

# 國際乳用種公牛遺傳評估查詢系統 (SIGB)

## II. 快速顯示優質種公牛近親係數模組之建置<sup>(1)</sup>

李國華<sup>(2)(3)</sup> 陳志毅<sup>(3)(4)(5)</sup>

收件日期：105 年 6 月 14 日；接受日期：105 年 12 月 5 日

### 摘 要

國際乳用種公牛遺傳評估查詢系統 (簡稱 SIGB 系統, 網址: [www.tlrihc.gov.tw](http://www.tlrihc.gov.tw)) 內建置乳牛選育資訊服務平臺, 在其「種公牛性能遺傳評估」資料庫中, 每頭種公牛均有完整之系譜, 截至 2014 年 12 月止, 該資料庫已分別建立 392,324 筆國際種公牛紀錄。本研究即設計一種快速顯示乳牛近親係數模組, 使用者只需輸入種公牛之國家動物育種碼 (NAAB code), 即可快速顯示其近親係數、表列出該種公牛之系譜相關親屬個體及其所有之「遺傳疾病檢測」資料。經統計結果顯示, 自 2000 至 2013 年間計有 128,712 頭荷蘭種公牛, 其近親係數之平均由 2000 年之 4.98% 上升至 2013 年 7.34%, 每年上升幅度平均為 0.18%。本研究之模組除可快速顯示優質種公牛之近親係數, 亦可提供母牛選精配種預測其近親程度之資訊, 以期降低乳牛因近親配種而導致之近親衰退, 進而在選用進口公牛冷凍精液時, 事前防範乳牛群近親係數之增加, 為乳牛育種策略上重要措施之一。

關鍵詞：優質種公牛、系譜、近親係數。

### 緒 言

乳用種公牛遺傳評估向來是乳業先進國家之乳牛重要育種策略 (Interbull, 1992), 在乳牛選拔計畫中, 精確的公牛乳量、乳質、繁殖、體型...等遺傳評估資訊, 能作為酪農進行母畜選留、選拔風險管制與後裔牛群選配改進的乳牛選育應用工具 (陳等, 2009; Henderson, 1976; Westell and VanVleck, 1987; Dechow *et al.*, 2003)。優質種公牛之冷凍精液選用可提高選育性狀的選拔強度與準確度, 以增進後裔女兒牛終生生產效益 (Hazel *et al.*, 1994; White *et al.*, 1981)。臺灣自 1997 年實施乳牛群性能改良計畫 (dairy herd improvement, DHI) 計畫迄今, 對於參加本計畫之牛隻之泌乳能力及生產性能, 每個月均進行個別牛隻之牛乳採樣與性能檢測 (張等, 1997; Chang *et al.*, 2001), 全國泌乳牛性能 (302-2X-ME) 已提昇至 7,500kg 以上 (陳, 2010)。由於國內 82% 的荷蘭乳牛是採用人工授精的方式進行配種, 因此乳牛冷凍精液進口量每年平均達 7 萬劑以上, 其中以美國及加拿大為主要進口國 (陳, 2010), 這些精液均來自於性能遺傳優質的種公牛, 並透過以人工授精的方式廣泛配種於母牛群, 使得乳牛群性能遺傳大幅改進。每一頭優良的種公牛常有數百、數千甚至數萬頭女兒牛, 並女兒牛的性能表現精確地評估其遺傳性能, 也因而造成了少數特優種公牛在乳牛族群中形成大家族, 若牛隻系譜管理不當, 易造成近親配種係數增加之問題, 將致整個乳牛族群近親係數的升高而造成「近親衰退 (inbreeding depression)」, 進而影響乳牛性能改良速率之下降 (黃等, 2000b)。然近親交配後裔亦增加了遺傳基因之同型之純度使之固定, 但許多不良隱性同質基因 (bb) 也出現, 所以近親交配可清除乳牛不良隱性基因。若隨同嚴格的選拔, 亦可很快的固定好的基因, 而育成或維持一個優良親代特性, 增加預測傳遞能力 (predicted transmitting ability, PTA) 或 ETA 一致性 (Powell and Norman, 2006)。本研究目的即於國際種乳公牛遺傳評估查詢系統內所建置之乳牛選育資訊服務平臺, 設計一種快速顯示乳牛近親係數模組, 使用者只要輸入優質種公牛之國家動物育種碼 (NAAB code), 即可快速顯示出其近親係數、表列出該種公牛之系譜相關親屬個體及其所有之「遺傳疾病檢測」資料, 提供酪農戶優質種公牛選配之參考工具, 促進我國乳牛生產性能遺傳改進速率。

(1) 行政院農業委員會畜產試驗所研究報告第 2543 號。

(2) 行政院農業委員會畜產試驗所新竹分所。

(3) 為共同第一作者。

(4) 行政院農業委員會畜產試驗所宜蘭分所。

(5) 通訊作者, E-mail: [jychen@mail.tlri.gov.tw](mailto:jychen@mail.tlri.gov.tw)。

## 材料與方法

### I. 系統建立

- (i) 硬體設備：SIGB 系統以刀鋒伺服器 (Jcnet Blade server, Intel XEON 2.26GHz) 為資料庫核心處理設備。
- (ii) 系統架構：採用 Muti-tier 多層式之網路 Web 版架構設計，並以虛擬化管理軟體 (VMware vSphere 4 Essentials Bundle) 進行虛擬伺服器規劃提昇硬碟空間使用效率，作業系統為 Microsoft Windows Server 2008 網頁程式，資料庫編輯開發和畜產試驗所遺傳資源知識庫管理類似，分別以 SQL Sever、PHP 與 ASP.Net 等作為動態網頁程式編輯工具 (賴, 2009)。資料儲存與交換分別放置於刀鋒機組核心與資料緩衝 DMZ (De-Militarized Zone, DMZ) 等兩個區域，核心區存放 DHI 與公牛遺傳評估等資料庫，以入侵防禦系統保護，而提供外界瀏覽查詢的資料則建置於 DMZ 區，當外部使用者連結本網站時，會先經由 Firewall 防火牆初步過濾，再由網路交換器進行資料交換，提供所需查詢資訊 (Chen *et al.*, 2012)。
- (iii) 系統內容：主要是乳牛場作為後裔牛群選配改進的育種策略應用工具 (Chen *et al.*, 2012)。

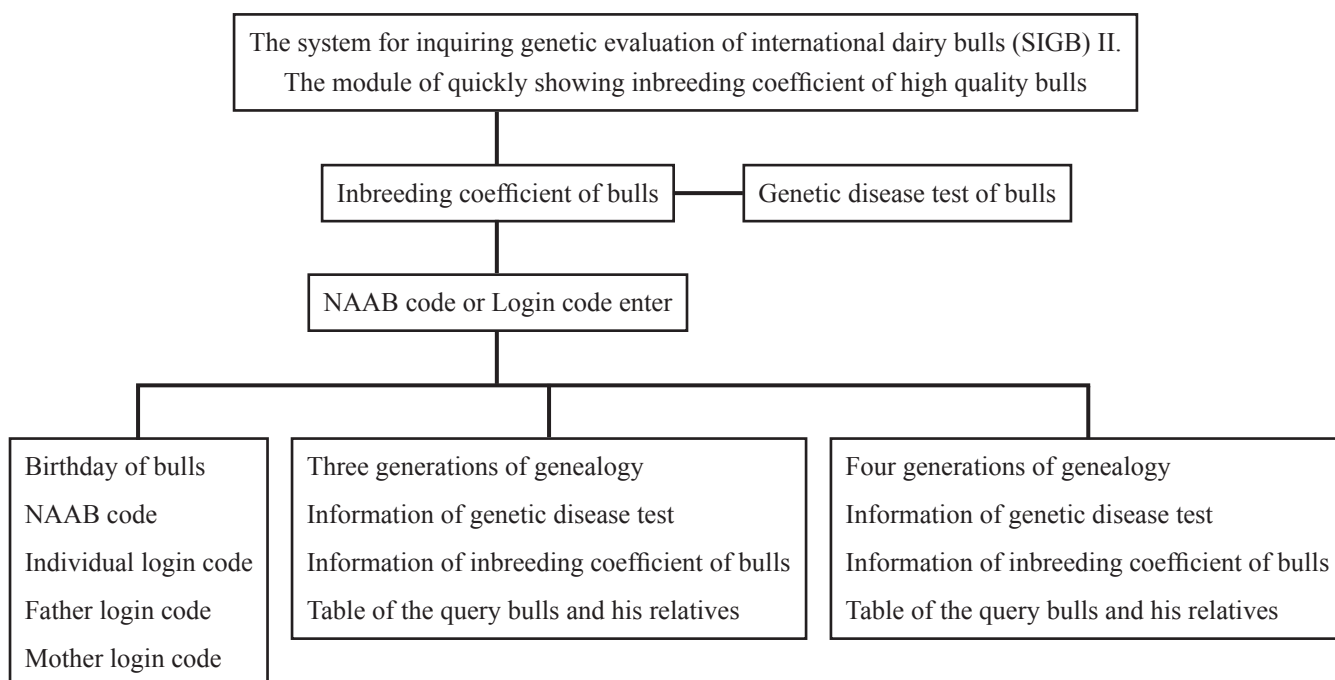


圖 1. 快速顯示優質種公牛近親係數模組架構圖。

Fig 1. Framework of module for the quickly showing inbreeding coefficient of high quality bulls.

- (iv) 資料庫：SIGB 系統所建立之「種公牛系譜」資料庫，目前已具 392,324 筆詳細完整之記錄。該資料庫並與「種公牛性能遺傳評估」、「公牛遺傳檢測資訊」及「國內貿易商進口精液」等三種主要資料庫關聯，此三種主要資料庫目前亦分別內含 93,5988、7,025 與 6,617 筆等相關之遺傳評估記錄。
- (v) 快速顯示優質種公牛近親係數模組：同樣使用 format38.zap 資料檔，選取應用欄位群組包括公牛國際登錄碼、稱謂、中文編譯姓名、出生日期、英文姓名、近親係數、國家動物育種碼 (NAAB code) 等欄位，製作「公牛近親係數關聯資料檔」，以進行後續網站資料編輯作業，製作步驟如下：(1) 開啟已下載之 format38.zap 檔案 (2) 建立「公牛近親資訊查詢檔」之對應欄位架構 (3) 資料匯入與欄位屬性驗證 (4) 查核資料匯入差異點與修正 (5) 建立樹狀系譜近親資訊圖與親屬關係顯示表 (6) 整合入 SIGB 系統 (7) 資料上傳至網站對應配置版面提供使用者查詢 (黃等, 2001)。

### II. 個別種公牛近親係數估計公式

$$F_x = \sum \left( \frac{1}{2} \right)^n (1 + F_A)$$

$F_x$  為個別種公牛 X 之近親係數

$\Sigma$  為所有路徑之加總

$n$  為經由共同祖先連結雙親關係路徑上之全部個體數

$F_A$  為共同祖先 A 之近親係數

以上近親係數估公式是 Sargolzaei *et al.* (2005) 之路徑分析法，本研究應用完整之種公牛系譜及其與親屬關係，發展矩陣運算之電腦計算模式 (黃等，2001)，快速推算顯示個體牛隻近親係數，美國 USDA-AIPL 亦以相似之電腦方法計算乳牛之近親係數 (Holstein Association, 2014)。

## 結果與討論

### I. 種公牛系譜資訊查詢

使用者輸入種公牛之 NAAB 碼於快速顯示優質種公牛近親係數模組，即可查詢種公牛上溯三代 (親方、祖親代與曾祖親代) 或四代 (至高曾祖親代) 之系譜資訊，所有與查詢個體公牛有關的親屬個體的遺傳檢測資訊，以樹狀系譜圖與親屬關係表單等兩種方式呈現。樹狀系譜圖之遺傳檢測資訊可顯示系譜最近三代或四代及與個別公牛所有具親屬關係的個體，其 NAAB 碼及國際登錄碼 (個體號)、不良基因之遺傳檢測等資訊均列出。查詢後之版頁畫面下方，隨即呈現親屬關係表單及其稱謂與全名資料，提供使用者瞭解個體牛與親屬間的關係，如圖 2 所示。

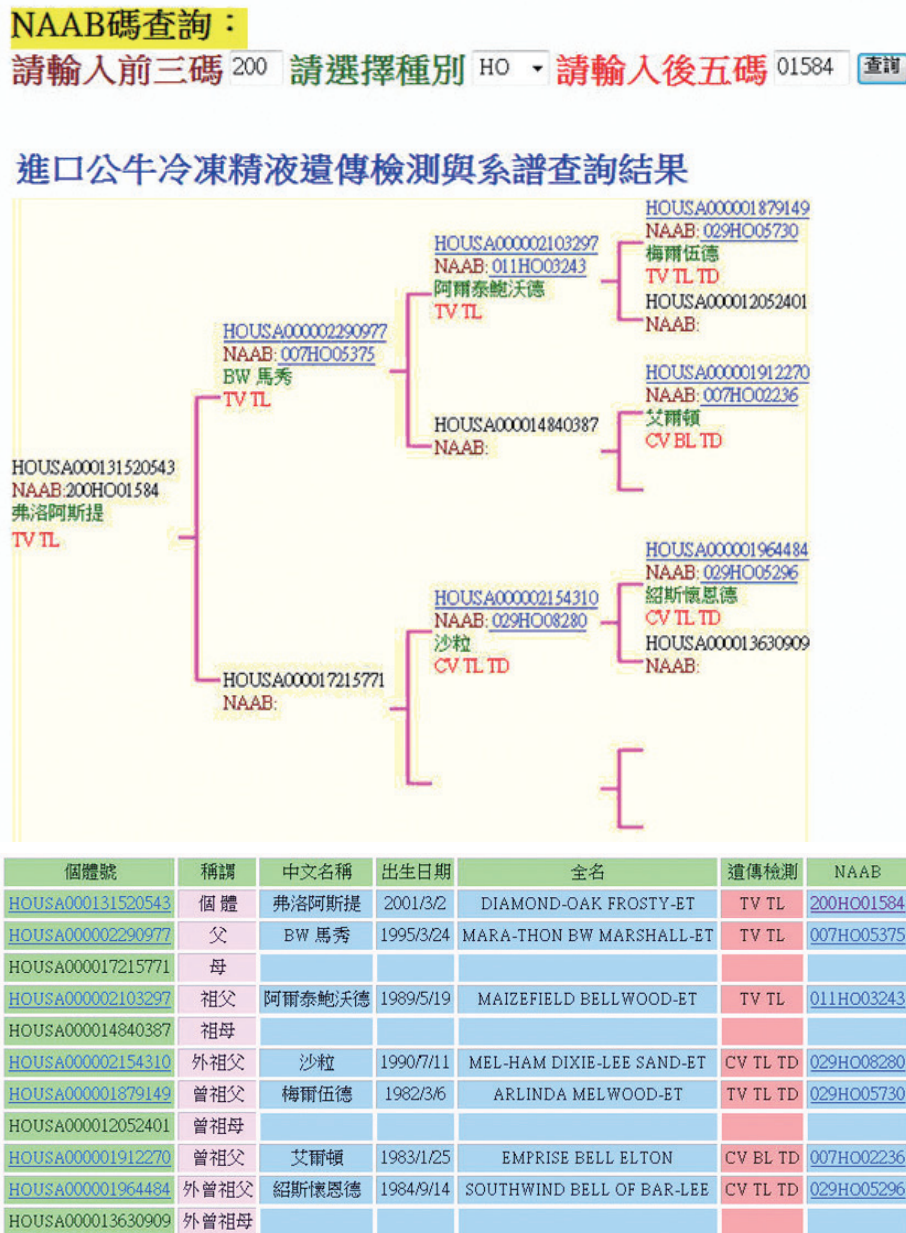


圖 2. SIGB 系統之公牛遺傳檢測資訊查詢模組顯示該查詢公牛相關遺傳檢測資訊。

Fig. 2. Module for the quick showing coefficient of inbreeding for high quality bulls in SIGB displaying the genetic testing information of the query bulls and his relatives.

圖 2 之查詢畫面中，所有牛隻個體之國際統一編號或 NAAB 碼以藍字顯示，並可點閱以提供該公牛的近親資訊連結查詢遺傳檢測資訊。主要是要顯示乳牛數種重要之不良遺傳 (遺傳缺陷) 基因的檢測，包括紅色皮毛基因 (red hair color, RC)、淋巴球黏力缺失症 (bovine leukocyte adhesion deficiency, BV)、脊椎畸形複合症 (complex vertebral malformation, CV)、單譜症 (deficiency of uridine monophosphate synthase, DP) 與短脊椎綜合症 (brachyspina, BY) 等。若確定沒有帶有該項疾病的不良基因，或者是擁有相當的統計證據能證明該公牛沒有此項不良的遺傳基因者，則以“T”字帶頭表示之，如 TR 為沒有紅色皮毛基因、TL 為沒有淋巴球黏力缺失症基因、TV 為沒有脊椎畸形複合症、TD 為沒有單譜症基因與 TY 為沒有短脊椎綜合症基因。

前述幾種遺傳缺陷之淋巴球黏力缺失症 (雜合型 BL、正常型 TL) 將致母牛懷孕中後期淋巴球黏力缺失，使懷孕母牛於夏季流產率增加，兩週至八月齡會使仔牛白血球過多、生長緩慢、嚴重下痢虛脫而死 (黃等，2000a)。脊椎畸形複合症 (雜合型 CV、正常型 TV) 將致仔牛於懷孕 160 至 250 天脊椎畸形複合，使懷孕母牛於夏季流產率增加，早產仔牛的脊椎或肋骨發育不全、脊椎變形、側彎、融合，前肢及後肢腳趾骨明顯的向後翻轉彎曲，並伴有心臟病變 (林等，2005)。單譜症 (雜合型 DP、正常型 TP)，發生期如為受精卵時期，單譜症會使母牛配種受孕率下降 30%、懷孕 40 - 60 天時期者，單譜症會使胎兒早期死亡，至於四歲齡時期發生者，單譜症會使牛產生尿酸尿症、致貧血老化和神經失調。短脊椎綜合症 (雜合型 BY、正常型 TY)，好發於胚胎時期，常發生的是死產或出生時嚴重體重過輕，身形和頸部過短，肩胛骨之間突出，和一個畸形的下顎等症狀 (Fang *et al.*, 2013)，由於我國每年自國外進口乳牛冷凍精液為數不少，雖然目前行政院農業委員會有訂定進口乳牛精液審查標準，惟酪農戶仍需瞭解引進遺傳疾病可能帶來乳牛產業之危害風險，即使公牛生產性能優良，仍應慎重選擇檢測無雜合型遺傳疾病之公牛精液，才能防止乳牛遺傳疾病之引進，保障我國乳牛群的繁殖健康。

分析公牛遺傳評估之「遺傳檢測資料庫」，結果發現計有 1,174 頭證明公牛仍具有各種遺傳疾病，例如具有 CR、BL、DP、CV 及 BY 等遺傳疾病的證明公牛頭數，依序為 161、955、33、981 及 376 頭。而證明公牛之遺傳疾病檢測通過率最高的項目分別為 TL、TV 與 TP，依序為 99.9%、97.9% 與 93.5% 的檢測通過率，換句話說，此三種不良遺傳基因雜合型在查詢公牛中已非常少見，惟值得注意的是 2005 年新發現的 BY 遺傳疾病，其檢測通過率為 87.4%，相較其他遺傳疾病為低，且雜合型的比率仍有 12.6% (表 1)，2014 年 12 月優良種公牛名錄 (sire summary) 顯示前百大 TPI 指數排名最優之種乳公牛中，仍有 4% 攜有此不良遺傳基因雜合型，其中 coyne-farms dorcy-et 公牛之 TPI 達 2,239 (G)，近期表現均在前 10 名 (Holstein Association, 2014)，是生產性能相當優異的公牛，可惜攜有 BY 基因，乳牛場在引進優良種乳公牛的同時，即使總體性能優良，仍需防範不良雜合型遺傳基因如 BY，透過本模組資料查詢，可以提供查詢公牛中文遺傳檢測資訊，做為選精配種之考量依據。

表 1. SIGB 系統之公牛遺傳檢測資料庫中各種不良遺傳基因存在之比率

Table 1. The ratio of genetic disease gene testing form the bulls genetic testing database of SIGB system

Genetic disease gene carrier: Tested free	RC:TR	BL:TL	DP:TD	CV:TV	BY:TY
No. of genetic disease gene carrier: No. of tested free	18:143	1:954	2:31	20:961	42:334
The rate of tested of genetic disease gene carrier	87.4	99.9	93.5	97.9	87.4

RC: Red Hair Color. TR: Tested free of Red Hair Color.

BL: Bovine Leukocyte Adhesion Deficiency (BLAD). TL: Tested free of BLAD.

DP: Deficiency of Uridine Monophosphate Synthase (DUMP). TD: Tested free of DUMP.

CV: Complex Vertebral Malformation (CVM). TV: Tested free of CVM.

BY: Brachyspina. TY: Tested free of Brachyspina.

## II. 快速顯示種公牛近親係數

種公牛樹狀系譜圖提供使用者瞭解該種公牛各親屬個體牛之間的關係與相關基礎資訊。由於近親係數需要龐大詳細的系譜資料與親屬關係紀錄，雖利用傳統統計及電腦，也須有相當繁雜的計算過程及耗費相當多的時間，本研究應用電腦以矩陣的方式運算近親關聯資料庫資料，可快速顯示出種公牛近親係數及其各親屬個體牛之近親係數，如圖 3 所示。

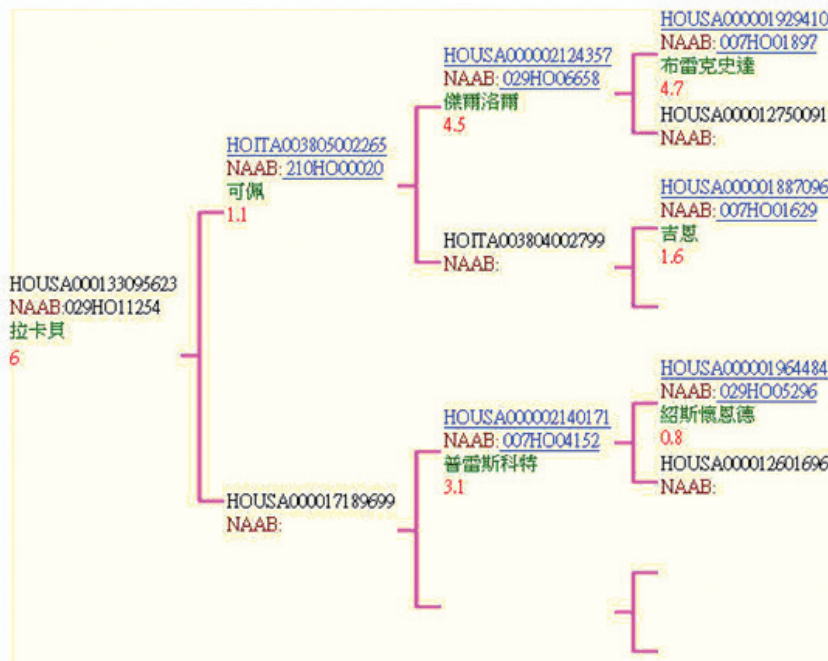
表 2 為統計 SIGB 系統之「公牛遺傳評估」所有種公牛資料庫之近親資料 (n = 392,324) 的結果顯示，早期的乳牛近親資料始於 1950 年，惟至 1960 年為止，各乳牛品種之近親係數都極輕微。故本研究以 1961 至 2014 年為主要統計區間，共擷取荷蘭乳牛 302,959 筆公牛近親紀錄，以每 5 年為 1 級距單位 (共 11 個級距)，進行摘要統計，結果顯示 1961 年荷蘭乳牛近親係數僅 0.08，惟至 2014 年時近親係數已達 6.68%，這段期間以 1981 -

1985、1986 – 1990 以及 2011 – 2014 等三段時程級距增幅最高，分別為 0.30%、0.32% 與 0.31%。近 55 年來每年平均以 0.72% 之斜率上升在增加 ( $R^2 = 0.96$ )，近親係數最高者是 1986 – 1990 年間的 28.1%。娟珊牛也有同樣的情形，其平均近親係數較荷蘭乳牛群高為 3.08%，2014 年之近親係數達 6.98%，較荷蘭乳牛為高，每 5 年的 F% 增幅平均為 0.12%，比荷蘭乳牛低 0.03%，這段期間以 1986 – 1990、2006 – 2010 以及 2010 – 2014 等三段時程級距增幅最高，分別為 0.25%、0.28% 與 0.23%，每年平均以 0.73% 之斜率上升在增加 ( $R^2 = 0.97$ )，近親係數最大值平均為 19.2%，最高者是 2010 – 2014 年間的 22.4%。

**NAAB碼查詢：**

請輸入前三碼 029 請選擇種別 HO 請輸入後五碼 11254 查詢

**進口公牛冷凍精液近親係數與系譜查詢結果**



個體號	稱謂	中文名稱	出生日期	全名	近親係數(%)	NAAB
<a href="#">HOUA000133095623</a>	個體	拉卡貝	2002/7/3	LACAR LACOBRA-ET	6	<a href="#">029HO11254</a>
<a href="#">HOITA003805002265</a>	父	可佩	1996/3/10	RIGLIO LACAPRI ET TV TM GM***	1.1	<a href="#">210HO00020</a>
<a href="#">HOUA000017189699</a>	母					
<a href="#">HOUA000002124357</a>	祖父	傑爾洛爾	1990/1/1	KED JUROR-ET	4.5	<a href="#">029HO06658</a>
<a href="#">HOITA003804002799</a>	祖母					
<a href="#">HOUA000002140171</a>	外祖父	普雷斯科特	1990/9/1	KENJO PRESCOTT-ET	3.1	<a href="#">007HO04152</a>
<a href="#">HOUA000001929410</a>	曾祖父	布雷克史達	1983/5/17	TO-MAR BLACKSTAR-ET	4.7	<a href="#">007HO01897</a>
<a href="#">HOUA000012750091</a>	曾祖母					
<a href="#">HOUA000001887096</a>	曾祖父	吉恩	1982/6/6	WARDIN BELL GENE	1.6	<a href="#">007HO01629</a>
<a href="#">HOUA000001964484</a>	外曾祖父	紹斯懷恩德	1984/9/14	SOUTHWIND BELL OF BAR-LEE	0.8	<a href="#">029HO05296</a>
<a href="#">HOUA000012601696</a>	外曾祖母					

圖 3. 快速顯示優質種公牛近親係數模組所顯示之種公牛及其相關親屬之近親係數。

Fig. 3. Module for the quick showing coefficient of inbreeding for high quality bulls displaying the coefficient of inbreeding (%) of the query bulls and his relatives.

近年來近親係數增加幅度較為快速，推測有三項可能原因：(1) 持續使用少數幾頭優良種公牛進行人工授精及少數幾頭種母牛進行超級排卵。(2) 育種策略傾向選拔少數彼此有正相關的性狀，例如乳產量及體型。(3) 使用最佳線性無偏估計 (BLUP) 計算乳牛育種價時，同時促進選拔有親屬關係之優質牛隻趨勢 (張及毛，1998；楊及騰，2007)。

近親交配的後裔會促使有些不良隱性同質基因 (aa) 或優良顯性同質基因 (AA) 出現的機率，因為增加同質基因程度之關係，因此近親配種具有用來清除乳牛不良隱性基因或透過選拔程序快速固定優良基因的優點，如此

可以維持優良種親的生產表現特性，以提昇遺傳能力 (PTAs) 的一致性；相對的，近親交配也會升高不良的隱性同質基因出現的缺點並產生「近親衰退」現象。估計近親係數每增加 1%，會導致後裔生產能力下降如產乳量下降 16.19 kg 至 27.38 kg、乳蛋白質量下降 0.425 kg 至 0.690 kg、乳脂肪率下降 0.307 kg 至 0.96 kg (Croquet *et al.*, 2006; Rokouei *et al.*, 2010)，對生乳品質 SCS 也可能提昇 0.005 單位之風險 (Croquet *et al.*, 2006)，對繁殖能力的影響包括胎距增加 0.53 天、第 1 次分娩年齡增加 0.45 天等 (Rokouei *et al.*, 2010)。

自民國 64 年至民國 84 年間，臺灣共進口了 1,074,697 劑冷凍精液，其中有 899,822 劑可自美國荷蘭牛協會系譜資料查出父、母畜資料。血統資料分析結果，牠們來自 750 頭公牛，而這 750 頭公牛的父親畜則只為 142 頭。很明顯看出，若系譜記錄不完整，近親配種的機率會很高。

表 2. SIGB 系統中之種公牛自 1961 年至 2014 年每 5 年之近親係變動

Table 2. The change of the coefficient of inbreeding of all dairy bulls that in SIGB system from 1961 to 2013 with 5 years interval

Items	1961- 1965	1966- 1970	1971- 1975	1976- 1980	1981- 1985	1986- 1990	1991- 1995	1996- 2000	2001- 2005	2006- 2010	2011- 2014
Holstein (n)	1,559	1,955	2,919	3,711	3,813	6,920	7,512	7,558	6,913	8,296	11,621
$\Delta\bar{F}$ (%)	0.04	0.01	0.05	0.08	0.30	0.32	0.16	0.18	0.08	0.14	0.31
0.04	0.08	0.22	0.39	0.70	1.55	2.43	3.77	4.64	5.10	5.57	6.68
$\bar{F}$ (%)	0.91	1.47	1.50	1.68	2.24	2.46	2.36	2.16	1.86	1.60	1.91
0.08	20.0	23.1	24.4	26.1	22.2	28.1	25.1	24.9	21.6	22.1	22.5
SE	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Max.	266	222	254	258	468	522	546	614	633	737	1,390
Min.	0.13	0.07	-0.06	0.11	0.13	0.25	0.09	0.08	0.06	0.28	0.23
Jercy (n)	0.17	0.33	0.70	1.09	1.77	2.86	3.95	4.76	5.33	5.97	6.98
$\Delta\bar{F}$ (%)	1.21	2.01	2.13	2.50	2.54	2.73	3.13	3.06	3.14	2.87	2.39
0.13	12.5	22.5	12.5	18.8	20.4	15.9	22.8	21.8	19.4	21.2	23.4
$\bar{F}$ (%)	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1	0.5
0.17	0.33	0.70	1.09	1.77	2.86	3.95	4.76	5.33	5.97	6.98	
SE	1.21	2.01	2.13	2.50	2.54	2.73	3.13	3.06	3.14	2.87	2.39
Max.	12.5	22.5	12.5	18.8	20.4	15.9	22.8	21.8	19.4	21.2	23.4
Min.	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1	0.5

*n*: number of bull in each five years interval.

$\Delta\bar{F}$ (%): mean of coefficient of inbreed (%) increase degree in each five years interval.

$\bar{F}$ (%): mean of coefficient of inbreed (%) in each five years interval of inbreed % every years.

## 結 論

DHI 計畫提昇國內乳牛群之泌乳水準與生乳品質改良，SIGB 網站系統所建置之快速估計及提供優質種公牛近親係數資訊以應用於乳牛群育種管理，酪農必須做好每一頭牛隻的配種紀錄，每一頭牛要有正確明顯的識別及完整的系譜，母牛群儘量避免僅使用少數幾頭種公牛的精液去進行配種，儘量購買多頭且彼此間沒有血緣關係的種公牛。配種用的種公牛尤須注意到不要配到其女兒牛或有親屬關係的個體如半同胞或全同胞姊妹牛。應隨時留意母牛群進行配種時，建議事先使用本系統之快速估算乳牛近親係數模組，估計欲使用之種公牛所產生之近親係數，避免產出近親係數為 6.25% 以上之後裔牛。

## 誌 謝

本試驗承蒙行政院農業委員會資訊中心 E 化領域科技計畫經費支持 (99 農科 -6.1.1- 畜 -L1(3))，資訊中心林前主任貞、潘主任國才、蔡技正依真等熱忱指導系統資訊建議，臺大姜教授延年與畜試所新竹分所張前分所長菊犁給

予系統規劃指導。SIGB 系統開發及軟硬體建置期間獲得黃鈺嘉博士、李世昌先生全力支援，DHI 團隊包括李素珍主任、丁進來組長、任爾瑋小姐與劉碧雲小姐等協助有關 SIGB 等資料庫測試、牛奶樣品檢驗、資料建檔編輯與後端資料維護等工作，落實本系統之雲端資訊服務，特此誌謝。

## 參考文獻

- 林德育、黃鈺嘉、曾青雲、楊德威、李世昌、吳明哲。2005。DHI 乳牛群之脊椎畸形複合症 (CVM) 基因型頻率。中畜會誌 34(增刊)：132。
- 黃鈺嘉、張秀鑾、林德育、廖仁寶、陳若菁、吳松鎮、楊德威、黃金山、曾青雲、蕭宗法、劉秀洲、劉振發、吳明哲。2000a。臺灣乳牛淋巴球黏力缺失症基因頻率。畜產研究 33(1)：37-47。
- 黃鈺嘉、蔡秀容、李世昌、張秀鑾、蕭宗法、張菊犁、吳明哲。2000b。臺灣種公牛系譜與遺傳檢測資料庫網際網路化之研究。中畜會誌 29(增刊)：130。
- 黃鈺嘉、李世昌、林德育、廖仁寶、陳佳萱、張秀鑾。2001。系譜矩陣與數值模擬協助乳用公牛遺傳資源保存。中畜會誌 30(增刊)：163。
- 陳志毅、李國華、張菊犁。2009。荷蘭乳牛生產與體型之遺傳評估 I. 美國優良種公牛名錄。酪農天地 84：32-40。
- 陳志毅。2010。公牛性能資訊查詢系統。乳牛精液選用研討會專輯。行政院農業委員會畜產試驗所新竹分所，苗栗，pp. 46-53。
- 張菊犁、曾青雲、陳志毅、李素珍、鄭瑞基、陳茂墻。1997。臺灣荷蘭乳牛群性能改良計畫。畜產研究 30(1)：56-65。
- 張菊犁、毛麟。1998。荷蘭乳牛群以目前遺傳值選拔準繩所引起之預期反應。臺灣省畜產試驗所專輯第 57 號－臺灣省畜產試驗所四十週年所慶論文集。行政院農業委員會畜產試驗所新竹分所，臺南，pp. 10-13。
- 楊通廣、騰勇。2007。奶牛場的選種選配。中國乳業 2007(6)：60-62。
- 賴永裕。2009。臺灣畜產遺傳資源知識庫建置與應用。畜產研究 42(1)：19-27。
- Chang, C. L., C. J. Tseng, S. J. Lee, J. Y. Chen, C. Y. Huang, S. C. Lee and H. L. Chang. 2001. Dairy Herd Improvement (DHI) program in Taiwan. *J. Taiwan Livestock Res.* 34(4): 285-295.
- Chen, J. Y., K. H. Lee and C. L. Chang. 2012. The establishment and application of decision support system of selecting elite Holstein dairy bull for mating to improve progeny performance. *AFITA/WCCA*, Taipei, p. 83.
- Croquet, C., P. Mayeres, A. Gillon, S. Vanderick and N. Gengler. 2006. Inbreeding depression for global and partial economic indexes, production, type and functional traits. *J. Dairy Sci.* 89: 2257-2267.
- Dechow, C. D., G. W. Rogers, L. Kleit and T. J. Lawlor. 2003. Heritabilities and correlations among body condition score, dairy form and selected linear type traits. *J. Dairy Sci.* 86: 2236-2242.
- Fang, L., Y. Li, Y. Zhang, D. Sun, L. Liu, Y. Zhang and S. Zhang. 2013. Identification of brachyspina syndrome carriers in Chinese Holstein cattle. *J. Vet. Diagn. Invest.* 25(4): 508-510.
- Hazel, L. N., G. E. Dickerson and A. E. Freeman. 1994. The selection index - then, now and for the future. *J. Dairy Sci.* 77: 3236-3251.
- Henderson, C. R. 1976. Multiple trait sire evaluation using the relationship matrix. *J. Dairy Sci.* 59: 769-774.
- Holstein Association. 2014. Total performance index and linear type evaluations. Sire summaries. U.S.A. pp. 1-8.
- Interbull. 1992. Sire evaluation procedures for dairy production traits practiced in various countries. Bull. No. 5, International Bull Evaluation Service, Uppsala, Sweden, pp. 11-19.
- Powell, R. L. and H. D. Norman. 2006. Major advances in genetic evaluation techniques. *J. Dairy Sci.* 89: 1337-1348.
- Rokouei, M., R. V. Torshizi, M. M. Shahrabak, M. Sargolzaei and A. C. Sorensen. 2010. Monitoring inbreeding trends and inbreeding depression for economically important traits of Holstein cattle in Iran. *J. Dairy Sci.* 93: 3294-3302.
- Sargolzaei, M., H. Iwaisaki and J. J. Colleau. 2005. A fast algorithm for computing inbreeding coefficients in large populations. *J. Anim. Breed Genet.* 122(5): 325-331.
- Westell, R. A. and L. D. VanVleck. 1987. Simultaneous genetic evaluation of sires and cows for large population of dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 70: 1006-1018.
- White, J. M., W. E. Vinson and R. E. Pearson. 1981. Dairy cattle improvement and genetics. *J. Dairy Sci.* 64: 1305-1317.

# The development of a system for inquiring genetic evaluation of international dairy bulls (SIGB) II. module for the quickly showing inbreeding coefficient of high quality bulls <sup>(1)</sup>

Kuo-Hua Lee <sup>(2)(3)</sup> and Chih-Yi Chen <sup>(3)(4)(5)</sup>

Received: Jun. 14, 2016; Accepted: Dec. 5, 2016

## Abstract

The system for inquiring genetic evaluation of international dairy bulls (SIGB system at: [www.tlrihc.gov.tw](http://www.tlrihc.gov.tw)) was built to served as a platform for dairyman. There were completely established pedigree records of 392,324 bulls in December 2014. In the study, a module for the quickly showing inbreeding coefficient of high quality bulls was developed. As long as the dairy farmers enter NAAB code, a follow-up table would list for the pedigree of the bull and his relatives as well as their related genetic disease test and quickly show their Inbreeding Coefficients. Statistical analysis using all bulls' pedigree data showed that had were a total of 128,712 bulls from 2000 to 2013, the average Inbreeding Coefficient increased from 4.98% in 2000 to 7.34% in 2013 with an average annual increase of 0.18%. Quickly showing the Inbreeding Coefficient of an available high-quality bull for breeding a cow selected provided information to predict the Inbreeding Coefficient of next generation to reduce the inbreeding depression. The use of imported frozen semen from the high-quality bulls that could prevent the dairy group coefficient increases in advance that was an important practice for dairy breeding strategies.

Key words: High-quality bulls, Pedigree, Inbreeding coefficient.

---

(1) Contribution No. 2543 from Livestock Research Institute, Council of Agriculture, Executive Yuan.

(2) Hsin-Chu Branch, COA-LRI, Miaoli 36841, Taiwan, R.O.C.

(3) These authors contributed equally.

(4) Ilan Branch, COA-LRI, Ilan 26846, Taiwan, R.O.C.

(5) Corresponding author, E-mail: [jychen@mail.tlri.gov.tw](mailto:jychen@mail.tlri.gov.tw).