

젖소군의 유생산 수준별 이질성 분산 보정[†]

조광현¹ · 이준호² · 박경도³

¹농촌진흥청 국립축산과학원 · ²³국립한경대학교 동물유전체육종사업단
접수 2014년 5월 21일, 수정 2014년 6월 19일, 게재확정 2014년 7월 3일

요약

본 연구는 젖소의 검정성적, 총 502,228개를 이용하여 젖소군 분산에 대한 이질성을 비교 검증하고 동질적인 분산을 유도하기 위하여 수행되었다. 유량, 유지방량과 유단백량에 대한 유전력은 각각 0.28, 0.26과 0.24로 추정되었으며, 출생년도별 평균 육중가는 HV (heterogenous variance) 모형의 추정치가 animal 모형의 것보다 일괄적으로 낮게 나타났다. 국제유전능력평가 기준에 적용된 씨수소 545두에 대한 유량, 유지방량, 유단백량의 평균 육중가는 각각 453.54kg, 10.75kg과 14.33kg이었으며, 이질성이 보정된 경우의 평균 육중가는 각각 432.06kg, 10.15kg과 13.40kg으로서 모든 유생산 형질에서 보정된 자료의 육중가 평균이 일괄적으로 낮게 나타났다. animal 모형에서 데이터세트 I 과 II 사이의 표현형 상관계수는 유량 0.839, 유지방량 0.821, 유단백량 0.837이었으며, HV 모형에서는 유량 0.841, 유지방량 0.820, 유단백량 0.836으로 두 모형에서 거의 유사한 결과를 나타내었다. animal 모형과 HV 모형으로 비교한 결과 유량에서 θ 값은 15.157에서 16.105, 유지방량은 -0.227에서 -0.196으로 증가하였으나 유단백량의 경우 0.630에서 0.586으로 감소하였다.

주요용어: 유전력, 육중가, 이질성, 표현형상관.

1. 머리말

국내 젖소집단의 유생산형질들에 대한 유전적 능력은 꾸준히 향상되고 있으며, 선발의 정확도를 높이기 위한 다양한 평가방법들이 연구되어지고 있다 (Cho 등, 2013a; Cho 등, 2013b). 그러나 국내 젖소 유전능력평가시스템은 젖소군간의 분산이 동일하다는 가정하에 평가가 이루어지기 때문에 우수한 씨수소와 씨암소 (elite cow)는 유생산량이 높은 젖소군에서 대부분이 선발되어지는 문제점이 나타났으며, 이러한 원인은 젖소군간 분산의 이질성이 존재함으로써 유생산량이 높은 군에서 더 많은 종축들이 선발되는 오류를 범할 수 있다. 또한 젖소군의 유량수준별 생산형질들에 대한 유전모수의 변화로 젖소군간 분산의 이질성이 보고되었다 (Lee 등, 1993). 현재 젖소 국제유전능력평가 (MACE; multiple-trait across country evaluation)에 한국을 포함한 32개국에 참여하고 있으며 (Interbull, 2013), 대부분의 국가에서 젖소군-분만년도-분만계절이 같은 동기군을 이용한 보정으로 분산의 이질성에 대한 문제를 해결하고 있다.

따라서 본 연구는 보정모형과 개체모형을 이용하여 젖소군 분산의 이질성을 비교 검증하고 동질적인 분산을 유도함으로써 국내 젖소유전능력평가시스템의 정확도를 개선하고 우수한 종축을 선발 할 수 있는 평가방법을 마련하는데 목적이 있다.

[†] 이 논문은 농촌진흥청 공동연구사업 (과제번호: PJ010465)의 지원에 의해 이루어진 것임.

¹ (331-801) 충남 천안시 서북구 성환읍 신방1길 114, 농촌진흥청 국립축산과학원, 연구사.

² (456-749) 경기도 안성시 중앙로 327, 국립한경대학교 유전체육종사업단, 연구원.

³ 교신저자: (456-749) 경기도 안성시 중앙로 327, 국립한경대학교 유전체육종사업단, 연구교수.

E-mail: doobalo@hknu.ac.kr

2. 재료 및 방법

2.1. 공시재료

본 연구는 농협중앙회 젖소개량사업소로부터 김정성적, 1,410,733개를 수집하였으며, 5산차 이하의 자료 중에서 305일 유량, 유지방량과 유단백량이 각각 15,000kg, 600kg과 500kg이상인 기록은 분석에서 제외한 후, 총 502,228개를 이용하였다. 분석모형에 포함된 동기군의 수는 113,682개였고 혈통자료 내 검정우의 수와 총 개체의 수는 각각 235,979두와 349,971두였으며, 3,166개의 씨수소중 양쪽 부모를 아는 개체는 2,469두였다. 분석자료에서 1산차의 기록이 222,348개로 전체의 44.3%를 차지하였고 산차가 증가할수록 기록의 수는 현저히 감소하였으며, 4산차에서 유생산형질들에 대한 수치가 가장 높게 나타났다 (Table 2.1).

Table 2.1 Means and standard deviations (STD) of milk production traits

Parity	No. of records	Milk (kg)	Fat (kg)	Protein (kg)
		Mean ± STD	Mean ± STD	Mean ± STD
1	222,348	8,335 ± 1,749	316 ± 70	262 ± 53
2	143,040	9,538 ± 2,012	358 ± 79	299 ± 60
3	79,420	9,893 ± 2,067	373 ± 80	308 ± 62
4	39,651	10,005 ± 2,071	378 ± 80	309 ± 62
5	17,769	9,974 ± 2,069	377 ± 80	306 ± 61
Overall	502,228	9,114 ± 1,911	344 ± 75	285 ± 58

2.2. 통계적 방법

분석모형은 일반적인 animal 모형 (2.1)과 HV (heterogeneous variance) 모형 (2.2)을 이용하였다 (Kistemaker와 Schaeffer, 1998).

$$y_{original} = fix_{all} + animal + error \quad (2.1)$$

$$(y_{original} - fix_{all}) * f_{HYS} = fix_{all} + animal + error \quad (2.2)$$

위에서, $y_{original}$ = 유생산형질 (kg), fix_{all} = 젖소군-분만년도-분만계절 (HYS)과 분만월령의 고정효과, $animal$ = 개체의 유전적 상가효과, f_{HYS} = 젖소군-분만년도-분만계절 (HYS)에 대한 보정계수로서 다음과 같다.

$$f_{HYS_i} = \frac{\sigma_{E_i}}{\sigma_{HYS_i}}, \quad \sigma_{E_i} = \frac{\sigma \cdot k + \sigma_{HYS_i} \cdot n_i}{k + n_i} = \frac{k}{k + n_i} \sigma + \frac{n_i}{k + n_i} \sigma_{HYS_i}, \quad k = \frac{\sum_i n_i}{n_{HYS}}$$

위에서, σ_{HYS_i} = i 번째 젖소군-분만년도-분만계절의 표준편차, σ = 젖소군-분만년도-분만계절의 평균 표준편차, σ_{E_i} = i 번째 젖소군-분만년도-분만계절의 표준편차 기대치, n_i = i 번째 젖소군-분만년도-분만계절내 젖소의 수, k = 젖소군-분만년도-분만계절내 평균 젖소의 수, n_{HYS} = 총 젖소군-분만년도-분만계절의 수이다. 또한 최근 분석한 국가단위 유전능력 평가자료와 분석년도에서 최근 4년치를 제외한 자료로 유전평가를 실시하여 씨수소에 대한 딸소 수의 변화와 새롭게 추가된 딸소들의 효과가 씨수소의 육종가에 어느 정도 영향을 미치는지 조사하였다.

$$y_i = a + bX_i + \theta t_i + e_i \quad (2.3)$$

위에서, y_i = 최근 분석한 유전능력평가에서 i 번째 씨수소의 육종가, a = 전체 평균, X_i = 최근 4년치 자료를 제외한 유전능력평가에서 i 번째 씨수소의 육종가, t_i = i 번째 씨수소의 최근 4년간 연도별로 추가된 딸소들의 비율, b 와 θ 는 회귀계수, e_i = 오차이며, 기초 통계처리는 SAS 버전 9.2 (SAS Institute Inc., 2008)를 이용하였다.

3. 결과 및 고찰

3.1. 육종가와 분산

유량, 유지방량과 유단백량에 대한 유전분산은 각각 373422.1, 533.6과 264.1이었으며, 이들에 대한 유전력은 각각 0.28, 0.26과 0.24로 추정되었다 (Table 3.1). 이러한 결과는 Hagiya 등 (2005)이 보고한 유량, 유지방량과 유단백량의 유전력, 0.307, 0.289, 0.255와 일일유량의 유전력 0.38 (Cho 등, 2013c)에 비하여 다소 낮게 추정되었다.

Table 3.1 Genetic parameters for national genetic evaluations

Traits	Genetic variance	Standard deviation	Heritability
Milk	373422.1	611.8	0.283
Fat	533.6	23.1	0.262
Protein	264.1	16.3	0.237

다형질개체모형 (multiple animal model)에 의한 산차별 육종가에 대한 가중치는 1산차, 2산차, 3산차, 4산차와 5산차에서 각각 0.45, 0.30, 0.20, 0.025와 0.025로 가중치를 주고 유생산형질들에 대한 육종가를 추정 한 후, 출생년도별 평균 육종가와 분산을 비교하여 Figure 3.1, 3.2와 3.3에 나타내었다. 유량, 유지방량, 유단백량에 대한 출생년도별 평균 육종가는 HV 모형의 추정치가 animal 모형의 것보다 낮게 나타남으로 Robert-Granié와 Bonaiti (1998)의 결과와 일치하였다.

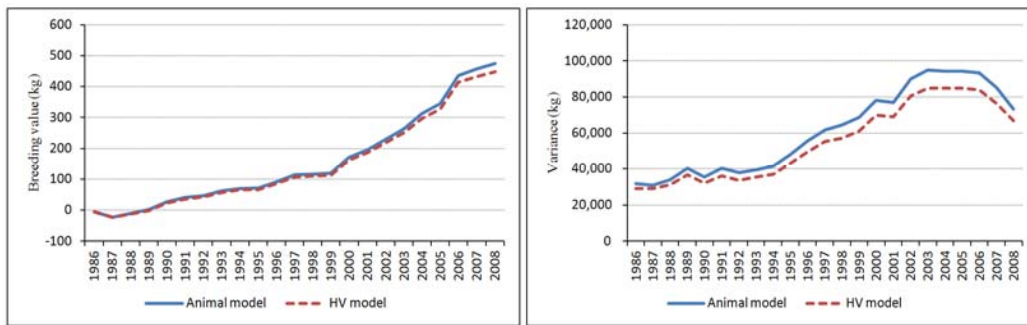


Figure 3.1 The comparative breeding value and variance trends between animal model and heterogeneous variance (HV) model for milk yields (kg)

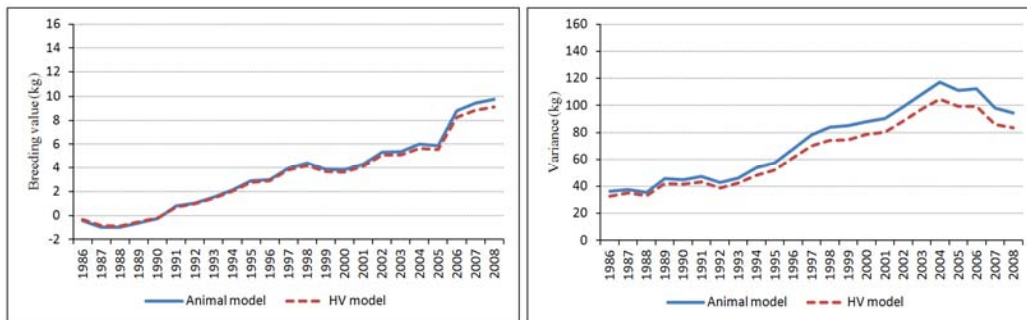


Figure 3.2 The comparative breeding value and variance trends between animal model and heterogeneous variance (HV) model for fat yields (kg)

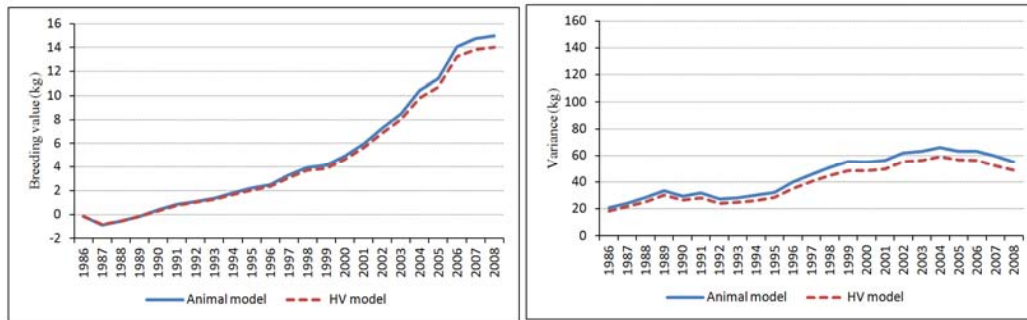


Figure 3.3 The comparative breeding value and variance trends between animal model and heterogeneous variance (HV) model for protein yields (kg)

또한 분산의 경우도 출생년도에 따라 일괄적인 증가 추세를 나타내고 있었으며, 이러한 결과는 국내 젖소집단의 능력이 꾸준히 향상되고 있음을 보여주고 있다. 한편, 1990년대 출생한 개체들과 2000년대 출생한 개체들 사이에서 분산의 이질성이 뚜렷하게 나타났기 때문에 젖소군 분산의 이질성에 대한 보정을 통하여 유전능력평가의 정확도를 높일 수 있다고 생각된다. 또한 유지지방량 분산의 경우 유단백량 분산에 비하여 다소 높은 수치를 보여주고 있는 것은 국내 유대산정체계가 유지지방 위주로 개량이 되었기 때문이다.

3.2. 이질성 보정의 검증

분산의 이질성이 안정화되었는지 검증을 하기 위하여 2010년까지의 유전능력 평가자료 (데이터세트 I)와 2010년에서 4년치를 제외한 자료 (데이터세트 II)로 나누어 유전능력 평가를 실시하였다. 이는 씨수소의 딸수소 변화와 새롭게 추가된 딸소들이 육종가에 미치는 효과를 분석하기 위하여 animal 모형과 HV 모형을 수행하여 얻어진 씨수소의 육종가를 이용하여 분석하였다. 총 씨수소의 수는 1,616두였으나 국제적으로 씨수소 평가에 적용되는 씨수소당 딸소수가 20두 미만인 씨수소는 제한하여 최종적으로 이용된 씨수소의 수는 545두였다. 씨수소들에 대한 유량, 유지지방량, 유단백량의 평균 육종가는 각각 453.54kg, 10.75kg과 14.33kg이었으며, 이질성이 보정된 자료에서 추정된 씨수소들의 유량, 유지지방량, 유단백량의 평균 육종가는 각각 432.06kg, 10.15kg과 13.40kg (Table 3.2)으로서 모든 유생산형질에서 보정된 자료의 육종가 평균이 일괄적으로 낮게 나타났다 (Robert-Granié와 Bonaiti, 1998).

Table 3.2 Statistical properties of breeding value for milk production traits (kg) in each dataset

Traits	No. of records	Mean	Standard deviation	Sum	Minimum	Maximum
Milk	545	453.54	373.79	247,177	-928.65	1,719.00
Fat	545	10.75	13.48	5,861	-33.01	64.67
Protein	545	14.33	10.33	7,810	-27.69	48.38
Milk*	545	432.06	353.11	235,473	-852.88	1,623.00
Fat*	545	10.15	12.67	5,532	-31.038	60.54
Protein*	545	13.40	9.75	7,301	-24.64	45.71

*Adjusted data by heterogeneous variance

Table 3.3 Correlations between dataset I and II by animal model (AM) and heterogeneous variance model (HVM) in each milk production traits

Model	Milk (<.0001)	Fat (<.0001)	Protein (<.0001)
AM	0.839	0.821	0.837
HVM	0.841	0.820	0.836

각 유생산형질별 상관관계를 추정한 결과 animal 모형에서 데이터세트 I과 II사이의 표현형상관은 유량 0.839, 유지방량 0.821, 유단백량 0.837의 상관을 보였으며, HV 모형은 유량 0.841, 유지방량 0.820, 유단백량 0.836으로 두 모형에서 거의 유사한 결과를 나타내었다 (Table 3.3).

animal 모형과 HV 모형으로 검증한 결과 유량에서 씨수소의 최근 4년간 연도별로 추가된 딸소들의 비율에 대한 식 (2.3)의 회귀계수 θ 값이 15.157에서 16.105, 유지방량은 -0.227에서 -0.196으로 상승하였으나 유단백의 경우 0.630에서 0.586으로 감소하였다 (Table 3.4). 이러한 원인은 유생산형질에 대한 유전적 개량량은 매년 증가하고 있으나 그동안 국내 유대산정에서 유량과 유지방량에 의해 가격이 책정되어 이 두 형질은 자료는 정확성이 있으나 유단백량의 경우 정확성이 떨어지기 때문에 유단백량에 대한 전반적인 자료의 점검이 필요할 것으로 판단된다.

Table 3.4 Estimates and standard errors of regression coefficient by animal model (AM) and heterogeneous variance model (HVM) in each trait

Traits	AM		HVM		Pr > t
	Estimate	SE	Estimate	SE	
Milk	15.157	9.58	16.105	8.91	<.0001
Fat	-0.227	0.38	-0.196	0.36	<.0001
Protein	0.630	0.26	0.586	0.25	<.0001

4. 결론

국내의 씨수소 및 낙농가들이 보유한 젖소들의 유전능력 순위는 매년 2회 국가단위 젖소유전능력평가에 의하여 정해지고 있기 때문에 유전능력평가는 낙농가들이 씨수소 정액의 선별과 목장 운영에 있어서 매우 중요하다. 젖소군의 유량생산수준은 목장의 관리방법에 따라 많은 차이가 나기 때문에 아무리 능력 우수한 젖소라도 나후된 목장에서는 자신의 능력을 발휘하기가 쉽지 않다. 따라서 대부분의 우수한 젖소는 유생산량이 높은 젖소군에서 선발되어지는 문제점을 안고 있다. 이제 한국도 국제유전능력평가(MACE)에 참여함으로써 선진 낙농국가로 발돋움하였다. 국내에서 활약중인 씨수소들의 정확한 유전능력을 알기 위해서는 우선적으로 국내 젖소유전능력평가의 정확도를 증가시켜야 한다. 국제유전능력평가는 국가별 유전능력평가에 의하여 추정된 씨수소들의 육종가와 유효딸소의 수를 이용하여 재평가를 하기 때문이다.

국내 젖소집단은 그동안 꾸준히 개량되어 왔으나 유량과 유지방량에 의한 유대산정으로 인하여 단백질량, 체세포 수 등의 경제형질들에 대한 개량은 최근어야 이루어지고 있다. 본 연구에서 젖소의 이질 성분산의 여부를 판단하고 이를 해결하기 위하여 보정모형과 개체모형을 이용하여 젖소군 분산의 이질성을 비교 검증한 결과 국내 젖소유전능력평가시스템의 정확도를 개선하기 위해서는 단백질자료의 점검이 필요할 것으로 보이며 추가적으로 이질성분산을 보정할 수 있는 국제유전평가 프로그램이 개발되어야 할 것으로 판단되었다.

References

- 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. *Korean Journal of Animal Science and Technology*, **55**, 1-10.
- Cho, K. H., Choi, T. J., Choi, C. I., Park, K. D., Do, K. T., Oh, J. D., Lee, H. K., Kong, H. S. and Lee, J. H. (2013b). Approximation of multiple trait effective daughter contribution by dairy proven bulls for MACE. *Korean Journal of Animal Science and Technology*, **55**, 399-403.

- Cho, K. H., Lee, H. K., Lee, J. H. and Park, K. D. (2013c). Estimation of genetic parameters for milk flow traits in Holstein dairy cattle. *Journal of the Korean Data & Information Science Society*, **24**, 487-493.
- Hagiya, K., Atagi, Y., Shirai, T. and Suzuki, M. (2005). Simultaneous estimation of genetic parameters and heterogeneous variances for production traits of Holstein cattle in Japan. *Interbull Bulletin*, **33**, 155-159.
- Interbull. (2013). Interbull routine genetic evaluation for dairy production traits. Available from <http://www-interbull.slu.se/eval/framesida-prod.htm>.
- Kistemaker, G. J. and Schaeffer, L. R. (1998). Adjustment for heterogeneous herd-test-day variances. *Interbull Bulletin*, **17**, 55-59.
- Lee, K. J., Park, K. D., Kang, M. S., Kang, M. G., Lee, Y. K., Cho, K. H. and Choi, J. B. (1993). A study on the change of variance components by milk production levels in dairy herds. *Korean Journal of Animal Science and Technology*, **35**, 471-475.
- Robert-Granié, C. and Bonaïti, B. (1998). Estimation of breeding values and heterogeneous variance in French dairy evaluation: First report. *Interbull Bulletin*, **17**, 91-95.
- SAS Institute Inc. (2008). *SAS/STAT 9.2 user's guide*, SAS Institute Inc., Cary, NC.

Adjustment of heterogeneous variance by milk production level of dairy herd[†]

Kwang-Hyun Cho¹ · Joon-Ho Lee² · Kyung-Do Park³

¹National Institute of Animal Science, RDA

^{2,3}Animal Genomics & breeding Center, Hankyong National University

Received 21 May 2014, revised 19 June 2014, accepted 3 July 2014

Abstract

This experiment was conducted to compare heterogeneity for the variance in dairy cattle population and to induce homogeneity of variance using 502,228 performance test records of dairy cattle. The estimates of heritability for milk yields, fat yields and protein yields were 0.28, 0.26 and 0.24, respectively and the estimate of average breeding value by birth year was lower in HV (heterogenous variance) model than in animal model, collectively. The average breeding values of milk yields, fat yields and protein yields for 545 sire bulls applicable to the criteria of interbull MACE programme were 453.54kg, 10.75kg and 14.33kg, respectively and when the heterogeneity was adjusted they were 432.06kg, 10.15kg and 13.40kg, respectively, which were lower in all milk traits collectively. In animal model, coefficients of phenotypic correlation between dataset I and II were 0.839 in milk yields, 0.821 in fat yields, and 0.837 in protein yields, while in HV model, they were 0.841 in milk yields, 0.820 in fat yields, and 0.836 in protein yields, showing similar results in 2 models. When compared using animal model and HV model, the regression coefficient for ratio of number of daughters by calving year of milk yields increased from 15.157 to 16.105 and that of fat yields increased from =0.227 to =0.196, but that of protein yields decreased from 0.630 to 0.586.

Keywords: Breeding value, heritability, heterogeneity, phenotypic correlation.

[†] This work was carried out with the support of “Cooperative Research Program for Agriculture Science and Technology Development (Project No. PJ010465)” Rural Development Administration, Republic of Korea.

¹ Junior researcher, National Institute of Animal Science, RDA, Chungnam 330-801, Korea.

² Researcher, Animal Genomics & Breeding Center, Hankyong National University, Gyeonggi-do 456-749, Korea.

³ Corresponding author: Research professor, Animal Genomics & Breeding Center, Hankyong National University, Gyeonggi-do 456-749, Korea. E-mail: doobalo@hknu.ac.kr