

Research Article

Analysis of pedigree structure and inbreeding coefficient for Jersey dairy cattle in Korea

Taejeong Choi¹, ChangGwon Dang², Gyeonglim Ryu¹, Dusan Kim¹, Hyeongwook Baik², Chanhyeok Park³, Yangmo Koo³, Sangchul Park³, Jihwan Lee^{1*}

¹Dairy Science division, National Institute of Animal Science, RDA, Cheonan 31000, Korea

²DAnimal Breeding and Genetics Division, National Institute of Animal Science, RDA, Cheonan 31000, Korea

³Dairy Cattle Department, Korea Animal Improvement Association, Seoul 06668, Korea

*Corresponding author: leejh6730@korea.kr

ABSTRACT

This study was conducted to analyze the pedigree information of the Korean Jersey dairy cattle breed and to determine how the inbreeding coefficient is changing. A total of 3,624 pedigree data for 976 Jersey cows were used for the analysis, and the pedigree completeness index (PCI) and inbreeding coefficient by birth year were calculated and compared. As a result of the PCI analysis, PCI1, PCI3, and PCI5 were all over 90%, confirming that the pedigree information was well managed. However, the inbreeding coefficient analysis results confirmed that the inbreeding coefficient exceeded 5% after 2020 and increased by 0.2% every year. In particular, after 2020, the proportion of individuals born through embryo transfer and artificial insemination using domestically produced embryos increased. The decrease in the number of individuals used as sire compared to the number of mating heads at that time was found to be one of the reasons for the increase in the inbreeding coefficient of the Jersey breed. In order to develop the sustainable Jersey breed industry, it is necessary to continuously manage pedigree and implement design mating program.

Keywords: Jersey, pedigree, inbreeding coefficient

INTRODUCTION

우리나라 1인당 원유 소비량은 2021년도 63.9kg 대비 2023년은 83.9kg로 증가하고 있다. 소비 용도에 따른 구조를 살펴보면 시유는 2001년 30.5kg에서 2023년 30.9kg으로 소폭 상승한 반면 유가공품은 2021년 27.4kg에서 2023년 53kg로 크게 늘어 유제품 소비가 절대적으로 증가하는 추세이다(MAFRA, 2023).

이러한 우유 소비 트렌드 변화에 대응하고 농가 수요가 증가함에 따라 우리나라에서는 저지(Jersey) 품종 수정란을 2010년 최초로 도입하였고, 이후 수입정액과 수정란을 활용하거나 자체적으로 수정란을 생산하여 이식하는 방법으로 축군을 확대해 나아가고 있다. 이는 저지 품종의 경우 유용종으로 사육하는 소품종 중 하나로 홀스타인(Holstein) 품종에 비하여 유량은 적지만 상대적으로 우유내 지방과 단백질 함량이 높아 버터, 치즈 등 유제품 생산에 유리하고(Lim et al., 2020, Olthof et al., 2023), 체중 또한 홀스타인 품종에 비하여 적기 때문에 에너지 요구율과 사료섭취량도 적어 유생산 효율성이 높은 품종으로 알려져 있기(Kristensen et al., 2015) 때문이다.

하지만, 저지 품종 도입 및 확산에 있어 정액이나 수정란을 수입할 수 있는 국가는 현재 미국, 캐나다로 한정되어 있고 해당국가 내에서도 저지 품종 사육두수가 많지 않아 국내로 수입될 수 있는 정액이나 수정란 종류도 한정적인 것이 사실이다. 뿐만 아니라 수정란 생산이 체내에서 생산하는 IVD (in vivo derived) 보다는 체외 생산인 IVP (in vitro produced)가 증가하는 추세(IETS, 2023)를 감안할 때 국내

에서 생산되는 수정란의 경우 대부분 전형매 수정란으로 생산되어 번식에 이용되기 때문에 유효집단 크기(effective population size)에 영향을 미쳐 혈통관리를 통한 계획교배가 이뤄지지 않는다면 근친으로 인한 근교퇴화가 일어날 가능성이 크다(Lehmkuhl, 1984).

따라서, 본 연구는 저지 품종 수정란이 국내에 도입된 이후 현재까지 등록된 혈통정보를 통해 어떠한 형태로 집단이 형성되고 있고, 혈통구조에 따른 근교계수가 어떻게 변화되고 있는지를 파악하여 향후 저지 품종 개량 및 다양성 확보를 위한 기초자료로 활용하기 위하여 수행하였다.

MATERIALS AND METHODS

공시자료

본 연구는 2011년 국내에 저지 품종 젖소를 도입한 이후 2023년 6월 현재까지 한국종축개량협회에 등록된 저지 젖소 976두에 대해 추적 가능한 모든 혈통기록 총 3,624개를 분석에 이용하였다. 국내 저지 품종 혈통등록 개체에 대해서는 한국종축개량협회 혈통등록 기록을 토대로 번식방법을 인공수정, 수정란이식으로 구분하였고, 수정란이식으로 태어난 개체의 경우 공란우의 아버, 어미 정보를 통하여 도입 수정란과 국내 자체생산으로 구분하였다.

혈통완성도지수 (Pedigree Completeness Index)

혈통완성도지수는 지정한 세대까지 혈통이 완전한 정도를 나타내는 지수로 아버와 어미의 혈통완성도지수에 대한 기여도로 나타낼 수 있으며 아래의 공식에 의해 계산하였다. (MacCluer et al., 1983)

$$PCI_{animal} = \frac{2C_{sire}C_{dam}}{C_{sire} + C_{dam}}$$

여기서, C_{sire} 는 아버의 혈통완성도지수에 대한 기여도, C_{dam} 은 어미의 혈통완성도지수에 대한 기여도이고 아버, 어미에 대한 C는 아래와 같은 공식으로 계산하였다.

$$C_* = \frac{1}{d} \sum_{i=1}^n a_i$$

여기서, *는 아버 또는 어미를 의미하고 a_i 는 i 번째 세대까지 알려진 조상의 비율, d 는 혈통 추적한 세대수에 해당된다. 혈통완성도지수는 1, 3, 5 세대별 결과를 분석하였고, 출생연도에 따른 혈통완성도지수 변화를 함께 비교하였다.

근교계수 (Inbreeding Coefficient)

혈통완성도지수는 근교계수는 공통선조로부터 동일한 두 개의 유전자가 자손에게 전달될 확률로 정의를 하는데 혈연계수행렬을 이용하여 산출한다. 근교계수 알고리즘은 Meuwissen과 Luo (1992) 방법을 이용하였는데 본 방법은 혈연계수행렬의 하삼각행렬인 L 행렬에 대한 행별 원소를 계산하고 L의 각 행이 다른 행에 독립적으로 계산되게 구성함으로써 행렬 갱신에 적합하게 만드는 방법이다. 개체별 근교계수 계산은 김 등 (2012)에 의해 개발된 ANGEL toolkit 프로그램을 이용하였다. 근교계수는 저지 품종에 대한 모든 혈통등록 개체와 혈통기록 상 추적 가능한 모든 개체에 대해 분석하여 비교하였다.

RESULTS AND DISCUSSION

혈통완성도지수

국내 혈통등록된 전체 저지 품종 976두의 아버지, 어머니 정보 기록 유무는 Table 1과 같이 파악되었다. 아버지와 어머니를 모두 모르는 개체는 전체 5두, 아버지 또는 어머니 정보만을 보유하고 있는 개체 또한 전체 5두로 1% 정도에 해당되는 것으로 나타나 저지 품종에 대한 아버지, 어머니 정보 기록관리가 잘 되고 있는 것으로 확인되었다. 이는 혈통완성도지수 분석 결과 (Fig 1)에서도 잘 나타나는데 아버지와 어머니 정보가 모두 없는 개체를 제외한 분석결과 1세대까지의 혈통 완성도 PCI1은 2011년도부터 현재까지 100%로, 3세대까지의 혈통 정보에 대한 PCI3 또한 2015년 이후 100%에 근사하고 있어 적어도 3세대 이상까지 혈통이 추적 가능한 개체들이 대부분인 것을 확인 하였다. 뿐만 아니라 5세대까지의 혈통 정보를 나타내는 PCI5도 2011년도 국내에 저지를 도입하기 시작한 당시 이미 90%를 넘어섰고 2020년도 이후에는 98% 이상으로 저지 품종에 대한 혈통기록을 지속적으로 추적하여 관리하고 있는 것으로 나타났다. 이는 Won et al. (2016)이 보고한 2012년도 국내 홀스타인 품종의 3세대 혈통완성도지수가 50.69%, Koo et al. (2021)이 보고한 한우 암소검정사업 참여우들에 대한 2019년도 PCI3와 PCI5가 각각 95.5%, 86.9%인 것과 비교하였을 때 보다도 높은 것으로 나타나, 품종에 따

Table 1. Pedigree information for each birth year of Korean Jersey population

birth year	with one of the parents		with both parents	Without both parents
	sire	dam		
2011	0	0	6	0
2012	0	0	6	0
2013	0	0	6	0
2014	0	0	21	1
2015	0	0	6	0
2016	0	0	25	0
2017	0	0	22	0
2018	1	0	59	0
2019	3	0	48	2
2020	0	0	116	0
2021	0	0	198	0
2022	0	0	226	0
2023	1	0	193	2
2024	0	0	34	0
Total	5	0	966	5

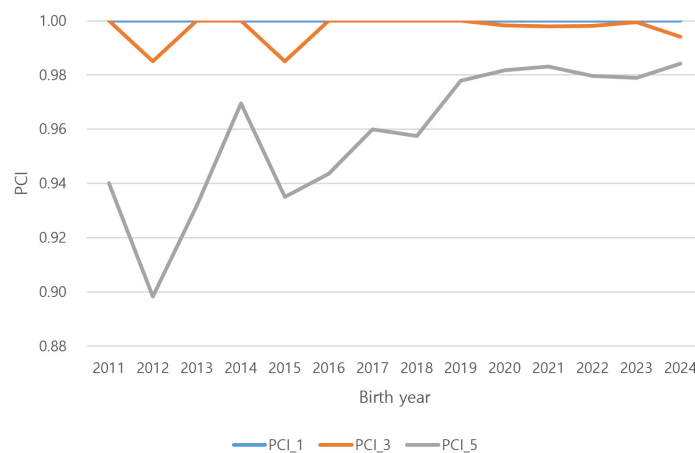


Figure 1. Changes of pedigree completeness index (PCI) for each generation level of Korean Jersey population

른 차이 보다는 국내 가축개량에 있어서 혈통에 대한 중요성이 인식되는 과정에서 농가들의 혈통관리에 대한 관심도와 노력이 증가함에 따른 결과로 보여지며, 저지 품종은 현재 국내 개량시스템이 마련되지 않은 상황에서 혈통관리의 중요성을 인지하고 있는 농가 또는 기관에서 혈통등록을 실시하고 있기 때문에 혈통기록이 잘 관리되고 있는 것으로 판단된다. 또한, Fig1의 결과는 1956년부터 혈통관리가 이뤄진 캐나다 저지 품종의 PCIS가 95% 이상인 것 (Stachowicz et al., 2011) 보다는 높은 것으로 국내 저지 품종은 수정란 도입시부터 수정란 생산에 참여한 부모 정보를 포함한 조상정보를 모두 확보하고, 수입 이후 국내에서 태어난 개체들에 대해서 혈통관리를 철저히 한 결과라 볼 수 있다.

근교계수

국내 저지 품종 중 부모에 대한 기록이 없어 근교계수가 0인 개체를 제외한 연도별 근교계수는 Table2와 같이 나타났다. 2011년부터 2024년까지 태어난 개체들의 근교계수는 2.34%~5.71%로 나타났고, 국내 저지 품종이 도입된 이후 지속적으로 매년 0.2%씩 근교계수가 증가하는 것으로 나타났다. 특히 2020년 이후에는 근교계수가 최대 10% 이상되는 개체들도 포함되면서 평균적으로 5%를 초과하여 증가하는 추세를 보이는 것으로 나타났다. Stachowicz et al. (2011)가 보고한 캐나다 저지 품종에 대한 근교계수는 2007년 기준 6% 였으나, 2020년에 보고된 연구결과 (Makanjuola et al., 2020)에 따르면 캐나다 저지 품종에 대한 근교계수는 7.20 ± 2.48 로 Stachowicz et al. (2011)의 결과 보다 더 높게 보고가 되었고 연간 근교계수 증가율은 0.73%인 것으로 보고되었다. 미국의 경우도 2018년도 현재 미국 내 저지 품종에 대한 혈통기반 근교계수가 7.68 ± 2.95 로 캐나다와 비슷한 근친도를 보였다 (Srikanth et al., 2022). 전 세계적으로 가장 많이 사육되고 있는 품종은 홀스타인으로 젖소 품종 중 90% 이상을 차지하고 있고, 나머지 10%를 저지, 건지, 어서, 브라운스위스 품종 등으로 구성되어 있는 만큼 높은 근교계수를 보이고 증가량도 큰 것으로 판단된다.

Table 2. Statistics of inbreeding coefficient for each birth year of Korean Jersey population

Birth year	Head	Inbreeding coefficient			
		Avg	Std	min	max
2011	6	2.67	0.23	2.14	2.78
2012	6	4.36	2.42	2.14	8.95
2013	6	2.34	0.43	1.74	2.72
2014	21	3.03	0.72	1.74	4.58
2015	6	5.01	2.24	1.46	8.51
2016	25	4.02	1.98	1.37	8.74
2017	22	3.67	1.49	1.68	8.26
2018	59	3.32	1.35	1.33	7.38
2019	47	3.99	1.29	1.50	9.92
2020	116	4.93	2.15	1.86	11.25
2021	198	5.71	2.40	1.83	28.20
2022	226	5.49	1.60	1.41	10.71
2023	192	5.09	1.60	2.13	15.22
2024	34	5.52	1.59	1.90	7.52
Total	964	5.00	2.00		

Avg, average; Std, standard deviation; min, minimum; max, maximum;

우리나라에 저지 품종이 도입된 이후 번식방법에 따라 근교계수가 어떻게 변하고 있는 파악하기 위해 연도별 출생축 생산 시 번식방법을 수정란 이식과 인공수정으로 구분하였고, 수정란 이식은 다시 외국에서 생산하여 우리나라에 수입해 들어온 도입수정란과 국내에서 생산한 자체 수정란으로 분류하여 근교계수를 비교 하였다 (Table3). 그 결과 2010년 국내에 저지 품종 수정란이 도입된 이후 2014년생부터 인공수정으로 생산된 개체들이 등장하기 시작하였고, 수정란 이식 또한 자체적으로 생산한 수정란으로 개체들이 생산되기 시작하였다. 이후 2020년 출생축부터는 도입 수정란 보다는 국내 자체 생산한 수정란과 인공수정으로 태어난 개체들이 증가하는 것을 확인 하였다. 이는 Table2에서 보여주는 결과에 유사한 결과라 할 수 있는데 번식방법에 따른 근교계수를 비교해

보면 국내산 수정란과 인공수정의 경우 2019년도 각각 3.89%와 2.92% 였던 것이 2020년도 이후 5% 이상으로 근교계수 증가폭이 커지는 것을 확인할 수 있다. 추가적으로 연도별로 출생두수를 보면 2020년도를 기점으로 국내 저지 품종 사육두수가 급격히 증가하는 것을 확인할 수 있는데, 이는 국내 젖소 사육농가들의 저지 품종에 대한 수요가 증가함에 따라 저지 품종을 생산함에 있어 도입 수정란에 대한 경제적 부담과 함께 수요 대비 다양한 저지 품종 정액이 국내로 유입되지 못하여 교배에 이용할 수 있는 정액이 한정적이기 때문으로 판단된다.

Table 3. Inbreeding coefficients by methods of reproduction for each birth year of Korean Jersey population

Birth year	Embryo transfer						Artificial insemination	
	Imported		Domestic		Total		n	Icoef
	n	Icoef	n	Icoef	n	Icoef		
2011	6	2.67			6	2.67		
2012	6	4.36			6	4.36		
2013	6	2.34			6	2.34		
2014	11	2.89	10	3.18	21	3.03	1	0
2015	2	5.82	3	5.64	5	5.72	1	1.46
2016	5	3.28	17	3.88	22	3.74	3	6.06
2017	5	2.47	7	3.74	12	3.21	10	4.23
2018	15	4.08	19	3.59	34	3.81	26	2.55
2019	7	5.51	15	3.89	22	4.41	31	2.92
2020	47	4.49	29	5.49	76	4.87	40	5.03
2021	52	4.71	68	6.68	120	5.82	78	5.54
2022	37	6.60	87	5.45	124	5.79	102	5.13
2023	15	5.60	59	4.87	74	5.02	122	4.96
2024	1	5.72	10	6.69	11	6.60	23	5.00
Total	215	4.73	324	5.27	539	5.06	437	4.80

Icoef, inbreeding coefficient;

이를 뒷받침하기 위하여 연도별 저지 품종 출생축에 대한 아버 사용빈도를 확인한 결과 (Table4), 2018년도까지는 30가지 이상의 아버를 사용한 반면 2019년도 이후 아버 종류가 줄어든 반면 최대 사용빈도가 30두 이상으로 증가하는 것을 확인하였다. 특히 아버 최대 사용빈도가 2020년도에도 30두로 2019년도와 동일하지만 아버 종류는 29가지에서 24가지로 감소한 반면에 생산두수는 53두에서 116두로 두 배 이상 증가하여 (Table3) 사육두수 대비 아버 종류는 확연하게 감소하였고 아버 평균 이용 빈도도 5회 이상으로 증가한 것을 확인 하였다. 뿐만 아니라 2022년도 이후에는 아버 종류가 11~13두로 평균 아버 이용빈도가 10두 이상으로 급격하게 증가하여 국내 저지 품종 근교계수 상승의 원인으로 작용하고 있는 것을 확인 하였고 계획교배가 시급함을 확인하였다.

Table 4. Least-square means and standard errors according to slaughter year Hanwoo steer

Birth year	Number of sire	Average used	Minimum	Maximum
2011	34	2.00	1	15
2012	36	2.25	1	7
2013	43	1.97	1	10
2014	35	2.05	1	10
2015	41	1.85	1	7
2016	35	1.71	1	14
2017	48	1.79	1	5
2018	28	3.03	1	15
2019	29	2.72	1	30
2020	24	5.58	1	30
2021	24	8.62	1	46
2022	13	17.46	1	41
2023	12	16.16	1	69
2024	11	3.09	1	9

CONCLUSION

본 연구에서는 2010년 국내에 최초로 도입되어 사육되고 있는 젓소 저지 품종에 대한 혈통구조와 근교계수를 분석하여, 혈통기록 관리는 잘 되고 있으나 근친도를 고려한 계획교배가 이뤄지지 않아 근교계수가 증가하고 있는 것을 확인 하였다. 젓소에 있어서 근친에 대한 문제는 꽤 오랜기간 동안 주목을 받아왔다. 특히 홀스타인 품종은 전 세계 가장 집단은 큰 품종이기 때문에 근친에 대한 문제가 발생되지 않을 것이라 생각되지만 그만큼 젓소 개량이 집중적으로 이루어졌기 때문에 오히려 근친에 대한 문제가 대두되고 있는 것이다 (González-Recio et al., 2007; Miglior, 2000). 저지 품종은 집단이 작기 때문에 근친에 대한 관리 즉, 계획교배의 필요성이 더 대두된다. 저지의 경우 근교계수가 5% 미만인 경우 305일 유량이 25kg 감소하여 생산 손실이 크지 않지만, 5% 이상이 되면 생산 손실이 상당히 증가하고 10%의 경우 177kg, 15~19%는 327kg의 손실이 발생하는 것으로 보고되고 있다. 우리나라 저지 품종 전체 집단이 1,000두 미만인 만큼 현재 시점부터 근친을 관리할 수 있도록 계획교배 시스템을 구축함과 동시에 다양한 정책을 국내에 도입하여 계획교배에 활용할 수 있도록 하여야 할 것이다. 뿐만 아니라 현재는 국내 저지 품종 축군을 확대하는데 주력하고 있지만 향후 저지 품종 개량을 위한 기반을 함께 구축해 나가는 노력이 필요할 것으로 판단된다.

CONFLICT OF INTERESTS

No potential conflict of interest relevant to this article is reported.

ACKNOWLEDGEMENTS

본 성과물(논문)은 농촌진흥청 연구사업(과제번호: PJ015006)의 지원에 의해 이루어진 것임.

REFERENCES

- González-Recio, O, López de Maturana E, Gutiérrez JP. 2007. Inbreeding depression on female fertility and calving ease in Spanish dairy cattle. *Journal of Dairy Science*. 90:5744-5752.
- IETS (The International Embryo Technology Society). 2022. 2021 Statistics of embryo production and transfer in domestic farm animals. *Embryo Technology Newsletter*. 40(4): 22-40.
- Koo YM, Alam M, Park M, Lee S, Lee D, Dang CG, Rho SH, Lee KH, Choi TJ. 2021. Estimation of pedigree completeness index, inbreeding coefficient and effective population size of breeding stock for Hanwoo cows. *Journal of Animal Breeding and Genomics*. 5(3): 73-83.
- Krostensen T, Jensen C, Østergaard S, Weisbjerg MR, Aaes O, Nielsen NI. 2015. Feeding, production, and efficiency of Holsten-Friesian, Jersey, and mixed-breed lactating dairy cows in commercial Danish herds. *Journal of Dairy Science*. 98:263-274.
- Lehmkuhl JF. 1984. Determining size and dispersion of minimum viable populations for land management planning and species conservation. *Environmental Management*. 8(2): 167-176.
- Lim DH, Mayakrishnan V, Lee HJ, Ki KS, Kim TI, Kim YH. 2020. A comparative study on milk composition of Jersey and Holstein dairy cows during the early lactation. *Journal of Animal Science and Technology* 62(4): 565-576.
- MacCluer J, Boyce B, Dyke L, Weitzkamp D, Pfenning A, Parsons C. 1983. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *Journal of Heredity*. 74:394-399.
- MAFRA (Ministry of Agriculture, Food and Rural Affairs). 2023. Milk and Dairy product production and consumption in 2023. MAFRA, Sejong, Korea. [in Korean]
- Makanjuola BO, Miglior F, Abdalla EA, Maltecca C, Schenkel FS, Baes CF. 2020. Effect of genomic selection on rate of inbreeding and coancestry and effective population size of Holstein and Jersey cattle population. *Journal of Dairy Science*. 103:5183-5199.

- Meuwissen THE and Luo Z. 1992. Computing inbreeding coefficients in large population. *Genetics Selection Evolution*. 24:305-313.
- Miglior, F. 2000. Impact of inbreeding—Managing a declining Holstein gene pool. 10th World Holstein Friesian Federation Conference, 108–113.
- Olthof L, Domecq J, Bradford B. 2023. Analysis of Jersey versus Holstein breed profitability on north central US dairies. *Journal of Dairy Science*. 4:344-348.
- Palladino RA, Buckley F, Prendivile R, Murphy JJ, Callan J, Kenny DA. 2010. A comparison between Holstein-Friesian and Jersey dairy cows and their F1 hybrid on milk fatty acid composition under grazing conditions. *Journal of Dairy Science*. 93:2176-2184.
- Srikanth K, Neupane M, Jaafar MA, Wolfe CW, Huson HJ, Van Tassell CP, Blackburn HD. 2022. Genetic diversity and inbreeding in US Jersey population and germplasm collection. *Proceedings of 12th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP)*. DOI:10.3920/978-90-8686-940-4_243
- Stachowicz K, Sargolzaei M, Miglior F, Schenkel FS. 2011. Rate of inbreeding and genetic diversity in Canadian Holstein and Jersey cattle. *Journal of Dairy Science*. 95:5160-5175.
- Thomson JR, Everett RW, Wolfe CW. 2000. Effect of inbreeding on production and survival in Jerseys. *Journal of Dairy Science*. 2131-2138.
- Won JI, Dang CG, Lim HJ, Jung YS, Im SK, Lee JK, Kim JB, Cho MR, Min HL, Yoon HB. 2016. Analysis of pedigree structure and inbreeding coefficient for performance tested Holstein cows in Korea. *Journal of Agriculture & Life Science*. 50(2) 107-116.

AUTHORS INFORMATION

Taejeong Choi: <https://orcid.org/0000-0002-8299-9342>

ChangGwon Dang: <https://orcid.org/0000-0003-1026-0167>

Gyeonglim Ryu: <https://orcid.org/0000-0002-5903-5705>

Doo-san Kim: <https://orcid.org/0000-0002-2528-5386>

Hyeonguk Baek: <https://orcid.org/0009-0007-6761-5711>

Chanhyeok Park: <https://orcid.org/0000-0001-7178-797X>

Yangmo Koo: <https://orcid.org/0000-0001-7223-1586>

Sangchul Park: 없음

Jihwan Lee: <https://orcid.org/0000-0002-0040-3104>