

九、沿岸特有生態海域生物多樣性之調查及永續利用

台灣重要經濟蟹類粒線體 DNA 序列資料庫之建立

蕭聖代、賴竹蘭
海洋漁業組

台灣沿海重要的漁業資源有許多著名的大型食用經濟蟹類，如遠海梭子蟹、銹斑蟊等均為梭子蟹科 (Portunidae)，除了青蟹屬的物種有人工養殖外，其他主要經濟蟹類絕大多數都捕自於天然海域。近年來，因為漁民過度捕撈，進而衍生蟹類資源的管理與保護等問題。另有些走私或進出口的水產品是去頭去尾的不完整個體，除了造成漁民權益的損失，在食用的安全管理上也成為極大的漏洞。為有效解決這些不完整樣本的物種鑑定問題，本計畫乃利用粒線體 COI 基因及 16S rRNA 定序分析，來建立台灣重要經濟蟹類之基因序列資料庫，以作為種類鑑定時粒線體 DNA 序列比對之標準。

本年度完成遠海梭子蟹 (*Portunus pelagicus*, PP)、紅星梭子蟹 (*Portunus sanguinolentus*, PS)、銹斑蟊 (*Charybdis feriatus*, CF)、顆粒蟊 (*Charybdis granulata*, CG)、鋸緣青蟹 (*Scylla serrata*, SS)、細點圓趾蟹 (*Ovalipes punctatus*, OP) 等 6 種台灣重要經濟蟹類粒線體 DNA 16S rRNA 及 COI 兩段基因核苷酸序列之定序。16S 核苷酸長度為 505 bp，其平均鹼基組成 A 佔 35.4%、T 佔 34.5%、C 佔 18.6%、G 佔 11.5%，序列中共有 147 個變異位置。完整 COI 核苷酸長度為 1534 bp，其平均鹼基組成 A 佔 26.3%、T 佔 37.0%、C 佔 20.5%、G 佔 16.2%，序列中共有 514 個變異位置。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 計算出在種內個體間的遺傳距離，遠海梭子蟹種內的遺傳距離為 0–0.015，遺傳變異較大於其他物種，而紅星梭子蟹及鋸緣青蟹的種內遺傳距離為 0–0.003，遺傳變異較小。台灣 6 種經濟蟹類種內

的遺傳距離在 0.015–0.003 之間，顯示同種內不同族群間之遺傳變異程度很低。使用此遺傳距離以 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，且種內並無明顯分群，種與種間之 bootstrap 值均有高達 80% 以上，而種間的遺傳距離在 0.021–0.055 之間。

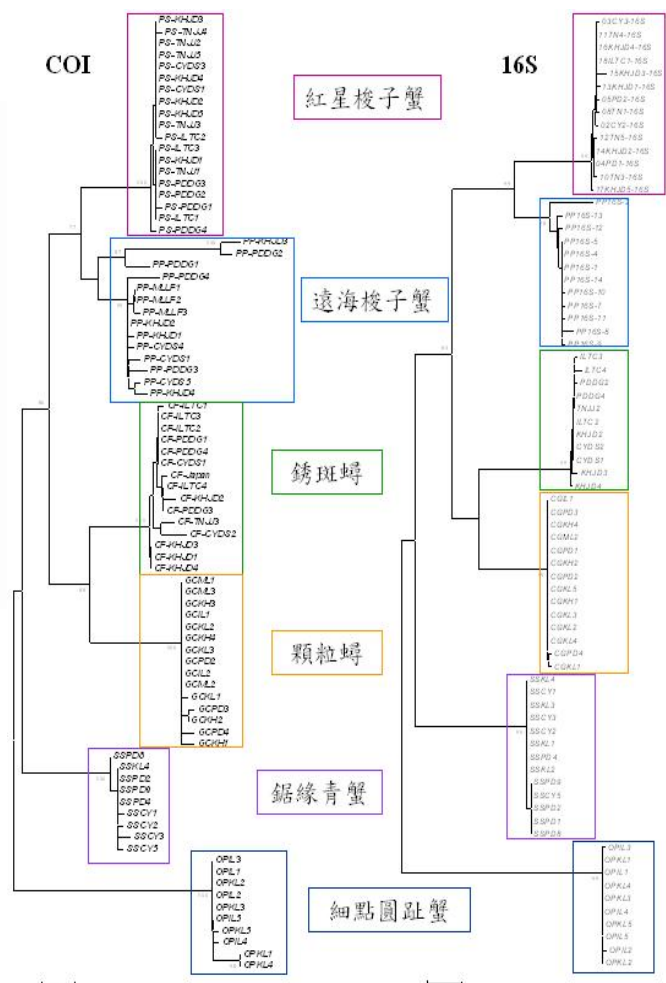


圖 1 利用 Kimura 2-parameter 法來分析台灣地區 6 種經濟蟹類粒線體 DNA 16S rRNA 及 COI 之 neighbor-joining 親緣關係樹