

商業用 卵用種鷄 集團에서의 遺傳的 改良量 推定에 관한 研究

吳鳳國 · 崔然皓*
서울大學校 農科大學

Estimation of Genetic Gains in Commercial Layer Breeding Population

Ohh, B. K., and Y. H. Choi*
College of Agriculture, Seoul National University

SUMMARY

This study was carried out to investigate the effectiveness of the selection for commercial populations of layer chickens subjected to multiple objectives. For that purpose, predicted selection responses obtained from estimated genetic parameters and observed values were compared. Data for two layer pure lines, Line-w(Single Comb White Leghorn) and Line-B (brown layer) which have been maintained at the Mani Breeding Farm were collected from 1980 to 1985 during 5 generations.

The annual genetic gains were estimated by the method of selection index in retrospect on the basis of selection differentials, phenotypic and genetic variance-covariance for the traits considered. SM was found to be shorten by 1.67 days and 1.14 days per generation in Line-W and Line-B. EN300 and EN400 were found to be increased by 4.15 and 5.92 per generation in Line-W and 2.37 and 3.73 per generation in Line-B. The annual gains realized were found to be significantly different from expected gains predicted on the basis of the annual selection differentials and genetic parameters in later generations, but it could not be concluded that the differences were attributed to genetic effects.

(key words: genetic parameters, genetic gains, selection index in retrospect)

I. 緒 論

닭의 育種方法은 크게 選拔과 交配의 2가지 方法으로 구분할 수 있는데 우수한 遺傳的 資質을 가지고 있는 個體를 精確히 가려내어 種畜으로 이용하는 選拔方法은 金世紀에 들어 그 이론적 기초와 아울러 實用的 選拔方法에 관해 많은 연구가 이루어져 왔다. 그러나 選拔의 效果에 대한 이론적 배경의 확립에도 불구하고 실제로 나타나는 이 분야의 많은 문제점들

은 經驗論的인 方法을 통해 이해되고 해결되는 경우가 많다. 특히, 여러가지 家禽育種學의 연구를 위해 유지되는 實驗用 鷄群이 아닌 商業用 目的을 위해 選拔, 維持되어 온 鷄群인 경우 일반적으로 遺傳分析을 위한 統計的인 전제조건들이 마련되어 있지 못한 수가 많아서 選拔결과에 대한 解釋에 더 큰 어려움이 따르게 된다.

實驗鷄群을 대상으로 하여 選拔에 의해 나타난 遺傳的 改良量의 量과 遺傳母數의 推定에 의해 豫測된

* 新丘專門大學 畜産科 (Dept. of Animal Science, Shingu Junior College)

遺傳的改良량을 비교 분석한 논문은 다수가 있으나 (Vergheese와 Nordskog, 1968; Smith와 Bohren, 1974; Vasquez와 Bohren, 1978; Bohren 등, 1981; Marks, 1981), 이 경우는 보통 選拔形質을 한 가지로 설정하고 선발을 실시함으로써 선발형질에서 나타나는 直接 選拔反應과 기타 형질에서 나타나는 間接 選拔反應을 추정하는 것이 용이해진다. 그러나, 상업용 목적을 위하여 선발, 유지되는 계군에서는 선발형질이 여러개가 되는 경우가 흔하고, 또한 정확한 선발이론을 기초로 하여 선발을 실시하는 것이 어려우므로 선발에 의한 유전적 개량량을 추정하는데 많은 어려움이 발생되는 것이 보통이다(Nordskog 등, 1974). 이와같은 多形質 선발인 경우 각 형질에서 나타나는 選拔反應을 추정하기 위한 육종학적 이론이 확립되어 있지 못한 상태인데, 다만 獨立淘汰法을 이용한 두 형질의 동시선발에 관해서는 몇가지 선발방법상의 전제조건이 성립할 때 유전적 개량량을 추정할 수 있는 방법이 발표된 바 있다(Young과 Weiler, 1960; Sheridan과 Barker, 1974).

물론 정확한 選拔指數法의 이론을 적용하여 선발하는 경우 선발지수법의 이론적 기초에 의해 여러가지 선발방법에 있어서 선발과정에 포함된 형질의 유전적 개량량을 추정하는 것이 가능하지만(Cunningham 등, 1970; VanVleck, 1970; Lin, 1978; Nordskog, 1978), 선발에 적용된 정확한 지수를 모르거나 또는 선발이 수행된 후에 나타나는 결과와 예측치가 다른 경우에 실제 선발에 적용된 각 형질의 加重值를 구하고자 할 때에는 기존의 선발지수법에 의한 유전적 개량량의 추정방법과는 다른 방법을 이용할 수밖에 없다(Allaire와 Henderson, 1966; Berger와 Harvey, 1975; Yamada, 1977; Lin, 1978; Yamada와 Naito, 1982). 追跡選拔指數(selection index in retrospect)라고 불리는 이 指數의 추정은 Magee(1965)가 발표한 第2次 選拔差(secondary selection differential)에 근거하는 것인데, 鄭(1977)은 Yamada(1977)의 방법을 이용하여 백색레그혼종에서 얻어진 4세대 동안의 선발 결과를 분석하여 追跡選拔指數의 이용에 대한 效率性を 추정하여 보고한 바 있다.

本 研究의 目的은 産卵能力의 改良을 위하여 初期 産卵數에 대한 선발이 진행되어 온 상업용 卵用種雞의 특정 집단에서 얻어진 자료를 분석하여 遺傳母數

의 추정에 의해 예측된 유전적 개량량과 追跡選拔指數에 의해 추정된 遺傳的 改良량을 比較, 分析함으로써 鷄群의 資質에 대한 평가와 앞으로의 개량 가능성 여부를 판단하는 데 있다.

II. 資料 및 分析方法

1. 資料

본 연구에 이용된 자료는 마니育種農場에서 保有, 維持하고 있는 백색난용종계(Single Comb White Leghorn) 1系統(Line-W)과 갈색난용종계(brown layer) 1系統(Line-B)에 대한 1980년 부터 1985년 까지의 6년간 5세대 동안의 기록이다. 주요 선발형질은 300일령 산란수와 400일령 산란수이며, 이외에도 30주령 및 40주령시의 평균난중과 초산시 체중에 대해서도 각 계통의 고유한 개량목표에 따라 상대적인 比重을 고려한 선발방법이 적용되었다. 측정형질의 종류와 해당 영문코드는 다음과 같다.

Codes and description of the studied traits

Codes	Description (unit)
S M	Age at the first egg (days)
EW 30	Mean egg weight at 30 weeks of age for 5 days(gram)
EW 40	Mean egg weight at 40 weeks of age for 5 days(gram)
EN 300	Egg numbers to 300 days of age(each)
EN 400	Egg numbers to 400 days of age(each)

암탉의 선발 기준은 母家系の 平均能力에 個體能力을 고려한 것이었고, 수탉은 父家系와 母家系の 平均能力에 個體體重을 고려하여 선발되었다. 선발된 개체들 사이의 交配는 全兄妹와 半兄妹사이의 교배를 피하여 無作為로 실시되었고, 孵化는 1983년과 1984년의 경우에만 각각 2주 및 4주 간격으로 2회에 걸쳐 실시되었으며 그의 년도에는 각각 1회씩 실시되었다.

통계분석에 이용된 자료는 정확한 추정치를 얻기 위해서 초기에 도태된 개체의 자료와 명백히 이상치를 나타내는 자료를 제외시킨 후, 각 형질별로 측정

Table 1. Numbers of sires, dams and progeny by generation

Line	Year	Generation	Number of sires	Number of dams	Number of progeny
W	1980-1981	G1	35	222	1,276
	1981-1983	G2	36	198	841
	1983-1984	G3	46	304	1,529
	1984-1985	G4	49	266	1,332
	1985-1986	G5	27	154	629
	Average		39	229	1,121
B	1980-1981	G1	14	89	427
	1981-1983	G2	27	175	841
	1983-1984	G3	46	298	1,713
	1984-1985	G4	32	178	819
	1985-1986	G5	30	188	757
	Average		30	186	911

치에 대하여 평균(mean)과 표준편차(SD)를 계산하여 각 형질별 특정기준(mean ± SD)을 설정한 후 이 기준에서 벗어나는 자료를 제외하고 년도별, 계통별로 자료를 정리하였다. 또한 遺傳母數 推定值의 精度(precision)를 높이기 위하여 父家系와 母家系別로 家系 構成員의 수에 최소한의 한계를 설정하였으며, 이 한계에 미치지 못하는 가계는 제외시켜 정리하였다(Latter와 Roberston, 1960; Hill, 1970, Falconer, 1981). Table 1에 유전모수의 추정을 위하여 정리한 자료에서 얻어진 부가계수와 모가계수 및 자손수가 세대별로 제시되어 있다.

2. 統計分析 方法

(1) 遺傳力 推定

遺傳力의 推定은 King과 Henderson(1945) 및 Becker(1975)의 分散成分 分析(variance component analysis)에 의한 방법을 이용하여 얻어졌다. 2회 이상의 부화기록이 있는 경우는 Harvey(1975)의 最少自乘法(least squares method)에 의해 孵化效果를 補正한 후 분석에 이용하였고, 산란율과 같이 %로 표시된 형질은 arcsine 變形(arcsine transformation)을 한 후 분석에 이용하였다(Bray 등, 1960; Snedecor와 Conhran, 1980).

유전력 추정을 위한 統計的 線型模型(statistical linear model)은 다음과 같다.

$$Y_{ijk} = \mu + S_i + D_j + E_{ijk}$$

where,

Y_{ijk} = the record of the K^{th} progeny from the i^{th} sire and the j^{th} dam

μ = population mean

S_i = effect of the i^{th} sire

D_j = effect of the j^{th} dam mated to the i^{th} sire

E_{ijk} = random error

위 模型에서 S_i , D_j , E_{ijk} 는 각각 任意變量(random variables)으로서 獨立的으로 分布하며 平均値는 모두 0이고 分散은 각각 σ_s^2 , σ_D^2 , σ_E^2 로 가정하였다. 각 유전력 추정치의 標準誤差(standard error)는 Dickerson(1969)의 방법을 이용하여 얻어졌으며, 동일 형질에 대한 각 세대별 추정치의 분산을 逆으로 취하여 加重值를 적용하는 방법을 통하여 pooled estimate를 계산하였다(Enfield 등, 1966; Ayyagari 등, 1983).

$$\frac{\sum_{i=1}^n \frac{h^2_i}{(SE_i)^2}}{\sum_{i=1}^n \frac{1}{(SE_i)^2}} = \text{pooled heritability}$$

$$\sqrt{\frac{1}{\sum_{i=1}^n \frac{1}{(SE_i)^2}}} = \text{standard error of the estimate}$$

(2) 遺傳相關係數의 推定

주요 形質간에 존재하는 遺傳相關의 크기는 父分散-共分散(sire variance-covariance) 成分 分析과 父母分散-共分散(sire and dam variance-covariance) 成分 分析에 의해 遺傳相關係數를 추정함으로써 얻어졌다(Friars 등, 1962; Becker, 1975).

$$ijR_s = \frac{ij\sigma_s}{\sqrt{(i\sigma_s^2 \times j\sigma_s^2)}}$$

$$ijR_{SD} = \frac{ij\sigma_s + ij\sigma_D}{\sqrt{(i\sigma_s^2 + i\sigma_D^2) \times (j\sigma_s^2 + j\sigma_D^2)}}$$

where,

ijR_s = genetic correlation between trait i and j from the sire components of variance and covariance

ijR_{SD} = genetic correlation between trait i and j from the full-sib components of variance and covariance

$ij\sigma_s$ = covariance components for sires between trait i and j

$ij\sigma_D$ = covariance components for dams between trait i and j

$i\sigma_s^2$ = variance components for sires in trait i

$i\sigma_D^2$ = variance components for dams in trait i

(3) 遺傳的 改良量의 推定

① 追跡選拔指數 方法

본 연구에 이용된 계군과 같이 선발지수법의 이론에 근거한 정확한 지수의 계산 없이, 각 형질별로 主觀的 育種目標에 따라 상대적인 비중에 의해 선발이 이루어진 경우 기존의 선발지수법에 의한 유전적 개량량의 추정이 불가능하므로 Magee(1965), Allaire와 Henderson(1966), Yamada(1977), 鄭(1977) 등의 追跡選拔指數方法을 이용하여 유전적 개량량을 추정하였다.

$$\begin{pmatrix} \Delta G_{11} \\ \Delta G_{21} \\ \cdot \\ \cdot \\ \cdot \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \sigma_{G1}^2 & \sigma_{G12} & \cdots & \sigma_{G1n} \\ \sigma_{G21} & \sigma_{G2}^2 & \cdots & \sigma_{G2n} \\ \cdot & \cdot & \cdots & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdots & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdots & \cdot \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \cdot \\ \cdot \\ \cdot \end{pmatrix}$$

$$\begin{pmatrix} \Delta G_{n1} \\ b_1 \\ b_2 \\ \cdot \\ \cdot \\ b_n \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \sigma_{Gn1} & \sigma_{Gn2} & \cdots & \sigma_{Gn}^2 \\ \sigma_{P1}^2 & \sigma_{P12} & \cdots & \sigma_{P1n} \\ \sigma_{P21} & \sigma_{P2}^2 & \cdots & \sigma_{P2n} \\ \cdot & \cdot & \cdots & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdots & \cdot \\ \sigma_{Pn1} & \sigma_{Pn2} & \cdots & \sigma_{Pn}^2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} -1 \\ \Delta P_{11} \\ \Delta P_{21} \\ \cdot \\ \cdot \\ \Delta P_{n1} \end{pmatrix}$$

where,

ΔP_{i1} = selection differential of the trait i when selection is intended for by the index selection, I

ΔG_{i1} = genetic gains of the trait i when selection is applied by the index selection, I

b_i = estimated selection index in retrospect

σ_{Pi}^2 = variance of the trait i

σ_{Pij} = covariance between trait i and j

σ_{Gi}^2 = genetic variance of the trait i

σ_{Gij} = genetic covariance between trait i and j

② 單形質 選拔方法

선발형질로서 300일령 산란수만을 고려한 경우, 이 형질에서 나타나는 遺傳的 改良量(直接 選拔反應)과 다른 형질에서 나타나는 遺傳的 改良量(間接 選拔反應)의 推定은 Falconer(1981)의 方法을 이용하여 실시하였다. 또한 이 方法은 個體選拔인 경우에 적용되는 것이므로, 본 연구에 이용된 계군과 같이 주로 母家系의 평균능력에 근거하여 선발이 실시된 경우의 추정은 개체선발에 대한 家系選拔의 相對的 效率을 고려하여 얻어졌다(Osborne, 1957; Nordskog 등, 1967; Ayyagari 등, 1983).

$$E(DR) = h^2_x \times i_x \times \sigma_{Px}$$

$$E(IDR) = h_x \times h_y \times i_x \times r_G \times \sigma_{Py}$$

where,

$E(DR)$ = expected direct response of trait X

$E(IDR)$ = expected indirect response of trait Y

h^2_x = heritability of trait X

i_x = intensity of selection of trait X

σ_{Px} = phenotypic standard deviation

of trait X
 σ_{PY} = phenotypic standard deviation of trait Y
 r_G = genetic correlation between trait X and Y
 h_X = square root of heritability of trait X
 h_Y = square root of heritability of trait Y

where,

K1 = correction factor in dam-family selection
 K2 = correction factor in sire-family selection
 n = number of progeny per dam
 d = number of progeny per sire
 h^2 = heritability of each trait

III. 結果 및 考察

1. 平均能力의 變化

주요 형질들에 대한 平均値와 標準偏差 값이 계통 별로 Table 2에 제시되어 있다.

두 계군에서 일차적인 선발형질이었던 300일령 산란수와 400일령 산란수에서, Line-W의 경우 4세대와 5세대에서 오히려 평균능력이 감소된 것으로 나타났다.

* 選拔基準別 補正計數

$$K1 = \frac{n+1}{\sqrt{2n(2+(n-1)h^2)}}$$

$$K2 = \frac{2+n(1+d)}{\sqrt{4dn(4+((1+d)-2)h^2)}}$$

Table 2. Means and standard deviations of various traits in Line-W and Line-B

Line	Trait	Unit	Generations					
			G1	G2	G3	G4	G5	
W	S	M	day	157±11.6	150±7.6	150±7.8	148±6.8	149±5.0
	EW	30	gr	52±2.6	54±2.7	53±2.8	52±2.5	54±3.0
	EW	40	gr	57±2.9	56±2.9	57±3.0	56±2.9	56±3.8
	EN	300	each	114±16.6	126±20.1	130±13.3	126±14.9	114±33.0
	EN	400	each	190±26.1	202±33.9	213±21.0	197±29.4	180±58.7
B	S	M	day	169±10.5	167±5.6	158±7.2	156±6.3	153±4.8
	EW	30	gr	53±2.6	55±3.0	53±2.9	53±2.9	53±2.8
	EW	40	gr	57±2.8	58±3.3	57±3.2	56±3.3	56±3.3
	EN	300	each	117±13.6	121±10.2	124±11.9	118±24.4	133±18.7
	EN	400	each	198±22.2	209±17.8	209±19.1	-	212±36.4

으며, Line-B에서도 4세대에서 감소현상을 보였다. 실험계군을 대상으로 하는 선발실험에서는 일반적으로 선발집단과 함께 유전적 변화가 없는 對照區 集團 (control population)을 유지함으로써 環境效果를 제거하여 선발의 효과를 추정하는 것이 가능해지지만, 본 연구에서는 대조구 집단이 없었기 때문에 선발집단에서 나타난 평균능력의 감소현상을 선발에 의한 遺傳子 作用에 의한 것으로만 판단하기는 어려운 것으로 생각된다.

초산일령의 경우는 두 계군에서 모두 세대가 경과함에 따라서 감소되는 추세를 나타냈는데, 回歸分析을 한 결과 Line-W에서는 -1.61 ± 0.838 , Line-B에서는 -4.44 ± 0.625 의 回歸係數를 얻었는데 Line-B에서 얻어진 회귀계수는 統計적으로 高度의 有意性($P < 0.01$)을 보였다. 30주령과 40주령시의 평균난중의 경우는 두 계군에서 모두 세대 경과에 따라 일정한 변화양상을 보여주지 못했다.

2. 遺傳力 推定値의 變化

Table 3과 Table 4에는 父 分散成分과 母 分散成分 및 父母 分散成分에 의해 추정된 주요 형질의 5세대 간 遺傳力 推定値가 제시되어 있다.

주요 선발형질인 300일령 산란수와 400일령 산란수에 대한 유전력은 많은 학자들이 이들 형질에서 추정한 수치에 비해서는 약간 높은 편이었으나, 부분 산성분에 의한 추정치 보다 모 분산성분에 의한 추정치가 높게 나타나서 母體效果를 암시한다는 점에서는 일치하는 결과였다(Craig 등, 1969; 韓과 吳, 1975; Reddy와 Siegel, 1977). 또한 두 계통에서 모두 400일령 산란수에 대한 추정치는 300일령 산란수에 대한 추정치보다 낮게 나타났는데, 이는 산란기간이 길어짐에 따라서 環境效果가 증대되기 때문으로 판단된다. 산란수의 유전력은 세대 경과에 따라 대부분 감소하는 추세를 보였는데, 특히 Line-B의 300일령 산란수의 경우 부모 분산성분에 의한 추정치는 통계적으로 高度의 有意性($P < 0.01$)을 가지면서 감소하는 것으로 나타났다.

초산일령에 대한 추정치는 두 계통에서 모두 모 분산에 의한 추정치가 세대 경과에 따라 감소되는 것으로 나타나서 선발에 의해 相加的 遺傳變異가 감소된다고 단정할 수는 없지만, 적어도 전체 유전변이가 감소되고 있음은 알 수 있었다. 30주령시 난중과 40주령시 난중의 유전력 추정치는 Line-W에서 0.44-0.57, Line-B에서 0.45-0.51로 얻어졌는데 모두 모 분산에 의한 추정치가 부분산에 의한 추정치에 비해 크게 나타나서 Vaccaro와 VanVleck(1972), Pirchner와 Krosigk(1973), Quadeer 등(1977), 呂와 吳(1982)의 결과와 일치하였다. 세대 경과에 따라 Line-W에서는 부분산에 의한 추정치가 감소하는 추세를 보였으나, Line-B에서는 뚜렷한 변화 양상을 찾아보기 어려웠다.

이와 같이 선발에 의해 대부분 형질의 유전변이가 감소된다는 사실은 많은 학자들이 보고한 결과와 일치하는 것으로서, 선발에 의한 능력의 개량이 유전변이가 존재한다는 가정하에서 이루어지는 것을 고려한다면, 두 계통에서 얻어진 산란능력에 대한 유전력의 감소현상은 앞으로의 선발효과를 감소시키거나

Table 3. Heritability estimates and standard errors based on sib correlations by generations in Line-W

Trait	Basis	Generation					
		G1	G2	G3	G4	G5	pooled
S M	S	0.38±0.26	0.32±0.30	0.48±0.13	0.41±0.14	0.62±0.16	0.47±0.08
	D	0.97±0.09	-	0.45±0.10	0.51±0.10	0.32±0.19	0.64±0.05
	S+D	0.68±0.14	0.72±0.16	0.47±0.08	0.46±0.08	0.46±0.11	0.51±0.05
EW 30	S	0.67±0.21	0.46±0.21	0.40±0.11	0.43±0.12	0.26±0.23	0.44±0.07
	D	0.70±0.12	0.70±0.13	0.38±0.10	0.41±0.11	0.63±0.15	0.52±0.05
	S+D	0.68±0.12	0.58±0.12	0.39±0.07	0.42±0.08	0.45±0.13	0.46±0.04
EW 40	S	0.70±0.16	0.27±0.15	0.55±0.15	0.47±0.14	0.11±0.29	0.46±0.07
	D	0.47±0.13	0.46±0.12	0.53±0.10	0.51±0.11	0.90±0.13	0.57±0.05
	S+D	0.59±0.10	0.37±0.10	0.54±0.09	0.49±0.09	0.50±0.15	0.50±0.04
EN 300	S	0.50±0.22	0.15±0.14	0.31±0.10	0.29±0.15	0.14±0.15	0.26±0.06
	D	0.76±0.10	0.43±0.12	0.30±0.10	0.56±0.09	0.36±0.15	0.49±0.05
	S+D	0.63±0.12	0.29±0.09	0.31±0.06	0.42±0.08	0.25±0.10	0.35±0.04
EN 400	S	0.52±0.17	0.26±0.10	0.24±0.08	0.31±0.14	0.08±0.13	0.25±0.05
	D	0.56±0.11	0.20±0.13	0.25±0.09	0.53±0.10	0.26±0.15	0.38±0.05
	S+D	0.54±0.10	0.23±0.07	0.25±0.05	0.42±0.08	0.17±0.09	0.29±0.03

S : based on sire variance

D : based on dam variance

S+D : based on sire+dam variance

Table 4. Heritability estimates and standard errors based on sib correlations by generations in Line-B

Trait		Basis	Generation					pooled
			G1	G2	G3	G4	G5	
S	M	S	0.30±0.34	0.57±0.27	0.13±0.13	0.59±0.16	0.76±0.15	0.44±0.08
		D	0.78±0.16	0.83±0.13	0.52±0.06	0.41±0.15	0.34±0.17	0.56±0.05
		S+D	0.54±0.18	0.70±0.15	0.32±0.07	0.50±0.10	0.55±0.10	0.45±0.05
EW	30	S	0.34±0.17	0.10±0.15	0.36±0.11	0.67±0.23	0.45±0.13	0.35±0.06
		D	0.10±0.19	0.41±0.11	0.39±0.08	0.67±0.15	0.32±0.15	0.40±0.05
		S+D	0.22±0.09	0.27±0.09	0.38±0.06	0.67±0.13	0.38±0.09	0.35±0.04
EW	40	S	0.14±0.15	0.18±0.11	0.05±0.02	0.45±0.23	0.39±0.14	0.25±0.07
		D	0.26±0.16	0.27±0.12	0.02±0.06	0.72±0.13	0.34±0.14	0.40±0.07
		S+D	0.20±0.10	0.22±0.07	0.01±0.03	0.59±0.13	0.36±0.09	0.30±0.05
EN	300	S	0.35±0.28	0.47±0.14	0.21±0.12	0.25±0.12	0.22±0.11	0.28±0.06
		D	0.61±0.17	0.33±0.14	0.50±0.07	0.28±0.13	0.28±0.13	0.42±0.05
		S+D	0.48±0.16	0.40±0.09	0.35±0.07	0.27±0.08	0.25±0.08	0.33±0.04
EN	400	S	0.20±0.29	0.27±0.11	0.28±0.10	—	0.31±0.12	0.26±0.05
		D	0.66±0.15	0.23±0.12	0.35±0.08	—	0.29±0.14	0.34±0.05
		S+D	0.43±0.16	0.25±0.07	0.32±0.06	—	0.30±0.09	0.28±0.03

S : based on sire variance
 D : based on dam variance
 S+D : based on sire+dam variance

때에 따라서는 무산시키는 요인으로도 작용할 수 있을 것으로 추측된다(Nordskog 등, 1967; Lenz와 Gowe, 1974; Poggenpoel, 1974; Poggenpoel과 Erasmus, 1978). 그러나 선발 마지막 세대인 5세대에서 보여 준 유전력 추정치를 살펴 보면, 대부분의 형질에서 다른 학자들이 해당형질의 유전력으로 보고하는 정도의 수치가 얻어졌기 때문에 앞으로도 당분간 선발에 의해 산란능력의 개량이 가능할 것으로 思料된다. 이러한 결과는 Dempster 등 (1952) 이 불과 몇 세대에 걸친 선발에 의해 유전변이가 급격히 감소되는 않는다고 보고한 것이나, Dickerson(1955)이 상업용 목적으로 유지한 난용종계의 집단에서 30세대 동안의 선발에도 불구하고 유전변이가 상당량 남아 있었다고 보고한 것과 같은 결과라고 생각한다. 또한 Craig 등(1967) 이 초기산란수에 대한 선발을 7세대 동안 계속한 후에도 실제로 이 형질의 相加的 遺傳 變異가 고갈되지 않았다고 보고한 것을 감안해 볼때, 본 연구에서 얻어진 결과도 이해될 수 있을 것으로 판단된다.

3. 遺傳相關係數 推定值

두 계통에서의 주요 형질간 유전상관계수의 추정치가 Table 5와 Table 6에 각각 나타나 있는데, 대각선을 중심으로 하여 부분산-공분산과 부모 분산-공분산에 의해 얻어진 추정치가 제시되어 있다.

Table 5. Pooled estimates of genetic correlation coefficients for 5 generations in Line-W

		S	M	EW 30	EW 40	EN 300	EN 400
S	M			0.230	0.198	-0.627	-0.497
EW 30		0.234			0.865	-0.129	-0.150
EW 40		0.307	0.872			-0.245	0.294
EN 300		0.269	-0.131	-0.354			0.938
EN 400		0.247	-0.201	-0.254	0.913		

above diagonal : based on sire variance-covariance
 below diagonal : based on sire+dam variance-covariance

Table 6. Pooled estimates of genetic correlation coefficients for 5 generations in Line-B

	S	M	EW 30	EW 40	EN 300	EN 400
S	M		0.130	0.110	-0.439	-0.306
EW 30	0.090			0.641	-0.100	-0.097
EW 40	0.050	-0.435			-0.139	-0.120
EN 300	-0.488	-0.055	-0.075			0.838
EN 400	-0.324	0.033	-0.062	0.790		

above diagonal : based on sire variance-covariance

below diagonal : based on sire+dam variance-covariance

초산일령과 산란수와의 유전상관을 살펴보면, 300일령 산란수와의 경우보다는 400일령 산란수와의 경우가 負의 推定値가 줄어들는 것으로 나타나서 초산일령의 영향력은 산란기간이 길어짐에 따라 줄어든다는 것을 알 수 있었다. 30주령시 난중과 40주령시 난중 사이에는 당연히 예견된 것이지만, 높은 正의 相關係數가 얻어졌는데 이같은 결과는 Kinney 등(1968), Emsley 등(1978) 및 여와 오(1982)가 보고한 것과 일치되는 것이었다. 300일령 산란수와 400일령 산란수 사이의 유전상관계수는 Line-W에서 0.92-0.94, Line-B에서 0.86-0.87로 얻어져서, 초기산란수가 전체 산란수를 좌우할 수 있음을 보여주었으며, 이는 Clayton과 Robertson(1966), Poggenpoel과 Erasmus(1978) 등의 보고와 비슷한 결과였다.

4. 遺傳的 改良量의 推定

Magee(1965)의 第2次 選拔差(secondary selection differential) 개념을 확장하여 여러 형질을 동시에 선발하는 경우, 각 형질의 選拔差와 表現型 分散-共分散 및 遺傳 分散-共分散을 이용하는 追跡選拔指數(selection index in retrospect) 방법에 의해 매 세대 별로 선발형질에 대하여 유전적 개량량을 추정된 결과가 계통별로 Table 7과 Table 8에 제시되어 있다.

Line-W에서 30주령시 난중은 세대당 평균 0.26g이 증가된 것으로 추정된 반면, 40주령시 난중은 0.01g씩 감소된 것으로 나타났는데 이것은 5세대에서의 급격한 감소로 인한 영향이 크므로 5세대를 제외하고 생각한다면 거의 변화가 없었던 것으로 판단된다. 이에

Table 7. Estimates of expected selection responses in Line-W

Trait	Unit	Generation					Mean
		G1	G2	G3	G4	G5	
S	M day	-5.698	-0.509	-1.138	-0.242	-0.761	-0.672
EW	30 gr	1.042	0.298	-0.259	0.412	-0.186	0.261
EW	40 gr	-0.067	0.202	-0.145	0.016	-0.329	-0.012
EN	300 each	9.478	2.629	2.260	3.113	3.020	4.154
EN	400 each	11.892	4.506	3.252	4.863	5.093	5.921

Table 8. Estimates of expected selection responses in Line-B

Trait	Unit	Generation					Mean
		G1	G2	G3	G4	G5	
S	M day	-1.120	-0.999	-1.181	-1.150	-1.162	-1.142
EW	30 gr	0.299	0.022	0.306	0.000	-0.081	0.109
EW	40 gr	0.569	-0.058	-0.096	0.022	-0.281	0.031
EN	300 each	2.716	1.552	2.872	2.780	1.940	2.372
EN	400 each	4.402	2.404	4.970	-	3.157	3.733

대한 원인으로서는 선발시 40주령 난중에 다른 형질에 비해 상대적으로 약한 비중을 두었던데에 기인된다고 추측되는데, 이 경우 300일령 및 400일령 산란수와 40주령시 난중 사이에 작용하는 負의 유전상관으로 인해 결과적으로 40주령시 난중의 유전적개량량이 30주령시 난중에 비해 크게 떨어진 것으로 생각한다. 초산일령은 세대당 평균 1.67일씩 단축된 것으로 나타났고, 300일령 산란수 및 400일령 산란수는 각각 세대당 4.15개와 5.92개씩 증가된 것으로 추정되었는데 세 형질에서 모두 가장 큰 개량량은 1세대에서 나타났다.

Line-B에서도 초산일령은 세대당 평균 1.4일씩 단축된 것으로 나타났고, 300일령 산란수 및 400일령 산란수는 각각 2.37개와 3.73개씩 증가된 것으로 추정되었다. 30주령시 난중인 경우 세대당 평균 0.11g씩 증가된 것으로 나타났으나, 40주령시 난중의 경우는 거의 변화가 없었던 것으로 추정되었다. 두 계군에서 모두 세대에 따른 각 형질의 유전적개량량의 변화 양상은 일정한 한 방향으로 나타나지는 않아서 유전

변이가 세대별로 감소 추세를 보인 것과는 다른 결과를 보여 주었다. 이러한 결과는 각각의 형질이 갖는 유전변이가 감소된다고 하더라도, 본 연구에서와 같이 여러 형질을 동시에 선발하는 경우는 형질간의 遺傳共分散이 서로 영향을 미치기 때문에 나타난 것으로 사료된다.

Table 9. Mean estimates of expected direct and correlated selection responses for 5 generations when selecting on EN300 in Line-W

Trait	Basis	Sire Var-Cov			Sire+Dam Var-Cov		
		Δ G1	Δ G2	Δ G3	Δ G1	Δ G2	Δ G3
EN 300	each	3.338	3.618	3.164	4.462	4.582	3.820
S	M day	-1.099	-1.056	-0.840	-1.243	-1.175	-0.925
EW	30 gr	-0.076	-0.075	-0.060	-0.092	-0.089	-0.071
EW	40 gr	-0.169	-0.164	-0.131	-0.210	-0.200	-0.158
TEN	400 each	5.215	5.700	5.022	6.348	6.748	5.790

Δ G1 : expected genetic gain in mass selection

Δ G2 : expected genetic gain in dam-family selection

Δ G3 : expected genetic gain in sire-family selection

Table 10. Mean estimates of expected direct and correlated selection responses for 5 generations when selecting on EN300 in Line-B

Trait	Basis	Sire Var-Cov			Sire+Dam Var-Cov		
		Δ G1	Δ G2	Δ G3	Δ G1	Δ G2	Δ G3
EN 300	each	2.221	2.385	2.061	2.587	2.701	2.274
S	M day	-1.050	-1.025	-0.821	-1.202	-1.168	-0.933
EW	30 gr	-0.024	-0.025	-0.021	-0.030	-0.031	-0.026
EW	40 gr	0.017	0.019	0.016	-0.063	-0.067	-0.057
TEN	400 each	2.732	2.983	2.617	3.146	3.376	3.014

Δ G1 : expected genetic gain in mass selection

Δ G2 : expected genetic gain in dam-family selection

Δ G3 : expected genetic gain in sire-family selection

한편, Table 9와 Table 10에는 두 계통에서 각각 300 일령 산란수 한형질만을 선발형질로 하여 선발을 실시했을 경우를 가정하여, 300일령 산란수에 나타난

직접선발반응과 기타 형질에서 나타난 간접선발반응을 추정한 결과가 선발기준에 따라서 개체선발, 모가계선발 및 부가계선발인 경우로 구분되어 제시되어 있다. 모가계선발과 부가계선발에서의 선발반응은 개체선발에 대한 상대적 효율을 고려하여 추정되었는데 (Osborne, 1957; Wilson, 1974; Garwood 등, 1980; Garwood와 Lowe, 1981), 두 계통에서 모두 Table 7 및 Table 8과 비교할 때 모가계선발인 Δ G2의 경우가 가장 유사한 것으로 나타났다. 이러한 결과는 실제선발이 주로 모가계 능력을 기준으로 하여 이루어졌다는 사실과 함께 300일령 산란수에 대한 선발비중이 다른 형질에 비해 월등히 높았음을 보여주는 것이라고 판단된다.

Line-W인 경우 300일령 산란수는 부분산-공분산에 의해 세대당 3.62개씩, 부모 분산-공분산에 의해 4.58개씩 증가된 것으로 추정되었으며, 400일령 산란수는 각각 5.70개와 6.75개씩 증가된 것으로 나타났다. 30주령시 난중과 40주령시 난중은 두 추정방법에 의해서 각각 0.08g과 0.16g 및 0.29g과 0.20g씩 감소된 것으로 나타나 Table 7에 나타난 수치와는 차이를 보였는데, 이는 실제 선발에서 두 형질을 선발형질로 고려했음에도 불구하고, 300일령 산란수만을 선발형질로 가정하고 추정했기 때문에 300일령 산란수와 난중사이에 존재하는 負의 遺傳相關이 무시된데서 비롯된 결과라고 추측된다. Line-B에서 얻어진 추정치는 Table 8에서 얻어진 추정치와 비슷한 정도로 나타났다.

이상과 같이 두 계통에서 각각 추정된 유전적 개량량에 의해 선발 다음 세대에 나타날 것으로 예측되는 평균치를 계산한 후 이를 실제 측정된 평균치와 비교한 결과가 追跡選抜指數方法 및 부분산-공분산과 부모분산-공분산에 의한 방법의 경우를 구분하여 Table 11에 제시되어 있다.

두 계통에서 모두 1세대의 능력은 같다고 가정하고 이후 세대의 능력을 세가지 추정방법에 의해 예측하였는데, Line-W에서는 5세대 동안의 전체편차에서 세 방법사이에 차이가 크게 나타나지 않았으나 Line-B에서는 큰 차이가 나타났다. 또한 세대별로 살펴 볼 때 Line-W에서는 5세대에서, Line-B에서는 4세대에서 가장 큰 편차가 나타났는데, 이는 Table 2에서 보는 바와같이 실제의 觀測值가 급격히 감소현상을 보인 세

Table 11. Comparisons of observed means with expected means on the basis of estimated parameters for EN300 in Line-W and Line-B

Line	Gen.	Observed mean (O)	Expected mean (E)			Deviation (O-E)		
			I	II	III	I	II	III
W	G 1	113.9	113.9	113.9	113.9	0.0	0.0	0.0
	G 2	126.3	123.7	121.5	123.6	2.6	4.8	2.7
	G 3	130.0	126.3	123.1	126.6	3.7	6.9	3.4
	G 4	126.1	128.6	125.5	129.0	-2.5	0.6	-2.9
	G 5	114.2	131.7	127.4	131.8	-17.5	-13.2	-17.6
Sum of deviations						-13.7	-14.1	-14.4
B	G 1	116.8	116.8	116.8	116.8	0.0	0.0	0.0
	G 2	121.3	124.0	118.2	118.8	-2.7	3.1	2.5
	G 3	124.4	125.6	120.6	120.8	-1.2	3.8	3.6
	G 4	118.2	128.5	122.1	123.3	-10.3	-3.9	-5.1
	G 5	132.7	131.3	125.1	126.5	1.4	10.6	6.2
Sum of deviations						-11.4	7.6	6.2

I : based on selection index in retrospect

II : based on sire variance-covariance

III : based on sire+dam variance-covariance

대와 일치하는 것이었다. 豫測値와 觀測値의 차이에 대한 원인으로서는 환경요인을 생각할 때 두 계군에서 300일령 산란수의 능력이 이 형질에 대한 선발에도 불구하고 후기세대에서 감소했던 이유를 飼養管理上의 문제점을 포함하는 환경요인에 의한 요인으로 간주할 수 있을 것으로 思料된다.

IV. 結 論

본 研究의 目的은 初期産卵數를 위주로 하여 選拔이 進行되어 온 商業用 卵用種鷄 集團에서 얻어진 결과를 분석하여 世代別 遺傳的 改良量을 推定하는 것으로서, 분석결과 다음과 같은 결론을 얻었다.

선발에 의한 遺傳變異의 변화 양상을 遺傳力과 遺傳相關係數의 추정에 의해 알아 본 결과 主選拔形質이었던 300일령 산란수에 대한 父分散 遺傳力 推定値가 세대 경과에 따라 감소됨으로써 선발에 의해 相加的 遺傳變異가 감소된다는 사실을 확인할 수 있었으나, 선발 마지막 세대에서 얻어진 추정치의 크기로 미루어 볼때 앞으로도 선발에 의한 산란능력의 개량은 가능할 것으로 판단되었다.

追跡選拔指數方法에 의해 세대별로 선발형질에 대한 유전적 개량량을 추정된 결과 300일령 산란수 및 400일령 산란수는 매세대 증가된 것으로 나타났고, 30주령 및 40주령시 난중은 감소하거나 변화가 거의 없었던 것으로 분석되었다. 또한 초산일령은 세대당 평균 1일 이상씩 단축된 것으로 나타나 선발이 유효하게 이루어지고 있음을 알 수 있었다.

V. 摘 要

본 研究는 商業用 目的으로 選拔, 維持되어 온 鷄群에서의 選拔에 의한 遺傳母數 추정치의 변화양상을 살펴보고, 추정된 유전모수를 바탕으로 하여 次世代의 遺傳的 改良量을 豫測한 후 이를 선발결과 나타난 觀測値와 비교, 분석하기 위하여 수행되었다.

분석에 이용된 자료는 단관백색레그혼종 1계통 (Line-W)과 갈색난용종 1계통(Line-B)에 대한 1980년부터 1986년까지의 5세대간 자료로서 表現型 能力 변화와 選拔形質들에 대한 遺傳力 및 遺傳相關係數를 추정하고, 이들을 바탕으로 하여 追跡選拔指數方法에 의해 遺傳的 改良量을 推定하였다. 추정된 각 형질의

유전적 개량량을 살펴 보면, 두 계통에서 초산일령의 경우 각각 세대당 1.67일과 1.14일씩 단축된 것으로 나타났고, 300일령 산란수는 각각 4.15개와 2.37개, 400일령 산란수는 각각 5.92개와 3.73개씩 증가된 것으로 분석되었으며, 30주령시 난중과 40주령시 난중은 거의 변화가 없었던 것으로 나타났다. 이상에서 얻어진 각 형질의 유전적 개량량의 수치는 300일령 산란수 한 형질만을 母家系 선발에 의해 선발한 경우의 유전적 개량량과 유사한 것으로 나타났으며, 추정된 유전적 개량량에 의해 次世대의 능력을 예측한 후 이를 관측치와 비교한 결과 선발 후기세대(4세대와 5세대)에서 두 계군이 환경의 영향을 크게 받았던 것으로 판단되었다.

VI. 參考文獻

- Allaire, F. R., and C. R. Henderson. 1966. Selection practiced among dairy cows. II. Total production over a sequence of lactations. *J. Dairy Sci.* 49 : 1435-1440.
- Ayyagari, V., S. C. Mohapatra, A. Venkatramaiah, T. Thiagasundaram, D. Choudhuri, D. C. Johri and P. Renganathan. 1983. Selection for egg production on part record. II. Correlated response to selection *TAG* 64 : 169-175.
- Becker, W. A. 1975. Manual of procedure in quantitative genetics. Washington State Univ., Pullman, Washington.
- Berger, P. J., and W. R. Harvey. 1975. Realized genetic parameters from index selection in mice. *J. Anim. Sci.* 40 : 38-47.
- Bohren, B. B., V. A. Garwood, and P. C. Lowe. 1981. Direct and correlated responses to selection for age at maturity in the fowl. *Poultry Sci.* 60 : 289-294.
- Bray, D. F., S. C. King and V. L. Anderson. 1960. Sexual maturity and the measurement of egg production. *Poultry Sci.* 39 : 590-601.
- Craig, J. V., D. K. Biswas and H. K. Saadeh. 1969. Genetic variation and correlated responses in chickens selected for part-year rate of egg production. *Poultry Sci.* 48 : 1288-1295.
- Cunningham, E. P., R. A. Moem, and T. Gjedrem. 1970. Restriction of selection indexes. *Biometrics* 26 : 67-74.
- Dempster, E. R., I. M. Lerner, and D. C. Lowry. 1952. The continuous selection for egg production in poultry. *Genetics* 37 : 393-408.
- Dickerson, G. E. 1955. Genetic slippage in response to selection for multiple objectives. *Cold Spring Har. Symposium* 20 : 213-224.
- Enfield, F. D., R. E. Comstock and O. Braskerud. 1966. Selection for pupa weight in *Tribolium Castaneum* I. parameters in base populations. *Genetics* 54 : 523-533.
- Falconer, D. S. 1981. Introduction to quantitative genetics. 2nd ed. Longman, Inc.
- Friars, G. W., B. B. Bohren and H. E. Mckean. 1962. Time trends in estimates of genetic parameters in a population of chickens subjected to multiple objective selection. *Poultry Sci.* 41 : 1773-1784.
- Garwood, V. A., and B. B. Bohren. 1980. An experimental test of the efficiency of family selection in chickens. *TAG* 56 : 5-9.
- Garwood, V. A., and P. C. Lowe. 1981. A comparison of combination and family selection in chickens. *Poultry Sci.* 60 : 285-288.
- Harvey, W. R. 1975. Least-squares analysis of data with unequal subclass numbers. USDA. ARS. H-4. Washington D. C.
- Hill, W. G. 1970. Design of experiments to estimate heritability by regression of offspring on selected parents. *Biometrics* 27 : 293-311.
- King, S. C. and C. R. Henderson. 1954. Variance component analysis in heritability studies. *Poultry Sci.* 33 : 147-154.
- Latter, B. D. H. and A. Robertson. 1960. Experimental design in the estimation of heritability by regression methods. *Biometrics* 16 : 348-353.
- Lentz, W. E. and R. S. Gowe. 1974. Changes in genetic parameters of White Leghorn strains under

- selection. *Poultry Sci.* 53 : 1947.
21. Lin, C. Y. 1978. Index selection for genetic improvement of quantitative characters. *TAG* 52 : 49-56.
 22. Magee, W. T. 1965. Estimating responses to selection. *J. Anim. Sci.* 24 : 242-247.
 23. Marks, H. L. 1981. Selection for egg mass in the domestic fowl. 1. Response to selection. *Poultry Sci.* 60 : 1115-1122.
 24. Nordskog, A. W., M. Festing and M. W. Verghese. 1967. Selection for egg production and correlated responses in the fowl. *Genetics* 55 : 179-191.
 25. Nordskog, A. W., H. S. Tolman, D. W. Casey and C. Y. Lin. 1974. Selection in small population of chickens. *Poultry Sci.* 53 : 1188-1219.
 26. Nordskog, A. W. 1978. Some statistical properties of an index of multiple traits. *TAG* 52 : 91-94.
 27. Osborne, R. 1957. The use of sire and dam family averages in increasing the efficiency of selective breeding under a hierarchical mating system. *Heredity* 11 : 93-116.
 28. Pirchner F. and C. M. Von Krosigk. 1973. Genetic parameters of cross and pure-bred poultry. *Brit. Poultry Sci.* 14 : 193-202.
 29. Poggenpoel, D. G. 1974. Response with selection on part-year egg production. *Proc. 15th World's Poultry Cong. New Orleans* : 149-151.
 30. Poggenpoel, D. G. and J. E. Erasmus. 1978. Long-term selection for increased egg production. *Brit. Poultry Sci.* 19 : 111-123.
 31. Quadeer, M. A., J. V. Craig, K. E. Kemp and A. D. Dayton. 1977. Selection for egg mass in different social environments. 1. Estimation of some parameters in the foundation stock. *Poultry Sci.* 56 : 1522-1535.
 32. Reddy, P. R. K. and P. B. Siegel. 1977. Selection for body weight at the eight weeks of age. 12. Egg production in selected and relaxed lines. *Poultry Sci.* 56 : 673-686.
 33. Sheridan, A. K. and J. S. F. Barker. 1974. Two-trait selection and the genetic correlation. I. Prediction of responses in single-trait and in two-trait selection. *Aust. J. Biol. Sci.* 27 : 75-88.
 34. Smith, K. P. and B. B. Bohren. 1974. Direct and correlated responses to selection for hatching time in the fowl. *Brit. Poultry Sci.* 15 : 597-604.
 35. Snedecor, G. W. and W. G. Cochran. 1980. *Statistical methods.* Iowa State Univ. Press.
 36. Vaccaro, R. and L. D. VanVleck. 1972. Genetics of economic traits in the Cornell Randombred Control Populations. *Poultry Sci.* 51 : 1556-1565.
 37. VanVleck, L. D. 1970. Index selection for direct and maternal genetic components of economic traits. *Biometrics* 26 : 477-483.
 38. Vasquez, C. P. and B. B. Bohren. 1982. Correlated responses in some economic traits from selection for fast and slow hatching. *Poultry Sci.* 57 : 330-335.
 39. Verghese, M. W., and A. W. Nordskog. 1968. Correlated response in reproductive fitness to selection in chickens. *Genet. Res.* 11 : 221-238.
 40. Wilson S. P. 1974. An experimental comparison of individual, family and combination selection. *Genetics* 76 : 823-836.
 41. Yamada, Y. 1977. Evaluation of the culling variate used by breeders in actual selection. *Genetics* 86 : 885-899.
 42. Yamada, Y., and M. Naito. 1982. Evaluation of realized selection in poultry populations for egg production. *Proc. World Cong. Genetics app. to Anim. Prod.* : 808-812.
 43. Young, S. S. Y., and H. Weller. 1960. Selection for two correlated traits by independent culling levels. *J. Genetics* 57 : 329-338.
 44. 呂政秀, 吳鳳國. 1982. 卵用鷄 母體遺傳 效果를 利用한 遺傳變異 推定에 관한 研究. *韓畜誌* 24 : 10-19.
 45. 鄭船富. 1977. 닭에 있어서 意圖選抜과 實現選抜의 比較. *農事試驗研究報告* 19 : 33-39.
 46. 韓成郁, 吳鳳國. 1975. 卵用種鷄의 卵重 增大性과 기타 形質의 遺傳力 및 遺傳相關에 관한 研究. *韓畜誌* 17 : 15-45.