

臺灣沿岸海域鯛亞科魚類粒線體DNA核苷酸序列之變異及種間親緣關係

簡春潭¹ 許祖法² 李信徽² 陳哲聰³

本研究比較分析澳洲黑鯛(*Acanthopagrus australis*)、灰鰭鯛(*A. berda*)、黃鰭鯛(*A. latus*)、黑鯛(*A. schlegeli*)及黃錫鯛(*Sparus sarba*)各12尾標本粒線體DNA之D-loop區、tRNA^{Phe}基因及部分12S rRNA基因之核苷酸序列，以探討其核苷酸序列之變異及闡明其種間親緣關係。

種內及種間核苷酸序列之排序、比較結果，D-loop區、tRNA^{Phe}基因及部分12S rRNA基因核苷酸序列之長度，在澳洲黑鯛分別為932-948 bp、71 bp及401 bp；在灰鰭鯛為931-938 bp、71 bp及400 bp；在黃鰭鯛為942-1003 bp、71 bp及401 bp；在黑鯛為940 bp、71 bp及406 bp；在黃錫鯛為971-973 bp、71 bp及398 bp。tRNA^{Phe}基因及12S rRNA基因相當保守，變異很小，D-loop區之左、右區段含有較高比例之腺嘌呤(A, adenine)及較低比例之鳥糞嘌呤(G, guanine)，且具有較大之序列及長度變異；而D-loop區之中央區段則含有較低比例之腺嘌呤及較高比例之鳥糞嘌呤，且較左、右區段保守，變異較小。出現在其它脊椎動物D-loop區之保守序列(conserved sequence elements) TAS、CSB-2及CSB-3亦出現在鯛亞科魚類之D-loop區。

種內兩兩標本間之Tamura-Nei序列距離，澳洲黑鯛為0.0021-0.0130，灰鰭鯛為0.0000-0.0115，黃鰭鯛為0.0014-0.0209，黑鯛為0.0014-0.0093，黃錫鯛為0.0000-0.0056；而種間之Tamura-Nei序列距離在黑鯛屬內為0.1498-0.1914、在黑鯛屬與鯛屬間則為0.2386-0.2708。依據種間序列距離使用UPGMA聚類方法繪出之系統樹顯示，鯛亞科五種魚明顯分成二群，一群包括澳洲黑鯛、灰鰭鯛、黃鰭鯛及黑鯛，即黑鯛屬；另一群僅有黃錫鯛，即鯛屬。而黑鯛屬四種魚之親緣關係則澳洲黑鯛與黑鯛最接近，其次依序為灰鰭鯛、黃鰭鯛。此系統樹與使用同功異構酶電泳法所獲者一致，但與形態測定方法所獲者不一致。

關鍵詞：粒線體，序列變異，種間關係，鯛亞科。

¹ 臺灣省水產試驗所漁業生物系

² 中央研究院動物研究所

³ 國立臺灣海洋大學水產學院漁業科學系

智慧藏