

臺灣沿岸海域黑鯛粒線體 DNA 序列之變異

簡春潭¹ 李信徹² 陳哲聰³ 許祖法²

本研究比較分析採自福隆、淡水、梧棲、臺西、東港、澎湖及馬祖等七個地區之 43 尾野生黑鯛及 6 尾養殖黑鯛粒線體 DNA 之 D-loop 區 5' 端段、D-loop 區 3' 端段、tRNA^{Phe} 基因、及 12S rRNA 基因 5' 端段共 718 bp 之序列，以探討其序列之變異及其族群遺傳結構。

49 尾黑鯛之粒線體 DNA 序列中，共發現 33 種基因型，其差異在於 32 個位置發生變異，其中 30 個發生在 D-loop 區 5' 端段，另 2 個發生在 D-loop 區 3' 端段；而且除了 1 個變異位置係顛換(transversion)及另一變異位置係缺失(deletion)之外，其餘 30 個變異位置均係轉換(transition)。兩兩基因型間之 Tamura-Nei 序列距離為 0.0014-0.0127，依據序列距離使用 UPGMA 聚類方法繪出之基因型親緣關係樹並無明顯之系譜分支(genealogical branch)及地區標本群聚之情形，重複 1000 次 bootstrap test 所獲得親緣關係樹各分叉之 bootstrap confidence level (BCL) 值均小於 50%。表示地理族群間分化程度之 K 值，在包括地區野生黑鯛及養殖黑鯛之 8 個樣本間為 0.0829，而 7 個地區野生樣本間則為 0.0805。這些結果顯示台灣及馬祖 7 個地區野生黑鯛間之遺傳分化輕微，應屬於同一族群；而野生黑鯛與養殖黑鯛間之遺傳分化亦不顯著。Tajima 之測驗中性突變假說之統計值 D 為 -1.5125，顯示黑鯛粒線體 DNA 序列之變異係中性突變(neutral mutation)所致。

關鍵詞：黑鯛，粒線體去氧核糖核酸，遺傳結構。

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