

臺灣及澳洲大堡礁南部海域之玳瑁石斑遺傳多樣性及族群遺傳結構初探

陳高松¹·劉姍姍¹·宋嘉軒¹·溫國彰²·蕭聖代^{3*}

¹行政院農業委員會水產試驗所企劃資訊組

²東海大學生命科學系

³行政院農業委員會水產試驗所海洋漁業組

摘要

玳瑁石斑 (Longfin grouper, *Epinephelus quoyanus*) 是一種棲息於珊瑚礁的小型石斑魚種，廣泛分布於西太平洋海域。為瞭解該魚種在臺灣周邊海域的遺傳歧異度及族群遺傳結構現況，本研究利用 14 組微衛星基因座，針對 2011 ~ 2013 年間在臺灣北部、澎湖及澳洲大堡礁等海域採集的 74 尾玳瑁石斑樣本進行分析。研究結果顯示，14 組微衛星基因座在 3 個族群均呈現多型性，且北臺灣與澎湖兩個族群各別有 9 組及 8 組的微衛星基因的異型合子觀察值大於期望值。自交指數 (F_{is}) 介於 -0.165 ~ 0.403，且 3 個族群內均無顯著的自交現象。族群間遺傳分化指數 (F_{st}) 介於 0.0018 ~ 0.0715，且兩兩族群之間均無顯著差異。遺傳結構組成的分析結果顯示，所有玳瑁石斑樣本應可分為 2 群 (當 $K = 2$ ，具有最高的可信值)。上述結果可推論玳瑁石斑的遺傳歧異度仍高，且在臺灣周邊海域的族群無明顯結構存在，未來進行漁業資源評估管理時應可視為同一族群。

關鍵詞：石斑魚亞科、玳瑁石斑、微衛星基因座、遺傳多樣性、族群遺傳結構

前言

遺傳多樣性 (genetic diversity) 意指生物的種或族群所保有的基因型 (genotypes) 及對偶基因 (alleles) 的歧異程度，遺傳多樣性也通常被認為是一種物種或族群可否永續存在的指標之一，因為不同的基因型可能對應不同的表型 (phenotypes)，所以族群中遺傳歧異度的高低以及多型性的多寡，可代表物種的存活及適應能力。遺傳多樣性的估算，可藉由對偶基因多型性 (polymorphism) 的多寡、異型合子 (heterozygosity) 的高低、對偶基因歧異度 (allelic diversity) 或是基因單型歧異度 (haplotype diversity) 加以評估。族群中不同個體因遺傳上的變異 (genetic variation)，可能代表不同的性狀表

現，在環境的選汰壓力下，可能呈現出不同程度的活存率 (survival rate)、繁殖力 (fertility) 和產卵力 (fecundity)，亦稱為不同的適應度 (fitness)。通常遺傳多樣性越高，適應度就越高，缺乏遺傳變異的物種或族群則被視為具有較高的滅絕危機。

遺傳結構 (genetic structure) 主要在探討一個物種內的遺傳變異 (genetic variation)，以及這些變異在空間上的分布狀態 (Wright, 1951)。研究族群遺傳結構時，主要是以哈溫定律 (Hardy-Weinberg equilibrium) 為理論的基礎，探討造成物種演化的可能機制。藉由族群間對偶基因的差異，推估族群可能經歷了不同的演化事件，如因地理隔離造成族群間基因交流的阻礙，或是棲地破碎化造成族群擴散受到限制等，即所謂的遺傳連通性。遺傳連通性 (genetic connectivity) 通常被定義為不同族群或地理區之間幼生、亞成體或成熟個體的遷徙程度，會直接影響生物族群動態及族群受干擾後的恢復能力 (Palumbi, 2003; Roberts *et al.*, 2006)，高的遺傳連通性有助於生物族群拓殖與抵

*通訊作者 / 基隆市和一路 199 號; TEL: (02) 2462-2101; FAX: (02) 2463-3110; E-mail: sthsiao@mail.tfrin.gov.tw

抗環境變動的能力，低的遺傳聯通性代表族群間可能有隔離、遺傳歧異度降低等現象，導致生物族群對於環境變動的適應力下降，增加滅絕的風險 (Allendorf and Phelps, 1980; Lacy, 1987; Keller and Waller, 2002)。

目前已有許多的基因標誌 (genetic marker) 被應用在探討海洋生物的遺傳多樣性與族群遺傳結構，包括 *cyt b*、control region 等粒線體 DNA。微衛星基因座 (microsatellite locus) 則為近來被認為適合應用在海洋生物遺傳結構研究上 (Norris *et al.*, 1999; Herllberg *et al.*, 2002; Mora and Sale, 2002; Sekino *et al.*, 2002; Kohlmann *et al.*, 2005; Ball *et al.*, 2007)。上述兩者的差別在於粒線體 DNA 因演化速率較慢適合應用探討於長時間的生物地理事件，而演化快速的微衛星基因座則對於數個世代內族群結構發生的變化有較高的解析能力 (Herllberg, 2007)。

許多珊瑚礁魚類具有浮游幼生及成體底棲生活的兩階段生活史，因此浮游幼期長短、海洋水文條件與合適的棲息環境多寡被認為是影響不同地理區或族群之間基因交流及遺傳連通性的主要原因 (Roberts, 1997; Chapman and Kramer, 2000; Almany *et al.*, 2007; Leis, 2007; Leis *et al.*, 2007; Liu *et al.*, 2008; Schunter *et al.*, 2011a; Matias *et al.*, 2013)。此外，由於多數石斑魚種具有固定的繁殖季節、生殖模式以及特定的繁殖地及幼生孵育場 (Sadovy *et al.*, 1994; Rhodes and Sadovy, 2002; Albins *et al.*, 2009)，同樣也會影響不同地理區 (或族群) 之間的基因交流。這些生活史特性使漁民可精準的判斷漁場，加劇了石斑魚資源的耗竭 (Sadovy *et al.*, 2012)。因此，釐清石斑魚的族群遺傳結構對於其漁業資源管理及保育是非常重要的。

Van Herwuden *et al.* (2009) 利用粒線體控制區基因序列的差異推論花斑刺鰷 (*Plectropomus leopardus*) 在其整個分布範圍內可能區分為：(1) 澳洲東岸至斐濟；(2) 澳洲北岸至印尼；(3) 所羅門群島；(4) 菲律賓；(5) 臺灣及 (6) 日本南部等 6 個地理群，且不同群之間在生態尺度上幾乎沒有基因交流 (gene flow)，故當某一地區之族群滅絕後亦難由其他地區補充。拿騷石斑 (*Epinephelus striatus*) 也被證實在整個加勒比海及大西洋海域存在有數

個產卵群，且有明顯的族群結構存在，應視為不同的管理單位 (management unit) (Dahlgren and Eggleston, 2001; Starr *et al.*, 2007; Jackson *et al.*, 2014)。爰此，漁業生物資源管理上，應以遺傳歧異度資料所定義的系群 (stock) 作為漁業管理的基礎單位，亦已有許多研究利用不同的遺傳標誌進行珊瑚礁魚類遺傳多樣性或族群遺傳結構的探討 (Stevenson, 1998; Chapman *et al.*, 1999; Rhodes *et al.*, 2003; Sale, 2004; Zatzoff *et al.*, 2004; Antoro *et al.*, 2006; Pumitinee *et al.*, 2009; Gaither *et al.*, 2011; Schunter *et al.*, 2011b; Meng *et al.*, 2012; Ackiss *et al.*, 2013; Matias *et al.*, 2013)。

石斑魚是珊瑚礁生態系內食物鏈中的最高消費者之一，常被視為珊瑚礁生態系是否健康的指標性生物之一。由於其高市場經濟價值，導致野外的石斑魚資源遭受極大的採捕壓力，加上石斑魚因具有較長的生活史、產卵群的聚集及先雌後雄的雌雄同體等特性，導致容易過度捕撈且難以恢復原有資源量。玳瑁石斑 (Longfin grouper, *E. quoyanus*) 是一種棲息於珊瑚礁為主要地的小型石斑魚，最大體長 (total length, TL) 僅約 40 cm，主要分布於西太平洋，從日本南端到澳洲，安達曼海至新幾內亞均有紀錄 (Heemstra and Randall, 1993)。在臺灣主要分布於北部、西部及南部海域，尤以澎湖縣之族群數量最為豐富，因此有澎湖縣魚之稱，然而在東部海域則難發現其蹤跡。根據 To (2009) 研究顯示，該魚種在香港的繁殖季節為 5~9 月，50% 的雌魚在 18.9 cm 可達性成熟，最小雄性成熟體常為 19.8 cm。該魚種在 2008 IUCN RED LIST 係列為 Least Concern (LC)。

目前在臺灣的沿海漁業，多以流刺網、魚槍及竿釣為捕獲玳瑁石斑的主要方式。此外，亦有養殖業者捕撈玳瑁石斑幼魚，飼養於魚塢或箱網至上市體型販售。玳瑁石斑因在外部形態上容易與其他 8 種具網狀花紋的石斑魚 (reticulated groupers) 混淆且辨別不易 (Heemstra and Randall, 1993)，因此漁獲統計資料常與其他石斑魚種合併計算，使得難以針對玳瑁石斑進行漁業資源現況評估與管理。雖然目前在臺灣的玳瑁石斑數量似仍豐富，但是對其生態與族群研究卻很少。爰此，本研究選擇微衛星基因座作為遺傳標誌，分析玳瑁石斑在臺灣周圍海域的遺傳多樣性及族群遺傳

Table 1 Summary table of genetic variability among the three populations

Population	Parameters	Locus													Ct068
		Ec_122	GAG038	GAG010	EmHe2-5	EmHe2-8	EmHe2-13.1	EmHe2-27	EmHe2-33	EmHe2-45.2	EmHe2-54	EmHe2-12	EmHe2-29.2	EmHe2-32	
All sites (N = 74)	A	17	26	25	19	16	9	15	10	7	17	20	21	17	11
	A _R	6.071	7.346	7.36	6.696	5.397	5.15	5.311	3.928	2.565	7.172	5.326	7.02	6.497	4.571
	Ho	0.874	0.922	0.814	0.826	0.863	0.772	0.839	0.617	0.417	0.96	0.718	0.805	0.84	0.595
	He	0.888	0.925	0.918	0.899	0.814	0.809	0.795	0.609	0.448	0.925	0.801	0.903	0.864	0.666
Nothern Taiwan (NT) (N =27)	A	10	15	15	17	11	7	9	7	3	13	14	15	10	9
	A _R	5.782	7.094	7.027	6.872	5.166	4.669	4.698	3.811	2.296	7.32	5.057	6.65	5.514	4.218
	Ho	0.778	0.852	0.963	0.962	0.852	0.692	0.926	0.630	0.333	1.000	0.769	0.926	0.852	0.556
	He	0.857	0.916	0.915	0.904	0.779	0.753	0.797	0.584	0.347	0.929	0.763	0.896	0.837	0.647
	F _{IS}	0.403	0.095	0.071	-0.053	-0.065	0.082	-0.165	-0.079	0.041	-0.079	-0.008	-0.034	-0.018	0.144
PengHu (PH) (N =37)	A	12	16	15	11	12	7	12	6	4	13	11	18	14	11
	A _R	5.728	6.587	6.655	6.09	4.977	4.805	5.349	3.781	2.11	6.695	4.487	6.955	6.313	4.905
	Ho	0.844	0.914	0.730	0.917	0.838	0.824	0.892	0.622	0.216	0.880	0.719	0.821	0.667	0.730
	He	0.835	0.887	0.897	0.873	0.750	0.788	0.826	0.603	0.248	0.902	0.714	0.906	0.877	0.763
	F _{IS}	-0.01	-0.031	0.189	-0.051	-0.119	-0.047	-0.081	-0.032	0.129	0.025	-0.007	0.095	0.243	0.044
Australia (AUS) (N =10)	A	9	13	10	7	10	8	7	7	6	12	8	7	8	11
	A _R	9	8.875	7.429	7	7.036	6.125	4.851	4.526	4.614	7.842	7.136	6.318	6.073	4.026
	Ho	1	1	0.75	0.6	0.9	0.8	0.7	0.6	0.7	1	0.667	0.667	1	0.5
	He	0.978	0.975	0.933	0.911	0.921	0.884	0.763	0.642	0.758	0.947	0.924	0.894	0.875	0.579
	F _{IS}	-0.026	-0.028	0.208	0.368	0.024	0.1	0.087	0.069	0.08	-0.059	0.298	0.273	-0.155	0.143

A: Number of Alleles; A_R: Allelic richness; Ho: observed heterozygosity; He: expected heterozygosity

結構，盼能瞭解不同地區間的基因交流程度，釐清是否有不同地理區的系群存在，以提高漁業資源管理與保育的成效。

揮發後，使用 PUREGENE™ DNA Purification Kit (Gentra systems Co., Nottingham, UK) 萃取基因組 DNA，存放於 -20°C 冰箱中備用。

材料與方法

一、樣本採集

本研究樣本採集地點包括：北臺灣海域 (NT：基隆、萬里)、澎湖 (PH：青灣、嶼坪及東吉) 及澳洲 (AUS：大堡礁南部 Great Kepple Island)。樣本相關資訊如 Fig. 1 及 Table 1 所示。

二、DNA 萃取

採集靠近尾柄處之肌肉組織 (約 0.5 × 0.5 cm)，以 95% 酒精保存，供萃取 DNA 之用。取約 5 ~ 10 mg 的肌肉組織置於 1.5 ml 離心管中，待酒精

三、微衛星基因座引子的測試與建立

利用已發表之石斑魚亞科 (Epinephelinae) 微衛星基因座引子進行測試，共測試 71 組，其中僅有 14 組引子可用於增幅玳瑁石斑 (Table 2)。GAG010 及 GAG038 為 Chapman *et al.* (1999) 從小鱗喙鱸 (*Mycteroperca microlepis*) 篩選設計出的引子。EC154 及 EC122 這兩組是參考自 Wang *et al.* (2011) 自點帶石斑 (*E. coioides*) 所篩選設計的引子。EmHe2-5、EmHe2-8、EmHe2-13.1、EmHe2-27、EmHe2-33、EmHe2-45.2、EmHe2-54、EmHe2-29.2、EmHe2-56a、EmHe2-32 及 EmHe32 這 11 組是 Gao *et al.* (2012) 從棕點石斑 (*E. fuscoguttatus*) 中篩選設計的引子。

另外，本研究以次世代定序技術 (next

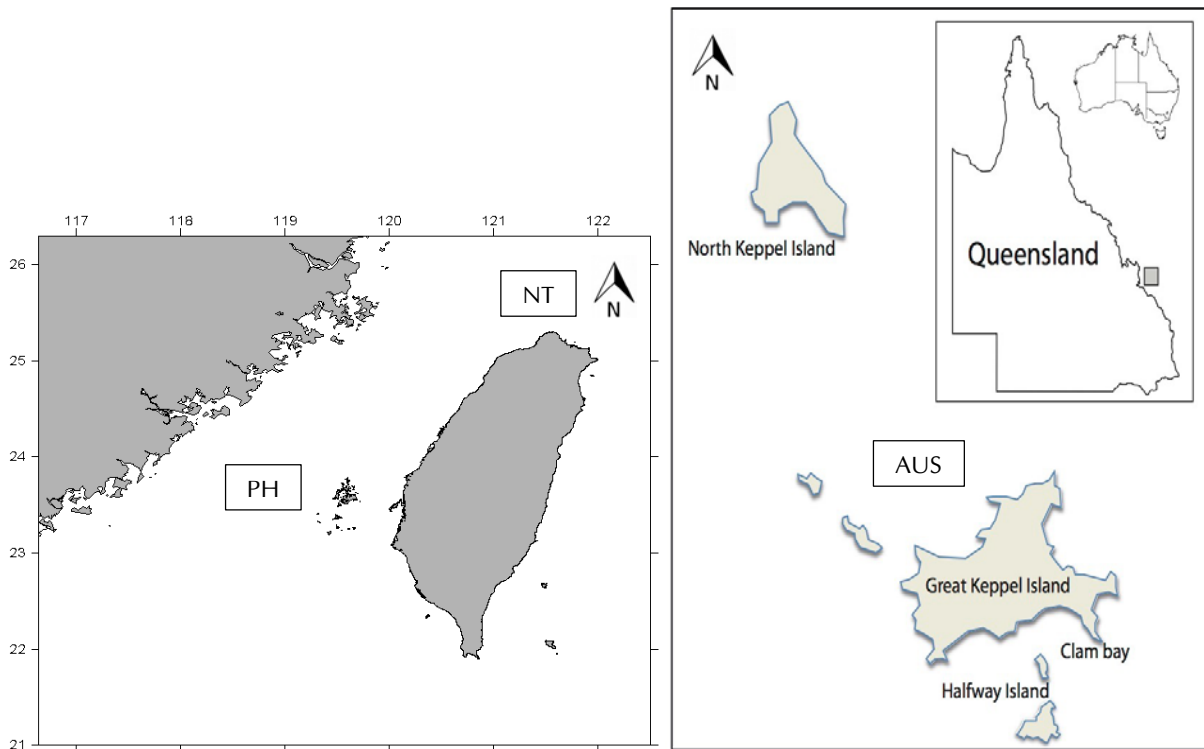


Fig. 1 Sample sites of *Epinephelus quoyanus*. (Left) Northern Taiwan (NT) and Penghu (PH); (Right) Great Keppel Island, Southern GBR, Australia (AUS).

generation sequencing, NGS) 篩選及設計適用於玳瑁石斑的微衛星基因座引子。取 5 μ g 的 gDNA，利用 Whole genome shotgun sequences (Genome Sequencer Junior System: Roche Diagnostic) 方法進行全基因組定序，並從其中找出具有 SSR (simple sequence repeat) 的片段。接著利用網路引子設計軟體 primer3 (Rozen and Skaletsky, 2000) 針對所找到的微衛星序列設計正向及反向之引子。將上述之配對引子在 5' 端以螢光染劑 FAM 加以標識後，並進行聚合酶連鎖反應 (PCR)，增幅成功後之產物，利用定序儀 (ABI 3730) 進行毛細管電泳，再以 Gene Mapper® 4.0 (Applied Biosystem) 軟體分析並估算各個微衛星基因座的片段長度。

四、利用微衛星基因座進行遺傳多樣性與族群遺傳結構分析

利用上述 16 組微衛星基因座為遺傳標記，利用聚合酶連鎖反應得到各個基因座長度後，進一步檢測族群的歧異度。首先利用 Genepop4.0 (Raymond and Rousset, 1995) 軟體檢測每個基因座

是否符合哈溫平衡 (Hardy-Weinberg equilibrium)、連鎖不平衡檢定 (linkage disequilibrium) 並計算 N_m 、 F_{IS} 值。 N_m 值表示每個世代族群間的遷徙個體數，此值可用來間接評估基因交流的大小 (Slatkin, 1985); F_{IS} 是族群自交指數，數值越高代表自交程度越高。利用統計軟體 Arlequin Version 3.5 (Excoffier and Lischer, 2010) 及 GENEPOP (Raymond and Rousset, 1995; Rousset, 2008) 估算計算族群的異型合子觀察值 (H_o) 和期望值 (H_e)、對偶基因數 (A) 及對偶基因豐度 (AR)。

根據族群間基因型上的差異，估算臺灣各地及澳洲產玳瑁石斑的基因交程度。族群間的遺傳分化指數 (F_{st}) 係根據 $F_{st} = 1 / (1 + 4Nm)$ 的公式，估計遺傳分化程度，其中 N 表示族群中有效族群量， m 表示個體遷徙速率。當 F_{st} 值愈高，顯示遺傳分化程度愈大，當 F_{st} 值小於 0.05 表示族群間幾乎沒有遺傳分化、介於 0.05 ~ 0.15 表示低度遺傳分化、0.15 ~ 0.25 表示中度遺傳分化、大於 0.25 則呈現高度遺傳分化 (Wright, 1965, 1978)。

運用 STRUCTURE 軟體進行 Bayesian-clustering assignment test 從個體層面上分析所有樣

Table 2 Characteristics of 14 micorsatellite loci of longfin grouper *Epinephelus quoyanus*

Locus	Genebank NO.	Primer sequence	Ta (°C)	Repeat motif	Size range (bp)
Ec_122	GQ267997	F: CATTCCCTAAAGTATTCTGTG R: CCACAGCCAGTCTAGGTATTC	55	(CA)14	158-210
GAG038	AF184958	F: CCCCACCTCCCTTAACA R: GCTGAATTGAGGAAATGAG	52	(CA)N	109-125
GAG010	AF183141	F: CTAGAGGATCATTTGACAATGTAG R: CCTGACTAATCCACAGTAATTGC	50	(GT)N	107-156
EmHe2-5	JN203093	F: GAACTGACAGAGGCCGTGTT R: TTCAAAGCTGGTTGGTGGTT	60	(GT)12	206-276
EmHe2-8	JN203094	F: CGTTCCTCTCCATTTCCTCA R: TGCAGATGGCTTCAACAGTC	60	(CA)20	180-240
EmHe2-13.1	JN203095	F: GCCTTCTCCTCTGCCTCTCT R: ACCCTCACCATCACCACCTA	58.5	(TG)18	158-186
EmHe2-27	JN203100	F: GGGAAGCACAGTGAAAGAGC R: AACCTGCCTGAAACCATCAC	58	(TG)10	138-212
EmHe2-33	JN203101	F: CAGGCAGCAGGTTTTCATTT R: TTCTGCATGTGCATTTTGGT	60	(TG)22	146-200
EmHe2-45.2	JN203105	F: CACACGCAAACATGAACACA R: GGGACTGGAAGTCTCTGTGG	57.5	(CA)16	124-160
EmHe2-54	JN203107	F: AGAATTTACCCACCACCAC R: GCTGGCTTGTTCACTGAG	58	(CA)23	188-226
EmHe2-12	JN203111	F: CTGTCCCCTGCAAGCTATT R: CCTCTCCAATGGATGAAGGA	57.5	(TG)27	154-194
EmHe2-29.2	JN203112	F: TTGGCACGTCATCCTGTAAC R: TCAGGCTGTAATAATGAGCTTGAC	60	(CA)34	148-210
EmHe2-32	JN203116	F: CACACCATCTGGACTTCTTCAA R: AACGAAGCAATCACATGCAG	60	(TG)30	152-218
Ct068		F: AAG GTG GTC ACT GGC TAT TCA R: GAC CTG GGT TTC TTG AAA GG	52.3	(TAA)12	150

本之遺傳組成，並依照遺傳上的差異進行模擬分群，推估可能之分群並以不同顏色代表不同的遺傳組成。藉由計算各歸群數 (K) 的事後機率，可得到一可信值 (likelihood)，最高之 likelihood 值代表以此 K 值分析的結果是最可信，因此評估出最佳的分群數 (K 值)。設定族群數量 (K = 1 ~ 7，因共有 7 個採樣地點)，以 MCMC 法 (Markov Chain Monte Carlo) 進行運算，並進行 10,000 次模擬取樣，重覆 10 次運算後，取最高 likelihood 值之 K 值為最適之族群分群。

結 果

本研究於 2011 至 2013 年間在臺灣及澳洲共計採集 74 尾玳瑁石斑，其中 NT 27 尾、PH 37 尾，AUS 10 尾 (Fig. 1)。樣本 TL 介於 9.2 ~ 38.2 cm，平均體長為 20.3 cm。體重介於 12.5 ~ 888.4 g，平均體重 177.11 g。

71 組已發表之石斑魚亞科微衛星引子的測試結果，僅 15 組可獲得 PCR 產物。另，本研究自行篩選的 Ct068 微衛星基因座亦可獲得 PCR 產物。

經過哈溫定律及連鎖不平衡檢定後，僅剩下 14 組微衛星基因座符合檢定可用於後續分析，其相對引子序列、重複序列片段、片段大小、反應溫度及對偶基因數等資料詳如 Table 2 所示。14 組微衛星基因中，除了 Ct068 為 3 鹼基重複之 perfect microsatellite locus，其餘 13 組均為 2 鹼基重複之 perfect microsatellite locus。

此 14 組微衛星基因座檢測結果顯示，所有玳瑁石斑樣本基因型皆呈現多型性。所有基因座中，以 EmHe2-13.1 的 9 組對偶基因最少，GAG038 的 26 組對偶基因最多。14 組微衛星基因座分別在 3 個族群亦呈現多型性，北臺灣以 EmHe2-45.2 具有最少的對偶基因數 (3 組)，EmHe2-5 具有最多的對偶基因數 (17 組)；澎湖以 EmHe2-45.2 具有最少的對偶基因數 (4 組)，EmHe2-29.2 具有最多的對偶基因數 (18 組)；澳洲大堡礁以 EmHe2-45.2 具有最少的對偶基因數 (6 組)，GAG038 具有 13 組對偶基因為最多 (Table 1)。

利用 14 組微衛星基因座所估算出玳瑁石斑在 3 個族群中的 H_o 介於 0.216 ~ 1，平均為 0.748； H_e 介於 0.248 ~ 0.978，平均為 0.803。NT 的 H_o 介於 0.333 ~ 1、 H_e 介於 0.347 ~ 0.929，其中有 9 組 H_o 大於 H_e 。PH 的 H_o 介於 0.216 ~ 0.917、 H_e 介於 0.248 ~ 0.906，其中有 8 組 H_o 大於 H_e 。AUS 的 H_o 介於 0.5 ~ 1， H_e 介於 0.579 ~ 0.978，其中有 4 組 H_o 大於 H_e 。14 組微衛星基因座在 3 個族群的 F_{is} 介於 -0.165 ~ 0.403，統計上均無顯著差異，顯示均無顯著的自交。

族群間的 F_{st} 介於 0.0018 ~ 0.0715，兩兩族群間分化指數均無顯著性差異，以 NT 與 PH 的遺傳分化指數最低 ($F_{st} = 0.018$)，NT 與 AUS、PH 與 AUS 的遺傳分化指數較高，分別為 0.056 與 0.0715 (Table 3)。族群遺結構組成分析結果顯示，當 $K = 2$ 時，可以得到最高的 likelihood 值 (Fig. 2)，因此有玳瑁石斑樣本在地理空間上理論可分為 2 群。根據 Fig. 3 對偶基因頻率的柱狀圖分布，各柱體代表每一個不同的樣本，相同顏色表示具有類似的對偶基因頻率，顯示 NT 與 PH 應為一群，AUS 為一群。

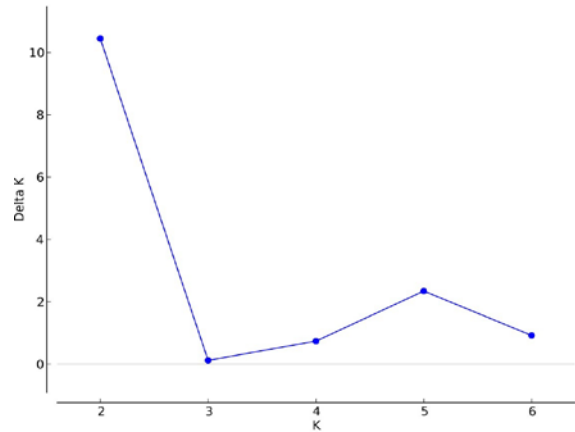


Fig. 2 Optimal number of clusters as populations grouped into two ($K=2$) where Delta K is highest.

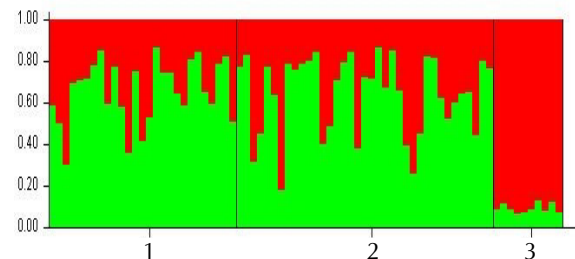


Fig. 3 Genetic clustering patterns ($K = 2$) of *Epinephelus quoyanus* for different sample sites as inferred by Bayesian methods implemented in STRUCTURE. 1: Northern Taiwan (NT); 2: Penghu (PH); 3: Southern GBR, Australia (AUS).

Table 3 Pairwise estimate of F_{st} among 3 populations

Population	NT	PH	AUS
NT			
PH	0.0018 ^{NS}		
AUS	0.056 ^{NS}	0.0715 ^{NS}	

NT: Northern Taiwan; PH: Penghu; AUS: Southern GBR, Australia

討 論

本研究為首篇利用次世代定序技術篩選玳瑁石斑微衛星基因座之研究，並利用微衛星基因座作為遺傳標誌探討臺灣周邊海域及澳洲大堡礁 Great Kepple Island 玳瑁石斑遺傳歧異度與族群遺傳結構。許多石斑魚因具有高經濟價值與漸增的市場需求而面臨過漁的狀況，加上多數石斑魚種均缺乏明確的漁業資源評估與管理，目前已有 163 種石斑魚被列入 IUCN Red List 名單。雖然玳瑁石

斑非主要經濟性石斑魚種或有瀕臨滅絕之風險，仍有研究報告指出其族群量有減少的趨勢，須及時採取適當的漁業管理作為，以避免該魚種資源枯竭 (Sadovy *et al.*, 2012)。在玳瑁石斑的地理分佈範圍內，相較於其他石斑魚種，仍屬相對豐富之魚種，透過了解其遺傳多樣性，可間接評估其族群數量現況，提供制訂漁業管理政策時參考 (Jarne and Lagoda, 1996; Bagley *et al.*, 1999)。另一方面，了解其族群遺傳結構與連通性，則可供劃設海洋保護區時參考 (Palumbi, 2003; Almany *et al.*, 2007; Matias *et al.*, 2013)。

在本研究過程中，總共測試了 71 組已發表之石斑魚亞科微衛星基因座引子，可成功獲得 PCR 產物且具基因多型性可用於遺傳多樣性分析者僅 14 組者，適用比例約 21%，顯示即便是同屬物種的微衛星基因座引子要適用於不同物種仍有一定困難及限制。因此，在利用微衛星基因座進行遺傳相關分析時，如何獲得足夠數量且具基因多型性的微衛星基因座是是非常花費時間與資源的挑戰。Stevenson *et al.* (1998) 為首篇應用微衛星基因座探討加勒比海拿騷石斑系群鑑定之研究，後續隨著分子生物技術的進步，越來越多的研究利用微衛星基因座探討不同石斑魚種的遺傳多樣性 (De Innocentiis *et al.*, 2001; Zlatoff *et al.*, 2004; Antoro *et al.*, 2006; Koedprang *et al.*, 2007; Pumitinee *et al.*, 2009; Wang *et al.*, 2011)、族群遺傳結構與聯通性 (Stevenson *et al.*, 1998; Chapman *et al.*, 1999; Rhodes *et al.*, 2003; Jue, 2006; Schunter *et al.*, 2011b; Jackson *et al.*, 2014)，近年來更發展應用於 Parentage analysis，可用於評估在特定地區內的石斑稚魚，有多少比例是由該地區之族群自行補充 (self-retention)，或有多少比例之稚魚是由其他地區遷徙而來 (Harrison *et al.*, 2014; Lim *et al.*, 2014; Al-Salamah, 2014; Saenz-Agudelo *et al.*, 2011)。這對於釐清保育單位 (management unit) 及應用巨族群 (metapopulation) 概念劃設網絡狀海洋保育區 (MPA network) 是相當重要的基礎資料 (Afonso *et al.*, 2011)。

分析的 14 個微衛星基因座中總共有 230 個對偶基因，平均每個基因座出現 16.4 個對偶基因，與 Al-Salamah (2014) 於澳洲大堡礁南部海域之玳瑁石斑的結果近似 (18.35)，僅低於烏鰂石斑魚

(*E. marginatus*) 的 23.14 個 (De Innocentiis *et al.*, 2001)、清水石斑 (*E. polyphekedion*) 的 20.67 個 (Rhodes *et al.*, 2003)，且顯著高於赤點石斑 (*E. akaara*) 的 4.3 個 (Koedprang *et al.*, 2007)、點帶石斑的 9.65 個 (Wang *et al.*, 2011)、網紋石斑 (*E. merra*) 的 14.6 個 (Muths *et al.*, 2015)。相較於其他非石斑魚類魚種，如白鯧 (*Pampus argenteus*) 的 5.46 個 (Qin *et al.*, 2013)、杜氏鱗魚 (*Coilia dussumieri*) 的 12.3 個 (Kathirvelpandian *et al.*, 2014)、三帶圓雀鯛 (*Dascyllus aruanus*) 的 17 個 (Liu *et al.*, 2014)、金目鱸 (*Lates calcarifer*) 的 10.53 個 (Senanan *et al.*, 2014)，推論本研究所使用的 14 組微衛星基因座應可適用於玳瑁石斑的遺傳多樣性及族群遺傳結構分析。

利用 14 組微衛星基因座所估算出之玳瑁石斑 H_o 為 0.748， H_e 為 0.803。此結果同樣與 Al-Salamah (2014) 的結果近似： H_o 為 0.814， H_e 為 0.855。又相較於網紋石斑的 H_o 為 0.559， H_e 為 0.732 (Muths *et al.*, 2014)、瑪拉巴石斑 (*E. malabaricus*) 的 H_o 為 0.67， H_e 為 0.72、點帶石斑的 H_o 為 0.68， H_e 為 0.70、三斑石斑 (*E. trimaculatus*) 的 H_o 為 0.73， H_e 為 0.79 (Yin *et al.*, 2012)、烏鰂石斑的 H_o 為 0.61， H_e 為 0.74 (De Innocentiis *et al.*, 2001)，赤點石斑的 H_o 為 0.58， H_e 為 0.45、布氏石斑 (*E. bleekeri*) 的 H_o 為 0.44， H_e 為 0.44、棕點石斑的 H_o 為 0.4， H_e 為 0.42 (Koedprang *et al.*, 2007)。

遺傳分化指數的分析結果顯示，在北臺灣、澎湖及澳洲大堡礁之間，兩兩族群的遺傳分化指數均無顯著性差異，代表族群間無分化。族群遺傳結構組成分析結果則顯示所有玳瑁石斑樣本在地理空間上理論可分為 2 群，北臺灣與澎湖為一群，澳洲大堡礁為一群。此一結果以各族群之相對地理位置觀點來看尚屬合理。同樣在澳洲大堡礁 Great Keppel Island 進行的玳瑁石斑連通性研究顯示，在該海域亦無明顯的族群遺傳結構 ($k=1$)，parentage analysis 分析顯示有 32% 的稚魚會留在原本的海域，68% 的稚魚會遷徙到鄰近的海域 (Al-Salamah, 2014)。惟本研究之限於樣本數不足，澳洲大堡礁僅 10 尾樣本，並不適合進行遺傳距離和地理距離的相關性檢測或利用 Migrate 軟體估算不同族群間基因交流的狀況。Al-Salamah (2014)

的研究共計採集了 1,088 尾玳瑁石斑樣本，其中成魚 610 尾，稚魚 478 尾。爰此，未來仍須補充足夠之樣本數，並增加更多不同地點（例如日本沖繩、中國沿岸、菲律賓及南中國海）的玳瑁石斑樣本，或許能釐清玳瑁石斑在整個西太平洋的族群動態與連通性。

結 論

本研究應用微衛星基因座分析玳瑁石斑在北臺灣、澎湖及澳洲大堡礁海域的族群遺傳結構，研究結果顯示其遺傳歧異度高，且無顯著的自交，顯示該魚種的數量仍相當豐富。族群遺傳分化指數顯示，北臺灣與澎湖海域的玳瑁石斑幾無分化，有高度基因交流。爰此，未來進行漁業資源保育管理時應視為同一族群。此外，目前關於玳瑁石斑的知識仍非常缺乏，未來需積極進行有關生殖週期、產卵場調查與基礎漁業生物學知識等研究，俾利擬定合理且有效之漁業管理保育策略，以維繫該魚種的永續利用。

謝 辭

本研究之經費係由行政院農業委員會水產試驗所科技計畫 (102) 農科-11.2.1-水-A1(3) 項下支助。衷心感謝本所澎湖海洋生物研究中心謝恆毅研究員、歐俊龍先生、東部海洋生物研究中心吳瑞賢博士、劉巨箴先生及莊曉菁小姐等人協助採集樣本。另外，試驗進行期間，承蒙企劃資訊組全體同仁鼎力協助，使本研究順利完成，一併致謝。

參考文獻

- Ackiss, A. S., S. Pardede, E. D. Crandall, M. C. A. Ablan-Lagman, Ambariyanto, N. Romena, P. H. Barber and K. E. Carpenter (2013) Pronounced genetic structure in a highly mobile coral reef fish, *Caesio cuning*, in the coral triangle. *Mar. Ecol. Prog. Ser.*, 480: 185-197.
- Afonso, P., J. Fontes and R. S. Santos (2011) Small marine reserves can offer long term protection to an endangered fish. *Biol. Conserv.*, 144(11): 2739-2744.
- Albins, M. A., M. A. Hixon and Y. Sadovy (2009) Threatened fishes of the world: *Epinephelus striatus* (bloch, 1792) (serranidae). *Environ. Biol. Fishes*, 86 (2): 309-310.
- Almany, G. R., M. L. Berumen, S. R. Thorrold, S. Planes and G. P. Jones (2007) Local replenishment of coral reef fish populations in a marine reserve. *Science*, 316(5825): 742-744.
- Allendorf, F. W. and S. R. Phelps (1980) Loss of genetic variation in a hatchery stock of cutthroat trout. *Trans. Am. Fish. Soc.*, 109: 537-543.
- Al-Salamah M. (2014) Connectivity of the Longfin Grouper (*Epinephelus quoyanus*) in a marine reserve in the Great Keppel Island Group. Master of Science in Marine Science, King Abdullah University of Science and Technology, Thuwal, Kingdom of Saudi Arabia
- Antoro, S., U. Na-Nakorn and W. Koedprang (2006) Study of genetic diversity of orange-spotted grouper, *Epinephelus coioides*, from thailand and indonesia using microsatellite markers. *Mar. Biotechnol.*, 8(1): 17-26.
- Bagley, M. J., D. G. Lindquist and J. B. Geller (1999) Microsatellite variation, effective population size, and population genetic structure of vermilion snapper, *Rhomboplites aurorubens*, off the southeastern USA. *Mar. Biol.*, 134(4): 609-620.
- Ball, A.O., M. G. Beal and R. W. Chapman (2007) Population structure of red porgy, *Pagrus pagrus*, in Atlantic Ocean. *Mar. Biol.*, 150: 1321-1332.
- Chapman, M. R. and D. L. Kramer (2000) Movements of fishes within and among fringing coral reefs in barbados. *Environ. Biol. Fishes*, 57 (1): 11-24.
- Chapman, R. W., G. R. Sedberry, C. C. Koenig and B. M. Eleby (1999) Stock identification of gag, *Mycteroperca microlepis*, along the southeast coast of the united states. *Mar. Biotechnol.*, 1(2): 137-146.
- Dahlgren, C. P. and D. B. Eggleston (2001) Spatio-temporal variability in abundance, size and microhabitat associations of early juvenile nassau grouper *Epinephelus striatus* in an off-reef nursery system. *Mar. Ecol. Prog. Ser.*, 217: 145-156.
- De Innocentiis, S., L. Sola, S. Cataudella and P. Bentzen (2001) Allozyme and microsatellite loci provide discordant estimates of population differentiation in the endangered dusky grouper (*Epinephelus marginatus*) within the mediterranean sea. *Mol. Ecol.*, 10 (9): 2163-2175.
- Excoffier, L. and H. E. L. Lischer (2010) Arlequin suite ver

- 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Mol. Ecol. Resources*, 10: 564-567.
- Gaither, M. R., B. W. Bowen, T. R. Bordenave, L. A. Rocha, S. J. Newman, J. A. Gomez, L. van Herwerden and M. T. Craig (2011) Phylogeography of the reef fish *Eephalopholis argus* (Epinephelidae) indicates pleistocene isolation across the indo-pacific barrier with contemporary overlap in the coral triangle. *BMC Evol. Biol.*, 11.
- Gao, C., L. Wang, B. Fan, S. Yang, Z. N. Meng and H. R. Lin (2012) Isolation and characterization of microsatellite markers from the brown-marbled grouper, *Epinephelus fuscoguttatus*. *J. World Aquacult. Soc.*, 43(3): 442-446.
- Harrison, H. B., K. A. Feldheim, G. P. Jones, K. Ma, H. Mansour, S. Perumal, D. H. Williamson and M. L. Berumen (2014) Validation of microsatellite multiplexes for parentage analysis and species discrimination in two hybridizing species of coral reef fish (*Plectropomus* spp., serranidae). *Ecol Evol*, 4(11): 2046-2057.
- Heemstra, P. C. and J. E. Randall (1993) FAO Species Catalogue: Groupers of the World. FAO Fish. Synopsis NO.125, Vol. 16.
- Hellberg, M. E. (2007) Footprints on water: the genetic wake of dispersal among reefs. *Coral Reefs*, 26: 463-473.
- Hellberg, M. E., R. S. Burton, J. E. Neigel, S. R. Palumbi (2002) Genetic assessment of connectivity among marine populations. *Bull. Mar. Sci.*, 70: 273-290.
- Jackson, A. M., B. X. Semmens, Y. S. de Mitcheson, R. S. Nemeth, S. A. Heppell, P. G. Bush, A. Aguilar-Perera, J. A. B. Claydon, M. C. Calosso, K. S. Sealey, M. T. Scharer and G. Bernardi (2014) Population structure and phylogeography in nassau grouper (*Epinephelus striatus*), a mass-aggregating marine fish. *Plos One*, 9(5).
- Jarne, P. and P. J. L. Lagoda (1996) Microsatellites, from molecules to populations and back. *Trends Ecol. Evol.*, 11(10): 424-429.
- Jue, N. K. (2006) Exploring the structure of genetic variation and the influences of demography on effective population size in the gag grouper *Myteroperca microlepi* (goode & bean). *J. Fish Biol.*, 69: 217-224.
- Kathirvelpandian, A., A. Gopalakrishnan, W. S. Lakra, G. Krishna, R. Sharma, K. K. Musammilu, V. S. Basheer and J. K. Jena (2014) Microsatellite markers to determine population genetic structure in the golden anchovy, *Coilia dussumieri*. *Biochem. Genet.*
- Keller, L. F. and D. M. Waller (2002) Inbreeding effects in wild populations. *Trends Ecol. Evol.*, 17(5): 230-241.
- Koedprang, W., U. Na-Nakorn, M. Nakajima and N. Taniguchi (2007) Evaluation of genetic diversity of eight grouper species *Epinephelus* spp. Based on microsatellite variations. *Fish. Sci.*, 73(2): 227-236.
- Kohlmann, K., P. Kersten and M. Flajshans (2005) Microsatellite-based genetic variability and differentiation of domesticated, wild and feral common carp (*Cyprinus carpio* L.) populations. *Aquaculture*, 247: 253-266.
- Lacy, R. C. (1987) Loss of genetic diversity from managed populations: Interacting effects of drift, mutation, selection, and population subdivision. *Conserv. Biol.*, 2: 143-158.
- Leis, J. M. (2007) Behaviour as input for modelling dispersal of fish larvae: Behaviour, biogeography, hydrodynamics, ontogeny, physiology and phylogeny meet hydrography. *Mar. Ecol. Prog. Ser.*, 347: 185-193.
- Leis, J. M., K. J. Wright and R. N. Johnson (2007) Behaviour that influences dispersal and connectivity in the small, young larvae of a reef fish. *Mar. Biol.*, 153(1): 103-117.
- Lim, H. C., A. T. Ahmad, A. A. Nuruddin and S. A. Mohd Nor (2014) Cytochrome b gene reveals panmixia among japanese threadfin bream, *Nemipterus japonicus* (bloch, 1791) populations along the coasts of peninsular malaysia and provides evidence of a cryptic species. *Mitochondr DNA*, 27(1): 575-584.
- Liu, S. V., T. Kokita and C. F. Dai (2008) Population genetic structure of the neon damselfish (*Pomacentrus coelestis*) in the northwestern Pacific Ocean. *Mar. Biol.*, 154: 745-753.
- Liu, S. Y. V., F. T. Chang, P. Borsa, W. J. Chen and C. F. Dai (2014) Phylogeography of the humbug damselfish, *Dascyllus aruanus* (linnaeus, 1758) : Evidence of indo-pacific vicariance and genetic differentiation of peripheral populations. *Biol. J. Linn. Soc.*, 113(4): 931-942.
- Matias, A. M. A., J. A. Anticamara and J. P. Quilang (2013) High gene flow in reef fishes and its implications for ad-hoc no-take marine reserves. *Mitochondr DNA*, 24(5): 584-595.
- Meng, Z. N., S. Yang, B. Fan, L. Wang and H. R. Lin (2012) Genetic variation and balancing selection at mhc class ii exon 2 in cultured stocks and wild populations of orange-spotted grouper (*Epinephelus coioides*). *Gen. Mol. Res.*, 11(4): 3869-3881.

- Mora, C. and P. F. Sale (2002) Are populations of coral reef fish open or closed? *Trends Ecol. Evol.*, 17(9): 422-428.
- Muths, D., E. Tessier and J. Bourjea (2015) Genetic structure of the reef grouper *Epinephelus merra* in the west indian ocean appears congruent with biogeographic and oceanographic boundaries. *Mar. Ecol.*, 36(3): 447-461.
- Norris, A. T., D. G. Bradley and E. P. Cunningham (1999) Microsatellite genetic variation between and within farmed and wild Atlantic salmon (*Salmo salar*) populations. *Aquaculture*, 180: 247-264.
- Palumbi, S. R. (2003) Population genetics, demographic connectivity, and the design of marine reserves. *Ecol. Appl.*, 13: S146-S158.
- Pumitisee, P., W. Senanan, U. Na-Nakorn, W. Kamonrat and W. Koedprang (2009) Temporal genetic heterogeneity of juvenile orange-spotted grouper (*Epinephelus coioides*, pisces: Serranidae) . *Aquacult. Res.*, 40(10): 1111-1122.
- Qin, Y., G. Shi and Y. Sun (2013) Evaluation of genetic diversity in *Pampus argenteus* using ssr markers. *Genet. Mol. Res.*, 12(4) :5833-5841.
- Raymond, M. and F. Rousset (1995) GENEPOP (version 1.2) : population genetics software for exact tests and ecumenicism. *J. Heredity*, 86: 248-249.
- Rhodes, K. L. and Y. Sadovy (2002) Temporal and spatial trends in spawning aggregations of camouflage grouper, *Epinephelus polyphkadion*, in pohnppei, micronesia. *Environ. Biol. Fishes*, 63(1): 27-39.
- Rhodes, K. L., R. I. Lewis, R. W. Chapman and Y. Sadovy (2003) Genetic structure of camouflage grouper, *Epinephelus polyphkadion* (pisces : Serranidae) , in the western central pacific. *Mar. Biol.*, 142(4): 771-776.
- Robert, C., J. Reynolds, I. Cote and J. Hawkins (2006) Redesigning coral reef conservation. *Coral Reef Conservation*, Cambridge Univ. Press, 515-537.
- Rousset, F. (2008) Genepop'007: a complete reimplementation of the Genepop software for Windows and Linux. *Mol. Ecol. Resources*, 8: 103-106.
- Rozen, S. and H. Skaletsky. (2000) Primer3 on the WWW for general users and for biologist programmers. *In Methods in Molecular Biology*, Vol. 132: Bioinformatics Methods and Protocols (S. Misener and S. A. Krawetz eds.), Humana Press, Totowa, New Jersey, USA, 365-386.
- Sadovy, Y., P. L. Colin and M. L. Domeier (1994) Aggregation and spawning in the tiger grouper, *Mycteroperca tigris* (pisces, serranidae). *Copeia*, 2: 511-516.
- Sadovy de Mitcheson, Y., M. T. Craig, A. A. Bertocini, K. E. Carpenter, W. W. L. Cheung, J. H. Choat, A. S. Cornish, S. T. Fennessy, B. P. Ferreira, P. C. Heemstra, M. Liu, R. F. Myers, D. A. Pollard, K. L. Rhodes, L. A. Rocha, B. C. Russell, M. A. Samoilys and J. Sanciangco (2012) Fishing groupers towards extinction: A global assessment of threats and extinction risks in a billion dollar fishery. *Fish Fish.*, 14(2): 119-136.
- Sale, P. E. (2004) Connectivity, recruitment variation, and structure of reef fish communities. *Integr. Comp. Biol.*, 44: 390-399.
- Saenz-Agudelo, P., G. P. Jones, S. R. Thorrold and S. Planes (2011) Connectivity dominates larval replenishment in a coastal reef fish metapopulation. *P. Roy. Soc. B-Biol. Sci.*, 278(1720): 2954-2961.
- Schunter, C., J. Carreras-Carbonell, E. MacPherson, J. Tintore, E. Vidal-Vijande, A. Pascual, P. Guidetti and M. Pascual (2011a) Matching genetics with oceanography: Directional gene flow in a mediterranean fish species. *Mol. Ecol.*, 20(24): 5167-5181.
- Schunter, C., J. Carreras-Carbonell, S. Planes, E. Sala, E. Ballesteros, M. Zabala, J. G. Harmelin, M. Harmelin-Vivien, E. Macpherson and M. Pascual (2011b) Genetic connectivity patterns in an endangered species: The dusky grouper (*Epinephelus marginatus*). *J. Exp. Mar. Biol. Ecol.*, 401(1-2): 126-133.
- Sekino, M., M. Hara and N. Taniguchi (2002) Loss of microsatellite and mitochondrial DNA variation in hatchery strains of Japanese flounder *Paralichthys olivaceus*. *Aquaculture*, 213: 101-122.
- Senanan, W., J. Pechsiri, S. Sonkaew, U. Na-Nakorn, N. Sean-In and R. Yashiro (2014) Genetic relatedness and differentiation of hatchery populations of asian seabass (*Lates calcarifer*) (bloch, 1790) broodstock in Thailand inferred from microsatellite genetic markers. *Aquacult. Res.*, 1-16.
- Slatkin, M. (1985) Gene flow in natural-populations. *Annu. Rev. Ecol. Syst.*, 16: 393-430.
- Starr, R. M., E. Sala, E. Ballesteros and M. Zabala (2007) Spatial dynamics of the nassau grouper *Epinephelus striatus* in a Caribbean atoll. *Mar. Ecol. Prog. Ser.*, 343: 239-249.
- Stevenson, D. E., R. W. Chapman and G. R. Sedberry (1998) Stock identification in Nassau grouper, *Epinephelus striatus*, using microsatellite DNA analysis. *Proc. 50th Gulf Caribbean Fish. Inst.*, 727-

- 749.
- Stevenson, T. (1998) What is natural? Coral reef crisis. *Libr. J.*, 123(20): 151.
- To, W. L. (2009) The biology, fishery of groupers (family: serranidae) in Hong Kong and adjacent waters, and implications for management. PhD thesis, University of Hong Kong, Hong Kong.
- Van Herwerden, L., J. H. Choat, S. J. Newman, M. Leray and G. Hilleroy (2009) Complex patterns of population structure and recruitment of *Plectropomus leopardus* (Pisces: Epinephelidae) in the Indo-west Pacific: Implications for fisheries management. *Mar. Biol.*, 156(8): 1595-1607.
- Wang, L., Z. N. Meng, X. C. Liu, Y. Zhang and H. R. Lin (2011) Genetic diversity and differentiation of the orange-spotted grouper (*Epinephelus coioides*) between and within cultured stocks and wild populations inferred from microsatellite DNA analysis. *Int. J. Mol. Sci.*, 12(7): 4378-4394.
- Wright, S. (1951) The genetic structure of populations. *Ann. Eugen.*, 15: 323-354.
- Wright, S. (1965) The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 19: 395-420.
- Wright, S. (1978) *Evolution and Genetics of Populations* (Vol. 4): Variability Within and Among Natural Population. Univ. Chicago Press, Chicago.
- Yin, S. W., H. Huang, J. Luo, and Y. L. Hu (2012) Assessment of genetic variability and interspecific relationships among four species of groupers (Genus *Epinephelus*) from South China Sea using microsatellite markers. *Agricul. Sci. Tech.*, 13(2): 428-433.
- Zatcoff, M. S., A. O. Ball and G. R. Sedberry (2004) Population genetic analysis of red grouper, *Epinephelus morio*, and scamp, *Mycteroperca phenax*, from the southeastern Atlantic and Gulf of Mexico. *Mar. Biol.*, 144(4): 769-777.

A Preliminary Study on Genetic Diversity and Population Genetic Structure of Longfin Grouper (*Epinephelus quoyanus*) in Taiwan and Southern Great Barrier Reef, Australia

Kao-Sung Chen¹, Pei-Yu Liu¹, Chia-Hsuan Sung¹, Colin Kuo-Chang Wen²
and Sheng-Tai Hsiao^{3*}

¹ Planning and Information Division, Fisheries Research Institute

² Department of Life Science, Tunghai University

³ Marine Fisheries Division, Fisheries Research Institute

ABSTRACT

The objective of the present study was to investigate the genetic diversity and population genetic structure of the commercially important longfin grouper, *Epinephelus quoyanus*, which is widely distributed in the western Pacific Ocean. A total of 74 individuals were sampled from the waters of northern Taiwan (NT), Penghu (PH) and southern Great Barrier Reef (GBR), Australia (AUS), from 2011-2013. A total of 14 microsatellite loci were used to determine the population genetic diversity and structure of these 3 populations. The results from the selected microsatellites showed that the genes for the 3 populations were polymorphic. NT and PH had 9 and 8 microsatellite loci, respectively, and the heterozygosity observed was higher than the heterozygosity expected. F_{IS} values ranged from -0.165 to 0.403, with no significant differences among the populations. The pairwise population differentiation index (F_{ST}) values ranged from 0.0018 to 0.0715, with no significant differences between the groups, indicating that there was low population differentiation among the 3 populations. The result of Bayesian-clustering assignment test revealed that the sampled groupers can be regarded as two populations (when $k=2$, it has the highest maximum likelihood value) based on allele frequencies of all sampled individual. There were several common alleles among the 3 populations, supporting the conclusion that there was low population differentiation among the 3 populations and that the NT and PH populations should be viewed as a single population for the purposes of fishery resource assessment and management.

Key words: Epinephelinae, longfin grouper *Epinephelus quoyanus*, microsatellite, genetic diversity, population genetic structure

*Correspondence: 199 Hou-lh Road, Keelung 202, Taiwan. TEL: (02) 2462-2101; FAX: (02) 2463-3110; E-mail: sthsiao@mail.tfrin.gov.tw