

豬第 6 號染色體微衛星遺傳標記與經產母豬 產仔性能之相關性研究⁽¹⁾

廖仁寶⁽²⁾ 黃鈺嘉⁽²⁾ 賴永裕⁽²⁾ 吳明哲⁽²⁾ 張秀鑾⁽³⁾⁽⁴⁾

收件日期：102 年 9 月 25 日；接受日期：103 年 1 月 20 日

摘 要

本研究選擇在豬第 6 號染色體連鎖圖譜約佔 166 分摩根上的 10 個微衛星遺傳標記，包括 MP35、SW2406、SW2525、S0087、SW1129、SWC4、SW280、SW1881、SW322 及 SW607，用以篩檢並分析 242 頭種母豬之不同微衛星遺傳標記基因型，及其與母豬總產仔數、活仔數及仔豬存活率性狀之相關性。基因型檢測結果顯示，每個遺傳標記之交替基因分布皆有品種間的差異。以一般線性模式和最小平方平均法分析母豬個別遺傳標記交替基因與其產仔性能之相關性結果顯示，某些遺傳標記交替基因與三個品種母豬的產仔性能極顯著相關並具有正效應；其中，藍瑞斯母豬具 MP35B7 與 SW1881B1 者，其產仔性能顯著較佳；相同地，SW1129B1 與約克夏母豬產仔性能有極顯著相關且具正效應；而與杜洛克母豬產仔性能有極顯著相關且具正效應的標記則有 MP35B5、SW2406B1 及 SW1881B6。相反地，不同品種母豬具有某些交替基因，其產仔性能則會比未具有該交替基因者差。在本研究中，並未找到與盤克夏母豬產仔性能有極顯著相關且具正效應的標記交替基因。

關鍵詞：微衛星型遺傳標記、交替基因、產仔性能。

緒 言

微衛星 (microsatellite) 之別名有簡單重複序列 (simple sequence repeats, SSRs) 與短串聯重複序列 (short tandem repeats, STRs)，係指在 DNA 序列中，含有短的串聯重複的核苷酸序列，通常在 1–5 鹼基對範圍內 (Tautz and Schlötterer, 1994)，並以雙重複者最為常見，且含有多態性的交替基因。根據推估，哺乳類的基因組中約每隔 30 kb 就有一個雙核苷酸重複的序列，這些串聯重複的核苷酸序列通常位於基因組中非編碼區域，而此區域含有大量的遺傳變異度，許多物種的基因圖譜即是靠這種不知功能的微衛星型遺傳標記所建立。微衛星型遺傳標記用途廣泛且操作分析簡易，可用於數量性狀基因座 (quantitative trait loci, QTL) 定位 (Okamura *et al.*, 2012; Honkatukia *et al.*, 2013)、法醫學領域 (Butler, 2005)、親緣鑑定 (Cherel *et al.*, 2011; Hübner *et al.*, 2012) 及基因多樣性分析 (Regidor-Cerrillo *et al.*, 2013; Sharma *et al.*, 2013) 等。

母豬的產仔性能是一項重要經濟性狀，外表性狀之表現係受多個基因座之影響。國內研究發現，以豬第 8 號染色體的遺傳標記造骨蛋白 (osteopontin, OPN) 分析經產母豬基因型與其產仔性能相關性，發現具 OPN 雜合型的母豬，其第 1 產至第 6 產的仔豬存活率均較高 (廖等, 1999)。以多個豬第 1 號染色體上的微衛星型遺傳標記鑑別藍瑞斯、約克夏、杜洛克及盤克夏 4 個品種經產母豬的基因型，並與其產仔性能資料分析後，發現一些具品種差異且與產仔性能相關的候選遺傳標記，如 SW373B5、SW1301B1 及 SW1514B3 (廖等, 2006)。以多個豬第 8 號染色體上的微衛星型遺傳標記鑑別 4 個品種經產母豬的基因型，並與其產仔性能資料分析後，亦發現一些具品種差異且與產仔性能相關的候選遺傳標記，如 KS140B3、

(1) 行政院農業委員會畜產試驗所研究報告第 2100 號。

(2) 行政院農業委員會畜產試驗所遺傳育種組。

(3) 國立屏東科技大學動物科學與畜產系。

(4) 通訊作者，E-mail：hlauchang@mail.npust.edu.tw。

KS141B1, B2、KS148B2, B5, B8、KS168B3、KS188B8、KS192B5、SW61B15 及 SW1843B1, B9 (廖等, 2013)。許多研究發現, 一些候選基因或標記如動情素受體 (estrogen receptor, ESR) (Rothschild *et al.*, 1996; Short *et al.*, 1997; Muñoz *et al.*, 2010)、OPN (Hao *et al.*, 2008)、激乳素受體 (prolactin receptor, PRLR) (Vincent *et al.*, 1998)、類胰島素生長因子 2 (insulin-like growth factor 2, IGF2) (Muñoz *et al.*, 2010)、白血病抑制因子 (leukaemia inhibitory factor, LIF) (Spötter *et al.*, 2005)、裂解素 (properdin, BF) (Buske *et al.*, 2005)、視黃醇結合蛋白 4 (retinol binding protein 4, RBP4) (Muñoz *et al.*, 2010) 及促濾泡素次單位 β (follicotropin subunit beta, FSHB) (Lin *et al.*, 2006) 均與豬隻繁殖性能有關。截至目前的研究分析資料顯示, 與豬繁殖性能 (歸類於 trait class 層級) 相關的 QTL 有 803 個, 而與產仔數性狀型態 (litter size trait types) 相關的 QTL 則有 441 個 (<http://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/SS/summary>), 其中與總產仔數相關的 QTL 有 119 個 (Rothschild *et al.*, 1996; Wilkie *et al.*, 1999; King *et al.*, 2003; Buske *et al.*, 2005; Horogh *et al.*, 2005; Li *et al.*, 2009; Fernández-Rodríguez *et al.*, 2010; Stinckens *et al.*, 2010; Balcells *et al.*, 2011a, b; Lei *et al.*, 2011; Onteru *et al.*, 2011; Onteru *et al.*, 2012; Uimari *et al.*, 2011; Coster *et al.*, 2012; Fu *et al.*, 2012; Lan *et al.*, 2012; Liu and Xia, 2012; Zhao *et al.*, 2012), 分布於第 1 號 (19)、第 2 號 (11)、第 3 號 (6)、第 4 號 (2)、第 5 號 (1)、第 6 號 (4)、第 7 號 (8)、第 8 號 (4)、第 9 號 (13)、第 12 號 (6)、第 13 號 (15)、第 14 號 (7)、第 15 號 (13)、第 16 號 (2)、第 17 號 (5) 及第 18 號 (3) 染色體上 (括號內數字表示 QTL 數目), 而與活仔數相關的 QTL 則有 90 個 (Rothschild *et al.*, 1996; Cassady *et al.*, 2001; King *et al.*, 2003; Buske *et al.*, 2005; Horogh *et al.*, 2005; Tribout *et al.*, 2008; Li *et al.*, 2009; Fernández-Rodríguez *et al.*, 2010; Muñoz *et al.*, 2010; Stinckens *et al.*, 2010; Balcells *et al.*, 2011a, b; Lei *et al.*, 2011; Onteru *et al.*, 2011; Coster *et al.*, 2012; Fu *et al.*, 2012; Gunawan *et al.*, 2012; Lan *et al.*, 2012; Liu and Xia, 2012; Onteru *et al.*, 2012; Zhao *et al.*, 2012), 分布於第 1 號 (11)、第 2 號 (7)、第 3 號 (6)、第 4 號 (1)、第 5 號 (2)、第 6 號 (4)、第 7 號 (5)、第 8 號 (1)、第 9 號 (1)、第 10 號 (2)、第 11 號 (2)、第 12 號 (7)、第 13 號 (24)、第 14 號 (4)、第 15 號 (10)、第 16 號 (2) 及第 18 號 (1) 染色體上。

本研究利用豬第 6 號染色體上之微衛星遺傳標記進行種母豬之基因型鑑別, 並進行遺傳標記交替基因與母豬產仔性能之相關性分析, 冀以找出與產仔性能相關之遺傳標記交替基因。

材料與方法

I. 試驗豬隻

採集行政院農業委員會畜產試驗所育種豬場種母豬之血液, 使用 DNA 萃取套組 (Puregene DNA isolation kit, Gentra Systems, Minneapolis, MN) 萃取核內 DNA, 以供遺傳標記檢測用。試驗共分析 242 頭種母豬, 其中有 86 頭藍瑞斯豬、69 頭約克夏豬、47 頭杜洛克豬及 40 頭盤克夏豬。

II. 聚合酶連鎖反應

挑選豬第 6 號染色體上已知位置之微衛星遺傳標記 (表 1), 設計引子進行 PCR 以鑑別種母豬 DNA 之基因型。PCR 的正向引子, 其 5' 端標示有螢光物 (如 FAM、TET 或 HEX), 而反向引子則不需標示螢光物, 反應總體積為 10 μ L。PCR 反應組成分有 20 – 35 ng 模板 DNA、0.4 mM dNTP、0.25 μ M 每個引子、10 mM Tris-HCl、1.5 mM MgCl₂、50 mM KCl 和 1 U (單位) Taq 聚合酶。反應條件第一步變性: 94°C、5 min; 第二步循環增幅 35 次: 94°C、30 s; 60°C (annealing temperature, 黏合溫度)、30 s; 72°C、30 s; 第三步延長: 72°C、10 min, 其中黏合溫度因個別引子對而調整 (表 1)。

III. 交替基因之鑑別

取 1 μ L 適當稀釋後之 PCR 產物與 0.5 μ L 的 350 bp 標準品 (GeneScan 350 TAMRA Size Standard, Applied Biosystems, Warrington, UK)、0.5 μ L 載入緩衝液及 3 μ L 去離子甲醯胺混合均勻, 於 90°C 下變性 2 min 後, 立即置於冰上備用。於核酸自動定序儀 (ABI 377, Applied Biosystems, Foster City, CA) 載入 1.5 μ L 各混合樣本並電泳 2 h 後, 以 GeneScan 3.1.2 和 Genotyper 2.5 軟體 (Applied Biosystems, Foster City, CA) 分析各標記之交替基因。

IV. 統計分析

以種母豬所具有之個別遺傳標記交替基因與其產仔性能, 包括總產仔數 (total number born, TNB)、

活仔數 (number born alive, NBA) 及仔豬存活率 (survival rate)，應用 SAS 軟體一般線性模式 (general linear model, GLM) 與最小平方平均法 (least square means) 進行分析。仔豬存活率係指每胎新生仔豬於出生 48 h 後仍健壯存活者計之，並以百分比表示。

結果與討論

在豬第 6 號染色體連鎖圖譜上 166 cM (centimorgan, 分摩根) 的範圍選擇 10 個微衛星型遺傳標記，篩檢 242 頭四個不同品種的種母豬 DNA 基因型，其不同標記交替基因的頻率如表 2 所示，每個遺傳標記之交替基因分布，皆有品種間的差異。遺傳標記交替基因數目在藍瑞斯、約克夏、杜洛克及盤克夏母豬的分布，分別介於 3–9、3–11、2–8 及 3–8，而其平均交替基因數目分別為 6.1 ± 2.0 、 6.5 ± 2.3 、 4.8 ± 1.8 及 5.5 ± 1.3 ；4 個品種母豬族群的平均交替基因數目則為 5.7 ± 2.0 ，其中以約克夏種的交替基因數目變異最大。個別遺傳標記交替基因種類數目，10 個標記中有 6 個 (MP35、SW2525、SWC4、SW1881、SW322 及 SW607) 比國外參考文獻的數值大 (表 1)，1 個相同 (SW1129)，另外 3 個 (SW2406、S0087 及 SW280) 則較少。由於此部分的遺傳標記交替基因資料具累加性，故當有新的發現時，標記研究資料將隨時更新 (<http://www.marc.usda.gov/genome/swine/swine.html>)，故需留意遺傳標記數據之分析與判斷。

表 1. 本研究使用之豬第 6 號染色體微衛星型遺傳標記

Table 1. Microsatellite markers on SSC6 used in this study

Marker*	No. of alleles	Allele size (bp)	Relative position (cM)	Annealing temperature (°C)
MP35	6	159-177	0.0	68
SW2406	16	219-258	21.4	58
SW2525	12	154-180	45.9	58
S0087	17	161-220	62.8	58
SW1129	11	127-155	80.2	58
SWC4	5	153-171	82.1	58
SW280	10	202-231	100.9	58
SW1881	9	151-185	121.1	58
SW322	8	102-118	149.8	62
SW607	3	152-172	165.7	58

* Source: USDA-MARC Swine Genome Map (<http://www.marc.usda.gov/genome/swine/swine.html>).

表 2. 四個豬品種之微衛星型遺傳標記交替基因頻率

Table 2. Allele frequencies of microsatellite markers among four pig breeds

Marker	Allele	Landrace	Yorkshire	Duroc	Berkshire
MP35	B1	0	0.0075	0	0
	B2	0	0.0224	0	0
	B3	0	0	0.0111	0
	B4	0	0	0.0111	0
	B5	0.0698	0.0746	0.3222	0
	B6	0.0058	0.0149	0.0333	0.1250
	B7	0.0756	0.4478	0	0.0125
	B8	0.2326	0.2761	0.0111	0.4625
	B9	0.0233	0	0	0
	B10	0.0291	0	0.0222	0.0250
	B11	0.0116	0	0.0556	0.0125
	B12	0.5523	0.1567	0.5333	0.3000

Marker	Allele	Landrace	Yorkshire	Duroc	Berkshire
SW2406	B1	0.0476	0	0.0745	0
	B2	0.7560	0.1594	0.6064	0.0875
	B3	0	0	0	0.0500
	B4	0.1488	0.3043	0	0.8250
	B5	0	0	0	0.0250
	B6	0.0476	0.4420	0.3191	0.0125
	B7	0	0.0072	0	0
	B8	0	0.0797	0	0
	B9	0	0.0072	0	0
SW2525	B1	0	0	0.0109	0.0125
	B2	0.0059	0.0217	0	0
	B3	0.1000	0	0.2500	0
	B4	0.3353	0.3551	0.1522	0
	B5	0.1000	0.0290	0	0
	B6	0.0059	0.0072	0.0109	0
	B7	0.0294	0.2826	0.1739	0.2000
	B8	0.3647	0.2391	0.3804	0.2750
	B9	0	0.0072	0	0
	B10	0.0059	0.0072	0.0217	0.0375
	B11	0	0.0072	0	0.0125
	B12	0	0.0290	0	0.0375
	B13	0	0	0	0.3875
	B14	0.0529	0.0145	0	0.0375
S0087	B1	0.3372	0.1103	0	0
	B2	0.6512	0.7059	0.8667	0.6410
	B3	0.0116	0.1838	0.1333	0
	B4	0	0	0	0.2564
	B5	0	0	0	0.1026
SW1129	B1	0	0.1449	0	0
	B2	0.0060	0.0290	0	0
	B3	0.1726	0.3261	0.0217	0.0897
	B4	0.0179	0.0072	0.1630	0.3974
	B5	0.3214	0.0217	0.2391	0.0641
	B6	0	0.0072	0.0652	0
	B7	0.1667	0.1884	0.5109	0
	B8	0	0.0145	0	0
	B9	0	0.0072	0	0.0128
	B10	0.3155	0.2536	0	0.3974
	B11	0	0	0	0.0385
SWC4	B1	0.0058	0	0	0
	B2	0.0058	0	0	0
	B3	0.2791	0	0.0109	0
	B4	0.0116	0	0	0.0132
	B5	0.0174	0.0435	0.1196	0.1053
	B6	0.0058	0.0145	0	0.0132
	B7	0.3314	0.5942	0.8261	0.7105
	B8	0.0640	0.3478	0.0109	0.0132
	B9	0.2791	0	0.0109	0.1447
	B10	0	0	0.0217	0

Marker	Allele	Landrace	Yorkshire	Duroc	Berkshire
SW280	B1	0.0581	0	0.0222	0.0513
	B2	0.6047	0.0725	0.9333	0.3205
	B3	0.0523	0.1594	0	0.6154
	B4	0.2384	0.5507	0.0444	0
	B5	0	0	0	0.0128
	B6	0	0.0435	0	0
	B7	0	0.1014	0	0
	B8	0	0.0725	0	0
	B9	0.0465	0	0	0
SW1881	B1	0.2765	0	0.1087	0
	B2	0	0.0145	0	0
	B3	0.0235	0.3623	0	0.0250
	B4	0	0	0.0109	0.0375
	B5	0	0.2464	0	0.3125
	B6	0.2588	0.0652	0.7174	0.3250
	B7	0	0	0.0652	0
	B8	0.2353	0.0072	0	0.2500
	B9	0	0.3043	0	0
	B10	0.2059	0	0.0978	0.0500
SW322	B1	0.0061	0	0	0
	B2	0.0488	0.2246	0.2619	0.0625
	B3	0	0.0072	0	0
	B4	0	0	0	0.0250
	B5	0.1220	0.0217	0	0.4875
	B6	0.4268	0.2319	0.1905	0.3375
	B7	0.2012	0.3696	0.2024	0.0500
	B8	0.0122	0	0	0
	B9	0.1829	0	0.0119	0
	B10	0	0.1377	0.3333	0.0375
	B11	0	0.0072	0	0
SW607	B1	0.0058	0.0072	0	0
	B2	0	0	0.0319	0.0375
	B3	0	0	0	0.0375
	B4	0.5000	0.4783	0.8298	0.8375
	B5	0	0.2029	0.1277	0.0375
	B6	0.0058	0	0	0
	B7	0.4070	0	0	0
	B8	0	0.0072	0	0
	B9	0.0814	0.3043	0.0106	0.0500

以一般線性模式與最小平方平均法分析母豬個別遺傳標記交替基因與其產仔性能之相關性時發現，除盤克夏母豬外，許多遺傳標記的交替基因與藍瑞斯、約克夏及杜洛克母豬有極顯著的相關性，然而這些交替基因可能是具有利與不利的效應。在母豬 TNB 性狀與各交替基因相關性的分析中 (表 3)，MP35B7、SW1881B1 及 SW1881B6 與藍瑞斯母豬有極顯著的相關性 ($P < 0.01$)，並具有正效應。SW1129B1 與約克夏母豬有極顯著的相關性 ($P < 0.001$) 且具有正效應。與杜洛克母豬有極顯著的相關性 ($P < 0.01$) 並具正效應的遺傳標記交替基因則有 SW2406B1 和 SW1881B6。此外，SW280B4 對約克夏母豬 TNB 性狀有極顯著相關性 ($P < 0.01$) 但具負效應。其餘尚有一些與各品種母豬有顯著相關 ($P < 0.05$) 且具正效應或負效應之相關遺傳標記，如 SW2525、S0087、SWC4、SW280、SW322 及 SW607。

在母豬 NBA 性狀與個別遺傳標記交替基因的相關分析中 (表 4)，得知與品種有極顯著相關性 ($P < 0.01$) 之交替基因分別為：對藍瑞斯品種呈正效應者為 MP35B7，呈負效應者則為 SW1129B5；對約克夏品種呈正效應者為 SW1129B1，呈負效應者有 SW2525B7 和 SW280B4；對杜洛克品種呈正效應者為 MP35B5 與 SW2406B1。

仔豬存活率亦為豬育種時需考量的重要經濟性狀之一，在母豬仔豬存活率性能與個別遺傳標記交替基因的相關性分析中，亦可找到品種特異的遺傳標記交替基因 (表 5)。與藍瑞斯種有極顯著相關 ($P < 0.01$) 並具負效應者為 SW1129B5；與約克夏種有極顯著相關並具正效應者為 SW607B2，呈負效應者有 SW2525B7、SW280B4 及 SW280B7；與杜洛克種有極顯著相關且具正效應的有 MP35B5 和 SW1881B10。

綜合以上結果，雖然在本研究中未發現有任何單獨一個遺傳標記與供試的 4 個品種母豬產仔性能均有極顯著的相關性並具正效應者，但是，仍可將各種分析結果 (表 3、表 4、表 5) 當作未來擴大種母豬族群篩檢各相關交替基因並評估其效應時之參考。例如 SW1881B6 對藍瑞斯與杜洛克母豬 TNB 性狀有極顯著相關性且具正效應；SW1129B1 對約克夏母豬 TNB 性狀有極顯著相關性 ($P < 0.001$) 且具正效應；MP35B7 對藍瑞斯母豬 TNB 性狀有極顯著相關性 ($P < 0.001$) 且具正效應。這些檢測分析而得具正效應且極顯著相關性的標記交替基因資料，應極具進一步應用的參考價值。

Wilkie *et al.* (1999) 利用微衛星型遺傳標記分析 304 頭梅山與約克夏雜交豬，結果在第 6 號染色體 89.3 – 110.4 cM 區域找到與 TNB 與 NBA 相關的 QTL。Oteru *et al.* (2012) 應用 SNP (single nucleotide polymorphism, 單核苷酸多態性) 晶片分析大白 (Large White) 與藍瑞斯雜交豬，並在第 6 號染色體 145.31 – 145.78 cM 區域找到與 TNB 與 NBA 相關的 QTL。Liu and Xia (2012) 分析大白與藍瑞斯母豬第 6 號染色體連鎖圖譜 87 cM 上之 LCK (lymphocyte-specific protein tyrosine kinase) 基因型，結果發現有一個 SNP 與母豬之產仔性能極顯著相關，而此 SNP 為 LCK mRNA 嘌呤置換突變 A1127G。本研究在第 6 號染色體分析所得與 TNB 性狀極顯著相關的標記有 MP35、SW2406、SW1129、SW280 及 SW1881；與 NBA 性狀極顯著相關的標記 MP35、SW2406、SW2525、SW1129 及 SW280 及；與仔豬存活率性狀極顯著相關的標記有 MP35、SW2525、SW1129、SW280、SW1881 及 SW607，與 3 種性狀皆相關的標記有 MP35 與 SW1129，此 2 標記分別位於連鎖圖譜的 0 與 80.2 cM 處，本研究結果有別於上述 3 篇外國研究報告。

表 3. 微衛星遺傳標記交替基因與四個品種經產母豬總產仔數之相關性

Table 3. The association between microsatellite marker allele and TNB of parous sows among four pig breeds

Marker allele	TNB			
	Landrace	Yorkshire	Duroc	Berkshire
MP35B7 ⁺	11.81 ± 1.25 ^{**} (26)	7.08 ± 0.88 (180)	—	—
MP35B7 ⁻	10.13 ± 1.00 (259)	7.69 ± 0.68 (114)	—	—
SW2406B1 ⁺	9.71 ± 1.24 (14)	—	9.80 ± 0.59 ^{**} (19)	—
SW2406B1 ⁻	9.97 ± 0.89 (258)	—	7.39 ± 0.28 (181)	—
SW1129B1 ⁺	—	14.50 ± 2.49 ^{***} (78)	—	—
SW1129B1 ⁻	—	12.87 ± 2.33 (225)	—	—
SW280B4 ⁺	7.96 ± 0.95 (76)	7.09 ± 0.99 (197)	8.45 ± 0.75 (11)	—
SW280B4 ⁻	7.88 ± 0.66 (206)	8.17 ± 0.76 ^{**} (106)	8.11 ± 0.18 (185)	—
SW1881B1 ⁺	9.30 ± 0.85 ^{**} (153)	—	9.30 ± 0.85 (31)	—
SW1881B1 ⁻	8.00 ± 0.69 (129)	—	8.00 ± 0.69 (162)	—
SW1881B6 ⁺	9.45 ± 0.86 ^{**} (107)	9.28 ± 1.18 (25)	9.05 ± 0.66 ^{**} (183)	6.29 ± 1.09 (85)
SW1881B6 ⁻	8.00 ± 0.68 (175)	8.08 ± 0.97 (278)	6.00 ± 0.92 (10)	7.05 ± 0.89 (56)

“⁺” means with such an allele; “⁻” means without such an allele.

“—” means not found.

(#) means number of litters analyzed.

^{**}: $P < 0.01$, ^{***}: $P < 0.001$.

表 4. 遺傳標記交替基因與四個品種經產母豬活仔數之相關性

Table 4. The association between microsatellite marker allele and NBA of parous sows among four pig breeds

Marker allele	NBA			
	Landrace	Yorkshire	Duroc	Berkshire
MP35B5 ⁺	10.81 ± 1.02 (40)	6.17 ± 0.93 (42)	4.68 ± 2.43 ^{**} (112)	5.53 ± 1.47 (10)
MP35B5 ⁻	11.13 ± 1.21 (245)	6.24 ± 0.71 (252)	3.42 ± 2.30 (80)	6.92 ± 1.00 (131)
MP35B7 ⁺	11.25 ± 1.22 ^{***} (26)	5.87 ± 0.92 (180)	—	—
MP35B7 ⁻	9.36 ± 0.97 (259)	6.54 ± 0.71 (114)	—	—
SW2406B1 ⁺	8.70 ± 1.24 (14)	—	8.34 ± 0.64 ^{**} (19)	—
SW2406B1 ⁻	8.08 ± 0.89 (258)	—	5.86 ± 0.30 (181)	—
SW2525B7 ⁺	—	6.24 ± 2.09 (11)	—	—
SW2525B7 ⁻	—	9.44 ± 1.89 ^{***} (292)	—	—
SW1129B1 ⁺	—	12.51 ± 2.62 ^{**} (78)	—	—
SW1129B1 ⁻	—	11.07 ± 2.44 (225)	—	—
SW1129B5 ⁺	6.12 ± 1.49 (185)	11.67 ± 2.73 (7)	7.17 ± 0.90 (76)	6.34 ± 1.31 (12)
SW1129B5 ⁻	7.48 ± 1.38 ^{**} (96)	11.90 ± 2.40 (296)	6.64 ± 0.69 (117)	6.72 ± 0.88 (123)
SW280B4 ⁺	7.53 ± 0.94 (76)	4.89 ± 1.17 (197)	5.90 ± 0.81 (11)	—
SW280B4 ⁻	7.11 ± 0.65 (206)	6.24 ± 0.80 ^{**} (106)	6.55 ± 0.19 (185)	—

“+” means with such an allele; “-” means without such an allele.

“-” means not found.

(#) means number of litters analyzed.

^{**}: P < 0.01, ^{***}: P < 0.001.

表 5. 遺傳標記交替基因與四個品種經產母豬仔豬存活率之相關性

Table 5. The association between microsatellite marker allele and the survival rate of piglets of parous sows among four pig breeds

Marker allele	Survival rate of piglets			
	Landrace	Yorkshire	Duroc	Berkshire
MP35B5 ⁺	94.05 ± 7.63 (40)	—	34.29 ± 18.12 ^{**} (112)	83.33 ± 13.39 (10)
MP35B5 ⁻	89.93 ± 6.40 (245)	—	27.02 ± 17.16 (80)	85.81 ± 9.08 (131)
SW2525B7 ⁺	—	54.69 ± 14.70 (11)	—	—
SW2525B7 ⁻	—	82.55 ± 13.33 ^{***} (292)	—	—
SW1129B5 ⁺	78.19 ± 9.52 (185)	80.33 ± 19.83 (7)	82.93 ± 7.08 (76)	94.08 ± 11.31 (12)
SW1129B5 ⁻	86.61 ± 8.85 ^{**} (96)	92.71 ± 17.48 (296)	80.00 ± 5.46 (117)	90.16 ± 7.65 (123)
SW280B4 ⁺	93.68 ± 6.00 (197)	63.46 ± 8.36 (197)	68.56 ± 6.18 (11)	—
SW280B4 ⁻	89.35 ± 4.18 (106)	73.03 ± 5.70 ^{**} (106)	79.86 ± 1.49 (185)	—
SW280B7 ⁺	—	59.64 ± 9.17 (17)	—	—
SW280B7 ⁻	—	76.85 ± 5.21 ^{**} (286)	—	—
SW1881B8 ⁺	79.40 ± 5.01 (136)	49.78 ± 11.31 (4)	—	97.04 ± 9.81 (67)
SW1881B8 ⁻	80.93 ± 4.41 (146)	82.47 ± 5.96 ^{***} (299)	—	91.62 ± 7.54 (74)
SW1881B10 ⁺	78.84 ± 5.18 (115)	—	91.20 ± 6.43 ^{**} (35)	94.57 ± 12.52 (6)
SW1881B10 ⁻	81.49 ± 4.21 (167)	—	79.32 ± 5.07 (268)	94.09 ± 5.82 (135)
SW607B2 ⁺	95.31 ± 4.95 (205)	96.24 ± 10.42 ^{**} (218)	89.26 ± 11.20 (191)	79.03 ± 10.10 (137)
SW607B2 ⁻	90.58 ± 4.03 (80)	88.85 ± 10.23 (78)	91.29 ± 13.21 (9)	83.78 ± 14.44 (4)

“+” means with such an allele; “-” means without such an allele.

“-” means not found.

(#) means number of litters analyzed.

^{**}: P < 0.01, ^{***}: P < 0.001.

豬繁殖性狀係屬多基因的表現，故難以找到單一且非常有效的遺傳標記，以供種豬選育用。目前的研究資料庫顯示，與豬繁殖性狀相關的 QTL 多達 803 個 (<http://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/SS/summary>)。國際上豬基因體研究團隊完成豬全基因體 DNA 序列解析工作，並初步完成基因體序列的註解 (Archibald *et al.*, 2010)。然而所註解可能的 2 萬至 3 萬個基因中，絕大部分的基因功能屬於未知狀態。以全基因體掃描分析方式研究愈多豬種參考族群，則未來將可發現愈多與豬繁殖性狀相關的 QTL。因此，將發現的 QTL 對照於基因體註解的基因，亦為註解基因可能功能的一種方式。應用遺傳標記輔助選拔策略，將可縮短豬種育種時程，並可針對仔豬早期評估其具有良好性狀之遺傳潛力，如此亦能節省評估種豬之成本與更具明確的遺傳依據。

誌 謝

感謝本組育種場、實驗室及資訊室多位同仁之協助，得以讓本研究完成，謹申謝忱。

參考文獻

- 廖仁寶、張秀鑾、賴永裕、劉錦條、吳明哲。1999。母豬造骨蛋白遺傳型對新生仔豬存活率之影響。中畜會誌 28：33–39。
- 廖仁寶、黃鈺嘉、賴永裕、顏念慈、吳明哲、張秀鑾。2006。以豬第一號染色體微衛星型遺傳標記交替基因頻率與序列比較經產母豬產仔性能。畜產研究 39：99–110。
- 廖仁寶、黃鈺嘉、賴永裕、吳明哲、張秀鑾。2013。豬第 8 號染色體微衛星型遺傳標記與經產母豬產仔性能之相關性研究。畜產研究 46：21–32。
- Archibald, A. L., L. Bolund, C. Churcher, M. Fredholm, M. A. Groenen, B. Harlizius, K. T. Lee, D. Milan, J. Rogers, M. F. Rothschild, H. Uenishi, J. Wang, L. B. Schook and the Swine Genome Sequencing Consortium. 2010. Pig genome sequence--analysis and publication strategy. BMC Genomics 11: 438.
- Balcells, I., A. Castello, A. Mercade, J. L. Noguera, A. Fernandez-Rodriguez, A. Sanchez and A. Tomas. 2011a. Analysis of porcine MUC4 gene as a candidate gene for prolificacy QTL on SSC13 in an Iberian x Meishan F2 population. BMC Genet. 12: 93.
- Balcells, I., A. Castello, J. L. Noguera, A. Fernandez-Rodriguez, A. Sanchez and A. Tomas. 2011b. Sequencing and gene expression of the porcine ITIH SSC13 cluster and its effect on litter size in an Iberian x Meishan F2 population. Anim. Reprod. Sci. 128: 85–92.
- Buske, B., C. Brunsch, K. Zeller, P. Reinecke and G. Brockmann. 2005. Analysis of properdin (BF) genotypes associated with litter size in a commercial pig cross population. J. Anim. Breed. Genet. 122: 259–263.
- Butler, J. M. 2005. Forensic DNA Typing: Biology, Technology, and Genetics of STR Markers, 2nd ed., Academic Press.
- Cassady, J. P., R. K. Johnson, D. Pomp, G. A. Rohrer, L. D. Van Vleck, E. K. Spiegel and K. M. Gilson. 2001. Identification of quantitative trait loci affecting reproduction in pigs. J. Anim. Sci. 79: 623–633.
- Cherel, P., J. Glénisson and J. Pires. 2011. Tetranucleotide microsatellites contribute to a highly discriminating parentage test panel in pig. Anim. Genet. 42: 659–661.
- Coster, A., O. Madsen, H. C. Heuven, B. Dibbits, M. A. Groenen, J. A. van Arendonk and H. Bovenhuis. 2012. The imprinted gene DIO3 is a candidate gene for litter size in pigs. PloS one 7: e31825.
- Fernández-Rodríguez, A., C. Rodríguez, L. Varona, I. Balcells, J. L. Noguera, C. Ovilo and A. I. Fernández. 2010. Analysis of candidate genes underlying two epistatic quantitative trait loci on SSC12 affecting litter size in pig. Anim. Genet. 41: 73–80.
- Fu, Y., J. Fu and A. Wang. 2012. Association of EphA4 polymorphism with swine reproductive traits and mRNA expression of EphA4 during embryo implantation. Mol. Biol. Rep. 39: 2689–2696.

- Gunawan, A., M. Cinar, M. Uddin, K. Kaewmala, D. Tesfaye, C. Phatsara, E. Tholen, C. Looft and K. Schellander. 2012. Investigation on association and expression of ESR2 as a candidate gene for boar sperm quality and fertility. *Reprod. Domest. Anim.* 47: 782–790.
- Hao, Y., C. N. Murphy, L. Spate, D. Wax, Z. Zhong, M. Samuel, N. Mathialagan, H. Schatten and R. S. Prather. 2008. Osteopontin improves *in vitro* development of porcine embryos and decreases apoptosis. *Mol. Reprod. Dev.* 75: 291–298.
- Honkatukia, M., M. Tuiskula-Haavisto, J. Arango, J. Tabell, M. Schmutz, R. Preisinger and J. Vilkki. 2013. QTL mapping of egg albumen quality in egg layers. *Genet. Sel. Evol.* 45: 31.
- Horogh, G., A. Zsolnai, I. Komiósi, A. Nyíri, I. Anton and L. Fésüs. 2005. Oestrogen receptor genotypes and litter size in Hungarian Large White pigs. *J. Anim. Breed Genet.* 122: 56–61.
- Hübner, K., M. Gonzalez-Wanguemert, O. E. Diekmann and E. A. Serrão. 2012. Power of exclusion of 19 microsatellite markers for parentage testing in river buffalo (*Bubalus bubalis*). *Mol. Biol. Rep.* 39: 8217–8223.
- King, A. H., Z. Jiang, J. P. Gibson, C. S. Haley and A. L. Archibald. 2003. Mapping quantitative trait loci affecting female reproductive traits on porcine chromosome 8. *Biol. Reprod.* 68: 2172–2179.
- Lan, J., J. Zhao and Y. Liu. 2012. Molecular cloning, sequence characterization, polymorphism and association analysis of porcine ROPN1 gene. *Mol. Biol. Rep.* 39: 2739–2743.
- Lei, B., S. Gao, L. F. Luo, X. Y. Xia, S. W. Jiang, C. Y. Deng, Y. Z. Xiong and F. E. Li. 2011. A SNP in the miR-27a gene is associated with litter size in pigs. *Mol. Biol. Rep.* 38: 3725–3729.
- Li, K., J. Ren, Y. Xing, Z. Zhang, J. Ma, Y. Guo and L. Huang. 2009. Quantitative trait loci for litter size and prenatal loss in a White Duroc x Chinese Erhualian resource population. *Anim. Genet.* 40: 963–966.
- Lin, C. L., S. Ponsuksili, E. Tholen, D. G. Jennen, K. Schellander and K. Wimmers. 2006. Candidate gene markers for sperm quality and fertility of boar. *Anim. Reprod. Sci.* 92: 349–363.
- Liu, Y. and X. Xia. 2012. Molecular characterization, tissue expression, polymorphism and association of porcine LCK gene. *Mol. Biol. Rep.* 39: 4023–4028.
- Muñoz, M., A. I. Fernández, C. Ovilo, G. Muñoz, C. Rodriguez, A. Fernández, E. Alves and L. Silió. 2010. Non-additive effects of RBP4, ESR1 and IGF2 polymorphisms on litter size at different parities in a Chinese-European porcine line. *Genet. Sel. Evol.* 42: 23.
- Okamura, T., W. Onodera, T. Tayama, H. Kadowaki, C. Kojima-Shibata, E. Suzuki, Y. Uemoto, S. Mikawa, T. Hayashi, T. Awata, N. Fujishima-Kanaya, A. Mikawa, H. Uenishi and K. Suzuki. 2012. A genome-wide scan for quantitative trait loci affecting respiratory disease and immune capacity in Landrace pigs. *Anim. Genet.* 43: 721–729.
- Onteru, S. K., B. Fan, M. T. Nikkilä, D. J. Garrick, K. J. Stalder and M. F. Rothschild. 2011. Whole-genome association analyses for lifetime reproductive traits in the pig. *J. Anim. Sci.* 89: 988–995.
- Onteru, S. K., B. Fan, Z. Q. Du, D. J. Garrick, K. J. Stalder and M. F. Rothschild. 2012. A whole-genome association study for pig reproductive traits. *Anim. Genet.* 43: 18–26.
- Regidor-Cerrillo, J., F. Díez-Fuertes, A. García-Culebras, D. P. Moore, M. González-Warleta, C. Cuevas, G. Schares, F. Katzer, S. Pedraza-Díaz, M. Mezo and L. M. Ortega-Mora. 2013. Genetic diversity and geographic population structure of bovine *Neospora caninum* determined by microsatellite genotyping analysis. *PLoS One* 8: e72678.
- Rothschild, M., C. Jacobson, D. Vaske, C. Tuggle, L. Wang, T. Short, G. Eckardt, S. Sasaki, A. Vincent, D. McLaren, O. Southwood, H. van der Steen, A. Mileham and G. Plastow. 1996. The estrogen receptor locus is associated with a major gene influencing litter size in pigs. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 93: 201–205.
- Sharma, R., A. Maitra, P. K. Singh and M. S. Tania. 2013. Genetic diversity and relationship of cattle populations of East India: distinguishing lesser known cattle populations and established breeds based on STR markers. *Springerplus* 2: 359.
- Short, T. H., M. F. Rothschild, O. I. Southwood, D. G. McLaren A. DeVries, H. van der Steen, G. R. Eckardt, C. K. Tuggle, J. Helm, D. A. Vaske, A. J. Mileham and G. S. Plastow. 1997. Effect of the estrogen receptor locus on

- reproduction and production traits in four commercial pig lines. *J. Anim. Sci.* 75: 3138–3142.
- Spötter, A., C. Drögemüller, H. Hamann and O. Distl. 2005. Evidence of a new leukemia inhibitory factor-associated genetic marker for litter size in a synthetic pig line. *J. Anim. Sci.* 83: 2264–2270.
- Stinckens, A., P. Mathur, S. Janssens, V. Bruggeman, O. M. Onagbesan, M. Schroyen, G. Spincemaille, E. Decuyper, M. Georges and N. Buys. 2010. Indirect effect of IGF2 intron3 g.3072G>A mutation on prolificacy in sows. *Anim. Genet.* 41: 493–498.
- Tautz, D. and C. Schlötterer. 1994. Simple sequences. *Curr. Opin. Genet.* 4: 832–837.
- Tribout, T., N. Iannuccelli, T. Druet, H. Gilbert, J. Riquet, R. Gueblez, M. J. Mercat, J. P. Bidanel, D. Milan and P. Le Roy. 2008. Detection of quantitative trait loci for reproduction and production traits in Large White and French Landrace pig populations. *Genet. Sel. Evol.* 40: 61–78.
- Uimari, P., A. Sironen and M. L. Sevón-Aimonen. 2011. Whole-genome SNP association analysis of reproduction traits in the Finnish Landrace pig breed. *Genet. Sel. Evol.* 43: 42.
- Vincent, A., L. Wang, C. K. Tuggle, M. Yerle and M. F. Rothschild. 1998. Linkage and physical mapping of prolactin to porcine chromosome 7. *Anim. Genet.* 29: 27–29.
- Wilkie, P. J., A. A. Paszek, C. W. Beattie, L. J. Alexander, M. B. Wheeler and L. B. Schook. 1999. A genomic scan of porcine reproductive traits reveals possible quantitative trait loci (QTLs) for number of corpora lutea. *Mamm. Genome* 10: 573–578.
- Zhao, J., J. Lan and Y. Liu. 2012. Characterization, expression profile, polymorphism and association of porcine NAT9 gene. *Mol. Biol. Rep.* 39: 3137–3142.

The association study of microsatellite markers on swine chromosome 6 and the litter performance of parous sows⁽¹⁾

Ren-Bao Liaw⁽²⁾ Yu-Chia Huang⁽²⁾ Yong-Yu Lai⁽²⁾
Ming-Che Wu⁽²⁾ and Hsiu-Lan Chang⁽³⁾⁽⁴⁾

Received: Sep. 25, 2013; Accepted: Jan. 20, 2014

Abstract

A total of ten microsatellite markers including MP35, SW2406, SW2525, S0087, SW1129, SWC4, SW280, SW1881, SW322, and SW607 spread on swine chromosome 6 (SSC6) were used to genotype 242 parous sows, including Landrace, Yorkshire, Duroc and Berkshire breeds. These markers spanned about 166 cM on the linkage map of SSC6. Three traits including total number born (TNB), number born alive (NBA), and the corresponding survivability of piglets were collected and analyzed in this study. The result indicated that there were significant breed effects in the distribution of allele frequencies for all markers analyzed. The relationship between litter performances described above and the presence of individual allele for parous sows in Landrace, Yorkshire and Duroc breeds were studied. Both positive and negative effects of alleles on sows' performances were observed. The marker-allele groups, i.e. MP35B7 and SW1881B1, SW2406B1, and MP35B5, SW2406B1, and SW1881B6 were beneficial for Landrace, Yorkshire, and Duroc sows, respectively. However, alleles with negative effects on sows' litter performances were also found. Furthermore, no specific marker allele was found to be significantly related to Berkshire sows in this study.

Key words: Microsatellite marker, Linkage map, Litter performance.

(1) Contribution No. 2100 from Livestock Research Institute, Council of Agriculture, Executive Yuan.

(2) Breeding and Genetics Division, COA-LRI, Hsinhua, Tainan 71246, Taiwan, R. O. C.

(3) Department of Animal Science, National Pingtung University of Science & Technology, Pingtung 91201, Taiwan, R. O. C.

(4) Corresponding author, E-mail: hlchang@mail.npust.edu.tw.

