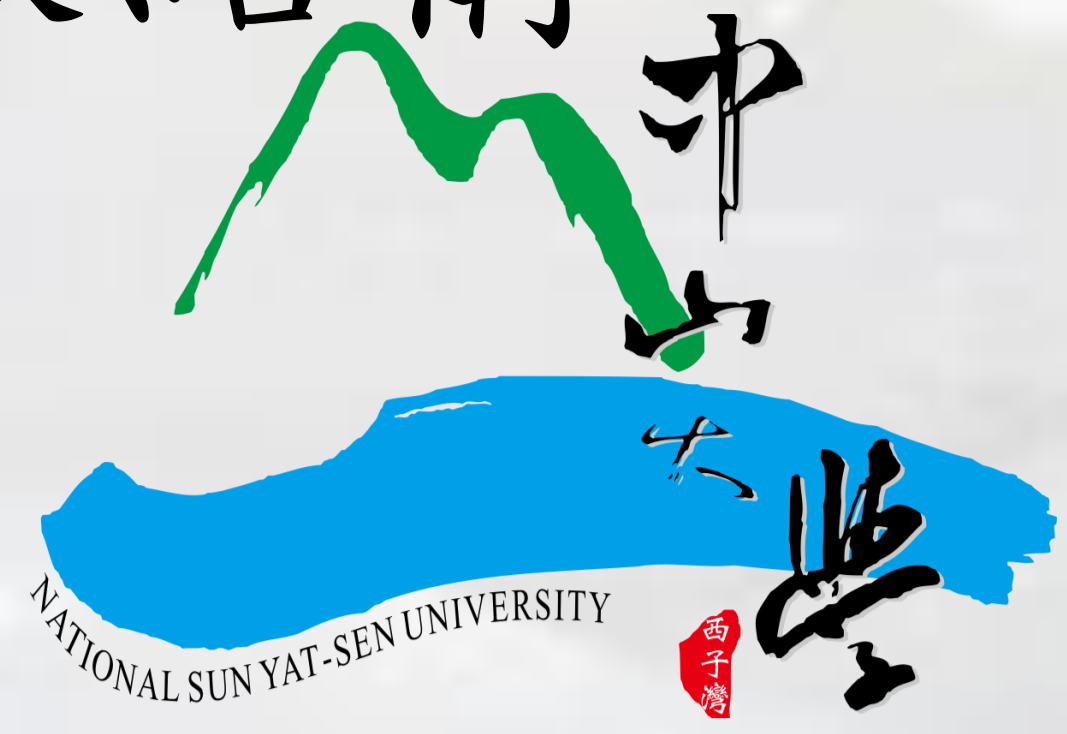


以DNA Barcode鑑定台西仔稚魚冬夏群聚結構

胡晏綺、劉商隱

國立中山大學海洋生物科技暨資源學系



前言

台西海域位於台灣海峽中南段，全年受東北季風與西南季風分別調節中國沿岸流及黑潮支流經過，生態豐富。近年來台灣西岸河口因污染、過漁與氣候變遷影響，近海漁業衰敗嚴重，而魚類幼生入添為族群數量維持與恢復的來源，為了瞭解西部海域，不同季節仔稚魚的群聚組成與豐度。DNA Barcode是利用粒線體細胞色素c氧化酶亞基I基因(cytochrome c oxidase I, COI)作為通用的條碼標示(Hebert *et al.*, 2003)，該段基因具有分子上能快速有效率辨識種間差異的優勢，因此只需要大小約 648bp 的片段即可有效辨別形態上極相似之物種，是現今分類學上不可或缺的工具。本研究使用國立中山大學新海研三號研究船於2019年5月、11月；2020年5月；及2021年1月於雲林台西海域所採集的仔稚魚酒精樣本以分子條碼方式瞭解台西海域夏、冬兩季仔稚魚的組成，並預期該研究結果能有效提高台西海域仔稚魚鑑種能力以精確其物種之組成。

材料與方法

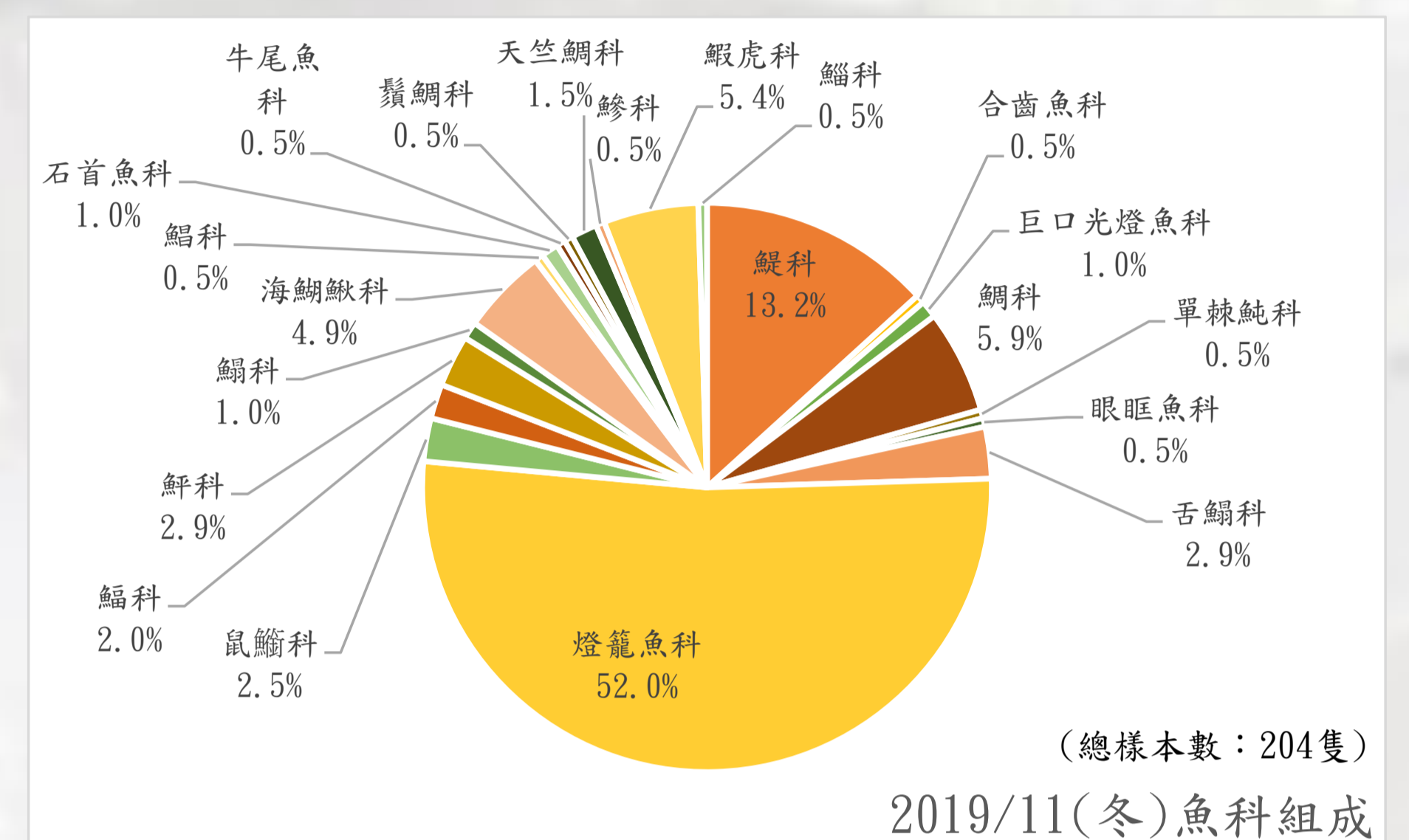
一、樣本採集：於2019年冬夏兩季；2020夏季；及2021年冬季於雲林台西河口海域(圖一)以仔稚魚網拖網所採集的仔稚魚使用95%酒精保存。

二、DNA extraction：仔稚魚體約小於1公分到2公分不等，故研究中皆使用整隻魚體做萃取確保質量。

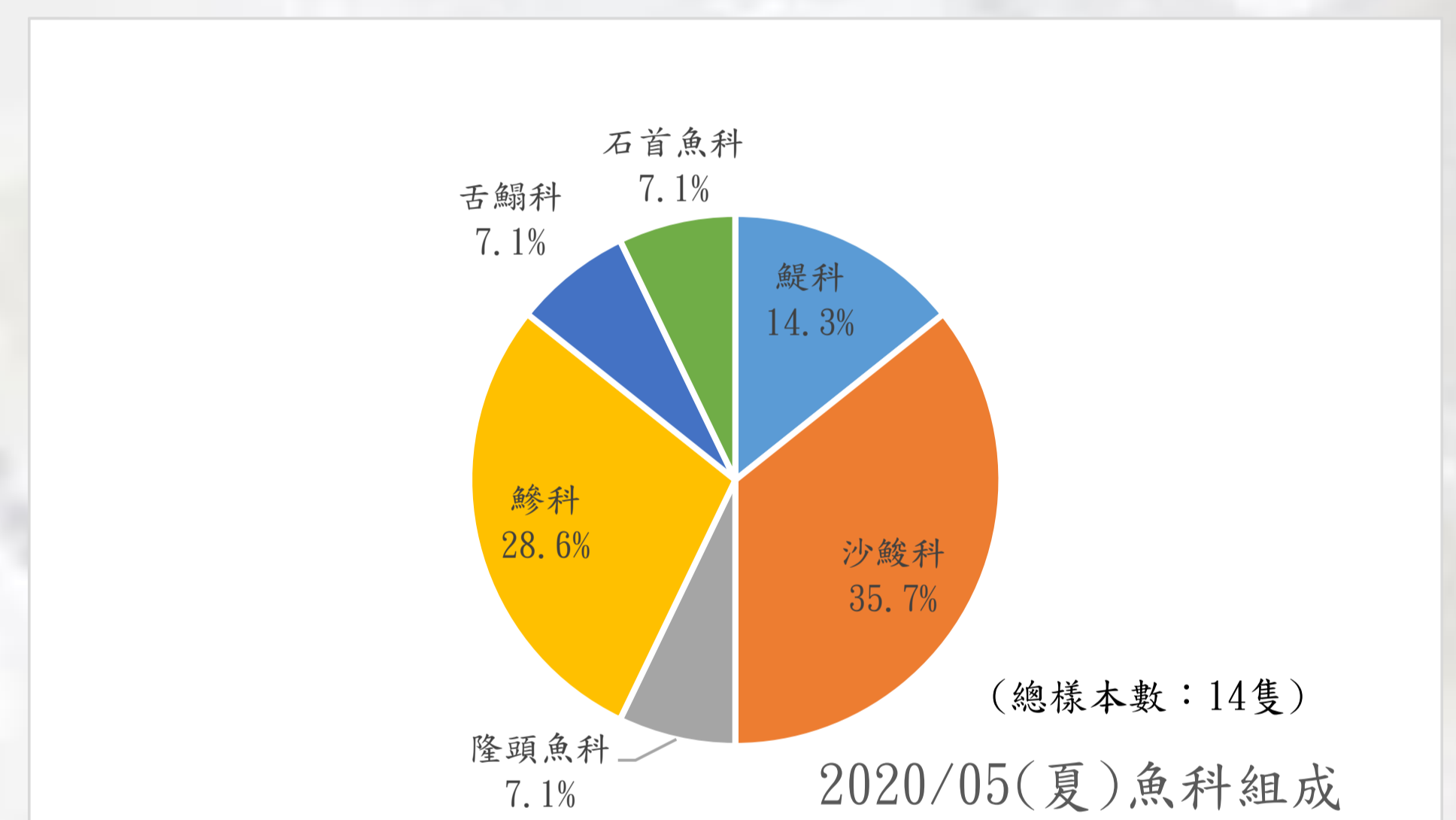
三、PCR (Polymerase Chain Reaction)：利用PCR技術可在短時間內將辨識所需的DNA片段大量擴增以利後續定序。



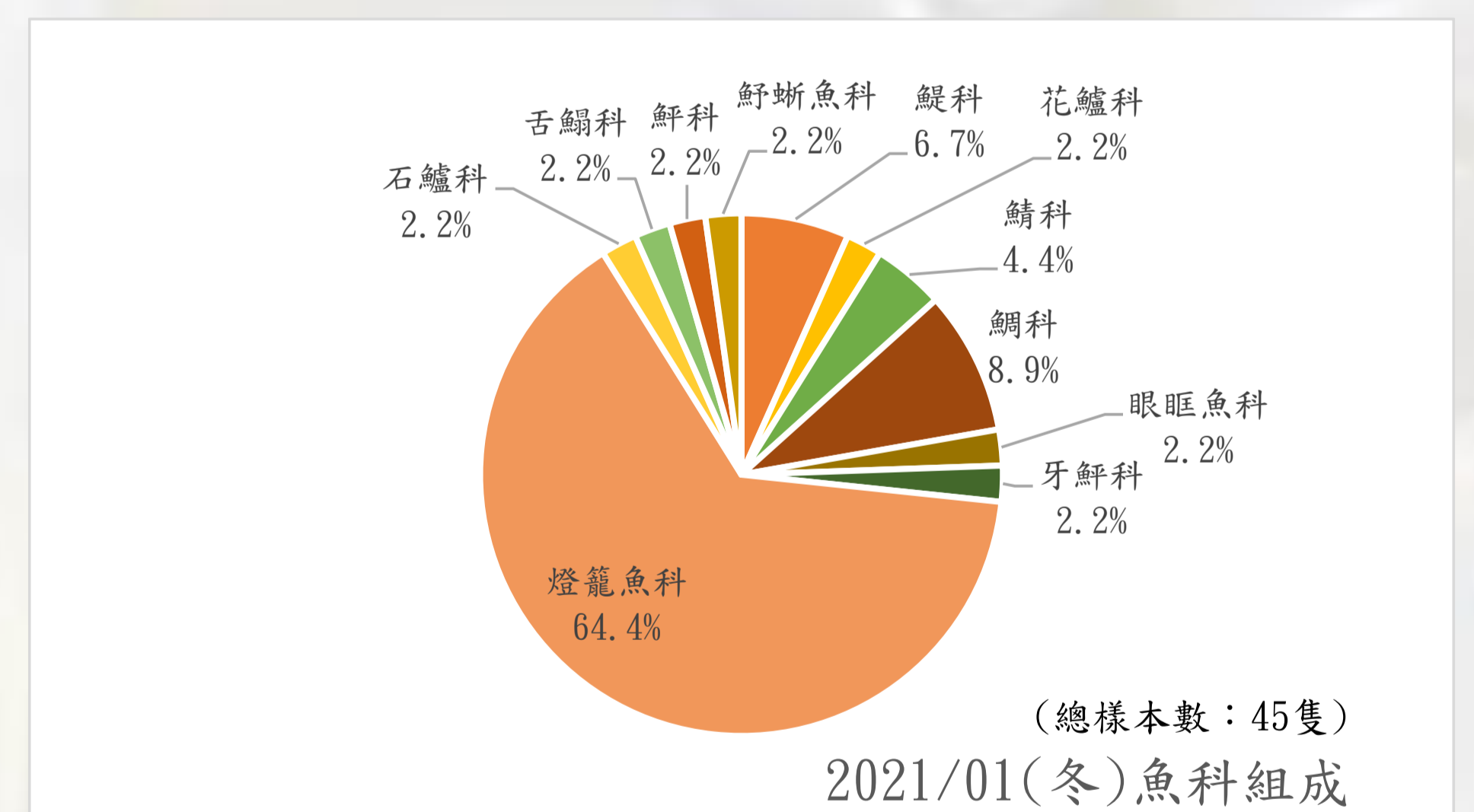
圖一、採樣位點



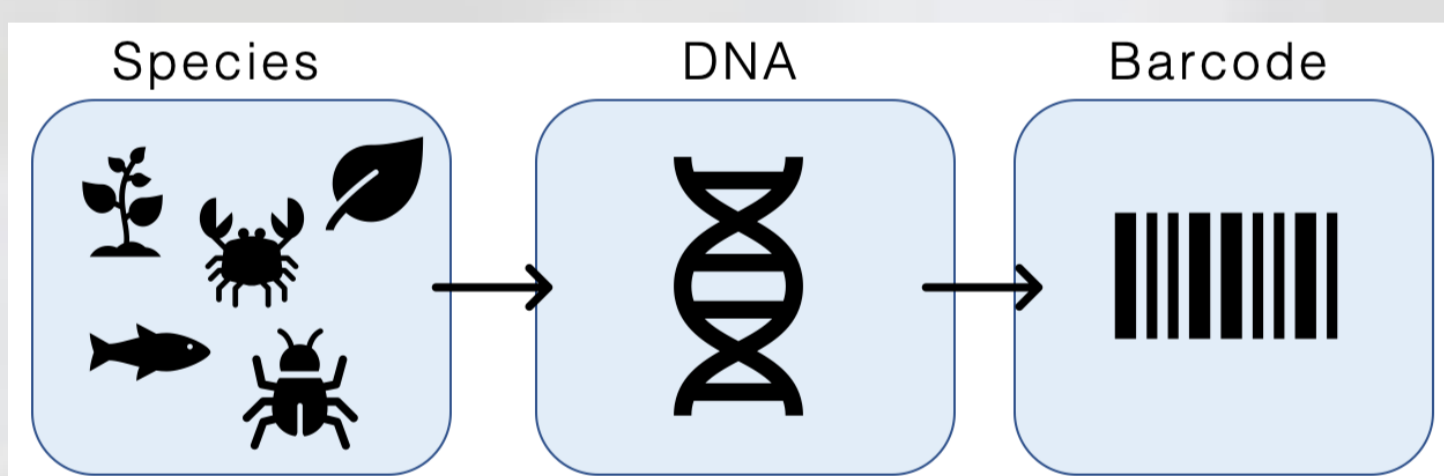
圖二(B)、2019/11冬季魚科組成



圖二(C)、2020/05夏季魚科組成

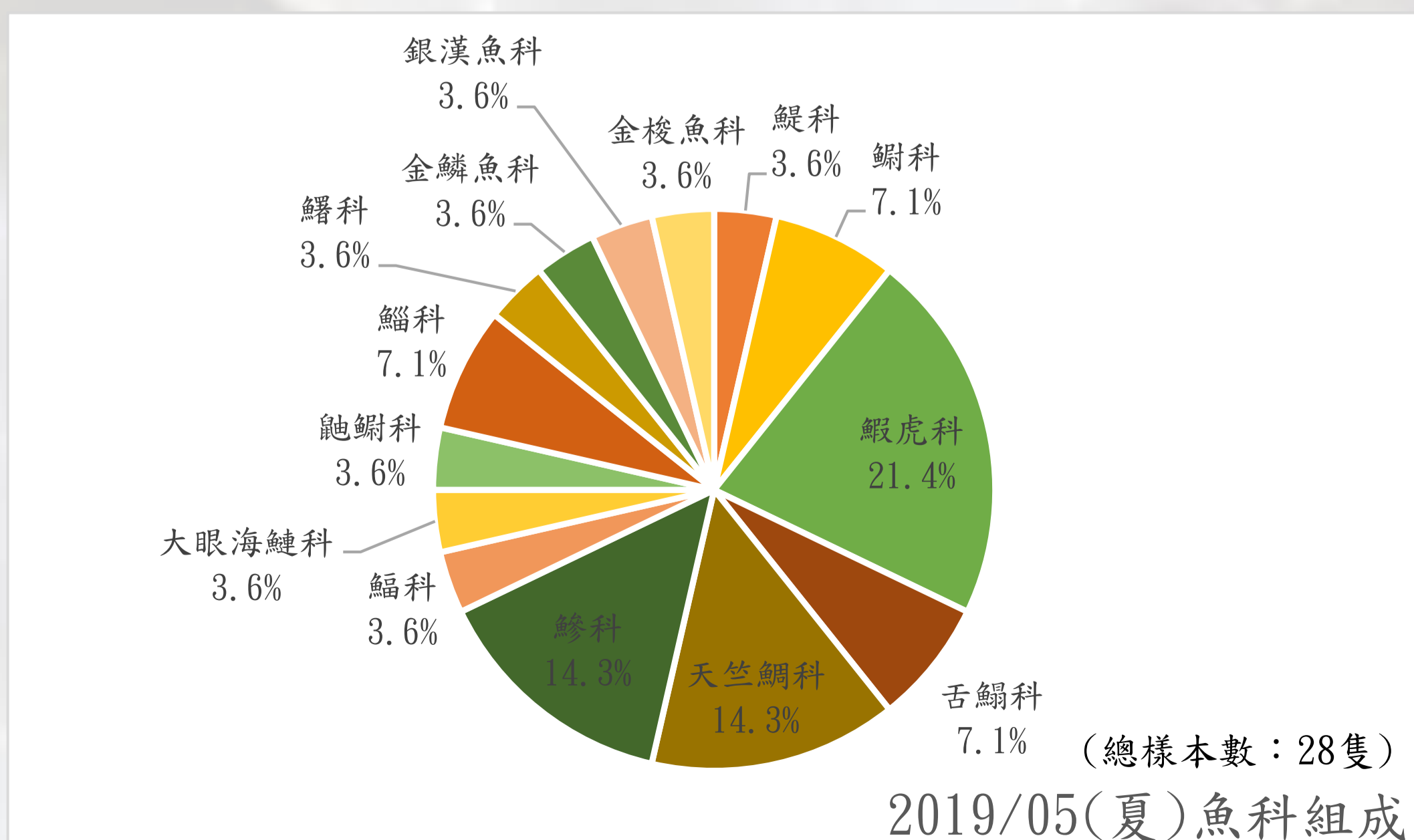


圖二(D)、2021/01冬季魚科組成



四、DNA Sequencing & Barcoding：完成 PCR 之樣本進行核酸定序，取得定序結果後利用BLAST與 NCBI 資料庫中的核苷酸序列進行比對，根據資料庫對某特定物種資料完善程度可將物種鑑定至最低為種的階層。

初步結果



圖二(A)、2019/05夏季魚科組成

結論

根據統計圖表顯示：台西海域夏季(圖二(A)、(C))仔稚魚組成並無主要優勢魚科出現，且樣本數及豐富度皆較冬季低；而冬季(圖二(B)、(D))除樣本數及豐富度較高外，2年皆有出現優勢魚科：燈籠魚科，且皆高於總組成的百分之五十以上，經由核苷酸序列比對結果能精確得知主要優勢魚種為：燈籠魚科底燈魚屬 *Benthoosema pterotum* 七星底燈魚。本研究結果主要以科的階層呈現，以了解在主要類別魚種上有無季節差異，因DNA Barcode雖具分子辨識上的優勢，卻也仰賴樣本本身DNA品質的優劣，雖然本研究使用樣本最長時間放置超過2年以上且外部型態殘缺不全。但多數皆能成功增幅與鑑定種類。目前我們已知台西海域冬季仔稚魚優勢種為七星底燈魚，未來將使用種的名錄進行聚類分析以了解群聚組成差異，未來若要持續了解台西海域仔稚魚組成便可以本研究結果為基礎繼續追蹤其變化。