

임의회귀 검정일 모형을 이용한 홀스타인 젖소의 1산차 산유형질 및 체세포지수에 대한 유전모수

이득환* · 조주현** · 한광진**

한경대학교*, 농협중앙회**

Genetic Parameters for Milk Production and Somatic Cell Score of First Lactation in Holstein Cattle with Random Regression Test-Day Models

D. H. Lee*, J. H. Jo**, K. G. Han**

Hankyong National University*, National Agricultural Co-operative Federation**

ABSTRACT

The objective of this study was to estimate genetic parameters for test-day milk production and somatic cell score using field data collected by dairy herd improvement program in Korea. Random regression animal models were applied to estimate genetic variances for milk production and somatic cell score. Heritabilities for milk yields, fat percentage, protein percentage, solid-not-fat percentage, and somatic cell score from test day records of 5,796 first lactation Holstein cows were estimated by REML algorithm in single trait random regression test-day animal models. For these analyses, Legendre polynomial covariate function was applied to model the fixed effect of age-season, the additive genetic effect and the permanent environment effect as random. Homogeneous residual variance was assumed to be equal throughout lactation. Heritabilities as a function of time were calculated from the estimated curve parameters from univariate analyses. Heritability estimates for milk yields were in range of 0.13 to 0.29 throughout first lactation. Heritability estimates for fat percentage, protein percentage and solid-not-fat percentage were within 0.09 to 0.11, 0.12 to 0.19 and 0.17 to 0.23, respectively. For somatic cell score, heritabilities were within 0.02 to 0.04. Heritabilities for milk productions and somatic cell score were fluctuated by days in milk with comparing 305d milk production.

(Key words : Random regression model, Test day, Genetic variance, Heritability, Persistency)

I 서 론

지금까지 우리나라 젖소의 종모우 선발을 위한 유전분석은 1산차 산유형질들에 대한 305일 보정에 의한 단형질 평가에 의존하여 왔다(축산기술연구소, 2001). 하지만 Ptak와 Schaeffer(1993)은 305일 보정 산유형질에 대한 분석은

사전보정(pre-adjustment)에 의한 추정의 편의현상 및 개체 고유의 유전적 비유지속성 등에 대한 효과를 고려하지 않음으로써 분석의 정확도를 저하시킬 수 있는 오류가 발생할 가능성이 높기 때문에 각 검정일별 자료를 분석모형에 고려하여 분석할 수 있는 검정일 모형을 제시하였으며 Jamrozik과 Schaeffer(1997)는 이러한

Corresponding author : D. H. Lee, Dept. of Animal Life and Resources, Hankyong National University, Seokjong-dong 67, Ansung-si, Kyonggi-do, 456-749, Korea, Tel : 031-670-5091, Fax : 031-676-5091, E-mail : dhlee@hnu.hankyong.ac.kr

시계열자료에 있어서 검정일을 회귀식에 적합시키고 각 회귀식을 임의변량으로 간주한 임의회귀 검정일 모형(Random Regression Test-Day Model)에 대한 가능성을 제시하였다. 실제로 캐나다의 경우, 1999년부터 다산차 비유기록을 이용한 다수의 형질에 대하여 검정일 임의회귀모형을 적용한 국가단위 종축평가를 실시하고 있는데 분석형질은 유량, 유지방량, 유단백량 및 체세포 지수 등에 대하여 1산차부터 3산차까지 검정일 기록을 이용하여 Wilmink's function (Wilmink, 1987)을 이용한 유전분석을 실시하고 있다. 실제로 캐나다의 경우, 이러한 방법을 이용한 통계분석모형은 착유우 두당 72개 식으로 구성되며 1.3백만두의 검정일 기록을 이용할 때, 21백만 이상의 식에 대한 분석을 실시해야 하는 어려움이 있다고 보고하였다. 따라서 Jamrozik과 Schaeffer(2000)는 이렇게 방대한 자료에 대한 분석방법에 대하여 보고한 바가 있으며 Jamrozik 등(1997)은 임의회귀모형에서 사용되는 여러가지 공변량의 효율성을 비교한 바가 있으나 각각의 공변량 함수가 서로 장단점이 있기 때문에 아직까지 연구단계에 있는 실정이다. Jensen (2001)은 검정일 자료에 대한 유전분석 방법에 있어서 2단계로 구분하여 검정일에 영향을 환경효과를 보정 후 검정일 자료를 유전분석하는 방법과 검정일 환경효과를 공변량 함수에 적합하여 분석하는 방법을 제시하였고 또한 검정일에 대하여 구간을 설정 후 다변량 함수를 활용한 분석방법과 공변량 함수를 이용하여 분석하는 방법을 비교 검토하여 제시하였으나 최적한 유전분석방법을 아직 연구단계에 있는 실정이다. 따라서 본 연구는 우리나라 Holstein 젖소의 1산차 검정일 산유형질들에 대하여 임의회귀 검정일 모형을 설정하고 각 형질별 검정일별 유전모수를 공변량 함수를 이용하여 추정함으로써 검정일별 유전적 변이를 알아보고 검정일 모형에 의한 국가단위 유전능력 평가방법에 대한 가능성을 제시하고자 수행하였다.

II 재료 및 방법

본 연구에 이용된 자료는 농협중앙회에서

수행하고 있는 젖소 산유능력 검정자료들 중 한국종축개량협회에서 수행하고 있는 젖소 등록사업으로부터 수집된 혈통이 알려진 개체의 1산차 산유형질들에 대한 검정일 기록을 이용하였다. 본 분석에 이용된 검정자료는 1999년 이후 초산 분만한 5,796두로부터 조사된 기록 41,070이었으며 분석에 고려된 형질들은 검정일 유량(Milk), 유지방율(FAT), 유단백율(PROTEIN), 무지고형분율(SNF) 및 체세포지수(SCS) 등 이었다. 분석의 정확도를 기하고 추정의 편의를 제거하기 위하여 총 조사된 자료들 중, 축군 - 검정일(HTD) 기록수가 3이상이며 난우 두당 검정기록수가 3 이하인 개체는 분석에서 제외하였다. 또한 부모를 알지 못하는 개체의 기록은 모두 제거하였으며 HTD에 대하여 혈연관계에 disconnected된 HTD에 속한 기록은 제외하였다. 자료수 및 이들 기록에 대한 일반정보는 Table 1에 제시하였다.

초산 산유기록에 대한 단형질 분석모형으로서 임의회귀 검정일 선형모형은 다음과 같다.

$$y_{ijlm} = HTD_i + \sum_{k=1}^3 b_{jk} z_{lmk} + \sum_{k=1}^3 a_{lk} z_{lmk} + \sum_{k=1}^3 pe_k z_{lmk} + e_{ijlm}$$

여기서 y_{ijlm} 은 해당 분석형질에 대한 i 번째 축군 - 검정일(HTD)에 해당하고 j 번째 분만시나이 - 계절 효과에 속하며 l 번째 난우의 m 번째 기록이며, HTD_i 는 i 번째 축군 - 검정일 효과이고, b 는 l 번째 개체에 중첩된 고정효과 회귀계수이고, a 와 pe 는 l 번째 개체에 중첩된 임의 회귀계수이다. z_{1-3} 은 Gengler 등(1999)이 제시한 Legendre polynomials을 변형한 검정일의 공변량으로 다음과 같이 계산하였다.

$$z_1 = 1; z_2 = \sqrt{3}x; z_3 = \sqrt{5/4}(3x^2 - 1)$$

여기서 $x = -1 + \times DIM^*$ 이며 DIM^* 는 $-1 \sim 1$ 의 범위를 갖는 검정일을 표준화한 값이다. 또한 본 분석을 행렬식으로 표현하면 다음과 같다.

$$y = Hc + Xb + Za + Wpe + e$$

Table 1. Number of records, sires, cows, herd-test-day classes, and general statistics for milk productions at first parity in Holstein cattle

	No	Means	SD	Min	Max
Records, no	41070				
Sires, no	266				
Cows/sire, no		74	108.8	8	487
Cows, no	5796				
Records/cows, no		7	2.08	4	10
HTD classes, no	7786				
Records/HTD, no		5.27	2.63	3	35
Milk Yields, kg		27.8	6.21	4	58
Fat %		3.92	0.68	1.51	6.99
Protein %		3.23	0.3	2.16	5.42
SNF %		8.86	0.4	6.54	9.99
SCS		6.46	1.5	3.32	13.29

여기서 모형 모수의 분산 공분산에 대한 가정은 다음과 같다.

$$E \begin{pmatrix} y \\ a \\ pe \\ e \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} Hc + Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} \text{이고}$$

$$\text{var} \begin{pmatrix} a \\ pe \\ e \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} G & 0 & 0 \\ 0 & P & 0 \\ 0 & 0 & R \end{pmatrix} \text{이며 여기서}$$

$G = G_0 \otimes A$, $P = P_0 \otimes I$, $R = R_0 \otimes I$ 이다.

여기서 G_0 는 회귀계수들간의 유전 분산-공분산 성분이고, A 는 개체들간의 상가적 혈연계수 행렬이며, P_0 는 임의 회귀계수들 간의 영구환경 효과에 대한 분산-공분산 성분이다. 또한 R_0 는 잔차 분산-공분산 성분이며 프로그램의 한계로 인하여 각 관측치 모두 동일한 것으로 간주하였다.

고정효과로써 회귀계수 추정은 분만시 계절 (5~10월 및 11월~4월) 효과 및 연령으로 구분하였는데 연령은 18~24개월, 25~29개월, 30~34개월 및 35~48개월령으로 구분하였다. 분산-공분산 성분 추정치를 이용하여 유전력 및 유전상관은 Jamrozik과 Schaeffer(1997)가 제시한 방법을 이용하여 다음과 같이 실시하였다.

검정일 i 일의 유량, 유성분 및 체세포지수에 대한 유전분산 성분들은 다음과 같이 계산하

$$\hat{\sigma}_{g_i}^2 = z_i' \hat{G} z_i$$

또한 검정일 i 일과 j 일 간의 유량, 유성분 및 체세포지수에 대한 유전 공분산 성분들은 다음과 같이 계산하였다.

$$\sigma_{g_{ij}} = z_i' \hat{G} z_j$$

305일 총 유량, 유성분 및 체세포지수에 대한 유전분산 성분은 다음과 같이 계산하였다.

$$\hat{\sigma}_{g_c}^2 = z_c' \hat{G} z_c$$

여기서 $z_c = \sum_{i=1}^{305} z_i$ 이다. 또한 305d 총 유량, 유성분 및 체세포지수와 i 검정일 동 형질과의 공분산 성분은 다음과 같이 계산하였다.

$$\sigma_{g_{ic}} = z_i' \hat{G} z_c$$

상기와 동일한 방법으로 검정일 i 및 305일 총 산유형질들의 영구환경효과에 대한 분산성분을 계산하였으며 총 분산성분은 다음과 같이 계산하여 유전력을 계산하였다.

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

분산성분 추정은 EM-REML 분석방법을 진

산 프로그램한 REMLF90(Misztal, 2001)을 이용하였다.

III 결 과

단형질 동물개체모형에서 검정일을 공변량 (covariate function) 함수로 이용하여 추정된 각 형질별 유전력을 비유 30일(DIM30), 비유 150일(DIM150), 비유 250일(DIM250) 및 305d 총 비유기별 분산성분 및 유전력으로 요약하여 Table 2에 제시하였다.

1. 유량

Table 2에 제시된 바와 같이 비유30일 (DIM30)의 유량에 대한 유전력은 0.13으로 비교적 낮게 추정되었으며 비유150일(DIM150)의 유전력은 0.29로 비유초기 보다 다소 높게 추정되었다. 반면에 비유250일(DIM250)에는 0.17으로 비유150일에서의 그것보다 낮게 추정되었다. 또한 305d 총 산유량에 대한 유전력은 0.19으로 이와 한(2001)이 한국 젖소의 산유능력 검정자료 1산차 305일 보정유량에 대하여 Bayesian 추론방법으로 추정, 보고한 유전력 0.17과 유사한 결과를 얻었다. 검정일별 유전력

에 대한 경향은 Fig. 1에 제시된 바와 같이 비유초기에는 비교적 높게 추정되었다가 비유 60일까지 점차 감소하고 이후 다시 증가하여 비유 170일에 0.30으로 높게 추정되었으며 이후 다시 감소하는 경향을 보였다. 이러한 경향치는 타 연구결과와 유사한 경향을 나타내었으나, 비유 피크기 이후 40일 전후부터 70일까지

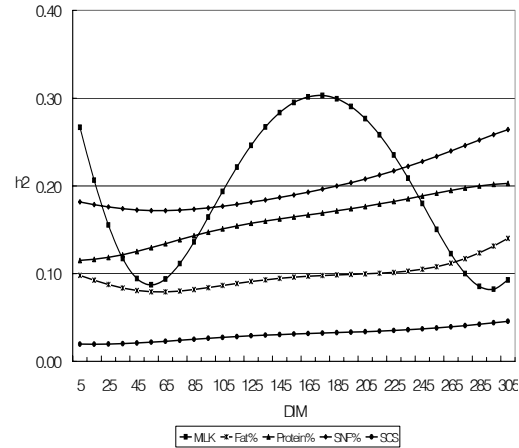


Fig. 1. Heritability estimates for test-day milk yield(MILK), fat percent(Fat%), protein percent(Protein%), solid not fat percent (SNF%), and somatic cell score(SCS) as DIM in Holstein cattle.

Table 2. Estimates of genetic variances (G), permanent environmental variances (PE) and heritability(h^2) for production traits and somatic cell score at particular DIM of first parity in Holstein cattle

IM		MILK	Fat%	Protein%	SNF%	SCS
30	G	3.582	0.0286	0.0071	0.0182	0.0424
	PE	16.58	0.1683	0.0340	0.0602	1.2210
	h^2	0.13	0.09	0.12	0.17	0.02
150	G	7.732	0.0301	0.0087	0.0187	0.0587
	PE	12.48	0.1474	0.0264	0.0552	0.9791
	h^2	0.29	0.10	0.16	0.19	0.03
250	G	4.08	0.0345	0.0113	0.0242	0.0724
	PE	14.16	0.1519	0.0304	0.0551	0.9963
	h^2	0.17	0.11	0.19	0.23	0.04
Total_305	h^2	0.19	0.17	0.26	0.27	0.06

0.1이하로 타 연구결과(Strabel과 Misztal, 1999; Liu 등, 2000a)에 비해 매우 낮았으며, 비유후반기인 275일 이후도 0.1이하로 매우 낮게 나타났다. 이와 같이 검정일별 유전력의 변화가 크게 나타나는 이유는 첫째, 비유전반기의 경우 우리나라의 사양특성상 비유 피크기 때 높은 유량을 유지하기 위하여 미경산우부터 시작되는 특별관리로 영구환경효과변이가 증가하였고, 둘째, 고능력우의 비유 후반기 비유량 증가에 따른 번식장애 등으로 우리나라 젖소의 평균 착유일수가 400일이 넘어 환경효과변이가 크며, 셋째, 비유전기에 비하여 비유후기 자료수가 상대적으로 적었으며, 넷째, 단형질 모형의 경우 1산기록만을 이용함으로써 2산, 3산 기록을 다른 형질로 이용하는 다형질 모형 보다 검정일별 유전력의 변화가 더 크게 나타났다. 그러므로 사료된다(Strabel과 Misztal, 1999; Jamrozik과 Schaeffer, 1997). 또한 이러한 경향치는 Legendre 공변량 함수와도 상관이 있는데 본 연구에서는 2차항 변수를 사용한 것에 기인된 것으로 사료되며 3차항 공변량을 추가하면 검정일별 추정치의 변이량이 감소할 수 있다고 사료된다(Liu, personal communication).

유량에 대한 검정일간 유전상관 추정치를 살펴보면(Fig. 2) 비유초기(DIM30) 유전변이는 DIM105~DIM250에서의 유전변이와 부의 상관관계를 갖는 것으로 추정되었다. 반면에 비유중기(DIM150) 비유량에 대한 개체간의 유전적 변이는 비유 70일 이후 280일 전후까지 고도의 상관($r \geq 0.98$)을 갖는 것으로 추정되었으며 이러한 경향은 비유후기(DIM250)에서도 유사한 결과를 얻었다. 또한 305d 총 비유량과 각 검정일 비유량과의 유전상관에서도 유사한 결과를 얻었는데 이러한 결과는 비유 70일 이후의 유량에 대한 검정일 유전변이가 305d 총유량에 대한 유전변이에 크게 영향하고 있기 때문인 것으로 사료되며 이는 개체별 비유지속성이 한 유기동안의 총 비유량에 크게 영향하고 있음을 시사한다고 볼 수 있으며 따라서 총 비유량을 개량하기 위해서는 비유지속성에 대한 개량이 크게 중요할 것으로 사료되었다.

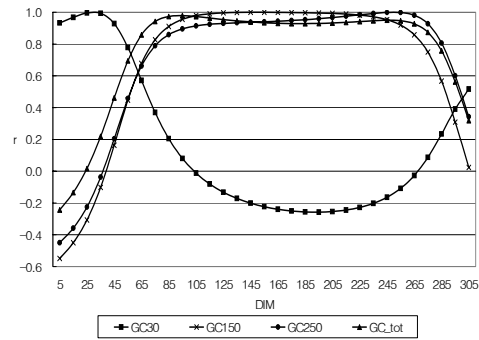


Fig. 2. Genetic correlation estimates between test-day milk yield at 30(GC30), 150(GC150), 250(GC205) DIM, and 305d total milk yield(GC_tot) and the remaining part of first lactation in Holstein cattle.

2. 유지방울

Table 2에 제시된 바와 같이 유지방에 대한 유전력 추정치를 비유기 구분별로 살펴보면 비유초기(DIM30)에는 0.09, 비유중기(DIM150)에는 0.10, 및 비유후기(DIM250)에는 0.11으로 추정되었으며 검정일별 유전력 경향치를 살펴보기 위하여 제시한 검정일에 따른 유지방울에 대한 유전력 경향(Fig. 1)은 비유 시작단계인 DIM5일부터 점차 감소하다가 비유 피크기인 40일 전후에 최저치의 유전력을 보였고 다시 점차 증가하는 경향을 보였다. 이러한 결과는 Strabel과 Misztal(1999)이 폴란드 Holstein 젖소에서 추정된 검정일별 유지방량에 대한 유전력 추정치 0.08~0.13과 유사한 경향을 얻었으나 검정일에 따른 유전력 변이의 경향은 다소 차이가 있었다. 즉 이들의 추정 결과는 비유초기에 유전력이 다소 높았으며(0.12), 비유중기에는 0.08으로 낮게 추정된 반면 비유후기에 점차 증가하여 0.13으로 높게 추정된 것으로 보고하였다. 본 연구에서 이러한 유전변이의 분포가 다른 이유는 우선적으로 통계분석모형에서 검정일에 따른 Heterogeneous residual effect를 고려하지 못한 것에서 기인된 것으로 추측된다. 또한 유지방울에 대한 305d 평균 유전력은 0.17으로 추정

되었다. 여기서 추정된 평균 유전력은 이와 한(2001)이 추정된 1산차 305d 보정 유지방에 대한 유전력 0.21 보다 다소 낮은 추정치를 보였다. 또한 본 연구에서 추정된 유전력을 기타 연구 결과와 비교하면 Tijani 등(1999)의 유지방량에 대한 305d 평균 유전력 0.16과 유사하였으며 Reents 등(1995)의 0.26 보다는 낮게 추정되었다.

검정일별 유지방율에 대한 유전상관 추정 결과를 살펴보면(Fig. 3) 유량의 그것과 유사한 결과를 얻었는데 특히 비유초기 유지방율은 비유기가 증가할수록 급격히 감소하다가 DIM200일 전후의 유지방율과의 유전상관이 약 0.40으로 가장 낮게 추정되었고 다시 증가하는 경향을 보였다. 반면에 비유중기(DIM150)와 기타 비유기의 유지방율과의 유전상관은 비교적 높은 상관추정치가 다른 비유기와 상관추정치에서 보다 비교적 오래 지속되었으며, 비유후기(DIM250)와 기타 비유기와 상관추정치는 비유초기에서의 그것과 상당히 낮은 추정치($r_g = 0.30$)에서 시작하여 점차 증가되는 경향치를 보였다. 또한 305d 총 비유기 동안의 평균 유지방율과 각 비유기에서의 유지방율에 대한 유전상관은 DIM70~DIM250일 전후에서 고도의 상관($r_g \geq 0.90$)을 갖는 것으로 추정되었다.

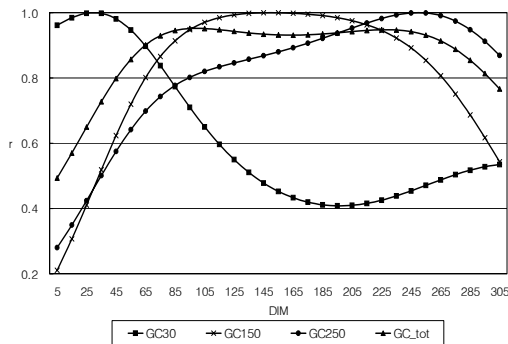


Fig. 3. Genetic correlation estimates between test-day fat percent at 30(GC30), 150(GC150), 250(GC250) DIM, and 305d total fat percent(GC_tot) and the remaining part of first lactation in Holstein cattle.

3. 유단백율

유단백율에 대한 각 검정일 구분별 유전력 추정치(Table 2)를 살펴보면 비유초기(DIM30)에는 0.12, 비유중기(DIM150)에는 0.16, 및 비유후기(DIM250)에는 0.19으로 추정되었다. 또한 305d 총 비유기 동안 평균 유단백율에 대한 유전력은 0.26으로 추정되어 이와 한(2001)이 연구· 보고한 1산차 유단백율에 대한 유전력 0.17 보다는 다소 높게 추정되었고 1산과 2산 기록을 모두 포함하는 Repeatability model에서의 유전력 0.24와는 유사한 결과를 얻었다. 검정일별 유전력 추이를 좀더 상세히 살펴보면 Fig. 1에 제시된 바와 같이 비유일의 증가에 따라 유전력이 점진적으로 증가되는 현상을 보였으며 이는 Strabel과 Misztal(1999)이 보고한 결과와는 다소 상이한 결과이었다. Strabel과 Misztal(1999)의 보고에 의하면 비유일별 유단백량에 대한 변이는 비유 초기에는 다소 높게 추정되었으며 비유일이 증가할수록 점차 감소하여 비유 70일 전후에 최소($h^2 = 0.08$)로 되었다가 다시 증가하여 비유 200일령 전후에 최고($h^2 = 0.14$)를 보였고 다시 감소하는 경향을 보이는 것으로 추정, 보고하였다. 이러한 비유일별 유전변이 추이의 차이는 분석자료의 특이성, 자료의 제한성 및 분석 형질이 유단백율이 아닌 유단백량으로 분석되었기 때문인 것으로 사료되었다.

검정일별 유전상관 추정치를 살펴보면(Fig. 4) 비유 30일에서의 유전변이와 타 비유일에서의 유전변이와의 상관은 비유 200일 전후에서 가장 낮게 추정되었으나($r_g = 0.63$) 유지방율에서의 그것 보다 하강폭이 그다지 크지 않았다. 또한 비유150일에서 유단백율과 기타 비유일에서의 유단백율과의 상관은 유지방율에서의 그것과 유사하여 비교적 높게 추정되었고 지속성 또한 높은 것으로 추정되었다. 비유250일에서의 유단백율에서도 유사한 결과를 얻었는데 타 비유일과의 상관 추정치의 변이 경향은 유단백율에서의 추이 보다는 다소 변이 폭이 적은 것으로 추정되었다. 또한 305d 총 비유기 평균 유지방율과 각 비유일별 유지방율에 대한 유전상관 추정에서도 비유초기를 제외하고는 매우

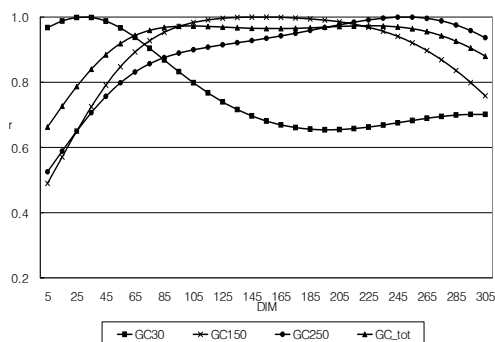


Fig. 4. Genetic correlation estimates between test-day protein percent at 30(GC30), 150(GC150), 250(GC250) DIM, and 305d total protein percent(GC_tot) and the remaining part of first lactation in Holstein cattle.

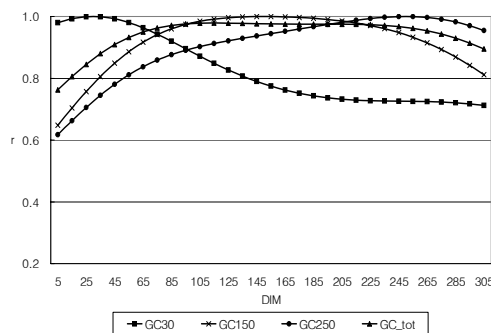


Fig. 5. Genetic correlation estimates between test-day solid not fat percent at 30 (GC30), 150(GC150), 250(GC250) DIM, and 305d total solid not fat percent (GC_tot) and the remaining part of first lactation in Holstein cattle.

높게 추정되어 비유 중반의 검정일 기록에 의한 유전평가가 총 305d 평균 유단백율에 대한 유전평가를 대신할 수 있을 것으로 사료되었다.

4. 무지고형분율

무지고형분율에 대한 비유일별 유전력 추정치는 비유 30일에 0.17, 비유 150일에 0.19, 및 비유 250일에 0.23으로 추정되었고 305d 총 비유기의 평균 무지고형분율에 대한 유전력은 0.27으로 추정되어 이와 한(2001)이 보고한 0.17 보다는 다소 높게 추정되었으며 VanTassel 등 (1999)이 미국의 Holstein 젖소에 있어서 1산차 비유기록을 이용한 국가단위 종축평가에서 추정된 0.25 ~ 0.36과 유사한 결과를 나타내었다. 비유일별 유전력 변이 추이는 Fig. 1에 제시된 바와 같이 비유일이 증가됨에 따라 다소 비선형적으로 증가되는 경향을 보였으며 비유말기에 가장 높게 추정되었다. 305d 비유기 평균 무지고형분율에 대한 유전력이 각 비유일별 유전력 보다 높은 이유는 본 분석모형상 특징으로써 공변량을 모형에 적합시켰기 때문으로 사료되며 각 비유일별 유전적 변이의 누적적 효과에 의하여 높게 추정된 것으로 사료되었다. 비유일별 유전적 변이의 상관 추정치(Fig. 5)는

기타 형질에서의 그것 보다 다소 높게 추정되었으며 변이 폭이 상대적으로 적은 것으로 추정되었다. 특히 비유30일과 기타 비유일간의 유전상관 추정치는 유량, 유지방율 및 유단백율에서의 그것 보다 더욱 적은 변이 폭을 보였으며 비유중기 및 비유후기를 기준으로 하는 각 비유일간의 유전상관 추정치가 상당히 높은 것으로 추정되었고 그 변이 폭이 적은 것으로 추정되었다. 이는 무지고형분율에 대한 비유일별 유전적 변이가 상당히 연관된 것으로 사료되며 유전적 지속성이 높은 것으로 사료되었다.

5. 체세포 지수

체세포의 경우 검정일별 유전력은 비유30일에는 0.02로 낮았다가 점점 증가하여 비유150일에는 0.03 및 비유250일에는 0.04으로 점차 증가하는 경향을 보였으며 305d 평균 체세포지수에 대한 유전력은 0.06으로 추정되었다. 검정일별 유전력 변이를 살펴보면(Fig. 1) 유단백율에서의 그것과 유사한 경향을 보였으나 유전력 추정치는 전체적으로 유단백율에서의 그것 보다 매우 낮게 추정되었다.

비유일별 체세포지수에 대한 유전상관 추정치(Fig. 6)는 유지방율, 유단백율 및 무지고형분

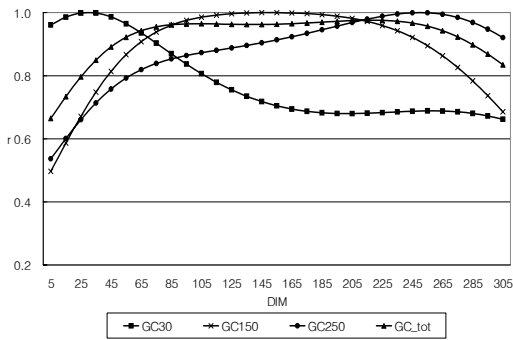


Fig. 6. Genetic correlation estimates between somatic cell score at 30(GC30), 150 (GC150), 250(GC250) DIM, and 305d total somatic cell score(GC_tot) and the remaining part of first lactation in Holstein cattle.

울에서의 그것과 매우 유사한 결과를 얻었는데 특히 305d 총 비유기 평균 체세포지수와 각 비유일에서의 체세포지수와 유전상관이 비유 60일 이후부터 비유280일 전후까지 매우 높게 추정되어 체세포지수에 대한 유전적 지속성이 큰 것으로 사료되며 또한 검정일 모형에 의한 유전 평가를 통한 종축선발의 가능성을 제시할 수 있다고 하겠다.

IV 고 찰

공변량 모형을 통한 시계열자료의 유전평가 모형에서 얻은 각 형질별 일반적인 유전변이의 경향은 기타 연구자(Strabel과 Misztal, 1999; Jakobsen 등, 2002)의 결과와 조금은 상이한 결과를 보였는데 특히 유량에 있어서 유전변이의 추이가 가장 커다란 차이가 있었다. 이와 같이 유량의 비유기별 유전상관경향이 타 연구와 상이하게 나타난 이유를 열거하면, 첫째 비유전기와 기타 비유일과의 유전상관 추정치의 경향이 비유중기부터 부의 상관을 나타내는 이유는 적은 모집단 분석에서 오는 샘플링 오차와 우리나라 낙농가의 유전적 개량의 관심이 유량에 집중되어 있어 분만간격이 상당히 길며, 낙농 선진국의 Holstein 젖소에 있어서 비유 피크기가 70일 전후인 것을 고려할 때, 국내 Holstein

젖소의 경우는 분만 45일 전후에 최고치를 이루고 그 이후 서서히 감소하는 경향을 보이고 있으며, 특정 수준 이상의 피크기의 유량은 오히려 비유지속성과 부의 상관을 나타내는 경향이 있는 것과 관련이 있을 것으로 사료되며, 둘째 비유250일과 기타 비유일과의 유전상관(GC250)이 비유 150일을 기준으로 비교한 유전상관(GC150) 또는 총 비유기 유량을 기준으로 한 유전상관(GC_tot)과 비슷한 경향을 나타내는 이유는 유량에 대한 급속한 개량으로 고능력화되고 따라서 번식장애를 동반함으로써 분만간격이 지연되어 비유지속성의 평가에 있어서 비유후기(GC250)가 전체 착유일수로 볼 때 비유중기에 가깝기 때문인 것으로 사료된다.

Strabel과 Misztal(1999)은 검정일 임의회귀모형에서 1산차와 2산차를 각각 다른 형질로 보고 다형질 임의회귀모형으로 추정한 결과, 산차 간 매우 높은 유전상관(0.60~0.80)으로부터 유추해 볼 때, 다형질모형을 이용하여 유전평가를 실시하면 유전력의 증감폭을 다소 감소시킬 수 있을 것으로 사료되었다. 또한 Liu 등(2000b)의 보고에 의하면 체세포에 대한 검정일 임의회귀 모형에서 1산부터 3산차까지 각 산차를 각각 다른 형질로 간주하여 분석한 결과 1산과 2산 또는 1산과 3산 보다 2산과 3산간의 유전상관이 0.95이상으로 매우 높게 나타났다고 보고하였다. 따라서 이와 같은 연구 결과를 살펴볼 때, 우리나라에서의 검정일을 이용한 유전능력분석에 3산까지의 반복기록을 이용하여 분석할 필요성이 있다고 사료된다.

또한, Rainhardt(2002) 등은 임의회귀 검정일 선형모형에 Legendre 다항함수를 변형한 검정일 공변량 이용시 불완전한 초산기록을 가지고 있는 낳우들만을 가지고 있는 어린 후보우들의 유전능력 평가에 오류를 범할 수 있음을 시사하였으며 그 이유로는 Legendre 다항함수를 변형한 유량곡선이 피크기(40-45) 유량을 Wilmink((1987)가 제시한 다항함수보다 적합도가 저하되며, 특히 피크기 이후 비유후반기 자료가 없는 낳우에서 적합도가 저하되어 추정의 오류를 범할 수 있기 때문이고, 이러한 오류는 고정효과에 대한 공변량 함수를 적합시 Wilmink

(1987)가 제시한 함수를 이용함으로써 보정할 수 있다고 보고하였다. 이러한 연구 결과를 고려할 때, 우리나라와 같이 유량의 비유기에 따른 유전력 변화의 폭이 크고, 비유일 간의 유전상관 중 비유초기의 유전상관이 후반기에서 부의 상관을 나타내는 경우, 이와 같은 모형의 연구가 우리나라에서도 선행될 필요성이 높다고 하겠다.

Swalve(2000)에 의하면 검정일 임의회귀모형은 첫째, 305일 보정에 의한 오차를 줄일 수 있으며, 둘째, AM-PM 방식과 같은 다양한 검정방법을 이용함으로써 검정비용을 줄일 수 있으며, 셋째, 세대간격을 단축시키며, 넷째, 분만 간격, 임신여부, 비유지속성 등 다양한 효과를 유연하게 분석할 수 있는 장점 등을 고려할 때, 산유형질에 대한 305일 보정방법에 의한 유전평가 보다 많은 장점을 가지고 있기 때문에 이에 대한 연구가 지속적인 필요할 것으로 사료되었다.

V 요 약

우리나라 젖소 종모우의 국가단위 종축평가 방법의 일환으로 이용되고 있는 산유형질 및 체세포지수의 305일 보정에 의한 유전평가 방법론에 대한 대안을 제시하기 위한 사전 연구의 일환으로써 검정일 기록을 이용하여 공변량 함수를 활용한 검정일 임의회귀모형에 대한 효율성을 검정하고 각 산유형질에 대한 비유일수별 유전적 변이를 추정하여 제시하고자 본 연구를 수행하였다. 본 연구에 이용된 자료는 농협중앙회에서 수행하고 있는 젖소 산유능력 검정사업에서 조사된 산유능력 검정기록과 한국종축개량협회에서 조사된 개체별 혈통자료를 이용하여 분석을 실시하였다. 분석에 이용된 자료는 혈통이 알려진 1산차 개체로써 검정일별 축군당 3기록 이상을 갖고 부모가 모두 알려진 개체만을 이용하였으며 한 유기동안에 개체별 7회 이상의 기록을 갖는 개체만을 선별하였다. 또한 자료분석의 효율성을 기하기 위하여 측정자료의 이상치는 제외하였으며 축군들 간의 혈연적으로 연결되지 않은 축군 자료는

제외하였다. 분석모형은 단형질 개체모형으로써 검정년도-월-연령의 효과를 고정효과 공변량모형으로 적합시켰고 개체별 상가적 유전 효과 및 영구환경효과를 개체내 검정일에 대한 임의 공변량 효과로 적합하여 모형을 설정, 유전분석을 실시하였다. 여기서 사용된 공변량은 검정일에 대하여 1차항 및 2차항을 포함하는 다항 공변량 함수를 활용하였다. 분석결과 유량에 대한 검정일별 유전력은 0.13~0.29로 추정되었으며 검정일별 변이가 큰 것으로 추정되었다. 반면에 유지방율에 대한 유전력은 0.09~0.11으로 비교적 낮게 추정되었으며 유단백율에 대한 유전력은 0.12~0.19로 추정되었다. 무지고형분율에 대한 유전력은 0.17~0.23으로 추정되었으며 체세포지수에 대한 유전력은 0.02~0.04으로 아주 낮게 추정되었다. 유량에 대한 유전적 변이가 비유일별로 다소 크게 추정되어 비유일에 따른 잔차 변이의 이질성(Heterogeneity)이 클 것으로 사료되었으며 이러한 효과를 고려한 모형개발에 대한 연구가 필요할 것으로 사료되었으며 또한 다산차 기록을 활용한 분석 등에 대한 연구가 필요할 것으로 사료되었다. 국가단위 종축평가에 적합하기 위한 모형제시를 위해서는 본 분석에서 활용한 모형을 확장하여 분석된 종모우별 유전능력과 305d 사전 보정에 의한 평가에서의 순위와의 비교 연구가 선행되어야 할 것으로 사료되었다.

VI 인용 문헌

1. Gengler, N., Tijani, A., Wiggins, G. R. and Misztal, I. 1999. Estimation of (co)variance function coefficients for test day yields with expectation-maximization restricted maximum likelihood algorithm. *J. Dairy Sci.* 82(Aug.) Online. Available: <http://www.adsa.org/jds>.
2. Jakobsen, J. H., Madsen, P., Jensen, J., Pedersen, J., Christensen, L. G. and Sorensen, D. A. 2002. Genetic parameters for milk production and persistency for Danish Holsteins estimated in random regression models using REML. *J. Dairy Sci.* 85: 1607-1616.
3. Jamrozik, J., Kistemaker, G. J., Dekkers, J. C. M., and Schaeffer, L. R. 1997. Comparison of possible

- covariates for use in random regression model for analyses of test day yields. *J. Dairy Sci.* 80: 2550-2556.
4. Jamrozik, J. 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.
 5. Jamrozik, J. and Schaeffer, L. R. 2000. comparison of two computing algorithms for solving mixed model equations for multiple trait random regression test-day models. *Livest. Prod. Sci.* 67:143-153.
 6. Jensen, J. 2001. Genetic evaluation of dairy cattle using test-day models. *J. Dairy Sci.* 84:2803-2812.
 7. 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 Bulletin No.25:74-80.*
 8. Liu, Z., Reinhardt, F. and Reents, R. 2000b. Parameter estimates of a Random Regression Test Day Model for first tree lactations somatic cell scores. *INTERBULL Bulletin No.26:61-65.*
 9. Misztal, I. 2001. BLUPF90 family package(Access at sep. 2001). <http://nce.ads.uga.edu>
 10. Ptak, E. and Schaeffer, L. R. 1993. Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. *Livest. Prod. Sci.* 34:23-34.
 11. Reents, R., Jamrozik, R. J., Schaeffer, L. R. and Dekkers, J. C. M. 1995. Estimation of genetic parameters for test day records of somatic cell score. *J. Dairy Sci.* 78:2847-2857.
 12. Reinhardt, F., Liu, Z., Bünger, 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.*
 13. Swalve, H. H. 2000. Theoretical basis and computational methods for different test-day genetic evaluation methods. *J. Dairy Sci.* 2000 83:1115-1124.
 14. Strabel, T. and Misztal, I. 1999. Genetic parameters for first and second lactation milk yields of Polish black and white cattle with random regression test-day models. *J. Dairy Sci.* 82:2805-2810.
 15. Tijani, A., Wiggans, G. R., VanTassel, C. P., Philpot, J. C. and Gengler, N. 1999. Use of (co)variance functions to describe (co)variance for test day yield. *J. Dairy Sci.* 82(Jan.) Online. Available: <http://www.adsa.org/jds>.
 16. VanTassel, C. P., Wiggans, G. R. and Norman, H. D. 1999. Method R estimates of heritability for milk, fat, and protein yields of United tates dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 82:2231-2237.
 17. Wilmlink, 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.
 18. 이득환, 한광진. 2001. 결측기록을 포함한 홀스타 인종 젖소에 대한 다형질 개체모형에서 이중사슬 깃스샘플링 방법을 이용한 비유형질에 대한 유전모수 추정. *한국동물자원과학회지* 43(1):53-64.
 19. 축산기술연구소. 2001. 2001년 하반기 젖소 유전 능력 평가 보고서. 농촌진흥청 축산기술연구소. (접수일자 : 2003. 8. 5. / 채택일자 : 2003. 9. 16.)