

八、水產養殖關鍵生物技術

生物技術在九孔及吳郭魚之應用研究

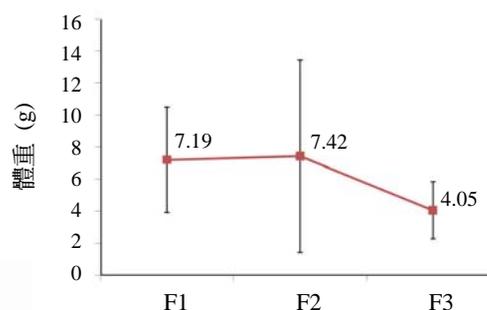
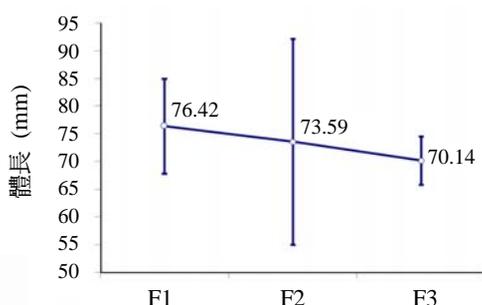
曾福生、周賢鏘、余俊欣、盧民益、朱惠真、林金榮
水產養殖組

本計畫針對吳郭魚和九孔進行育種研究。吳郭魚方面，以每世代篩選同胞內雌雄個體自交，建構紅色品系連續三個世代 (F1、F2 和 F3)，並對 F1、F2 和 F3 世代的體長和體重關係進行研究；九孔方面，以台灣東半部宜蘭、花蓮及台東地區的九孔，利用逢機引子擴增法技術 (RAPD)，評估養殖及野生族群的遺傳變異。

吳郭魚部分，分別對 F1、F2 和 F3 三個世代的 3 月齡魚隨機各取樣 30 個樣品，量測體長和體重。F1、F2、F3 的體長和體重分別為 76.42 ± 8.51 mm、 7.19 ± 3.29 g； 73.59 ± 18.55 mm、 7.42 ± 6.01 g； 70.14 ± 4.32 mm、 4.05 ± 1.79 g。透過 t-test 檢測，F1 和 F2 之體長和體重均沒有顯著差別。F2 和 F3 之體長沒有顯著差別，但體重則有顯著差別 ($p < 0.01$)，F1 和 F3

之體長和體重均有顯著差別 ($p < 0.005$) (如圖)，顯示近交的退化現象存在。

九孔 (*Haliotis diversicolor*) 部分，(1)養殖族群共有 5 群，台東縣兩群 (TC 1 和 TC 2)，宜蘭縣三群 (YC 1, YC 2 和 YC 3)。(2)野生族群來自花蓮縣沿岸的水璉、磯碯 (HW 1) 以及鹽寮 (HW 2) 等兩群。經由 RAPD 擴增結果，以 6 條逢機引子擴增出具再現性且清楚可辨識的條帶共 61 條。養殖和野生族群的遺傳變異分析結果如表。養殖及野生九孔族群的遺傳變異，由未加權算數平均法 (unweighted pair group method analysis, UPGMA) 及根據相似性係數之數值矩陣歸群，可將九孔分成台東、花蓮和宜蘭三群，其中花蓮的野生九孔之遺傳的變異及等位基因均明顯大於養殖九孔，而宜蘭的 YC 3 則自成一群。



紅色吳郭魚品系 F1、F2 和 F3 三個世代 3 月齡的體長和體重的關係圖

5 個養殖群體和 2 個野生群體的九孔經由 POPGENE 軟體分析的遺傳變異係數表

族群	樣本數	實測等位對偶基因數(n±sd)	有效等位對偶基因數(n±sd)	基因歧異度 (h±sd)	Shannon's 指數 (I±sd)	具多型性基因座總數 (nL)	多型性基因座佔總基因座比率 (PL%)
TC 1	34	1.8033±0.4008	1.5457±0.3521	0.3134±0.1803	0.4609±0.2519	49	80.33
TC 2	40	1.8852±0.3214	1.6469±0.3423	0.3599±0.1638	0.5233±0.2210	54	88.52
YC 1	37	1.8361±0.3733	1.5023±0.3524	0.2927±0.1830	0.4360±0.2522	51	83.61
YC 2	37	1.8525±0.3576	1.5152±0.3795	0.2939±0.1898	0.4366±0.2570	52	85.25
YC 3	31	1.0000±0.0000	1.0000±0.0000	0.0000±0.0000	0.0000±0.0000	0	0.00
HW 1	30	1.9508±0.2180	1.7397±0.2846	0.4048±0.1298	0.5823±0.1703	58	95.08
HW 2	30	1.8689±0.3404	1.6677±0.3456	0.3659±0.1717	0.5268±0.2356	53	86.89
總計	239	2.0000±0.0000	1.6970±0.2752	0.3928±0.1143	0.5745±0.1352	61	100