

臺灣養殖香魚遺傳變異調查

陳又新、杜金蓮、朱惠真、黃奕瑄、游蓁、曾福生
水產養殖組

香魚 (*Plecoglossus altivelis*) 為宜蘭縣養殖產業重要的經濟魚種之一，魚苗及成魚產量皆為全國之冠。本試驗利用隨機擴增多型性引子建立香魚之 DNA 圖譜，進行遺傳變異調查。收集來自於宜蘭香魚場及新竹香魚場之檢體共 70 個樣本進行分析。使用 80 組隨機擴增多型性引子進行 PCR 及電泳測試，選取適合之 6 組引子進行分析，總共產生 84 條條帶，38

條多型性條帶，46 條非多型性條帶，多型性條帶比率為 45.23% (圖 1)。使用非加權組平均法 (unweighted pair group method with arithmetic mean, UPGMA) 分析香魚 DNA 指紋相似度，於遺傳相似度大約 0.13 可將香魚分成兩組群 (圖 2)，推測養殖香魚彼此遺傳距離接近，親緣性較高，有近親之可能。

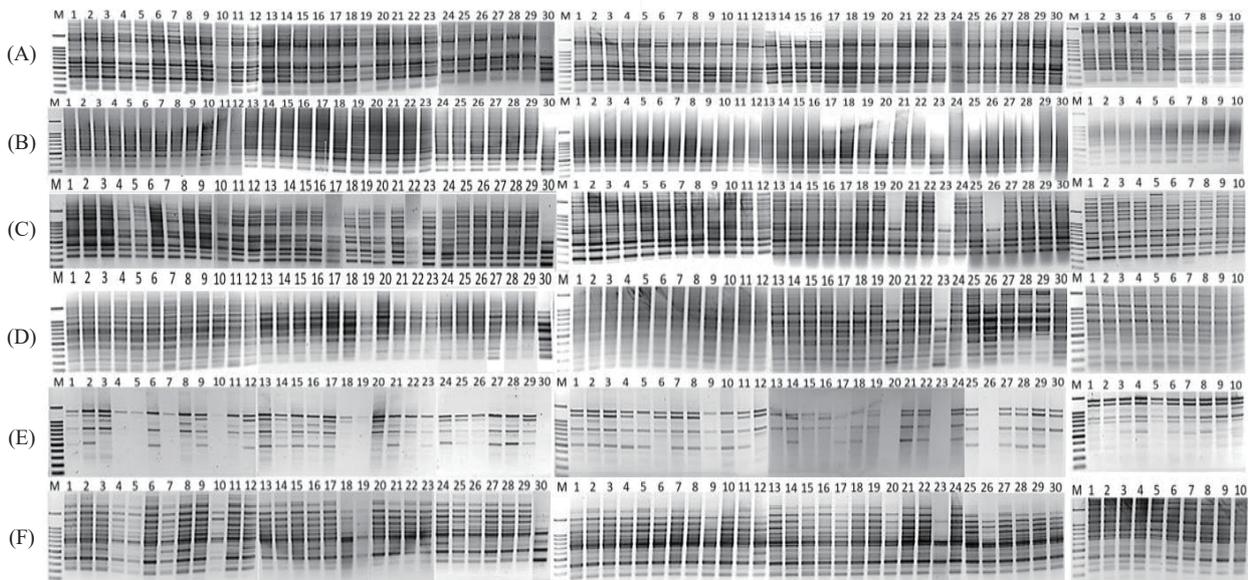


圖 1 使用 6 組 RAPD primer (圖中 A 至 F 表示基因座 3、5、7、8、9 及 12) 及 70 個香魚樣本進行 PCR 及電泳呈像，其中基因座 9 號在 70 個樣本中有較顯著的差異，其餘的 5 個基因座在 70 個樣本中僅有些微的差異

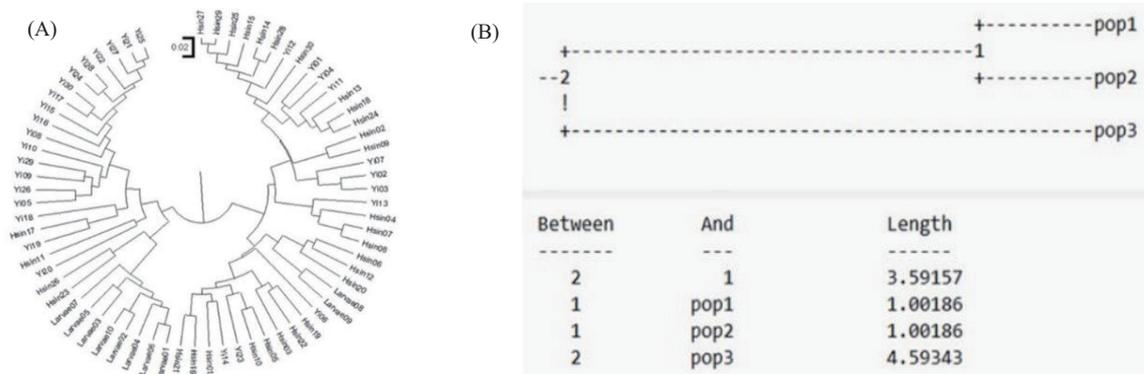


圖 2 使用 UPGMA 法進行 3 個不同地區香魚樣本之歸群分析，其中圖 A 為個體的樣本歸群分析，遺傳相似度大約 0.13 可以區分為 2 群；圖 B 是以 popgene 進行 3 個區域的香魚作為歸群分析，結果亦是相同的