

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 F₂ 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

