

純種母豬產仔數候選標記 NR4A1、EXOC4 及 FSH β 之評估⁽¹⁾

廖仁寶⁽²⁾ 王思雅⁽²⁾ 陳若菁⁽³⁾ 盧昱誼⁽⁴⁾ 蔡秀容⁽³⁾
賴永裕⁽³⁾ 劉桂柱⁽⁴⁾ 陳裕信⁽⁵⁾ 程梅萍⁽⁶⁾⁽⁷⁾

收件日期：114 年 3 月 3 日；接受日期：114 年 5 月 6 日

摘 要

本研究之目的在於鑑別臺灣種豬場純種母豬產仔數候選標記 NR4A1、EXOC4 及 FSH β 基因型，再以基因型與總產仔數資料進行相關性分析。分析 301 頭純種母豬 3 種候選遺傳標記基因型，再分品種進行基因型與總產仔數性狀之相關性分析。結果顯示，NR4A1-AG 與 GG 基因型藍瑞斯母豬，在全胎次的總產仔數分析中，其每胎平均產仔數均非常顯著高於 AA 基因型 ($P < 0.001$)，總產仔數依前基因型分別為 13.28 ± 0.22 頭、 13.45 ± 0.33 頭、 12.04 ± 0.30 頭；若以排除初產次的總產仔數資料來比較，AG 與 GG 基因型母豬之每胎平均產仔數亦均非常顯著高於 AA 基因型 ($P < 0.001$)。另於約克夏母豬在排除初產胎次總產仔數的分析中，發現 NR4A1-AG 基因型顯著高於 GG 基因型 ($P < 0.05$)。在杜洛克母豬 2 至末產與全胎次總產仔數與其 EXOC4 基因型的相關性分析顯示，CT 基因型母豬之每胎平均產仔數顯著高於 CC 基因型 ($P < 0.05$)。然母豬之 FSH β 基因型與總產仔數相關性，三個品種皆無發現顯著性相關。綜而言之，經過分析後，候選標記 NR4A1 與 EXOC4 具種豬產仔數有利基因型選育應用之潛力。

關鍵詞：產仔數、候選標記、母豬。

緒 言

提升種豬繁殖性能對養豬產業之競爭力至關重要，尤以熱帶地區為甚。若能有效提升種豬的繁殖表現，不僅能減少種豬的飼養數量，尚能節省養豬場的日常開銷，如降低飼料、管理及廢棄物處理等成本 (Koketsu *et al.*, 2017; Menegat, 2023)。根據 2021 年臺灣養豬手冊資料，分析 9,599 胎示範戶雜交母豬的數據，顯示平均每胎總產仔數為 10.92 頭，活仔數為 9.73 頭 (財團法人中央畜產會，2022)。相比之下，歐美養豬大國如丹麥的成績，每胎可達 19.4 頭，差距明顯 (<https://danbred.com/high-litter-size-with-high-piglet-survival/>)。種豬繁殖性能的改善，可從遺傳育種、營養、畜舍環境、管理及生物安全等方面著手 (Flowers, 2015)，基於源頭改善的觀點，遺傳育種便為核心，出色的性能表現取決於優良的遺傳因子。持續且策略性地推進遺傳育種，方能使種豬族群的性能不斷提升。

(1) 農業部畜產試驗所研究報告第 2826 號。
(2) 農業部畜產試驗所飼料作物組。
(3) 農業部畜產試驗所遺傳生理組。
(4) 台灣區種豬產業協會。
(5) 農業部畜產試驗所畜產經營組。
(6) 農業部畜產試驗所副所長室。
(7) 通訊作者，E-mail: mpcheng@mail.tlri.gov.tw。

有關豬隻數量性狀基因座的資訊，以國外 Pig QTLdb 資料庫 (<https://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/SS/index>) 較為完善，依據 2025 年 1 月 20 日的查詢顯示，資料庫含有 56,615 個數量性狀基因座 (quantitative trait locus, QTL) 資訊，其中歸類為繁殖性狀類別 (reproduction trait classes) 相關的 QTL 有 7,338 個，性狀類型 (trait types) 為產仔性狀 (litter traits) 者占有 2,628 個 QTL，而性狀為子代數 (offspring number) 的 QTL 則有 1,908 個。在先前的微衛星遺傳標記研究分析中，得到多個與產仔數性狀有顯著相關的遺傳標記，而這些標記分析結果具品種差異性，如 OPN (廖等, 1999)；SW373、SW1301 及 SW1514 (廖等, 2006)；KS140、KS141、KS148、KS168、S188、KS192、SW61 及 SW1843 (廖等, 2013)；MP35、SW1129、SW2406 及 SW1881 (廖等, 2014)。Liu *et al.* (2011) 發現大白豬 (Large White) NR4A1 (nuclear receptor subfamily 4, group A, member 1) 基因第 5 個內含子 (intron) 的單核苷酸多態性 (single nucleotide polymorphism, SNP) (A/G) 與總產仔數 (total number of piglets born, TNB) 和活仔數 (number of piglets born alive, NBA) 有顯著的相關性，NR4A1 基因可能調控與排卵相關基因的表現 (Liu *et al.*, 2011)。Kumchoo and Mekchay (2015) 分析藍瑞斯豬與大白豬 NR4A1 與 GNB2L1 (guanine nucleotide binding protein beta polypeptide 2 like-1) 基因型與母豬產仔性狀的相關性，發現 NR4A1-AA 型藍瑞斯母豬除初產外其他胎次之 TNB、NBA、離乳活仔數 (number of piglets weaned alive, NWA)、離乳窩重 (litter weight at weaning, LW) 均顯著高於 GG 型；GNB2L1-CC 型大白豬母豬除初產外其他胎次之出生窩仔重 (litter weight at birth) 顯著高於 CT 與 TT 型。Pang *et al.* (2019) 之研究發現 ESR (estrogen receptor)、FSH β (follicle stimulating hormone b subunit)、CTNNAL1 (catenin alpha like 1) 及 miR-27a 與大白豬產仔性能有關，其中 FSH β 基因會影響排卵率與產仔數 (Scaramuzzi *et al.*, 2011)。研究指出 EXOC4 (exocyst complex component 4) 基因對人類與動物的發育與成長極其重要，其中一個 SNP rs81471943 (C/T) 位於基因的 intron，與豬隻繁殖性狀相關，經分析杜洛克豬之 EXOC4 基因型後，發現 CC 型杜洛克母豬之 NBA、離乳仔豬數 (number of piglets weaned, NW) 及 LW 高於 CT 與 TT 基因型 (He *et al.*, 2021)。

本研究針對產仔數相關候選標記 NR4A1、EXOC4 及 FSH β ，利用臺灣母豬之 DNA 與其產仔數資料，進行相關性分析，以評估上述之候選標記於臺灣種母豬產仔數性狀選育之適用性。若經評估為有效的遺傳標記，將可進行早期選拔種母豬，以減少選育成本並提升選育效率。

材料與方法

I. 種豬血液樣品收集

配合台灣區種豬產業協會，計收集 301 頭母豬血液樣品，包括藍瑞斯 (Landrace, L) 豬 161 頭、約克夏 (Yorkshire, Y) 豬 123 頭及杜洛克 (Duroc, D) 豬 17 頭。利用商業核酸萃取套組 (EasyPure[®] Genomic DNA Kit, TransGen Biotech, China) 進行 DNA 分離純化，測定濃度後，稀釋配製工作溶液，使 DNA 濃度為 50 ng/ μ L。

II. 遺傳標記基因型分析

參考前人研究發表，進行 NR4A1、EXOC4 及 FSHB 基因型鑑別。所使用之引子對序列分別為 5'-TTCCTCTGGGTCACAACG-3' + 5'-CTCACAGAGTCAATGCCG-3' (Liu *et al.*, 2011)；5'-ACAGCCTCGGCTCAACCTTA-3' + 5'-TGCTTTTACGAAGGGGACA-3' (He *et al.*, 2021)；5'-CCTTTAAGACAGTCAATGGC-3' + 5'-ACTGGTCTATTCATCCTCTC-3' (Liu *et al.*, 2009)。

以上 3 種遺傳標記基因型分析之 PCR 反應組成成分皆為 50 ng 模板 DNA、0.25 mM dNTPs、每個引子 0.5 μ M、1 \times 反應緩衝液及 0.5 U (單位) Taq 聚合酶 (TaKaRa TaqTM DNA Polymerase, TaKaRa Bio Inc., Japan)，反應總體積為 20 μ L。利用 PCR 儀器 (SureCycler 8800, Agilent, USA) 進行標的 DNA 片段的增幅，PCR 反應條件：第一步變性，94 $^{\circ}$ C、5 min；第二步循環增幅 35 次，94 $^{\circ}$ C、30 s，58 (NR4A1、EXOC4) 或 54 $^{\circ}$ C (FSHB)、30 s，72 $^{\circ}$ C、45 s；第三步延長，72 $^{\circ}$ C、5 min。其中 FSHB 基因型分析鑑別，直接取 PCR 產物進行電泳分離，即可依據 DNA 條帶大小 (500 bp、220 bp)，以區別基因型。另 NR4A1 與 EXOC4 基因型鑑別則需要將其 PCR 產物進行限制酶之切割作用，所使用之限制酶分別為 *DdeI* 與 *MbiI* (Thermo)，反應組成如下：10 μ L PCR 產物、1 \times 反應緩衝液、10 U 限制酶及超純水，反應總體積為 15 μ L，在 37 $^{\circ}$ C 作用 2.5 h 後，取 10 μ L 進行 3% (NR4A1 基因型分析) 或 1.5% (EXOC4 基因型分析) 瓊脂膠體電泳分析 (Mupid-2plus, Advance, Japan)，再予以染色成像，並以影像分析儀 (AlphaImagerTM, Alpha Innotech, USA) 擷取電泳影像儲存，以利後續基因型鑑別。

III. 遺傳標記基因型與產仔數相關性分析

所收集的藍瑞斯、約克夏及杜洛克母豬頭數與產次資料，如表 1 所示，計 301 頭、1,015 產次。參考廖

等 (2023a) 分析母豬遺傳標記基因型與總產仔數之相關性，應用 SAS (Statistical Analysis System) 套裝軟體之一般線性模式 (general linear model, GLM) 與最小平方平均法 (least square means) 進行各品種與產次組合 (初產、2 至末產、全胎次) 的各自獨立分析，以比較各基因型效應 (SAS, 2013)。

表 1. 母豬品種與產次分布

Table 1. Distribution of sow breeds and parities

Parity	Number of sows		
	Landrace	Yorkshire	Duroc
1	161	123	17
2	114	100	15
3	88	83	7
4	69	65	7
5	39	38	3
6	28	21	1
7	18	8	1
8	6	0	0
9	2	0	0
10	1	0	0

結果與討論

I. NR4A1 基因型頻率與總產仔數相關性分析

應用 Liu *et al.* (2011) 鑑別 NR4A1 基因型的方法，進行 301 頭母豬基因型的鑑別。將 PCR 產物進行限制酶 *DdeI* 作用，128 bp 條帶代表 A 對偶基因；93 bp 與 35 bp 二條帶代表 B 對偶基因，因 35 bp 條帶在一般的瓊脂膠體電泳圖上不易辨別，故由電泳分離結果得知僅含 1 個 128 bp 條帶者為 AA 基因型；含有 93 bp 與 128 bp 二條帶者為 AG 基因型；含 1 個 93 bp 條帶且不含 128 bp 條帶者為 GG 基因型 (圖 1)。鑑別結果如表 2 所示，藍瑞斯 (L)、約克夏 (Y) 及杜洛克 (D) 母豬 AA、AG 及 GG 基因型的百分比，依各品種分別為 L：29.2、50.9、19.9% vs. Y：45.5、44.7、9.8% vs. D：41.2、58.8、0.0%，A 與 G 對偶基因的頻率依各品種分別為 L：0.55 vs. 0.45；Y：0.68 vs. 0.32；D：0.71 vs. 0.29。杜洛克豬無 GG 基因型的原因為檢測的樣品數少所致，依據 112 年研究計畫檢測 46 個杜洛克豬的結果顯示 GG 基因型為 19.6% (廖等, 2023b)。Liu *et al.* (2011) 分析 271 頭大白豬 NR4A1 基因型，其中 AA 基因型占 46.9%，AG 基因型占 24.0%，GG 基因型則占 29.1%，另 A 與 G 對偶基因頻率分別為 0.58 與 0.41；Kumchoo and Mekchay (2015) 分析 273 頭大白豬與 242 頭藍瑞斯豬 NR4A1 基因型，AA 基因型依品種分別為 44% vs. 69%，AG 基因型 37% vs. 28%，GG 基因型 19% vs. 3%，另 A 對偶基因頻率依品種分別為 0.62 vs. 0.83，G 對偶基因頻率依品種分別為 0.38 vs. 0.17。本研究中約克夏母豬的 A 與 G 對偶基因頻率之比值與 Liu *et al.* (2011) 及 Kumchoo and Mekchay (2015) 大白豬分析結果相較，A/G 比值分別為 2.1 vs. 1.4 vs. 1.6；另本研究與 Kumchoo and Mekchay (2015) 就藍瑞斯母豬 A 與 G 對偶基因頻率比值相較，分別為 1.3 vs. 4.9。

表 2. 純種母豬 NR4A1 基因型頻率

Table 2. NR4A1 genotype frequency of purebred sows

Breed	Number of sows	NR4A1 genotype percentage, %			Allele frequency	
		AA	AG	GG	A	G
Landrace	161	29.2	50.9	19.9	0.55	0.45
Yorkshire	123	45.5	44.7	9.8	0.68	0.32
Duroc	17	41.2	58.8	0.0	0.71	0.29
Total	301	36.5	48.8	14.6	0.61	0.39

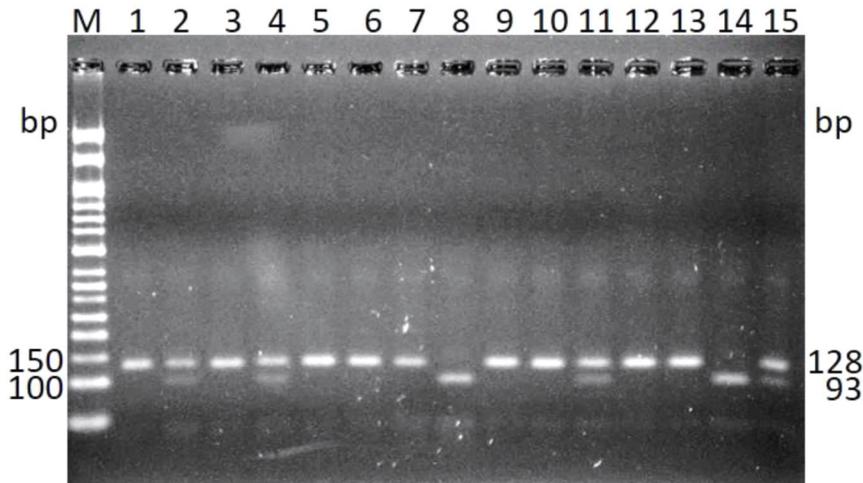


圖 1. 以 PCR-RFLP/DdeI 法鑑別 NR4A1 基因型。

M: DNA 大小標梯; AA 基因型: Lanes 1、3、5、6、7、9、10、12、13; AG 基因型: Lanes 2、4、11、15; GG 基因型: Lanes 8、14。

Fig. 1. NR4A1 genotyping by PCR-RFLP/DdeI.

M: DNA size ladder; AA genotype: Lanes 1, 2, 4, 5, 6, 7, 8; AG genotype: Lanes 2, 4, 11, 15; GG genotype: Lanes 8, 14.

由表 3 顯示基因型與總產仔數相關性分析結果，藍瑞斯母豬為 AG 與 GG 基因型，在全胎次的分析中，其總產仔數均非常顯著高於 AA 基因型 ($P < 0.001$)，總產仔數依前基因型分別為 13.28 ± 0.22 頭、 13.45 ± 0.33 頭、 12.04 ± 0.30 頭；若以第 2 胎至末產胎次的總產仔數來比較，同樣地 AG 與 GG 基因型母豬之總產仔數均非常顯著高於 AA 基因型 ($P < 0.001$)，總產仔數依序為 14.04 ± 0.26 頭、 13.83 ± 0.38 頭及 11.94 ± 0.36 頭，由此推論 G 對藍瑞斯母豬總產仔數而言，屬有利之對偶基因。另在約克夏母豬的分析中，AG 基因型在 2 至末產胎次的總產仔數顯著高於 GG 基因型 ($P < 0.05$)。Liu *et al.* (2011) 分析大白豬與實驗合成品系 (DIV) 母豬 NR4A1 基因型與產仔數性狀相關性，統計分析結果顯示，在第一胎中，實驗合成品系 (DIV) 母豬中，AG 基因型比 GG 基因型多生產 1.805 頭仔豬 ($P < 0.05$)。在大白豬所有胎次中，GG 基因型比 AA 基因型平均多產 0.877 頭仔豬，且活產仔豬數多 0.780 頭 ($P < 0.05$)。因此，認為 NR4A1 可當作選育提高母豬產仔數的適用遺傳標記。Kumchoo and Mekchay (2015) 分析 242 頭藍瑞斯母豬 NR4A1 基因型，結果顯示有利基因型 AA 與 AB (本研究之 AG 基因型) 的頻率合計 97%，其總產仔數、活仔數及離乳數 (初產除外) 皆顯著高於 GG 基因型 ($P < 0.05$)。在 273 頭大白豬的分析中，各基因型與總產仔數、活仔數及離乳數 (初產除外) 皆無顯著性差異。綜合以上，本研究在藍瑞斯母豬的統計分析中，呈現 AG 與 GG 為有利基因型，然 Kumchoo and Mekchay (2015) 則指出藍瑞斯豬 AA 與 AG 為有利基因型，與本研究結果相同之處為 AG 屬有利基因型，相異之處為本研究分析結果顯示 GG 為有利基因型，但 Kumchoo and Mekchay (2015) 則認為 AA 為有利基因型，且在兩個研究中 A 與 B (或 G) 對偶基因的頻率差異甚大。另於約克夏母豬的統計分析中，本研究分析呈現 AG 為有利基因型，而 Liu *et al.* (2011) 則指出 AG 與 GG 為有利基因型。此現象類似 ESR/PCR-PvuII 基因型與產仔數分析結果，以研究對象為相同品種的大白豬為例，有些研究認為 B 為有利的對偶基因 (Short *et al.*, 1997; Yurina *et al.*, 2021; Wu *et al.*, 2023)，但有些卻認為 A 是有利對偶基因 (Goliášová and Wolf, 2004; Pang *et al.*, 2019)，以上研究分析的差異性可能是源自品系與環境的不同，未來值得繼續追蹤與關注。

表 3. 純種母豬 NR4A1 基因型與總產仔數之相關性分析

Table 3. Association analysis between NR4A1 genotypes and TNB of purebred sows

Breed	Parity	No. of litters	Litter size (least square means ± SE)		
			AA	AG	GG
Landrace	First	161	12.23 ± 0.49	11.52 ± 0.37	12.44 ± 0.59
	Second to last	365	11.94 ± 0.36 ^B	14.04 ± 0.26 ^A	13.83 ± 0.38 ^A
	All	526	12.04 ± 0.30 ^B	13.28 ± 0.22 ^A	13.45 ± 0.33 ^A
Yorkshire	First	123	13.02 ± 0.51	13.67 ± 0.51	14.00 ± 1.09
	Second to last	315	14.06 ± 0.34 ^{ab}	14.37 ± 0.33 ^a	12.63 ± 0.73 ^b
	All	438	13.77 ± 0.28	14.18 ± 0.28	13.02 ± 0.61
Duroc	First	17	8.57 ± 1.04	7.70 ± 0.87	—
	Second to last	34	9.30 ± 0.77	8.96 ± 0.50	—
	All	51	9.00 ± 0.62	8.59 ± 0.44	—

^{a, b} Means within the same row without the same superscripts differ (P < 0.05).

^{A, B} Means within the same row without the same superscripts differ (P < 0.001).

“—” No animal.

II. EXOC4 基因型頻率與總產仔數相關性分析

依據 He *et al.* (2021) 發表之方法進行 SNP rs81471943 (C/T) 基因型分析，電泳分析結果如圖 2 所示，僅具一個 539 bp 條帶者為 TT 基因型；具 539 bp、396 bp 及 143 bp 條帶者為 CT 基因型；具 396 bp 與 143 bp 條帶者為 CC 基因型，然此結果與 He *et al.* (2021) 所述 CC 基因型含 565 bp 與 75 bp 二條帶；CT 基因型含 640 bp、565 bp 及 75 bp 三條帶；TT 基因型僅具 640 bp 條帶的論述相異，經以 He *et al.* (2021) 所述之引子對，利用 UCSC In-Silico PCR 網頁 (<https://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgPcr>) 豬基因體序列進行分析，結果獲致 539 bp 之 DNA 序列片段，序列經限制酶 *Mbi*I 分析後，所得之結果與本研究相符，由此顯示 He *et al.* (2021) 的基因型分析可能有誤。



圖 2. 以 PCR-RFLP/*Mbi*I 法鑑別 EXOC4 基因型。

M : DNA 大小標梯；CC 基因型：Lanes 1、3、4、5、7、8、9、10、12；CT 基因型：Lanes 2、6、11；TT 基因型：Lane 13。

Fig. 2. EXOC4 genotyping by PCR-RFLP/*Mbi*I.

M: DNA size ladder; CC genotype: Lanes 1, 3, 4, 5, 7, 8, 9, 10, 12; CT genotype: Lanes 2, 6, 11; TT genotype: Lane 13.

本研究 EXOC4 基因型分析結果顯示，藍瑞斯母豬 CC、CT 及 TT 基因型分別為 61.5、34.2 及 4.4%，約克夏母豬全為 CC 基因型，而 CC 與 CT 基因型在杜洛克豬的頻率分別為 70.6 與 23.5% (表 4)。總計而言，3 個豬種 C 與 T 對偶基因的平均頻率為 0.88 與 0.12。本研究在杜洛克經產母豬 2 至末產與全胎次總產仔數與其基因型的相關性分析如表 5 顯示，CT 基因型母豬之產仔數顯著高於 CC 基因型 (P < 0.05)。於另兩個品種的分析結果，皆無顯著性差異。He *et al.* (2021) 分析 994 頭杜洛克母豬基因型與其產仔數性狀相關性後，發現 CC 為有利基因

型，有更大的 NBA、NW 及 LWW，且 C 對偶基因頻率占比較 T 對偶基因為高。該研究並認為此 SNP (C/T) 與位於上游啟動子正向調控元件的 SNP -1781G/A 連鎖，而 SNP -1781G/A 可能會影響潛在的轉錄因子 P53、ELK1 和 / 或 MZF1 的結合，進而調控杜洛克母豬 EXOC4 基因的表現。然因本研究杜洛克母豬的樣本數量甚少僅 17 頭、51 胎，尚待樣品數量增加後方能做出更有效的評估。

表 4. 純種母豬 EXOC4 基因型頻率

Table 4. EXOC4 genotype frequency of purebred sows

Breed	Number of sows	EXOC4 genotype percentage, %			Allele frequency	
		CC	CT	TT	C	T
Landrace	161	61.5	34.2	4.3	0.79	0.21
Yorkshire	123	100.0	0.0	0.0	1.00	0.00
Duroc	17	70.6	23.5	5.9	0.82	0.18
Total	301	77.7	19.6	2.7	0.88	0.12

表 5. 純種母豬 EXOC4 基因型與總產仔數之相關性分析

Table 5. Association analysis between NR4A1 genotypes and TNB of purebred sows

Breed	Parity	No. of litters	Litter size (least square means \pm SE)		
			CC	CT	TT
Landrace	First	161	11.67 \pm 0.34	12.35 \pm 0.45	12.00 \pm 1.27
	Second to last	365	13.39 \pm 0.25	13.45 \pm 0.29	14.80 \pm 1.15
	All	526	12.83 \pm 0.21	13.16 \pm 0.25	13.65 \pm 0.87
Yorkshire	First	123	13.40 \pm 0.63	—	—
	Second to last	315	14.07 \pm 0.23	—	—
	All	438	13.88 \pm 0.19	—	—
Duroc	First	17	7.83 \pm 0.82	9.00 \pm 1.41	7.00 \pm 2.82
	Second to last	34	8.67 \pm 0.50 ^b	10.86 \pm 0.87 ^a	8.33 \pm 0.94 ^{ab}
	All	51	8.36 \pm 0.43 ^b	10.18 \pm 0.74 ^a	8.14 \pm 0.93 ^{ab}

^{a, b} Means within the same row without the same superscripts differ ($P < 0.05$).

“—” No animal.

III. FSH β 基因型頻率與總產仔數相關性分析

FSH β 的基因型鑑定方式係參考 Liu *et al.* (2009) 發表之方法，可直接經由 PCR 產物電泳圖的條帶分子量大小進行鑑別，僅具一條 500 bp 條帶者為 AA 基因型，BB 基因型為僅含一條 220 bp 條帶，而 AB 基因型則含有 220 bp 與 500 bp 之二個條帶 (圖 3)，而二個條帶差異 280 bp 係因反轉錄轉座子 (retropon) 的有無所致 (Zhao *et al.*, 1998)。由本研究基因型鑑別結果顯示，藍瑞斯、約克夏及杜洛克母豬 AA、AB 及 BB 基因型的百分比，依各品種分別為 L : 3.7、36.0、60.3% vs. Y : 2.4、41.5、56.1% vs. D : 0.0%、5.9、94.1%，A 與 B 對偶基因的頻率依各品種分別為 0.03 vs. 0.97 ; 0.22 vs. 0.78 ; 0.23 vs. 0.77 (表 6)。分析結果顯示杜洛克豬未發現 AA 基因型，可能的原因為檢測樣品數目甚少，依據 111 年研究計畫檢測 371 個杜洛克豬的結果顯示 AA 基因型為 8.1% (廖等, 2022)。Liu *et al.* (2009) 分析 36 頭約克夏豬 FSH β 基因型，AA、AB 及 BB 基因型百分比分別為 5.6、16.7 及 77.8%，而由 37 頭大白豬的基因型分析，上述之基因型百分比分別為 8.1、13.5 及 78.4%，約克夏與大白豬 A 與 B 對偶基因的頻率相近，分別為 13.9 vs. 14.9% ; 86.1 vs. 85.1%。

表 7 顯示，在分析 3 個品種經產母豬計 1,015 胎次總產仔數資料與其 FSH β 基因型的相關性後，兩者並無顯著性差異。然在約克夏母豬全胎次總產仔數與其基因型的比較，BB 基因型的每胎平均產仔數 14.12 \pm 0.25 頭略高於 AA 基因型之 13.36 \pm 1.19 頭。Li *et al.* (2002) 從 11 個族群計 408 胎次的分析中發現，AA 基因型的 TNB 與 NBA 均顯著高於 BB 基因型，且 AA 基因型主要見於中國本土豬種，並認為可能是中國豬多產的主要因素之

一。Pang *et al.* (2019) 分析 432 頭具產仔性狀資料的大白豬母豬，在共計 1,587 胎數資料中，AA 基因型 42 胎，AB 基因型 368 胎，BB 基因型 1,177 胎，發現 BB 基因型每胎平均產仔數之 11.22 ± 0.09 頭顯著高於 AA 基因型之 9.87 ± 0.61 頭，此結果與本研究約克夏豬的分析類似，顯示 BB 為有利的基因型。

表 6. 純種經產母豬 FSH β 基因型頻率

Table 6. FSH β genotype frequency of purebred sows

Breed	Number of sows	FSH β genotype percentage, %			Allele frequency	
		AA	AB	BB	A	B
Landrace	161	3.7	36.0	60.3	0.22	0.78
Yorkshire	123	2.4	41.5	56.1	0.23	0.77
Duroc	17	0.0	5.9	94.1	0.03	0.97
Total	301	3.0	36.5	60.5	0.21	0.79

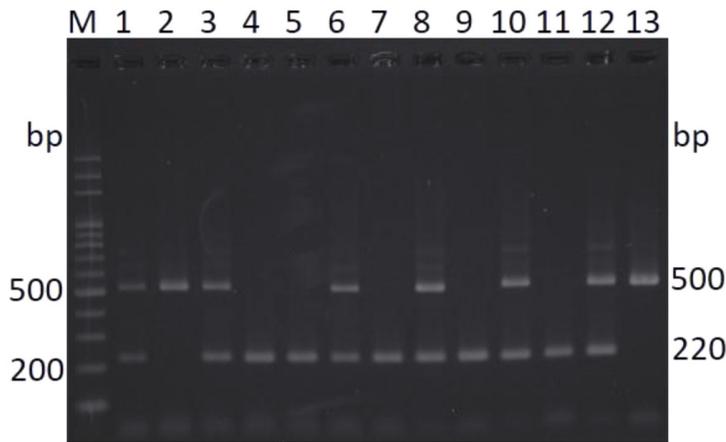


圖 3. 不同 FSH β 基因型 PCR 產物的瓊脂糖凝膠電泳圖。

M: DNA 大小標梯; AA 基因型: Lanes 2、13; AB 基因型: Lanes 1、3、6、8、10、12; BB 基因型: Lanes 4、5、7、9、11。

Fig. 3. Agarose gel electrophoresis image for PCR products of different FSH β genotypes.

M: DNA size ladder; AA genotype: Lanes 2, 13; AB genotype: Lanes 1, 3, 6, 8, 10, 12; BB genotype: Lanes 4, 5, 7, 9, 11.

表 7. 純種母豬 FSH β 基因型與總產仔數之相關性分析

Table 7. Association analysis between FSH β genotypes and TNB of purebred sows

Breed	Parity	No. of litters	Litter size (least square means \pm SE)		
			AA	AB	BB
Landrace	First	161	12.50 ± 1.37	11.62 ± 0.44	12.05 ± 0.34
	Second to last	365	13.82 ± 1.09	13.15 ± 0.30	13.66 ± 0.25
	All	526	13.35 ± 0.87	12.72 ± 0.25	13.14 ± 0.21
Yorkshire	First	123	14.33 ± 2.17	12.73 ± 0.53	13.87 ± 0.45
	Second to last	315	13.00 ± 1.42	13.94 ± 0.35	14.22 ± 0.30
	All	438	13.36 ± 1.19	13.60 ± 0.29	14.12 ± 0.25
Duroc	First	17	—	8.00 ± 2.79	8.06 ± 0.70
	Second to last	34	—	9.06 ± 0.41	—
	All	51	—	8.00 ± 2.55	8.74 ± 0.36

“—” No animal.

結 論

本研究利用具產仔數資料母豬與其 DNA 進行候選遺傳標記 NR4A1、EXOC4 及 FSH β 之評估，發現具 NR4A1-GG 或 AG 基因型藍瑞斯母豬的每胎平均總產仔數顯著高於 AA 基因型 ($P < 0.001$)，另在約克夏母豬的分析中，排除初產的其他產次情形下，AG 基因型每胎平均總產仔數顯著高 GG 基因型 ($P < 0.05$)，然 GG 基因型不見於杜洛克豬中。EXOC4 的分析結果，初步發現 CT 基因型之杜洛克母豬比 TT 基因型有較高的每胎平均總產仔數 ($P < 0.05$)，而約克夏豬僅有 CC 基因型。然於 FSH β 的分析中，並未發現基因型與總產仔數的顯著相關性，杜洛克豬亦未發現有 AA 基因型。綜而言之，候選遺傳標記 NR4A1 與 EXOC4 經分析後，未來極具應用於種母豬群產仔數性能提升之潛力。

致 謝

本研究承農業部經費支持 (113 農科 -2.1.5- 畜 -L1 與 113 農科 -2.1.4- 畜 -01)，試驗期間承蒙多家種豬場之支持，始克其功，特此致謝。

參考文獻

- 財團法人中央畜產會。2022。2021 臺灣養豬統計手冊。第 9 頁。臺北市。
- 廖仁寶、王思雅、盧昱誼、陳若菁、賴永裕、劉桂柱、程梅萍。2023a。豬隻產仔性狀候選標記 miR-27a 分析法之改進。畜產研究 57：91-97。
- 廖仁寶、朱家德、呂岳錚、賴永裕、謝佳容、涂榮珍、陳裕信、林德育、程梅萍。2023b。種豬優良性狀基因選拔及其應用。農業部畜產試驗所 112 年度科技計畫研究報告。
- 廖仁寶、朱家德、賴永裕、謝佳容、劉振發、蕭振文、陳立人、程梅萍、許晉賓。2022。種豬優良性狀基因選拔及其應用。行政院農業委員會畜產試驗所 111 年度科技計畫研究報告。
- 廖仁寶、張秀鑾、賴永裕、劉錦條、吳明哲。1999。母豬造骨蛋白遺傳型對新生仔豬存活率之影響。中畜會誌 28：33-39。
- 廖仁寶、黃鈺嘉、賴永裕、吳明哲、張秀鑾。2013。豬第 8 號染色體微衛星型遺傳標記與經產母豬產仔性能之相關性研究。畜產研究 46：21-32。
- 廖仁寶、黃鈺嘉、賴永裕、吳明哲、張秀鑾。2014。豬第 6 號染色體微衛星遺傳標記與經產母豬產仔性能之相關性研究。畜產研究 47：71-82。
- 廖仁寶、黃鈺嘉、賴永裕、顏念慈、吳明哲、張秀鑾。2006。以豬第一號染色體微衛星行遺傳標記交替基因頻率與序列比較經產母豬產仔性能。畜產研究 39：99-110。
- Flowers, W. L. (2015). Factors affecting the reproductive efficiency of the breeding herd. Swine Reproduction: Challenges and Opportunities, 1-24. North Carolina State University.
- 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.
- He, Y., X. Zhou, R. Zheng, Y. Jiang, Z. Yao, X. Wang, Z. Zhang, H. Zhang, J. Li, and X. Yuan. 2021. The association of an SNP in the EXOC4 gene and reproductive traits suggests its use as a breeding marker in pigs. Animals (Basel) 11: 521.
- Koketsu, Y., S. Tani, and R. Iida. 2017. Factors for improving reproductive performance of sows and herd productivity in commercial breeding herds. Porcine Health Manag. 3: 1.
- Kumchoo, T. and S. Mekchay. 2015. Association of NR4A1 and GNB2L1 genes with reproductive traits in commercial pig breeds. Genet. Mol. Res. 14: 16276-16284.
- Li, F., Y. Xiong, C. Deng, S. Jiang, and R. Zheng. 2002. Frequencies, inheritance of porcine FSH- β retroposon and its association with reproductive traits. Asian-Australas J. Anim. Sci. 15: 179-183.
- Liu, J. J., X. Q. Ran, S. Li, Y. Feng, and J. F. Wang. 2009. Polymorphism in the first intron of follicle stimulating hormone beta gene in three Chinese pig breeds and two European pig breeds. Anim. Reprod. Sci. 111(2-4): 369-375.
- Liu, L. Q., F. E. Li, C. Y. Deng, and Y. Z. Xiong. 2011. Molecular cloning, tissue expression and association of porcine

- NR4A1 gene with reproductive traits. *Mol. Biol. Rep.* 38: 103-14.
- Menegat, M. 2023. 169 Minimizing Sow Feeding Cost While Enhancing Production. *J. Anim. Sci.* 101(Suppl 2): 197.
- Pang, P., Z. Li, H. Hu, L. Wang, H. Sun, S. Mei, and F. Li. 2019. Genetic effect and combined genotype effect of ESR, FSH β , CTNNAL1 and miR-27a loci on litter size in a Large White population. *Anim. Biotechnol.* 30: 287-292.
- SAS. 2013. SAS user guide: Statistics. SAS Inst., Cary, NC., USA.
- Scaramuzzi, R. J., D. T. Baird, B. K. Campbell, M. A. Driancourt, J. Dupont, J. E. Fortune, R. B. Gilchrist, G. B. Martin, K. P. McNatty, A. S. McNeilly, P. Monget, D. Monniaux, C. Viñoles, and R. Webb. 2011. Regulation of folliculogenesis and the determination of ovulation rate in ruminants. *Reprod. Fertil. Dev.* 23: 444-467.
- 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. *J. Anim. Sci.* 75: 3138-3142.
- Wu, S., J. Xie, T. Zhong, L. Shen, Y. Zhao, L. Chen, M. Gan, S. Zhang, L. Zhu, and L. Niu. 2023. Genetic polymorphisms in ESR and FSH β genes and their association with litter traits in Large White pigs. *Anim. Biotechnol.* 34: 4713-4720.
- Yurina, A., E. Skovorodin, and I. Dolmatova. 2021. Evaluation of reproductive traits and ovarian and uterine morphology of sows with different genotypes for the estrogen receptor, prolactin receptor, and follicle-stimulating hormone subunit beta genes. *Can. J. Vet. Res.* 85: 186-192.
- Zhao, Y., N. Li, L. Xiao L, G. Cao, Y. Chen, S. Zhang, Y. Chen, C. Wu, J. Zhang, S. Sun, and X. Xu. 1998. FSH β subunit gene is associated with major gene controlling litter size in commercial pig breeds. *Sci. China C Life Sci.* 41: 664-668.

Evaluation of candidate markers NR4A1, EXOC4, and FSH β for litter size in purebred sows ⁽¹⁾

Ren-Bao Liaw ⁽²⁾ Si-Ya Wang ⁽²⁾ Jo-Ching Chen ⁽³⁾ Yu-Syuan Lu ⁽⁴⁾ Hsiu-Jung Tsai ⁽³⁾ Yung-Yu Lai ⁽³⁾ Kuei-Juh Liu ⁽⁴⁾ Yu-Hsin Chen ⁽⁵⁾ and Mei-Ping Cheng ⁽⁶⁾⁽⁷⁾

Received: Mar. 3, 2025; Accepted: May 6, 2025

Abstract

The purpose of this study was to identify candidate genetic markers NR4A1, EXOC4, and FSH β associated with litter size in purebred sows from Taiwanese pig farms. An association analysis was then conducted between genotypes and litter size data to assess the applicability of these candidate genetic markers in pig breeding. A total of 301 sows were genotyped for the three candidate genetic markers, followed by an association analysis between genotypes and litter size at birth. The results showed that for Landrace sows, individuals with the NR4A1-AG and GG genotypes had significantly higher average litter sizes per parity compared to those with the AA genotype ($P < 0.001$). The average litter sizes for AG, GG, and AA genotypes were 13.28 ± 0.22 , 13.45 ± 0.33 , and 12.04 ± 0.30 piglets, respectively. When excluding first parity data, the average litter size per parity for AG and GG genotypes remained significantly higher than that of the AA genotype ($P < 0.001$). For Yorkshire sows, analysis of litter size excluding first parity data revealed that the AG genotype had a significantly higher average litter size than the GG genotype ($P < 0.05$). For Duroc sows, an association analysis between EXOC4 genotype and litter size across second to last parity and overall parity showed that CT genotype sows had significantly higher average litter sizes than those with the CC genotype ($P < 0.05$). However, no significant correlation was found between FSH β genotype and litter size traits in any of the three breeds. In summary, the candidate markers NR4A1 and EXOC4 after evaluation show potential for future application in genetic selection for improving litter size in pig breeding.

Key words: Litter size, Candidate marker, Sow.

(1) Contribution No. 2826 from Taiwan Livestock Research Institute (TLRI), Ministry of Agriculture (MOA).

(2) Forage Crops Division, MOA-TLRI, HsinHua, Tainan 712009, Taiwan, R. O. C.

(3) Genetics and Physiology Division, MOA-TLRI, HsinHua, Tainan 712009, Taiwan, R. O. C.

(4) Formosan Farmers Association for Swine Improvement, Taipei 100011, Taiwan, R. O. C.

(5) Livestock Management Division, MOA-TLRI, HsinHua, Tainan 712009, Taiwan, R. O. C.

(6) Deputy Director General Office, MOA-TLRI, HsinHua, Tainan 712009, Taiwan, R. O. C.

(7) Corresponding author, E-mail: mpcheng@mail.tlri.gov.tw.