

台灣北部海域底棲魚類資源之調查與管理－台灣產大眼鯛之系群遺傳結構

陳威克、莊世昌、吳全橙、蕭聖代、吳繼倫
海洋漁業組

台灣四面環海，沿岸海域的底棲性魚類為沿近海漁業重要資源項目。本研究欲探究台灣周邊海域底棲性魚類的系群遺傳結構是否具有差異，選擇大眼鯛科的大眼鯛 (*Priacanthus macracanthus*) 為模式物種進行研究。大眼鯛為台灣東北部大溪漁港與西南部東港漁港重要之底拖網漁獲種類，在西部沿海、澎湖、東部等也常可見。本研究嘗試利用粒線體中較不保守的 D-loop 區段 DNA 序列，探討台灣在東北與西南海域間的大眼鯛是否為不同的系群 (圖 1、2)。

本研究分別於大溪與東港漁港採集各 20 尾標本，經由自行設計 D-loop 實驗引子 (DPHER1: AGG GCC CAT CTT AAC ATC TTC AG; DTHRF2: GTA GCT CAR CGT TAG AGC GYC GGT CTT) 進行 PCR 反應 (Ta: 50°C)，取得 DNA 序列共 912 bps，並以 Neighbor-joining method 進行系群結構分析。

結果發現台灣的大眼鯛可分為 2 個明顯不同的遺傳支群 (genetic-clade)，但組成成員則是大溪群與東港群互相混雜，分群結果與其地理分布不相吻合。

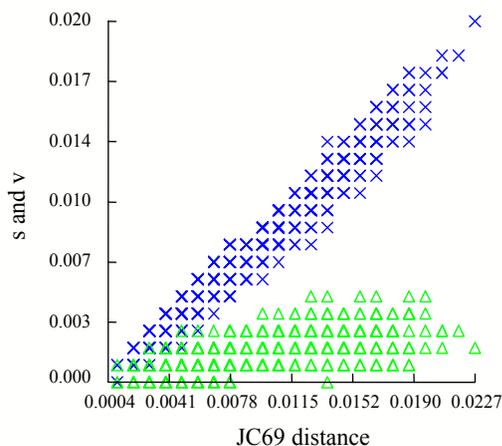


圖 1 將所得序列進行 Transition and Transversion versus distance 分析，確定其為未飽和序列

推論 1：大眼鯛於西太平洋應具有兩個或以上的生殖遺傳群，例如東海群與南海群，而兩個群的大眼鯛都會經由擴散分布 (dispersal) 到台灣東北與西南部，以致在大溪與東港都可找到該兩遺傳群。但此假設的大眼鯛需要具有較大範圍的擴散能力。

推論 2：本研究推測大溪群與東港群的大眼鯛的確分屬不同的生殖群，但兩群間有關聯族群 (metapopulation) 的存在，使東北部與西南部的大眼鯛仍有遺傳訊息的交流。未來將再加入台灣西部如苗栗、台中、澎湖等區域的大眼鯛樣本或擴大樣本數，探討各群與不同地點間的出現比例等，將會有更明確的佐證。

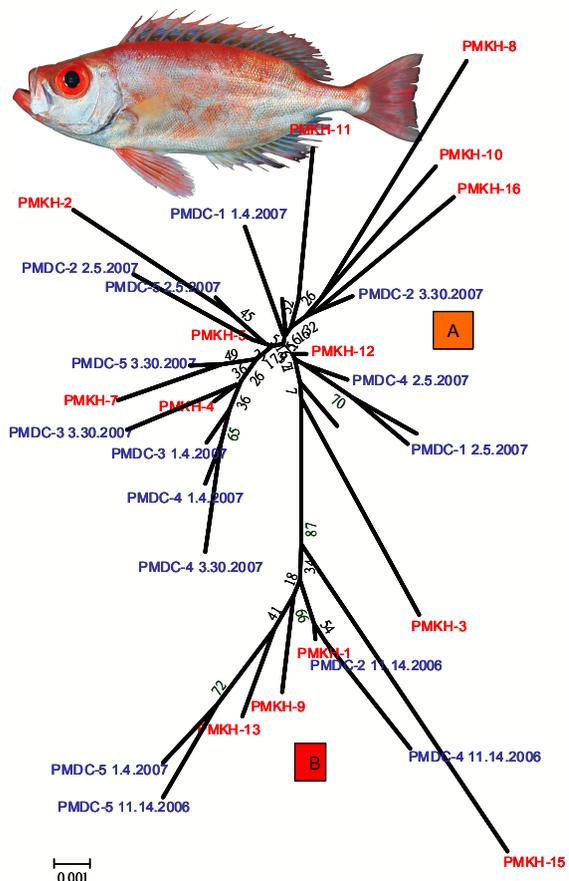


圖 2 利用 mt-Dloop 序列分析台灣產大眼鯛之系群結構樹