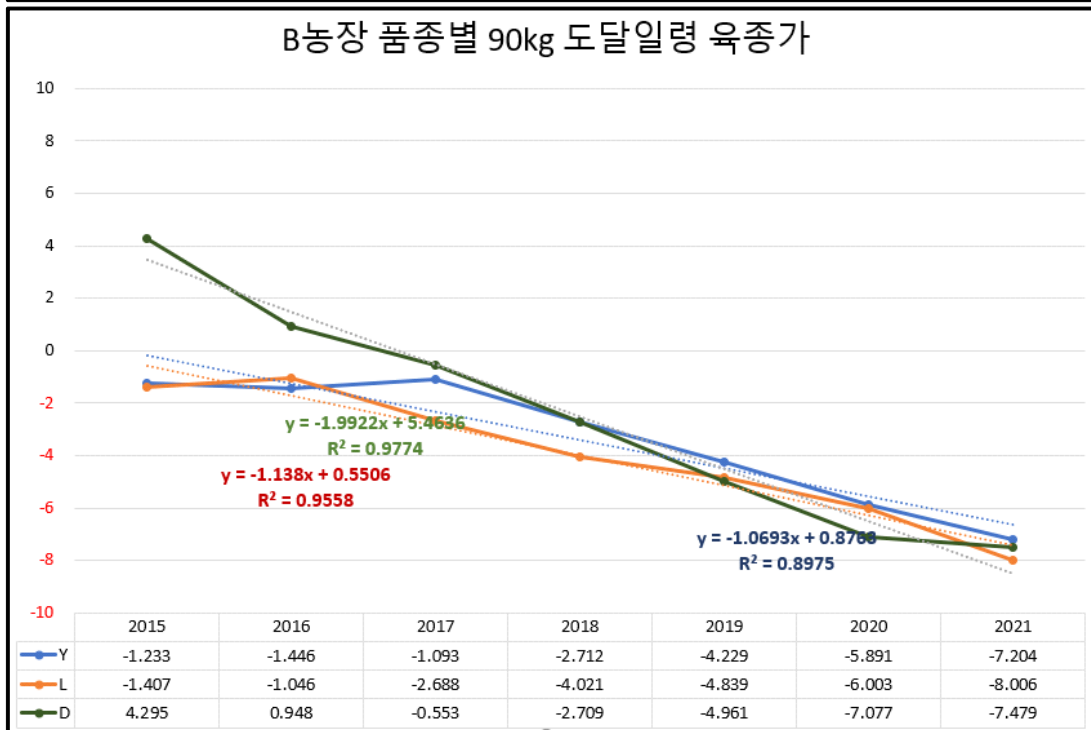
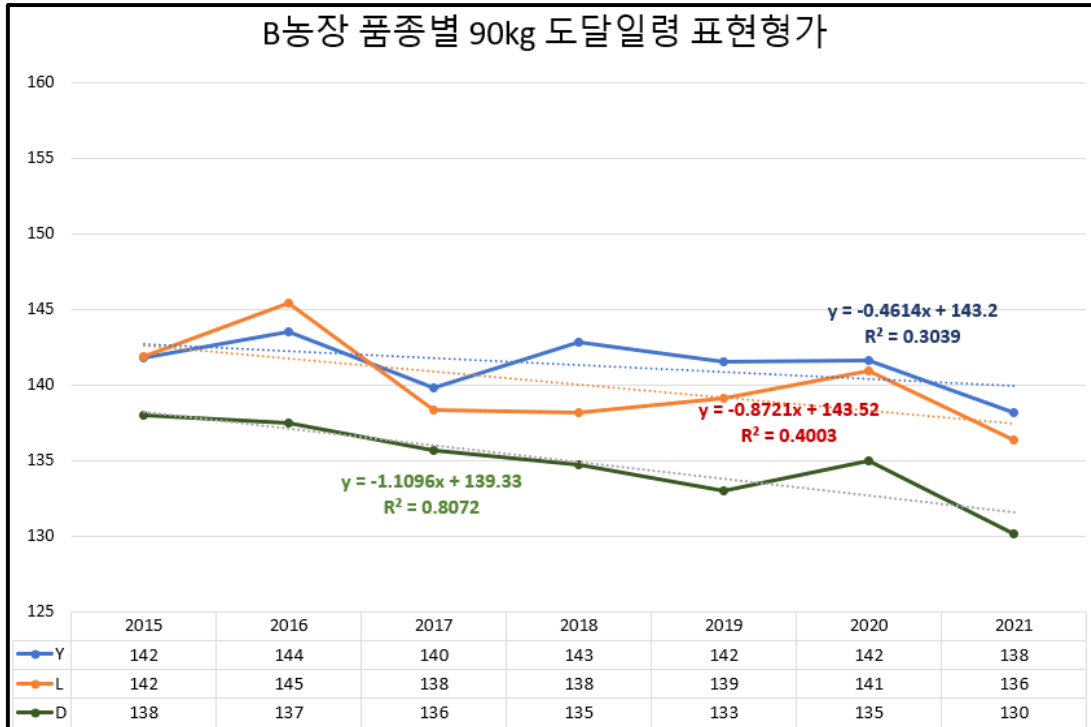
TNB : 총산자수, NBA : 생존산자수, WEN : 이유두수

제 2 절 GSP 참여 종돈장의 최근 5년간 품종별 경제형질에 대한 연도별 유전적 개량량

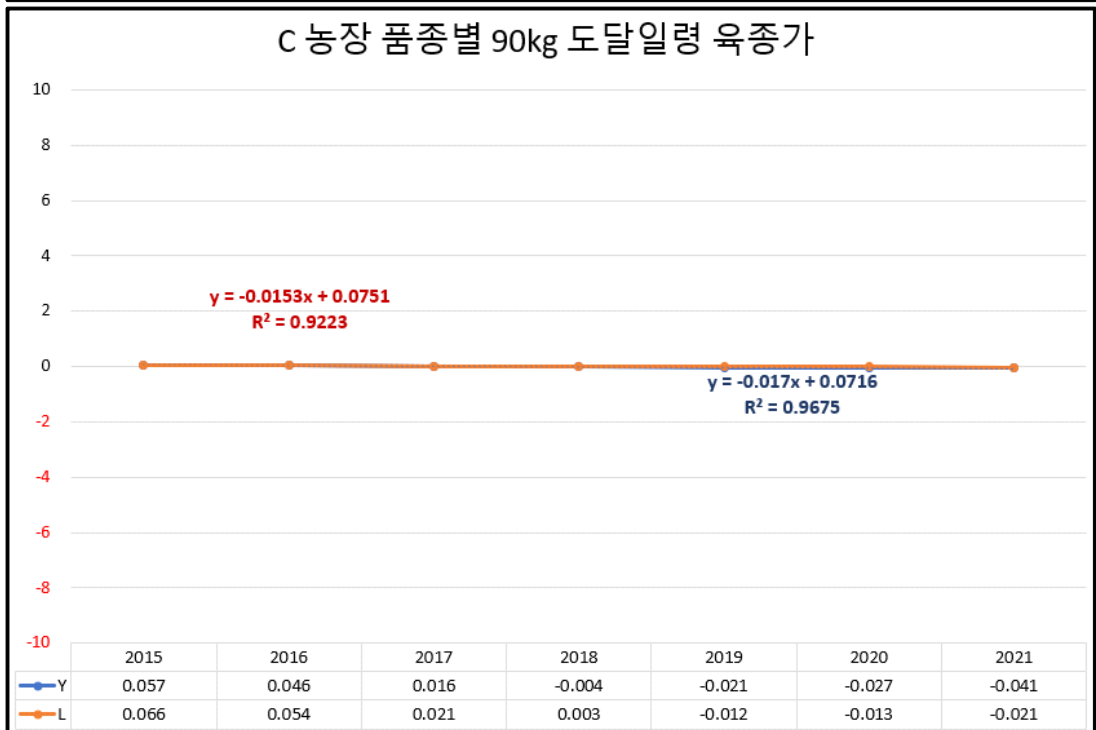
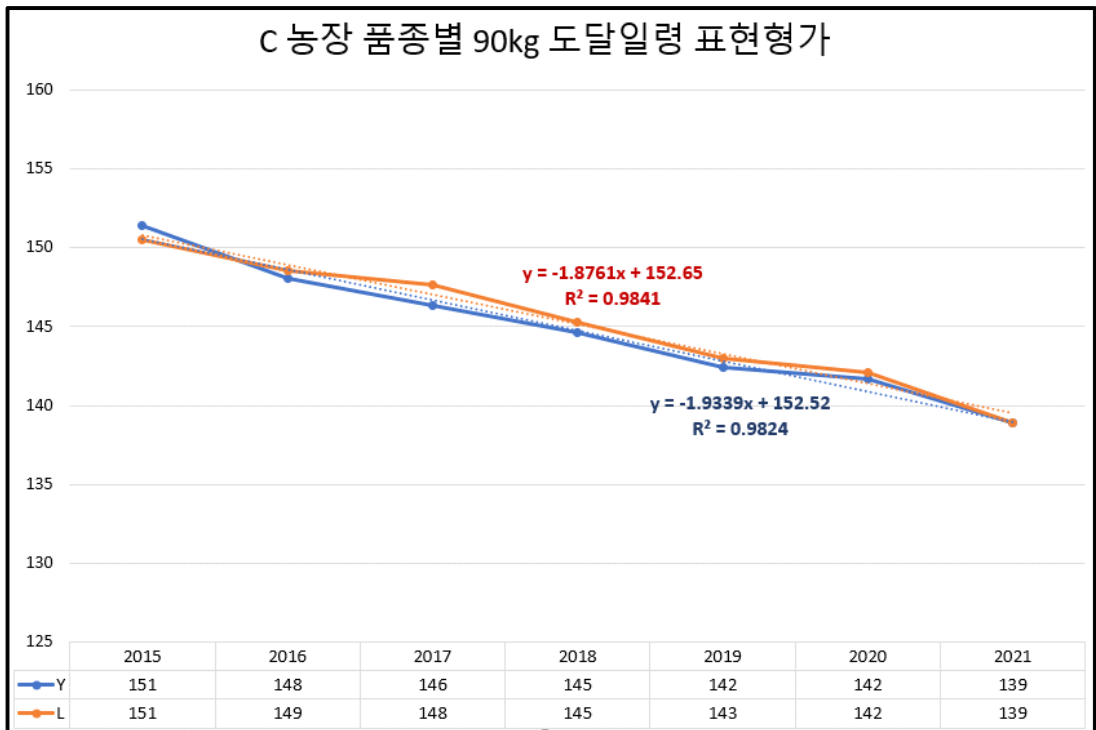
1. 참여종돈장의 산육형질에 대한 표현형 및 유전적 개량량 추세가. 90kg 도달일령



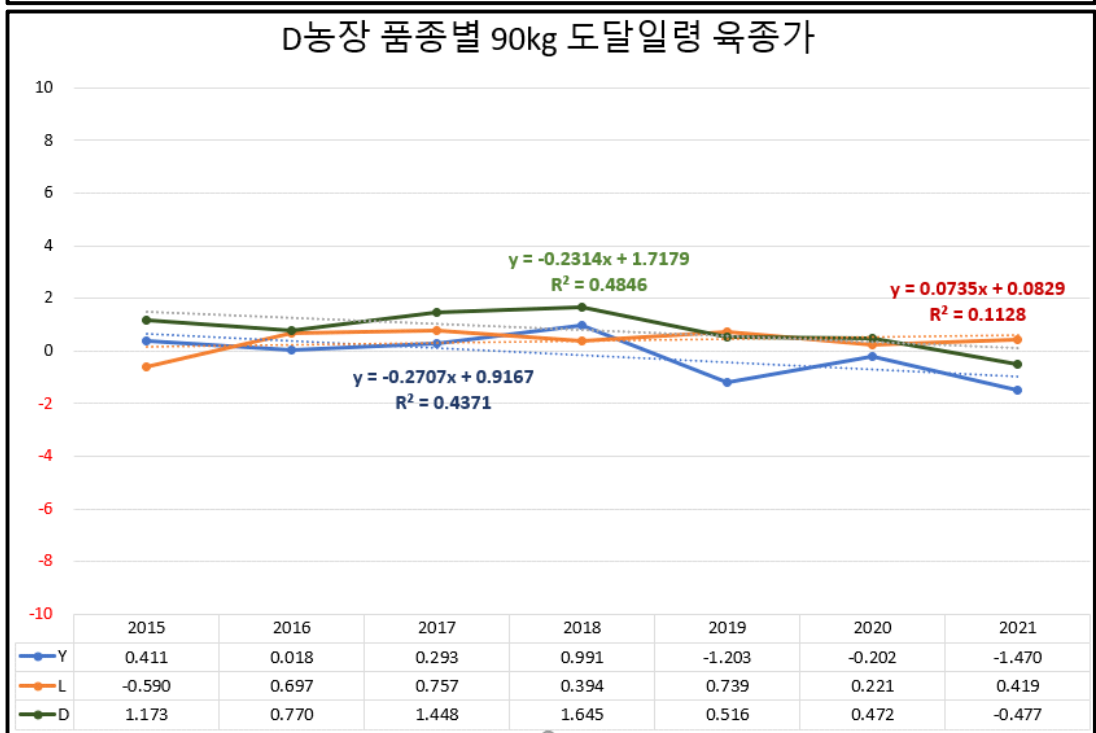
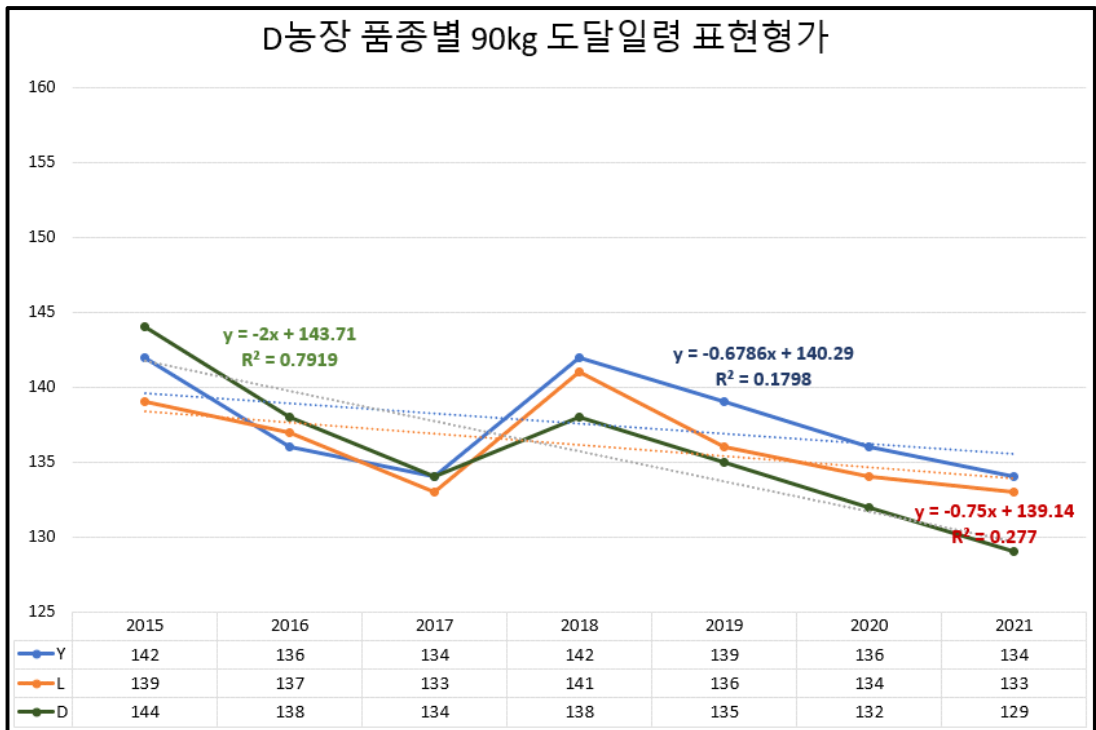
[그림 3-1] A농장 90kg 도달일령 연도별 개량 추세



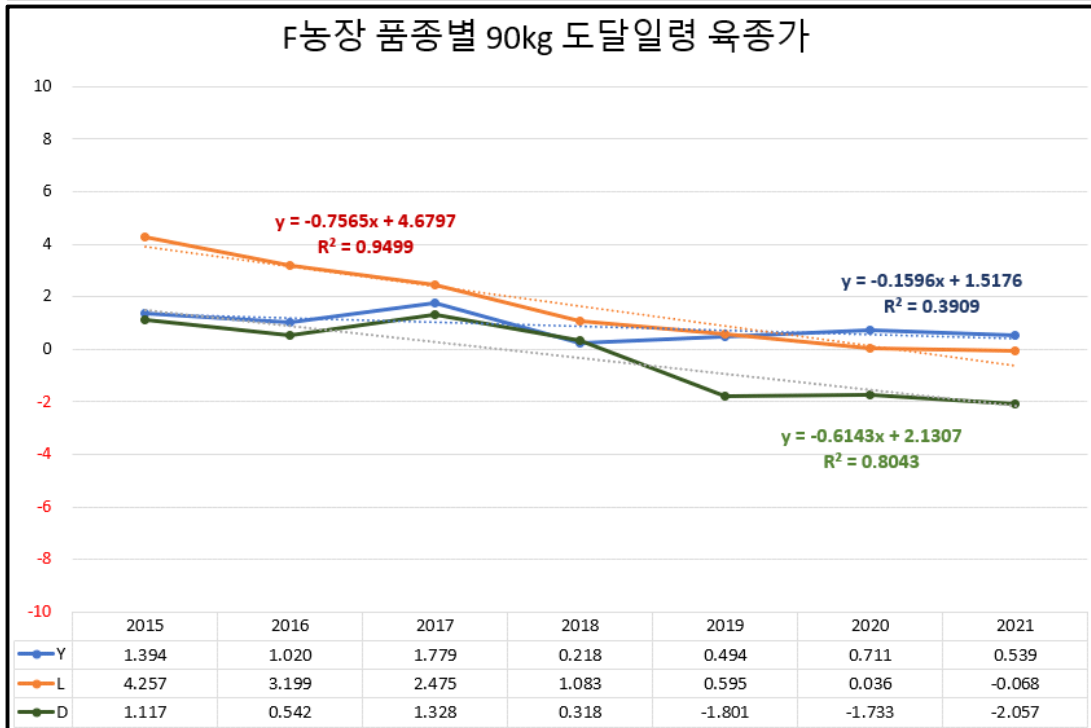
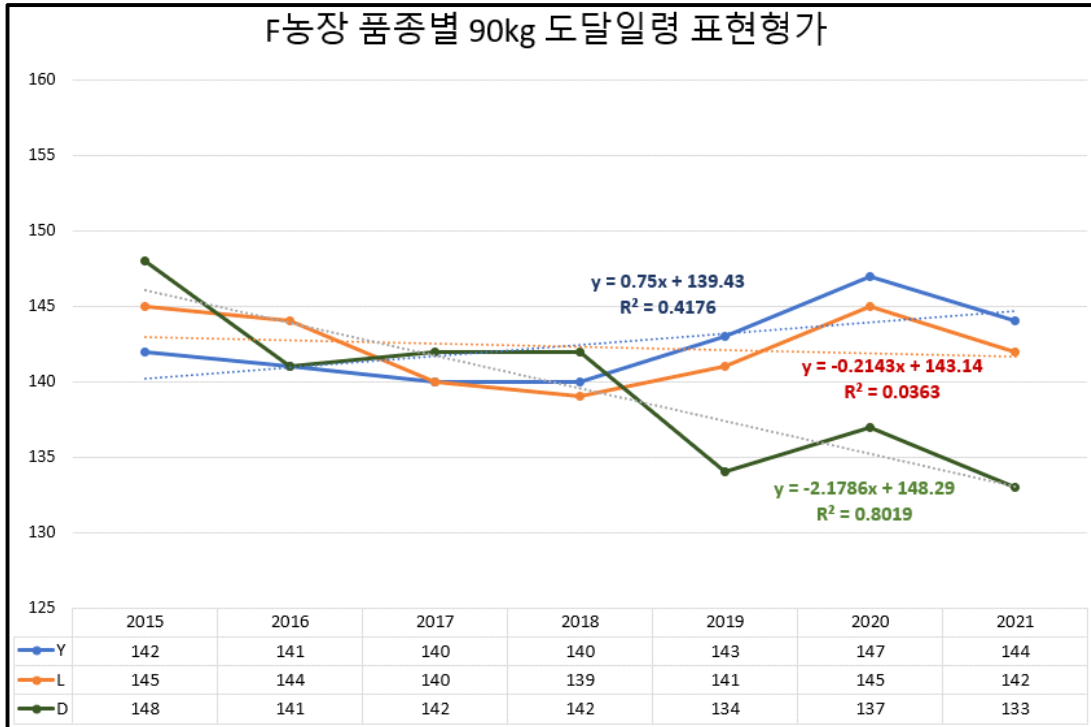
[그림 3-2] B농장 90kg 도달일령 연도별 개량 추세



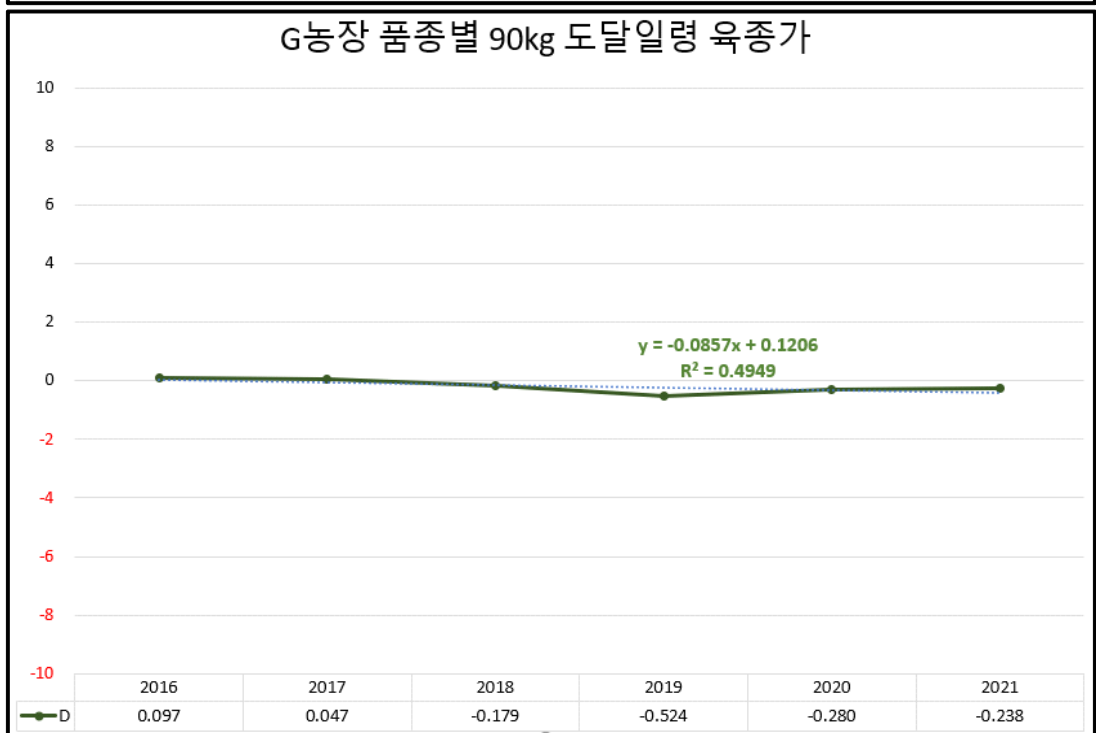
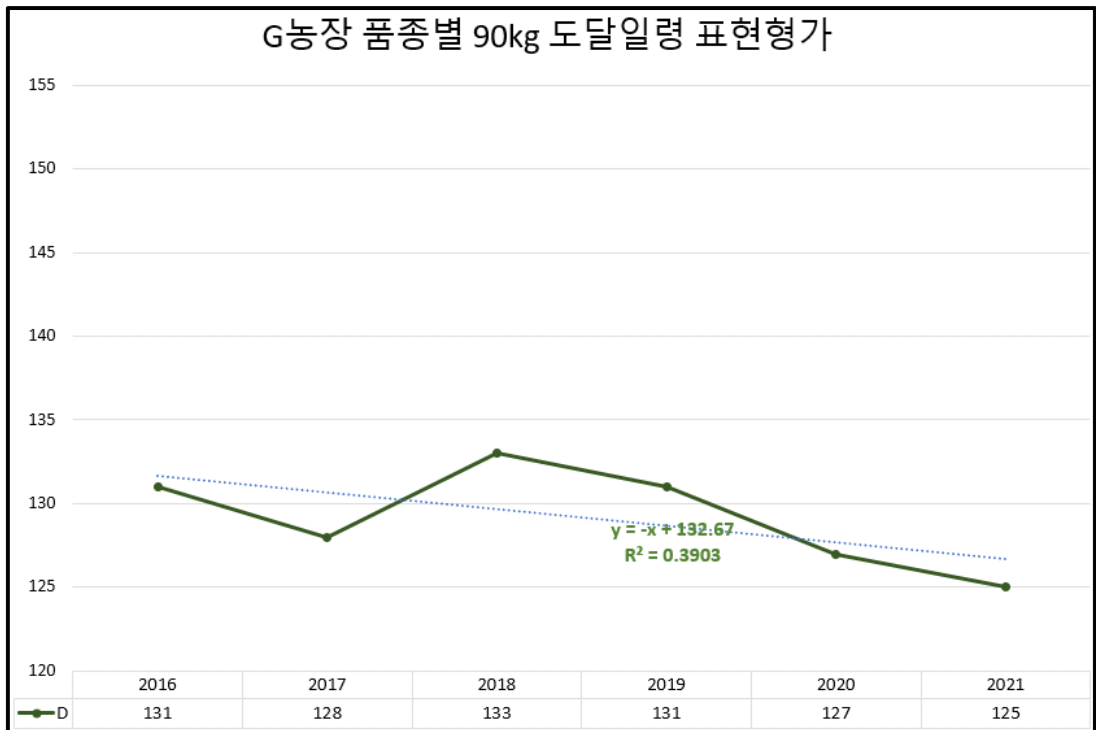
[그림 3-3] C농장 90kg 도달일령 연도별 개량 추세



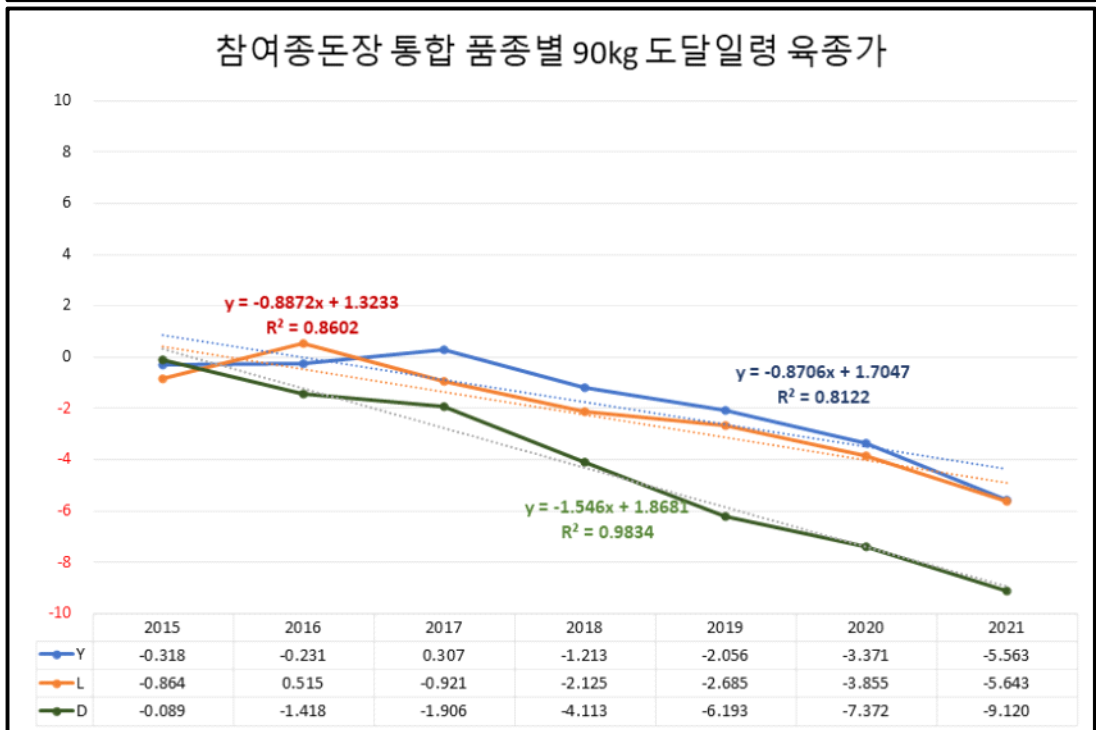
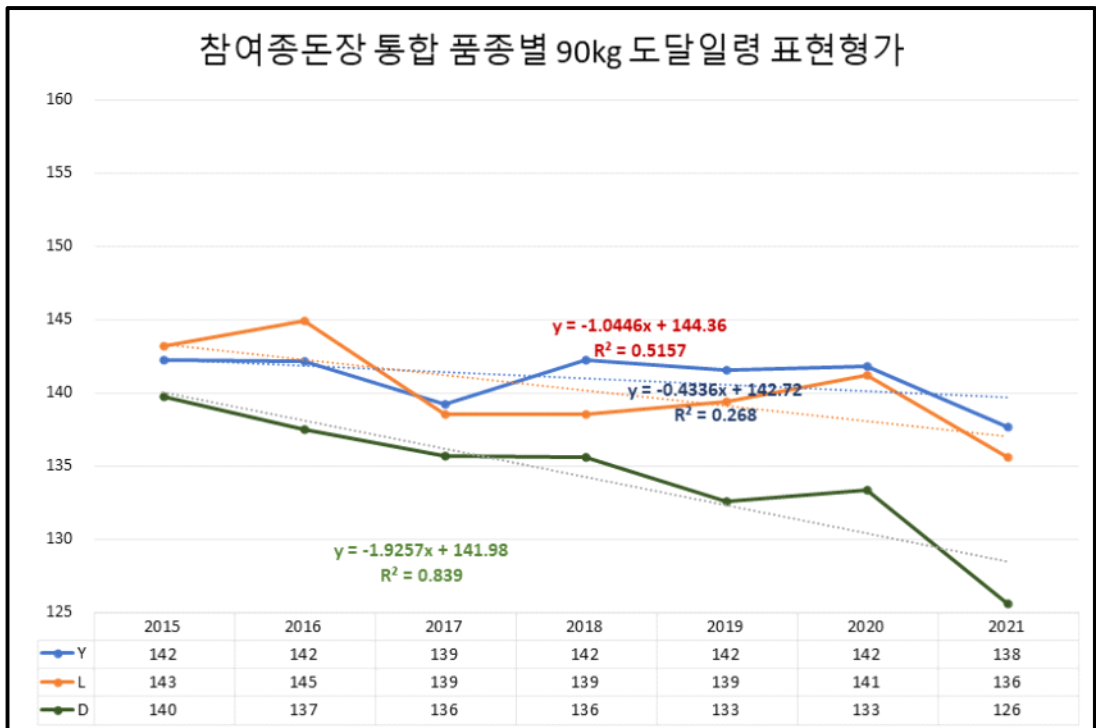
[그림 3-4] D농장 90kg 도달일령 연도별 개량 추세



[그림 3-5] F농장 90kg 도달일령 연도별 개량 추세

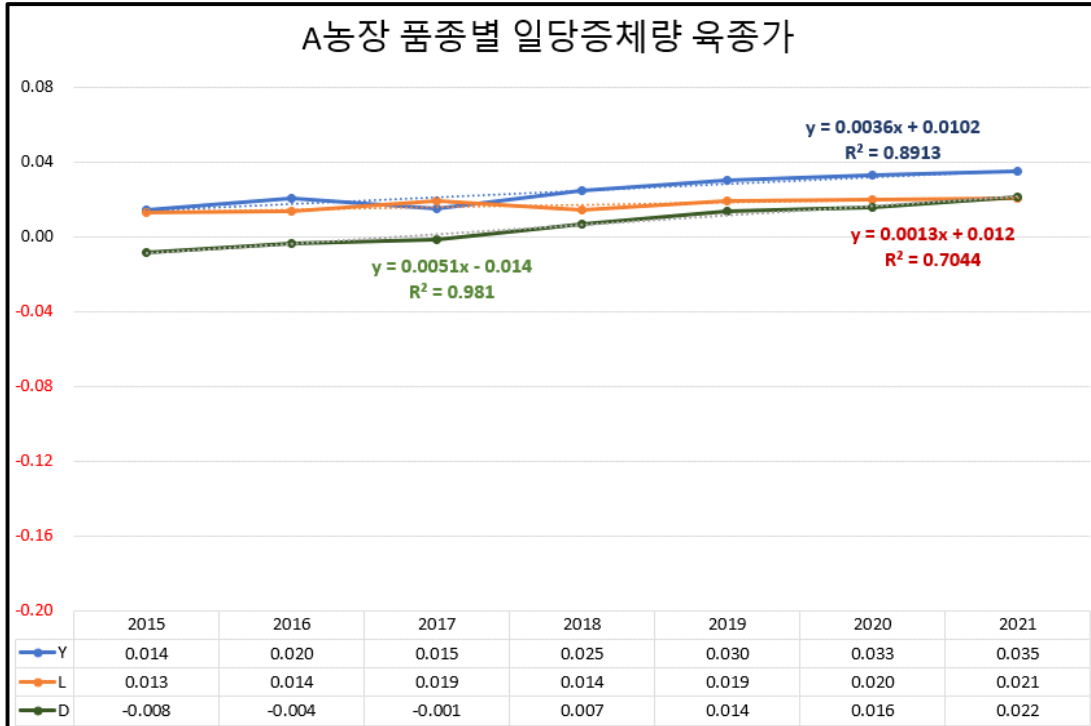
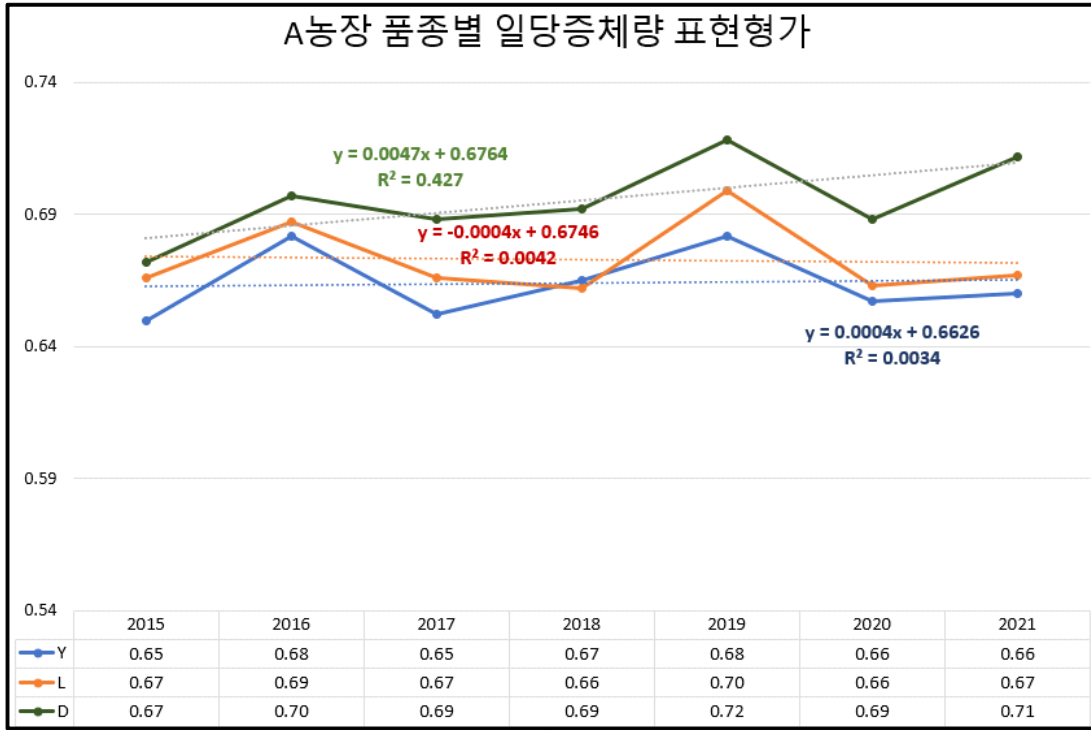


[그림 3-6] G농장 90kg 도달일령 연도별 개량 추세

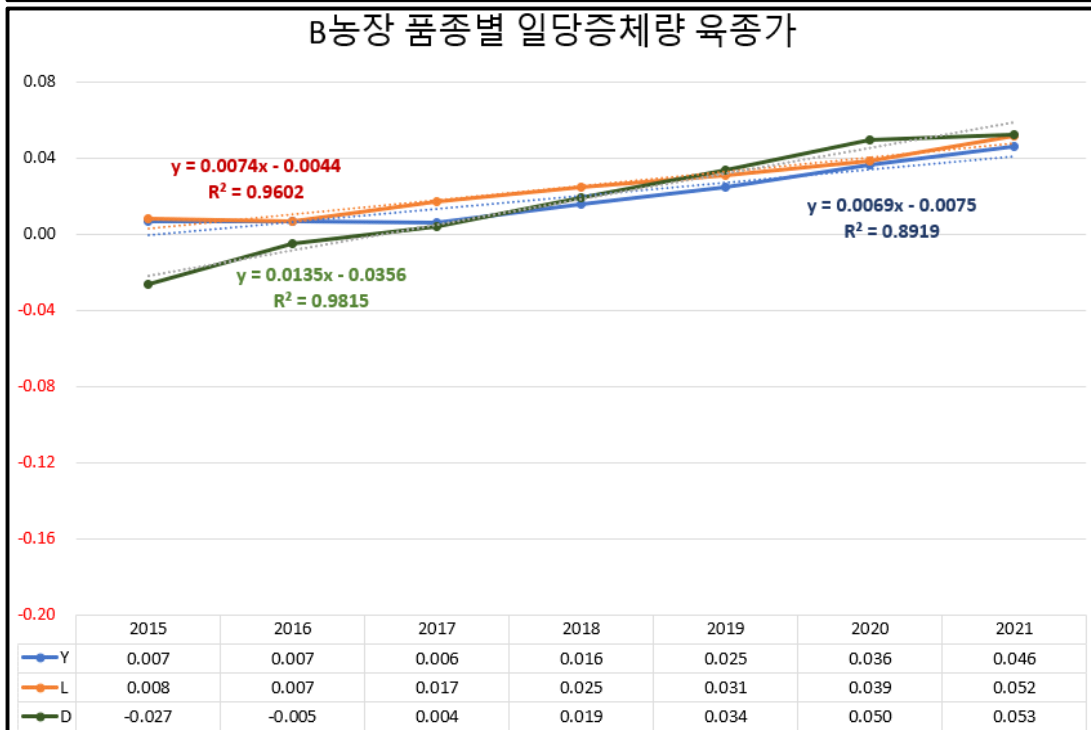
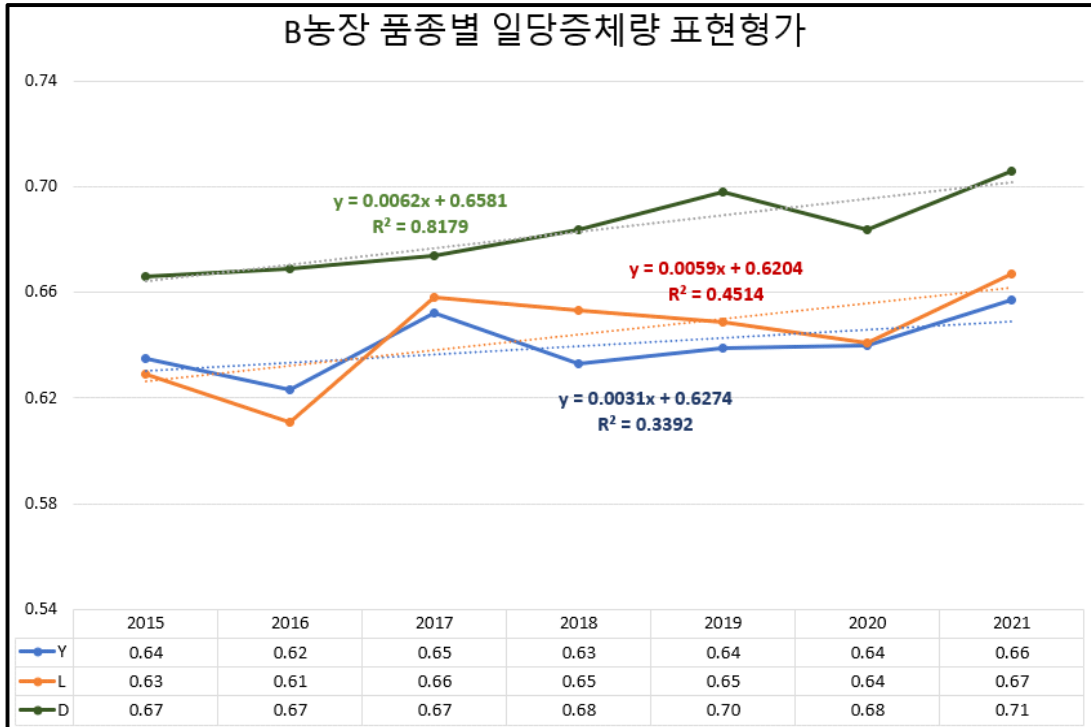


[그림 3-7] 참여종돈장 통합 90kg 도달일령 연도별 개량 추세

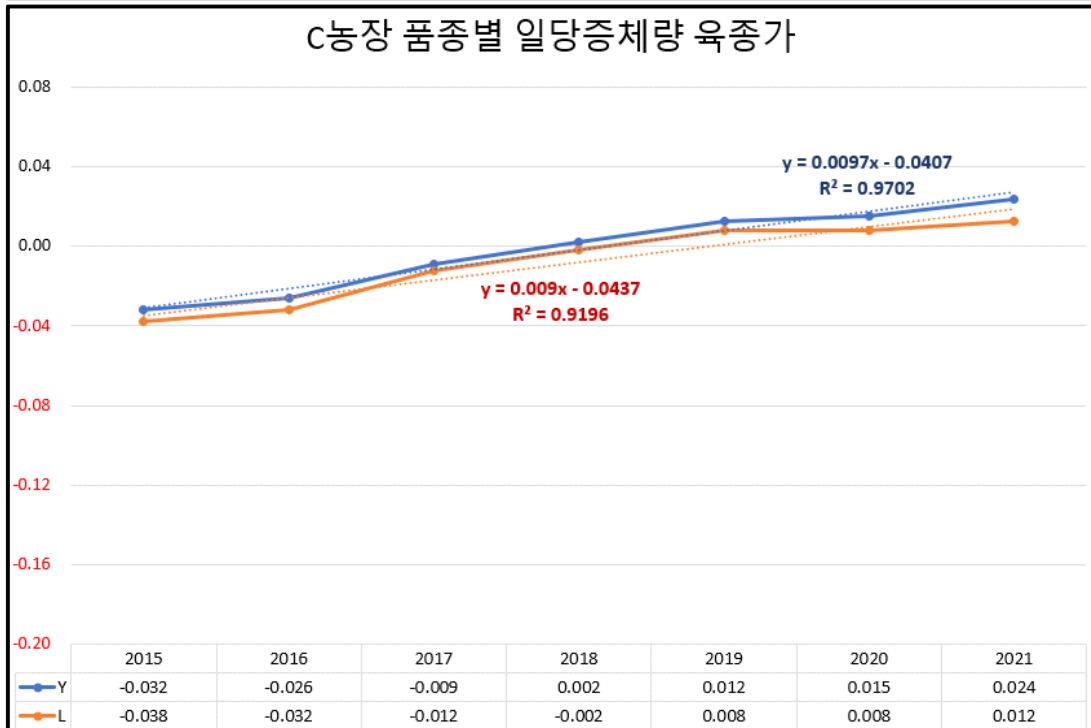
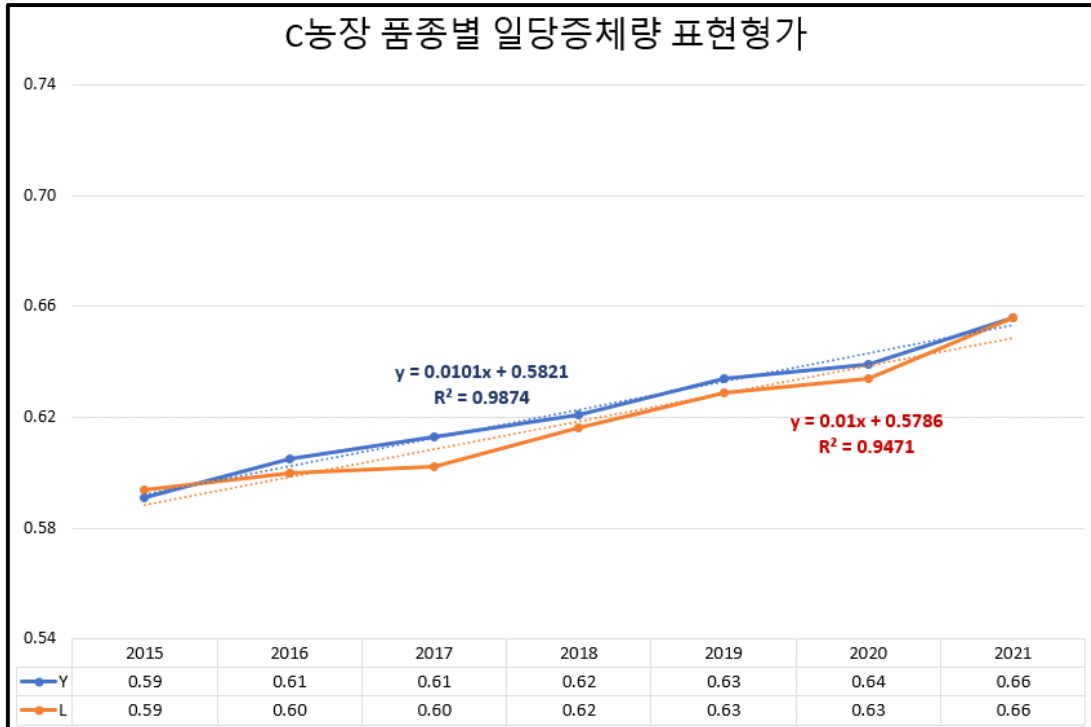
나. 일당증체량



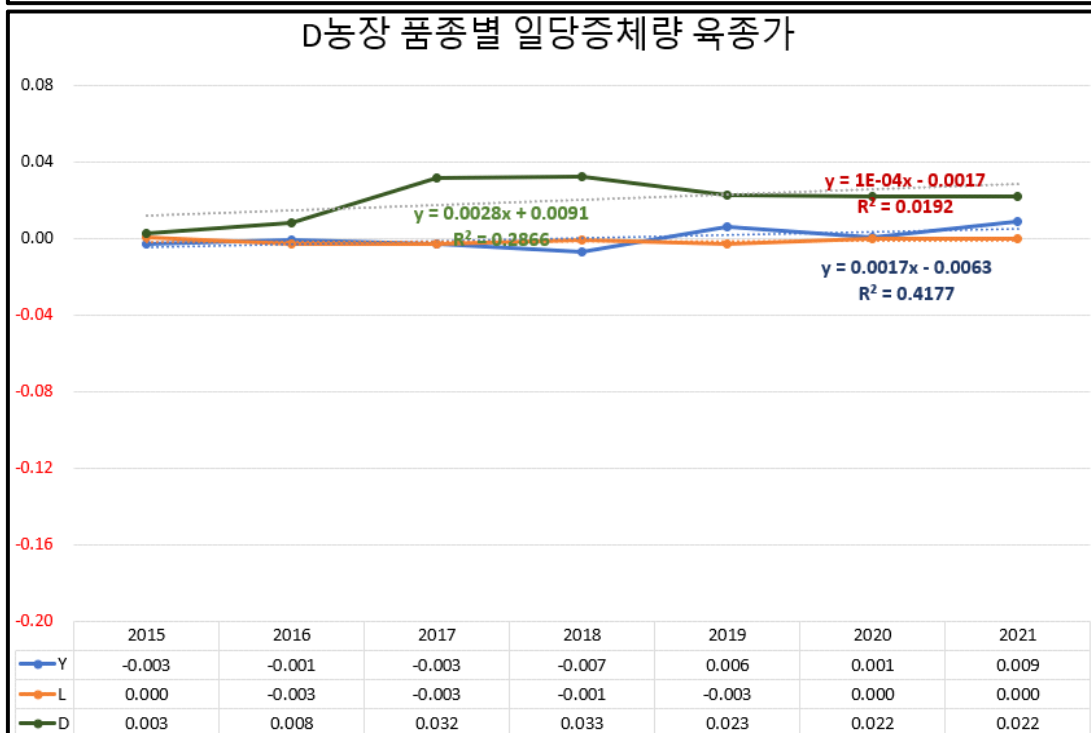
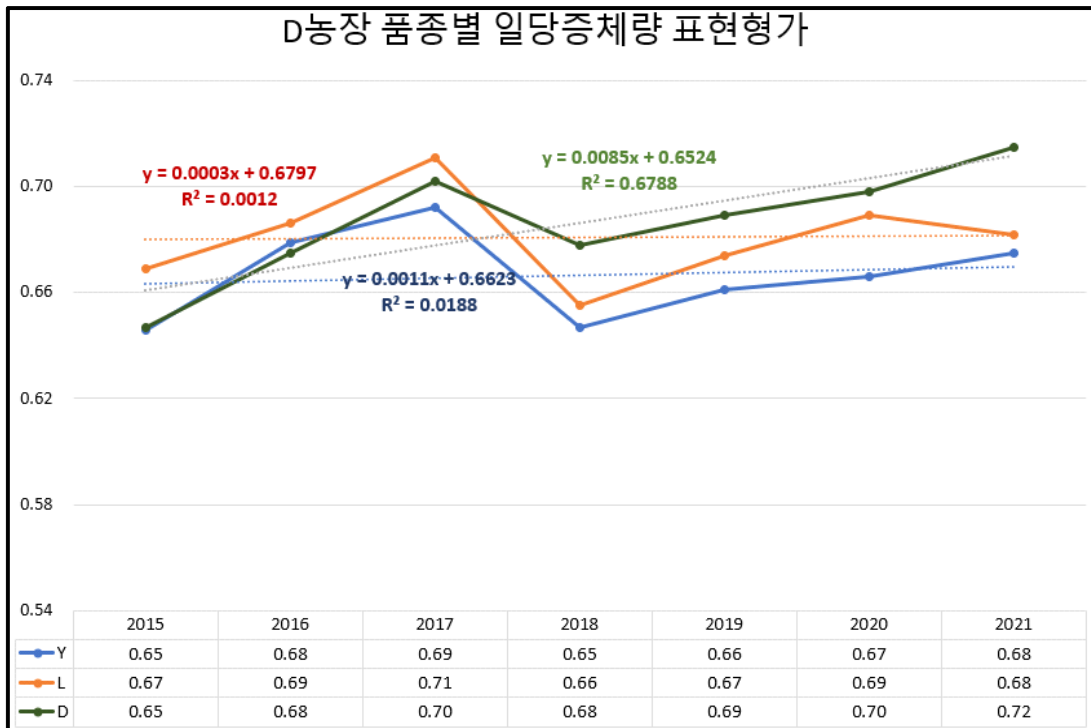
[그림 3-8] A농장 일당증체량 연도별 개량 추세



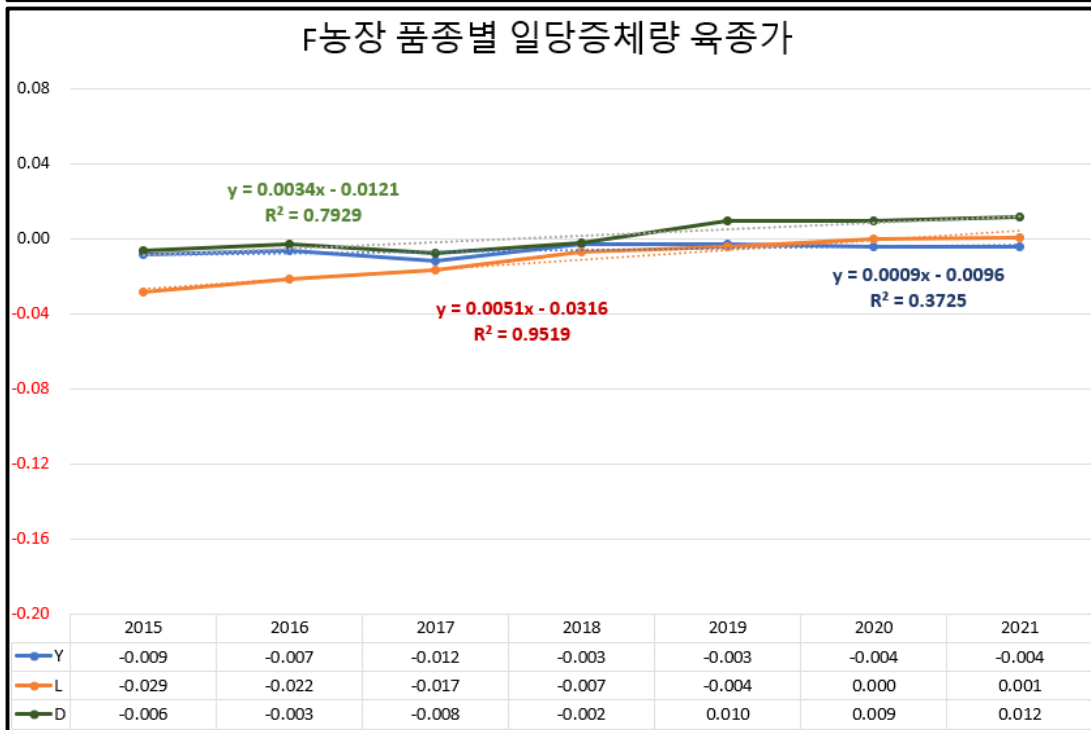
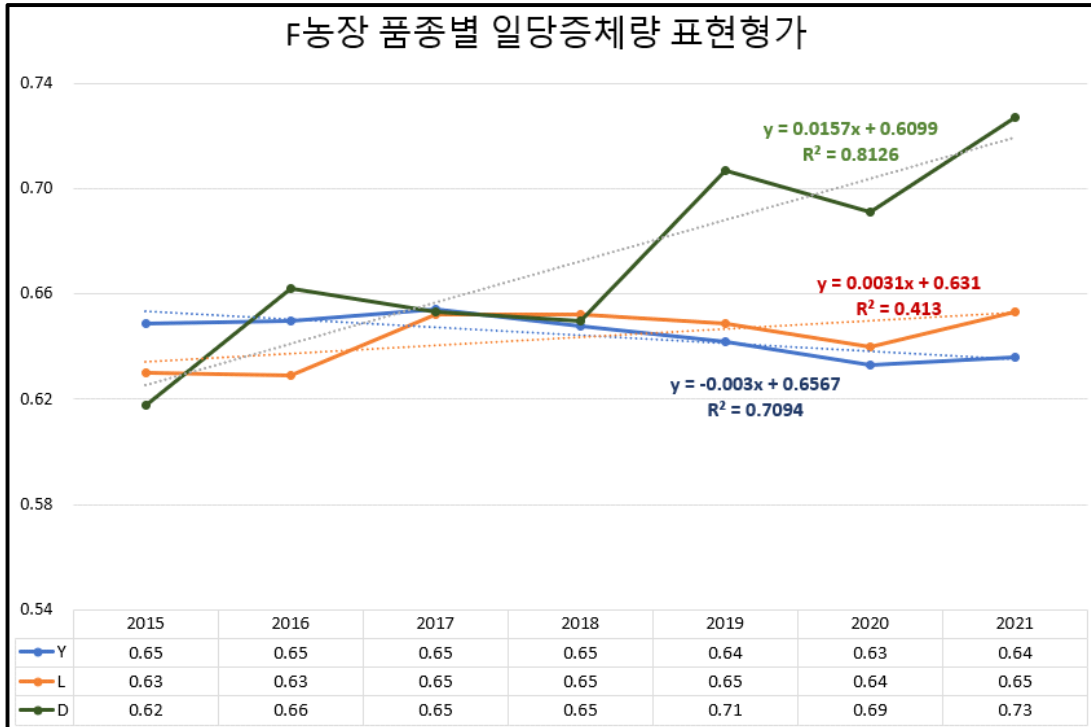
[그림 3-9] B농장 일당증체량 연도별 개량 추세



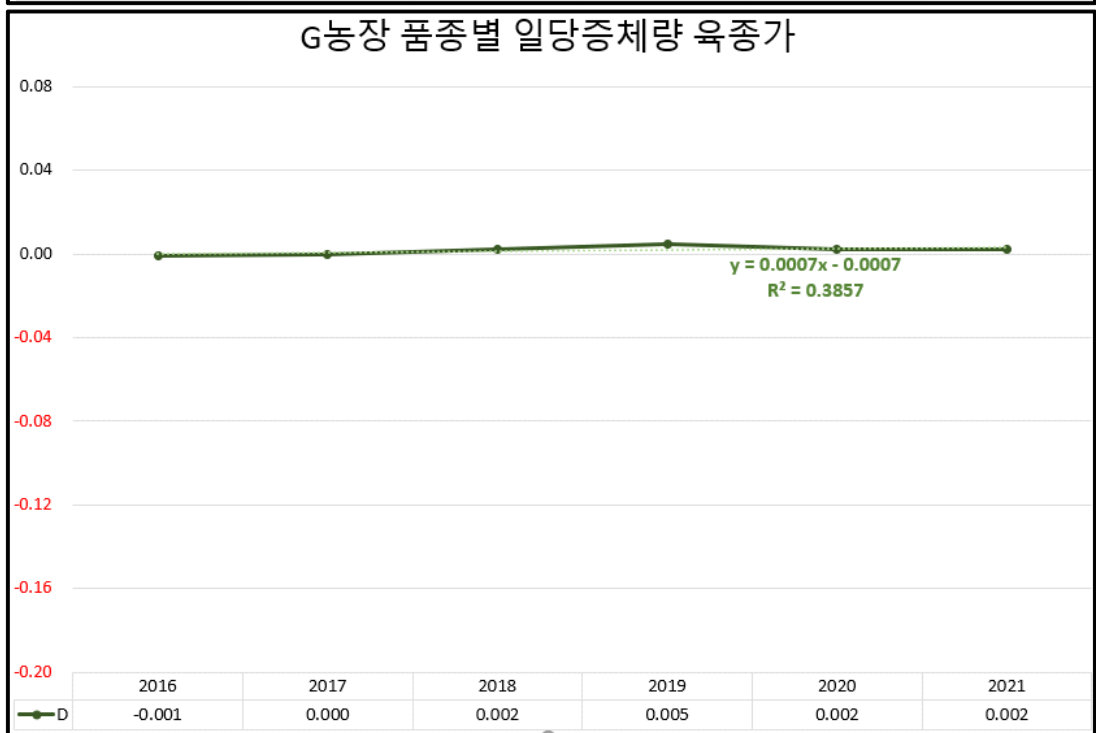
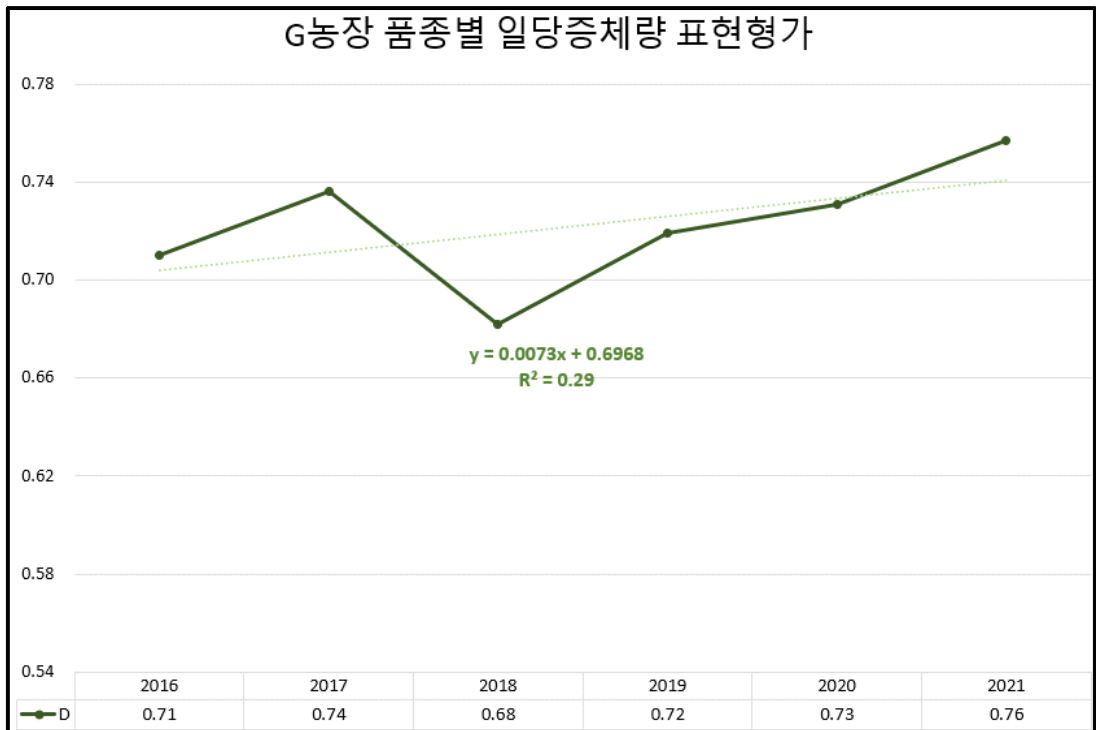
[그림 3-10] C농장 일당증체량 연도별 개량 추세



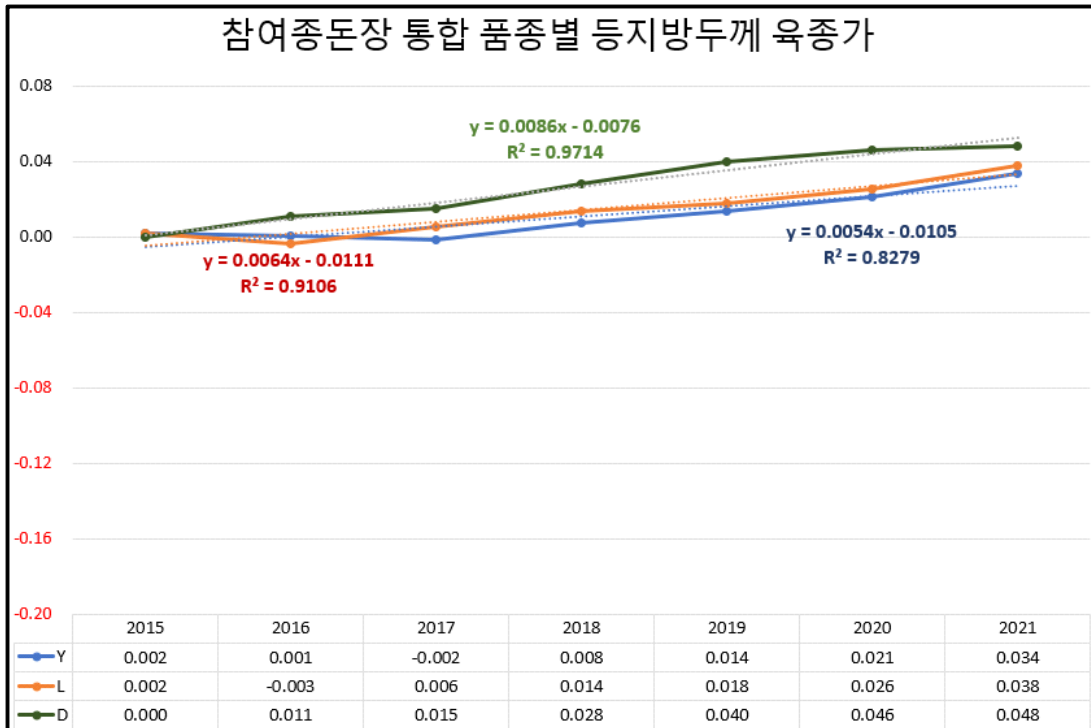
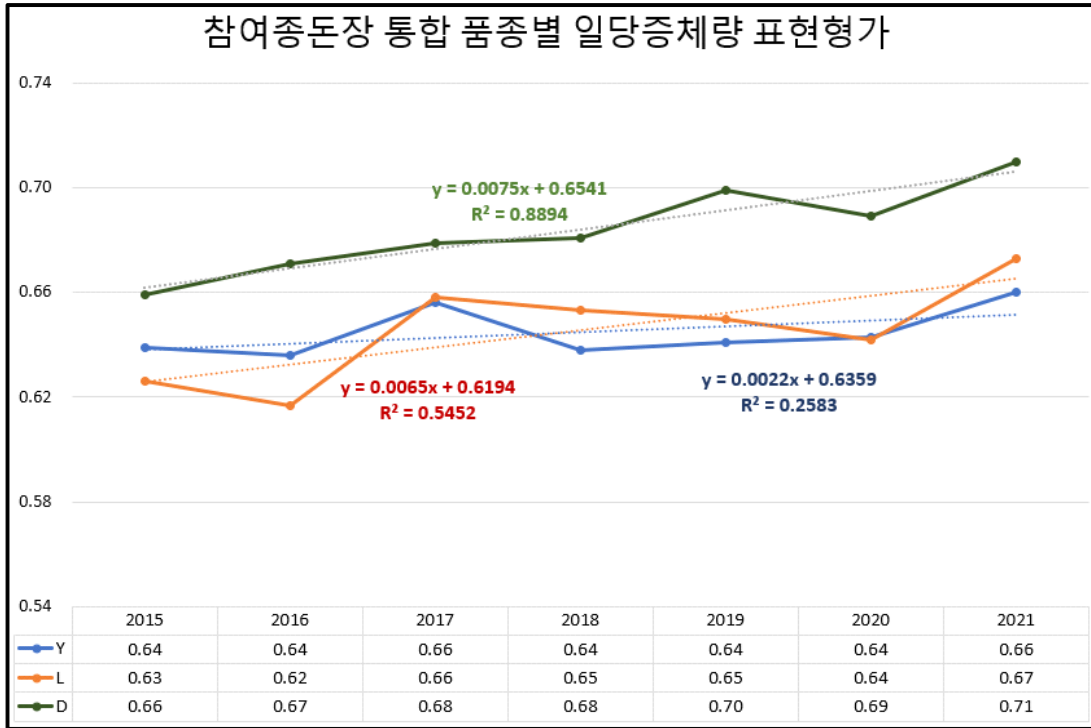
[그림 3-11] D농장 일당증체량 연도별 개량 추세



[그림 3-12] F농장 일당증체량 연도별 개량 추세

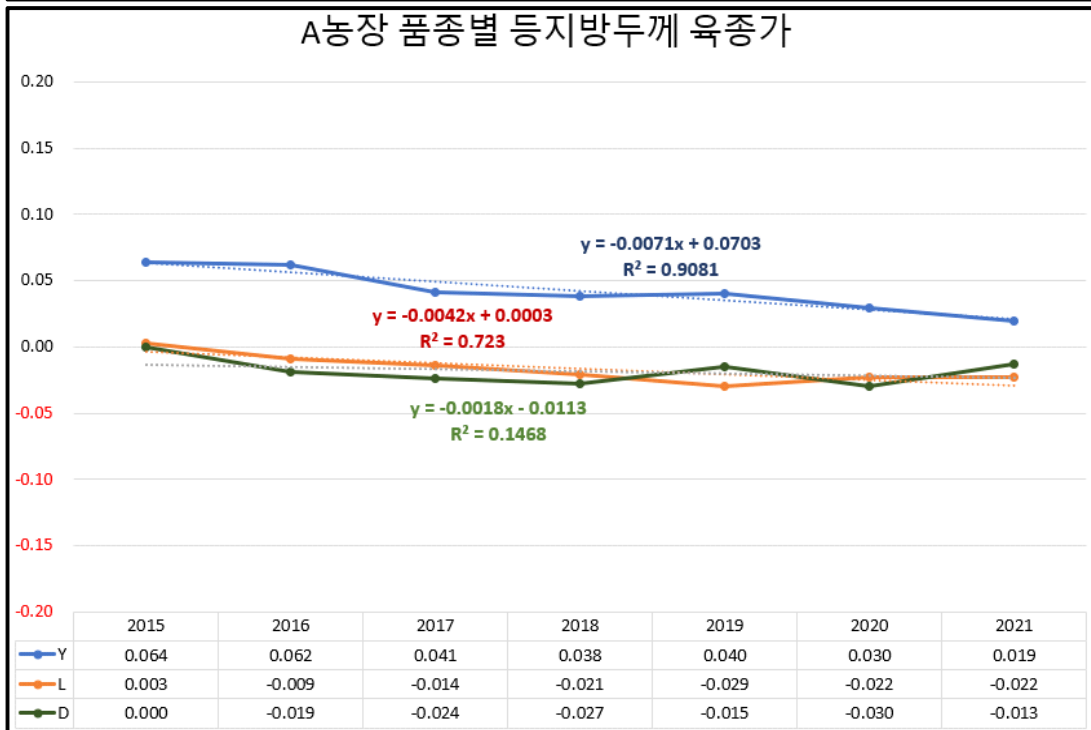
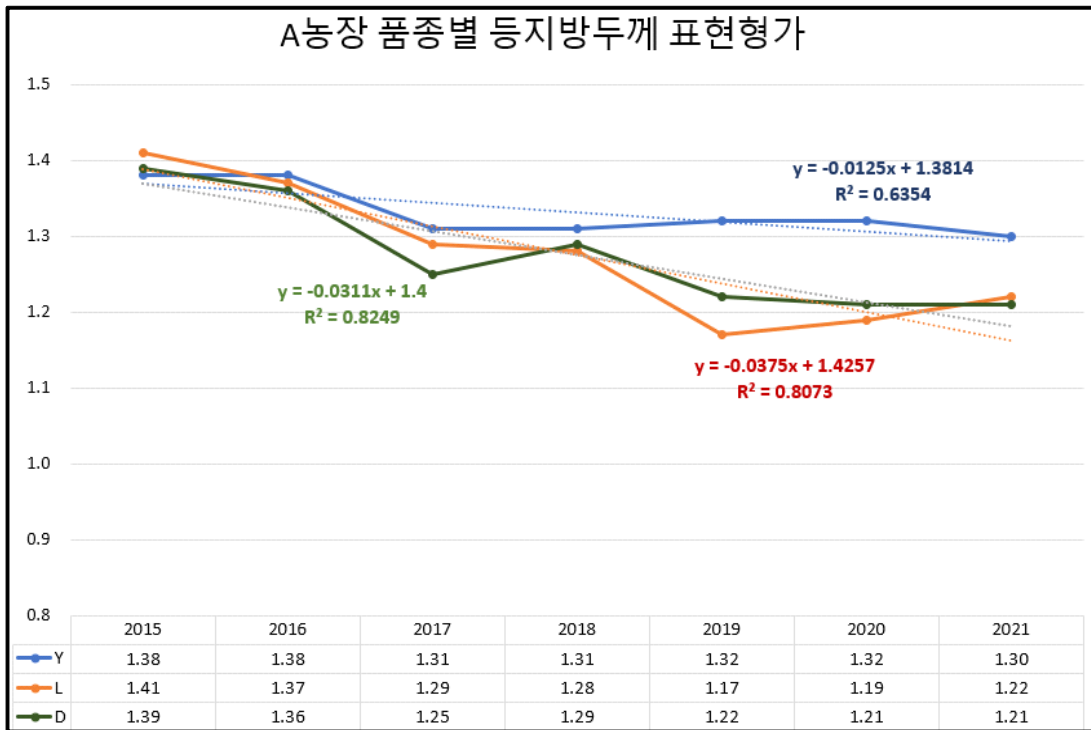


[그림 3-13] G농장 일당증체량 연도별 개량 추세

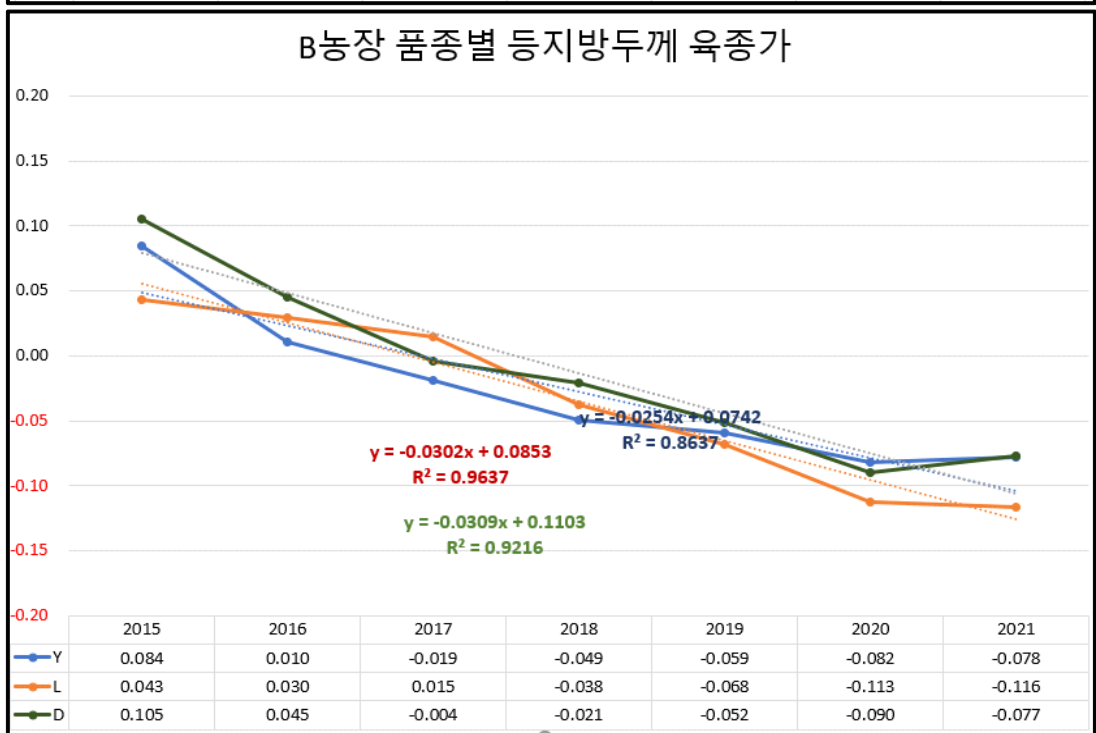
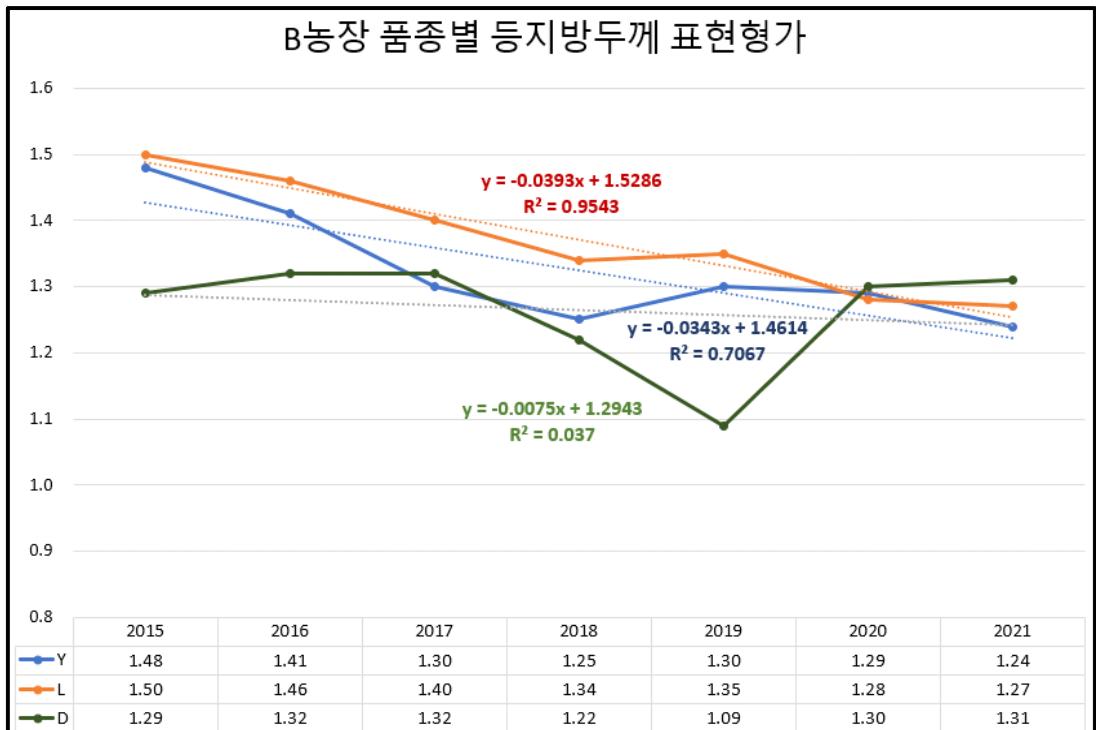


[그림 3-14] 참여종돈장 통합 일당증체량 연도별 개량 추세

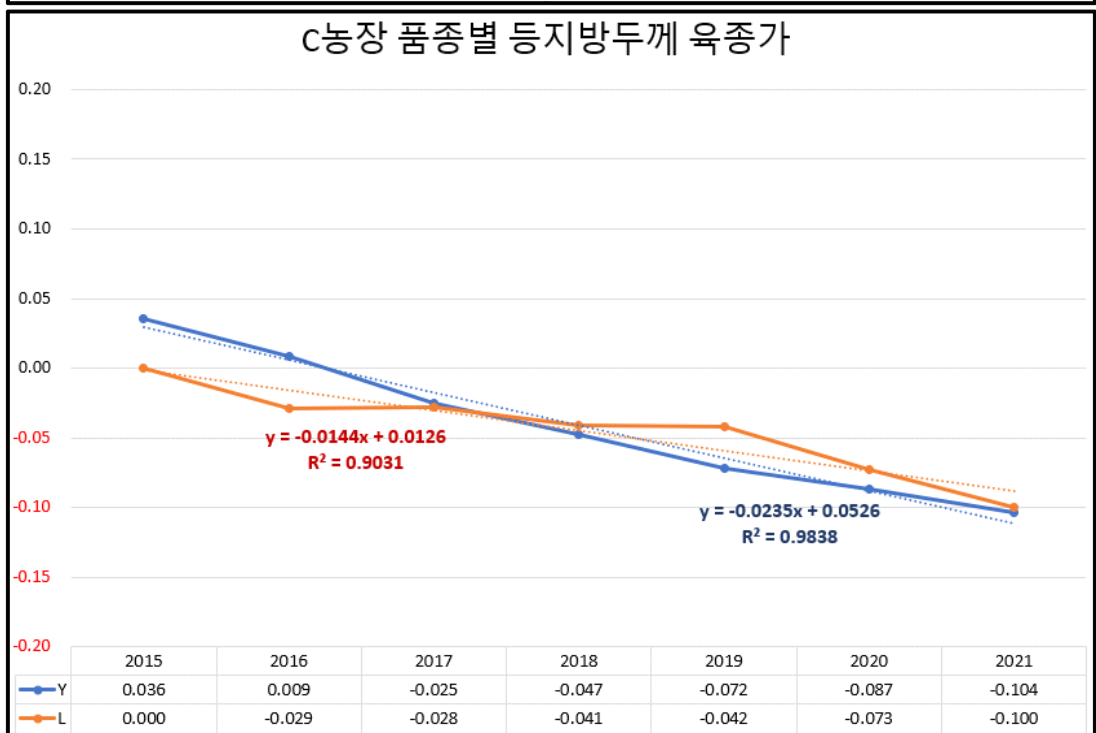
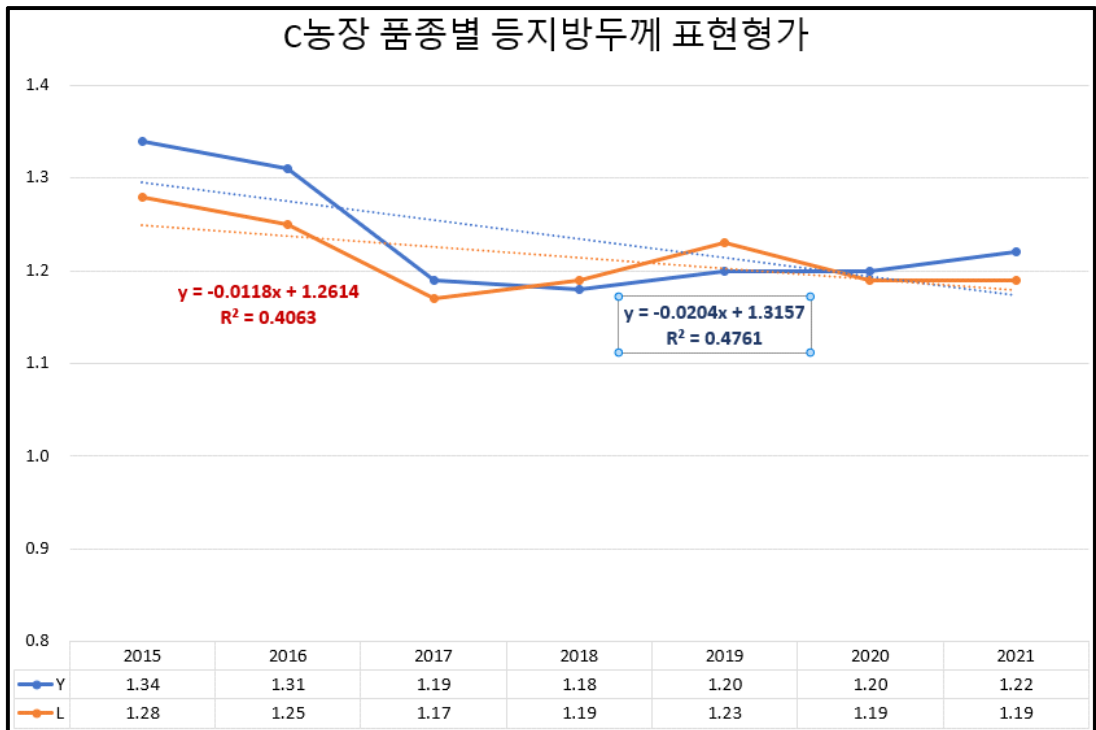
다. 등지방두께



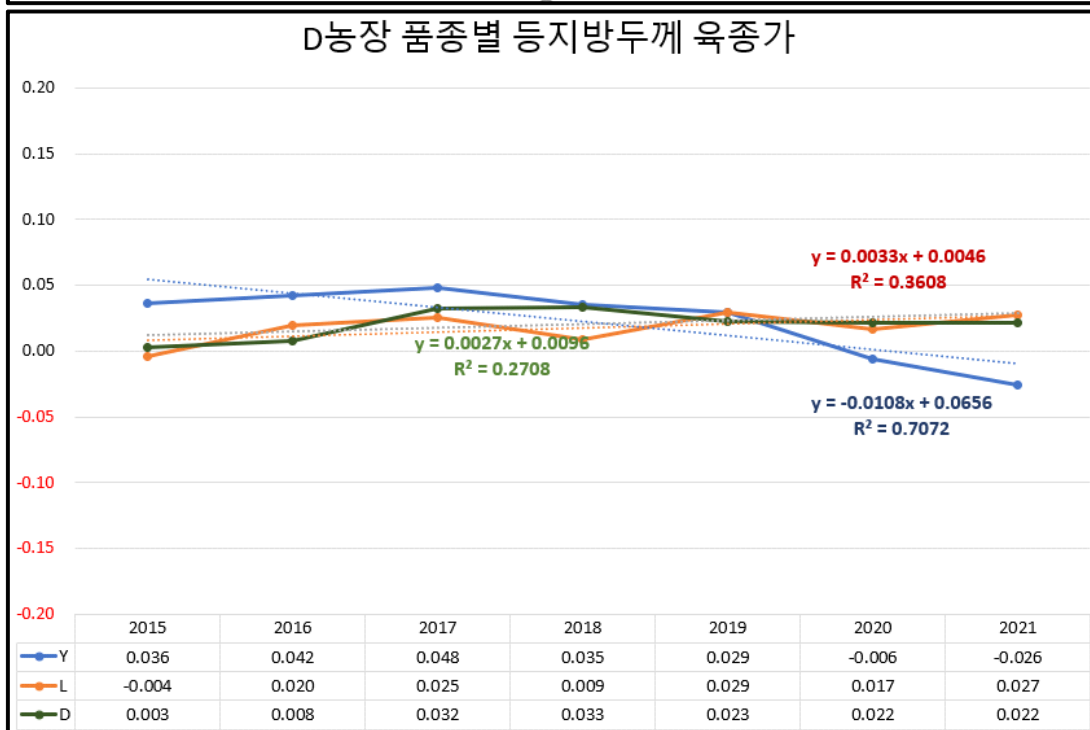
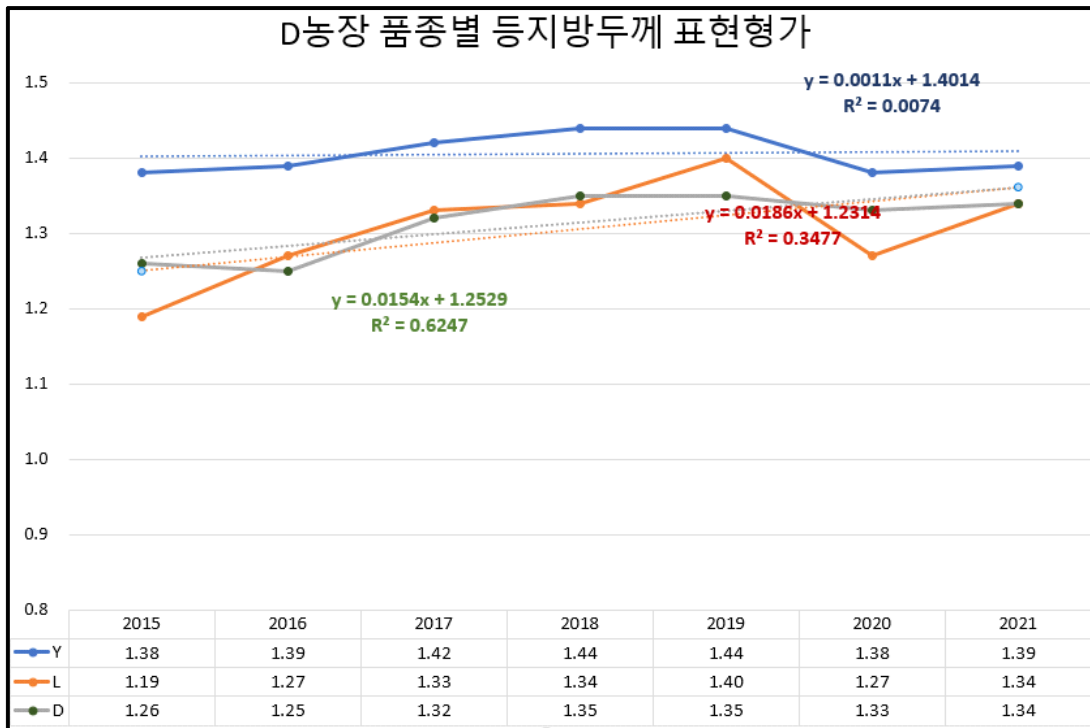
[그림 3-15] A농장 등지방두께 연도별 개량 추세



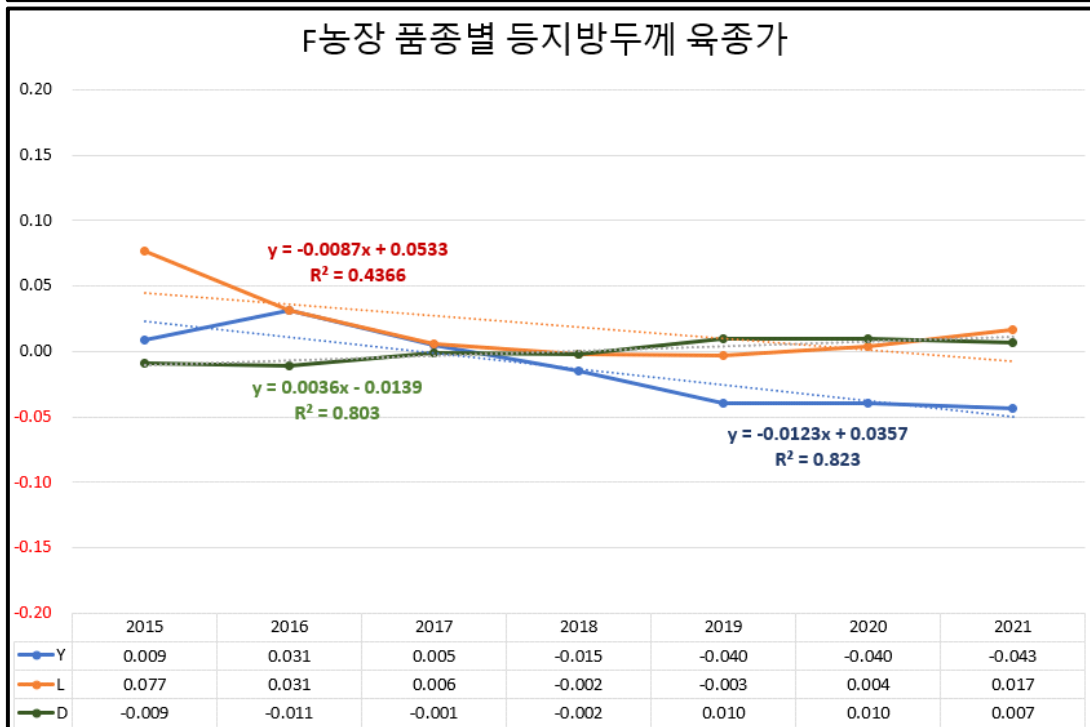
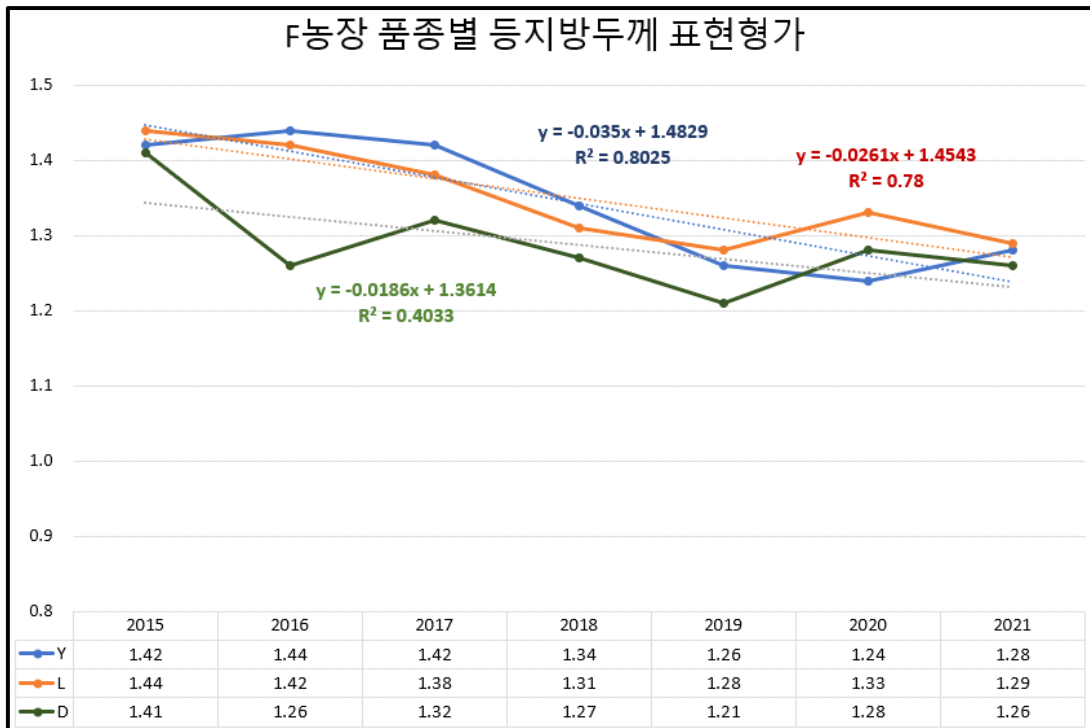
[그림 3-16] B농장 등지방두께 연도별 개량 추세



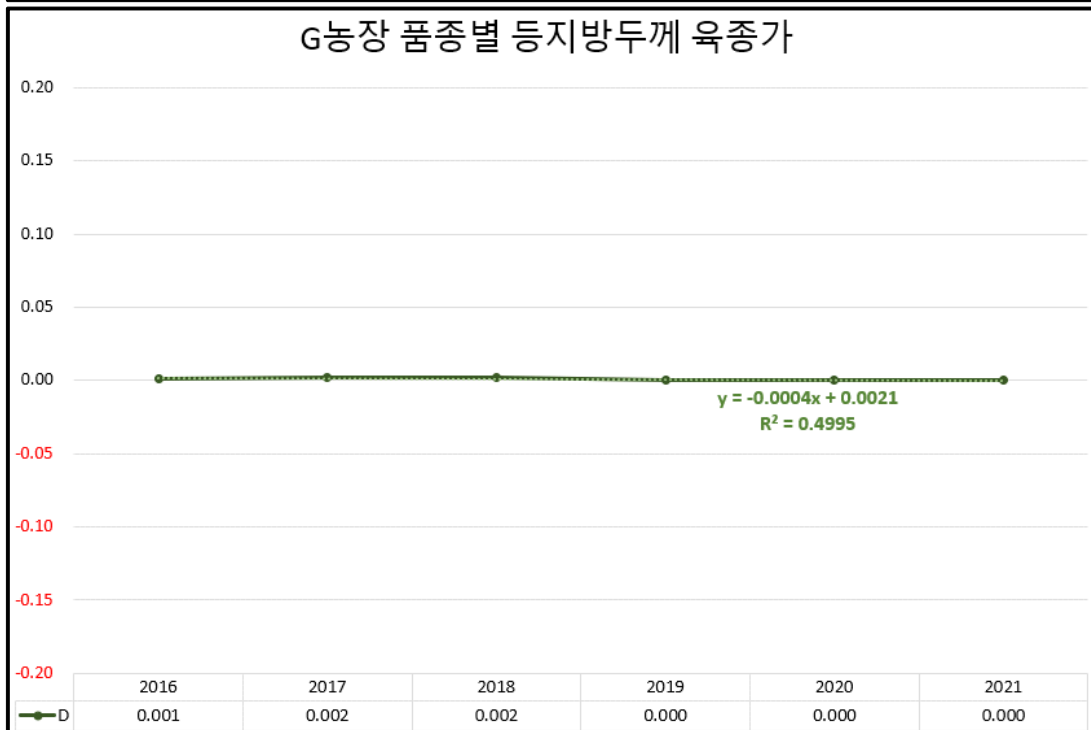
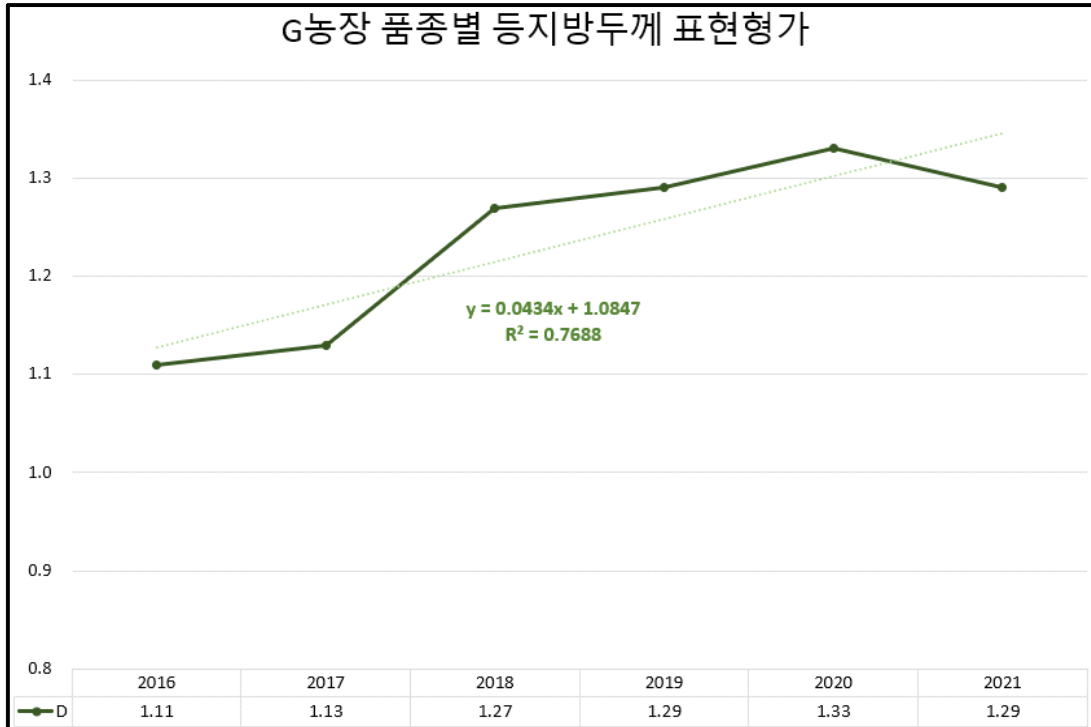
[그림 3-17] C농장 등지방두께 연도별 개량 추세



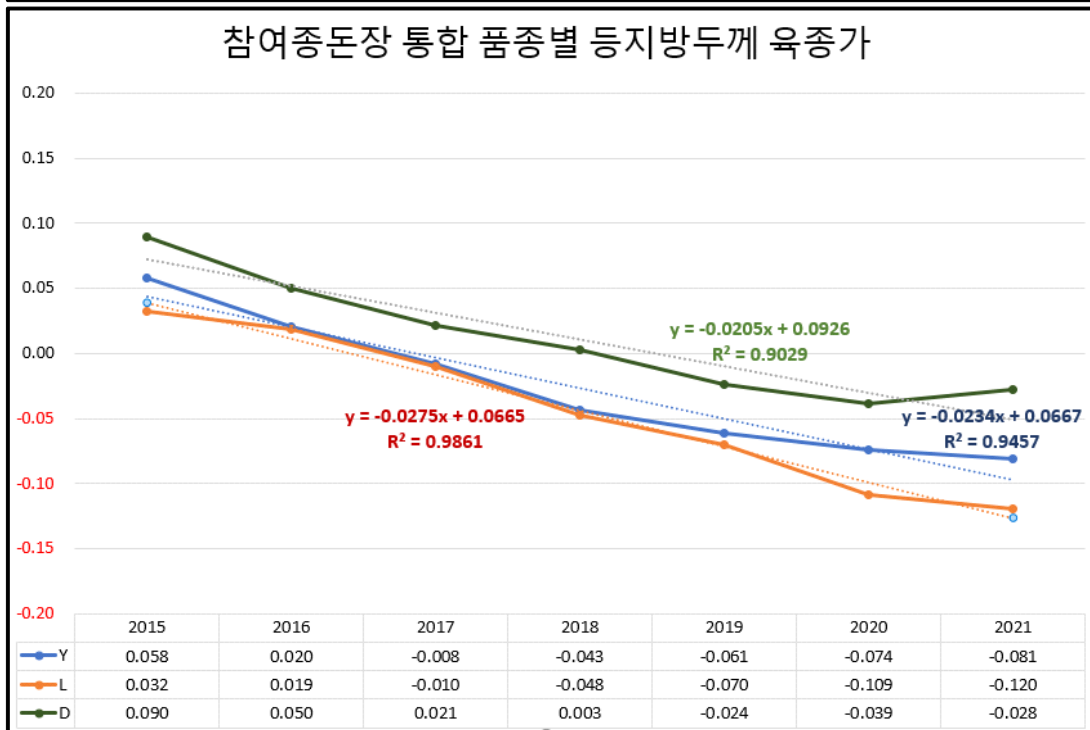
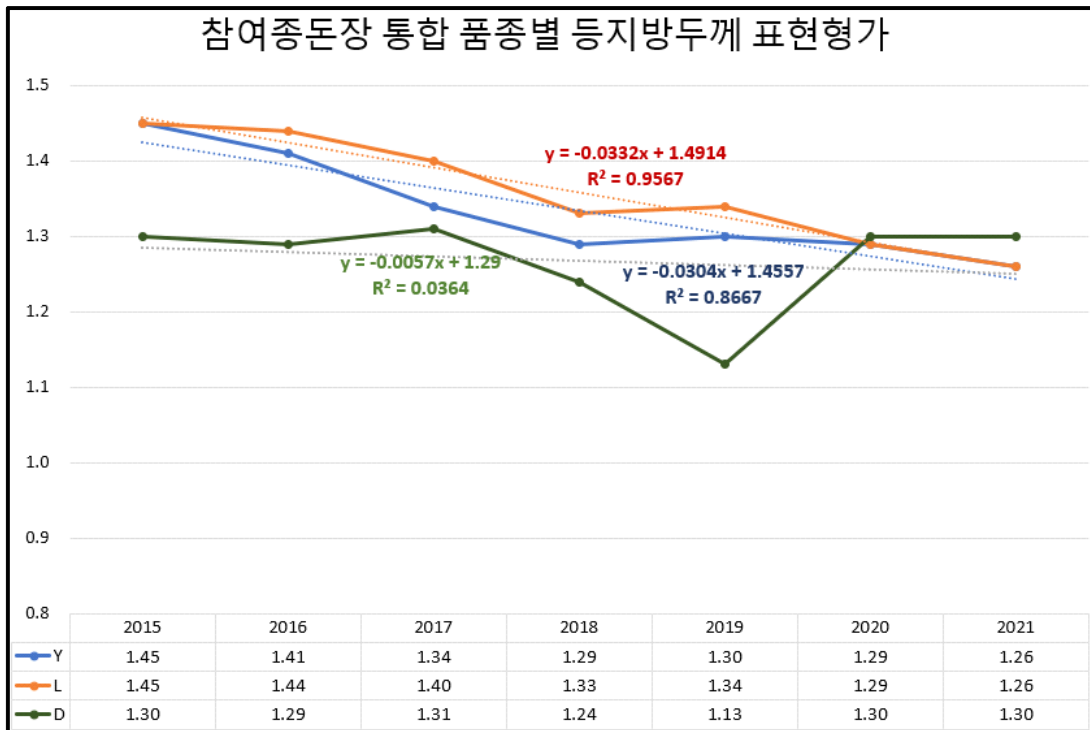
[그림 3-18] D농장 등지방두께 연도별 개량 추세



[그림 3-19] F농장 등지방두께 연도별 개량 추세

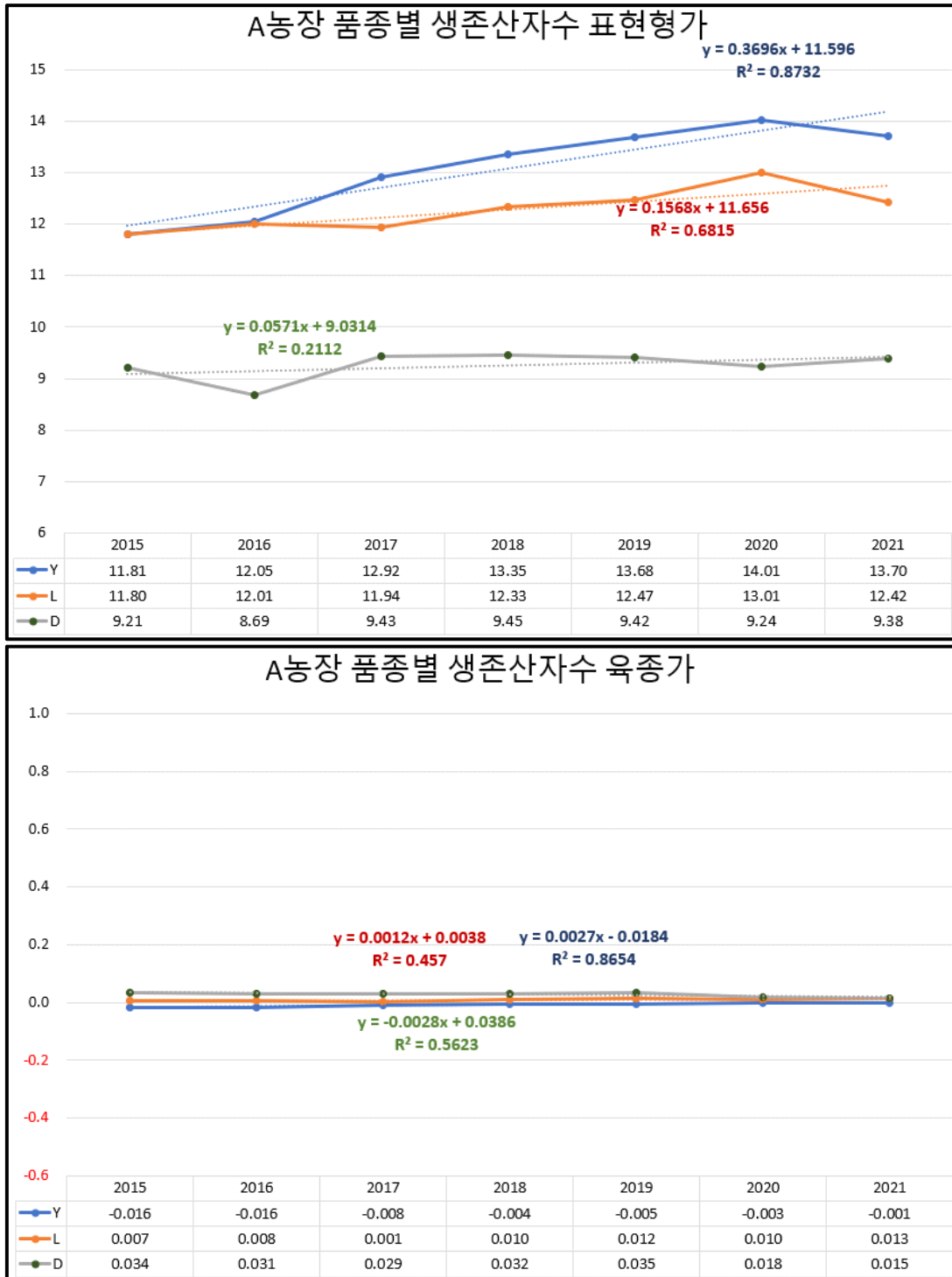


[그림 3-20] G농장 등지방두께 연도별 개량 추세

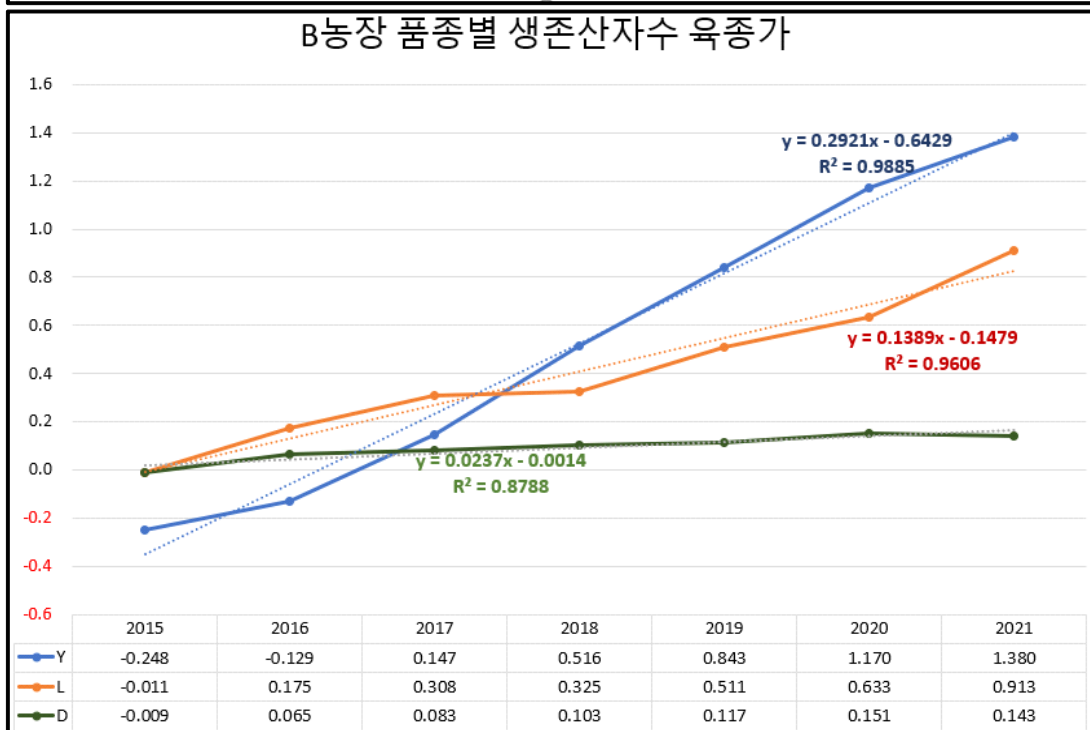
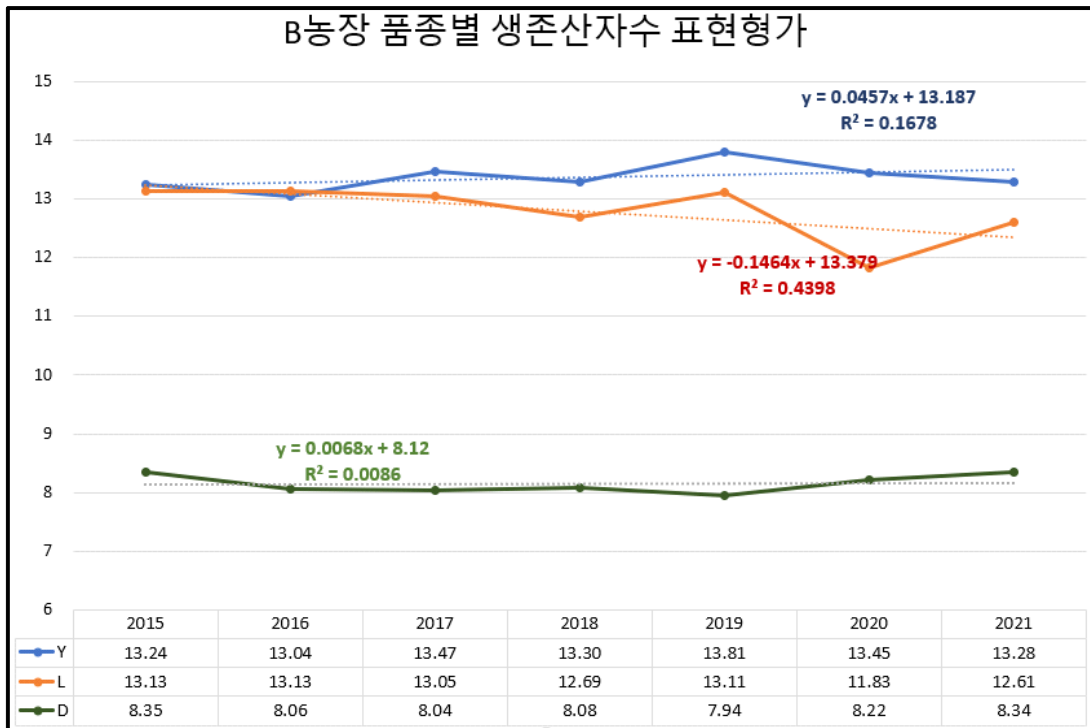


[그림 3-21] 참여중돈장 통합 등지방두께 연도별 개량 추세

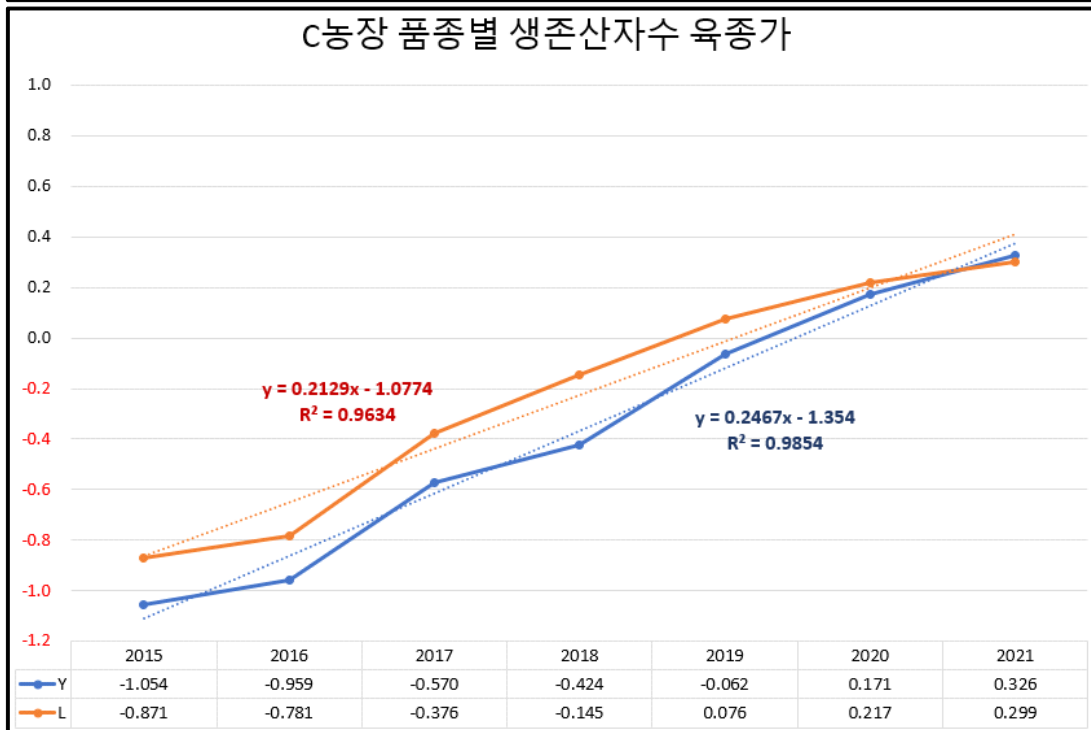
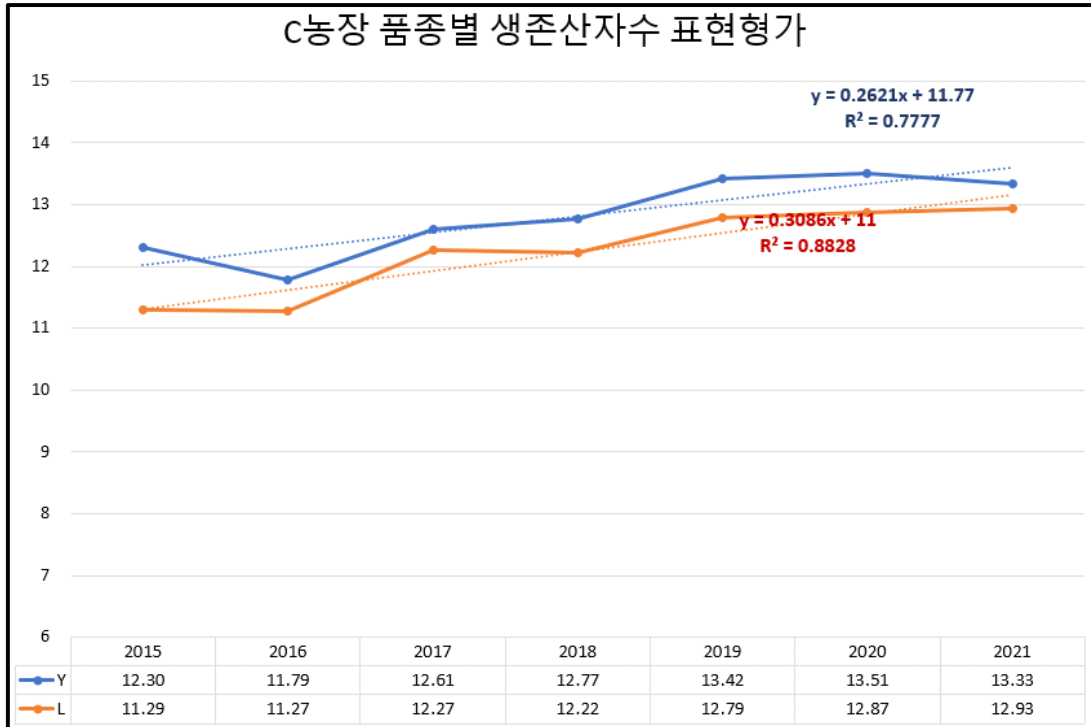
2. 참여종돈장의 번식형질의 표현형 및 유전적 개량량 추세가. 생존산자수



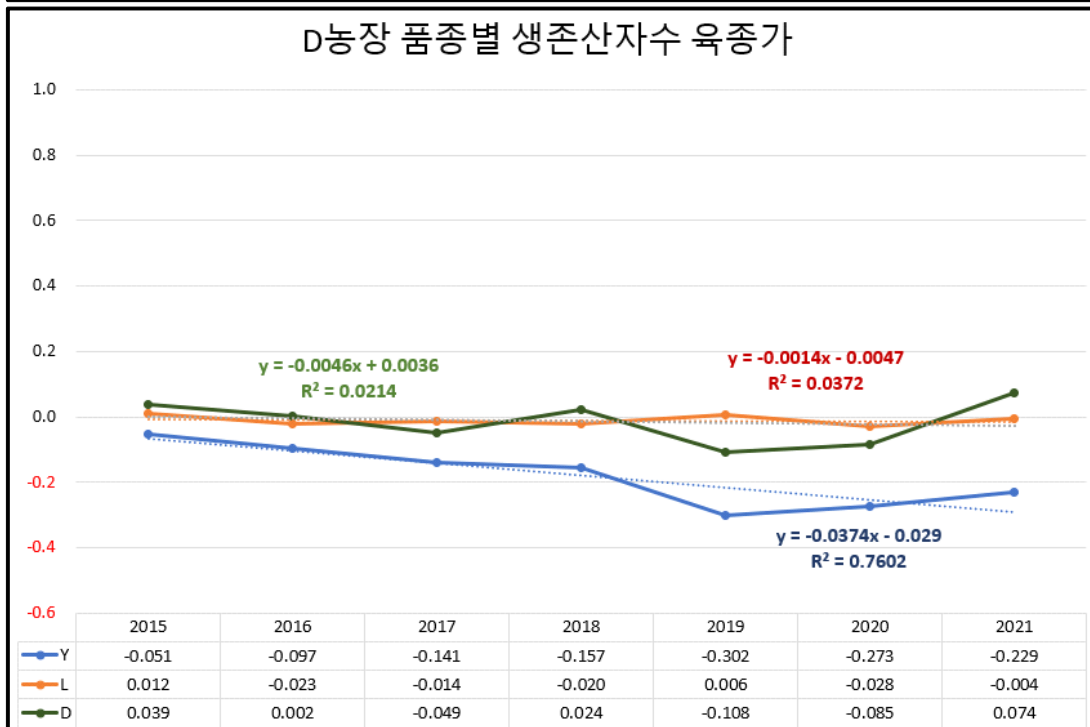
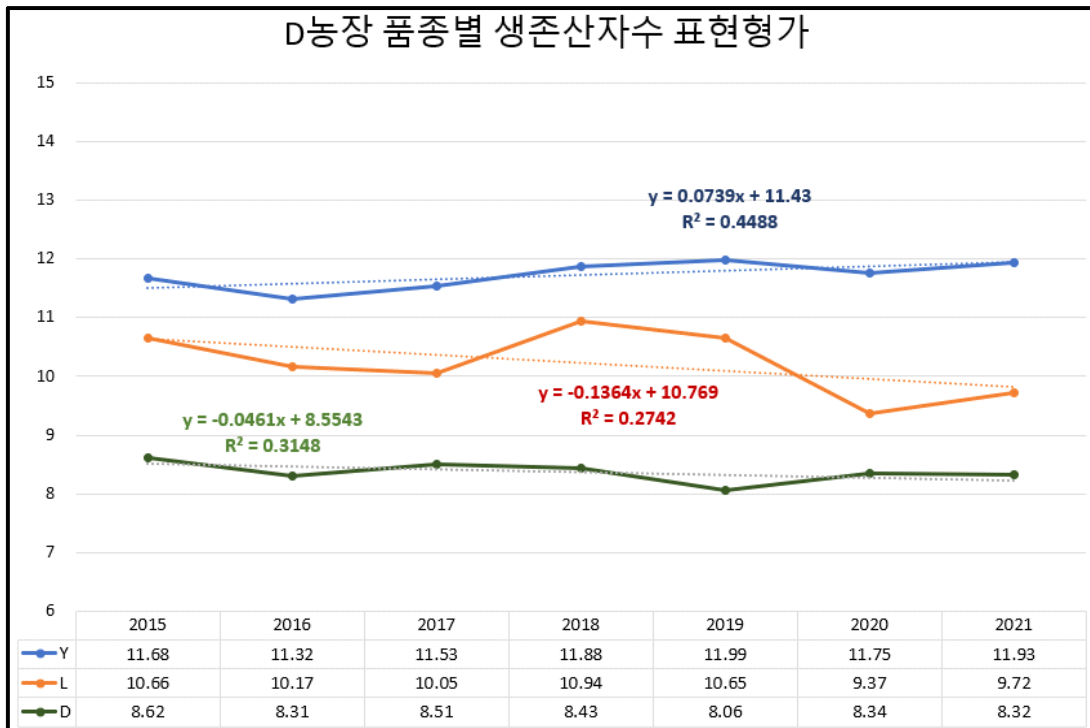
[그림 3-22] A농장 생존산자수 연도별 개량 추세



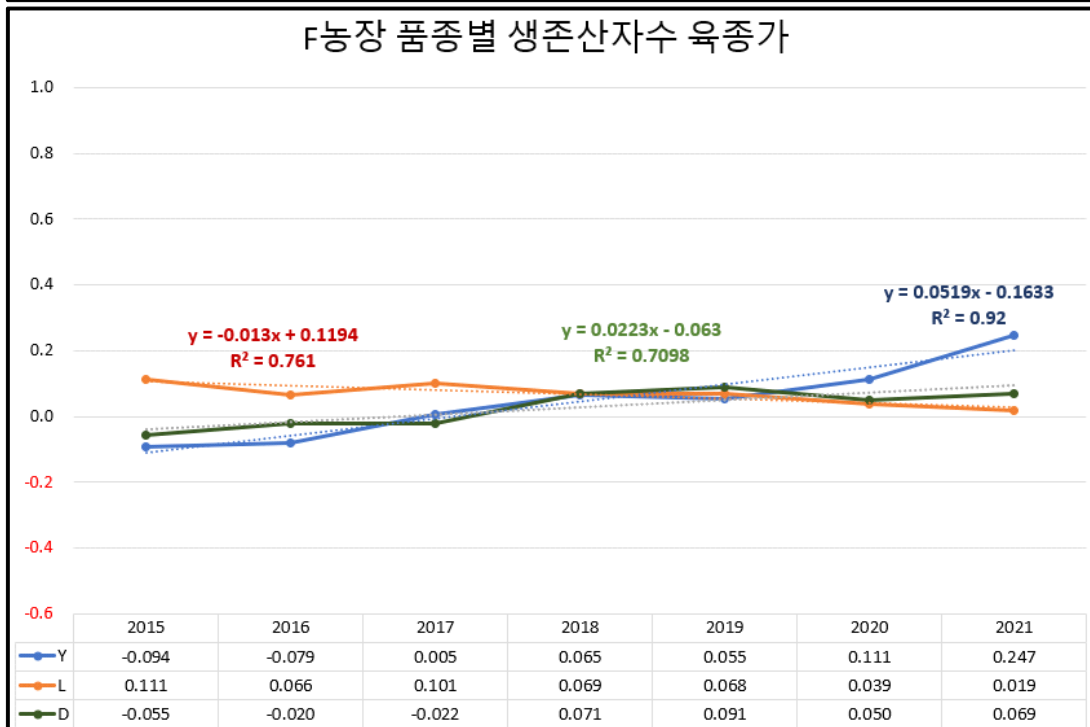
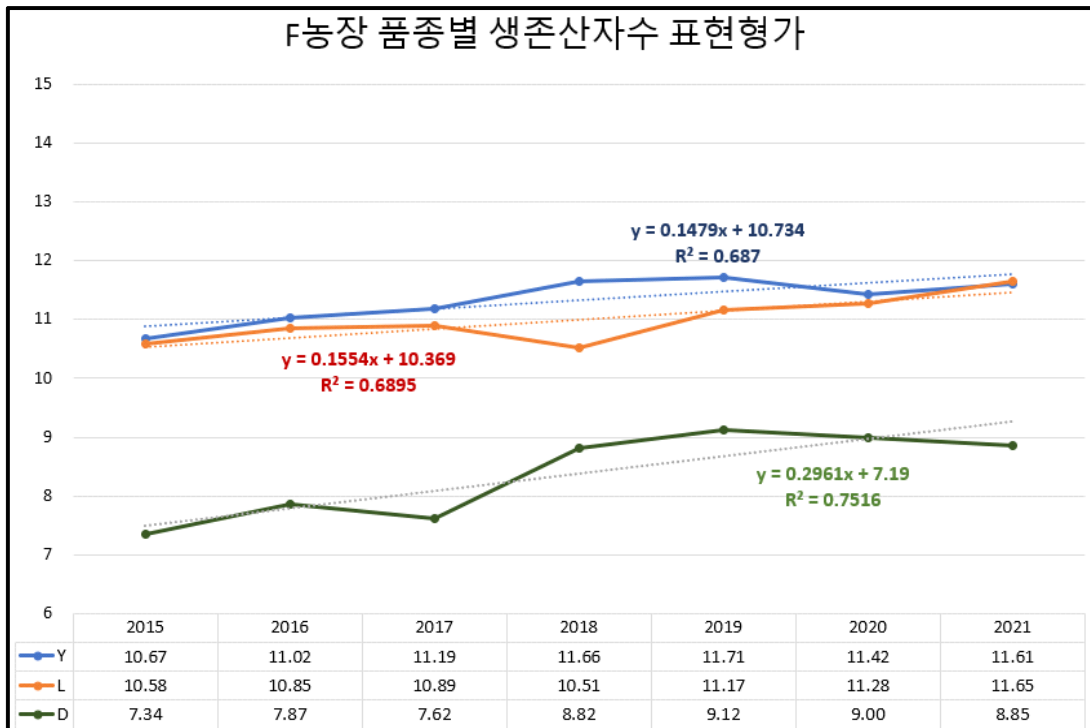
[그림 3-23] B농장 생존산자수 연도별 개량 추세



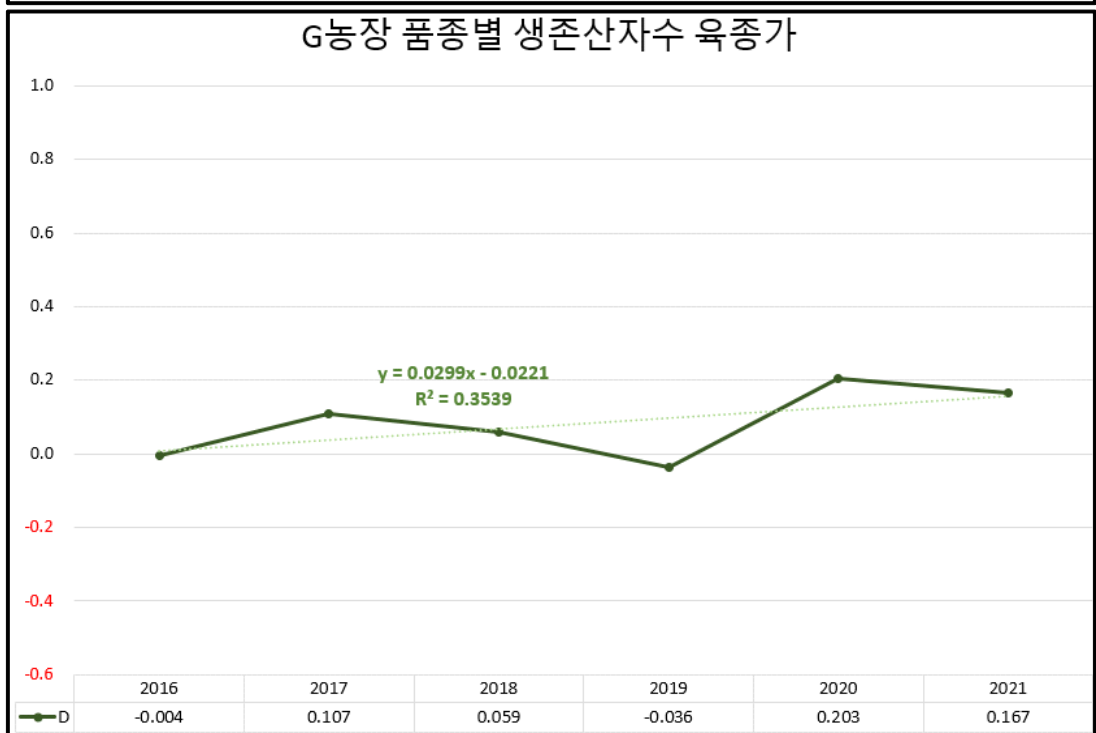
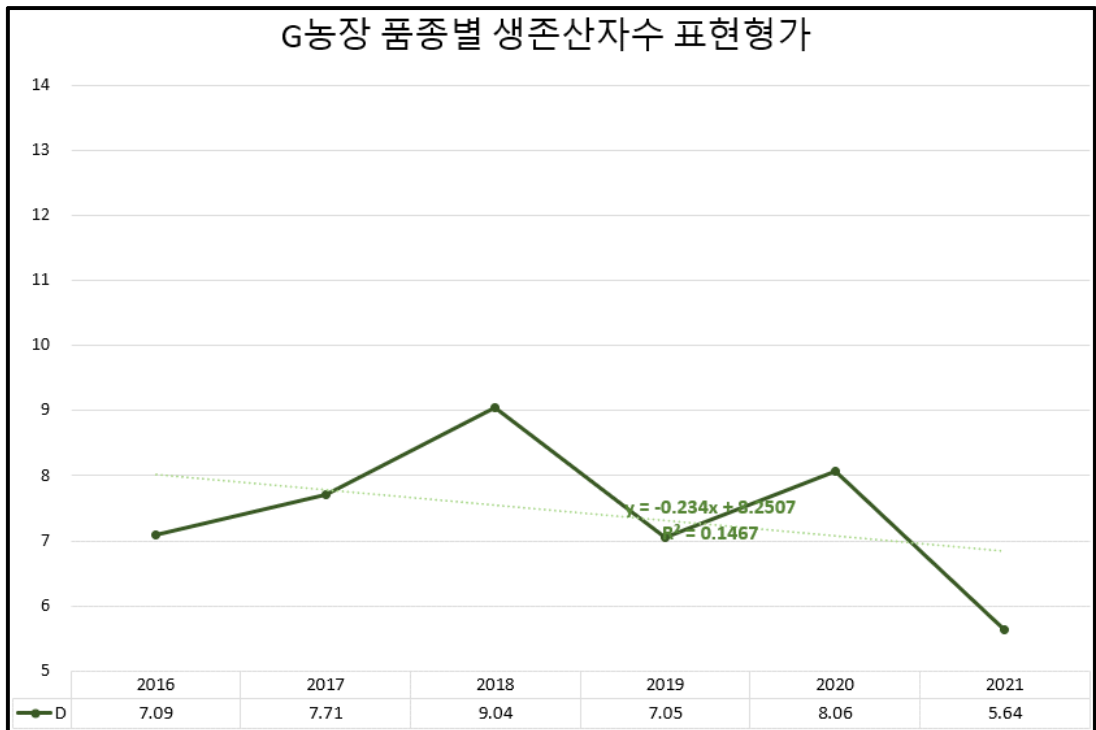
[그림 3-24] C농장 생존산자수 연도별 개량 추세



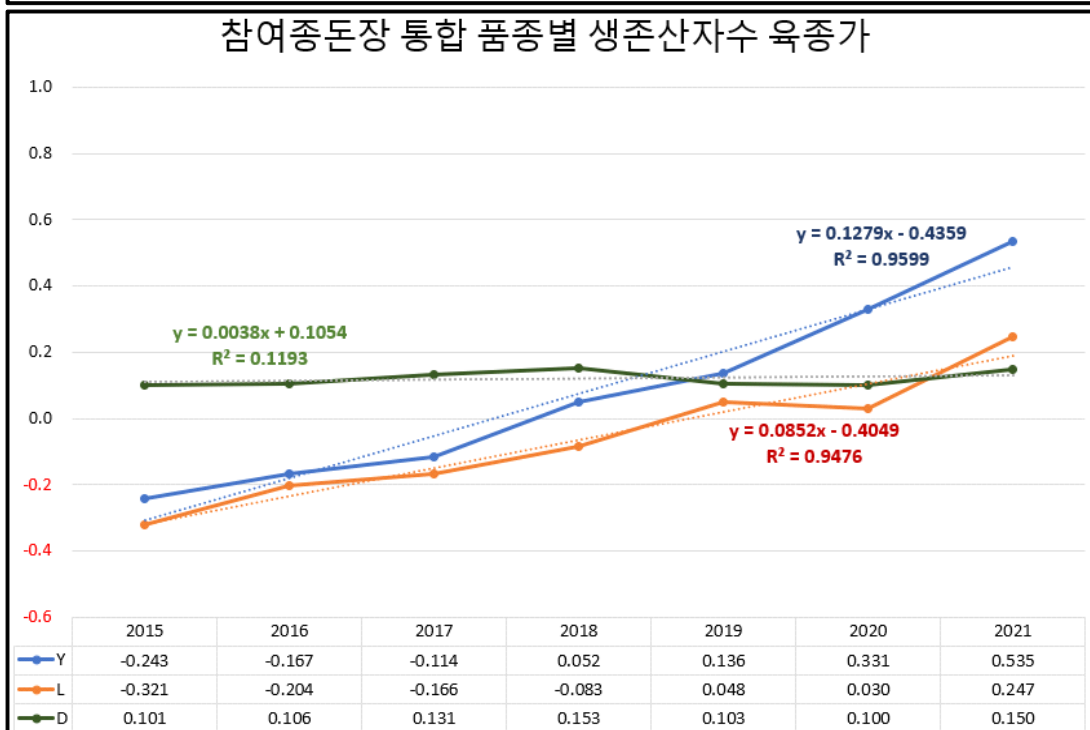
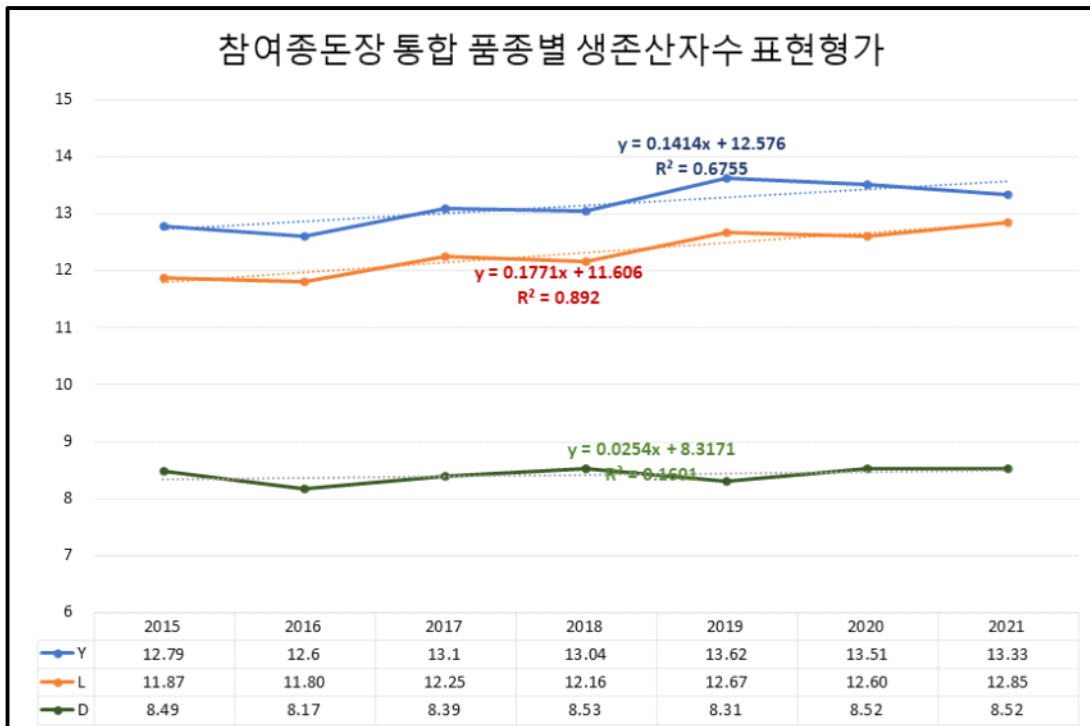
[그림 3-25] D농장 생존산자수 연도별 개량 추세



[그림 3-26] F농장 생존산자수 연도별 개량 추세

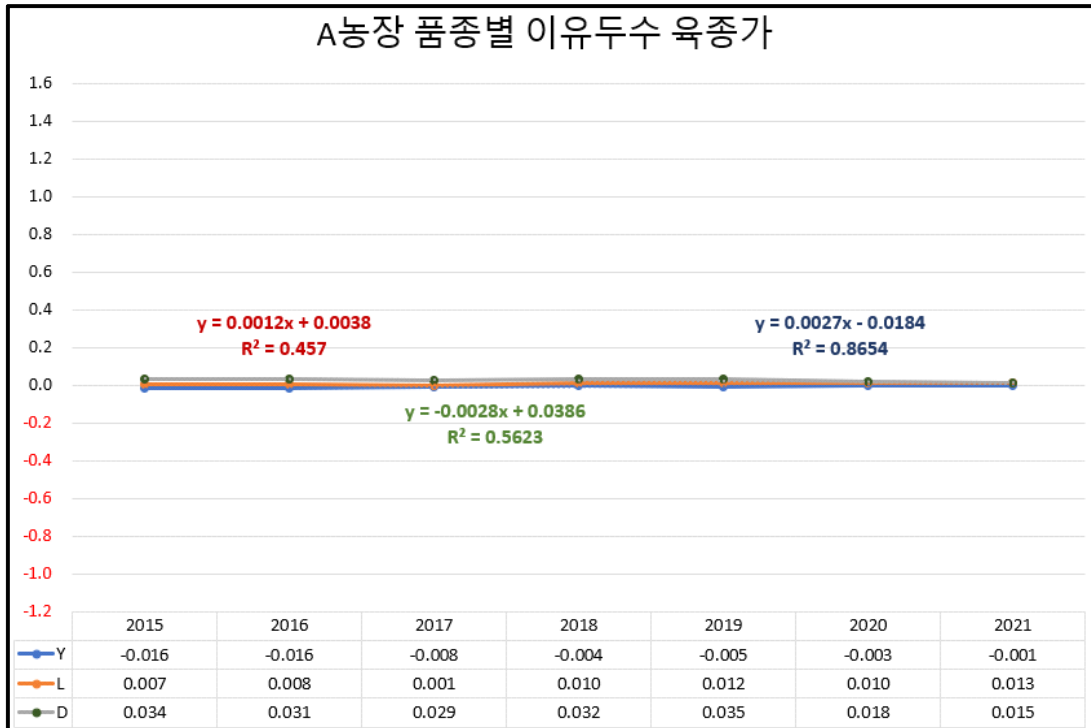
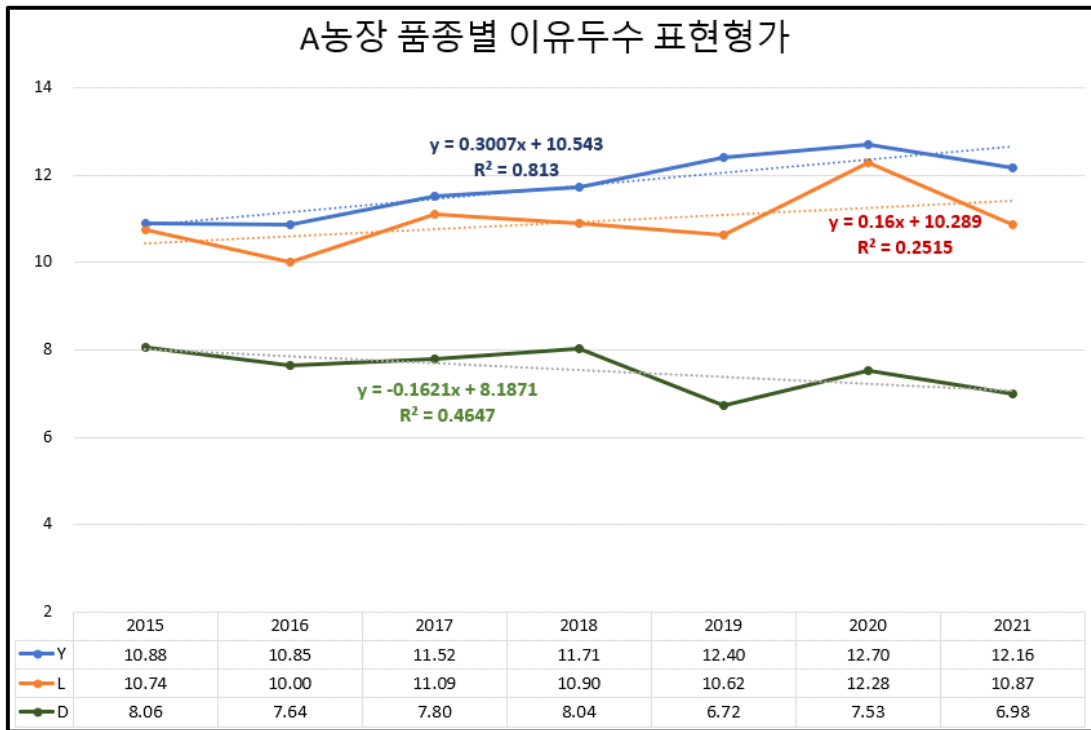


[그림 3-27] G농장 생존산자수 연도별 개량 추세

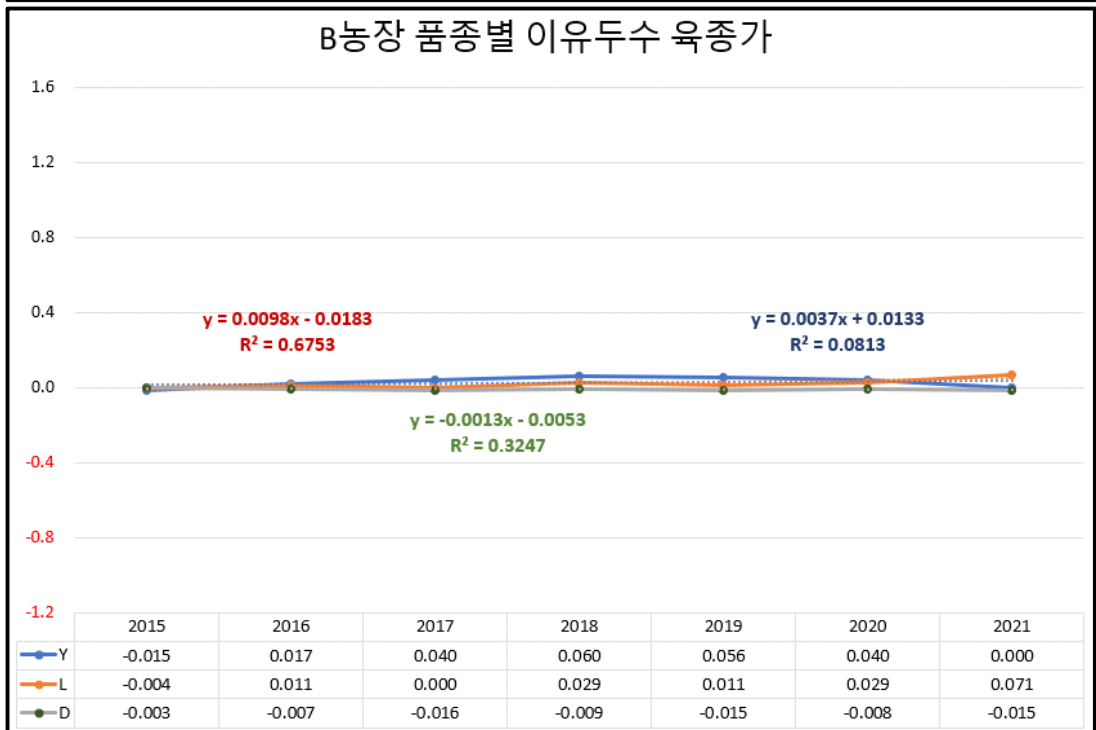
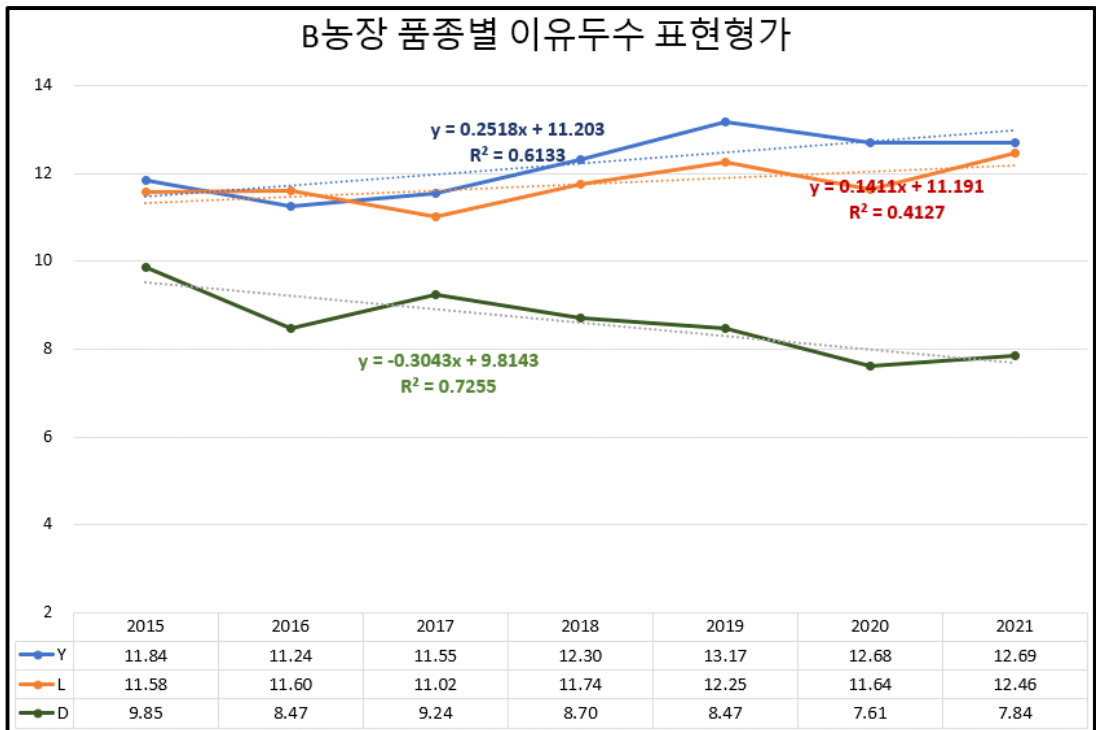


[그림 3-28] 참여종돈장 통합 생존산자수 연도별 개량 추세

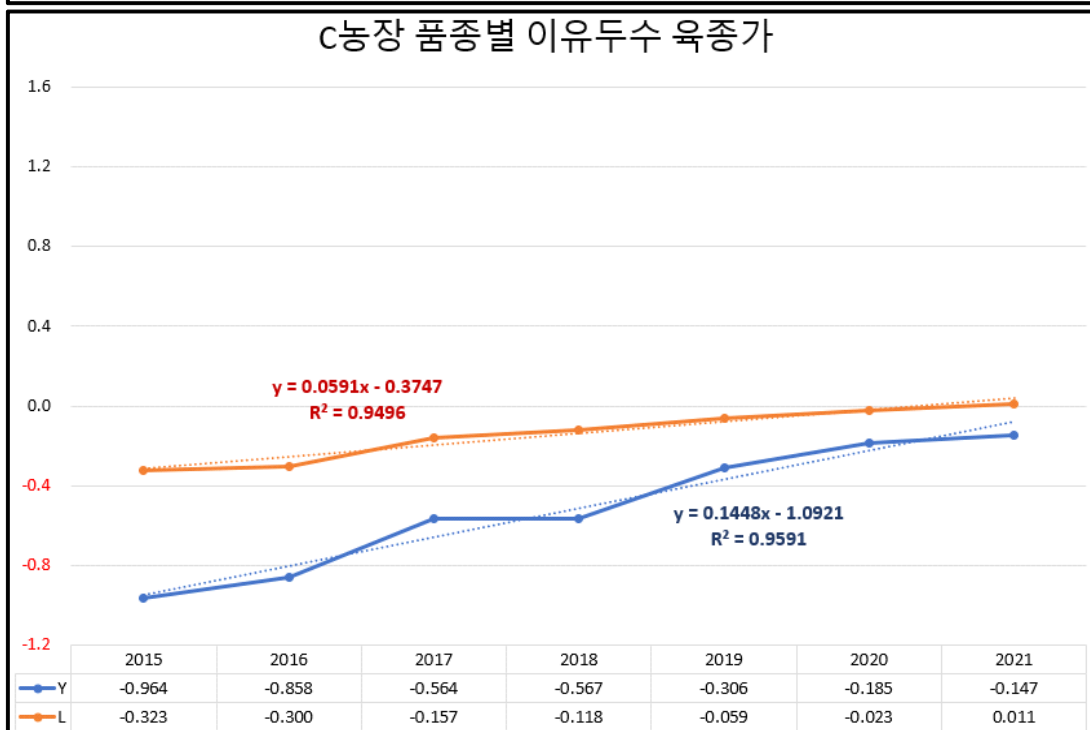
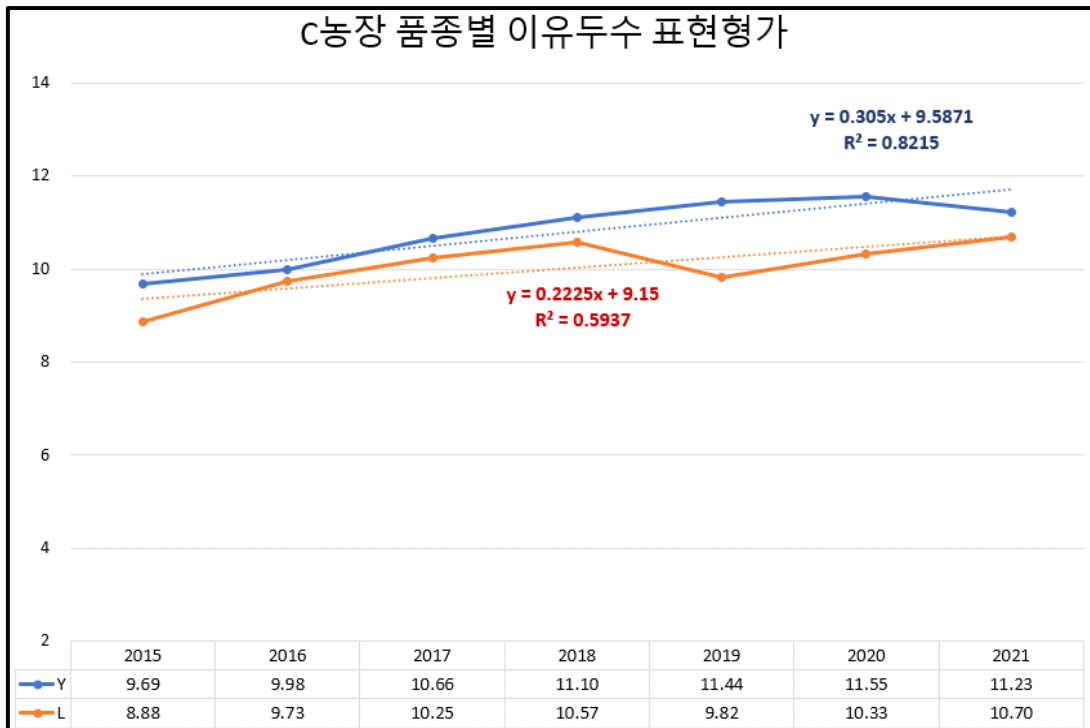
나. 이유두수



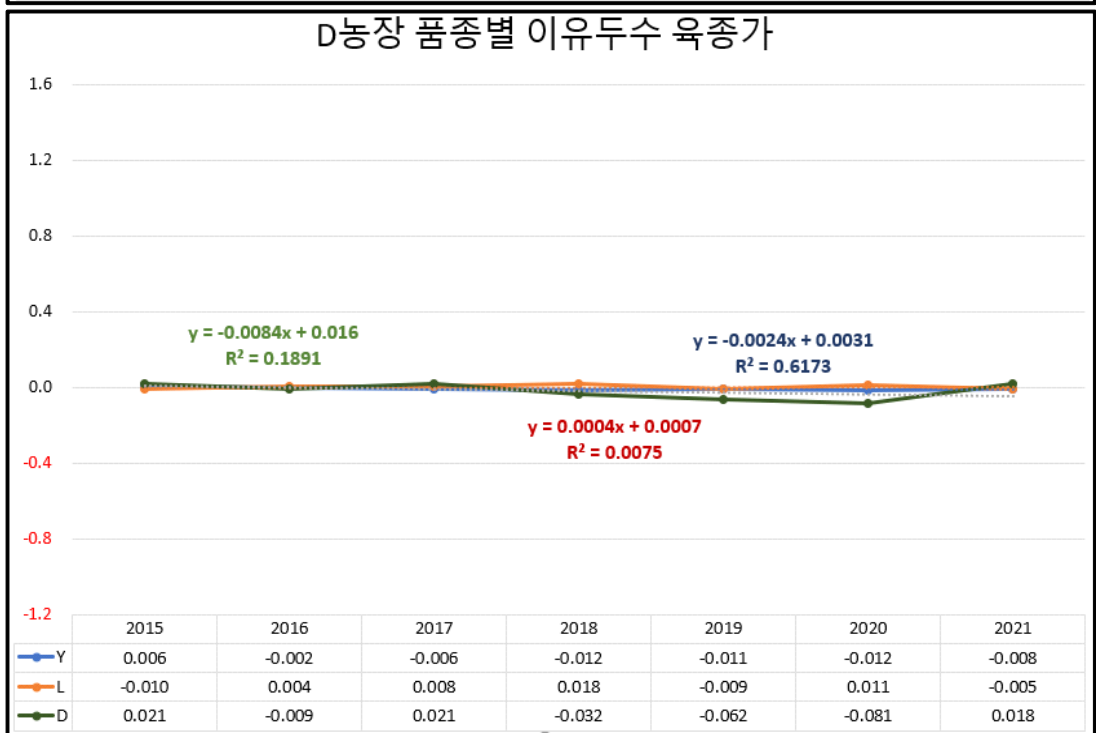
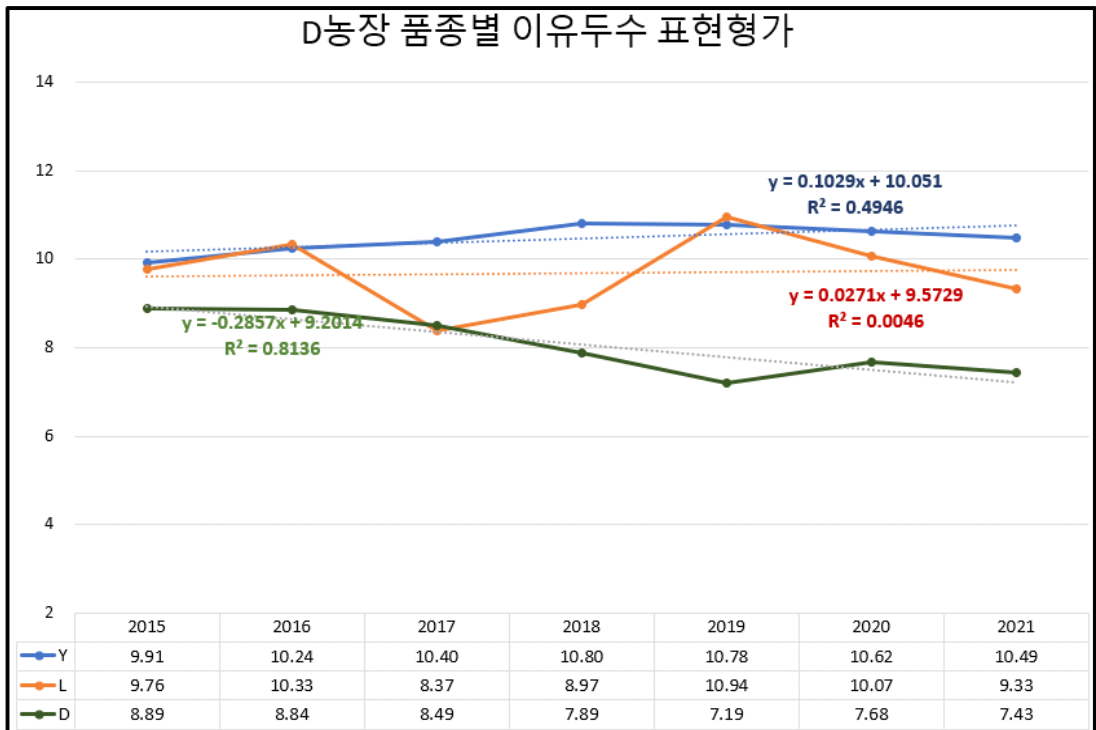
[그림 3-29] A농장 이유두수 연도별 개량 추세



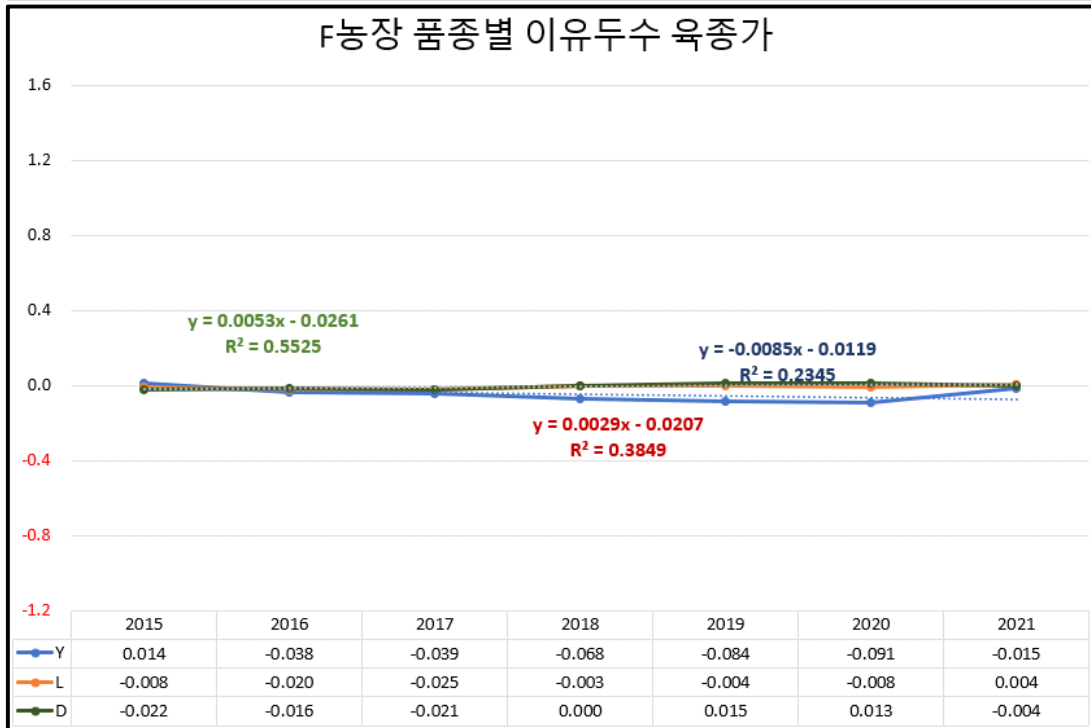
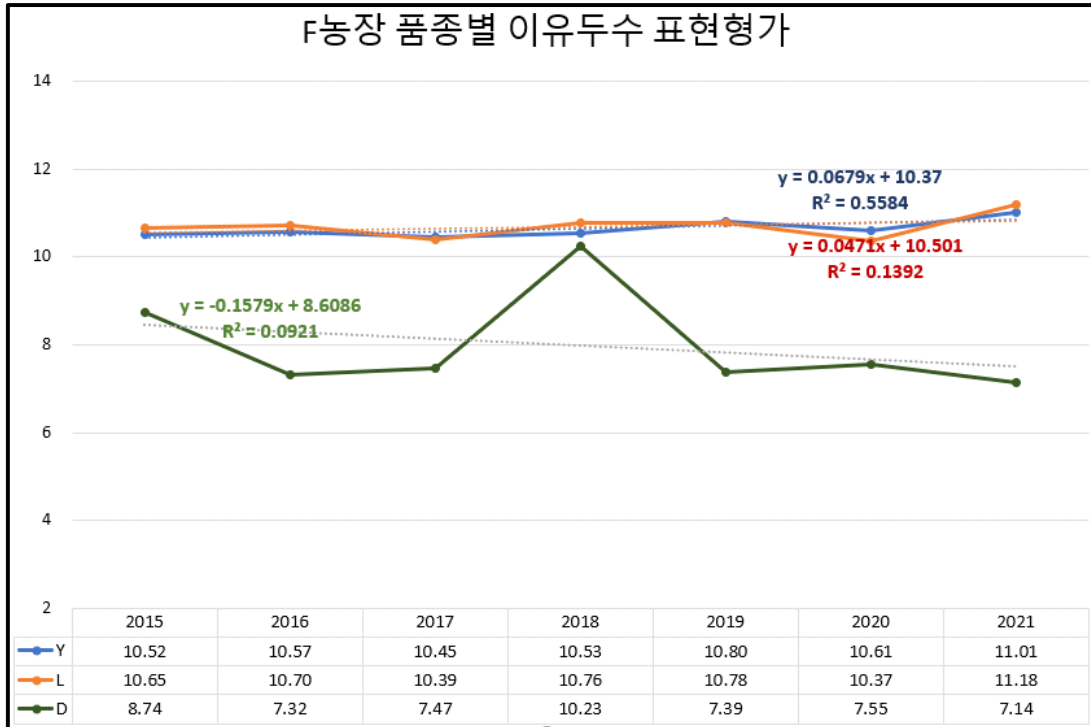
[그림 3-30] B농장 이유두수 연도별 개량 추세



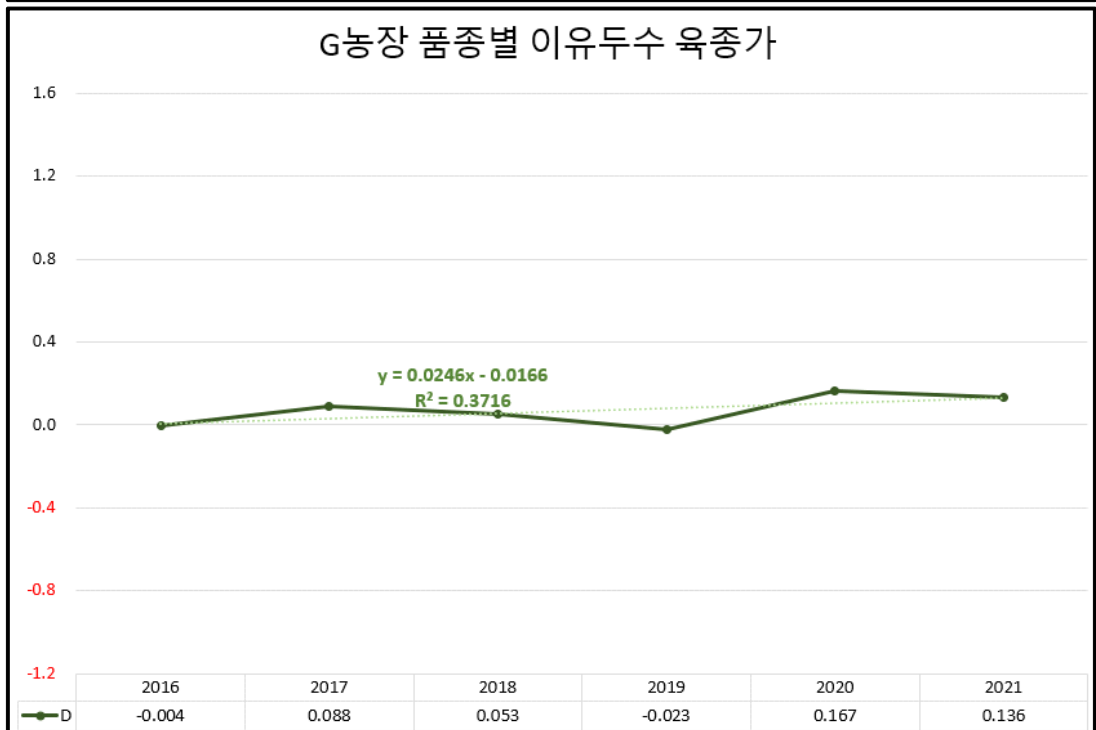
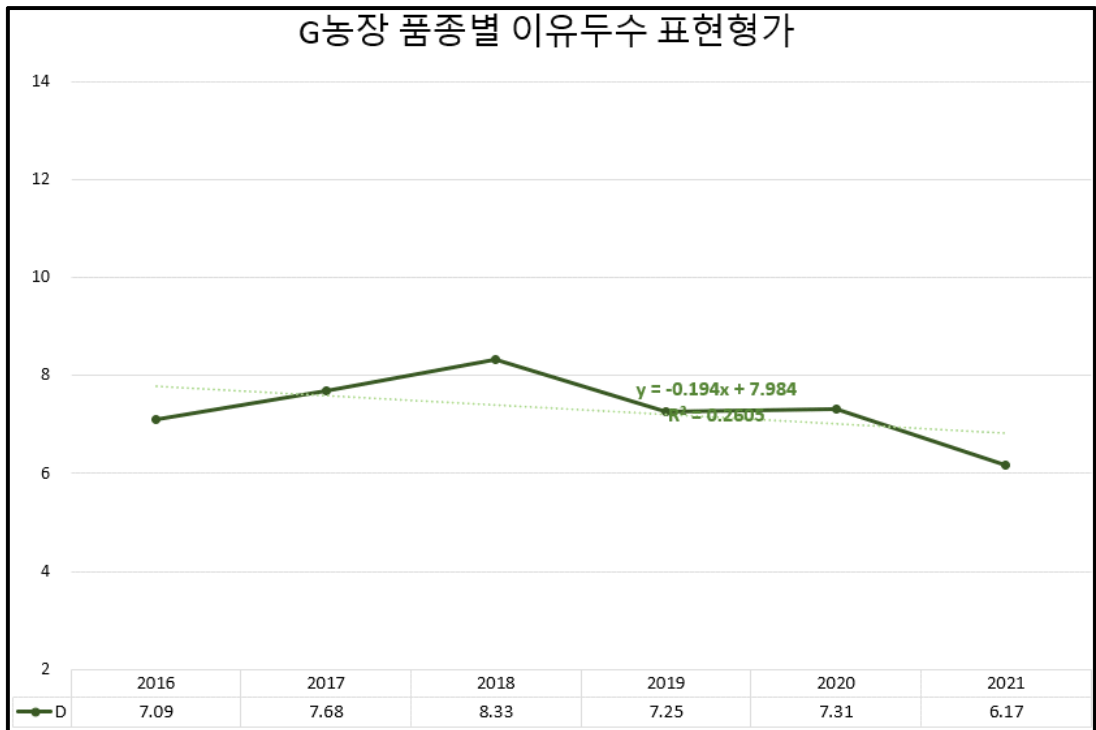
[그림 3-31] C농장 이유두수 연도별 개량 추세



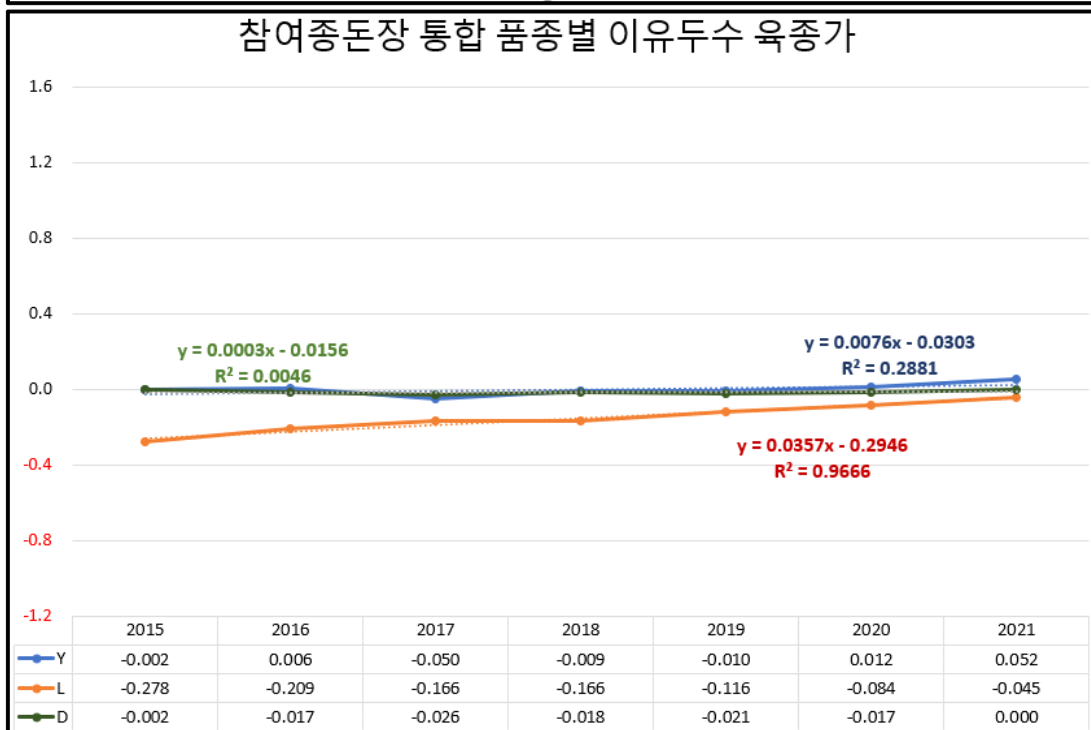
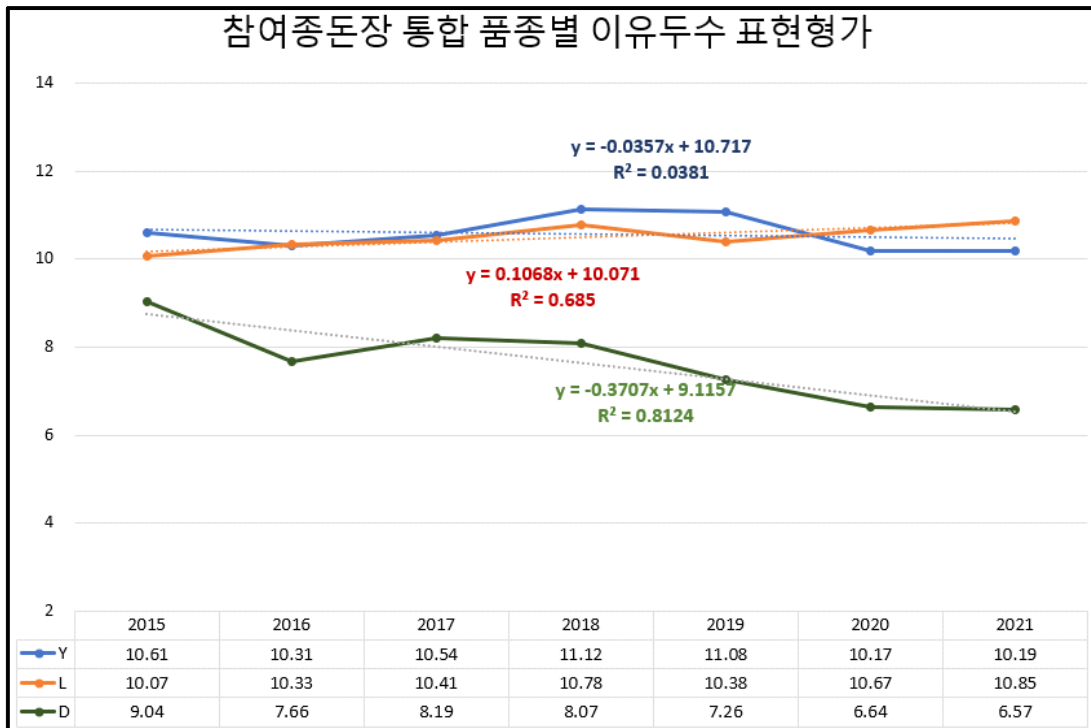
[그림 3-32] D농장 이유두수 연도별 개량 추세



[그림 3-33] F농장 이유두수 연도별 개량 추세



[그림 3-34] G농장 이유두수 연도별 개량 추세



[그림 3-35] 참여중돈장 통합 이유두수 연도별 개량 추세

3. 품종별 농장별 유전적 개량량 비교

[표 3-36] 대요크셔 유전적 개량량

| | | A | B | C | D | F | G | 통합 |
|-------------|------|--------|--------|--------|--------|--------|---|--------|
| 일당증체량(kg) | 표현형가 | 0.000 | 0.003 | 0.010 | 0.001 | 0.003 | | 0.002 |
| | 육종가 | 0.004 | 0.007 | 0.010 | 0.002 | 0.001 | | 0.005 |
| 등지방두께(cm) | 표현형가 | -0.013 | -0.034 | -0.020 | 0.001 | -0.035 | | -0.030 |
| | 육종가 | -0.007 | -0.025 | -0.024 | -0.011 | -0.012 | | -0.023 |
| 90kg도달일령(일) | 표현형가 | -0.106 | -0.461 | -1.934 | -0.679 | 0.750 | | -0.434 |
| | 육종가 | -0.583 | -1.069 | -0.017 | -0.271 | -0.160 | | -0.871 |
| 생존산자수(두) | 표현형가 | 0.370 | 0.046 | 0.262 | -0.037 | 0.148 | | 0.141 |
| | 육종가 | 0.003 | 0.292 | 0.247 | 0.074 | 0.052 | | 0.128 |
| 이유두수(두) | 표현형가 | 0.301 | 0.252 | 0.305 | 0.103 | 0.068 | | -0.036 |
| | 육종가 | 0.003 | 0.004 | 0.145 | -0.002 | -0.009 | | 0.008 |

[표 3-37] 랜드레이스 유전적 개량량

| | | A | B | C | D | F | G | 통합 |
|-------------|------|--------|--------|--------|--------|--------|---|--------|
| 일당증체량(kg) | 표현형가 | -0.000 | 0.006 | 0.010 | 0.000 | 0.003 | | 0.007 |
| | 육종가 | 0.001 | 0.007 | 0.009 | 0.000 | 0.005 | | 0.006 |
| 등지방두께(cm) | 표현형가 | -0.038 | -0.039 | -0.012 | 0.019 | -0.026 | | -0.033 |
| | 육종가 | -0.004 | -0.030 | -0.014 | 0.003 | -0.009 | | -0.028 |
| 90kg도달일령(일) | 표현형가 | 0.088 | -0.872 | -1.876 | -0.750 | -0.214 | | -1.045 |
| | 육종가 | -0.192 | -1.138 | -0.015 | 0.074 | -0.757 | | -0.887 |
| 생존산자수(두) | 표현형가 | 0.157 | -0.147 | 0.309 | -0.001 | 0.155 | | 0.177 |
| | 육종가 | 0.001 | 0.139 | 0.213 | -0.136 | -0.013 | | 0.085 |
| 이유두수(두) | 표현형가 | 0.160 | 0.141 | 0.223 | 0.027 | 0.047 | | 0.107 |
| | 육종가 | 0.001 | 0.010 | 0.059 | 0.000 | 0.003 | | 0.036 |

[표 3-38] 두록 유전적 개량량

| | | A | B | C | D | F | G | 통합 |
|-------------|------|--------|--------|---|--------|--------|--------|--------|
| 일당증체량(kg) | 표현형가 | 0.005 | 0.006 | | 0.009 | 0.016 | 0.007 | 0.008 |
| | 육종가 | 0.005 | 0.014 | | 0.003 | 0.003 | 0.001 | 0.009 |
| 등지방두께(cm) | 표현형가 | -0.031 | -0.008 | | 0.015 | -0.019 | 0.043 | -0.006 |
| | 육종가 | -0.002 | -0.031 | | 0.003 | 0.004 | -0.000 | -0.021 |
| 90kg도달일령(일) | 표현형가 | -0.691 | -1.110 | | -2.000 | -2.179 | -1.000 | -1.926 |
| | 육종가 | -0.720 | -1.992 | | -0.231 | -0.614 | -0.086 | -1.546 |
| 생존산자수(두) | 표현형가 | 0.057 | 0.007 | | -0.005 | 0.296 | -0.234 | 0.025 |
| | 육종가 | -0.003 | 0.024 | | -0.046 | 0.022 | 0.030 | 0.004 |
| 이유두수(두) | 표현형가 | -0.162 | -0.304 | | -0.286 | -0.158 | -0.194 | -0.371 |
| | 육종가 | -0.003 | -0.001 | | -0.008 | 0.005 | 0.025 | 0.000 |

제 3 절 국내 종돈의 경제형질별 경제적 가치 연구 및 선발지수 개발

- 선발지수는 가장 경제적으로 영향을 많이 주는 가축의 형질을 육종의 목표로 선정한 다음, 각 형질의 유전력, 유전적 상관도 등의 유전모수를 파악하고 각 형질의 경제적 가치를 감안하여 가중치를 달리주어 작성하게 된다. 즉, 여러 가지 형질을 유전적인 특성과 경제적 가치를 감안해 선발을 통해 최대한 경제적으로 유리하게 개체를 선발하는 것이다. 따라서 종돈의 선발지수는 국가별로 각 종돈의 유전적 특성과 비육돈의 시장 가치에 따라서 달라진다.

1. 한국 양돈산업의 경제형질에 따른 경제적 가치 추정

- 종돈개량의 최종목표는 최단시간에 최대의 경제적 이익을 양축가에게 돌려주는 것이다. 종돈개량은 어느 특정한 한 가지 형질만 개량하는 것이 아니고 총합적으로 경제적 소득을 높이기 위해 2~3개의 형질을 동시에 개량함으로써 각 경제형질의 유전적 모수는 물론 단위당 경제적 가치를 산출하는 것이 필수적이다. 따라서 경제 형질별 육종가를 포함한 유전적 모수와 경제적 가치의 규명이 전제 조건이다.
- 본 연구에서는 모든 443두 규모 농장(A양돈장)을 공시 농장으로 선정해 실제 2016년도 경영실적과 생산성을 바탕으로 각 경제형질의 경제적 가치를 규명하였다. A농장은 모든 443두 중 77두는 항상 초산 모돈으로 구성되어 있다.

[표 3-39] A양돈장의 연간 양돈 생산비 내역(2016년)

| 양돈생산비내역(2016년) | | | | | | 변동비와 고정비(두당) |
|----------------|------------|---------------|-----------|-------------|--------|--------------|
| 구분 | 항목 | 비용 | 항목별 비율(%) | 1두당 (115kg) | 생체 kg당 | |
| 변동비 | 사료비 | 1,364,189,242 | 56.3 | 181,384 | 1,577 | 221,514 |
| | 약품비 | 56,539,170 | 2.3 | 7,518 | 65 | |
| | 사양관리 소모품 외 | 72,568,100 | 3.0 | 9,649 | 84 | |
| | 분뇨처리비 | 172,714,000 | 7.1 | 22,964 | 200 | |
| 고정비 | 인건비 | 269,391,759 | 11.1 | 35,819 | 311 | 100,607 |
| | 수선비 | 103,371,490 | 4.3 | 13,744 | 120 | |
| | 감가상각비 | 76,722,495 | 3.2 | 10,201 | 89 | |
| | 수도광열비 | 68,193,070 | 2.8 | 9,067 | 79 | |
| | 보험료 | 9,406,380 | 0.4 | 1,251 | 11 | |
| | 수송 및 통신비 | 22,434,740 | 0.9 | 2,983 | 26 | |
| | 차입금상환 및 이자 | 165,560,744 | 6.8 | 22,013 | 191 | |
| 기타비용 | 41,578,604 | 1.7 | 5,518 | 48 | | |
| 합계 | | 2,422,669,793 | 100.0 | 322,121 | 2,801 | 322,121 |

가. A 양돈장의 생산비

○ A양돈장의 2016년 비육돈 출하두수는 7,521두로 모돈 두당 연간 출하두수(MSY)는 17.0 두였다. 총 생산비 중 사료비가 차지하는 비율은 56.3%, 인건비는 11.1%, 분뇨처리비는 7.1%, 수선비는 4.3% 등이었다. 비육돈 두당(115kg) 생산비는 32만2,121원으로 생체 kg당 2,801원, 박피지육 기준으로는 kg당 4,059원이었다. 또한 사료비, 약품비, 사양관리 소모품, 분뇨처리비 등 변동비는 두당 22만1,514원으로 전체 생산비의 68.8%였고 인건비, 수선비, 감가상각비 등 고정비는 두당 10만607원으로 전체 생산비의 31.2%를 차지했다. 참고로 통계청 발표 2015년 기준 비육돈 두당(114kg) 생산비는 30만7,077원으로 115kg기준으로는 30만9,770원이었다.

나. A양돈장의 사료종류별 사용량과 금액

○ A양돈장의 사료종류별 사용량과 금액을 분석하면 연간 사료사용량은 2,742톤 575kg으로 1일 두당 평균 1.58kg을 섭취하였고 평균단가(도착가)는 kg당 497원이었다. 가장 많은 사료는 육성비육돈 사료로 전체의 45.0%, 금액으로는 40.4%를 차지했다.

[표 3-40] A양돈장의 연간 사료종류별 사용량 및 금액(2016년)

| 양돈장의 연간사료종류별 구성비(2016) 모돈443두, 총 4,746두) | | | | | |
|--|-----------|----------|---------------|----------|----------|
| 사료종류 | 수량(톤) | 단가(원/kg) | 금액 | 수량비율 (%) | 금액비율 (%) |
| 1호 | 2,221 | 2,466 | 5,479,072 | 0.1 | 0.4 |
| 2호 | 117,931 | 1,438 | 169,572,589 | 4.3 | 12.4 |
| 젖돈 | 858,426 | 458 | 393,502,467 | 31.3 | 28.8 |
| 육성비육 | 1,234,159 | 446 | 550,805,050 | 45.0 | 40.4 |
| 임신 | 383,961 | 431 | 165,563,768 | 14.0 | 12.1 |
| 포유 | 145,356 | 474 | 68,826,291 | 5.3 | 5.0 |
| 평균 | 2,742,575 | 497 | 1,364,189,242 | 100.0 | 100 |

2. 생산비에 따른 중돈 형질의 경제적 가치

가. 신생자돈 1두의 경제적 가치(생산비)

- 후보돈이 생산하는 자돈과 경산돈이 생산하는 자돈의 생산원가를 각각 계산하여 모돈 보유 비율로 계산하였다. 생산비 중 모돈에 소요되는 사육비를 산출하기 위한 전제조건은 사료외 비용중 모돈 비용은 35%, 모돈 교체율은 연간 40%, 모돈회전율은 2.3회였다.

[표 3-41] 생산비 중 모돈사육비용 계산을 위한 전제조건

| | | | |
|---------------------|---------|-----------|------|
| 비육돈생산비= | 322,121 | 모돈두수 | 443두 |
| 생산비중사료외비용(44%)= | 141,733 | 연간 교체율 | 40% |
| 사료외비용중모돈용(35%)= | 49,607 | 모돈회전율 | 2.3 |
| 사료외비용중모돈(MSY17)용1일= | 2,310 | 1사이클후보돈두수 | 77 |

(1) 후보돈 자돈생산비

① 사료비 (후보 모돈 1두당) **229,835 원 ①**

구입후 교배시까지 사료비(임신돈사료)

$$80 \text{ 일} \times 2.8\text{kg} \times 430 \text{ 원/kg} = 96,320 \text{ 원}$$

임신기간 중 사료비

$$115 \text{ 일} \times 2.7\text{kg} \times 430 \text{ 원/kg} = 133,515 \text{ 원}$$

② 사육경비(후보 모돈 1두당) 후보돈,모돈의 사육비용=비육돈 생산비 42%가 사료외비용 **450,537 원 ②**

사료외 비용의 35%(번식돈사 면적 비율)가 모돈의 사육비용= 1일 2,310 원

$$\text{사료비의 총사육경비(연간 278두)} \quad 102,040,846 \text{ 원/년}$$

후보돈

$$\text{육성돈 } 44\text{두} + \text{임신돈 } 77\text{두} = 121\text{두}$$

$$\text{1두당 1일 사육경비} \quad 2,310 \text{ 원}$$

$$\text{사육기간 (육성80일+임신115일)} \quad 195 \text{ 일}$$

③ 교배 비용(1복당) 인공수정 2회 주입 × 2만원 = **20,000 원 ③**

④ 후보돈 도태비용

$$\text{후보돈 구입비용} \quad 700,000 \text{ 원}$$

$$\text{후보돈 도태 판매비} \quad 200,000 \text{ 원}$$

$$\text{후보돈 도태 비율 (7두)} \quad 10 \%$$

$$\text{분만 후보돈 70두의 1두당 취득비용} \quad 500,000 \text{ 원 ④}$$

⑤ 후보 모돈 1두당 자돈 생산비 **1,200,372 원 ⑤**

$$\text{후보 모돈 1산차 산자수} \quad 11\text{두} \quad (\text{①}+\text{②}+\text{③}+\text{④})$$

$$\text{분만율} \quad 85.0 \%$$

$$\text{분만 후보 모돈 1산차 실 산자수} \quad 9.35\text{두}$$

$$\text{자돈 1두당 생산비} \quad 128,382 \text{ 원}$$

(2) 경산돈 자돈생산비

① 사료비 (경산모돈 1두당) **210,681원 ⑥**

공태기간 4 일
임신기간 115 일
119일 × 2.7kg × 430원/kg = 131,159 원
포유기간 28일 + 발정제귀일 6일 = 34일
34일 × 4.5kg × 474원/kg = 72,522 원

② 사육경비 (경산모돈 1두당) 경산돈의1일사육비용은= 2,310 원 **353,498 원 ⑦**

연간 경산돈 366두사육경비 308,652,477 원
경산돈두수 366 두
1일 1두 사육경비 2,310 원
사육기간
공태 4일 + 6일 + 115일 + 28일 = 153 일

③ 교배 비용 (1복당) **20,000 원 ⑧**

④ 모돈 구입 및 도태판매 비용 0 원

감가상각 후 잔존가와 도태판매 수입이 동일

⑤ 경산돈 모돈 1두당 자돈 생산비 **584,179 원**

경산돈 산자두 12 두 (⑥+⑦+⑧)
분만율 85 %
경산돈 실산자수 10.2 두
자돈 1두당 생산비
584,179 ÷ 10.2 = 57,272 원

(3) 평균 신생자돈 생산비

초산돈자돈 128,382 × 0.174 + 경산돈자돈 57,272 × 0.826 = 69,646 원/두 ⑨

나. 21일령 자돈의 경제적 가치(2016년 기준) **102,542 원**

○ 21일령 자돈(체중 6.5kg)의 생산비는 두당 고정비와 변동비의 kg당 비용을 계산하여 추정하였다.

다. 월령별 생산원가

○ 출생자돈의 1두당(1.4kg) 생산비는 69,464원이었고 그 이후 출하 시까지 월령별 생산비는 두당 고정비에 변동비를 체중에 맞추어 계산하였다.

[표 3-42] 비육돈의 월령별 기준 체중 및 생산원가

| 월령 | 일령 | 기준체중(kg) | 생산원가(원) |
|----|-----|----------|---------|
| 0 | 0 | 1.4 | 69,646 |
| 1 | 15 | 4.5 | 109,274 |
| 2 | 45 | 14.3 | 128,151 |
| 3 | 75 | 32.6 | 163,401 |
| 4 | 115 | 66.2 | 228,122 |
| 5 | 145 | 92.7 | 279,166 |
| 6 | 175 | 115 | 322,121 |

라. 일당증체량의 경제적 가치

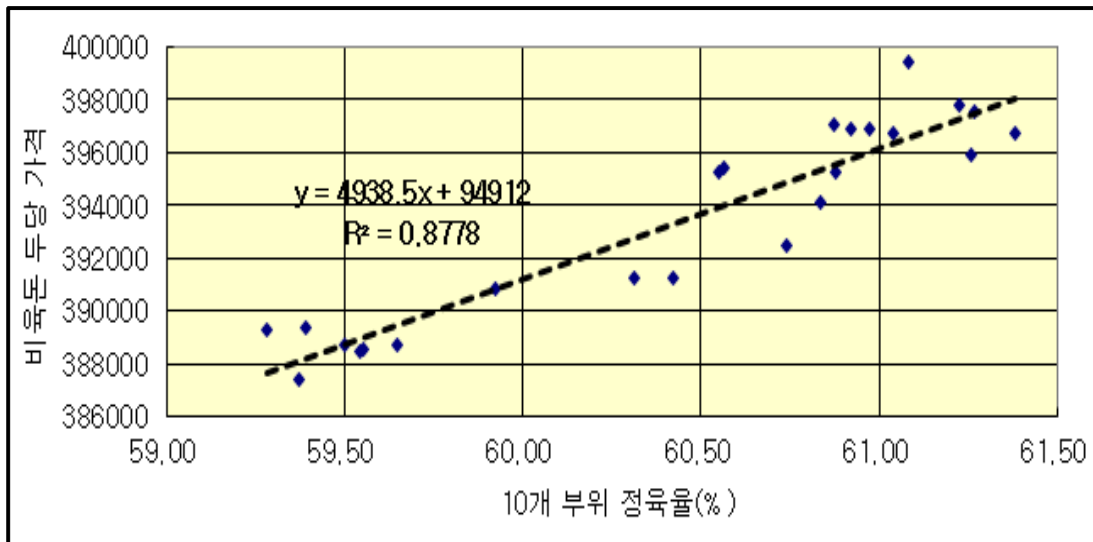
| | | | |
|------------|--|---------|-----------------|
| 사육기간 체중 변화 | 32.6 ~ 115kg | | |
| 일당증체량 | 800 | g | 소요일수 103 일 |
| | 900 | g | 92 일 |
| 차이 | 100 | g | 11 일 |
| | 1일 사육비 | | 383 원 |
| | (생산비중 고정비)=322,121*32%(고정비비율)*65%(비육돈용)/175= | | |
| | 일당 증체량 100g 차이의 추가 경비 | | |
| | 11 일 | × 383 원 | = 4,212 원 |
| | 일당 증체량 1kg 단위당 경제적 가치 | | 42,115 원 |

[표 3-44] 비육돈 두당 1차 가공시 부위별 중량과 가격(2016년 가격 기준)

| 부위 | 단가/kg | kg | 원/두 |
|--------|--------|------|---------|
| 전지 | 7,000 | 8.2 | 57,400 |
| 갈비 | 7,000 | 4 | 28,000 |
| 목심 | 14,100 | 4.5 | 63,450 |
| 삼겹 | 14,600 | 10.5 | 153,300 |
| 안심 | 6,400 | 0.9 | 5,760 |
| 등심 | 6,100 | 5.5 | 33,550 |
| 항정 | 14,000 | 0.3 | 4,200 |
| 갈매기 | 13,000 | 0.2 | 2,600 |
| 후지 | 3,400 | 15.7 | 53,380 |
| 잡육 | 2,500 | 3.2 | 8,000 |
| 평균(소계) | 7,700 | 53.2 | 409,640 |
| 정육율(%) | | 60.5 | |

[부위별 도매 단가 : 육류유통실태조사 2016년 12월]

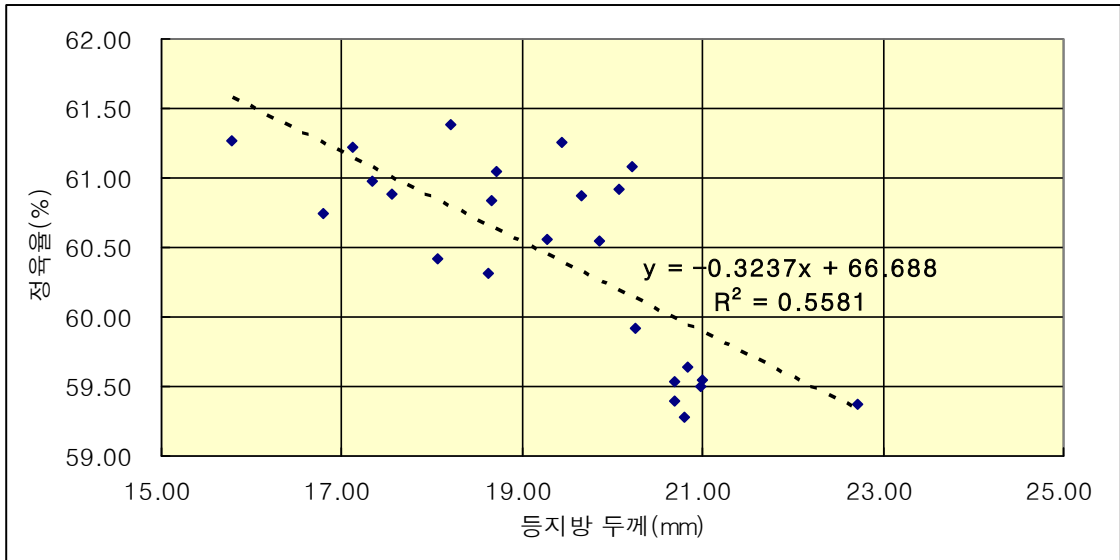
- 정육율에 따른 비육돈 가격의 변화는 정육율 1% 증가시마다 비육돈의 정육가격 (부가가치)은 4,938원씩 상승했다[그림 3 - 36]



[그림 3-36] 정육율에 따른 비육돈 정육가격의 변화

- 또한, 비육돈의 도체 검사 자료에 근거한 지육평균지방 두께에 따른 정육률을 추정하는 도체중을 보정한 회귀방정식은 다음과 같았다.

$$Y = 66.688 - 0.3237X, \quad (R^2 = 55.8\%)$$



[그림 3-37] 비육돈 등지방두께와 정육율(도체중 보정, n=840두)

[Y축은 정육률, X축은 지육의 평균 등지방두께임]

- 따라서 지육 등지방두께가 1cm 얇아짐에 따라, 정육률은 약 3.237%씩 높아지는 것으로 추정되었다. 따라서 등지방 1cm 감소시 정육율 3.237%씩 상승하므로 등지방 1cm 감소는 1두당 15,984원(3.237% × 4,938원/%)이 된다.

3. GSP 종돈의 경제형질별 경제적 가치 상대 비교

- 경제형질의 단위당 경제적 가치는 복당실산자수는 두당 69,646원, 사료요구율(1.0)은 56,810원, 등지방두께(1cm)는 21,066원, 일당증체량(kg)은 42,115원이었다. 그러나 실제 유전능력을 평가해 후보돈을 선발할 경우 표현형가 또는 BLUP의 육종가 기준 표준편차에 따른 상위랭킹 후보돈을 선발하기 때문에 각 단위별 경제적 가치에 각 형질의 표준편차를 곱해서 표준편차당 경제가치를 진정한 각 형질의 경제적 가치로 간주할 수 있다. 한국의 종돈개량 선발지수 설계를 위한 각 형질의 상대적 경제적 가치를 보면 표현형가는 번식형질인 복당 포유개시 산자수가 등지방두께 형질보다 36.3배나 더 중요해 가장 중요한 형질이였다. 그 다음은 사료요구율(1.77배), 등지방두께, 일당증체량(0.55배) 순이었다. 육종가 표준편차를 비교하면, 등지방두께 기준 복당생존산자수는 15.96배, 사료요구율은 2.3배, 일당증체량은 0.48배의 상대적 가치를 보이고 있다. 각 형질별 표준편차는 GSP 참여 6개 종돈장의 2013년부터 2016년까지의 통합분석 결과를 이용하였다.

[표 3-45] 한국에 있어 경제 형질의 경제적 가치 비교(표현형가 기준)

| 검정형질 | 평균 (표현형가) | 단위당 경제가치 (원) | 표준편차 (표현형가) | 선발반응/ 표준편차 | 상대 지수 1 | 상대 지수 2 |
|------------|--------------|--------------------|----------------|---------------|------------|------------|
| 복당생존산자수(두) | 11.7 | 69,646 | 2.681 | 186,720 | 3633 | 100.0 |
| 사료요구율 | 3.2 | 56,810 | 0.16 | 9,090 | 177 | 4.9 |
| 등지방두께(cm) | 1.4 | 21,066 | 0.244 | 5,140 | 100 | 2.8 |
| 일당증체량(kg) | 0.63 | 42,115 | 0.067 | 2,822 | 55 | 1.5 |

[표 3-46] 한국에 있어 종돈 검정형질의 경제적 가치 비교(육종가 기준)

| 검정형질 | 평균 (표현형가) | 단위당 경제가치 (원) | 표준편차 (육종가) | 선발반응/ 표준편차 | 상대 지수 1 | 상대 지수 2 |
|------------|--------------|--------------------|---------------|---------------|------------|------------|
| 복당생존산자수(두) | 11.7 | 69,646 | 0.678 | 47,217 | 1596 | 100.0 |
| 사료요구율 | 3.2 | 56,810 | 0.120 | 6,817 | 230 | 14.4 |
| 등지방두께(cm) | 1.4 | 21,066 | 0.140 | 2,958 | 100 | 6.3 |
| 일당증체량(kg) | 0.63 | 42,115 | 0.034 | 1,423 | 48 | 3.0 |

[표 3-47] GSP 참여종돈장의 품종별 경제형질별 평균(표현형가) (2013~2016년)

| | 요크셔 | 랜드레이스 | 두록 |
|----------|----------------|---------------|---------------|
| 번식형질 | 6,370두(22871복) | 1,359두(4678복) | 1,099두(3284복) |
| 생존산자수 | 11.85±2.702 | 11.45±2.579 | 8.36±1.939 |
| 이유두수 | 10.47±2.316 | 10.47±2.798 | 8.05±2.632 |
| 산육형질 | 83,240두 | 19,631두 | 15,593두 |
| 일당증체량 | 0.632±0.0664 | 0.623±0.0677 | 0.672±0.0682 |
| 등지방두께 | 1.40±0.239 | 1.36±0.269 | 1.34±0.240 |
| 90kg도달일령 | 143.5±11.47 | 144.5±11.79 | 137.1±10.76 |

[표 3-48] GSP 참여종돈장의 품종별 경제형질별 평균(육종가) (2013~2016년)

| | 요크셔 | 랜드레이스 | 두록 |
|----------|-----------------|-----------------|-----------------|
| 번식형질 | 6,370두(22871복) | 1,359두(4678복) | 1,099두(3284복) |
| 실산자수 | 0.2546±0.68062 | 0.1180±0.66493 | 8.36±1.939 |
| 이유두수 | 0.0262±0.49307 | -0.2283±0.62061 | 8.05±2.632 |
| 산육형질 | 83,240두 | 19,631두 | 15,593두 |
| 일당증체량 | 0.0052±0.03271 | 0.0067±0.03906 | 0.0186±0.02693 |
| 등지방두께 | 0.0288±0.14210 | 0.0114±0.13212 | 0.0411±0.08729 |
| 90kg도달일령 | -1.2057±7.30747 | -1.3732±7.83201 | -3.4113±4.80101 |

4. 양돈장의 생산성 변화에 따른 표준화 생산비 변화

- 주요 형질의 원단위 변화가 비육돈 생산비에 미치는 영향을 분석하였다. 비육돈 생산비 중 가장 높은 비율을 차지하는 사료비는 농장 총 사료요구율에 따라서 계산 할 수 있다. A 농장의 연평균 사료비 단가 kg당 497원을 적용하였다. MSY 성적에 따라 사료요구율도 개선되므로 MSY 17두의 경우 농장 사료요구율은 3.17(3.20으로 표준화)로 추정되고, 1두당 사료비는 15만7,052원이 된다. A농장의 비육돈 생산비중 고정비는 kg당 875원이었다. 모든 사료량은 전체 사료량의 19.3%를 차지하고 A농장 전체 비육돈 사료요구율 3.17 중 차지하는 모든사료만의 요구율은 0.61이었다. 비육돈 사료가 차지하는 사료요구율은 2.56이었다. 따라서 MSY가 증가하면 모든 사료요구율을 개선하게 되어 MSY가 1두 증가시마다 비육돈의 사료요구율은 0.03씩 개선되었다. 비육돈의 사료비는 변동비 중 82%

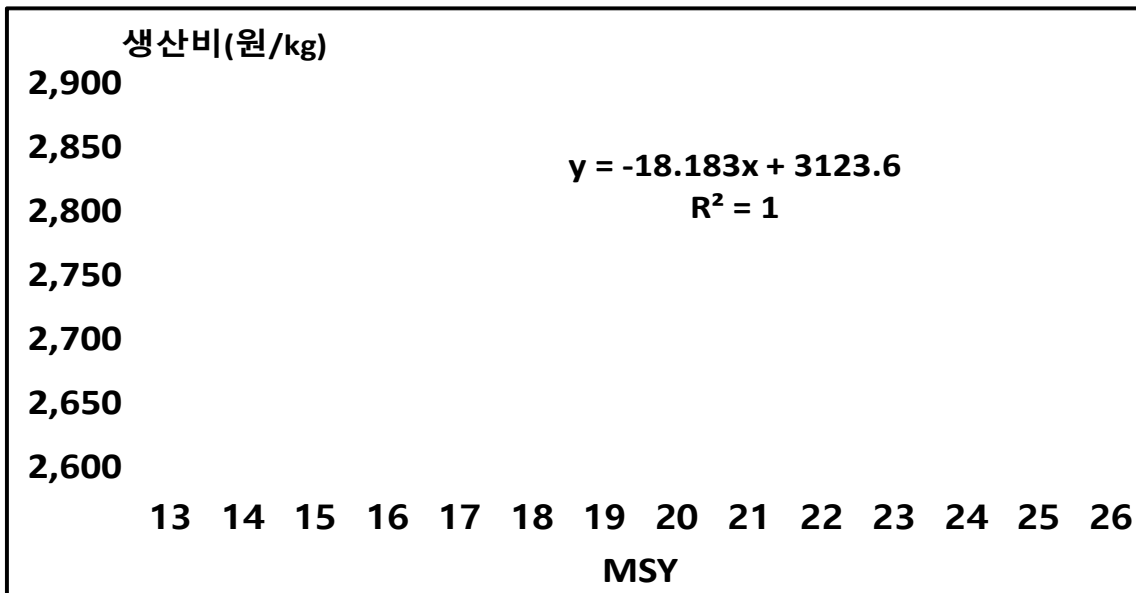
를 차지하므로 사료요구율에 따른 사료비와 그 변동비를 계산한 후 고정비 kg당 875원을 추가하면 비육돈 kg당 생산비를 계산할 수 있다.

[표 3-49] 사료요구율에 따른 비육돈 사료비

| 사료요구율 | 사료비/두 | 사료비/kg |
|-------|---------|--------|
| 2.4 | 119,280 | 1,193 |
| 2.5 | 124,250 | 1,243 |
| 2.6 | 129,220 | 1,292 |
| 2.7 | 134,190 | 1,342 |
| 2.8 | 139,160 | 1,392 |
| 2.9 | 144,130 | 1,441 |
| 3 | 149,100 | 1,491 |
| 3.1 | 154,070 | 1,541 |
| 3.2 | 159,040 | 1,590 |
| 3.3 | 164,010 | 1,640 |
| 3.4 | 168,980 | 1,690 |
| 3.5 | 173,950 | 1,740 |

[표 3-50] MSY에 따른 비육돈 생산비

| MSY | 사료요구율 | 비육돈생산비/kg |
|-----|-------|-----------|
| 25 | 2.96 | 2,669 |
| 24 | 2.99 | 2,687 |
| 23 | 3.02 | 2,705 |
| 22 | 3.05 | 2,724 |
| 21 | 3.08 | 2,742 |
| 20 | 3.11 | 2,760 |
| 19 | 3.14 | 2,778 |
| 18 | 3.17 | 2,796 |
| 17 | 3.20 | 2,815 |
| 16 | 3.23 | 2,833 |
| 15 | 3.26 | 2,851 |
| 14 | 3.29 | 2,869 |



[그림 3-38] 모돈의 연간 비육돈 출하두수(MSY)에 따른 생산비 변화

- 결론은 연간 모돈 두당 출하두수(MSY) 1두씩 증가할 때마다 비육돈 생산비는 kg당 18.18원씩, 체중 115kg 비육돈 두당 2,090원씩 낮아진다. 예를 들어 모돈 100두의 경우 MSY 20두 농장의 경우 MSY21두로 생산성이 향상되면 438만9,000원(2,090원×모돈 100두×21두)씩 생산비가 낮아지고 그만큼 이익이 증가하게 된다.

5. GSP 참여종돈장의 통합 선발지수 개발

가. GSP 통합 선발지수의 경제형질과 가중치

- 선발지수는 경제적으로 가장 높은 형질을 다수 선정하여 선발을 통해 이익을 극대화 시킬 수 있는 지수이다. Hazel(1943)은 선발지수를 다음 공식으로 기본개념을 정의했다.

$$I = bp$$

여기서, I 는 선발후보돈과 기존의 부모돈과의 차이를 극대화해 경제적 이익을 극대화시키는 지수. b 는 형질별 경제적 가중치 벡터. p 는 형질별 표현형가(육종가) 벡터임

- GSP 통합선발지수는 b 를 각 형질의 경제적 비중, p 는 각 형질의 육종가를 적용해 작성되었다. 모계지수는 복당실산자수, 백색 품종 검정돈의 일당 증체중, 등지방 두께 형질을 이용하였고, 부계지수는 부계품종의 일당증체량과 등지방 두께를 이용하였다.
- 각 형질의 경제적비중(b)은 상기에서의 연구결과를 적용했다. 각 형질의 육종가와 표준편차(p)는 6개 종돈장의 4년간(2013~2016년)의 육종가 분석결과를 이용하였다. 또한 각 형질별 가중치는 백색 품종의 경우, 실산자수는 80%, 일당증체량은 13%, 등지방두께는 7%를 적용하였고, 부계지수는 일당증체량은 70%, 등지방두께는 30%를 적용하였다.

[표 3-51] 백색 모계 및 부계 두록 선발지수의 형질별 가중치 반영 비율(%)

| 선발지수 변경 | 요크셔 | 랜드레이스 | 두록 |
|---------|-----|-------|----|
| 실산자수 | 80 | 80 | 0 |
| 일당증체량 | 13 | 13 | 70 |
| 등지방두께 | 7 | 7 | 30 |

나. GSP참여종돈장의 품종별 통합 선발지수 - 경제형질별 GSP 통합 선발지수

(1) 선발지수 작성법

- 선발지수는 적용되는 경제형질에 대해 각각의 가중치를 적용한 뒤에 각 형질의 육종가의 표준편차로 지수를 나누어 표준편차 기준으로 표준화시킨 후 지수평균=100, 지수표준편차=20으로 스케일을 정해준다.

※ 요크셔종 모계선발지수

$$\begin{aligned} \text{선발지수(MLI)} = & 80 \times \text{생존산자수 육종가/생존산자수 육종가 표준편차} \\ & + 13 \times \text{일당증체량 육종가/일당증체량 육종가 표준편차} \\ & - 7 \times \text{등지방두께 육종가/등지방두께 육종가 표준편차} \end{aligned}$$

- 상기 선발지수를 각 형질 상수를 변경시켜서 선발지수 평균=100, 표준편차=20으로 조정한다.

(2) 실제적용 품종별 선발지수

㉑ 모계지수(MLI)

- 랜드레이스 = $95 + (32 \times \text{생존산자수 육종가}) + (87 \times \text{일당증체량 육종가}) - (14 \times \text{등지방두께 육종가})$
- 요크셔 = $90 + (35 \times \text{생존산자수 육종가}) + (117 \times \text{일당증체량 육종가}) - (15 \times \text{등지방두께 육종가})$

㉒ 부계지수(TSI)

- 두록 = $99 + (659 \times \text{일당증체량 육종가}) - (87 \times \text{등지방두께 육종가})$

다. GSP 참여종돈장별 선발지수 - 참여종돈장의 품종별 선발지수 개발

(1) A농장

- A농장의 품종별 선발지수는 형질별 경제적 비중, 형질별 육중가를 적용해 작성하였다. 모계지수는 복당생존산자수, 백색 품종 검정돈의 일당증체량, 등지방두께 형질을 이용하였고, 부계지수는 부계품종의 복당생존산자수, 일당증체량과 등지방두께를 이용하였다.
- 각 형질의 경제적비중은 상기에서의 연구결과를 적용하였다. 각 형질의 육중가와 표준편차는 A농장의 4년간(2013~2016년)의 육중가 분석결과를 이용하였다. 또한 각 형질별 가중치는 백색 품종의 경우, 실산자수는 80%, 일당증체량은 10%, 등지방두께는 10%를 적용하였고, 부계지수는 복당실산자수 5%, 일당증체량은 65%, 등지방두께는 30%를 적용하였다.

[표 3-52] A농장의 모계 및 부계계통의 형질별 선발지수의 가중치 반영 비율(%)

| 선발지수 변경 | 요크셔 | 랜드레이스 | 두록 |
|---------|-----|-------|----|
| 생존산자수 | 80 | 80 | 5 |
| 일당증체량 | 10 | 10 | 65 |
| 등지방두께 | 10 | 10 | 30 |

- 선발지수는 적용되는 경제형질에 대해 각각의 가중치를 적용한 뒤에 각 형질의 육중가의 표준편차로 지수를 나누어 표준편차 기준으로 표준화시킨 후 $\text{지수평균}=100$, $\text{지수표준편차}=20$ 으로 스케일을 정해준다.

※ 요크셔종 모계선발지수

$$\begin{aligned} \text{선발지수(MLI)} = & 80 \times \text{생존산자수 육중가/생존산자수 육중가 표준편차} \\ & + 10 \times \text{일당증체량 육중가/일당증체량 육중가 표준편차} \\ & - 10 \times \text{등지방두께 육중가/등지방두께 육중가 표준편차} \end{aligned}$$

- 상기 선발지수를 각 형질 상수를 변경시켜서 선발지수 평균=100, 표준편차=20으로 조정한다.

- A농장의 품종별 실제적용 선발지수

㉓ 모계지수(MLI)

- 랜드레이스 = 89 + (83.2 × 생존산자수 육종가) + (0.7 × 일당증체량 육종가) - (3.5 × 등지방두께 육종가)
- 요크셔 = 88 + (55.7 × 생존산자수 육종가) + (0.2 × 일당증체량 육종가) - (1.3 × 등지방두께 육종가)

㉔ 부계지수(TSI)

- 두록 = 97 + (89.4 × 생존산자수 육종가) + (51.7 × 일당증체량 육종가) - (80.3 × 등지방두께 육종가)

(2) B농장

- B농장의 품종별 선발지수는 형질별 경제적 비중, 형질별 육종가를 적용해 작성하였다. 모계지수는 복당실산자수, 백색 품종 검정돈의 일당증체량, 등지방두께 형질을 이용하였고, 부계지수는 부계품종의 일당증체량과 등지방두께를 이용하였다.
- 각 형질의 경제적비중은 상기에서의 연구결과를 적용하였다. 각 형질의 육종가와 표준편차는 B농장의 4년간(2013~2016년)의 육종가 분석결과를 이용하였다. 또한 각 형질별 가중치는 백색 품종의 경우, 실산자수는 70%, 일당증체량은 30%, 등지방두께는 10%를 적용하였고, 부계지수는 일당증체량은 70%, 등지방두께는 30%를 적용하였다.

[표 3-53] B농장의 모계 및 부계계통의 형질별 선발지수의 가중치 반영 비율(%)

| 선발지수 변경 | 요크셔 | 랜드레이스 | 두록 |
|---------|-----|-------|----|
| 실산자수 | 70 | 70 | 0 |
| 일당증체량 | 20 | 20 | 70 |
| 등지방두께 | 10 | 10 | 30 |

- 선발지수는 적용되는 경제형질에 대해 각각의 가중치를 적용한 뒤에 각 형질의 육종가의 표준편차로 지수를 나누어 표준편차 기준으로 표준화시킨 후 지수평균=100, 지수표준편차=20으로 스케일을 정해준다.

※ 요크셔종 모계선발지수

$$\begin{aligned} \text{선발지수(MLI)} = & 70 \times \text{생존산자수 육종가/생존산자수 육종가 표준편차} \\ & + 20 \times \text{일당증체량 육종가/일당증체량 육종가 표준편차} \\ & - 10 \times \text{등지방두께 육종가/등지방두께 육종가 표준편차} \end{aligned}$$

상기 선발지수를 각 형질 상수를 변경시켜서 선발지수 평균=100, 표준편차=20으로 조정한다.

- B농장의 실제적용 품종별 선발지수

㉓ 모계지수(MLI)

- 랜드레이스 = $97 + (54.8 \times \text{실산자수 육종가}) + (0.9 \times \text{일당증체량 육종가}) - (2.2 \times \text{등지방두께 육종가})$
- 요크셔 = $91 + (34.2 \times \text{생존산자수 육종가}) + (0.4 \times \text{일당증체량 육종가}) - (0.8 \times \text{등지방두께 육종가})$

㉔ 부계지수(TSI)

- 두록 = $111 + (594 \times \text{생존산자수 육종가}) + (50 \times \text{일당증체량 육종가})$

(3) C농장

- C농장의 품종별 선발지수는 형질별 경제적 비중, 형질별 육종가를 적용해 작성하였다. 모계지수는 복당생존산자수, 백색 품종 검정돈의 일당증체량, 등지방두께 형질을 이용하였고, 부계지수는 부계품종의 일당증체량과 등지방두께를 이용하였다.
- 각 형질의 경제적비중은 상기에서의 연구결과를 적용하였다. 각 형질의 육종가와 표준편차는 C농장의 4년간(2013~2016년)의 육종가 분석결과를 이용하였다. 또한 각 형질별 가중치는 백색 품종의 경우, 생존산자수는 80%, 일당증체량은 13%, 등지방두께는 7%를 적용하였고, 부계지수는 일당증체량은 70%, 등지방두께는 30%를 적용하였다.

[표 3-54] C농장의 모계 및 부계계통의 형질별 선발지수의 가중치 반영 비율(%)

| 선발지수 변경 | 요크셔 | 랜드레이스 | 두록 |
|---------|-----|-------|----|
| 생존산자수 | 80 | 80 | 0 |
| 일당증체량 | 13 | 13 | 70 |
| 등지방두께 | 7 | 7 | 30 |

- 선발지수는 적용되는 경제형질에 대해 각각의 가중치를 적용한 뒤에 각 형질의 육종가의 표준편차로 지수를 나누어 표준편차 기준으로 표준화시킨 후 지수평균=100, 지수표준편차=20으로 스케일을 정해준다.

※ 요크셔종 모계선발지수

$$\text{선발지수(MLI)} = 80 \times \text{생존산자수 육종가} / \text{생존산자수 육종가 표준편차} + 13 \times \text{일당증체량 육종가} / \text{일당증체량 육종가 표준편차} - 7 \times \text{등지방두께 육종가} / \text{등지방두께 육종가 표준편차}$$

- 상기 선발지수를 각 형질 상수를 변경시켜서 선발지수 평균=100, 표준편차=20으로 조정한다.

- C농장의 실제적용 품종별 선발지수

㉓ 모계지수(MLI)

- 랜드레이스 = $76 + (60 \times \text{생존산자수 육종가}) + (180 \times \text{일당증체량 육종가}) - (15 \times \text{등지방두께 육종가})$
- 요크셔 = $80 + (48 \times \text{생존산자수 육종가}) + (180 \times \text{일당증체량 육종가}) - (17 \times \text{등지방두께 육종가})$

㉔ 부계지수(TSI)

- 두록 = $88 + (952 \times \text{생존산자수 육종가}) + (61 \times \text{일당증체량 육종가})$

(4) D농장

- D농장의 품종별 선발지수는 형질별 경제적 비중, 형질별 육종가를 적용해 작성하였다. 모계지수는 복당생존산자수, 백색 품종 검정돈의 일당증체량, 등지방두께 형질을 이용하였고, 부계지수는 부계품종의 일당증체량과 등지방두께를 이용하였다.
- 각 형질의 경제적비중은 상기에서의 연구결과를 적용하였다. 각 형질의 육종가와 표준편

차는 D농장의 4년간(2013~2016년)의 육종가 분석결과를 이용하였다. 또한 각 형질별 가중치는 백색 품종의 경우, 생존산자수는 70%, 일당증체량은 20%, 등지방두께는 10%를 적용하였고, 부계지수는 일당증체량은 70%, 등지방두께는 30%를 적용하였다.

[표 3-55] D농장의 모계 및 부계계통의 형질별 선발지수의 가중치 반영 비율(%)

| 선발지수 변경 | 요크셔 | 랜드레이스 | 두록 |
|---------|-----|-------|----|
| 생존산자수 | 70 | 70 | 0 |
| 일당증체량 | 20 | 20 | 70 |
| 등지방두께 | 10 | 10 | 30 |

- 선발지수는 적용되는 경제형질에 대해 각각의 가중치를 적용한 뒤에 각 형질의 육종가의 표준편차로 지수를 나누어 표준편차 기준으로 표준화시킨 후 지수평균=100, 지수표준편차=20으로 스케일을 정해준다.

※ 요크셔종 모계선발지수

$$\begin{aligned} \text{선발지수(MLI)} = & 70 \times \text{생존산자수 육종가} / \text{생존산자수 육종가 표준편차} \\ & + 20 \times \text{일당증체량 육종가} / \text{일당증체량 육종가 표준편차} \\ & - 10 \times \text{등지방두께 육종가} / \text{등지방두께 육종가 표준편차} \end{aligned}$$

- 상기 선발지수를 각 형질 상수를 변경시켜서 선발지수 평균=100, 표준편차=20으로 조정한다.

- D농장의 실제적용 품종별 선발지수

㉓ 모계지수(MLI)

- 랜드레이스 = $100 + (8,940 \times \text{생존산자수 육종가}) + (513 \times \text{일당증체량 육종가}) - (68 \times \text{등지방두께 육종가})$
- 요크셔 = $97 + (64 \times \text{생존산자수 육종가}) + (463 \times \text{일당증체량 육종가}) - (43 \times \text{등지방두께 육종가})$

㉔ 부계지수(TSI)

- 두록 = $105 + (1,067 \times \text{생존산자수 육종가}) + (232 \times \text{일당증체량 육종가})$

(5) E농장

- E농장의 품종별 선발지수는 형질별 경제적 비중, 형질별 육중가를 적용해 작성하였다. E농장의 경우 모계(백색계)는 GSP사업 참여종돈장이자만, 부계(두록)의 경우는 참여종돈장이 아니므로 제외시켰다. 모계지수는 복당생존산자수, 백색 품종 검정돈의 일당증체량, 등지방두께 형질을 이용하였다.
- 각 형질의 경제적비중은 상기에서의 연구결과를 적용하였다. 각 형질의 육중가와 표준편차는 D농장의 4년간(2013~2016년)의 육중가 분석결과를 이용하였다. 또한 각 형질별 가중치는 백색 품종의 경우, 생존산자수는 70%, 일당증체량은 20%, 등지방두께는 10%를 적용하였다.

[표 3-56] E농장의 모계 및 부계계통의 형질별 선발지수의 가중치 반영 비율(%)

| 선발지수 변경 | 요크셔 | 랜드레이스 |
|---------|-----|-------|
| 생존산자수 | 70 | 70 |
| 일당증체량 | 20 | 20 |
| 등지방두께 | 10 | 10 |

- 선발지수는 적용되는 경제형질에 대해 각각의 가중치를 적용한 뒤에 각 형질의 육중가의 표준편차로 지수를 나누어 표준편차 기준으로 표준화시킨 후 $\text{지수평균}=100$, $\text{지수표준편차}=20$ 으로 스케일을 정해준다.

※ 요크셔종 모계선발지수

$$\begin{aligned} \text{선발지수(MLI)} = & 70 \times \frac{\text{생존산자수 육중가}}{\text{생존산자수 육중가 표준편차}} \\ & + 20 \times \frac{\text{일당증체량 육중가}}{\text{일당증체량 육중가 표준편차}} \\ & - 10 \times \frac{\text{등지방두께 육중가}}{\text{등지방두께 육중가 표준편차}} \end{aligned}$$

- 상기 선발지수를 각 형질 상수를 변경시켜서 선발지수 평균=100, 표준편차=20으로 조정한다.

- E농장의 실제적용 품종별 선발지수

㉗ 모계지수(MLI)

- 랜드레이스 = $78 + (47.4 \times \text{생존산자수 육종가}) + (245 \times \text{일당증체량 육종가}) - (29.9 \times \text{등지방두께 육종가})$
- 요크셔 = $77 + (32.8 \times \text{생존산자수 육종가}) + (290 \times \text{일당증체량 육종가}) - (28.9 \times \text{등지방두께 육종가})$

라. GSP 참여종돈장 통합 선발지수 적용 기준

○ GSP 참여종돈장의 통합 선발지수의 평균은 100, 표준편차는 20으로 설계되었으며, 모계 품종 암태지 후보돈의 선발기준은 GGP는 상위 15%, GP는 상위 40%, 수태지는 GGP는 상위 5%(요크셔종)와 6%(랜드레이스종), GP는 상위 10%(요크셔종),상위 16%(랜드레이스종)로 설정하였다. 부계 웅돈의 선발기준은 GGP는 상위 10%, GP는 상위 30%로 설정하였다.

[표 3-57] 백색 웅돈 - 모계지수 선발지수 기준

| 선발구분 | 선발지수기준 | | | |
|----------|---------|--------|---------|--------|
| | 요크셔 | | 랜드레이스 | |
| GGP | 131이상 | 상위 5% | 135이상 | 상위 6% |
| GP | 125~130 | 상위 10% | 125~134 | 상위 16% |
| S1(우선판매) | 100~124 | | 100~124 | |
| S2(차선판매) | 90~99 | | 90~99 | |
| 도태 | 89이하 | | 89이하 | |

[표 3-58] 유색 웅돈 - 부계지수 선발지수 기준

| 선발구분 | 선발지수기준 | |
|----------|---------|--------|
| GGP | 130이상 | 상위 10% |
| GP | 110~129 | 상위 30% |
| S1(우선판매) | 95~109 | |
| S2(차선판매) | 85~94 | |
| 도태 | 84이하 | |

※ 유색 웅돈 부계지수 135이상은 상위 5%

제 4 절 GSP 참여종돈장의 GGP농장간 혈연연결도(connectedness rate) 변화추세

1. 혈연연결도(Connectedness rate)의 개념

- 혈연연결도는 농장 간 유전적 유사성이라고 정의된다(Mathur et al., 1998). 만약, 분석을 원하는 농장들 간 혈연연결도가 낮다고 가정한다면, 두 농장간의 유전 평균차(genetic mean difference)는 더 커지는 경향이 있다. 그런데 기존의 서로 다른 농장의 종돈의 육종가 비교는 각 농장에서 얻은 육종가의 평균이 같다는 가정을 하므로 두 농장의 개체들 간의 육종가 비교는 정확하지 않을 수 있다. 그래서 이 오차의 정도를 나타내기 위해 그동안 많은 방법들이 고안되었다. 그 유사성 정도를 추정하는 지표로 혈연 연결 정도(CR)가 이용되고 있다.

■ 혈연연결도(connectedness)와 bias(편이)

$MSE = PEV_{unbiased} + bias^2$

MSE : 개체효과의 오차에 대한 평균자승합
 PEV_{unbiased} : 개체효과의 예측오차분산
 Bias² : 예측의 편이자승

➤ 축군간의 혈연연결도가 높으면 오차에 대한 평균자승합과 예측오차분산이 같아짐(bias² = 0)

$MSE_{within} = PEV_{unbiased}$

$MSE_{between} = MSE_{within} + bias^2$

MSE_{between} : 축군간 육종가의 오차에 대한 자승합
 MSE_{within} : 축군내 육종가의 오차에 대한 자승합
 Bias² : 예측에 대한 편이

[그림 3-39] 농장의 유전능력 평가 시 혈연연결도와 편이의 관계

- 기존의 서로 다른 농장의 종돈의 육종가 비교는 주로 각 농장에서 얻은 육종가의 평균이 같다는 가정을 하므로 두 농장의 개체들 간의 육종가 비교는 정확하지 않을 수 있다. 그러므로 최적선형불편예측법(BLUP, best linear unbiased prediction)의 결과물로 추정하는 개체간의 유전능력의 차이인 육종가(breeding value)의 전제조건은 개체간의 유전적 혈연연결(genetic connection)이 존재한다는 것이다. 당연히 농장(돈군, GGP농장)간 육종가를 활용하여 개체간의 유전능력의 비교의 전제조건은 혈연연결도(connectedness rate)가 존재해야만 정확한 육종가를 추정할 수 있다. 그러면 유전능력평가 육종가의 편이(bias)의 의미는 농장단위, 돈군단위, 관리(환경)에 의한 유전적 평균에 대한 차이를 의미한다. 그러므로 돈군(농장)간 혈연연결도(connectedness rate)가 낮으면 돈군(농장)간 유전평균에 대한 차이가 증가하여 편이(bias)가 증가하여 유전능력평가의 결과물인 개체간의 육종가(breeding value)에 대한 정확도(accuracy)가 감소하게 된다.

■ **돈군/농장들간의 유전평균의 차이**

- 하부집단(subpopulation)간 차별성 존재와 혈통과 능력자료가 분석에 미활용
- 이 경우 BLUP(최적선형불편예측법)을 육종가를 추정하는 것은 바람직하지 않음
- 돈군/농장간 혈연연결도 부재 → 편이(bias)발생 → 돈군/농장간 육종가의 정확도(accuracy) 낮아짐

■ **혈연연결도(connectedness)와 bias(편이)**

$$MSE = PEV_{unbiased} + bias^2$$

MSE : 개체효과의 오차에 대한 평균자승합
 PEV_{unbiased} : 개체효과의 예측오차분산
 Bias² : 예측의 편이자승

- 축군간의 혈연연결도가 높으면 오차에 대한 평균자승합과 예측오차분산이 같아짐(bias² = 0)

$$MSE_{within} = PEV_{unbiased}$$

$$MSE_{between} = MSE_{within} + bias^2$$

MSE_{between} : 축군간 육종가의 오차에 대한 자승합
 MSE_{within} : 축군내 육종가의 오차에 대한 자승합
 Bias² : 예측에 대한 편이

■ **축군내 오차에 대한 평균자승합의 불편추정치(Unbiased MSE_{within})**

$$MSE_{within} = h^2 * Ve(unbiased)$$

$$MSE_{between} = average((PEV(\sum u_i)) + PEV(\sum u_j) - 2PEC(\sum(u_i, u_j)))$$

$$= (PEV((u_i)) + PEV((u_j)) - 2PEC((u_i, u_j)))/2$$

u_i와 u_j는 i와 j번째 축군의 개체의 육종가
 PEV : 예측오차분산, PEC : 예측오차공분산

$$PEVD = MSE_{between}$$

PEVD 다른 축군/농장에 있는 개체들간의 추정육종가에서 평균오차분산의 차이

■ **중양검정소 활용 : 상업돈군의 분석에 효율적이지 않음**

- 비교하려는 축군의 제한된 개체수, 검정소와 축군의 능력검정자료의 상관도가 일정하지 않음

■ **유전능력평가 모형에서 발생할 수 있는 편이(bias)를 적절히 관리**

- 예측모형내에 유전적인 그룹으로 그룹핑(Quaas, 1988)

$$Y = Xb + ZQg + Zu + e$$

- 여기서 가정은,

$$\begin{bmatrix} y \\ u \\ e \end{bmatrix} \sim N \left(\begin{bmatrix} Zb + ZQg \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} ZAZ' * Va + I * Ve & ZA * Va & I * Ve \\ AZ' * Va & A * Va & 0 \\ I * Ve & 0 & I * Ve \end{bmatrix} \right)$$

여기서, A는 혈연계수행렬, Va는 상가적유전분산, Ve는 환경분산

➤ g와 u를 구하기 위한 혼합모형방정식(mixed model equation)

$$\begin{bmatrix} Q'Z'MZQ & Q'Z'MZ \\ Z'MZQ & Z'MZ + \lambda A^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} g \\ u \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Q'Z'My \\ Z'My \end{bmatrix}$$

➤ 위에서

$$M = I - X(X'X)^{-1}X'$$

$$\lambda = Ve/Va.$$

➤ 위의 혼합모형방정식에서 분할한 계수행렬(coefficient matrix)의 일반화 역행렬

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} \\ C'_{12} & C_{22} \end{bmatrix}, \quad C^{-1} * Ve.$$

➤ 육종가를 추정하는데 모델링시 유전적 그룹의 효과를 삽입

$$PEV_{biased} = \text{var}(\hat{a} - a)$$

$$= (QC_{11}Q' + C'_{12}Q' + QC_{12} + C_{22}) * Ve \geq PEV_{unbiased}$$

➤ 육종가를 추정하는데 모델링시 유전적 그룹의 효과를 삽입하지 않았을시

$$PEV_{biased} = \text{var}(\hat{a} - a)$$

$$= C_{22} * Ve \geq PEV_{unbiased}.$$

➤ 돈군내의 개체들간의 추정육종가의 차이를 모두 쌍(pair-wise)으로 구한 평균예측오차분산

$$PEVD = (\text{Var}(\sum((\hat{u}_i - \hat{u}_j) - (u_i - u_j))) / 2. \quad [\text{자료} : \text{Foulley}, 1983]$$

➤ Connectedness Index(IC)

$$IC(x) = x' - Sx / x'CTx, \quad [\text{자료} : \text{Foulley}, 1990]$$

➤ γ : IC(혈연연결지수) 를 기반으로한 계수행렬의 역행렬에 대한 결정을

$$\gamma = \left[\frac{|C_R|}{|C_F|} \right]^{\frac{1}{n}},$$

➤ 유전적 부동(genetic drift)의 분산 : GDV

$$\text{Genetic Drift Variance} = X'ZAZ'X. \quad [\text{자료} : \text{Kennedy}, 1993]$$

➤ 관리단위의 효과에대한 추정치의 분산

$$VEM = [X'X - X'Z(Z'Z + \lambda A^{-1})^{-1}Z'X]^{-1} * Ve. \quad [\text{자료} : \text{Kennedy}, 1993]$$

2. 혈연연결도(Connectedness rate)의 추정 방법에 따른 장·단점

(가) CR(connectedness rating) : 캐나다 종돈개량 프로그램, VEM의 단점을 보완

➢ 축군에서 고정된 유전적그룹(genetic group) 효과 추정치의 상관도

$$CR = \frac{\text{cov}(\hat{h}_1, \hat{h}_2)}{\sqrt{\text{var}(\hat{h}_1) + \text{var}(\hat{h}_2)}} \quad [\text{자료 : Mathur, 2002}]$$

➢ 관리단위(management units)의 추정치 차이에 대한 분산

$$\text{Var}(\hat{h}_1 - \hat{h}_2) = \text{var}(\hat{h}_1) + \text{var}(\hat{h}_2) - 2CR * \sqrt{\text{Var}(\hat{h}_1) * \text{Var}(\hat{h}_2)}$$

(나) R_{ij}(혈연연결 상관도) : PEVD에서 유도

$$r_{ij} = \frac{\text{PEC}(u_i, u_j)}{\sqrt{\text{PEV}(u_i) * \text{PEV}(u_j)}}$$

(다) CS(common sire %) : 축군/돈군간 공통아버지의 비율

➢ i번째 돈군과 j번째 돈군의 후대수의 합을 i번째 축군과 j번째 축군의 총후대수의 합에 대한 비율

$$CS\% = (P_{C(i)} + P_{C(j)}) / (P_i + P_j)$$

$$= \frac{k * (Sc(i) + Sc(j))}{P_i + P_j}$$

[표 3-59] 유전적 그룹(돈군, 농장)간 혈연연결도 추정 방법에 따른 장·단점

| 혈연연결도 | 계산 | 유전적 그룹 | 편이와 상관도 | 범위 | 돈군크기의 영향 | 편이 | 유전적 반응 |
|--------------|------------------|------------|---------------|------------|----------|-----------|------------|
| PEVD | very hard | Required | high | 무제한 | Y | 배제 | 개선됨 |
| IC | Easy | Required | Normal | 0~1 | Y | 일부포함 | 선발강도감소 |
| y | Very easy | Required | Normal | 0~1 | Y | 일부포함 | 선발강도감소 |
| GDV | Hard | Not | Normal | 무제한 | - | 배제 | 개선됨 |
| VEM | Easy | Not | High | 무제한 | N | 배제 | 개선됨 |
| R | Hard | Not | High | 0~1 | N | 배제 | 개선됨 |
| <u>CS(%)</u> | <u>Very easy</u> | <u>Not</u> | <u>Normal</u> | <u>0~1</u> | <u>Y</u> | <u>배제</u> | - |
| <u>CR</u> | <u>easy</u> | <u>Not</u> | <u>high</u> | <u>0~1</u> | <u>N</u> | <u>배제</u> | <u>개선됨</u> |

○ GSP 참여종돈장의 통합분석을 위해서는 참여종돈장의 혈연연결도(connectedness rate)가 필수적이다. 많은 연구 자료를 검토하여 참여종돈장 현황, 유전적 그룹, 편이와 상관도, 돈군의 크기를 고려하였을 때 CR(connectedness rate)을 GSP 참여종돈장간 혈연연결도를 산출하는데 가장 합리적인 결론을 얻었다.

3. 종돈장간의 혈연연결 유무

[표 3-60] 종돈장 간의 AI센터 용돈의 자손여부에 따른 혈연관계

| 종돈장 | AI센터 용돈 | | | |
|-----|---------|---|---|---|
| | A | B | C | D |
| 1 | X | X | - | - |
| 2 | X | X | - | - |
| 3 | - | - | X | X |

(1, 2농장과 3농장 간에는 혈연 연결이 없음)

| 종돈장 | AI센터 용돈 | | | |
|-----|---------|---|---|---|
| | A | B | C | D |
| 1 | X | X | - | - |
| 2 | - | X | X | - |
| 3 | - | - | X | X |

(1, 2, 3 농장 간에는 혈연 연결이 있음)

4. GSP참여종돈장간 혈연연결도 Connectedness rating(CR) 분석 방법

○ Kennedy 와 Trus(1993)는 유전적 그룹간 혈연관계 정도를 측정하는 기준으로 Connectedness Rate(CR)를 제안하였다. 현재 Mathur가 제안한 Connectedness Rate(CR)를 캐나다 등 국가단위 유전능력평가를 실시하는데 참여종돈장간 혈연연결도를 추정하는데 사용하고 있다.

$$CR = \frac{\text{Cov}(\hat{h}_1, \hat{h}_2)}{\sqrt{\text{Var}(\hat{h}_1)\text{Var}(\hat{h}_2)}}$$

여기서, CR은 육종가 BLUP Animal Model의 농장간 농장고정효과의 공분산(Cov(h1, h2))을 각 농장의 농장고정효과의 분산을 곱한 값의 제곱근 값으로 나눈 것임. 그 범위는 0~1로 계산되며, 1에 가까울수록 더 높은 유전적 혈연관계가 있음을 의미한다.

5. 참여종돈장간 통합분석을 위한 기준

○ 기존의 연구에 따르면, 다른 농장 간 개체들의 육종가 통합분석을 위한 CR의 기준은 일당증체량, 등지방두께 등 비교적 유전력이 높은 산육 형질은 최소한의 CR은 3.0%이고 복당 산자수 등 비교적 유전력이 낮은 번식형질은 최소한의 CR은 1.5%이다.

[표 3-61] 종돈장 간 통합분석을 위한 최소한의 혈연 연결

| 혈연연결도의 최소 기준 (CR : Connectedness Rate, 0~1) | |
|--|------|
| 산육형질 | 번식형질 |
| 3.0% | 1.5% |

○ 이 기준을 만족하는 데이터의 분석 시, 예측오차분산차(PEDV)는 거의 없어서 통합분석이 가능함을 뜻한다.

6. 혈연연결도를 증가시키는 방안

○ 혈연연결도를 증가시키는 가장 간단한 방법 중 하나는 농장 간 공동 용돈의 교류이다. 검증된 높은 혈연도를 가진 농장의 자손을 가진 AI센터의 용돈을 사용하는 것은 혈연연결도를 빠르게 증가시킬 수 있다.

7. GSP 참여종돈장간 혈연연결도 분석 결과

○ 2021년 9월 기준으로 GSP 참여종돈장의 **혈연연결도(CR)**을 분석하였다. 산육형질로는 일당증체중(ADG), 번식형질은 생존산자수(NBA)를 이용하였다.

가. 요크셔

[표 3-62] GGP 농장별 요크셔종에 대한 혈연연결도 분석결과(2021년 9월 기준)

| Yorkshire | | 생존산자수 | | | | | | | | |
|-----------|-----|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|------|------|
| | | A-1 | A-2 | B-1 | B-2 | B-4 | C-1 | C-2 | D-1 | F-1 |
| 일당증체중 | A-1 | | 13.60 | 1.43 | 1.48 | 1.40 | 2.08 | 0.49 | 0.84 | 4.83 |
| | A-2 | 52.39 | | 1.54 | 2.22 | 1.79 | 0.08 | | 9.73 | 2.21 |
| | B-1 | 6.38 | 6.17 | | 44.36 | 60.23 | 0.57 | 0.16 | 3.34 | 2.28 |
| | B-2 | 5.39 | 10.76 | 83.91 | | 56.68 | 0.56 | 0.68 | 3.18 | 3.18 |
| | B-4 | 5.99 | 11.16 | 87.33 | 84.63 | | 0.16 | 0.14 | 1.39 | 2.79 |
| | C-1 | 11.59 | 2.91 | 7.16 | 7.10 | 5.64 | | 21.45 | 0.38 | 0.53 |
| | C-2 | 2.63 | 1.32 | | 8.09 | 6.19 | 69.66 | | 0.38 | 1.15 |
| | D-1 | 5.68 | 24.14 | 6.76 | 7.57 | 6.54 | 2.52 | 1.18 | | 0.31 |
| | F-1 | 10.52 | 16.06 | 7.39 | 17.29 | 14.33 | 5.41 | 6.49 | 4.67 | |

나. 랜드레이스

[표 3-63] GGP 농장별 랜드레이스종에 대한 혈연연결도 분석결과(2021년 9월 기준)

| Landrace | | 생 존 산 자 수 | | | | | |
|-----------------------|-----|-----------|-------|-------|-------|------|-------|
| | | A-1 | B-2 | C-1 | C-2 | D-1 | F-1 |
| 일 당 중 체 중 | A-1 | | 1.36 | 1.09 | 0.56 | 0.13 | 3.20 |
| | B-2 | 4.94 | | 0.13 | 0.26 | | 11.35 |
| | C-1 | 6.64 | 6.44 | | 24.10 | | |
| | C-2 | 3.13 | 10.16 | 70.99 | | | |
| | D-1 | 1.71 | | 0.58 | | | |
| | F-1 | 6.91 | 21.16 | 5.30 | 7.97 | | |

다. 두록

[표 3-64] GGP 농장별 두록종에 대한 혈연연결도 분석결과(2021년 9월 기준)

| Duroc | | 생 존 산 자 수 | | | | | |
|-----------------------|-----|-----------|-------|-------|-------|------|-------|
| | | A-1 | B-3 | B-4 | D-1 | F-1 | G-1 |
| 일 당 중 체 중 | A-1 | | 16.25 | 8.98 | 4.26 | 5.81 | 12.33 |
| | B-3 | 40.59 | | 58.08 | 14.73 | 2.92 | 17.74 |
| | B-4 | 25.03 | 85.38 | | 8.91 | 1.71 | 11.55 |
| | D-1 | 22.83 | 42.86 | 31.63 | | 1.04 | 10.91 |
| | F-1 | 18.03 | 10.44 | 7.01 | 7.65 | | 1.74 |
| | G-1 | 24.99 | 36.50 | 26.40 | 25.91 | 8.28 | |

제 5 절 참여종돈장별 단위 기간 당 유전적 개량량 점검

- 유전적 개량량의 정의는 유전적으로 우위성을 갖는 개체를 선발하여 다음 세대를 생산하여 세대 간 차이 (육종가 기반) 를 나타나게 되는데 이를 유전적 개량이라고 한다.

$$\text{유전적 개량 } (\Delta G) = \text{유전력 } \left(\frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2} \right) * \text{선발차 } (i * \sigma_P)$$

- 단위 기간 당 유전적 개량량은 종합적 육종 계획의 양부를 판단하기 위해서는 각 해당형질별 육종가를 기준으로 유전적 개량량을 단위 기간 당으로 추정하는 것이다.

단위기간당 유전적 개량량 ($\Delta G / t$)

$$= \frac{\text{정확도 } (r_{II}) \cdot \text{선발강도 } (i) \cdot \text{유전변이 } (\sigma_A)}{\text{세대간격 } \left(\frac{L_m + L_f}{2} \right)}$$

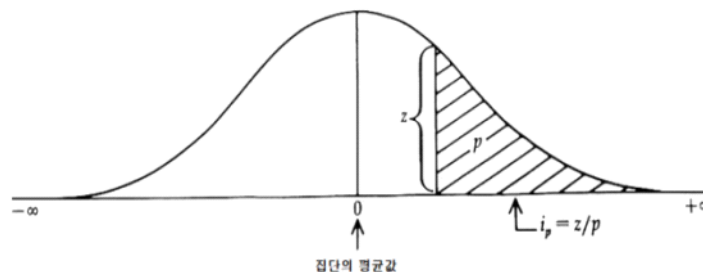
※ 종돈의 유전적 개량량을 높이는 방법

첫째, 선발강도 높임. → 보유돈군의 선발기준 설정(상위 %선발)

둘째, 세대간격 짧게. → 보유돈군의 갱신율 증가(젊은 돈군)

셋째, 정확도를 높임. → 유전체 선발법 적용

- 위의 식에서 선발강도(selection intensity)는 검정집단으로부터 선발되어진 개체들의 비율을 표준화하여 나타낸 값으로 선발되어진 개체들의 표준편차 선발지점의 높이 값을 선발비율로 나누어 (z/p) 선발강도를 계산한다. 일반적으로 정규분포 분산도와 표준편차를 이용하여 Z 및 P 수치계산(qnorm & dnorm functions)한다.



[그림 3-46] GGP돈군의 선발강도에 따른 선발기준 설정

- 세대간격은 개체가 출생할 당시 부돈과 모돈의 평균나이로서 계산한다.
- 유전적 개량량 분석은 단위 기간 당 유전적 개량량의 정도를 판단하기 위한 선발강도 및 세대간격 계산한다. 연간 유전적 개량량을 추정하기 위하여 ASREML 프로그램을 이용하여 육종가의 정확도 및 유전변이 추정 및 이용한다. 선발기준(선발 비율 계산)에서 선발 개체들에 대한 육종가 평균 차이로서 산출한다. 현재 선발 지수식에 이용되고 있는 주요 경제 형질에 대하여 모두 연간 유전적 개량량 추정한다(4가지 모수 이용). 각 품종별, 동기군별로 분석이 이루어졌기 때문에 동기군 별로 개량하고자 하는 형질 위주로 선발이 되었는지 모니터링 가능하다.

1. 선발강도 및 세대간격 계산(예제)

○ 상위 랭킹 개체 두마리를 선발할 경우 : 선발강도 1.3998

i (정규분포의 높이) = 0.28; p (선발비율) = 0.20

| 등록번호 | 성별 | 생년월일 | 아버번호 | 어미번호 | 동기군 | 품종 | 선발여부 | 아버 나이(일) | 어미 나이(일) | GSP-index | 순위 |
|-------------|----|------------|-------------|-------------|--------|----|------|----------|----------|-----------|----|
| 21708015871 | F | 2017-05-12 | 21601035997 | 21411010696 | 201739 | Y | S | 546 | 973 | 101.58 | 1 |
| 21706005604 | F | 2017-04-28 | 21602021825 | 21607001704 | 201739 | Y | S | 485 | 359 | 79.49 | 2 |
| 21706005603 | F | 2017-04-28 | 21602021825 | 21607001704 | 201739 | Y | F | 485 | 359 | 74.05 | 3 |
| 21708015675 | F | 2017-05-05 | 21606005719 | 21510005810 | 201739 | Y | F | 393 | 637 | 72.22 | 4 |
| 21708015674 | F | 2017-05-05 | 21606005719 | 21510005810 | 201739 | Y | F | 393 | 637 | 71.33 | 5 |
| 21706005600 | F | 2017-04-28 | 21602021825 | 21607001704 | 201739 | Y | F | 485 | 359 | 70.77 | 6 |
| 21708015651 | F | 2017-05-04 | 21510005967 | 21607001731 | 201739 | Y | F | 622 | 355 | 64.43 | 7 |
| 21706005467 | F | 2017-04-24 | 21603001771 | 21606006727 | 201739 | Y | F | 449 | 363 | 58.29 | 8 |
| 21706005559 | F | 2017-04-28 | 21601027497 | 21601035961 | 201739 | Y | F | 570 | 518 | 52.29 | 9 |
| 21706005422 | F | 2017-04-23 | 21601028407 | 21606006250 | 201739 | Y | F | 532 | 369 | 51.12 | 10 |

[그림 3-40] 상위랭킹 개체 2두를 선발(선발강도:1.3998)

○ 무작위로 두 마리를 선발할 경우 : 선발강도 0.7979

i (정규분포의 높이) = 0.40; p (선발비율) = 0.50

| 등록번호 | 성별 | 생년월일 | 아버번호 | 어미번호 | 동기군 | 품종 | 선발여부 | 아버 나이(일) | 어미 나이(일) | GSP-index | 순위 |
|-------------|----|------------|-------------|-------------|--------|----|------|----------|----------|-----------|----|
| 21708015871 | F | 2017-05-12 | 21601035997 | 21411010696 | 201739 | Y | F | 546 | 973 | 101.58 | 1 |
| 21706005604 | F | 2017-04-28 | 21602021825 | 21607001704 | 201739 | Y | F | 485 | 359 | 79.49 | 2 |
| 21706005603 | F | 2017-04-28 | 21602021825 | 21607001704 | 201739 | Y | F | 485 | 359 | 74.05 | 3 |
| 21708015675 | F | 2017-05-05 | 21606005719 | 21510005810 | 201739 | Y | S | 393 | 637 | 72.22 | 4 |
| 21708015674 | F | 2017-05-05 | 21606005719 | 21510005810 | 201739 | Y | F | 393 | 637 | 71.33 | 5 |
| 21706005600 | F | 2017-04-28 | 21602021825 | 21607001704 | 201739 | Y | S | 485 | 359 | 70.77 | 6 |
| 21708015651 | F | 2017-05-04 | 21510005967 | 21607001731 | 201739 | Y | F | 622 | 355 | 64.43 | 7 |
| 21706005467 | F | 2017-04-24 | 21603001771 | 21606006727 | 201739 | Y | F | 449 | 363 | 58.29 | 8 |
| 21706005559 | F | 2017-04-28 | 21601027497 | 21601035961 | 201739 | Y | F | 570 | 518 | 52.29 | 9 |
| 21706005422 | F | 2017-04-23 | 21601028407 | 21606006250 | 201739 | Y | F | 532 | 369 | 51.12 | 10 |

[그림 3-41] 무작위로 개체 2두를 선발(선발강도:1.3998)

[표 3-65] 참여종돈장의 요크셔종에 대한 선발강도, 세대간격 및 단위기간당 유전적 개량량

| 참여종돈장 | 형질 | 검정 두수 | 선발 두수 | 육종가 (평균) | 선발강도 (평균) | 세대간격 (평균, 년) | 유전적 개량량 ($\Delta G/t$) |
|-------|------|----------|----------|-------------|--------------|-----------------|-----------------------------|
| D-종돈장 | ABF | 11,338 | 945 | -1.174 | 0.708 | 1.340 | 0.453 |
| | ADG | | | 0.281 | 1.115 | | 0.174 |
| | DAYS | | | -0.432 | 1.115 | | 0.314 |
| | IBW | | | -1.841 | 0.835 | | 0.628 |
| | NBA | | | 0.234 | 1.044 | | 0.194 |
| G-종돈장 | ABF | 2,495 | 247 | 0.159 | 0.824 | 2.246 | 0.335 |
| | ADG | | | 0.392 | 1.063 | | 0.106 |
| | DAYS | | | -0.724 | 1.080 | | 0.194 |
| | IBW | | | -0.396 | 0.918 | | 0.442 |
| | NBA | | | 0.604 | 0.926 | | 0.122 |
| K-종돈장 | ABF | 3,952 | 179 | -0.747 | 0.741 | 1.958 | 0.337 |
| | ADG | | | 0.085 | 0.822 | | 0.091 |
| | DAYS | | | -0.004 | 0.842 | | 0.169 |
| | IBW | | | -0.758 | 0.725 | | 0.389 |
| | NBA | | | 0.787 | 1.072 | | 0.135 |
| N-종돈장 | ABF | 3,862 | 232 | 0.171 | 1.018 | 1.740 | 0.524 |
| | ADG | | | 0.448 | 1.213 | | 0.152 |
| | DAYS | | | -1.027 | 1.180 | | 0.266 |
| | IBW | | | 0.323 | 0.877 | | 0.362 |
| | NBA | | | -0.004 | 0.842 | | 0.169 |
| S-종돈장 | ABF | 4,794 | 297 | -0.437 | 1.174 | 1.580 | 0.661 |
| | ADG | | | 0.291 | 1.148 | | 0.157 |
| | DAYS | | | -0.537 | 1.152 | | 0.284 |
| | IBW | | | -0.444 | 1.177 | | 0.775 |
| | NBA | | | 0.429 | 0.883 | | 0.250 |

※ ABF : 등지방두께, ADG : 일당증체량, DAYS : 90kg 도달일령, IBW : 생시체중
NBA : 생존산자수

[표 3-66] 참여종돈장의 랜드레이스종에 대한 선발강도, 세대간격 및 단위기간당 유전적 개량량

| 참여종돈장 | 형질 | 검정 두수 | 선발 두수 | 육종가 (평균) | 선발강도 (평균) | 세대간격 (평균, 년) | 유전적 개량량 ($\Delta G/t$) |
|-------|------|----------|----------|-------------|--------------|-----------------|-----------------------------|
| D-종돈장 | ABF | 2,008 | 132 | -1.758 | 0.591 | 1.287 | 0.437 |
| | ADG | | | 0.347 | 1.088 | | 0.181 |
| | DAYS | | | -0.452 | 1.081 | | 0.316 |
| | IBW | | | -2.001 | 0.908 | | 0.613 |
| | NBA | | | -0.519 | 0.976 | | 0.154 |
| G-종돈장 | ABF | 72 | 4 | 0.022 | 0.707 | 2.050 | 0.324 |
| | ADG | | | 0.202 | 0.891 | | 0.091 |
| | DAYS | | | -0.187 | 0.379 | | 0.056 |
| | IBW | | | 0.211 | 1.022 | | 0.387 |
| | NBA | | | -0.493 | 0.345 | | 0.029 |
| K-종돈장 | ABF | 224 | 28 | -0.162 | 1.130 | 1.867 | 0.528 |
| | ADG | | | 0.026 | 0.803 | | 0.082 |
| | DAYS | | | -0.034 | 0.882 | | 0.159 |
| | IBW | | | -0.948 | 0.689 | | 0.273 |
| | NBA | | | 0.371 | 0.700 | | 0.038 |
| N-종돈장 | ABF | 549 | 52 | -0.662 | 0.888 | 1.794 | 0.455 |
| | ADG | | | 0.184 | 1.049 | | 0.119 |
| | DAYS | | | -0.510 | 1.040 | | 0.207 |
| | IBW | | | 0.164 | 0.806 | | 0.246 |
| | NBA | | | 0.694 | 0.951 | | 0.078 |
| S-종돈장 | ABF | 4,324 | 274 | -0.835 | 1.265 | 1.663 | 0.707 |
| | ADG | | | 0.153 | 1.120 | | 0.140 |
| | DAYS | | | -0.233 | 1.135 | | 0.249 |
| | IBW | | | -0.713 | 1.064 | | 0.543 |
| | NBA | | | 0.388 | 0.961 | | 0.203 |

※ ABF : 등지방두께, ADG : 일당증체량, DAYS : 90kg 도달일령, IBW : 생시체중
NBA : 생존산자수

[표 3-67] 참여종돈장의 두록종에 대한 선발강도, 세대간격 및 단위기간당 유전적 개량량

| 참여종돈장 | 형질 | 검정 두수 | 선발 두수 | 육종가 (평균) | 선발강도 (평균) | 세대간격 (평균, 년) | 유전적 개량량 ($\Delta G/t$) |
|-------|------|----------|----------|-------------|--------------|-----------------|-----------------------------|
| D-종돈장 | ABF | 3,573 | 232 | -0.528 | 0.567 | 1.541 | 0.258 |
| | ADG | | | 0.668 | 1.378 | | 0.147 |
| | DAYS | | | -0.967 | 1.353 | | 0.251 |
| | IBW | | | 0.016 | 0.934 | | 0.542 |
| | NBA | | | 0.005 | 0.835 | | 0.094 |
| G-종돈장 | ABF | 415 | 21 | 0.351 | 0.844 | 2.129 | 0.263 |
| | ADG | | | 0.408 | 0.917 | | 0.066 |
| | DAYS | | | -0.620 | 0.945 | | 0.118 |
| | IBW | | | 0.190 | 0.796 | | 0.309 |
| | NBA | | | 0.075 | 0.807 | | 0.059 |
| K-종돈장 | ABF | 475 | 24 | -0.020 | 0.709 | 2.154 | 0.205 |
| | ADG | | | 0.434 | 1.084 | | 0.070 |
| | DAYS | | | -0.563 | 1.113 | | 0.127 |
| | IBW | | | -0.630 | 0.920 | | 0.325 |
| | NBA | | | 0.312 | 0.659 | | 0.032 |
| N-종돈장 | ABF | 1,040 | 61 | -0.191 | 0.955 | 1.555 | 0.419 |
| | ADG | | | 0.248 | 1.152 | | 0.117 |
| | DAYS | | | -0.539 | 1.116 | | 0.197 |
| | IBW | | | 0.505 | 0.709 | | 0.250 |
| | NBA | | | 0.564 | 0.791 | | 0.080 |

※ ABF : 등지방두께, ADG : 일당증체량, DAYS : 90kg 도달일령, IBW : 생시체중
 NBA : 생존산자수

※ 중돈을 위한 선발 강도 및 세대 간격 기준

- 유전적 개량량을 극대화하기 위해서는 유전모수 및 정확도가 일정하다는 가정하에, 선발강도가 가장 중요한 항목이 될수 있으며, 선발 강도를 높이기 위해서는 육종가 기반으로 상위 랭커의 개체들을 선발 경우 선발강도가 높아지며, 유전적 개량량을 극대화 시킬 수 있음.
- 각 검정 개체들중에서 상위 35% 수준의 개체들을 선발 할경우 선발 강도가 약 1.0 정도로 추정될 수 있으며, 최소한 선발 강도의 값을 1.0 이상의 값을 갖도록 선발을 해야 유전적 개량량을 향상 시킬 수 있음.
- 유전적 개량량 및 육종가에 대한 추세를 살펴본 결과, 유전적인 개량을 이끌어내기 위해서는 검정 개체들에 대한 선발시 육종가 기반으로 상위 랭커들을 선발이 필수.

제 6 절 사료효율(FCR) 및 잔여사료섭취량(RFI) 추정 및 활용

1. 사료효율 개요

가. 사료효율이란?

- 최근 양돈 산업에서 생산비 절감에 대한 관심이 높아지면서 사료효율(사료 요구율)에 대한 관심도 높아지고 있다. 돼지 생산비 중에서 가장 큰 지출 항목인 사료비를 낮출 수 있다면 생산비도 절감될 것이다. 사료효율 (Feed Efficiency)이란 성장 중인 가축에 어떤 사료를 주었을 경우의 증체량과 사료섭취량에 대한 비율로 수식으로 간략히 표현할 경우 다음과 같이 나타낼 수 있다.

$$\text{사료효율} = \text{증체량} / \text{사료섭취량}$$

- 가축의 체중 1kg을 늘리는데 필요한 사료의 양을 킬로그램 단위량으로 나타낸 수치이다. 사료 요구율을 개선하는 직접적인 방법은 농장에서 허실을 줄이고, 농장에 최적화된 영양 수준의 사료와 급여프로그램을 실시하는 것이다. 그러나 사료효율은 유전력이 높은 경제형질로 사료효율이 높은 돼지를 육종할 수 있다.

(1) FCR

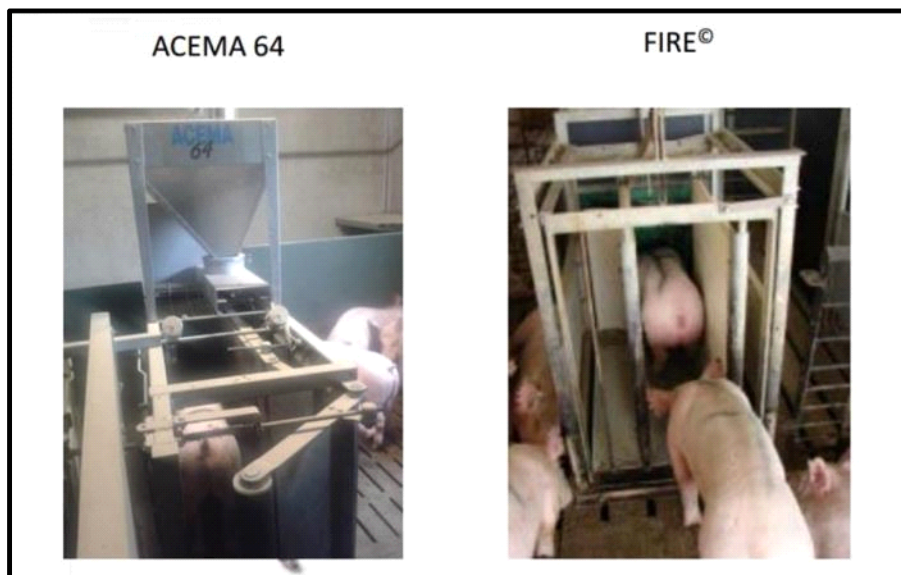
- FCR이란 Feed Conversion Ratios의 약자로 사료 요구율을 의미하며 사료효율 (FE)의 역수이다. 돼지의 사료 섭취량 대비 증체량을 파악하여 실질적으로 사료가 돼지의 성장에 소요되는 사료량의 비율이다.

사료 효율 (FE)과 사료 요구율 (FCR)

$$\text{사료효율(Feed efficiency)} = \frac{\text{증체량}}{\text{사료섭취량}} = \frac{\text{일당평균증체중(ADG)}}{\text{일당평균사료섭취량(DFI)}}$$
$$\text{사료요구율(Feed Conversion Ratio)} = \frac{\text{DFI}}{\text{ADG}}$$

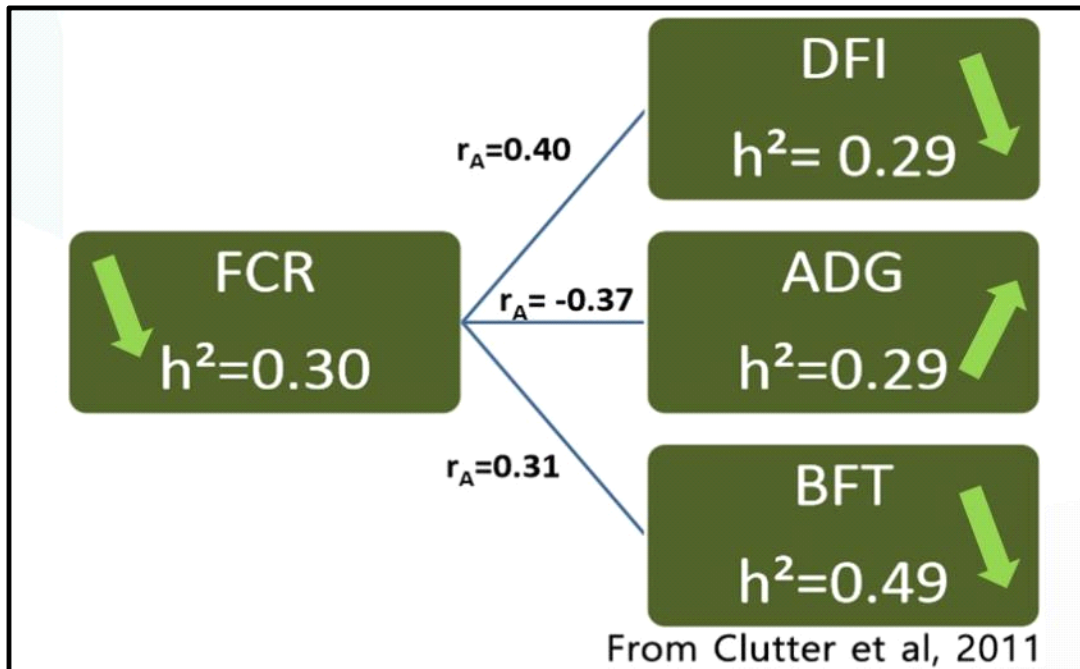
[그림 3-42] 사료효율(FE)과 사료요구율(FCR)

- 사료효율(FE)은 일반적으로 일당증체량(ADG)과 등지방두께(ABF)와의 상관도가 높다. 그러나 사료요구율(FCR)은 양돈사육장에서 현실적으로 측정하기 어려운 형질로서 통상 일당증체량(ADG)과 등지방두께(ABF)형질 위주로 선발할 때 동시에 개량되는 형질로 간주되는 간접적 선발형질이였다. 사료요구율은 주로 국가적 산육 검정소에서 후대 검정시 측정되는 형질일 뿐이었다.
- 그러나 1990년대 들어서 전자식 개체 사료 섭취량 측정기가 개발되면서 정확한 사료효율의 측정이 가능하게 되었다.



[그림 3-43] 전자식 개체 사료 섭취량 측정기

- 또한 사료효율은 주요 선발형질로 활용할 수 있게 되었다. 그러나 사료요구율은 유전력이 0.30으로 중간정도의 높은 형질로 일당증체중과 등지방두께와의 유전력 상관도가 각각 -0.37과 0.31로 높아서 사료요구율을 낮추면 일당 증체중이 높아지고 등지방두께는 얇아지는 연관성을 보이면서 품종과 돈육시장에 따라서는 바람직하지 않은 결과를 초래했다 (Clutter 등, 2011).



[그림 3-44] 사료요구율과 경제형질의 유전력과 유전상관도

(2) RFI

- RFI란 Residual Feed Intake의 약자로 ‘잔여 사료 섭취량’을 의미한다. 사료를 섭취할 경우, 대사 유지 및 성장에 필요한 사료 섭취량과 섭취는 했으나 이용되지 않는 사료를 잔여 사료량으로 구분한다.
- 잔여 사료량 (RFI)의 개념은 Koch 등 (1963)이 다른 경제형질에 영향을 주지 않는 독립적인 사료효율의 개념으로 처음 제안되었다. RFI는 가축 개체의 실제 1일 사료 섭취량 (DFI)과 기대 사료섭취량 (EFI)과의 차이로 계산될 수 있다. RFI는 순수한 진정사료 효율지표로 간주된다. 기대 사료 섭취량은 DFI에서 개체의 대사유지용 사료와 성장형질 (ADG와 BF)에 필요한 사료량을 추정해 공제한 수치이다.

$$RFI = DFI - (b_1ADG + b_2BF + BW^{0.75})$$

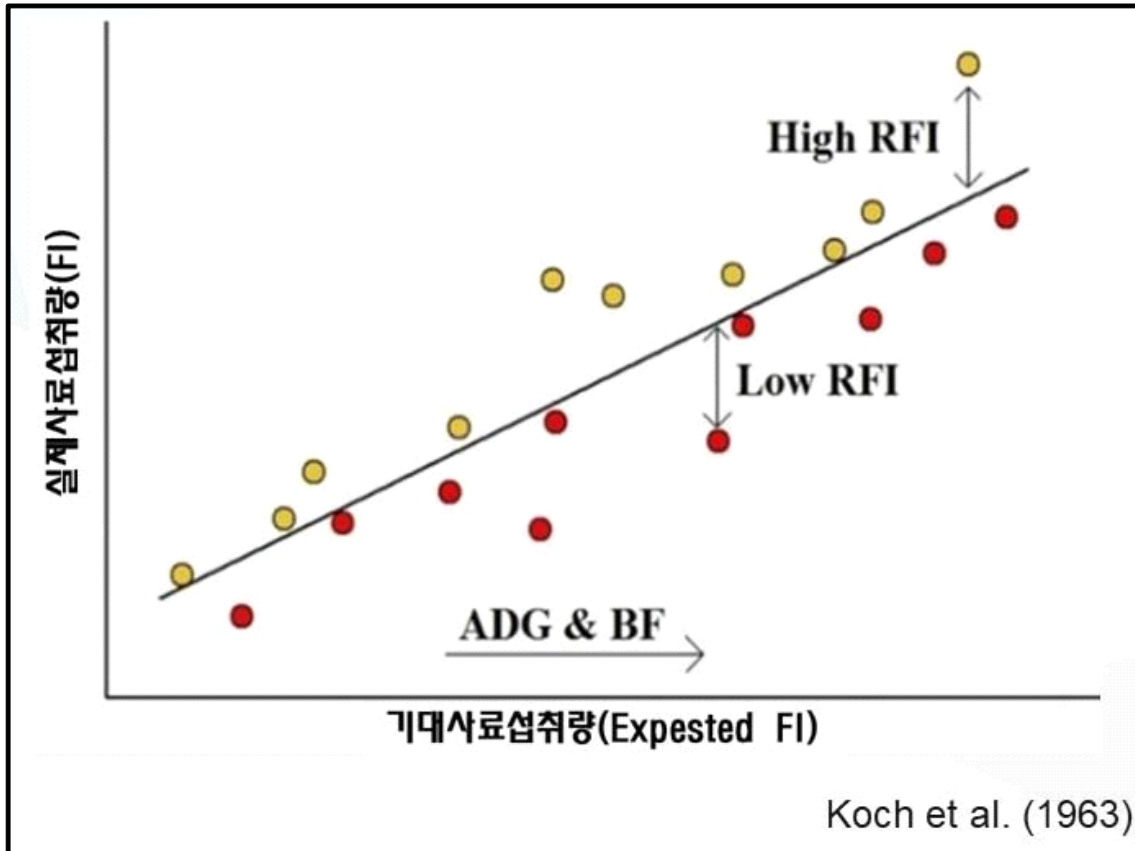
RFI : 잔여 사료량

DFI : 1일 사료 섭취량

b1 : ADG의 회귀계수

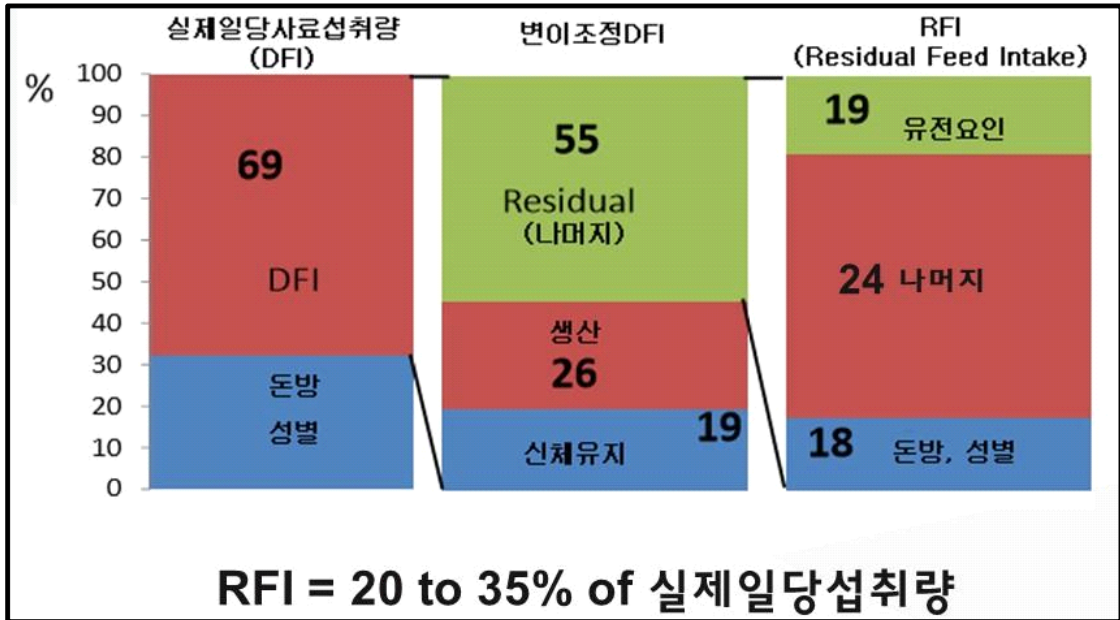
b2 : BF의 회귀계수

BW^{0.75} : 대사체중((종료체중 - 개시체중)^{0.75})



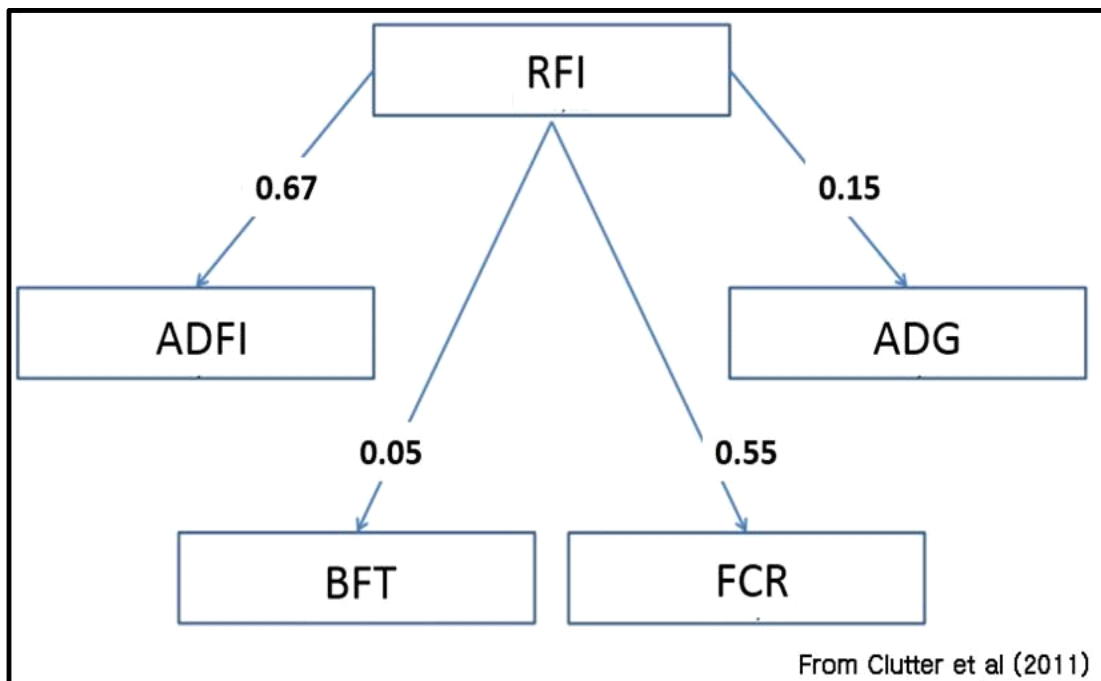
[그림 3-45] 실제 사료 섭취량(FI)과 기대 사료섭취량(Expeded FI)과의 관계

- RFI는 실제 1일 사료섭취량 (DFI) 중 약 20 ~ 35%를 차지하고 있다. DFI의 구성을 보면 돈방과 성별 차이로 인한 요인을 제거하면 실제 개체가 섭취한 사료량은 69%를 차지하고 이 중 신체 유지에 19%, 성장에 사용된 26%를 제외하면 잔여 사료량은 55%를 차지한다. 이것을 다시 분류하면 돈방과 성별, 유전요인을 제외하면 63%로 결국 RFI는 DFI의 약 35% ($69\% \times 55\% \times 63\%$)를 차지한다.



[그림 3-46] DFI 중 RFI가 차지하는 비율 분석

○ RFI와 FCR과의 유전적 상관도는 0.55로 상당히 높은 반면 ADG와는 0.15, BF와는 0.05로 지극히 낮아서 RFI는 순수한 사료 효율성 위주로 선발할 수 있는 지표로 사용할 수 있다.



[그림 3-47] RFI와 경제형질간 유전적 상관도

(3) FCR 추정 조건

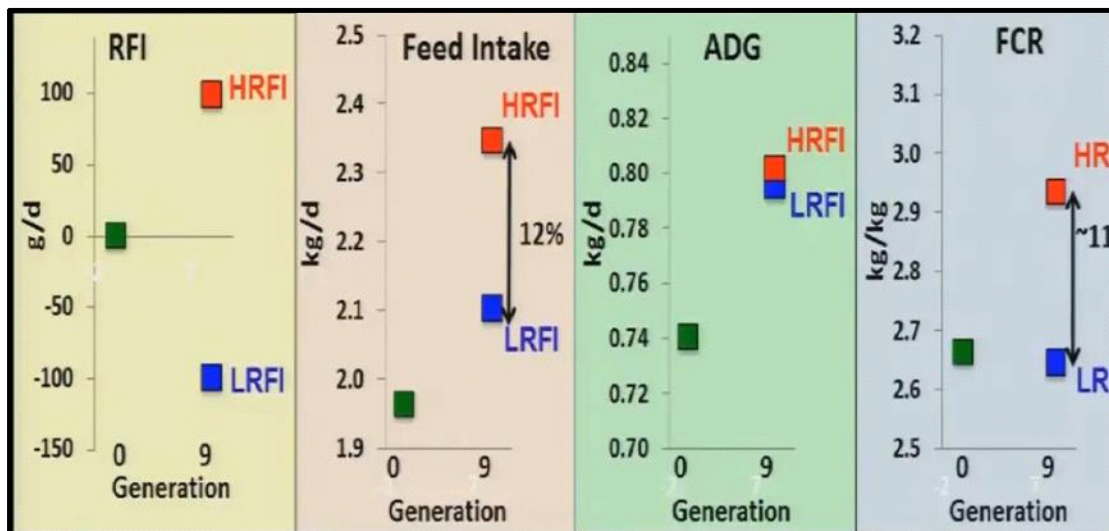
○ 사료효율을 분석하는데 있어서 가장 중요한 것은 신뢰성이 높은 데이터를 얻는 것이다.

그 요점은,

- ① FCR 추정 돼지의 체중, 일령, 성장곡선 파악
- ② 목적에 적합한 돼지의 품종, 성별을 고려해야 한다.
- ③ 높은 정확도의 데이터를 얻기 위한 전자 개체 급이기를 선택 (오류 데이터와 오차를 최소화 할 수 있는 등)
- ④ 보다 많은 정보를 추출하기 위한 통계적 해석 기법을 적용한다.
- ⑤ 돼지에 미칠 심리적, 생리적 영향을 줄이는 환경 조성 (예를 들어 돈사의 온도, 습도, 조명, 소음, 사료의 종류, 검사 시간대 등)
- ⑥ 사료 영양성분의 변이 최소화
- ⑦ 알기 쉬운 데이터 입력 양식 이용

나. 사료효율의 중요성

- 일반적으로 양돈경영의 목표는 ① 생산성향상, ② 생산비 절감, ③ 고품질 돈육 생산이다. 여기서 생산비의 가장 큰 지출항목인 사료비를 줄이는 것이 생산비를 절감하면서 수익성을 높이는 가장 빠른 방법이다.



[그림3-48] RFI 형질 선발 후의 경제형질변화(10세대 선발)상관도

2. 전자 개체 급이기 데이터 종합

가. 전자개체 급이기란?

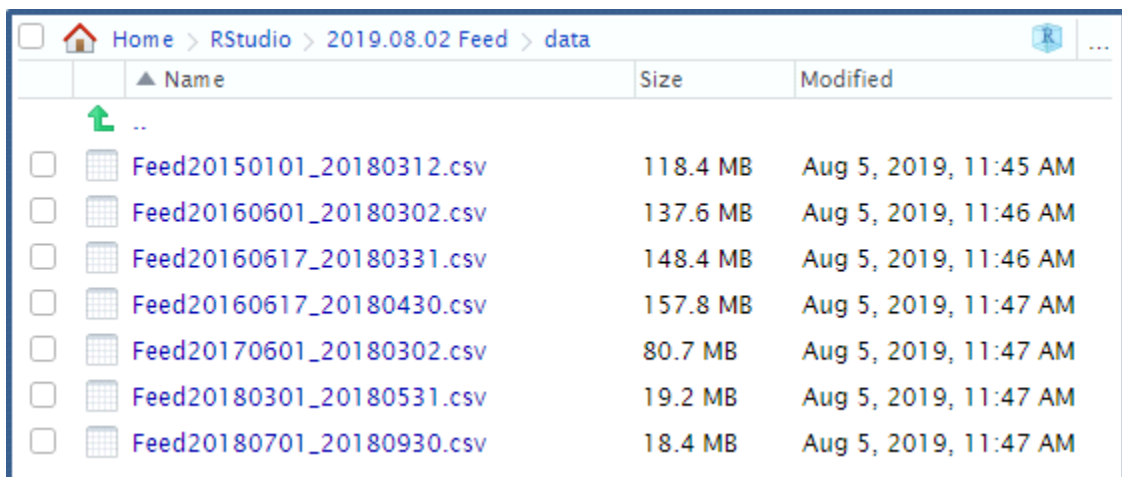
- 돼지 개체마다 RFID를 장착하고 사료 섭취량 측정기에 등록을 할 경우, 전자 개체 급이

기에서 사료를 섭취할 경우 해당 개체의 개체번호를 인식하여 섭취한 사료의 양과 시간을 기록하는 장치이다. 이를 통해 돼지들의 1일 사료 섭취량과 섭취 시간 데이터를 수집할 수 있어 사료효율을 비롯하여 사료 섭취량과 관련된 정보를 보다 정확하고 쉽게 얻을 수 있는 기계장치이다. 1990년대 들어서 전자식 개체 사료 섭취량 측정기가 개발되어 가축의 사료 섭취량을 측정하기 위해 사용되고 있다.

나. 데이터 통합 방법

- 전자 개체 급이기의 데이터는 돼지 개체 한 마리가 사료를 섭취하려 들어갈 때의 시간과 사료를 다 먹고 나올 때의 시간을 기록하고 그 시간 동안 돼지가 섭취한 사료의 양을 기록한다. 따라서 돼지들이 사료를 섭취하려 갔을 때마다 기록이 남기 때문에 이 자료를 이용하기 위해서는 한 마리의 돼지가 하루 동안 섭취한 데이터를 계산해서 첫날부터 마지막 날까지 일당사료섭취량 (Daily Feed Intake)을 나타낼 수 있도록 정리를 해주어야 한다. 이번 실험에서는 다비와 선진, 축과원으로 부터 받은 사료 측정 데이터를 ASREML 4.1 소프트웨어 (Gilmour et al., 2015)를 이용하여 가공하여 사료효율을 추정하였다.

- 데이터 통합



| Name | Size | Modified |
|---------------------------|----------|-----------------------|
| .. | | |
| Feed20150101_20180312.csv | 118.4 MB | Aug 5, 2019, 11:45 AM |
| Feed20160601_20180302.csv | 137.6 MB | Aug 5, 2019, 11:46 AM |
| Feed20160617_20180331.csv | 148.4 MB | Aug 5, 2019, 11:46 AM |
| Feed20160617_20180430.csv | 157.8 MB | Aug 5, 2019, 11:47 AM |
| Feed20170601_20180302.csv | 80.7 MB | Aug 5, 2019, 11:47 AM |
| Feed20180301_20180531.csv | 19.2 MB | Aug 5, 2019, 11:47 AM |
| Feed20180701_20180930.csv | 18.4 MB | Aug 5, 2019, 11:47 AM |

[그림 3-49] 사료 원본 데이터

- 사료 데이터는 다비와 선진, 축과원에서 받았고, 먼저 세 회사의 데이터를 하나로 통합해야 했다. 전자 개체 급이기에서 받은 자료는 [농장, 날자, 이표, 혈통번호, 품종, 성, 기계번호, 입력시간, 퇴장시간, 경과시간, 섭취량, 체중] 순서로 데이터가 기록되어 있었고, 대부분의 자료에 체중이 비어 있었다. ASREML 프로그램에서는 한글의 경우 오류가 날 수 있어 데이터를 하나로 합친 후, 열 머리의 이름을 [farm, workdate, tag, ID, breed, sex, machine, inTime, outTime, lapTime, intake, weight]로 변경을 했다. 농장에서 받은 모든 데이터를 합쳤을 때 총 데이터 수는 9,307,723개였다.

(2) 중복 데이터 제거

- 사료 데이터의 경우 농장에서 저장한 데이터를 그대로 받기 때문에 기간이 겹친 경우가 있다. 해당 기간에는 사료 섭취 데이터 또한 중복되어 나타났고, 먼저 열전체의 값이 완전히 중복된 값을 지웠다. 중복 데이터를 제거한 후 총 데이터 수는 3,060,515개였다.

(3) Error 설정 및 제거

- 전자 개체 급이기에서 측정된 결과에는 상식적으로 이해가 되지 않는 데이터가 섞여 있었고, 이에 돼지가 사료를 섭취하기 위해 방문했을 때 자동으로 기록을 남기는 전자개체 급이기에서 생길 수 있는 오류와 전체 데이터에서 오류의 비율을 [표 3-72]에 정리해놓았다.

[표 3-68] 전자 개체 급이기(Feed Intake Recording Equipment)로부터 측정된 데이터의 오류 유형

| Error index | Error type ¹ | Error definition ² | Error rate (100%) |
|-------------|-------------------------|---|-------------------|
| 01 | outTime-0 | outTime = 00:00:00 and OTV > 3,600 s | 2.78 |
| 02 | FIV-low | FIV < 0 g for all visits | 13.33 |
| 03 | FIV-high | FIV > 2,000 g for all visits | 0.002 |
| 04 | FIV-0 | FIV > 20 g or FIV < 0 g for visits with OTV = 0 s | 0.023 |
| 05 | OTV-low | OTV < 0 s for all visits | 0 |
| 06 | OTV-high | OTV > 3,600 s for all visits | 2.80 |
| 07 | FRV-high-FIV-low | FRV > 500 g/min for visits with 0 < FIV < 50 g | 0.004 |
| 08 | FRV-high | FRV > 350 g/min for visits with FIV > 50 g | 0.030 |
| 09 | FRV-0 | FRV = 0 g/min for visits with OTV > 500 s | 0.54 |
| 10 | FI rate-low | FRV ≤ 0.2 | 14.90 |

¹에러 유형(Error type)은 Casey 등 (2002, 2005)와 Eissen 등 (1998)로부터 참고: FIV= 사료 섭취량 (Feed intake per visit (g)); OTV= 경과시간 (Occupation time per visit, (s)); FRV= 분당 사료 섭취량 (Feed intake rate per visit, (g/min)).

²오류 삭제 기준은 다양한 오류 유형에 대한 Casey 등 (2005)을 기반으로 하였으며, 이는 사료 급이기의 특징을 고려하여 설정하였다.

- 급이기에서 측정된 자료에는 나간 시각이 00:00:00으로 되어 있는 데이터가 상당히 많았다. 실제로 그 시각에 나갔을 경우도 있을 수 있기 때문에 경과 시간이 한 시간 이하인 경우를 제외하고 오류로 설정했다(Error 01). 또한 사료 섭취량이 없거나(Error 02), 2kg 이상일 경우(Error 03) 그리고 경과시간이 0 이면서 20g이상의 사료를 먹은 경우(Error 04)를 오류로 설정했다. 이외에도 경과시간이 음수(Error 05)이거나 1시간이 경과한 경우

(Error 06), 사료 섭취량이 50g 미만이면서 분당 사료 섭취량이 500g/min 보다 큰 경우 (Error 07), 또는 사료 섭취량이 50g 보다 많으면서 분당 사료 섭취량이 350g/min 보다 큰 경우(Error 08) 그리고 경과시간이 500초 이상이면서 분당 사료 섭취량이 0 (사료섭취량이 0)인 경우(Error 09)와 분당 사료 섭취량이 0.2보다 작은 경우(Error 10)를 오류로 설정하여 데이터를 제거했다.

(4) 농장별 파일 분리

- 처음 원본데이터에서 농장은 농장 코드로 구분되어 있어 농장 코드별로 데이터를 나누었다. 전체 2,360,158개의 데이터에서 다비와 선진, 축과원 이외의 농장을 제외하고 분류하여 대덕 농장에는 388,390개, 성진 농장에는 243,643개, 단양 농장에는 756,433개, 태안 농장에는 897,512개, 축과원에는 26,878개의 데이터로 나누었다.

(5) 검정 기록 병합

- 일일 사료 섭취량을 구하기 전 혈통번호에 맞는 돼지의 검정기록을 검색하여 추후에 데이터 이용에 용이하도록 하였다. 검정기록에서는 ["id", "breed", "sex", "birthDate", "startDate", "startWt", "endWt", "adg", "abf", "meat", "kg90"]의 정보들을 가져왔다. 농장별 사료 측정 데이터에서 개체정보 (혈통번호)를 추출한 뒤 검정기록과 비교하여 검정 기록이 없는 개체를 삭제하였다.

(6) 일자별 사료 섭취량 종합 및 정리

- 기본적으로 돼지 개체와 관련된 정보를 모두 정리했으므로, 마지막으로 사료 측정 데이터를 분석해 사료효율을 구할 수 있도록 일자별 사료 섭취량 데이터를 형성하였다. 일자별 사료 섭취량을 구하는 작업 시나리오는 다음과 같으며 ASREML 4.1 소프트웨어를 이용하여 계산했다.

- ① 개체의 검정 시작일자와 종료일자 정보를 가져온다.
- ② 시작일자와 종료일자에 해당하는 빈 데이터프레임을 생성한다.
- ③ 사료 원본 데이터에서 시작일자와 종료일자에 해당하는 날짜의 자료만 추출한다.
- ④ 사료 측정한 자료를 일자별로 집계한 데이터프레임을 생성한다.
- ⑤ 먼저 만든 빈 데이터프레임에 사료측정자료를 가지고 만든 데이터프레임의 값을 입력한다.

- [표 3-73] 에는 이렇게 만들어진 일자별 사료 섭취량의 데이터를 농장마다 품종 및 성별로 두수를 정리해서 제시하였다.

[표 3-69] 농장별 품종별로 종합한 사료 측정 돼지 두수

| | 다비 | | | 선진 | | | | 축과원 (52) |
|----|---------|---------|-----|---------|-----|---------|-----|-------------|
| | 대덕(457) | 성진(405) | | 단양(441) | | 태안(472) | | |
| 품종 | YY | LL | YY | LL | YY | LL | YY | DD |
| 두수 | 574 | 419 | 356 | 828 | 961 | 548 | 642 | 52 |

- 다비의 경우 대덕 농장에는 요크셔 574두의 데이터가 측정되었으며, 성진 농장의 경우 요크셔는 356두, 랜드레이스는 419두의 데이터를 종합했다.
- 선진의 경우 단양 농장에서 요크셔는 961두, 랜드레이스는 828두의 데이터가 측정되었으며, 태안 농장에서는 요크셔는 642두가 있었고 랜드레이스는 548두의 데이터를 종합했다.
- 축과원의 경우 총 52마리의 두록의 데이터가 종합되었고, 사료효율을 구해 비교하기에는 데이터의 수가 현저히 적어서 비교할 수 없다고 판단하여 이번 연구에서는 제외하였다.

3. Imputation

가. Imputation 이란?

(1) Imputation 개념

- 결측값 (missing value)이 존재할 때, 결측값을 버리고 관측된 값만 가지고 분석하게 되면 (listwise deletion) 통계적 편향이 생길 수 있다. 이에 결측값에 추정된 대체값을 넣어 분석하는 방법이 있는데, 이를 결측값 대체 (Imputation)라고 한다. 통계학에서는 ‘대치’라는 뜻으로 사용되며 “editing(편집)”으로도 불린다.

(2) Imputation 종류

- 방법론적으로는 크게 단일대치(Single Imputation)와 다중대치 (Multiple Imputation)가 있다. 단일대치에는 통계적으로 가장 많은 값을 결측값에 대체값으로 넣는 Hot-deck 방법과 평균값을 넣는 Mean Imputation, 그리고 현재 존재하는 관측된 값들로부터 회귀추정해서 대체하는 Regression Imputation이 있다. 단일대치의 경우 여러 개의 데이터 셋을 만들어 평가하므로 관측값들이 변화 없이 동일한 값들이 많이 나온 것처럼 평가되어 높은 가중치를 갖게 되어 신뢰도가 과대평가되는 경향이 있다. 이를 고려하여 만들어진 것이 다중대치법이다. 다중 대치법은 단순 대치법을 m번 반복하여 m개의 가상의 자료를 만드는 방법으로 총 3단계로 구성되어 대치, 분석, 결합의 작업을 통해 결측값을 채워 넣는다.

나. Imputation 전 데이터 품질 관리

- Imputation이란 주변의 값들을 바탕으로 결측값을 채우는 프로그램이다. 주변의 값들이 결측값과 비슷한 성질을 가지고 있는 만큼 오차가 클수록 imputation의 정확도가 낮아진다. 따라서 Imputation을 실행하기 전에 비슷한 성질끼리 묶어주고, 크게 벗어난 값들을 제거하는 등 데이터의 품질을 관리해 주어야한다. 오류 값이 많거나 파일을 분할하지 않고 Imputation을 진행할 경우 사료효율 값이 1이 안되거나 3을 넘는 경우가 발생할 수도 있고, 품종 별로 차이가 나타나지 않을 수도 있다.

(1) 이상 데이터 정리

- 현재 있는 데이터들은 돼지들이 하루 동안 전자개체 급이기에 들어가서 사료를 섭취한 데이터들을 합하여 일자별로 나열한 값들이다. 처음에 오류로 의심되는 데이터들을 삭제하였기 때문일 수도 있지만, 일별로 데이터를 합한 후에도 생각보다 이상한 수치가 종종 검출되었다. 전체 파일에서 300보다 작은 값과 결측치 (NA)를 0으로 치환했다.

(2) 품종별 / 성별 분리

- 돼지들은 품종마다, 그리고 성별마다 성장 속도를 비롯하여 성질이 서로 다르기 때문에 먼저 농장마다 품종과 성별을 분리해주었다.

(3) Batch 설정

- Batch에 대한 개념은 간단하게 말해서 사료섭취를 측정한 기간이다. 원칙적으로는 실험을 할 때 돼지들이 함께 생활을 한 무리(같은 복)를 나타내며 부모가 같고 동일한 시기에 태어나 같은 환경에서 같은 사료를 먹고 자랐기 때문에 가장 비슷한 성질을 나타내기 때문이다. 그러나 실제로 동일한 복을 찾아서 imputation을 하기에는 데이터가 많다 보니 무리가 있다. 일반적으로 한 돈사에 한꺼번에 들어가고, 같은 복의 돼지들이 함께 들어가기 때문에, 시작날짜가 같은 돼지들은 같은 복일 가능성이 크다. 따라서 시작날짜를 기준으로 Batch를 나누어 Batch 수와 Batch마다 돼지들의 수를 확인한다.
- 그러나 전자개체 급이기의 특성상 데이터가 이상이 생겼을 경우 그날 그 기계에서 사료를 먹는 모든 돼지의 값이 비어있다. 따라서 Batch 별로 나누어서 Imputation을 해도 주변에 비교할 값이 없기 때문에 값이 채워지지 않는 경우가 많다. 따라서 시작 날짜로만 돈군을 나누기보다는 종료날짜에서 시작날짜를 뺀 값, 즉 섭취 기간(period)을 기준을 묶어서 Imputation을 구했다.

다. ASReml Imputation

- ASREML 4.1 소프트웨어에서 Imputation을 실행하였다. 위에서 나눈 품종, 성별 그리고 Batch별로 나누어진 파일을 하나씩 작업을 한다. 먼저 최종적으로 Batch로 나누어진 파일에서 0으로 나타나 있는 값을 결측치(NA)로 대체해준다. 그리고 돼지 개체에 대한 정보가 있는 부분과 사료 섭취 데이터가 있는 부분을 나눈 다음, 사료 섭취 데이터가 있는 부분만 Imputation을 통해 결측값을 채워 넣고, 다시 돼지 개체에 대한 정보와 합치면 된다.
- Imputation을 모두 마치고 데이터 보정 및 데이터 계산을 위해 파일을 Batch별로 나누기 전(품종, 성별로 나누어진 형태)의 하나의 파일로 다시 합쳐준다.

라. 데이터 보정

(1) 데이터 정리

- 현재 있는 데이터들은 돼 이번 단계에서는 Imputation을 실행 했지만 채워지지 않은 값들을 중심으로 데이터를 보정할 것이다. Imputation에서 채워지지 않은 값에는 3개의 종류가 있다. **①사료 섭취 측정 기간 중 데이터가 없는 경우. ②검정 시작 일자에 사료 섭취 데이터가 없는 경우. ③ 검정 종료 일자에 사료 섭취 데이터가 없는 경우**이다. 이 경우들의 공통점은 해당 Batch에 돼지들이 모두 결측치를 가지고 있다는 것이다.

(가) 사료 섭취 측정 기간 중 데이터가 없는 경우.

- Imputation 이후 가장 흔하게 볼 수 있는 빈칸으로 Batch별 파일을 합쳤을 경우 중간마다 1자로 비어있는 곳을 확인할 수 있다. 길게는 5일 이상의 값들이 비어있는 경우도 있으며 이럴 경우 임의로 데이터를 수정하여도 실측값보다 더욱 이상치에 가까운 값을 형성할 수 있기 때문에 해당 Batch는 삭제해줄도록 한다. 5일보다 짧은 일자로 데이터가 비어있는 경우 전날 데이터와 그 다음 처음으로 있는 기록의 평균으로 빈칸을 채워준다. 이렇게 해주는 이유는 하루가 지날수록 돼지들이 성장하여 점점 사료 섭취량이 많아지기 때문이다.

(나) 검정 시작 일자에 사료 섭취 데이터가 없는 경우.

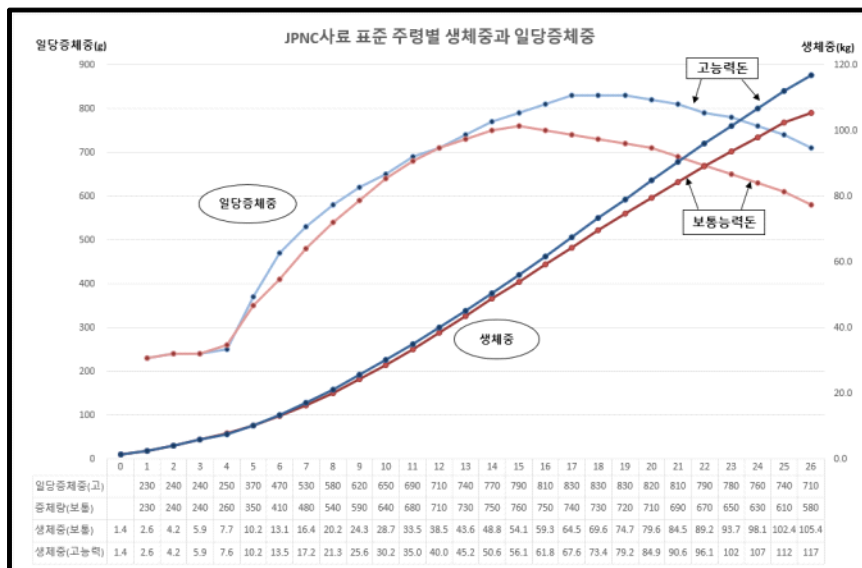
- 처음 D00 부분이 비어있는 경우로 길게는 일주일에서 열흘이상 데이터 값이 없는 경우가 있다. 일단 처음 부분의 사료 데이터가 비어있기 때문에 앞 뒤 기록의 평균이나 다른 방법을 통해 채우기에는 어려움이 있다. 따라서 처음 사료 섭취 기록이 있는 날을 D00으로 설정하여 처음 기록을 삭제하고 개시 일령을 늦추는 방법을 사용하였다.

이때, 검정 시작의 경우 시작 체중을 측정해서 시작 체중 또한 삭제한 일수에 맞게 높여주어야 한다. [표준성장곡선]을 이용하여 표준 주령별 생체중과 일당증체중을 참고하여 개시 체중에 적용하였다.

(다) 검정 종료 일자에 사료 섭취 데이터가 없는 경우

- 마지막 부분이 비어있는 경우로 단순히 검정이 끝난 경우로 착각할 수도 있다 그러나 일반적으로 다른 Batch에 비해 마지막 날짜가 일러 확인하기 쉽다. 이 경우도 검정 종료 날짜를 사료 데이터가 있는 마지막 날짜로 맞추어 주고 이에 해당하는 일령만큼 증체량을 빼서 종료 체중을 조정하였다.

- 데이터가 없는 개체의 일일 사료 섭취량을 비교해 해당 개체의 능력을 고려하여 시작 체중 및 종료체중을 관리하였다. 개시체중 및 종료체중 조정에 참고한 백색돈 중 보통능력돈과 고능력돈의 성장 곡선 ‘표준성장곡선’은 [그림 3-57]에서 나타내었다.



[그림 3-50] 사료 표준 주령별 생체중과 일당증체량

(2) 데이터 이름 정리 및 데이터 종합

- 최종적으로 사료 섭취 데이터를 보완한 후, 돼지들의 ‘총 사료 섭취량’, ‘측정기간’, ‘시작 일령’, ‘종료일령’, ‘총 사료 섭취량’, ‘총 증체량’, ‘일당증체량’, ‘사료효율’ 값을 구해준다. 여기서 주의할 점은 총 사료 섭취량을 구할 때 Batch별로 사료 섭취 기록이 끝나는 날이 다르기 때문에 모든 데이터들의 합을 빠짐없이 구해야한다는 것이다.
- 농장별로, 품종별로 데이터 계산을 수월하게 하기 위해 이름 정리 및 정렬을 해주고 계산한 후 데이터들의 평균을 구해 종합한다.

4. 사료효율 계산

가. FCR 계산

- 사료효율은 1kg의 성장을 하기 위해서 섭취한 사료량으로 ‘총 사료 섭취량’을 ‘총 증체량’으로 나누어 구할 수 있다.

$$FCR = \frac{\text{사료 섭취량(kg)}}{\text{증체량(kg)}}$$

- [표 3-70]에서 농장별 FCR 값의 평균을 제시하였다.

[표 3-70] 데이터 정리 후 농장별 FCR 값 산출

| 농장별 데이터 정리(최종) | | | | | | | | | | | | | | 2019.09.30 | |
|----------------|-------------|----|-----|------|------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|------------|------------|
| 1,724 | 농장 | 품종 | 성별 | 벤티수 | 두수 | 개시체중 | 개시일령 | 종료체중 | 종료일령 | 검정기간 | 증체량 | FCR | ADG | ABF | 평균 표준편차 |
| 다비 (799) | 대덕 (442) | YY | M | 24 | 442 | 36.3 | 83.8 | 92.6 | 144.0 | 59.7 | 56.4 | 1.8 | 0.63 | 1.16 | 142.2 |
| | | | | | | 4.79 | 4.25 | 11.93 | 3.44 | 6.57 | 11.02 | 0.251 | 0.078 | 0.104 | 12.52 |
| | 성진 (357) | LL | M | 16 | 181 | 35.8 | 78.9 | 93.5 | 136.3 | 57.3 | 57.6 | 2.1 | 0.60 | 1.21 | 134.1 |
| | | | | | | 5.20 | 6.04 | 15.41 | 13.60 | 14.17 | 14.74 | 0.29 | 0.056 | 0.176 | 7.97 |
| | | YY | M | 13 | 176 | 37.6 | 80.5 | 104.3 | 143.8 | 63.3 | 66.7 | 2.1 | 0.71 | 1.11 | 129.7 |
| | | | | | | 4.46 | 5.62 | 8.45 | 3.34 | 6.04 | 8.56 | 0.24 | 0.050 | 0.142 | 7.39 |
| 선진 (879) | 단양 (429) | LL | M | 19 | 178 | 29.7 | 76.8 | 92.4 | 151.7 | 74.9 | 62.7 | 2.3 | 0.60 | 1.09 | 149.1 |
| | | | | | | 4.02 | 3.59 | 8.35 | 3.55 | 0.25 | 6.27 | 0.16 | 0.053 | 0.149 | 9.02 |
| | YY | M | 21 | 251 | 30.5 | 77.7 | 94.9 | 152.7 | 75.0 | 64.4 | 2.3 | 0.61 | 1.08 | 147.5 | |
| | | | | | 3.82 | 3.07 | 9.95 | 3.11 | 0.21 | 7.92 | 0.16 | 0.066 | 0.155 | 11.43 | |
| | | LL | M | 24 | 197 | 38.8 | 83.5 | 96.8 | 144.8 | 61.3 | 58.0 | 2.3 | 0.66 | 1.02 | 137.7 |
| | | | | | | 4.32 | 1.59 | 9.16 | 1.50 | 0.44 | 7.32 | 0.18 | 0.063 | 0.161 | 9.20 |
| YY | M | 25 | 252 | 40.1 | 84.6 | 101.0 | 145.6 | 60.9 | 60.8 | 2.2 | 0.68 | 0.94 | 134.3 | | |
| | | | | 4.31 | 2.24 | 9.40 | 1.83 | 1.80 | 7.60 | 0.21 | 0.064 | 0.117 | 8.95 | | |
| 속과원 (46) | 속과원 (46) | DD | M | 1 | 21 | 31.3 | 69.4 | 95.0 | 131.4 | 62.0 | 63.6 | 2.2 | 0.74 | 1.08 | 126.6 |
| | | | | | | 3.15 | 1.63 | 6.87 | 1.63 | 0.00 | 5.89 | 0.213 | 0.048 | 0.076 | 5.79 |
| | | DD | F | 1 | 25 | 31.8 | 68.9 | 89.8 | 130.9 | 62.0 | 57.9 | 2.5 | 0.71 | 1.12 | 130.6 |
| | | | | | | 2.73 | 1.39 | 6.76 | 1.39 | 0.000 | 5.16 | 0.20 | 0.045 | 0.113 | 5.99 |

● 2마리 이하 Batch 삭제

- 다비 대덕 농장의 요크셔 수퐁지는 총 24 Batch로 442두를 평균 59.7일 검정한 결과 기간 중 증체량은 56.4kg으로 평균 FCR은 1.8, ADG는 0.63kg, ABF는 1.16cm, 90kg 도달일령은 142.2일이었다. 성진 농장의 랜드레이스 수퐁지는 총 16 Batch로 181두를 평균 57.3일 검정한 결과 기간 중 증체량은 57.6kg으로 FCR은 2.1, ADG는 0.68kg, ABF는 1.21cm, 90kg 도달일령은 134.1일이었다.
- 선진에서 단양 농장의 요크셔 수퐁지는 총 21 Batch로 251두를 평균 75.0일 검정한 결과 기간 중 증체량은 64.4kg으로 평균 FCR은 2.3, ADG는 0.61kg, ABF는 1.08cm, 90kg 도달일령은 147.5일이었다. 랜드레이스 총 19 Batch로 178두를 평균 74.9일 검정한 결과

기간 중 증체량은 62.7kg으로 평균 FCR은 2.3, ADG는 0.60kg, ABF는 1.09cm, 90kg 도달일령은 149.1일이었다.

- 축과원의 듀록 수태지는 1개의 Batch, 21두를 평균 62.0일 검정한 결과 기간 중 증체량은 63.6kg으로 평균 FCR은 2.2, ADG는 0.74kg, ABF는 1.08cm, 90kg 도달일령은 126.6일이었다.

나. RFI 계산

- 잔차사료섭취량 (Residual feed intake; RFI)은 실제 사료 섭취량 (the Actual Feed Intake; FI)과 대사유지에 필요한 사료 섭취량 (Metabolic Body Weight; $BW^{0.75}$), 증체량 (Body Weight Gain; BWG) 및 등지방 두께 (Back Fat Thickness; BFT)에 대한 사료 섭취량의 선형 다중 회귀 분석으로부터 예측된 차이점으로 정의되며, 따라서 성장률과 크기에 대해 표현형적으로 독립적이다 (Koch 등, 1963).

$$FI_i = b_0 + (b_1 \times BW_i^{0.75}) + b_2 \times BWG_i + (b_3 \times BFT_i) + e_i, \quad (1)$$

여기서, b_0 는 선형회귀 절편, b_1, b_2, b_3 은 사료 섭취량에 대한 대사체중, 증체량, 등지방 두께의 회귀계수이다. 대사체중 (Metabolic BW)은 개체의 시작 체중과 종료체중의 평균에 0.75를 거듭제곱하였다.

- 이후 RFI는 Batch별로 아래와 같은 공식 (Rauw 등, 2017)을 가지고 최종 모형식에 적용하였다.

$$RFI_i = FI_i - \hat{b}_0 - (\hat{b}_1 \times BW_i^{0.75}) - (\hat{b}_2 \times BWG_i) - (\hat{b}_3 \times BFT_i), \quad (2)$$

여기서, $\hat{b}_0, \hat{b}_1, \hat{b}_2$ 그리고 \hat{b}_3 는 수식 (1)에서 b_0, b_1, b_2, b_3 의 값이다. 개체의 성장, 대사체중 그리고 등지방의 평균 사료 요구량은 동일한 Batch에서 음수값의 RFI가 효율적으로 나타난 반면, 양수 값의 RFI는 덜 효율적이다.

다. 유전모수 구하기

- 유전능력평가는 다형질 개체모형(multiple traits animal model)을 활용하여 분석을 실시하였으며, 유전능력평가 분석프로그램 ASReml ver 4.1을 활용하여 분석을 실시하였다.

$$y = X\beta + Zu + e$$

여기서, y 는 측정치, X 는 고정효과(농장, 연도 및 계절, 성별)의 행렬, Z 는 임의효과(동복효과, 개체 육종가)의 행렬 및 e 는 임의 오차이다.

- 육종가에 대한 정확도(accuracy)의 계산은 다음의 공식에 의해 계산하였다.

$$\sqrt{1 - \frac{s_i^2}{(1 + f_i)\sigma_A^2}}$$

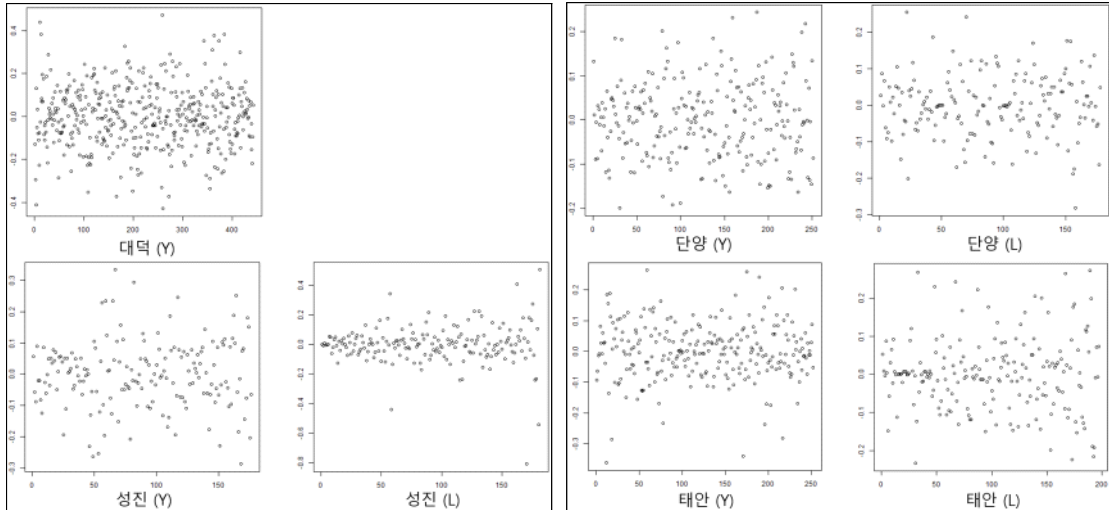
여기서, s_i^2 는 개체의 형질에 대한 표준편차(standard error), f_i 는 개체의 근친도(inbreeding coefficient), σ_A^2 은 유전분산(genetic variance)이다.

라. FCR과 RFI 특성 비교

- 품종별로 Duroc은 46두, Landrace는 556두, Yorkshire는 1121두의 RFI를 구하였다. 두목의 경우 개체 수가 워낙 적어 비교를 하지 않았고, 농장별로 랜드레이스와 요크셔의 값들을 비교해보았다.

(1) RFI 분포도

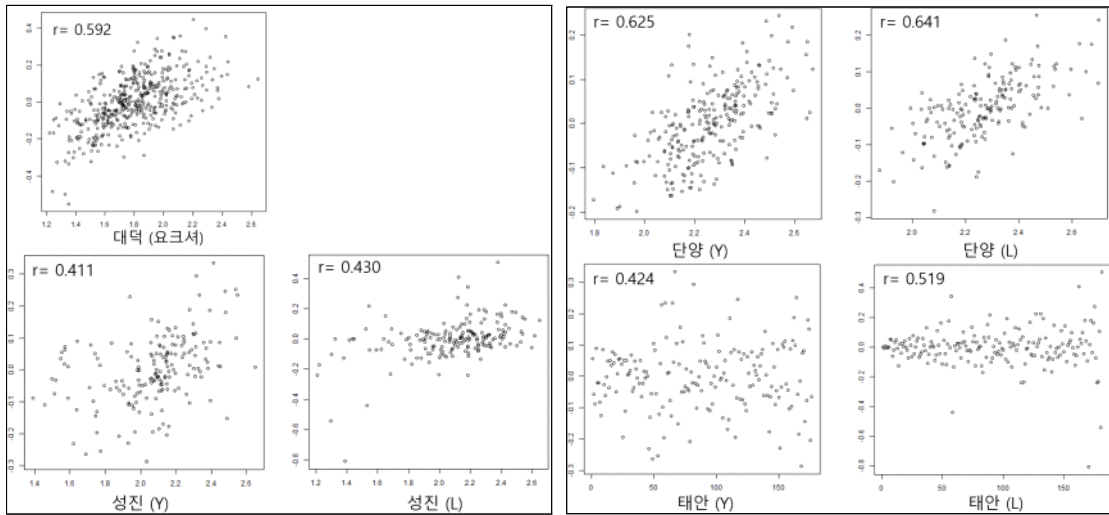
- [그림 3-51]에서는 Batch 별로 구한 RFI 값을 농장별로 분포도를 나타내었다.



[그림 3-51] 농장 별 RFI 분포도

- 대체적으로 RFI 값은 -0.4에서 0.4 사이에 위치해 있으며, 음수일수록 사료 효율이 높은 성향을 띠었다. 다비의 성진 농장에서 랜드레이스의 경우 0을 기준으로 고르게 형성되어 있는 반면 요크셔의 경우 다양하게 분포되어 있었다.

Batch 별로 구한 RFI값과 FCR과의 상관관계를 [그림 3-52]에 나타내었다.

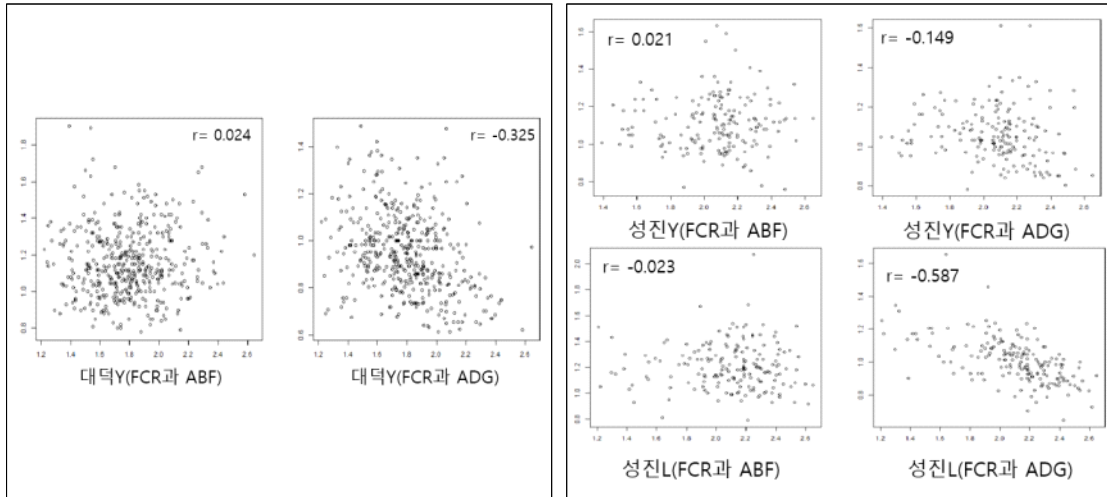


[그림 3-52] 농장별 RFI와 FCR 상관도

- 일반적으로 FCR의 값이 커질수록 RFI 값도 커지는 경향이 있었다. 그러나 다비의 성진 농장에서 랜드레이스의 경우 RFI값이 FCR의 값에 영향을 미치지 않았다.

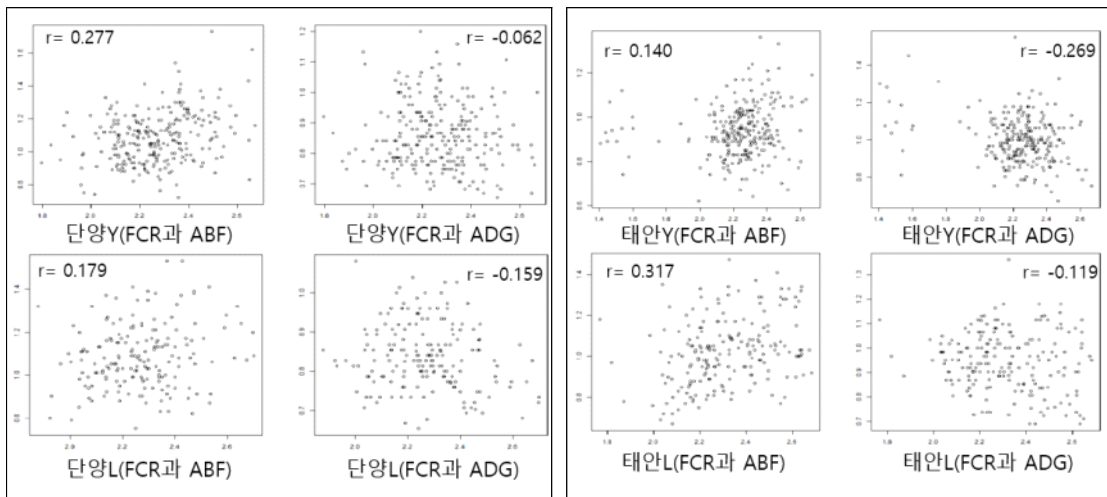
(2) FCR과 산육형질 별 상관도

○ [그림 3-53]과 [그림 3-54]에서는 농장마다 사료효율 (FCR) 값과 일당증체량 (ADG), 등지방 두께 (ABF)에 대한 분포도와 상관관계를 나타내었다.



[그림 3-53] 다비 농장의 FCR과 ABF, ADG 상관도

○ 일반적으로 사료효율(FCR)과 일당증체량 (ADG)는 양의 상관관계를 가지고 있었고, 사료효율 (FCR)과 등지방두께 (ABF)는 음의 상관관계를 가지고 있었다. 대덕 농장의 요크셔의 경우 FCR과 ABF와의 상관 관계도는 0.024, ADG와의 상관 관계도는 -0.325를 나타내었다. 성진 농장의 경우 랜드레이스의 FCR과 ABF와의 상관 관계도는 -0.023, ADG와의 상관 관계도는 -0.587 을 나타내었다.



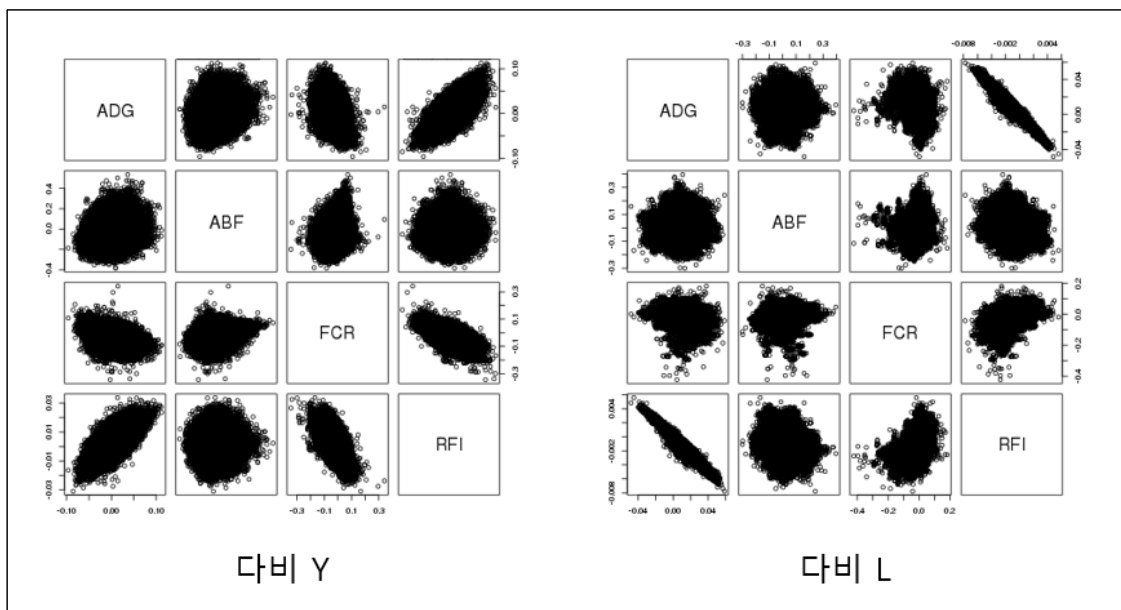
[그림 3-54] 선진 농장의 FCR과 ABF, ADG 상관도

○ 단양 농장의 요크셔의 경우 FCR과 ABF와의 상관 관계도는 0.277, ADG와의 상관 관계도는 -0.062를 나타내었고 랜드레이스의 경우 FCR과 ABF와의 상관 관계도는 0.179,

ADG와의 상관 관계도는 -0.159를 나타내었다. 태안 농장의 경우 랜드레이스의 FCR과 ABF와의 상관 관계도는 0.317, ADG와의 상관 관계도는 -0.119를 나타내었다.

(3) 사료효율과 산육형질 육종가 상관도

○ [그림 3-55] 에서는 다비 농장의 사료효율과 형질별 육종가의 유전자형 상관도, 표현형 상관도를 구하였고, 이를 바탕으로 [표 3-71]와 [표 3-72]에 사료효율과 육종가의 상관도를 나타내었다.



[그림 3-55] 다비 농장의 사료효율과 산육형질 육종가 상관도

[표 3-71] 다비 농장 요크셔의 사료효율 유전력과 산육형질과의 상관도

| 다비 Y | ADG | ABF | FCR | RFI |
|------|---------------------|--------------------|--------|--------|
| ADG | 0.328 ¹ | 0.144 ² | -0.260 | 0.327 |
| ABF | -0.077 ³ | 0.428 | 0.136 | 0 |
| FCR | -0.303 | 0.103 | 0.297 | -0.189 |
| RFI | 0.071 | 0 | 0.568 | 0.047 |

¹대각선(Diagonal): 유전력

²대각선 상단(Above Diagonal): 유전자형 상관관계

³대각선 하단(Below Diagonal): 표현형 상관관계(n=618)

○ 다비 농장 요크셔의 경우 ADG 유전력은 0.328으로 추정되었고, ABF, FCRI는 각각 0.428, 0.297 로 추정되었다. 그러나 RFI의 유전력은 0.047로 추정되어 비교적 낮게 추정되었다. 유전자형 상관관계 (Genetic Correlation)에서는 ADG와 ABF는 0.144, ADG와 FCR은 -0.260, ADG와 RFI는 0.327로 나타났으며 ABF와 FCR은 0.136, ABF와 RFI는 0에 가까운 수치가 나타났다. FCR과 RFI의 경우 -0.189로 나타났다.

[표 3-72] 다비 농장 랜드레이스의 사료효율 유전력과 산육형질과의 상관도

| 다비 L | ADG | ABF | FCR | RFI |
|------|---------------------|---------------------|--------|--------|
| ADG | 0.105 ¹ | -0.135 ² | -0.083 | -1.034 |
| ABF | -0.135 ³ | 0.130 | -0.015 | 0 |
| FCR | -0.484 | 0.144 | 0.326 | 0.906 |
| RFI | 0.210 | -0 | 0.446 | 0.0003 |

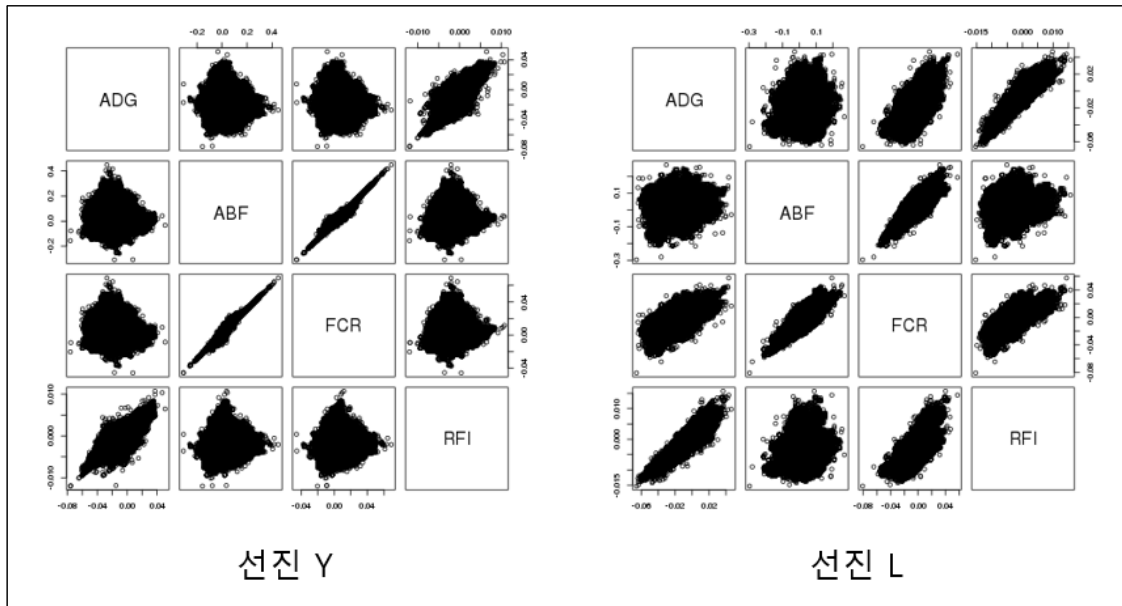
¹대각선(Diagonal): 유전력

²대각선 상단(Above Diagonal): 유전자형 상관관계

³대각선 하단(Below Diagonal): 표현형 상관관계(n=181)

○ 다비 농장 랜드레이스의 경우 ADG 유전력은 0.105으로 추정되었고, ABF, FCRI는 각각 0.130, 0.326 으로 추정되었다. 그러나 RFI의 유전력은 0.0003으로 추정되어 비교적 낮게 추정되었다. 유전자형 상관관계 (Genetic Correlation)에서는 ADG와 ABF는 -0.135, ADG와 FCR은 -0.083, ADG와 RFI는 -1.034로 나타났으며 ABF와 FCR은 -0.015, ABF와 RFI는 0에 가까운 수치가 나타났다. FCR과 RFI의 경우 0.906으로 나타났다.

○ 선진 농장도 마찬가지로 [그림 3-56]에서 사료효율과 형질별 육종가 유전자형 상관도, 표현형 상관도를 나타내었고, 이를 바탕으로 [표 3-73]과 [표 3-74]에 사료효율과 육종가의 상관도를 나타내었다.



[그림 3-56] 선진 농장의 사료효율과 산육형질 육종가 상관도

[표 3-73] 선진 농장 요크셔의 사료효율 유전력과 산육형질과의 상관도

| 선진 Y | ADG | ABF | FCR | RFI |
|------|--------------------|--------------------|-------|--------|
| ADG | 0.343 ¹ | 0.103 ² | 0.221 | -0.054 |
| ABF | 0.031 ³ | 0.496 | 0.621 | -0.000 |
| FCR | -0.033 | 0.316 | 0.335 | 0.689 |
| RFI | -0.000 | 0 | 0.492 | 0.033 |

¹대각선(Diagonal): 유전력

²대각선 상단(Above Diagonal): 유전자형 상관관계

³대각선 하단(Below Diagonal): 표현형 상관관계(n=503)

○ 선진 농장 요크셔의 경우 ADG 유전력은 0.343으로 추정되었고, ABF, FCR은 각각 0.496, 0.335 로 추정되어 다비 농장에 비해 비교적 높게 추정되었다. RFI의 유전력은 0.033로 다비 농장과 비슷하지만 낮게 추정되었다. 유전자형 상관관계 (Genetic Correlation)에서는 ADG와 ABF는 0.103, ADG와 FCR은 0.221, ADG와 RFI는 -0.054로 나타났으며 ABF와 FCR은 0.621, ABF와 RFI는 -0에 가까운 수치가 나타났다. FCR과 RFI의 경우 0.689로 나타났다.

[표 8-74] 선진 농장 랜드레이스의 사료효율 유전력과 산육형질과의 상관도

| 선진 L | ADG | ABF | FCR | RFI |
|------|---------------------|--------------------|-------|--------|
| ADG | 0.343 ¹ | 0.103 ² | 0.221 | -0.054 |
| ABF | -0.031 ³ | 0.496 | 0.621 | -0.000 |
| FCR | -0.033 | 0.316 | 0.335 | 0.689 |
| RFI | -0.000 | 0 | 0.492 | 0.033 |

¹대각선(Diagonal): 유전력

²대각선 상단(Above Diagonal): 유전자형 상관관계

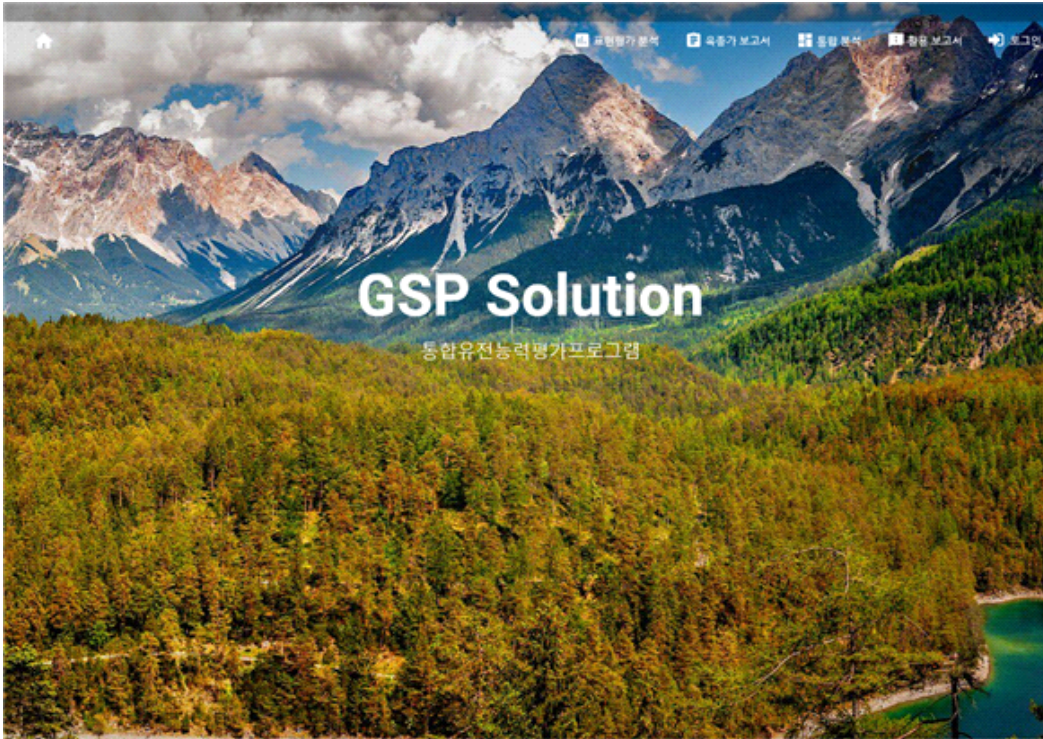
³대각선 하단(Below Diagonal): 표현형 상관관계(n=375)

- 선진 농장 랜드레이스의 경우 ADG 유전력은 0.343으로 추정되었고, ABF, FCRI는 각각 0.496, 0.335 으로 추정되어 다비 농장에 비해 비교적 높게 추정되었다. RFI의 유전력은 0.033으로 추정되어 비교적 낮게 추정되었다. 유전자형 상관관계 (Genetic Correlation)에 서는 ADG와 ABF는 0.103, ADG와 FCR은 0.221, ADG와 RFI는 -0.054로 나타났으며 ABF와 FCR은 0.621, ABF와 RFI는 -0에 가까운 수치가 나타났다. FCR과 RFI의 경우 0.689로 나타났다.

제 7 절 GSP 참여종돈장 유전능력평가 운영(주간단위 분석결과 피드백)

1. 분석결과 게시판 : 웹페이지와 모바일 버전

웹페이지: <http://GSP-solution.com>



2. 메뉴구성

- ❖ 표현형가 분석
 - ✓ 산육형질
 - ✓ 번식형질
- ❖ 육종가 보고서
 - ✓ 산육형질 육종가 보고서
 - ✓ 번식형질 육종가 보고서
- ❖ 통합분석
 - ✓ 산육형질 육종가 보고서
 - ✓ 번식형질 육종가 보고서
 - ✓ 혈연연결(CR) 분석
- ❖ 활용보고서
 - ✓ 교배조합보고서
 - ✓ 후대 육종가 보고서

3. 육종가 보고서 조회

🏠

[표현평가 분석](#)
[육종가 보고서](#)
[통량 분석](#)
[광용 보고서](#)
[NH30 / 불감 / 농염증영향](#)

산육 육종가 보고서

농장 그룹: **농협중앙회** (전체)

프린트시작일자: **2017-02-01** (프린트종료일자: **2017-04-03**)

육종: **Y** (성별: **전체**)

분석주자: **201711** (신발 구분: **전체**)

정밀장목: **밀양한재경BV** (정밀은서: **내합자순**)

🔍 조회
📄 PDF
📄 XLS
📄 CSV

© 2017, Jung P&C Institute, Inc.

산육 육종가 보고서

| 번호 | 계좌번호 | 실등록번호 | 부문 | 모돈 | 표현평가 | | | | | | 육종가 | | | | | | 경향도 | | | | | | 농장번호 | 우사 | | | |
|----|---------|-------------|---------|---------|------|----------|-----------|--------|--------|-----------|-----------|---------|----------|-----------|-----------|--------|--------|-----------|-----------|--------|--------|-----------|------|-----|-----------|--------|--------|
| | | | | | 성별 | 생년월일 | 일당종체중(kg) | 두께(mm) | 90kg도달 | 실상중체중(kg) | 일당종체중(kg) | 두께(mm) | 90kg도달 | 실상중체중(kg) | 일당종체중(kg) | 두께(mm) | 90kg도달 | 실상중체중(kg) | 일당종체중(kg) | 두께(mm) | 90kg도달 | 실상중체중(kg) | | | 일당종체중(kg) | 두께(mm) | 90kg도달 |
| 1 | YAE6289 | 21611021121 | YAD3499 | YAE0108 | M | 16-10-24 | 0.894 | 0.88 | 110 | 16.0 | 0.0942 | -0.0396 | -15.7500 | 0.3526 | 0.7341 | 0.7629 | 0.7399 | 0.3880 | 0.0174 | 167 | 135 | 191 | 138 | GGP | Y | 30 | 1711 |
| 2 | YAE6391 | 21612013884 | YAD8838 | YAE0326 | F | 16-11-02 | 0.735 | 1.54 | 124 | 11.0 | 0.0878 | 0.0457 | -15.7800 | 0.1425 | 0.7133 | 0.7509 | 0.7204 | 0.3689 | 0.0169 | 158 | 123 | 149 | 130 | GGP | Y | 30 | 1711 |
| 3 | YAE6286 | 21612011118 | YAD3499 | YAE0108 | F | 16-10-24 | 0.730 | 1.22 | 127 | 16.0 | 0.0820 | -0.0023 | -14.8600 | 0.3526 | 0.7341 | 0.7635 | 0.7401 | 0.3880 | 0.0174 | 157 | 129 | 163 | 135 | GGP | Y | 30 | 1711 |
| 4 | YAE6354 | 21611020715 | YAD8838 | YAD1376 | F | 16-10-28 | 0.730 | 1.40 | 126 | 15.7 | 0.0803 | -0.0075 | -15.1200 | 0.5527 | 0.7255 | 0.7602 | 0.7325 | 0.4301 | 0.0337 | 156 | 124 | 142 | 144 | GGP | Y | 30 | 1711 |
| 5 | YAE6367 | 21611020814 | YAD9864 | YAD3251 | F | 16-10-30 | 0.689 | 0.92 | 130 | 8.7 | 0.0775 | -0.2442 | -14.8000 | -0.3280 | 0.7294 | 0.7632 | 0.7364 | 0.4286 | 0.0373 | 169 | 123 | 166 | 124 | GGP | Y | 30 | 1711 |
| 6 | YAE6369 | 21611020816 | YAD9864 | YAD3251 | M | 16-10-30 | 0.696 | 1.16 | 129 | 8.7 | 0.0709 | -0.1302 | -13.6100 | -0.3280 | 0.7294 | 0.7632 | 0.7362 | 0.4286 | 0.0373 | 157 | 116 | 153 | 121 | SI | Y | 30 | 1711 |
| 7 | YAE6242 | 21611020664 | YAD7744 | YAC6881 | F | 16-10-22 | 0.769 | 1.24 | 123 | 13.0 | 0.0645 | -0.0934 | -12.2100 | 0.6413 | 0.7366 | 0.7693 | 0.7434 | 0.4390 | 0.0476 | 151 | 136 | 145 | 145 | GGP | Y | 30 | 1711 |
| 8 | YAE6395 | 21612013988 | YAD9864 | YAD7144 | F | 16-11-02 | 0.720 | 1.33 | 126 | 10.5 | 0.0626 | -0.0721 | -13.1200 | -0.1325 | 0.7270 | 0.7620 | 0.7338 | 0.4198 | 0.0421 | 148 | 116 | 140 | 128 | GP | Y | 30 | 1711 |
| 9 | YAE6368 | 21611020815 | YAD9864 | YAD3251 | F | 16-10-30 | 0.600 | 1.56 | 144 | 8.7 | 0.0620 | -0.0685 | -12.1100 | -0.3280 | 0.7294 | 0.7632 | 0.7364 | 0.4286 | 0.0373 | 147 | 110 | 140 | 119 | GP | Y | 30 | 1711 |
| 10 | YAE6337 | 21611020718 | YAD8838 | YAD1376 | F | 16-10-28 | 0.628 | 1.39 | 140 | 15.7 | 0.0611 | -0.0220 | -12.0100 | 0.5527 | 0.7255 | 0.7602 | 0.7325 | 0.4301 | 0.0337 | 144 | 130 | 128 | 141 | GGP | Y | 30 | 1711 |
| 11 | YAE6400 | 21612013993 | YAD8838 | YAE0120 | F | 16-11-02 | 0.689 | 1.53 | 129 | 10.0 | 0.0578 | 0.0786 | -12.1200 | 0.0885 | 0.7118 | 0.7493 | 0.7190 | 0.3694 | 0.0150 | 136 | 112 | 126 | 123 | GP | Y | 30 | 1711 |
| 12 | YAE6236 | 21611020831 | YAD7444 | YAD4300 | F | 16-10-21 | 0.660 | 1.21 | 137 | 11.3 | 0.0574 | -0.1071 | -12.0600 | -0.0660 | 0.7489 | 0.7798 | 0.7552 | 0.4584 | 0.1052 | 147 | 117 | 138 | 128 | GP | Y | 30 | 1711 |
| 13 | YAE6284 | 21611021043 | YAD6448 | YAD9658 | M | 16-10-24 | 0.780 | 1.10 | 121 | 15.0 | 0.0574 | -0.0175 | -11.4500 | 0.6628 | 0.7308 | 0.7642 | 0.7377 | 0.4355 | 0.0736 | 141 | 131 | 140 | 154 | GGP | Y | 30 | 1711 |
| 14 | YAE6472 | 21612014057 | YAD8732 | YAD2374 | F | 16-11-05 | 0.729 | 1.25 | 124 | 11.0 | 0.0566 | 0.0237 | -11.7000 | 0.0436 | 0.7391 | 0.7700 | 0.7446 | 0.4336 | 0.0423 | 138 | 114 | 126 | 120 | GP | Y | 30 | 1711 |
| 15 | YAE6336 | 21611020717 | YAD8838 | YAD1376 | F | 16-10-28 | 0.599 | 1.79 | 145 | 15.7 | 0.0564 | 0.0925 | -11.1400 | 0.5527 | 0.7255 | 0.7602 | 0.7325 | 0.4301 | 0.0337 | 134 | 123 | 115 | 139 | GP | Y | 30 | 1711 |
| 16 | YAE6199 | 21611020671 | YAD8761 | YAC7573 | F | 16-10-20 | 0.717 | 1.15 | 129 | 11.8 | 0.0543 | -0.1017 | -10.8100 | 0.9250 | 0.7343 | 0.7657 | 0.7410 | 0.4127 | 0.0165 | 144 | 141 | 137 | 152 | GGP | Y | 30 | 1711 |
| 17 | YAE6358 | 21611021028 | YAD8758 | YAD9781 | F | 16-10-29 | 0.640 | 1.13 | 138 | 13.0 | 0.0541 | -0.2073 | -10.6400 | 0.7822 | 0.7152 | 0.7507 | 0.7225 | 0.3460 | 0.0105 | 150 | 143 | 150 | 155 | GGP | Y | 30 | 1711 |
| 18 | YAE6325 | 21611020764 | YAD8758 | YAD2368 | F | 16-10-28 | 0.693 | 1.24 | 130 | 11.0 | 0.0534 | -0.1006 | -11.5000 | 0.8091 | 0.7255 | 0.7601 | 0.7325 | 0.3955 | 0.0181 | 143 | 138 | 135 | 148 | GGP | Y | 30 | 1711 |
| 19 | YAE6326 | 21611020765 | YAD8758 | YAD2368 | F | 16-10-28 | 0.686 | 1.32 | 131 | 11.0 | 0.0524 | -0.0779 | -11.3600 | 0.8091 | 0.7255 | 0.7601 | 0.7325 | 0.3955 | 0.0181 | 141 | 136 | 132 | 147 | GGP | Y | 30 | 1711 |
| 20 | YAE6283 | 21611021042 | YAD6448 | YAD9658 | F | 16-10-24 | 0.681 | 1.32 | 133 | 15.0 | 0.0516 | -0.2084 | -10.9600 | 0.6628 | 0.7308 | 0.7642 | 0.7377 | 0.4355 | 0.0736 | 137 | 129 | 132 | 152 | GGP | Y | 30 | 1711 |
| 21 | YAE6148 | 21611021026 | YAD8732 | YAD9760 | M | 16-10-15 | 0.760 | 1.39 | 125 | 12.5 | 0.0498 | 0.0883 | -9.5780 | 0.1993 | 0.7321 | 0.7648 | 0.7387 | 0.4008 | 0.0376 | 130 | 112 | 122 | 132 | SI | Y | 30 | 1711 |
| 22 | YAE6299 | 21611020850 | YAD8732 | YAD4790 | F | 16-10-26 | 0.734 | 1.34 | 126 | 13.7 | 0.0472 | 0.0364 | -10.1200 | 0.4153 | 0.7348 | 0.7676 | 0.7412 | 0.4265 | 0.0448 | 131 | 119 | 119 | 133 | GP | Y | 30 | 1711 |
| 23 | YAE6243 | 21611020665 | YAD7444 | YAC6881 | F | 16-10-22 | 0.720 | 0.99 | 128 | 13.0 | 0.0470 | -0.1285 | -9.4140 | 0.6413 | 0.7366 | 0.7688 | 0.7434 | 0.4390 | 0.0476 | 141 | 133 | 135 | 144 | GGP | Y | 30 | 1711 |
| 24 | YAE6327 | 21611020766 | YAD8758 | YAD2368 | F | 16-10-28 | 0.664 | 1.04 | 134 | 11.0 | 0.0469 | -0.1625 | -10.4100 | 0.8091 | 0.7255 | 0.7601 | 0.7325 | 0.3955 | 0.0181 | 143 | 139 | 135 | 148 | GGP | Y | 30 | 1711 |
| 25 | YAE6397 | 21612013990 | YAD9864 | YAD7144 | F | 16-11-02 | 0.629 | 1.37 | 138 | 10.5 | 0.0466 | -0.0707 | -10.6000 | -0.1325 | 0.7270 | 0.7620 | 0.7338 | 0.4198 | 0.0421 | 137 | 111 | 127 | 125 | GP | Y | 30 | 1711 |
| 26 | YAE6308 | 21611020938 | YAD8732 | YAD6825 | F | 16-10-27 | 0.681 | 1.44 | 132 | 12.5 | 0.0466 | 0.0217 | -9.9680 | 0.2888 | 0.7291 | 0.7631 | 0.7358 | 0.3983 | 0.0313 | 131 | 117 | 118 | 127 | GP | Y | 30 | 1711 |
| 27 | YAE6297 | 21611020848 | YAD8732 | YAD4790 | F | 16-10-26 | 0.719 | 1.46 | 128 | 13.7 | 0.0451 | 0.0895 | -9.8130 | 0.4153 | 0.7348 | 0.7676 | 0.7412 | 0.4265 | 0.0448 | 127 | 117 | 114 | 132 | GP | Y | 30 | 1711 |
| 28 | YAE6083 | 21611020793 | YAD8758 | YAD2590 | M | 16-10-14 | 0.768 | 0.92 | 124 | 8.5 | 0.0443 | -0.1892 | -8.8530 | 0.4643 | 0.7175 | 0.7520 | 0.7250 | 0.3877 | 0.0133 | 141 | 130 | 137 | 138 | GP | Y | 30 | 1711 |
| 29 | YAE6239 | 21611020834 | YAD7744 | YAD4300 | M | 16-10-21 | 0.639 | 1.25 | 140 | 11.3 | 0.0442 | -0.0533 | -9.7260 | -0.0660 | 0.7489 | 0.7798 | 0.7551 | 0.4584 | 0.1052 | 134 | 111 | 125 | 125 | SI | Y | 30 | 1711 |
| 30 | YAE6436 | 21612014029 | YAD8761 | YAC7727 | F | 16-11-04 | 0.631 | 1.39 | 137 | 15.0 | 0.0442 | -0.0737 | -9.9040 | 1.2920 | 0.7282 | 0.7614 | 0.7351 | 0.4065 | 0.0137 | 136 | 146 | 124 | 163 | GGP | Y | 30 | 1711 |
| 31 | YAE6357 | 21611021027 | YAD8732 | YAD9761 | F | 16-10-29 | 0.596 | 1.00 | 145 | 13.0 | 0.0439 | -0.2506 | -8.7990 | 0.7822 | 0.7152 | 0.7507 | 0.7225 | 0.3460 | 0.0105 | 146 | 142 | 146 | 154 | GGP | Y | 30 | 1711 |
| 32 | YAE6142 | 21611021020 | YAD8732 | YAD9760 | F | 16-10-15 | 0.647 | 1.75 | 140 | 12.5 | 0.0407 | 0.1364 | -8.4000 | 0.1993 | 0.7324 | 0.7648 | 0.7387 | 0.4008 | 0.0376 | 120 | 107 | 108 | 130 | GP | Y | 30 | 1711 |
| 33 | YAE6360 | 21611020780 | YAD9399 | YAD2288 | F | 16-10-29 | 0.699 | 1.58 | 129 | 12.5 | 0.0405 | 0.0839 | -9.5550 | 0.3062 | 0.7225 | 0.7594 | 0.7297 | 0.4335 | 0.0399 | 123 | 113 | 114 | 128 | GP | Y | 30 | 1711 |
| 34 | YAE6366 | 21611020786 | YAD9399 | YAD2288 | M | 16-10-29 | 0.750 | 1.63 | 123 | 12.5 | 0.0397 | 0.1479 | -9.1010 | 0.3062 | 0.7225 | 0.7594 | 0.7296 | 0.4335 | 0.0399 | 119 | 109 | 110 | 127 | SI | Y | 30 | 1711 |
| 35 | YAE6328 | 21611020767 | YAD8758 | YAD2368 | F | 16-10-28 | 0.628 | 1.18 | 140 | 11.0 | 0.0394 | -0.1235 | -9.0620 | 0.8091 | 0.7255 | 0.7601 | 0.7325 | 0.3955 | 0.0181 | 135 | 135 | 127 | 146 | GGP | Y | 30 | 1711 |
| 36 | YAE6306 | 21611020897 | YAD8732 | YAD4790 | M | 16-10-26 | 0.748 | 1.04 | 124 | 13.7 | 0.0392 | -0.0054 | -8.8120 | 0.4153 | 0.7348 | 0.7676 | 0.7412 | 0.4265 | 0.0448 | 128 | 119 | 118 | 133 | SI | Y | 30 | 1711 |
| 37 | YAE6240 | 21611021115 | YAD6448 | YAD9944 | F | 16-10-21 | 0.674 | 1.45 | 135 | 16.0 | 0.0389 | 0.0990 | -8.8490 | 0.5571 | 0.7300 | 0.7616 | 0.7367 | 0.3731 | 0.0275 | 127 | 122 | 124 | 142 | GP | Y | 30 | 1711 |
| 38 | YAE6072 | 21611020916 | YAD7744 | YAD7199 | F | 16-10-13 | 0.605 | 0.93 | 148 | 13.5 | 0.0388 | -0.2337 | -8.1790 | 0.1605 | 0.7261 | 0.7603 | 0.7330 | 0.3994 | 0.0283 | 141 | 124 | 138 | 132 | GGP | Y | 30 | 1711 |
| 39 | YAE6310 | 21611020940 | YAD8732 | YAD6825 | F | 16-10-27 | 0.645 | 1.40 | 138 | 12.5 | 0.0382 | 0.0061 | -8.4470 | 0.2888 | 0.7291 | 0.7631 | 0.7358 | 0.3983 | 0.0313 | 127 | 115 | 113 | 126 | GP | Y | 30 | 1711 |
| 40 | YAE6398 | 21611020991 | YAD9864 | YAD7144 | F | 16-11-02 | 0.583 | 1.77 | 146 | 10.5 | 0.0379 | 0.0407 | -8.9870 | -0.1325 | 0.7270 | 0.7620 | 0.7338 | 0.4198 | 0.0421 | 124 | 103 | 111 | 123 | SI | Y | 30 | 1711 |
| 41 | YAE6197 | 21611020957 | YAD8761 | YAD6868 | F | 16-10-20 | 0.648 | 1.44 | 139 | 10.0 | 0.0378 | -0.0597 | -8.8100 | 0.8261 | 0.7198 | 0.7543 | 0.7267 | 0.3603 | 0.0121 | 130 | 132 | 119 | 150 | GGP | Y | 30 | 1711 |
| 42 | YAE6343 | 21611020861 | YAD8732 | Y | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |

번식 육종가 보고서

| 번호 | 계열번호 | 혈통번호 | 부호 | 모호 | 표현형가 | | | | 육종가 | | | | 관측도 | | | | 근친도 | 부계 계승도 | 모계 계승도 | 모계 계승도 | 수-선발 | 암-선발 | 주사 | | | | |
|----|---------|------------|---------|---------|------|----------|-------|-------|-------|-------|--------|---------|---------|----------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|------|------|-----|-------|----|----|------|
| | | | | | 상산 | 상산 | 상산 | 상산 | 상산 | 상산 | 상산 | 상산 | 상산 | 상산 | 상산 | 상산 | | | | | | | | 상산 | 상산 | 상산 | 상산 |
| 1 | YAD1760 | 2140025217 | YAC4511 | YAB8962 | 5 | 14-07-11 | 17.00 | 15.40 | 11.00 | 4.20 | 1.7510 | 0.0245 | 0.0558 | -6.4880 | 0.6851 | 0.8299 | 0.8670 | 0.8358 | 0.0495 | 114 | 148 | 113 | 172 | GGP | Y | 30 | 1704 |
| 2 | YAD6351 | 2150011052 | YAC4644 | YAC7727 | 3 | 15-04-17 | 16.00 | 14.50 | 10.50 | 2.50 | 1.5090 | 0.0611 | -0.0791 | -13.1200 | 0.5996 | 0.7788 | 0.8145 | 0.7853 | 0.0196 | 147 | 156 | 142 | 171 | GGP | Y | 30 | 1705 |
| 5 | YAD9424 | 2150020726 | YAC9956 | YAC2170 | 1 | 16-09-16 | 17.50 | 17.50 | 13.50 | 5.00 | 1.4175 | 0.1628 | -0.1265 | -1.1791 | 0.5776 | 0.7646 | 0.8206 | 0.8206 | 0.0205 | 142 | 140 | 142 | 171 | GGP | Y | 30 | 1706 |
| 5 | YAD8958 | 2150010593 | YAC9938 | YAC2306 | 2 | 15-08-26 | 19.00 | 15.00 | 13.00 | 21.00 | 1.2290 | 0.0410 | 0.0006 | -8.7490 | 0.5540 | 0.7524 | 0.7609 | 0.7581 | 0.0383 | 129 | 140 | 133 | 157 | GGP | Y | 30 | 1706 |
| 6 | YAD6681 | 2150040178 | YAC9005 | YAC1082 | 2 | 15-05-08 | 17.00 | 15.00 | 10.00 | 0.00 | 1.1940 | 0.0569 | -0.0808 | -12.1900 | 0.5981 | 0.7624 | 0.7938 | 0.7688 | 0.0141 | 143 | 147 | 140 | 164 | GGP | Y | 30 | 1707 |
| 7 | YAD6268 | 2150011048 | YAC4644 | YAC7845 | 3 | 15-04-16 | 16.00 | 15.00 | 9.50 | 2.50 | 1.1910 | 0.0649 | -0.1592 | -13.2700 | 0.6019 | 0.7811 | 0.8164 | 0.7875 | 0.0339 | 154 | 153 | 153 | 161 | GGP | Y | 30 | 1703 |
| 8 | YAD1917 | 2140002528 | YAC0500 | YAB8999 | 5 | 14-07-18 | 14.50 | 13.75 | 10.25 | 3.50 | 1.1250 | -0.0032 | -0.1474 | -2.3560 | 0.6527 | 0.8213 | 0.8574 | 0.8271 | 0.0294 | 108 | 133 | 107 | 145 | GGP | Y | 30 | 1707 |
| 9 | YAD1701 | 2141203255 | YAC4511 | YAC2365 | 4 | 14-11-06 | 15.00 | 14.00 | 11.33 | 3.33 | 1.1010 | 0.0394 | -0.0464 | -8.8250 | 0.6191 | 0.7855 | 0.8191 | 0.7922 | 0.0359 | 131 | 138 | 135 | 156 | GGP | Y | 30 | 1703 |
| 10 | YAD1633 | 2140002592 | YAC4511 | YAC2274 | 5 | 14-07-03 | 15.75 | 15.00 | 8.25 | 7.75 | 1.0980 | 0.0289 | -0.0207 | -7.4160 | 0.6521 | 0.8198 | 0.8553 | 0.8257 | 0.0314 | 121 | 133 | 123 | 152 | GGP | Y | 30 | 1705 |
| 11 | YAD6267 | 2150101392 | YAC4644 | YAC2517 | 4 | 14-12-12 | 16.25 | 14.75 | 10.75 | 3.50 | 1.0770 | 0.0527 | 0.0169 | -12.0600 | 0.6517 | 0.7857 | 0.8175 | 0.7922 | 0.0168 | 136 | 138 | 127 | 155 | GGP | Y | 30 | 1708 |
| 12 | YAD6623 | 2150040196 | YAC9005 | YAC2181 | 3 | 15-05-02 | 16.50 | 14.00 | 10.00 | 0.00 | 1.0620 | 0.0880 | -0.0313 | -14.1800 | 0.6255 | 0.8047 | 0.8398 | 0.8103 | 0.0481 | 149 | 145 | 143 | 158 | GGP | Y | 30 | 1707 |
| 13 | YAC6160 | 2130002340 | YAB8329 | YAB7732 | 6 | 13-08-09 | 14.80 | 13.60 | 10.80 | 1.80 | 1.0230 | 0.0254 | 0.0537 | -7.2010 | 0.6917 | 0.8419 | 0.8756 | 0.8477 | 0.0602 | 115 | 128 | 111 | 144 | GGP | Y | 30 | 1707 |
| 14 | YAD6531 | 2150010275 | YAC7453 | YAB6832 | 3 | 15-04-30 | 14.50 | 12.50 | 10.50 | 2.00 | 0.9605 | 0.0358 | -0.2371 | -8.8130 | 0.5744 | 0.7819 | 0.8170 | 0.7885 | 0.0199 | 140 | 144 | 141 | 150 | GGP | Y | 30 | 1704 |
| 15 | YAD8980 | 2150010595 | YAC9938 | YAD2004 | 2 | 15-08-26 | 20.00 | 17.00 | 10.00 | 5.00 | 0.9797 | 0.0468 | -0.0472 | -9.5550 | 0.5421 | 0.7697 | 0.8009 | 0.7757 | 0.0277 | 136 | 138 | 140 | 160 | GGP | Y | 30 | 1707 |
| 16 | YAD2308 | 2140027891 | YAB8237 | YAB2919 | 5 | 14-08-08 | 14.20 | 13.20 | 10.80 | 3.80 | 0.9761 | 0.0363 | -0.0364 | -9.6680 | 0.7012 | 0.8353 | 0.8702 | 0.8408 | 0.0500 | 128 | 134 | 121 | 148 | GGP | Y | 30 | 1706 |
| 17 | YAD9400 | 2151000754 | YAD1617 | YAB8362 | 2 | 15-09-18 | 14.00 | 13.50 | 10.50 | 2.50 | 0.9360 | 0.0297 | -0.0438 | -6.6090 | 0.5948 | 0.7605 | 0.7875 | 0.7660 | 0.0447 | 124 | 132 | 133 | 150 | GGP | Y | 30 | 1707 |
| 18 | YAD6449 | 2150011011 | YAC4644 | YAC5634 | 3 | 15-04-23 | 13.00 | 13.00 | 11.00 | 2.50 | 0.9271 | 0.0440 | 0.0819 | -10.2700 | 0.6007 | 0.7819 | 0.8168 | 0.7862 | 0.0164 | 125 | 129 | 116 | 148 | GGP | Y | 30 | 1704 |
| 19 | YAD9214 | 2151000757 | YAC9938 | YAB8319 | 2 | 15-09-09 | 15.00 | 15.00 | 12.00 | 5.00 | 0.9119 | 0.0424 | -0.0044 | -8.3500 | 0.5623 | 0.7813 | 0.8108 | 0.7873 | 0.0321 | 130 | 132 | 133 | 159 | GGP | Y | 30 | 1705 |
| 20 | YAD6108 | 2150010589 | YAC4644 | YAC7573 | 3 | 15-04-03 | 14.00 | 12.00 | 11.00 | 2.00 | 0.9049 | 0.0518 | 0.1086 | -11.5200 | 0.6038 | 0.7781 | 0.8106 | 0.7843 | 0.0154 | 130 | 128 | 122 | 151 | GGP | Y | 30 | 1704 |
| 21 | YAD6367 | 2150011061 | YAC4644 | YAC7838 | 3 | 15-04-18 | 12.50 | 12.00 | 11.00 | 2.00 | 0.8476 | 0.0445 | -0.0095 | -10.5600 | 0.6047 | 0.7877 | 0.8232 | 0.7939 | 0.0213 | 132 | 132 | 124 | 149 | GGP | Y | 30 | 1705 |
| 22 | YAD6768 | 2150040617 | YAC9005 | YAD1201 | 2 | 15-05-12 | 13.50 | 12.00 | 11.00 | 0.00 | 0.8423 | 0.0391 | 0.0051 | -9.8350 | 0.5966 | 0.7523 | 0.7826 | 0.7587 | 0.0199 | 127 | 129 | 120 | 150 | GGP | Y | 30 | 1705 |
| 23 | YAD1392 | 2140070240 | YAB9600 | YAB8351 | 5 | 14-06-13 | 12.50 | 12.00 | 10.75 | 4.25 | 0.7938 | 0.0423 | 0.0716 | -9.0600 | 0.6481 | 0.8050 | 0.8400 | 0.8111 | 0.0152 | 125 | 128 | 129 | 143 | GGP | Y | 30 | 1704 |
| 24 | YAD9726 | 2151001816 | YAD1183 | YAD2102 | 2 | 15-10-08 | 15.00 | 12.00 | 10.00 | 2.50 | 0.7796 | 0.0407 | 0.0854 | -9.8410 | 0.6013 | 0.7827 | 0.8265 | 0.8048 | 0.0139 | 120 | 138 | 131 | 161 | GGP | Y | 30 | 1706 |
| 25 | YAD6485 | 2150010595 | YAC9938 | YAC8013 | 3 | 15-04-25 | 12.00 | 11.50 | 11.00 | 2.50 | 0.7725 | 0.0413 | -0.1629 | -9.8430 | 0.5925 | 0.7719 | 0.8030 | 0.7782 | 0.0372 | 139 | 137 | 135 | 149 | GGP | Y | 30 | 1704 |
| 26 | YAD6604 | 2150040223 | 474 | YAC2517 | 3 | 15-05-02 | 15.67 | 14.33 | 11.33 | 3.33 | 0.7654 | 0.0541 | -0.0959 | -8.6760 | 0.5794 | 0.7563 | 0.7924 | 0.7639 | 0.0000 | 130 | 131 | 123 | 144 | GGP | Y | 30 | 1706 |
| 27 | YJA1904 | 2160102260 | 3179 | 3181 | 1 | 15-12-05 | 21.00 | 18.00 | 13.00 | 0.00 | 0.7392 | 0.0154 | -0.0212 | -3.7570 | 0.4167 | 0.7078 | 0.7481 | 0.7150 | 0.0000 | 113 | 122 | 113 | 123 | GP | Y | 31 | 1701 |
| 28 | YAD9141 | 2151000736 | YAC8376 | YAC7732 | 2 | 15-09-05 | 13.00 | 12.00 | 13.00 | 5.00 | 0.7302 | 0.0120 | -0.0501 | -8.6230 | 0.5402 | 0.7742 | 0.8059 | 0.7806 | 0.0548 | 112 | 122 | 115 | 148 | GP | Y | 30 | 1705 |
| 29 | YAD1735 | 2140023353 | YAC0971 | YAC0281 | 5 | 14-07-10 | 15.40 | 14.40 | 10.80 | 5.60 | 0.7472 | 0.0358 | -0.1379 | -8.9050 | 0.6991 | 0.8377 | 0.8749 | 0.8454 | 0.0373 | 134 | 131 | 132 | 147 | GGP | Y | 30 | 1705 |
| 30 | YAC6625 | 2131000773 | YAB6184 | YAB5346 | 7 | 13-09-06 | 14.50 | 12.67 | 11.17 | 6.50 | 0.7073 | 0.0514 | 0.1303 | -11.0600 | 0.7284 | 0.8600 | 0.8929 | 0.8653 | 0.0369 | 129 | 123 | 125 | 141 | GGP | Y | 30 | 1706 |
| 31 | YAD4321 | 2150101378 | YAC4644 | YAC3358 | 4 | 14-12-19 | 14.50 | 12.00 | 10.75 | 3.25 | 0.7069 | 0.0183 | -0.0758 | -6.2020 | 0.6524 | 0.7977 | 0.8297 | 0.8038 | 0.0206 | 118 | 124 | 110 | 141 | GGP | Y | 30 | 1706 |
| 32 | YAD6680 | 2150040175 | YAC9005 | YAC1082 | 3 | 15-05-08 | 11.67 | 11.33 | 11.33 | 3.33 | 0.6839 | 0.0495 | -0.1565 | -11.1700 | 0.6247 | 0.7853 | 0.8236 | 0.7916 | 0.0141 | 144 | 136 | 141 | 152 | GGP | Y | 30 | 1707 |
| 33 | YAD1989 | 2140023649 | YAB8237 | YAC3900 | 5 | 14-07-20 | 15.00 | 13.50 | 11.00 | 3.25 | 0.6770 | 0.0475 | 0.1524 | -10.9300 | 0.6642 | 0.8077 | 0.8429 | 0.8138 | 0.0163 | 122 | 118 | 109 | 139 | GP | Y | 30 | 1708 |
| 34 | YAD626 | 2151000897 | 3498 | 3552 | 2 | 15-08-01 | 20.00 | 18.00 | 12.50 | 2.00 | 0.6720 | 0.0355 | 0.0476 | -7.3390 | 0.4782 | 0.7294 | 0.7612 | 0.7286 | 0.0000 | 122 | 122 | 131 | 120 | GGP | Y | 31 | 1701 |
| 35 | YAE1776 | 2160202306 | 3525 | YAC7727 | 1 | 16-01-29 | 8.00 | 7.00 | 13.00 | 0.00 | 0.6635 | 0.0701 | -0.1669 | -12.6100 | 0.5143 | 0.7341 | 0.7653 | 0.7406 | 0.0000 | 159 | 142 | 162 | 145 | GGP | Y | 30 | 1706 |
| 36 | YAD6360 | 2150011141 | YAC4644 | YAD0509 | 3 | 15-04-17 | 12.00 | 11.50 | 11.00 | 2.00 | 0.6591 | 0.0267 | 0.0202 | -7.6590 | 0.6191 | 0.7912 | 0.8249 | 0.7971 | 0.0719 | 118 | 121 | 109 | 140 | GP | Y | 30 | 1704 |
| 37 | YAD4455 | 2150011015 | YAC4644 | YAC5634 | 3 | 15-04-23 | 10.50 | 10.50 | 10.00 | 2.50 | 0.6557 | 0.0507 | 0.0686 | -11.3600 | 0.6007 | 0.7872 | 0.8242 | 0.7934 | 0.0164 | 131 | 125 | 124 | 139 | GGP | Y | 30 | 1704 |
| 38 | YAD6221 | 2150010811 | YAC0500 | YAC0481 | 3 | 15-04-10 | 14.50 | 10.00 | 11.00 | 2.00 | 0.6444 | 0.0974 | -0.1222 | -11.9000 | 0.5997 | 0.7896 | 0.8246 | 0.7955 | 0.0190 | 147 | 136 | 151 | 144 | GGP | Y | 30 | 1704 |
| 39 | YAD4666 | 2150201747 | YAC0994 | YAC7570 | 3 | 15-01-09 | 12.67 | 12.33 | 11.00 | 8.00 | 0.6403 | 0.0752 | -0.0350 | -14.7700 | 0.6232 | 0.7725 | 0.8054 | 0.7776 | 0.0613 | 154 | 136 | 149 | 143 | GGP | Y | 30 | 1705 |
| 40 | YAD4054 | 2141203250 | YAC3078 | YAC2309 | 4 | 14-11-27 | 13.33 | 13.33 | 13.33 | 3.00 | 0.6068 | 0.0972 | -0.0448 | -17.7200 | 0.6315 | 0.8160 | 0.8539 | 0.8221 | 0.0307 | 170 | 142 | 168 | 147 | GGP</ | | | |

제 8 절 유전체 정보를 적용하기 위한 산업용 모델 개발

1. 전장 유전체 분석 (Genome-wide Association Study: GWAS)을 통한 돼지 요크셔종의 산육형질 및 번식형질에 관련된 양적형질좌위 탐색

가. 연구 수행 내용

- 돼지 요크셔 품종에 대하여 산육형질(일당증체량, 90kg 도달일령, 등지방두께 및 정육율) 및 번식형질 (총산자수, 생존산자수, 발정재귀일 및 이유두수) 에 관련된 유의한 마커 및 유전자를 발굴하기 위하여 전장 유전체 관련성 분석 (GWAS)을 수행하였다.

(1) 유전체 자료의 생성

- 본 연구과제 수행을 위하여 총 2,681두에 대하여 Illumina PorcineSNP60 version 2 (Illumina, Inc., San Diego, CA) SNP 패널을 이용하여 유전체 자료를 생성하였으며, SNP 패널로 부터 61,565 SNP 마커 정보를 생성하였다. 최종적으로 분석에 이용된 SNP 마커의 수는 맵 정보가 없는 SNP 마커, 성염색체 상에 존재하는 SNP 마커 및 call rate 가 0.95 이하인 SNP 마커를 제외하고 47,697개의 마커를 이용하였다. 그리고, 유전체 자료 중에서 중복하여서 지노타이핑이 되어진 개체 60두 중에서 상대적으로 call rate가 낮은 30두를 제외하였으며, 친자 감별 테스트를 통하여 유전체 정보와 혈통 정보가 일치하지 않는 개체 244두를 최종적인 분석에서 제외하였다. 또한, 개체 식별번호가 확인 되지 않는 개체를 제외하였으며, 최종적으로 1,833두의 유전체 정보 자료를 이용하여 분석하였다. SNP 마커 자료중에서는 0.27% 정도의 결측치가 존재하였으며, 이는 FImpute 프로그램 (Sargolzaei et al., 2014)을 이용하여 결측치를 추정하여 최종적인 유전체 자료를 생성하고 분석에 이용될 수 있는 축군을 구축하였다.

(2) 표현형 자료 생성

- 유전 모수 및 분산 성분 추정과 모든 개체들에 대한 육종가 및 정확도를 추정하기 위하여 다형질 개체 모형을 이용하였으며, 이는 ASREML 4.1 소프트웨어 (Gilmour et al., 2015)를 이용하여 추정하였다. 추정된 육종가와 정확도를 이용하여 부모의 효과가 제외된 DEBV (Deregressed Estimated Breeding Value)를 전장 유전체 관련성 분석에 반응변수로 사용하기 위하여 재추정하였다. 또한, 새롭게 추정된 반응변수 (DEBV)는 개체마다 각기 다른 정확도를 가지고 있기 때문에, 이러한 이질적 분산 (heterogeneous

variance)을 설명하기 위하여 가중치 (weighting factor)를 아래와 같은 공식 (Garrick et al., 2009)을 가지고 최종 모형 식에 적용하였다.

$$\omega_i = \frac{(1 - h^2)}{c + [(1 - r_i^2)/r_i^2]h^2}$$

여기서, r_i^2 는 반응 변수 (DEBV)의 정확도, h^2 는 각 형질 별로 추정된 유전력, c 는 SNP 마커 정보로 설명되어 질 수 없는 유전적 분산의 비율이며, 0.4 수준으로 가정 (Saatchi et al., 2012).

- 최종적으로 반응 변수를 DEBV로 변환한 후에 정확도가 0.01 이하인 개체들을 제거한 후 유전체 및 표현형 (DEBV) 자료가 확보된 참조 축군 1,596두 이용하여 GWAS 분석을 수행하였다.

(3) GWAS 분석을 위한 통계 모형 (Bayesian method)

- 산육형질 및 번식형질들에 대한 유의한 SNP 마커 및 영역을 탐색하기 위하여 GenSel4R (Garrick and Fernando, 2013) 프로그램을 이용하였으며, 아래의 통계 모형을 이용하여 BayesB ($\pi=0.99$) 방법으로 추정하였다. BayesB 방법은 각각의 SNP 마커마다 틀린 분산을 갖게 되며, π 값의 설정에 따라서 SNP 마커의 효과를 '0'으로 가정하는 mixture model을 이용한다.

$$y_i = \mu + \sum_{j=1}^k Z_{ij}u_j\delta_j + \epsilon_i$$

여기서, y_i 는 반응 변수 (Deregressed EBV), μ 는 전체 집단 평균, k 는 SNP 마커의 수, Z_{ij} 는 i 번째 개체의 j 번째 마커의 allele state (0,1,2), u_j 는 SNP 마커의 효과, δ_j 는 SNP 마커가 모델 상에서 존재 유무 (0 or 1)를 나타낸다.

- SNP 마커의 효과 및 분산 (깁스 샘플링을 이용하여 얻어진 모수 및 효과의 사후 분포)을 추정하기 위하여 총 110,000번의 마르코프체인-몬테카를로 (Markov chain Monte Carlo: MCMC) iteration 중에 초기 10,000번의 iteration은 burn-in 구간으로 제외하였으며, SNP 마커 효과 및 분산 5번째 iteration만을 추출하여 사후 평균으로 SNP 마커 효과 및 분산을 추정하였다. 이는 마르코프체인 상에서 자기 상관 (Auto-correlation)이 발생하기 때문에 이로 인한 편의 발생을 사전에 방지하기 위하여 위와 같은 방법으로 추정하였다.

(4) 유의적인 효과를 가진 SNP 마커 및 영역 탐색

- GWAS 분석을 통하여 유의적인 1-Mb 영역을 탐색하기 위해서 SNP 마커로 설명될 수 있는 전체 유전 분산 중에서 1.0% 이상 상가적 유전 분산 설명력을 가진 영역을 유의적인 효과를 지닌 영역으로 기준점 (threshold)을 설정 하였으며, Bayes Factor (BF) 통계량은 각 형질에 유의적인 효과를 지닌 SNP 마커를 선별하기 위하여 추정 및 이용하였다.

나. 연구 수행 결과

- [표 3-76, 77]에서는 총 8개의 산육형질 및 번식형질에 관련된 유의적으로 연관을 가진 영역 및 SNP 마커에 대한 결과를 제시하였으며, Manhattan 플롯은 [그림 3-64~71]에 8개의 형질에 대하여 나타내었다.

(1) 산육형질에 연관된 유의적인 영역 및 SNP 마커 탐색

- 본 연구 결과에 따르면, 염색체 17번의 17Mb 영역에서 상가적 유전 분산이 각각 1.88%와 2.22%로 일당증체량과 90kg 도달일령의 형질에서 가장 유의한 영역으로 추정되었다. 염색체 17번의 17Mb 영역 내에서도 17.55Mb에 위치하고 있는 SNP 마커 (INRA0052808)는 Bayes factor가 각각 일당증체량과 90kg도달일령에 대하여 298.75와 764.87 수준으로 아주 높은 유의성을 가지고 있는 것으로 추정되었다. 염색체 17번의 17Mb 영역에는 성장 형질에 연관성을 가진 BMP2 유전자가 위치해 있는 것으로 밝혀져 있으며, 본 연구 수행 결과와 기존의 문헌 (Fan et al., 2011)과 일치되는 결과를 나타내었다. 이 외에도 염색체 5번 93Mb영역에서도 일당증체량 및 90Kg 도달일령에 유의적인 효과를 가진 SNP 마커를 밝혀내었다[표 1-88과 그림 3-57, 3-58 참고].
- 본 연구과제 수행을 통하여 등지방두께 및 정육율에 관련하여 염색체 2, 4, 5, 6, 7, 8, 14, 15 및 16번에서 총 12개의 유의적인 영역과 15개의 QTL이 탐색되었다. 가장 유의성이 높은 영역은 염색체 2번의 162Mb 영역에서 두 개의 QTL(ASGA0084103, ASGA0085784)이 탐색되었으며, 각각 등지방두께 및 정육율에 대하여 3.51%와 5.87%의 높은 상가적 유전 분산 설명력이 추정되었다. 또한 염색체 2번의 시작되는 지점에서 두 개의 QTL (ASGA0097367, ASGA0098481)이 탐색되었으며, 각각 등지방두께 및 정육율에 대하여 2.68%와 4.48%의 상가적 유전 분산 설명력이 추정되었다 ([표 3-76]와 [그림 3-59, 3-60] 참고). 이 중에서 ASGA0097367 SNP 마커는 1268.40의 Bayes factor가 추정되어 가장 유의성이 높은 SNP 마커로 추정되었다. 이전의 연구 결과 (Van Laere et al., 2003)를 살펴보면, 염색체 2번의 시작되는 영역에는 IGF2 유전자가 존재하고 있으며, 이 유전자는 근육의 발달 및 등지방두께 많은 연관성이 존재하는 것으로 알려져 있어, 본

연구 결과와 일치함을 보여주었다. 이 외에도 염색체 2번의 76Mb 영역 또한 두 개의 성장 형질에 모두 높은 상가적 유전 분산이 추정되어 연관성이 있는 것으로 밝혀졌으며, 염색체 5번의 65Mb 영역에 존재하는 ALGA0114229 SNP 마커 등지방두께 형질에 연관되어 높은 Bayes factor (304.09)가 추정되어 잠재적인 QTL 후보임을 밝혀내었다[표 3-76과 그림 3-59, 3-60 참고].

(2) 번식형질에 연관된 유의적인 영역 및 SNP 마커 탐색

- 번식형질에 관련하여 상대적으로 아주 적은 유의적인 영역과 QTL이 탐색되었으며, 염색체 1, 12 및 16번에 존재하는 5개의 유의적인 영역과 총 6개의 유의적인 QTL이 탐색되었다[표 3-77]과 [그림 3-61, 3-62] 참고). 이러한 결과는 상대적으로 유전체 분석에 이용될 수 있는 데이터의 수가 산육형질에 비하여 적었으며, 번식 형질들에 대한 표현형 자료의 정확성 문제 및 상대적으로 작은 유전력을 가지고 있기 때문인 것으로 사료된다 [표 3-75].

(3) 결론

- 본 연구 결과로부터 산육형질에 연관된 유의적인 영역 및 QTL들을 탐색하였으며, 기존의 연구 결과와 일치 하는 QTL뿐만이 아니라 노블한 영역에서도 연관성이 높은 QTL들이 밝혀진 만큼 그러한 영역들에 대한 타겟 시퀀싱을 통하여 더욱 유의성이 높은 QTL들을 찾아내는 차후 연구가 수반되어야 할 것으로 사료된다. 또한, 성장 형질에 높은 유의성을 보인 두 영역에서는 QTL들이 한 개만 존재하지 않는 것으로 추정되었다. 이는 유의적인 영역 내에서 정확한 QTL (real QTL)이 아직 밝혀지지 않은 상태로 정확한 QTL과 LD가 높은 SNP 마커들의 유의성이 높게 추정된 것으로 사료되어, 이러한 영역 역시 시퀀싱을 통한 정확한 QTL을 탐색할 필요성이 있다. 번식 형질에 대해서는 현재 상용화되어 있는 SNP 패널 (Illumina PorcineSNP60) 안에 번식형질에 관련된 정확한 QTL들이 많이 포함되어 있지 않는 것으로 사료되며, 번식형질에 관련된 다른 QTL들에 대한 유전체 정보 역시 확보가 시급한 것으로 사료된다. 이와 같이 각각의 경제 형질들에 관련된 QTL들의 유전체 정보가 많이 담긴 SNP 패널 확보를 통하여 더욱 정확한 유전체 육종가를 추정할 수 있을 것으로 기대할 수 있다.

[표 3-75] 요크셔종의 산육형질과 번식 형질에 대한 분산 성분 및 유전력 추정

| Trait ¹ | Additive genetic variance | Phenotypic variance | Heritability |
|--------------------|---------------------------|---------------------|--------------|
| BFAT | 2.93 | 6.99 | 0.36 |
| ADG | 0.12 | 0.35 | 0.42 |
| DAYS | 0.44 | 1.26 | 0.35 |
| PCL | 3.48 | 8.33 | 0.42 |
| LTTNB | 0.76 | 7.20 | 0.11 |
| LTNBA | 0.73 | 7.07 | 0.10 |
| WEI | 0.15 | 1.86 | 0.08 |
| NPW | 0.04 | 1.57 | 0.03 |

¹BFAT = backfat thickness; ADG = average daily gain; DAYS = days to 90Kg body weight; PCL = lean percent; LTTNB = lifetime total number of born; LTNBA = lifetime number of born alive; WEI = weaning to estrus interval; NPW = number of piglets weaned

[표 3-76] 산육형질에 연관된 주요 유전자의 영역 및 주요 SNP 마커

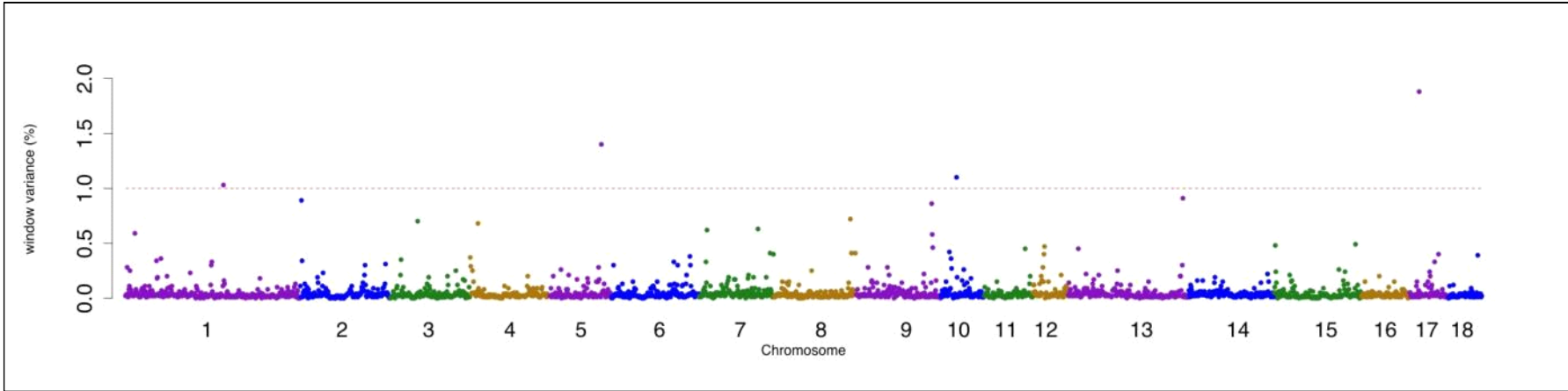
| Trait ¹ | SSC_Mb | GV% | Informative SNPs | Position (Mb) | Effect | BF | Region annotation | Gene annotation |
|--------------------|--------|-------------|------------------|---------------|--------|------------|-------------------------------------|---|
| BFAT | 2_162 | 3.51 | ASGA0084103 | 162.15 | 0.092 | 57.20 | intronic | COX8H, IFITM2, IFITM3 |
| | | | ASGA0085784 | 162.30 | 0.085 | 49.58 | intronic | IFITM2, IFITM3 |
| | 2_76 | 2.87 | MARC0048160 | 76.09 | -0.076 | 41.77 | intergenic | GNA11(dist=3121), THOP1(dist=278492) |
| | | | MARC0030590 | 76.32 | -0.056 | 28.00 | intergenic | GNA11(dist=227056), THOP1(dist=54557) |
| | 2_0 | 2.68 | ASGA0097367 | 0.37 | 0.132 | 141.12 | intergenic | IRF7(dist=63158), PHLDA2(dist=62536) |
| | | | ASGA0098481 | 0.92 | 0.039 | 34.24 | intergenic | NAP1L4(dist=452192), FADD(dist=644399) |
| | 15_132 | 2.31 | INRA0050241 | 132.56 | 0.126 | 244.75 | intergenic | LOC100738836(dist=879831), ARPC2(dist=791438) |
| | 5_65 | 2.15 | ALGA0114229 | 65.63 | 0.146 | 304.09 | intergenic | MFAP5(dist=49502), CD163L1(dist=347959) |
| | 14_142 | 1.13 | ALGA0082467 | 142.22 | -0.084 | 126.10 | intergenic | MCMBP(dist=953163), FGFR2(dist=277982) |
| | 8_11 | 1.08 | MARC0034108 | 11.32 | 0.040 | 40.69 | intergenic | CD38(dist=542438), QDPR(dist=1008577) |
| 14_4 | 0.89 | ALGA0074404 | 4.23 | 0.078 | 136.21 | intergenic | SYK(dist=1355883), LPL(dist=230942) | |
| 16_79 | 0.93 | ALGA0091967 | 79.94 | -0.077 | 133.50 | intergenic | TNP1(dist=1618306) | |
| ADG | 17_17 | 1.88 | INRA0052808 | 17.55 | 0.030 | 298.75 | intergenic | BMP2(dist=135846), HAO1(dist=1265868) |
| | 5_93 | 1.40 | DRGA0006163 | 93.83 | 0.025 | 209.22 | intergenic | SOCS2(dist=113304), BTG1(dist=1259303) |
| | 10_28 | 1.10 | ALGA0057938 | 28.94 | -0.020 | 89.32 | intergenic | TNNI1(dist=728658), ADIPOR1(dist=328094) |
| | 1_177 | 1.03 | ALGA0006599 | 177.01 | 0.015 | 54.25 | intergenic | SERPINB10(dist=1651991), RNF152(dist=58137) |
| | 2_2 | 0.89 | M1GA0002244 | 28.34 | -0.017 | 103.16 | intronic | CPT1A |
| DAYS | 17_17 | 2.22 | INRA0052808 | 17.55 | -0.065 | 764.87 | intergenic | BMP2(dist=135846), HAO1(dist=1265868) |
| | 5_93 | 1.12 | DRGA0006163 | 93.83 | -0.032 | 111.06 | intergenic | SOCS2(dist=113304), BTG1(dist=1259303) |
| PCL | 2_162 | 5.87 | ASGA0085784 | 162.30 | -0.212 | 154.00 | intronic | IFITM2, IFITM3 |
| | | | ASGA0084103 | 162.15 | -0.130 | 61.09 | intronic | COX8H, IFITM2, IFITM3 |
| | 2_0 | 4.48 | ASGA0097367 | 0.37 | -0.287 | 1268.40 | intergenic | IRF7(dist=63158), PHLDA2(dist=62536) |
| | 2_76 | 1.49 | MARC0048160 | 76.09 | 0.053 | 25.20 | Intergenic | GNA11(dist=3121), THOP1(dist=278492) |
| | 15_132 | 1.37 | INRA0050241 | 132.56 | -0.078 | 77.91 | intergenic | LOC100738836(dist=879831), ARPC2(dist=791438) |
| | 5_65 | 1.28 | ALGA0114229 | 65.64 | -0.362 | 214.29 | Intergenic | MFAP5(dist=49502), CD163L1(dist=347959) |
| | 6_157 | 1.15 | M1GA0009131 | 157.39 | -1.745 | 221.80 | Intergenic | GUCA2B(dist=903014), MIR30C-1(dist=85847) |
| | 14_4 | 1.06 | ALGA0074404 | 4.23 | -0.121 | 281.92 | Intergenic | SYK(dist=1355883), LPL(dist=230942) |
| | 7_18 | 0.99 | MARC0003814 | 18.13 | 1.500 | 205.05 | intergenic | ID4(dist=1948801), PRL(dist=284338) |
| | 4_42 | 0.86 | INRA0013856 | 42.84 | 0.131 | 110.57 | intronic | CPQ |

¹BFAT = backfat thickness; ADG = average daily gain; DAYS = days to 90Kg body weight; PCL = lean percent;

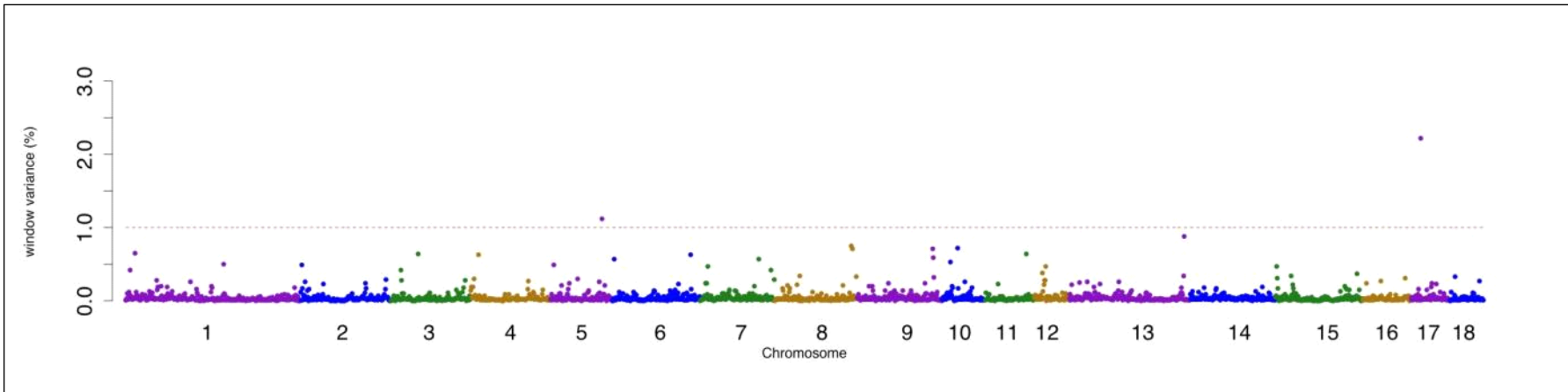
[표 3-77] 번식형질에 연관된 주요 유전자의 영역 및 주요 SNP 마커

| Trait ¹ | SSC_Mb | GV% | Informative SNPs | Position (Mb) | Effect | BF | Region annotation | Gene annotation |
|--------------------|--------|------|------------------|---------------|--------|--------|-------------------|--|
| LTTNB | 16_78 | 1.45 | ASGA0074339 | 78.56 | 0.057 | 79.31 | intergenic | TNIP1 (dist=236491) |
| | 1_9 | 1.13 | DIAS0003564 | 9.86 | -0.044 | 53.10 | intergenic | SOD2 (dist=373282), TAGAP (dist=183449) |
| | 16_44 | 1.10 | MARC0073405 | 44.88 | 0.031 | 34.12 | intergenic | RGS7BP (dist=1268524) |
| | | | ASGA0073217 | 44.83 | 0.020 | 20.38 | intergenic | RGS7BP (dist=1315507) |
| LTNBA | 1_177 | 1.38 | ASGA0004992 | 177.74 | 0.034 | 23.00 | intergenic | RNF152 (dist=679283), MC4R (dist=808927) |
| WEI | 12_57 | 1.96 | ASGA0092942 | 57.41 | -0.024 | 100.20 | intergenic | NTN1 (dist=349904), GLP2R (dist=32195) |
| NPW | - | - | - | - | - | - | - | - |

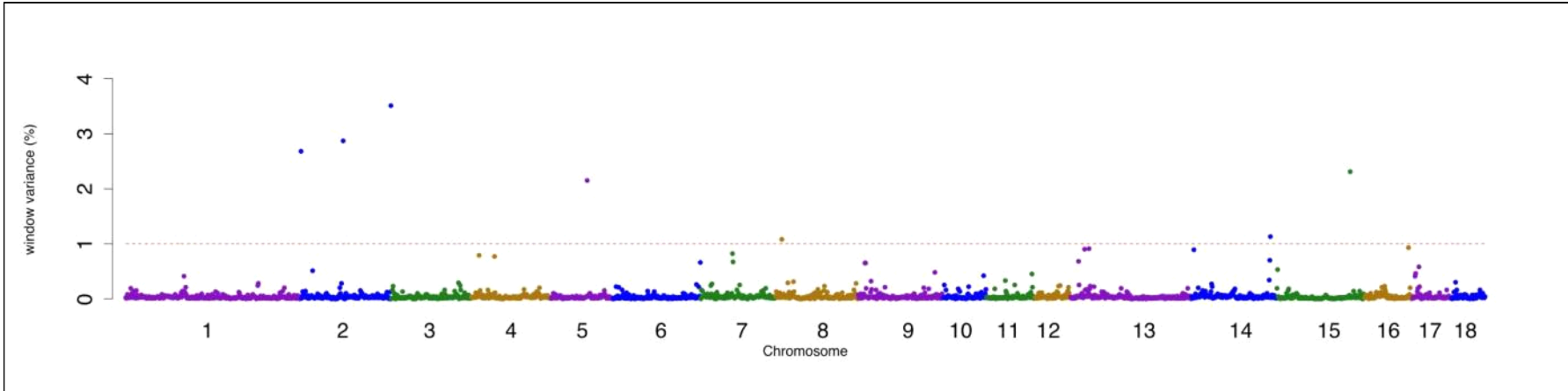
¹LTTNB = lifetime total number of born; LTNBA = lifetime number of born alive; WEI = weaning to estrus interval; NPW = number of piglets weaned



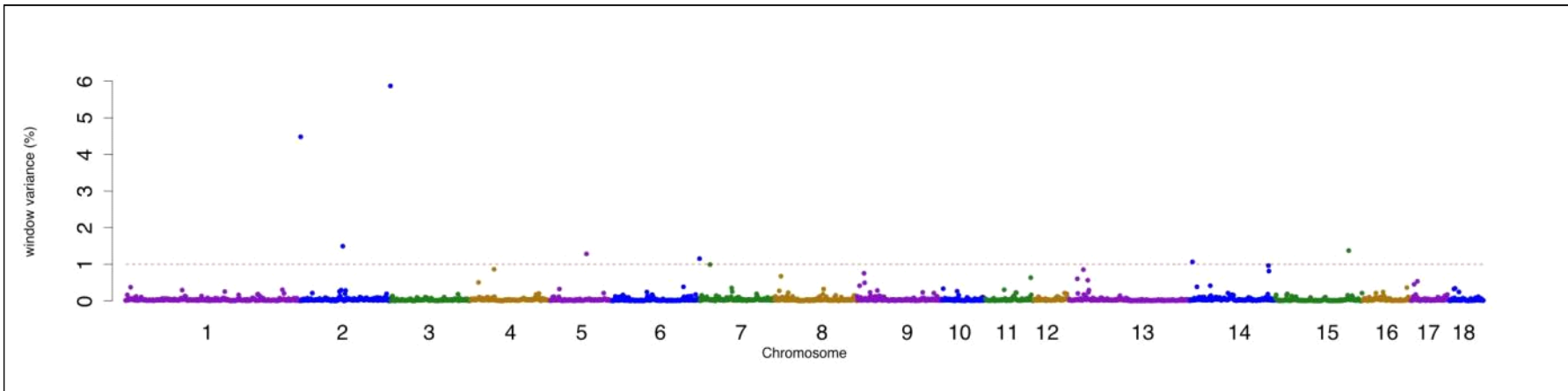
[그림 3-57] 요크셔종의 일당증체량 형질에 연관성이 있는 영역에 대한 맨하탄 플롯



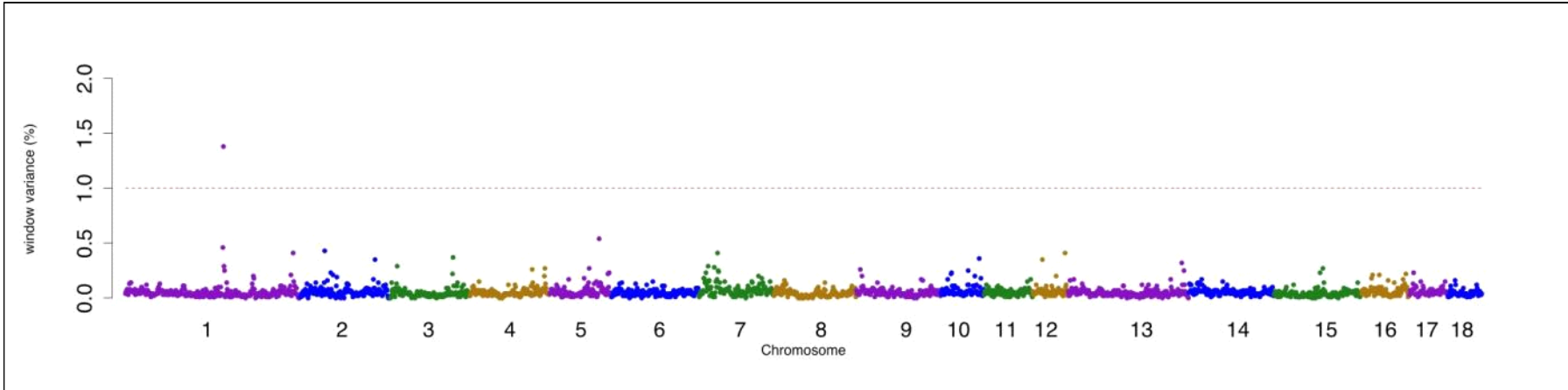
[그림 3-58] 요크셔종의 90kg 도달일령 형질에 연관성이 있는 영역에 대한 맨하탄 플롯



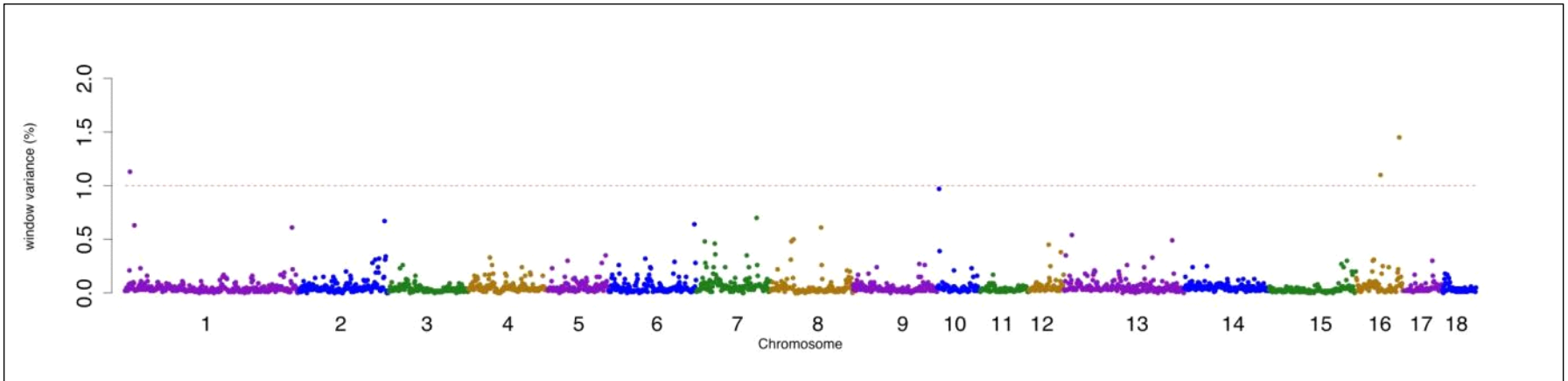
[그림 3-59] 요크셔종의 등지방두께 형질에 연관성이 있는 영역에 대한 맨하탄 플롯



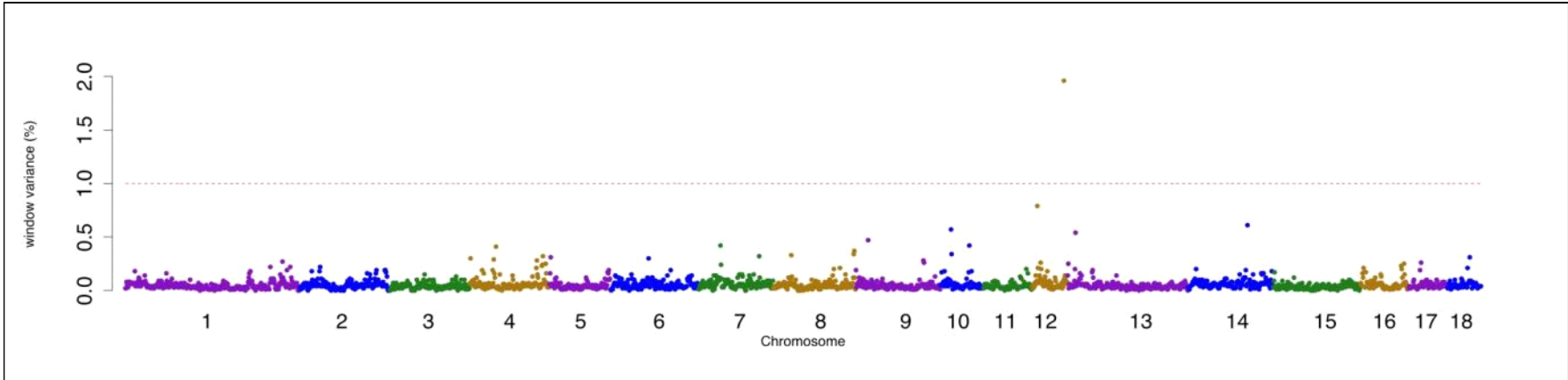
[그림 3-60] 요크셔종의 정육율 형질에 연관성이 있는 영역에 대한 맨하탄 플롯



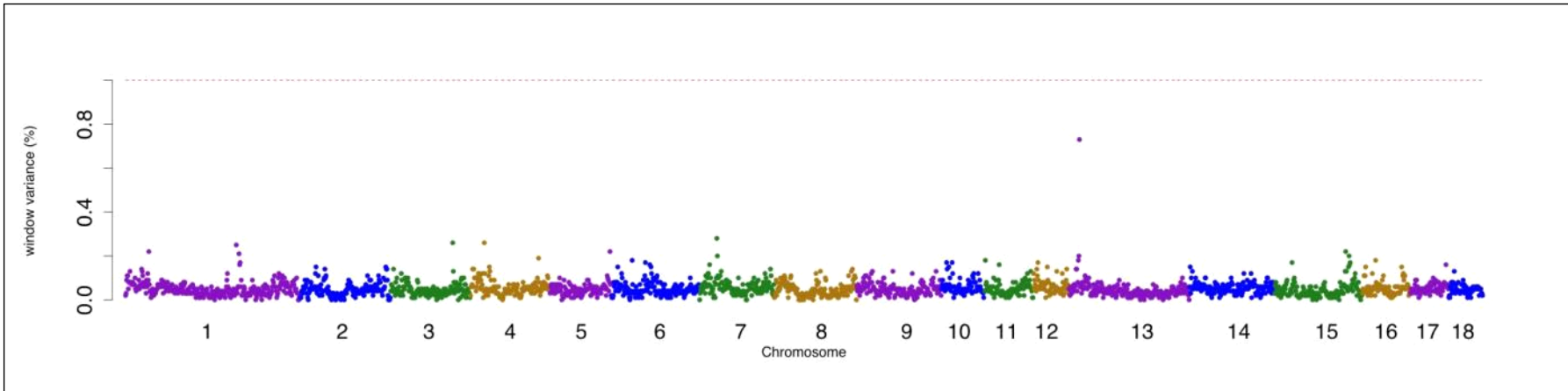
[그림 3-61] 요크셔종의 총산자수 형질에 연관성이 있는 영역에 대한 맨하탄 플롯



[그림 3-62] 요크셔종의 생존산자수 형질에 연관성이 있는 영역에 대한 맨하탄 플롯



[그림 3-63] 요크셔종의 발정재귀일 형질에 연관성이 있는 영역에 대한 맨하탄 플롯



[그림 3-64] 요크셔종의 이유두수 형질에 연관성이 있는 영역에 대한 맨하탄 플롯

2. 요크셔종의 산육형질과 번식형질에 대한 유전체 선발 (Genomic Selection) 모형

가. 연구 수행 내용

- 돼지 요크셔종에 대하여 산육형질(일당증체량, 90kg 도달일령, 등지방두께 및 정육율) 및 번식 형질 (총산자수, 생존산자수, 발정재귀일 및 이유두수)에 유전체 선발 모형을 적용하여 유전체 정확도 (Accuracy of Molecular Breeding Value)를 추정하였으며, 향후 양돈 개량을 위하여 유전체 선발 모형의 적용을 검토하였다.

(1) 유전체 자료의 생성

- GWAS 분석을 위하여 이용되었던 유전체 자료와 동일한 샘플을 유전체 선발 모형 적용을 위하여 이용하였다. 총 2,681두에 대하여 Illumina Porcine60 V2 SNP 패널을 이용하여 유전체 자료가 생성되었다. Quality control 과정을 거친 후 최종적으로 이용된 유전체 샘플은 총 1,833두였으며, GWAS 분석과 마찬가지로 FImpute 프로그램 (Sargolzaei et al., 2014)을 이용하여 유전체 자료의 결측치를 추정하여 유전체 선발 모형을 적용하였다.

(2) 표현형 자료 생성

- 유전 모수 및 분산 성분 추정과 모든 개체들에 대한 육종가 및 정확도를 추정하기 위하여 ASREML 4.1 소프트웨어 (Gilmour et al., 2015)를 이용하여 다형질 개체 모형을 적용하였으며, 2018년도 37주차까지의 요크셔종 검정 기록을 이용하여 추정하였다. GWAS 분석에서 이용된 바와 같이 반응변수를 위하여 추정된 육종가와 정확도를 이용하여 부모의 육종가 효과를 제외시킨 DEBV (Deregressed Estimated Breeding Value)를 재추정하였으며, 각 개체별 가중치 (weighting factor: w) 계산 역시 Garrick 등 (2009)이 제안한 모형 식을 적용하여 계산하였다. 최종적으로 반응 변수를 DEBV로 변환한 후에 정확도가 0.01 이하인 개체들을 제거한 후 유전체 및 표현형 (DEBV) 자료가 확보된 참조 축군 1,792두가 유전체 선발 모형에 이용되었다.

(3) Genomic Prediction을 위한 통계 모형 (Bayesian methods)

- 유전체 선발을 위한 통계 모형은 일반적으로 사용되어 지고 있는 혼합 선형 모형 (Mixed Linear Model)을 이용하였다. SNP 마커 효과들을 추정하기 위해서 앞서 GWAS

분석을 위해서 이용되었던 BayesB 방법뿐만 아니라, BayesC 방법 (Kizilkaya et al., 2010)을 이용하여 분석 비교하였다. 이용되는 모형은 두 방법에 동일하게 아래와 같은 혼합 선형 모형을 적용하였다.

$$y_i = \mu + \sum_{j=1}^k Z_{ij} u_j \delta_j + \epsilon_i$$

여기서, y_i 는 반응 변수 (Deregressed EBV), μ 는 전체 집단 평균, k 는 SNP 마커의 수, Z_{ij} 는 i 번째 개체의 j 번째 마커의 allele state (0,1,2), u_j 는 SNP 마커의 효과, δ_j 는 SNP 마커가 모델 상에서 존재 유무 (0 or 1)를 나타낸다.

- SNP 마커의 효과 및 분산 (깁스 샘플링을 이용하여 얻어진 모수 및 효과의 사후 분포)을 추정하기 위하여 총 110,000번의 마르코프체인-몬테카를로 (Markov chain Monte Carlo: MCMC) iteration 중에 초기 10,000번의 iteration은 burn-in 구간으로 제외하였으며, SNP 마커 효과 및 분5번째 iteration만을 추출하여 사후 평균으로 SNP 마커 효과 및 분산을 추정하였다. 이는 마르코프체인 상에서 자기 상관 (Auto-correlation)이 발생하기 때문에 이로 인한 편의 발생을 사전에 방지하기 위하여 위와 같은 방법으로 추정하였다.
- BayesC 방법 역시 BayesB 방법과 같이 π 값의 설정에 따라서 SNP 마커의 효과를 '0'으로 가정하는 mixture model을 이용한다. 그리고, SNP 마커 효과는 정규 분포 (Normal-distribution)를 따르게 되며, SNP 마커들은 등분산 (common variance)을 갖는다는 가정으로 샘플링이 되어진다 (Haiber et al., 2011). 반면에, BayesB 방법은 SNP 마커 효과들에 대하여 사전 분포로 t 분포 (t-distribution)를 사용하며, 각각의 SNP 마커마다 다른 분산을 갖는다는 사전 가정으로부터 샘플링이 되어진다. 위 모든 프로시저들은 GenSel4R 프로그램을 이용하여 수행되었다 (Garrick and Fernando, 2013).

(4) 5-fold 교차 검증(Cross-Validation)을 이용한 유전체 정확도(Accuracy of MBVs) 추정

- **교차 검증** : 본 연구에서는 유전체 정확도를 추정하기 위해서, 5-fold 교차 검증 방법을 이용하였으며, 교차 검증을 위하여 K-Means 클러스터링 방법을 이용하였다. K-Means 클러스터링을 통해서 참조 집단 (reference population)은 training과 validation 집단으로 나뉘지게 되며, 이때 두 집단 (training과 validation)의 혈연적인 관계는 최대한으로 적게 나타날 수 있도록 조성된다. K-Means 클러스터링 방법은 참조 집단 1,792두에 연관되어 있는 9,461두의 혈통 자료를 가지고 혈연 행렬 (Numerical Relationship Matrix: NRM)를 추정한 후에 이를 다시 Distance Matrix로 변환하여 각 그룹간의 혈연관계를 최대한으로 적게 나타날 수 있도록 적용하였다. 그

룹 내 (within group)의 a_{\max} 와 a_j 통계량이 그룹 간 (between group) a_{\max} 와 a_j 통계량보다 상대적으로 멀리 떨어져 있음을 확인할 수 있다. 이는 K-Means 클러스터링의 목적에 맞게 참조 집단이 training과 validation 집단으로 그룹핑이 되었음을 알 수 있다.

- **유전체 정확도 추정** : 본 연구에서는 유전체 정확도 추정을 위하여 K-Means 클러스터링을 통하여 군집화된 validation 그룹으로부터 추정된 유전체 육종가 (Molecular Breeding Value)와 DEBV를 이변량 개체 모형 (bivariate animal model)을 적용하여 유전적 상관을 추정하였다. 유전적 상관 추정을 위해서 ASREML version 4.1 프로그램 (Gilmour et al., 2015)을 이용하였다. 이변량 개체 모형을 위해서 유전체 육종가와 DEBV가 종속 변수로 이용되었다. 종속 변수중의 하나인 유전체 육종가 (MBV)를 위한 모형식은 회귀를 위한 고정효과, 랜덤 상가적 유전 효과와 DEBV의 표현형 분산을 0.0001%로 고정시킨 오차 분산을 포함하였으며, DEBV를 위한 모형식으로는 동일한 고정 효과와 랜덤 상가적 유전 효과를 포함하고, 에러의 분산치에 가중치 ($Var(e) = w\sigma_e^2$)를 더하여 포함하였다. 여기서 이용된 가중치 역시 앞에서 설명되었던 바와 같이 개체들마다 DEBV의 이질적인 정확도를 설명하기 위함이다. 또한, 상가적 유전 분산과 오차 분산은 앞에서 DEBV를 추정할 때와 마찬가지로 각각 0.4와 0.6으로 가정하고 추정하였다.
- **통합 유전체 육종가 (Genomic-Enhanced EBVs)를 위한 추정**: “Correlated traits” 방법을 이용하여 추정된 유전체 정확도를 기반으로 BLUP 방법에 의하여 추정된 EBV와 SNP 마커 효과들의 합으로 추정된 MBV간의 혼합 (blending)과정을 통하여 통합 유전체 육종가를 추정하게 된다. “Correlated traits” 혼합 방법은 Kachman (2008)에 의하여 제시되었으며, MacNeil et al. (2010)등이 처음으로 실제 현장에 적용하였다. 각 개체별 통합 유전체 육종가 (GE-EBVs)는 아래의 공식에 의하여 계산되어진다.

$$GE - EBV = \frac{1 - R_i^2}{(1 - r_g^2)} MBV_i + \frac{1 - r_g^2}{(1 - r_g^2 R_i^2)} EBV_i$$

$$reliability = \left[\frac{(1 - R_i^2)r_g^2 + (1 - r_g^2)R_i^2}{(1 - r_g^2 R_i^2)} \right]$$

여기서, R_i^2 는 i 번째 개체의 정확도이며, r_g^2 는 유전체 정확도 (accuracy of MBVs)이며, MBV_i 는 i 번째 개체의 유전체 육종가이며, EBV_i 는 전통적인 BLUP 방법으로 추정된 i 번째 개체의 육종가이다.

나. 연구 수행 결과

(1) 유전모수 추정 및 교차 검증을 위한 클러스터링

- [표 3-78]에는 산육형질과 번식형질들에 대한 추정된 유전 및 표현형 분산과 유전력을 나타내었다. 추정된 유전 모수를 살펴보면, 산육형질들은 중도의 유전력으로 추정되었으나, 번식형질들의 경우는 저도의 유전력으로 추정되었다. 5-fold 교차 검증을 위하여 클러스터링 되어진 그룹들에 대한 그룹별 개체 수, 근교계수 및 혈연 통계량 (a_{max} 와 a_{ij})은 [표 3-79]에 나타내었다.

(나) 유전체 정확도 (Accuracy of MBV)

- [표 3-80]에서는 산육형질과 번식형질들에 대하여 Bayesian 방법 (BayesB와 BayesC)을 이용하여 추정된 유전체 정확도를 나타내었다. 제시된 바와 같이 BayesB와 BayesC 방법간의 정확도 차이는 나타나지 않았으며, 차후 지속적으로 파이프라인을 이용하여 정기적인 유전체 선발 모형을 적용하기에는 BayesC 방법을 이용하여 SNP 마커의 효과를 추정하는 것이 적합할 것으로 사료된다. BayesB 방법의 경우에는 사전 정보 즉 유전 및 잔차 분산에 BayesC 방법보다 민감하기 때문에 지속적으로 로버스트 (robust)한 유전체 선발 모형의 적용을 위하여 BayesC 방법을 이용하는 것이 적합할 것으로 사료된다. 각 형질별로 유전체 정확도를 비교해보면, 산육형질은 상대적으로 높은 유전력이 추정되었으며 GWAS 결과에 나타난바와 같이 상가적 유전 분산 높은 유의적인 QTL 및 영역들이 밝혀진 바와 같이 30%정도의 수준으로 유전체 정확도가 추정되었다. 이는 차후에 기존의 BLUP으로부터 추정된 EBV와 SNP 마커 효과들의 합으로 이루어진 유전체 육종가 (MBVs)가 통합되었을 때, 더욱 높은 신뢰성을 가진 통합 유전체 육종가 (GE-EBVs)가 추정될 수 있을 것으로 기대할 수 있다. 반면에, 번식 형질의 경우는 상대적으로 저도의 유전력으로 추정되었으며, GWAS 분석결과에도 제시된 바와 같이 유의성이 높은 QTL 및 영역이 탐색되어지지 못한 만큼 유전체 육종가 역시 낮은 정확도로 추정 되었다. 물론 이는 번식 형질의 경우 유전적 구조 (genetic architecture)가 틀리기 때문인 것으로 판단할 수도 있으나, 낮은 정확도로 추정된 주된 요인은 번식 형질의 경우 환경적인 요인 (즉, 사양 관리 등)에 많은 영향을 받기 때문인 것으로 사료된다.

(다) 통합 유전체 육종가 (Genomic-Enhanced EBVs)

- [그림 3-65]에서는 연구 수행 내용에서 제시되었던 통합 공식에 의하여 추정된 통합 유전체 육종가 뿐만 아니라, 기존의 BLUP에 의해서 추정되었던 EBV 와 SNP 마커 효과들의 합으로 이루어진 유전체 육종가를 일당증체량 형질 기준으로 상위 20두에 대한 예시로 나타내었다. 제시된 바와 같이 기존의 EBV의 정확도보다 통합 유전체 육종가의 정확도의 경우 상승된 효과를 나타내었다. 유전체 정확도 (일당증체량의 경우 0.32)에 의해서 통합 유전체 육종가가 기존의 EBV보다 더욱 신뢰성을 가진 육종가로 추정되었음을 알 수 있게 되었다. 현재 제시된 [그림 3-65]에 나타난 개체들은 상위 20두만 제시된 것이며, 기존의 EBV의 정확도가 상당히 높았던 개체들이기 때문에 통합 유전체 육종가의 정확도 상승폭이 적게 나타났지만, 기존의 EBV의 정확도가 낮았던 개체들의 정확도 상승폭은 더욱 높게 추정되었다.

다. 결론

- 본 연구 결과로부터 산육형질과 번식형질들에 대한 유전체 육종가의 정확도를 추정하였으며, 한국의 양돈산업에 유전체 선발 모형의 적용 시 발생하는 이점들에 대하여 살펴볼 수 있었다. 산육형질의 경우는 점차 유전체 선발 모형의 적용으로 인하여 더욱 신뢰성이 높은 통합 유전체 육종가를 추정할 수 있는 가능성을 보았지만, 번식형질의 경우에는 아직 개선해 나가야할 문제점들이 제시되었다. 특히 발정재귀일과 이유두수 형질들에 대하여 추정된 유전력으로 보아 정확한 유전 능력을 알아볼 수 있는 사양관리의 개선 방안 및 정확한 번식형질에 대한 기록이 필요할 것으로 사료된다. 유전체 정확도의 상승으로 인하여 통합 유전 육종가의 신뢰성을 더욱 높일 수 있다는 것을 알 수 있듯이, 차후 지속적인 유전체 자료를 가진 참조 축군의 증가와 진정한 QTL등의 탐색 및 더욱 발전된 통계적인 방법 등으로 인하여 유전체 정확도의 상승을 위한 연구가 지속적으로 수행되어야할 것으로 사료된다.

[표 3-78] 산육형질과 번식형질에 대하여 추정된 유전 모수

| Trait ¹ | Additive genetic variance | Phenotypic variance | Heritability |
|--------------------|---------------------------|---------------------|--------------|
| BFAT | 2.88 | 6.88 | 0.35 |
| ADG | 0.12 | 0.35 | 0.42 |
| DAYS | 0.42 | 1.23 | 0.34 |
| PCL | 3.36 | 7.94 | 0.42 |
| TNB | 0.83 | 7.45 | 0.11 |
| WEI | 0.14 | 1.85 | 0.07 |
| NPW | 0.06 | 1.57 | 0.04 |

¹BFAT = backfat thickness; ADG = average daily gain; DAYS = days to 90kg body weight; PCL = lean percent; TNB = total number of born; WEI = weaning to estrus interval; NPW = number of piglets weaned

[표 3-79] 클러스터링되어진 집단내 및 집단간 혈연관계

| Clusters | No. of animals | inBreC ¹ | a_{\max_within} ² | $a_{\max_between}$ ³ | a_{ij_within} ⁴ | $a_{ij_between}$ ⁵ |
|----------|----------------|---------------------|---------------------------------|----------------------------------|-------------------------------|--------------------------------|
| 1 | 287 | 0.039 | 0.529 | 0.450 | 0.151 | 0.072 |
| 2 | 431 | 0.043 | 0.547 | 0.433 | 0.146 | 0.074 |
| 3 | 416 | 0.024 | 0.500 | 0.433 | 0.077 | 0.063 |
| 4 | 409 | 0.043 | 0.521 | 0.434 | 0.127 | 0.071 |
| 5 | 249 | 0.048 | 0.551 | 0.175 | 0.132 | 0.001 |
| Avg. | | 0.039 | 0.530 | 0.385 | 0.127 | 0.056 |

¹inBreC = the average of inbreeding coefficients within cluster 1.

² a_{\max_within} = the average of a_{\max} (the maximum of relationships [a_{ij}] for each animal) values within cluster 1.

³ $a_{\max_between}$ = the average of a_{\max} values between the clustered (training and validation) groups.

⁴ a_{ij_within} = the average of a_{ij} (relationships) values within cluster 1.

⁵ $a_{ij_between}$ = the average of a_{ij} values between clustered groups.

[표 3-80] Illumina 60K 패널을 이용하여 추정된 유전체 육종가에 대한 정확도

| Trait ¹ | BayesB ($\pi=0.99$) | | BayesC ($\pi=0.99$) | |
|--------------------|-----------------------|-------|-----------------------|-------|
| | r_g | S.E. | r_g | S.E. |
| BFAT | 0.279 | 0.036 | 0.288 | 0.036 |
| ADG | 0.292 | 0.034 | 0.316 | 0.034 |
| DAYS | 0.286 | 0.034 | 0.309 | 0.034 |
| PCL | 0.276 | 0.037 | 0.277 | 0.036 |
| TNB | 0.210 | 0.027 | 0.213 | 0.027 |
| NPW | 0.174 | 0.027 | 0.186 | 0.027 |
| WEI | 0.070 | 0.026 | 0.065 | 0.026 |

¹Trait: BFAT= backfat thickness; ADG = average daily gain; DAYS = days to 90Kg; PCL = Lean Percent; TNB= total number born; NPW = the number of piglets weaned; WEI = weaning to estrus interval

| REG | EBV | Acc. | MBV | GE-EBV | Acc. | Rank (EBV) | Rank (MBV) | Rank (GE-EBV) |
|---------|--------|--------|--------|--------|--------|------------|------------|---------------|
| YAE0108 | 1.242 | 0.8266 | 0.4565 | 1.2786 | 0.8485 | 1 | 1 | 1 |
| YJA2085 | 1.233 | 0.7809 | 0.4299 | 1.2655 | 0.815 | 2 | 4 | 2 |
| YAE0306 | 1.189 | 0.8155 | 0.4091 | 1.2142 | 0.8402 | 3 | 6 | 3 |
| YAE6289 | 1.094 | 0.7436 | 0.4533 | 1.1647 | 0.7892 | 5 | 2 | 4 |
| YJA2964 | 1.134 | 0.7634 | 0.3735 | 1.1546 | 0.8027 | 4 | 8 | 5 |
| YJA2490 | 1.088 | 0.8033 | 0.4283 | 1.1358 | 0.8311 | 6 | 5 | 6 |
| YJA3095 | 1.032 | 0.7513 | 0.3451 | 1.0542 | 0.7944 | 9 | 16 | 7 |
| YC14005 | 1.028 | 0.9473 | 0.4454 | 1.0481 | 0.9495 | 11 | 3 | 8 |
| YC14130 | 1.003 | 0.7662 | 0.3601 | 1.0359 | 0.8046 | 14 | 12 | 9 |
| YC14008 | 1.032 | 0.9725 | 0.3313 | 1.0341 | 0.9731 | 9 | 25 | 10 |
| YJA2082 | 0.9794 | 0.8122 | 0.3654 | 1.0124 | 0.8377 | 20 | 9 | 11 |
| YJA3894 | 0.9861 | 0.7622 | 0.3254 | 1.0044 | 0.8019 | 17 | 27 | 12 |
| YJA2113 | 1.005 | 0.7875 | 0.2862 | 1.001 | 0.8197 | 13 | 48 | 13 |
| YJA3853 | 1.008 | 0.7515 | 0.2668 | 0.993 | 0.7945 | 12 | 67 | 14 |
| YJA3143 | 0.9837 | 0.7804 | 0.2996 | 0.989 | 0.8146 | 18 | 39 | 15 |
| YAE0540 | 1.04 | 0.8308 | 0.1657 | 0.9859 | 0.8518 | 7 | 230 | 16 |
| YJA0266 | 0.9773 | 0.9599 | 0.3445 | 0.9835 | 0.9612 | 21 | 18 | 17 |
| YJA2990 | 0.9798 | 0.7959 | 0.2934 | 0.9826 | 0.8257 | 19 | 45 | 18 |
| YAE3772 | 0.9338 | 0.7951 | 0.3817 | 0.9825 | 0.8251 | 36 | 7 | 19 |
| YJA4411 | 1.038 | 0.7301 | 0.1944 | 0.9772 | 0.7803 | 8 | 168 | 20 |

[그림 3-65] 요크셔종의 일당증체량 형질에 대하여 상위 20위안의 개체들에 대한 육종가, 유전체 육종가 및 통합 육종가에 대한 비교

3. 유전체 선발 모형 위한 파이프라인 개발 (GSPipeline.v1.1)

가. 프로그램 개발 배경

- 한국의 양돈산업에서도 외국과 마찬가지로 점점 많은 양의 유전체 데이터가 주기적으로 축적이 되어가고 있으며, 많은 양의 유전체 데이터를 가공하고 다양하고 진보적인 통계적인 방법을 이용하여 유전체 선발 모형을 적용하는 단계에 있는 실정이다. 위 작업을 루틴하게 수행하기 위해서는 파이프라인이라는 통합 패키지 개발이 필요하기 때문에 본 연구를 수행하게 되었음.

나. 프로그램 개발 내용

- 본 프로그램 (GSPipeline.v1.1)은 총 여섯 개의 단계로 이루어져 있으며, 각 단계별로 따로 수행을 할 수 있을 뿐만 아니라, 하나의 파라미터 파일 (control file)과 함께 하나의 명령어로 유전체 데이터의 가공부터 유전체 정확도 및 유전체 선발의 최종 목적인 GE-EBVs를 추정할 수 있게 구현되었음.
- GSPipeline.v1.1 프로그램은 리눅스 기반으로 작성되었으며, 수십 개의 Fortran 프로그램과 BASH scripts로 구성되어 있음.
- GSPipeline.v1.1 파이프라인의 절차 (Steps)
 - **1-Step) SNPipeline.v1.1** : 여러 개의 finalReport 파일들을 각 SNP 패널별로 통합하는 작업, 중복하여 지노타이핑 되어진 개체 제거 (Call Rate 기준), 친자 감별 (Parentage-Test)를 통하여 오류 개체 제거 (오류 개체 제거 기준 : 0.75%, 1.5% 등의 옵션 가능) 및 결과를 이용하여 Pedigree 상의 오류 개체 수정. 최종적으로 각 SNP panel별로 합쳐진 지노타입과 맵 파일을 생성.
 - **2-Step) Impute-Pipeline.v1.1** : FImpute 프로그램을 이용하여 missing 되어진 genotype을 imputation (대치) 하는 작업. All-missing SNP 마커 등은 제거하고 최종적으로 결측치가 없는 genotype과 MAP 파일 생성.
 - **3-Step) ResponseVars-Pipeline.v1.1** : GE-EPDs를 생성하기 위해서는 유전체 정확도 (Accuracy of Molecular Breeding Values) 라는 모수를 추정해야하기 때문에, 유전체 정확도를 추정하기 위해서 교차 검증 (Cross-Validation)을 이 단계에서 수행. 파라미

터 파일로부터 옵션으로 Random과 K-Means 두 가지 클러스터링 방법을 선택할 수 있으며, 참조 축군을 몇 개의 그룹으로 나눌 것 인지도 옵션으로 정할 수 있음 (주로 3, 5, 10). 유전체 선발 모형을 위하여 반응변수 (response variable)를 생성하는 단계로서, 본 파이프라인의 기본 포맷은 ASReml 프로그램을 이용하여 생성된 EBV파일을 기준으로 작업을 수행하게 되며, ASReml 프로그램을 이용하여 추정된 EBV와 정확도를 기반으로 DeregressedEPD (DEPDexcPA) 값을 추정하고 생성된 값은 Genomic Prediction 단계에서 반응 변수 값으로 사용하게 된다. 또한 Genomic Prediction 모형에서 각 개체별로 가중치를 사용할 수 있도록 r-inverse값도 추정하게 된다 (기존의 연구 수행 내용 참고).

- **4-Step) Evaluation-Pipeline.v1.1** : 본 단계에서는 GenSel4R 프로그램을 이용하여 모든 SNP 마커의 효과와 세 번째 단계에서 설정된 N-Fold Cross-Validation에 따라서 Genomic-Evaluation을 수행. 처음에 입력받은 파라미터 파일로부터 Bayesian 타입 (BayesA, BayesB, BayesC, BayesCPI)과 파이값을 입력받아 수행.
- **5-Step) Blending-Pipeline.v1.1** : 본 단계에서는 validation test를 통하여 추정된 유전체 정확도를 기반으로 유전체 선발의 최종 목적인 GE-EBVs를 추정하고 기존의 전통적인 방법으로 추정된 EBVs 값과 비교된 최종 파일 생성 및 각 형질별 유전체 육종가 추정 결과 파일을 생성.
- **6-Step) iBLUPipeline.v1.1** : 본 단계에서는 지노타이핑이 되어 있지 않은 개체들에 대해서는 최종 GE-EBVs가 생성되지 않기 때문에 편의 발생하는 부분을 보완하기 위해서 지노타이핑이 되어 있지 않은 개체들에 대한 whole genotype imputation을 REML package (i.e., ASREML)를 이용하여 추정하여 기존의 4-step에서 추정된 SNP 마커 효과들을 기반으로 MBV를 추정하고 blending 공식에 의하여 GE-EBVs를 추정하는 단계이다. 오류를 최대한으로 줄이기 위하여 기존의 유전체 데이터를 가진 개체들과는 다른 weighting factor를 주고 추정한다.

다. 결과

- 연구 수행 내용에서 설명되었던 파이프라인의 구동을 위한 파라미터 파일을 Figure 1에 나타내었으며, 실제 1,979두의 요크셔 유전체 데이터 (IlluminaPorcine60K v2 SNP Panel 기준)를 가지고 5-fold cross-validation (K-Means) 방법과 BayesC ($\pi=0.99$) 방법을 이용하여 유전체 정확도를 추정하고 최종적인 GE-EBVs를 추정하는데 걸린 시간 (Computing Time)을 아래의 Table 1에 나타내었다.

라. 결론 및 향후 계획

- 현재 돼지의 경우 다양한 SNP 패널을 이용하여 지노타이핑을 하지 않았기 때문에 많은 디버깅 작업을 하지 못한 실정이나, 차후에는 저밀도, 고밀도 또는 여러 회사의 SNP 패널 (Neogen GeneSeek, Affymetrix)등이 추가되는 상황을 고려한 또 다른 버전 (GSPipeline_multiPanel.v1.0)의 프로그램 개발이 필요할 것으로 사료된다. 즉, 다양한 패널을 통해서 진정한 QTL을 유전체 선발 모형에 포함시킴으로서 유전체 정확도를 상승시키는 방안을 모색할 수 있다. 실제로 Neogen GensSeek Profiler Porcine80K (GGP80K) SNP 패널에는 Illumina Porcine60Kv2 SNP 패널과는 달리 MC4R유전자 내의 진정한 QTL도 포함되어 유전체 정확도가 상승되는 효과를 나타내었다. 또한 유전체 정확도를 높일 수 있는 방안으로 SNP 기반의 유전체 선발이 아닌 하플로타입 기반의 유전체 선발 모형을 적용할 수 있는 GSPipeline_byHaplotypes.v1.0 프로그램 개발도 필요할 것으로 사료된다. 이는 SNP 마커의 경우는 bi-allelic 형태로 존재하게되어 multi-allelic 상으로 존재하는 QTL와의 연관 불평형 (Linkage- Disequilibrium: LD)을 캡처할 수 없게 된다. 그러나 하플로타입을 이용하여 유전체 선발 모형을 적용할 경우 multi-allelic 상으로 존재하는 QTL와의 LD를 더욱 잘 캡처할 수 있게 되며, 이로 인하여 유전체 정확도를 더욱 상승 시킬 수 있다.

```
1 ### SET the number of available CPU cores on your computer ###
2 nCPUs 36
3
4 ### filePATH for genotype, pedigree, xRefIDs, EPDs and blackList files ###
5 GenotypeFilePath /home/jungjae.ansc/Data/Yorkshire/20180619/Genotypes
6 PedigreeFilePath /home/jungjae.ansc/GSPipeline_work/db/Yorkshire/20180813/Pedigree/related.ped
7 xRefFilePath /home/jungjae.ansc/GSPipeline_work/db/Yorkshire/20180813/xRefIDs/new.xRefIDs
8 ASReml result /home/jungjae.ansc/GSPipeline_work/db/Yorkshire/20180813/ASRemlResults
9 excludeFilePath /home/jungjae.ansc/GSPipeline_work/db/Yorkshire/20180813/BlackLIST/BLList.final
10
11 ### SET the conflict-threshold(%) for Parentage test ###
12 conflict threshold(%) 10
13
14 ### SET the Cross-Validation (3 or 5 or 10) and Clustering Methods (Kmeans or Random) ###
15 Clustering Method Kmeans
16 number of folds 5
17
18 ### SET the Bayesian Method (BayesA, BayesB, BayesC, BayesCpi) with Pi (fixed or initial) ###
19 analysisType BayesC
20 pi-value 0.99
21
22 ### SET the length of Haplotypes (#SNPs : 5, 7, 10, 15, 20...) ###
23 HaplotypeLength 10
```

[그림 3-66] GSPipeline.v1.1을 구동하기 위한 파라미터 파일

[표 3-81] K-Means 5-fold 교차검증을 이용할 경우 GSPipeline.v.1.1 파이프라인을 통하여 유전체 선발 결과를 얻어내는데 걸리는 시간

| Steps | Computing time |
|------------------------------------|-------------------------|
| 1 (<i>SNPipeline</i>) | 5min 17sec |
| 2 (<i>Impute-Pipeline</i>) | 3min 55sec |
| 3 (<i>ResponseVars-Pipeline</i>) | 13min 29sec |
| 4 (<i>Evaluation-Pipeline</i>) | 3hrs 24min 34sec |
| 5 (<i>Blending-Pipeline</i>) | 7min 13sec |
| 6 (<i>iBLUPipeline</i>) | 45min 30sec |
| Total | 4hrs 39min 38sec |

4. 새로운 번식형질에 대한 유전체 선발 (Genomic Selection) 모형 적용에 관한 연구

가. 연구 수행 내용

- 양돈 개량을 위하여 기존의 번식형질 뿐만 아니라, 새로운 형질에 대한 개량이 추구되어야 할 필요가 있다. 생시체중의 경우는 총산자수에 부의 상관을 가진 형질로서 총 산자수와 같이 적절한 수준을 가지고 개량이 이루어져야 할 주요 형질이다. 최근 외국에서는 새로운 형질로서 생시 체중의 기준을 1kg으로 설정하고 생존산자수를 계산하는 새로운 형질 (proportion of piglets born alive below 1kg birth weight: UWP)에 대한 연구가 이루어지고 있다. 즉, 위와 같은 형질을 통하여 생존산자수와 생시체중에 대하여 적절한 개량 방향을 제시해 줄 수 있을 것으로 사료된다. 또한 유두수는 모돈의 보유능력을 나타내는 번식형질로서 보유 육성을 향상을 위하여 필수적으로 개량이 이루어져야 하는 번식형질이다. 그리하여 본 연구에서는 기존의 개량 형질 대상이 아닌 생시 체중과 유두수에 관련하여 유전 모수 추정, GWAS 분석 및 유전체 선발 모형을 적용하여 유전체 정확도를 추정하여 새로운 형질들에 대한 개량에 대한 가능성을 보고자 수행하였다.

(1) 표현형 및 유전체 자료의 생성

- 본 연구과제 수행을 위해서 기존의 GWAS 분석 및 유전체 선발 모형 적용을 위하여

이용되었던 돼지 요크셔종에 대한 유전체 자료를 동일하게 이용하였다. 또한 유전체 자료에 대한 가공 역시 동일하게 이루어졌다. 유전 모수 및 분산 성분 추정과 개체 모형 (Animal Model)을 이용한 개체들에 대한 육종가 및 정확도는 ASREML 4.1 소프트웨어 (Gilmour et al., 2015)를 이용하여 추정하였다. 각 형질 (생시 체중과 유두수)별로 모수를 추정하기 위하여 이용된 샘플 사이즈 및 결과를 [표 3-82]에 제시하였다.

(2) GWAS 분석 및 유전체 선발 모형

- GWAS 분석 및 유전체 선발 모형을 위한 모델 식은 이미 앞에 설명하였던 부분과 동일한 절차에 따라 수행하였으며, GWAS 분석을 통하여 유의적인 영역 및 SNP 마커를 탐색하기 위하여 앞에서 설정하였던 기준과 동일하게 적용하였다 (1-Mb 윈도우 영역은 1.0% 이상의 상가적 유전 분산 & 유의적인 SNP 마커를 선별하기 위해서는 Bayes factor 통계량을 가지고 분석). 및 유전체 선발 모형의 적용은 모두 BayesB 방법을 이용하여 분석하였다.

나. 연구 수행 결과

- [표 3-82]에서는 생시체중과 유두수 번식형질에 대하여 유의적인 1-Mb 영역에 대한 상가적 유전 분산과 각 SNP 마커에 대한 Bayes factor 결과를 나타내었으며, 1-Mb 윈도우 영역에 대한 상가적 유전 분산 값의 Manhattan 플롯은 [그림 3-67~68]에 두 개의 번식형질 (생시체중과 유두수)에 대하여 나타내었다.

(1) 생시체중에 연관된 유의적인 1-Mb 윈도우 영역 및 SNP 마커 탐색

- 생시체중에 대한 GWAS 결과를 살펴보면 상대적으로 적은 샘플만이 유전체 자료와 매칭되었기 때문에, GWAS 분석을 수행하는데 충분한 참조 축군을 이용할 수 없었던 이유 등으로 인하여, 1-Mb 윈도우 영역의 상가적 유전 분산이 1.0% 넘는 영역을 탐색할 수 없었다. 그리하여 유의적인 SNP 마커를 탐색하기 위한 기준인 Bayes factor가 10.0 이상 수준 (above 10.0 are described as “suggestive evidences”)의 SNP 마커 와 1-Mb 영역에 대하여 SNP 마커 효과 및 이 영역에 포함되어 있는 유전자 등을 [표 3-88]에 나타내었다. 본 연구 수행 결과를 살펴보면, SSC 15번의 1-2Mb 영역에서 가장 높은 상가적 유전 분산이 추정되었으며, 유의적인 SNP 마커들이 발굴이 되었다. 한 개 이상의 SNP 마커가 동일한 유전자와 연관이 있는 것으로 보아 생시체중 관련 주요 QTL 및 유전자가 존재할 것으로 사료된다. 또한 더욱 정밀한 시퀀싱을 통하여 진정한 QTL을 탐색하게 된다면 생시체중에 연관성이 높은 진정한 QTL 및 유전자를 발굴할 것으로 기대할 수 있다. 이외에도 SSC 5, 10 및 1번에서도 유의적인 SNP 마커들이 발굴되었다. 생시 체중에

대한 표현형 자료 및 유전체 자료가 더욱 확보가 된다면 더욱 연관성 높은 후보 유전자들을 발굴 할 수 있을 것으로 기대할 수 있다.

(2) 유두수에 연관된 유의적인 1-Mb 윈도우 영역 및 SNP 마커 탐색

- 유두수 형질의 경우는 다른 형질과는 달리 태어났을 때 바로 표현형으로 나타나는 형질로서 상대적으로 다른 형질들에 비하여 환경적인 영향을 아주 덜 받는 형질이지만, 유전적 구조 (genetic architecture)적인 측면을 살펴보면 소수의 효과들을 가진 수많은 QTL들이 존재 (QTLdb: 120개 이상의 QTL) 하기 때문에 체계적인 유전적인 개량이 필요한 형질이다. 본 연구 수행 결과를 살펴보면 ([표 3-83]과 [그림 3-68]) SSC 7번의 103-105Mb 영역에서 아주 높은 상가적 유전 분산값이 추정이 되었으며, 이에 관련하여 4개의 유의적인 SNP 마커들이 발굴이 되었다. [표 3-84]에 탐색된 영역 (103Mb ~ 105Mb on SSC7)에 위치한 유전자 (NPC2)들이 제시되었지만, 기존의 논문을 살펴보면 본 영역에 Vertnin (VRTN) 유전자가 존재하며, 유두수 및 척추뼈의 수에 연관성이 높은 것으로 알려져 있다. 이외에도 SSC 10번과 14번에도 유의성 높은 SNP 마커들이 발굴이 되었다.

(3) 유전체 정확도 (Accuracy of MBV)

- [표 3-83]에서는 두 번식형질에 대하여 BayesB 방법을 이용하여 추정된 유전체 정확도를 나타내었다. 생시체중과 유두수에 대한 유전체 정확도는 각각 0.17 ± 0.045 와 0.32 ± 0.035 로 추정되었다. 생시체중의 경우는 다른 번식형질 (총산자수, 발정재귀일 및 이유두수)들에 비하여 유전체 정확도가 작게 추정되었으며, 유두수의 경우는 더욱 높은 수준으로 추정되었다. 이와 같은 결과는 앞에서 설명한 바와 같이 생시체중의 경우는 유전체 자료와 표현형 자료간의 매칭되는 샘플 사이즈가 상대적으로 다른 형질에 비하여 적었으며, 더욱 상승된 유전체 정확도를 확보하기 위해서는 더욱 많은 유전체 자료를 확보하는 것이 시급할 것으로 사료된다.

다. 결론

- 본 연구 단계는 현재 다양한 형질들에 대한 연구를 수행중이며, 새로운 개량 형질을 탐색하기 위한 시험 단계 (testing stage)이며, 차후 여러 형질들을 대상으로 연구를 지속적으로 수행해야할 것으로 사료된다.

[표 3-82] 생시체중 및 총유두수 형질에 대하여 추정된 유전 모수

| Trait ¹ | N | Additive genetic variance | Phenotypic variance | Heritability |
|--------------------|--------|---------------------------|---------------------|--------------|
| BWT | 15,558 | 0.987 | 4.309 | 0.23 |
| TTN | 78,003 | 0.371 | 0.899 | 0.41 |

¹BWT = birth weight; TTN = total teat number

[표 3-83] 생시체중 및 총유두수 형질에 대하여 추정된 유전체 육종가의 정확도

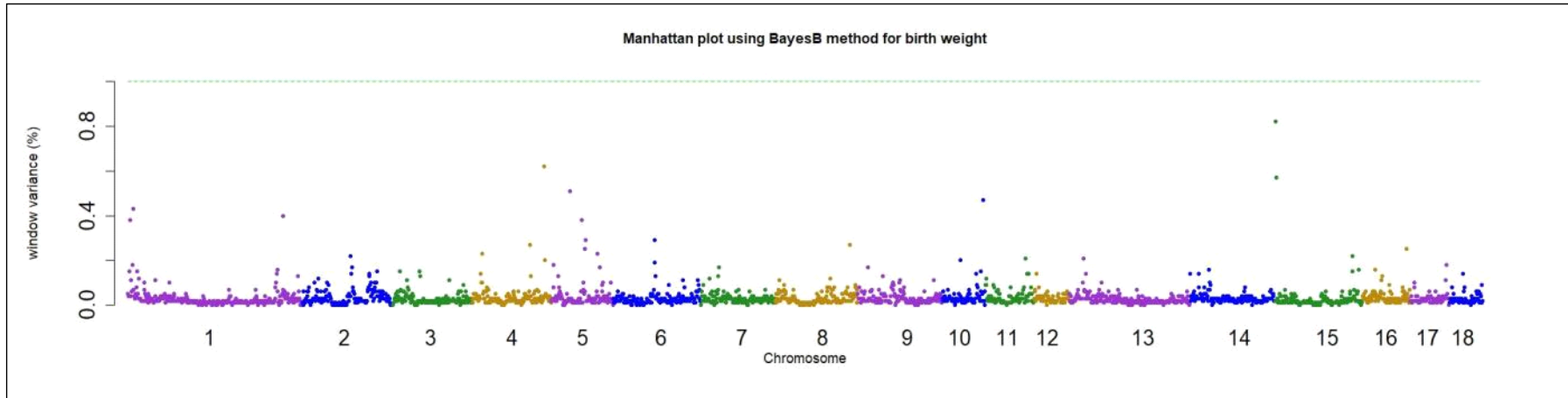
| Trait ¹ | No. of animals | BayesB ($\pi=0.99$) | |
|--------------------|----------------|-----------------------|-------|
| | | r_g | S.E. |
| BWT | 823 | 0.17 | 0.045 |
| TTN | 1,631 | 0.32 | 0.035 |

¹BWT = birth weight; TTN = total teat number

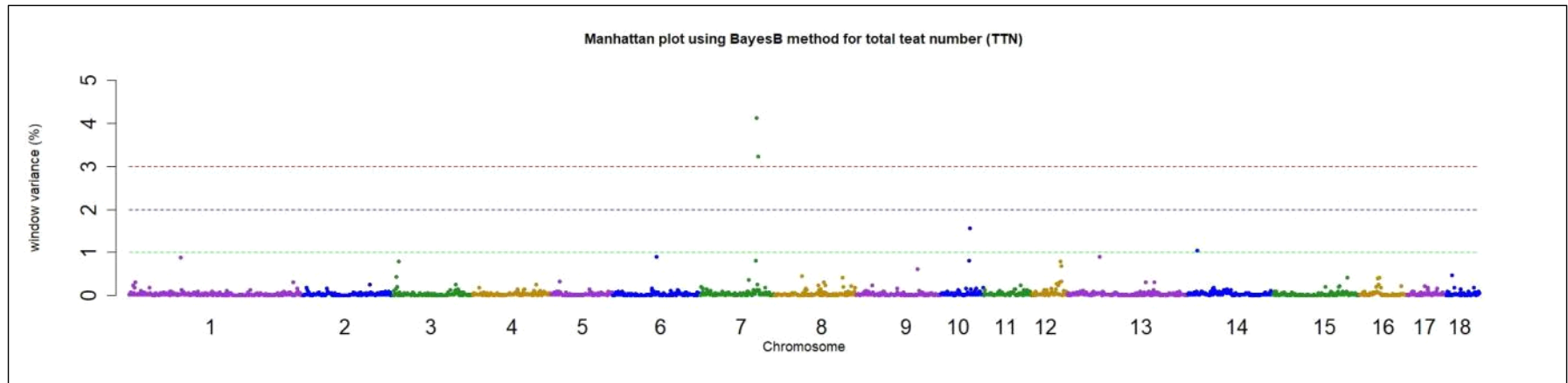
[표 3-84] 생시체중 및 유두수 형질에 연관된 주요 유전자의 영역 및 주요 SNP 마커

| Trait ¹ | SSC_Mb | GV% | Informative SNPs | Position (Mb) | Effect | BF | Region annotation | Gene annotation |
|--------------------|--------|------|------------------|---------------|--------|--------|-------------------|---|
| BWT | 15_1 | 0.82 | DRGA0014893 | 1.93 | -0.07 | 32.84 | intergenic | RND3(dist=917044) ACVR2A(dist=1902798) |
| | 15_2 | 0.57 | DIAS0003564 | 2.09 | -0.05 | 24.50 | intergenic | RND3(dist=1076532) ACVR2A(dist=1743310) |
| | 5_34 | 0.51 | H3GA0016214 | 34.70 | -0.02 | 11.33 | intergenic | LEMD3(dist=1799884) MIR9808(dist=9182) |
| | 10_74 | 0.47 | M1GA0025322 | 74.32 | -0.04 | 21.19 | intergenic | KLF6(dist=1313731) WDR37(dist=1180679) |
| | 1_10 | 0.43 | MARC0002939 | 10.14 | 0.03 | 11.42 | intergenic | TAGAP(dist=91284) DYNLT1(dist=242735) |
| | 1_280 | 0.4 | ALGA0009114 | 280.28 | 0.02 | 13.09 | intergenic | FRRS1L(dist=39510) PALM2(dist=721423) |
| TTN | 7_103 | 4.13 | DIAS0000795 | 103.59 | -0.05 | 54.80 | intergenic | NPC2(dist=12395) DLST(dist=340321) |
| | | | ASGA0035500 | 103.57 | 0.05 | 51.87 | intronic | NPC2 |
| | 7_105 | 3.23 | MARC0027367 | 105.31 | -0.07 | 140.88 | intergenic | TGFB3(dist=115876) GPATCH2L(dist=56143) |
| | | | ASGA0035563 | 105.28 | -0.04 | 30.60 | intergenic | TGFB3(dist=81987) GPATCH2L(dist=90032) |
| | 10_52 | 1.56 | M1GA0025060 | 52.80 | 0.02 | 25.31 | intergenic | HSPA14(dist=1136282) PRPF18(dist=1978) |
| | 14_17 | 1.04 | ASGA0061699 | 17.19 | 0.02 | 24.15 | intergenic | HPGD(dist=271030) HMGB2(dist=667413) |

¹BWT = birth weight; TTN = total teat number



[그림 3-67] 요크셔종의 생시체중 형질에 연관성이 있는 영역에 대한 맨하탄 플롯



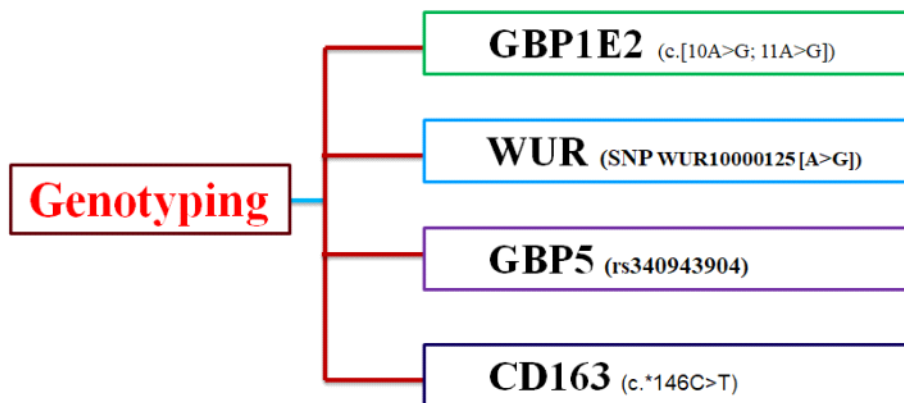
[그림 3-68] 요크셔종의 총유두수 형질에 연관성이 있는 영역에 대한 맨하탄 플롯

제 9 절 PRRS 저항성 돼지 개발을 위한 선행 연구

1. 국내 PRRS 비발생 종돈장 사육돈의 PRRS 저항성인자 탐색조사

- 후보 양돈장 7개 농장 모두 PRRSV 항원/항체음성으로 확인되어 저항성 유전자 (GBP1) 보유 현황을 조사.
- PRRSV 음성 양돈장 사육돈의 PRRS 저항성인자(GBP1) 보유 여부 확인

2. PRRS 저항성 돼지 개발을 위한 후보 유전자



3. PRRS 저항성 후보 유전자에 따른 선행연구 결과(전북대 연구 결과)

- **Guanylate-binding protein 1 (GBP1) Exon 2 [GBP1E2]**
 - ❖ **IFN-inducible GTPase, antiviral activity and functions in host resistance to diseases** (Kim et al., 2011, Pan, et al., 2012, Sylvia et al., 1999, Zhu et al., 2013)
- **WUR, SNP tag marker (WUR10000125) located in the 3' UTR of GBP1 gene, a resistance marker for PRRS in pigs** (Gol et al., 2015, Abella et al., 2016)
- **Guanylate-binding protein 5 (GBP5)**
 - ❖ **IFN-inducible GTPase, Critical cellular factor in inflammasome assembly, plays role in host defense, and antiviral immune-responses** (Feng et al., 2017, Kommadath et al., 2017)
- **CD163, a macrophage-specific protein, functions as a cellular receptor for PRRSV, critically involved for viral attachment and internalization** (Calvert et al., 2007)

4. PRRS 저항성유전자형 TaqMan probe 방식의 Genotyping

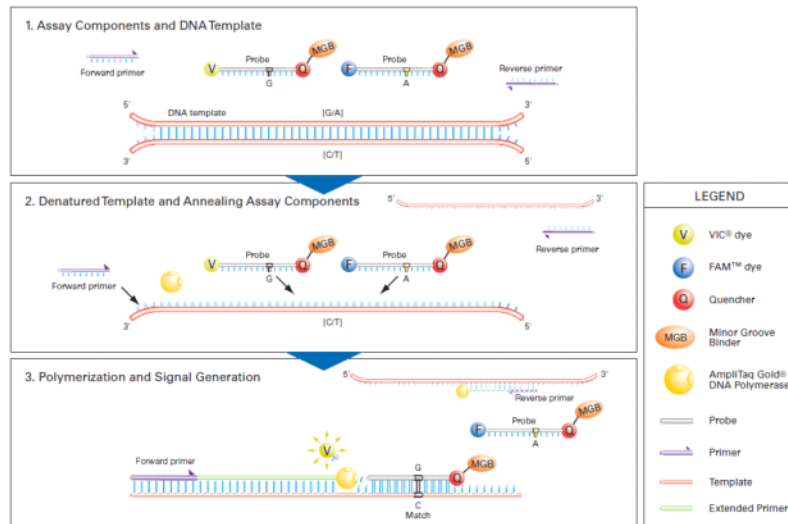
가. TaqMan SNP Genotyping

(1) TaqMan SNP assay

- 하나의 TaqMan SNP Genotyping Assay 에는 다형성이 있는 염기서열 부위를 증폭하기 위해서 VIC과 FAM dye를 각각 붙인 한 쌍의 primer와 두 allele을 구별하기 위하여 각각의 SNP에 특이적으로 반응하는 두 개의 Probe 로 구성되어 있음.

(2) 5'Nuclease Assay

- [그림 3-69]은 TaqMan MGB assay를 이용한 Genotyping의 원리를 설명하는 것임.



[그림 3-69] TaqMan SNP Genotyping 원리

- TaqMan MGB probe가 특이적인 위치에 결합하여 온전한 상태에서는 5'말단의 reporter 와 3'말단의 quencher가 매우 가까운 거리에 있으므로 quencher에 의하여 reporter dye 의 형광을 억제하여 형광이 발산되지 않게 됨.
- 5'exonuclease 효소 기능을 갖는 DNA polymerase는 template DNA를 따라 확장되다가 이미 template에 붙어 있는 probe를 만나게 되면 5'말단에서 3'말단 방향으로 가수분해를 하게 됨. 이 가수분해에 의해서 5'말단에 붙어 있던 reporter가 분리되면 3' 말단에 있는 quencher로부터 자유롭게 되어 reporter dye의 형광이 발산됨.
- 즉, PCR이 진행되면 증폭하고자 하는 부위의 상보적인 염기서열 부위에 붙어 있던 probe가 DNA polymerase의 5' exonuclease activity에 의하여 5'말단부터 가수분해가 시작되어 quencher에 의해서 억제되었던 reporter dye가 분리되면서 reporter dye의 형광이 증폭하게 됨.
- PCR 중에 reporter dye의 형광이 증폭되는 것은 reporter dye가 붙어 있는 probe에 해당하는 SNP allele이 존재한다는 것을 의미함.

(3) TaqMan SNP 결과 해석

- Reaction plate로부터 sample의 genotype을 해석하는 것은 각각의 실험 반응에서 나온 reporter dye의 형광값을 측정하여 allele discrimination plot에 표시됨.
- VIC dye만 증가하면 allele 1 homozygosity, FAM dye만 증가하면 allele 2 homozygosity 그리고 VIC 과 FAM dye 모두 증가하면 allele 1 과 allele 2 heterozygosity로 결과를 해석함.

나. 저항성유전자형 genotyping을 위한 특이 primer/probe

[표 3-85] WUR, GBP1E2, GBP5, CD163 유전자의 다형성 분석을 위한 primer와 probe.

| Assay Name | Forward Primer Sequence | Reverse Primer Sequence | Reporter 1 Sequence | Reporter 2 Sequence |
|------------|---------------------------------|---------------------------------|------------------------|------------------------|
| WUR | AGACCTAGAATCTCC ACAGAATTTCCA | AAATTCCAGAGAGTC CCACCTAGT | CTGGGTGATAAAT AAAT | TGGGTGATGAAT AAAT |
| GBP1E2 | CCGTCTCCTCCCTTGC A | TTCTCAATGAGGCAC TGTGGTT | TGTGCACCTTTGA GGCC | TGCACCCCTGAGG CC |
| GBP5 | AGGGAGAAGGATGGG TACTTTCATT | CAGCCTCTGCTTGCA AACG | TGCCTCTGAGCTA GAAGA | TGCCTCTGAGATA GAAGA |
| CD163 | CCTCTGTCTCCTGGT ATTCCAAAG | ACAACCTTGAGTAGT CACATTCACCAA | ACTGCTGCTGAAT TT | ACTGCTGTTGAAT TT |

다. 반응조건

- Applied Biosystems™의 TaqMan SNP Genotyping Assay를 위한 HT7900 장비 이용

(1) 반응물 조성

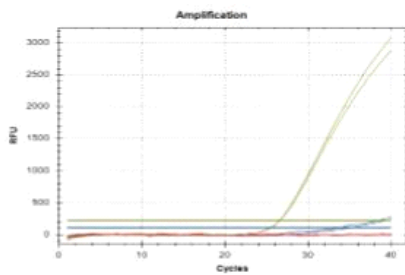
- PCR mixture를 만든 뒤 PCR을 진행함. 본 실험의 경우 384-well을 사용하여 HT7900로 PCR하였음.

| Reagent Mix | Final CONC. | Company |
|--|-------------|--------------------|
| 2X SsoAdvanced™ Universal Probe Supermix | 1 X | Bio-Rad |
| 40X Primer / Probe | 1 X | Applied Biosystems |
| gDNA template | 20 ng | |
| Total volume | 20 µL | |

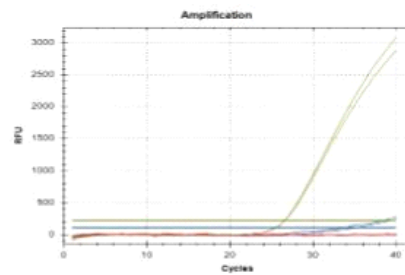
(2) 반응조건

| Step | Temp | Time | Cycles |
|-----------------------|-------|--------|--------|
| Polymerase activation | 95 °C | 3 min | 1 |
| Denaturation | 95 °C | 15 sec | 40 |
| Annealing / Extension | 64 °C | 1 min | |
| Cool down and storage | 4 °C | Hold | 1 |

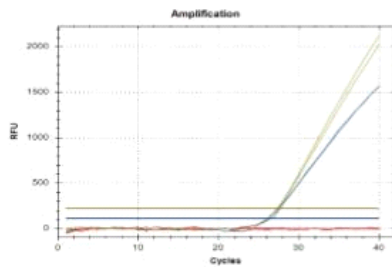
라. Q-PCR 결과



(1): Allele 1 homozygosity (VIC)



(2): Allele 2 homozygosity (FAM)



(3): Allele 1+Allele 2 heterozygosity (VIC+FAM)

[표 3-86] A종돈장의 AI센터 보유 종모돈 분석 결과-1

| 샘플 번호 | 개체번호 | 품종 | 혈통번호 | Genotyping 결과 | | | |
|----------|---------|----|-------------|---------------|--------|------|-------|
| | | | | WUR | GBP1E2 | GBP5 | CD163 |
| 1 | YAE8519 | Y | 21704017864 | AA | AA | GG | CT |
| 2 | DAE8745 | D | 21704017664 | AG | AG | GT | CT |
| 3 | DAF0264 | D | 21708032025 | AA | AA | GG | CC |
| 4 | DAE9147 | D | 21705007174 | AA | AA | GG | CT |
| 5 | LAF1036 | L | 21709021062 | AA | GG | GT | CC |
| 6 | YAF0864 | Y | 21709021140 | AA | AA | GG | CT |
| 7 | YAE9067 | Y | 21705007387 | AA | AA | GG | TT |
| 8 | DAF0518 | D | 21708032083 | AG | AG | GT | CC |
| 9 | YAE9885 | Y | 21707023130 | AA | AA | GG | CT |
| 10 | DAF2032 | D | 21711016973 | AG | AG | GT | CT |
| 11 | DAF1561 | D | 21710025772 | AG | AG | GT | CT |
| 12 | DAE9775 | D | 21707022797 | GG | GG | TT | CC |
| 13 | YAF1111 | Y | 21709021306 | AG | AG | GT | TT |
| 14 | DAF1258 | D | 21709021021 | GG | GG | TT | CT |
| 15 | DAF1372 | D | 21710025608 | AA | AA | GG | TT |
| 16 | YAF1962 | Y | 21711017240 | AG | AG | GT | CC |
| 17 | LAE9602 | L | 21706019931 | AG | AG | GT | CC |
| 18 | LK16006 | L | 21607004990 | AA | AA | GG | CC |
| 19 | DAE9463 | D | 21706020249 | AG | AG | GT | CT |
| 20 | DAE8749 | D | 21704017668 | AA | AA | GG | CT |
| 21 | DAF0367 | D | 21708032042 | AA | AA | GG | CC |
| 22 | DAE8006 | D | 21703019022 | AA | AA | GG | CT |
| 23 | DAF2010 | D | 21711016966 | GG | GG | TT | CC |
| 24 | YJA5156 | Y | 21704018061 | AA | AA | GG | CC |
| 25 | DAF0986 | D | 21709020977 | AG | AG | GT | CC |
| 26 | DAE9516 | D | 21706020266 | AA | AA | GG | CC |
| 27 | DAF1055 | D | 21709020984 | AG | AG | GT | CC |
| 28 | DAF1562 | D | 21710025773 | AG | AG | GT | CT |
| 29 | DAF0425 | D | 21708032064 | AA | AA | GG | CT |
| 30 | DAF1583 | D | 21710025794 | AG | AG | GT | TT |
| 31 | DAE9791 | D | 21707022804 | AG | AG | GT | CC |
| 32 | DAE7478 | D | 21702035662 | AA | AA | GG | CC |
| 33 | DAE8084 | D | 21703019061 | AA | AA | GG | CC |
| 34 | YJA3220 | Y | 21607024602 | AA | AA | GG | CT |
| 35 | LAD5714 | L | 21504013269 | AA | AA | GG | CT |
| 36 | LAF0190 | L | 21707022983 | AG | AG | GT | CT |
| 37 | LAF3094 | L | 21803022477 | AA | AA | GG | CC |
| 38 | LAF1183 | L | 21709021084 | AA | AA | GG | CC |
| 39 | DAE5279 | D | 21609018154 | AG | AG | GT | CC |

[표 3-86] A종돈장의 AI센터 보유 종모돈 분석 결과-2

| 샘플 번호 | 개체번호 | 품종 | 혈통번호 | Genotyping 결과 | | | |
|----------|---------|----|-------------|---------------|--------|------|-------|
| | | | | WUR | GBP1E2 | GBP5 | CD163 |
| 40 | LAE9601 | L | 21706019930 | AG | AG | GT | CT |
| 41 | DAF2141 | D | 21711016983 | AA | AA | GG | CT |
| 42 | LAE2849 | L | 21605015704 | AG | AG | GT | CT |
| 43 | DAE6041 | D | 21611020713 | AG | AG | GT | CT |
| 44 | LK16009 | L | 21608008314 | AA | AA | GG | CC |
| 45 | YK16004 | Y | 21608008508 | AA | AA | GG | CC |
| 46 | YJA4827 | Y | 21702036463 | AG | AG | GT | CT |
| 47 | YAE7355 | Y | 21702035927 | AA | AA | GG | TT |
| 48 | DAE7626 | D | 21702035721 | AA | AA | GG | CT |
| 49 | LJA3208 | L | 21607024574 | AA | AG | GG | CT |
| 50 | LAE5402 | L | 21609018211 | AG | AG | GT | CT |
| 51 | YAE3321 | Y | 21605015841 | AA | AA | GG | TT |
| 52 | LAD5436 | L | 21503020798 | AA | AG | GG | TT |
| 53 | LAE2421 | L | 21604023767 | AA | AA | GG | CT |
| 54 | LJA5114 | L | 21703019388 | AA | AG | GG | CT |
| 55 | LJA5099 | L | 21703019381 | AA | AG | GG | CC |
| 56 | LAD7011 | L | 21506040356 | AG | AG | GT | CT |
| 57 | LAE5597 | L | 21610020915 | AA | AG | GG | TT |
| 58 | LJA3796 | L | 21610021233 | AA | AG | GG | CC |
| 59 | YAF2319 | Y | 21712030528 | AA | AA | GG | CT |
| 60 | LAD8133 | L | 21508017480 | AG | AG | GT | CT |
| 61 | DAF0875 | D | 21709020948 | AA | AA | GG | CC |
| 62 | LAF2790 | L | 21801035550 | AA | AA | GG | CC |
| 63 | DAE9354 | D | 21706020968 | AG | AG | GT | CC |
| 64 | LK16008 | L | 21608008528 | AA | AA | GG | CC |
| 65 | LAE9902 | L | 21707022945 | AA | AG | GG | TT |
| 66 | LAE5122 | L | 21609017910 | AA | AA | GG | CC |
| 67 | LAD9845 | L | 21511016092 | AA | AG | GG | CT |
| 68 | DAE6727 | D | 21612013914 | AA | AA | GG | CC |
| 69 | DAE6725 | D | 21612013912 | AA | AA | GG | CT |
| 70 | LJA4336 | L | 21612015366 | AA | AA | GG | CC |
| 71 | YAE7996 | Y | 21703019208 | AA | AA | GG | CT |
| 72 | DAE7571 | D | 21702035696 | AG | AG | GT | CT |
| 73 | YAF2448 | Y | 21712030615 | AA | AA | GG | TT |
| 74 | LJA4803 | L | 21702036262 | AA | AA | GG | CC |
| 75 | YAF2220 | Y | 21712030463 | AA | AA | GG | CT |
| 76 | YAF2168 | Y | 21711017375 | AA | AA | GG | CC |
| 77 | DAF2669 | D | 21801035427 | AG | AG | GT | TT |
| 78 | YAF2293 | Y | 21712030509 | AA | AA | GG | TT |

[표 3-86] A종돈장의 AI센터 보유 종모돈 분석 결과-3

| 샘플 번호 | 개체번호 | 품종 | 혈통번호 | Genotyping 결과 | | | |
|----------|---------|----|-------------|---------------|--------|------|-------|
| | | | | WUR | GBP1E2 | GBP5 | CD163 |
| 79 | DAF2904 | D | 21801035481 | AA | AA | GG | CC |
| 80 | YAF3052 | Y | 21803009047 | AA | AA | GG | CT |
| 81 | DAF2429 | D | 21712030394 | AA | AA | GG | TT |
| 82 | DAF2603 | D | 21801035411 | AG | AG | GT | CT |
| 83 | YAF0970 | Y | 21709021204 | AA | AA | GG | TT |
| 84 | YAF1988 | Y | 21711017250 | AA | AA | GG | TT |
| 85 | DAF1638 | D | 21710025831 | AA | AA | GG | CC |
| 86 | YAF0130 | Y | 21707023293 | AA | AA | GG | CT |
| 87 | YAF2775 | Y | 21801035744 | AA | AA | GG | CT |
| 88 | YAE8357 | Y | 21704017775 | AG | AG | GT | TT |
| 89 | DAE8888 | D | 21705007112 | AA | AA | GG | CC |
| 90 | LAD1284 | L | 21407027101 | AA | AA | GG | CC |
| 91 | DAF2208 | D | 21712030326 | AA | AA | GG | CT |
| 92 | LAF2694 | L | 21801035540 | AA | AA | GG | CT |
| 93 | YAF0654 | Y | 21708032476 | AA | AA | GG | TT |
| 94 | DAF0835 | D | 21709020938 | AA | AA | GG | CC |
| 95 | YAF1100 | Y | 21709021295 | AA | AA | GG | CT |
| 96 | YAF2130 | Y | 21711017366 | AA | AA | GG | TT |
| 97 | LJA3848 | L | 21610021266 | AA | AG | GG | CC |
| 98 | DAF2695 | D | 21801035433 | AG | AG | GT | CC |
| 99 | YAF2255 | Y | 21712030477 | AG | AG | GT | CT |
| 100 | YAE8469 | Y | 21704017841 | AA | AA | GG | TT |
| 101 | DAF0250 | D | 21708032018 | AA | AA | GG | CC |
| 102 | DAF1637 | D | 21710025830 | AG | AG | GT | CC |
| 103 | YAF1454 | Y | 21710025685 | AG | AG | GT | TT |
| 104 | YAF2067 | Y | 21711017307 | AA | AA | GG | CC |
| 105 | DAF2033 | D | 21711016974 | AA | AA | GG | CT |
| 106 | DAF2034 | D | 21711016975 | AG | AG | GT | CT |
| 107 | DAF2695 | D | 21801035433 | AG | AG | GT | TT |
| 108 | LAF2534 | L | 21712030428 | AA | AA | GG | CT |
| 109 | DAF2474 | D | 21712030403 | AA | AA | GG | CC |
| 110 | YAF2750 | Y | 21801035719 | AA | AA | GG | CC |
| 111 | DAE6458 | D | 21612013827 | AA | AA | GG | CC |
| 112 | YK16001 | Y | 21607004525 | AA | AA | GG | CT |
| 113 | YAE5557 | Y | 21610021031 | GG | GG | TT | TT |
| 114 | YAF2738 | Y | 21801035712 | AA | AA | GG | CC |
| 115 | LAD9086 | L | 21509019045 | AA | AG | GG | CT |
| 116 | LAF0448 | L | 21708032159 | AA | AA | GG | TT |
| 117 | LJA4075 | L | 21611020521 | AA | AG | GG | CC |
| 118 | YAD8732 | Y | 21509018579 | AG | AG | GT | CT |
| 119 | LJA4782 | L | 21702036252 | AG | AG | GT | CC |
| 120 | DAE8075 | D | 21703019052 | AA | AA | GT | TT |

[표 3-87] B종돈장의 AI센터 보유 종모돈 분석 결과-1

| 샘플 번호 | 개체번호 | 품종 | 혈통번호 | Genotyping 결과 | | | |
|----------|--------------|----|-------------|---------------|--------|------|-------|
| | | | | WUR | GBP1E2 | GBP5 | CD163 |
| 1 | 1023 (1023) | D | 21706031298 | GG | GG | TT | CT |
| 2 | 1043 (1043) | D | 21706031299 | AG | AG | GT | CT |
| 3 | 1118 (1118) | D | 21706031301 | AA | AA | GG | CT |
| 4 | 1159 (1159) | D | 21706031302 | AA | AA | GG | CC |
| 5 | 1469 (1469) | D | 21602023319 | AA | AA | GG | CT |
| 6 | 1593 (1593) | D | 21602020583 | AG | AG | GT | CC |
| 7 | 1953 (1953) | D | 21603014580 | AA | AA | GG | CC |
| 8 | 204 (204) | D | 21512014251 | AA | AA | GG | CC |
| 9 | 2051 (2051) | D | 21603014911 | AG | AG | GT | TT |
| 10 | 2077 (2077) | D | 21603014601 | AA | AA | GG | CC |
| 11 | 2203 (2203) | D | 21403015886 | GG | GG | TT | CT |
| 12 | 2209 (2209) | D | 21403015897 | AA | AA | GG | TT |
| 13 | 2211 (2211) | D | 21403015899 | AA | AA | GG | TT |
| 14 | 2256 (2256) | D | 21603014862 | AG | AG | GT | TT |
| 15 | 2321-2(2321) | D | 21408005926 | AA | AA | GG | CT |
| 16 | 2351 (2351) | D | 21409024245 | AA | AA | GG | CT |
| 17 | 2415 (2415) | D | 21409024214 | AA | AA | GG | CT |
| 18 | 2475 (2475) | D | 21410009861 | AG | AG | GT | TT |
| 19 | 2502 (2502) | D | 21410009807 | AA | AA | GG | CT |
| 20 | 2509 (2509) | D | 21305045555 | AA | AA | GG | CC |
| 21 | 2510 (2510) | D | 21410009851 | AA | AA | GG | CT |
| 22 | 2518 (2518) | D | 21410009828 | AA | AA | GG | CC |
| 23 | 253 (253) | D | 21512014286 | AA | AA | GG | CT |
| 24 | 2541 (2541) | D | 21410009904 | AG | AG | GT | CC |
| 25 | 2612 (2612) | D | 21501021506 | AG | AG | GT | CT |
| 26 | 2664 (2664) | D | 21710034090 | AA | AA | GT | TT |
| 27 | 2670 (2670) | D | 21710034091 | AA | AA | GG | CT |
| 28 | 2674 (2674) | D | 21502009710 | AA | AA | GG | TT |
| 29 | 2675 (2675) | D | 21502009711 | AA | AA | GG | CT |
| 30 | 2712 (2712) | D | 21710034092 | AA | AA | GG | CC |
| 31 | 2775 (2775) | D | 21710034093 | AA | AA | GG | CC |
| 32 | 2787 (2787) | D | 21411005980 | AA | AA | GG | CC |
| 33 | 2814 (2814) | D | 21710034094 | AA | AA | GG | TT |
| 34 | 2817 (2817) | D | 21710034095 | AA | AA | GG | TT |
| 35 | 2818 (2818) | D | 21710034096 | AA | AA | GG | TT |
| 36 | 2829 (2829) | D | 21710034097 | AA | AA | GG | TT |
| 37 | 2838 (2838) | D | 21710034098 | AA | AA | GT | CT |
| 38 | 2935 (2935) | D | 21508004277 | AA | AA | GG | CC |
| 39 | 295 (295) | D | 21512014045 | AA | AA | GG | CT |
| 40 | 2983 (2983) | D | 21509003575 | AG | AG | GT | CT |
| 41 | 3017 (3017) | D | 21509003534 | AA | AA | GG | CT |
| 42 | 3026 (3026) | D | 21710034099 | AA | AA | GG | TT |

[표 3-87] B종돈장의 AI센터 보유 종모돈 분석 결과-2

| 샘플 번호 | 개체번호 | 품종 | 혈통번호 | Genotyping 결과 | | | |
|----------|----------------|----|-------------|---------------|--------|------|-------|
| | | | | WUR | GBP1E2 | GBP5 | CD163 |
| 43 | 3053 (3053) | D | 21510012857 | GG | GG | TT | CT |
| 44 | 3102 (3102) | D | 21511025520 | AG | AG | GT | CC |
| 45 | 3120 (3120) | D | 21511025475 | AG | AG | GT | CT |
| 46 | 3160 (3160) | D | 21511025486 | AA | AA | GG | CT |
| 47 | 3168 (3168) | D | 21511025510 | AA | AA | GG | CC |
| 48 | 3208 (3208) | D | 21512020330 | AA | AA | GG | CT |
| 49 | 3251 (3251) | D | 21512020315 | AA | AA | GG | CC |
| 50 | 3347 (3347) | D | 21710034100 | AA | AA | GG | TT |
| 51 | 3364 (3364) | D | 21710034101 | AA | AA | GG | CT |
| 52 | 3366 (3366) | D | 21710034102 | AA | AA | GG | TT |
| 53 | 3386 (3386) | D | 21710034103 | AA | AA | GG | TT |
| 54 | 3408 (3408) | D | 21710034104 | AA | AA | GG | TT |
| 55 | 3419 (3419) | D | 21710034105 | AA | AA | GT | CT |
| 56 | 3428-2(3428-2) | D | 21710034106 | AA | AA | GG | CT |
| 57 | 3429-2(3429-2) | D | 21710034107 | AA | AA | GG | CT |
| 58 | 3449 (3449) | D | 21710034108 | AA | AA | GG | TT |
| 59 | 3457 (3457) | D | 21710034109 | AA | AA | GG | CT |
| 60 | 3467 (3467) | D | 21710034110 | AA | AA | GG | TT |
| 61 | 3472 (3472) | D | 21710034111 | AA | AA | GG | CT |
| 62 | 3511 (3511) | D | 21710034112 | AA | AA | GG | CT |
| 63 | 3531 (3531) | D | 21710034113 | AG | AG | GT | TT |
| 64 | 3535 (3535) | D | 21710034114 | AA | AA | GG | CT |
| 65 | 3537 (3537) | D | 21710034115 | AA | AA | GG | CT |
| 66 | 355 (355) | D | 21512014096 | AA | AA | GG | CC |
| 67 | 3556 (3556) | D | 21710034116 | AA | AA | GG | CT |
| 68 | 3677 (3677) | D | 21710034117 | AG | AG | GT | CC |
| 69 | 3746 (3746) | D | 21710034118 | AA | AA | GG | CT |
| 70 | 3754 (3754) | D | 21606021650 | AA | AA | GG | CC |
| 72 | 3789 (3789) | D | 21710034120 | AG | AG | TT | CT |
| 73 | 3855 (3855) | D | 21606021725 | AA | AA | GG | CC |
| 74 | 3913 (3913) | D | 21606021699 | AG | AG | GT | CC |
| 75 | 3952 (3952) | D | 21607024380 | AG | AG | GT | CC |
| 76 | 3954 (3954) | D | 21607024382 | AA | AA | GG | CC |
| 77 | 3982 (3982) | D | 21604038232 | AA | AA | GG | CT |
| 78 | 3994 (3994) | D | 21604038198 | AA | AA | GG | CT |
| 79 | 4004 (4004) | D | 21605018423 | AA | AA | GG | CT |
| 80 | 4014 (4014) | D | 21605018392 | AA | AA | GG | CT |
| 81 | 403 (403) | D | 21512014155 | AG | AG | GT | CC |
| 82 | 4049 (4049) | D | 21605018414 | AG | AG | GT | CT |
| 83 | 4056 (4056) | D | 21610011506 | AG | AG | GT | CT |
| 84 | 406 (406) | D | 21512014158 | AA | AA | GG | CC |
| 85 | 4075 (4075) | D | 21610011476 | AG | AG | GT | CC |

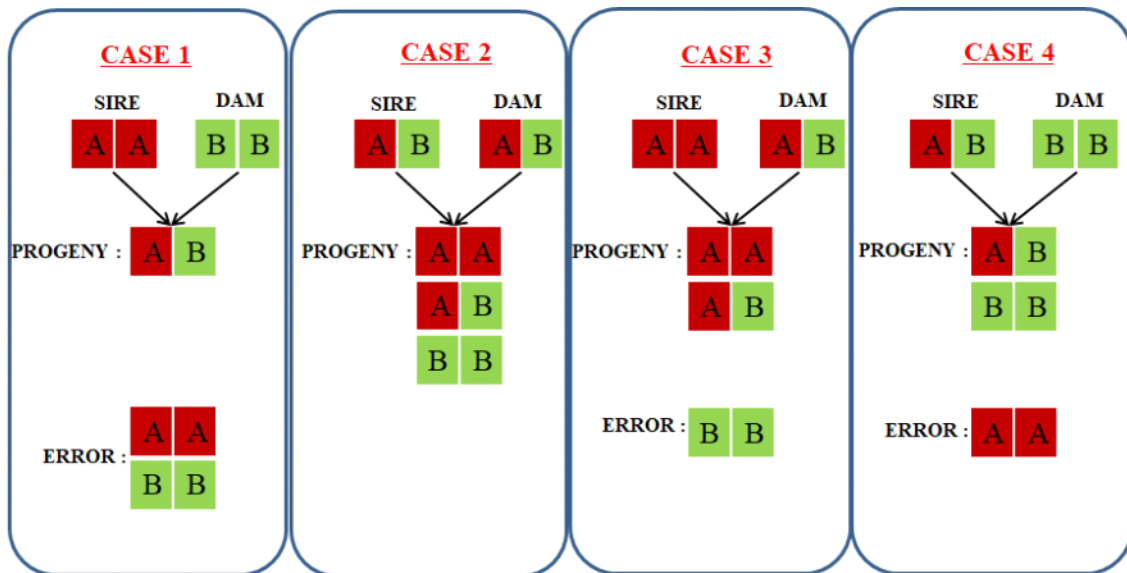
[표 3-87] B종돈장의 AI센터 보유 종모돈 분석 결과-3

| 샘플 번호 | 개체번호 | 품종 | 혈통번호 | Genotyping 결과 | | | |
|----------|----------------|----|-------------|---------------|--------|------|-------|
| | | | | WUR | GBP1E2 | GBP5 | CD163 |
| 86 | 4225 (4225) | D | 21609018901 | GG | GG | TT | CT |
| 87 | 4243 (4243) | D | 21609018872 | AA | AA | GG | CT |
| 88 | 4257 (4257) | D | 21609018855 | AA | AA | GG | CT |
| 89 | 4262 (4262) | D | 21609018907 | AG | AG | GT | CC |
| 90 | 4305 (4305) | D | 21609018939 | AA | AA | GG | CC |
| 91 | 4306 (4306) | D | 21609018940 | AA | AA | GG | CC |
| 92 | 4307 (4307) | D | 21609018941 | AA | AA | GG | TT |
| 93 | 4308 (4308) | D | 21609018942 | AA | AA | GG | TT |
| 94 | 431 (431) | D | 21512014216 | AA | AA | GG | CC |
| 95 | 4322-2(4322-2) | D | 21611037002 | GG | GG | TT | CC |
| 96 | 4341 (4341) | D | 21611036967 | AG | AG | GT | CC |
| 97 | 5389 (5389) | D | 21503020878 | AA | AA | GG | CC |
| 98 | 550 (550) | D | 21512014163 | AA | AA | GG | CC |
| 99 | 5546 (5546) | D | 21503021142 | AA | AA | GG | TT |
| 100 | 5768 (5768) | D | 21504013197 | AG | AG | GT | CC |
| 101 | 588 (588) | D | 21512014026 | AG | AG | GT | CC |
| 102 | 592 (592) | D | 21512014030 | AG | AG | GT | CC |
| 103 | 5939 (5939) | D | 21504013348 | AG | AG | GT | CC |
| 104 | 6566 (6566) | D | 21505010942 | AA | AA | GG | CC |
| 105 | 712 (712) | D | 21706031284 | AG | AG | GT | CT |
| 106 | 7418 (7418) | D | 21507023159 | AG | AG | GT | CC |
| 107 | 7563 (7563) | D | 21507023153 | AG | AG | GT | TT |
| 108 | 7706 (7706) | D | 21507023238 | AA | AA | GT | CT |
| 109 | 7708 (7708) | D | 21507023240 | GG | GG | TT | CC |
| 110 | 776 (776) | D | 21706031285 | AG | AG | GT | CT |
| 111 | 790 (790) | D | 21706031286 | AA | AA | GG | CT |
| 112 | 7945 (7945) | D | 21508022002 | AA | AA | GG | CC |
| 113 | 7946 (7946) | D | 21508022003 | AA | AA | GG | CC |
| 114 | 817 (817) | D | 21706031288 | AA | AA | GG | CT |
| 115 | 818 (818) | D | 21706031289 | AA | AA | GG | CT |
| 116 | 821 (821) | D | 21706031290 | AA | AA | GG | CT |
| 117 | 828 (828) | D | 21706031291 | AA | AA | GG | TT |
| 118 | 896 (896) | D | 21706031292 | AA | AA | GG | CT |
| 119 | 903 (903) | D | 21706031293 | AA | AA | GG | TT |
| 120 | 926 (926) | D | 21706031295 | AA | AA | GG | TT |
| 121 | 928 (928) | D | 21706031296 | AA | AA | GG | CT |
| 122 | 9357 (9357) | D | 21704037093 | AA | AA | GG | CT |
| 123 | 9387 (9387) | D | 21704037094 | AA | AA | GG | CT |
| 124 | 9441 (9441) | D | 21704037095 | AG | AG | GT | TT |
| 125 | 9470 (9470) | D | 21704037096 | AA | AA | GG | CC |
| 126 | 9531 (9531) | D | 21704037099 | AA | AA | GG | CT |
| 127 | 9608 (9608) | D | 21704037100 | AA | AA | GG | CT |
| 128 | 9626 (9626) | D | 21704037101 | GG | GG | TT | CT |
| 129 | 9687 (9687) | D | 21704037102 | AA | AA | GG | CT |
| 130 | 993 (993) | D | 21706031297 | AG | AG | GT | TT |

제 10 절 참여종돈장 유전체정보 분석 결과

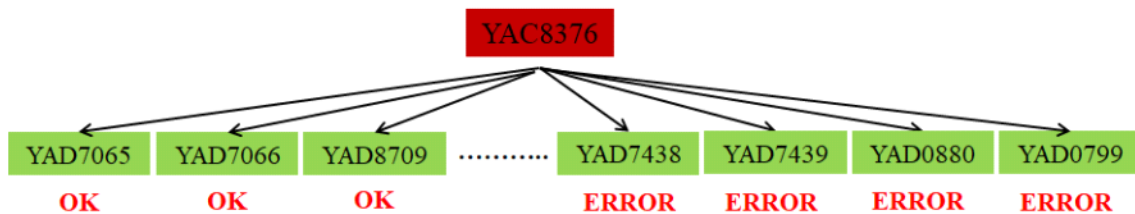
1. 유전체 정보를 활용한 친자감별

○ 부, 모 및 자식에 대한 유전체 정보 활용 (ISAG 기준의 Parentage SNP 이용 혹은 모든 SNP을 이용하여 친자 감별)

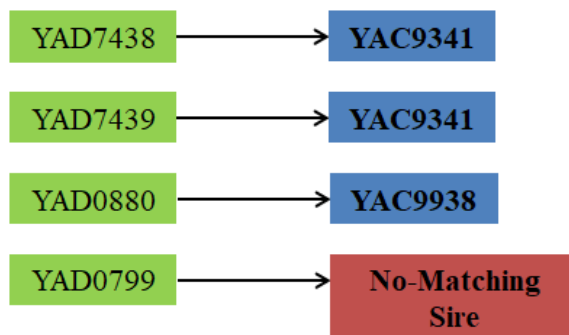


[그림 3-70] 유전체정보를 활용한 친자감별

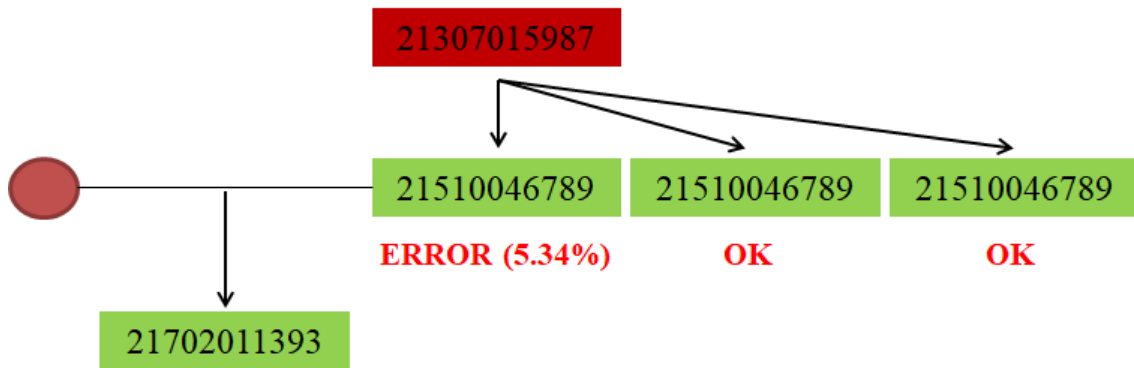
○ CASE 1 (13두의 자식중에서 4두 오류 - 에러율:31%)



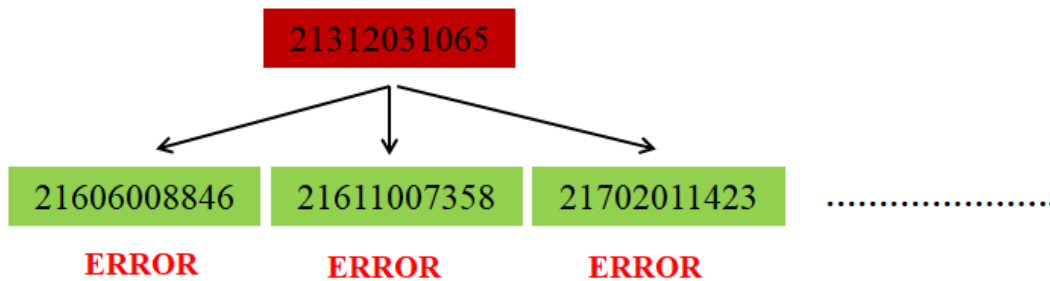
○ 유전체 자료를 이용하여 아버 개체 추적 (에러 개체 4두)



- 유전체 자료를 이용하여 아버 개체 추적 (에러 개체 4두)

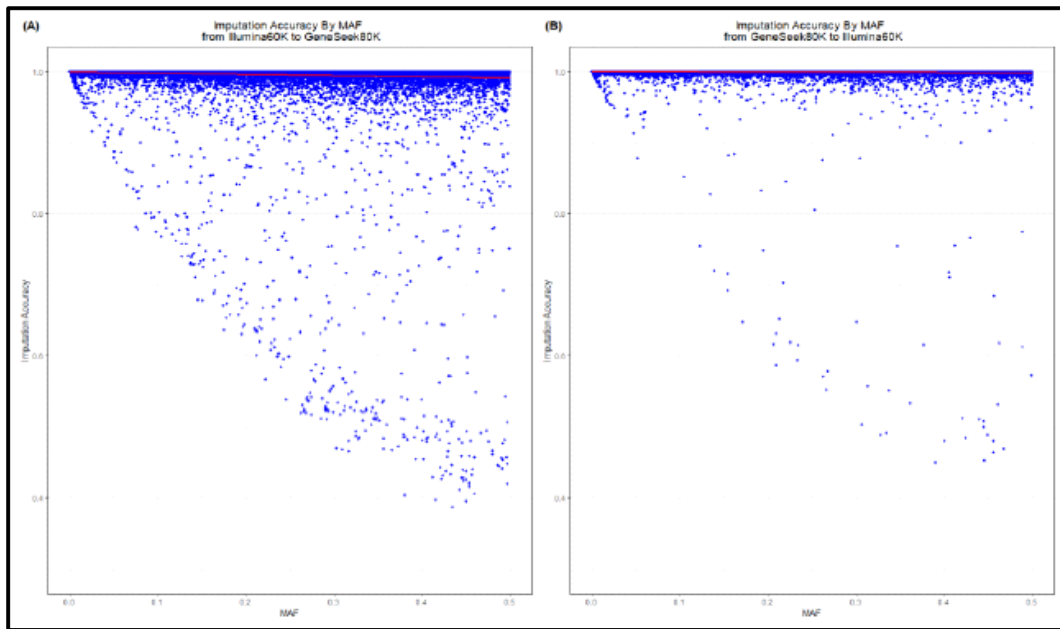


- CASE 2 (76의 자식 중에서 3두 친자 오류)



2. 두록종 대한 유전체선발(genomic selection) 모형

- Genotype data(1,026 Duroc pigs)
 - 520 individuals : genotyped with the Illumina PorcineSNP60 version2 (61,565 SNPs)
 - 506 individuals : genotypes with the GeneSeek-Neogen PorcineSNP80 (68,528 SNPs)
- Data Editing
 - QC : removed SNPs with poor call rate (<0.90), sex-chromosomes and unmapped SNPs, removed genotypes with poor call rate (0.90)
 - After QC : 507 animals (45,840 SNP markers for Illumina PorcineSNP60 version2), 472 animals (55,866 SNP markers for Neogen-GeneSeek PorcineSNP80)
- Imputation
 - FImputeV3 software was used for imputation SNPs between the two chip-panels, both from Illumina to GeneSeek and vice versa (generate 979 genotypes animals with both genotyping platforms)



[그림 3-71] Imputation accuracy computed using the proportion of correctly imputed genotypes by minor allele frequency. Imputation accuracy computed(A) from Illumina60K to GeneSeek80K and (B) from GeneSeek80K to Illumina60K

- Response Variables
 - DEBVexcPA (Deregressed EBV excluding PA) and DEBVincPA
- K-means Clustering
 - K-means cross-validation using 10 folds was used to partition animals
- Estimation of SNP effects
 - Two mixture model (BayesB and BayesC) with π set to 0.99 was used to estimate SNP effects using GenSel4R software.
- The Accuracy of MBV (Molecular Breeding Value)
 - A bivariate animal model was employed that included MBV of genotyped animals estimated using genotypes from animals not in the animal's fold and weighted deregressed EPD to estimate genetic correlations using ASReml v4.1 software
- 산육 및 번식형질에 대한 분산성분과 유전모수 추정
 - BFAT : 보정 등지방두께
 - DAYS : 90kg 도달일령
 - LMA : 등심단면적
 - PCL : 정육률

[表 3-88] Variance component and heritability estimated for growth and production-related traits in Duroc pigs.

| Trait ¹ | N | Additive genetic variance | Phenotypic variance | Heritability |
|--------------------|--------|---------------------------|---------------------|--------------|
| BFAT | 58,077 | 1.21 | 3.42 | 0.35 |
| DAYS | 58,077 | 34.57 | 85.10 | 0.41 |
| LMA | 47,466 | 1.14 | 7.15 | 0.16 |
| PCL | 47,457 | 2.09 | 5.52 | 0.38 |

¹BFAT = backfat thickness; DAYS = days to 90 kg body weight; LMA = loin muscle area; PCL = lean percent

○ GWAS results with Illumina ProcineSNP60 version2

[표 3-89] Informative 1Mb genome windows and significant SNP's based on Bayes Factor within windows associated with growth and production traits in Korean Duroc pigs from the GWAS using marker on Illumina PorcineSNP60 genotyping platform

| Trait ¹ | SSC_Mb | GV% ² | Informative SNP | Position (Mb) | Effect | BF ³ | Region annotation | Gene annotation |
|--------------------|--------|------------------|-----------------|---------------|--------|-----------------|--|---|
| BFAT | 1_62 | 1.26 | MARC0038944 | 62.12 | -0.04 | 24.17 | intergenic | NONE(dist=NONE),CGA(dist=131054) |
| | | | ALGA0003581 | 62.20 | -0.04 | 23.39 | intergenic | NONE(dist=NONE),CGA(dist=44656) |
| | | | ALGA0003583 | 62.23 | -0.04 | 22.52 | intergenic | NONE(dist=NONE),CGA(dist=16224) |
| | | | ALGA0003587 | 62.24 | 0.03 | 21.88 | intergenic | NONE(dist=NONE),CGA(dist=2593) |
| | 13_205 | 1.24 | ASGA0059825 | 205.31 | 0.12 | 136.38 | intergenic | CLDN8(dist=1144428),SOD1(dist=309936) |
| DAYS | 4_16 | 0.81 | ASGA0018674 | 16.88 | 0.10 | 97.55 | intergenic | FBXO32(dist=210423),DERL1(dist=213410) |
| | 7_124 | 1.58 | ASGA0093614 | 124.68 | 0.94 | 708.50 | intergenic | NONE(dist=NONE),BDKRB2(dist=26181) |
| | 18_29 | 1.50 | ALGA0097693 | 29.01 | 0.97 | 240.97 | intergenic | TSPAN12(dist=1290900),CFTR(dist=1388059) |
| | 1_177 | 1.30 | ASGA0004988 | 177.53 | -0.66 | 85.63 | intergenic | RNF152(dist=468819),MC4R(dist=1019391) |
| | 10_27 | 0.99 | H3GA0029615 | 27.03 | -0.62 | 77.98 | intergenic | MIR181A-1(dist=601150),NR5A2(dist=252919) |
| | 10_26 | 0.80 | H3GA0029613 | 26.91 | -0.58 | 69.77 | intergenic | MIR181A-1(dist=489646),NR5A2(dist=364423) |
| LMA | 5_87 | 2.36 | ALGA0033240 | 87.39 | 0.21 | 934.40 | intergenic | SLC5A8(dist=318494),NR1H4(dist=399478) |
| | 11_68 | 2.02 | CASI0007856 | 68.91 | -0.18 | 864.04 | intergenic | NONE(dist=NONE),DCT(dist=757772) |
| | 1_179 | 1.52 | ALGA0006660 | 179.02 | 0.14 | 57.55 | intergenic | PMAIP1(dist=161261),MIR122(dist=897655) |
| | | | ALGA0006655 | 179.00 | 0.12 | 47.49 | intergenic | PMAIP1(dist=144947),MIR122(dist=913969) |
| | 16_9 | 1.40 | ALGA0101487 | 99.10 | 0.09 | 96.92 | - | NONE |
| | 18_12 | 1.25 | ASGA0078904 | 12.62 | -0.05 | 42.71 | intergenic | ZC3HAV1(dist=1552776),PTN(dist=273756) |
| | | | M1GA0023069 | 12.64 | 0.05 | 38.94 | intergenic | ZC3HAV1(dist=1572284),PTN(dist=254248) |
| 8_128 | 1.24 | ALGA0115575 | 128.24 | -0.13 | 149.93 | intergenic | NFKB1(dist=573086),PPP3CA(dist=224770) | |
| PCL | 13_205 | 1.08 | ASGA0059825 | 205.31 | -0.18 | 190.47 | intergenic | CLDN8(dist=1144428),SOD1(dist=309936) |
| | 1_62 | 0.90 | ALGA0003581 | 62.20 | 0.04 | 21.72 | intergenic | NONE(dist=NONE),CGA(dist=44656) |
| | | | MARC0038944 | 62.12 | 0.04 | 21.00 | intergenic | NONE(dist=NONE),CGA(dist=131054) |
| | | | ALGA0003583 | 62.23 | 0.04 | 20.59 | intergenic | NONE(dist=NONE),CGA(dist=16224) |

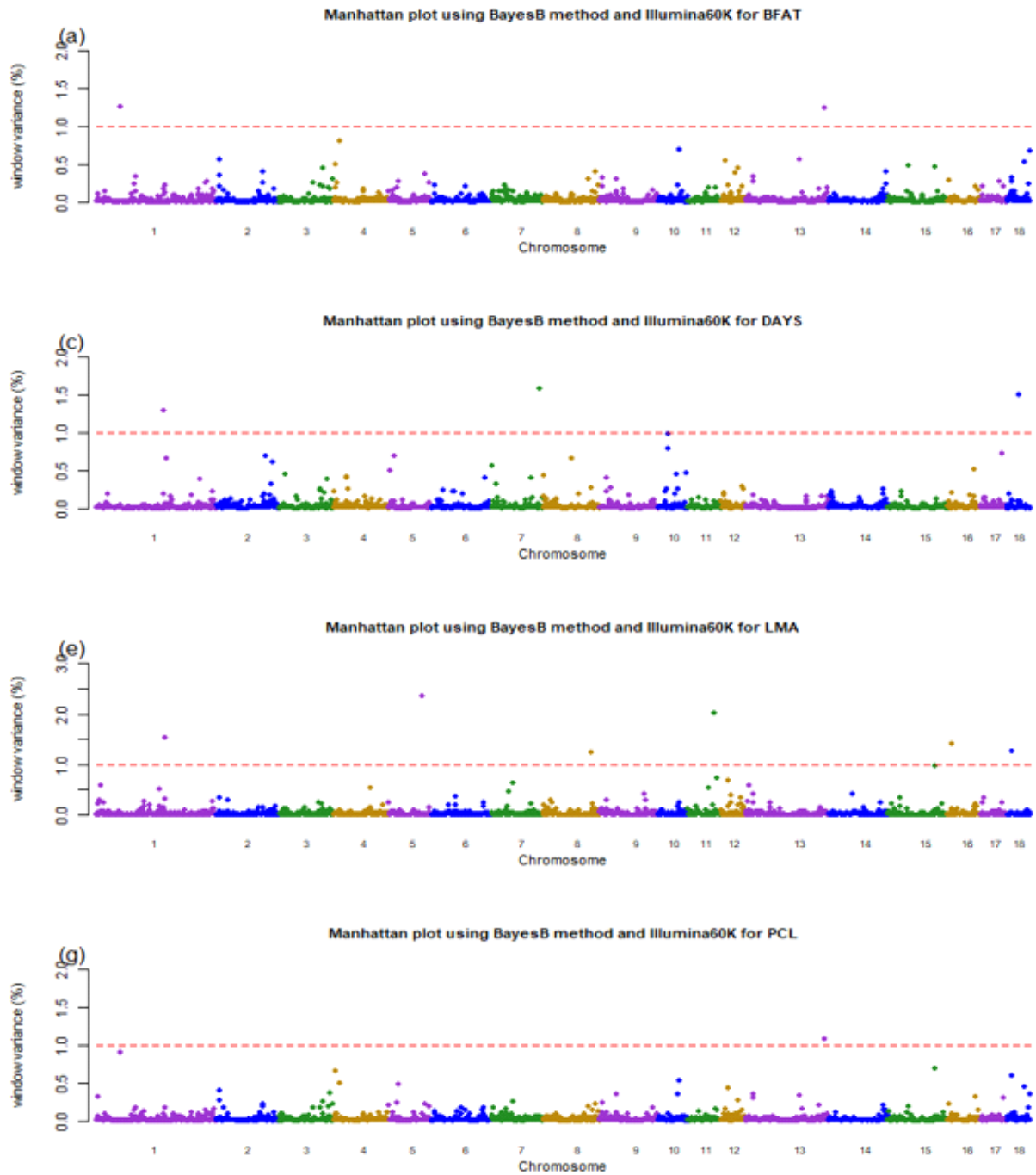
¹BFAT = backfat thickness; DAYS = days to 90 kg body weight; LMA = loin muscle area; PCL = lean percent; GV% = Percentage of additive genetic variance explained by SNP markers within each 1-Mb window region; ³BF = Bayes factor

○ GWAS results with Neogen-GeneSeek Pocine80K

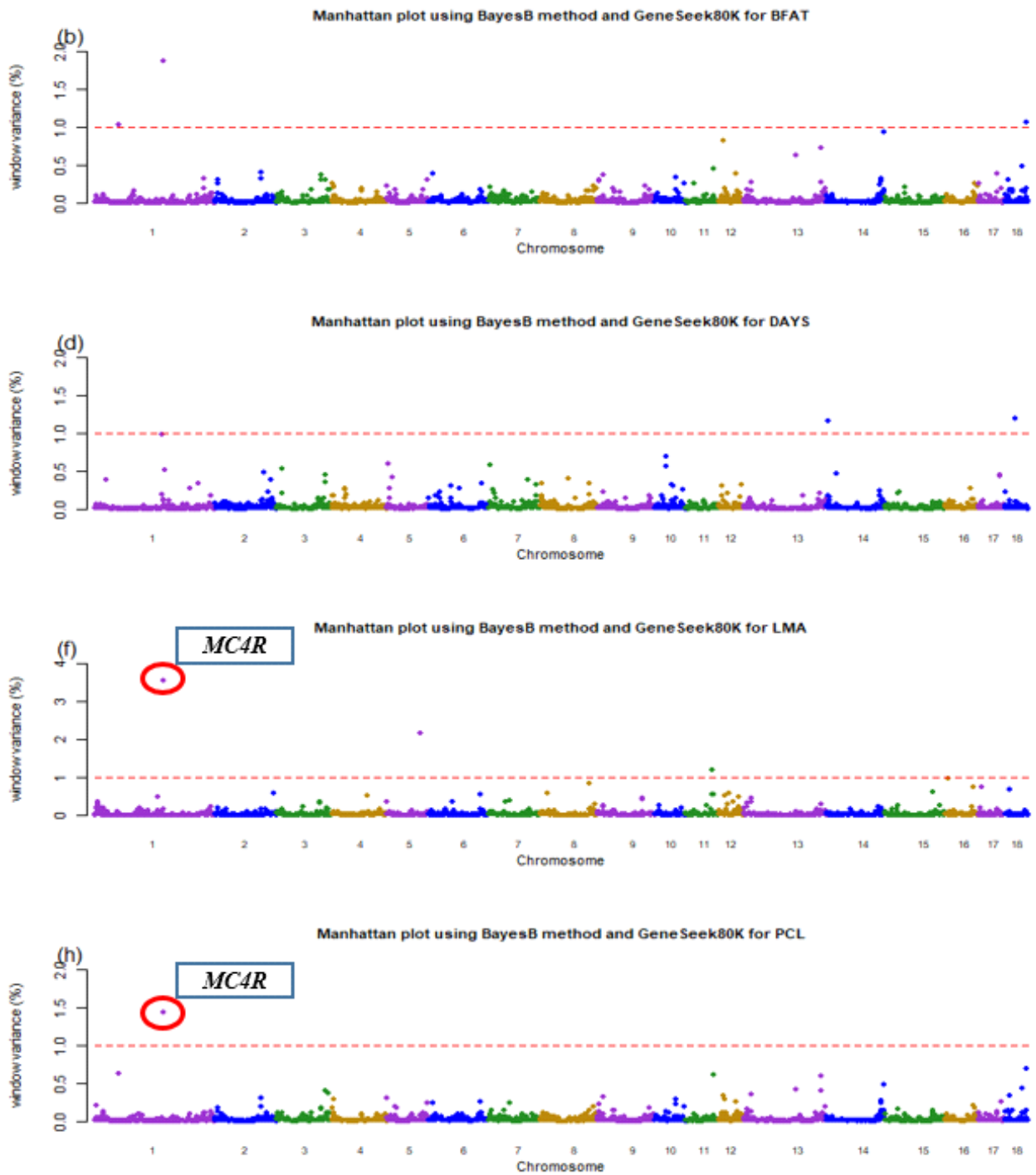
[표 3-90] Informative 1Mb genome windows and significant SNP's based on Bayes Factor within windows associated with growth and production traits in Korean Duroc pigs from the GWAS using marker on Gene-Illumina PorcineSNP60 genotyping platform

| Trait ¹ | SSC_Mb | GV% ² | Informative SNP | Position (Mb) | Effect | BF ³ | Region annotation | Gene annotation |
|--------------------|--------|------------------|----------------------|---------------|--------|-----------------|-------------------|--|
| BFAT | 1_178 | 1.88 | WU_10.2_1_178188861 | 178.19 | -0.21 | 195.56 | intergenic | RNF152(dist=1123583),MC4R(dist=364627) |
| | 18_58 | 1.06 | WU_10.2_18_58809866 | 58.81 | -0.04 | 26.71 | intergenic | INHBA(dist=800771),NONE(dist=NONE) |
| | 1_62 | 1.04 | ALGA0003581 | 62.20 | -0.03 | 21.94 | intergenic | NONE(dist=NONE),CGA(dist=44656) |
| | | | ALGA0003587 | 62.24 | 0.03 | 21.51 | intergenic | NONE(dist=NONE),CGA(dist=2593) |
| | 14_150 | 0.93 | WU_10.2_14_150298075 | 150.30 | 0.08 | 68.20 | intergenic | NONE(dist=NONE),GLRX3(dist=891194) |
| | | | M1GA0019859 | 150.87 | 0.03 | 21.50 | intergenic | NONE(dist=NONE),GLRX3(dist=891194) |
| DAYS | 18_29 | 1.19 | ALGA0097693 | 29.01 | 0.78 | 145.57 | intergenic | TSPAN12(dist=1290900),CFTR(dist=1388059) |
| | 14_4 | 1.16 | WU_10.2_14_4968099 | 4.97 | 0.86 | 186.71 | intergenic | LPL(dist=511359),DOK2(dist=1649547) |
| | 1_177 | 0.99 | ASGA0004988 | 177.53 | -0.51 | 58.27 | intergenic | RNF152(dist=468819),MC4R(dist=1019391) |
| LMA | 1_178 | 3.56 | WU_10.2_1_178188861 | 178.19 | 0.30 | 1010.87 | intergenic | RNF152(dist=1123583),MC4R(dist=364627) |
| | 5_87 | 2.17 | ALGA0033240 | 87.39 | 0.20 | 659.04 | intergenic | SLC5A8(dist=318494),NR1H4(dist=399478) |
| | 11_68 | 1.19 | CASI0007856 | 68.91 | -0.12 | 158.68 | intergenic | NONE(dist=NONE),DCT(dist=757772) |
| | 16_9 | 0.97 | ALGA0101487 | 9.91 | 0.08 | 88.43 | - | NONE |
| | 8_128 | 0.85 | ALGA0115575 | 128.24 | -0.09 | 77.91 | intergenic | NFKB1(dist=573086),PPP3CA(dist=224770) |
| PCL | 1_178 | 1.44 | WU_10.2_1_178188861 | 178.19 | 0.26 | 167.70 | intergenic | RNF152(dist=1123583),MC4R(dist=364627) |
| | 11_74 | 0.61 | WU_10.2_11_74507674 | 74.51 | 0.12 | 85.22 | intergenic | IPO5(dist=334379),SLC15A1(dist=382105) |

¹BFAT = backfat thickness; DAYS = days to 90 kg body weight; LMA = loin muscle area; PCL = lean percent; GV% = Percentage of additive genetic variance explained by SNP markers within each 1-Mb window region; ³BF = Bayes factor



[그림 3-72] Manhattan plot identifying window regions associated with growth and production traits in Duroc pigs using SNP markers on Illumina Porcine60K



[그림 3-73] Manhattan plot identifying window regions associated with growth and production traits in Duroc pigs using SNP markers on GeneSeek-Neogen Porcine80K

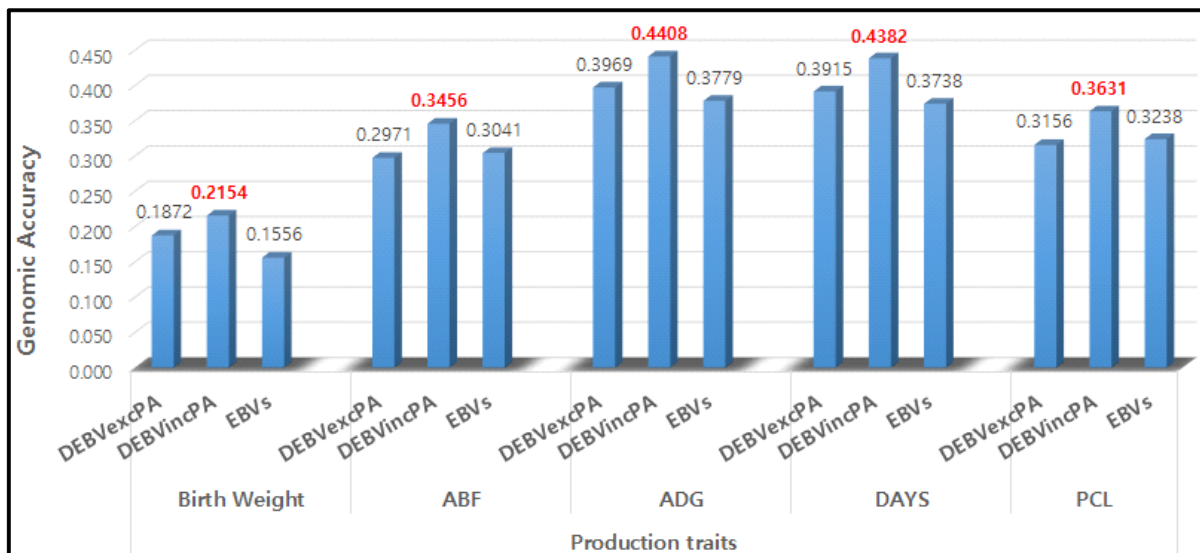
○ The accuracy of genomic prediction (18% ~ 33%)

[표 3-91] Accuracy of genomic prediction between molecular breeding values and their corresponding response variables and according to Bayesian methods and SNP genotyping platforms(Illumina PorcineSNP60 and GeneSeek-Neogen ProcineSNP80) in Duroc pigs across growth and production related traits

| Trait ¹ | Response Variable ² | Illumina PorcineSNP60 | | Response Variable | GeneSeek-Neogen PorcineSNP80 | |
|--------------------|--------------------------------|-----------------------|--------|-------------------|------------------------------|--------|
| | | BayesB | BayesC | | BayesB | BayesC |
| BFAT | DEBVexcPA | 0.18 | 0.18 | DEBVexcPA | 0.18 | 0.18 |
| | DEBVincPA | 0.25 | 0.26 | DEBVincPA | 0.25 | 0.25 |
| DAYS | DEBVexcPA | 0.19 | 0.19 | DEBVexcPA | 0.21 | 0.20 |
| | DEBVincPA | 0.27 | 0.28 | DEBVincPA | 0.27 | 0.27 |
| LMA | DEBVexcPA | 0.23 | 0.23 | DEBVexcPA | 0.25 | 0.24 |
| | DEBVincPA | 0.30 | 0.31 | DEBVincPA | 0.33 | 0.32 |
| PCL | DEBVexcPA | 0.22 | 0.22 | DEBVexcPA | 0.22 | 0.22 |
| | DEBVincPA | 0.29 | 0.30 | DEBVincPA | 0.30 | 0.30 |

¹BFAT = backfat thickness; DAYS = days to 90 kg body weight; LMA = loin muscle area; PCL = lean percent
²DEBVexcPA = deregressed-EBV excluding parent average; DEBVincPA = deregressed-EBV including parent average

○ CNPS 참여 종돈장 (농협, 가야, 제주)의 표현형 자료와 유전체 자료 3,185두의 모두 자료를 이용하여 분석한결과 (BFAT: 35%, ADG: 44%, 90DAYS: 44%, PCL: 36%)



[그림 3-74] The accuracies of genomic prediction according to Bayesian approach and various response variables on production traits in Yorkshire pigs

○ Duroc 종에 대한 유전체 선발 모형 적용

- 선행 연구에서 제시한 바와 같이 아직 참조 축군 (약 1,000두)이 충분하지 않은 이유에서 요크셔종에 비해서 아직 높은 유전체 정확도를 추정하기 힘든 실정.
- 두 개의 genotyping 패널 (Illumina vs. GeneSeek)에서 나온 결과와 같이 패널에 따라서 (including real QTL genotypes) 유전체 정확도 차이를 보임. - 다양한 패널 확보 중요

○ 문제점 (참조 집단 구축)

- 두록과 랜드레이스의 경우 상당히 적은 규모로 축군이 운영되고 있으므로, 옹돈 및 모돈만으로는 충분한 참조 집단을 구성하기 힘든 실정.

○ 향후 계획

- 두록과 랜드레이스의 경우에는 검정돈에 대한 유전체 자료를 확보하여 유전체 선발을 적용할 수 있는 참조축군을 빠르게 구축할 필요성이 있다.

Categories of genotyped animals in reference population

- 1) **High accuracy animals** : provide the most information for building a prediction equation, but take little direct benefit from additional genomic information.
- 2) **Lower accuracy animals** : provide a limited information for building prediction equation, but take benefit from additional genomic information
- 3) **Low accuracy animals (will be genotyped)** : provide no information for building prediction equation but take the most benefit from additional genomic information

3. 요크셔종의 대한 유전체선발(genomic selection) 모형

가. 연구수행내용

- 돼지 요크셔종에 대하여 성장 (생시체중, 일당증체량 및 90kg도달일령), 생산 (등지방두께 및 정육율) 및 번식 형질 (총산자수, 생존산자수)에 유전체 선발 모형을 적용하여 유전체 정확도 (Accuracy of Molecular Breeding Value)를 추정하였으며, 향후 양돈 개량을 위하여 유전체 선발 모형의 적용을 검토하였다.

(1) 유전체 자료의 생성

- 본 연구과제 수행을 위하여 총 4,777두 ([표 3-96] 참조)에 대하여 Illumina PorcineSNP60 version2 (Illumina, Inc., San Diego, CA) SNP 패널을 이용하여 유전체 자료를 생성하였으며, SNP 패널로 부터 61,565 SNP 마커 정보를 생성하였다. 최종적으로 분석에 이용된 SNP 마커의 수는 맵 정보가 없는 SNP 마커, 성염색체 상에 존재하는 SNP 마커 및 call rate가 0.95 이하인 SNP 마커를 제외하고 46,103개의 SNP 마커를 이용하였다. 그리고 유전체 자료 중에서 중복하여서 지노타이핑된 개체 60두 중에서 상대적으로 call rate가 낮은 30두를 제외하였으며, 친자 감별 테스트를 통하여 유전체 정보와 혈통 정보가 일치하지 않는 개체 244두를 최종적인 분석에서 제외하였다. 또한, 개체 식별번호가 확인 되지 않는 개체를 제외하였으며, 최종적으로 2,856두의 유전체 정보 자료를 이용하여 분석하였다. SNP 마커 자료 중에서는 0.27% 정도의 결측치가 존재하였으며, 이는 FImputeV3 프로그램 (Sargolzaei et al., 2014)을 이용하여 결측치를 추정하여 최종적인 유전체 자료를 생성하고 분석에 이용될 수 있는 축군을 구축하였다.

(2) 표현형 자료 생성

- 유전 모수 및 분산 성분 추정과 모든 개체들에 대한 육종가 및 정확도를 추정하기 위하여 다형질 개체 모형을 이용하였으며, 이는 ASREML 4.1 소프트웨어 (Gilmour et al., 2015)를 이용하여 추정하였다. 추정된 육종가와 정확도를 이용하여 부모의 효과가 제외된 DEBVexcPA (Deregressed Estimated Breeding Value), 다시 부모의 효과를 합친 DEBVincPA 및 EBVs (Estimated Breeding values)를 유전체 선발의 반응 변수로 사용하기 위하여 재추정하였다. 또한, 새롭게 추정된 반응변수들은 개체마다 각기 다른 정확도를 가지고 있기 때문에, 이러한 이질적 분산 (heterogeneous variance)을 설명하기 위하여 가중치 (weighting factor)를 아래와 같은 공식 (Garrick et al., 2009)을 가지고 최종 모형 식에 적용하였다.

$$\omega_i = \frac{(1 - h^2)}{c + [(1 - r_i^2)/r_i^2]h^2}$$

여기서, r_i^2 는 반응 변수 (DEBV)의 정확도, h^2 는 각 형질 별로 추정된 유전력, c 는 SNP 마커 정보로 설명되어 질 수 없는 유전적 분산의 비율이며, 0.4 수준으로 가정 (Saatchi et al., 2012). 최종적으로 반응 변수를 DEBV로 변환한 후에 정확도가 0.01 이하인 개체들을 제거한 후 유전체 및 표현형 (DEBV) 자료가 확보된 참조 축군 2,811두를 이용하여 유전체 선발 모형 분석을 수행하였다.

(3) Genomic Prediction을 위한 통계 모형 (Bayesian methods)

- 유전체 선발을 위한 통계 모형은 일반적으로 사용되어 지고 있는 혼합 선형 모형 (Mixed Linear Model)을 이용하였다. SNP 마커 효과들을 추정하기 위해서 BayesA, BayesB 및 BayesC 방법 (Kizilkaya et al., 2010)을 이용하고 다양한 π 값을 적용하여 비교 분석 비교하였다. 이용되는 모형은 두 방법에 동일하게 아래와 같은 혼합 선형 모형을 적용하였다.

$$y_i = \mu + \sum_{j=1}^k Z_{ij}u_j\delta_j + \epsilon_i$$

여기서, y_i 는 반응 변수 (Deregressed EBV), μ 는 전체 집단 평균, k 는 SNP 마커의 수, Z_{ij} 는 i 번째 개체의 j 번째 마커의 allele state (0,1,2), u_j 는 SNP 마커의 효과, δ_j 는 SNP 마커가 모델 상에서 존재 유무 (0 or 1)를 나타낸다.

- SNP 마커의 효과 및 분산 (깁스 샘플링을 이용하여 얻어진 모수 및 효과의 사후 분포)을 추정하기 위하여 총 110,000번의 마르코프체인-몬테카를로 (Markov chain Monte Carlo: MCMC) iteration 중에 초기 10,000번의 iteration은 burn-in 구간으로 제외하였으며, SNP 마커 효과 및 분5번째 iteration만을 추출하여 사후 평균으로 SNP 마커 효과 및 분산을 추정하였다. 이는 마르코프체인 상에서 자기 상관 (Auto-correlation)이 발생하기 때문에 이로 인한 편의 발생을 사전에 방지하기 위하여 위와 같은 방법으로 추정하였다.
- BayesC 방법 역시 BayesB 방법과 같이 π 값의 설정에 따라서 SNP 마커의 효과를 '0'으로 가정하는 mixture model을 이용한다. 그리고, SNP 마커 효과는 정규 분포 (Normal-distribution)를 따르게 되며, SNP 마커들은 등분산 (common variance)을 갖는다는 가정으로 샘플링이 되어진다 (Haiber et al., 2011). 반면에, BayesB 방법은 SNP 마커 효과들에 대하여 사전 분포로 t 분포 (t-distribution)를 사용하며, 각각의 SNP 마커마다 다른 분산을 갖는다는 사전 가정으로부터 샘플링이 되어진다. 위 모든 프로시저들은 GenSel4R 프로그램을 이용하여 수행되었다 (Garrick and Fernando, 2013).

(4) 5-fold 교차 검증 (Cross-Validation)을 이용한 유전체 정확도 (Accuracy of MBVs) 추정

- **교차 검증** : 본 연구에서는 유전체 정확도를 추정하기 위해서, 5-fold 교차 검증 방법을 이용하였으며, 교차 검증을 위하여 K-Means 클러스터링 방법을 이용하였다. K-Means

클러스터링을 통해서 참조 집단 (reference population)은 training과 validation 집단으로 나뉘지게되며, 이때 두 집단 (training과 validation)의 혈연적인 관계는 최대한으로 적게 나타날 수 있도록 조성된다. K-Means 클러스터링 방법은 참조 집단 2,811두에 연관되어 있는 7,771두의 혈통 자료를 가지고 혈연 행렬 (Numerical Relationship Matrix: NRM)를 추정된 후에 이를 다시 Distance Matrix로 변환하여 각 그룹간의 혈연관계를 최대한으로 적게 나타날 수 있도록 적용하였다. 클러스터링에 대한 결과는 Table 2에 나타내었으며, 그룹 내 (within group)의 amax와 a_{ij} 통계량이 그룹 간 (between group) amax와 a_{ij} 통계량보다 상대적으로 멀리 떨어져 있음을 확인할 수 있다. 이는 K-Means 클러스터링의 목적에 맞게 참조 집단이 training과 validation 집단으로 그룹핑이 되었음을 알 수 있다.

- **유전체 정확도 추정:** 본 연구에서는 유전체 정확도 추정을 위하여 K-Means 클러스터링을 통하여 군집화된 validation 그룹으로부터 추정된 유전체 육종가 (Molecular Breeding Value)와 DEBV를 이변량 개체 모형 (bivariate animal model)을 적용하여 유전적 상관관을 추정하였다. 유전적 상관 추정을 위해서 ASREML version 4.1 프로그램 (Gilmour et al., 2015)을 이용하였다. 이변량 개체 모형을 위해서 유전체 육종가와 DEBV가 종속 변수로 이용되었다. 종속 변수중의 하나인 유전체 육종가 (MBV)를 위한 모형식은 회귀를 위한 고정효과, 랜덤 상가적 유전 효과와 DEBV의 표현형 분산을 0.0001%로 고정시킨 오차 분산을 포함하였으며, DEBV를 위한 모형식으로는 동일한 고정 효과와 랜덤 상가적 유전 효과를 포함하고, 에러의 분산치에 가중치 ($Var(e) = w\sigma_e^2$)를 더하여 포함하였다. 여기서 이용된 가중치 역시 앞에서 설명되었던 바와 같이 개체들마다 DEBV의 이질적인 정확도를 설명하기 위함이다. 또한, 상가적 유전 분산과 오차 분산은 앞에서 DEBV를 추정할 때와 마찬가지로 각각 0.4와 0.6으로 가정하고 추정하였다.
- **통합 유전체 육종가 (Genomic-Enhanced EBVs)를 위한 추정:** “Correlated traits” 방법을 이용하여 추정된 유전체 정확도를 기반으로 BLUP 방법에 의하여 추정된 EBV와 SNP 마커 효과들의 합으로 추정된 MBV간의 혼합 (blending)과정을 통하여 통합 유전체 육종가를 추정하게 된다. “Correlated traits” 혼합 방법은 Kachman (2008)에 의하여 제시되었으며, MacNeil et al. (2010)등이 처음으로 실제 현장에 적용하였다. 각 개체별 통합 유전체 육종가 (GE-EBVs)는 아래의 공식에 의하여 계산한다.

$$GE - EBV = \frac{1 - R_i^2}{(1 - r_g^2)} MBV_i + \frac{1 - r_g^2}{(1 - r_g^2 R_i^2)} EBV_i$$

$$reliability = \left[\frac{(1 - R_i^2)r_g^2 + (1 - r_g^2)R_i^2}{(1 - r_g^2 R_i^2)} \right]$$

여기서, R_i^2 는 i 번째 개체의 정확도이며, r_g^2 는 유전체 정확도 (accuracy of MBVs)이며, MBV_i 는 i 번째 개체의 유전체 육종가이며, EBV_i 는 전통적인 BLUP 방법으로 추정된 i 번째 개체의 육종가이다.

나. 연구 수행 결과

(1) 유전 모수 추정 및 교차 검증을 위한 클러스터링

- [표 3-97]에서는 성장, 생산 및 번식 형질들에 대한 추정된 유전 및 표현형 분산과 유전력을 나타내었다. 추정된 유전 모수를 살펴보면, 성장 및 생산 형질들은 중도의 유전력으로 추정되었으나, 번식형질들의 경우는 저도의 유전력으로 추정되었다. 5-fold 교차 검증을 위하여 클러스터링된 그룹들에 대한 그룹별 개체 수, 근교계수 및 혈연 통계량 (a_{max} 와 a_{ij})은 [표 3-98]에 나타내었다.

(2) 유전체 정확도 (Accuracy of MBV)

- [그림 3-82~89]에서는 성장, 생산, 번식 및 외모 형질들에 대하여 Bayesian 방법 (BayesA, BayesB 및 BayesC)을 이용하여 추정된 유전체 정확도를 나타내었다. 제시된 바와 같이 Bayesian 방법 간의 정확도 차이는 크게 나타나지 않았으며, 차후 지속적으로 파이프라인을 이용하여 정기적인 유전체 선발 모형을 적용하기에는 BayesC 방법을 이용하여 SNP 마커의 효과를 추정하는 것이 적합할 것으로 사료된다. BayesA와 BayesB 방법의 경우에는 사전 정보 즉 유전 및 잔차 분산에 BayesC 방법보다 민감하기 때문에 지속적으로 로버스트(robust)한 유전체 선발 모형의 적용을 위하여 BayesC 방법을 이용하는 것이 적합할 것으로 사료된다. 각 형질별로 유전체 정확도를 비교해보면, 성장 및 생산 형질은 상대적은 높은 유전력이 추정되었으며 GWAS 결과에 나타난바와 같이 상가적 유전 분산 높은 유의적인 QTL 및 영역들이 밝혀진 바와 같이 35~40%정도의 수준으로 유전체 정확도가 추정되었다. 이는 차후에 기존의 BLUP으로부터 추정된 EBVs와 SNP 마커 효과들의 합으로 이루어진 유전체 육종가 (MBVs)가 통합되었을 때, 더욱 높은 신뢰성을 가진 통합 유전체 육종가 (GE-EBVs)가 추정될 수 있을 것으로 기대할 수

있다. 반면에, 번식 형질의 경우는 상대적으로 저도의 유전력으로 추정되었으며, GWAS 분석결과에도 제시된 바와 같이 유의성이 높은 QTL 및 영역이 탐색되어지지 못한 만큼 유전체 육종가 역시 낮은 정확도로 추정 되었다. 물론 이는 번식 형질의 경우 유전적 구조 (genetic architecture)가 틀리기 때문인 것으로 판단할 수도 있으나, 낮은 정확도로 추정된 주된 요인은 번식 형질의 경우 환경적인 요인 (즉, 사양 관리 등)에 많은 영향을 받기 때문인 것으로 사료된다.

(3) 통합 유전체 육종가 (Genomic-Enhanced EBVs)

- [그림 3-90]에서는 연구 수행 내용에서 제시되었던 통합 공식에 의하여 추정된 통합 유전체 육종가 뿐만 아니라, 기존의 BLUP에 의해서 추정되었던 EBV 와 SNP 마커 효과들의 합으로 이루어진 유전체 육종가를 일당증체량 형질 기준으로 상위 20두에 대한 예시로 나타내었다. 제시된 바와 같이 기존의 EBV의 정확도보다 통합 유전체 육종가의 정확도의 경우 상승된 효과를 나타내었다. 유전체 정확도 (일당증체량의 경우 0.32)에 의해서 통합 유전체 육종가가 기존의 EBV보다 더욱 신뢰성을 가진 육종가로 추정되었음을 알 수 있게 되었다. 현재 제시된 [그림 3-90]에 나타난 개체들은 상위 20두만 제시된 것이며, 기존의 EBV의 정확도가 상당히 높았던 개체들이기 때문에 통합 유전체 육종가의 정확도 상승폭이 적게 나타났지만, 기존의 EBV의 정확도가 낮았던 개체들의 정확도 상승폭은 더욱 높게 추정되었다.

다. 결론

- 본 연구 결과로부터 성장, 생산 및 번식형질들에 대한 유전체 육종가의 정확도를 추정하였으며, 한국의 양돈산업에 유전체 선발 모형의 적용 시 발생하는 이점들에 대하여 살펴볼 수 있었다. 성장 및 생산 형질의 경우는 점차 유전체 선발 모형의 적용으로 인하여 더욱 신뢰성이 높은 통합 유전체 육종가를 추정할 수 있는 가능성을 보았지만, 번식형질의 경우에는 아직 개선해 나가야할 문제점들이 제시되었다. 특히 발정재귀일과 이유두수 형질들에 대하여 추정된 유전력으로 보아 정확한 유전 능력을 알아볼 수 있는 사양관리의 개선 방안 및 정확한 번식형질에 대한 기록이 필요할 것으로 사료된다. 유전체 정확도의 상승으로 인하여 통합 유전 육종가의 신뢰성을 더욱 높일 수 있다는 것을 알 수 있듯이, 차후 지속적인 유전체 자료를 가진 참조 축군의 증가와 진정한 QTL등의 탐색 및 더욱 발전된 통계적인 방법 등으로 인하여 유전체 정확도의 상승을 위한 연구가 지속적으로 수행해야할 것으로 사료된다.

[표 3-92] Current state of genotype data (SNP array, 단위 : 두)

| 참여종돈장 | | Landrace | Yorkshire | | Duroc | Total | |
|-------|-------|-------------|-------------|-----------|-------------|-------|-------|
| | | Illumina60K | Illumina60K | Axiom660K | Illumina60K | | |
| 농협 | ~'18년 | 350 | 2,143 | | 160 | 2,653 | 3,609 |
| | '19년 | 19 | 612 | 287 | 38 | 956 | |
| 제주 | ~'18년 | - | 300 | | - | 300 | 557 |
| | '19년 | 54 | 153 | | 50 | 257 | |
| 가야 | ~'18년 | - | 300 | | - | 300 | 611 |
| | '19년 | 50 | 261 | | | 311 | |
| Total | | 473 | 3,769 | 287 | 248 | 4,777 | 4,777 |

[표 3-93] Variance components and heritability estimated for growth and reproductive traits in Yorkshire pigs

| Trait ¹ | Additive genetic variance | Phenotypic variance | Heritability |
|--------------------|---------------------------|---------------------|--------------|
| BFAT | 2.65 | 6.38 | 0.31 |
| ADG | 0.12 | 0.35 | 0.42 |
| DAYS | 0.37 | 1.21 | 0.31 |
| PCL | 3.10 | 7.64 | 0.41 |
| TNB | 2.00 | 10.57 | 0.19 |
| NBA | 1.50 | 8.69 | 0.17 |
| IBW | 0.03 | 0.08 | 0.42 |

1BFAT = backfat thickness; ADG = average daily gain; DAYS = days to 90Kg body weight; PCL = lean percent; TNB = total number of born; NBA = number of born alive; IBW = individual birth weight

[表 3-94] Comparison of relationships among animals within and across clusters in 5-fold cross-validation

| Clusters | No. of animals | inBreC ¹ | a_{\max_within} ² | $a_{\max_between}$ ³ | a_{ij_within} ⁴ | $a_{ij_between}$ ⁵ |
|-------------|----------------|---------------------|---------------------------------|----------------------------------|-------------------------------|--------------------------------|
| 1 | 685 | 0.044 | 0.503 | 0.390 | 0.122 | 0.040 |
| 2 | 713 | 0.029 | 0.517 | 0.145 | 0.060 | 0.001 |
| 3 | 440 | 0.044 | 0.520 | 0.402 | 0.155 | 0.045 |
| 4 | 661 | 0.029 | 0.499 | 0.399 | 0.085 | 0.038 |
| 5 | 622 | 0.006 | 0.418 | 0.019 | 0.039 | 0.000 |
| Avg. | | 0.030 | 0.491 | 0.271 | 0.092 | 0.025 |

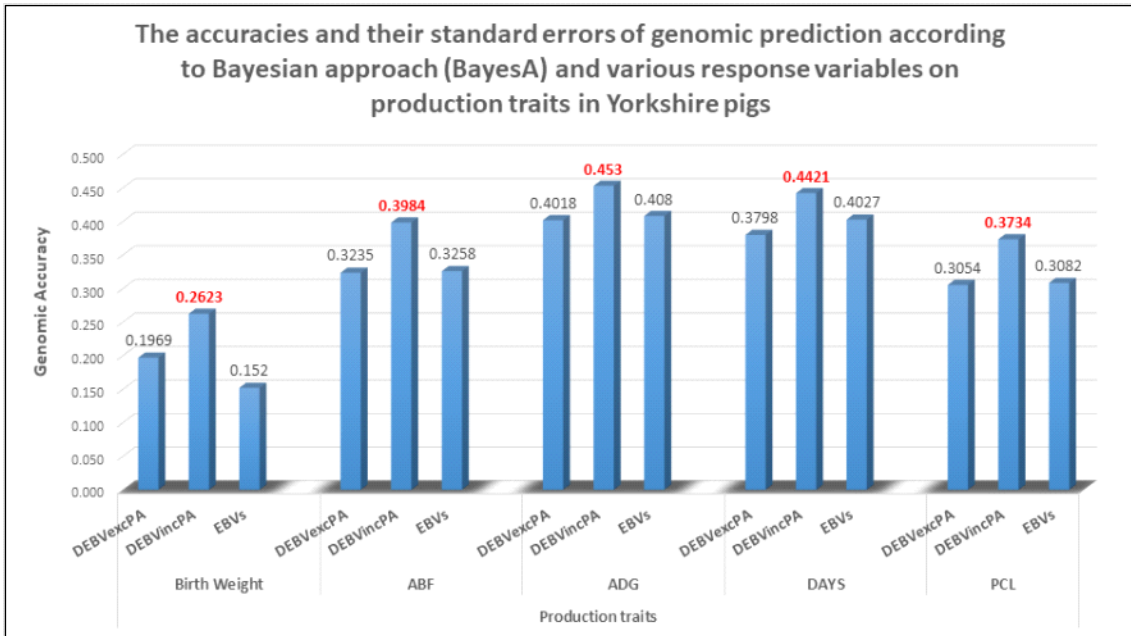
¹inBreC = the average of inbreeding coefficients within cluster 1.

² a_{\max_within} = the average of a_{\max} (the maximum of relationships [a_{ij}] for each animal) values within cluster 1.

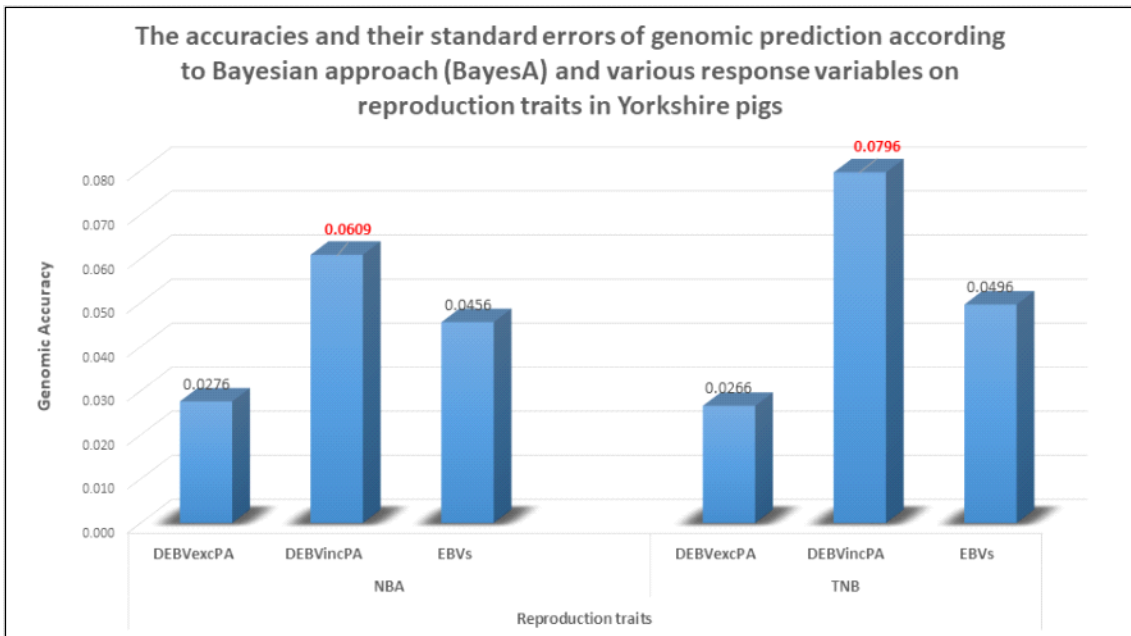
³ $a_{\max_between}$ = the average of a_{\max} values between the clustered (training and validation) groups.

⁴ a_{ij_within} = the average of a_{ij} (relationships) values within cluster 1.

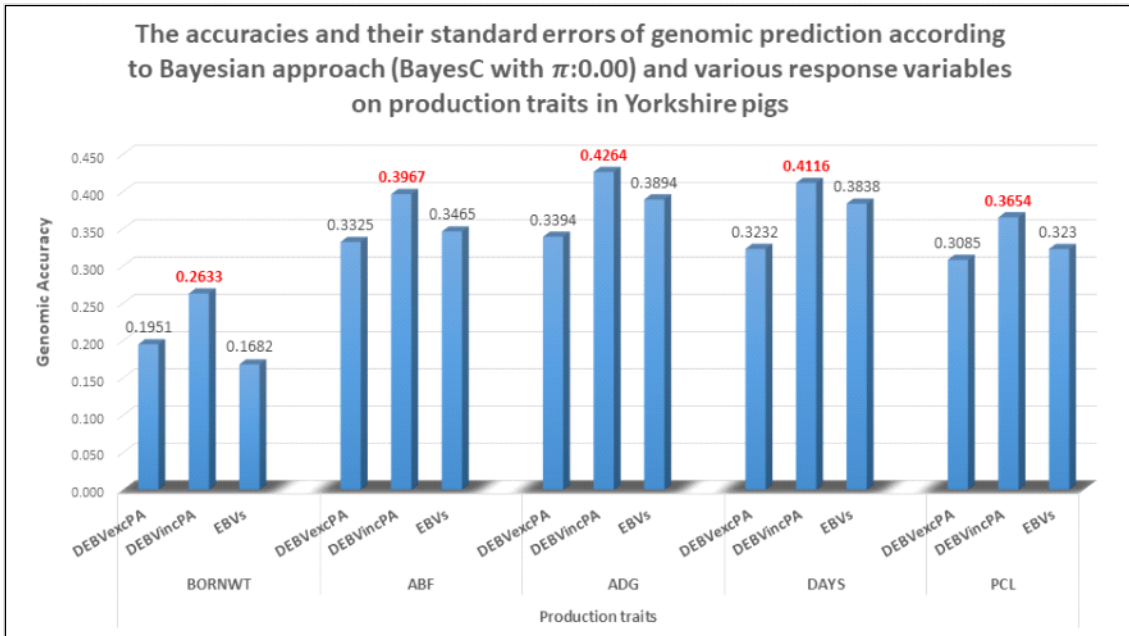
⁵ $a_{ij_between}$ = the average of a_{ij} values between clustered groups.



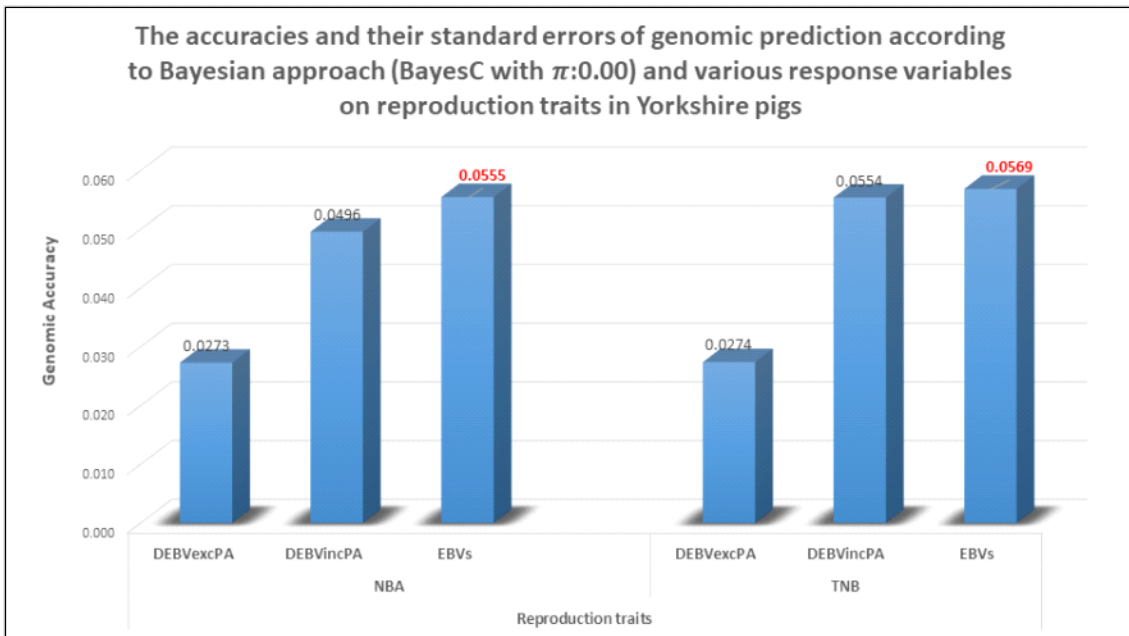
[그림 3-75] Genetic correlations between molecular breeding values and (D)EBVs and their standard errors in Yorkshire pigs across the studied growth and productive traits using BayesA for the panel consisting of approximately 60,000 SNPs



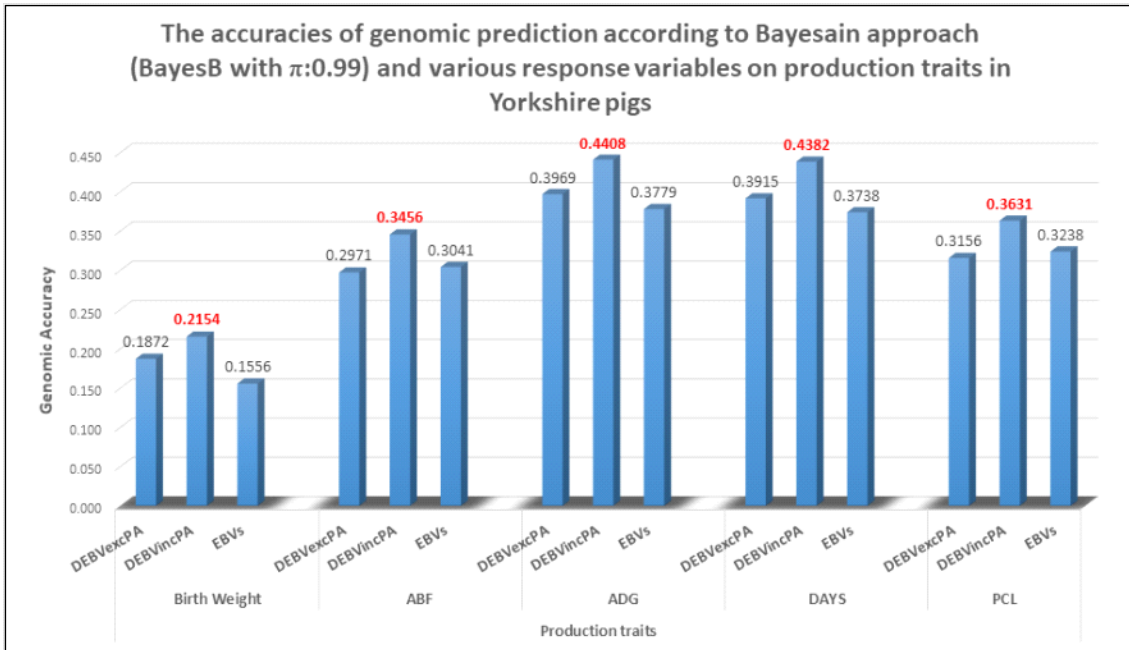
[그림 3-76] Genetic correlations between molecular breeding values and (D)EBVs and their standard errors in Yorkshire pigs across the studied reproductive traits using BayesA for the panel consisting of approximately 60,000 SNPs



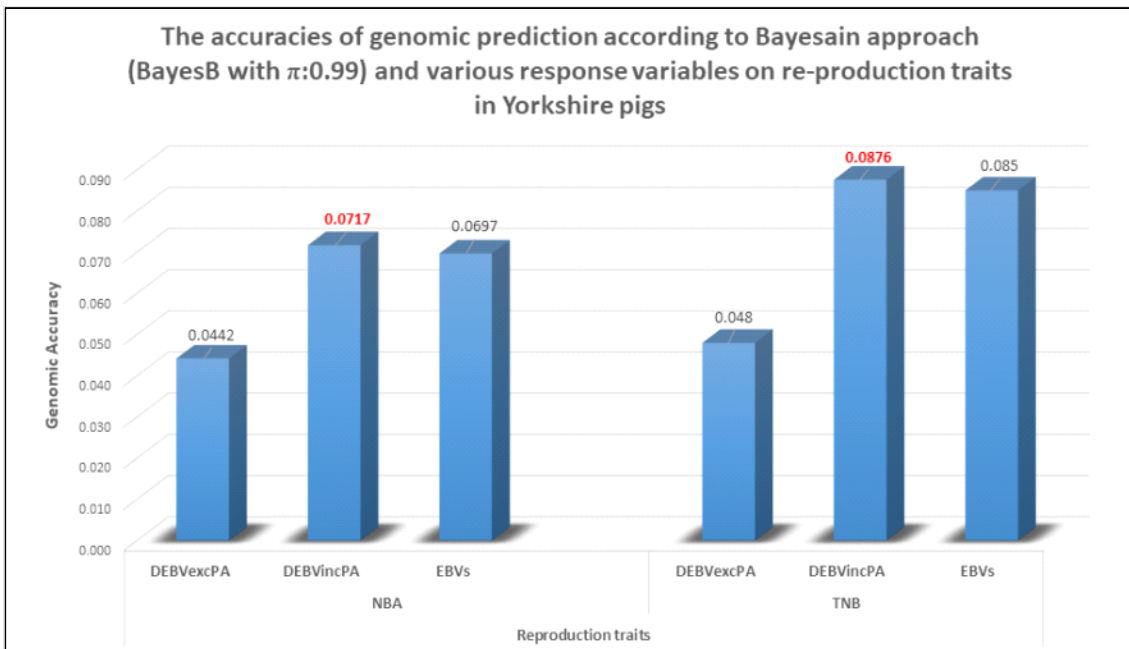
[그림 3-77] Genetic correlations between molecular breeding values and (D)EBVs and their standard errors in Yorkshire pigs across the studied growth and productive traits using BayesC ($\pi:0.00$) for the panel consisting of approximately 60,000 SNPs.



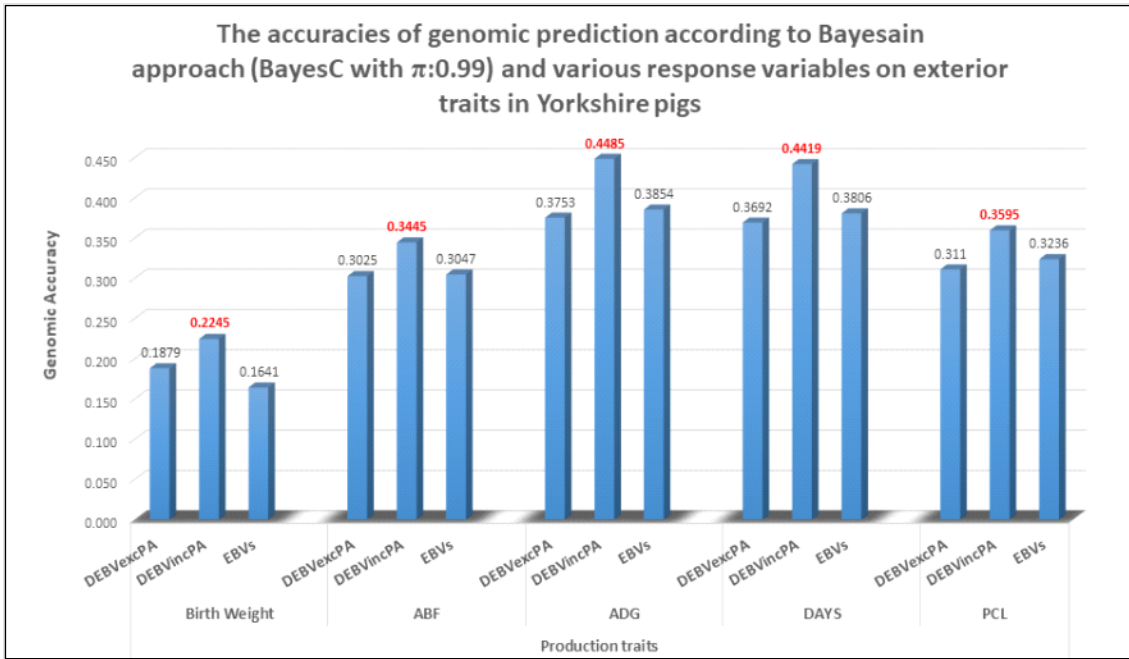
[그림 3-78] Genetic correlations between molecular breeding values and (D)EBVs and their standard errors in Yorkshire pigs across the studied reproductive traits using BayesC ($\pi:0.00$) for the panel consisting of approximately 60,000 SNPs.



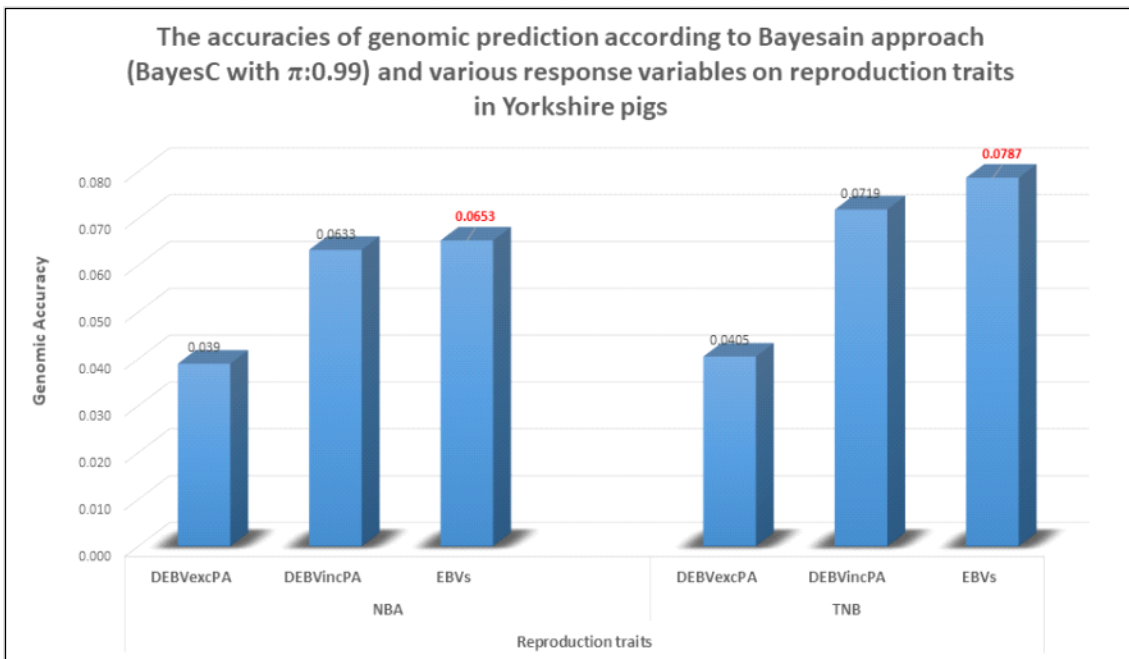
[그림 3-79] Genetic correlations between molecular breeding values and (D)EBVs and their standard errors in Yorkshire pigs across the studied growth and productive traits using BayesB ($\pi:0.99$) for the panel consisting of approximately 60,000 SNPs.



[그림 3-80] Genetic correlations between molecular breeding values and (D)EBVs and their standard errors in Yorkshire pigs across the studied reproductive traits using BayesB ($\pi:0.99$) for the panel consisting of approximately 60,000 SNPs.



[그림 3-81] Genetic correlations between molecular breeding values and (D)EBVs and their standard errors in Yorkshire pigs across the studied growth and productive traits using BayesC ($\pi:0.99$) for the panel consisting of approximately 60,000 SNPs.



[그림 3-82] Genetic correlations between molecular breeding values and (D)EBVs and their standard errors in Yorkshire pigs across the studied reproductive traits using BayesC ($\pi:0.99$) for the panel consisting of approximately 60,000 SNPs.

| REG | EBV | Acc. | MBV | GE-EBV | Acc. | Rank (EBV) | Rank (MBV) | Rank (GE-EBV) |
|---------|--------|--------|--------|--------|--------|------------|------------|---------------|
| YAE0108 | 1.242 | 0.8266 | 0.4565 | 1.2786 | 0.8485 | 1 | 1 | 1 |
| YJA2085 | 1.233 | 0.7809 | 0.4299 | 1.2655 | 0.815 | 2 | 4 | 2 |
| YAE0306 | 1.189 | 0.8155 | 0.4091 | 1.2142 | 0.8402 | 3 | 6 | 3 |
| YAE6289 | 1.094 | 0.7436 | 0.4533 | 1.1647 | 0.7892 | 5 | 2 | 4 |
| YJA2964 | 1.134 | 0.7634 | 0.3735 | 1.1546 | 0.8027 | 4 | 8 | 5 |
| YJA2490 | 1.088 | 0.8033 | 0.4283 | 1.1358 | 0.8311 | 6 | 5 | 6 |
| YJA3095 | 1.032 | 0.7513 | 0.3451 | 1.0542 | 0.7944 | 9 | 16 | 7 |
| YC14005 | 1.028 | 0.9473 | 0.4454 | 1.0481 | 0.9495 | 11 | 3 | 8 |
| YC14130 | 1.003 | 0.7662 | 0.3601 | 1.0359 | 0.8046 | 14 | 12 | 9 |
| YC14008 | 1.032 | 0.9725 | 0.3313 | 1.0341 | 0.9731 | 9 | 25 | 10 |
| YJA2082 | 0.9794 | 0.8122 | 0.3654 | 1.0124 | 0.8377 | 20 | 9 | 11 |
| YJA3894 | 0.9861 | 0.7622 | 0.3254 | 1.0044 | 0.8019 | 17 | 27 | 12 |
| YJA2113 | 1.005 | 0.7875 | 0.2862 | 1.001 | 0.8197 | 13 | 48 | 13 |
| YJA3853 | 1.008 | 0.7515 | 0.2668 | 0.993 | 0.7945 | 12 | 67 | 14 |
| YJA3143 | 0.9837 | 0.7804 | 0.2996 | 0.989 | 0.8146 | 18 | 39 | 15 |
| YAE0540 | 1.04 | 0.8308 | 0.1657 | 0.9859 | 0.8518 | 7 | 230 | 16 |
| YJA0266 | 0.9773 | 0.9599 | 0.3445 | 0.9835 | 0.9612 | 21 | 18 | 17 |
| YJA2990 | 0.9798 | 0.7959 | 0.2934 | 0.9826 | 0.8257 | 19 | 45 | 18 |
| YAE3772 | 0.9338 | 0.7951 | 0.3817 | 0.9825 | 0.8251 | 36 | 7 | 19 |
| YJA4411 | 1.038 | 0.7301 | 0.1944 | 0.9772 | 0.7803 | 8 | 168 | 20 |

[그림 3-83] Comparison of three kind of breeding values (EBV, MBV and GE-EBV) of average daily gain (genomic accuracy: 0.32) for top 20 Yorkshire pigs.

4. 생시 체중 및 총유두수에 대한 유전체 선발 모형 적용

가. 연구수행배경

- 최근 양돈산업에서 모돈에 대한 산자수 개량이 많이 이루어짐에 따라서 모돈의 자돈 관리 능력 역시 주요 경제 형질로 필요성이 대두되고 있으며, 그에 따라 모돈의 자돈 관리 능력에 가장 중요한 경제 형질로 유두수 개량의 필요성이 각 종돈장에서 증가되고 있는 실정이다. 현재까지 각 종돈장에서는 외모적으로 나타나는 지표에 따라서 선발기준을 정하였지만, 경제적 가치를 가지고 있는 형질이며, 다른 형질과는 달리 태어났을 때 바로 표현형으로 나타나는 형질로서 상대적으로 다른 형질들에 비하여 환경적인 영향을 아주 덜 받는 형질이지만, 유전적 구조 (genetic architecture)적인 측면을 살펴보면 소수의 효과들을 가진 수많은 QTL들이 존재 (QTLdb: 120개 이상의 QTL) 하기 때문에 유전능력 평가를 통하여 체계적인 유전적인 개량이 필요한 것으로 사료되어 본 연구를 수행하게 되었다.
- 또한 돼지 산업에서 성장 능력의 효율성이 가장 경제적인 이익에 관련성이 높으며, 이를 위하여 성장 능력 및 생존 능력에 가장 연관성이 높은 생시 체중을 경제적인 이익을 증대시키기 위하여 반드시 개량하여야 할 주요 경제 형질로 필요성이 증대되고 있는 실정

이다. 생시체중의 경우는 총산자수에 부의 상관을 가진 형질로서 총 산자수와 같이 적절한 수준을 가지고 개량이 이루어져야 할 주요 형질이다. 최근 외국에서는 새로운 형질로서 생시 체중의 기준을 1kg으로 설정하고 생존산자수를 계산하는 새로운 형질 (proportion of piglets born alive below 1kg birth weight: UWP)에 대한 연구가 이루어지고 있다. 본 연구에서는 개체별 생시체중에 대한 연구를 중점적으로 다루었지만, 위와 같은 형질 (UWP)을 통한 생존산자수와 생시체중에 대한 연구가 이루어지게 된다면 적절한 개량 방향을 제시해 줄 수 있을 것으로 사료된다.

나. 분산성분 및 유전모수 추정

(1) Descriptive statistics and model definition for genetic parameters

- [표 3-95]에는 요크셔종에 대한 각 분석 형질 (생시체중 및 총유두수)에 대한 평균, 표준편차, 최소값 및 최대값에 대한 기술 통계 분석 결과를 제시하였다.

[표 3-95] Descriptive statistics of the dataset (individual birth weight and total teat number) used in this study

| Trait ¹ | N ² | Mean ³ | SD ⁴ | Min | Max |
|--------------------|----------------|-------------------|-----------------|-----|-----|
| IBW | 70,191 | 1.42 | 0.300 | 0.6 | 2.5 |
| TTN | 18,529 | 14.55 | 1.019 | 10 | 20 |

1IBW = individual birth weight; TTN = total teat number; 2N = number of records; 3Mean = mean of the trait; 4SD = standard deviation of the trait

- 돼지 요크셔 품종에 대하여 총유두수 및 생시체중에 대한 분산 성분 및 유전모수를 추정하기 위하여 상가적 유전 효과 (additive genetic effect), 공통 환경 효과 (common litter effect) 및 고정 효과 (sex, season, farm, parity and MaxTNB1)를 포함한 선형 개체 모형 (linear animal model)을 단변량 모형 (univariate model)에 적용하였다. 분산 성분 및 유전 모수를 추정하기 위하여 REML (Restricted Maximum Likelihood) 방법을 ASREML4.1 (Gilmour et al., 2015) 소프트웨어를 이용하여 분석하였으며, 분석 모형은 아래와 같이 적용하였다.

※ Model: Animal model with a direct additive genetic effect, maternal genetic effect and common litter effect

$$y = Xb + Z_d a_d + Z_m a_m + W_c + e$$

여기서, y 는 관측치 (총유두수 및 생시체중)의 벡터; X, Z_d, Z_m, W_c 는 고정 및 랜덤 효과들에 대한 incidence matrix; b 는 고정 효과 (season, sex, farm, parity and MaxTNB1)에 대한 벡터; a_d 는 상가적 유전 효과에 대한 벡터; a_m 는 어미의 유전 효과에 대한 벡터; c 는 같은 동복내 개체들에 대한 공통적인 nongenetic 효과; e 는 잔차 효과에 대한 벡터이다. (MaxTNB1 : 어미의 총 산차기록 중에서 가장 높은 총산자수의 기록)

(2) Estimation of variance components and genetic parameters

- 위 모형식을 적용하여 생시 체중 및 총유두수에 대하여 추정된 분산 성분 및 유전 모수 결과는 [표 3-96]에 보고하였다. 제시된 바와 같이 생시체중 및 총유두수 형질에 대하여 추정된 유전력 및 표준 오차는 각각 0.303 ± 0.018 및 0.387 ± 0.012 로 유전력을 갖는 것으로 추정되었다. 이는 최근에 Alves 등 (2017)이 Yorkshire 및 Landrace 종에 대하여 추정된 생시체중에 대한 유전력 (0.15 and 0.05 with full model including maternal and common litter effects as well as direct additive effect in Yorkshire and Landrace, respectively) 보다 상당히 높게 추정되었다. 생시 체중의 경우에는 공통 환경 효과 역시 높은 분산 성분을 갖는 것으로 추정되어 많은 효과를 지닌 것으로 추정했으나, 총유두수 형질의 경우에는는 공통 환경 효과에 대한 분산 성분이 적게 추정되었다. 현재 적용된 모델 식은 reduced model (excluding factors) 및 maternal effect 등을 적용하여 LRT (Likelihood ratio test) 통계량을 통하여 최적의 모델식을 적용한 결과이다. 현재 생시체중에 적용된 MaxTNB 고정효과에 대한 부분은 각 산차에 따라서 다른 TNB (총산자수)를 적용하게 될 경우와의 비교를 통하여 최적의 모델식에 대한 연구가 저 필요한 것으로 사료된다. [그림 3-84]에서는 현재 유전능력평가를 위하여 이용되고 있는 ASREML 소프트웨어에서 생시체중과 총유두수에 대한 Bivariate Model을 적용한 스크립트를 나타내었다.

[표 3-96] Estimates of variance components, direct heritabilities, and common litter effect for individual birth weight (IBW) and total teat number (TTN) of Yorkshire pigs

| Trait ¹ | Variance component ² | | | | | $h_d^2 \pm SE$ |
|--------------------|---------------------------------|--------------|-------|--------------|--------------|----------------|
| | σ_d^2 | σ_m^2 | W_c | σ_e^2 | σ_p^2 | |
| IBW | 0.021 | 0.006 | 0.019 | 0.024 | 0.070 | 0.303±0.018 |
| TTN | 0.376 | 0.023 | 0.026 | 0.545 | 0.970 | 0.387±0.012 |

1IBW = individual birth weight; TTN = total teat number

2 σ_d^2 = direct additive genetic variance; σ_m^2 = maternal genetic variance; σ_c^2 = common litter variance; σ_e^2 = residual variance; σ_p^2 = phenotype variance

```

1 | WORKSPACE 32000
2 | Bivariate Animal model
3 | animal !P
4 | sire !P
5 | dam !P
6 | sex !A
7 | season !I
8 | farm !A
9 | Parity !I !MO
10 | litter !I
11 | MaxTNB !I !MO
12 | adg !DO !*10
13 | abf !DO !*10
14 | days !DO !*0.1
15 | pcl !MO
16 | IBW !MO !M>2.50
17 | length !MO !M<90 !M>150
18 | height !MO !M<45 !M>85
19 | TTN !MO !M<10 !M>20
20 | related.ped !ALPHA !DIAG
21 | IBWTTNMaxTNB.dat !DOPART $A !SUM
22 |
23 | IBW TTN ~ Trait.season,
24 | Trait.sex,
25 | Trait.farm,
26 | at(Trait,1).MaxTNB,
27 | at(Trait,1).Parity,
28 | !r corgh(Trait).animal,
29 | corgh(Trait).dam,
30 | us(Trait).litter
31 | residual idv(units).us(Trait)
32 |
33 | VPREDICT !DEFINE
34 | F VpTTN corgh(Trait).animal;corgh(Trait)[3] + idv(units).us(Trait);us(Trait)[3] + corgh(Trait).dam;corgh(Trait)[3] + us(Trait).litter;us(Trait)[3]
35 | F VpIBW corgh(Trait).animal;corgh(Trait)[2] + idv(units).us(Trait);us(Trait)[1] + corgh(Trait).dam;corgh(Trait)[2] + us(Trait).litter;us(Trait)[1]
36 | F VgTTN corgh(Trait).animal;corgh(Trait)[3]
37 | F VgIBW corgh(Trait).animal;corgh(Trait)[2]
38 | F VmTTN corgh(Trait).dam;corgh(Trait)[3]
39 | F VmIBW corgh(Trait).dam;corgh(Trait)[2]
40 | F WcTTN us(Trait).litter;us(Trait)[3]
41 | F WcIBW us(Trait).litter;us(Trait)[1]
42 | H heritIBW VgIBW VpIBW
43 | H heritTTN VgTTN VpTTN
44 | H materIBW VmIBW VpIBW
45 | H materTTN VmTTN VpTTN
46 | H coEnvIBW WcIBW VpIBW
47 | H coEnvTTN WcTTN VpTTN

```

[그림 3-84]. ASREML script for bivariate animal model of IBW and TTN traits with a direct additive genetic effect, maternal genetic effect and common litter effect

다. 전장 유전체 관련성 분석(GWAS)

- 생시체중 및 총유두수에 관련된 유의한 영역 및 SNP 마커와 유전자를 발굴하기 위하여 전장 유전체 관련성 분석 (Genome-Wide Association Study: GWAS)을 수행하였다.

(1) Genotype data editing

- 본 연구과제 수행을 위하여 총 3,185두에 대하여 Illumina PorcineSNP60 version 2 (Illumina, Inc., San Diego, CA)와 Affymetrix Axiom porcine 660K (Affymetrix Inc., Santa Clara, CA, USA) 두 개의 상용화된 SNP 패널을 이용하여 유전체 자료를 생성하였으며, SNP 패널로 부터 각각 61,565 SNP 마커와 658,692 SNP 마커 정보를 생성하였다. 최종적으로 분석에 이용된 SNP 마커의 수는 맵 정보가 없는 SNP 마커, 성염색체 상에 존재하는 SNP 마커 및 call rate가 0.95 이하인 SNP 마커를 두 패널에 대하여 똑같이 적용하여 제거하였으며 최종적으로 각각 47,697와 497,375개의 SNP 마커를 이용하였다. 또한 유전체 자료중에서 중복하여서 지노타이핑을 한 개체 60두 중에서 상대적으로 call rate가 낮은 30두를 제외하였으며, 친자 감별 테스트를 통하여 유전체 정보와 혈통 정보가 일치하지 않는 개체 189두를 최종적인 분석에서 제외하였다. 또한, 개체 식별번호가 확인 되지 않는 개체를 제외하였으며, 최종적으로 3,041두의 유전체 정보 자료를 차후 분석에 이용하였다. 본 분석에 이용된 유전체 자료를 각각의 SNP 패널로 imputation을 수행하였으며, 이는 FImputeV3.0 프로그램 (Sargolzaei et al., 2014)을 이용하여 최종적으로 이용된 두 개 패널의 유전체 자료를 생성하고 분석에 이용될 수 있는 축군을 구축하였다.

(2) Deregression of estimated breeding values for response variables

- 앞에서 설명되었던 모형식에 따라서 추정된 유전 모수와 분산 성분 및 육종가 (Estimated breeding value)와 정확도 (accuracy)를 이용하여 유전체 분석을 위한 반응 변수를 추정하였다. 추정된 육종가와 정확도를 이용하여 부모의 효과가 제외된 DEBVexcPA (Deregressed Estimated Breeding Value excluding Parent Average)와 DEBVincPA (Deregressed Estimated Breeding Value including Parent Average)를 전장 유전체 관련성 분석에 반응 변수로 사용하기 위하여 재추정하였으며 또 하나의 반응 변수인 EBV는 앞에서 추정된 값을 그대로 이용하였다. 새롭게 추정된 반응변수들 (DEBVexcPA and DEBVincPA)은 개체마다 각기 다른 정확도를 가지고 있기 때문에, 이러한 이질적 분산 (heterogeneous variance)을 설명하기 위하여 가중치 (weighting factor)를 아래와 같은 공식 (Garrick et al., 2009)을 가지고 최종 모형 식에 적용하였다.

$$\omega_i = \frac{(1 - h^2)}{c + [(1 - r_i^2)/r_i^2]h^2}$$

여기서, r_i^2 는 반응 변수 (DEBVexcPA, DEBVincPA and EBVs)의 정확도, h^2 는 각 형질 별로 추정된 유전력, c 는 SNP 마커 정보로 설명되어 질 수 없는 유전적 분산의 비율이며, 0.4 수준으로 가정 (Saatchi et al., 2012).

- 최종적으로 반응 변수를 DEBVs로 변환한 후에 정확도가 0.01 이하인 개체들을 제거한 후 유전체 및 표현형 (DEBVs or EBVs) 자료가 확보된 참조 축군 2,463두 (생시체중) 및 2,966두 (총유두수)를 각각 이용하여 GWAS 분석을 수행하였다.

(3) Statistical method - Bayesian model

- 성장, 생산 및 번식형질들에 대한 유의한 SNP 마커 및 영역을 탐색하기 위하여 GenSel4R (Garrick and Fernando, 2013) 프로그램을 이용하였으며, 아래의 통계 모형을 이용하여 BayesB ($\pi=0.99$ for Illumina60K SNP panel and $\pi=0.999$ for Axiom660K SNP panel) 방법으로 추정하였다. BayesB 방법은 각각의 SNP 마커마다 이질적 분산 (heterogenous variance)을 갖게 되며, π 값의 설정에 따라서 SNP 마커의 효과를 '0'으로 가정하는 혼합 모형 (mixture model)을 이용한다.

$$y_i = \mu + \sum_{j=1}^k Z_{ij}u_j\delta_j + \epsilon_i$$

여기서, y_i 는 반응 변수 (Deregressed EBV), μ 는 전체 집단 평균, k 는 SNP 마커의 수, Z_{ij} 는 i 번째 개체의 j 번째 마커의 allele state (0,1,2), u_j 는 SNP 마커의 효과, δ_j 는 SNP 마커가 모델 상에서 존재 유무 (0 or 1)를 나타낸다.

- SNP 마커의 효과 및 분산 (깁스 샘플링을 이용하여 얻어진 모수 및 효과의 사후 분포)을 추정하기 위하여 총 110,000번의 마르코프체인-몬테카를로 (Markov chain Monte Carlo: MCMC) iteration 중에 초기 10,000번의 iteration은 burn-in 구간으로 제외하였으며, SNP 마커 효과 및 분산 성분을 추정하기 위하여 매 5번째 iteration만을 추출하여 사후 평균으로 SNP 마커 효과 및 분산 (posterior mean of SNP effect and variance)을 추정하였다. 이는 마르코프체인 상에서 자기 상관 (Auto-correlation)이 발생하기 때문에 이로 인한 편의 발생을 사전에 방지하기 위하여 위와 같은 방법으로 추정하였다.

(4) Threshold for significant window region and SNP marker

- GWAS 분석을 통하여 유의적인 1-Mb 영역을 탐색하기 위해서 SNP 마커로 설명될 수 있는 전체 유전 분산 중에서 1.0% 이상 상가적 유전 분산 설명력을 가진 영역을 유의적

인 효과를 지닌 영역으로 기준점 (threshold)을 설정 하였으며, Model frequency (MF) 통계량은 각 형질에 유의적인 효과를 지닌 SNP 마커를 선별하기 위하여 추정 및 이용하였다.

(5) GWAS results for individual birth weight (IBW) and total teat number (TTN)

○ Table 3~4에서는 생시체중 및 총유두수 형질에 관련되어 유의적으로 연관성을 가진 영역 및 SNP 마커에 대한 결과를 각각 상용화된 SNP 패널별 (Illumina60K 및 Axiom660K)로 제시하였으며, Manhattan 플롯은 Figure 1~4에 생시체중 및 총유두수 형질에 대하여 각각 상용화된 SNP 패널별로 나타내었다.

○ **GWAS results of IBW** : 생시체중에 대한 유전체 분석도 현재 많은 참조 축군이 확보가 되어 생시체중에 연관된 유의적인 유전자 및 SNP 마커를 발굴 할 수 있게 되었다. 두 가지 상용화된 SNP 패널 이용 시 SSC1, 5 및 8번에서 생시체중에 관련된 공통된 영역들이 탐색되었다 ([표 3-97~98] 참조). 특히 SSC8번의 15Mb 영역에서 탐색된 SNP 마커는 SLIT2 유전자와 가까이 위치하고 있으며, 이 SLIT2 유전자는 척수 발달 (development of spinal cord)에 관여하는 유전자로서 생시체중에 밀접한 관련이 있을 것으로 사료된다.

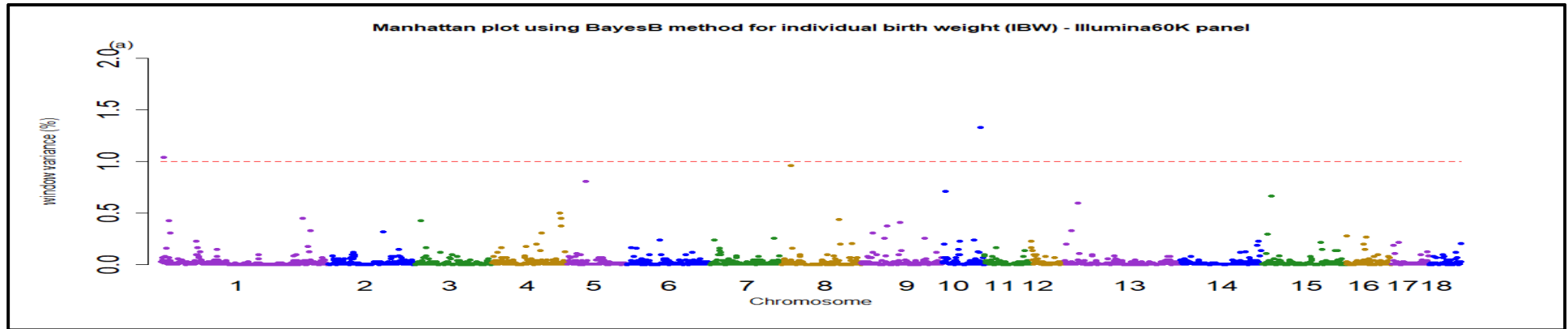
○ **GWAS results of TTN** : 유두수 형질의 경우는 다른 형질과는 달리 태어났을 때 바로 표현형으로 나타나는 형질로서 상대적으로 다른 형질들에 비하여 환경적인 영향을 아주 덜 받는 형질이지만, 유전적 구조 (genetic architecture)적인 측면을 살펴보면 작은 효과들을 가진 수많은 QTL들이 존재 (QTLdb: 120개 이상의 QTL) 하기 때문에 체계적인 유전적인 개량이 필요한 형질이다. 본 연구 수행 결과를 살펴보면 ([표 3-97~98]와 [그림 3-86, 3-88]) SSC 7번의 103Mb 영역에서 아주 높은 상가적 유전 분산값 (7.71% using Axiom660K SNP panel)이 추정이 되었으며, 이에 관련하여 2개의 유의적인 SNP 마커들이 발굴이 되었다. [표 3-98]에 탐색된 영역 (103Mb on SSC7)에 위치한 유전자 (ENSSSCG00000002362, LIN52)들이 제시되었지만, 기존의 논문을 살펴보면 본 영역에 Vertnin (VRTN) 유전자가 존재하며, 유두수 및 척추뼈의 수에 연관성이 높은 것으로 알려져 있다. 이외에도 SSC 10번과 1번에도 유의성 높은 SNP 마커들이 발굴이 되었다.

[表 3-97] The informative 1Mb genome windows and informative SNP markers within windows associated with individual birth weight (IBW) and total teat number (TTN) traits in Yorkshire pigs from GWAS using SNP markers on Illumina PorcineSNP60

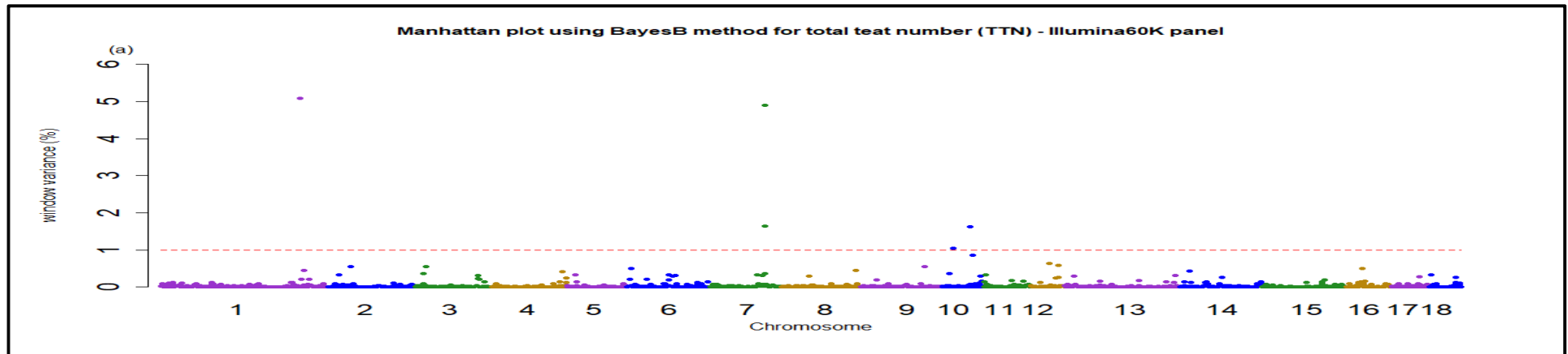
| Trait | SSC_Mb | GV% | Informative SNP | Position (Mb) | Effect | ModelFreq. | Region annotation | Gene annotation |
|-------|--------|------|-----------------|---------------|--------|------------|-------------------|------------------------------------|
| IBW | 10_72 | 1.33 | DRGA0010693 | 72.46 | 0.083 | 0.812 | Intergenic | ENSSSCG00000027625 (dist = 330757) |
| | 1_4 | 1.04 | M1GA0000495 | 4.89 | -0.027 | 0.634 | Intergenic | C6orf118 (dist = 118051) |
| | 8_15 | 0.96 | ALGA0046558 | 15.23 | 0.011 | 0.245 | Intergenic | SLIT2 (dist = 124163) |
| | 5_34 | 0.81 | ASGA0025287 | 34.24 | -0.007 | 0.218 | Intron | GRIP1 |
| | 10_6 | 0.71 | ALGA0056563 | 6.69 | -0.020 | 0.610 | Intergenic | ENSSSCG00000010811 (dist = 942170) |
| TTN | 1_262 | 5.08 | ASGA0006100 | 262.69 | 0.630 | 1.000 | Intergenic | ENSSSCG00000022044 (dist = 480955) |
| | 7_103 | 4.90 | H3GA0022659 | 103.72 | 0.194 | 0.864 | Intergenic | AREL1 (dist = 12161) |
| | 7_102 | 1.64 | ALGA0043907 | 102.04 | -0.122 | 0.602 | Upstream | DPF3 (ENSSSCG00000002333) |
| | 10_52 | 1.62 | ALGA0103761 | 52.58 | -0.130 | 0.897 | Intergenic | ENSSSCG00000028447 (dist = 25420) |
| | 10_19 | 1.04 | ALGA0117897 | 19.31 | 0.081 | 0.682 | Intergenic | ZBTB18 (dist = 45742) |

[Æ 3-98] The informative 1Mb genome windows and informative SNP markers within windows associated with individual birth weight (IBW) and total teat number (TTN) traits in Yorkshire pigs from GWAS using SNP markers on Affymetrix Axiom PorcineSNP60

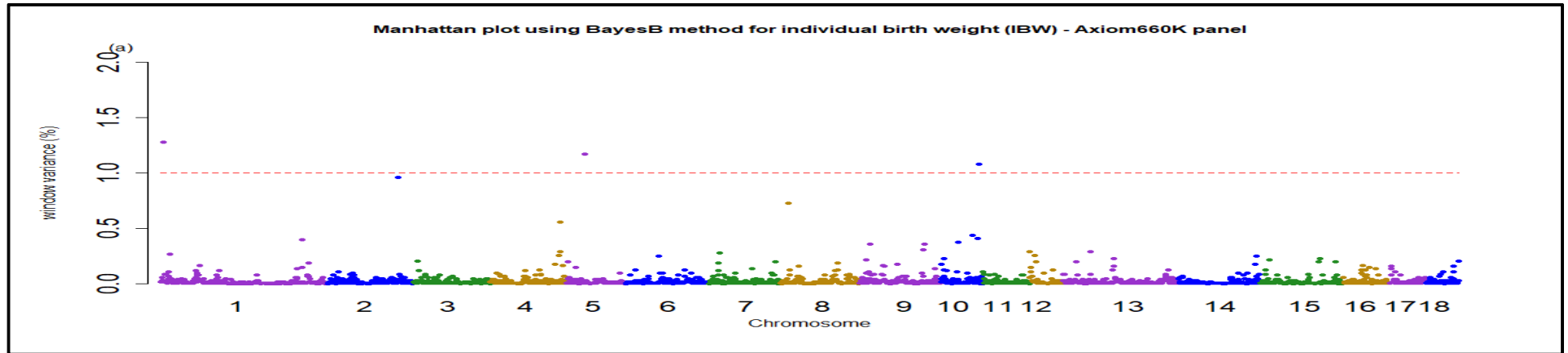
| Trait | SSC_Mb | GV% | Informative SNP | Position (Mb) | Effect | ModelFreq. | Region annotation | Gene annotation |
|-------|--------|------|-----------------|---------------|-----------|------------|-------------------|------------------------------------|
| IBW | 5_34 | 1.41 | AX-116258675 | 34.80 | 8.28E-04 | 0.012 | Intergenic | ENSSSCG00000028869 (dist = 155001) |
| | | | AX-116662005 | 4.89 | -3.58E-03 | 0.095 | Intergenic | C6orf118 (dist = 118051) |
| | 1_4 | 1.30 | AX-116098380 | 4.23 | -1.89E-03 | 0.057 | Intergenic | ENSSSCG00000029213 (dist = 188625) |
| | | | AX-116098381 | 4.24 | -1.82E-03 | 0.055 | Intergenic | ENSSSCG00000029213 (dist = 185439) |
| | | | AX-116098383 | 4.25 | -1.59E-03 | 0.049 | Intergenic | ENSSSCG00000029213 (dist = 175411) |
| | | | AX-116339158 | 15.23 | 2.81E-04 | 0.012 | Intergenic | SLIT2 (dist = 15960) |
| | 2_132 | 1.10 | AX-116186681 | 132.24 | -1.22E-03 | 0.039 | Intron | CSNK1G3 |
| | | | AX-116715128 | 132.59 | -1.04E-03 | 0.036 | Intergenic | CSNK1G3 (dist = 108263) |
| TTN | 7_103 | 7.71 | AX-116186720 | 132.58 | -9.93E-04 | 0.035 | Intergenic | CSNK1G3 (dist = 99603) |
| | | | AX-116757987 | 103.41 | -0.206 | 0.600 | 3' UTR | ENSSSCG00000002362 |
| | 10_52 | 1.96 | AX-116329710 | 103.35 | -0.136 | 0.407 | Intergenic | LIN52 (dist = 14324) |
| | | | AX-116410027 | 52.38 | -0.053 | 0.374 | Intergenic | ENSSSCG00000028447 (dist = 231914) |
| | | | AX-116410064 | 52.53 | -0.029 | 0.181 | Intergenic | ENSSSCG00000028447 (dist = 75834) |
| | | | AX-116108552 | 49.98 | -0.265 | 0.640 | Intergenic | ENSSSCG00000004257 (dist = 82046) |



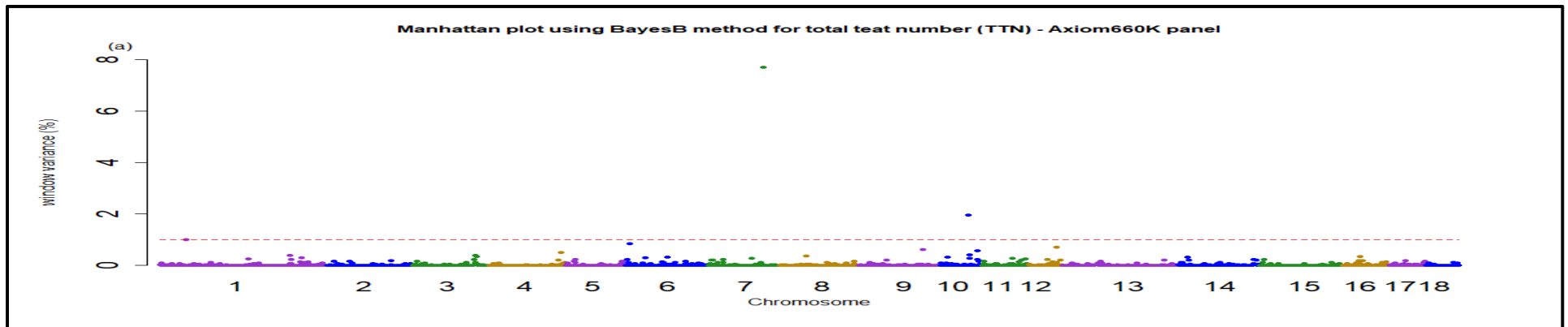
[그림 3-85] Manhattan plot identifying window regions associated with individual birth weight (IBW) in Yorkshire pigs using SNP markers on Illumina Porcine60K



[그림 3-86] Manhattan plot identifying window regions associated with total teat number (TTN) in Yorkshire pigs using SNP markers on Illumina Porcine60K



[그림 3-87] Manhattan plot identifying window regions associated with individual birth weight (IBW) in Yorkshire pigs using SNP markers on Affymetrix Axiom Porcine660K



[그림 3-88] Manhattan plot identifying window regions associated with total teat number (TTN) in Yorkshire pigs using SNP markers on Affymetrix Axiom Porcine660K

라. 유전체선발 모형

- 본 연구에서는 생시체중 및 총유두수 관련 형질에 대하여 유전체 선발 모형을 적용하여 유전체 정확도 (Accuracy of Molecular Breeding Value)를 추정하였으며, 향후 양돈 개량을 위하여 유전체 선발 모형의 적용을 검토하였다.

(1) Genotype data editing

- GWAS 분석을 위하여 이용되었던 유전체 자료와 동일한 샘플을 유전체 선발 모형 적용을 위하여 이용하였으며, 총 3,185두에 대하여 Illumina PorcineSNP60 version 2 (Illumina, Inc., San Diego, CA)와 Affymetrix Axiom porcine 660K (Affymetrix Inc., Santa Clara, CA, USA) 두 개의 상용화된 SNP 패널을 이용하여 유전체 자료를 생성하였다. Quality control 과정을 거친 후 최종적으로 이용된 유전체 자료는 3,041두였으며, GWAS 분석과 마찬가지로 FImputeV3.0 프로그램 (Sargolzaei et al., 2014)을 이용하여 유전체 자료의 결측치 및 두 개의 상용화된 SNP 패널로 각각 imputation하여 유전체 선발 모형을 적용하였다.

(2) Response variables (DEBVexcPA, DEBVincPA and EBVs)

- 유전 모수 및 분산 성분 추정과 모든 개체들에 대한 육종가 및 정확도를 추정하기 위하여 ASREML 4.1 소프트웨어 (Gilmour et al., 2015)를 이용하여 각각 생시체중과 총유두수에 대하여 단형질 개체 모형을 적용하였으며, 2019년도 28주차까지의 요크셔종 검정 기록을 이용하여 추정하였다. GWAS 분석에서 이용된 바와 같이 반응변수를 위하여 추정된 육종가와 정확도를 이용하여 부모의 육종가 효과를 제외시킨 DEBVexcPA (Deregressed Estimated Breeding Value excluding Parent Average), 가계 및 품종간 차이를 설명해주기 위하여 parent average를 다시 더해준 DEBVincPA (Deregressed Estimated Breeding Value including Parent Average)를 재추정하였으며, BLUP을 통하여 추정된 EBVs 역시 본 분석에 반응 변수로 이용하였다. 각 개체별 가중치 (weighting factor: w) 계산 역시 Garrick 등 (2009)이 제안한 모형 식을 적용하여 계산하였다. 최종적으로 반응 변수들에 대한 정확도가 0.01 이하인 개체들을 제거한 후 유전체 및 표현형 자료가 확보된 2,463두 (생시체중) 및 2,966두 (총유두수)를 유전체 선발 모형에 이용되었다.

(3) Statistical method - Bayesian model (BayesB and BayesC)

- 유전체 선발을 위한 통계 모형은 일반적으로 사용되어 지고 있는 혼합 선형 모형 (Mixed Linear Model)을 이용하였다. SNP 마커 효과들을 추정하기 위해서 앞서 GWAS 분석을 위해서 이용되었던 BayesB 방법뿐만 아니라, BayesC 방법 (Kizilkaya et al., 2010)을 이용하여 분석 비교하였다. 이용되는 모형은 두 방법에 동일하게 아래와 같은 혼합 선형 모형을 적용하였다.

$$y_i = \mu + \sum_{j=1}^k Z_{ij}u_j\delta_j + \epsilon_i$$

여기서, y_i 는 반응 변수 (Deregressed EBV), μ 는 전체 집단 평균, k 는 SNP 마커의 수, Z_{ij} 는 i 번째 개체의 j 번째 마커의 allele state (0,1,2), u_j 는 SNP 마커의 효과, δ_j 는 SNP 마커가 모델 상에서 존재 유무 (0 or 1)를 나타낸다.

- SNP 마커의 효과 및 분산 (깁스 샘플링을 이용하여 얻어진 모수 및 효과의 사후 분포)을 추정하기 위하여 총 110,000번의 마르코프체인-몬테카를로 (Markov chain Monte Carlo: MCMC) iteration 중에 초기 10,000번의 iteration은 burn-in 구간으로 제외하였으며, SNP 마커 효과 및 분산 5번째 iteration만을 추출하여 사후 평균으로 SNP 마커 효과 및 분산을 추정하였다. 이는 마르코프체인 상에서 자기 상관 (Auto-correlation)이 발생하기 때문에 이로 인한 편의 발생을 사전에 방지하기 위하여 위와 같은 방법으로 추정하였다.
- BayesC 방법 역시 BayesB 방법과 같이 π 값의 설정에 따라서 SNP 마커의 효과를 '0'으로 가정하는 mixture model을 이용한다. 그리고, SNP 마커 효과는 정규 분포 (Normal-distribution)를 따르게 되며, SNP 마커들은 등분산 (common variance)을 갖는다는 가정으로 샘플링이 되어진다 (Haiber et al., 2011). 반면에, BayesB 방법은 SNP 마커 효과들에 대하여 사전 분포로 t 분포 (t-distribution)를 사용하며, 각각의 SNP 마커마다 다른 분산을 갖는다는 사전 가정으로부터 샘플링이 되어진다. 위 모든 프로시저들은 GenSel4R 프로그램을 이용하여 수행되었다 (Garrick and Fernando, 2013).

(4) 5-fold Cross Validation for the accuracy of genomic prediction

- **Cross Validation** : 본 연구에서는 유전체 정확도를 추정하기 위해서, 5-fold 교차 검증 방법을 이용하였으며, 교차 검증을 위하여 K-Means 클러스터링 방법을 이용하였다. K-Means 클러스터링을 통해서 참조 집단 (reference population)은 training과 validation 집단으로 나뉘지게되며, 이때 두 집단 (training과 validation)의 혈연적인 관계는 최대한으로 적게 나타날 수 있도록 조성된다. K-Means 클러스터링 방법은 참조 집단 3,041두

에 연관되어 있는 7,771두의 혈통 자료를 가지고 혈연 행렬 (Numerical Relationship Matrix: NRM)를 추정 한 후에 이를 다시 Distance Matrix로 변환하여 각 그룹간의 혈연 관계를 최대한 멀리 떨어질 수 있도록 적용하였다. 클러스터링에 대한 결과는 Table 5에 나타내었으며, 그룹 내 (within group)의 a_{max} 와 a_{ij} 통계량이 그룹 간 (between group) a_{max} 와 a_{ij} 통계량보다 상대적으로 멀리 떨어져 있음을 확인할 수 있다. 이는 K-Means 클러스터링의 목적에 맞게 참조 집단이 training과 validation 집단으로 그룹화 되었음을 알 수 있다.

[표 3-99] Comparison of relationships among animals within and across clusters in 5-fold cross-validation

| Clusters | No. of animals | inBreC ¹ | a_{max_within} ² | $a_{max_between}$ ³ | a_{ij_within} ⁴ | $a_{ij_between}$ ⁵ |
|----------|----------------|---------------------|--------------------------------|---------------------------------|-------------------------------|--------------------------------|
| 1 | 685 | 0.044 | 0.503 | 0.390 | 0.122 | 0.040 |
| 2 | 713 | 0.029 | 0.517 | 0.145 | 0.060 | 0.001 |
| 3 | 440 | 0.044 | 0.520 | 0.402 | 0.155 | 0.045 |
| 4 | 661 | 0.029 | 0.499 | 0.399 | 0.085 | 0.038 |
| 5 | 622 | 0.006 | 0.418 | 0.019 | 0.039 | 0.000 |
| Avg. | | 0.030 | 0.491 | 0.271 | 0.092 | 0.025 |

1inBreC = the average of inbreeding coefficients within cluster 1.

2 a_{max_within} = the average of a_{max} (the maximum of relationships [a_{ij}] for each animal) values within cluster 1.

3 $a_{max_between}$ = the average of a_{max} values between the clustered (training and validation) groups.

4 a_{ij_within} = the average of a_{ij} (relationships) values within cluster 1.

5 $a_{ij_between}$ = the average of a_{ij} values between clustered groups.

○ **The accuracy of genomic prediction** : 본 연구에서는 유전체 정확도 추정을 위하여 K-Means 클러스터링을 통하여 군집화된 validation 그룹으로부터 추정된 유전체 육종가 (Molecular Breeding Value : MBV)와 반응변수 (DEBV_{excPA}, DEBV_{incPA} or EBVs)를 이변량 개체 모형 (bivariate animal model)을 적용하여 유전적 상관을 추정하였다. 유전적 상관 추정을 위해서 ASREML version 4.1 프로그램 (Gilmour et al., 2015)을 이용하였다. 이변량 개체 모형을 위해서 유전체 육종가와 반응변수가 각각의 종속 변수로 이용되었다. 종속 변수중의 하나인 유전체 육종가 (MBV)를 위한 모형식은 회귀를 위한

고정효과, 랜덤 상가적 유전 효과와 또 하나의 반응변수는 표현형 분산을 0.0001%로 고정시킨 오차 분산을 포함하였으며, 반응변수를 위한 모형식으로는 동일한 고정 효과와 랜덤 상가적 유전 효과를 포함하고, 에러의 분산치에 가중치 ($Var(e) = w\sigma_e^2$)를 더하여 포함하였다. 여기서 이용된 가중치 역시 앞에서 설명되었던 바와 같이 개체들마다 반응변수들의 이질적인 정확도를 설명하기 위함이다. 또한, 상가적 유전 분산과 오차 분산은 앞에서 DEBV_s를 추정할 때와 마찬가지로 각각 0.4와 0.6으로 가정하고 추정하였다.

(5) Results of genomic selection model for individual birth weight (IBW) and total teat number (TTN)

- The accuracy of MBVs : Illumin Porcine60K와 Affymetrix AxiomPorcine660K SNP 패널을 이용하여 베이저안 방법 (BayesB, BayesC)으로 추정된 정확도를 [표 3-104]에 제시하였다. 중밀도 패널을 이용하여 두 가지 베이저안 방법으로 추정된 정확도를 비교해보면 유의적인 차이를 나타나지 않았다. 그러나 BayesB 방법을 기준으로 고밀도 패널 (Affymetrix AxiomPorcine660K)을 이용하여 유전체 정확도를 추정하였을 경우에는 중밀도 패널에 비하여 생시체중의 경우는 4.8%, 총유두수에서는 4.7%의 정확도 상승 효과를 나타내었다. 이러한 이유는 고밀도 패널을 이용하였을 경우에는 중밀도 패널에 존재하는 SNP 마커들보다 고밀도 패널에 존재하는 SNP 마커들이 QTLs들과의 LD (Linkage Disequilibrium)가 높게 존재하여 더욱 많은 QTLs들의 효과를 추정할 수 있는 가정과 정확히 일치하는 결과로 사료된다. 이러한 근거는 이미 앞의 GWAS 분석결과에서도 제시된 바와 같이 고밀도 패널을 이용할 경우 더욱 많은 또한 더욱 높은 상가적 유전 분산이 추정되는 영역들을 밝혀낼 수 있었다. 아직 고밀도 패널에 대한 자료가 충분히 이뤄지지 않은 상황이기 때문에 부정확한 imputation이 이루어지고 있는 실정이며, 더욱 많은 축군이 조성되어 생시체중 및 총유두수에 대한 정확한 유전체 선발 모형을 양돈 산업에 적용할 수 있는 시기를 앞당길 필요성이 있다.

[표 3-100] Genetic correlations between molecular breeding values (MBVs) and (D)EBVs and in Yorkshire pigs across the studied IBW and TTN traits between Illumina Porcine60K and Affymetrix Axiom Porcine660K SNP panels

| Trait ¹ | Response Variables | Illumin60K | | Axiom660K |
|--------------------|--------------------|----------------------|----------------------|-----------------------|
| | | BayesB($\pi=0.99$) | BayesC($\pi=0.99$) | BayesB($\pi=0.999$) |
| IBW | EBVs | 0.156 | 0.164 | 0.171 |
| | DEBVexcPA | 0.187 | 0.188 | 0.217 |
| | DEBVincPA | 0.215 | 0.225 | 0.264 |
| TTN | EBVs | 0.337 | 0.339 | 0.383 |
| | DEBVexcPA | 0.436 | 0.403 | 0.483 |
| | DEBVincPA | 0.428 | 0.416 | 0.465 |

1IBW = individual birth weight; TTN = total teat number

(6) 신규 SNP genotyping 패널

○ SowPro90 (UNL & USMARC)

- 번식 능력에 대한 Genomic Prediction의 정확도 향상을 위하여 최근에 개발된 SNP genotyping panel (103,476 SNPs)
- Affymetrix 기반으로 개발되었으며, call rate 및 polymorphism 향상 뿐만 아니라, UNL과 USMARC에서 연구를 통하여 밝혀진 QTLs 을 패널에 삽입.

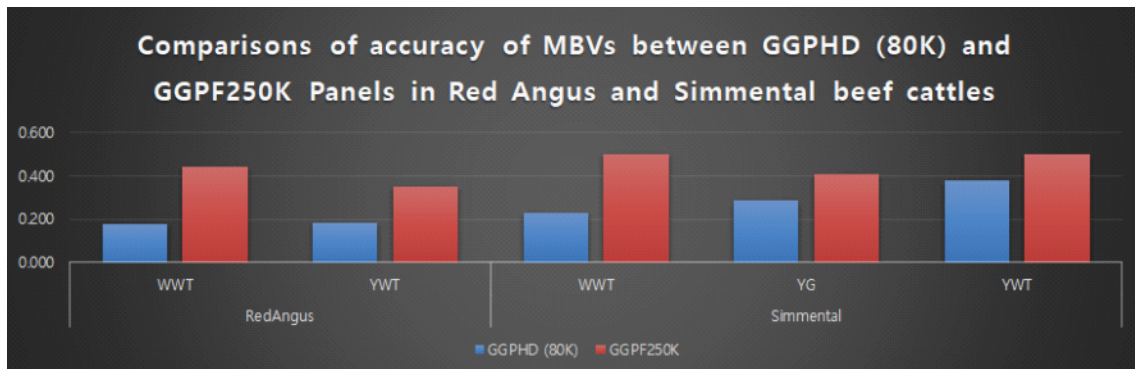
[표 3-101] Number of SNP an doverlapping genes included in *SowPro90*

| SNP category | Number of SNP | Number of genes |
|---|----------------|-----------------|
| SNP in genes and regulatory regions (RNA and genome sequencing) | | |
| 42 QTL for age at puberty (UNL) | 11,474 | 788 |
| 222 QTL for age at puberty (USMARC) | 21,490 | 1,500 |
| Adaptive and immunity genes | 16,271 | 1,015 |
| Differentially expressed genes in hypothalamic arcuate nucleus | 107 | 17 |
| Upstream regulatory genes of differentially expressed genes | 308 | 31 |
| 11 selection sweep regions for litter size | 1,286 | 220 |
| Structural soundness genes | 607 | 224 |
| Predicted loss-of-function SNP | 617 | 376 |
| SNP from commercial genotyping platforms | | |
| Illumina <i>Porcine SNP60 BeadArray</i> | 49,710 | |
| Neogen <i>Porcine GGPHD Array</i> | 1,012 | |
| Affymetrix <i>Axiom PigHD Array</i> | 594 | |
| Total | 103,476 | 4,171 |

UNL = University of Nebraska-Lincoln; USMARC = U.S. Meat Animal Research Center.

○ GGP-F250 (Neogen-GeneSeek & University of Missouri) for Cattle

- 기존의 Cattle에 상용적으로 이용되는 GGP50v1, GGP80K, GGPLD, GGPUHD 뿐만 아니라, Illumina50K 보다 유전체 선발 모형의 정확도를 엄청나게 (dramatically) 상승시킬 수 있음.
- 기존의 상용화된 SNP Array에 비하여 상당히 많은 functional variants (Sequencing 기반의 연구) 들을 삽입하여 만든 SNP Array.
- GGP-F250 패널에 속한 SNPs 들의 65% 이상이 유전자(genes) 내에 존재하는 SNPs 들로 구성된 패널.



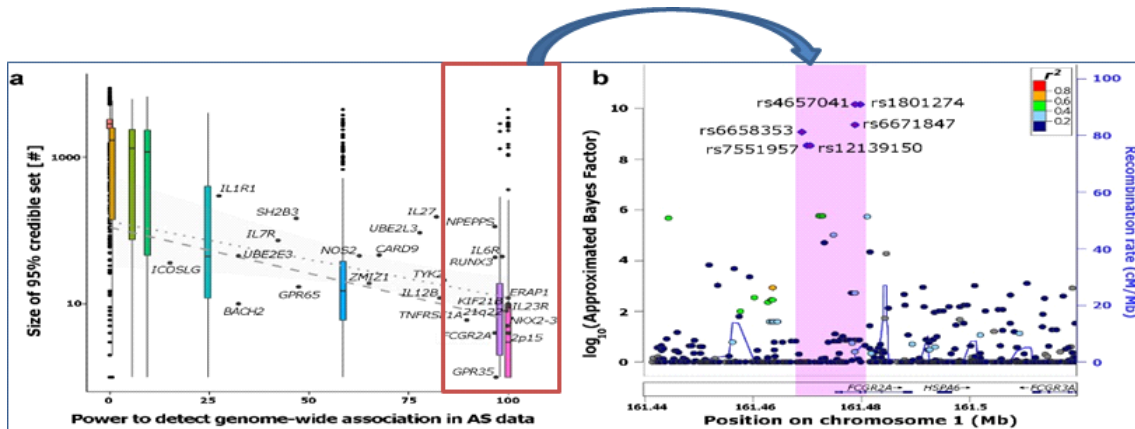
○ Enrichment Analysis (Fine-Mapping)

- 현재까지 genotyping 되어진 60K 패널에서 High-Density (Axiom660K) 와

Sequencing 기반의 SNPs 들을 putative QTLs 밝혀진 영역에 대하여 Fine-Mapping 분석을 통하여 경제 형질에 직접적으로 영향을 미치는 causal variants를 선별하여 SNP 패널 제작.

○ Bayesian 방법을 기반으로 이용되는 통계량

- 1) Model Frequency 2) t-like statistics 3) Minor Allele Frequency 4) Linkage Disequilibrium.



5. 결론

- Duroc 종에 대한 유전체선발법 적용은 선행 연구에서 제시한 바와 같이 아직 참조 축군 (약 1,000두)이 충분하지 않은 이유에서 요크셔종에 비해서 아직 높은 유전체 정확도를 추정하기 힘든 실정. 두 개의 genotyping 패널 (Illumina vs. GeneSeek)에서 나온 결과와 같이 패널에 따라서 (including real QTL genotypes) 유전체 정확도 차이를 보이기 때문에 다양한 패널 확보가 중요함. 두록과 랜드레이스의 경우에는 검정돈에 대한 유전체 자료를 확보하여 유전체 선발을 적용할 수 있는 참조축군을 빠르게 구축할 필요성이 있음.
- 요크셔종에 대한 유전체선발법 적용을 위해 성장, 생산 및 번식형질들에 대한 유전체 육종가의 정확도를 추정하였으며, 한국의 양돈산업에 유전체 선발 모형의 적용 시 발생하는 이점들에 대하여 살펴 볼 수 있었음. 성장 및 생산 형질의 경우는 점차 유전체 선발 모형의 적용으로 인하여 더욱 신뢰성이 높은 통합 유전체 육종가를 추정할 수 있는 가능성을 보였지만, 번식형질의 경우에는 아직 개선해 나가야할 문제점들이 제시되었음. 특히 발정재귀일과 이유두수 형질들에 대하여 추정된 유전력으로 보아 정확한 유전 능력을 알아볼 수 있는 사양관리의 개선 방안 및 정확한 번식형질에 대한 기록이 필요할 것으로 사료됨. 유전체 정확도의 상승으로 인하여 통합 유전 육종가의 신뢰성을 더욱 높일 수

있다는 것을 알 수 있듯이, 차후 지속적인 유전체 자료를 가진 참조 축군의 증가와 진정한 QTL등의 탐색 및 더욱 발전된 통계적인 방법 등으로 인하여 유전체 정확도의 상승을 위한 연구가 지속적으로 수행되어야 할 것으로 사료됨.

- 요크셔종의 생시체중에 대한 유전체 분석도 현재 많은 참조 축군이 확보가 되어 생시체중에 연관된 유의적인 유전자 및 SNP 마커를 발굴 할 수 있게 되었음. 두 가지 상용화된 SNP 패널 이용 시 SSC1, 5 및 8번에서 생시체중에 관련된 공통된 영역들이 탐색되었음. 특히 SSC8번의 15Mb 영역에서 탐색된 SNP 마커는 SLIT2 유전자와 가까이 위치하고 있으며, 이 SLIT2 유전자는 척수 발달 (development of spinal cord)에 관여하는 유전자로서 생시체중에 밀접한 관련이 있을 것으로 사료됨.
- 유두수 형질의 경우는 다른 형질과는 달리 태어났을 때 바로 표현형으로 나타나는 형질로서 상대적으로 다른 형질들에 비하여 환경적인 영향을 아주 덜 받는 형질이지만, 유전적 구조 (genetic architecture)적인 측면을 살펴보면 작은 효과들을 가진 수많은 QTL들이 존재 (QTLdb: 120개 이상의 QTL) 하기 때문에 체계적인 유전적인 개량이 필요한 형질임. 본 연구 수행 결과를 살펴보면 SSC 7번의 103Mb 영역에서 아주 높은 상가적 유전 분산값 (7.71% using Axiom660K SNP panel)이 추정이 되었음.
- Illumina Porcine60K와 Affymetrix AxiomPorcine660K SNP 패널을 이용하여 베이시안 방법 (BayesB, BayesC)으로 추정된 정확도를 추정한 결과 중밀도 패널을 이용하여 두가지 베이시안 방법으로 추정된 정확도를 비교해보면 유의적인 차이를 나타나지 않았으나 BayesB 방법을 기준으로 고밀도 패널 (Affymetrix AxiomPorcine660K)을 이용하여 유전체 정확도를 추정하였을 경우에는 중밀도 패널에 비하여 생시체중의 경우는 4.8%, 총유두수에서는 4.7%의 정확도 상승 효과를 나타내었음. 이러한 이유는 고밀도 패널을 이용하였을 경우에는 중밀도 패널에 존재하는 SNP 마커들보다 고밀도 패널에 존재하는 SNP 마커들이 QTLs들과의 LD (Linkage Disequilibrium)가 높게 존재하여 더욱 많은 QTLs들의 효과를 추정할 수 있는 가정과 정확히 일치하는 결과로 사료된다. 이러한 근거는 이미 앞의 GWAS 분석결과에서도 제시된 바와 같이 고밀도 패널을 이용할 경우 더욱 많은 또한 더욱 높은 상가적 유전 분산이 추정되는 영역들을 밝혀낼 수 있었음. 아직 고밀도 패널에 대한 자료가 충분히 이뤄지지 않은 상황이기 때문에 부정확한 imputation이 이루어지고 있는 실정이며, 더욱 많은 축군이 조성되어 생시체중 및 총유두수에 대한 정확한 유전체 선발 모형을 양돈 산업에 적용할 수 있는 시기를 앞당길 필요성이 있음

5. 후보유전자 발굴을 위한 전장유전체(GWAS) 분석

가. 연구수행내용

- DNA technology와 Statistical genetic methodology가 발달함에 따라 QTL 또는 Candidate gene에 대한 연구가 가능해졌음. 연관분석의 경우 전장유전체를 marker가 일정한 간격으로 있기 때문에 DNA marker와 연관된 QTL의 정보를 활용하여 양적형질 변이에 큰 영향을 미치는 주요유전자를 직접적으로 규명하는 것이 매우 어려움. 반면 Association analysis (관련성 분석)의 경우 전장 유전체를 SNP marker들이 조밀하게 집적되어 cover하는 DNA chip을 이용하기 때문에 주요 유전자와 연관되어 있는 DNA marker를 동정할 수 있다. 따라서 전통적인 표현형 및 가계기록에 GWAS에서 발굴된 DNA marker의 정보를 추가하여 유전능력 평가의 정확도를 높여서 가축의 유전적 개량의 효율성을 높이는 것이 가능함
- 돼지는 전 세계적으로 수백종류의 품종이 있으나 국내를 포함한 해외의 주요 양돈생산국에서는 두록, 랜드레이스 및 요크셔종 등 특정 품종을 사육하여 산업에서 이용하고 있음. 국내에서 주로 이용하는 두록종의 경우 체질이 강건하고 지체가 튼튼하며 사료이용성과 일당증체량이 양호하지만 번식능력과 포유능력은 중간정도이기 때문에 부계 품종으로써 육질개량을 위하여 이용함. 요크셔종의 경우 다산종으로써 번식능력과 포유능력이 우수하며 잡종생산에서 모계로 많이 이용하고 있다. 랜드레이스종 또한 번식능력이 좋고 비유능력이 우수하여 잡종교배에서 모계품종으로 많이 이용하고 있는 품종임
- 따라서 N농장과 K농장에서 사육하고 있는 두록, 랜드레이스, 요크셔종의 생산형질에 관련된 등지방두께, 일당증체량, 90kg도달일령과 번식형질에 관련된 생시체중, 총산자수에 대한 자료를 수집하고 유전체 자료 이용하여 후보유전자(Candidate gene)영역을 찾기 위해 Bayesian 방법(BayesB, BayesC)에서 다양한 값과 반응변수를 이용하여 GWAS 분석을 실시하여 각 형질에 영향을 미치는 후보유전자(Candidate Gene) 영역을 발굴하기 위해 실시하였음

나. 재료 및 방법

(1) 표현형자료

- N농장과 K농장에서 사육하고 있는 두록, 랜드레이스, 요크셔종에 대하여 성장형질의 경우 각각 38,941두와 23,451두 91,146두를 수집하였고, 번식형질에 대하여 각각 20,070두, 27,424두 191,774두를 수집하였음. 두록, 랜드레이스, 요크셔종의 성장형질에 대한 평균은 일당증체에 대하여 각각 $675\pm 72g$, $646\pm 66g$ 과 $612\pm 75g$ 이었고, 등지방두께에 대하여

12.83±2.40mm, 12.83±2.60mm와 13.73±2.97mm이었으며, 90kg도달일령은 136.7±11.2일 143.7±11.6일 148.8±14.7일로 조사되었다. 번식형질은 두록종에서 생시체중(IBW)은 평균은 1.53±0.3kg으로 조사되었고 랜드레이스종과 요크셔종에서 총산자수(TNB)에 대한 평균은 각각 11.04±2.81두와 11.96±3.03두로 조사되었음

[표 3-102] Frequencies, means and standard deviations for growth and reproductive traits by breeds

| 품종 | 두수 (두) | 성장형질 | | | 번식형질 | |
|-------|-----------|---------------|-----------------|---------------|--------------|-------------|
| | | 일당증체중 (g) | 90kg도달일령 (일) | 등지방두께 (mm) | 생시체중 (kg) | 총산자수 (두) |
| 두록 | 38,941 | 675.01(72.21) | 136.71(11.21) | 12.83(2.40) | - | - |
| | 20,070 | | - | | 1.53(0.30) | - |
| 랜드레이스 | 23,451 | 646.21(66.22) | 143.74(11.62) | 12.83(2.60) | - | - |
| | 27,424 | | - | | - | 11.04(2.81) |
| 요크셔 | 91,146 | 612.13(75.10) | 148.82(14.73) | 13.73(2.97) | - | - |
| | 191,774 | | - | | - | 11.96(3.03) |

(2) 유전체자료

○ 유전체자료는 Affymetrix Axiom 53K와 Affymetrix Axiom 650K(Affymetrix Inc., Santa Clara, CA, USA), Illumina Porcine SNP60K v2 및 Illumina Porcine SNP80K(Illumina, Inc., San Diego, CA) Platform을 이용하였음. 분석에 이용된 SNP 마커는 맵 정보가 없는 SNP 마커, 성염색체 상에 존재하는 SNP 마커 및 call rate가 0.95 이하인 SNP 마커와 중복된 유전체 자료를 제외 하였으며 Quality control 과정을 거친 후 최종적으로 이용된 마커는 두록, 랜드레이스 및 요크셔종에 대하여 각각 43,861개, 52,580개와 52,403개를 분석에 이용 하였음. 각 품종별로는 두록종 총 1,351두(Illumina80K: 322두, Illumina60Kv2: 818두, Axiom650K: 211두), 랜드레이스종 총 609두(Axiom650K: 143두, Illumina60Kv2: 329두, Illumina80K: 137두)와 요크셔종 5,054두(Axiom53K: 479두, Illumina60Kv2: 2,932두, Axiom650k: 447두, Illumina80K: 1,196두)으로 최종적으로 분석에 이용한 두수는 총 7,014두를 수집하였다. 수집되어진 유전체 자료는 각 품종별로 FImuteV3 (Sargolzaei et al., 2014)를 이용하여 MD-Density Platform (Illumina Porcine SNP60Kv2)으로 imputation을 하여 분석을 실시하였음[표 3-107].

[표 3-103] Basic statistics of SNP data set

| 품종 | Description | Commercial Genotyping Platforms | | | |
|-------|---|---------------------------------|---------------|-------------------|-----------------|
| | | Axiom 53K | Axiom 650K | Illumina 60Kv2 | Illumina 80K |
| 두록 | Total number of animals | - | 211 | 818 | 322 |
| | No. duplicated animals | - | 11 | 25 | - |
| | No. target animals | - | 200 | 764 | - |
| | No. reference animals | - | - | 159 | - |
| | No. genotyped animals after imputation | - | - | 923 | 322 |
| | Total number of SNPs | - | 658,692 | 61,565 | - |
| | No. markers for Analysis | - | - | 43,861 | - |
| 랜드레이스 | Total no. of animals | - | 143 | 329 | 137 |
| | No. duplicated animals | - | 11 | 28 | - |
| | No. reference animals | - | 132 | 301 | - |
| | No. target animals | - | - | 132 | - |
| | No. genotyped animals after imputation | - | - | 433 | 137 |
| | Total no. of SNPs | - | 658,692 | 61,565 | - |
| | No. markers for Analysis | - | - | 52,580 | - |
| 요크셔 | Total no. of animals | 479 | 393 | 2,932 | 1,196 |
| | No. duplicated animals | 50 | 30 | 301 | - |
| | No. reference animals | 429 | 364 | 2,631 | - |
| | No. target animals | - | - | 2,631 | - |
| | No. genotyped animals after imputation | - | - | 3,424 | 1,196 |
| | Total no. of SNPs | 55,374 | 658,692 | 61,565 | - |
| | No. markers for Analysis | 49,624 | 592,024 | 52,403 | - |

(3) 통계적 분석방법

(가) 유전모수 추정

- 유전모수의 추정은 상가적유전효과(additive genetic effect), 모체 유전 효과(maternal genetic effect), 모체 환경 효과(maternal environmental effect) 및 고정효과(sex, contemporary group and parity)를 포함한 선형개체모형(linear animal model)을 각각 성장 및 번식형질에 따라 다변량 모형(multi-variate model)에 적용하였다. 분산성분 및 유전모수를 추정하기 위하여 REML(Restricted Maximum Likelihood) 방법을 ASREML4.1(Gilmour et al., 2015) 소프트웨어를 이용하여 분석하였으며, 분석모형은 아래와 같이 적용하여 성장 및 번식 형질을 각각 분석하였음

$$y = Xb + Z_d a_d + W_c + e$$

- 여기서, y 는 관측치(ABF, ADG, DAYS90, TNB, IBW)의 벡터; X, Z_d, W_c 는 고정 및 랜덤 효과들에 대한 incidence matrix; b 는 고정효과(sex, contemporary group and parity)에 대한 벡터; a_d 는 상가적유전효과에 대한 벡터; c 는 같은 동복내 개체들에 대한 어미의 공통적인 nongenetic 효과; e 는 잔차 효과에 대한 벡터임

(나) 반응변수

- 각 형질별로 유전능력평가를 위한 모형식에 따라서 추정된 유전 모수와 분산 성분 및 육종가 (Estimated breeding value)와 정확도 (accuracy)를 이용하여 유전체 분석을 위한 반응 변수를 추정하였음. 추정된 육종가와 정확도를 이용하여 부모의 효과가 포함되어진 DEBVincPA (Deregressed Estimated Breeding Value including Parent Average)를 전장 유전체 관련성 분석에 반응 변수로 사용하기 위하여 재 추정하였으며 또 하나의 반응 변수인 EBVs는 유전능력평가를 위해서 추정되어진 값을 그대로 이용하였음. 새롭게 추정된 반응변수 (DEBV)는 개체마다 각기 다른 정확도를 가지고 있기 때문에, 이러한 이질적 분산 (heterogeneous variance)을 설명하기 위하여 가중치 (weighting factor)를 아래와 같은 공식 (Garrick et al., 2009)을 가지고 최종 모형 식에 적용하였음

$$\omega_i = \frac{(1 - h^2)}{c + [(1 - r_i^2) / r_i^2] h^2}$$

- 여기서, r_i^2 는 반응 변수 (DEBVincPA and EBVs)의 정확도, h^2 는 각 형질 별로 추정된 유전력, c 는 SNP 마커 정보로 설명되어 질 수 없는 유전적 분산의 비율이며, 0.4 수준으로 가정 (Saatchi et al., 2012). 최종적으로 반응 변수를 DEBV로 변환한 후에 정확도가 0.01 이하인 개체들을 제거한 후 GWAS 분석을 수행하였음

(다) Bayesian Method for GWAS

- 전장유전체 연관 분석 (GWAS)을 위한 SNP 마커 효과들을 추정하기 위해서 Bayesian 방법중 BayesB와 BayesC 방법 (Kizilkaya et al., 2010)을 이용하여 분석 비교하였음.

SNP 마커의 효과 및 분산 (깁스 샘플링을 이용하여 얻어진 모수 및 효과의 사후 분포)을 추정하기 위해 총 50,000번의 마르코프체인-몬테카를로 (Markov chain Monte Carlo: MCMC) iteration 중에 초기 5,000번의 iteration은 burn-in 구간으로 제외하였으며, SNP 마커 효과 및 5번째 iteration만을 추출하여 사후 평균으로 SNP 마커 효과 및 분산을 추정하였음. 이는 마르코프체인 상에서 자기 상관 (Auto-correlation)이 발생하기 때문에 이로 인한 편의 발생을 사전에 방지하기 위하여 실시하였고 아래와 같은 방법으로 추정하였음.

$$y_i = \mu + \sum_{j=1}^k Z_{ij} u_j \delta_j + \epsilon_i$$

- 여기서, y_i 는 반응 변수 (DEBVs ro EBVs), μ 는 전체 집단 평균, k 는 SNP 마커의 수, Z_{ij} 는 i 번째 개체의 j 번째 마커의 allele state (0,1,2), u_j 는 SNP 마커의 효과, δ_j 는 SNP 마커가 모델 상에서 존재 유무(0 or 1)를 나타냄
- 기준점(Threshold)의 경우 GWAS 분석을 통하여 유의적인 1-Mb 영역을 탐색하기 위해서 SNP 마커로 설명될 수 있는 전체 유전 분산 중에서 1% 이상의 상가적 유전 분산 설명력을 가진 영역을 유의적인 효과를 지닌 영역으로 설정 하였으며, Model frequency (MF) 통계량은 각 형질에 유의적인 효과를 지닌 SNP 마커를 선별하기 위하여 추정 및 이용하였음. 이는 1Mb의 영역은 전체 영역에서 총 2,451개가 포함되며 각 영역의 상가적 유전분산 비율은 대략 0.041%(100%/2,451), 이 비율의 25배 이상 높은 비율을 고려하였음
- BayesC 방법과 BayesB 방법은 π 값의 설정에 따라서 SNP 마커의 효과를 '0'으로 가정하는 mixture model을 이용하였으며, BayesC의 방법은 SNP 마커 효과는 정규 분포 (Normal-distribution)를 따르게 되며, SNP 마커들은 등분산 (common variance)을 갖는다는 가정으로 샘플링이 되어짐(Haiber et al., 2011). 반면에, BayesB 방법은 SNP 마커 효과들에 대하여 사전 분포로 t분포 (t-distribution)를 사용하며, 각각의 SNP 마커마다 다른 분산을 갖는다는 사전 가정으로부터 샘플링이 되어진다. 위 과정은 GenSel4R 프로그램을 이용하여 수행하였음(Garrick and Fernando, 2013)

다. 결과 및 고찰

(1) 유전모수추정

- 각 형질별 성장 및 번식형질에 대하여 추정된 유전 및 표현형 분산과 유전력에 대한 추정결과는 [표 3-108]에 나타내었음. 추정된 유전모수에서 일당증체량(ADG)는 두록종에서 0.28, 랜드레이스종에서 0.36 그리고 요크셔종에서 0.33으로 추정되었다. 등지방두께(ABF)는 두록종에서 0.35, 랜드레이스종에서 0.44 그리고 요크셔종에서 0.43으로 추정되었음. 90kg도달일령(DAYS90)은 두록종에서 0.30, 랜드레이스종에서 0.37와 요크셔종에서 0.32로 추정되었으며, 성장형질로 여겨지는 세 개의 형질은 모두 중도의 유전력으로 추정되었음. 번식형질의 경우 두록종의 생시체중(IBW)의 경우 0.33으로 추정되어 중도의 유전력으로 추정되었지만, 랜드레이스종과 요크셔종의 경우 총산자수(TNB)에서도 모두 0.11로 추정되어 저도의 유전력으로 나타났음
- 본 연구 결과를 토대로 이전 연구 결과를 비교해보면, Alam 등(2021)은 한국에서 사육되는 두록, 랜드레이스와 요크셔종의 성장형질과 번식형질에 대한 유전모수 추정결과 일당증체량의 경우 각각 0.36, 0.36와 0.38로 추정되었고, 등지방두께의 경우 0.38, 0.48와 0.45으로 추정되었으며, 번식형질에서 총산자수는 랜드레이스와 요크셔종에서 0.10과 0.11로 추정되었음. 본 연구결과와 비교해보면 두록종의 일당증체량을 제외하고 모든 형질에서 비슷한 유전력을 나타내었음.

[표 3-104] Estimates of the variance components, the heritability(h^2), the standard error(SE) for growth and reproductive traits in each breeds

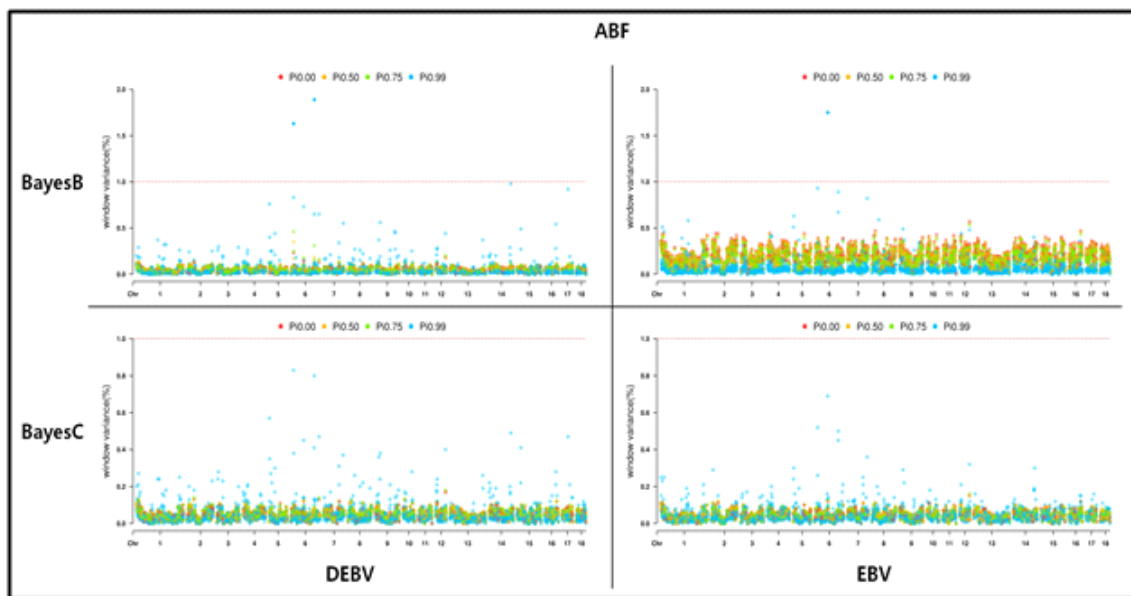
| Breed | Trait | Variance components ¹ | | | | $h^2 \pm SE$ |
|-------|--------|----------------------------------|--------|--------------|--------------|--------------|
| | | σ_a^2 | W_c | σ_e^2 | σ_p^2 | |
| 두록 | ADG | 0.1150 | 0.0785 | 0.3026 | 0.4176 | 0.28 ± 0.01 |
| | ABF | 1.5494 | 0.6201 | 2.8829 | 4.4323 | 0.35 ± 0.01 |
| | DAYS90 | 0.2936 | 0.1848 | 0.6786 | 0.9722 | 0.30 ± 0.01 |
| | IBW | 2.3936 | 0.1112 | 4.8215 | 7.2151 | 0.33 ± 0.01 |
| 랜드레이스 | ADG | 0.1192 | 0.0533 | 0.2166 | 0.3358 | 0.36 ± 0.02 |
| | ABF | 2.2407 | 0.4679 | 2.8831 | 5.1238 | 0.44 ± 0.02 |
| | DAYS90 | 0.3605 | 0.1578 | 0.6012 | 0.9616 | 0.37 ± 0.02 |
| | TNB | 0.7536 | 0.5345 | 6.2170 | 6.9706 | 0.11 ± 0.01 |
| 요크셔 | ADG | 0.1154 | 0.0639 | 0.2298 | 0.3451 | 0.33 ± 0.01 |
| | ABF | 3.0431 | 0.7196 | 3.9694 | 7.0125 | 0.43 ± 0.01 |
| | DAYS90 | 0.3897 | 0.2396 | 0.8276 | 1.2173 | 0.32 ± 0.01 |
| | TNB | 0.9067 | 0.6052 | 7.0169 | 7.9236 | 0.11 ± 0.00 |

¹ σ_a^2 = Direct additive genetic variance; W_c = common litter variance; σ_e^2 = residual variance; σ_p^2 = residual variance

(2) GWAS(Genome-Wide Association Study)

- 본 연구에서는 GWAS 분석을 통하여 각 품종별 성장 및 번식형질에 연관성이 있는 후보유전자(candidate gene) 및 QTL 영역을 탐색하였음. 분석결과는 베이시안 방법(BayesB, BayesC), π (0.00, 0.50, 0.75, 0.99)값과 반응변수(DEBV, EBV)로 구분하여 Manhattan plot을 통해 나타내었음. 또한 SNPs를 포함한 1-Mb의 영역을 탐색하기 위해서 SNP마커로 설명될 수 있는 전체 유전분산 중에서 1% 이상의 상가적 유전 분산 설명력을 가진 영역을 유의적인 효과를 지닌 영역으로 기준점(threshold)을 설정하였으며, Model frequency 통계량은 각 형질에 유의적인 효과를 지닌 SNP마커를 선별하기 위하여 추정 및 이용하였으며 π 값 0.00의 경우 Model frequency가 모든 영역에서 1으로 추정되기 때문에 결과에서 제외하고 나머지 0.50, 0.75, 0.99에서 탐색된 window 영역과 SNP마커를 탐색하였음.
- 먼저 두록종에서 등지방두께에 대하여 Manhattan plot을 통해 GWAS 분석의 결과를 나타내었으며(Figure 1), 결과는 상가적 유전분산 설명력이 높은 영역을 [표 3-109]에 나타내었음.
- BayesB방법의 반응변수 DEBV와 EBV에서 π 값 0.99으로 분석을 진행하였을 때 모두 6

번 염색체에서 1%가 넘는 설명력을 지닌 영역이 발굴되었음. 발굴된 영역은 138Mb, 16Mb와 76Mb의 세 개의 window영역으로 나타났으며 13개의 SNP마커가 확인되었다. 먼저 138Mb의 영역에서 MARC0037040, M1GA0008914, DRGA0006864, ASGA0103810, ALGA0113757, ALGA0036942의 SNP마커가 확인 되었고, 16Mb의 영역에서 MARC0033972, MARC0029800, ALGA0034650, SNP마커가 확인되었으며, ALGA0034650, ASGA0101002, ASGA0100113, ALGA0116768, ALGA0107368 SNP마커가 확인되었음 (Table 4). 두록의 등지방 두께에 가장 높은 상가적 유전분산을 가진 영역은 6번염색체의 138Mb영역에서 1.83%로 나타났음. 또한 6번 염색체의 76Mb 영역에 위치한 ARHGEF10L 유전자는 한국 채래돼지에서 등지방 두께가 줄어드는데 유의적인 작용을 한다는 보고가 있었으며(Li et al., 2010), 6번 염색체의 경우 등지방두께의 QTL영역을 찾는 데 많은 연구가 진행되었기 때문에(Grindflek et al. 2001, Olive et al., 2002, Li et al., 2010), 두록중에 있어 6번 염색체에서 많은 후보유전자가 탐색된 것으로 사료됨.



[그림 3-89] Manhattan plots for genome-wide association studies (GWAS) based on Bayesian methods for Adjusted backfat thickness (ABF) by Duroc

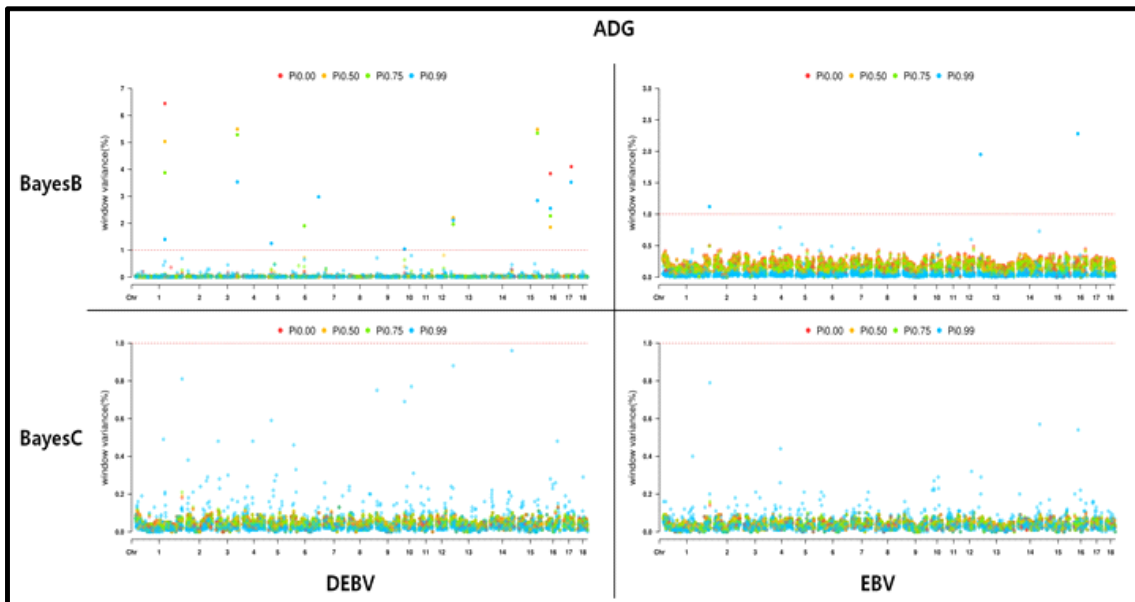
[표 3-105] Summary of informative SNPs in the significant 1-Mb windows for adjusted backfat thickness (ABF) by Duroc

| SSC_Mb | GV (%) | Informative SNP | Position | Effect | Model frequency | Region Annotation | Gene Annotation |
|--------------------------------|--------|-------------------------------|----------|--------|-----------------|-------------------|--|
| 〈BayesB ($\pi=0.99$) - DEBV〉 | | | | | | | |
| 6_138 | 1.89 | MARCO037040 | 138.70 | 0.055 | 0.132 | intergenic | CRYZ(dist=11423) FPGT(dist=470843) LHX8(dist=152772) |
| | | MIGA0008914 | 138.50 | 0.070 | 0.161 | intergenic | TYW3(dist=163579) LHX8(dist=222275) |
| | | DRGA0006864 | 133.20 | -0.030 | 0.081 | intergenic | TYW3(dist=94076) LHX8(dist=341) |
| | | ASGA0103810 | 138.00 | 0.018 | 0.057 | intergenic | TYW3(dist=316010) CRYZ(dist=299075) |
| | | ALGA0113757 | 138.60 | -0.021 | 0.064 | intergenic | FPGT(dist=183191) CRYZ(dist=36545) |
| | | ALGA0036942 | 138.90 | 0.029 | 0.079 | intergenic | FPGT(dist=445721) |
| 6_16 | 1.63 | MARCO033972 | 16.80 | 0.109 | 0.260 | intergenic | U6(dist=635716) PSMD7(dist=58944) |
| | | MARCO029800 | 16.40 | 0.053 | 0.142 | intergenic | U6(dist=592247) PSMD7(dist=102413) |
| | | ALGA0034650 | 16.30 | 0.063 | 0.159 | intergenic | U6(dist=482216) PSMD7(dist=212444) |
| | | 〈BayesB ($\pi=0.99$) - EBV〉 | | | | | |
| 6_76 | 1.75 | ASGA0101002 | 76.50 | 0.014 | 0.082 | intronic | ARHGEF10L |
| | | ASGA0100113 | 76.30 | 0.005 | 0.040 | intronic | IGSF21 |
| | | ALGA0116768 | 76.10 | 0.015 | 0.084 | intronic | ARHGEF10L |
| | | ALGA0107368 | 76.70 | -0.021 | 0.112 | intronic | ARHGEF10L |

○ 두록종의 일당증체량(ADG)에서도 BayesB방법에서 DEBV의 π 값 0.50, 0.75, 0.99와 EBV의 π 값 0.99으로 분석 결과 유의미한 SNP마커의 영역이 발굴 되었다(Figure 2). 발굴된 영역에 대한 결과는 [표 3-105]에 제시하였음. 먼저 Bayes B의 DEBV에서 π 값 0.50으로 분석한 결과 3번 염색체의 123Mb에서 가장 높은 5.49%의 설명력을 지닌 영역이 발굴 되었으며 이 영역에는 MARCO09117 SNP마커가 확인되었음. 비슷하게 15번 111Mb에서 5.48%의 설명력 지닌 영역이 발굴되었고 이 영역에서 ALGA0086770 SNP마커가 확인되었음. 이외에 1번 염색체의 171Mb 역역(MARCO001172), 13번 염색체 15Mb영역(ALGA0120330), 16번 염색체의 25Mb영역(ASGA0072766, ALGA0089851)에서 총 5개의 영역이 탐색되었음. DEBV의 π 값 0.75로 분석의 결과 π 값 0.99의 5개의 영역 이외에 6번 염색체의 81Mb영역(ASGA010946)을 포함하여 6개 영역이 탐색되었으며 16번 염색체의 25Mb에서 ALGA0089849 SNP마커가 확인되었다. DEBV의 π 값 0.99와 분석한 결과 앞서 0.50과 0.75에서 탐색된 모든 영역이 포함되어 있었고 이 외에 17번 염색체의 44Mb영역

(MARC0028846), 6번 염색체 164Mb영역(ASGA0098375)과 5번 염색체 15Mb영역에서 MIGA007662와 ASGA0024735 SNP 마커가 확인되었으며, 10번 염색체 7Mb영역에서 MIGA0013649, DRGA0010240와 DRGA0010231 SNP마커가 확인되었음.

- EBV의 π 값 0.99의 분석 결과 16번염색체 25Mb영역과 13번염색체 15Mb은 DEBV에서 분석된 결과와 같이 탐색되었으며, 이 외에 1번 염색체에서 271Mb영역에서 MARC0091445, M1GA0001910, INRA0007867, ALGA0010937, ALGA0010918, ALGA0010917, ALGA0010913의 SNP마커가 확인되었다.
- 13번 염색체의 15Mb에 근접한 RBMS3 유전자의 경우 소에 있어 성장형질과 관련되어 있는 유전자라고 알려져 있으며(Wildmann et al., 2013), 양에서는 체중과 연관성 있는 유전자로서 알려져 있다(Snyman et al., 2020). 또한 3번 염색체의 123Mb에 근접한 TRIP2 유전자는 경주마에 있어 성장형질과 관련이 있다고 보고되었다(Tozaki et al., 2017). 3번 염색체의 123Mb영역, 13번 염색체 15Mb영역과 16번 염색체 25Mb영역이 모든 π 값 분석결과에 포함되어있었으며, π 값이 0.00으로 줄어들수록 상가적 유전분산 설명력이 늘어나는 것을 확인 할 수 있었다[그림 3-97]. 따라서 발굴된 영역들은 두록중에 있어 성장형질인 일당증체량과도 유의미한 결과를 나타낸 것으로 사료된다.



[그림 3-90] Manhattan plots for genome-wide association studies (GWAS) based on Bayesian methods for average daily gain (ADG) by Duroc

[表 3-106] Summary of informative SNPs in the significant 1-Mb windows for average daily gain (ADG) by Duroc

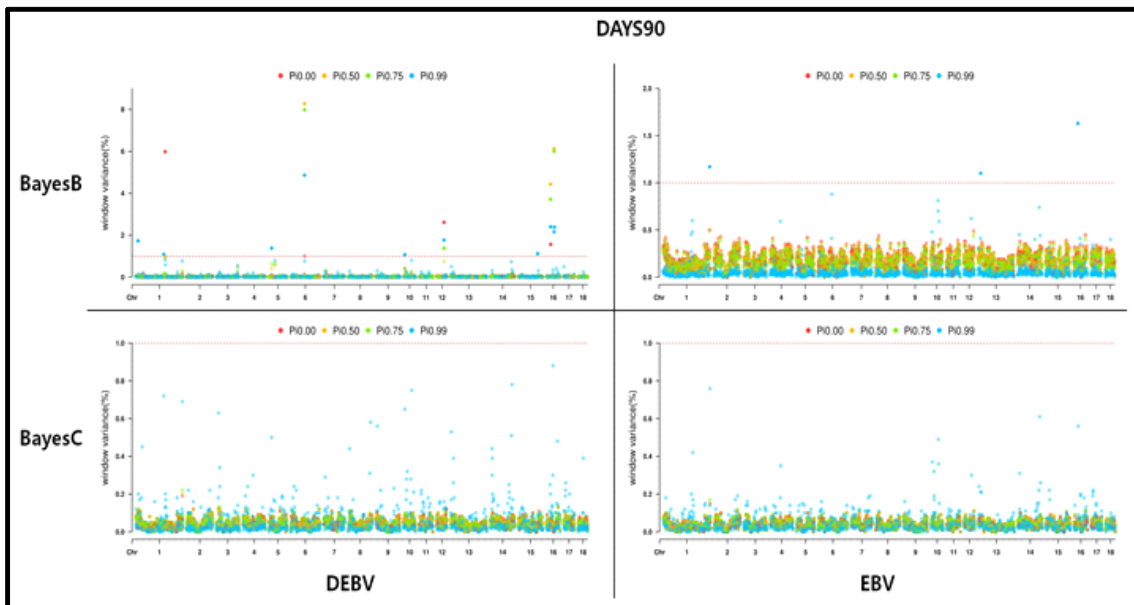
| SSC_Mb | GV (%) | Informative SNP | Position | Effect | Model frequency | Region Annotation | Gene Annotation |
|----------------------------------|--------|-----------------|----------|--------|-----------------|-------------------|---|
| <BayesB ($\pi = 0.50$) - DEBV> | | | | | | | |
| 3_123 | 5.49 | MARC0091117 | 123.40 | -1.519 | 0.950 | intergenic | U2(dist=481335) TRIB2(dist=426227) |
| 15_111 | 5.48 | ALGA0086770 | 111.00 | 1.263 | 0.865 | intergenic | U2(dist=1253) MAP2(dist=527654) |
| 1_171 | 5.03 | MARC0001172 | 171.80 | 0.175 | 0.796 | intergenic | FBXO33(dist=1166208) U6(dist=188990) |
| 13_15 | 2.2 | ALGA0120330 | 15.00 | 0.166 | 0.768 | intergenic | ZCWPW2(dist=312619) RBMS3(dist=472631) |
| 16_25 | 1.85 | ASGA0072766 | 25.00 | -0.023 | 0.540 | intergenic | U2(dist=496722) PTGER4(dist=392964) |
| | | ALGA0089851 | 25.00 | -0.047 | 0.578 | intergenic | U2(dist=563131) PTGER4(dist=326555) |
| <BayesB ($\pi = 0.75$) - DEBV> | | | | | | | |
| 15_111 | 5.34 | ALGA0086770 | 111.00 | 1.266 | 0.799 | intergenic | U2(dist=1253) MAP2(dist=527654) |
| 3_123 | 5.28 | MARC0091117 | 123.40 | -1.520 | 0.933 | intergenic | U2(dist=481335) TRIB2(dist=426227) |
| 1_171 | 3.87 | MARC0001172 | 171.80 | 0.141 | 0.620 | intergenic | FBXO33(dist=1166208) U6(dist=188990) |
| 16_25 | 2.27 | ASGA0072766 | 25.00 | -0.036 | 0.347 | intergenic | U2(dist=496722) PTGER4(dist=392964) |
| | | ALGA0089851 | 25.00 | -0.039 | 0.354 | intergenic | U2(dist=563131) PTGER4(dist=326555) |
| 13_15 | 1.96 | ALGA0089849 | 25.00 | 0.018 | 0.304 | intergenic | U2(dist=529039) PTGER4(dist=360647) |
| | | ALGA0120330 | 15.00 | 0.158 | 0.646 | intergenic | ZCWPW2(dist=312619) RBMS3(dist=472631) |
| 6_81 | 1.9 | ASGA0101946 | 81.30 | -0.277 | 0.541 | intergenic | LUZP1(dist=56290) HNRNPR(dist=54740) |

[表 3-106] Summary of informative SNPs in the significant 1-Mb windows for average daily gain (ADG) by Duroc 2

| SSC_Mb | GV (%) | Informative SNP | Position | Effect | Model frequency | Region Annotation | Gene Annotation |
|--------------------------------|--------|-----------------|----------|--------|-----------------|-------------------|---|
| <BayesB ($\pi=0.99$) - DEBV> | | | | | | | |
| 3_123 | 3.53 | MARC0091117 | 123.40 | -1.122 | 0.673 | intergenic | U2(dist=481335) TRIB2(dist=426227) |
| 17_44 | 3.52 | MARC0028846 | 44.00 | 1.430 | 0.663 | intergenic | CHD6(dist=421373) PTPRT(dist=27816) |
| 6_164 | 2.98 | ASGA0098375 | 164.10 | 2.335 | 0.339 | intronic | MKNK1 |
| 15_111 | 2.84 | ALGA0086770 | 111.00 | 0.672 | 0.350 | intergenic | U2(dist=1253) MAP2(dist=527654) |
| | | ASGA0072766 | 25.00 | -0.033 | 0.126 | intergenic | U2(dist=496722) PTGER4(dist=392964) |
| 16_25 | 2.55 | ALGA0089851 | 25.00 | -0.037 | 0.143 | intergenic | U2(dist=563131) PTGER4(dist=326555) |
| | | ALGA0089849 | 25.00 | 0.047 | 0.171 | intergenic | U2(dist=529039) PTGER4(dist=360647) |
| 13_15 | 2.11 | ALGA0120330 | 15.00 | 0.199 | 0.668 | intergenic | ZCWPW2(dist=312619) RBMS3(dist=472631) |
| 1_171 | 1.4 | MARC0001172 | 171.80 | 0.067 | 0.291 | intergenic | FBXO33(dist=1166208) U6(dist=188990) |
| 5_15 | 1.25 | MIGA0007662 | 15.30 | 0.065 | 0.304 | intergenic | FAIM2(dist=26363) AQP2(dist=24393) |
| | | ASGA0024735 | 15.30 | 0.045 | 0.250 | intronic | NCKAP5L |
| | | MIGA0013649 | 7.00 | 0.010 | 0.084 | intronic | GPATCH2 |
| 10_7 | 1.04 | DRGA0010240 | 7.00 | 0.011 | 0.074 | intronic | SPATA17 |
| | | DRGA0010231 | 7.00 | -0.098 | 0.438 | intergenic | ESRRG(dist=488896) GPATCH2(dist=96633) |
| <BayesB ($\pi=0.99$) - EBV> | | | | | | | |
| | | ASGA0072766 | 25.00 | -0.008 | 0.124 | intergenic | U2(dist=496722) PTGER4(dist=392964) |
| 16_25 | 2.28 | ALGA0089851 | 25.00 | 0.007 | 0.109 | intergenic | U2(dist=563131) PTGER4(dist=326555) |
| | | ALGA0089849 | 25.00 | 0.042 | 0.587 | intergenic | U2(dist=529039) PTGER4(dist=360647) |
| 13_15 | 1.95 | ALGA0120330 | 15.00 | 0.002 | 0.057 | intergenic | ZCWPW2(dist=312619) RBMS3(dist=472631) |
| | | MARC0091445 | 271.90 | 0.002 | 0.057 | intronic | MED27 |
| | | MIGA0001910 | 271.70 | -0.004 | 0.093 | intronic | MED27 |
| | | INRA0007867 | 271.30 | 0.002 | 0.048 | intergenic | MED27 |
| 1_271 | 1.12 | ALGA0010937 | 271.60 | -0.002 | 0.057 | intergenic | MED27 |
| | | ALGA0010918 | 271.30 | -0.001 | 0.046 | intronic | MED27 |
| | | ALGA0010917 | 271.10 | -0.004 | 0.110 | intronic | MED27 |
| | | ALGA0010913 | 271.80 | -0.004 | 0.110 | intronic | MED27 |

- 두록종의 90kg도달일령(DAYS90)에서도 앞서 분석된 일당증체량의 결과와 같이 BayesB 방법에서 DEBV의 π 값 0.50, 0.75, 0.99와 EBV의 π 값 0.99으로 분석을 진행하였을 때 유의미한 SNP마커의 영역이 발굴 되었음[그림3-91].
- Bayes B의 DEBV에서 π 값 0.50으로 분석한 결과를 살펴보면, 6번 염색체의 80Mb영역에서 가장 높은 8.28%의 설명력을 지닌 영역이 발굴되었음. 이 영역에는 H3GA0018134 SNP마커가 확인되었음. 두 번째로 높은 설명력을 지는 영역은 16번 염색체의 45Mb영역에서 6.12%로 나타났으며, 이 영역에 포함된 SNP마커는 MARC0002703이 확인되었음. 다음으로는 16번 염색체에서 25Mb영역이 4.43%으로 추정되었고, ASGA0072766, ALGA0089851, ALGA0089849 SNP마커가 확인되었음. DEBV의 π 값 0.75로 분석의 결과 0.50의 결과와 같이 6번 염색체 80Mb영역, 16번 염색체 45Mb영역과 16번 염색체 25Mb 영역에서 각각 7.98%, 6%와 3.71%의 설명력을 지닌 영역이 탐색되었다. 이 외에 12번 염색체 43Mb영역에서 ALGA0116086 SNP마커가 확인되었다. DEBV의 π 값 0.99로 분석의 결과도 π 값 0.50과 0.75에서 탐색된 영역이 포함되었으며, 이 외에 5번 염색체의 15Mb영역(MIGA0007662와 ASGA0024735), 16번 염색체 47Mb(MARC003690), 15번 염색체 111Mb(ALGA0086770), 1번 염색체의 163Mb(MARC0004843, ASGA0005079와 ALGA0006725)와 13Mb(ALGA0001167)과 10번 염색체의 7Mb영역(MIGA0013649, DRGA0010240, DRGA0010231)이 발굴되었음[표3-107]
- EBV의 π 값 0.99에서 분석된 결과 16번 염색체의 25Mb의 영역이 1.63%으로 가장 높은 설명력을 가지고 있었으며 이 영역에 포함되어 있는 SNP마커는 ASGA0072766, ALGA0089851과 ALGA0089849가 확인되었으며, 이영역은 앞선 DEBV의 분석결과에 포함되어있는 영역으로 나타났음. 이 외의 영역은 13번 염색체의 15Mb, 1번 염색체의 271Mb영역에서 MARC0091445, MARC0039390, M1GA0001910, INRA0007867, H3GA0056709, ALGA0010918, ALGA0010917과 ALGA0010913 SNP마커가 확인되었음
- 5번 염색체 15Mb에 위치한 FAIM2 유전자는 소에서 근육과의 상관관계가 존재한다는 연구결과가 있으며, 성장 및 도체 형질에 있어 후보 유전자로서의 가능성을 보고하였음 (Wang et al., 2013). 또한 사람에게 있어서 비만과 밀접한 관련 있어 MC4R 유전자와 함께 많은 연구가 진행되었으며(Hotta et al., 2009, Boender et al., 2012, León-Mimi et al., 2013), NCKAP5 유전자의 경우 소에 있어서 성장형질인 일당증체량의 후보유전자로서 알려져 있음(Valente et al., 2016, Montes 2019 et al., 2019).
- 16번 염색체의 45Mb에 위치한 PIK3R1 유전자는 지질 대사와 직접적으로 연관되어 있다고 알려져 있으며(Eppig et al., 2015), 골격근에서 mRNA와 miRNA의 전사체 분석을 통해 사료섭취와 관련되어 있는 에너지 대사 및 골격근 성장의 기능을 하는 유전자라고 보

고하였고(Jing et al., 2015), 중국 라이우(Laiwu)지방의 돼지에 있어 사료 섭취와 에너지 소비 사이의 균형을 유지하는데 중심 조절인자인 뉴런에 작용하는 유전자라고 보고하였다(Chen et al., 2018). 이 외에도 돼지의 성장형질인 등지방두께와 밀접한 연관이 있는 QTL이라는 연구가 보고되었다(Ramayo-Caldas et al., 2012, Puig-Oliveras et al., 2014). 따라서 PIK3R1, NCKAP5와 FAIM2 유전자의 영역은 90kg 도달일령에 있어서 유전체 선발에 도움을 주는 영역이라고 사료됨



[그림3-91] Manhattan plots for genome-wide association studies (GWAS) based on Bayesian methods for days to 90kg (DAYS90) by Duroc

[표3-107] Summary of informative SNPs in the significant 1-Mb windows for days to 90kg (DAYS90) by Duroc

| SSC_Mb | GV (%) | Informative SNP | Position | Effect | Model frequency | Region Annotation | Gene Annotation |
|--------------------------------|--------|-----------------|----------|--------|-----------------|-------------------|---|
| 〈BayesB ($\pi=0.50$) - DEBV〉 | | | | | | | |
| 6_80 | 8.27 | H3GA0018314 | 80.70 | 2.943 | 1.000 | intronic | LACTBL1 |
| 16_45 | 6.12 | MARC0002703 | 45.00 | 2.956 | 0.871 | intergenic | CD180(dist=242747) PIK3R1(dist=604060) |
| | | ASGA0072766 | 25.00 | 0.036 | 0.550 | intergenic | U2(dist=496722) PTGER4(dist=392964) |
| 16_25 | 4.43 | ALGA0089851 | 25.00 | 0.069 | 0.581 | intergenic | U2(dist=563131) PTGER4(dist=326555) |
| | | ALGA0089849 | 25.00 | -0.119 | 0.637 | intergenic | U2(dist=529039) PTGER4(dist=360647) |

[Æ3-107] Summary of informative SNPs in the significant 1-Mb windows for days to 90kg (DAYS90) by Duroc2

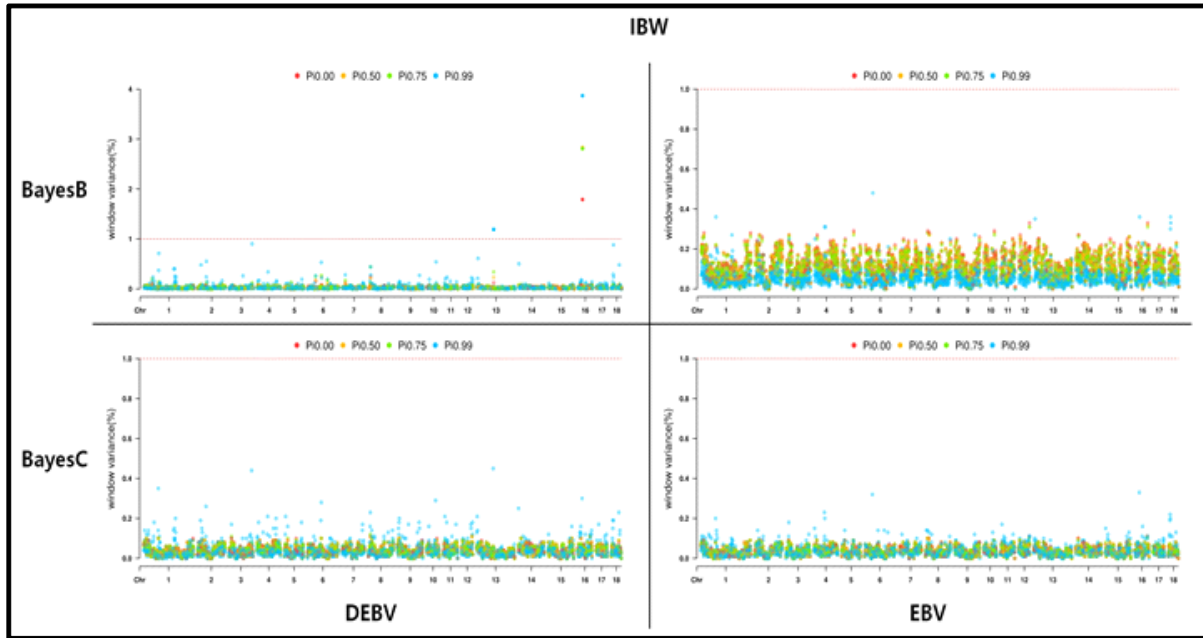
| SSC_ Mb | GV (%) | Informative SNP | Position | Effect | Model frequency | Region Annotation | Gene Annotation |
|--------------------------------|-----------|--------------------|----------|--------|--------------------|----------------------|--|
| <BayesB ($\pi=0.75$) - DEBV> | | | | | | | |
| 6_80 | 7.98 | H3GA0018314 | 80.70 | 2.923 | 1.000 | intronic | LACTBL1 |
| 16_45 | 6 | MARC0002703 | 45.00 | 2.949 | 0.810 | intergenic | CD180(dist=242747) PIK3R1(dist=604060) U2(dist=496722) |
| | | ASGA0072766 | 25.00 | 0.088 | 0.408 | intergenic | PTGER4(dist=392964) U2(dist=563131) |
| 16_25 | 3.71 | ALGA0089851 | 25.00 | 0.058 | 0.355 | intergenic | PTGER4(dist=326555) U2(dist=529039) |
| | | ALGA0089849 | 25.00 | -0.054 | 0.348 | intergenic | PTGER4(dist=360647) |
| 12_43 | 1.38 | ALGA0116086 | 43.00 | 0.076 | 0.398 | intronic | RAB11FIP4 |
| <BayesB ($\pi=0.99$) - DEBV> | | | | | | | |
| 6_80 | 4.86 | H3GA0018314 | 80.70 | 2.035 | 0.723 | intronic | LACTBL1 |
| 5_15 | 1.38 | MIGA0007662 | 15.30 | -0.048 | 0.175 | intergenic | FAIM2(dist=26363) AQP2(dist=24393) |
| | | ASGA0024735 | 15.30 | -0.111 | 0.382 | intronic | NCKAP5L |
| 16_47 | 2.38 | MARC0030690 | 47.00 | -1.396 | 0.390 | intergenic | PIK3R1(dist=500109) SLC30A5(dist=261000) |
| 16_45 | 2.16 | MARC0002703 | 45.00 | 1.228 | 0.329 | intergenic | CD180(dist=242747) PIK3R1(dist=604060) U2(dist=496722) |
| | | ASGA0072766 | 25.00 | 0.040 | 0.105 | intergenic | PTGER4(dist=392964) U2(dist=563131) |
| 16_25 | 2.4 | ALGA0089851 | 25.00 | 0.048 | 0.126 | intergenic | PTGER4(dist=326555) U2(dist=529039) |
| | | ALGA0089849 | 25.00 | -0.060 | 0.153 | intergenic | PTGER4(dist=360647) U2(dist=1253) |
| 15_111 | 1.12 | ALGA0086770 | 111.00 | -0.484 | 0.247 | intergenic | MAP2(dist=527654) |
| 12_43 | 1.77 | ALGA0116086 | 43.00 | 0.110 | 0.276 | intronic | RAB11FIP4 |
| 1_163 | 1.09 | MARC0004843 | 163.30 | 0.016 | 0.088 | intronic | IGDCC4 |
| 1_163 | 1.09 | ASGA0005079 | 163.40 | 0.036 | 0.148 | intergenic | IGDCC4(dist=7455) DPP8(dist=3381) |
| | | ALGA0006725 | 163.80 | -0.089 | 0.311 | intronic | IGDCC4 |
| 1_13 | 1.73 | ALGA0001167 | 13.30 | -1.600 | 0.282 | intergenic | MYCT1(dist=141875) ESR1(dist=386485) |
| | | MIGA0013649 | 7.00 | -0.013 | 0.075 | intronic | GPATCH2 |
| 10_7 | 1.07 | DRGA0010240 | 7.00 | -0.035 | 0.144 | intronic | SPATA17 |
| | | DRGA0010231 | 7.00 | 0.109 | 0.321 | intergenic | ESRRG(dist=488896) GPATCH2(dist=96633) |

[표3-107] Summary of informative SNPs in the significant 1-Mb windows for days to 90kg (DAYS90) by Duroc3

| SSC_ Mb | GV (%) | Informative SNP | Position | Effect | Model frequency | Region Annotation | Gene Annotation |
|-------------------------------|-----------|--------------------|----------|--------|--------------------|----------------------|---|
| 〈BayesB ($\pi=0.99$) - EBV〉 | | | | | | | |
| 16_25 | 1.63 | ASGA0072766 | 25.00 | 0.007 | 0.086 | intergenic | U2(dist=496722) PTGER4(dist=392964) |
| | | ALGA0089851 | 25.00 | 0.009 | 0.106 | intergenic | U2(dist=563131) PTGER4(dist=326555) |
| | | ALGA0089849 | 25.00 | -0.010 | 0.112 | intergenic | U2(dist=529039) PTGER4(dist=360647) |
| 13_15 | 1.1 | ALGA0120330 | 15.00 | -0.035 | 0.362 | intergenic | ZCWPW2(dist=312619) RBMS3(dist=472631) |
| | | MARC0091445 | 271.90 | -0.002 | 0.048 | intronic | MED27 |
| 1_271 | 1.17 | MARC0039390 | 271.50 | -0.004 | 0.068 | intronic | PLPP7, FAM78A |
| | | MIGA0001910 | 271.70 | -0.003 | 0.053 | intronic | MED27 |
| | | INRA0007867 | 271.30 | 0.004 | 0.067 | intergenic | MED27(dist=5190) NTNG2(dist=78391) |
| | | H3GA0056709 | 271.30 | 0.005 | 0.074 | intergenic | NUP214(dist=29375) PLPP7(dist=1540) |
| | | ALGA0010918 | 271.30 | 0.003 | 0.050 | intronic | MED27 |
| | | ALGA0010917 | 271.10 | 0.002 | 0.046 | intronic | MED27 |
| | | ALGA0010913 | 271.80 | 0.005 | 0.082 | intronic | MED27 |

○ 두록종의 생시체중(IBW)의 GWAS 분석결과 BayesB방법의 DEBV에서 0.50, 0.75, 0.99로 분석을 진행하였을 때 유의미한 SNP마커의 영역이 발굴 되었음(그림 3-92). 발굴된 영역을 살펴보면 모든 π 값에서 분석을 진행하였을 때, 16번 염색체의 25Mb영역에서 가장 유의미한 영역이 발굴되었으며 이 영역에 포함된 Informative SNP는 ASGA0072766, ALGA0089851과 ALGA0089849로 확인되었음. 이 영역의 설명력은 π 값 0.50, 0.75와 0.99에서 각각 2.83, 2.81와 3.87으로 나타났으며 π 값이 올라감에 따라 설명력도 높아지는 경향을 나타내었다. 이외에도 0.99에서 분석 시 13번 염색체의 91Mb영역에서 1.19%의 설명력을 나타냈으며, 이 영역에 포함된 SNP마커는 DLAS0001299와 ALGA0071453으로 확인되었음[표3-108]

○ 위의 결과에 모두 포함되어 있는 PTGER4 유전자는 임신기간 중 자궁내막 및 자궁내막 수용성 변화에 영향을 미치는 유전자로서(Szymanska et al., 2021), 돼지에 있어서 초기에 임신한 초산돈에서 높은 발현으로 확인이 가능하며(Waclawik et al., 2010), 이 유전자의 단백질 발현은 임신 12일과 14일 그리고 발정주기에서 발견되어(Przygodzka et al., 2016), 임신 시 많은 영향을 미치는 것으로 알려져 있어 이 유전자의 경우 두록종의 생시체중에 발굴된 영역으로 사료됨. 또한 이 유전자에서 나온 생성물은 프로스타글란딘 E2의 수용체는 전신의 장기에서 생리적 자극에 의해 생산된다고 알려져 있어 앞서 두록종의 모든 표현형에서 높은 상가적 유전분산 비율에 위치하고 있었으며, 두록종의 유전체 선발 시 많은 영향을 미칠 것으로 사료됨.

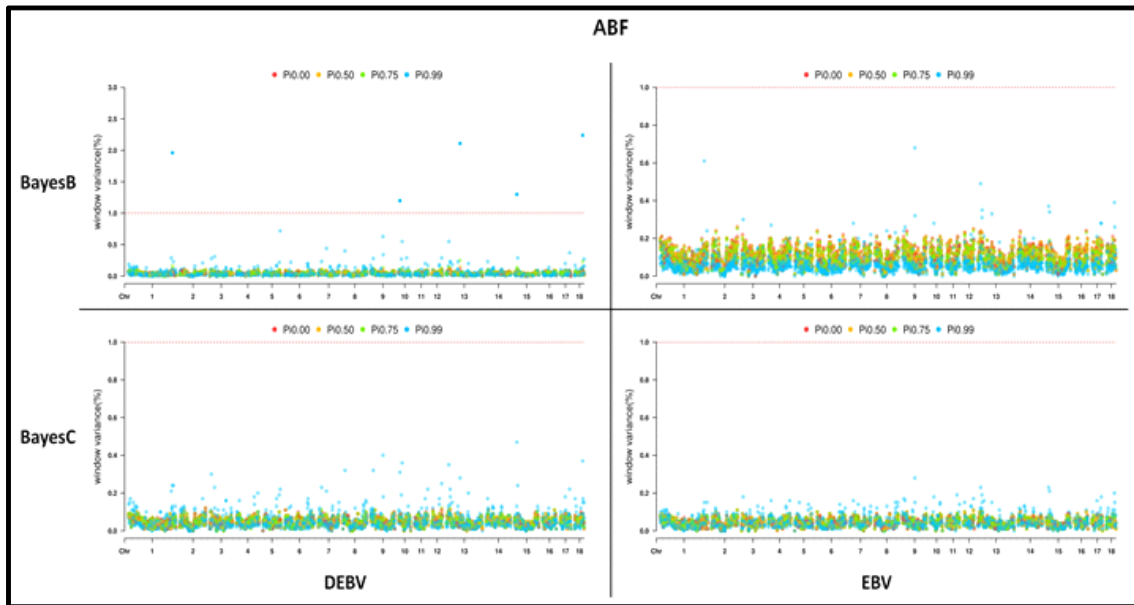


[그림3-92] Manhattan plots for genome-wide association studies (GWAS) based on Bayesian methods for individual birth weight (IBW) by Duroc

[표3-108] Summary of informative SNPs in the significant 1-Mb windows for individual birth weight (IBW) by Duroc

| SSC_Mb | GV (%) | Informative SNP | Position | Effect | Model frequency | Region Annotation | Gene Annotation |
|--------------------------------|--------|-----------------|----------|--------|-----------------|-------------------|---|
| <BayesB ($\pi=0.50$) - DEBV> | | | | | | | |
| | | ASGA0072766 | 25.00 | 0.091 | 0.564 | intergenic | U2(dist=496722) PTGER4(dist=392964) |
| 16_25 | 2.83 | ALGA0089851 | 25.00 | 0.097 | 0.558 | intergenic | U2(dist=563131) PTGER4(dist=326555) |
| | | ALGA0089849 | 25.00 | -0.082 | 0.550 | intergenic | U2(dist=529039) PTGER4(dist=360647) |
| ----- | | | | | | | |
| <BayesB ($\pi=0.75$) - DEBV> | | | | | | | |
| | | ASGA0072766 | 25.00 | 0.100 | 0.345 | intergenic | U2(dist=496722) PTGER4(dist=392964) |
| 16_25 | 2.81 | ALGA0089851 | 25.00 | 0.106 | 0.342 | intergenic | U2(dist=563131) PTGER4(dist=326555) |
| | | ALGA0089849 | 25.00 | -0.065 | 0.316 | intergenic | U2(dist=529039) PTGER4(dist=360647) |
| ----- | | | | | | | |
| <BayesB ($\pi=0.99$) - DEBV> | | | | | | | |
| | | ASGA0072766 | 25.00 | 0.144 | 0.155 | intergenic | U2(dist=496722) PTGER4(dist=392964) |
| 16_25 | 3.87 | ALGA0089851 | 25.00 | 0.147 | 0.158 | intergenic | U2(dist=563131) PTGER4(dist=326555) |
| | | ALGA0089849 | 25.00 | -0.128 | 0.138 | intergenic | U2(dist=529039) PTGER4(dist=360647) |
| ----- | | | | | | | |
| 13_91 | 1.19 | DIAS0001299 | 91.00 | 0.224 | 0.270 | intronic | MED12L |
| | | ALGA0071453 | 91.00 | -0.019 | 0.037 | intergenic | CLRNI(dist=49605) MED12L(dist=74297) |

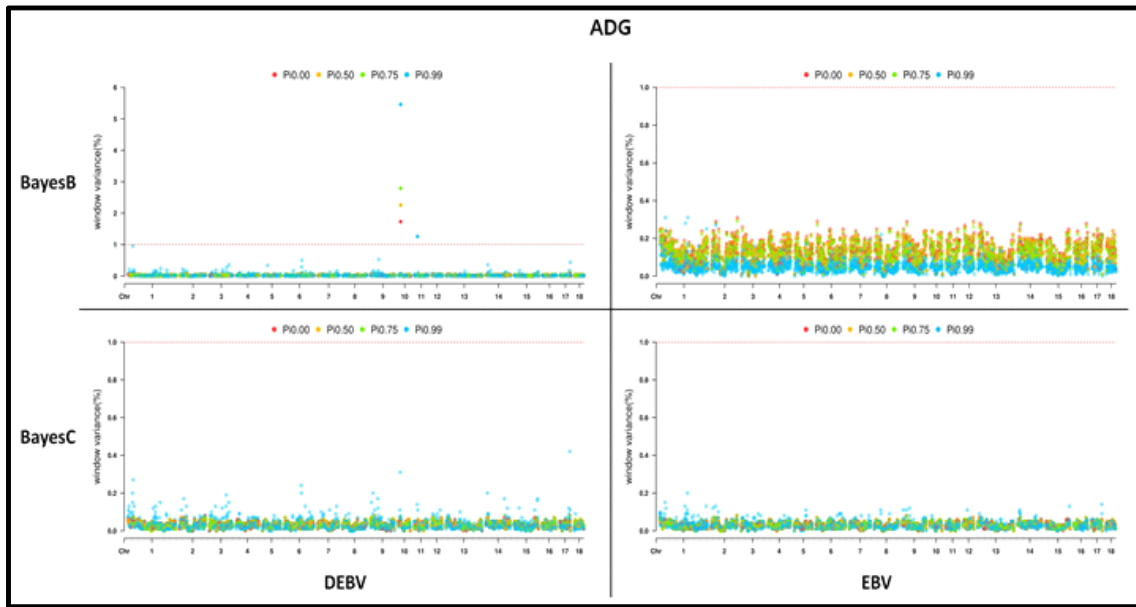
- 랜드레이스종에서 등지방두께에 대하여 Manhattan plot을 통해 GWAS분석의 결과를 Figure 5에 나타내었다. 분석결과 상가적 유전분산 설명력이 1% 이상인 영역은 BayesB 방법을 통해 π 값 0.99에서 반응변수 DEBV로 분석한 결과에서 나타났음[그림 3-100]. 결과를 살펴보면 18번 염색체의 46Mb영역에서 설명력이 2.24%으로 가장 높게 나타났으며 포함된 SNP마커는 H3GA0051040으로 확인되었다. 두 번째로 설명력이 높은 영역은 13번 염색체의 80Mb영역으로 설명력은 2.11%이며, ALGA0071112 SNP마커가 확인되었음. 다음으로는 1번 염색체의 254Mb영역에서 ALGA0009437 SNP마커가 확인되었으며 15번 염색체의 14Mb영역에서 H3GA0034799, ALGA0084000, ALGA0083995와 ALGA0083978의 네 개의 SNP마커가 확인되었다. 마지막으로 10번 염색체의 7Mb영역에서 ALGA0056744번 SNP마커가 확인되어 총 5개의 영역에서 8개의 SNP마커가 확인되었음 [표 3-109].
- 18번 염색체에 근접한 NFE2L3 유전자의 경우 세포질의 분화과정에 필요한 유전자로 알려져 있으며(Keever, 2017), 사람의 지질과 연관이 있는 것으로 보고되었으며(Casas-Agustench et al., 2014), 돼지에서도 지질과 연관되어 있다고 보고되었으며(Welzenbach et al., 2016), 13번 염색체 80Mb영역에 있는 MRP22 유전자는 미토콘드리아 mRNA의 번역(translation)을 저해하고 결합 효율과 에너지 저장을 낮추어 지질축적과 지방축적을 초래하고, 에너지 균형을 바꾸게 한다고 보고하였다(Haque M et al., 2008). 따라서, NFE2L3 유전자와 MRP22 유전자는 랜드레이스종의 등지방두께에 영향을 미치는 유전자일 것으로 사료됨.
- 랜드레이스종의 일당증체량(ADG)의 GWAS 분석결과에 대한 Manhattan plot은 Figure 6에 나타내었음. 설명력이 1%이상의 영역은 BayesB방법의 DEBV에서 탐색되었음[그림 3-114]. 결과를 살펴보면 10번 염색체의 11Mb영역이 발굴되었으며, 이 영역에서는 DRGA0010301의 SNP마커가 확인되었음. 모든 π 값에서 확인할 수 있었으며, 설명력은 0.50, 0.75와 0.99에서 각각 2.26%, 2.78%와 5.46%으로 나타났으며 0.99에서 가장 높은 설명력이 확인되었으며, π 값이 상승할수록 설명력도 상승하였음. π 값 0.99분석 결과 11번 염색체의 18Mb 영역에서 1.26%설명력이 추정되었으며, MARC0113984, CASI005912와 ALGA0061162 SNP마커가 확인되었다. 일당증체량에 영향을 미치는 영역으로 추정된 결과는 총 2개의 영역에서 4개의 SNP마커가 확인되었음[표3-110].
- 10번 염색체의 11Mb영역에 인접한 FAM177B유전자는 양에 있어 체형과 연관이 있는 영역이라고 보고되었으며(Zhang et al., 2019), 포유류에 있어 lhh 분포의 조절을 통해 긴 뼈의 성장을 조절한다고 보고되었음(Tsiairls et al., 2008).



[그림 3-93] Manhattan plots for genome-wide association studies (GWAS) based on Bayesian methods for Adjusted backfat thickness (ABF) by Landrace

[표 3-109] Summary of informative SNPs in the significant 1-Mb windows for Adjusted backfat thickness (ABF) by Landrace

| SSC_Mb | GV (%) | Informative SNP | Position | Effect | Model frequency | Region Annotation | Gene Annotation |
|--------------------------------|--------|-----------------|----------|--------|-----------------|-------------------|--|
| 〈BayesB ($\pi=0.99$) - DEBV〉 | | | | | | | |
| 18_46 | 2.24 | H3GA0051040 | 46.94 | 0.280 | 0.551 | intergenic | NFE2L3(dist=690741) NPVF(dist=141966) |
| 13_80 | 2.11 | ALGA0071112 | 80.14 | 0.288 | 0.390 | intronic | MRPS22 |
| 1_254 | 1.96 | ALGA0009437 | 254.44 | 0.309 | 0.459 | intergenic | RGS3(dist=232910) ZNF618(dist=33149) |
| 15_14 | 1.3 | H3GA0043799 | 14.01 | -0.051 | 0.141 | intergenic | HNMT(dist=244837) THSD7B(dist=75963) |
| | | ALGA0084000 | 14.03 | 0.065 | 0.170 | intergenic | HNMT(dist=265141) THSD7B(dist=55659) |
| | | ALGA0083995 | 14.05 | -0.052 | 0.142 | intergenic | HNMT(dist=286129) THSD7B(dist=34671) |
| | | ALGA0083978 | 14.30 | -0.015 | 0.053 | intronic | THSD7B |
| 10_7 | 1.2 | ALGA0056744 | 7.31 | 0.161 | 0.357 | intergenic | ESRRG(dist=289572) GPATCH2(dist=295957) |

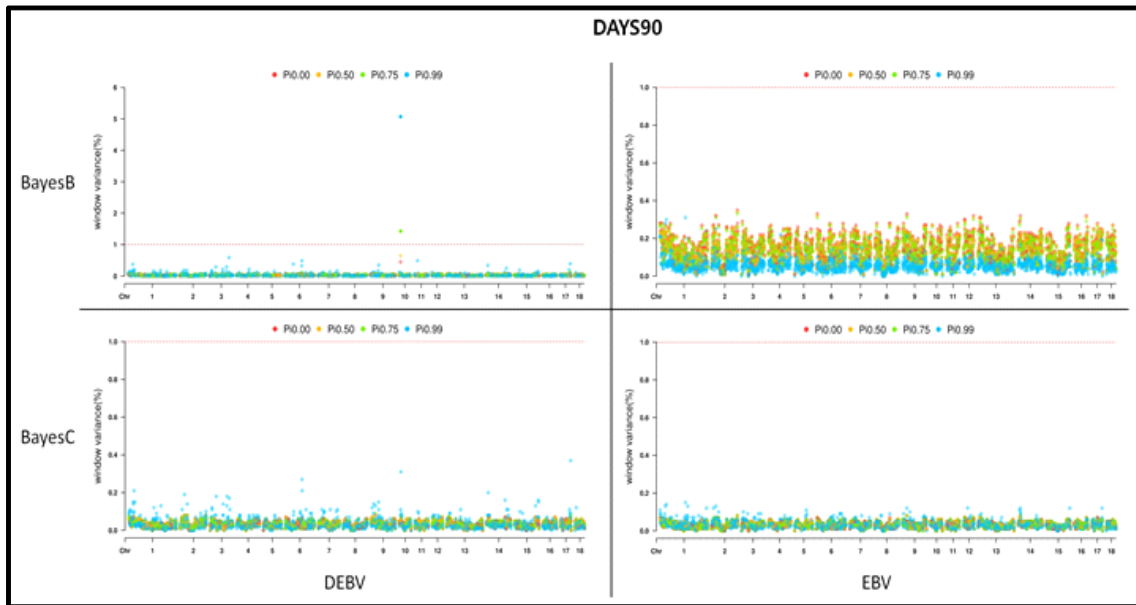


[그림3-94] Manhattan plots for genome-wide association studies (GWAS) based on Bayesian methods for average daily gain (ADG) by Landrace

[표 3-110] Summary of informative SNPs in the significant 1-Mb windows for average daily gain (ADG) by Landrace

| SSC_Mb | GV (%) | Informative SNP | Position | Effect | Model frequency | Region Annotation | Gene Annotation |
|--------------------------------|--------|-----------------|----------|--------|-----------------|-------------------|---|
| 〈BayesB ($\pi=0.50$) - DEBV〉 | | | | | | | |
| 10_11 | 2.26 | DRGA0010301 | 11.51 | 0.097 | 0.687 | intergenic | FAM177B(dist=17005) DISP1(dist=7902) |
| 〈BayesB ($\pi=0.75$) - DEBV〉 | | | | | | | |
| 10_11 | 2.79 | DRGA0010301 | 11.51 | 0.120 | 0.597 | intergenic | FAM177B(dist=17005) DISP1(dist=7902) |
| 〈BayesB ($\pi=0.99$) - DEBV〉 | | | | | | | |
| 10_11 | 5.46 | DRGA0010301 | 0.245 | 0.916 | 0.9159 | intergenic | FAM177B(dist=17005) DISP1(dist=7902) |
| | | MARC0113984 | 0.004 | 0.056 | 0.0563 | intronic | RCBTB1 |
| 11_18 | 1.26 | CASI0005912 | -0.113 | 0.349 | 0.3486 | intronic | EBPL, ARL11 |
| | | ALGA0061162 | 0.003 | 0.052 | 0.0518 | intronic | RCBTB1 |

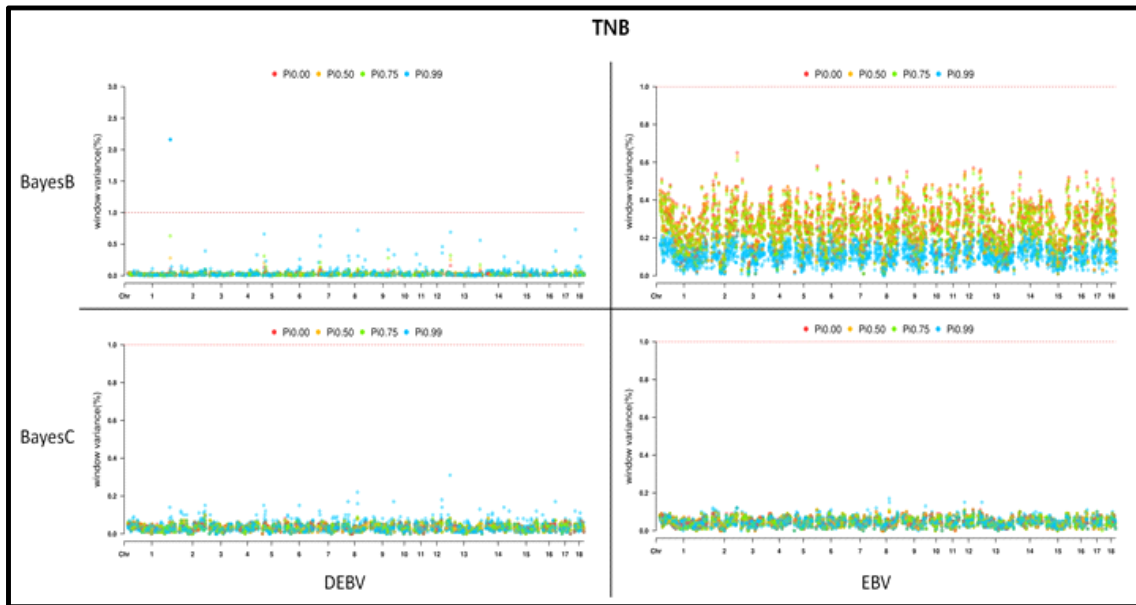
- 랜드레이스종의 90kg도달일령(DAYS90)의 GWAS분석 결과는 BayesB방법에서 DEBV의 π 값 0.75와 0.99에서 유의미한 영역이 확인되었음[그림 3-95]. 두 영역에서 모두 10번 염색체의 11Mb영역이 탐색되었으며 이 영역의 SNP마커는 DRGA0010301DL 확인되었다. 설명력은 각각 1.43%와 5.07%으로 π 값 0.99에서 높게 추정되었음[표 3-111].
- 이 영역의 결과는 π 값 0.00과 0.50에서 1%이상의 설명력은 아니지만 그 설명력이 다른 영역에 비해 높은 것을 확인할 수 있었으며 π 값이 상승할수록 설명력이 높아지는 것을 확인할 수 있었음[그림3-102]. 10번 염색체 11Mb의 영역은 랜드레이스종의 일당증체량에서도 발굴된 영역이다. 두 형질은 상관관계가 매우 높다고 알려져 있으며, Lopez 등(2018)은 랜드레이스종의 두 형질간 표현형상관과 유전상관 -0.98과 -0.97라고 하였으며, Alam 등(2021)은 일당증체량과 105일 도달일령간의 상관에 대해 -0.97이라고 보고하였음. 따라서 일당증체량이 높을수록 90kg도달일령이 줄어들기 때문에 둘 간의 상관관계가 높아 같은 영역이 발굴된 것으로 사료됨
- 랜드레이스종 총산자수(TNB)의 GWAS분석 결과는 BayesB방법에서 DEBV의 π 값 0.99에서 유의미한 영역이 확인되었음[그림3-96]. 이 영역은 1번 염색체의 241Mb영역으로 탐색되었으며 ASGA0006416과 ALGA0008826 SNP 마커가 확인되었다. 설명력은 2.16%으로 추정되었음[표 3-116].
- 1번 염색체 241Mb영역에 인접한 NR4A3유전자의 경우 스테로이드 호르몬과 관련된 여러 유전자와 함께 암폐지의 다산성에 과발현 된다고 알려져 있으며(Ashworth et al., 1998), 암컷에 있어 번식 조절에서 중요한 난소의 인자로 간주되고(Zhao et al., 2007), NR4A3 유전자 발현이 높아지면 스테로이드 호르몬에 대한 난포의 민감도가 증가하기 때문에(Gladney et al., 2004), TNB에 직접적으로 영향을 미치는 유전자라고 사료됨.



[그림3-95] Manhattan plots for genome-wide association studies (GWAS) based on Bayesian methods for days to 90kg (DAYS90) by Landrace

[표 3-111] Summary of informative SNPs in the significant 1-Mb windows for days to 90kg (DAYS90) by Landrace

| SSC_Mb | GV (%) | Informative SNP | Position | Effect | Model frequency | Region Annotation | Gene Annotation |
|--------------------------------|--------|-----------------|----------|--------|-----------------|-------------------|---|
| <BayesB ($\pi=0.75$) - DEBV> | | | | | | | |
| 10_11 | 1.43 | DRGA0010301 | 11.51 | -0.097 | 0.459 | intergenic | FAM177B(dist=17005) DISP1(dist=7902) |
| <BayesB ($\pi=0.99$) - DEBV> | | | | | | | |
| 10_11 | 5.07 | DRGA0010301 | 11.51 | -0.342 | 0.861 | intergenic | FAM177B(dist=17005) DISP1(dist=7902) |

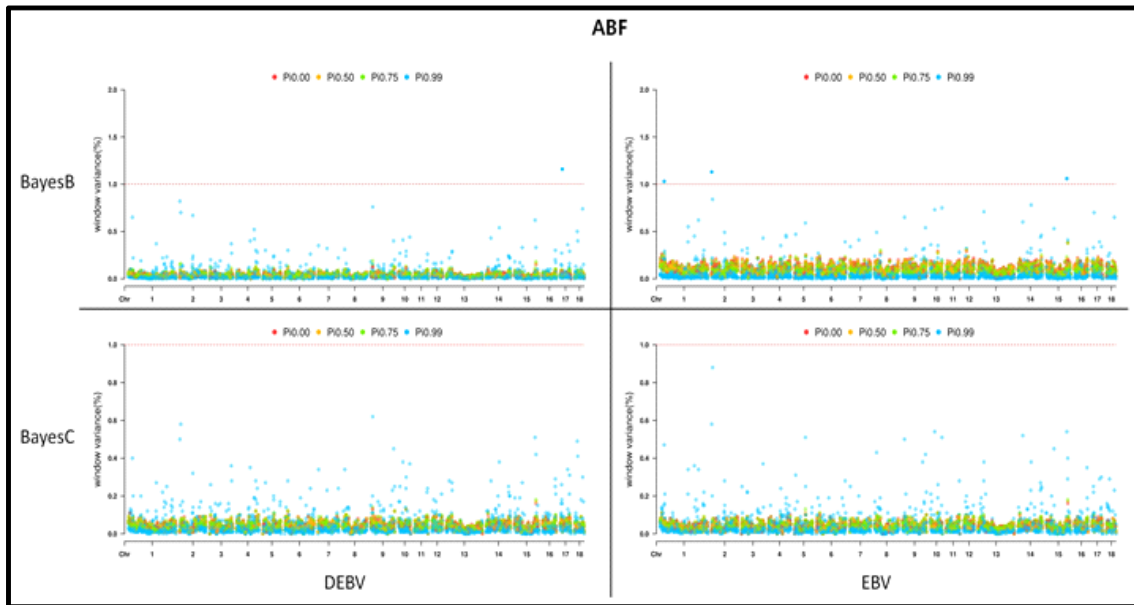


[그림3-96] Manhattan plots for genome-wide association studies (GWAS) based on Bayesian methods for total number of piglet born(TNB) by Landrace

[표 3-112] Summary of informative SNPs in the significant 1-Mb windows for Total number of piglet born (TNB) by Landrace

| SSC_Mb | GV (%) | Informative SNP | Position | Effect | Model frequency | Region Annotation | Gene Annotation |
|--------------------------------|--------|-----------------|----------|--------|-----------------|-------------------|--|
| 〈BayesB ($\pi=0.99$) - DEBV〉 | | | | | | | |
| 1_241 | 2.16 | ASGA0006416 | 241.01 | 0.696 | 0.511 | intergenic | SEC61B(dist=24193) NR4A3(dist=552735) |
| | | ALGA0008826 | 241.03 | 0.049 | 0.068 | intergenic | SEC61B(dist=45734) NR4A3(dist=531194) |

- 요크셔의 등지방두께(ABF)의 GWAS분석 결과는 Manhattan plot을 통해 [그림3-97]에 나타내었음. 분석결과 BayesB방법을 통해 π 값 0.99에서 반응변수 DEBV와 EBV로 분석한 결과에서 설명력이 1%이상인 영역이 추정되었음. 먼저 DEBV의 결과를 살펴보면 17번 염색체의 13Mb영역에서 1.16%으로 가장 높은 설명력이 나타났으며 이 영역에 포함되어 있는 SNP마커는 ASGA0089601이 확인되었다. EBV에서는 2번 염색체의 1Mb(MARC0053928와 ASGA0096364)에서 1.13%의 설명력이 추정되었고 15번 염색체의 119Mb영역(INRA0050241과 ASGA0070548)에서 1.06%의 설명력이 추정되었음. 이 외에 1번 염색체의 23번영역(MIGA0000866)에서 1.03%의 설명력이 추정되었음[표 3-113].
- 17번 염색체의 13Mb영역에 SLC23A2 유전자는 돼지에서 인슐린 유사 성장 인자(IGF)에 의해 조절되어 표현되는 유전자로서 알려져 있음(Keever, 2017). 2번 염색의 1Mb 영역에 NCNQ1유전자는 기존의 요크셔에서 등지방두께에 영향을 미치는 영역을 발굴한 연구결과와 일치하였으며(Lee et al., 2018), DUSP8유전자의 경우 이탈리아 Large white종에서 넓적다리(ham) 중량에 관한 영역을 발굴한 연구결과와 일치하였음(Fontanesi et al., 2016). 따라서 SLC23A2와 NCNQ1 유전자는 요크셔종의 등지방두께에 중요한 영역이라고 사료됨
- 요크셔의 일당증체량(ADG)의 GWAS분석 결과는 Manhattan plot을 통해 [그림 3-97]에 나타내었음. 결과는 BayesB의 반응변수 DEBV의 π 값 0.50, 0.75와 0.99, EBV값의 π 값 0.99 그리고 BayesC의 반응변수 EBV의 π 값 0.99에서 1%이상의 설명력을 가진 영역이 탐색되었다(Figure 10). 먼저 BayesB의 π 값 0.50의 반응변수 DEBV에서 1.09%의 설명력으로 5번 염색체의 95Mb 영역에서 ASGA0026863 SNP마커가 확인되었으며 π 값 0.75에서도 1.13%의 설명력으로 같은 결과가 추정되었다. π 값 0.99에서도 1.46%설명력이 추정되었으며, 5번 염색체의 71Mb영역(ASGA0026251, ASGA0026236과 ALGA0032782)과 1번 염색체의 159Mb(ALGA0006599)에서 1.08%의 설명력이 추정되었으며, 그 다음으로 17번 염색체의 15Mb영역(INRA0052808과 INRA0052780)에서 1%의 설명력이 추정되었다. BayesC의 π 값 0.99에서 EBV의 결과 7번염색체 46Mb영역(ALGA0109814)에서 2.02%의 설명력이 추정되었음[표 3-113].

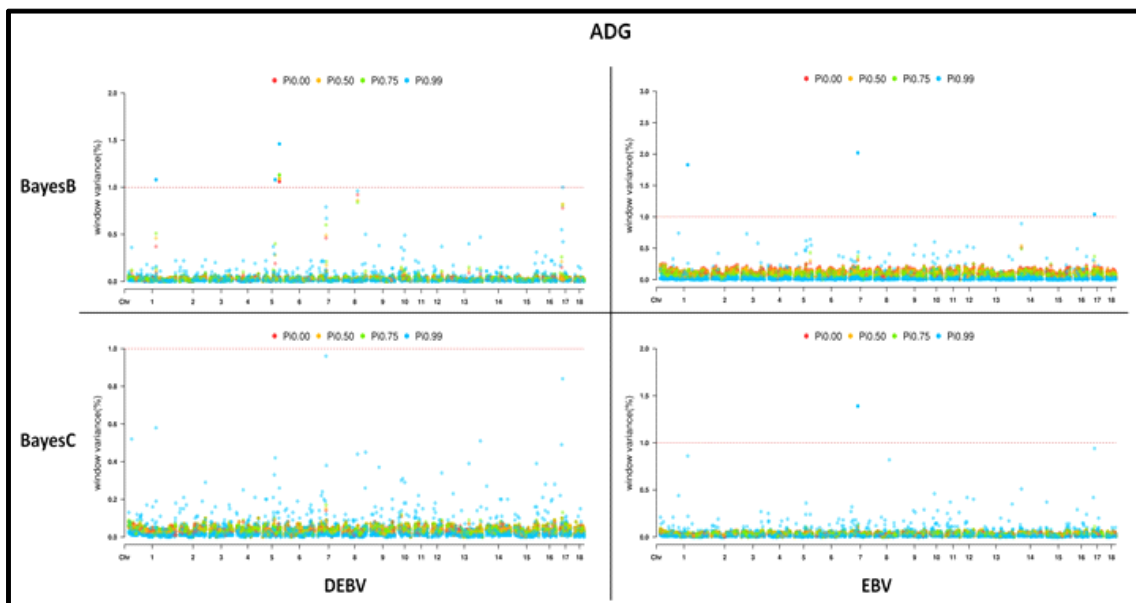


[그림3-97] Manhattan plots for genome-wide association studies (GWAS) based on Bayesian methods for Adjusted back fat thickness (ABF) by Yorkshire

[표 3-113] Summary of informative SNPs in the significant 1-Mb windows for Adjusted backfat thickness (ABF) by Yorkshire

| SSC_Mb | GV (%) | Informative SNP | Position | Effect | Model frequency | Region Annotation | Gene Annotation |
|--------------------------------|--------|-----------------|----------|--------|-----------------|-------------------|--|
| 〈BayesB ($\pi=0.99$) - DEBV〉 | | | | | | | |
| 17_13 | 1.16 | ASGA0089601 | 13.97 | 0.725 | 0.843 | intronic | SLC23A2 |
| 〈BayesB ($\pi=0.99$) - EBV〉 | | | | | | | |
| 2_1 | 1.13 | MARC0053928 | 1.78 | -0.051 | 0.223 | intronic | KCNQ1 |
| | | ASGA0096364 | 1.01 | 0.157 | 0.803 | intronic | DUSP8 |
| 15_119 | 1.06 | INRA0050241 | 119.56 | 0.039 | 0.272 | intergenic | TNPI(dist=530787) TNS1(dist=380636) |
| | | ASGA0070548 | 119.62 | 0.092 | 0.592 | intergenic | TNPI(dist=582539) TNS1(dist=328884) |
| 1_23 | 1.03 | MLGA0000866 | 23.75 | 0.097 | 0.512 | intergenic | NMBR(dist=765776) U6(dist=1243943) |

○ 5번 염색체의 95Mb의 영역에 근접한 MGAT4C 유전자는 Nero Sicilianon종 돼지의 일당 증체량에 대한 후보유전자 발굴 연구에서 발굴된 영역과 일치하였으며, Italian Large White종 돼지에서의 결과와도 일치하였음(Fontanesi et al., 2014). 1번 염색체 159Mb의 영역에 인접하는 RNF152유전자의 경우 F1 (랜드레이스 X Large White)의 일당증체량에서 발굴된 영역과 일치하였으며(Silva et al., 2019), 두록종의 성장형질 100kg 도달일령과 등지방두께에서 발굴된 영역과도 일치하였음(Zhang et al., 2021). 17번 염색체의 15Mb의 영역에 인접한 FERMT1 유전자의 경우 돼지에 있어 성장인자 베타 수용체 신호전달의 양성조절하는 기능 갖고 있으며, BMP2 유전자는 도체의 길이에 대한 강력 후보유전자로 제안하였고, 성장 및 도체 형질에 대해 선발에 있어 이용이 될 것으로 보고하였음(Blaj et al., 2018). 따라서 요크셔 종에 MGAT4C, RNF152, FERMT1 유전자는 일당증체량에 영향을 미치는 영역으로 사료됨.



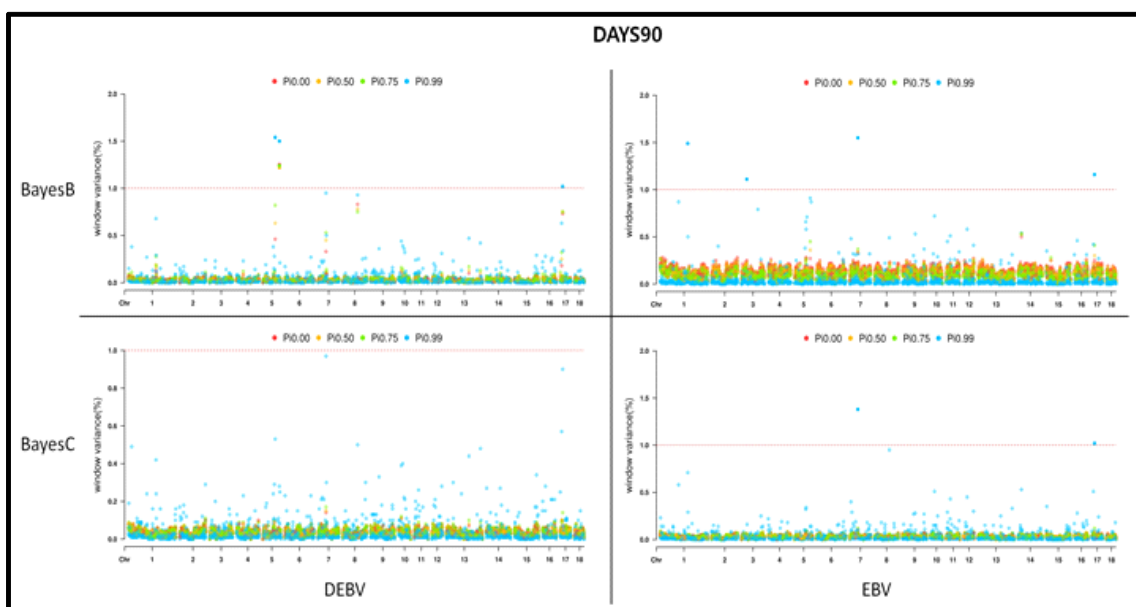
[그림 3-98] Manhattan plots for genome-wide association studies (GWAS) based on Bayesian methods for average daily gain (ADG) by Yorkshire

[표 3-114] Summary of informative SNPs in the significant 1-Mb windows for average daily gain (ADG) by Yorkshire

| SSC_Mb | GV (%) | Informative SNP | Position | Effect | Model frequency | Region Annotation | Gene Annotation |
|--------------------------------|--------|-----------------|----------|--------|-----------------|-------------------|---|
| <BayesB ($\pi=0.50$) - DEBV> | | | | | | | |
| 5_95 | 1.09 | ASGA0026863 | 95.04 | 0.212 | 0.952 | intergenic | C12orf50(dist=521803) MGAT4C(dist=1138851) |
| <BayesB ($\pi=0.75$) - DEBV> | | | | | | | |
| 5_95 | 1.13 | ASGA0026863 | 95.04 | 0.223 | 0.965 | intergenic | C12orf50(dist=521803) MGAT4C(dist=1138851) |
| <BayesB ($\pi=0.99$) - DEBV> | | | | | | | |
| 5_95 | 1.46 | ASGA0026863 | 95.04 | 0.257 | 0.992 | intergenic | C12orf50(dist=521803) MGAT4C(dist=1138851) |
| 5_71 | 1.08 | ASGA0026241 | 71.33 | 0.011 | 0.191 | intronic | SLC2A13 |
| | | ASGA0026236 | 71.16 | 0.056 | 0.338 | intronic | ABCD2 |
| | | ALGA0032782 | 71.20 | -0.118 | 0.450 | intronic | C12orf40 |
| 1_159 | 1.08 | ALGA0006599 | 159.66 | 0.093 | 0.770 | intergenic | RNF152(dist=58322) CDH20(dist=157254) |
| 17_15 | 1.00 | INRA0052808 | 15.89 | 0.042 | 0.493 | intergenic | BMP2(dist=135631) HAO1(dist=847594) |
| | | INRA0052780 | 15.65 | 0.041 | 0.460 | intergenic | FERMT1(dist=522008) BMP2(dist=90074) |
| <BayesB ($\pi=0.99$) - EBVs> | | | | | | | |
| 7_46 | 2.02 | ALGA0109814 | 46.85 | -0.036 | 0.741 | intergenic | U6(dist=15272) ELOVL5(dist=8351) |
| 1_159 | 1.83 | ALGA0006599 | 159.66 | 0.046 | 0.820 | intergenic | RNF152(dist=58322) CDH20(dist=157254) |
| 17_15 | 1.04 | INRA0052780 | 15.65 | 0.028 | 0.807 | intergenic | FERMT1(dist=522008) BMP2(dist=90074) |
| <BayesC ($\pi=0.99$) - EBVs> | | | | | | | |
| 7_46 | 1.39 | ALGA0109814 | 46.85 | -0.031 | 0.817 | intergenic | U6(dist=15272) ELOVL5(dist=8351) |

○ 요크셔종의 90kg도달일령(DAYS90)의 GWAS분석 결과는 BayesB방법의 DEBV에서 π 값 0.50 0.75와 0.99에서 유의미한 영역이 확인되었다[그림 3-106]. BayesB방법의 DEBV 결과를 살펴보면 5번 염색체 71Mb영역(ASGA0026863)은 모든 π 값에서 확인되었으며 설명력은 0.50에서 1.22% ,0.75에서 1.24% 0.99에서 1.5%으로 추정되어 π 값 상승할수록 설명력도 높아지는 경향을 보였다. 이외의 영역은 π 값 0.99에서 확인 되었고 5번 염색체의 71Mb영역에서 INRA0019895, ASGA0026241, ASGA0026236, ALGA0032782 SNP마커가 확인되었으며 설명력은 1.54%으로 추정되었음. 그리고 17번염색체의 15Mb영역에서 INRA0052808와 INRA0052780 두 개의 SNP마커가 확인되었음.

○ BayesB의 π 값 0.99의 EBV의 결과 17번 염색체의 46Mb영역(ALGA0109814), 1번 염색체 159Mb영역(ALGA0006599), 17번 염색체 15Mb영역(INRA0052780), 3번 염색체 30Mb영역(MARC0017113)이 탐색되었으며 BayesC의 π 값 0.99의 EBV의 결과 BayesB의 π 값 0.99결과와 마찬가지로 17번 염색체의 46Mb영역(ALGA0109814), 7번 염색체 15Mb영역(INRA0052780)이 탐색되었다. 요크셔종에 있어서 90kg도달일령과 일당증체량에서 발굴될 영역과 일치하였으며, RNF152유전자는 두룩종의 성장형질 100kg 도달일령과 일당증체량에서 발굴된 영역이 같은 결과를 나타내었음(Zhe et al., 2021). 이러한 이유는 일당증체량이 늘어나면 90kg도달일령은 줄어들기 때문에 두 형질 간 상관관계가 강하기 때문이라고 사료됨.



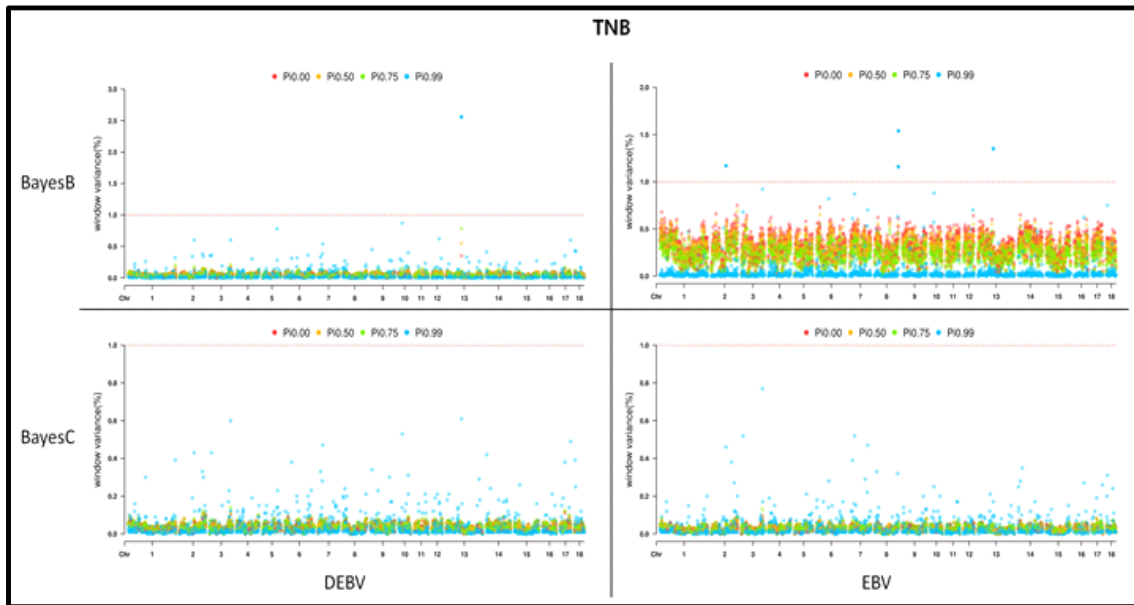
[그림 3-99] Manhattan plots for genome-wide association studies (GWAS) based on Bayesian methods for days to 90kg (DAYS90) by Yorkshire

[표 3-115] Summary of informative SNPs in the significant 1-Mb windows for days to 90kg (DAYS90) by Yorkshire

| SSC_Mb | GV (%) | Informative SNP | Position | Effect | Model frequency | Region Annotation | Gene Annotation |
|--------------------------------|--------|-----------------|----------|--------|-----------------|-------------------|---|
| <BayesB ($\pi=0.50$) - DEBV> | | | | | | | |
| 5_95 | 1.22 | ASGA0026863 | 95.04 | -0.414 | 0.984 | intergenic | Cl2orf50(dist=521803) MGAT4C(dist=1138851) |
| <BayesB ($\pi=0.75$) - DEBV> | | | | | | | |
| 5_95 | 1.24 | ASGA0026863 | 95.04 | -0.421 | 0.985 | intergenic | Cl2orf50(dist=521803) MGAT4C(dist=1138851) |
| <BayesB ($\pi=0.99$) - DEBV> | | | | | | | |
| 5_71 | 1.54 | INRA0019895 | 71.30 | 0.121 | 0.194 | intronic | SLC2A13 |
| | | ASGA0026241 | 71.33 | -0.023 | 0.216 | intronic | SLC2A13 |
| | | ASGA0026236 | 71.16 | -0.142 | 0.387 | intronic | ABCD2 |
| | | ALGA0032782 | 71.20 | 0.220 | 0.434 | intronic | Cl2orf40 |
| 5_95 | 1.5 | ASGA0026863 | 95.04 | -0.459 | 0.990 | intergenic | Cl2orf50(dist=521803) MGAT4C(dist=1138851) |
| 17_15 | 1.02 | INRA0052808 | 15.89 | -0.062 | 0.416 | intergenic | BMP2(dist=135631) HAOI(dist=847594) |
| | | INRA0052780 | 15.65 | -0.089 | 0.563 | intergenic | FERMT1(dist=522008) BMP2(dist=90074) |
| <BayesB ($\pi=0.99$) - EBVs> | | | | | | | |
| 7_46 | 1.55 | ALGA0109814 | 46.85 | 0.041 | 0.522 | intergenic | U6(dist=15272) ELOVL5(dist=8351) |
| 1_159 | 1.49 | ALGA0006599 | 159.66 | -0.065 | 0.698 | intergenic | RNF152(dist=58322) CDH20(dist=157254) |
| 17_15 | 1.16 | INRA0052780 | 15.65 | -0.056 | 0.869 | intergenic | FERMT1(dist=522008) BMP2(dist=90074) |
| 3_30 | 1.11 | MARC0017113 | 30.90 | 0.200 | 0.905 | intronic | SNX29 |
| <BayesC ($\pi=0.99$) - EBVs> | | | | | | | |
| 7_46 | 1.38 | ALGA0109814 | 46.85 | 0.056 | 0.869 | intergenic | U6(dist=15272) ELOVL5(dist=8351) |
| 17_15 | 1.02 | INRA0052780 | 15.65 | -0.048 | 0.852 | intergenic | FERMT1(dist=522008) BMP2(dist=90074) |

○ 요크셔종의 총산자수(TNB)의 GWAS분석 결과는 BayesB방법의 DEBV와 EBV에서 π 값 0.99 분석결과에서 유의미한 영역이 확인되었다(그림 3-100). 13번 염색체의 88Mb영역 (ALGA0071399)은 반응변수 DEBV와 EBV에서 모두 탐색되었으며 설명력은 2.56% 1.35%으로 추정되었음. 또한 EBV에서 2번 염색체의 83Mb영역에서 DRGA0003055 SNP 마커가 확인되었음.

○ 13번 염색체 88Mb영역의 AGTR1 유전자는 돼지의 생식 특성과 관련이 있으며, 배란율과 자궁의 기능에 관한 유전자로서 산자수의 생물학적 메커니즘 증가와 연결된다고 보고하였음(Onteru et al., 2012, Lee et al., 2017)



[그림 3-100] Manhattan plots for genome-wide association studies (GWAS) based on Bayesian methods for individual total number of piglet born(TNB) by Yorkshire

[표 3-116] Summary of informative SNPs in the significant 1-Mb windows for days to Total number of piglet born (TNB) by Yorkshire

| SSC_Mb | GV (%) | Informative SNP | Position | Effect | Model frequency | Region Annotation | Gene Annotation |
|--------------------------------|--------|-----------------|----------|--------|-----------------|-------------------|--|
| <BayesB ($\pi=0.99$) - DEBV> | | | | | | | |
| 13_88 | 2.56 | ALGA0071399 | 88.37 | -0.777 | 0.986 | intergenic | ZIC1(dist=623870) AGTR1(dist=561595) |
| <BayesB ($\pi=0.99$) - EBVs> | | | | | | | |
| 13_88 | 1.35 | ALGA0071399 | 88.37 | -0.138 | 0.752 | intergenic | ZIC1(dist=623870) AGTR1(dist=561595) |
| 2_83 | 1.17 | DRGA0003055 | 83.40 | -0.063 | 0.513 | intergenic | ARHGEF28(dist=306449) ENC1(dist=275757) |

6. 저밀도 유전체 지노타이핑 플랫폼 개발

가. 연구수행내용

- 양돈 산업의 최종 산물은 3원 교잡 (두록, 랜드레이스 및 요크셔)을 통해서 생산되며, 각 품종별로 종돈을 개량하는 시스템이 구축되어 있음. 이는 상대적으로 단일 품종만으로 개량이 이루어지는 타 품종에 비하여 많은 두수의 참조축군이 조성되어야 하며, 이에 따라서 많은 유전체 생산 비용이 투입되어야 함. 이를 위해서는 다른 축종과는 달리 유전체 비용이 많이 소요되게 되므로, 저밀도 지노타이핑 플랫폼 (Low-Density Genotyping Platform) 개발을 통한 비용 절감에 대한 연구가 필수적임. 현재까지 유전체 생산 비용을 절감하기 위해서는 기존의 상업적으로 이용되어 지고 있는 유전체 플랫폼 (Axiom53K, Illumina Porcin 인한 장점을 양돈 산업에 적용하기 위해서는 동복내 (within-litter)에서 조기e60Kv2, Illumina Pocine80K, GGP Porcine80K 및 Axiom650K)보다 적은 수의 유전체 정보를 담고 있는 Low-Density 플랫폼을 통하여 이를 실현 할 수 있다는 연구가 외국에서는 진행되어 왔음(Grossi et al., 2018, Cruz et al., 2019).
- 유전능력평가를 위한 전통적인 방법은 표현형 자료 (Phenotype), 혈통정보 (Pedigree) 및 BLUP (Best Linear Unbiased Prediction)을 활용하여 육종가 (EBV)를 추정하였으며, 이를 기반으로 선발 (Selection) 및 도태 (Culling)를 실시하여 유전적 개량을 진행해왔다. 최근 다양한 플랫폼의 SNP 패널 (Illumina, Neogen-GeneSeek, Affymetrix 등)이 개발 및 판매가 되면서 개량을 위해 유전체 정보가 적용될 수 있었음.
- 유전체 선발 (Genomic selection)은 유전체 정보를 활용하여 유전체 육종가 (Genomic EBV)를 추정 후 선발에 적용하는 방법으로 전통적인 BLUP방법에 비해 세대간격 단축, 신뢰도 향상 등의 장점이 있음. 유전체 선발을 위한 유전체 육종가 추정의 주요 문제는 제한된 수의 개체 정보 (N)를 이용하여 수 많은 SNP 마커 (P)의 효과를 추정하는데 있으며 ($N < P$), 이를 해결하기 위해 Meuwissen et al (2001)은 SNP 마커 효과를 균일하게 낮추는 ridge regression BLUP (rrBLUP)과 Bayesian 접근법을 이용한 Bayes A, Bayes B가 유전체 선발에 적용 하였다. 이후 효율적인 유전체 선발을 위한 Least Absolute Angle and Selection Operator (LASSO) (Usai et al., 2009), Elastic Net (Zou 및 Hastie 2005), Support Vector Regression with a linear kernel (Moser et al. 2009; Xu et al. 2018) 및 Bayesian LASSO, BayesC π 및 BayesD π (de los Campos et al. 2009; Habier et al. 2011) 등과 같은 다양한 방법들이 제안되었음.
- 그래서 두록, 랜드레이스 및 요크셔종에서 성장형질(등지방두께, 일당증체량, 90kg도달일령)과 번식형질(생시체중, 총산자수)의 GWAS분석을 통해 분석되어진 후보유전자와

FST를 기반으로 하여 QTL, 1K, 5K, 10K 총 네개의 저밀도 패널을 구축하고 Bayesian 방법을 이용하여 유전체 정확도를 추정하고 앞서 선행연구를 토대로 만들어진 저밀도 유전체 패널의 유전체 정확도와 상용화 패널인 Illumina Porcine SNP60Kv2 chip간의 유전체 정확도를 비교하여 저밀도 유전체 패널의 유전체 선발 가능성에 대한 기초자료로 활용하고자 수행되었음.

나. 재료 및 방법

(1) 공시재료

- 분석을 위한 표현형자료와 유전체자료는 “Ⅲ. 유전체 자료를 활용한 돼지의 GWAS 분석”에서 사용된 자료를 이용하였음.

(2) 통계적 분석방법

(가) F-statistics

- F-statistics는 품종 또는 집단 사이의 유전적 특성을 비교하기 위하여 유전자빈도 차이를 측정하고, 선발에 의해 유전적 분화가 어떻게 변화되고 있는지 추정 할 수 있다 (Wright, 1969). 일반적으로 FST 지수가 클수록 유전적 분화가 높다고 추정되며 아래와 같은 공식(Nei, 1973)을 이용하여 분석을 진행하였음

$$F_{ST} = \frac{H_T - H_S}{H_T}$$

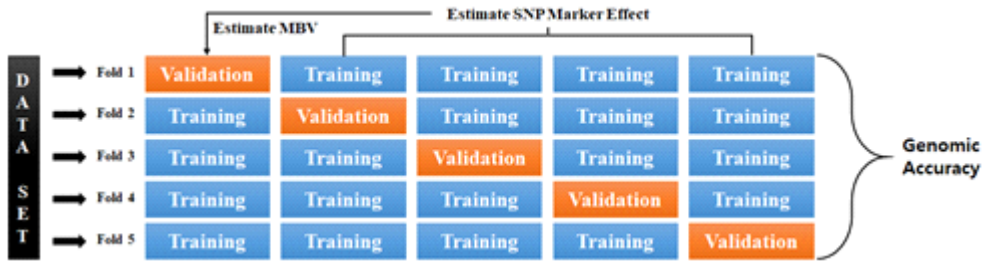
$$\text{with } H_T = 2 \times p \times q, H_S = \frac{H_{S1} \times n_{s1} + H_{S2} \times n_{s2}}{n_{s1} + n_{s2}}$$

$$\text{nd, } H_{Si} = 2 \times p_{Si} \times q_{Si}$$

- 여기서, p_{Si} 와 q_{Si} 는 집단 i 내의 대립유전자 빈도, n_{s1} 과 n_{s2} 는 집단의 수, H_S 는 집단의 이형접합, H_T 는 집단 전체의 이형접합을 의미한다.
- FST 특히, FST는 유전학 분야에서 빈번히 이용되고 있는 지수로서 동형접합성 (homozygosity)의 증가를 통해 고정되는 비율을 측정하는 고정 지수(fixation indexes)를 의미하며, 지수를 통하여 대립 유전자 빈도의 변화의 평가를 통해 유전적 확산 속도를 추정할 수 있다. FST 지수가 클수록 유전적 분화도는 높아진다고 알려져 있음.

(나) 유전체 정확도 (Accuracy of Molecular Breeding Value)

- 유전체 정확도를 추정하기 위하여 K-means 교차 검증(K-means Cross validation Test)을 이용하였으며, 아래와 같이 5-Fold로 클러스터링 방법을 이용하여 분석을 진행하였음 [그림 3-101].



[그림 3-101] Diagram for cross validation

- 여기서, K-means 클러스터링 방법은 군집화를 위하여 혈통 정보를 이용하여 혈연 행렬 (Numerical Relationship Matrix, NRM)를 추정하고 이를 거리 행렬 (Distance Matrix, D matrix)로 변환하여 집단 내 혈연관계를 최대화, 집단 간 혈연관계를 최소화하였다. D matrix에 대한 공식은 아래와 같다.

$$d_{ij} = 1 - \frac{a_{ij}}{\sqrt{a_{ii} \cdot a_{jj}}}$$

- 여기서, d_{ij} 는 i 번째 개체와 j 번째 개체 사이의 거리, a_{ij} 는 i 번째 개체와 j 번째 개체의 상가적 유전 관계 (Additive genetic relationship), $a_{ii}(a_{jj})$ 는 개체의 NRM의 대각 성분이며, 이는 근친 효과를 제거하고 D matrix의 대각 성분을 0으로 만듦

$$MBV_i = \sum_{j=1}^k z_{ij} \hat{u}_j$$

- 여기서, MBV_i 는 검증 집단에서 i 번째 개체의 MBV, z_{ij} 는 i 번째 개체의 j 번째 SNP의 유전자형 (Genotype, i.e., AA=0, AB=1, BB=2), \hat{u}_j 는 훈련 집단의 MCMC 샘플링에서 5,000번의 변인구간 이후의 SNP 마커 효과의 사후 평균 (Posterior mean)임
- 각 검증 집단에서 추정된 유전체 육종가 (MBV)와 반응변수 를 이변량 개체 모형 (Bivariate animal model)을 이용한 유전상관을 유전체 정확도 (Genomic accuracy)로 정의하였으며, 반응변수 (T)와 MBV의 유전상관 ($r_{g(T,MBV)}$)은 다음과 모형과 같음

$$\begin{bmatrix} DEBV \\ MBV \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \alpha_1 \\ \alpha_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \epsilon_1 \\ \epsilon_2 \end{bmatrix}$$

- 여기서, β_1 및 β_2 는 고정효과의 벡터 (β_1 은 형질의 평균, β_2 는 클러스터링 그룹 수에 대한 효과), α_1 은 형질, α_2 는 MBV의 임의 상가적 유전 효과의 벡터이며, $Var(\alpha_1) = G\sigma_{\alpha_1}^2$, $Var(\alpha_2) = G\sigma_{\alpha_2}^2$ 및 $Cov(\alpha_1, \alpha_2) = G\sigma_{\alpha_1\alpha_2}$ 이며, $\sigma_{\alpha_1}^2$ 는 형질의 상가적 유전 분산, $\sigma_{\alpha_2}^2$ 는 MBV의 상가적 유전분산 ($\sigma_{\alpha_2}^2/\sigma_{\alpha_1}^2$ 는 마커에 의해 설명되는 형질의 상가적 유전분산)이며, $\sigma_{\alpha_1\alpha_2}$ 는 형질과 MBV의 유전상관임. G 는 같은 그룹에 있는 개체사이의 혈통 기반의 NRM에 기초한 A 의 0이 아닌 요소로 이루어져 있으나, 다른 그룹에 있는 개체들 사이의 공분산은 다음과 같이 0이 됨

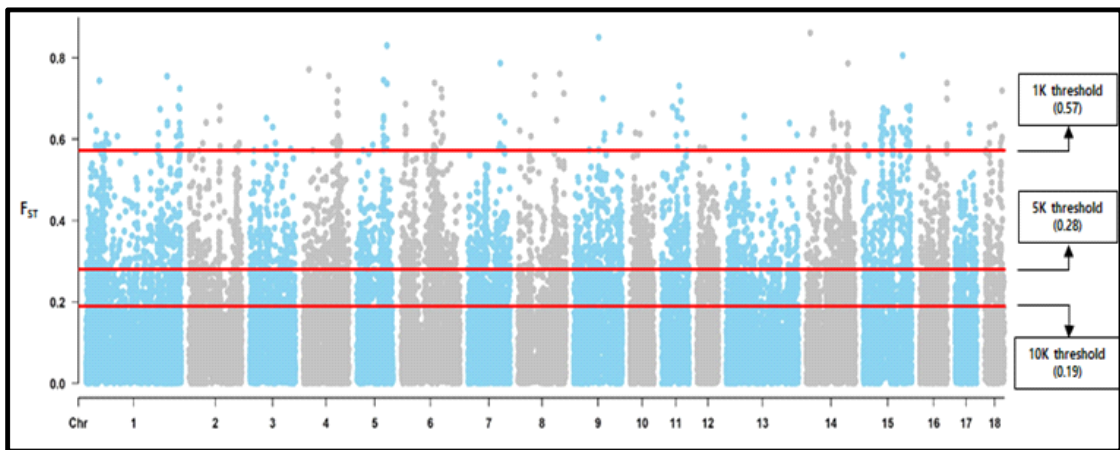
$$G = \begin{bmatrix} A_{11} & 0 & 0 & \dots & \dots & 0 \\ 0 & A_{22} & 0 & \dots & \dots & 0 \\ 0 & 0 & A_{33} & \dots & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & & \ddots & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & A_{fold} \end{bmatrix}$$

- 이 접근법은 클러스터링 폴드 수 만큼의 집단 모두에 걸쳐 정보를 효과적으로 모아 유전 모수를 추정한다. ϵ_1 및 ϵ_2 는 두 형질에 대해 상호 관련이 없는 임의 잔차 효과의 벡터이며, $Var(\epsilon_1) = I\sigma_{\epsilon_1}^2$ 및 $Var(\epsilon_2) = W\sigma_{\epsilon_2}^2$, $cov(\epsilon_1, \epsilon_2) = 0$ 이며, 여기서 I 는 항등 행렬 (identity matrix)이며, W 는 반응변수의 신뢰도에 기초한 가중치를 포함하는 대각행렬이다 (SNP 마커 효과의 추정에 사용된 것과 동일한 가중치). 이변량 개체 모형을 활용하기 위해 ASREML 4.1 (Gilmour et al., 2015)을 이용하였음

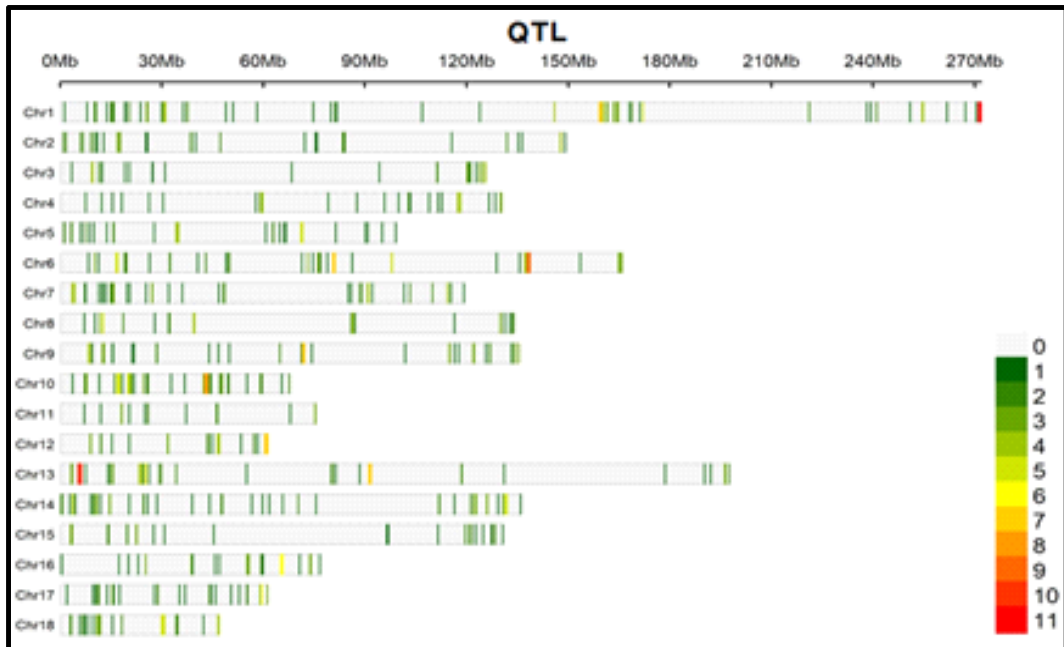
다. 결과 및 고찰

(1) 저밀도 패널 (Low-density genotyping panel)

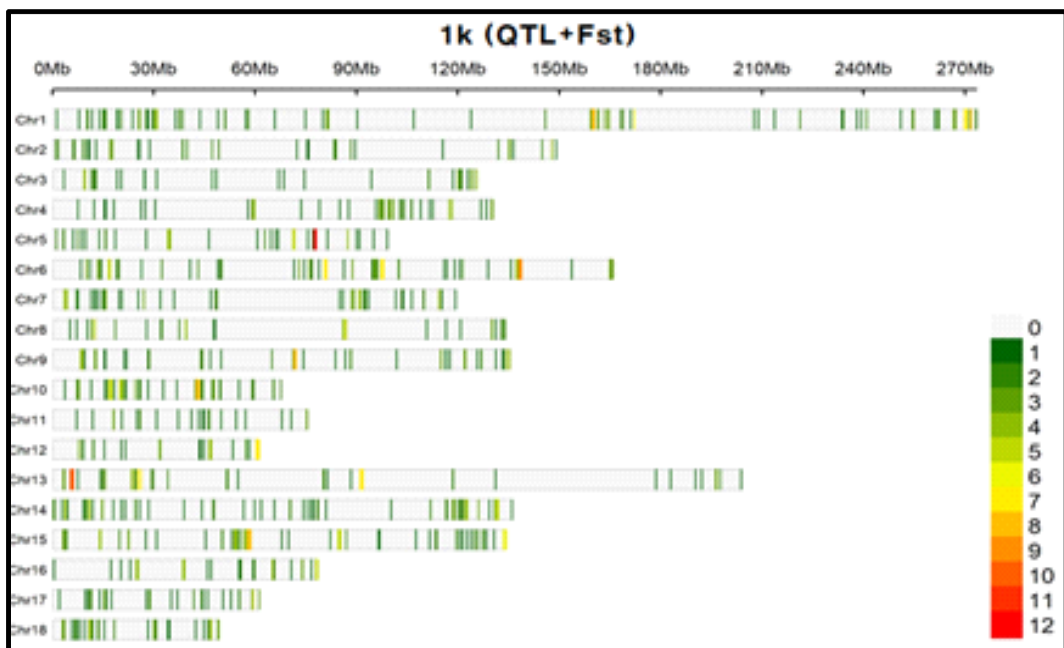
- 분석에 이용된 저밀도 패널은 Theme1 “유전체 자료를 활용한 돼지의 GWAS 분석”에서 각 형질별로 발굴된 영역에서 전체 유전분산 중 0.3%이상의 상가적 유전분산 설명력을 지닌 영역에서 유의적인 효과를 지닌 여영을 기준점(threshold)을 하여 총 766개의 Candidate gene으로 여겨지는 SNP마커를 선별하여 Custom Panel을 구성하였다. 구성된 Panel은 Candidate gene Custom genotype chip (QTL Custom genotype chip; QTL), 1K Custom genotype chip(1K), 5K Custom genotype chip(5K), 10K Custom genotype chip(10K)으로 구성하였으며, 1K에서 10K까지의 genotype chip의 경우, FST 지수를 이용하여 Illumina Porcine 60Kv2 chip에서 Duroc, Landrace와 Yorkshire종의 공통된 SNP 마커 40,799개를 Ranking화하여 QTL Custom genotype chip에 Ranking 순서대로 Panel을 FST Score에 대한 기준은 1K의 경우 0.57, 5K는 0.28, 10K는 0.19를 기준점으로 하여 Panel을 구성하였다[그림 3-102]. 선별된 SNP에 대한 정보 및 각 염색체 별 포지션에 대한 정보는 [그림 3-103] ~ [그림 3-107]에 나타내었다.



[그림 3-102] FST Manhattan plot with Panel threshold



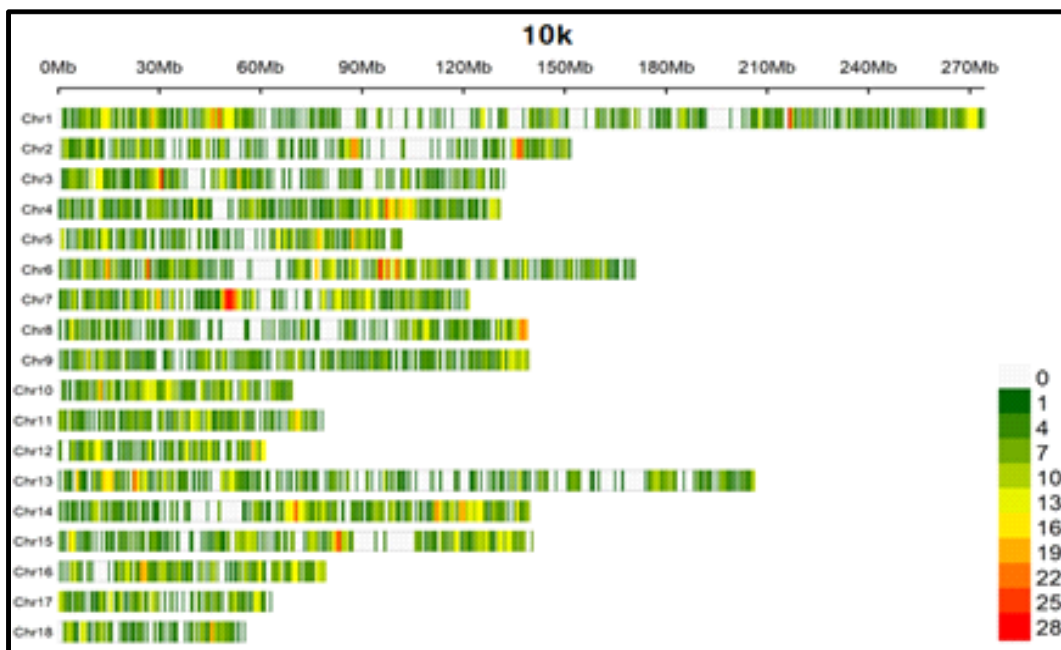
[그림 3-103] Density and distribution of the passed-filtered SNPs on each chromosome(QTL Custom genotype chip; QTL).



[그림 3-104] Pre-selected SNP position across 18 auto-chromosomes based on Bayesian statistics and FST score (1K Custom genotype chip; 1K)



[그림 3-105] Pre-selected SNP position across 18 auto-chromosomes based on Bayesian statistics and FST score(5K Custom genotype chip ; 5K)



[그림 3-106] Pre-selected SNP position across 18 auto-chromosomes based on Bayesian statistics and FST score (10K Custom genotype chip; 10K)

(2) 클러스터링 결과

- 본 연구에서는 유전체 정확도를 추정하기 위해서, 5-fold 교차 검증 방법을 이용하였으며, 교차 검증을 위하여 K-Means 클러스터링 방법을 이용하였다. K-Means 클러스터링을 통해서 참조 집단 (reference population)은 training과 validation 집단으로 나뉘지게 되며, 이때 두 집단 (training과 validation)의 혈연적인 관계는 최대한으로 적게 나타날 수 있도록 조성됨.
- 클러스터링에 대한 결과는 [표 3-121]~[표 3-123]에 나타내었으며, 두록, 랜드레이스 및 요크셔종에서 그룹 내 (within group)의 α_{max} 와 α_{ij} 통계량이 그룹 간 (between group) α_{max} 와 α_{ij} 통계량보다 상대적으로 멀리 떨어져 있음을 확인할 수 있음. 이는 K-Means 클러스터링의 목적에 맞게 참조 집단이 training과 validation 집단으로 그룹화 되었음을 확인하였음. 이러한 결과는 이전 K-means 클러스터링을 이용한 연구 결과와 일치한 결과를 나타내었음(Compos et al., 2018, Boddhireddy et al., 2014).

[표 3-117] Comparison of relationships among animals within and across cluster in 5-fold cross validation by Duroc

| No. of cluster | InBreC ¹ | $\alpha_{max-within}$ ² | $\alpha_{max-between}$ ³ | $\alpha_{ij-within}$ ⁴ | $\alpha_{ij-between}$ ⁵ |
|----------------|---------------------|------------------------------------|-------------------------------------|-----------------------------------|------------------------------------|
| 1 | 0.029 | 0.531(0.065) | 0.344(0.136) | 0.113(0.018) | 0.027(0.004) |
| 2 | 0.002 | 0.395(0.17) | 0.175(0.149) | 0.023(0.021) | 0.01(0.009) |
| 3 | 0.015 | 0.414(0.118) | 0.216(0.103) | 0.056(0.016) | 0.016(0.007) |
| 4 | 0.021 | 0.476(0.115) | 0.297(0.128) | 0.065(0.015) | 0.023(0.005) |
| 5 | 0.027 | 0.471(0.1) | 0.174(0.06) | 0.118(0.016) | 0.017(0.004) |

InBreC¹ = Inbreeding coefficients within clusters

$\alpha_{max-within}$ ² = the average of α_{max} values (the maximum value of relationships for each individual) within clusters

$\alpha_{max-between}$ ³ = the average of α_{max} values between clusters (training and validation)

$\alpha_{ij-within}$ ⁴ = the average of α_{ij} values (relationships) within clusters

$\alpha_{ij-between}$ ⁵ = the average of α_{ij} values between clusters (training and validation)

[**Table 3-118**] Comparison of relationships among animals within and across cluster in 5-fold cross validation by Landrace

| No. of cluster | InBreC ¹ | $\alpha_{\max-within}$ ² | $\alpha_{\max-between}$ ³ | $\alpha_{ij-within}$ ⁴ | $\alpha_{ij-between}$ ⁵ |
|----------------|---------------------|-------------------------------------|--------------------------------------|-----------------------------------|------------------------------------|
| 1 | 0.038 | 0.514(0.101) | 0.393(0.141) | 0.132(0.023) | 0.043(0.006) |
| 2 | 0.009 | 0.428(0.123) | 0.413(0.135) | 0.059(0.013) | 0.039(0.008) |
| 3 | 0.018 | 0.496(0.091) | 0.237(0.144) | 0.089(0.02) | 0.008(0.004) |
| 4 | 0.043 | 0.528(0.088) | 0.422(0.137) | 0.152(0.027) | 0.047(0.004) |
| 5 | 0.02 | 0.47(0.102) | 0.246(0.183) | 0.071(0.018) | 0.01(0.008) |

InBreC¹ = Inbreeding coefficients within clusters

$\alpha_{\max-within}$ ² = the average of α_{\max} values (the maximum value of relationships for each individual) within clusters

$\alpha_{\max-between}$ ³ = the average of α_{\max} values between clusters (training and validation)

$\alpha_{ij-within}$ ⁴ = the average of α_{ij} values (relationships) within clusters

$\alpha_{ij-between}$ ⁵ = the average of α_{ij} values between clusters (training and validation)

[**Table 3-119**] Comparison of relationships among animals within and across cluster in 5-fold cross validation by Yorkshire

| No. of cluster | InBreC ¹ | $\alpha_{\max-within}$ ² | $\alpha_{\max-between}$ ³ | $\alpha_{ij-within}$ ⁴ | $\alpha_{ij-between}$ ⁵ |
|----------------|---------------------|-------------------------------------|--------------------------------------|-----------------------------------|------------------------------------|
| 1 | 0.04 | 0.476(0.1) | 0.395(0.115) | 0.114(0.015) | 0.058(0.006) |
| 2 | 0.037 | 0.501(0.111) | 0.16(0.121) | 0.09(0.024) | 0.003(0.004) |
| 3 | 0.043 | 0.511(0.091) | 0.426(0.121) | 0.121(0.014) | 0.06(0.005) |
| 4 | 0.044 | 0.519(0.087) | 0.403(0.133) | 0.15(0.023) | 0.061(0.006) |
| 5 | 0.011 | 0.462(0.1) | 0.461(0.107) | 0.055(0.013) | 0.047(0.01) |

InBreC¹ = Inbreeding coefficients within clusters

$\alpha_{\max-within}$ ² = the average of α_{\max} values (the maximum value of relationships for each individual) within clusters

$\alpha_{\max-between}$ ³ = the average of α_{\max} values between clusters (training and validation)

$\alpha_{ij-within}$ ⁴ = the average of α_{ij} values (relationships) within clusters

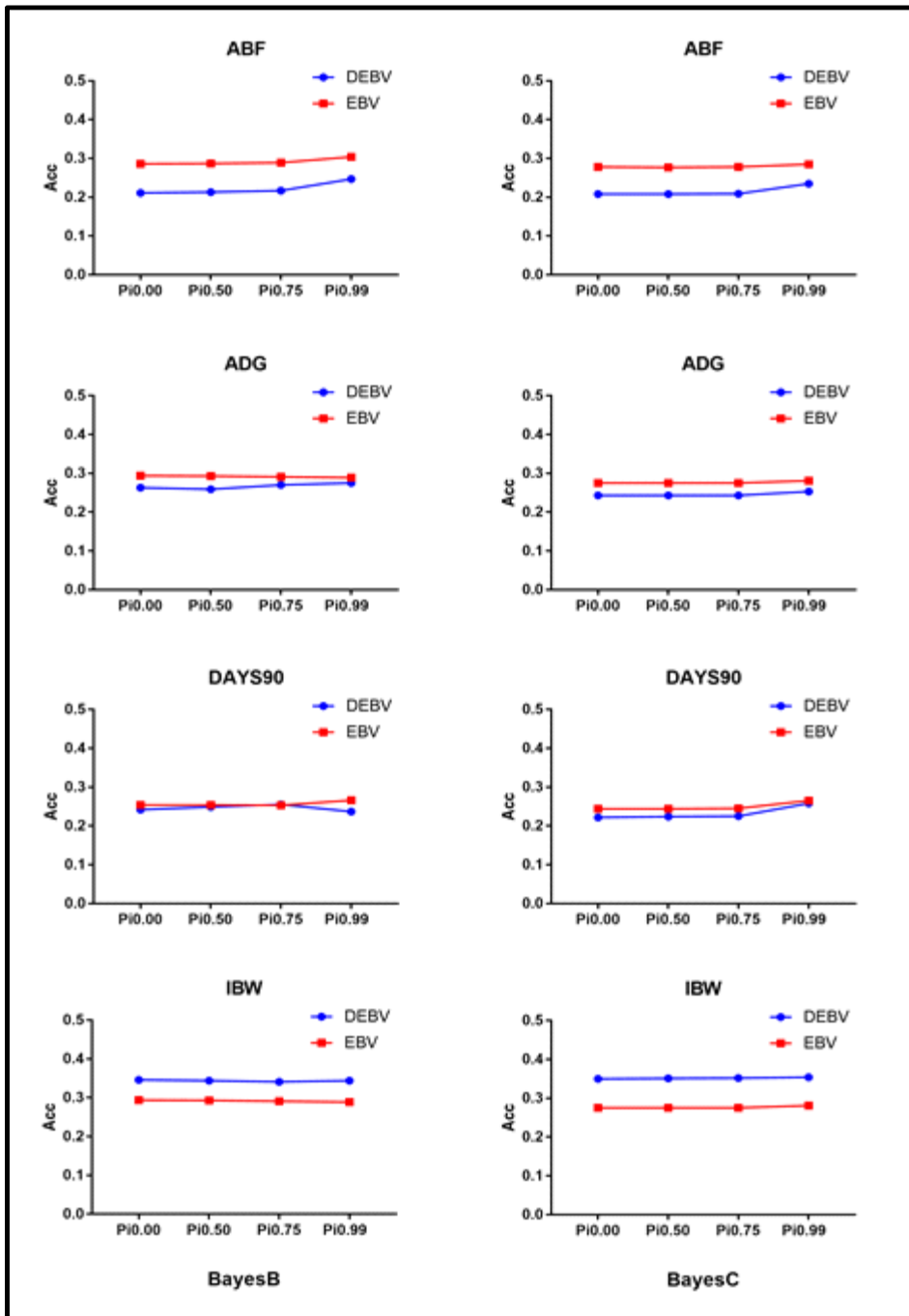
$\alpha_{ij-between}$ ⁵ = the average of α_{ij} values between clusters (training and validation)

(3) 유전체 정확도 추정

- 두록, 랜드레이스 및 요크셔종종의 성장형질과 번식형질에 대한 유전체 정확도를 알아보기 위해서 5-fold Cross validation test를 진행하였다. 앞서 FST와 QTL을 기준으로 하여 구성된 LD-panel의 유전체 정확도를 비교하기 위해서 일반적으로 사용화 되고 있는 Illumina Porcine SNP60K v2에 대한 유전체 정확도 분석 결과를 Bayesian방법(BayesB, BayesC), 반응변수(DEBV, EBV), π 값(0.00, 0.50, 0.75 와 0.99)에 따른 유전체 정확도의 비교를 [표 3-124]~[표 3-126]에 제시하였음.
- 먼저 두록종의 BayesB분석에 대한 유전체 정확도 결과를 살펴보면 등지방두께(ABF), 일당증체량(ADG), 90kg도달일령(DAYS90)와 생시체중(IBW)에서 DEBV의 경우 0.222 ± 0.020 , 0.267 ± 0.026 , 0.246 ± 0.023 , 0.344 ± 0.027 으로 추정되었으며, EBV는 0.292 ± 0.025 , 0.292 ± 0.032 , 0.257 ± 0.028 와 0.396 ± 0.033 으로 추정되었다. 각 형질별로 결과를 보면, 등지방두께(ABF) 경우 가장 높게 추정된 유전체 육종가는 EBV의 π 값 0.99에서 0.304로 가장 높게 추정되었고 DEBV의 π 값 0.00에서 0.211로 가장 낮게 추정되었다. 일당증체량(ADG)에서는 가장 높게 추정된 유전체 육종가는 EBV의 π 값 0.00에서 0.294로 가장 높게 추정되었고, DEBV의 π 값 0.50에서 0.259로 가장 낮게 추정되었다. 90kg도달일령(DAYS90)에서는 가장 높게 추정된 유전체 육종가는 0.266 (DEBV, $\pi=0.99$), 가장 낮게 추정된 육종가는 0.242(EBV, $\pi=0.00$)으로 추정되었다. IBW에서는 DEBV의 $\pi=0.00$ 에서 0.346으로 가장 높게 추정되었고, EBV의 $\pi=0.99$ 에서 0.289로 가장 낮게 추정되었음[표 3-123].
- BayesC의 경우 지방두께(ABF), 일당증체량(ADG), 90kg도달일령(DAYS90)와 생시체중(IBW)에서 DEBV의 경우 0.215 ± 0.020 , 0.246 ± 0.021 , 0.232 ± 0.018 , 0.352 ± 0.031 으로 추정되었으며, EBV는 0.279 ± 0.024 , 0.276 ± 0.032 , 0.249 ± 0.029 와 0.386 ± 0.033 으로 추정되었다. 형질별로 추정된 유전체 정확도를 살펴보면, 등지방두께의 경우 EBV의 $\pi=0.99$ 에서 0.285로 높게 추정되었고, DEBV의 $\pi=0.00$ 에서 0.208FH 가장 낮게 추정되었다. 일당증체량(ADG)에서는 EBV의 $\pi=0.99$ 에서 0.281로 가장 높게 추정되었고 DEBV $\pi=0.00$, 0.50, 0.75에서 0.243으로 가장 낮게 추정되었다. 90kg도달일령을 확인해보면 0.265로 EBV $\pi=0.99$ 에서 가장 높게 추정되었고 DEBV $\pi=0.00$ 에서 0.222로 가장 낮게 추정되었다. 마지막 생시체중의 경우 DEBV $\pi=0.99$ 에서 0.354로 가장 높게 추정되었으며, EBV $\pi=0.00$, 0.50, 0.75에서 0.275 가장 낮게 추정되었다. 이러한 결과를 종합해 보면, 반응변수에서 EBV가 DEBV의 정확도보다 낮게 추정되었으며, 대체적으로 π 값이 상승할수록 유전체 정확도도 상승하는 결과를 나타내었지만 IBW의 경우 반대로 $\pi=0.00$ 에서 가장 높은 결과를 나타내었다[그림 3-114].

[Table 3-120] The comparison of genomic accuracies using Bayesian Method, various response variables, and various π by Duroc

| Traits | Response variable | $\pi = 0.00$ | $\pi = 0.50$ | $\pi = 0.75$ | $\pi = 0.99$ | Overall |
|----------|-------------------|--------------|--------------|--------------|--------------|---------------|
| <BayesB> | | | | | | |
| ABF | DEBV | 0.211 | 0.213 | 0.217 | 0.247 | 0.222 ± 0.020 |
| | EBV | 0.286 | 0.287 | 0.289 | 0.304 | 0.292 ± 0.025 |
| ADG | DEBV | 0.263 | 0.259 | 0.270 | 0.275 | 0.267 ± 0.026 |
| | EBV | 0.294 | 0.293 | 0.291 | 0.289 | 0.292 ± 0.032 |
| DAYS90 | DEBV | 0.242 | 0.249 | 0.255 | 0.237 | 0.246 ± 0.023 |
| | EBV | 0.254 | 0.254 | 0.253 | 0.266 | 0.257 ± 0.028 |
| IBW | DEBV | 0.346 | 0.344 | 0.341 | 0.344 | 0.344 ± 0.027 |
| | EBV | 0.294 | 0.293 | 0.291 | 0.289 | 0.396 ± 0.033 |
| <BayesC> | | | | | | |
| Traits | Response variable | $\pi = 0.00$ | $\pi = 0.50$ | $\pi = 0.75$ | $\pi = 0.99$ | Overall |
| ABF | DEBV | 0.208 | 0.208 | 0.209 | 0.235 | 0.215 ± 0.020 |
| | EBV | 0.278 | 0.277 | 0.278 | 0.285 | 0.279 ± 0.024 |
| ADG | DEBV | 0.243 | 0.243 | 0.243 | 0.253 | 0.246 ± 0.021 |
| | EBV | 0.275 | 0.275 | 0.275 | 0.281 | 0.276 ± 0.032 |
| DAYS90 | DEBV | 0.222 | 0.224 | 0.225 | 0.258 | 0.232 ± 0.018 |
| | EBV | 0.244 | 0.244 | 0.245 | 0.265 | 0.249 ± 0.029 |
| IBW | DEBV | 0.350 | 0.351 | 0.352 | 0.354 | 0.352 ± 0.031 |
| | EBV | 0.275 | 0.275 | 0.275 | 0.281 | 0.386 ± 0.033 |

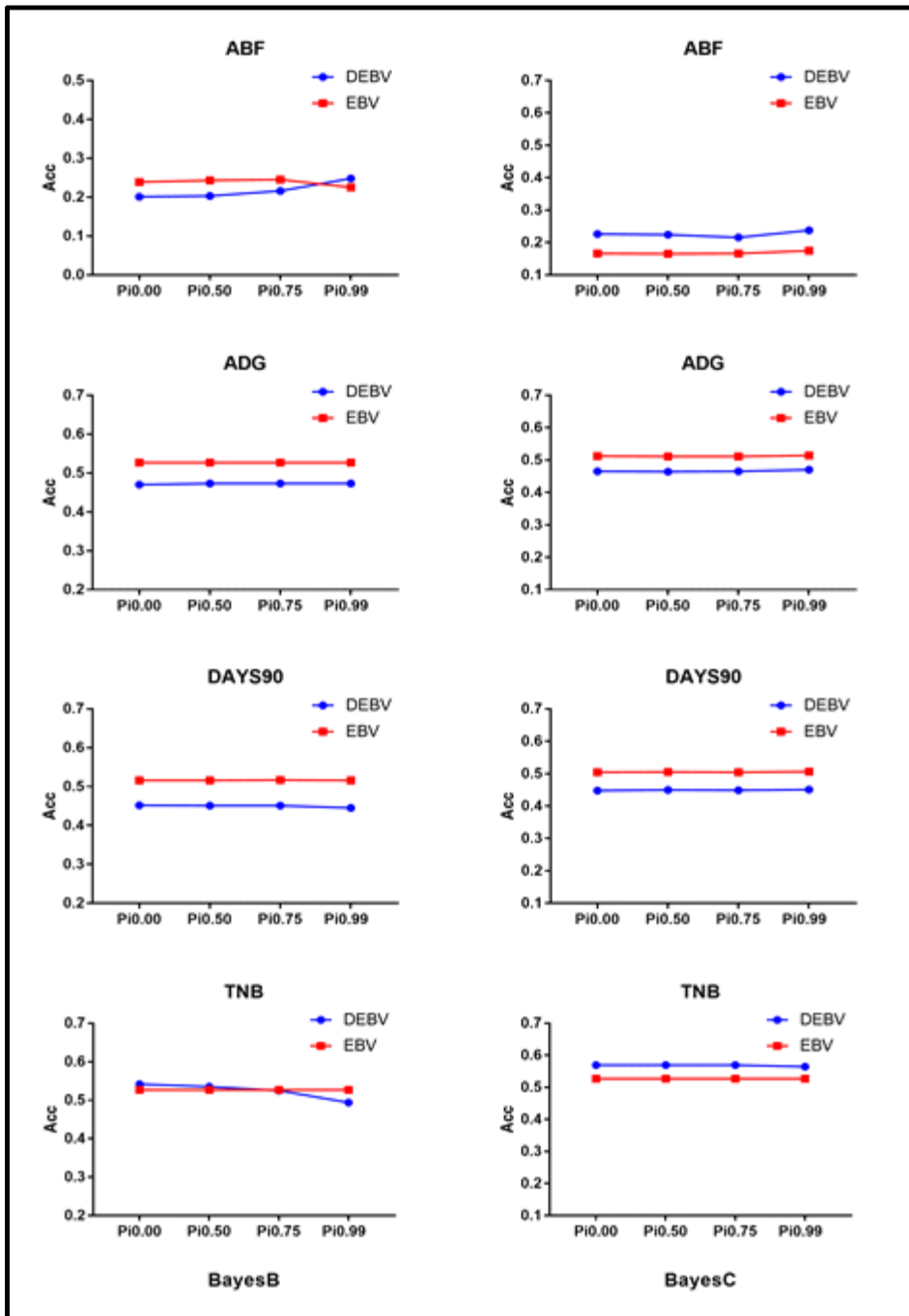


[그림 3-107] The comparison of genomic accuracies by Analysis Methods in Duroc

- 랜드레이스종의 BayesB와 BayesC에 대한 유전체 정확도의 결과는 [표 3-121]에 나타내었다. 각 형질별 등지방두께(ABF), 일당증체량(ADG), 90kg도달일령(DAYS90)와 총산자수(TNB)에서 BayesB의 경우 DEBV에서 각각 0.217 ± 0.039 , 0.472 ± 0.040 , 0.450 ± 0.041 와 0.524 ± 0.049 로 추정되었고 EBV에서 각각 0.238 ± 0.037 , 0.527 ± 0.041 , 0.516 ± 0.041 와 0.589 ± 0.053 으로 추정되었음.
- BayesC에서는 각형질별 DEBV에서 0.226 ± 0.040 , 0.466 ± 0.040 , 0.449 ± 0.040 와 0.569 ± 0.049 으로 추정되었고 EBV에서 0.168 ± 0.037 , 0.512 ± 0.039 , 0.505 ± 0.039 와 0.589 ± 0.053 으로 추정되었다. 대체적으로 EBV에서 높은 정확도를 확인하였지만 BayesC의 등지방두께 형질에서 DEBV가 높게 추정되었다. 형질별로 살펴보면 등지방두께(ABF)의 경우 BayesB의 결과를 살펴보면 $DEBV-\pi=0.99$ 에서 0.258로 높게 추정되었고 $EBV-\pi=0.00$ 에서 0.201로 가장 낮게 추정되었음. BayesC의 경우 $DEBV-\pi=0.99$ 에서 0.238로 가장 높은 결과를 나타내었고 $EBV-\pi=0.50$ 에서 0.165로 가장 낮은 결과를 나타내었음.
- 일당증체량(ADG)에서는 먼저 BayesB의 결과 DEBV에서 모든 π 값이 0.527로 동일하게 추정되었으며 $DEBV-\pi=0.00$ 에서 0.470으로 가장 낮게 추정되었음. BayesC의 결과에서는 $EBV-\pi=0.99$ 에서 0.514로 높게 추정되었고 $DEBV-\pi=0.50$ 에서 0.464로 가장 낮게 추정되었음. 90kg도달일령의 경우 BayesB의 결과 $EBV-\pi=0.75$ 에서 0.517로 가장 높은 유전체 정확도가 나타났으며, $DEBV-\pi=0.99$ 에서 0.445로 가장 낮게 나타났음. BayesC의 결과 $EBV-\pi=0.99$ 에서 가장 0.506으로 가장 높게 추정되었으며, $DEBV-\pi=0.00$ 에서 0.448로 가장 낮은 정확도가 나타났음. 마지막 총산자수(TNB)의 경우 BayesB에서 $DEBV-\pi=0.00$ 에서 5.42로 가장 낮게 추정되었고 $DEBV-\pi=0.99$ 에서 0.494로 가장 낮은 결과가 나타났음. BayesC에서는 $DEBV-\pi=0.00$, 0.50, 0.75에서 0.570으로 가장 높은 유전체 정확도가 추정되었고, EBV의 모든 π 값에서 0.527로 가장 낮은 유전체 정확도가 추정되었음[그림 3-115]. Landrace의 유전체 정확도를 종합해보면 BayesC($\pi=99$)의 EBV 이용할 경우 가장 높은 유전체 정확도를 추정할 수 있었음.

[表 3-121] The comparison of genomic accuracies using Bayesian Method, various response variables, and various π by Landrace

| Traits | Response variable | $\pi = 0.00$ | $\pi = 0.50$ | $\pi = 0.75$ | $\pi = 0.99$ | Overall |
|----------|-------------------|--------------|--------------|--------------|--------------|---------------|
| <BayesB> | | | | | | |
| ABF | DEBV | 0.201 | 0.203 | 0.216 | 0.248 | 0.217 ± 0.039 |
| | EBV | 0.239 | 0.243 | 0.245 | 0.225 | 0.238 ± 0.037 |
| ADG | DEBV | 0.470 | 0.473 | 0.473 | 0.473 | 0.472 ± 0.040 |
| | EBV | 0.527 | 0.527 | 0.527 | 0.527 | 0.527 ± 0.041 |
| DAYS90 | DEBV | 0.452 | 0.451 | 0.451 | 0.445 | 0.450 ± 0.041 |
| | EBV | 0.516 | 0.516 | 0.517 | 0.516 | 0.516 ± 0.041 |
| TNB | DEBV | 0.542 | 0.535 | 0.525 | 0.494 | 0.524 ± 0.049 |
| | EBV | 0.527 | 0.527 | 0.527 | 0.527 | 0.589 ± 0.053 |
| <BayesC> | | | | | | |
| Traits | Response variable | $\pi = 0.00$ | $\pi = 0.50$ | $\pi = 0.75$ | $\pi = 0.99$ | Overall |
| ABF | DEBV | 0.226 | 0.224 | 0.216 | 0.238 | 0.226 ± 0.040 |
| | EBV | 0.166 | 0.165 | 0.166 | 0.175 | 0.168 ± 0.037 |
| ADG | DEBV | 0.465 | 0.464 | 0.465 | 0.470 | 0.466 ± 0.040 |
| | EBV | 0.512 | 0.511 | 0.511 | 0.514 | 0.512 ± 0.039 |
| DAYS90 | DEBV | 0.448 | 0.450 | 0.449 | 0.451 | 0.449 ± 0.040 |
| | EBV | 0.504 | 0.505 | 0.504 | 0.506 | 0.505 ± 0.039 |
| TNB | DEBV | 0.570 | 0.570 | 0.570 | 0.565 | 0.569 ± 0.049 |
| | EBV | 0.527 | 0.527 | 0.527 | 0.527 | 0.589 ± 0.053 |

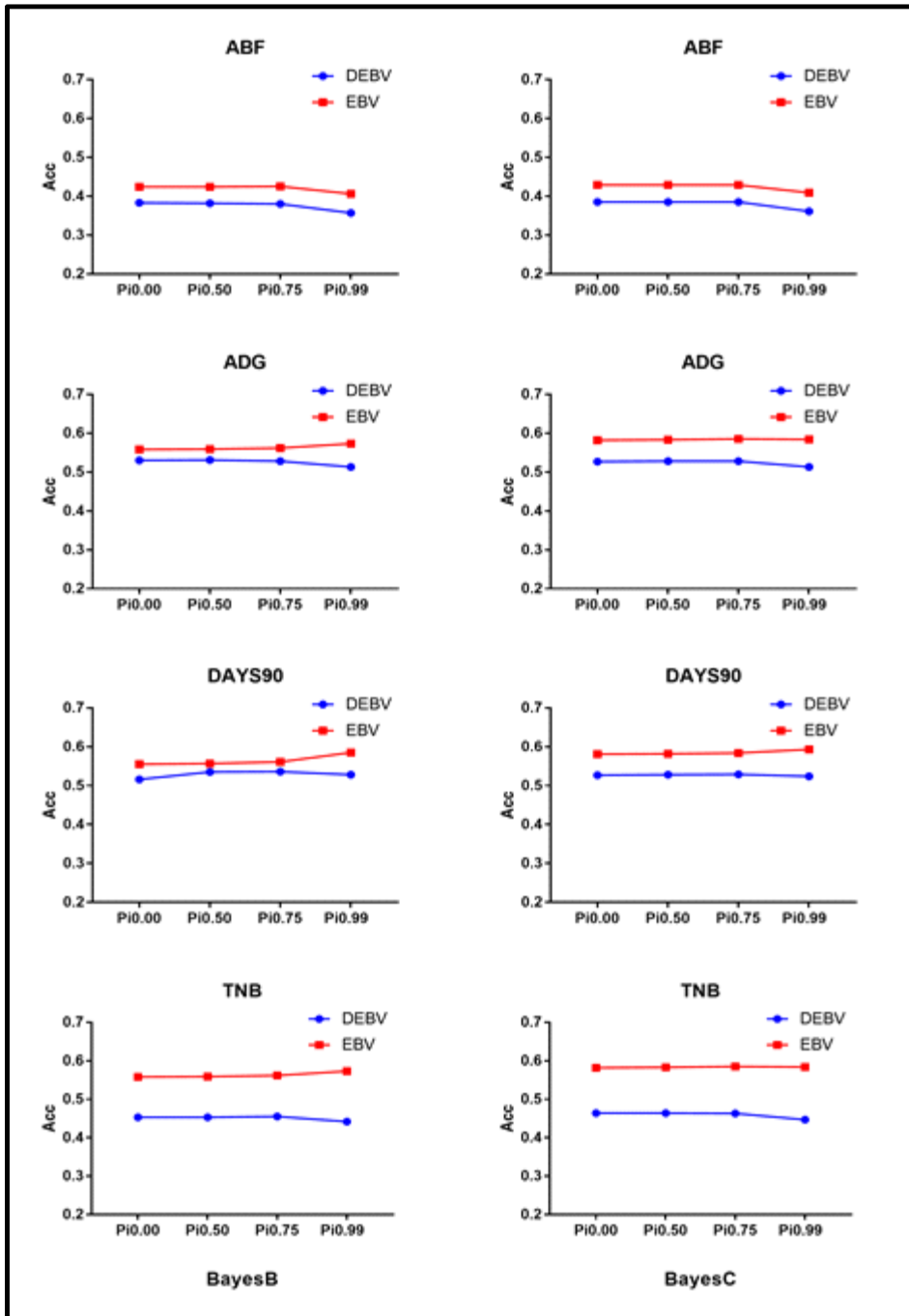


[그림 3-108] The comparison of genomic accuracies by traits in Landrace

- 요크셔종의 유전체 정확도는 타 품종에 비해 유전체 정확도가 적게는 5%에서 많게는 30% 이상 높게 추정되었다[표 3-126]. 이러한 이유는 요크셔종 참조집단의 크기가 두록종과 랜드리에스종에 비하여 2배 분석에 이용 되었으며, Speed 등(2019)는 유전체 정보를 가지고 있는 개체의 참조집단 크기에 따라 유전체 정확도가 달라진다고 보고하였기 때문에 이러한 결과가 나타난 것으로 사료됨.
- 유전체 정확도에 대한 결과는 BayesB에 대하여 각 형질별 등지방두께(ABF), 일당증체량(ADG), 90kg도달일령(DAYS90)와 총산자수(TNB)에서 BayesB의 경우 DEBV는 각각 0.375 ± 0.034 , 0.525 ± 0.039 , 0.529 ± 0.039 , 0.451 ± 0.037 로 추정되었으며, EBV는 각각 0.420 ± 0.033 , 0.563 ± 0.039 , 0.565 ± 0.038 , 0.485 ± 0.040 으로 나타났음. 모든 형질의 유전체 정확도는 EBV에서 높게 추정되었다. BayesC의 경우 DEBV의 유전체 정확도 추정 결과 각각의 형질에서 0.379 ± 0.035 , 0.524 ± 0.040 , 0.527 ± 0.039 , 0.459 ± 0.038 로 나타났으며, EBV의 유전체 정확도는 0.424 ± 0.033 , 0.583 ± 0.033 , 0.585 ± 0.032 , 0.517 ± 0.039 로 추정되었음. π 값에 따른 유전체 정확도는 모든 형질과 모든 반응변수에서 비슷하게 추정되었으며, 등지방두께만 제외하고 50%이상의 높은 유전체 정확도를 나타내었음[그림 3-109].
- 유전체 선발의 종합적인 결과를 살펴보면, 대부분의 결과에서 BayesC에서 BayesB 보다 유전체 정확도가 높은 경향을 나타냈으며, SNP 효과 추정을 위한 사전 정보 (Prior)의 가정이 BayesB의 경우 t-분포를 가정하는 반면 BayesC는 정규분포를 가정하여 형질에 작용하는 큰 효과를 가진 SNP가 없기 때문에 BayesB보다 BayesC에서 더 높은 유전체 정확도를 나타낸 것으로 사료됨. 다음으로 π 의 값에 따른 유전체 정확도의 차이는 크게 나타나지 않았으며, π 의 값은 1번 연구 주제의 GWAS분석 (Genome-wide association study)을 통하여 형질에 영향이 미치는 QTL (Quantitative trait locus)를 추정하는데 활용이 가능할 것으로 사료됨. 반응변수에 따른 유전체 정확도는 EBV에서 가장 높은 정확도를 나타냈음. 이러한 결과는 기존 연구 (Bodhireddy et al., 2014, Gredler et al., 2010)과 일치하였으며, DEBV의 경우 Deregressing 과정에서 신뢰도가 0.01 이하인 개체를 제거되어 정보량이 적어지고 (Guo et al., 2010; Gao et al., 2013), 이렇게 제거된 개체는 최상위에 위치한 종돈을 외국에서 수입되어 들어와 개체의 자료(혈통 및 유전체)를 수집하기 어렵기 때문에 가장 중요한 최상위 개체들의 정보의 누락으로 생기는 것으로 사료됨.

[表 3-122] The comparison of genomic accuracies using Bayesian Method, various response variables, and various π by Yorkshire

| Traits | Response variable | $\pi = 0.00$ | $\pi = 0.50$ | $\pi = 0.75$ | $\pi = 0.99$ | Overall |
|----------|-------------------|--------------|--------------|--------------|--------------|-------------|
| <BayesB> | | | | | | |
| ABF | DEBV | 0.383 | 0.382 | 0.380 | 0.357 | 0.375±0.034 |
| | EBV | 0.424 | 0.424 | 0.425 | 0.406 | 0.420±0.033 |
| ADG | DEBV | 0.530 | 0.531 | 0.528 | 0.513 | 0.525±0.039 |
| | EBV | 0.558 | 0.559 | 0.562 | 0.573 | 0.563±0.039 |
| DAYS90 | DEBV | 0.516 | 0.535 | 0.536 | 0.528 | 0.529±0.039 |
| | EBV | 0.555 | 0.557 | 0.561 | 0.585 | 0.565±0.038 |
| TNB | DEBV | 0.453 | 0.453 | 0.455 | 0.442 | 0.451±0.037 |
| | EBV | 0.558 | 0.559 | 0.562 | 0.573 | 0.485±0.040 |
| <BayesC> | | | | | | |
| Traits | Response variable | $\pi = 0.00$ | $\pi = 0.50$ | $\pi = 0.75$ | $\pi = 0.99$ | Overall |
| ABF | DEBV | 0.385 | 0.385 | 0.385 | 0.361 | 0.379±0.035 |
| | EBV | 0.429 | 0.429 | 0.429 | 0.409 | 0.424±0.033 |
| ADG | DEBV | 0.527 | 0.528 | 0.528 | 0.513 | 0.524±0.040 |
| | EBV | 0.582 | 0.583 | 0.585 | 0.584 | 0.583±0.033 |
| DAYS90 | DEBV | 0.527 | 0.528 | 0.529 | 0.524 | 0.527±0.039 |
| | EBV | 0.581 | 0.582 | 0.584 | 0.593 | 0.585±0.032 |
| TNB | DEBV | 0.464 | 0.464 | 0.463 | 0.447 | 0.459±0.038 |
| | EBV | 0.582 | 0.583 | 0.585 | 0.584 | 0.517±0.039 |



[그림 3-109] The comparison of genomic accuracies by traits in Yorkshire

(4) 유전체 정확도 비교

- QTL과 FST기준으로 구성된 LD-panel (QTL(Include candidate gene), 1K, 5K, 10K)에 대한 정확도를 비교하기 위하여 Illumina Porcine SNP60Kv2에서의 결과와 유전체 정확도 비교를 실시하였음
- BayesB에서 π 값을 0으로 설정할 경우 Bayes A와 동일하게 추정되며(Meuwissen et al., 2001), BayesC에서 π 값을 0으로 설정하면 모든 Marker의 효과를 가지게 되어 GBLUP과 같이 Marker에 동일한 유전분산을 가정함. 따라서 LD-panel에서 유전체 정확도의 변화를 다양한 방법에서 비교하기 위해서 반응변수 EBV의 값을 기준으로 하여 BayesB와 BayesC에서 π 값 0.00과 0.99로 설정하여 총 네 가지의 방법론을 통하여 두록, 랜드레이스 및 요크셔종에서 성장형질과 번식형질에 대한 유전체 정확도 비교를 실시하였음
- 두록종의 유전체 정확도에 대한 결과를 [표 3-123]에 제시하였음. 결과를 살펴보면 FST와 후보유전자(Candidate gene)로 구성되어 있는 LD-panel과 60k를 비교하여 보면 모든 영역에서 정확도가 상승하는 것을 확인 할 수 있었음. 이러한 상승률을 60K를 비교대상으로 하여 LD-panel 4개의 정확도 상승률을 [그림 3-110]에 나타내었음. 그 결과 상승률 범위는 4%에서 36%까지 상승하는 경향을 보였다. BayesC의 π 값 0.00의 분석결과에서 높은 상승률이 나타났음. 이러한 이유는 DAYS90에서 GWAS 분석 시 설명력이 높은 영역에서 많은 SNP마커가 확인되었으며, 이러한 SNP마커가 π 값이 0.00으로 설정하여 Marker에 동일한 유전분산을 가정하여 유전체 정확도를 추정하였기 때문이라고 사료됨.
- 랜드레이스종의 유전체 정확도에 대한 결과를 [표 3-124]에 제시하였다. 결과를 살펴보면 FST와 후보유전자(Candidate gene)로 구성되어 있는 LD-panel과 60k를 비교하여 π 값 0.99의 경우 등지방 두께를 제외한 다른 형질에서 모두 유전체 정확도가 감소하는 경향을 보였음[그림 3-111]. 이러한 이유는 GWAS분석 시 발굴된 SNP마커가 타 축종에 비하여 적기 때문인 것으로 사료됨. 하지만 π 값 0.00에서 분석 시 후보유전자(Candidate gene)로 구성되어 있는 가장 적은 SNP마커를 보유한 LD-panel에서 90kg 도달일령에서 -1%감소한 결과를 제외하고 정확도 상승 범위가 1%-20%까지 증가하는 경향을 보였다. π 값 0.00의 분석결과와 π 값 0.99의 유전체 정확도가 차이가 나는 것은 사전분포의 영향으로 인해 SNP마커의 효과가 모두 가지고 있는 가장 적은 SNP마커를 보유한 LD-panel에서 π 값 0.99의 경우 0.01의 부분만 SNP마커 효과로 나타나기 때문에 모든 SNP마커의 효과가 나타나지 않은 것으로 사료됨
- 요크셔종의 유전체 정확도 비교 [표 3-125]에 나타내었다. 결과는 두록과 랜드레이스종에 비하여 정확도 변화가 뚜렷히 나타나지 않았다. 가장 높은 유전체 정확도의 상승률은 총 산자수의 BayesB($\pi=0.00$)분석에서 9%의 상승률을 보였으며, TNB의 경우 Bayesian방법

의 상관없이 π 값 0.00에서는 SNP패널의 수가 적어질수록 높아지는 상승률을 나타내었으며, 일당증체량과 90kg도달일령에서도 같은 경향을 나타내었다. 그러나, 반대로 π 값 0.99의 경우는 SNP패널의 수가 적어질수록 유전체 정확도의 상승률도 낮아지는 경향을 보였음 [그림 3-112].

[표 3-123] The comparison of genomic accuracies between Illumina Porcine SNP60Kv2 chip and Custom LD-platform by Duroc

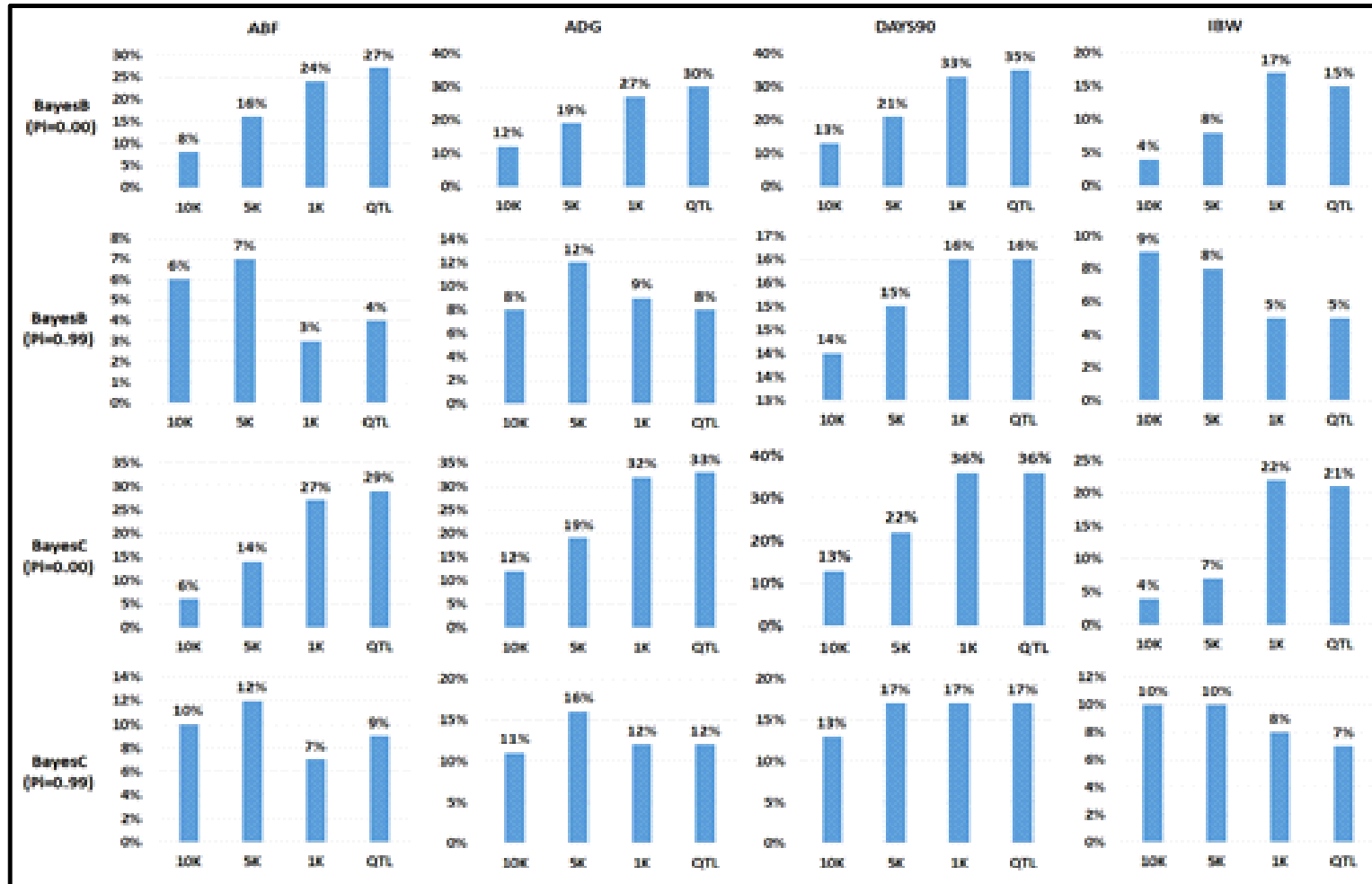
| Method | Platform | ABF | ADG | DAYS90 | IBW |
|--------------------------|----------|-----------|-----------|-----------|-----------|
| BayesB ($\pi=0.00$) | 60K | 0.29±0.03 | 0.29±0.03 | 0.25±0.03 | 0.39±0.05 |
| | 10K | 0.37±0.02 | 0.41±0.03 | 0.38±0.03 | 0.43±0.05 |
| | 5K | 0.45±0.02 | 0.48±0.03 | 0.46±0.03 | 0.47±0.03 |
| | 1K | 0.53±0.03 | 0.56±0.03 | 0.58±0.03 | 0.56±0.02 |
| | QTL | 0.56±0.02 | 0.59±0.02 | 0.60±0.03 | 0.54±0.02 |
| BayesB ($\pi=0.99$) | 60K | 0.30±0.03 | 0.29±0.04 | 0.27±0.03 | 0.40±0.04 |
| | 10K | 0.36±0.02 | 0.37±0.03 | 0.41±0.03 | 0.49±0.03 |
| | 5K | 0.37±0.01 | 0.41±0.03 | 0.42±0.03 | 0.48±0.02 |
| | 1K | 0.33±0.01 | 0.38±0.03 | 0.43±0.02 | 0.45±0.02 |
| | QTL | 0.34±0.01 | 0.37±0.03 | 0.43±0.02 | 0.45±0.01 |
| BayesC ($\pi=0.00$) | 60K | 0.28±0.03 | 0.27±0.03 | 0.24±0.03 | 0.38±0.05 |
| | 10K | 0.34±0.02 | 0.39±0.03 | 0.37±0.03 | 0.42±0.04 |
| | 5K | 0.42±0.02 | 0.46±0.02 | 0.46±0.03 | 0.45±0.03 |
| | 1K | 0.55±0.02 | 0.59±0.03 | 0.60±0.02 | 0.60±0.02 |
| | QTL | 0.57±0.02 | 0.60±0.03 | 0.60±0.03 | 0.59±0.03 |
| BayesC ($\pi=0.99$) | 60K | 0.28±0.03 | 0.28±0.04 | 0.27±0.03 | 0.39±0.04 |
| | 10K | 0.38±0.01 | 0.39±0.03 | 0.40±0.03 | 0.49±0.03 |
| | 5K | 0.40±0.01 | 0.44±0.03 | 0.44±0.03 | 0.49±0.02 |
| | 1K | 0.35±0.01 | 0.40±0.03 | 0.44±0.02 | 0.47±0.02 |
| | QTL | 0.37±0.01 | 0.40±0.03 | 0.44±0.02 | 0.46±0.01 |

[表 3-124] The comparison of genomic accuracies between Illumina Porcine SNP60Kv2 chip and Custom LD-platform by Landrace

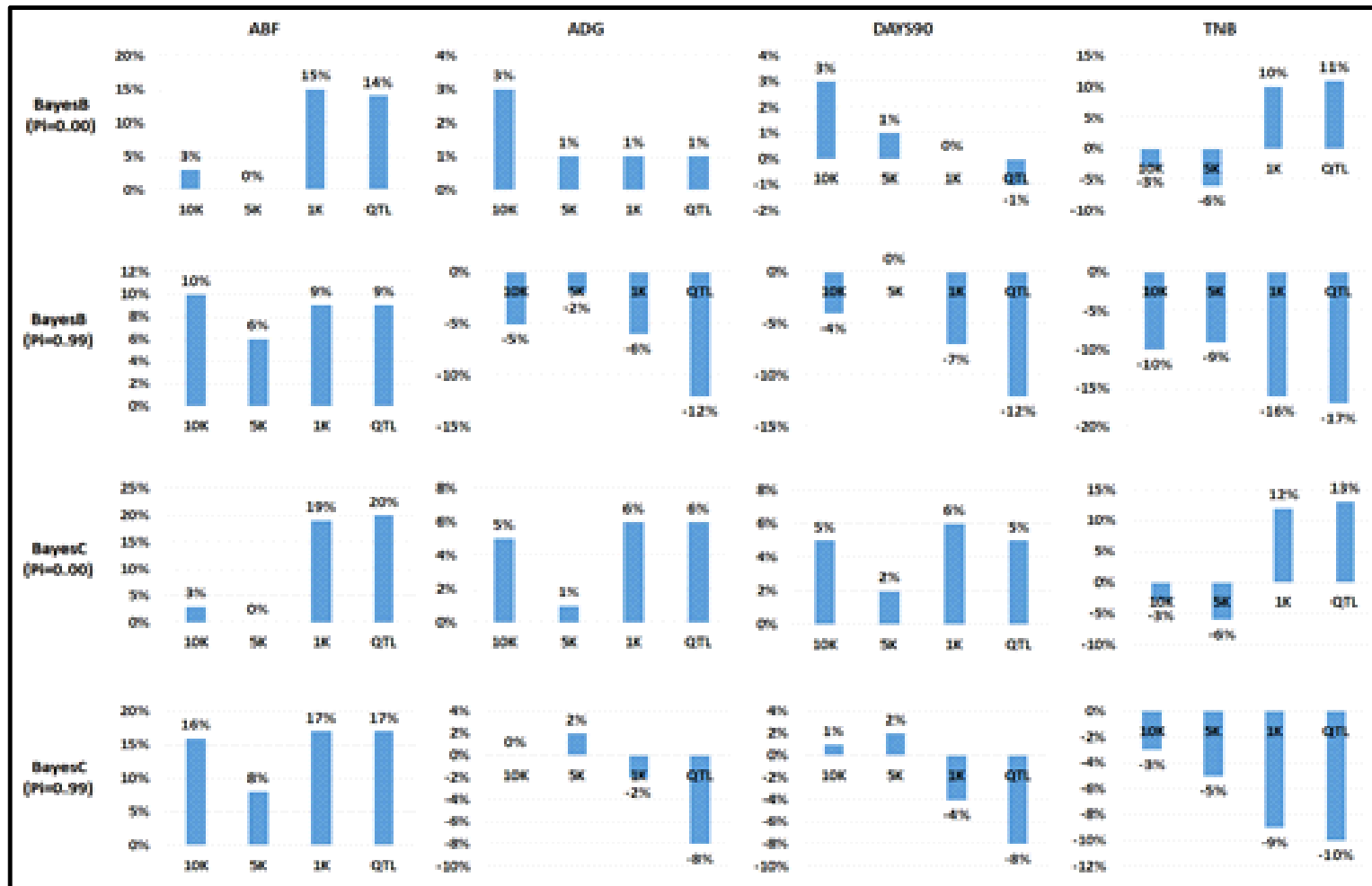
| Method | Platform | ABF | ADG | DAYS90 | IBW |
|--------------------------|----------|-----------|-----------|-----------|-----------|
| BayesB ($\pi=0.00$) | 60K | 0.24±0.04 | 0.53±0.04 | 0.52±0.04 | 0.59±0.06 |
| | 10K | 0.27±0.03 | 0.56±0.03 | 0.55±0.03 | 0.56±0.05 |
| | 5K | 0.24±0.03 | 0.54±0.04 | 0.53±0.04 | 0.53±0.06 |
| | 1K | 0.39±0.01 | 0.54±0.03 | 0.52±0.04 | 0.69±0.02 |
| | QTL | 0.38±0.01 | 0.54±0.04 | 0.51±0.04 | 0.70±0.02 |
| BayesB ($\pi=0.99$) | 60K | 0.22±0.04 | 0.53±0.04 | 0.52±0.04 | 0.58±0.06 |
| | 10K | 0.32±0.02 | 0.48±0.05 | 0.48±0.04 | 0.48±0.05 |
| | 5K | 0.28±0.01 | 0.51±0.04 | 0.52±0.04 | 0.49±0.06 |
| | 1K | 0.31±0.02 | 0.47±0.04 | 0.45±0.05 | 0.42±0.04 |
| | QTL | 0.31±0.02 | 0.41±0.04 | 0.40±0.04 | 0.41±0.03 |
| BayesC ($\pi=0.00$) | 60K | 0.17±0.04 | 0.51±0.04 | 0.50±0.04 | 0.54±0.06 |
| | 10K | 0.20±0.03 | 0.56±0.03 | 0.55±0.03 | 0.51±0.06 |
| | 5K | 0.17±0.03 | 0.52±0.04 | 0.52±0.04 | 0.48±0.07 |
| | 1K | 0.36±0.01 | 0.57±0.03 | 0.56±0.04 | 0.66±0.03 |
| | QTL | 0.37±0.01 | 0.57±0.04 | 0.55±0.04 | 0.67±0.03 |
| BayesC ($\pi=0.99$) | 60K | 0.17±0.04 | 0.51±0.04 | 0.51±0.04 | 0.54±0.06 |
| | 10K | 0.33±0.02 | 0.51±0.04 | 0.52±0.04 | 0.51±0.05 |
| | 5K | 0.25±0.01 | 0.53±0.04 | 0.53±0.03 | 0.49±0.06 |
| | 1K | 0.34±0.02 | 0.49±0.04 | 0.47±0.05 | 0.45±0.04 |
| | QTL | 0.34±0.02 | 0.43±0.04 | 0.43±0.04 | 0.44±0.03 |

[表 3-125] The comparison of genomic accuracies between Illumina Porcine SNP60Kv2 chip and Custom LD-platform by Yorkshire

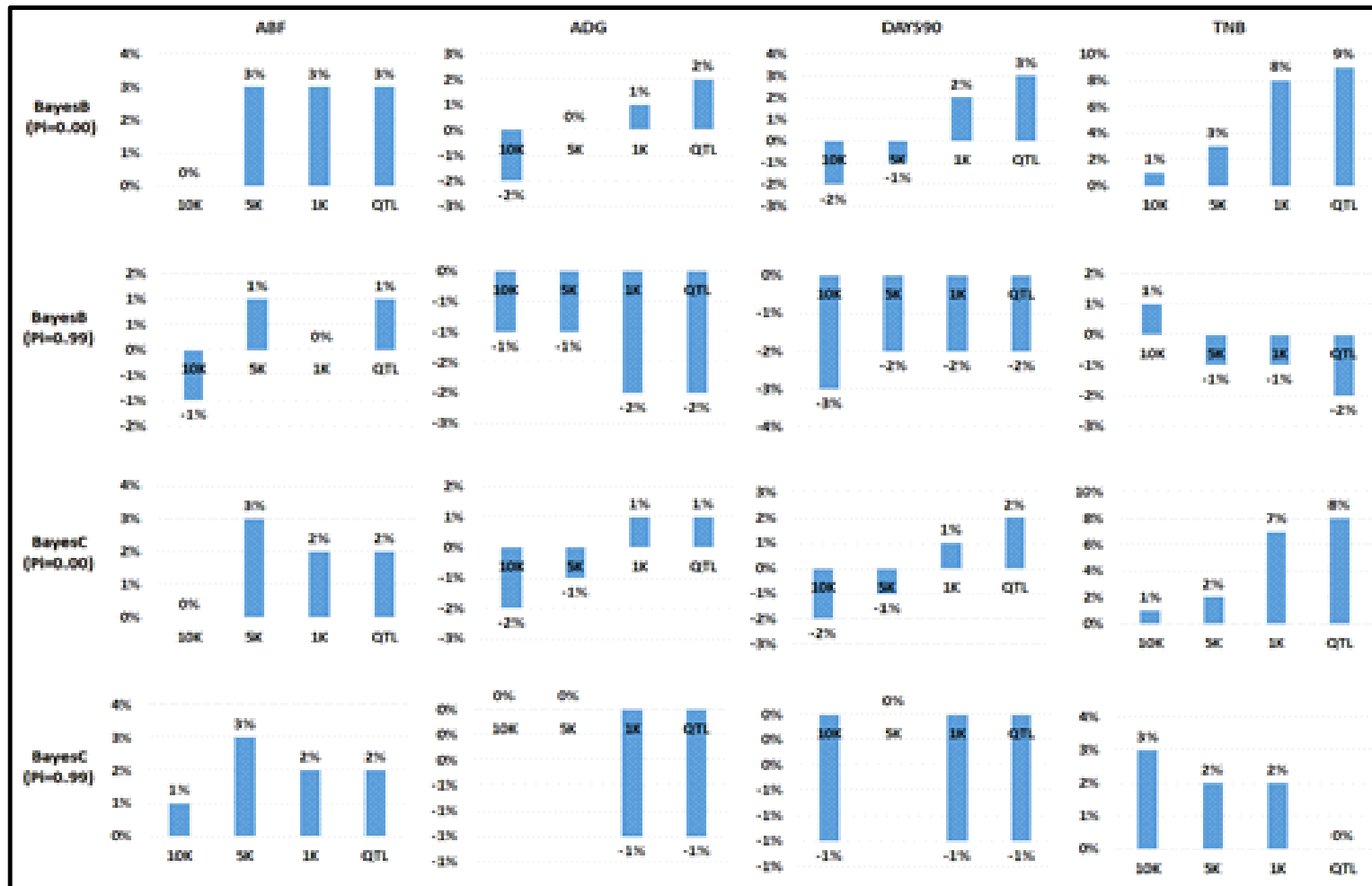
| Method | Platform | ABF | ADG | DAYS90 | IBW |
|--------------------------|----------|-----------|-----------|-----------|-----------|
| BayesB ($\pi=0.00$) | 60K | 0.42±0.03 | 0.56±0.04 | 0.56±0.04 | 0.48±0.04 |
| | 10K | 0.42±0.03 | 0.54±0.05 | 0.54±0.05 | 0.49±0.04 |
| | 5K | 0.45±0.03 | 0.56±0.04 | 0.55±0.05 | 0.51±0.04 |
| | 1K | 0.45±0.03 | 0.57±0.03 | 0.58±0.03 | 0.56±0.03 |
| | QTL | 0.45±0.03 | 0.58±0.03 | 0.59±0.03 | 0.57±0.03 |
| BayesB ($\pi=0.99$) | 60K | 0.41±0.04 | 0.57±0.04 | 0.59±0.04 | 0.51±0.05 |
| | 10K | 0.40±0.03 | 0.56±0.04 | 0.56±0.04 | 0.52±0.04 |
| | 5K | 0.42±0.02 | 0.56±0.04 | 0.57±0.03 | 0.50±0.04 |
| | 1K | 0.41±0.02 | 0.55±0.03 | 0.57±0.02 | 0.50±0.02 |
| | QTL | 0.42±0.02 | 0.55±0.03 | 0.57±0.02 | 0.49±0.02 |
| BayesC ($\pi=0.00$) | 60K | 0.43±0.03 | 0.58±0.04 | 0.58±0.04 | 0.52±0.04 |
| | 10K | 0.43±0.03 | 0.56±0.04 | 0.56±0.04 | 0.53±0.04 |
| | 5K | 0.46±0.03 | 0.57±0.04 | 0.57±0.04 | 0.54±0.04 |
| | 1K | 0.45±0.03 | 0.59±0.03 | 0.59±0.03 | 0.59±0.03 |
| | QTL | 0.45±0.03 | 0.59±0.03 | 0.60±0.03 | 0.60±0.03 |
| BayesC ($\pi=0.99$) | 60K | 0.41±0.04 | 0.58±0.04 | 0.59±0.03 | 0.51±0.04 |
| | 10K | 0.42±0.03 | 0.58±0.04 | 0.58±0.03 | 0.54±0.04 |
| | 5K | 0.44±0.03 | 0.58±0.03 | 0.59±0.03 | 0.53±0.04 |
| | 1K | 0.43±0.02 | 0.57±0.03 | 0.58±0.03 | 0.53±0.02 |
| | QTL | 0.43±0.02 | 0.57±0.03 | 0.58±0.03 | 0.51±0.02 |



[그림 3-110] The increasing percentage of genomic accuracies between Illumina Porcine SNP60Kv2 chip and Custom LD-platform by Duroc



[그림 3-111] The increasing percentage of genomic accuracies between Illumina Porcine SNP60Kv2 chip and Custom LD-platform by Landrace



[그림 3-112] The increasing percentage of genomic accuracies between Illumina oricine SNP60Kv2 chip and Custom LD-platform by Yorkshire

제 11 절 인력양성을 위한 교육 프로그램

1. 1년차

- 1년차 교육프로그램 운영은 매월 개최하는 참여중돈장의 육종 실무책임자 중심으로 교육을 운영하였다. 또한 해외 선진과학자를 초청하여 해외 육종현황에 대하여 교육을 운영하였다. 실무책임자의 경우 GSP사업 추진시 발생하고 있는 현실적인 문제를 중심으로 다양한 연구자료를 습득하여 효율적인 교육을 운영하였고, 해외선진과학자의 경우에는 일본의 부계계통 개발 현황 및 중국의 유전체 선발 적용현황을 중심으로 교육을 실시하였다.

[표 3-126] GSP사업 참여중돈장 교육프로그램(1차)

| 교육일시 | 제 목 | 참석자 | 강사 |
|--------------|--------------------------------|----------------|------------------|
| 2017. 03. 23 | 참여중돈장 혈연연결도 분석을 위한 연구 동향 조사 결과 | GSP참여중돈장 실무책임자 | (주)정피엔씨연구소 정종현박사 |
| | 중돈의 경제형질에 대한 경제적 가치연구 | | (주)정피엔씨연구소 정영철박사 |
| | 장기 희석제의 희석정액 보존 효과 | | (주)다비육종 이일주박사 |



[그림 3-113] GSP사업 전체 워크샵 및 교육프로그램 운영

[표 3-127] GSP사업 참여종돈장 교육프로그램(2차)

| 교육일시 | 제 목 | 참석자 | 강사 |
|--------------|---------------------------|-------------------|---------------------|
| 2017. 04. 13 | GSP사업 참여종돈장간 정액교류 프로토콜 | GSP참여종돈장 실무책임자 | (주)정피엔씨연구소 정종현박사 |
| | 사료섭취량 측정기 활용 검정 현황 | | 피그진코리아 김성훈박사 |

[표 3-128] GSP사업 참여종돈장 해외과학자 초청 전체 워크샵(3차)

| 교육일시 | 제 목 | 참석자 | 강사 |
|--------------|--|-------------------|--|
| 2017. 05. 02 | Genomic Evaluation in a Closed Line-Breeding of Duroc Pigs in Japan | GSP참여종돈장 실무책임자 | Yoshinobu Uemoto Tohoku University |
| | A Memory-Efficient, Visualization-Enhanced, and Parallel-Accelerated Tool for Genome-Wide Association Study | | Xiaolei Liu Huazhong, Agricultural University |
| | 사료효율 측정기에서 측정된 자료 분석방안 | | (주)정피엔씨연구소 이원석연구원 |

[표 3-129] GSP사업 참여종돈장 교육프로그램(4차)

| 교육일시 | 제 목 | 참석자 | 강사 |
|--------------|-------------------------------|-------------------|---------------------|
| 2017. 07. 14 | 농협경제지주 종돈개량사업소 육종현황 | GSP참여종돈장 실무책임자 | 농협종돈개량사업 소 김희열과장 |
| | 가야육종 육종현황 | | (주)가야육종 송광림박사 |
| | (주)선진 종돈육종현황 | | (주)선진 박주완상무 |
| | 사료섭취량 측정기 활용 데이터 표준화 방안 연구 | | (주)정피엔씨연구소 정종현박사 |

[표 3-130] GSP사업 참여중돈장 교육프로그램(5차)

| 교육일시 | 제 목 | 참석자 | 강사 |
|--------------|--|-------------------|---------------------|
| 2017. 09. 02 | (주)다비육종 육종현황 | GSP참여중돈장 실무책임자 | 농협중돈개량사업 소 김희열과장 |
| | (주)금보DDF 육종현황 | | 금보DDF 최남선부장 |
| | 유전자원 교류방안(로드맵) -GGP농장간 혈연연결도- | | (주)정피엔씨연구소 정종현박사 |
| | 참여중돈장 농장별 및 통합 선발지수 개발연구 및 선진국 사례조사 | | (주)정피엔씨연구소 정영철박사 |
| | 기관별 유전능력평가 비교 결과 | | 피그진코리아 김성훈박사 |

[표 3-131] GSP사업 참여중돈장 교육프로그램(6차)

| 교육일시 | 제 목 | 참석자 | 강사 |
|-------------|---------------------------------------|-------------------|---------------------|
| 2017. 09.02 | 사료효율 개량을 위한 방안 자료 표준화방안 및 개량 형질 연구 | GSP참여중돈장 실무책임자 | (주)정피엔씨연구소 정영철박사 |

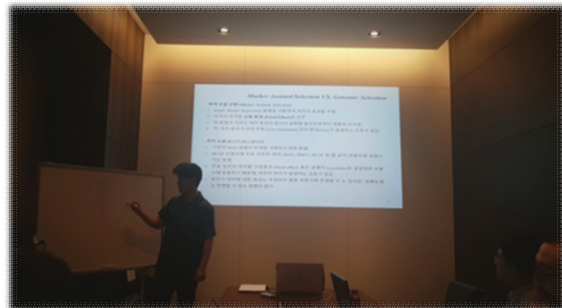
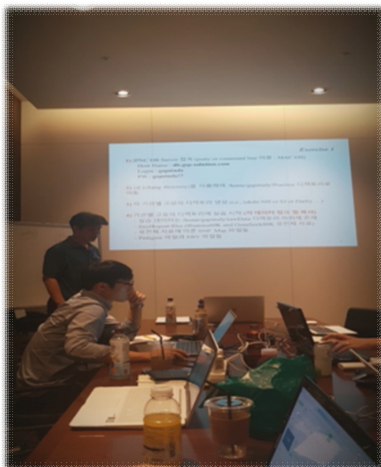


[그림 3-114] GSP 참여중돈장 교육프로그램 운영

2. 2년차

가. GSP중축사업 참여중돈장 개량실무자 제1차 교육 실시

- GSP중축사업에 중돈프로젝트 주관책임자 기관으로 참여하고 있는 정P&C 연구소의 정영철 박사, 정종현 박사와 이중재 박사는 참여중돈장 개량실무자들을 대상으로 처음으로 중돈개량을 위한 교육을 수행하였다. 본 교육을 통해서 유전체 선발을 각 참여중돈장에 어떻게 적용을 해야하며, 필요한 사전 지식 및 배경에 대한 교육을 실시하였다. 유전체 선발을 위해서 가장 기초가 될 수 있는 유전체 선발 용어들에 대한 교육과 유전체 선발에 이용되는 여러 가지 방법론들에 대한 교육을 실시하였으며, 유전체 선발을 위한 프로그래밍 교육을 실습을 통하여 수행하였다. 교육에 대한 자세한 일정은 아래의 <참고자료>에 제시하였다.



[그림 3-115] 개량실무자 1차 교육

[참고자료]

제 1차 GSP 교육 프로그램

1. 일자 : 2018년 6월 28일(목) ~ 29일(금)
2. 장소 : 수원역 라마다 프라자 호텔 1층 회의실
(경기도 수원시 팔달구 중부대로 150)

3. 일자별 진행계획

□ 6월 28일(목) 교육 프로그램 일정

| 시 간 | 내 용 | 비 고 |
|----------------------|--|--------|
| 10:00~10:40 (40분) | ○ 종돈 검정 | 정종현 박사 |
| 10:40~11:20 (40분) | ○ 세계 종돈 육종의 역사 | 정영철 박사 |
| 11:20~12:00 (40분) | ○ 유전체 선발 관련 용어 설명 | 이중재 박사 |
| 12:00~13:00 | 점심시간 | |
| 13:00~13:50 (50분) | ○ 유전체선발을 위한 절차 및 방법론 | |
| 13:50~14:00 | Coffee Break | |
| 14:00~14:50 (50분) | ○ 유전체선발을 위한 Linux Command (실습) | |
| 14:50~15:00 | Coffee Break | |
| 15:00~15:50 (50분) | ○ 유전체선발을 위한 Shell-scripts programming (실습) | |
| 15:50~16:00 | Coffee Break | |
| 16:00~16:50 (50분) | ○ 유전체 데이터 가공 (실습) - part I (Illumina Porcine60K & GeneSeek80K SNP panel) | |
| 16:50~17:00 | Coffee Break | |
| 17:00~17:50 (50분) | ○ 유전체 데이터 가공 (실습) - part II (Illumina Porcine60K & GeneSeek80K SNP panel) | |

□ 6월 29일(금) 교육 프로그램 일정

| 시 간 | 내 용 | 비 고 |
|-----------------------|---|--------|
| 9:00~9:50 (50분) | ○ 결측 유전자형 추정 (imputation) - Part I (within and between SNP panels) | 이중재 박사 |
| 9:50~10:00 | Coffee Break | |
| 10:00~10:50 (50분) | ○ 결측 유전자형 추정 (imputation) - Part II (within and between SNP panels) | |
| 10:50~11:00 | Coffee Break | |
| 11:00~12:00 (60분) | ○ 유전체 선발을 위한 표현형 생성 (EBV, DEBVexcPA, DEBVincPA) | |
| 12:00~13:00 | 점심시간 | |
| 13:00~14:20 (80분) | ○ Genomewide association study (GWAS) using Bayesian methods (SNP 효과 추정) | |
| 14:20~14:30 | Coffee Break | |
| 14:30~15:50 (80분) | ○ 유전체 정확도 추정을 위한 교차검증 (cross-validation) 실습 | |
| 15:50~16:00 | Coffee Break | |
| 16:00~18:00 (120분) | ○ 유전체 육종가 (GE-EBVs) 추정 실습 | |

나. GSP중축사업 참여중돈장 개량실무자 제2차 교육 실시

○ 지난 1차 교육과 마찬가지로 이번 참여 중돈장 개량실무자를 대상으로 두 번째 교육을 실시하였다. 1차 교육에서는 유전체 선발의 적용에 중점을 둔 교육이었다면, 이번에는 유전체 선발 적용시 어떠한 방법을 이용하여 유전체 정확도를 상승 시킬 수 있는지에 대한 방법에 대하여 교육을 수행하였다. 여러 방법중에서 실질적인 분석 결과를 토대로 교육을 진행하였다.

○ 유전체 육종가 상승 방법

1) **진정한 QTL이 포함된 SNP array 이용** : 이에 대한 방법 및 결과는 실제로 미국의 Limousine종에 대하여 SNP array안에 Myostatin 유전자내의 F94L-variant를 포함시켰을 때 유전체 육종가를 상승시킬 수 있다는 결과 및 과정에 대하여 교육을 하였다.

2) **Haplotype 기반의 유전체 선발 모형 적용** : 기존의 대부분의 유전체 선발 모형은 SNP 기반으로 이루어져 왔다. 그러나 QTL이나 주요 유전자가 2개 이상의 allele과 연관 (multi-allelic)이 되어있을 경우에는 haplotype이 더욱 QTL과의 LD가 높다는 연구들이 수행되어져 왔으며, 이러한 근거로 인하여 SNP 기반의 유전체 선발 모형보다 Haplotype 기반의 유전체 선발 모형의 유전체 정확도가 더욱 상승되는 효과가 있음을 교육하였고, 실제 요크셔종에 대한 분석 과정 결과 등을 교육 하였다. 그리고, 실제 정피엔씨연구소가 보유하고 Linux Server에 접속하여 실제 유전체 데이터를 핸들링하고 분석 결과를 해석해보는 교육을 수행하였다. 교육에 대한 자세한 일정은 아래의 <참고자료>에 제시하였다.



[그림 3-116] 개량실무자 2차 교육

<참고자료>

제 2 차 GSP 교육 프로그램

1. 일자 : 2018년 9월 10일(월) ~ 12일(수)
2. 장소 : 전북대학교 농업생명환경대학 세미나실
(전주시 덕진구 백제대로 567 전북대학교 농대본관 303호)
3. 교육 주관 : 정P&C연구소
4. 교육 대상자 : GSP종축사업 참여종돈장 개량실무자
5. 교육일정
 - 9월 10일(월) 교육 프로그램 일정

| 시 간 | 내 용 | 비 고 |
|----------------------|---|--------|
| 10:30~11:50 (80분) | ○ Trends and Changes of Genomic Prediction (Review on terminologies of Genomic Selection) | 이중재 박사 |
| 11:50~13:00 | 점심시간 | |
| 13:00~14:20 (80분) | ○ Phenotypes for Genomic Selection (Linux 실습: EBV with weighting factor DEBVincPA with weighting factor DEBVexcPA with weighting factor) | |
| 14:20~14:30 | Coffee Break | |
| 14:30~15:50 (80분) | ○ Estimates Blending Parameter using N-folds cross-validation (Linux 실습: Random and K-means 3-, 5-, and 10-folds CV) | |
| 15:50~16:00 | Coffee Break | |
| 16:00~17:30 (90분) | ○ Shell-scripts programming for Pipelines (Linux 실습) | |

□ 9월 11일(화) 교육 프로그램 일정

| 시 간 | 내 용 | 비 고 |
|-----------------------|--|--------|
| 9:30~10:50 (80분) | ○ GWAS using Bayesian methods (Model frequency, window variance) | 이중재 박사 |
| 10:50~11:00 | Coffee Break | |
| 11:00~11:50 (50분) | ○ Significance of SNP marker in Bayesian methods - (Part I) Bayes factor & Manhattan plot | |
| 12:00~13:00 | 점심시간 | |
| 13:00~14:20 (80분) | ○ Significance of SNP marker in Bayesian methods - (Part II) Bayes factor & Manhattan plot | |
| 14:20~14:30 | Coffee Break | |
| 13:00~14:20 (80분) | ○ Parallel Computing for Pipeline | |
| 14:20~14:30 | Coffee Break | |
| 14:30~15:50 (80분) | ○ Estimates the accuracy of genomic predictors using cross validation - (Part I) | |
| 15:50~16:00 | Coffee Break | |
| 16:00~18:00 (120분) | ○ Estimates the accuracy of genomic predictors using cross validation - (Part II) | |

□ 9월 12일(수) 교육 프로그램 일정

| 시 간 | 내 용 | 비 고 |
|----------------------|--|--------|
| 9:30~10:50 (80분) | ○ Discussion on the results of GWAS and genomic predictions - (Part I) | 이중재 박사 |
| 10:50~11:00 | Coffee Break | |
| 11:00~11:50 (50분) | ○ Discussion on the results of GWAS and genomic predictions - (Part II) | |

3. 3년차

가. GSP중축사업 참여종돈장 개량 실무자 교육

(1) GSP중축사업 참여종돈장 개량실무자 제 4 차 교육 실시

(장소 : 중앙대학교, 생명공학2관 - 904관 201호)

- 제 4 차 GSP 개량 실무자 대상 교육 프로그램에서는 외부 전문가 3분 (김준모 교수, 박종은 박사, 임다정 박사)을 초청하여 다양한 유전체 분야에 대한 교육 및 토론을 3일 동안 실시하였다. 본 교육을 통하여 교육 대상자들은 유전체 선발뿐만 아니라 전장 유전체 분석 (Genome-wide Association study) 결과를 개량 현장에 어떻게 적용을 할 것인지에 대한 교육을 외부 전문가들로부터 받게 되었으며 다양한 토론도 같이 진행하였다.
- 유전체 관련 교육뿐만 아니라, 본 교육에서는 유전적 개량량 예측을 위한 선발 강도 및 세대 간격 계산을 위한 데이터 구성 방법과 어떠한 방법을 통해서 유전적 개량량을 극대화 할 수 있는지에 대한 교육도 수행하였다.



[그림 3-117] 참여종돈장 실무책임자 교육

□ 3월 13일(수) 교육 프로그램 일정

| 시 간 | 내 용 | 비 고 |
|----------------------|---|---------------------|
| 10:30~11:50 (80분) | ○ 유전적 개량량 예측을 위한 선발 강도 및 세대 간격 - 이론 | 이중재 박사 |
| 11:50~13:00 | 점심시간 | |
| 13:00~14:20 (80분) | ○ 단위 기간당 유전적 개량량 예측을 위한 선발 강도 및 세대 간격 - 실습 (각 참여 종돈장별로 제공받고 있는 검정, 번식 및 혈통 자료를 이용하여 동기군별로 유전적 개량량 추정 실습 - Linux기반) | 이중재 박사 |
| 14:20~14:30 | Coffee Break | |
| 14:30~15:30 (60분) | ○ 유전자 네트워크 분석을 통한 GWAS 결과의 해석 - 이론 (Part I) | 김준모 교수 (중앙대학교) |
| 15:30~15:40 | Coffee Break | |
| 15:40~16:40 (60분) | ○ 전장유전체 연관분석 방법론 - 이론 (Part I) | 박종은 박사 (국립축산과학원) |
| 16:40~16:50 | Coffee Break | |
| 16:50~17:50 (60분) | ○ 유전자 발현을 적용한 유전체 예측 - 이론 (Part I) | 임다정 박사 (국립축산과학원) |

□ 3월 14일(목) 교육 프로그램 일정

| 시 간 | 내 용 | 비 고 |
|----------------------|--|---------------------|
| 9:30~10:20 (50분) | ○ 유전자 네트워크 분석을 통한 GWAS 결과의 해석 - 실습 (Part II) | 김준모 교수 (중앙대학교) |
| 10:20~10:30 | Coffee Break | |
| 10:30~11:50 (80분) | ○ 전장유전체 연관분석 방법론 - 실습 (Part II) | 박종은 박사 (국립축산과학원) |
| 11:50~13:30 | 점심 시간 | |
| 13:30~14:50 (80분) | ○ 유전자 발현을 적용한 유전체 예측 - 실습 (Part II) | 임다정 박사 (국립축산과학원) |
| 14:50~15:00 | Coffee Break | |
| 15:00~15:50 (50분) | ○ SNP marker effect based on penalty methods (single marker regression, ridge, LASSO, elastic net) | |
| 15:50~16:00 | Coffee Break | |
| 16:00~16:50 (50분) | ○ SNP marker effect based on penalty methods (single marker regression, ridge, LASSO, elastic net) - 실습 | 이중재 박사 |
| 16:50~17:00 | Coffee Break | |
| 17:00~18:00 (60분) | ○ Manhattan plots based on window variances and compare two plots from different SNP genotyping platforms (R 실습) | |

□ 3월 15일(금) 교육 프로그램 일정

| 시 간 | 내 용 | 비 고 |
|----------------------|---|--------|
| 9:30~10:50 (80분) | ○ Discussion on the differences between GWAS and genomic predictions | 이중재 박사 |
| 10:50~11:00 | Coffee Break | |
| 11:00~11:50 (50분) | ○ Discussion on the results of GWAS and genomic predictions - (different Statistical Model) | |
| 11:50~13:00 | 점심 시간 | |

(2) GSP중축사업 참여종돈장 개량실무자 제 5 차 교육 실시
(장소 : 충남대학교, 농업생명과학대학 2호관 2204호)

- 개량 실무자 대상으로 실시된 제 5 차 GSP 교육에서는 참여 종돈장에서 새로운 신규형 질에 대한 개량 방안에 대한 교육 필요성을 제시하여 생시체중 및 유두수 개량을 위한 모형식 설정 및 유전체 분석에 대한 교육을 실시하였다. 생시체중 및 유두수 형질에 대한 유전 모수를 추정하기 위한 모델식에 대한 교육을 수행하였으며, 분석을 위해서 새로운 고정 효과 (어미의 산차 효과)를 보정하기 위한 데이터 구성에 대한 교육을 실시하였다.
- 데이터 구성을 위해서 Linux Command (Bash Script)에 대한 교육도 병행하였으며, ASREML V4.1 소프트웨어를 이용하여 모델식 설정 및 유전모수를 추정하는 과정을 참여종돈장 개량 실무자들이 직접 정피엔씨연구소의 Linux 서버에 접속을 하여 실습을 수행하였다.
- 차후에는 기존의 Animal Model에서 모체의 유전 및 공통 환경효과를 고려한 full model에 대한 교육을 실시할 예정이다.

(3) GSP종축사업 참여종돈장 개량실무자 제 6 ~ 8 차 교육 실시

(장소 : 중앙대학교, 생명공학2관 - 904관 201호)

- 개량 실무자 대상으로 실시된 유전능력 평가를 위한 모형식에 대한 교육은 총 3번 (GSP 교육 6~8차)에 걸쳐서 진행되었다. 지금까지의 GSP 교육은 최신 육종 기술인 유전체 선발 (Genomic Selection)에 대한 이론 및 실습을 병행하여 진행하였으나, GSP 종축사업 참여종돈장 개량 실무자들의 의견에 따라서 현재 참여 종돈장들에 대한 유전능력평가에 대한 모형식에 대한 이론 및 실습을 병행하였다. 유전능력평가를 위해서 이용되어지고 있는 wombat과 blupf90 프로그램에 대한 교육을 실시하였으며, 모든 실무자들이 실습을 하는 교육으로 이루어졌다.
- 또한 기존에는 리눅스 환경에서의 교육이 이뤄짐에 따라서 많은 어려움이 있었으나, 이번 교육에서는 윈도우 기반으로 실습을 진행함으로써 개량 실무자들이 쉽게 실습에 참여할 수 있었다. 윈도우 기반의 blupf90과 wombat을 직접 데이터를 가지고 분석할 뿐만 아니라, 엑셀을 통하여 행렬을 다루는 기초 실습도 병행하였다.

```
1 BLUPF90 parameter file created by RENUMF90
2 DATAFILE
3 renf90.dat
4 NUMBER_OF_TRAITS
5 1
6 NUMBER_OF_EFFECTS
7 5
8 OBSERVATION(S)
9 1
10 WEIGHT(S)
11
12 EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT NESTED]
13 2 2 cross
14 3 26 cross
15 4 5 cross
16 5 350 cross
17 6 1121 cross
18 RANDOM_RESIDUAL VALUES
19 5.0000
20 RANDOM_GROUP
21 5
22 RANDOM_TYPE
23 add_animal
24 FILE
25 renadd05.ped
26 (CO)VARIANCES
27 5.0000
28 OPTION se
```

[그림 3-118] 유전모수 및 육종가와 정확도를 추정하기 위한 parameter 파일

- 물론 차후에 진행하게 될 GSP 교육 프로그램에서는 Linux 기반의 유전체 선발에 대한 이론 교육 및 Linux Shell Script Programming 교육도 진행할 예정이다.
- 실습의 주된 내용은 우선 REML을 이용한 variance component 추정과 BLUP을 이용한 육종가 및 정확도 추정을 간단한 예제를 통하여 실습을 하였으며, blupf90과 wombat 프로그램을 이용하여 실습을 병행하였으며, 실습에 이용된 parameter파일은 아래와 같다.

아래의 parameter 실습 파일을 통하여 유전 모수 추정 및 육종가와 정확도를 추정하는 실습을 모든 개량 실무자들이 수행하였다.



[그림 3-119] 참여종돈장 실무책임자 교육

제 12 절 GSP 통합 종돈 개량의 경제적 파급효과

- 본 연구는 2013년부터 2021년까지 추진되어 온 GSP 종돈 사업의 성과를 정량적으로 분석하여 통합 종돈 개량의 직접적인 경제적 성과와 함께 국내 경제 파급효과를 분석하고 자 (주)엘케이경영연구원의 의뢰로 조사하였다.

1. 연구 내용 및 방법

가. 주요 연구내용

- 모계 종돈의 번식 성적 개량 성과
- 두계 종돈의 산육 성적 개량 성과
- GSP 종돈 통합 육종의 경제적 파급효과 분석

나. 연구 방법

- GSP사업 통합 종돈 개량의 경제적 성과 분석
 - 2012년에 대비하여 2020년의 복당 생존산자수, 등지방두께 감소, 90kg도달일령 개선의 경제적 성과를 통계청의 농축산물생산비조사 2020년 자료를 활용하여 비육돈의 두당 생산비 절감 및 판매가격 증가를 분석하였다
 - 최근 3년 기간인 2018년부터 2020년까지의 연간 도축실적의 평균을 적용하고, 기술 보급률 80%를 가정하여 국가 전체 경제적 성과를 분석하였다.
- GSP사업 통합 종돈 개량의 양돈산업 소득 증가의 양돈 전후방산업 파급효과
 - 종돈 개량에 의한 생산비 절감 및 판매금액 증가로 농가 소득이 증대할 것이며, 양돈 농가의 소득 증대는 최종 수요의 증가로 이어져 경제 전반에 추가적인 영향이 있다.
 - 한국은행의 2015년 기본부문 실추표를 23개 양돈 연관 산업으로 재분류하여 생산유발 계수를 산출하여 양돈산업 전후방 연쇄 효과분석을 실시하였다.

2. GSP 사업 종돈 연구 투입 산출 성과

가. GSP사업 통합 종돈 개량 성과

(1) 모계 번식성적 개선 성과

- 모계 번식성적의 개선성과는 모돈의 복당 생존산자수 개량 효과를 분석하여 파악할 수 있다.

○ 모계 백색계 품종의 2012년부터 2020년까지 9년간 복당 생존산자수 개량량은 9년간 평균 1.58두이다[표 3-132].

- 모계 종돈의 번식성적은 백색 품종인 랜드레이스와 요크셔의 복당 생존산자수가 연구 기간에 얼마나 개선되었는지 분석하였다.
- 랜드레이스 품종은 2012년 복당 생존산자수가 10.94두로 기록되었고, 2020년에는 12.47두로 약 1.53두 증가하였다.
- 요크셔 품종의 2012년 복당 생존산자수 평균이 11.78두로 측정되었고, 2020년에는 13.41두로 약 1.63두만큼 개선되었다.
- 2012년 대비 2020년의 랜드레이스와 요크셔 품종 복당 생존산자수 개량량을 단순 평균하면 약 1.58두 증가하였다.

[표 3-132] 모계 번식성적 복당 생존산자수 개량 현황 (단위 : 두)

| 품종 | 2012년 | 2020년 | 두당 개량량 |
|-------|-------|-------|--------|
| 랜드레이스 | 10.94 | 12.47 | 1.53 |
| 요크셔 | 11.78 | 13.41 | 1.63 |
| 평균 | 11.36 | 12.94 | 1.58 |

자료제공 : (주)정P&C연구소

(2) 두록의 산육성적 개선 성과

○ GSP사업 종돈 연구를 시작하기 전년도인 2012년과 비교하여 2020년의 두록 산육 성적을 등지방두께와 90kg 도달일령 개량을 분석하였다[표 3-133].

- 국립축산과학원 2017년 연구에서 등지방두께가 1cm 얇아짐에 따라 정육률이 3.237% 상승하는 것을 적용하여, 등지방두께 감소에 따른 경제적 가치를 추정할 수 있다.
- 90kg도달일령은 비육돈 생산 일수에 영향을 미치므로 두당 1일 생산비가 같다는 가정 하에 생산비에 영향을 주었다.

○ GSP 참여 종돈장의 두록 산육 성적 중 등지방두께는 2012년의 12.97mm에서 2020년에 12.8mm로 약 0.17mm 감소하였으며, 90kg도달일령은 2012년 141.32일에서 2020년 131.7일로 약 9.62일 감소하였다.

[표 3-133] 두록 산육성적 개선 현황

| 구분 | 2012년 | 2020년 | 두당 개량량 |
|-------------|--------|--------|--------|
| 등지방두께(mm) | 12.97 | 12.80 | -0.17 |
| 90kg도달일령(일) | 141.32 | 131.70 | -9.62 |

자료제공 : (주)정P&C연구소

나. GSP 통합 종돈 개량의 경제적 성과

(1) 경제적 성과 분석 기초 자료

(가) 2020년 비육돈의 수익성과 사육비

- 통계청의 농축산물생산비조사를 활용하여 비육돈의 두당 수익성과 비목별 생산비를 파악할 수 있다[표 3-134].
 - 농축산물생산비 조사자료를 활용하여 생산물의 총수입과 생산 과정에서 발생하는 일반경비, 자가노동비, 자본용역비, 토지용역비로 구성되는 생산비를 집계하여 농가 소득을 산출할 수 있다.
- 총수입은 주로 주산물과 부산물의 판매금액으로 계산되며, 2020년 비육돈의 일반비는 사료비와 가축비 비중이 높다.
 - 2020년 비육돈의 두당 총수입은 36만 2,028원이고, 생산비는 31만 5,080원으로 비육돈의 생산비는 총수입의 약 87%를 차지하였다.

[표 3-134] 2020년 비육돈 두당 수익성 및 사육비

| 비목 | | 금액(원) | |
|--------|-------|---------|---------|
| 총수입 | | 362,028 | |
| 생산비 | 일반비 | 가축비 | 66,696 |
| | | 사료비 | 172,312 |
| | | 수도광열비 | 4,765 |
| | | 방역치료비 | 10,209 |
| | | 자동차비 | 1,237 |
| | | 농구비 | 6,816 |
| | | 영농시설비 | 7,000 |
| | | 기타재료비 | 1,548 |
| | | 차입금이자 | 2,806 |
| | | 토지임차료 | 33 |
| | | 고용노동비 | 13,147 |
| | | 분뇨처리비 | 9,368 |
| | | 생산관리비 | 1,773 |
| | | 기타비용 | 1,592 |
| | | 소계 | 299,302 |
| | | 자가노동비 | 9,579 |
| | 자본용역비 | 4,664 | |
| | 토지용역비 | 1,535 | |
| | 소계 | 315,080 | |
| 소득 | | 62,726 | |
| 소득률(%) | | 17.3% | |

출처 : 통계청, 「농축산물생산비조사」, 2020년 비육돈 두당 수익성, 2020년 비육돈 두당 사육비

(나) 최근 3년간 돈육 생산실적

○ 농림축산검역본부의 도축실적 및 농림축산식품부의 농림업 생산액 통계에 근거하여 2018년부터 2020년까지의 3년간 평균 약 1,730만 7,000수의 돼지를 도축하여 생산액 평균은 약 6조 7,554억 5,700만 원이다[표 3-135].

- 최근 3년간 돼지 도축실적을 두당 사육비에 곱하고 GSP사업 종돈 연구 결과의 보급률 80%를 가정하여 국가 전체 경제적 성과를 산출하였다.

[표 3-135] 최근 3년간 돼지 도축실적 및 생산액

| 연도 | 도축실적(만 수) | 생산액(억 원) |
|------|-----------|-----------|
| 2018 | 1,736.9 | 71,184.68 |
| 2019 | 1,782.5 | 63,924.47 |
| 2020 | 1,833.0 | - |
| 평균 | 1,730.7 | 67,554.57 |

출처 : (1) 농림축산검역본부 도축실적, (2) 농림축산식품부 농림업 생산액 및 생산지수

(2) 모계 번식성적 개선의 경제적 성과

○ 모계 번식성적 개량의 경제적 성과는 2012년 대비 2020년의 복당생존산자수 증가에 의한 가축비 절감액을 산출하여 분석하였다[표 3-136].

- 모든의 복당 생존산자수는 2012년의 평균 11.36두에서 2020년 평균 12.94두로 1.58두 증가하였다.
- 비육돈의 2020년 생산비 통계 자료에 근거하면 2020년의 두당 가축비가 66,696원이고, 2012년 복당 생존산자수가 11.36두임으로, 비육돈의 두당 가축비는 75,972원으로 추정된다.
- 따라서, 복당 생존산자수의 개량에 의해 비육돈 두당 가축비가 9,276원 절감되었고, 이를 2018년에서 2020년 사이의 연간 평균 도축실적인 1,784만 1,411두의 80% 보급을 가정할 때, 약 1,324억 원의 가축비가 절감된 것으로 분석하였다.

[표 3-136] 복당 생존산자수 개량의 경제적 성과

| 구분 | 2012년 | 2020년 | 개량량 |
|--------------------------------|--------|--------|--------|
| 복당 생존산자수 평균(두) | 11.36 | 12.94 | 1.58 |
| 비육돈 두당 가축비(원) | 75,972 | 66,696 | -9,276 |
| 최근 3년 도축실적의 80% 적용시 가축비† (억 원) | 10,844 | 9,520 | -1,324 |

† 최근 3년간 도축실적 평균 17,841,411두의 80% 보급 적용

(3) 산육성적 개선의 경제적 성과

(가) 등지방두께 개선의 경제적 성과

- 두록의 산육성적 중 등지방두께 개량의 경제적 성과는 2012년 대비 2020년의 등지방두께 감소에 따른 정육률 증가로 인한 판매금액의 증가분을 산출하여 분석하였다[표 3-137].
 - 두록의 등지방두께는 2012년의 평균 12.97mm에서 2020년 평균 12.80mm로 약 0.17mm 감소하였다.
 - 비육돈의 2020년 생산비 통계 자료에 근거하면 2020년의 두당 평균 판매금액은 36만 2,028원으로 산출하였다. 2012년의 등지방두께 12.97mm이었을 경우 비육돈의 두당 판매금액은 36만 36원이었을 것으로 판단된다. 따라서, 등지방두께의 개선에 따른 비육돈 두당 판매금액은 약 1,992원 증가하였다.
 - 두록의 등지방두께 감소에 따른 정육률 증가로 비육돈 두당 판매금액이 1,992원 증가하였다. 이를 2018년에서 2020년 사이의 연간 평균 도축실적인 1,784만 1,411두의 80% 보급을 가정할 때, 약 285억 원의 매출이 증가한 것으로 분석된다.

[표 3-137] 두록의 등지방두께 개량의 경제적 성과

| 구분 | 2012년 | 2020년 | 개량량 |
|-----------------------------------|---------|---------|-------|
| 등지방두께 (mm) | 12.97 | 12.80 | -0.17 |
| 비육돈 두당 판매가* (원) | 360,036 | 362,028 | 1,992 |
| 최근 3년 도축실적의 80% 적용시 매출액‡ (억 원) | 51,388 | 51,673 | 285 |

† 근거 : 국립축산과학원 2017 「국산종축 개발소재 확보 및 육종정보 관리」 p102. “지육지방두께 1cm 얇아짐에 따라서 정육률은 약 3.237% 높아지는 것으로 추정되었다.”

‡ 최근 3년간 도축실적 평균 17,841,411두의 80% 보급 적용

(나) 90kg도달일령 개선의 경제적 성과

- 두록의 산육성적 중 90kg도달일령 개량의 경제적 성과는 2012년 대비 2020년의 사육일수 감소에 따른 사료비 등의 가축비를 제외한 생산비 감소액을 산출하여 분석하였다[표 3-138].
 - 두록의 2012년 90kg도달일령은 141.32일에서 2020년 평균 131.70일로 약 9.62일 감소하였다.
 - 비육돈의 2020년 생산비 통계 자료에 근거하면 2020년의 두당 평균 생산비가 31만 5,080원으로 산출하였다. 2020년의 90kg도달일령이 131.70일보다 9.62일 많은 2012년의 90kg도달일령 141.32일이었을 때의 생산비는 33만 3,223원으로 비육돈의 두당 생산비가 1만 8,143원 감소하였다.
 - 두록의 90kg도달일령 감소에 의한 비육돈 두당 생산비는 1만 8,143원 감소하였고, 이를 2018년에서 2020년 사이의 도축실적인 1,784만 1,411두의 80% 보급을 가정할 때, 약 2,590억 원의 생산비가 감소하였다.

[표 3-138] 두류의 90kg도달일령 개량의 경제적 성과

| 구분 | 2012년 | 2020년 | 개량량 |
|---|---------|---------|---------|
| 90kg도달일령 (일) | 141.32 | 131.70 | -9.62 |
| 비육돈 두당 생산비 [†] (원) | 333,223 | 315,080 | -18,143 |
| 최근 3년 도축실적의 80% 적용시 생산비 [‡] (억 원) | 47,561 | 44,972 | -2,590 |

[†] 2012년 생산비 = 2020년 생산비 × [1 + {(2020년 생산비 - 2012년 생산비) / 2020년 생산비}]

[‡] 최근 3년간 도축실적 평균 17,841,411두의 80% 보급 적용

(4) GSP사업 통합 종돈 개량의 경제적 성과

- GSP사업 통합 종돈 개량의 경제적 성과를 번식 성적과 산육 성적의 개선에 의한 경제적 성과를 종합하여 보면, 2012년 대비 2020년의 비육돈 두당 매출액이 1,992원 증가하고, 생산비가 2만 7,420원 감소하여 두당 소득이 2만 8,259원 증가하여 소득률이 7.8% 높아졌다[표 3-139].
 - 총수입의 증가는 등지방두께 감소에 따라 정육률이 높아졌기 때문이다.
 - 복당산자수 증가에 따라 가축비가 감소하고, 90kg도달일령 감소로 사육일수가 줄어든 만큼 가축비를 제외한 생산비가 감소했다.
- GSP 통합 종돈 개량의 국가 전체 경제적 성과는 총수입 284억 원 증가에 생산비 3,914억 원 절감으로 농가 소득 4,033억 원 증가하였다.

[표 3-139] GSP 종돈 개량의 비육돈 경제적 성과

| 비목 | | 비육돈 두당 수익성 | | 개량량 | | |
|-----|-------|------------|----------|---------|----------|--------|
| | | 2012년(원) | 2020년(원) | 두당(원) | 국가전체(억원) | |
| 총수입 | | 360,036 | 362,028 | 1,992 | 284 | |
| 생산비 | 일반경비 | 가축비 | 75,972 | 66,696 | -9,276 | -1,324 |
| | | 사료비 | 184,898 | 172,312 | -12,586 | -1,796 |
| | | 수도광열비 | 5,113 | 4,765 | -348 | -50 |
| | | 방역치료비 | 10,955 | 10,209 | -746 | -106 |
| | | 자동차비 | 1,327 | 1,237 | -90 | -13 |
| | | 농구비 | 7,314 | 6,816 | -498 | -71 |
| | | 영농시설비 | 7,511 | 7,000 | -511 | -73 |
| | | 기타재료비 | 1,661 | 1,548 | -113 | -16 |
| | | 차입금이자 | 3,011 | 2,806 | -205 | -29 |
| | | 토지임차료 | 35 | 33 | -2 | 0 |
| | | 고용노동비 | 14,107 | 13,147 | -960 | -137 |
| | | 분노처리비 | 10,052 | 9,368 | -684 | -98 |
| | | 생산관리비 | 1,903 | 1,773 | -130 | -18 |
| | | 기타비용 | 1,708 | 1,592 | -116 | -17 |
| | 소계 | 325,569 | 299,302 | -26,267 | -3,749 | |
| | | 자가노동비 | 10,279 | 9,579 | -700 | -100 |
| | | 자본용역비 | 5,005 | 4,664 | -341 | -49 |
| | 토지용역비 | 1,647 | 1,535 | -112 | -16 | |
| | 계 | 342,500 | 315,080 | -27,420 | -3,914 | |
| 소득 | | 34,467 | 62,726 | 28,259 | 4,033 | |
| 소득률 | | 9.6% | 17.3% | 7.8% | | |

† 생산비 개량량은 가축비, 90kg도달일령 감소에 따른 생산비 절감액의 중복 효과를 제거
‡ 최근 3년간 도축실적 평균 17,841,411두의 80% 보급 적용

3. GSP 통합 종돈 개량의 경제적 파급효과

가. 산업연관분석의 이론적 배경

- 국가 경제 내에서 수많은 재화와 서비스가 생산되며 생산된 재화와 서비스는 유통과정을 거쳐 산업의 중간 원재료로 사용되기도 하고, 소비 또는 투자되거나 해외로 수출하였다.
- 산업연관분석 또는 투입산출분석은 이와 같은 생산 및 거래 활동을 통해서 이루어지는 산업 간의 상호 연관관계를 수량적으로 파악하는 분석 방법이다(Leontief, 1936).
- 산업연관표는 일정 기간(보통 1년) 국민경제 내에서의 재화와 서비스의 생산 및 처분과정에서 발생하는 모든 거래를 일정한 원칙과 형식에 따라 기록한 종합적인 통계표이다(한국은행, 2019).

- 산업연관표는 작성 대상 지역을 기준으로 전국산업연관표와 지역산업연관표로 구분할 수 있는데, 전국산업연관표는 전국을 기준으로 산업별 거래 내역을 나타낸 것으로 지역별로 다양한 생산기술구조를 평균적인 개념으로 작성한 것이다.
- 각 산업부문은 그 부문에 대한 최종수요가 발생할 때 이를 생산하기 위하여 다른 산업부문으로부터 원재료를 구입하게 되었다.
- 이때 이 부문이 한 단위의 생산물을 생산하기 위하여 각 산업으로부터 요구되는 투입량을 투입계수(technical coefficient)라고 한다[표 3-140].
 - 아래 표에서 제1열, 즉 제1산업부문의 중간투입액[X_{11} , X_{21} , ..., X_{n1}]을 이 부문의 총 투입액인 X_1 으로 나눈 값을 각각 [a_{11} , a_{21} , ..., a_{n1}]이라 하면, 이것이 제1산업부문 생산물 1단위를 생산하기 위하여 필요한 각 산업부문 생산물의 크기를 나타내는 투입계수가 되었다.

[표 3-140] 산업연관표의 기본구조

| 구분 | | 중간수요(중간투입) | | | | 최종수요 | 수입(공제) | 총산출액 |
|----------------|---|------------|----------|-----|----------|-------|--------|-------|
| | | 1 | 2 | ... | n | | | |
| 중간투입 (중간수요) | 1 | X_{11} | X_{12} | ... | X_{1n} | Y_1 | M_1 | X_1 |
| | 2 | X_{21} | X_{22} | ... | X_{2n} | Y_2 | M_2 | X_2 |
| | ⋮ | ⋮ | ⋮ | ⋮ | ⋮ | ⋮ | ⋮ | ⋮ |
| | n | X_{n1} | X_{n2} | ... | X_{nn} | Y_n | M_n | X_n |
| 부가가치 | | V_1 | V_2 | ... | V_n | | | |
| 총 투입액 | | X_1 | X_2 | ... | X_n | | | |

- 이를 식으로 표현하면 아래와 같다.

$$a_{ij} = \frac{X_{ij}}{X_j}$$

여기서 a_{ij} = 투입계수, X_{ij} = j부문의 생산에 필요한 i부문으로부터의 투입량 및 X_j = j부문의 총 투입액

- 투입계수는 한 산업부문이 다른 산업부문으로부터 원재료를 구입함에 따라 파급되는 직접효과를 나타내며, 산업 간의 상호의존관계를 분석하는 데 기초가 되었다.
- 한 산업에 대한 최종수요가 발생할 때 그 산업은 이를 충족시키기 위하여 다른 산업으로부터 원재료를 구입하게 되었다. 이 산업은 원재료를 제공하기 위하여 또 다른 산업으로부터 원재료를 구입하게 되며, 이러한 연쇄파급효과는 끝없이 계속되었다.

- 투입계수가 직접효과의 크기를 나타낸다면, 생산유발계수는 산업 간의 연쇄파급으로 인한 직·간접효과 또는 직·간접 및 유발효과를 나타내었다.
- 한 나라의 경제가 n개의 산업부문에 구성되어 있다고 가정하고, 다른 나라로부터의 수입액을 M, 최종수요를 Y, 산업부문별 총 산출액을 X라고 정의하였다.
- 산업부문별 산출액은 그 부문의 중간수요와 최종수요에서 수입액을 차감한 것과 같으며, 이를 연립방정식으로 표시하면 다음과 같다(한국은행, 2010).
- 즉, 산업부문 생산물의 수급관계를 보면 [중간수요(X_{ij}) + 최종수요(Y_i) - 수입(M_i) = 총 산출액(X_i)]이 되며, 이를 행렬로 표시하면 아래 식과 같다.

$$\begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & \cdots & a_{1j} & \cdots & a_{1n} \\ \vdots & \vdots & & \vdots & & \vdots \\ a_{i1} & a_{i2} & \cdots & a_{ij} & \cdots & a_{in} \\ \vdots & \vdots & & \vdots & & \vdots \\ a_{n1} & a_{n2} & \cdots & a_{nj} & \cdots & a_{nn} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X_1 \\ \vdots \\ X_i \\ \vdots \\ X_n \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Y_1 \\ \vdots \\ Y_i \\ \vdots \\ Y_n \end{bmatrix} - \begin{bmatrix} M_1 \\ \vdots \\ M_i \\ \vdots \\ M_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 \\ \vdots \\ X_i \\ \vdots \\ X_n \end{bmatrix}$$

- 이를 다시 행렬기호로 간단히 표시해보면 다음과 같다.

$$AX + Y - M = X$$

A : 전국투입계수 행렬, X : 전국 총 산출액 열
Y : 전국 최종수요 열, M : 전국 수입액 열

- 이것을 X에 대해서 풀면

$$\begin{aligned} (X - AX) &= Y - M \\ (I - A)X &= Y - M \\ X &= (I - A)^{-1}(Y - M) \end{aligned}$$

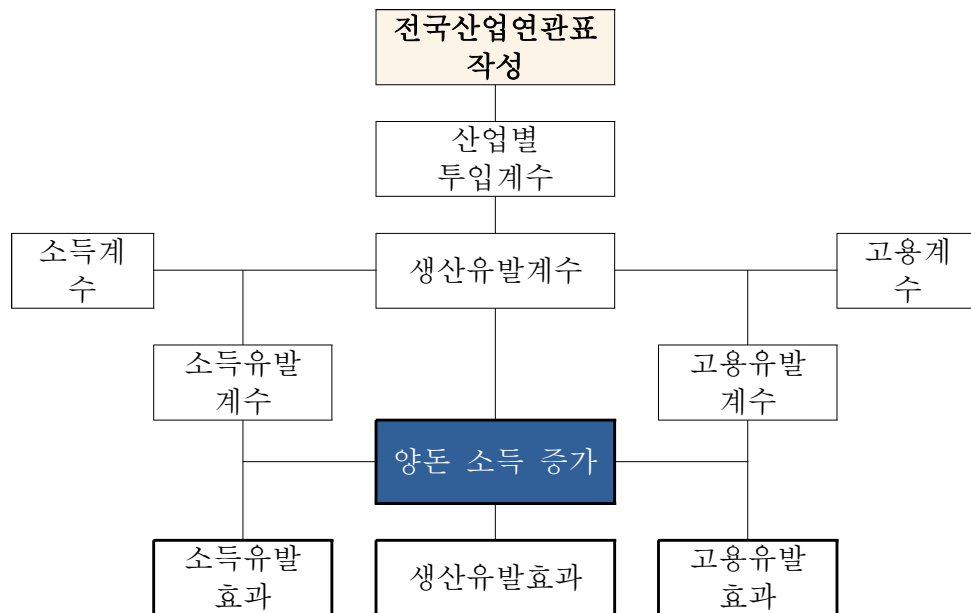
(I - A) : 레온티에프 행렬, I : 단위행렬(Identity matrix)

(I - A)⁻¹ : 생산유발계수행렬, 레온티에프 역행렬

- 본 연구에서는 양돈생산이 미치는 파급효과에 초점을 맞추고 있기 때문에 이를 위해 비경쟁수입형(noncompetitive imports) 투입산출표에서 도출되는 국산거래표를 이용하였다.
- 따라서 비경쟁수입형의 모형으로 재구성하면 아래 식과 같이 표현된다.

$$X = (I - A^d)^{-1} Y^d$$

- 위의 식에서 A^d 는 $a_{ij} = \frac{X_j^d}{X_j}$ 을 요소로 가진 국산거래표의 투입계수행렬이며, Y^d 는 국내 최종 소비수요 가운데 국내 공급분 벡터, 그리고 $(I-A^d)^{-1}Y$ 는 가계부문이 포함된 생산유발계수 행렬이다.
- 이때 $(I-A^d)^{-1}$ 은 생산유발계수 행렬이며, 이는 최종수요 1단위가 증가할 때 경제 전반에 걸쳐 파급되는 직·간접 생산효과를 나타내었다.
- 또한 직·간접 효과뿐만 아니라 유발효과까지를 포함한 생산유발계수를 도출해야 한다. 그러기 위해서는 가계부문의 피용자보수(부가가치의 한 부분)와 민간소비지출(최종수요의 한 부분)부문을 하나의 산업부문으로 내생부문에 포함시켜야 한다.



[그림 3-120] 전국산업연관분석 흐름도

나. 양돈 연관 산업연관표 재작성

(1) 산업연관표 재분류

- 양돈 농가의 소득 증가액의 경제적 파급효과 분석을 2015년 산업연관표 실측표에 수록된 381개 기본부문을 양돈 연관 산업 23개 부문으로 재분류함[표 3-141].

[표 3-141] 산업연관분석을 위한 축산연관산업의 재분류

| | 대분류 | 세부산업 |
|----|--------------|--|
| 1 | 농림수산물 | 작물, 임산물, 수산물, 농림어업 서비스 |
| 2 | 낙농 | |
| 3 | 축우 | |
| 4 | 양돈 | |
| 5 | 가금 | |
| 6 | 기타 축산 | |
| 7 | 육류 및 육가공품 | 도축육, 가금육, 육가공품 |
| 8 | 낙농품 | |
| 9 | 사료 | |
| 10 | 의약품 | |
| 11 | 농업용 기계 | |
| 12 | 연구개발 | |
| 13 | 광산품 | 석탄, 원유 및 천연가스 |
| 14 | 음식료품 | 수산가공품, 정곡 및 제분, 제당 및 전분, 떡 과자 및 면류, 조미료 및 유지, 기타 식료품 |
| 15 | 제조업 | 섬유 및 가죽제품, 목재 및 종이, 인쇄, 석탄 및 석유 제품, 화학제품, 금속제품, 전기장비, 운송장비 등 |
| 16 | 전력, 가스 및 수도 | 전력, 가스 및 증기 |
| 17 | 건설 | |
| 18 | 도소매 | 도소매 및 상품 중개 서비스 |
| 19 | 운송서비스 | 육상 수상 항공 운송 서비스, 창고 및 운송 보조 서비스, 우편 및 소화물 전문 운송 서비스 |
| 20 | 음식점 및 숙박 서비스 | 음식점 및 주점, 숙박 서비스 |
| 21 | 금융 및 보험 서비스 | 금융 서비스, 보험 서비스 |
| 22 | 교육 및 보건 서비스 | 교육 서비스, 보건 및 사회 복지 서비스 |
| 23 | 기타 | |

(2) 양돈 및 양돈 연관 산업 전후방 생산유발계수

○ 2015년 산업연관 실측표를 활용하여 양돈 연관 산업의 생산유발계수를 산출하였다. 선행 연구를 참조하여 381개 기본부문을 축산연관 산업 23개 부문으로 재분류하였다. 한국은행 가이드에 따라 전후방 연쇄 생산유발계수를 산출하였다[표 3-142].

- 양돈을 제외하고 후방 유발계수는 사료가 0.4379로 가장 높았으며, 전방유발계수는 육류 및 육가공품이 0.3240으로 가장 높았다.

[표 3-142] 양돈 연관 산업의 생산유발계수

| 구분 | 후방유발계수 | 전방유발계수 |
|--------------|--------|--------|
| 농림수산물 | 0.0514 | 0.0005 |
| 낙농 | 0.0009 | 0.0024 |
| 축우 | 0.0015 | 0.0026 |
| 양돈 | 1.0039 | 1.0039 |
| 가금 | 0.0013 | 0.0019 |
| 기타 축산 | 0.0001 | 0.0014 |
| 육류 및 육가공품 | 0.0065 | 0.3240 |
| 낙농품 | 0.0027 | 0.0015 |
| 사료 | 0.4379 | 0.0040 |
| 의약품 | 0.0049 | 0.0009 |
| 농업용 기계 | 0.0037 | 0.0007 |
| 연구개발 | 0.0000 | 0.0011 |
| 광산품 | 0.0011 | 0.0009 |
| 음식료품 | 0.0493 | 0.0037 |
| 제조업 | 0.1568 | 0.0006 |
| 전력, 가스 및 수도 | 0.0333 | 0.0003 |
| 건설 | 0.0032 | 0.0006 |
| 도소매 | 0.1226 | 0.0015 |
| 운송서비스 | 0.0637 | 0.0007 |
| 음식점 및 숙박 서비스 | 0.0186 | 0.0273 |
| 금융 및 보험 서비스 | 0.0331 | 0.0011 |
| 교육 및 보건 서비스 | 0.0043 | 0.0015 |
| 기타 | 0.1209 | 0.0016 |
| 합계 | 2.1217 | 1.3845 |

다. 양돈 및 양돈 연관산업 생산유발효과

○ 양돈 및 양돈 연관산업의 생산유발 효과를 산출하였다[표 3-143].

- 양돈을 제외한 후방유발효과는 7조 5,511억 91백만 원으로 산출했다. 전방유발효과는 2조 5,707억 85백만 원으로 산출했다. 후방유발효과는 사료 비율이 39.17%로 가장 높았으며, 전방유발효과는 육류 및 육가공품 비율이 85.13%로 가장 높았다.

[표 3-143] 양돈 및 양돈 연관 산업의 생산유발효과 (단위 : 백만 원, %)

| 구분 | 후방유발효과 | | 전방유발효과 | | 총 유발효과 | |
|--------------|------------|-------|-----------|-------|------------|-------|
| | 금액 | 구성비 | 금액 | 구성비 | 금액 | 구성비 |
| 농림수산물 | 347,455 | 4.60 | 3,378 | 0.13 | 350,833 | 3.47 |
| 낙농 | 6,068 | 0.08 | 15,999 | 0.62 | 22,066 | 0.22 |
| 축우 | 9,958 | 0.13 | 17,265 | 0.67 | 27,223 | 0.27 |
| 양돈 | 6,781,949 | - | 6,781,949 | - | 6,781,949 | - |
| 가금 | 8,541 | 0.11 | 12,950 | 0.50 | 21,492 | 0.21 |
| 기타 축산 | 406 | 0.01 | 9,461 | 0.37 | 9,867 | 0.10 |
| 육류 및 육가공품 | 43,973 | 0.58 | 2,188,538 | 85.13 | 2,232,511 | 22.06 |
| 낙농품 | 18,422 | 0.24 | 9,823 | 0.38 | 28,246 | 0.28 |
| 사료 | 2,958,019 | 39.17 | 27,046 | 1.05 | 2,985,065 | 29.49 |
| 의약품 | 33,106 | 0.44 | 6,087 | 0.24 | 39,193 | 0.39 |
| 농업용 기계 | 24,767 | 0.33 | 4,591 | 0.18 | 29,357 | 0.29 |
| 연구개발 | 0.26 | 0.00 | 7,116 | 0.28 | 7,117 | 0.07 |
| 광산품 | 7,295 | 0.10 | 6,307 | 0.25 | 13,602 | 0.13 |
| 음식료품 | 333,111 | 4.41 | 25,166 | 0.98 | 358,277 | 3.54 |
| 제조업 | 1,059,471 | 14.03 | 3,952 | 0.15 | 1,063,423 | 10.51 |
| 전력, 가스 및 수도 | 225,151 | 2.98 | 2,294 | 0.09 | 227,444 | 2.25 |
| 건설 | 21,499 | 0.28 | 3,815 | 0.15 | 25,314 | 0.25 |
| 도소매 | 828,456 | 10.97 | 9,889 | 0.38 | 838,345 | 8.28 |
| 운송서비스 | 430,166 | 5.70 | 4,448 | 0.17 | 434,614 | 4.29 |
| 음식점 및 숙박 서비스 | 125,450 | 1.66 | 184,267 | 7.17 | 309,717 | 3.06 |
| 금융 및 보험 서비스 | 223,927 | 2.97 | 7,291 | 0.28 | 231,218 | 2.28 |
| 교육 및 보건 서비스 | 29,059 | 0.38 | 10,130 | 0.39 | 39,189 | 0.39 |
| 기타 | 816,890 | 10.82 | 10,973 | 0.43 | 827,863 | 8.18 |
| 양돈제외 | 7,551,191 | 100 | 2,570,785 | 100 | 10,121,976 | 100 |
| 합계 | 14,333,140 | | 9,352,734 | | 16,903,925 | |

라. GSP 통합 중돈 개량의 생산유발효과

○ GSP 통합 중돈 개량의 국가 전체 경제적 성과는 2020년 기준 2012년 대비 총수입 284억 원 증가, 생산비 3,914억 원 절감에 따른 농가 소득 4,033억 원 증가하였다.

○ 농가소득 증가액을 기준으로 하여 GSP 통합 중돈 개량의 생산유발 효과를 산출하였다
[표 3-144].

- 양돈을 제외한 후방유발효과는 4,508억 59백만 원으로 산출되었으며, 전방유발효과는 1,534억 94백만 원으로 계산되었다.
- 양돈을 제외한 후방유발효과는 사료 비율이 39.17%로 가장 높았으며, 전방유발효과는 육류 및 육가공품 비율이 85.13%로 가장 높았다.

[표 3-144] GSP 통합 중돈 개량의 생산유발효과 (단위 : 백만 원, %)

| 구분 | 후방유발효과 | | 전방유발효과 | | 총 유발효과 | |
|--------------|---------|-------|---------|-------|-----------|-------|
| | 금액 | 구성비 | 금액 | 구성비 | 금액 | 구성비 |
| 농림수산물 | 20,745 | 4.60 | 202 | 0.13 | 20,947 | 3.47 |
| 낙농 | 362 | 0.08 | 955 | 0.62 | 1,318 | 0.22 |
| 축우 | 595 | 0.13 | 1,031 | 0.67 | 1,625 | 0.27 |
| 양돈 | 404,930 | | 404,930 | | 404,930 | |
| 가금 | 510 | 0.11 | 773 | 0.50 | 1,283 | 0.21 |
| 기타 축산 | 24 | 0.01 | 565 | 0.37 | 589 | 0.10 |
| 육류 및 육가공품 | 2,625 | 0.58 | 130,671 | 85.13 | 133,296 | 22.06 |
| 낙농품 | 1,100 | 0.24 | 587 | 0.38 | 1,686 | 0.28 |
| 사료 | 176,614 | 39.17 | 1,615 | 1.05 | 178,229 | 29.49 |
| 의약품 | 1,977 | 0.44 | 363 | 0.24 | 2,340 | 0.39 |
| 농업용 기계 | 1,479 | 0.33 | 274 | 0.18 | 1,753 | 0.29 |
| 연구개발 | 0.02 | 0.00 | 424.90 | 0.28 | 424.91 | 0.07 |
| 광산품 | 436 | 0.10 | 377 | 0.25 | 812 | 0.13 |
| 음식료품 | 19,889 | 4.41 | 1,503 | 0.98 | 21,392 | 3.54 |
| 제조업 | 63,258 | 14.03 | 236 | 0.15 | 63,494 | 10.51 |
| 전력, 가스 및 수도 | 13,443 | 2.98 | 137 | 0.09 | 13,580 | 2.25 |
| 건설 | 1,284 | 0.28 | 228 | 0.15 | 1,511 | 0.25 |
| 도소매 | 49,465 | 10.97 | 590 | 0.38 | 50,055 | 8.28 |
| 운송서비스 | 25,684 | 5.70 | 266 | 0.17 | 25,949 | 4.29 |
| 음식점 및 숙박 서비스 | 7,490 | 1.66 | 11,002 | 7.17 | 18,492 | 3.06 |
| 금융 및 보험 서비스 | 13,370 | 2.97 | 435 | 0.28 | 13,805 | 2.28 |
| 교육 및 보건 서비스 | 1,735 | 0.38 | 605 | 0.39 | 2,340 | 0.39 |
| 기타 | 48,774 | 10.82 | 655 | 0.43 | 49,429 | 8.18 |
| 양돈제외 | 450,859 | 100 | 153,494 | 100 | 604,352 | 100 |
| 합계 | 855,788 | | 558,423 | | 1,009,282 | |

제 13 절 GSP 종축의 산업화에 따른 참여종돈장간 협력체계 개선

(제 1위탁과제 : 참여종돈장 대표자 회의)

1. 서론

가. 연구내용 및 목표

(1) 연구개발의 필요성

- 농업 환경의 급속한 변화에 따라 새롭게 전개되는 글로벌 종축시장에서 국제 경쟁력을 확보하여 국내 우수 종축자원에 대한 사육, 번식, 혈통자료 수집 및 관리체계 구축이 요구됨.
- 가축 개량 및 선발 육종 기술은 이미 선진국 수준에 도달하였으나, 유전자원이 부족하여 산업화 역량이 부족하여 적극적인 육성지원이 필요함.
- 한국형 종돈, 종계 개량을 위해서는 현재 국내의 종돈, 종계 품종 현황을 파악하고 특성을 분석하여 품종을 선별할 필요가 있음.
- GSP 과제의 연구 진행을 가속화하기 위해서는 참여종돈장의 데이터 수집, 분석 및 현장 중심의 의견수렴 및 환류체계 구축이 중요함.
- 유전능력 평가 시스템의 분석 결과와 참여종돈장간의 환류가 중요하기 때문에 참여종돈장간 협력체계 구축이 필요한 상황임.
 - 참여종돈장간 유전적 연결을 통한 경제형질 개발 및 분석기법 공유 등.
- 참여종돈장간의 이해관계 상충과 각 회사 정책의 차이 등으로 서로 협력관계의 애로가 있어, 이 문제를 해결하기 위해 참여종돈장의 데이터 수집, 분석 및 현장 환류체계를 촉진하고자 정례·수시 협의회와 회의를 개최하고, 상호 현장방문을 통해서 참여종돈장의 공감대 형성과 의견조율 등을 하여 GSP 프로젝트의 성공적인 추진에 기여하고자 함.

(2) 연구내용

- 본 연구는 GSP 종돈장간 협력 체계 구축을 통한 종축경쟁력 향상을 위하여 현재 종축기술 및 성과 확산체계를 정성적·정량적으로 분석하고 개선방안을 제시하고자 함.
- GSP 참여종돈장의 종돈 육종실태 분석을 통한 GSP 종돈개량 목표 진단
 - GSP참여종돈장 유전능력 평가 시스템 구축 및 활용
 - 모본집단 개량·교배·선발 체계 일원화 및 자료 공유
 - 우수종돈 선발 및 전식을 위한 농장피드백 및 모니터링 체계 확립
- 참여종돈장의 요구사항 조사 및 협의회 결과 보고

- 참여 기관과의 즉각적인 상황 공유를 위한 정례 또는 수시 협의회 개최
- GSP에서 새로운 축종이 나올 경우, 소유권 문제에 대한 관련 법규 검토 등 의견수렴
- PRRS 예방에 대한 공동적 협력방안 논의를 통해 감염실태 및 농장단위 발생유형 분석, PRRS 청정화 모델 개발 및 적용 추진
- 협의회 개최결과 보고
- 협력체계 개선을 위한 참여종돈장의 이해관계 조정 제도 및 정책 대안 제시
 - 참여종돈장의 이해관계 조사
 - 기관별 업무범위 조사
 - 참여종돈장의 정책 및 제도적 애로사항 발굴 및 개선방안 도출
- 국산종축 개발 지속화를 위한 산·학·연 협력모델 구축
- 종돈장간 개량 사업의 효율성 증진을 위한 체계 활성화 및 전략 연구
 - 각 종돈장별로 유전능력을 평가하고, 전체 유전자원에 대해 동일한 지표를 적용하여 종돈의 유전능력을 평가하여 유전적개량 효과를 극대화함.

(3) 연구목표

- GSP 종축 사업 발전 방안 제시
- 제도·정책·기술적 대안 제시
- 산·학·연 협력모델 구축 방안 제시

(4) 최종목표

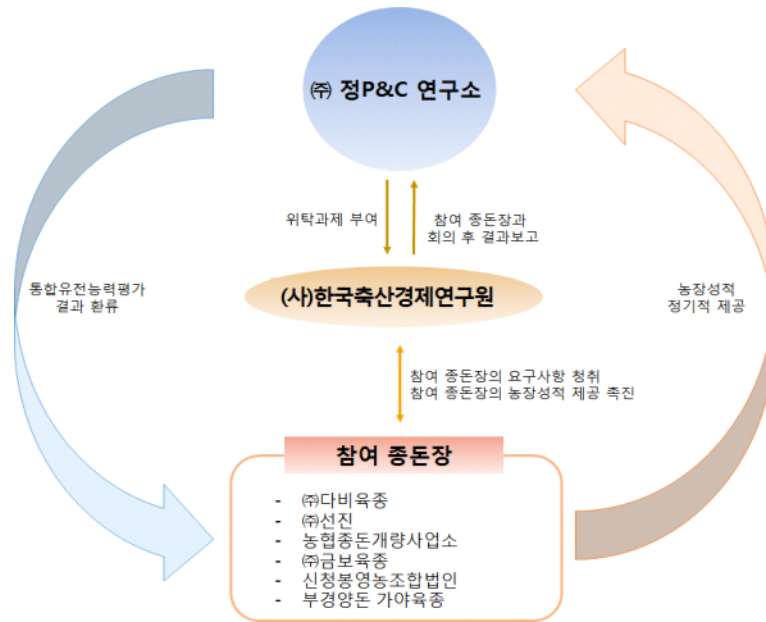
- GSP 종축의 산업화에 따른 참여종돈장간 협력체계 개선 연구

2. 실적

가. 위탁 연구과제 개발

(1) 추진전략 및 방법

- 정례 또는 수시 협의회 개최
- 유전능력 평가 시스템의 분석 결과와 참여종돈장간의 환류체계 구축



[그림 3-121] 연구과제 추진체계

(2) 기대성과

- 참여종돈장의 데이터 수집, 분석 및 현장 환류체계 구축 촉진
- 참여종돈장의 보다 적극적인 협조 유인
- 참여종돈장의 의견을 수렴하여 국산종돈 개발 가속화

3. 연차별 연구수행 내용

가. GSP 종돈 참여기업 간 협력회의(1차년도)

(1) GSP 종돈 참여기업 간 협력회의 1차 간담회

(가) 2017.05.10. - ‘GSP 종돈 참여기업 간 협력회의’ 1차 간담회 실시

- ㈜피그진코리아를 방문하여 GSP 종돈 선발을 위한 육종가 ‘데이터베이스(DB) 항목 매뉴얼’ 파악
 - 참여농장 마다 천차만별이었던 개량형질 선정 및 형질의 표준화를 시도하여 총산 자수와 미이라, 사산, 체중미달, 기형 등 산자수의 기준을 통일하는 한편 사산도 분만 전·중·후 사망한 경우로 나눠 표준화를 추진
 - 각 참여기업별 통합데이터베이스(DB)의 형식통일 및 분석과 수집에 필요한 사항도 표준화를 추진하여 이를 바탕으로 육종관리 자료를 구축해 한국저작권위원회에 등록
 - 이러한 표준화 작업을 통한 육종가 평가시스템의 구축으로 우수돈군의 선발과 공유가 가능해졌을 뿐 만 아니라 참여농장의 개량 트렌드도 파악할 수 있음.

- 주간단위 육종가 평가 시스템 구축 및 운영을 통해 검정 종료 후 선발에 활용할 수 있는 자료를 제공, 이 시스템을 통해 우수 종돈 선정 및 질병 전파 위험을 최소화한 우수 종돈 정액 공유 프로토콜을 개발

(2) GSP 종돈 참여기업 간 협력회의 2차 간담회

(가) 2017.05.24. - 'GSP 종돈 참여기업 간 협력회의' 2차 간담회 실시

① GSP 종돈 참여기업 간 사업 현황 파악 및 보고

○ (주)다비육종

- GSP사업 현황 보고

○ (주)정피엔씨연구소

- 형질선발 가중치 항목 및 GSP 종돈 소유권 활용방안 보고
- GSP 참여종돈장의 경우 자체적으로 주간단위 유전능력평가를 일부 종돈장만 실시하고 있으며, 종돈장의 보유종돈의 유전적 개량량을 극대화하기 위해서는 정확한 혈통자료, 검정자료 및 번식자료를 저장 및 분석하여 개량에 활용할 필요가 있음.
- GSP의 종돈 통합유전능력 평가를 위해서는 각 GGP 순종돈의 기록관리, 교배방법, 검정방법 등이 통일되어야 하고 또한 각 농장의 고유번호와 순종개체번호의 방식이 일정한 규칙에 따라 농장간 구분이 가능한 조건 등이 필요함.
- 또한 우수한 유전능력의 종돈을 공유함으로써 GSP 참여종돈장의 혈연연결을 추진시킬 계획임.
- 최근 국가별 유전자원 소유권 개념이 점차 강화돼 유전자원의 로열티 문제가 대두되고 있기에 축산 분야에서도 특히 수입의존도가 높은 종돈·종계 개발에 집중
- 국가별 유전자원 소유권을 명시한 나고야의정서가 발효됨.

○ 신청봉영농조합법인

- PRRS 발생에 대한 조치 관련하여, 박최규 교수(GSP 방역관리 팀장)와 청정화관련 업무 협의를 통해, 입장 정리 규명
- PRRS 질병은 국내 만연하게 발생하고 있으며 생식기, 호흡기, 전신 소모성 질병 등을 일으키며 양돈장에 막대한 피해를 끼치고 있음.
- 감염만으로 폐사를 유발하기도 하며, 특히 2차 감염 원인이 됐기 때문에 PRRS 질병은 현재 양돈장에서 가장 해결하기 어려운 질병으로 꼽히고 있음.
- 국내 양돈장에는 북미형, 유럽형, 혼합형 등 여러형태 PRRS 감염이 존재
- PRRS 위험도 평가, 안정화·청정화를 진행하려면 정보공유는 기본 토대이므로 농장 실시간 보고·공유 시스템 의 정비와 가동 그리고 이동제한 등 농장이 피해를 받지 않도록 제도를 정비해야 함.

(3) GSP 종돈 참여기업 간 협력회의 3차 간담회

(가) 2017.06.16. - 'GSP 종돈 참여기업 간 협력회의' 3차 간담회 실시

① GSP 종돈 참여기업 간 협력회의 5차 간담회 외의 안건 논의

○ 사료효율 측정

- 사료효율 측정기 (사료효율 측정 상용화, 측정기계 결합, 기술 습득 미진 등에 대한 문제점 제기)
- 종돈의 사료효율 개량을 위해서는 개체별 사료섭취량 측정이 필수이지만, 실제 측정은 쉽지 않아 성장률이나 등지방두께 등 다른 형질을 측정, 간접적으로 계산하거나 복수의 폐지를 한 돈방에 수용해 평균으로 측정하는 등의 방법을 사용해왔음.
- 입식준비, 검정, 종료 및 데이터관리 등 꼭 필요한 사항을 정리하여 현장에서 측정기를 편하고 쉽게 운영할 수 있도록 구성

○ GSP AI 센터 활용 계획

- 선발지수에 의해 선발된 수태지 정액을 GSP AI 센터에서 공동 관리하기로 함.
- 생산된 정액을 참여 종돈장들이 공동으로 사용하되, GSP AI 센터와 참여종돈장과 MOU 체결 촉진 필요 제시

○ GGP와 GP의 돈사 구분 사육 문제 제시

- 혈통구별 관련, 농장 사육실태 문제점 파악 후, 해결방안(GGP, GP 돈사 구분) 제시

○ GSP 참여종돈장 교육프로그램 인력개발 계획 및 집행

- 프로그램에 대한 설명과 동의 필요
- 다양한 참가자들과 그 수준에 맞는 교육이 필요함을 제시

(4) GSP 종돈 참여기업 간 협력회의 4차 간담회

(가) 2017.07.13. - 'GSP 종돈 참여기업 간 협력회의' 4차 간담회 실시

- 3차 간담회 실시 후, 논의한 문제점에 대해 회의를 실시하였으며, 다음 GSP 종돈 참여기업 간 협력회의 5차 간담회의 회의 안건하기로 협의함.

나. GSP 참여종돈장 간 협력회의(2차년도)

(1) GSP 참여종돈장 간 협력회의 1차 간담회

(가) 2018.04.25. - 'GSP 참여종돈장 간 협력회의' 1차 간담회 실시

○ (주)가야육종 GSP 사업 추진현황

- 종돈장간 유전자원 핵군 AI센터 설립 후 5월 중 완공 예정

○ GSP 참여종돈장 방역위생 관리규정

- GSP 참여종돈장 방역위원회 구성 확립
- 기존 GSP 참여종돈장의 등급 조정 절차방법 변경

○ GSP 사업 실무자 교육 및 회의 운영방안

- 참여종돈장 실무자 교육
- 참여종돈장 실무협의회 운영방안
- 참여종돈장별 우수 종돈 개량 현황

(2) GSP 참여종돈장 간 협력회의 2차 간담회

(가) 2018.06.27. - ‘GSP 참여종돈장 간 협력회의’ 2차 간담회 실시

○ GSP AI센터 관리규정(안)

- GSP AI센터 정기 질병검사 연 1회만 실시(질병검사 항목 조정) 합의

○ 기타토의

- 종모돈 사용에 따른 정액 공유방안 측정치 최대 기준으로 수정
- 3월 말 구제역 발생에 따른 유전자원 교류 중단 재개 후 보완내용 삽입

(3) GSP 참여종돈장 간 협력회의 임시 간담회

(가) 2018.07.10. - ‘GSP 참여종돈장 간 협력회의’ 임시 간담회 실시

○ 정액 공유 프로그램

- 유전자원 공유 속도 촉진 방안 협의
- ㈜가야육종 GSP AI센터 설립 지원 공유시기 재확립
- 정액 공유 프로그램 횟수 증대 및 교배 방안 상회조정(2%→10%)

○ GSP AI센터 관리규정

- 2018.07.11.까지 수정(안) 제출
- 일부 종돈 관리를 GSP AI센터에 입식 방안 제안 후 실무자회의를 통해 확정

○ 참여종돈장의 개량현황 모니터링

- 농장별 선발압(선발강도, 세대간격)등 정보공개 및 검토모니터링 계획수립 후 시행

○ GSP 선발지수 활용

- 각 종돈장의 GSP 선발지수 사용 시기 결정 통보 및 시행
- 과제 및 실무자회의 통해 각 종돈장의 GSP 선발지수 모니터링, 선발 강도 제시

○ 과제책임자회의 개최

- 실무자회의 안건 논의 확정 후, 실무자들에게 배포 결정

(4) GSP 참여종돈장 간 협력회의 3차 간담회

(가) 2018.09.20. - 'GSP 참여종돈장 간 협력회의' 3차 간담회 실시

○ GSP AI센터 관리규정(안) 보완 및 확정

- 제 1안 : 모든 참여종돈장은 의무적으로 GSP AI센터에 돼지 입식 후, 정액을 공유할 것.
- 제 2안 : 참여종돈장과 GSP AI센터 간 상호협약(돼지 입식)하며, 입식하지 않은 돼지 참여종돈장은 정액을 공급할 것.
- 제 3안 : GSP AI센터 미 운영 확립 후, 현재와 같이 참여종돈장의 GGP 농장 간 정액 공유할 것.

○ 기타토의

- 3차 간담회 실시 후, 최종적으로 관리규정 제 2안으로 결정하되, 현재 진행방식인 정액만 공급하는 것으로 합의

(5) GSP 참여종돈장 간 협력회의 4차 간담회

(가) 2018.12.05. - 'GSP 참여종돈장 간 협력회의' 4차 간담회 실시

○ GSP 종축사업 통합육종 추진점검 보고 및 논의

- 세대간격과 선발간격 증대비용 관련 조율 협의(종축사업 or 정책건의)
- 육종자원 통합을 통해 집단의 크기를 키우고, 산·학·연의 전문성을 연계를 통해 이후에도 육종집단의 규모 확대와 개량 시스템을 정교하게 다듬는 작업을 추진

○ 기타토의

- 동결정액 제조공정기술 실현 가능여부 합의 결정
(주)다비육종: 2019년 상반기(6월 중), (주)가야육종: 2019년 3,4분기(9월 중)
- 동결정액제조 품질 확인 및 활성화 기록 후 보관과정 확립
- 돼지 동결 정액은 GSP 참여 종돈장의 우수한 유전자원을 보전하고 종돈장 간 유전적 연결을 강화하는데 의미
- 후대 자손 검정을 통해 보존 씨수돼지의 유전 능력과 참여 종돈장의 돼지 개량 모습을 관찰함으로써 유전자원을 분산해 보존하고 실용화 할 수 있는 장점
- 내년 과제 과업(참여종돈장별 육종 데이터 분석) 문제점 도출 및 방법 방안 도출

다. GSP 참여종돈장 간 협력회의(3차년도)

(1) GSP 참여종돈장 간 협력회의 1차 간담회

(가) 2019.04.11. - 'GSP 참여종돈장 간 협력회의' 1차 간담회 실시

- 세대간격 및 선발간격 개선을 위한 지원방안(안)
 - 종돈장이 원하는 개량목표(선발강도, 선발간격)의 가이드 제시와 관련하여 필요성을 인식하고 정부정책과제로 제안하기로 함.
- 디엔디 GGP 농장의 GSP사업 참여현황 및 차후계획
 - 상반기 안으로 각 참여종돈장별 대안을 만들기로 함(정피엔씨연구소).
 - 관련 안을 제시할 수 있으나, 결정은 GSP 종축사업단에서 해야 함.
 - 기준안이 만들어지면 협력회의를 거쳐 대표자 회의에서 보고 후, 최종결정은 GSP 종축 사업단에서 하는 것으로 함.
- 종돈장별 분기별 육종 데이터 분석 결과 보고
 - 육종데이터 분석결과로 선발해 온 방향의 옳고 그름을 판단함.
 - 향후 이에 대해, 점검이나 자문 요청이 필요하다고 봄.
- 사료효율의 가중치 설정(차기회의 보고)
 - 현재 (주)다비육종은 기계설치가 완료되었고, (주)선진은 준비 중에 있으며, 사료효율 가중치에 대해서는 다음 회에서 보고하는 것으로 함.

(2) GSP 참여종돈장 간 협력회의 2차 간담회

(가) 2019.06.26. - 'GSP 참여종돈장 간 협력회의' 2차 간담회 실시

- 세대간격 및 선발 간격 개선을 위한 지원방안(안)
 - GSP사업의 개량목표치에는 2021년까지 사료요구율을 2.2로 향상시키려는 목표가 있으나, 아직 선발 지수에는 세 가지 형질(생존산자수, 90kg 도달일령, 등지방두께) 중심으로 되어있기에, 신속히 사료요구율에 대한 검토가 필요함.
 - 국내시장에서의 RFI의 추정과 이에 대한 활용은 해외 양돈시장보다는 사료효율을 개량하되, 등지방두께를 꼭 필요한 형질로 생각해야함.
 - 위의 결과를 토대로 여러 농장에서 모여진 더 많은 사료섭취량 자료를 이용한다면, 품종 등을 구분하여 더 정확한 추정이 가능할 것으로 생각함.
- GSP 종축사업 참여종돈장 의무이행각서
 - GSP 종축사업 참여종돈장 의무이행각서 수정확정안 통과
 - 종모돈 정액 이용에 대하여 '계획교배 실시 원칙'이라는 문구 변경 후, 탄력적 운용
- (주)다비육종 GSP 추진현황
 - 도체 형질, 개량량에 대하여 향상시키기 위한 방안 모색
- GSP 유전자원 공유 실적 보고
 - GSP 유전자 공유 자돈 검정 구수

- GSP 유전자 공유 수돼지 교배실적
- GSP 유전자 공유 종돈 분만 현황
- GSP 유전자 공유 후보돈 선발
- GSP 유전자 공유 수돼지 자손의 검정성적

○ GSP 참여종돈장별 육종 데이터 분석 결과

- 국내 FCR 측정은 아직 초기 단계임
- 더 많은 농장별 데이터 축적과 분석이 필요함.
- FCR과 타형질과의 좀 더 많은 상관관계의 추가 연구가 필요함.
- FCR과 RFI와의 상관관계의 추가 연구 필요함.
- 국내 입장은 등지방 두께를 낮추는 추세이므로 당분간 FCR측정 장식이 권장됨.
- 경제적 가중치는 산자수에 준함(선발지수 30~40% 반영).

○ 사료효율의 가중치

- 사료효율 측정은 6월분 합쳐 2분기 실적보고를 차기회의로 보고토록 함.
- 사료효율의 가중치 확정에 관한 문제를 차기회의로 보고토록 함.
- 사료효율분석결과를 차기회의로 보고토록 함.

(3) GSP 참여종돈장 간 협력회의 3차 간담회

(가) 2019.09.25. - 'GSP 참여종돈장 간 협력회의' 3차 간담회 실시

○ 사료효율 측정 결과(2019년 3분기 실적)

- GSP유전자공유 교배실적(받은 농장 기준)
- GSP유전자공유 자돈 검정두수(전체)
- GSP유전자 공유한 수돼지 교배실적
- GSP유전자 공유 종돈 분만현황
- GSP유전자 공유 후보돈 선발현황(제1-3세부, 매월)
- GSP유전자공유 수돼지 자손의 검정성적

○ 단위 기간 당 유전적 개량량 및 육종가 추세 추정

- 유전적 개량량을 극대화하기 위해서는 큰 변화가 없는 가정 하에, 유전변이 및 정확도의 수준에서의 '선발강도'가 가장 중요한 항목임.
- 선발강도를 높이기 위해서는 육종가 기반으로 상위랭커의 개체들을 선발시킬 때, 선발강도가 높아지며 이 때 유전적 개량량을 극대화 시킬 수 있음.
- 각 검정 개체들 중에서 상위 35% 수준의 개체들을 선발할 때, 선발강도가 약 1.0 정도로 추정될 수 있으며, 최소한 선발강도의 값을 1.0 이상의 값을 갖도록 선발해야 유전적 개량량을 향상 시킬 수 있음.
- 발표자료는 GSP 유전능력평가자료(2019년9월)를 기준으로 계산되어진 유전적 개량량

이므로, 각 참여종돈장에서 검정차수별로 평가되어진 자료를 가지고 계산해야 정확한 선발강도를 계산할 수 있음(순위 및 육종가의 변화).

○ 사료효율분석 결과

- Raw Data 종합 및 정리
- Raw Data Imputation
- बै치 별 형질 data 산출
- FCR 및 RFI 계산

○ GSP 유전자원 공유현황

- 공동 평가를 위한 CR의 현황
- 유전자 공유 교배실적(받은 농장 기준치)
- 유전자 공유 자돈의 검정 실적

라. GSP 참여종돈장 간 협력회의(4차년도)

(1) GSP 참여종돈장 간 협력회의 1차 간담회

(가) 2020.06.18. - 'GSP 참여종돈장 간 협력회의' 1차 간담회 실시

○ GSP 후속사업 종돈분야 기획보고서 검토 협의 (영남대 김종주 교수)

- 1 프로젝트: 기업주도형 육종피라미드 통합 개량시스템 고도화의 한국형 종돈 개발
- 2 프로젝트: 국내산 돈육의 경쟁력 강화를 위한 소비자 맞춤형 차별화 종돈 개발
- 3 프로젝트: 국내 종돈 및 신 계통 조성을 위한 현장 지원 기술 개발
- 4 프로젝트: ICT 융복합 기술을 활용한 참여종돈장 방역, 위생체계 구축기술 개발
- ㈜다비육종

① 참여농장에 대한 자격의 정의나 내용을 수시로 확인하되, 공동연구를 통하여 혜택을 공유할 수 있는 역할이 필요함.

② 2 프로젝트의 브랜드 방식을 축소 내지는 삭제해야 함.

③ 하이 마블링은 버크셔나 흑돈이 아닌 기존의 품종으로 접근해야 하며, 생산목적이 아닌 종돈 개량에 대한 기술 개발이 목적이어야 함.

- ㈜가야육종

① 종자 조건을 합의해 품종의 순수성을 인정하여 지속적으로 주입 후, 문제점을 점차 해결해 나아가야 함.

- ㈜금보육종

① 웅치에 대해 거세를 안 해도 문제는 없지만 과연 육가공업체가 거세 하지 않은 돼지를 육가공업체에서 긍정적 반응을 할지 의문임.

- (주)정피엔씨연구소

① 2 프로젝트에서 버크셔나 흑돈은 돈육 경쟁력을 위해 필요하며, 4 프로젝트는 ICT를 농장에서 활용할 수 있게 응용하는 연구라고 언급함.

- (주)피그진코리아

① 흑돈은 불안정한 집단이며 옹치는 현장에서 적용하는 거에 대해 어렵기 때문에 제외했으면 함.

② 유전체 분석은 혈통 근거를 한 분석 보단 집단 검정으로 해야 하며, 3 프로젝트는 유전체가 이미 개발된 칩을 보완하면서 활용해야 한다고 언급함.

- GSP중축사업단 단장

① GSP과제의 최종목표는 기업 육성이기 때문에, 2단계에서 기업이 밀려하는 것이 아닌 적극적으로 과제를 이끌어 가야한다고 명시함.

○ 참여종돈장 통합육종조직체 구성 검토 협의(주)다비육종 민동수 대표)

- 국내 환경에 맞고 국제 경쟁력 있는 종돈개량

- 현재 한돈의 성적을 근거로 한 개량목표 설정

- GSP 사업 종료 시 참여종돈장이 자율적으로 주도하는 통합육종체계구축이 필요함.

- 종돈개량에 필요한 연구/개발기능을 공동으로 추진하여 효율 극대화

- 해외의존도를 낮추고 경쟁력 있는 개량 체계의 구축 요망

(2) GSP 참여종돈장 간 협력회의 2차 간담회

(가) 2020.11.17. - 'GSP 참여종돈장 간 협력회의' 2차 간담회 실시(비대면)

○ GSP 우수 유전자원 공유에 따른 효과 분석 (주)정피엔씨연구소 정영철 소장)

- (주)다비육종

① 우선, GP 모든 수 확인이 필요하며 직영종돈장만 포함 시켰다면 협력 종돈장을 포함하여 육종 피라미드 내에 속해 있는 모든 협력농장을 포함시켜야지만 덴마크와 비교하는 취지에 맞을 것이라 제시함.

② 생시체중 모든 형질로 하는 것보단 후.대 분만성적으로 제시하는 것이 적정함.

③ 유전자 공유 효과의 정확한 확인을 위해 대상형질에 대한 통계분석이 필요함.

④ 듀록의 증체 효과가 있는 것인지에 대해 확인이 필요하며, 번식성적의 차이를 제시하는 것은 큰 의미가 없다고 함.

⑤ 유전자 공유를 선발대상축의 확대 의미인 '혈연연결'에 같이 수치를 포함해 주면 좋을 것 같다고 함.

⑥ 유전자원 고유 효과 극대화 방안으로 제시된 순종돈 교체율 상향과 검정두수 확대

는 GGP농장의 비용증가를 수반하기 때문에 구체적인 검토가 필요함.

- ㈜선진한마을

① 공유 주관자의 주도 하에 유전자원 공유 지속하기로 함.

- 농협중돈개량사업소

① 유전자원 교류는 GSP사업의 필수조건이며, 현재 공유량보다 확대가 필요함.

② 종돈장 참여 확대를 통한 유전자원 교류 및 공유가 필요함.

- ㈜가야육종

① 순종 1산 차 생산의 경우 개량 효과를 극대화 하였을 때의 측면에서는 동의를 하지만 자체적으로 검토 후 고려예정 해야 함.

② GGP, GP, PS 통합분석 및 유전체 육종 분석시스템에 대해서는 전적으로 동의

○ POST GSP 조직구성 및 기능 (㈜다비육종 민동수 대표)

- ㈜선진한마을

① GSP 조직구성을 왜 만들려고 하는가?

② POST GSP 과제를 새로운 형식으로 기획하고 있지는 않은가?

③ 종돈생산자협회와의 관계는?

④ 참여종돈장이 지분 출자하여 법인을 만드는데 조합(농협, ㈜가야육종)이 가능한가?

- 농협중돈개량사업소

① GSP사업은 국가 연구사업으로서, 한국형 종돈의 개발 및 확대에 목적성을 가지고 있으나, 2013년 이후 현재까지 큰 성과를 거두지 못했다 생각됨.

② 국가중심이 아닌 민간 중심의 (가칭)한국형 종돈 설립은 보다 심사숙고하여 결정할 필요가 있다고 사료됨.

③ 정부, 학계, 산업계 등 관련 조직간 다양한 의견수렴 과정을 거쳐 결정이 필요함.

- ㈜가야육종

① 설립취지에 대해 이해하고 있지만, 가육종은 종돈장 설립배경과 목적성이 다르고 개량 추진 목표가 상이할 수 있기에, 회사법인 설립은 시기상조라 생각함.

- ㈜정피엔씨연구소

① 전문적인 기능별로 나누어 조직구성을 하는 것이 바람직하다고 제시함.

- 경북대학교

① POST GSP 종돈의 해외 수출 목표일 경우, 가축전염병 발생에 따른 국가 간 제약이 있을 때, 목표 달성 자체가 불가능하므로 GSP 종돈 수출 목표를 대체 할 수 있는 방안이 필요하다고 사료됨.

○ 대덕GGP, 금보DDF의 준회원 농장의 참여농장 승격에 관한 건 (경북대 박최규 교수)

- ㈜다비육종

- ① 참여농장 승격에 관한 개정안을 개선하는 것에 동의함.
- ② 실제 청정화를 추진하는 기간이 당초 가정한 기간보다 지연되므로 청정화 가능성이 있는 GGP농장에 대한 추가적인 기간 연장 조치는 반드시 필요하다고 생각함.
- ③ GSP 참여종돈장이 위생방역 수준 저하로 인하여 준 GSP 참여종돈장으로 조정되어 해당 위생방역 요건을 다시 충족할 경우, 복귀시킬 수 있는 위생 방역 관리 기준을 수정할 필요가 있다고 사료됨.
- ④ 실제로, 현재 GSP 참여종돈장이 모두 우수종축업체인지 확인이 필요하며, 인증사업과 연계하여 시일을 늦출 이유가 없다고 제시함.

- ㈜선진한마을

- ① 참여농장 승격에 관한 개정안을 개선하는 것에 동의함.
- ② PRRS 청정화 작업이 무난하게 추진되는 중이라면 준회원으로 유지하는 것에 대해 가능하다고 함.
- ③ 참여농장으로 승격 시, 반드시 항체, 항원 모두 음성이어야 함(우수인증업체 인증여부, 연 2회 심사가 아닌 필요시 심사할 수 있도록 변경 요청 제안)

- 농협종돈개량사업소

- ① 참여농장 승격에 관한 개정안을 개선하는 것에 동의함.

- ㈜금보육종

- ① 참여농장 승격에 관한 개정안을 개선하는 것에 동의함.

- ㈜가야육종

- ① 참여농장 승격에 관한 개정안을 개선하는 것에 동의함.
- ② GSP참여종돈장이 PRRS 청정화에 대해 의지가 있다면 개정안을 통하여 자격을 유지시키는 것이 타당하다고 생각됨.

마. GSP 참여종돈장 간 협력회의(5차년도)

(1) GSP 참여종돈장 간 협력회의 1차 간담회

(가) 2021.04.16. - 'GSP 참여종돈장 간 협력회의' 1차 간담회 실시(비대면)

○ POST GSP시 검토될 조직에 관한 건(㈜정피엔씨연구소 정영철 소장)

- ㈜다비육종

- ① 현재까지의 연구는 사업자 중심이 아닌 연구자 중심으로 진행 되었으나, 정부지원

이 힘들 경우, 사업대표자 회의로 운영되어야 함.

- ② 기획은 사업자가 하되, 연구는 연구자들이 할 수 있도록 파트를 나눠 맡아서 진행해야 함.
- ③ 이원화 사업 관련하여 중복성 문제가 발생할 염려가 있기 때문에 일원화 하는 것이 좋다고 제시함,
- ④ 본 사업과 관련하여 여러 연구기관이 같이 진행하고 있으나, 파트를 배분할 때는 대표자회의에서 정하는 것이 좋다고 봄.

- (주)선진한마을

- ① GSP사업은 사업자가 주축이 아닌 연구자 중심이라는 것을 명시함.
- ② 각 농장의 육종 의견을 내면 조압할 수 있는 하나의 컨트롤타워(운영조직)가 필요함.
- ③ 지금까지 GSP 2단계와 POST GSP REF에도 사업자 의견이 반영이 되지 않았음.

- 농협중돈개량사업소

- ① 현재 CNPS 사업 관련하여 사업자 중심이며 성과를 내는 중이라 함.
- ② 협동조합은 법인 설립 출자 관련하여 어려우며, 통합교류를 통해 연구자와 협의하여 이원화 하는 것이 좋다고 봄.

- (주)금보육종

- ① 다비육종의 의견에 동의하며, 주식법인은 힘들지만 조합으로 할 경우 문제가 없다고 명시함.
- ② 주식법인과 조합은 다른 양상이므로 같이 상생해야 함.

- (주)가야육종

- ① CNPS사업을 적극적으로 활용해야 함.
- ② 궁극적으로 이원화로 공유함으로서, 연구자는 사업자와 소통해야 한다고 함.

○ 현재까지의 개량성과(주)정피엔씨연구소 정영철 소장)

- (주)가야육종

- ① 유전공유 부분 관련하여 전체 사업자가 참여하여 논의해야 함.

- (주)정피엔씨연구소

- ① 유전자 공유로 통합육종개량이 필요함.
- ② 정부지원 끊긴 상태일 경우, 참여농장들의 의견이 중요함.
- ③ 대전제만 살리면 괜찮다고 봄.

- (주)피그진코리아

- ① 사업자 중심의 통합육종개량이 이루어져야 함.
- ② 육종은 해야 할 일이 명확하기 때문에 반드시 종돈장의 의지가 반영되어야 함.
- ③ 지난 9년 간 종돈장의 방향이 제대로 반영되지 않았음.
- ④ 규모가 작으면 국제경쟁력 확보가 어렵기 때문에 같이 협의해야 함

(2) GSP 참여종돈장 간 협력회의 실무 협의회

(가) 2021.07.20. -‘GSP 참여종돈장 간 협력회의’ 실무 협의회 실시(비대면)

○ 참여종돈장간 우수 유전자원 정액 공유

- GSP사업 참여종돈장 정액공유방안 활용
- 우수 유전자원 정액에 대한 가격 관련 상호협의 결정

○ 참여종돈장 유전체 자료 공유

- 국립축산과학원 동물유전체과에서 유전체 자료(표현형자료 포함)를 공유 요청함.
- ㈜피그진코리아, 전북대학교, ㈜정피엔씨연구소 등 추후 자료 취합 및 보관 논의
- 국립축산과학원 동물유전체에서 자료취합, 이용 및 공유 관련 구체적인 의견 부재
- 참여종돈장 실무협의회

① 자료 공유를 하지 않기로 결정함.

- 추후 동물유전체과 담당자가 참여종돈장 실무협의회에서 자료 보관, 이용 및 공유에 대한 사안을 제시함.

(3) GSP 참여종돈장 간 협력회의 2차 간담회

(가) 2021.09.02. -‘GSP 참여종돈장 간 협력회의’ 2차 간담회 실시 (비대면)

○ 업무협약 인준에 관한 건

- 업무협약서: 업무협약서는 원안대로 가결되었음.
- 의장선출: 초대 의장으로(주)다비육종의 민동수 대표로 선임함.
- 사무국 지정: 실무자회의 소집, 안건 상정, 회의록 작성 등의 역할을 담당하며, 의장이 소속된 회사에서 담당하기로 정함.

[제 2 세 부 : GSP 참여종돈장 통합육종을 위한 자료수집 및 관리]

1. 개량돈군 조성

가. 개량 기초돈군

| 업체명 | Y | L | D | 계 | 비고 |
|------------|-------|-----|-----|-------|---------|
| 가야 | 550 | 60 | 50 | 660 | |
| 금보디디에프 | 330 | 30 | 70 | 430 | |
| 농협 종돈개량사업소 | 297 | 103 | 150 | 550 | |
| 다비 육종 | 888 | - | 150 | 1,038 | 삼성, 디앤디 |
| 선진한마을 | 298 | 255 | - | 553 | 단양 |
| 신청봉 | 166 | 125 | - | 291 | |
| 합 계 | 2,529 | 573 | 420 | 3,522 | |

* 1단계(2013-2016) 최종 돈군 규모에 신규 참여 업체 가야 추가

나. 변동 사항

(1) 신규 GGP 추가 참여

- 다비의 성진GGP와 선진의 태안GGP 농장이 신규로 종돈을 입식하여 참여종돈장에 합류

(2) 신청봉

- PRRS발생(2014년 10월)하여 안정화와 청정화 계획을 추진하였으나 음성화 되지 않았음.
- 'GSP참여종돈장 간 협력회의(2017. 5. 24)'에서 신청봉의 GSP참여종돈장 자격이 충족되지 못하므로 참여종돈장에서 제외

(3) 디앤디 참여 중단

- 세균성질병 청정화로 인한 GSP 참여중단(2019, 10, 1.)

(4) 금보디디에프

- PRRS 발생(2019. 8.), “GSP 참여종돈장”에서 “준GSP 참여종돈장”으로 등급 조정(2019. 8. 15.)후 안정화 및 청정화 실시
- 우수 종축업체 인증(2021. 8. 30.)후 방역위원회 심의를 통하여 GSP 참여종돈장으로 복귀(2021. 9. 17.)

(5) 대덕GSP

- PRRS 발생(2019.11.)하여 “GSP 참여종돈장”에서 “준GSP 참여 종돈장”으로 등급 조정 (2019.12.1.)후 안정화 및 청정화 실시
- 우수 종축업체 인증(2021.5.25.)후 방역위원회 심의를 통하여 GSP 참여종돈장으로 복귀 (2021.7.1.)
- GSP 종돈장 위생방역관리규정(2019.4.24.)에 의거 방역추진계획의 성실한 이행조건 하에 참여종돈장의 자격유지, 지원제공

(6) 두록

- 다비의 두록 돈군을 삼성에서 대덕으로 전환

다. 조성된 개량돈군(2021. 9. 30.)

| 구분 | | Y | L | D | 합계 |
|-----------|----|-------|-------|-----|-------|
| 가야 | 산청 | 500 | 50 | - | 550 |
| | 고성 | - | - | 55 | 55 |
| 금보디디에프 | | 392 | 8 | 28 | 428 |
| 농협종돈개량사업소 | 불갑 | 100 | 250 | 150 | 500 |
| | 수옥 | - | 200 | - | 200 |
| 다비 육종 | 성진 | 494 | 179 | - | 673 |
| | 대덕 | 444 | - | 185 | 629 |
| 선진한마을 | 단양 | 292 | 276 | - | 568 |
| | 태안 | 200 | 194 | - | 394 |
| 축산과학원 | | - | - | 150 | 150 |
| 합 계 | | 2,422 | 1,157 | 568 | 4,147 |

2. 통합 DB 구축

가. GGP

(1) 농장별 자료 수집 건수(2021년)

| 구분 | 개체자료 (두) | 검정자료 (두) | 번식자료 (복) | 합계 |
|---------------|-------------|-------------|-------------|---------|
| 가야(산청) | 4,412 | 2,262 | 803 | 7,477 |
| 가야(고성) | 565 | 316 | 67 | 948 |
| 금보디디에프 | 5,553 | 2,196 | 715 | 8,464 |
| 농협중돈개량사업소(불갑) | 3,816 | 3,476 | 850 | 8,142 |
| 농협중돈개량사업소(수옥) | 1,858 | 981 | 331 | 3,170 |
| 다비육종(대덕) | 6,245 | 4,910 | 947 | 12,102 |
| 다비육종(디앤디) | 4,562 | 2,700 | 796 | 8,058 |
| 다비육종(성진) | 6,356 | 6,320 | 966 | 13,642 |
| 선진한마을(단양) | 15,647 | 3,747 | 1,063 | 20,457 |
| 선진한마을(태안) | 13,293 | 4,709 | 997 | 18,999 |
| 축산과학원 | 170 | 170 | 34 | 374 |
| 합 계 | 62,477 | 31,787 | 7,569 | 101,833 |

(2) 최종 수집 건수

| 구분 | 개체자료 (두) | 검정자료 (두) | 번식자료 (복) | 합계 |
|-----------|-------------|-------------|-------------|-----------|
| 2016년 말 | 787,428 | 293,192 | 87,510 | 1,168,130 |
| 2017년 | 96,957 | 44,853 | 10,600 | 152,410 |
| 2018년 | 87,366 | 45,389 | 10,503 | 143,258 |
| 2019년 | 81,870 | 39,209 | 10,091 | 131,170 |
| 2020년 | 82,520 | 36,996 | 9,602 | 129,118 |
| 2021년(최종) | 62,477 | 31,787 | 7,569 | 101,833 |
| 합 계 | 1,198,618 | 491,426 | 135,875 | 1,825,919 |

나. GP

(1) 2021년 농장별 집계

| 업체명 | 번식자료(복) |
|-----|---------|
| 다비 | 2,240 |
| 선진 | 5,660 |
| 합 계 | 7,900 |

(2) 연도별 수집 두수

| 업체명 | 번식자료(복) |
|-----------|---------|
| 2016년 말 | 166,117 |
| 2017년 | 15,770 |
| 2018년 | 16,586 |
| 2019년 | 13,839 |
| 2020년 | 14,026 |
| 2021년(최종) | 7,900 |
| 합 계 | 234,238 |

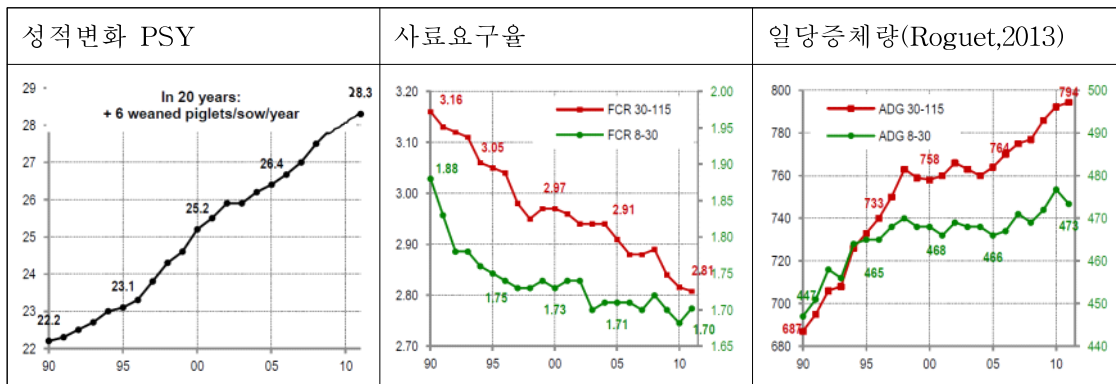
3. 사료효율

가. 사료효율

(1) 사료이용효율(사료요구율과 RFI)

○ 돼지는 사료로 돼지고기를 생산한다. 사료는 돼지고기 생산비에서 가장 많은 비중을 차지하는 것으로 적게는 50%에서 70%의 생산비를 차지하고 있다. 사료를 효율적으로 이용하는 것이 돼지고기 생산하는 농가의 수익을 좌우한다. 특히 우리나라와 같이 사료원료를 거의 전량 외국으로부터 수입하는 경우 사료이용성이 더욱 중요해 진다.

○ Nucleus 자료에 의하면 지난 30년간 돼지의 주요 경제형질은 PSY가 22두에서 28두로, 일당증체량이 680g에서 780g으로 개량되었으며 사료요구율도 3.16에서 2.81로 개량되었다.



○ 세계적으로 돼지의 사료요구율을 0.01 개선하면 돼지고기를 생산하는 데 소요되는 사료

를 140만톤(약 6,000억원) 절감할 수 있다. 사료효율은 상황에 따라 달라질 수 있으며 축종별로는 다음과 같은 경향이 있다.

| | FCR | Killing out % | FCR Dead wt. |
|---------------------------|------|---------------|--------------|
| Salmon (farmed) | 1.17 | 82 | 1.4 |
| Broiler chickens | 1.65 | 72 | 2.3 |
| Pigs GB (7.8 – 102kg) | 2.37 | 75 | 3.2 |
| Beef Cattle (grain fed) | 6.0 | 56 | 10.7 |
| Denmark (7.1-107kg) | 2.47 | 75 | 3.3 |
| Netherlands (7.6-116.4kg) | 2.45 | 75 | 3.3 |
| France (6.9 -116.6kg) | 2.57 | 75 | 3.4 |
| USA (6 -124kg) | 2.67 | 75 | 3.6 |

(2) 사료요구율(효율)

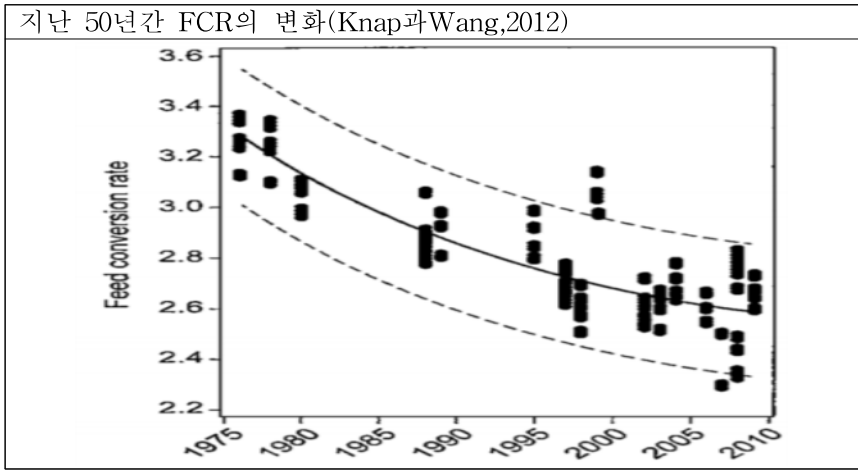
- 사료이용성은 그 동안 사료효율 또는 사료요구율로 증체량과 사료섭취량 계산하는데, 각 개체별로 사료섭취량을 측정하는 것이 어려워서 간접선발에 의존하여 개량하기도 했지만, 최근에는 일당증체량에 의해 좌우되지 않고 독립적인 사료이용성을 연구하게 되었고 RFI(사료섭취잔량)가 사료이용성 개량에 활용되고 있다.

(가) FCR/FE(사료요구율/사료효율)의 정의

- 사료효율은 섭취한 사료와 증체량으로 결정한다. 증체량은 생체중, 도체중, 정육 등으로 표시하기도 한다. 또한 섭취한 사료비, 에너지 등으로 경제성을 표시하기도 한다.

(나) FCR/FE(사료요구율/사료효율)의 개량

- FCR의 유전력은 중도의 유전력이다.
- 유전상관은 등지방과 성장률은 역방향, 성장률과 등심면적은 같은 방향을 가지고 있다.
- 유전상관 등을 이용해서 증체량, 등지방두께, 등심면적 등으로 사료효율을 간접적으로 개량해 왔다.
- 지난 50년간 FCR의 개량(변화)가 그래프에 나타나있다. 이 그래프는 덴마크, 프랑스, 독일, 네덜란드에서 비육돈을 대상으로 조사한 것으로 교잡형태, 출하체중, 성별에 대해 보정하지 않고 있는 대로 103개 그룹의 비육용 교잡돈의 성적을 나타낸 것인데, 그룹에도 불구하고 일정한 경향으로 지난 세월동안 개량되었음을 알 수 있다(Knap와 Wang,2012).



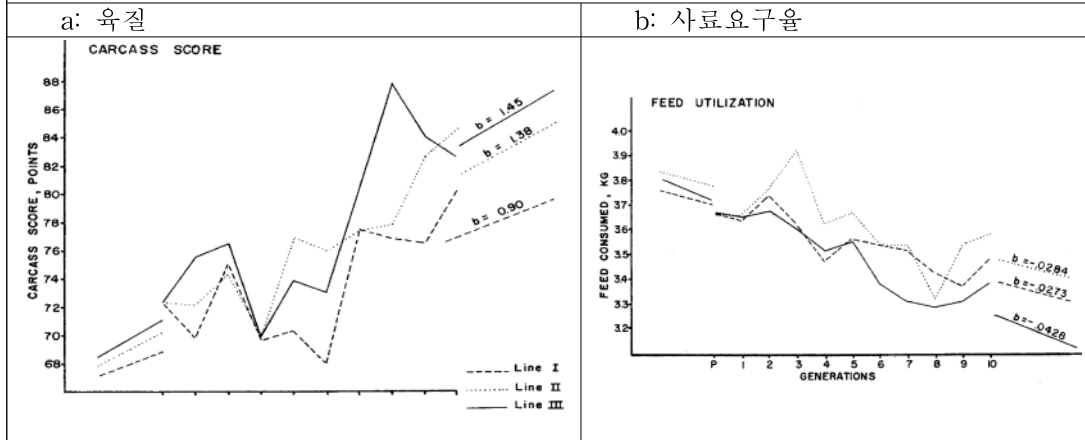
(다) FCR/FE(사료요구율/사료효율)의 측정

- 개체별 사료섭취량 측정기계가 도입되기 전까지는 개체별 사료섭취량을 측정하는데 많은 애로가 있었다.
- 돼지를 돈방에 개체별로 수용하여 측정하기도 했으며 두 마리의 동복 수태지 또는 거세돈을 한 방에 수용하여 사료량을 측정하기도 했다. 이 경우 측정하는 것도 쉽지 않지만 비육돈과의 사육환경이 달라 현장에 적용하는 데 어려움이 있었다.
- 개체별 사료섭취량을 측정하는 기계가 보급되고 이 때 발생할 수 있는 error를 발견하고 처리할 수 있는 방법이 개발되어 적용된 이후에는 산업적으로 활발하게 FCR에 대한 개량이 시도되고 있다.
- 비육전문 농장의 경우 전입된 자돈의 체중과 출하한 비육돈의 체중, 기간 중 급여한 사료량으로 전체 사료효율을 계산하여 사료요구율, 증체kg당 사료비 등을 계산하여 수익지표로 삼기도 한다.
- 사료섭취량만을 측정하는 것이 쉽지 않다. 사료를 섭취하는 중에 발생하는 허실도 같이 측정되기 때문이다.

(라) FCR/FE(사료요구율/사료효율)의 측정

- Bernard and Fahmy(1970)가 Canadian Yorkshire로 10세대에 거쳐 개량한 실험
 - FCR(계통I), 육질(계통II) 그리고 FCR과 육질을 동시에 선발(계통III)하는 연구
 - 3개 계통 모두에서 두 가지 형질이 모두 개량되는 동일한 결과를 얻게 되었다.
 - 그리하여 훨씬 돈이 적게 드는 육질(leanness;도체장, 등지방두께, 등심단면적, 삼겹등급으로 추정)로 개량하면 측정에 돈이 많이 소요되는 FCR을 개량하는 것과 동일하다는 판단으로 지난 20여 년간 선발 전략을 유지해 왔다.

3개 계통 10세대 선발 결과(Bernard and Fahmy,1970)



- 지난 20년 이상 사용해 온 Bernard and Fahmy(1970)의 결과는 유전력이 FCR은 0.11로 추정되어 매우 낮게 나타났는데, FCR은 동복 4두의(대부분 거세돈)의 성적을 사용하여 수퇘지의 육종가를 추정한 것으로 실제 개체의 성적을 개별적으로 측정한 것에 비해서 2/3를 과소평가하게 되어 결과를 호도하고 있다. 실제 FCR의 유전력은 평균적으로 0.34로 연구되고 있다.
- 개체별 사료측정기가 도입된 이후 종돈의 사료효율이 많이 개량되었으나 대부분 성장률이나 체조성이 개량되어 얻은 결과이다.
- 사료효율과 다른 형질과의 적절한 유전적 상관관계를 사용하는 것도 중요하다. Chesnais 와 Sullivan(2002)은 이전의 다른 연구에 비해 사료효율에 대한 간접선발의 정확도를 44%나 개선했다고 보고하였다.

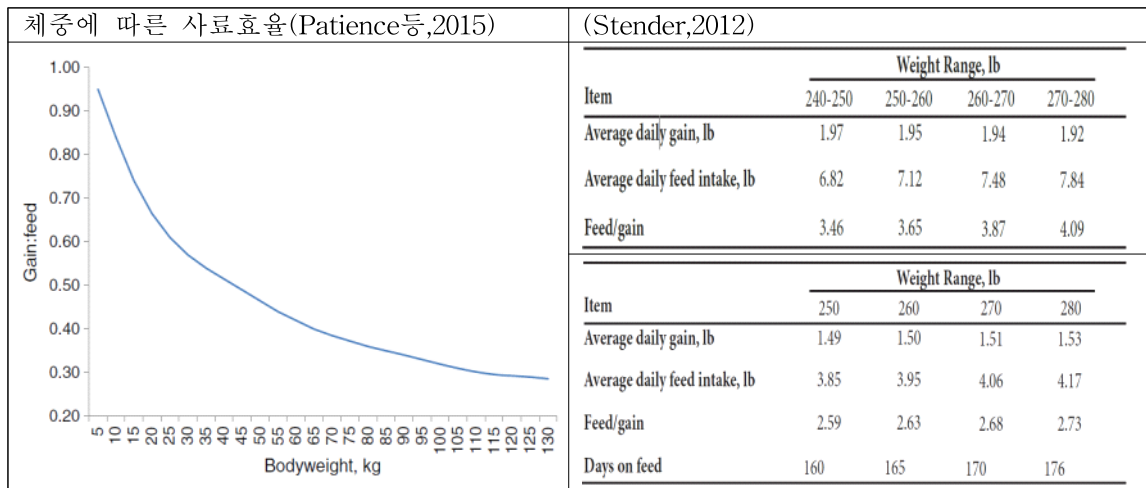
(마) 측정치의 보정

- 사료효율에 영향을 주는 요인은 별도로 다루겠지만 분석을 위해 통계적으로 보정이 가능한 것은 개시체중과 종료체중이다.
- 보정요구율 = 측정된요구율 + (50-개시체중)*0.005 + (250-출하체중)*0.005
 - Gaines등(2012)이 제시한 것으로 시작 50lb, 출하 250lb로 표준화해서 비교하기 위한 보정식이다.
 - kg으로 환산하면: 보정 = 측정 + (22.7kg - 개시체중) * 0.011 + (113.4kg - 출하체중) * 0.011
- 사료효율 보정 식(Goodband등,2008)
 - 자돈 구간 : 보정 F/G = 측정 F/G - 0.008*(종료체중 - 55 lb)
 - 비육구간 : 보정 F/G = 측정 F/G + (50 - 개시체중)×.005+(250 - 출하체중)×.005
- 이 외에도 사료곡물, 지방두께, 사료종류 등에 대해서 보정하기도 하는데, 처한 환경에 따라 공통적으로 보정할 수 있는 요인을 선정해야한다.

(바) 사료효율에 영향을 미치는 요인

○ 체중/검정기간(사료요구율 조사구간)

- 개시체중, 종료체중에 영향을 받는다. 종료 체중이 증가할수록 사료효율은 나빠진다.
 - 유지에 소요되는 사료가 더 많아진다.
 - 돼지의 성장이 단백질(수분75%) 위주에서 지방(수분25%)위주로 변화된다.
- 사료효율 전체 변이의 1/3이상이 성장기간에서 기인한다(Patience et al., 2015).
- 성장이 늦어 출하가 지연 : 육성 기간이 길어져 사료비의 40-50%가 증가한다.



- 도축체중도 영향을 준다. 100kg 이후에는 체중이 증가할수록 사료효율이 감소한다. 116kg에 도축한 경우 133kg에 도축했을 때보다 사료효율이 0.313에서 0.287으로 2.6% 감소한다(Latorre등,2004).

| Variable | Gender ^a | | | | Slaughter weight (SW), kg | | | | | Lineal response to SW | |
|-------------------------|---------------------|-------|--------|-------|---------------------------|--------------------|--------------------|--------|-------|-----------------------|-------|
| | B | G | SEM | P < | 116 | 124 | 133 | SEM | P < | R ² | P < |
| Initial wt, kg | 75.5 | 74.2 | 0.35 | 0.01 | 74.9 | 74.7 | 74.8 | 0.43 | 0.94 | | |
| Final wt, kg | 128.5 | 120.9 | 1.06 | 0.001 | 116.2 ^x | 124.4 ^y | 133.5 ^z | 1.30 | 0.001 | | |
| From 75 to 116 kg | | | | | | | | | | | |
| ADG, g/d | 869 | 775 | 18.3 | 0.01 | 843 | 809 | 813 | 22.5 | 0.51 | | |
| ADFI, kg/d | 2.79 | 2.43 | 0.049 | 0.001 | 2.69 | 2.53 | 2.62 | 0.060 | 0.17 | | |
| G:F, kg | 0.311 | 0.318 | 0.0033 | 0.11 | 0.313 | 0.321 | 0.311 | 0.0040 | 0.23 | | |
| Replicates, No. | 12 | 12 | | | 8 | 8 | 8 | | | | |
| From 116 to 124 kg | | | | | | | | | | | |
| ADG, g/d | 712 | 648 | 37.0 | 0.33 | — | 716 | 645 | 45.4 | 0.29 | | |
| ADFI, kg/d | 2.86 | 2.45 | 0.066 | 0.01 | — | 2.69 | 2.61 | 0.081 | 0.49 | | |
| G:F, kg | 0.249 | 0.264 | 0.0105 | 0.42 | — | 0.265 | 0.248 | 0.0129 | 0.37 | | |
| Replicates, No. | 8 | 8 | | | 8 | 8 | 8 | | | | |
| From 124 to 133 kg | | | | | | | | | | | |
| ADG, g/d | 827 | 729 | 31.8 | 0.29 | — | — | 778 | 38.9 | — | | |
| ADFI, kg/d | 3.31 | 2.75 | 0.108 | 0.09 | — | — | 3.03 | 0.133 | — | | |
| G:F, kg | 0.251 | 0.264 | 0.0048 | 0.33 | — | — | 0.257 | 0.0058 | — | | |
| Replicates, No. | 4 | 4 | | | 8 | 8 | 8 | | | | |
| From 75 kg to slaughter | | | | | | | | | | | |
| ADG, g/d | 848 | 752 | 15.1 | 0.001 | 843 ^x | 788 ^y | 769 ^z | 18.5 | 0.05 | 0.59 | 0.01 |
| ADFI, kg/d | 2.84 | 2.45 | 0.046 | 0.001 | 2.69 | 2.56 | 2.68 | 0.056 | 0.23 | | |
| G:F, kg | 0.298 | 0.307 | 0.0028 | 0.05 | 0.313 ^x | 0.309 ^y | 0.287 ^z | 0.003 | 0.001 | 0.61 | 0.001 |
| Replicates, No. | 12 | 12 | | | 8 | 8 | 8 | | | | |

○ 사료

- 입자 크기 : 입자가 작을수록, 균일할수록 효율이 좋아진다(Patience등,2011). 펠릿이 가루사료보다 사료효율이 좋다.
- 에너지, 아미노산, 광물질 비율.

- 제한 급이 : 사료량을 제한하면 넉넉할 때 사료를 허비하는 경향이 사라져서 효율이 개선된다. 사료섭취량이 감소하면 일당증체량은 감소한다. 무제한급이의 79%까지는 사료효율이 나빠지지 않았지만 72%로 감소하면 사료효율이 나빠졌다. 또한 사료를 제한급이하면 증체량이 감소하고 사육기간이 증가하여 전체적인 사료효율이 더 나빠질 수도 있다.
- 소화율: 사료(원료)의 소화율, 돼지의 소화율(개체마다 다른 상태, 개체별 변이)
- 비육기간 동안 세 가지 이상의 사료를 급여하는 것이 사료효율 우수

○ 사양관리

- 물과 사료에 대한 접근성
- 사료급이기 : 사료급이기의 형태 등에 따라 사료 허실이 10% 이상 차이가 발생한다. 경우에 따라 30%까지 차이가 발생하기도 한다.
- (Pierozaan 등, 2016)
 - 683배치, 495천두의 브라질 비육농장 성적 분석
 - 돈방당 두수: 돈방당 20두 이상인 경우 20두 이하보다 성적이 나쁘고
 - 사료급이기 : 일자형이 둥근 반자동 사료급이기보다 효율적으로 나타났다.
 - 일관사육보다는 자돈/비육을 전문적(SPU)으로 하는 농장이 우수

| 돈방당 두수, 급이기형태, 성별 등에 따른 FCR(Pierozaan 등, 2016) | | | | 두당 급이기 면적에 따른 FE |
|--|------------------------|--------------|-----------------|------------------|
| Variable | Category | Mean (kg/kg) | Estimate (s.e.) | |
| Intercept | - | - | 1.43 (0.10) | |
| N ^o pigs per pen | < 20 | 2.40 | -0.05 (0.01) | |
| | > 20 | 2.45 | 0 | |
| Type of feeder | Others (linear dump) | 2.41 | -0.03 (0.01) | |
| | Conical semiautomatic | 2.44 | 0 | |
| ORIGSEX | SPU/barrows | 2.43 | -0.02 (0.01) | |
| | SPU/females | 2.40 | -0.05 (0.01) | |
| | SPU/mixed | 2.42 | -0.03 (0.01) | |
| | Farrow-to-finish/mixed | 2.44 | 0 | |

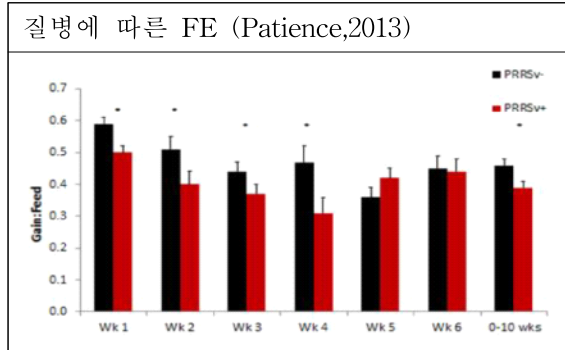
사료급이기는 반자동급이기, SPU는 비육전문농장

(cm/두), (Patience, 2013)

- 적정사료량 급여 : 많으면 허실, 적으면 유지에 대부분 사용되어 성적저하
- 두당 급이기의 면적이 클수록 성적이 좋다(Patience, 2013).

○ 돼지의 내부요인

- 건강상태 : 개체에 따라서 변이는 더욱 심해서 1.8-10까지도 나타날 수 있다. 10인 경우 질병상 문제가 있는 개체이다. 질병의 영향이 있을 때 10-15% 증가



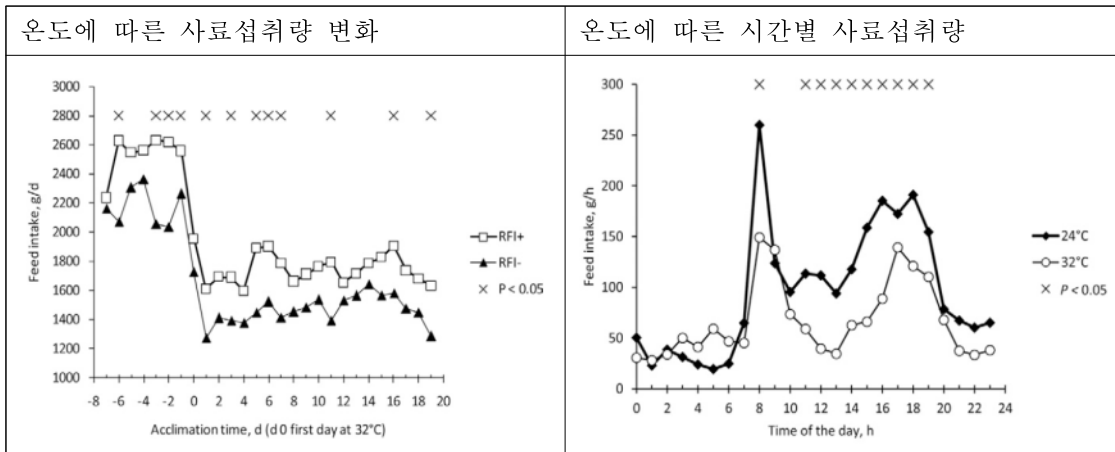
- 개체별 체조성, metabolism(대사작용)등도 사료효율에 영향을 미친다.

○ 성별

- 수태지, 암태지, 거세돈의 사료효율이 다르다.

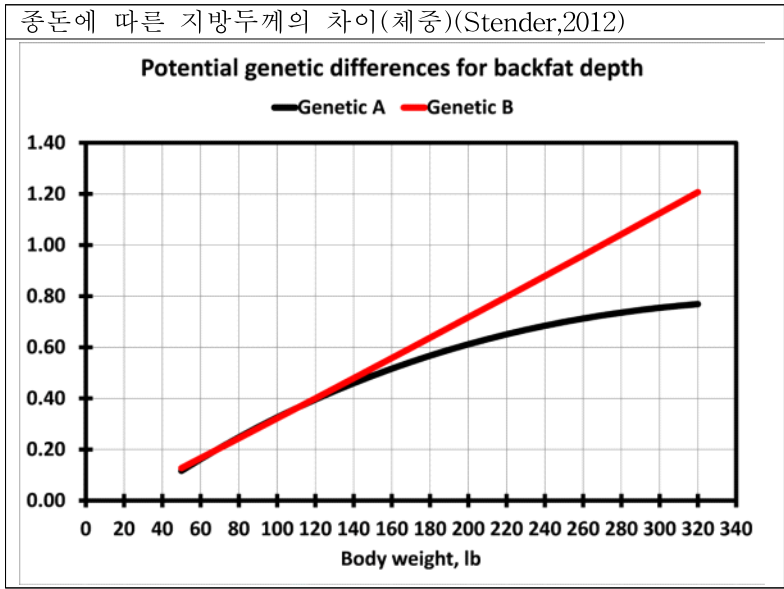
○ 온도

- 돈사의 온도가 낮을 때 1도 감소할 때마다 0.08 사료요구율 증가
- 24도 보다 32도에 있을 경우 사료섭취량이 감소한다(Renaudeau, 2013).



○ Genetics; 종돈

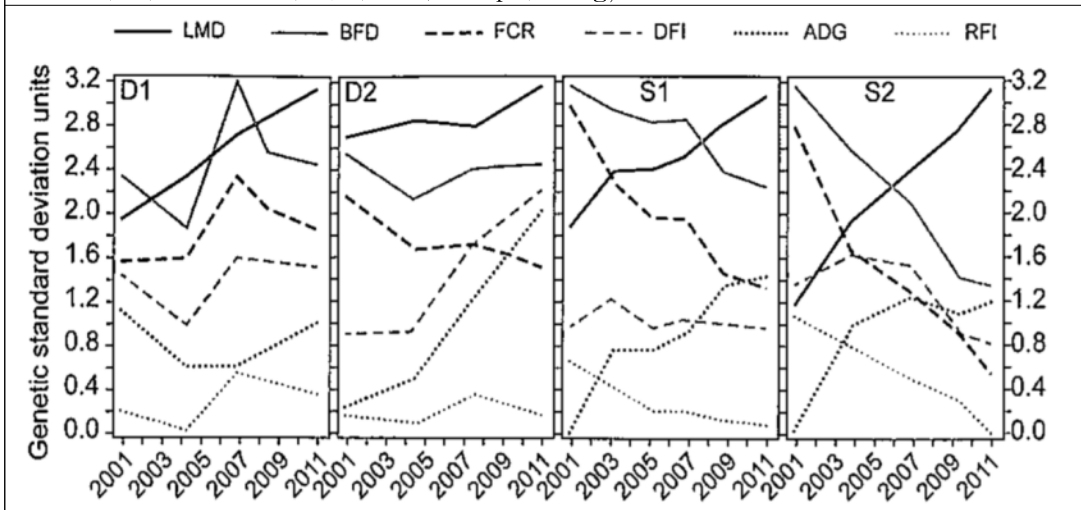
- 종돈에 따라서 후반기 지방축적이 많아질 수 있다.



(사) 다른 형질과의 상관관계

- 일당증체량이 동일하면서 사료섭취량이 감소하면 사료효율이 개선된다.
- FCR과 ADG, BF등과는 변이가 중복되는 경향이 있고, 상황에 따라 FCR이 영향을 받아서 상관관계가 명확하지 않았다.
- Knap과 Wang(2012)
 - 10년간의 변화 그래프는 PIC의 4개 계통에 대해서 FCR가 개선되는 방향으로 개량한 결과이다.
 - 번식형질이나 강건성 등 다른 항목들도 동시에 개량하였으나 FCR과 연관이 있는 형질의 변화를 통해 서로의 영향을 파악할 수 있다.
 - 일당증체량이 동일하면서 사료섭취량이 감소하면 사료효율이 개선되는 등 개량 전략의 변화에 따른 상호 변화 등을 파악할 수 있다.

PIC 4개 계통 10년간의 성적 변화(Knap과Wang,2012)



- 2010-2012년에 생산된 3원교잡종 (139D수와 교배된 429F1) 6408두 중 2100두는 육질 검사까지 마쳤다. 일부 돼지는 FCR을 개체별로 측정했다. FCR과 다른 측정형질과의 상관관계를 추정하였다. FCR과 육질과는 유전적 상관관계가 없는 것으로 나타났다 (Miar등,2014).

| 항목 | 유전력 | FCR과의 표현상관 | FCR과의 유전상관 |
|-----------|-----------|------------|------------|
| FCR | 0.20±0.06 | - | - |
| 생시체중 | 0.26±0.08 | - | - |
| 이유체중 | 0.07±0.07 | - | - |
| 자돈체중 | 0.24±0.16 | - | - |
| 출하체중 | 0.38±0.08 | 0.33±0.04* | 0.04±0.21 |
| 일당증체 | 0.30±0.08 | 0.31±0.04* | -0.19±0.20 |
| BF(초음파) | 0.45±0.07 | 0.28±0.04* | 0.39±0.17* |
| 등심깊이(초음파) | 0.38±0.07 | 0.21±0.05* | 0.05±0.21 |
| IMF(초음파) | 0.26±0.06 | - | - |
| 도체중(온,냉) | - | 0.41±0.05* | 0.15±0.28 |
| 등심깊이 | - | -0.09±0.06 | 0.30±0.20 |
| 도체장 | - | -0.09±0.07 | -0.21±0.18 |
| 등심면적 | - | 0.27±0.07* | 0.33±0.24 |
| 조리 손실 | - | -0.01±0.06 | 0.08±0.25 |
| 전단력 | - | -0.06±0.06 | -0.09±0.23 |
| pH | - | -0.01±0.06 | -0.30±0.30 |
| 보습력 | - | 0.11±0.08 | 0.13±0.27 |

■ RFI(Residual Feed Intake; 사료섭취잔량)

○ 사료효율은 사료섭취량에 대한 증체량의 비율로 측정하는데, 직접적인 선발이 용이하지 않다. 이유는 이들 형질을 측정하는 것이 쉽지 않을 뿐 아니라 비율로 측정한 형질에 기인하는 문제가 있기 때문이다.

○ 정의

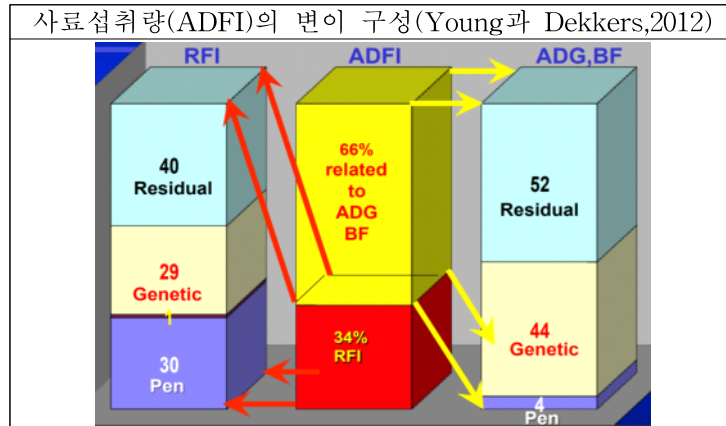
- RFI는 사료의 효율을 측정하는 여러 가지 방법 중 하나로 생산형질과의 비율로 측정되는 FCR의 대안으로 제시되고 있다.
- RFI는 유지와 체중을 증가시키는 것이 모두 사료효율에 영향을 미친다는 개념에서 출발하였다.
- 돼지가 섭취하는 사료의 활용은 두 부분으로 나눌 수 있다. 생산을 위한 부분과 나머지부분이다.
- 섭취된 사료의 나머지부분(RFI)은 돼지가 생산(유지 및 증체)에 사용하기 위해서 필요한 사료량을 벗어나는 부분으로 중도의 유전력이 있으며 낮은 쪽이 효율적인 가축

이다.

- RFI가 낮은 쪽으로 개량하면 사료섭취 능력에 변화를 주지 않고도 생산에 필요한 에너지를 효율적으로 사용할 수 있게 된다.
- RFI는 표현형적으로 생산에 사용되는 부분과는 독립적으로 정의되어 있으므로 동일한 기간에 생산성이 다른 개체 간에 비교가 가능해진다.
- RFI의 다른 생산형질과의 이러한 독립성이 기본적인 대사작용의 유전적 변이를 설명할 수 있을 것이다.
- DFI(Daily Feed Intake; 일일사료섭취량)
 - 평균 DFI는 총 사료섭취량과 검정기간으로 산출한다.
 - RFI를 추정하기 위해서는 DFI와 몇 개의 생산형질을 측정해서 보정의 과정을 거쳐야 하지만 RFI의 감소와 DFI의 감소가 동일하므로 DFI를 사용하기도 한다.
 - 두 개를 동시에 육중가를 추정하는 것은 과대추정(over-parameterize)될 수 있다(Knap과 Wang,2012).
 - 선발지수 식에 FCR보다 DFI를 넣는 이유는 ADG/DFI로 계산되는 FCR과 ADG가 동시에 들어가게 되면 선발지수식의 1차조합(Linear combination)에 부합하지 않기 때문이다.
 - 간단하게 말하면 FCR보다 DFI가 사료효율 개량에 더 적절한데 이유는 DFI가 FCR의 기능적인 부분을 구분해서 각각의 형질들이 서로 독립적으로 다뤄질 수 있기 때문이다.
 - DFI가 사료섭취 행위에 관련된 항목(방문회수, 시간, 방문단 섭취량 등)보다 RFI에 더 많은 영향을 미쳤다(Rauw등,2006).

○ 변이(Variation)

- ADFI(일당사료섭취량;Average Daily Feed Intake)의 변이(Young과 Dekkers,2012)
 - 사료효율과 관련하여 생산형질과 독립적인 부분이 RFI인데 개략적으로 사료섭취량 전체 변이의 34%를 차지한다고 보고하였다.
 - 사료섭취량 변이의 66%는 증체나 등지방축적에 사용된다.
 - RFI의 변이 중 29%가 유전적인 요인에서 기인한다. 유전력이 중간정도이다.
 - 사료섭취량 변이의 최소 1/3이상이 성장, 체조성, 유지, 기초대사, 단백질집적, 체온조절, 움직임, 면역과 다른 대처기능(coping functions), 영양소 소화와 흡수율 등에 의한 것이다.



○ 추정방법

- RFI를 측정하기 위해서는 생산과 유지에 필요한 사료량을 추정해야 한다. 측정된 사료섭취량(DFI)에서 유지와 성장에 필요로 하는 부분을 제외한 것이 RFI이다.
- RFI를 추정하는 공식은 축종이나 품종에 따라 품종에 따라 다를 수 있다.
- 소의 경우 대사체중이 중요하게 작용하지만 돼지는 검정기간이 정해져 있기 때문에 대사체중(metabolic body wt.)이 유의성 있게 영향을 미치지 않는다.

| | |
|--|--|
| Hoque 등(2007) 개체별 체중은 개시체중과 종료체중의 평균이며 대사체중(MWT)은 0.75승한 값이다. RFI는 FI에 다중변수분석에서 MWT와 ADG를 임의효과로 분석한 잔차이다. | |
| RFI nut | = FI - (DE/3,495) |
| RFI phe | = FI - ($\beta_w(\text{phe}) \times \text{MWT}$) - ($\beta_g(\text{phe}) \times \text{ADG}$) |
| RFI gen | = FI - ($\beta_w(\text{gen}) \times \text{MWT}$) - ($\beta_g(\text{gen}) \times \text{ADG}$) |
| Gilbert 등(2007) | |
| RFI | ADG(35-95kg)와 BF의 multiple regression으로 추정하였다 |
| Taniguchi 등(2014) BWG:기간 중 증체, MBW: 대사체중(체중의 0,75승) | |
| | RFI = FI - BWG* α - MBW* β |
| Saintilan 등(2013) RFI, ADFI, and ADG in g/d, LMC and DP in %, BFT in mm, and AMW in kg ^{0.60} . 랜드레이스(LR), 모계Y(LWD), 부계Y(LWS), 피트레인(PP) | |
| Landrace | RFI = ADFI - 1.46 ADG - 8.16 DP - 2.03 BFT + 33.7 LMC - 94.1 AMW |
| 모계 Y | RFI = ADFI - 1.41 ADG - 7.84 DP - 2.83 BFT + 31.8 LMC - 110.9 AMW |
| 부계 Y | RFI = ADFI - 1.36 ADG - 6.70 DP - 2.87 BFT + 36.0 LMC - 113.8 AMW |
| Pietrain | RFI = ADFI - 1.38 ADG - 5.36 DP - 1.91 BFT + 28.3 LMC - 105.3 AMW |
| Do등(2013) | |
| | 개시체중, 일당증체, 등지방두께의 일차회귀로 추정한다. |

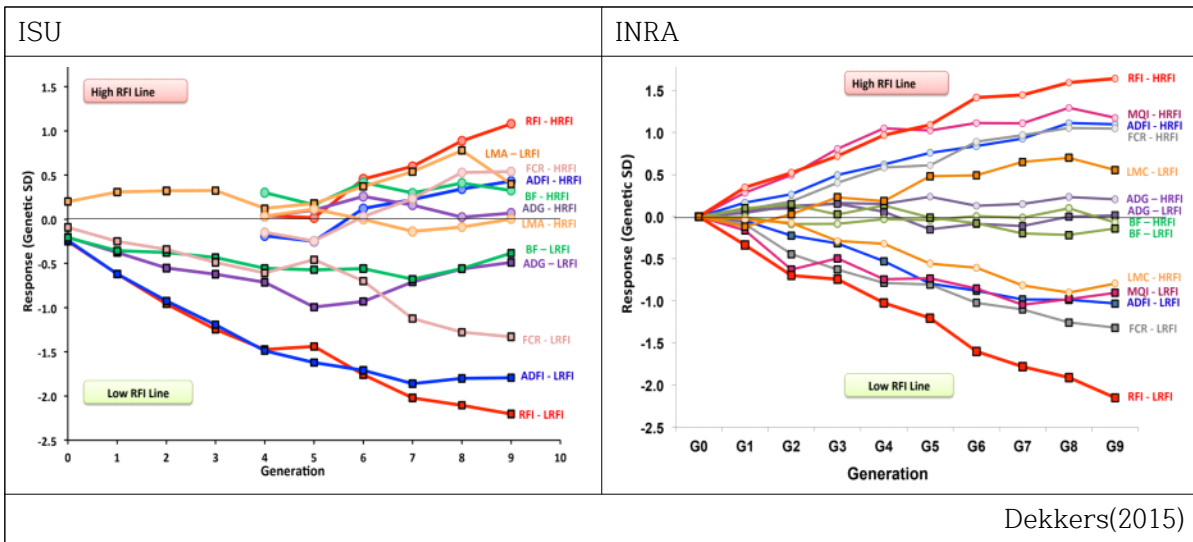
- 돼지의 경우 RFI를 추정하는데 다음의 문제를 감안해야 한다.
 - 1차회귀로 추정하는 데 영향을 미치는 모든 환경적 요인을 감안하지 못하기

때문에 그렇지 않을 수 있다.

- 요약된 ADG로 추정하는 데, 장기적으로 볼 때 계산된 RFI의 가능한 변이를 설명할 수 없는 것이다.
- 또한 RFI를 종적인 자료(longitudinal data)로 보는 것도 재미있는 일이다.

○ 개량

- 미국 USDA의 AFRI(Agriculture and Food Research Institute)에서 5년간 5백만불 4개국 20여명의 연구진이 RFI에 대해서 연구했음.
- 미국 Iowa주립대학(ISU)과 프랑스 INRA에서 각각 선발 실험을 9세대에 걸쳐 진행함.

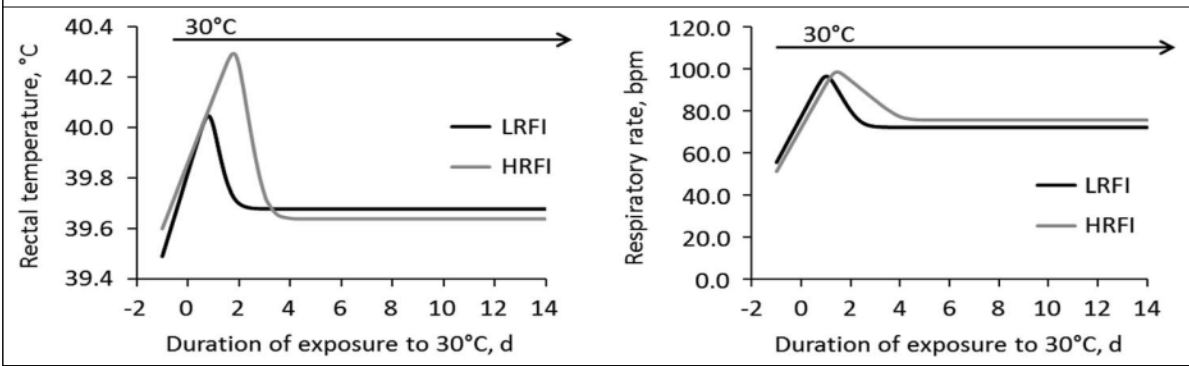


9세대 선발 결과 : 유전력, RFI와의 유전상관, 유전편차, 표현형편차, 선발반응, 유의차 (Gilbert등,2017)

| Traits | h^2 | ρ_g | σ_g | σ_p | HRFI | LRFI | p^2 |
|----------------------|-------|----------|------------|------------|---------------|----------------|-------|
| Index (point) | 0.13 | | 6.63 | 18.60 | 11.00 (0.27) | -14.10 (0.27) | *** |
| RFI (g/day) | 0.13 | | 42.93 | 119.56 | 73.88 (1.71) | -91.03 (1.71) | *** |
| FCR | 0.42 | 0.39 | 0.13 | 0.20 | 0.15 (0.01) | -0.17 (0.01) | *** |
| DFI (g/day) | 0.41 | 0.25 | 127.63 | 199.85 | 146.22 (6.18) | -123.67 (6.18) | *** |
| ADG (g/day) | 0.50 | -0.07 | 54.12 | 76.45 | 10.53 (2.71) | 2.31 (2.71) | * |
| DP (%) | 0.36 | 0.05 | 1.06 | 1.76 | -0.50 (0.05) | 0.49 (0.05) | *** |
| Loin weight (kg) | 0.54 | 0.15 | 0.42 | 0.57 | -0.38 (0.02) | 0.33 (0.02) | *** |
| Ham weight (kg) | 0.51 | 0.09 | 0.32 | 0.45 | -0.24 (0.02) | 0.07 (0.02) | *** |
| Shoulder weight (kg) | 0.38 | 0.06 | 0.28 | 0.45 | -0.15 (0.01) | 0.16 (0.01) | *** |
| Backfat weight (kg) | 0.43 | -0.08 | 0.30 | 0.46 | 0.13 (0.02) | -0.14 (0.02) | *** |
| Belly weight (kg) | 0.28 | 0.11 | 0.21 | 0.39 | 0.23 (0.01) | -0.17 (0.01) | *** |

h^2 =유전력; ρ_g =RFI와 유전상관; σ_g =유전편차; σ_p =표현형편차, DP = 냉도체율

9세대 선발 결과 고온 스트레스 따른 체온과 호흡의 변화(Gilbert 등, 2017)



- 일본 1,241두의 랜드레이스로 분석한 결과(Taniguchi 등, 2014)

| 항목의 유전력 | | | |
|------------------------|-------------|-------------|-------------|
| Parameter [§] | FI | RFI | FCR |
| $h^2(W)$ | 0.63 ± 0.07 | 0.45 ± 0.07 | 0.34 ± 0.07 |
| $h^2(G)$ | 0.70 ± 0.06 | 0.53 ± 0.07 | 0.24 ± 0.06 |
| $h^2(F)$ | 0.44 ± 0.07 | 0.30 ± 0.07 | 0.22 ± 0.06 |
| $r(W, G)$ | 0.94 ± 0.02 | 0.88 ± 0.04 | 0.92 ± 0.05 |
| $r(W, F)$ | 0.93 ± 0.02 | 0.89 ± 0.04 | 0.97 ± 0.03 |
| $r(G, F)$ | 0.76 ± 0.07 | 0.57 ± 0.12 | 0.80 ± 0.14 |

§ $h^2(W)$: 전구간(30-105kg), $h^2(G)$: 육성구간(30-70kg), $h^2(F)$: 비육기(70-105kg) 유전력
 $r(W, G)$: 전구간-육성구간, $r(W, F)$: 전구간-비육구간, $r(G, F)$: 육성-비육구간 유전상관

| 항목간 유전상관 | | | |
|-----------|-----------------------|------------------------|-------------------|
| Phase | $r(FI-RFI)^{\dagger}$ | $r(FI-FCR)^{\ddagger}$ | $r(RFI-FCR)^{\S}$ |
| Whole | 0.71 ± 0.06 | 0.19 ± 0.13 | 0.79 ± 0.06 |
| Growing | 0.82 ± 0.05 | 0.19 ± 0.14 | 0.71 ± 0.07 |
| Finishing | 0.82 ± 0.07 | 0.23 ± 0.19 | 0.73 ± 0.09 |

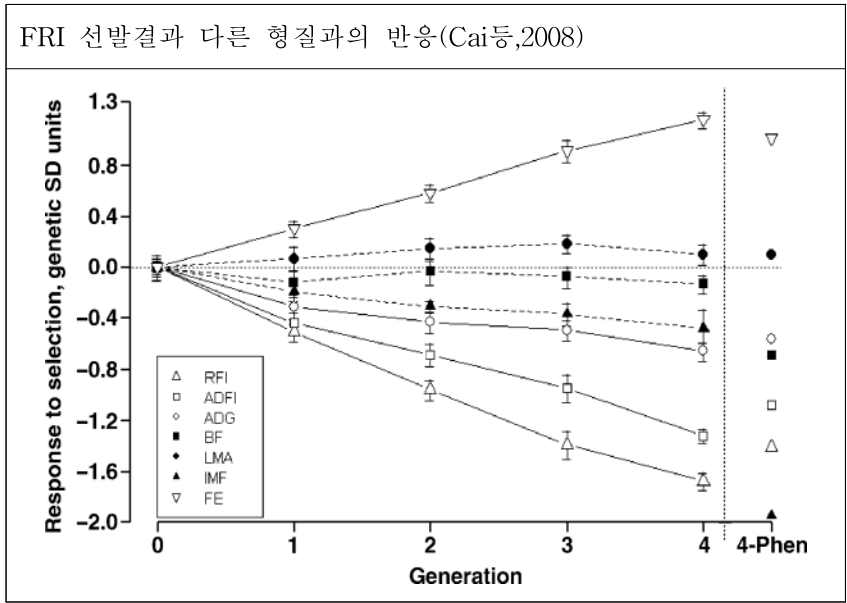
○ RFI 관련 연구결과 : 다른 형질과의 관계

- LRFI(low RFI) 돼지는 사료섭취량이 적고 빨리 먹으며 성장속도는 약간 느린 편이지만 정육율이 높다. RFI에 대해 선발하더라도 번식성적이나 육질, 질병저항성 등에 영향을 미치지 않았다(Young과 Dekkers, 2012).
- RFI에 대해서 선발할 경우 소화율이나 장내미생물의 변화는 크지 않지만 활동이 14% 감소하고 동일한 단백질 축적에 15% 에너지 사용이 감소하는 등 유지나 생산에 사용되는 요구량이 감소하였다.
- ADG와의 유전상관이 FCR은 -인데 비해 다른 RFI는 모두 +를 나타내고 있어 선발에 유리한 결과를 얻을 수 있다.

| Traits ¹ | Correlations | FI | MWT | ADG |
|---------------------|----------------|-------------|--------------|--------------|
| RFI _{nut} | r _p | 0.42 ± 0.05 | -0.14 ± 0.06 | -0.07 ± 0.05 |
| | r _g | 0.24 ± 0.03 | 0.25 ± 0.02 | 0.28 ± 0.01 |
| RFI _{phe} | r _p | 0.78 ± 0.08 | 0.01 ± 0.07 | 0.03 ± 0.09 |
| | r _g | 0.81 ± 0.09 | 0.02 ± 0.11 | 0.23 ± 0.12 |
| RFI _{gen} | r _p | 0.82 ± 0.06 | 0.02 ± 0.04 | 0.22 ± 0.06 |
| | r _g | 0.86 ± 0.02 | -0.04 ± 0.13 | 0.15 ± 0.04 |
| FCR | r _p | 0.57 ± 0.08 | -0.13 ± 0.09 | -0.25 ± 0.09 |
| | r _g | 0.46 ± 0.07 | -0.36 ± 0.14 | -0.10 ± 0.07 |

- 선발실험 결과(Cai 등, 2008)

| Trait ² | n | Mean | SD ¹ | Heritability | Litter ³ | Pen(group) ³ | Residual |
|----------------------|-----|-------|-----------------|--------------|---------------------|-------------------------|-------------|
| RFI, g/d | 756 | 0 | 126 | 0.29 ± 0.07 | 0.01 ± 0.00 | 0.30 ± 0.06 | 0.40 ± 0.07 |
| ADFI, g/d | 756 | 1,989 | 216 | 0.51 ± 0.08 | 0.00 ± 0.00 | 0.13 ± 0.04 | 0.36 ± 0.08 |
| ADG, g/d | 756 | 768 | 91 | 0.42 ± 0.08 | 0.00 ± 0.00 | 0.02 ± 0.02 | 0.56 ± 0.08 |
| FE, % | 756 | 38.76 | 3.30 | 0.17 ± 0.07 | 0.05 ± 0.00 | 0.16 ± 0.04 | 0.62 ± 0.07 |
| BF, mm | 756 | 15.88 | 3.48 | 0.68 ± 0.09 | 0.08 ± 0.01 | 0.00 ± 0.00 | 0.24 ± 0.09 |
| LMA, cm ² | 756 | 42.67 | 4.67 | 0.57 ± 0.10 | 0.11 ± 0.01 | 0.02 ± 0.02 | 0.30 ± 0.09 |
| IMF, % | 492 | 1.75 | 0.40 | 0.28 ± 0.11 | 0.27 ± 0.02 | 0.01 ± 0.02 | 0.44 ± 0.10 |



| Trait ¹ | RFI ± SE | ADFI ± SE | ADG ± SE | FE ± SE | BF ± SE | LMA ± SE | IMF ± SE |
|--------------------|--------------|--------------|-------------|--------------|--------------|--------------|--------------|
| RFI | — | 0.61 ± 0.03 | 0.06 ± 0.05 | -0.69 ± 0.03 | -0.01 ± 0.04 | -0.06 ± 0.05 | 0.03 ± 0.06 |
| ADFI | 0.52 ± 0.12 | — | 0.73 ± 0.02 | -0.26 ± 0.05 | 0.49 ± 0.04 | -0.01 ± 0.05 | 0.08 ± 0.06 |
| ADG | 0.17 ± 0.18 | 0.88 ± 0.05 | — | 0.46 ± 0.04 | 0.36 ± 0.04 | 0.11 ± 0.05 | 0.16 ± 0.05 |
| FE | -0.74 ± 0.13 | -0.26 ± 0.21 | 0.30 ± 0.21 | — | -0.09 ± 0.04 | 0.14 ± 0.05 | 0.11 ± 0.05 |
| BF | -0.14 ± 0.16 | 0.57 ± 0.10 | 0.45 ± 0.13 | -0.24 ± 0.22 | — | -0.10 ± 0.05 | -0.01 ± 0.06 |
| LMA | -0.18 ± 0.18 | -0.09 ± 0.16 | 0.16 ± 0.17 | 0.27 ± 0.27 | -0.10 ± 0.17 | — | 0.03 ± 0.06 |
| IMF | 0.40 ± 0.28 | 0.37 ± 0.24 | 0.38 ± 0.23 | -0.23 ± 0.47 | -0.13 ± 0.26 | 0.22 ± 0.28 | — |

- Gilbert등(2012)

- RFI에 대해서 선발한 두 개의 계통을 가지고 3산까지 분만한 성적을 비교하였다.
- 모돈의 포유기간동안의 사료섭취량을 주간단위로 나누어 비교하였는데 생시 복당체중이나 이유시 복당체중에 차이가 없었는데도, RFI가 낮은 계통의 모돈의 사료섭취량이 RFI가 높은 계통에 비해서 낮았다.

| Trait ¹ | Low RFI | High RFI | P-value | |
|--------------------|---------|----------|---------|--|
| Index, points | 89.9 | 108.1 | <0.0001 | |
| SRFIw, kg/d | -0.05 | 0.06 | <0.0001 | |
| SDFIw, kg/d | 4.54 | 4.82 | <0.0001 | SDFIw = 포유기간 중 일당 사료섭취량, |
| SDFI-1, kg/d | 2.63 | 2.85 | <0.0001 | SDFI-4 = 포유21일-이유일당 사료섭취량, |
| SDFI-2, kg/d | 4.44 | 4.75 | <0.0001 | |
| SDFI-3, kg/d | 5.12 | 5.56 | <0.0001 | |
| SDFI-4, kg/d | 5.51 | 5.86 | <0.0001 | |
| BWf, kg | 259.4 | 263.5 | <0.0001 | BWf = 분만전 모돈체중; |
| BWw, kg | 222.0 | 231.1 | <0.0001 | BWw = 이유시 모돈체중; |
| ΔBW, kg | -36.1 | -30.5 | <0.0001 | ΔBW = 포유기간 중 모돈의 체중 변화, |
| BFTf, mm | 26.1 | 26.2 | 0.63 | |
| BFTw, mm | 19.9 | 21.4 | <0.0001 | |
| ΔBFT, mm | -5.6 | -4.3 | <0.0001 | |
| TB | 12.7 | 12.1 | <0.0001 | |
| BA | 12.1 | 11.4 | <0.0001 | |
| NS | 10.2 | 9.6 | <0.0001 | |
| LWb, kg | 18.5 | 18.0 | 0.0004 | LWw = 이유 복당체중, |
| LW21, kg | 64.2 | 62.2 | <0.0001 | ΔLWw = 포유 중 복당체중 변화, APWw = 이유시 자돈평균체중 |
| LWw, kg | 82.0 | 82.2 | 0.5 | |
| ΔLW21, kg | 46.1 | 44.1 | <0.0001 | |
| ΔLWw, kg | 63.9 | 64.1 | <0.0001 | |
| APWb, kg | 1.48 | 1.52 | <0.0001 | |
| APW21, kg | 6.96 | 6.67 | <0.0001 | |
| APWw, kg | 8.92 | 8.95 | 0.6 | |
| SDWb, kg | 0.30 | 0.27 | <0.0001 | |
| SDW21, kg | 1.00 | 0.98 | 0.01 | |
| SDWw, kg | 1.22 | 1.24 | 0.16 | |

- RFI관련 형질은 방문회수, 시간당 섭취량, 방문당 시간 등이며 이들 형질의 유전력은 중도의 유전력을 보이고 있다(Young,2012).

| Feeding behavior trait | Pigs ^a | Cattle ^b | Sheep ^c |
|----------------------------------|---|--------------------------|--------------------------|
| Feed intake per day ^d | 0.16 (0.16) ¹ , 0.22 (0.06) ⁴ , 0.42 (0.06) ² , 0.42 (0.05) ³ | | 0.25 (0.06) ⁶ |
| Feed intake per meal | 0.47 (0.22) ¹ , 0.49 (0.06) ² , 0.53 (0.05) ³ | | |
| Feed intake per visit | 0.35 (0.21) ¹ , 0.51 (0.03) ⁴ | | 0.33 (0.07) ⁶ |
| Occupation time per day | 0.24 (0.20) ¹ , 0.36 (0.05) ³ , 0.43 (0.04) ⁴ , 0.44 (0.06) ² | 0.28 (0.12) ⁵ | 0.36 (0.08) ⁶ |
| Occupation time per meal | 0.27 (0.17) ¹ , 0.45 (0.05) ³ , 0.54 (0.06) ² | | |
| Occupation time per visit | 0.27 (0.16) ¹ , 0.42 (0.04) ⁴ | | 0.29 (0.06) ⁶ |
| Number of meals per day | 0.42 (0.20) ² , 0.43 (0.06) ³ , 0.45 (0.05) ¹ | | |
| Number of visits per day | 0.38 (0.20) ¹ , 0.43 (0.04) ⁴ | 0.38 (0.13) ⁵ | 0.35 (0.07) ⁶ |
| Feed intake rate | 0.29 (0.24) ¹ , 0.44 (0.04) ⁴ , 0.49 (0.05) ³ , 0.50 (0.06) ² | | |

- Hermesch등(2015)

- ADG, BF을 기본으로하고 생시체중, 이유후육성을, 등심무게, 삼겹무게, IGF, FCR 또는 DFI(일당 사료섭취량)를 선발지수에 추가할 때 유전적 개량량을 비교분석하였다.
- Index6에서 개량형질을 FCR로 했을 경우와 DFI로 했을 경우를 비교했는데, FCR은 FCR이 선발지수에 들어있지 않아도(Index1-Index5)지속적으로 개량되었는데 반해 DFI는 Index1-Index4까지는 전혀 개량되지 않아서 두 개의 형질의 개량이 다르다는 것을 알 수 있다.
- DFI는 ADG와 유전적 상관성이 0.5이지만 unfavourable한 상관관계로 이런 결과가 나타났다.

| Index | Traits measured ¹ | Acc | ΔG | ADG | BF | FCR | PWS | LW | BW |
|-------|------------------------------|-------|------|-------|--------|--------|---------|-------|---------|
| 1 | ADG, BF | 0.361 | 3.61 | 15.63 | -0.467 | -0.036 | 0.00000 | 0.121 | -0.0228 |
| 2 | Index 1 + PBW | 0.364 | 3.63 | 15.90 | -0.466 | -0.037 | 0.00000 | 0.119 | -0.0202 |
| 3 | Index 2 + PWS | 0.372 | 3.72 | 15.55 | -0.455 | -0.036 | 0.00090 | 0.116 | -0.0197 |
| 4 | Index 3 + LW + BW | 0.414 | 4.13 | 13.75 | -0.429 | -0.047 | 0.00081 | 0.224 | -0.0611 |
| 5 | Index 4 + IGF1 | 0.444 | 4.43 | 12.99 | -0.416 | -0.062 | 0.00075 | 0.220 | -0.0644 |
| 6 | Index 5 + FCR | 0.460 | 4.59 | 12.62 | -0.396 | -0.069 | 0.00073 | 0.230 | -0.0684 |

| Index | Traits measured ¹ | Acc | ΔG | ADG | BF | DFI | PWS | LW | BW |
|-------|------------------------------|-------|------|-------|--------|--------|---------|-------|--------|
| 1 | ADG, BF | 0.383 | 3.48 | 11.84 | -0.583 | 0.000 | 0.00000 | 0.179 | -0.049 |
| 2 | Index 1 + PBW | 0.386 | 3.51 | 12.15 | -0.580 | 0.000 | 0.00000 | 0.176 | -0.046 |
| 3 | Index 2 + PWS | 0.396 | 3.60 | 11.86 | -0.566 | 0.000 | 0.00093 | 0.172 | -0.044 |
| 4 | Index 3 + LW + BW | 0.406 | 3.69 | 11.47 | -0.560 | 0.000 | 0.00091 | 0.226 | -0.059 |
| 5 | Index 4 + IGF1 | 0.416 | 3.78 | 11.30 | -0.556 | -0.003 | 0.00088 | 0.228 | -0.062 |
| 6 | Index 5 + DFI | 0.440 | 4.00 | 10.13 | -0.557 | -0.015 | 0.00084 | 0.221 | -0.064 |

Acc;정확도, ΔG;선발반응(종합\$/두), PBW;생시체중, PWS;이유후육성을, LW;등심무게, BW;삼겹무게, IGF1;성장인자(juvenile insulin-like growth factor-I), DFI;사료섭취량

- 결정적인 영향을 미치지 않는 않지만, RFI가 낮은 계통이 산자수도 많고 이유체중도 좋았다. 자돈의 성적에 영향을 미치는 것은 모돈의 포유 중 체중감소로 좋은 성적을 낸 모돈의 체중 감소가 더 많았다(Young등,2010).
- RFI를 선발에 사용하면 번식형질의 하락이 없다(Saintilan 등, 2013).
- RFI 가 낮은 돼지가 FCR과 육질이 우수하다는 보고도 있다(Do등, 2013).

(아) 현장 적용

○ 선발지수

- 사료효율과 같은 ratio형질은 몇몇 이유 때문에 선발지수에 포함하는 것이 이상적이지는 않다. 그래서 RFI를 사용하는 것이 이것을 극복할 수 있는 방법이기도 하다. 새로운 형질을 선발지수에 포함할 때에는 다른 형질과의 유전상관, 유전력 등을 감안해야 한다(Do등,2013).
- RFI는 생산이나 유지에 사용되지 않은 사료량을 뜻하는 것으로 생산에 사용된 사료의 효율과는 거의 유전적인 상관관계가 없을 것이다.

○ 선별출하(DeDecker,2005)

- 사료효율을 개선하기 위해서는 시장에 맞는 종돈을 사용하고 체중이 많이 나가는 돼지를 먼저 출하한다.
- 돈방당 52두를 사육하는 경우 출하 19일 전에 25%의 큰 돼지를 먼저 출하할 경우 총 출하체중이 3% 증가하고 두당 7.7kg(17lb)의 사료를 절약했다.
- 너무 많이 선 출하할 경우 사료는 더 절감되었지만 총 출하체중이 감소하였다.
- 돈방당 사육두수를 50% 줄여도 두당 면적을 동일하게 줄일 경우에는 결과가 더 좋지 않았다.

○ 농장의 성장곡선

- 우리 농장의 현재 상황을 정확하게 판단할 수 있어야 한다.
- 농장 돼지의 일당증체를 파악하기 위해서는 돼지의 체중을 더 자주 측정한다.
- 하루 낱을 잡아서 농장 전체의 돼지를 그룹별로 2개의 돈방에서 5두씩 체중을 측정하고 일령에 따라 그래프를 그리면 농장의 일당증체 동향을 알 수 있다.

○ 사료섭취량 측정

- 장비가 비싸기 때문에 다음과 같은 질문에 답을 찾아야 한다.
 - 비용을 줄이기 위해서 검정 기간 중 일부 기간 동안만 측정해야 한다면 언제가 가장 좋은 기간인가?
 - 간접적인 방법을 사용할 때보다 얼마나 더 사료효율을 개량할 수 있을 것인가?
 - 사료효율과 정육(lean meat) 성장률 간의 정확도를 높이므로 사료효율을 얼마나 개량할 수 있을 것인가?
- 사료섭취량 측정 구간에 따른 정확도
 - Chesnais와 Sullivan(2002)은 CSIP(Canadian Swine Improvement Program)에 가입되어 있는 125개 핵돈농장의 모든 9,400두로 종돈을 개량하는 자료를 활용했다.
 - 퀘백주의 검정소에서 1,277두의 검정돈을 3개월간(27kg-112kg)개체별로 사료

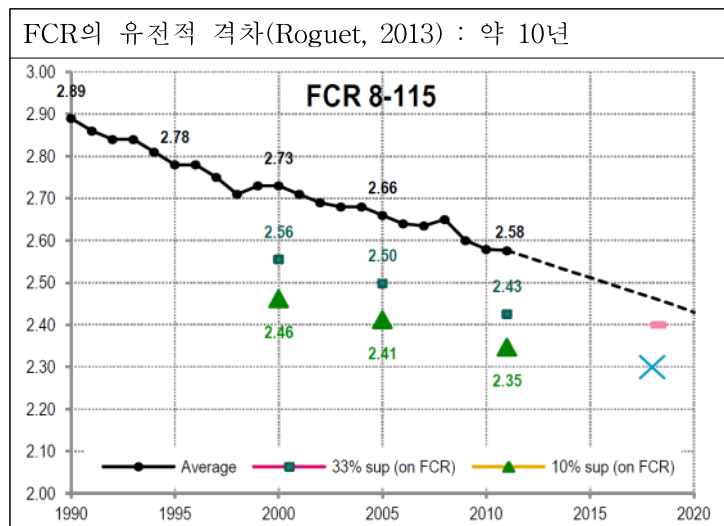
섭취량을 조사한 결과 사료섭취량은 후반으로 갈수록 유익한 것으로 나타났다. 일부 기간만 측정할 경우 80kg부터 1개월이 25kg부터 2개월과 0.79로 동일한 상관관계를 보였으며 후반 2개월의 경우 93%의 상관을 보였다고 보고하였다.

- 각 구간별로 추정된 사료효율의 유전적 추정치의 정확도와 각 기간별로 전체 3개월 동안의 사료요구율과의 상관관계를 발표하였는데, 사료섭취량 기록이 없어도 50%는 개량을 할 수 있지만 부득이하게 사료섭취량을 측정하는 기간을 단축할 경우에는 후반 60일의 기록이 더 정확하다고 발표했다.

| 내역 | 전 구간과의 상관 | 유전적 추정치의 정확도 |
|-----------------|-----------|--------------|
| 사료섭취량 기록이 없는 경우 | | 50% |
| 1-30일 | 0.53 | 72% |
| 31-60일 | 0.55 | 69% |
| 61-90일 | 0.79 | 83% |
| 1-60일 | 0.79 | 83% |
| 31-90일 | 0.93 | 95% |
| 전구간(1-90일) | 1.00 | 100% |

○ Genetic Lag

- GGP에서 개량된 형질이 GP를 통해서 각 돼지고기 생산농장에 전달되기까지는 최소 4-5년의 시간이 걸리는 데 이것을 유전적 지연(genetic lag)라고 한다.
- 사료효율의 경우 현재의 개량속도대로라면 평균적인 농장이 상위 1/3농장의 성과와 같아지기 위해서는 약 5-7년이 소요될 것이라고 추정하였다(Roguet,2013).



○ 나가는 글

- 돼지고기 생산비의 70%를 차지하는 사료의 이용성이 좋은 종돈을 개량하는 것은 선

택할 수 있는 것이 아니고 필수적인 사항이다. 돼지가 섭취하는 사료의 사용처에 따른 분석으로 더욱 정확하고 다른 경제형질과 간섭받지 않는 개량형질이 필요하지만, 아직은 현실적으로 측정이 가능한 사료섭취량으로 개량하는 것이 필요하다.

- 아무리 개량의 의지가 있어도 현장에서 적용하기가 어렵다면 문제가 있을 수 있다. 고가의 개체별 사료 섭취량 측정장치가 있어도 정확하게 사료섭취량을 측정하지 못한다면 무용지물이 될 것이다. 사료효율 측정기에서 측정되는 자료를 제대로 해석하고 분석하는 기술도 갖추어야 할 사안 중 하나이다.

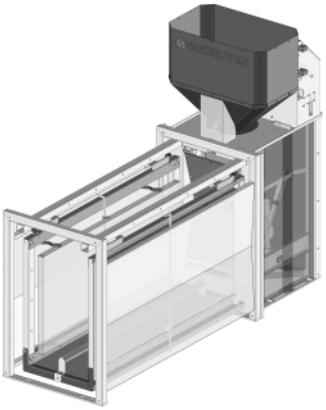
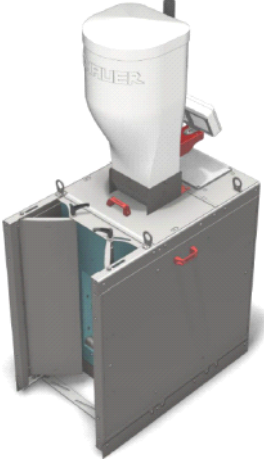
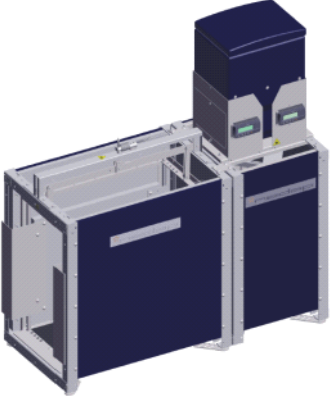
나. 사료섭취량 측정기

(1) 사료섭취량 측정기 설치 현황

| 농장 | 당초 | 추가설치 | | | | | 비고 |
|----|----|------|------|------|------|------|--|
| | | 2017 | 2018 | 2019 | 2020 | 2021 | |
| 금보 | 6 | | | | | | Acemo : 75 Schauer : 28 Nedap : 10 폐기 : 5 |
| 농협 | 불갑 | 7 | | | | | |
| | 수옥 | 3 | | | | | |
| 다비 | 성진 | 9 | 9 | | | | |
| | 대덕 | 16 | | | 10 | | |
| 선진 | 태안 | | 30 | | | | |
| | 단양 | | 10 | | 18 | | |
| 계 | 41 | 49 | | | 28 | | 113 |

- 2017년 성진 GGP와 태안 GGP에 Acemo 측정기 각 9기, 30기 설치, 단양 GGP에 Schauer 10기 설치함.
- 2020년 대덕 GGP에 Nedap 10기, 단양 GGP에 Schauer 18기 추가 설치함.
- 당초 설치·운영하던 오스본과 하이스 측정기 5기는 잦은 고장 등으로 폐기됨.
- 2021년 9월 현재 7개 GGP에 3종의 측정기가 113기 운영 중이며, 2021년 말 대덕 GGP에 8기 증설 예정임.

(2) 제작사별 사료섭취량 측정기의 특징

| ACEMO-Genstar | Schauer-MLP II | Nedap-PPT |
|---|---|--|
|  |  |  |

- 각 제작사가 제공한 Manual이 현장 담당자들의 측정기 활용에 용이하지 않고, 현장 담당자들의 잦은 이동으로 측정기 사용방법이 정리된 관리지침이 필요하다.
- 사료섭취량 측정기 제작사가 제공하는 사용설명서 중, 현장에서 꼭 필요한 사항을 정리하여 현장에서 측정기를 편하고 쉽게 운영할 수 있도록 구성하였다.
- “사료섭취량 측정기 관리 지침”은 과정별(전입 전 - 전입 - 검정 입식 - 검정 종료)로 측정기 사용 방법과 관리 요령을 나열하였다.

(가) 작동 방식

① Genstar

- 물체의 접근으로 사료급이통문이 열려 섭취가 가능하다.
- Tag에 이상이 있는 개체도 섭취가 가능하다.
- Tag가 인식되지 않은 개체의 섭취량은 미확인개체 <전자이표 번호 99999999>로 저장된다.

② MLP II

- Tag의 인식으로 사료급이통문이 열려 섭취가 가능하다.
- Tag의 인식 없이는 사료급이통문이 열리지 않기에 Tag가 훼손되거나 떨어진 개체는 사료를 섭취할 수 없다.

③ PPT

- 사료급이통문이 없고 사료급이통이 개방되어 있어 항상 섭취가 가능하다.
- Tag가 인식되지 않은 경우의 섭취량은 미확인개체(개체정보는 공란)가 섭취한 것으로 저장된다.

(나) 사료 보충

① Genstar

- 사료급이통에 남은 사료 무게가 설정값 이하로 떨어지면 1000g의 사료가 보충된다.

② MLP II

- 사료급이통에 남은 사료 무게가 설정값 이하로 떨어지면 600g의 사료가 보충된다.

③ PPT

- 측정기에 개체가 없을 때의 무게가 500g 이하의 경우와 측정기에 개체가 있을 때의 무게가 200g 이하일 경우 5컵의 사료가 보충된다.

(다) 급이모드

- 사료섭취량 측정기는 개체의 측정기 적응을 위한 훈련모드(적응기간)와 개체별로 섭취량을 측정하는 검정모드가 있다.

■ 훈련모드

- 각 농장의 상황과 개체의 적응(훈련) 상태에 따라 2~5일의 훈련(적응)기간을 설정할 수 있으며, 이 기간 동안 개체가 제약 없이 사료를 섭취할 수 있는 환경을 제공하고, 새로운 사료공급 방식에 적응토록 한다.
- 사료급이통에 남아 있는 사료량을 수시로 확인하여 자동으로 사료가 공급된다.

① Genstar

- 훈련모드 기간 동안 사료급이통문은 항상 열려 있다.
- 훈련모드 기간 동안 개체의 방문정보는 기록되지만 섭취량은 기록되지 않는다.
- 출입문(선택사양) 개방과 사료급이통문 개방 여부 등에 따라 훈련모드1과 훈련모드2가 있으나, 농장에서는 훈련모드1만 사용하고 있다.

② MLP II

- 훈련모드 기간 동안 사료급이통문은 항상 열려 있다.
- 훈련모드 기간의 섭취량이 표시된다. Tag를 부착하지 않으면 개체정보는 공란으로 표시된다. 개시체중을 측정하면서 Tag를 부착하고 검정모드로 전환한다.

③ PPT

- 별도의 훈련모드는 없으나, Tag를 부착하지 않은 상태에서 사료섭취량 측정기에 적응하는 훈련기간을 거친다. 이 기간 동안 섭취량은 표시되지만 섭취한 개체의 정보는 공란으로 표시된다.

■ 검정모드

- 훈련(적응)기간이 끝나고 검정이 시작되는 개체에 Tag를 부착하여 개체별 섭취정보(섭취 시간, 섭취량)를 측정하고 기록한다.
- 섭취가 끝나 측정기를 떠나면 측정기에 남은 사료량을 측정하여 섭취량을 기록하고

남은 사료가 부족할 경우 사료를 보충한다.

① Genstar

- 전자이표가 훼손·분실된 개체가 들어오거나 손 등 다른 물체가 접근해도 사료급이통문이 열리고 사료를 섭취할 수 있지만 섭취된 사료량은 미확인개체(전자이표 번호 99999999)가 섭취한 것으로 기록된다.

② MLP II

- 전자이표가 훼손·분실되어 Tag가 인식되지 않으면 사료급이통문이 열리지 않으므로 섭취가 불가능하다. 미확인개체의 섭취량이 발생하지 않는다.

③ PPT

- 사료급이통문이 없어서 전자이표가 훼손·분실된 개체도 섭취가 가능하다. 개체 정보란에는 공란으로 표시되며 섭취량이 표시된다.

(3) data 수집 및 사료섭취량 집계

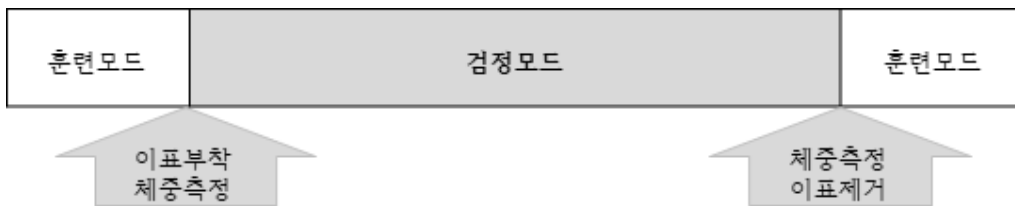
(가) data 수집 : (주)피그진코리아는 월단위로 농장으로부터 방문기록과 전체이력을 수집한다.

- Genstar : 방문기록_yyyymmdd_yyyymmdd.xlsx, 전체이력_yyyymmdd_yyyymmdd.xlsx
- MLP II : Original_data.csv, Comlieted_day.csv
- PPT : velos_daedeokppt.vpu-online.com_ppt_location10-100_yyyy-mm-dd.csv

(나) 개체별 사료섭취량 집계

① 사료효율에 영향을 미치는 섭취량 데이터 구분

- 농장별로 취합한 data를 개체별로 검정기간 동안 섭취한 사료량을 산출한다.
- 사료효율에 영향을 미치는 섭취량 데이터 구분



- 훈련모드 종료 시점에 전자이표를 부착하고 개시체중을 측정한 후 검정을 개시한 시점부터 종료체중을 측정하고 전자이표를 제거한 후 훈련모드로 전환한 시점까지의 섭취량 데이터를 구분하여 검정모드 기간 동안의 섭취섭취 데이터를 구분한다.

② 측정기에 표시되는 사료섭취량

- data에는 사료섭취량은 확인개체의 섭취량과 미확인개체의 섭취량으로 표시된다.
- 확인개체의 섭취량은 측정기에 Tag가 인식되어 정상적인 섭취를 한 경우이다.
- 사료섭취량 data에는 미확인개체의 섭취량이 표시된다. 미확인개체의 섭취량은 측정기에 Tag가 인식되지 않은 개체의 섭취량이다.. Tag가 인식되지 않은 개체는 Tag번호

표시란에 <99999999>로 표시되며, 섭취량은 확인개체의 섭취량과 동일하게 표시된다. Acemo의 Genstar와 Nedap의 PPT는 Tag 인식 없이도 섭취가 가능하여 미확인개체의 섭취가 표시되지만, Schauer의 MLP II는 Tag 인식 없이 섭취가 불가능하므로 미확인개체의 섭취는 없다.

③ 미확인개체의 섭취량

- 미확인개체의 섭취량 발생 원인

- Tag가 훼손되거나 떨어져서 Tag 인식없이 섭취한 경우
- Tag 외 사람의 손과 같은 물체의 진입 시에도 미확인개체가 측정기에 진입한 것으로 표시되지만, 섭취량은 발생되지 않는다.

- 미확인개체의 섭취량 처리

- 미확인개체의 섭취량은 측정기 내 개체들이 섭취한 양이므로, 측정기 내의 개체들에게 반영한다(자세한 사항은 ③ 사료섭취량 집계 protocol 참조).

④ 사료섭취량 집계 protocol

| | | | |
|------------------------------|---|--|---|
| 1. 사료섭취량 데이터 수집 | | | |
| | 데이터 수집(일지, 현황판 등) | | 매월 5일 이내 |
| 2. 방문기록 이상치 정리 | | | |
| | 방문 당 최대 허용섭취량을 초과한 기록은 최대 허용섭취량으로 수정 - Acemo Genstar : 2kg | | |
| 3. 일자별 데이터 작성 및 이상 섭취량 농장 확인 | | | |
| | 일지와 현황판을 토대로 특이 사항 확인(농장 확인) | | 매월 10일 이내 |
| | 확인대상 : 전체 섭취량 누락, 추가 급이 등 | | |
| 4. Tag별, 일자별 섭취량 집계 | | | |
| | 중복 Tag, 중복 이각 정리 | | |
| 5. 보정 | | | |
| | 미확인개체의 섭취량 | <ul style="list-style-type: none"> - 미확인개체의 섭취량이 전체섭취량의 10%를 초과하는 데이터는 섭취량 집계 대상에서 제외 - 미확인개체의 섭취량은 각 개체의 섭취일수에 따라 반영한다. 단, 미확인개체의 섭취량이 특정 개체의 섭취량으로 추적될 때 그 섭취량은 특정 개체에 반영하고, 미확인개체의 섭취량이 2개체 이상, 3일 이상일 경우는 집계 대상에서 제외 | |
| | 측정기 고장 등으로 측정기 내 모든 개체의 섭취량이 없는 경우 | 집계 제외 | 연속 3일 이상이거나 총 5일 이상 사료섭취량이 없는 경우 집계 대상에서 제외 |
| | | 보정 제외 | 추가 급여한 사실이 없는 경우 집계 대상에서 제외 |
| | | 기록 반영 | 기록된 추가 급여량을 1/n로 반영 |
| | * 개체별 사료섭취량 데이터에 미확인개체의 섭취량 비율, 보정 이력 등 표시 | | |
| 6. 사료섭취량 집계 | | | |
| | 개체의 사료섭취량 SGIS에 기록 | | |

○ 사료섭취량 data 수집

- 사료섭취량 data는 월단위로 수집하며, 매월 5일까지 전월에 발생한 data를 수집한다.
- 수집하는 data는 방문기록과 전체이력, 그리고 검정기간 동안 발생하는 정보 등을 기록한 일지나 사료섭취량 측정기 현황판 등을 같이 수집한다.

○ 방문기록 이상치 정리

- 사료섭취량 측정기(Genstar)의 1회 방문 당 최대 허용섭취량은 2kg으로, 2kg을 초과한섭취량은 2kg으로 정리한다.

○ 일자별 데이터 작성 및 이상 섭취량 농장 확인

- 수집한 데이터를 일자별로 작성하고, 측정기별, 개체별 이상 섭취량 등을 파악한다.
- 수집한 일지와 현황판을 토대로 측정기 고장, 섭취량 누락, 추가 급이 등 특이 사항을 매월 10일 이내에 농장에 확인한다.

○ Tag별, 일자별 섭취량 집계

○ data를 Tag별, 일자별로 정리하면, 1개의 Tag에 2개 이상의 이각이 표시되는 data와 1개의 이각에 2개 이상의 Tag가 표시되는 data가 있다.

▶ 1개의 Tag에 2개 이상의 이각이 표시된 경우

- 발생 원인 및 정리

- 훈련모드 기간 동안 모든 개체는 측정기를 통한 사료 섭취에 적응하게 되고, 섭취 이력은 Tag로 표시된다.
- 검정종료 후에는 Tag를 제거하고 이각으로 구분되기에, 측정기에 표시된 Tag에 해당하는 이각번호를 입력한다.
- 이각번호 입력 시 잘못 입력하고 차후 수정했을 때 2개의 이각이 섭취한 것으로 표시된다.
- 수정 이전 섭취 data를 최종 수정된 이각의 data에 병합(merge)한다.

▶ 1개의 이각에 2개 이상의 Tag 번호가 표시된 경우

- 발생 원인 및 정리

- 검정 기간 중 Tag가 훼손되거나 떨어져서 새로운 Tag를 부착할 경우 2개의 Tag 번호가 표시된다.
- 최종 표시된 Tag의 data에 이전 Tag섭취 data를 병합(merge)한다.

⑤ 보정

○ 미확인개체의 섭취량 반영

- 미확인개체의 섭취량 역시 개체들이 섭취한 것이므로, 측정기 내의 개체에 반영함을 원칙으로 한다.
- 미확인개체의 섭취량이 전체 섭취량의 10%를 초과할 때, 측정기 내 모든 개체의 섭취량 산출은 제외한다.
- 미확인개체의 섭취량은 각 개체의 섭취일수에 따라 반영한다. 단, 미확인개체의 섭취량이 특정 개체의 섭취량으로 추정될 때 그 섭취량은 특정 개체에 반영하고, 특정 개체가 2개체 이상이고, 3일 이상일 경우 섭취량 산출은 제외한다.
- 측정기 고장 등으로 개체의 섭취량이 없는 경우
 - 측정기 고장 등으로 측정기를 통한 섭취가 불가능한 동안 추가 급여한 기록을 1/n

로 균등하게 반영하지만 그 기간이 3일 이상일 경우 섭취량 산출은 제외한다.

- 측정기 고장 등으로 측정기를 통한 섭취가 불가능한 동안 미섭취 기간이 3일 이상이면 섭취량 산출은 제외한다.

○ 섭취량 집계 제외 대상

- 미확인개체의 섭취량이 전체 섭취량의 10%를 초과할 때 측정기 내 모든 개체의 섭취량 산출은 제외한다.
- 미확인개체의 섭취량이 특정 개체의 섭취량으로 추정되면 특정 개체에 반영하지만, 특정개체가 2두 이상이고, 반영 일수가 3일 이상이면 섭취량 산출은 제외한다.
- 미섭취일수가 연속 3일 이상이거나 총 5일 이상일 경우 집계에서 제외한다.
- 농장에서의 검정기록이 없는 개체는 섭취량 산출을 제외한다.

○ 측정기 고장 등으로 추가 급여한 경우

- 기록된 추가 급여량은 1/n로 반영하고, 추가 급여한 기록이 없는 경우 집계에서 제외한다.
- 추가 급여량을 개체의 섭취량에 반영한 일수가 3일 이상이면 섭취량 집계에서 제외한다.

⑥ 사료섭취량 집계

- 집계한 개체별 사료섭취량은 SGIS에 업로드 한다.

(4) 사료섭취량 데이터 통계 분석(2021년 9월 30일 현재)

- GSP 2단계 2017년부터 2021년 9월 검정종료한 데이터
- 다비 2,377두(대덕, 성진GGP) , 선진 6,721두(단양, 태안GGP), 총 9,098두

① 측정두수

| | 대덕 | | 성진 | | 단양 | | 태안 | | | 합계 | | |
|------|-----|-----|-----|-----|-------|-------|-----|-----|-------|-------|-------|-------|
| | Y | D | Y | L | Y | L | Y | L | D | Y | L | D |
| 2016 | | | 134 | 84 | | | | | 59 | 134 | 84 | 59 |
| 2017 | | | 278 | 204 | 171 | 85 | 173 | 141 | 680 | 622 | 430 | 680 |
| 2018 | 46 | | 36 | 116 | 247 | 205 | 154 | 134 | 624 | 483 | 455 | 624 |
| 2019 | 98 | 236 | 127 | 115 | 197 | 172 | 137 | 144 | 545 | 559 | 431 | 781 |
| 2020 | 59 | 77 | 73 | 145 | 253 | 249 | 110 | 105 | 478 | 495 | 499 | 555 |
| 2021 | 152 | 193 | 95 | 109 | 440 | 483 | 119 | 123 | 493 | 806 | 715 | 686 |
| 계 | 355 | 506 | 743 | 773 | 1,308 | 1,194 | 693 | 647 | 2,879 | 3,099 | 2,614 | 3,385 |

② 사료효율

| | 대덕 | | 성진 | | 단양 | | 태안 | | | 합계 | | |
|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|
| | Y | D | Y | L | Y | L | Y | L | D | Y | L | D |
| 2016 | | | 2.15 | 2.23 | | | | | 2.33 | 2.15 | 2.23 | 2.33 |
| 2017 | | | 2.15 | 2.23 | 2.23 | 2.18 | 2.23 | 2.31 | 2.26 | 2.20 | 2.24 | 2.26 |
| 2018 | 2.13 | | 2.23 | 2.22 | 2.30 | 2.30 | 2.16 | 2.26 | 2.27 | 2.21 | 2.26 | 2.27 |
| 2019 | 2.23 | 2.11 | 2.20 | 2.28 | 2.26 | 2.27 | 2.22 | 2.33 | 2.33 | 2.23 | 2.29 | 2.22 |
| 2020 | 2.31 | 2.08 | 2.01 | 2.18 | 2.38 | 2.39 | 2.26 | 2.33 | 2.29 | 2.24 | 2.30 | 2.19 |
| 2021 | 2.11 | 2.14 | 1.84 | 2.05 | 2.31 | 2.31 | 2.26 | 2.22 | 2.28 | 2.13 | 2.19 | 2.21 |
| 계 | 2.20 | 2.11 | 2.10 | 2.20 | 2.30 | 2.29 | 2.23 | 2.29 | 2.29 | 2.19 | 2.25 | 2.25 |

(5) 사료섭취량 측정기 관리 지침 제작(첨부1, 2)

(가) 제작 배경 및 주안점

- 현재 참여기업의 각 농장에 설치·운영 중인 사료섭취량 측정기는 ACEMO, SCHAUER, NEDAP 등 3사에서 제작된 3종의 측정기이며, 각 제작사가 제공한 설명서 중 꼭 필요한 사항을 현장에서 편하고 쉽게 운영할 수 있도록 구성하였다,
- “사료섭취량 측정기 관리 지침”은 과정별(전입 전 - 전입 - 검정 입식 - 검정 종료)로 측정기 사용 방법과 관리 요령을 나열하였다.

(나) 검정 과정별 측정기 확인 및 점검 사항

- 전입 전
 - ① 제일 중요한 측정기 관리는 주요 부위의 청소와 습기 제거이다.
 - ② 사료급이통문 여닫기 작동을 테스트하고, 고정 및 고정 해제되었을 때의 위치를 확인하고 작동 상태를 확인한다.
 - ③ 회전공급장치의 작동 상태와 사료 공급 상태를 확인한다.
 - ④ 정확한 사료섭취량 측정을 위하여 영점 조정을 새로 한다.
 - ⑤ 입식 시 사용할 Tag의 사용 가능 여부를 확인한다.
- 전입
 - ① Tag를 부착한다.
 - ② 훈련모드 기간 동안 개체는 측정기를 통한 사료 섭취에 적응해야 하며, 모든 개체가 측정기 진입 이력이 있는지 확인한다.
 - ③ 측정기 진입 이력이 있는 개체의 Tag 번호와 연계된 이각번호를 입력한다.
- 검정 입식
 - ① 검정을 개시할 때 검정 개시체중을 측정한다.
 - ② 매일 개체별로 섭취량을 확인하고, 섭취량이 저조한 개체는 건강에 이상이 있는지 확인한다.
 - ③ 사료섭취량 측정기를 효율적으로 활용하기 위하여 정해진 일일, 주간, 월별 관리를 철저히 한다. 특히 사료의 무게가 정확히 측정되고 있는지 주기적인 무게측정이 필요하다.
- 검정 종료
 - ① 검정을 종료하면서 종료체중을 측정하고 Tag를 제거한다.

- ② 데이터를 저장하고, 삭제한다.
- ③ 사료보관통을 비우고 수세한다. 측정기 내부에는 수세용 충을 사용하지 않고, 젖은 수건으로 닦고, 습기에 취약한 로드 셀, Tag 인식 센서, 컨트롤로 등은 마른 천이나 에어로 습기를 제거하고, 건조 상태를 유지한다.

4. 생산 보급

가, 자체 선발

(1) 2021년 농장별 자체 선발 두수(2021년 9월 30일 현재)

| 구분 | 수 | | | 암 | | | 계 |
|----|----|-----|-----|-----|-------|-----|-------|
| | L | Y | D | L | Y | D | |
| 가야 | 0 | 0 | 0 | 28 | 286 | 16 | 330 |
| 금보 | 0 | 8 | 0 | 10 | 347 | 31 | 396 |
| 농협 | 6 | 16 | 78 | 19 | 342 | 30 | 491 |
| 다비 | 15 | 76 | 28 | 116 | 867 | 247 | 1,349 |
| 선진 | 53 | 69 | 26 | 313 | 347 | 137 | 945 |
| 합계 | 74 | 169 | 132 | 486 | 2,189 | 461 | 3,511 |

(2) 연도별 자체 선발 두수

| 구분 | 수 | | | 암 | | | 계 |
|------|-----|-----|-----|-------|--------|-------|--------|
| | L | Y | D | L | Y | D | |
| 2017 | 131 | 249 | 105 | 644 | 2,261 | 652 | 4,042 |
| 2018 | 89 | 170 | 140 | 645 | 2,476 | 606 | 4,126 |
| 2019 | 78 | 145 | 92 | 574 | 1,826 | 373 | 3,088 |
| 2020 | 86 | 180 | 109 | 660 | 2,013 | 694 | 3,742 |
| 2021 | 74 | 169 | 132 | 486 | 2,189 | 461 | 3,511 |
| 합계 | 458 | 913 | 578 | 3,009 | 10,765 | 2,786 | 18,509 |

나. 분양 두수

(1) 2021년 농장별 순종 분양 두수(2021년 9월 30일 현재)

| 구분 | L | Y | D | 계 |
|----|-------|--------|-------|--------|
| 가야 | 43 | 1,830 | 128 | 2,001 |
| 금보 | 26 | 908 | 161 | 1,095 |
| 농협 | 138 | 3,476 | 444 | 4,058 |
| 다비 | 661 | 4,976 | 767 | 6,404 |
| 선진 | 1,296 | 1,546 | 182 | 3,024 |
| 합계 | 2,164 | 12,736 | 1,682 | 16,582 |

(2) 연도별 순종 분양 두수

| 구분 | L | Y | D | 계 |
|------|--------|--------|-------|--------|
| 2017 | 1,945 | 15,953 | 1,264 | 19,162 |
| 2018 | 2,409 | 15,399 | 1,035 | 18,843 |
| 2019 | 2,015 | 14,630 | 1,692 | 18,337 |
| 2020 | 2,375 | 12,981 | 1,988 | 17,344 |
| 2021 | 2,164 | 12,736 | 1,682 | 16,582 |
| 합계 | 10,908 | 71,699 | 7,661 | 90,268 |

다. 종돈 보급 두수(2021년 9월 30일 현재)

(1) 2021년 농장별 보급 두수

| 구분 | F1 판매 두수 |
|----|----------|
| 가야 | 9,100 |
| 금보 | 3,767 |
| 농협 | 15,755 |
| 다비 | 37,922 |
| 선진 | 23,348 |
| 합계 | 89,892 |

(2) 연도별 보급 두수

| 구분 | F1 판매 두수 |
|------|----------|
| 2017 | 116,923 |
| 2018 | 114,008 |
| 2019 | 119,560 |
| 2020 | 103,957 |
| 2021 | 89,892 |
| 합계 | 544,340 |

라. GP거래처수(2021년 9월 30일 현재)

(1) 2017년 GP거래처수

| 참여종돈장 | 거래처 | GP농장 |
|-------|------|---|
| 가야 | 6개소 | 고성, 해인, 월계, 인솔, 상대, 황매 |
| 금보 | 1개소 | 원주 |
| 농협 | 2개소 | 화원, 애니포크 |
| 다비 | 10개소 | 청안, 행복한, 효돈, 국사, 도화, 삼성, 운도, 관인, 삼경, 원산 |
| 선진 | 7개소 | 선림GP, 복원피그몰, 아름GP, 육종GP, 하늘GP, 봉산GP, 가보영농 |
| 합계 | 26개소 | |

(2) 2021년 GP거래처수

| 참여종돈장 | 거래처 | GP농장 |
|-------|------|--|
| 가야 | 7개소 | 고성GP, 인솔육종, 인솔GP, 월계GP, 해인GP, 황매GP, 백찬GP |
| 금보 | 2개소 | 송정농장, 팜스텍(황성농장) |
| 농협 | 6개소 | 화원, 애니포크, 애니팜, 이화영농, 신왕종축, 연암산종축 |
| 다비 | 16개소 | 삼성종돈, 대월청안, 운도축산, 로하스팜 관인점, 삼경축산, 도화종돈, 효돈, 해림, 문강, 이시돌, 남도, 성산, 성일, 지혜, 조산, 디앤디 |
| 선진 | 11개소 | 선림GP, 진피그팜, 행복GP, 아름GP, 하늘GP, 서산GP, 봉산GP, 대명팜, 가호팜, 주명GP, 가보GP |
| 합계 | 42개소 | |

※ 종돈 분양 보급두수는 한국종축개량협회(첨부3)와 대한한돈협회(첨부4)에서 제공받음.

5. 성과목표 대비 실적

(단위 : 건수)

| 성과목표 | | 산업화지표 | | | | |
|--------|----|--------------|----------------|------------|-------|------------|
| | | 제품경쟁력 강화 | 유통경쟁력 강화 | 홍보역량 강화 | 목표고객 | 매출 및 수출 |
| | | DB구축 및 활용 | 품종 증식 분양 보급 | 홍보성과 | 판매업체수 | 수입대체율 |
| 단위 | | 건 | 만마리 | 건 | 업체수 | % |
| 가중치 | | 10 | 10 | 5 | 10 | 25 |
| 최종목표 | | 5 | 70 | 20 | 100 | 100 |
| 2017년 | 목표 | 1 | 11 | 4 | 20 | 60 |
| | 실적 | 2 | 14.0 | 5 | 26 | 98 |
| 2018년 | 목표 | 1 | 13 | 4 | 20 | 70 |
| | 실적 | 2 | 13.7 | 11 | 26 | 99.6 |
| 2019년 | 목표 | 1 | 14 | 4 | 20 | 80 |
| | 실적 | 2 | 14.1 | 6 | 21 | 97.8 |
| 2020년 | 목표 | 1 | 15 | 4 | 20 | 90 |
| | 실적 | 2 | 12.5 | 4 | 30 | 98.9 |
| 2021년 | 목표 | 1 | 17 | 4 | 20 | 100 |
| | 실적 | 2 | 11.0 | 7 | 42 | 100 |
| 최종실적 | | 10 | 64.7 | 33 | 145 | 100 |
| 달성율(%) | | 200 | 93.3 | 165 | 145 | 100 |

가. DB 구축

- 건수 : 10건

- 내용 : GSP 참여종돈장 핵돈군 농장 데이터베이스 및 사료섭취량 데이터베이스

| | 등록처 | 날짜 | DB 저작권 등록 내용 | 비고 |
|------|----------|------------|----------------------------|------|
| 2017 | 한국저작권위원회 | 2017-10-24 | GSP 참여종돈장 핵돈군 농장 데이터베이스 1건 | 첨부5 |
| | 한국저작권위원회 | 2017-10-24 | GSP 참여종돈장 사료섭취량 데이터베이스 1건 | 첨부6 |
| 2018 | 한국저작권위원회 | 2018-10-15 | GSP 참여종돈장 핵돈군 농장 데이터베이스 1건 | 첨부7 |
| | 한국저작권위원회 | 2018-10-15 | GSP 참여종돈장 사료섭취량 데이터베이스 1건 | 첨부8 |
| 2019 | 한국저작권위원회 | 2019-11-05 | GSP 참여종돈장 핵돈군 농장 데이터베이스 1건 | 첨부9 |
| | 한국저작권위원회 | 2019-11-05 | GSP 참여종돈장 사료섭취량 데이터베이스 1건 | 첨부10 |
| 2020 | 한국저작권위원회 | 2020-10-13 | GSP 참여종돈장 핵돈군 농장 데이터베이스 1건 | 첨부11 |
| | 한국저작권위원회 | 2020-10-13 | GSP 참여종돈장 사료섭취량 데이터베이스 1건 | 첨부12 |
| 2021 | 한국저작권위원회 | 2021-11-18 | GSP 참여종돈장 핵돈군 농장 데이터베이스 1건 | 첨부13 |
| | 한국저작권위원회 | 2021-11-18 | GSP 참여종돈장 사료섭취량 데이터베이스 1건 | 첨부14 |

나. 홍보 실적

- 건수 : 33건

- 내용 : GSP 종돈개량 홍보

| | 홍보처 | 날짜 | 제목 | |
|------|-------------|--------------|-----------------------------|------|
| 2017 | 원주 MBC | 2017-02-20 | 원주 MBC-다큐 나는...산다 <돼지아빠...> | 첨부15 |
| | 축산신문 | 2017-04-05 | 통합과 시너지, 그리고 종돈개량 | 첨부16 |
| | 축산신문 | 2017-05-02 | IoT, 빅데이터, 그리고 양돈 | 첨부17 |
| | 축산신문 | 2017. 5. 31 | 중국과 돼지고기 | 첨부18 |
| | 양돈타임즈 | 2017-07-06 | 성진종돈장 PSY 35두'눈앞' | 첨부19 |
| | 중앙일보 | 2017-07-06 | 돼지를 위한 변명[분수대] | 첨부20 |
| 2018 | 축산신문 | 2018. 1. 24. | 종돈개량과 사료 이용성 | 첨부21 |
| | 축산신문 | 2018. 2. 20. | 방향과 속도 | 첨부22 |
| | 축산신문 | 2018. 4. 19. | 유전체 정보를 활용한 개량 | 첨부23 |
| | Pig&Pork 한돈 | 2018. 4월호 | 응취 | 첨부24 |
| | 축산신문 | 2018. 5. 29. | 종자 | 첨부25 |
| | 축산신문 | 2018-06-27 | 논단-남북교류와 협력 | 첨부26 |
| | 축산신문 | 2018-07-25 | 진정한 가축개량의 길 | 첨부27 |
| | 축산신문 | 2018-09-21 | 논단-종돈개량과 규모 | 첨부28 |
| | 축산신문 | 2018-10-19 | 논단-형만한 아우 | 첨부29 |
| 축산신문 | 2018-12-14 | 덴브랜드와 종돈개량 | 첨부30 | |
| 2019 | 월간한돈 | 2019-02-01 | 생산성 개선을 위한 종돈선발과 관리방안 | 첨부31 |
| | 축산신문 | 2019-03-04 | 종돈개량과유전체(상) | 첨부32 |
| | 축산신문 | 2019-03-08 | 종돈개량과유전체(하) | 첨부33 |
| | 축산신문 | 2019-09-10 | 종돈개량과 통합인공수정센터 | 첨부34 |
| | 월간한돈 | 2019-11-01 | 한돈의 경쟁력 제고를 위한 종돈개량방향 | 첨부35 |
| | 축산신문 | 2019-12-18 | 장성훈 대표, 2019 최고농업기술명인선정 | 첨부36 |
| 2020 | 강원일보 | 2020-02-13 | 구제역 보다 큰 위기. 돼지열병 반드시 극복 | 첨부37 |
| | 축산신문 | 2020-02-28 | 모든, 잠재력은 PSY 40두 이상 | 첨부38 |
| | Pig&Pork 한돈 | 2020-08-01 | 산자수 개량, 무엇이 문제인가? | 첨부39 |
| | 축산신문 | 2020-10-28 | 종돈 산자수 개량, 무엇이 문제인가? | 첨부40 |
| 2021 | Pig&Pork 한돈 | 2021. 1월호 | 돼지고기 생산농가가 필요로 하는 종돈개량 | 첨부41 |
| | 농업인신문 | 2021. 7. 9 | 넘어졌다 일어날 때마다 쑥쑥... | 첨부42 |
| | 돼지와 사람 | 2021. 8. 23 | 종돈 사료효율 개량에 필수인 사료섭취량 측정기 | 첨부43 |
| | 월간한돈 | 2021. 8. 23 | 종돈 사료효율 개량에 필수인 사료섭취량 측정기 | 첨부44 |
| | 축산신문 | 2021. 8. 25. | 사료섭취량 측정기 이렇게 사용해요 | 첨부45 |
| | Pig&Pork 한돈 | 2021. 8월호 | 돼지고기 품질에 영향을 미치는 요인과 종돈개량 | 첨부46 |
| | Pig&Pork 한돈 | 2021. 8월호 | 종돈 사료효율 개량에 필수인 사료섭취량 측정기 | 첨부47 |



[제 3 세부 : 우수유전자원 공유를 통한 참여종돈장 간 혈연연결]

○ 본 연구는 GSP 종축사업중 종돈개량을 위한 역할중, 유전물질의 공유를 통해 단절된 개량단위를 연결시켜주는 역할을 수행하였다. 이 연구를 통해 진행된 사항은 크게, 1) GSP A.I. 센터의 설립 및 운영 현황, 2) 본 사업의 유전 평가 프로그램인 GSP-solution을 통한 참여농장에서 우수 유전자원 선발 및 입식과 3) 혈연연결을 크게 하기 위한 정액 공유 현황, 4) 신선정액 이외에 동결정액의 실험 결과 및 5) 동결정액을 이용한 유전자원 보존 현황으로 볼 수 있다.

제 1 절 GSP A.I. 센터의 운영

○ 본 연구를 통해 참여 종돈장 5곳에 질병에 안정적인 신선, 동결정액을 공급하는 역할을 하기 위해 GSP A.I. 센터 2곳을 설정하였다. 신규 GSP A.I. 센터를 설립하는데 행정심판 등 어려움이 많았으나, 참여 연구원 등의 도움으로 설립과 안정적인 운영을 하고 있다. 설정된 두 센터는 위해 질병을 차단하는 Air filtration을 갖추어 외부 질병으로부터 안전한 인공수정 센터가 되었고, 액상뿐만 아니라 동결 정액을 생산하고, 보존할 수 있는 역할의 센터로 설립 운영되고 있다.

[표 3-145] 설립된 GSP A.I. 센터 현황

| GSP A.I. center | 다비 조치원센터 | 가야 하동센터 |
|-----------------|---|--|
| 위치 | 세종시 | 경남 하동군 |
| 규모 | 용돈 200두 | 용돈 150두 |
| 위생수준 | prrs (-), 우수인공수정센터 | prrs (-) |
| 특이사항 | Air filtration 동결 정액 제조 및 보존 | Air filtration 동결제조 및 보존 |
| 전경 |  |  |

1. AIR Filtration의 개요 및 사용목적

- 산업의 발전과 함께 대기는 부유분진 또는 유해가스 등으로 오염되어 있고 지금 이 시간에도 실내 거주자의 건강을 목적으로 하는 쾌적한 환경과 산업공장 등에서 제품의 품질을 높이기 위한 작업환경을 유지하기 위해서는 이러한 오염된 대기를 받아 들이지 않을 수가 없다. 또한 실내공기환경(IAQ: Indoor air quality)에 가장 큰 영향을 미치는 것은 우리가 매일 숨쉬는 공기의 먼지와 미생물에 의한 오염이라 할 수 있다. 1,136개의 공공 건물에서 조사한 바에 의하면 IAQ를 악화시키는 직접적인 오염물질의 70% 이상이 공기 속에 포함된 미립자이다. 눈에 보이지 않는 이러한 초미립자들의 90% 이상은 호흡을 통하여 폐에 침투가 가능하며 폐를 손상 시킬 수도 있다. 그리고 불쾌감을 조성하고 알레르기 반응 등 건강에 위협을 주는 요소가 많으므로 미세먼진을 제거할 수 있는 필터의 개발이 필요하나, 때때로 필터는 더 많은 미생물의 성장을 유발하기도 한다. 오염된 공기는 가축의 건강을 해칠뿐만 아니라, 벽제와 건물장식의 흉한 얼룩 및 변색으로 인해 건물의 가치 하락 및 실제 건물 내장재에 심각한 영향을 미칠 수 있다. 따라서 IAQ는 중요한 문제로 대두되었고 공기조화 시스템의 적용이 필수적인 현대건축에서 의도적으로 조절되는 실내공기질은 공조기 에어필터에 따라 많은 영향을 받게 된다(정 등, 2004).
- 실내 청정도를 유지하기 위해서는 취입되는 공기의 정화를 필요로 하고 있고 에너지의 절감 등을 목적으로 재사용 하는 순환공기에도 또한 공기정화장치(Air Filter)의 사용을 필요로 하고 있다. 위와 같이 공기정화장치(Air Filter)는 목적에 따라 실내 위생환경을 위한 것과 제품의 생산성 향상을 위해 사용되는 제품으로 구분할 수가 있으며 각 제품 공통 적으로 어느 정도의 청정도를 필요로 하느냐에 따라 3~4종으로 구분될 수 있고 용도에 따라서는 수십 종으로 구분될 수 있다.
- 이렇게 수십 종에 이르는 공기정화장치(Air Filter)는 쾌적한 실내환경을 위한 환경위생, 전산실 등에서 정밀 기기의 보존, 병원의 무균실 또는 반도체 생산공장 및 각종 도장라인 등 제품의 품질 유지를 위해서 사용하든 허용기준치 이하의 실내공기를 보존하기 위해 사용되는 것이 그 목적이라고 할 수 있다.

2. 특징

- 무방향성으로 공기유입면과 유출면에 서로 다른 밀도를 주는 이상적인 필터이다.
- 압력손실이 적고 고효율, 긴 수명을 갖고 있다.
- 난연성으로 화재의 위험이 없다.
- 재생 가능하여 장기간 사용할 수 있으므로 경제적이다.

- 습도가 변화해도 형상을 유지한다.
- 최대 2m폭까지 생산가능하고 규격조절이 가능하다.
- 환기용, 공기조화기용, 자동차공장의 도장 booth용, 각 제조 산업의 공장 공조용, 소형 에어컨용 등 광범위한 사용이 가능하다.

3. Air Filter 란?

- FILTER란 유체(Air, Gas, Oil, Fuel, Water)를 일정한 시간 내에 일정한 용량을 일정한 크기의 입자로 통과 시키는 시기를 말하며, 특히 대기 중에 존재하는 분진을 제거해 필요에 맞는 청정한 공기를 만들어 낸다.

4. Air filtration의 기대효과

- 초미세먼지 및 미생물 필터로 인하여 실내 청정도 유지
- 질병위생도 강화

- GSP AI. 센터 에어필터 설치 사항

■ 다비육종 조치원센터 에어필터 및 냉방기 실외기 설치

- 1) 공사내역 : 조치원센터 에어필터설치공사 등
- 2) 공사기간 : 1차공사 - 2018년 10월 19일 ~ 10월 22일
2차공사 - 2018년 10월 26일 ~ 10월 29일
- 3) 공사업체 : 에어시스템(Air System)

- 다비육종 조치원 센터 에어필터시스템 설치장면





투명PC재질의 에어컨밀폐실 에어필터 및 환설치 모습



채취실공간 입구 에어필터 설치 모습



출하대 위치 에어컨밀폐실 에어필터 설치 모습



컨트롤부분 : 음압센서, 전원공급차단기, 환인버터 모습



음압센서

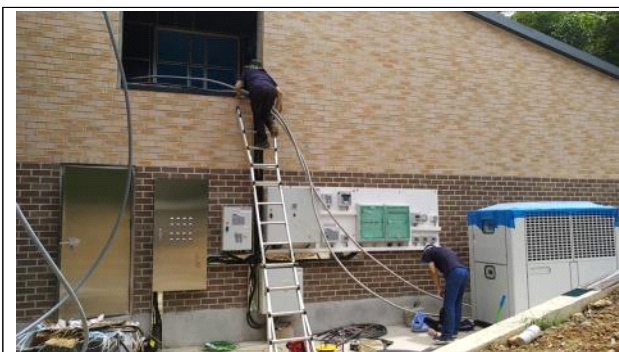


전원공급장치



냉방기 실외기교체 (대용량) 2세트

○ 가야육중 하동 센터 에어필터시스템 설치장면



입기구 에어 필터 시공장면 워터칠러연결



돈사내 에어 필터레이션 시공장면



공기 자동 히팅 시스템



돈사내 필터된 공기 입기



중간 덕트 시공



온·습도 자동 조절장치

<GSP A.I. 센터 운영방안>

GSP A.I. 센터는 정액 공급을 통해 GSP 참여농장의 상대적인 유전 능력 비교를 가능할 수 있도록 하는 데 그 목적을 둔다.

1. 정액 공유 방안

가. 공유 용돈 선발

- 농장의 종모돈 리스트를 입수하여 농장으로 배포한다.
- 가능한 참여농장의 선호도를 반영하여 농장에서 선호하는 용돈의 정액을 공급하도록 한다.
- 혈연연결이 완료되면 GSP index가 우수한 종돈으로 선발하도록 한다.

나. 질병검사

(1) 액상정액

- 액상정액을 공급받기를 희망하는 농장은 일자를 협의하여, 농장에서 이용할 액상정액과 질병검사용 정액을 포장한다.
- 질병검사용 정액은 경북대학교 박최규 교수 연구실로 발송하여, PRRS와 PCV2를 검사한다.
- 액상정액을 공급받은 농장에서는 질병검사의 결과가 도착하기 이전에는 정액을 농장 내부로 유입하지 않는다.
- 검사결과와 정액이 도착한 당일 통보함을 원칙으로 하고, 검사결과에서 이상이 없으면 농장으로 유입하여 이용한다.

(2) 동결정액

- 동결정액 제조시 당일 채취한 원정액을 1:1로 희석하여 동결정액 제조업체와 질병검사를 위해 경북대학교로 발송한다.
- 검사결과에 이상이 없으면 원정액을 이용, 동결정액을 제조한다.
- 제조업체에서 보관중인 동결정액을 농장에서 이용할 경우, 제조업체의 질병수준을 확인하기 위해 동결 샘플은 경북대로 보내고, 동결정액은 이용할 농장으로 동시에 보낸다.
- 검사결과에 이상이 없으면 농장에서 이를 용해시켜 이용한다.

2. GSP A.I. 센터

가. 운영 : GSP A.I. 센터는 다비육종 조치원센터와 가야육종 하동센터를 운영한다. (가야육종 하동센터의 GSP A.I. 센터 적합 여부는 2-1 프로젝트의 의견에 따른다.)

나. 정액 질병검사 : GSP AI 센터는 정액공유시 PRRS, PCV2를 검사한다.

다. 종모돈 선발 및 입식

- GSP 선발지수식에 의해 상위 랭크된 종모돈(GSP index 140 이상, 능력 상위 1.5% 이내)을 유전능력 평가기관인 정P&C 연구소에서 제시하고, GSP 1프로젝트 과제책임자회의에서 결정한다.
- 우수 종모돈은 1-3 프로젝트 예산으로 구매하여 GSP A.I. 센터로 입식하고, 구매 가격은 상호 협의하여 결정한다.
- 과제책임자회의에서 선정된 우수종모돈을 GSP A.I. 센터에 공급여부는 참여종돈장과 GSP A.I. 센터간 협의하여 가, 부를 결정한다.
- 용돈 공급은 상호 협의해 결정하고, 협의가 되지 못한 경우, 즉, 용돈을 GSP 센터에 공급하지 않은 참여 농장은 정액을 공급한다.
- GSP 종모돈은 세 품종을 2두씩 연간 6두 이내를 선발한다.
- 센터에 입식한 종모돈의 운영 권한은 각 GSP A.I. 센터가 갖는다. 최소한의 공유 물량 이외에 운영은 GSP A.I. 센터에서 활용한다.
- GSP 종모돈의 클레임 발생시 공급회사와 센터간 상호 협의하여 진행한다.
- GSP 종모돈의 최장 사용 기한은 2년으로 한다. 이 이전에 도태 필요성이 있을 때에는 사업단과, 참여농장실무회의에 통보하고 처리한다.
- 종모돈 입식에 따른 질병검사는 GSP 종돈장 위생방역관리 지침을 기준으로 하고, 추가적인 위생수준에 대한 검사는 입식전 경북대학교의 확인을 받는다.

3. 사업의 운영

가. 유전능력평가 : GSP 종축사업의 종돈 유전능력평가 기관(정P&C 연구소)은 혈통기록, 농장검정성적 등을 이용하여 매주 유전능력 평가를 실시하고, 우수종모돈이 나왔을 경우, 그 결과를 GSP 종축사업단 및 참여 종돈장에 알린다.

나. GSP 우수종돈 선발

- 유전능력 평가기관(정P&C 연구소)은 유전능력 평가결과를 바탕으로 하여 정액공유를 위해 유전능력 상위 1.5% 이내의 우수종돈이 나오면 이를 참여종돈장에 알려 선발이 될 수 있도록 한다.
- 참여종돈장중 종모돈을 사정상 제공할 수 없는 종돈장은 선발된 종돈을 자체 번식용으로 보유하여, 필요시 정액을 적절한 방법으로 공급하고, 공급가능한 농장은 협의된 GSP A.I. 센터로 공급한다.
- GSP A.I. 센터는 선발된 종돈을 입식하여 정액을 공유하는 과정을 밟는다.

다. 정액공유 및 운영

- 참여종돈장은 연간 운영하는 상시 모돈 규모의 5% 이상에 해당하는 복수 만큼을 공통용돈을 통해 교배를 실시한다.
- GSP 정액공유를 복수를 초과하는 정액의 수급에 대해서는 농장간 협의하여 결정한다.
- 생산된 복에서 3두 이상을 검정한다.
- 검정된 자돈 중 10% 이상을 번식에 이용한다.

4. 기타

- 협의되지 못한 사항에 대해서는 1프로젝트 과제책임자 회의를 통해 결정한다.

제 2 절 GSP 종모돈 입식

1. 우수 유전자원 입식 및 관리방안

[표 3-146] 가. 2019년 우수종모돈 선발내역 및 입식

| 번호 | 개체번호 | 혈통번호 | 생년월일 | 표 현 형 가 | | | | 육 종 가 | | | | 근친도 | 부계/모계 지수 (G) | 선발 구분 (G) | 품 종 | 농장 번호 | 주차 |
|----|-------------|-----------------|----------|---------------|---------------|------------|-----------|---------------|---------------|------------|----------|--------|--------------------|-----------------|--------|----------|------|
| | | | | 일당 증체 량 | 등지 방두 계 | 90kg 도달 | 실산 (모) | 일당 증체 증 | 등지 방두 계 | 90kg 도달 | 실산 두수 | | | | | | |
| 1 | 10-61 | 2181201 6116 | 18-10-11 | 0.832 | 0.92 | 117 | 8.0 | 0.109 | -0.09 | -14.79 | 0.453 | 0.0102 | 172 | GGP | D | 원산 | 1909 |
| 2 | 37-65 | 2190101 8547 | 18-11-22 | 0.773 | 0.99 | 121 | 14.0 | 0.032 | -0.13 | -5.74 | 1.205 | 0.0293 | 138 | GGP | Y | 성진 | 1914 |
| 3 | DAF757 1 | 2181103 0484 | 18-10-05 | 0.987 | 0.80 | 106 | 9.0 | 0.101 | -0.12 | -10.89 | 0.196 | 0.0011 | 169 | GGP | D | 농협 | 1909 |
| 4 | YAF755 1 | 2181103 0464 | 18-10-04 | 0.828 | 1.30 | 119 | 14.6 | 0.081 | 0.197 | -15.73 | 2.170 | 0.0287 | 173 | GGP | Y | 농협 | 1909 |



DD, 조치원센터
개체번호 : 10-61
혈통번호 : 21812016116



YY, 조치원센터
개체번호 : 37-65
혈통번호 : 21901018547



[그림 3-122] 2019년 GSP 우수종모돈

[표 3-147] 나. 2020년 우수종모돈 선발내역 및 입식

| 번호 | 개체번호 | 혈통번호 | 생년월일 | 표현형가 | | | | 육종가 | | | | 근친도 | 모계지수 (G) | 선발구분 (G) | 품종 | 농장번호 | 주차 |
|----|-------------------|-----------------|--------------|-------|-------|---------|--------|--------|---------|---------|---------|--------|----------|----------|----|------|------|
| | | | | 일당증체증 | 등지방두께 | 90kg 도달 | 실산 (모) | 일당증체증 | 등지방두께 | 90kg 도달 | 실산 두수 | | | | | | |
| 1 | YA G58 08 | 920060 11149 | 20-0 3-14 | 0.643 | 1.22 | 140 | 15.7 | 0.0717 | 0.0132 | -14.75 | 1.5730 | 0.0729 | 153 | GGP | YY | 불갑 | 2031 |
| 2 | LA G56 75 | 920060 11016 | 20-0 3-05 | 0.695 | 0.91 | 130 | 10.0 | 0.049 | -0.223 | -8.990 | 1.112 | 0.0918 | 138 | GGP | LL | 불갑 | 2028 |
| 3 | LA G 6455 | 920080 12621 | 20-0 5-04 | 0.724 | 1.15 | 126 | 15.5 | 0.042 | -0.757 | -7.086 | 1.417 | | 137 | GGP | LL | 불갑 | 2038 |
| 4 | D05 4017 WK | 920050 30763 | 20-0 2-27 | 0.828 | 1.38 | 118 | 4.0 | 0.1165 | -0.0796 | -16.29 | -0.1947 | 0.1402 | 176 | GGP | DD | 원산 | 2030 |
| 5 | D05 4016 WK | 920050 30762 | 20-0 2-27 | 0.784 | 1.44 | 123 | 4.0 | 0.1130 | -0.0729 | -16.00 | -0.1947 | 0.1402 | 173 | GGP | DD | 원산 | 2030 |
| 6 | Y06 2050 DK | 920050 27425 | 20-0 3-29 | 0.609 | 1.14 | 147 | 13.0 | 0.0131 | -0.1848 | -1.573 | 1.3890 | 0.0548 | 143 | GGP | YY | 대덕 | 2034 |



YY, 하동센터
 개체번호 : 5808
 혈통번호 : 92006011149



LL, 하동센터
 개체번호 : 5675
 혈통번호 : 92006011016



LL, 하동센터
 개체번호 : 6455
 혈통번호 : 92008012621



YY, 조치원센터(대덕)
 개체번호 : Y062050DK
 혈통번호 : 92005027425



DD, 조치원센터(원산)
 개체번호 : 54-16
 혈통번호 : 92005030762



DD, 조치원센터(원산)
 개체번호 : 54-17
 혈통번호 : 92005030763

[그림 3-123] 2020년 GSP 우수종모돈 센터 입식 후 사진

[표 3-148] 다. 2021년 우수종모돈 선발내역 및 입식내역

| 번호 | 개체 번호 | 혈통 번호 | 생년월일 | 표현형가 | | | | 육종가 | | | | 근친도 | 부계/모계 지수 (G) | 선발 구분 (G) | 품종 | 농장 번호 | 주차 |
|----|-----------|-------------|------------|--------|--------|---------|--------|--------|--------|---------|-------|-------|--------------|-----------|----|-------|------|
| | | | | 일당 중체중 | 등지방 두께 | 90kg 도달 | 실산 (모) | 일당 중체중 | 등지방 두께 | 90kg 도달 | 실산 두수 | | | | | | |
| 1 | D027075AK | 92101026955 | 2020-11-27 | 0.731 | 1.32 | 121 | 6.0 | 0.105 | -0.06 | -15.7 | -0.30 | 0.045 | 167 | GGP | DD | 디앤디 | 2113 |
| 2 | D028008AK | 92101026994 | 2020-11-28 | 0.763 | 1.22 | 118 | 7.5 | 0.107 | -0.01 | -15.8 | -0.64 | 0.052 | 164 | GGP | DD | 디앤디 | 2113 |
| 3 | D038023AL | 92104028102 | 2021-02-08 | 0.859 | 1.25 | 106 | 6.7 | 0.115 | -0.01 | -17.4 | -0.45 | 0.049 | 169 | GGP | DD | 디앤디 | 2122 |
| 4 | 5552K | 92103004777 | 2021-01-27 | 0.666 | 1.17 | 138 | 12.7 | 0.014 | -0.07 | -0.80 | 1.16 | 0.042 | 134 | GGP | YY | 가야 | 2126 |
| 5 | YAH1455 | 92104014170 | 2021-03-12 | 0.708 | 1.12 | 131 | 12.3 | 0.044 | 0.001 | -9.17 | 1.87 | 0.026 | 161 | GGP | YY | 농협 | 2131 |
| 6 | LAH1539 | 92104014248 | 2021-03-18 | 0.717 | 0.83 | 128 | 15.2 | 0.021 | -0.22 | -4.94 | 1.41 | 0.006 | 145 | GGP | LL | 농협 | 2131 |



DD, 디앤디-조치원
개체번호 : D027075AK
혈통번호 : 92101026955



DD, 디앤디-조치원
개체번호 : D028008AK
혈통번호 : 92101026994



DD, 디앤디-하동
개체번호 : D038023AL
혈통번호 : 92104028102



YY, 가야-하동
개체번호 : 5552K
혈통번호 : 92103004777



[그림 3-124] 2021년 GSP 우수종모돈 센터 입식 후 사진

나. GSP 우수종모돈 관리방안

(1) 핵돈 관리방안 매뉴얼 작성 및 실행

- (가) 돈방사육
- (나) 주 1회 정액채취
- (다) 주 1회 우수종모돈 정액을 이용한 동결정액 제조
- (라) 제조된 동결정액 스트로우 유전자 공유 시 품질검사 및 질병검사(경북대 실험실) 의뢰하여 이상 유무 파악(PRRSV, PCV2 항원검사 진행)
- (마) 검사 결과표 데이터 수집

[표 3-149] 동결정액 용해 후 정상 및 질병검사 결과

| 동결정액 용해 후 정상결과 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|---|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|
| <p>실험 목적: 동결정액 용해 후 정상결과</p> <p>실험 방법: 동결정액 용해 후 정상결과</p> <table border="1"> <thead> <tr> <th>항목</th> <th>항목</th> <th>항목</th> <th>항목</th> <th>항목</th> <th>항목</th> <th>항목</th> <th>항목</th> <th>항목</th> <th>항목</th> <th>항목</th> <th>항목</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>2021</td> <td>2021</td> <td>2021</td> <td>2021</td> <td>2021</td> <td>2021</td> <td>2021</td> <td>2021</td> <td>2021</td> <td>2021</td> <td>2021</td> <td>2021</td> </tr> </tbody> </table> | | | | | | | | | | | | 항목 | 항목 | 항목 | 항목 | 항목 | 항목 | 항목 | 항목 | 항목 | 항목 | 항목 | 항목 | 2021 | 2021 | 2021 | 2021 | 2021 | 2021 | 2021 | 2021 | 2021 | 2021 | 2021 | 2021 |
| 항목 | 항목 | 항목 | 항목 | 항목 | 항목 | 항목 | 항목 | 항목 | 항목 | 항목 | 항목 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 2021 | 2021 | 2021 | 2021 | 2021 | 2021 | 2021 | 2021 | 2021 | 2021 | 2021 | 2021 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| <p>질병검사(Camacho blue stain) 결과: 질병검사 결과 표기 후 판독 결과</p> | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |

| 검사결과서 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|--|---|--------------------------------|------------------------------|-------------------------------|--------------------------------|--|----|----|------|------|----|----|----|------|----|----|----|------|----|----|----|------|----|----|----|------|----|----|----|--|--|--|
| 검사번호 | PRRSV | 검사일자 | 19.06.27 | 검출일자 | 19.06.27 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 농장명 | 농협우영 | 농장주명 | 김재식 | 검사자 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 소목(품종) | 삼화 | 실험목적 | 질병(질병) | 검사결과 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 검사항목 | <input type="checkbox"/> 동결정액 <input type="checkbox"/> 소액가용 | <input type="checkbox"/> 유전자검사 | <input type="checkbox"/> 전염성 | <input type="checkbox"/> 산란능력 | <input type="checkbox"/> 기타() | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 비고 | 검체명 | 1 | 1 | 1 | 1 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 검사방법 | PRRSV, PCV2 | 1 | 1 | 1 | 1 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 검사결과 | PRRSV (NA/NU type)-Negative | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | PCV2- Negative | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| <table border="1"> <thead> <tr> <th>검체번호</th> <th colspan="3">질병검사</th> </tr> <tr> <th></th> <th>EU</th> <th>NA</th> <th>PCV2</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>2097</td> <td>음성</td> <td>음성</td> <td>음성</td> </tr> <tr> <td>2099</td> <td>음성</td> <td>음성</td> <td>음성</td> </tr> <tr> <td>3364</td> <td>음성</td> <td>음성</td> <td>음성</td> </tr> <tr> <td>5429</td> <td>음성</td> <td>음성</td> <td>음성</td> </tr> <tr> <td>3346</td> <td>음성</td> <td>음성</td> <td>음성</td> </tr> </tbody> </table> | | 검체번호 | 질병검사 | | | | EU | NA | PCV2 | 2097 | 음성 | 음성 | 음성 | 2099 | 음성 | 음성 | 음성 | 3364 | 음성 | 음성 | 음성 | 5429 | 음성 | 음성 | 음성 | 3346 | 음성 | 음성 | 음성 | | | |
| 검체번호 | 질병검사 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | EU | NA | PCV2 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 2097 | 음성 | 음성 | 음성 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 2099 | 음성 | 음성 | 음성 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 3364 | 음성 | 음성 | 음성 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 5429 | 음성 | 음성 | 음성 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 3346 | 음성 | 음성 | 음성 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| <p>경북대학교 GSP 공동장 방역위생지원센터</p> <p>실험장소: 경북대 750 실험일자: 2019</p> | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |

- (바) 액상정액 공급 : 참여종돈장에 정기적인 유전자 교류
- (사) 동결정액 공급 : 동결정액 요청 시 참여종돈장 동결정액 공급
- (아) 정기채혈 진행 : 정액공유 시 질병 검사 실시 후 정액 사용

다. 두록 수입돈 교배 및 추가 용돈 선정

(1) 2017년 GSP 사업을 통해 두록 7두 수입 및 정액공유

(2) 3두도태 및 1두 정액이상으로 미교배 용돈을 대체할 추가 용돈 3두 선정

(3) 공유 교배현황 및 분만 복수 정리

| 현황 | 혈통번호 | Tatoo | 생일 | 현재상태 | 90k 도 달 일 | 90k g bf | 교배복수 | | | | 계 | 분만복수 | | | | 계 |
|-------------|-------------|------------|----------------|-----------------|--------------------|----------------|--------|--------|--------|--------|-----|--------|--------|--------|--------|----|
| | | | | | | | 가 야 | 금 보 | 다 비 | 농 협 | | 가 야 | 금 보 | 다 비 | 농 협 | |
| 기 수 입 | 20911025731 | 3428- 2 | 2017-04-2 1 | 도 태 , 200511 | 116 | 9.7 | 1 | | | | 1 | | | | | |
| | 21710034093 | 2775 | 2017-04-0 1 | 사용 | 114 | 11.7 | 14 | | 15 | 2 | 31 | 6 | | | 2 | 8 |
| | 21710034101 | 3364 | 2017-04-1 8 | 사용 | 115 | 10.5 | 23 | | 4 | 1 | 28 | 18 | | 1 | 1 | 20 |
| | 21710034102 | 3366 | 2017-04-1 8 | 사용 | 118 | 1.0 | 7 | 3 | 6 | 2 | 18 | 6 | 3 | | 2 | 11 |
| | 21710034105 | 3419 | 2017-04-2 1 | 도 태 , 191217 | 115 | 10.1 | 2 | 1 | | | 3 | 1 | 1 | | | 2 |
| | 21710034117 | 3677 | 2017-04-2 8 | 도 태 , 200319 | 117 | 9.7 | 2 | | | | 2 | 1 | | | | 1 |
| | 21710034118 | 3746 | 2017-04-2 8 | 치료중 | 115 | 10.0 | 7 | | | | 7 | | | | | |
| 추 가 | 21710034099 | 3026 | 2017-04-0 7 | | 120 | 11.5 | 11 | | | | 11 | 6 | | | | 6 |
| | 21710034119 | 3756 | 2017-04-2 8 | | 115 | 10.3 | | | | | | | | | | |
| | 21710034120 | 3789 | 2017-04-2 8 | | 117 | 10.9 | 1 | | | | 1 | 1 | | | | 1 |
| | 총합계 | | | | | | 68 | 4 | 25 | 5 | 102 | 39 | 4 | 1 | 5 | 49 |



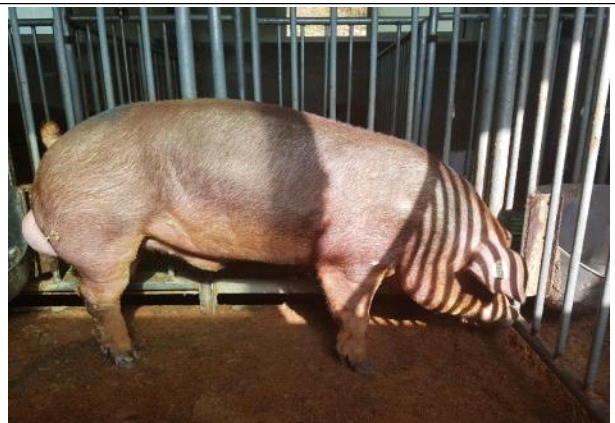
개체번호 : 3677



개체번호 : 3746



개체번호 : 2775



개체번호 : 3428



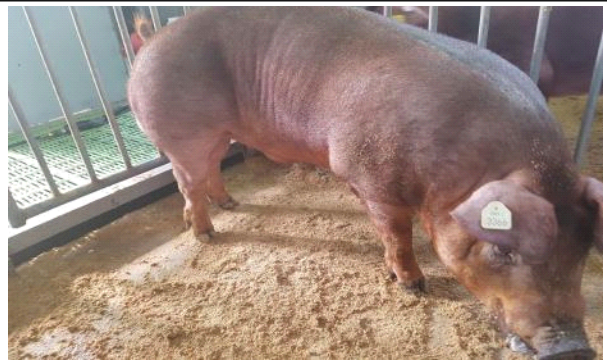


개체번호 : 3364





개체번호 : 3366



개체번호 : 3419



[그림 3-125] GSP 종축사업을 통해 유입된 해외 우수유전자원

○ GSP A.I. 센터(다비육종 조치원 센터)로 용돈 입식

- ▶ GSP 3-2 “두록 참조돈군을 통한 GSP 씨돼지 개량 효율 제고”를 위해 우수 두록 종모돈을 GSP A.I. 센터중 하나인 다비육종 조치원 센터로 5두 입식
 - 혈연연결과 개량량 제고를 위해 GSP 참여농장 두록돈군에 시험교배와
 - 비육돈 생산에 이용 예정

[표 3-150] 입식된 용돈 정보

| 이각 번호 | 생년월일 | 입식일 | 월령 | 90kg 도달일 | 일당 증체량 | 등지방 두께 | 모평균 산자수 | 혈통 등록번호 |
|----------|------------|------------|----|-------------|-----------|-----------|------------|-------------|
| 67-40 | 2020-02-28 | 2020-08-18 | 6 | 114 | 855.1 | 11.93 | 6 | 22005003379 |
| 66-77 | 2020-02-28 | 2020-08-18 | 6 | 118 | 804.3 | 11.98 | 10 | 22005003671 |
| 66-64 | 2020-02-26 | 2020-08-18 | 6 | 119 | 800 | 11.35 | 8 | 22005003424 |
| 66-01 | 2020-02-28 | 2020-08-18 | 6 | 122 | 769.8 | 11.94 | 8 | 22005003683 |
| 69-27 | 2020-02-28 | 2020-08-18 | 6 | 128 | 717.4 | 13.31 | 9 | 22005003782 |

제 3 절 GSP 신선, 동결정액 공유

1. 우수 유전자원 신선정액 제조 후 농장 공급
 - 가. 유전자원 공유(연간 135복 이상 교배 목표)

[표 3-151] 2017년 공유 내역

| 제공 \ 받음 | 품종 | 다비 | 가야 | 농협 | 선진 | 금보 | 합 계(B) |
|---------|----|----|----|----|----|----|--------|
| 다비 | L | | | | | | 0 |
| | Y | | | | 4 | | 4 |
| | D | | 4 | 19 | | 18 | 41 |
| 가야 | L | | | | | | 0 |
| | Y | | | | | | 0 |
| | D | | | | | | 0 |
| 농협 | L | | | | | | 0 |
| | Y | | | | | | 0 |
| | D | 6 | 1 | | | | 7 |
| 선진 | L | | | | | | 0 |
| | Y | | | | | | 0 |
| | D | | | | | | 0 |
| ref | L | | | 5 | 6 | | 11 |
| | Y | | | 7 | 14 | | 21 |
| | D | | | | | | 0 |
| 합계 | L | 0 | 0 | 5 | 6 | 0 | 11 |
| | Y | 0 | 0 | 7 | 18 | 0 | 25 |
| | D | 6 | 5 | 19 | 0 | 18 | 48 |

[표 3-152] 2018년 공유 내역

| 반응 제공 | 품종 | 다비 | 가야 | 농협 | 선진 | 금보 | 합 계(B) |
|----------|----|----|----|----|----|----|--------|
| 다비 | L | | 7 | 6 | 2 | | 15 |
| | Y | | 18 | 10 | 3 | 34 | 65 |
| | D | | 2 | 13 | | 49 | 64 |
| 가야 | L | | | | | | 0 |
| | Y | | | 1 | | | 1 |
| | D | | 21 | 2 | | | 23 |
| 농협 | L | | | | 4 | | 4 |
| | Y | | | | | | 0 |
| | D | | | | | | 0 |
| 선진 | L | 10 | 2 | 2 | | | 14 |
| | Y | 18 | 8 | 6 | | 6 | 38 |
| | D | | | | | | 0 |
| ref | L | | | 1 | | | 1 |
| | Y | | | 2 | | | 2 |
| | D | | | | | | 0 |
| 합계 | L | 10 | 9 | 9 | 6 | 0 | 34 |
| | Y | 18 | 26 | 19 | 3 | 40 | 106 |
| | D | 0 | 23 | 15 | 0 | 49 | 87 |

[표 3-153] 2019년 공유 내역

| 제공 \ 받음 | 품종 | 다비 | 가야 | 농협 | 선진 | 금보 | 합 계 |
|---------|----|----|----|----|----|----|-----|
| 다비 | L | | | | | | 0 |
| | Y | | | | | 22 | 22 |
| | D | | | | | | 0 |
| 가야 | L | | 10 | | | | 10 |
| | Y | 4 | 42 | 19 | | | 65 |
| | D | | | | | 2 | 2 |
| 농협 | L | | | | 4 | | 4 |
| | Y | | | | | | 0 |
| | D | | | | | | 0 |
| 선진 | L | | 9 | 7 | | 3 | 19 |
| | Y | | | | | | 0 |
| | D | | | | | | 0 |
| 금보 | L | | | | | | 0 |
| | Y | | 2 | | | | 2 |
| | D | | | | | | 0 |
| ref | L | | | 1 | | | 1 |
| | Y | | 3 | | | 3 | 6 |
| | D | | | | | | 0 |
| 합계 | L | 0 | 19 | 8 | 4 | 3 | 34 |
| | Y | 4 | 47 | 19 | 0 | 25 | 95 |
| | D | 0 | 0 | 0 | 0 | 2 | 2 |

[표 3-154] 2020년 공유 내역

| 제공 \ 받음 | 품종 | 다비 | 가야 | 농협 | 선진 | 금보 | 합 계 |
|---------|----|----|----|----|----|----|-----|
| 다비 | L | | 3 | 4 | | | 7 |
| | Y | 30 | 34 | 29 | 11 | 58 | 162 |
| | D | 29 | 6 | 20 | | 10 | 65 |
| 가야 | L | | | | | | 0 |
| | Y | | 46 | | | 29 | 75 |
| | D | 27 | 8 | 4 | | 5 | 44 |
| 가야 | L | | | | | | 0 |
| | Y | | | 18 | | 3 | 21 |
| | D | | | | | | 0 |
| 선진 | L | 7 | 4 | 4 | | | 15 |
| | Y | 16 | 9 | 5 | | | 30 |
| | D | | | | | | 0 |
| 합계 | L | 7 | 7 | 8 | 0 | 0 | 22 |
| | Y | 46 | 89 | 52 | 11 | 90 | 288 |
| | D | 56 | 14 | 24 | 0 | 15 | 109 |

[표 3-155] 2021년 공유 내역

| 제공 \ 받음 | 품종 | 다비 | 가야 | 농협 | 금보 | 합 계(B) |
|---------|----|----|-----|----|----|--------|
| 다비 | L | | 3 | 1 | 2 | 6 |
| | Y | | 29 | 3 | 9 | 41 |
| | D | | 5 | 4 | 2 | 11 |
| 가야 | L | | 12 | | 1 | 13 |
| | Y | | 114 | | 13 | 127 |
| | D | 17 | 7 | 4 | 5 | 33 |
| 선진 | L | 8 | 3 | 2 | | 13 |
| | Y | 10 | 11 | 6 | 3 | 30 |
| | D | | | | | 0 |
| ref | L | | | | | 0 |
| | Y | | | | | 0 |
| | D | | 1 | 2 | | 3 |
| 합계 | L | 8 | 18 | 3 | 3 | 32 |
| | Y | 10 | 154 | 9 | 25 | 198 |
| | D | 17 | 13 | 10 | 7 | 47 |

[표 3-156] 5개년간 공유 내역

| 연도 | 농장 \ 품종 | 가야 | 금보 | 농협 | 다비 | 선진 | 소계 | 계 |
|------|---------|-----|-----|-----|-----|----|-------|-------|
| | L | 0 | 0 | 5 | 0 | 6 | 11 | |
| Y | 0 | 0 | 7 | 0 | 18 | 25 | | |
| D | 5 | 18 | 19 | 6 | 0 | 48 | | |
| 2018 | L | 9 | 0 | 9 | 10 | 6 | 34 | 227 |
| | Y | 26 | 40 | 19 | 18 | 3 | 106 | |
| | D | 23 | 49 | 15 | 0 | 0 | 87 | |
| 2019 | L | 9 | 3 | 8 | 0 | 4 | 24 | 131 |
| | Y | 15 | 25 | 19 | 0 | 0 | 59 | |
| | D | 42 | 2 | 0 | 4 | 0 | 48 | |
| 2020 | L | 7 | 0 | 8 | 7 | 0 | 22 | 419 |
| | Y | 89 | 90 | 52 | 46 | 11 | 288 | |
| | D | 14 | 15 | 24 | 56 | 0 | 109 | |
| 2021 | L | 18 | 3 | 3 | 8 | 0 | 32 | 277 |
| | Y | 154 | 25 | 9 | 10 | 0 | 198 | |
| | D | 13 | 7 | 10 | 17 | 0 | 47 | |
| 소계 | L | 43 | 6 | 33 | 25 | 16 | 123 | 1,138 |
| | Y | 284 | 180 | 106 | 74 | 32 | 676 | |
| | D | 97 | 91 | 68 | 83 | 0 | 339 | |
| 계 | | 424 | 277 | 207 | 182 | 48 | 1,138 | |

제 4 절 신선 및 동결의 활용방안 설정

1. 장기희석제 운영 실험

- 액상정액을 이용, 유전자원을 공유할 경우를 대비 장기희석제를 도입, 검토하여 평균 3~4 일령의 보존기간을 8일 까지 보존이 가능한 것을 확인하였음

[표 3-157] 장기희석제와 일반희석제를 이용한 보존성 검사(2회 반복)

| 개체 Landrace | 희석제 | 농도 (ml/억) | 활력 (%) | 일자 | | | | | | | | | |
|----------------|-----|--------------|-----------|-----|------|------|------|------|------|------|------|------|------|
| | | | | 1일차 | 2일차 | 3일차 | 4일차 | 5일차 | 6일차 | 7일차 | 8일차 | 9일차 | 10일차 |
| 2063 | S | 0.23 | 84% | 85% | 84+% | 84% | 84-% | 80-% | - | - | - | - | - |
| | V | | | 85% | 85-% | 85-% | 84+% | 84% | 83+% | 83% | 83-% | 82-% | - |
| | D | | | 85% | 85-% | 85-% | 84% | 84-% | 83+% | 83% | 83% | 82-% | 81+% |
| 2068 | S | 0.23 | 84% | 85% | 84+% | 84% | 83% | 50% | - | - | - | - | - |
| | V | | | 85% | 85-% | 84+% | 83+% | 83% | 83% | 82+% | 82% | 82% | 81+% |
| | D | | | 85% | 85-% | 84+% | 83% | 83-% | 82+% | 82+% | 82% | 82% | 81+% |
| 2069 | S | 0.23 | 84% | 85% | 84+% | 84% | 83-% | - | - | - | - | - | - |
| | V | | | 85% | 84+% | 84% | 84-% | 83-% | 83% | 82-% | 80-% | - | - |
| | D | | | 85% | 84+% | 84% | 84-% | 82-% | 81-% | 50-% | 10% | - | - |

| 개체 (Duroc) | 희석제 | 농도 (ml/억) | 활력 (%) | 일자 | | | | | | | | | |
|---------------|-----|--------------|-----------|------|------|------|------|------|------|-----|------|------|------|
| | | | | 1일차 | 2일차 | 3일차 | 4일차 | 5일차 | 6일차 | 7일차 | 8일차 | 9일차 | 10일차 |
| 3397 | S | 0.23 | 84% | 85% | 84% | 83% | 82-% | 80-% | - | - | - | - | - |
| | V | | | 85+% | 85-% | 84+% | 84% | 84-% | 83% | 83% | 83% | 81-% | 80-% |
| | D | | | 85+% | 85% | 84+% | 84% | 84-% | 83+% | 83% | 83% | 81-% | 80-% |
| 3367 | S | 0.23 | 84% | 85+% | 84% | 83% | 82-% | 80-% | - | - | - | - | - |
| | V | | | 85+% | 85% | 85-% | 84+% | 84% | 83% | 83% | 83-% | 82-% | 81-% |
| | D | | | 85+% | 85% | 85-% | 84+% | 84% | 83% | 83% | 83-% | 82-% | 81-% |
| 3312 | S | 0.23 | 84% | 85% | 85-% | 84% | 83-% | 80-% | - | - | - | - | - |
| | V | | | 85+% | 85% | 85-% | 84% | 84% | 83% | 82% | 70% | 65% | 50-% |
| | D | | | 85+% | 85% | 84+% | 84% | 84% | 83% | 82% | 81-% | 80-% | 70-% |

- 결론 : 장기희석제 D의 경우 정액보존에 일반희석제 S보다 좋은 효과를 나타내었음

2. 동결정액 제조 매뉴얼

가. 동결정액의 필요성

- 현재 국내AI 센터의 영세성과 지역 한계성 등으로 인하여 정액생산과 보급에 어려움을 가중시키고 있다. 한편 정액 수요공급의 불일치는 정액의 낭비와 더불어 정액보존과 정액 수송유통의 어려움 때문에 자가 생산 정액의 인공수정이 많이 행해지고 있으며 종돈

개량의 효율도 낮은 실정이다. 또한 돼지 인공수정의 번식성적을 보면 일본의 경우 동결 정액이 액상정액에 비해 10%정도 수태율이 낮으며, 산자수도 복당 1~2두 낮기 때문에 동결정액 보급이 저조한 실정이다. 1980년 19개국에서 동결정액의 인공수정에서 조사된 평균 수태율은 53%(30~65%)수준이다. 동결정액의 산업화와 수태율 향상을 위해서 동결 과정에서 동해방지제 농도, 희석제, 조성분, 동결속도 및 용해조건, 포장방법 등에 대하여 더욱 많은 연구가 요구되고 있다(Bwanga 등, 1991).

- 돼지의 동결정액 보급률이 소의 경우보다 현저히 낮다고 보고되어 진다. 그 이유로는 첫째로 소의 경우, 사출정액은 6~9ml 정도이지만 정자농도가 매우 높아 1회 사출 정액으로 최대 약 2,000마리 암컷을 임신시킬 수 있는 정액을 생산할 수 있다. 또한 동결보존기술이 잘 개발되어 있어 인공수정을 통한 후대생산이 일반화 되어있으며, 이는 수컷의 사육비용을 절감시켜 농가의 이득으로 환류되고 있다. 둘째로는 돼지 정자의 동결성이 낮을 뿐만 아니라 동결성이 종모돈 개체 차이가 크기 때문이다. 그러나 우수한 종모돈의 최대 활용과 우수 유전자원의 국내 도입 및 액상정액 이용의 지역적 한계성과 보존성의 한계를 극복하기 위하여 동결정액생산기술의 개발과 이용은 반드시 이루어져야 할 것이다.

나. 동결정액의 실용 예

- 고비용으로 성적이 나쁜 경우라도 돼지의 육종 및 생산에서 동결 정액의 사용은 여러 가지 이점이 있다. 동결 정액의 가능성은 크고, 그 응용의 범위는 추가비용과 기대되는 결과에 따라 결정된다. 돼지의 정자를 동결하는 기술의 가장 중요한 기능은 돼지 유전자원을 안전하게 보존할 수 있다는 점이다. 이 기술은 육종으로 잃어버릴 수 있는 경제적 형질을 안정적으로 보존할 수 있으며, 악성질병으로 한 계통을 멸실하였을 때, 신속하게 복원할 수 있다. 현재 가축유전자원센터에서는 최근 개발된 동결 기술로 양돈 유전자원을 보존하고 있으며, 유전자원을 수집하고 보존하는 기술로 그 중요도가 증가하고 있다. 그렇게 하기 위해서는 돈군을 재생하기 위해 필요한 종돈을 신중하게 선발하여야 하고, 정액을 동결 보존하여야 한다. 또한 종돈을 생산하는 양돈장에서도 동결 정액을 사용하는 이점이 있다. 순수종의 원종돈이나 원원종돈은 발정이 불규칙하기 쉽다. 하지만 언제 발정이 오더라도 동결보존시킨 정액을 이용하여 수정할 수 있다는 점이 가장 큰 장점이다. 또한 동결정액은 장기간 보존이 가능하기 때문에 여러 가지 수송수단의 이용이 가능하다. 약천후 등으로 수송이 지연되어도 1~2주간은 충분히 대처가 가능하다는 장점이 있다.

다. 동결정액의 문제점

- 현재 돼지 동결 정액의 가장 큰 문제점으로는 타가축에 비해 돼지의 정액은 저항성이 약하여 동결, 용해과정을 거치는 동안 정자의 운동성, 생존성 및 두모(정자의 첨체부분)에 손상을 입는 비율이 높으며, 이는 동결정액이 액상정액에 비해 수태율이 낮은 주요한 원인이 되고 있다. 또한, 돼지 동결 정액의 용해 후 정액성상과 수태율은 품종, 개체 및 환경조건에 따라 차이가 크며, 특수한 장비와 기구가 별도로 필요하고 정액을 용해하는 과정이 다소 복잡하여 제조방법과 그것에 대한 숙련이 요구된다.

라. 동결정액 제조 방법

(1) 정액채취 및 예비냉각

- ▶ 수태지로부터 채취한 정액을 돼지 액상 정액 보존액을 이용하여 1:1로 희석
 - ex) 40L에 적정 희석제 10L용 4개를 넣어 희석제를 만들면 1:1희석
 - ex) 원정액량이 200ml라고 가정하면 희석제를 200ml를 넣어 1:1로 희석

- ▶ 희석 후 실온에 1시간 정도 정치하여 홀딩 타임을 줌

(이 때, 온도충격으로 인해 정자가 죽지 않도록 원정액과 보존액의 온도를 동일하게 맞춰줌)

- ▶ 홀딩 타임이 끝난 후 활력 검사를 통해 이상여부를 확인함

- ▶ 정액의 온도가 15℃ 정도 하강할 때까지 서서히 낮춘다 (냉장 캐비닛 혹은 냉장고 이용, 2~3시간 소요) → 최대한 정자가 죽지 않도록 온도를 서서히 낮춰주는 것이 key point!

(2) 정액성상 (정액량, 정자농도, 활력평가, 유효 정자수 계산)

- ▶ 냉장고에 보관중인 정액의 정액량, 농도, 활력평가를 측정 후 유효 정자수를 산출함

- ▶ 유효 정자수 = 정액량 (ml) * 농도 * 운동성 (%)

(3) 정액의 원심 분리

▶ 정액을 50ml 코니칼튜브에 각각 분주하여 원심분리

-이때 원심분리기 설정값 800g, 10분, 17℃로 설정한다 .



[그림 3-126] 저울, 비색계의 참고 사진

▶ 원심 분리가 끝난 후 코니칼 튜브를 빼면 상층액과 아래에 정액이 원심 분리 되어 나오게 된다. 이때 상층액은 최대한 제거하고 침전된 정자 펠렛을 풀어주어 (피펫으로 풀어준다) 하나의 튜브로 모음

▶ 침전된 정자를 동결용 희석제 (1차 - 11% lactose, 20% egg-yolk)로 희석하여 18억/ml 가 되도록 함

ex) 만약 어떤 개체에서 1ml에 정자수가 2.7억이라고 가정하자. 100ml를 만든다고 가정한다면, 270억을 만들어주어야 한다. 따라서 만들어지면 1ml에 18억으로 희석해야하기 때문에 $270/18 = 15$

▶ 정자의 volume을 감안하여 total volume의 2/3이 되도록 1차 동결용 희석제를 첨가

※ 추후에 2차 희석 단계에서 total volume 1/3의 2차 희석액이 첨가됨

▶ 활력평가를 통해 이상여부 확인

※ 주의사항 : 원심분리기에 넣을 때에는 항상 무게 평형을 맞춰주어야 한다! (상하좌우 무게를 동일하게 하여 평형을 맞춰줌)



[그림 3-127] 원심분리기 내, 외부

(4) 제조할 동결 스트로우 수량과 희석액량 계산

- ▶ 정액을 원심 분리하는 동안 유효 정자수를 바탕으로 0.5ml 용량 동결 스트로우 개수를 계산하고 동결용 희석액의 희석량을 미리 계산함 (제조실에 있는 컴퓨터 엑셀파일을 이용하여 쉽게 계산이 가능하다.)

(5) 예비 냉각 실시

- ▶ 시료를 4~5℃로 냉각시킴 (비커에 찬물을 담아두고 그 안에 코니칼 튜브를 넣어 일반 냉장고에 넣으면 2시간 후 4~5℃로 냉각이 된다. 이때 온도계도 함께 넣어 온도를 체크해준다.)
- ▶ 중간중 간 냉장 적응 성을 확인하기 위하여 활력검사 실시

(6) 2차 희석

- ▶ 4~5℃가 되면 15분 간격으로 2차 동결용 희석제 (9% 글리세롤)를 3회 분할하여 첨가함 (정자수는 12억/ml) - 15분에 1회 실시, 총3회 반복
- ▶ 활력 평가 실시 (글리세롤 적응성 확인)
- ※ 3회 분할하여 첨가하는 이유 : 글리세롤에 독한 성분이 있어 정자에 타격을 줄 수 있기 때문이다.
- ※ 2차 동결용희석제 = 1차 버퍼 + 글리세롤 + 계면활성제

※ 계면활성제 : 동결을 하면 데미지가 큰데, 계면활성제는 표면을 매끄럽게 하여 표면을 막아 데미지 손상을 최소화 시킬 수 있다.

※ 글리세롤 : 세포막· 내에 침투하여 수분을 빼내는 역할을 함. (수분을 빼내는 이유 : 동결 정액실험에서 가장 큰 문제점은 수분이 얼어 결과가 잘 안 나오는 경우가 있기 때문)

(7) 동결용 정액샘플의 스트로우 봉입

▶ 0.5ml 스트로우 : 필터 달린 쪽을 흡입하는 방법으로 정액을 주입 (온도 충격을 최소화 하기 위해 스트로우 또한 4℃에 유지시켜준다.)

▶ straw powder를 이용하여 입구를 막아줌

※ 동결과정 중 용해 할 때 부피 팽창으로 인한 스트로우 파열을 방지하기 위하여 스트로우 중간부분에 공기층을 확보해야 함

(8) 글리세롤 평형

▶ 포장이 끝난 스트로우들은 5℃에서 60~90분 동안 글리세롤평형을 실시

(9) 동결 (Freezing)

▶ 자동 정액 동결장치를 이용하거나 Box 동결시스템을 통해 동결을 실시

▶ 자동 정액 동결장치 : 동결 Program에 따라 동결 실시

* 스타트 버튼을 누를 시 -140℃까지 내려감

5℃ → -5℃(냉각속도 μ 6℃/min), → -80℃(40℃/min), hold 30 sec → -140℃

※ 프로그램 작동법 :

- 프로그램을 키고 가스를 연후 압력 게이지를 확인한다. (압력은 0.1 ~ 0.2가 가장 적당)
- 샘플온도가 5℃가 되면 샘플시료를 넣고 Start 버튼을 누른다.

- ▶ 끝난 후 스트로우는 액체질소통에 넣고 10분 방치
- ▶ 희석제를 준비한다 (1:1 희석제)
- ▶ 희석제도 항온수조에 넣어 온도 충격을 최소화시킨다.
- ▶ 희석제 5ml에 스트로우 1개 희석 후 정액검사

(10) 정액의 용해 (항온수조 이용)

- ▶ 스트로우 용량 0.5ml 기준

| 용해온도 (℃) | 용해시간 (초) |  |
|----------|----------|---|
| 37 | 30 | |
| 52 | 12 | |
| 70 | 8 | |

마. 동결 버퍼제 제조 방법

- ▶ 동결과정 중 사용되는 1차 버퍼제 및 2차 버퍼제 제조과정

직접 동결용 희석제(동결 버퍼제)를 제조와 센터에서 동결정액 제조 실험 전 신선한버퍼제 사용 여부를 확인하기 위해 진행

- ▶ 동결버퍼제(1차) 제조과정

다음은 1차 및 2차 동결 버퍼제를 각 500ml씩 제조하는 과정이다.

(1) 신선한 계란을 준비하여 난황을 분리하고 난황을 제거한다.

- 버퍼제 1L 기준 난황 205g 필요. (제조 중 손실이 있으므로 약 5~10g 더 준비)



(2) 액체상태의 lactose와 증류수에 난황을 넣고 혼합되도록 20~30분 교반한다.

- lactose는 열에 데미지를 받으므로 상온에서 액체상태로 교반하며 녹인다.

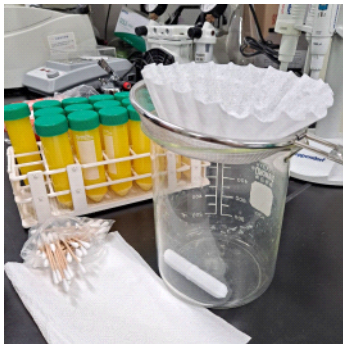
- 버퍼제 1L 기준 : lactose 111.6g + D.W 800ml

(3) 버퍼제의 세균억제를 위하여 항생제를 혼합한다.

- 버퍼제 1L 기준 : 겐타마이신 1ml, 페니실린 30.1mg, 스트렙토마이신 50mg

(4) 코니칼튜브에 분주 후 4000rpm, 17~18℃에서 15~20분 원심분리한다.

(5) 원심분리를 마친 후 필터링을 하여 지질층을 제거해준다.



(6) L-cystein과 α-토코페롤, 95% 에탄올을 첨가한 후 20분 교반한다.

- 버퍼제 100ml 기준 L-cystein 6.95mg

- 버퍼제 100ml 기준 α-토코페롤과 95% 에탄올을 1:1로 섞는다.(합쳐서 20ul)

- α-토코페롤은 동결정액 용해 시 정자에 가해지는 충격을 최소화시킨다.

▶ 동결버퍼제(2차) 제조과정

○ 2차 동결버퍼제는 1차 동결버퍼제에 글리세롤과 OEP가 추가로 혼합된다.

(1) 1차버퍼제 455ml에 글리세롤 45ml를 혼합 후 약 20분 교반한다.

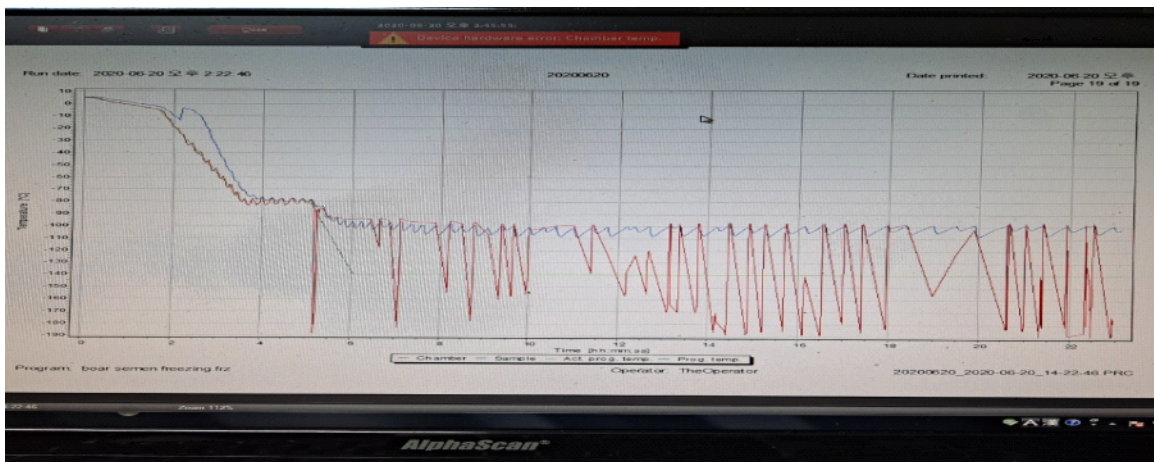
- 2차버퍼제 100ml 제조 시 1차버퍼제의 91ml가 사용된다.

- 2차버퍼제 100ml 제조 시 글리세롤 9ml가 사용된다.

(2) SLS 750mg을 혼합하여 약 20분 교반한다.

- ▶ 동결버퍼제(동결용 희석액)는 미리 제조해두고 냉동고에 보관해두었다가 실험 진행 시 해동하여 사용하기도 하지만, 제조하기 전에 매번 신선하게 만들어 쓰는 것이 가장 좋음.
- ▶ 조치원센터 내에서 실험 진행 시 실험기기 및 기구, 동결용 희석제에 제조에 필요한 OEP(Orvus Es Paste), α -lactose monohydrate 등 구하기 까다로운 재료가 제조시간 또한 소요되어 진행하기 어렵다고 판단됨.
- 그러므로 앞으로 실험 예정일 3~4일 전 소규모로 버퍼제를 주문하여 사용하는 것이 실험 진행 중 버퍼제의 신선도를 높일 것이 방안이라 생각함.
- ▶ 동결정액 제조실험 관련 유의사항

① 동결프로그램 진행 중 가끔씩 chamber error 문구가 나타나는 이유



[그림 3-128] 동결프로그램에서 나타나는 이상 목표값 온도(청색)변화와, 실제 온도(청색)변화 그래프

- chamber 온도 측정 센서가 동결기계 벽면에 붙어 온도의 감지에 이상이 생겼을 가능성이 있음.
- 동결 기계의 온도가 매우 낮아졌을 시 정확한 기기온도를 감지하지 못해 가끔씩 문구가 나타날 수 있음.
- 동결 프로그램 진행 중 약 4~5분 대에 샘플의 온도가 -80°C까지 온도가 떨어지고 이후 -120°C까지 감온하게 된다면 동결정액 제조에 큰 문제는 없음.

② 동결프로그램 작동 및 변경방법 확인

- 동결프로그램은 컴퓨터에 인터넷이 연결되지 않아도 sy-lab 프로그램만으로도 이용 가능.
- 동결프로그램 오작동 시 프로그램 변경방법을 통해 문제 해결 가능.
(main menu - file - freezing program - create new - 원하는 그래프설정)

③ 동결정액 제조과정 중 랙 나열방법 및 나열위치 재확인

- straw는 기계 하단부에서부터 올리는 방식으로 랙에 나열하는 것이 품질에 가장 좋음.

바. 동결정액 제조 후 품질 검사 등 실시 지속 예시

[표 3-158] 동결정액 제조후 품질검사 결과 예시1

| 동결정액 | | | pH | 삼투압 | 기형율 | | | | | | 희석정액 정자농도 (/straw) | 상태 |
|------|------|------|------|-----|----------|----|-----------|----|----------|-----|--------------------------|----|
| 명호 | 생존율 | 활력 | | | 꼬리 만곡 | 7% | 염주알 정자 | 5% | 침체 소실 | 14% | | |
| 2053 | 45.4 | 73.5 | 7.05 | 281 | 꼬리 만곡 | 7% | 염주알 정자 | 5% | 침체 소실 | 14% | 724,500,000 | OK |

[표 3-159] 동결정액 제조후 품질검사 결과 예시2

| 동결정액 | | | pH | 삼투압 | 기형율 | | | | | | 희석정액 정자농도 (/straw) | 상태 |
|------|------|------|------|-----|----------|----|-----------|----|----------|-----|--------------------------|----|
| 명호 | 생존율 | 활력 | | | 꼬리 만곡 | 8% | 염주알 정자 | 5% | 침체 소실 | 12% | | |
| 1038 | 48.7 | 67.5 | 6.84 | 303 | 꼬리 만곡 | 8% | 염주알 정자 | 5% | 침체 소실 | 12% | 578,400,000 | OK |
| 2063 | 57.6 | 81.4 | 6.89 | 307 | 꼬리 만곡 | 3% | 염주알 정자 | 4% | 침체 소실 | 10% | 623,700,000 | OK |

3. 동결정액을 활용한 교배 후 수태율, 분만을 확인

가. 동결정액 수태율 실험

○ 2020년

| 산청GGP - 가야육종 동결정액 실험 결과 (2020년도) | | | | | | |
|----------------------------------|--------------|--------|-------|---------------|------|----|
| 개체번호 (동결) | 품종 (동결정액) | 모돈 번호 | 교배일 | 수태여부 (O/X) | 교배횟수 | 분만 |
| 7551 | YY | 4930H | 02/18 | O | 3회교배 | 5 |
| 7551 | YY | 8945F | 02/19 | O | 3회교배 | 14 |
| 7551 | YY | 1488H | 03/10 | O | 3회교배 | 15 |
| 5054 | YY | 1068G | 03/16 | O | 3회교배 | 유산 |
| 5054 | YY | 7989H | 03/16 | O | 3회교배 | 13 |
| 1064 | YY | 3943G | 03/24 | O | 3회교배 | 14 |
| 1064 | YY | 5895H | 03/24 | O | 3회교배 | 18 |
| 3958 | YY | 6002F | 03/31 | O | 3회교배 | 16 |
| 3958 | YY | 2913G | 03/31 | O | 3회교배 | 사고 |
| 1240 | LL | 2166H | 04/21 | O | 3회교배 | 3 |
| 5054 | YY | 6799H | 04/21 | O | 3회교배 | 재발 |
| 3958 | YY | 6479H | 05/12 | O | 3회교배 | 3 |
| 3958 | YY | 6656H | 05/12 | O | 3회교배 | 15 |
| 4907 | YY | 5814G | 05/26 | O | 3회교배 | 6 |
| 4907 | YY | 7128H | 08/26 | O | 3회교배 | 9 |
| 4907 | YY | 7248F | 06/09 | O | 3회교배 | 13 |
| 3958 | YY | 3080H | 06/09 | O | 3회교배 | 16 |
| 4907 | YY | 0830H | 06/23 | O | 3회교배 | 16 |
| 3958 | YY | 3437G | 06/23 | O | 3회교배 | 14 |
| 1240 | LL | 811055 | 06/30 | X | 3회교배 | 재발 |
| 4907 | YY | 1200H | 07/14 | O | 3회교배 | 4 |
| 3958 | YY | 0895H | 07/14 | O | 3회교배 | 20 |
| 4907 | YY | 8318F | 07/28 | O | 3회교배 | 12 |
| 3958 | YY | 1446H | 07/28 | O | 3회교배 | 19 |
| 4907 | YY | 2135J | 09/02 | O | 3회교배 | 16 |
| 3250 | YY | 5809H | 09/06 | O | 3회교배 | 4 |
| 3250 | YY | 8887H | 09/09 | O | 3회교배 | 12 |
| 3250 | YY | 7363F | 09/11 | O | 3회교배 | 14 |
| 3958 | YY | 9782H | 09/20 | O | 3회교배 | 재발 |
| 3947 | YY | 9542H | 09/22 | O | 3회교배 | 17 |
| 3250 | YY | 6523H | 09/22 | O | 3회교배 | 9 |
| 3947 | YY | 5617G | 10/06 | X | 3회교배 | 사고 |
| 4907 | YY | 1726J | 10/08 | O | 3회교배 | 4 |
| 7551 | YY | 2916G | 10/22 | O | 3회교배 | 10 |
| 7551 | YY | 0311J | 10/22 | O | 3회교배 | 10 |
| 7551 | YY | 3079H | 10/27 | O | 3회교배 | 17 |

| 도화농장 - 다비육종 동결정액 실험 결과 (2020년도) | | | | | | |
|---------------------------------|--------------|---------|-------|---------------|------|------------|
| 개체번호 (동결) | 품종 (동결정액) | 모돈 번호 | 교배일 | 수태여부 (O/X) | 교배횟수 | 분만 (총산) |
| 2105 | LL | 19.5754 | 02/18 | X | 3회교배 | - |
| 2105 | LL | 19.5475 | 02/18 | O | 3회교배 | 11 |
| 2105 | LL | 19.5655 | 02/18 | X | 3회교배 | - |
| 2105 | LL | 19.5718 | 02/18 | X | 3회교배 | - |
| 2105 | LL | 19.6246 | 02/25 | O | 3회교배 | 4 |
| 2105 | LL | 19.5657 | 02/25 | X | 3회교배 | - |
| 2105 | LL | 19.5735 | 02/25 | O | 3회교배 | 2 |
| 2105 | LL | 19.6053 | 02/25 | X | 3회교배 | - |
| 2105 | LL | 19.6371 | 03/03 | X | 3회교배 | - |
| 2105 | LL | 19.6155 | 03/03 | X | 3회교배 | - |
| 2105 | LL | 19.5533 | 03/03 | X | 3회교배 | - |
| 2105 | LL | 19.6050 | 03/03 | X | 3회교배 | - |

| 삼성종돈 - 다비육종 동결정액 실험 결과 (2020년도) | | | | | | |
|---------------------------------|--------------|---------|-------|---------------|------|------------|
| 개체번호 (동결) | 품종 (동결정액) | 모돈 번호 | 교배일 | 수태여부 (O/X) | 교배횟수 | 분만 (총산) |
| 3587 | DD | 78-72 | 08/04 | X | 3회교배 | - |
| 3587 | DD | 78-01 | 08/04 | X | 3회교배 | - |
| 3587 | DD | 16-61 | 08/04 | O | 3회교배 | 유산 |
| 3587 | DD | 130-180 | 08/04 | O | 3회교배 | 10 |
| 3648 | DD | 48-68 | 08/18 | O | 3회교배 | 15 |
| 3648 | DD | 26-17 | 08/18 | O | 3회교배 | 16 |
| 3648 | DD | 73-56 | 08/18 | X | 3회교배 | - |
| 3648 | DD | 133-147 | 08/18 | O | 3회교배 | 15 |
| 3648 | DD | 82-55 | 09/01 | O | 3회교배 | 17 |
| 3650 | DD | 53-55 | 09/01 | O | 3회교배 | 14 |
| 3648 | DD | 53-24 | 09/01 | O | 3회교배 | 17 |
| 3650 | DD | 16-70 | 09/01 | O | 3회교배 | 14 |

| 단양종돈 - 다비육종 동결정액 실험 결과 (2020년도) | | | | | | |
|---------------------------------|--------------|------------|-------|---------------|------|------------|
| 개체번호 (동결) | 품종 (동결정액) | 모돈 번호 | 교배일 | 수태여부 (O/X) | 교배횟수 | 분만 (총산) |
| 037065 | YY | YY18036076 | 10/27 | X | 3회교배 | 재발 |
| 037065 | YY | YY20053023 | 10/27 | O | 3회교배 | 15 |
| 037065 | YY | YY18006170 | 11/03 | O | 3회교배 | 3 |
| 037065 | YY | YY20029012 | 11/03 | X | 3회교배 | 재발 |
| 037065 | YY | YY18017171 | 11/11 | X | 3회교배 | 재발 |
| 037065 | YY | YY19038098 | 11/17 | O | 3회교배 | 14 |
| 037065 | YY | YY19077096 | 11/17 | O | 3회교배 | 12 |
| 037065 | YY | YY19086094 | 11/17 | O | 3회교배 | 17 |
| 037065 | YY | YY18093055 | 12/01 | O | 3회교배 | 폐사 |
| 037065 | YY | YY18014082 | 12/01 | O | 3회교배 | 13 |
| 037065 | YY | YY18016011 | 12/01 | O | 3회교배 | 15 |

○ 2021년

| 삼성중돈 - 다비육종 동결정액 실험 결과 (2021년도) | | | | | | |
|---------------------------------|--------------|---------|-------|---------------|------|----|
| 개체번호 (동결) | 품종 (동결정액) | 모돈 번호 | 교배일 | 수태여부 (O/X) | 교배횟수 | 분만 |
| 3648 | DD | 187-117 | 04/15 | O | 3회교배 | 유산 |
| 3648 | DD | 187-112 | 04/15 | O | 3회교배 | 9 |
| 3648 | DD | 43-80 | 04/15 | O | 3회교배 | 유산 |
| 3648 | DD | 78-63 | 04/15 | O | 3회교배 | 5 |
| 3648 | DD | 186-167 | 04/29 | O | 3회교배 | 16 |
| 3648 | DD | 58-01 | 04/29 | X | 3회교배 | - |
| 3648 | DD | 57-84 | 04/29 | O | 3회교배 | 15 |
| 3648 | DD | 164-113 | 04/29 | O | 3회교배 | 14 |
| 3648 | DD | 78-08 | 05/13 | O | 3회교배 | 13 |
| 3648 | DD | 157-154 | 05/13 | O | 3회교배 | 11 |
| 3650 | DD | 134-107 | 05/13 | O | 3회교배 | 7 |
| 3650 | DD | 64-02 | 05/13 | O | 3회교배 | 15 |
| 3650 | DD | 106-17 | 05/27 | O | 3회교배 | 7 |
| 3650 | DD | 27-83 | 05/27 | O | 3회교배 | 4 |
| 3648 | DD | 10-24 | 05/27 | O | 3회교배 | 12 |
| 3648 | DD | 43-62 | 05/27 | X | 3회교배 | - |

| 대덕중돈 - 다비육종 동결정액 실험 결과 (2021년도) | | | | | | |
|---------------------------------|--------------|-------|-------|---------------|------|----|
| 개체번호 (동결) | 품종 (동결정액) | 모돈 번호 | 교배일 | 수태여부 (O/X) | 교배횟수 | 분만 |
| 1074 | YY | 87-14 | 08/17 | O | 3회교배 | - |
| 1074 | YY | 83-30 | 08/17 | O | 3회교배 | - |
| 1074 | YY | 85-68 | 08/17 | O | 3회교배 | - |
| 1064 | YY | 61-44 | 08/17 | O | 3회교배 | - |

| 산청GPP - 가야육종 동결정액 실험 결과 (2021년도) | | | | | | |
|----------------------------------|--------------|-------|-------|---------------|------|----|
| 개체번호 (동결) | 품종 (동결정액) | 모돈 번호 | 교배일 | 수태여부 (O/X) | 교배횟수 | 분만 |
| 4066 | YY | 2017J | 01/12 | O | 3회교배 | 13 |
| 4066 | YY | 2022H | 02/01 | O | 3회교배 | 14 |
| 4066 | YY | 4973G | 02/02 | O | 3회교배 | 20 |
| 5808 | YY | 9797H | 02/09 | X | 3회교배 | 재발 |
| 3958 | YY | 5613G | 02.09 | O | 3회교배 | 9 |
| 5808 | YY | 2054H | 02/24 | O | 3회교배 | 6 |
| 5808 | YY | 3075H | 03/02 | X | 3회교배 | 재발 |
| 3958 | YY | 7098H | 03/02 | O | 3회교배 | 14 |
| 5808 | YY | 0490J | 03/29 | O | 3회교배 | 14 |
| 5808 | YY | 5895H | 05/19 | O | 3회교배 | 18 |
| 3947 | YY | 2294H | 07/13 | O | 3회교배 | 17 |
| 2215 | YY | 2318H | 07/13 | O | 3회교배 | 15 |
| 3947 | YY | 0514J | 07/26 | O | 3회교배 | 7 |
| 2215 | YY | 7216H | 07/26 | O | 3회교배 | 12 |
| 3947 | YY | 0386J | 08/16 | O | 3회교배 | - |
| 2215 | YY | 9564H | 08/16 | O | 3회교배 | - |
| 2215 | YY | 0706J | 08/24 | O | 3회교배 | - |
| 3947 | YY | 0335K | 08/25 | O | 3회교배 | - |
| 2215 | YY | 0889J | 08/31 | O | 3회교배 | - |
| 3947 | YY | 4930H | 09/01 | O | 3회교배 | - |
| 3947 | YY | 1478J | 10/01 | O | 3회교배 | - |
| 2344 | YY | 7765J | 10/19 | O | 3회교배 | - |

| 동결정액 실험 결과 요약 | | | |
|--------------------|-----|------|---------|
| 농장 | 구분 | 2020 | 2021 |
| 도화(20년) 대덕(21년) | 교배수 | 12 | 4 |
| | 수태수 | 3 | 4 |
| | 분만수 | 3 | - |
| | 산자수 | 5.7 | - |
| 단양 | 교배수 | 11 | - |
| | 수태수 | 8 | - |
| | 분만수 | 7 | - |
| | 산자수 | 12.7 | - |
| 삼성 | 교배수 | 12 | 16 |
| | 수태수 | 9 | 14 |
| | 분만수 | 8 | 12 |
| | 산자수 | 14.8 | 10.7 |
| 산청 | 교배수 | 36 | 22 |
| | 수태수 | 32 | 20 |
| | 분만수 | 30 | 12(분만중) |
| | 산자수 | 11.9 | 13.3 |

| 구분 | 2020년 | 2021년 | 계(평균) |
|------|-------|-------|-----------|
| 교배수 | 71 | 42 | 113 |
| 수태수 | 52 | 38 | 90 |
| 분만수 | 48 | 24 | 72 |
| 수태율 | 0.73 | 0.90 | 0.80 |
| 분만율 | 0.68 | 0.57 | 0.64(분만중) |
| 총산자수 | 12.1 | 12.0 | 12.1 |

제 5 절 동결정액 해동 후 활력 및 보존성검사 진행

1. 동결정액 해동 후 활력 및 보존성검사 진행

| 구분 | 융해온도 /시간 | 품종 | 개체번호 | Straw 용량 | 생존율/활력 | | | | | | | |
|---------------|-------------|--------------|------|-------------|---------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|---|
| | | | | | 융해 후 | 1시간 후 | 2시간 후 | 3시간 후 | 4시간 후 | 5시간 후 | 6시간 후 | |
| 조치 원센 터 | 02/18 | 37°C/30 초 | YY | 1064 | 0.5ml | 65/70 | 65/65 | 60/65 | 55/60 | 50/50 | 40/40 | - |
| 구분 | 융해온도 /시간 | 품종 | 개체번호 | Straw 용량 | 생존율/활력 | | | | | | | |
| 조치 원센 터 | 03/03 | 37°C/30 초 | LL | 2105 | 0.5ml | 65/70 | 65/70 | 60/65 | 55/60 | 50/55 | 45/50 | - |
| 구분 | 융해온도 /시간 | 품종 | 개체번호 | Straw 용량 | 생존율/활력 | | | | | | | |
| 조치 원센 터 | 04/02 | 37°C/30 초 | YY | 1064 | 0.5ml | 60/70 | 55/65 | 50/65 | 45/60 | 40/55 | - | - |
| | | 37°C/30 초 | DD | 3587 | 0.5ml | 50/60 | 45/55 | 40/50 | - | - | - | - |
| | | 37°C/30 초 | LL | 2105 | 0.5ml | 65/65 | 60/60 | 55/60 | 50/55 | 45/50 | - | - |
| 구분 | 융해온도 /시간 | 품종 | 개체번호 | Straw 용량 | 생존율/활력 | | | | | | | |
| 조치 원센 터 | 04/17 | 37°C/30 초 | DD | 3587 | 0.5ml | 55/65 | 55/60 | 55/50 | 50/45 | 40/45 | - | - |

| 구분 | 용해온도 /시간 | 품종 | 개체번호 | Straw 용량 | 생존율/활력 | | | | | | | |
|---------------|-------------|-------------|------|-------------|---------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|---|
| | | | | | 용해 후 | 1시간 후 | 2시간 후 | 3시간 후 | 4시간 후 | 5시간 후 | 6시간 후 | |
| 조치 원센 터 | 05/27 | 37℃/30 초 | DD | 3587 | 0.5ml | 55/65 | 55/60 | 55/55 | 50/45 | 40/40 | - | - |
| 구분 | 용해온도 /시간 | 품종 | 개체번호 | Straw 용량 | 생존율/활력 | | | | | | | |
| 조치 원센 터 | 06/20 | 37℃/30 초 | DD | 3587 | 0.5ml | 60/60 | 55/60 | 50/55 | 50/50 | 50/45 | - | - |

2. 우수 유전자원 동결정액 제조 후 공유

가. 다비육종 조치원센터 GSP 우수종모돈 동결정액 공급현황

| 품종 | 혈통번호 | 공급일 | 용량 | 공급 장소 | 공급수량 |
|-----------------------|----------------------------|------------|-------|--------|------|
| YY 우수종모돈 (1064) | 21901018547 | 2020/04/17 | 0.5ml | 선진(제천) | 415 |
| YY 우수종모돈 | 21901018547 92005027425 | 2021/07/28 | 0.5ml | 선진(제천) | 308 |
| 합계 : 71 dose 공급 | | | | | |

제 6 절 유전자원 보존

1. 동결, 신선정액 제조

가. 동결정액 제조 내역

| 다비육종 동결정액 제조실험(2020년도) | | | | | | |
|------------------------|----|------------|---------|--------------------|-----------------|-----|
| 시험 장소 | 품종 | 응돈 개체번호 | 동결일 | 정자농도 (천만/straw) | 포장용량 (0.5ml) | 상 태 |
| 조치원 센터 | YY | 1064 | 01월 01일 | 4억/straw | 0.5ml | 공급 |
| 조치원 센터 | DD | 3587 | 01월 01일 | 4억/straw | 0.5ml | 실험 |
| 조치원 센터 | YY | 1064 | 01월 08일 | 4억/straw | 0.5ml | 공급 |
| 조치원 센터 | YY | 1064 | 02월 08일 | 4억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 조치원 센터 | LL | 2105 | 02월 08일 | 4억/straw | 0.5ml | 실험 |
| 조치원 센터 | LL | 2105 | 02월 22일 | 4억/straw | 0.5ml | 실험 |
| 조치원 센터 | LL | 2105 | 02월 29일 | 4억/straw | 0.5ml | 실험 |
| 조치원 센터 | YY | 1064 | 03월 11일 | 4억/straw | 0.5ml | 공급 |
| 조치원 센터 | DD | 3587 | 03월 11일 | 4억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 조치원 센터 | YY | 1064 | 03월 20일 | 4억/straw | 0.5ml | 공급 |
| 조치원 센터 | YY | 1064 | 04월 22일 | 4억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 조치원 센터 | YY | 1064 | 04월 22일 | 4억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 조치원 센터 | LL | 2120 | 05월 13일 | 4억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 조치원 센터 | LL | 2130 | 05월 27일 | 4억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원 센터 | LL | 2124 | 05월 27일 | 4억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원 센터 | LL | 2105 | 05월 27일 | 4억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원 센터 | DD | 3648 | 06월 13일 | 4억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원 센터 | DD | 3587 | 06월 20일 | 4억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원 센터 | DD | 3648 | 06월 27일 | 4억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원 센터 | DD | 3571 | 07월 01일 | 4억/straw | 0.5ml | 실험 |
| 조치원 센터 | DD | 3592 | 07월 01일 | 4억/straw | 0.5ml | 실험 |
| 조치원 센터 | DD | 3583 | 07월 01일 | 4억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 조치원 센터 | DD | 3566 | 07월 01일 | 4억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 조치원 센터 | DD | 3587 | 07월 15일 | 4억/straw | 0.5ml | 실험 |
| 조치원 센터 | DD | 3647 | 08월 08일 | 4억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 조치원 센터 | DD | 3648 | 08월 15일 | 4억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원 센터 | DD | 3654 | 08월 15일 | 4억/straw | 0.5ml | 실험 |
| 조치원 센터 | DD | 3648 | 08월 22일 | 4억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원 센터 | DD | 3648 | 08월 29일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원 센터 | DD | 3650 | 08월 29일 | 5억/straw | 0.5ml | 실험 |
| 조치원 센터 | LL | 2105 | 09월 12일 | 4억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원 센터 | LL | 2130 | 09월 12일 | 4억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원 센터 | LL | 2105 | 09월 19일 | 4억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원 센터 | BB | 1189 | 10월 14일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 조치원 센터 | BB | 1190 | 10월 14일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 조치원 센터 | BB | 1188 | 10월 15일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 조치원 센터 | BB | 1188 | 10월 21일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 조치원 센터 | DD | 3675 | 11월 14일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 조치원 센터 | DD | 3676 | 11월 14일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |

| 다비육종 동결정액 제조실험(2021년도) | | | | | | |
|------------------------|----|------------|---------|--------------------|-----------------|-----|
| 시험 장소 | 품종 | 응돈 개체번호 | 동결일 | 정자농도 (천만/straw) | 포장용량 (0.5ml) | 상 태 |
| 조치원센터 | YY | 1074 | 01월 09일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | DD | 3648 | 01월 22일 | 5억/straw | 0.5ml | 실험 |
| 조치원센터 | DD | 3648 | 01월 22일 | 5억/straw | 0.5ml | 실험 |
| 조치원센터 | YY | 1064 | 03월 06일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 조치원센터 | YY | 1074 | 03월 06일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | DD | 3648 | 03월 20일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | DD | 3661 | 03월 20일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | YY | 1074 | 03월 27일 | 5억/straw | 0.5ml | 공급 |
| 조치원센터 | YY | 1076 | 03월 27일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 조치원센터 | YY | 1077 | 03월 27일 | 5억/straw | 0.5ml | 공급 |
| 조치원센터 | DD | 3675 | 04월 10일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | YY | 1064 | 04월 14일 | 5억/straw | 0.5ml | 공급 |
| 조치원센터 | DD | 3648 | 04월 15일 | 5억/straw | 0.5ml | 실험 |
| 조치원센터 | DD | 3648 | 04월 15일 | 5억/straw | 0.5ml | 실험 |
| 조치원센터 | DD | 3648 | 04월 24일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | DD | 3648 | 05월 15일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | DD | 3650 | 05월 15일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | YY | 1064 | 06월 24일 | 5억/straw | 0.5ml | 공급 |
| 조치원센터 | YY | 1074 | 06월 24일 | 5억/straw | 0.5ml | 공급 |
| 조치원센터 | YY | 1064 | 06월 30일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 조치원센터 | YY | 1074 | 06월 30일 | 5억/straw | 0.5ml | 공급 |
| 조치원센터 | DD | 3648 | 07월 10일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | DD | 3650 | 07월 10일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | DD | 3688 | 07월 17일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | DD | 3689 | 07월 17일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | DD | 3648 | 07월 24일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | DD | 3650 | 07월 24일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | DD | 3648 | 08월 21일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | DD | 3648 | 08월 29일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | DD | 3648 | 09월 16일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | DD | 3648 | 09월 16일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | DD | 3650 | 09월 16일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | DD | 3698 | 09월 25일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | DD | 3648 | 10월 09일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | DD | 3650 | 10월 09일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | DD | 3650 | 10월 16일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | YY | 1074 | 10월 16일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | DD | 3650 | 10월 23일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 조치원센터 | DD | 3650 | 11월 04일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |

| 가야육종 동결정액 제조실험 (2020년도) | | | | | | |
|-------------------------|----|------------|---------|--------------------|-----------------|-----|
| 시험 장소 | 품종 | 응돈 개체번호 | 동결일 | 정자농도 (천만/straw) | 포장용량 (0.5ml) | 상 태 |
| 하동유전자 | LL | 1240 | 01월 01일 | 5억/straw | 0.5ml | 공급 |
| 하동유전자 | DD | 2010 | 01월 17일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | YY | 7551 | 01월 23일 | 5억/straw | 0.5ml | 공급 |
| 하동유전자 | DD | 2321-2 | 02월 05일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | BB | 3710 | 02월 17일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | YY | 3958 | 02월 17일 | 5억/straw | 0.5ml | 공급 |
| 하동유전자 | DD | 9531 | 02월 18일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 7946 | 02월 19일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | DD | 1705 | 02월 19일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | DD | 3855 | 02월 20일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 2010 | 02월 20일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | DD | 4305 | 02월 20일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | YY | 4907 | 02월 21일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 1593 | 02월 21일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 112-1 | 02월 24일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | YY | 10732 | 02월 24일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | YY | 5054 | 02월 25일 | 5억/straw | 0.5ml | 공급 |
| 하동유전자 | DD | 4014 | 02월 26일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 9911 | 02월 26일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | YY | 7551 | 02월 27일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | YY | 3935 | 02월 28일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | YY | 3958 | 02월 28일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 7571 | 03월 02일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 112-1 | 03월 02일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | LL | 0102 | 03월 06일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | YY | 0265 | 03월 06일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 2502 | 03월 06일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 2321-2 | 03월 10일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 2775 | 04월 24일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | DD | 3364 | 04월 30일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | DD | 3366 | 04월 30일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | YY | 4907 | 04월 30일 | 5억/straw | 0.5ml | 공급 |
| 하동유전자 | DD | 3364 | 05월 08일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | YY | 5054 | 05월 08일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | YY | 10732 | 05월 13일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | YY | 3958 | 05월 13일 | 5억/straw | 0.5ml | 공급 |
| 하동유전자 | DD | 2775 | 05월 15일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | DD | 3366 | 05월 15일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | YY | 3980 | 05월 22일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | YY | 265 | 05월 22일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | YY | 5054 | 05월 22일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | YY | 4907 | 05월 27일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | YY | 3250 | 05월 27일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 431 | 05월 27일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | DD | 3168 | 05월 29일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 3120 | 05월 29일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | YY | 158 | 06월 03일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | LL | 7025 | 06월 03일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |

| | | | | | | |
|-------|----|-------|---------|----------|-------|----|
| 하동유전자 | DD | 2010 | 06월 05일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | YY | 2299 | 06월 05일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | YY | 7551 | 06월 10일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | YY | 5054 | 06월 10일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | YY | 7551 | 06월 17일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | LL | 4115 | 06월 17일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 1705 | 06월 25일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 1704 | 06월 25일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 2935 | 06월 26일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 7946 | 06월 26일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 3537 | 07월 01일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 2814 | 07월 01일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 2818 | 07월 01일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 3102 | 07월 03일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 3537 | 07월 07일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 2818 | 07월 10일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 2814 | 07월 10일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 3208 | 07월 10일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 3537 | 07월 15일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 2818 | 07월 15일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 2814 | 07월 17일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 204 | 07월 17일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 3537 | 07월 23일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 2818 | 07월 23일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 2814 | 07월 23일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 431 | 07월 30일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | DD | 295 | 07월 30일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | LL | 4535 | 07월 30일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 355 | 08월 04일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 3120 | 08월 07일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | YY | 3947 | 08월 07일 | 5억/straw | 0.5ml | 공급 |
| 하동유전자 | YY | 158 | 08월 14일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | YY | 2437 | 08월 14일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | LL | 393 | 08월 14일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | YY | 3250 | 08월 20일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 110-6 | 08월 20일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | DD | 1599 | 09월 01일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 1593 | 09월 08일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 70-1 | 09월 10일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 704 | 09월 10일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 3913 | 09월 15일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 110-6 | 09월 16일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 763 | 09월 17일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 3982 | 09월 24일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 653 | 09월 24일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 3994 | 10월 07일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | YY | 4066 | 10월 07일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | BB | 206 | 10월 08일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | YY | 2215 | 10월 09일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 902 | 10월 13일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |

| 가야육종 동결정액 제조실험 (2021년도) | | | | | | |
|-------------------------|----|------------|---------|--------------------|-----------------|-----|
| 시험 장소 | 품종 | 응돈 개체번호 | 동결일 | 정자농도 (천만/straw) | 포장용량 (0.5ml) | 상 태 |
| 하동유전자 | LL | 7252 | 01월 01일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 7610 | 01월 05일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | BB | 3710 | 01월 05일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 10013 | 01월 06일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 7507 | 01월 07일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | LL | 1802 | 01월 08일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | BB | 3710 | 01월 13일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 7706 | 01월 13일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 7303 | 01월 14일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 73-1 | 01월 15일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | BB | 3710 | 01월 19일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 903 | 01월 21일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 29-1 | 01월 22일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | BB | 3710 | 01월 26일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | LL | 0382 | 01월 27일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 7759 | 01월 28일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 82-3 | 01월 29일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | BB | 3710 | 02월 03일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 38-4 | 02월 03일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | YY | 5808 | 02월 04일 | 5억/straw | 0.5ml | 공급 |
| 하동유전자 | LL | 0382 | 02월 05일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | YY | 3947 | 02월 10일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | LL | 0382 | 02월 11일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 9375 | 02월 16일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | YY | 2215 | 02월 17일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 39-4 | 02월 18일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 31-2 | 02월 19일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 9376 | 02월 23일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 1639 | 02월 25일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | LL | 6455 | 02월 26일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | LL | 382 | 03월 03일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 7488 | 03월 11일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | LL | 382 | 03월 12일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 7378 | 03월 15일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 5415 | 03월 23일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 9799 | 03월 24일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 7482 | 03월 25일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 5858 | 03월 30일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 1751 | 04월 02일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 3531 | 04월 06일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동유전자 | LL | 382 | 04월 07일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 7594 | 04월 08일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 2037 | 04월 09일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 8114 | 04월 13일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 1624 | 04월 14일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 2099 | 04월 26일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동유전자 | DD | 1023 | 04월 20일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |

| | | | | | | |
|--------|----|-------|---------|----------|-------|----|
| 하동 유전자 | DD | 7634 | 04월 27일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | DD | 1615 | 04월 28일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | DD | 8107 | 04월 29일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | DD | 8115 | 05월 06일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | DD | 9940 | 05월 07일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | DD | 7324 | 05월 11일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | DD | 10009 | 05월 12일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | DD | 5441 | 05월 13일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | DD | 1995 | 05월 14일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | DD | 5478 | 05월 18일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | DD | 7650 | 05월 20일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동 유전자 | DD | 6054 | 05월 21일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | DD | 8070 | 05월 25일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | DD | 1587 | 05월 26일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | DD | 8113 | 05월 27일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | YY | 3947 | 06월 02일 | 5억/straw | 0.5ml | 공급 |
| 하동 유전자 | DD | 8108 | 06월 08일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | DD | 53-2 | 06월 11일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | DD | 35-2 | 06월 15일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | YY | 2182 | 06월 16일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | DD | 53-2 | 06월 17일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | DD | 35-2 | 06월 22일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | YY | 2344 | 06월 30일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | DD | 107-2 | 07월 08일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | DD | 117-3 | 07월 09일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | DD | 113-5 | 08월 10일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | DD | 102-1 | 08월 11일 | 5억/straw | 0.5ml | 폐기 |
| 하동 유전자 | DD | 121-2 | 08월 24일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |
| 하동 유전자 | DD | 101-2 | 08월 26일 | 5억/straw | 0.5ml | 보관 |

2. 우수 유전자원 보존 및 외부질병 차단

가. 우수 유전자원 동결 보존

| GSP 동결정액 보관현황, dose (2019년) | | | | |
|-----------------------------|-------|-------|-------|-------|
| 품종 | YY | LL | DD | BB |
| 스트로우 | 0.5ml | 0.5ml | 0.5ml | 0.5ml |
| 다비육종 | 7 | 0 | 11 | |
| 가야육종 | 11 | 19 | 0 | |
| 노아 | 0 | 34 | 35 | |

| GSP 동결정액 보관현황, dose (2020년) | | | | |
|-----------------------------|-------|-------|-------|-------|
| 품종 | YY | LL | DD | BB |
| 스트로우 | 0.5ml | 0.5ml | 0.5ml | 0.5ml |
| 다비육종 | 0 | 60 | 45 | |
| 가야육종 | 212 | 118 | 789 | 5 |
| 노아 | 0 | 0 | 0 | |

| GSP 동결정액 보관현황, doses (2021년 10월) | | | | |
|----------------------------------|-------|-------|-------|-------|
| 품종 | YY | LL | DD | BB |
| 스트로우 | 0.5ml | 0.5ml | 0.5ml | 0.5ml |
| 다비육종 | 10 | 60 | 152 | |
| 가야육종 | 261 | 211 | 1400 | 40 |
| 노아 | 0 | 0 | 0 | |

나. 연도별 우수 유전자원 동결 보존 내역

| 연도 | L | Y | D | 기타 | 계 |
|------|-----|-----|------|----|------|
| 2019 | 53 | 18 | 46 | - | 117 |
| 2020 | 174 | 291 | 814 | 5 | 1284 |
| 2021 | 271 | 271 | 1552 | 40 | 2134 |

다. 외부질병 차단

- (1) 다비육종 조치원 SP센터 돈사 내 에어필터 설치 및 작동
- (2) 에어 필터링을 통한 외부질병 진입 차단

제 7절 인공수정 및 육종 정보 교육 실시

1. 농장 동결정액 용해 교육 예시

- 원산 및 디앤디 농장에 동결정액 스트로우 공급 완료
- 원산 및 디앤디 농장에서 동결정액의 정자 활력 10%미만이며, 좋지 않다고 컴플레인이 들어옴
- 원인을 파악하고자 방문일자를 정함
- 필요물품을 파악하여 준비함
- 원산 농장 방문 및 교육

2. 당시 상황

- 액체질소 통에 액체질소가 많지 않은 상태 (약 5분의 1가량 보유)
- 현미경, 항온수조는 정상적으로 작동되고 있는 상태 (하지만 항온수조 내 온도계가 없어 확실한 온도를 알 수 없음)
- 희석제는 보통 당일 생산, 당일 사용을 원칙으로 한다고 함
- 슬라이드 글라스, 커버글라스 사용

3. 원산 농장에서의 문제점

- 가온판의 온도는 42도를 표시하고 있었으나, 손으로 느껴본 결과 가온판의 실제온도는 더 높은 것으로 판단됨
- 가온판의 온도를 40도 정도로 낮춰줌
- 액체질소 통 내 액체질소가 너무 적어 동결정액을 꺼낼 시 터지는 현상이 벌어짐
- 이 외 별다른 문제점은 찾을 수 없었으며, 동결정액의 활력은 좋은 상태였음 (활력 80% 가량, 생존율 60%이상)

4. 해결방안

- 동결정액 가온판에 온도계를 설치하여 온도표시계와의 차이가 있는지 확인해볼 것을 교육함

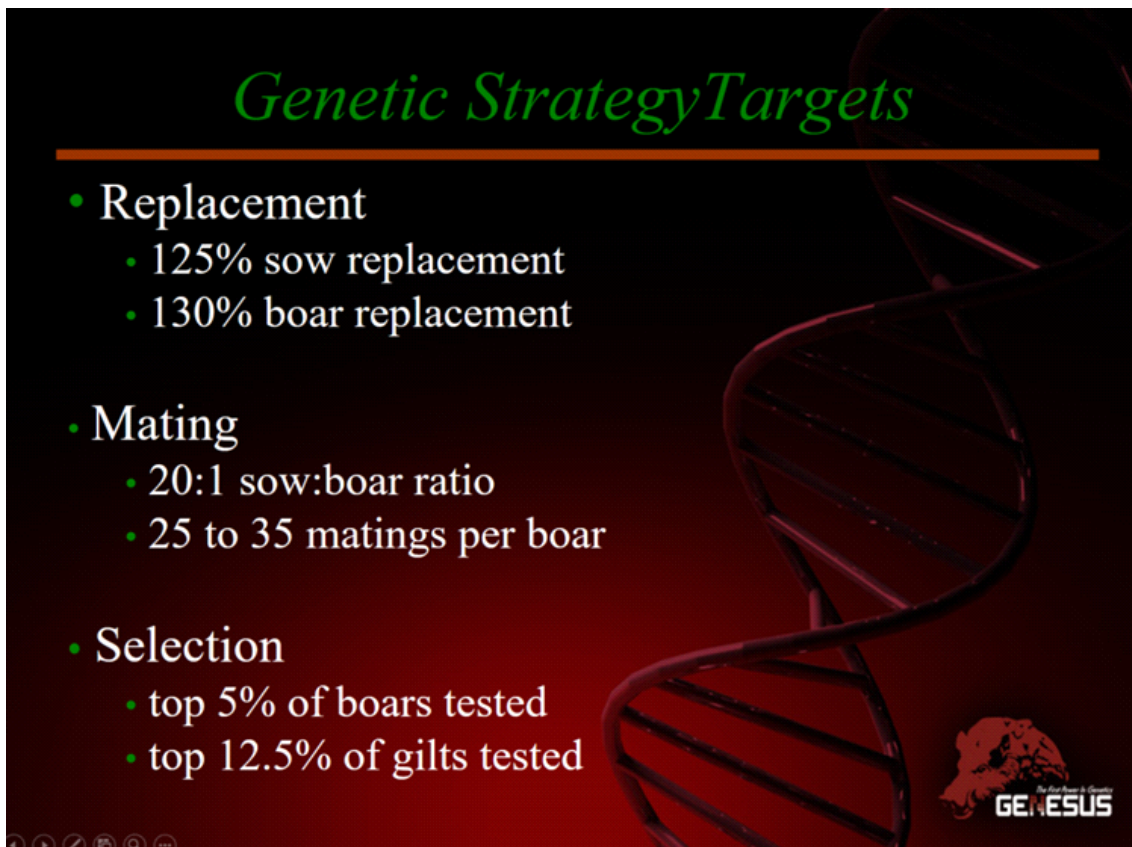
- 가온판의 온도를 기존 42도에서 40도로 내림
- 용해방법 교육 실시 (시범을 보인 후 원산농장 직원이 직접 용해를 해보고 활력평가까지 진행하여 동결정액에 문제가 없는 것을 확인시켜줌)
- 용해방법 매뉴얼을 작성하여 메일로 첨부
- 동결된 스트로우를 바로 쓰지 않을 경우 액체질소를 채워둘 것을 권고함

5. 결과

- 동결정액에는 이상이 없는 것을 현미경을 통하여 확인시켜주었으며, 용해방법 및 동결정액에 관한 것들을 교육함
- 방문 당일 동결정액을 이용하여 오전 두록 3두 종부, 오후 두록 5두 종부 실시함
- 농장에서는 발정체크 후 종부하는 날에는 동결정액 용해할 시간이 많이 부족하다고 함
 - 따라서 용해를 쉽게 할 수 있고 시간을 단축할 수 있는 방안을 모색해봐야 함

<선발 강도 교육>

<참고> Genesis 판촉자료 : 2016년



Genetic Strategy Targets

- **Replacement**
 - 125% sow replacement
 - 130% boar replacement
- **Mating**
 - 20:1 sow:boar ratio
 - 25 to 35 matings per boar
- **Selection**
 - top 5% of boars tested
 - top 12.5% of gilts tested

GENESUS

제네수스는

연간교체율 암 125%, 수 130%

암수 비율은 20:1, 웅돈당 25~35복 교배

선발은 검정돈 수태지중 상위 5%, 암태지중 상위 12.5%를 선발한다.

Q > 우리는 상위 몇%의 개체를 선발하는가?

참고문헌 : Richard M. Bourdon, 2000, Understanding animal breeding

Key equation

$$\Delta_{BV}/t = \frac{r_{BV, \hat{BV}} i \sigma_{BV}}{L}$$

여기서 Δ_{BV}/t = 단위 시간(t)당 유전적 변화율

$r_{BV, \hat{BV}}$ = 선발의 정확도

i = 선발 강도

σ_{BV} = 유전적 변이

L = 세대 간격이고

이중, 선발강도는 다음 식으로 구한다.
$$i = \frac{\overline{SC}_s - \overline{SC}}{\sigma_{sc}}$$

여기서 \overline{SC}_s 에서 아래 첨자 “ s ”는 “선발한” 것을 의미하고 \overline{SC} 에서 이중 바는 전체 평균을 의미한다.

보유비율(p : proportion saved)를 이용한 선발강도는 Saxton(1988)의 다음 식으로 구한다.

$$i = \frac{2.97425 - 3.35197p^{0.2} - 1.9319p^{0.4} + 2.3097p^{0.6}}{0.61953 + 0.88768p^{0.2} - 2.38388p^{0.4} + p^{0.6}}$$

예 1> 면양을 육종하기 위해 새끼 암양을 교체축으로 선발한다고 가정하자. 선발 기준은 1년생 체중에 대해서이다. 축군에 있는 모든 새끼 양의 평균 1년생 체중은 130 lb, 표준편차는 30lb이고, 선발한 새끼 양의 평균 1년생 체중은 158 lb이다. 선발된 집단의 선발 강도를 구해보자.

$$\overline{\overline{SC}} = \overline{P_{YW}} = 130 \text{ lb}$$

$$\overline{\overline{SC_s}} = \overline{P_{YW_s}} = 158 \text{ lb}$$

$$\sigma_{sc} = \sigma_{P_{YW}} = 30 \text{ lb}$$

그러므로 선발 강도는 다음과 같다.

$$\begin{aligned} i_f &= \frac{\overline{\overline{SC_s}} - \overline{\overline{SC}}}{\sigma_{sc}} \\ &= \frac{158 - 130}{30} \\ &= .93 \end{aligned}$$

여기에서 i_f 는 암양의 선발 강도를 나타낸다. 암양의 선발 강도는 .93이고, Saxton의 식에 의하면 $p=0.42$ 즉 상위 42%의 개체가 선발되었다.

예2> 다음 종돈장의 검정 동기군은 38두 이고, 이중 선발지수값(Index)이 우수한 2두를 선발하였다. 여기에서 선발된 수퇘지는 여기서 이용하는 선발지수식 기준으로 상위 몇%가 선발되었는가?

| No. | 실 | 방 | 이각 | TAG | 성 | 체중 | 생년월일 | 보통 | 90kg도달 | Index | 선발 |
|-----|----|---|-------|------|---|-----|------------|-------|--------|--------|----|
| 1 | 17 | 4 | 13-35 | 2626 | 수 | 107 | 2016-11-30 | 10.42 | 134.7 | 191.76 | |
| 2 | 17 | 4 | 13-36 | 2624 | 수 | 104 | 2016-11-30 | 11.60 | 137.5 | 183.26 | |
| 3 | 17 | 4 | 13-42 | 2631 | 수 | 120 | 2016-11-30 | 10.38 | 124.3 | 225.84 | 수1 |
| 4 | 17 | 4 | 13-65 | 2630 | 수 | 104 | 2016-12-07 | 11.04 | 131.5 | 156.26 | |
| 5 | 17 | 4 | 13-66 | 2629 | 수 | 102 | 2016-12-07 | 13.88 | 133.3 | 146.56 | |
| 6 | 17 | 4 | 14-17 | 2622 | 수 | 109 | 2016-12-07 | 12.08 | 127.2 | 177.22 | |
| 7 | 17 | 4 | 14-21 | 2623 | 수 | 104 | 2016-12-07 | 11.88 | 131.5 | 171.83 | |
| 8 | 17 | 4 | 14-42 | 2628 | 수 | 114 | 2016-12-07 | 10.47 | 123.3 | 173.98 | |
| 9 | 17 | 4 | 14-43 | 2627 | 수 | 115 | 2016-12-07 | 11.64 | 122.5 | 174.31 | |
| 10 | 17 | 4 | 14-53 | 2633 | 수 | 98 | 2016-12-07 | 10.29 | 137.2 | 155.88 | |
| 11 | 17 | 4 | 14-61 | 2621 | 수 | 107 | 2016-12-08 | 13.16 | 128.0 | 196.56 | |
| 12 | 17 | 4 | 14-71 | 2625 | 수 | 100 | 2016-12-12 | 11.24 | 130.7 | 164.58 | |
| 13 | 17 | 5 | 13-18 | 2635 | 수 | 114 | 2016-11-25 | 11.49 | 132.7 | 199.13 | |
| 14 | 17 | 5 | 13-26 | 2638 | 수 | 122 | 2016-11-30 | 11.14 | 122.8 | 216.85 | 수2 |
| 15 | 17 | 5 | 13-27 | 2642 | 수 | 120 | 2016-11-30 | 12.31 | 124.3 | 209.34 | |
| 16 | 17 | 5 | 13-28 | 2644 | 수 | 118 | 2016-11-30 | 10.82 | 125.7 | 208.44 | |
| 17 | 17 | 5 | 13-43 | 2643 | 수 | 112 | 2016-11-30 | 9.64 | 130.4 | 211.53 | |
| 18 | 17 | 5 | 13-50 | 2645 | 수 | 100 | 2016-12-07 | 11.24 | 135.2 | 155.26 | |
| 19 | 17 | 5 | 13-52 | 2639 | 수 | 107 | 2016-12-07 | 13.43 | 128.8 | 169.95 | |
| 20 | 17 | 5 | 13-58 | 2641 | 수 | 102 | 2016-12-07 | 12.73 | 133.3 | 139.17 | |
| 21 | 17 | 5 | 14-16 | 2636 | 수 | 108 | 2016-12-07 | 13.29 | 128.0 | 174.63 | |
| 22 | 17 | 5 | 14-22 | 2634 | 수 | 96 | 2016-12-07 | 13.94 | 139.3 | 146.22 | |
| 23 | 17 | 5 | 14-52 | 2640 | 수 | 98 | 2016-12-07 | 10.59 | 137.2 | 158.38 | |
| 24 | 17 | 5 | 14-65 | 2637 | 수 | 117 | 2016-12-08 | 12.16 | 120.3 | 199.43 | |
| 25 | 17 | 5 | 14-67 | 2646 | 수 | 109 | 2016-12-08 | 12.62 | 126.3 | 183.37 | |
| 26 | 17 | 6 | 13-64 | 2611 | 수 | 106 | 2016-12-07 | 14.68 | 129.7 | 151.34 | |
| 27 | 17 | 6 | 13-67 | 2619 | 수 | 96 | 2016-12-07 | 13.01 | 139.3 | 135.46 | |
| 28 | 17 | 6 | 13-68 | 2610 | 수 | 87 | 2016-12-07 | 11.78 | 149.7 | 115.81 | |
| 29 | 17 | 6 | 13-74 | 2620 | 수 | 105 | 2016-12-07 | 11.48 | 130.6 | 179.68 | |
| 30 | 17 | 6 | 13-75 | 2616 | 수 | 104 | 2016-12-07 | 11.88 | 131.5 | 176.08 | |
| 31 | 17 | 6 | 14-31 | 2614 | 수 | 100 | 2016-12-07 | 13.60 | 135.2 | 140.83 | |
| 32 | 17 | 6 | 14-44 | 2613 | 수 | 101 | 2016-12-07 | 14.04 | 134.2 | 140.65 | |
| 33 | 17 | 6 | 14-60 | 2618 | 수 | 98 | 2016-12-08 | 12.71 | 136.3 | 180.31 | |
| 34 | 17 | 6 | 14-62 | 2617 | 수 | 91 | 2016-12-08 | 14.48 | 143.8 | 156.17 | |
| 35 | 17 | 6 | 14-66 | 2615 | 수 | 101 | 2016-12-08 | 14.04 | 133.3 | 160.44 | |
| 36 | 17 | 6 | 14-68 | 2608 | 수 | 98 | 2016-12-08 | 12.71 | 136.3 | 160.63 | |
| 37 | 17 | 6 | 14-72 | 2612 | 수 | 95 | 2016-12-12 | 12.54 | 135.6 | 154.47 | |
| 38 | 17 | 6 | 14-73 | 2609 | 수 | 80 | 2016-12-12 | 11.46 | 153.9 | 120.73 | |

A>

| 전체 두수 | 선발 두수 | 선발율 | 전체 인덱스 평균 | 선발 인덱스 평균 | 선발차 | Index std | 선발강 도 | top% |
|----------|----------|------|-----------------|-----------------|-------|--------------|----------|------|
| 38 | 2 | 5.26 | 170.06 | 221.35 | 51.28 | 26.37 | 1.94 | 6.6 |

● 향후 적용 방안

- 농장별 선발지수식에 따른 분기별, 반기별, 연간 선발강도 모니터링
- GSP 전체 참여농장의 선발강도 모니터링
- Key equation으로 세대간격, 유전분산, 선발강도, 선발의정확도 등 지표, 연간개량량 확인

<세대 간격 교육>

정의 : Generation interval can be defined as the average age of parents when their selected offspring are born. (Bourdon, 2000), 세대간격은 선발한 자돈이 태어났을 때 그 부모의 평균 연령으로 정의한다.

유전적 변화율은 $\Delta_{BV}/t = \frac{r_{BV, \hat{BV}} i \sigma_{BV}}{L}$ 입니다.

여기서 Δ_{BV}/t = 단위 시간(t)당 유전적 변화율

$r_{BV, \hat{BV}}$ = 선발의 정확도

i = 선발 강도

σ_{BV} = 유전적 변이

L = 세대 간격이다.

세대 간격은 부돈과 모돈의 평균으로 구한다.

문제] 다음 자료를 가지고 이 집단의 평균 세대간격을 구해보자

| 개체번호 | 성별 | 개체생일 | 부돈 | 부돈생일 | 모돈 | 모돈생일 |
|-------------|----|------------|-------------|------------|-------------|------------|
| 21608002947 | 2 | 2016-05-19 | 21506041693 | 2015-04-29 | 21404041194 | 2014-02-12 |
| 21608002948 | 2 | 2016-05-19 | 21506041693 | 2015-04-29 | 21404041194 | 2014-02-12 |
| 21608002949 | 2 | 2016-05-19 | 21506041693 | 2015-04-29 | 21404041194 | 2014-02-12 |
| 21608002950 | 2 | 2016-05-19 | 21506041693 | 2015-04-29 | 21404041194 | 2014-02-12 |
| 21608002951 | 2 | 2016-05-19 | 21506041693 | 2015-04-29 | 21404041194 | 2014-02-12 |
| 21608002952 | 2 | 2016-05-19 | 21506041693 | 2015-04-29 | 21404041194 | 2014-02-12 |
| 21608002953 | 2 | 2016-05-19 | 21506041693 | 2015-04-29 | 21404041194 | 2014-02-12 |
| 21608002971 | 2 | 2016-05-19 | 21509003322 | 2015-04-13 | 21408021059 | 2014-06-10 |
| 21608002972 | 2 | 2016-05-19 | 21509003322 | 2015-04-13 | 21408021059 | 2014-06-10 |
| 21608002987 | 2 | 2016-05-19 | 21509003314 | 2015-04-09 | 21502015277 | 2014-12-24 |
| 21608002946 | 1 | 2016-05-19 | 21506041693 | 2015-04-29 | 21404041194 | 2014-02-12 |
| 21608002969 | 1 | 2016-05-19 | 21509003322 | 2015-04-13 | 21408021059 | 2014-06-10 |
| 21608002970 | 1 | 2016-05-19 | 21509003322 | 2015-04-13 | 21408021059 | 2014-06-10 |
| 21608002983 | 1 | 2016-05-19 | 21509003314 | 2015-04-09 | 21502015277 | 2014-12-24 |
| 21608002984 | 1 | 2016-05-19 | 21509003314 | 2015-04-09 | 21502015277 | 2014-12-24 |
| 21608002985 | 1 | 2016-05-19 | 21509003314 | 2015-04-09 | 21502015277 | 2014-12-24 |
| 21608002986 | 1 | 2016-05-19 | 21509003314 | 2015-04-09 | 21502015277 | 2014-12-24 |
| 21608002988 | 1 | 2016-05-19 | 21509003314 | 2015-04-09 | 21502015277 | 2014-12-24 |
| 21608002918 | 1 | 2016-05-21 | 21509003322 | 2015-04-13 | 21404037614 | 2014-02-12 |
| 21608002919 | 1 | 2016-05-21 | 21509003322 | 2015-04-13 | 21404037614 | 2014-02-12 |

답]

위의 집단에서 개체가 태어났을 때 부돈의 평균일령은 397일령(13개월령)입니다. 또한 개체가 태어났을 때 모돈의 평균 일령은 709일(23개월령)로, 평균 세대간격은 553일(18개월령)입니다. 개량을 가속화하기 위해 부돈의 평균연령을 12개월로 단축하고, 모돈의 평균 연령을 18개월로 단축하는 정책을 운영할 예정입니다. 이에 따르면 부돈의 평균 연령은 365일령이 되고, 모돈의 평균 연령은 548일이 되어 평균 세대간격은 456일(15개월령)이 됩니다. 세대간격 변화를 통해 개량은 이전보다 1.212배 향상됩니다.

6. 연구수행 결과 및 정리

가. GSP 참여종돈장 통합육종조직체 구성 및 검토

- 유전체 분석은 집단 형을 하되 시범적으로 일부 유전체를 활용하는 방법을 찾아야 함.
- 2 프로젝트는 축소하기로 함.
- 옹취는 제외하며 흑돈 부분은 사업단과 상의 후 판단하기로 함.
- 참여기업에 도움이 되는 연구를 해야 함.
- 2단계에서는 1단계의 시행착오를 최소화하는 방안으로 연구해야 함.
- 김종주 교수와 김성훈 대표가 협의하여 POST-GSP 관련 RFP를 수정하기로 함.
- 참여종돈장 통합육종조직체 구성 회의 안건은 다음 회의에 논의하기로 함.

나. 대덕GGP, 금보DDF 농장 승격 및 POST GSP 조직구성

- 순종돈 교체율 상향과 검정두수 확대는 GGP농장의 비용 증가에 대한 지원방안에 대하여 구체적으로 검토할 필요가 있음.
- 종돈장 참여 확대를 통하여 유전자원 공유를 지속해야함.
- 기능별 조직 구성이 바람직하며, 조직 간 다양한 의견수렴을 통해 심사숙고하여 결정할 필요가 있음을 언급함.
- 대덕 GGP, 금보DDF의 준회원농장(참여농장) 승격에 관한 기준 개정안은 참여종돈장 대표들의 수렴 결과 개정안에 대하여 전원 찬성하였음.
- 청정화를 추진하는 기간은 당초 가정한 기간보다 지연되므로 성공가능성이 있는 GGP 농장에 대한 기간연장 조치 방안의 중요성을 언급하였음.
- 정액공급정산에 관한 건에 대하여 안건으로 제출 되었으나 (주)다비육종, (주)정피엔씨연구소, (주)선진과 협의하여 교배실적 기준을 정산하기로 합의하였음.

다. POST GSP 조직 검토 및 개량성과

- GSP 사업 종료 후에도, 이 사업은 지속적으로 계속 진행해야 된다고 명시함.

- 대표자회의는 그대로 유지함.
- 6월 이전에 실무자 회의와 CEO 회의로 의견을 결정함.

라. 참여중돈장간 우수 유전자원 정액 및 유전체 자료 공유

- 국립축산과학원 동물유전체과의 유전체자료 공유 불허(자료보관, 활용 및 공유 건)
- '21년 하반기 우수종모돈 선발 관련 GSP종축사업단, (주)정피엔씨연구소가 추후 논의함.
- GSP사업 후속 참여중돈장 협약 진행 후, '22년에 유전자원' 공유함.

마. GSP 업무 협약

- 상표등록은 (주)정피엔씨연구소와 참여중돈장의 공동명의로 등록하였음.
- GSP 솔루션 상표등록 또한 (주)정피엔씨연구소와 참여중돈장의 공동명의로 등록함.
- GSP 솔루션 관련하여 참여중돈장에서 모두 활용할 수 있도록 등록함.
- 특허 신청은 마무리단계이며, (주)정피엔씨연구소와 참여중돈장의 공동명의로 9월에 출원 예정임.
- 이에 대해, 향후 사업 총평 및 산업화위원회 관련하여 금년 중 마지막 회의를 가지도록 사업단과 협의 예정임.

제 4 장 목표 달성도 및 관련 분야 기여도

1. 목표

가. 정량적 목표

(1) 최종목표 : 수입대체 및 수출용 국산 종돈 3종개발, 2021년 수입대체 100%

- 부계종돈(두록) : 부계경제형질의 개량 목표치
 - 90kg 도달일령 : (' 17)135일→(' 21)128일,
 - 등지방두께 : (' 17) 13mm →(' 21)12mm
 - 근내지방도(3이상) 발현율 :(' 17) 53% →(' 21) 55%,
 - 사료요구율 개선 : (' 17) 2.20 →(' 21) 2.0
- 모계종돈(요크셔, 랜드레이스) : 모계 경제형질의 개량목표치
 - 복당 총산자수 : (' 17년) 13.0두 → (' 21년) 15.0두,
 - 복당 생존산자수 : (' 17년) 11.5두 → (' 21년) 13.0두
 - 사료요구율 : (' 17년) 2.30 → (' 21년) 2.20

나. 정성적 목표

[제 1세부프로젝트 : GSP참여종돈장 통합육종시스템 확립 및 적용]

- GSP 종돈 3종(GSP 두록, GSP 랜드레이스, GSP 요크셔 개발)
- GSP 참여종돈장 주간단위 통합 유전능력평가 시스템 구축 및 활용(선발지수 개발 및 적용)
- 우수 육종인력 양성을 위한 교육프로그램 개발 및 운영
- GSP 종돈 경쟁력 확보를 위한 신규 검정형질 개발 및 적용
- 선발효율 극대화를 위한 생명정보 적용기법 개발 및 적용
- 산·학·연 협력모델 구축(제 1위탁과제 : 한국축산경제연구원)

[제 2세부프로젝트 : GSP참여종돈장 통합육종을 위한 자료수집 및 관리]

- 개량돈군 조성(L : 800두 이상, Y : 3,000두, D : 500두 이상)
- GSP 참여종돈장 산육, 번식, 혈통자료 수집 및 관리체계 구축
- 수입대체 및 국내매출액 도출을 위한 참여종돈장 종돈생산·보급실적 관리
- GSP 참여종돈장 검정체계 문제점 발굴 및 해결책 제시
- GSP 참여종돈장 사료효율 측정 애로사항 해결 및 매뉴얼화

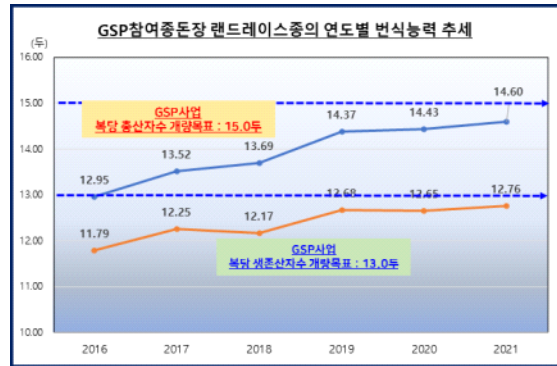
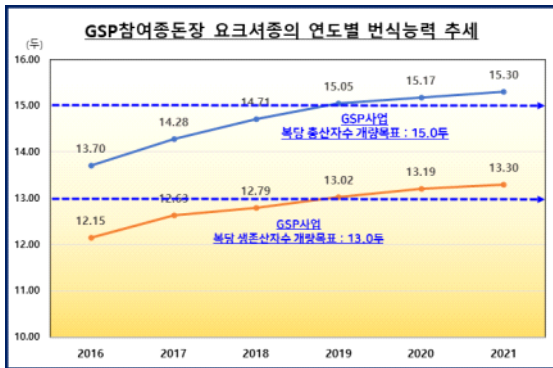
[제 3세부프로젝트 : 우수유전자원 공유를 통한 참여종돈장 간 혈연연결]

- GSP 참여종돈장 핵군 AI 센터 2개소 운영
- 해외 우수 유전자원 및 국내 우수유전자원 활용 및 공유체계 구축
- 신선 및 동결정액 생산시스템 구축 및 수정효율 극대화 기술
- 참여종돈장간 혈연연결도 증대

2. 목표달성여부

[제 1세부프로젝트 : GSP참여종돈장 통합육종시스템 확립 및 적용]

가. 정량적 성과

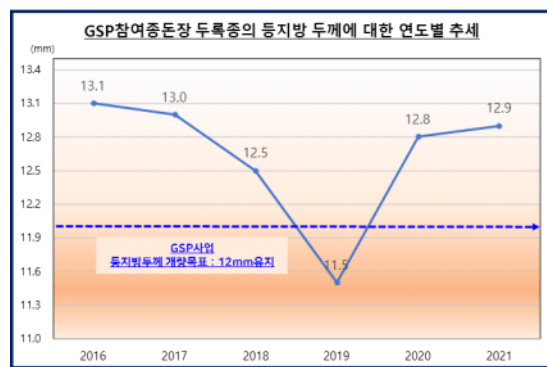
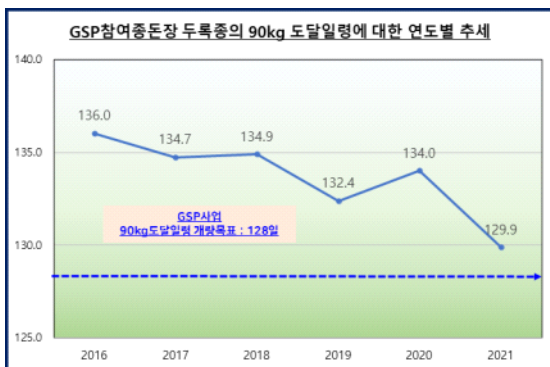


모계 계통 요크셔

- 복당총산자수 연간 개량량 0.32두 증가
- 복당생존산자수 연간 개량량 0.23두 증가

모계 계통 랜드레이스

- 복당총산자수 연간 개량량 0.33두 증가
- 복당생존산자수 연간 개량량 0.194두 증가



부계 계통 두록

- 90kg 도달일령 연간 개량량 1.22일 단축

부계 계통 두록

- 평균등지방두께 연간 개량량 0.04mm 감소

- 종돈 3개 품종(DD, LL, YY) 특허 출원



| 성과목표 | 브랜드 및 품종개발 | | 특허 | | 논문 | | 자료 발간 | 유전자원 | | 기술 이전 | 우수 인력 창출 | 정책 자료 | 현장 기술 지원 | 홍보 성과 | DB 구축 |
|---------|------------|----|----|----|-----|------|-------|------|----|-------|----------|-------|----------|-------|-------|
| | 출원 | 등록 | 출원 | 등록 | SCI | 비SCI | | 수집 | 등록 | | | | | | |
| 최종목표 | 4 | 3 | | | | 6 | 20 | | 3 | | | | 20 | 15 | |
| 실적 | | | 4 | 1 | 2 | | 12 | | 1 | 1 | 7 | 2 | 137 | 36.2 | 2 |
| 달성율 (%) | | | | | | | 60 | | 33 | | | | 685 | 241 | |

나. 정성적 성과

(1) 기술적 성과

- 종돈 개량 통합 시스템의 개발로 한국형 종돈 생산 체계 구축
 - 국제적 수준의 육종프로그램 개발로 종돈개량속도 극대화
 - 우수종돈 생산기술 확보로 독자적 한국형 종돈품종 확보 가능
 - 유전체정보 포함 선발지수식 및 종돈개량 매뉴얼 개발로 한국형 종돈생산 기술보유
 - 종돈자료 통합관리에 따른 종돈개량 연구자료의 활용 및 신기술 개발
 - 종돈개량 육종인력 양성 및 인프라 기반 확보

(2) 경제산업적 성과

- GSP 종돈개량목표 달성에 따른 직접적 개량효과
- 글로벌 종돈회사의 로열티 없는 국산종돈 공급확대로 간접적 수입대체
- 최우수 핵돈응돈 공유를 통한 우수 유전자원의 활용과 개량속도 극대화
- 종돈장간 유전자 연결을 통한 종돈의 균일성 제고로 고품질 돈육 생산
- 한국형 종돈개량 시스템 구축을 통한 종돈 수입 대체 및 종돈수출 기반조성 가능

(3) 사회적 성과

- 국산종돈 통합육종에 따른 개량효과 극대화 및 글로벌 경쟁력 제고
- 참여종돈장간 이해관계 조정을 통한 통일된 개량시스템 구축 및 정책제시
- 한국형 모계 종돈 개발로 우리나라 양돈산업의 FTA 대응력 강화

[제 2세부프로젝트 : GSP참여종돈장 통합육종을 위한 자료수집 및 관리]

가. 연구수행 실적

(1) GSP 통합개량 돈군조성

- 참여종돈장 개량돈군 4,147두

(2) DB표준화 및 시스템 구축

- GSP 참여종돈장 산육, 번식, 혈통자료 수집 및 관리체계 구축
 - 통합 DB 시스템구축 및 자료수집
 - 주간단위 data 수집
 - 이상치 protocol 운영
 - 참여종돈장 GP농장 data 수집확대

(3) 종돈생산·보급실적 관리

- 수입대체 및 국내매출액 도출을 위한 참여종돈장 종돈생산·보급실적 관리
 - GGP 자체 선발 두수 관리
 - GP 분양/판매 두수 및 판매처
 - F1 판매두수 관리
 - 종돈 수입 관리

(4) 사료효율 측정 및 애로사항 해결

- GSP 참여종돈장 사료효율 측정 애로사항 해결 및 매뉴얼화
 - 종돈장 사료 섭취량 측정결과 수집/분석
 - 참여 종돈장의 사료 섭취량 데이터 표준화
 - 검정농장의 자료 수집
 - 농장 방문 및 측정기 현장 점검(금보, 단양, 태안, 대덕, 불갑)
 - 농장 현장 점검을 통한 주요 애로사항 파악 및 측정기 관리지침 제작

나. 연구개발 수행내용 및 목표달성도

(1) 연구개발 목표의 달성도

| 목 표 | 연구개발 수행내용 | 달성도(%) |
|--|--|--------|
| - 개량돈군 조성(3,700두) | 돈군 조성 : 4,147두 (L:1,157두, Y:2,422두, D:568두) | 100% |
| - GSP 참여종돈장 자료 수집 및 관리체계 구축 | GSP 참여종돈장 산육, 번식, 혈통자료 수집 및 관리 체계 구축 1,823,858건(산육: 491,527, 번식:135,922, 혈통:1,196,409) | 100% |
| - 최종년도 수입대체율 : 100% - 참여종돈장 종돈생산·보급 실적 관리 | 수입대체 및 국내매출액 도출을 위한 참여종돈장 종돈생산·보급실적 관리 | 100% |
| - GSP 참여종돈장 사료 효율 측정 애로사항 해결 및 매뉴얼화 | GSP 참여종돈장 사료효율 측정 애로사항 해결 및 사료효율 측정기 관리 지침 제작 | 100% |

(2) 목표달성도에 따른 자체평가

| 평가의 착안점 | 자 체 평 가 |
|------------------------------|--|
| 1. 사료섭취량 측정기 관리 및 활용 애로사항 해소 | - 금보, 농협(불갑), 다비(대덕), 선진(단양, 태안)의 농장 방문 교육 - <사료섭취량 측정기 Manual>, <사료섭취량 측정기 관리 지침>을 제작(검정 준비 과정에서 종료 후까지의 검정과정별 측정기 관리 요령과 지침 소개)하여 현장에서의 측정기 활용 애로를 해소함. |
| 2. 개체별 사료섭취량 집계 protocol 제작 | - 데이터 수집부터 개체별 섭취량 산출까지의 protocol 제작 - Tag와 이각의 중복으로 표시되는 섭취량 데이터를 정리하여 실제로 섭취한 개체를 찾음. - 미확인개체의 섭취량 중 특정 개체의 섭취량으로 추정된 섭취량은 특정개체에 반영함. |

[제 3세부프로젝트 : 우수유전자원 공유를 통한 참여종돈장 간 혈연연결]

가. 연도별 연구 목표 및 평가착안점

| 구분 | 연도 | 세부연구목표 | 가중치 | 평가의 착안점 및 기준 |
|----------|-------|-----------------------|-------|---|
| 1차 년도 | 2017 | ▶GSP A.I. 센터 운영 2개소 | 100 % | -다비육종 조치원센터 운영 -가야육종 신규센터 연내 착공준비 |
| | | ▶질병위생도 강화를 위한 시스템 구축 | 100 % | -가야육종 착공준비중, 연내 실시 |
| | | ▶동결정액제조를 위한 시설구축 | 100 % | -다비육종 시설구축, 교육완료, 시험교배 |
| | | ▶동결정액 수태율 향상기술개발 | 40 % | -동결정액 최적 수태율을 향상시키기 위한 교육 |
| | | ▶해외 유전자원 공유 조사, 도입 | 100 % | -캐나다 Duroc 선발, 도입 대기 |
| 2차 년도 | 2018 | ▶핵군 AI 센터 질병위생도 강화 | 100 % | -가야육종 준공완료(2018년 9월) -다비육종 연내 착공예정 |
| | | ▶동결정액제조를 위한 시설구축 | 100 % | -다비육종 완료 -가야육종 시설구축예정 (11월~12월) |
| | | ▶동결정액 수태율 향상 | 100 % | -동결정액 최적 수태율 향상을 위한 교육 -다비육종 완료 -가야육종 19년 1월교육 |
| | | ▶참여종돈장간 우수 정액공유 | 100 % | -참여종돈장간 유전자 공유 -해외우수유전자 공유 |
| 3차 년도 | 2019 | ▶우수 유전자원 선발 및 공유 | 100 % | -우수 유전자원 입식 -동결, 신선 정액 제조 -GSP AI센터를 활용한 유전자 공유 |
| | | ▶수태율 향상 기술개발 | 70 % | -수태율 향상을 위한 농장 교배조건 개발 및 검증 |
| | | ▶유전자원 보존 | 100 % | -우수 유전자원을 이용하여 동결정액 제조 진행 |
| 4차 년도 | 2020: | ▶동결 수태율 향상 자료 수집 | 100 % | -수태율 향상을 위한 동결정액 제조방법 및 교배방법 컨설팅 |
| | | ▶동결정액 품질 테스트 | 100 % | -수태율 향상을 위한 농장 교배조건 개발 및 검증 -스트로우 용해 후 시간대별 품질평가 |
| | | ▶GSP 신선, 동결정액 공유 | 100 % | -참여종돈장간 유전자 공유 |
| | | ▶GSP 종모돈 입식 및 유전자원 보존 | 100 % | -동결정액 제조 및 보존 |
| 5차 년도 | 2021 | ▶동결 수태율 향상 자료 수집 | 100 % | -수태율 향상을 위한 동결정액 제조방법 및 교배방법 컨설팅 |
| | | ▶동결정액 품질 테스트 | 100 % | -수태율 향상을 위한 농장 교배조건 개발 및 검증 -스트로우 용해 후 시간대별 품질평가 |
| | | ▶GSP 신선, 동결정액 공유 | 100 % | -참여종돈장간 유전자 공유 |
| | | ▶GSP 종모돈 입식 및 유전자원 보존 | 100 % | -동결정액 제조 및 보존 |

제 5 장 연구결과의 활용 계획 등

1. GSP 통합 유전능력평가 플랫폼을 지속적으로 운용해 참여종돈장의 높은 유전능력 종돈 선발과 교배 시행
2. GSP 통합 유전능력평가와 플랫폼을 이용한 최우수 핵돈 응돈 선발과 공유를 통한 참여종돈장 유전적 개량 속도 가속화
3. 유전체 정보이용 육종시스템 이용과 기술개발 지속
4. 저렴한 LD 유전체 칩 활용 확대로 유전적 개량 속도 가속화
5. 핵돈 응돈의 유전자를 참여농장외의 육종농장과도 공유해 국가적인 종돈 개량에 기여

제 6 장 연구개발과정에서 수집한 해외과학기술정보

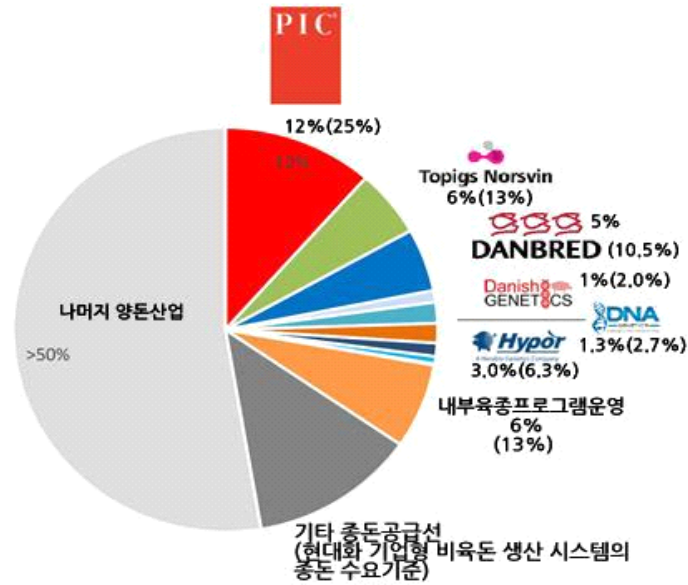
제 1 절 최근의 세계 종돈산업 동향

1. 서론

- 최근의 세계 종돈산업은 2000년 들어서면서 글로벌 다국적 기업이 각국의 소규모 종돈기업을 흡수 합병하면서 덩치를 키워가고 있다. 세계에서 가장 종돈시장 점유율이 높은 영국의 PIC는 영국의 NPD사(2000년), Cotswold사(2003년), 캐나다의 Genetiporc(2013년)사를, 2017년에는 아일랜드의 Hermitage를 합병했고 2019년에는 덴마크의 DanAvl에서 독립한 Mollevang사와 유전자 공유 계약을 체결했다. 2위 Topigs사는 노르웨이의 Norsvin사(2016년)를 인수했다. 네덜란드 Hendrix 그룹의 Hybrids사는 네덜란드의 Euribrid사(2007년), 캐나다의 Designed Genetics사(2010년), 프랑스의 France Hybrids사(2008년)를 합병했다. 프랑스의 뉴클레어스와 함께 3대 육종회사였던 Gene+사와 ADN사는 2016년에 AXIOM사명으로 통합되었다. 반면에 덴마크 생산자 소유 국가 단일 육종 기관인 DanAvl사는 2019년에 기존의 조직을 유지하는 DanBred사, 독자 노선을 선언한 Danish Genetics사, PIC와 전략적 제휴를 위한 Mollevang사로 3개의 조직으로 쪼개지면서 PIC 다음의 글로벌 2위 자리를 Topigs Norsvin사로 넘겼다.

2. 세계 종돈 산업의 규모와 글로벌 종돈기업의 시장 점유율

- 세계의 돼지 사육 두수는 약 10억 두, 연간 돼지 도축 두수는 연간 14억 두(2018년) 수준이다. 글로벌 다국적 종돈 업체의 시장 점유율은 각사의 발표 자료를 따르면 자사 유전자로 생산된 비육돈 생산규모로는 PIC는 1억 5천 만두로 시장 점유율이 12%, 2위인 Topigs사는 1억두로 7%로 볼 수 있다. 그러나 종돈 업계가 분석하는 종돈 기업이 판매할 수 있는 종돈 시장의 비육돈 비율은 48-49%로 추산 하고 있다. 따라서 메이저 종돈 기업의 종돈시장 점유율은 PIC가 25%로 주장하고 있다. 2위는 Topigs사로 13%, 3위는 DanBred사로 10.5%, 4위는 Hypor사의 6.3%, 순으로 추정 되고 있다. 전 세계 메이저 종돈 기업의 시장을 기준으로 한다면 2018년 기준, 연간 종돈 판매두수는 약 1,600만두로 추정된다. 금액으로는 약 64억 달러 규모이다. PIC가 연간 약 400만두, Topigs사가 약 160만두 판매한다.

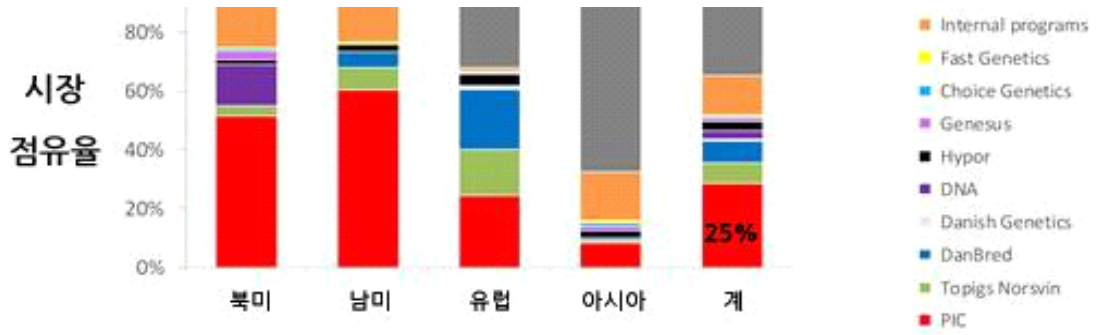


[그림 5-1] 글로벌 종돈기업의 세계 시장 점유율

자료; “PIC Roadshow, Feb. 2019”의

3. 대륙별 글로벌 종돈기업의 시장점유율

○ PIC는 대륙별, 종돈을 구입할 수 있는 모든 두수 1만두 이상 계열화 중심의 양돈생산 업체수와 사육 모든 사육규모를 추산하고 PIC와 다른 글로벌 종돈기업의 시장점유율을 추정했다. 북미대륙의 계열화 생산업체는 54개, 모든 사육규모는 510만두로 추산하고 글로벌 종돈기업의 시장점유율을 70%로 추정하고 PIC는 50%를 차지해 나머지 기업체가 20%를 차지하는 것으로 보았다. 북미시장에 PIC 다음으로 DNA사가 약 10% 시장을 점유하고 있다. DNA사는 네브라스카주에 소재하는 종돈업체로 Danbred USA사를 인수했었다. 그 외 Topigs사, Hypor사가 종돈을 공급하고 있다. 유럽시장의 종돈 시장규모는 모든 780만두로 글로벌 종돈기업의 시장점유율은 약 70%이고 그 중 PIC는 약 45%로 추산했다. 남미시장 규모는 72개 대형 생산자의 모든 규모는 250만두로 PIC가 65%의 시장 점유율, 아시아는 42개 생산자 모든 820만두 규모 중 PIC는 20% 시장 점유율을 차지하고 있다고 주장. PIC의 남미 시장 점유율이 높은 것은 칠레를 제외하고는 브라질 등의 국가에서 조인트벤처로 종돈을 공급하고 있기 때문이다.



| | | | | | |
|------------------|-------|-------|-------|-------|---------|
| · 종돈수요업체수 | 54 | 72 | 82 | 42 | 250 |
| · 모돈두수 | 510만두 | 250만두 | 780만두 | 820만두 | 2,300만두 |
| · 글로벌기업PIC의시장점유율 | ~70% | ~65% | ~45% | ~20% | 30-35% |

[그림 5-2] 글로벌 대륙별, 종돈 기업별 시장 점유율

4. 글로벌 종돈기업의 판매전략

가. 다양한 순종라인 유지

○ 글로벌 종돈기업의 시장 확장 전략은 ① 대규모 GGP의 우수한 유전능력을 빠르게 GP, PS 농장으로 확산시키는 방법, ② 글로벌 어디에서나 종돈을 공급 할 수 있는 전략적 GGP와 GP 종돈장 설립, ③ 비육돈 생산자들의 여건에 맞추어 경제적으로 종돈을 공급 받을 수 있게 외부로부터의 F1 종돈을 공급받는 방식 외에 순종돈을 구입해서 자체 F1을 생산하거나 In house 육종시스템을 갖추도록 한다. ④ 다양한 모계 및 부계라인을 공급 할 수 있어야한다. PIC의 경우 5개의 부계라인과 4개의 모계라인으로 비육돈 생산자의 수요를 만족 시키고 있다. TopigsNorsvin 역시 4개의 부계라인과 2개의 모계라인을 유지하고 있다. DNA사는 1개의 부계라인과 2개의 모계라인으로 폐쇄육종 프로그램을 운영하고 있다.

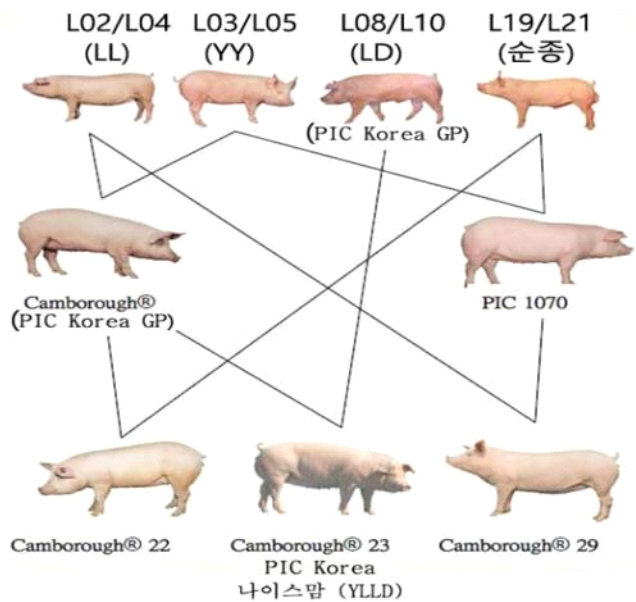
| | PIC | DANBRED | Topigs Norsvin | Hypor | DNA |
|-----------|-----------------|-----------|----------------|---------------|-------------|
| Sirelines | 합성돈(순종) | 337 | | Tempo | |
| | Duroc(순종) | 800 | 듀록 | Norsvin 듀록 | Kamto |
| | Pietrain(순종) | 408 | | 피에트렌 | Maxter |
| | Hampshire(순종) | 327 | | | |
| | 교잡종 | 359, 410 | | Talent, Traxx | Magmus |
| Damlines | Landrace(순종) | L02 / L04 | Landrace | Landrace | Landrace |
| | Large white(순종) | L03 / L05 | Large white | Large white | Large white |
| | PS후보돈 | L18 / L19 | | Norsvin LR | |
| | F1(비육농장용) | 캠보로의 4개라인 | 1개라인 | 3개라인 | 1개라인 |

폐쇄육종용

[그림 5-3] 글로벌 대형 종돈기업의 모계 및 부계라인 내역

나. 잡종강세 극대화 실용모돈 생산

○ PIC는 다양한 순종라인으로 다양한 실용 모돈을 생산해 잡종강세 효과를 극대화시키고 있다. 예를 들면 1960년대 창업당시부터 생산한 랜드레이스(L02)와 요크셔(LO3)간의 1대 잡종인 캠보로(Camborough: 캠브리지 대학과 에딘버러 대학의 합성어)라인을 당시에는 비육돈 생산용 실용 모돈으로 사용했으나 그후 캠보로 라인을 GGP와 같은 기능으로 백색 요크셔를 교배해 캠보로22, 캠보로23 등을 대량으로 생산해 공급하고 있다. 국내 공급되는 PIC 실용돈은 캠보로23 이다.



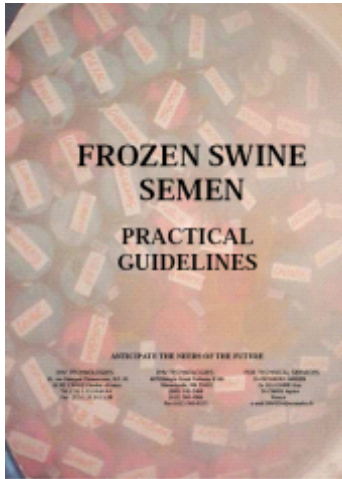
[그림 5-4] PIC의 모계라인과 비육농장용 PS 종돈

5. 글로벌 종돈기업의 이합 집산 요인

○ 글로벌 종돈산업의 경쟁력은 ①기초 순종돈군의 크기, ②새로운 유전평가 기술의 적용, ③새로운 양돈산업 환경에 빠르게 대처할 수 있는 능력 등이다. 더구나 번식 및 산육능력 검정 두수, 비육돈 능력을 포함한 순종돈의 개량 기술, 유전체 정보를 이용한 개량 기술을 적용하기 위해서는 막대한 투자가 필요하다. 예를 들어서 PIC, TOPIGS, HYPOR사 모두 GGP 종돈의 생시 체중을 매년 수백만두씩 측정하고 있다. 또한 수백만두의 유전체 정보를 분석하고 활용하고 있다.

제 2 절 기타 수집한 해외 과학기술정보

1. Frozen swine semen practical guidelines, France, IMV technologies



2. Extender, Duragen – Product specification and How to dilute the extender, Spain, Magapor
3. Frozen semen thawing directions, USA, SGI
4. Sperm freezing manual, 2001, Spain, Magapor
5. Protocol for thawing frozen boar semen with 0.25 ml mini straws Equipment, France, YXIA

제 7 장 참고문헌

1. Bakoev, S.; Getmantseva, L.; Bakoev, F.; Kolosova, M.; Gabova, V.; Kolosov, A.; Kostyunina, O. Survey of SNPs Associated with Total Number Born and Total Number Born Alive in Pig. *Genes* 2020, 11, 491.
2. Ogawa, S.; Konta, A.; Kimata, M.; Ishii, K.; Uemoto, Y.; Satoh, M. Estimation of genetic parameters for farrowing traits in purebred Landrace and Large White pigs. *Anim. Sci. J.* 2019, 90, 23 - 28.
3. Vazquez-Gomez, M.; Garcia-Contreras, C.; Pesantez-Pacheco, J.L.; Torres-Rovira, L.; Heras-Molina, A.; Astiz, S.; Ovilo, C.; Isabel, B.; Gonzalez-Bulnes, A. Differential Effects of Litter Size and Within-Litter Birthweight on Postnatal Traits of Fatty Pigs. *Animals* 2020, 10, 870.
4. Schmitt, O.; Baxter, E.M.; Lawlor, P.G.; Boyle, L.A.; O'Driscoll, K. A single dose of fat-based energy supplement to light birth weight pigs shortly after birth does not increase their survival and growth. *Animals* 2019, 9, 227.
5. Li, Y.; Li, B.; Yang, M.; Han, H.; Chen, T.; Wei, Q.; Miao, Z.; Yin, L.; Wang, R.; Shen, J.; et al. Genome-Wide Association Study and Fine Mapping Reveals Candidate Genes for Birth Weight of Yorkshire and Landrace Pigs. *Front. Genet.* 2020, 11, 183.
6. Feldpausch, J.A.; Jourquin, J.; Bergstrom, J.R.; Bargaen, J.L.; Bokenkroger, C.D.; Davis, D.L.; Gonzalez, J.M.; Nelssen, J.L.; Puls, C.L.; Trout, W.E.; et al. Birth weight threshold for identifying piglets at risk for preweaning mortality. *Transl. Anim. Sci.* 2019, 3, 633 - 640.
7. Quiniou, N.; Dagorn, J.; Gaudre, D. Variation of piglets birth weight and consequences on subsequent performance. *Livest. Prod. Sci.* 2002, 78, 63 - 70.
8. Wolf, J.; Zakova, E.; Groeneveld, E. Within-litter variation of birth weight in hyperprolific Czech Large Whitesows and its relation to litter size traits, stillborn piglets and losses until weaning. *Livest. Sci.* 2008, 115, 195 - 205.
9. Alves, K.; Schenkel, F.S.; Brito, L.F.; Robinson, A. Estimation of direct and maternal genetic parameters for individual birth weight, weaning weight, and probe weight in Yorkshire and Landrace pigs. *J. Anim. Sci.* 2018, 96, 2567 - 2578.

10. Engblom, L.; Calderon Diaz, J.A.; Nikkila, M.; Gray, K.; Harms, P.; Fix, J.; Tsuruta, S.; Mabry, J.; Stalder, K. Genetic analysis of sow longevity and sow lifetime reproductive traits using censored data. *J. Anim. Breed Genet.* 2016, 133, 138 - 144.
11. Kaufmann, D.; Hofer, A.; Bidanel, J.P.; Kunzi, N. Genetic parameters for individual birth and weaning weight and for litter size of Large White pigs. *J. Anim. Breed. Genet.* 2000, 117, 121 - 128.
12. Roehe, R. Genetic determination of individual birth weight and its association with sow productivity traits using Bayesian analyses. *J. Anim. Sci.* 1999, 77, 330 - 343.
13. Te Pas, M.F.; Soumillon, A.; Harders, F.L.; Verburg, F.J.; van den Bosch, T.J.; Galesloot, P.; Meuwissen, T.H. Influences of myogenin genotypes on birth weight, growth rate, carcass weight, backfat thickness, and leanweight of pigs. *J. Anim. Sci.* 1999, 77, 2352 - 2356.
14. Jiang, Y.L.; Li, N.; Fan, X.Z.; Xiao, L.R.; Xiang, R.L.; Hu, X.X.; Du, L.X.; Wu, C.X. Associations of T→A mutation in the promoter region of myostatin gene with birth weight in Yorkshire pigs. *Asian-Australas. J. Anim. Sci.* 2002, 15, 1543 - 1545.
15. Tomás, A.; Casellas, J.; Ramírez, O.; Pérez-Enciso, M.; Rodriguez, C.; Noguera, J.; Sánchez, A. Polymorphisms of the porcine dopamineβ-hydroxylase gene and their relation to reproduction and piglet survivability in an Iberian× Meishan F2 intercross. *Anim. Genet.* 2006, 37, 279 - 282.
16. Hayes, B.J.; Bowman, P.J.; Chamberlain, A.J.; Goddard, M.E. Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. *J. Dairy Sci.* 2009, 92, 433 - 443.
17. Wolc, A.; Arango, J.; Settar, P.; Fulton, J.E.; O'Sullivan, N.P.; Preisinger, R.; Habier, D.; Fernando, R.; Garrick, D.J.; Hill, W.G.; et al. Genome-wide association analysis and genetic architecture of egg weight and egg uniformity in layer chickens. *Anim. Genet.* 2012, 43 (Suppl. 1), 87 - 96.
18. Lourenco, D.A.L.; Tsuruta, S.; Fragomeni, B.O.; Masuda, Y.; Aguilar, I.; Legarra, A.; Bertrand, J.K.; Amen, T.S.; Wang, L.; Moser, D.W.; et al. Genetic evaluation using single-step genomic best linear unbiased predictor in American Angus. *J. Anim. Sci.* 2015, 93, 2653 - 2662.

19. Riggio, V.; Portolano, B. Genetic selection for reduced somatic cell counts in sheep milk: A review. *Small Rumin. Res.* 2015, 126, 33 - 42.
20. Lee, J.; Lee, S.; Park, J.E.; Moon, S.H.; Choi, S.W.; Go, G.W.; Lim, D.; Kim, J.M. Genome-wide association study and genomic predictions for exterior traits in Yorkshire pigs. *J. Anim. Sci.* 2019, 97, 2793 - 2802.
21. Zhang, C.; Patterson, J.; Tsoi, S.; Dyck, M.; Plastow, G.; Foxcroft, G. GWAS in production nucleus sows using a 650K SNP Chip to explore component traits underlying a repeatable low litter birth weight phenotype. In *Proceedings of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Auckland, New Zealand, 11 - 16 February 2018*; p. 567.
22. Wang, Y.; Ding, X.; Tan, Z.; Xing, K.; Yang, T.; Pan, Y.; Wang, Y.; Mi, S.; Sun, D.; Wang, C. Genome-wide association study for reproductive traits in a Large White pig population. *Anim. Genet.* 2018, 49, 127 - 131.
23. Zhang, L.F.; Zhou, X.; Michal, J.J.; Ding, B.; Li, R.; Jiang, Z.H. Genome Wide Screening of Candidate Genes for Improving Piglet Birth Weight Using High and Low Estimated Breeding Value Populations. *Int. J. Biol. Sci.* 2014, 10, 236 - 244.
24. Sargolzaei, M.; Chesnais, J.P.; Schenkel, F.S. A new approach for efficient genotype imputation using information from relatives. *BMC Genom.* 2014, 15, 478.
25. Gilmour, A.; Gogel, B.; Cullis, B.; Welham, S.; Thompson, R. *ASReml User Guide Release 4.1 Structural Specification*; VSN International Ltd.: Hemel Hempstead, UK, 2015.
26. Bouwman, A.; Bergsma, R.; Duijvesteijn, N.; Bijma, P. Maternal and social genetic effects on average daily gain of piglets from birth until weaning. *J. Anim. Sci.* 2010, 88, 2883 - 2892.
27. Garrick, D.J.; Taylor, J.F.; Fernando, R.L. Deregressing estimated breeding values and weighting information for genomic regression analyses. *Genet. Sel. Evol.* 2009, 41, 55.
28. Hayes, B.; Goddard, M. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* 2001, 157, 1819 - 1829.
29. Kizilkaya, K.; Fernando, R.; Garrick, D. Genomic prediction of simulated multibreed

- and purebred performance using observed fifty thousand single nucleotide polymorphism genotypes. *J. Anim. Sci.* 2010, 88, 544 - 551.
30. BERNARD C. and M. H. FAHMY, 1970, EFFECT OF SELECTION ON FEED UTILIZATION AND CARCASS SCORE IN SWINE, *Can. J. Anim. Sci.* 50: 575-584
 31. Cai, W., D.S. Casey and J.C.M. Dekkers, 2008, Selection response and genetic parameters for residual feed intake in Yorkshire swine, *J. Anim. Sci.* 86:287-298
 32. Chesnais, J.P. and B. P. Sullivan, 2002, Recent Developments in the Canadian Swine Improvement Program, National Swine Improvement Federation Conference and Annual Meeting, 2002
 33. DeDecker, J.M., M. Ellis, B.F. Wolter, B.P. Corrigan, S.E. Curtis, E.N. Parr and D.M. Webel, 2005, Effects of proportion of pigs removed from a group and subsequent floor space on growth performance of finishing pigs, *J. Anim. Sci.* 83:449 - 454
 34. Dekkers, J., 2015, The Genetics of Selection for Feed Efficiency based on Residual Feed Intake, presentation at ICFES 2015, <https://www.dropbox.com/sh/dwrs3nl9yvrx9l/AABrA4JiPvv0vqWSpJs3b6Ma/Plenary%20Session?dl=0&preview=Dekkers.pdf>
 35. Do D.N. et al., 2013, Genetic parameters for different measures of feed efficiency and related traits in boars of three pig breeds, *J. Anim. Sci.* 91:4069-4079
 36. Gaines, A.M., B.A. Peterson and O.F. Mendoza. 2012. Herd management factors that influence whole herd feed efficiency. In: J.F. Patience, editor, *Feed Efficiency in Swine*. Wageningen Academic Publishers, Wageningen., The Netherlands. p. 15-39.
 37. Gilbert H., J.P. Bidanel, J. Gruand, J.C. Caritez, Y. Billon, P. Guillouet, H. Lagant, J. Noblet and P. Sellier, 2007, Genetic parameters for residual feed intake in growing pigs, with emphasis on genetic relationships with carcass and meat quality traits, *J. Anim. Sci.* 85:3182 - 188
 38. Gilbert, H., J. P. Bidanel, Y. Billon, H. Lagant, P. Guillouet, P. Sellier, J. Noblet and S. Hermes, 2012. Correlated responses in sow appetite, residual feed intake, body composition, and reproduction after divergent selection for residual feed intake in the growing pig. *J. Anim. Sci.* 90:1097-1108.

39. Gilbert, H. et. al, 2017, Review: divergent selection for residual feed intake in the growing pig, *Animal* 11:9 pp1427–1439
40. Goodband, R.D. et. al., 2008, feeding and feeder management influences on feed efficiency, *Proceedings Allen D. Leman Swine conference* pp20–27
41. Hermesch, S. M.M.A. Arnal, V. Böörner and S. Dominik, 2015, SELECTION STRATEGIES FOR BREEDING OBJECTIVES IN GROWING PIGS, *Proc. Assoc. Advmt. Breed. Genet.* 21
42. Hoque M.A., H. Kadowaki, T. Shibata, T. Oikawa and K. Suzuki, 2007, Genetic parameters for measures of the efficiency of gain of boars and the genetic relationships with its component traits in Duroc pigs, *J. Anim. Sci.* 85:1873 – 1879
43. Knap, P.W. and L. Wang, 2012, Pig Breeding for improved feed efficiency., *Feed efficiency in swine*, Wageningen Academic publishers pp167–182
44. Latorre, M.A., R. La´zaro, D.G. Valencia, P. Medel and G.G. Mateos, 2004, The effects of gender and slaughter weight on the growth performance, carcass traits, and meat quality characteristics of heavy pigs, *J. Anim. Sci.* 82:526–533
45. Miar Y, Plastow G, Bruce H, Moore S, Manafiazar G, et al., 2014, Genetic and Phenotypic Correlations between Performance Traits with Meat Quality and Carcass Characteristics in Commercial Crossbred Pigs. *PLoS ONE* 9(10): e110105.
46. Patience J. F., Chipman A, Jones CK, Scheer T.,2011, Varying corn particle size distribution affects the digestibility of energy for the growing pig. *J Anim Sci.* 89(E-Suppl 2):127.
47. Patience, J. F., 2013, Management Practices That Maximize Feed Efficiency, *London Swine Conference – Managing For Production* p171
48. Patience J. F., MC Rossoni-Serão and NA. Gutiérrez, 2015, A review of feed efficiency in swine: biology and application, *Journal of Animal Science and Biotechnology* 6:33
49. Pierozan,C.R., P.S. Agostini, J. Gasa, A.K. Novais, C.P. Dias, R.S.K. Santos, M.Pereira Jr, J.G. Nagil, J.B. Alves and C.A. Silva, 2016, Factors affecting the daily feed intake and feed conversion ratio of pigs in grow–finishing units: the case of a company., *Porcine Health Management* 2:70

50. Rauw, W.M., J. Soler, J. Tibau, J. Reixach and L.G. Raya, 2006, The relationship between residual feed intake and feed intake behavior in group-housed Duroc barrows, *J. Anim. Sci.* 84:956 - 962
51. Renaudeau, D., G. Frances, S. Dubois, H. Gilbert and J. Noblet, 2013, Effect of thermal heat stress on energy utilization in two lines of pigs divergently selected for residual feed intake, *J. Anim. Sci.* 91:1162-1175
52. Richardson J.S., 2014, Winning the numbers game, Presentation, BPX pig producer meeting presentation.
53. Roguet, C., 2013, Pig breeding today and tomorrow-economy, Nucleus technical forum
54. Saintilan, R., P. Sellier, Y. Billon and H. Gilbert, 2012, Genetic correlations between males, females and castrates for residual feed intake, feed conversion ratio, growth rate and carcass composition traits in Large White growing pigs, *J. Anim. Breed. Genet.* 129:103-106
55. Stender, David R., "Swine Feed Efficiency: Influence of Market Weight" (2012). Iowa Pork Industry Center Fact Sheets. 9.
56. Taniguchi M., A. Arakawa, K. Hirose, S. Nikaido, T. Matsumoto, A. Ishida, T. Ito, K. Fukawa and S. Mikawa, 2014, Genetic Structure of Quantitative Traits for Effective Feeding during the Growing to Finishing Phases in Landrace Pigs, Proceedings, 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production
57. Young, J. M., R. Bergsma, E. F. Knol, J. F. Patience, and J. C. M. Dekkers. 2010. Effect of selection for residual feed intake on sow reproduction performance and lactation efficiency. In: 9th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Leipzig, Germany. Paper 223.
58. Young, Jennifer Marie, 2012, The effect of selection for residual feed intake during the grow/finish phase of production on feeding behavior traits and sow reproduction and lactation efficiency in Yorkshire pigs. Graduate Theses and Dissertations. 12538. Iowa State Univ.
59. Young, J.M. and J.C.M. Dekkers, 2012, The genetic and biological basis of residual feed intake as a measure of feed efficiency, In: J.F. Patience, editor, Feed Efficiency

- in Swine. Wageningen Academic Publishers, Wageningen., The Netherlands. pp. 153-166.
60. 김범기 등, 2020, 돼지 정자 동결보존에 있어 5 ml straw의 한계성 극복, 생명과학회지 (30) 77 ~ 81
 61. 서강석 등, 2013. 종돈 개량 네트워크 체계 활성화 및 수출경쟁력 확보방안, 2013. (사) 대한한돈협회
 62. Bwanga, C. O. 1991. Cryopreservation of boar semen. *Acta. Vet. Scand.* 32, 431-453.
 63. Bwanga, C. O., de Braganca, M. M., Einarsson, S. and Rodriguez-Martinez, H. 1990. Cryopreservation of boar semen in Mini- and Maxi-straws. *J. Vet. Med. A.* 37, 651-658.
 64. Kim, K. S. and Song, H. B. 2005. Studies on the freezing of boar semen in vitro and in vivo fertilization capacity of frozen boar spermatozoa. *Kor. J. Emb. Trans.* 20, 1-8.
 65. Knox, R. V. 2016. Artificial insemination in pigs today. *Theriogenology* 85, 83-93.
 66. McLaughlin, E. A., Ford, W. C. L. and Hull, M. G. R. 1993. Effects of cryopreservaion on the human sperm acrosome and its response to A23187. *J. Reprod. Fertil.* 99, 71-76
 67. Pursel, V. V. and Johnson, L. A. 1975. Freezing of boar spermatozoa: Fertilizing capacity with concentrated semen and a new thawing procedure. *J. Anim. Sci.* 40, 99-102.
 68. Rodriguez-Gil, J. E. and Estrada, E. 2013. Artificial insemination in boar reproduction. In S. Bonet, I. Casas, W. V. Holt, & M. Yeste (Eds.), *Boar reproduction*. pp. 589-608. Berlin: Springer.
 69. Saravia, F., Wallgren, M., Nagy, S., Johannisson, A. and Rodriguez-Martinez, H. 2005. Deep freezing of concentrated boar semen for intra-uterine insemination: effects on sperm viability. *Theriogenology* 63, 1320-1333.
 70. Westendorf, P., Richter, L. and Treu, H. 1975. Zur Tiefgefrierung von Ebersperma. Labor-und Besamungsergebnisse mit dem Hulsnberger pailletten-Verfahren. *Dtsch. Tierarzt Wschr.* 82, 261-267.

[별첨 1] 연구개발보고서 초록

연구개발보고서 초록

| | | | | | |
|--------------------------|---|---------------|------------|-----------------------|-----|
| 프로젝트명 | (국문) 참여종돈장 통합육종체계 확립 및 국산종돈 개발 | | | | |
| | (영문) The development of korean native pigs to real-time integrate genetic evaluation in golden seed project swine farms | | | | |
| 프로젝트 연구기관 | (주)정피엔씨연구소 | | 프로젝트 책임자 | (주)정피엔씨연구소 | |
| 참여기업 | (주)정피엔씨연구소 피그진코리아(주) 농업회사법인(주)다비육종 | | | 정영철 | |
| 총 연구개발비 (5,840,500천원) | 계 | 5,840,500,000 | 총 연구기간 | 2017.01.~2021.12.(5년) | |
| | 정부출연 연구개발비 | 4,340,000,000 | 총 참여 연구원 수 | 총 인원 | 181 |
| | 기업부담금 | 1,500,500,000 | | 내부인원 | 101 |
| | 연구기관부담금 | | | 외부인원 | 80 |

[제 1세부프로젝트 : GSP참여종돈장 통합육종시스템 확립 및 적용]

1. 연구개발 목표 및 성과

정량적 목표

- 부계종돈(두록) : 부계경제형질의 개량 목표치
 - 90kg도달일령 : ('17) 135일 → ('21) 128일
 - 평균 등지방두께 : ('17) 13mm → ('21) 12mm
 - 근내지방도(3이상) 발현율 : ('17) 53% → ('21) 55%
- 모계종돈(요크셔, 랜드레이스) : 모계 경제형질의 개량 목표치
 - 복당 평균총산자수 : ('17) 13.0두 → ('21) 15.0두
 - 복당 생존산자수 : ('17) 11.5두 → ('21) 13.0두
 - 사료요구율 : ('17) 2.30 → ('21) 2.20

정성적 목표

- GSP 종돈 3종(GSP 두록, GSP 랜드레이스, GSP 요크셔 개발)
- GSP 참여종돈장 주간단위 통합 유전능력평가 시스템 구축 및 활용
- 우수 육종인력 양성을 위한 교육프로그램 개발 및 운영
- GSP 종돈 경쟁력 확보를 위한 신규 검정형질 개발 및 적용
- 선발효율 극대화를 위한 생명정보 적용기법 개발 및 적용

2. 연구내용 및 결과

- GSP참여종돈장 통합 유전능력평가 데이터베이스 구축 및 평가시스템 개발 및 활용

산육 육종가 보고서

번식 육종가 보고서

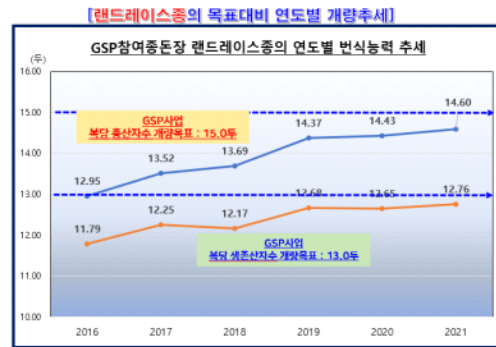
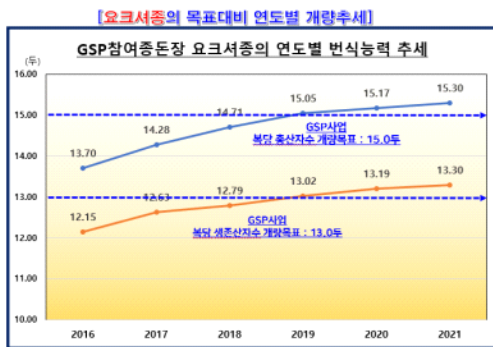
- 통합 유전능력평가를 위한 통합 데이터베이스 통합 구축
- GSP사업 주간단위 통합유전능력 평가
 - 총 6개 참여종돈장 : 혈통자료 1,154,369두 , 검정자료 424,027두, 번식자료 109,006복
 - 산육형질 : 일당증체중, 등지방두께, 90kg도달일령, 생시체중, 사료섭취량
 - 번식형질 : 복당 총산자수, 복당 생존 산자수, 이유두수

[GSP참여종돈장 통합 유전능력평가 자료수집]

| 구분 | A-종돈장 | | | B-종돈장 | | | C-종돈장 | |
|------|---------|--------|--------|---------|--------|--------|---------|---------|
| | 요크셔 | 랜드레이스 | 두록 | 요크셔 | 랜드레이스 | 두록 | 요크셔 | 랜드레이스 |
| 혈통자료 | 101,359 | 34,544 | 34,897 | 313,772 | 55,101 | 93,472 | 208,897 | 159,466 |
| 검정자료 | 56,120 | 21,334 | 20,892 | 140,240 | 14,619 | 26,524 | 38,779 | 30,292 |
| 번식자료 | 14,431 | 4,759 | 4,640 | 34,342 | 3,024 | 5,294 | 10,526 | 8,655 |

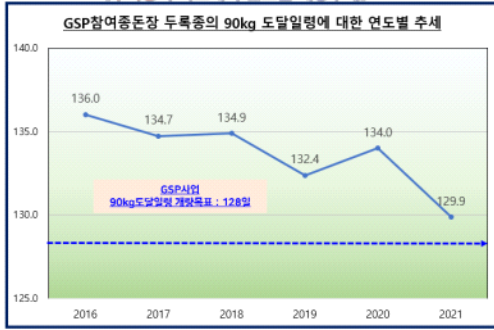
| 구분 | D-종돈장 | | | F-종돈장 | | | G-종돈장 |
|------|--------|-------|--------|--------|-------|--------|-------|
| | 요크셔 | 랜드레이스 | 두록 | 요크셔 | 랜드레이스 | 두록 | 두록 |
| 혈통자료 | 43,124 | 3,388 | 10,239 | 71,108 | 8,612 | 14,631 | 1,759 |
| 검정자료 | 18,284 | 1,586 | 4,849 | 39,261 | 3,660 | 5,882 | 1,705 |
| 번식자료 | 6,565 | 395 | 1,035 | 12,494 | 1,036 | 1,590 | 220 |

- 참여종돈장 개량 성과
 - 모계 종돈 개량 성과
 - 복당 총산자수 : 15.30두(Y.Y), 14.60두(LL)
 - 복당 생존산자수 : 13.30두(Y.Y), 12.76두(LL)



- 부계 종돈 개량 성과
 - 90kg도달일령 : 129.9일(DD),
 - 등지방두께 : 12.9mm(DD)

[두록종의 목표대비 연도별 개량추세]



[두록종의 목표대비 연도별 개량추세]



□ 참여중돈장 혈연연결도(connectedness rate) 분석

○ 분석 형질 : 산육형질 - 일당증체량, 번식형질 - 생존산자수

| 성별 | 불감 | 수육 | 인덴티 | 성진 | 대안 | 단양 | 태안 | 금보 | 가야 |
|--------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|------|------|
| 일당 증체량 | 52.39 | 13.60 | 1.49 | 1.40 | 2.08 | 0.49 | 0.84 | 4.83 | |
| 생존 산자수 | 6.38 | 6.17 | 1.54 | 2.32 | 1.79 | 0.08 | | 0.73 | 2.21 |
| 산육형질 | 5.39 | 10.76 | 83.91 | 44.36 | 60.23 | 0.57 | 0.16 | 3.34 | 2.28 |
| 번식형질 | 5.99 | 11.16 | 87.33 | 84.63 | 56.68 | 0.56 | 0.48 | 3.18 | 3.18 |
| 중체량 | 11.59 | 2.91 | 7.16 | 7.10 | 5.64 | | 21.45 | 0.38 | 0.53 |
| 등지방 | 2.63 | 1.32 | | 8.09 | 6.19 | 69.66 | | 0.38 | 1.15 |
| 금보 | 5.68 | 24.14 | 6.76 | 7.57 | 6.54 | 2.52 | 1.18 | | 0.31 |
| 가야 | 10.52 | 16.06 | 7.39 | 17.29 | 14.33 | 5.41 | 6.49 | 4.67 | |

| 성별 | 불감 | 성진 | 단양 | 태안 | 금보 | 가야 |
|--------|------|-------|-------|-------|------|-------|
| 일당 증체량 | | 1.36 | 1.09 | 0.56 | 0.13 | 3.20 |
| 생진 | 4.94 | | 0.13 | 0.26 | | 11.35 |
| 단양 | 6.64 | 6.44 | | 24.10 | | |
| 태안 | 3.13 | 10.16 | 70.99 | | | |
| 금보 | 1.71 | | 0.58 | | | |
| 가야 | 6.91 | 21.16 | 5.30 | 7.97 | | |

| 성별 | 불감 | 원산 | 대덕 | 금보 | 가야 | 축과원 |
|--------|-------|-------|-------|-------|------|-------|
| 일당 증체량 | | 16.25 | 8.98 | 4.26 | 5.81 | 12.33 |
| 원산 | 40.59 | | 58.08 | 14.73 | 2.92 | 17.74 |
| 대덕 | 25.03 | 85.38 | | 8.91 | 1.71 | 11.55 |
| 금보 | 22.83 | 42.86 | 31.63 | | 1.04 | 10.91 |
| 가야 | 18.03 | 10.44 | 7.01 | 7.65 | | 1.74 |
| 축과원 | 24.99 | 36.50 | 26.40 | 25.91 | 8.28 | |

요크셔

랜드레이스

두록

□ GSP 우수 종모돈 선발

두록

| 번호 | 개체번호 | 혈통번호 | 부돈 | 모돈 | 성별 | 생년월일 | 표현형기 | | | 육중가 | | | 정확도 | | | 부계 오계 | | | | | |
|----|-----------|-------------|---------|-------|----|----------|--------|--------|---------|--------|--------|---------|--------|--------|---------|--------|--------|--------|--------|-----|-----|
| | | | | | | | 일당 증체량 | 일당 등지방 | 90kg 도달 | 일당 증체량 | 일당 등지방 | 90kg 도달 | 일당 증체량 | 일당 등지방 | 90kg 도달 | | | | | | |
| 1 | D047028WJ | 92003017993 | 82-71 | 15-04 | M | 19-12-06 | 0.831 | 1.09 | 117 | 5 | 0.1198 | -0.1288 | -16.12 | -0.089 | 0.6876 | 0.726 | 0.7047 | 0.4066 | 0.0052 | 182 | 103 |
| 2 | DAG6446 | 92008012612 | DAF8591 | 15-04 | M | 20-05-02 | 0.754 | 1.38 | 119 | 8 | 0.0849 | 0.0187 | -13.73 | 0.2374 | 0.6592 | 0.7054 | 0.6798 | 0.3907 | 0.0152 | 148 | 108 |

요크셔

| 번호 | 개체번호 | 혈통번호 | 부돈 | 모돈 | 성별 | 생년월일 | 표현형기 | | | 육중가 | | | 정확도 | | | 부계 오계 | | | | | |
|----|----------|-------------|---------|---------|----|----------|--------|--------|---------|--------|--------|---------|--------|--------|---------|--------|--------|--------|--------|-----|-----|
| | | | | | | | 일당 증체량 | 일당 등지방 | 90kg 도달 | 일당 증체량 | 일당 등지방 | 90kg 도달 | 일당 증체량 | 일당 등지방 | 90kg 도달 | | | | | | |
| 1 | YAG6506 | 92008012672 | YAF4495 | YAF4888 | M | 20-05-08 | 0.769 | 0.94 | 120 | 16.7 | 0.1079 | -0.0655 | -20.86 | 2.061 | 0.7453 | 0.7061 | 0.7534 | 0.4123 | 0.0102 | 169 | 176 |
| 2 | Y04680DK | 92004033088 | 57-74 | 38-12 | M | 20-02-01 | 0.704 | 1.26 | 132 | 17.7 | 0.0402 | -0.044 | -5.889 | 1.592 | 0.7448 | 0.7642 | 0.7527 | 0.4036 | 0.0055 | 122 | 151 |

□ GSP 참여중돈장 유전적 개량량 분석

○ 단위기간 당 유전적 개량량의 양부를 판단하기 위한 선발강도 및 세대간격 계산

○ 축종별 참여중돈장 분석결과

| 축종 | 참여 중돈장 | 형질 | 정량부수 | 선발부수 | 육중가 (평균) | 선발강도 (평균) | 세대간격 (평균, yr) | 유전적 개량량 (L/GA) |
|-------|--------|--------|------|------|----------|-----------|---------------|----------------|
| D-축종장 | ASF | | | | -1.374 | 0.708 | 2.423 | 0.423 |
| | ADG | | | | 0.281 | 1.115 | 1.340 | 0.213 |
| | DAVS | 11,538 | 945 | | -0.433 | 1.115 | | 0.213 |
| | IBW | | | | 1.841 | 0.835 | 0.824 | 0.213 |
| | NBA | | | | 0.334 | 1.044 | | 0.213 |
| G-축종장 | ASF | | | | 0.198 | 0.824 | 2.248 | 0.213 |
| | ADG | | | | 0.382 | 1.063 | | 0.213 |
| | DAVS | 2,485 | 247 | | -0.724 | 1.040 | | 0.213 |
| | IBW | | | | 0.398 | 0.818 | 2.442 | 0.213 |
| | NBA | | | | 0.054 | 0.920 | | 0.213 |
| K-축종장 | ASF | | | | 0.747 | 0.741 | 0.711 | 0.213 |
| | ADG | | | | 0.089 | 0.827 | 0.708 | 0.213 |
| | DAVS | 3,852 | 179 | | -0.054 | 0.842 | 1.858 | 0.213 |
| | IBW | | | | 0.758 | 0.722 | 0.708 | 0.213 |
| | NBA | | | | 0.787 | 1.075 | 0.711 | 0.213 |
| H-축종장 | ASF | | | | 0.448 | 1.018 | 1.740 | 0.213 |
| | ADG | | | | 0.171 | 1.018 | | 0.213 |
| | DAVS | 3,862 | 352 | | -1.077 | 1.180 | | 0.213 |
| | IBW | | | | 0.923 | 0.877 | 0.840 | 0.213 |
| | NBA | | | | -0.054 | 0.842 | 0.708 | 0.213 |
| S-축종장 | ASF | | | | -0.389 | 0.827 | 0.708 | 0.213 |
| | ADG | | | | 0.281 | 1.148 | | 0.213 |
| | DAVS | 4,794 | 287 | | -0.444 | 1.177 | 1.580 | 0.213 |
| | IBW | | | | 0.444 | 1.177 | 0.710 | 0.213 |
| | NBA | | | | 0.428 | 0.883 | 0.710 | 0.213 |

| 축종 | 참여 중돈장 | 형질 | 정량부수 | 선발부수 | 육중가 (평균) | 선발강도 (평균) | 세대간격 (평균, yr) | 유전적 개량량 (L/GA) |
|-------|--------|-------|------|------|----------|-----------|---------------|----------------|
| D-축종장 | ASF | | | | 1.768 | 0.587 | 0.827 | 0.213 |
| | ADG | | | | 0.247 | 1.068 | | 0.213 |
| | DAVS | 2,008 | 152 | | -0.262 | 1.085 | 1.287 | 0.213 |
| | IBW | | | | 2.893 | 0.708 | 0.827 | 0.213 |
| | NBA | | | | 0.519 | 0.710 | 0.710 | 0.213 |
| G-축종장 | ASF | | | | 0.092 | 0.710 | 0.827 | 0.213 |
| | ADG | | | | 0.292 | 0.887 | | 0.213 |
| | DAVS | 72 | 4 | | -0.883 | 0.710 | 2.250 | 0.213 |
| | IBW | | | | 0.211 | 1.022 | 0.827 | 0.213 |
| | NBA | | | | 0.043 | 0.710 | 0.827 | 0.213 |
| K-축종장 | ASF | | | | 0.382 | 1.130 | 0.827 | 0.213 |
| | ADG | | | | 0.089 | 0.827 | | 0.213 |
| | DAVS | 224 | 28 | | -0.034 | 0.882 | 1.887 | 0.213 |
| | IBW | | | | 0.868 | 0.889 | 0.827 | 0.213 |
| | NBA | | | | 0.371 | 1.100 | 0.827 | 0.213 |
| H-축종장 | ASF | | | | 0.062 | 0.889 | 0.827 | 0.213 |
| | ADG | | | | 0.181 | 1.040 | | 0.213 |
| | DAVS | 549 | 52 | | -0.518 | 1.040 | 1.784 | 0.213 |
| | IBW | | | | 0.864 | 0.917 | 0.827 | 0.213 |
| | NBA | | | | -0.034 | 0.882 | 0.827 | 0.213 |
| S-축종장 | ASF | | | | 0.811 | 1.130 | 0.827 | 0.213 |
| | ADG | | | | 0.213 | 1.130 | | 0.213 |
| | DAVS | 4,374 | 274 | | -0.618 | 1.130 | 1.843 | 0.213 |
| | IBW | | | | 0.713 | 1.040 | 0.827 | 0.213 |
| | NBA | | | | 0.288 | 0.889 | 0.827 | 0.213 |

| 축종 | 참여 중돈장 | 형질 | 정량부수 | 선발부수 | 육중가 (평균) | 선발강도 (평균) | 세대간격 (평균, yr) | 유전적 개량량 (L/GA) |
|-------|--------|-------|------|------|----------|-----------|---------------|----------------|
| D-축종장 | ASF | | | | -0.528 | 0.587 | 0.710 | 0.213 |
| | ADG | | | | 0.658 | 1.318 | | 0.213 |
| | DAVS | 3,573 | 232 | | -0.987 | 1.353 | 1.841 | 0.213 |
| | IBW | | | | 0.016 | 0.814 | 0.827 | 0.213 |
| | NBA | | | | 0.059 | 0.835 | 0.827 | 0.213 |
| G-축종장 | ASF | | | | 0.351 | 0.844 | 0.710 | 0.213 |
| | ADG | | | | 0.408 | 0.917 | | 0.213 |
| | DAVS | 418 | 21 | | -0.010 | 0.844 | 2.128 | 0.213 |
| | IBW | | | | 0.190 | 0.790 | 0.827 | 0.213 |
| | NBA | | | | 0.075 | 0.827 | 0.827 | 0.213 |
| K-축종장 | ASF | | | | -0.020 | 0.790 | 0.827 | 0.213 |
| | ADG | | | | 0.434 | 1.084 | | 0.213 |
| | DAVS | 475 | 24 | | -0.583 | 1.113 | 2.154 | 0.213 |
| | IBW | | | | -0.020 | 0.827 | 0.827 | 0.213 |
| | NBA | | | | 0.312 | 0.639 | 0.827 | 0.213 |
| S-축종장 | ASF | | | | -0.181 | 0.835 | 0.827 | 0.213 |
| | ADG | | | | 0.348 | 1.157 | | 0.213 |
| | DAVS | 1,040 | 61 | | -0.538 | 1.116 | 1.555 | 0.213 |
| | IBW | | | | 0.505 | 0.790 | 0.827 | 0.213 |
| | NBA | | | | 0.364 | 0.781 | 0.827 | 0.213 |

○ 대부분의 참여중돈장의 경우 세대간격은 약 2년 정도,

□ 사료효율 개량 : 잔류사료섭취량 추정 및 활용

| 요크서종 | 일당증체중 (ADG) | 평균등지방두께 (ABF) | 사료이용률 (FCR) | 잔류사료섭취량 (RFI) |
|--------------|-------------|---------------|-------------|---------------|
| 일당증체중(ADG) | 0.328 | 0.144 | -0.260 | 0.327 |
| 평균등지방두께(ABF) | -0.077 | 0.428 | 0.136 | 0 |
| 사료이용률(FCR) | -0.303 | 0.103 | 0.297 | -0.189 |
| 잔류사료섭취량(RFI) | 0.071 | 0 | 0.568 | 0.047 |

D 종돈장 요크서

| 랜드레이스 종 | 일당증체중 (ADG) | 평균등지방두께 (ABF) | 사료이용률 (FCR) | 잔류사료섭취량 (RFI) |
|--------------|-------------|---------------|-------------|---------------|
| 일당증체중(ADG) | 0.105 | -0.135 | -0.083 | -1.034 |
| 평균등지방두께(ABF) | -0.135 | 0.130 | -0.015 | 0 |
| 사료이용률(FCR) | -0.484 | 0.144 | 0.326 | 0.906 |
| 잔류사료섭취량(RFI) | 0.210 | -0.000 | 0.446 | 0.0003 |

D 종돈장 랜드레이스

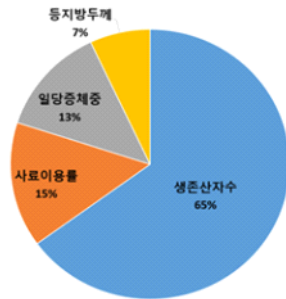
| 요크서종 | 일당증체중 (ADG) | 평균등지방두께 (ABF) | 사료이용률 (FCR) | 잔류사료섭취량 (RFI) |
|--------------|-------------|---------------|-------------|---------------|
| 일당증체중(ADG) | 0.369 | 0.151 | 0.006 | 0.108 |
| 평균등지방두께(ABF) | 0.024 | 0.478 | 0.469 | 0 |
| 사료이용률(FCR) | -0.080 | 0.355 | 0.227 | 0.587 |
| 잔류사료섭취량(RFI) | 0.002 | 0 | 0.480 | 0.034 |

S 종돈장 요크서

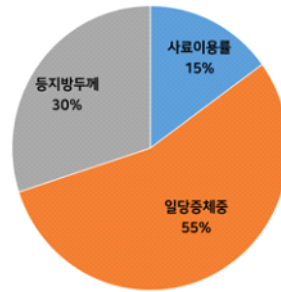
| 랜드레이스 종 | 일당증체중 (ADG) | 평균등지방두께 (ABF) | 사료이용률 (FCR) | 잔류사료섭취량 (RFI) |
|--------------|-------------|---------------|-------------|---------------|
| 일당증체중(ADG) | 0.343 | 0.103 | 0.221 | -0.054 |
| 평균등지방두께(ABF) | -0.031 | 0.496 | 0.621 | -0.000 |
| 사료이용률(FCR) | -0.033 | 0.316 | 0.335 | 0.689 |
| 잔류사료섭취량(RFI) | -0.000 | 0 | 0.492 | 0.033 |

S 종돈장 랜드레이스

○ 사료효율 개량을 위한 선발지수 가중치 반영



모계 선발지수



부계 선발지수

□ 산업용 유전체분석 프로그램 적용

○ 분석 개체수(2021년 10월 기준)

| 품종 | 산업용 Genotyping Platform | | | 합계 |
|-------|-------------------------|---------------|-----------|-------|
| | Axiom 53K | Illumina60Kv2 | Axiom650K | |
| 요크서 | 479 | 4,446 | 447 | 5,372 |
| 랜드레이스 | - | 494 | 143 | 637 |
| 두록 | - | 1,513 | 211 | 1,724 |
| 합계 | 479 | 6,453 | 801 | 7,733 |

○ 경제형질에 대한 분산 성분 및 유전력

| 형질 | 상가적 유전분산 | 표현형 분산 | 유전력(h^2) |
|-----------|----------|--------|--------------|
| 등지방두께 | 2.215 | 5.168 | 0.429 |
| 일당증체중 | 0.145 | 0.385 | 0.376 |
| 90kg 도달일령 | 0.454 | 1.156 | 0.393 |
| 생시체중 | 3.331 | 9.153 | 0.364 |
| 총산자수 | 1.663 | 12.388 | 0.134 |
| 생존산자수 | 1.085 | 10.026 | 0.108 |

○ 주간단위 유전체 유전능력 평가 서비스 제공

| BLUP 유전체 정보 | | | | BLUP + 유전체 정보 | | | | | |
|-------------|--------|--------|--------|---------------|--------|-----------|-----------|--------------|----------------|
| REG | EBV | Acc. | MBV | GE EBV | Acc. | Rank(EBV) | Rank(MBV) | Rank(GE-EBV) | 순위 상관 계수 |
| YAC9829 | 2.6200 | 0.5401 | 0.9206 | 2.7536 | 0.6020 | 1 | 1 | 1 | r(EBV,MBV) : |
| YAC7008 | 1.9780 | 0.4214 | 0.5028 | 1.9759 | 0.5174 | 2 | 32 | 3 | 0.91 |
| YAC2008 | 1.8910 | 0.4542 | 0.7032 | 2.0285 | 0.5404 | 3 | 4 | 2 | r(EBV,GE-EBV): |
| YAD1166 | 1.8590 | 0.5921 | 0.4259 | 1.8351 | 0.6423 | 4 | 71 | 8 | 0.99 |
| YAC5920 | 1.8270 | 0.3982 | 0.6443 | 1.9456 | 0.5014 | 5 | 6 | 5 | |
| YAC4113 | 1.8210 | 0.3987 | 0.6470 | 1.9423 | 0.5017 | 6 | 5 | 6 | |
| YAC3224 | 1.7680 | 0.4076 | 0.6095 | 1.8720 | 0.5078 | 7 | 7 | 7 | |
| YAD0406 | 1.7570 | 0.5311 | 0.5789 | 1.8273 | 0.5962 | 8 | 11 | 9 | |
| YAC3254 | 1.7500 | 0.4148 | 0.7522 | 1.9494 | 0.5128 | 9 | 2 | 4 | |
| YAD0209 | 1.6470 | 0.5392 | 0.5526 | 1.7172 | 0.6022 | 10 | 18 | 11 | |
| YAD1106 | 1.5610 | 0.5352 | 0.7133 | 1.7301 | 0.5992 | 11 | 3 | 10 | |
| YAD0516 | 1.5150 | 0.4879 | 0.5018 | 1.5818 | 0.5645 | 12 | 33 | 13 | |
| YAD0431 | 1.4550 | 0.4728 | 0.5424 | 1.5571 | 0.5537 | 13 | 20 | 14 | |
| YAC9397 | 1.4460 | 0.3482 | 0.4509 | 1.5040 | 0.4675 | 14 | 55 | 16 | |
| YAC3043 | 1.4410 | 0.2743 | 0.5976 | 1.6197 | 0.4192 | 15 | 8 | 12 | |
| YAC3570 | 1.4320 | 0.3826 | 0.4521 | 1.4907 | 0.4907 | 16 | 53 | 19 | |
| YAD8215 | 1.4000 | 0.5407 | 0.5416 | 1.4978 | 0.6033 | 17 | 21 | 17 | |
| YAD5513 | 1.3870 | 0.5787 | 0.5675 | 1.4826 | 0.6305 | 18 | 12 | 18 | |
| YAD7144 | 1.3690 | 0.5562 | 0.4879 | 1.4454 | 0.6150 | 19 | 35 | 21 | |
| YJA2370 | 1.3510 | 0.5108 | 0.4275 | 1.3971 | 0.5812 | 20 | 68 | 24 | |
| YAC2239 | 1.3480 | 0.3078 | 0.5838 | 1.5276 | 0.4409 | 21 | 9 | 15 | |
| YAD2288 | 1.3470 | 0.5441 | 0.4693 | 1.4131 | 0.6059 | 22 | 46 | 22 | |
| YAD4790 | 1.3450 | 0.5358 | 0.4704 | 1.4129 | 0.5997 | 23 | 45 | 23 | |
| YAE3419 | 1.3410 | 0.5018 | 0.5412 | 1.4542 | 0.5746 | 24 | 22 | 20 | |

주간단위
유전체 유전능력평가
서비스 제공

- 생시체중 개량을 위한 최적 모형 설정
- 상업용 저밀도(low-density) 유전체 플랫폼 개발
 - Porcine Custom 10K Platform
 - * 요크셔종의 참조축군 확보
 - * 랜드레이스, 두록종(1,000두) 확대 필요
 - * 생시체중 개량을 위한 분석 모델 검증 완료
 - * GSP 저밀도 유전체 플랫폼 개발 특허 출원(출원번호 10-2020-0128966)
- 참여중돈장 육종인력 양성 - 교육프로그램 운영
 - 육종의 기초이론, 유전능력평가/유전체분석/이론 및 실습교육

```

DATAFILE
  rand90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
  7
NUMBER_OF_EFFECTS
  7
OBSERVATION (s)
  1
WEIGHT (s)
  1
EFFECTS: POSITIONS IN DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT (EFFECT REORDER)
  1 1 cross
  2 1 cross
  3 5 cross
  4 5 cross
  5 5 cross
  6 111 cross
RANDOM_RESIDUAL_VALUES
  5 0.000
RANDOM_GROUP
  5
RANDOM_TIME
  ASI animal
FILE
  rand90.dat
(CO) VARIANCES
  5 0.000

```



- GSP 중돈 개량의 기술·경제·사회적 효과 분석
 - 랜드레이스, 요크셔의 복당 생존산자수 개량 효과 : 1.35두↑/5년 → 60% 보급시 959억원 절감
 - 두록 등지방두께 개량 효과 : 0.43mm↓/5년 → 60% 보급시 47억원 판매가 증가
 - 두록 90kg 도달일령 개량 효과 : 6.3일↓/5년 → 60% 보급시 1,157억원 절감
- 참여중돈장 협력체계 개선 연구
 - GSP 후속사업 중돈분야 기획보고서 검토 협의
 - 참여중돈장 통합육종 조직체 구성 검토 협의

3. 연구 성과 활용실적 및 계획

- 가. 정성적 성과
 - 기술적 성과

- 종돈 개량 통합 시스템의 개발로 한국형 종돈 생산 체계 구축
- 국제적 수준의 육종프로그램 개발로 종돈개량속도 극대화
- 우수종돈 생산기술 확보로 독자적 한국형 종돈품종 확보 가능
- 유전체정보 포함 선발지수식 및 종돈개량 매뉴얼 개발로 한국형 종돈생산 기술보유
- 종돈자료 통합관리에 따른 종돈개량 연구자료의 활용 및 신기술 개발
- 종돈개량 육종인력 양성 및 인프라 기반 확보

□ 경제·산업적 성과

- GSP 종돈개량목표 달성에 따른 직접적 개량효과
- 글로벌 종돈회사의 로열티 없는 국산종돈 공급확대로 간접적 수입대체
- 최우수 핵돈응돈 공유를 통한 우수 유전자원의 활용과 개량속도 극대화
- 종돈장간 유전자 연결을 통한 종돈의 균일성 제고로 고품질 돈육 생산
- 한국형 종돈개량 시스템 구축을 통한 종돈 수입 대체 및 종돈수출 기반조성 가능

□ 사회적 성과

- 국산종돈 통합육종에 따른 개량효과 극대화 및 글로벌 경쟁력 제고
- 참여종돈장간 이해관계 조정을 통한 통일된 개량시스템 구축 및 정책제시
- 한국형 모계 종돈 개발로 우리나라 양돈산업의 FTA 대응력 강화

나. 정량적 성과

| 성과목표 | 브랜드 및 품종개발 | | 특허 | | 논문 | | 자료 발간 | 유전자원 | | 기술 이전 | 우수 인력 창출 | 정책 자료 | 현장 기술 지원 | 홍보 성과 | DB 구축 |
|---------|------------|----|----|----|-----|------|-------|------|----|-------|----------|-------|----------|-------|-------|
| | 출원 | 등록 | 출원 | 등록 | SCI | 비SCI | | 수집 | 등록 | | | | | | |
| 최종목표 | 4 | 3 | | | | 6 | 20 | | 3 | | | | 20 | 15 | |
| 실적 | | | 4 | 1 | 2 | | 12 | | 1 | 1 | 7 | 2 | 137 | 36.2 | 2 |
| 달성율 (%) | | | | | | | 60 | | 33 | | | | 685 | 241 | |

다. 연구결과의 활용 계획

1. GSP 통합 유전능력평가 플랫폼을 지속적으로 운용해 참여종돈장의 높은 유전능력 종돈 선발과 교배 시행
2. GSP 통합 유전능력평가와 플랫폼을 이용한 최우수 핵돈 응돈 선발과 공유를 통한 참여종돈장 유전적 개량 속도 가속화
3. 유전체 정보이용 육종시스템 이용과 기술개발 지속
4. 저렴한 LD 유전체 칩 활용 확대로 유전적 개량 속도 가속화
5. 핵돈 응돈의 유전자를 참여농장외의 육종농장과도 공유해 국가적인 종돈 개량에 기여

[제 2세부프로젝트 : GSP참여종돈장 통합육종을 위한 자료수집 및 관리]

○ 연구개발 목표 및 성과

1. 연구개발 목표

- 개량돈군 조성(L : 800 두, Y : 2,500 두, D : 400 두 이상)
- GSP 참여종돈장 산육, 번식, 혈통자료 수집 및 관리체계 구축
- 수입대체 및 국내매출액 도출을 위한 참여종돈장 종돈생산·보급실적 관리
- SP 참여종돈장 사료효율 측정 애로사항 해결 및 매뉴얼화

2. 연구개발 실적 및 결과

- 개량돈군 조성 : 총 4,147 두(L : 1,157 두, Y : 2,422 두, D : 568 두)
- GSP 참여종돈장 산육, 번식, 혈통자료 수집 및 관리체계 구축 : 통합관리 DB 구축 및 운용
 - GGP : 1,825,919건(개체자료 : 1,159천 두, 검정재료 : 491천 두, 번식자료 : 136천 복)
 - GP : 234천 복(번식자료)
- 수입대체 및 국내매출액 도출을 위한 참여종돈장 종돈생산·보급실적 관리
 - 자체 선발 두수(18,509 두), 분양 두수(90,107 두), 보급 두수(541,173 두)
- SP 참여종돈장 사료효율 측정 애로사항 해결 및 매뉴얼화
 - 사료섭취량 측정기 설치 농장 방문 및 지도 점검 및 사료섭취량 측정기 관리지침 발간

○ 연구 성과 활용실적 및 계획

1. 종돈 개량을 위한 개량돈군 확보로 개량 효율 증대

2. 통합관리 DB 구축 및 표준화를 통한 자료수집(1,825,919건)으로 육종가 분석에 활용

- 종돈장별 번식 성적 우수 수태지의 성적 제공, 사용 중인 수태지 도태 결정, 육종가 추이 등 제공

3. 수입대체 및 국내 매출액 증대를 위한 종돈생산·보급실적 및 GP거래처 분기별 관리

4. 사료섭취량 측정기

- 사료섭취량 측정기 설치 현황 : 113기
- 사료섭취량 집계 protocol을 통한 사료효율 산출
- 사료섭취량 측정 두수 : 6,857두
- 사료섭취량 데이터 통계 분석
- 사료섭취량 측정기 관리지침 발간
- 사료효율을 주간단위로 추정하여 검정종료된 후보돈의 선발에 활용

[제 3세부프로젝트 : 우수유전자원 공유를 통한 참여종돈장 간 혈연연결]

1. 연구개발 목표 및 성과

- 질병 감염 리스크를 배제시킨 참여종돈장간 유전물질 공유를 통한 혈연 연결
- 국내 동결정액 제조기술 체계화 및 상용화로 우수유전자원 보관 및 활용

2. 연구내용 및 결과

- GSP 참여종돈장 GSP AI센터 2개소 운영(다비육종, 가야육종)
 - 다비육종 조치원센터, 가야육종 하동센터 운영
- 질병 위생도 강화를 위한 시스템 구축
 - 조치원센터, 하동센터 내 에어필터 설치
- 동결정액 제조를 위한 시설 구축
 - 조치원센터, 하동센터 동결제조 시설 구축 완료
- 해외 우수유전자원 및 국내 우수유전자원 활용·공유체계 구축
 - 유전자원 보존
- 신선 및 동결정액 생산시스템 구축 및 수정효율 극대화 기술 개발

- 신선정액 및 동결정액 공유
- 수태율 향상을 위한 시험 진행
- 참여종돈장간 혈연연결도 증대
- 유전자 공유로 인하여 혈연연결도 증대

3. 연구 성과 활용실적 및 계획

- 국내 종돈장간 액상, 동결 유전자원의 지속적인 교류 프로그램 운영

프로젝트별 현장실태조사표

2021. 12. 10.

1. 과제개요

| | | | | | |
|-----------------------|--------------------------------------|-------------------|----------------------------|-----------------|-------|
| 과제번호 | 213010-05-5-SB510 | 연구기간 | 2017년 1월 ~ 2021년 12월(총 5년) | | |
| 사업단명 | GSP중축사업단 | | | | |
| 프로젝트명 | 참여중돈장 통합육종체계 확립 및 국산중돈 개발 | | | | |
| 세부프로젝트 연구기관 | 세부프로젝트명 | 연구기관 | 세부프로젝트 책임자 | 해당 연구개발비(천원) | |
| | GSP 참여중돈장 통합육종 시스템 확립 및 적용 | (주)정피엔씨연구소 | 정영철 | 2,056,000 | |
| | GSP 참여중돈장 통합육종 을 위한 자료수집 및 관 리 | 피그진코리아(주) | 김성훈 | 2,315,000 | |
| | 우수 유전자원 공유를 통 한 참여중돈장 간 혈연연 결 | 농업회사법인(주) 다비육종 | 이일주 | 1,419,500 | |
| 연구개발비총괄 (단위 : 백만원) | 정부출연금 | 참여기업 부담금 | | | 합 계 |
| | | 현금 | 현물 | 소계 | |
| 1차년도 | 303 | 10.1 | 90.9 | 101 | 404 |
| 2차년도 | 287 | 10.1 | 90.9 | 101 | 388 |
| 3차년도 | 287 | 10.1 | 90.9 | 101 | 388 |
| 4차년도 | 347 | 11.6 | 104.4 | 116 | 463 |
| 5차년도 | 347 | 11.6 | 104.4 | 116 | 463 |
| 합계 | 1,571 | 53.5 | 481.5 | 535 | 2,056 |

2. 연구추진실적(현재까지 추진실적)

가. 연구개발내용

| 연구기관 | 주요연구내용 | 연구개발비 (천원) | 가중치 (%) |
|-------------------|--|---------------|--------------------------------------|
| (주)정피엔씨연구소 | <ul style="list-style-type: none"> ○ GSP 참여종돈장 통합육종체계 플랫폼 구축 및 활용 ○ 혈연연결도 분석 ○ 참여종돈장 유전적 개량량 개선을 위한 선발강도, 세대간격 기준 적용 ○ 사료 효율 개량을 위한 선발 지수 개발 ○ 산업용 유전체 분석 프로그램 적용 및 저밀도 칩 개발 ○ 육종인력 양성 교육프로그램 운영 | 463,000 | 30 10 10 10 30 10 |
| 피그진코리아(주) | <ul style="list-style-type: none"> ○ 개량 돈군 조성 및 유지 ○ 산육, 번식, 혈통자료 수집 및 관리체계 구축 ○ 종돈생산·보급실적 관리 ○ 사료효율 측정 애로사항 해결 및 매뉴얼화 | 441,000 | 100 75 75 75 |
| 농업회사법인(주) 다비육종 | <ul style="list-style-type: none"> ○ 우수종모돈 입식 및 유전자원 보존 ○ GSP 신선 및 동결정액 공유 ○ 동결정액 품질테스트 ○ 동결정액 교배실험 | 208,000 | 100 |

나. 연구계획대비 진도표

[1세부]

| 개발내용 | 구분 | 연구 개발 기간(월) | | | | | | | | | | | | 진도 (%) |
|--|----|-------------|---|---|---|---|---|---|---|---|----|----|----|--------|
| | | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 | |
| ○GSP 참여중돈장 통합육종체계 플랫폼 구축 및 활용 | | → | → | → | → | → | → | → | → | → | → | → | → | 100 |
| ○혈연연결도 분석 | | → | → | → | → | → | → | → | → | → | → | → | → | 100 |
| ○참여중돈장 유전적 개량량 개선을 위한 선발강도, 세대간격 기준 적용 | | | → | → | → | → | → | → | | | | | | 100 |
| ○사료 효율 개량을 위한 선발 지수 개발 | | → | → | → | → | → | | | | | | | | 100 |
| ○산업용 유전체 분석 프로그램 적용 및 저밀도 칩 개발 | | → | → | → | → | → | → | → | → | → | | | | 100 |
| ○육종인력 양성 교육프로그램 운영 | | → | → | → | → | → | → | → | → | → | | | | 100 |
| 총 진도율 | | | | | | | | | | | | | | 100 |
| * → 로 진도표기 | | | | | | | | | | | | | | |

[2세부]

| 개발내용 | 구분 | 연구 개발 기간(월) | | | | | | | | | | | | 진도 (%) |
|-----------------------------|----|-------------|---|---|---|---|---|---|---|---|----|----|----|--------|
| | | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 | |
| ○ 개량 돈군 조성 및 유지 | | → | → | → | → | → | → | → | → | → | | | | 75 |
| ○ 산육, 번식, 혈통자료 수집 및 관리체계 구축 | | → | → | → | → | → | → | → | → | → | | | | 75 |
| ○ 중돈생산·보급실적 관리 | | → | → | → | → | → | → | → | → | → | | | | 75 |
| ○ 사료효율 측정 애로사항 해결 및 매뉴얼화 | | → | → | → | → | → | → | → | → | → | | | | 75 |
| 총 진도율 | | | | | | | | | | | | | | 75 |

[3세부]

| 개발내용 | 구분 | 연구 개발 기간(월) | | | | | | | | | | | | 진도 (%) |
|----------------------|----|-------------|---|---|---|---|---|---|---|---|----|----|----|--------|
| | | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 | |
| ○ 우수종모돈 입식 및 유전자원 보존 | | → | → | → | → | → | → | → | → | → | → | → | → | 100 |
| ○ GSP 신선 및 동결정액 공유 | | → | | → | | → | | → | | → | | → | | 100 |
| ○ 동결정액 품질테스트 | | → | → | → | → | → | → | → | → | → | → | → | → | 100 |
| ○ 동결정액 교배실험 | | | | → | → | → | | | → | → | → | | | 100 |
| 총 진도율 | | | | | | | | | | | | | | 100 |

3. 연구개발비 집행실적(연구개발비 기준)

(현재까지, 단위 : 천원)

<총괄>

| 비목 | 연도 | | 계획금액 | 사용액 | 잔액 | 비고 |
|----------|----------|--------|-----------|---------|---------|----|
| | 세목 | | | | | |
| 직접비 | 인건비 | 미지급용 | | | | |
| | | 지급용 | 318,517 | 271,489 | 47,029 | |
| | | 현물 | 142,200 | 133,500 | 8,700 | |
| | 학생인건비 | | | | | |
| | 연구장비·재료비 | 현금 | 293,803 | 222,503 | 71,300 | |
| | | 현물 | 112,140 | 112,140 | 0 | |
| | 연구과제추진비 | 현금 | 3,520 | 0 | 3,520 | |
| | | 현물 | | | | |
| | 연구과제추진비 | | | | | |
| | 연구활동비 | | 186,528 | 171,805 | 14,723 | |
| 연구수당 | | 60,000 | 34,800 | 25,200 | | |
| 위탁연구개발비 | | 45,000 | 45,000 | 0 | | |
| 간접비 | 간접비 | | 6,000 | 6,000 | 0 | |
| 연구개발비 총액 | | | 1,129,908 | 942,036 | 170,472 | |

<1세부>

| 비목 | 연도 | | 계획금액 | 사용액 | 잔액 | 비고 |
|----------|----------|------|-------------|-------------|------------|----|
| | 세목 | | | | | |
| 직접비 | 인건비 | 미지급용 | | | | |
| | | 지급용 | 111,600,000 | 102,300,000 | 9,300,000 | |
| | | 현물 | 104,400,000 | 95,700,000 | 8,700,000 | |
| | 학생인건비 | | | | | |
| | 연구장비·재료비 | 현금 | 45,340,200 | 34,900,492 | 10,439,708 | |
| | | 현물 | | | | |
| | 연구과제추진비 | | | | | |
| | 연구활동비 | | 147,517,244 | 143,598,878 | 3,918,366 | |
| | 연구수당 | | 15,000,000 | 15,000,000 | 0 | |
| | 위탁연구개발비 | | 45,000,000 | 45,000,000 | 0 | |
| 간접비 | 간접비 | | 6,000,000 | 6,000,000 | 0 | |
| 연구개발비 총액 | | | 474,857,444 | 425,099,370 | 32,358,074 | |

<2세부>

| 비목 | 연 | | 계획금액 | 사용액 | 잔액 | 비고 |
|----------|----------|------|-------------|-------------|------------|----|
| | 도 | 세목 | | | | |
| 직접비 | 인건비 | 미지급용 | | | | |
| | | 지급용 | 152,317,480 | 114,588,520 | 37,728,960 | |
| | | 현물 | | | | |
| | 학생인건비 | | | | | |
| | 연구장비·재료비 | 현금 | 122,707,717 | 122,033,275 | 674,442 | |
| | | 현물 | 112,140,000 | 112,140,000 | 0 | |
| | 연구과제추진비 | | | | | |
| | 연구활동비 | | 12,600,609 | 8,176,097 | 4,424,512 | |
| | 연구수당 | | 45,000,000 | 19,800,000 | 25,200,000 | |
| 위탁연구개발비 | | | | | | |
| 간접비 | 간접비 | | | | | |
| 연구개발비 총액 | | | 444,765,806 | 376,737,892 | 68,027,914 | |

<3세부>

| 비목 | 연도 | | 계획금액 | 사용액 | 잔액 | 비고 |
|----------|----------|--------|---------|---------|--------|----|
| | 세목 | | | | | |
| 직접비 | 인건비 | 미지급용 | | | | |
| | | 지급용 | 54,600 | 54,600 | 0 | |
| | | 현물 | 37,800 | 37,800 | 0 | |
| | 학생인건비 | | | | | |
| | 연구장비·재료비 | 현금 | 125,755 | 65,569 | 60,186 | |
| | | 현물 | | | | |
| | 연구과제추진비 | 현금 | 3,520 | 0 | 3,520 | |
| | | 현물 | | | | |
| | 연구과제추진비 | | | | | |
| 연구활동비 | | 26,410 | 20,030 | 6,380 | | |
| 연구수당 | | | | | | |
| 위탁연구개발비 | | | | | | |
| 간접비 | 간접비 | | | | | |
| 연구개발비 총액 | | | 210,285 | 140,199 | 70,086 | |

4. 참여기업 재무현황(현재기준)

해당사항 없음

5. 기타의견

가. 연구관리 규정 및 제도개선이 필요한 사항

2017년 GSP 종축사업 개시시 참여종돈장과의 연구참여 계약을 2021년까지 일괄적으로 실시하였으나 계약기간을 매년하면서 자동연장하도록 하는 것이 바람직함. 각 종돈장의 사정과 연구책임자의 연구 수행능력이 다르므로 연속적으로 연구할 수 없는 상황이 발생할 수도 있기 때문임

나. 연구수행 중 애로사항 및 건의사항

세부연구과제 책임자가 연구를 태만히하고 전혀 협조하지 않고, 결과를 창출하지 못할 때, 규제할 수 있는 방법이 없었음. 따라서 연구성과를 매년 평가하여 예산을 삭감하거나 계약을 중단시키는 제도가 필요함

다. 성과에 대한 홍보 요청사항

GSP 종축사업 프로젝트는 학술지 발표를 겨냥한 연구를 위한 연구가 아니고, 실제 종돈장들이 실용화 하여 종돈을 개량할 수 있는 플랫폼을 구축한 중요한 연구임. 또한 GSP 플랫폼을 통해 선발한 핵돈 웅돈의 유전능력은 덴마크와 견줄 수 있는 우수한 성적을 보이고 있어서 전국 농가에 대대적인 홍보를 하여 전국의 AI 센터에 핵돈 웅돈의 유전자를 공급할 수 있도록 해야 함

6. 프로젝트 책임자의 종합의견

GSP 프로젝트 초기에 참여농장과 기관간의 공감대를 형성하는데 상당한 기간이 소요되어 성과를 기대하기 어려웠던 실정이었으나 종축사업단장과 직원들의 적극적인 추진과 격려로 예상보다는 훨씬 큰 성과를 얻었다고 생각함. 국가적으로는 지난 30년간 통합유전평가를 통한 핵돈 선발과 유전자 공유 속제를 해결한 성과임

자체평가보고서

| | | | | | |
|----------|---------------------------|--------------------------|-------------------|----------------------------|-----|
| 사업단명 | GSP중축사업단 | 과제번호 | 213010-05-5-CG500 | | |
| 프로젝트명 | 참여중돈장 통합육종체계 확립 및 국산중돈 개발 | | | | |
| 프로젝트연구기관 | (주)정피엔씨연구소 | | | | |
| 연구담당자 | 프로젝트 연구책임자 | 정영철 | | | |
| | 세부프로젝트 연구책임자 | 기관(부서) | (주)정피엔씨연구소 | 성명 | 정영철 |
| | | 기관(부서) | | 성명 | |
| | | 기관(부서) | | 성명 | |
| | | 기관(부서) | | 성명 | |
| 연구기간 | 총 기간 | 2017.01.01. ~ 2021.12.31 | 당해 연도 기간 | 2021.01.01. ~2021.12.31 | |
| 연구비(천원) | 총 규모 | 2,056,000 | 당해 연도 규모 | 463,000 | |

1. 연구는 당초계획대로 진행되었는가?

당초계획 이상으로 진행 계획대로 진행 계획대로 진행되지 못함

○ 계획대로 수행되지 않은 원인은?

2. 당초 예상했던 성과는 얻었는가?

예상외 성과 얻음 어느 정도 얻음 얻지 못함

| 성과목표 | 브랜드 및 품종개발 | | 특허 | | 논문 | | 자료 발간 | 유전자원 | | 기술 이전 | 우수 인력 창출 | 정책 자료 | 현장 기술 지원 | 홍보 성과 | DB 구축 |
|---------|------------|----|----|----|-----|------|-------|------|----|-------|----------|-------|----------|-------|-------|
| | 출원 | 등록 | 출원 | 등록 | SCI | 비SCI | | 수집 | 등록 | | | | | | |
| 최종목표 | 4 | 3 | | | | 6 | 20 | | 3 | | | | 20 | 15 | |
| 실적 | | | 4 | 1 | 2 | | 12 | | 1 | 1 | 7 | 2 | 137 | 36.2 | 2 |
| 달성율 (%) | | | | | | | 60 | | 33 | | | | 685 | 241 | |

3. 연구개발 성과 세부 내용

3-1 기술적 성과

- 종돈 개량 통합 시스템의 개발로 한국형 종돈 생산 체계 구축
- 국제적 수준의 육종프로그램 개발로 종돈개량속도 극대화
- 우수종돈 생산기술 확보로 독자적 한국형 종돈품종 확보 가능
- 유전체정보 포함 선발지수식 및 종돈개량 매뉴얼 개발로 한국형 종돈생산 기술보유
- 종돈자료 통합관리에 따른 종돈개량 연구자료의 활용 및 신기술 개발
- 종돈개량 육종인력 양성 및 인프라 기반 확보

3-2 경제산업적 성과

- GSP 종돈개량목표 달성에 따른 직접적 개량효과
- 글로벌 종돈회사의 로열티 없는 국산종돈 공급확대로 간접적 수입대체
- 최우수 핵돈응돈 공유를 통한 우수 유전자원의 활용과 개량속도 극대화
- 종돈장간 유전자 연결을 통한 종돈의 균일성 제고로 고품질 돈육 생산
- 한국형 종돈개량 시스템 구축을 통한 종돈 수입 대체 및 종돈수출 기반조성 가능

3-3 사회적 성과

- 국산종돈 통합육종에 따른 개량효과 극대화 및 글로벌 경쟁력 제고
- 참여종돈장간 이해관계 조정을 통한 통일된 개량시스템 구축 및 정책제시
- 한국형 모계 종돈 개발로 우리나라 양돈산업의 FTA 대응력 강화

4. 연구과정 및 성과가 농림어업기술의 발전·진보에 공헌했다고 보는가?

- 공헌했음 현재로서 불투명함 그렇지 않음

5. 경제적인 측면에서 종자산업의 수출증대와 수입대체에 공헌했다고 보는가?

- 공헌했음 현재로서 불투명함 그렇지 않음

나. 향후 계속 참여 의사는? (※중간·단계평가에 한함)

- 충분 고려 중 중단

다. 계속 참여 혹은 고려중인 경우 연구개발비의 투자규모(전년도 대비)는? (※중간·단계평가에 한함)

- 확대 동일 축소

4. 연구개발결과의 상품화(기업화) 여부는?

- 즉시 기업화 가능 수년 내 기업화 가능 기업화 불가능

5. 기업화가 불가능한 경우 그 이유는?

| 구 분 | 소 속 기 관 | 직 위 | 성 명 |
|----------|------------|------|---|
| 프로젝트 책임자 | (주)정피엔씨연구소 | 대표이사 | 정 영 철 (인)  |

[별첨 3] 연구결과 활용계획서

연구결과 활용계획서

1. 연구과제 개요

| | | | | |
|----------|---|---------------|----------|---------------|
| 사업단명 | GSP 중축사업단 | 품 목 | 페이지 | |
| 프로젝트명 | 참여중돈장 통합육종체계 확립 및 국산종돈 개발 | | | |
| 프로젝트연구기관 | (주)정피엔씨연구소 | | 프로젝트 책임자 | 정 영 철 |
| 연구 개발비 | 정부출연 연구개발비 | 기업부담금 | 연구기관부담금 | 총 연구개발비 |
| | 4,340,000,000 | 1,500,500,000 | | 5,840,500,000 |
| 연구개발 기간 | 2017.01.01. ~ 2021.12.31. | | | |
| 주요활용유형 | <input checked="" type="checkbox"/> 산업체이전 <input checked="" type="checkbox"/> 교육 및 지도 <input type="checkbox"/> 정책자료 <input type="checkbox"/> 기타() <input type="checkbox"/> 미활용 (사유:) | | | |

2. 연구목표 대비 결과

[1세부]

| 당초목표 | 당초연구목표 대비 연구결과 |
|---------------------------------|--|
| ① 수출용 국산 종돈 3종 개발 | - 두록, 랜드레이스 및 요크셔에 대한 GSP 종돈 특허 등록 출원 |
| ② 부계종돈 개량 성과 | - 90kg 도달일령이 2016년 136일이었으나 2021년 9월까지 129.9일로 연간 개량량 1.22일씩 단축 - 등지방두께의 경우 2016년 13.1mm에서 2019년 11.5mm까지 감소하였으나, 2020년 및 2021년 12.8 및 12.9mm로 증가함. |
| ③ 모계종돈 개량 성과 | - 요크셔 종 · 총산자수 15.30두(연간 개량량 0.32두) · 생존산자수 13.30두(연간 개량량 0.23두) - 랜드레이스 종 · 총산자수 14.60두(연간 개량량 0.33두) · 생존산자수 12.76두(연간 개량량 0.194두) |
| ④ 통합 유전능력평가 시스템 구축 및 활용 | - GSP 참여중돈장 통합 유전능력평가 플랫폼 구축, 주간단위 육종가 분석 및 활용 |
| ⑤ 우수 육종인력 양성을 위한 교육프로그램 개발 및 운영 | - 해외 과학자 초빙 등 매년 육종인력 교육 프로그램 개발 및 수행 |
| ⑥ 신규 검정형질 개발 및 적용 | - 잔류사료섭취량(RFI) 추정을 통한 사료 효율 개량 - 사료섭취 측정기 자료 분석을 통한 사료이용률의 선발지수 반영 |

| | |
|----------------------|--|
| ⑦ 생명정보 적용 기법 개발 및 적용 | <ul style="list-style-type: none"> - 7,733두의 genotyping 개체에 대한 정보를 활용하여 주간단위 유전체 유전능력 평가 서비스를 제공 - 상업용 저밀도 유전체 지노타이핑 플랫폼 개발 |
| ⑧ 산·학·연 협력모델 구축 | <ul style="list-style-type: none"> - 위탁과제(한국축산경제연구원) - GSP 참여종돈장의 협력 체계 구축을 통한 종축경쟁력 향상을 위하여 현재 종축 기술 및 성과 확산 체계를 정량적, 정성적으로 분석 하여 개선방안 제시 |

[2세부]

| 당초목표 | 당초연구목표 대비 연구결과 |
|--|--|
| ① 개량돈군 조성 | - 총 4,147두(L:1,157두, Y:2,422두, D:568두) |
| ② GSP 참여종돈장 산육, 번식, 혈통자료 수집 및 관리체계 구축 | <ul style="list-style-type: none"> - 통합관리 DB 구축 및 표준화를 통한 자료수집(1,825,919건)으로 육종가 분석에 활용 - 종돈장별 번식 성적 우수 수태지의 성적 제공, 수태지 도태 결정, 육종가 추이 등 제공 |
| ③ 수입대체 및 국내매출액 도출을 위한 참여종돈장 종돈생산·보급실적 관리 | - 자체 선발 두수(18,509 두), 분양 두수(90,107 두), 보급 두수(541,173 두) |
| ④ SP 참여종돈장 사료효율 측정 애로사항 해결 및 매뉴얼화 | <ul style="list-style-type: none"> - 사료섭취량 측정기 설치 농장 방문 및 지도 점검 - 사료섭취량 측정기 관리지침 발간 |

[3세부]

| 당초목표 | 당초연구목표 대비 연구결과 |
|--------------------------------------|--|
| ① GSP A.I. 센터 운영 2개소 및 동결정액 제조 시설 구축 | <ul style="list-style-type: none"> - 다비육종 조치원센터 운영 - 가야육종 하동센터 운영 |
| ② 질병위생도 강화를 위한 시스템 구축 | - 각 센터 에어필터 시스템 준공 완료 |
| ③ 우수 유전자원 선발 및 공유 | <ul style="list-style-type: none"> - 우수 유전자원 입식 및 동결, 신선정액 제조 - GSP A.I.센터를 활용한 유전자 공유 |
| ④ 참여종돈장간 우수 정액 공유 | <ul style="list-style-type: none"> - 참여종돈장간 유전자 공유 - 해외우수유전자 공유 |
| ⑤ 동결 수태율 향상 자료 수집 | - 수태율 향상을 위한 동결정액 제조방법 및 교배방법 컨설팅 |
| ⑥ 유전자원 보존 | - 우수 유전자원을 이용한 동결정액 제조 및 보존 |

* 결과에 대한 의견 첨부 가능

3. 연구목표 대비 성과

[1세부]

| 성과목표 | 브랜드 및 품종개발 | | 특허 | | 논문 | | 자료 발간 | 유전자원 | | 기술 이전 | 우수 인력 창출 | 정책 자료 | 현장 기술 지원 | 홍보 성과 | DB 구축 |
|---------|------------|----|----|----|-----|------|-------|------|----|-------|----------|-------|----------|-------|-------|
| | 출원 | 등록 | 출원 | 등록 | SCI | 비SCI | | 수집 | 등록 | | | | | | |
| 최종목표 | 4 | 3 | | | | 6 | 20 | | 3 | | | | 20 | 15 | |
| 실적 | | | 4 | 1 | 2 | | 12 | | 1 | 1 | 7 | 2 | 137 | 36.2 | 2 |
| 달성율 (%) | | | | | | | 60 | | 33 | | | | 685 | 241 | |

[2세부]

| 성과목표 | 산업화지표 | | | | |
|-------------|-----------|-------------|--------|-------|---------|
| | 제품경쟁력 강화 | 유통경쟁력 강화 | 홍보역량강화 | 목표고객 | 매출 및 수출 |
| | DB구축 및 활용 | 품종 증식 분양 보급 | 홍보성과 | 판매업체수 | 수입대체율 |
| 단위 | 건 | 만마리 | 건 | 업체수 | % |
| 최종목표 | 5 | 70 | 20 | 100 | 100 |
| 연구기간 내 달성실적 | 10 | 65.3 | 33 | 145 | 100 |
| 달성율(%) | 200 | 93.3 | 165 | 145 | 100 |

[3세부]

| 구분 | 품종개발 | | 특허 | | 논문 | | 분자 마커 | 유전자원 | | 국내 매출액 | 종자 수출액 | 기술 이전 | 마케팅 전략 수립 보고서 | 학술 발표 |
|-------------|------|----|----|----|-----|------|-------|------|----|--------|--------|-------|---------------|-------|
| | 출원 | 등록 | 출원 | 등록 | SCI | 비SCI | | 수집 | 등록 | | | | | |
| 최종목표 | | | | | | 1 | | | | | | | 15 | 0 |
| 연구기간 내 달성실적 | | | | | | 1 | | | | | | | 11 | 3 |
| 달성율(%) | | | | | | 100% | | | | | | | 73% | 초과 달성 |

4. 핵심기술

[1세부]

| 구분 | 핵심기술 명 |
|----|--|
| ① | GSP 통합 유전능력 평가 시스템 구축(참여종돈장의 유전능력 평가, 유전체 정보를 이용한 육종시스템 이용을 통해 개량 속도의 가속화) |

[2세부]

| 구분 | 핵심기술 명 |
|----|---------------------------|
| ① | 통합관리 DB 구축 |
| ② | 개체별 사료 섭취량 집계 protocol 개발 |

[3세부]

| 구분 | 핵심기술 명 |
|----|----------------------------------|
| ① | 돼지의 동결유전자원의 보존 및 이용시 분만율과 산자수 향상 |

5. 연구결과별 기술적 수준

[1세부]

| 구분 | 핵심기술 수준 | | | | | 기술의 활용유형(복수표기 가능) | | | | |
|-------|---------|-------|---------|------------|------------|-------------------|-------------|---------|-------|----|
| | 세계 최초 | 국내 최초 | 외국기술 복제 | 외국기술 소화·흡수 | 외국기술 개선·개량 | 특허 출원 | 산업체이전 (상품화) | 현장애로 해결 | 정책 자료 | 기타 |
| ①의 기술 | | v | | | | | v | v | | |
| ②의 기술 | | v | | | | | | | | |

[2세부]

| 구분 | 핵심기술 수준 | | | | | 기술의 활용유형(복수표기 가능) | | | | |
|-------|---------|-------|---------|------------|------------|-------------------|-------------|---------|-------|----|
| | 세계 최초 | 국내 최초 | 외국기술 복제 | 외국기술 소화·흡수 | 외국기술 개선·개량 | 특허 출원 | 산업체이전 (상품화) | 현장애로 해결 | 정책 자료 | 기타 |
| ①의 기술 | | v | | | | | | | | |
| ②의 기술 | | v | | | | | | | | |

[3세부]

| 구분 | 핵심기술 수준 | | | | | 기술의 활용유형(복수표기 가능) | | | | |
|-------|---------|-------|---------|------------|------------|-------------------|-------------|---------|-------|----|
| | 세계 최초 | 국내 최초 | 외국기술 복제 | 외국기술 소화·흡수 | 외국기술 개선·개량 | 특허 출원 | 산업체이전 (상품화) | 현장애로 해결 | 정책 자료 | 기타 |
| ①의 기술 | | v | | | | | v | | | |

* 각 해당란에 v 표시

6. 각 연구결과별 구체적 활용계획

[1세부]

| 핵심기술 명 | 핵심기술별 연구결과활용계획 및 기대효과 |
|--------|---|
| ①의 기술 | 향후 저렴한 LD 유전체 칩 활용 확대를 통하여 유전적 개량 속도를 가속화 시키며, 참여 농장외의 육종농장과도 공유하여 국가적인 중돈 개량에 기여 |
| ②의 기술 | 성적이 우수한 GGP의 종돈을 GP농장에 보급, 분양 |
| ③의 기술 | 개체별 사료섭취량을 산출하여 사료효율을 측정 |

[2세부]

| 핵심기술 명 | 핵심기술별 연구결과활용계획 및 기대효과 |
|--------|-------------------------------|
| ①의 기술 | 성적이 우수한 GGP의 종돈을 GP농장에 보급, 분양 |
| ②의 기술 | 개체별 사료섭취량을 산출하여 사료효율을 측정 |

[3세부]

| 핵심기술 명 | 핵심기술별 연구결과활용계획 및 기대효과 |
|--------|----------------------------------|
| ①의 기술 | 돼지의 동결유전자의 보존 및 동결유전자의 공급을 통한 활용 |

7. 연구종류 후 성과창출 계획

[1세부]

| 성과목표 | 브랜드 및 품종개발 | | 특허 | | 논문 | | 자료 발간 | 유전자원 | | 기술 이전 | 우수 인력 창출 | 정책 자료 | 현장 기술 지원 | 홍보 성과 | DB 구축 |
|----------------------|------------|----|----|----|-----|------|----------|------|----|----------|----------------|----------|----------------|----------|----------|
| | 출원 | 등록 | 출원 | 등록 | SCI | 비SCI | | 수집 | 등록 | | | | | | |
| 최종목표 | 4 | 3 | | | | 6 | 20 | | 3 | | | | 20 | 15 | |
| 실적 | | | 4 | 1 | 2 | | 12 | | 1 | 1 | 7 | 2 | 137 | 36.2 | 2 |
| 연구종료 후 성과창출 계획 | | | | | | | | | | | | | | | |

[2세부]

| 성과목표 | 산업화지표 | | | | |
|----------------|-----------|-------------|--------|-------|---------|
| | 제품경쟁력 강화 | 유통경쟁력 강화 | 홍보역량강화 | 목표고객 | 매출 및 수출 |
| | DB구축 및 활용 | 품종 증식 분양 보급 | 홍보성과 | 판매업체수 | 수입대체율 |
| 단위 | 건 | 만마리 | 건 | 업체수 | % |
| 최종목표 | 5 | 70 | 20 | 100 | 100 |
| 연구기간 내 달성실적 | 10 | 65.0 | 33 | 148 | 100 |

주 의

1. 이 보고서는 농림축산식품부, 농촌진흥청에서 시행한 Golden Seed 프로젝트 사업의 연구 개발과제 최종보고서이다.
2. 이 연구개발내용을 대외적으로 발표하는 때에는 반드시 농림축산식품부, 농촌진흥청(농림 식품기술기획평가원)에서 시행한 Golden Seed 프로젝트 사업의 결과임을 밝혀야 한다.
3. 국가과학기술 기밀 유지에 필요한 내용은 대외적으로 발표 또는 공개하여서는 안 된다.