

임의회귀 모형 사용시 마지막 세대의 불완전한 기록이 추정육종가에 미치는 효과

조광현 · 나승환 · 박병호 · 최재관 · 서강석 · 이영창 · 박종대 · 손삼규 · A. J. Salces · 김시동
축산연구소

Effects of Number of Incomplete Data in Latest Generation on the Breeding Value Estimated by Random Regression Model

K. H. Cho, S. H. Na, B. H. Park, J. G. Choi, K. S. Seo, Y. C. Lee, J. D. Park, S. K. Son,
A. J. Salces and K. S. Kim

National Livestock Research Institute, RDA, Korea

ABSTRACT

The data were collected in the dairy herd improvement program from January 2000 to July 2005. Test data included 825,157 records of first parity and animals with both parents known were included. This study aimed to describe the effect of incomplete lactation records of latest generation to the change in sire's breeding value using Random Regression model (RRM) in genetic evaluation. Estimation of genetic parameter and breeding value for sire used REMLF90 and BLUPF90 program. The phenotypic value on the number of test day records between group TD11, TD8, TD5, TD2 showed no large differences. For all the group heritability of test day milk yield range from 0.30 to 0.36. However TD2 group showed low heritability the least test day recode on the latest generation. The correlation of above 50% between test day and TD11(0.610), TD8(0.616), TD5(0.661) and TD2(0.682) with different records in latest generation. Sire's rank of breeding value varied widely depending on the records on the number of lactation from start to the latest generation. Study showed that change in breeding value ranked if daughter's test recode more so it should have at least 5 test day records. The use of RRM in dairy cattle genetic evaluation would be desirable if complete lactation records for latest generation daughters of young bulls when selection for proven bulls. Random Regression model (RRM) require at least 5 test-day lactation recode.

(Key words : Random regression model, Breeding value, Test day records)

I. 서 론

젖소 산유능력검정을 한 이래 검정기록은 계속해서 증가하고 혈통기록관리가 점점 나아지고 있는 현실에서 보다 정확한 유전평가를 위하여 다양한 방법의 모형들이 개발되고 비교가

되어졌다. 현재 우리나라의 유전평가에는 1산차 산유형질에 대한 단형질 평가 방법을 사용하고 있으나, 일반적으로 이런 Lactation 모형보다는 검정일 모형이 우수하다는 것이 알려져 있으며(Schaeffer, 1994), 선진국도 검정일 모형을 적용하는 사례가 늘고 있다(Jamrozik 등, 1997).

Corresponding author : S. Kim, Animal Genetic Improvement Division, National Livestock Research Institute, R.D.A., San 9, Eoryong-ri, Seonghwan-eup, Cheonan-si, Chungnam, 330-801, Rep. of Korea
Tel : 041-580-3359, E-mail : goldstar@rda.go.kr

검정일기록은 1998년부터 본격적으로 수집하기 시작했고 이제 검정일모형을 이용해 평가할 수 있는 단계가 되었다(이 등 2004). Swalve(2000)에 의하면 검정일 모형은 305일 보정에 의한 오차를 줄일 수 있으며, 검정비용을 줄일 수 있으며, 최근의 자료를 이용하여 유전평가를 여러 번 실시함으로써 세대간격을 단축시키고 비유지속성 등 다양한 효과를 유연하게 분석할 수 있는 장점 등이 있다고 보고 하였다. 현재 사용하고 있는 비유모형도 후보우의 경우 그 딸소가 비유초기인 경우가 많고 이 기록을 305일로 확장하여 평가에 사용함에 따른 정확도 문제가 있다. 이러한 문제는 여러 장점이 있는 검정일 모형을 적용할 때도 피크기 이후 비유 후반기 자료가 없는 낭우들의 경우에도 적합도가 저하되어 추정의 오류를 범할 수 있다고 보고하였다(Reinhardt와 Liu, 2002). 이에 불완전한 검정일 기록을 가지고 있는 낭우들에 의한 후보종모우의 유전능력 평가는 잘못 추정될 수 있음이 보고되어(Jamrozik 과 L. R. Schaeffer, 1997), 본 연구에서는 검정일모형을 이용해 분석을 할 때, 마지막 세대의 불완전한 검정기록이 종모우의 유전능력평가에 어떠한 영향을 미치는지에 대하여 알아보았다.

II. 재료 및 방법

1. 공시재료

본 연구에 이용된 재료는 농협중앙회의 젃소 산유능력검정사업을 통하여 수집된 2000년 1월부터 2005년 6월까지의 825,157개의 초산의 검정일 자료를 이용하였다. 전체 11세대에서 마지막 세대의 검정기록 횟수에 따른 차이를 비교분석하는 원 자료로 부모를 알고 있는 개체가 50% 이상인 검정일 자료에서 305일 착유를 기준으로 하여 검정기록이 모두 있는 11세대의 자료와 10세대 이전의 자료로 최소 8개 이상의 자료를 갖는 개체를 이용하였다. 분석에 이용된 형질은 유량과 유성분 및 표준화된 체세포 점수를 사용하였다. 검정일 그룹의 형태는 마지막 세대에서 검정일 기록을 모두 포함하는

TD11과 마지막 세대의 검정일 기록을 8개, 5개, 2개를 갖는 TD8, TD5, TD2로 구분하였다. 분석에 이용된 자료만으로도 전체적인 변화의 경향은 충분히 파악할 수 있었기 때문에 자료를 다루는 편이상 TD4, TD6, TD7은 분석에서 제외를 하였다. 분석에 이용된 최종자료는 1,208개의 낭우가 10,344개의 검정기록을 갖고 4,336개의 HTD(herd-test date)를 갖으며, 215두의 종모우를 포함하고 있다.

2. 통계적 분석방법

검정일 기록을 이용한 임의회귀 검정일 모형은 다음과 같다.

$$Y_{ijklm} = HID_i + \sum_{j=1}^3 \beta_{jk} h_{jmk} + \sum_{k=1}^3 \alpha_{lk} g_{lmk} + \sum_{k=1}^3 p_{lk} g_{lmk} + e_{ijklm}$$

여기서,

Y_{ijklm} 는 해당 분석형질에 대한 i 번째 축군-검정일자(HTD)에 해당하고 j 번째 분만 시 나이-계절효과에 속하며 1번째 낭우의 m 번째 기록, HID_i 는 i 번째 축군-검정일 효과, β_{jk} 는 j 번째 분만 시 연령-계절 효과에 중첩된 고정효과 회귀계수, α_{lk} 와 p_{lk} 는 1번째 개체에 중첩된 임의효과 회귀계수이다.

위에서 $h1-3$ 은 Wilmink(1987) 등이 제시한 3차 다항식을 변형한 표준화 착유일 d 의 공변량으로 다음과 같이 계산하였다.

$h1=1$ $h2=d$ $h3=e^{-0.05d}$ 또한 $g1-3$ 은 등이 제시한 Legendre 3차 다항식을 변형한 표준화 착유일 d 의 공변량으로 다음과 같이 계산하였다.

$$g1=1 \quad g2=\sqrt{3}d \quad g3=\frac{1}{2}\sqrt{5}(3d^2-1)$$

분산성분과육종가추정은 REMLF90, BLUPF90 (Misztal, 2001)을 이용하였다.

분석에 이용된 모델은 임의회귀 검정일 모형(RRM)으로 RRM을 행렬식으로 표기하면 다음과 같다.

$$y = Xb + Za + Wp + e$$

여기서,

b : HTD _{i} 와 β 의 고정효과

a, p : α 와 p 의 임의효과

β 는 분만 시 연령-계절 효과에 증첩된 고정효과 회귀계수이고 α 와 p 는 개체에 증첩된 임의효과 회귀계수이며 고정효과에는 Wilink 3차 다항식 공변량을 사용하였고 임의효과에는 Legendre 3차 다항식 검정일 공변량을 사용하였다.

X, Z, W : INCIDENCE와 COVARIABLE 행렬 위의 행렬식에서의 가정은 아래와 같다

$$y/b, a, p, \sigma_e^2 \sim N(Xb + Za + Wp + R)$$

그리고

$$\begin{pmatrix} a \\ p \\ e \end{pmatrix} \sim N(0, V) \text{이며, } V = \begin{pmatrix} A \otimes G & 0 & 0 \\ 0 & I \otimes P & 0 \\ 0 & 0 & R \end{pmatrix}$$

여기서

G 는 회귀계수들 간의 유전분산-공분산성분이고, A 는 개체들 간의 상가적 혈연계수 행렬이며, P 는 임의 회귀계수들 간의 영구환경 효과에 대한 분산-공분산 성분이다. 또한 R 은 잔차 분산-공분산성분이다.

형질별 추정된 분산-공분산성분을 이용하여 유전력은 Jamrozik과 Schaeffer(1997)가 제시한 방법을 이용하였다. 검정일 i 일의 유량과 체세포점수에 대한 분산성분 추정과 검정일 i 일과 j

일간의 유전공분산 성분들은 다음과 같이 계산하였다.

$$\hat{\sigma}_{g_i}^2 = h_i \widehat{G} h_i, \quad \sigma_{g_{ij}} = h_i \widehat{G} h_j$$

각 산차별 305일 총 유량과 체세포점수의 유전분산성분과 공분산 성분은 다음과 같이 계산하였다.

$$\hat{\sigma}_{T_i}^2 = h_i \widehat{G} h_i, \quad \sigma_{g_{it}} = h_i \widehat{G} h_t$$

또한 유전력을 계산하기 위하여 사용된 총 분산성분은 다음과 같다.

$$\hat{\sigma}_{T_i}^2 = \hat{\sigma}_{g_i}^2 + \hat{\sigma}_{t_i}^2 + \hat{\sigma}_e^2$$

III. 결과 및 고찰

검정기록이 305일 기준으로 마지막세대의 자료가 완벽하게 있는 것과 마지막 세대의 딸소의 기록수가 달라짐에 따라 변하는 자료를 이용하여 분산성분 및 중모우의 육중가를 추정하고 그 변화 추이를 분석하였다. 완벽한 자료의 기초구성은 Table 1과 같으며, Table 2는 각 검정일 기록수별 유량과 체세포점수의 평균과 표준편차로 표현형은 거의 유사한 수준을 보여주었다.

Table 1. Description of the final data set and pedigree file

Summary of the test-day data	No	Means	SD	Min	Max
Test-day record	10,344				
Herd test-day	4,336				
Cow	1,208				
Sires with daughters	215				
Total animals	4,889				
Animal with sire & dam	3,093(63.26%)				
Animal with sire only	564(11.54%)				
Animal with dam only	82(1.68%)				
Animal with no parent	1,150(23.52%)				
Milk(kg)		27.95	6.37	3.60	54.20
SCC ¹⁾ (cells/ml)		180.54	421.20	1.00	8955.00
Fat(kg)		1.08	0.27	0.18	2.48
Protein(kg)		0.89	0.19	0.13	1.89
SNF(kg)		2.47	0.55	0.29	4.95
SCS ²⁾		2.64	1.74	-3.64	9.48

¹⁾ SCC : Somatic cell count, ²⁾ SCS : Somatic cell score, $SCS = \text{Log}_2 \left(\frac{SCC}{100000} \right) + 3$

Table 2. Mean and standard error of number of TD used for milk composition in dairy cattle

TD	TD11	TD8	TD5	TD2
	Mean ± SE	Mean ± SE	Mean ± SE	Mean ± SE
OBS	10,344	8,609	6,813	3,929
Milk(kg)	27.95 ± 0.063	28.30 ± 0.069	28.12 ± 0.078	28.12 ± 0.103
Fat(kg)	1.08 ± 0.003	1.08 ± 0.003	1.08 ± 0.003	1.08 ± 0.004
Protein(kg)	0.89 ± 0.002	0.90 ± 0.002	0.89 ± 0.002	0.89 ± 0.003
SNF(kg)	2.47 ± 0.005	2.49 ± 0.006	2.47 ± 0.007	2.47 ± 0.009
SCS*	2.64 ± 0.017	2.63 ± 0.019	2.69 ± 0.022	2.69 ± 0.028

* SCS : Somatic cell score, $SCS = \text{Log}_2\left(\frac{SCC}{100000}\right) + 3$

Table 3. Estimate of genetic variances for random regression coefficients for milk at each test day records in dairy cattle

Test day	TD11		TD8		TD5		TD2	
	G ¹	PE ²	G ¹	PE ²	G ¹	PE ²	G ¹	PE ²
<i>a</i> ₁ , <i>p</i> ₁	4.394	9.942	4.751	8.414	4.956	8.757	0.995	7.407
<i>a</i> ₂ , <i>p</i> ₂	0.387	1.630	0.620	0.865	0.854	1.556	0.128	0.881
<i>a</i> ₃ , <i>p</i> ₃	0.131	0.691	0.062	1.360	0.100	1.435	0.187	0.239
r*	7.041		7.674		8.491		15.37	
h ²	0.30		0.36		0.36		0.11	

G¹ : genetic variances, PE² : permanent environmental variances, r*: residual variances

유량에 대한 각 그룹별 검정일 공변량(a₁, a₂, a₃)의 유전분산(G)과 영구환경효과(PE)에 대한 검정일 공변량(p₁, p₂, p₃)의 분산값을 나타낸 것으로 각 그룹별 분산성분 추정은 REMLF90을 이용하여 Table 3에 제시하였고 기록수가 가장 적은 TD2로 갈수록 모델의 잔차변이에 대한 분산값이 커짐을 보여주고 있는데 이는 모델이 설명할 수 있는 정확도가 떨어진다는 것을 의미한다 하겠다. 유량에 대한 유전율은 Lee와 Han(2004) 등의 보고에 의한 0.25 보다 조금 높은 수준을 나타내어 다른 연구자들의 보고와도 일치하였으나 TD2는 0.11로 현저하게 낮은 유전율을 보였다. 정확한 육종가 추정을 위하여 혈통과일은 부모를 모두 아는 개체 3,093두로 전체 63.26%로 구성된 혈통을 이용하였으며, 부모를 모두 모르는 개체는 23.52%로 현재 진행하는 유전능력 평가보다 높은 혈 연구성을 이루고 있다. 또한 전체 종모우 두수

215두에서 국산 종모우는 65두를 포함하고 있으며, 유량과 체세포점수에 대한 각 나라의 종모우별 평균을 비교해보면 미국과 캐나다의 유량평균이 대체로 높았으나 호주와 일본 등의 나라에서는 비슷한 유량평균을 나타냈다.

Table 4는 TD11, TD8, TD5, TD2 자료를 이용하여 구한 종모우의 표현형가과 11번의 검정일 표현형 방문기록 사이의 상관계수를 나타낸 것으로 각 기록 그룹당 대표치로 첫 번째 열의 상관을 뽑아 표시한 것이다. 검정기록별 표현형상관을 살펴보면 기록수가 증가할수록 상관계수가 증가함을 나타내었고 마지막 세대의 기록수가 전체 검정기록수에 영향을 주는 기록은 적어도 5개의 기록수를 보유해야만 60%의 상관을 갖는 것으로 나타났다. 또한 표로 제시되지 않았지만 각각의 검정일 기록수에 따른 종모우의 육종가 상관관계를 알아보고자 관측치 값을 이용하지 않고 관측치들의 순위를 이용하

Table 4. Correlations between records number of TD and each test days for milk in dairy cattle

TD No.	Visit record										
	1st	2nd	3rd	4th	5th	6th	7th	8th	9th	10th	11th
TD11	0.196	0.412	0.521	0.570	0.610	0.643	0.661	0.709	0.757	0.834	1.000
TD8	0.153	0.421	0.522	0.574	0.616	0.632	0.633	0.671	0.746	0.813	1.000
TD5	0.159	0.429	0.524	0.575	0.661	0.622	0.630	0.671	0.742	0.811	1.000
TD2	0.217	0.450	0.560	0.563	0.682	0.634	0.644	0.701	0.765	0.811	1.000

여 상관계수를 구하는 스피어만의 순위상관계수(Spearman's rank-order correlation coefficient)를 추정하였다. 순위상관계수의 추정은, BLUPF90 (Misztal, 2001)을 이용하여 각 검정일 기록별로 추정된 육종가를 SAS 8.2(2002) 패키지를 이용하여 추정하였다. 유량에 대한 검정일 기록을 모두 갖고 있는 TD11의 육종가 순위는 8개 기록(TD8)을 갖고 있는 육종가 순위와 상관계수가 0.6257이며 유의확률이 0.05 보다 작아 상당히 유의한 수준을 보였으며, TD5, TD2에 대해서도 유의한 결과를 나타냈다(P<0.01). TD5과 TD2에 대한 육종가 상관계수는 각각 0.6089와 0.6031을 나타내었다. 체세포점수에 대한 상관계수는 모든 검정일 기록수에 유의성을 보였으며, TD11에 대하여 TD8은 0.6953, TD5 0.5337,

TD2는 0.3599를 나타내었고 유량과는 다르게 TD2에서 낮은 상관을 나타냈다.

Table 5는 유량에 대한 각 검정기록수별로 종모우의 육종가를 추정하여 상위 10까지의 순위조사를 통하여 순위변화를 추정하였다. TD8은 상위 10위까지의 종모우 7마리가 포함되었고 TD5는 6마리의 종모우가 포함되었으나, TD2는 2마리만이 포함되었다.

Table 6의 체세포의 경우 TD8과 TD5는 상위 10위까지의 종모우가 4마리가 포함되었고, TD2는 단지 1마리만이 포함되었다. 따라서 각 검정기록별 표현형에서 변화는 적었지만 마지막 세대의 딸소 기록의 추가로 인하여 육종가가 변함을 알 수 있으며, 적합한 검정기록수는 적어도 5개 이상은 되어야할 것으로 판단된다.

Table 5. Rank correlation among test day records in sire TBV, for Milk yield in dairy cattle

NO	Sire	Nation	TD11		TD8		TD5		TD2	
			TBV*	Rank	TBV*	Rank	TBV*	Rank	TBV*	Rank
1	2354	USA	4.0085	1	2.2502	4	1.8169	4	0.3819	1
2	2360	USA	3.4765	2	2.0243	5	1.2960	8	0.1811	12
3	3631	USA	3.1974	3	1.2626	17	0.6807	31	0.1562	15
4	2178	KOR	3.0492	4	1.6728	10	1.7787	5	0.0239	134
5	3642	USA	2.6855	5	2.5185	3	1.8805	3	0.1381	23
6	3662	USA	2.6644	6	0.4785	62	0.3862	49	0.0732	77
7	2357	USA	2.5349	7	0.2276	82	0.6283	37	-0.0016	153
8	2197	KOR	2.5106	8	3.1130	1	3.2462	1	0.2555	3
9	2204	KOR	2.4711	9	2.9863	2	2.9592	2	0.0872	60
10	2359	USA	2.4110	10	1.9634	7	1.2098	11	0.1399	22

* TBV is sum of EBVs from DIM 5 to DIM 305. KOR : korea, USA:United States of America.

Table 6. Rank correlation among test day records in sire TBV, for SCS in dairy cattle

NO	Sire	Nation	TD11		TD8		TD5		TD2	
			TBV*	Rank	TBV*	Rank	TBV*	Rank	TBV*	Rank
1	1279	KOR	195.191	1	95.283	2	71.222	1	8.452	42
2	2197	KOR	155.126	2	72.748	5	56.001	4	17.634	15
3	3639	USA	138.831	3	79.881	3	60.122	3	6.378	54
4	3643	USA	133.769	4	26.690	33	13.489	50	24.642	7
5	1529	USA	133.107	5	36.686	18	7.393	77	10.019	35
6	1543	AUS	129.607	6	32.892	23	3.507	91	7.311	47
7	2204	KOR	104.351	7	100.802	1	68.275	2	7.617	45
8	3661	USA	102.235	8	29.711	27	25.502	24	-9.605	145
9	3671	USA	99.330	9	40.694	15	30.378	18	-8.914	142
10	3595	KOR	94.832	10	24.100	39	9.545	70	-7.623	135

* TBV is sum of EBVs from DIM 5 to DIM 305. KOR : korea, USA : United States of America, AUS:Australia

Table 7. Different of ranking change for sire TBV* in test day records

TD	Traits	Variance	Means	SD	CV
TD8		1176.69	41.38	34.30	82.90
TD5	Milk	1294.60	41.53	35.98	86.65
TD2		1308.18	41.90	36.17	86.33
TD8		921.04	37.82	30.35	80.24
TD5	SCS	1405.14	46.84	37.49	80.03
TD2		1743.06	56.53	41.75	73.85

* TBV is sum of EBVs from DIM 5 to DIM 305.

TD11에서 추정된 순위와 TD8, TD5, TD2에서 추정된 순위와의 차이를 계산하여 절대값을 취한 후에 분산 및 표준편차 등을 구하여 이를 Table 7에 나타내었다. Table 7에서 보는 바와 같이 유량과 체세포 모두 불완전한 기록을 많이 포함하는 TD2의 유량 및 체세포수에 대한 분산이 각각 1308.18 및 1743.06으로 TD8의 유량 및 체세포수에 대한 분산 1176.69 및 921.04와 비교할 때 1.1배 및 1.9배로 증가함을 알 수 있었다. 이는 불완전한 검정일 기록이 많은 집단으로 순위를 계산한 것이 순위의 변동이 크며, 종모우를 평가할 때에 추정육중가의 정확

도가 저하 된다는 것을 의미한다고 할 수 있다. 위와 같은 결과는 Pool과 Meuwissen(1999)의 연구결과와 Macciotta(2002)의 보고내용과 일치하는 것으로 향후 검정일 모형을 국가단위젖소유전능력평가에 적용한다면 정확한 유전평가를 위해서는 적어도 5개 이상의 검정일 기록이 있는 개체를 포함시켜야 할 것이다. 현재 우리나라에서 수행하고 있는 젖소후대검정우의 유전평가를 75일 이상 착유기록을 가지고 있는 개체를 유전평가에 이용하고 있으나, 위 결과로 미루어 볼 때, 150일 이상 착유기록을 가진 딸소를 이용하도록 유전평가지기를 조정하여야

할 것이다. 또한 본 모형의 실제적용에 앞서 불완전한 착유기록의 사용문제에 대하여 더 많은 검정일 모형의 연구가 진행되어야 할 것으로 사료된다.

IV. 요약

본 연구는 현재 유전평가에 사용하는 모델보다 많은 장점을 지니고 있는 임의회귀 검정일 모형(Random regression test-day model)을 이용할 때 마지막 세대의 불완전한 검정기록이 유전능력에 어떤 영향을 주는지 알아보고자 실시하였다.

이용된 자료는 유우군능력검정사업을 통하여 수집된 2000년 1월부터 2005년 6월까지의 825,157 개의 초산의 검정일 자료를 이용하였으며, 유전모수와 종모우의 육종가 추정은 REMLF90, BLUPF90을 이용하였다.

결과는 다음과 같다.

1. 검정횟수에 따라 TD11, TD8, TD5, TD2로 구분된 그룹간의 표현형은 크게 차이를 보이지 않았다.
2. 각 검정일 유량기록의 유전율은 TD11, TD8 그리고 TD5에서 통상 관례적인 0.30~0.36을 보였으며, 마지막세대의 검정일 기록수가 가장 적은 TD2에서 0.11의 낮은 유전율을 보였다.
3. 누적된 자료그룹과 검정횟수간의 상관계수는 5회 검정시에 TD11(0.610), TD8(0.616), TD5(0.661), TD2(0.682)로 50% 이상의 상관을 나타냈다.
4. 종모우의 육종가 순위는 마지막 세대의 검정기록이 적게 이용되었을 경우 순위의 변동이 크게 나타났다.
5. 이상에서처럼 마지막 세대의 딸소 검정기록의 감소로 인하여 육종가가 변함을 알 수 있으며, 적합한 검정기록수는 적어도 5개 이상은 되어야 한다고 할 수 있다.

이러한 연구결과는 임의회귀 검정일 모형을 이용하여 종모우를 선발할 때는 유전능력분석 시 가급적 완전기록을 가진 후보종모우의 딸소 기록을 이용하는 것이 바람직하나, 검정체계상

선발대상이 되는 후보종모우의 딸소 기록은 불완전할 수밖에 없다. 그러나 본 연구결과에 비추어 볼 때, 후보종모우 평가결과와 오류를 최소화하기 위해서는 최소한 검정기록이 5개 이상인 딸소의 기록을 이용하여야 할 것으로 사료된다.

V. 사 사

This study was supported by Post Doctoral Course Program of National Livestock Research Institute, Rural Development Administration, Republic of Korea.

VI. 인용 문헌

1. Interbull Bulletin 26. Wiggans, G. R. Issues in defining a genetic evaluation model.
2. Jamrozik and Schaeffer, L. R. 1997. Estimates of Genetic Parameters for a Test Day Model with Random Regressions for Yield Traits of First Lactation Holsteins. *J. Dairy Sci.* 80: 762-770.
3. Jamrozik Schaeffer, L. R. and Dekkers, J. C. M. 1997. Genetic Evaluation of Dairy Cattle Using Test Day Yields and Random Regression Model. *J. Dairy Sci.* 80: 1217-1226.
4. Lee, D. H., Jo, J. H. and Han, K. G. 2003. Genetic parameters for milk production and somatic cell score of first lactation in Holstein cattle with random regression test-day models. *Korean J. Anim. Sci.* 45(5):739-748.
5. Lee, D. H. and Han, K. J. 2004. Genetic relationship between milk production, calving ease and days open at first parity in Holstein cows. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* Vol.17, No. 2: 153-158.
6. Macciotta, N. P. P., Vicario, D., Pulina, G. and Cappio-Borlino, A. 2002. Test Day and Lactation Yield Predictions in Italian Simmental Cows by ARMA Methods. *J. Dairy Sci.* 85: 3107-3114.
7. Misztal, I. 2001. BLUPPF90 family package. <http://nce.ads.uga.edu>
8. Miller, R. H., Norman, H. D., Wiggans, G. R.

- and Wright, J. R. 2004. Relationship of test-day somatic cell score with test-day lactation milk yields. *J. Dairy Sci.* 87: 2299-2306.
9. Pool, M. H. and Meuwissen, T. H. E. 1999. Prediction of dairy milk yields from a limited number of test days using test day models. *J. Dairy Sci.* 82:1555-1564.
10. Reinhardt, F., Liu, Z., Bengler, A., Dopp, L. and Reents, R. 2002. Impact of Application of a Random Regression Test-day Model to Production Trait Genetic Evaluations in Dairy Cattle. *INTERBULL Bulletin No.29*:103-107.
11. Schaeffer, L. R. and Dekkers, J. C. M. 1994. Random regressions in animal models for testday production on dairy cattle. *Proc. 5th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production. Guelph, Ontario, Canada X V III*:443-446.
12. Swalve, H. H. 2000. Theoretical basis and computational methods for different testday genetic evaluation methods. *J. Dairy Sci.* 83:1115-1124
13. Wilmink, J. B. M. 1987. Adjustment of Test-day milk, fat, and protein yield for age, season and stage of lactation. *Livest. Prod. Sci.* 16, 335-348.
- (접수일자 : 2005. 11. 9. / 채택일자 : 2006. 3. 6.)