



## 國際農業研討會與展覽

擇列以下即將於 2004 年 8~10 月舉辦的國際農業相關研討會，供讀者參考。如欲參加這些活動，其大綱或報名表可透過 <http://www.agnic.org/mtg/2004.html> 或會議內容所附之網站查詢。

| No | Date     | 分類  | 國家   | 會議內容                                                                                                                    |
|----|----------|-----|------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 1  | 8/1-4    | 農機  | 加拿大  | American Society of Agricultural Engineers Annual International Meeting                                                 |
| 2  | 8/2-7    | 食品  | 美國   | Society of Wine Educators' 28th Annual Conference                                                                       |
| 3  | 8/3-9    | 農化  | 俄羅斯  | 2nd International Conference and Field Workshop on Soil Classification                                                  |
| 4  | 8/5-9    | 漁業  | 挪威   | Aquaculture Europe 2005                                                                                                 |
| 5  | 8/5      | 畜牧  | 美國   | 45th Annual George A. Young Swine Health and Management Conference                                                      |
| 6  | 8/8-12   | 畜牧  | 巴西   | 15th International Conference on Animal Reproduction                                                                    |
| 7  | 8/8-13   | 林業  | 澳洲   | 22nd International Union of Forest Research Organizations (IUFRO) World Congress                                        |
| 8  | 8/8-13   | 食品  | 芬蘭   | 50th International Congress of Meat Science and Technology (ICoMST)                                                     |
| 9  | 8/8-12   | 水資源 | 愛沙尼亞 | XXIII Nordic Hydrological Conference: Freshwater Resources Management                                                   |
| 10 | 8/16-24  | 水資源 | 瑞典   | 14th Stockholm Water Symposium. Drainage Basin Management: Regional Approaches for Food and Urban Security              |
| 11 | 8/18-21  | 園藝  | 澳洲   | International Symposium On Horticultural Education Extension and Training                                               |
| 12 | 8/20-24  | 農業  | 中國   | 18th International Congress on Sexual Plant Reproduction                                                                |
| 13 | 8/22-27  | 保育  | 英國   | 13th World Clean Air and Environmental Protection Congress                                                              |
| 14 | 8/25-28  | 農化  | 芬蘭   | <a href="#">XXII International Conference on Polyphenols</a>                                                            |
| 15 | 8/29-9/3 | 農業  | 加拿大  | From Biophysics to Molecular Biology, a Path in the Research of Photosystem II, Photosynthesis and the Post-Genomic Era |

|    |           |     |      |                                                                                                                                                                                                           |
|----|-----------|-----|------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 16 | 8/31-9/2  | 農藝  | 法國   | 12th International Conference on Weed Biology                                                                                                                                                             |
| 17 | 9/6-10    | 農業  | 巴西   | 8th IBRA International Conference on Tropical Bees                                                                                                                                                        |
| 18 | 9/6-10    | 農藝  | 澳洲   | 14th Australian Weeds Conference. Weed Management: Balancing People, Planet, Profit                                                                                                                       |
| 19 | 9/9-12    | 保育  | 匈牙利  | Phytoremediation: Environmental and Biological Aspects                                                                                                                                                    |
| 20 | 9/12-15   | 畜牧  | 澳洲   | Horizons in Livestock Sciences 2004: Gene Silencing and Therapeutic Innovations                                                                                                                           |
| 21 | 9/12-15   | 漁業  | 美國   | 2nd National Conference on Coastal and Estuarine Habitat Restoration                                                                                                                                      |
| 22 | 9/12-16   | 林業  | 德國   | International Conference on Regenerating Mountain Forests                                                                                                                                                 |
| 23 | 9/12-17   | 保育  | 西班牙  | 5th International Symposium on Ecohydraulics                                                                                                                                                              |
| 24 | 9/13-17   | 農藝  | 希臘   | Eco Engineering - The Use of Vegetation to Improve Slope Stability                                                                                                                                        |
| 25 | 9/15-17   | 漁業  | 法國   | Giensat 抗腫瘤新技術研究會議，海洋生物之抗癌作用研究，地點：Ifremer – Brest 研究中心。 <a href="http://www.ifremer.fr">www.ifremer.fr</a>                                                                                                |
| 26 | 9/19-23   | 保育  | 愛爾蘭  | 13th International Conference on Aquatic Invasive Species                                                                                                                                                 |
| 27 | 9/22-24   | 漁業  | 法國   | 波爾多水產養殖展 Bordeaux Aquaculture，地點：波爾多 Palais des congrès。 <a href="http://www.bordeaux-expo.com/aquaculture.htm">www.bordeaux-expo.com/aquaculture.htm</a>                                                 |
| 28 | 9/26-10/1 | 農藝  | 澳洲   | 4th International Crop Science Congress                                                                                                                                                                   |
| 29 | 9/27-10/1 | 水資源 | 德國   | International Conference on Hydrology of Mountain Environments                                                                                                                                            |
| 30 | 10/4-6    | 保育  | 波蘭   | Environmentally Friendly Spray Application Techniques                                                                                                                                                     |
| 31 | 10/4-7    | 農業  | 馬來西亞 | Agriculture Congress: Innovations Towards Modernized Agriculture                                                                                                                                          |
| 32 | 10/6-8    | 食品  | 法國   | Food Factory 2004: Food Factory of the Future                                                                                                                                                             |
| 33 | 10/7-8    | 畜牧  | 美國   | Poultry Protein and Fat Seminar                                                                                                                                                                           |
| 34 | 10/18-21  | 水資源 | 中國   | International Symposium on River Sedimentation                                                                                                                                                            |
| 35 | 10/18-22  | 遙測  | 澳洲   | 12th Australasian Remote Sensing and Photogrammetry Association Conference. To Measure is to Manage -Using Remote Sensing and Photogrammetric Measurements in Exploration and Natural Resource Management |

|    |          |    |    |                                                                                                                                              |
|----|----------|----|----|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 36 | 10/19-20 | 農業 | 日本 | 6th International Symposium on Plant Responses to Air Pollution and Global Changes: from Molecular Biology to Plant Production and Ecosystem |
| 37 | 10/19-23 | 林業 | 美國 | Society of American Foresters Annual Convention                                                                                              |
| 38 | 10/23-27 | 食品 | 美國 | <a href="#">National Frozen and Refrigerated Foods Convention</a>                                                                            |



## 農業科技網站導覽

農業所包含的領域相當廣泛，舉凡農藝、園藝、林業、漁業及牧業...等，都含括在內，本次網站導覽特將網路上農業相關網站擇要介紹。

### 一、澳洲塔斯馬尼亞大學的水產養殖及漁業研究院

|                                                                                                                 |                                                                                      |                                 |
|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------|
| Faculty of<br>Science &<br>Engineering                                                                          | University of Tasmania<br><b>Tasmanian Aquaculture<br/>&amp; Fisheries Institute</b> | Hobart<br>Tasmania<br>Australia |
| <a href="http://www.utas.edu.au/docs/tafi/TAFI_About.html">http://www.utas.edu.au/docs/tafi/TAFI_About.html</a> |                                                                                      |                                 |

塔斯馬尼亞大學的水產養殖及漁業研究所( Tasmanian Aquaculture & Fisheries Institute, TAFI )，係於 1998 年，由塔斯馬尼亞省政府初的級工業、水及環境局( DPIWE) 和塔大的共同合作設置，並以應用海洋科學研究聞名。 TAF I 隸屬塔大科學及工程學院，TAFI 設有理事會，成員來自水產養殖業及漁業、大學、DPIWE 和社區團體。TAFI 的研究資源有：1. 塔大龍歇斯頓(Launceston)校區的布來遜動物實驗室的水族健康部門；2. 塔魯納(Taroona)的海洋研究實驗室；3. 塔大龍歇斯頓校區的水產養殖研究所及 4. 塔大哈伯特(Hobart)校區的動物學院。實驗室皆有最新的儀器及配備現代化的電腦室，水域實驗主要的設施為 20 米長的挑戰者研究船(*RV Challenger*)、8 艘小型船隻及 2 艘橡皮艇，水域採樣必備的器具，陸域採樣的 4 輛越野車。TAFI 三個主要研究計劃：

- 1. 水產養殖：**專注在調查有潛力的海水原生物種的養殖、繁殖及生產，水族生物健康、成長及營養，以及環境管理上，並分為四個領域 - 1. 養殖新品種 - 如條紋婢[魚翁](*Latris lineata*)及岩礁龍蝦；2. 繁殖及生產；3. 水族生物健康；4. 水族生物成長及營養。
- 2. 海洋環境：**維護及提供塔省健康及多樣的海域，經由創新應用研究而有利於其內的水產養殖和海洋漁業永續發展及管理上。目前進行中海洋環境研究計劃包括評估塔省沿岸物種，特別是海藻床、海洋保護區的長期監控、環境監控及鮭魚養殖場的休漁、評估新海水養殖水域、和引入海洋有害物種的社群動力學等。
- 3. 海洋漁業：**提供一個監控該省天然漁業資源的正確方法，並經由目標導向的應用研究以改善漁業的永續性及價值。特別重要的研究計畫包括漁獲採樣，塔省四周最重要的個別商業漁業之評估，對開發魚種的生物學及生態學的研究，以及建立全國性調查澳洲的休閒漁業。進行中主要的研究有(1) 鮑魚；(2) 甲殼類；(3) 有鰭魚類；(4) 資源模式。

國立屏東科技大學水產養殖系葉信平提供

## 二、理論與應用淡水生物學國際組織



<http://www.limnology.org>

Societas Internationalis Limnologiae (SIL)於 1922 年成立於德國，英文名稱為理論與應用淡水生物學國際組織，聚集對於內陸水生態系統及其管理有興趣的科學家，目的在於深入研究與了解淡水生物學各個領域。每三年會召開一次大會增進基礎研究面與務實面的科學交流。上一次第 28 屆大會於 2001 年 2 月在澳洲的墨爾本舉行，而第 29 屆大會將由芬蘭的拉希提(Lahti)城市主辦(2004 年 8 月 8~14 日)。網站中詳述第 29 屆大會的會議議程、參觀行程、摘要(預計 6 月 22 日開放提交摘要)、與會註冊、發表方式、伴隨人員的行程等等參與大會的時程活動介紹。可提供參觀的工作室目前有：自來水維護與管理(SIL 工作小組)；湖泊與溪流的特殊交互作用；水生侵略性物種—研究、資訊交換與管理的國際合作(SIL 工作小組)；浮游生物生態學(PEG, SIL 工作小組)；水鳥(SIL 工作小組)；淡水生態系統的附著生物 Periphyton(SIL 工作小組)。

陳韋伶提供

## 防治番茄夜蛾幼蟲引起豆莢穿孔的新防線

在印度，蟲害引起的農業損失有一半是由番茄夜蛾所造成。番茄夜蛾為雜食性，故危害多種作物。番茄夜蛾產卵於葉片上，幼蟲孵化後會取食心葉、幼葉、嫩莖及花器，造成展開之新葉呈不規則食痕或生長受阻，葉下表皮被取食而殘留上表皮呈透明狀，開花期花器受番茄夜蛾危害則影響授粉。番茄夜蛾幼蟲甚至還會鑽入果實，而導致果實穿孔。印度 ICRIAT-Pantancheru 的科學家們將蘇力菌殺蟲晶體蛋白基因(*BtCry1Ab*)導入樹豆(Pigeonpea)中，樹豆因而可以抵抗番茄夜蛾幼蟲所引起的豆莢穿孔，達到蟲害防治的效果。這種經基因轉殖的樹豆，已經過初步的隔離田間試驗，將進行第二季的隔離田間試驗，以得到更多生物安全性的資料。未來，科學家們期望能進一步進行開放式的田間試驗。

劉正格參考自

<http://www.new-agri.co.uk/04-1/newsbr.html#nb3>



圖片來源：<http://www.new-agri.co.uk/04-1/newsbr.html#nb3>

## 調控開花的基因

澳洲工業研究院植物工業部的科學家分離出一個調控開花的主要基因，使人們對於植物開花機制能更加了解。此項發現影響的層面甚廣，上至花店下至花農，因這項技術能控制某些特殊植物或作物的花期，以避開惡劣的氣候或因應市場特別的需求，如：情人節等。此調控開花的主要基因或所謂的開花基因座 C (Flowering Locus C, FLC) 是一小段 DNA，它會感應植物發育情況及外部環境變化等訊息後而調節其開關，但是當植物成熟加上外界環境適合時，則植物會略過 FLC 這關卡直接進到開花程序。此研究雖然還在早期研究階段，但調控開花主要基因的發現，提供科學家進一步探討其他開花基因如何參與開花機制的管道。科學家現正測試在稻米及油菜內是否也存在有相同基因的功能，他們最終目標是希望能將此調控開花機制的技術應用在小麥及大麥。

台灣大學育成中心廖珮如參考自

[http://genetech.csiro.au/research/crops\\_fruit\\_pastures/floweringGene\\_short.htm](http://genetech.csiro.au/research/crops_fruit_pastures/floweringGene_short.htm)

## 草莓基因可提高水果的維生素 C

西班牙科學家自草莓中分離出一個可以提高水果維生素 C 含量的基因- GalUR。這個基因與維生素 C 生產酵素的製造有關。科學家指出，經過草莓基因修飾的水芹菜，維生素 C 的含量可提高 2 至 3 倍。這項研究結果暗示了以基因工程技術來提昇蔬果維生素 C 含量的可行性及其廣泛的利用性。科學家也提到，除了使用傳統的選擇性育種技術之外，利用基因修飾技術，可以提高更多蔬果的維生素 C 含量，讓消費者在選用偏好的水果時，也可兼顧維生素 C 的攝取量。目前仍有許多人維生素 C 攝取量不足，尤其是吸煙者及蔬果食用量少的人。改善維生素 C 攝取量不足的方法不外乎增加蔬果食用量，或者選用維生素 C 含量高的水果，但維生素 C 含量高的水果通常並不受消費者喜愛。現在，可以用基因修飾的方式來提高廣受消費者歡迎的水果（例如蘋果）的維生素 C 含量。現在，科學家們正在研究如何使這項基因技術更趨純熟，以使蔬果中維生素 C 的含量達到最高。過去曾有研究顯示，利用某一個老鼠基因可以增加萵苣中維生素 C 含量至 7 倍，但消費者對「老鼠基因改造的萵苣」該是敬謝不敏的吧！

劉正格參考自

*Herald (Glasgow, Scotland)* , 2 ed , p6 , Monday , January 13, 2003

## 照光影響菠菜儲存時的品質變化

蔬果在收割之後的狀況，會影響到日後它們在超市貨架上的新鮮度。進而也會影響到它們是否受到消費者的喜愛或排斥。研究發現照光是影響葉菜類蔬菜在儲存期間品質變化的主要原因之一。低強度的光照可使採收後的蔬菜於儲存期間維持較佳的品質，是因為光合作用會使菠菜產生延緩老化效應，提高品質安定性。日本的科學家將成熟菠菜葉在模擬超市貨架上受照明刺激( $45 \mu\text{mole}/\text{m}^2 \text{ per s}$ )與在黑暗中之兩種貯存模式，溫度為攝氏 8 度，分別測量菠菜葉所釋出的氧氣、二氧化碳的固定、螢光激發以及菠菜葉表面顏色的變化。結果顯示，在儲存期間雖然是低強度光照，但是在其持續性的照射之下，仍能有效地進行光合作用使菠菜維持固定品質，直到葉子開始變黃為止。由此研究可知，提供採收後的菠菜適量光照，確實可以延長保存期限。

朱麗蓉參考自

*Foodinfo Online FSTA Reports* 19 November 2003

<http://www.foodsciencecentral.com/library.html#fis/12666>

## 利用變色草來偵測地雷

據估計，目前在全球 75 個國家境內，還有一億個未偵測到的地雷。而清除地雷的工作舉步維艱，困難重重。丹麥科學家花了將近三年的時間，培育出一種基因改良的雜草，能革命性地改變地雷清除作業，同時也希望藉由這些變色草，能有效地減少世界各地不幸踩到地雷的人數。這種草的名稱是阿拉伯芥。科學家將其基因改良，並加以測試之後，發現當阿拉伯芥的根部接觸到爆炸物時，經過三到五週的成長之後，阿拉伯芥的顏色就會由綠色轉變為紅色。科學家們預計在第一個階段，先在特定的區域來試種，例如斯里蘭卡和部分非洲地區等。若是試種結果良好的話，再推廣到其他地雷區。而變色草除了有助於地雷的清除之外，亦可運用到受污染土壤中，重金屬的偵測與清除工作。

朱麗蓉參考自

[http://www.denmark.dk/servlet/page?\\_pageid=80&\\_dad=portal30&\\_schema=PORTAL30&\\_fsiteid=175&\\_fid=95414&page\\_id=4&\\_feditor=0&folder.p\\_show\\_id=95414](http://www.denmark.dk/servlet/page?_pageid=80&_dad=portal30&_schema=PORTAL30&_fsiteid=175&_fid=95414&page_id=4&_feditor=0&folder.p_show_id=95414)

## 利用改基因病毒防治鼠患

雖然鼠患造成澳洲東南穀物帶數百萬元的損失，但在未來十年內，農民可望以改基因的病毒防止小家鼠增生！由於澳洲豐饒的穀物產量，使得野生小家鼠迅速繁殖，而數以百萬的野生小家鼠不但消耗大量的穀物，並且造成穀物運送時的污染。然而，如果使用強效毒鼠劑，除了防治的效力有限，還可能有其他哺乳動物及鳥類會因誤食或食用了有毒的死老鼠而死亡。有一種疱疹病毒，可經由性行為傳染野生小家鼠。西澳大學的研究員在這種病毒中導入一段修飾基因，並且試圖利用它來阻止卵子受精，使動物不孕。實驗得知，雌鼠在感染這種改基因的病毒後六個月仍無法產下後代。這種改基因病毒只會感染野生小家鼠，並不會危害其他本土動物，藉此技術應可達到防治鼠患的良好效用

劉正格參考自

[http://genetech.csiro.au/research/environment/mouse\\_final\\_doc\\_short.htm](http://genetech.csiro.au/research/environment/mouse_final_doc_short.htm)

## 人為控制的林火並不代表保護野生動植物安全

根據一項為期八年的實驗結果顯示，每年澳洲北部大片人為控制的林火破壞了生物多樣性，每年澳洲北方領土被燒毀的灌木叢介於3到4千萬畝。這一帶差不多有一半是被惡意縱火或意外引起，另一半則是由火災管理員刻意焚燒的。人為控制的火災通常在旱季初期點燃，那時土地還相當潮濕，目的在於藉由這些分散(低密度)的火災來減少旱季開始後快速燃燒蔓延以及集中面積(高密度)的野火。以往人們認為集中面積的野火對於植物及動物的數量有更大的毀滅性。澳洲國家研究組織CSIRO的艾倫安德生表示研究顯示對於許多物種來說火災面積大小並不重要，火災的頻率才重要。澳洲科學部長彼得莫高倫表示北澳火災對於生物的影響永遠都有新知，所以管理方式隨著研究所得到的資訊而持續改進是非常重要的事。

陳韋伶摘譯自

<http://www.newscientist.com/news/news.jsp?id=ns99994236>

## 白茶抗菌力優於綠茶

日前由美國佩斯大學生物系的微生物學教授 Milton Schiffenbauer 進行的新研究顯示，白茶[註]萃取物(White Tea Extract, WTE)可能對葡萄球菌感染、鏈球菌感染、肺炎和齲齒的細菌生長有預防性應用。過去研究已顯示出綠茶會刺激免疫系統以對抗疾病，但 Schiffenbauer 的研究則顯示白茶萃取物在體外實驗模式中能實際殺死引起疾病的細菌，經過反覆的研究證實茶萃取物的確具有許多治療特性。白茶促使細菌病毒不活化的能力較綠茶有效。模式實驗顯示白茶可能具有抗人類致病病毒的功用。在各種不同的牙膏中添加白茶萃取物能提高了其抑制微生物的效果。研究指出白茶萃取物對 *Penicillium chrysogenum* 與 *Saccharomyces cerevisiae* 具有抗菌效應。在白茶萃取物存在下，*Penicillium spores* 與 *Saccharomyces cerevisiae* yeast 等細菌全部不活化。其指出白茶萃取物對致病的真菌具有抗菌效應。新研究中有幾個重要的發現：1.白茶 (Stash and Templar 牌)在抗病毒與抗菌效應上優於綠茶。2.幾種牙膏包括 Aim, Aquafresh, Colgate, Crest 與 Orajel 添加白茶萃取物能增加抗病毒與抗菌效應。3.白茶萃取物顯示對 *Penicillium chrysogenum* 與 *Saccharomyces cerevisiae* 等真菌具有抗真菌效應。

註：白茶屬輕發酵茶類，基本工序過程是晾晒、乾燥。白茶的品質特點是乾茶表面披滿白毫，色白隱綠，湯色淺淡，味甘醇

國立屏東科技大學水產養殖系葉信平摘譯自：

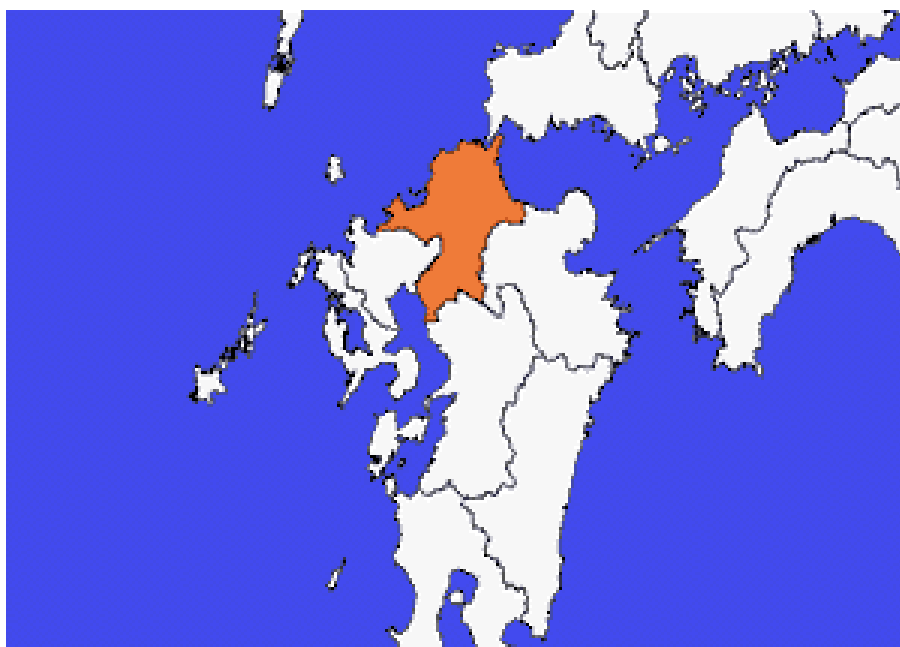
[http://www.eurekalert.org/bysubject/agriculture.php /](http://www.eurekalert.org/bysubject/agriculture.php/)

## 日本福岡進行海藻生物沼氣之試驗

以家畜的糞尿或廚餘發酵而成生物沼氣正在日本全國進行測試，而福岡市則把近 15 年來持續異常發生的石蓴加以發酵，以產生甲烷氣。研究是由福岡市、九州產業大學、福岡女子大學、西部氣體綜合研究所、九州經濟產業局、產業技術綜合研究所共同合作，並由新能源產業技術綜合開發機構(NEDO)提供經費補助。石蓴混合廚餘發酵能產生甲烷氣，4 公噸石蓴在 1 小時左右可產製 30 立方公尺的甲烷氣，此種氣體可作為燃料電池的原料，及水氣分離實驗，以應用到氣體引擎。東京煤氣公司已在去年進行以海藻產製生物沼氣，現則進行混合甲烷氣與都市煤氣進行發電的研究。

屏東科技大學水產養殖學系葉信平參考自

<http://www.fis-net.co.jp/hotnews/actualnew.asp?jkbn=jp>



圖片來源:<http://www.fis-net.co.jp/hotnews/actualnew.asp?jkbn=jp>

## 活用有機肥料製造設備，大量處理大型水母

以有效處理魚市場或加工廠產生的魚鱗污泥為目的而設置在日本福岡市中央拍賣鮮魚市場中之有機肥料的製造設備，因可以大量處理異常發生而令捕撈業者頭痛不已的大型水母，對今後的實用化寄予無限厚望。此套設備本來打算是有效的應用於堆積在岸邊或側溝中的魚鱗污泥或水產加工的殘渣。利用此套設備，以好氧性細菌的發酵分解能力來分解污泥，並成功地開發出含 15.7%磷酸、3.08%氮氣（日本穀物協會九州分會的調查）的高品質有機肥料「博多鱗燐」。由於去年年底漁穫中混獲大量的大型水母，因此市場相關人員嘗試利用該設備進行處理，測試結果發現此設備能在短時間內成功地將佔水母體重 95 % 以上的水分分離，同時能以細菌把以蛋白質為主成分的水母本體也消化掉，因此相信此項設備在大型水母的大量處理上應該是有效的。處理能力 1 個小時約 1 公噸，所有混獲的大型水母幾乎都可以全部處理完畢，所以很有實用化的希望。有關水母的處理，目前大約有 50 件左右正在申請專利，該協會表示此具獨創性的方法能把水母本體完全消滅，也想申請專利。而且，將來也打算和開發此套設備的廠商合作，推廣到全日本的產地魚市場。

漁業署郭慶老參考自日刊水產經濟新聞 2004 年 2 月 13 日

## 富含魚油的基改老鼠

魚油( $\omega$ -3 脂肪酸)早為人類熟知可用以預防心臟病，現在  $\omega$ -3 脂肪酸可經由陸域動物來製造。哈佛醫學院副教授康博士(Dr. Jing Kang)領導的研究團隊，將線蟲  $\omega$ -6 脂肪酸轉化為  $\omega$ -3 脂肪酸的酶基因(*fat-1*)轉殖到小鼠的基因組後，發現小白鼠體內產生更多  $\omega$ -3 脂肪酸。若其研究能進一步應用到農場動物、肉類、牛奶和蛋上，那所有產品都能直接富含魚油。如此一來不僅有益於人類健康，又能維持家畜動物的健康，因為  $\omega$ -3 脂肪酸能降低包括人類在內的動物動脈硬化以及其他心血管疾病的風險，及改善人類循環系統，一般海產鯖魚、鮭魚及鮭魚都富含魚油。而目前農場動物生產的肉類及乳品中含有的  $\omega$ -3 脂肪酸都來自飼料中添加的魚粉，而魚粉不僅價格昂貴且有浪費已貧瘠海洋漁業資源之嫌。研究團隊表示未來應用此技術到家畜動物後，或許能降低由於吃牛排引起之心臟病風險。康博士下一步將對雞隻進行同樣試驗，以生產出健康又富含魚油的雞。

屏東科技大學水產養殖系葉信平參考自

<http://www.newscientist.com/news/news.jsp?id=ns99994644>

## 正鰹精巢、卵巢中的脂質成分有抗癌與降低膽固醇的功用

日本靜岡縣水產試驗場與中央水產研究所、丸八公司村松研究所等共同研究，利用老鼠進行試驗，確認從加工廢棄物正鰹的精巢中抽出的脂質成分（油）具有抗癌作用，而從正鰹的卵巢抽出的脂質成分（油）則有降低血液中膽固醇的作用。今後，除了當作食品的機能性成分外，希望能有其他方面的有效利用。本件係靜岡縣水試利用普及部主任研究員平塚聖一於 2003 年度水產研究發表會中，以「如何利用水產加工廢棄物」為題所發表的研究成果。正鰹卸魚量為日本第一而自豪的靜岡縣以燒津地區為中心，盛行鰹柴魚、鰹塊、罐頭、生食用鰹塊等鰹魚的加工。而有關鰹魚的精巢與卵巢等加工廢棄物中脂質成分（油）之有效利用研究，則於 2002 年度和 2003 年度積極推動。經利用老鼠進行各種實驗結果中，確認有抗癌作用與改善血液中及肝臟中脂質成分的作用。在抗癌作用的實驗，首先分別投餵四群老鼠摻混 1.植物性紅花油 2.鮪魚油 3.正鰹精巢油 4.正鰹卵巢油（除紅花油外，其他油脂的 DHA 濃度是一致的），經兩週飼養後，將癌細胞移植到老鼠的背部，再以同樣的飼料飼養三週，然後測定並比較各群老鼠身上由於癌細胞所引起的腫瘤重量。結果是，餵紅花油的 12 隻老鼠在三週後全部死亡，餵正鰹精巢油的老鼠有 4 隻存活，且活存率最高。由以上的結果，可知正鰹的精巢油特別具有抗癌作用。推測可能是 DHA（二十二碳六烯酸）與磷脂質的結合效果所致。另外，在血液及肝臟中脂質成分改善作用的實驗中，首先餵予老鼠摻有紅花油飼料四週作為預備試驗，而提高其膽固醇值與降低 DHA 組成比。結果是，總膽固醇的量除紅花油組上升外，其餘各組均下降。而正鰹卵巢油組及正鰹精巢油組則比鮪魚油組更具降低膽固醇量之效果。在 DHA 組成比方面，除紅花油組外，其餘各組均增高。大體而言，餵食正鰹卵巢油與精巢油者其 DHA 組成比要比餵食鮪魚油者為高。根據這些結果，知道正鰹卵巢油與正鰹精巢油似乎要比鮪魚油更有加速攝取 DHA 及降低膽固醇的效果。而改善血液中脂質成分作用方面，正鰹卵巢油要比正鰹精巢油更具效果。正鰹精巢、卵巢中的脂質成分（油）含高濃度的 DHA 結合型磷脂質，今後，除了鑑定其有效成分與了解明機制外，希望能同時加強有效利用方面的研究。

漁業署郭慶老參考自：日刊水產經濟新聞 2004 年 1 月 19 日

# 海洋保護區在漁業資源永續利用方面的國際趨勢

中央研究院生物多樣性研究中心 邵廣昭

## 一、前言

近幾十年來，在全球漁業逐漸大規模化與工業化之後，大型魚類系群有 90%屬過漁狀態，75%商業漁獲系群已瀕臨崩潰，再加上沿海環境之棲地破壞、污染等已使海洋生物多樣性及漁業資源正在快速滅絕，如何才能振衰起蔽，使漁業資源能夠永續利用，根據國外之研究與經驗，劃設海洋保護區（Marine Protected Area, MPA）是保育海洋生物多樣性是使海洋資源得以永續利用最簡單最有效的方法，也是一種必要的管理手段。但目前全球只有不到 1%的海洋被劃為海洋保護區，其中更不到 0.5%為有效之經營管理，也因此近年來國際組織及保育團體莫不紛紛呼籲要求各國應積極推動海洋保護區之劃設與管理工作。

台灣四面環海，海洋生物極為豐富多樣，隨著漁業之拓展，曾將台灣推進到全球二十大漁業國之一，但產量自 1990 年後即停滯不前，其中沿近海漁業更有低下之勢，顯然過去之沿近海漁業資源培育或只針對禁漁期等之管理手段似乎並未奏效，未來仍需要靠劃設海洋或溼地保護區，以生態系之取向來保護棲地內的所有物種，才是治本之道。

雖然台灣地區過去已有不少由不同部會及法令所劃設所謂之「海洋保護區」，包括「漁業法」、「國家公園法」、「野生動物保育法」、「文化資產保存法」、「台灣沿海地區自然環境保護計劃」等等，但因缺乏實際之管理與措施而多半徒具架構，成效不彰。因此未來台灣在這方面還需要努力檢討改進。一方面應積極規劃並推動新的海洋保護區，二來更要真正落實其執行與管理。如果真能落實，相信不需多久台灣的沿近海海洋生物多樣性及漁業資源應可迅速恢復。

## 二、海洋保護區之劃設及經營管理已是全球之趨勢

自從 1997 年加拿大維多利亞國際保育大會中由千餘位海洋學者共同提出「惡水宣言」（Troubled Waters: A call for action），呼籲 2020 年全球 20%之沿近海水域及部份外海應劃入 MAP 後，迄今又有不少國際保育之重要會議上再度提出類似之呼籲：

- (1) 全球陸域之 12%已納入保護區之範圍，但佔地球面積 71%及 99.5%容積之海洋卻只有不到 1%被劃為 MPA，其中不到 0.5%係有效地受到經營管理。以致於海洋生物多樣性及漁業資源水準正在快速低落。大型魚類系群(stocks)中 90%均呈過漁狀態，75%商業漁獲系群已瀕臨崩潰。也因此 2002 年約翰尼斯堡所舉行第二屆地球高峰會（WSSD）中要求在 2012 年要建立 MPA 之全球 representative network（在各國應有其 national network 之基礎上），2010 年前完成以生態系取向來經營管理海洋及漁業，以及在 2015 年前恢復漁業過去應有可永續利用之水準等。

- (2) 過去百年來用在劃設陸域保護區的努力，必須在未來十年內在海洋中予以實現。換言之，2003 年第五屆世界公園大會上之「德班協定」已要求各國政府在未來十年內將海洋保護區之面積增加為 12%（約 400 個 MPAs）（全球海洋生物學家之共識是全球海洋至少應有 20~30% 之面積劃入 MPAs）。
- (3) 至 2013 年希望大家對海洋之關愛是發自內心的“ethic of caring”，且每一個人均能有其貢獻（如海底攝影師），而不需要再有任何形式上之 MPA 來約束。

### 三、海洋保護區是「第五屆世界公園大會」中研討的重點

由國際自然保育聯盟（IUCN）主辦，自 1962 年在 Seattle 召開第一屆 WPC 起，每十年一次，其目的在集合全球生態保育之專家學者（不代表任何一個國家、組織或機構，具超然性）共同來回顧全球保護區在過去十年來的推動狀況，檢討過去、策劃未來，並提出具體行動方案。所通過之大會宣言正式向生物多樣性公約（CBD）之締約國會議（COP）提出（COP7 2004 年 2 月在馬來西亞吉隆坡舉行），大會通過後將會成為各國政府未來施政努力之目標。

此次會議係在南非德班之國際會議中心舉行，於 2003 年 9 月 8 日至 17 日共十天。第一天開幕，第二~三天為大會專題演講（Plenary：Benefits beyond Boundaries）及四場研討會（Symposia），包括（1）Benefits to people,（2）Managing with change,（3）Communities and parks,（4）Working at scale；共有數百篇報告分別在二十幾個不同的場地平行進行，其中又以「海洋保護區」之議題最受到重視。在此次會議中所達成之目的如下：

1. 提高全球海洋保護之意識 - 在德班協定（Durban Accord）中突顯海洋議題之急迫性與重要性，研擬劃設 MPA 之政策之新準則及綱領，並與全球性之生物多樣性公約、拉姆薩溼地公約、世界遺產會議、區域性海洋會議等等密切結合。
2. 研提具前瞻性之 MPA 議題，如公海或遠洋（high sea）之劃設保護區及其經營管理，以遏止大洋或深海物種之滅絕。
3. 建立及改進海洋保護區之網路基礎 - 啟動世界遺產之海洋網路，促進東西非及東南亞地區 MPA 之工作推動。
4. 研擬一份新的更可行之海洋行動計劃來落實全球 MPA 系統之建立，以便 2012 年可以達成區域代表性 MPA 之網路建立。
5. 提供管理者及政策制定者所需要的綱要或指導準則。包括綜合性海岸管理、有效之 MPA 管理、建立 MPA 網路以達成生物多樣性及漁業資源保育之目的、產卵場之判定及保護、如何劃設具彈性（resilience）之 MPA、MPA 與氣候變遷之關聯、經費支援之永續、推動 GAP 分析方法以便於排定應保護之優先順序。
6. 建立全球 MPAs 資料庫之倡議 - 整合及改進目前全球 MPA 之資料庫，包括聯合國、各國政府或 NGO 所擁有的 MPA 空間分布資料庫，並建議由加勒比海及西太平洋區域開始。

#### 四、海洋保護區劃設在未來國際上的新趨勢

- 1.未來海洋保護區之劃設是全方位的，並不只是珊瑚礁及各國之 EEZ，還有 60%之海洋是屬於公海，包括公海或遠洋之海山（high sea seamount > 1000m 之海底山丘）、深海珊瑚（deep coral reef）、大陸斜坡（continental slope）、峽谷（canyons）、冷泉（cold seeps）、藍洞（anchialine）、熱泉（hydrothermal vent）、南極冰水（Antarctic water）、大尺度海洋生態系（Large Marine Ecosystem, LMEs）等。25 年前（1979）在蘇俄之深海漁業研討會即呼籲在開發探勘之初即應開始採取保護之配套措施，但迄今成效不彰。
- 2.MPA 之劃設為符合整體海洋系統，及海洋生物廣泛之遷移能力及完成其生活史所需之廣範圍等特點，故需要以生態系為取向來增設「大尺度海洋保護區」（LMEs），而非過去傳統以物種或地理疆界來劃設之觀念，故更需要國家間密切合作。劃設方法包括各種不同等級，由“no-take”到“multiple use” areas，使漁業亦可以永續經營。優先劃設區域包括東印度群島之珊瑚三角洲（coral triangle）、加勒比海、中西太平洋，及南極等地。
- 3.建立 World Heritage Marine Program 及 World Heritage Marine site、Managers' Network and Partnership（在全球 750 處世界自然遺產中，目前只有 30~40 處位於海岸或溼地）。
- 4.健全財務機制是有效推動 MPA 之必要條件，據估計，若在未來十年內劃設 20 個 LMEs 需要 93 億美元，而在各國沿近海劃設 400 個 MPAs 需要再增加 54 億美元，如此只能保護全球約 5%之海洋，故未來十年需努力籌措財源。這些經費還不包括管理、長期監測及當地住民經濟發展之需求在內。故未來會向 UN 及 CDB 等國際組織提出訴求。
- 5.提昇能力亦頗重要，包括劃設之方法或設立標準，優先劃設原則若採用 GAP 分析，需先建立完善資料庫及 Protected Areas Learning Network，以便於管理者及社會大眾使用。
- 6.社區參與（indigenous and local communities），利益分享是成功的保證。

#### 五、深海保護區之劃設為何受到國際間的重視

深海雖是地球上生物最大的棲所，但人類所知卻最少，近年來科學家才開始發現原來深海生物及棲地亦相當複雜，包括海山、冷泉、熱泉、深海珊瑚等生態系，生物之特有性高、壽命長、成熟晚、子代數目少是屬於 K 選擇之生物，最易受到外界之干擾及破壞。破壞方式包括過漁、誤捕、採珊瑚、採礦、海拋、海底電纜鋪設等等。又由於許多

深海漁獲物種常成群聚集（特別在海山四周），故漁獲量豐富，但其恢復原有群聚組成之能力(resilience)卻極慢。且海山四周同時是冷水珊瑚聚集生長的場所，生物多樣性高，高達 15%之種類為海山之特有生物，可以說是生物多樣性之全球寶庫(global reservoir)，而底拖所造成之大規模破壞卻是難以彌補。如澳洲南部 Tasmania Rise 中 95%之冷水珊瑚遭破壞，拖網漁船在南太平洋之 胸棘鯛資源枯竭後，2000 年又轉到印度洋之公海進行拖曳，40 艘船每天的漁獲量達 100 公噸，2002 年日本及蘇俄之拖網亦在 100 座海山附近拖曳 3-4 個月，捕獲近 300 公噸之深海漁獲。2001 年在公海之深海底拖統計則是 75 萬公噸，其實產量只佔全球漁獲的 0.2%，產值亦低於 0.5%，對全球糧食補充的貢獻實在不大，而且大多數是 OECD 之國家在作業，僅 13 國即捕撈近 90%之漁獲。但深海底拖卻對生物多樣性造成嚴重破壞。此乃何以這兩年來國際社會、保育團體及深海生物學者紛紛呼籲要迅速劃設深海及公海之保護區，並督促聯合國大會決議訂定深海及公海中深海漁業管理規範的原因。台灣之深海底拖雖然是在近五年來才開始發展，我國對深海生物的研究也是在三年前才開始有學者進行調查，且在海底地形、底質之資料亦甚為不足，在缺乏足夠背景資料可供規劃保護的情況下，實難進行資源之經營管理或保護區的規劃。目前在我 EEZ 內應加強深海地形之調查、分析生物之群聚及分布、深海漁獲資料之整理分析、3D 立體圖之繪製，將屬於海山、海底珊瑚、冷泉、熱泉及峽谷地形或是生物多樣性分布之熱點區，依預防原則先劃為禁漁區來進行保護，而有關公海之作業管理，則配合國際上可能即將制定的規範來執行。

深海漁業由於其不確定性及投機性，若干主要魚種之棲地範圍又有限，漁場也偏遠分散，是標準的「海盜式漁業」(pirate fisheries)，有 IUU 之特性，且漁場不少是在公海上，管理不易，目前只能希望將聯合國的海洋法（UNCLOS，108 國簽署）魚類系群協議（UNFSA，Fishery Stock Agreement）及 FAO 之 Compliance agreement（26 國簽署而已）等再去作延伸修訂，將海山之底拖納入管理規範並通過聯合國大會之決議；此外要鼓勵成立區域性管理組織（RFMO，Regional Fisheries Management Organization），加強組織間之合作，在國家級、區域級及全球級各層次上發展新的保育方式或架構，特別是建立海洋保護區之網路。聯合國雖在 2002 年之 A/57/41 決議文及 2003 年之 A/58/2.19 中指出深海棲地保護之重要，但仍缺乏實際具體可行之規範或條約，故未來會經由國際組織或研討會督促聯合國列入大會之討論議案及決議文中或採取 Moratorium（延期償付或無限期禁止）。歐洲方面的管理經驗或可以作為參考，包括若干魚種 TAC（total allowable catch）或 MAC（maximum allowable catch）之訂定，核發證照，作業船上加派漁業觀察員以便加強科學資料之收集等。

也因此在去年一年內國際上即舉辦了一系列深海保護的國際會議，如：

1. 2003 年 6 月 17-19 日在澳洲 Cairns 曾舉辦一場「公海生物多樣性保育及管理之研習會」(Workshop on the Governance of High Seas Biodiversity Conservation)，會中特別對深海生物多樣性所面臨之破壞、威脅及其挑戰作研討，找出「間隙」(Gaps) 所在，對如何減少及彌補此 gap 作出短期與長期之建議。
2. 2003 年 8 月 25-29 日由美國 Oregon 大學海洋生物研究所所舉辦之「第十屆深海生物學研討會」(10<sup>th</sup> Deep-Sea Biology Symposium)，會後之決議即撰寫 Statement of Concern 正式向聯合國大會作

建議。

3. 2003 年 9 月 9-12 日在德國之 Erlangen 曾舉辦「第二屆深海珊瑚國際研討會」(2<sup>nd</sup> International Symposium on Deep Sea Corals), 會中亦有許多科學家連署前項 Statement of Concern。
4. 2003 年 9 月 8-20 日在南非德班所舉行之「第五屆世界公園大會」(5<sup>th</sup> World Park Congress) 更將海洋保護區列為重要之議題, 特別是建議在深海之海山、深海珊瑚、冷泉及熱泉等特殊之生態系(含公海水域)應積極劃設海洋保護區, 建立保護區網路系統。
5. 2003 年 12 月 1-5 日在紐西蘭 Queenstown 舉辦「深海 2003 國際研討會」(Deep Sea 2003), 會議主要目的是希望能儘速討論出對深海漁業如何立即加以保護, 並訂定出一些具體、可使深海漁業得以永續經營的共同管理規範, 能在明年之聯合國大會上正式提案, 討論通過。會議出席之成員主要為產官學各界之代表, 包括政府機關代表及外交人員, 特別是 FAO、OECD、APEC、IUCN、WWF 等國際組織之代表多人。

## 六、結語

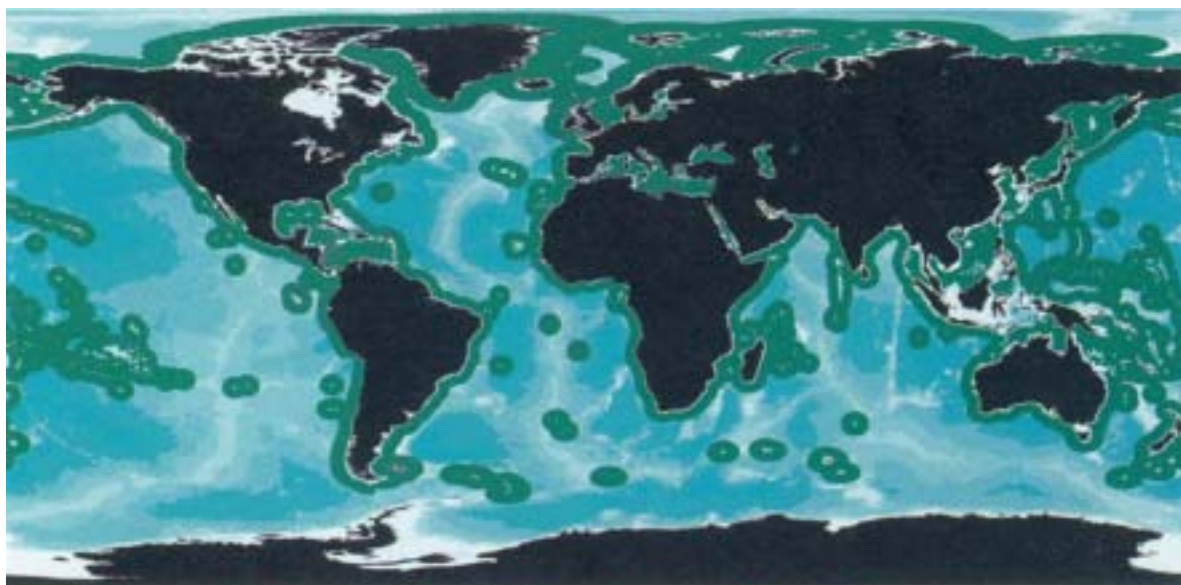
海洋保護區早已被公認為未來恢復漁業資源與保護海洋生物多樣性的不二法門, 它不但最簡單, 有效且成本最低, 同時也符合「預防原則」、「生態系取向之經營管理」以及「棲地保護重於物種保育」等指導原則。就好比將資金存在銀行當本金(保護區)不予提取, 而只要享用所繁生的利息(游入非保護區之魚類)即可永續利用, 不虞匱乏。

台灣過去廿、卅年來雖然有許多不同的法律在劃設所謂的「海洋保護區」, 但因缺乏管理及取締, 因此均淪為「紙上公園」, 徒具架構而已。因此行政院「生物多樣性行動方案」中明訂需在近年內至少將台灣沿近海 5% 之水域劃入海洋保護區, 並落實執行。惟由於全民及漁民對海洋保護區之價值及意義尚未能完全了解及接受, 認為劃設保護區會影響其作業, 其實, 劃設有限面積的保護區不但能防止作業之競合與衝突, 且可保障未來漁獲之永續利用。因此, 在台灣要增設新的海洋保護區, 尚待努力。

此外, 內政部所提之「海岸法」在立法院亦尚未通過三讀。連最需要維護的珊瑚礁生態系在台灣都無法加以推動, 更遑論國際上劃設 MAP 之目標早已擴展到經濟水域乃至公海、遠洋及深海環境之配合了。台灣 MAP 這方面之成績比起若干開發中國家還要落後, 實在值得我們大家警惕與檢討。更希望政府和民眾一齊來努力, 大力來推動海洋保護區之劃設。希望 2005 年 10 月 23-27 日在澳洲將舉辦之第一屆國際海洋保護區大會上, 台灣不但要出席, 同時也要提出具體成績。

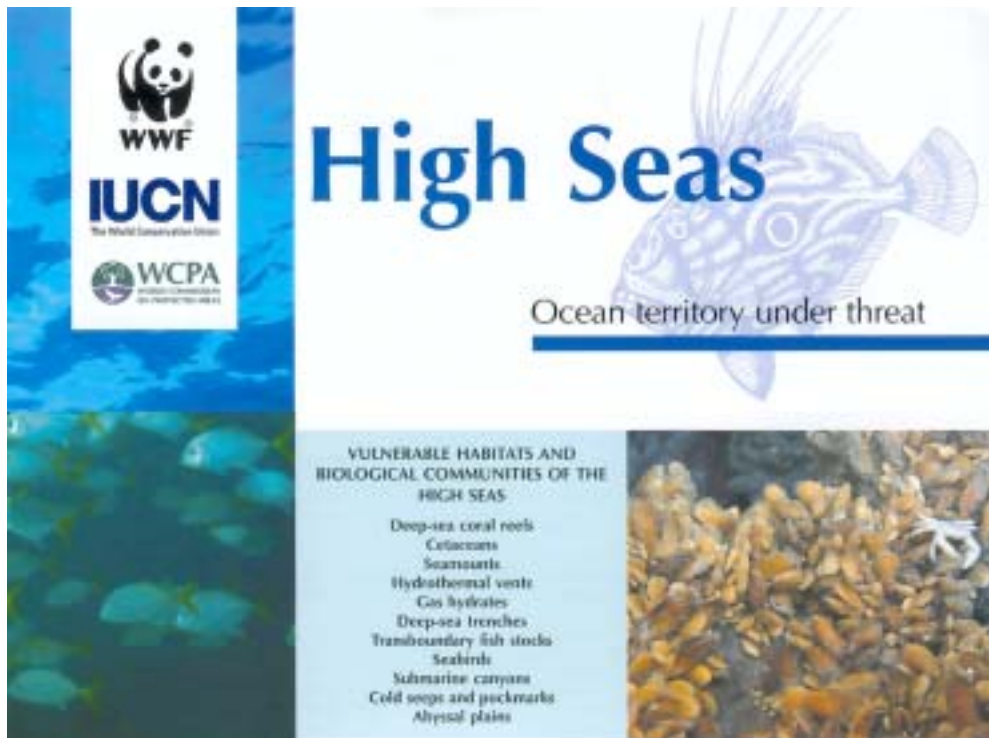


圖一、第五屆世界公園大會會場。

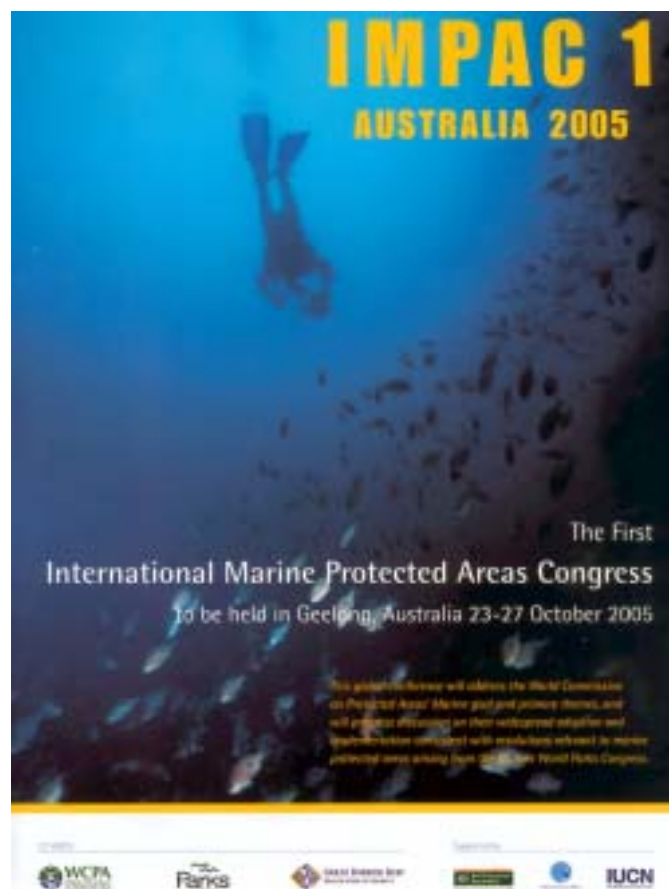


GLOBAL EXCLUSIVE ECONOMIC ZONE (EEZ) AND FISHERY ZONE (FZ) CLAIMS are widespread, but 60% of the world ocean still falls in largely unregulated "high seas" areas.

圖二、扣除專屬經濟海域（EEZ）及漁業區（FZ）後，仍有 60% 之水域係未受到管理的公海（high sea）。



圖三、公海及深海包括深海珊瑚、海山、熱泉、峽谷、深海平原等地區。



圖四、全球第一屆國際海洋保護區大會 2005 年 10 月 23-27 日將在澳洲召開。

## 遺傳標誌在蟎蟬（Acari）系統學上之應用

### Application of Genetic Markers for the Phylogenetic of Acari

國立屏東科技大學植保系講師 華 真 (Tsen Hua)  
國立屏東科技大學植保系研究生 李蕙宜 (Hui Yi Lee)  
高雄醫學大學生物系助理教授 葉文斌 (Wen Bin Yeh)

#### 中文摘要

傳統蟎蟬種類鑑定，多以成熟體的外部形態作為鑑定的依據，但由於體型小或因分類特徵不穩定或不明顯，而難以準確鑑定種類。以遺傳標誌（genetic markers）應用於蟎蟬系統學，既可進行種群類緣關係分析，並可運用於蟎蟬遺傳演化研究。目前運用於蟎蟬之遺傳標誌，如：核糖體 DNA (ribosomal DNA, rDNA)、粒線體 DNA (mitochondrial DNA, mtDNA)、微衛星 DNA (microsatellite DNA)、限制酵素片段多態型 (restriction fragment length polymorphism, RFLP)、直接擴增酵素多態型 (direct amplification of length polymorphism, DALP)、擴增片段長度多形性 (amplified fragment length polymorphism, AFLP)、隨機擴增 DNA 片段多形性 (random amplified polymorphic DNA, RAPD)、等位基因酶 (allozymes)。

關鍵字：遺傳標誌、蟎蟬、系統學

#### 英文摘要

Application of genetic markers on study of acarology can identify the phylogenetic relationship of different populations of mites and ticks. The vast diversity of mites makes them particularly suitable for these kinds of studies. The genetic methods used to study these

organisms include ribosomal DNA, mitochondrial DNA, microsatellites, restriction fragment length polymorphism (RFLP), direct amplification of length polymorphism (DALP), amplified fragment length polymorphism (AFLP), random amplified polymorphic DNA (RAPD), and allozymes.

Key words: Genetic markers、Acari、Phylogenetics

## 前言

利用各種分子標誌 (molecular markers) 作為分類依據，進行許多系統及發生學之研究，如：蜱亞目 (Ixodida)，癭蟎科 (Psoroptidae)，葉蟎總科 (Tetranychioidea)，癭蟎總科 (Eriophyoidea)，捕植蟎科 (Phytoseiidae) 和 *Varroa* 等之研究已有卓越成果 (Robert, 2002)。分析標誌包括蛋白質和核酸，透過這些新的技術和分析標誌，可以有效的探討形態標誌無法解決的問題，特別是外型相似的生理小種或不同地理分佈的多態形，不僅可為傳統的分類學注新的佐證，並可開拓出一種新穎的研究領域。此種以 DNA 為基礎的 DNA 標示片段稱為遺傳標誌 (genetic markers)。遺傳標誌的利用不僅可輔助因外部形態多形性所造成的同種類鑑定上的困擾，亦可肯定外部形態之鑑定結果，並確定其分子演化上之親緣關係。應用於蟎蜱之遺傳標誌包括：核糖體 DNA (ribosomal DNA, rDNA)、粒線體 DNA (mitochondrial DNA, mtDNA)、微衛星 DNA (microsatellite DNA)、限制酵素片段多態型 (restriction fragment length polymorphism, RFLP)、直接擴增酵素多態型 (direct amplification of length polymorphism, DALP)、擴增片段長度多型性 (amplified fragment length polymorphism, AFLP)、隨機擴增 DNA 片段多形性 (random amplified polymorphic DNA, RAPD) 和等位基因酶 (allozymes) 等。

以下分別介紹遺傳標誌應用於蟎蜱系統學的相關研究報告成果。

## 用於螞蟥系統學之遺傳標誌

常用之遺傳標誌：

### 一、DNA 序列

DNA 序列已為探討生物系統學的主要方法，無論是個體、族群、種及高階分類單元間的差異及類緣，均可運用 DNA 序列的差異分析，例如：高階分類單元可用較保守的基因分析，常用的基因有 12S rDNA、16S rDNA 及 18S rDNA 等；近緣種類則可選用較不保守的基因分析，常用的基因有粒線體內的各個基因，像 ND1~6、COI、COII 及染色體上的 ITS1 及 ITS2 等。

#### 1. 核之核糖體 DNA

核之核糖體 DNA 於生物體基因組中具普遍存在、保守性高、重複數多、區段變異等特性。提供分生工作上一個近乎完整的工具。大部份真核生物動物細胞基因組中有 100~500 個 rDNA 轉錄單位重複連續排列組成所謂的 rDNA 複合體，複合體內每個單位組成為：由 18S rRNA、5.8S rRNA 和 28S rRNA 三個被編碼的核糖體基因座所組成，在這些基因之間為內間轉錄區 1 (ITS1, internal transcribed spacer 1, 在 18S 和 5.8S 基因之間) 和 2 (ITS2, internal transcribed spacer 2, 在 5.8S 和 28S 基因之間) 此三個基因重複連續排列，每單位 rDNA 之間以外間轉錄間區 (external transcribed spacer, ETS) 連接，而形成一個大的 rDNA 複合體，每一複合體之間非轉錄區片段 (intergenic nontranscribed spacer segment, IGS) 相接。rDNA 內各組成單位之演化速率不盡相同，其中轉錄區 (18S、5.8S、28S) 之演化速率較慢，且在各類生物之相似性高，是屬高保守性，而非轉錄區間 ETS、ITS、IGS 演化速率較快，可提供較多有關種序發生學上的相關訊息。因此，可利用高保守之轉錄區序列，設計引子對，以 PCR 擴增變異較大的非轉錄區間，如：ETS、ITS1、ITS2、IGS 用作親緣種的鑑定與分類。

#### 2. 粒線體 DNA

真核生物中的粒線體 DNA 為環狀 (為一封閉的環狀雙鏈)，大小約 16 kb，具有演化速率較核快 (mtDNA 基因組的替換率比核 DNA 高 5~10 倍)，遺傳過程不發生基因重組、倒位、易位等突變，不含間隔區及內含子，無重複序列和不等交換，並且遵守嚴格的母係遺傳方式等特點；其核酸序列和組成較保守，以它做為模板的通用性較強；其可分為 37 個部份，其中包含 22 個 tRNAs、2 個 rRNAs、13 個 mRNAs，主要的轉錄區間為 ND2 (NADH 脫氫酵素亞基 II)、CO1 (細胞色素氧化酵素亞基 1)、CO2、ATP、C3、

N3、ND5、ND4、ND6、Cytb、ND1、16S、12S 及 A+T 區域。MtDNA 可偵測基因流的動向，且數量較 rDNA 多，於老舊標本亦可獲得相當大量，mtDNA 亦為一相當常用之遺傳標誌。其中較為保守 (conserved) 的基因，因有其特定功能，為生物必備的基因，改變速率較為緩慢，適合於高階分類單元的類緣探討。

科層級的類緣關係以 16S rDNA 基因較為適當，其已被廣泛應用於螞蟥的高階分類單元。

## 二、限制片段長度多形性

此分析技術結合兩種生物技術方法 (一) 聚合酵素連鎖反應 (polymerase chain reaction, PCR) 技術及 (二) 限制酵素片段多態型分析 (1980 年 Botstein 等人所提出)：以核酸內切限制酵素 (restriction endonuclease) 對經 PCR 增幅出之特定 DNA 片段進行切割，如此可以得到不同 DNA 長度的片段 (DNA 序列不同，限切酵素切割位亦有差異，故切割後所產生之 DNA 片段長度及數量皆不相同)，經過膠體電泳後顯現出多態型的 DNA 片段圖譜，便可以比較出其間差異，此圖譜稱為限制酵素圖譜 (PCR-RFLP profile)。RFLP 分析技術可獨自進行或配合其它技術作分析，選用適當的核酸限制內切酵素可以用來區別屬或種的分類層級，或種以下的分類階級，如生物小種 (biotype)。目前在快速鑑定上的應用多配合聚合酵素連鎖反應增幅細胞核中或粒線體內 DNA 的核糖體形成基因，進而進行核酸限制內切酵素切割的 RFLP 分析。

## 三、微衛星 DNA

自 1981 年 Miesfeld 等人自人類基因庫中首次發現了微衛星 DNA，1982 年 Hamada 等發現從酵母到脊椎動物都有 (dT-dG)<sub>n</sub> 的拷貝序列，1984 年 Tauts 證實了這種序列的存在，1989 年 Litt 和 Luty 擴增到了人類基因組微衛星序列，並把這種序列正式定義為微衛星 DNA，以後其他研究者又把其稱為簡單重複序列 (simple sequence repeat, SSR)，或者短串連重複序列 (short tandem repeat, STR)。微衛星 DNA 是指基因組 DNA 中小於 100 bp 的簡單串連式的核苷酸重複序列，是一種遍佈於真核生物基因組的重複序列，包含 2 到 6 個鹼基重複，如 (CA)<sub>n</sub>，(GATA)<sub>n</sub> 等，其長度由重複單元的拷貝數 n 來決定。微衛星 DNA 多位於基因編碼區附近，也有報告發現微衛星 DNA 可位於內含子及啟動子中，其功能尚不完全清楚，目前一般認為它參與遺傳重組，導致遺傳變異。由於微衛星 DNA 普遍存在於動物基因組 DNA 中，使其於分子遺傳學的研究中發揮了很大的作用。

微衛星 DNA 的一個重要特性是它高度的等位基因位點多態性（一個微衛星位點包含多個等位基因，從而顯示高度的多態性）。

微衛星分子遺傳標記技術總括而言可分（1）為單位點分子遺傳標記：每次檢測的是一種特異的 DNA 位點和（2）多位點分子遺傳標記：每次可同時檢測到多個位點；前者結果穩定可靠，尤其對分析物種的進化和遺傳方式非常有用，而多位點分子遺傳標記由於可同時對整個基因組進行分析，有時甚至在研究對象的遺傳背景不太清楚的情況下也可以進行遺傳學研究，因此較單位點分子遺傳標記有效率。

#### 四、直接擴增長度多形性

直接擴增長度多形性意指使用隨機 PCR 引子去產生多態形的 DNA 圖譜。PCR 專一性條帶在清楚的情況下，可以各別的基因座來研究。為一新的技術可去審視各種類的遺傳多形性和等位變異；此技術包含兩個步驟：（1）偵測步驟（detection step）：用專制的引子（arbitrary primers）於 PCR 擴增產生多條帶（多基因座圖譜），這個專制的基因座約 20 個 base 長，這個 PCR 步驟即稱為 AP-PCR；（2）特性描述步驟（characterization step）：由 M13 引子（5'-GTTTTCCCAGTCACGAC-3'）再擴增後，再直接由分離的條帶直接定序（Desmarais *et al.*, 1998）。

#### 五、擴增片段長度多形性

1993 年 Zabeau 等學者所提出的一個新的 DNA 指紋分析技術；AFLP 的基本原理為針對基因組內限制片段進行 PCR 增殖的技術，因此亦屬於以 PCR 反應為基礎的分子標幟，所以基本上承襲了 PCR 分析流程「快速」的特色，但就再現性而言，由於 AFLP 採取了 RFLP 原理的前半段，即首先以限制酵素將基因組切割成為限制片段，然後利用限制片段缺口具有「專一辨認序列」的特點，作為在進行 PCR 反應時所使用的引子，再設計上下功夫，使得引子在與 DNA 模板（即限制片段）復合時條件相當嚴格，因而提高了 PCR 結果的再現性。

PCR-AFLP 的主要步驟為：（1）雙酵素切割（double digestion）：首先將基因組 DNA 以兩種限制酵素進行切割（digestion），以得到限制片段；（2）轉接子之黏接（ligation of adapters）：在被切出的限制片段左右兩端各加上雙股的轉接子，以作為後續進行 PCR 增殖時的模板 DNA（轉接子因帶有前述所使用的限制酵素專一序列，因此才會與被切出的限制片段相黏接）；（3）PCR 增殖（PCR amplification）（2 次）：分為第一次 PCR 反應～前增殖（pre-amplification）：黏合後的 DNA 當作模板，用轉接子及部份切割酵素的序

列及 3'端多加一個或兩個鹼基當作引子進行複製；第二次 PCR~選擇性增殖 (elective amplifications)：將第一次的 PCR 回收產物當作模板進行第二次的 PCR 反應，第一次 PCR 反應的引子末端再加入 1 到 2 個鹼基作為此次反應的引子；(4) 序列膠體電泳 (sequencing gel electrophoresis)：將所得產物進行 polyacryamide 電泳的分離分析。Pieter 等人 (1995) 在此方法當中，轉接子的序列約為十個鹼基，酵素切位約 4 個鹼基，再加上額外加入的 2~4 個鹼基，因此序列長度多於 16 個，幾乎可算是專一性的引子，因此，轉接子的序列必須選擇好 (可先用 RAPD 的方式篩選)，才可得到較好的複製結果。

## 六、逢機擴增多形性 DNA

RAPD (1990 年由 Williams 等人所開發) 技術多結合 PCR 成為：RAPD-PCR 技術，是其以商品化之逢機序列的寡核苷酸 (約 10 個) 為引子，以基因組 DNA 為模板，利用 PCR 的原理來逢機擴增 DNA 序列，由 DNA 各別單股產生的 DNA 分子，以洋菜膠分離區別而產生多形性圖譜，稱 RAPD-PCR 圖譜 (RAPD-PCR profile)。由於遺傳組成的不同，逢機引子黏合處亦不盡相同，故擴增出的 DNA 片段亦不同，即 RAPD-PCR 圖譜不同，而可作為鑑定之依據。依廣泛組合的引子有助於審查全部的基因組，能得到有關基因頻率的資料。RAPD 常用來比對圖譜，以小心證實遺傳的可能性；此技術可成功的用在分析譜系等。

## 七、等位基因酶

是指由同同一基因座的等位型所編碼產生的不同的蛋白質，等位基因酶為同功異構酶 (isozyme) 的次單位，它們的電荷量和分子量大小不相同，因此可以通過電泳分離，所獲得的是基因頻率的資料；蛋白質電泳已被實際運用偵測遺傳多形性的技術超過三十年，且也已被廣泛的使用於蠕和蟬上是指由同一基因座的等位型所編碼產生的不同的蛋白質；其分析可分為五步驟：蛋白質提取、分離、染色、解釋和應用。蛋白質比 DNA 更難操作，因為它更容易降解，蛋白質必需在 -70°C 下保存，但即使於這樣的溫度條件下，一些蛋白質也會在數個月中降解掉，此外於蛋白質檢測時，若以特別的染色和緩衝液可以分離多達 50 種以上的酵素。

## 遺傳標誌於蟎蟬系統學之應用

### 一、DNA 序列

#### 1. 核之核糖體 DNA

七種 *Cecidophyopsis* (癭蟎)，利用核糖體 DNA 序列做系統發生關係的推論，5 種會形成癭的種類，其中有四種為單食性，另一種則有兩個寄主，因此可分為兩群；另外不會行形成癭的兩種，又因單食性與否又可分出不同；利用 DNA 序列對寄主植物及癭蟎各自得出之演化樹結構明顯不同 (Fenton *et al.*, 2000)。有學者以 DNA 序列來測定六種具經濟重要性的種類 (*Eotetranychus carpini* (Oudemans), *E. pruni* (Reck), *Tetranychus pacificus* McGregor, *T. mcdanieli* McGregor, *T. turkestanii* Ugarov & Nikolski and *T. urticae* Koch) 以 PCR 擴增核的 ITS 區段，複製出約 300 bp 的片段，結果顯示葉蟎屬種間的分化演化關係和外形分類結果相同 (Navajas *et al.*, 1992)。

利用 18S rDNA 來分析蟬亞科的親緣關係，前人也曾以傳統 (圖一) 及粒線體 16S rDNA 分析 (圖二)，但前人研究的結果顯示五點差異 (1) 花蟬亞科 (Am) 非單源群，(2) 血蟬亞科 (Ha) 歸於花蟬亞科之下，(3) 璃眼蟬亞科 (Hy) 歸於扇頭蟬亞科 (Rh) 內，(4) 鈍喙蟬亞科 (Or) 分支較早，(5) 軟蟬科 (Ar) 非單源群 (Black *et al.*, 1997)；研究者嘗試用 18S rDNA 分段擴增然後進行分析，結論是：血蟬亞科 (Ha) 歸於花蟬亞科之下，璃眼蟬亞科 (Hy) 和扇頭蟬亞科 (Rh) 關係接近，鈍喙蟬亞科 (Or) 歸於軟蟬科 (Ar) 之下 (圖三)。

#### 2. 粒線體 DNA

科層級的類緣關係以 16S rDNA 基因較為適當，其已被廣泛應用於蟎蟬的高階分類單元，例如 Black *et al.* (1994) 以 16S rDNA 定序出的 506 bp 片段去探討蟬於科階層的系統發生關係；以 bootstrapping 技術 (為估計某個推測的系統樹是真實的可能性所用之技術，這項技術通過替代對數據進行重複取樣，以求得變量的估計值，又稱拔靴法) 推測顯示單一序列的使用不夠完全充份去推估系統樹。然而 Norris *et al.* (1999) 顯示使用結合 12S 和 16S 的資料不足以推論。Dabert *et al.* (2001) 以 16S rDNA 之 246 bp 的片段，並結合 41 個外形特徵去調查 avenzoariid feather mites 的系統發生，觀察到盡乎完整的系統發生關係，然而其選擇使用衰退的標記，而不去使用 bootstrap 去評估其分類階層，因此，所以這很難和其它研究相比較。Crosbie *et al.* (1998) 可使用 16S 去還原 *Dermacentor* 種的關係，這顯示 16S 比較合適使用於此分類階層。Norris *et al.* (1999) 定序 51 種蟬的 12S rDNA 範圍 III，並和之前發表過的報告，以及新定序的 16S rDNA 序列進行分析 (遠離

多變異區，hypervariable regions）他們發現去除多變異區並不影響演化樹結構。12S 演化較 16S 稍快，兩者可各別單獨或與 18S rDNA 組合。18S 在此階層系統關係上是個較好的選擇（和 12S 及 16S 單獨使用來比較），像是在種內專一階層的關係或關係相近的物種。*Ixodes hexagonus* Leach 和 *Rhipicephalus sanguineus* (Latreille) 和 *Varroa destructor* (Evans *et al.*, 2002) 的粒線體基因組已被完全定序出。利用粒線體 COI 基因分析兩科 (Tetranychidae 和 Tenuipalpidae) 九屬 20 種的植食性蟎類，以 Maximum likelihood 方法（最大可能法）去做演化樹圖，結果基本上與傳統外形分類相容，只有些小名詞需修正 (Navajas *et al.*, 1996)。於演化研究上，主要利用粒線體的 COI 基因來對蟎類做測量，而蜱類常以粒線體之 16S rDNA 做測量，例如有學者 (Crosbie *et al.*, 1998) 以 *Dermacentor* 屬中 9 種之 16S rDNA 做定序來看其演化關係。COI 序列在全爪蟎屬內種間專一多樣性，原先於日本僅 *Panonychus citri* 和 *P. ulmi*，作者再經搜集 *P. mori* 和 *P. osmanthi* 這兩種，視其核酸差異百分比（圖四），發現 *P. citri* 和 *P. osmanthi* 這兩種很相近，利用 Neighbor-Joining 及 Maximum likelihood 兩種方法推論演化樹圖，結論相近，即 *P. mori* 和 *P. ulmi* 關係較近，而 *P. citri* 和 *P. osmanthi* 這兩種的演化關係較相近 (Toda *et al.*, 2000)。以粒線體 DNA 之 COI 基因來測定日本二點葉蟎 (*Tetranychus urticae*)，紅及綠外形之系統發生關係，發現其兩種型皆屬於統一種 (Hinomoto *et al.*, 2001)。

## 二、限制片段長度多形性

此技術用以辨別 *Panonychus* (Tetranychidae) 屬的各種及去偵測 *Boophilus microplus* (微小牛蜱) 不同族群的遺傳變異性 (Navajas and Fanton, 2000)。以 RFLP 技術應用於全爪蟎屬之三種 (*Panonychus mori*、*P. citri* 和 *P. ulmi*)，使用三種探針如圖，經雜合以 ECL 測訊號，可以電泳區分如圖五，以 12 種限制內切酵素限切，然後經 18SA 及 INT 探針雜合後審查其變異（圖六），發現兩群 *P. mori* 有 95.2% 的相似度，三群 *P. citri* 種也有 95.7、97.8 及 97.9% 的相似度，不同種之間相合係數分別為 40%、22.7% 及 28.6% (Osakabe and Sakagami, 1994)。

## 三、微衛星 DNA

報告中發展適當的六種微衛星當做引子可去擴增 *Ixodes ricinus* complex (Ixodidae) 中的基因座 (IR8, IR18, IR25, IR27, IR32, IR39) (Delaye *et al.*, 1998)。調查葉蟎科及捕植蟎科兩種其基因體中的微衛星序列，經南方墨點法雜合，與其它兩種脊椎動物（鳥和魚）做比較，發現 CT<sub>10</sub> 與 GT<sub>15</sub> 於兩種蟎上訊號微弱，CAT<sub>12</sub> 與 TGA<sub>10</sub> 在二點葉蟎內訊

號較強，多數序列在兩種脊椎動物上有強的雜合訊號；經選殖分析其基因庫組成得到二點葉蟎的 8 種標誌（CAT、TGA 有強的訊號），而在 *Amblyseius fallacis*（捕植蟎科的一種）則有兩種微衛星標誌（Navajas *et al.*, 1998）。

#### 四、直接擴增長度多形性

利用 DALP 分離 *Neoseiulus californicus* (Phytoseiidae) 之共顯性遺傳標記 (codominant genetic marker) 及描述其孟德爾遺傳，結果經分離得到 5 種專一性的基因座，然後進一步測試孟德爾遺傳及遺傳傳送，結果發現其異型接合率在 0.44~0.66（約在 0.5 左右），即約二分之一（Perrot-Minnot, 2000）。

#### 五、擴增片段長度多形性

以 AFLP 指紋技術來評估紫紅短鬚蟎之種內遺傳變異和基因組圖譜，實驗中將二點葉蟎及紫紅短鬚蟎各以不同前擴增及後擴增引子去測試得到不同數量的多形性標記，以 53 個標記測試初步估計二點葉蟎可得（圖七）主要的兩群（寄主植物不同），以 91 個標記估計（圖八）二點葉蟎不管不同地區（荷蘭及丹麥）不同寄主植物上（黃瓜、番茄和玫瑰）分離得之族群相似度很高，再以 221 個標記（圖九）去對四區所分離之 17 種紫紅短鬚蟎樣本，結果發現明顯的三群基因型（Weeks *et al.*, 2000）。

#### 六、隨機擴增多形性 DNA (Random amplified polymorphic DNA ;RAPD)

Perrot-Minnot and Navajas (1995) 顯示 Pseudo-arrhenotokous phytoseiid mite 的遺傳物質傳送由親本至子代是在支配下交換。利用 RAPD 之技術隨機擴增 120 個引子，開發能辨識 *B. microplus* 具有對有機磷劑或對除蟲菊酯類有抗性或者是對殺蟎劑具感性之蟎體的遺傳探針，結果篩選出 12 種具不同辨識性之探針可供利用（Hernandez *et al.*, 1998）。利用於探討長毛捕植蟎 (*Amblyseius longispinosus*) 與溫氏捕植蟎 (*A. womersleyi*) 遺傳物質的歧異度；以 60 個逢基序列的引子分別進行 RAPD-PCR 反應，再以圖譜進行分析，結果顯示兩種各別齡其所得圖譜各自相同，且由兩種不同標準計算電泳圖譜上的核酸條帶數顯示出兩種的遺傳差異已有很大的歧異（葉等，2000）。利用 24 個引子去做 PCR，當做遺傳標記去調查柑桔全爪蟎 (*Panonychus citri*) 的 DNA 多形性，其中利用引子 OPB10 可找出一段由 CT 重複組成的微衛星 DNA 序列，以此審視 *P. citri* 族群發現至少有七個對偶基因 (alleles)；此區段高保守的存在於這個種 (species) 內（Osakabe *et al.*, 2000）。

## 七、等位基因酶

有學者利用 CAE(一種蛋白質電泳)以兩種不同的緩衝液去偵測 *Rhizoglyphus robini* (羅賓根蟎) 和 *R.echinopus* (刺足根蟎) 兩種根蟎的酵素多形性, 於 27 種酵素中得到五種於種間具專一性的酵素, 15 種酵素顯示於羅賓根蟎(種內)之變異, 12 種酵素顯示刺足根蟎(種內)之變異, 這種間或種內的專一性酵素可做於分類之用 (Kolodziejczyk *et al.*, 2002)。利用 Allozyme 對 *Ixodes pacificus* (為傳播萊姆並之媒介蜱類) 族群結構做遺傳學之分析, 顯示出少量的分辨位置, 如 GPI 基因座, 顯示出不同的漸變群 (cline), 即不同地區或表型的不同基因型頻度為一連續族群內之梯度 (Kain *et al.*, 1997)。利用等電聚膠法 (isoelectrofocusing; IEF) 技術, 研究於希臘 (Crete) 之二點葉蟎 其四種同功異構酵素 (isozyme) 的多態型, 發現地理上因距離而有遺傳上的差異; 然而, 其差異卻和不同寄主植物所分離出之族群無關係 (Tsagkarakou *et al.*, 1997)。Goka 等人 (1996) 利用 MDH 這個 allozyme 標誌偵測日本紅及綠兩種外型的二點葉蟎之遺傳差異, 發現兩者間無基因流 (gene flow: 特定等位基因在遠系繁殖及隨後的雜交產生的一個種群內及幾個種群間的傳播) 的發生。

## 結論

利用各種遺傳標誌應用於蟎蜱之系統學上, 不同技術各有其適用的研究方向, 如 RFLP, 主用於研究種群內和種群間變異、基因流水平、種群有效大小、親緣關係及相似程度等。DNA 序列訊息可用於建構分子系統發育, 評價特定基因或基因家族的進化、評價種內進化、構建不同種的系統發育等; 至於 RAPD-PCR 技術, 因其簡便和快速等特點, 使它迅速被用於基因組的多態分析等。

## 參考文獻

- 安瑞生、譚聲江、陳曉峰。2002。微衛星 DNA 在分子遺傳標記研究中的應用。昆蟲知識 39(3):165-214。
- 陳述、范明仁。1999。淺譚 AFLP 分子標誌-種源遺傳歧異分析與品種鑑定的新寵兒。技術服務 37:21-25。
- 葉文斌。2002。PCR 技術在植物防疫檢疫害蟲鑑定上之應用 103-108 頁。路光輝編。植物重要防疫檢疫害蟲診斷鑑定研習會之二。行政院農委會動植物防疫檢疫局。台北市。
- Black, W. C., IV, and J. Piesman. 1994. Phylogeny of hard and soft-tick taxa (Acari: Ixodida) based on mitochondrial 16S ribosomal DNA sequences. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 91: 10034-10038.
- Black, W. C., J. S. H. IV Klompenand, and J. E. Keirans. 1997. Phylogenetic relationships among tick subfamilies (Ixodida: Ixodidae: Argasidae) Based on the 18S nuclear rDNA. gene. Mol. Phylogenet. Evol. 7: 129-144.
- Crosbie, P. R., W. M. Boyce, and T. C. Rodwell. 1998. DNA sequence variation in *Dermacentor hunteri* and estimated phylogenies of *Dermacentor* spp. (Acari: Ixodidae) in the New World. J. Med. Entomol. 35: 277-288.
- Dabert, J. 2001. Phylogeny of feather mite subfamily Avenzoariinae (Acari: Analgoidea: Avenzoariidae) inferred from combined analyses of molecular and morphological data. Mol. Phyl. Evol. 20:124-135.
- Delaye, C., A. Aeschlimann, F. Renaud, B. Rosenthal, and T. De Meeus. 1998. Isolation and characterization of microsatellite markers in the *Ixodes ricinus* complex (Acari: Ixodidae). Mol. Ecol. 7: 360-361.
- Desmarais, E., I. Lanneluc, and J. Lagnel. 1998. Direct amplification of length polymorphisms (DALP), or how to get and characterize new genetic markers in many species. Nucleic Acids Res. 26: 1458-1465.
- Evans, J. D, and D. L. Lopez. 2002. Complete mitochondrial DNA sequence of the important honey bee pest, *Varroa destructor* (Acari: Varroidae). Exp. Appl. Acarol. 27: 69-78.
- Fenton, B., A. N. E. Birch, G. Malloch, P. G. Lanman, and R. M. Brennan. 2000. Gall mite molecular phylogeny and its relationship to the evolution of plant host specificity. Exp.

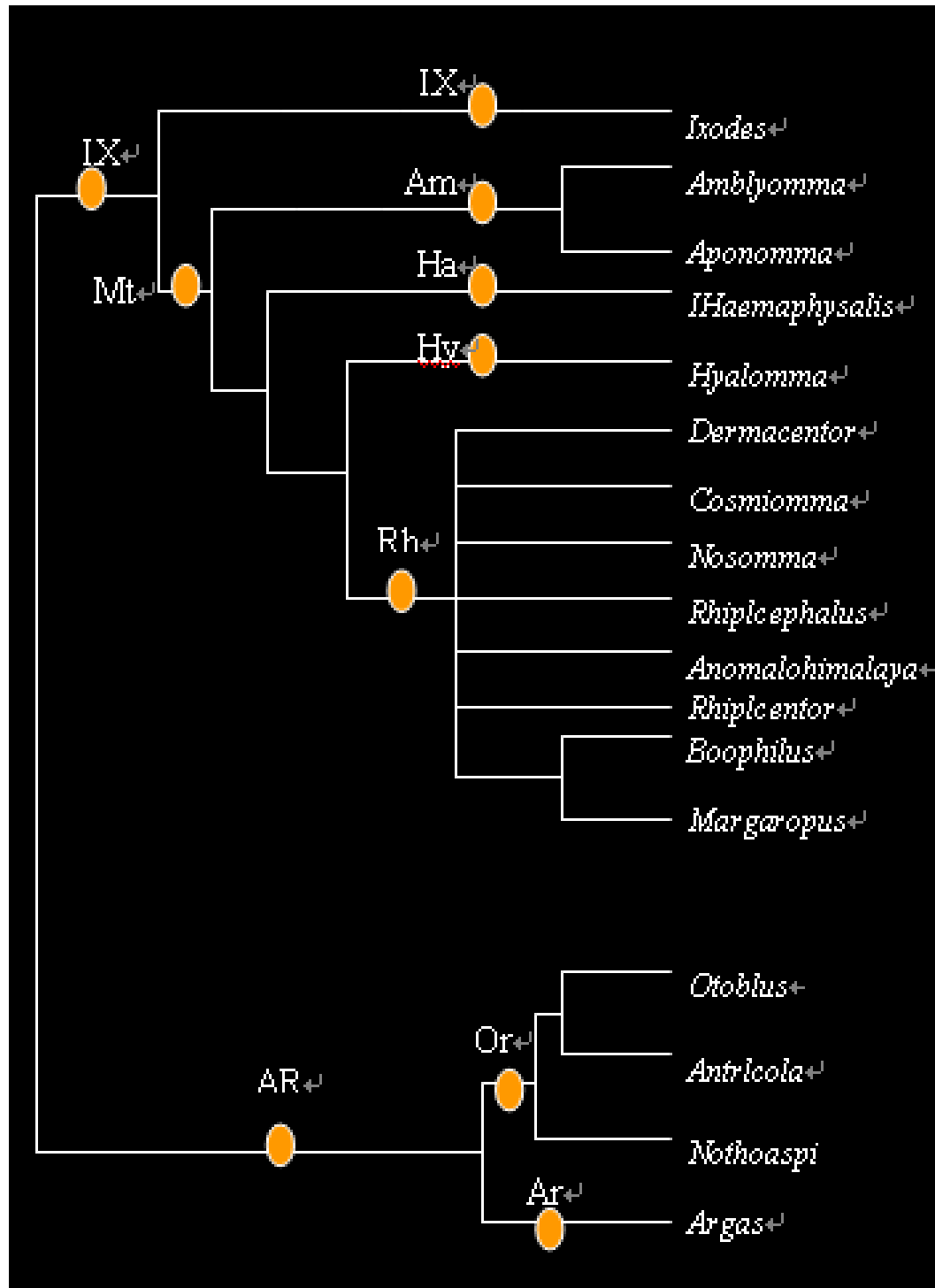
- Appl. Acarol. 24: 831-860.
- Goka, K., A. Takafuji, S. Toda, T. Hamamura, Mh. Osakabe, and S. Komazaki. 1996. Genetic distinctness between two forms of *Tetranychus urticae* Koch (Acari: Tetranychidae) detected by electrophoresis. Exp. Appl. Acarol. 20: 683-693.
- Hernandez, R., A. C. Chen, R. B. Davey, G. W. Ivie, G. G. Wagner, and J. E. George. 1998. Comparison of genomic DNA in various strains of *Boophilus microplus* (Acari: Ixodidae). J. Med. Entomol. 35: 895-900.
- Hinomoto, N., Mh. Osakabe, T. Gotoh, and A. Takafuji. 2001. Phylogenetic analysis of green and red forms of the two-spotted spider mite, *Tetranychus urticae* Koch (Acari: Tetranychidae), in Japan, based on mitochondrial cytochrome oxidase subunit I sequences. Appl. Entomol. Zool. 36: 459-464.
- Kain, D. E., A. H. Sperline, and S. R. Lane. 1997. Population genetic structure of *Ixodes pacificus* (Acari: Ixodidae) using allozymes. J. Med. Entomol. 34: 441-450.
- Kolodziejczyk, M., J. Heinze, and J. Radwan. 2002. Enzyme polymorphisms in *Rhizoglyphus robini* and *R. echinopus* and their application in paternity analysis. Exp. Appl. Acarol. 26: 161-168.
- Navajas, M., D. Cotton, S. Kreiter, and J. Gutierrez. 1992. Molecular approach in spider mites (Acari: Tetranychidae): preliminary data on ribosomal DNA sequences. Exp. Appl. Acarol. 15: 211-218.
- Navajas, M., J. Gutierrez, and J. Lagnel. 1996. Mitochondrial cytochrome oxidase I in tetranychid mites: a comparison between molecular phylogeny and changes of morphological and life history traits. Bull. Entomol. Res. 86: 407-417.
- Navajas, M. J., H. M. A. Thistlewood, J. Lagnel, and C. Hughes. 1998. Microsatellite sequences are under-represented in two mite genomes. Insect Mol. Biol. 7: 249-256.
- Navajas, M., and B. Fenton. 2000. The application of molecular markers in the study of diversity in acarology: a review. Exp. Appl. Acarol. 24: 751-774.
- Norris, D. E., J. S. H. Klompen, and W. C. Black IV. 1999. Comparison of the mitochondrial 12S and 16S ribosomal DNA genes in resolving phylogenetic relationships among hard-ticks (Acari: Ixodidae). Ann Entomol. Soc. Am. 92: 117-129.
- Osakabe, Mh., and Y. Sakagami. 1994. RFLP analysis of ribosomal DNA in sibling species of spider mite, genus *Panonychus* (Acari: Tetranychidae). Insect Mol. Biol. 3: 63-66.

- Osakabe, Mh., N. Hinomoto, S. Toda, S. Komazaki, and K. Goka. 2000. Molecular cloning and characterization of a microsatellite locus found in an RAPD marker of a spider mite, *Panonychus citri* (Acari: Tetranychidae). *Exp. Appl. Acarol.* 24: 385-395.
- Perrot-Minnot, M. J., and M. Navajas 1995. Pseudo-arrhenotoky involves biparental inheritance of RAPD markers in males of the haplo-diploid mite *Typhlodromus pyri*. *Genome* 38: 838-844.
- Perrot-Minnot, M. J., J. Lagnel, E. Desmarais, and M. Navajas. 2000. Isolation and characterization by direct amplification of length polymorphism (DALP) of codominant genetic marker with mendelian inheritance in *Neoseiulus californicus* (Acari: Phytoseiidae). *Exp. Appl. Acarol.* 24: 795-803.
- Pieter, V., H. Rene, B. Marjo, R. Martin, L. Theo van de, H. Miranda, F. Adrie, P. jerina., P. Johan, K. Martin, and Z. Marc. 1995. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Res.* 23: 4407-4414.
- Robert, H. 2002. Molecular markers for the phylogenetics of mites and ticks. *Syst. Appl. Acarol.* 7: 3-14.
- Toda. S., Mh. Osakabe, and S. Komazaki. 2000. Interspecific diversity of mitochondrial COI sequences in Japanese *Panonychus species* (Acari: Tetranychidae). *Exp. Appl. Acarol.* 24: 821-829.
- Tsagkarakou, A., M. Navajas, J. Lagnel, and N.Pasteur. 1997. Population structure in the spider mite *Tetranychus urticae* (Acari: Tetranychidae) From Crete based on multiple allozymes. *Heredity* 78: 84-92.
- Weeks, A. R., T. van Opijnen, and J. A. J. Breeuwer. 2000. AFLP fingerprinting for assessing intraspecific variation and genome mapping in mites. *Exp. Appl. Acarol.* 24: 775-793.
- Williams, J. G. K., A. R. Kubelik, K. J. Livak, J. A. Rafalski, and S. V. Tingey. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res.* 18: 6531-6535.
- William, C. Black IV, J. S. H. Klompen, and J. E. Keirans. 1997. Phylogenetic relationships among tick subfamilies (Ixodida : Ixodidae : Argasidae ) based on the 18S nuclear rDNA gene. *Mol. Phylo. Evol.* 7:129-144.
- Zabeau. M. and Vos. P. 1993. *European Patent Application*. publication no: EP 0534858.

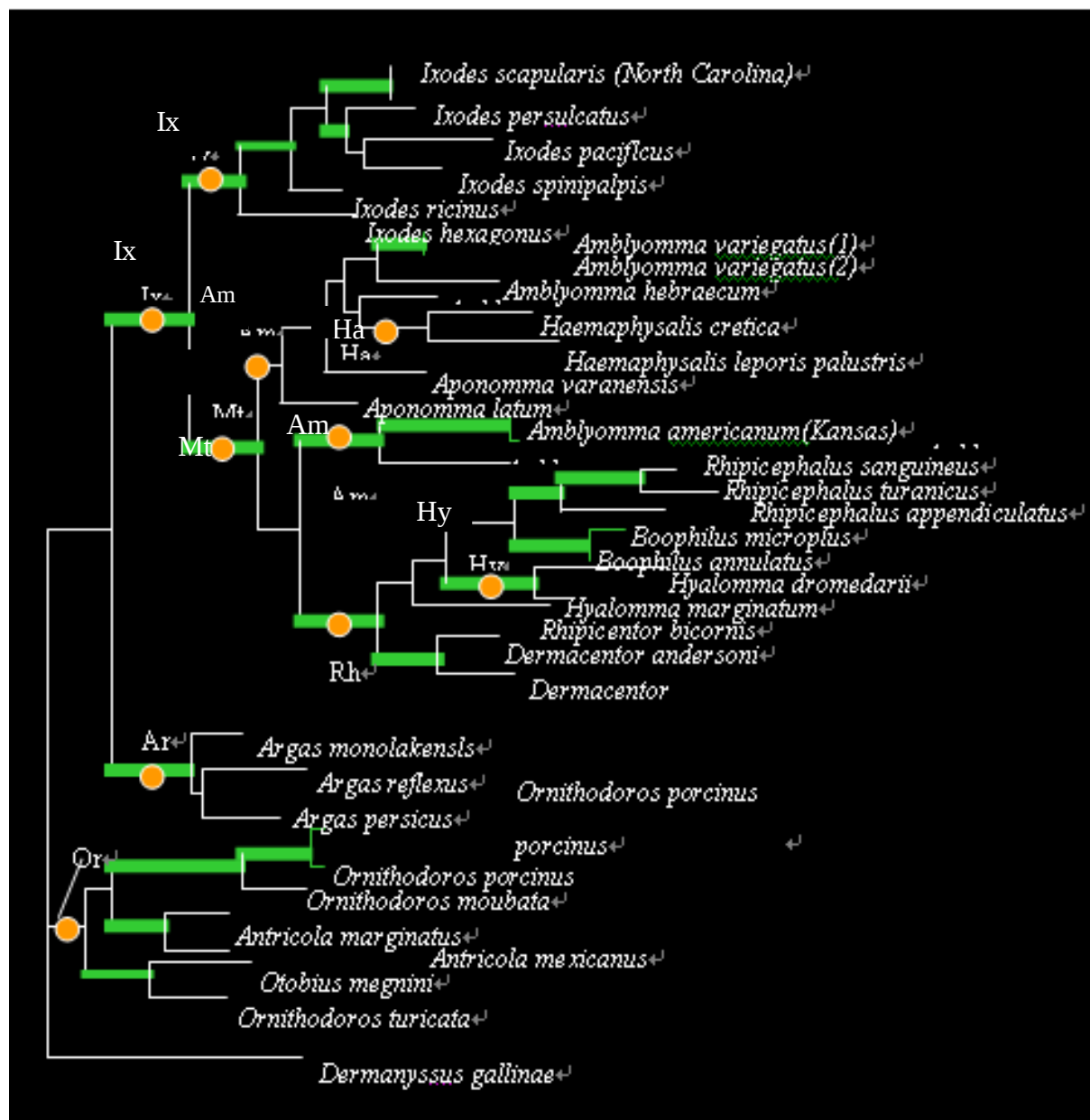
# 圖表

表一、分析 *Neoseiulus californicus* 之專一性引子 (Perrot-minnot *et al.*, 2000)

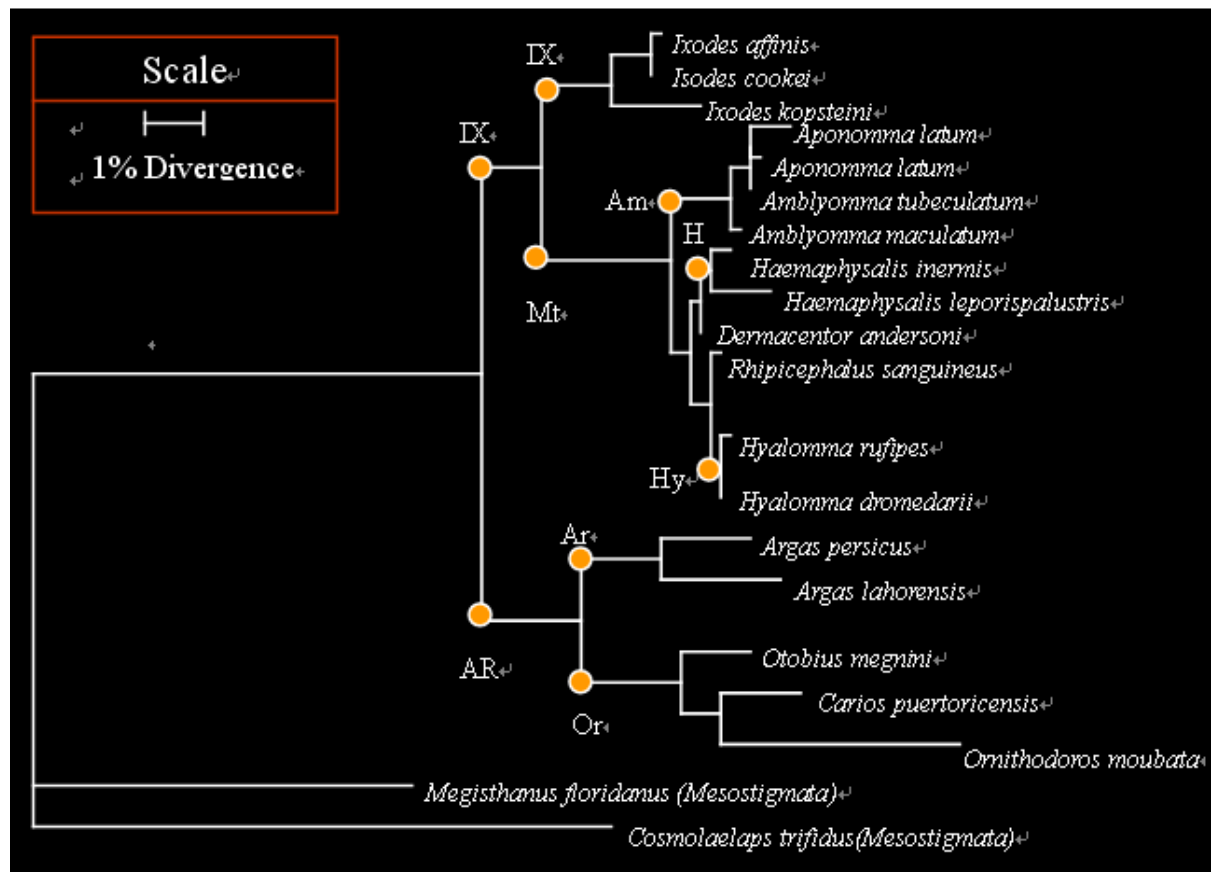
|                      |         |        |        |             |
|----------------------|---------|--------|--------|-------------|
| Selective<br>primers | DALP231 | GTTTTC | CCAGTC | ACGACAGC    |
|                      | DALP232 | GTTTTC | CCAGTC | ACGACGAC    |
|                      | DALP233 | GTTTTC | CCAGTC | ACGACACG    |
|                      | DALP234 | GTTTTC | CCAGTC | ACGACCAG    |
|                      | DALP235 | GTTTTC | CCAGTC | ACGACCAC    |
|                      | DALP241 | GTTTTC | CCAGTC | ACGACTCAG   |
|                      | DALP242 | GTTTTC | CCAGTC | ACGACCTAG   |
|                      | DALP243 | GTTTTC | CCAGTC | ACGACTCGA   |
| Reverse              | DALP244 | GTTTTC | CCAGTC | ACGACCTGA   |
|                      | DALPR   | TTTCAC | ACAGGA | ACAGCTATGAC |



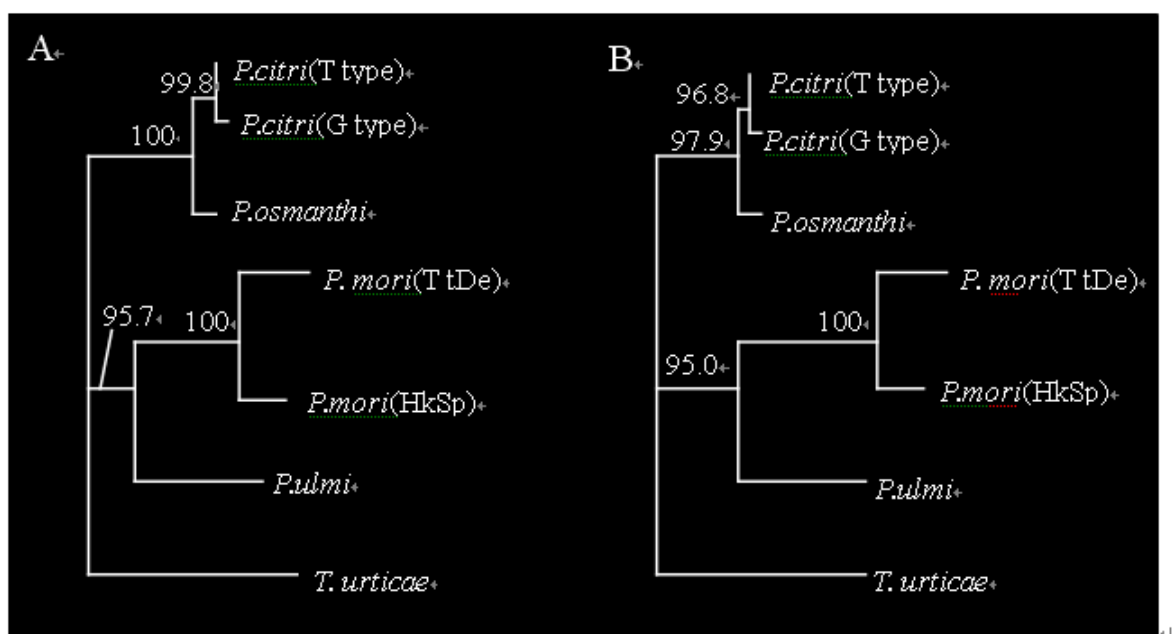
圖一、蜱類亞科及屬間之親緣關係（引自 William *et al.*, 1997）。



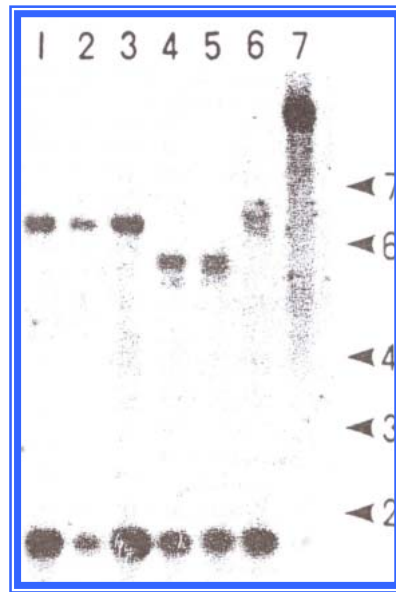
圖二、利用 16S rDNA 分析蜱之亞科間親緣關係 (William et al., 1997)。



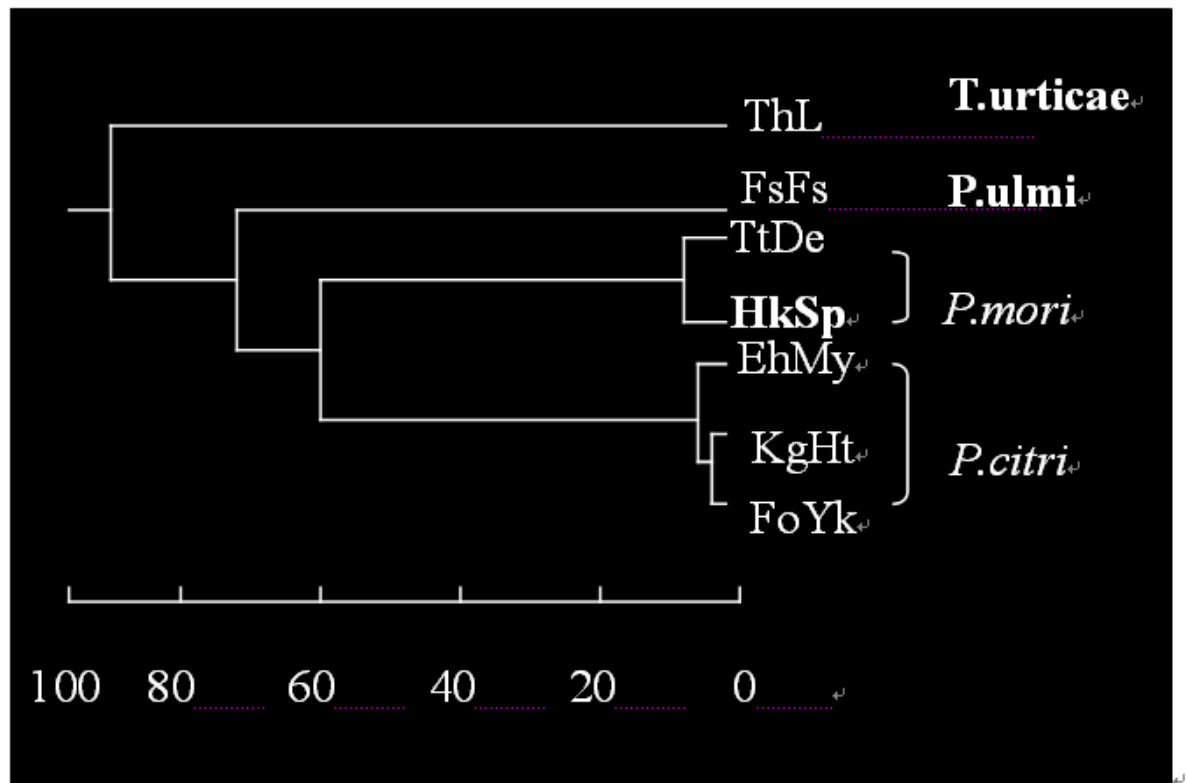
圖三、利用 18S rDNA 分析蜱之亞科間親緣關係 (William *et al.*, 1997)。



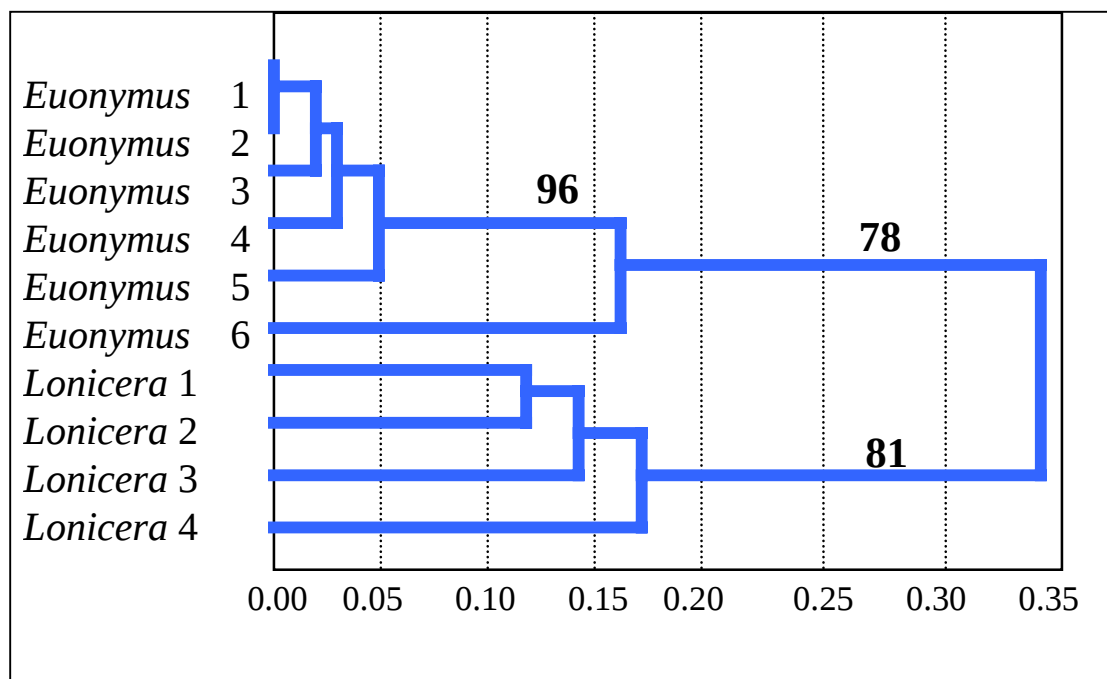
圖四、二點葉蟬與三種全爪蟬屬蟬類之親緣關係 (Hinomoto *et al.*, 2001)。



圖五、二點葉蟎與三種全爪蟎屬蟎類經酵素限切、18SA 探針雜合之圖譜（Osakabe and Sakagami, 1994）。(Lanes1-3 分別是 *Panonychus citri* 的 EhMy, FoYk and KgHt；Lanes 4-5 是 *P. mori* 的 TtDe and HkSp；Lanes 6、7 分別為 *P. ulmi* (FsFs)及 *Tetranychus urticae* (ThL))。

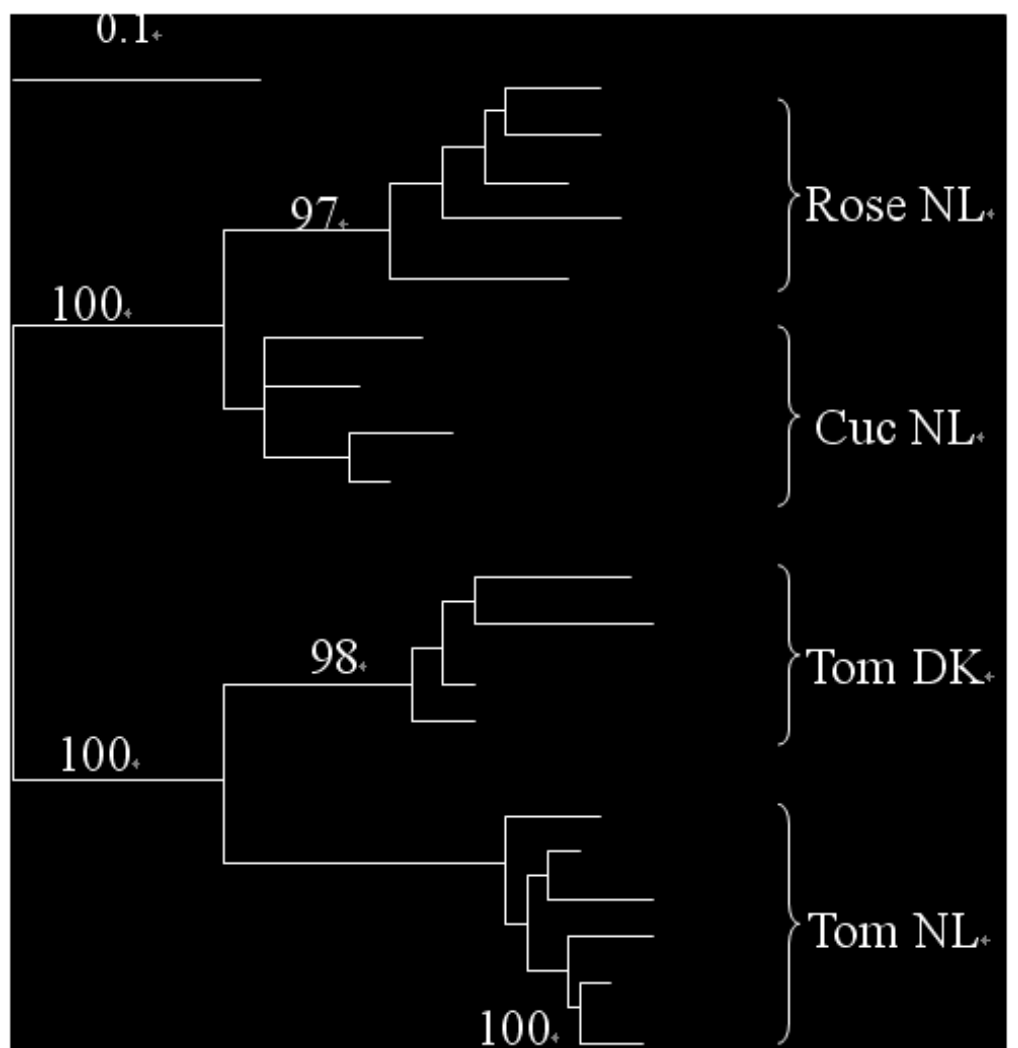


圖六、二點葉蟬與三種全爪蟬屬蟬類以 12 種限制酶限制，經 18SA 及 INT 探針雜合後分析之系統演化樹 (Osakabe and Sakagami, 1994)。

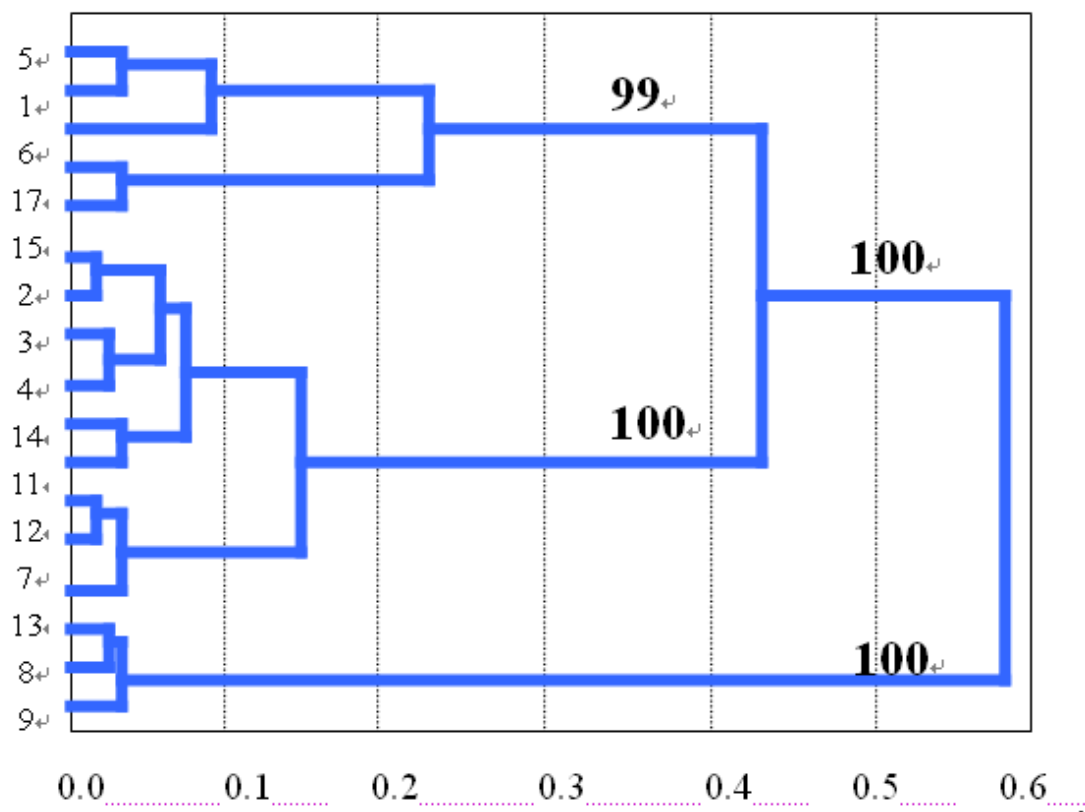


圖七、以 UPGMA 方法分析兩種寄主植物上二點葉蟎之 AFLP 圖譜(Weeks *et al.*,2000)。

*Lonicera Periclymenum*(four different collections/ plants)及 *Euronymus europaeus* (six different collections/ plants)分別為兩種不同的寄主植物。



圖八、 不同地區及不同寄主植物所分離之二點葉蟎族群間之關係(Weeks *et al.*,2000)



圖九、來自四區所分離之紫紅短鬚蟪樣本，分析可得三群基因型(Weeks *et al.*, 2000)