

梅山豚(中国豚太湖種)の血液型特性

誌名	畜産試験場研究報告 = Bulletin of the National Institute of Animal Industry
ISSN	0077488X
著者	大石, 孝雄 田中, 一栄 大谷, 敏明 玉田, 成甫
巻/号	48号
掲載ページ	p. 1-10
発行年月	1988年10月

梅山豚（中国豚太湖種）の血液型特性

大石孝雄・田中一栄*・大谷敏明**・玉田成甫***

要 約

わが国に導入されている梅山豚（中国豚太湖種）の遺伝的特性を明らかにし、他の品種と比較する目的で、血液型を調査し分析した。調査材料として、農林水産省白河種畜牧場の導入豚9頭、愛知県農業総合試験場畜産研究所の導入豚14頭の計23頭を用い、赤血球抗原型8、血清蛋白質型5、赤血球酵素型5、血清アロタイプ2座位の計20座位を調査した。

梅山豚で多型のみられなかったのは、F, G, Pa, Cp, PHI, PGM, ADA, EsD, PSA-II の9座位で、A, E, H, K, L, O, Tf, Hp, Am, 6 PGD, PSA-I の11座位には多型が認められた。

茨城支場と愛知畜研の各座位における遺伝子頻度は非常によく似ており、わずかに Tf, Hp, Am 型で少し違いがみられる程度であった。そこで両者を混合して遺伝子頻度を算出し、これまでに調査されている中国系の台湾桃園種、小耳種、オーミニ豚などと比較すると、梅山豚では E, H, L, Am 座位などに特徴がみられた。また梅山豚の血液型変異性は、これらの品種の間で中位であった。

従来から血液型を調査してきた欧米系品種を含む11豚集団の間で、血液型遺伝子頻度を基に ROGERS および NEI の式を用いて遺伝的距離係数を算出し、デンドログラムを作成した。その結果、梅山豚は欧米品種とは完全に別のアジア系豚のグループに属するが、台湾桃園種とオーミニ豚の遺伝的類縁度が非常に近いのに対し、それらより少し離れた距離に位置していた。

緒 言

これまでアジア系豚の調査は、東南アジアを主体に幅広く実施されてきており、血液型変異もかなり明らかになっている¹⁾。しかし中国大陸には100品種以上の在来豚が存在しているにもかかわらず、血液型等の遺伝的特性の調査はほとんど実施されていない。近年中国豚の多

産性等に遺伝資源としての有用性から大きな注目が集っており、種々の経路からわが国への導入が活発化している。とくに江蘇省を中心に飼養されている太湖種の一内種である多産系豚として有名な梅山豚²⁾の導入が活発である。そこでわが国に導入された梅山豚の遺伝的特性を明らかにする目的の一つとして、血液型特性を調査し、これまでに調査された中国系豚の台湾の桃園種および小耳種、オーミニ豚などのそれら³⁻⁷⁾と比較してみた。

材料および方法

調査豚は、昭和60年4月の「日中農業科学技術交流グループ会合」の合意を受けて、日本の乳用種雄牛5頭との交換によって、昭和61年6月にわが国に導入された梅山豚10頭（農林水産省白河種畜牧場茨城支場けい養、以下「茨城支場」と略す）の内、疾病のため調査できなかった1頭を除く9頭（雄3、雌6頭）と、昭和61年12月と62年5月に江蘇省から直接および民間を通して愛知県に寄贈された梅山豚14頭（雄3、雌11頭、愛知県農業総合試験場畜産研究所けい養、以下「愛知畜研」と略す）の合計23頭であった。これらの中国における生産地は、茨城支場の雄が江蘇省蘇州市太倉県、雌が同じく昆山市、愛知畜研はすべて昆山市種豚場である。これら23頭から各1回少量（約5ml）の血液を採取し、血球と血清を分離したのち、血液型の分析に供した。血清および電気泳動用の赤血球の試料は、実験に供するまで凍結保存した。

調査した血液型は、赤血球抗原型8座位（A, E, F, G, H, K, L, O）、血清蛋白質型5座位（Tf, Pa, Hp, Cp, Am）、赤血球酵素型5座位（PHI, 6 PGD, PGM, ADA, EsD）、血清アロタイプ2座位（PSA-I, PSA-II）のわが国の豚集団で多型の存在が確認されている計20座位である。それらをまとめて表1に示した。赤血球抗原型の検出は、A, O, Ea, Eb, Ed, Ee, Ef, Eg, Fa, Fb, Ga, Ha, Hb, Ka, Kb, Lh, Lk, Oa の18種の抗血清を用いて、凝集反応、溶血反応およびクームス反応によって行った⁸⁾。血清アロタイプの検出は、Ia, Ib, IIa の3種の抗血清を用いて、寒天ゲル内二重免疫拡散法によって行った⁹⁾。血清蛋白質型および赤血球酵素型（ADA型を除く）の9座位の検出は、でん粉ゲル

昭和63年5月10日受付

* 東京農業大学

** 農林水産省白河種畜牧場茨城支場

*** 愛知県農業総合試験場畜産研究所

Table 1. Blood types used in the investigation of Meishan pigs

Blood types	System	Reagent
Blood groups	A	A, O
	E	Ea, Eb, Ed, Ee, Ef, Eg
	F	Fa, Fb
	G	Ga
	H	Ha, Hb
	K	Ka, Kb
	L	Lh, Lk
	O	Oa
Serum allotypes	PSA-I	Ia, Ib
	PSA-II	IIa
Serum proteins	Tf (Transferrin)	By starch gel electrophoresis
	Pa (Pre-albumin)	
	Hp (Hemopexin)	
	Cp (Ceruleplasmin)	
	Am (Amylase)	
Red cell enzymes	PHI (Phosphohexose isomerase)	
	6PGD (6 phosphogluconate dehydrogenase)	
	PGM (Phosphoglucomutase)	
	ADA (Adenosine deaminase) (By cellogel)	
	EsD (Esterase D)	

電気泳動法を用いて行った^{10,11}。ADA型はセルロゲル電気泳動法によって検出した¹¹。

血液型遺伝子頻度等を用いた遺伝的変異性の分析は、NOZAWAら¹²によって用いられている均質度 (H.I.)、個体当り、座位当り平均ヘテロ接合の割合 (\bar{H})、多型遺伝子座の割合 (P poly)、座位当り対立遺伝子の有効な数 (Ne) を計算することによって行った。それらを式で示すと次のとおりである。

(1) 均質度

$$H.I. = \frac{n}{n-1} \left\{ (p_1^2 + p_2^2 + \dots + p_n^2) - \frac{1}{n} \right\}$$

(n: 対立遺伝子の数, p_1, p_2, \dots, p_n : 遺伝子頻度)

(2) 平均ヘテロ接合の割合

$$\bar{H} = 1 - \overline{q_i^2}$$

(q_i はある遺伝子座の i 番目の遺伝子の頻度, 平均は変異のない遺伝子座も含めた全遺伝子座にわたる算術平均を示す)

(3) 多型遺伝子座の割合

P poly

(この場合, 1座位において最高頻度を持つ対立遺伝

子の頻度が 0.99 を越えない場合, その座位は多型的であると定義する)

(4) 対立遺伝子の有効な数

$$Ne = 1 / \sum_i q_i^2$$

(q_i はある遺伝子座の i 番目の遺伝子の頻度)

血液型遺伝子頻度を基にして豚品種間の遺伝的類縁関係を分析するため, 集団遺伝学の新分野で提唱されている ROGERS¹³ および NEI¹⁴ の式を用いて遺伝的距離係数を算出した。それらの式を示すと次のとおりである。

(1) ROGERS の式

$$D_m = \sqrt{\sum_{i=1}^n (X_{ij} - X_{ik})^2}$$

(m 座位における j と k 集団の遺伝的距離, X_{ij}, X_{ik} : それぞれ j と k 集団における i 遺伝子の頻度, n : 座位における遺伝子数)

$$\bar{D} = \frac{1}{l} \sum_{m=1}^l D_m$$

(2 集団間の平均遺伝的距離係数, l : 調査した座位数)

(2) NEI の式

$$D_N = -\log_e \left(\frac{J_{XY}}{\sqrt{J_X \cdot J_Y}} \right)$$

Table 2. Gene frequencies at blood type loci of Meishan pigs

Locus	Allele	Frequency		Locus	Allele	Frequency	
		Ibaraki	Aichi			Ibaraki	Aichi
A	A*	0.556	0.429	Pa	Pa ^A	1.000	1.000
	O	0.444	0.500	Hp	Hp ^{1F}	0.055	0.178
	—	0	0.071		Hp ²	0.389	0.250
E	E ^{ae g}	0.500	0.500		Hp ³	0.278	0.286
	E ^{sd g}	0.500	0.500		Hp ⁵	0.278	0.286
F	F ^a	0	0	Cp	Cp ^B	1.000	1.000
	F ^b	1.000	1.000	Am	Am ^A	0	0.071
G	G ^a	0	0		Am ^B	1.000	0.822
	G ^b	1.000	1.000		Am ^C	0	0.107
H	H ^a	0.333	0.267	PHI	PHI ^B	1.000	1.000
	H ^b	0.471	0.535	6PGD	6PGD ^A	0.889	0.893
	H ^{ab}	0.196	0.198		6PGD ^B	0.111	0.107
K	H ⁻	0	0	PGM	PGM ^B	1.000	1.000
	K ^a	0.944	0.893	ADA	ADA ^A	1.000	1.000
	K ^b	0.056	0.107	EsD	EsD ^A	1.000	1.000
L	K ⁻	0	0	PSA-I	I ^{ab}	0.529	0.402
	L ^{hk}	0.529	0.537		I ^a	0.471	0.598
	L ^h	0.471	0.463		I ⁰	0	0
O	L ⁻	0	0	PSA-II	II ^a	0	0
	O ^a	0.423	0.537		II ⁰	1.000	1.000
Tf	O ⁻	0.577	0.463				
	Tf ^B	0.778	0.571				
	Tf ^C	0.222	0.429				

*: Frequencies of the three phenotypes

(q_{ik} および q_{jk} はそれぞれ i および j 集団の k 番目の遺伝子の頻度であり、そして $J_X = \sum_k q_{ik}^2$, $J_Y = \sum_k q_{jk}^2$, $J_{XY} = \sum_k q_{ik} \cdot q_{jk}$ である)

これまでに報告されているアジア系豚（桃園種、小耳種、オーミニ豚、ゲッチングンミニ豚）および欧米系豚（ランドレース、大ヨークシャー、ハンプシャー、デュロック、ハイポー豚、ピッツマンムーア）の血液型遺伝子頻度^{3-7,15)}を用いて、梅山豚を含む11豚集団間の遺伝的距離を計算した。そして各集団間の類縁関係を示すデンドログラムは、SOKALとSNEATH¹⁶⁾のunweighted pairgroup methodによって作成した。

結果および考察

1) 梅山豚の血液型遺伝子頻度
茨城支場と愛知畜研の2機関それぞれについて、血液型20座位における遺伝子頻度を表2に示した。両機関

ともに多型のみられなかった座位は、F, G, Pa, Cp, PHI, PGM, ADA, EsD, PSA-IIの9座位で、Am型は茨城支場では変異がなく、愛知畜研のみで多型がみられた。その他の10座位は両機関とも多型が存在していた。そしてK, 6PGDを除く座位では、大きな変異がみられた。両機関の遺伝子頻度の違いは、Tf, Hp, Amの血清蛋白質型3座位で少しみられる程度で、非常によく類似していた。両機関に導入された豚の毛色、大きさなどには少し違いがみられるが、ともに昆山県を主体にした地域で生産されていることから、よく似た血液型特性を示したものと考えられた。以下の分析には、両機関の調査豚を混合して算出した遺伝子頻度を用い、他品種との比較などを行った。

2) アジア系豚の血液型遺伝子頻度の比較

これまでに台湾の桃園種と小耳種（田中ら, 1979, 1981, 1986)³⁻⁵⁾、わが国で飼養されているオーミニ豚（OISHIとTOMITA, 1976)⁶⁾とゲッチングンミニ豚

Table 3. Gene frequencies at blood type loci of Asian pig breeds

Locus	Allele	Frequency				
		Meishan	Taoyuan ^{a)}	Short-ear ^{a)}	Ohmini ^{b)}	Göttingen ^{c)}
A	A*	0.478	0.774	0.471	0.780	0.950
	O	0.478	0.151	0.353	0.220	0.050
	—	0.044	0.075	0.176	0	0
E	E ^{aeg}	0.500	0.840	0.735	0.940	0.525
	E ^{bdg}	0	0	0.118	0.030	0.475
	E ^{edg}	0.500	0.160	0.147	0	0
	E ^{efd}	0	0	0	0.030	0
F	F ^a	0	0.028	0.500	0	0.800
	F ^b	1.000	0.972	0.500	1.000	0.200
G	G ^a	0	0.058	0.065	0.041	0.051
	G ^b	1.000	0.942	0.935	0.959	0.949
H	H ^a	0.295	0.345	0.236	0.174	0.684
	H ^b	0.511	0.361	0	0	0.258
	H ^{ab}	0.194	0.056	0.317	0.163	0
	H ⁻	0	0.238	0.447	0.663	0.058
K	K ^a	0.913	0.934	0.500	0.860	1.000
	K ^b	0.087	0.066	0.500	0.140	0
	K ⁻	0	0	0	0	0
L	L ^{hk}	0.534	0	0.093	0	0.329
	L ^h	0.466	1.000	0.907	0.800	0.671
	L ⁻	0	0	0	0.200	0
O	O ^a	0.489	0.176	0.233	0.352	0
	O ⁻	0.511	0.824	0.767	0.648	1.000
Tf	Tf ^A	0	0.009	0.079	0.010	0
	Tf ^B	0.652	0.849	0.553	0.990	0.900
	Tf ^C	0.348	0.142	0.368	0	0.100
Pa	Pa ^A	1.000	1.000	0.706	0.990	0.950
	Pa ^B	0	0	0.294	0.010	0.050
Hp	Hp ^O	0	0.066	0	0	0
	Hp ^{1F}	0.130	0.028	0.036	0.261	0
	Hp ¹	0	0.076	0.464	0.027	0.025
	Hp ²	0.304	0.377	0.107	0.468	0.450
	Hp ³	0.283	0.198	0.322	0.144	0
	Hp ^X	0	0.142	0.071	0	0
	Hp ^Y	0	0.113	0	0	0
	Hp ^G	0	0	0	0	0.525
Cp	Hp ⁵	0.283	0	0	0.100	0
	Cp ^B	1.000	1.000	1.000	0.940	1.000
	Cp ^C	0	0	0	0.060	0
Am	Am ^A	0.044	0.594	0.421	0.480	0
	Am ^B	0.891	0.066	0.526	0.520	0.800
	Am ^C	0.065	0.198	0.053	0	0.200
	Am ^Y	0	0.142	0	0	0

(次頁上段につづく)

Table 3. (つづき)

Locus	Allele	Frequency				
		Meishan	Taoyuan ^{a)}	Short-ear ^{a)}	Ohmini ^{b)}	Oöttingen ^{c)}
PHI	<i>PHI^A</i>	0	0	0	0.030	0
	<i>PHI^B</i>	1.000	1.000	1.000	0.970	1.000
6PGD	<i>6PGD^A</i>	0.891	0.833	0.658	0.963	0.425
	<i>6PGD^B</i>	0.109	0.167	0.342	0.037	0.575
PGM	<i>PGM^B</i>	1.000	1.000	1.000	1.000	—
ADA	<i>ADA^A</i>	1.000	1.000	1.000	1.000	0.975
	<i>ADA^B</i>	0	0	0	0	0.025
EsD	<i>EsD^A</i>	1.000	1.000	0.972	1.000	1.000
	<i>EsD^B</i>	0	0	0.028	0	0
PSA-I	<i>I^{ab}</i>	0.448	—	—	1.000	0.500
	<i>I^a</i>	0.552	—	—	0	0.053
	<i>I^o</i>	0	—	—	0	0.447
PSA-II	<i>II^a</i>	0	—	—	0.188	0.163
	<i>II^o</i>	1.000	—	—	0.812	0.837

*: Frequencies of the three phenotypes, —: not tested

^{a)}: TANAKA *et al.* ³⁻⁵⁾, ^{b)}: OISHI and TOMITA⁶⁾, ^{c)}: OISHI *et al.* ⁷⁾

(OISHI ら, 1980)⁷⁾ の血液型遺伝子頻度が報告されている。そこでこれら中国系豚を主体とする4品種とここで調査した梅山豚との比較を行った。これら5品種の20座位における血液型遺伝子頻度を表3に示した。なお桃園種と小耳種の血清アロタイプ、ゲッチングミニ豚のPGM型は調査されていない。梅山豚を他品種と比較したとき、E, H, L, Am 座位に特徴がみられた。E 座位では *E^{edg}* 遺伝子の頻度が高く、H 座位では *H^b* 遺伝子が多く *H⁻* 遺伝子が存在せず、L 座位では *L^{hk}* 遺伝子の頻度が高く、Am 座位では *Am^A* が少なく *Am^B* が多いという特徴を有していた。その他の座位における梅山豚の遺伝子頻度は、A 座位では小耳種、F 座位は桃園種とオーミニ豚、K 座位は桃園種、O 座位はオーミニ豚、Tf 座位は小耳種、Hp 座位はオーミニ豚、6 PGD 座位は桃園種とオーミニ豚のそれらとそれぞれ類似していた。

桃園種は17世紀以降に中国大陸の福建および広東系の漢民族が台湾に持ち込んだ豚で、太湖種の系統に属するとされている。またオーミニ豚は1942年にわが国に東北民豚の系統が中国東北部より導入され、それを基にして作出されたとされている。一方小耳種は南方より高砂族によって台湾に持ち込まれたとされており、またゲッチングミニ豚はドイツでベトナムの小型豚を交配して作出されたとされている。これらのことを考慮すると、梅山豚は同じ中国大陸系の桃園種およびオーミニ豚と似

た頻度を示す座位が多いことは十分に理解できるが、その一方で小耳種とも比較的似た頻度を示す座位も多かった。しかしゲッチングミニ豚とは異なった特徴を示す座位が多かった。

3) 血液型の遺伝的変異性の比較

表3に示した梅山豚を含むアジア系5品種とすでに報告されている欧米系6品種¹³⁾の計11品種につき、血液型遺伝子頻度等から算出した遺伝的変異性の比較を行った。その結果は表4に示した。均質度、平均ヘテロの割合、多型遺伝子座の割合および対立遺伝子の有効な数の4指標をみると、すべての指標で、アジア系豚は欧米系品種に比べ一般に変異性が低い傾向がみられた。すなわち均質度指数が高く、平均ヘテロの割合が低く、多型遺伝子座位が少なく、対立遺伝子の有効な数が少ない傾向にあった。ただし欧米系品種の内ピッツマンムーア豚は例外で、変異性がアジア系豚同様低く、一方小耳種はアジア系豚の中では変異性が高く、欧米系品種のそれに近かった。すべての品種の中で最も変異性の高かったのはハイボー豚で、逆に低かったのはオーミニ豚であった。梅山豚はアジア系豚の中では桃園種、ゲッチングミニ豚に類似した変異性を示し、中位であった。これらの結果を考察すると、アジア系豚はオーミニ豚、桃園種、ゲッチングミニ豚など小集団のものが多く、変異性が低くなったものと思われた。一方欧米系品種の中では、ピッツマンムーア豚は小集団で変異性が低かったと考えら

れたが、ハイパー豚はその作出過程に多くの品種が関与した合成豚の故に、その変異性が最も高かったと思われた。梅山豚については、中国大陆の基礎集団はかなり大きいと考えられるが、ここで調査した個体数が限られていたので幾分低い変異性が示されたと思われる。

4) 豚集団間の遺伝的類縁関係

梅山豚を含むアジア系豚5品種と欧米系6品種の計

11品種の間の遺伝的類縁関係を分析した。調査した20座位の遺伝子頻度から求めた豚集団間の平均遺伝的距離係数およびそれを基に作成したデンドログラムを、ROGERSの式について表5と図1、NEIの式について表6と図2にそれぞれ示した。当然のことながら、どちらの式を用いて計算しても、アジア系品種内および欧米系品種内では、それらの間の遺伝的距離に比較して、小

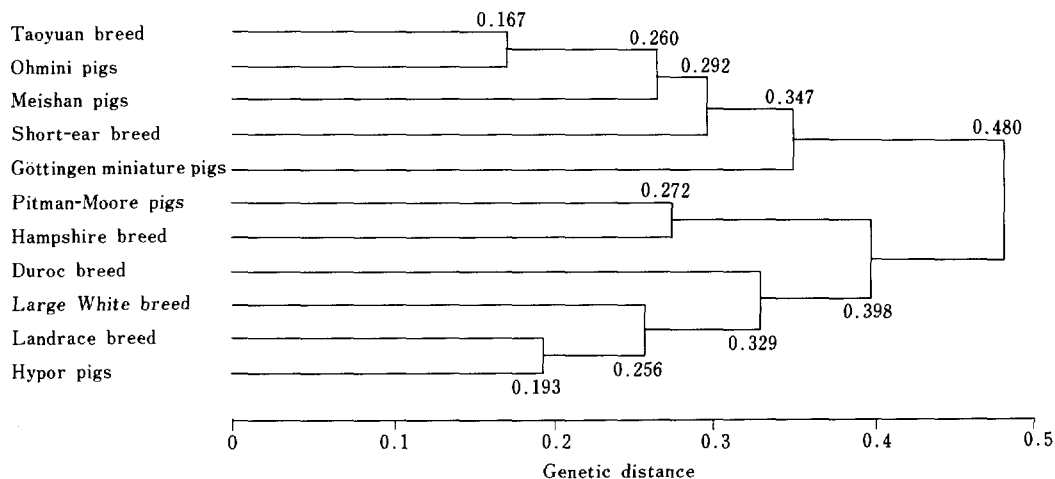


Fig. 1. Dendrogram showing genetic similarities among eleven pig populations drawn from the ROGERS' genetic distance.

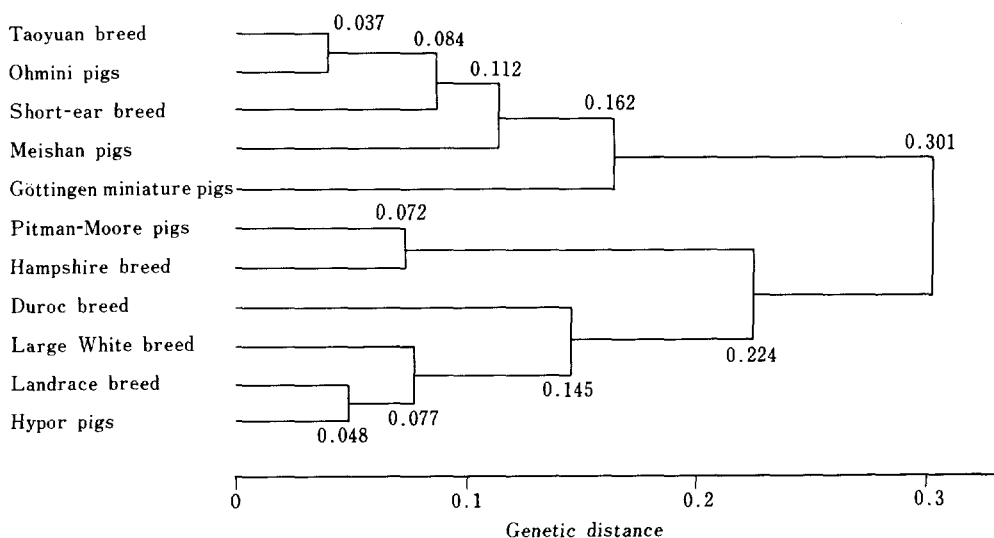


Fig. 2. Dendrogram showing genetic similarities among eleven pig populations drawn from the NEI's genetic distance.

作成したデンドログラムでみると、図1 (ROGERS)、図2 (NEI) とともに、アジア系豚と欧米系豚が完全に別のグループを形成していた。しかしアジア系豚のグループ内距離が示された。それらの結果を反映させるためにブ内での位置関係に、図1と図2で違いがみられた。すなわち桃園種とオーミニ豚が最も近い位置関係にある点と、ゲッチングミニ豚がグループ内で最も離れた位置にあることは同じであったが、梅山豚と小耳種の位置が図1と図2で逆転していた。図1では梅山豚が桃園種およびオーミニ豚に近い位置にあったが、図2では小耳種の方が近い位置を占めた。これら4品種はそれぞれ遺伝的に近い関係にあり、また式の性格の違いもあって、このような結果になったものと考えられた。NEIの式では一般に ROGERS の式より距離の差がより明確に出るといわれているが、距離の近いものについては2式による逆転現象もみられるようである。

オーミニ豚は中国東北部の在来豚が主体になったといわれているが、桃園種もその作出過程で交配されており、形態的にも桃園種との類似性がみられることから、桃園種とオーミニ豚の間で最も近い関係が示されたものと考えられた。一方梅山豚がこれらと少し離れた位置にあっ

た点については、梅山豚と桃園種が同じ太湖種に属するとされているが、毛色、形態などに少し違いもみられ、梅山豚の産地が江蘇省、桃園種が広東、福建省と異なることから起った結果と推察された。このことは太湖種内の変異の大きさ、桃園種の小集団化による遺伝的浮動およびボトルネック（瓶の首）効果が関係しているかも知れない。また梅山豚内における変異も考えられ、ここで調査した個体数が限られたものであったことから、今後中国本土における大規模な調査が必要と思われる。

図2において梅山豚より小耳種の方が桃園種およびオーミニ豚に近いという結果が示された点については、明解な説明は見当たらないが、南方より持ち込まれたとされる小耳種についても、血液型からみた場合、中国大陸の豚と大きな遺伝的隔たりはないといえるかも知れない。しかしこの点に関しては今後さらに詳細な調査が必要であろう。とくに TANAKA ら¹⁾は、タイ、マレーシア、フィリピンの在来豚を含めた分析の中で、小耳種を中国大陸と異なる島しょ型在来豚のグループと位置付けていることから、ここで示された結果については、今後十分な検討が必要と思われる。

引用文献

- 1) TANAKA, K., T. OISHI, Y. KUROSAWA and S. SUZUKI: Genetic relationship among several pig populations in East Asia analysed by blood groups and serum protein polymorphisms, *Anim. Blood Grps biochem. Genet.*, **14**, 191—200, 1983
- 2) 田名部雄一: 中国の家畜品種資源 III. 中国の養豚, 第2回日中農交在来家畜学術交流代表団報告, 32—43, 1985
- 3) 田中一栄・大石孝雄・黒沢弥悦: 台湾在来豚に関する遺伝学的研究 I. 桃園種の血液型および血清蛋白型変異, *日豚研誌*, **16**, 37—44, 1979
- 4) 田中一栄・黒沢弥悦・大石孝雄: 台湾在来豚に関する遺伝学的研究 II. 小耳種の血液型および血清蛋白型変異, *日豚研誌*, **18**, 179—183, 1981
- 5) 田中一栄・黒沢弥悦・大石孝雄: 台湾在来豚に関する遺伝学的研究 III. 血液蛋白多型による桃園種と小耳種の遺伝子構成, *日豚研誌*, **23**, 26—30, 1986
- 6) OISHI, T. and T. TOMITA: Blood groups and serum protein polymorphisms in the Pitman-Moore and Ohmini strains of miniature pigs, *Anim. Blood Grps biochem. Genet.*, **7**, 27—32, 1976
- 7) OISHI, T., K. ESAKI and T. TOMITA: Genetic relationship among Göttingen miniature, European and East Asian pigs investigated from blood groups and biochemical polymorphism, *Jpn. J. Zootech. Sci.*, **51**, 226—228, 1980
- 8) 大石孝雄: 豚の血液型と蛋白質多型の研究と応用 (2) II. 赤血球抗原型の判定技術とその分類, 畜産の研究, **34**, 1155—1158, 1980
- 9) OISHI, T., T. ABE and M. KOMATSU: Three serum allotypic antigens detected in pigs, *Jpn. J. Zootech. Sci.*, **50**, 173—181, 1979
- 10) 大石孝雄: 豚の血液型と蛋白質多型の研究と応用 (3) III. 血清蛋白質型の判定技術とその分類, 畜産の研究

- 究, 34, 1263-1266, 1980
- 11) 大石孝雄：豚の血液型と蛋白質多型の研究と応用（4）IV. 赤血球酵素型の判定技術とその分類, 畜産の研究, 34, 1503-1506, 1980
 - 12) NOZAWA, K., T. SHOTAKE and Y. OHKURA : Blood protein variations within and between the east Asian and European horse populations, *Z. Tierzüchtg. Züchtgsbiol.*, 93, 60-74, 1976
 - 13) ROGERS, J.S. : *Measures of genetic similarity and genetic distance*, University of Texas Publ., 7213, 145-154, 1972
 - 14) NEI, M. : *Molecular Population Genetics and Evolution*, 288 pp. North-Holland Publ., Amsterdam, 1975
 - 15) 大石孝雄：豚の血液型と蛋白質多型の研究と応用（6）VI. 豚および野猪の集団間の遺伝的類縁関係, 畜産の研究, 35, 339-343, 1981
 - 16) SOKAL, R.R. and SNEATH, P.H.A. : *Principles of Numerical Taxonomy*, Freeman, San Francisco and London, 1963

Genetic Variations of Blood Groups and Biochemical Polymorphisms in Meishan Pigs

Takao OISHI, Kazue TANAKA, Toshiaki OTANI
and Shigetoshi TAMADA

Summary

In this study, the genetic variations of blood groups and biochemical polymorphisms in Meishan pigs (Chinese pigs, Taihu breed) were investigated. The blood samples were taken from the nine animals (3 males, 6 females) introduced into Ibaraki Branch, Shirakawa Livestock Breeding Station, and the fourteen animals (3 males, 11 females) introduced into Aichi-ken Agricultural Research Center. Blood types investigated were eight blood group (A, E, F, G, H, K, L, O), five serum protein (Tf, Pa, Hp, Cp, Am), five red cell enzyme (PHI, 6 PGD, PGM, ADA, EsD) and two serum allotype (PSA-I, PSA-II) loci.

The results obtained are summarized as follows.

- 1) There were no variations at F, G, Pa, Cp, PHI, PGM, ADA, EsD and PSA-II loci, while the other eleven loci were polymorphic.
- 2) The gene frequencies at almost all loci were very similar in the two stations investigated. But there were small differences at Tf, Hp and Am loci. When the gene frequencies in Meishan pigs were compared with those in Taoyuan, Short-ear breeds of Taiwan, Ohmini pigs and Göttingen miniature pigs, that in Meishan pigs was characteristic at E, H, L and Am loci. The genetic variability in Meishan pigs was medium among these Asian breeds.
- 3) Using the gene frequencies at the twenty loci, the genetic distances were calculated between eleven pig populations (Meishan, Taoyuan, Short-ear, Ohmini, Göttingen, Pitman-Moore, Landrace, Large White, Hampshire, Duroc and Hypor) by the two formulae of ROGERS and NEI, and dendrogram showing genetic similarities among them were made. From the dendrogram, it was made clear that Meishan pigs belonged to Asian pig group different thoroughly from European-American group and situated at a short distance from Taoyuan and Ohmini pigs, while they showed close distance.