

홀스타인의 국제유전평가를 위한 모형개발에 관한 연구

조광현* · 박병호 · 최재관 · 최태정 · 최연호 · 이승수 · 조충일

국립축산과학원

Development of International Genetic Evaluation Models for Dairy Cattle

Kwang Hyun Cho*, Byoung-ho Park, Jaekwan Choi, Taejeong Choi, Yunho Choy, Seungsu Lee and Chungil Cho
Animal Genetic Improvement Division, National Institute of Animal Science, R.D.A., San 9, Eoryong-ri, Seonghwan-eup, Cheonan-si, Chungnam, 330-801, Rep. of Korea

ABSTRACT

This study was aimed to solve the problems of current national genetic evaluation systems in Korea and its development to pass the verification processes as required by International Bull Evaluation Service (Interbull). This will enable Korea to participate in international genetic evaluation program. A total of 1,416,589 test-day milk records with calving dates used in this study were collected by National Agricultural Cooperative Federation from 2001 to 2009. Parity was limited up to fifth calving and milk production records were adjusted to cumulative 305 day lactation. The pedigree consisted of 2,279,741 animals where 2,467 bulls had 535,409 parents. A newly developed multiple trait model was used in calculation of breeding values for milk yield, milk fat, and protein yield. Data were edited with SAS (version 9.2) and R programs, and genetic parameters were estimated using VCE 6.0. Results showed a continuous increase in genetic potentials, in general, and no remarkable differences were found between performances by parity. Except fat yield, potentials in milk yield and protein yield were well calculated. We found an increased number of daughters per each top ranked 1,000 bulls in recent years of calf births compared to the cases of previous evaluations. Of the bulls ranked top 100 by our new models (multiple-trait models) we found that increased numbers of bulls were included. Of twenty eight bulls born in 2006, twenty bulls born in 2007 and eight bulls born in 2008 that were listed by new models, only 23, 12, and 2 bulls born in respective years were represented on top 100 by old single-trait models. Re-ranking of the daughters or sires by multiple-trait models suggest that this new multiple trait approach should be used for dairy cattle genetic evaluation and seed-stock selection in the future to increase the accuracy of multiple trait selection. Breeding values for these traits should also be calculated by new method for international genetic evaluation.

(Key words : Holstein, Genetic evaluation, Multiple trait models, Breeding values)

서 론

한·미, 한·EU간 FTA 협상이 타결됨에 따라 축산업은 대외경쟁력을 갖추기 위해 생산비 절감과 품질의 차별화가 절실히 요구되고 있으며 국내의 축산업에서 젖소개량사업도 상당부분 선도적인 역할을 하여야 할 것으로 생각된다. 그러나 국내 젖소개량은 1988년 평가를 시작하여 20여년의 세월이 흘러가는 동안 한국형 보증 씨수소를 선발하는 등 많은 성장을 이루어 왔으나 그간 검정시스템과 유전평가시스템의 경쟁력 측면에서는 정체되어 부족한 점들이 지적되어 왔다. 2007년 유전능력 평가결과에서 유전적 개량량이 감소하는 문제점이 노출되면서 농가의 신뢰도가 떨어지고 후보씨수소 생산에 필요한 씨암소의 선발에 오류가 우려되며 우수 보증씨수

소의 탈락이 우려된다는 지적이 있었다. 이는 1산차만의 검정자료로는 씨수소의 능력을 제대로 평가할 수 없는 평가 분석 모형의 한계에서 기인한 것으로 판단되며 혈통이 제대로 정립되지 않아 유전적 연결성이 부족한 부분과 검정자료 수집에 있어서 정확도가 떨어지는 문제점 등이 결합된 원인이라 볼 수 있다. 이에 기존 단형질 모형을 다형질로 개발하여 분석하였으며 다형질 모형은 유생산 기록을 바탕으로 젖소 씨수소의 유전적 가치를 결정하는데 더 이상적인 것으로 제안되었으며 (Ilatsia 등, 2007; Muir 등, 2007), 다형질모형이 단형질모형 보다 정확한 육종가와 유전모수를 추정하는 것으로 알려져 있다 (Sorensen과 Johansson, 1992; Van Vleck 등, 1991). 또한 종축의 국가간 교류가 빈번해짐에 따라 나라별 종축능력의 구분이 필요하여 다국가간 평가분석연구가 진행되어졌으며 (Schaeffer, 1994, Mark와 Sullivan, 2006, Nilforooshan,

* Corresponding author : Kwanghyeon Cho, Animal Genetic Improvement Division, National Institute of Animal Science, R.D.A., San 9, Eoryong-ri, Seonghwan-eup, Cheonan-si, Chungnam, 330-801, Rep. of Korea. Tel: 041-580-3362, Fax: 041-580-3369, E-mail: ckh1219@korea.kr

2010) 국제유전평가기구 (INTERBULL, Uppsala, Sweden)에서 이를 수행하고 있다.

따라서 본 연구는 국내 국가단위 평가결과의 문제점을 해결하면서 유전능력평가시스템을 고도화하고 우리나라가 국제유전평가에 참여하기 위하여 국제유전평가기구에서 요구하는 검증작업을 통과하기 위하여 수행하였다.

위하여 삭제하였고, 산차는 5산차로 제한하였으며, 누적착유일은 75~305일로 제한하였고, 전체 혈통자료는 2,279,741개이며 부모를 갖는 개체는 535,409개이고 아버소는 2,467두로 구성되어 있는 기록들을 이용하였으며 기초 자료는 Table 1과 같다.

2. 분석방법

국내 젖소의 유량, 유지방, 유단백질에 대한 유전평가는 현재 1산차 자료만 고려한 단형질 모형을 이용하여 분석을 실시하고 있다. 본 연구에서는 각 산유형질별 5산차 모형 (multiple lactation model)을 적용하여 육종가를 추정하였으며 Table 2에 육종가 추정을 위한 유전모수를 인터불 자료를 참고하여 나타냈다 (Interbull, 2012).

또한 젖소의 유량, 유지방, 유단백질에 영향하는 고정효과를 알

재료 및 방법

1. 공시재료

본 연구에 이용된 자료는 농협중앙회 젖소개량부에서 수집한 분만일이 2001년부터 2009년까지의 검증성적으로 총 1,416,589개 중 305일 유량이 15,000 kg이 넘는 개체는 국제평가기준에 맞추기

Table 1. Summary statistics of the data for genetic evaluations

Variables	Numbers	Means	SD	Min.	Max.
Parity	1,339,438	2.29	1.23	1.00	5.00
Milk(kg)	1,339,438	8,723.36	2,051.07	2,139.00	15,000.00
Fat(kg)	1,339,438	329.56	83.10	100.00	1152.00
Protein(kg)	1,339,438	272.91	61.48	100.00	675.00

Table 2. Genetic (co)variance(above the diagonal) and residual (co)variance(below the diagonal) among lactations for milk, fat and protein yields

Traits	Lac No.	Lactation No.				
		1st	2nd	3th	4th	5th
Milk	1st		345,844	314,936	297,724	321,112
	2nd	635,696		462,692	432,424	404,496
	3th	551,870	837,167		453,408	427,732
	4th	517,712	749,433	1,031,040		406,644
	5th	399,178	611,086	911,263	1,204,738	
Fat	1st		465.9	481.9	415.4	555.8
	2nd	1,018.7		704.8	628.8	752.9
	3th	871.9	1,391.8		720.5	838.1
	4th	829.5	1,355.8	1,738.0		768.0
	5th	611.1	979.9	1,475.9	2,142.2	
Protein	1st		234.3	218.4	224.7	278.7
	2nd	592.1		331.8	330.1	367.5
	3th	486.2	828.7		361.9	396.0
	4th	426.3	705.5	971.5		392.4
	5th	315.0	500.7	794.2	1,099.9	

아보고자 SAS 통계 분석프로그램을 이용하여 각 유생산 형질에 영향을 미치는 요인에 대해 분산분석을 실시하였으며 이를 바탕으로 아래와 같이 모형식을 설정하여 유전분석하였다.

$$y_{ijkl} = hy_i + AG_j + a_{ijkl} + e_{ijkl}$$

여기서, y_{ijkl} 는 유생산 형질(유량, 유지방, 유단백질), hy_i 는 i 번째 농가-년도의 효과이고, AG_j 는 j 번째 분만시 개체의 일령에 대한 그룹효과이며, S_k 는 k 번째 씨수소에 대한 임의 효과이며, e_{ijkl} 는 임의 잔차 효과이다.

젖소의 각 산유형질에 5개 산차에 대한 다변량 산차(multiple lactation) 분석은 아래와 같다.

$$\begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \\ Y_3 \\ Y_4 \\ Y_5 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & X_4 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & X_5 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} B_1 \\ B_2 \\ B_3 \\ B_4 \\ B_5 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & Z_4 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & Z_5 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} A_1 \\ A_2 \\ A_3 \\ A_4 \\ A_5 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} E_1 \\ E_2 \\ E_3 \\ E_4 \\ E_5 \end{bmatrix}$$

여기에서:

- y_i : 각 산차에서 생산형질 자료의 vector 값
- b_i : 모형에서 각 산차의 고정효과 vector 값
- a_i : 모형에서 각 산차의 임의효과 vector 값

e_i : 모형에서 각 산차의 잔차효과 vector 값
 X_i 그리고 Z_i : 유전효과와 고정효과와 관련된 디자인 행렬
 고정효과는 농가-년도-계절의 효과(113,682개)이고, 분만시 개체의 일령에 대한 그룹효과(15개)이며, 임의효과는 개체 효과로(350,116개) 분석하였다.

$$var \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G_0 \otimes A & 0 \\ 0 & R_0 \otimes I \end{bmatrix}$$

여기에서,

- G_0 : 5산차까지의 상가적 유전(공)분산 행렬
- R_0 : 5산차까지의 잔차의 유전(공)분산 행렬
- A : 상가적 유전상관 행렬 I : 단위행렬

결과 및 고찰

1. 형질별 유전적 추세

젖소 유량, 유지방, 유단백질에서 추정된 육종가의 정보를 이용하여 1991년을 기준점으로 2008년까지 유전적 개량량의 추세를 알아보고자 분석하였으며 그 결과는 Table 3, Table 4, Table 5에 각각 나타났다. 유량에 대한 육종가는 산차별 차이가 존재하였으나

Table 3. Genetic trend of milk yields from first to fifth lactations

Year	Lactations (Average Breeding values)					Animals
	1st-lact.	2nd-lact.	3th-lact.	4th-lact.	5th-lact.	
1991	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1,232
1992	20.56	22.07	21.52	4.21	-5.72	1,692
1993	63.37	67.77	56.70	6.69	-11.8	1,979
1994	65.22	86.23	82.51	20.28	3.05	2,927
1995	94.25	103.78	105.3	39.38	32.50	3,952
1996	108.99	154.43	151.58	129.72	65.08	5,032
1997	148.63	204.39	195.08	160.74	87.70	5,898
1998	155.52	207.47	186.06	135.17	82.72	6,938
1999	138.59	210.13	169.25	108.28	89.36	9,613
2000	229.21	274.76	229.74	155.51	115.80	11,606
2001	249.22	276.29	214.08	149.37	103.63	14,020
2002	281.64	314.06	283.42	181.23	144.73	16,610
2003	299.67	349.60	310.42	229.33	173.99	17,003
2004	325.90	382.20	336.22	253.08	186.65	19,861
2005	348.31	379.78	304.73	227.38	173.64	22,384
2006	421.63	443.95	357.05	260.56	201.04	24,813
2007	428.35	449.16	367.47	275.69	205.24	26,463
2008	444.44	474.08	386.26	285.92	207.20	9,110

Table 4. Genetic trend of milk fat from first to fifth lactations

Year	1st-lact.	2nd-lact.	3th-lact.	4th-lact.	5th-lact.
1991	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
1992	0.79	0.92	0.95	0.81	1.02
1993	1.59	2.01	1.98	1.74	2.40
1994	2.47	3.59	3.62	3.24	4.04
1995	4.22	5.22	5.37	4.68	6.10
1996	3.77	5.60	6.06	5.30	6.06
1997	5.51	7.79	8.49	7.47	8.66
1998	5.95	8.22	9.10	8.11	9.89
1999	4.30	6.71	7.30	6.61	8.45
2000	4.62	6.05	6.17	5.33	6.48
2001	5.09	5.84	5.7	4.73	5.88
2002	5.55	7.10	7.35	6.41	7.73
2003	4.73	6.68	7.29	6.53	8.31
2004	4.87	6.79	7.52	6.77	8.64
2005	4.86	5.70	6.00	5.24	7.28
2006	7.46	8.15	8.45	7.28	10.17
2007	8.02	8.99	9.40	8.13	10.74
2008	8.75	9.39	9.69	8.31	11.07

Table 5. Genetic trend of milk protein from first to fifth lactations

Year	1st-lact.	2nd-lact.	3th-lact.	4th-lact.	5th-lact.
1991	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
1992	0.92	0.96	0.91	0.94	1.06
1993	1.51	1.73	1.41	1.37	1.66
1994	2.08	2.99	2.55	2.38	2.78
1995	3.23	3.82	3.36	3.31	3.88
1996	3.29	4.59	4.4	4.38	4.37
1997	4.84	6.27	6.13	6.16	6.54
1998	5.94	7.23	7.1	7.16	8.17
1999	5.3	7.3	7.08	6.95	8.03
2000	6.54	7.9	7.38	7.37	8.45
2001	7.56	8.31	7.48	7.54	8.85
2002	8.44	9.71	9.12	9.18	10.77
2003	9.05	10.67	10.36	10.4	12.58
2004	10.25	12.02	11.83	11.92	14.45
2005	10.82	11.72	11.2	11.35	14.19
2006	12.75	13.66	13.05	13.28	16.47
2007	13.18	14.42	13.83	14.06	17.05
2008	13.61	14.65	13.9	14.15	17.17

연간 11.5 kg에서 26.3 kg까지 증가하는 결과를 나타냈으며, 2산차 유량에서 18년간 474.08 kg로 가장 높은 유전적 개량량의 수치를 나타냈다. 반면 3산차 이후 유량에 대한 유전적 개량량은 점차적으로 감소하는 경향을 나타냈다. 또한 2003년부터 연간 유전적 개량량이 감소하는 추세를 보였는데 이는 씨수소의 두수가 6~7두로 다른 해보다 적은 씨수소의 영향과 1999년과 2000년에 선발된 씨수소의 능력이 다소 떨어지는 결과로 판단된다.

유지방의 경우 전반적으로 낮은 연간 유전적 개량 추세를 보여주고 있으며 유전모수를 추정할 결과 유전편차가 24.43으로 거의 절반의 편차범위 내에서 추세가 이루어져 하향추정이 되었을 가능성이 있음을 시사한다 하겠다. 유단백질의 경우 유지방의 경우보다 유전적 개량의 추세가 상대적으로 높게 나타나고 있으며 모수를 추정한 유전편차 값이 17.12로 거의 유사한 범위내에서 추세가 나타나고 있어 육종가 추정이 잘 이루어졌음을 보여주고 있다. Table 4와 Table 5의 유지방과 유단백에서는 5산차에서 다른 산차에 비해 유전적 개량량의 추세가 높은 것으로 분석되었다.

2. 유전적 추세 검증

유전적 기초년도를 2005년으로 설정하고 1산차와 5산차의 육종가 추세가 비슷하게 분포하는 지를 점검한 결과 유량은 비슷한 추세를 보였으며 유지방과 유단백은 2005년 시점에서부터 비슷한 추세를 보였다(Fig. 1, Fig. 2). 유단백의 경우 2004년 시점에서 유

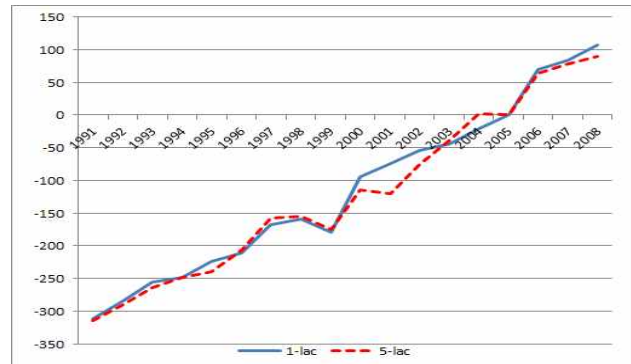


Fig. 1. Genetic trend of milk fat in cows.

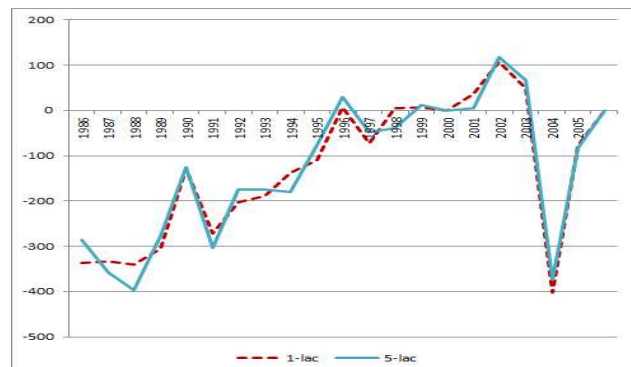


Fig. 2. Genetic trend of milk protein in cows.

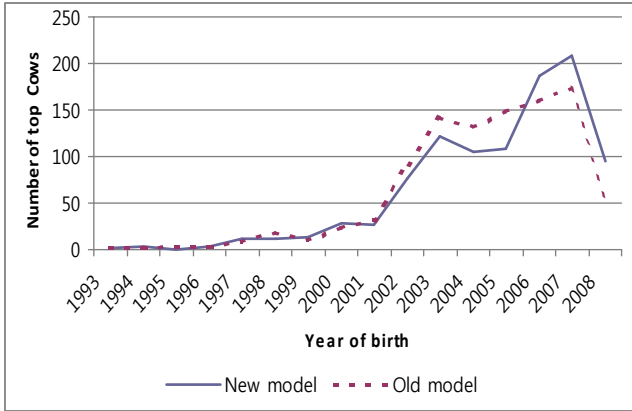


Fig. 3. Number of top ranking cows by year of births with respect to genetic potentials in milk yield.

전적 추세가 감소하는 부분도 1산과 5산차의 유전적 추세가 유사하게 나왔다. 씨수소의 유전적 추세의 경우는 대체로 거의 비슷한 유전적 추세를 이루고 있어 산차별 과추정되거나 하향추정이 되지 않았음을 보여주고 있다.

다형질 모형에 의한 국제유전평가분석결과 상위 1000두의 랭킹안에 최근의 생년을 갖는 딸소수가 기존에 사용한 모수로 분석한 결과보다 증가했음을 알 수 있다(Fig. 3). 상위 100두를 분석한 결과 2006년생은 23두에서 28두로 2007년생은 12두에서 20두로 2008년생은 2두에서 8두로 증가하였다. 이는 최근의 딸소나 씨수소의 유전능력이 우수함에도 불구하고 상위에 랭크되지 못했던 결과가 새 모형의 적용으로 최근 개체의 유전능력이 좋게 나와 신규 모수를 이용한 평가분석방법으로 유전평가분석에 적용할 수 있을 것으로 판단된다.

3. 형질별 유전적 연간개량량

각 형질별 유전적 추세의 연간 변화량을 회귀식으로 추정한 결과 유량은 1996년을 기준으로 26 kg이 유전적으로 개량되었으며 유지방은 0.27 kg, 유단백은 0.86 kg 개량되었음을 보여주고 있다(Fig. 4). 기존 단형질을 이용한 분석결과로는 유량이 연간 5.92 kg이 개량되어 다형질분석에서 유전적 연간 개량과는 20 kg의 차이를 보

였다. 유전적 추세에 이용된 육종가는 $Official\ BV = (BV1 \times 0.30) + (BV2 \times 0.25) + (BV3 \times 0.25) + (BV4 \times 0.10) + (BV5 \times 0.10)$ 로 각 산차에 가중치를 주어 계산하였다.

결 론

기존 국내평가모형인 단형질 모형의 평가방법은 산차별 능력이 다르게 평가됨에도 불구하고 1산차만의 능력을 이용하여 씨수소의 능력을 평가하는 방법에는 문제점이 있다. 이를 극복하고 국제유전평가에 참여하기 위하여 각 산차를 다른 형질로 평가하여 분석하는 다형질 모형을 이용한 유전평가분석방법으로 평가한 결과 유전적 추세가 명확하게 나왔다. 또한 동기낭우수의 부족으로 씨수소의 능력이 제대로 평가되지 못하는 문제점이 해결되었다. 따라서 기존의 단형질 모형대신 다형질 모형을 이용한 분석방법으로 평가를 실시하고 국제유전평가에도 다형질 모형을 이용한 육종가를 제시해야 할 것이다.

요 약

본 연구는 국내 국가단위 평가결과의 문제점을 해결하면서 유전능력평가시스템을 고도화하고 우리나라가 국제유전평가에 참여하기 위하여 국제평가기구에서 요구하는 검증작업을 통과하기 위하여 수행하였다. 본 연구에 이용된 자료는 농협중앙회 젖소개량부에서 수집한 분만일이 2001년부터 2009년까지의 검증성적으로 총 1,416,589개이며 산차는 5산으로 제한하였으며, 누적착유일은 75~305일로 제한하였고, 전체 혈통자료는 2,279,741개이며 부모를 갖는 개체는 535,409개이고 아버소는 2,467두로 구성되어 있는 기록들을 이용하였다. 유량, 유지방, 유단백에 대한 육종가는 신규로 개발한 다형질모형(Multiple traits model)을 이용하여 육종가를 구하였으며 기초작업은 SAS version 9.2와 R프로그램을 이용하였으며 유전모수를 추정하기 위하여 VCE 6.0을 이용하였다. 전반적으로 유전적 추세는 꾸준히 지속되어 오고 있으며 산차별 차이가 두드러지게 나타나지는 않았다. 유지방을 제외하고 유량과 유단백 형질의 추세가 잘 추정되었음을 알 수 있다. 유전평가분석결과 상위 1000두의 랭킹안에 최근의 생년을 갖는 딸소가 기존에 사용한

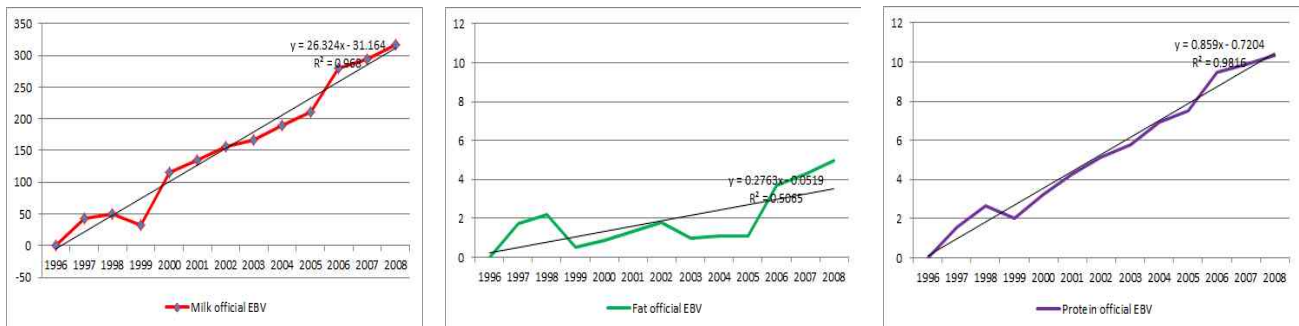


Fig. 4. Genetic progress of milk, fat, protein yield using official EBV's.

모수로 분석한 결과보다 딸소가 증가했음을 알 수 있다. 국제유전 평가모형을 통해 새로 평가한 결과 씨수소상위 100두를 기존 평가 모형에 의한 평가결과와 비교했을 때, 2006년생은 23두에서 28두로 2007년생은 12두에서 20두로 2008년생은 2두에서 8두로 증가하였다. 이는 최근의 딸소나 씨수소의 유전능력이 우수함에도 불구하고 상위에 랭크되지 못했던 결과가 새 모형의 적용으로 보완하여 새로운 평가분석에 적용할 수 있을 것으로 판단된다. 따라서 기존의 단형질 모형 대신 다형질 모형을 이용한 분석방법으로 평가를 실시하고 국제유전평가에도 다형질 모형을 이용한 육종가를 제시함으로써 다형질 선발의 정확도가 향상될 수 있을 것이다.
(주제어: 홀스테인, 유전평가, 다형질 모형, 육종가)

사 사

This work was carried out with the supported of “Development of economically important traits and technologies for sustainable dairy production(Project No PJ907160)” project of the National Institute of Animal Science, RDA, Korea.

인 용 문 헌

Ilatsia, E. D., Muasya, T. K., Muhuyi, W. B. and Kahi, A. K. 2007 Mar. Genetic and phenotypic parameters for test day milk yield of Sahiwal cattle in the semi-arid tropics. *Animal*. 1(2):185-92.

Liu, Z., Reinhardt, F. and Reents, R. 2000a. Estimating parameters of a random regression test day model for first three lactation milk production traits using the covariance function approach. *Interbull. Bull.* 25:74-80.

Liu, Z., Reinhardt, F. and Reents, R. 2000b. Parameter estimates of a random regression test day model for first three lactation somatic

cell scores. *Interbull Bull.* 26:61-66.

Muir, B. L., Kistemaker, G., Jamrozik, J. and Canavesi, F. 2007. Genetic Parameters for a Multiple-Trait Multiple-Lactation Random Regression Test-Day Model in Italian Holsteins. *Journal of Dairy Science* Vol. 90, Issue 3. 1564-1574.

Mark, T. and Sullivan, P. G. 2006. Multiple-Trait Multiple-Country Genetic Evaluations for Udder Health Traits. *Journal of Dairy Science* Vol. 89, Issue 12. 4874-4885.

Neumaier, A. and Groeneveld, E. 1998. Restricted maximum likelihood estimation of covariances in sparse linear models. *Genet. Sel. Evol.* 30, 3-26.

Nilforooshan, M. A., Jakobsen, J. H., Fikse, W. F. and Berglund, B. 2010. Application of a multiple-trait, multiple-country genetic evaluation model for female fertility traits. *Journal of Dairy Science* Vol. 93, Issue 12. 5977-5986.

SAS/STAT[®] 9.2. User's Guide. 2008. SAS Institute Inc., Cary, NC

Schaeffer, L. R. 1994. Multiple-Country Comparison of Dairy Sires. *Dairy Sci.* 77:2671-2678.

Sorensen, D. A. and Johansson, K. 1992. Estimation of direct and correlated responses to selection using univariate animal models. *J. Anim. Sci.* 70:2038.

Van Vleck, L. D., Gregory, K. E. and Echterkamp, S. E. 1991. Prediction of breeding values for twinning rate and ovulation rate with a multiple trait, repeated records animal model. *J. Anim. Sci.* 69:3959-3966.

Interbull. 2012. Description of national genetic evaluation systems for dairy cattle traits as practised in different Interbull member countries. http://www-interbull.slu.se/national_ges_info2/framesida-ges.htm. Accessed Sep. 3, 2012.

(Received Sep. 15, 2012; Revised Dec. 17, 2012; Accepted Dec. 17, 2012)