



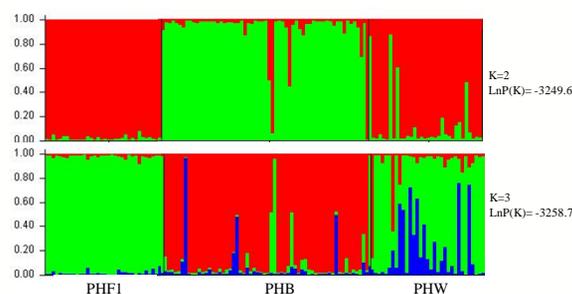
## 澎湖海域產豹鱸之遺傳歧異度研究及保種生物基因窄化評估應用

陳高松<sup>1</sup>、蕭聖代<sup>2</sup>、劉妮妤<sup>1</sup>、陳柏瑋<sup>1</sup>、謝恆毅<sup>3</sup>、宋嘉軒<sup>1</sup>、曾振德<sup>1</sup>、陳佳香<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

本計畫應用微衛星基因座 (microsatellite locus) 及粒線體控制區基因 (mitochondrial DNA control region gene) 等兩種遺傳標誌，針對澎湖海域產豹鱸 (*Plectropomus leopardus*) 進行遺傳歧異度及族群遺傳結構分析，各項實驗結果分述如下：

應用 8 組具多型性微衛星基因座，針對澎湖海域之野生個體 (n = 33)、本所種原庫人工繁殖 F1 個體 (n = 34) 及種原庫種魚 (n = 60) 進行遺傳歧異度及族群遺傳結構分析，結果顯示對偶基因數 (A) 介於 3–20，異型合子觀察值 (Ho) 介於 0.18–0.81 (如表)，異型合子期望值 (He) 介於 0.21–0.88；族群遺傳分化指數 (Fst) 介於 0.021–0.087，表示兩兩族群間皆具有顯著差異 (p < 0.05)；族群遺傳結構分析 (structure) 結果顯示，野生個體、種原庫種魚及人工繁殖 F1 個體已具有明顯的遺傳結構 (當 k = 3，具有最高的 likelihood 值)，推論圈養的豹鱸可能已產生人為選汰的效應 (如圖)。

粒線體控制區基因分析結果，已完成部分野生個體、種原庫種魚及人工繁殖 F1 個體的粒線體控制區部分片段序列之定序。以鄰近接合法 (Neighbor-joining method) 進行親緣演化樹分析結果，顯示種魚可分為兩群；將三者一併分析，亦可明顯區分為兩群。探究其原因，可能是澎湖南北海域間的區域性水文因子所產生的隔離所致。



以 Bayesian methods (STRUCTURE 軟體) 建構豹鱸之遺傳組成分群

豹鱸微衛星基因歧異度彙整表

Population	Parameters	Locus								
		P2	P6	P7	P8	9	P11	P12	P14	ALL
澎湖野生個體 (PHW) (N = 33)	A	9	4	13	11	3	3	11	11	8.13
	A <sub>R</sub>	3.99	2.49	4.65	3.83	2.06	1.76	4.01	4.05	
	Ho	0.82	0.50	0.75	0.76	0.48	0.21	0.79	0.82	0.64
	He	0.81	0.50	0.89	0.80	0.51	0.27	0.81	0.83	0.68
澎湖種原庫人工繁殖 F1 個體 (PHF1) (N = 34)	A	10	4	9	6	2	3	9	8	6.38
	A <sub>R</sub>	3.74	2.83	3.81	3.57	1.87	1.88	3.55	3.23	
	Ho	0.71	0.68	0.82	0.74	0.26	0.47	0.76	0.82	0.66
	He	0.76	0.63	0.79	0.78	0.41	0.37	0.72	0.71	0.65
澎湖種原庫種魚 (PHB) (N = 60)	A	12	6	17	13	2	2	14	12	9.75
	A <sub>R</sub>	4.26	2.81	4.13	3.71	1.92	1.1	3.76	3.85	
	Ho	0.80	0.60	0.83	0.73	0.53	0.00	0.75	0.72	0.62
	He	0.85	0.61	0.86	0.78	0.45	0.03	0.79	0.79	0.65

A: Number of Alleles; A<sub>R</sub>: Allelic richness; Ho: observed heterozygosity; He: expected heterozygosity