

## 국내 품종 재래돼지 산자수에 대한 근친퇴화 효과

김영신, 조규호, 이미진, 김정아, 조은석\*, 홍준기  
농촌진흥청 국립축산과학원

### Effects of inbreeding depression on litter size of Korean native pig

Young-Sin Kim, Kyu-Ho Cho, Mi-Jin Lee, Jeong-A Kim, Eun-Seok Cho\*, Joon-Ki Hong  
National Institute of Animal Science, Rural Development Administration

**요약** 근친에 따른 개체의 능력저하 현상은 다양한 식물과 동물에서 밝혀져 왔다. 재래돼지는 국내 유일 품종이며 소규모 집단으로 유지되고 있어 국가차원에서 중요한 유전자원이다. 본 연구의 목적은 총산자수와 생존산자수에 대한 근교계수, 유전모수 및 근친퇴화 효과를 분석하는 것이다. 국립축산과학원에서 보유한 재래돼지 혈통 2,806두와 483개(1~5산차)의 번식성적을 보유한 모든 303두의 자료를 활용하였다. 각 형질에 대한 유전모수 추정 후 혼합모형으로 근교계수에 대한 근친퇴화 효과를 분석하였다. 유전모수 추정결과, 총산자수와 생존산자수는 고도의 유전력을 유지하였다. 근교계수는 1998년에서 2017~2018년까지 꾸준히 증가하였으나, 각 형질에 대해 1998년 대비 2017~2018년의 능력감소는 확인되지 않았다. 근교계수 증가에 따라 총산자수의 유의적인 근친퇴화( $p=0.03$ )가 확인되었지만, 생존산자수에서는 유의적인 근친퇴화가 없었다( $p=0.41$ ). 또한 두 형질 모두 근교계수와 육종가의 긍정적 상호작용이 확인되었다( $p<0.05$ ). 본 연구 결과, 재래돼지 산자수에 대한 근친퇴화 효과가 일부 확인되었지만, 세대가 지남에 따라 명확한 표현형 감소는 확인되지 않았다. 이는 현재까지 높은 유전효과로 근친퇴화를 극복할 수 있음을 시사한다.

**Abstract** The reduction in performance due to inbreeding (i.e. inbreeding depression) has long been documented in plant and animal populations. The population of Korean native pigs are small and this breed is valuable in Korea.. This study was aimed to investigate effects of inbreeding depression on total number of piglets born (TNB) and number of piglets born alive (NBA) in Korean native pigs. We used 2,806 pedigree and 303 sows's data with 483 phenotypic records. After estimating genetic parameters for each traits, inbreeding depression was estimated using a mixed model in which the inbreeding coefficient was included as a covariate. Korean native pigs had high heritability for each traits. Inbreeding coefficient constantly increased from 1998 to 2017~2018 but there is no reduction for each traits in 2017~2018 in compared with those in 1998. Significant inbreeding depression was detected for TNB ( $p=0.03$ ) but not for NBA ( $p=0.41$ ). In addition there are significantly positive interactions between inbreeding coefficient and breeding value for both traits ( $p<0.05$ ). These results suggest that Korean native pigs are still having genetic variation for TNB and NBA, which could overcome reproductive risks from inbreeding coefficient increase.

**Keywords** : Korean Native Pigs, Inbreeding Depression, Total Number of Piglets Born, Number of Piglets Born Alive, Litter Size

본 논문은 농촌진흥청 공동연구사업(과제번호: PJ01263601)의 지원에 의해 이루어진 것임.

\*Corresponding Author : Eun-Seok Cho(National Institute of Animal Science)

Tel: +82-41-580-3458 email: john8604@korea.kr

Received April 18, 2019

Revised May 27, 2019

Accepted June 7, 2019

Published June 30, 2019

## 1. 서론

재래돼지(Korean native pigs)는 국내 유일한 흑돼지 품종으로 2천 년 전 중국 북방을 거쳐 국내에 정착한 것으로 추정하고 있다[1]. 다양한 개량 품종 돼지가 국내로 유입되면서 재래돼지는 1980년대 멸종위기에 놓였지만, 1988년 국립축산과학원에서 국내 재래돼지를 수집하고 기초 집단을 조성하였다[2]. 재래돼지는 개량품종에 비해 생산성이 낮지만[1], 육색, 연도 등 육질이 우수한 특성을 가지고 있다[3-4].

국립축산과학원에서 보유한 재래돼지의 집단 규모는 모돈 100두 이하로 매우 작기 때문에 능력 개량보다는 근친수준을 최소화 시키는 방향으로 선발과 교배를 하고 있다.

하지만 재래돼지의 경우 사육농장 또는 기관이 한정되어 있고, 현재까지는 사육 농가별 또는 기관별 유전적 교류가 거의 없다. 재래돼지와 같이 유전적 교류가 없는 폐쇄 집단은 장기적으로 근친교배로 근친퇴화 문제가 발생할 수 있다. 근친퇴화는 일반적으로 특정형질에 대한 근교계수의 회귀 값으로 추정하며, 근교계수(Inbreeding coefficient)는 조상으로부터 동일한 복제유전자를 전달 받을 확률로 계산한다[5].

집단의 근교계수의 상승은 유전적 다양성, 번식능력 및 생리학적 효율성이 감소된다[6-7]. 스페인의 이베리안 품종 중에 하나인 Guadyerbas 계통은 근교계수 상승과 함께 심각한 멸종위기에 놓여 있으며, 이를 극복하기 위해 최적교배 방법, 정확한 근교계수 추정 등 유전적 다양성 연구를 꾸준히 추진하고 있다[5:8-12]. 특히 이베리안 품종의 총산자수와 생존산자수에서 근교계수 상승에 따른 근친퇴화가 발생하여[11], 다른 형질보다 번식성적이 근친퇴화의 직접적 영향을 받을 수 있음을 시사한다. 따라서 이베리안 품종과 같이 우리나라 품종인 재래돼지의 유전적 다양성 확보를 위한 다각적인 연구가 필요하다.

본 연구의 목적은 재래돼지 번식능력의 유전특성을 구명하고 근교계수 변화가 번식능력에 미치는 영향을 조사하는 것이다. 이를 위해 재래돼지의 총산자수, 생존산자수에 대한 유전모수를 추정하고 근교계수에 대한 근친퇴화 효과를 분석하였다.

## 2. 재료 및 방법

### 2.1 혈통 및 번식자료

국립축산과학원에서 보유한 재래돼지 1991년부터 2018년까지 혈통 2,806두와 1998년부터 2018년까지 483개(1~5산차)의 번식성적을 보유한 모돈 303두의 자료를 활용하였다. 일반적으로 484일령 모돈에 개별스톨에서 인공수정 교배를 하여, 모돈 평균 분만일령은 599일령이다.

표현형은 모돈이 분만한 산자수인 총산자수(TNB : total number of piglets born)와 총산자수에서 사산개체를 제외한 생존산자수(NBA : number of piglets born alive)가 있다.

### 2.2 근교계수 및 유전모수 추정

근교계수를 포함한 혈통구조는 CFC v1.0 프로그램 [13]으로 분석하였다(Table 1).

Table 1. Pedigree structure and Inbreeding coefficients (*F*) in Korea native pigs

Item	Value
Birth year	1991-2018
Number of founders	63
Number of individuals	2,806
Longest ancestral path	17
Family (Full-sib groups) size	2-18
<i>F</i> mean (range)	0.125 (0.007-0.366)

유전분산과 공분산은 깁스샘플링(Gibbs sampling)을 활용한 베이저안 추론으로 GIBBS2F90 [14] 프로그램을 활용하였다. 깁스샘플러는 50,000번 수행, 매 10회 단위샘플을 활용하고 처음 10,000번은 burn-in으로 간주하고 활용하지 않았다. 최종적으로 4,000개의 샘플로 POSTGIBBSF90 [14] 프로그램을 활용하여 사후분석을 하였다. 분석 모델은 아래와 같다.

$$y = Xb + Za + Ul + e$$

$y$ 는 총산자수 또는 생존산자수,  $b$ 는 고정효과로 산차와 분만년도-계절,  $a$ 는 임의 유전효과인 육종가(유전적 능력),  $l$ 은 모돈의 영구 환경효과  $e$ 는 잔차 효과이다.  $X$ ,  $Z$ ,  $U$  각각의 효과에 상응하는 입사행렬이다. 총산자수( $a_{TNB}$ )와 생존산자수( $a_{NBA}$ )의 유전효과는 아래와 같은 다변량 정규분포(MVN : multivariate normal distribution)를 따른다.

$$\begin{bmatrix} a_{TNB} \\ a_{NBA} \end{bmatrix} \sim MVN(0, C \otimes A)$$

C는  $a_{TNB}$ 과  $a_{NBA}$ 의 분산-공분산 행렬이며, A는 개체 사이의 혈연관계를 나타내는 혈연계수 행렬이다.  $\otimes$ 는 두 행렬의 크로네커 곱(Kronecker product)이다. 표현형 분산은 유전분산, 모든 환경효과 및 잔차의 합으로 계산하고 유전력은 유전분산에서 표현형 분산을 나눈 값으로 계산하였다.

### 2.3 근친퇴화 분석

형질별 근친퇴화 효과는 R 프로그램(ver. 3.5.2)의 lme4 패키지[15]를 활용하여 혼합모형으로 분석하였다. 각 변식형질에 대해 고정효과(산차와 분만년도-계절), 공변량(육종가, 근교계수 및 상호작용), 임의효과(모든 환경효과) 포함하였다.

## 3. 결과

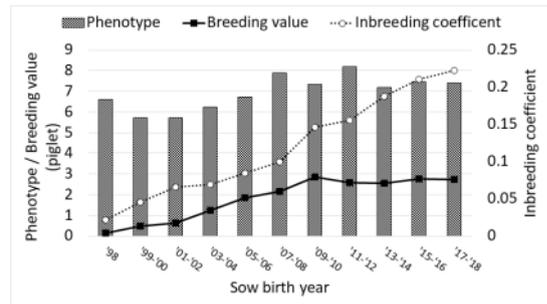
유전모수 추정결과, 총산자수와 생존산자수의 유전력은 각각  $0.40 \pm 0.07$ 과  $0.47 \pm 0.07$ 로 조사되었다. 총산자수와 생존산자수의 유전상관은  $0.99 \pm 0.01$ 이며, 표현형 상관은  $0.83 \pm 0.02$ 로 조사되었다(Table 2).

Table 2. Genetic parameters<sup>1</sup> (standard deviation) for total number of piglets born (TNB) and number of piglets born alive (NBA) in Korean native pigs

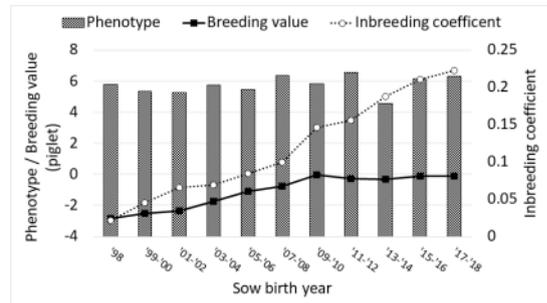
Trait	TNB	NBA
TNB	0.40 (0.07)	0.99 (0.01)
NBA	0.83 (0.02)	0.47 (0.07)

<sup>1</sup>Heritability is diagonal; genetic correlation is above of diagonal; phenotypic correlation is below of diagonal.

각 형질별 표현형, 육종가, 근교계수 변화를 Figure 1에 나타내었다. 근교계수는 1998년 0.02에서 2017~2018년 0.22로 꾸준히 증가하였다. 총산자수 표현형은 1998년 6.6두에서 2017~2018년 7.4두로, 육종가는 1998년 0.2두에서 2017~2018년 2.7두로 조사되었다. 특히 총산자수의 육종가는 1998년부터 2009~2010까지 꾸준히 증가하다가 이후로는 정체되는 경향으로 조사되었다. 생존산자수 표현형은 1998년 5.8두에서 2017~2018년 6.3두로, 육종가는 1998년 -2.9두에서 2017~2018년 2.2두로 조사되었다. 생존산자수의 육종가 역시 총산자수와 유사한 변화추세를 나타내었다.



(Total number of piglets born)



(Number of piglets born alive)

Fig. 1. Inbreeding coefficients, phenotypic and genetic trend per 2 years in Korean native pigs

근교계수 10% 단위 증가에 따른 총산자수의 근친퇴화 회귀추정 값은  $-0.50 \pm 0.24$  ( $p=0.03$ )이며 생존산자수의 근친퇴화 회귀추정 값은  $0.15 \pm 0.18$  ( $p=0.41$ )로 총산자수에서 유의적인 근친퇴화 효과가 조사되었다(Table 3). 총산자수와 생존산자수에 대한 육종가의 회귀추정 값은 각각  $1.49 \pm 0.10$ 와  $1.51 \pm 0.08$ 로 조사되었다( $p < 0.001$ ). 또한 각 형질에 대한 근교계수와 육종가의 유의적인 상호작용이 확인되었다( $p < 0.05$ ).

Table 3. Estimates of inbreeding depression for total number of piglets born (TNB) and number of piglets born alive (NBA) in Korean native pigs

Trait	Effect <sup>1</sup>	Estimate	standard error	p value
TNB	F	-0.51	0.24	0.034
	BV	1.49	0.10	<0.001
	F×BV	0.27	0.09	0.002
NBA	F	0.15	0.18	0.412
	BV	1.51	0.08	<0.001
	F×BV	0.19	0.07	0.006

<sup>1</sup>BV, breeding value; F, inbreeding coefficients; results are expressed as the change in phenotypic mean per 10% increase in F

## 4. 고찰

재래돼지 품종의 산자수에 대한 유전모수를 추정하는 연구는 본 연구가 최초이다. 재래돼지 품종에서 총산자수와 생존산자수의 유전력은 각각 0.40과 0.47로 조사되었다(Table 2). 일반적으로 번식형질의 유전력은 낮고 특히 산자수 관련 형질의 유전력은 약 0.1 수준이다[16-19]. 본 연구 결과에 제시되지 않았지만 재래돼지의 총산자수와 생존산자수의 표현형 분산은 각각 7.16과 6.52이며, 총산자수와 생존산자수의 유전분산은 2.98과 3.12이다. 랜드레이스와 요크셔 품종을 분석한 선행연구[18-19]와 비교하면 표현형 분산의 차이는 크지 않지만, 유전분산이 재래돼지가 3배 이상 높다. 폐쇄집단의 유전적 다양성이 낮다는 사실이 일반적이지만[5-6], 국내 재래돼지는 여전히 산자수에 대한 높은 유전분산을 유지하고 있었다. 재래돼지 총산자수와 생존산자수의 유전상관은 0.99로 매우 높았으며(Table 2), 선행연구 역시 0.90 이상으로 본 연구의 결과와 일치한다[19-21].

재래돼지 총산자수에서 근교계수 10% 단위 증가로 유의적인 근친퇴화 효과(-0.51)가 조사되었다(Table 3). 재래돼지 총산자수의 근친퇴화에 대한 회귀추정 값은 선행연구[8, 22]의 추정 값 -0.20보다 2배 이상 높았다. 하지만 본 연구결과에서 생존산자수에 대한 유의적인 근친퇴화가 발생하지 않은 것은 선행연구 결과(-0.20)와 상반된다[8, 22]. 본 연구결과에서 근교계수는 1998년 0.02에서 2018년 0.22로 10배 이상 증가했지만 총산자수와 생존산자수의 표현형과 육종가의 감소는 확인되지 않고, 오히려 약간 증가하였다(Figure 1, 2). 재래돼지는 산자수에 대해 여전히 높은 유전적 다양성을 가지고 있어(Table 2), 육종가의 강한 영향력이 표현형의 근친퇴화를 극복한 것으로 추정된다(Table 3). Table 3에서 근교계수와 육종가의 긍정적 상호작용이 이 추정을 뒷받침한다. 이베리안 품종(Guadyerbas 계통)의 경우 근교계수 평균이 0.39[8]로 재래돼지(0.13)의 약 세 배 수준이다. 따라서 아직까지는 재래돼지의 근교계수 상승이 산자수에 높은 영향을 주지 않은 것으로 사료된다.

비록 세대가 지나면서 재래돼지의 산자수 감소는 명확히 확인되지 않았지만, 근교계수를 낮추기 위한 다양한 방법이 필요하다. 국내 재래돼지를 보존하고 있는 기관은 충북축산위생연구소, 제주도 축산진흥원 등이 있다. 재래돼지 초기 집단 형성 후 현재까지 기관 간 재래돼지의 유전적 교류가 없었지만, 개체 간의 유전적 거리를 고려한 혈연연계가 필요하다. 하지만 기관별 혈통이 별도로 관리

되기 때문에 혈통을 기반으로 기관 간 재래돼지의 근교계수를 추정하기 어렵다. 최근 유전체(SNP : single nucleotide polymorphisms)를 기반으로 한 근교계수 및 근친퇴화 추정 연구가 추진되고 있으며, 유전체 기반은 혈통 기반 추정방식보다 정확도가 높다[7, 23-25]. 유전체 기반으로 정확한 근교계수를 추정하고, 교배 단계에서 부모의 혈연관계를 고려하여 자손의 근교계수를 최소화시켜야 한다. 따라서 향후에는 재래돼지 보존 효율을 높이기 위한 유전체 기반의 집단 다양성 연구가 필요하다.

## 5. 결론

본 연구의 결과를 종합해보면, 재래돼지 총산자수의 근친퇴화 효과가 확인되었지만 생존산자수에는 영향이 없었으며, 세대가 지남에 따라 명확한 표현형 감소는 확인되지 않았다. 이는 현재까지 높은 유전효과로 근친퇴화를 극복할 수 있음을 시사한다. 본 연구 결과는 재래돼지 유전특성을 구명하고 희소자원에 대한 보존 효율을 높이는데 기여할 것으로 사료된다.

## References

- [1] K. S. Kim, C. B. Choi, "Genetic structure of Korean native pig using microsatellite markers", *Korean Journal of Genetics*, vol. 24, no. 1, pp. 1-7. 2002.
- [2] T. H. Kim, K. S. Kim, B. H. Choi, D. H. Yoon, G. W. Jang, K. T. Lee, H. Y. Chung, H. Y. Lee, H. S. Park, J. W. Lee, "Genetic structure of pig breeds from Korea and China using microsatellite loci analysis", *Journal of Animal Science*, vol. 83, no. 10, pp. 2255-2263. 2005.
- [3] I. H. Hwang, B. Y. Park, S. H. Cho, J. H. Kim, Y. S. Choi, J. M. Lee, "Identification of muscle proteins related to objective meat quality in Korean native black pig", *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, vol. 17, no. 11, pp. 1599-1607. 2004. DOI: <https://doi.org/10.5713/ajas.2004.1599>
- [4] D. H. Kim, P. N. Seong, S. H. Cho, J. H. Kim, J. M. Lee, C. Jo, D. G. Lim, "Fatty acid composition and meat quality traits of organically reared Korean native black pigs", *Livestock Science*, vol. 120, no. 1-2, pp. 96-102. 2009. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2008.05.004>
- [5] M. Saura, A. Fernandez, L. Varona, A. I. Fernandez, M. a. R. De Cara, C. Barragan, B. Villanueva, "Detecting inbreeding depression for reproductive traits in Iberian pigs using genome-wide data", *Genetics*

- Selection Evolution, vol. 47, no. 1, pp. 1. 2015.  
DOI: <https://doi.org/10.1186/s12711-014-0081-5>
- [6] A. Mandal, K. P. Pant, P. K. Rout, R. Roy, "Effects of inbreeding on lamb survival in a flock of Muzaffarnagari sheep", *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, vol. 17, no. 5, pp. 594-597. 2004.  
DOI: <https://doi.org/10.5713/ajas.2004.594>
- [7] M. K. Singh, M. Gurnani, "Performance evaluation of Karan Fries and Karan Swiss cattle under closed breeding system", *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, vol. 17, no. 1, pp. 1-6. 2004.  
DOI: <https://doi.org/10.5713/ajas.2004.1>
- [8] M. Saura, A. Fernandez, M. C. Rodriguez, M. A. Toro, C. Barragan, A. I. Fernandez, B. Villanueva, "Genome-wide estimates of coancestry and inbreeding in a closed herd of ancient Iberian pigs", *PLoS One*, vol. 8, no. 10, pp. e78314. 2013.  
DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0078314>
- [9] M. A. Toro, J. Rodriganez, L. Silio, C. Rodriguez, "Genealogical analysis of a closed herd of black hairless Iberian pigs", *Conservation Biology*, vol. 14, no. 6, pp. 1843-1851. 2000.  
DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2000.99322.x>
- [10] A. Fernandez, J. Rodriganez, M. A. Toro, M. C. Rodriguez, L. Silio, "Inbreeding effects on the parameters of the growth function in three strains of Iberian pigs", *Journal of Animal Science*, vol. 80, no. 9, pp. 2267-2275. 2002.
- [11] E. Fabuel, C. Barragan, L. Silio, M. C. Rodriguez, M. A. Toro, "Analysis of genetic diversity and conservation priorities in Iberian pigs based on microsatellite markers", *Heredity (Edinb)*, vol. 93, no. 1, pp. 104-113. 2004.  
DOI: <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800488>
- [12] J. Casellas, N. Ibanez-Escriche, L. Varona, J. P. Rosas, J. L. Noguera, "Inbreeding depression load for litter size in Entrepelado and Retinto Iberian pig varieties", *J Anim Sci*, vol. no. pp. 2019.  
DOI: <https://doi.org/10.1093/ias/skz084>
- [13] M. Sargolzaei, H. Iwaisaki, J. J. P. T. W. C. G. a. L. P. Colleau, Cd-Rom Communication, "CFC: A tool for monitoring genetic diversity", 2006.
- [14] I. Misztal, S. Tsuruta, T. Strabel, B. Auvray, T. Druet, D. Lee, "BLUPF90 and related programs (BGF90)", *Proceedings of the 7th world congress on genetics applied to livestock production*, 2002.
- [15] H. Doran, P. Bliese, D. Bates, M. Dowling, "Estimating the multilevel Rasch model: with the lme4 package", *Journal of Statistical Software*, vol. 20, no. 2, pp. 74. 2007.
- [16] L. H. Damgaard, L. Rydhmer, P. Lovendahl, K. Grandinson, "Genetic parameters for within-litter variation in piglet birth weight and change in within-litter variation during suckling", *J Anim Sci*, vol. 81, no. 3, pp. 604-610. 2003.  
DOI: <https://doi.org/10.2527/2003.813604x>
- [17] J. Farkas, I. Curik, L. Csato, Z. Csoranyi, R. Baumung, I. Nagy, "Bayesian inference of inbreeding effects on litter size and gestation length in Hungarian Landrace and Hungarian Large White pigs", *Livestock Science*, vol. 112, no. 1-2, pp. 109-114. 2007.  
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2007.01.160>
- [18] B. I. Lopez, T. H. Kim, M. T. Makumbe, C. W. Song, K. S. Seo, "Variance components estimation for farrowing traits of three purebred pigs in Korea", *Asian-Australas J Anim Sci*, vol. 30, no. 9, pp. 1239-1244. 2017.  
DOI: <https://doi.org/10.5713/ajas.17.0002>
- [19] S. Ogawa, A. Konta, M. Kimata, K. Ishii, Y. Uemoto, M. Satoh, "Estimation of genetic parameters for farrowing traits in purebred Landrace and Large White pigs", *Anim Sci J*, vol. 90, no. 1, pp. 23-28. 2019.  
DOI: <https://doi.org/10.1111/asi.13120>
- [20] T. Serenius, M. L. Sevon-Aimonen, A. Kause, E. A. Mantysaari, A. Maki-Tanila, "Selection potential of different prolificacy traits in the Finnish landrace and large white populations", *Acta Agriculturae Scandinavica Section a-Animal Science*, vol. 54, no. 1, pp. 36-43. 2004.  
DOI: <https://doi.org/10.1080/09064700310019082>
- [21] R. Roehe, B. W. Kennedy, "Estimation of Genetic-Parameters for Litter Size in Canadian Yorkshire and Landrace Swine with Each Parity of Farrowing Treated as a Different Trait", *Journal of Animal Science*, vol. 73, no. 10, pp. 2959-2970. 1995.
- [22] G. Leroy, "Inbreeding depression in livestock species: review and meta-analysis", *Anim Genet*, vol. 45, no. 5, pp. 618-628. 2014.  
DOI: <https://doi.org/10.1111/age.12178>
- [23] M. C. Keller, P. M. Visscher, M. E. Goddard, "Quantification of Inbreeding Due to Distant Ancestors and Its Detection Using Dense Single Nucleotide Polymorphism Data", *Genetics*, vol. 189, no. 1, pp. 237-U920. 2011.  
DOI: <https://doi.org/10.1534/genetics.111.130922>
- [24] R. Mcquillan, N. Eklund, N. Pirastu, M. Kuningas, B. P. Mcevoy, T. Esko, T. Corre, G. Davies, M. Kaakinen, L. P. Lyytikainen, K. Kristiansson, A. S. Havulinna, M. Gogele, V. Vitart, A. Tenesa, Y. Aulchenko, C. Hayward, A. Johansson, M. Boban, S. Ulivi, A. Robino, V. Boraska, W. Igl, S. H. Wild, L. Zgaga, N. Amin, E. Theodoratou, O. Polasek, G. Grotto, L. M. Lopez, C. Sala, J. Lahti, T. Laatikainen, I. Prokopenko, M. Kals, J. Viikari, J. Yang, A. Pouta, K. Estrada, A. Hofman, N. Freimer, N. G. Martin, M. Kahonen, L. Milani, M. Heliovaara, E. Vartiainen, K. Raikonen, C. Masciullo, J. M. Starr, A. A. Hicks, L. Esposito, I. Kolcic, S. M. Farrington, B. Oostra, T. Zemunik, H. Campbell, M. Kirin, M. Pehlic, F. Faletta, D. Porteous, G. Pistis, E. Widen, V. Salomaa, S. Koskinen, K. Fischer, T. Lehtimaki, A. Heath, M. I. McCarthy, F. Rivadeneira, G. W. Montgomery, H. Tiemeier, A. L. Hartikainen, P. A.

Madden, P. D'adamo, N. D. Hastie, U. Gyllensten, A. F. Wright, C. M. Van Duijn, M. Dunlop, I. Rudan, P. Gasparini, P. P. Pramstaller, I. J. Deary, D. Toniolo, J. G. Eriksson, A. Jula, O. T. Raitakari, A. Metspalu, M. Perola, M. R. Jarvelin, A. Uitterlinden, P. M. Visscher, J. F. Wilson, R. O. Consortium, "Evidence of inbreeding depression on human height", PLoS Genet, vol. 8, no. 7, pp. e1002655. 2012.  
DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1002655>

- [25] D. W. Bjelland, K. A. Weigel, N. Vukasinovic, J. D. Nkrumah, "Evaluation of inbreeding depression in Holstein cattle using whole-genome SNP markers and alternative measures of genomic inbreeding", Journal of Dairy Science, vol. 96, no. 7, pp. 4697-4706. 2013.  
DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2012-6435>

김 영 신(Young-Sin Kim)

[정회원]



- 2009년 2월 : 전남대학교 동물공학과 (농학석사)
- 2012년 8월 : 전남대학교 동물공학과 (농학박사)
- 2012년 8월 ~ 2015년 2월 : 농촌진흥청 국립축산과학원 박사후 연구원
- 2018년 2월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구사

<관심분야>  
가축육종, 유전체학

조 규 호(Kyu-Ho Cho)

[정회원]



- 2000년 2월 : 한경대학교 농과대학 축산학과 (농학석사)
- 2002년 2월 : 한경대학교 농과대학 축산학과 (농학박사)
- 1996년 8월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구관

<관심분야>  
가축육종, 유전체학

이 미 진(Mi-Jin Lee)

[정회원]



- 2013년 2월 : 공주대학교 동물자원학과 (농학학사)
- 2016년 9월 : 충북대학교 축산학과 (농학석사)
- 2017년 3월 ~ 현재 : 충북대학교 축산학과 박사과정

<관심분야>  
가축육종변식, 유전체학

김 정 아(Jeong-A Kim)

[정회원]



- 2016년 2월 : 경남과학기술대학교 동물소재공학과 (농학석사)
- 2019년 2월 : 경남과학기술대학교 동물소재공학과 (농학박사)
- 2019년 2월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 박사 후 연구원

<관심분야>  
가축육종, 유전체학

조 은 석(Eun-Seok Cho)

[정회원]



- 2007년 2월 : 경남과학기술대학교 동물소재공학과 (농학석사)
- 2011년 8월 : 경상대학교 응용생물공학과 (이학박사)
- 2012년 1월 ~ 2015년 6월 : 농촌진흥청 국립축산과학원 박사후 연구원
- 2015년 7월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구사

<관심분야>  
가축육종, 유전체학

홍 준 기(Joon-Ki Hong)

[정회원]



- 2012년 2월 : 충남대학교 농과대학 축산학과 (농학석사)
- 2017년 2월 : 한경대학교 미래기술대학원 동물자원과 (이학박사)
- 2007년 8월 ~ 현재 : 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구사

〈관심분야〉

가축육종, 유전체학