

## ブタの雌系品種において乳頭数を指標とした生存産子数の改良に関する検討

今田彩音<sup>1</sup>・小川伸一郎<sup>1</sup>・木全 誠<sup>2</sup>・石井和雄<sup>3</sup>・上本吉伸<sup>1</sup>・佐藤正寛<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 東北大学大学院農学研究科, 宮城県仙台市 980-8572

<sup>2</sup> 株式会社シムコ, 東京都江東区 136-0071

<sup>3</sup> 国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構畜産研究部門, 茨城県つくば市 305-0901

(2019. 4. 16 受付, 2019. 6. 11 受理)

**要約** 乳頭数を選抜指標としたブタの生存産子数における改良の可能性を検討するため, 雌系純粋種豚の乳頭数および生存産子数における遺伝的パラメーターを推定した. ランドレース種および大ヨークシャー種における正常乳頭数の記録 (それぞれ 20,405 頭および 17,738 頭), 生存産子数の記録 (64,810 件および 51,798 件) および血統記録 (79,224 頭および 68,615 頭) を用いた. 正常乳頭数には通常のアニマルモデル, また生存産子数には反復率アニマルモデルを用いた. 正常乳頭数の遺伝率および生存産子数との遺伝相関は, ランドレース種でそれぞれ 0.24 および 0.01, 大ヨークシャー種で 0.30 および -0.24 と推定された. 以上の結果より, 両品種において乳頭数と生存産子数との遺伝的関連性は低く, 乳頭数を選抜指標とした生存産子数の改良の可能性は限定的であることが示唆された.

日本畜産学会報 90 (3), 207-212, 2019

**キーワード**: 遺伝的パラメーター, 正常乳頭数, 生存産子数, 大ヨークシャー種, ランドレース種

ブタの生存産子数は, 離乳頭数との関連性が強く, 養豚における重要な経済形質である (佐藤 2006). 一般に, 生存産子数は遺伝率が低く (例えば, Lopez ら 2017; Ye ら 2018), 限性形質であり, 早期に記録を得ることが難しいため, その改良には時間を要する.

機能的な乳頭, すなわち子豚が吸乳できる正常な乳頭数は, 子豚の哺育や生存に関する母豚の重要な選抜基準とされる. 一般に, 乳頭数は両性形質で記録の早期取得が可能であり, その遺伝率は生存産子数に比べて高いことが知られている (例えば, McKay と Rahnefeld 1990; Lee と Wang 2001; Balzani ら 2016). 雄系品種であるデュロック種では, 総乳頭数と生存産子数との間に高い正の遺伝相関が推定され, 乳頭数にもとづく相関反応を利用した生存産子数の効率的な改良の可能性が示唆された (大西と佐藤 2014). 雌系純粋種豚では, Chalkias (2013) が正常乳頭数と総産子数との遺伝相関を, Krupa ら (2016) が総乳頭数と総産子数との遺伝相関を報告している. しかし, 総産子数は死産数との遺伝相関が高いため, 総産子数の改良により生存産子数が増加するとは限らない (Sato 2006). また, 正常乳頭数と生存産子数との遺伝相関についての報告はほとんどみられない. そこで本研究では, 代表的な雌系純粋種であるランドレース種および大ヨークシャー種における正常乳頭数および生存産子数の遺伝的パラメーターを推定し, 両形質間の遺伝的関連性を明らかに

するとともに, 正常乳頭数を指標とした生存産子数の改良の可能性について検討することを目的とした.

### 材料および方法

#### 1. 倫理的配慮

民間種豚会社 (株式会社シムコ) によって得られたデータベースに由来するデータを使用しており, 本研究において動物実験委員会による承認は不要であった.

#### 2. データ

株式会社シムコにおいて, 2001 年から 2015 年までに得られた 4~5 ヶ月齢時のランドレース種 20,960 頭および大ヨークシャー種 18,151 頭における正常乳頭数の記録および 2000 年から 2017 年までに得られた生存産子数を含む分娩記録 (ランドレース種で 68,702 件, 大ヨークシャー種で 55,755 件) を用いた. 雄は生後 1 日目に体の大きさや乳房の状態にもとづき腹内から 1~2 頭を選抜し育成, また雌は全頭を育成し, 生後 4~5 ヶ月齢で正常乳頭数を計測した. 本研究では測定回数が 100 以上の経験を有する測定者の記録のみを用いた. なお, 正常乳頭数は肢間より前の乳頭のうち, 異常な乳頭 (血乳, 副乳, 盲乳など) を除いた数とした. 生存産子数は分娩翌日に計測し, 分娩直後から計測までの間に死亡したと判断された個体も生存産子とした. このうち, 生存産子数が 0 でない分娩記録を除外した. 次に, 打ち間違いが含まれている可能性

連絡者: 今田彩音 (fax : 022-757-4117, e-mail : ayane.konta.t6@dc.tohoku.ac.jp)

のある分娩記録を除外するために、一腹平均体重 (kg) が平均から 3 標準偏差の範囲内にある記録のみを抽出した。本分析に用いた記録の平均および標準偏差は大きかったため、より信頼性の高い値として Damgaard ら (2003) の報告値 (一腹平均体重の平均および標準偏差がそれぞれ 1.48 および 0.23) を使用することとした。

最終的に用いた正常乳頭数および生存産子数の記録数は、ランドレース種で 20,405 頭および 64,810 件、大ヨークシャー種で 17,738 頭および 51,798 件であった。正常乳頭数および生存産子数の記録を併せ持つ雌豚数は、ランドレース種で 4,799 頭、大ヨークシャー種で 4,407 頭であった。また、ランドレース種および大ヨークシャー種でそれぞれ 79,224 頭および 68,615 頭分の血統記録を用いた。

### 3. 遺伝的パラメーターの推定

正常乳頭数および生存産子数の遺伝的パラメーターは、以下の 2 形質モデル (モデル 1) を用いて推定した。

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} 0 \\ W_2 \end{bmatrix} c_2 + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

ここで、 $y$  は測定値のベクトル、 $b$  は母数効果のベクトル、 $a$  は育種価のベクトル、 $c$  は永続的環境効果のベクトル、 $X$ 、 $Z$  および  $W$  はそれぞれ  $y$  と  $b$ 、 $a$  および  $c$  を関連付ける行列、 $e$  は残差のベクトルであり、下付き文字 1 および 2 は、それぞれ正常乳頭数および生存産子数に対応する。正常乳頭数の母数効果は、性 (両品種とも 2 水準)、出生年 (両品種とも 9 水準)、出生季節 (両品種とも 4 水準)、農場 (両品種とも 2 水準) および測定者 (両品種とも 19 水準) の効果とした。出生季節は春 (3 から 5 月)、夏 (6 から 8 月)、秋 (9 から 11 月) および冬 (12 から 2 月) と定義した。また、生存産子数の母数効果は、分娩年 (両品種とも 18 水準)、分娩季節 (両品種とも 4 水準)、交配雄品種 (両品種とも 4 水準)、農場 (ランドレース種 7 水準および大ヨークシャー種 8 水準) および産次 (ランドレース種 17 水準および大ヨークシャー種 16 水準) とした。分娩季節は出生季節と同様に定義した。 $a_1$ 、 $a_2$ 、 $c_2$ 、 $e_1$  および  $e_2$  の期待値ならびに分散共分散はそれぞれ以下のように仮定した。

$$E \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ c_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = 0, \quad V \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ c_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{a1}^2 & A\sigma_{a12} & 0 & 0 & 0 \\ A\sigma_{a12} & A\sigma_{a2}^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{c2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_{e1}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_{e2}^2 \end{bmatrix}$$

ここで、 $\sigma_a^2$  および  $\sigma_{a12}$  は相加的遺伝分散および遺伝共分散、 $\sigma_e^2$  は残差分散、 $\sigma_{c2}^2$  は永続的環境分散、 $A$  は相加的血縁行列、 $I$  は単位行列である。

なお、モデル 1 による分析を行うにあたり、正常乳頭数において一腹共通環境効果をモデルに含めた単形質ア二

マルモデルによって遺伝的パラメーターの推定を行い、一腹共通環境効果の影響が小さいことを確認した。

正常乳頭数が雌雄同形質と扱えるかどうか検討するため雌雄異形質と見なした場合の分析も行った。雌雄それぞれの正常乳頭数および生存産子数の遺伝的パラメーターの推定は、以下の 3 形質モデル (モデル 2) を用いた。

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ W_3 \end{bmatrix} c_3 + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix}$$

ここで、下付き文字 1、2 および 3 は、それぞれ雄の正常乳頭数、雌の正常乳頭数および生存産子数に対応する。雌雄の正常乳頭数の母数効果は、出生年 (両品種両性で 9 水準)、出生季節 (両品種両性で 4 水準)、農場 (両品種両性で 2 水準) および測定者 (ランドレース種の雄および雌でそれぞれ 13 および 19 水準、大ヨークシャー種の雄および雌で 14 および 19 水準) の効果とした。また、生存産子数の母数効果はモデル 1 と同様とした。 $a_1$ 、 $a_2$ 、 $a_3$ 、 $c_3$ 、 $e_1$ 、 $e_2$  および  $e_3$  の期待値ならびに分散共分散は以下のように仮定した。

$$E \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ c_3 \\ e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix} = 0, \quad V \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ c_3 \\ e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{a1}^2 & A\sigma_{a12} & A\sigma_{a13} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ A\sigma_{a12} & A\sigma_{a2}^2 & A\sigma_{a23} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ A\sigma_{a13} & A\sigma_{a23} & A\sigma_{a3}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_{c3}^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_{e1}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_{e2}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_{e3}^2 \end{bmatrix}$$

分析には、ASREML ソフトウェア 4.1 (Gilmour ら 2015) を用いた。

## 結果および考察

### 1. 基本統計量

正常乳頭数の平均および標準偏差を表 1 に示した。両品種および両性とも正常乳頭数の平均は 14 個前後であり、正常乳頭数を対象とした既報の結果 (Chalkias ら 2013) と同程度であった。

### 2. 遺伝率

正常乳頭数における表型分散および遺伝率の推定結果を表 2 に示した。両性の記録を用いた推定遺伝率は、ランドレース種で 0.24、大ヨークシャー種で 0.30 であった。正常乳頭数の遺伝率として、Chalkias (2013) は大ヨークシャー種で 0.31 および Zhang ら (2000) は中国種と西洋種の合成系統で 0.40 と推定している。また、総乳頭数における遺伝率は、品種によらず中程度から高い推定値が多数報告されている。Krupa ら (2016) はチェコのランドレース種、大ヨークシャー種およびそれらの交雑種からなる集団で 0.30、Lee と Wang (2001) はランドレース種で 0.65、大ヨークシャー種で 0.52 および両品種の交雑種で 0.80、Mckay と Rahnefeld (1990) はランドレース種

**Table 1** Number of records and means and their standard deviations (SD) of numbers of functional teats and born alive

		Landrace		Large White	
		No. records	Mean $\pm$ SD	No. records	Mean $\pm$ SD
Number of functional teats	Total	20,405	13.9 $\pm$ 1.4	17,738	13.8 $\pm$ 1.6
	Male	6,719	14.1 $\pm$ 1.3	6,237	14.0 $\pm$ 1.2
	Female	13,686	13.8 $\pm$ 1.5	11,501	13.6 $\pm$ 1.8
Number born alive		64,810	10.1 $\pm$ 2.7	51,798	10.1 $\pm$ 2.5

**Table 2** Phenotypic variance ( $\hat{\sigma}_p^2$ ) and heritability ( $\hat{h}^2$ ) estimates and their standard errors (SE)

		Landrace		Large White		
		$\hat{\sigma}_p^2 \pm$ SE	$\hat{h}^2 \pm$ SE	$\hat{\sigma}_p^2 \pm$ SE	$\hat{h}^2 \pm$ SE	
Number of functional teats	Model 1	2.11 $\pm$ 0.03	0.24 $\pm$ 0.02	2.84 $\pm$ 0.05	0.30 $\pm$ 0.02	
	Model 2	Male <sup>1</sup>	1.58 $\pm$ 0.03	0.27 $\pm$ 0.03	1.32 $\pm$ 0.03	0.22 $\pm$ 0.03
		Female <sup>1</sup>	2.36 $\pm$ 0.04	0.26 $\pm$ 0.02	3.72 $\pm$ 0.08	0.39 $\pm$ 0.03
Number born alive	Model 1	6.68 $\pm$ 0.05	0.11 $\pm$ 0.01	5.95 $\pm$ 0.05	0.11 $\pm$ 0.01	
	Model 2	6.68 $\pm$ 0.05	0.11 $\pm$ 0.01	5.96 $\pm$ 0.05	0.11 $\pm$ 0.01	

<sup>1</sup> Number of functional teats in each sex was considered a different trait.

で0.39、大ヨークシャー種で0.44およびハンプシャー種で0.45の遺伝率をそれぞれ推定している。また、Johnsonら(2003)およびChalkias(2013)は大ヨークシャー種においてそれぞれ0.29および0.39の遺伝率を、Balzaniら(2016)は大ヨークシャー種と梅山豚との交雑系統において0.42の遺伝率を推定している。さらに、大西と佐藤(2014)は、デュロック種の総乳頭数について0.41の遺伝率を推定している。このように、正常乳頭数および総乳頭数の遺伝率は、品種および形質に関わらず、中から高い推定値が報告されている。

雄または雌のみの記録から推定した正常乳頭数の遺伝率は、ランドレース種でそれぞれ0.27および0.26、また、大ヨークシャー種で0.22および0.39と中程度であった(表2)。ランドレース種では遺伝率の推定値に雌雄間差はみられなかったが、大ヨークシャー種では大きな差がみられた。Longら(2010)はランドレース種の総乳頭数における雄および雌の遺伝率として、0.38および0.41と同程度の値を推定しており、本研究のランドレース種における結果と一致していた。一方、Chalkiasら(2013)は大ヨークシャー種の100 kg時体重における雄および雌の正常乳頭数における遺伝率をそれぞれ0.42および0.36と推定している。また、中国種と西洋種の合成系豚における雄および雌の遺伝率はそれぞれ0.49および0.39と推定され(Zhangら2000)、これらはChalkiasら(2013)の報告と同様の値であった。しかし、本研究で推定した大ヨークシャー種の遺伝率は、雌のほうが高い値となった。

生存産子数の遺伝率は、両モデルおよび品種とも低い値(いずれの品種も0.11)が推定された。これらの値は既存の多くの報告と類似していた。

### 3. 遺伝相関

正常乳頭数における雌雄間の遺伝相関の推定値およびその標準誤差は、ランドレース種および大ヨークシャー種でそれぞれ0.83  $\pm$  0.04および0.79  $\pm$  0.05であった。Chalkiasら(2013)は大ヨークシャー種の100 kg時体重の正常乳頭数における雌雄間の遺伝相関として1よりも有意に低い0.84の値を推定し、雌雄の乳頭数は遺伝的に異なることを示唆した。本研究においても、ランドレース種および大ヨークシャー種の両品種で推定した雌雄間の遺伝相関が1よりも有意に低かった( $P < 0.05$ )ことから、両品種とも正常乳頭数は雌雄異形質とみなすべきであると考えられた。一方、Zhangら(2000)は、22週齢時の正常乳頭数の雌雄間における遺伝相関は0.90と、本研究およびChalkiasら(2013)よりも高い値を報告している。

正常乳頭数と生存産子数との遺伝相関の推定値を表3に示した。両性における正常乳頭数と生存産子数との遺伝相関は、ランドレース種および大ヨークシャー種でともに低い値が推定された。雄または雌のみの正常乳頭数の記録を用いたとき、ランドレース種でそれぞれ0.04および0.00、大ヨークシャー種でそれぞれ-0.16および-0.25の遺伝相関が推定された。他の雌系集団においても、本研究と同様の遺伝相関が報告されている。Andonovら(2010)は大ヨークシャー種および大ヨークシャー種とランドレー

**Table 3** Estimated genetic correlations between number of functional teats and number born alive<sup>1</sup>

		Landrace	Large White
Model 1		0.01 ± 0.06	-0.24 ± 0.06
Model 2	Male <sup>2</sup>	0.04 ± 0.08	-0.16 ± 0.09
	Female <sup>2</sup>	0.00 ± 0.06	-0.25 ± 0.06

<sup>1</sup> Estimate ± standard error.

<sup>2</sup> Number of functional teats in each sex was considered a different trait.

ス種との交雑種において、総乳頭数と生存産子数との間に0.14の遺伝相関を推定している。Songら(2010)はランドレース種および大ヨークシャー種により構成される集団における総乳頭数と生存産子数との遺伝相関を-0.14と推定している。Lundeheimら(2010)は大ヨークシャー種における初産および2産の生存産子数と総乳頭数との遺伝相関を、Chalkias(2013)は大ヨークシャー種における正常乳頭数と初産および2産の総産子数との遺伝相関を、またKrupaら(2016)はランドレース種および大ヨークシャー種とそれらの交雑種からなる集団における総乳頭数と総産子数との遺伝相関を、さらにZhangら(2000)は、中国系と西洋系の合成豚において正常乳頭数と生存産子数との遺伝相関を推定しているが、いずれの報告も-0.06から0.05の小さな値であった。乳頭数の定義は異なるが、これらの推定値は本分析におけるランドレース種の推定値と同程度であった。一方、Balzaniら(2016)は、大ヨークシャー種と梅山豚との交雑種において、総乳頭数と生存産子数との遺伝相関を-0.47と推定した。これは、本研究の大ヨークシャー種における遺伝相関の推定値よりも負の大きな値であった。

#### 4. 総合考察

ブタの重要な雌性繁殖形質である生存産子数の推定遺伝率は低く、本集団においても同様の結果であった(Ogawaら2019)。一方、乳頭数は遺伝率が中程度で両性に発現し、分娩直後など早期に記録が測定可能な形質である。本研究においても、両品種、両性において中程度の遺伝率が推定された(表2)。一方、乳頭数と生存産子数との遺伝相関は、ランドレース種でほぼ0、大ヨークシャー種で負の低い遺伝相関が推定された(表3)。これは、一方の性の記録のみを用いた場合でも同様であった。大西と佐藤(2014)は本研究と異なり、デュロック種の総乳頭数と生存産子数との間に高い正の遺伝相関を報告している。このように推定遺伝相関が大きく異なった主な原因として、雄系の集団では一般に生存産子数や乳頭数に対する選抜圧が弱いのに対し、雌系の集団では生存産子数や乳頭数に対する選抜により両者の分布が変化し、遺伝相関が低くなった可能性が考えられた。加えて、本分析では4~5ヵ月齢時に測定した正常乳頭数を用いているのに対し、大西と佐藤(2014)

では分娩直後に測定した総乳頭数を用いている点および生存産子数の産次の違いが影響していると考えられた。

本研究では、正常乳頭数の雌雄間における遺伝相関が0.8程度と推定され、遺伝的に雌雄異形質である可能性が示唆された。本研究の正常乳頭数は、4~5ヵ月齢時に測定されたものである。この場合、雌雄間で正常乳頭そのものに違いが生じ、判別の難度が性間で異なってくると考えられる。Chalkiasら(2013)は正常乳頭数における3週齢時および100kg時体重の遺伝相関を雄で1.0および雌で0.63と報告している。この報告より、雄と雌の乳頭の成長には遺伝的差異のあることが考えられる。このような雌雄間の差異が生じるプロセスにはホルモンの分泌などが関与し、それらを制御するメカニズムの中に遺伝的要因の影響が含まれている可能性がある。乳頭数の測定時期が及ぼす影響について、Chalkiasら(2013)は、雌雄間の遺伝相関を3週齢時および100kg時体重に測定した正常乳頭数についてそれぞれ0.99および0.84と推定し、3週齢時に測定した乳頭数の方が雌雄間の遺伝相関が高いと報告している。加えて、本研究では生後1日目に乳器の状態などで選抜された雄の記録が用いられたことも一因ではないかと推察された。

本研究における正常乳頭数のデータは複数の測定者によって得られたものである。正常乳頭の判定には測定者の影響が考えられたため、正常乳頭数の分析モデルには測定者の効果を母数効果として加えている。Chalkiasら(2013)も測定者の効果と同様の効果を含めている。また、大西と佐藤(2014)は総乳頭数に対して一腹共通環境効果を含むモデルを用い、表型分散に対する寄与の程度は0.04であったと報告している。本研究では一腹共通環境効果を含まないモデルを用いているが、両性の正常乳頭数に一腹共通環境効果を含む単形質アニマルモデルを用いて分析した結果、一腹共通環境分散の表型分散に対する割合はランドレース種と大ヨークシャー種でそれぞれ0.04および0.03という推定値を得ている。これらの値は既報の結果(Zhangら2000; Jonsonら2003; Krupaら2016)と同程度であった。対象とする乳頭や測定時期などがそれぞれの報告で異なっているものの、一腹共通環境効果は測定時期が異なっても乳頭数にほとんど影響を及ぼさないことが推察された。

本研究では、雌系純粋種豚における生存産子数改良のための選抜指標として、乳頭数の利用可能性について検討するために、正常乳頭数と生存産子数の遺伝的パラメーターを推定した。正常乳頭数の遺伝率は中程度の値が推定されたが、生存産子数との遺伝相関において、ランドレース種ではほぼ0、大ヨークシャー種では低い負の値が推定された。したがって、雄系のデュロック種とは異なり、雌系のランドレース種および大ヨークシャー種では、生存産子数を改良するための選抜指標としての乳頭数の利用可能性は限定的であることが示唆された。また、乳頭数に対する強

い選抜は大ヨークシャー種において生存産子数を減少させる可能性が考えられるため、乳頭数の選抜には注意を払う必要がある。

## 謝 辞

本研究は、農林水産省戦略プロジェクト「家畜の生涯生産性向上のための育種手法の開発」からの助成を受けて実施された。

## 文 献

- Andonov S, Vukovic V, Uzunov A. 2010. Genetic parameters for reproductive traits and number of teats in pigs. *Proceedings of the 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 1st-6th August, Leipzig, Germany*, pdf No. 0500.
- Balzani A, Cordell HJ, Sutcliffe E, Edwards SA. 2016. Heritability of udder morphology and colostrum quality traits in swine. *Journal of Animal Science* **94**, 3636-3644.
- Chalkias H. 2013. Genetic and clinical studies of teat traits in the pig. Ph.D. Thesis, Swedish University of Agricultural Sciences.
- Chalkias H, Rydhmer L, Lundeheim N. 2013. Genetic analysis of functional and non-functional teats in a population of Yorkshire pigs. *Livestock Science* **152**, 127-134.
- Damgaard LH, Rydhmer L, Lovendahl P, Grandinson K. 2003. Genetic parameters for within-litter variation in piglet birth weight and change in within-litter variation during suckling. *Journal of Animal Science* **81**, 604-610.
- Gilmour AR, Gogel BJ, Cullis BR, Welham SJ, Thompson R. 2015. *ASReml User Guide Release 4.1 Functional Specification*. VSN International Ltd, Hemel Hempstead, UK.
- Johnson ZB, Chewning JJ, Nugent III RA. 2003. Relationship between body length and number of nipples in swine. *AAES Research Series* **509**, 167-168.
- Krupa E, Žáková E, Krupová Z, Michaličková M. 2016. Estimation of genetic parameters for teat number and reproduction and production traits from different data sources for Czech dam breeds. *Livestock Science* **191**, 97-102.
- Lee C, Wang CD. 2001. Genetic parameter estimation with Normal and Poisson error mixed models for teat number of swine. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences* **14**, 910-914.
- Long T, Aasmundstad T, Holm B. 2010. Genetics of teat quantity and quality in Norwegian Landrace. *Proceedings of the 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 1st-6th of August, Leipzig, Germany*, pdf No. 0867.
- Lopez BI, Kim TH, Makumbe MT, Song CW, Seo KS. 2017. Variance components estimation for farrowing traits of three purebred pigs in Korea. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences* **30**, 1239-1244.
- Lundeheim N, Chalkias H, Rydhmer L. 2010. Teat number, fattening performance and litter traits in pigs, -estimates of genetic correlations. *Proceedings of the 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 1st-6th August, Leipzig, Germany*, pdf No. 0181.
- McKay RM, Rahnefeld GW. 1990. Heritability of teat number in swine. *Canadian Journal of Animal Science* **70**, 425-430.
- Ogawa S, Konta A, Kimata M, Ishii K, Uemoto Y, Satoh M. 2019. Estimation of genetic parameters for farrowing traits in purebred Landrace and Large White pigs. *Animal Science Journal* **90**, 23-28.
- 大西知佳, 佐藤正寛. 2014. デュロック種の繁殖形質における遺伝的パラメーターの推定と乳頭数の選抜による繁殖形質改良の可能性. *日本養豚学会誌* **51**, 152-158.
- Satoh M. 2006. Comparison of genetic improvement for litter size at birth by direct and indirect selection in swine herd. *Animal Science Journal* **77**, 566-573.
- 佐藤正寛. 2006. 豚の一腹総産子数および生存産子数の選抜による産子数の改良効果. *日本養豚学会誌* **43**, 16-19.
- Song GB, Lee JH, Lee DH. 2010. Estimation of genetic parameters for direct and maternal effects on litter size and teat numbers in Korean seedstock swine population. *Journal of Animal Science and Technology* **52**, 187-190.
- Ye J, Tan C, Hu X, Wang A, Wu Z. 2018. Genetic parameters for reproductive traits at different parities in Large White pigs. *Journal of Animal Science* **96**, 1215-1220.
- Zhang S, Bidanel JP, Burlot T, Legault C, Naveau J. 2000. Genetic parameters and genetic trends in the Chinese × European Tiameslan composite pig line. I. Genetic parameters. *Genetics Selection Evolution* **32**, 41-56.

## A study on the potential for improving number born alive using teat number in pig female breeds

Ayane KONTA<sup>1</sup>, Shinichiro OGAWA<sup>1</sup>, Makoto KIMATA<sup>2</sup>, Kazuo ISHII<sup>3</sup>,  
Yoshinobu UEMOTO<sup>1</sup> and Masahiro SATOH<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Graduate School of Agricultural Science, Tohoku University, Sendai, Miyagi 980-8572, Japan

<sup>2</sup> CIMCO Corporation, Koto-ku, Tokyo 136-0071, Japan

<sup>3</sup> NARO Institute of Livestock and Grassland Science, Tsukuba, Ibaraki 305-0901, Japan

**Corresponding : Ayane KONTA (fax : +81 (0) 22-757-4117, e-mail : ayane.konta.t6@dc.tohoku.ac.jp)**

Genetic parameters were estimated for number of functional teats (NFT) and number born alive (NBA) in purebred Landrace and Large White pigs to investigate the potential for improving NBA using information on NFT. Data on 20,405 animals for NFT and 64,810 litters for NBA in Landrace and 17,738 animals for NFT and 51,798 litters for NBA in Large White were analyzed. The genetic parameters were estimated using an animal model for NFT and a repeatability model for NBA. Heritability of NFT and the genetic correlation between NFT and NBA were estimated to be 0.24 and 0.01 in Landrace, and 0.30 and -0.24 in Large White, respectively. The results indicate that the possibility of using NFT for improving NBA is likely to be limited in dam breeds of pigs due to the weak genetic relationship between NFT and NBA.

*Nihon Chikusan Gakkaiho 90 (3), 207-212, 2019*

**Key words** : genetic parameter, Landrace, Large White, number born alive, number of functional teats.