

台灣附近海域野生草蝦族群之遺傳變異度分析

鄭金華、曾永瀚、陳紫嫻

生物技術組

本計畫分析國內及國外各三個海域之野生草蝦。將兩個粒線體 DNA 片斷 (16S 及 COI-COII) 增殖後，再以一種及五種限制酶切割，分別得到 3、6、5、8、11、13 種基因型及 95 種基因組合型。在三個國內海域之草蝦，基因型及鹼基變異性、基因組合型比率、基因組合型與泰國者重疊的比例，均以屏東 (PT) 者最高、嘉義 (CY) 次之、宜蘭 (IL) 最低。三個國內海域草蝦相互間之遺傳距離與其地理距離相符。

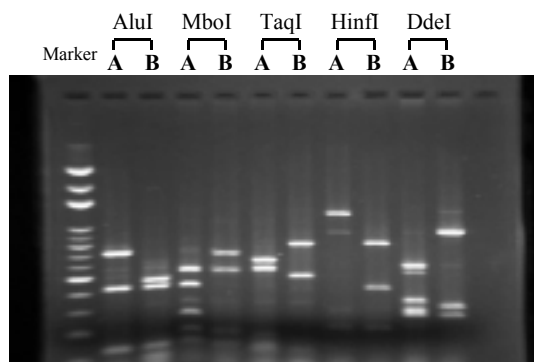


圖 1 The representative RFLP haplotype of COI-COII fragment of *P. monodon* on agarose gel

以上結果與屏東是台灣草蝦繁養殖重鎮之事實相符。台灣產草蝦之遺傳距離與泰國 (TH) 者較近，與印尼 (IN)、澳洲 (AU) 者較遠。上述結果支持本研究之假說：即屏東產草蝦遺傳變異度高與台灣多年來大量自泰國附近海域引進草蝦種蝦，而其子代不斷地流入台灣附近海域有關。

表 1 Haplotype and Nucleotide diversity within ten geographic samples of *P. monodon*

Population	Haplotype Diversity ($h \pm SE$)	Nucleotide Diversity ($\pi \times 100$)
TH1	0.859 $\pm$ 0.040	2.885
TH2	0.899 $\pm$ 0.035	3.556
TH3	0.845 $\pm$ 0.051	2.930
TH4	0.885 $\pm$ 0.037	2.966
TH5	0.860 $\pm$ 0.042	2.925
AU	0.722 $\pm$ 0.159	1.490
IN	0.182 $\pm$ 0.144	0.194
IL	0.718 $\pm$ 0.071	0.720
CY	0.843 $\pm$ 0.036	3.084
PT	0.946 $\pm$ 0.021	3.183
Average	0.776 $\pm$ 0.005	2.393

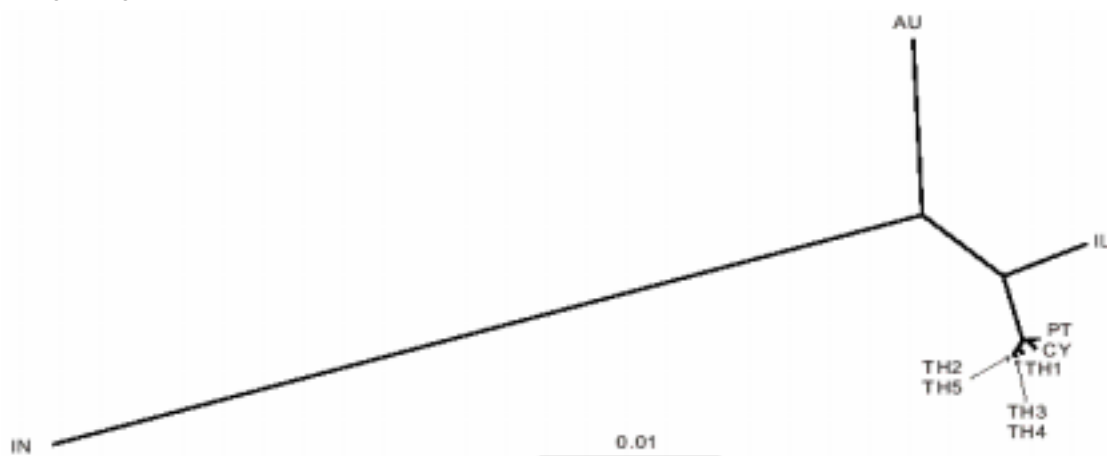


圖 2 Phenogram after *P. monodon* 16S and CO I-COII RFLP analysis. Length of line is genetic distance calculated by software