KFAS 한국수산과학회지 Korean Journal of Fisheries and Aquatic Sciences
한수지 55(5), 549-556, 2022

Original Article
Korean J Fish Aquat Sci 55(5),549-556,2022

다형질 Animal Model을 이용한 선발 8세대 육종 넙치(*Paralichthys olivaceus*)의 성장형질에 대한 유전모수 추정

박종원* · 이다인 · 정효선 · 김주란 · 양혜림 · 김현철[1] · 이정호

국립수산과학원 어류육종연구센터, [1]국립수산과학원 연구기획과

Estimation of Genetic Parameter for Growth Traits of Olive Flounder *Paralichthys olivaceus* on the 8th Generation of Selective Breeding Using Multiple Traits Animal Model

Jong-Won Park*, Dain Lee, Hyo Sun Jung, Julan Kim, Hye-Rim Yang, Hyun-Chul Kim[1] and Jeong-Ho Lee

Fish Genetics and Breeding Research Center, National Institute of Fisheries Science, Geoje 53334, Republic of Korea
[1]Research Planning Department, National Institute of Fisheries Science, Busan 46083, Republic of Korea

The aim of this study was to evaluate the genetic parameters of growth traits for improvement breeding in olive flounder *Paralichthys olivaceus* at the 8th generation of selective breeding in April 2021. Growth traits such as total length, body weight and condition factor at 11 months of age were measured for 7,508 individuals with confirmed paternity. Data were analyzed using the restricted maximum likelihood method applied to a multiple traits animal model. The effects of sex and family were significantly different across traits ($P<0.05$). The heritability values of total length, body weight and condition factor were estimated to be high as 0.479, 0.457, and 0.466, respectively. Correlation analysis between phenotypic and breeding values, indicated that the selection accuracy was 75.9–85.2% for all traits. To increase the selection accuracy for parent fish selection, the sex and pedigree characteristics that affect each trait should be considered. Moreover, further improvement of multiple traits can be achieved if the correlation between each trait is appropriately considered.

Keywords: Genetic parameter, Heritability, Growth traits, Selection, Olive flounder

서 론

넙치(*Paralichthys olivaceus*)는 우리나라 양식 해수어류의 연간 생산량의 약 50%를 차지할 뿐만 아니라 국민횟감으로 소비량도 높은 대표적인 양식어종이다. 우리나라에서 넙치양식을 위한 인공종묘 생산 연구가 처음 이루어진 것은 1982년부터 국립수산진흥원 거제수산종묘시험장(현 국립수산과학원 어류육종연구센터)에서였다. 1985년 육상수조에 적응시킨 자연산 넙치로부터 자연산란으로 수정란을 확보하여, 인공종자 생산기술을 확립하고 수정란을 보급하였다. 이후 1980년대 후반에 겨울철 수온이 비교적 높은 제주도와 부산 기장 지역에서 넙치 육상수조 양식이 크게 번성하기 시작하였으며, 현재는 제주도와 완도 지역을 중심으로 전국 곳곳에서 양식이 이루어지고 있다. 그러나 1980년대에 소수 집단으로 시작된 넙치 양식은 여러 세대를 거치는 동안 근친교배가 이루어져 유전적 다양성이 축소되고 있어서 성장 둔화, 질병 및 환경내성 저하(Carvalho and Haeser, 1994)가 우려되었다(NFRDI, 2006). 이러한 국내 양식 넙치의 유전적 문제점 해결을 위해서 국립수산과학원 어류육종연구센터에서는 2003년부터 2004년에 걸쳐 기존 양식산 집단에 자연산 친어집단을 도입하여 유전적 다양성을 확보하고 성장이 빠르고 체형이 개선된 선발육종 넙치 개발에 성공하였고, 2010년부터 양식현장에 보급하고 있다(Hwang and Myeong, 2010). 일반적으로 어류에 있어서 선발 효과 증대를 위한 가장 효율적인 방법이 선발육종이며(Gjerde et al., 2004; Zheng et

***Corresponding author:** Tel: +82. 55. 639. 5811 Fax: +82. 55. 639. 5809
E-mail address: apowind@korea.kr

This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0/) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

https://doi.org/10.5657/KFAS.2022.0549
Korean J Fish Aquat Sci 55(5), 549-556, October 2022
Received 7 August 2022; **Revised** 5 September 2022; **Accepted** 14 September 2022
저자 직위: 박종원(연구사), 이다인(연구사), 정효선(연구사), 김주란(연구사), 양혜림(연구사), 김현철(연구관), 이정호(연구관)

al., 2006; Choe et al., 2009), 이를 통해 생산성 향상을 위한 다양한 연구가 진행되고 있다(Lucas et al., 2006; Mathilde et al., 2007; Kim et al., 2008; Kim et al., 2011; Park et al., 2013; Baoqing et al., 2017; Park et al., 2021). 육종의 기본 원리는 선발과 교배이다. 즉 육종 계획과 목표에 알맞은 능력과 형질에 대한 육종가 추정치에 따라 친어를 선발한 다음 적절한 교배를 통해 개량의 효과를 높일 수 있다. 최근에는 분자생물학과 분자유전학의 진보와 더불어 급속도로 발전한 생명공학기술(biotechnology)이 새로운 육종방법과 전략을 제공해 주고 있으며, 그 역할이 더욱 증대되고 있다. 본 연구에서는 어류육종에 있어서 가장 이상적인 선발육종을 통해 개량 중인 넙치의 유전모수와 육종가를 추정하여 선발의 정확도를 살펴보고 국내 넙치의 생산성 향상을 위한 기초자료를 제공하고자 한다.

재료 및 방법

시험어 생산 및 성장 측정

본 연구에서는 2021년에 생산된 선발 8세대 넙치 7,508마리의 성장형질인 전장, 체중 및 비만도의 계측 자료를 이용하여 성과 가계에 따른 효과와 형질 별 유전모수 및 개체별 육종가를 추정하였다. 8세대 넙치 생산을 위해 유전적 다양성이 확보된 7세대 집단에서 친어를 선발하고 각 개체의 유전적 유연관계를 고려하여 최대의 선발 효과와 근친교배를 배제한 최적 교배지침 600개를 수립하였다. 2021년 4월 13일에 교배지침에 포함된 수컷을 대상으로 인공 채정을 실시하고 인공정장을 이용하여 냉장보관하였으며, 4월 14일에 암컷을 대상으로 인공 채란 후 1:1로 인공수정하여 총 445개의 가계를 확보하였다. 이 중 수정율과 교배에 따른 체중의 육종가 예측치를 고려하여 최종 242개의 가계를 확정하였으며, 각 가계 별 수정란 가입 양은 수정율 100% 기준으로 3 cc의 비율로 고정하고 혼합하였다. 24시간 동안 사란 제거 과정을 거친 후 FRP 5톤 수조 6개에 수용(각 수조당 20 cc)하고 부화 후 60일째까지 초기 자어의 환경요인을 최소화하기 위해 최대한 동일한 환경(19±0.5℃)에서 사육하였다. 부화 후 11개월령에서 전장과 체중의 성장을 전수 측정하고 저성장, 기형 등의 열등어를 제거하여 사육 밀도를 조절하였다. 이와 동시에 친자 확인용 DNA (deoxyribo nucleic acid) 확보를 위해 등지느러미조직을 채취하고 개체 관리를 위한 RFID (radio frequency identification) 전자 칩을 삽입하였다. 친자확인 결과 총 217개의 가계가 확인되었다. 유전모수와 육종가 추정을 위해 열등어를 포함하여 친자가 확인된 모든 개체를 이용하였으며, 성장 측정 이상치 자료와 혈통을 알 수 없는 자료는 분석에서 제외하였다.

통계분석방법

본 연구에서 조사된 성장형질인 전장, 체중 및 비만도에 영향을 미치는 성에 따른 효과 추정은 전체 자료를 이용하였고, 가계에 의한 효과 추정에는 가계 수를 고려하여 체중 표현형 측정값의 상위, 중위 및 하위 각각을 대표하는 3가계를 선정하여 최소제곱법으로 분석하였다. 성장형질에 대한 등분산성에 대한 t-검정 결과 각 형질에 대한 분산이 같지 않다는 결과를 보여 성 및 가계에 의한 효과 추정은 SAS package의 general linear model로 제공되는 4가지 제곱합 중에서 TYPE III 제곱합을 이용하여 분산분석 하였으며, 최소 제곱 평균치 간의 유의성 검정을 위하여 H_0:LSM(i)=LSM(j)와 같은 귀무가설을 유의수준 5%로 Pairwise T 검정을 실시하였다. 여기서, LSM(i)와 LSM(j)는 각각 i와 j (i≠j)번째 효과의 최소제곱평균치를 의미한다. 전장, 체중 및 비만도의 각 성장형질에 대한 유전모수와 집단의 유전력 추정을 위해 전체 세대(1–8세대)의 부화 후 11개월령 성장 측정치와 혈통을 이용하였다. 개체별 육종가 추정을 위해 성과 세대 그리고 각 세대별 생산 시기를 고정 효과로 처리하였으며, expectation maximization-restricted maximum likelihood 알고리즘을 전산 프로그램화한 REMLF90 (Misztal, 1990)을 이용하여 최적선형불편예측법(best linear unbiased prediction)에 의해 다음과 같은 다형질 개체 모형(Henderson and Quass, 1976)을 이용하였다.

$$Y_{ijklm} = u_i + Sex_{ij} + Generation_{ik} + Batch_{il} + a_{ijklm} + e_{ijklm}$$

여기서, Y_{ijklm}은 i번째 형질에서 j번째 성의 k번째 생산 시기에 속하는 l번째 개체에 대한 측정치, u_i는 i번째 형질의 전체 평균, Sex_{ij}는 i번째 형질의 j번째 성의 효과(j=1, 2), $Generation_{ik}$은 i번째 형질의 k번째 세대의 효과(k=1,2,…, 8), $Batch_{il}$는 i번째 형질의 l번째 생산 시기의 효과, a_{ijklm}는 개체에 대한 임의효과 -N (0, G) 그리고 e_{ijklm}는 임의오차 -N (0, R)이다. G와 R은 각각 상가적 유전 분산과 잔차 분산이며, Groeneveld and Kovac (1990)이 지적한 것과 같이 추정된 값이 지역 최대값(local maximum)으로 수렴하는 것을 방지하기 위해 최종적으로 구해진 추정치를 시작 값으로 하여 그 차이가 10^{-9} 이하로 되는 경우를 수렴 값으로 결정하였다. 추정된 분산 및 공분산 값을 이용하여 상가적 유전 분산(σ_a^2)과 잔차 분산(σ_e^2)에 의한 유전력(h^2)은 다음과 같이 계산하였다.

$$h^2 = \frac{\widehat{\sigma}_a^2}{\widehat{\sigma}_a^2 + \widehat{\sigma}_e^2}$$

또한, 집단의 확률 분포에 대한 정규성 검정(normality test)을 위해 SAS package의 univariate procedure (SAS, Cary, NC, USA)를 이용하였으며, 조사된 각 형질의 표현형 상관계수(r_P) 및 유전적 상관계수(r_G)는 다음과 같은 공식을 이용하였다.

$$r_P = \frac{\widehat{COV}_{p(i,j)}}{\sqrt{\sigma^2_{p(i)} \times \sigma^2_{p(j)}}}, (i \neq j), \quad r_G = \frac{\widehat{COV}_{a(i,j)}}{\sqrt{\sigma^2_{a(i)} \times \sigma^2_{a(j)}}}, (i \neq j)$$

여기서, σ_p^2와 σ_a^2는 각각 표현형 분산과 상가적 유전분산이며, $COV_{p(i,j)}$와 $COV_{a(i,j)}$는 각각 i와 j 간의 표현형 공분산 및 유전 공분산이다. 비만도는 다음과 같은 공식으로 계산하였다.

$$\text{비만도(Condition factor)} = \frac{\text{체중(body weight, g)}}{\text{전장(total lenght, cm)}^3} \times 1{,}000$$

결과 및 고찰

본 연구에서 조사된 선발 8세대 넙치 집단의 부화 후 11개월령의 성장형질인 전장, 체중 및 비만도에 대한 성 및 가계 별 분산 분석을 실시한 결과 모든 형질에 있어서 고도의 유의성(P<0.001)이 인정되었다(Table 1).

Table 2에는 각 성장형질에 대한 전체 평균, 표준편차 등 기초 통계량을 표시하였다. 선발 8세대 넙치의 부화 후 11개월령에서 암컷의 전장, 체중 및 비만도의 평균은 각각 41.3 cm, 863.3 g 및 12.2로 조사되었으며, 전장의 최대값과 최소값은 각각 47.0 cm 및 32.5 cm, 체중은 각각 1,290.0 g 및 324.0 g 그리고 비만도의 최대값과 최소값은 각각 18.6 및 9.0으로 조사되었다. 수컷의 전장, 체중 및 비만도의 평균은 각각 39.2 cm, 743.7 g 및 12.3으로 조사되었으며, 전장의 최대값과 최소값은 각각 43.8 cm 및 32.0 cm, 체중은 각각 1,074.0 g 및 387.0 g 그리고 비만도의 최대값과 최소값은 각각 17.9 및 6.0이었다. 분포의 뾰족한 정도를 나타내는 첨도(kurtosis)와 분포의 비대칭 정도를 나타내는 왜도(skewness)는 정규분포의 지표로 사용되며, 첨도와 왜도의 절대값이 각각 7미만과 3미만이면 정규분포에 부합되는 것으로 판단한다(Park et al., 2021). 조사된 각 형질에 대한 첨도와 왜도의 값을 살펴보면 자료의 정규성에 부합하는 것으로 나타났다. 변동 계수(coefficient of variation, CV)는 측정 단위가 다른 자료들의 상대적인 변동성을 비교하는 데 이용되며, 값이 작을 수록 평균에 가깝게 분포하고 있다고 판단한다. 본 연구에서 조사된 각 형질의 CV를 살펴보면 암컷과 수컷 모두에서 체중의 CV가 각각 12.7%와 12.5%로의 변동성이 가장 컸고 그 다음으로 비만도 및 전장 순으로 조사되었다. 비만도의 변동성이 전장보다 크게 나타난 것은 변동성이 큰 체중의 영향을 더 많이 받은 것으로 판단된다.

본 연구에서 조사된 각 성장형질에 대한 성의 효과에 대한 최소제곱평균과 그 표준오차를 Table 3에 표시하였다. 표현형가에 있어서 부화 후 11개월령 전장의 경우 암컷이 41.1 cm로 수컷의 39.1 cm보다 2 cm 더 길었으며, 체중은 암컷이 855.8 g로

Table 1. Source of the variation, degree of freedom, mean square and test of significance for total length, body weight and condition factor

Source	Degree of freedom	Total length	Body weight	Condition factor
Sex	1	7,411.591220*	24,521,462.32*	8.821431*
Family	216	19.287936*	95,550.33*	6.691506*
Error	7,507	1.82730	7,864.6	0.437216

*High significance (P<0.001).

Table 2. Overall means, standard deviations (STD), standard errors (STE) and coefficient of variation (CV) for growth traits

Item	Female (N=3,961)			Male (N=3,547)			Both (N=7,508)		
	TL (cm)	BW (g)	CF	TL (cm)	BW (g)	CF	TL (cm)	BW (g)	CF
Mean	41.3	863.3	12.2	39.2	743.7	12.3	40.3	806.8	12.3
STD	1.57	109.3	0.79	1.47	93.0	0.78	1.85	118.1	0.79
STE	0.03	1.74	0.01	0.03	1.56	0.01	0.02	1.36	0.01
Max	47.0	1,290.0	18.6	43.8	1,074.0	17.9	47.0	1,290.0	18.6
Min	32.5	324.0	9.0	32.0	387.0	6.0	32.0	324.0	6.0
Kurtosis	0.60	0.19	1.69	0.35	0.06	2.67	0.06	-0.01	2.14
Skewness	-0.06	0.15	0.43	-0.13	0.21	0.47	0.00	0.28	0.45
CV (%)	3.8	12.7	6.4	3.8	12.5	6.4	4.6	14.6	6.4

TL, Total length; BW, Body weight; CF, Condition factor.

Table 3. Least-square means and standard errors of growth traits by sex

Sex	Phenotypic value			Breeding value		
	TL (cm)	BW (g)	CF	TL (cm)	BW (g)	CF
Female	41.1^{a}±0.03	855.8^{a}±2.34	12.2^{b}±0.01	2.53^{a}±0.01	107.9^{a}±0.54	0.16^{b}±0.01
Male	39.1^{b}±0.03	736.7^{b}±2.40	12.3^{a}±0.01	2.49^{b}±0.01	96.6^{b}±0.55	0.17^{a}±0.01

TL, Total length; BW, Body weight; CF, Condition factor. ^{a,b}Means in the same column with different letter are statistically significant at 5% level of significance.

수컷의 736.7 g보다 119.1 g 더 무겁게 나타났다. 반면, 비만도의 경우 암컷과 수컷 간에 유의적인 차이가 크지 않았다. 추정된 각 형질의 육종가에 있어서 전장의 경우 암컷이 2.53 cm로 수컷의 2.49 cm보다 0.04 cm 더 높았으며, 체중의 경우 암컷이 107.9 g으로 수컷의 96.6 g보다 11.3 g 더 높게 조사되었다. 이처럼 성이 성장형질에 미치는 영향을 살펴본 결과 모든 형질에 있어서 통계적으로 유의한 차이를 보였다. Kim et al. (2011)은 선발 육종을 위해 생산한 넙치 기초 집단의 부화 후 11개월령에서 암컷의 전장과 체중이 수컷보다 각각 2.8%와 9.1% 유의적으로 높았다고 보고한 바 있으며, Park et al. (2021)은 선발 7세대 넙치의 부화 후 11개월령에서 전장의 경우 암컷이 수컷보다 1.5 cm 더 길었으며, 체중은 암컷이 수컷보다 62.1 g 더 무겁다고 보고하여 본 연구결과와 유사하였다.

Table 4에는 본 연구에서 조사된 선발 8세대 넙치의 부화 후 11개월령에서 친자가 확인된 가계별 평균 근친 계수, 성장형질 측정치와 추정된 육종가의 평균을 표시하였다. 친자확인 된 217개의 모든 가계를 모두 표시할 수 없어서 체중의 육종가 기준 상위 5개 가계 및 하위 5 가계만 나타내었다. 체중의 육종가 기준으로 F-129번 가계가 가장 우수하였으며, F-208번 가계가 가장 낮게 나타나 전장, 체중 및 비만도에 있어서 가계 별로 다양한 변이를 나타내었다(Table 4, Fig. 1). 전체 가계의 평균 근친 계수는 0.15% 수준으로 매우 낮게 조사되었는데, 학계에서는 일반적으로 근친 계수가 12.5% 이상인 경우 근친으로 간주한다. 본 연구에서 조사된 선발 8세대 넙치 집단의 낮은 근친도 결과는 선발 육종에 있어서 세대 간의 유전적 다양성 유지를 위한 철저한 계획 교배에 의한 결과라 사료된다.

Table 5에는 가계 간의 성장형질 비교를 위해 상위 3가계(F-008, F-129, F-146), 중위 3가계(F-063, F-066, F-095) 및 하

Table 4. Phenotypic and breeding value for growth traits by family

Family	INB	Phenotypic value (means)			Breeding value (means)			Rank
		TL (cm)	BW (g)	CF	TL (cm)	BW (g)	CF	
F-129	0.0000	41.3	943.5	13.4	3.43	233.3	1.24	1
F-008	0.0013	42.4	943.4	12.3	4.00	212.1	0.27	2
F-073	0.0016	41.8	930.0	12.7	3.64	203.7	0.59	3
F-146	0.0009	42.2	916.2	12.1	4.08	197.1	0.08	4
F-206	0.0017	41.7	903.3	12.4	3.72	190.2	0.32	5
…	…	…	…	…	…	…	…	…
F-169	0.0019	35.8	550.0	12.0	0.96	8.9	-0.03	213
F-160	0.0016	38.0	696.0	12.6	0.43	4.6	0.56	214
F-110	0.0023	38.5	664.6	11.6	1.31	2.7	-0.37	215
F-108	0.0007	39.0	695.9	11.7	1.31	2.2	-0.35	216
F-208	0.0007	37.1	656.2	12.9	0.26	-10.6	0.44	217

INB, Inbreeding coefficient; TL, Total length; BW, Body weight; CF, Condition factor.

Table 5. Least-square means and standard errors of growth traits by family

Family	Phenotypic value			Breeding value		
	TL (cm)	BW (g)	CF	TL (cm)	BW (g)	CF
F-008	42.3^{a}±0.2	943.4^{a}±18.9	12.3^{cd}±0.1	4.0^{a}±0.05	212.1^{b}±3.8	0.3^{d}±0.03
F-063	39.7^{c}±0.2	793.9^{b}±16.5	12.5^{bc}±0.1	2.2^{d}±0.04	100.3^{d}±3.3	0.5^{c}±0.03
F-066	39.7^{cd}±0.2	798.5^{b}±13.2	12.7^{b}±0.1	1.9^{e}±0.03	98.0^{d}±2.7	0.9^{b}±0.02
F-095	40.8^{b}±0.2	802.8^{b}±14.6	11.7^{e}±0.1	2.9^{c}±0.04	97.7^{d}±2.9	-0.3^{f}±0.03
F-108	39.0^{de}±0.2	695.9^{c}±14.3	11.6^{e}±0.1	1.3^{f}±0.04	2.2^{e}±2.9	-0.4^{f}±0.03
F-110	38.4^{ef}±0.3	664.6^{c}±25.1	11.5^{e}±0.2	1.3^{f}±0.07	2.7^{e}±5.0	-0.4^{f}±0.04
F-129	41.3^{b}±0.1	943.5^{a}±12.5	13.3^{a}±0.1	3.4^{b}±0.03	233.3^{a}±2.5	1.2^{a}±0.02
F-146	42.2^{a}±0.2	916.1^{a}±14.3	12.1^{d}±0.1	4.1^{a}±0.04	197.2^{c}±2.9	0.1^{e}±0.03
F-160	38.0^{f}±0.1	695.9^{c}±11.2	12.6^{b}±0.1	0.4^{g}±0.03	4.6^{e}±2.3	0.6^{bc}±0.02

TL, Total length; BW, Body weight; CF, Condition factor. $^{a-f}$Means in the same column with different letter are statistically significant at 5% level of significance

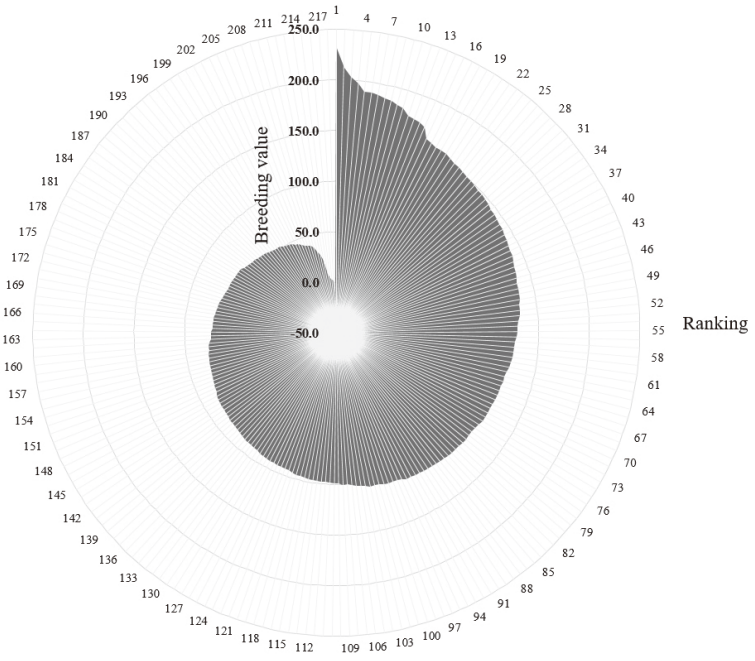

Fig. 1. Family ranking by breeding value of body weight.

위 3가계(F-108, F-110, F-160)를 선정하였다. 조사된 각 성장형질에 대한 가계 별 차이를 살펴보면 전장의 경우 F-008번과 F-146번 가계가 각각 42.3 cm와 42.2 cm로 가장 높게 나타났고, F-110번과 F-160번 가계가 각각 38.4 cm와 38.0 cm로 가장 낮았다. 체중의 경우 F-008번과 F-129번 가계가 각각 943.4 g와 943.5 g로 가장 높았으며, F-108번과 F-110번 가계가 각각 695.9 g와 664.6 g로 가장 낮게 조사되었다. 추정된 육종가의 경우 각 가계 별 표현형가에 비례하여 표현형가 높은 가계가 육종가 평균도 높게 나타났다. 이처럼 조사된 각 성장형질에 있어서 가계 간의 성장형질에 대한 다양한 변이가 존재하였고 가계 별로 유의적인 차이를 보여 친어 선발 시 가계 간의 특성을 적절히 고려해야 할 것으로 사료된다.

Table 6에는 선발 8세대 넙치 집단의 부화 후 11개월령 성장형질에 대한 상가적 유전분산, 잔차분산, 공분산 및 유전력을 표시하였다. 전장, 체중 및 비만도의 상가적 유전분산은 각각 1.860, 3289.0 및 0.305로 추정되었으며, 잔차분산은 각각 2.026, 3904.0 및 0.349로 추정되었다. 전장과 체중의 유전공분산은 70.5, 전장과 비만도의 유전공분산은 0.086 그리고 체중과 비만도의 유전공분산은 13.79로 추정되었으며, 전장과 체중의 잔차공분산은 79.56, 전장과 비만도의 잔차공분산은 -0.011 그리고 체중과 비만도의 잔차공분산은 12.57로 추정되어 전장보다는 체중이 비만도에 더 영향을 미치는 것으로 나타났다. 조사된 성장형질에 대한 유전력은 전장이 0.479, 체중이 0.457 그리고 비만도가 0.466으로 높은 유전력을 보였다. 넙치의 성장형질에 있어서 본 연구와 비슷한 연구결과들을 살펴보면 Kim et al. (2008)은 부화 후 180일령 넙치의 전장과 체중의 유전력을 각각 0.590과 0.564로 보고하였고, Kim et al. (2011)은 부화 후 11개월령 넙치의 전장과 체중의 유전력을 각각 0.753 및 0.754를 보고하였다. 또한 Park et al. (2021)은 넙치의 부화 후 11개월령에서 전장과 체중의 유전력이 각각 0.435와 0.428로 보고하였다. Tian et al. (2011)의 경우 부화 후 8개월령 넙치에 있어서 전장과 체중의 유전력을 각각 0.40과 0.48로 보고하였고, Liu et al. (2011)는 부화 후 12개월령 넙치의 전장과 체중의 유전력을 각각 0.47 및 0.63으로 높은 유전력을 보고 하였으며, 또한 Li et al. (2018)는 넙치의 전장과 체중의 유전력을 각각 0.41 및 0.74로 보고하였다.

Table 6. Heritability, additive genetic variance and residual variance[1] of growth traits

Items		TL	BW	CF
Genetic variance	TL	1.860	70.50	0.086
	BW		3,2891.0	13.79
	CF			0.305
Residual variance	TL	2.026	79.56	-0.011
	BW		3,904.0	12.57
	CF			0.349
Heritability		0.479	0.457	0.466

[1]Genetic and residual covariance are above diagonal and genetic and residual variance are diagonal. TL, Total length; BW, Body weight; CF, Condition factor.

Table 7. Phenotypic and genetic correlations[1] among growth traits

Item		Pearson correlation			Spearman correlation		
		TL	BW	CF	TL	BW	CF
Female	TL		0.811	-0.105		0.806	-0.112
	BW	0.865		0.487	0.859		0.455
	CF	-0.060	0.440		-0.040	0.437	
Male	TL		0.822	-0.043		0.828	-0.053
	BW	0.862		0.527	0.858		
	CF	-0.071	0.438		-0.037	0.437	0.476
Both	TL		0.815	-0.076		0.815	-0.084
	BW	0.900		0.498	0.898		0.460
	CF	-0.083	0.351		-0.057	0.350	

[1]Genetic correlations are above diagonal and phenotypic correlations are below diagonal. TL, Total length; BW, Body weight; CF, Condition factor.

유전력은 전체 분산 중에서 상가적 유전분산이 차지하는 비율 또는 선발차에 의한 유전적 개량량으로 정의 할 수 있다. 유전력의 취할 수 있는 값의 범위는 0과 1사이이며, 유전 효과가 전혀 없을 경우 0이고, 반대로 환경 효과 없이 유전 효과만으로 표현형이 나타날 경우 1의 값을 가지게 된다. 그러나 성장형질과 같은 양적 형질의 유전력은 0과 1의 값을 갖기 보다는 통상적으로 이 범위 내의 값을 취한다. 유전력이 0–0.2의 범위는 저도의 유전력, 0.4 이상이면 고도의 유전력이라고 한다. 유전모수와 유전력은 시대, 품종, 집단, 형질 사육환경 그리고 추정 방법에 의해 다양하게 나타나며, 특히 유전력은 높고 낮음에 따라 선발 전략 계획에 중요한 지표가 되는 데, 유전력이 높으면 개체 선발이 효율적이고 반대로 유전력이 낮을 경우 가계 선발이 효율적이다. 이는 유전력이 낮을 경우 개체 간의 능력 차이가 주로 환경요인에 의해 나타나므로 표현형에만 근거하여 정확한 유전자형을 추정하기 어렵기 때문이다(Park et al., 2021). 본 연구에서 조사된 전장, 체중 및 비만도의 유전력은 모두 0.4 이상으로 높은 유전력을 보여 개체 선발이 유리할 것으로 사료되며, 다음 세대의 적정 근친도 유지 및 유전적 다양성 유지를 위해서는 가계의 특성도 적절히 고려해야 할 것이다.

Table 7에는 본 연구에서 조사된 부화 후 11개월령 넙치의 성장형질 간의 표현형 상관계수 및 추정된 육종가를 이용한 유전 상관계수를 나타내었다. 먼저 암컷의 피어슨 단순 상관계수의 경우 전장과 체중의 표현형과 유전 상관계수는 각각 0.865와 0.811로 조사되었고, 스피어만의 순위 상관계수의 경우 각각 0.859와 0.806으로 조사되었다. 수컷의 체중과 비만도의 표현형과 유전 상관은 단순 상관계수가 각각 0.440과 0.487, 순위 상관계수는 각각 0.437과 0.455로 조사되었다. 수컷의 피어슨 단순 상관계수의 경우 전장과 체중의 표현형과 유전 상관계수는 각각 0.862와 0.822로 조사되었고, 스피어만의 순위 상관계수의 경우 각각 0.858와 0.828으로 조사되었다. 수컷의 체중과 비만도의 표현형과 유전 상관에 있어서 단순 상관계수가 각각 0.438과 0.527, 순위 상관계수는 각각 0.437과 0.476으로 조사되었다. 특히 전장과 비만도의 경우 약한 부의 상관관계이고 체중과 비만도는 정의 상관관계를 나타내어 형질 개량 시 이를 적절히 고려해야 할 것이다. 또한, 전장과 체중은 강한 정의 상관관계를 보여 전장 및 체중 중에서 한 형질을 직접 선발함으로써 다른 형질의 간접 선발 효과를 동시에 기대할 수 있을 것으로 사료된다. 국내외 여러 연구자들에 의해 넙치의 성장형질에 대한 상관 관계를 보고하였는데, 특히 전장과 체중의 표현형 및 유전 상관관계가 강한 정의 상관관계를 가진다고 보고하여 본 연구와 일치하였다(Kim et al., 2008; Kim et al., 2011; Tian et al., 2011; Li et al., 2018; Park et al., 2021).

Table 8에는 본 연구에서 조사된 넙치의 부화 후 11개월령의 성장형질인 전장, 체중 및 비만도에 대한 표현형가와 추정된 육종가를 이용하여 피어슨의 단순 상관계수와 스피어만의 순위 상관계수를 표시하였다. 먼저 암컷에 있어서 전장, 체중 및 비만도의 표현형가와 육종가의 단순 상관계수는 각각 0.759, 0.797 및 0.844로 나타났고, 순위 상관계수는 각각 0.746, 0.784 및 0.845로 나타났다. 수컷의 경우 전장, 체중 및 비만도의 표현형가와 육종가의 단순 상관계수는 각각 0.787, 0.799 및 0.852로 나타났고, 순위 상관계수는 각각 0.782, 0.786 및 0.852로 나

Table 8. Correlation between phenotypic and breeding value for growth traits

Sex	Pearson correlation[1]			Spearman correlation[2]		
	TL (cm)	BW (g)	CF	TL (cm)	BW (g)	CF
Female	0.759	0.797	0.844	0.746	0.784	0.845
Male	0.787	0.799	0.852	0.782	0.786	0.852
Both	0.770	0.781	0.847	0.754	0.773	0.848

[1]Pearson correlations are below diagonal. [2]Spearman correlations are above diagonal. TL, Total length; BW, Body weight; CF, Condition factor.

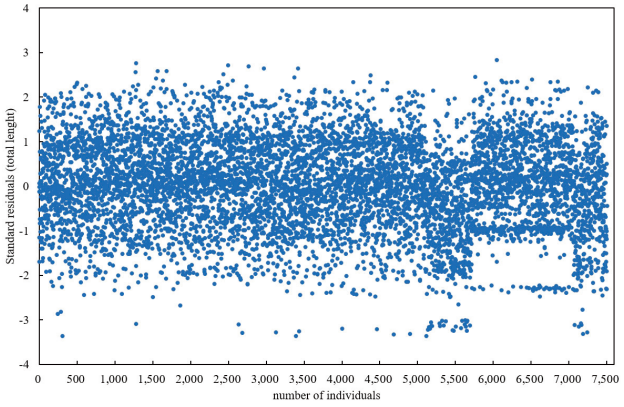

Fig. 2. Standard residuals by regression of phenotypic and breeding values of total length.

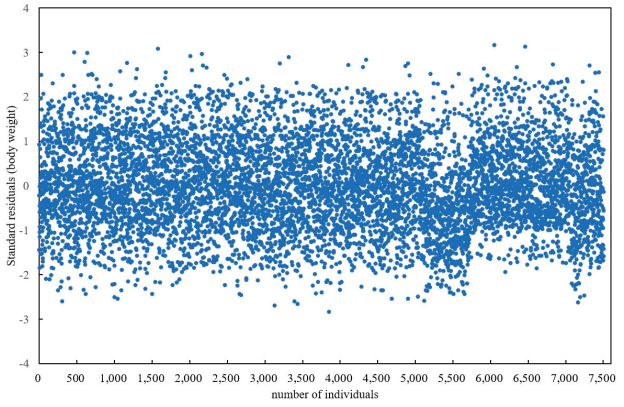

Fig. 3. Standard residuals by regression of phenotypic and breeding values of body weight.

타났다. 암컷과 수컷을 통합하였을 때에는 전장, 체중 및 비만도의 단순 상관계수는 각각 0.770, 0.781 및 0.847로 나타났고, 순위 상관계수는 각각 0.754, 0.773 및 0.848로 조사되었다. 특히, 체중의 표현형가와 육종가의 상관계수가 전장의 표현형가와 육종가의 상관계수보다 약간 높게 나타난 것은 친어 선발 시 체중의 가중치를 더 높게 두었기 때문으로 사료된다. 이처럼 성장형질의 표현형가와 육종가의 상관계수로 선발의 정확도를 추정할 수 있는데 본 연구에서는 약 80% 내외의 정확도를 보여 혈통을 기반으로 하는 선발 육종이 체계적으로 추진되고 있다고 판단된다.

성장형질에 대한 유전력은 표현형가의 변화 단위 당 기대되는 육종가의 변화로도 정의할 수 있으며, 표현형가에 대한 육종가의 회귀로 추정할 수 있다. 본 연구에서는 전장의 표현형가와 육종가의 상관관계에 있어서 육종가를 종속변수로 하여 표현형가에 회귀시켜 실제 관측치와 예측치의 잔차를 이용하여 표준잔차를 계산하였다. 표준 잔차의 평균이 0이고 분산이 1로 나타나 표현형가와 육종가의 추정된 회귀모형은 적절한 것으로 판단되며, 표준 잔차의 약 95%가 절대값 2 사이에 위치하고 있고, 99.7%가 절대값 3 사이에 위치하고 있어 오차에 대한 정규성도 인정되었다(Fig. 2, Fig. 3).

선발 육종은 수산동물에 있어서 가장 효과적인 육종 방법이며 실질적인 유전적 개량을 통해 표형형가와 육종가의 상관관계를 높이는 것이다. 이를 위해서는 선발 시기, 선발 방법 및 교배 방법뿐만 아니라 유전모수와 육종가를 정확하게 분석하여 선발과 교배에 적절히 이용하는 것이 중요하다. 두 가지 이상의 형질에 대해 선발하려면 형질 간의 유전 상관 및 표현형 상관을 알아야 하며, 특히 선발에 따른 기대 반응을 추정할 때에도 유전적인 상관관계는 필요하다. 따라서 본 연구의 결과와 같이 다음 세대 생산을 위한 친어 선발의 정확성을 높이기 위해서는 각 형질에 영향을 미치는 성과 가계의 특성 파악이 필요하며, 더불어 개량하고자 하는 형질 간의 표현형 및 유전적인 상관관계도 선발 육종에 적절히 이용한다면 보다 효과적인 개량을 기대할 수 있을 것으로 사료된다.

사 사

본 연구는 2022년도 해양수산부 국립수산과학원 수산과학연구사업(양식생물 육종품종 개발 및 산업화, R2022001)의 지원에 의해 수행되었습니다.

References

Baoqing Y, Ziyi W, Le W, Hongyan P, Yanfei W, Huliming L, Bing L, Huan SL, Junhui J and Genhua Y. 2017. Heritability of growth traits in the Asian seabass *Lates calcarifer*. Aquac Fish 2, 112-118. https://doi.org/10.1016/j.aaf.2017.06.001.

Carvalho GR and Hauser L. 1994. Molecular genetics and the stock concept in fisheries. Rev Fish Biol Fish 4, 326-350. https://doi.org/10.1007/BF00042908.

Choe MK, Yang SG, Won SH, Park CJ, Han SJ and Yeo IK. 2009. Estimation of genetic parameters for growth-related traits in 9-month old of two Korean abalone subspecies *Haliotis discus hanni* and *H. discus discus*, by using multiple traits of animal model. Korean J Fish Aquat Sci 42, 591-599. https://doi.org/10.5657/kfas.2009.42.6.591.

Gjerde B, Terjesen BF, Barr Y, Lein I and Thorland I. 2004. Genetic variation for juvenile growth and survival in Atlantic cod *Gadus morhua*. Aquaculture 236, 167-177. https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2004.03.004.

Groeneveld E and Kovac M. 1990. A note on multiple solutions in multivariate restricted maximum likelihood covariance component estimation. J Dairy Sci 73, 2221-2229. https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(90)78902-3.

Hwang JW and Myeong JI. 2010. An economic effect of the selective breeding program on the oliver flounder aquaculture. J Fish Bus Adm 41, 113-128.

Henderson CR and Quass RL. 1976. Multiple trait evaluation using relative's record. J Anim Sci 43, 1188-1197. https://doi.org/10.2527/jas1976.4361188x.

Kim HC, Noh JK, Lee JH, Kim JH, Park CJ, Kang JH, Kim KK, Lee JG and Myeong JI. 2008. Estimation of genetic parameters and reproductivity test of genetic evaluation for growth-related traits of olive flounder *Paralichthys olivaceus* at 180 days of age. J Aquaculture 21, 317-324.

Kim HC, Noh JK, Lee JH, Park CJ, Min BH, Kim KK, Kim JH, Lee JG and Myeong JI. 2011. Estimation of genetic parameters of growth-related traits from 11-month-old olive flounder *Paralichthys olivaceus* base population in which wild flounder broodstocks were tntroduced. J Anim Sci Technol 53, 99-106. https://doi.org/10.5187/JAST.2011.53.2.99.

Liu YX, Wang GX, Wang YF, Si F, Sun ZH, Zhang XY, Wang JD and Liu HJ. 2011. Estimation of genetic parameters for growth traits of Japanese flounder *Paralichthys olivaceus* using an animal model. Fish Sci 77, 87-93. https://doi.org/10.1007/s12562-010-0311-x.

Li Y, Zhang B, Lu S, Tian Y, Yang Y and Chen S. 2018. Genetic parameters estimates for growth performance traits at harvest in Japanese flounder *Paralichthys olivaceus*. Aquaculture 489, 56-61. https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2018.01.010.

Lucas T, Macbeth M, Degnan SM, Knibb W and Degnan BM. 2006. Heritability estimates for growth in the tropical abalone *Haliotis asinina* using microsatellites to assign parentage. Aquaculture 259, 146-152. https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2006.05.039.

Mathilde DN, Marc V, Alain V, Olivier M, Pierrick H, Herve C and Beatrice C. 2007. Heritabilities and GxE interactions for growth in the European sea bass (*Dicentrarchus labrax* L.) using a marker-based pedigree. Aquaculture 275, 81-87. https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2007.12.032.

Misztal I. 1990. Restricted maximum likelihood estimation of variance components in animal model using sparse matrix inversion and a supercomputer. J Dairy Sci 73, 163-172. https://doi.org/10.3186/jds.S0022-0302(90)78660-2.

NFRDI (National Fisheries Research and Development Institute). 2006. Standard Manual of Olive Flounder Culture. Haein, Busan, Korea.

Park JW, Lee DI, Jung HS, Kim JL, Yang HR and Lee JH. 2021. Estimation of genetic parameters and improvements for growth traits of selected olive flounder *Paralichthys olivaceus*. Korean J Fish Aquat Sci 54, 974-981. https://doi.org/10.5657/KFAS.2021.0974.

Park JW, Park CJ, Lee JH, Noh JK, Kim HC, Hwang IJ and Kim SY. 2013. Estimation of family variation and genetic parameter for growth traits of Pacific abalone *Haliotis discus hannai* on the 3th generation of selection. Korean J Malacol 29, 325-334. https://doi.org/10.9710/kjm.2013.29.4.325.

Tian Y, Xu T, Liang Y and Chen S. 2011. Estimates of genetic and phenotypic parameters for weight and length in *paralichthys olivaceus* (Temmink et Schlegel). Acta Oceanol Sin 30, 58-64. https://doi.org/10.1007/s13131-011-0161-0.

Zheng H, Zhang G, Liu X and Guo X. 2006. Sustained response to selection in an introduced population of the hermaphroditic bay scallop *Argopecten irradians* irradiansLamarck (1819). Aquaculture 255, 579-585. https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2005.11.037.