JABG Journal of Animal Breeding & Genomics

Journal of Animal Breeding and Genomics, 2025 December, 9(4)203-211
https://doi.org/10.12972/jabng.2025.9.4.3

Print ISSN 1226-5543
Online ISSN 2586-4297

Research Article

Genetic Evaluation of the Domestic Jersey Dairy Cattle Using the U.S. Reference Population

Taejeong Choi[1†], Kyungdo Park[2†], Gyeonglim Ryu[1], Jihwan Lee[1], Seulgy Lee[1], Kiwon Park[1], Dohyun Kim[2], Hakkyo Lee[2*]

[1]Dairy Science Division, National Institute of Animal Science, RDA, Cheonan, 31000, Republic of Korea

[2]Department of Animal Biotechnology, Jeonbuk National University, Jeonju, 54896, Republic of Korea

***Corresponding author:** breedlee@empas.com

[†] These authors contributed equally to this work

ABSTRACT

A total of 189,587 purebred Jersey cattle with genomic information provided by the Council on Dairy Cattle Breeding (CDCB) were used in the analysis. In the overall dataset, genetic gains by birth year steadily increased for all traits except somatic cell score (SCS); however, no genetic gains were observed for any traits in the Korean Jersey population. The proportion of animals selected within the top 5% for each trait was markedly lower in the Korean Jersey population, particularly for SCS, mastitis resistance (MAS), daughter pregnancy rate (DPR), cow conception rate (CCR). and Jersey Performance Index (JPI). In future breeding programs, it will be necessary to establish more focused selection indicators for health and reproductive traits. To establish a reference population for genetic improvement of the Korean Jersey breed, the collection of additional genomic information and accurate phenotypic records is indispensable.

Keywords: CDCB, Genomic information, Genetic gain, Jersey, JPI

INTRODUCTION

국내의 젖소 사육두수는 약 37만두(MDS, 2025)로 대부분 홀스타인종이며, 이 중 저지종은 대략 800여두로 파악된다. 2004년부터 국내 원유가격 산정체계는 유단백질 함량을 포함하여 지불가격을 차별화함으로써 고급 우유 생산을 유도하고 원유의 영양학적 가치를 강조하고 있다. 저지종 원유는 유지방과 유단백량이 많아 유대정산 시 유리하게 작용한다.

한편 홀스타인종의 경우 생산성은 우수한 반면 여름철 고수온기에는 생산성이 급격히 감소하는 단점이 있기 때문에 고수온기에 강하고 (Lim et al., 2021) 유지방과 유단백질 함량이 높은 저지종에 대한 관심뿐 만이 아니라 실질적으로 저지종 사육을 희망하는 농가의 수요도 증가하고 있다.

저지종 집단 조성을 위한 대규모 생축도입은 현실적으로 어렵다. 따라서 소규모 집단을 대상으로 수정란이식 기술을 활용한 규모 확대는 가능하지만 집단 규모가 작아 유전다양성, 근친도 등 개량의 한계가 있어 소규모 축군 개량 및 증식을 위한 효율적인 체계 구축이 필요하다(Seo et al, 2023).

소규모 집단의 경우 후대검정시스템은 현실적으로 구성하기 힘들기 때문에 유전체 정보를 활용한 선발시스템이 효율적인 방법이며, 표현형, 혈통정보, 유전체 자료 등 관련정보 확보가 필수적이다. 그러나 저지종의 유전체정보는 참조집단이 없고 표현형 역시 홀스타인 젖소의 보정계수들을 이용하고 있는 만큼 정확도가 떨어져 이용하기 다소 어렵다. 따라서 본 연구의 목적은 국립축산과학원에서 보유하고 있는 저지종 237두의 유전체정보를 미국 젖소개량위원회(Council on Dairy Cattle Breeding; CDCB)에 분석을 의뢰하여 평가된

Received December 05, 2025 **Revised** December 23, 2025 **Accepted** December 30, 2025

Copyright © 2025 Korean Society of Animal Breeding and Genetics.

This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

생산성, 건강성, 번식성 및 체형관련 유전체육종가를 바탕으로 공란우(Elite cow)를 선발하고 육종계획 수립 시 선발지표를 설정하기 위한 기초자료를 제공하는 데 있다.

MATERIALS AND METHODS

공시자료

국내 저지종 젖소 237두에서 DNA시료를 채취하여 BovineSNP50 version3 (Illumina, USA)으로 53,218개의 SNP정보를 수집한 후, 미국 젖소개량위원회에 유전능력 평가를 의뢰하였다. 2025년 하반기 미국 젖소개량위원회에서 평가된 저지종(880,317두) 및 혼합종(181,167두)은 총 1,061,484두였다. 본 연구에서는 유전체정보를 가지고 있는 순수 저지종 중에서 미국 및 1,000두 이상 의뢰한 8개 국가의 개체들, 총 189,587두의 평가자료를 이용하였다(Table 1).

분석방법

저지종 젖소는 Single-step GBLUP (ssGBLUP)으로 평가되었으며 (Al-Khudhair et al, 2021; Cesarani et al, 2024), 간략한 분석모형은 다음과 같다. y=Xb+Za+e, 여기서, y = 표현형, b = 고정효과, a = 상가적 유전효과, e = 임의오차이며, X와 Z = 계수행렬이다. 이를 행렬식으로 표시하면,

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + \alpha H^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

여기서, $\alpha=\sigma_e^2/\sigma_a^2$, $H^{-1} = A^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & G^{-1} - A_{22}^{-1} \end{bmatrix}$, A^{-1} = 혈연계수행렬의 역행렬, G^{-1}=유전체관계행렬의 역행렬, A_{22}^{-1}= 유전체정보를 가지고 있는 개체들의 혈연계수행렬의 역행렬이며, α=오차분산/유전분산이다.

평가형질은 생산형질(유량, 유지방, 유단백질량, 체세포점수 등), 건강형질(생산수명, 유방염저항성 등), 번식형질(딸임신율, 암소수정율 등) 체형형질(유방깊이 앞유방붙임성, 뒷유방높이, 체형점수 등)이며, 유전력은 생산형질 (0.23), 생산수명(0.08), 체세포점수(0.12), 딸임신율(0.014), 암소수정율 (0.016), 체형형질(0.08~0.51) 등으로 이들의 고정효과는 각각 다르며, 매년 평가방법의 변화에 따라 모든 형질들의 정확한 유전력 수치보다는 유전력의 범위로 보고되고 있다(Wiggans and Cole, 2019; AJCA, 2025).

그리고 젖소의 종합평가지수 (Jersey Performance Index, JPI)는 평가된 형질들을 표준화한 육종가를 이용하여 산출하였고 산출식은 다음과 같다.

JPI2025 = PROT×30 + FAT×25 + PL×10 + CCR×8 + DPR×7 - SCS×5 + UDP×4 + FUA×4 + RUH×2 (AJCA, 2025)

RESULTS AND DISCUSSION

유전체 육종가

미국젖소개량위원회는 지속가능한 낙농산업을 위하여 주요 산업체들과 협력하여 미국 낙농산업 분야의 대규모 표현형 및 유전자 데이터베이스인 국가협력자데이터베이스(National Cooperator Database, NCD)를 개발하고 운영하고 있으며, 국가단위 젖소유전능력평가를 총괄하는 공식 기관이다.

국가협력자데이터베이스에는 현재 900만개 이상의 유전자형, 1억건 이상의 계보, 1억건 이상의 착유 기록이 포함되어 있다(Asha et al, 2025). 따라서 빅데이터 기반으로 50여개 형질들에 대한 유전능력평가가 이뤄지기 때문에 통계적 신뢰도는 매우 높으며, 다양한 유전능력 평가지표를 제공할 뿐 아니라 한국을 포함한 전 세계 국가들과 평가자료 연계지원이 가능하다(George et al, 2022).

미국젖소개량위원회에서 제공된 형질들 중에서 국내 실정에 중요하다고 판단되는 15개 형질에 대한 유전체육종가(Genomic predicted transmitting ability, GPTA)의 통계적 특성을 Table1에 제시하였다.

국내 저지종 젖소의 유량(MILK), 유지방량(FAT), 유단백량(PROT)과 생산수명(PL), 유방깊이(UDP), 앞유방붙임성(FUA), 뒷유방높이(RUH)와 체형점수(PTAT)에 대한 능력은 전체 평균보다 높게 나타난 반면, 유지방율(FATP), 유단백질율(PRORP), 체세포수(SCS), 유방염저항성(MAS), 딸임신율(DPR)과 암소수정율(CCR)은 낮게 나타났다. 따라서 전반적으로 생산형질과 체형형질은 전체 평균보다 높고 질병과 번식형질은 전체 평균보다 낮게 나타났다(Table 1).

미국젖소개량위원회에서는 치즈수익지수(Cheese merit index, CM)와 더불어 생산성, 체형, 번식, 건강형질 등을 종합하여 계산하는 생애수익지수(Net Merit, NM)를 제공하고 있다(VanRaden et al, 2025). 치즈수익지수는 미국 유제품 시장에서 치즈, 버터와 파우더가 우유 수익의 대부분을 차지하기 때문에 단백질과 지방성분이 높은 개체를 선호하는 치즈시장 기준 경제지수이며, FAT, PROT의 가중치가 높고 치즈생산 수익을 극대화하는 선발지수로 국내 저지종 젖소의 치즈수익지수는 8.41$로 전체 평균보다 약간 높았다. 평가된 형질들의 GPTA에 대한 평균 신뢰도(REL)는 62~82%의 범위를 나타내었으며, FUA와 RUH에 대한 신뢰도는 자료 업로드의 문제인지 제공되지 않았다. 국내 저지종의 경우 평가된 형질들의 GPTA에 대한 평균 신뢰도는 64~80%의 범위를 나타내었다(Table 1).

한국(KOR)을 포함한 호주(AUS), 브라질(BRA), 캐나다(CAN), 중국(CHN), 코스타리카(CRI), 독일(DEU), 영국(GBR), 일본(JPN)과 미국(USA) 등 10개국의 평가형질별 GPTA의 평균, 최대치와 최소치의 분포를 비교하였다(Fig. 1). 국가별 젖소의 유전능력을 비교하는데 있어서 평균치를 이용하는 것 보다는 우수한 개체들이 포함되어 있는 최대치 분포와 최소치(체세포수)의 분포가 더 중요하다고 생각된다. 실제로 선발되는 우수한 개체들은 최대치 또는 최소치 분포에 대부분 존재하기 때문이다.

유량, 유지방량, 당백질량, 체세포수 생산수명과 치즈수익지수의 경우 전반적으로 미국에서 우수한 개체들이 많이 분포하고 있었으며, 특히 유방염저항성, 딸임신율과 암소수정율은 미국이 압도적으로 우수한 개체들의 분포가 많았다. 반면에 유방깊이, 앞유방붙임성, 뒷유방높이와 체형점수 등 체형관련 형질들은 미국과 대등하게 캐나다에서 우수한 개체들의 분포를 나타내고 있었다(Fig. 1).

Table 1. Means, standard deviations (STD), maximum (Max), minimum (Min) and average reliabilities (Rel) of traits for animal with SNP information (n=189,587 and KOR=237 heads)

Traits	Overall				KOR			
	Mean	STD	Max(Min)	Rel	Mean	STD	Max(Min)	Rel
Milk yield (MILK)	-264.14	593.67	2165.0	79	170.21	383.38	1248.0	76
Fat yield (FAT)	-8.53	22.05	73.0	78	4.55	15.29	54.0	76
Protein yield (PROT)	-8.36	17.30	54.0	79	3.99	8.60	28.0	76
Fat% (FATP)	0.03	0.13	0.7	79	-0.02	0.12	0.3	76
Protein% (PROTP)	0.01	0.06	0.3	79	-0.01	0.05	0.1	76
Somatic cell score (SCS)	2.98	0.11	-2.5	77	3.01	0.10	-2.7	76
Production lifetime (PL)	-0.38	1.72	6.8	75	-0.05	1.60	4.3	74
Mastitis resistance (MAS)	1.00	1.33	7.0	62	-0.07	1.18	3.1	64
Daughter pregnancy rate (DPR)	0.46	1.74	11.2	72	-1.59	1.55	2.8	72
Cow conception rate (CCR)	0.25	1.79	9.9	72	-1.66	1.83	3.5	72
Udder depth (UDP)	-0.47	1.28	4.7	82	-0.33	0.94	1.9	80
Fore udder attachment (FUA)	-0.55	1.04	3.6	-	-0.02	0.67	1.9	-
Rear udder height (RUH)	-0.28	0.81	3.2	-	0.25	0.63	2.1	-
Type score (PTAT)-0.31	-0.31	0.64	1.9	80	0.19	0.45	1.4	79
Cheese merit index (CM)	-75.85	199.63	615.0	76	8.41	139.17	404.0	74

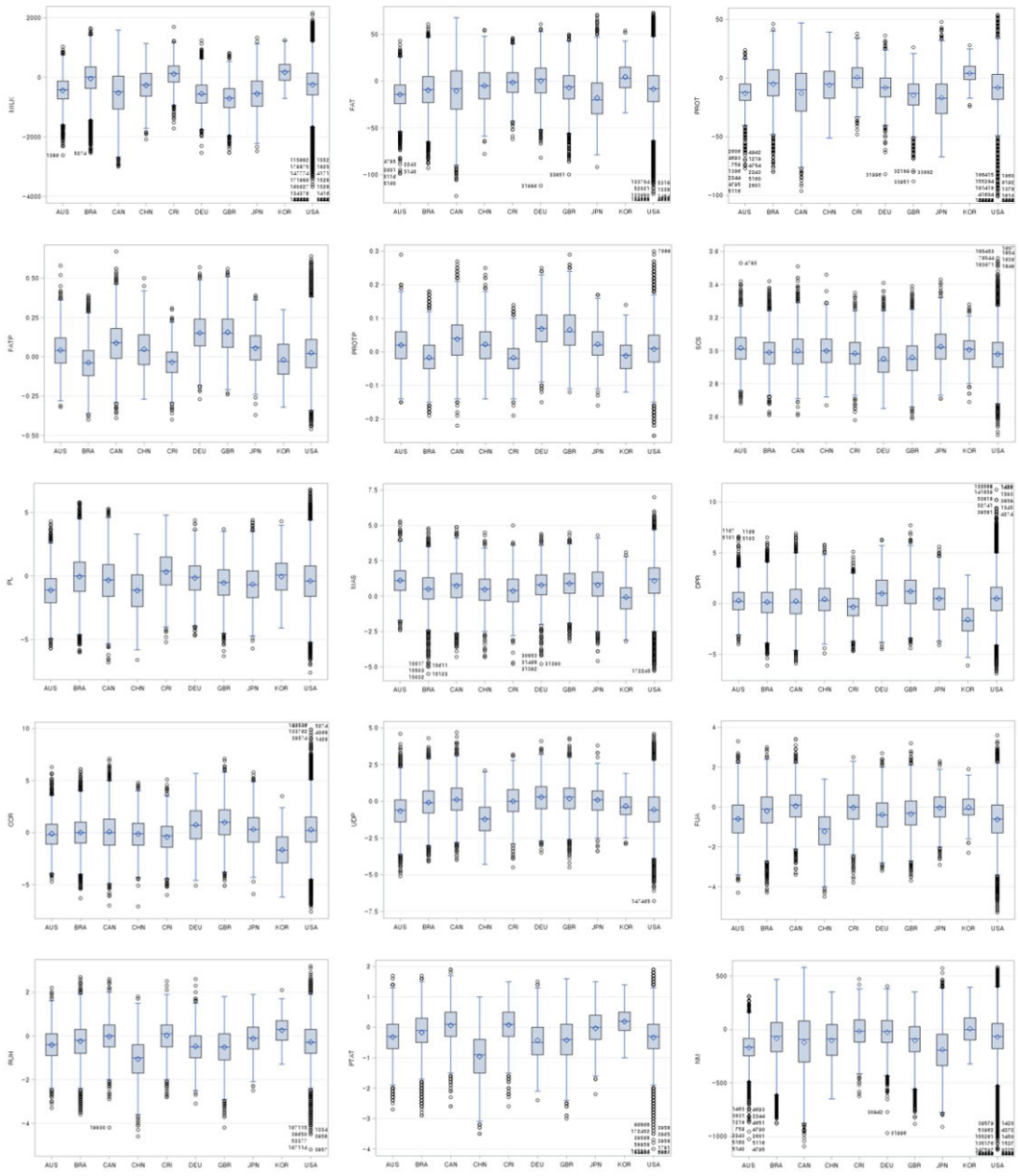

Figure 1. Distributions of MILK, FAT, PROT, FATP, PROTP, SCS, PL, MAS, DPR, CCR, UDP, FUA, RUH, PTAT and CM from top left to low right by nation

유전적 개량량

전체자료에서 출생년도별 유전적 개량량은 체세포수를 제외한 모든 평가형질에서 유의차($p<0.01$)를 나타내었으며, 한국은 대부분의 형질에서 유의차가 나타나지 않은 반면, 일본의 경우는 대부분의 형질에서 유의차를 나타내었다(Table 2). 한국의 경우 저지종에 대한 개량시스템이 아직 구축되지 않았고 처음으로 237두를 미국젖소개량위원회에 의뢰한 반면, 일본은 현재까지 2,072두를 의뢰하였고 자체 참조집단 구축을 시작하면서 유전체선발에 대한 연구를 계속 수행하고 있다(Tanaka et al, 2021; Nuomin et al, 2022. Ogawa et al, 2023).

Table 2. Linear estimates, standard errors (SE) and coefficients of determination (r^2) of genetic gains for traits by birth year

Traits	Overall		KOR		JPN	
	b±SE	r^2	b±SE	r^2	b±SE	r^2
MILK	41.613 ± 2.016***	0.92	33.785 ± 34.892NS	0.16	75.337 ± 8.414***	0.85
FAT	1.829 ± 0.049***	0.98	3.013 ± 0.949*	0.67	3.238 ± 0.347***	0.86
PROT	1.424 ± 0.064***	0.93	2.168 ± 0.925NS	0.52	2.729 ± 0.284***	0.87
FATP	-0.002 ± 0.000**	0.26	0.007 ± 0.010NS	0.08	-0.003 ± 0.001**	0.46
PROTP	-0.001 ± 0.000***	0.40	0.005 ± 0.004NS	0.27	-0.001 ± 0.000NS	0.18
SCS	0.001 ± 0.000NS	0.08	-0.012 ± 0.006NS	0.44	-0.002 ± 0.001NS	0.23
PL	0 .093 ± 0.006***	0.86	0.236 ± 0.098NS	0.54	0.122 ± 0.030**	0.54
MAS	-0.056 ± 0.006***	0.73	0.060 ± 0.072NS	0.12	-0.155 ± 0.014***	0.90
DPR	-0.161 ± 0.005***	0.96	-0.178 ± 0.130NS	0.27	-0.164 ± 0.012***	0.93
CCR	-0.155 ± 0.00 6***	0.94	-0.103 ± 0.137NS	0.10	-0.149 ± 0.015***	0.88
UDP	0.065 ± 0.005***	0.81	0.114 ± 0.056NS	0.46	0.034 ± 0.015*	0.28
FUA	0.078 ± 0.004***	0.91	0.126 ± 0.031**	0.77	0.062 ± 0.008***	0.82
RUH	0.055 ± 0.003***	0.92	0.043 ± 0.064NS	0.08	0.066 ± 0.007***	0.86
PTAT	0.054 ± 0.002***	0.96	0.080 ± 0.033NS	0.54	0.057 ± 0.005***	0.90
CM	15.351 ± 0.633***	0.94	36.600 ± 4.742***	0.92	28.871 ± 4.421***	0.75

***p<0.001, **p<0.01, NSNone significant

전체자료에서 유량, 유지방량, 유단백량과 치즈수익지수의 연간 유전적 개량량은 각각 41.61lb, 1.89lb, 1.42lb와 15.35$였으며 (Table 2), 매년 꾸준히 증가하는 것으로 나타났다(Fig 2). 생산수명, 유방염저항성, 딸임신율과 암소수정율의 경우, 각각 0.09months, -0.06, -0.16%와 -0.16%였고 생산수명은 매년 증가하는 반면 유방염저항성과 번식형질들은 감소하는 것으로 나타났으며, 유방염저항성은 상대적점수라 단위가 존재하지 않았다(Fig 3).

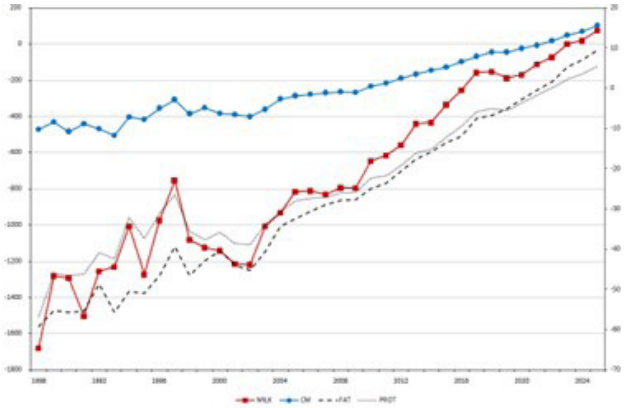

Figure 2. Genetic trends on MILK, FAT, PROT and CM by birth year using overall data

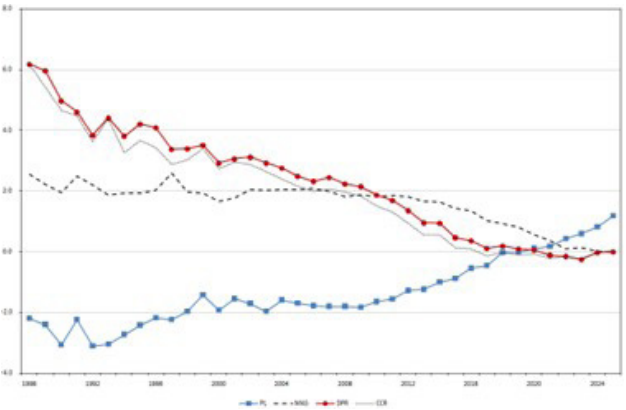

Figure 3. Genetic trends on PL, MAS, DPR AND CCR (left) by birth year using overall data.

또한 유방깊이, 앞유방붙임성, 뒷유방높이와 체형점수 등 체형관련 형질들의 연간 유전적 개량량은 각각 0.07, 0.08, 0.06과 0.05score로 매년 증가하는 것으로 나타났다(Fig 4).

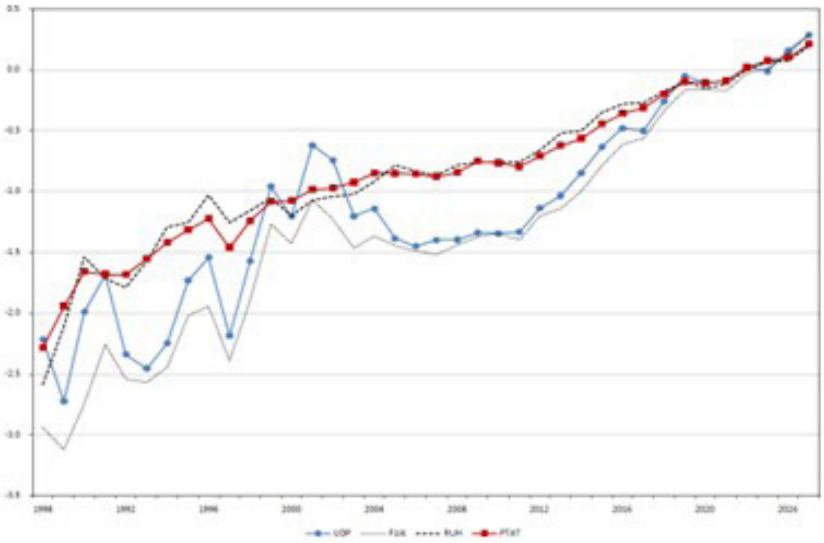

Figure 4. Genetic trends on UDP, FUA, RUH and PTAT by birth year using overall data.

선발비율

평가된 대부분의 형질들에 대하여 우수한 개체들의 분포는 미국 저지종에서 가장 많이 나타났으며(Fig 1), 이는 전체 189,587두 중 약 80%인 150,028두를 미국이 보유하고 있기 때문이다. 따라서 형질별 상위 5%이내의 개체(5,945두)를 선발할 경우, 각국별 선발된 개체수를 각국이 보유한 개체수로 나눠서 상대적 선발비율을 추정하였다(Table 3).

Table 3. Selected animals upper top 5% (9,479 heads) for GPTA of traits in each country

Nations	Animals	FAT	PROT	SCS	PL	MAS	DPR
AUS	5,161	16 (0.3)	9 (0.2)	83 (1.6)	57 (1.1)	189 (3.7)	111 (2.2)
BRA	14,766	530 (3.6)	1000 (6.8)	488 (3.3)	1052 (7.1)	182 (1.2)	283 (1.9)
CAN	6,216	528 (8.5)	405 (6.5)	212 (3.4)	375 (6.0)	179 (2.9)	363 (5.8)
CHN	1,357	64 (4.7)	68 (5.0)	56 (4.1)	15 (1.1)	26 (1.9)	61 (4.5)
CRI	2,359	106 (4.5)	181 (7.7)	122 (5.2)	204 (8.6)	28 (1.2)	10 (0.4)
DEU	2,324	194 (8.3)	47 (2.0)	246 (10.6)	54 (2.3)	49 (2.1)	196 (8.4)
GBR	5,067	164 (3.2)	8 (0.2)	429 (8.5)	65 (1.3)	77 (1.5)	545 (10.8)
JPN	2,072	109 (5.3)	81 (3.9)	45 (2.2)	57 (2.8)	50 (2.4)	78 (3.8)
KOR	237	17 (7.2)	9 (3.8)	10 (4.2)	11 (4.6)	1 (0.4)	0 (0.0)
USA	150,028	7751 (5.2)	7671 (5.1)	7788 (5.2)	7589 (5.1)	8698 (5.8)	7832 (5.2)
Nations	Animals	CCR	UDP	FUA	RUH	PTAT	CM
AUS	5,161	96 (1.9)	174 (3.4)	228 (4.4)	180 (3.5)	286 (5.5)	7 (0.1)
BRA	14,766	284 (1.9)	931 (6.3)	1189 (8.1)	877 (5.9)	1160 (7.9)	677 (4.6)
CAN	6,216	358 (5.8)	621 (10.0)	748 (12.0)	620 (10.0)	951 (15.3)	474 (7.6)
CHN	1,357	23 (1.7)	7 (0.5)	10 (0.7)	15 (1.1)	11 (0.8)	33 (2.4)
CRI	2,359	15 (0.6)	174 (7.4)	234 (9.9)	236 (10.0)	368 (15.6)	97 (4.1)
DEU	2,324	238 (10.2)	314 (13.5)	125 (5.4)	88 (3.8)	127 (5.5)	112 (4.8)
GBR	5,067	554 (10.9)	482 (9.5)	295 (5.8)	158 (3.1)	241 (4.8)	93 (1.8)
JPN	2,072	87 (4.2)	134 (6.5)	185 (8.9)	142 (6.9)	251 (12.1)	94 (4.5)
KOR	237	1 (0.4)	3 (1.3)	13 (5.5)	33 (13.9)	39 (16.5)	12 (5.1)
USA	150,028	7823 (5.2)	6639 (4.4)	6452 (4.3)	7130 (4.8)	6045 (4.0)	7880 (5.3)

()Ratio of top-5% animals to the total number of animals in each nation

유지방의 경우 캐나다가 보유두수 6,216두 중 528두가 상위 5%에 선발되어 상대적 비율이 8.5%로 가장 높고 유단백량은 코스타리카가 보유두수 2,359두 중 181두로 7.7%, 체세포수는 덴마크가 보유두수 2,324두 중 246두로 10.6%, 생산수명은 코스타리카가 보유두수 2,359두 중 204두로 8.6%, 유방염저항성은 미국이 보유두수 150,028두 중 8698두로 5.8%, 딸임신율과 암소수정율은 덴마크가 각각 10.8과 10.9%로 가장 높게 나타났다.

그리고 체형관련 형질들은 상위 5%에 선발된 개체들의 상대적 비율이 캐나다와 코스타리카에서 전체적으로 높게 나타났으며, 한국은 체형점수에서 보유두수 237두 중 39두가 선발되어 상대적 비율이 16.5%로 가장 높게 나타났다.

그러나 유방염저항성 딸임신율과 암소수정율 등은 상위 5%에 선발된 개체들이 거의 없어 상대적 선발비율이 0%에 가깝기 때문에 향후 개량계획 수립 시 질병 및 번식형질의 추가적인 지표설정이 필요할 것으로 판단되었다. 한편 치즈수익지수는 캐나다(7.6%), 미국이(5.3%)과 한국(5.1%)순으로 나타났다.

미국젖소개량위원회에서 발표하는 저지능력지수(Jersey Performance Index, JPI)는 저지종에 대한 생산성, 건강·번식과 체형 특성들을 종합해 유전적으로 우수한 개체를 평가하는 지표이다(AJCA, 2025). 국가별 JPI를 비교한 결과 미국, 브라질, 코스타리카, 캐나다 순으로 JPI가 우수한 개체들이 분포할 것으로 생각되었으며, 한국은 JPI에 대한 평균값은 높지만 우수한 개체들이 분포하는 최대치가 100$로 가장 낮게 나타났다(Fig 5).

	AUS	BRA	CAN	CHN	CRI	DEU	GBR	JPN	KOR	USA
Max	100	167	153	126	134	132	109	140	100	180
Min	-234	-208	-259	-166	-126	-200	-205	-196	-53	-266
Mean	-24	10	-14	-12	27	4	-13	-25	21	1

Figure 5. Comparison of JPI(Jersey Performance Index) by countries

한편, 한국 보유 저지종 개체들의 취약한 형질들을 분석하기 위하여 상위 %별 선발되어지는 두수를 추정하여 Table 4에 제시하였다. 상위 5%에서 상위 50% 기준으로 볼 때 유량, 유지방량, 유단백량, 생산수명, 유방깊이, 앞유방붙임성, 뒷유방높이와 체형점수과 치즈수익지수 등은 선발비율이 선발기준비율보다 크게 나타났다. 하지만 체세포수에 대한 유전능력은 선발비율이 선발기준비율보다 낮고 특히, 딸임신율과 암소수정율의 선발비율은 현저하게 떨어지는 것으로 나타났다. 따라서 건강·번식형질이 수식에 포함되어지는 JPI가 역시 낮게 나타났다(Table 4).

Table 4. Cumulative frequencies (cumulative percentages) of Korean Jersey selected by top %

Traits	Top %						
	≤ 5	10	20	30	40	50	> 50
MILK	24 (10.1)	56 (23.6)	110 (46.4)	153 (64.6)	176 (74.3)	194 (81.9)	237 (100)
FAT	17 (7.2)	41 (17.3)	88 (37.1)	121 (51.1)	157 (66.2)	192 (81.0)	237 (100)
PROT	9 (3.8)	39 (16.5)	106 (44.7)	161 (67.9)	192 (81.0)	219 (92.4)	237 (100)
FATP	2 (0.8)	10 (4.2)	31 (13.1)	49 (20.7)	69 (29.1)	81 (34.2)	237 (100)
PROTP	2 (0.8)	8 (3.4)	26 (11.0)	47 (19.8)	70 (29.5)	83 (35.0)	237 (100)
SCS	10 (4.2)	16 (6.8)	31 (13.1)	46 (19.4)	74 (31.2)	94 (39.7)	237 (100)
PL	11 (4.6)	26 (11.0)	56 (23.6)	79 (33.3)	122 (51.5)	150 (63.3)	237 (100)
MAS	1 (0.4)	3 (1.3)	11 (4.6)	19 (8.0)	26 (11.0)	42 (17.7)	237 (100)
DPR	0 (0.0)	1 (0.4)	2 (0.8)	8 (3.4)	14 (5.9)	28 (11.8)	237 (100)
CCR	1 (0.4)	0 (0.0)	9 (3.8)	15 (6.3)	26 (11.0)	39 (16.5)	237 (100)
UDP	3 (1.3)	15 (6.3)	44 (18.6)	69 (29.1)	102 (43.0)	129 (54.4)	237 (100)
FUA	13 (5.5)	31 (13.1)	66 (27.9)	101 (42.6)	151 (63.7)	188 (79.3)	237 (100)
RUH	33 (13.9)	44 (18.6)	106 (44.7)	138 (58.2)	156 (65.8)	182 (76.8)	237 (100)
PTAT	39 (16.5)	69 (29.1)	104 (43.9)	145 (61.2)	185 (78.1)	210 (88.6)	237 (100)
CM	12 (5.1)	33 (13.9)	69 (29.1)	103 (43.5)	137 (57.8)	160 (67.5)	237 (100)
JPI	3 (1.3)	15 (6.3)	44 (18.6)	69 (29.1)	102 (43.0)	129 (54.4)	237 (100)

CONCLUSION

미국젖소개량위원회(CDCB)의 평가시스템과 자료는 주로 미국 사육환경을 기반으로 한 것이기 때문에, 국내 환경이나 사육조건, 품종 특성의 차이로 인해 기대만큼의 결과를 얻기 어려울 가능성이 있다. 따라서 CDCB에서 제공된 유전능력 평가 자료를 국내 평가시스템 환경에 맞게 해석하고 적용하는 것이 필요하며, 향후 국내 저지종 참조집단을 구축하기 위해서는 더 많은 유전체정보와 정확한 표현형 자료의 수집이 반드시 선행되어야 한다. 또한 소규모 저지종 집단의 유전능력평가 지수를 단순화하고 몇 개의 핵심 지표를 중심으로 개량하는 것이 바람직하다고 생각된다.

CONFLICT OF INTERESTS

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

ACKNOWLEDGEMENTS

본 성과물(논문)은 농촌진흥청 연구사업(과제번호: RS-2021-RD009515)의 지원에 의해 이루어진 것임.

REFERENCES

AJCA (American Jersey cattle association). 2025. Jersey Genetic summary. 30(2).

Al-Khudhair A, VanRaden PM, Null DJ, Li B. 2021. Marker selection and genomic prediction of economically important traits using imputed high-density genotypes for 5 breeds of dairy cattle. Journal of Dairy Science. 104:4478-4485.

Asha MM, Kristen LPG, John BC, Robert HF. 2025. The role of a national evaluation system in promoting dairy sustainability. Journal of Dairy Science. 6:458-463.

Cesarani A, Lourenco D, Bermann M, Nicolazzi EL, VanRaden PM, Misztal I. 2024. Single-step genomic predictions for crossbred Holstein and Jersey cattle in the United States. Journal of Dairy Science. 5:124-128.

Lim DH, Kim TI, Park SM. Ki KS, Kim YH. 2021. Evaluation of heat stress responses in Holstein and Jersey cows by analyzing physiological characteristics and milk production in Korea. Journal of Animal Science and Technology. 63(4):872-883.

MDS (Ministry of Data and Statistics). 2025. Livestock Statistics in the First Quarter. p4. Ministry of Data and Statistics, Daejeon, Korea. [in Korean]

Nuomin, Nguyen QD, Aodaohu, Nishino N. 2022. Frequency of β-Casein Gene Polymorphisms in Jersey Cows in Western Japan. Animals. 12(16), 2076; https://doi.org/10.3390/ani12162076.

Ogawa S, Taniguchi Y, Watanabe T, Iwaisaki H. 2022. Fitting Genomic Prediction Models with Different Marker Effects among Prefectures to Carcass Traits in Japanese Black Cattle. Genes. 14(1):24. https://doi.org/10.3390/genes14010024.

Seo JW, Lee HK, Park KD, Lee JH. 2023. Comparison of SNP variation and extent of linkage disequilibrium in Holstein and Jersey cattle populations in Korea. Journal of Animal Breeding & Genetics. 7(1)17-24.

Tanaka K, Amano M, Fujiki M, Takizawa, T. 2021. Discrimination between Holstein-derived milk and pure Jersey dairy products via analysis of the MC1R gene. Food Science and Technology Research. 27(3):381-387.

VanRaden PM, Toghiani S, Basiel BL, Cole JB. 2025. Net merit as a measure of lifetime profit: 2025 revision. AIP Research Reports, USDA. p1-25.

Wiggans GR, Cole JB. 2019. Heritability and impact of genomics in dairy cattle. AABP Genomics Webinar. www.uscdcd.com

Wiggans GR, Carrillo JA. 2022. Genomic selection in United States dairy cattle. Frontiers in Genetics. Sep 9; 13:994466.

AUTHORS INFORMATION

Taejeong Choi: https://orcid.org/0000-0002-8299-9342, choi6695@korea.kr

Kyung-Do Park: https://orcid.org/0000-0002-1945-6708, doobalo@naver.com

Gyeonglim Ryu: https://orcid.org/0000-0002-5903-5705, ryuglim@korea.kr

Jihwan Lee: https://orcid.org/0000-0002-0040-3104, leejh6735@korea.kr

Seul Gy Lee: https://orcid.org/0000-0002-2548-8554, ah8380@korea.kr

Ki-won Park: https://orcid.org/0009-0000-1603-9266, rmflsgoa@nate.com

Do-Hyun Kim: https://orcid.org/0009-0007-6761-5711, poordoy@naver.com

Hak-Kyo Lee: https://orcid.org/0000-0001-5387-4885, breedlee@empas.com