

## 經濟性珊瑚礁魚類族群遺傳結構研究－豹鰨與玳瑁石斑的現況調查(IV)

陳高松<sup>1</sup>、蕭聖代<sup>2</sup>、劉姵妤<sup>1</sup>、陳柏瑋<sup>1</sup>、謝恆毅<sup>3</sup>、宋嘉軒<sup>1</sup>、陳佳香<sup>1</sup>、曾振德<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>企劃資訊組、<sup>2</sup>海洋漁業組、<sup>3</sup>澎湖海洋生物研究中心

本計畫針對豹鰨 (*Plectropomus leopardus*) 及玳瑁石斑 (*Epinephelus quoyanus*) 進行遺傳歧異度分析，結果如下：

利用 8 組具多型性之微衛星基因座，針對 70 尾於新北市萬里、澎湖縣海域採集之野生個體 (圖 1) 及本所人工繁殖個體進行遺傳歧異度及族群遺傳結構分析。研究結果顯示，豹鰨的對偶基因數介於 3–15，異型合子觀察值介於 0.34–0.86，異型合子期望值介於 0.32–0.85。利用遺傳歧異度推估該批人工繁殖子代之有效族群數約為 759 尾。族群遺傳分化指數 (Fst) 介於 0.019–0.023，僅澎湖野生與人工繁殖個體具顯著差異 ( $p < 0.05$ ) (表 1)。結構分析結果顯示，野生與人工繁殖個體已呈現分化 (當  $k = 2$ ，具有最高的 likelihood 值 = -1640.4) (圖 2)，推論圈養在本所試驗池中的豹鰨可能產生人為選汰的效應。

玳瑁石斑之粒線體控制區 (D-loop) 分析結果顯示，臺灣各地的個體與澳洲大堡礁的個體可分為兩群 (2 genetic clades)，具有明顯的遺傳變異，可能為不同產卵群並存或其他的隔離機制。另，該魚種的遺傳歧異度高，族群遺傳分化指數 (表 2) 顯示，臺灣各地樣本幾無

分化，有高度基因交流。爰此，未來進行漁業資源保育管理時應視為同一族群。

本研究持續在澎湖海域 15 處樣點設置連續溫度記錄器，每樣點記錄 8,760 筆表水溫 (SST) 現地資料，15 處共記錄 131,400 筆。澎湖南部海域的年均溫、最高水溫及最低水溫都較高，越往澎湖內海及北部海域則越低。

表 1 豹鰨族群之遺傳分化指數(Fst)

Population	PHA	PHW	ML
PHA 澎湖養殖	-		
PHW 澎湖野生	0.021*	-	
ML 萬里	0.019	0.023	-

\* 顯著性差異( $p < 0.05$ )

表 2 玳瑁石斑族群之遺傳分化指數(Fst)

	CT	ML	PH	Aus
CT 新竹	-			
ML 萬里	-0.0206	-		
PH 澎湖	-0.0152	-0.0188	-	
Aus 澳洲	0.5746*	0.6152*	0.6542*	-

\* 顯著性差異( $p < 0.05$ )

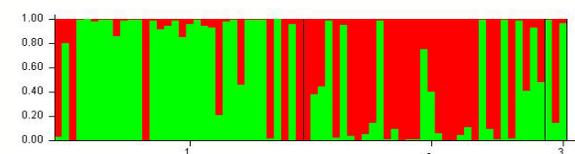


圖 2 以 Bayesian method (STRUCTURE 軟體)建構豹鰨之遺傳組成分群



圖 1 於澎湖海域採集之不同體色豹鰨個體