

出國報告（出國類別：研究）

研習法國豬隻育種及生產相關技術

服務機關：行政院農業委員會畜產試驗所

姓名職稱：彭麟量 助理研究員

派赴國家：法國

出國期間：111 年 9 月 17 日至 111 年 10 月 4 日

報告日期：111 年 11 月 22 日

摘要

法國國家農業食品環境研究院 (French National Research Institute for Agriculture, Food & Environment, INRAE) 為重要的農業研究機構，具有長年累積之動物育種及生產相關技術開發經驗，本次前往 INRAE 位於土魯斯的遺傳生理和育種系統研究中心 (Génétique Physiologie et Systèmes d'Élevage, GenPhySE) 與位於雷恩的動物和畜牧系統生理學、環境和遺傳學研究中心 (Physiology, Environment, and Genetics for the Animal and Livestock Systems, PEGASE) 及位於 Jouy-en-Josas 的研究中心，針對豬隻選育方法 (如：基因型選育、分子標記選育、數量性狀基因座及全基因組關聯性分析)、遺傳評估 (如：基因組育種價演算) 等項目進行研習，同時了解法國在育種或生產領域相關發展經驗，並進行意見交流，以茲我國借鏡及學習觀摩，有助於提升我國豬隻育種及生產相關技術之研究開發量能，奠定未來合作的根基。

目次

壹、目的	1
貳、過程	1
一、計畫行程	1
二、內容重點	2
(一) 前言	2
(二) 遺傳評估 (育種價及基因組育種價估算)	3
(三) 全基因組關聯性分析	4
(四) 提升飼料效率選育研究交流討論	4
(五) 地方性豬隻研究交流討論	5
(六) 豬隻性能檢定站參訪	6
(七) INRAE 實驗室參訪	7
(八) 其他交流討論情形	7
參、心得與建議	
一、心得	8
二、建議	9
肆、參考文獻	9
伍、附件	11

壹、目的

- 一、赴 INRAE 研習豬隻數量性狀、遺傳評估(育種價及基因組育種價估算)分析技術及討論交流豬隻選育與生產相關研究，以助於精進未來國內育種及生產相關技術之研究及開發。
- 二、與 INRAE 學者建立聯繫窗口，利於未來相關領域之研究交流及合作。

貳、過程

一、計畫行程

本次計畫在東海大學陳怡蓁老師的引薦下，順利與 INRAE 遺傳評估研究領域的專家學者 Dr. Catherine Larzul 聯繫，計畫行程表如下：

日期	起訖地點	活動內容
9/17-18	台灣桃園機場-土耳其伊斯坦堡-法國土魯斯	由桃園機場搭乘 TK0025 班機前往土耳其伊斯坦堡，轉機 TK1803 至法國土魯斯
9/19-23	法國土魯斯	於土魯斯 INRAE GenPhySE 研究中心進行遺傳評估研習及基因組分析應用等議題討論
9/24	法國土魯斯	
9/25	法國土魯斯-法國雷恩	搭飛機前往法國雷恩
9/26	法國雷恩	於雷恩 INRAE PEGASE 研究中心進行育種、地方性豬種及熱緊迫等議題進行交流討論
9/27	法國雷恩-法國巴黎	參訪位於法國雷恩 Le Rheu 豬隻性能檢定設施及搭高鐵前往巴黎
9/28-30	法國巴黎	於巴黎近郊 (Jouy-en-Josas) 研究中心進行選育、基因多樣性及微生物群相等議題交流討論
10/1-2	法國巴黎	
10/3-4	法國巴黎-台灣桃園機場	由法國戴高樂機場搭乘 BR0088 班機返回台灣桃園機場

二、 內容重點

(一)前言

在豬隻育種上，台灣過去藉由建立種豬登錄、中央檢定、種豬場評鑑、核心豬群等育種制度，在育種領域已表現出不錯的成績，而於豬隻飼養生產技術上，亦多次汲取歐洲、美國等先進國家的優良經驗，力求精進生產技術，提升整體生產效能，但隨著科技及技術的不斷進步，相關育種評估方式及飼養生產技術仍持續在創新及改進，政府近年來推動新南向政策及完成口蹄疫非疫區的工作，已為台灣養豬產業出口奠定了利基，但在豬隻育種及生產技術開發的工作勢必要再予提升，以增加產業整體之競爭力。藉由本次赴 INREA 的交流機會，學習有關育種評估的新方法，期能促進雙方研究成果交流並奠定未來合作的根基。

隨著分子生物技術的不斷進步，與動物經濟性狀有關的分子標記陸續的發現，運用分子標記輔助選育可縮短世代間距，提升選拔效率。而我國在基因標記輔助選育的技術上，顏等（2009）文獻統整現行已開發之基因標記，如緊迫基因、多產基因、高肉質基因、造骨蛋白基因及微衛星型等遺傳標記已廣泛運用。然現行基因選種的方式仍侷限於少數基因及 SNP 位點，林等（2010）報告建議應更進一步地對基因組選育方式進行研發。在數量性狀基因座定位（mapping quantitative traits locus）研究中，目前已在發現許多染色體上之標記與經濟性狀具有關聯性，如 Sanchez *et al.*（2007）研究，使用杜洛克及大白豬雜交品種豬隻進行試驗，確認相關數量基因座對其肌肉脂肪含量性狀之影響。

在基因組的研究中，Schook *et al.*（2005）亦建構豬隻基因體序列，然隨著 DNA 定序技術的精進、電腦處理能力的進步及 SNP 基因晶片的發展，基因組分析所需費用門檻降低，有關分子標記開發研究更進一步採用全基因組關聯性分析（genome wide association studies, GWAS），嘗試藉由更全面的基因組資訊找出與特定經濟性狀具有關聯的重要標記。

育種價是選拔的重要參考指標，利用系譜及性狀表現資料進行最佳線性無偏差估計（best linear unbiased prediction, BLUP），可計算育種價估值（estimated breeding value, EBV），隨者分子生物技術的進步，SNP 晶片基因型分型技術價格降低及分析技術成熟，SNP 晶片基因型分型資訊亦被應用於遺傳評估，VanRaden（2008）提出利用基因型分型資訊及性狀表現資料進行基因組最佳線性無偏差估計（genomic

best linear unbiased prediction, GBLUP), 計算出基因組育種價估值 (genomic estimated breeding value, GEBV), Misztal *et al.*, (2009) 再更進一步將系譜、基因型分型及性狀表現資料整合進行育種價的評估, 以 single-step genomic best linear unbiased prediction, ssGBLUP) 進行育種價的估算方法已被運用於各物種的遺傳評估中, 並提高了育種價估算的準確度。Tusell *et al.*, (2016) 利用系譜及基因組資訊提出了遺傳評估模型, 提高了雜交育種遺傳評估的準確性, 然我國近年來亦有針對運用基因組資訊進行遺傳評估或分子標記開發之相關研究, 仍有需再精進之處。因此, 本計畫目的為赴 INRAE 研習豬隻數量性狀、遺傳評估 (育種價及基因組育種價估算) 等分析技術及討論交流豬隻選育與生產相關研究, 以助於精進國內相關領域之研究與開發, 並與 INRAE 學者建立聯繫窗口, 利於未來研究交流及合作。

(二) 遺傳評估 (育種價及基因組育種價估算)

本次研習主要與任職於 INRAE GenPhySE 的 Dr. Catherine Larzul 聯絡並安排行程, 因此首站便是前往其位於土魯斯辦公區進行研習, Dr. Catherine Larzul 主要研究領域是遺傳評估相關研究, 本次與其進行研習項目包含了系譜資料的編輯整理、性狀表現資料檢視整理、基因組資訊的檢視整理、統計模式的介紹及 BLUPF90 軟體 (renumf90, blupf90 及 blupf90+ 等) 的使用操作等項目。

本次研習項目操作之電腦係以 Linux 為作業系統, 其命令提示字元及操作介面是首先須熟悉的第一件事, 雖然在出發前已有先嘗試 Linux 作業系統的使用, 但在實際操作時仍嫌不足, 如對指令的使用熟悉度、指令的功能及外加程式的使用, 都是需要在進一步學習的地方。研習過程中, Dr. Catherine Larzul 首先及強調資料品質管控的重要性, 以確保分析結果的準確性, 以 INRAE 為例, 試驗站所收集的系譜及性狀表現資料, 會有專人進行管理並針對有疑義的資料進行除錯工作, 以確保資料庫內的資料品質, 而研究人員在使用這些資料時, 亦會對資料品質進行控管確認, 對資料處理具有嚴謹的研究態度。遺傳評估的研習, Dr. Catherine Larzul 以 BLUPF90 的使用為主, 藉由範例的解說讓我知道如何去建立程式所需的格式檔案及參數檔案, 以利程式運算進行, 因應不同的動物統計模式, 參數檔的設定會有不同, 因僅有 2 周的研習時間, 無法針對所有的統計模式進行說明, 因此, Dr. Catherine Larzul 建議我未來應多加了解各種統計模式的假設及其優劣, 以利找出適合自己研究主題的分析方式。

研習使用傳統系譜及性狀表現資料，以 BLUPF90 軟體進行育種價估算完成後，近一步即是利用基因型分型資料進行基因組育種價估值（GEBV）計算，Dr. Larzul 提供 60K SNP 基因型分型資料讓我進行實作，60K SNP 基因型分型原始資料量較多，因此須搭配一些程式軟體進行資料檢視及整理，相關操作主要 Linux 內建指令及外加套裝軟體，並搭配 PLINK（Purcell et al., 2007）軟體進行，以利後續分析及基因組育種價估值計算。Dr. Catherine Larzul 在研習中也提到，以法國來說，因為 60K SNP 基因型分型技術成熟及分析價格降低，許多研究計畫已可負擔其費用，因此，使用基因組的資料進行分析在法國已經相當普遍，甚至於一起合作開發更合適於研究豬群的晶片，讓晶片分析的結果能帶來更多的效益。

(三)全基因組關聯性分析

本次研習因行程緊湊，全基因組關聯性分析流程上係以概念性的說明為主，主要係以 PLINK 軟體搭配 R 統計軟體，R 統計軟體為開源程式，編輯自由度高，具有許多套件可供安裝以作分析使用，在統計分析、繪圖及資料探勘上皆可應用。進入全基因組關聯性分析前，基因型分型資料需進行品質管控，如 animal call rate 及 SNP call rate 必須達一定標準才會採用（通常為 95%以上）；而分析資料在次要等位基因頻率（minor allele frequency, MAF）門檻設定上，通常會剔除 MAF 小於 5%的資料，因為使用混合族群設計的晶片，MAF 小於 5%代表該 SNP 在該族群沒什麼變異或是沒有幫助的突變。此外，基因組分析資料還須檢視哈溫平衡、雜合度及系譜確認等工作，以利後續分析作業，並繪製 Manhattan plot 及獲得可靠的試驗結果。

(四)提升飼料效率選育研究交流討論

飼料費一直是畜牧生產的重要成本，如何提升畜禽對飼料的利用效率是相當重要的一件事情，除了評估飼料轉換率（feed conversion ratio, FCR）外，在 INRAE 的研究中，採食殘差（residual feed intake, RFI）也被用於作為選育的指標。Dr. Helene Gilbert 在討論中說明相關試驗研究成果，法國藍瑞斯在經過 9 世代選育高採食殘差（high residual feed intake, HRFI）及低採食殘差（low residual feed intake, LRFI）的兩個族群，LRFI 低採食量顯著較 HRFI 低，雖生長速度略有下降，但以飼料轉換率來看，LRFI 有較佳的飼料轉換率，而在對肉品質的表現上，LRFI 有較低的 pH 值，推測可能係選育 RFI 造成對能量代謝的影響。討論中 Dr. Helene Gilbert 表示，雖然屠體肉質性狀

pH 值降低，但仍在正常範圍，並不會對肉品質造成負面影響。

此外針對這兩組選拔族群，也嘗試利用 60K 的 SNP 晶片所得的基因組資料與性狀表現進行 GWAS 分析，尋找影響飼料效率的分子標記 (Riquet et al., 2014)。而為避免選育 RFI 對豬隻強健性及繁殖能力有負面影響，也進行了有關免疫、熱緊迫及泌乳期的評估，目前試驗結果發現，選育 LRFI 族群在相關性能表現上，並沒有發現明顯的負面影響 (Gilbert et al., 2017)，然 LRFI 母豬在泌乳期失重較多，是否影響其使用年限仍需要進一步評估，綜上研究成果討論交流，有助於未來在選育高飼料效率品種規劃時將相關選育經驗及指標做為參考，以評估適合我國需求的選育模式。

(五)地方性豬隻研究交流討論

位於法國雷恩 INRAE 動物和畜牧系統生理學、環境和遺傳學研究中心 (Physiology, Environment, and Genetics for the Animal and Livestock Systems, PEGASE)，主要任務為對動物生物學和畜牧系統進行研究，提高動物生產系統的競爭力，並了解動物和畜牧系統如何適應當前和未來的條件和挑戰，研究中心具有實驗室、乳用動物及豬隻飼養等設施，相較於 INRAE 於土魯斯的遺傳生理學和育種系統 (GenPhySE) 研究單位，本研究中心更多著重於動物生理的研究及生產系統的評估，其中豬隻的屠體品質即畜牧生產的重要一環。

台灣養豬產業，商業白豬的生產模式為利用雜交優勢生產 LYD 肉豬，在法國也是利用雜交優勢進行商業化的肉豬生產，然在終端公豬的選擇上則以精肉型的比利華種豬為主。在台灣除商業白豬的飼養外，在地方性特色黑豬產品亦佔有一定市場，依養豬調查結果，黑豬飼養頭數約占總飼養頭數的 12%，而在黑豬生產體系上仍面臨血緣多元及整齊度不佳的問題，因此也藉此機會向 Dr Bénédicte Lebret 及 Dr. Isabelle Louveau 請教法國目前地方性豬種發展的近況，在討論的交流的過程中，介紹了法國地方性豬種，目前經認證的地方性豬種共有六種，分別為 Bayeux、Blanc de l' Ouest、Cul Noir Limousin、Basque、Gascon 及 Nustrale，外加 1 族群 (未能算是品種) Créole de Guadeloupe，其在生產比例上僅占法國豬隻生產 0.1%，而依地區的不同，產品亦有差別，在法國南部接近西班牙的地區，產品主要以製作乾式火腿為主，為製作與熟成時間長之高單價產品，且必須以特定品種才能使用特定產品名稱進行販售，另在地方性豬種飼養上，係以純種的方式進行生產為主，並藉由系譜紀錄種畜，確保品種正確，在育種策略並不著重於改善性能

表現，因此族群未特別進行選育，以保有地方性豬種特色及多樣性作為考量，而評估屠體性狀，可發現這些法國地方性豬種瘦肉率品種間不同，在品種內亦存在相當大的變異。

(六)豬隻性能檢定站參訪

為精確進行豬隻遺傳評估及育種價計算，生長性能及屠體性狀的收集是相當重要的工作，本次行程前往位於法國雷恩 Le Rheu 的豬隻性能檢定站參訪，因檢定站內禁止拍攝，故僅以文字敘述進行說明。該性能檢定站為密閉環控式豬舍，採水泥條狀地板，畜舍內具有環境感測器，能由管理室的設備進行溫度、通風等環境監控，維持環境的舒適穩定，其飼料管線也採自動輸送設備至各分區的豬舍，並可由經由電腦進行監控及管理，方便人員進行管理。

在檢定流程上，豬隻約於 3 週齡離乳並送入檢定站，並於進入檢定站時掛上 RFID 耳標，以進行後續各體識別及紀錄收集，在保育舍中每欄飼養 14 頭，照顧至 28 公斤後再移至生長舍開始進行生長性能檢定，在生長舍內每欄飼養 14 頭（與保育舍相同並避免混欄），且皆備有群養各飼自動餵飼系統，搭配 RFID 耳標識別，自動且即時的收集豬隻採食量及體重資料至電腦中，以利後端資料的運用及分析，此外，飲水區也裝置 RFID 感測及流量監測設備，以記錄豬隻生長期間個別的飲水資料，豬隻生長期間採食量、體重、飲水量皆可藉由儀器設備自動收集並建立至電腦資料庫中，節省檢定工作人力，資料若有異常時，管理人員會確認原因並進行排除，維護生長性能資料的正確性，此外，生長檢定於 100 公斤時亦進行超音波背脂測定，並於 120 公斤左右送至屠宰場屠宰並收集屠體資料。

而在群養各飼的飼料欄中，有設置可調整的檔板，可依豬隻體型大小進行調整，讓每次只有一隻豬能進入採食區採食，讓收集資料能夠精確無誤。另外，在欄舍中也可以看到法國對動物福祉的重視，以設置鐵鍊、提供玩具或樹枝等方式豐富化環境，以避免豬隻咬尾或異常行為，在管理上，也於紀錄區詳細記錄每欄豬隻的情況，包含日期、動物編號、異常情形、採取措施等，有助於管理人員掌握相關資訊。

該檢定站也有別於台灣的中央檢定，在台灣種豬經由檢定後計算指數，合格的種豬再進行拍賣，由各畜牧場購入後引進至場內作為種豬使用，而本次參訪的檢定站，因法國除了生長性能外，屠體性狀亦是其相當重視的一環，因此在該檢定站生長檢定完後，送檢的豬隻都會送至屠

宰場進行屠宰，並進行屠體資料的收集，其送檢的豬隻並非作為種用，以比利華為例，因比利華公豬作終端公豬使用，送檢的豬隻多為母豬，然以藍瑞斯為例，因藍瑞斯母豬需用於繁殖族群，因此送檢的豬隻多為公豬，經由檢定收集相關資料，以後裔、全同胞、半同胞等模式進行核心種豬的育種價估算。

(七) INRAE 實驗室參訪

本次研習法方研究人員簡單向我介紹了位於雷恩及巴黎近郊（Jouy-en-Josas）研究單位內的實驗室，因為研習主題為遺傳育種領域，因此實驗室設備多以分子生物分析設備為主，其中 DNA、RNA 萃取技術、核酸定量及品質管控、RT-PCR 分析及定序分析設備等，實驗室相關樣品分析由專責人員負責操作，並搭配自動化設備，以提升分析結果的穩定性。種原資源的維護及多樣性在法國也是相當重要的議題，Dr. Jordi Estelle 也帶我參觀種源資源凍存設備，在凍存樣品管理上導入 QR code 及條碼管理系統，在拿取樣品時能藉由感應記錄，方便追蹤存放位置及數量等資訊，增加種源資源凍存管理的便利性。

(八) 其他交流情形

本次研習 Dr. Catherine Larzul 安排了許多專家針對不同的主題進行交流，如與 Dr. Gwendal Restoux 討論了有關族群基因多樣性的議題及基因庫的維護等，其研究團隊以牛隻為研究對象，使用冷凍精液提升選育族群的基因多樣性，經評估此方式有利於族群，未來將持續對其他物種多樣性維持進行評估；另與 Dr. Jordi Estelle 的討論中微生物群相的研究中，因豬隻腸道內微生物群相與環境及遺傳具有關連性，該研究團隊嘗試以微生物群相最為選拔的指標，未來將針對相關選拔結果進行評估，了解動物體遺傳、營養、代謝與環境等相關機制，此外 INRAE 向來與台灣有密切的交流與合作，如 Dr. Bénédicte Lebret 受邀來台參加由台灣舉辦的第 6 屆國際肥豬研討會（10/26-10/28），主講有關肥豬在法國的相關研究，另 Dr. Hervé Chapuis 亦將於今年 11 月受邀來台由辦理遺傳評估及基因組關聯性分析工作坊，針對遺傳育種領域研究進行交流，因此，藉本次研習，也與兩位專家學者討論來台行程及學術交流內容，期能對於未來國際交流及合作有所幫助。

參、心得與建議

一、心得

- (一) 本次在 INRAE 的研習，主要以學習遺傳評估（育種價及基因組育種價估算）相關操作，在一開始的資料收集上，法國即有相當完整的分工，有效收集種豬系譜、生長性能、繁殖性能及屠體資料等資料進入資料庫中，且資料品質經專人把關確認，因此，資料庫所存資訊適合提供研究人員後續分析使用。
- (二) 在基因晶片及定序技術的不斷發展下，為遺傳相關研究提供了基因組的大量資訊，而相關資訊的整理，需要額外學習軟體的使用與程式的撰寫，始能處理龐大的基因組資訊，此外，在計量遺傳領域中，相關統計模式及分析方法又和數學與統計學息息相關，因此，不單是畜牧技術相關人才培育，更需要跨領域的學習與合作。
- (三) 分工及專業度，在實驗室參訪時，INRAE 實驗器材有專屬的操作人員，透過樣品分析由專門的技術人員處理，並搭配一些自動化的器材來提升工作效率，以提升試驗產出結果的一致性。
- (四) 試驗設計上，INRAE 也展現了其專業的一面，為了瞭解遺傳的效應，會採用特別的配種方式，收取資料後進行評估及比較，試驗設計規劃相當完整。
- (五) 台灣地方豬種（黑豬）飼養約占豬隻生產的 12%，法國地方豬種只佔其豬隻生產的 0.1%，因此相較法國情況，地方豬種（黑豬）在台灣仍有一定市場，且以多樣性及高品質肉品等觀點切入，台灣地方豬種仍有待進一步研究。
- (六) 族群基因多樣性的維持上，INRAE 研究團隊使用早期族群凍存的冷凍精液，提升選育族群的基因多樣性，其研究發現，此方式確實能增加族群的基因多樣性，有利於整體族群，雖該研究以牛隻為對象，相關模式仍需進一步評估，但也提供了活化冷凍精液使用及提升族群多樣性的參考案例。
- (七) 本次研習與 INRAE 學者建立聯繫窗口，認識了許多專家學者，對於未來相關領域國際交流及合作，有相當多的幫助。

(八) 綜上，精確的遺傳評估有賴於系譜及表型資料的收集，隨著基因晶片及定序技術的提升，大量的生物資訊資料也被應用於研究當中，本次前往 INRAE 研習豬隻數量性狀、遺傳評估（育種價及基因組育種價估算）等分析技術及討論交流豬隻選育及生產相關研究，除學習遺傳評估分析方法外，業建立相關技術諮詢聯繫窗口，然台灣與法國豬隻育種環境並不相同，藉由研習與借鏡法國相關經驗，冀能找出適合台灣豬隻育種的方式，提升養豬產業。

二、建議

- (一) 遺傳評估有賴於豬隻系譜資料及表型資料的收集與累積，遺傳評估分析亦有賴畜牧技術（現場飼養管理及資料收集整合）、生物資訊（基因組資訊及程式編輯）、統計學（統計模式及分析）等領域合作，因此，跨領域間交流、學習及合作需更重視。
- (二) 持續與 INRAE 專家學者保持聯繫，建立技術諮詢聯繫窗口並進一步尋求合作。

肆、參考文獻

- 林恩仲、王佩華、吳瑞軒、郭士逢。2010。國內外豬隻育種制度之調查與比較。<https://www.grb.gov.tw/search/planDetail?id=2089196>。
- 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。動物與水產生技 19: 52-58。
- 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*. 1-13
- Misztal, I., A. Legarra, and I. Aguilar. 2009. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *J. Dairy Sci.* 92:4648 - 4655.
- Purcell, S., B. Neale, K. Todd-Brown, L. Thomas, M. A. Ferreira, D. Bender, J. Maller, P. Sklar, P. I. de Bakker, M. J. Daly, and P. C. Sham. 2007. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *Am J Hum*

- Genet. 81:559-575. doi: 10.1086/519795.
- Riquet J, Y. Labrune, K. Feve, Y. Billon, and H. Gilbert. 2014. Whole genome characterization and associations studies in two divergent pig lines selected residual feed intake. In Proceedings of the 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, 17-22 August 2014, Vancouver, Canada, poster #571.
- Sanchez, M. P., N. Iannuccelli, B. Basso, J. P. Bidanel, Y. Billon, G. Gandemer, H. Gilbert, C. Larzul, C. Legault, J. Riquet, D. Milan, and P. Le Roy. 2007. Identification of QTL with effects on intramuscular fat content and fatty acid composition in a Duroc × Large White cross. *BMC Genetics* 8: 55.
- Schook, L. B., J. E. Beever, J. Rogers, S. Humphray, A. Archibald, P. Chardon, D. Milan, G. Rohrer, and K. Eversole. 2005. Swine Genome Sequencing Consortium (SGSC): A strategic roadmap for sequencing the pig genome. *Comp. Funct. Genomics* 6: 251-255.
- Tusell, L., H. Gilbert, J. Riquet, M. J. Mercat, A. Legarra, and C. Larzul. 2016. Pedigree and genomic evaluation of pigs using a terminal-cross model. *Genet. Sel. Evol.* 48: 32.
- VanRaden, P. M. 2008. Efficient methods to compute genomic predictions. *J. Dairy Sci.* 91:4414-4423.

伍、附件



圖 1. 與 Dr. Helene Gilbert 討論豬隻飼料效率相關研究。



圖 2. Dr. Catherine Larzul 說明遺傳評估統計原理。



圖 3. 與 Dr. Laurianne Canario 討論豬隻遺傳及母豬行為相關研究。



圖 4. 與 Dr. Hervé Chapuis 討論遺傳評估及 11 月受邀來台課程資訊。

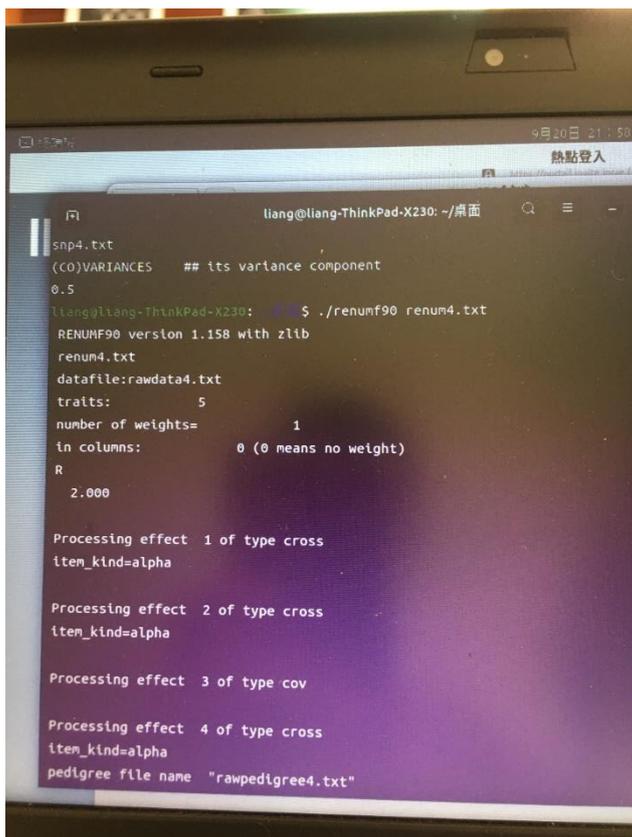


圖 5. BLUPF90 家族軟體實際操作。

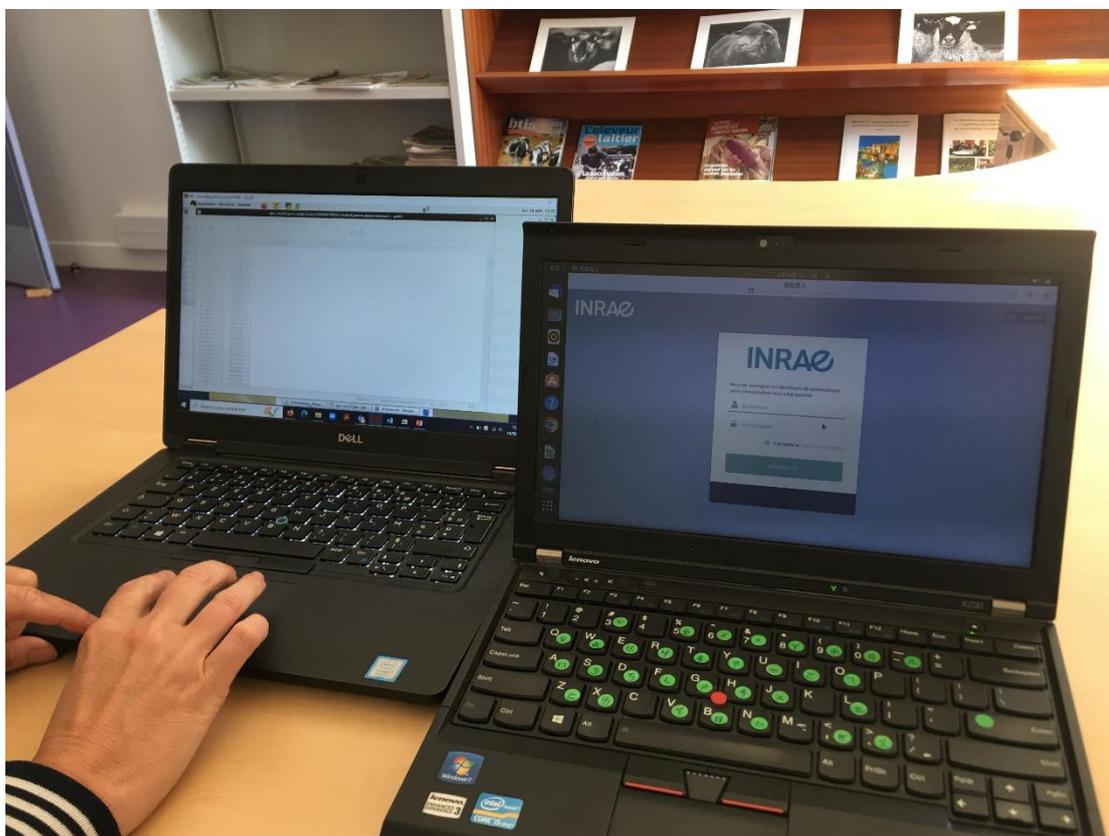


圖 6. Dr. Catherine Larzul 示範基因組資訊檢視整理。



圖 7. 超市販售豬隻相關商品（乾式火腿）。



圖 8. 市場販售豬隻相關商品（乾式火腿）。

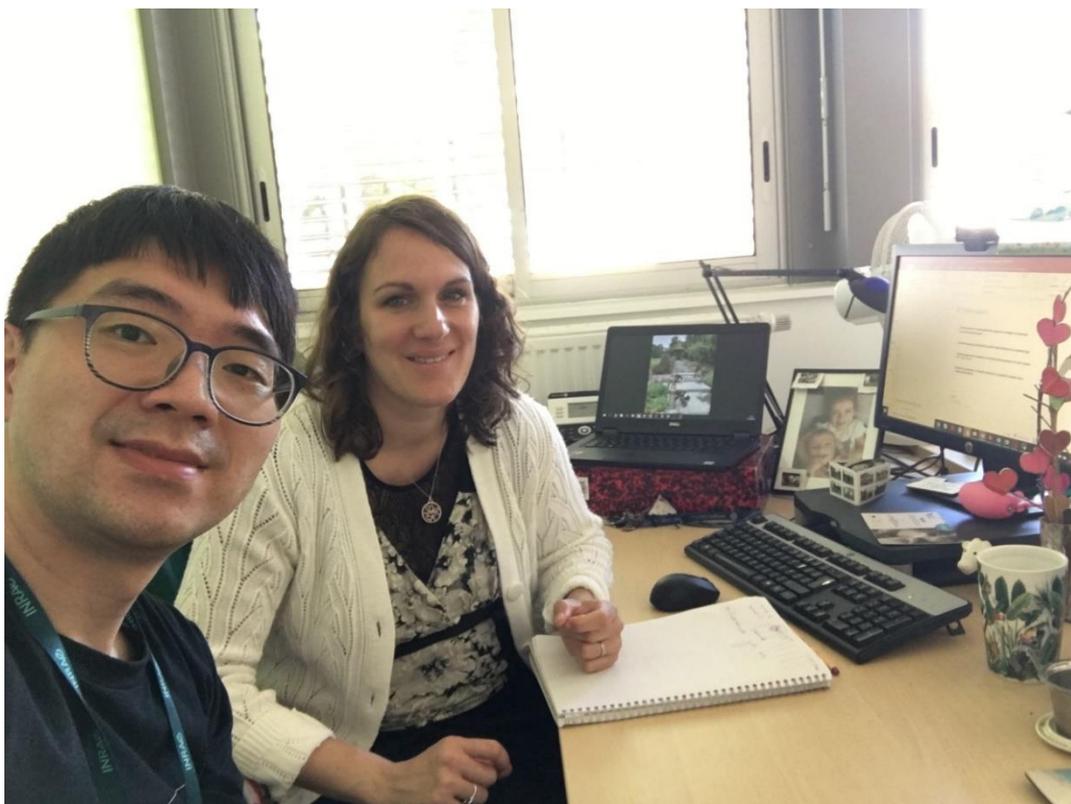


圖 9. 與 Dr. Céline Carillier 討論豬隻基因組選育相關研究。



圖 10. 於 PEGASE 與 Dr. Bénédicte Lebret (左) 及 Dr. Florence Gondret (右) 合照。



圖 11. 與 Dr. Christian Diot 討論分子遺傳相關議題。



圖 12. 與 Dr. David Renaudeau 就熱緊迫研究交換意見。



圖 13. 與 Dr. Jordi Estelle (左 1) 及 Dr. Gwendal Restoux (右 2) 合照。



圖 14. 與 Dr. Jordi Estelle (左 1) 及 Dr. Jean-Luc Gourdine (右 2) 合照。



圖 15. 使用 QR Code 及條碼進行試驗樣品管理及追蹤。

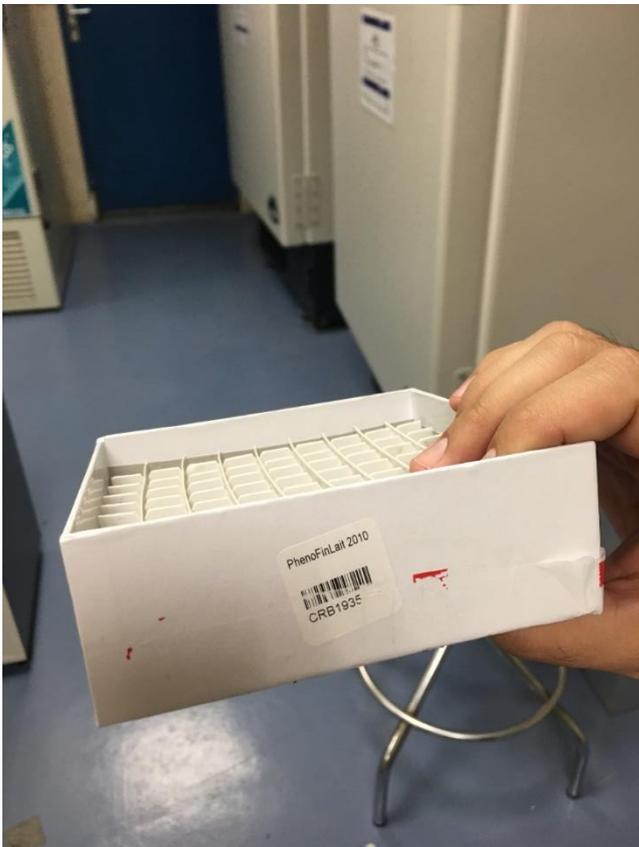


圖 16. 使用 QR Code 及條碼進行試驗樣品管理及追蹤。