

홀스타인의 유생산형질에 대한 유전모수 추정

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

국립축산과학원

Estimation of Genetic Parameters for Milk Production Traits in Holstein Dairy Cattle

Chungil Cho*, Kwanghyeon Cho, Yunho Choy, Jaekwan Choi, Taejeong Choi, Byoung-ho Park and Seungsu Lee
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

The purpose of this study was to estimate (co) variance components of three milk production traits for genetic evaluation using a multiple lactation model. Each of the first five lactations was treated as different traits. For the parameter estimation study, a data set was set up including lactations from cows calved from 2001 to 2009. The total number of raw lactation records in first to fifth parities reached 1,416,589. At least 10 cows were required for each contemporary group, herd-year-season effect. Sires with fewer than 10 daughters were discarded. Lactations with 305d milk yield exceeding 15,000 kg were removed. In total, 1,456 sires of cows were remained after all the selection steps. A complete pedigree consisting of 292,382 records was used for the study. A sire model containing herd-year-season, caving age, and sire additive genetic effects was applied to the selected lactation data and pedigree for estimating (co) variance components via VCE. Heritabilities and genetic or residual correlations were then derived from the (co) variance estimates using R package. Genetic correlations between lactations ranged from 0.76 to 0.98 for milk yield, 0.79~1.00 for fat yield, 0.75~1.00 for protein yield. On individual lactation basis, relatively low heritability values were obtained 0.14~0.23, 0.13~0.20 and 0.14~0.19 for milk, fat, and protein yields, respectively. For the combined lactation heritability values were 0.29, 0.28, and 0.26 for milk, fat, and protein yields. The estimated parameters will be used in national genetic evaluations for production traits.

(Key words : Holstein, Genetic parameters, Milk production traits, Heritability)

서 론

젖소에서의 선발은 유량, 유지방량, 유단백질량에서 생산량을 극대화하는데 초점을 맞추어 개량이 진행되어 왔으며, 이러한 형질들에 대한 개량은 대부분이 우수 종축의 선발에 의해 이루어졌다 (Asgari, 2011; Carabano et al., 1989). 현재 국내젖소유전능력평가 모형은 1산차의 유량, 유지방량, 유단백질량, 무지고형분량 형질에 대한 산유능력검정 자료와 16개의 선형심사 형질에 대한 자료를 서로 다른 모형에 적합시킨 단형질 개체모형을 이용하여 유전능력평가를 실시하고 있다. 또한 여기서 추정된 특정형질(유지방량, 유단백질량, 체형종합점수, 유방종합지수)에 대한 육종가에 가중치 값을 이용하여 체형능력종합지수(Korean type production index; KTPDI)를 계산한 후 보증씨수소 선발을 실시하고 있다. 이러한 기존의 국내평가모형은 1산차의 자료만 이용함으로써 2산차 이후의

검정자료에 대한 활용도가 낮았으며, 또한 젖소에서 분만 산차에 따라 산유능력형질의 차이가 존재하는데 (Amasaib et al., 2008; Zavidilova et al., 2005) 반해 이러한 산차간 능력의 차이에 대하여 유전평가모형에서 고려하지 못하였다. 산유능력검정자료에서 산차간 다른 형질로 고려하여 다형질 분석한 연구가 있었으며 (Muir et al., 2007), 산차간 다형질 분석으로 실시한 산유능력검정자료는 산차간 공분산을 고려하여 분석하기 때문에 단형질로 분석한 결과보다 정확하다고 보고되었다.

본 연구는 젖소유전능력평가분석에 사용하는 신규모형의 유전모수가 적절한지를 점검하고 국제유전평가의 검증을 통과하기 위하여 유량, 유지방량, 유단백질량의 유전분산과 공분산을 추정하였다. 기존 국내평가모형은 1산만을 이용하는 단형질 모형으로 씨수소를 정확하게 평가하는데 한계가 있어 5산까지의 능력검정자료를 각각 다른 형질로 간주하여 분석하는 다형질 모형을 적용하고자 하는데

* 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

이를 적용하기 위해서는 국내유우군집단의 정확한 유전모수 추정이 선행되어야 하며 이를 위해 Sire 모델을 이용하여 산유형질들에 대한 분산성분 추정을 실시하였다.

에 적용시킨 후 VCE (Kovacs and Groeneveld, 2003) 프로그램을 이용하여 유전모수를 추정하였다.

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

여기서, y_{ijkl} 는 유생산 형질 (유량, 유지지방량, 유단백질량), hy_i 는 i 번째 농가-분만년도의 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. 또한 Sire에서 추정된 유전분산 및 잔차분산을 이용하여 아래와 같은 수식에 의하여 유전력을 계산하였다.

$$h^2 = \frac{4\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma_e^2}$$

재료 및 방법

1. 공시재료

본 연구에서 국내 젖소집단의 유생산 형질 (305일 유량, 305일 유지지방량, 305일 유단백질량)에 대한 유전모수 추정을 위하여 농협중앙회 젖소개량부에서 분만년이 2001년에서 2009년인 1,416,589 개의 검정데이터 및 이들과 혈연관계가 있는 292,382두의 혈통정보를 이용하였다. 또한 정확한 유전모수의 추정을 위하여 SAS프로그램을 이용하여 다음과 같은 요인에 대하여 사전제거를 실시하였다 (SAS, 1999). 1) 분만 산차별 분만시 개체월령 (1에서 5산차에 대해 각각 24~34개월, 36~48개월, 48~60개월, 48~60개월, 60~78개월) (Table 1), 2) 305일 유량이 15,000 kg 이상이 개체, 3) 1산과 2산차의 경우 검정단위가 10개 미만인 개체, 3산과 4산은 검정단위가 5개 미만인 개체, 4) 1산과 2산에서 씨수소의 딸소가 10두 미만인 개체, 3산에서는 5두 미만의 딸소를 보유한 개체에 대한 자료를 수정하고 남은 370,490의 검정자료를 이용하여 분석을 실시하였다.

2. 분석방법

젖소의 유생산 형질 (유량, 유지지방량, 유단백질량)에 대한 유전모수 추정을 위하여 각 유생산 형질에 대하여 독립적으로 분석을 실시하였으며, 동일 형질 내 산차에 대하여 다른 형질로 간주한 다형질 산차모형 (multiple lactation model)을 아래와 같은 Sire 모델

결과 및 고찰

젖소의 유전능력 평가에 앞선 사전작업으로 분만산차별 분만월령 그룹분류에 대하여 그룹별 두수 분포 및 유의성 분석을 실시한 결과 산차별 5개의 그룹으로 분류하는 것이 적합한 것으로 나타났으며 젖소의 초산차 월령 분포를 고려하여 G1의 그룹 기간을 나머지 그룹 내 월령기간에 비해 넓게 설정하였다 (Table 1).

젖소의 유생산 형질에 대한 기초통계량 분석은 Table 2에 나타났다. 유량, 유지지방량, 유단백질량에 대한 산차별 검정두수를 보면 1산차 172,851두, 2산차 105,208두, 3산차 55,955두, 4산차 25,893두, 5산차 10,583두로 산차가 증가함에 따라 검정대상 개체가 줄어들고 있는 결과를 보였다. 이는 국내 젖소의 평균 2.4산차의 낮은 산차로 인한 생산수명 단축과 (농협중앙회, 2011, Lee et al., 2010), 2008년 말 구제역으로 인한 폐사 및 질병확산 문제 등으로 인한 젖소검정의 어려움이 원인으로 사료된다. 유생산 형질별

Table 1. Analysis of age group according to age month in each lactations

Class	Age group	Lactation No.				
		1st	2nd	3th	4th	5th
Period (Month)						
	G1	16≤age<24	26≤age<36	36≤age<48	46≤age<60	56≤age<72
	G2	24≤age<27	36≤age<40	48≤age<52	60≤age<65	72≤age<77
	G3	27≤age<30	40≤age<44	52≤age<56	65≤age<70	77≤age<82
	G4	30≤age<34	44≤age<48	56≤age<60	70≤age<74	82≤age<90
	G5	34≤age	48≤age	60≤age	74≤age	90≤age
Records (head)						
	G1	145,784	77,206	41,501	21,886	10,683
	G2	178,486	137,304	74,781	46,233	20,613
	G3	69,330	79,071	63,986	44,459	23,725
	G4	36,756	40,775	37,476	21,079	21,215
	G5	27,032	37,555	43,055	27,453	11,536

Table 2. The basic data structure for estimate of genetic parameters

Lactation No.	Records	Milk		Fat		Protein	
		Mean	SD	Mean	SD	Mean	SD
1st	172,851	8475.42	1581.87	323.73	64.81	264.69	48.27
2nd	105,208	9812.77	1916.23	370.73	79.58	306.13	57.33
3th	55,955	10268.83	1976.97	390.53	84.33	317.20	59.07
4th	25,893	10446.45	2003.90	398.32	86.17	320.41	59.86
5th	10,583	10457.90	1998.18	399.91	87.13	318.72	59.68

평균은 유량 8,475 kg~10,457 kg, 유지방량 323 kg~399 kg, 유단백질량 264 kg~318 kg로 나타나 전반적으로 산차가 증가함에 따라 유생산 형질의 능력이 향상됨을 보였다.

Table 3에 유전 (공)분산 및 잔차 (공)분산에 대한 추정 결과를 나타냈는데 모든 형질에서 잔차분산이 유전분산에 비하여 높게 추정되었다. Interbull (2012)에 보고된 국가 유전평가 시스템 요약에서 스위스의 유전분산은 1산, 2산, 3산차에서 각각 유량에 대해 519,126 kg², 629,069 kg², 585,764 kg², 유지방량에 대해 610 kg², 766 kg², 607 kg², 유단백질량에 대해 411 kg², 551 kg², 545 kg²로 유전분산이 높게 나타났으며, 독일의 유전분산은 1산, 2산, 3산차에서 각각 유량에 대해 350,378 kg², 321,393 kg², 352,834 kg², 유지방량에 대해 525 kg², 541 kg², 651 kg², 유단백질량에 대해 295 kg², 293 kg², 335 kg²로 유전분산이 낮게 보고되었다. 국가별 유전분산의 차이는 지속적인 선발로 인한 유전분산의 크기가 감소하여 발생하였거나(Bulmer, 1971) 선발을 지속했음에도 외부 중

축(유전자) 도입으로 인하여 유전변이가 확대되어 나타나는 집단의 특성으로 사료된다.

305일 유량, 유지방량, 유단백질량에 대하여 산차별 유전력에 대한 추정결과를 Table 4에 나타냈다. 유량의 산차별 유전력 분포는 0.14~0.23, 유지방량 0.13~0.20, 유단백질량 0.14~0.19로 추정되었으며, 산차별 추정된 육종가에 대하여 가중치를 1산에서 5산차까지 각각 0.30, 0.25, 0.25, 0.10, 0.10로 부여하여 결합된 육종가로부터 계산된 유전력은 유량 0.29, 유지방량 0.28, 유단백질량 0.26로 나타났다. Interbull (2012)에 보고된 홀스테인 회원국에 대한 국가유전평가시스템의 자료를 참고하여 유전력 추정 결과에 대하여 비교하였다. 스페인은 국가유전평가에서 5산차 정보를 이용하여 각 산차별 유전모수를 추정하였고 산차별 동일한 가중치를 부여하여 결합된 육종가를 통해 유전력을 추정한 결과, 유량 0.28, 유지방량 0.28, 유단백질량 0.28로 보고하여 본 연구에서 추정된 결합된 유전력과 유사한 결과를 보였다. 반면, 3산차 유생산 검정자

Table 3. Genetic (co) variance (above the diagonal) and residual (co) variance (below the diagonal) among lactations for milk, fat and protein yields in holstein.

Traits	Lac No.	Lactation No.					Var (G)	Var (R)
		1st	2nd	3th	4th	5th		
Milk	1st		345,844	314,936	297,724	321,112	343,780	1175,083
	2nd	635,696		462,692	432,424	404,496	476,200	1991,465
	3th	551,870	837,167		453,408	427,732	474,932	2306,599
	4th	517,712	749,433	1031,040		406,644	447,320	2628,881
	5th	399,178	611,086	911,263	1204,738		456,136	2763,634
Fat	1st		465.9	481.9	415.4	555.8	422	1,815
	2nd	1,018.7		704.8	628.8	752.9	647	3,130
	3th	871.9	1391.8		720.5	838.1	799	3,738
	4th	829.5	1355.8	1738.0		768.0	654	4,473
	5th	611.1	979.9	1475.9	2142.2		1,122	4,492
Protein	1st		234.3	218.4	224.7	278.7	234	1,024
	2nd	592.1		331.8	330.1	367.5	327	1,749
	3th	486.2	828.7		361.9	396.0	362	2,027
	4th	426.3	705.5	971.5		392.4	365	2,280
	5th	315.0	500.7	794.2	1099.9		521	2,288

Table 4. Genetic parameter for milk, fat and protein yield on 305-day basis with heritabilities (diagonal), genetic correlations (above the diagonal) and residual correlations (below the diagonal) in holstein.

Trait	Lactation No.	Lactation No.					Combined
		1st	2nd	3th	4th	5th	
Milk	1st	0.23	0.85	0.78	0.76	0.81	
	2nd	0.42	0.19	0.97	0.94	0.87	
	3th	0.34	0.39	0.17	0.98	0.92	
	4th	0.29	0.33	0.42	0.15	0.90	
	5th	0.22	0.26	0.36	0.45	0.14	
	Combined						0.29
Fat	1st	0.19	0.89	0.83	0.79	0.81	
	2nd	0.43	0.17	0.98	0.97	0.88	
	3th	0.33	0.41	0.18	1.00	0.89	
	4th	0.29	0.36	0.43	0.13	0.90	
	5th	0.21	0.26	0.36	0.48	0.20	
	Combined						0.28
Protein	1st	0.19	0.85	0.75	0.77	0.80	
	2nd	0.44	0.16	0.97	0.96	0.89	
	3th	0.34	0.44	0.15	1.00	0.91	
	4th	0.28	0.35	0.45	0.14	0.90	
	5th	0.21	0.25	0.37	0.48	0.19	
	Combined						0.26

- Combined BV = (BV1*0.30) + (BV2*0.25) + (BV3*0.25) + (BV4*0.10) + (BV5*0.10)
- Combined h² : Heritability of Combined BV.

료를 이용하여 유전력을 추정한 독일(유량 0.37, 유지방량 0.36, 유단백질량 0.35), 캐나다(유량 0.43, 유지방량 0.34, 유지방량 0.40), 에스토니아(유량 0.49, 유지방량 0.48, 유단백질량 0.48), 체코(유량 0.39, 유지방량 0.38, 유단백질량 0.37), 스위스(유량 0.55, 유지방량 0.47, 유단백질량 0.51)은 유전력이 상대적으로 높게 추정되었으며, 남아프리카공화국은 유량 0.18, 유지방량 0.11, 유단백질량 0.14로 유전력이 낮게 추정된 결과를 보였다. 국가별 유전력의 차이는 집단 내 혈통 및 검정 데이터의 구조, 유전적 변이, 통계모형(Dong et al., 1988) 등의 요인에 의해 발생된 것으로 사료된다.

결론

국가 젖소 평가모형에 사용하는 유전력에 대해 인터뷰에 참여하는 대부분의 국가들이 본 연구에서 추정된 유전력(유량 0.29, 유지방량 0.28, 유단백질량 0.26)에 비해 다소 높은 수치로 추정되었다. 이는 본 연구에서 사용한 Sire model이 혈연관계 정보에 대해 일부분만 사용되기 때문에 Animal model로 추정된 다른 국가의 유전모수 추정결과에 비하여 낮은 모수의 추정치 값을 보인 것으로

사료된다(Dong et al., 1988). 또한 유량형질에 대하여 1산~5산차 및 결합산차(Combined)별 출생년도에 따른 유전분산에 대한 추세를 분석한 결과(Fig. 1) 각 산차의 유전분산값이 동일한 패턴을 보여 본 연구에서 추정된 모수값은 국가단위 유전평가분석에 사용될 수 있을 것으로 판단된다.

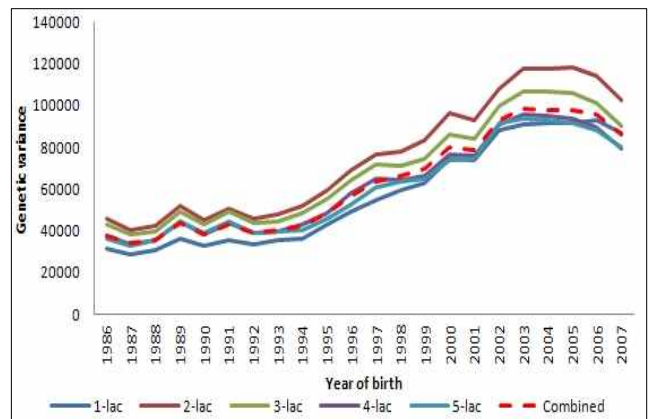


Fig. 1. Trend of genetic variance according to year of birth for milk trait in dairy cattle.

요 약

본 연구의 목적은 여러 산차를 이용한 모델을 사용하여 유전평가 분석을 하기위하여 3개의 유량생산 형질에 대한 (공)분산 성분을 추정하고자 하였다. 모수추정을 위한 자료는 2001년부터 2009년까지의 검정자료를 이용하였고 원시자료수는 1,416,589개이며 5개의 산차형질에 대해 각각 다른 형질로 가정하여 추정하였다. 동기그룹 내 10두 이하 및 씨수소의 딸소가 10두 미만인 개체는 삭제를 하였으며 305일 유량생산이 15,000 kg을 초과하는 비유개체에 대하여 사전 데이터 가공을 실시하였다. 혈통과일은 총292,382개의 혈통자료와 1,456두의 씨수소로 구성되어진 혈통자료가 연구에 사용되었다. Sire 모형은 herd-year-season의 동기그룹과 분만월령 그리고 혈통과 5산까지 상가적 유전효과들이 적용되었으며 VCE를 이용하여 유전 (공)분산이 추정되었다. 유전율과 유전상과 그리고 산차상관은 R 패키지를 이용하여 계산하였다.

유량에 대한 산차간 유전 상관은 0.76에서 0.98였고, 유지방량은 0.79~0.10, 유단백질량은 0.75~1.00로 나타났다. 각 산차별 유량, 유지방량, 유단백질량은 상대적으로 낮은 유전력인 0.14~0.23, 0.13~0.20이 추정되었으며 산차에 가중치로 결합된 유전력은 각 형질에서 0.29, 0.28, 0.26로 나타났다. 본 연구에서 추정된 모수들은 국가단위 유전평가분석에 사용될 수 있을 것으로 판단된다.

(주제어: 홀스테인, 유전모수, 유량생산형질, 유전력)

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

농협중앙회 젖소개량사업소. 2011. 2011년도 유우군 능력 검정 사업보고서.
 Amasaib, E. O., Abu Nihaila, A. M., Fadel Elseed, A. N. M. A. and Mohamed, H. E. 2008. Effect of Season of Calving and Parity on Some Productive Traits in Pure and Crossbred Cattle

in Sudan. Research Journal of Dairy Sciences. 2(1):5-8
 Asgari, G. H. 2011. Genetic parameters of milk and fat yield in normal and high yielding dairy cows. 2nd International Conference on Biotechnology and Food Science IPCBEE vol.7
 Bulmer, M. G. 1971. The effect of selection on genetic variability. Am. Nat., 105:201-211.
 Carabano, M. J., Van Vleck, L. Dale, Wiggans, G. R. and Alenda, R. 1989. Estimation of Genetic Parameters for Milk and Fat Yields of Dairy Cattle in Spain and the United States. Faculty Papers and Publications in Animal Science. Paper 131.
 Dong, M. G., Van Vleck, L. D. and Wiggans, G. R. 1998. Effects of relationship on estimation of variance component with an animal model and restricted maximum likelihood. J. Dairy Sci., 71:3047-3052.
 Kovacs, M. A. and Groeneveld, E. VCE-5 User's Guide and Reference Manual, Version 5.1. Mariensee, Germany: Institute of Animal Husbandry and Animal Behaviour, Federal Research Center of Agriculture; 2003. p. 68.
 Lee, D. H., Oh Sang and Whitley, N. C. 2010. Study on Genetic Evaluation for Linear Type Traits in Holstein Cows. Asian-Aust. J. Anim. Sci. 23(1):1-6.
 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. J. Dairy Sci. 90:1564-1574.
 SAS User's Guide : Statistics, Ver 9.1 Edition. 1999. SAS Inst., Inc., Cary, NC
 Zavadilova, L., Jamrozik, J. and Schaeffer, L. R. 2005. Genetic parameters for test-day model with random regressions for production traits of Czech Holstein cattle. Czech J. Anim. Sci., 50(4):142-154.
 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_ge_info2/framesida-ges.htm. Accessed Sep. 3, 2012.
 (Received Oct. 18, 2012; Revised Dec. 20, 2012; Accepted Feb. 7, 2013)