

梅山與杜洛克雜交仔豬之選育黑毛色遺傳⁽¹⁾

張伸彰⁽²⁾ 許晉賓⁽³⁾ 林旻蓉⁽⁴⁾ 黃憲榮⁽²⁾ 王漢昇⁽²⁾
李秀蘭⁽²⁾ 林正鏞⁽²⁾ 王治華⁽⁵⁾ 吳明哲⁽⁶⁾ 張秀鑾⁽⁷⁾⁽⁸⁾

收件日期：106 年 4 月 12 日；接受日期：106 年 8 月 7 日

摘 要

本試驗旨在應用梅山豬與杜洛克豬雜交，選育其具黑毛色豬隻做為臺灣黑豬新品種，故著重杜洛克豬種生長佳特性與配梅山豬種之繁殖性能佳，試驗期間收集各世代出生仔豬毛色。應用 66 頭杜洛克與 65 頭梅山豬進行雜交，98.7% (695/704) F_1 代豬隻屬黑毛色系， F_2 代後裔仔豬出生毛色分類為全黑色 (B)、黑底金斑 (L)、紅底金斑 (Q) 及全紅色 (R) 等四種。 F_1 至 F_4 代均選留黑毛色系後裔且繁殖性能較佳者，進行同世代配種繁殖。應用葉氏卡方連續性校正值 (X^2_c) 進行 F_2 至 F_5 代仔豬毛色分離率適合性檢定，其中 F_2 與 F_3 仔豬出生時毛色分布卡方校正值符合遺傳分離率；故符合 E (*MC1R*) 基因座梅山黑毛色對杜洛克紅毛色為顯性之假說。然 F_4 與 F_5 代仔豬毛色表型分布與單因子毛色控制基因之期望分離比不一致，暗示其毛色表現可能牽涉到其他基因 (可能非 *KIT* 基因) 之 (共同) 調控，此是否與 E 基因座與鼠栗色基因座間之非上位性交感效應有關，仍有待進一步探討。

關鍵詞：毛色遺傳、雜交、杜洛克豬、梅山豬。

緒 言

十九世紀前期歐洲進行豬隻毛色遺傳研究，多偏重於歐美白色豬隻品系；隨後亦針對引進之中國豬種進行評估。依據研究可區分豬隻毛色表型可為野生型、全黑色、全紅色、黑斑點、黑中帶白點、有帶型及全白色等七種型式；而綜合不同品種豬隻雜交試驗之毛色調查結果顯示，豬隻毛色影響基因座包括 A、C、D、E、He、I、Be 與 R 等八個基因座 (Ollivier and Sellier, 1982; Legault, 1998)。近年來分子生物學快速發展，相關技術已陸續應用於毛色相關基因定位，如顯性白 *KIT* Proto-Oncogene Receptor Tyrosine Kinase (*KIT*) 基因與黑素皮質激素受體 1 (melanocortin 1 receptor; *MC1R*) 基因 (Robbins *et al.*, 1993)。*KIT* 基因為歷經歐洲百餘年白色系豬隻選拔後，進行歐洲野豬與大白豬雜交試驗，配合分子生物技術之應用，定位於第八號染色體上且定義為顯性白基因；其為雜交 F_2 代後裔豬隻之野生型、白色具黑斑與紅色具黑斑三種毛色表型之主要影響基因 (Johansson *et al.*, 1992; Johansson Moller *et al.*, 1996)。

依 Hetzer's 命名原則，E、 E^P 與 e 分別為表現全黑色、黑斑點與全紅色之交替基因，而顯性順序為 $E/E^P/e$ (Carr-Saunders, 1922; Koßwig and Ossent, 1931; Hetzer, 1945a-d, 1946; Legault, 1998)，因此，豬隻紅與黑毛色有關 E 基因座之三個交替基因。E 基因座已定位於豬第六號染色體短臂近末梢 S0035 標記區 (Mariani *et al.*, 1996)，其與 *MC1R* 編碼和黑色素細胞表現有關，且被認為是 E 基因座之候選基因 (Kijas *et al.*, 1998, 2001)。*MC1R* 為 G-protein-coupled 受體，其具發送信息決定黑色素細胞是否產生黑色之真黑色素或產生紅 / 黃色之褐黑色素之功能，故與豬隻紅和黑毛色表現有關。當黑色素細胞激素配體與 *MC1R* 結合時，將促使黑色素產生。相反地，當 agouti peptide 與 *MC1R* 結合時，則會抑制訊息傳導，進而使黑色素細胞產生紅色素。多數哺乳類之野生型毛色係由紅與黑色素綜合組成，Kijas 等 (2001) 進行序列分析時，發現五個對應於 E 基因座之 *MC1R* 交替基因；即野豬之野生型 (E^+E^+) 毛色基因 (*MC1R* × 1 或 × 5)、大黑豬與梅山豬之顯性黑色 ($E^{D1}E^{D1}$) 基因為 (*MC1R* × 2)、漢布夏豬 ($E^{D2}E^{D2}$) 則有 (*MC1R* × 3)，以及杜洛

(1) 行政院農業委員會畜產試驗所研究報告第 2571 號。

(2) 行政院農業委員會畜產試驗所高雄種畜繁殖場。

(3) 行政院農業委員會畜產試驗所臺東種畜繁殖場。

(4) 行政院農業委員會畜產試驗所彰化種畜繁殖場。

(5) 行政院農業委員會畜產試驗所副所長室。

(6) 行政院農業委員會畜產試驗所遺傳育種組。

(7) 國立屏東科技大學動物科學與畜產系。

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

克豬之隱性 (ee) 紅色 ($MC1R \times 4$) 基因。此外，部分顯性黑擴散基因 (E^F)，則被認為與豬隻黑斑表型有關 (Kijas *et al.*, 1998)。家畜斑紋毛色相關研究指出，仔豬金斑條紋主要係因鼠栗色 (*Agouti*) 基因座上野生型交替基因 (A) 所致 (Kopwig and Ossent, 1931)，而多數現代豬種則具有非野生型交替基因 (a)。Warwick (1926) 進行波中豬與杜洛克正反交後裔豬毛色試驗指出，波中豬黑毛色為單一顯性基因所致，但其外觀黑毛程度受到其他基因調控；推測其中數個基因可能與雜交後裔豬之紅色表現程度有關。Hetzer (1945a; b; c; d; 1946) 調查包括藍瑞絲、約克夏、杜洛克、盤克夏、大黑豬與波中豬等品種雜交後裔毛色變異推測，雜交產生之金斑條紋後裔仔豬，並非是鼠栗色基因座上 A 交替基因所致，而與其他毛色相關基因座之共同調控有關。此外，法國農業研究院探討法國西部豬種改良中心與巴布亞新幾內亞當地豬種之毛色變異顯示，除 E 基因座外，鼠栗色與棕色 (Brown) 基因座亦可能與棕 / 黑色斑之毛色表現有關，且當地巴布亞新幾內亞豬種之具鼠栗色野生型 (A) 交替基因者較具黑色非野生型 (a) 基因者為多 (Lauvergne and Canope, 1979; Lauvergne *et al.*, 1982)。

行政院農業委員會畜產試驗所 (以下簡稱畜試所) 於 1994 年自日本引進梅山豬種進行繁殖性能觀察，並於 1997 年開始進行梅山豬與杜洛克豬雜交試驗，期培育適合臺灣氣候環境之多產黑毛豬—高畜黑豬。因此，本試驗旨在探討梅山與杜洛克雜交後裔豬之毛色類型及其遺傳分離情況。

材料與方法

I. 配種組合

梅山豬 (Meishan, M) 原產於中國江蘇省梅山縣，屬太湖系豬種。外表特徵為頭大、額寬且皺褶多、耳大軟而下垂、耳尖與嘴角齊或超過、背凹且腹部下垂、皮膚厚且粗糙、毛稀疏且為黑或青灰色，如圖 1 (賴等, 2004)。因四肢短粗，末端為白色，故俗稱「四白腳」(鄭, 1986; 張等, 1999)。杜洛克豬 (Duroc, D) 起源於美國東部與玉米帶區，經培育成現代之國際商業品種，毛色為紅棕至暗紅色，因其生長與屠體性能均佳，國際上普遍供作肉豬生產之終端公豬品種。

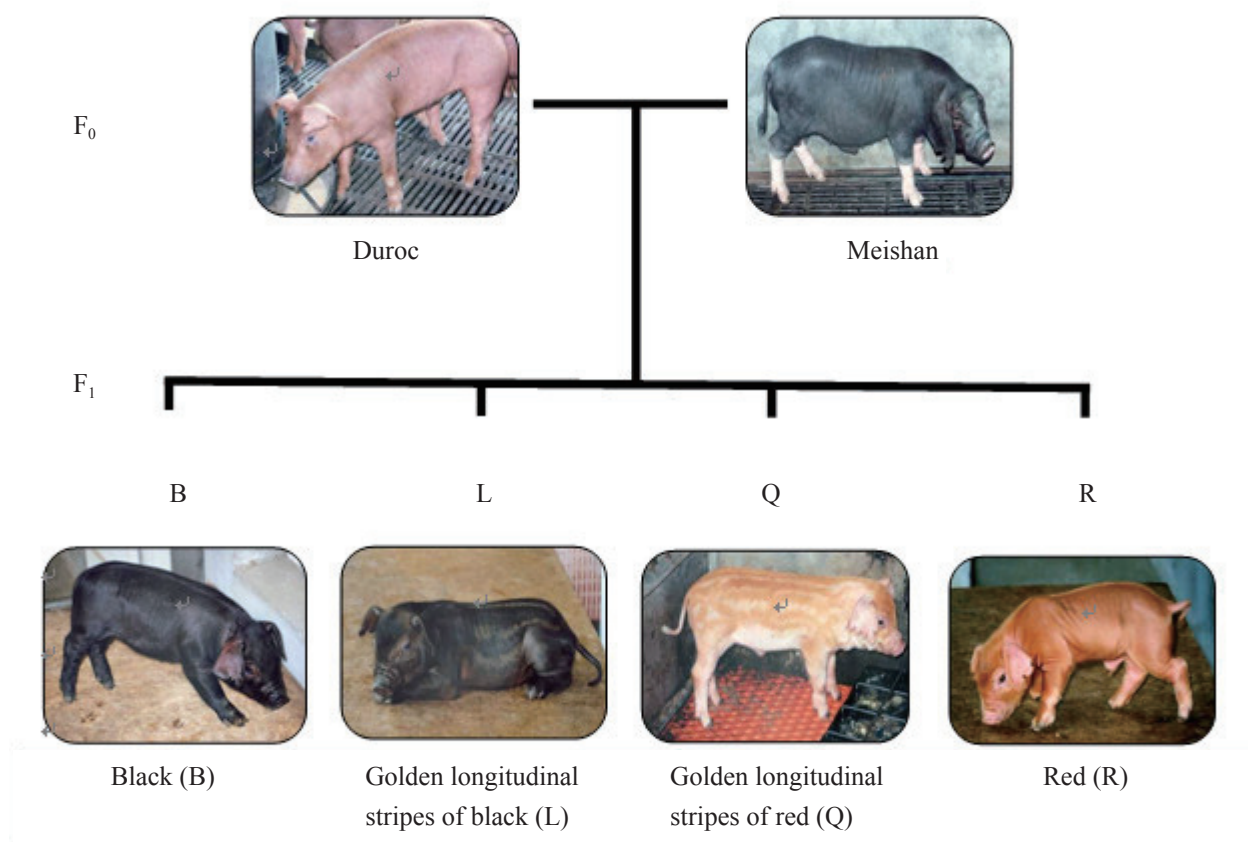


圖 1. 梅山豬、杜洛克與兩者雜交之仔豬後裔毛色。

Fig. 1. Coat color in Meishan, Duroc and their crosses of piglets.

- (i) 畜試所 1994 年 7 月自日本引進 2 公 3 母梅山豬 (M)，已繁衍成群，本試驗挑選同窩出生仔數 9 頭以上，具有品種特徵 (如腹部無白毛且四肢白色部份未超過膝關節) 之公豬 12 頭與母豬 53 頭，作為梅山豬種原豬群。杜洛克豬 (D) 則以同窩出生仔數 10 頭以上，且經場內檢定出生至 90 kg 體重之平均隻日增重 0.516 kg 以上之公豬 24 頭與母豬 42 頭，作為杜洛克豬種原豬群。
- (ii) 引進使用杜洛克豬 (D) 公豬 23 頭與母豬 38 頭，及梅山豬 (M) 15 頭公豬與 50 頭母豬。梅山豬與杜洛克豬種正反雜交試驗，配種組合包括 F_0 -M (M 母豬與配 M 公豬)、 F_0 -D (D 母豬與配 D 公豬)、 F_1 -MD (F_0 -M 母豬與配 F_0 -D 公豬)、 F_1 -DM (F_0 -D 母豬與配 F_0 -M 公豬) 等四組，共分娩 110 胎，其中 F_0 -M、 F_0 -D、 F_1 -MD 與 F_1 -DM 組分別有 16、13、46 與 35 胎仔豬，計分娩 945 頭仔豬 (表 1)。
- (iii) 選留 F_1 -MD 與 F_1 -DM 組黑毛色豬隻，進行同世代配種生產 F_2 代。爾後，繼續選留 F_2 代黑毛色豬隻，進行同世代配種生產 F_3 代；直至 F_5 代。 F_1 至 F_5 代為考量選拔高繁殖性的女豬選育，因此挑選同窩出生總仔數 9 頭以上，毛色為全黑色或黑底金斑之豬隻，於檢定 210 日齡後選留作為後補女豬。

表 1. 梅山豬、杜洛克豬及其雜交後裔仔豬毛色分布

Table 1. Coat color frequency of Meishan, Duroc and crossbred piglets

Generation-Breed	No. of litters	No. of piglets	Coat color frequency ¹ , %			
			B	L	Q	R
F_0 -M	16	166	100 (166)	0	0	0
F_0 -D	13	75	0	0	0	100 (75)
<hr/>						
F_1						
F_1 -MD	46	393	98.5 (387)	0	1.5 (6)	0
F_1 -DM	35	311	62.4 (194)	36.7 (114)	0.3 (1)	0.6 (2)
<hr/>						
Selection in favor of black coat color of F_1 to produce F_2 , F_3 , F_4 , F_5						
F_2	333	3,419	58.2 (1,989)	17.4 (596)	13.5 (463)	10.9 (371)
F_3	184	1,777	77.0 (1,368)	12.1 (215)	5.4 (96)	5.5 (98)
F_4	140	1,288	81.9 (1,055)	8.3 (107)	3.3 (42)	6.5 (84)
F_5	69	616	86.9 (535)	4.4 (27)	1.9 (12)	6.8 (42)

¹ Coat color of piglets, B: solid black, L: golden longitudinal stripes of black, Q: golden longitudinal stripes of red, R: solid red.

Value in the parentheses is the number of piglets.

II. 毛色調查

仔豬出生時紀錄毛色，區分為全黑色 (B)、黑底金斑 (L)、紅底金斑 (Q) 與全紅色 (R) 等四種類型 (圖 1)；並將前述四種配種組合與其衍生之同世代配種後裔豬毛色概分為黑色系 (B + L) 與紅色系 (R + Q) 兩大類。

III. 遺傳分離適合性檢定

依據毛色遺傳假設， F_1 代豬隻基因型期望比為 $E^{Dl}E^{Dl} : E^{Dl}e : ee = 0 : 1 : 0$ (豬隻毛色黑色：紅色期望比為 1 : 0)，豬隻 ($E^{Dl}e$ 基因型) 同世代自交配種，產生之 F_2 代基因型期望比為 $E^{Dl}E^{Dl} : E^{Dl}e : ee = 1 : 2 : 1$ (豬隻毛色黑色：紅色期望比為 3 : 1)。繼續選留黑色 F_2 代豬隻 (意即留種族群中， $E^{Dl}E^{Dl}$ 及 $E^{Dl}e$ 基因頻率分別為 1/3 與 2/3) 自交繁衍產生 F_3 代，產生之 F_3 代基因型期望比為 $E^{Dl}E^{Dl} : E^{Dl}e : ee = 4 : 4 : 1$ (豬隻毛色黑色：紅色期望比為 8 : 1)。依此類推，產生之 F_4 與 F_5 代基因型期望比分別為 $E^{Dl}E^{Dl} : E^{Dl}e : ee = 9 : 6 : 1$ (豬隻毛色黑色：紅色期望比為 15 : 1) 及 16 : 8 : 1 (豬隻毛色黑色：紅色期望比為 24 : 1)。依 Kijas 等 (2001) 分析梅山豬與杜洛克豬 *MC1R* 基因序列對應於 *E* 基因座交替基因之結果，應用葉氏連續性校正值進行遺傳分離適合性卡方檢定 (Yates, 1934; Richardson, 1994)。若 $r_1 : r_2$ 為期望遺傳分離比， N 為豬隻總頭數，則第 i 類毛色豬隻之期望頭數為 $E_i = Nr_i / (r_1 + r_2)$ 。若 O_i 為第 i 類毛色豬隻之實測頭數，則葉氏卡方連續性校正值：

$$X_c^2 = \sum \frac{(|O_i - E_i| - 0.5)^2}{E_i}$$

結果與討論

試驗開始以梅山豬與杜洛克豬正反雜交，其後代之梅山豬、杜洛克豬及其雜交後裔豬毛色分布，如表 1。梅山與杜洛克豬純種繁殖後裔豬 (F_0 -M 與 F_0 -D) 毛色如預期，均與親代同。本試驗中，利用正反雜交方式，係依據豬隻黑色及紅色基因為顯隱性關係，檢視 F_1 -MD 之 46 胎 393 頭雜交一代後裔仔豬中，B 與 Q 毛色豬隻分別佔 98.5 (387 頭) 與 1.5% (6 頭)， F_1 -DM 之 35 胎 311 頭雜交一代後裔仔豬中，後裔仔豬中，B、L、Q 與 R 毛色豬隻分別佔 62.4 (194 頭)、36.7 (114 頭)、0.3 (1 頭) 與 0.6% (2 頭)；但其中 F_1 -MD 及 F_1 -DM 黑色系 (B + L) 後裔豬隻分別達為 98.5% 及 99.1%，此結果與 Warwick 等 (1926) 進行杜洛克與波中豬雜交，產生 131 頭後裔豬，均具一定程度黑色或黑斑毛色之結果相似，主要因為毛色之黑色對紅色為顯性導致，也顯示出本試驗以單基因顯隱性符合假設期望遺傳分離率。本試驗之黑底金斑仔豬出生時，其金斑條紋清晰可見 (圖 1)；但隨著年齡增長，黑毛底色加深而使金斑條紋相對變淡；至約三月齡時，金斑條紋幾乎不可見。然紅底金斑仔豬之紅毛底色未隨年齡加深，故不會掩蓋金斑條紋之表現。本試驗進行梅山豬與杜洛克豬純種繁殖時，並未發現具金斑條紋之仔豬；但兩者雜交產生之 F_1 代仔豬中，黑底金斑條紋者 (L) 佔 16.2% (114/704)，且均為 D 母豬之後裔豬 (表 1)，此可能與杜洛克豬種中具有野生型基因 (A) 有關 (Lauvergne and Canope, 1979)，惟此因牽涉到二基因以上控制較為複雜，仍待未來進一步探討。另 Lush (1921) 觀察盤克夏與杜洛克雜交二代 (F_2) 豬隻毛色亦發現，部分後裔豬隻腹部毛色出現淺鼠栗色表型。吳等 (1999) 應用蘭嶼豬與杜洛克豬雜交，進行休閒觀賞迷彩豬培育時，發現金斑條紋之仔豬表型；而顏等 (1999) 亦報導桃園豬與杜洛克豬雜交後裔仔豬中，有黑底金斑條紋之毛色表型。

綜合 Kijas *et al.* (1998) 與 Giuffra *et al.* (2000) 分別分析豬隻 *MC1R* 與 *KIT* 基因序列結果顯示：梅山豬為顯性黑色純合 ($E^{Dl}E^{Dl}ii$) 基因型，而杜洛克豬為隱性紅色純合 ($eeii$) 基因型，故 F_1 代豬隻 E 基因座之期望基因型為 $E^{Dl}e$ 雜合型，而期望表型則為梅山豬之顯性黑色。然親代以 $M(\text{♀}) \times D(\text{♂})$ 及 $M(\text{♀}) \times D(\text{♂})$ 兩種配種方式所產生的 F_1 子代，其仔豬毛色經統計結果顯示，其 F_1 子代全黑色、黑底金斑、紅底金斑與全紅色者分別佔 82.5 (581/704)、16.2 (114/704)、1.0 (7/704) 與 0.3% (2/704) (表 1)，並非如理論所推測的應全為梅山豬之顯性黑色個體，此與文獻推測，除 E 基因座之主要影響效應外，豬隻黑毛色表現程度可能尚受到其他因子 (如鼠栗與棕色基因座等) 共同調控之結論一致 (Carr-Saunders, 1922; Warwick, 1926; Koßwig and Ossent, 1931; Robbins *et al.*, 1993; Kijas *et al.*, 1998; Kijas *et al.*, 2001)。比較 F_1 -MD 與 F_1 -DM 仔豬毛色分布發現，前者較後者有較高比例之全黑色仔豬表型 (98.5 vs. 62.4%)；此差異是否暗示黑色素之形成與表現受到雌親品種與 (或) 雌親毛色調控，導致不同程度之表現，意即是否與正反交配 (reciprocal cross) 有關，仍待進一步驗證。家畜斑紋毛色相關研究指出，仔豬金斑條紋主要係因鼠栗色 (*Agouti*) 基因座上野生型交替基因 (A) 所致 (Koßwig and Ossent, 1931)，而多數現代豬種則具有非野生型交替基因 (a)。依 Legault (1998) 豬毛色遺傳研究報告指出，杜洛克豬為具非野生型鼠栗基因 (a) 之紅色豬種 (aa/ee)，梅山豬為具非野生型鼠栗基因 (a) 之黑色豬種 (aa/EE)。因 F_1 代仔豬中，具金斑 (黑底與紅底) 與全黑色仔豬別占全體仔豬數目之比例為 17.2% (121/704) 與 82.5% (581/704)，然梅山豬與杜洛克豬均具有非野生型交替基因 (a)，故推測本研究雜交後裔仔豬之斑紋非來自鼠栗色 (*Agouti*) 基因座上野生型交替基因 (A)，此與 Koßwig and Ossent (1931) 所敘述之仔豬金斑條紋所控制基因應不相同。

為培育適合臺灣氣候環境之多產黑毛豬種，本研究以繁殖性能與黑毛色為選留標準，選留黑色 F_1 代豬隻進行同世代配種，生產 F_2 代。繁衍之 F_2 代仔豬中，黑色系後裔豬隻比例降為 75.6% (58.2 + 17.4%) (表 1)。爾後，繼續依繁殖性能與黑毛色之選留標準，進行同世代配種繁衍後代； F_3 至 F_5 代黑色系後裔豬隻比例分別為 89.1、90.2 與 91.3% (表 1)。Legault (1998) 針對具代表性與特殊表型之家豬品種，有關毛色可能基因型中，指出梅山豬與杜洛克豬之基因型分別為 *aaIIEEhehebebe* 與 *aaieehehebebe* 分別於 A、I、E、He 及 Be 基因座上；意即除 E 基因座 (分別具黑色 E 與紅色 e 交替基因) 外，其餘基因座之基因型均相同。因此，依孟德爾遺傳法則推測豬隻黑色系與紅色系毛色之期望分離率，如表 2。 F_1 代豬隻 ($E^{Dl}e$ 基因型) 同世代配種，產生之 F_2 代基因型期望比為 $E^{Dl}E^{Dl} : E^{Dl}e : ee = 1 : 2 : 1$ ，故黑色系與紅色系毛色表型之期望分離比為 3 : 1 ($E^{Dl}e$ 基因型為豬隻毛色為黑色)。繼續選留黑色 F_2 代豬隻 (意即留種族群中， $E^{Dl}E^{Dl}$ 及 $E^{Dl}e$ 基因頻率分別為 1/3 與 2/3) 自交繁衍產生 F_3 代，產生之 F_3 代基因型期望比為 $E^{Dl}E^{Dl} : E^{Dl}e : ee = 4 : 4 : 1$ ，故 F_3 代表型之黑色系 (B + L) : 紅色系 (Q + R) = 8 : 1。依此類推，產生之 F_4 與 F_5 代基因型期望比分別為 $E^{Dl}E^{Dl} : E^{Dl}e : ee = 9 : 6 : 1$ 及 16 : 8 : 1，其黑色系與紅色系表型之期望比分別為 15 : 1 與 24 : 1 (表 2)。應用葉氏連續性卡方校正值進行遺傳分離適合性檢定，結果顯示 F_2 與 F_3 代仔豬黑色系與紅色系表型實際分離率符合期望分離比。顏等 (1999) 應用與梅山豬同屬中國太湖流域豬種之一的桃園豬與杜洛克豬進行雜交，生產之 F_1 、 F_2 、 BC_1 (即 F_1 母豬回交杜洛克公豬之回交一代) 代，以及 BC_2 (即黑色 BC_1 豬隻同世代配種之後裔) 代之仔豬黑與紅毛色比例均符合期望分離比；故推測桃園豬黑毛色對杜洛克紅毛色基因為顯性且前者之黑毛色基因型

為 $E^{Dl}E^{Dl}$ ，此與本試驗 F_1 至 F_3 代之仔豬毛色分布結果一致。基於本試驗，其選留標準主要以黑毛色豬隻為選留標準，然本研究進一步依繁殖性能選留黑毛色系豬隻生產 F_4 與 F_5 代，結果發現仔豬毛色表型分布與單因子毛色控制基因之期望分離比不一致，暗示其毛色表現可能牽涉到其他因子之共同調控，此是否與 E 基因座與鼠栗色基因座間之非上位性交感效應有關 (Klungland and Våge, 2003)；仍有待進一步探討。

表 2. 梅山與杜洛克雜交後裔仔豬出生毛色分離適合性檢定

Table 2. Goodness-of-fit test for coat color segregation in Meishan and Duroc crossbred piglets at birth

Generation-Breed	Coat color ¹ (sire × dam)	No. of piglets recorded	Coat color of piglets ¹		Expected ratio (B + L) : (Q + R)	χ^2 value	P value
			B + L	Q + R			
F_0 -M	B × B	166	166	0	1 : 0	—	—
F_0 -D	R × R	75	0	75	0 : 1	—	—
F_1 -MD	B × R	704	695	9	1 : 0	—	—
F_1 -DM	R × B						
F_2	B × B	3,419	2,585	834	3 : 1	0.64	0.41
F_3	B × B	1,777	1,583	194	8 : 1	0.05	0.81
F_4	B × B	1,288	1,162	126	15 : 1	26.83	< 0.001
F_5	B × B	616	562	54	24 : 1	35.21	< 0.001

¹ Coat color of piglets, B: black, L: golden longitudinal stripes of black, Q: golden longitudinal stripes of red, R: red.

$\chi^2_{v=1, 0.05} = 3.841$.

誌 謝

本試驗承行政院農業委員會畜產試驗所遺傳育種組同仁協助資料建檔，高雄種畜繁殖場畜產科技系同仁豬隻飼養管理，特此致謝。

參考文獻

- 吳明哲、李啟忠、曾晉郎、陳文誠、張秀鑾。1999。休閒觀賞用迷彩豬種之培育。中畜會誌 28：173-183。
- 張秀鑾、吳明哲、池雙慶。1999。跨越西元二千年的臺灣豬種，第 14-36 頁。臺灣省畜產試驗所專輯第 59 號，臺南市，臺灣。
- 鄭丕留。1986。中國豬品種誌，第 131-136 頁。上海科學技術出版社，上海，中國。
- 賴永裕、李世昌、黃鈺嘉、吳明哲。2004。畜產生物品種資源，第 25-26 頁。行政院農業委員會畜產試驗所，臺南市，臺灣 (ISBN 957-01-7509-5)。
- 顏念慈、鄭裕信、戴謙、黃木秋。1999。豬的膚色遺傳：桃園豬與杜洛克雜交的結果。畜產研究 32：299-304。
- Carrión, D., A. Day, G. Evans, T. Mitsuhashi, A. Auchibald, C. Haley, L. Andersson and G. Plastow. 2003. The use of *MC1R* and *KIT* genotypes for breed characterization. Arch Zootec. 52: 237-244.
- Carr-Saunders, A. M. 1922. Note on inheritance in swine. Science 55: 19.
- Giuffra, E., J. M. Kijas, V. Amarger, Ö. Carlborg, J. T. Jeon and L. Andersson. 2000. The origin of the domestic pig: independent domestication and subsequent introgression. Genetics 154: 1785-1791.
- Hetzer, H. O. 1945a. Inheritance of coat color in swine. I. General survey of major color variations in swine. J. Hered. 36: 121-128.
- Hetzer, H. O. 1945b. Inheritance of coat color in swine. II. Results of Landrace by Poland China crosses. J. Hered. 36: 187-192.
- Hetzer, H. O. 1945c. Inheritance of coat color in swine. III. Results of Landrace by Berkshire crosses. J. Hered. 36: 225-256.
- Hetzer, H. O. 1945d. Inheritance of coat color in swine. IV. Results of Landrace by Large Black. J. Hered. 36: 309-312.

- Hetzer, H. O. 1946. Inheritance of coat color in swine. VI. Results of Landrace by Duroc-jersey crosses. *J. Hered.* 37: 217-224.
- Johansson, M., H. Ellegren, L. Marklund, U. Gustavsson, E. Ringmar-Cederberg, K. Andersson, I. Edfors-Lilja and L. Andersson. 1992. The gene for dominant white color in the pig is closely linked to ALB and PDGFRA on chromosome 8. *Genomics* 14: 965-969.
- Johansson Moller, M., R. Chaudhary, E. Hellmén, B. Höyheim, B. Chowdhary and L. Andersson. 1996. Pigs with the dominant white coat color phenotype carry a duplication of the *KIT* gene encoding the mast/stem cell growth factor receptor. *Mamm. Genome* 7: 822-830.
- Kijas, J. M. H., M. Moller, G. Plastow and L. Andersson. 2001. A frameshift mutation in *MC1R* and a high frequency of somatic reversions cause black spotting in pigs. *Genetics* 158: 779-785.
- Kijas, J. M. H., R. Wales, A. Törnsten, P. Chardon, M. Moller and L. Andersson. 1998. Melanocortin receptor 1 (*MC1R*) mutations and coat color in pigs. *Genetics* 150: 1177-1185.
- Klungland, H. and D. I. Våge. 2003. Pigmentary switches in domestic animal species. *Ann. N. Y. Acad. Sci.* 994: 331-338.
- Koßwig, C. and H. P. Ossent. 1931. Die Vererbung der Haarfarben beim Schwein. *Z. Zucht. B.* 22: 297-383.
- Lauvergne, J. J. and I. Canope. 1979. Étude de quelques variants colorés du porc *Créole* de la Guadeloupe. *Ann. Génét. Sél. Anim.* 11: 381-390.
- Lauvergne, J. J., G. L. Malynicz and A. R. Quartermain. 1982. Coat color variants of village pigs in Papua New Guinea. *Ann. Génét. Sél. Anim.* 14: 29-42.
- Legault, C. 1998. Genetic of color variation. In: the genetics of the pig. Eds. Rothschild, M. F., and A. Ruvinsky. CAB International. Wallingford, UK. pp. 51-69.
- Lush, J. L. 1921. Inheritance in swine. *J. Hered.* 12: 57-71.
- Mariani, P., M. Johansson Moller, B. Höyheim, L. Marklund, W. Davies, H. Ellegren and L. Andersson. 1996. The extension coat color locus and loci for blood group O and tyrosine aminotransferase are on pig chromosome 6. *J. Hered.* 87: 272-276.
- Ollivier, L. and P. Sellier. 1982. Pig genetics: a review. *Ann. Génét. Sél. Anim.* 14: 481-544.
- Richardson, J. T. E. 1994. The analysis of 2×1 and 2×2 contingency tables: an historical review. *Stat. Methods Med. Res.* 3: 107-133.
- Robbins, L. S., J. H. Nadeau, K. R. Johnson, M. A. Kelly, L. Rosselli-Reh fuss, E. Baack, K. G. Mountjoy and R. D. Cone. 1993. Pigmentation phenotypes of variant extension locus alleles result from point mutations that alter MSH receptor function. *Cell* 72: 827-834.
- Warwick, B. L. 1926. Inheritance of black in swine. *J. Hered.* 17: 251-255.
- Yates, F. 1934. Contingency tables involving small numbers and the X^2 test. *J. Roy. Stat. Soc. (Suppl.)* 1: 217-235.

Inheritance of coat color in piglets of Meishan and Duroc crosses in favor of black coat selection ⁽¹⁾

Shen-Chang Chang ⁽²⁾ Chin-Bin Hsu ⁽³⁾ Min-Jung Lin ⁽⁴⁾ Hsien-Jung Huang ⁽²⁾
Han-Sheng Wang ⁽²⁾ Hsiu-Lan Lee ⁽²⁾ Cheng-Yong Lin ⁽²⁾ Chih-Hua Wang ⁽⁵⁾
Ming-Che Wu ⁽⁶⁾ and Hsiu-Luan Chang ⁽⁷⁾⁽⁸⁾

Received: Apr. 12, 2017; Accepted: Aug. 7, 2017

Abstract

The purpose of this study was to select for black coat from crossbred of Meishan and Duroc. The 66 Duroc pigs and 65 Meishan pigs, boars and sows, respectively, were reciprocally crossed with Meishan breed. The F_1 pigs showing black color in the skin had 98.7% (695/704). Coat color of hybrid piglets recorded at birth from F_1 to F_5 generations included solid black (B), golden longitudinal stripes of black (L), golden longitudinal stripes of red (Q), and solid red (R), which were further classified into two categories, black (B + L) and red (Q + R) series. In favor of black series color selection following by reproduction evaluation was conducted in this study, and then selected animals were mated between themselves within generation. The adjusted chi-square statistic with Yates' correction for continuity was used for testing the goodness-of-fit under genetic hypotheses of single gene difference between Meishan and Duroc breeds. The actual frequency of coat color observed in F_1 , F_2 and F_3 generations seemed to bear this out, giving credence to the hypotheses. However, it was not the case for data obtained in F_2 and F_3 generations, and thus the hypotheses of one gene segregating two alleles (E and e in Meishan and Duroc pigs, respectively, within this study) was rejected. This implied coat color expression in pigs might be partly regulated by other gene (non-*KIT* gene) in which nonepistatic interaction between loci identified seemed to be involved.

Key words: Coat color inheritance, Cross, Duroc pig, Meishan pig.

(1) Contribution No. 2571 from Livestock Research Institute, Council of Agriculture, Executive Yuan.

(2) Kaohsiung Animal Propagation Station, COA-LRI, Pingtung 91247, Taiwan, R.O.C.

(3) Taitung Animal Propagation Station, COA-LRI, Taitung 95405, Taiwan, R.O.C.

(4) Changhua Animal Propagation Station, COA-LRI, Changhua 52149, Taiwan, R.O.C.

(5) Deputy Director Office, COA-LRI, Tainan 71246, Taiwan, R.O.C.

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

(7) Department of Animal Science, National Pingtung University of Science and Technology, Pingtung 91247, Taiwan, R.O.C.

(8) Corresponding author, E-mail: hlachang@mail.npust.edu.tw.