

台灣重要河川魚介類遺傳資源分析與評估

黃家富、劉富光

淡水繁養殖研究中心竹北試驗場

台灣地處於亞熱帶，島內多山，造成河川流短而急促；雖是如此，仍擁有七十餘種之原生淡水魚，以及百餘種洄游及河口型魚類，使台灣成為全世界單位面積裡淡水魚種類最高的區域之一。又因受台灣海峽長期隔離，生物演化出許多特有種，對學術研究、資源保育利用，社會文化資產、醫學研究等深具價值。因此建構國家水產種原庫時，生物族群資源分析及物種基因庫之建立已是刻不容緩的工作。

何氏棘鮃 (*Spinibarbus hollandi*) 被列為台灣特有種河川魚類，分布於台灣南部與東部中大型河川中，依相關研究調查發現，該魚種數量已歸屬“稀有魚類”，數量甚至較保育種之高身產額魚為少。建構淡水魚介類種原庫除物種多樣性研究外，基因多樣性亦是生物多樣性研究重要的一環。過去的 20 年，魚類族群分析以同功異構酶 (isozyme) 為主，但其靈敏度 (sensitive) 較差，尤其對族群地理分布研究上，形成研究瓶頸 (Motohiro et al., '97)。粒線體 DNA 是生物染色體 DNA 以外之遺傳物質；每一細胞體中含有數個粒線體 DNA，且粒線體 DNA 具：(1) 分子量小，分子結構為一個閉合環狀雙鏈分子，易於分析；(2) 粒線體 DNA

具母系基因遺傳的特性；(3) 粒線體 DNA 未具如染色體 DNA 之修補系統，易發生變異，演變速率較染色體為快，正是族群變異研究的好對象；(4) 基因組成相當穩定，含有 13 個編碼蛋白質基因、2 個核糖體 RNA 基因、22 個轉移 RNA (tRNA) 及一無結構基因 (稱為控制區，Control region 或 D-環，D-loop)，而非密碼區很 (Intron region) 少。致使 mtDNA 成為族群結構及類緣關係等研究的材料之一。本中心擬運用粒線體 DNA 序列，建立粒線體 DNA 基因序列資料庫。

分析何氏棘鮃粒線體 DNA 12s-rRNA 基因的核苷酸序列，其長度為 953 bp；而中華倒棘鮃的基因序列經二次定序結果均呈現嚴重干擾，定序可信度無法接受，目前繼續嘗試。何氏棘鮃與中華倒棘鮃二者 cytochrome b 基因核苷酸序列 (表 1)，其長度均為 1140 bp，其二者鹼基對有 159 bp 差異，若能有光倒棘鮃的相關序列，更能探討出種間親緣關係，因此獲得光倒棘鮃樣品是刻不容緩的工作。

本研究完成之粒線體 DNA 之 cytochrome b 與 12s-rRNA 基因序列，以供種類親緣關係比對與探討。

表 1 12s-rRNA gene sequence for *Spinibarbus hollandi*

1	caaagcatg	gtcccacct	tactgtcagc	tctagcccaa	cttacacatg	caagtctccg
61	cagcccagtg	aatacgcct	caatccccct	gcccggggac	gaggagcagg	catcatggca
121	caaatattag	ccaagacgc	ctagtcaagc	cacaccccca	agggattca	gcagtgatag
181	acatttagcc	ataagtaaa	acttgactca	gttagtgcta	agagggccgg	taaaactcgt
241	gccagccacc	gcggttaac	ggagaggccc	cagttgacat	tataacggcg	taaagggtgg
301	ttaaggataa	acaaaataaa	gccaaatggc	ccctttggcg	tcatacgctt	ctaggtgtcc
361	gaggccctat	ttncacgaa	agtacttita	aaaccacact	gaccccacga	aaactgagaa
421	acaactggg	attagatacc	ccactatgct	cagccgtaaa	cttagacatc	caactacaat
481	tagatgtccg	ccagggtact	acaagcattt	agcttaaaac	ccaaaggacc	tcacggtgtc
541	tcagaccccc	ctagaggagc	ctgttctaga	accgataacc	cccgttcaac	ctcaccactc
601	ctagccatcc	cagcctatat	accgccgtcg	tcagettacc	ctgtgaagga	aataaaaagta
661	agcaaatgg	gcacaacca	gaacgtcagg	tcgagggtga	gcgcatgaag	tggaagaaa
721	tgggtacat	tttctattgc	agaatattac	gaatatgccc	catgaaacgg	tgcttgaagg
781	aggatttagt	agtaaaaagg	aaacagagtg	tccctttaa	cccggctctg	agacgcgtac
841	acaccgcct	gtcactctcc	cctgtcaaaa	gcgcaaaaa	atacctaata	caatagcacc
901	gacaagggga	ggcaagtcgt	aacatggtaa	gtgtaccgga	aggtgcactt	gga