

出國報告（出國類別：研究）

應用基因體選種於反芻動物之選育
與其相關研究

服務機關：農業部畜產試驗所

姓名職稱：謝佳容 助理研究員

派赴國家：美國

出國期間：113 年 5 月 10 日至 8 月 8 日

報告日期：113 年 11 月 4 日

摘要

University of Georgia 開設之「Programming and computer algorithms in animal breeding with focus on single-step GBLUP and genomic selection in practice」課程分別就應用 BLUPf90 家族程式進行資料彙整、基因體資料品質管制與 post-GBLUP 資料處理及分析等進行講授與經驗分享。課程教材內容十分豐富且全面，而課餘時間與同學們的交流，討論各物種於各國的發展現況及其所運用的育種技術及策略更是此行的重要收穫。

美國乳牛的育種目標全然以經濟利益為導向，運用育種計畫改良畜群表現，過去因遺傳多樣性窄化導致的繁殖問題已初步獲得改善，目前育種目標調整為延長乳牛長壽性及降低牛隻跛足發生率。在因應氣候變遷方面，因耐熱等表現為動物個體全面的生理反應，並非單一或數個基因所能調控，故目前所採取的策略是由動物行為著手。藉由觀察牛隻在熱浪來襲時的行為表現，結合其生產表現變化，了解個體對於高溫的耐受性，以此進行正向選拔，並且進一步運用基因體工具協助提升選拔正確度。

美國主要的肉牛品種除了安格斯牛之外，亦有針對不同地區不同飼養管理模式及消費者需求所特有的雜交肉牛。而為呼應動物福祉的課題，美國近五年來開始施行以安格斯公牛精液人工授精產乳表現較差的荷仕登母牛，如此所生之小公牛可做為肉牛，在經過肥育後獲得較佳的肉質表現，除可增加酪農收益，亦可使小公牛免於出生即被犧牲的命運。美國的山羊產業規模甚小，無法針對美國境內山羊族群進行大規模的基因型鑑別及遺傳改進。但過去 USDA 曾於非洲馬拉威及烏干達等國進行農村山羊改良計畫，協助當地羊農建立種群，並針對小規模山羊族群進行選育，其策略與經驗值得台灣借鑑。

畜禽育種已經邁入一個新的紀元，面對氣候變遷及降低溫室氣體排放等挑戰，各國在優質家畜育種上皆朝向跨領域合作，集結動物育種、動物行為、動物福祉、數據處理、資料庫建置、人工智慧、監測技術專業人員；再運用感應器、熱影像處理與 3D 攝影等技術進行數位資料收集，並將此種新穎的資料樣態稱為數位性狀 (digital traits)。這些技術除了使表型的量測能更加精確及細緻外，更重要的是可以偵測及記錄動物行為的變化，以其結合生產表現進行分析，進而了解動物的抗熱能力與對環境變化的耐受性。而如此規模的計畫，絕非一個研究人員可獨立完成的，需要進行團隊合作方能達成。

目次

壹、目的	4
貳、行程	5
參、計畫內容	6
一、前言	6
二、參加「Programming and computer algorithms in animal breeding with focus on single-step GBLUP and genomic selection in practice」短期課程	7
三、肉牛雜交遺傳評估及耐逆境育種策略	14
四、整合表型、系譜與體學資料於提升乳牛選種精確度	16
五、山羊遺傳改進及小規模族群選育模式	24
六、其他交流	29
肆、心得與建議	32
伍、參考文獻	34

壹、目的

- 一、赴 University of Georgia (UGA) 參加 Animal Breeding and Genetics Group 所開辦之「Programming and computer algorithms in animal breeding with focus on single-step GBLUP and genomic selection in practice」暑期課程，研習應用 BLUPF90 遺傳評估及基因體選種相關技術於反芻動物之選育。
- 二、與 University of Georgia、Purdue University 與 Cornell University 家畜育種研究領域多位教授請益並討論乳牛、肉牛與山羊之選育策略及族群遺傳多樣性分析，深化台美雙方在家畜遺傳育種領域之研究合作。

貳、行程

日期	起迄地點	行程內容
5月10日(五)	台灣桃園-美國亞特蘭大 (Atlanta)	去程，經舊金山轉機至亞特蘭大。
5月11日(六) -5月12日(日)	Dept. of Animal and Dairy Science, University of Georgia, Athens, GA	搭車至位於雅典(Athens)之 University of Georgia 與課程資料準備。
5月13日(一) -5月31(五)		參加「Programming and computer algorithms in animal breeding with focus on single-step GBLUP and genomic selection in practice」短期課程。
6月1日(六) -6月2日(日)		研習資料整理。
6月3日(一) -6月14日(五)		與 Prof. Jorge Hidalgo 討論學習肉牛雜交遺傳評估及耐熱育種策略。
6月15日(六) -6月16日(日)	美國亞特蘭大-美國西拉法葉 (West Lafayette)	由亞特蘭大搭機至印第安納波利斯(Indianapolis)，再搭車前往位於西拉法葉之 Purdue University，次日進行研習資料整理。
6月17日(一) -7月11日(四)	Dept. Animal Science, Purdue University, West Lafayette, IN	與 Prof. Luiz Brito 討論學習整合表型、系譜與體學資料於提升乳牛選種精確度。
7月12日(五) -7月14日(日)	美國西拉法葉-美國伊薩卡 (Ithaca)	前往 Cornell University 與研習資料整理。
7月15日(一) -8月5日(一)	Dept. of Animal Science, Cornell University, Ithaca, NY	與 Prof. Heather Huson 討論學習山羊遺傳改進及小規模族群選育模式。
8月6日(二) -8月8日(四)	美國伊薩卡-台灣桃園	回程，經紐約轉機後返回台灣。

參、計畫內容

一、前言

反芻動物藉由乳及肉為人類提供重要的動物性蛋白質，並且其所生產之皮與毛亦為重要的民生物資，因此反芻動物在畜牧產業中扮演舉足輕重的腳色。然近年來除面臨極端氣候與疫病來襲的挑戰，另有淨零減碳與動物福祉等議題的壓力，加上飼養成本高漲與國外乳肉產品傾銷等嚴重打擊，除應用飼養管理等手段面對挑戰外，重新思考育種策略與目標乃刻不容緩。

在過去，反芻動物的選育著重於體型、生長速率及乳肉產量等主要經濟性狀，自導入基因選種策略後，首先針對遺傳性疾病如牛淋巴球黏力缺失症 (bovine leukocyte adhesion deficiency, BLAD)、單譜症 (deficiency of uridine monophosphate synthase, DUMPS)、牛瓜胺酸症基因 (CITR)、牛脊脊椎畸形複合症 (complex vertebral malformation, CVM) 與山羊黏多醣症 (Mucopolysaccharidosis, G6S) 等不良基因進行汰除，大幅提升動物的育成率。近年由於動物福祉的考量與擠乳機器人的導入，牛羊的長壽性及機器人擠乳難易度等性狀也列為重要的選拔目標。隨著選拔須考量的性狀越多，單以種畜的系譜資料、表型紀錄與單一或少數基因型別，並無法全面且完整的評估種畜的價值。而隨著分子生物技術的日新月異，以往昂貴而高不可攀的定序技術，現在能以可負擔的價格從高通量的定序結果中快速地獲取來自個體的巨量遺傳訊息。藉由這些遺傳訊息即可全面的評價動物個體的價值，其包括低遺傳率及過去需經由漫長後裔檢定方能驗證的性狀表現，如此可提高選拔正確度，並縮短畜禽擇優汰劣的時程，大幅的提升畜禽選育的效率 (Fragomeni, et al. 2017, de Lima et al., 2020)。

台灣在反芻動物育種相關研究上，乳牛產業在乳牛群性能改良 (dairy herd improvement, DHI) 計畫執行下，近 20 年來牛隻在 305 天泌乳週期每天兩次擠乳的體成熟 (305-2X-ME) 乳量及乳脂表現上分別由 6,834 kg 及 265 kg，提升至 8,481 kg 及 364 kg。期間收集了全台乳牛場優質種牛的系譜、配種分娩、泌乳乾乳及防疫等各項性能資料，且本所北區分所自 2017 年導入乳牛基因體檢測技術，藉由基因體檢測報告，可得到牛隻各項性狀遺傳表現的預估值，成為業者擇優汰劣之重要依據。過去十年間，畜產試驗所研究人員與養羊產業發達國家如法國與荷蘭等國的山羊育種專家交流密切，對於山羊的育種制度、肉羊經濟性狀遺傳基因應用及乳羊群性能改良制度之建立等議題深入交換意見。並且於 2008 年完成山

羊育種決策支援系統建置，針對羊隻體重、系譜、配種繁殖及乳量等生產資料建置資料庫並進行管理，協助肉種羊及乳羊場業者管理現場羊隻。

二、參加「Programming and computer algorithms in animal breeding with focus on single-step GBLUP and genomic selection in practice」短期課程

University of Georgia 位於喬治亞州雅典 (Athens) 創立於 1785 年，是美國歷史最悠久的公立大學，做為一個綜合性大學其在人文學科、科學、商業、法律與農學上提供多樣化的學位及課程，並致力於公共服務及推廣教育，充裕的研究設施使其學術成就表現斐然。本次研習所參訪的是隸屬於農學及環境科學學院 (College of Agricultural and Environmental Sciences) 動物及乳牛科學學系 (Department of Animal and Dairy Science) 中由系上畜禽遺傳育種領域研究專長之教授們所組成的 Animal Breeding and Genetics Group。其團隊的靈魂人物 Ignacy Miztal 教授是 BLUPF90 family program 的奠基者，電腦工程出身的他致力於 BLUPF90 family program 的推廣及應用，使 UGA 在家畜育種研究上具有領導地位。

傳統的畜禽育種仰賴系譜和表型資料來計算育種價值 (estimated breeding value, EBV)，而基因體學導入 DNA 標記，如單核苷酸多態性 (single nucleotide polymorphism, SNP) 可提高這些預測的準確性。SNP 在基因體中廣泛存在，可用於構建遺傳關係、鑑別親子關係與識別數量性狀基因座 (quantitative trait loci, QTL)，已成為現今動物育種的關鍵工具。在基因體資訊未被廣為應用前，使用基因標記進行選拔的方式集中在標記輔助選拔 (marker-assisted selection, MAS)，其多運用在肉質或抗病性等相關的少數 SNP，然大多數的性狀是由多個基因所調控，因此 MAS 有其侷限性。

基因體選拔 (genomic selection) 使用遍布動物全基因體上的 SNP 來估算育種價，在沒有表型與後裔資料的情況下，亦能顯著提高 EBV 預測的準確性，尤其是對於遺傳率低或難以測量的性狀，並且可藉由更早選拔動物來縮短其世代間距。近年來基因分型 (genotyping) 的成本驟降，使得基因體選拔在畜禽育種中變得更加可行且普及，如美國乳牛產業於 2009 年即導入基因體評估 (genomic evaluation)，其後基因體選拔的使用拓展至肉牛與其他畜產動物。而基因體選拔目前面臨的挑戰是需要更多的基因型與表型數據，並且須持續開發能夠高效能運算大數據的運算模型 (Lourenco, 2018a)。

「Programming and computer algorithms in animal breeding with focus on single-step GBLUP and genomic selection in practice」短期課程為 UGA Animal Breeding and Genetics

Group 所開辦為期三週的課程，其課程內容及相關教材可由課程網頁取得（https://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php?id=course_information_-_uga_2024）。課程除由 Ignacy Misztal 教授講授外，另邀請 UGA 的 Daniela Lourenco 副教授、Jorge Hidalgo 助理教授、Matias Bermann 博士與任職於 Council on Dairy Cattle Breeding (CDCB) 的 Andres Legarra 資深研究員分別就應用 BLUPF90 family program 進行資料彙整、基因體資料品質管制與 post-GBLUP 資料處理及分析等進行講授與經驗分享。

課程內容主要分為兩大部分，第一部分先從 Fortran 95/2003 的基礎操作及動物育種演算法開始介紹，第二部分則是進入 BLUPF90 家族程式的介紹及應用，包括了單一性狀、多重性狀與母系效應等不同模型的計算與變異數成分 (variance component) 評估。

(一) BLUPF90 family program 簡介

BLUPF90 family program 是一系列應用於動物育種混合模型計算的程式家族，由 Ignacy Misztal 教授等人自 1997 年開始開發的程式，其使用 Fortran 編寫，可以用於進行數據整理、使用數種方法估算變異數成分、為大規模數據進行最佳線性無偏預測 (best linear unbiased prediction, BLUP) 計算，並利用 SNP 資訊來提升育種價計算和全基因體關聯分析 (genome-wide association analysis, GWAS) 的準確性 (Misztal, 2024)。此程式集以簡單、高效和全面著稱，支持通用的運算模型，但沒有圖形使用者界面 (graphical user interface, GUI)。因此，BLUPF90 family program 已被美國及全球的主要育種公司及協會用於乳肉牛、豬、家禽、魚類與植物等領域的遺傳評估 (Lourenco and Aguilar, 2023)。

(二) BLUPF90 family program 使用重點

1. BLUPF90 family program 可由通用的參數文件 (parameter file) 控制，使用者可以依據需求添加額外選項來修改每個程式的行為，參數文件定義了用於遺傳評估的模型，包括性狀數量、固定效應 (fix effects) 和隨機效應 (random effects) 等，因此了解各個參數文件的內涵對於偵錯和有效運用至為重要。
2. 輸入的數據資料必須正確格式化，使用整數或實數，並以空格分隔，且不能包含 Unicode 區塊。
3. 依據不同的模型和數據型態，使用各式各樣的計算方法，如預先條件共軛梯度法 (preconditioner conjugate gradient, PCG) 和逐次超鬆弛法 (successive over-relaxation, SOR)。

4. BLUPF90 family program 可以指定隨機效應類型，如增加使用父母畜或祖父母畜資訊，並可處理未知親本組 (unknown parent groups, UPG) 和近親繁殖的問題。
5. 在估算變異數成分上，運用 REML (restricted/residual maximum likelihood) 並藉由 EM-REML (expectation-maximization) 和 AI-REML (average information) 的運算估計變異數成分，這些方法對於育種計畫中準確的遺傳評估至關重要。
6. BLUPF90 的運算結果通常不會自動儲存，因此使用者需要將結果重新定向或記錄於日誌文件中 (BLUPF90 TEAM, 2018)。

(三) BLUPF90 family program 的主要程式

1. BLUPF90：為 BLUPF90 family program 中的核心模組，用於計算 BLUP，能處理大規模數據組，廣泛應用於遺傳評估，並且適用於各種動物育種模型。
2. RENUMF90：負責資料的重新編碼，以便將資料格式轉換為應用程式可以處理的格式，並進行數據品質管制 (quality control)，以支援複雜模型的建構。
3. AIREMLF90：使用平均信息限制最大似然法 (average information restricted maximum likelihood, AI-REML) 估計變異數成分，適用於處理多性狀和多環境模型。
4. GIBBSF90：採用吉布斯抽樣法 (Gibbs Sampling) 進行貝氏估計 (Bayesian estimation)，適用於複雜模型，如多性狀及閾值模型 (threshold models)。其優勢是可以用於非常態分佈的數據，如耐病性及繁殖表現等二元或序列數據資料的分析。
5. THRGIBBS1F90：是為運算閾值模型量身訂做的模組，其同樣採用吉布斯抽樣法進行貝氏估計，特別針對非連續性狀，如疾病的有無或性狀表現的程度而優化的分析工具。
6. POSTGIBBSF90：用於後處理吉布斯抽樣的結果，分析及總結遺傳參數和效應的分佈，為遺傳評估提供可靠性估算和診斷工具。
7. preGSF90：執行基因體最佳線性無偏預測 (genomic best linear unbiased prediction, GBLUP)，將 SNP 資料整合至運算模型中，以提高育種值的精確度，是進行基因體選拔的重要工具。

8. POSTGSF90：特別用於基因體預測後處理的模組，可結合 SNP 資訊計算個體的基因體育種價（genomic estimated breeding values, GEBV），以提升育種價的準確性。
9. PREDICTF90：可結合不同的遺傳和環境效應預測個體的育種價，提供更準確的基因評估結果。

Main programs in a chart

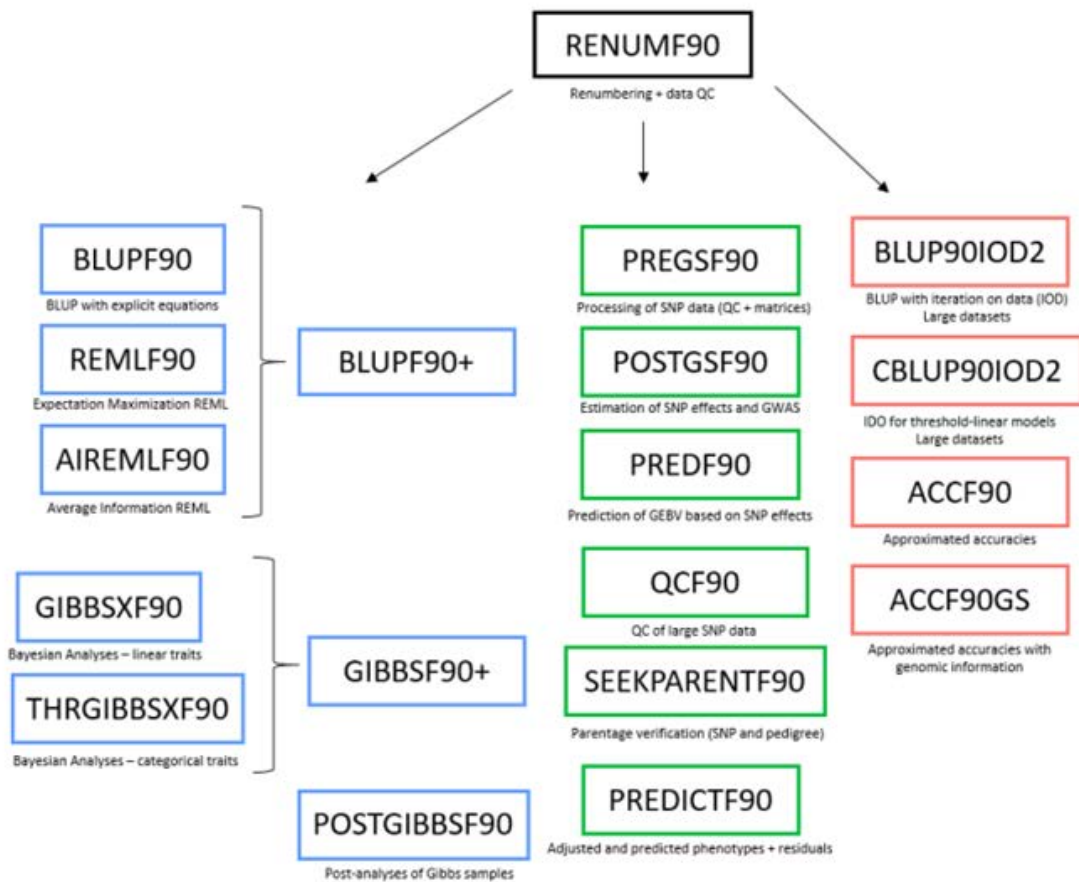


圖 1. BLUPF90 family program 的主要程式。

(四) BLUPF90 family program 中常用於家畜育種之程式

1. RENUMF90

用於對數據和系譜資料進行重新編號，建立 BLUPF90 family program 的參數文件，並可執行系譜檢查，計算近交系數 (inbreeding coefficient) 與提供數據統計。

- (1) RENUMF90 使用的參數文件中定義了包含性狀、效應、隨機效應和其他選項的特定關鍵字和數值，此參數文件將控制數據如何被處理並為 BLUPF90 進行後續分析。
- (2) RENUMF90 可藉由考慮系譜中個體之間的親緣關係程度，運用的不同方法來計算近交系數。
- (3) RENUMF90 另支援隨機回歸模型 (random regression models)，此模型用於分析隨時間或其他共變異數 (covariance) 變化的性狀，並且能夠為隨機效應指定共變異數結構，從而能夠分析複雜的遺傳模型。
- (4) 在資料格式上使用平面文件 (flat files) 作為數據和系譜的輸入格式，數據列與列間必須以空格分隔，且不應包含 Unicode 區塊，缺失的父母畜資料用“0”編碼。輸出文件依其性質可分為重新編號的數據文件 (renf90.dat)、重新編號的系譜文件 (renaddxx.ped)、參數文件 (renf90.par)、近交文件 (renf90.inb) 和交叉參考文件 (renf90.tables) (Lourenco and Aguilar, 2024a)。

2. preGSf90

- (1) 基因體模組的介面程序，用於處理 BLUPF90 family program 中的基因體資訊，用於對 SNP 資料進行品質管制，建立基因體關係矩陣 (genomic relationship matrices, G matrices)，並可用以系譜為基礎的關係矩陣及其逆矩陣。
- (2) preGSf90 使用特定格式的輸入文件，包括 SNP 基因型資料和由 renumf90 建置的交叉參考 ID 文件 (XrefID)。其產出的文件包括次交替基因頻率 (minor allele frequency, MAF)、檢出率 (call rate) 報告、連鎖不平衡 (linkage disequilibrium, LD) 與違反孟德爾定律等資料品質指標。因此使用者可設定各種選項來進行資料品質管制，包括設定 MAF 和檢出率的門檻與處理親代

-子代資料不符的衝突。

- (3) preGSf90 可以與 BLUPF90 family program 中的其他程式，如 blupf90+、gibbsf90 和 postGSf90 兼容使用，以進行全方位的基因體分析 (Lourenco, 2024a)。

3. qcf90

- (1) qcf90 是專門為大規模基因體數據所設計品質管控制程式，其可以高效處理海量數據，並執行各種品質檢查。
- (2) qcf90 在處理大型數據集時的速度約為 preGSf90 的三倍，並且其佔用的記憶體空間較低，使其成為處理大規模基因組數據的理想選擇 (Lourenco and Aguilar, 2024b)。

4. REMLF90

- (1) REMLF90 為使用最大期望 (expectation-maximization, EM) 演算法來估算遺傳評估所需的隨機效應、變異數及共變異數，特別適合用於處理多性狀動物模型。
- (2) 與 BLUPF90 相同的參數文件，其意味著熟悉 BLUPF90 的使用者可以無縫接軌的使用 REMLF90。
- (3) REMLF90 可以計算共變異數矩陣，但在兩個性狀不能於同一個體上觀察到時，則無法計算共變異數，此時共變異數值應設置為 0。
- (4) 如變異數的初始值太小，則可能會導致收斂過慢或產生錯誤的計算結果，因此建議使用者使用較大的初始變異數，以確保正確收斂 (BLUPF90 TEAM, 2002)。

(五) 基因體預測基礎

基因體預測始於 2005 年遺傳標記與數量性狀 QTL 的建立，但實際的應用卻有限，直到 SNP 晶片的開發，基因體評估首次應用於乳牛育種中。基因體預測常使用的方法有 SNP 最佳線性無偏預測 (SNP-BLUP)、基因體最佳線性無偏預測 (genomic-BLUP, G-BLUP) 與單步最佳線性無偏預測 (single step-GBLUP, SS-GBLUP)。

1. SNP-BLUP

是一種用於估算 SNP 對性狀影響的統計方法，可應用於基因體預測。

2. G-BLUP

納入基因體資訊以擴充傳統 BLUP 運算的方法。

3. SS-GBLUP

將基因體資訊和動物非基因體資訊整合至單一分析中的技術，使得對於種群整體進行基因體評估成為可行。

基因組預測中使用的數據，包括系譜和 SNP 基因型，其格式、結構和類型對於後續分析甚為重要，因此在進行運算前，數據資料的品質管制是必需的。此外，使用先進統計模型，如貝葉斯方法來提高動物育種中遺傳評估的準確性，亦是參與畜禽基因體學和育種計畫研究人員所需要關注的 (Legarra et al., 2018)。

(六) 使用 BLUPF90 進行 ssGBLUP 時的 SNP 效應

在基因體預測中，SNP 效應是指 SNP 對特定性狀或表型的預測貢獻，因此其對於了解和預測動植物複雜性狀的遺傳架構甚為重要。並且 SNP 效應是 GBLUP 和 SNP-BLUP 等模型的關鍵組成部分，這些模型在基因型數據的基礎上，利用 SNP 效應來預測個體的遺傳價值。而 GBLUP 和 SNP-BLUP，在某些條件下兩者是等效的。BLUPF90 中的 renumf90、preGSf90、blupf90+ 和 postGSf90 等套件可用於計算 基因組育種值 (GEBVs) 以及推導 SNP 效應 (Lourenco, 2024b)。

(七) 基因評估中的非附加性效應

非附加性基因效應包括顯性效應和上位效應，在基因評估模型中扮演重要的腳色，如圖 2。縱使遺傳效應基於實際的基因互動，但統計效應如顯性偏差則是捕捉群體中非附加性基因作用的殘差。統計顯性效應和上位效應有助於提高選擇過程中預測的準確性，因此 GBLUP 及 GDBLUP 等模型將非附加性基因效應納入其中，以實現更準確的基因評估 (Vitezica, 2024)。

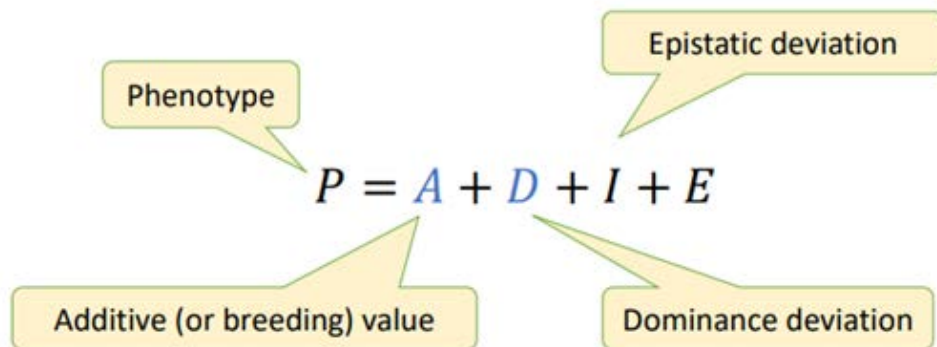


圖 2. 附加效應 (A)、非附加性效應包括顯性效應 (D) 與上位效應 (I) 及環境效應 (E) 與表型 (P) 的關係。

(八) 大規模基因體評估

隨著基因體數據資料規模的擴增，傳統的基因評估方法在計算能力上面臨限制，諸如大型矩陣的逆運算等需要大量的計算資源，如記憶體和資料處理能力。APY (Algorithm for Proven and Young) 演算法將基因型群體分為核心和非核心動物，從而更有效地計算基因組關係矩陣的逆矩陣 (G⁻¹)，此方法減輕計算負擔，使得分析巨量的數據成為可能。並且 APY 演算法已成功應用於大型家畜群體，為基因體選拔計畫的廣泛使用開啟了新的契機 (Lourenco, 2018b)。

三、肉牛雜交遺傳評估及耐逆境育種策略

(一) 美國肉牛育種相關研究簡述

美國肉牛育種始於 19 世紀，自歐洲引入的短角牛、赫里福牛 (Hereford) 與安格斯牛 (Angus)，應用其優秀的生長及肉質性能，迅速成為美國肉牛選育的基礎 (Barton and Wilkes, 1983)。進入 20 世紀，美國開始採用科學化的方式進行系統性的品種改良，並且 USDA 與其轄下之工作站針對各牛種的生產性能、營養需求與遺傳改進行深入的研究。近年來，因基因體學及分子生物技術的躍進，基因體選拔及遺傳評估被廣泛應用於肉牛育種 (Cole and VanRaden, 2014)。此外，面對全球淨零減碳及動物福祉的議題，肉牛育種將牛隻的碳排放量及與人類親近程度列為選拔目標，選育對於環境友善的肉牛品種，以維持肉牛產業的永續經營 (Lalman and Evers, 2010)。

(二) 肉牛雜交育種策略

於短期課程結束後，與任教於 UGA 的 Jorge Hidalgo 助理教授請益肉牛的雜交策略。墨西哥裔的 Hidalgo 助理教授專注於開發和應用針對大規模家畜基因體評估的統計方法，尤其在於雜交種牛隻群體的基因體評估、對於分類性狀 (categorical traits) 如疾病、死亡率及產犢容易度等的遺傳分析與牛隻耐熱性的基因體評估。此外，Hidalgo 教授亦參與墨西哥肉牛及山羊育種研究與育種資料庫的建置。

Hidalgo 教授以其過去建置肉牛育種資料的經驗提供許多建議，包括資料的收集與呈現，如可使用年度生產力 (annual productivity) 呈現肉牛的生產效率，其公式如下：

$$\text{年度生產力} = \frac{\text{仔牛離乳體重 (Kg)} \times 365}{\text{產犢間距 (天)}}$$

在肉牛雜交策略與耐逆境選育方面，Hidalgo 教授提到在地牛種通常具有較佳的穩健性 (robustness) 及繁殖力，而商用肉牛品種如安格斯牛與和牛則在生長表現、牛肉霜降程度及牛肉評級上有較佳的表現，因此利用雜交的方式獲得二者表現突出的部分是肉牛生產的關鍵。因此，可採行圖 3 所示之策略進行不同品種牛隻間的雜交，以獲得最佳的雜交優勢 (heterosis)。過程中依舊需要針對目標性狀如出生體重、離乳體重、耐熱能力、疾病發生率與對寄生蟲的抵抗力進行量測/監控，結合基因體 SNP 資訊，藉此獲知最佳基因組合型值，做為進一步進行基因體選拔的基礎。

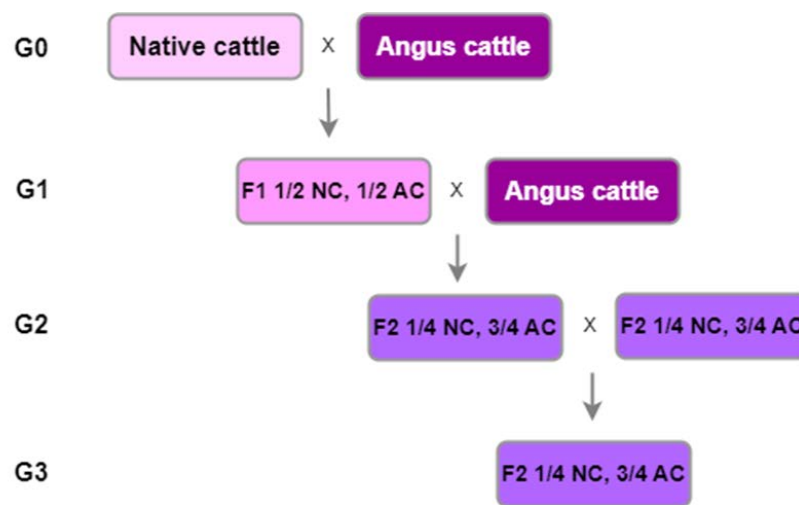


圖 3. 肉牛雜交策略，以本地牛 (Native cattle) 與安格斯牛雜交為例。

Hidalgo 教授表示目前美國主要的肉牛品種除了安格斯牛之外，亦有針對不同地區不同飼養管理模式及消費者需求所特有的雜交肉牛，如 Black-baldy 為安格斯牛與赫里福 (Hereford) 牛雜交而生，取其生長表現較純種安格斯牛為佳的特性。而為呼應動物福祉的課題，美國近五年來開始施行以安格斯公牛精液人工授精產乳表現較差的荷仕登母牛，如此所生之小公牛可做為肉牛，在經過肥育後獲得較佳的肉質表現，除可增加酪農收益，亦可使小公牛免於出生即被犧牲的命運。

四、整合表型、系譜與體學資料於提升乳牛選種精確度

在結束了喬治亞大學為期 5 週的行程後，前往位於印第安那州的普渡大學 (Purdue University)，其為創立於 1869 年的公立研究型大學，以傑出的農工學院聞名於世。此趟前來的目的是與 Dept. of Animal Science 的 Luiz Brito 教授請教有關乳牛遺傳評估及基因

體選種等相關問題，其研究遍及畜禽遺傳育種、族群多樣性分析、動物行為及福祉等領域，並與多國研究團隊均有合作。目前 Brito 教授的研究團隊中，成員包括了碩博士研究生、博士後研究員及新進助理教授共 25 人有餘，其中以巴西裔占大多數，除了是因為 Brito 教授本身為巴西裔大力提攜後進外，巴西近年畜牧業蓬勃發展，對於畜禽遺傳評估及育種計畫制定的需求孔急，具有規模的企業不惜以重金提供實習機會讓優秀學子至普渡大學取經。

在國際合作方面，Brito 教授與歐美重要動物遺傳育種研究團隊均有密切的合作，在筆者到訪期間即有幸參加 Brito 教授與荷蘭瓦赫寧根大學 Torsten Pook 資深研究員所合辦的「Simulation of Breeding Programs with the Modular Breeding Program Simulator (MoBPS)」工作坊。在為期 3 天的工作坊中，Pook 資深研究員演示了其所開發的育種計畫模擬軟體，在輸入動物種類、種公母比、選拔項目及選拔強度等資訊後，經由模擬器的運算預測此一族群的遺傳及經濟性狀改進量與所需花費的時間等結果，可做為實際施行育種計畫前的重要參考。此外，降低溫室氣體排放是世界各國需一起面對的挑戰，Brito 教授邀請來自丹麥的 Jan Lassen 博士，就其運用育種策略達到降低乳牛甲烷排放相關研究進行演講，其結合多體學、感應量測技術與人工智能分析來自 9,000 頭荷仕登乳牛、3,000 頭澤西乳牛與 1,000 頭丹麥紅牛的紀錄，做為針對甲烷排放進行基因體選種的基礎。

(一) 美國乳牛育種相關研究簡述

於 19 世紀，美國乳牛的主要品種為來自歐洲的荷仕登牛、澤西牛與更賽 (Guernsey) 牛，其乳量及乳成分的優良表現為美國酪農業奠定良好的基礎。進入 20 世紀，隨著生物技術的發展，在 USDA 的主導下，與各大乳品公司進行乳牛的性能測試，並建立乳牛遺傳評估系統 (Miller and Dziuk, 2000)。並且自 1960 年代施行乳牛人工授精起，系譜資料持續累積，生產繁殖等性能也藉由 DHI (dairy herd improvement) 計畫的執行留下紀錄，加上近年廣泛使用 SNP chip 針對畜群全面進行基因型鑑別 (genotype) 獲得大量的基因體資訊，而上述的系譜、性能表現及基因型資料由 CDCB 的資料庫統一彙整收納，並提供給研究人員進行進一步的分析研究。美國乳牛的育種目標全然以經濟利益為導向，運用育種計畫改良畜群表現，過去因遺傳多樣性窄化導致的繁殖問題已初步獲得改善，目前育種目標調整為延長乳牛長壽性 (longevity) 及降低牛隻跛足 (lameness) 發生率。在因應氣候變遷方面，因耐

熱等表現為動物個體全面的生理反應，並非單一或數個基因所能調控，故目前所採取的策略是由動物行為著手。藉由觀察牛隻在熱浪來襲時的行為表現，如焦躁、坐立難安或怡然自得、躺下休息，結合其生產表現如乳量及乳成分變化，了解個體對於高溫的耐受性，以此進行正向選拔，並且進一步運用基因體工具協助提升選拔正確度。目前乳牛的育種目標除了增進牛隻生產效率及產品品質，將更加重視動物福祉及乳牛產業與環境的永續發展。

(二) 參加「使用模組化育種計畫模擬器進行育種程序模擬」工作坊

為期 3 天的工作坊由荷蘭瓦赫寧根大學 Torsten Pook 資深研究員主講（圖 4），主要內容為如何使用 MoBPS 來模擬育種計畫，並在課堂上實際操作完成任務。

1. 育種計畫模擬器（MoBPS）簡介

MoBPS 為一個設計於模擬育種計畫的軟體環境，以 R 套件（R package）為基礎，模擬複雜的育種計畫。操作流程如圖 5A-F 所示。

2. MoBPS 的特性

- (1) 以 R 套件為基礎，使其具有高度靈活性，允許使用者針對客製化的育種計畫進行模擬，而可手動設置的項目包括育種價計算方式、性狀的選擇、不同的遺傳事件（如 QTL 的顯性、附加性及上位性效應或突變率）與處理種群動態（如交配、遷徙及遺傳瓶頸（genetic bottleneck））等。
- (2) MoBPS 因其可應用於各種物種及不同的育種目標，並且藉由育種計畫的模擬，了解畜禽的經濟效應及遺傳改盡量，故適用於模擬歷史種群、評估育種策略及優化育種計畫，使其成為畜禽遺傳研究和優化育種計畫的多功能工具（Pook et al., 2020）。
- (3) 有網頁版 MoBPSweb 可供選擇，具有使用者友好介面，使初學者易於入門，輕鬆輸入育種計畫並執行模擬程序（Pook et al., 2021）。
- (4) MoBPS 及其相關套件（如 miraculix、RandomFieldsUtils）附有詳盡的使用手冊，並可在 GitHub 上免費獲得。



圖 4. Brito 教授（左一）主辦之「使用模組化育種計畫模擬器進行育種程序模擬」工作坊，邀請 Torsten Pook 資深研究員（右二）主講。

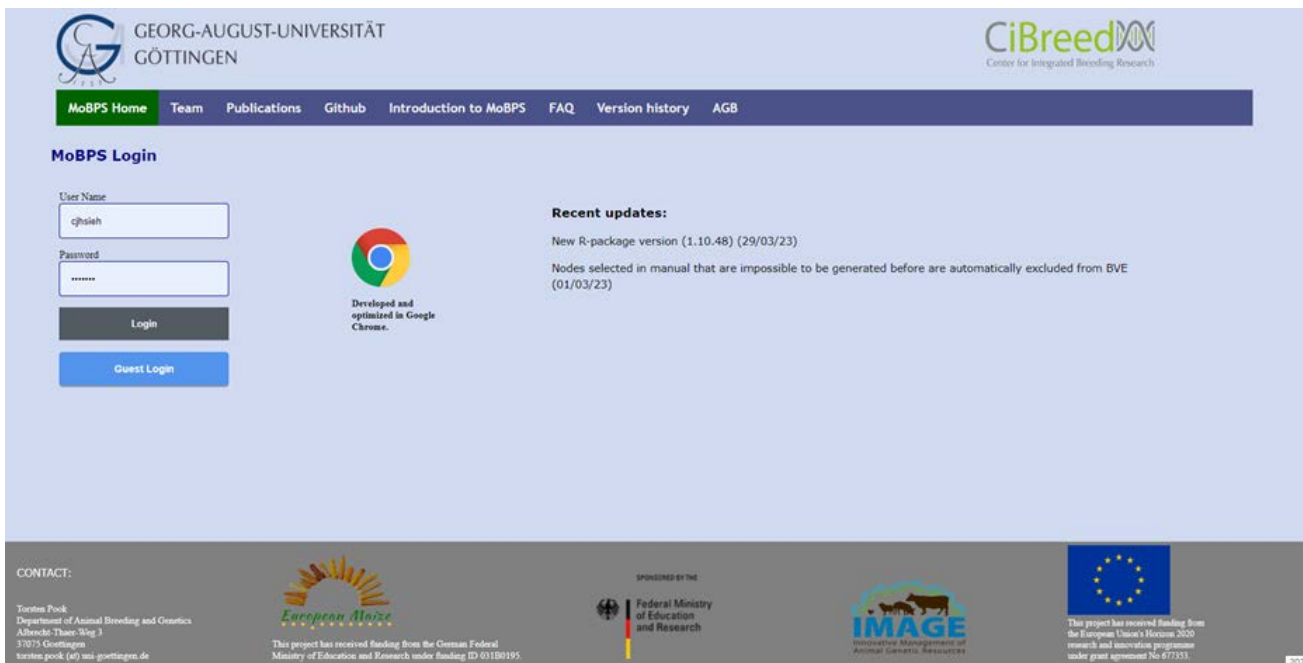


圖 5A. MoBPS 主頁。

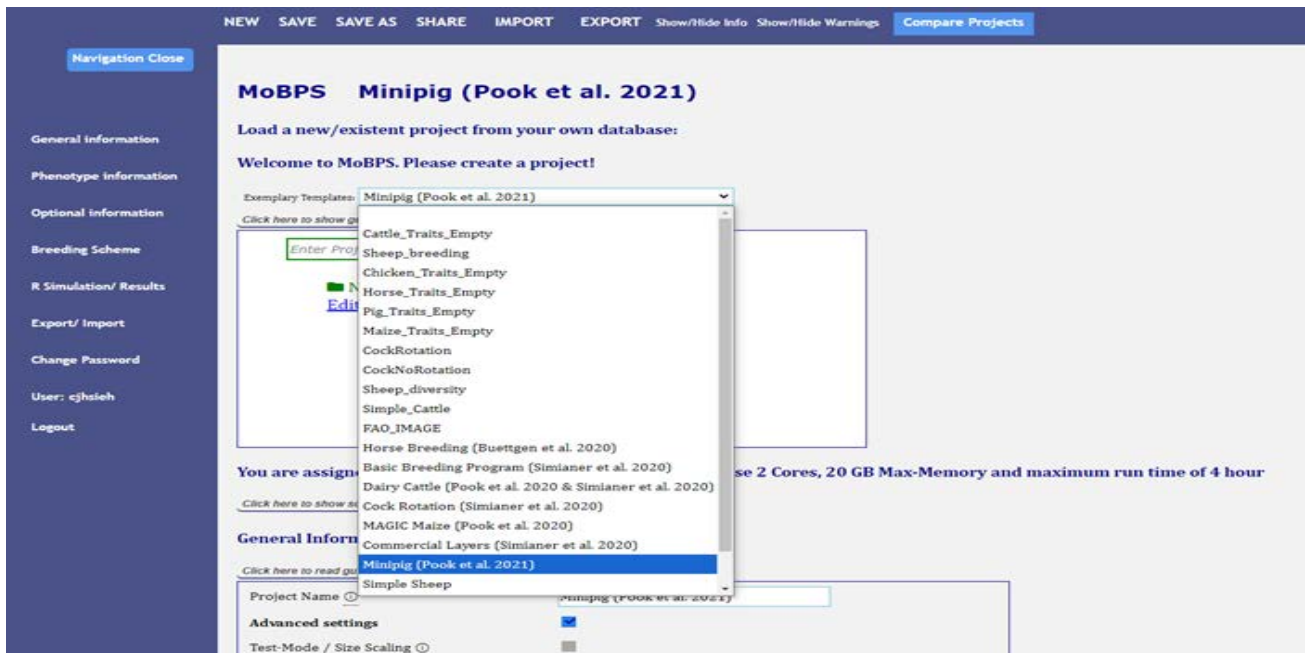


圖 5B. 選擇目標物種。

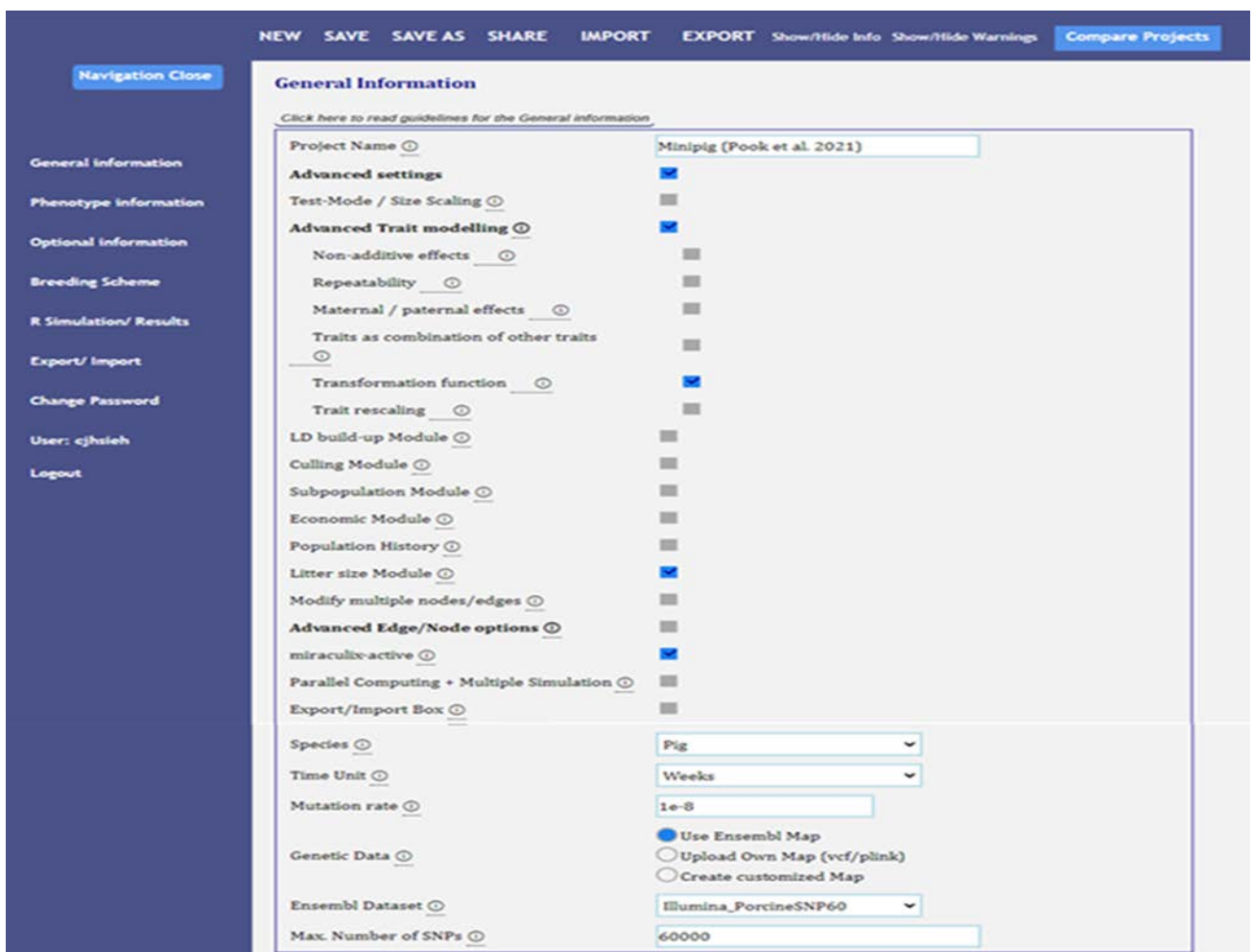


圖 5C. 輸入一般資訊。

NEW SAVE SAVE AS SHARE IMPORT EXPORT Show/Hide Info Show/Hide Warnings Compare Projects

Navigation Close

Phenotype Information

Press here to get info on how this module works!

Add new phenotype Show/Hide 3 phenotypes Show/Hide QTLs Show/Hide residual correlation Show/Hide genetic correlation

Phenotype	Unit	Pheno. Mean	Pheno. SD	Heritability	# Polygenic Loci	Major QTL	Value per unit (k)	Apply Transformation	Show Cor
Growth Trait		100	18.25	0.3	1000	0	0	function(x){return(x)}	<input checked="" type="checkbox"/> <input type="checkbox"/>
Teat count		100	1.58	0.3	1000	0	0	function(x){ if(x < q)	<input checked="" type="checkbox"/> <input type="checkbox"/>
Functional Tri		100	18.25	0.1	1000	0	0	function(x){return(x)}	<input checked="" type="checkbox"/> <input type="checkbox"/>

Residual Correlation

	Growth Trait	Teat count	Functional Trait
Growth Trait	1	0	0
Teat count	0	1	0
Functional Trait	0	0	1

Enter Phenotypic correlation instead of residual correlation

Genetic Correlation

	Growth Trait	Teat count	Functional Trait
Growth Trait	1	0	0
Teat count	0	1	0
Functional Trait	0	0	1

圖 5D. 輸入表型、基因型資料及其相關性資訊。

NEW SAVE SAVE AS SHARE IMPORT EXPORT Show/Hide Info Show/Hide Warnings Compare Projects

Navigation Close

Import correlation matrices via Excel/csv

Press here to get info on how this module works!

Select the type of Excel File:

Choose Excel File from Desktop: 未選擇任何檔案

Creating own Selection Indexes

Press here to get info on how this module works!

Type SI name:

SI	Growth Trait	Teat count	Functional Trait
Default Index	1	1	1
Non	0	0	0

SI	Standardization	Miesenberger-Scaling
Default Index	Per Genomic Value SD	<input type="checkbox"/>
Non	Per Genomic Value SD	<input type="checkbox"/>

Creating own Phenotyping Classes

Press here to get info on how this module works!

Type PhenoC name:

PhenoClass	Phenotyping Cost	Growth Trait	Teat count	Functional Trait
Fully phenotyped	0	1	1	1
Not phenotyped	0	0	0	0

圖 5E. 設定選拔指數。

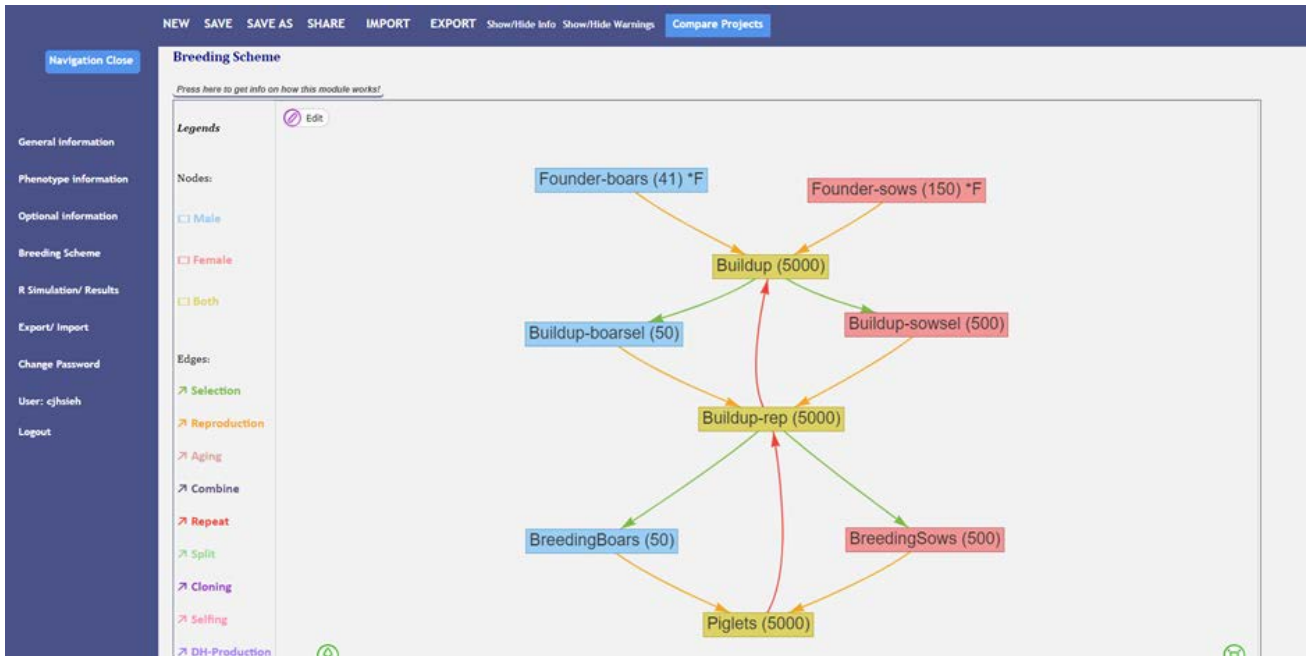
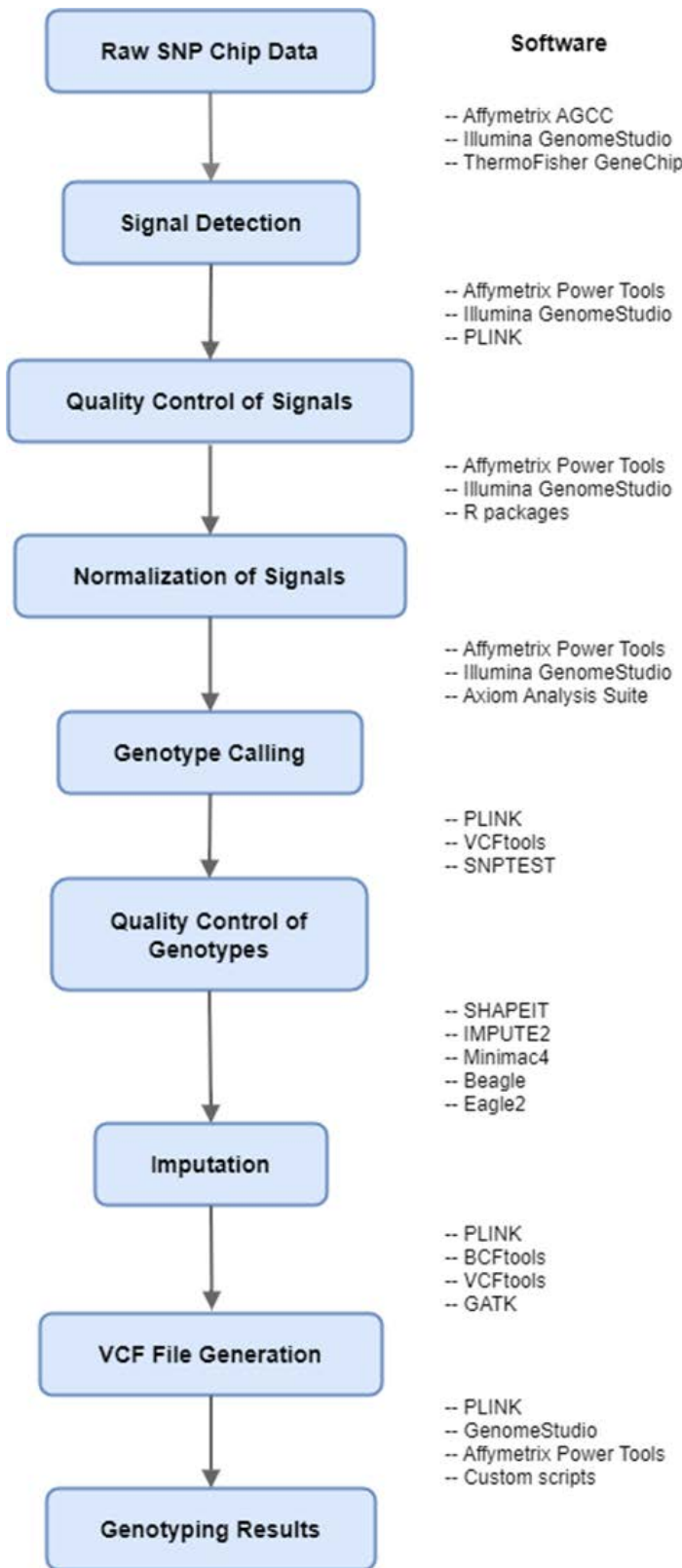


圖 5F. 模組化育種計畫模擬器模擬育種計畫操作流程 (A-F)。

(三) 乳牛表型、系譜及基因體資料整合與基因體預測



與 Brito 教授團隊成員 Hinayah Rojas de Oliveira 助理教授及 Henrique Mulim 博士後研究員討論如何處理乳牛基因體資料，並運用相關軟體/程式進行資料品質管制與整合。乳牛基因體原始資料處理流程如圖 6，首先依據所使用的 SNP chip 廠牌選用相對應的軟體讀取原始影像資料，接著以各廠牌軟體、PLINK 或 R 套件進行資料品質管制及標準化 (normalization)，再針對標準化後之資料進行基因型判定 (genotype calling)。初步完成基因型判定的資料需進一步進行品質管制，並可依據研究人員需求設定閾值進行過濾 (filtering)，確保數據品質。之後可藉由從資料庫所獲得的已知基因型資訊進行缺失值的填補 (imputation)，以推測和補充缺漏的基因型數據，提升數據的完整性。最後，生成 VCF 格式 (variant call format) 的檔案，此為可讀的文本文件格式，廣泛用於記錄 SNP、插入缺失變異 (insertion and deletion, INDELS) 與結構變異 (structural variants, SVs) 等基因變異相關數據，研究人員可應用 PLINK 或 R 套件等工具對此一格式資料進行進一步的全基因體關聯性分析。

圖 6. 基因體原始資料處理流程。

四、山羊遺傳改進及小規模族群選育模式

此次研習的最後一部份來到位於紐約州的康乃爾大學，其創建於 1865 年，為著名的常春藤聯盟成員之一。康乃爾大學動物科學系隸屬於農業與生命科學學院 (College of Agriculture and Life Sciences, CALS)，其於乳牛營養、生產管理與乳品加工上，位居全球乳業科學研究領導地位。美國的山羊產業規模甚小，相關研究人員多以乳肉牛研究為主，再兼行山羊及綿羊研究，因此面臨研究經費青黃不接的困境，無法針對美國境內山羊族群進行大規模的基因型鑑別及遺傳改進。此次來拜訪的 Heather Huson 副教授曾參與 USDA 於非洲馬拉威及烏干達等國進行農村山羊改良計畫 (African Goat Improvement Network)，協助當地羊農建立種群，並針對小規模山羊族群進行選育。因此，Huson 教授對於無法進行基因體選拔的小規模族群遺傳改進有豐富的實作經驗，並且其研究也對於山羊族群的遺傳多樣性分析多有著墨。

(一) 美國山羊產業簡述

相較於乳肉牛，山羊是最早在美國紮根的家畜。早在 16 世紀，來自歐洲的殖民者將家山羊帶到新大陸，而也因為山羊的適應能力佳，並藉生產奶、肉及皮革使其成為早期美國農業主要的家畜物種。自 19 世紀由土耳其引入安哥拉山羊生產高價的馬海毛 (mohair)，而德州成為美國安哥拉山羊的養殖中心。隨著更多山羊品種的引入，從 20 世紀起，阿爾拜因山羊 (Alpine goat)、努比亞山羊 (Nubian goat) 與撒能山羊 (Saanen goat) 等高產乳羊品種廣受歡迎。在 20 世紀後期，因傳統食用羊肉的族裔對於羊肉的需求增加，生長及肉質表現俱佳的波爾山羊 (Boer goat) 自南非引進後使美國肉羊生產更有效率。此時，保護傳統及稀有山羊品種的意識興起，所以維持山羊種群遺傳多樣性的相關研究也相繼啟動。進入 21 世紀，人工授精技術、基因檢測與基因選種應用於提升山羊的乳量、肉質與抗病能力等性狀。而隨著美國民眾對山羊產品的需求日益增加，與進口山羊產品的競爭加劇，因此美國山羊生產模式轉向有機與永續的飼養模式，強調動物福祉與草飼以建立市場區隔。

(二) 山羊遺傳改進及小規模族群選育模式

Huson 教授依據其參與非洲山羊改良計畫的經驗，對於台灣山羊族群受飼養規模限制而無法進行基因體選拔的現況，提出針對小規模族群遺傳改進的策略及種群遺傳多樣性分析方法。因台灣山羊尚未有基因體資料可以使用，所以特別仰賴系譜資料及表型資料，但是這些以人工輸入的資料出現重號、重複與缺漏在所難免，因

此於分析資料前進行資料品質管制格外重要。而 R 語言因其功能強大且靈活的特性，被廣泛應用在遺傳育種資料前處理，使用 R 語言下達指令進行資料整理，以系譜資料 (pedigree_data) 及表型資料 (phenotype_data) 為例，可使用

```
 duplicated_ids <- pedigree_data[duplicated(pedigree_data$ID), ]  
 print(duplicated_ids)
```

檢查 ID 是否有重複或使用

```
 duplicated_rows <- pedigree_data[duplicated(pedigree_data), ]  
 print(duplicated_rows)
```

檢查整行資料是否重複及使用

```
 colSums(is.na(pedigree_data))
```

檢查缺漏值，並可以使用

```
 missing_ids <- pedigree_data$ID[!pedigree_data$ID %in% phenotype_data$ID]  
 print(missing_ids)
```

檢查系譜資料中的個體是否都存在於表型資料中。如此藉由 R 語言有效整理和清理資料，可提高分析的正確性和效率。

(三) 山羊族群遺傳多樣性分析

畜產試驗所為維護台灣山羊種原遺傳多樣性，曾蒐羅台灣各地區山羊族群，穩定其遺傳與性狀表現後，於 2014 年分別完成台灣黑山羊恆春品系 (Taiwan Black Goat-Hengchun Line, TG_HC) 與花蓮品系 (Taiwan Black Goat-Hualien Line, TG_HL) 之命名登記申請，並且為了改良山羊體型，於 2014 年及 2015 年分別完成吉安山羊 (Jian Goat, JA) 及墾丁山羊 (Kenting Goat, KG) 之命名登記申請 (圖 7)，並以此為基礎向 Huson 教授請教如何分析山羊種原遺傳結構變化。

首先，在比較山羊保種族群遺傳多樣性變化上，利用 7 組微衛星標記分析畜產試驗所南區分所恆春場區 2012 年與 2022 年台灣黑山羊恆春品系族群間之遺傳結構變化，使用 R 語言將微衛星標記分析結果繪製成主成分分析 (principal component analysis) 圖如圖 8，視覺化呈現分析結果有助於初步了解兩個族群的遺傳多樣性差異。Huson 教授建議使用 STRUCTURE 分析更進一步的洞悉族群的遺傳組成，並藉由各項遺傳參數的計算，如族群近交係數 (Inbreeding coefficient, F_{IS}) 及族群分化指數 (Fixation index, F_{ST}) 來了解族群的分化程度。

此外，基於遺傳多樣性維護及種原固定需求，將畜試所選育的 4 個黑山羊品種品系進行遺傳多樣性比較，各品種之來源與其選育流程如圖 9。依據 16 組微衛星標記分析結果繪製之主成分分析結果如圖 X，結果顯示 TG_HC 及 TG_HL 在遺傳多樣性上確有差異，而由 TG_HL 與努比亞山羊雜交選育而出的 JA 與 TG_HL 的關係較近，而 KG 具有波爾山羊的血統使其與其他族群的遺傳多樣性差距較大。Huson 教授在此建議可將各品種山羊的表型，如體重等體測資料加入討論，以凸顯選育的成效；並且應了解這些微衛星標記在純種波爾山羊及努比亞山羊中的表現，以了解其品種效應。

而在山羊性能遺傳改進方面，以提升努比亞山羊族群胎仔數為例，Huson 教授提出資料收集的重要性，尤其在針對繁殖相關性狀的改良上，除了母羊的胎次及當胎的胎仔數，仔羊出生體重、出生後活仔數、離乳體重與離乳後存活率亦是影響生產效率的關鍵，需要加以追蹤。在選拔策略上，對於民間商業羊場要避免負向選拔，因眼前的利益將表現最佳的羊隻出售，將會造成羊場本身最後無羊可選的窘境。並且雖然基因體選拔已被廣泛應用於山羊選育，但如族群過小，貿然依據基因體資料分析結果汰選羊隻，易發生偏誤；但此並非表示基因體選拔不重要，而是更需要累積足夠的基因體資料，以便之後結合表型與系譜資料進行基因體選拔及基因體育測等工作，提升羊隻選拔精確度及效率。



圖 7. 畜產試驗所選育之黑山羊品種，台灣黑山羊恆春品系（Taiwan Black Goat-Hengchun Line）、花蓮品系（Taiwan Black Goat-Hualien Line）、墾丁山羊（Kenting Goat）及吉安山羊（Jian Goat）。

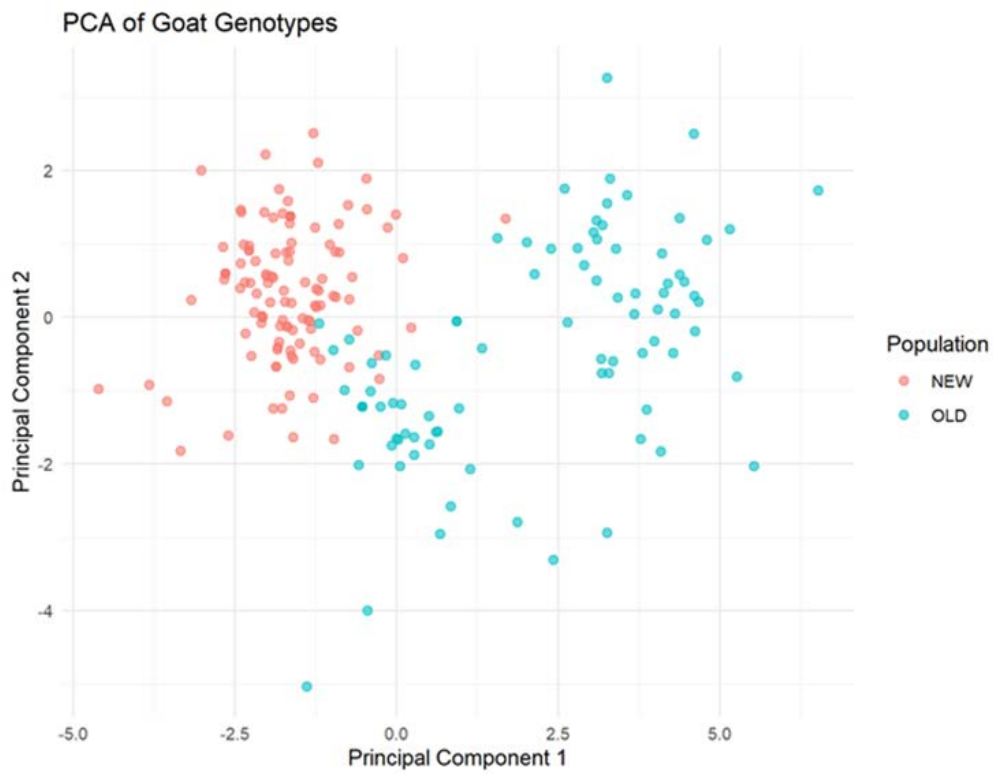


圖 8. 2012 年 (OLD) 與 2022 年 (NEW) 台灣黑山羊恆春品系族群微衛星標記 PCA 分析結果，顯示族群間的遺傳結構變化。

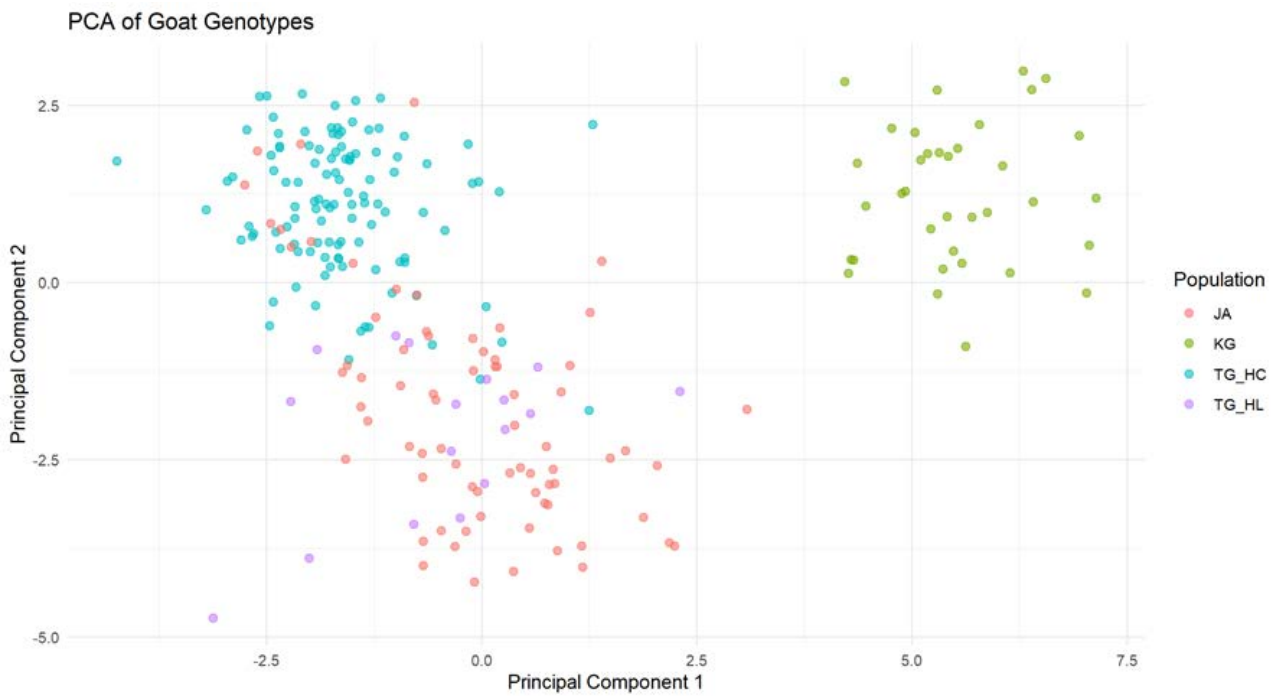


圖 9. 畜產試驗所 4 個黑山羊品種品系進行遺傳多樣性比較，吉安山羊 (JA)、墾丁山羊 (KG)、台灣黑山羊恆春品系 (TG_HC) 及花蓮品系 (TG_HL)。

在康乃爾大學停留期間，獲邀參加 Huson 教授的研究團隊討論會議，於會中分享目前台灣山羊產業概況及育種相關研究。並與博士後研究員 Srikanth Krishnamoorthy 交流，其在 R 語言腳本撰寫及套件應用於主成分分析及系譜繪製提供諸多協助，與其討論次世代定序 (Next-generation sequencing, NGS) 及全基因體定序 (Whole genome sequencing, WGS) 技術於畜禽育種上的應用，獲益良多。

(四) R 在家畜禽遺傳育種研究上的應用

1. 基因體預測和基因體選拔

R 可以用於進行基因型數據的品質控制、遺傳評估模型的構建以及預測模型的驗證。R 中有許多專用的套件，如 rrBLUP、MCMCgblmm、ASReml-R 及 GenABEL 等，可用於執行 single-step GBLUP，其為基因體預測及基因體選拔的重要工具。

2. 各項遺傳參數計算及系譜分析

R 語言可以進行遺傳參數的估計，評估不同性狀的育種價及遺傳相關性等，運用 lme4、sommer 及 pedigree 等套件，建立混合模型，以計算遺傳參數與分析系譜。

3. 遺傳標記和連鎖不平衡分析

R 語言可用於遺傳標記的篩選和連鎖不平衡分析中，LDheatmap 和 genetics 等套件可用於 LD 的計算和可視化，qtl 套件則是專門用於 QTL 定位，幫助識別與特定性狀相關的基因組區域。

4. 基因體數據的處理

R 語言支持多種基因組數據格式的讀取和處理，如 R 中的 data.table、tidyverse 等數據處理套件可以快速高效地處理大規模基因組數據。

5. 資料視覺化的工具

數據的視覺化有助於研究者理解數據模式和發現潛在的遺傳關係，R 語言中多個套件幫助分析遺傳數據，透過 PCA 形式或視覺化圖形，讓使用者更好地理解動物育種程序中的遺傳結構和關係。常用的視覺化套件如下：

(1) ggplot2：用於創建複雜和自訂的視覺化圖形，對於繪製遺傳數據、表現型分佈和基因組分析結果至關重要。

(2) adegenet：專為遺傳數據分析設計，對於視覺化動物族群內的遺傳關係和多樣性非常有用。

- (3) pheatmap：用於創建熱圖，可視覺化遺傳相關矩陣、SNP 數據和基因組關係矩陣。
- (4) prcomp (base R)：執行主成分分析功能，用於遺傳和表現型數據，幫助識別模式、結構和變異來源。
- (5) gplots：提供多種視覺化工具，包括熱圖和增強的散佈圖，可用於探索和解釋育種研究中的遺傳數據。

六、其他交流

於 UGA 暑期課程期間結識來自世界各國重要動物育種研究單位及學校，如法國 National Research Institute for Agriculture, Food and the Environment (INRAe)、美國 Wisconsin University 與荷蘭 Wageningen University 等之研究人員及學生，與其交流的過程中深刻體會到畜禽育種已經邁入一個新的紀元。面對氣候變遷及降低溫室氣體排放等挑戰，各國在優質家畜育種上皆朝向跨領域合作，集結動物育種、動物行為、動物福祉、數據處理、資料庫建置、人工智慧、監測技術專業人員；再運用感應器、熱影像處理與 3D 攝影等技術進行數位資料收集，並將此種新穎的資料樣態稱為數位性狀(digital traits)。這些技術除了使表型的量測能更加精確及細緻外，更重要的是可以偵測及記錄動物行為的變化，以其結合生產表現進行分析，進而了解動物的抗熱能力與對環境變化的耐受性。這些非侵入式的資料收集方式能即時的獲得動物對於環境變化的反應，也避免了在採樣時引起動物的緊迫而導致的誤差，兼顧動物福祉與資料收集效率。而如此規模的計畫，絕非一個研究人員可獨立完成的，需要進行團隊合作方能達成。



圖 10. 於 UGA 短期課程後，全體師生合影。

在普渡大學於 Brito 教授的引薦下，與 Allen Schinckel 教授就豬隻育種及美國養豬產業現況進行交流。Schinckel 教授的研究目標在於通過遺傳改進提升豬隻瘦肉率，並優化最佳的營養和環境條件，以最大化瘦肉生產效率。Schinckel 教授以瘦肉生長速率、攝食量及屠體組成相關基因基因型為基礎，運用統計方法提高生長曲線的準確性，並減少基因型預測的偏差。此外，Schinckel 教授也進行替代雜交及品系內遺傳評估系統的建置，以獲得最大的遺傳改進量。

Schinckel 教授表示近年來美國在母豬選育上，除了注重生長及飼料效率的提升，窩仔數調整為母豬與仔豬間能達到平衡的每胎 14 至 16 頭為佳。因為過高的窩仔數造成仔豬出生重過低（低於 1.0 Kg），而這些仔豬不同程度的患有子宮內生長受限（Intra-uterine growth restriction, IUGR）的徵狀，並且因仔豬過多，母豬初乳不足供應仔豬攝取，亦是導致仔豬離乳前存活率低落的原因。最終，每損失一頭仔豬將減少收益約 30 美金。在公豬育種方面，著重於生長表現、飼料效率、肉質包括肉色及滴水失重與跛足的選拔。Schinckel 教授做為全國豬隻檢定與遺傳評估系統（Swine Testing and Genetic Evaluation System, STAGES™）創始人，提到 1980 年代末期，美國施行中央檢定站的制度，但隨著養豬產業規模化與生物安全考量，此制度逐漸被淘汰。目前豬隻育種公司普遍使用 50K

SNP chip 進行種豬的基因型分析，接著以 ssBLUP 進行遺傳評估，針對不同的選育目標採行不同的育種策略。對於豬隻熱緊迫的因應上，Schinckel 教授與南卡羅萊納州的商業種豬場合作，進行冷卻墊（cooling pad）的開發，在母豬欄內鋪設冷卻墊，藉由墊內循環水散熱，降低母豬因高溫不適移動翻身而壓傷仔豬的機會。Schinckel 教授也指出，提高肉豬的瘦肉率會相對地降低豬隻對於熱緊迫的耐受性，是在飼養管理上值得注意的。

在美國養豬產業方面，2023 年美國計有 290 萬噸豬肉外銷，占美國豬肉總產量的 29.6%，鄰國墨西哥為最大進口國，日本次之。過去美國肉豬生產並不特別強調霜降評分（marbling score），一般豬肉的霜降評分落於 1.75 至 2.00 分，肉色評分為 3，而為了因應日本市場對於高霜降程度（霜降評分大於 3）及深肉色（肉色評分為 5）的需求，調整豬隻品種及飼養管理模式。

在普渡大學短暫停留期間，團隊成員們雖然各自有不同的目標物種及不同的研究課題，但在遭遇程式設計及編碼或各種遺傳評估及基因體預測運算的困境時，隨時可與身邊的同儕討論，並在解決問題的過程中蹦出新火花，著實令人羨慕。



圖 11. 與 Allen Schinckel 教授請益美國豬隻育種及養豬產業現況。

參、心得與建議

- 一、育種是一個需要長時間系統性累積資料的工作，依據 2023 年 USDA 農業統計年報結果顯示美國肉牛及乳牛的在養頭數分別約 2,900 萬頭及 900 萬頭，不可諱言美國在資料的累積上有得天獨厚的優勢，使其在家畜性能改良上游刃有餘。台灣囿於產業規模，動物數量有限，2024 年農業部第一季畜禽統計調查結果顯示肉牛、乳牛及山羊在養頭數分別為 3.1 萬、12.2 萬及 11.8 萬頭，且除了乳牛外，肉牛及山羊產業並無有系統的收集各項資料的情況下，尚無足夠的資訊可支持基因體預測的進行。因此，啟動台灣反芻動物族群的系譜建置及性能表現等資料收集工作刻不容緩。
- 二、在與各國家畜育種研究人員交流後，眾人對台灣研究人員需要從試驗規劃、動物飼養管理、資料收集與資料分析一手包辦感到意外。秉持「術業有專攻」的原則，美國、法國及荷蘭在育種研究上的分工細膩，尤其在導入跨領域的合作後，從現場的動物飼養、實驗室內的 DNA 萃取及基因型分析與資料庫建置及資料分析，每人各司其職專注於手上的工作，但團隊成員亦能相互討論分享資源，以創造最大研究成果為共同的目標。然而，目前台灣家畜育種計畫多以科技計畫型態執行，在有限的經費下由研究人員單打獨鬥，在 3 至 4 年的期限內即須有實質產出。並且，隨著計畫的變動，育種計畫的執行可能被迫中止，因此為求績效產出，迫使家畜育種研究淺碟化，此惡性循環將使台灣家畜育種研究無以為繼。
- 三、近年因基因體資訊的導入，提升了家畜選育的正確度及效率，但也相對提高資料分析的難度。資料的讀取及前處理、品質管制、遺傳參數運算與進階分析都需要藉由不同的程式來進行，如何串接各程式進行演算並獲得正確的結果各有巧門。各國研究人員多熟習電腦程式語言並具備程式設計（programming）及編碼（coding）的基本能力，使其對於各種遺傳評估、基因體預測及 GWAS（genome wide association analysis）的運算如信手捻來。他們也坦言初跨入程式設計與編碼領域會有一段陣痛期，但可透過網路平台如 GitHub 與各方高手即時討論，有助於突破困境。因此，強化畜禽育種研究人員對於電腦程式語言如 Fortran、Python 及 SQL，與資料處理分析相關工具如 R、PLINK 及 BLUPf90 的知識與技能是必須的。
- 四、氣候變遷是世界各國需一起面對的挑戰，跨地域的合作將能達到事半功倍的效果，如北歐三國包括丹麥、挪威與瑞典即跨國合作進行不同地域乳牛性能表現差異比較，藉以選

拔最適合當地的乳牛族群。台灣自詡進行家畜耐熱選育多年，更應該與東南亞各國如菲律賓、越南及泰國進行合作，除可驗證台灣家畜耐熱能力，亦是推廣台灣優質家畜與提升台灣種畜國際競爭力之良機。

伍、參考文獻

- Barton, J. S., and J. A. Wilkes. 1983. A history of beef cattle breeding in the United States. *Journal of Animal Science* 56(2) 452-458
- BLUPF90 TEAM. 2018. Using BLUPF90. Accessed Aug. 8, 2024. https://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_2018.pdf
- BLUPF90 TEAM. 2002. REMLF90 Manual. Accessed Aug. 8, 2024. <https://nce.ads.uga.edu/~ignacy/numpub/blupf90/docs/remlf90.pdf>
- Cole, J. B., and P. M. VanRaden. 2014. Genomic selection in dairy cattle: The USDA experience. *Journal of Dairy Science* 97(5) 3293-3302
- de Lima, L. G., N. O. B. de Souza, R. R. Rios, B. A. de Melo, L. T. A. dos Santos, K. de Moraes Silva, T. W. Murphy, and A. B. Fraga. 2020. Advances in molecular genetic techniques applied to selection for litter size in goats (*Capra hircus*): A review. *J. Appl. Anim. Res.* 48: 38-44
- Fragomeni, B. O., D. A. L. Lourenco¹, Y. Masuda, A. Legarra and I. Misztal. 2017. Incorporation of causative quantitative trait nucleotides in single-step GBLUP. *Genet. Sel. Evol.* 49:59.
- Lalman, D. L., and T. J. Evers. 2010. Advancements in beef cattle production and management. *Journal of Animal Science* 88(7) 2614-2622
- Legarra, A. 2018. Models for Genomic selection. INRA, France.
- Legarra, A., D. Lourenco, and Vitezica. 2018. Bases for Genomic Prediction. Accessed Aug. 8, 2024. <https://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=gsip.pdf>
- Lourenco, D., 2018. The promise of genomics for animal improvement. Accessed Aug. 8, 2024. https://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=lourenco_course2018_day11.pdf
- Lourenco, D. 2018. How large-scale genomic evaluations are possible. Accessed Aug. 8, 2024. https://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=lourenco_pag2017_day14.pdf

- Lourenco, D., and I. Aguilar. 2023. Introduction to BLUPF90 software suite. Accessed Aug. 8, 2024. https://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_day3_1_une.pdf
- Lourenco, D. 2024. Creating genomic relationship matrices with preGSf90. Accessed Aug. 8, 2024. https://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=pregs_day13_2024_short.pdf
- Lourenco, D. 2024. SNP effects from ssGBLUP using BLUPF90 (postGSf90). Accessed Aug. 8, 2024. https://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=snp_effects_day14_2024_new.pdf
- Lourenco, D., and I. Aguilar. 2024. Introduction to RENUMF9. Accessed Aug. 8, 2024. https://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=renumf90_day10_2024.pdf
- Lourenco, D., and I. Aguilar. 2024. Quality control of SNP data with preGSf90 or qcf90. Accessed Aug. 8, 2024. https://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=pregsqc_day11_2024.pdf
- Miller, R. H., and P. J. Dziuk. 2000. Advancements in dairy cattle breeding and genetics. *Journal of Dairy Science* 83(12) 2946-2955
- Misztal, I., S. Tsuruta, D. Lourenco, Y. Masuda, I. Aguilar, A. Legarra, and Z. Vitezica. 2024. Manual for BLUPF90 family of programs. University of Georgia, Athens, USA.
- Pook, T., L. Büttgen, A. Ganesan, N-T Ha, and H. Simianer. 2021. MoBPSweb: A web-based framework to simulate and compare breeding programs. *G3: Genes, Genomes, Genetics* 11(2): jkab023
- Pook, T., M. Schlather, and H. Simianer. 2020 MoBPS - Modular Breeding Program Simulator. *G3: Genes, Genomes, Genetics* 10: 1915-1918
- Vitezica, G. Z. 2024. Non-additive effects in the genetic evaluation. Accessed Aug. 8, 2024. https://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=dominance_uga2024.pdf