

## 密點少棘胡椒鯛族群遺傳結構基礎調查研究

黃慶輝、吳嘉哲  
水產養殖組

本研究以密點少棘胡椒鯛 (*Diagramma pictum*) 為對象，旨在建立其族群遺傳分析所需之基礎分子標記，並評估此物種在後續放流及育種管理上的遺傳可行性。由於密點少棘胡椒鯛相關遺傳研究相當有限，目前僅有完整粒線體序列的公開資料，因此本研究可視為該物種第一個系統性的族群遺傳初探。

研究背景與重要性方面，本所成功突破密點少棘胡椒鯛人工繁殖瓶頸，完成自然產卵、仔稚魚培育與生產，為全球首度成功人工繁殖此物種的完整紀錄 (Chiu et al., 2025)。惟目前對該物種的遺傳多樣性、族群結構及可用基因標記之認識仍缺乏，亟需建立基礎遺傳資訊，以作為未來資源管理、放流參考與漁業資源永續利用的重要依據。此外，先前在阿拉伯灣的研究指出，密點少棘胡椒鯛屬於雌雄異體物種，雄魚可在約 0.5 年齡成熟，而雌魚則需約 2.9 年，最長可活存達 11 年 (Grandcourt et al., 2011)，顯示其生活史較長、繁殖速度較慢，更突顯本物種之遺傳監測與放流管理的重要性。

研究結果方面，本研究比較種魚族群中粒線體不同區域的變異程度來篩選基因標記。透過

DnaSP 進行序列多樣性分析顯示，D-loop 區域相較於 *Cytb*、*COI* 等較保守的基因片段具最高的族群內變異度 (表 1)。D-loop 在密點少棘胡椒鯛中展現更佳的遺傳分辨力，因此本研究鎖定 D-loop 基因片段作為後續族群遺傳與親緣分析的主要分子標記。受精卵分子標記適用性測試部分，為確保基因標記可應用於初期胚體，本研究進一步測試單一受精卵之 DNA 是否具足夠量與品質以進行 PCR 與定序。實驗結果顯示單一受精卵萃取所得 DNA 濃度僅約 2 – 3 ng/μl，但已足以成功進行 PCR 擴增，D-loop 序列可被完整擴增與定序，受精卵序列與部分澎湖親代樣本一致，證明其來源判別能力 (圖 1)。本研究所建立之分子標記不僅可用於成體，也可應用於早期胚體，有助於未來放流個體來源追蹤、親系確認與資源管理。

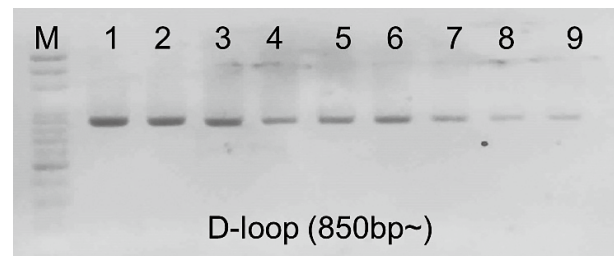


圖 1 以澎湖 9 尾成魚樣本為例，電泳結果顯示本次設計之引子皆能以 PCR 方式擴增所需 D-loop 片段

表 1 DNA<sub>SP</sub> 分析顯示 D-loop 具最高族群變異度並為主要遺傳標記之篩選結果

標記種類	<i>COI</i>		<i>Cytb</i>		D-loop	
	澎湖(N=9)	屏東(N=8)	澎湖(N=9)	屏東(N=8)	澎湖(N=9)	屏東(N=8)
h (haplotype diversity)	0.722	0.786	0.00	0.464	0.833	0.893
$\pi$ (nucleotide diversity)	0.00080	0.00170	0.00	0.00087	0.00193	0.00891