臺灣海域斑節蝦之族群遺傳調查

莊世昌、蕭聖代、林以芯
海洋漁業組

本研究針對臺灣沿近海斑節蝦 (日本對蝦，*Penaeus japonicus*) 進行族群遺傳調查，新北市的龜吼、富基漁港、宜蘭縣大溪漁港、蘇澳的南寧魚市、苗栗縣與臺南請塭仔港拖網船長協助採樣、澎湖縣的馬公漁港等地收集樣本，以粒線體 COI 序列作為標記，增幅出斑節蝦 COI 片段長均為 505 bp，分析其遺傳多樣性與族群結構。研究結果顯示，臺灣產斑節蝦各族群的基因多樣性均高於 0.9 (圖 1)，苗栗族群的遺傳多樣性最高，而臺南族群則最低，各族群的平均基因多樣性未達顯著差異 ($p > 0.05$)，顯示遺傳結構穩定。

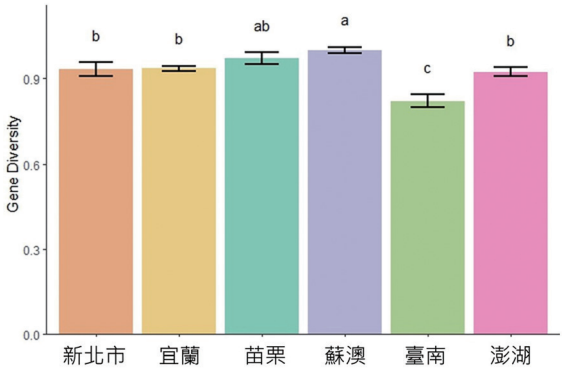

圖 1 臺灣沿近海斑節蝦族群基因多樣性

在單倍型 (haplotype) 分析中，共發現 19 個單倍型，不同地區族群共享共同基因型，顯示族群間遺傳連通性高。單倍型頻度的直條圖 (圖 2) 與最小關聯網圖 (圖 3) 之結果進一步顯示，族群間基因型的相似性顯著，並且族群內基因型多樣性較高，族群之間沒有地理區隔，遺傳聯通性高。苗栗及宜蘭族群的單倍型種類最多，顯示出其潛在的基因庫特性，而臺南族群的單倍型種類則相對較少。

將樣本以採樣區域分為臺灣北部海域、臺灣中南部海域及澎湖離島等三群，透過分子變方分析 (AMOVA) 評估臺灣沿近海斑節蝦族群間的遺傳結構，結果顯示，分群間的遺傳歧異度比例極低，且統計結果不具顯著性 (F 值 = -0.0255, p = 0.98)。Fst 值的分析結果顯示，多數地區的遺傳分化值呈現負值，進一步支持遺傳相似度較高的結論。推測其遺傳連通性受日本對蝦幼生浮游階段擴散的影響，臺灣沿近海日本對蝦族群在遺傳結構上未顯現明顯的地理區隔。

本研究提供臺灣沿近海斑節蝦族群遺傳結構現況的重要參考，建議未來應加強樣本覆蓋範圍，並結合多基因組分析與環境數據，以支持臺灣沿岸產之斑節蝦的資源管理。

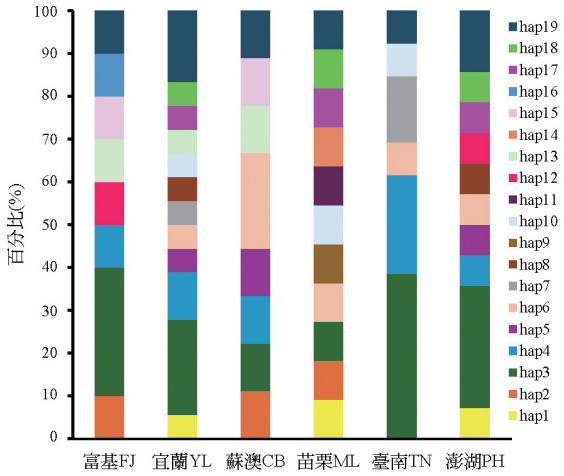

圖 2 臺灣沿近海斑節蝦族群之 COI 單倍型 (haplotype) 頻度分布

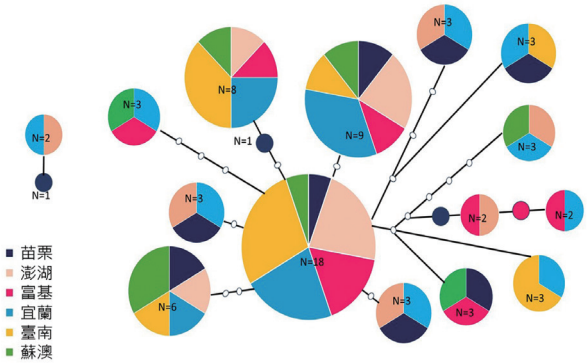

圖 3 臺灣沿近海斑節蝦之最小關聯網狀圖 (MSN)