

## 젖소 국제유전능력 평가를 위한 종모우별 다형질 Effective Daughter Contribution 추정

조광현<sup>1</sup> · 최태정<sup>1</sup> · 조충일<sup>1</sup> · 박경도<sup>2</sup> · 도경탁<sup>2</sup> · 오재돈<sup>2</sup> · 이학교<sup>2</sup> · 공홍식<sup>2</sup> · 이준호<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>농촌진흥청 국립축산과학원, <sup>2</sup>국립한경대학교 유전정보연구소

### Approximation of Multiple Trait Effective Daughter Contribution by Dairy Proven Bulls for MACE

Kwang-Hyun Cho<sup>1</sup>, Tae-Jeong Choi<sup>1</sup>, Chung-Il Cho<sup>1</sup>, Kyung-Do Park<sup>2</sup>, Kyoung-Tag Do<sup>2</sup>, Jae-Don Oh<sup>2</sup>, Hak-Kyo Lee<sup>2</sup>, Hong-Sik Kong<sup>2</sup> and Joon-Ho Lee<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>National Institute of Animal Science, R.D.A., Cheonan-si, Chungnam, 330-801, Korea, <sup>2</sup>Genomic Informatics Center, Hankyong National University, Anseong-si, Gyeonggi-do, 456-749, Korea

#### ABSTRACT

This study was conducted to investigate the basic concept of multiple trait effective daughter contribution (MTEDC) for dairy cattle sires and calculate effective daughter contribution (EDC) by applying a five lactation multiple trait model using milk yield test records of daughters for the Multiple-trait Across Country Evaluation (MACE). Milk yield data and pedigree information of 301,551 cows that were the progeny of 2,046 Korean and imported dairy bulls were collected from the National Agricultural Cooperative Federation and used in this study. For MTEDC approximation, the reliability of the breeding value was separated based on parents average, own yield deviation and mate adjusted progeny contribution. EDC was then calculated by lactation using these reliabilities. The average number of recorded daughters per sire by lactations were 140.57, 94.24, 55.14, 29.20 and 14.06 from the first to fifth lactation, respectively. However, the average EDC per sire by lactation using the five lactation multiple trait model was 113.49, 89.28, 73.56, 54.02 and 35.08 from the first to fifth lactation, respectively, while the decrease of EDC in late lactations was comparably lower than the average number of recorded daughters per sire. These findings indicate that the availability of daughters without late lactation records is increased by genetic correlation using the multiple trait model. Owing to the relatedness between the EDC and reliability of the estimated breeding value for sire, understanding the MTEDC algorithm and continuous monitoring of EDC is required for correct MACE application of the five lactation multiple trait model.

(Key words : EDC, MACE, Multiple trait model, Breeding value, Milk yield)

#### 서 론

젖소 종축은 수입과 수출에 의하여 빈번한 국가간 교류가 이루어지고 있어 이러한 혈연적 연결을 이용할 경우 종축 능력을 객관적으로 비교할 수 있는 국제 유전능력 평가를 실시할 수 있다. 각 나라별로 자국의 개량 환경에 적합한 유전능력 평가 체계가 구축되어 있어 경제형질, 사육환경 및 육종가 추정 모형이 서로 다르기 때문에 Schaeffer (1994)는 다형질 종모우 모형 (Multiple-trait sire model)을 활용하여 각 국가별 유전능력평가결과를 서로 다른 형질로 취급하는 국가간 유전능력 비교 방법을 제안하였고, 현재 다형질 국가간 유전능력평가(MACE; Multiple-trait Across Country Evaluation) 기술로 정립되어 우리나라를 포함한 32개국(2013

년 3월 생산형질 기준) 젖소 국제 유전능력평가에 참여하고 있다 (Interbull, 2013).

Fiske와 Banos (2001)에 의하여 제안된 유효 딸소 기여도 (EDC; Effective Daughter Contribution)는 현재 국제유전능력평가에서 각 국가별 씨수소에 대한 능력 표준화하는 역회귀치 (DRP; Deregressed proof) 계산을 위한 가중치로 이용되고 있으며, 또한 육종가 추정 신뢰도를 간접적으로 측정하기 위하여 활용되고 있다. 과거에 종모우당 딸소 수를 이용한 가중치를 이용하였을 경우 국제 유전능력평가에서 종모우 분산추정치 편이 (Bias)가 발생하여 새로운 가중치 개발의 필요성이 대두되었고, 이에 따라 동기군 구조, 관련된 반복자료 및 중빈우의 신뢰도를 고려하여 더 정확한 가중치를 생성할 수 있는 EDC가 개발되어 이용되고 있다. 젖소 국제 유

\* Corresponding author : Joon-Ho Lee, Genomic Informatics Center, Hankyong National University, Anseong-si, Gyeonggi-do, 456-749, Korea, Tel: +82-31-670-5660, E-mail: zoonolee@gmail.com

전능력평가기구 (Interbull)는 종모우 평가 기준으로 EDC가 10 이하인 종모우에 대해서는 유전능력평가에 포함시키지 않으며, 평가 결과에 EDC와 이를 이용한 신뢰도를 평가 결과에 표기하고 있다.

EDC의 기본 개념은 VanRanden과 Wiggans (1991)에 의하여 Daughter equivalents (DE) 개념이 처음 제안된 이후 Information source 방법 (Harris and Johnson, 1998) Effective Number of Progeny (Jamrozik et al., 2000) 개념으로부터 확장되었으며, 중심 개념은 모든 방법에서 DE와 유사하다. 종모우의 경우 자기 자신의 표현형 자료가 없으므로 자손의 표현형 정보를 통하여 육종가를 추정하게 되며, 이러한 경우 추정된 종모우의 육종가 신뢰도는 표현형 정보를 소유하는 자손의 수와 유전모수에 의하여 영향 받는다. 각 나라별 추정 육종가에 의하여 산출되는 DRP는 나라별로 각 종모우의 딸소 수가 다르므로 이를 고려할 수 있는 가중치가 필요하게 된다. Fiske와 Banos (2001)는 모의자료 분석에서 EDC를 고려한 가중치가 종모우 분산추정치의 편의를 최소화한다는 연구결과를 발표하였으며, Liu 등 (2001, 2004)에 의하여 다형질 모형에서 다형질 모형 (MTEDC; Multiple Trait Effective Daughter Contribution) 적용으로 확장되었다.

현재 우리나라는 국제유전능력평가를 위하여 산차를 서로 다른 형질로 고려한 5산차 다형질 개체모형을 사용하고 있기 때문에 종모우의 EDC를 추정하기 위해서는 다형질 모형을 사용해야 한다. 따라서 본 연구의 목적은 다형질 모형에서의 EDC 계산 방법을 소개하고 실제 자료를 이용한 각 종모우의 MTEDC를 계산하여 산차별 딸소 기록과 비교하는데 있다.

## 재료 및 방법

### 1. 공시재료

농협중앙회 젖소개량부에서 수집한 한국형 보증종모우 및 수입 씨수소 2,046두의 딸소에 대한 산유량 검정기록 및 관련된 혈통을 수집하여 MTEDC 추정에 이용하였다. 수집된 산유량 검정기록 중 산차는 5산차, 누적착유일은 75~307일로 제한하였고, 305일 보정유량이 15,000 kg이 넘는 기록은 국제평가기준에 맞추기 위하여 제거하여 (Cho et al., 2013a), 총 301,551두 딸소의 681,860개 기록을 이용하였다. 각 산차별 기초통계자료는 Table 1과 같다.

Table 1. Number of records, means, standard deviations and of milk yields data by lactation

Lactation	Number of records	Mean	Standard deviation
1	287,602	8,417.6	1,612.6
2	192,925	9,660.1	1,951.8
3	112,825	10,058.8	2,013.3
4	59,749	10,173.7	2,047.6
5	28,759	10,133.1	2,061.5
Total	681,860	9,688.7	1,986.8

### 2. 분석방법

일반적인 행렬형태의 다형질 개체모형은 아래와 같다.

$$y = Xb + Zu + e$$

여기서,  $b$ 는 고정환경효과 벡터,  $X$ 는  $b$ 에 대한 계획행렬,  $a$ 는 상가적 유전효과 벡터,  $Z$ 는  $a$ 에 대한 계획행렬,  $e$ 는 잔차효과 벡터이다. 위 모형에서의 육종가 분산 및 잔차분산 행렬을 각각  $G_0$  (상가적 유전 분산공분산 행렬을  $G$ 라 할 경우  $G_0 = A \otimes G$ )와  $R_0$ 라 하면, 개체모형을 다음과 같이 종모우 모형으로 변환할 수 있다.

$$y = Xb + Z_s s + \epsilon$$

여기서,  $s$ 는 종모우의 상가적 유전효과 벡터이며,  $Z_s$ 는  $s$ 에 대한 계획행렬,  $\epsilon$ 는 종모우모형에서의 잔차효과 벡터이다. 종모우 모형에서의 종모우 육종가 분산 및 잔차분산을 각각  $G_s$ 와  $R_s$ 라 하면,  $G_s = 1/4 G_0$ 이고  $R_s = 3/4 G_0 + R_0$ 이다.

혼합모형방정식에서 모든 고정환경효과의 축소화 (absorbing) 이후 방정식의 좌변 (Left-hand side; LHS)과 우변 (Left-hand side; RHS)을 정리하면 아래와 같다.

$$(Z'_s W_s Z_s + G_s^{-1})\hat{s} = Z'_s W_s y$$

여기서  $W_s = R_s^{-1} X (X' R_s^{-1} X)^{-1} X' R_s^{-1}$ 이다. 혼합모형방정식 LHS의 역행렬 중 임의효과부분 (종모우의 상가적 유전효과부분)을  $C$ 라 하면,  $C = (Z'_s W_s Z_s + G_s^{-1})^{-1}$ 이며, 종모우의 다형질 육종가에 대한 신뢰도는 아래와 같다.

$$R_s = G_s^{-1} (G_s - C) = I - G_s^{-1} C = I - (Z'_s W_s Z_s G_s + I)^{-1}$$

이를 MTEDC 계산을 위하여 전환하면 아래와 같다.

$$\psi = Z'_s W_s Z_s = [I - R_s]^{-1} - I G_s^{-1}$$

개체별 추정 육종가의 신뢰도를 추정하기 위하여 부모 육종가 평균 (Parents average; PA), 자기 자신의 기록 (Own performance records; Y) 및 배우자의 육종가가 보정된 자손의 정보 (progeny information adjusted for mates; P-M)의 세 가지 정보원으로 분리하면, 개체별 EDC는 다음과 같은 세 가지 EDC 조건의 합으로 표현할 수 있다.

$$\psi = \psi_{PA} + \psi_Y + \sum \psi_{P-M}$$

위에서 계산된 다형질 EDC를 이용하여 다형질 신뢰도 행렬을 구성하면 다음과 같다.

$$R = I - (L')^{-1} \psi_L^{-1} + I^{-1}$$

여기서  $L$  행렬은  $G_s$ 를 분해한 (decomposition) 것으로  $G_s = LL'$ 이며,  $G_s^{-1} = (L')^{-1} L^{-1}$ 이다.

위의 알고리즘을 이용한 각 조건별 EDC 간접 추정 (Approximation) 절차는 다음과 같다 (Liu et al., 2001).

1) 자신의 기록을 이용한 EDC 추정  
 종모우의 경우 자기 자신의 표현형 자료가 없으므로 표현형을 가지는 딸소들에 해당된다. 개체 자신기록 기반의 육종가 신뢰도는 아래와 같으며 (VanRaden, 2001),

$$R_Y = I - (Z'WZG_0^{-1} + I)^{-1}$$

이를 이용한 EDC 계산은 아래와 같다.

$$\psi_Y = [(I - R_Y)^{-1} - I] G_s^{-1}$$

2) 최근의 후손에서 가장 오래된 선조까지의 각 개체별 후손의 정보로부터 EDC 축적

배우자의 육종가 기여도가 보정된 자손 정보로부터의 신뢰도 기여부분은 아래와 같다.

$$R_{P-M} = 1/4[E - E(E + (I - 1/4R_M^*)^{-1})^{-1}E]$$

여기서,  $R_M^*$ 은 딸소의 어미로 사용된 개체의 육종가 신뢰도이며,  $E = (I - R_P^*)^{-1} - I$ ,  $R_P^*$ 는 후손 자신의 기록 및 후손 개체의 또 다른 후손정보에 의하여 추정된 신뢰도이다. 이를 이용한 EDC 계산은 아래와 같다.

$$\psi_{P-M} = [(I - R_{P-M})^{-1} - I] G_s^{-1}$$

3) 가장 오래된 선조에서부터 최근의 후손까지 부모 육종가 평균을 이용한 EDC 계산

육종가 추정에서 부모의 육종가의 각 반을 물려받는 현상을 이용하는 것으로 부모 육종가 평균치의 신뢰도는 아래와 같다.

$$R_{PA} = 1/4(R_{sire}^* + R_{dam}^*)$$

여기서,  $R_{sire}^*$ 과  $R_{dam}^*$ 은 현재까지 누적 계산된 개체 각 부모의 육종가 신뢰도이며, 부모 사이에 혈연관계는 없다고 가정한다. 이를 이용한 EDC 계산은 아래와 같다.

$$\psi_{PA} = [(I - R_{PA})^{-1} - I] G_s^{-1}$$

4) 세 가지 요인별 EDC를 합하여 개체별 최종 EDC를 추정하였다.

분석에 이용된 각 산차별 유량의 유전분산 공분산 행렬은 Cho 등 (2013b)이 추정된 유전모수를 이용하였다.

### 결과 및 고찰

유생산 검정기록을 보유한 301,551두 딸소에 관련된 혈통정보를 분석한 결과, 검정기록을 보유한 301,551두 딸소 중 104,107두는 다른 딸소의 어미로 이용된 개체들이며, 114,162 개체는 검정기록 없이 혈통에만 존재하는 개체이다. 검정기록이 없는 개체들은 자신의 기록에 의한  $\psi_Y$  부분에 기여할 수 없으며, 또한  $\psi_{P-M}$  부분 중 자손의 육종가에 대한 종모우 배우자 보정이 이루어지지 않는다. 검정기록이 존재하는 암소 중 종번우로 이용된 개체는 자신의 기록에 의한  $\psi_Y$  부분에 기여할 수 있고, 또한  $\psi_{P-M}$  부분 중 자손의 육종가 부분이 종모우 배우자에 의한 보정이 이루어져 보다 정확한 EDC를 추정할 수 있게 한다. 유생산 기록이 존재하는 모든 딸소들의 개체별 종모우 육종가 기여량을 계산한 뒤 이를 종모우별로 종합하여 최종 EDC를 계산한 결과 및 이를 이용하여 추정된 육종가 추정 신뢰도는 Table 2과 같다.

각 산차별 EDC는 산차가 증가함에 따라 감소하고 있으며, 육종가 추정 신뢰도도 같은 추세를 나타내고 있다. 이는 국내 젖소의 평균 산차가 2.4산으로 다수의 딸소들이 3산 이전에 도태되는 현상에 기인하며 (Cho et al., 2013a), 또한 EDC 추정 자료에 포함된 가장 최근에 태어난 딸소 개체들이 1~2산 검정기록만을 보유하여 산차별 EDC 및 신뢰도의 감소를 나타낸 것으로 사료된다. 그러나 이러한 EDC 감소 추세는 산차별 다형질 모형의 적용으로 인하여 유전상관으로 연결되고 실제적 검정자료가 부족한 3~5산차의 결측 자료를 보완하여 완만하게 감소하는 결과를 나타낸다. Fig. 1과 같이 산차별 검정자료는 산차가 증가할수록 급격하게 하락하는 경향을 보이는 반면 추정 EDC는 산차별 유전상관으로 연결된 1, 2산 자료가 3~5산 결측자료에 기여하기 때문에 검정기록수의 감소에 비하여 완만한 EDC 감소가 나타나는 결과를 보이고 있다.

5산차 다형질 모형이 적용된 1EDC의 의미는 어떠한 종모우에서 큰 동기군 그룹 (contemporary group)에 소속된 딸소 1두가 1산에서 5산까지의 검정 기록을 갖는 것을 의미한다. 이는 단형질 모형에서 IDE가 1산차에 대한 검정기록을 가지는 딸소 1두를 보유하는 것

Table 2. Means and standard deviations of number of records, EDC and reliability (r) of estimated breeding value per sire by lactation

Lactation	No. of records			EDC1			r
	Mean	STD	Skewness	Mean	STD	Skewness	
1	141	450.0	7.85	113	354.0	7.91	0.56
2	94	320.0	8.78	89	261.8	8.27	0.55
3	55	193.2	8.84	73	204.9	7.97	0.54
4	29	104.1	8.58	54	108.6	5.31	0.52
5	14	50.9	8.66	35	50.49	3.33	0.50

<sup>1)</sup> Effective daughter contribution.

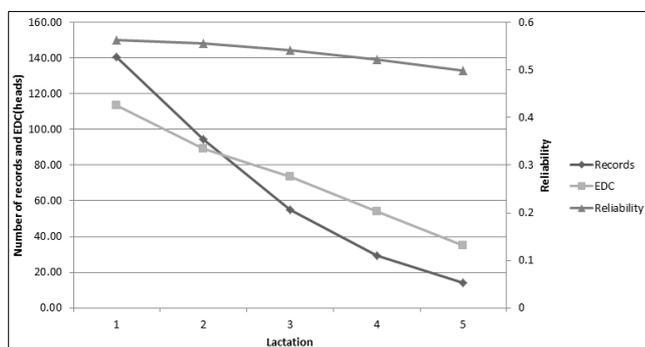


Fig. 1. Average number of records and EDC per sire by lactation.

과 유사한 개념이지만 어떠한 딸소 개체가 1, 2산 검정기록만을 보유할 경우 1산, 2산에 대한 DE는 각각 1이 되지만 3~5산의 DE는 0이 된다. 반면 다형질 모형이 고려된 EDC는 1, 2산에서 1EDC 보나 낮은 값으로 추정되지만 3~5산의 결측 자료에서도 유전상관으로 연결된 EDC가 발생하게 된다. 이러한 경향은 딸소 검정기록 10두 이하인 종모우 빈도 차이가 산차별로 크게 나타난 반면 EDC는 산차별 차이가 작게 나타난 Fig. 2의 결과에서도 확인할 수 있다.

젖소 국제 유전능력평가기구 (Interbull)의 종모우 평가 기준으로

EDC가 10 이하인 종모우들은 평가에서 제외시키고 있다. Fig. 3에 단형질모형을 이용할 경우와 다형질 모형을 이용할 경우에 대한 산차별 EDC 기준 부합개체 수를 나타내었다. 단형질을 이용할 경우 2산차 이상에서 부터 종모우당 딸소 기록이 부족하여 국제유전능력평가에 제외되는 종모우 두수가 많아지는 것을 확인할 수 있으며, 다형질을 이용할 경우 2산차 이상부터 단형질에 비하여 국제유전능력평가에 제외되는 종모우 두수가 적은 것으로 나타나 검정자료의 이용 효율이 증가한 것을 확인할 수 있다.

종모우의 출생 년도별 EDC 추세를 Fig. 4에 나타내었다. 1995년 최초의 한국형 보중종모우를 선발을 준비하기 시작하는 1990년대 초반부터 꾸준히 산차별 EDC가 증가하고 있으며, 2001년생 종모우 이후의 종모우들은 EDC가 다소 감소하고 있는 경향을 보이지만 수소 출생 이후 딸소를 생산하고 딸소가 검정기록을 소유하기 까지 많은 시간이 소요되는 것을 감안하면 일정 수준을 유지할 수 있을 것으로 사료된다. 다만 2000년생 종모우들의 EDC가 급격하게 낮은 경향을 보여 추가적인 원인 분석이 필요하다고 사료되며, 빠른 조기도태로 인하여 산차별 기록수의 차이가 커지는 것에 의한 것으로 예상되는 2001년생 이후 종모우들의 산차별 EDC 간격을 좁히기 위하여 암소의 장수성을 높이기 위한 노력이 필요하다고 사료된다.

Cho 등 (2013a)의 연구에서 젖소의 국제유전능력 평가를 위하여

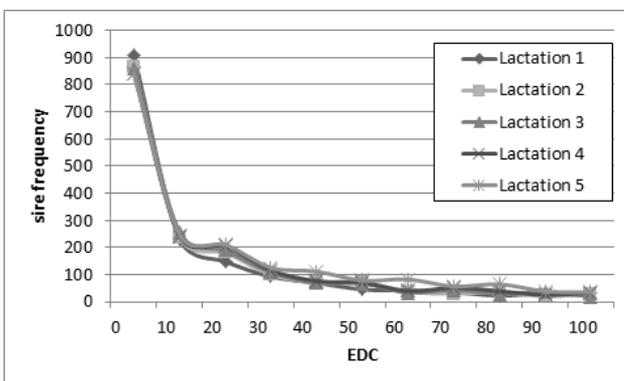
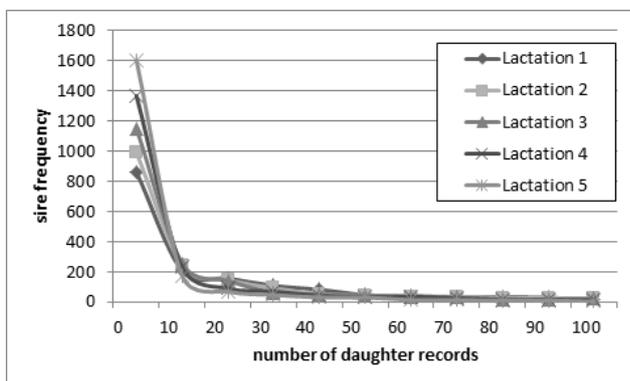


Fig. 2. Sire frequencies by number of daughter records (left) and EDC (right).

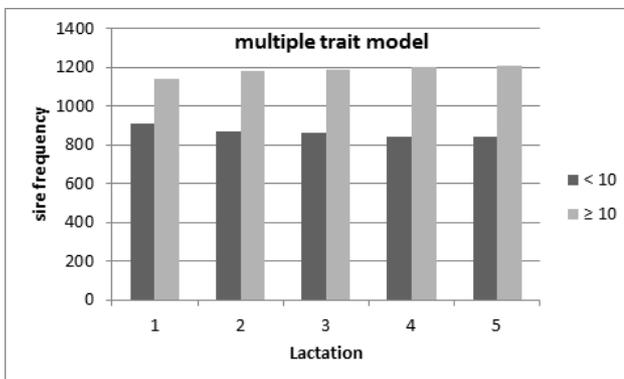
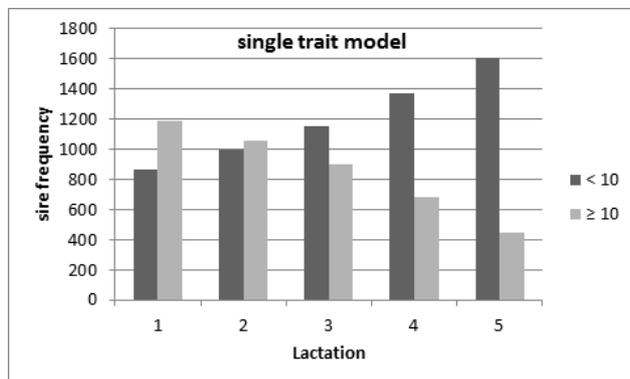


Fig. 3. Number of Sires with EDC under 10 and greater than or equal to 10 by lactation using single trait model(left) and multiple trait model(right).

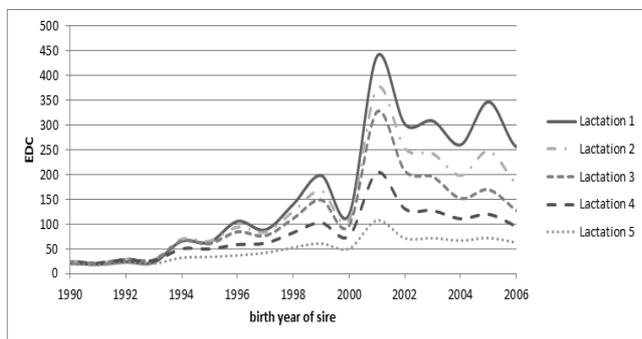


Fig. 4. EDC trend by birth year of sire.

다형질 모형을 이용함으로써 동기군 크기가 증가하였으며, 이러한 경우 동기군 크기가 부적합하여 제거되었던 딸소의 기록들이 활용되어 종모우당 딸소 수가 증가하고, 이는 종모우의 육종가 추정 신뢰도 증가로 연결된다. 또한 5산차 다형질 모형을 이용함으로써 유생산 검정자료의 산차별 결측자료가 존재하더라도 유전상관으로 연결되어 유효 딸소 기여도가 종모우별로 증가하게 되고 이는 검정기록이 부족한 형질의 육종가 추정 신뢰도를 증가시키게 된다. 기존의 1산차만의 능력을 이용하여 씨수소의 능력을 평가하는 방법보다 5산차 다형질 모형을 적용하는 것이 EDC 및 신뢰도의 증가 측면에서 바람직하며, 이는 검정기록의 활용도 증가를 위하여 필수적인 것으로 사료된다. 또한 EDC 계산은 국제유전능력평가를 위해서는 관련 알고리즘에 대한 이해가 필요하며, 지속적인 EDC 검증 및 종모우당 딸소 검정 두수 증가 등의 노력이 필요하다고 사료된다.

### 요 약

국가간 유전능력평가를 위하여 5산차 다형질 모형을 적용한 다형질유효 딸소 기여도를 추정하기 위하여 농협중앙회 젖소개량부에서 수집한 한국형 보종종모우 및 수입 씨수소 2,046두의 딸소에 대한 산유량 검정기록 및 관련된 혈통을 수집하였으며, 수집된 산유량 검정기록 중 산차는 5산차, 누적착유일은 75~307일로 제한하였고, 305일 보정유량이 15,000 kg이 넘는 기록은 국제평가기준에 맞추기 위하여 제거하여, 총 301,551두 딸소의 681,860개 기록을 이용하였다. EDC 계산을 위하여 모든 개체의 육종가 추정 신뢰도를 부모 육종가 평균 (Parents average), 개체의 기록 (Yield deviation) 및 배우자의 신뢰도가 보정된 후손의 육종가 기여도 (Progeny contribution) 부분으로 분리하였으며, 1~5산차 유생산 유전상관을 고려하여 다형질 유효 딸소 기여도를 추정하였다. 씨수소 2,046두의 유생산 기록을 가지는 딸소 두수의 산차별 평균은 1~5산에서 각 140.57, 94.24, 55.14, 29.20 및 14.06두로 나타났으며, 추정된 MTEDC는 113.49, 89.28, 73.56, 54.02 및 35.08로 나타나 3산 이후의 기록이 부족함에도 유전상관을 고려한 EDC 추정치는 높게 형성되어 검정자료의 활용도가 높아진 것을 확인하였다. 또한 EDC 계산은 국제유전능력평가 적용을 위한 필수항목

으로 정확한 국제유전능력평가를 위해서는 관련 알고리즘에 대한 이해가 필요하며, 지속적인 EDC 검증 및 종모우당 딸소 검정 두수 증가 등의 노력이 필요하다고 사료된다.

(주제어: 유효딸소기여도, 국제유전능력평가, 다형질모형, 육종가, 산유량)

### 사 사

본 논문은 농촌진흥청 공동연구사업 (과제번호: PJ009260) 의 지원에 의해 이루어진 것임

### 인 용 문 헌

Cho, K. H., Park, B. H., Choi, J. K., Choi, T. J., Choy, Y. H., Lee, S. S. and Cho, C. I. 2013a. Development of International Genetic Evaluation Models for Dairy Cattle. *J. Anim. Sci. & Tech.* 55(1) 1-6.

Cho, C. I., Cho, K. H., Choy, Y. H., Choi, J. K., Choi, T. J., Park, B. H. and Lee, S. S. 2013b. Estimation of Genetic Parameters for Milk Production Traits in Holstein Dairy Cattle. *J. Anim. Sci. & Tech.* 55(1) 7-11.

Fikse, W. F. and Banos, G. 2001. Weighting Factors of Sire Daughter Information in International Genetic Evaluations. *J. Dairy Sci.* 84:1759-1767.

Harris, B. and Johnson D. 1998. Approximate Reliability of Genetic Evaluations Under an Animal Model. *J. Dairy Sci.* 81:2723-2728.

Jamrozik, J., Schaeffer, L. R. and Jansen, G. B. 2000. Approximate Accuracies of Prediction from Random Regression Models. *Livest. Prod. Sci.* 66:85-92.

Liu, Z., Reinhardt, F. and Reents, R. 2001. The Effective Daughter Contribution Concept Applied to Multiple Trait Models For Approximating Reliability of Estimated Breeding Values. *Interbull Bulletin* 27, 41-47.

Liu, Z., Reinhardt, F. and Reents, R. 2004. Derivation and Calculation of Approximate Reliabilities and Daughter Yield-Deviations of a Random Regression Test-Day Model for Genetic Evaluation of Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.* 87:1896-1907.

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

VanRaden, P. M. and Wiggans, G. R. 1991. Derivation, Calculation, and Use of National Animal Model Information. *J. Dairy Sci.* 74:2737-2746.

VanRaden, P. M. 2001. Methods to Combine Estimated Breeding Values Obtained from Separate Sources. *J. Dairy Sci.* 84(E. Suppl.):E47-E55.

Interbull. 2013. Interbull Routine Genetic Evaluation for Dairy Production Traits. <http://www-interbull.slu.se/eval/framesida-prod.htm> (Received Jul. 15, 2013; Revised Aug. 13, 2013; Accepted Aug. 21, 2013)