

水產種苗研究團隊－水產種原分子生物技術輔助育種平台之建立

曾福生、杜金蓮、朱惠真、謝立偉、陳雅嵐、林金榮
水產養殖組

吳郭魚及九孔 (*Haliotis diversicolor*) 為我國重要的水產養殖種類，近年來在養殖過程中，出現對環境變化敏感、抗病性及抗逆性差、成長速度慢、個體小型化與單位產量降低等現象，嚴重影響產業發展。

本研究調查養殖與野生貝的遺傳變異，結果發現養殖貝顯著低於野生貝，甚至於趨於一致，開始出現明顯的基因偏離現象。九孔養殖的幼貝來源，皆為人為選育，以當前業者的繁殖操作，養殖九孔的遺傳變異逐年降低，出現瓶頸效應及近交衰退的情形，以致於發生九孔繁養殖不易、個體變小、附著初期的幼苗落板及冬季高死亡率等問題。同樣的問題也存在於吳郭魚，甚或台灣其他重要的水產養殖物種。

以九孔的粒線體細胞色素氧化酶次單元基因 (cytochrome c oxidase subunit I, COI) 之部分基因序列，探討 2 個台灣野生群體：澎湖 20 個 (P)、花蓮 11 個 (H) 和 4 個日本野生群體：A 20 個 (N)、B 18 個 (M)、C 46 個 (JO) 及 D 38 個 (D) 的遺傳變異，共 153 個樣本。選殖之 COI 的部分基因序列為 835–838 個鹼基對 (base pairs, bps)，在 153 個樣本進行軟體比對分析後，存有 113 種單倍型 (Haplotype)，其中台灣野生群，P 有 19 型、H 有 11 型；日本野生群，N 有 19 型、M 有 18 型、D 有 38 型及 JO 有 33 型。2 個台灣野生群體，P 及 H 的變異位點 (variable sites) 為 3.95% 及 4.78%，低於日本的 4 群 N、M、JO 及 D (依序 6.71%、19.59%、11.69% 及 30.06%)。2 個台灣野生群體的核苷酸多樣性 (Nucleotide diversity, $\theta\pi$) P 及 H 分別為 0.0051 及 0.0123，低於 4 個日本野生群體 (依序 0.0093、0.0312、0.0816 及 0.0101)。6 個來源不同的野生群體的分析結果顯示 (圖 1)，台灣的群體遺傳變異明顯低於日本群體，表示台灣的野生群體的遺傳變異正處於下降狀態。

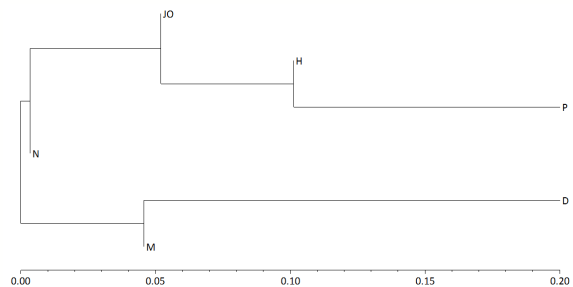


圖 1 以鄰接法繪製 6 個不同來源的九孔群體間 COI 部分序列的親緣關係樹

為了解紅色吳郭魚 (*Oreochromis spp.*) 體色性狀和遺傳特徵，使用 (TsRxCP) ♀ 回交 TsR ♂、(TsRxCP) ♀ 回交 CP ♂、TsR 自交品系和 CP 自交品系等 4 種遺傳組合，比較不同的吳郭魚品系後代體色表現改良效果，結果顯示：(1)在 4 種配對組合中，1 月齡均無全黑苗產生；(2)TsR 自交子代之體色偏白，CP 子代體色偏橙紅，其中有 9.88% (59/597 尾) 帶有黑點；(3)在回交組中，(TsRxCP) ♀ × TsR ♂ 子代體色偏白但沒有黑點或黑斑的魚苗；(TsRxCP) ♀ × CP ♂ 子代體色偏橙紅，但其中 6.50% (40/615 尾) 的魚苗有灰或黑色點分布在頭部。顯示 4 種配對組合的後代產生網紋狀黑斑的遺傳特徵應是遺傳自 CP 品系 (圖 2)。



圖 2 與 CP 回交仔代的體色表現，魚體的腹側的黑體色呈網紋狀