

吳郭魚遺傳連鎖圖譜之簡介

張格銓、陳榮華

水產試驗所淡水繁養殖研究中心

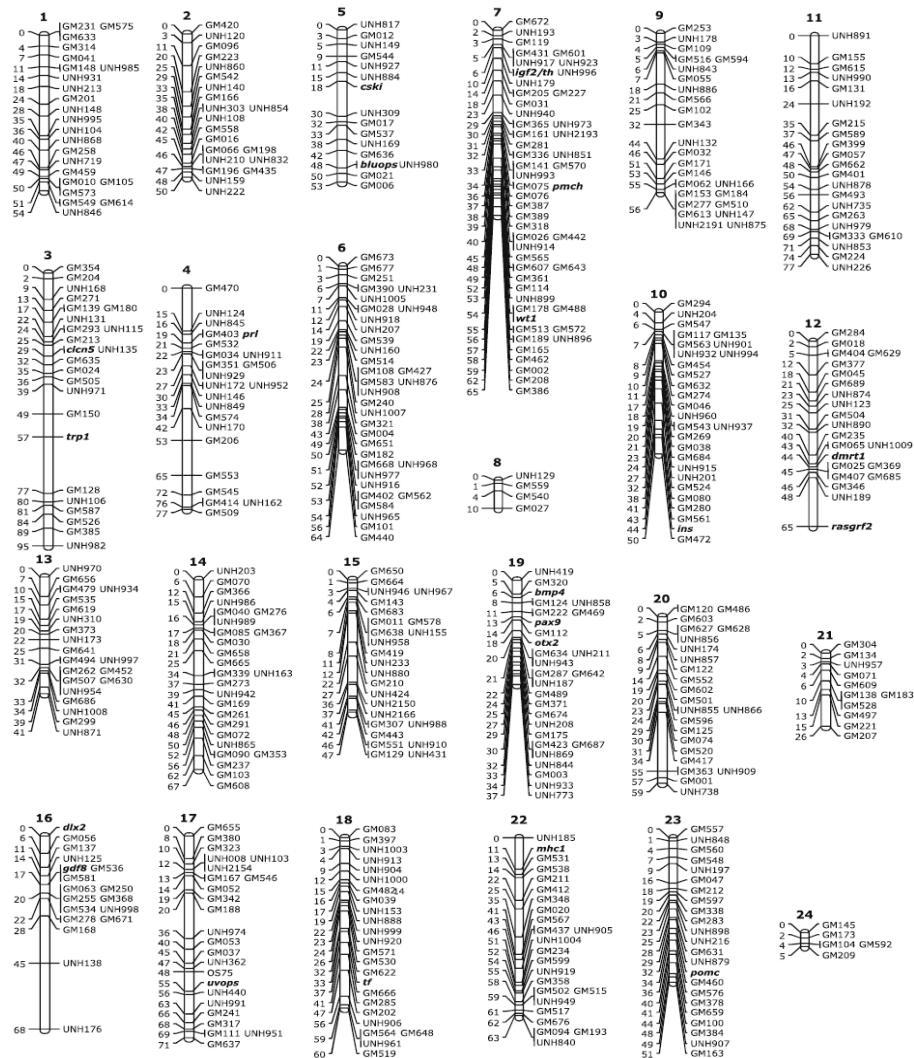
遺傳連鎖圖譜相當於將 N 組拼圖文件混在一起，再將拼圖完成的過程。其中，N 是指遺傳連鎖群，拼圖文件則是指遺傳標誌。以同一物種來說，由於生物體每一條染色體均有不同的遺傳重組 (genetic recombination) 機率，導致不同個體的遺傳連鎖圖譜皆略有不同。事實上，繪製遺傳連鎖圖譜遠比拼拼圖簡單的多，因為拼圖的形狀為二次元的結構，而遺傳連鎖圖譜僅僅只是一次元的結構。建立遺傳連鎖圖譜大致上可分為三大步驟：(1)集合所有的遺傳標誌，以 1 對 1 的方式分別計算所有遺傳標誌之最小重組距離，藉以定義出多個遺傳連鎖群；(2)依照順序進行排列，將同一遺傳連鎖群的遺傳標誌之相對位置排列正確；(3)計算各遺傳連鎖群之遺傳總距，並以數字標示各遺傳標誌之間的遺傳距離。

遺傳連鎖圖譜可分為多種類型，通常需要透過繁殖方能建立繪圖平台，以 Lee 等人 (2005) 在吳郭魚之繪圖為例 (如圖)，乃是採用 F_2 異種配對之繪圖平台策略，其內容包括 525 個微衛星標誌和 21 個功能性基因之遺傳標誌，主要分為 24 個連鎖群 (22 個大連鎖與 2 個小連鎖)，該圖譜至今仍不斷強化功能性基因等資訊，可運用在性別分化、耐鹽能力、抗寒性、免疫與基因調控等之研究參考。圖中共有 24 條像蜈蚣的條狀圖譜，理論上吳郭魚只有 22 對染色體，理想的圖譜應該要剛好

為 22 條，但繪出的遺傳連鎖群多了 2 條，其原因應與統計有關，即現有遺傳標誌無法顯著的鑑別不同連鎖群，若開發更多遺傳標誌，或許能將圖譜修正的更完善。

再以第 1 條遺傳連鎖群為例說明，左邊有一排數字，代表的意義就是遺傳距離。由圖可見，第 1 條遺傳連鎖群的遺傳距離為 54 cM (centiMorgans)，整條遺傳連鎖群相當於約 5,400 萬個鹼基對長，另外在位置 0, 4, 7 11, 14, 18, 24, 28, 35, 36, 40, 46, 47, 49, 50, 51 與 54 等位置均對應到不同的遺傳標誌，以位置 4 的 GM314 和位置 7 的 GM041 為例，兩個遺傳標誌因為在同一連鎖群，所以是遺傳連鎖的關係，又兩者的距離為 3 cM (7 減 4)，代表該圖譜對應的魚種在產生配子時，在 GM314 和 GM041 之間發生遺傳重組 (recombination) 的機率為 3%。同理，遺傳距離較大的遺傳標誌間，發生遺傳重組的機率也會更高，一般而言，細胞在進行減數分裂產生配子時，每一條染色體發生 2–3 次或更多次的遺傳重組都是很正常的現象。

本中心已應用遺傳連鎖圖譜，積極進行吳郭魚的遺傳育種工作。最近，研究人員利用微衛星等分子標誌研究保存的各吳郭魚品種，首先確認了歐利亞吳郭魚的性別決定與第 3 條遺傳連鎖群相關，接下來發現尼羅吳郭魚與 YY 尼羅吳郭魚的雄性決定皆與第 23 條遺傳連鎖群相關。目前已經確認歐利亞性



吳郭魚遺傳連鎖圖譜 (Lee et al., 2005)

別決定分子標誌 1 型 (如表)，其中歐利亞吳郭魚的性別決定系統為 ZZ/ZW，子代是由染色體 W 來決定雌性。另外，尼羅吳郭魚的性別決定系統為 XX/XY，染色體 Y 可決定子代是否為雄性，最新的研究發現，尼羅吳郭魚的雄性決定分子標誌大約可粗分為 3 型 (如表)，其子代的雄性比例約在 93–100%，未來可以應用這些分子標誌進行輔助育種及選種等試驗，這些分子標誌也與成長等經濟性狀有關，對往後的吳郭魚品種改良研究將

有很直接的助益。

目前已開發的吳郭魚性別決定分子標誌

魚種	遺傳連鎖群	基因型	備註
歐利亞吳郭魚	3	A	雌性決定
尼羅吳郭魚		C	雄性決定
YY 尼羅吳郭魚	23	F	雄性決定
		H	雄性決定

註：本文圖片來源

Lee, B. Y., W. J. Lee, J. T. Streelman, K. L. Carleton, A. E. Howe, G. Hulata, A. Slettan, J. E. Stern, Y. Terai and T. D. Kocher (2005) A second-generation genetic linkage map of tilapia (*Oreochromis* spp.). Genetics, 170: 237–244.