

台灣陸封鮭魚 (*Oncorhynchus masou formosanus*) 的遺傳結構

郭金泉^{1,4}, 王志勇², 徐德華¹, 林青³

¹國立台灣海洋大學水產養殖學系, 臺灣; ²集美大學水產學院, 中國; ³雪霸國家公園管理處, 臺灣; ⁴通訊作者 (gwojc@hotmail.com)

[摘要] 連續兩年(2004 和 2005 年)使用擴增酶切片段長度多樣性(AFLP: Amplified fragment length polymorphism)分子標記技術調查七家灣流域台灣陸封鮭魚 (*Oncorhynchus masou formosanus*)族群的遺傳結構和其多樣性。由所採集的 60 個樣本共得到 196 條擴增片段, 其中多樣性片段有 58 條 (29.59%), 我們推算族群的平均遺傳距離為 0.0312, 遺傳相似度為 0.9692, 根井遺傳多樣性指數為 0.0565, 顯示台灣鮭魚族群遺傳變異偏低, 多樣性極端匱乏。以鄰接法構建的歸類圖, 強烈暗示現存的台灣陸封鮭魚有因應時間、空間和地理條件, 由數個次族群群聚分布的模式。我們推測過去棲息於大甲溪主流的台灣陸封鮭魚, 曾是形成大甲河流域關聯族群的主要核心族群。人類的開發改變鮭魚次族群之組成成分、大小、和數目, 同時也瓦解關聯族群之結構和聯繫。重建七家灣流域台灣鮭魚關聯族群之結構, 可以減緩殘存台灣鮭魚流失遺傳多樣性的速度。我們也對管理者提供一些復育建言。

關鍵字: 瀕危、魚類、關聯族群、遺傳多樣性、擴增片段長度多樣性

The Genetic Structure of the Formosa Landlocked Salmon (*Oncorhynchus masou formosanus*) in Taiwan

Jin-Chywan Gwo^{1,4}, Zhi-Yong Wang², Te-Hua Hsu¹, and Ching Lin³

¹Department of Aquaculture, Taiwan National Ocean University, Taiwan; ²Fisheries College, Jimei University, China; ³Shei-Pa National Park, Taiwan; ⁴Corresponding author (gwojc@hotmail.com)

ABSTRACT The genetic diversity and population structure of Formosa landlocked salmon (*Oncorhynchus masou formosanus*) in Chichiawan Stream was assessed using AFLP markers for two consecutive years (2004 and 2005). A total of 196 loci were generated in 60 individuals using 3 primer pairs, of which 58 were polymorphic with a proportion of 29.59%. The population has low genetic diversity (Nei's gene diversity = 0.0565), with average similarity value of 0.9692, and average genetic distance of 0.0312. Both the NJ dendrogram and the genetic variation revealed by using AFLP markers indicate a strong spatial and geographic pattern in the existing Formosa landlocked salmon. We speculate that the Formosa landlocked salmon populations, adapted to the mainstream of Tachia River, probably were once the core populations for the metapopulation. Human activities have altered the composition of salmon populations and consequently damaged the metapopulation structure. Diversities within and among salmon subpopulations have substantially reduced due to the extinction of many local populations, as well as a reduction in population size of most extant populations. Re-establishment of metapopulation structure among Chichiawan Stream salmon populations would help to slow the loss of diversity in the presently isolated populations. Restocking advices for fisheries managers are also provided in this paper.

Keywords: endangered, fish, metapopulation, genetic diversity, AFLP

前言

台灣陸封型鮭魚（台灣櫻花鉤吻鮭；*Oncorhynchus masou formosanus*）為台灣特有的珍稀魚類。據推測，它是冰河時期為避難或拓殖而到台灣(鄧1959; Gwo et al. 1996, 1999; 郭 2000a)。後來，由於冰河消退、氣溫上升、河川變遷、襲奪、棲地改變、陸封或迷失歸途等因素，台灣鮭魚無法再洄游至大海，滯留於台灣，逐漸演化成陸封鮭魚，是分佈於地球北半球最南端的鮭科魚類(林等 1987; Gwo et al. 1996, 1999; 2008; 郭 2000a)。

因其地理位置的獨特性，台灣鮭魚在日本治台時期就被列為天然紀念物刻意保護。但自20世紀40年代以來，因為人類活動頻繁，破壞棲地、污染水質和過度獵撈等因素，使得台灣鮭魚的分佈範圍和數量銳減(林等 1987, 1988)。目前生存區域僅限於大甲溪上游的七家灣溪支流上游七公里的範圍內，族群數量急劇變動，數量最少時甚至僅存三百餘尾(曾 2007)。

鑒於台灣鮭魚在保育生物、生物多樣性保護和生物學研究的重要性，政府保育單位將其奉為“國寶魚”優先進行保護(林等 1987, 1988, 1990; 周等 2006)。近年來，在雪霸國家公園的努力下，逐步改善棲地環境，並進行台灣鮭魚的人工繁殖復育放流，使得鮭魚的族群數量有某程度的恢復(曾等 2000; 曾 2007)。然而，台灣鮭魚族群數量本來就較少，又因為每年颱風山洪等天然災變，使得族群數量起伏變動頻繁，此時極易發生遺傳瓶頸效應、導致遺傳漂變和近交衰退，造成族群群體中某些對偶基因喪失或固定，多樣性和遺傳變異程度下滑，族群的演化潛力和適應環境變化的能力也隨之降低(林等 1987, 1988; Gwo et al. 1996, 1999; 吳 2000; 郭 2006)。因此，深入研究其遺傳多樣性，瞭解台灣鮭魚族群的遺傳結構，是估算其族群演化潛力，提供管理者擬定保育策略的重要依據。

隨著分子生物學技術的快速發展，在保育遺傳學的研究領域中日益廣泛的使用各種

分子標記，用以估算族群的遺傳多樣性及親緣關係；例如隨機擴增多樣性 DNA(RAPD)、限制性片段長度多樣性(RFLP)、擴增酶切片段長度多樣性(AFLP)、微衛星標記(SSR; simple sequence repeat)和數量可變串聯重複(VNTR; minisatellite)、粒線體 DNA(mt DNA)序列分析等技巧(Liu and Cordes 2004)。其中 AFLP 標記被認為是最靈敏有效的分子標記之一，它結合了 RFLP 的準確性和聚合酵素鏈鎖反應(PCR)的高效性，具有所需樣本量少、實驗結果穩定可靠、再現性高、多樣性檢出率高等優點，非常適合做為分析族群遺傳結構的工具。因此本研究採用 AFLP 分子標記，連續兩年調查大甲溪上游七家灣流域現存台灣鮭魚的遺傳結構。

材料與方法

一、採樣河段地點和採樣時間及方法

七家灣流域位於台中縣大甲溪的上游，全長約 14 公里，平均溪寬約 9 公尺，平均深度約 0.3 公尺，年均流速為 0.54 公尺³/秒。在海拔 1700 公尺至 1900 公尺處亦即本研究採樣河段「一號壩」和「三號壩」，長約 4.2 公里的流域，斜坡率在 0.02 至 0.04 之間屬緩和溪段(林等 1987, 1988; 吳 2000; 林 2000)。「三號壩」位於武陵吊橋下方是採樣地點的最上端，採樣地點的最下端是武陵農場本部附近的「一號壩」，位於舊復育場旁的「二號壩」將調查流域區分為兩段；一至二號壩長約 2577 公尺，二至三號壩距離 1601 公尺(圖 1)。三座防砂壩壩頂皆被卵石、礫石及細砂所淤塞，防砂壩下方被沖蝕成大型深潭，底質主要是由大型巨石搭配小巨石或卵石組成，「二號壩」防砂壩於 2006 年已被颱風完全沖蝕崩倒(林 2000; 葉和陳 2006)。七家灣溪一至三號壩之間的中型棲地分布不一致，二號壩以上以瀑布型台階為主(41%);其次為水潭佔溪流 30%的長度;急流區則佔 24.5%;緩流區十分稀少(僅佔 4%);二號壩以下以急流區(37%)最多;其次是緩流區及水潭區，分別佔 25% 及

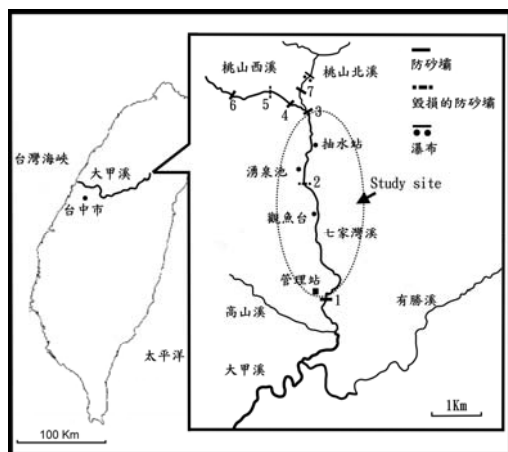


圖 1、橢圓形虛線圈內為樣本的採集地點。數字 1 代表防砂壩「一號壩」，餘類推。

24%，瀑布型台階則減少至 14% (林 2000)。

連續兩年(2004 及 2005 年)在台灣鮭魚繁殖季節(10~11 月) 進行採樣。每年以手拋網的方式採集 30 尾體長大小界於 15 到 26 公分之間的台灣鮭魚共 60 尾。採樣過程盡量不驚嚇傷害魚隻，捕獲後剪取其脂鰭(幾毫克到十幾毫克)，並馬上釋放魚隻。將脂鰭樣本立即儲放於 95%乙醇，更換乙醇數次充分脫水後，攜回國立台灣海洋大學低溫暨遺傳育種實驗室保存於 -20°C 冷凍櫃靜待分析。

二、DNA 萃取

用苯酚/氯仿/異戊醇萃取法萃取台灣鮭魚的基因組 DNA，並用 1%瓊脂糖凝膠電泳 (Agarose gel) 檢測 DNA 的完整性。

三、AFLP 指紋圖譜的建構

根據 Vos 等(1995)的方法購買藥品，並訂購引子對，反應體系則略做修改，詳細實驗步驟如下。

酶切：取基因組 DNA 樣品各 100ng，Tru1I (10 μ / μ l) 0.1 μ l，10 \times Y+/Tango buffer (反應緩衝液) 4.0 μ l，再加 ddH₂O 至反應總體積 20 μ l。於 PCR 儀中 65°C 酶切 2 小時。再加入 EcoR I (10 μ / μ l) 0.1 μ l，ddH₂O 1.9 μ l 於 PCR 儀中 37°C 酶切 2 小時。於 70°C 中放置 15 分鐘，使酶失去活性，4°C 下保存備用。

連接：酶切反應產物 5 μ l，10mM ATP 0.5 μ l，EcoR I adapter (5 μ M) 0.5 μ l，Mse I adapter (50 μ M) 0.5 μ l，T4 DNA ligase (10 u / μ l) 0.1 μ l，再加 ddH₂O 至反應總體積 20 μ l。於 37°C 下反應 4 小時。置於 4°C 下保存備用。

預擴增反應：連接產物 1 μ l，10 \times PCR buffer plus Mg₂+ 2 μ l，dNTP(10mM)，0.4 μ l 的 10 μ M 濃度之 EcoR I preamp primer (5'-GACTGCGTACCAATTC-3')，0.4 μ l 的 10 μ M 濃度之 Mse I preamp primer (5'-GATGAGTCCTGAGTAA-3')，0.4 μ l Taq polymerase (5 μ / μ l)。PCR 反應條件：首先 94°C 2 分鐘；接著 94°C 30 秒，56°C 60 秒，72°C 60 秒，共 20 個 cycles；置於 4°C 下保存備用。根據 1.5%瓊脂糖凝膠電泳檢測預擴增產物的品質。該產物用 ddH₂O 稀釋 10 倍，置於 4°C 下保存備用。

選擇性擴增反應：取 5 μ l 預擴增稀釋混合液，10 \times PCR buffer plus Mg₂+ 2 μ l，EcoR I+3 引子(27.8ng/ μ l) 0.4 μ l，Mse I+3 引子(27.8ng/ μ l) 0.4 μ l，Taq polymerase 0.2 μ l，加 ddH₂O 至總體積為 20 μ l。PCR 反應條件：先 94°C 2 分鐘，再 94°C 30 秒，65°C 30 秒，(每 cycle 溫度降低 1°C)，72°C 60 秒，10 個重複迴圈後變為：94°C 30 秒，56°C 30 秒，72°C 60 秒，26 個 cycles。反應結束後用 1.5%瓊脂糖電泳檢測預擴增產物的品質。擴增反應產物保存於 4°C 備用。

變性聚丙烯醯胺凝膠電泳與銀染：以 6% 的變性聚丙烯醯胺凝膠 (Denaturing polyacrylamide)、1 \times TBE 緩衝液進行電泳。電泳完畢後，固定、銀染、顯色步驟修改自 (Bassam et al. 1991)。固定液配方為 20ml Acetic acid+1980ml ddH₂O，固定時間 30 分鐘以上；銀染液(silver staining solution)配方：3ml Formaldehyde+10g AgNO₃+ 400 μ l 1%Na₂S₂O₃ 加 ddH₂O 至 2000ml，染色 30 分鐘以上；顯影液 (Developing solution)：3ml Formaldehyde +10g NaOH 加 ddH₂O 至 2000ml。

四、數據處理

分別以 1 和 0 代表擴增片段的有無，並將

表1. 不同選擇性引子對的檢出結果

Primer	Total bands	Monomorphic bands	Polymorphic bands
E-AGC/M-CTT	61	53 (86.89%)	8 (13.11%)
E-AGC/M-CTG	61	43 (70.49%)	18 (29.51%)
E-AAG/M-CTT	74	42 (56.76%)	32 (43.24%)
Total (3 primer pairs)	196	138 (70.41%)	58 (29.59%)

上述獲得的 AFLP 指紋圖譜轉換數字矩陣，在 Microsoft Excel 中以 Visual Basic 語言編製的程式（王等 2000），計算擴增片段數目、多樣性片段數目及其比例、族群內擴增片段的相似系數(Similarity)、遺傳距離(Genetic distance)等各項參數(Nei and Li 1979)。亦即，多樣片段比例 = (多樣片段數量/檢出片段總數) × 100%。遺傳距離(D) = $-\ln S$ 。相似系數(S)， $S_{ij} = 2 N_{ij} / (N_i + N_j)$ 。式中 S_{ij} 為相似系數， N_{ij} 為個體 i 與 j 共有的片段的數量， N_i 、 N_j 分別為個體 i 與 j 各具有片段的數量。另外假設族群處於 Hardy-Weinberg 平衡狀態，使用 POPGEN1.32 (Yeh and Boyle 1997)，計算族群的遺傳多樣性指數 (Gene diversity) (Nei 1973)。歸類分析 (Assignment) 則將 1、0 數字矩陣輸入 Freetree 軟體(Hampl et al. 2001) 中，以 Nei 遺傳距離及鄰接法(NJ: Neighbor join method) 建構歸類圖，並將之輸入至 MEGA3.1(Kumar et al. 2004) 軟體重製後輸出。利用 Network 4.1 和 MVSP v3.1 軟體做主成份分析 (PCA; Principal component analysis)。最後標繪兩年來野生台灣鮭魚族群中，58 條顯現多樣性擴增片段 (polymorphic band) 對偶基因座的頻度，觀察其變動走向和趨勢。

結果

一、AFLP 擴增條帶的檢出結果

本實驗共使用3對不同的選擇性引子對，從60尾臺灣鮭魚中的58尾之DNA樣品，獲得196個有效的擴增片段(表1)。其中138個片段(70.41%) 為族群的全部個體共有；其餘58個片段 (29.59%) 僅見於部分個體，表現多樣性

現象。每個引子對檢出的多樣性位點數從8到32不等，平均19.3個，多樣性位點比例在13.11%~43.24%之間(表1)。E-AAG/M-CTT 檢出的位點數及多樣性最高 (32及43.24%)。此處以E-AGC/M-CTT引子對擴增出的AFLP指紋圖譜代表，展示AFLP擴增條帶的檢出結果(圖2)。AFLP的判讀計數範圍為100到350 bp (鹼基對)。

二、遺傳距離、遺傳多樣性指數等參數之計算及分析歸類圖及主成份

台灣鮭魚(樣本數 60 尾，但成功有效樣本為 58 尾)的平均遺傳距離為 0.0312，遺傳相

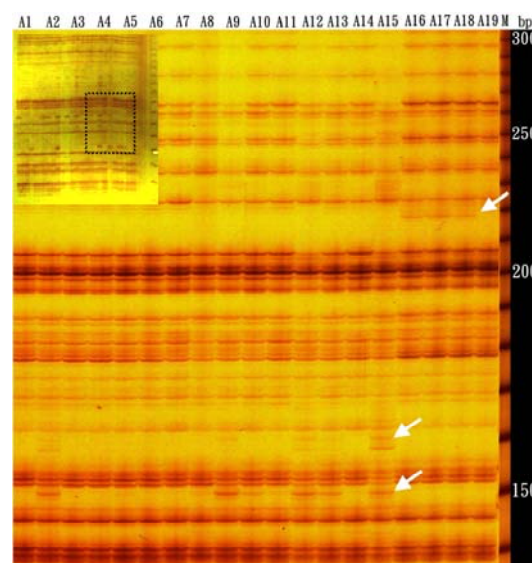


圖2、以 E-AGC/M-CTT 引子對擴增出的 AFLP 指紋圖譜，此圖是左上方虛線長方形 AFLP 指紋圖譜的局部放大。數字 (A1~A19) 代表 19 尾 2004 年台灣鮭魚樣本的編號，箭頭 (↙) 表示部分個體顯示特殊多樣性擴增片段 (polymorphic band) 的地方。M 為 10bp DNA 分子量標記物 (marker)。

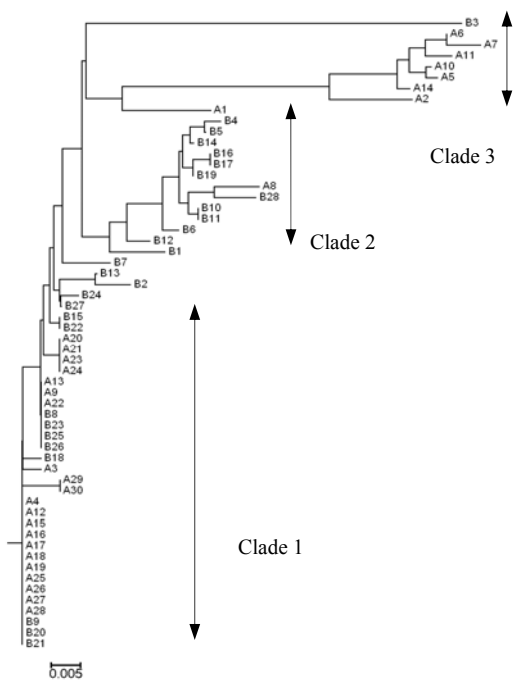


圖 3、以 Nei's 遺傳距離及鄰接(NJ)法所構建的歸類圖。2004 年的樣本編號為 A；2005 年的樣本編號為 B。2004 年族群主要由系群 (clade) 1 和系群 3 中的 A 組成，而 2005 年族群只要由系群 1 和系群 2 中的 B 組成。

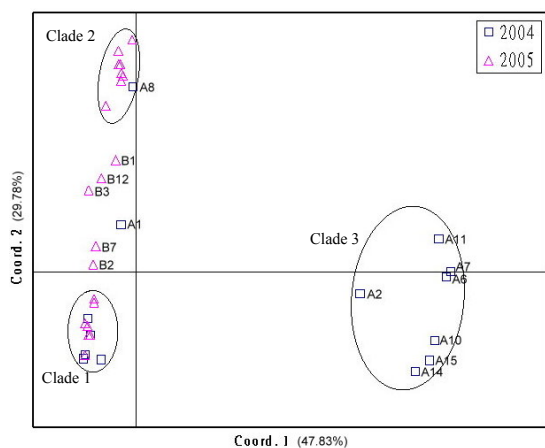


圖 4、利用主成份分析(PCA) 標繪兩年 (□, 2004;△, 2005) 台灣陸封鮭魚的第一和第二主成分。主成份分析顯示第一主成份佔全部變異的 47.83%而第二主成份佔 29.78% (圖 4)，也顯示 58 尾野生台灣陸封鮭魚群集成三個主要系群 (clade)。

似度為 0.9692，Nei 遺傳多樣性指數為 0.0565。圖 3 為以 Nei's 遺傳距離及 NJ 法所構建的演化樹歸類圖。58 尾野生台灣鮭魚可以分成三個主要系群 (clade)。系群 1 共有 36 個個體，包括來自 2004 年的 (A3、A4、A9、A12、A13、A15、A16、A17、A18、A19、A20、A21、A22、A23、A24、A25、A26、A27、A28、A29、A30) 及 2005 年的 (B2、B7、B8、B9、B13、B15、B18、B20、B21、B22、B23、B24、B25、B26、B27)。系群 2 共有 13 個個體，包括來自 2004 年的(A8) 及 2005 年的 (B1、B4、B5、B6、B10、B11、B12、B14、B16、B17、B19、B28)。系群 3 共有 9 個個體，包括來自 2004 年的 (B3) 及 2005 年的 (A1、A2、A5、A6、A7、A10、A11、A14)。2004 年族群主要由系群 1 和系群 3 中的 A 組成，而 2005 年族群主要由系群 1 和系群 2 中的 B 組成。主成份分析 (PCA) 也顯示 58 尾野生台灣陸封鮭魚群集成三個主要系群，第一主成份 (Coord. 1) 佔全部變異的 47.83%，而第二主成份 (Coord. 2) 佔 29.78% (圖 4)。觀察兩年來野生台灣鮭魚族群中顯現擴增多樣性的對偶基因座頻度的變動，發現在 2005 年所有 58 條多樣性擴增片段 (polymorphic band) 中，22 條(約三分之一)擴增多樣性對偶基因座已僵化而被固定 (Frequency of band; F = 100%)，另 21 條 (約三分之一)擴增多樣性對偶基因座則已喪失 (F = 0%)。其餘 15 條的對偶基因頻度尚保持活力 (圖 5)。

討論

台灣陸封型鮭魚屬冰河時期孑遺的活化石，是台灣家喻戶曉的保育明星物種。由於人類活動 (農業、旅遊休憩、伐木、過度獵捕等)、地球暖化氣候變遷，氣溫逐漸上升、棲地環境遭到破壞及污染，防砂壩阻隔零碎化族群和棲地等等原因，野生台灣鮭魚族群數量急劇減少，族群同質化，基因庫萎縮，其遺傳資源遭到嚴重破壞(Gwo et al. 1996,1999;郭 2000a,b; Healey et al., 2001; 曾 2007)。遺傳多樣性是一個物種

長期存在和發展的基礎，為了保護族群的遺傳資源，研究現存族群的遺傳結構和多樣性自然十分緊迫和重要 (Hanski and Gilpin 1997; Cooper and Mangel 1999; Healey et al. 2001)。本研究利用AFLP分子標記技術測得台灣陸封型鮭魚之多樣性位點出現頻率為29.59%，海水大黃魚 (*Pseudosciaena crocea*) 野生族群的AFLP多樣性位點出現頻率分別為76.6%(王等 2002);真鯛 (*Pagrus major*)(王等 2000) 野生族群為 58.4 ~ 64.0%; 牙鯧 (*Paralichthys olivaceus*) 野生族群為46.2% (張等 2004);紫紅笛鯛(*Lutjanus argentimaculatus*)野生族群為 57.14 % (張等 2003)，野生青海裸鯉 (*Gymnocypris przewalskii*) 為 69.45 ~ 77.26% (Chen et al. 2005) 都遠高過台灣鮭魚，在在說明台灣鮭魚的遺傳多樣性很低。而且2005年台灣鮭魚族群個體間的相似系數平均為 0.9633，個體間的遺傳距離平均為 0.0374都比2004年之值 (平均相似系數 0.946，平均遺傳距離 0.055) 低，這很可能是因為台灣鮭魚族群數目已非常的小型化。

同時，族群獨特的條帶也逐年遞減，2005年擴增多樣性對偶基因座的頻度比2004年消

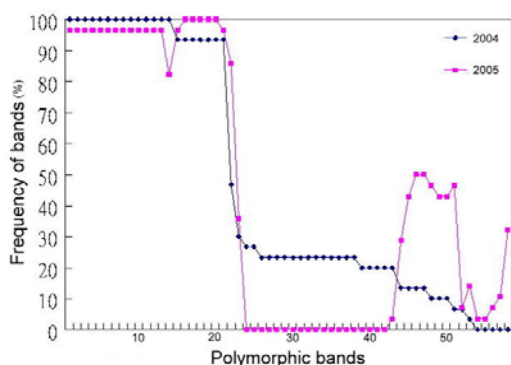


圖5、連續兩年(2004和2005)野生台灣鮭魚族群中顯現擴增多樣性條帶 (polymorphic) 對偶基因座頻度的變動圖。2005年 (□) 擴增多樣性條帶中，22條(約三分之一) 擴增多樣性對偶基因座已僵化而被固定 ($F = 100\%$)，另21條(約三分之一) 擴增多樣性對偶基因座則已喪失($F = 0\%$)。其餘15條的對偶基因頻度尚保持活力。

失更多，波動震幅更大，我們跟本無法預測族群對偶基因頻度未來的趨勢和走向。台灣陸封鮭魚已經表現出典型小族群遺傳基因漂變的現象。因此在個體數變動的機率 (量變)，與遺傳的逢機 (質變) 兩種原因交替惡性循環下，野生台灣鮭魚族群彷彿陷入了滅絕的漩渦而無法自拔 (吳和郭 2000; 郭和沈 2006c,d; 郭等 2008)，導致族群遺傳之異質性和基因多樣性不斷喪失，總遺傳變異下降，遺傳多樣性也就直直滑落。

本研究採樣地區 (由第一號防砂壩到第三號防砂壩長五公里的七家灣溪流) 上游有桃山瀑布(高度約40公尺)天險阻隔，下游被第一號防砂壩(高度10公尺)切割，完全杜絕族群內的魚隻會更往上游上溯移出，以及外來魚隻由下游上溯加入研究族群的可能性。Sakata 等 (2005) 在日本國九州的葉木川高山上游，一段被瀑布和攔砂壩所隔離出的2.5公里河段對陸封河川溪流型 (fluvial form) 櫻鮭進行了連續三年的櫻鮭活動行為調查。利用標記放流再捕捉 (mark-release-recapture; mark and recapture) 研究方法，他們發現河川溪流型的陸封櫻鮭具有定居的傾向，大部分的個體 (78%) 都生活在固定的深潭中，平常移動距離有限 (75~100公尺)。Nakano 等 (1990) 發現石川鮭 (amago) 成魚多聚集於深潭。即使到了繁殖季節，移動的個體比例也沒有顯著的提升，然而雄魚在繁殖季節的行動遠比雌魚活潑，推測和雄魚積極尋求配偶有關(Nakano et al., 1990; Nakamura et al., 2002; Sakata et al. 2005)。台灣陸封鮭魚是日本櫻鮭的一個亞種，外部表型和日本陸封櫻鮭 (山女) 雷同 (郭和周 2006;周等 2006)。由於台灣大甲溪七家灣溪的溪流環境類似日本九州和本州中部 Kumozu 河高山溪流之研究地段 (Nakano et al. 1990; 戴和林 2000 ; Sakata et. al. 2005)，我們認為同屬高山溪流之台灣鮭魚應該也會有類似日本陸封櫻鮭和石川鮭在高山溪流棲地移動的行為模式。牧口等 (2006)利用遙測追蹤，發現產卵期之台灣鮭魚多在放流點定居 (500公尺)，但仍有少數個體會往河川上下游做

長距離 (2.5公里) 移動。廖 (2006) 植入無線電微小發報器的研究亦發現台灣鮭魚以深潭為據點，做密集短距離 (20~70公尺) 往上下游的往返移動。台灣鮭魚會隨體型大小在不同季節移動選擇棲地，空間分佈依生活史時期而異 (戴和林 2000)。本研究連續兩年以AFLP分析台灣鮭魚族群的遺傳結構，發現每年的台灣鮭魚族群可大分成兩大主要系群(clade、次族群)。本研究也發現以AFLP研究繪出的演化樹歸類圖和台灣鮭魚(體長、性別、採集地點、季節)都沒有明顯之相關 (郭等未發表數據)，因此我們推測目前棲息於第一號防砂壩到第三號防砂壩，長五公里的七家灣溪流中由兩個主要台灣鮭魚系群，共同組成一個關連族群 (metapopulation)，並且極可能以由兩種不同的移動模式 (定居和長距離移動; resident及 mobile types)，充分利用不同地理空間內相異的棲地環境，頻繁進行遷入和遷出穿梭移動，靠著彼此互相的交流，維持現存於第一號防砂壩到第三號防砂壩，全長五公里的七家灣溪流中，台灣鮭魚族群的遺傳多樣性。另外，第二號防砂壩於 2006年已被颱風沖蝕崩倒損壞，台灣鮭魚可以越過 (葉和陳 2006)，兩大主要系群是否是第二號防砂壩隔離，或是由更上游棲地沖刷下來的個體所造成的遺傳歷史軌跡，則尚待進一步的探討。

關聯族群是由一組遷入和遷出的次族群 (Subpopulation) 組成，亦即關聯族群是由空間上彼此隔離，而在功能上又相互聯繫的兩個以上的次族群組成的族群綴塊系統 (Hanski and Gilpin 1997)，聯繫次族群之間的功能主要靠綴塊間生物個體的交流。因為鮭科魚類善於巧妙利用豐富且多變的棲地環境，演化出可塑、有生命力、可持續、具適應性的順應局所(local adaptation) 生態環境的多樣形質(表型、生活史、生態、行為、遺傳等) 以應對詭異、險惡、善變的逆境，鮭科魚類是詮述關聯族群概念典範的代表物種 (Cooper and Mangel 1999; Rieman and Dunham 2000)。例如鮭科魚類因應食物和棲息環境的瞬息變化，為了生存和繁衍，往返於不同生息場所(種魚的產卵場、成

魚的育成場和稚魚的育幼場，生活史形成一個魚類迴游環)。包括櫻鮭(*Oncorhynchus masou*) 在內的各種鮭科魚類(Salmonidae)，多屬於為了產卵由海洋上溯河川的河海迴游魚類中的溯河迴游型魚類 (郭和沈 2006a,b)。同一物種甚至還有陸封型族群，例如紅鮭 (*Oncorhynchus nerka*) 的生活史就有降海迴游、河川殘留型及陸封湖泊型(kokanee) (郭和沈 2006a,b,c,d)。由於河川棲地的微棲地多呈異質性，頗有差異而且時刻演化，因此回到河川的鮭科魚類必須經常移動，趨吉避凶以求最佳利用週遭環境的條件(Cooper and Mangel 1999; Hilderbrand and Lerschner 2000; Rieman and Dunham 2000; Hofen and Scarnecchia 2006)。我們推測過去棲息於大甲溪主流的台灣陸封鮭魚，曾是形成大甲河流域間各地域關聯族群次族群的主要核心族群。

組成關聯族群的某個次族群可能喪失遺傳變異，甚至滅絕，但其他次族群的個體會遷入提供種源，甚至在某個次族群滅絕後再殖民成立新次族群，重建關聯族群的遺傳多樣性。所以關聯族群是由經常局部性滅絕，但又重新定居而再生的族群所構成的一群 (次) 族群 (Hanski and Gilpin 1997; Cooper and Mangel 1999)。台灣鮭魚現多僅存於短短七公里長的七家灣溪流中，族群數量波動起伏幅度極大，族群生存在充滿綴塊零碎化的景觀中，由本研究顯示 29.59%條帶的多樣性僅為少量個體所擁有，這意味著這些對偶基因在族群中的分佈頻率很低，基因多樣性極端萎縮。但台灣鮭魚仍然擁有複雜的移動行為模式，和少許遺傳變異，正反應出現存的台灣鮭魚是一個相對獨立地理區域內，各個地域次族群的集合，這些地域次族群仍透過某程度的個體遷移，而連結在一起。其棲所尚存在有龐雜度，因此保護棲地的多樣性及地景結構的就地保育 (*in situ*)正是維持台灣鮭魚關聯族群永續生存的核心。所以我們應該要防止棲地環境的繼續零碎化，更積極的作法則是要求興建生態廊道和避難場所，以促進次族群物種個體間的基因交流。

了解鮭魚的移動模式和棲地空間需求，使

台灣鮭魚能夠成功完成次族群個體之生活史,是重建和復育物種的關鍵。改善台灣鮭魚在七家灣棲息環境之品質、擴大其棲地面積、增加其棲地數量、和減少台灣鮭魚的移動障礙,盡量維持各個關連族群間交流,減少對偶基因的丟失是就地保育、分散風險,降低物種滅絕機率,保護殘存的台灣鮭魚之當務之急。

誌謝

感謝雪霸國家公園管理處的經費協助,廖林彥主任提供樣本、林永發前處長、歷任保育課課長、于淑芬技正,及武陵工作站全體同仁的鼓勵和支持。也感謝中央研究院植物所陳榮芳副所長、助理李惠君小姐;植物所 208 核酸分析實驗室的方玫貞小姐、鄭明玲小姐在儀器和實驗技巧上的協助。中國文化大學生物科技研究所林冠宏副教授、台灣師範大學黃士穎教授在數據分析及討論提供寶貴的意見,匿名審稿者建設性的高見,在此一併感謝。

引用文獻

王志勇、王藝磊、林利民、洪惠馨、張雅芝、邱淑貞、岡本信明,2000。利用 AFLP 指紋技術研究中國沿海真鯛群體的遺傳變異和趨異。水產學報, **25**(4): 288-293。

王志勇、王藝磊、林利民,2002。福建官井洋大黃魚 AFLP 指紋多態性的研究。中國水產科學, **9**(3): 198-202。

林曜松、楊平世、梁世雄、曹先紹、莊鈴川,1987。櫻花鉤吻鮭生態之研究(一) 魚群分布與環境因子關係之初步研究,農委會 76 年生態研究第 023 號,共 55 頁。

林曜松、曹先紹、張崑雄、楊平世,1988。櫻花鉤吻鮭生態之研究(二) 族群分布與環境因子關係之研究,農委會 77 年生態研究第 012 號,共 93 頁。

林曜松、張崑雄,1990。臺灣七家灣溪櫻花鉤吻鮭族群生態與保育,農委會 79 年生態研究第 001 號,共 40 頁。

林曜松,2000。櫻花鉤吻鮭在水域生態研究與保育的貢獻。櫻花鉤吻鮭保育研究研討會論文集。第 17-27 頁。農委會特有生物中心。集集、南投、台灣。

牧口祐也、新居久也、中尾勝哉、廖林彥、林永發、郭金泉、上田宏,2006。以遙測技術追蹤台灣陸封鮭魚 (*Oncorhynchus masou formosanus*) 於產卵期在七家灣溪的行動—初步研究。台灣水產學會2006 年年會摘要。基隆、台灣。

郭金泉,2000a。台灣陸封型鮭魚 (*Oncorhynchus masou formosanus*) 真骨魚類、鮭目、鮭科精子親緣與凍結保存之應用:資源保育之芻議。櫻花鉤吻鮭保育研究研討會論文集。第 47-77 頁。農委會特有生物中心。集集、南投、台灣。

郭金泉,2000b。有效繁育群體大小與近親繁殖。養魚世界, **2000** (11): 24-26。

吳祥堅,2000。七家灣溪鮭魚棲地的復舊。櫻花鉤吻鮭保育研究研討會論文集。第 245-263 頁。農委會特有生物中心。集集、南投、台灣。

吳炯農、郭金泉,2000。有效繁育群體大小與遺傳飄變。養魚世界, **2000** (8): 22-25。

郭金泉,2006。以保育孵化場策略保育瀕危鮭魚族群。台灣水產, **639**: 58-63。

郭金泉、沈曼雯,2006a。鮭魚返鄉之謎(上)。科技報導, **294**: 12-14 版。

郭金泉、沈曼雯,2006b。鮭魚返鄉之謎(下)。科技報導, **295**: 10-11 版。

郭金泉、沈曼雯,2006c。河川橫斷物造成族群小型化的風險。台灣水產, **642**: 46-58。

郭金泉、沈曼雯,2006d。鮭鱒魚類於河川上溯之生態與魚道。自然保育季刊, **56**: 47-50。

郭金泉、周以正,2006。台灣鮭魚的中文學名。科技報導, **295**: 12 版。

郭金泉、鄭先祐、林意楨、葉明峰、沈曼雯,

- 2008。河川橫斷物對生態的影響－以日本
河海洄游的兩鱒為例。臺灣博物，
97:44-51。
- 周以正、鍾郁涵、張學偉、蔡奇立、郭金泉，
2006。論台灣鮭魚身世之謎和正名。自然
保育季刊， **56**: 51-58。
- 張全啟、徐曉斐、齊浩、王興蓮、包振民，2004。
牙鯢野生群體與養殖群體的遺傳多樣性
分析。中國海洋大學學報， **34**(5):
816-820。
- 張俊彬、黃良民，2003。紫紅笛鯛遺傳多樣性
的 AFLP 分析。熱帶海洋學報， **5**(23):
50-55。
- 曾晴賢、游智閔、楊正雄，2000。櫻花鉤吻鮭
之族群監測與生態研究。櫻花鉤吻鮭保育
研究研討會論文集。第 115-135 頁。農委
會特有生物中心。集集、南投、台灣。
- 曾晴賢，2007。武陵地區長期生態監測暨生態
模式建立：台灣櫻花鉤吻鮭族群監測與動
態分析。內政部營建署雪霸國家公園管理
處。共 45 頁。
- 葉昭憲、陳冠宏，2006。水文與物理棲地研究。
雪霸國家公園 95 年保育研究計畫期末簡
報暨成果發表摘要集。第 26-27 頁。汶水、
苗栗、台灣。
- 鄧火土，1959。台灣高地產陸封鮭魚的形態與
生態，臺灣省水產試驗所報告，77-82 頁。
- 廖林彥，2006。台灣鮭魚移動模式之研究。雪
霸國家公園95年保育研究計畫期末簡報
暨成果發表摘要集。第74-75頁。汶水、
苗栗、台灣。
- 戴永禎、林曜松，2000。櫻花鉤吻鮭空間分布
與溪流結構的關係。櫻花鉤吻鮭保育研究
研討會論文集。第95-114頁。農委會特有
生物中心。集集、南投、台灣。
- Bassam, B.J., Caetano-Anollés, G. and Gresshoff,
P.M. 1991. Fast and sensitive silver staining
of DNA in polyacrylamide gels. *Analytical
Biochemistry*. **198**: 217.
- Chen, D., Zhang, C., Lu, C., Chang, Y. and
Chang, J. 2005. Amplified fragment length
polymorphism analysis to identify the
genetic structure of the *Gymnocypris*
przewalskii (Kessler. 1876) population from
the Qinghai Basin, China. *Journal of
Applied Ichthyology*. **21**: 178-183.
- Cooper, A.B. and Mangel, M. 1999. The dangers
of ignoring metapopulation structure for the
conservation of salmonid. *Fishery Bulletin*.
97: 213-226.
- Gwo, J.-C., Lin, X.-W., Gwo, H.-H., Wu, H.-C.
and Lin, P.-W. 1996. The ultrastructure of
Formosan landlocked salmon,
Oncorhynchus masou formosanus,
spermatozoon (Teleostei; Salmoniformes;
Salmonidae). *Journal of Submicroscopic
Cytology & Pathology*. **28**: 33-40.
- Gwo, J.-C., Ohia, H., Okuzawa, K., Wu, H.-C.
1999. Cryopreservation of sperm from the
endangered formosan landlocked salmon
(*Oncorhynchus masou formosanus*).
Theriogenology. **51**: 569-582.
- Gwo, J.-C., Hsu, T.-H., Lin, K.-H. & Chou, Y.-C.
2008. Genetic relationship among four
subspecies of cherry salmon (*Oncorhynchus
masou*) inferred using AFLP. *Molecular
Phylogenetics and Evolution*. **46**:(in press)
- Hapl, V., Pavlicek, A., Flegr, J. 2001.
Construction and bootstrap analysis of
DNA fingerprinting-based phylogenetic
trees with the freeware program FreeTree:
application to trichomonad parasites.
*International Journal of Systematic and
Evolutionary Microbiology*. **51**: 731-735.
- Hanski, I.A. & Gilpin, M.E. (eds.) 1997.
Metapopulation biology: ecology, genetics
and evolution. Academic Press, London,
512 pp.
- Healey, M., Kline, P. and Tsai, C.-F. 2001.
Saving the endangered Formosa landlocked
salmon. *Fisheries*. **26**: 6-14.
- Hilderbrand, R.H. and Lerschner, J.L. 2000.
Movement patters of stream-resident
cutthroat trout in Beaver Creek, Idaho-Utah.
Transaction of American Fisheries Society
129:1160-1170.
- Hofen, D.M. and Scarnecchia, D.L. 2006.
Distinct fluvial and adfluvial migration
patterns of a relict charr, *Salvelinus
confluentus*, stock in a mountainous
watershed, Idaho, USA. *Ecology of
Freshwater Fish* 15: 376-387.
- Kumar, S., Tamura, K. and Nei, M. 2004.
MEGA3: Integrated software for molecular
evolutionary genetics analysis and sequence
alignment. *Briefings in Bioinformatics*. **5**:
150-163.
- Liu, Z.J. and Cordes, J.F. 2004. DNA marker
technologies and their applications in
aquaculture genetics. *Aquaculture*. **238**:
1-37

- Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. **70**: 3321-3323.
- Nei, M., Li, W.H. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. **76**: 5269-5273.
- Mellina, E., Hinch, S.G. and MacKenzie, K.D. 2005. Seasonal movement patterns of stream-dwelling rainbow trout in North-Central British Columbia, Canada. *Transactions of American Fisheries Society* **134**: 1021-1037.
- Nakamura, T., Maruyama, T. and Watanabe, S. 2002. Residency and movement of stream-dwelling Japanese charr, *Salvelinus leucomaenis*, in a central Japanese mountain stream. *Ecol. Freshwater Fish* **11**: 150-157.
- Nakano, S., Kachi, T. and Nagoshi, M. 1990. Restricted movement of the fluvial form of red-spotted masu salmon, *Oncorhynchus masou rhodurus*, in a mountain stream, central Japan. *Journal of Applied Ichthyology*. **37**: 158-163.
- Riemen, B.E. and Dunham, J.B. 2000. Metapopulations and salmonids: a synthesis of life history patterns and empirical observations. *Ecology of Fisheries Management*. **21**: 756-764.
- Sakata, K., Kondou, T., Takeshita, N., Nakazono, A. and Kimura, S. 2005. Movement of the fluvial form of masu salmon, *Oncorhynchus masou masou*, in a mountain stream in Kyushu, Japan. *Fisheries science*, **71**: 333-341.
- Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., Van de Lee, T., Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Peleman, J., Kuiper, M., Zabeau, M. 1995. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research*. **23**: 4407-4414.
- Yeh, F.C., Boyle, T.J.B. 1997. Population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits. *Belgian Journal of Botany*. **129**: