

2026

社團
法人

韓國畜産學會 國際學術發表會

2026 Annual International Conference of KSAST

“축산 70년의 비전과 도약:
인간, 동물, 환경이 함께 걷는
지속가능한 축산 혁신”

Vision and Leap Forward of Livestock's 70 Years:
Sustainable Innovation for Humans,
Animals, and the Environment

제주국제컨벤션 센터 (ICC JEJU)

2026년 7월 8일(수)~10일(금)

- 주최/주관: (사)한국축산학회, (사)한국가금학회, 농림축산식품부, 국립축산과학원, 축산관련단체 연합회
- 후원기관: 한국과학기술단체총연합회, 제주특별자치도
- 후원업체: 대한한돈협회, (사)전국한우협회, 한우자조금관리위원회, 서울우유협동조합, (주)우성사료, (주)이지홀딩스, (주)카길애그리퓨리나, BASF, 노보네시스 코리아, (주)모닝바이오, 우유자조금관리위원회, 제일사료 축산기술연구소, (주)팜스코, De Heus Korea, 농협경제지주, 낙농진흥회, 농축산용미생물산업육성지원센터, (주)다운, (주)선진, (주)솔로몬, 우리와(주), 유진바이오, 축산환경관리원, (주)파이지노믹스, (사)한국단미사료협회, (주)휘드베스트, 김유용 교수, 체리부로, (주)ACC, NH순한한우조합공동사업법인, 다산데이터, (주)마크로젠, (주)미래생명자원, 성우라이프사이언스, 에스엠티정보기술(주), (주)인프로, 정농바이오, (주)진바이오텍, 포스코리아, 한양사료주식회사, 한국반추미생물연구회, 달사랑 연구회, 고려비엔피, 나우피드, 대한사료(주), (주)대호, (주)도드람양돈서비스, (주)린도, 마리동물의학연구소, (주)솔튼바이오켄, 임실치즈&식품연구소, (주)티엔티리서치, 한국종축개량협회, 한국유가공협회, 전국낙농관련조합협의회, 농심, 매일유업

(사) 한국 축 산 학 회

Korean Society of Animal Science and Technology

스마트축산빅데이터연구회 심포지엄

● 행사 개요

- ▶ 주제: 축산데이터환류와 AI전환 전략
- ▶ 일시 및 장소: 2026.7.9.(목) 10:00~12:00, 제주국제컨벤션 센터(ICC JEJU), 401호
- ▶ 참석자: 70명 (실예약 및 배치시)

● 세부 일정

10:00 ~ 10:10	등 록
10:10 ~ 10:15	개 회 / 회장인사 / 안내말씀

연 사 및 제 목

(좌장: 중앙대학교 김준모 교수)

10:15 ~ 10:35	Jame Koltes 교수 (Iowa State University)	Data Reuse in Agricultural Genomics Research
10:35 ~ 11:05	양희재 대표 (주)코쿤	탄자니아 낙농산업 저탄소화 역량 강화를 위한 BIT기반 선진 축산 생태계 구축 전략
11:05 ~ 11:35	박종은 교수 (제주대학교)	기후변화 대응 동물 오믹스 빅데이터 활용 연구
11:35 ~ 11:55	채병호 박사 (전북대학교)	인공지능 기반 젖소 공태우 탐지 안전망
11:40 ~ 12:00	종합토론 및 폐회	

○ 스마트축산빅데이터연구회 심포지엄

- 탄자니아 낙농산업 저탄소화 역량 강화를 위한 BIT기반 선진 축산 생태계 구축 전략 5
양 희 재 대표 | (주)코쿤

- 기후변화 대응 동물 오믹스 빅데이터 활용 연구 23
박 종 은 교수 | 제주대학교

- 인공지능 기반 젓소 공태우 탐지 안전망 47
채 병 호 박사 | 전북대학교

스마트축산빅데이터연구회 심포지엄

-
-
-

탄자니아 낙농산업 저탄소화 역량 강화를 위한 BIT기반 선진 축산 생태계 구축 전략

양 희 재
((주)코쿤)

Curriculum Vitae

- ▶ 2025~현재 (주)코쿤 대표이사
- ▶ 2026~현재 농림식품기술기획평가원 융합기술연구협의체 전문가
- ▶ 2025~2030 KOICA IBS (탄자니아 낙농산업 저탄소화 역량강화사업) 총괄책임
- ▶ 2020~2025 KOICA IBS (탄자니아 기생생물 바이오뱅크 구축사업) 실무총괄
- ▶ 2010~2017 연세대학교 응용통계학과 학사

탄자니아 낙농산업 저탄소화 역량강화를 위한 BIT기반 선진 축산 생태계 구축 전략

- KOICA IBS 사례를 중심으로 -

2026. 07.



I 기업개요 사업 영역

■ 코쿰은 바이오뱅크를 위한 폭넓은 솔루션과 서비스를 제공합니다.

바이오뱅크의 정의

- 생명자원 뿐만 아니라 관련된 정보와 데이터의 수집, 준비, 보존, 시험, 분석, 분양과 관련된 활동의 일부 또는 전체를 포함하는 수탁과 보관의 전과정을 수행하는 주체

출처 : KS J ISO 20387:2018



적용분야	주요내용	자원예시	시료예시
정밀의료	- 개인 맞춤형 치료 - 질병 예측	- 혈액 - 조직 - DNA	- 유전체 - 임상정보
신약개발	- 타겟 발굴 - 후보물질 검증	- 환자 조직 - 세포주	- 오믹스 데이터 - 약물 반응
동물모델	- 질병 모델 구축 - 전임상 연구	- 실험동물 - 조직	- 표현형 - 유전자 변이
농생명/축산	- 품종개발 - 생산성 향상	- 종자 - 가축 시료	- 유전체 - 표현형
감염병	- 병원체 분석 - 백신/치료 전략	- 병원체 - 혈청	- 병원체 유전체 - 면역 데이터

⋮

I 기업개요

기업 개요

■ (주)코쿰 : 자원발굴, 분석, 관리, 공유를 위한 바이오뱅크 전문기업

(주)코쿰 | COCOON

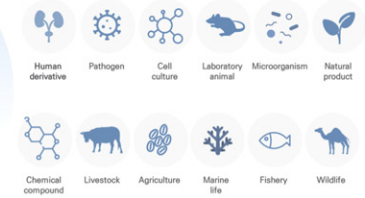
자원발굴, 분석, 관리, 공유를 위한 바이오뱅크 전문기업

(주)코쿰은 현지 파트너십을 통한 해외자원 확보부터 빅데이터 분석, 인공지능, SaaS에 이르기까지 폭넓은 솔루션을 바탕으로, 연구자의 자원발굴, 분석, 관리, 공유를 지원하는 바이오뱅크 전문기업입니다.

크로마토그래피, NGS분석, 딥러닝 이미지인식 등을 위한 신규 기술을 지속적으로 개발하여, 생명연구자원의 가치를 높이기 위한 분류군, 지리정보, 특성정보, 효능정보, 유전체정보 생산·연계를 지원합니다.



Application Domain

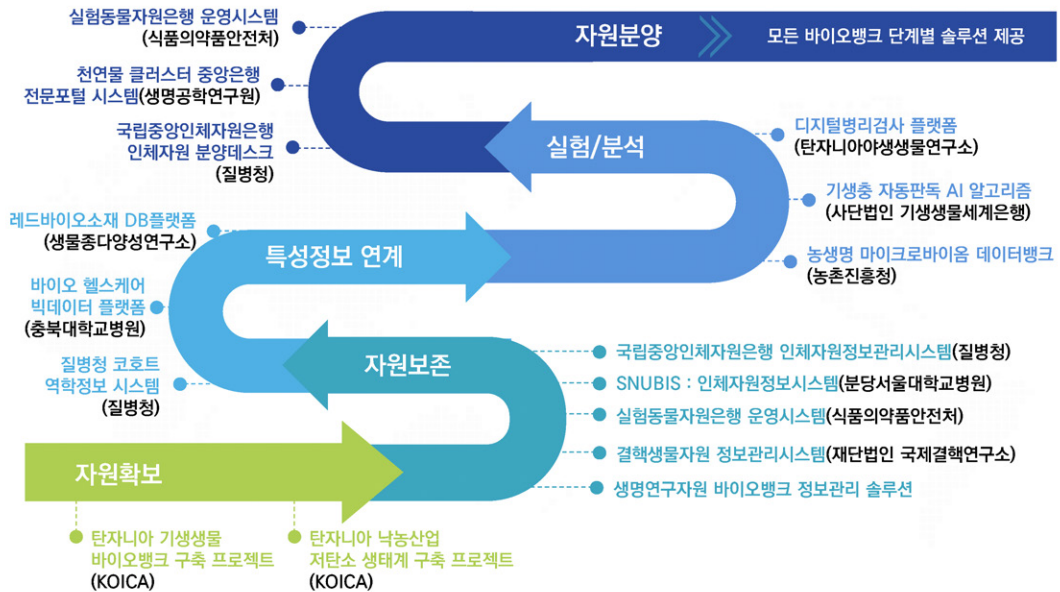


Testimonials



I 기업개요

사업 영역



I

기업개요
사업 영역



4/29

COCOOV

I

기업개요
사업 영역



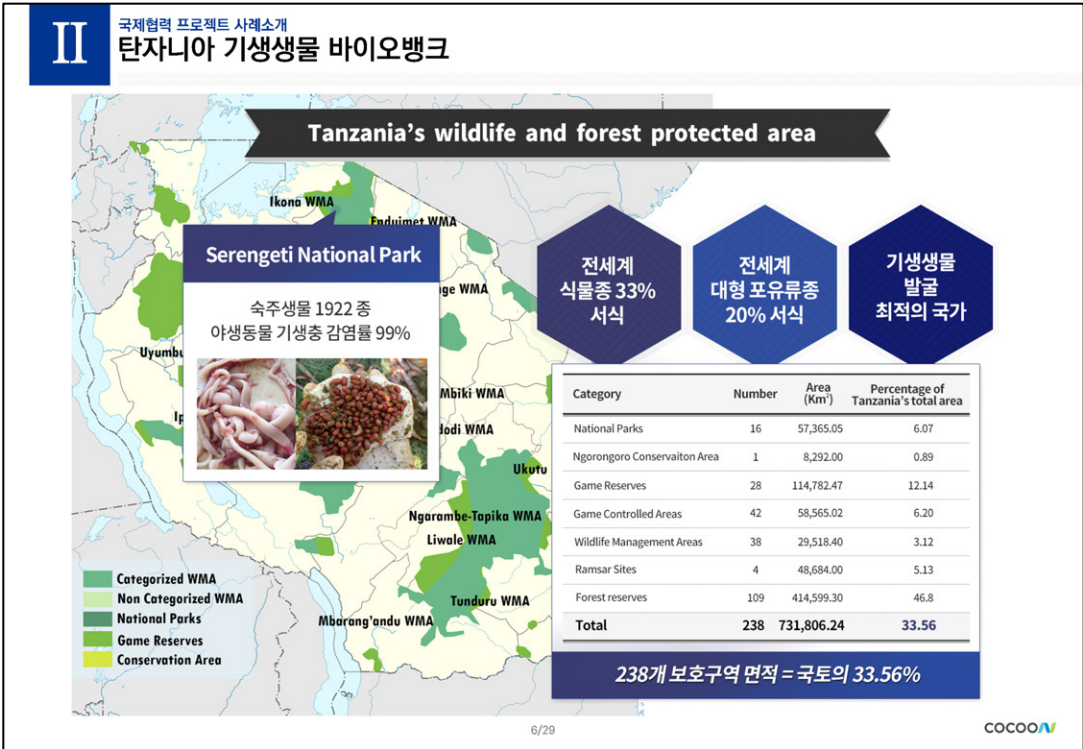
5/29

COCOOV

II

국제협력 프로젝트 사례소개

탄자니아 기생생물 바이오뱅크



II

국제협력 프로젝트 사례소개

탄자니아 기생생물 바이오뱅크

■ 세렝게티 생태계에서 유행하는 다양한 질병들에 대한 정밀진단이 필요

- Marburg Virus
- Canine Distemper Virus
- Malignant Catarrhal Fever
- Rabies
- African Swine Fever
- Parvo Virus
- Squamous Cell Carcinoma
- Anthrax
- Tuberculosis
- Trypanosomiasis
- Leptospirosis
- ⋮

7/29 COCOA

II

국제협력 프로젝트 사례소개 탄자니아 기생생물 바이오뱅크

■ 해외 협력기관 : 탄자니아야생생물연구소(TAWIRI, Tanzania Wildlife Research Institute)



조사 및 연구 촉진
야생생물 및 서식지의 보전을 위해 연구와 실험 수행 및 연구 환경을 조성

야생생물 산업 개발
야생생물 산업의 발전과 보호를 위한 실행과제 도출 및 개선조치를 취함

질병 연구 및 예방
인수감염병 발생을 통제하기 위한 사전대응기술 연구 및 예찰활동 수행

연구개발 모니터링 및 실증지원
정부 및 산업계에서 개발된 기술의 실증을 위한 현장 적용 지원 및 개선안에 대한 연구를 수행

Vision & Mission

생물다양성 보존 및 관리	야생동물 연구 수행 및 조정	보존을 위한 과학적 정보 공유 및 조언
---------------	-----------------	-----------------------

Location



TAWIRI HQ : Tanzania Wildlife Research Institute HQ
 SWRC : Serengeti wildlife research centre
 NWRC : Ngora Wildlife Research Centre
 WWRC : Western Wildlife Research Centre
 KWRC : Kingasira Wildlife Research Centre
 SHWRC : Southern Highlands Wildlife Research Centre

탄자니아 야생동물 연구소(TAWIRI)는
탄자니아 천연자원관광부 산하의 정부출연기관*으로써,
탄자니아 내 모든 야생동물 연구를 수행, 조정 및 감독

* Tanzania Wildlife Research Institute Act(CAP 260 RE 2002)에 따라 설립

8/29

COCOA

II

국제협력 프로젝트 사례소개 탄자니아 기생생물 바이오뱅크

■ 프로젝트 개요



- 탄자니아 야생생물 연구소, 소코이네 농업대학과 협력하여, 탄자니아의 야생생물, 가축 등으로부터 기생생물자원을 확보
- 확보된 탄자니아 기생생물자원의 데이터를 효과적으로 전산화하고, 기생생물자원을 중심으로 협력기관과 수요기관을 연결하여 바이오뱅크기반의 이익공유 비즈니스모델 구축

■ 프로젝트 주요활동



탄자니아 야생생물 및 보호구역 인접지역의 가축 등으로부터 기생생물자원을 확보, 보존



탄자니아 기생생물자원 바이오뱅크 구축 및 확보된 기생생물자원의 비즈니스모델 구축



지속가능한 탄자니아 기생생물자원 바이오뱅크 운영을 위한 기생생물자원 전문인력 양성

■ 협력기관



9/29

COCOA

II

국제협력 프로젝트 사례소개 탄자니아 기생생물 바이오뱅크

- 프로젝트 주요활동 ㉠ : 현지 바이오뱅크 인프라 구축



10/29

COCOOV

II

국제협력 프로젝트 사례소개 탄자니아 기생생물 바이오뱅크

- 프로젝트 주요활동 ㉠ : 현지 바이오뱅크 인프라 구축



11/29

COCOOV

II

국제협력 프로젝트 사례소개 탄자니아 기생생물 바이오뱅크

■ 프로젝트 주요활동 ③ : 현지 협력기관 바이오뱅크 역량강화



12/29

COCOO

II

국제협력 프로젝트 사례소개 탄자니아 기생생물 바이오뱅크

■ 프로젝트 주요활동 ③ : 현지 협력기관 바이오뱅크 역량강화



13/29

COCOO

II

국제협력 프로젝트 사례소개 탄자니아 기생생물 바이오뱅크

- 프로젝트 주요활동 ㉔ : 야생동물 유래 생명연구자원 확보



14/29

COCOON

II

국제협력 프로젝트 사례소개 탄자니아 기생생물 바이오뱅크

- 프로젝트 주요활동 ㉕ : 야생동물 유래 생명연구자원 확보



15/29

COCOON

II

국제협력 프로젝트 사례소개 탄자니아 기생생물 바이오뱅크

- 프로젝트 주요활동 ① : 세렝게티 생태계 중심의 바이오뱅크 비즈니스모델 개발

01 생명자원추진
NDA 체결

02 요구사항 명세화

03 필드워크 계획

04 자원공급 계약체결

05 생명자원 수집
선금 납부

06 검역, 통관 진행
MTA 체결

07 생명자원 공급
하가증 발부

Since 2020
850건의 Case 보유

수집지역 10개 이상
야생동물 19종 이상
가축/반려동물 8종 이상

Ikoma, Lion, Cattle, Robanda, Hyena, Goat, Loliondo, Zebra, Sheep

생명자원 12만개 이상 보유

Blood, Tissue, Feces, DNA, Parasite, Vector

16/29

COCOOV

III

국제협력 프로젝트 사례소개 탄자니아 낙농산업 저탄소 생태계 구축

- 탄자니아 낙농산업 저탄소화 역량강화를 위한 포용적인 농생명자원 비즈니스 모델개발 사업('26-'30)

Haemonchus sp.

Adult worms attach in the abomasum

Grazing goat ingests L3

Eggs pass with feces

Infective L3 larvae leave feces and move up grass blades 2-3 inches in water film or dew

Eggs develop in feces into L3 larvae in about 6 days

17/29


COCOOV



국제협력 프로젝트 사례소개

탄자니아 낙농산업 저탄소 생태계 구축

탄자니아 낙농산업 저탄소화 역량강화를 위한 포용적인 농생명자원 비즈니스 모델개발 사업('26-'30)



교수
Dr. George Msalya

- 現) 탄자니아 축수산부 낙농업 위원회 위원
- 現) 탄자니아 소코이네농업대학 교수
- 前) 일본 가고시마대학 가축 유전공학 전공

주요 사업

One Health, 교육, 민간 파트너십기반 인수공통감염병 대응체계 구축사업	JICA Japan International Cooperation Agency
탄자니아 토착소의 육류생산 경쟁력 강화사업	탄자-이러 과학기술 위원회 Tanzania Commission For Science and Technology
탄자니아 소규모 농민의 빈곤해절을 위한 선택적 육종기반의 나일틸라피아 생산성 향상사업	탄자-이러 과학기술 위원회 Tanzania Commission For Science and Technology
탄자니아 소규모 농민의 유제품 생산성 향상을 위한 혁신적인 동물 사료 및 건강 관리 기술 실증·확산사업	RUFORUM Rural University for Africa
남아프리카 및 탄자니아 염소의 육류생산성 개선을 위한 유전자기술 연구	탄자-이러 과학기술 위원회 Tanzania Commission For Science and Technology

주요 논문

- (1) GO Onasanya, GM Msalya, AK Thiruvankadan, et al 2021 Heterozygous single-nucleotide polymorphism genotypes at heat shock protein 70 gene potentially influence thermo-tolerance among four zebu breeds of Nigeria. Frontiers in Genetics, Doi: 10.3389/fgene.2021.642213
- (2) G Msalya 2020 Food Security and Food Safety Issues Surrounding the Dairy Value Chain in Tanzania. Bulletin of Animal Health and Production in Africa, 68: 177-189. ISSN 0378-9721
- (3) B Hässler, G Msalya, K Roessel, et al 2019 Using participatory rural appraisal to investigate food production, nutrition and safety in Tanzanian dairy value chain. Global Food Security 20: 122-131

18/29

COCOOV



국제협력 프로젝트 사례소개

탄자니아 낙농산업 저탄소 생태계 구축

탄자니아 낙농산업 저탄소화 역량강화를 위한 포용적인 농생명자원 비즈니스 모델개발 사업('26-'30)

현지 문제 진단

ODA 중점협력국, 탄자니아 1,500만두의 98.7%가 개량되지 않은 토착 재래종

탄자니아

정소당 원유생산량
연간 403L/두

대한민국

정소당 원유생산량
연간 10,374L/두

26배

생산량을 초과하는 원유 수요에 대응하기 위해 대한민국 39배의 소를 사육 → 높은 탄소배출량

탄자니아

우유 탄소배출량
9.3kg CO2e/L

대한민국

우유 탄소배출량
38만두

39배

탄자니아 1,501만두 우유 탄소배출량도 2.9kg CO2e/L

※ 출처: 유엔개발계획(UNDP/UNEP) 등재자료 제4차

AS-IS ODA 방식의 종축개발 사업, 무상 수혜에 길들여진 현지농가의 개량되지 부족

TO-BE 농가에서 태어난 교잡종을 번식우로 구매하는 포용적인 가치사슬 구축

→ 보상체계 구축으로 참여농가의 인식전환 · 주도적인 성과창출 유도

비즈니스 모델 제안



포용적인 농생명자원 가치사슬

고능력 정소 생산 → 현지 맞춤형 TMR 생산 → 고능력 가축유전자원 생산 → 고능력 가축유전자원 구매 → 현지 맞춤형 TMR 구매 → 고능력 정소 판매 → 원유 (Raw Milk) 판매 → 원유 (Raw Milk) 생산량 증가 → 현지 육종농가

※ Total Mixed Ration(완전배합사료, TMR)

기초선(Baseline)

403L 선유량 (L/두)

160K 농가소득 (TSH/Cow)

사업성과(Outcome)

1,493L 선유량 (L/두)

720K 농가소득 (TSH/Cow)

중대인 소득의 재투자 항목

- 기축유전자원 구매 25%
- 사료구매 18%
- 질병관리 5%
- 농가순이익 52%

농가소득증대 → 농생명자원 재구매 → 지속가능한 수익구조

우량 품종우 장래 100,000 TSH/5Straw

현지 맞춤형 TMR 388 TSH/Kg

※ 출처: Livestock Sector Transformation Plan(2019)

19/29

COCOOV



국제협력 프로젝트 사례소개
탄자니아 낙농산업 저탄소 생태계 구축

■ 탄자니아 낙농산업 저탄소화 역량강화를 위한 포용적인 농생명자원 비즈니스 모델개발 사업('26-'30)



20/29

COCOOV



국제협력 프로젝트 사례소개
탄자니아 낙농산업 저탄소 생태계 구축

■ 탄자니아 축산농가로부터 종축개량 사업에 대한 적극적인 수요를 확인



Presented to:
Chief, SIA/CDP/TCR/146/38 Date: 04th July, 2025

Project Manager,
COCOOV INC.
02810 119
Ulysses-gil, Cheong-eup,
Jeonju-si, Jeonju-shi,
Chungcheongbuk-do,
Republic of Korea.

Dear Sir/Madam,

RE: A LETTER TO SUPPORT A PROJECT PROPOSAL TITLED "DEVELOPING THE INCLUSIVE AGRICULTURAL RESOURCE BUSINESS MODEL THROUGH BIT BASED LOW-CARBON CAPACITY BUILDING IN TANZANIA'S DAIRY INDUSTRY"

The above

- A team of... is developing a... led by Prof... and Dr... (DAARE).
- The proposed project is in line with the National Research and Development Agency and the SUA Research Focus areas. I further confirm that proposed project will improve the productivity of Tanzania's livestock, especially cattle and will open up new opportunities for Tanzanian producers, the country being a major livestock producer in Africa.
- Therefore, the University recommends the proposal for funding consideration and I am pleased to affirm our strong support for (i) the implementation of the proposed project through providing human resources needed and (ii) provide a site within the University premises for developing a facility with infrastructure needed for implementation of planned activities should the project be approved for funding.
- We look forward to your favourable consideration of the proposed project for the mutual benefit of all parties while strengthening the collaboration between the Republic of Korea and the United Republic of Tanzania.
- Should you need any further information, please do not hesitate to contact us via email address info@sua.ac.tz.

사업부지 제공 의향 확인

Yours sincerely,
Prof. Dr. J. Karanga
DIRECTOR

Director,
Postgraduate Studies, Research,
Technology Transfer and
Sokome University of Agriculture
P. O. Box 3113, Morogoro
TANZANIA

21/29

COCOOV



국제협력 프로젝트 사례소개

탄자니아 낙농산업 저탄소 생태계 구축

- 탄자니아 축수산부 차관으로부터 종축개량 사업에 대한 적극적인 수요를 확인



22/29

COCOA



국제협력 프로젝트 사례소개

탄자니아 낙농산업 저탄소 생태계 구축

- 탄자니아 낙농산업 저탄소 생태계 구축사업 - 농생명자원 비즈니스 운영을 위한 인프라 구축



23/29

COCOA



국제협력 프로젝트 사례소개

탄자니아 낙농산업 저탄소 생태계 구축

탄자니아 낙농산업 저탄소 생태계 구축사업 - 유전형질검정을 통한 탄자니아 맞춤형 종모우 개발

우량정액 도입 및 유전형질검정 계획

STEP 01

- 01 우수 유전인자 보유 한국산 정액 수입
- 02 사업참여 육종농가가 보유한 탄자니아 지역 소에 인공수정
- 03 수태 암소 대상 ICT기반 개체이력관리
- 04 수태 암소 우수 유전자보유여부 확인을 위한 유전체 검사
- 05 수태 암소 탄소배출량 측정(착유량, 사료 급여량 등)

STEP 02

- 01 교잡종(F1) 출산
- 02 교잡종(F1) ICT기반 개체이력관리
- 03 교잡종(F1) 우수 유전자보유여부 확인을 위한 유전체 검사

STEP 03

- 01 우수 유전자 보유 교잡종(F1) 선발(암소 20두, 수소 5두)
- 02 선발된 교잡종(F1) 구매 및 센터 입식
- 03 교잡종(F1) 전문사육관리 및 육성

STEP 04

- 01 우수 유전인자 보유 한국산 정액 수입
- 02 우수 유전자 보유 교잡종(F1) 인공수정
- 03 수태 교잡종(F1) 탄소배출량 측정(착유량, 사료 급여량 등)

STEP 05

- 01 교잡종(F2) 출산
- 02 교잡종(F2) ICT기반 개체이력관리
- 03 교잡종(F2) 우수 유전자보유여부 확인을 위한 유전체 검사



현지 협력기관 주도의 유전체 검체 확보 프로토콜 검증

현지 협력기관 주도의 DNA추출 프로토콜 검증

한국산 정액 수출허가 준비중

현지에서 확보가능한 우량 정액 공급채널 확보

24/29

COCOON



국제협력 프로젝트 사례소개

탄자니아 낙농산업 저탄소 생태계 구축

탄자니아 낙농산업 저탄소 생태계 구축사업 - 사업참여 농가 확보

COCOON INC
116, Doryong-ro, Gangseo-gu, Seoul, Korea
Cocoon@cocon.kr, Cocoon@cocon.co.ke
E-mail : 2015cocoong@gmail.com

Date: 20th May, 2022

Seminar Overview

1st IBS Project Seminar

Background

Cocoon Inc. and Borgaram Agriculture Technical College(BATC) are initiating a breeding improvement program aims to enhance the productivity of local cattle. This program is conduct one of the key activities of the KOICA project called "Establishing BIT-based Advanced Livestock Ecosystem for Low-Carbon Capacity Building in Tanzania's Dairy Industry (25.1.1.12)". As the project enters its rollout phase, the team needs willing participants who are raise the. The team planned this seminar to be a founding opportunity to understand the plans for program, and to have mutual understanding between the project team and local farmers.

Objectives

This seminar is planned to achieve the following:

- Introduce the project's scope, partners, and timeline to farmers.
- Set clear expectations on farmer obligations, project-side support.
- Open the official enrollment window and collect mutual expressions of interest.
- Explain the techniques for genomic screening and artificial insemination.
- Build trust and answer questions directly through interactive Q&A.

Event Details

Seminar Title	Cocoon-BATC breeding improvement program overview
Date & Time	6 th June 2026 (09:00 - 12:00)
Target Participants	프와니주 축산농가 대상 1차 세미나 개최
Host / Partners	Cocoon Inc., Borgaram Agriculture Technical College



프와니주 지역 축산분야공무원 협조

프와니주 지역 축산농가 120호 참석

사육현황 등 설문조사 완료

25/29

COCOON



국제협력 프로젝트 사례소개
추가 국제협력 프로젝트 발굴

■ 탄자니아 사례 실증 이후, 동아프리카 5개국으로 적용국가 확대

Press release | 3 July 2025

IFAD and GCF partner in US\$358 million climate programme for East Africa's dairy sector

국가	역할	이름	소속
Tanzania	PI	Dr. George Msalya	Sokine University of Agriculture
	Deputy	Dr. Deo Shirima	National Carbon Monitoring Centre
Uganda	PI	Dr. Charles Maseembe	Makerere University
	Deputy	Dr. Andrew Bugenyi	National Agricultural Research Organization
Ethiopia	PI	Dr. Endashaw Terefe	Arsi University
	Deputy	Mr. Dawit Wale	Ethiopian Food and Drug Authority
Kenya	PI	Dr. Bernard Kimoro	Ministry of Agriculture and Livestock
	Deputy	Dr. Phyllis Ndung'u	FAO Rome
Rwanda	PI	Mr. Gilbert Mutoni	FAO
	Deputy	Dr. Pascal Nyabinwa	Rwanda Agriculture and Animal Resources Development Board

26/29



국제협력 프로젝트 사례소개
추가 국제협력 프로젝트 발굴

■ 탄자니아 축산업 전주기 자원·데이터 확보 → 품종개발, 동물백신 등 혁신연구 지원 인프라 구축



27/29



IV 결론 바이오뱅크 중심의 글로벌 네트워크 구축



28/29

COCOOON

거인의 어깨에 올라서 더 넓은 세상을 바라보라

이 말은 과학이 본질적으로 사회적인 활동이라는 사실을 보여준다.
뛰어난 발견을 이룩한 과학자 개인의 업적도 이전의 과학 지식을 딛고 이룩된 것이다.

과학의 본질이 이렇하기에 과학 지식과 새로운 발견의 공유,
나아가 재료와 자원을 공유하는 일이 중요하고 지식을 공유하기 위한 사회를 만드는데 힘쓴다.

우리는 생명연구자원의 실물과 데이터를 전세계에 공유한다.

COCOOON

양희재 대표이사

070-8299-8802 · hrbidhm0419@gmail.com

기후변화 대응 동물 오믹스 빅데이터 활용 연구

박 종 은
(제주대학교)

Curriculum Vitae

- ▶ 2022~현재 제주대학교 전임교원
- ▶ 2015~2022 농촌진흥청 국립축산과학원 농업연구사
- ▶ 2013~2015 분당서울대학교병원 의생명연구원 연구원
- ▶ 2006~2015 서울대학교 농생명공학부 농학박사
- ▶ 1999~2006 서울대학교 식품동물생명공학부 동물생명공학전공 농학사

Research on Utilizing Animal Omics Big Data for Climate Change

- 기후변화 대응 동물 오믹스 빅데이터 활용 연구

박 종 은, Jong-Eun Park, Ph.D.
jepark@jejunu.ac.kr

생명자원과학대학, College of Applied Life Science
생명공학부, Dep. Of Biotechnology
동물생명공학전공, Animal Biotechnology Major

1 동물유전체육종학연구실, Animal Genomics & Breeding Lab@JejuNU

Contents

1. Past

- 1) Animal Breeding
- 2) Bioinformatics

2. Present

2

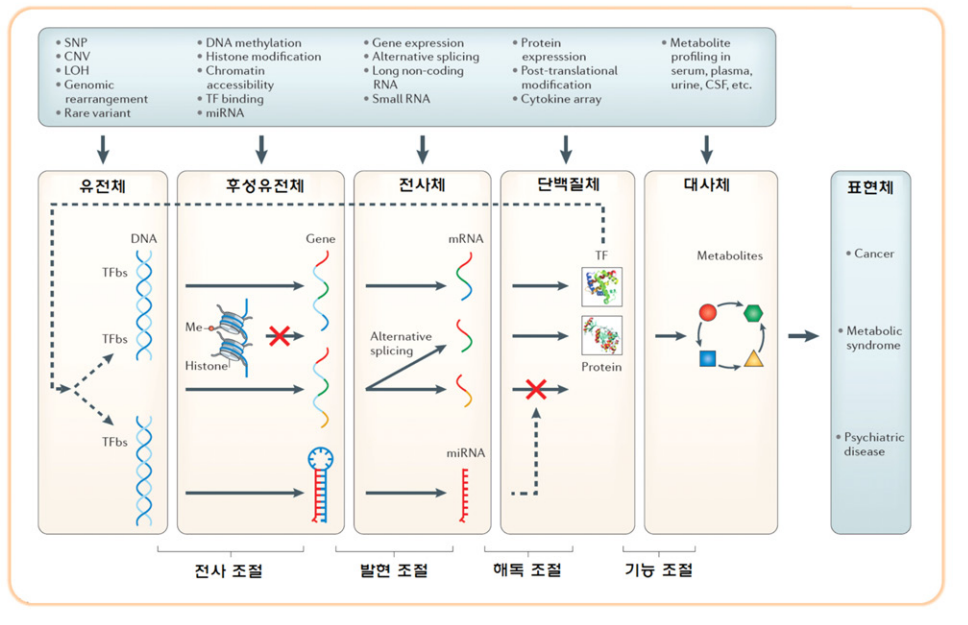




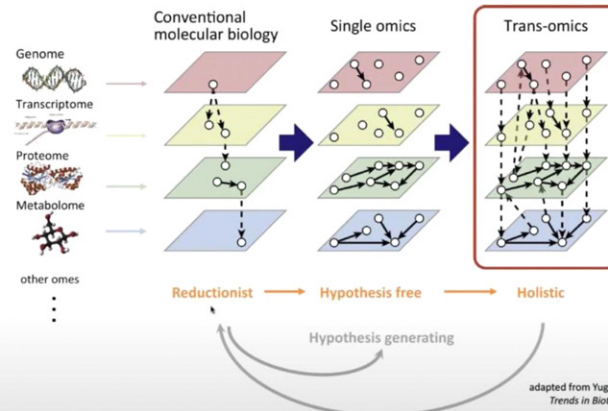
1. Past: Research Experience



Multi-Omics (다중 오믹스)



Multi-Omics Integration (MOI): Why?

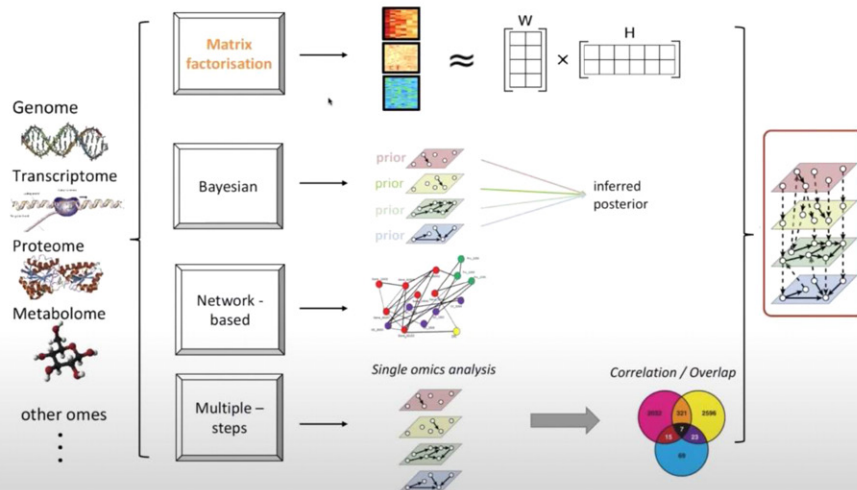


⇒ Adopt a **holistic view**, rather than a traditional, reductionist, hypothesis-driven view

Kim-Anh Le Cao's Webinar, Multi omics statistical integration with mixOmics (2019)

5

Integration methods



Kim-Anh Le Cao | @mixOmics_team
2019 EMBL-ABR webinar series

4 Sept 2019

6 Kim-Anh Le Cao's Webinar, Multi omics statistical integration with mixOmics (2019)

Multi Omics Integration (MOI)

Network(topology) Integration

- RNA-seq. between two species

- Genes between **before** and **after**

Matrix Factorization

- RNA-seq, Metagenome and Metabolome in same animals

7 ➤ To find Biomarker and Core (or Interactive) mechanism

New Phenotyping with ICT

Age/health/fertility

Tail activity, birth events, calving ease, dung and urine excretion

Body composition/ body size and conformation

Rumen pH/body temperature/heart rate

Economic Traits: Meat Quality/Quantity, Racing/Riding

Genetic background

Climate

Behaviour, posture and activity – lying, standing, walking, eating, oestrus, rumination, drinking, location, temperament

Feed intake/nutrient intake

Methane/breath emissions

Plant health/nutrient content

Soil health/nutrient content

Feet and leg health and conformation/ locomotion

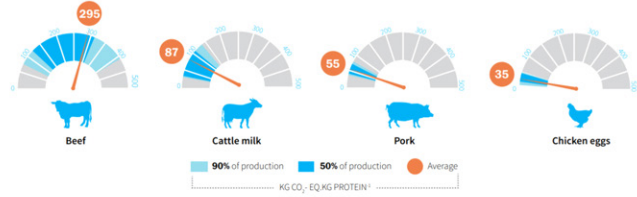
Frontiers in Sustainable Food Systems, (2018) 2, 31

8 ➤ Data can be used to monitor and manage animals and their environment

Sustainability with Climate Change



Global livestock GHG emissions by source



FAO's actions to support countries in making low carbon and resilient livestock happen



Livestock solutions for climate change



SOLUTION 1

Productivity improvements to reduce emission intensities

SOLUTION 2

Carbon sequestration to reduce emission intensities

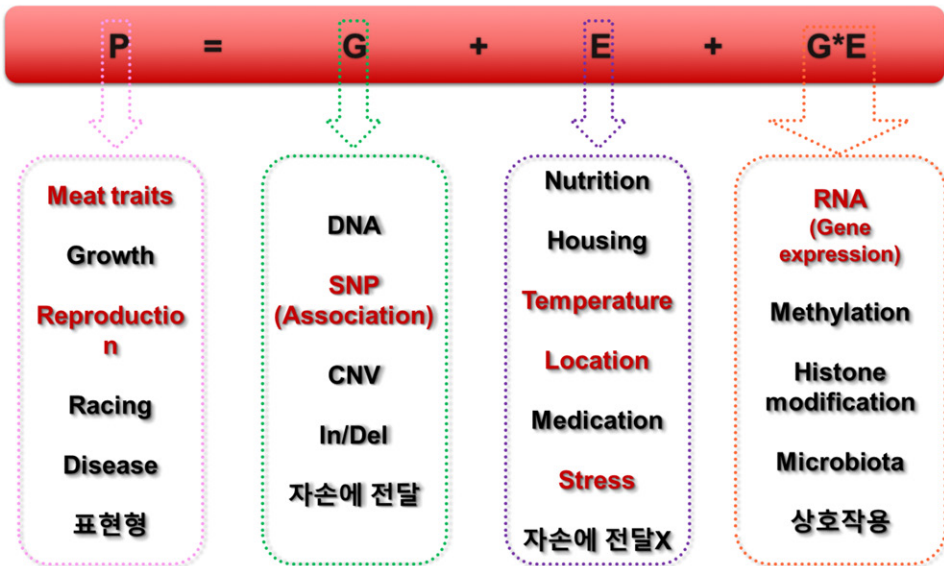
SOLUTION 3

Better livestock integration in the circular bioeconomy

9

Heat Acclimation, GHG reduction in breeding

유전 모형(Genetic Model)



10

Research Theme I : Animal Breeding



$$P = G + E + G^*E$$

I. Genomic Breeding



I. Association Study

Genome-Wide



Candidate gene



II. Genomic Selection (=Prediction)



SNP, Haplotype, RNA-seq

Machine Learning

11

genes

MDPI

Article

Genome-Wide Association Study Identifies 12 Loci Associated with Body Weight at Age 8 Weeks in Korean Native Chickens

Jihye Cha^{1,†}, Hyejun Choo^{2,†}, Krishnamoorthy Srikanth^{3,†}, Seung-Hwan Lee⁴, Ju-Whan Son⁵, Mi-Rim Park¹, Nayeon Kim¹, Gul Won Jang⁶ and Jong-Eun Park^{1,*}

frontiers
in Genetics

ORIGINAL RESEARCH
published: 05 March 2021
doi: 10.3389/fgen.2021.00104

Genomic Prediction Accuracy Using Haplotypes Defined by Size and Hierarchical Clustering Based on Linkage Disequilibrium

Sohyoung Won^{1†}, Jong-Eun Park^{2†}, Ju-Whan Son², Seung-Hwan Lee³, Byeong Ho Park⁴, Mina Park⁵, Won-Chul Park⁶, Han-Ho Choi⁶, Hee-bal Kim¹, Jungjae Lee^{1†} and Daeyong Lim^{2†}

Case I: GWAS in Korean Native Chicken



Analysis Process

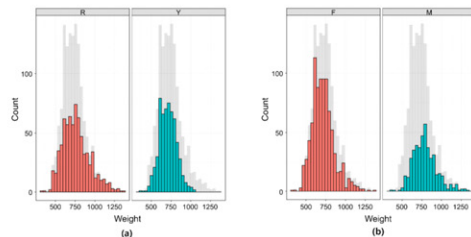
- Animals: 1328 KNC (Red 782, Yellow 596)
- Genotypes: Illumina 50K (57,636 SNPs)
- Phenotypes: 8 weeks BW
- Method: MLMA in GCTA
- Covariates: Breeds, Sex, Hatching Year, 2 PC

Phenotypic summary

Table 1. Descriptive statistics for body weight in two Korean native chicken (KNC) populations at age 8 weeks.

Breed	Number of			Record of (g)			
	Total	Males	Females	Max	Min	Mean	SD
1328	441	887	1380	335	788.22	150.11	
Red KNC	732	234	498	1380	335	761.99	173.66
Yellow KNC	596	207	389	1050	370	709.05	108.05

SD: Standard deviation.



Heritability & Population Structure

Table 2. Results of variance component estimation for body weight.

Source	Variance	SE
Vg	5842.90	768.40
Ve	6625.94	401.97
Vp	12,468.84	645.38
Vg/Vp	0.47	0.04

SE: Standard error; Vg: Additive genetic variance; Ve: Environmental variance; Vp: Phenotypic variance.

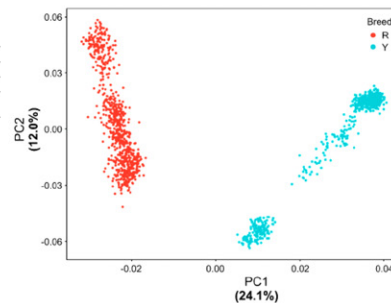
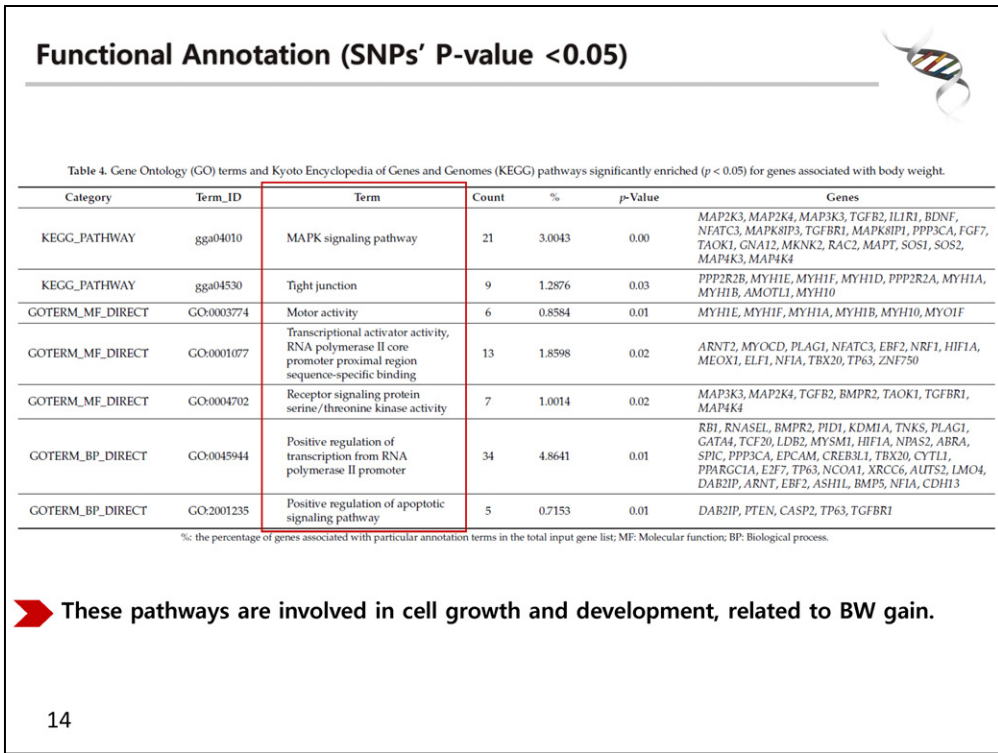
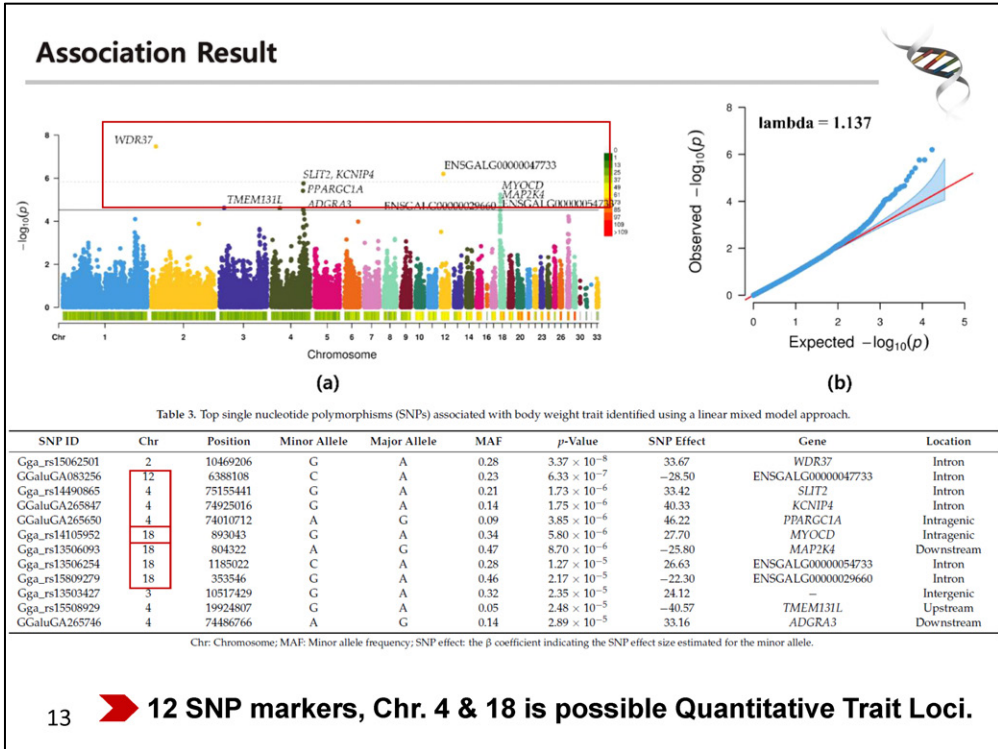


Figure 2. Population structure of two Korean native chicken (KNC) breeds based on the principal component (PC) analysis. Dots of different colors represent each individual from the two breeds (R: Red KNC; Y: Yellow KNC).

➔ BW is highly heritable and two breeds is genetically separated.

12



Case I: GWAS in pig reproduction traits



Materials & Methods

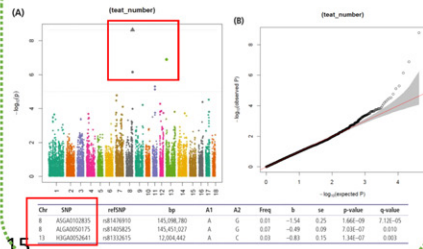
- Dataset
- Animals: 1,061 Yorkshire (Sunjin)
- Phenotypes: Teat number, Piglet number (NBA, TNB, weight shortfall number, total number of suckling piglets, and number of pigs weaned)
- SNP chip: Illumina 60K

-Statistical Analysis
Association model (MLMA-loco in GCTA, Yang et al., 2011)

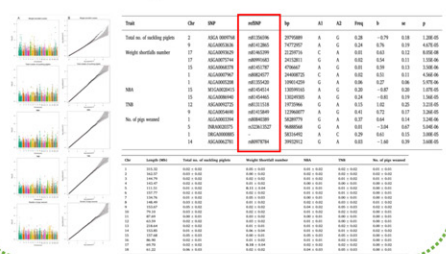
Variance component estimation of MLM using REML

Results

Teat Number



Piglet Number



Case II: Genomic Prediction (Haplotype optimization)



Analysis Process

- Animals: 2,494 Hanwoo
- Genotypes: 555,678 SNPs (50K + 770K)
- Phenotypes: CWT, EMA, BFT

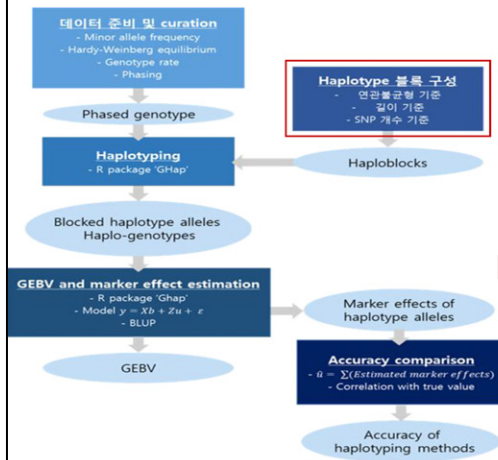


TABLE 2 | Haplotype and allele statistics of each haplotype defining method at different sizes.

SNP count-based haplotypes	5 SNPs	10 SNPs	20 SNPs	50 SNPs
Number of haplotype alleles	1,303,861	1,877,160	2,713,296	3,710,859
Number of haplotypes	111,123	55,554	27,768	11,099
Average number of SNPs per haplotypes	5	10	20	50
Average number of alleles per haplotypes	11.73349	33.78983	97.71305	334.3237
Minimum SNPs in haplotypes	5	10	20	50
Maximum SNPs in haplotypes	5	10	20	50
Length-based haplotypes	22.25 kb	44.5 kb	89 kb	222.5 kb
Number of haplotype allele markers	1,364,861	1,867,261	2,621,574	3,581,059
Number of haplotypes	97,061	54,163	27,797	11,196
Average number of SNPs per haplotypes	5.725038	10.25936	19.99057	49.63183
Average number of alleles per haplotypes	14.06188	34.47484	94.31140	319.8516
Minimum SNPs in haplotypes	2	2	2	2
Maximum SNPs in haplotypes	29	47	71	136
LD clustering-based haplotypes	K = N/5	K = N/10	K = N/20	K = N/50
Number of haplotype alleles	1,277,525	1,764,074	2,472,637	3,358,562
Number of haplotypes	111,123	55,554	27,768	11,099
Average number of SNPs per haplotypes	5.000567	10.00248	20.01145	50.06559
Average number of alleles per haplotypes	11.49649	31.75422	89.04628	302.6004
Minimum SNPs in haplotypes	1	1	1	1
Maximum SNPs in haplotypes	114	131	141	213

K is the number of clusters and N is the number of total SNPs.

16 3 Criteria for Haplotype(combination of SNPs) Construction

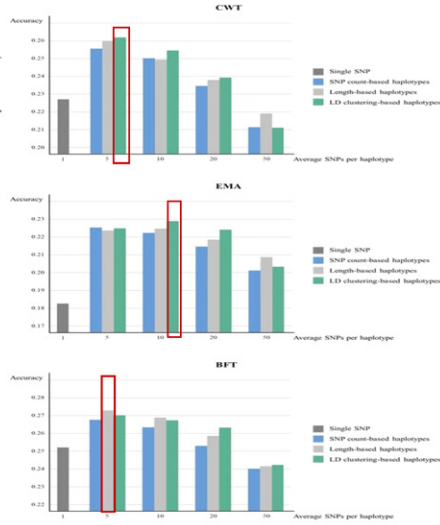
Results: Heritability & Accuracy

TABLE 4 | Estimated heritabilities using haplotypes defined by different methods and sizes and using individual SNPs.

	Average number of SNPs per haplotype			
	5	10	20	50
CWT				
SNP count-based haplotypes	0.39	0.39	0.41	0.43
Length-based haplotypes	0.38	0.39	0.40	0.42
LD clustering-based haplotypes	0.39	0.39	0.41	0.43
Individual SNPs		0.36		
EMA				
SNP count-based haplotypes	0.33	0.34	0.35	0.38
Length-based haplotypes	0.33	0.34	0.35	0.38
LD clustering-based haplotypes	0.33	0.34	0.36	0.38
Individual SNPs		0.43		
BFT				
SNP count-based haplotypes	0.45	0.46	0.48	0.52
Length-based haplotypes	0.44	0.45	0.47	0.50
LD clustering-based haplotypes	0.44	0.45	0.46	0.50
Individual SNPs		0.43		

➔ More SNP # in Haplotypes
➔ Heritability ↑

17



➔ CWT 3.5%, EMA 4.6%, BFT 2.1% ↑
➔ Optimal SNP #: 4~10, LD: 0.43
➔ SNP Distance: 41K bp

Case II: Animal breeding using ML

frontiers
in Genetics

ORIGINAL RESEARCH
published: 04 July 2018
doi: 10.3389/fgen.2018.00047

Genomic Prediction of Breeding Values Using a Subset of SNPs Identified by Three Machine Learning Methods

Bu Li^{1,2,3}, Nandi Zhang¹, You-Gan Wang¹, Andrew W. George⁴, Antonio Reverter¹ and Yutao Li^{1*}

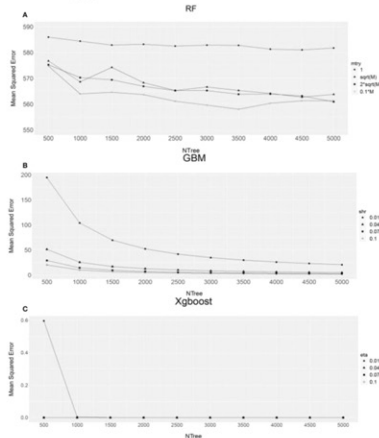


FIGURE 1 | The relationship between different combinations of parameters and mean squared error for (A) Random Forest (RF), (B) Gradient Boosting Machine (GBM) and (C) Extreme Gradient Boosting machine (Xgboost). M, total number of SNPs; m1, number of markers chosen to form a test set for GBM; m2 for Xgboost. * Lead refers to the best test set size (M).

Prediction of slaughter age in pigs and assessment of the predictive value of phenotypic and genetic information using random forest

Ahmad Alsaif¹, George Azzopardi², Bart Ducro³, Egiel Hanenberg³, Roel F. Veerkamp³, Nicolai Petkov³

Journal of Animal Science, Volume 96, Issue 12, 3 December 2018, Pages 4935-4943. <https://doi.org/10.1093/jas/sky359>

Published: 18 September 2018 Article history •

Table 1.

The performance of random forest regression (RF) and multiple linear regression (MLR) for the following input matrices and their combinations: phenotype input matrix (X^Ph), EBV input matrix (X^{EBV}), pedigree similarity input matrix (X^P), genetic-pedigree similarity input matrix (X^C), and all input features (X).

Input matrix	R^2		RMSE	
	RF	MLR	RF	MLR
X^Ph	0.625 ± 0.009	0.580 ± 0.009	0.612 ± 0.009	0.648 ± 0.008
X^{EBV}	0.387 ± 0.012	0.124 ± 0.006	0.783 ± 0.009	0.936 ± 0.017
X^P	0.395 ± 0.011	0.218 ± 0.010	0.777 ± 0.010	0.884 ± 0.013
X^C	0.347 ± 0.013	0.206 ± 0.014	0.808 ± 0.010	0.891 ± 0.011
$[X^Ph, X^{EBV}]$	0.641 ± 0.009	0.596 ± 0.010	0.599 ± 0.009	0.635 ± 0.009
$[X^Ph, X^P]$	0.640 ± 0.009	0.589 ± 0.010	0.599 ± 0.009	0.641 ± 0.009
$[X^Ph, X^C]$	0.634 ± 0.009	0.586 ± 0.010	0.604 ± 0.009	0.643 ± 0.009
$[X^{EBV}, X^P]$	0.405 ± 0.011	0.253 ± 0.010	0.771 ± 0.009	0.864 ± 0.015
$[X^{EBV}, X^C]$	0.398 ± 0.012	0.261 ± 0.013	0.775 ± 0.010	0.860 ± 0.012
$[X^P, X^C]$	0.395 ± 0.011	0.238 ± 0.013	0.777 ± 0.010	0.873 ± 0.012
$[X^Ph, X^{EBV}, X^P]$	0.646 ± 0.008	0.599 ± 0.010	0.594 ± 0.008	0.633 ± 0.009
$[X^Ph, X^{EBV}, X^C]$	0.644 ± 0.008	0.603 ± 0.010	0.597 ± 0.009	0.630 ± 0.009
$[X^Ph, X^P, X^C]$	0.642 ± 0.008	0.593 ± 0.010	0.598 ± 0.008	0.638 ± 0.009
$[X^{EBV}, X^P, X^C]$	0.414 ± 0.011	0.281 ± 0.013	0.765 ± 0.010	0.848 ± 0.013
X	0.646 ± 0.008	0.605 ± 0.010	0.594 ± 0.008	0.628 ± 0.009

Case II: Genomic Prediction (Machine Learning application)



Journal of the Korea Academia-Industrial
Cooperation Society
Vol. 23, No. 4, pp. 516-523, 2022

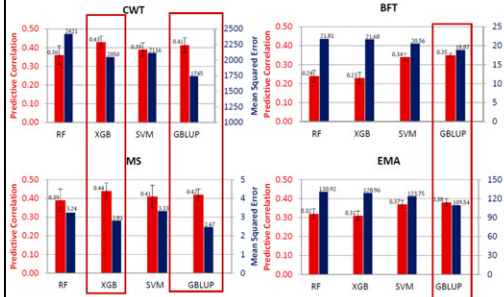
https://doi.org/10.5762/KAIS.2022.23.4.516
ISSN 1975-4701 / eISSN 2288-4688

Prediction of Hanwoo Cattle Phenotypes from Genotypes Using Machine Learning Methods

Swati Srivastava¹, Bryan Irvine Lopez², Himansu Kumar³, Myoungjin Jang, Han-Ha Chai, Woncheoul Park,
Jong-Eun Park⁴ and Dajeong Lim⁵*

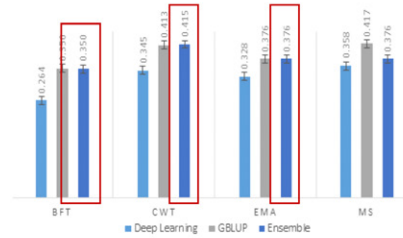
한우 도체형질의 합성곱신경망을 이용한 유전체 예측 정확도 추정

장명진^{1,2}, 임다정¹, 박원철¹, 박종은¹
농촌진흥청, 국립축산과학원 동물유전체과
전북대학교 공과대학 정보통신학과



Estimation of Genetic Prediction Accuracy Using Convolutional Neural Network in Hanwoo

Myoungjin Jang^{1,2}, Dajeong Lim¹, Woncheoul Park¹, Jong-Eun Park^{1*}



➔ XGB has higher predictive cor. in CWT, MS. But GBLUP more stable in overall (MSE)!

➔ No robust winner. Combination(Ensemble) methods are more stable.

19

Research Theme II: Bioinformatics



$$P = G + E + G \cdot E$$



ORIGINAL RESEARCH
published: 11 October 2019
doi: 10.3389/fgene.2019.00963

Cardiac and Skeletal Muscle Transcriptome Response to Heat Stress in Kenyan Chicken Ecotypes Adapted to Low and High Altitudes Reveal Differences in Thermal Tolerance and Stress Response

Krishnamoorthy Srikanth¹, Himansu Kumar², Woncheoul Park³, Mijung Baun⁴,
Dajeong Lim⁵, Steve Kemp⁶, Marinus F. W. te Pas⁷, Jun-Mo Kim⁸ and Jong-Eun Park^{9*}

Genomics 11:2 (2020) 1988-1999



Concrete lines available at ScienceDirect
Genomics
Journal homepage: www.elsevier.com/locate/ygeno



Original Article

Whole metagenome sequencing of cecum microbiomes in Ethiopian indigenous chickens from two different altitudes reveals antibiotic resistance genes

Himansu Kumar¹, Woncheoul Park², Dajeong Lim³, Krishnamoorthy Srikanth⁴, Jun-Mo Kim⁵,
Xin-Zheng Jia⁶, Jian-Lin Han⁷, Olivier Hamotte⁸, Jong-Eun Park^{9*}, Samuel O. Oyola⁹

20

II. Bioinformatics

III. Gene expression (RNA-seq)

Transcriptome

IV. Other Omics

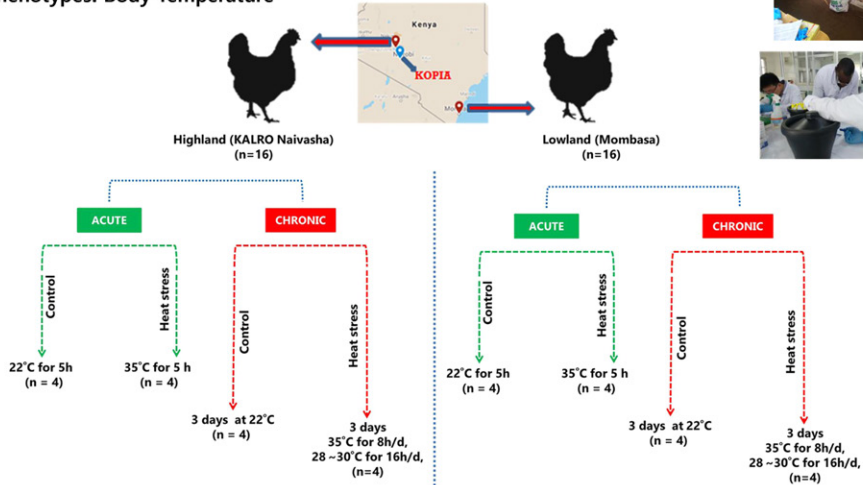
Microbiome

Epigenetics

Case III: RNA-seq between H/L Chicken under Heat

Experimental Design

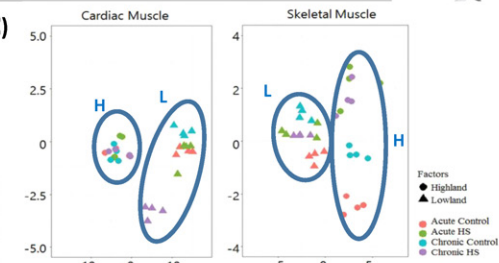
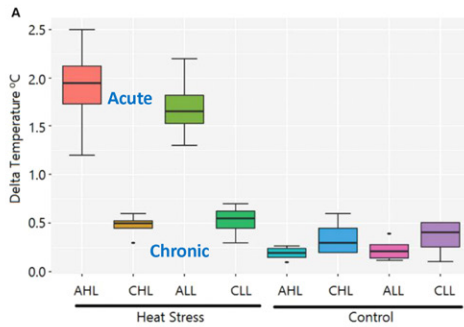
- Animals: 32 chickens
- Factors: Ecotype(High, Low), Heat(Control, Acute, Chronic), Tissue(Heart, Breast muscle)
- Phenotypes: Body Temperature



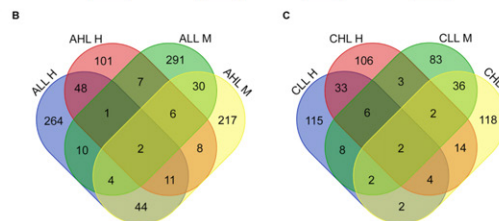
21 ➤ Aim: Understanding mechanism for heat stress in chicken

Phenotype and expression comparison

- Increase of rectal temperature (0.6~1.6, °C)

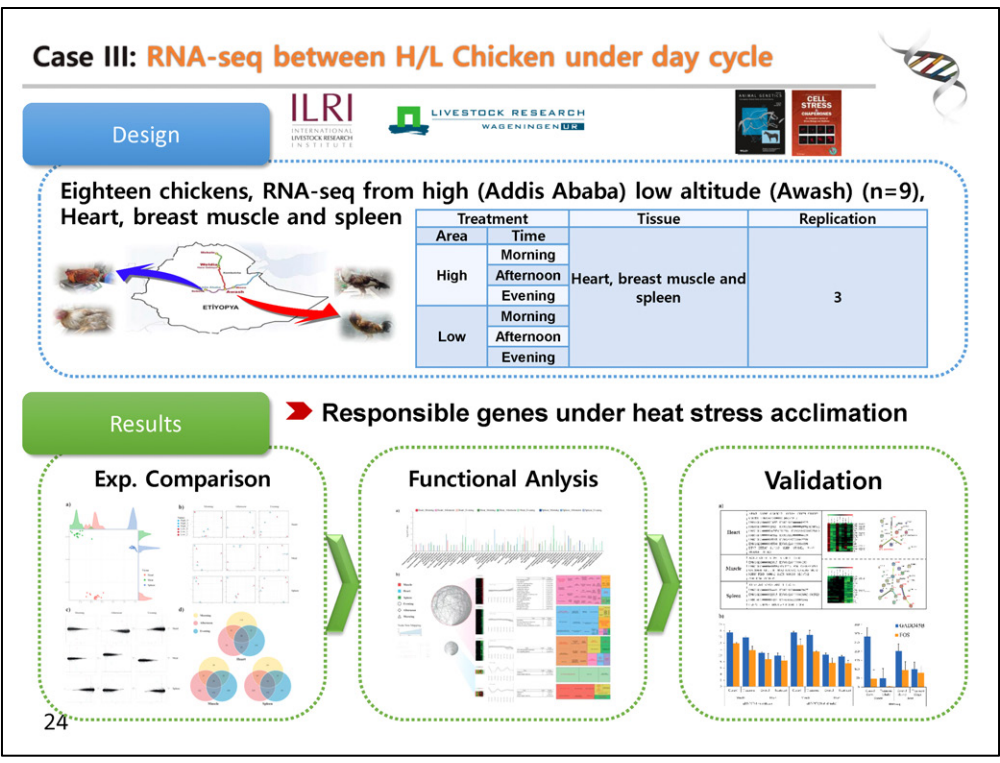
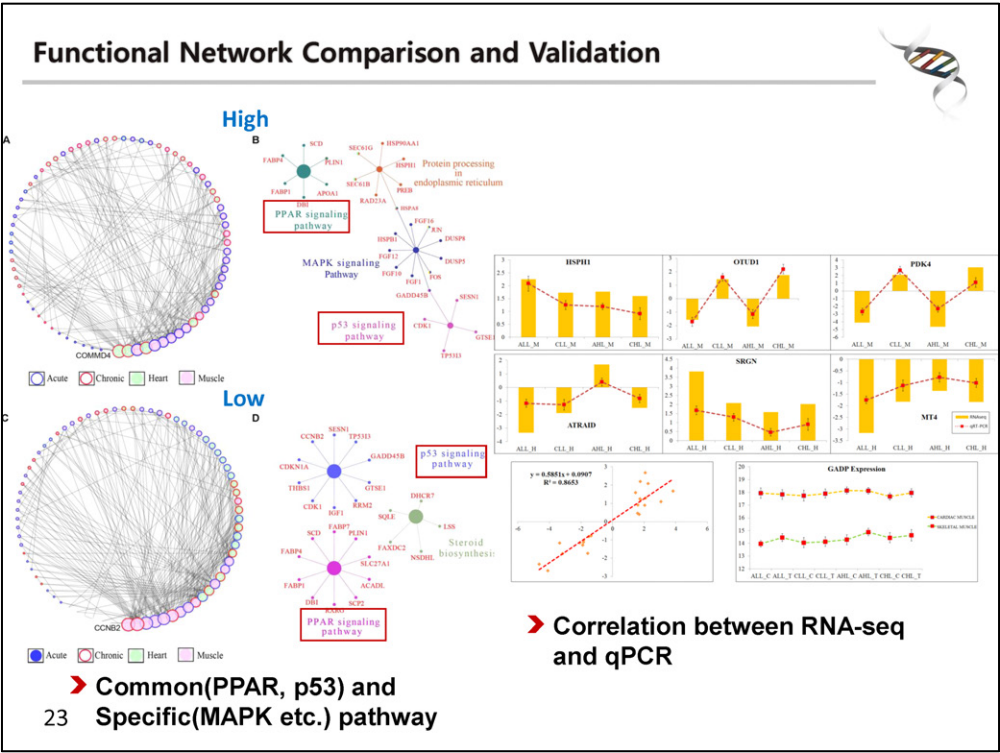


DEGs	ALL M	CLL M	ALL H	CLL H	AHL M	CHL M	AHL H	CHL H
Up	259	82	136	61	267	91	115	114
Down	92	60	248	111	55	89	69	56
Total	351	142	384	172	322	180	184	170



- Exp. Difference in Ecotype
- More DEGs in Acute Heat Stress

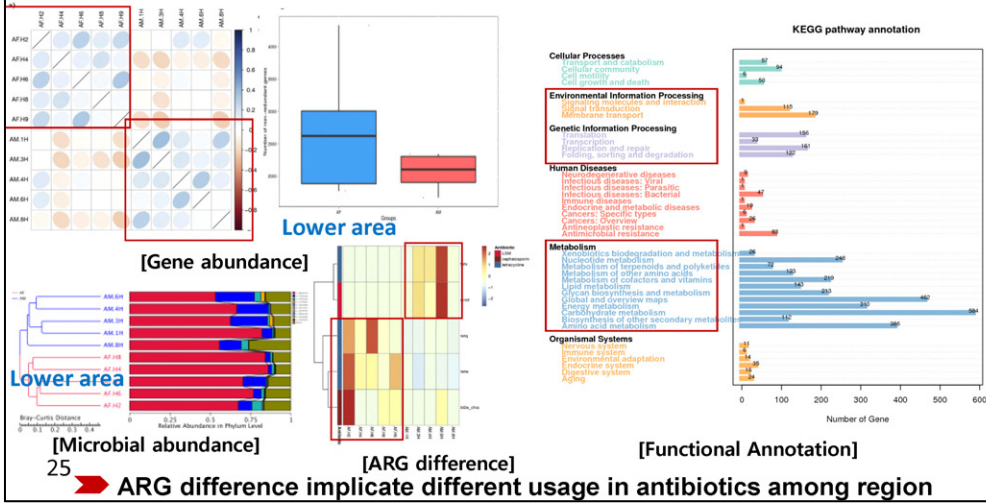
22



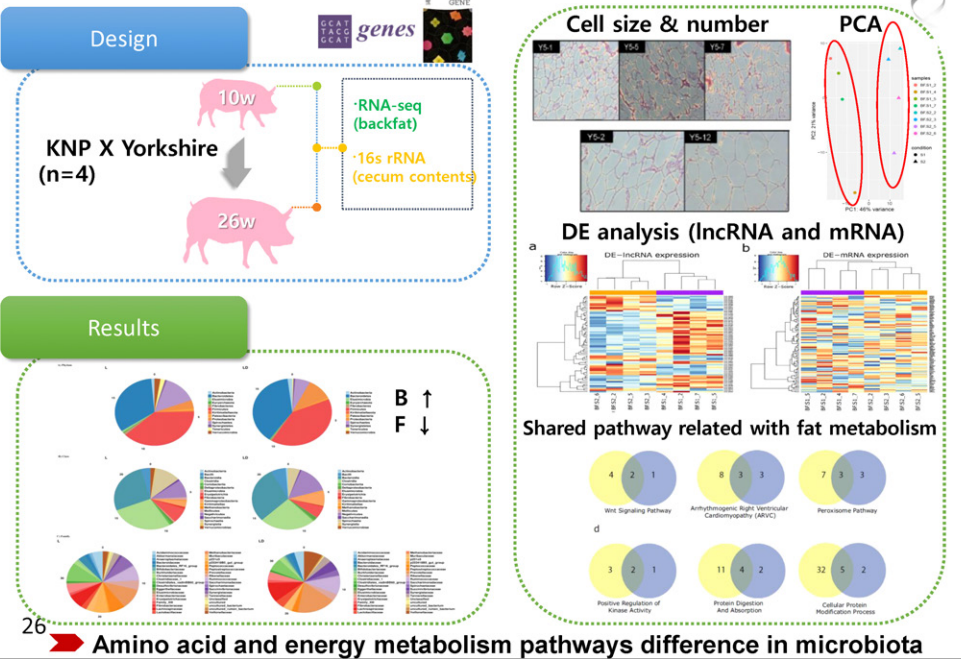
Case IV: Gut Microbiome between H/L Chicken

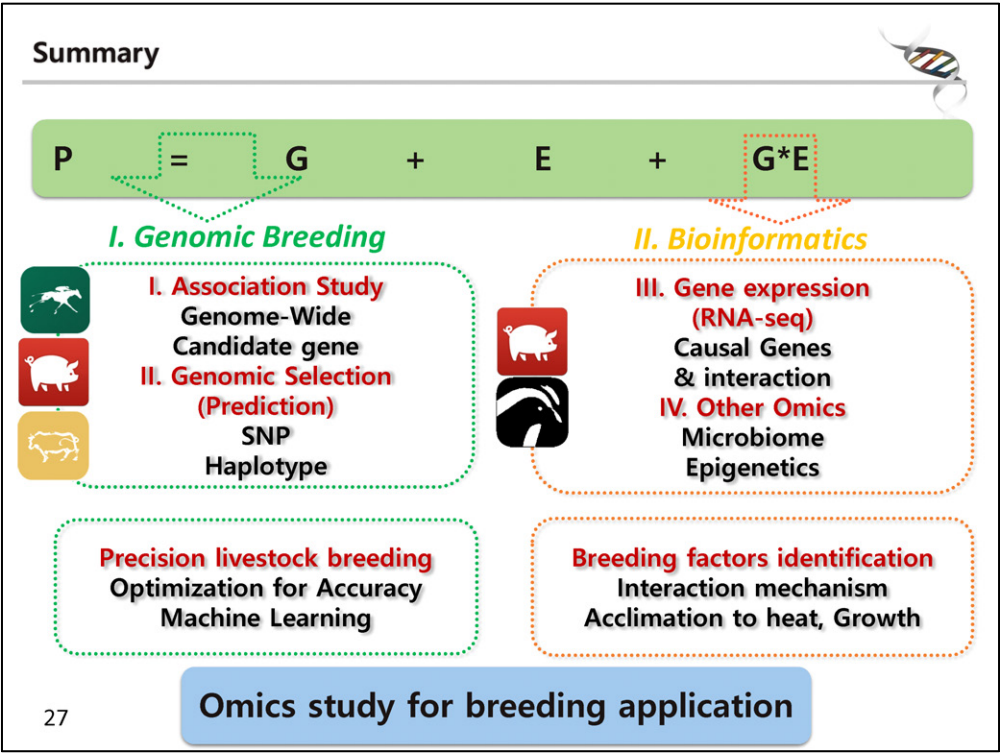



- Microbial gene number is more abundance in lower area
- More Bacteroidetes in lower area
- Functional difference: E and G information processing and metabolism




Case IV: RNA-seq & Microbiome in Pig growth



02. Present: Recent Researches



Research Goal

For Future and Basic

- Omics Study for New Phenotype
- Climate Change (GHG, E Stress)
- Efficiency (Growing, Reproduction, Robustness)
- MOI

For Industrial Application

- Animal Bio-Big data Platform
- Data Management
- Genomic Prediction
- Biomarker Discovery for Array (SNP, Gene, Microbe, Metabolite)

Global Level Animal Breeding & Bioinformatics Research for Sustainability

29

Recent projects

- Comparative transcriptomics under different biotic or abiotic conditions
- Breeds
- Environmental factors

- Effects of Low-methane feeding in cattle

- Basic Research Laboratory for Survival Strategy of Marine Climate-sensitive Biological Indicator Species

- Jeju Genome Project

30

Theme I-I: Omics study for climate change (temperature)



- Host-microbiome Interaction under climate change in livestock species (20~, Collaboration-RDA/NRF)
- Phenotypes, Transcriptome, Microbiome under Different THI Condition
- Chicken(Broiler, Egg-layer), Holstein, Hanwoo, Pig(Growing, Finishing)



31 > Biomarker (patent) & Mechanism under different THI condition

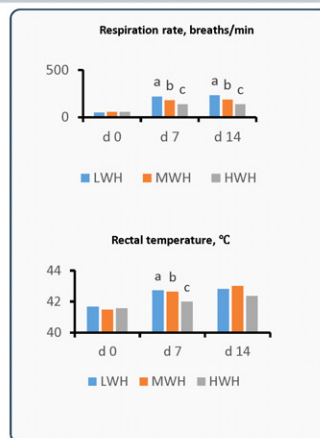
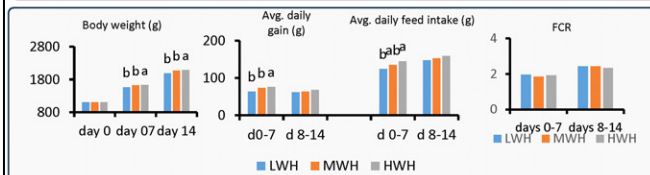
Omics study for climate change (wind)



Impact of Wind Speed in High-Temperature Environments on Growth Performance, Physiological Responses, Blood Profile, and Transcriptomic Response in Broilers



Experimental design:
 Total of 240 birds (3 groups each with 4 rep, 80 birds/rep)
 • LWH (Low Wind, High Temperature): 33°C, 60% RH, 0 m/s wind speed.
 • MWH (Medium Wind, High Temperature): 33°C, 60% RH, 0-1.2 m/s wind speed.
 • HWH (High Wind, High Temperature): 33°C, 60% RH, 1.5-2.5 m/s wind speed.

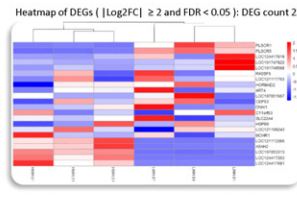
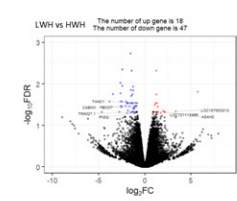
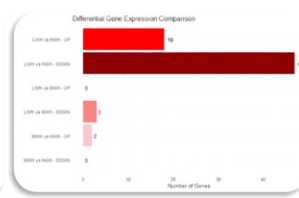
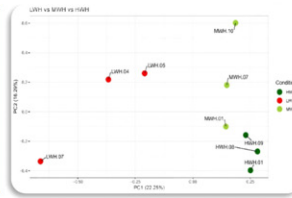
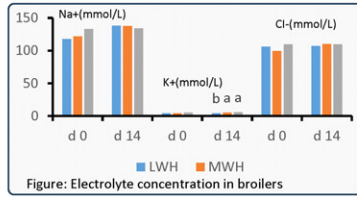


32 > Late BW, Early ADG & FI change

Omics study for climate change (wind)



Impact of Wind Speed in High-Temperature Environments on Growth Performance, Physiological Responses, Blood Profile, and Transcriptomic Response in Broilers



Full Length Article
 The comparative physiological, biochemical and whole transcriptome analysis of Ross 308 broilers under different wind conditions
 Md Morata Hossain^{1,2}, Sanghoon Lee^{1,2}, Younhee Park^{1,2}, Jihyun Ahn¹, Woncheol Park^{1,2}, Sooyoung Park^{1,2}, Sooyoung Choi^{1,2}, Sung-Pyo Hur¹, Dajoung Lim¹, Donghyun Park¹, Jung-Eun Park¹

33 **Transcriptomic differences between Low and Medium pathways related to vital processes, innate immune responses, and biosynthesis**

Genomic characteristics in Jeju Breeds



- Omics based characterization in Korean Native breeds in Jeju
- Genomic Difference proved. But small within diversity ($N_e < 40 \sim 50$)
- For Jeju chicken and dog, genomic studies are required (with Pop. ↑)



SCIENTIFIC REPORTS
nature research

There are amendments to this paper



scientific reports



Comprehensive genome and transcriptome analyses reveal genetic relationship, selection signature, and transcriptome landscape of small-sized Korean native Jeju horse

Krishnamoorthy Srikarath^{1,2}, Nam Young Kim^{1,2}, Woncheol Park¹, Jae Min Kim¹, Keon Do Kim¹, Kyung Tal Lee^{1,2}, Ju Hwan Lee^{1,2}, Heungsik Woo Cho¹, Gwi Won Ju Heeul Kim¹, Youn Chul Byun¹, Jin Woo Nam¹, Jung Eun Park¹, Jun Mo Kim¹, & Dajoung Lim¹

OPEN Integration of multi-omics approaches for functional characterization of muscle related selective sweep genes in Nanchukmaddon

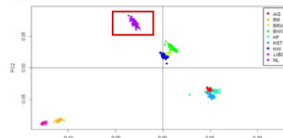
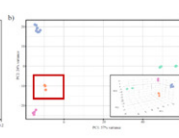
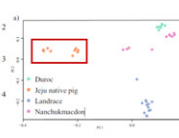
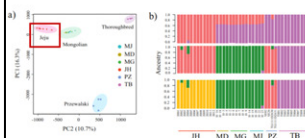
Devender Arora¹, Krishna Kumar¹, Jongsik Park¹, Jongsik Lee¹, Daehwan Lee¹, Neungwon Park¹, Seungwon Kim¹, Woncheol Park¹, Jung Eun Park¹, Heungsik Woo Cho¹, Dajoung Lim¹, Jaesoon Kim¹, & Woncheol Park¹

Open Access
 Anim Biosci
 Vol. 34, No. 5, 381–400 May 2021
<https://doi.org/10.5713/ab.21.0088>
[https://pubs.elsevier.com/abstract/S0165-2459\(21\)00223-3](https://pubs.elsevier.com/abstract/S0165-2459(21)00223-3)

ANIMAL BIOSCIENCE

Genetic characteristics of Korean Jeju Black cattle with high density single nucleotide polymorphisms

M. Zahangir Alam^{1,2}, Yun-Mi Lee^{1,2}, Hyo-Jung Son¹, Lauren H. Hanna³, David G. Riley⁴, Hideyuki Maman⁵, Shingi Sasazaki⁶, Se Pil Park¹, and Jong-Joo Kim¹

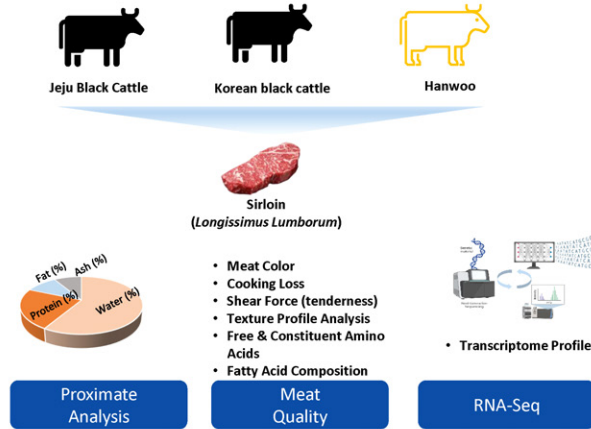


34 **Unique Breed and Phenotype - Valuation**

Theme I-II: Transcriptomic characteristics in Jeju Breeds



Comparison of Meat Quality, Including Fatty Acid Content and Amino Acid Profile, and Transcriptome Profile Among Jeju Black Cattle, Korean Black Cattle, and Hanwoo

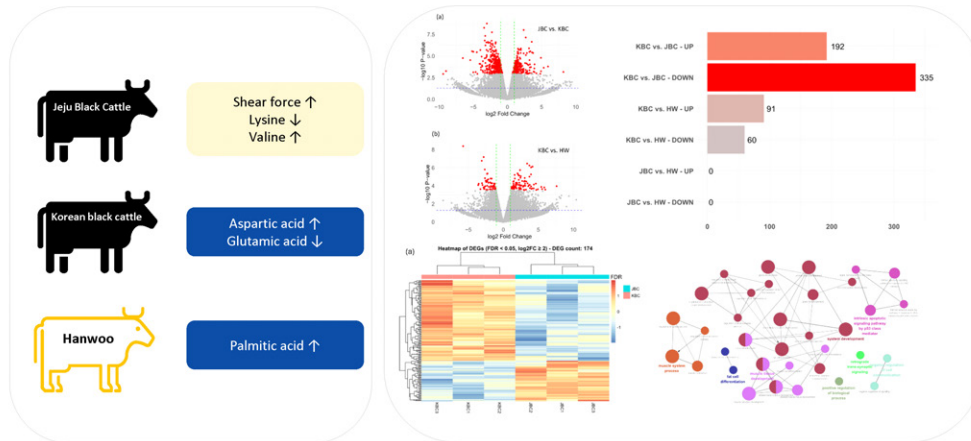


35

Transcriptomic characteristics in Jeju Breeds



Comparison of Meat Quality, Including Fatty Acid Content and Amino Acid Profile, and Transcriptome Profile Among Jeju Black Cattle, Korean Black Cattle, and Hanwoo



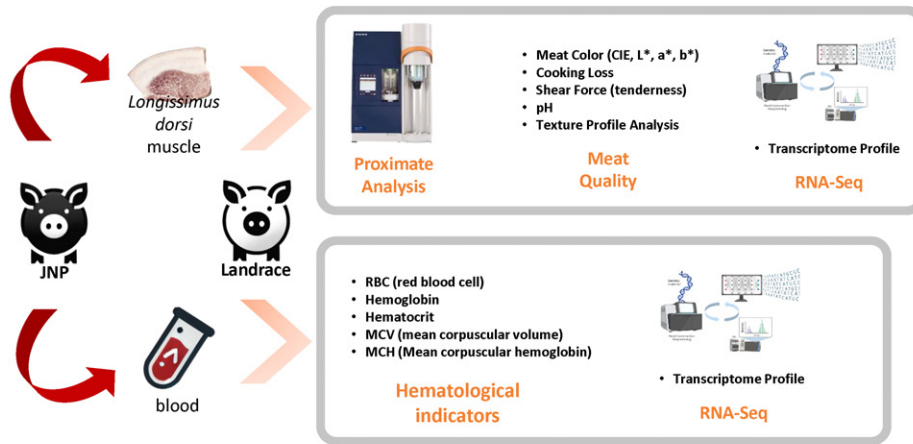
Lee S., Ko K., Park JE. and Ryu Y.
Food Science of Animal Resources (IF:4.2) , Oct 2024

36

Transcriptomic characteristics in Jeju Breeds



Comparison of Meat Quality, Blood Traits, and Transcriptomes between Landrace and Jeju Native Pig

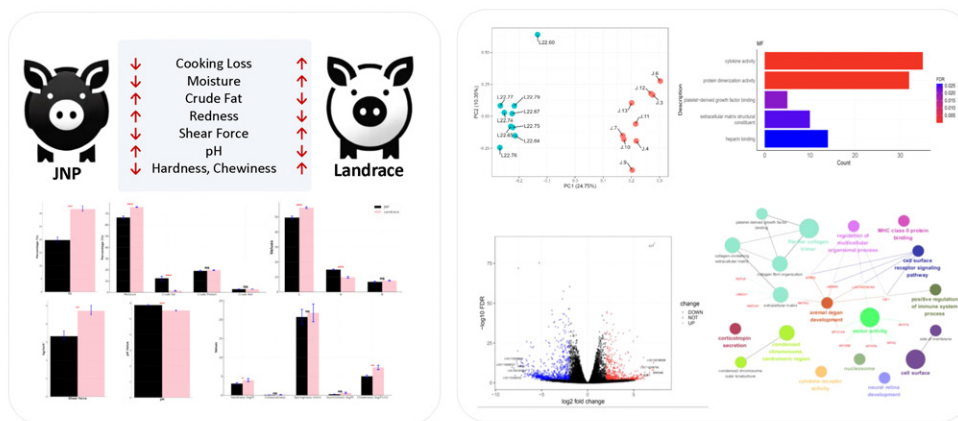


37

Transcriptomic characteristics in Jeju Breeds



1. Comparative Analysis of Meat Quality and Muscle Transcriptome Between Landrace and Jeju native pig



38

Transcriptomic characteristics in Jeju Breeds



1. Comparative Analysis of Meat Quality and Muscle Transcriptome Between Landrace and Jeju native pig

Differentially Expressed Genes Analysis



Muscle fiber-related DEG

MYH2 MYH6
MYH7B MYO5B



Growth-related DEG

IGF1 IGFBP5
SFRP2 EGFL6
MATN3 HAPLN1
FBLN7 LINGO1



GO, KEGG analysis

GO Term Analysis

cell cycle regulation
collagen complex
extracellular matrix organization
:

KEGG Pathway Analysis

motor proteins
the cell cycle



Kim NY., Lee S., Cho IC. and Park JE.
Food Science of Animal Resources (IF:4.2) , Mar 2025, accepted

39

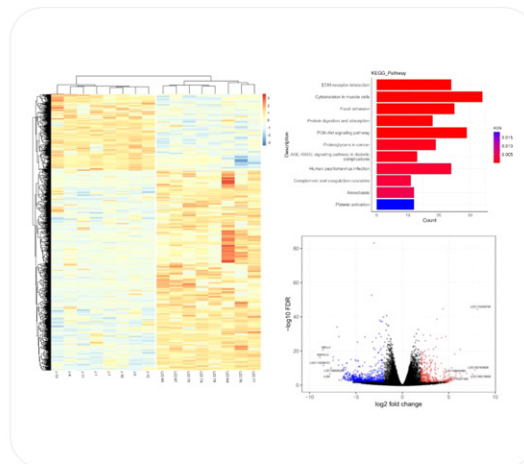
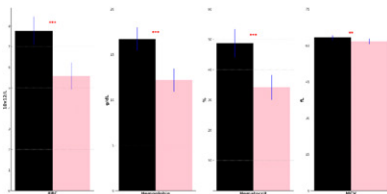
Transcriptomic characteristics in Jeju Breeds



2. Comparative Analysis of Blood Characteristics and Transcriptomes between Jeju Native Pigs and Landrace Pigs



↑ RBC
↑ Hemoglobin
↑ Hematocrit
↑ MCV



Kim NY., Lee S., Cho IC. and Park JE.
Manuscript prep.

40

Project II: Evaluation of Low Methane Feeding in Cattle ('23~)



- Quality evaluation
 - Productivity & quality evaluation in dairy and beef cattle
 - Methane emission monitoring
 - G x E (feeding)



41 > ESG, Low-carbon qualification for dairy and beef product

Project II: Evaluation of Low Methane Feeding in Cattle ('23~)



축종별 참여 농가 현황

축종	참여농가수	급여두수	사료보급량
젖소	18 농가	1,439두	2,700톤
한우	20 농가	1,581두	1,411톤
총합	38 농가	3,020두	4,111톤

저메탄 사료 보급을 통한 온실가스 저감량 (추산)

축종	마리당 탄소 감소량 ¹⁾ (ㄱ)	저메탄사료 급여두수(L)	온실가스 총배출량(C) (L) x (C)	온실가스 저감량 ²⁾ (ㄹ) (ㄱ) x (L)
젖소	517kg CO _{2eq}	1,439두	4,964톤 CO _{2eq}	744톤 CO _{2eq}
한우	240kg CO _{2eq}	1,581두	2,529톤 CO _{2eq}	379톤 CO _{2eq}
합계		3,020두	7,493톤 CO_{2eq}	1,123톤 CO_{2eq}

Project II: Evaluation of Low Methane Feeding in Cattle ('23~)



■ 고등급(1++ A. B. C) 출현율 비교(저메탄 급여 VS 전국 및 제주)

전체	저메탄 급여 전체	2020~2024 전국평균	2020~2024 제주평균	2024전국 평균	2024 제주평균
1++A	11.4%	7.2%	8.5%	8.5%	8.8%
1++B	19.8%	11.9%	19.4%	12.8%	24.2%
1++C	4.9%	5.2%	5.8%	5.3%	8.5%



■ 저메탄 사료급여 전·후 일반성분분석 결과(거세우)

항목	저메탄 사료	일반사료	유의수준
수분 (%)	60.00 ± 4.30	6.85 ± 5.81	NS
조지방 (g/100g)	17.24 ± 4.25	17.54 ± 8.29	NS
조단백 (g/100g)	18.63 ± 1.53	19.73 ± 2.17	NS
회분 (%)	0.86 ± 0.13	0.89 ± 0.14	NS

항목	영양성분함량(g/100g)			비율(%)		
	저메탄 사료	일반사료	유의수준	저메탄 사료	일반사료	유의수준
Alanine	26.32 ± 4.68	23.74 ± 4.43	NS	6.79 ± 0.70	6.64 ± 1.70	NS
Arginine	19.29 ± 10.31	10.45 ± 4.34	NS	5.28 ± 3.16	3.09 ± 1.51	NS
Asparagine	2.98 ± 1.19	2.29 ± 0.69	NS	0.69 ± 0.22	0.62 ± 0.12	NS
Aspartic acid	4.01 ± 0.85	3.59 ± 1.03	NS	1.01 ± 0.17	1.04 ± 0.36	NS
Carosine	6.29 ± 3.20	10.09 ± 3.07	NS	1.55 ± 0.85	2.91 ± 1.02	NS
Glutamic acid	19.40 ± 11.10	21.34 ± 6.34	NS	5.11 ± 3.04	6.03 ± 1.60	NS




[지방산]	영양성분함량(g/100g)			비율(%)		
	저메탄 사료	일반사료	유의수준	저메탄 사료	일반사료	유의수준
C10:0 (Capric Acid)	0.01 ± 0.00	0.01 ± 0.00	NS	0.07 ± 0.02	0.05 ± 0.01	NS
C12:0 (Lauric Acid)	0.02 ± 0.01	0.02 ± 0.01	NS	0.23 ± 0.40	0.13 ± 0.03	NS
C14:0 (Myristic Acid)	0.57 ± 0.22	0.59 ± 0.35	NS	3.33 ± 0.69	3.36 ± 0.64	NS
C14:1 (Myristoleic Acid)	0.15 ± 0.07	0.19 ± 0.09	NS	0.86 ± 0.27	1.19 ± 0.14	NS
C15:0 (Pentadecanoic Acid)	0.06 ± 0.02	0.04 ± 0.03	NS	0.33 ± 0.06	0.23 ± 0.06	NS


- 일반성분, 유리아미노산 및 지방산에서 유의적 차이가 나타나지 않음
- 43그 외 육질(한우), 유생산성(젖소), 영양성분(젖소)에도 유의적 차이가 없음


→


감사합니다.

The principles are always the same,
but the challenge is in the details.



인공지능 기반 젖소 공태우 탐지 안전망

채 병 호
(전북대학교)

Curriculum Vitae

- ▶ 2024~현재 전북대학교 박사후연구원
(한국연구재단 박사후국내연수사업 연구책임자 — 낙농 정밀사양:
젖소의 임신 주차별 대사 에너지·단백질 요구량 예측 AI 개발)
- ▶ 2025~현재 전북대학교 (스마트축산) / 한국농수산대학교 (친환경축산) 시간강사
- ▶ 2021~2024 전북대학교 일반대학원 축산학과 농학박사
(반추동물영양·데이터사이언스)
- ▶ 2018~2020 전북대학교 일반대학원 축산학과 농학석사 (반추동물영양)
- ▶ 2012~2018 전북대학교 동물자원과학과 농학사

인공지능 기반 젖소 공태우 탐지 안전망

유우군능력검정 데이터로 비임신우를 찾는 설명가능 앙상블 AI
이중 임계값 운영 전략으로 만드는 스마트축산 의사결정 시스템



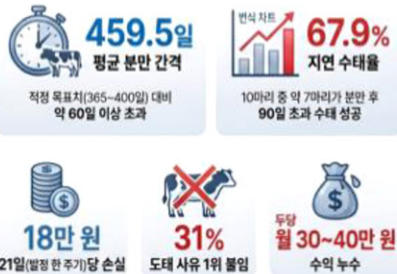
채병호 | 박사후연구원
반추동물영양학 및 축산데이터사이언스
전북대학교 반추동물영양학실험실

발견된 소만 보는 진단 체계



한국 낙농 번식 현황과 경제적 누수 규모

문제의 뿌리: '반응형' 시스템의 한계



발견 누락 개체의 식별 체계 부재: 데이터 기반 안전망 필요

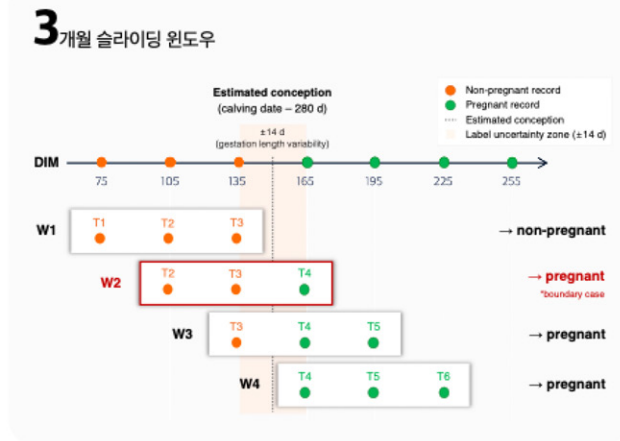


- 조건① 신뢰할 만한 성능**
높은 예측도로 모델 판정 결과를 믿을 수 있어야 함
- 조건② 설명 가능한 근거**
왜 이 소가 공태우로 판별되었는지 알 수 있어야 함
- 조건③ 운영 가능한 임계값**
농장 사정에 맞춰 운영 강도를 조절 가능해야 함

안전망 작동을 위한 세 조건 정의: 성능·해석·운영

37 개 농장
2,614 마리
60,301 건

대규모 검정 데이터 학습
국내 37개 농장, 2,614마리
젖소의 5년 기록 60,301건을
기반으로 모델의 신뢰성 확보



시계열 변화 패턴의 정량화: 단일 시점이 담지 못한 신호 추출

71개의 파생 변수로

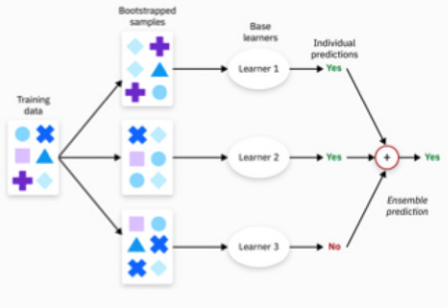
시계열 패턴 분석

7개 원변수에서 3개월 슬라이딩 윈도우 기법을 적용해 소의 상태 변화를 정교하게 추적

시점값	21
변화량 변화율	21
평균-표준편차	12
기울기	5
비유일수 관련	11
산차 수	1

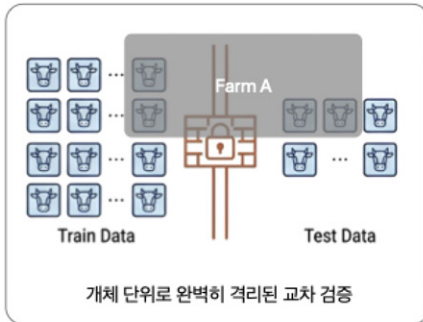
3가지 알고리즘의 소프트 보팅 앙상블

Random Forest, XGBoost, Logistic Regression을 결합하여 단순 예측을 넘어 확률 보정까지 최적화된 배포 모델 설계

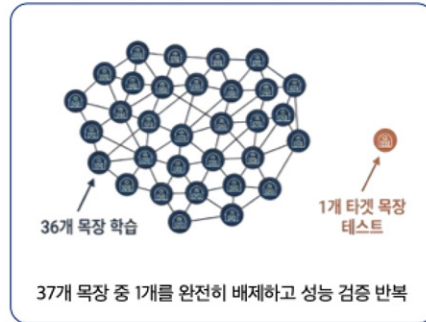


다중 알고리즘 소프트 보팅 앙상블: 확률 보정 개선

Cow-level Grouped 5-Fold CV

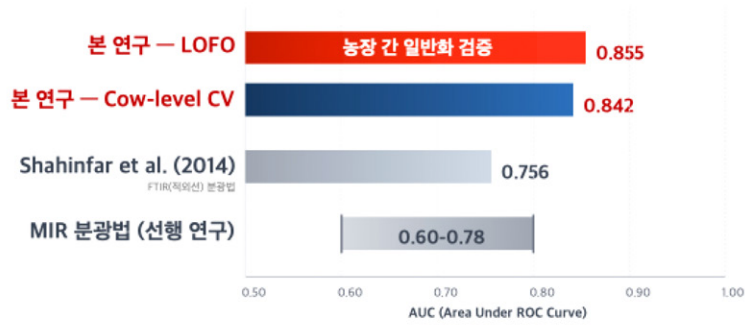


Leave-One-[Farm]-Out (LOFO) CV



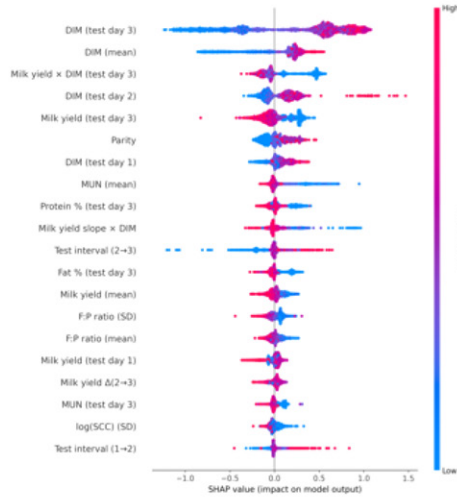
완전 미지의 농장에서도 정확도 확보 가능: 현장 이용성 강화

높은 예측력과 농장 간 일반화 가능성 확인

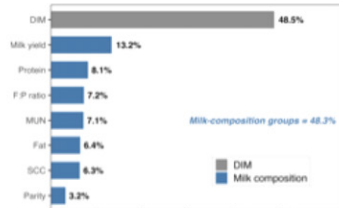


기존 검정 데이터로 분광 분석 능가: 추가 장비 없이 적용 가능

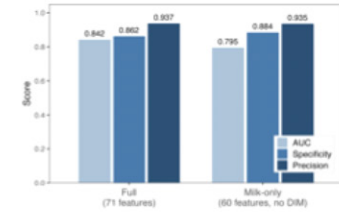
SHAP beeswarm



SHAP value

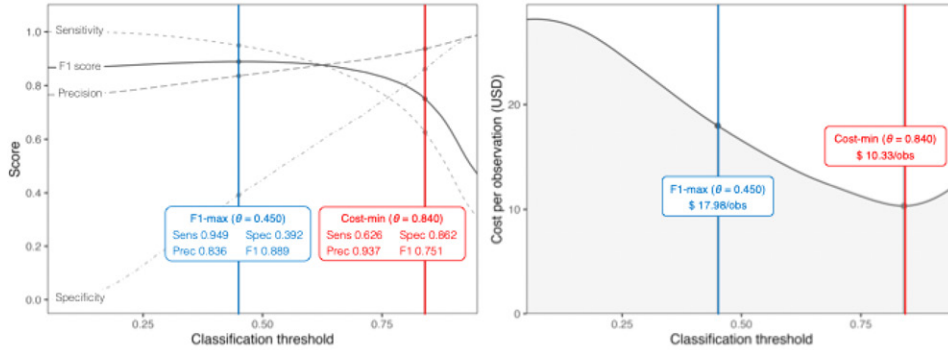


Ablation (Full vs. Milk-only)



모델 판단 근거의 정량적 분해 가능: 낙농학 지식과의 일치 확인

농가의 운영 방식에 따른 임계값 설정 가이드



농장 경제 구조 위 손해 최소화 임계점 도출: 임계점 연구의 실증

기존 워크플로우와의 완벽한 통합: 매일 작동하는 안전망

조기 초음파 진단 대체가 아닌, 초기 검사에서 누락된 개체들을 추가 비용 없이 잡아내는 백그라운드 자동화 안전망

	초음파	PAG 검사	MIR 분광법	Ensemble AI (본 연구)
한계 비용	높음	중간	높음	없음
필요 장비	초음파 기기	진단 키트	분광기	기존 유우균능력검정 시스템
진단 지연	28~45일	28~45일	즉시	3개월 데이터 누적
임상적 역할	확진	확진	스크리닝	월간 안전망

추가 장비·노동·학습 없이 매일 자동 가동: 농가 부담 없는 보완 안전망

신뢰할 만한 판별·설명 가능한 근거·운영 가능한 임계값



기존 데이터의 재활용

새로운 센서나 고가의 장비 투자 없이,
이미 매월 수집 중인 유무균능력검정
기록만으로 작동합니다



설명 가능한 생물학적 AI

단순 비유일수 예측을 넘어,
임신에 따른 유성분(유량, 유단백 등)의
궤적 변화를 과학적으로 포착합니다
(신규 농장 AUC 0.855)



검증된 경제적 ROI

1회 위양성당 \$120의 손실 구조를
반영한 최적화 알고리즘으로 정밀도
0.937를 달성하며 농장의 손실을
최소화할 수 있습니다

세 조건의 통과로 입증된 안전망의 가치: **검정 데이터 자산화의 실증**

2026년도 (사)한국축산학회 국제 연합심포지엄 및 학술발표회
스마트축산빅데이터연구회 심포지엄

마치며

AI 혁명시대 어떤 궤도를 그리고 있으신가요?



채병호 | 박사후연구원
반추동물영양학 및 축산데이터사이언스
전북대학교 반추동물영양학실형실

이 성과는 정부(교육부)의 재원으로
한국연구재단의 지원을 받아 수행된 연구임
(No. RS-2025-25437625)