

應用 SNP 技術分析國內外養殖吳郭魚差異之研究

張凱傑、陳榮華、王俐文、楊順德
淡水養殖研究中心

尼羅吳郭魚 (*Oreochromis niloticus*) 為世界上重要的經濟性魚類之一，其年產量也在臺灣養殖魚種中名列第一，然而，隨著貿易自由化趨勢的發展，若其他國家的吳郭魚進入臺灣市場，消費者很難辨認其真正的產地，無法溯源的商品也降低該商品的可信度與價值。本研究目的在利用 SNPs 生物晶片，盼能篩選出具有地區特異性的分子標記，開發出能有效鑑別不同產地吳郭魚產品之快速檢測技術。

本研究共採樣 304 件國內樣本，超過 10 種以上吳郭魚品系；國外以進口吳郭魚條凍及魚片產品為主，共計 200 件樣本。在全基因 SNP 晶片分析上取得 350 筆吳郭魚生物晶片資料與 90 筆吳郭魚 NGS 資料，資料經整併與篩選程序，第一次 QC 去除貢獻度低、資料缺失多的 SNPs 位點，共獲得 28,969 高品質 SNPs 以進行主成分分析及 K-means cluster 分群分析；第二次 QC (LD pruning) 篩選出連鎖不平衡區域代表 SNPs 位點，有效縮減 SNPs 位點數，最終獲得 8,728 高品質 SNPs 以進行染色體圖譜及演化樹等分群分析，並繪製分群圖以解讀材料來源與特性。

主成分分析顯示大部分養殖吳郭魚樣本皆與臺灣商業種血緣相近。染色體圖譜經 LD pruning 篩選，得到高品質的 8,728 SNPs，將 SNPs 位點繪製染色體圖譜上，可發現 8,728 SNPs 位點均可均勻的分布於 22 對染色體上。演化樹可明顯分為 13 群，另外可以看出臺灣連鎖超市之冷藏或冷凍魚片的來源，與臺灣養殖場一致，顯示目前臺灣主要販售吳郭魚冷藏或冷凍魚片來自國內生產。遺傳背景以 K-means cluster 分析，以 k=12 可有效將樣本資料分為 12 群，現行臺灣、中國與東南亞商業品種的遺傳背景可明確區隔，根據此結

果看出不同國家或來源的遺傳背景不同做出具鑑別性的 DNA 條碼 (DNA barcode)。國內外吳郭魚樣本共 149 筆資料，以全部 53,264 SNPs 位點進行交集分析，可明確將不同國家養殖吳郭魚做出區隔，除了臺灣繁殖魚苗場 (Farm 1, 2, 4, 5) 及臺灣連鎖超市外，不同地區吳郭魚至少有 150 個特有的 SNPs 位點，後續可作為 DNA barcode 使用，鑑別不同地區的養殖吳郭魚 (圖 1)，唯臺灣繁殖魚苗場 (Farm 1, 2, 4, 5) 及臺灣連鎖超市因混雜導致 SNPs 位點數量較低，可藉由將臺灣連鎖超市另外建立藉以提升 SNPs 位點數。

即使是不同國家所養殖的吳郭魚在基因層面上同質性較高，如面對逆境環境時可能較易受影響，由此更顯本所淡水種原庫的重要性，目前本所淡水種原庫所保種的吳郭魚在基因上較具高異質性。未來應用 DNA barcode 更有效鑑別國內外吳郭魚產品，需定期進行樣本蒐集並更新，蒐集更多國家異地養殖場魚隻，樣本分布範圍越廣，應用性及準確性將會越高。

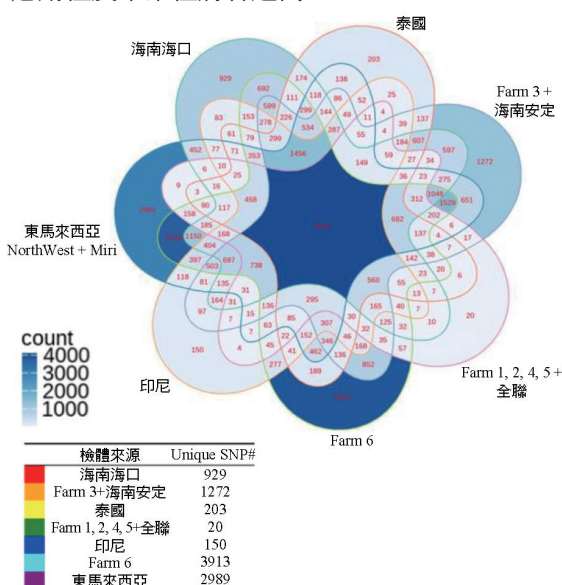


圖 1 建立不同地區養殖吳郭魚的 DNA 條碼