

七、水產生物優良種原保存

台灣養殖泰國蝦族群之遺傳變異度分析

鄭金華、黃重期、陳紫嫻
生物技術組

透過農業生物遺傳資源利用，可以有效地降低農業生物之生產成本，並提高作物之產量與產值，建立農業生物種原庫及其利用是農業生物遺傳資源利用重要的一環，而建立種原庫首先需要建立種原之遺傳資料庫。台灣的水產養殖業雖然很發達，但是對於養殖種類的遺傳結構都不清楚。沼蝦屬 (*Macrobrachium*) 超過 125 種，其中羅氏沼蝦 (*M. rosenbergii*) 又稱為淡水長臂大蝦，俗稱泰國蝦，是其中體型最大、最具有養殖價值的種類。泰國蝦廣泛分布於澳洲到印度，由粒線體 16S 的 DNA 序列分析結果顯示：羅氏沼蝦可分為東方、西方兩群 (de Bruyn et al., 2004)。台灣引進養殖的羅氏沼蝦與其它群之關係為何？是值得探討的問題。

自屏東縣七個主要泰國蝦養殖場採取樣本，分別為進口者 (當年的進口苗) 與本土者 (進口時間不詳)，利用 PCR 技術將粒線體 DNA 特定片斷擴增後進行定序，然後進行泰國蝦各族群間之遺傳變異度分析。粒線體 DNA 的 cytochrome c oxidase subunit I (COI)，以廣用性的引子對 LCO1490 與 HCO2198 (Folmer et al., 1994) 擴增之後定序，在 82 個樣本之部分序列中，並沒有發現任何的 insertion 或 deletion，各個採樣點有 3-5 種基因型，共計有 13 種基因型 (haplotype)，分別在 56 個鹼基位置上有變異。各基因型之間平均遺傳歧異度為 0.025 ± 0.013 。進口者三個採樣點 35 個樣本中，共出現 6 種基因型 (A, B, C, D, E, F)，平均基因歧異度為 0.733 ± 0.036 。本土四個採樣點 47 個樣

本中，共出現 8 種基因型 (F, G, H, I, J, K, L, M)，平均基因歧異度為 0.439 ± 0.0876 。基因型 F 是唯一同時出現在進口樣本中者。因此基因型 F 的分布最廣，共分布於全部 7 個採樣點的樣本中。全部樣本的平均基因歧異度為 0.750 ± 0.0351 ，AMOVA 分析結果顯示本土樣本與進口樣本之間有顯著的遺傳變異 ($p < 0.001$)。以上結果顯示進口樣本與本土者之基因歧異度均很高，進口者之基因歧異度較本土樣本高，且有顯著的遺傳組成。

以 neighbor-joining 法重建的親緣關係樹形圖 (圖 1、2) 支持 de Bruyn et al. (2004a) 以 16S 序列分析亞洲和澳洲的 *M. rosenbergii* 發現，即澳洲 (東方群) 的基因型與台灣的 (自西方群的泰國進口) 基因型分布於兩個分枝，兩者且具有相當大的遺傳距離。結果顯示，台灣養殖泰國蝦樣本與泰國、馬來西亞、越南等地河川之西方樣本者相似，但與印尼、菲律賓、澳洲等地河川之東方樣本者有明顯差異。台灣養殖泰國蝦是否均來自泰國須要進一步分析。

試驗結果亦顯示，進口樣本與本土樣本之基因歧異度均很高，進口者之基因歧異度較高些，本土者有相當程度的近親交配現象。持續進口泰國蝦種源雖然可以改善近親交配的現象，不過引進種源的同時也引進了許多新的疾病，在引進種源的過程中應加強隔離防疫，才可避免疾病的傳播。

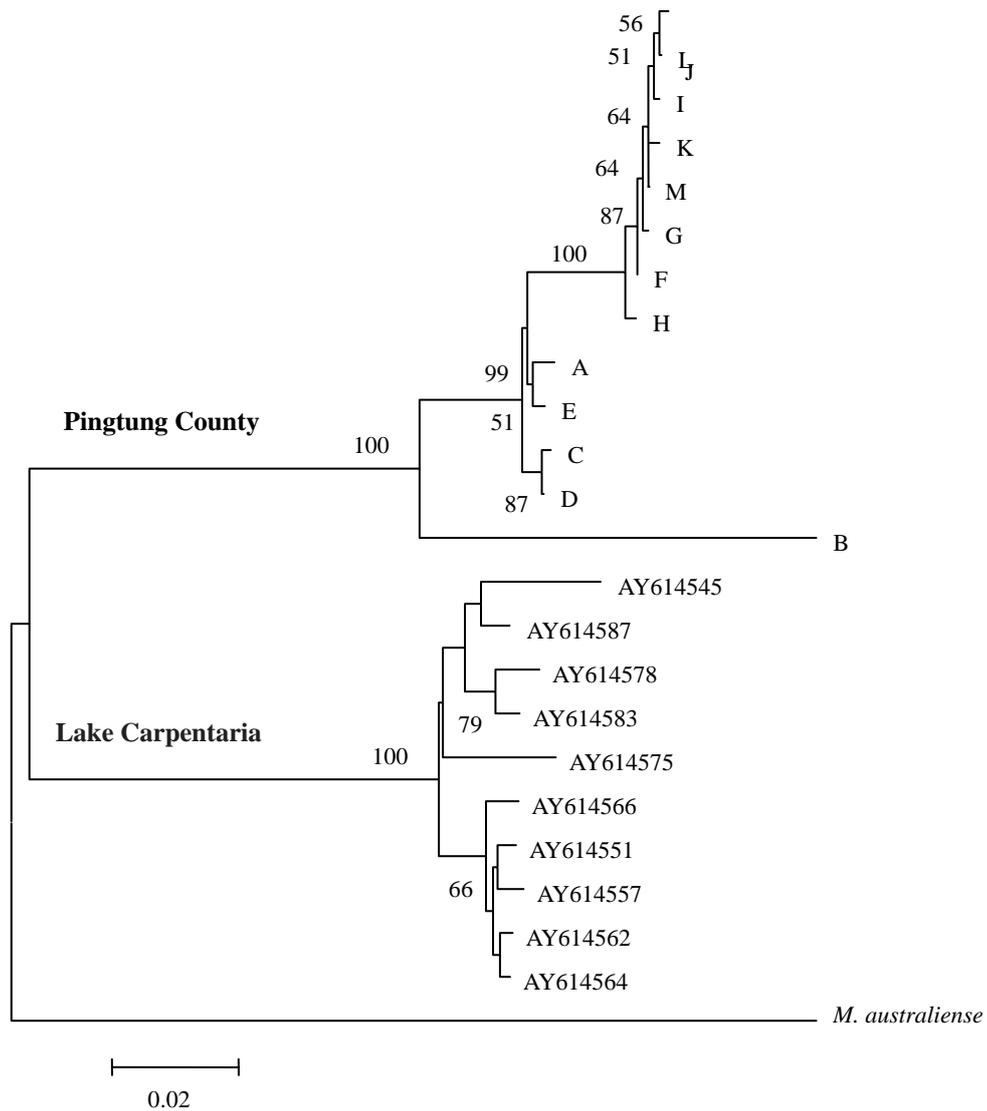


圖 1 泰國蝦 COI 基因之部分序列以 neighbor-joining 法建立的親緣關係樹形圖，泰國蝦樣本來自屏東縣以及澳洲 Lake Carpentaria (de Bruyn et al., 2004b) *M. australiense* 為外群

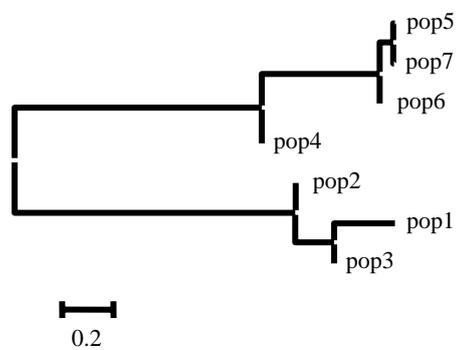


圖 2 屏東縣 7 個養殖場泰國蝦之親緣關係樹形