

## 運用SNP技術分析不同產地養殖吳郭魚差異之研究(II)

張凱傑、陳榮華、王俐文、邱詠傑  
淡水養殖研究中心

本研究運用單核苷酸多態性 (single nucleotide polymorphism, SNP) 生物晶片技術，篩選並建構可有效鑑別不同產地來源之養殖吳郭魚分子標記系統。研究核心目標在於建立以臺灣種苗場為主體之 SNP 基因型資料庫，透過解析不同地理來源族群在核酸層級上的遺傳差異，發展高解析度之分子鑑別工具，作為吳郭魚產地辨識與 DNA 來源標記技術之科學依據，並同步擴充臺灣鯛種苗之遺傳背景資料。

在樣本蒐集方面，國內已自 4 家吳郭魚種苗繁殖場取得共 303 件樣本；國外樣本則分別來自中國、越南、馬來西亞、泰國及印尼，總計蒐集 331 件檢體，涵蓋東亞及東南亞主要養殖與輸入來源區域，具代表性之地理與產業背景。

所有樣本均以冰鮮方式保存，並於低溫條件下迅速採集足量去皮肌肉組織進行處理。核酸萃取採用磁珠式商業化基因組 DNA 萃取套組，萃取完成之 gDNA 經由瓊脂糖膠電泳、核酸濃度測定及吸光值比值檢測進行品質之控管。通過品質標準之樣本，統一轉置至 96 孔盤後，送交專業生技公司進行 SNP 基因晶片分析，最終成功完成 281 件檢體之上機分析作業。

依據 SNP 晶片所獲得之位點資訊，並整合 NCBI 資料庫之公開序列進行綜合分析後所建構之親緣關係樹顯示，來自 17 個不同產地來源之吳郭魚樣本可劃分為 10 個主要遺傳群集。其中，中國福建漳州樣本顯示為吉利型與黑邊型之混合族群，吉富種則形成明顯獨立分群，其餘群集多呈現複合來源與遺傳背景交錯之特性。進一步透過集群分析 (K-means clustering) 可明確區隔臺灣、中國、東南亞來源樣本及吉富種，顯示其在整體遺傳結構與基因組組成上具有可辨識之差異 (圖 1)。

在產地專一性 SNP 位點分析方面，依集群結果將同一地區之樣本資料進行整合，篩選各地高度保留之特徵位點。分析結果顯示，臺灣樣本共可鑑定出 1,035 個具高度專一性之 SNP 位點，中國樣本則可鑑定 1,578 個專一性 SNP 位點，這些位點具備作為產地鑑別分子標記之潛力，後續可據此進行鑑別組合設計與實務驗證。

整體而言，SNP 生物晶片技術已在吳郭魚等重要養殖物種中展現高度成熟與多元應用潛力，無論於族群結構解析、品系追蹤、遺傳管理或產地鑑別，皆具實質支撐價值。結合臺灣現有之種原保存體系與持續更新之樣本與基因型資料，未來可進一步強化吳郭魚遺傳與產地鑑別能力，作為支撐育種效率提升、產業風險管理與市場信任機制之重要科學基礎。

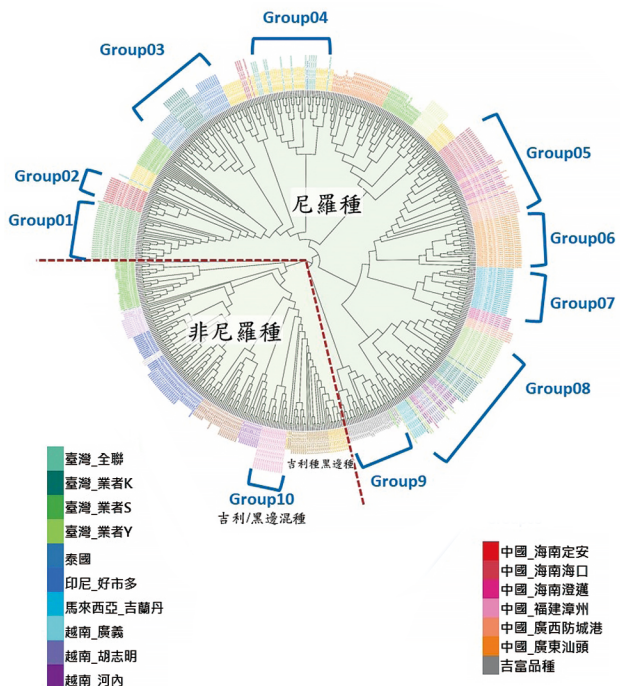


圖 1 以 SNP 晶片分析不同產地養殖吳郭魚遺傳差異