

國立臺灣大學生物資源暨農學院動物科學技術學系



碩士論文

Department of Animal Science and Technology

College of Bioresources and Agriculture

National Taiwan University

Master's Thesis

台灣主要種豬族群候選基因分析與表型關聯性研究

Analysis of the Candidate Genes and Phenotypic  
Associations in Major Breeding Pig Populations in Taiwan

舒曉磊

Xiao-Lei Shu

指導教授：王佩華 博士

Advisor: Pei-Hwa Wang, Ph.D.

中華民國 115 年 2 月

February, 2026

## 致謝



首先衷心感謝我的指導教授王佩華老師。老師在研究過程中給予我極大的支持與耐心指導，無論在研究設計、資料分析或論文撰寫上，都提供了專業且細緻的建議，使我能逐步建立研究能力並順利完成本篇論文。

同時，也誠摯感謝口試委員宋永義博士、曾大千博士及林德育博士。感謝三位老師撥冗審閱論文，並提供寶貴意見，使本研究更加完善。老師們的專業建議不僅補強了研究內容，也讓我從中獲得更深層的學術啟發。

此外，特別感謝林恩仲老師在統計方法上的指導與協助，讓我能更正確地處理分析流程，也使我在研究過程中對數據詮釋有了更清楚的理解。

在實驗室的日子裡，感謝同門的智郁學長與佳容學姐一路上的協助與陪伴，無論是研究討論、實驗操作或生活上的支持，都讓這段研究旅程變得更加踏實而溫暖。感謝系辦的廖奕雯學姐、游位育學長、陳宜鴻學長在行政、課務與各項流程上的協助，使我能順利完成研究與學業。同時，感謝畜試所的賴永裕學長與彭麟量學長在實驗與資料相關事務上的協助，讓我能更順利取得所需資訊並完成研究。

亦深深感謝已畢業的前輩們。恩庭學姐、佩蓉學姐、林楷翔博士、賴芳裕博士。感謝你們在研究與生涯道路上的建議與鼓勵，讓我在面對挑戰時更有方向，也更有勇氣持續前進。

最後，感謝所有在這段期間曾給予我協助、陪伴與支持的家人，因為有你們，這份研究才能夠順利完成。


## 中文摘要



台灣養豬業一直是畜牧業裡最重要的產業之一，本試驗旨在解析臺灣主要種豬族群之候選基因多型性分布與其經濟性狀間之關聯性，並建立豬隻基因型資料庫，以評估不同基因型對生長、繁殖與屠體性狀之遺傳效應，期為未來精準育種與基因體選拔 (genomic selection, GS) 提供基礎依據。試驗材料取自財團法人中央畜產會種豬性能檢定站 (Central Breeding Swine Performance Testing Station, CBSPTS)，整體分析資料涵蓋自第 200005 期至第 202505 期共 23,647 頭豬隻之歷史檢定紀錄，包含杜洛克 (Duroc, D)、藍瑞斯 (Landrace, L) 及約克夏 (Yorkshire, Y) 三主要純種族群。自第 202309 期至第 202505 期另實際採集樣本 1,633 頭，進行基因型分析。所有個體均依中央檢定標準化作業程序進行飼養、測定及資料登錄。

本試驗分為兩部分。實驗一針對七個候選基因 (*PSS*、*ESR*、*H-FABP*、*IGF2-In3*、*IGF2-In7*、*PRLR* 與 *MSTN*) 共十一個單核苷酸多型性 (single nucleotide polymorphism, SNP) 位點進行分型，採用 MassArray 平台進行單鹼基延伸 (SBE) 質譜分型。所得基因型資料結合中央畜產會自 202309 期至 202505 期之生長與繁殖性狀資料，包含平均日增重 (average daily gain, ADG)、飼料換肉率 (feed conversion ratio, FCR)、修正背脂厚度 (adjusted backfat thickness, adjBF) 及育種選拔指數 (selection index, SI) 等性狀，利用 SAS 進行一般線性模式 (GLM) 與 Tukey 多重比較分析。實驗二則依據生長指數極端分群之樣本進行全基因組定序 (whole-genome sequencing, WGS)，藉由全基因組關聯分析 (genome-wide association study, GWAS) 比對高、低選拔指數組間之基因變異，篩選潛在影響生長性狀之新候選基因。

分析結果顯示，*PSS* 基因在三品系間已趨於固定 (*AA* 型 >98%)；*ESR* 基因於三品系間呈高度分化 ( $p < 0.05$ )，約克夏族群保留最高的基因多樣性，其 *MM* 型與窩仔數顯著相關 ( $p < 0.05$ )。*H-FABP* 基因三個限制酶切位點 (*HinfI*、*MspI*、*HaeIII*) 組成之基因指數在不同族群間呈顯著差異，公約克夏族群中，其指數值與 ADG、

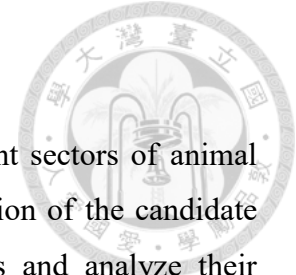


FCR 及選拔指數具有顯著影響 ( $p < 0.05$ )。增長基因 (*IGF2-In3* gene) 自 202309 期後在三品種豬種間均為 *QQ* 型，在公藍瑞斯族群中，增肌基因 (*IGF2-In7* gene) 與窩仔數及飼料換肉率有顯著影響 ( $p < 0.05$ )。*PRLR* 基因在三品系中顯示不同的分布型態，其中杜洛克以 *LP* 型為主 (約 50%)，藍瑞斯以 *LL* 型為主 (約 63%)，在藍瑞斯族群中，*PRLR* 基因與 *ADG* 有顯著影響 ( $p < 0.05$ )。本研究特別關注之 *MSTN* 基因，於三個位點 (435、447 與 879) 均呈現顯著多型性，並可形成多種 haplotype 組合。*MSTN* 之 *A/KS* 與 *A/SS* 型在藍瑞斯與約克夏族群中與窩仔數及生長性狀顯著相關 ( $p < 0.05$ )。實驗二透過 WGS 分析，本研究進一步觀察到杜洛克、藍瑞斯與約克夏族群間具有明顯的基因組分化，主成分分析 (PCA) 結果亦證實三品種形成獨立聚群。WGS 差異分析顯示，生長與適應性相關的基因多分布於非編碼調控區域，突顯調控變異於複雜性狀中的重要性。整體而言，候選基因方法可針對特定位點提供生物意義，而 WGS 則能補足其限制，揭示更完整的基因組變異與多基因調控架構。整體而言，本研究結果顯示，不同候選基因於三品系間皆具有顯著的基因結構分化，且部分位點與主要經濟性狀呈現顯著關聯，反映臺灣種豬族群在長期育種選拔下的遺傳變化趨勢。

綜合而言，本研究成功整合中央畜產會近二十五年間之性能資料與分子分型結果，建立完整的候選基因與表型關聯分析架構。所得結果不僅可作為臺灣種豬族群分子育種與選拔的參考基礎，亦有助於未來建立基因體選拔模型與精準育種策略，推動臺灣種豬產業發展。

關鍵詞：種豬育種、候選基因、基因型頻度、MassArray 平台、WGS、GWAS、族群遺傳結構

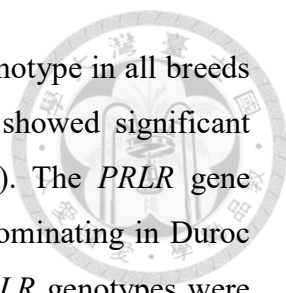
## Abstract



The swine industry has long been one of the most important sectors of animal husbandry in Taiwan. This study aimed to investigate the distribution of the candidate gene polymorphisms in Taiwan's main breeding pig populations and analyze their associations with key economic traits. A comprehensive genotypic database was established to evaluate genetic effects on growth, reproduction, and carcass characteristics, providing a foundation for precision breeding and Marker-Assisted Selection (MAS). Experimental materials and data were collected from the Central Breeding Swine Performance Testing Station, including 23,647 performance records from period 200005 to 202505 and 1,633 DNA samples (including 909 Duroc, 460 Landrace, and 264 Yorkshire pigs) collected from period 202309 to period 202505.

This study consisted of two parts. In Experiment 1, eleven single nucleotide polymorphisms (SNPs) from seven candidate genes (*PSS*, *ESR*, *H-FABP*, *IGF2-In3*, *IGF2-In7*, *PRLR*, and *MSTN*) were genotyped using the MassArray platform based on the single base extension (SBE) mass spectrometry method. The resulting genotypes were integrated with performance data from Periods 202309 to 202505, including average daily gain (ADG), feed conversion ratio (FCR), adjusted backfat thickness (adjBF), and the selection index (SI). Statistical analyses were conducted using SAS with the general linear model (GLM) and Tukey's multiple comparison test. In Experiment 2, whole-genome sequencing (WGS) was performed on pigs representing extreme ends of the growth index, and genome-wide association study (GWAS) analyses were used to identify genomic variants differentiating high- and low-index groups, with the goal of discovering novel candidate genes associated with growth traits.

Results showed that the *PSS* gene was nearly fixed across all three breeds ( $AA > 98\%$ ). The *ESR* gene exhibited significant genetic differentiation among breeds ( $p < 0.05$ ), with Yorkshire maintaining the highest genetic diversity, and the *MM* genotype showing a significant association with litter size ( $p < 0.05$ ). For the *H-FABP* gene, genotype indices derived from three restriction enzyme sites (*HinfI*, *MspI*, *HaeIII*) differed significantly among breeds; in male Yorkshire pigs, this index was significantly associated with ADG,



FCR, and SI ( $p < 0.05$ ). The *IGF2-In3* gene was fixed as the QQ genotype in all breeds after Period 202309. In male Landrace pigs, the *IGF2-In7* gene showed significant associations with litter size and feed conversion ratio ( $p < 0.05$ ). The *PRLR* gene displayed distinct distribution patterns among breeds, with *LP* predominating in Duroc (50%), and *LL* predominating in Landrace (63%). In Landrace, *PRLR* genotypes were significantly associated with ADG ( $p < 0.05$ ). The *MSTN* gene exhibited marked polymorphism at all three loci (435, 447, 879), forming multiple haplotype combinations. Among these, A/KS and A/SS haplotypes were significantly associated with litter size and growth traits in both Landrace and Yorkshire ( $p < 0.05$ ).

In Experiment 2, WGS analysis revealed clear genomic differentiation among the three breeds, and principal component analysis (PCA) confirmed distinct clustering patterns. Differential genomic analysis further indicated that many growth- and adaptation-related variants were located in non-coding regulatory regions, highlighting the crucial role of regulatory variation in complex traits. Overall, candidate gene analysis provides biologically meaningful insights at specific loci, whereas WGS compensates for its limitations by revealing more comprehensive genomic variation and polygenic regulatory architecture. The combined results demonstrate significant genetic differentiation among breeds and identify multiple loci associated with key economic traits, reflecting the long-term genetic impacts of selective breeding in Taiwan's commercial pig populations.

In conclusion, this study integrates nearly 25 years of performance data with molecular genotyping to establish a comprehensive framework for analyzing candidate genes and their phenotypic associations. The findings not only provide a scientific basis for molecular breeding and selection in Taiwanese pig populations but also support future development of genomic selection models and precision breeding strategies, contributing to the advancement and sustainability of Taiwan's swine industry.

Key word: pig breeding, candidate genes, allele frequency, MassArray platform, WGS, GWAS, population genetic structure



## 目次

致謝 .....	ii
中文摘要 .....	iii
Abstract .....	v
目次 .....	vii
圖次 .....	ix
表次 .....	xii
壹、文獻探討 .....	1
一、    台灣種豬產業與主要豬隻品種介紹 .....	1
二、    分子遺傳學與多型性在畜牧育種中的應用 .....	6
三、    候選基因與豬隻生長與繁殖性狀相關性 .....	15
貳、材料與方法 .....	20
一、    實驗動物與樣本來源 .....	20
二、    DNA 萃取 .....	24
三、    候選基因與 SNP 位點選擇 .....	26
四、    MassArray 基因分型流程 .....	29
五、    表型資料與統計分析方法 .....	31
六、    全基因組關聯分析 .....	33
參、結果 .....	35
一、    各基因型及交替基因頻度分布 .....	35



二、	基因型-表型關聯性分析.....	83
三、	全基因組關聯分析 (GWAS) .....	115
肆、	討論.....	123
一、	各基因型及交替基因頻度分布 .....	124
二、	基因型與各項表型關聯性之結果討論 .....	126
三、	年度變化的遺傳意義 .....	130
四、	全基因組層級之族群差異與生長性狀相關基因之探討 .....	131
伍、	結論.....	133
陸、	參考文獻.....	134



## 圖次

圖 1. 藍瑞斯品種公豬外貌。.....	3
圖 2. 約克夏品種母豬外貌。.....	3
圖 3. 杜洛克品種公豬外貌。.....	4
圖 4. 蛋白質形成示意圖。.....	7
圖 5. MassArray iPLEX SNP 基因分型流程示意圖。.....	11
圖 6. 本試驗研究試驗流程圖。.....	23
圖 7. 本試驗所使用之晶片。.....	30
圖 8. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、 Landrace 及 Yorkshire) <i>PSS</i> 基因型年度變化趨勢圖。.....	38
圖 9. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、 Landrace 及 Yorkshire) <i>ESR</i> 基因型年度變化趨勢圖。.....	42
圖 10. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、 Landrace 及 Yorkshire) <i>H-FABP</i> 基因之 <i>HinfI</i> 位點年度變化趨勢圖。.....	50
圖 11. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、 Landrace 及 Yorkshire) <i>H-FABP</i> 基因之 <i>MspI</i> 位點年度變化趨勢圖。.....	52
圖 12. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、 Landrace 及 Yorkshire) <i>H-FABP</i> 基因之 <i>HaeIII</i> 位點年度變化趨勢圖。.....	54



圖 13. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、 Landrace 及 Yorkshire) <i>H-FABP</i> 基因指數年度變化趨勢圖。 .....	56
圖 14. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、 Landrace 及 Yorkshire) 增長基因型年度變化趨勢圖。 .....	60
圖 15. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、 Landrace 及 Yorkshire) 增肌基因型年度變化趨勢圖。 .....	64
圖 16. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、 Landrace 及 Yorkshire) 產精基因型年度變化趨勢圖。 .....	68
圖 17. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、 Landrace 及 Yorkshire) <i>MSTN</i> 基因之 435 位點年度變化趨勢圖。 .....	76
圖 18. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、 Landrace 及 Yorkshire) <i>MSTN</i> 基因之 447 位點年度變化趨勢圖。 .....	78
圖 19. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、 Landrace 及 Yorkshire) <i>MSTN</i> 基因之 879 位點年度變化趨勢圖。 .....	80
圖 20. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、 Landrace 及 Yorkshire) <i>MSTN</i> 基因 haplotype 年度變化趨勢圖。 .....	82
圖 21. 本試驗三個品種豬隻全基因組 SNP 資料所繪製之二維主成分分析 (2D PCA) 結果。 .....	116
圖 22. 本試驗三個品種豬隻全基因組 SNP 資料進行之三維主成分分析 (3D PCA) 結果。 .....	117



圖 23. 全基因組變異依功能結果 (consequence) 分析後之分類, 各類變異的平均數量於不同族群 (HD、HL、HY、LL、LD 及 LY) 中之分布情形。.....119

圖 24. 本試驗三個品種豬隻高、低指數不同族群間全基因組差異區域分布示意圖。  
..... 121



## 表次

表 1. 臺灣中央性能檢定站檢定種豬基因檢測平台比較一覽表 .....	12
表 2. 本試驗中央種豬性能檢定站 202309-202505 期基因檢測豬隻品種及公、母頭數一覽表 .....	22
表 3. 本試驗檢測之候選基因資訊 .....	27
表 4. 本試驗從 200005 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻 <i>PSS</i> 基因頻度檢測結果 .....	36
表 5. 本試驗從 200005 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻 <i>ESR</i> 基因頻度檢測結果 .....	40
表 6. 本試驗從 200005 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻 <i>H-FABP</i> 基因之 <i>HinfI</i> 位點基因頻度檢測結果 .....	46
表 7. 本試驗從 200005 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻 <i>H-FABP</i> 基因之 <i>MspI</i> 位點基因頻度檢測結果 .....	46
表 8. 本試驗從 200005 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻 <i>H-FABP</i> 基因之 <i>HaeIII</i> 位點基因頻度檢測結果 .....	47
表 9. 本試驗從 200005 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻 <i>H-FABP</i> 基因指數頻度檢測結果 .....	48
表 10. 本試驗從 200005 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻增長基因 ( <i>IGF2-In3</i> ) 頻度檢測結果 .....	58



表 11. 本試驗從 200005 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻增肌基因 ( <i>IGF2-In7</i> ) 頻度檢測結果.....	62
表 12. 本試驗從 202309 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻產精基因 ( <i>PRLR</i> ) 頻度檢測結果.....	66
表 13. 本試驗從 200005 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻 <i>MSTN</i> 基因之 435 位點基因頻度檢測結果.....	72
表 14. 本試驗從 200005 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻 <i>MSTN</i> 基因之 447 位點基因頻度檢測結果.....	72
表 15. 本試驗從 202309 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻 <i>MSTN</i> 基因之 879 位點基因頻度檢測結果.....	73
表 16. 本試驗根據不同 <i>MSTN</i> SNP 位點基因型組合之單倍型 (haplotype) .....	73
表 17. 本試驗從 202309 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻 <i>MSTN</i> 基因之 haplotype 頻度檢測結果.....	74
表 18. 本試驗三個品種豬隻 <i>ESR</i> 基因與各項表型關聯性分析 .....	85
表 19. 本試驗三個品種豬隻 <i>H-FABP</i> 基因之 <i>HinfI</i> 位點基因型與各項表型關聯性分析 .....	89
表 20 本試驗三個品種豬隻 <i>H-FABP</i> 基因之 <i>MspI</i> 位點基因型與各項表型關聯性分析 .....	91
表 21. 本試驗三個品種豬隻 <i>H-FABP</i> 基因之 <i>HaeIII</i> 位點基因型與各項表型關聯性分析 .....	93



表 22. 本試驗三個品種豬隻 <i>H-FABP</i> 基因指數與各項表型關聯性分析.....	95
表 23. 本試驗三個品種豬隻增肌基因 ( <i>IGF2-In7</i> ) 與各項表型關聯性分析.....	100
表 24. 本試驗三個品種豬隻 <i>PRLR</i> 基因與各項表型關聯性分析 .....	103
表 25. 本試驗三個品種豬隻 <i>MSTN</i> 基因之 435 位點基因型與各項表型關聯性分析 .....	107
表 26. 本試驗三個品種豬隻 <i>MSTN</i> 基因之 447 位點基因型與各項表型關聯性分析 .....	109
表 27. 本試驗三個品種豬隻 <i>MSTN</i> 基因之 879 位點基因型與各項表型關聯性分析 .....	111
表 28. 本試驗三個品種豬隻 <i>MSTN</i> 基因 haplotype 與各項表型關聯性分析 .....	113
表 29. 本試驗三個品種豬隻不同性別中與性狀顯著相關之候選基因整理一覽表 .....	127

## 壹、文獻探討



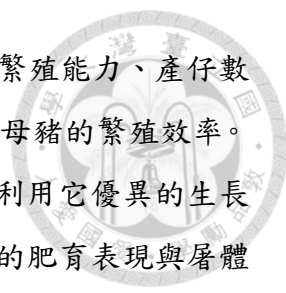
### 一、台灣種豬產業與主要豬隻品種介紹

#### (一) 臺灣豬產業現況、經濟重要性

台灣養豬業一直是畜牧業裡最重要的產業，產值長期穩居第一。雖然現在 2024 年，家禽產值已經超越養豬業。根據最新統計，台灣畜牧產值每年大約仍有 1,800-1,900 億元，占整體農業產值的 34.6%，可以看出養豬在農業經濟裡的關鍵地位。其中，毛豬的產值又是畜牧業裡占比最高的部分。根據中央畜產會的資料，2023 年台灣肉品市場毛豬拍賣的總價值就有 709.8 億元(財團法人中央畜產會，2024a)，更突顯養豬產業的重要性。在飲食方面，豬肉也是台灣民眾最主要的肉類來源，人均年消費量大約 36 公斤(財團法人中央畜產會，2024b)，是日常蛋白攝取的核心來源。也因為這樣，豬隻的生長和繁殖性狀就成為產業發展的重點，直接影響飼養效率和經濟效益。傳統的育種方式大多依靠外觀、體型和生長速度來做選拔，但這種方法不僅需要較長時間選拔，還會受到環境影響，效率較受限制。隨著分子遺傳學技術的進步，研究者開始能從 DNA 層次去解析影響生長和繁殖的重要基因，進一步了解不同基因型對性狀表現的作用。這些研究不只是幫助釐清豬隻性狀的遺傳基礎，也能為精準育種和種豬改良提供依據，對提升養豬產業效益和推動養豬業永續發展都有很大意義 (Rothschild, 1996)。

#### (二) 杜洛克、藍瑞斯及約克夏種豬品種在台灣種豬育種中的角色

台灣的養豬產業以專業化飼養為主，大多是中小型規模的豬場，普遍會使用人工授精來提升繁殖效率和加快遺傳改良的速度。按照財團法人中央畜產會養豬頭數調查結果顯示，截止 113 年 11 月底，全臺灣毛豬飼養場 5,664 場，平均每場飼養規模達 940 頭(財團法人中央畜產會，2024b)。目前台灣商業化的養豬，近年使用 LD 雜交生產肉豬，亦有增加的趨勢，其主要原因為不同品種之間優勢性狀的互補。具體來說，母系多半是用藍瑞斯(Landrace, L)母豬(圖 1)和約克夏(Yorkshire,



Y) 公豬 (圖 2) 做二品種雜交。藍瑞斯和約克夏分別有良好的繁殖能力、產仔數多、泌乳性能佳，仔豬的存活率也高，因此能有效提升 LY 二品種母豬的繁殖效率。之後再用杜洛克 (Duroc, D) (圖 3) 當作公系進行終端配種，利用它優異的生長速度、飼料換肉率和肉品質，來改善 LYD 三品種雜交商品肉豬的肥育表現與屠體品質。

這種三品種雜交的設計，其實就是在利用育種學裡的雜交優勢 (heterosis) 概念，把不同品種的優良基因型結合起來，讓繁殖力和生長性能最大化，同時也能兼顧肉品質的需求 (Cassady et al., 2002)。在育種策略上，LYD 體系可以看作是繁殖力和生長力的最佳組合：母系的重點是維持高繁殖效率和母性相關性狀，而父系則放在改善肥育表現和肉品風味。

因此，如何透過分子遺傳學工具與候選基因研究，進一步釐清影響生長與繁殖性狀的遺傳因子，並應用於育種體系中，將有助於提升 LYD 肉豬的整體表現與產業競爭力。這不僅能改善生產效率與肉品品質，更可推動臺灣養豬業的永續發展 (Liu et al., 2023)。



圖 1. 藍瑞斯品種母豬外貌。

Figure 1. External appearance of female Landrace pigs.



圖 2. 約克夏品種公豬外貌。

Figure 2. External appearance of male Yorkshire pigs.



圖 3. 杜洛克品種公豬外貌。

Figure 3. External appearance of male Duroc pigs.

### (三) 臺灣種豬性能檢定發展史

台灣養豬產業自 1970 年代以來，隨著規模化與專業化飼養逐步成形，如何有效提升種豬品質並加速遺傳改良，成為當時產業發展的核心課題。在此背景下，政府單位與財團法人中央畜產會開始推動種豬性能檢定制度，透過建立標準化，科學化的檢定方法，為養豬產業提供客觀的遺傳改良依據。此制度的建立，不僅使育種工作脫離單純依賴農戶經驗或外觀判斷，更奠定了台灣種豬改良的制度基礎(財團法人中央畜產會，2024c)。

早期的性能檢定多集中於生長性能的評估，主要性狀包括平均日增重 (average daily gain, ADG)、飼料換肉率 (feed conversion ratio, FCR) 及校正背脂厚度 (adjusted backfat thickness, adjBF) 等指標 (財團法人中央畜產會，2020)。隨著檢定體系逐步完善，檢定方式區分為「場內檢定」與「中央檢定」兩種模式。場內檢定強調在生產者自有豬場中蒐集數據，以反映實際飼養條件下的表現；中央檢定則將豬隻集中至財團法人中央畜產會種豬性能檢定站，在相同飼養環境下進行比較，藉以降低

環境差異對評估結果的干擾。此雙軌制設計，使檢定結果兼具實用性與可比性，有效提升了遺傳改良的準確度（農業部，2015）。

進入 21 世紀後，隨著基因體技術的快速發展，台灣性能檢定制度也逐步導入分子標識輔助選拔(marker-assisted selection, MAS)與基因體選拔(genomic selection, GS)。透過單核苷酸多型性(single nucleotide polymorphism, SNP)晶片的應用，研究者能在豬隻生長初期即預測其遺傳潛力，顯著縮短育種週期並提升選拔效率(顏等，2009)。此外，隨著自動化飼養與感測技術的進步，國內外研究已開始探索將豬隻在日常生產中的行為與生理數據整合入性能評估模型之可能性，為未來數位化與智慧化檢定體系之建立奠定基礎(Gómez et al., 2021)。

除了表現型數據的應用，台灣亦逐步將 DNA 分子檢測納入種豬性能評估，以提供更精準的遺傳資訊。根據檢定紀錄，最早進行 DNA 檢測的是第 200005 期(2000 年)，當時僅針對單一基因，緊迫基因(porcine stress syndrome gene, *PSS* gene)進行篩檢。隨著研究推進，檢測基因數量逐漸增加。自第 202309 期開始，檢測內容已涵蓋 7 個基因、共 11 個 SNP 位點，包含 *PSS*、雌激素受體基因(estrogen receptor gene, *ESR* gene)、心臟脂肪酸結合蛋白基因(heart fatty acid-binding protein gene, *H-FABP* gene)，以及與生長速度、肌肉、精液品質相關的基因，另還包含本研究團隊近期發現的一個候選基因。此外，本研究團隊亦首次在肌生成抑制素基因(myostatin gene, *MSTN* gene)中鑑定出一個新發現 SNP 位點，並將其納入本次檢測分析。由於 *MSTN* 基因為調控肌肉發育的重要候選基因，此新位點具有成為潛在分子標識的應用潛力。

目前，臺灣提供種豬基因檢測服務的單位主要包括三個：其一為財團法人中央畜產會，其二為農業部畜產試驗所，另有一部分則由本實驗室執行。此檢測體系的建立與發展，強化了台灣在分子育種領域的自主能力，亦為未來精準育種策略奠定基礎。

## 二、分子遺傳學與多型性在畜牧育種中的應用

### (一) 基因與表現型的關係

生物的表現型 (phenotype) 是由基因型 (genotype) 與環境因素共同作用的結果。Baye 等 (2011) 指出，當相同的基因型處於不同的環境時，卻可能產生不同的表現型差異。這些表現型變化主要歸因於環境對影響性狀的基因表達與功能的作用。基因型在不同環境下相對表現的改變，被稱為基因型-環境交互作用 (genotype-environment interactions, GEI)。在當代育種研究中，也常以數學模型表示為： $P=G+E+(G\times E)$ ，進一步突顯基因、環境以及二者交互作用對表現型的重要影響 (Fu and Wang, 2023)。在分子水平上，基因經由轉錄 (transcription) 與轉譯 (translation) 過程形成蛋白質 (圖 4)，這些蛋白質參與生理代謝與組織發育，最終影響個體在生長、繁殖與抗病等方面的表現 (Kim and Kim., 2021)。例如，*IGF2* 基因中的 A3072 多型性已被證實與豬隻的生長性能與屠體組成顯著相關 (Oczkiewicz et al., 2009)，而 *MC4R* 基因的多型性則與日增重與背脂厚度等經濟性狀具有顯著關聯 (Kim et al., 2000)。

然而，多數經濟性狀 (如日增重、飼料換肉率與背脂厚度) 屬於多基因遺傳的性狀，其表現受多基因座累積效應及基因與環境交互作用影響。傳統依賴表現型的選拔方式容易受環境影響而降低效率，因此，分子遺傳學的應用逐漸受到重視。透過候選基因或多型性的檢測，研究者得以釐清特定基因在複雜性狀中的貢獻，並進一步將這些資訊應用於分子標識輔助選拔與基因體選拔 (Hayes and Goddard, 2003)。這不僅有助於提高選拔效率，也為後續精準育種提供理論依據 (Xu et al., 2020)。



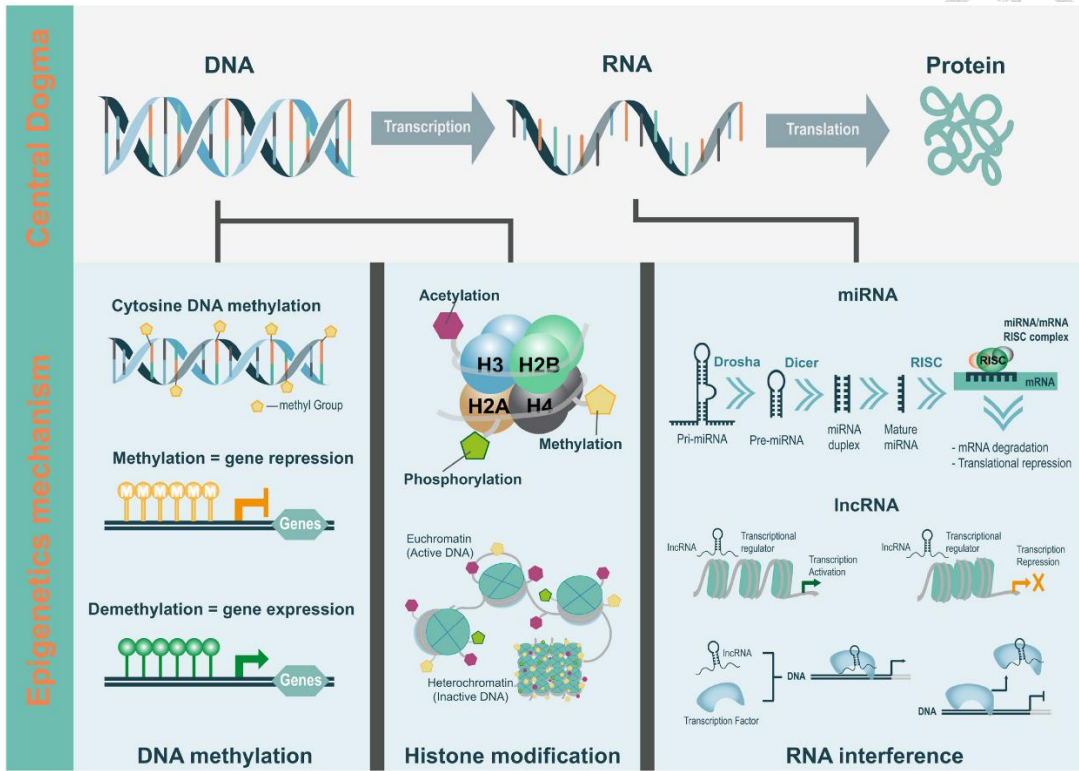


圖 4. 蛋白質形成示意圖。

Figure 4. Illustration of protein formation.

(Kim and Kim, 2021)



## (二) 育種選拔指數 (Selection Index)

在實際的種豬育種工作裡，通常不會只改良單一性狀，而是要同時兼顧生長、繁殖和肉品質等多個面向。要是只看單一性狀，雖然某一方面可能會進步，但其他性狀可能會被犧牲掉，整體效果有限。為了解決這個問題，Hazel (1943) 提出了育種選拔指數的概念。簡單來說，就是把不同性狀的資料依照遺傳率，性狀之間的相關性，以及經濟價值加上權重，最後組合成一個綜合指標，用來代表動物的育種價值。

選拔指數的公式可以寫成：

$$I = b_1X_1 + b_2X_2 + \dots + b_nX_n$$

這裡的  $x$  代表不同性狀的測定值， $b$  則是根據遺傳參數和經濟權重算出來的係數。

在豬的育種裡，這種方法已經被廣泛使用，例如同時把窩仔數，日增重，飼料換肉率和平均背脂厚度納入考量，讓選拔方向更符合實際需求 (Cheng et al., 2017; Gilbert et al., 2018)。在臺灣，根據中央性能鑒定站種豬性能檢定章規 (財團法人中央畜產會, 2020 年)

杜洛克品種個檢指數：

$$I = 100 + 120 * (ADG - 1.018) - 55 * (FCR - 2.122) - 50 * (BF - 1.388)$$

藍瑞斯品種與約克夏品種個檢指數：

$$I = 100 + 140 * (ADG - 1.020) - 60 * (FCR - 2.120) - 30 * (BF - 1.397)$$

其中 ADG (平均日增重)：完檢體重-開檢體重/完檢日齡-開檢日齡

FCR (飼料換肉率)：總消耗飼料量/完檢體重-開檢體重

BF (背脂厚度): 檢定豬完檢時測第五肋、最後肋及最後腰椎等三點背脂, 依公式計算修正背脂。

(財團法人中央畜產會, 2024b)

這些指數不僅能提供豬場選拔的依據, 也能作為研究分析的工具。本研究將進一步把育種選拔指數作為因子, 與候選基因和多型性檢測結果結合, 探討其在臺灣種豬遺傳改良中的應用價值。

### (三) MassArray 技術與候選基因檢測

分子分型技術的發展, 使研究者能夠更精確地解析基因型與表現型之間的關聯。其中, MassArray 系統是由 Sequenom 公司於 1990 年代末期開發, 後來由 Agena Bioscience 持續推廣與應用。其核心原理如圖 5 所示, 結合了區域特異性 PCR 擴增、單鹼基延伸 (single base extension, SBE) 反應, 以及基質輔助雷射脫附游離飛行時間質譜 (MALDI-TOF MS) 的綜合平台 (Gabriel et al., 2009)。它通過對特定位點進行 PCR 增幅, 再利用引子在 SNP 前一位進行單鹼基延伸, 最後以質譜讀取延伸產物質量區別交替基因 (allele), 實現高準確度 SNP 分型 (Oeth et al., 2009)。具體而言, 研究者先針對候選基因中的特定位點設計 PCR 與延伸引子, 經過 PCR 放大後, 延伸引子會在 SNP 前一個鹼基位置進行單核苷酸延伸, 並產生帶有不同分子量的延伸產物。這些延伸產物隨後進入質譜儀進行檢測, 不同的鹼基因質量差異而被準確區分, 最終由軟體自動呼叫基因型 (calling genotype) (Syrmis et al., 2011)。

相較於傳統的 PCR 或探針型單位點分型方法, MassArray 提供了多項優勢 (表 1)。首先, 它能在一次反應中同時檢測數十個至二十個 SNP, 屬於中等通量的平台, 既高於單位點檢測的效率, 又避免了全基因組晶片的高成本。其次, 由於基於質譜的檢測原理, 其準確度與重現性極高, 適合大樣本量的候選基因研究。最

後，MassArray 在成本與資料產出之間取得良好平衡，特別適合針對已知且與性狀相關的基因進行驗證與應用研究（Suebwongsa et al., 2024; Jiemsup et al., 2025）。

在豬的育種研究中，MassArray 已被廣泛使用於候選基因分型分析。例如，Rohrer 等（2007）利用 MassArray 系統為 Duroc，Landrace，Yorkshire 等純種豬設計 SNP panel，用於個體識別與親緣分析。Tremoens 等（2019）則在 Landrace 與 Duroc 公豬中對與繁殖性能相關的候選基因 SNP 進行大規模分型驗證。這些研究顯示，MassArray 在候選基因的分型檢測中不僅能揭示基因對經濟性狀的影響，也為分子標識輔助選拔提供了實際可行的工具。

因此，在本研究中，我們亦應用 MassArray 技術針對多個候選基因位點進行分型，並透過統計分析探討其與日增重、背脂厚度及飼料換肉率等經濟性狀的關聯性。

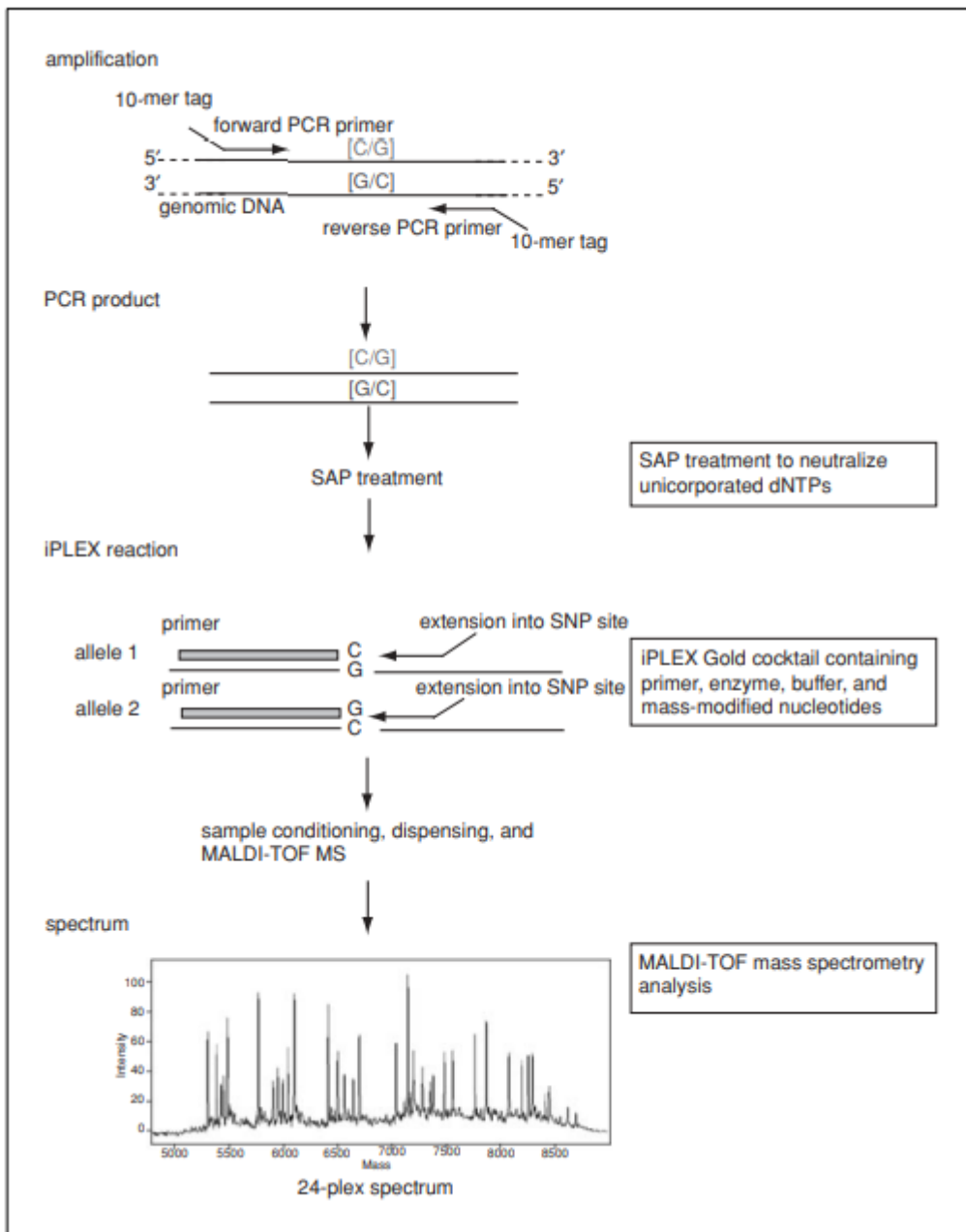


圖 5. MassArray iPLEX SNP 基因分型流程示意圖。

Figure 5. Schematic workflow of the MassArray iPLEX SNP genotyping system.

(Gabriel et al., 2009)

表 1. 臺灣中央性能檢定站檢定種豬基因檢測平台比較一覽表

Table 1. Comparison of Genetic Testing Platforms

	目前 (傳統) 檢測平台	MassArray 檢測平台
檢測原理	使用單一位點 PCR-RFLP 或 MS-PCR	使用同步多位點 Multiplex-PCR
檢測方法	利用 RE 檢測 SNP 位點及 Agarose gel 電泳分析	利用 PCR product 進行 MALDI-TOF SNP 分析
準確性	檢測結果錯誤率較高	檢測結果準確率 99.9%
檢測量能	Low-throughput (以 96samples 為 single 檢測單位)	High-throughput (以 96/384samples 為 Multiplex 檢測單位)
檢測費用	費用較高 (300 元 /SNP/sample)	費用較低 (450 元/11 SNPs or 21SNPs/ sample (well))
擴充性	擴充性中等	擴充性中至高
未來趨勢	較不符合 ESG 精神	符合 ESG 精神
目前檢測狀況	檢測單位分散 (畜試所、中央畜產會及臺灣大學動科系)	可以集中單一單位檢測分析

#### (四) 全基因組關聯分析 (Genome-Wide Association Study, GWAS)


候選基因方法和全基因組關聯分析在育種研究上各有差異。候選基因方法主要是依據之前的學術研究或實驗結果，挑選已知和性狀相關的基因來做分析。這種方法的好處是操作上比較簡單，成本也低，適合在研究目標明確或資源有限的情況下使用 (Amos et al., 2011)。不過，它的限制就是範圍比較窄，容易忽略掉還沒被發現的基因。相對地，GWAS 不需要事先設定假設，而是透過大量標記去掃描整個基因組，找出和性狀顯著相關的基因座。這樣的方法雖然能發現更多潛在基因，但需要很大的樣本數，成本也比較高，資料分析上也更複雜 (Shaffer et al., 2012)。

GWAS 的基本原理，是利用全基因組範圍的大量 SNP 標識，去比較不同表現型群體之間的基因型差異，再透過統計方法找出顯著相關的基因位點，進而推測可能的候選基因 (Uffelmann et al., 2021)。這個技術已經在豬的育種研究中廣泛應用，例如探討大里脊 (肉) 面積等商業性狀相關的 QTL 與候選基因 (Zhenyu et al., 2025)。

用來做 GWAS 數據可以來自 SNP 晶片，也可以來自全基因組定序。其中，WGS 能提供最完整的基因變異資訊，包括已知和未知的 SNP，因此在 GWAS 裡的應用越來越普遍。本研究也將利用 WGS 的資料，來進一步探討豬隻在不同經濟性狀上的遺傳基礎。

#### (五) 全基因組定序

全基因組定序是一種能夠完整獲取生物體基因組序列的技術。它的基本流程是先將基因組 DNA 以物理性或酵素性方法切割成大量長度約數百至數千鹼基對的小片段，例如可利用超音波震盪 (ultrasonication)、霰彈式霧化 (nebulization) 或限制酶 (restriction enzymes) 等方式進行隨機斷裂，使 DNA 形成覆蓋全基因組的片段文庫。隨後，透過高通量測序平台 (high-throughput sequencing platform) 讀取這些片段的核苷酸序列，並以生物資訊分析進行序列比對與組裝，最終重建出完



整的基因組資訊。(Lu et al., 2025)。和傳統的基因分型技術相比，WGS 不依賴於事先設計的探針或已知標記，而是能夠在基因組範圍內捕捉所有變異，包括單核苷酸多型性 (SNP)、插入缺失 (InDel)、拷貝數變異 (copy number variation, CNV) 以及更大規模的結構變異 (Zhang et al., 2022; Zong et al., 2023)。這讓 WGS 的資訊量和解析度都遠高於 SNP 晶片。

在動物育種研究中，WGS 已經成為重要的工具。以豬為例，研究者利用 WGS 不僅能建立高密度的 SNP 資料庫，還能結合全基因組關聯分析發現與生長速度，繁殖力，屠體組成和肉品質等經濟性狀相關的基因座 (Wang et al., 2025)。同時，WGS 也被應用於族群遺傳學研究，例如分析不同品種豬之間的遺傳多樣性，選擇壓力和進化歷史。這些成果不但加深了對豬隻遺傳結構的了解，也為基因體選拔的建立提供了基礎 (Yuan et al., 2025)。

對台灣的養豬產業來說，WGS 的價值在於它能夠同時兼顧探索和應用。一方面，它能幫助發現新的候選基因與潛在的分子標識。另一方面，也能為實際的育種決策提供支持，例如挑選具有優良生長或繁殖性能的基因型，甚至能夠建立台灣自己的參考資料庫 (reference panel) (Zhuang et al., 2023)。在本研究中，我們將利用 WGS 所獲得的資料，進行不同基因型與表現型的比較分析，並透過統計方法來釐清其在 LYD 三品種雜交豬經濟性狀中的作用，進一步驗證其在精準育種策略中的應用潛力。

### 三、候選基因與豬隻生長與繁殖性狀相關性

#### (一) PSS 基因

豬隻緊迫敏感綜合症候群 (porcine stress syndrome, PSS) 是由豬肌肉異常收縮相關的 ryanodine receptor 1 (RYR1) 基因第 1843 位核苷酸 (C→T) 突變所致 (Fujii et al., 1991; Jin et al., 2005)。該基因位於第 6 號染色體，編碼的蛋白質負責調控肌漿網中  $Ca^{2+}$  的釋放 (Betzenhauser and Marks, 2010)。正常情況下，RYR1 能在神經刺激時控制鈣離子流入細胞質，讓肌肉收縮。而在刺激解除後則迅速關閉，維持細胞內  $Ca^{2+}$  平衡 (Santulli et al., 2017)。當 RYR1 基因發生突變時，原本的精氨酸 (Arg) 變成半胱氨酸 (Cys)，導致鈣離子通道不容易關閉或經常漏鈣。於是豬在受刺激的情況下，肌肉就會持續處於收縮狀態，無法恢復放鬆，最後可能引發惡性高熱症 (Dietze et al., 2000)。

PSS 突變基因型可分為 AA (CC) (野生型)、AB (CT) (異質型攜帶者) 及 BB (TT) (純合突變型)。其中，BB 型個體最易發病，會造成死亡率上升、肉品品質較差 (pH 低、肉色偏淺)，形成 PSE 肉。不僅危害動物福利，也降低了屠體及肉品質價值 (Carlson et al., 1980)。AB 型雖不一定表現臨床症狀，但在繁殖上會把突變基因傳給後代，因此也被視為淘汰對象。

由於 PSS 對豬肉產業的危害極大，自 2000 年起，台灣中央畜產會已將 PSS 基因檢測納入種豬性能檢定制，並以分子標識輔助選拔的方式淘汰攜帶者，有效降低了突變交替基因在種豬群中的比例。目前，MassArray 技術已廣泛應用於此類候選基因的分型分析，能在大族群中快速、準確地檢測 PSS 基因型，為豬隻育種選拔提供可靠依據 (Williams et al., 2010)。



## (二) *ESR* 基因與 *H-FABP* 基因

在母豬的繁殖性狀研究中，雌激素受體基因 (estrogen receptor gene, *ESR* gene) 一直是最受關注的候選基因之一 (Goliášová and Wolf, 2004)。*ESR* 主要參與卵泡發育與黃體功能的調控，因此和母豬的繁殖力密切相關 (Goliášová and Wolf, 2004)。先前的研究顯示，在某些豬種 (例如中國的梅山豬) *ESR* 基因的 *PvuII* 多型性和窩仔數有顯著關聯，帶有特定位點基因型的母豬，平均產仔數往往更高 (Wu et al., 2006)。這使得 *ESR* 成為早期在商業育種中實際應用的標識之一，常被納入分子標識輔助選拔來幫助提升母系的繁殖效率。

心臟型脂肪酸結合蛋白基因 (heart fatty acid binding protein gene, *H-FABP* gene) 主要與脂質代謝和肌肉內脂肪沉積 (intramuscular fat, IMF) 有關 (Gerbens et al., 1999)。在實際研究應用上，*H-FABP* 基因包含多個單核苷酸多型性位點，其中以 *HinfI*、*MspI* 和 *HaeIII* 三個限制酶切多型性最常被研究 (Chen et al., 2014)。*HinfI* (H/h)、*MspI* (A/a) 及 *HaeIII* (D/d) 三個位點常被轉換為加權指標，用來計算 *H-FABP* gene index。每個有利交替基因計 1 分，總分最高為 6 分，作為評估豬隻肌肉內脂肪潛力的輔助依據。這些 SNP 已被證實與某些豬種 (如 Duroc) 豬肉品質性狀密切相關，特別是對大理石花紋 (marbling) 和肉質風味有顯著影響。隨著消費市場對肉品口感需求的提升，*H-FABP* gene 逐漸成為豬肉品質改良中常見且重要的候選基因之一 (Lee et al., 2010)。

總的來說，*ESR* gene 和 *H-FABP* gene 分別代表了繁殖性能與肉品質這兩個方向的候選基因。將它們納入檢測不僅有助於豬場在母系繁殖力和商品豬肉品質之間取得平衡，也符合現代養豬產業對多性狀同步改良的需求。

### (三) 增長基因、增肌基因與產精基因

增長基因為胰島素樣生長因子 2 基因 (insulin-like growth factor 2, *IGF2*) 位於豬第 2 號染色體，是調控肌肉生長的重要基因之一 (Van Laere et al., 2003)。其中，位於第三個內含子 (intron 3) 的 A3072G 多型性 (又稱 *IGF2* G/A mutation) 被廣泛認為是影響豬隻生長速度與屠體組成的關鍵突變位點。該突變會改變 *IGF2* 基因的調控區域，使其在肌肉組織中的表達量上升，進而促進肌肉生長、提高瘦肉率並減少背脂厚度 (Van Laere et al., 2003; Fontanesi et al., 2010)。在歐洲與北美的育種體系中，*IGF2-In3* 已成為增長相關性狀的重要分子標誌，被廣泛應用於杜洛克與其他商業品種的選拔，以改善肌肉發育與屠體品質 (Clark et al., 2015)。由於其對生長與胴體性狀的顯著影響，該位點常被列為商業化基因型分析的重要目標，並為豬隻育種計畫中評估生長潛力的關鍵指標之一。

增肌基因。相較與增長基因，是 *IGF2* 基因第七個內含子之 *IGF2-In7* 的 F/G 多型性，作為增肌基因的檢測標的。雖然與增長基因檢測的位點不同，但目的相同，都是希望能夠篩選出肌肉發育良好、屠體組成較佳的基因型個體，進而提升商品豬的瘦肉率與肉品品質。這樣的應用顯示出台灣在基因檢測策略上，結合了國際研究成果與在地的實際需求，逐漸形成具本土特色的檢測體系 (財團法人中央畜產會，2006; Vykoukalová et al., 2006)。

產精基因稱為泌乳素受體基因 (prolactin receptor, *PRLR* gene) 位於豬第 16 號染色體。其編碼的受體蛋白主要參與泌乳素訊號傳導，與母豬的繁殖力、泌乳性能以及公豬的精液品質密切相關 (Xiong et al., 2016)。不同研究針對 *PRLR* 基因的不同 SNP 位點進行分析，例如 Xing-ping 等人 (2008) 研究表明具有 AA(CC)型的北京黑豬母豬的窩仔數高於 AB (CT) 和 BB (TT) 型，但是差異不顯著，在後續胎次，AA (CC) 與 AB (CT)、BB (TT) 基因型之間的差異達到顯著水平 (P<0.05)。也有研究團隊探討 *PRLR* 基因對克勒豬 (Kele pig) 的影響。研究顯示，在 g.20655220C>T 位點，CC 基因型的平均初生重、斷奶窩重與斷奶均重均顯著高於

*CT* 基因型 ( $P < 0.05$ )。在 *g.20648931C>T* 位點，*CT* 基因型的初生重、初生窩重與斷奶窩重顯著高於 *CC* 與 *TT* 基因型 ( $P < 0.05$ )；*CC* 基因型的初生重顯著高於 *TT* 基因型 ( $P < 0.05$ ) (楊等，2023)。

然而，目前在台灣商業化種豬群體中，有關 *PRLR* 基因型與繁殖性狀的研究資料仍然相當有限。本研究將利用 MassArray 技術進行基因分型，並結合生長與繁殖性狀的數據加以分析，進一步評估 *PRLR* 基因在台灣 D, L, Y 種豬育種體系中的實際應用價值。

#### (四) *MSTN* 基因

肌生成抑制素基因 (myostatin, *MSTN*) 位於豬第 15 號染色體，是調控肌肉發育的重要基因。一般情況下，*MSTN* 會抑制肌肉細胞的分化和增殖，因此被認為是控制肌肉量的關鍵因子 (Baig et al., 2022)。若基因發生突變或功能受抑制，通常會導致肌肉量增加、瘦肉率提升，這也是雙肌牛等家畜品系的重要分子基礎 (Grobet et al., 1997; Ayuti et al., 2024)。

在豬的研究中，*MSTN* 基因的多型性也逐漸受到關注，因為它和生長速度，屠體組成以及肉品質等性狀都有關聯 (Stinckens et al., 2008)。有研究團隊指出，純合突變豬 (*MSTN*<sup>-/-</sup>) 表現出明顯的雙肌型表型，在 8 個月齡時，其單塊肌肉質量比野生型對照豬 (*MSTN*<sup>+/+</sup>) 增加 100%，這種增長主要是由肌纖維增殖 (myofiber hyperplasia) 引起。本研究室在 *MSTN* 基因上研究的多型性位點，分別位於第 435, 447 和 879 處。這些位點在不同基因型下，可能會對豬隻的生長性能與肌肉沉積造成影響。值得注意的是，其中 879 位點未來可能具有中國豬及改良種豬 (improved variety) 族群鑑別的應用潛力，例如在中國豬與改良種豬之間的群體區分上，或許能成為一個有效的分子標識。目前，在台灣的商業化種豬群體中，針對 *MSTN* 這些新發現 SNP 的研究資料仍然相當不足。因此，本研究將透過 MassArray 技術進行基因分型，並結合生長與繁殖性狀的相關數據，來進一步評估這些位點在 D, L, Y 種豬育種體系中的實際應用潛力。

## 貳、材料與方法



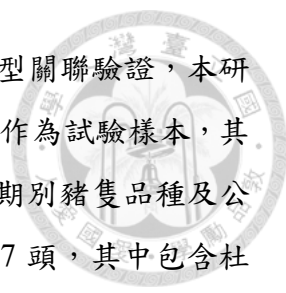
本研究旨在探討台灣種豬中央性能檢定站群體之候選基因多型性與經濟性狀間的關聯性，並進一步透過全基因組定序資料尋找影響生長指數表現之潛在候選基因。整體實驗設計分為兩部分。

實驗一：以候選基因為核心，結合長期檢定資料進行基因型與表型的相關性分析。首先，自中央畜產會中央種豬性能檢定站（CBSPTS）（後簡稱中央檢定站）收集第 202309 期至第 202505 期之豬隻樣本，進行 DNA 萃取與 MassArray 平台分析，以獲取完整之候選基因基因型資料。接著，結合第 200005 期至第 202505 期的歷史檢定資料，利用 SAS 9.4（SAS, 2019）軟體進行一般線性模式（genral linear model procedure, GLM）與 Tukey 多重比較分析，評估不同候選基因基因型對於生長、繁殖等性狀之影響。

實驗二：針對第 202309 期至第 202505 期之豬隻中，依據選拔指數高低分群（高指數： $>110$ ；低指數：90-100）挑選 193 頭樣本，其中 HD（High Index Duroc）63 頭；LD（Low Index Duroc）46 頭；HL（High Index Landrace）32 頭；LL（Low Index Landrace）19 頭；HY（High Index Yorkshire）20 頭；LY（Low Index Yorkshire）13 頭，進行全基因組定序。藉由全基因組關聯分析（GWAS）比較各品種高、低指數各自品種兩群間之基因變異，篩選出與生長性狀顯著相關的候選基因，以期為後續分子標識建立及基因育種提供基礎。

### 一、實驗動物與樣本來源

本研究所使用之豬隻樣本與相關資料，均取自中央檢定站。為建立台灣主要種豬族群之基因型資料庫，並分析候選基因多型性與經濟性狀間之關聯性，本研究整體分析資料涵蓋自第 200005 期至第 202505 期之全部檢定紀錄。該資料包括杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個主要純種品種族群之生長、背脂及繁殖性狀等資訊，以反映近二十年間種豬族群之遺傳結構變化。



在此資料基礎上，為進行候選基因多型性分析與基因型-表型關聯驗證，本研究自第 202309 期至第 202505 期共 15 期。收集 1,633 頭豬隻作為試驗樣本，其中包含杜洛克 909 頭、藍瑞斯 460 頭與約克夏 264 頭。具體期別豬隻品種及公母分布如表 2 所示。200005 期至 202505 期共有豬隻樣本 23,647 頭，其中包含杜洛克 13,499 頭、藍瑞斯 7,557 頭與約克夏 2,591 頭。所有樣本均於中央畜產會種豬性能檢定站依照標準作業規範飼養與管理，飼料配方、飼養密度及環境條件保持一致，以確保不同品種間之比較結果具可重現性。受檢豬隻自個體體重達  $40 \pm 3$  公斤起開始進行性能檢定，至 150 日齡或體重達 110 公斤（母豬為 100 公斤）時結束。期間採個別飼養並記錄飼料消耗量，以評估其生長與飼料利用效率。檢定結束後測定第五肋、最後肋與最後腰椎三點之背脂厚度，並據以計算修正背脂厚度值。本試驗研究試驗流程圖如圖 6 所示。

表 2. 本試驗中央種豬性能檢定站 202309-202505 期基因檢測豬隻品種及公、母頭數一覽表

Table 2. The pig breeds and numbers of males and females tested by Central Breeding Swine Performance Testing Station of National Animal Industry Foundation for the period of 202309-202505

品種 期別	Duroc		Landrace		Yorkshire		Total
	公	母	公	母	公	母	
202309	49	5	32	12	12	5	115
202310	42	6	22	3	13	4	90
202311	51	7	21	6	16	2	103
202401	55	6	27	8	18	3	117
202403	64	9	23	3	13	5	117
202404	65	5	21	5	14	3	113
202405	62	5	29	11	7	2	116
202407	64	5	23	7	15	3	117
202409	66	4	21	7	12	1	111
202410	38	6	20	5	18	4	91
202411	52	4	22	7	16	4	105
202501	50	5	27	8	22	3	115
202503	35	5	17	7	15	4	83
202504	64	8	29	7	15	2	125
202505	66	6	27	3	10	3	115
合計	823	86	361	99	216	48	1633




圖 6. 本試驗研究試驗流程圖。

Figure 6. Flow chart of this experiment research.

## 二、DNA 萃取

本研究之樣本採集於試驗種豬性能檢定結束後，於頸部靜脈採血約 5 mL，置入含抗凝劑之真空採血管中 (EDTA tube)，並立即低溫運送至實驗室進行後續 DNA 萃取。DNA 萃取採用傳統氯仿 (chloroform) 法進行，操作流程如下：

- (1) 將抗凝劑血管中之家畜血液 (全血) 樣本先以 3000~3500 rpm 離心 10 分鐘，去除上清液。吸取紅血球層上之白血球層，置於新的 1.7 mL eppendorf 小試管中。
- (2) 以 1 mL tip 吸取 300 uL 的白血球層置於新的 1.7 mL eppendorf 小試管中，加入 900 uL 的 RBC lysis 溶液，eppendorf 小試管上下混合數次後，靜置 10 分鐘，於 12000 xg 下離心 20 秒。
- (3) 盡量去除離心後之 eppendorf 小試管上層血紅素溶液，留下白血球沉澱物。
- (4) 將白血球沉澱物拍散，加入 1 mL 白血球溶解試劑 (Genomaker)，並與白血球充分混合均勻。
- (5) 於室溫中，靜置混合液反應 10 分鐘。
- (6) 於室溫中，加入 0.5 mL chloroform 混合均勻後，靜置 10 分鐘。
- (7) 以 13000 xg 下離心 15 分鐘。
- (8) 以 200 uL tip 吸取上清液，置於新的 1.7 mL eppendorf 小試管中。
- (9) 於室溫中，加入 0.5 mL chloroform 混合均勻後，靜置 10 分鐘。
- (10) 以 13000 xg 下離心 15 分鐘。
- (11) 以 200 uL tip 吸取上清液，置於新的 1.7 mL eppendorf 小試管中。

- 
- (12) 以 1 mL tip 加入 0.7 倍上述上清液體積 (0.7 vol.) 的 isopropanol (例如：上一步驟吸取到 1 mL 的上清液請加入  $1 \times 0.7 = 0.7$  mL 的 isopropanol)，緩慢上下混合，直到 DNA 沉澱物出現。
- (13) 小心將上清液去除。
- (14) 加入 1 mL 的 75% 酒精，與 DNA 沉澱物混合清洗。
- (15) 小心將上清液去除，再加入 1 mL 的 75% 酒精，與 DNA 沉澱物混合清洗。
- (16) 小心將上清液去除，並將 DNA 沉澱物留於小試管底部，倒立 eppendorf 小試管風乾 DNA。
- (17) 以 T. E. 緩衝液溶解 DNA，過夜促進完全溶解。
- (18) 放入  $-80^{\circ}\text{C}$  冷凍保存備用。

### 三、 候選基因與 SNP 位點選擇

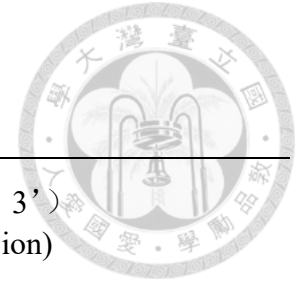
為探討影響豬隻生長、背脂與繁殖性狀之重要分子基礎，本研究選擇七個已被文獻證實與經濟性狀相關之候選基因且在中央檢定站已行之多年的檢測基因進行多型性分析。基因的選取依據主要包括：(1) 在過去研究中顯示與肉品質、繁殖力或生長性能相關；(2) 於不同品種中具有多型性且可用於分子標識輔助選拔；(3) 具明確的 SNP 序列資訊，可設計引子進行 MassArray 分析。

本研究共選擇七個候選基因 (*PSS*、*ESR*、*H-FABP*、*IGF2-In3*、*IGF2-In7*、*PRLR*、*MSTN*) 及十一個 SNP 位點如表 3。其中 *ESR* 與 *PRLR* 基因與繁殖性狀相關；*H-FABP* 與 *IGF2* 基因為影響肌肉品質與生長速率的重要基因；*PSS* 基因是調控鈣離子通道的關鍵基因，又被稱為緊迫基因；而 *MSTN* 基因則為調控肌肉發育的重要基因。所有 SNP 位點皆依據 NCBI 基因資料庫與前人研究報導之序列位置設計，引子設計與分型分析均依 Agena Bioscience MassArray (Agena Bioscience, San Diego, CA, USA) 系統進行。

表 3. 本試驗檢測之候選基因資訊

Table 3. Candidate gene information analyzed in this study

基因代號	基因全名	染色體位置	多型性位點 (限制酶切位置)	主要影響性狀	Primer Sequence (5' → 3') (PCR-F/PCR-R/Extension)
<i>PSS</i>	<i>Ryanodine receptor 1</i>	SSC6	C1843T	緊迫敏感性、肉品質	F: ACGTTGGATGATCCTGGAGGTGCTGTACTG R: ACGTTGGATGTGGACTTGATGTGGTTCTCC E (R): GATGTTCAAGGACCTCAG
<i>ESR</i>	<i>Estrogen receptor</i>	SSC1	<i>PvuII</i>	產仔數、繁殖力	F: ACGTTGGATGTCGAGGGTTCAGTCCAATTAG R: ACGTTGGATGCTAAAGATGCAGAATCAAG E (F): AGTTTTATGAGACCA
<i>H-FABP</i> ( <i>HinfI</i> )	<i>Heart-type fatty acid binding protein</i>	SSC6	<i>HinfI</i>	肉質、脂肪	F: ACGTTGGATGAACCGAAGATGTCCATGACC R: ACGTTGGATGCTCTTCGGAATCTGAGAAGG E (R): CTGAGAAGGAAGCCG
<i>H-FABP</i> ( <i>MspI</i> )	<i>Heart-type fatty acid binding protein</i>	SSC6	<i>MspI</i>	肉質、脂肪	F: ACGTTGGATGTTCTCCCTCTTCCATGCCTG R: ACGTTGGATGAAGGAGGAGGGGACATCTAC E (F): TCTACCCTCTCTCAGGA
<i>H-FABP</i> ( <i>HaeIII</i> )	<i>Heart-type fatty acid binding protein</i>	SSC6	<i>HaeIII</i>	肉質、脂肪	F: ACGTTGGATGAAGTAGCCTACCTTCTTGAG R: ACGTTGGATGGCTTTTTGTCCACTCAGAGC E (R): GCAGATTATTTCTAGCCTGG
增長基因 ( <i>IGF2-In3</i> )	<i>Insulin-like growth factor 2</i>	SSC2	Intron 3 (A3072G)	屠體性狀、肌肉發育	F: ACGTTGGATGTGAAGAAGGGAGGCGTGTAG R: ACGTTGGATGGTTTTTGGAAAACAGAGCCG E (F): CGCATCCACACTGTG



增肌基因 ( <i>IGF2-In7</i> )	<i>Insulin-like growth factor 2</i>	SSC2	Intron 7	屠體性狀、 肌肉發育	F : ACGTTGGATGTTTCGGGATGGATGGTGTGG R : ACGTTGGATGCATGGCAGGTGCCAATCACT E (F) : CTCCTCCGAGGGTCTGAGACTTCAGA
產精基因 ( <i>PRLR</i> )	<i>Prolactin receptor</i>	SSC16	<i>AluI</i>	泌乳能力、 繁殖性狀	F : ACGTTGGATGAGAATCCAGCTGCGAAAGAC R : ACGTTGGATGATCGAGGTAATCCAGCCCAC E (R) : GGGCCGTGGTGAAGC
<i>MSTN-435</i>	<i>Myostatin</i>	SSC15	g.435G>A	肌肉發育、 瘦肉率	F : ACGTTGGATGTATTCACGTGAAAATCGTGC R : ACGTTGGATGAGCTGACATTATCCTCTTGG E (F) : TGCAACTTTAGGATAGGA
<i>MSTN-447</i>	<i>Myostatin</i>	SSC15	g.447A>G	肌肉發育、 瘦肉率	F : ACGTTGGATGAGCTGACATTATCCTCTTGG R : ACGTTGGATGTATTCACGTGAAAATCGTGC E (R) : ACGTGAAAATCGTGCTCAGTTT
<i>MSTN-879</i>	<i>Myostatin</i>	SSC15	g.879T>A	肌肉發育、 瘦肉率	F : ACGTTGGATGAAGTGCAGTTTATATTATTG R : ACGTTGGATGGGTGAGCTGATTCATTTGAC E (F) : AGATATATGTGACATTTGAAAATT



#### 四、MassArray 基因分型流程

本研究之基因分型分析係使用 Agena Bioscience MassArray 平台 (Agena Bioscience, San Diego, CA, USA)，採用 iPLEX Pro 單鹼基延伸化學反應試劑系統進行。所有位點之特異性引子 (PCR primer 與延伸 primer) 皆以 Assay Designer 4.0 軟體 (Agena Bioscience, San Diego, CA, USA) 依 NCBI 序列設計。分析流程如下：

##### (1) PCR 擴增

每個反應體積為 5  $\mu$ L，反應組成包括：基因組 DNA 1  $\mu$ L (濃度 10 ng/ $\mu$ L)、Taq DNA polymerase 1 U、PCR 引子混合液 (每對引子最終濃度 500 nmol) 與 dNTPs 2.5 mM (Agena PCR Accessory and Enzyme Kit; Agena Bioscience, San Diego, CA, USA)。

PCR 條件如下：

- 初始變性：94  $^{\circ}$ C，4 min
- 45 個循環：94  $^{\circ}$ C 20 s  $\rightarrow$  56  $^{\circ}$ C 30 s  $\rightarrow$  72  $^{\circ}$ C 1 min
- 最終延伸：72  $^{\circ}$ C，3 min

##### (2) 去除未反應之 dNTP

擴增後加入 Shrimp Alkaline Phosphatase (SAP) 0.3 U 以去除反應中殘留的未反應核苷酸，避免干擾後續延伸反應。

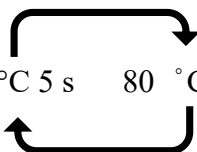
##### (3) 單鹼基延伸反應 (single base extension, SBE)

使用 iPLEX Pro reagent kit (Agena Bioscience, San Diego, CA, USA)，每個反應包含 iPLEX Pro enzyme、terminator mix 與 extension primer mix (Agena Bioscience, San Diego, CA, USA)。



延伸反應循環條件如下：

- 94 °C 30 s
- 40 個循環：94 °C 5 s → (56 °C 5 s 80 °C 5 s) × 5 次內循環
- 最終延伸：72 °C，3 min



#### (4) 產物純化與晶片上樣

延伸反應完成後，加入陽離子交換樹脂（cation exchange resin）以去除反應中殘留之鹽類。

將 7 nL 純化後的延伸產物點樣於 SpectroCHIP（Agena Bioscience, San Diego, CA, USA）晶片上（如圖 7），並以 MassArray Analyzer 4 進行飛行時間質譜（MALDI-TOF MS）分析。

#### (5) 資料分析與基因分型判讀

原始質譜峰圖（raw mass spectra）以 Typer 4.0（Agena Bioscience, San Diego, CA, USA）軟體進行自動叢集與基因型判定。

本研究設定資料品質控制標準如下：

- 單位點 call rate  $\geq 95\%$
- 重複樣本一致率  $\geq 99\%$

若樣本未達標準，則重新抽取 DNA 進行再分析。

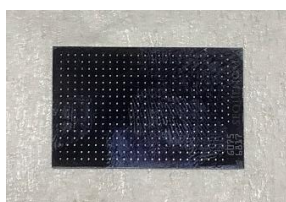


圖 7. 本試驗所使用之晶片。

Figure 7. SpectroCHIP in this study.

## 五、表型資料與統計分析方法

### (一) 表型資料來源與內容

本研究之表型資料取自中央畜產會中央檢定站歷年資料庫（畜產所種原資料庫），涵蓋第 200005 期至第 202505 期 檢定紀錄。其中自第 202309 期至第 202505 期的個體為實際採樣並完成 MassArray 分型之樣本，共 1,633 頭豬隻（杜洛克 909 頭、藍瑞斯 460 頭與約克夏 264 頭）。每頭豬於檢定期間均依檢測規章（財團法人中央畜產會，2020）進行個體飼養與性能測定，包含：

- 一窩仔數 (littersize)
- 平均日增重 (average daily gain, ADG) :  
平均日增重 = (完檢體重-開檢體重) / (完檢日齡-開檢日齡)
- 飼料換肉率 (feed conversion ratio, FCR) :  
飼料換肉率 = 總消耗飼料量 / (完檢體重-開檢體重)
- 修正背脂厚度 (adjusted backfat thickness, adjBF) :  
平均背脂 (average backfat thickness, ABF) = (左側第五肋+左側最後肋+左側最後腰椎+右側第五肋+右側最後肋+右側最後腰椎) ÷ 6  
修正背脂厚度 = 平均背脂 + (110-完檢體重) × 0.0224
- 育種選拔指數 (Selection Index) :

杜洛克品種個檢指數：

$$I = 100 + 120 \times (\text{ADG} - 1.018) - 55 \times (\text{FCR} - 2.122) - 50 \times (\text{adjBF} - 1.388)$$

藍瑞斯品種與約克夏品種個檢指數：

$$I = 100 + 140 \times (\text{ADG} - 1.020) - 60 \times (\text{FCR} - 2.120) - 30 \times (\text{adjBF} - 1.397)$$



## (二) 統計分析方法

利用 SAS 9.4 (SAS, 2019) 之一般線性模式 (general linear model procedure, GLM) 進行各 SNP 基因型與表型性狀之關聯性檢定, 若模型達顯著水準 ( $P < 0.05$ ), 進一步以 Tukey 檢定比較不同基因型間之差異。各品種間基因型分布差異以卡方獨立性檢定 (chi-square test of independence), 檢定顯著水準設定為  $P < 0.05$ , 極顯著為  $P < 0.01$ 。分析結果以平均值  $\pm$  標準差 (Mean  $\pm$  SD) 呈現。卡方獨立性檢定之自由度依列 (r) 與欄 (c) 之分類計算:  $df = (r - 1) \times (c - 1)$ 。

一般線性模式分析模式如下:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + e_{ij}$$

$Y_{ij}$ : 各生長性狀, 選拔指數

$\mu$ : 族群平均值

$G_i$ : 基因型固定效應

$e_{ij}$ : 試驗誤差



## 六、全基因組關聯分析

### (一) 全基因體定序

通過品質控管的基因體 DNA (200–400 ng) 以 Illumina DNA PCR-Free Prep Kit (Illumina, San Diego, CA) 建構定序文庫 (sequencing library)。DNA 首先以酵素方式片段化，使插入片段長度約為 300–400 bp，接著連接 Illumina dual-index adapters，並經 AMPure XP beads (Beckman Coulter) 進行清洗與 size selection。最終定序文庫以 Qubit ssDNA HS Assay 定量後進行等莫耳混合。定序採用 Illumina NovaSeq X plus 平台 (Illumina, San Diego, CA)，以 150 bp paired-end (PE150) 模式，輸出至少 30× 深度 (coverage) 的全基因體資料。

### (二) 定序資料處理與變異檢定

Illumina NovaSeq 產生之 FASTQ 原始序列首先比對至豬基因體參考序列 *Sus scrofa* 11.1 (susScr11)。比對流程包括 BWA-MEM mapping、排序 (sorting)、格式轉換 (SAM → BAM)、以及 duplicate marking。後續變異偵測使用 DRAGEN Bio-IT Platform v4.2 (Illumina) 或 GATK germline pipeline 完成，包含 variant calling 與產生最終 VCF (variant call format) 檔案。

變異資料包含 SNP 及 INDEL，初步濾除低品質變異後，依下列條件篩選高可信度變異 (high-confidence variants)：

- SNP：QUAL  $\geq$  30、深度 DP  $\geq$  10
- INDEL：QUAL  $\geq$  30、深度 DP  $\geq$  10

最後使用 VEP (Variant Effect Predictor) 以 *Sus scrofa* 11.1 v114.1 註解資料庫進行功能註解，並僅保留 canonical transcript 以避免多轉錄本造成冗餘註解。



### (三) 基因型資料整理與品質空管

為確保 GWAS 分析的資料品質，對所有 SNP 進行下列標準化與品質篩選：

1. Call rate  $\geq$  90%
2. 個體缺失率 (missing rate)  $\leq$  10%
3. 次要交替基因頻度 (MAF)  $>$  0.05
4. 僅納入常染色體 (Chr 1–18) 變異
5. 移除 Hardy–Weinberg equilibrium (HWE) 顯著偏離的 SNP ( $p < 1 \times 10^{-6}$ )

所有基因型依 0/1/2 劑量化形式表示 (0 = homozygous reference、1 = heterozygous 及 2 = homozygous alternate)。

### (四) GWAS 統計模型

為比較不同樣品群之間在基因變異特徵區 (gene-consequence level) 的差異，每個基因變異特徵首先彙整為「每樣本一筆」的資料結構，將同一樣本於該功能特徵下的所有觀測計數加總為單一值。群間差異的檢定採用 Welch's t-test (Welch, 1947)，不預設變異相等下提升情境適應性。

於統計檢定後，選取 Welch t-test 顯著性水準  $P < 0.01$  之基因功能區作為差異特徵集合。這些功能區所對應之基因名稱 (gene symbols) 輸入 DAVID Bioinformatics Resources (<https://davidbioinformatics.nih.gov/>) 進行基因功能查詢，包括 Gene Ontology Biological Process (GO-BP) (Ashburner et al., 2000)、Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) pathways (Kanehisa and Goto, 2000)、以及與上調基因相關的組織 (up-tissue) 分析。最後，針對顯著基因逐一於 NCBI PubMed 資料庫進行豬隻研究文獻檢索，整理基因生物功能資料。

## 參、結果



### 一、各基因型及交替基因頻度分布

本研究以 MassArray 系統對 7 個候選基因共 11 個 SNP 位點進行分型。並結合中央畜產會 200005 期至 202505 期年資料，對 11 個多型性位點之基因型與交替基因頻度進行分析，結果如下。

#### (一) PSS 基因頻度結果

由 200005 期至 202505 期的檢測資料結果顯示，PSS 基因在三個品種間呈現極顯著的基因型頻度差異 ( $\chi^2=610.06$ ,  $df=4$ ,  $p<0.01$ )。如表 4 顯示，杜洛克族群以 AA 型為主 (91.3%)，異型合子 AB 佔 8.2%，並偵測到少數 BB 型個體 (0.4%)；藍瑞斯族群幾乎完全為 AA 型 (98.9%)，AB 型僅 1.1%，未觀察到 BB 型；約克夏族群亦以 AA 型為主 (99.7%)，AB 型僅 0.3%。三品種間的基因型分布差異達極顯著水準 ( $p<0.01$ )。

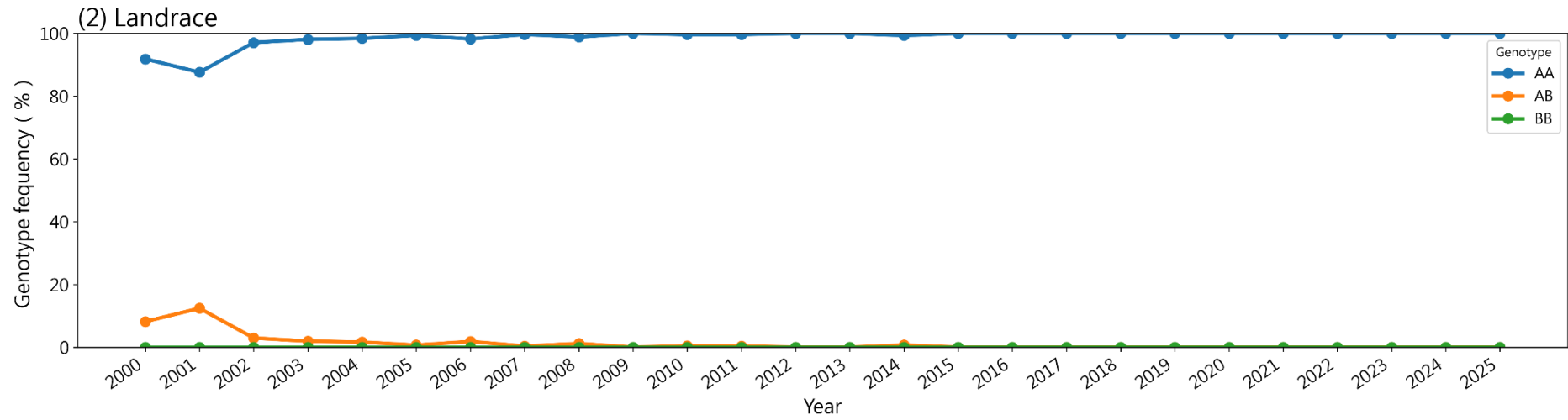
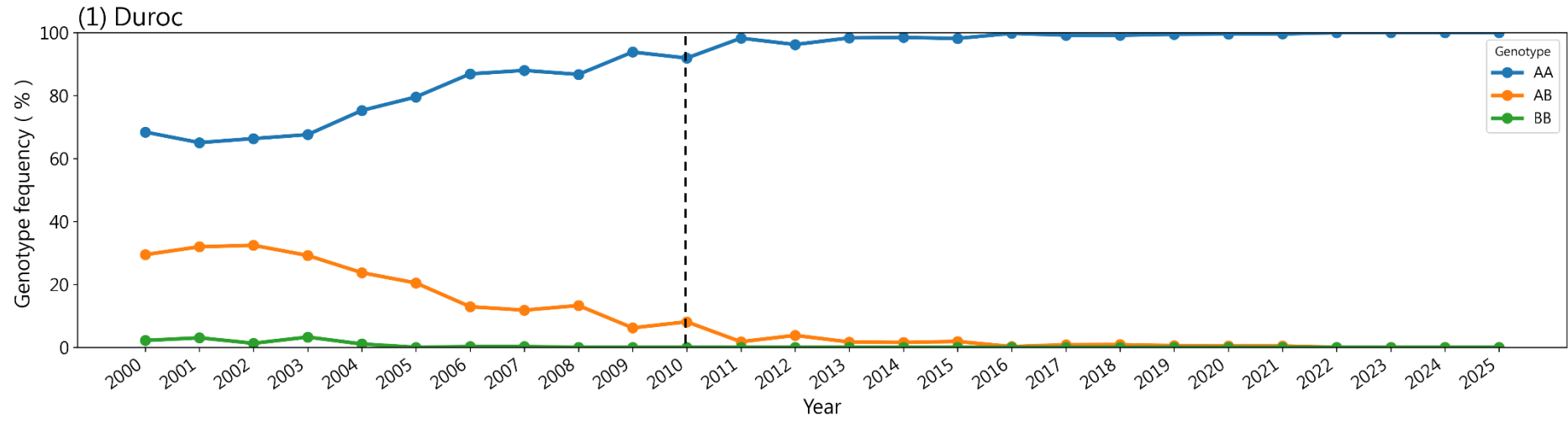
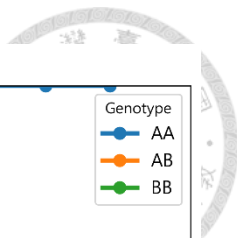
如圖 8，PSS 基因在三個品種間呈現穩定的年度變化趨勢。杜洛克族群在早期 (2000–2010 年) 曾出現少數異型合子 AB 型和純合子 BB 型，但隨後逐漸消失，從 2010 至 2025 年止整體以 AA 型為主。藍瑞斯族群自 2000 年以來幾乎完全固定為 AA 型，僅觀察到極少數 AB 個體 (1.1%)。約克夏族群亦呈現如杜洛克和藍瑞斯族群相同趨勢，整體 AA 型頻度維持在 90% 以上，AB 與 BB 型幾乎未檢出。

表 4. 本試驗從 200005 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻 *PSS* 基因頻度檢測結果

Table 4. Results of *PSS* gene frequency analysis in Duroc, Landrace, and Yorkshire pigs from 200005 to 202505 testing periods in this study

Breed	<i>PSS</i> genotype	<i>AA</i> (%)	<i>AB</i> (%)	<i>BB</i> (%)	Total
Duroc		10,978* (91.3)	984 (8.2)	43 (0.4)	12,005
Landrace		6,645 (98.9)	77 (1.1)	0 (0.0)	6,722
Yorkshire		2,364 (99.7)	6 (0.3)	0 (0.0)	2,370
Total		19,987 (94.7)	1,067 (5.0)	43 (0.3)	21,097

\*Values are presented as sample size, with percentages shown in parentheses.



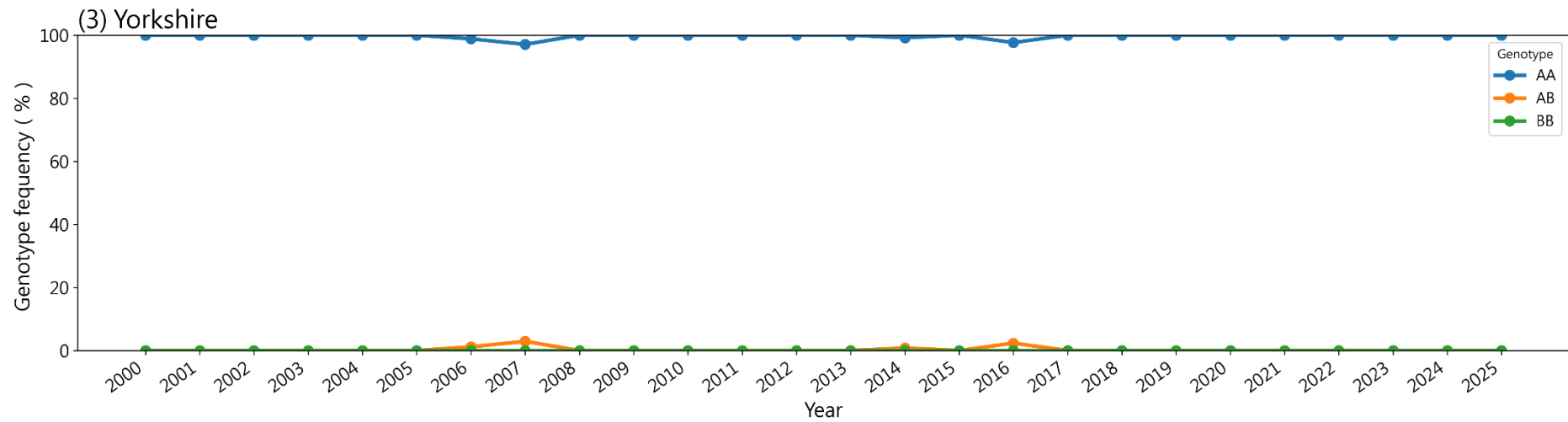


圖 8. 本試驗三個品種豬隻(Duroc、Landrace 及 Yorkshire)PSS 基因型年度變化趨勢圖。(1)為杜洛克(Duroc),(2)為藍瑞斯(Landrace)及(3)為約克夏(Yorkshire)。

Figure 8. Annual trends of PSS genotypes in three pig breeds (Duroc, Landrace, and Yorkshire). Panels (1), (2), and (3) represent the Duroc, Landrace, and Yorkshire populations in this study.



## (二) *ESR* 基因頻度結果

由 200005 期至 202505 期的檢測資料結果顯示，*ESR* 基因在三個品種間呈現極顯著的基因型頻度差異 ( $\chi^2 = 9918.02$ ,  $df = 4$ ,  $p < 0.01$ )。如表 5 所示，杜洛克族群幾乎完全固定為 *NN* 型 (99.6%)，僅偵測到極少數 *MN* 型與個別 *MM* 型個體 (3 隻)。藍瑞斯族群中 *NN* 型與 *MN* 型皆占一定比例但 *NN* 型仍較 *MN* 型高 (87.06 vs. 11.82%)，而 *MM* 型比例極低 (約 1%)。約克夏族群則顯示相對較高之 *MN* (45.5%) 與 *MM* (28.5%) 比例。

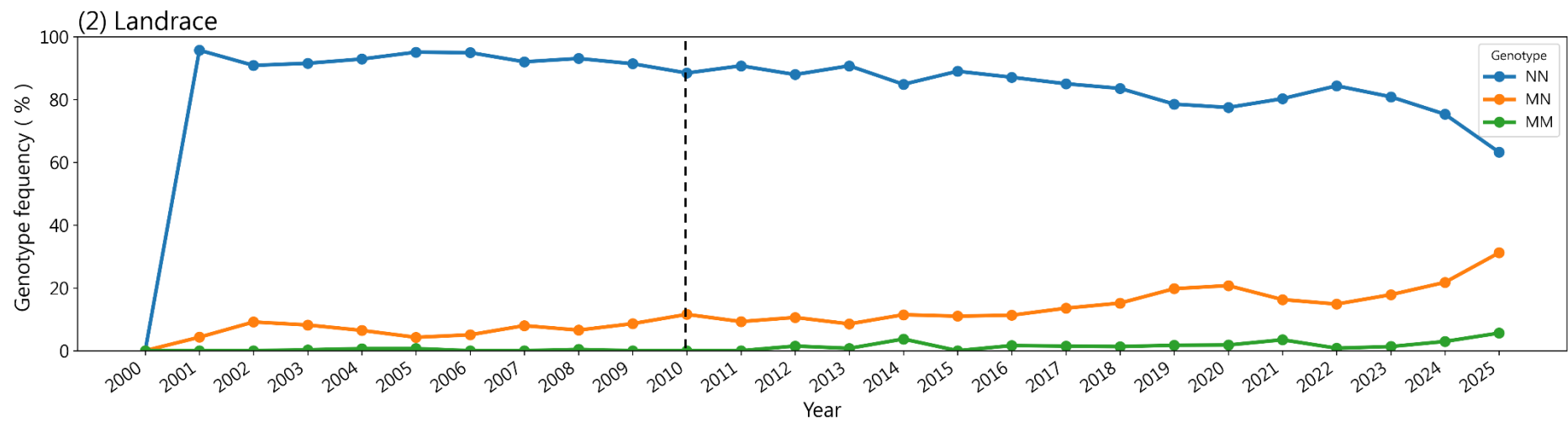
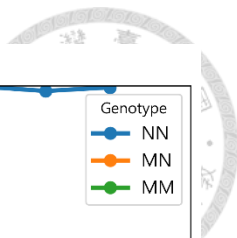
如圖 9 所示，*ESR* 基因在三個品種間呈現明顯不同的年度變化趨勢。在杜洛克族群中，整體 *NN* 型的頻度始終維持在極高水準(約 95% 以上)，*MN* 型與 *MM* 型比例極低且波動有限。藍瑞斯族群則同樣以 *NN* 型為主，但可觀察到自 2010 至 2025 年以後 *MN* 型 (從 10 至 30%) 和 *MM* 型 (從 0 至 10%) 頻度逐漸上升，而 *NN* 型略有下降 (從 90 至 60%)。約克夏族群顯示明顯不同的分布趨勢，三種基因型間頻度差異較小且變化劇烈。

表 5. 本試驗從 200005 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻 *ESR* 基因頻度檢測結果

Table 5. Results of *ESR* gene frequency analysis in Duroc, Landrace, and Yorkshire pigs from 200005 to 202505 testing periods in this study

Breed	<i>ESR</i> genotype	<i>MM</i> (%)	<i>MN</i> (%)	<i>NN</i> (%)	Total
Duroc		3* (0.03)	42 (0.37)	11,400 (99.6)	11,445
Landrace		71 (1.12)	752 (11.82)	5,539 (87.06)	6,362
Yorkshire		647 (28.47)	1,034 (45.47)	593 (26.06)	2,274
Total		721 (3.6)	1,828 (9.1)	17,532 (87.3)	20,081

\*Values are presented as sample size, with percentages shown in parentheses.



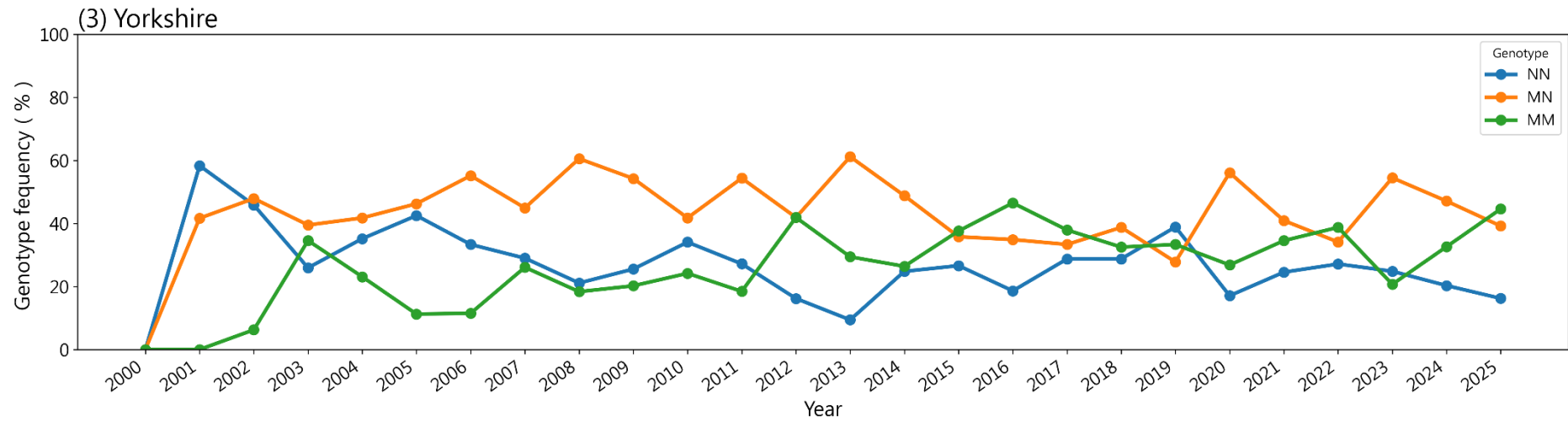


圖 9. 本試驗三個品種豬隻(Duroc、Landrace 及 Yorkshire)ESR 基因型年度變化趨勢圖。(1)為杜洛克(Duroc)·(2)為藍瑞斯(Landrace)及(3)為約克夏(Yorkshire)。

Figure 9. Annual trends of *ESR* genotypes in three pig breeds (Duroc, Landrace, and Yorkshire). Panels (1), (2), and (3) represent the Duroc, Landrace, and Yorkshire population in this study.



### (三) *H-FABP* 基因頻度結果

本試驗 *H-FABP* 基因分析，如文獻所述，主要分為 *HinfI*，*MspI* 及 *HaeIII* 三個位點進行基因型分析，故以下將三個位點分別進行檢測結果討論。

#### 1. *HinfI* 位點

如表 6 所示，*H-FABP* 基因之 *HinfI* 位點在三個品種間呈現極顯著差異 ( $\chi^2 = 2412.03$ ,  $df=4$ ,  $p < 0.01$ )。杜洛克族群以 *HH* 型為主 (91.5%)，*Hh* 型與 *hh* 型比例極低(分別為 8.0% 與 0.5%)。藍瑞斯族群中 *HH* 型仍佔主要比例(78.7%)，但 *Hh* 型頻度相對較高 (19.6%)，仍可觀察到少數 *hh* 型個體 (1.7%)。約克夏族群則顯示明顯不同的分布趨勢，*Hh* 型比例顯著增加至 37.6%，*hh* 型亦達至 10.3%，而 *HH* 型比例則下降至 52.1%。

如圖 10 所示，*H-FABP* 基因 *HinfI* 位點在三個品種間的年度變化趨勢呈現明顯差異。在杜洛克族群中，*HH* 型維持於高水準 (約 80–95%)，*Hh* 型比例逐年下降至 5% 以下，*hh* 型則極為罕見 (低於 2%)。藍瑞斯族群同樣以 *HH* 型為主 (約 70–85%)，*Hh* 型維持在 15–25% 之間，*hh* 型則低於 3%。約克夏族群則表現出最明顯的變化趨勢，*HH* 與 *Hh* 型頻度接近並交替變動 (約 35–60%)，而 *hh* 型比例最低 (約 5–15%)。

#### 2. *MspI* 位點

*H-FABP* 基因之 *MspI* 位點在三個品種間呈現極顯著的基因型頻度差異 ( $\chi^2 = 16878.35$ ,  $df=4$ ,  $p < 0.01$ )。如表 7 所示，杜洛克族群以 *aa* 型為主 (82.5%)，*Aa* 型佔 15.8%，*AA* 型僅 1.7%。相對地，藍瑞斯與約克夏族群則以 *AA* 型為主 (分別為 94.8% 與 95.9%)，*Aa* 型比例僅 4-5%，而 *aa* 型個體極少 (<1%)。整體而言，三品種間之族群在 *H-FABP* 之 *MspI* 基因型族群結構差異達極顯著水準 ( $p < 0.01$ )。

*H-FABP* 基因 *MspI* 位點在三個品種間顯示出明顯差異的基因型頻度變化如圖 11 所示。杜洛克族群以 *aa* 型為主，頻度逐年上升並穩定維持在 80-95% 之間，*Aa* 型約佔 10-20%，而 *AA* 型則長期低於 5%。藍瑞斯族群幾乎完全由 *AA* 型構成 (>95%)，*Aa* 型僅佔少數 (<5%)，而 *aa* 型極為罕見。約克夏族群呈現與藍瑞斯相同之結果，*AA* 型佔絕對優勢 (約 95-100%)，*Aa* 型 (4.0%) 僅偶見，*aa* 型 (0.1%) 幾乎沒有。

### 3. *HaeIII* 位點

如表 8 所示，*H-FABP* 基因之 *HaeIII* 位點在三個品種間呈現極顯著的基因型頻度差異 ( $\chi^2=6266.51$ ,  $df=4$ ,  $p<0.01$ )。杜洛克族群 (D) 以 *dd* 型為主 (84.0%)，*Dd* 型佔 14.8%，*DD* 型僅 1.2%；藍瑞斯族群 (L) 同樣以 *dd* 型為主 (72.0%)，*Dd* 型比例為 25.9%，*DD* 型僅 2.1%；而約克夏族群 (Y) 則顯示完全不同的分布趨勢，*Dd* 型比例最高 (44.5%)，*DD* 型亦顯著上升 (平均為 37.2%)，*dd* 型僅 18.3%。

如圖 12 所示，*H-FABP* 基因 *HaeIII* 位點在三個品種間的基因型頻度變化明顯不同。在杜洛克族群中，以 *dd* 型為主要基因型，頻度逐年上升並穩定維持於 80-95%，*Dd* 型約佔 10-20%，而 *DD* 型則長期低於 5%。藍瑞斯族群呈現類似趨勢，*dd* 型比例約為 70-85%，*Dd* 型約 15-25%，*DD* 型低於 5%，與 Duroc 類似。然而，約克夏族群三種基因型頻度相對接近，*Dd* 型於多數年度為主要基因型 (約 40-50%)，*DD* 與 *dd* 型分別約佔 20-40%，基因型頻度波動較大。

### 4. *H-FABP* 指數 (Index)

*H-FABP* 基因指數在三個品種間呈現極顯著差異 ( $\chi^2=16878.35$ ,  $p<0.01$ ) (表 9)。由表中結果顯示，杜洛克族群幾乎為 HH6 (82.2%)。藍瑞斯族群主要以 HL4 (69.1%) 為主，且 LL2 型亦有一定比例 (18.1%)。約克夏族群則分布較分散，LL 型 (LL0+LL1+LL2) 總計達 57%，為三族群中低指數比例最高。

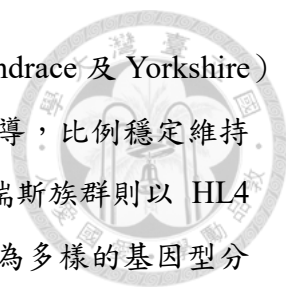


圖 13 顯示 *H-FABP* 基因 Index 指數於三品種(Duroc、Landrace 及 Yorkshire) 族群中的年度變化趨勢。在杜洛克族群中，HH6 型長期占據主導，比例穩定維持於 80% 以上，其他指數如 HL3、HL4 僅維持於低比例分布。藍瑞斯族群則以 HL4 型（約 60–80%）為主，且 LL2 型比例略有上升，整體呈現較為多樣的基因型分布。約克夏族群的分布最為分散，HL3、HL4、LL1 及 LL2 等型別皆有一定比例。

表 6. 本試驗從 200005 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻 *H-FABP* 基因之 *HinfI* 位點基因頻度檢測結果

Table 6. Results of *H-FABP* genotypes at the *HinfI* locus frequency analysis in Duroc, Landrace, and Yorkshire pigs from 200005 to 202505 testing periods in this study

Breed \ <i>HinfI</i> genotype	<i>HH</i> (%)	<i>Hh</i> (%)	<i>hh</i> (%)	Total
Duroc	9,929* (91.5)	866 (8.0)	54 (0.5)	10,849
Landrace	4,677 (78.7)	1,168 (19.6)	102 (1.7)	5,947
Yorkshire	1,134 (52.1)	819 (37.6)	224 (10.3)	2,177
Total	15,740 (83.0)	2,853 (15.0)	380 (2)	18,973

\*Values are presented as sample size, with percentages shown in parentheses.

表 7. 本試驗從 200005 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻 *H-FABP* 基因之 *MspI* 位點基因頻度檢測結果

Table 7. Results of *H-FABP* genotypes at the *MspI* locus frequency analysis in Duroc, Landrace, and Yorkshire pigs from 200005 to 202505 testing periods in this study

Breed \ <i>MspI</i> genotype	<i>AA</i> (%)	<i>Aa</i> (%)	<i>aa</i> (%)	Total
Duroc	184* (1.7)	1,712 (15.8)	8,953 (82.5)	10,849
Landrace	5,637 (94.8)	282 (4.7)	28 (0.5)	5,947
Yorkshire	2,088 (95.9)	87 (4.0)	2 (0.1)	2,177
Total	7,909 (41.7)	2,081 (11.0)	8,983 (47.3)	18,973

\*Values are presented as sample size, with percentages shown in parentheses.

表 8. 本試驗從 200005 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻 *H-FABP* 基因之 *HaeIII* 位點基因頻度檢測結果

Table 8. Results of *H-FABP* genotypes at the *HaeIII* locus frequency analysis in Duroc, Landrace, and Yorkshire pigs from 200005 to 202505 testing periods in this study

Breed \ <i>HaeIII</i> genotype	<i>DD</i> (%)	<i>Dd</i> (%)	<i>dd</i> (%)	Total
Duroc	129* (1.2)	1,602 (14.8)	9,118 (84.0)	10,849
Landrace	126 (2.1)	1,541 (25.9)	4,280 (72.0)	5,947
Yorkshire	810 (37.2)	968 (44.5)	399 (18.3)	2,177
Total	1,065 (5.6)	4,111 (21.7)	13,797 (72.7)	18,973

\*Values are presented as sample size, with percentages shown in parentheses.

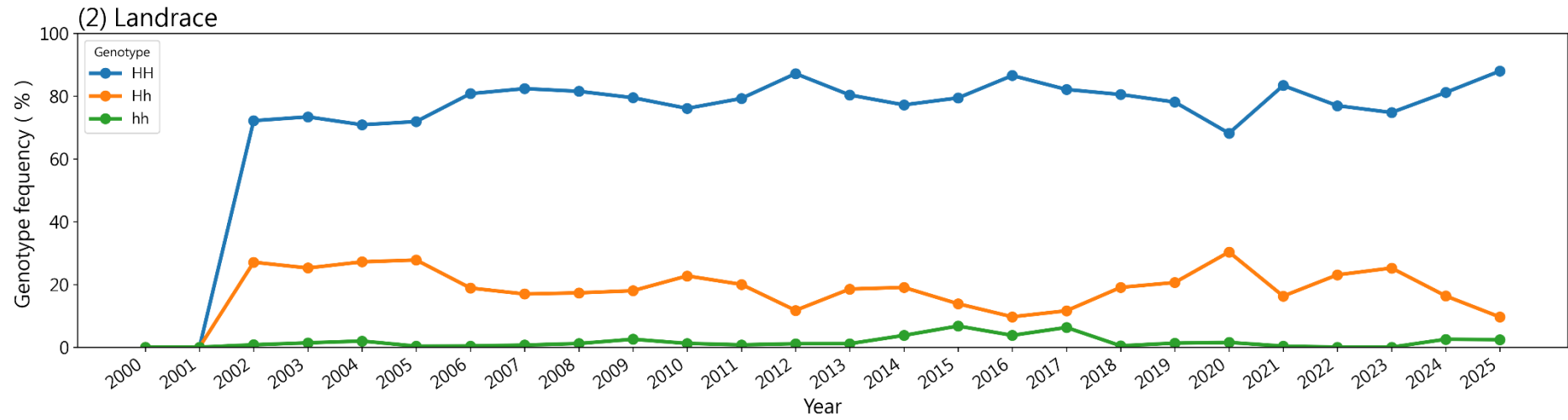
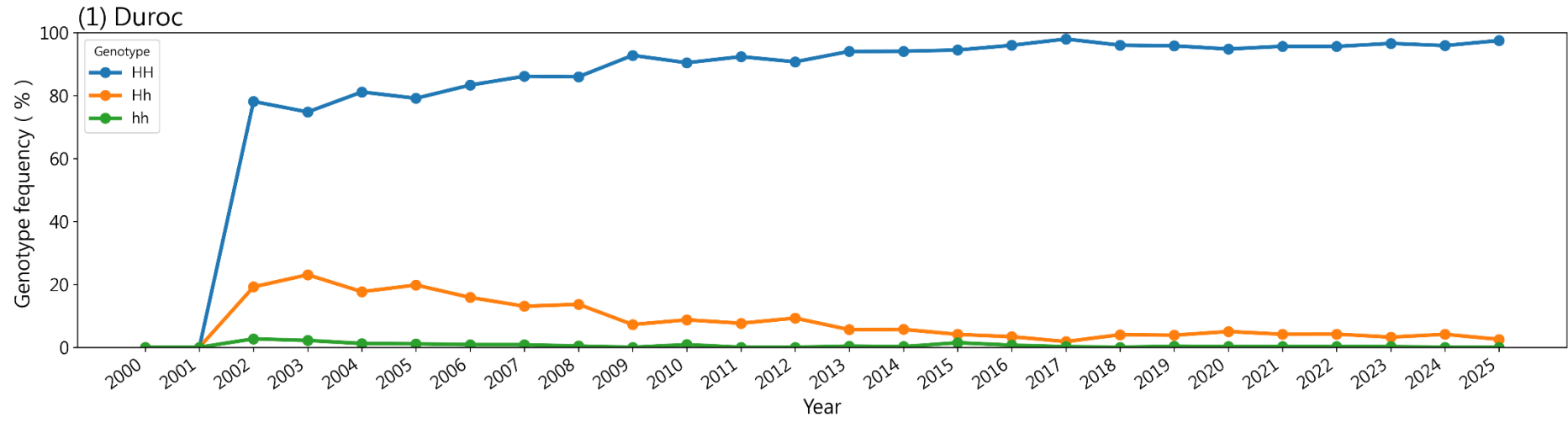
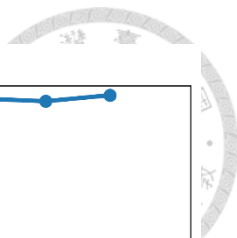
表 9. 本試驗從 200005 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻 *H-FABP* 基因指數頻度檢測結果

Table 9. Results of *H-FABP* index frequency analysis in Duroc, Landrace, and Yorkshire pigs from 200005 to 202505 testing periods in this study

Breed \ Index <sup>1</sup>	HH6 (%)	HL5 (%)	HL4 (%)	HL3 (%)	LL2 (%)	LL1 (%)	LL0 (%)	Total
Duroc	8,918* (82.2)	181 (1.7)	823 (7.6)	778 (7.2)	39 (0.4)	63 (0.6)	47 (0.4)	10,849
Landrace	22 (0.4)	192 (3.2)	4,107 (69.1)	398 (6.7)	1,079 (18.1)	90 (1.5)	59 (1.0)	5,947
Yorkshire	2 (0.1%)	27 (1.2)	395 (18.1)	514 (23.6)	644 (29.6)	387 (17.8)	208 (9.6)	2,177
Total	8,942 (47.1)	1,690 (8.9)	5,325 (28.1)	400 (2.1)	314 (1.7)	540 (2.8)	1,762 (9.3)	18,973

<sup>1</sup>Index : The Index was calculated based on three restriction sites of the *H-FABP* gene (*Hinfl*, *MspI*, and *HaeIII*). For each locus, alleles H, a, and d were assigned one point, while h, A, and D were assigned zero points. The total Index value for each individual was obtained by summing the scores across the three loci.

\*Values are presented as sample size, with percentages shown in parentheses.



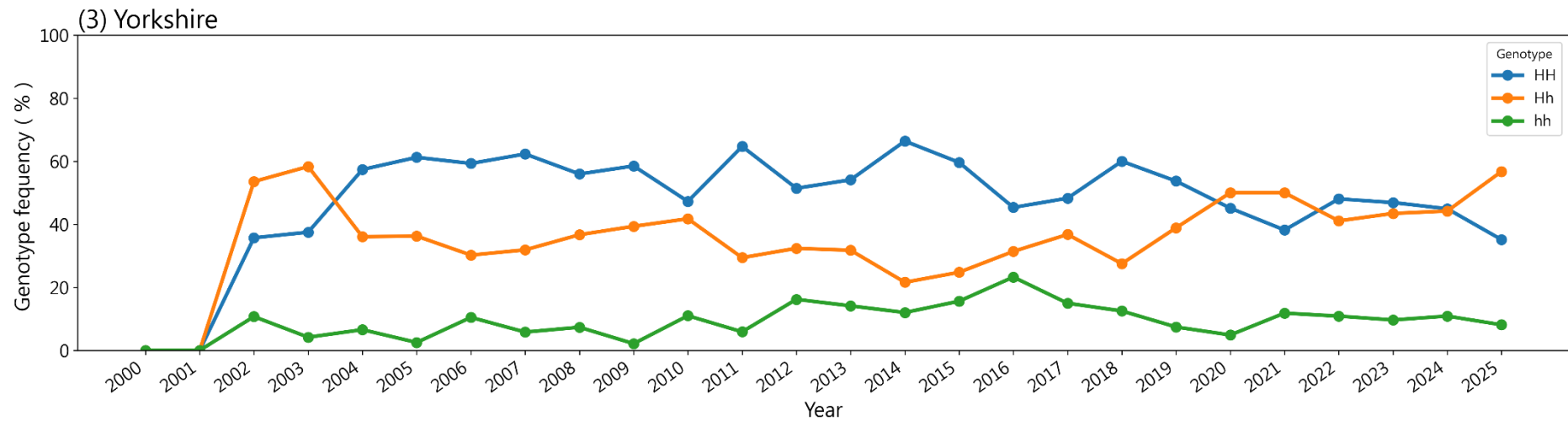
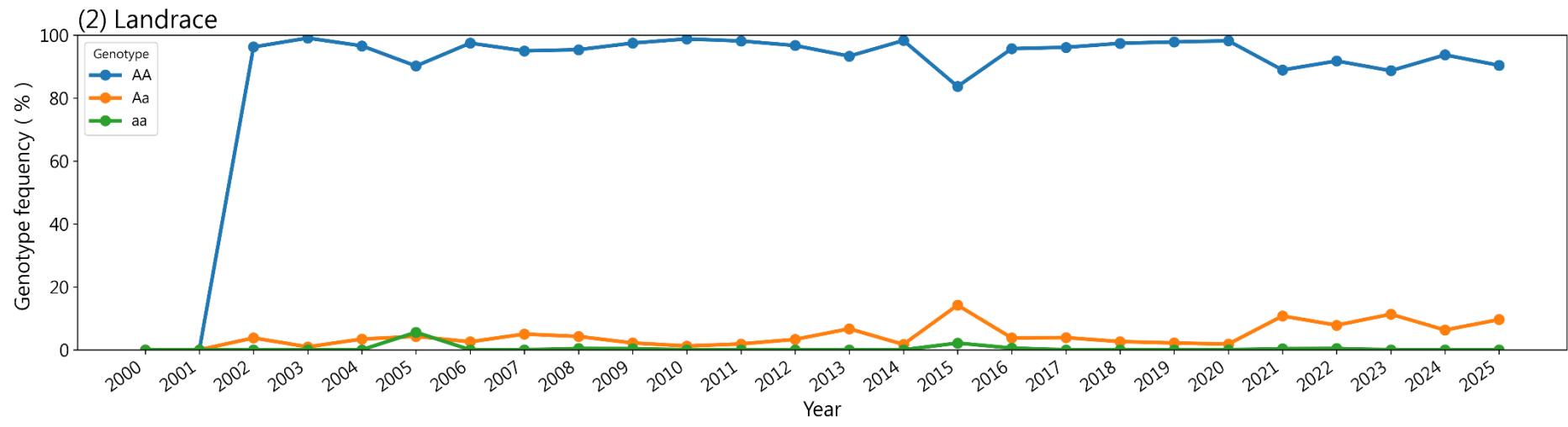
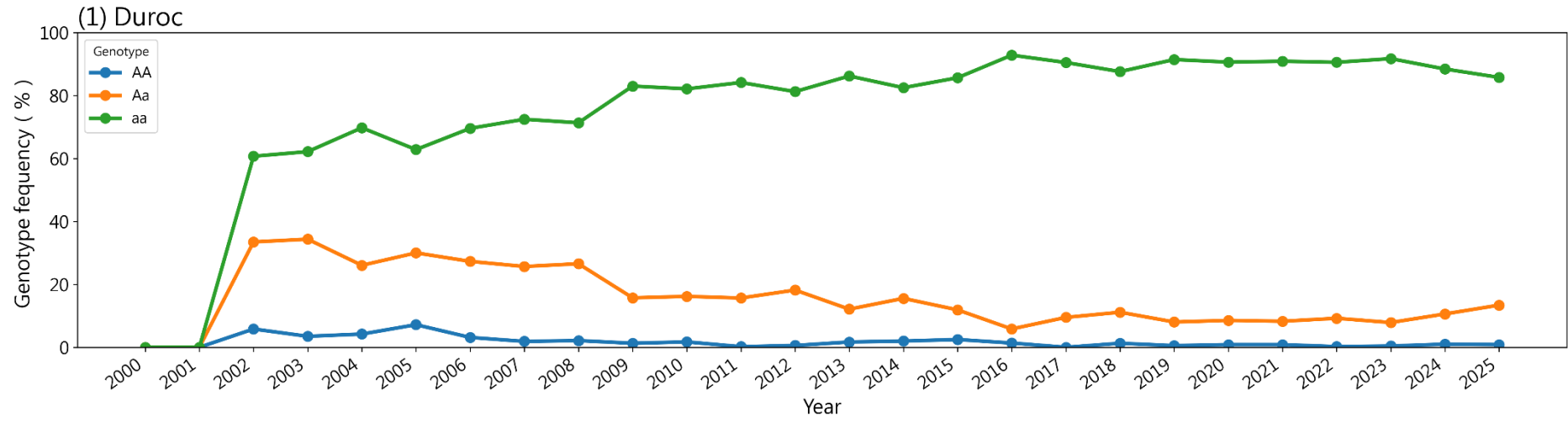
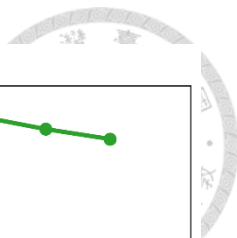


圖 10. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、Landrace 及 Yorkshire) *H-FABP* 基因之 *Hinfl* 位點年度變化趨勢圖。(1) 為杜洛克 (Duroc)、(2) 為藍瑞斯 (Landrace) 及 (3) 為約克夏 (Yorkshire)。

Figure 10. Annual trends of *H-FABP* genotypes at the *Hinfl* locus among three pig breeds (Duroc, Landrace, and Yorkshire). Panels (1), (2), and (3) represent the Duroc, Landrace, and Yorkshire populations in this study.



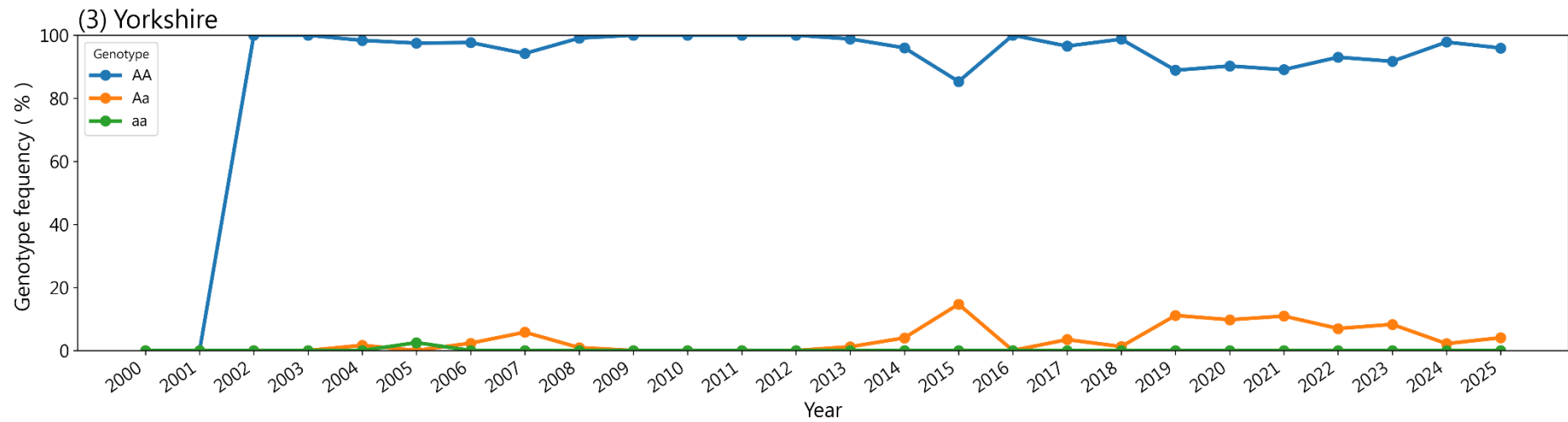
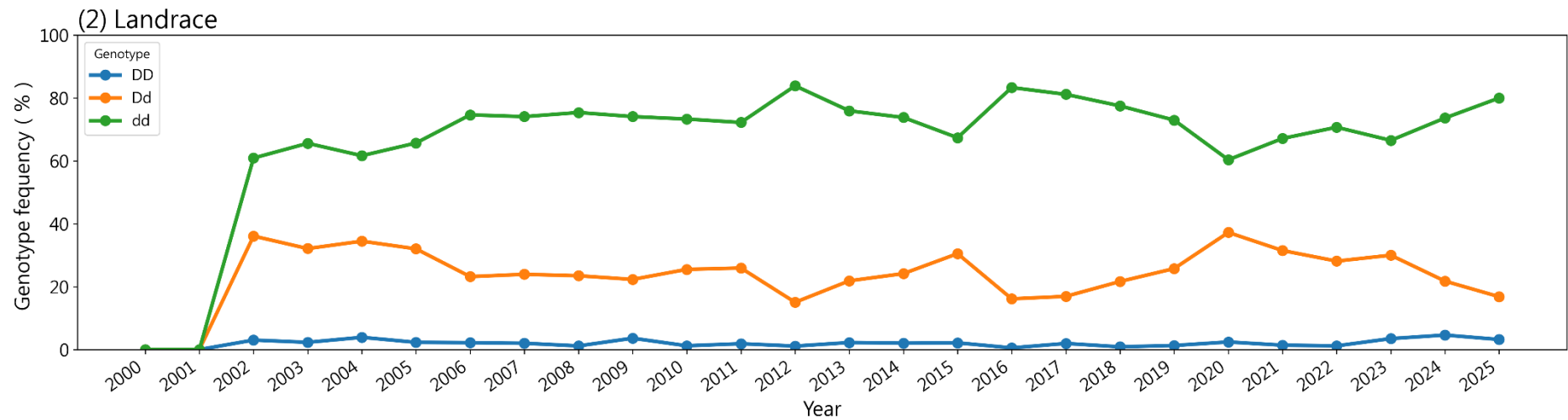
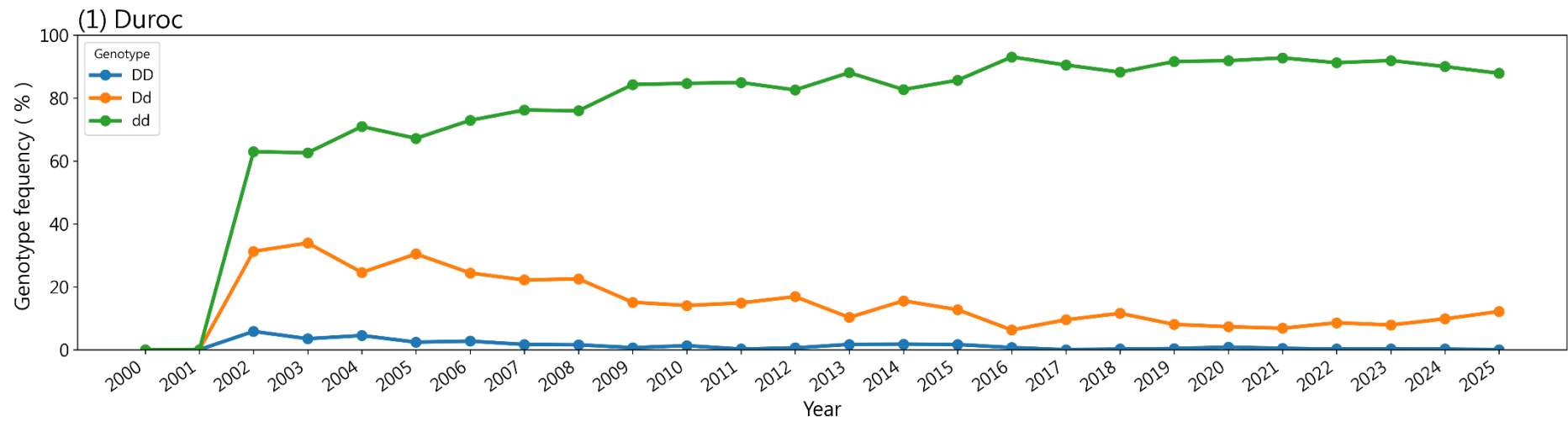
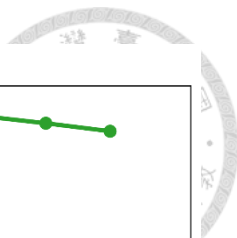


圖 11. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、Landrace 及 Yorkshire) *H-FABP* 基因之 *MspI* 位點年度變化趨勢圖。(1) 為杜洛克 (Duroc)、(2) 為藍瑞斯 (Landrace) 及 (3) 為約克夏 (Yorkshire)。

Figure 11. Annual trends of *H-FABP* genotypes at the *MspI* locus among three pig breeds (Duroc, Landrace, and Yorkshire). Panels (1), (2), and (3) represent the Duroc, Landrace, and Yorkshire populations in this study.



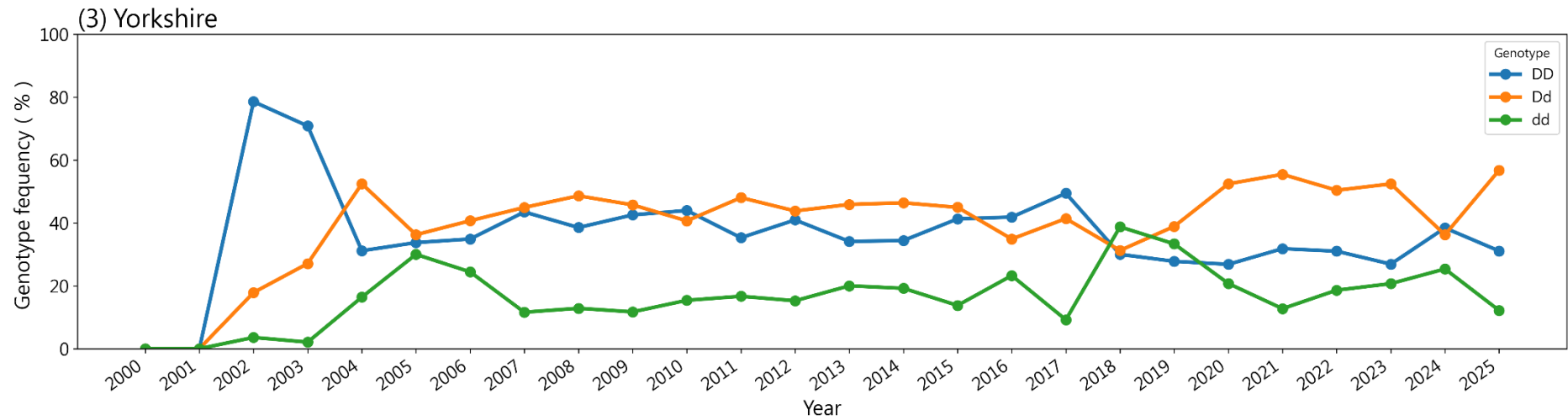
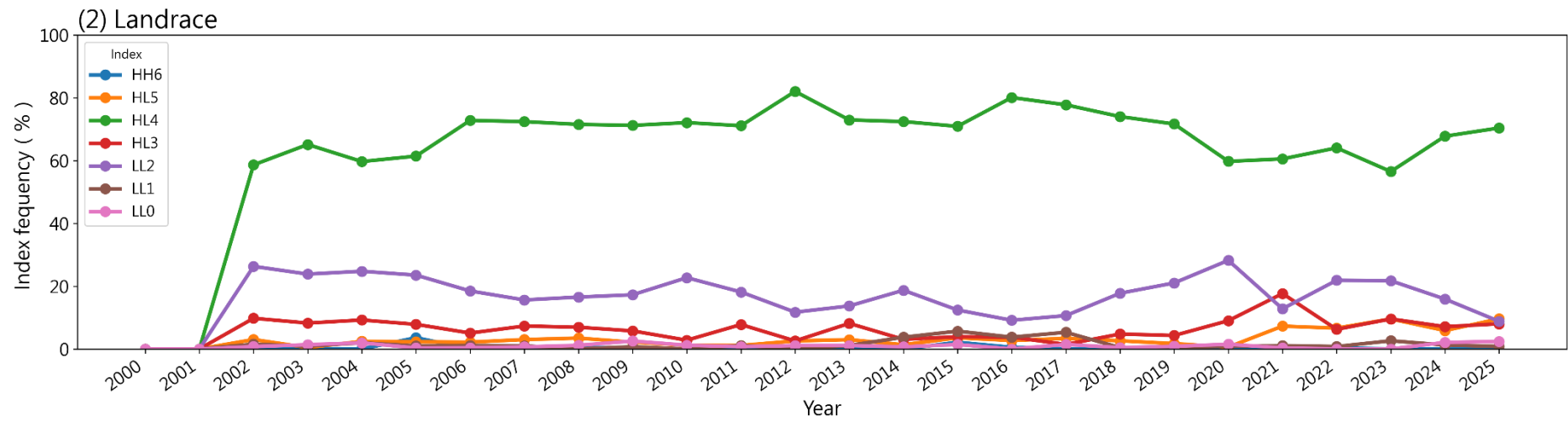
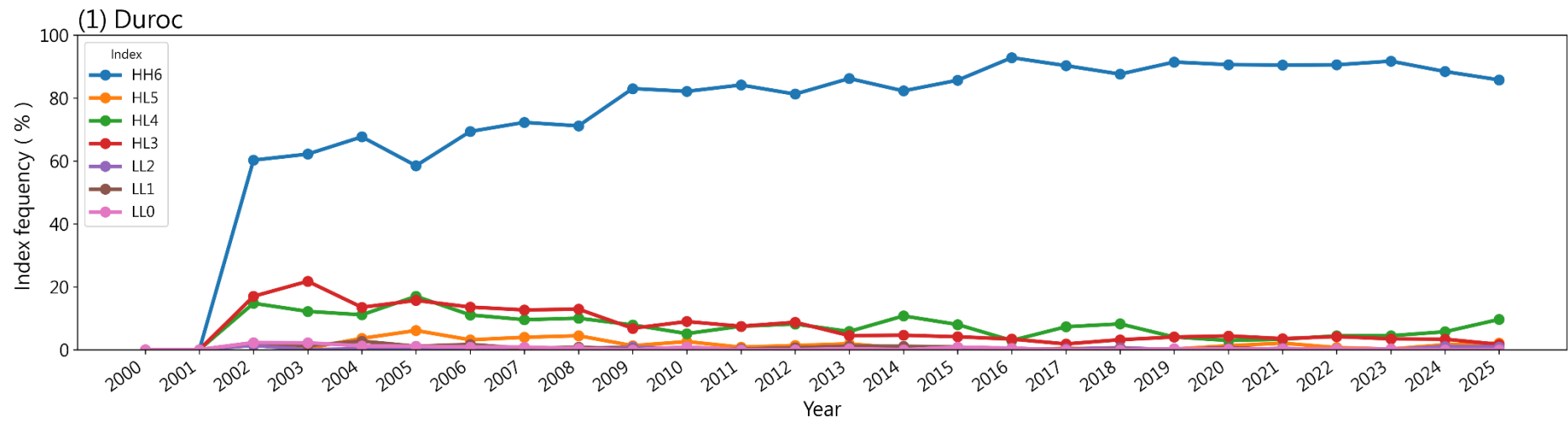
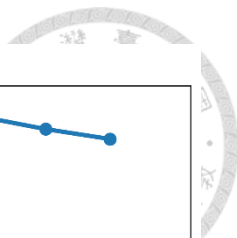


圖 12. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、Landrace 及 Yorkshire) *H-FABP* 基因之 *HaeIII* 位點年度變化趨勢圖。(1) 為杜洛克 (Duroc)，(2) 為藍瑞斯 (Landrace) 及 (3) 為約克夏 (Yorkshire)。

Figure 12. Annual trends of *H-FABP* genotypes at the *HaeIII* locus among three pig breeds (Duroc, Landrace, and Yorkshire). Panels (1), (2), and (3) represent the Duroc, Landrace, and Yorkshire populations in this study.



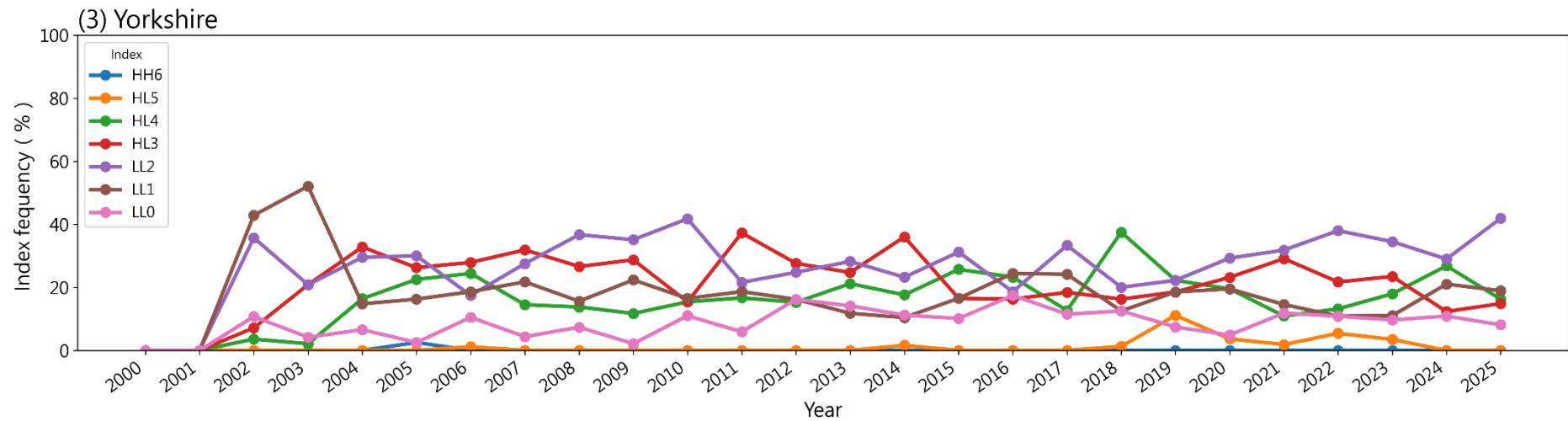


圖 13. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、Landrace 及 Yorkshire) *H-FABP* 基因指數年度變化趨勢圖。(1) 為杜洛克 (Duroc), (2) 為藍瑞斯 (Landrace) 及 (3) 為約克夏 (Yorkshire)。指數為根據 *H-FABP* 基因三個酶切位點 (*HinfI*、*MspI*、*HaeIII*) 所計算之基因型指數。於每一位點中, 交替基因 H, a 及 d 各計 1 分, 反之, 皆為 h, A 及 D 則計 0 分。三個位點六個交替基因所得分數相加後, 即為個體之 *H-FABP* 基因指數值。

Figure 13. Annual trends of *H-FABP* Index among three pig breeds (Duroc, Landrace, and Yorkshire). Panels (1), (2), and (3) represent the Duroc, Landrace, and Yorkshire populations, respectively. The Index was calculated based on three restriction sites of the *H-FABP* gene (*HinfI*, *MspI*, and *HaeIII*). For each locus, alleles H, a, and d were assigned one point, while h, A, and D were assigned zero points. The scores of the six alternative alleles across the three loci were then summed to obtain the individual *H-FABP* gene index in this study.



#### (四) 增長基因 (*IGF2-In3*) 頻度結果

增長基因在三個品種間呈現極顯著的基因型頻度差異 ( $\chi^2 = 1172.77$ ,  $df = 4$ ,  $p < 0.01$ )。杜洛克族群中以 *QQ* 型為主 (99.6%)，僅檢測到極少數 *QR* 型 (0.4%) 與單一 *RR* 型個體。藍瑞斯族群則保留較高的雜合子比例 (*QR* 型 14.4%)，顯示該位點仍具一定的多樣性；約克夏族群介於兩者之間，以 *QQ* 型為主 (91.4%)，僅少數檢出 *QR* 型 (8.4%) (表 10)。

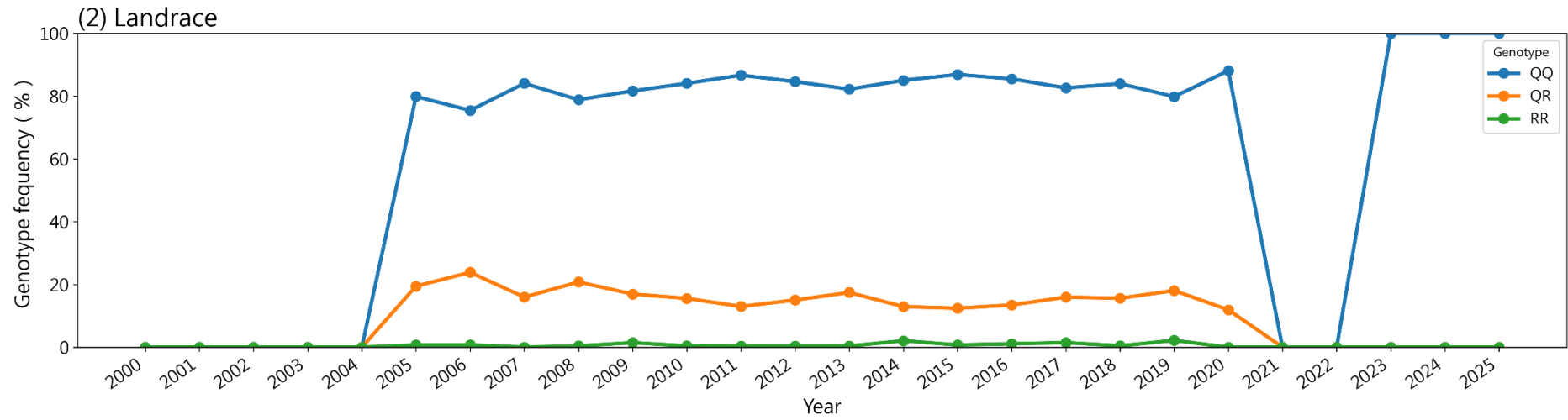
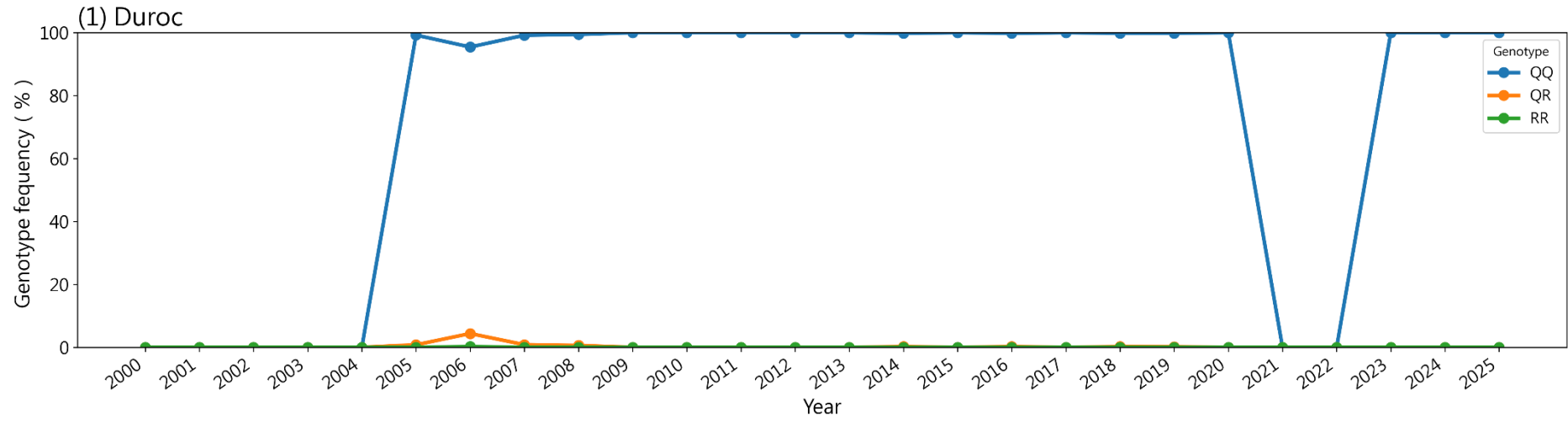
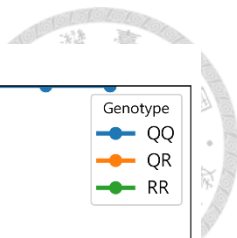
如圖 14 所示，三品種增長基因之基因型均以 *QQ* 型為主要基因型。由於早期 (2000–2004 年) 及部分中期 (2021–2022 年) 年度因新冠肺炎缺乏檢測資料，因此圖中呈現為 0 並非基因型消失，而是該期未進行相關基因型分析。整體而言，各品系在有資料的年度中皆呈現一致趨勢：杜洛克族群自最初檢測即以 *QQ* 型為主 (佔比超過 99%)，*QR* 與 *RR* 型僅偶見。藍瑞斯與約克夏族群則仍保留部分雜合子 (*QR* 型)，其比例約為 10–20%，而 *RR* 型極為稀少。但從 2023 年開始，三品種之增長基因均為 *QQ* 型。

表 10. 本試驗從 200005 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻增長基因 (*IGF2-In3*) 頻度檢測結果

Table 10. Results of *IGF2-In3* gene frequency analysis in Duroc, Landrace, and Yorkshire pigs from 200005 to 202505 testing periods in this study

Breed	<i>IGF2-In3</i> genotype			Total
	<i>QQ</i> (%)	<i>QR</i> (%)	<i>RR</i> (%)	
Duroc	8,373* (99.6)	34 (0.4)	1 (0.0)	8,408
Landrace	3,757 (84.8)	639 (14.4)	31 (0.7)	4,427
Yorkshire	1,488 (91.4)	137 (8.4)	2 (0.1)	1,627
Total	13,618 (94.2)	810 (5.6)	34 (0.2)	14,462

\*Values are presented as sample size, with percentages shown in parentheses.



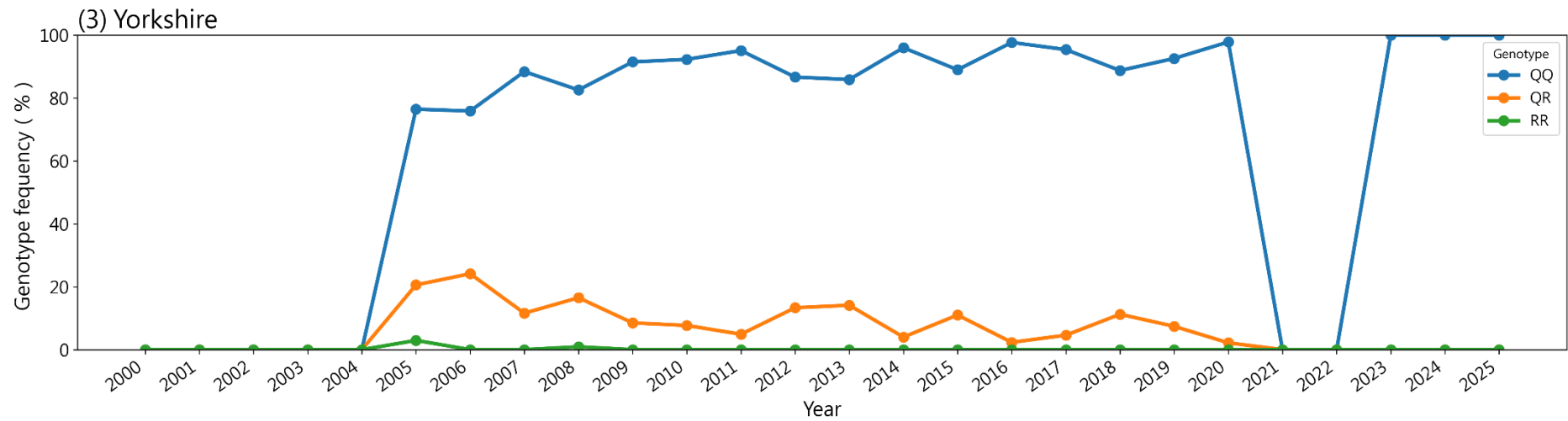


圖 14. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、Landrace 及 Yorkshire) 增長基因型年度變化趨勢圖。(1) 為杜洛克 (Duroc)，(2) 為藍瑞斯 (Landrace) 及 (3) 為約克夏 (Yorkshire)。

Figure 14. Annual trends of *IGF2-In3* genotypes in three pig breeds (Duroc, Landrace, and Yorkshire). Panels (1), (2), and (3) represent the Duroc, Landrace, and Yorkshire population, respectively.



#### (五) 增肌基因 (*IGF2-In7*) 頻度結果

如表 11 所示，杜洛克族群中 *FF* 與 *FG* 兩種基因型比例相近 (45.4 與 43.0%)，而 *GG* 型比例僅約 11.6%。相對地，藍瑞斯與約克夏族群以 *FF* 型為主 (分別為 82.6 與 89.5%)，*GG* 型比例極低 (<1.0%)，顯示交替基因 (F) 於這兩品系中幾乎已固定。

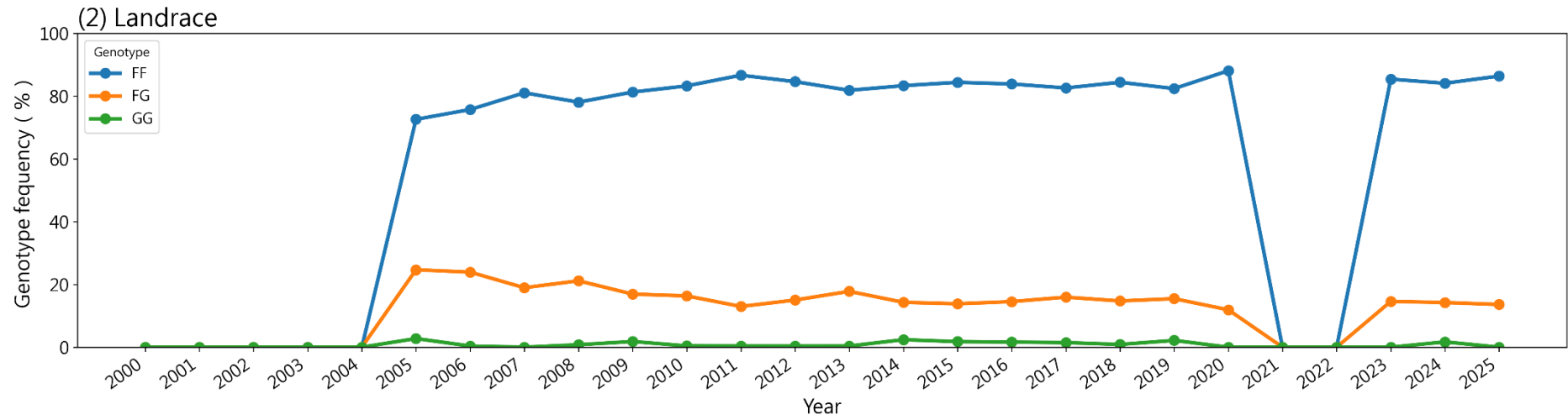
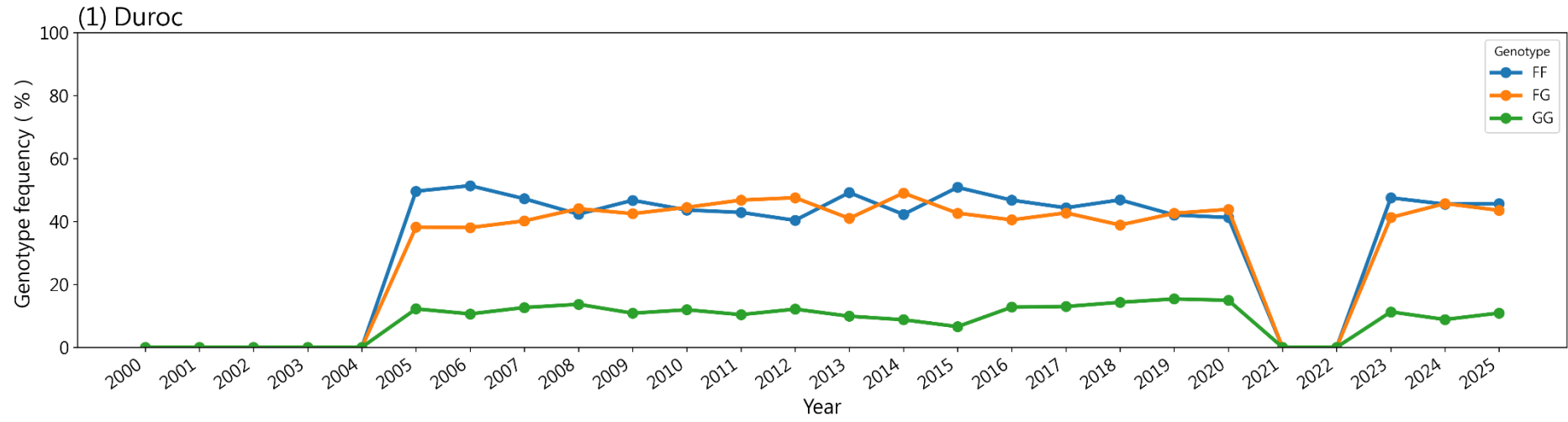
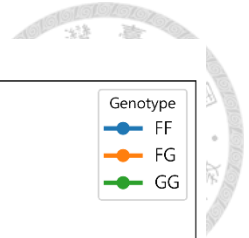
由於早期 (2000–2004 年) 及部分中期 (2021–2022 年) 年度因新冠肺炎缺乏檢測資料，因此圖中呈現為 0 並非基因型消失，而是該期未進行相關基因型分析。圖 15 所示在杜洛克族群中，*FF* 與 *FG* 兩型長期維持相近比例，兩者在 2005 年後分別穩定於 40–50% 範圍內，而 *GG* 型則持續維持於 10% 左右，顯示該族群於此位點仍保有顯著的多型性。藍瑞斯族群自 2005 年後即以 *FF* 型為主要基因型 (約 80–90%)，*FG* 型比例約 10–20%，*GG* 型則接近 0%。約克夏族群亦呈現相似的分布，*FF* 型比例長期維持於 85–95% 的高水準，*FG* 型約佔 5–15%，*GG* 型極為稀少。

表 11. 本試驗從 200005 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻增肌基因 (*IGF2-In7*) 頻度檢測結果

Table 11. Results of *IGF2-In7* gene frequency analysis in Duroc, Landrace, and Yorkshire pigs from 200005 to 202505 testing periods in this study

Breed	<i>IGF2-In7</i> genotype			Total
	<i>FF</i> (%)	<i>FG</i> (%)	<i>GG</i> (%)	
Duroc	3,819* (45.4)	3,613 (43.0)	975 (11.6)	8,407
Landrace	3,656 (82.6)	727 (16.4)	45 (1.0)	4,428
Yorkshire	1,456 (89.5)	167 (10.3)	4 (0.2)	1,627
Total	8,931 (61.8)	4,507 (31.2)	1,024 (7.0)	14,462

\*Values are presented as sample size, with percentages shown in parentheses.



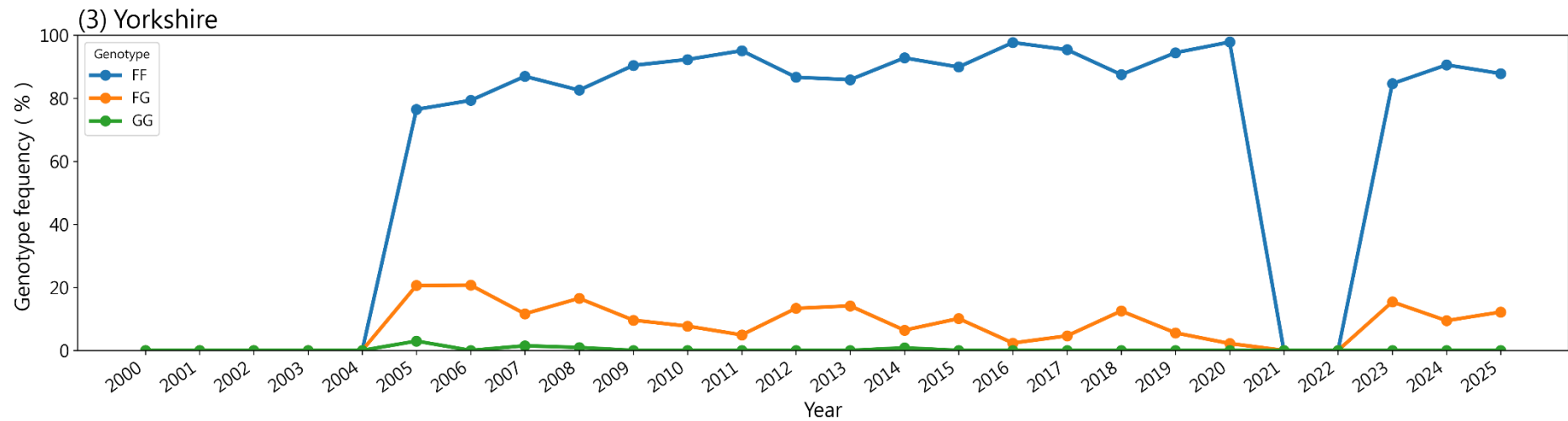


圖 15. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、Landrace 及 Yorkshire) 增肌基因型年度變化趨勢圖。(1) 為杜洛克 (Duroc)，(2) 為藍瑞斯 (Landrace) 及 (3) 為約克夏 (Yorkshire)。

Figure 15. Annual trends of *IGF2-In7* genotypes in three pig breeds (Duroc, Landrace, and Yorkshire). Panels (1), (2), and (3) represent the Duroc, Landrace, and Yorkshire population, respectively.



#### (六) 產精基因頻度結果

產精基因在三個品種間呈現顯著的基因型頻度差異 ( $\chi^2 = 155.36$ ,  $df = 4$ ,  $p < 0.01$ )。如表 12 所示杜洛克族群以雜合子 *LP* 為主 (50.2%)，其次為 *LL* (32.8%)，而 *PP* 僅佔 17.0%。藍瑞斯則以 *LL* 型為主 (62.8%)，*LP* 型和 *PP* 型分別占 33.9 和 3.3%。約克夏則展現較高的多型性，三種基因型分布相對均衡，其中 *LL* 型比例最高 (40.5%)，*LP* 型其次 (34.1%)，*PP* 型為 25.4%。

產精基因之基因型檢測僅自 2023 年起始有基因檢測資料，因此年度變化主要觀察近三年 (2023-2025) 的趨勢 (圖 16)。整體而言，各品種皆呈現多型性，其中以 *LP* 與 *LL* 型為主要基因型，而 *PP* 型比例最低。在杜洛克族群中，*LP* 型維持最高比例 (約 50%)，*LL* 型次之 (約 35%)，*PP* 型則約 15-20%。藍瑞斯則以 *LL* 型為主 (約 60-70%)，*PP* 型比例極低。約克夏族群則呈現三個基因型平均共存現象，*LL*、*LP*、*PP* 均維持在 20-40% 之間，顯示其基因型在約克夏豬種多樣性較高。

表 12. 本試驗從 202309 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻產精基因 (*PRLR*) 頻度檢測結果

Table 12. Results of *PRLR* gene frequency analysis in Duroc, Landrace, and Yorkshire pigs from 202309 to 202505 testing periods in this study

Breed	<i>PRLR</i> genotype			Total
	<i>LL</i> (%)	<i>LP</i> (%)	<i>PP</i> (%)	
Duroc	298* (32.8)	456 (50.2)	155 (17.0)	909
Landrace	289 (62.8)	156 (33.9)	15 (3.3)	460
Yorkshire	107 (40.5)	90 (34.1)	67 (25.4)	264
Total	694 (42.5)	702 (43.0)	237 (14.5)	1,633

\*Values are presented as sample size, with percentages shown in parentheses.

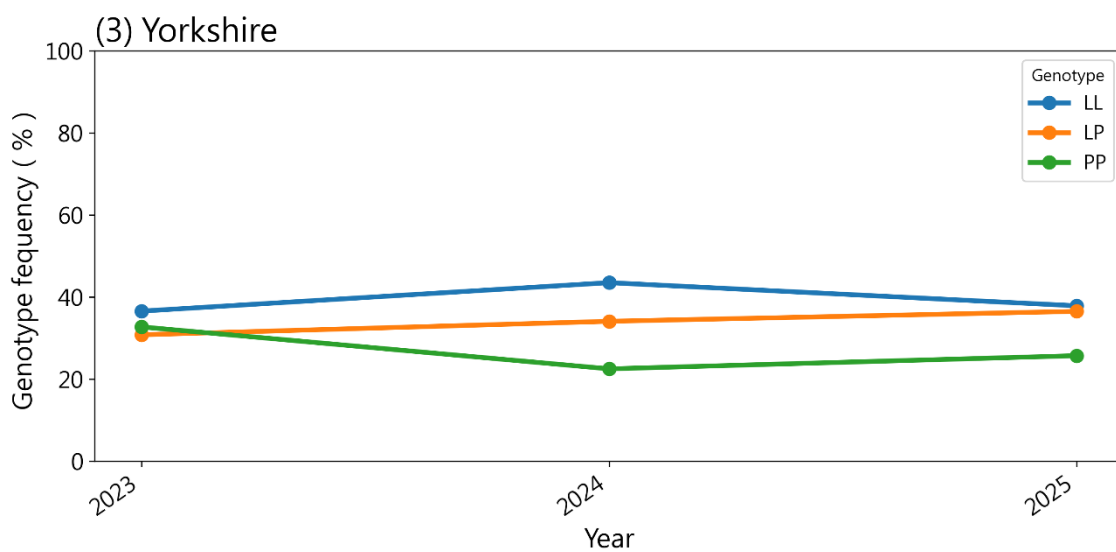
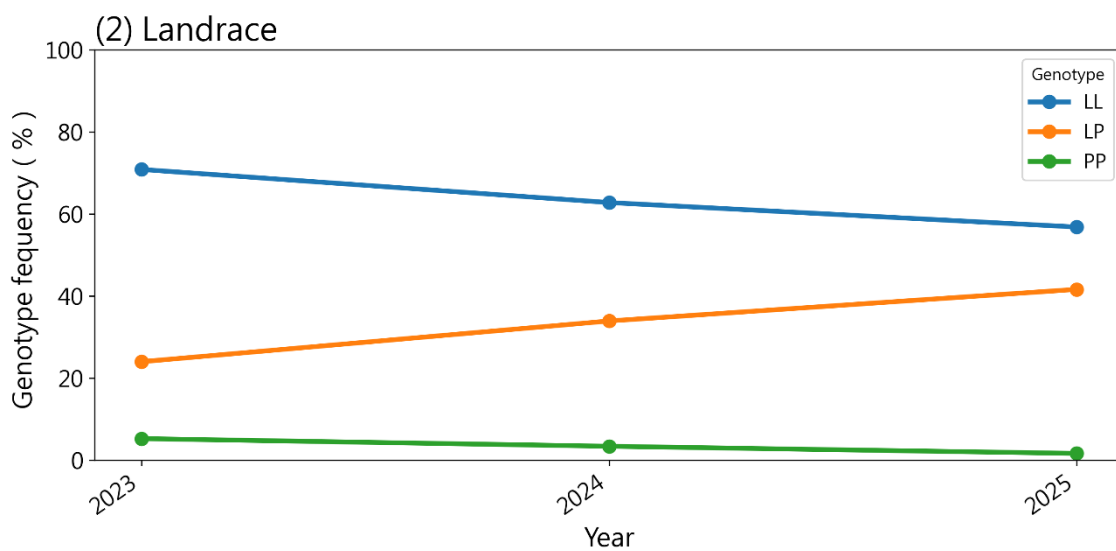
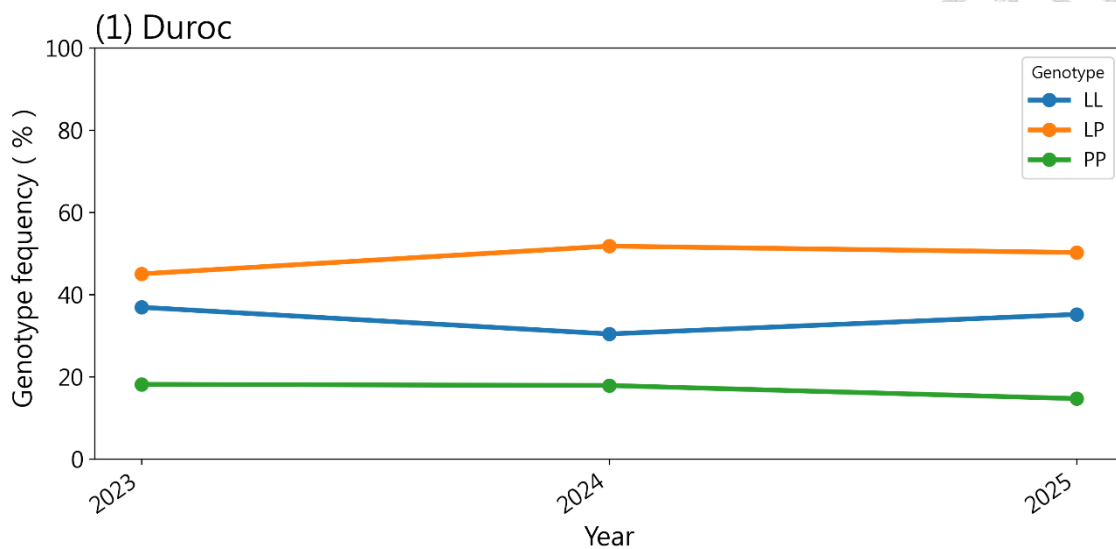
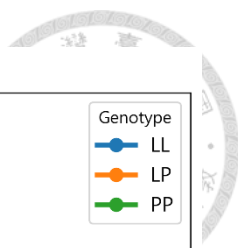


圖 16. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、Landrace 及 Yorkshire) 產精基因型年度變化趨勢圖。(1) 為杜洛克 (Duroc), (2) 為藍瑞斯 (Landrace) 及 (3) 為約克夏 (Yorkshire)。

Figure 16. Annual trends of *PRLR* genotypes in three pig breeds (Duroc, Landrace, and Yorkshire). Panels (1), (2), and (3) represent the Duroc, Landrace, and Yorkshire population, respectively.



## (七) *MSTN* 基因頻度結果

本試驗 *MSTN* 基因分析，如文獻所述，主要分為 435，447 及 879 三個位點進行基因型分析，故以下將三個位點及其組合 haplotype 分別進行檢測結果討論。

### 1. 435 位點結果

*MSTN* 基因之 435 位點在三個品種豬隻間呈現顯著的基因型頻度差異 ( $\chi^2 = 82.56$ ,  $df=4$ ,  $p<0.01$ )。如表 13 所示，杜洛克族群以雜合子 *AG* 為主 (42.5%)，其次為 *AA* (29.9%) 與 *GG* (27.6%)。藍瑞斯族群中，*AG* 型比例亦最高 (38.8%)，*AA* 型次之 (39.4%)，*GG* 型為 21.9%。約克夏族群則以 *AG* 型 (44.7%) 為主，*GG* 型比例亦較高 (34.8%)，*AA* 型則相對較低 (20.5%)。

*MSTN* 基因之 435 位點趨勢圖如圖 17 所示，自 2009-2013 年，杜洛克族群 *AA* 型從 36 上升到 60% 左右；*AG* 型維持在 45 到 50% 之間；*GG* 型從 25 下降至 10% 左右。2023 年至 2025 年，*AA* 型從 2009 高比例至 2013 年已降為低比例 (10%)，*GG* 型成為主要的基因型 (60%)，*AG* 型約為 40%。杜洛克族群從 *AA/AG* 轉為 *GG/AG*。藍瑞斯族群早期 (2009-2013 年) *AA* 型長期居高不下 (55-60%)，*AG* 約為 30-47%，*GG* 型維持在 10% 左右。2023-2025 年，*GG* 型與 *AG* 型同步上升，*AA* 型明顯降低。約克夏族群自 2009-2013 年，*AG* 型逐年下降 (從 60% 下降至 30%)；*GG* 型上升並在 2012 年達最高點 (50%)，*AA* 型維持在最低比例 (20%)。2023-2025 年，*AG* 型持續處於主導地位，*GG* 型較早期有下降趨勢，*AA* 型小幅度上升。

### 2. 447 位點結果

*MSTN* 基因之 447 位點在三個品種間呈現顯著的基因型頻度差異 ( $\chi^2 = 97.97$ ,  $df=4$ ,  $p<0.01$ )。如表 14 所示，杜洛克族群以雜合子 *GA* 為主 (41.5%)，*AA* 與 *GG* 型比例相近 (分別為 28.7 vs. 29.8%)。藍瑞斯族群則以 *GG* 型為主 (39.3%)，

*GA* 型略低 (38.7%)，*AA* 型比例最低 (22.0%)。約克夏族群則以 *GA* 型最高 (41.6%)，*AA* 型次之 (38.5%)，*GG* 型比例最低 (19.9%)。

*MSTN* 基因之 447 位點趨勢圖如圖 18 所示。自 2009-2013 年，杜洛克族群中 *AA* 型逐年下降 (由 25% 降至約 10%)，*GA* 型維持在 40-45%，*GG* 型則逐漸上升，並於 2013 年達到高峰 (約 50%)。然而 2023-2025 年期間，*AA* 型明顯增加至 55-60%，*GA* 型維持在 35-40%，*GG* 型僅佔約 10%，顯示近年 *AA* 型再度成為主要基因型。藍瑞斯族群於 2009-2013 年間以 *GG* 型為主 (約 55-60%)，*GA* 型次之 (30-40%)，*AA* 型僅 10% 以下。至 2023-2025 年期間，*AA* 型顯著上升至 40-45%，*GA* 型穩定於 35-40%，*GG* 型降至 10% 左右，顯示 *AA* 型取代 *GG* 型成為主要基因型。約克夏族群早期 (2009-2013 年) *GA* 型比例最高 (約 55-60%)，*AA* 型為 30-50%，*GG* 型約 15-20%。在 2023-2025 年，*GA* 型維持上升趨勢 (由 40% 升至 55-60%)，*AA* 型略降，*GG* 型則維持於 20% 以下。

### 3. 879 位點結果

*MSTN* 基因之 879 位點在三個品種間呈現顯著的基因型頻度差異 ( $\chi^2=45.19$ ， $df=4$ ， $p<0.01$ )。如表 15 所示，杜洛克族群幾乎完全以 *AA* 型為主 (96.6%)，*AT* 型僅佔 3.4%，未檢出 *TT* 型個體。藍瑞斯族群分布趨勢與杜洛克相似，*AA* 型比例達 99.8%，*AT* 型僅 0.2%。約克夏族群則呈現較高的多型性，*AA* 型比例為 90.5%，*AT* 型為 9.1%，另有少數 *TT* 型個體 (0.4%)。

*MSTN* 基因之 879 位點趨勢圖如圖 19 所示。由於此位點多型性極低，三個品種整體皆以 *AA* 型為主。杜洛克族群於 2023-2025 年，*AA* 型比例維持在極高頻度 (約 97-98%)，*AT* 型僅佔 2-3%，*TT* 型幾乎未檢出。藍瑞斯族群在 2023-2025 年完全呈現單一型態，*AA* 型佔 100%，未觀察到其他基因型出現。約克夏族群則展現相對較高的多型性，但仍以 *AA* 型為主 (約 90-95%)，*AT* 型約 5-10%，*TT* 型極少 (低於 1%)。

#### 4. *MSTN* 基因 haplotype 結果

*MSTN* 基因三個位點 (435、447、879) 組合而成之 haplotype (表 16) 在三個品系間呈現顯著差異 ( $\chi^2 = 165.13$ ,  $df = 10$ ,  $p < 0.01$ )。如表 17 所示，杜洛克族群以 A/KK 型 (54.0%) 與 A/KS 型 (35.7%) 為主，其他型別比例較低 (A/SS 為 6.9%，ATM 及 ATM2 均低於 3%)。藍瑞斯族群亦以 A/KK (48.5%) 與 A/KS (43.7%) 為主要型別。然而約克夏族群則展現明顯不同的分布情況，A/KS (43.2%) 仍為主要型別，但 A/SS (25.0%) 與 A/KK (22.3%) 比例則相似。但約克夏相較於杜洛克及藍瑞斯品種，具有較高的 ATM 基因型 (8.0%)。

*MSTN* 基因之 haplotype 組成型於試驗期間趨勢圖如圖 20 所示。杜洛克族群於 2023-2025 年以 A/KK 型為主 (約 50-55%)，A/KS 次之 (約 35-37%)，A/SS 約佔 10%，其餘型別，如 ATM (3.2%)、ATM2 (0.2%)、ATM3 (0.0%) 比例極低 (均低於 5%)。整體趨勢顯示，A/KK 與 A/KS 兩型在族群中長期比例較高，惟 A/KK 有略微下降趨勢，而 A/SS 有逐步增加趨勢。藍瑞斯族群中，A/KK 與 A/KS 兩型比例接近 (約 40-50%)，呈現交錯變化趨勢，A/SS 約 5-10%，其餘型別比例較少。約克夏族群表現出相對明顯的變化；2023 年以 A/SS 型最高 (約 40%)，A/KS 為 35%，A/KK 約 20%，隨後 A/KS 持續上升至 2025 年成為主要基因型 (約 50%)，而 A/SS 與 A/KK 均下降。ATM (8.0%)、ATM2 (1.1%) 及 ATM3 (0.4%) 則比例極低。

表 13. 本試驗從 200005 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻 *MSTN* 基因之 435 位點基因頻度檢測結果

Table 13. Results of *MSTN* genotypes at the 435 locus frequency analysis in Duroc, Landrace, and Yorkshire pigs from 200005 to 202505 testing periods in this study

Breed	435 locus genotype			Total
	AA (%)	AG (%)	GG (%)	
Duroc	781* (29.9)	1,111 (42.5)	722 (27.6)	2,614
Landrace	541 (39.4)	533 (38.8)	301 (21.9)	1,375
Yorkshire	120 (20.5)	261 (44.7)	203 (34.8)	584
Total	1,442 (31.5)	1,905 (41.7)	1,226 (26.8)	4,573

\*Values are presented as sample size, with percentages shown in parentheses.

表 14. 本試驗從 200005 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻 *MSTN* 基因之 447 位點基因頻度檢測結果

Table 14. Results of *MSTN* genotypes at the 447 locus frequency analysis in Duroc, Landrace, and Yorkshire pigs from 200005 to 202505 testing periods in this study

Breed	447 locus genotype			Total
	AA (%)	GA (%)	GG (%)	
Duroc	751* (28.7)	1,084 (41.5)	779 (29.8)	2,614
Landrace	302 (22.0)	532 (38.7)	541 (39.3)	1,375
Yorkshire	225 (38.5)	243 (41.6)	116 (19.9)	584
Total	1,278 (27.9)	1,859 (40.7)	1,436 (31.4)	4,573

\*Values are presented as sample size, with percentages shown in parentheses.

表 15. 本試驗從 202309 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻 *MSTN* 基因之 879 位點基因頻度檢測結果

Table 15. Results of *MSTN* genotypes at the 879 locus frequency analysis in Duroc, Landrace, and Yorkshire pigs from 202309 to 202505 testing periods in this study

Breed	879 locus genotype			Total
	AA (%)	AT (%)	TT (%)	
Duroc	878* (96.6)	31 (3.4)	0 (0.0)	909
Landrace	459 (99.8)	1 (0.2)	0 (0.0)	460
Yorkshire	239 (90.5)	24 (9.1)	1 (0.4)	264
Total	1,576 (96.5)	56 (3.4)	1 (0.1)	1,633

\*Values are presented as sample size, with percentages shown in parentheses.

表 16. 本試驗根據不同 *MSTN* SNP 位點基因型組合之單倍型 (haplotype)

Table 16. Haplotype combinations derived from the genotypes of different *MSTN* SNP loci

Haplotype	<i>MSTN</i> -435	<i>MSTN</i> -447	<i>MSTN</i> -879
A/KK	<i>GG</i>	<i>AA</i>	<i>AA</i>
A/KS	<i>AG</i>	<i>GA</i>	<i>AA</i>
A/SS	<i>AA</i>	<i>GG</i>	<i>AA</i>
ATM	<i>AG</i>	<i>AA</i>	<i>AT</i>
ATM2	<i>AA</i>	<i>GA</i>	<i>AT</i>
ATM3	<i>AA</i>	<i>AA</i>	<i>TT</i>



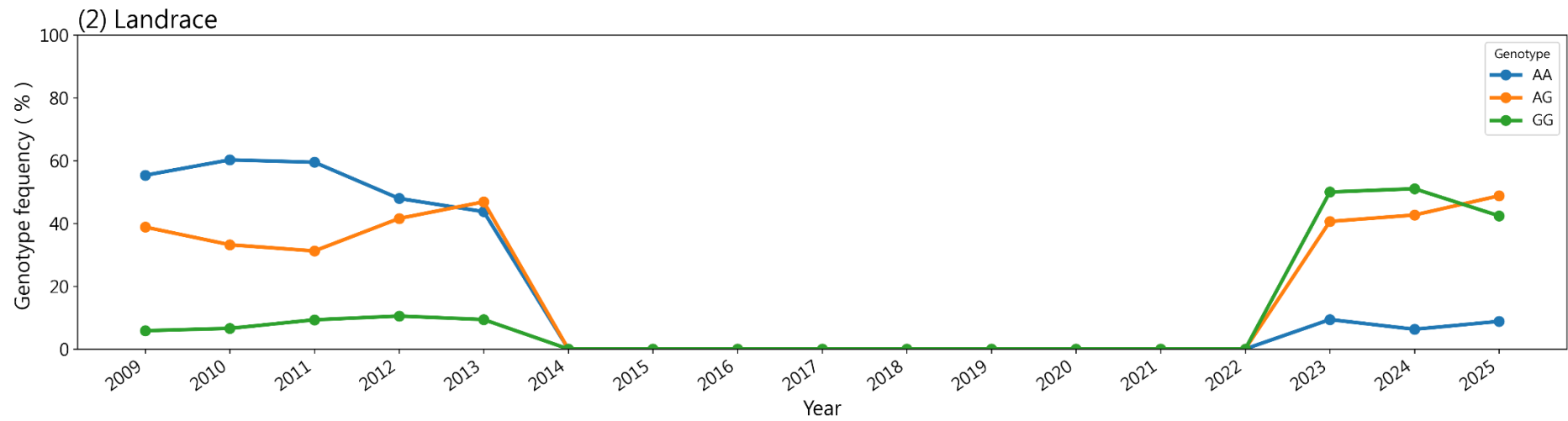
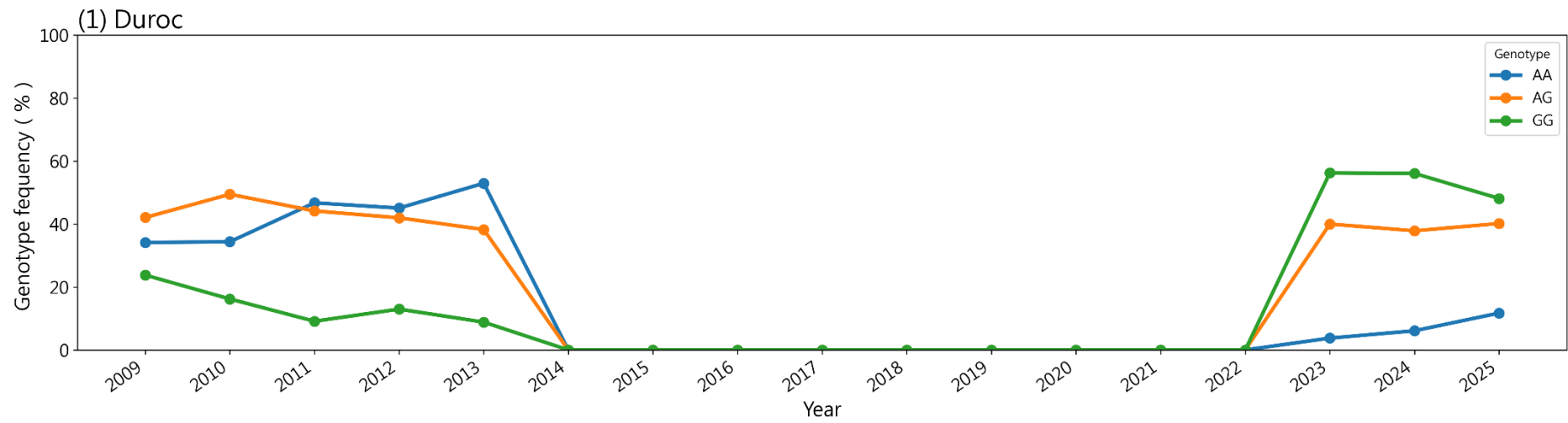
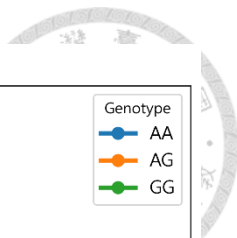
表 17. 本試驗從 202309 期至 202505 期檢定之杜洛克、藍瑞斯及約克夏三個品種豬隻 *MSTN* 基因之 haplotype 頻度檢測結果

Table 17. Results of *MSTN* geno haplotype frequency analysis in Duroc, Landrace, and Yorkshire pigs from 202309 to 202505 testing periods in this study

Haplotype <sup>1</sup> Breed	A/KK (%)	A/KS (%)	A/SS (%)	ATM (%)	ATM2 (%)	ATM3 (%)	Total
Duroc	491* (54.0)	324 (35.7)	63 (6.9)	29 (3.2)	2 (0.2)	0 (0.0)	909
Landrace	223 (48.5)	201 (43.7)	35 (7.6)	1 (0.2)	0 (0.0)	0 (0.0)	460
Yorkshire	59 (22.3)	114 (43.2)	66 (25.0)	21 (8.0)	3 (1.1)	1 (0.4)	264
Total	773 (47.3)	639 (39.1)	164 (10.0)	51 (3.1)	5 (0.4)	1 (0.1)	1,633

<sup>1</sup>Haplotype : haplotype classification derived from the combined genotypes of three *MSTN* loci (435, 447 and 879). The corresponding genotype combinations are as follows: A/KK = 435(*GG*), 447(*AA*), 879(*AA*); A/KS = 435(*AG*), 447(*GA*), 879(*AA*); A/SS = 435(*AA*), 447(*GG*), 879(*AA*); ATM = 435(*AG*), 447(*AA*), 879(*AT*); ATM2 = 435(*AA*), 447(*GA*), 879(*AT*); ATM3 = 435(*AA*), 447(*AA*), 879(*TT*).

\*Values are presented as sample size, with percentages shown in parentheses.



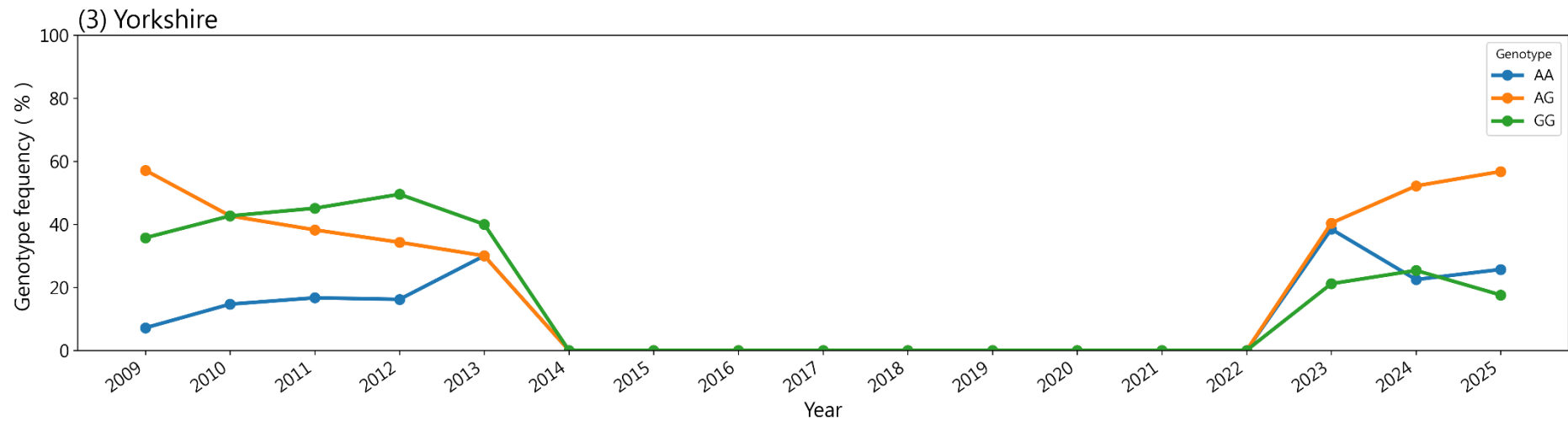
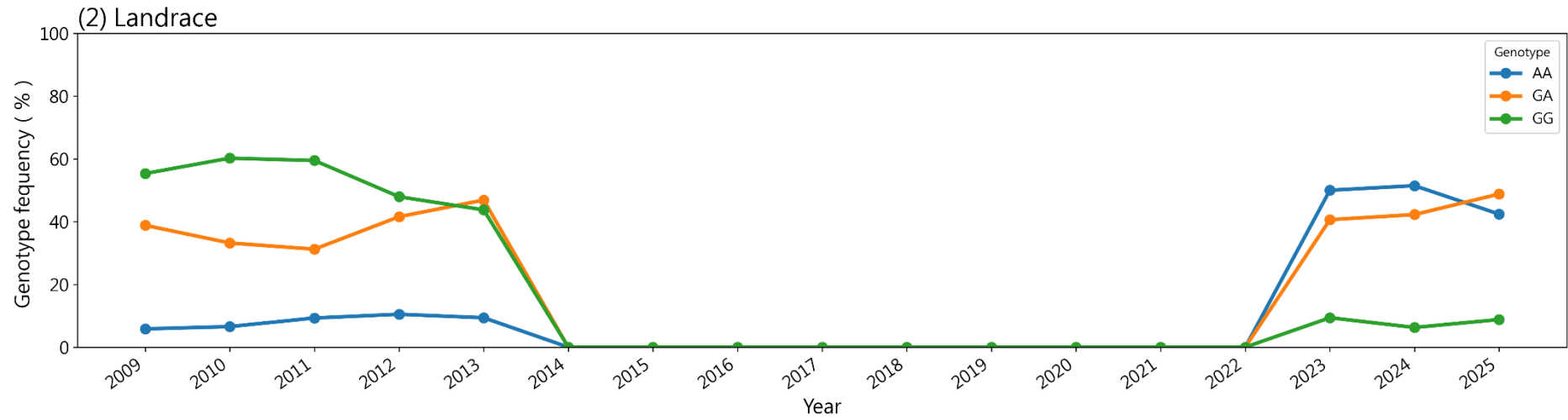
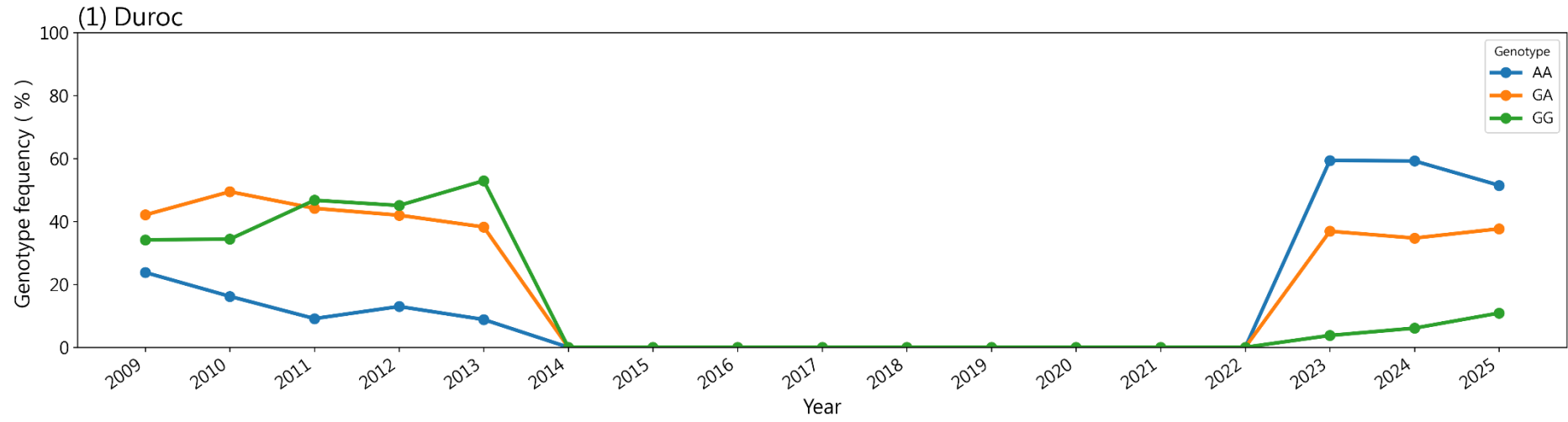
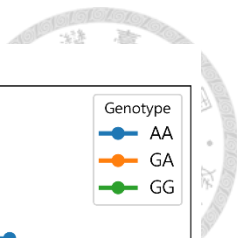


圖 17. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、Landrace 及 Yorkshire) *MSTN* 基因之 435 位點年度變化趨勢圖。(1) 為杜洛克 (Duroc)，(2) 為藍瑞斯 (Landrace) 及 (3) 為約克夏 (Yorkshire)。

Figure 17. Annual trends of *MSTN* genotypes at the 435 locus among three pig breeds (Duroc, Landrace, and Yorkshire). Panels (1), (2), and (3) represent the Duroc, Landrace, and Yorkshire populations, respectively.



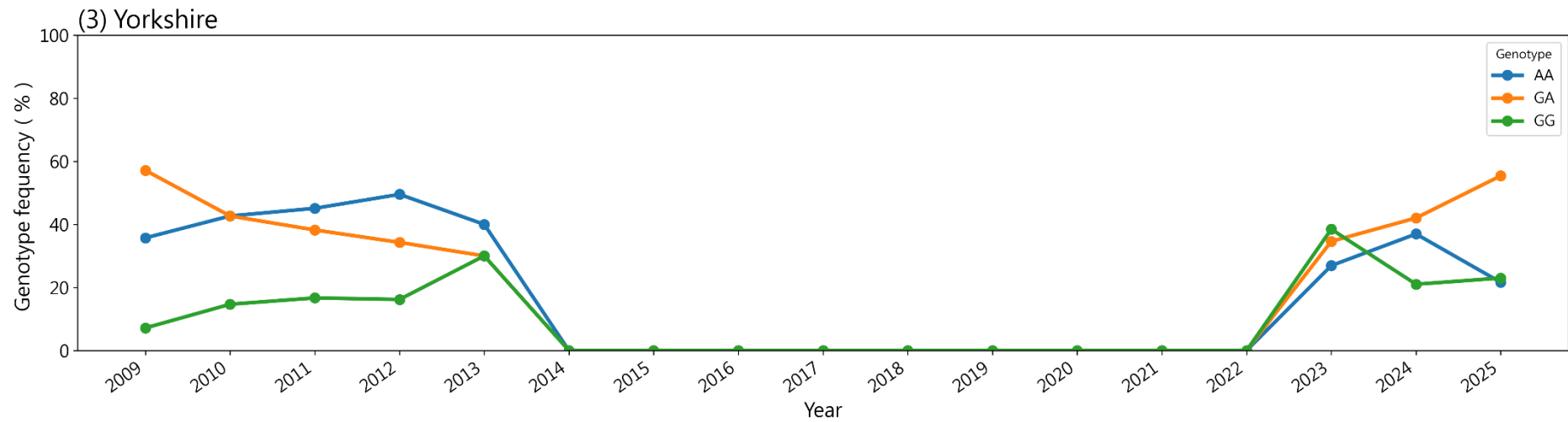


圖 18. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、Landrace 及 Yorkshire) *MSTN* 基因之 447 位點年度變化趨勢圖。(1) 為杜洛克 (Duroc)，(2) 為藍瑞斯 (Landrace) 及 (3) 為約克夏 (Yorkshire)。

Figure 18. Annual trends of *MSTN* genotypes at the 447 locus among three pig breeds (Duroc, Landrace, and Yorkshire). Panels (1), (2), and (3) represent the Duroc, Landrace, and Yorkshire populations, respectively.

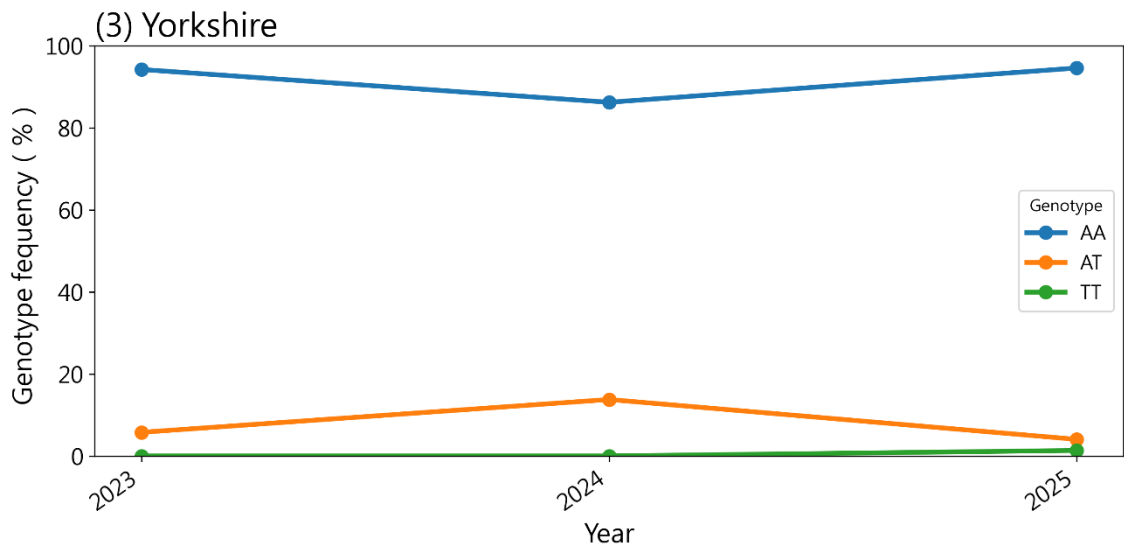
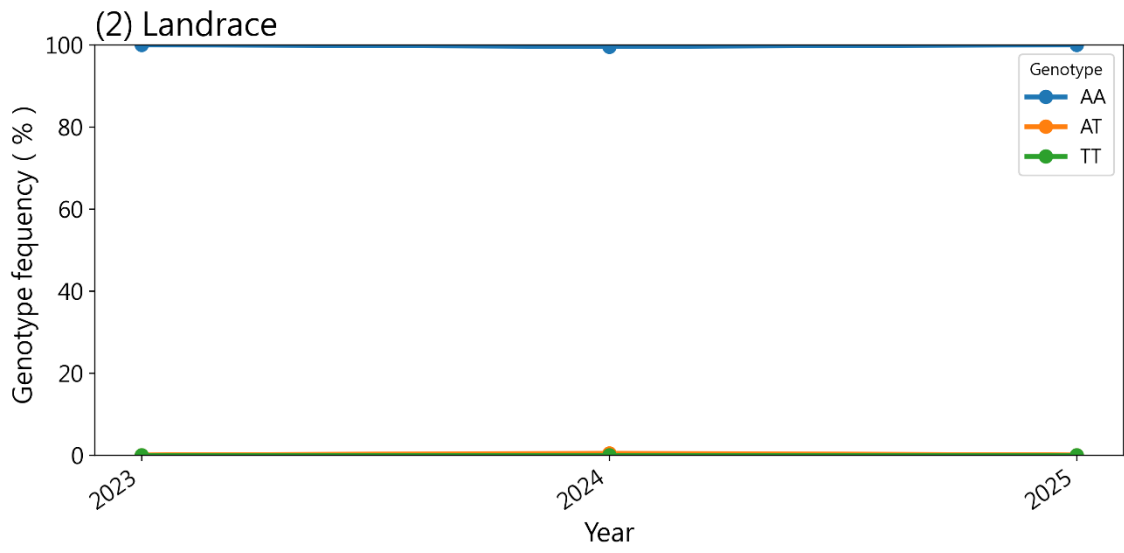
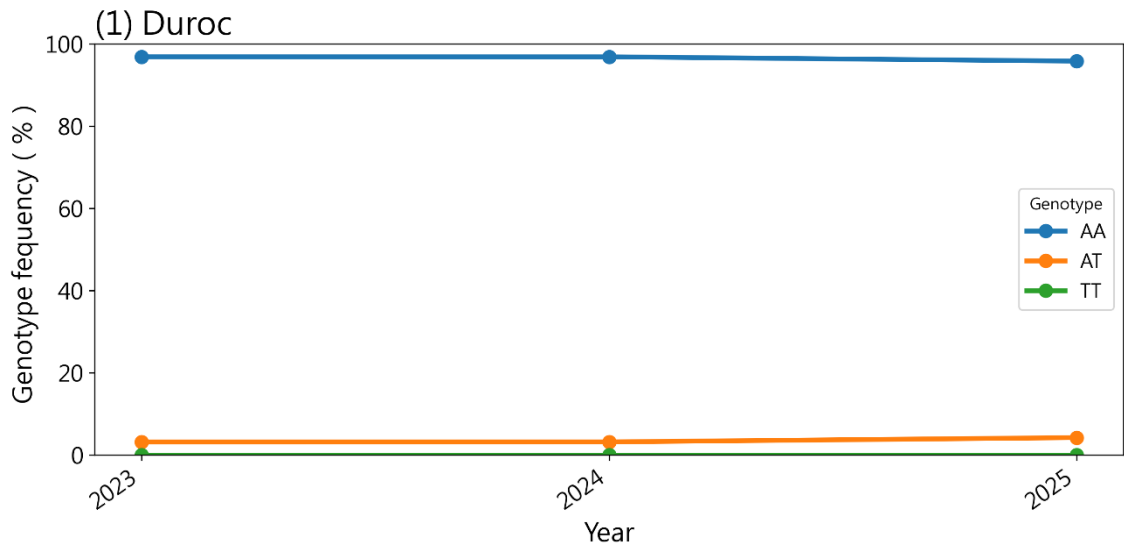


圖 19. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、Landrace 及 Yorkshire) *MSTN* 基因之 879 位點年度變化趨勢圖。(1) 為杜洛克 (Duroc)，(2) 為藍瑞斯 (Landrace) 及 (3) 為約克夏 (Yorkshire)。

Figure 19 . Annual trends of *MSTN* genotypes at the 879 locus among three pig breeds (Duroc, Landrace, and Yorkshire). Panels (1), (2), and (3) represent the Duroc, Landrace, and Yorkshire populations, respectively.

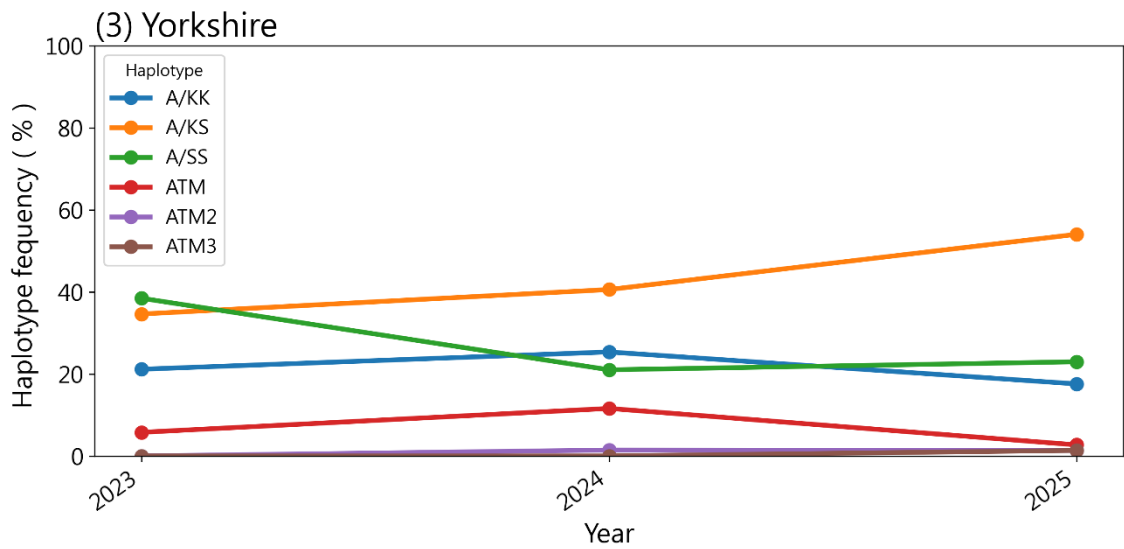
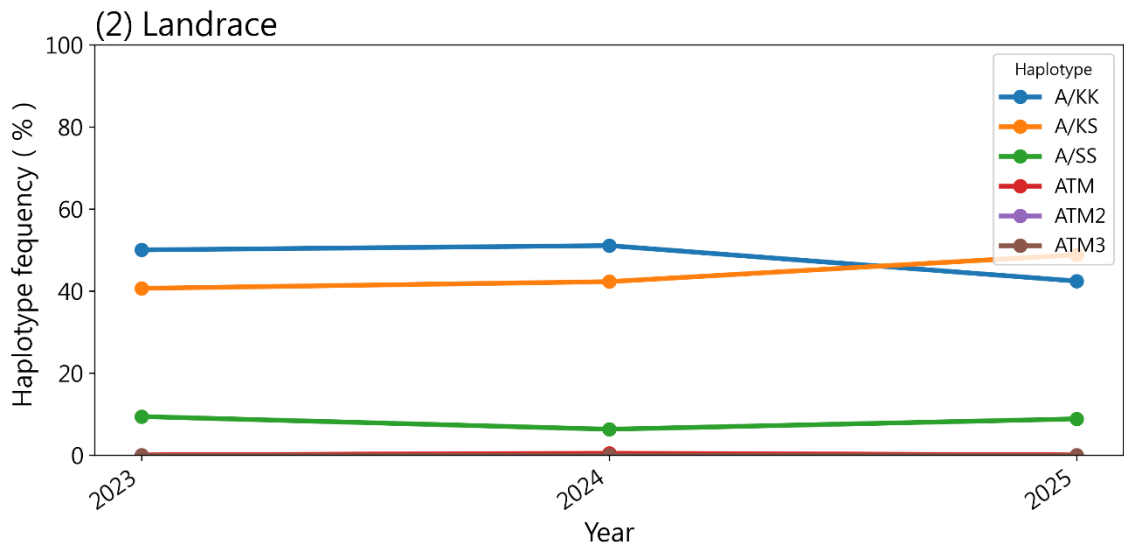
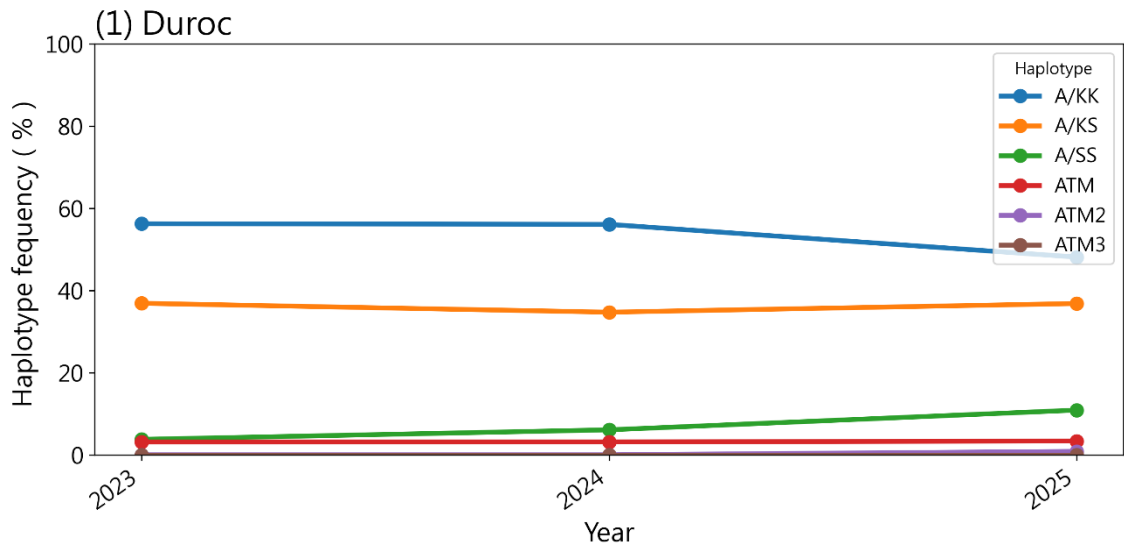
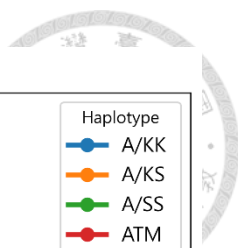


圖 20. 本試驗三個品種豬隻 (Duroc、Landrace 及 Yorkshire) *MSTN* 基因 haplotype 年度變化趨勢圖 (1) 為杜洛克 (Duroc), (2) 為藍瑞斯 (Landrace) 及 (3) 為約克夏 (Yorkshire)。Haplotype 係依據三個 *MSTN* 基因位點 (435、447 及 879) 之複合基因型組合進行分類, 其對應組合如下: A/KK = 435 (GG)、447 (AA)、879 (AA); A/KS = 435 (AG)、447 (GA)、879 (AA); A/SS = 435 (AA)、447 (GG)、879 (AA); ATM = 435 (AG)、447 (AA)、879 (AT); ATM2 = 435 (AA)、447 (GA)、879 (AT); ATM3 = 435 (AA)、447 (AA)、879 (TT)。

Figure 20. Annual trends of *MSTN* gene haplotype among three pig breeds (Duroc, Landrace, and Yorkshire). Panels (1), (2), and (3) represent the Duroc, Landrace, and Yorkshire populations. Haplotype classification derived from the combined genotypes of three *MSTN* loci (435, 447 and 879). The corresponding genotype combinations are as follows: A/KK = 435(GG), 447(AA), 879(AA); A/KS = 435(AG), 447(GA), 879(AA); A/SS = 435(GG), 447(AA), 879(AA); ATM = 435(AG), 447(AA), 879(AT); ATM2 = 435(AA), 447(GA), 879(AT); ATM3 = 435(AA), 447(AA), 879(TT), respectively, in this study.

## 二、基因型-表型關聯性分析

### (一) *PSS* 基因型與表型關聯性分析

在本研究所使用之資料中，自 202309 期之後所有檢定豬隻的 *PSS* 基因均已固定為 *AA* 型，族群內已不再觀察到 *AB* 或 *BB* 基因型。因此，*PSS* 基因在此期間不具基因型多型性，無法進一步進行基因型與表型之關聯性分析。

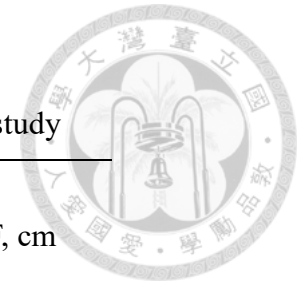




表 18. 本試驗三個品種豬隻 *ESR* 基因與各項表型關聯性分析

Table 18. Association analysis between *ESR* gene genotypes and various phenotypic traits among the three pig breeds in this study

Breed	Sex	Trait <sup>1</sup> Genotype	SI	Littersize, heads	ADG, kg/day	FCR, kg (feed)/ kg (gain)	adjBF, cm
Duroc	Male	<i>MM</i> (n*=2)	117.00 ± 4.24	11.00 ± 0.00	1.15 ± 0.01	2.08 ± 0.04	1.41 ± 0.06
		<i>MN</i> (n=6)	109.00 ± 10.94	10.17 ± 1.33	1.07 ± 0.06	2.09 ± 0.07	1.38 ± 0.13
		<i>NN</i> (n=709)	105.24 ± 14.85	11.26 ± 1.94	1.06 ± 0.08	2.11 ± 0.10	1.38 ± 0.09
	Female	<i>MM</i> (n=0)	-	-	-	-	-
		<i>MN</i> (n=0)	-	-	-	-	-
		<i>NN</i> (n=74)	100.04 ± 16.60	11.84 ± 2.06	0.94 ± 0.09	2.23 ± 0.16	1.54 ± 0.18
Landrace	Male	<i>MM</i> (n=7)	118.14 ± 18.46	16.71 ± 3.55 <sup>a</sup>	1.13 ± 0.12	2.06 ± 0.06	1.40 ± 0.06
		<i>MN</i> (n=66)	107.35 ± 18.04	14.50 ± 2.94 <sup>a</sup>	1.07 ± 0.10	2.12 ± 0.11	1.40 ± 0.13
		<i>NN</i> (n=241)	108.71 ± 20.05	13.56 ± 2.27 <sup>b</sup>	1.08 ± 0.11	2.11 ± 0.10	1.39 ± 0.16
	Female	<i>MM</i> (n=4)	102.25 ± 12.04	15.75 ± 2.99	1.07 ± 0.16	2.15 ± 0.15	1.46 ± 0.15
		<i>MN</i> (n=24)	103.83 ± 21.43	13.71 ± 2.90	0.99 ± 0.12	2.17 ± 0.16	1.45 ± 0.18
		<i>NN</i> (n=57)	97.12 ± 23.29	13.58 ± 2.69	0.96 ± 0.13	2.19 ± 0.17	1.41 ± 0.23





Yorkshire		<i>MM</i> (n=61)	107.10 ± 21.15	15.56 ± 3.39 <sup>a</sup>	1.07 ± 0.12	2.12 ± 0.10 <sup>b</sup>	1.39 ± 0.11
	Male	<i>MN</i> (n=91)	104.08 ± 19.67	13.95 ± 2.78 <sup>b</sup>	1.05 ± 0.10	2.13 ± 0.11 <sup>ab</sup>	1.39 ± 0.08
		<i>NN</i> (n=37)	98.54 ± 23.71	13.27 ± 2.13 <sup>b</sup>	1.03 ± 0.13	2.18 ± 0.14 <sup>a</sup>	1.39 ± 0.08
	Female	<i>MM</i> (n=15)	108.00 ± 19.25 <sup>a</sup>	14.73 ± 3.45	0.97 ± 0.12	2.12 ± 0.22 <sup>b</sup>	1.56 ± 0.18
		<i>MN</i> (n=17)	101.71 ± 14.03 <sup>a</sup>	14.18 ± 3.61	0.96 ± 0.12	2.21 ± 0.16 <sup>ab</sup>	1.52 ± 0.12
		<i>NN</i> (n=9)	81.00 ± 22.23 <sup>b</sup>	13.89 ± 1.45	0.91 ± 0.16	2.33 ± 0.15 <sup>a</sup>	1.60 ± 0.24

<sup>1</sup> SI: selection index; ADG: average daily gain; FCR: feed conversion ratio; adjBF: adjusted backfat thickness.

\* n: Sample size.

“-” indicates that this genotype was not detected.

Values are Means ± SD.

<sup>a,b</sup>Means within the same breed, sex and column with different superscripts are significantly different ( $p < 0.05$ ).



### (三) 各 *H-FABP* 基因位點型與表型關聯性結果分析

#### 1. *HinfI* 位點

本試驗將 *H-FABP* 基因之 *HinfI* 位點與各表型（選拔指數、窩仔數、日增重、飼料換肉率及校正背脂厚度）進行關聯性分析。結果顯示如表 19 所示，在公杜洛克族群中，*H-FABP* 基因之 *HinfI* 位點與選拔指數（SI）、ADG 及 FCR 有顯著影響（ $p < 0.05$ ）。*HH* 組別的選拔指數、ADG 及 FCR 表現顯著優於 *Hh* 組別（ $p < 0.05$ ）。在公藍瑞斯族群及母約克夏族群，*H-FABP* 基因之 *HinfI* 位點與窩仔數有顯著關聯，其中 *hh* 組別顯著高於 *HH* 及 *Hh* 組別（ $p < 0.05$ ），但其中本試驗中公藍瑞斯及母約克夏族群 *hh* 基因型數量分別為 4 及 1 隻，樣本數較少，因此此結果是否為真，則有待後續增加樣本數，方能確定。

#### 2. *MspI* 位點


本試驗將 *H-FABP* 基因之 *MspI* 位點與各表型（選拔指數、窩仔數、日增重、飼料換肉率及校正背脂厚度）進行關聯性分析。結果顯示如表 20 所示，在公杜洛克族群中，*H-FABP* 基因之 *MspI* 位點與選拔指數（SI）、ADG 及 FCR 有顯著影響（ $p < 0.05$ ）。*AA* 組別的選拔指數、ADG 及 FCR 表現顯著劣於 *Aa* 及 *aa* 組別（ $p < 0.05$ ）。

#### 3. *HaeIII*

本試驗將 *H-FABP* 基因之 *HaeIII* 位點與各表型（選拔指數、窩仔數、日增重、飼料換肉率及校正背脂厚度）進行關聯性分析。結果顯示如表 21 所示，在公杜洛克族群中，*H-FABP* 基因之 *HaeIII* 位點與 ADG 及 adjBF 似有影響，但組內無顯著差異。

#### 4. *H-FABP* 基因指數

本試驗將 *H-FABP* 基因指數與各表型（選拔指數、窩仔數、日增重、飼料換肉率及校正背脂厚度）進行關聯性分析。結果顯示如表 22 所示，在公杜洛克族群中，



*H-FABP* 基因指數對選拔指數、ADG 及 FCR 有顯著影響 ( $p < 0.05$ )。LL2 組別的選拔指數顯著低於其他 4 個組別;LL2 及 HL3 組別在 ADG 表現與 HH6、HL5 及 HL4 組別顯著不同;LL2 及 HL3 組別在 FCR 顯著劣於 HH6、HL5 及 HL4 組別( $p < 0.05$ )。在母杜洛克族群中，*H-FABP* 基因指數各個表型均無顯著影響 ( $p > 0.05$ )。在公藍瑞斯族群中，*H-FABP* 基因指數對窩仔數有顯著影響 ( $p < 0.05$ )，LL0 組別去 LL1 及 LL2 組別有顯著差異 ( $p < 0.05$ )。在母藍瑞斯族群中，*H-FABP* 基因指數各個表型均無顯著影響 ( $p > 0.05$ )。在公約克夏族群中，*H-FABP* 基因指數對各個表型均無顯著影響 ( $p > 0.05$ )。母約克夏族群中，*H-FABP* 基因指數對窩仔數有顯著影響，LL0 組別顯著大於 HL4 及 LL2 組別 ( $p > 0.05$ )。



表 19. 本試驗三個品種豬隻 *H-FABP* 基因之 *HinfI* 位點基因型與各項表型關聯性分析

Table 19. Analysis of the associations between the *HinfI* genotypes of the *H-FABP* gene and various phenotypic traits across the three pig breeds in this study

Breed	Sex	Trait <sup>1</sup> Genotype	SI	Littersize, heads	ADG, kg/day	FCR, kg (feed)/ kg (gain)	adjBF, cm
Duroc	Male	<i>HH</i> (n*=694)	105.60 ± 14.53 <sup>a</sup>	11.28 ± 1.89	1.06 ± 0.08 <sup>a</sup>	2.11 ± 0.10 <sup>b</sup>	1.38 ± 0.09
		<i>Hh</i> (n=22)	96.09 ± 20.74 <sup>b</sup>	10.77 ± 1.63	1.00 ± 0.11 <sup>b</sup>	2.16 ± 0.16 <sup>a</sup>	1.37 ± 0.09
		<i>hh</i> (n=0)	-	-	-	-	-
	Female	<i>HH</i> (n=74)	100.04 ± 16.60	11.84 ± 2.06	0.94 ± 0.09	2.23 ± 0.16	1.54 ± 0.18
		<i>Hh</i> (n=0)	-	-	-	-	-
		<i>hh</i> (n=0)	-	-	-	-	-
Landrace	Male	<i>HH</i> (n=263)	108.10 ± 19.39	13.86 ± 2.49 <sup>b</sup>	1.07 ± 0.11	2.11 ± 0.10	1.39 ± 0.16
		<i>Hh</i> (n=47)	111.85 ± 21.36	13.32 ± 2.41 <sup>b</sup>	1.09 ± 0.12	2.10 ± 0.11	1.36 ± 0.12
		<i>hh</i> (n=4)	106.25 ± 10.59	17.50 ± 1.73 <sup>a</sup>	1.04 ± 0.08	2.06 ± 0.03	1.41 ± 0.04
	Female	<i>HH</i> (n=72)	98.01 ± 22.72	13.65 ± 2.76	0.97 ± 0.13	2.19 ± 0.17	1.43 ± 0.23
		<i>Hh</i> (n=11)	108.27 ± 20.75	13.36 ± 2.46	1.05 ± 0.11	2.12 ± 0.16	1.37 ± 0.10
		<i>hh</i> (n=2)	94.50 ± 13.44	18.00 ± 1.41	0.92 ± 0.00	2.18 ± 0.15	1.45 ± 0.22

Yorkshire	Male	<i>HH</i> (n=80)	105.61 ± 20.90	14.41 ± 3.03	1.07 ± 0.11	2.14 ± 0.11	1.39 ± 0.09
		<i>Hh</i> (n=90)	102.80 ± 22.05	14.33 ± 3.19	1.04 ± 0.12	2.14 ± 0.12	1.38 ± 0.10
		<i>hh</i> (n=19)	102.58 ± 17.35	14.00 ± 1.91	1.05 ± 0.09	2.14 ± 0.11	1.40 ± 0.07
	Female	<i>HH</i> (n=20)	99.40 ± 21.66	14.55 ± 3.44 <sup>b</sup>	0.98 ± 0.12	2.23 ± 0.21	1.55 ± 0.17
		<i>Hh</i> (n=20)	99.10 ± 19.92	13.65 ± 2.13 <sup>b</sup>	0.92 ± 0.13	2.19 ± 0.18	1.55 ± 0.18
		<i>hh</i> (n=1)	108.00	23.00 <sup>a</sup>	1.05	2.11	1.65

<sup>1</sup> SI: selection index; ADG: average daily gain; FCR: feed conversion ratio; adjBF: adjusted backfat thickness.

\* n: Sample size.

“-” indicates that this genotype was not detected.

Values are Means ± SD.

<sup>a,b</sup>Means within the same breed, sex and column with different superscripts are significantly different (p<0.05).



表 20 本試驗三個品種豬隻 *H-FABP* 基因之 *MspI* 位點基因型與各項表型關聯性分析

Table 20. Analysis of the associations between the *MspI* genotypes of the *H-FABP* gene and various phenotypic traits across the three pig breeds in this study

Breed	Sex	Genotype	Trait <sup>1</sup>				
			SI	Littersize, heads	ADG, kg/day	FCR, kg (feed)/ kg (gain)	adjBF, cm
Duroc	Male	<i>AA</i> (n*=4)	76.75 ± 29.41 <sup>b</sup>	11.00 ± 0.82	0.90 ± 0.10 <sup>b</sup>	2.27 ± 0.27 <sup>a</sup>	1.41 ± 0.12
		<i>Aa</i> (n=72)	104.57 ± 14.33 <sup>a</sup>	11.13 ± 2.02	1.04 ± 0.09 <sup>a</sup>	2.11 ± 0.10 <sup>b</sup>	1.36 ± 0.12
		<i>aa</i> (n=640)	105.57 ± 14.62 <sup>a</sup>	11.28 ± 1.88	1.06 ± 0.08 <sup>a</sup>	2.11 ± 0.10 <sup>b</sup>	1.38 ± 0.09
	Female	<i>AA</i> (n=0)	-	-	-	-	-
		<i>Aa</i> (n=4)	111.25 ± 25.14	13.50 ± 2.38	0.99 ± 0.14	2.14 ± 0.27	1.60 ± 0.23
		<i>aa</i> (n=70)	99.40 ± 16.01	11.74 ± 2.02	0.94 ± 0.09	2.24 ± 0.16	1.54 ± 0.18
Landrace	Male	<i>AA</i> (n=290)	108.86 ± 19.32	13.84 ± 2.57	1.08 ± 0.11	2.11 ± 0.10	1.39 ± 0.13
		<i>Aa</i> (n=24)	105.96 ± 23.14	13.58 ± 1.74	1.06 ± 0.12	2.12 ± 0.13	1.43 ± 0.29
		<i>aa</i> (n=0)	-	-	-	-	-
	Female	<i>AA</i> (n=80)	99.50 ± 22.49	13.65 ± 2.84	0.98 ± 0.13	2.18 ± 0.17	1.42 ± 0.22
		<i>Aa</i> (n=5)	95.40 ± 23.09	14.80 ± 0.45	0.95 ± 0.06	2.27 ± 0.11	1.45 ± 0.23
		<i>aa</i> (n=0)	-	-	-	-	-

Yorkshire	Male	<i>AA</i> (n=183)	104.27 ± 21.18	14.37 ± 3.03	1.06 ± 0.11	2.14 ± 0.11	1.39 ± 0.09
		<i>Aa</i> (n=6)	94.83 ± 16.69	13.17 ± 1.83	0.99 ± 0.07	2.15 ± 0.12	1.39 ± 0.03
		<i>aa</i> (n=0)	-	-	-	-	-
	Female	<i>AA</i> (n=39)	99.31 ± 20.78	14.36 ± 3.12	0.95 ± 0.13	2.21 ± 0.20	1.54 ± 0.17
		<i>Aa</i> (n=2)	102.50 ± 10.61	13.50 ± 4.95	0.96 ± 0.05	2.15 ± 0.08	1.69 ± 0.03
		<i>aa</i> (n=0)	-	-	-	-	-

<sup>1</sup> SI: selection index; ADG: average daily gain; FCR: feed conversion ratio; adjBF: adjusted backfat thickness.

\* n: Sample size.

“-” indicates that this genotype was not detected.

Values are Means ± SD.

<sup>a,b</sup>Means within the same breed, sex and column with different superscripts are significantly different (p<0.05).



表 21. 本試驗三個品種豬隻 *H-FABP* 基因之 *HaeIII* 位點基因型與各項表型關聯性分析

Table 21. Analysis of the associations between the *HaeIII* genotypes of the *H-FABP* gene and various phenotypic traits across the three pig breeds in this study

Breed	Trait <sup>1</sup>		SI	Littersize, heads	ADG, kg/day	FCR, kg (feed)/ kg (gain)	adjBF, cm
	Genotype	Sex					
Duroc		<i>DD</i> (n*=1)	112.00	10.00	1.03	2.06	1.24
	Male	<i>Dd</i> (n=65)	102.92 ± 16.85	11.03 ± 1.92	1.03 ± 0.09	2.12 ± 0.12	1.36 ± 0.11
		<i>dd</i> (n=651)	105.54 ± 14.60	11.27 ± 1.94	1.06 ± 0.08	2.11 ± 0.10	1.38 ± 0.09
		<i>DD</i> (n=0)	-	-	-	-	-
	Female	<i>Dd</i> (n=4)	111.25 ± 25.14	13.50 ± 2.38	0.99 ± 0.14	2.14 ± 0.27	1.60 ± 0.23
		<i>dd</i> (n=70)	99.40 ± 16.01	11.74 ± 2.02	0.94 ± 0.09	2.24 ± 0.16	1.54 ± 0.18
Landrace		<i>DD</i> (n=11)	109.64 ± 13.43	14.18 ± 2.82	1.07 ± 0.08	2.07 ± 0.08	1.41 ± 0.05
	Male	<i>Dd</i> (n=64)	111.72 ± 20.90	13.98 ± 3.02	1.09 ± 0.12	2.10 ± 0.10	1.37 ± 0.20
		<i>dd</i> (n=239)	107.77 ± 19.48	13.77 ± 2.35	1.07 ± 0.11	2.11 ± 0.10	1.39 ± 0.14
		<i>DD</i> (n=4)	110.25 ± 21.39	15.25 ± 3.30	1.06 ± 0.17	2.18 ± 0.09	1.30 ± 0.22
	Female	<i>Dd</i> (n=14)	99.50 ± 20.89	13.86 ± 3.70	1.00 ± 0.13	2.16 ± 0.18	1.40 ± 0.08
		<i>dd</i> (n=67)	98.55 ± 22.90	13.60 ± 2.53	0.97 ± 0.12	2.19 ± 0.17	1.43 ± 0.23

Yorkshire	Male	<i>DD</i> (n=69)	102.97 ± 19.94	14.48 ± 2.42	1.05 ± 0.10	2.14 ± 0.11	1.38 ± 0.09
		<i>Dd</i> (n=86)	104.03 ± 21.71	14.35 ± 3.49	1.05 ± 0.12	2.13 ± 0.12	1.39 ± 0.10
		<i>dd</i> (n=34)	105.82 ± 22.23	14.00 ± 2.80	1.08 ± 0.12	2.16 ± 0.11	1.39 ± 0.08
	Female	<i>DD</i> (n=13)	101.92 ± 21.74	15.23 ± 2.98	0.94 ± 0.11	2.22 ± 0.20	1.51 ± 0.22
		<i>Dd</i> (n=18)	99.06 ± 14.45	13.89 ± 3.51	0.94 ± 0.12	2.19 ± 0.15	1.56 ± 0.12
		<i>dd</i> (n=10)	97.00 ± 28.23	13.90 ± 2.69	0.99 ± 0.16	2.22 ± 0.25	1.60 ± 0.18

<sup>1</sup> SI: selection index; ADG: average daily gain; FCR: feed conversion ratio; adjBF: adjusted backfat thickness.

\* n: Sample size.

“-” indicates that this genotype was not detected.

Values are Means ± SD.

<sup>a,b</sup>Means within the same breed, sex and column with different superscripts are significantly different (p<0.05).

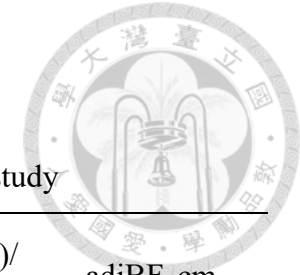


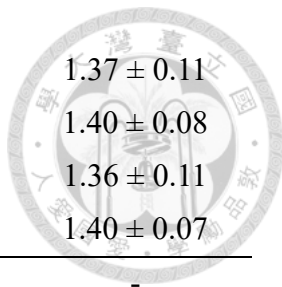
表 22. 本試驗三個品種豬隻 *H-FABP* 基因指數與各項表型關聯性分析

Table 22. Association analysis between *H-FABP* gene Index and various phenotypic traits among the three pig breeds in this study

Breed	Trait <sup>1</sup> Index <sup>2</sup> Sex	SI	Littersize, heads	ADG, kg/day	FCR, kg (feed)/ kg (gain)	adjBF, cm	
Duroc	Male	HH6 (n*=640)	105.57 ± 14.62 <sup>a</sup>	11.28 ± 1.88	1.06 ± 0.08 <sup>a</sup>	2.11 ± 0.10 <sup>b</sup>	1.38 ± 0.09
		HL5 (n=10)	103.40 ± 14.36 <sup>a</sup>	11.80 ± 2.35	1.04 ± 0.09 <sup>a</sup>	2.09 ± 0.07 <sup>b</sup>	1.39 ± 0.13
		HL4 (n=43)	106.42 ± 13.43 <sup>a</sup>	11.16 ± 2.06	1.05 ± 0.08 <sup>a</sup>	2.10 ± 0.09 <sup>b</sup>	1.35 ± 0.12
		HL3 (n=19)	101.00 ± 16.22 <sup>a</sup>	10.68 ± 1.73	1.02 ± 0.09 <sup>ab</sup>	2.14 ± 0.13 <sup>ab</sup>	1.36 ± 0.09
		LL2 (n=4)	76.75 ± 29.41 <sup>b</sup>	11.00 ± 0.82	0.90 ± 0.10 <sup>b</sup>	2.27 ± 0.27 <sup>a</sup>	1.41 ± 0.12
		LL1 (n=0)	-	-	-	-	-
		LL0 (n=0)	-	-	-	-	-
	Female	HH6 (n=70)	99.40 ± 16.01	11.74 ± 2.02	0.94 ± 0.09	2.24 ± 0.16	1.54 ± 0.18
		HL5 (n=0)	-	-	-	-	-
		HL4 (n=4)	111.25 ± 25.14	13.50 ± 2.38	0.99 ± 0.14	2.14 ± 0.27	1.60 ± 0.23
		HL3 (n=0)	-	-	-	-	-
		LL2 (n=0)	-	-	-	-	-
		LL1 (n=0)	-	-	-	-	-



	LL0 (n=0)	-	-	-	-	-
	HH6 (n=0)	-	-	-	-	-
	HL5 (n=22)	107.55 ± 23.24	13.73 ± 1.75 <sup>ab</sup>	1.07 ± 0.12	2.12 ± 0.13	1.44 ± 0.30
	HL4 (n=216)	107.96 ± 18.99	13.77 ± 2.41 <sup>ab</sup>	1.07 ± 0.11	2.11 ± 0.10	1.39 ± 0.11
Male	HL3 (n=26)	107.62 ± 21.01	14.65 ± 3.44 <sup>ab</sup>	1.06 ± 0.12	2.11 ± 0.09	1.41 ± 0.28
	LL2 (n=40)	113.48 ± 21.29	13.48 ± 2.58 <sup>b</sup>	1.10 ± 0.11	2.09 ± 0.11	1.35 ± 0.12
	LL1 (n=6)	110.67 ± 16.49	12.33 ± 0.52 <sup>b</sup>	1.09 ± 0.09	2.09 ± 0.10	1.39 ± 0.07
Landrace	LL0 (n=4)	106.25 ± 10.59	17.50 ± 1.73 <sup>a</sup>	1.04 ± 0.08	2.06 ± 0.03	1.41 ± 0.04
	HH6 (n=0)	-	-	-	-	-
	HL5 (n=5)	95.40 ± 23.09	14.80 ± 0.45	0.95 ± 0.06	2.27 ± 0.11	1.45 ± 0.23
	HL4 (n=62)	98.81 ± 23.06	13.50 ± 2.60	0.97 ± 0.13	2.18 ± 0.17	1.43 ± 0.24
	HL3 (n=4)	84.50 ± 17.82	15.00 ± 6.06	0.93 ± 0.19	2.26 ± 0.20	1.41 ± 0.08
Female	LL2 (n=11)	106.45 ± 18.87	13.27 ± 2.49	1.04 ± 0.10	2.12 ± 0.16	1.37 ± 0.11
	LL1 (n=1)	136.00	13.00	1.25	2.19	1.17
	LL0 (n=2)	94.50 ± 13.44	18.00 ± 1.41	0.92 ± 0.00	2.18 ± 0.15	1.45 ± 0.22
	HH6 (n=0)	-	-	-	-	-
	HL5 (n=2)	83.50 ± 26.16	15.00 ± 0.00	0.95 ± 0.11	2.22 ± 0.15	1.40 ± 0.04
	HL4 (n=35)	107.09 ± 20.70	13.86 ± 2.76	1.08 ± 0.11	2.15 ± 0.11	1.39 ± 0.08



Yorkshire	Male	HL3 (n=30)	107.33 ± 21.11	14.77 ± 3.66	1.07 ± 0.10	2.12 ± 0.12	1.37 ± 0.11
		LL2 (n=67)	101.63 ± 21.95	14.28 ± 3.30	1.04 ± 0.12	2.15 ± 0.11	1.40 ± 0.08
		LL1 (n=36)	104.36 ± 21.55	14.67 ± 2.65	1.05 ± 0.11	2.12 ± 0.11	1.36 ± 0.11
		LL0 (n=19)	102.58 ± 17.35	14.00 ± 1.91	1.05 ± 0.09	2.14 ± 0.11	1.40 ± 0.07
	HH6 (n=0)	-	-	-	-	-	
	HL5 (n=0)	-	-	-	-	-	
	HL4 (n=12)	97.92 ± 25.82	13.83 ± 2.86 <sup>b</sup>	0.99 ± 0.14	2.21 ± 0.23	1.61 ± 0.16	
	Female	HL3 (n=5)	102.00 ± 14.92	16.40 ± 4.98 <sup>ab</sup>	0.94 ± 0.06	2.26 ± 0.20	1.54 ± 0.14
		LL2 (n=14)	97.93 ± 15.44	13.14 ± 2.14 <sup>b</sup>	0.96 ± 0.14	2.18 ± 0.16	1.50 ± 0.14
		LL1 (n=9)	101.56 ± 25.01	14.67 ± 1.87 <sup>ab</sup>	0.90 ± 0.11	2.22 ± 0.21	1.55 ± 0.24
LL0 (n=1)		108.00	23.00 <sup>a</sup>	1.04	2.11	1.65	

<sup>1</sup> SI: selection index; ADG: average daily gain; FCR: feed conversion ratio; adjBF: adjusted backfat thickness.

<sup>2</sup> Index: The Index was calculated based on three restriction sites of the *H-FABP* gene (*HinfI*, *MspI*, and *HaeIII*). For each locus, alleles H, a, and d were assigned one point, while h, A, and D were assigned zero points. The total Index value for each individual was obtained by summing the scores across the three loci.

\* n: Sample size.

“-” indicates that this genotype was not detected.

Values are Means ± SD.

<sup>a,b,c</sup>Means within the same breed, sex and column with different superscripts are significantly different (p<0.05).

#### (四) 增長基因 (*IGF2-In3*) 基因型與表型關聯性結果分析

在本研究所使用之資料中，自 202309 期之後所有檢定豬隻的增長基因均已固定為 *AA* 型，族群內已不再觀察到 *AB* 或 *BB* 基因型。因此，增長基因在此期間不具基因型多型性，無法進一步進行基因型與表型之關聯性分析。

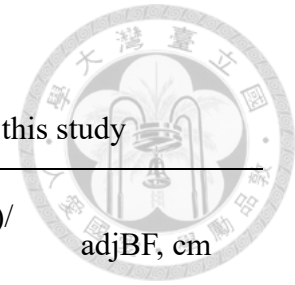
#### (五) 增肌基因 (*IGF2-In7*) 基因型與表型關聯性結果分析

本試驗將增肌基因三種基因型與各表型（選拔指數、窩仔數、日增重、飼料換肉率及校正背脂厚度）進行關聯性分析。結果顯示如表 23 所示，在杜洛克族群中，無論公母，增肌基因對各個表型均無顯著影響 ( $p>0.05$ )。在公藍瑞斯族群中，增肌基因對窩仔數及 FCR 有顯著影響 ( $p<0.05$ )；另在窩仔數方面，*GG* 基因型組別顯著高於其他組別 ( $p<0.05$ )；*FF* 基因型組別的 FCR 顯著優於 *FG* 組別 ( $p<0.05$ )。在母藍瑞斯族群中，增肌基因對各個表型均無顯著影響 ( $p>0.05$ )。在公約克夏族群中，增肌基因對窩仔數有顯著影響，*FF* 組別的窩仔數顯著高於 *FG* 組別 ( $p<0.05$ )。在母約克夏族群中，增肌基因對選拔指數有顯著影響，*FF* 組別顯著高於 *FG* 組 ( $p<0.05$ )。

表 23. 本試驗三個品種豬隻增肌基因 (*IGF2-In7*) 與各項表型關聯性分析

Table 23. Association analysis between *IGF2-In7* gene genotypes and various phenotypic traits among the three pig breeds in this study

Breed	Sex	Genotype	Trait <sup>1</sup>				
			SI	Littersize, heads	ADG, kg/day	FCR, kg (feed)/kg (gain)	adjBF, cm
Duroc	Male	<i>FF</i> (n*=325)	104.98 ± 14.61	11.26 ± 1.84	1.05 ± 0.08	2.11 ± 0.10	1.38 ± 0.09
		<i>FG</i> (n=326)	105.43 ± 15.33	11.17 ± 1.93	1.06 ± 0.09	2.12 ± 0.11	1.38 ± 0.09
		<i>GG</i> (n=65)	106.40 ± 13.42	11.74 ± 1.91	1.06 ± 0.08	2.11 ± 0.09	1.38 ± 0.07
	Female	<i>FF</i> (n=30)	97.47 ± 17.40	11.80 ± 2.02	0.94 ± 0.09	2.25 ± 0.15	1.54 ± 0.20
		<i>FG</i> (n=36)	100.28 ± 15.81	11.72 ± 2.21	0.94 ± 0.09	2.22 ± 0.17	1.55 ± 0.17
		<i>GG</i> (n=8)	108.63 ± 15.98	12.50 ± 1.51	0.95 ± 0.08	2.20 ± 0.16	1.52 ± 0.16
Landrace	Male	<i>FF</i> (n=265)	109.59 ± 19.57	13.74 ± 2.41 <sup>b</sup>	1.08 ± 0.11	2.10 ± 0.10 <sup>b</sup>	1.39 ± 0.16
		<i>FG</i> (n=47)	104.11 ± 18.96	14.04 ± 2.71 <sup>b</sup>	1.06 ± 0.10	2.14 ± 0.12 <sup>a</sup>	1.40 ± 0.08
		<i>GG</i> (n=2)	88.50 ± 27.58	20.50 ± 2.12 <sup>a</sup>	0.96 ± 0.15	2.18 ± 0.11 <sup>ab</sup>	1.39 ± 0.00
	Female	<i>FF</i> (n=74)	99.51 ± 21.99	13.53 ± 2.65	0.98 ± 0.13	2.17 ± 0.17	1.42 ± 0.22
		<i>FG</i> (n=11)	97.55 ± 26.14	15.00 ± 3.32	0.97 ± 0.12	2.24 ± 0.17	1.44 ± 0.19
		<i>GG</i> (n=0)	-	-	-	-	-



Yorkshire		<i>FF</i> (n=168)	104.27 ± 21.09	14.64 ± 2.99 <sup>a</sup>	1.06 ± 0.11	2.14 ± 0.11	1.39 ± 0.10
	Male	<i>FG</i> (n=21)	101.57 ± 21.41	11.86 ± 1.80 <sup>b</sup>	1.03 ± 0.11	2.12 ± 0.13	1.40 ± 0.05
		<i>GG</i> (n=0)	-	-	-	-	-
		<i>FF</i> (n=36)	101.83 ± 19.78 <sup>a</sup>	14.50 ± 3.22	0.96 ± 0.13	2.19 ± 0.19	1.56 ± 0.17
	Female	<i>FG</i> (n=5)	82.40 ± 17.21 <sup>b</sup>	13.00 ± 2.45	0.91 ± 0.13	2.33 ± 0.19	1.50 ± 0.19
		<i>GG</i> (n=0)	-	-	-	-	-

<sup>1</sup> SI: selection index; ADG: average daily gain; FCR: feed conversion ratio; adjBF: adjusted backfat thickness.

\* n: Sample size.

“-” indicates that this genotype was not detected.

Values are Means ± SD.

<sup>a,b</sup>Means within the same breed, sex and column with different superscripts are significantly different (p<0.05).

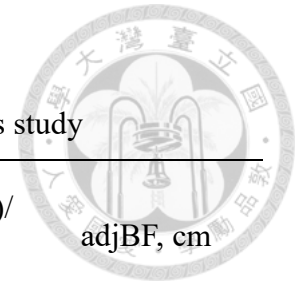
#### (六) 產精基因 (*PRLR*) 基因型與表型關聯性結果分析

本試驗將產精三種基因型與各項表型（選拔指數、窩仔數、日增重、飼料換肉率及校正背脂厚度）進行關聯性分析。結果顯示如表 24 所示，在杜洛克族群中，無論公母，增肌基因對各個表型均無顯著影響 ( $p>0.05$ )。在公藍瑞斯族群中，產精基因對選拔指數及 ADG 有顯著影響 ( $p<0.05$ )，*PP* 組別 ADG 顯著大於 *LL* 組別 ( $p<0.05$ )。在母藍瑞斯族群中，產精基因對 ADG 有顯著影響 ( $p<0.05$ )。在公約克夏族群中，產精基因對窩仔數有顯著影響，*PP* 組別顯著低於 *LL* 及 *LP* 組別 ( $p<0.05$ )。在母約克夏族群中，增肌基因對各個表型均無顯著影響 ( $p>0.05$ )。

表 24. 本試驗三個品種豬隻 *PRLR* 基因與各項表型關聯性分析

Table 24. Association analysis between *PRLR* gene genotypes and various phenotypic traits among the three pig breeds in this study

Breed	Sex	Genotype	Trait <sup>1</sup>				
			SI	Littersize, heads	ADG, kg/day	FCR, kg (feed)/kg (gain)	adjBF, cm
Duroc	Male	<i>LL</i> (n*=228)	105.12 ± 15.47	11.20 ± 1.97	1.06 ± 0.09	2.11 ± 0.10	1.39 ± 0.08
		<i>LP</i> (n=366)	105.96 ± 14.57	11.21 ± 1.87	1.06 ± 0.08	2.11 ± 0.10	1.38 ± 0.10
		<i>PP</i> (n=122)	103.73 ± 14.34	11.55 ± 1.78	1.04 ± 0.08	2.12 ± 0.10	1.37 ± 0.09
	Female	<i>LL</i> (n=24)	95.08 ± 20.29	11.38 ± 2.04	0.94 ± 0.09	2.28 ± 0.18	1.56 ± 0.22
		<i>LP</i> (n=38)	103.63 ± 15.27	12.00 ± 2.17	0.96 ± 0.09	2.20 ± 0.16	1.54 ± 0.18
		<i>PP</i> (n=12)	98.58 ± 9.09	12.25 ± 1.71	0.90 ± 0.08	2.23 ± 0.13	1.53 ± 0.14
Landrace	Male	<i>LL</i> (n=201)	106.54 ± 20.02	13.74 ± 2.59	1.07 ± 0.11 <sup>b</sup>	2.12 ± 0.11	1.40 ± 0.15
		<i>LP</i> (n=102)	111.49 ± 18.19	13.94 ± 2.26	1.09 ± 0.10 <sup>ab</sup>	2.09 ± 0.09	1.38 ± 0.15
		<i>PP</i> (n=11)	120.45 ± 18.99	14.36 ± 3.29	1.14 ± 0.12 <sup>a</sup>	2.08 ± 0.08	1.35 ± 0.09
	Female	<i>LL</i> (n=52)	94.94 ± 23.92	13.35 ± 2.55	0.95 ± 0.13	2.20 ± 0.19	1.43 ± 0.23
		<i>LP</i> (n=30)	106.07 ± 18.28	14.30 ± 3.00	1.02 ± 0.10	2.15 ± 0.11	1.41 ± 0.19
		<i>PP</i> (n=3)	106.00 ± 20.07	14.33 ± 4.04	1.03 ± 0.12	2.14 ± 0.16	1.40 ± 0.25



Yorkshire	Male	<i>LL</i> (n=80)	102.98 ± 21.54	14.66 ± 2.69 <sup>a</sup>	1.05 ± 0.11	2.14 ± 0.12	1.39 ± 0.09
		<i>LP</i> (n=58)	103.10 ± 20.55	15.09 ± 3.68 <sup>a</sup>	1.05 ± 0.11	2.14 ± 0.11	1.38 ± 0.09
		<i>PP</i> (n=51)	106.51 ± 21.17	12.96 ± 2.08 <sup>b</sup>	1.07 ± 0.12	2.13 ± 0.11	1.39 ± 0.09
	Female	<i>LL</i> (n=14)	97.57 ± 17.27	14.79 ± 3.62	0.98 ± 0.12	2.21 ± 0.21	1.51 ± 0.14
		<i>LP</i> (n=17)	100.24 ± 23.32	14.47 ± 2.10	0.92 ± 0.15	2.20 ± 0.20	1.59 ± 0.21
		<i>PP</i> (n=10)	100.80 ± 20.76	13.40 ± 4.01	0.96 ± 0.10	2.21 ± 0.17	1.55 ± 0.15

<sup>1</sup> SI: selection index; ADG: average daily gain; FCR: feed conversion ratio; adjBF: adjusted backfat thickness.

\* n: Sample size.

Values are Means ± SD.

<sup>a,b</sup>Means within the same breed, sex and column with different superscripts are significantly different (p<0.05).



## (七) 各 *MSTN* 基因位點型與表型關聯性結果分析


### 1. 435 位點

本試驗將 *MSTN* 之 435 位點三種基因型與各項表型（選拔指數、窩仔數、日增重、飼料換肉率及校正背脂厚度）進行關聯性分析。結果顯示如表 25 所示，在公杜洛克族群中，435 位點對窩仔數有顯著影響 ( $p < 0.05$ )。AA 組別的窩仔數顯著小於 AG 及 GG 組別。在母杜洛克族群中，435 位點對選拔指數及 FCR 有顯著影響 ( $p < 0.05$ )。GG 組別的選拔指數顯著低於 AG 及 AA 組別；GG 組別的 FCR 與 AG 組別有顯著不同 ( $p < 0.05$ )。在公藍瑞斯族群中，435 位點對各個表型均無顯著影響 ( $p > 0.05$ )。在母藍瑞斯族群中，435 位點對窩仔數似有顯著影響 ( $p > 0.05$ )，AG 組別窩仔數水平顯著大於 GG 組別。在公約克夏族群中，435 位點對窩仔數似有顯著影響 ( $p > 0.05$ )，但組別無顯著差異。在母約克夏族群中，435 位點對各個表型均無顯著影響 ( $p > 0.05$ )。

### 2. 447 位點

本試驗將 *MSTN* 之 447 位點三種基因型與各表型（選拔指數、窩仔數、日增重、飼料換肉率及校正背脂厚度）進行關聯性分析。結果顯示如表 26 所示，在公杜洛克族群中，447 位點對窩仔數有顯著影響，GG 組別的窩仔數顯著少於 GA 組別及 AA 組別 ( $p < 0.05$ )。在母杜洛克族群中，447 位點對選拔指數及 FCR 有顯著影響，AA 組別的選拔指數於 GA 組別及 GG 組別有顯著差異；在 FCR 方面，GA 組別與 AA 組別顯著不同 ( $p < 0.05$ )。無論公母，在藍瑞斯族群中，447 位點對窩仔數有顯著影響，GA 組別與 AA 組別顯著不同。在公約克夏族群中，447 位點對窩仔數有顯著影響，AA 組別顯著多餘 GG 組別。在母約克夏族群中，447 位點對各個表型均無顯著影響 ( $p > 0.05$ )。

### 3. 879 位點



本試驗將 *MSTN* 之 879 位點三種基因型與各表型（選拔指數、窩仔數、日增重、飼料換肉率及校正背脂厚度）進行關聯性分析。結果顯示如表 27 所示，在公杜洛克族群中，879 位點對選拔指數、ADG 及 FCR 有顯著影響 ( $p<0.05$ )。AA 組別的豬隻在選拔指數及 ADG 方面都顯著高於 *AT* 組別 ( $p<0.05$ )；在 FCR 方面優於 *AT* 組別。在公約克夏族群中，879 位點對窩仔數有顯著影響，*AT* 組別的窩仔數顯著高於 *AA* 組別 ( $p<0.05$ )。

#### 4. Haplotype

本試驗將 *MSTN* 四種基因型組合 (*A/KK*、*A/KS*、*A/SS* 及 *ATM*) 與各表型（選拔指數、窩仔數、日增重、飼料換肉率及校正背脂厚度）進行關聯性分析。結果顯示如表 28 所示，在公杜洛克族群中，*MSTN* 基因型組合對選拔指數、ADG 及 FCR 有顯著影響 ( $p<0.05$ )，*ATM* 組別選拔指數顯著低於 *A/KK*、*A/KS* 及 *A/SS* 組別 ( $p<0.05$ )；在 ADG 方面，*ATM* 組別顯著低於 *A/KS* 及 *A/SS* 組別 ( $p<0.05$ )；*ATM* 組別的 FCR 顯著劣於 *A/KK*、*A/KS*、*A/SS* 組別 ( $p<0.05$ )。在母杜洛克族群中，*MSTN* 基因型組合對選拔指數及 FCR 有顯著影響 ( $p<0.05$ )，*A/KK* 組別的選拔指數顯著低於 *A/KS* 及 *A/SS* 組別 ( $p<0.05$ )。在公藍瑞斯組別中，*MSTN* 基因型組合對窩仔數有顯著影響 ( $p<0.05$ )，*A/KS* 組別的窩仔數顯著大於 *A/KK* 組別 ( $p<0.05$ )。在母藍瑞斯組別中，*MSTN* 基因型組合對窩仔數有顯著影響，*A/KS* 組別的窩仔數顯著大於 *A/KK* 組別 ( $p<0.05$ )。在公約克夏族群中，*MSTN* 基因型組合對窩仔數有顯著影響 ( $p<0.05$ )，*ATM* 組別的窩仔數顯著高於 *A/SS* 組別 ( $p<0.05$ )。



表 25. 本試驗三個品種豬隻 *MSTN* 基因之 435 位點基因型與各項表型關聯性分析

Table 25. Analysis of the associations between the 435 site genotypes of the *MSTN* gene and various phenotypic traits across the three pig breeds in this study

Breed	Trait <sup>1</sup>		SI	Littersize, heads	ADG, kg/day	FCR, kg (feed)/ kg (gain)	adjBF, cm
	Genotype	Sex					
Duroc	Male	<i>AA</i> (n*=47)	107.60 ± 12.71	10.49 ± 1.85 <sup>b</sup>	1.07 ± 0.07	2.10 ± 0.10	1.38 ± 0.08
		<i>AG</i> (n=262)	105.50 ± 14.18	11.23 ± 1.87 <sup>a</sup>	1.06 ± 0.08	2.12 ± 0.11	1.38 ± 0.09
		<i>GG</i> (n=407)	104.92 ± 15.45	11.38 ± 1.88 <sup>a</sup>	1.05 ± 0.09	2.11 ± 0.10	1.38 ± 0.09
	Female	<i>AA</i> (n=10)	106.60 ± 11.63 <sup>a</sup>	10.70 ± 1.57	0.97 ± 0.08	2.22 ± 0.09 <sup>ab</sup>	1.53 ± 0.17
		<i>AG</i> (n=30)	106.40 ± 15.19 <sup>a</sup>	12.33 ± 2.19	0.96 ± 0.09	2.16 ± 0.15 <sup>b</sup>	1.53 ± 0.15
		<i>GG</i> (n=34)	92.50 ± 16.17 <sup>b</sup>	11.74 ± 1.97	0.92 ± 0.09	2.29 ± 0.17 <sup>a</sup>	1.56 ± 0.21
Landrace	Male	<i>AA</i> (n=24)	108.75 ± 16.40	14.13 ± 2.21	1.06 ± 0.09	2.09 ± 0.08	1.43 ± 0.27
		<i>AG</i> (n=141)	110.23 ± 19.48	14.16 ± 2.68	1.09 ± 0.11	2.11 ± 0.10	1.38 ± 0.11
		<i>GG</i> (n=149)	107.11 ± 20.20	13.46 ± 2.35	1.07 ± 0.11	2.11 ± 0.11	1.39 ± 0.15
	Female	<i>AA</i> (n=9)	109.67 ± 15.93	13.67 ± 2.92 <sup>ab</sup>	1.00 ± 0.08	2.08 ± 0.10	1.43 ± 0.15
		<i>AG</i> (n=34)	101.88 ± 23.94	14.71 ± 2.62 <sup>a</sup>	1.00 ± 0.13	2.21 ± 0.18	1.41 ± 0.17
		<i>GG</i> (n=42)	94.90 ± 21.66	12.93 ± 2.65 <sup>b</sup>	0.95 ± 0.13	2.18 ± 0.16	1.43 ± 0.26

Yorkshire	Male	<i>AA</i> (n=52)	102.06 ± 21.42	13.35 ± 2.33	1.05 ± 0.12	2.15 ± 0.13	1.40 ± 0.09
		<i>AG</i> (n=98)	103.73 ± 21.20	14.67 ± 2.87	1.05 ± 0.12	2.14 ± 0.11	1.39 ± 0.09
		<i>GG</i> (n=39)	107.10 ± 20.52	14.79 ± 3.81	1.07 ± 0.11	2.13 ± 0.10	1.36 ± 0.10
	Female	<i>AA</i> (n=11)	95.09 ± 18.29	13.73 ± 3.69	0.94 ± 0.12	2.22 ± 0.18	1.55 ± 0.15
		<i>AG</i> (n=25)	101.24 ± 22.30	14.88 ± 3.05	0.96 ± 0.12	2.21 ± 0.20	1.55 ± 0.19
		<i>GG</i> (n=5)	100.20 ± 15.53	12.80 ± 1.92	0.94 ± 0.18	2.15 ± 0.18	1.55 ± 0.15

<sup>1</sup> SI: selection index; ADG: average daily gain; FCR: feed conversion ratio; adjBF: adjusted backfat thickness.

\* n: Sample size.

Values are Means ± SD.

<sup>a,b</sup>Means within the same breed, sex and column with different superscripts are significantly different (p<0.05).



表 26. 本試驗三個品種豬隻 *MSTN* 基因之 447 位點基因型與各項表型關聯性分析

Table 26. Analysis of the associations between the 447 site genotypes of the *MSTN* gene and various phenotypic traits across the three pig breeds in this study

Breed	Sex	Genotype	Trait <sup>1</sup>				
			SI	Littersize, heads	ADG, kg/day	FCR, kg (feed)/ kg (gain)	adjBF, cm
Duroc	Male	<i>AA</i> (n*=428)	104.48 ± 16.05	11.38 ± 1.87 <sup>a</sup>	1.05 ± 0.09	2.12 ± 0.10	1.38 ± 0.09
		<i>GA</i> (n=242)	106.40 ± 12.73	11.20 ± 1.89 <sup>a</sup>	1.06 ± 0.07	2.11 ± 0.10	1.38 ± 0.08
		<i>GG</i> (n=46)	107.35 ± 12.73	10.48 ± 1.87 <sup>b</sup>	1.07 ± 0.07	2.10 ± 0.10	1.38 ± 0.08
	Female	<i>AA</i> (n=34)	92.50 ± 16.17 <sup>b</sup>	11.74 ± 1.97	0.92 ± 0.09	2.29 ± 0.17 <sup>a</sup>	1.56 ± 0.21
		<i>GA</i> (n=30)	106.40 ± 15.19 <sup>a</sup>	12.33 ± 2.19	0.96 ± 0.09	2.16 ± 0.15 <sup>b</sup>	1.53 ± 0.15
		<i>GG</i> (n=10)	106.60 ± 11.63 <sup>a</sup>	10.70 ± 1.57	0.97 ± 0.08	2.22 ± 0.09 <sup>ab</sup>	1.53 ± 0.17
Landrace	Male	<i>AA</i> (n=150)	106.95 ± 20.24	13.46 ± 2.34 <sup>b</sup>	1.07 ± 0.11	2.12 ± 0.11	1.39 ± 0.15
		<i>GA</i> (n=140)	110.43 ± 19.40	14.16 ± 2.69 <sup>a</sup>	1.09 ± 0.11	2.11 ± 0.10	1.38 ± 0.11
		<i>GG</i> (n=24)	108.75 ± 16.40	14.13 ± 2.21 <sup>ab</sup>	1.06 ± 0.09	2.09 ± 0.08	1.43 ± 0.27
	Female	<i>AA</i> (n=42)	94.90 ± 21.66	12.93 ± 2.65 <sup>b</sup>	0.95 ± 0.13	2.18 ± 0.16	1.43 ± 0.26
		<i>GA</i> (n=34)	101.88 ± 23.94	14.71 ± 2.62 <sup>a</sup>	1.00 ± 0.13	2.21 ± 0.18	1.41 ± 0.17
		<i>GG</i> (n=9)	109.67 ± 15.93	13.67 ± 2.92 <sup>ab</sup>	1.00 ± 0.08	2.08 ± 0.10	1.43 ± 0.15

Yorkshire	Male	AA (n=55)	105.29 ± 20.53	15.20 ± 3.48 <sup>a</sup>	1.06 ± 0.10	2.13 ± 0.10	1.38 ± 0.10
		GA (n=84)	103.92 ± 21.50	14.42 ± 2.86 <sup>ab</sup>	1.06 ± 0.12	2.14 ± 0.11	1.39 ± 0.09
		GG (n=50)	102.60 ± 21.31	13.24 ± 2.32 <sup>b</sup>	1.05 ± 0.12	2.14 ± 0.13	1.40 ± 0.09
	Female	AA (n=8)	99.50 ± 19.96	13.63 ± 2.07	0.95 ± 0.17	2.14 ± 0.16	1.54 ± 0.22
		GA (n=23)	101.74 ± 21.42	14.83 ± 3.14	0.96 ± 0.12	2.21 ± 0.21	1.55 ± 0.17
		GG (n=10)	94.20 ± 19.03	13.70 ± 3.89	0.94 ± 0.13	2.25 ± 0.18	1.57 ± 0.14

<sup>1</sup> SI: selection index; ADG: average daily gain; FCR: feed conversion ratio; adjBF: adjusted backfat thickness.

\* n: Sample size.

Values are Means ± SD.

<sup>a,b</sup>Means within the same breed, sex and column with different superscripts are significantly different (p<0.05).

表 27. 本試驗三個品種豬隻 *MSTN* 基因之 879 位點基因型與各項表型關聯性分析

Table 27. Analysis of the associations between the 879 site genotypes of the *MSTN* gene and various phenotypic traits across the three pig breeds in this study

Breed	Sex	Trait <sup>1</sup> Genotype	SI	Littersize, heads	ADG, kg/day	FCR, kg (feed)/ kg (gain)	adjBF, cm
Duroc	Male	<i>AA</i> (n*=694)	105.58 ± 14.39 <sup>a</sup>	11.26 ± 1.90	1.06 ± 0.08 <sup>a</sup>	2.11 ± 0.10 <sup>b</sup>	1.38 ± 0.09
		<i>AT</i> (n=22)	96.86 ± 23.89 <sup>b</sup>	11.45 ± 1.65	1.01 ± 0.12 <sup>b</sup>	2.18 ± 0.18 <sup>a</sup>	1.36 ± 0.12
		<i>TT</i> (n=0)	-	-	-	-	-
	Female	<i>AA</i> (n=74)	100.04 ± 16.60	11.84 ± 2.06	0.94 ± 0.09	2.23 ± 0.16	1.54 ± 0.18
		<i>AT</i> (n=0)	-	-	-	-	-
		<i>TT</i> (n=0)	-	-	-	-	-
Landrace	Male	<i>AA</i> (n=313)	108.72 ± 19.59	13.83 ± 2.51	1.08 ± 0.11	2.11 ± 0.10	1.39 ± 0.15
		<i>AT</i> (n=1)	82.00	13.00	0.95	2.28	1.35
		<i>TT</i> (n=0)	-	-	-	-	-
	Female	<i>AA</i> (n=85)	99.26 ± 22.41	13.72 ± 2.77	0.98 ± 0.13	2.18 ± 0.17	1.42 ± 0.22
		<i>AT</i> (n=0)	-	-	-	-	-
		<i>TT</i> (n=0)	-	-	-	-	-



Yorkshire	Male	<i>AA</i> (n=170)	104.37 ± 21.16	14.12 ± 3.02 <sup>b</sup>	1.06 ± 0.12	2.14 ± 0.11	1.38 ± 0.09
		<i>AT</i> (n=19)	100.37 ± 20.56	16.21 ± 2.12 <sup>a</sup>	1.03 ± 0.09	2.13 ± 0.13	1.41 ± 0.09
		<i>TT</i> (n=0)	-	-	-	-	-
	Female	<i>AA</i> (n=37)	99.43 ± 20.20	14.27 ± 3.29	0.95 ± 0.13	2.22 ± 0.19	1.56 ± 0.15
		<i>AT</i> (n=4)	99.75 ± 24.77	14.75 ± 1.50	0.96 ± 0.15	2.09 ± 0.13	1.47 ± 0.32
		<i>TT</i> (n=0)	-	-	-	-	-

<sup>1</sup> SI: selection index; ADG: average daily gain; FCR: feed conversion ratio; adjBF: adjusted backfat thickness.

\* n: Sample size.

“-” indicates that this genotype was not detected.

Values are Means ± SD.

<sup>a,b</sup>Means within the same breed, sex and column with different superscripts are significantly different (p<0.05).

表 28. 本試驗三個品種豬隻 *MSTN* 基因 haplotype 與各項表型關聯性分析

Table 28. Association analysis between *MSTN* gene haplotype and various phenotypic traits among the three pig breeds in this study

Breed	Trait <sup>1</sup>		SI	Littersize	ADG, kg/day	FCR, kg (feed)/ kg (gain)	adjBF, cm
	Haplotype <sup>2</sup>	Sex					
Duroc	Male	A/KK (n*=407)	104.92 ± 15.45 <sup>a</sup>	11.38 ± 1.88	1.05 ± 0.09 <sup>ab</sup>	2.11 ± 0.10 <sup>b</sup>	1.38 ± 0.09
		A/KS (n=241)	106.35 ± 12.73 <sup>a</sup>	11.20 ± 1.89	1.06 ± 0.07 <sup>a</sup>	2.11 ± 0.10 <sup>b</sup>	1.38 ± 0.08
		A/SS (n=46)	107.35 ± 12.73 <sup>a</sup>	10.48 ± 1.87	1.07 ± 0.07 <sup>a</sup>	2.10 ± 0.10 <sup>b</sup>	1.38 ± 0.08
		ATM (n=21)	95.81 ± 23.95 <sup>b</sup>	11.48 ± 1.69	1.01 ± 0.12 <sup>b</sup>	2.18 ± 0.18 <sup>a</sup>	1.36 ± 0.12
	Female	A/KK (n=34)	92.50 ± 16.17 <sup>b</sup>	11.74 ± 1.97	0.92 ± 0.09	2.29 ± 0.17 <sup>a</sup>	1.56 ± 0.21
		A/KS (n=30)	106.40 ± 15.19 <sup>a</sup>	12.33 ± 2.19	0.96 ± 0.09	2.16 ± 0.15 <sup>b</sup>	1.53 ± 0.15
		A/SS (n=10)	106.60 ± 11.63 <sup>a</sup>	10.70 ± 1.57	0.97 ± 0.08	2.22 ± 0.09 <sup>b</sup>	1.53 ± 0.17
		ATM (n=0)	-	-	-	-	-
Landrace	Male	A/KK (n=149)	107.11 ± 20.20	13.46 ± 2.35 <sup>b</sup>	1.07 ± 0.11	2.11 ± 0.11	1.39 ± 0.15
		A/KS (n=140)	110.43 ± 19.40	14.16 ± 2.69 <sup>a</sup>	1.09 ± 0.11	2.11 ± 0.10	1.38 ± 0.11
		A/SS (n=24)	108.75 ± 16.40	14.13 ± 2.21 <sup>ab</sup>	1.06 ± 0.09	2.09 ± 0.08	1.43 ± 0.27
		ATM (n=0)	-	-	-	-	-
	Female	A/KK (n=42)	94.90 ± 21.66	12.93 ± 2.65 <sup>b</sup>	0.95 ± 0.13	2.18 ± 0.16	1.43 ± 0.26
		A/KS (n=34)	101.88 ± 23.94	14.71 ± 2.62 <sup>a</sup>	1.00 ± 0.13	2.21 ± 0.18	1.41 ± 0.17
		A/SS (n=9)	109.67 ± 15.93	13.67 ± 2.92 <sup>ab</sup>	1.00 ± 0.08	2.08 ± 0.10	1.43 ± 0.15
		ATM (n=0)	-	-	-	-	-



Yorkshire	Male	A/KK (n=39)	107.10 ± 20.52	14.79 ± 3.81 <sup>ab</sup>	1.07 ± 0.11	2.13 ± 0.10	1.36 ± 0.10
		A/KS (n=82)	104.29 ± 21.41	14.38 ± 2.89 <sup>ab</sup>	1.06 ± 0.12	2.14 ± 0.11	1.38 ± 0.09
		A/SS (n=50)	102.60 ± 21.31	13.24 ± 2.32 <sup>b</sup>	1.05 ± 0.12	2.14 ± 0.13	1.40 ± 0.09
		ATM (n=16)	100.88 ± 20.52	16.19 ± 2.32 <sup>a</sup>	1.03 ± 0.09	2.12 ± 0.12	1.40 ± 0.09
	Female	A/KK (n=5)	100.20 ± 15.53	12.80 ± 1.92	0.94 ± 0.18	2.15 ± 0.18	1.55 ± 0.15
		A/KS (n=22)	101.64 ± 21.91	14.86 ± 3.21	0.96 ± 0.12	2.22 ± 0.21	1.56 ± 0.17
		A/SS (n=10)	94.20 ± 19.03	13.70 ± 3.89	0.94 ± 0.13	2.25 ± 0.18	1.57 ± 0.14
		ATM (n=3)	98.33 ± 30.14	15.00 ± 1.73	0.96 ± 0.18	2.13 ± 0.14	1.53 ± 0.36

<sup>1</sup> SI: selection index; ADG: average daily gain; FCR: feed conversion ratio; adjBF: adjusted backfat thickness.

<sup>2</sup> Haplotype: classification derived from the combined genotypes of three *MSTN* loci (435, 447 and 879). The corresponding genotype combinations are as follows: A/KK = 435(GG), 447(AA), 879(AA); A/KS = 435(AG), 447(GA), 879(AA); A/SS = 435(AA), 447(GG), 879(AA); ATM = 435(AG), 447(AA), 879(AT).

\* n: Sample size.

“-” indicates that this genotype was not detected.

<sup>a,b,c</sup>Means within the same breed, sex and column with different superscripts are significantly different (p<0.05).

### 三、全基因組關聯分析 (GWAS)

#### (一) PCA 結果

本試驗利用全基因組資料進行二維與三維主成分分析 (PCA)。在 2D PCA (圖 21) 結果顯示，當 PC1 與 PC2 分別解釋 14.34% 與 6.05% 的基因組變異，三個主要品種之間呈現明顯的遺傳分群。杜洛克相關樣本 (HD、LD) 緊密聚集並位於 PC1 的正軸區域，與藍瑞斯 (LL、HL) 及約克夏 (LY、HY) 族群清楚區隔；而藍瑞斯與約克夏雖同位於 PC1 負向區，但在 PC2 方向上仍呈現一定程度的差異性。

進一步的三維 PCA 分析結果亦獲得相似的結果 (圖 22)。當 PC1、PC2 與 PC3 分別解釋 14.34%、6.05% 與 2.17% 的基因組變異。在三維空間中，杜洛克族群樣本清楚集中於一側，與藍瑞斯及約克夏族群明顯分離；而藍瑞斯與約克夏樣本雖相互鄰近，但沿著 PC2 與 PC3 的方向仍可觀察到族群間的遺傳分化趨勢。



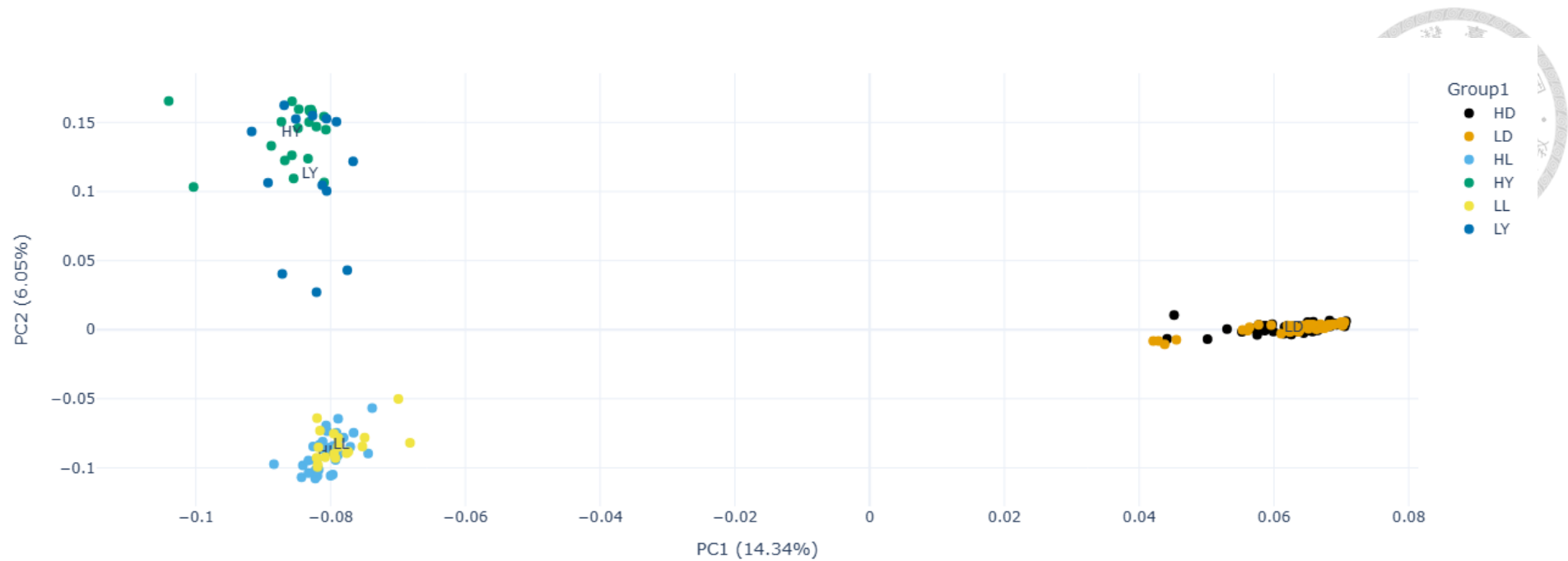


圖 21. 本試驗三個品種豬隻全基因組 SNP 資料所繪製之二維主成分分析 (2D PCA) 結果。其中 PC1 與 PC2 分別解釋 14.34% 與 6.05% 的基因組變異。不同顏色代表不同族群 (HD、LD、HL、HY、LL 及 LY)。

Figure 21. Two-dimensional principal component analysis (PCA) based on genome-wide SNP markers. PC1 and PC2 explain 14.34% and 6.05% of the total genomic variance, respectively. Different colors represent different population groups (HD, LD, HL, HY, LL and LY).

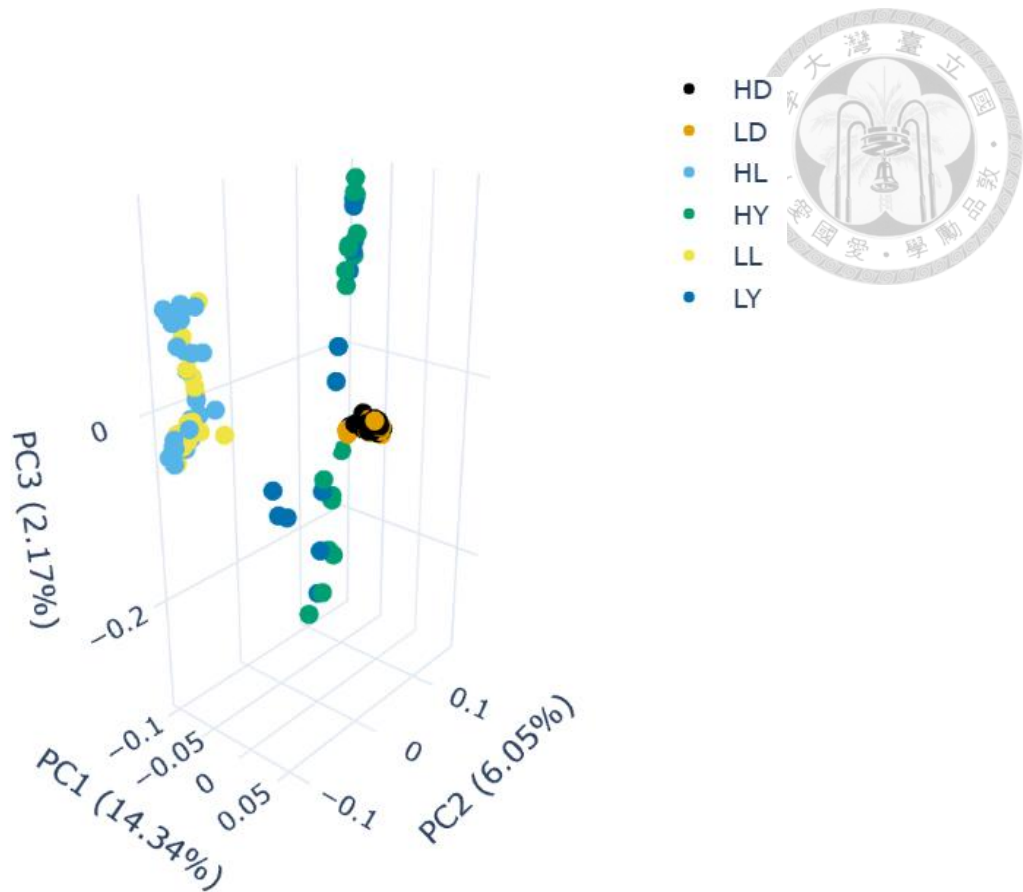


圖 22. 本試驗三個品種豬隻全基因組 SNP 資料進行之三維主成分分析(3D PCA) 結果。其中 PC1、PC2 與 PC3 分別解釋 14.34%、6.05% 與 2.17% 的基因組變異。不同顏色代表不同族群 (HD、LD、HL、HY、LL 及 LY)。

Figure 22. Three-dimensional principal component analysis (3D PCA) based on genome-wide SNP markers. PC1, PC2, and PC3 explain 14.34%, 6.05%, and 2.17% of the total genomic variance, respectively. Different colors represent the population groups (HD, LD, HL, HY, LL and LY).

## (二) 全基因組變異之功能註釋結果

本試驗三個品種豬隻，經 WGS 分析後，根據全基因組變異之功能註釋結果如圖 23 所示，本試驗樣本中的大多數變異屬於非編碼區域，包括 intron variant、upstream gene variant 與 downstream gene variant，其變異數量遠高於其他類型。

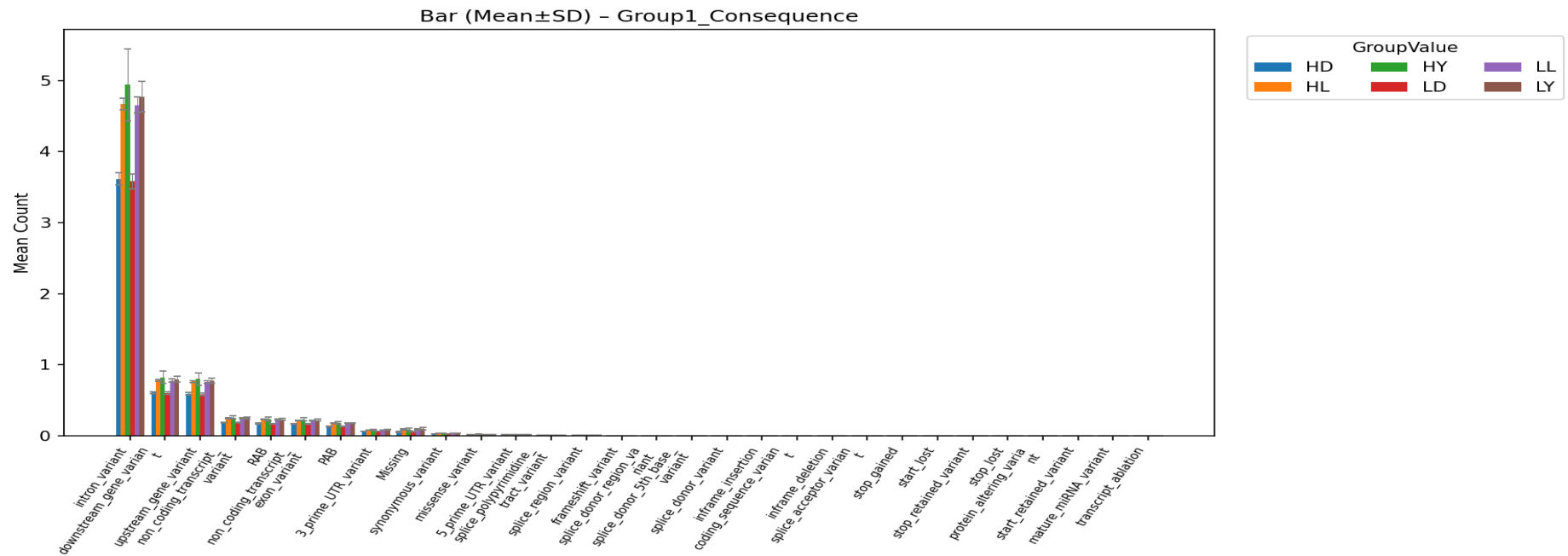


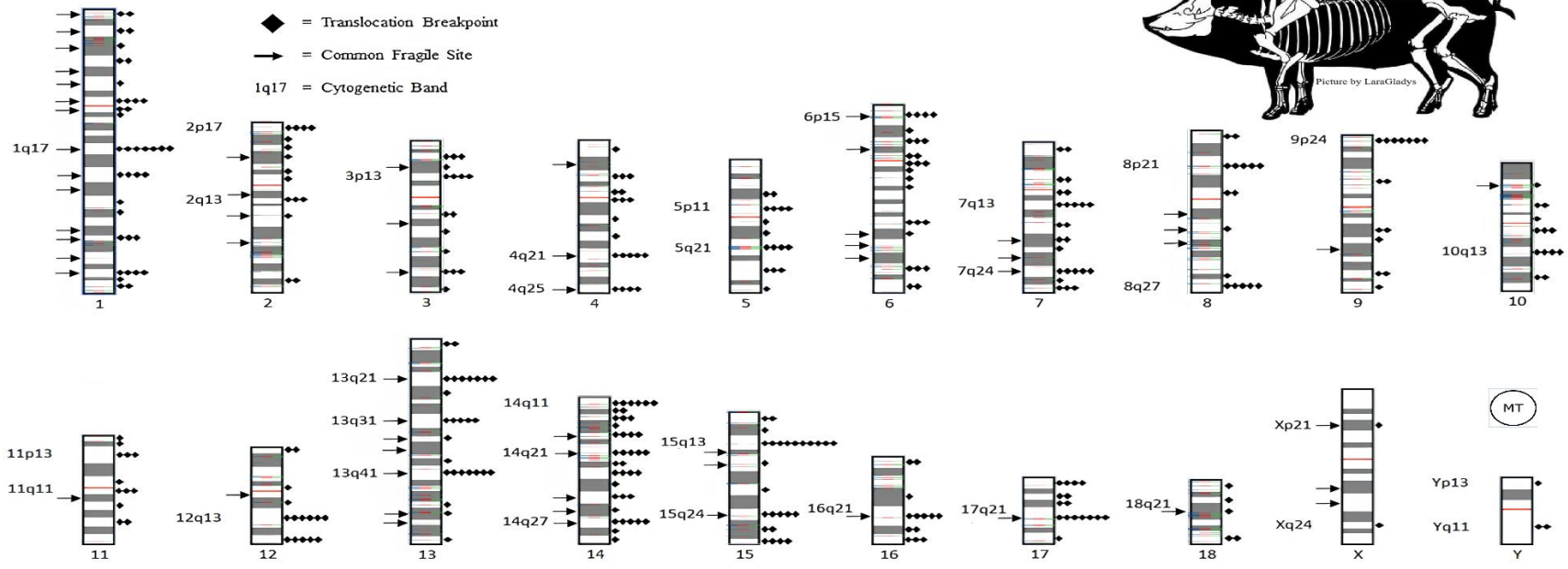
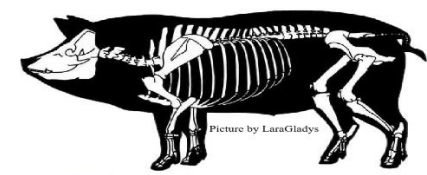
圖 23. 全基因組變異依功能結果 (consequence) 分析後之分類，各類變異的平均數量於不同族群 (HD、HL、HY、LL、LD 及 LY) 中之分布情形。

Figure 21. Classification of genome-wide variants by functional consequences, showing the mean counts of each variant category across the groups HD, HL, HY, LL and LD.



### (三) 不同族群間全基因組差異區域分布分析結果

本試驗比較不同品種豬隻族群之間高指數於低指數的全基因組差異區域，其分布情形如圖 24 所示。於豬隻染色體 1-18 對及性染色體 X、Y 結果，可觀察到多個差異區段，其中藍色、紅色與綠色分別代表 HD vs. LD、HL vs. LL 與 HY vs. LY 之比較結果。此圖整合多組比較所得之基因組差異資訊，以呈現族群間於全基因組尺度的差異分布。



Donaldson, Brendan et al. "Non-Random Distribution of Reciprocal Translocation Breakpoints in the Pig Genome." *Genes* vol. 10,10 769. 30 Sep. 2019, doi:10.3390/genes10100769

圖 24. 本試驗三個品種豬隻高、低指數不同族群間全基因組差異區域分布示意圖。其中 1-18 為豬隻 1-18 對染色體及性染色體 X、Y，而彩色區段表示偵測到族群差異的基因組位置，此圖整合所有染色體之差異訊號以呈現其於全基因組的分布情形 (HD vs. LD: 藍色; HL vs. LL: 紅色; HY vs. LY: 綠色)。

Figure 24. Genome-wide distribution of differentiated regions between high- and low-index populations in three pig breeds. Chromosomes 1-18 represent porcine autosomes, and X and Y represent the sex chromosomes. Colored segments indicate genomic regions showing significant

differentiation between populations. This figure integrates differentiation signals across all chromosomes to illustrate their genome-wide distribution (HD vs. LD: blue; HL vs. LL: red; HY vs. LY: green).



## 肆、討論



本研究結合長期族群各項檢定資料、候選基因檢測與 202309 期至 202505 期全基因組定序 (Whole Genome Sequencing, WGS) 分析，進行評估臺灣主要種豬族群 (杜洛克、藍瑞斯與約克夏) 在經濟性狀相關基因頻度變化，以及其對生長、繁殖與選拔指數等經濟性狀的影響。過去臺灣針對候選基因的研究多集中於單一年度或特定族群，較少同時涵蓋長期 (200005-202505) 基因型變化趨勢與完整豬隻 (202309-202505) 的基因型與表型關聯性分析。本研究藉由收集此期間檢定豬隻樣本與完整基因型資料，不僅得以呈現不同基因之基因型，在近二十年間之變異與變化趨勢，也能進一步探討這些變異如何反映育種策略、產業政策與品種間遺傳結構的變化。

此外，透過 MassArray 技術對七個候選基因進行共 11 個 SNP 位點的分型，本研究重新檢視傳統候選基因在現代臺灣族群中的多型性狀態，並比較其在三主要品種 (杜洛克、藍瑞斯、約克夏) 中的差異。另一方面，本研究亦針對選拔指數高、低不同族群之豬隻進行全基因組定序，透過 PCA、功能分類與差異區域辨識，探索影響生長表現之潛在基因組變異。此雙軌研究策略使得候選基因分析與基因組廣度資料得以互補，候選基因部分反映已知功能基因在臺灣族群的現況，而 WGS 部分則提供新的候選標的與未來基因功能探索及研究分析。

整體而言，本研究的目的不僅在於確認特定候選基因之 SNP 位點是否與性狀具關聯性，更重要的是從族群遺傳與育種應用的角度，理解這些變異背後的機制與其對育種體系的啟示。由於臺灣種豬族群長期在中央性能檢定制度下進行一致化的選拔，各品種在生長性狀、背脂厚度、飼料換肉率等重要性狀方面均受到相似的選拔壓力，因此候選基因的多型性消退、基因型逐漸固定的現象是可被預期的。然而，不同基因在三品種間呈現不同的固定速度與保留多樣度，顯示其可能反映品種本身的遺傳背景差異、近年育種目標的轉變，甚至受到產業需求 (如瘦肉率、繁殖能力) 所驅動的差異化選拔方向。

因此，透過本研究進行的系統性分析，可提供臺灣種豬族群之遺傳變化全貌，並為後續建立分子標識輔助選拔、基因組選拔或族群管理策略提供更具體的資料基礎。以下將分別針對候選基因多型性與基因型頻度、基因型-表型關聯性、年度變化趨勢以及全基因組差異分析等主要結果進行深入討論。



## 一、各基因型及交替基因頻度分布

本研究對臺灣主要種豬三品種之七個候選基因 11 個 SNP 進行長期基因型頻度分析，結果顯示不同基因在三品種間呈現明顯差異性，這種差異反映出品種本身的遺傳背景、育種方向與選拔壓力。有學者指出，在長期強化生長性能的選拔下，具顯著效應的單基因位點常會快速走向固定化，使族群遺傳多樣性在特定位點下降 (Baye et al., 2011; Cassady et al., 2002)。本研究觀察到的 *PSS* 與 *IGF2-In3* 基因長期固定現象，即是此類選拔作用的典型實例。

首先，*PSS* 基因相關多型性幾乎自 2023 年起完全消失，臺灣的三個品種的檢定豬隻族群固定為 AA 型。此現象與國際育種趨勢一致。緊迫敏感與 PSE (pale, soft, exudative) 肉品問題已被證實與 *RYR1* 的突變密切相關 (Fujii et al., 1991)，因此各國種豬場在 1990 年後便廣泛淘汰攜帶劣勢交替基因之種豬，使該基因在商用品種中高度固定化。臺灣的資料顯示中央性能檢定制與育種場選拔策略成功排除不良交替基因，提高肉品質與屠體穩定性。

與 *PSS* 類似，*IGF2* 基因之 *intron 3* (*IGF2-In3*) 位點根據基因檢測數據顯示亦呈現高度固定化 (QQ > 95%)。 *IGF2* 是已知的強效增肌基因，Van Laere et al. (2003) 證實 *IGF2* G→A 突變會降低肌肉抑制作用，使肌肉生長速度顯著提升。此位點在歐美已被廣泛導入商業品種，而臺灣檢定豬隻基因檢測的資料亦顯示相同趨勢。*IGF2-In3* 在過去二十年不斷受到選拔，並逐步固定於三品種之中。

相較於上述兩個高度固定的位點，*ESR*、*H-FABP*、*PRLR* 與 *MSTN* 等基因仍保留一定程度的多型性，並在三品種之間呈現差異。例如 *ESR* 基因已被證實參與

繁殖調控，與窩仔數呈顯著相關 (Rothschild, 1996)。本研究觀察到 *ESR* 基因在藍瑞斯與約克夏品種中仍保留多型性，而在杜洛克族群中則以單一基因型 (*NN*) 為主。此現象可能源自三品種的育種角色差異：藍瑞斯與約克夏作為母系品種，繁殖性狀為重要選拔目標，因此 *ESR* 基因的遺傳變異在族群中得以保留。反之，杜洛克偏向生長與屠體性狀選拔，因而減少繁殖相關基因的變異保留。

*H-FABP* (*heart-type fatty acid binding protein*) 基因與脂肪沉積與氧化代謝相關，其多型性逐年下降 (杜洛克 *H-FABP* 指數之 *HH6* 型比例逐年增加) 反映出台灣種豬長期強化瘦肉率之選拔方向。Gerbens et al. (1999) 報導 *H-FABP* 多型性與 *IMF* (肌內脂肪) 及脂肪代謝具有高度相關性，而在本研究中，三品種於 2000-2015 年期間仍保有顯著多樣性，但近年顯著下降，杜洛克族群最終呈現固定化趨勢 (多為 *HH6*)。此結果顯示與公系品種脂肪相關基因較繁殖基因受到更一致且更強烈的選拔壓力。

*IGF2* 基因之 *intron 7* (*IGF2-In7*) 位點在三個品種種豬族群中仍保留多型性，在年度趨勢變化圖上看，三品種均無明顯的變化趨勢。在杜洛克族群中以一半的 *FF* 型及一半的 *FG* 型為主，在藍瑞斯和約克夏族群則均以 *FF* 型為主。除公系與母系品種選拔強度差異外，或可能考慮到藍瑞斯和約克夏品種之豬隻相較於杜洛克為體長偏長型豬隻，故有理由懷疑此基因與豬隻體長有關，但因為缺失體長相關之數據，所以可能待後續其他數據的收集後方能進行相關沒有後續研究。

*PRLR* (*prolactin receptor*) 基因為泌乳與繁殖性狀相關基因，但因僅自 2023 年開始進行檢測，本研究觀察到其在三品種中仍保留高度多型性。藍瑞斯族群中 *PP* 型比例最低，而 *LL* 與 *LP* 為主要基因型，這反映 *PRLR* 基因尚未經歷長期選拔。Mihailov et al (2014) 指出 *PRLR* 基因 (*BB* 型) 與豬隻最佳活仔數高度相關，因此未來隨著資料累積，該基因可能在母系品種中呈現更明顯的選拔趨勢。

*MSTN* (*myostatin*) 基因負責抑制肌肉生長，其突變成不同基因型會增加肌肉量，甚至造成雙肌現象 (Grobet et al., 1997)。本研究中杜洛克族群在多個 *MSTN*

位點 (435、447 及 879) 仍保留一定變異度，而藍瑞斯與約克夏則相對較少。此結果與杜洛克作為公系品種、主要選拔生長與肌肉性狀的育種目的有關。又 Baig et al. (2022) 曾指出，該基因是控制豬隻肌肉量的關鍵因子。



## 二、基因型與各項表型關聯性之結果討論

本研究針對七個候選基因之 11 個 SNP 位點進行基因型與表型關聯性分析，結果顯示不同基因在不同品種及性別族群中呈現不一致的影響模式，反映出各基因之功能特性、品種育種方向及族群遺傳結構差異均可能對其表現造成影響。整體而言，多數基因在部分品種中呈現顯著效應，但在另一些品種中則不具顯著性，顯示候選基因對性狀的影響並非普遍性，而可能受到品種背景或基因頻度結構限制 (如表 29 所示)，既可能具品種特異性效果。

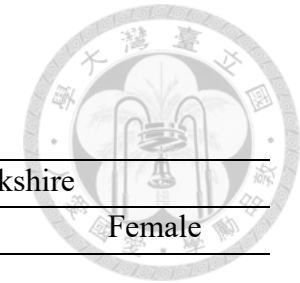
首先在 *ESR* 基因方面，本研究結果顯示 *ESR* 基因主要與繁殖性狀和飼料換肉率相關，並在藍瑞斯與約克夏族群中較容易觀察到基因型差異。其中，公藍瑞斯族群 *NN* 型之窩仔數較低，而公約克夏族群之 *MM* 型則在窩仔數表現較佳。此結果與 Rothschild (1996) 提出 *ESR* 基因作為繁殖候選基因的觀點相似，其研究中指出 *ESR* 基因的 *PvuII* 多型性與母豬產仔數呈顯著關聯。本研究在杜洛克族群中未觀察到明顯關聯，推測與杜洛克之育種目標較偏向生長性狀有關，使該基因在族群中的多型性已逐漸降低，故未在本研究中具有顯著性之結果。同時，本研究觀察到，在約克夏族群，*MM* 型之飼料換肉率表現顯著好於 *NN* 型 ( $p < 0.05$ )。在 Short et al. (1997) 研究中，*ESR* 基因雖然沒有對大白豬的飼料換肉率產生顯著性影響，但是在背脂厚度方面有顯著的效果。

在 *H-FABP* 基因中，雖然其酶切位點 (*Hinfl*、*MspI*、*HaeIII*) 於長期趨勢中呈現逐漸固定化。Gerbens et al. (1999) 指出 *H-FABP* 基因的多型性會影響肌內脂肪含量 (IMF) 及脂肪氧化代謝，其變異會反映於脂肪沉積差異。本研究觀察到，在

表 29. 本試驗三個品種豬隻不同性別中與性狀顯著相關之候選基因整理一覽表

Table 29. Summary of candidate genes significantly associated with traits in three pig breeds by sex in this study

Trait <sup>1</sup>	Breed Gene <sup>2</sup>	Duroc		Landrace		Yorkshire	
		Male	Female	Male	Female	Male	Female
SI		<i>H-FABP-HinfI</i> , - <i>MspI</i> , <i>H-FABP</i> Index, <i>MSTN</i> - 879, <i>MSTN</i> haplotype	<i>MSTN</i> -435, -447, <i>MSTN</i> haplotype	<i>PRLR</i>	-	-	<i>ESR</i> , <i>IGF2-In7</i>
Littersize, heads		<i>MSTN</i> -435, -447	-	<i>ESR</i> , <i>H-FABP</i> - <i>HinfI</i> , <i>H-FABP</i> Index, <i>IGF2-In7</i> , <i>MSTN</i> -447, <i>MSTN</i> haplotype	<i>MSTN</i> -435, -447, <i>MSTN</i> haplotype	<i>ESR</i> , <i>IGF2-In7</i> <i>PRLR</i> , <i>MSTN</i> -435, -447, - 879, <i>MSTN</i> haplotype	<i>H-FABP-HinfI</i> , <i>H-FABP</i> Index
ADG, kg/day		<i>H-FABP-HinfI</i> , - <i>MspI</i> , <i>MSTN</i> - 879, <i>MSTN</i> haplotype	-	<i>PRLR</i>	<i>PRLR</i>	-	-
FCR, kg (feed)/ kg (gain)		<i>H-FABP-HinfI</i> , - <i>MspI</i> , <i>MSTN</i> - 879, <i>MSTN</i> haplotype	<i>MSTN</i> -435, -447, <i>MSTN</i> haplotype	<i>IGF2-In7</i>	-	<i>ESR</i>	<i>ESR</i>



adjBF, cm

-

-

-

-


-

-

<sup>1</sup> SI: selection index; ADG: average daily gain; FCR: feed conversion ratio; adjBF: adjusted backfat thickness.

<sup>2</sup> Genes listed show significant associations with the corresponding traits in pigs of the indicated sex ( $p < 0.05$ ).






公杜洛克族群，*H-FABP* 指數高 (HH6) 的組別生長表現較好。同時本研究亦觀察到，*H-FABP* 基因之 *HinfI* 位點 *hh* 基因型可能與繁殖效率有關。雖然沒有相關研究團隊指出此基因與繁殖效率之關聯，但是有研究團隊在挪威藍瑞斯母豬，代表生長速度之 100 kg 日齡與第一胎及第二胎活仔數之間存在負遺傳相關，顯示在豬隻中繁殖能力與生長性能之間可能具有拮抗關係 (Holm et al., 2004)。所以當豬 *H-FABP* 基因攜帶生長表現好的基因型 (HH6) 時，可能會對繁殖表現產生負面影響。

*PRLR* 基因方面，因資料僅自 2023 年起累積，本研究未觀察到明顯的基因型效應。然而，在藍瑞斯族群中 *PP* 型比例最低，而 *LL* 與 *LP* 為主要基因型，可能反映 *PP* 型在繁殖能力上並不具優勢。Xiong et al. (2016) 指出 *PRLR* 基因之 *AluI* 多型性與母豬之活仔數與泌乳能力具有顯著關聯，顯示該基因在母系品種之繁殖上扮演重要角色。本研究發現，*PRLR* 基因與窩仔數有顯著關聯，在藍瑞斯和約克夏族群，*LL* 型與 *LP* 型豬隻的繁殖性能更好，但生長表現較差，此或許符合藍瑞斯和約克夏作為母系的選拔需求。然而由於本研究資料量仍有限，後續若能增加樣本與年度資訊，*PRLR* 基因之育種應用價值仍值得進一步探討。

至於 *IGF2-In7* 位點，本研究顯示三品種皆保留多型性，在年度趨勢上沒有明顯變化。在杜洛克族群中，*FF* 與 *FG* 各佔約半數，而藍瑞斯及約克夏族群則以 *FF* 型為主。考量藍瑞斯與約克夏之體型多呈現體長較長之特性，而杜洛克則偏向體長較短且肌肉量較高的品種，本研究推測 *IGF2-In7* 可能與體長性狀存在一定關聯。然而，因本研究資料中缺乏體長測定，因此無法就此假設進行驗證。本研究發現，在藍瑞斯及約克夏族群，*IGF2-In7* 位點與飼料換肉率有顯著相關性。另有 Vykoukalová et al. (2006) 研究團隊指出，*IGF2* 基因對屠體性狀之背脂厚度及瘦肉率有關。

在 *MSTN* 基因方面，本研究發現在杜洛克族群之 435 位點中，不同基因型在選拔指數及飼料換肉率上有一定差異，*GG* 型整體表現較不佳。由於 *MSTN* 為肌肉生成抑制基因，其突變或功能低下會使肌肉生長增加，此現象最早由 Grobet et



al. (1997) 在雙肌牛中證實。在豬隻中，Stinckens et al. (2008) 亦指出 *MSTN* 的多型性可能與瘦肉率與肌肉量相關。同時，在三位點所組成的 Haplotype 中，本研究發現在公藍瑞斯族群，A/KK (435(GG), 447(AA), 879(AA)) 的生長表現較差。同時，在本研究團隊另一試驗中發現 40 頭臺灣本土平埔黑豬 *MSTN* 之 879 位點均為 *TT* 型 (100%)，本試驗之豬隻樣本大部分為 *AA* 型，僅在少數的樣本中檢測出少量的 *AT* 型及個別 *TT* 型。因此本研究預測 *MSTN* 基因之 879 位點可作為臺灣中國豬與改良種豬辨識的標識。並從基因型與表型關聯性研究中發現，攜帶 *AT* 型的豬隻生長表現顯著差與 *AA* 型，但繁殖表現較好，此與一些研究團隊表明，中國豬的生長表現能力和繁殖性狀與改良種豬 (杜洛克、藍瑞斯及約克夏) 有明顯差異。Xu et al. (2009) 在研究中提到，西方品種 (大白豬) 被強烈選拔生長速度快，瘦肉多，而中國豬 (梅山豬) 生長速度較慢，但肌內脂肪含量高。亦有研究團隊比較中國南洋豬與藍瑞斯生長效率之差異，結果顯示南洋豬生長表現差，脂肪多，改良種豬生長快，瘦肉率高 (Zhang et al., 2024)。綜上所述，改良種豬生長表現比中國豬好的結果與本試驗結果相似，也為 *MSTN* 之 879 位點能夠成為中國豬和改良種豬分辨的標識提供有力的證據。

### 三、年度變化的遺傳意義

本研究利用跨越二十年的大規模資料，分析主要候選基因在臺灣三大品種中的年度變化趨勢。相較於僅以單一年份或短期資料進行比較，長期資料能更清楚反映族群在育種選拔下的遺傳變化軌跡，也能呈現不同基因在不同選拔強度下的反應速度。

首先，在部分生長相關的基因位點中，本研究觀察到交替基因頻度逐年變化並最終趨於固定，此現象顯示其在商業育種中的選拔方向一致且持續。這類基因逐漸固定的過程，代表族群內個體在該性狀上的遺傳差異減少，育種者能快速濃縮有利基因，提升整體群體表現。但是，這也意味著族群多樣性會因此下降，若未來市場


需求或育種目標改變，可能導致族群在新性狀上的改良空間受限。換言之，交替基因的長期固定既是育種進展的一部分，也是族群管理需要留意的潛在風險。

其次，部分基因如 *PRLR* 與 *IGF2-In7* 只有 2023-2025 年資料並未呈現明顯的年度變化，其原因可能與性狀本身的遺傳特性，品種角色定位或基因功能有關。母系品種需要維持較高的基因多樣性以確保繁殖力與母性能力的穩定，使得此類基因不會在短期內出現固定化趨勢。另一方面，若某基因之功能效應本身並不強烈，或其變異對育種目標貢獻有限，也可能使其在長時間內維持穩定頻度。

此外，不同基因對長期選拔的敏感程度不同。部分基因在初期即呈現快速變動，反映其對育種策略的直接回應；而另一些基因在二十年間幾乎沒有變化，顯示目前的育種壓力並未作用在該基因上。候選基因的應用不能只依賴單一年份或單一族群的結果，而需要從更長的時間尺度來評估其實用性與穩定性。

#### 四、全基因組層級之族群差異與生長性狀相關基因之探討

本研究利用 WGS 比較高低生長指數 (SI) 族群，並整合 PCA、差異區域、功能後果與基因分析，目的在於除基本候選基因外，尋找更多影響豬隻生長表現之基因。整體而言，WGS 的結果與候選基因分析相互補充，使我們能從更全面的角度解讀族群結構與生長性狀之遺傳架構。首先，PCA 顯示杜洛克、藍瑞斯與約克夏三品種在基因組層級具有明顯的族群分化，這與既有研究結果一致。Groenen et al. (2012) 指出，全球主要豬品種之基因組分化非常清楚，並反映各品種不同的育種歷史與選拔方向。圖 24 結果顯示，高選拔指數與低選拔指數族群在多條染色體上均具有不同程度的基因組差異，呈現典型的多基因控制型態。Rubin et al. (2012) 指出，豬隻的生長、肌肉量與代謝相關性狀往往受到數十至數百個位點的共同調控，而非由少數主效應基因決定。本研究的結果與此一致。HD vs. LD、HL vs. LL 與 HY vs. LY 之差異區域均呈現廣泛分布，顯示生長效率與選拔指數具有複雜的遺傳架構，多個基因共同影響整體表現。功能後果分析中，我們觀察到不同比較組之間的變異類型包含 missense、splice region variant 及 upstream/downstream variant 等，



顯示影響生長的變異並非僅限於蛋白質序列，而是同時涉及轉錄調控與基因表達調節。Wang et al. (2022) 在香豬進行 WGS 時亦指出，非編碼區的調控變異在豬的生長與適應性中扮演重要角色。本研究的結果與這一觀察相符，顯示選拔指數的差異可能來自多層次的遺傳調控。總而言之，WGS 的分析結果顯示，三個品種間有明顯的基因組分化，並且生長性狀受多基因控制，分散於多條染色體。並且功能變異類型多樣，涉及代謝，肌肉與轉錄調控。這些彌補候選基因分析的限制，顯示單一或少數基因難以完全解釋生長性狀的遺傳變異，未來採用諸多基因組選拔將能更有效提高育種效率。

整體而言，本研究整合長期族群資料、候選基因標誌與全基因組資料，從多層次探討臺灣主要商用品種的遺傳結構與性狀差異，並揭示不同基因在長期選拔下的反應模式。結果顯示，候選基因雖能提供特定位點之生物意義，但在當代已高度選拔的族群中其資訊量逐漸受限；反之，全基因組資料能揭示更豐富的遺傳變異與性狀相關訊號。未來若能將候選基因與基因組選拔方法整合，建立族群長期監測機制，將有助於提升遺傳改良效率，並兼顧族群多樣性之維持，使臺灣商業種豬育種更具可持續性。

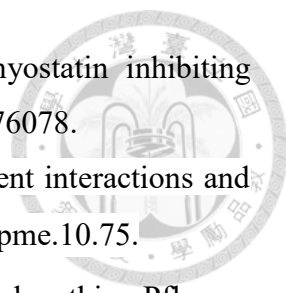
## 伍、結論

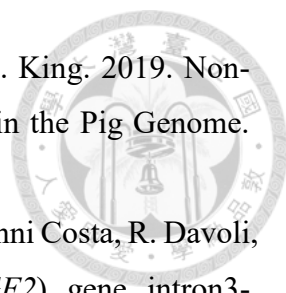
1. 於生長與瘦肉率密切相關之基因（如 *PSS*、*IGF2-In3*、*H-FABP*）在三品種中逐漸趨於固定，反映臺灣育種方向長期朝向提升生長效率與肉品品質；反之，與繁殖性狀相關的 *ESR* 與 *PRLR* 則保留較高之多型性，顯示繁殖性狀在實際育種中仍具適當遺傳多樣性。*MSTN* 與 *IGF2-In7* 則呈現未固定之中間型態。
2. *ESR* 基因在藍瑞斯與約克夏族群中與繁殖性狀及部分生長性狀具較明顯關聯。*PRLR* 基因在藍瑞斯族群顯示與 ADG 有顯著關聯。在杜洛克族群高 *H-FABP* 指數擁有更好的生長表現。
3. 本研究發現 *MSTN* 基因之 879 位點可能可以成為中國豬和改良種豬辨識的標記位點，*AA* 型為改良種豬，*AT* 或 *TT* 型為存在中國豬血統的豬隻。
4. 三品種高低指數差異基因涉及肌肉發育、能量代謝、蛋白質合成與細胞生長等路徑，反映選拔指數為綜合性狀，並非由單一主效基因決定。WGS 的結果補足候選基因之不足，顯示單一基因難以完整解釋生長性狀的變異，未來可透過基因組選拔整合更多基因體訊息，以提升育種效率。
5. 本試驗建構三品種豬隻 7 個基因 11 個 SNP 位點完整數據庫之資訊，為後續分子育種，基因選拔提供保障。

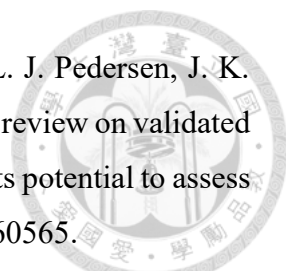
## 陸、參考文獻

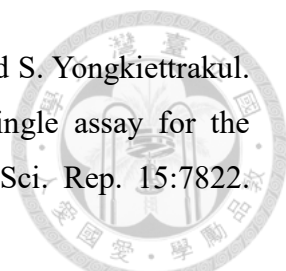


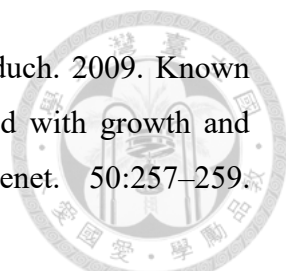
- 中央畜產會。2024a。財團法人中央畜產會肉豬-產業現況，臺北市。
- 中央畜產會。2024b。財團法人中央畜產會臺灣養豬統計手冊，臺北市。
- 中央畜產會。2024c。財團法人中央畜產會種豬-產業現況，臺北市。
- 中央畜產會。2006。財團法人中央畜產會種豬產業宣言，臺北市。
- 中央畜產會。2020。財團法人中央畜產會種豬性能檢定規章，臺北市。
- 農 業 部 。 2015 。 Available :  
[https://www.moa.gov.tw/ws.php?id=2503331&utm\\_source=chatgpt.com](https://www.moa.gov.tw/ws.php?id=2503331&utm_source=chatgpt.com)。
- 顏念慈、廖仁寶、張秀鑾、吳明哲。2009。豬經濟性狀遺傳標記開發與應用。農業生技產業季刊 19 期。第 52-58 頁，臺北市。
- 楊酸、郭小江、楊紅文、熊力、李晨、譚元成、王春源、張依裕。2023。柯乐猪 PRLR 基因多态性与繁殖性状的关联性。浙江農業學報 35 ( 3 ) : 556-564。doi: 10.3969/j.issn.1004-1524.2023.03.08.
- Amos, W., E. Driscoll, and J. I. Hoffman. 2011. Candidate genes versus genome-wide associations: which are better for detecting genetic susceptibility to infectious disease? *Proc. Biol. Sci.* 278:1183-1188. doi:10.1098/rspb.2010.1920.
- Ashburner, M., C. A. Ball, J. A. Blake, D. Botstein, H. Butler, J. M. Cherry, A. P. Davis, K. Dolinski, S. S. Dwight, J. T. Eppig, M. A. Harris, D. P. Hill, L. Issel-Tarver, A. Kasarskis, S. Lewis, J. C. Matese, J. E. Richardson, M. Ringwald, G. M. Rubin, and G. Sherlock. 2000. Gene ontology: tool for the unification of biology. *The Gene Ontology Consortium. Nat. Genet.* 25:25-29. doi:10.1038/75556.
- Ayuti, S. R., M. Lamid, S. H. Warsito, M. A. Al-Arif, W. P. Lokapirnasari, Z. N. A. Rosyada, S. Sugito, M. Akmal, R. Rimayanti, R. Gangil, A. R. Khairullah, M. Abuzahra, I. B. Moses, and L. Anggraini. 2024. A review of myostatin gene mutations: Enhancing meat production and potential in livestock genetic selection. *Open. Vet. J.* 14:3189-3202. doi:10.5455/OVJ.2024.v14.i12.4.
- Baig, M. H., K. Ahmad, J. S. Moon, S. Y. Park, J. Ho Lim, H. J. Chun, A. F. Qadri, Y. C. Hwang, A. T. Jan, S. S. Ahmad, S. Ali, S. Shaikh, E. J. Lee, and I. Choi. 2022.

- 
- Myostatin and its regulation: A comprehensive review of myostatin inhibiting strategies. *Front. Physiol.* 13:876078. doi:10.3389/fphys.2022.876078.
- Baye, T. M., T. Abebe, and R. A. Wilke. 2011. Genotype–environment interactions and their translational implications. *Per. Med.* 8:59–70. doi:10.2217/pme.10.75.
- Betzenhauser, M. J. and A. R. Marks. 2010. Ryanodine receptor channelopathies. *Pflugers Arch.* 460:467–480. doi:10.1007/s00424-010-0794-4.
- Carlson, J. P., L. L. Christian, D. L. Kuhlers, and B. A. Rasmusen. 1980. Influence of the porcine stress syndrome on production and carcass traits. *J. Anim. Sci.* 50:21–28. doi:10.2527/jas1980.50121x.
- Cassady, J. P., L. D. Young and K. A. Leymaster. 2002. Heterosis and recombination effects on pig growth and carcass traits. *J. Anim. Sci.* 80:2286-2302. doi:10.2527/2002.8092286x.
- Chen, J. N., Y. Z. Jiang, W. M. Cen, S. H. Xing, L. Zhu, G. Q. Tang, M. Z. Li, A. A. Jiang, P. E. Lou, A. X. Wen, Q. Wang, T. He, G. X. Zhu, M. Xie, and X. W. Li. 2014. Distribution of *H-FABP* and *ACSL4* gene polymorphisms and their associations with intramuscular fat content and backfat thickness in different pig populations. *Genet. Mol. Res.* 13:6759–6772. doi:10.4238/2014.August.28.20.
- Cheng, J., D. W. Newcom, M. M. Schutz, Q. Cui, B. Li, H. Zhang, and A. P. Schinckel. 2018. Evaluation of current United States swine selection indexes and indexes designed for Chinese pork production. *Prof. Anim. Sci.*34:474–487. doi:10.15232/pas.2018-01731.
- Clark, D. L., D. I. Clark, J. E. Beaver, and A. C. Dilger. 2015. Increased prenatal *IGF2* expression due to the porcine *IGF2* intron3-G3072A mutation may be responsible for increased muscle mass. *J. Anim. Sci.* 93:2546–2558. doi:10.2527/jas.2014-8389.
- Dietze, B., J. Henke, H. M. Eichinger, F. Lehmann-Horn, and W. Melzer. 2000. Malignant hyperthermia mutation Arg615Cys in the porcine ryanodine receptor alters voltage dependence of Ca<sup>2+</sup> release. *J. Physiol.* 526:507–514. doi:10.1111/j.1469-7793.2000.t01-1-00507.x.

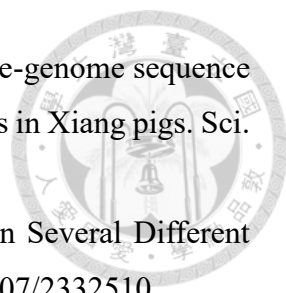
- 
- Donaldson, B., D. A. F. Villagomez, T. Revay, S. Rezaei, and W. A. King. 2019. Non-Random Distribution of Reciprocal Translocation Breakpoints in the Pig Genome. *Genes (Basel)*. 10:769. doi:10.3390/genes10100769.
- Fontanesi, L., C. Speroni, L. Buttazzoni, E. Scotti, S. Dall'Olio, L. Nanni Costa, R. Davoli, and V. Russo. 2010. The insulin-like growth factor 2 (*IGF2*) gene intron3-g.3072G>A polymorphism is not the only *Sus scrofa* chromosome 2p mutation affecting meat production and carcass traits in pigs: evidence from the effects of a cathepsin D (CTSD) gene polymorphism. *J. Anim. Sci.* 88:2235–2245. doi:10.2527/jas.2009-2560.
- Fu, R., and X. Wang. 2023. Modeling the influence of phenotypic plasticity on maize hybrid performance. *Plant Commun.* 4:100548. doi:10.1016/j.xplc.2023.100548.
- Fujii, J., K. Otsu, F. Zorzato, S. de Leon, V. K. Khanna, J. E. Weiler, P. J. O'Brien, and D. H. MacLennan. 1991. Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia. *Science* 253:448–451. doi:10.1126/science.1862346.
- Gabriel, S., L. Ziaugra, and D. Tabbaa. 2009. SNP genotyping using the Sequenom MassArray iPLEX platform. *Curr. Protoc. Hum. Genet.* Chapter 2: Unit 2.12. doi:10.1002/0471142905.hg0212s60.
- Gerbens, F., A. J. van Erp, F. L. Harders, F. J. Verburg, T. H. Meuwissen, J. H. Veerkamp, and M. F. te Pas. 1999. Effect of genetic variants of the heart fatty acid-binding protein gene on intramuscular fat and performance traits in pigs. *J. Anim. Sci.* 77:846–852. doi:10.2527/1999.774846x.
- Gilbert, H., Y. Billon, L. Brossard, J. Faure, P. Gatellier, F. Gondret, E. Labussière, B. Lebret, L. Lefaucheur, N. Le Floch, I. Louveau, E. Merlot, M. C. Meunier-Salaün, L. Montagne, P. Mormede, D. Renaudeau, J. Riquet, C. Rogel-Gaillard, J. van Milgen, A. Vincent, and J. Noblet. 2017. Review: divergent selection for residual feed intake in the growing pig. *Animal* 11:1427–1439. doi:10.1017/S175173111600286X.
- Goliášová, E., and J. Wolf. 2004. Impact of the *ESR* gene on litter size and production traits in Czech Large White pigs. *Anim. Genet.* 35:293–297. doi:10.1111/j.1365-2052.2004.01155.x.

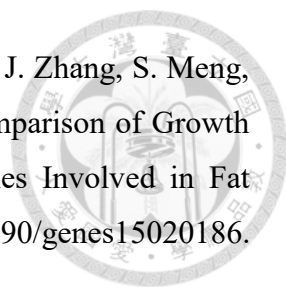
- 
- Gómez, Y., A. H. Stygar, I. J. M. M. Boumans, E. A. M. Bokkers, L. J. Pedersen, J. K. Niemi, M. Pastell, X. Manteca, and P. Llonch. 2021. A systematic review on validated precision livestock farming technologies for pig production and its potential to assess animal welfare. *Front. Vet. Sci.* 8:492. doi:10.3389/fvets.2021.660565.
- Grobet, L., L. J. Royo Martin, D. Poncelet, D. Pirottin, B. Brouwers, J. Riquet, A. Schoeberlein, S. Dunner, F. Ménessier, J. Massabanda, R. Fries, R. Hanset, and M. Georges. 1997. A deletion in the bovine myostatin gene causes the double-muscling phenotype in cattle. *Nat. Genet.* 17:71–74. doi:10.1038/ng0997-71.
- Groenen, M. A. M., A. L. Archibald, H. Uenishi, C. K. Tuggle, Y. Takeuchi, M. F. Rothschild, C. Rogel-Gaillard, C. Park, D. Milan, H. J. Megens, S. Li, D. M. Larkin, H. Kim, L. A. F. Frantz, M. Caccamo, H. Ahn, B. L. Aken, A. Anselmo, C. Anthon, L. Auvil, B. Badaoui, C. W. Beattie, C. Bendixen, D. Berman, F. Blecha, J. Blomberg, L. Bolund, M. Bosse, S. Botti, Z. Bujie, M. Bystrom, B. Capitanu, D. Carvalho-Silva, P. Chardon, C. Chen, R. Cheng, S. H. Choi, W. Chow, R. C. Clark, C. Clee, R. P. M. A. Crooijmans, H. D. Dawson, P. Dehais, F. De Sapia, B. Dibbits, N. Drou, Z. Q. Du, K. Eversole, J. Fadista, S. Fairley, T. Faraut, G. J. Faulkner, K. E. Fowler, M. Fredholm, E. Fritz, J. G. R. Gilbert, E. Giuffra, J. Gorodkin, D. K. Griffin, J. L. Harrow, A. Hayward, K. Howe, Z. L. Hu, S. J. Humphray, T. Hunt, H. Hornshøj, J. T. Jeon, P. Jern, M. Jones, J. Jurka, H. Kanamori, R. Kapetanovic, J. Kim, J. H. Kim, K. W. Kim, T. H. Kim, G. Larson, K. Lee, K. T. Lee, R. Leggett, H. A. Lewin, Y. Li, W. Liu, J. E. Loveland, Y. Lu, J. K. Lunney, J. Ma, O. Madsen, K. Mann, L. Matthews, S. McLaren, T. Morozumi, M. P. Murtaugh, J. Narayan, D. Truong Nguyen, P. Ni, S. J. Oh, S. Onteru, et al. 2012. Analyses of pig genomes provide insight into porcine demography and evolution. *Nature* 491:393–398. doi:10.1038/nature11622.
- Hayes, B. and M. E. Goddard. 2003. Evaluation of marker assisted selection in pig enterprises. *Livest. Prod. Sci.* 81:197–211. doi:10.1016/S0301-6226(02)00257-9.
- Hazel, L. N. 1943. The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics* 28:476–490. doi:10.1093/genetics/28.6.476.
- Holm, B., M. Bakken, G. Klemetsdal, and O. Vangen. 2004. Genetic correlations between reproduction and production traits in swine. *J. Anim. Sci.* 82:3458–3464. doi:10.2527/2004.82123458x.

- 
- Jiemsup, S., K. Lunha, W. Chumpol, N. Meekhanon, A. Kerdsin, and S. Yongkiettrakul. 2025. Development of a high-throughput MassArray-based single assay for the characterization of *Streptococcus suis* species and serotypes. *Sci. Rep.* 15:7822. doi:10.1038/s41598-025-92524-5.
- Jin, H. J., B. Y. Park, J. C. Park, I. H. Hwang, S. S. Lee, S. H. Yeon, C. D. Kim, C. Y. Cho, Y. K. Kim, K. S. Min, S. T. Feng, Z. D. Li, C. K. Park, and C. I. Kim. 2005. The effects of stress related genes on carcass traits and meat quality in pigs. *Asian Australas. J. Anim. Sci.* 19:280–285. doi:10.5713/ajas.2006.280.
- Kanehisa, M. and S. Goto. 2000. KEGG: kyoto encyclopedia of genes and genomes. *Nucleic Acids Res.* 28:27–30. doi:10.1093/nar/28.1.27.
- Kim, K. S., N. Larsen, T. Short, G. Plastow, and M. F. Rothschild. 2000. A missense variant of the porcine melanocortin-4 receptor (MC4R) gene is associated with fatness, growth, and feed intake traits. *Mamm. Genome.* 11:131–135. doi:10.1007/s003350010025.
- Kim, D. Y., and J. M. Kim. 2021. Multi-omics integration strategies for animal epigenetic studies — A review. *Anim. Biosci.* 34:1271–1282. doi:10.5713/ab.21.0042.
- Lee, S. H., Y. M. Choi, J. H. Choe, J. M. Kim, K. C. Hong, H. C. Park, and B. C. Kim. 2010. Association between polymorphisms of the heart fatty acid binding protein gene and intramuscular fat content, fatty acid composition, and meat quality in Berkshire breed. *Meat Sci.* 86:794–800. doi:10.1016/j.meatsci.2010.06.024.
- Liu, S., T. Yao, D. Chen, S. Xiao, L. Chen, and Z. Zhang. 2023. Genomic prediction in pigs using data from a commercial crossbred population: insights from the Duroc × (Landrace × Yorkshire) three-way crossbreeding system. *Genet. Sel. Evol.* 55:21. doi:10.1186/s12711-023-00794-2.
- Lu, Y., M. Li, Z. Gao, H. Ma, Y. Chong, J. Hong, J. Wu, D. Wu, D. Xi, and W. Deng. 2025. Advances in whole genome sequencing: methods, tools, and applications in population genomics. *Int. J. Mol. Sci.* 26:372. doi:10.3390/ijms26010372.
- Mihailov, N. V., A. V. Usatov, L. V. Getmantseva, and S. U. Bakoev. 2014. Associations between PRLR/AluI gene polymorphism with reproductive, growth, and meat traits in pigs. *Cytol. Genet.* 48:323–326. doi:10.3103/S0095452714050053.

- 
- Oczkowicz, M., M. Tyra, K. Walinowicz, M. Rózycki, and B. Rejduch. 2009. Known mutation (A3072G) in intron 3 of the *IGF2* gene is associated with growth and carcass composition in Polish pig breeds. *J. Appl. Genet.* 50:257–259. doi:10.1007/BF03195681.
- Oeth, P., G. del Mistro, G. Marnellos, T. Shi, and D. van den Boom. 2009. Qualitative and quantitative genotyping using single base primer extension coupled with matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry (MassArray). *Methods Mol. Biol.* 578:307–343. doi:10.1007/978-1-60327-411-1\_20.
- Rohrer, G. A., B. A. Freking, and D. Nonneman. 2007. Single nucleotide polymorphisms for pig identification and parentage exclusion. *Anim. Genet.* 38:253–258. doi:10.1111/j.1365-2052.2007.01593.x.
- Rothschild, M. F. 1996. Genetics and reproduction in the pig. *Anim. Reprod. Sci.* 42:143–151. doi: 10.1016/0378-4320(96)01486-8.
- Rubin, C. J., H. J. Megens, A. M. Barrio, K. Maqbool, S. Sayyab, D. Schwochow, C. Wang, Ö. Carlborg, P. Jern, C. B. Jørgensen, A. L. Archibald, M. Fredholm, M. A. M. Groenen, and L. Andersson. 2012. Strong signatures of selection in the domestic pig genome. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 109:19529–19536. doi:10.1073/pnas.1217149109.
- Santulli, G., D. R. Lewis, and A. R. Marks. 2017. Physiology and pathophysiology of excitation-contraction coupling: the functional role of ryanodine receptor. *J. Muscle. Res. Cell. Motil.* 38:37–45. doi:10.1007/s10974-017-9470-z.
- SAS, 2019. SAS User's Guide: Statistics Ver. 9.4, SAS Institute, Inc., Cary, N.C
- Shaffer, J. R., E. Feingold, and M. L. Marazita. 2012. Genome-wide association studies. *J. Dent. Res.* 91:637–641. doi:10.1177/0022034512446968.
- Short, T. H., M. F. Rothschild, O. I. Southwood, D. G. McLaren, A. de Vries, 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<sup>1</sup>. *J. Anim. Sci.* 75:3138–3142. doi:10.2527/1997.75123138x.
- Stinckens, A., T. Luyten, J. Bijttebier, K. Van den Maagdenberg, D. Dieltiens, S. Janssens, S. De Smet, M. Georges, and N. Buys. 2008. Characterization of the complete

- porcine *MSTN* gene and expression levels in pig breeds differing in muscularity. *Anim. Genet.* 39:586–596. doi:10.1111/j.1365-2052.2008.01774.x.
- Suebwongsa, N., S. Jiemsup, P. Santiyanont, P. Hirunpatrawong, P. Aswapairin, M. Thongkum, P. Panumars, N. Chokesajjawatee, S. Wongsrichai, P. Koompa, and S. Yongkiettrakul. 2024. MassArray: a high-throughput solution for rapid detection of foodborne pathogens in real-world settings. *Front Microbiol.* 15:1403579. doi:10.3389/fmicb.2024.1403579.
- Syrmis, M. W., R. J. Moser, D. M. Whiley, V. Vaska, G. W. Coombs, M. D. Nissen, T. P. Sloots, and G. R. Nimmo. 2011. Comparison of a multiplexed MassArray system with real-time allele-specific PCR technology for genotyping of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Clin. Microbiol. Infect.* 17:1804–1810. doi:10.1111/j.1469-0691.2011.03521.x.
- Tremoen, N. H., M. Van Son, I. Andersen-Ranberg, E. Grindflek, F. D. Myromslien, A. H. Gaustad, and D. I. Våge. 2019. Association between single-nucleotide polymorphisms within candidate genes and fertility in Landrace and Duroc pigs. *Acta Vet. Scand.* 61:58. doi:10.1186/s13028-019-0493-x.
- Uffelmann, E., Q. Q. Huang, N. S. Munung, J. de Vries, Y. Okada, A. R. Martin, H. C. Martin, T. Lappalainen, and D. Posthuma. 2021. Genome-wide association studies. *Nat. Rev. Methods Primers.* 1:59. doi:10.1038/s43586-021-00056-9.
- Van Laere, A. S., M. Nguyen, M. Braunschweig, C. Nezer, C. Collette, L. Moreau, A. L. Archibald, C. S. Haley, N. Buys, M. Tally, G. Andersson, M. Georges, and L. Andersson. 2003. A regulatory mutation in *IGF2* causes a major QTL effect on muscle growth in the pig. *Nature* 425:832–836. doi:10.1038/nature02064.
- Vykoukalová, Z., A. Knoll, J. Dvorák, and S. Cepica. 2006. New SNPs in the *IGF2* gene and association between this gene and backfat thickness and lean meat content in Large White pigs. *J. Anim. Breed. Genet.* 123:204–207. doi:10.1111/j.1439-0388.2006.00580.x.
- Wang, Y., G. Lv, Z. Liu, Y. Cheng, R. Ding, G. Yang, and T. Yu. 2025. Whole genome and transcriptome analyses identify genetic markers associated with growth traits in Qinchuan black pig. *BMC Genomics.* 26:469. doi:10.1186/s12864-025-11627-5.

- 
- Wang, X., X. Ran, X. Niu, S. Huang, S. Li, and J. Wang. 2022. Whole-genome sequence analysis reveals selection signatures for important economic traits in Xiang pigs. *Sci. Rep.* 12:11823. doi:10.1038/s41598-022-14686-w.
- Welch, B. L. 1947. The Generalization of 'Student's' Problem when Several Different Population Variances are Involved. *Biometrika.* 34:28. doi:10.2307/2332510.
- Williams, L. M., X. Ma, A. R. Boyko, C. D. Bustamante, and M. F. Oleksiak. 2010. SNP identification, verification, and utility for population genetics in a non-model genus. *BMC Genet.* 11:32. doi:10.1186/1471-2156-11-32.
- Wu, Z. F., D. W. Liu, Q. L. Wang, H. Y. Zeng, Y. S. Chen, and H. Zhang. 2006. Study on the association between estrogen receptor gene (*ESR*) and reproduction traits in Landrace pigs. *Yi Chuan Xue Bao.* 33:711–716. doi:10.1016/S0379-4172(06)60103-0.
- Xing-ping, W., W. Li-xian, L. R. Zhuo-ma, and S. Shi-duo. 2008. Analysis of *PRLR* and *BF* genotypes associated with litter size in Beijing Black Pig Population. *Agric. Sci. China.* 7:1374–1378. doi:10.1016/S1671-2927(08)60187-X.
- Xiong, Q., J. Chai, X. Li, X. Suo, N. Zhang, H. Tao, Y. Liu, Q. Yang, S. Jiang, and M. Chen. 2016. Two tagSNPs in the prolactin receptor gene are associated with growth and litter traits in Boer and Macheng Black crossbred goats. *Livest. Sci.* 193:71–77. doi:10.1016/j.livsci.2016.10.002.
- Xu, Y. J., M. L. Jin, L. J. Wang, A. D. Zhang, B. Zuo, D. Q. Xu, Z. Q. Ren, M. G. Lei, X. Y. Mo, F. E. Li, R. Zheng, C. Y. Deng, and Y. Z. Xiong. 2009. Differential proteome analysis of porcine skeletal muscles between Meishan and Large White1. *J. Anim. Sci.* 87:2519–2527. doi:10.2527/jas.2008-1708.
- Xu, Y., X. Liu, J. Fu, H. Wang, J. Wang, C. Huang, B. M. Prasanna, M. S. Olsen, G. Wang, and A. Zhang. 2020. Enhancing Genetic Gain through Genomic Selection: From Livestock to Plants. *Plant Commun.* 1:100005. doi:10.1016/j.xplc.2019.100005.
- Yuan, H., C. Li, S. Zhao, Y. Yang, Z. Chao, C. Xia, J. Quan, and C. Gao. 2025. Unraveling the genetic diversity and adaptive traits of laboratory pig breeds within the perspective of whole - genome resequencing. *BMC Genomics.* 26:604. doi:10.1186/s12864-025-11790-9.

- 
- Zhang, J., S. Meng, H. Wang, C. Zhang, Z. Sun, L. Huang, Z. Miao, J. Zhang, S. Meng, H. Wang, C. Zhang, Z. Sun, L. Huang, and Z. Miao. 2024. Comparison of Growth Performance, Carcass Properties, Fatty Acid Profile, and Genes Involved in Fat Metabolism in Nanyang and Landrace Pigs. *Genes* 15. doi:10.3390/genes15020186. Available from: <https://www.mdpi.com/2073-4425/15/2/186>.
- Zhang, C., J. Zhao, Y. Guo, Q. Xu, M. Liu, M. Cheng, X. Chao, A. P. Schinckel, and B. Zhou. 2022. Genome-wide detection of copy number variations and evaluation of candidate copy number polymorphism genes associated with complex traits of pigs. *Front. Vet. Sci.* 9. doi:10.3389/fvets.2022.909039.
- Zhenyu, W., L. Mengyu, D. Dongdong, H. Jinyi, Q. Chuanmin, Z. Hao, L. Xinjian, Z. Shenping, and X. Wenshui. 2025. A meta-analysis of genome-wide association studies revealed significant QTL and candidate genes for loin muscle area in three breeding pigs. *Sci. Rep.* 15:18758. doi:10.1038/s41598-025-00819-4.
- Zhuang, Z., J. Wu, Y. Qiu, D. Ruan, R. Ding, C. Xu, S. Zhou, Y. Zhang, Y. Liu, F. Ma, Jifei Yang, Y. Sun, E. Zheng, M. Yang, G. Cai, Jie Yang, and Z. Wu. 2023. Improving the accuracy of genomic prediction for meat quality traits using whole genome sequence data in pigs. *J. Anim. Sci. Biotechnol.* 14:67. doi:10.1186/s40104-023-00863-y.
- Zong, W., J. Wang, R. Zhao, N. Niu, Y. Su, Z. Hu, X. Liu, X. Hou, L. Wang, L. Wang, and L. Zhang. 2023. Associations of genome-wide structural variations with phenotypic differences in cross-bred Eurasian pigs. *J. Anim. Sci. Biotechnol.* 14:136. doi:10.1186/s40104-023-00929-x.