

十、生物多樣性監測

台灣近海產龍蝦粒線體 DNA 核苷酸序列資料庫之建立

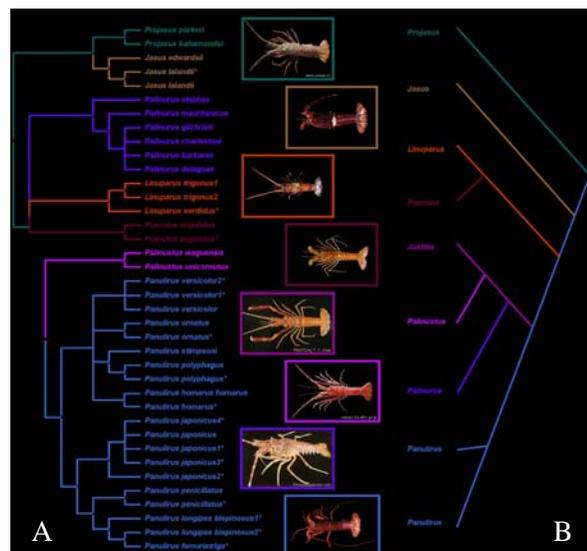
蕭聖代、梁宏彥
海洋漁業組

龍蝦的經濟價值極高，被視為海洋中的珍品，但因龍蝦產量少又不易捕捉，價格一直居高不下。龍蝦主要棲息於沿海水深 50 m 以淺的岩礁區，漁法為刺網、底拖網等。2006 年總產量 17 公噸，產值高達九百萬元。龍蝦科 (Palinuridae) 共分 8 個屬，分別為：正龍蝦屬 (*Justitia*)、鈍龍蝦屬 (*Palinustus*)、脊龍蝦屬 (*Linuparus*)、游龍蝦屬 (*Puerulus*)、龍蝦屬 (*Panulirus*)、真龍蝦屬 (*Palinurus*)、靜龍蝦屬 (*Jasus*) 及原靜龍蝦屬 (*Projasus*)。由於台灣東北角、東海岸、恆春半島具有廣闊的淺海岩礁及珊瑚礁地形，因而造就台灣地區有極高的龍蝦物種多樣性。隨著經濟的發展，龍蝦市場需求量與日俱增，而龍蝦又常常只以腹節的部分冷凍、包裝，以至於難以區分不同物種之經濟價值及真偽，因而衍生走私和進口水產品等相關問題。本計畫之目的在於建立台灣產重要經濟龍蝦類粒線體 DNA 中 16S rRNA 及 COI 此兩段基因之核苷酸序列資料，作為物種鑑定之序列比對標準，並了解龍蝦類種間的遺傳差異及其分類地位。

本計畫共完成 11 種龍蝦粒線體 DNA 16S rRNA 及 COI 兩段基因核苷酸序列之定序。16S 核苷酸平均長度為 488 bp，其平均鹼基組成 A 佔 34.1%、T 佔 33.0%、C 佔 20.5%、G 佔 12.5%。COI 核苷酸所增幅出的平均長度為 653 bp，其平均鹼基組成 A 佔 33.3%、T 佔 25.3%、C 佔 19.8%、G 佔 21.5%。在這兩段基因中，AT 含量均明顯高於 GC 含量，這與其他無脊椎動物的 16S rRNA 和 COI 基因片段研究結果相似。利用 Kimura 2-parameter 方法計算出龍蝦科各種 (含外群) 間的平均遺傳距離為 0.223 (16S rRNA) 及 0.248 (COI)，相較於對蝦科及梭子蟹科，顯示龍蝦科的種間遺傳距離較大，可推估龍蝦的種化發生起源時間遠早於對蝦及梭

子蟹。

使用此遺傳距離矩陣以 Neighbor-joining method 架構之親緣關係樹顯示，物種各自形成具高度支持的單系群。就龍蝦科來說，種與種間之 bootstrap 值均高達 75% 以上。然而分別以 COI 基因及 16S rRNA 解析龍蝦科內物種之親緣關係 (如圖)，結果顯示 16S rRNA 的聚類效果 (grouping) 優於 COI 基因，亦與就龍蝦形態探討各屬之親緣關係的結果較為相符。此現象可能是由於 COI 基因已過於飽和而無法呈現長時間累積下來的演化訊息。而本研究所得結果可了解其生命條碼資訊、基因序列變異區位、各種間序列變異頻率以及 COI 基因在不同物種之鑑種之適用程度。因此若能持續進行台灣大型甲殼類動物之粒線體核苷酸序列建立，不僅可增加資料庫之完善，提供更多相關研究之參考，在未來的水產生物鑑定上也能提供更有力的證據。



龍蝦科各屬間之親緣關係樹

A：以 16S rRNA 進行最大簡約法建構之分子親緣關係樹
B：以 Patek & Oakley (2003) 之型態分類法建構之親緣關係樹