

九、生物多樣性研究及水產遺傳資源保存與利用

台灣產葡萄牙牡蠣族群遺傳之研究

蕭聖代、梁宏彥
海洋漁業組

台灣的養殖牡蠣皆為葡萄牙牡蠣 (*Crassostrea angulata*)，雌雄異體，行體外受精，卵受精後會有 20 天左右的浮游期，經由多段的變態成長，隨後附著於基底上，固著成長至成體。由於其幼生在海中經歷約 20 天的浮游期，因此推估葡萄牙牡蠣的幼苗會隨海流散播，提供族群間基因交流。台灣週邊海域的洋流主要有沿台灣東部北上的黑潮主流，沿台灣西南部北上的黑潮支流，經由台灣海峽向北流的南中國海海流，以及沿中國東海岸南下的大陸沿岸流，由於牡蠣浮游幼生並無游泳能力，這四大海流是否直接影響到牡蠣遺傳結構，則有待進一步的研究。有關台灣地區牡蠣族群結構之研究至今仍闕如。近年來分子生物學的方法已被廣泛的用來彌補形態分類上之不足，以及用來探討類緣演化的關係及族群結構。本研究使用粒線體非編碼區序列，探討台灣地區牡蠣之族群結構，以作為牡蠣資源之管理及育種、種苗放流、效益評估等之依據。

本研究共定序 162 個台灣產葡萄牙牡蠣樣本之粒線體非編碼區序列，經比對後共得到了 96 個單型 (haplotype)，相較於太平洋牡蠣 29 個樣本中僅有 8 個單型 (Aranishi, 2006)，顯示台灣產葡萄牙牡蠣族群依然維持較高的遺傳多樣性。本研究顯示各採樣點間葡萄牙牡蠣的族群間遺傳變異並無明顯分群，可能因為台灣產葡萄牙牡蠣幼生浮游階段隨海流散播，有助於族群內的基因多樣性並增加族群間的基因交流；抑或由於台灣牡蠣養殖業者為了提高產能與產值，常常會將牡蠣苗移往他處飼養，因此也有「南苗北遷」或是「北苗南移」的養殖方式，這可能造成基因交流的機會，間接造成較高的遺傳多樣性。

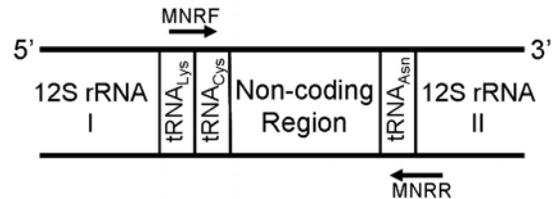


圖 1 增幅粒線體 DNA non-coding 片段使用之引子及位置圖

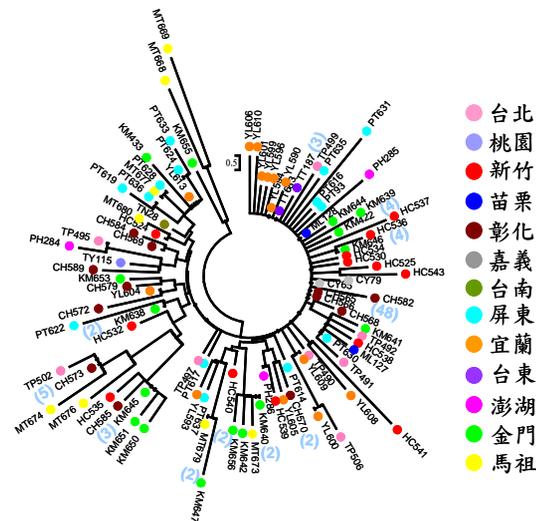


圖 2 從 Neighbor-joining 關係樹發現各採樣點間葡萄牙牡蠣的族群間遺傳變異並無明顯分群

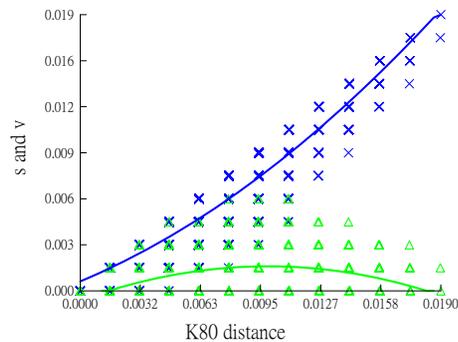


圖 3 研究中使用的粒線體非編碼區片段尚未達到飽和