



十一、生物多樣性調查與資料庫建立

台灣重要經濟蝦類粒線體 DNA 序列資料庫之建立

蕭聖代、賴竹蘭
海洋漁業組

本研究旨在建立台灣重要經濟蝦類粒線體 DNA 中，16S rRNA 及 COI 兩段基因之序列資料庫，以作為種類鑑定時粒線體 DNA 序列比對之標準。建立基因庫最終目的是做為水產品來源的鑑別依據，並為蝦類生物多樣性的監測及保育工作，提供一項有價值的工具。

本研究分別從宜蘭大溪、嘉義東石、彰化彰濱、屏東東港等漁港收集到 5 科 17 屬 21 種標本，成功定序出長縫側對蝦 (*Parapenaeus fissuroides*)、長足側對蝦 (*P. longipes*)、鬚赤蝦 (*Metapenaeopsis barbata*)、大管鞭蝦 (*Solenocera melanthero*)、日本囊對蝦 (*Marsupenaeus japonicus*) 等台灣重要經濟蝦類粒線體 DNA 之 16S 及 COI 兩片段。16S 核苷酸長度為 552-619 bp，其平均鹼基組成 A 占 33.6%、T 占 31.2%、C 占 21.0%、G 占 14.2%。COI 核苷酸長度為 625-710 bp，其平均鹼基組成 A 占 28.9%、T 占 30.9%、C 占 20.1%、G 占 20.2%。

台灣 21 種重要經濟蝦類粒線體 DNA 16S rRNA 核苷酸序列間之 Kimura 2-parameter 遺傳距離為 0.053–0.516，使用此遺傳距離以 Neighbor-joining method 架構之親緣關係樹 (圖 1) 顯示，除了對蝦科 (Penaeidae) 外，其他科之蝦類均形成單一系群，各科之 bootstrap 值均高達 95% 以上。由樹形圖上顯示，對蝦科形成並系關係 (paraphyletic)，由最少 3 個主要系群組成。此結果與 Burkenroad 於 1983 年依照傳

統形態所歸納出的 3 個族 (tribe) 相互吻合；而櫻蝦總科內之中型毛蝦以及日本櫻蝦 (*Sergia talismani*)，2 者之相對親緣關係卻與傳統形態分類結果相距甚遠，其 bootstrap 值遠低於 50%，顯示其類緣關係並不穩定，其原因可能是因為本研究選擇的基因片段並不適用於解析櫻蝦總科間的親緣關係。

以屬的層級而言，對蝦屬在過去 60 年來，根據外部形態特徵及生物地理上的分布，有學者將其細分為 *Farfantepenaeus*、*Marsupenaeus*、*Fenneropenaeus*、*Melicertus*、*Penaeus*、*Litopenaeus* 等 6 個亞屬 (1997 年提昇至屬的階層)，共 29 個種。在形態分類上，*Penaeus monodon* 應該與 *P. semisulcatus* 較為親近，然而從本研究的親緣關係樹來看，*P. monodon* 反而與 *Fenneropenaeus penicillatus* 較為親近。

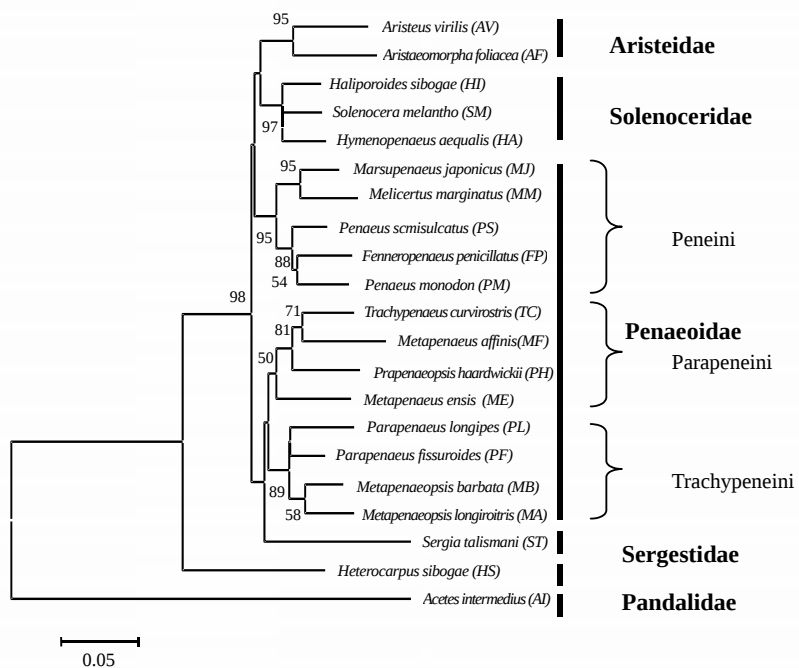


圖 1 利用 Kimura 2-parameter，以 neighbor-joining method 架構之台灣地區 21 種經濟蝦類之親緣關係樹