



臺灣地區日本鰻鰻線族群遺傳結構

張格銓^{1*}、黃瀛生¹、張湧泉¹、劉富光²

¹ 行政院農業委員會水產試驗所淡水繁養殖研究中心

² 行政院農業委員會水產試驗所

摘要

本試驗針對同一繁殖年度內 (2008 年 12 月–2009 年 2 月)，於臺灣地區北部、中部及南部 3 個不同河口採樣的日本鰻鰻線，以 5 個微衛星 DNA 基因座之等位基因分布情況，分析 18 組樣本之遺傳變異與遺傳結構 (genetic structure)。

結果顯示每個基因座在全部 18 組均有多型性現象，其中 AJMS-2 基因座的變異範圍最大，等位基因有 16–25 個，AJMS-3 變異範圍最小，等位基因僅 4–7 個。不同組別在 5 個微衛星基因座所產生的平均等位基因數量差異不大，在 13.0–16.0 之間。期望異型合子比例 (H_e) 為 0.581–0.944。

18 組鰻線彼此間的遺傳分化指數 (fixation index, F_{ST}) 均相當低 (≤ 0.0089)，均無顯著性差異 ($p > 0.0003$)；而且整體之 F_{ST} 值為 0.0006，亦無顯著性差異 ($p = 0.418$)，顯示其族群間之分化 (genetic differentiation) 程度非常低，為隨機交配 (panmixia) 之族群。

關鍵詞：微衛星 DNA、遺傳結構、隨機交配

前言

日本鰻 (*Anguilla japonica*) 是溫帶的降海型 (catadromous) 洄游魚類，產卵場是在馬里亞納群島西方之太平洋北赤道洋流，東經 140 度、北緯 15 度附近，在海域中有撈捕到柳葉鰻 (leptocephalus) (Tsukamoto, 1992)，其後在東經 142 度、北緯 13 度附近海域撈捕到雄種鰻，東經 143

度、北緯 13 度附近海域撈捕到雌種鰻及孵化後 2–3 天，尚為前柳葉鰻 (preleptocephalus) 之仔魚 (黑木，2008)。關於日本鰻之生活史，被認為受精卵在產卵場孵化成仔魚後，開始進行被動洄游，順著北赤道洋流往西輸送，經菲律賓東方及臺灣附近後北上，進入黑潮海域並繼續往日本方向移動。其形態先後經過柳葉鰻，玻璃鰻 (glass eel) 及鰻線 (elver) 後，一般為自河口溯河而上，在河川棲息、成長為黃鰻，然後成熟為銀鰻再降河從河口降海至產卵場繁殖後代 (曾，2001)。另外，Tsukamoto and Arai (2001)、Tzeng et al. (2002, 2003) 認為有些日本鰻

* 通訊作者/50562 彰化縣鹿港鎮海埔里 106 號；
TEL: (04)7772175; FAX: (04)7775424;
E-mail: glenn@mail.fwtk.tfrin.gov.tw

附註：本文原載於水產研究，2012，20(1): 51-59。





不會溯河，只在海水中完成整個生活史或頂多洄游至河口棲息而已。

日本鰻是臺灣重要的養殖物種，主要捕撈時間為冬季。一般而言，臺灣自北（宜蘭）到南（屏東）等河口及沿岸皆可捕撈到鰻線。根據水試所多年來的調查記錄顯示，近年臺灣鰻線的年捕撈量均不足 10 公噸，遠低於國內養殖的需求量。近幾年，以宜蘭地區的捕獲數量為最多，中部及南部相對捕獲量較少。從鰻線價格來看，日本鰻鰻線價格變化很大，其範圍在新臺幣 10—100 元之間，但大都因產量不足而致鰻線價格偏高，每尾平均約 25—50 元，以致大幅提高養殖成本，間接的使得上市鰻魚的價格隨之高漲。此外，因氣候變遷急劇，使得捕撈之鰻線逐年減少，加以水域環境污染等，諸多問題，在在皆顯示維護鰻魚生態與資源是刻不容緩的。

在研究臺灣日本鰻鰻線族群遺傳結構方面，過去主要以臺灣北部作為主要的研究區域，對其遺傳結構進行連續多年的調查 (Chang et al., 2007; Han et al., 2010)，並未同時追縱比較中部或南部的鰻線遺傳結構。本試驗的目標是探討在同一年度內，於臺灣北部及南部 2 個主要鰻線捕獲之河口，外加中部 1 個河口，於不同時間 (2008 年 12 月—2009 年 2 月) 捕撈的鰻線，以微衛星 DNA 基因座等位基因之分布情況，分析族群遺傳結構 (population genetic structure) 之差異性，期能了解臺灣之日本鰻鰻線遺傳結構之年內時空差異，或可做為鰻線資源復育之參考。

材料與方法

一、試驗魚

於 2008 年 12 月至 2009 年 2 月，同一繁殖年度之 3 個月間，分別請漁民在臺灣北部（宜蘭蘭陽溪）、中部（苗栗西湖溪）及南部（屏東林邊溪）之河口，約分上、下旬採集鰻線 1 次。從外觀篩除鱸鰻及短鰭鰻等黑鰻，保留日本鰻。總計為 18 組，879 尾 (表 1)。

二、試驗方法

(一) Genomic DNA 之萃取

剪取少部分肌肉組織，用 MasterPure DNA Purification Kit (EPICENTRE) 萃取 genomic DNA 後，以 GeneQuant *pro* (Amersham Biosciences) 核酸分析儀測定濃度後保存於 -20°C 冰箱。

(二) 微衛星 DNA 之增幅

選取 5 個微衛星基因座 (AJMS-1、AJMS-2、AJMS-3、AJMS-5 及 AJMS-6) (Tseng, 2006; Chang et al., 2007) 作為分子標記，將各個引子對 (primer pairs) 分別與鰻苗之 genomic DNA 進行 PCR 反應，reverse primers 用 FAM 或 HEX 螢光作標記 (表 1)。PCR 反應試液包含：genomic DNA (25 ng/ μl) 1 μl ，10 mM dNTP 1 μl ，10 μM primer 1 μl ，Reaction Buffer (10X) 5 μl ，Supertherm (5U) 0.2 μl 及無菌水 41.8 μl ，總體積 50 μl ，置於 MyCycler thermal cycler (BIO-RAD) 進行增幅；增幅條件為：Denature (94°C 、30 秒)，Annealing (不同引子對之適當溫度，30 秒)，Extension (72°C 、30 秒)，經過 30 次循環後，降至 4°C 終止反





表 1 五個微衛星位點特徵

Locus	Primer sequence(5'-3')	Anneal(°C)	Fluorescent dyes labeling on the reverse primer	GeneBank accession
AJMS-1	F: TCGAGACACCAGATAGTCAC R: ACATCCTAGGCTCACACC	58	FAM	AJ297599
AJMS-2	F: ATTCACGTCATCGGACCTGC R: GCTGGGAGCGACGCTTTATC	56	FAM	AJ297600
AJMS-3	F: GGTATGAATGCAGGCGTTTATG R: GCAACCGATTTGATCTCCAG	56	HEX	AJ297601
AJMS-5	F: CCTTCAGATTGCTAGCAC R: CGGAGTCTAATTGTCTCCTC	58	HEX	AJ297602
AJMS-6	F: ACAGAGCCAGACAAAACAGAC R: GGTCAGCAAGCAAAACGAAC	57	FAM	AJ297603

應。反應結束後取 10 μ l 進行 DNA 洋菜電泳來檢驗 DNA 產物是否存在。

(三) 基因型分析 (genotyping)

將在電泳膠片上有反應之微衛星 DNA 產物，委託昕穎生物科技股份有限公司實施基因型分析。

(四) 統計分析

針對所測定 18 組鰻線各個樣本之基因型，使用 Genepop 4.0 軟體 (Rousset, 2009) 計算每組在不同基因座之等位基因 (allele) 數目、觀察異型合子比例 (H_o)、期望異型合子比例 (H_e)、哈溫平衡 (Hardy-Weinberg equilibrium, HWE) 及與遺傳分化 (genetic differentiation) 相關之組間或整體遺傳分化指數 (F_{ST})。使用邦弗朗尼校正法 (Bonferroni correction) (Rice, 1989) 校正顯著水準，判別 5 個基因座中各組 HWE 及 18 組組間 F_{ST} 統計數值是否有顯著差異性。使用 Convert 131 軟體 (Glaubitz, 2004) 將本來以 Genepop 格式儲存之基因型資料轉為 Phylip 格式之等位基因頻率數據後，使用 Phylip 3.69 套裝軟體 (Felsenstein, 2004) 計算組間之遺傳距離 (Nei's genetic distance, 1972) 並以

鄰近連接法 (Neighbor-Joining)，繪出演化樹 (bootstrap = 1,000)。

結果

計算所蒐集之 18 組鰻線數量並設定各組代號，分別計算各組體重與體長標準差。由結果顯示各組間體重及體長差異，YJB 組之體重最重，體長也高於其它各組 (表 2)。

分析 18 組鰻線之遺傳多樣性，結果顯示 AJMS-2 基因座在全部樣本中的變異範圍最大，等位基因有 16–25 個，AJMS-3 變異範圍最小，等位基因僅 4–7 個。不同組在 5 個微衛星基因座所產生的平均等位基因數量差異不大，在 13.0–16.0 之間。觀察異型合子比例 (H_o) 為 0.360–0.936，期望異型合子比例 (H_e) 為 0.581–0.944，每個族群的平均 H_o 都比 H_e 低。哈溫平衡 (HWE) 方面，在 AJMS-1 及 AJMS-2 基因座除了 YDA 組 (宜蘭 12 月上旬) 的 AJMS-2 基因座以外，其它組均有顯著性 ($p < 0.01$)；在 AJMS-3、AJMS-5 及 AJMS-6 基因座則全部組別均無顯著性 (表 3)。



表 2 日本鰻(*Anguilla japonica*)採樣清單

地 點	採樣日期	採樣地點時間代號	採 樣 數	平均體長(mm)	平均體重(g)
宜 蘭	2008/12/09	YDA	50	57.02 ± 2.06	0.15 ± 0.02
苗 栗	2008/12/15	MDA	49	57.22 ± 1.61	0.14 ± 0.01
屏 東	2008/12/18	PDA	50	56.68 ± 1.58	0.14 ± 0.02
宜 蘭	2008/12/25	YDB	50	56.30 ± 2.45	0.14 ± 0.02
苗 栗	2008/12/29	MDB	49	56.51 ± 1.99	0.13 ± 0.02
屏 東	2008/12/30	PDB	50	56.86 ± 2.08	0.15 ± 0.02
宜 蘭	2009/01/12	YJA	48	56.10 ± 2.84	0.14 ± 0.02
苗 栗	2009/01/13	MJA	50	57.18 ± 2.78	0.14 ± 0.03
屏 東	2009/01/16	PJA	50	56.18 ± 2.42	0.13 ± 0.02
宜 蘭	2009/01/21	YJB	50	59.22 ± 2.56	0.16 ± 0.02
苗 栗	2009/01/23	MJB	50	57.12 ± 2.61	0.13 ± 0.02
屏 東	2009/01/21	PJB	49	56.67 ± 2.11	0.12 ± 0.02
宜 蘭	2009/02/12	YFA	49	58.02 ± 2.78	0.13 ± 0.02
苗 栗	2009/02/11	MFA	50	57.52 ± 3.28	0.14 ± 0.02
屏 東	2009/02/13	PFA	49	56.98 ± 2.52	0.11 ± 0.02
宜 蘭	2009/02/25	YFB	50	58.10 ± 2.76	0.13 ± 0.03
苗 栗	2009/02/27	MFB	50	56.06 ± 2.29	0.12 ± 0.02
屏 東	2009/02/26	PFB	36	56.31 ± 2.25	0.10 ± 0.02
			879	57.02 ± 2.53	0.13 ± 0.02

在遺傳結構方面，18 組鰻線彼此間的遺傳分化指數均相當低 (≤ 0.0089)，在統計上均無顯著差異 ($p > 0.0003$)，而且整體之 F_{ST} 值為 0.0006，亦無顯著差異 ($p = 0.418$) (表 4)，顯示其遺傳分化程度非常低，為隨機交配 (panmixia) 之族群。各組鰻線之遺傳距離在 0.0261 – 0.0973 之間 (表 4)，根據數據以鄰近連接法繪出演化樹 (圖 1)，其 bootstrap values 之百分比大部分介於 3 – 45 之間。

討論

遺傳分化指數是用來測定族群間分化之程度，其數值範圍是 0 – 1，0 表示完全沒有遺傳分化現象，1 表示完全沒有相同的等位基因 (Hartl and Clark, 1997; Sofia,

2006)。另外，Wright (1978) 指出， F_{ST} 在 0 – 0.05 之間是些微族群分化，0.05 – 0.15 是中度族群分化，0.15 – 0.25 是高度族群分化，如果大於 0.25 則是非常高的族群分化。本試驗為在同一繁殖季節內的 3 個月，每月上、下旬分別採樣臺灣北、中、南 3 個河口的天然日本鰻鰻線作族群結構分析，結果 18 組鰻線彼此之間與整體之遺傳分化指數均相當低，在統計上無顯著差異，表示頂多只有些微之分化現象。而且演化樹上 bootstrap values 之百分比大部分是介於 3 – 45 之間，小於 50，表示其無論是在時間上或空間上均只是隨機性之分布 (Retief, 2000)，沒有規律性之分群現象。臺灣地區的烏魚分成沿岸及洄游族群 (Huang et al., 2001)，根據本試驗之結果，日本鰻鰻線並沒有像烏魚一樣分為多個族群，整體而言，





表 3 鰻魚樣本的遺傳變異性

Locus	YDA N=50	MDA N=49	PDA N=50	YDB N=50	MDB N=49	PDB N=50	YJA N=48	MJA N=50	PJA N=50	YJB N=50	MJB N=50	PJB N=49	YFA N=49	MFA N=50	PFA N=49	YFB N=50	MFB N=50	PFB N=36
AJMS-1																		
A	16	12	12	14	13	17	15	15	14	16	17	14	16	19	13	15	16	13
Ho	0.420	0.408	0.388	0.440	0.396	0.440	0.563	0.500	0.560	0.510	0.400	0.633	0.449	0.367	0.449	0.469	0.360	0.361
He	0.855	0.855	0.857	0.889	0.880	0.879	0.881	0.876	0.893	0.876	0.893	0.886	0.854	0.899	0.854	0.856	0.893	0.873
p	0.000*	0.000*	0.000*	0.000*	0.000*	0.000*	0.001*	0.000*	0.000*	0.000*	0.000*	0.000*	0.000*	0.000*	0.000*	0.000*	0.000*	0.000*
AJMS-2																		
A	20	25	22	22	20	24	18	22	16	22	20	20	23	19	23	22	23	18
Ho	0.796	0.542	0.560	0.640	0.531	0.600	0.574	0.740	0.540	0.620	0.580	0.816	0.551	0.620	0.755	0.700	0.800	0.500
He	0.911	0.944	0.926	0.910	0.921	0.923	0.937	0.927	0.903	0.916	0.926	0.928	0.937	0.906	0.927	0.931	0.920	0.918
p	0.076	0.000*	0.000*	0.000*	0.000*	0.000*	0.000*	0.003*	0.000*	0.000*	0.000*	0.009*	0.000*	0.000*	0.000*	0.002*	0.001*	0.000*
AJMS-3																		
A	6	6	6	5	6	6	7	5	4	6	5	6	5	7	6	5	7	5
Ho	0.600	0.592	0.700	0.660	0.694	0.500	0.667	0.620	0.660	0.640	0.520	0.592	0.714	0.480	0.542	0.620	0.720	0.583
He	0.650	0.658	0.672	0.648	0.712	0.637	0.627	0.634	0.588	0.681	0.653	0.654	0.643	0.581	0.695	0.641	0.660	0.601
p	0.824	0.650	0.480	0.111	0.092	0.190	0.293	0.892	0.085	0.867	0.079	0.730	0.424	0.047	0.240	0.438	0.605	0.289
AJMS-5																		
A	17	17	13	13	17	15	15	15	15	12	13	16	16	14	16	15	17	15
Ho	0.900	0.878	0.860	0.880	0.875	0.880	0.830	0.860	0.880	0.780	0.880	0.857	0.918	0.746	0.878	0.878	0.860	0.912
He	0.899	0.906	0.899	0.891	0.909	0.903	0.903	0.903	0.898	0.881	0.896	0.915	0.905	0.883	0.897	0.892	0.900	0.901
p	0.264	0.638	0.202	0.237	0.495	0.812	0.146	0.116	0.634	0.062	0.083	0.681	0.191	0.134	0.404	0.306	0.195	0.951
AJMS-6																		
A	21	16	17	17	20	17	15	17	16	18	18	17	17	16	16	14	17	14
Ho	0.840	0.796	0.780	0.820	0.875	0.840	0.936	0.900	0.860	0.880	0.900	0.837	0.898	0.820	0.816	0.860	0.860	0.861
He	0.879	0.859	0.855	0.855	0.868	0.881	0.883	0.862	0.852	0.873	0.867	0.875	0.850	0.870	0.851	0.886	0.864	0.857
p	0.195	0.010	0.415	0.157	0.672	0.872	0.268	0.052	0.507	0.952	0.846	0.227	0.774	0.286	0.531	0.214	0.193	0.948
average																		
A	16.0	15.2	14.0	14.2	15.2	15.8	14.0	14.8	13.0	14.8	14.6	14.6	15.4	15.0	14.8	14.2	16.0	13.0
Ho	0.711	0.643	0.658	0.688	0.674	0.652	0.714	0.724	0.700	0.686	0.656	0.747	0.706	0.617	0.688	0.705	0.720	0.643
He	0.839	0.844	0.842	0.839	0.858	0.845	0.846	0.840	0.827	0.845	0.847	0.852	0.838	0.828	0.845	0.841	0.847	0.830

* N：樣本量；A：等位基因數量；Ho：觀察雜合度；He：期望的雜合性；p：Hardy-Weinberg 平衡的概率值

* 5 個基因座，Bonferroni 校正後 Hardy-Weinberg 平衡的顯著水平；p = 0.05/5 = 0.01



表 4 18 組鰻線間的群體配對遺傳分化指數 F_{ST} (對角線下方其括號內的 p 值)及 Nei's 無偏估值遺傳距離(對角線以上)

	YDA	MDA	PDA	YDB	MDB	PDB	YJA	MJA	PJA	YJB	MJB	PJB	YFA	MFA	PFA	YFB	MFB	PFB
YDA																		
MDA	0.0020 (0.2951)																	
PDA	0.0026 (0.5277)	-0.0008 (0.7772)																
YDB	0.0016 (0.7153)	-0.0043 (0.8086)	0.0006 (0.2691)															
MDB	-0.0011 (0.6502)	-0.0010 (0.4543)	0.0021 (0.2396)	0.0000 (0.6037)														
PDB	0.0009 (0.2950)	-0.0041 (0.7764)	-0.0009 (0.4716)	0.0003 (0.2740)	0.0015 (0.1225)													
YJA	0.0027 (0.4770)	0.0018 (0.4766)	0.0019 (0.5860)	0.0019 (0.5606)	0.0033 (0.2518)	0.0041 (0.3240)												
MJA	0.0047 (0.2664)	0.0031 (0.3817)	0.0031 (0.1642)	0.0072 (0.0343)	0.0016 (0.3596)	0.0051 (0.0581)	0.0008 (0.1943)											
PJA	0.0043 (0.2399)	0.0024 (0.1806)	0.0060 (0.0300)	-0.0000 (0.1781)	0.0022 (0.0349)	0.0007 (0.1854)	0.0041 (0.0454)	0.0059 (0.0057)										
YJB	-0.0007 (0.8904)	0.0007 (0.3699)	0.0003 (0.2650)	0.0038 (0.1391)	-0.0021 (0.3054)	-0.0004 (0.7756)	0.0043 (0.2176)	-0.0025 (0.6742)	0.0022 (0.1383)									
MJB	-0.0033 (0.8606)	-0.0034 (0.7053)	-0.0020 (0.8614)	-0.0016 (0.6427)	-0.0039 (0.7098)	-0.0038 (0.8566)	0.0004 (0.5420)	0.0014 (0.1382)	0.0016 (0.0907)	-0.0038 (0.8864)								
PJB	0.0001 (0.7671)	-0.0008 (0.3317)	-0.0015 (0.8169)	0.0028 (0.3641)	0.0001 (0.8159)	-0.0002 (0.3052)	-0.0025 (0.9086)	-0.0025 (0.7724)	0.0052 (0.0539)	0.0003 (0.4723)	-0.0021 (0.7368)							
YFA	-0.0002 (0.8100)	-0.0019 (0.6563)	-0.0016 (0.8538)	0.0017 (0.2121)	0.0003 (0.4452)	0.0023 (0.2861)	0.0025 (0.1668)	0.0042 (0.1941)	0.0073 (0.1262)	-0.0004 (0.6961)	-0.0016 (0.8776)	0.0014 (0.5899)						
MFA	0.0026 (0.5113)	0.0011 (0.8096)	0.0026 (0.4634)	-0.0020 (0.5200)	0.0021 (0.6898)	0.0016 (0.3045)	-0.0014 (0.6861)	-0.0007 (0.5366)	-0.0007 (0.5829)	0.0027 (0.4361)	-0.0008 (0.8991)	0.0024 (0.6620)	0.0036 (0.6381)					
PFA	0.0001 (0.5240)	-0.0030 (0.8939)	0.0029 (0.1682)	-0.0001 (0.3662)	-0.0031 (0.7862)	0.0028 (0.4569)	0.0073 (0.0556)	0.0073 (0.0360)	0.0089 (0.0150)	0.0005 (0.1650)	-0.0016 (0.5516)	0.0011 (0.5784)	-0.0003 (0.7410)	0.0068 (0.3275)				
YFB	-0.0047 (0.9844)	-0.0037 (0.8038)	0.0014 (0.1853)	-0.0005 (0.5013)	-0.0024 (0.4598)	-0.0001 (0.1681)	0.0022 (0.1711)	0.0037 (0.0624)	0.0030 (0.0600)	0.0004 (0.1794)	-0.0037 (0.9623)	-0.0023 (0.4563)	-0.0017 (0.6573)	0.0003 (0.9502)	-0.0032 (0.8132)			
MFB	-0.0014 (0.6042)	-0.0012 (0.5451)	0.0006 (0.1261)	-0.0022 (0.4616)	-0.0021 (0.5611)	-0.0011 (0.5433)	-0.0004 (0.6131)	0.0023 (0.1368)	-0.0019 (0.1951)	-0.0000 (0.2658)	-0.0011 (0.2057)	-0.0007 (0.4104)	0.0011 (0.3824)	-0.0022 (0.8849)	0.0012 (0.6749)	-0.0027 (0.3680)		
PFB	-0.0026 (0.8976)	0.0033 (0.4337)	0.0037 (0.5201)	-0.0005 (0.6234)	-0.0006 (0.3869)	0.0024 (0.8135)	-0.0030 (0.9557)	0.0028 (0.6050)	-0.0005 (0.6428)	0.0036 (0.7057)	-0.0007 (0.7535)	-0.0005 (0.6923)	0.0015 (0.7877)	-0.0036 (0.9432)	0.0067 (0.2282)	-0.0022 (0.8572)	-0.0074 (0.9987)	

* 整體遺傳分化指數(F_{ST})值為 0.0006, p 值為 0.418* 153 對組間 F_{ST} , 使用邦弗朗尼校正法的顯著水準: $p = 0.05/153 = 0.0003$

* 樣本代號詳見表 2



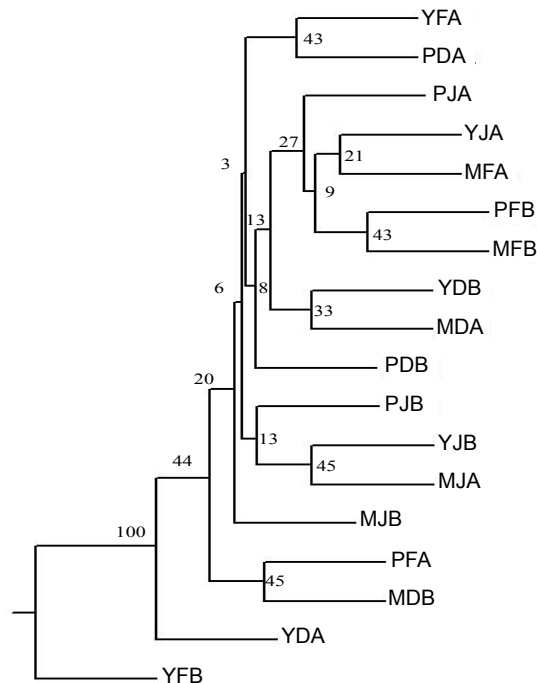


圖 1 使用鄰接法並利用 Nei 遺傳距離(1972)的 (phenogram)描繪 18 個日本鰻魚採集樣本親緣樹。節點上顯示的 Bootstrap 值(1,000 次重複的百分比)

18 組日本鰻彼此間在體型上雖有若干差異，但顯然是來自隨機交配之一個族群。

Tseng et al. (2006) 分析臺灣淡水、枋寮，中國汕頭、杭州、鴨綠江及日本三河灣 (Mikawa Bay) 等河口之日本鰻鰻線，卻顯示為非隨機交配之族群。其遺傳分化指數的顯著水準經過邦弗朗尼校正法校正後，1990 年在枋寮的採樣與 1997 及 1999 年在淡水的採樣有顯著差異，而 2000 年卻沒有顯著差異，1990 及 2000 年在枋寮的採樣彼此間也沒有顯著差異。另外，Chang et al. (2007) 分析臺灣北部淡水河河口日本鰻鰻線 (2000 年 11 月－2001 年 3 月) 之遺傳結構，結果顯示在時間上的遺傳變異並無顯著差異，為隨機交配族群。Han et al. (2010) 甚至分析在臺灣、中國、韓國及日本等不同地點或時

間採集之鰻線，不論是在空間或時間上皆無顯著之族群分化現象，整體而言，東亞地區的日本鰻為一個隨機交配族群。然而，臺灣南北距離約 400 km，在不同時間與河口撈捕到鰻線之遺傳分化程度低，是合理的。

本試驗以 5 個微衛星基因座進行研究，與前述報告之試驗檢測方法類似 (Tseng, 2006; Chang et al., 2007; Han et al., 2010)，主要的差別在於取樣方式不同。本試驗係以同一年度的不同地點採樣而前述報告是同一地點不同年度採樣。根據本試驗之採樣結果 (表 2)，並無發現南北差異，但若以時間的角度來看，可由體長之標準差發現，鰻線在 12 月上旬至 1 月上旬於臺灣北、中、南三點皆有稍為增加的趨勢。經過向漁民訪問與調查，推測 12 月下旬至 1 月上旬之潮水明顯帶來新的鰻線，所以在實際捕獲鰻線時，新的鰻線較為嬌小，原停留在河口的鰻線體型可能稍大，進而造成體長標準差大於前期的現象。然而，1 月下旬至 2 月下旬之平均體重的平均值變化較大 (0.10－0.16 g)，據訪查資料可推測有多個因素影響體重之測定值 (如南北採集方式的不同，蓄養環境的差異，2 月時屏東的資源量驟減等)，又因本試驗乃透過漁民協助捕撈，較難即時的記錄新捕獲鰻線之體重等資料，故體重與體長部分未進行統計分析。

綜合試驗結果，利用微衛星基因座之片段多型性，針對臺灣北、中、南三河口地區之日本鰻鰻線進行族群遺傳研究，分析同一年度內的 18 組鰻線，各組間或整體之 F_{ST} 值均無顯著差異，這些鰻線視為同一族群。





參考文獻

- 黒木洋明 (2008) 日本列島から南へ 2,500km!!熱帯の太平洋上で世界初のウナギの親魚を捕獲! 独立行政法人水産総合研究センター第7回成果発表会「探り、知り、そして活かす水産研究」, 19-22。
- 曾萬年 (2001) 鰻魚生活史及進化。科學發展, 29: 592-596。
- Chang, K. C., Y. S. Han and W. N. Tzeng (2007) Population genetic structure among intra-annual arrival waves of the Japanese eel *Anguilla japonica* in northern Taiwan. Zoological studies, 46: 583-590.
- Felsenstein, J. (2004) PHYLIP (Phylogeny Inference Package) version 3.6. Distributed by the author. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle.
- Glaubitz, J. C. (2004) Convert: A user-friendly program to reformat diploid genotypic data for commonly used population genetic software packages. Mol. Ecol. Notes, 4: 309-310.
- Han, Y. S., C. L. Hung, Y. F. Liao and W. N. Tzeng (2010) Population genetic structure of the Japanese eel *Anguilla japonica*: panmixia at spatial and temporal scales. Mar. Ecol. Prog. Ser., 401: 221-232.
- Huang, C. S., C. F. Weng and S. C. Lee (2001) Distinguishing two types of gray mullet, *Mugil cephalus* L. (*Mugiliformes: Mugilidae*), by using glucose-6-phosphate isomerase (GPI) allozymes with special reference to enzyme activities. J. Comp. Physiol. B, 171: 387-394.
- Retief, J. D. (2000) Phylogenetic analysis using PHYLIP. In Methods in Molecular Biology, vol. 132: Bioinformatics Methods and Protocols (S. Misener and S. A. Krawetz eds), Humana Press Inc., Totowa, NJ, U. S. A., 243-258.
- Rice, W. R. (1989) Analyzing tables of statistical tests. Evolution, 43, 223-225.
- Rousset, F. (2009) Genepop 4.0: <http://kimura.univ-montp2.fr/~rousset/Genepop.htm>.
- Silvia, H. S., C. R. M. Silva, B. A. Galindo, F. S. Almeida, L. M. K. Sodre and C. B. R. Martinez (2006) Population genetic structure of *Astyanax scabripinnis* (Teleostei, Characidae) from an urban stream. Hydrobiologia, 553: 245-254.
- Tseng, M. C., W. N. Tzeng and S. C. Lee (2006) Population genetic structure of the Japanese eel *Anguilla japonica* in the northwest Pacific Ocean: evidence of non-panmictic populations. Mar. Ecol. Prog. Ser., 308: 221-230.
- Tsukamoto, K. (1992) Discovery of the spawning area for Japanese eel. Nature, 356, 6372, 789-791.
- Tsukamoto, K. and T. Arai (2001) Facultative catadromy of the eel *Anguilla japonica* between freshwater and seawater habitats. Mar. Ecol. Prog. Ser., 220: 265-276.
- Tzeng, W. N., J. C. Shiao and Y. Iizuka (2002) Use of otolith Sr: Ca ratios to study the riverine migratory behaviors of Japanese eel *Anguilla japonica*. Mar. Ecol. Prog. Ser., 245: 213-221.
- Tzeng, W. N., Y. Iizuka, J. C. Shiao, Y. Yamada and H. P. Oka (2003) Identification and growth rates comparison of divergent migratory contingents of Japanese eel (*Anguilla japonica*). Aquaculture, 216: 77-86.
- Wright, S. (1978) Evolution and the Genetics of Populations, Vol. 4. Variability Within and Among Natural Populations. University of Chicago, Chicago.

