

國立臺灣大學理學院海洋研究所

碩士論文

Institute of Oceanography, College of Science

National Taiwan University

Master Thesis



西太平洋地區鮫鱈科、棘茄魚科及單棘躑魚科

(鮫鱈目) 之分子系統分類

Molecular Systematics of the Lophiidae,  
Ogcocephalidae, and Chaunacidae (Lophiiformes)  
occurring in western Pacific Ocean

黃崇盛

Chung-Sheng Huang

指導教授：陳韋仁 博士

何宣慶 博士

Advisor: Wei-Jen Chen, Ph.D.

Hsuan-Ching Ho, Ph.D.

中華民國 104 年 1 月

January, 2015



## 致 謝



本篇論文得以完成，首先要感謝陳韋仁老師及何宣慶老師在學業上的殷切指導，帶領我從一個懵懂的大學生轉變成一個能夠解決問題的研究者。另外也感謝林秀瑾老師及蕭仁傑老師能夠在百忙中抽空，在口試期間提供許多寶貴意見。再來感謝實驗室的敦仁學長、淑惠學姊、李欣學姊及建華學長在過去的指導，讓我可以逐步熟稔實驗的操作及魚標本的處理。最後感謝實驗室的貞年學姊、珮純學姊、明慶學長及國璋學弟平常的照顧及對論文的幫忙，讓我可以逐漸改善原本辭句不通順的論文初稿。

## 摘要



鮫鱈科 (Lophiidae)、棘茄魚科 (Ogcocephalidae)、單棘躑魚科 (Chaunacidae)，同屬鮫鱈目 (Lophiiformes)，其科內物種大部分為深海底棲性。過去由於此三科內物種間形態特徵差異不大，使某些物種分類問題懸而未解。雖然前人以形態特徵對此三科內物種分別提出種群假說，然而這些假說皆沒有進一步以其它研究方法驗證。本研究利用分子系統分類方法，對分佈於西太平洋地區鮫鱈科、棘茄魚科及單棘躑魚科的物種標本進行親緣關係之推衍，以達成下列目的：(1) 檢視西太平洋地區此三科內分析物種之有效性及其分類地位；(2) 校正西太平洋地區此三科魚類之物種多樣性及地理分布；(3) 檢驗前人根據形態特徵對此三科建構之種群假說是否成立；(4) 檢驗此三科物種與其他鮫鱈目類群（躑魚亞目及角鮫鱈亞目）間的親緣關係假說。研究結果顯示，鮫鱈亞目（鮫鱈科）為鮫鱈目最早分化類群，單棘躑魚亞目（單棘躑魚科）與角鮫鱈亞目形成姊妹群，但其餘兩類群（棘茄魚亞目及躑魚亞目）親緣關係位置無法確定。鮫鱈科內四個屬皆獨立形成單系群 (monophyletic group)，但屬間親緣關係未解決。在 *Lophiodes* 屬內則形成四個演化系群，其中 *Lophiodes mutilus* 並非為單系群，種內至少有兩個隱蔽種。在單棘躑魚科中，*Chaunax* 屬物種為單系群，其屬內物種的分類地位已進一步釐清，並發現五個可能的新種。棘茄魚科中，共發現十個可能的新種；部分屬間親緣關係獲得解決，然而 *Coelophrys*、*Halieutopsis*、*Malthopsis* 及 *Solocisquama* 屬未形成單系群，其中 *Coelophrys* 屬的物種應被歸到 *Halieutopsis* 屬的基因系群內；而 *Malthopsis mitrigeria* 及 *Solocisquama erythrina* 並未與其它同屬物種形成單系群。此外，*Halieutaea* 屬內形成五個演化系群，何博士待發表新種 *Halieutaea* n. sp. 不屬於 *Halieutopsis* 屬其它已知的四個種群。*Halicmetus* 屬內形成兩個演化系群，但屬內多數物種之分類地位仍待進一步解決。



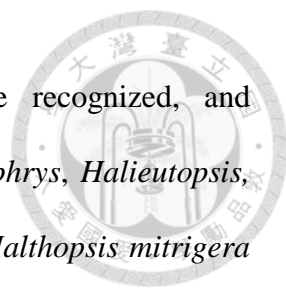
關鍵字：鮫鱈科、棘茄魚科、單棘魴魚科、分子系統分類、西太平洋



## Abstract



The families Lophiidae, Ogcocephalidae, and Chaunacidae belong to the order Lophiiformes. Most of the species in these three families are deep-sea benthic dwellers. Because few informative morphological characters useful for species delineation and for inferring intra-familial phylogeny, some taxonomic problems persist. Although the species-group hypotheses within these families have been proposed previously using morphological characters, none of them were tested with other methods. In this study, molecular systematic approach is employed. I infer species phylogeny for the families Lophiidae, Ogcocephalidae, and Chaunacidae from the samples collected in the western Pacific Ocean. Our main objectives are: (1) to evaluate the validity of the species occurring in the western Pacific Ocean of these three families; (2) to revise the species diversity and the distribution pattern of these three families in the western Pacific Ocean; (3) to test the species-group hypotheses previously proposed based on morphology; (4) to test the previous phylogenetic hypotheses of the relationships among these three families and their relationships with other suborders (Antennarioidei and Ceratioidei). From our results, the Lophioidei (Lophiidae) is the basal-most group within the Lophiiformes, and the Chaunacoidei (Chaunacidae) form a sister-group to the Ceratioidei. However, the phylogenetic positions of the other two suborders (Antennarioidei and Ogcocephaloidei) are not confidently resolved. In Lophiidae, four genera from the Lophiidae are monophyletic respectively, but their inter-relationships remain unsolved. Four major lineages in the genus *Lophiodes* are identified; *Lophiodes mutilus* is not monophyletic with at least two cryptic species within it. In Chaunacidae, the samples from the genus *Chaunax* form monophyletic group. The taxonomy status of the species within the *Chaunax* is further clarified; five potential new species are



recognized. In Ogcocephalidae, ten potential new species are recognized, and intergeneric relationships are partially resolved. The genera *Coelophrys*, *Halieutopsis*, *Malthopsis* and *Solocisquama* do not appear to be monophyletic; *Malthopsis mitrigera* and *Solocisquama erythrina* are separated lineages from other *Malthopsis* and *Solocisquama* species, and the *Coelophrys* is nested within the *Halieutopsis*. In addition, five lineages are found in the *Halieutaea*; an unpublished species by Dr. Ho, *Halieutaea* n. sp., forms an additional group to four existing species-groups. Two clades are found in the *Halicmetus*; however, taxonomic status for the species within the genus awaits for further clarifications.

Key words: Lophiidae; Ogcocephalidae; Chaunacidae; Molecular Systematics; Western Pacific Ocean

# 目 錄

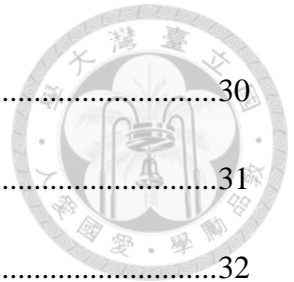


致謝 .....	ii
中文摘要 .....	iii
英文摘要 .....	v
目錄 .....	vii
表目錄 .....	x
圖目錄 .....	xii
前言 .....	1
一、鮫鱈目 (Lophiiformes) 的系統分類 .....	1
二、鮫鱈科 (Lophiidae) 的系統分類 .....	2
三、棘茄魚科 (Ogcocephalidae) 的系統分類 .....	4
四、單棘雙魚科 (Chaunacidae) 的系統分類 .....	6
五、粒線體基因與核基因標記 (genetic marker) 的比較 .....	6
六、研究目的 .....	7
材料與方法 .....	9
一、樣本採集 .....	9
二、種類鑑定 .....	11
三、DNA 萃取及基因增殖、測序 .....	11
四、序列編輯與網路資料庫序列下載 .....	12
五、親緣關係分析 .....	13
(一) <i>COI</i> 基因序列的排列與演化樹建構 .....	13
(二) 鮫鱈科之合併基因矩陣與演化樹建構 .....	13

(三) 所有蒐集物種之合併基因矩陣與演化樹建構.....	14
結果.....	15
一、 序列分析.....	15
二、 <i>COI</i> 基因的親緣關係分析.....	15
(一) 鮫鰈科內的親緣關係.....	15
(二) 棘茄魚科內的親緣關係.....	17
1. 腔蝠魚屬 ( <i>Coelophrys</i> ) 與擬棘茄魚屬 ( <i>Halieutopsis</i> ).....	17
2. 棘茄魚屬 ( <i>Halieutaea</i> ).....	18
3. 海蝠魚屬 ( <i>Malthopsis</i> ).....	19
4. 牙棘茄魚屬 ( <i>Halicmetus</i> ).....	20
5. 棘茄魚科其他屬.....	21
(三) 單棘雙魚科內的親緣關係.....	22
三、 鮫鰈科之合併基因親緣關係分析.....	23
四、 所有蒐集物種之合併基因親緣關係分析.....	24
討論.....	26
一、 鮫鰈目內亞目間的親緣關係.....	26
二、 鮫鰈科內的親緣關係.....	26
三、 棘茄魚科內屬間的親緣關係.....	27
四、 棘茄魚科屬內的親緣關係.....	28
(一) 腔蝠魚屬 ( <i>Coelophrys</i> ) 與擬棘茄魚屬 ( <i>Halieutopsis</i> ).....	28
(二) 棘茄魚屬 ( <i>Halieutaea</i> ).....	29



(三) 海蝠魚屬 ( <i>Malthopsis</i> ) .....	30
(四) 牙棘茄魚屬 ( <i>Halicmetus</i> ) .....	31
(五) 棘茄魚科其它屬 .....	32
五、單棘雙魚科內的親緣關係 .....	33
總結 .....	35
未來研究展望 .....	37
參考文獻 .....	38
表 .....	50
圖 .....	78

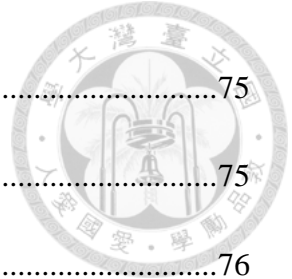


# 表 目 錄



表一、鮫鱈目內的分類狀況 .....	50
表二、鮫鱈科、棘茄魚科與單棘魮魚科的分類狀況及各地理區物種數，以及本研究新增或減少的物種數 .....	51
表三、EXBODI 各測站資訊 .....	52
表四、Madang 2012 各測站資訊 .....	53
表五、Taiwan 2013 各測站資訊 .....	54
表六、NanHai 2014 各測站資訊 .....	54
表七、DongSha 2014 各測站資訊 .....	55
表八、MADEEP 2014 各測站資訊 .....	55
表九、KAVIENG 2014 各測站資訊 .....	56
表十、其他實驗室或博物館所提供之肌肉組織 .....	57
表十一、採樣物種統計 .....	57
表十二、本研究所採集之鮫鱈目物種名錄 .....	58
表十三、聚合酶連鎖反應使用引子 .....	69
表十四、聚合酶連鎖反應條件 .....	69
表十五、資料庫取得的 <i>COI</i> 序列 .....	70
表十六、 <i>COI</i> 基因樹內物種統計（包含資料庫序列） .....	73
表十七、所有蒐集物種合併基因樹內之 GenBank 資料庫序列 .....	74
表十八、 <i>COI</i> 基因矩陣之序列資訊 .....	74

表十九、鮫鱈科粒線體基因矩陣之各基因序列資訊 .....	75
表二十、鮫鱈科核基因矩陣之各基因序列資訊 .....	75
表二十一、鮫鱈科全部基因矩陣之各基因序列資訊 .....	76
表二十二、所有蒐集物種合併基因矩陣之各基因序列資訊 .....	76
表二十三、種群假說檢驗結果整理 .....	77



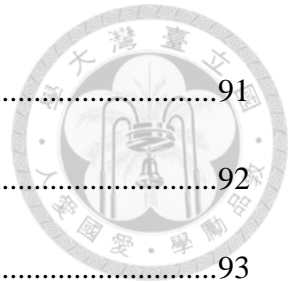


# 圖目錄



圖一、Miya <i>et al.</i> (2010) 利用全粒線體基因體序列建構的鮫鱈目親緣關係樹	....78
圖二、Pietsch (1984) 利用形態特徵建構的鮫鱈目親緣關係樹	.....78
圖三、Caruso (1985) 利用形態特徵建構的鮫鱈科屬間的親緣關係樹	.....79
圖四、Caruso (1981) 的擬鮫鱈屬 ( <i>Lophiodes</i> ) 物種關係樹	.....79
圖五、Armani <i>et al.</i> (2012) 鮫鱈屬 ( <i>Lophius</i> ) 物種的 <i>Cytb</i> 基因樹	.....80
圖六、Endo & Shinohara (1999) 以形態特徵建構之棘茄魚科屬間親緣關係樹	.....80
圖七、何 (2010) 以形態特徵建構之棘茄魚科屬間親緣關係樹	.....81
圖八、Derouen <i>et al.</i> (2014) 以分子系統分類方法建構之棘茄魚科屬間親緣關係樹	..... 81
圖九(a)、鮫鱈科 <i>COI</i> 基因演化樹 (全部屬)	.....82
圖九(b)、鮫鱈科 <i>COI</i> 基因演化樹 ( <i>L. mutilus</i> 種群部分)	.....83
圖十(a)、棘茄魚科 <i>COI</i> 基因演化樹 (全部屬)	.....84
圖十(b)、棘茄魚科 <i>COI</i> 基因演化樹 ( <i>Coelophrys</i> 與 <i>Halieutopsis</i> 屬部分)	.....85
圖十(c)、棘茄魚科 <i>COI</i> 基因演化樹 ( <i>Halieutaea</i> 屬部分)	.....86
圖十(d)、棘茄魚科 <i>COI</i> 基因演化樹 ( <i>Malthopsis</i> 屬部分)	.....87
圖十(e)、棘茄魚科 <i>COI</i> 基因演化樹 ( <i>Halicmetus</i> 屬部分)	.....88
圖十一(a)、PNG1570 標本照，暫時鑑定為物種 <i>Solocisquama erythrina</i>	.....89
圖十一(b)、PNG2760 標本照，暫時鑑定為物種 <i>Dibranchus japonicus</i>	.....89
圖十二(a)、單棘雙魚科 <i>COI</i> 基因演化樹 (A 部分)	.....90

圖十二(b)、單棘雙魚科 <i>COI</i> 基因演化樹 (B 部分) .....	91
圖十三、鮫鱈科粒線體基因演化樹 ( <i>COI+Cytb</i> ) .....	92
圖十四、鮫鱈科核基因演化樹 ( <i>RH+RAG1</i> ).....	93
圖十五、鮫鱈科的全部基因演化樹 ( <i>COI+Cytb+RH+RAG1</i> ) .....	94
圖十六、鮫鱈目的合併基因演化樹 (全部亞目) .....	95
圖十七、 <i>M. mitrigeria</i> 與 <i>Malthopsis</i> 屬物種一般外型比較圖 .....	96



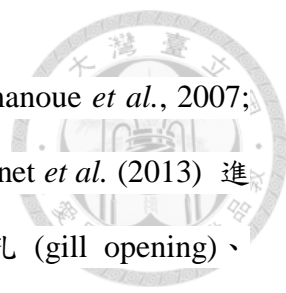
# 前 言



鮫鱈科(Lophiidae)、棘茄魚科 (Ogcocephalidae)、單棘雙魚科 (Chaunacidae)，分別屬於鮫鱈亞目 (Lophioidei)、棘茄魚亞目 (Ogcocephaloidei)、單棘雙魚亞目 (Chaunacoidei)，與雙魚亞目 (Antennarioidei) 及角鮫鱈亞目 (Ceratioidei) 同屬於鮫鱈目 (Lophiiformes) (Pietsch, 1984) (表一)，其中鮫鱈科共 4 屬 28 種 (Miya *et al.*, 2010; Ho *et al.*, 2011; 倪等, 2012)，棘茄魚科則為 10 屬 74 種 (Bradbury, 2003; 何, 2010; Ho, 2013)，單棘雙魚科為 2 屬 22 種 (Miya *et al.*, 2010; Ho & Last, 2013)，此三科物種在南極洋以外的各大洋皆有分布，其中約有一半的屬，其物種主要分布於西太平洋熱帶海域 (表二)。它們共同衍徵 (synapomorphy) 為第一背鰭棘特化成吻觸手 (illicium)，其前端有餌球 (esca) 的構造 (Pietsch, 1984; Caruso, 1985)，可藉由擺動或分泌化學物質的方式吸引獵物 (Bradbury, 1988; Pietsch & Orr, 2007; 何, 2010)。此三科內大部分為深海底棲物種 (Caruso *et al.*, 2007; 何, 2010; Lundsten *et al.*, 2012; Pietsch *et al.*, 2013)，有些物種則在水深 300 公尺至淺海範圍內行底棲生活，包括棘茄魚科 *Ogcocephalus* 屬 (Bradbury, 1980) 與 *Zalieutes* 屬 (Eschmeyer & Herald, 1999; Robins & Ray, 1999)；另外部分物種則有較廣的垂直分布，如鮫鱈科 *Lophius* 屬 (Farina *et al.*, 2008) 及 *Lophiomus* 屬，從 100 公尺內淺海至 1000 公尺以下深海皆有分布 (Caruso, 1986; Khalaf & Zajonz, 2007)。

## 一、鮫鱈目 (Lophiiformes) 的系統分類

過去鮫鱈目依形態特徵被分類在副棘鰭魚總目 (Paracanthopterygii) (Greenwood *et al.*, 1966)，但藉由分子系統分類研究 (molecular systematics)，發現其與菱鯛亞目 (Caproidei) 及鮪形目 (Tetradontiformes) 親緣關係較接近，應被分



至棘鰭魚總目 (Acanthopterygii) 中之鱸形系 (Percomorpha) (Yamanoue *et al.*, 2007; Miya *et al.*, 2010; Betancur-R. *et al.*, 2013; Chen *et al.*, 2014)。Chanet *et al.* (2013) 進一步檢視過去較少人研究的軟組織，發現鮫鱈目與鮡形目在鰓孔 (gill opening)、腎臟、甲狀腺 (thyroid) 等形態有相似性，因此以此作為鮫鱈目和鮡形目之共同衍徵 (synapomorphy)，支持其姊妹群關係。

根據 Miya *et al.* (2010) 利用全粒線體基因體所建構之親緣關係樹 (圖一)，鮫鱈亞目為最早分化之類群，而角鮫鱈亞目與單棘鰭魚亞目則較晚分化。在以形態特徵建構之親緣關係樹中 (圖二) (Pietsch, 1984)，雖然鮫鱈亞目的演化位置與 Miya *et al.* (2010) 結果相同，但其它四個亞目間的親緣關係則在兩個研究中出現歧異。鮫鱈目內的科內親緣關係，過去僅鰭魚科 (Antennariidae) 有利用分子系統分類方法解決其種間親緣關係的研究 (Arnold & Pietsch, 2012)，其它類群的研究主要是以形態特徵進行分析 (Miya *et al.*, 2010)。

## 二、鮫鱈科 (Lophiidae) 的系統分類

鮫鱈科屬間之親緣關係，過去僅一篇研究以十九個形態特徵建構 (Caruso, 1985) (圖三)。Lophiomus 與 Lophius 屬為姊妹群，共同特徵為 frontal ridge 有突起 (knob) 或棘 (spine)，而此兩屬再與 Lophiodes 屬形成姊妹群，三屬共同特徵為體型扁平，而體型近於球形的 Sladenia 屬則為最早分化的類群。

屬內親緣關係的研究，Caruso (1981) 整理當時 Lophiodes 屬的有效物種，並利用十一個形態特徵建構其屬內種間之親緣關係 (圖四)，依其結果可將 Lophiodes 屬分成四個種群 (species group)：L. naresi 種群、L. caularis 種群、L. mutilus 種群及 L. infrabrunneus (此種後來在 Ho *et al.* (2014) 中被認定為 Lophiodes triradiatus 的次同種異名 (junior synonym))。Caruso (1983) 進一步整理當時 Lophiomus 及



*Lophius* 屬內的物種，並試圖建構 *Lophius* 屬內之親緣關係，但他發現 *Lophius* 屬物種彼此特徵差異不大，且祖徵 (plesiomorphy)、衍徵 (apomorphy) 的認定困難，最後只以 frontal ridge 的突起 (knob) 特徵認為 *L. vaillanti* 為較早分化物種。之後，Leslie & Grant (1994) 針對 *Lophius* 屬，以七個計數形質 (meristic characters) 及十九個測量形質 (morphometric characters)，利用最大簡約法 (maximum parsimony) 分別建立兩個形質演化樹，但兩個演化樹內之親緣關係支持度皆不高，且彼此差異很大，印證 Caruso (1983) 無法以形態特徵建構 *Lophius* 屬內親緣關係的說法。近年，Armani *et al.* (2012) 設計出 *Lophius* 屬 *Cytb* (cytochrome b) 基因的專一性引子 (specific primer) 以應用於快速鑑種，並以此引子增幅 *Lophius* 屬所有種類的 *Cytb* 基因片段 (566 bp)，且建構 *Lophius* 屬的 Neighbour-joining 演化樹 (圖五)，其結果形成三個演化系群 (clade)：東大西洋種群、西大西洋種群及西太平洋種群 (依照 Espiñeira *et al.* (2008) 之分類系統)，除 *L. vaillanti* 的親緣位置外，所有種群間及種間關係皆有解決 (bootstrap 值高於 70)。

鮫鱈科在西太平洋地區的物種，以 *Lophiodes* 屬的物種數最多 (表二)，其中大部份屬於 *L. mutilus* 種群物種 (Ho *et al.*, 2011)，此種群物種的背鰭棘數目皆是五根，彼此形態特徵差異不大 (Caruso, 1981)。西太平洋地區 *L. mutilus* 種群物種僅能以餌球 (esca) 與吻觸手 (illicium) 的形態、胸鰭軟條數，以及第三、第五背鰭棘長度進行分類 (Ho *et al.*, 2011)。當中物種 *L. mutilus* 與 *L. iwamotoi* 已有基因序列 (COI 及 RH)，證明是兩物種已有遺傳上的分化 (genetically isolated) (Ho & Chen, 2013)，然而，*L. mutilus* 種群中，其它分布於西太平洋地區的物種 (*L. endoi*、*L. miacanthus*、*L. fimbriatus*)，仍沒有分子證據進一步證明它們的物種有效性。另外 Ho *et al.* (2011) 中提及其蒐集 *L. mutilus* 標本中，可能有三種的隱蔽種 (cryptic species) 存在，但作者沒有提出進一步的證據支持。



### 三、棘茄魚科 (*Ogcocephalidae*) 的系統分類

Bradbury (1967) 最早統整棘茄魚科屬間的形態差別，並將其屬分成三個類群。第一類群包含 *Coelophrys* 與 *Halieutopsis* 屬，共同特徵為缺少牙齒、兩額骨 (frontal bones) 間無凹槽、吻觸手骨 (illicial bone) 針狀、胸鰭 (pectoral fin) 無肘 (elbow)。第二類群包含 *Malthopsis*、*Ogcocephalus* 及 *Zalieutes* 屬共同特徵包括體披盾結 (buckler)、額骨形成管狀 (tube) 凹槽。第三類群包含 *Halieutaea* 與 *Halieutichthys* 屬，共同特徵額骨形成溝狀 (groove) 凹槽、第四鰓弓 (gill arch) 無片鰓 (hemibranch)。其它屬 *Dibranchus* 及 *Halicometus*，沒有被定義歸屬的類群，而 *Solocisquama* 屬 (Bradbury, 1999) 則是當時尚未成立。

Endo & Shinohara (1999) 之後利用 Bradbury (1967) 所定義的其中九個形質特徵建立棘茄魚科之親緣關係 (圖六)，而何 (2010) 則以 91 個形質特徵建構之 (圖七)。其中 *Coelophrys* 和 *Halieutopsis* 屬親緣關係之推衍結果為此兩篇研究的主要差異，在 Endo & Shinohara (1999) 的結果中，此兩屬形成姊妹群，且較 *Halieutaea*、*Halieutichthys* 屬晚分化，然而何 (2010) 認為 *Coelophrys* 及 *Halieutopsis* 為較早分化的棘茄魚類群，且兩屬未形成姊妹群。

近年，Derouen *et al.* (2014) 利用兩個粒線體基因及三個核基因序列的合併矩陣，分別建構棘茄魚科的最大似然估計樹 (maximum likelihood tree) 及貝氏樹 (Bayesian tree)，兩種方法建構出的親緣關係一致 (圖八)。其結果顯示在棘茄魚科內有三個演化系群：*Halieutaea* 屬、大西洋類群 (包含 *Ogcocephalus*、*Zalieutes*、*Halieutichthys* 屬) 及印度西太平洋類群 (包含其餘六個屬，不過 *Dibranchus* 屬物種大部分未分布於印度西太平洋 [表二]，較具爭議)，與前面三篇研究以形態特徵為基礎所建構的類群或親緣關係多處不一致，反而與屬的地理分布較相關。不過在其結果有許多屬間的親緣關係支持度不高 (包括 *Halieutaea* 屬的親緣位置)，另外此研究在每個屬的採樣物種只有一至四種，無法檢驗每個屬是否為單系群。



棘茄魚科屬內系統分類的研究，何 (2010) 檢視印度洋及太平洋的棘茄魚科標本，針對 *Halieutaea* 屬物種，以體盤 (body disk)、舌齒 (tongue teeth)、棘結 (tubercle) 等形態特徵，區分為四個種群：*H. fumosa* 種群、*H. indica* 種群、*H. coccinea* 種群及 *H. stellata* 種群。針對 *Halicmetus* 屬物種則依據其背鰭有無、腹膜 (peritoneum membrane) 的白與黑分成兩個種群：*H. reticulatus* 種群及 *H. ruber* 種群。之後 Ho (2013) 檢視西印度洋分布的 *Malthopsis* 屬物種，依據腹部主要盾結 (buckler) 間有無小刺 (prickle)，將 *Malthopsis* 屬物種分成兩個種群 (無名稱)。

棘茄魚科在西太平洋地區所分布的屬，主要以 *Malthopsis*、*Halicmetus*、*Halieutopsis*、*Coelophrys* 及 *Halieutaea* 屬為主 (表二)。其中前面兩屬的屬內物種彼此形態特徵接近，造成許多物種分類的問題。*Malthopsis* 屬過去有許多鑑種錯誤的研究，如 *M. lutea* (Bradbury, 2003; Ho & Shao, 2010c)、*M. jordani* (Ho & Shao, 2010b) 等，特徵相近的特性也使此屬存在許多可能的隱蔽種 (何, 2010)；*Halicmetus* 屬內目前只有三個有效種，其中兩種 *H. niger*、*H. reticulatus* 在西太平洋分布，但屬內可能存在許多尚未發現或待描述的新種 (何, 2010)。其中分布於西太平洋地區的 *H. ruber* 標本 (暫時命名為 *H. cf. ruber*)，由於部分特徵與 *H. ruber* 模式標本有些差異 (保存標本背部有棕色斑點，*H. ruber* 模式標本則無)，很有可能是另一新種 (Ho *et al.*, 2008)。*Halieutopsis* 及 *Coelophrys* 屬的物種由於頭蓋骨 (cranium) 及吻觸手骨 (illicial bone) 形態特徵相近，因此 Bradbury (1999) 認為它們應歸為同一屬，如 *C. micropa* 由於同時包含此兩屬形態特徵，造成其屬別具爭議性 (Bradbury, 1988; Ho & Shao, 2008a; 何, 2010)。最後，*Halieutaea* 屬內四個種群間特徵差異明顯，種群分類較無爭議 (何, 2010)，但種群內部分種類如 *H. fumosa* 和 *H. brevicauda* 彼此形態相近，同樣存在許多隱蔽種或新種的可能性 (何, 2010)。



#### 四、單棘魮魚科 (Chaunacidae) 的系統分類


Caruso (1989) 根據大西洋地區的標本，以側線神經結 (neuromast) 數目、腹鰭軟條數等形態特徵，將單棘魮魚科分成兩個屬：*Chaunax* 及 *Bathychaunax* (此屬後來被 Caruso *et al.* (2006) 認定為 *Chaunacops* 的次同屬異名(junior synonym))，而針對 *Chaunax* 屬，以吻槽 (illicial cavity) 的顏色(黑白)分成兩個種群：*C. pictus* 種群及 *C. fimbriatus* 種群。之後，Ho & Shao (2010a) 檢視來自西南太平洋的 *Chaunax* 屬標本，發表新種 *C. nudiventer*，並提出新的種群假說，以頭上有無絲鬚 (filamentous cirri)、側線神經節旁的小棘 (spinules) 數目 (4-8 根或 1-3 根，掃描式電子顯微鏡 (SEM) 照片參考其文章圖一)，將 Caruso (1989) 的 *C. fimbriatus* 種群再細分為 *C. abei* 種群及 *C. fimbriatus* 種群。

單棘魮魚科中，*Chaunax* 屬物種佔大多數，在西太平洋地區也是如此(表二)。此屬內物種形態特徵彼此差異非常小，主要以體表顏色特徵作為分類依據，也因此保存標本一旦脫色，樣本鑑定就會變得十分困難 (Caruso, 1989)，部分情況只能靠皮膚小棘 (dermal spine) 形態、側線神經節旁小棘 (spinules) 數目等細微特徵來進行分類 (Ho *et al.*, 2013b)，但單由形態特徵的物種鑑定錯誤可能性高(Ho & Last, 2013; Ho *et al.*, 2013b)，因此分子鑑種的系統極需建立。

#### 五、粒線體基因與核基因標記 (genetic marker) 的比較

粒線體基因由於細胞內有多重複、演化速率較快等因素，在 1990 年代開始被廣泛用作分析親緣關係的工具 (Randi, 2000; Avise, 2004)，粒線體基因體 (mitogenome) 定序技術更是為硬骨魚 (teleost) 之演化關係帶來許多研究進展 (Miya & Nishida, 2000; Miya *et al.*, 2001; Yamanoue *et al.*, 2007; Miya *et al.*, 2010)。當中 *Cytb* 基因 (cytochrome b) 由於同時包含演化速度快與慢的片段，適合解決各





種分子系統分類問題 (Lydeard & Roe, 1997; Farias *et al.*, 2001)，因此被廣為使用。而 *COI* 基因 (cytochrome c oxidase subunit I) 由於演化速度適中、引子 (primer) 發展成熟，所以為動物分子鑑種 (barcoding) 最主要基因序列 (Hebert *et al.*, 2003; Moritz & Cicero, 2004; Waugh, 2007)。

雖然粒線體基因有上述優點，仍有些問題要注意，例如粒線體基因的演化歷史可能發生跨物種雜交 (hybridization 及 introgression) 而產生偏差，另外其基因間彼此連鎖 (link)、無重組 (recombination) 的特性，造成粒線體基因缺乏獨立性，因此建構出的基因樹可能與真正的演化歷史歧異 (Ballard & Whitlock, 2004; Chen *et al.*, 2008)。而不連鎖的核基因標記成為分子系統分類研究另一種選擇 (Ballard & Whitlock, 2004; Chen *et al.*, 2008)，其中 *RH* 基因 (rhodopsin) 及 *RAG1* 基因 (recombination activating protein 1) 在大部分硬骨魚 (teleost) 的基因體內為單重複 (single-copy)，且增幅基因片段內無內含子 (intron) (Venkatesh *et al.*, 1999; López *et al.*, 2004)，因此是分子系統分類研究中很常使用的核基因標記 (Sevilla *et al.*, 2007; Chen *et al.*, 2008)。因此，本研究選定 *COI* 基因作為分子鑑種的基因標記，解決物種分類的問題，之後再利用粒線體基因 *Cytb* 及核基因 *RH*、*RAG1*，進一步解決物種間的親緣關係。

## 六、研究目的

綜觀前人對於此三科內的系統分類研究，大部分是以形態特徵建構種群假說，不過這些假說皆沒有被以形態以外 (如分子特徵) 的分析方法所驗證。另一方面，過去由於此三科內物種間形態特徵差異不大，造成一些物種分類問題懸而未解，亦有新種或隱蔽種的可能性存在。因此本研究是以分子系統分類的分析方法，分別對近年來主要由「台法雙邊西太平洋地區深海底棲生物多樣性調查合作計畫」

之研究船航次於西太平洋地區採集的鮫鱈科、棘茄魚科及單棘魮魚科的標本進行親緣關係之推衍，以達成下列目的：



1. 重新檢視西太平洋地區此三科內分析物種之有效性及其分類地位，調查有無新種、隱蔽種或同種異名的情況。
2. 校正西太平洋地區此三科魚類之物種多樣性及地理分布。
3. 檢驗前人對此三科建構之種群假說及種群間親緣關係假說是否成立。
4. 檢驗此三科魚類與其他鮫鱈目類群（魮魚亞目及角魮鱈亞目）間的親緣關係假說。

# 材料與方法



## 一、樣本採集

本研究的樣本，大部分來自於「台法雙邊西太平洋地區深海底棲生物多樣性調查合作計畫」之海洋研究船採樣，以下為樣本的採樣計畫代號 (campaign)：

1. **EXBODI:** 南太平洋地區新喀里多尼亞 (New Caledonia) 周邊海域的海底山調查，航行自 2011 年 9 月 02 日至 10 月 10 日 (共 39 天)，研究船為 R/V *Alis*，採樣標本之序列為 "EXB" 開頭編號，表三為其測站資料。
2. **Madang 2012:** 西南太平洋地區巴布亞新幾內亞 (Papua New Guinea) 馬當省 (Madang Province) 北部海域的生物多樣性調查，海洋部分的採樣時間自 2012 年 10 月 23 日至 2012 年 12 月 26 日 (共 65 天)，包括潟湖、海岸、近岸及近海等棲地的採樣，本研究樣本主要來自於該計畫近海底拖網的採樣，航行自 12 月 4 日至 12 月 26 日 (共 23 天)，研究船為 R/V *Alis*，採樣標本之序列為 "PNG" 開頭編號，表四為其測站資料。
3. **Taiwan 2013:** 2013 年台灣周遭海域的生物多樣性調查，共有兩個航次：(1) OR31689：臺灣西南海域的採樣，航行日期自 5 月 20 日至 21 日 (共兩天)，研究船為 R/V *OR3*。(2) OR11037：臺灣東南海域的採樣，航行日期自 5 月 27 日至 30 日 (共四天)，研究船為 R/V *ORI*，採樣標本之序列為 "WJC" 開頭編號，表五為其測站資料。
4. **NanHai 2014:** 2014 年對南海海域的生物多樣性調查，拖網地區包括台灣西南海域、南海東北、中沙海底山到南沙太平島附近海域，航行日期自 2013 年 12 月 30 日至 2014 年 1 月 15 日 (共 17 天)，研究船為 R/V *OR5*，航次是 ORV0030，採樣標本之序列同樣為 "WJC" 開頭編號，表六為其測站資料。

- 
5. **DongSha 2014:** 2014 年對東沙群島周遭海域的生物多樣性調查，拖網地區包括台灣西南海域到東沙群島周遭，航行日期自 2014 年 4 月 29 日至 2014 年 5 月 5 日（共 7 天），研究船為 R/V *ORI*，航次是 OR11072，採樣標本之序列同樣為 "WJC" 開頭編號，表七為其測站資料。
  6. **MADEEP 2014:** 後續針對巴布亞新幾內亞 (Papua New Guinea) 東部海域的生物多樣性調查，採樣時間自 2014 年 4 月 21 日至 2014 年 5 月 8 日（共 18 天），研究船為 R/V *Alis*，採樣標本之序列為 "PNG" 開頭編號，表八為其測站資料。
  7. **Kavieng 2014:** 後續針對巴布亞新幾內亞 (Papua New Guinea) 新愛爾蘭省 (New Ireland Province) 周遭海域的生物多樣性調查，採樣時間自 2014 年 8 月 27 日至 2014 年 9 月 07 日（共 12 天），研究船為 R/V *Alis*，採樣標本之序列同樣為 "PNG" 開頭編號，表九為其測站資料。
  8. **Other:** 少數早期研究船的標本，測站資料已遺失，採樣地點來自於新喀里多尼亞 (New Caledonia)、萬納杜 (Vanuatu)、索羅門群島 (Solomon Islands) 的周邊海域，採樣標本之序列為 "ICTI" 開頭編號。

另有其它樣本來自於臺灣漁港近岸底拖網所捕獲之下雜魚堆採集，採集地點主要於宜蘭大溪、南方澳漁港(臺灣東北海域)及屏東東港漁港(臺灣西南海域)，採樣標本之序列為 "WJC" 開頭編號。也有部分肌肉組織是其他實驗室或博物館提供(表十)，採樣標本之序列為 "WJC" 或 "HCH" 開頭編號。表十一為所有採樣物種統計，表十二為採樣標本物種列表(含博物館編號)。



## 二、種類鑑定

本研究在三個目標科蒐集的標本共有 369 隻，當中鮫鱈科 86 隻、棘茄魚科 181 隻、單棘躑魚科 102 隻，另外其它鮫鱈目類群，共有躑魚科 4 隻及角鮫鱈亞目 3 隻標本。物種鑑定工作主要由何宣慶博士及論文作者進行。鮫鱈科鑑種主要參考 Ho *et al.* (2011) 針對西南太平洋地區鮫鱈科物種分類的文章，並另參考 Caruso (1981)、Caruso (1983) 兩篇文章內的檢索表及形態資料。棘茄魚科主要參考何 (2010) 對於印度太平洋地區棘茄科物種的分類學論文，在 *Malthopsis* 屬另外也有參考 Ho (2013) 的檢索表。單棘躑魚科大部分蒐集樣本是 *Chaunax* 屬的物種，由於目前尚無此屬完整的檢索表或文獻，因此目前只能把蒐集樣本的特徵，對照回 Caruso (1989)、Ho & Shao, (2010a)、Ho & Last, (2013)、Ho *et al.* (2013b) 等文章發表物種所描述的形態，作為鑑種依據。而對於鑑種困難的標本，只能先鑑定到屬的層級，之後再以 *COI* 基因樹的結果回推（如：是否与其它鑑種無爭議標本的序列形成單系群）。採樣計畫 MADEEP 2014 及 Kavieng 2014 的研究船標本由於標本尚未抵臺，而 Other 的標本則已遺失，因此皆未進行物種鑑定，本研究僅有進行序列資料分析。

## 三、DNA 萃取及基因增殖、測序

在不破壞魚體形態特徵的前提下，剪取大約 50-100 (mg) 的肌肉組織或其軟條，放至 95% 酒精，儲存於 -20°C 冰箱。之後萃取 Genomic DNA 時，以實驗操作組 (Tissue Total DNA Auto Kit, TANBead) 進行萃取。

聚合酶連鎖反應 (Polymerase Chain Reaction, PCR)，取約 10-50 (nmol) 濃度的 DNA，增幅特定基因片段。每個標本先增幅粒線體基因 *COI*，之後再依據建構出的 *COI* 基因樹，對每個物種的基因系群選擇一標本，增幅核基因 *RH*、*RAG1*。



而鮫鱈科因為須進一步解決 *Lophiodes* 屬種群間演化關係的問題（詳見下文），所以特別再設計引子，放大粒線體 *Cytb* 基因。表十三、表十四分別為聚合酶連鎖反應使用之引子及反應條件。PCR 產物利用 AMPure 磁珠操作組 (Agencourt Bioscience Corp) 進行純化，之後純化產物送給台大生技中心分析，以 ABI 3730 型 DNA 測序儀 (Applied Biosystems) 進行定序。*COI* 基因測一股序列（從 3' 或 5' 端），而其它三個基因由於序列長度較長，所以分別從 3' 及 5' 端測兩股序列。

#### 四、序列編輯與網路資料庫序列下載

定序結果之色譜資料 (chromatograms) 以 CodonCode Aligner v4.04 進行編修及轉檔 (fasta檔)。檢視其基因序列品質，將前後及中間品質較差的資料去除或標記成N。而對於具兩股序列資料者（如 *Cytb*、*RH*、*RAG1* 基因），則把兩股序列合併成一個重疊序列 (contigs)。另外核基因 *RH* 及 *RAG1* 有出現異形合子 (heterozygote) 的機會，須另外找出序列中兩股序列訊號強度相等的位置，將其位點 (site) 標記為退化性鹼基記號 (degenerate bases symbols; W, S, M, K, R, Y)。

除定序序列外，本研究也從網路資料庫下載序列進行之後的親緣關係分析，包括：(1) 美國國家生物技術資訊中心 (NCBI, National Center for Biotechnology Information) 之 GenBank 資料庫 (Benson *et al.*, 2012) (2) 台灣野生動物遺傳物質冷凍典藏資料庫 (Shao, 2015a) (3) 生命條碼資料庫 (BOLD system, The Barcode of Life Data System) (Ratnasingham & Hebert, 2007)。下載序列包含資料庫內鮫鱈科、棘茄魚科及單棘魮魚科的大部分序列（主要為 *COI* 基因），除此之外，也在鮫鱈目可能的兩個姊妹群—菱鯛亞目與鮫形目 (Miya *et al.*, 2010)，下載部份序列作為基因樹的外群 (outgroup)。表十五為所有資料庫取得之 *COI* 基因序列物種及編號，表十六則為加入資料庫序列後的物種統計。



## 五、親緣關係分析

### (一) *COI* 基因序列的排列與演化樹建構

以標本及資料庫內的所有 *COI* 序列，分別建立鮫鱈科、棘茄魚科及單棘雙魚科的 *COI* 基因樹，以檢視此三科內分析物種之有效性，並檢驗過去以形態特徵所歸納出的種群假說，

將三個科之 *COI* 序列，以 MEGA v5.2 (Tamura *et al.*, 2011) 進行分析，先以 Clustal W (Thompson *et al.*, 1994) 自動排列程式進行排列 (align)，之後再進行手動檢查與編輯，將所有序列資料的長度刪減成一致。然後利用 RAxML 7.3.2 (Stamatakis, 2006) 建立最大似然估計樹 (Maximum likelihood tree)，以軟體中之 thorough bootstrap 分析，建立十組獨立運算 (每組為1000重複)，之後的bootstrap 值為十組運算結果之平均，其中核苷酸替換 (nucleotide substitution) 模式設定為 GTR + G (Yang, 1994)。此三科 *COI* 基因演化樹之外群為：鮡形目 *Ostracion immaculatus* (NC\_009865)、*Monacanthus chinensis* (NC\_011925)，菱鯛科 *Capros aper* (NC\_010958)、*Antigonia capros* (NC\_003191)。

另外部分序列間進行 pairwise distance 或 mean distance 分析，以理解序列之間的變異程度，使用軟體為 MEGA v5.2，核苷酸替換模式設定為 K2P (Kimura, 1980)。

### (二) 鮫鱈科之合併基因矩陣與演化樹建構

針對鮫鱈科，以粒線體基因 *COI*、*Cytb* 及核基因 *RH* 及 *RAG1*，建立合併基因樹，以檢驗 Caruso (1981) 以形態特徵所建構出的種群假說及演化關係。

所有基因序列先進行排列，方法如上。之後以 Mesquite 2.75 (Maddison & Maddison, 2014) 合併序列資料，建立以下三種資料矩陣：



1. 粒線體基因 (*COI+Cytb*) 矩陣
2. 核基因 (*RH+RAG1*) 矩陣
3. 全部基因 (*COI+Cytb+RH+RAG1*) 矩陣

所有矩陣同樣以軟體 RAxML 7.3.2 建構最大似然估計樹，設定值如上。外群部分，粒線體基因樹同樣使用 GenBank 資料庫內鮪形目及菱鯛科物種的序列，核基因樹使用本研究 *Lophius* 及 *Lophiomus* 屬物種的序列，全部基因樹則使用本研究 *Lophius* 屬物種的序列。

粒線體基因與核基因樹分別建立，是因為兩種基因可能有不同的演化歷史，須分別建構以比較結果（詳見前言），而全部基因樹因為包含所有的序列資訊，建構出的基因樹理論上有最佳的解析度 (resolution)。

### (三) 所有蒐集物種之合併基因矩陣與演化樹建構

以所有蒐集物種（包含一些躑魚科 (Antennariidae)及角鮫鱈亞目 (Ceratioidei) 物種）之 *COI*、*RH* 及 *RAG1* 基因，建構三基因合併基因樹，以解決棘茄魚科及單棘躑魚科內，*COI* 基因樹無法解決之種間及種群間親緣關係問題，另外亦可檢驗鮫鱈目五個亞目間之親緣關係與前人假說是否相符。所有序列依照上一部分方法，合併於同一序列矩陣，之後以軟體 RAxML 7.3.2 建立最大似然估計樹，設定值如上。外群部分，為 GenBank 資料庫內 Chen *et al.* (2014) 所提供的鮪形目及菱鯛科序列（表十七）。



# 結 果




## 一、序列分析

表十八至表二十二為所有序列矩陣的詳細資料，粒線體基因 *COI* 及 *Cytb* 的簡約性訊息位點 (parsimony informative site) 比例較高，在鮫鱈科全部基因合併矩陣中 (表二十一)，*COI* 及 *Cytb* 基因共提供約 75.2% 簡約性訊息位點，不過其中大部分的簡約性訊息位點都在第三密碼子 (3<sup>rd</sup> codon)；相反地，核基因 *RH* 及 *RAG1* 的簡約性訊息位點比例較低，不過在每個密碼子的分佈較平均，且在所有蒐集物種之合併基因矩陣中 (表二十二)，*RH* 及 *RAG1* 基因序列之總長度較長 (兩基因佔總長度約 78.9%)，共提供約 75.1% 的簡約性訊息位點。

## 二、*COI* 基因的親緣關係分析

### (一) 鮫鱈科內的親緣關係

本研究共蒐集鮫鱈科魚類 *COI* 基因序列 105 條 (包含資料庫的序列)，分析序列包含全部鮫鱈科的四個屬，亦包括分布於西太平洋十二個有效種其中之九種。圖九(a)、(b)為鮫鱈科之 *COI* 基因樹。鮫鱈科四個屬皆形成單系群，不過當中 *Lophiodes* 屬的 bootstrap 值 (支持度) 低於 50，四屬間關係的節點支持度也都很低。基因樹中 *Lophius* 屬共有六個已知物種，本研究蒐集標本中僅包括一個西太平洋物種 (*L. litulon*，採集於臺灣宜蘭大溪漁港)，其餘全為 GenBank 資料庫存取的大西洋物種序列。其中每個種皆獨立形成單系群，而種間關係部分，西大西洋種 *L. americanus* 與 *L. gastrophysus* 形成姊妹群，西太平洋種 *L. litulon* 再與前述單系群形成姊妹群，其它種間關係的 bootstrap 值都不高，且其餘東大西洋的三個物種沒有形成單系群。



基因樹中 *Lophiodes* 屬共有十個已知物種，本研究採集標本共六種 (*L. endoi*，採集於臺灣東港及南方澳；*L. iwamotoi*，採集於巴布亞新幾內亞 [新紀錄種]、新喀里多尼亞；*L. miacanthus*，採集於臺灣漁港；*L. mutilus*，採集於臺灣南方澳及東港、巴布亞新幾內亞、新喀里多尼亞；*L. naresi*，採集於臺灣大溪、南方澳、東港及南海海域；*L. triradiatus*，採集於巴布亞新幾內亞周遭海域，全為新紀錄種。各物種地理分布資訊詳細見表十二。) ，其它四種序列來自於 GenBank 資料庫或其它實驗室所提供之組織標本，皆非西太平洋物種。除 *L. mutilus* 以外，大多數物種均分別形成單系群。屬內共有四個主要的演化系群，符合 Caruso (1981) 所定義的三個種群及 *L. triradiatus* (圖四)。基因樹中 *L. triradiatus* 種群由單一物種組成以外，其餘 *L. naresi* 種群共有 *L. insidiator* 及 *L. naresi* 兩種，*L. caularis* 種群有 *L. caularis*、*L. reticulatus* 及 *L. spilurus* 三種，*L. mutilus* 種群共有 *L. endoi*、*L. iwamotoi*、*L. miacanthus*、*L. mutilus* 1 及 *L. mutilus* 2 (分成兩基因系群) 五種。種群形成單系群的支持度以 *L. triradiatus* 及 *L. mutilus* 種群較高，bootstrap 值皆在 80 以上，其餘種群稍低，bootstrap 值小於 70。

四種群間關係，*COI* 基因樹無法有效地解決 (bootstrap 值皆低於 50)。而在種群內之種間關係，*L. caularis* 種群中 *L. reticulatus* 與 *L. spilurus* 形成姊妹群，*L. caularis* 與前述單系群形成姊妹群，不過這些關係之 bootstrap 值大約都在 60 左右。而在 *L. mutilus* 種群部分，*L. iwamotoi* 與 *L. mutilus* 2 形成姊妹群，此單系群與其他物種之親緣關係由近而遠分別是 *L. miacanthus*、*L. mutilus* 1 及 *L. endoi*，其種間關係的支持度 (bootstrap 值) 都在 70 以上。

在種內的部份，*L. triradiatus* 及 *L. mutilus* 1 內各有兩個基因群 (haplotype group) (基因群間 pairwise distance 值分別為 0.025 - 0.027 及 0.016 - 0.019)，*L. triradiatus* 的兩基因群在分布範圍上沒有差異，標本皆採於巴布亞新幾內亞周圍海域。而 *L. mutilus* 1 的其中一基因群只分布在台灣西南至東北海域，另一基因群在臺灣西南




海域、巴布亞新幾內亞至新喀里多尼亞皆有分布，兩基因群群在臺灣西南海域重疊。

## (二) 棘茄魚科內的親緣關係

本研究共蒐集棘茄魚科魚類 *COI* 基因序列 221 條（包含資料庫的序列），分析序列包含全部棘茄魚科的十個屬（表十六），亦包括分布於西太平洋 32 個有效種其中之 20 種。圖十(a)為包含棘茄魚科全部屬之 *COI* 基因樹，由於本研究所使用的 *COI* 序列長度不長（570 bp），基因樹內屬間親緣關係的大部分支持度不高，因此這部分僅提出棘茄魚科各屬內的結果：

### 1. 腔蝠魚屬 (*Coelophrys*) 與 擬棘茄魚屬 (*Halieutopsis*)

圖十(b)為此兩屬之 *COI* 基因樹，*Coelophrys* 屬物種未形成單系群，且其所有物種被包含在 *Halieutopsis* 屬的基因系群中，使 *Halieutopsis* 屬物種形成併系群 (paraphyly) 關係。基因樹中 *Coelophrys* 屬共包含兩個已知物種 (*C. micropa* 為本研究採集標本，採集於巴布亞新幾內亞北部海域及南海；*C. brevicaudata*，GenBank 資料庫序列) 及一個可能新種 (*Coelophrys* sp.1，僅一個標本，採集於臺灣東港)。基因樹中 *Halieutopsis* 屬包含有五個已知物種、一個何博士待發表新種 (*Halieutopsis* n. sp.，採集於巴布亞新幾內亞東部海域、新喀里多尼亞)，一個未鑑定種 (*Halieutopsis* sp.1，採集於巴布亞新幾內亞周遭海域，標本尚未抵臺，無法確定為已知物種或可能新種)，共有四個已知物種的序列由本研究採集標本取得 (*H. bathyoreos*，採集於臺灣東南海域及巴布亞新幾內亞北部海域；*H. nasuta*，採集於巴布亞新幾內亞周遭海域，為新紀錄種；*H. nudiventer*，採集於臺灣東南海域及南海；*H. stellifera*，採集於臺灣南部海域、巴布亞新幾內亞東部海域。詳見表十二。)。一個由台灣遺傳資料庫取得的物種 *H. tumifrons* (ASIZP0801273, ASIZP0801274)，



標本經重新鑑種後改為 *H. ingerorum* (何, 私人通信)。這些物種大部分皆獨立形成單系群, 不過當中 *H. nudiventer* 及 *H. bathyoreos* 在同一個基因系群當中, 兩物種 pairwise distance 最高值只有 0.005。另外台灣遺傳資料庫的兩條 *H. ingerorum* 序列雖彼此間遺傳差異極低 (pairwise distance 值為 0.003), 但未形成單系群。在種間親緣關係上, 部分 bootstrap 值高的單系群, 包括 *H. nasuta* 與 *Halieutopsis* n. sp. 形成的單系群、*Halieutopsis* sp. 1 與前面兩種形成的單系群, 以及 *H. ingerorum* 與 *H. nudiventer*、*H. bathyoreos* 共同形成之單系群。

## 2. 棘茄魚屬 (*Halieutaea*)

圖十(c)為 *Halieutaea* 屬之 COI 基因樹, 整個屬形成單系群。基因樹中共有五個已知物種 (皆由本研究採集標本取得, *H. cf. coccinea*, 僅一個標本, 採集於巴布亞新幾內亞北部海域, 保存標本體色為灰黑色, 與 *H. coccinea* 保存標本通常之乳白色不同 (何, 2010); *H. fumosa*, 採集於臺灣大溪及南方澳; *H. cf. fitzsimonsi*, 僅兩個標本, 採集於臺灣南方澳, 背部無黑斑, 與其南非模式標本 (Gilchrist & Thompson, 1916) 背部有兩黑斑相異; *H. stellata*, 採集於臺灣東港、大溪、南方澳及巴布亞新幾內亞。詳見表十二。)、一個何博士待發表新種 (*Halieutaea* n. sp., 採集於臺灣東港、南方澳) 及兩個可能新種 (*Halieutaea* sp. 1, 採集於新喀里多尼亞; *Halieutaea* sp. 2, 採集於巴布亞新幾內亞周遭海域)。大部份物種獨立形成單系群, 但 *H. cf. coccinea* 與 *Halieutaea* sp. 2 在同一個基因系群中, 標本間 pairwise distance 最高值只有 0.007。

依照何 (2010) 對 *Halieutaea* 屬四個種群的描述, 形質特徵上 *H. cf. coccinea* 與 *Halieutaea* sp. 2 應屬於 *H. coccinea* 種群, *H. fumosa* 種群只包含 *H. fumosa* 一種, *H. indica* 種群亦僅有 *H. indica* 一種; *H. stellata* 種群共有 *H. stellata*、*H. cf. fitzsimonsi*、*Halieutaea* sp. 1 三種, 而本研究 COI 基因樹支持此種群假說 (圖十(c)), 且支持


度相當高 (bootstrap 值高於 80) 。而何博士待發表新種 *Halieutaea* n. sp. 則形態上不屬於以上任何種群，並在 *COI* 基因樹中，形成第五個演化系群。

在種群間關係，大部分節點支持度不高，*H. coccinea* 與 *H. stellata* 種群分支的節點 bootstrap 值 74 為最高。在種間關係上，*H. stellata* 種群內的採集於新喀里多尼亞的可能新種 *Halieutaea* sp. 1 與較廣泛分布的 *H. stellata* 形成姊妹群，其次是 *H. cf. fitzsimonsi* 與前面兩者所形成的單系群。*H. coccinea* 種群中，大部分由 *Halieutaea* sp. 2 標本所形成的基因系群內，出現本研究採集的 *H. cf. coccinea* 及 GenBank 資料庫的 *H. fitzsimonsi* (KP201938) 序列 (臺灣採集，應為誤鑑之標本)，而此基因系群再與 GenBank 資料庫內的 *H. coccinea* (GU804994) 序列形成姊妹群。*H. indica* 種群部分，本研究蒐集的 *H. indica* 標本與 GenBank 資料庫的 *H. fitzsimonsi* (JF493612) 序列形成姊妹群，此序列應為物種 *H. indica* 之誤鑑。

最後在種內的部份，所有 *Halieutaea* 屬物種內皆沒有明顯遺傳分化基因群，不過部分物種內有明顯形態變異。在 *H. stellata* 種內有胸鰭白緣 (*H. stellata* [pale])、黑緣 (*H. stellata* [black]) 兩種的形態 (部分樣本未檢視此特徵)。另外 *H. coccinea* 種群內的個體腹部出現明顯形態變異，*H. cf. coccinea* (PNG789，於巴布亞新幾內亞北部海域採集) 腹部佈滿大型顆粒狀棘結，*Halieutaea* sp. 2 (tubercle) 腹部為小型顆粒狀棘結，*Halieutaea* sp. 2 (smooth) 則為完全光滑。

### 3. 海蝠魚屬 (*Malthopsis*)

圖十(d)為 *Malthopsis* 屬之 *COI* 基因樹，整個屬未形成單系群，其中一物種 *M. mitrigeria* 與其他物種遺傳分化程度很大，與 *Halieutaea* 屬形成姊妹群，但其 bootstrap 值不高。本部分基因樹中除 *M. mitrigeria* (採集於臺灣南方澳、南海、巴布亞新幾內亞)，亦包含 *Malthopsis* 屬另外七個已知物種，本研究採集標本共五個已知物種 (*M. annulifera*，採集於臺灣南方澳、巴布亞新幾內亞 [新紀錄種]、新



喀里多尼亞 [新紀錄種]；*M. asperata*，採集於新喀里多尼亞；*M. gigas*，採集於南海、臺灣東港及南方澳；*M. kobayashii*，採集於臺灣南方澳、南海）、兩個可能新種（*Malthopsis* sp. 1，採集於巴布亞新幾內亞、新喀里多尼亞及臺灣南方澳；*Malthopsis* sp. 2，僅兩個標本，採集於新喀里多尼亞。詳見表十二。）及一個未鑑定種（*Malthopsis* sp. 3，採集於巴布亞新幾內亞東方海域，標本尚未抵臺，無法確定為已知物種或可能新種）。雖然本研究標本的物種多數形成單系群，不過資料庫取得的 *M. tiarella* (HQ945900 & ASIZP0800798)、*M. jordani* (AP005978) 及本研究的一隻 *M. kobayashii* (HCH1482) 序列被包含在其它種的基因系群中，另外外形彼此相近且遺傳差異極低（pairwise distance 值為 0.004 - 0.007）的 *Malthopsis* sp. 3，其不同個體也未形成單系群。

依據 Ho (2013) 對 *Malthopsis* 屬物種所定義的兩個種群，基因樹中腹部有小刺的物種有 *M. asperata*、*M. tiarella*、*M. kobayashii* 三種，腹部無小刺的物種有 *M. annulifera*、*M. gigas*、*M. jordani*、*M. lutea*、*M. mitrigeria*、*Malthopsis* sp. 1、*Malthopsis* sp. 2 等七種，而 *Malthopsis* sp. 3 還未檢視此特徵。在基因樹中，根據此特徵所定義的兩種群皆未形成單系群。

在種間親緣關係上，所有節點 bootstrap 值皆未高於 50。而種內部份，*M. mitrigeria* 基因系群內有兩個基因群（基因群間 pairwise distance 值為 0.004 - 0.009），一基因群分布範圍包括巴布亞新幾內亞及台灣，另一基因群僅包含一隻巴布亞新幾內亞樣本。另外在 *M. kobayashii* 的基因系群中，同時出現腹部有小刺（*M. kobayashii* [prickle]）及無小刺（*M. kobayashii* [smooth]）的標本。

#### 4. 牙棘茄魚屬 (*Halicmetus*)

圖十(e)為 *Halicmetus* 屬之 *COI* 基因樹，整個屬形成單系群，並有很高的支持度。本屬除 *H. reticulatus*（一個標本，採集於南海）之外，大部分的物種鑑定還無


法解決（詳見討論），在基因樹內共有四個演化系群（支持度高，bootstrap 值皆高於 80），目前暫分別命名為 *H. niger* 1（採集於巴布亞新幾內亞）、*H. niger* 2（採集於巴布亞新幾內亞、新喀里多尼亞、萬納度）、*Halicmetus* sp. 1（採集於巴布亞新幾內亞）及 *Halicmetus* sp. 2（採集於巴布亞新幾內亞、新喀里多尼亞），其形態特徵皆屬於何 (2010) 所定義的 *H. ruber* 種群。

在種間關係部分，支持度高的類群包括：*H. niger* 1 與 *Halicmetus* sp. 1 所形成的單系群、*Halicmetus* sp. 2 與其他 *H. ruber* 種群物種所形成的單系群。其中有背鰭的 *H. reticulatus* 與所有無背鰭的 *H. ruber* 種群物種分開，支持何 (2010) 的種群假說。在種內的部份，*H. niger* 2 內亦可分為兩個基因群（基因群間 pairwise distance 最高值為 0.021），一基因群在巴布亞新幾內亞及新喀里多尼亞周圍海域分佈，另一基因群則分布在南海至巴布亞新幾內亞周圍海域。

## 5. 棘茄魚科其他屬

除了前面提到的五個屬，本研究採集的一隻巴布亞新幾內亞北方海域標本（PNG1570），依其照片外形（圖十一(a)）推測為 *Solocisquama erythrina*，在 *COI* 基因樹中（圖十(a)）單獨形成一個演化系群，沒有在其它 *Solocisquama* 屬物種所形成基因系群中（*Solocisquama stellulata*，僅一個標本，採於臺灣宜蘭大溪漁港；*Solocisquama* sp.，GenBank 資料庫序列），使 *Solocisquama* 屬未形成單系群，不過此鑑定仍須形態檢視進一步確認。

其次，本研究 *Dibranchus* 屬物種標本僅在巴布亞新幾內亞海域採集到一隻（PNG2760），在 *COI* 基因樹中它與 GenBank 資料庫的 *D. atlanticus* 序列形成姊妹群（圖十(a)，bootstrap 值為 98）。目前依其西太平洋地區的採樣地點，及其照片外形（圖十一(b)），將其鑑定為物種 *D. japonicas*，不過由於還未進行形態檢視，因此無法排除其為 *Dibranchus* 屬其它新種的可能。



最後，*Ogcocephalus* 屬包含四物種的序列（圖十(a)），其中 *O. cubifrons* 的序列為本研究定序取得（組織標本由佛羅里達自然史博物館提供）。在結果中形成兩個基因系群：*O. nasutus* 與 *O. vespertilio*，以及 *O. cubifrons* 與 *O. declivirostris*，兩個基因系群內序列間彼此的基因差異皆很小（pairwise distance 最高值分別為 0.002 及 0.009）。另外，本研究在 *Halieutichthys* 屬也有三物種的序列（*H. aculeatus*、*H. bispinosus* 及 *H. intermedius*，見圖十(a)），但三物種的基因差異亦不大（pairwise distance 值最高為 0.009）。

### （三）單棘魮魚科內的親緣關係

本研究共蒐集單棘魮魚科魚類 *COI* 基因序列 115 條（包含資料庫的序列），分析序列包含全部單棘魮魚科的兩屬，亦包括分布於西太平洋十二個有效種其中之七種，圖十二(a)、(b)為單棘魮魚科之 *COI* 基因樹。本科共有兩個屬：*Chaunacops* 及 *Chaunax*，由於 *Chaunacops* 屬只有 GenBank 資料庫內的一條序列，因此這部份僅提供 *Chaunax* 屬內的結果。*Chaunax* 屬在 *COI* 基因樹呈現單系群，共有八個已知物種、一個何博士待發表新種（*Chaunax* n. sp.，採集於臺灣）、四個可能新種（*Chaunax* sp. 1，採集於南海及巴布亞新幾內亞；*Chaunax* sp. 2，採集於臺灣周遭海域及南海；*Chaunax* sp. 3，僅一個標本，採集於新喀里多尼亞；*Chaunax* sp. 4，採集於巴布亞新幾內亞）及兩個未鑑定種（*Chaunax* sp. 5，僅一個標本，採集於巴布亞新幾內亞；*Chaunax* sp. 6，採集於萬納度周遭海域。兩物種標本遺失，未進行形態鑑定，無法確定為已知物種或可能新種），本研究蒐集標本共六個已知物種（*C. abei*，採集於臺灣東港及南方澳；*C. apus*，採集於臺灣、南海、巴布亞新幾內亞、新喀里多尼亞及萬納度，全為新記錄種；*C. braviradius*，採集於臺灣東港、南海；*C. fimbriatus*，採集於臺灣大溪、長濱；*C. penicillatus*，採集於臺灣漁港、巴布亞新幾內亞；*C. reticulatus*，採集於新喀里多尼亞。詳見表十二。）



EF609320 序列在 GenBank 資料庫內種名為 *C. cf. flammeus*，不過 2014 年在生命條碼資料庫 (BOLD system) 已更新為 *C. russatus*。本研究蒐集的物種大部分獨立形成單系群，但部份資料庫內取得的序列無法與本研究的同種標本形成單系群，如 *C. pictus*、*C. abei*。

依照 Ho & Shao (2010a) 所定義的種群形態，歸類為無絲鬚的 *C. abei* 種群物種含 *C. abei*、*C. apus*、*C. breviradius*、*C. russatus*、*Chaunax* sp. 1、*Chaunax* sp. 2、*Chaunax* sp. 3 及 *Chaunax* sp. 4，共八種。頭上有絲鬚的 *C. fimbriatus* 種群物種含 *C. fimbriatus*、*C. reticulatus* 及 *Chaunax* n. sp.，共三種。吻槽黑色的 *C. pictus* 種群物種含 *C. penicillatus* 及 *C. pictus*，共兩種，*Chaunax* sp. 5、*Chaunax* sp. 6 因為目前無標本，無法鑑定形態特徵。在 *COI* 基因樹中只有 *C. pictus* 種群為單系群，*C. fimbriatus* 及 *C. abei* 種群則都沒有，不過 *C. abei* 種群的四物種 *C. abei*、*C. breviradius*、*Chaunax* sp. 2 及 *Chaunax* sp. 4 形成一個基因系群，其 bootstrap 值為 86。種間關係的部份，*COI* 基因樹解析度不高，只有在部分節點有較高支持度。

### 三、鯨鱈科之合併基因親緣關係分析

在 *Lophiodes* 屬種群間關係的部分，粒線體基因樹(圖十三)中 *L. triradiatus* 與 *L. naresi* 種群為姊妹群，但其 bootstrap 值未超過 50，而與此單系群親緣關係最近的為 *L. mutilus* 種群，其次為 *L. caularis* 種群。然而，在核基因樹(圖十四)及全部基因樹(圖十五)中，*L. mutilus* 種群和 *L. naresi* 種群成為姊妹群，*L. triradiatus* 再和前述單系群成姊妹群，與粒線體基因樹不一致，但同樣其種群間關係支持度不高，只在全部基因樹內所有 bootstrap 值均高於 50

在 *L. mutilus* 種群內關係的部份，全部基因樹與粒線體基因樹皆和 *COI* 基因樹結果一致，在核基因樹中 *L. endoi*、*L. mutilus* 1 與其他所有物種呈現多枝性關係



(polytomy), 且 *L. miacanthus* 和 *L. mutilus*、*L. iwamotoi* 的姊妹群關係支持度很低, 不過其它的種間關係與 *COI* 基因樹相同。


#### 四、所有蒐集物種之合併基因親緣關係分析

圖十六為所有蒐集物種之合併基因樹, 在鮫鱈目五個亞目間的關係部分, 鮫鱈亞目為最早分化類群 (bootstrap 值為 88), 角鮫鱈亞目與單棘躑魚亞目形成姊妹群 (bootstrap 值為 100), 躑魚亞目與棘茄魚亞目亦形成姊妹群, 但支持度低 (bootstrap 值低於 50)。

在鮫鱈科內的部份, 由於 *Lophiomus* 屬種類無法增幅其 *COI* 序列, 所以基因樹僅含 *Lophius* 及 *Lophiodes* 屬的序列, 沒有四屬間關係的結果。在 *Lophiodes* 屬內的種群間關係, 和前部分所做的核基因樹及全部基因樹結果相同 (與粒線體基因樹不同), 且每個節點 bootstrap 值約為 60, 種群內種間關係也和前面的每個基因樹相同。

在棘茄魚科的部份, 除了 *Zalieutes* 屬的物種外, 其餘九個屬皆於本研究所採集的標本中取得序列資料。整個科形成單系群, 科內親緣關係部分, *Coelophrys* 屬物種在 *Halieutopsis* 屬物種所形成的基因系群中, 其餘棘茄魚科各類群與前者的親緣關係由近而遠分別為物種 *Solocisquama erythrina*、*Halicmetus*、*Dibranchus* 及 *Malthopsis* 屬 (扣除掉 *M. mitrigeria*), *Ogcocephalus* 屬和 *Halieutichthys* 屬亦形成的姊妹群。

在屬內關係的部份, 除了 *Malthopsis* 屬未解決以外, 每個屬內的種間關係, 解析度明顯較 *COI* 基因樹佳。*Halieutaea* 屬內的種群如 *COI* 基因樹所呈現, 分為五個基因系群, 其親緣關係: *H. stellata* 種群與 *H. coccinea* 種群為姊妹群, 新定義



的種群 *Halieutaea* n. sp. 與前兩者的單系群成為姊妹群，但 *H. fumosa* 和 *H. indica* 種群與其餘三種群彼此間的親緣關係尚未解決 (bootstrap 值低於 70)。 *Halicmetus* 屬部分，與 *COI* 基因樹及前人研究結果一致，分兩大類群：*H. ruber* 種群及 *H. reticulatus* 種群。在 *Halieutopsis* 屬與 *Coelophrys* 屬所形成的基因系群中，*H. stellifera* 為最早分化的物種，*Coelophrys* 屬的兩個物種其次，其餘的四個 *Halieutopsis* 屬物種則在最後分化出來，其中 *H. nasuta* 與 *Halieutopsis* n. sp. 形成姊妹群。

至於單棘魮魚科內 *Chaunax* 屬的結果，與 *Malthopsis* 屬相同，其種間親緣關係未解決，且對照前人研究以形質特徵為依據的種群分類，在合併基因樹中亦不被支持。

## 討 論




### 一、鮫鱈目內亞目間的親緣關係

本研究建構之亞目間親緣關係，與 Miya *et al.* (2010) 以全粒線體基因體序列所建構的結果大致吻合（圖一），單棘魮魚亞目與角鮫鱈亞目形成姊妹群，鮫鱈亞目與另外四個亞目形成姊妹群，而魮魚亞目及棘茄魚亞目雖彼此為姊妹群，但因支持度低，此親緣關係仍無法確定。由於 Miya *et al.* (2010) 已經將鮫鱈目內大部分的科，定序其中幾個物種的全粒線體基因體序列進行分析，因此鮫鱈目未來如果要以分子系統分類方法解決亞目間親緣關係問題，就必須以其它核基因標記進行分析。

### 二、鮫鱈科內的親緣關係

本研究 *Lophius* 屬的 *COI* 基因樹，支持 Armani *et al.* (2012) 的部份結果（圖五），西大西洋種 *L. americanus*、*L. gastrophysus* 及西太平洋種 *L. litulon* 皆獨立形成演化系群，但不同的部份是東大西洋的物種沒有形成單系群，且西大西洋種是和西太平洋種形成姊妹群，而不是與東大西洋的物種。本研究及 Armani *et al.* (2012) 所用的基因標記長度都較短（600 bp 以下），且都是粒線體基因，要完全解決 *Lophius* 屬內的親緣關係可能需要更長或更多的基因標記。

*Lophiodes* 屬的結果，支持 Caruso (1981) 定義種群的有效性，但所有基因樹皆與他的親緣關係假說不同（圖四）。Caruso 假說建立於十一個形態特徵的分析，當中他提到鮫鱈科四個屬中，*Lophiomus*、*Lophius* 屬及當時一半種類的 *Lophiodes* 屬物種的背鰭棘數目都是六根，因此認為背鰭棘六根為鮫鱈科物種的祖徵。而其 *Lophiodes* 屬關係樹也符合 Caruso (1981) 假說，最早分化的 *L. naresi* 種群，及其次



分化的 *L. caularis* 種群都是六根，最後分化的 *L. infrabrunneus* (本研究的 *L. triradiatus*) 及 *L. mutilus* 種群則分別是三根及五根，因而推論背鰭棘數目減少為 *Lophiodes* 屬物種演化的趨勢。但本研究的結果並不支持此推論，事實上後來演化的 *L. mutilus* 種群與 *L. naresi* 種群的背鰭棘並非最少的三根。由以上推論可得知 *Lophiodes* 屬物種的背鰭棘數目改變，可能不是 Caruso (1981) 所認為的單一演化事件。

最後，本研究發現 *Lophiodes* 屬的兩個物種 *L. miacanthus* 及 *L. iwamotoi* 被包含在 *L. mutilus* 的基因系群內，有四隻台灣蒐集的 *L. mutilus* 樣本 (在基因樹中以 *L. mutilus* 2 表示) 與 *L. iwamotoi* 形成姊妹群關係。*L. mutilus* 1 與 *L. mutilus* 2 兩基因系群間，COI 序列之 pairwise distance 值為 0.08 左右，已經相當於 *L. mutilus* 1 與 *L. miacanthus*、*L. iwamotoi* 的差異程度 (值分別約為 0.07、0.09)。另外 *L. mutilus* 1 內出現兩個基因群，彼此基因差異雖然不大，但兩基因群的 bootstrap 值皆超過 50。此結果顯示目前符合 *L. mutilus* 形態的標本內，有二至三個隱蔽種存在，印證 Ho *et al.* (2011) 的推測。未來在分類學上，建議要對 *L. mutilus* 的形態描述進行調整，並對其隱蔽種建立新種。

### 三、棘茄魚科內屬間的親緣關係

棘茄魚科屬間的親緣關係雖然本研究很多部分未解決，但還是能以部分結果檢驗 Bradbury (1967) 所提出的屬類群假說。她所主張的屬類群共有三個：I. *Coelophrys* 與 *Halieutopsis* 屬；II. *Malthopsis*、*Ogcocephalus* 與 *Zalieutes* 屬；(3) *Halieutaea* 與 *Halieutichthys* 屬。而本研究的結果僅支持第一類群，及第二類群中 *Ogcocephalus* 與 *Zalieutes* 屬的有效性，其中 *Coelophrys* 與 *Halieutopsis* 屬分析物種在所有的基因樹中皆在同一個基因系群，而 *Ogcocephalus* 與 *Zalieutes* 屬在 COI



基因樹中則為姊妹群關係。

另外與其它系統分類研究比較，本研究的合併基因樹與 Derouen *et al.* (2014) 的結果較相似（圖八），科內扣除 *Halieutaea* 屬及物種 *Malthopsis mitrigeria*，同樣形成兩個演化系群：大西洋類群（*Ogcocephalus* 及 *Halieutichthys* 屬）和印度西太平洋類群（其餘五個屬），因此棘茄魚科的演化歷史可能與地理事件有關。不過本研究的結果顯示 *Halieutopsis*、*Coelophrys*、*Malthopsis* 及 *Solocisquama* 屬可能都不是單系群，與 Derouen *et al.* (2014) 所假設不同，因此對於棘茄魚科屬間的親緣關係及屬的分類地位，有賴進一步的研究釐清。

#### 四、棘茄魚科屬內的親緣關係

##### （一）腔蝠魚屬 (*Coelophrys*) 與 擬棘茄魚屬 (*Halieutopsis*)

在本研究，不管是 *COI* 基因樹或合併基因樹的結果，*Coelophrys* 屬物種皆在 *Halieutopsis* 屬物種所形成的基因系群中。此結果印證過去 Bradbury (1999) 的推論，她檢視完 *Coelophrys brevicaudata* 的骨質結構後，發現此物種的頭蓋骨及吻觸手骨形態，近似於 *Halieutopsis* 屬的物種，因此她提議在審視更多 *Coelophrys* 屬物種標本後，可進一步確立是否將此兩屬歸成同一屬。Ho & Shao (2008a)、何 (2010) 在檢視完此兩屬形態特徵後，則認為部分特徵特殊，如較小腹鰭、球狀外形等，建議 *Coelophrys* 屬應獨立，不過該兩篇研究皆有提及 *Halieutopsis* 屬內物種形態變異很大，也因此 *Coelophrys* 屬物種的特殊特徵，可能只是 *Halieutopsis* 屬多樣形態中的一種形態變異。

另一方面，本研究發現 *H. nudiventer* 與 *H. bathyoreos* 之間的遺傳差異非常小，在形態上，此兩個物種也是差異不大，最明顯的差別是在背上棘結 (tubercles) 的面數 (facets) (何，2010)。因此，本研究推測 *H. nudiventer* 與 *H. bathyoreos* 可



能為同種異名，未來形態研究再做更多分析後，可建議把物種 *H. bathyoreos* (Bradbury, 1988) 歸入 *H. nudiventer* (Lloyd, 1909)。

## (二) 棘茄魚屬 (*Halieutaea*)

*Halieutaea* 屬的結果，每個種群皆形成單系群，但 *Halieutaea* n. sp. 未被包含在其他已知的四個種群內(何，2010)，因此腹部棘結尾端分岔的 *Halieutaea* n. sp. 建議建立為新的種群。另外，將舌齒 (tongue teeth) 特徵對應到本研究所建構該屬之親緣關係：*H. coccinea*、*H. stellata* 種群與 *Halieutaea* n. sp. 在合併基因樹中形成單系群(圖十六)，三類群物種的舌齒同為水滴狀齒落(何，2010；何，私人通信)。而 *H. fumosa* 種群物種的舌齒為卵圓形齒落，*H. indica* 種群物種的舌齒為斧頭狀齒落(何，2010)，兩種群在 *COI* 基因樹中亦皆為單系群(圖十(c))。*Halieutaea* 屬物種舌齒特徵之演化方向為後續可以探討的問題。

其次，本研究發現 *H. coccinea* 種群中雖然可以腹部棘結的特徵歸納出三個類群：*H. cf. coccinea*、*Halieutaea* sp. 2 (tubercle)、*Halieutaea* sp. 2 (smooth)，不過它們彼此間的基因差異很小。從此結果推測此特徵差異只是同種的三個形態，此物種腹部棘結的大小，可能是受到生態因素(如海底質成分)的影響，而非物種演化的結果，回顧何(2010)所描述同屬不同種的 *H. indica* 標本，腹部也有類似的種內變異出現。另一方面，本研究採集的 *H. coccinea* 種群標本與 GenBank 資料庫內南非的 *H. coccinea* 序列 (GU804994) 有些基因差異 (*COI* 序列間 pairwise distance 值為 0.009 - 0.016)，因此這些標本是否為物種 *H. coccinea* 還有待釐清。最後，本研究也發現 *H. stellata* 標本內，出現胸鰭白緣及黑緣兩種形態，但它們彼此間的基因序列差異亦很小 (*COI* 序列間 pairwise distance 最高值 0.004)，推測可能也是生態因素(如海底質成分)造成它們的變異。



### (三) 海蝠魚屬 (*Malthopsis*)

在本研究所有基因樹中，*M. mitrigeria* 皆不在其他 *Malthopsis* 屬物種所形成的演化系群中，與它們基因差異很大。檢視形態特徵，*M. mitrigeria* 的很多特徵符合 *Malthopsis* 屬的描述，如體盤呈三角形、下鰓蓋骨盾結 (subopercular buckler) 發達等 (Bradbury, 1967; 何, 2010)。*M. mitrigeria* 與 *Malthopsis* 屬其它物種的差異，在其體表盾結較大、下鰓蓋骨盾結較突出 (何, 2010)，圖十七為比較圖。*M. mitrigeria* 與 *Malthopsis* 屬其它物種有如此類似的特徵，或許是因為此物種與其他 *Malthopsis* 屬物種的生態棲位 (ecological niche) 類似 (如同樣在海底山生活，海流強勁)，而在演化歷史中發生趨同演化 (convergent evolution) (如發展出同樣發達的下鰓蓋骨盾結使身體更容易固定)。

其次，扣除物種 *M. mitrigeria*，在本研究所有親緣關係分析結果，均不支持 *Malthopsis* 屬內依照腹部有無小刺的特徵所定義的種群假說的種群假說 (Ho, 2013)。另外同一基因系群內的 *M. kobayashii* 標本腹部出現兩種形態，其中腹部無小刺的標本大部分體形很小 (體長皆為 3.6 公分以下)，而腹部有小刺的標本體形則較大 (體長皆為 6 公分以上)，其形成可能與個體發育有關。因此，此特徵並不適合作為鑑種依據。

在物種問題方面，*Malthopsis* sp. 3 標本目前暫定為可能的新種之一，但形質特徵尚待進一步檢視。它們雖然在 *COI* 基因樹內未形成單系群，但所有標本間基因序列差異不大，且採樣地點接近，皆在巴布亞新幾內亞東部海域。本研究推測由於 *COI* 基因標記解析度較差，才導致如此結果，但目前還無法排除這些標本內有不同物種的可能，待之後檢視標本型態特徵才能獲得解答。

另外在 *COI* 基因樹中，採自南非的 *M. tiarella* (HQ945900) GenBank 序列，在 *M. asperata* 的基因系群中。回顧過去文獻，此標本有可能為物種 *M. australiana* 之誤鑑 (Ho, 2013)，*M. tiarella*、*M. australiana* 及 *M. asperata* 三物種彼此間之分



類地位還有待釐清。另外根據本研究結果，此標本應為 *M. asperata* 或其同種異名物種，因此過去所認為的 *M. asperata* 分佈範圍（紐西蘭至新喀里多尼亞海域）(Ho *et al.*, 2013a) 要進行修改，其實際分布範圍可能涵蓋整個印度西太平洋。


最後，*M. jordani* (AP005978)、*M. tiarella* (ASIZP0800798) 及 *M. kobayashii* (HCH1482) 這三條序列，分別在 *M. kobayashii*、*M. gigas* 及 *Malthopsis* sp. 1 的基因系群當中出現，也造成鑑種的不一致。當中使用 *M. jordani* (AP005978) 序列的論文是在 2010 年發表 (Miya *et al.*, 2010)，當時 *M. kobayashii* 還是無效種 (Ho & Shao, 2010c)，且 *M. jordani* 未被認定為夏威夷特有種 (Ho & Shao, 2010b)，因此才會出現鑑種差異。*M. tiarella* (ASIZP0800798) 的標本鑑種時間是在 2005 年（台灣遺傳資料庫內資料），當時物種 *M. gigas* (Ho & Shao, 2010b) 也還未發表。另外 GenBank 資料庫內的 *M. lutea* (GU805028) 與 *M. gigas* 的採樣標本之序列差異也不大（pairwise distance 值為 0.009 - 0.011），雖然它未被包含在 *M. gigas* 的基因系群內，這條序列實際上為物種 *M. gigas* 的可能性極大，須進一步檢視其標本。

本研究在 *Malthopsis* 屬的結果尚有許多未解決的問題，未來研究的重點工作為採集更多的 *Malthopsis* 屬不同物種標本，並以分子親緣關係分析當工具，以重新定義 *Malthopsis* 屬內的種群及物種。

#### （四）牙棘茄魚屬 (*Halicmetus*)

本研究在 *Halicmetus* 屬的親緣關係結果，支持何 (2010) 的種群假說：*H. reticulatus* 種群與 *H. ruber* 種群。不過由於本研究採集的 *H. reticulatus* 種群物種僅 *H. reticulatus* 一種，沒有包含何 (2010) 所歸類，同屬此種群的 *Halicmetus* sp. 3（何 (2010) 的未描述種，分布於澳洲），因此未來仍須採樣此種分析，以進一步驗證種群假說。

另外在 *H. ruber* 種群內的物種，部分樣本被鑑定為 *H. niger* 及未描述種 *H. cf.*




*ruber* (Ho et al., 2008)，但兩物種皆沒有形成單系群，而是形成四個演化系群 (*H. niger* 1、*H. niger* 2、*Halicmetus* sp. 1、*Halicmetus* sp. 2)，它們彼此間的形態差異目前尚無法完全釐清。回顧過去文獻，何 (2010) 有提到 *Halicmetus* 屬是尚未被鑑定標本最多的屬之一，另外物種特徵、測量形質差異也不大，造成其物種分類地位的認定有一定的困難度。未來在 *Halicmetus* 屬，須檢視更多的標本，並以分子系統分類方法作為輔助，它們的分類地位才能更加釐清。

#### (五) 棘茄魚科其他屬

本研究的唯一 *Solocisquama erythrina* 標本，在 *COI* 基因樹中沒有在其它 *Solocisquama* 屬物種所形成的演化系群中。回顧 Bradbury (1999) 及何 (2010)，*S. erythrina* 雖然與 *Solocisquama* 屬的模式物種 (type species) *S. stellulata* 同樣在上頷處有一缺刻 (cleft)，不過其背上棘結與 *S. stellulata* 形態差異明顯，為多分岔不規則形 (*S. stellulata* 則為簡單細長形，詳見 Bradbury (1999) 的圖十八比較圖)，因此或許未來有更多形態證據時，可以為 *S. erythrina* 單獨建立新屬。

其次，在 *COI* 基因樹中，*Ogcocephalus* 屬出現兩個序列間基因遺傳差異極低的基因系群：*O. nasutus* 與 *O. vespertilio*，以及 *O. cubifrons* 與 *O. declivirostris*。此四個物種目前都仍是有效種，可能有部分物種的標本發生鑑定錯誤。Bradbury (1980) 提及物種 *O. cubifrons* 及 *O. nasutus* 的不同個體間，喙 (rostrum) 有明顯不一致的個體發育速度 (ontogenetic allometry)，種內喙的長短差異明顯，因此不留意此點，有機會造成鑑種錯誤。另外她也有提到，有 2% - 3% 的 *Ogcocephalus* 屬標本胸鰭軟條數特殊，在其檢索表第 2 條處會被歸到與該物種不同的類群，造成鑑種錯誤。

最後，*Halieutichthys* 屬在 *COI* 基因樹中的三個物種 *H. aculeatus*、*H. bispinosus* 及 *H. intermedius* 彼此基因差異不大。回顧 Ho et al. (2010)，三個物種皆屬於 *H. aculeatus* species complex (*Halieutichthys* 屬共兩種群，另一種群為 *H. caribbaeus*



species complex)，它們形態差異不大，背部花紋及尾上棘結特徵類似，只有在體表棘結的分佈有些微差異。假若序列提供者的鑑種皆正確，*H. aculeatus* species complex 內之物種可能出現同種異名的情形，三個物種的分類地位也有待後續探討。

### 五、單棘魮魚科單棘魮魚屬(*Chaunax*)內的親緣關係

*Chaunax* 屬的結果不管在 *COI* 基因樹或是合併基因樹，種間親緣關係的支持度大部分不高，原因是此屬內的種間基因遺傳變異較小（*COI* 基因矩陣之簡約性訊息位點比例較少，表十八），屬內平均序列差異之 mean distance 值為 0.045，對照其它屬如 *Lophiodes*、*Halieutaea*，值分別是 0.105、0.07，相對是較低的。

本研究結果指出 *C. pictus* 種群為單系群，*C. abei* 及 *C. fimbriatus* 種群則無。Ho & Shao (2010a) 的 *C. abei* 種群不成立，其物種至少可分四類群：*C. apus*、*C. russatus*、*Chaunax* sp. 1 及其它所有物種形成之基因系群。而 *C. fimbriatus* 種群物種的種間關係還無法解決，未來再做更多物種或基因標記後，才能有進一步釐清。

其次在 *COI* 基因樹的結果，發現很多與本研究蒐集同種類或同種群的網路資料庫序列，並不在推衍的同基因系群中，特別是兩個物種 *Chaunax pictus* 及 *Chaunax abei*（表十五）。Ho & Last (2013) 提及 *C. pictus* 的分佈範圍應只有在大西洋 (Caruso, 1989) 及地中海 (Ragonese & Giusto, 1997)，東大西洋地區的分佈最南邊只有到甘比亞 (Caruso, 1989)。因此 GenBank 資料庫內南非的 *C. pictus* 序列物種鑑定存疑。依照 Caruso (1989) 的種群假說，資料庫下載分析的四條 *C. pictus* 序列中，可能只有與 *C. penicillatus* 形成姊妹群的 *C. pictus* 序列 (NC\_013883, Miya *et al.* (2010)) 才是由鑑種正確的標本取得。而在物種 *C. abei* 部分，五條資料庫取得的序列出現在 *COI* 基因樹的不同基因系群中，推測這是因為 *C. abei* 是過去所認定的

*C. abei* 種群中，因分類文獻資料不足或缺乏整合，而最常被誤鑑的物種。另外種名無效也是鑑種不一致的可能原因，如 *C. tosaensis* (NC\_004382)，被 Ho & Shao (2010a) 認定為 *C. penicillatus* 之次同種異名。



## 總結



本研究利用西太平洋地區採集的標本，以分子系統分類的研究方法，探討鮫鱈科（鮫鱈亞目）、棘茄魚科（棘茄魚亞目）及單棘雙魚科（單棘雙魚亞目）彼此間及科內物種之親緣關係，並檢視科與屬內前人所建構的種群假說，表二十三為本研究檢驗之所有種群假說與本研究所得結果之整理表。鮫鱈目內各大類群的演化關係方面，本研究五個亞目間的親緣關係支持 Miya *et al.* (2010) 的結果，鮫鱈科為鮫鱈目最早分化類群，單棘雙魚科與角鮫鱈亞目形成姊妹群，但棘茄魚科及雙魚亞目之親緣關係位置無法確定。鮫鱈科內四個屬皆獨立形成單系群，但屬間親緣關係未解決。在 *Lophiodes* 屬內形成四個演化系群，符合 Caruso (1981) 的種群假說，但種群間親緣關係與其研究結果不符，因此推論在 *Lophiodes* 屬的演化歷史中，背鰭棘數目改變事件並非為單一事件。另外 *Lophiodes* 屬內 *L. mutilus* 並非為單系群，種內至少有兩個隱蔽種。單棘雙魚科中 *Chaunax* 屬為單系群，屬內物種的分類地位已有進一步的釐清，共發現五個可能新種。基因樹僅支持 Caruso (1989) 所提出的 *C. pictus* 種群有效性，而不支持 Ho & Shao (2010a) 所提出的另外兩種群。棘茄魚科內，共發現十個可能新種，部分屬間關係已解決，科內除 *Halieutaea* 屬及物種 *Malthopsis mitrigeria* 外，共形成兩個主要演化系群：大西洋類群和印度西太平洋類群，與 Derouen *et al.* (2014) 的結果相似，因此推論棘茄魚科內的演化歷史可能與地理事件有關。另外 *Coelophrys*、*Halieutopsis*、*Malthopsis* 及 *Solocisquama* 屬未形成單系群，因此本研究建議 *Malthopsis mitrigeria* 及 *Solocisquama erythrina* 未來應單獨建立新屬，*Coelophrys* 屬則是合併到 *Halieutopsis* 屬中。*Halieutaea* 屬內形成五個演化系群，何博士待發表新種 *Halieutaea* n. sp. 不屬於其它已知的四個種群(何, 2010)，因此建議為其建立新的種群。最後 *Halicometus* 屬內形成兩個演化系群，符合何 (2010) 的種群假說，但屬內多數物種之分類地

位仍待進一步釐清。表十二為本研究所分析之鮫鱈目魚類物種名錄及其地理分布之更新資訊。



## 未來研究展望



1. 本研究在此三科物種中發現許多新種、隱蔽種及同種異名之情形，甚至在棘茄魚科中發現有部分屬可以合併，或部分物種可以建立新屬。未來可以本研究的結果為基礎，進一步分析各物種或屬之形態特徵，加以驗證本研究的發現。
2. 部分物種內出現明顯的形態變異(如：*Halieutaea* sp. 2種內腹部的形態差異)，其可能為生態或其它因素所造成，未來尚需調查生態、行為等資料，才能釐清可能原因。
3. 本研究在棘茄魚科未蒐集到全部屬的樣本，且合併基因樹內屬間親緣關係未完全解決。未來需蒐集更多物種的標本及定序更多的基因標記，以解決棘茄魚科屬間的親緣關係。
4. 本研究顯示在 *Halieutaea* 屬內具三種不同舌齒特徵的物種皆形成單系群，未來可進一步檢視其它棘茄魚科的屬，甚至鮫鱈目其它亞目內的物種舌齒特徵，配合親緣關係樹，以進一步推衍舌齒特徵的完整演化歷史。
5. 此三科內多數的屬在西太平洋地區物種多樣性豐富(表二)，如鮫鱈科 *Lophiodes* 屬、單棘魮魚科 *Chaunax* 屬等，未來可進一步採集更多不同地點的標本，以生物地理學 (biogeography) 的角度進行更深入分析，推衍這些屬的完整演化史。

## 參考文獻



- Armani, A., Castigliego, L., Tinacci, L., Gandini, G., Gianfaldoni, D. and Guidi, A. (2012). A rapid PCR–RFLP method for the identification of *Lophius* species. *European Food Research and Technology* 235(2): 253-263.
- Arnold, R. J. and Pietsch, T. W. (2012). Evolutionary history of frogfishes (Teleostei: Lophiiformes: Antennariidae): A molecular approach. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 62(1): 117-129.
- Avise, J. C. (2004). *Molecular markers, natural history, and evolution*, 2nd edition. Sunderland, Massachusetts, Sinauer Associates.
- Ballard, J. W. O. and Whitlock, M. C. (2004). The incomplete natural history of mitochondria. *Molecular Ecology* 13(4): 729-744.
- Benson, D. A., Cavanaugh, M., Clark, K., Karsch-Mizrachi, I., Lipman, D. J., Ostell, J. and Sayers, E. W. (2012). GenBank. *Nucleic Acids Research*: 1-7.
- Betancur-R., R., Broughton, R. E., Wiley, E. O., Carpenter, K., López, J. A., Li, C., Holcroft, N. I., Arcila, D., Sanciangco, M. and Cureton II, J. C. (2013). The tree of life and a new classification of bony fishes. *Plos Currents Tree of Life*.
- Bradbury, M. G. (1967). The genera of batfishes (Family Ogcocephalidae). *Copeia* 1967(2): 399-422.
- Bradbury, M. G. (1980). A revision of the fish genus *Ogcocephalus* with descriptions of new species from the western Atlantic Ocean (Ogcocephalidae: Lophiiformes). *Proceedings of the California Academy of Sciences*. 42(7): 229-285.
- Bradbury, M. G. (1986). Ogcocephalidae. In: Smith, M. M. and Heemstra, P. C. (Ed.) *Smiths' sea fishes*. Pp.370-373. Berlin, Springer-Verlag.

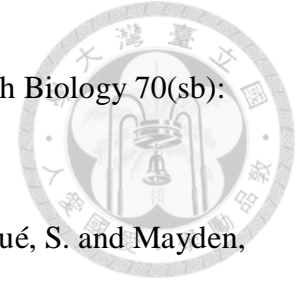




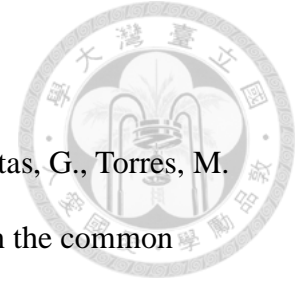
- Bradbury, M. G. (1988). Rare fishes of the deep-sea genus *Haliieutopsis*: a review with descriptions of four new species (Lophiiformes: Ogcocephalidae). *Fieldiana Zoology* 44: 1-22.
- Bradbury, M. G. (1999). A review of the fish genus *Dibranchius* with descriptions of new species and a new genus, *Solocisquama* (Lophiiformes, Ogcocephalidae). *Proceedings of the California Academy of Sciences* 51(5): 259-310.
- Bradbury, M. G. (2003). Family Ogcocephalidae Jordan 1895–batfishes. *California Academy of Sciences Annotated Checklists of Fishes* 17: 1-17.
- Caruso, J. H. (1981). The systematics and distribution of the lophiid anglerfishes: I. A revision of the genus *Lophiodes* with the description of two new species. *Copeia* 1981(3): 522-549.
- Caruso, J. H. (1983). The systematics and distribution of the lophiid anglerfishes: II. Revisions of the genera *Lophiomus* and *Lophius*. *Copeia* 1983(1): 11-30.
- Caruso, J. H. (1985). The systematics and distribution of the lophiid anglerfishes: III. Intergeneric relationships. *Copeia* 1985(4): 870-875.
- Caruso, J. H. (1986). Lophiidae. In: Smith, M. M. and Heemstra, P. C. (Ed.) *Smiths' sea fishes*. Pp.363-366. Berlin, Springer-Verlag.
- Caruso, J. H. (1989). Systematics and distribution of the Atlantic chaunacid anglerfishes (Pisces: Lophiiformes). *Copeia* 1989(1): 153-165.
- Caruso, J.H., (1995). Lophiidae. In: Fischer, W., Krupp, F., Schneider, W., Sommer, C., Carpenter, K.E. and Niem, V. (Eds.) *Guía FAO para la identificación de especies para los fines de la pesca. Pacífico centro-oriental, Vol. 3*. Pp. 1227-1230. Rome, FAO.
- Caruso, J. H., Ho, H.-C., Pietsch, T. W. and Buth, D. (2006). *Chaunacops* Garman, 1899,



- a senior objective synonym of *Bathychaunax* Caruso, 1989 (lophiiformes: Chaunacoidei: Chaunacidae). *Copeia* 2006(1): 120-121.
- Caruso, J. H., Ross, S. W., Sulak, K. J. and Sedberry, G. R. (2007). Deep-water chaunacid and lophiid anglerfishes (Pisces: Lophiiformes) off the south-eastern United States. *Journal of Fish Biology* 70(4): 1015-1026.
- Chanet, B., Guintard, C., Betti, E., Gallut, C., Dettai, A. and Lecointre, G. (2013). Evidence for a close phylogenetic relationship between the teleost orders Tetraodontiformes and Lophiiformes based on an analysis of soft anatomy. *Cybium* 37(3): 179-198.
- Chave, E.H. and Mundy, B.C. (1994). Deep-sea benthic fish of the Hawaiian Archipelago, Cross Seamount, and Johnston Atoll. *Pacific Science* 48:367-409.
- Chen, W.-J., Bonillo, C. and Lecointre, G. (2003). Repeatability of clades as a criterion of reliability: a case study for molecular phylogeny of Acanthomorpha (Teleostei) with larger number of taxa. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 26(2): 262-288.
- Chen, W.-J., Lavoué, S. and Mayden, R. L. (2013). Evolutionary origin and early biogeography of otophysan fishes (Ostariophysi: Teleostei). *Evolution* 67(8): 2218-2239.
- Chen, W.-J., Miya, M., Saitoh, K. and Mayden, R. L. (2008). Phylogenetic utility of two existing and four novel nuclear gene loci in reconstructing tree of life of ray-finned fishes: The order Cypriniformes (Ostariophysi) as a case study. *Gene* 423(2): 125-134.
- Chen, W.-J., Ruiz-Carus, R. and Ortí, G. (2007). Relationships among four genera of mojarras (Teleostei: Perciformes: Gerreidae) from the western Atlantic and their



- tentative placement among percomorph fishes. *Journal of Fish Biology* 70(sb): 202-218.
- Chen, W.-J., Santini, F., Carnevale, G., Chen, J.-N., Liu, S.-H., Lavoué, S. and Mayden, R. L. (2014). New insights on early evolution of spiny-rayed fishes (Teleostei: Acanthomorpha). *Marine Systematics and Taxonomy* 1: 53.
- Derouen, V., Ludt, W. B., Ho, H.-C. and Chakrabarty, P. (2014). Examining evolutionary relationships and shifts in depth preferences in batfishes (Lophiiformes: Ogcocephalidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 84: 27 - 33.
- Endo, H. and Shinohara, G. (1999). A new batfish, *Coelophrys bradburyae* (Lophiiformes : Ogcocephalidae) from Japan, with comments on the evolutionary relationships of the genus. *Ichthyological Research* 46(4): 359-365.
- Eschmeyer, W. N. (Ed.) (2015). *Catalog of Fishes*. <<http://research.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/fishcatmain.asp>> (accessed January 2015).
- Eschmeyer, W. N. and Herald, E. S. (1999). *A field guide to Pacific coast fishes*. North America, Houghton Mifflin Harcourt.
- Espiñeira, M., González-Lavín, N., Vieites, J. M. and Santaclara, F. J. (2008). Authentication of Anglerfish Species (*Lophius* spp) by Means of Polymerase Chain Reaction–Restriction Fragment Length Polymorphism (PCR–RFLP) and Forensically Informative Nucleotide Sequencing (FINS) Methodologies. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 56(22): 10594-10599.
- Farias, I. P., Ortí, G., Sampaio, I., Schneider, H. and Meyer, A. (2001). The cytochrome b gene as a phylogenetic marker: the limits of resolution for analyzing relationships among cichlid fishes. *Journal of Molecular Evolution* 53(2):



89-103.

Farina, A. C., Azevedo, M., Landa, J., Duarte, R., Sampedro, P., Costas, G., Torres, M.

A. and Cañás, L. (2008). *Lophius* in the world: a synthesis on the common features and life strategies. *ICES Journal of Marine Science: Journal du Conseil* 65(7): 1272-1280.

Froese, R. and Pauly, D. (Ed.) (2015). FishBase. <<https://www.fishbase.org>> (accessed January 2015).

Gilchrist, J. D. F. and Thompson, W. W. (1916). Description of four new S. African fishes. *Marine Biological Report South Africa 1914-1918*, 3: 56-61.

Hebert, P. D. N., Cywinska, A. and Ball, S. L. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences* 270(1512): 313-321.

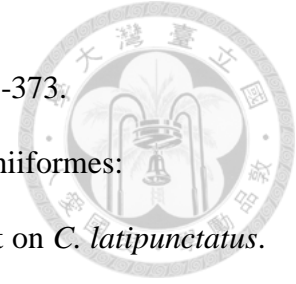
Ho, H.-C. (2013). Two new species of the batfish genus *Malthopsis* (Lophiiformes: Ogcocephalidae) from the Western Indian Ocean. *Zootaxa* 3716(2): 289–300.

Ho, H.-C. and Chen, W.-J. (2013). DNA sequences and morphological variation in *Lophiodes iwamotoi* Ho, Serét & Shao, 2011 based on new material from New Caledonia. *Zootaxa* 3682(4): 594–598.

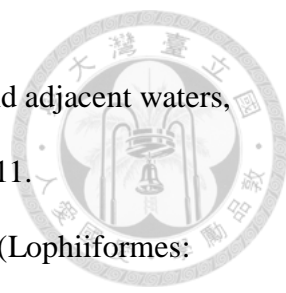
Ho, H.-C. and Last, P. R. (2013). Two new species of the coffinfish genus *Chaunax* (Lophiiformes: Chaunacidae) from the Indian Ocean. *Zootaxa* 3710(5): 436–448.

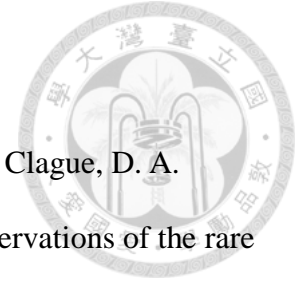
Ho, H.-C. and Shao, K.-T. (2008a). The batfishes (Lophiiformes: Ogcocephalidae) of Taiwan, with descriptions of eight new records. *Journal of the Fisheries Society of Taiwan* 35(4): 289-313.

Ho, H.-C. and Shao, K.-T. (2008b). A new species of anglerfish (Lophiidae: Lophiodes)

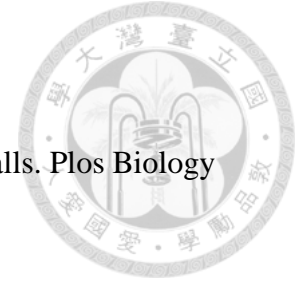


- from the western Pacific. *Ichthyological Research* 55(4): 367-373.
- Ho, H.-C. and Shao, K.-T. (2010a). A new species of *Chaunax* (Lophiiformes: Chaunacidae) from the western South Pacific, with comment on *C. latipunctatus*. *Zootaxa* 2445: 53-61.
- Ho, H.-C. and Shao, K.-T. (2010b). A review of *Malthopsis jordani* Gilbert, 1905, with description of a new batfish from the Indo-Pacific Ocean (Lophiiformes: Ogcocephalidae). *Bulletin of the National Museum of Nature and Science (Ser. A) Supplement 4*: 9-19.
- Ho, H.-C. and Shao, K.-T. (2010c). Redescription of *Malthopsis lutea* Alcock, 1891 and resurrection of *M. kobayashii* Tanaka, 1916 (Lophiiformes: Lophiidae). *Journal of the National Taiwan Museum* 63(3): 1-18.
- Ho, H.-C., Bineesh, K. K. and Akhilesh, K. V. (2014). Rediscovery of *Lophiodes triradiatus* (Lloyd, 1909), a senior synonym of *L. infrabrunneus* Smith and Radcliffe (Lophiiformes: Lophiidae). *Zootaxa* 3786(5): 587-592.
- Ho, H.-C., Chakrabarty, P. and Sparks, J. S. (2010). Review of the *Halieutichthys aculeatus* species complex (Lophiiformes: Ogcocephalidae), with descriptions of two new species. *Journal of Fish Biology* 77(4): 841-869.
- Ho, H.-C., Endo, H. and Sakamaki, K. (2008). A new species of *Halicmetus* (Lophiiformes: Ogcocephalidae) from the Western Pacific, with comments on congeners. *Zoological Studies* 47(6): 767-773.
- Ho, H.-C., Roberts, C. D. and Shao, K.-T. (2013a). Revision of batfishes (Lophiiformes: Ogcocephalidae) of New Zealand and adjacent waters, with description of two new species of the genus *Malthopsis*. *Zootaxa* 3626(1): 188-200.
- Ho, H.-C., Roberts, C. D. and Stewart, A. L. (2013b). A review of the anglerfish genus

- 
- Chaunax* (Lophiiformes: Chaunacidae) from New Zealand and adjacent waters, with descriptions of four new species. *Zootaxa* 3620(1): 89-111.
- Ho, H.-C., Séret, B. and Shao, K.-T. (2011). Records of anglerfishes (Lophiiformes: Lophiidae) from the western South Pacific Ocean, with descriptions of two new species. *Journal of Fish Biology* 79(7): 1722-1745.
- Khalaf, M. and Zajonz, U. (2007). Fourteen additional fish species recorded from below 150 m depth in the Gulf of Aqaba, including *Liopropoma lunulatum* (Pisces: Serranidae), new record for the Red Sea. *Fauna of Arabia* 23: 421-433.
- Kimura, M. (1980). A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution* 16(2): 111-120.
- Kulbicki, M., Randall, J. E. and Rivaton, J. (1994). Checklist of the fishes of the Chesterfield Islands (Coral Sea). *Micronesica* 27(1/2): 1-43.
- López, J. A., Chen, W.-J. and Ortí, G. (2004). Esociform phylogeny. *Copeia* 2004(3): 449-464.
- Le Danois, Y. (1978). Description de deux nouvelles especes de Chaunacidae (Pisces Pediculati). *Cybium* 3e ser.,(4): 87-93.
- Leslie, R. W. and Grant, W. S. (1994). Meristic and morphometric variation among anglerfish of the genus *Lophius* (Lophiiformes). *Journal of Zoology* 232: 565-584.
- Lieske, E. and Myers, R. (1994). Collins Pocket Guide. Coral reef fishes. Indo-Pacific & Caribbean including the Red Sea, Haper Collins Publishers.
- Lloyd, R. E. (1909). A description of the deep-sea fish caught by the R. I. M. S. ship 'Investigator' since the year 1900, with supposed evidence of mutation in



- Malthopsis. *Memoirs of the Indian Museum* 2(3): 139-180.
- Lundsten, L., Johnson, S. B., Cailliet, G. M., DeVogelaere, A. P. and Clague, D. A. (2012). Morphological, molecular, and in situ behavioral observations of the rare deep-sea anglerfish *Chaunacops coloratus* (Garman, 1899), order Lophiiformes, in the eastern North Pacific. *Deep-Sea Research Part I-Oceanographic Research Papers* 68: 46-53.
- Lydeard, C. and Roe, K. J. (1997). The phylogenetic utility of the mitochondrial cytochrome b gene for inferring relationships among actinopterygian fishes. In: Kocher, T. D. and Stepien, C. A. (Ed.) *Molecular systematics of fishes*. Pp. 285–303. San Diego, Academic Press.
- Maddison, W. P. and Maddison, D. R. (2014). Mesquite: a modular system for evolutionary analysis Version 2.75 <<http://mesquiteproject.org>> (accessed January 2014).
- Miya, M. and Nishida, M. (2000). Use of mitogenomic Information in teleostean molecular phylogenetics: A tree-based exploration under the maximum-parsimony optimality criterion. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 17(3): 437-455.
- Miya, M., Kawaguchi, A. and Nishida, M. (2001). Mitogenomic exploration of higher teleostean phylogenies: a case study for moderate-scale evolutionary genomics with 38 newly determined complete mitochondrial DNA sequences. *Molecular Biology and Evolution* 18(11): 1993-2009.
- Miya, M., Pietsch, T. W., Orr, J. W., Arnold, R. J., Satoh, T. P., Shedlock, A. M., Ho, H.-C., Shimazaki, M., Yabe, M. and Nishida, M. (2010). Evolutionary history of anglerfishes (Teleostei: Lophiiformes): a mitogenomic perspective. *BMC*

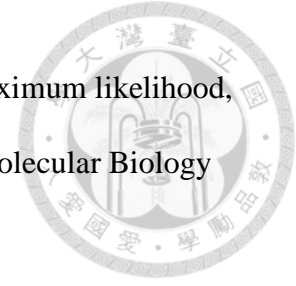


- Evolutionary Biology 10(1): 58.
- Moritz, C. and Cicero, C. (2004). DNA barcoding: Promise and pitfalls. *Plos Biology* 2(10): 1529-1531.
- Mundy, B. C. (2005). Checklist of the fishes of the Hawaiian Archipelago. Honolulu, Hawaii, Bishop Museum Press.
- Nakabo, T., (2002). Fishes of Japan with pictorial keys to the species, English edition I. Japan, Tokai University Press.
- Paxton, J. R., Hoese, D. F., Allen, G. R. and Hanley, J. E. (1989). Zoological catalogue of Australia. Vol. 7. Pisces. Petromyzontidae to Carangidae.
- Pietsch, T. W. (1984). Lophiiformes: development and relationship. In: Moser, H. G., Richards, W. J., Cohen, D. M. (Ed.) Ontogeny and systematics of fishes. Pp. 320-325. Lawrence, Kansas, American Society of Ichthyologists and Herpetologists Special Publication 1.
- Pietsch, T.W. (2009). Oceanic anglerfishes: Extraordinary diversity in the deep sea. California, University of California Press.
- Pietsch, T. W. and Orr, J. W. (2007). Phylogenetic relationships of deep-sea anglerfishes of the suborder Ceratioidei (Teleostei: Lophiiformes) based on morphology. *Copeia* 2007(1): 1-34.
- Pietsch, T. W., Ho, H.-C. and Chen, H.-M.. (2004). Revision of the deep-sea anglerfish genus *Bufoceratias* Whitley (Lophiiformes: Ceratioidei: Diceratiidae), with description of a new species from the Indo-West Pacific Ocean. *Copeia* 2004(1): 98-107.
- Pietsch, T. W., Ross, S. W., Caruso, J. H., Saunders, M. G. and Fisher, C. R. (2013). In-situ observations of the deep-sea goosefish *Sladenia shaefersi* Caruso and





- Bullis (Lophiiformes: Lophiidae), with evidence of extreme sexual dimorphism. *Copeia* 2013(4): 660-665.
- Ragonese, S. and Giusto, G. B. (1997). *Chaunax pictus* Lowe 1846—first record of the family Chaunacidae in the Mediterranean Sea. *Journal of Fish Biology* 51(5): 1063-1065.
- Randi, E. (2000). Mitochondrial DNA. In: Baker, A. J. (Ed.) *Molecular methods in ecology*. Pp. 136-167. London, Blackwell Science.
- Ratnasingham, S. and Hebert, P. D. N. (2007). BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>). *Molecular Ecology Notes* 7(3): 355-364.
- Robins, C. R. and Ray, G. C. (1999). *A field guide to Atlantic coast fishes*. North America, Houghton Mifflin Harcourt.
- Sevilla, R. G., Diez, A., Noren, M., Mouchel, O., Jerome, M., Verrez-Bagnis, V., Van Pelt, H., Favre-Krey, L., Krey, G. and Bautista, J. M. (2007). Primers and polymerase chain reaction conditions for DNA barcoding teleost fish based on the mitochondrial cytochrome b and nuclear rhodopsin genes. *Molecular Ecology Notes* 7(5): 730-734.
- Shao, K.-T. (Ed.) (2015a). *Cryobanking program in Taiwan*. <<http://cryobank.sinica.edu.tw/>> (accessed January 2015).
- Shao, K.-T. (Ed.) (2015b). *The Fish Database of Taiwan*. <<http://fishdb.sinica.edu.tw/>> (accessed January 2015).
- Stamatakis, A. (2006). RAxML-VI-HPC: Maximum likelihood-based phylogenetic analyses with thousands of taxa and mixed models. *Bioinformatics* 22(21): 2688-2690.
- Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M. and Kumar, S. (2011).



- MEGA5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Molecular Biology and Evolution* 28(10): 2731-2739.
- Thompson, J. D., Higgins, D. G. and Gibson, T. J. (1994). Clustal W: Improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research* 22(22): 4673-4680.
- Venkatesh, B., Ning, Y. and Brenner, S. (1999). Late changes in spliceosomal introns define clades in vertebrate evolution. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 96(18): 10267-10271.
- Ward, R. D., Zemlak, T. S., Innes, B. H., Last, P. R. and Hebert, P. D. N. (2005). DNA barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 360(1462): 1847-1857.
- Waugh, J. (2007). DNA barcoding in animal species: progress, potential and pitfalls. *BioEssays* 29(2): 188-197.
- Weitkamp, D. E., Sullivan, R. D., Swant, T. and DosSantos, J. (2003). Gas bubble disease in resident fish of the lower Clark Fork River. *Transactions of the American Fisheries Society* 132(5): 865-876.
- Yamada, U., Shirai, S., Irie, T. T., M. , Deng, S., Zheng, Y., Li, C., Kim, Y. U. and Kim, Y. S. (1995). Names and illustrations of fishes from the east china sea and the yellow sea: Japanese chinese korean. Tokyo, Japan, Overseas Fishery Cooperation Foundation.
- Yamanoue, Y., Miya, M., Matsuura, K., Yagishita, N., Mabuchi, K., Sakai, H., Katoh, M. and Nishida, M. (2007). Phylogenetic position of tetraodontiform fishes within

the higher teleosts: Bayesian inferences based on 44 whole mitochondrial genome sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 45(1): 89-101.

Yang, Z. (1994). Estimating the pattern of nucleotide substitution. *Journal of Molecular Evolution* 39(1): 105-111.

何宣慶 (2010)。棘茄魚科 (鮫鰩魚目) 之系統分類以及地理分布研究暨印度太平洋各屬之重新檢視。國立臺灣海洋大學海洋生物研究所博士論文。

倪勇、伍漢霖、李生 (2012)。寬鰓鮫鰩屬-新種。動物分類學報 37(001): 211-216。

表一、鮫鰈目內的分類狀況，參考 Pietsch (1984) ，中文譯名參考台灣魚類資料庫 (Shao, 2015b)。



亞目 (Suborder)	科 (Family)
鮫鰈亞目 (Lophioidei)	鮫鰈科 (Lophiidae)
棘茄魚亞目 (Ogcocephaloidei)	棘茄魚科 (Ogcocephalidae)
單棘躑魚亞目 (Chaunacoidei)	單棘躑魚科 (Chaunacidae)
躑魚亞目 (Antennarioidei)	躑魚科 (Antennariidae)
	四臂躑魚科 (Tetrabrachiidae)
	臂鉤躑魚科 (Brachionichthyidae)
	鮫躑魚科 (Lophichthyidae)
角鮫鰈亞目 (Ceratioidei)	刺鮫鰈科 (Centrophrynidae)
	角鮫鰈科 (Ceratiidae)
	鞭冠鮫鰈科 (Himantolophidae)
	雙角鮫鰈科 (Diceratiidae)
	黑鮫鰈科 (Melanocetidae)
	奇鮫鰈科 (Thaumatichthyidae)
	夢鮫鰈科 (Oneirodidae)
	長鰭鮫鰈科 (Caulophrynidae)
	巨棘鮫鰈科 (Gigantactinidae)
	新角鮫鰈科 (Neoceratiidae)
	鬚鮫鰈科 (Linophrynidae)

表二、鮫鱈科、棘茄魚科與單棘雙魚科的分類狀況及各地理區物種數，以及本研究結果新增(+)或減少(-)的物種數，詳細名單參考表十二。有效物種參考 Catalog of Fishes 資料庫 (Eschmeyer, 2015)，物種地理分布參考 FishBase 資料庫 (Froese & Pauly, 2015)，中文譯名參考台灣魚類資料庫 (Shao, 2015b)。



屬名	屬中文名	大西洋	東太平洋	印度西太平洋 (西太平洋)	全部	西太平洋 (本研究)
<b>Lophiidae 鮫鱈科</b>						
<i>Lophiodes</i>	擬鮫鱈屬	4	4	9 (8)	17	+1
<i>Lophiomus</i>	黑口鮫鱈屬	0	0	1 (1*)	1	
<i>Lophius</i>	鮫鱈屬	5	0	1 (1)	6	
<i>Sladenia</i>	寬鰓鮫鱈屬	1	0	3 (2*)	4	
<b>Ogcocephalidae 棘茄魚科</b>						
<i>Coelophrys</i>	腔蝠魚屬	0	0	7 (7*)	7	+1
<i>Dibranchus</i>	雙鰓魚屬	2	9	2 (1)	13	
<i>Halicmetus</i>	牙棘茄魚屬	0	0	3 (2*)	3	+3
<i>Halieutaea</i>	棘茄魚屬	0	0	9 (6*)	9	+ 2 or 3
<i>Halieutichthys</i>	副棘茄魚屬	4	0	0 (0)	4	
<i>Halieutopsis</i>	擬棘茄魚屬	0	1	10 (8*)	11	+1 & -1
<i>Malthopsis</i>	海蝠魚屬	1	0	12 (7*)	13	+2
<i>Ogcocephalus</i>	蝙蝠魚屬	10	2	0 (0)	12	
<i>Solocisquama</i>	異鱗魚屬	0	1	2 (2*)	3	
<i>Zalieutes</i>	浪蝙蝠魚屬	1	1	0 (1)	2	
<b>Chaunacidae 單棘雙魚科</b>						
<i>Chaunacops</i>	槳雙魚屬	1	0	2 (1)	3	
<i>Chaunax</i>	單棘雙魚屬	3	1	15 (11*)	19	+5

\*物種數在西太平洋地區佔該屬大多數。

表三、EXBODI 各測站資訊，包含測站編號、日期、經緯度、拖網開始與結束深度。

Station	Date	Latitude	Longitude	Depth1	Depth2
CP3786	2011/IX/02	22°15'S	167°13'E	406	442
CP3795	2011/IX/04	21°32'S	166°21'E	240	245
CP3800	2011/IX/04	21°32'S	166°22'E	279	282
CP3805	2011/IX/05	21°42'S	166°34'E	302	302
CP3808	2011/IX/05	21°43'S	166°39'E	598	645
CP3811	2011/IX/05	21°44'S	166°38'E	387	688
CP3817	2011/IX/06	21°46'S	166°44'E	574	585
CP3821	2011/IX/07	21°53'S	166°50'E	211	440
CP3830	2011/IX/08	22°05'S	167°09'E	400	437
CP3831	2011/IX/08	22°06'S	167°06'E	325	346
CP3834	2011/IX/09	22°06'S	167°04'E	257	258
CP3835	2011/IX/09	22°06'S	167°06'E	325	346
CP3848	2011/IX/13	22°03'S	168°42'E	430	440
CP3849	2011/IX/13	22°03'S	168°41'E	360	560
CP3851	2011/IX/14	22°19'S	168°45'E	471	510
CP3852	2011/IX/14	22°17'S	168°43'E	582	582
CP3853	2011/IX/14	22°18'S	168°46'E	692	692
CP3854	2011/IX/14	22°18'S	168°45'E	570	570
DW3861	2011/IX/15	22°19'S	169°01'E	425	490
CP3864	2011/IX/15	22°22'S	168°57'E	460	708
CP3883	2011/IX/18	22°21'S	171°39'E	433	516
CP3884	2011/IX/18	22°22'S	171°38'E	521	567
DW3900	2011/IX/20	22°17'S	168°41'E	355	357
CP3927	2011/IX/26	18°36'S	164°20'E	381	381
DW3940	2011/IX/27	18°36'S	164°24'E	380	430

表四、Madang 2012 各測站資訊，包含測站編號、日期、經緯度、拖網開始與結束深度。

Station	Date	Latitude	Longitude	Depth1	Depth2
CP3949	2012/XI/30	5° 12'S	145° 51'E	527	539
CP3959	2012/XI/28	5° 04'S	145° 51'E	582	587
CP3964	2012/XI/30	5° 08'S	145° 50'E	527	539
CP3969	2012/XII/4	4° 35'S	145° 53'E	525	639
CP3970	2012/XII/4	4° 39'S	145° 52'E	573	573
CP3978	2012/XII/5	4° 44'S	146° 12'E	456	582
CP3979	2012/XII/5	4° 44'S	146° 11'E	540	580
CP3981	2012/XII/6	5° 11'S	147° 03'E	688	688
CP3982	2012/XII/6	5° 11'S	147° 03'E	724	724
DW3983	2012/XII/6	5° 13'S	146° 58'E	470	508
CP3989	2012/XII/08	5° 34'S	146° 23'E	802	875
CP3999	2012/XII/10	6° 45'S	147° 14'E	360	360
CP4001	2012/XII/10	6° 45'S	147° 38'E	720	965
CP4006	2012/XII/11	6° 03'S	148° 08'E	440	475
CP4008	2012/XII/11	6° 04'S	148° 10'E	500	555
CP4009	2012/XII/11	6° 04'S	148° 11'E	550	575
CP4012	2012/XII/12	5° 37'S	148° 12'E	500	640
CP4013	2012/XII/12	5° 37'S	148° 13'E	620	780
CP4014	2012/XII/12	5° 36'S	148° 13'E	630	870
CP4017	2012/XII/12	5° 39'S	148° 15'E	280	315
CP4021	2012/XII/13	5° 26'S	145° 56'E	500	870
CP4024	2012/XII/14	5° 21'S	145° 48'E	420	490
CP4026	2012/XII/14	5° 21'S	145° 50'E	620	677
CP4028	2012/XII/14	5° 22'S	145° 47'E	300	320
CP4029	2012/XII/16	4° 54'S	145° 51'E	680	689
CP4032	2012/XII/16	4° 53'S	145° 50'E	610	620
CP4033	2012/XII/16	4° 53'S	145° 53'E	780	780
CP4036	2012/XII/17	4° 30'S	145° 32'E	500	510
CP4037	2012/XII/17	4° 31'S	145° 34'E	600	660
CP4038	2012/XII/17	4° 28'S	145° 35'E	800	840
CP4039	2012/XII/17	4° 20'S	145° 37'E	1000	1045
CP4041	2012/XII/18	3° 54'S	144° 40'E	412	660
CP4048	2012/XII/19	3° 21'S	143° 28'E	325	345
CP4050	2012/XII/19	3° 19'S	143° 27'E	495	510
CP4053	2012/XII/20	3° 03'S	142° 19'E	300	308
CP4055	2012/XII/20	3° 03'S	142° 19'E	370	374
CP4057	2012/XII/20	2° 56'S	142° 11'E	485	490

表四、(續)

Station	Date	Latitude	Longitude	Depth1	Depth2
CP4058	2012/XII/20	2°55'S	142°11'E	535	540
CP4059	2012/XII/21	2°39'S	141°18'E	335	335
CP4061	2012/XII/21	2°38'S	141°19'E	485	500
CP4065	2012/XII/22	3°19'S	143°02'E	380	380
CP4066	2012/XII/22	3°18'S	143°01'E	440	440
CP4067	2012/XII/22	3°18'S	143°00'E	680	740
CP4069	2012/XII/22	3°12'S	143°05'E	510	560
DW4071	2012/XII/23	3°17'S	144°05'E	460	600
CP4075	2012/XII/23	3°29'S	144°03'E	600	645

表五、Taiwan 2013 各測站資訊，包含測站編號、日期、經緯度、拖網開始與結束深度。

Station	Date	Latitude	Longitude	Depth1	Depth2
CP4086	2013/V/21	22°16'N	120°25'E	343	399
CP4088	2013/V/21	22°12'N	120°25'E	372	436
CP4092	2013/V/28	22°21'N	121°07'E	1107	1170
CP4094	2013/V/28	22°14'N	121°05'E	1213	1233
DW4095	2013/V/29	21°13'N	121°34'E	517	573
CP4098	2013/V/30	21°45'N	120°39'E	953	891

表六、NanHai 2014 各測站資訊，包含測站編號、日期、經緯度、拖網開始與結束深度。

Station	Date	Latitude	Longitude	Depth1	Depth2
CP4101	2014/I/02	15°05'N	116°32'E	533	541
DW4105	2014/I/03	13°58'N	115°26'E	297	565
DW4112	2014/I/07	10°24'N	114°45'E	464	1076
CP4115	2014/I/11	20°02'N	114°10'E	300	265
CP4116	2014/I/11	20°02'N	114°10'E	298	262
CP4117	2014/I/11	20°01'N	114°09'E	421	333
CP4119	2014/I/12	20°01'N	115°00'E	653	700



表七、DongSha 2014 各測站資訊，包含測站編號、日期、經緯度、拖網開始與結束深度。

Station	Date	Latitude	Longitude	Depth1	Depth2
CP4127	2014/V/1	20°48'N	116°08'E	392	408
CP4128	2014/V/1	20°45'N	116°08'E	420	444
CP4129	2014/V/2	20°31'N	116°08'E	590	633
CP4131	2014/V/2	20°10'N	116°08'E	916	1012

表八、MADEEP 2014 各測站資訊，包含測站編號、日期、經緯度、拖網開始與結束深度。

Station	Date	Latitude	Longitude	Depth1	Depth2
CP4245	2014/IV/22	4°05'S	148°10'E	790	808
CP4246	2014/IV/22	4°06'S	148°10'E	695	899
CP4251	2014/IV/23	3°31'S	148°03'E	842	933
CP4255	2014/IV/24	2°28'S	150°43'E	333	420
CP4259	2014/IV/25	2°53'S	151°06'E	370	429
CP4260	2014/IV/25	2°54'S	151°05'E	350	847
CP4261	2014/IV/25	2°54'S	151°05'E	584	946
CP4264	2014/IV/26	4°35'S	152°24'E	430	523
CP4265	2014/IV/26	4°36'S	152°25'E	487	550
CP4266	2014/IV/26	4°36'S	152°25'E	575	616
DW4268	2014/IV/27	5°33'S	153°59'E	383	720
DW4270	2014/IV/27	5°36'S	153°59'E	421	421
DW4275	2014/IV/27	5°38'S	153°56'E	435	441
DW4276	2014/IV/28	5°44'S	154°02'E	405	410
DW4277	2014/IV/28	5°44'S	154°03'E	386	390
DW4278	2014/IV/28	5°43'S	154°03'E	490	530
DW4284	2014/IV/28	5°43'S	153°59'E	430	430
DW4293	2014/IV/30	9°12'S	153°58'E	630	670
CP4298	2014/V/1	9°36'S	152°54'E	474	474
CP4299	2014/V/1	9°36'S	152°55'E	480	480
DW4316	2014/V/3	9°49'S	151°35'E	150	180
DW4317	2014/V/4	8°44'S	151°48'E	500	500
DW4319	2014/V/4	8°42'S	151°47'E	560	560
DW4320	2014/V/4	8°42'S	151°48'E	552	552
CP4329	2014/V/6	6°07'S	149°10'E	250	500
CP4330	2014/V/6	6°07'S	149°12'E	315	625
CP4333	2014/V/6	6°07'S	149°10'E	220	440

表八、(續)

Station	Date	Latitude	Longitude	Depth1	Depth2
CP4334	2014/V/6	6°08'S	149°10'E	430	620
CP4336	2014/V/7	6°06'S	149°20'E	314	341
CP4337	2014/V/7	6°06'S	149°18'E	287	447
CP4338	2014/V/7	6°07'S	149°17'E	410	614
CP4339	2014/V/7	6°09'S	149°17'E	510	743
CP4342	2014/V/8	5°29'S	146°09'E	603	603

表九、Kavieng 2014 各測站資訊，包含測站編號、日期、經緯度、拖網開始與結束深度。

Station	Date	Latitude	Longitude	Depth1	Depth2
CP4418	2014/8/28	2°26'S	150°39'E	337.5	1050
CP4419	2014/8/28	2°26'S	150°39'E	366	1100
CP4420	2014/8/28	2°23'S	150°37'E	428.5	1200
CP4421	2014/8/28	2°24'S	150°36'E	497.5	1353.5
CP4422	2014/8/28	2°22'S	150°37'E	552.5	1475
CP4423	2014/8/28	2°21'S	150°38'E	599.5	1785.5
CP4429	2014/8/29	2°19'S	150°38'E	685	1562
CP4433	2014/8/30	2°13'S	150°47'E	1056	2200
CP4435	2014/8/30	2°16'S	150°49'E	1218	2968
CP4437	2014/8/31	2°24'S	150°36'E	416	1300
CP4438	2014/8/31	2°24'S	150°39'E	490	1400
CP4439	2014/8/31	2°23'S	150°36'E	534	1400
CP4440	2014/8/31	2°19'S	150°37'E	583	1500
CP4442	2014/8/31	2°16'S	150°38'E	925	2300
CP4444	2014/9/1	2°15'S	150°15'E	417	1000
CP4445	2014/9/1	2°16'S	150°16'E	342	900
CP4446	2014/9/1	2°15'S	150°15'E	450	1000
CP4447	2014/9/1	2°14'S	150°14'E	658	1300
CP4449	2014/9/1	2°12'S	150°11'E	623	1500
CP4457	2014/9/2	2°34'S	150°41'E	133	530
CP4480	2014/9/4	2°47'S	150°42'E	672	2200
CP4482	2014/9/5	2°41'S	150°06'E	761	1900
CP4483	2014/9/5	2°41'S	150°03'E	827	2070
DW4495	2014/9/6	2°25'S	149°55'E	272	601
CP4498	2014/9/6	2°22'S	149°56'E	340	950

表十、其他實驗室或博物館所提供之肌肉組織

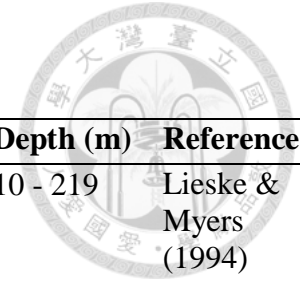
Country	Provider	Species
The USA	Florida Museum of Natural History	<i>Halieutichthys bispinosus</i> , and <i>Ogcocephalus cubifrons</i>
The USA	The Scripps Research Institute	<i>Lophiodes caularis</i> , and <i>Lophiodes spilurus</i>
Taiwan	Laboratory of Dr. Ho (National Museum of Marine Biology and Aquarium)	All samples with "HCH" numbers

表十一、採樣物種數統計。括號左邊數字為本研究實際採樣的物種數，括號內數字為現在有效物種數。

family	genus	species (in family)	genus	species (in genus)
Lophiidae	3 (4)	10 (28)	<i>Lophiodes</i>	8 (17)
			<i>Lophius</i>	1 (6)
			<i>Lophiomus</i>	1 (1)
			<i>Sladenia</i> <sup>a</sup>	0 (4)
Ogcocephalidae	9 (10)	20 (74)	<i>Coelophrys</i>	1 (5)
			<i>Malthopsis</i>	5 (11)
			<i>Halieutaea</i>	5 (9)
			<i>Dibranchus</i>	1 (14)
			<i>Halieutopsis</i>	4 (11)
			<i>Halicmetus</i>	2 (3)
			<i>Solocisquama</i>	2 (3)
			<i>Ogcocephalus</i>	1 (12)
			<i>Zalieutes</i> *	0 (2)
			<i>Halieutichthys</i>	1 (4)
Chaunacidae	1 (2)	6 (22)	<i>Chaunax</i>	6 (19)
			<i>Chaunascops</i> *	0 (3)

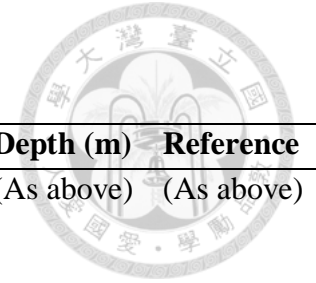
\*表示沒有樣本的屬

表十二、本研究所採集之鮫鱈目物種名錄，包含物種名、博物館存證標本編號、物種分布及深度。



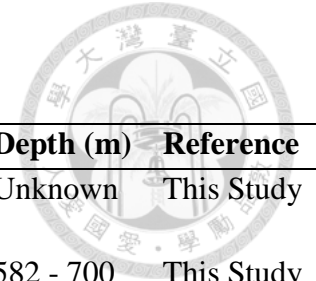
Family	Species	Note	Voucher	Distribution	Depth (m)	Reference
Antennariidae	<i>Antennarius striatus</i> (Shaw 1794)		NTUM uncat.	Indo-Pacific (from Red Sea to Hawaiian islands) and Atlantic, ranging from 43°N - 50°S	10 - 219	Lieske & Myers (1994)
	<i>Fowlerichthys scriptissimus</i> (Jordan, 1902)		NMMBP uncat.	Indo-West Pacific	73 - 185	Nakabo (2002)
	<i>Lophiocharon trisignatus</i> (Richardson, 1844)		NMMBP uncat.	Indo-West Pacific: Singapore, Philippines and Australia	2 - 52	Froese & Pauly (2015)
Chaunacidae	<i>Chaunax abei</i> Le Danois, 1978		NMMBP uncat.	Northwestern Pacific: Japan, Taiwan, and South China Sea	90 - 500	Yamada et al., (1995)
	<i>Chaunax apus</i> Lloyd, 1909	New record from the South China Sea	NTUM10427, NTUM10430	Indo-West Pacific: Bay of Bengal, South China Sea, Papua New Guinea and New Caledonia	412 - 1076	This Study

表十二、(續)



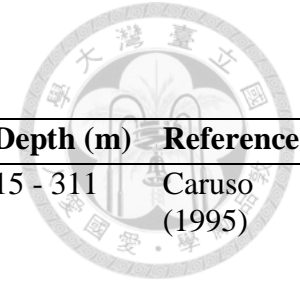
Family	Species	Note	Voucher	Distribution	Depth (m)	Reference
	<i>Chaunax apus</i> Lloyd, 1909	New record from the Papua New Guinea	NTUM10339, NTUM10341, NTUM10343, NTUM10346, NTUM10357, NTUM10360, NTUM10361, NTUM10363, NTUM10370, NTUM10376, NTUM10380, NTUM10383, NTUM10393, NTUM10394, NTUM10398, NTUM10403	(As above)	(As above)	(As above)
	<i>Chaunax breviradius</i> Le Danois, 1978	New record from the New Caledonia	NTUM10483, NTUM10487, NTUM10491, NTUM10493, NTUM10495, NTUM10498, NTUM10505, NTUM10509	West Pacific: Philippines	180 - 510	Le Danois (1978)
	<i>Chaunax fimbriatus</i> Hilgendorf, 1879		NMMBP uncat.	Northwest Pacific: Japan and Taiwan	500 - 1985	Chave & Mundy (1994)
	<i>Chaunax penicillatus</i> McCulloch, 1915		NTUM10391, NTUM10396	Indo-West Pacific: Japan to Australia, South Africa to French Polynesia	343 - 658	Weitkamp <i>et al.</i> (2003)
	<i>Chaunax reticulatus</i> Ho, Roberts & Stewart 2013		NTUM10459	South-West Pacific: New Zealand, New Caledonia and Australia	355 - 950	This Study; Ho <i>et al.</i> (2013b)

表十二、(續)



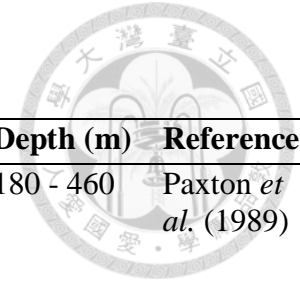
Family	Species	Note	Voucher	Distribution	Depth (m)	Reference
	<i>Chaunax</i> n. sp.	Unpublished species	NMMBP uncat.	Taiwan	Unknown	This Study
	<i>Chaunax</i> sp. 1	Undescribed species	NTUM10338, NTUM10438	West Pacific: South China Sea and Papua New Guinea	582 - 700	This Study
	<i>Chaunax</i> sp. 2	Undescribed species	NTUM10420, NTUM10422, NTUM10435	West Pacific: Taiwan and South China Sea	333 - 436	This Study
	<i>Chaunax</i> sp. 3	Undescribed species	NTUM10462	New Caledonia	381	This Study
	<i>Chaunax</i> sp. 4	Undescribed species	NTUM10440, NTUM10444, NTUM10454, NTUM10458, NTUM10461	New Caledonia	381 - 567	This Study
	<i>Chaunax</i> sp. 5	Unidentified species	None <sup>a</sup>	Papua New Guinea	272 - 601	This Study
	<i>Chaunax</i> sp. 6	Unidentified species	None <sup>b</sup>	Vanuatu	Unknown	This Study
<b>Diceratiidae</b>	<i>Bufoceratias thele</i> (Uwate, 1979)		NMMBP uncat.	Western Pacific: Ceram, Halmahera and South and East China seas	0 - 1500	Pietsch <i>et al.</i> (2004)

表十二、(續)



Family	Species	Note	Voucher	Distribution	Depth (m)	Reference
Lophiidae	<i>Lophiodes caularis</i> (Garman, 1899)		SIO 08-151	Eastern Pacific: Morro Bay, Baja California, Mexico to Peru.	15 - 311	Caruso (1995)
	<i>Lophiodes endoi</i> Ho & Shao, 2008		NTUM10407	Western Pacific: Japan, Taiwan, New Caledonia and Australia	261 - 750	Ho & Shao (2008b)
	<i>Lophiodes iwamotoi</i> Ho, Séret & Shao, 2011	New record from the Papua New Guinea	NTUM10081, NTUM10344, NTUM10347, NTUM10359, NTUM10405	Southwestern Pacific: Savannah Seamount, New Caledonia and Papua New Guinea	460 - 780	This Study; Ho & Chen (2013)
		Other Specimens	ASIZP0073486, ASIZP0073487, ASIZP0073488, ASIZP0073489			
	<i>Lophiodes mutilus</i> (Alcock, 1894)	<i>Lophiodes mutilus</i> 1	NTUM10358, NTUM10381, NTUM10387, NTUM10390, NTUM10397, NTUM10399, NTUM10410, NTUM10418, ASIZP0073483, ASIZP0073484, ASIZP0073485	West Pacific: Taiwan, New Caledonia and Papua New Guinea	370 - 1400	This Study
	<i>Lophiodes mutilus</i> 2	NMMBP uncat.	Taiwan	Unknown	This Study	

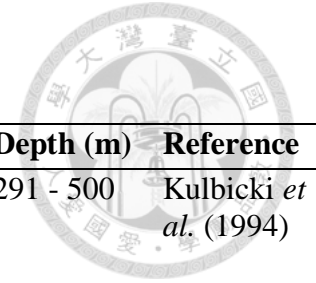
表十二、(續)



Family	Species	Note	Voucher	Distribution	Depth (m)	Reference
	<i>Lophiodes naresi</i> (Günther, 1880)		NTUM10419, NTUM10434	Western Pacific: Taiwan and the Philippines to New Caledonia and eastern Australia	180 - 460	Paxton <i>et al.</i> (1989)
	<i>Lophiodes spilurus</i> (Garman, 1899)		SIO 01-114	Eastern Pacific: California, USA to Chile	120 - 475	Caruso (1995)
	<i>Lophiodes triradiatus</i> (Lloyd, 1909)	New record from Papua New Guinea	NTUM10334, NTUM10335, NTUM10336, NTUM10371	Indo-west Pacific: Western Indian Ocean, Australia, the Philippines, Papua New Guinea, South China Sea, East China Sea and Japan	208 - 1412	This Study; Ho <i>et al.</i> (2014)
	<i>Lophiomus setigerus</i> (Vahl, 1797)		NTUM10408, NTUM10413, NTUM10414	Indo-West Pacific	30 - 800	Khalaf & Zajonz (2007)
<b>Ogcocephalidae</b>	<i>Coelophrys micropa</i> (Alcock, 1891)		NTUM10374, NTUM10379	Indo-West Pacific	439 - 1400	Bradbury (1988)
	<i>Dibranchius japonicus</i> Amaoka & Toyoshima, 1981		None <sup>a</sup>	Western Pacific: Japan to Australia	620 - 1270	Bradbury (1999)

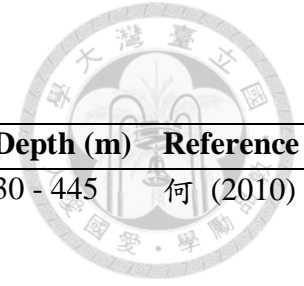


表十二、(續)



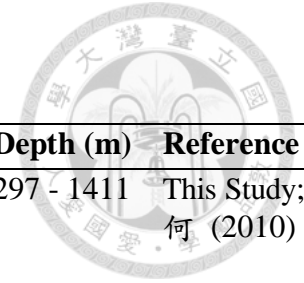
Family	Species	Note	Voucher	Distribution	Depth (m)	Reference
	<i>Halicmetus reticulatus</i> Smith & Radcliffe, 1912		NTUM10436	Western Pacific	291 - 500	Kulbicki <i>et al.</i> (1994)
	<i>Halicmetus niger</i> Ho, Endo & Sakamaki, 2008	<i>Halicmetus niger</i> 1	NTUM10342, NTUM10353, NTUM10364, NTUM10365, NTUM10378	Papua New Guinea	620 - 870	This Study
		<i>Halicmetus niger</i> 2	NTUM10348, NTUM10349, NTUM10366, NTUM10375, NTUM10377, NTUM10401, NTUM10450	New Caledonia & Papua New Guinea	540 - 870	This Study
	<i>Halicmetus</i> sp.1	Undescribed species	NTUM10350, NTUM10356, NTUM10481, NTUM10490	New Caledonia and Papua New Guinea	325 - 580	This Study
	<i>Halicmetus</i> sp.2	Undescribed species	NTUM10453	New Caledonia	460 - 708	This Study
	<i>Halieutaea coccinea</i> Alcock, 1889	<i>Halieutaea</i> cf. <i>coccinea</i>	NTUM10354	Papua New Guinea	300 - 1125	何 (2010)
	<i>Halieutaea fitzsimonsi</i> (Gilchrist & Thompson, 1916)	<i>Halieutaea</i> cf. <i>fitzsimonsi</i>	NTUM10411	Indo-West Pacific	20 - 120	Bradbury (1986)
	<i>Halieutaea fumosa</i> Alcock, 1894		NTUM10416	Indo-West Pacific	70 - 457	何 (2010)

表十二、(續)



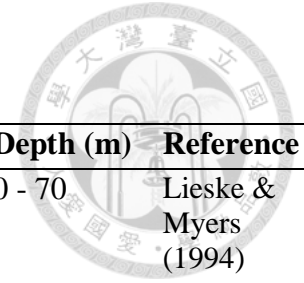
Family	Species	Note	Voucher	Distribution	Depth (m)	Reference
	<i>Halieutaea indica</i> Annandale & Jenkins 1910		NTUM uncat. , NMMBP uncat.	Indo-West Pacific	30 - 445	何 (2010)
	<i>Halieutaea stellata</i> (Vahl, 1797)	Black form (type form)	NTUM10409, NTUM10415	Indo-West Pacific	50 - 400	Yamada <i>et al.</i> (1995)
		Pale form	NTUM10412, NTUM10417			
	<i>Halieutaea</i> n. sp.	Unpublished species	NMMBP uncat.	Taiwan	Unknown	This Study
	<i>Halieutaea</i> sp.1	Undescribed species	NTUM10443, NTUM10456	New Caledonia	521 - 567	This Study
	<i>Halieutaea</i> sp.2	Small tubercle form	NTUM10351, NTUM10352, NTUM10385, NTUM10388, NTUM10389, NTUM10395, NTUM10402	Papua New Guinea, and Taiwan (based on GenBank sequence “KP201938”)	325 - 724	This Study
		Smooth form	NTUM10368, NTUM10373, NTUM10400	(As above)	280 - 380	This Study
	<i>Halieutichthys bispinosus</i> Ho, Chakrabarty & Sparks, 2010		FLMNH uncat.	Western Central Atlantic: southern coast of USA and Gulf of Mexico	100 - 400	Ho <i>et al.</i> (2010)

表十二、(續)



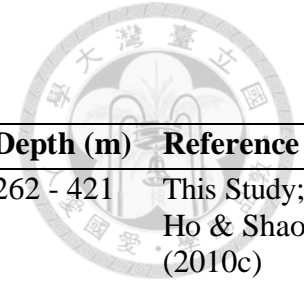
Family	Species	Note	Voucher	Distribution	Depth (m)	Reference
	<i>Halieutopsis nasuta</i> (Alcock, 1891)	New record from Papua New Guinea	NTUM10345, NTUM10372, NTUM10382, NTUM10384, NTUM10386	West Pacific and East Indian Ocean: Solomon, New Caledonia, Vanuatu , North Australia & Papua New Guinea	297 - 1411	This Study; 何 (2010)
	<i>Halieutopsis bathyoreos</i> Bradbury, 1988		NTUM10362, NTUM10423	Indo-West Pacific	500 - 2000	This Study; 何 (2010)
	<i>Halieutopsis nudiventer</i> (Lloyd, 1909)		NTUM10424, NTUM10439, NTUM10423	Indo-West Pacific	653 - 1300	This Study; 何 (2010)
	<i>Halieutopsis</i> n. sp.	Unpublished species	NTUM10449	New Caledonia and Papua New Guinea	383 - 720	This Study
	<i>Halieutopsis</i> sp. 1	Unidentified species	None <sup>a</sup>	Papua New Guinea	630 - 2300	This study
	<i>Halieutopsis stellifera</i> (Smith & Radcliffe 1912)		NTUM10426	Indo-West Pacific	410 - 1372	何 (2010)

表十二、(續)



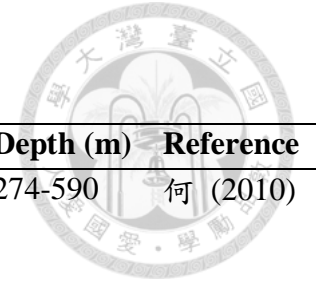
Family	Species	Note	Voucher	Distribution	Depth (m)	Reference
	<i>Ogcocephalus cubifrons</i> (Richardson, 1837)		FLMNH uncat.	Western Central Atlantic: North Carolina, Bahamas and northwest Florida to Campeche Bank	0 - 70	Lieske & Myers (1994)
	<i>Malthopsis annulifera</i> Tanaka, 1908	New record from the Papua New Guinea	NTUM10367	Western Pacific: off Japan, Taiwan, Vietnam, Philippines, New Caledonia and Papua New Guinea	200 - 944	This Study; 何 (2010)
	<i>Malthopsis asperata</i> Ho, Roberts & Shao, 2013	New record from the New Caledonia	NTUM10476	Western Pacific: New Zealand and New Caledonia	240 - 510	Ho <i>et al.</i> (2013a)
	<i>Malthopsis gigas</i> Ho & Shao, 2010		NMMBP17827, NTUM10441, NTUM10455, NTUM10460, NTUM10463, NTUM10477	Indo-Pacific: Madagascar and Somalia to French Polynesia; north to Japan, south to New Zealand	210 - 540	Ho & Shao (2010b)

表十二、(續)



Family	Species	Note	Voucher	Distribution	Depth (m)	Reference
	<i>Malthopsis kobayashii</i> Tanaka, 1916	Prickle form	NTUM10421	Western Pacific: off Japan, Taiwan, Philippines and Australia	262 - 421	This Study; Ho & Shao (2010c)
		Smooth form	NTUM10431, NTUM10433, NTUM10437			
	<i>Malthopsis mitrigeria</i> Gilbert & Cramer, 1897		NTUM10404, NTUM10425, NTUM10428	Indo-West Pacific: Madagascar, Japan, Taiwan, New Caledonia, north Australia and Hawaii	300 - 650	Mundy (2005)
	<i>Malthopsis</i> sp.1	Undescribed species	NMMBP17826, NTUM10369, NTUM10442, NTUM10445, NTUM10451, NTUM10457, NTUM10478	New Caledonia and Papua New Guinea	280 - 567	This Study
	<i>Malthopsis</i> sp.2	Undescribed species	NTUM10446	New Caledonia	471 - 510	This Study
	<i>Malthopsis</i> sp.3	Unidentified species	None <sup>a</sup>	Papua New Guinea	220 - 620	This Study
	<i>Solocisquama erythrina</i> (Gilbert, 1905)		None <sup>a</sup>	Indo-West Pacific: Hawaii, Philippines and Australia	584-1020	何 (2010)

表十二、(續)



Family	Species	Note	Voucher	Distribution	Depth (m)	Reference
	<i>Solocisquama stellulata</i> (Gilbert, 1905)		NMMBP uncat.	Indo-West Pacific: South Africa, Philippines, Taiwan, Japan, and Hawaii, and Australia	274-590	何 (2010)
<b>Oneirodidae</b>	<i>Dolopichthys pullatus</i> Regan & Trewavas, 1932		NMMBP uncat.	Tropical to temperate parts of all oceans	800 - 2000	Pietsch (2009)

<sup>a</sup> 標本在巴布亞新幾內亞保存，還未送達台灣。

<sup>b</sup> 序列資料之標本遺失，未進行鑑定。



表十三、聚合酶連鎖反應使用引子

基因	名稱	序列 (5'-3')	參考文獻
<i>COI</i>	FishF1	TCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC	Ward <i>et al.</i> (2005)
	FishF2	TCGACTAATCATAAAGATATCGGCAC	Ward <i>et al.</i> (2005)
	FishR1	TAGACTTCTGGGTGGCCAAAGAATCA	Ward <i>et al.</i> (2005)
	FishR2	ACTTCAGGGTGACCGAAGAATCAGAA	Ward <i>et al.</i> (2005)
<i>Cytb</i>	Lop <i>Cytb</i> F1	ARCCAGGRCNAAYGGNTYGAAA	本研究設計
	Lop <i>Cytb</i> F2	TTAACCAGGACNARYGGCTTGA	本研究設計
	Lop <i>Cytb</i> R2	TTCGRSTTACAARNCCGAKGCTCT	本研究設計
<i>RH</i>	<i>RH</i> 1F	ATGAACGGCACAGARGGAC	Chen <i>et al.</i> (2013)
	<i>RH</i> 193F	CNTATGAATAYCCTCAGTACTACC	Chen <i>et al.</i> (2003)
	<i>RH</i> 1039R	TGCTTGTTTCATGCAGATGTAGA	Chen <i>et al.</i> (2003)
	<i>RH</i> 1073R <sup>modif</sup>	CCRCAGCACAGRGTGGTGATCATG	Chen <i>et al.</i> (2003)
<i>RAG1</i>	2553F	CTGAGCTGCAGTCAGTACCATAAGATGT	López <i>et al.</i> (2004)
	4090R	CTGAGTCCTTGTGAGCTTCCATRAAYTT	López <i>et al.</i> (2004)
	4078R	TGAGCCTCCATGAACTTCTGAAGRRTAYTT	López <i>et al.</i> (2004)
	4061R	AATACTTGGAGGTGTAGAGCCAGT	Chen <i>et al.</i> (2007)

表十四、聚合酶連鎖反應條件

Gene	Primary denaturation	Denaturation	Annealing	Extension	Cycles	Additional extension
<i>COI</i>	94°C, 1 min	94°C, 30 sec	51°C, 30 sec	72°C, 40 sec	35	72°C, 2 min
<i>Cytb</i>	95°C, 4 min	95°C, 40 sec	53°C, 40 sec	72°C, 1 min 15 sec	35	72°C, 7 min
<i>RH</i>	95°C, 5 min	95°C, 40 sec	55°C, 40 sec	72°C, 1 min	35	72°C, 7 min
<i>RAG1</i>	95°C, 5 min	95°C, 40 sec	53°C, 40 sec	72°C, 1 min 30 sec	35	72°C, 7 min

表十五、資料庫取得的 COI 序列



Family	Species	Rename by this Study	GenBank No./Other Accession No.
<b>Order Perciformes</b>			
Caproidae	<i>Capros aper</i>		NC_010958
	<i>Antigonia capros</i>		NC_003191
<b>Order Tetraodontiformes</b>			
Ostraciidae	<i>Ostracion immaculatus</i>		NC_009865
Monacanthidae	<i>Monacanthus chinensis</i>		NC_011925
<b>Order Lophiiformes</b>			
<b>Suborder Lophioidei</b>			
Lophiodae	<i>Lophius piscatorius</i>		JQ623950
	<i>Lophius vomerinus</i>		JF493819
	<i>Lophius budegassa</i>		JQ774652
	<i>Lophius americanus</i>		EU660714, AP004414
	<i>Lophius gastrophysus</i>		EU660710
	<i>Lophius litulon</i>		EU660706, NC_023828
	<i>Lophiodes insidiator</i>		HQ945891, GU805052
	<i>Lophiodes spilurus</i>		GU440382
	<i>Lophiodes caulinaris</i>		GU440381, FJ263277, NC_013872
	<i>Lophiodes reticulatus</i>		FJ918949
	<i>Lophiodes naresi</i>		ASIZP0800679, ASIZP0800680
	<i>Lophiodes mutilus</i>	<i>Lophiodes mutilus</i> 1	KF060329, KF060330, KF060331
	<i>Lophiodes iwamotoi</i>		KF060332, KF060333, KF060334, KF060335
<i>Sladenia gardineri</i>		NC_013873	



表十五、(續)



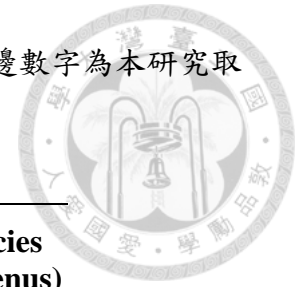
Family	Species	Renamed by this Study	GenBank No./Other Accession No.
Lophiodae	<i>Lophiomus setigerus</i>		NC_008125
<b>Suborder Ogcocephaloidei</b>			
Ogcocephalidae	<i>Coelophrys brevicaudata</i>		AB282834, KP201922
	<i>Dibranchus atlanticus</i>		KC015317, KC015319
	<i>Halicmetus reticulatus</i>		KP201934
	<i>Halieutaea coccinea</i>		GU804994
	<i>Halieutaea fitzsimonsi</i>	<i>Halieutaea indica</i> (JF493612)	JF493612, KP201938
		<i>Halieutaea</i> sp. 2 (KP201938)	
	<i>Halieutaea fumosa</i>		KP201941
	<i>Halieutaea indica</i>		KP201924
	<i>Halieutaea stellata</i>		AP005977, KP201939, KP201940
	<i>Halieutaea</i> sp.	<i>Halieutaea stellata</i>	KP201942
	<i>Halieutichthys aculeatus</i>		LIDM898-07
	<i>Halieutichthys intermedius</i>		KP201935, KP201944, KP201945
	<i>Halieutopsis tumifrons</i>	<i>Halieutopsis ingerorum</i>	ASIZP0801273, ASIZP0801274
	<i>Malthopsis annulifera</i>		KP201926
	<i>Malthopsis tiarella</i>	<i>Malthopsis gigas</i> (ASIZP0800798)	HQ945900, ASIZP0800798
		<i>M. australiana</i> / <i>M. asperata</i> (HQ945900)	
	<i>Malthopsis lutea</i>	<i>Malthopsis gigas</i> ?	GU805028
	<i>Malthopsis jordani</i>	<i>Malthopsis kobayashii</i>	AP005978
	<i>Ogcocephalus declivirostris</i>		KP201936, KP201943

表十五、(續)

Family	Species	Renamed by this Study	GenBank No./Other Accession No.
Ogcocephalidae	<i>Ogcocephalus nasuta</i>		LIDM902-07, KF027500
	<i>Ogcocephalus vespertilio</i>		JX034008, JQ365465
	<i>Ogcocephalus</i> sp.		GU225412
	<i>Solocisquama</i> sp.		KP201927
	<i>Zalieutes elater</i>		AB282835, KP201920, KP201921
<b>Suborder Chaunacoidei</b>			
Chaunacidae	<i>Chaunacops coloratus</i>		JN235966
	<i>Chaunax pictus</i>	<i>Chaunax</i> sp. 6 (JF493120) <i>Chaunax</i> sp. (HQ945998, JQ774506)	HQ945998, JQ774506, JF493120, NC_013883
	<i>Chaunax tosaensis</i>	<i>Chaunax penicillatus</i>	NC_004382
	<i>Chaunax abei</i>	<i>Chaunax braviradius</i> (JQ681307, ASIZP0800802, ASIZP0800803)	NC_004381, JQ681307, ASIZP0800799, ASIZP0800802, ASIZP0800803
	<i>Chaunax russatus</i>	<i>Chaunax</i> sp. 2 (ASIZP0800799)	EF609320 (=FOAD651-05)
	<i>Chaunax</i> sp.		GU188479



表十六、COI 基因樹內物種統計（包含資料庫序列）。括號左邊數字為本研究取得序列物種數，括號內數字為現在有效物種數。



<b>family</b>	<b>genus</b>	<b>species (in family)</b>	<b>genus</b>	<b>species (in genus)</b>
Lophiidae	4 (4)	18 (28)	<i>Lophiodes</i>	10 (17)
			<i>Lophius</i>	6 (6)
			<i>Lophiomus</i>	1 (1)
			<i>Sladenia</i>	1 (4)
Ogcocephalidae	10 (10)	30 (74)	<i>Coelophrys</i>	2 (5)
			<i>Malthopsis</i>	8 (11)
			<i>Halieutaea</i>	5 (9)
			<i>Dibranchus</i>	2 (14)
			<i>Halieutopsis</i>	5 (11)
			<i>Halicmetus</i>	2 (3)
			<i>Solocisquama</i>	2 (3)
			<i>Ogcocephalus</i>	4 (12)
			<i>Zalieutes</i>	1 (2)
			<i>Halieutichthys</i>	3 (4)
			Chaunacidae	2 (2)
<i>Chaunascops</i>	1 (3)			



表十七、所有蒐集物種合併基因樹內之 GenBank 資料庫序列，皆由 Chen *et al.* (2014) 提供。

Family	Species	GenBank No.		
		<i>COI</i>	<i>RH</i>	<i>RAG1</i>
<b>Order Perciformes (Outgroup)</b>				
Caproidae	<i>Antigonia capros</i>	AP002943	KC442237	AY308785
<b>Order Tetraodontiformes (Outgroup)</b>				
Diodontidae	<i>Diodon holocanthus</i>	AP009177	KC442241	AY700325
Balistidae	<i>Balistes capriscus</i>	FJ582894	KC442242	AY700308
Triacanthodidae	<i>Triacanthodes anomalus</i>	AP009172	KC442243	AY308788
<b>Order Lophiiformes (Ingroup)</b>				
Lophiidae	<i>Lophius piscatorius</i>	GU324185	AY368325	JN230911
Antennariidae	<i>Antennarius striatus</i>	AB282828	KC442240	KC442213

表十八、*COI* 基因矩陣之序列資訊

類群 密碼子	Lophiidae			Ogcocephalidae*			Chaunacidae		
	1	2	3	1	2	3	1	2	3
長度 (bp)	194	194	194	190	190	190	194	194	194
異位點 (bp)	35	2	191	42	6	189	26	2	179
簡約性訊息位點 (bp)	20	0	188	34	2	189	14	0	145
簡約性訊息位點比例 (%)	10.3	0	96.9	17.9	1.1	99.5	7.2	0	74.7

\* 棘茄魚科之 *COI* 基因矩陣中，其中一序列 *Malthopsis tiarella* (ASIZP0800798) 之總長度較短，為 540 (bp)。

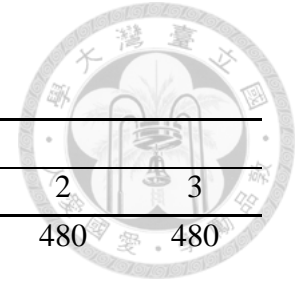


表十九、鮫鯨科粒線體基因矩陣之各基因序列資訊

基因 密碼子	<i>COI</i>			<i>Cytb</i>		
	1	2	3	1	2	3
長度 (bp)	194	194	194	355	355	355
異位點 (bp)	33	2	191	123	50	351
簡約性訊息位點 (bp)	19	0	183	88	32	334
簡約性訊息位點比例 (%)	9.8	0	94.3	24.8	9	94.1

表二十、鮫鯨科核基因矩陣之各基因序列資訊

基因 密碼子	<i>RH</i>			<i>RAG1</i>		
	1	2	3	1	2	3
長度 (bp)	265	265	265	480	480	480
異位點 (bp)	22	6	80	29	24	90
簡約性訊息位點 (bp)	21	6	73	25	19	80
簡約性訊息位點比例 (%)	7.9	2.3	27.5	5.2	4	16.7



表二十一、鮫鱈科全部基因矩陣之各基因序列資訊

基因 密碼子	<i>COI</i>			<i>Cytb</i>			<i>RH</i>			<i>RAG1</i>		
	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
長度 (bp)	194	194	194	355	355	355	265	265	265	480	480	480
異位點 (bp)	15	0	168	75	23	303	20	6	70	20	20	65
簡約性訊息位 點 (bp)	14	0	159	57	16	288	19	6	63	16	16	56
簡約性訊息位 點比例 (%)	7.2	0	82	16.1	4.5	81.1	7.2	2.3	23.8	3.3	3.3	11.7

表二十二、所有蒐集物種合併基因矩陣之各基因序列資訊

基因 密碼子	<i>COI</i>			<i>RH</i> <sup>a</sup>			<i>RAG1</i> <sup>b</sup>		
	1	2	3	1	2	3	1	2	3
長度 (bp)	190	190	190	261	261	261	449	449	449
異位點 (bp)	53	4	190	51	24	180	163	108	373
簡約性訊息位點 (bp)	46	2	189	41	18	142	116	68	330
簡約性訊息位點比例 (%)	24.2	1.1	99.5	15.7	6.9	54.4	25.8	15.1	73.5

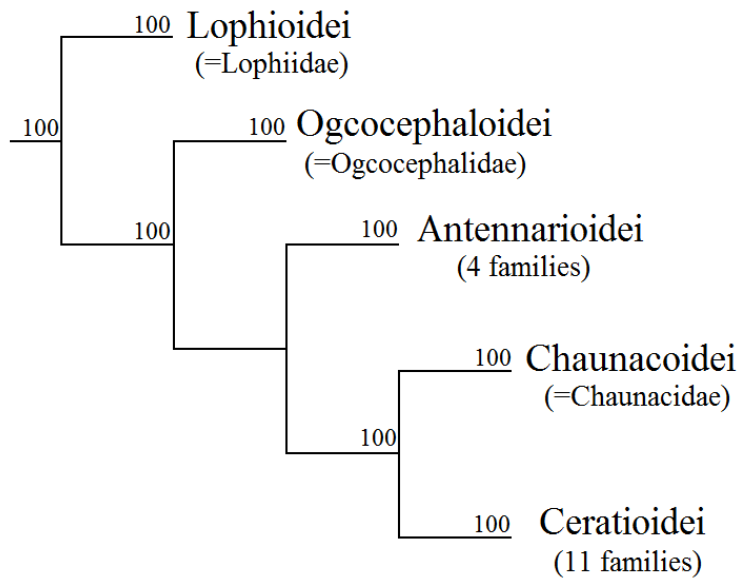
<sup>a</sup>*RH* 基因矩陣中，其中一序列 *Lophius piscatorius* (GenBank) 之總長度較短，為 744 (bp)。

<sup>b</sup>*RAG1* 基因矩陣中，其中一序列 *Halieutaea* sp. 2 (PNG1235) 之總長度較短，為 1047 (bp)。

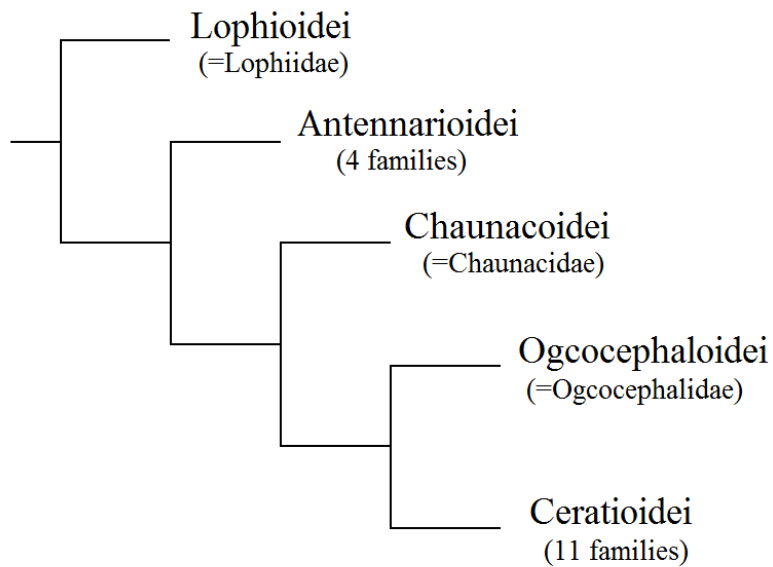
表二十三、種群假說檢驗結果



科名	Lophiidae	Ogcocephalidae			Chaunacidae
屬名	<i>Lophiodes</i>	<i>Halietaea</i>	<i>Malthopsis</i>	<i>Halicmetus</i>	<i>Chaunax</i>
文獻	Caruso (1981)	何 (2010)	Ho (2013)	何 (2010)	Caruso (1989); Ho & Shao (2010a)
種群假說	<i>L. naresi</i> group	<i>H. fumosa</i> group	With minute bucklers	<i>H. reticulatus</i> group	<i>C. pictus</i> group
	<i>L. caularis</i> group	<i>H. indica</i> group	Without minute bucklers	<i>H. ruber</i> group	<i>C. abei</i> group
	<i>L. triradiatus</i> ( <i>L. infrabrunneus</i> )	<i>H. coccinea</i> group			<i>C. fimbriatus</i> group
	<i>L. mutilus</i> group	<i>H. stellata</i> group			
結果是否支持?	支持	支持，但建議 <i>H. n. sp.</i> ( <i>alcocki</i> ) 要另立種群	反對	支持	反對 <i>C. abei</i> 及 <i>C. fimbriatus</i> 種群

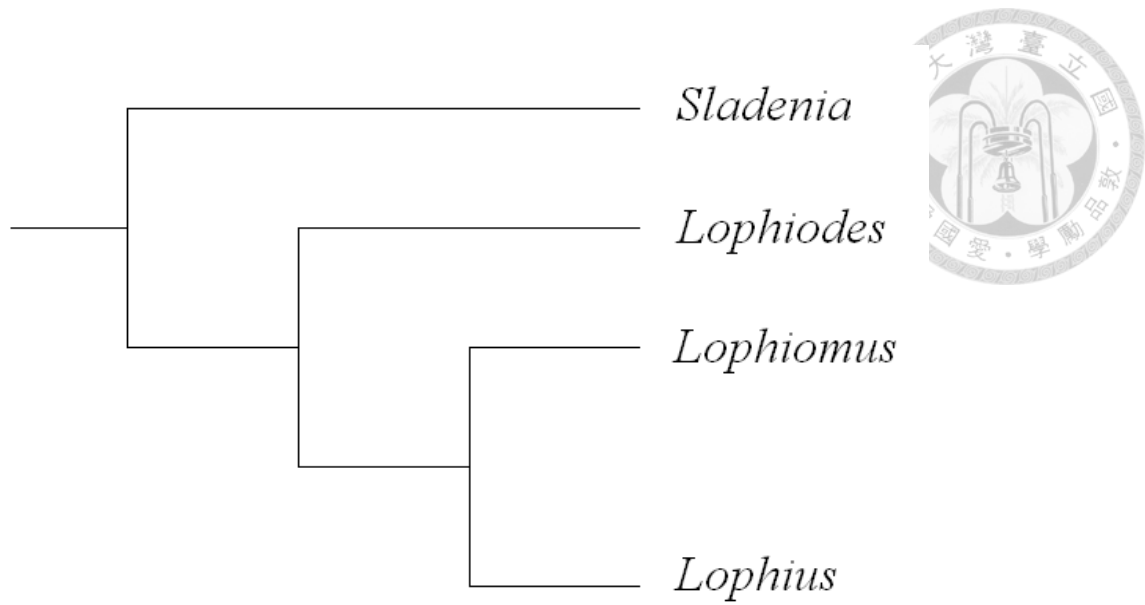


圖一、Miya *et al.* (2010) 利用全粒線體基因體序列建構的鮫鱈目親緣關係樹，節點及末端上數字為 bootstrap 值，未標示則小於 50。

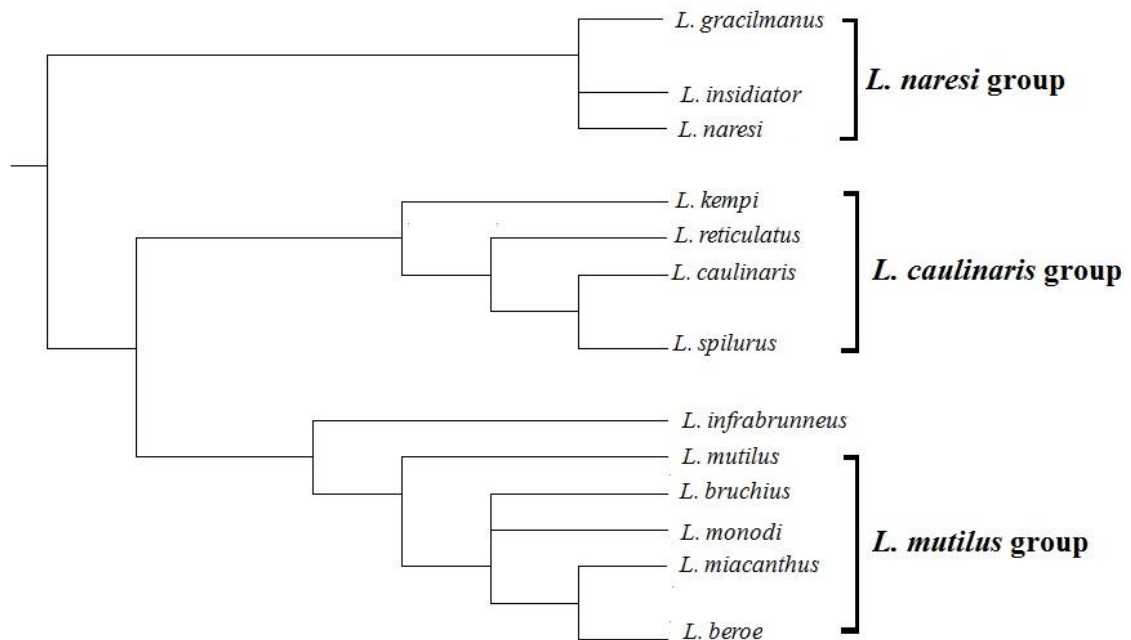


圖二、Pietsch (1984) 利用形態特徵建構的鮫鱈目親緣關係樹

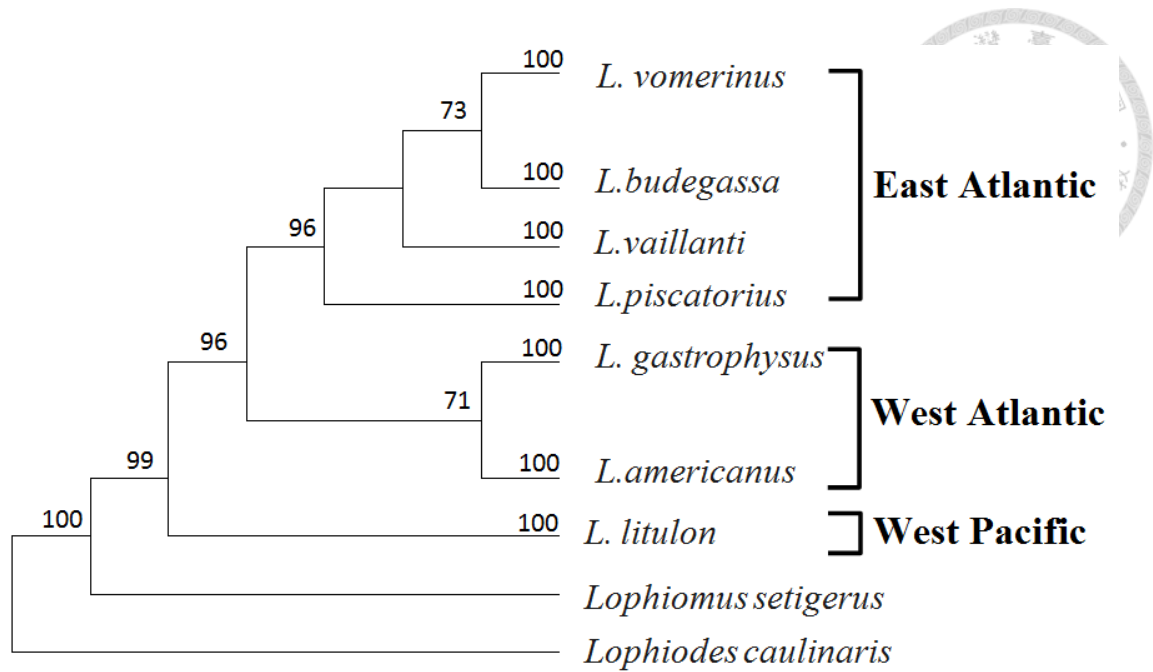




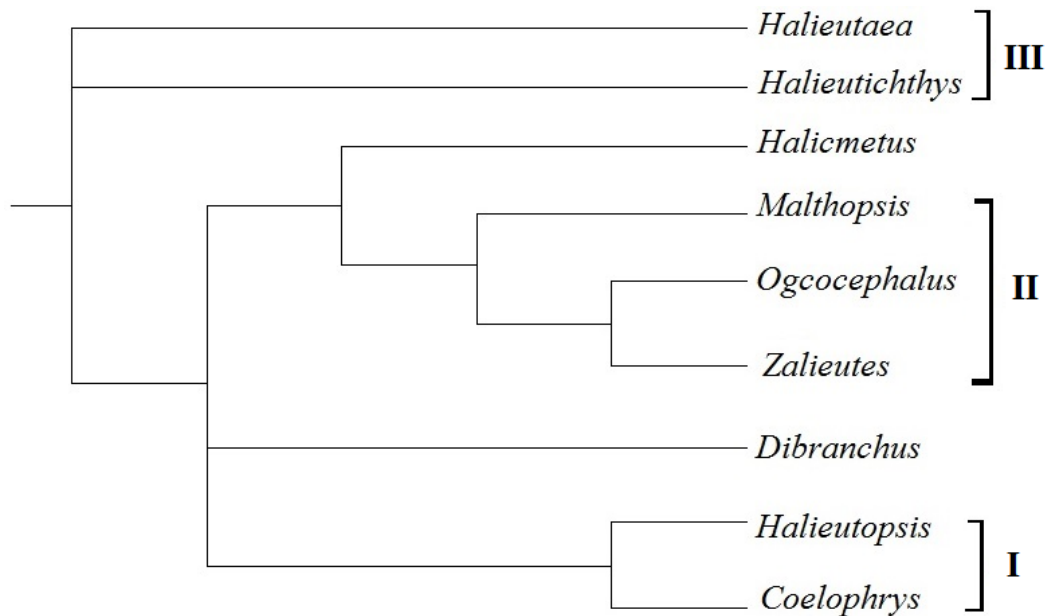
圖三、Caruso (1985) 利用形態特徵建構的鮫鰈科屬間的親緣關係樹



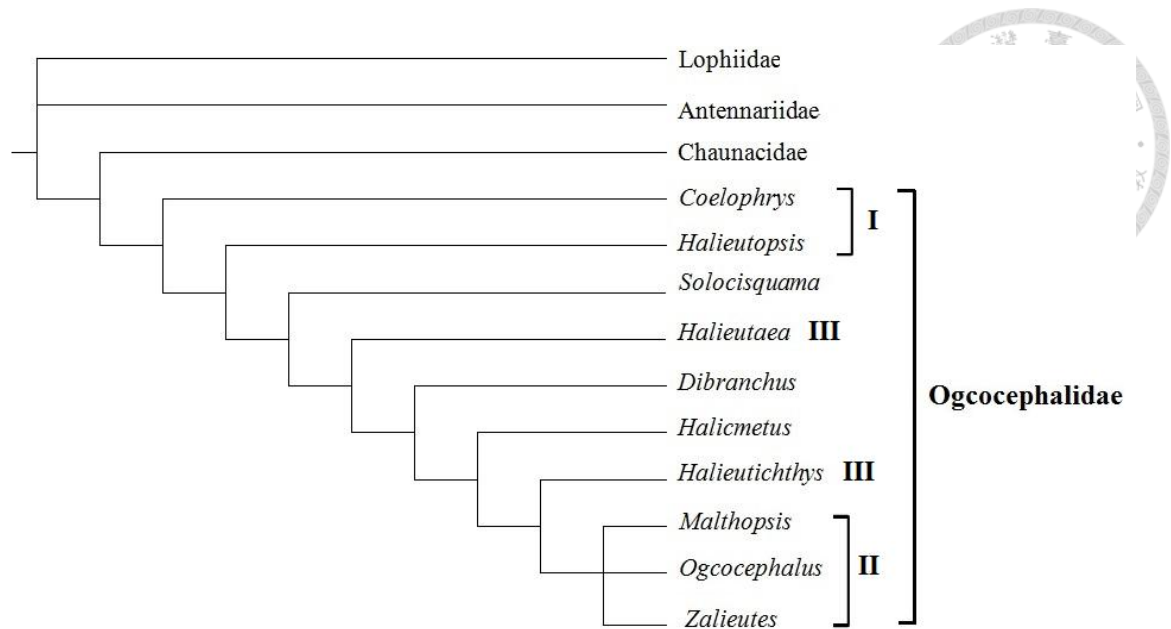
圖四、Caruso (1981) 擬鮫鰈屬 (*Lophiodes*) 物種關係樹，當中物種 *L. infrabrunneus* 此研究未定義種群。



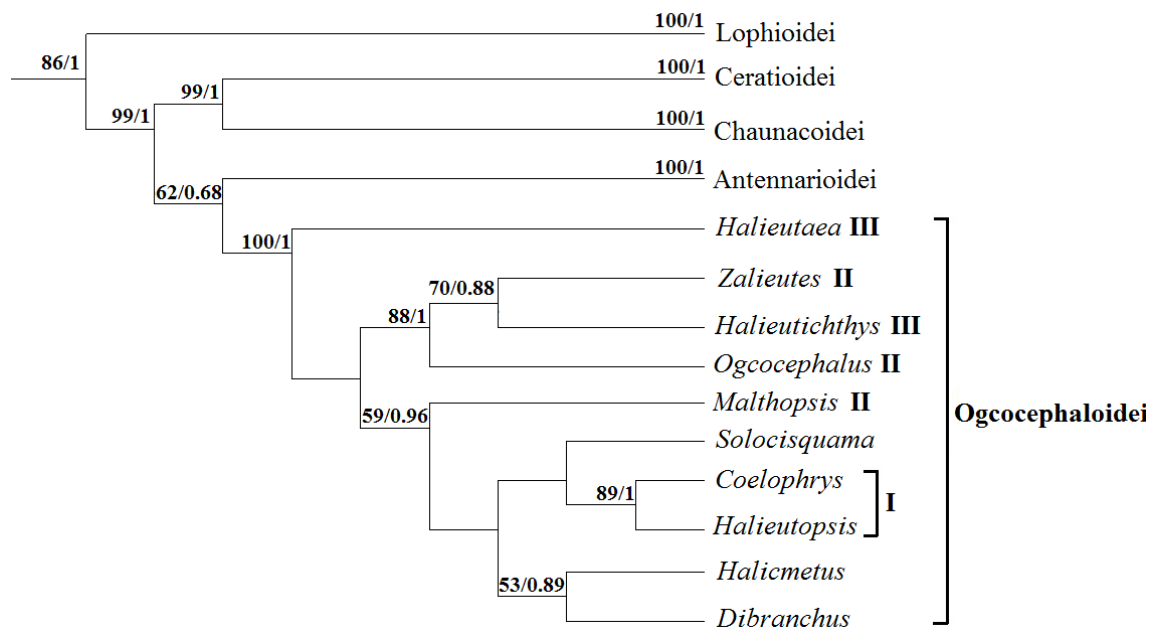
圖五、Armani *et al.* (2012) 鮫鰈屬 (*Lophius*) 物種 *Cytb* 基因樹，節點及末端上數字為 bootstrap 值（高於 70）。演化系群參考 Espiñeira *et al.* (2008) 之分類系統。



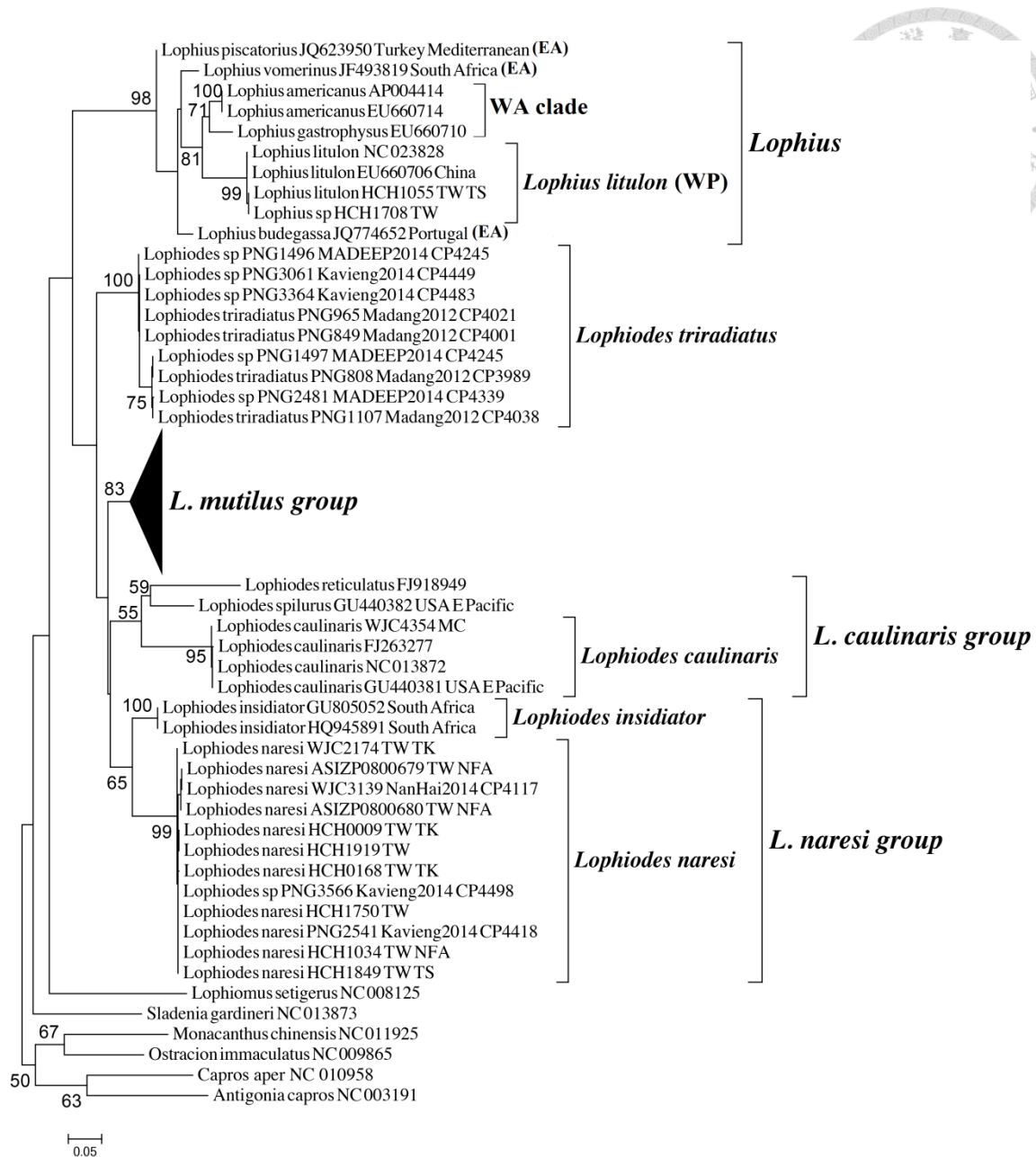
圖六、Endo & Shinohara (1999) 以形態特徵建構之棘茄魚科屬間親緣關係樹。屬名後標示為 Bradbury (1967) 所定義的類群。



圖七、何 (2010) 以形態特徵建構之棘茄魚科屬間親緣關係樹。其論文中建構出兩個相同步驟數的最大簡約樹，它們的差異為 *Ogcocephalus* 屬的姊妹群，而上圖為將兩個關係樹合併的結果。另外屬名後標示為 Bradbury (1967) 所定義的類群。

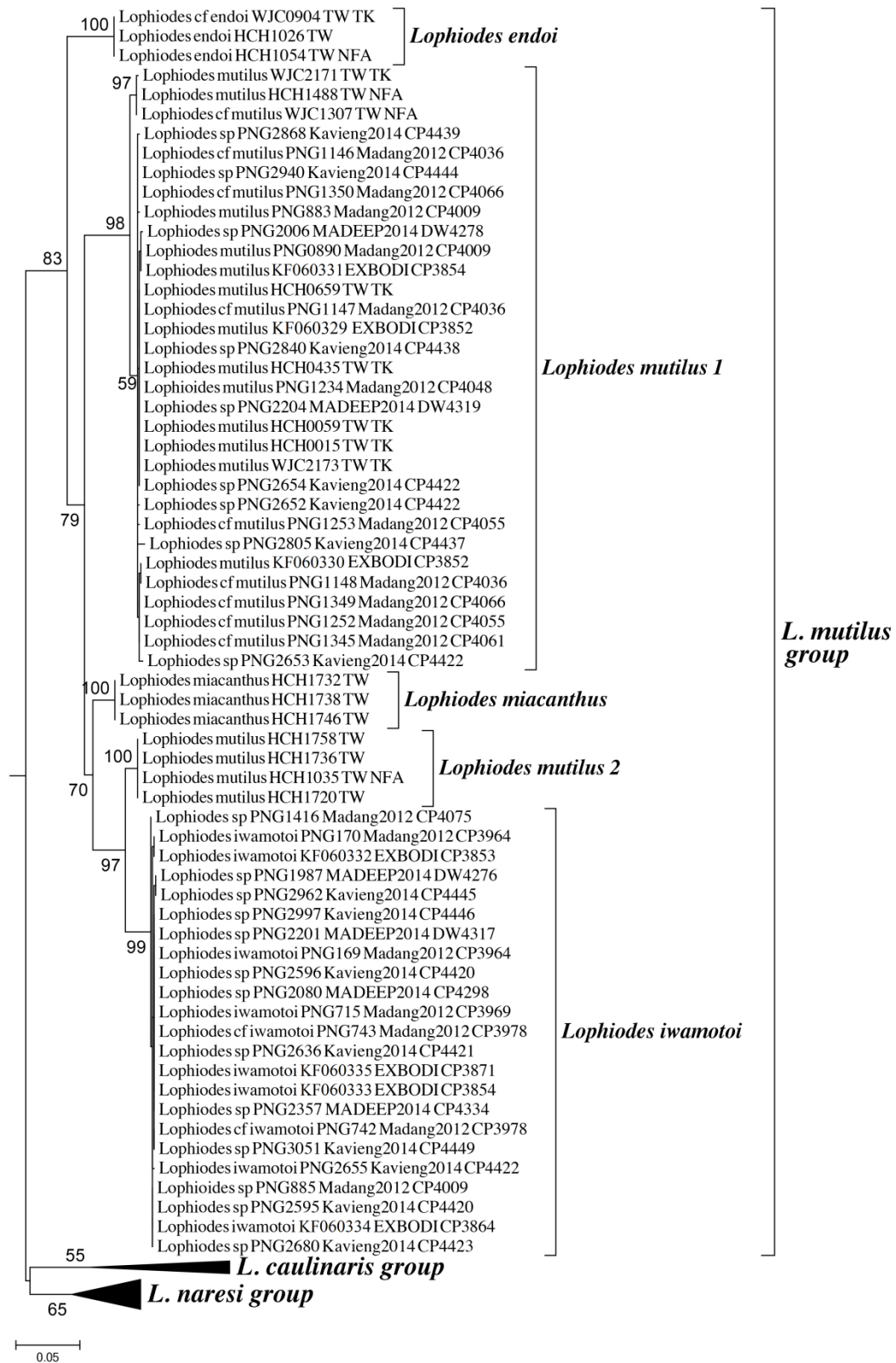


圖八、Derouen *et al.* (2014) 以分子系統分類方法建構之棘茄魚科屬間親緣關係樹。節點及末端上數字分別為 bootstrap 值及事後機率值 (posterior probability)，未標示則 bootstrap 值小於 50。另外屬名後標示為 Bradbury (1967) 所定義的類群。

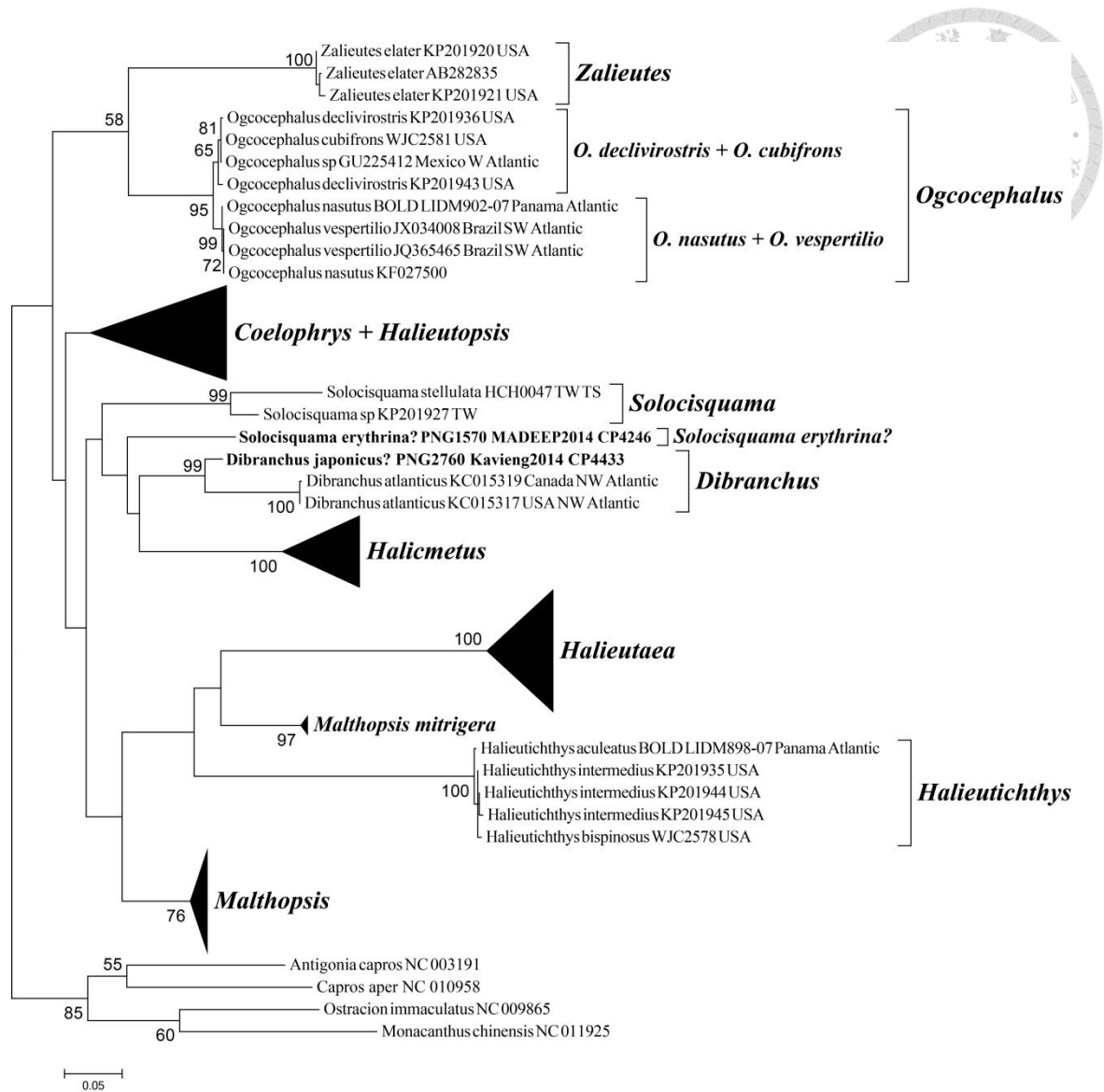


圖九(a)、鮫鱈科 COI 基因演化樹 (全部屬)，節點數字為 bootstrap 值 (高於 50)。

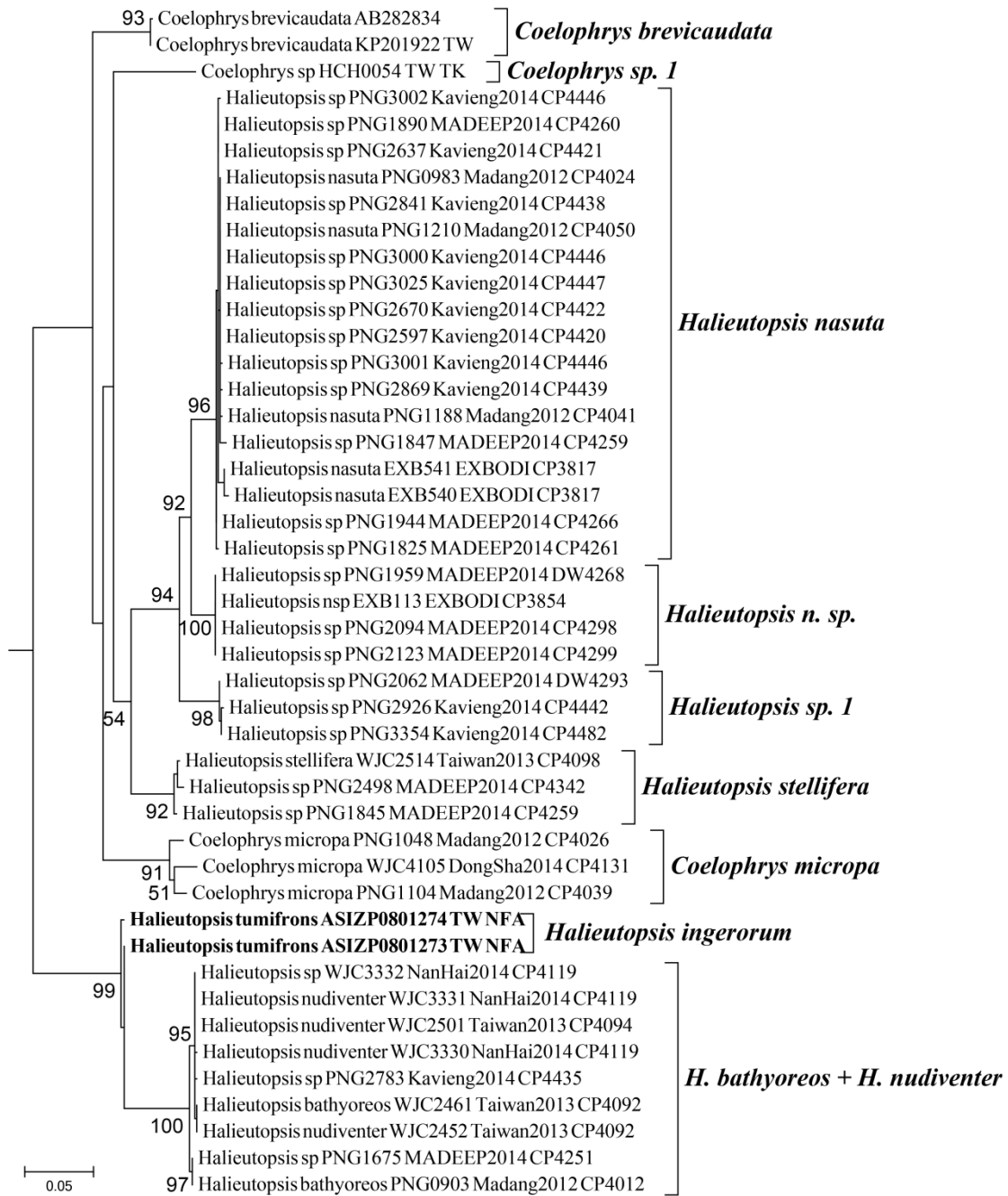
*Lophius* 屬內 "EA" 代表東大西洋，"WA" 代表西大西洋，"WP" 代表西太平洋。



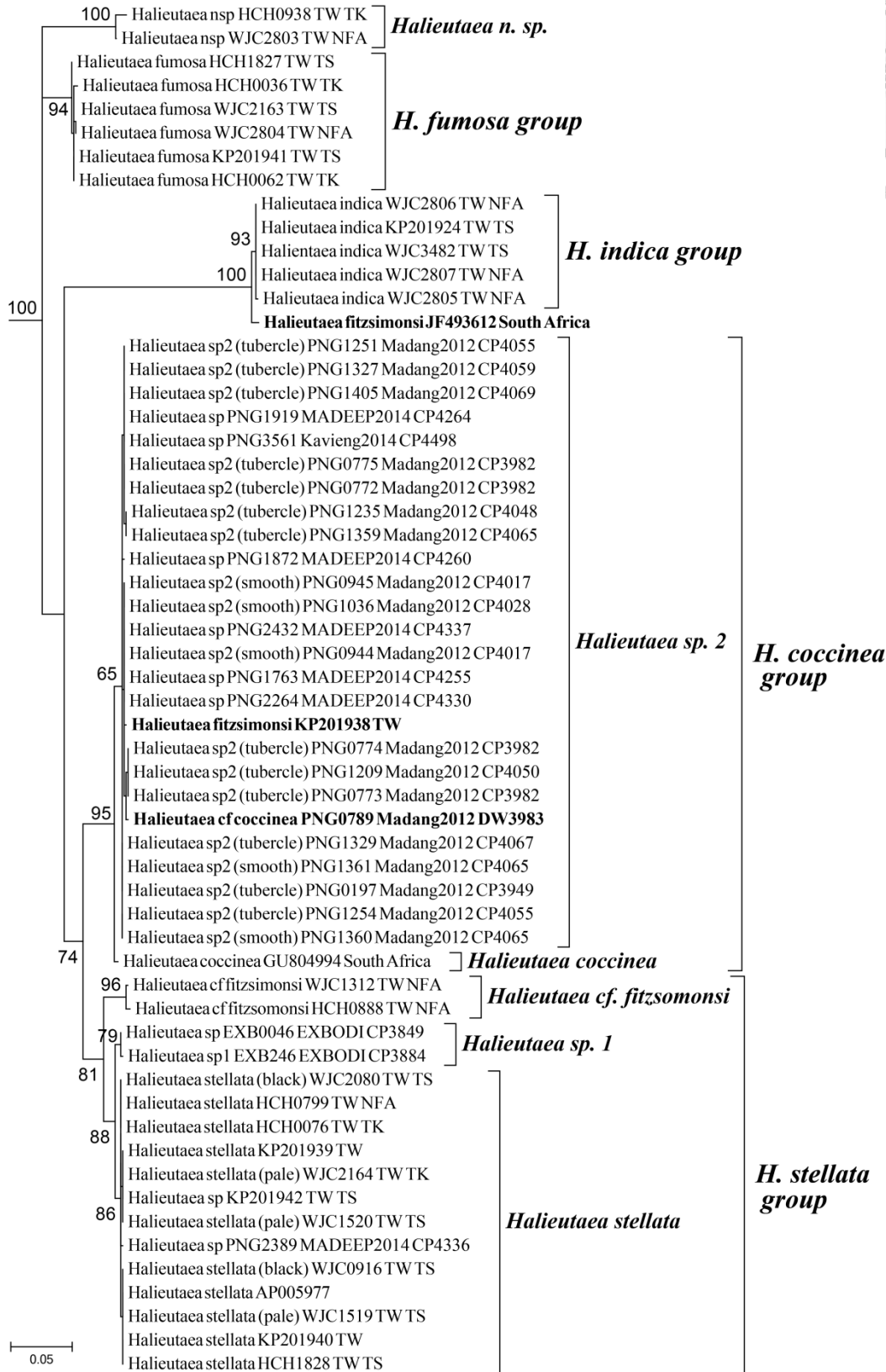
圖九(b)、鮫鱈科 COI 基因演化樹 (*L. mutilus* 種群部分)，節點數字為 bootstrap 值 (高於 50)。



圖十(a)、棘茄魚科 COI 基因演化樹(全部屬), 節點數字為 bootstrap 值(高於 50)。

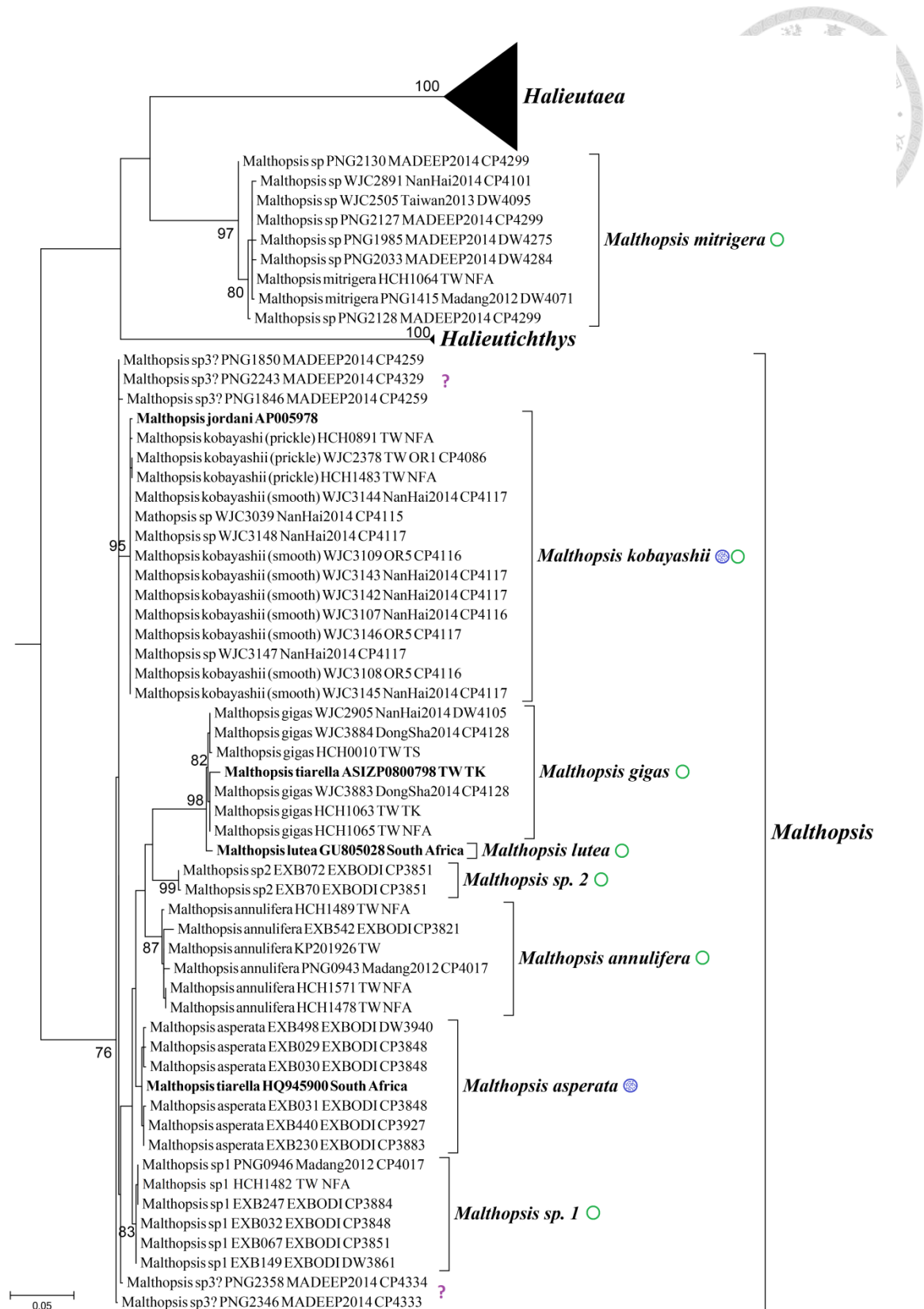


圖十(b)、棘茄魚科 COI 基因演化樹 (*Coelophrys* 與 *Halieutopsis* 屬部分)，節點數字為 bootstrap 值 (高於 50)。

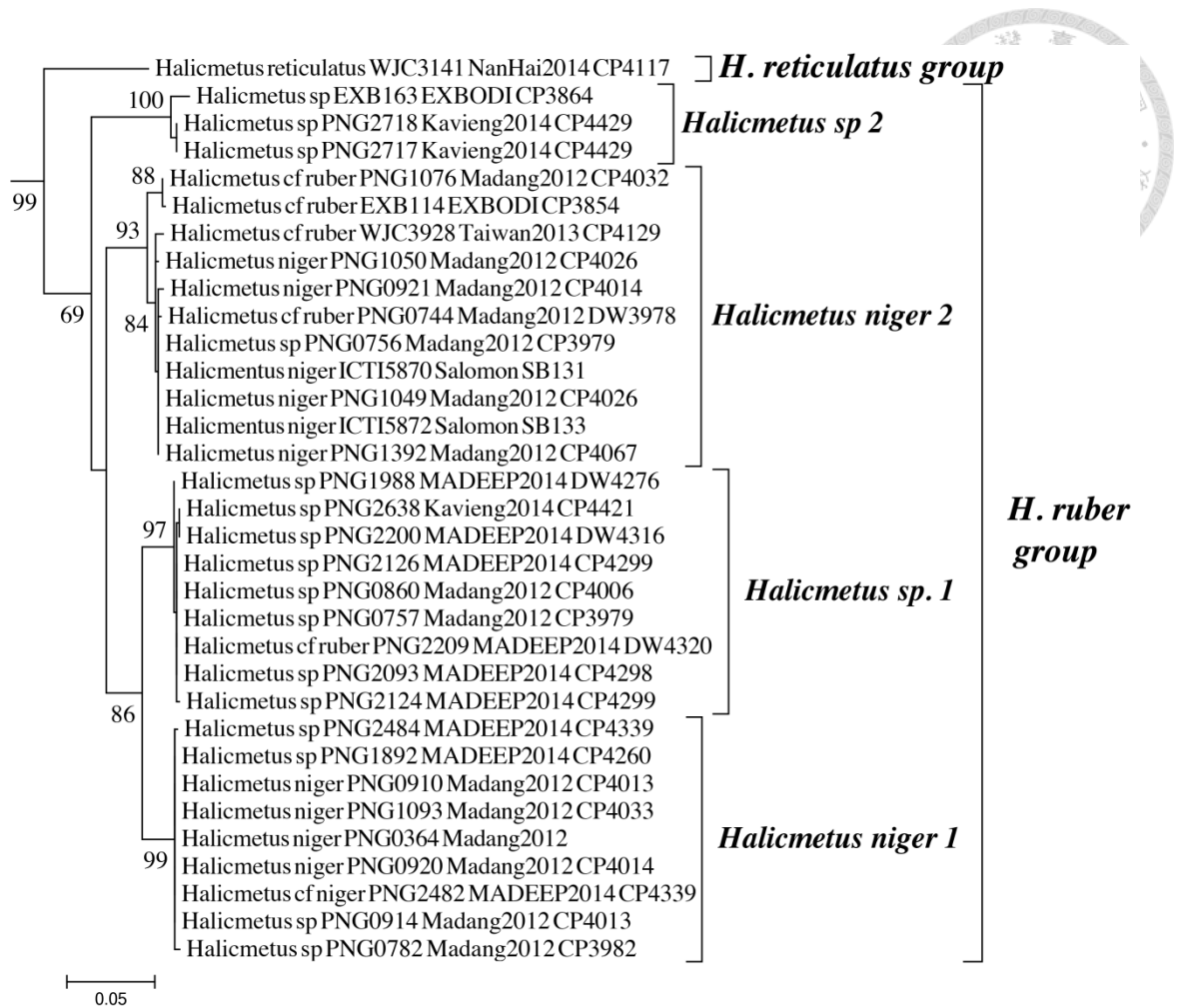


圖十(c)、棘茄魚科 *COI* 基因演化樹 (*Halieutaea* 屬部分)，節點數字為 bootstrap 值 (高於 50)。





圖十(d)、棘茄魚科 *COI* 基因演化樹 (*Malthopsis* 屬部分)，節點數字為 bootstrap 值 (高於 50)。種名旁 "●" 代表屬於腹部有小刺種群之物種，"○" 則為腹部無小刺種群之物種，"?" 則是未鑑定此特徵之物種。



圖十(e)、棘茄魚科 *COI* 基因演化樹 (*Halicmetus* 屬部分)，節點數字為 bootstrap 值 (高於 50)。



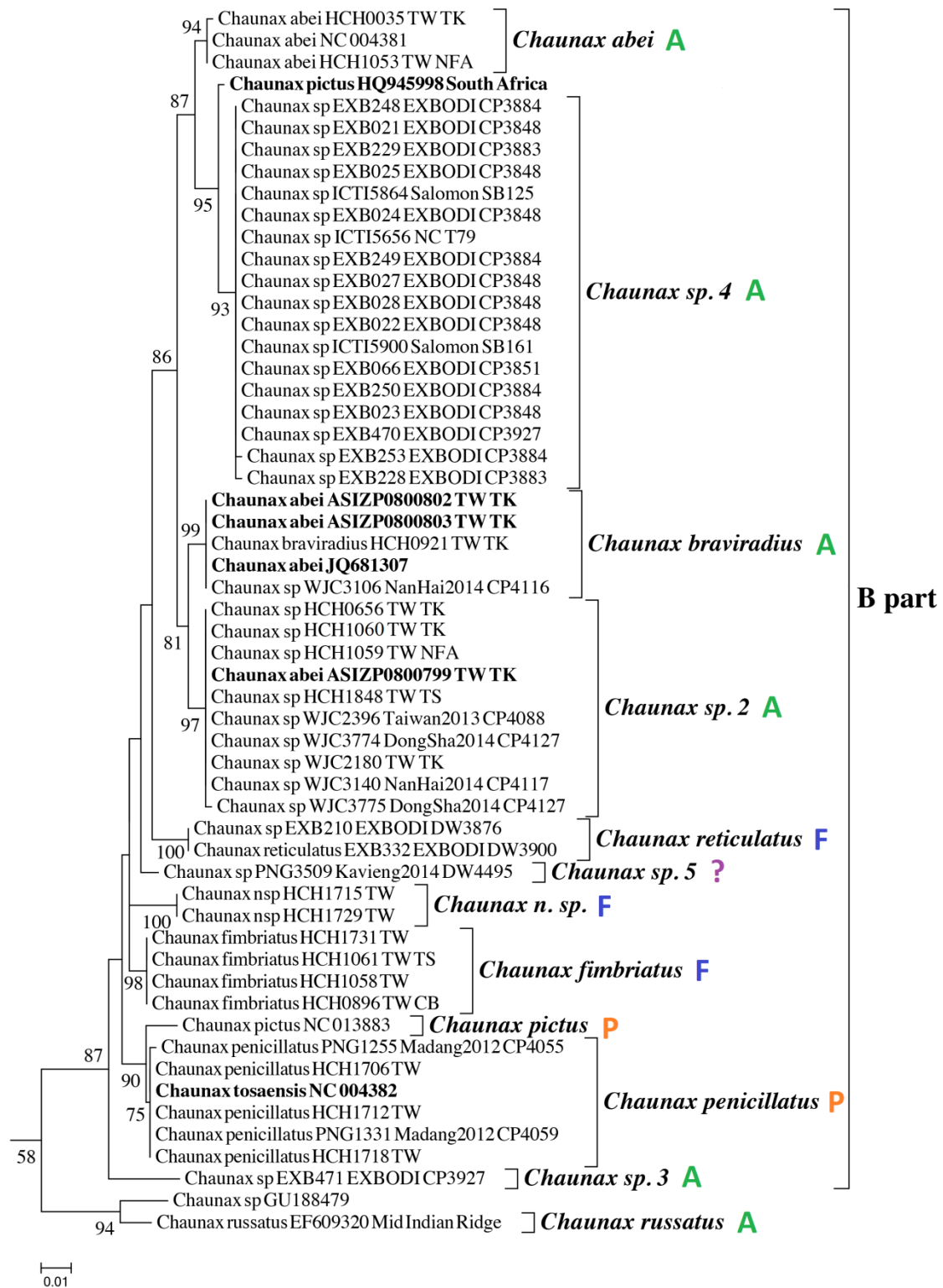
圖十一(a)、PNG1570 標本照 (MADEEP 2014, CP4246-54), 暫時鑑定為物種 *Solocisquama erythrina*。



圖十一(b)、PNG2760 標本照 (Kavieng 2014, CP4433-2), 暫時鑑定為物種 *Dibranchius japonicus*。

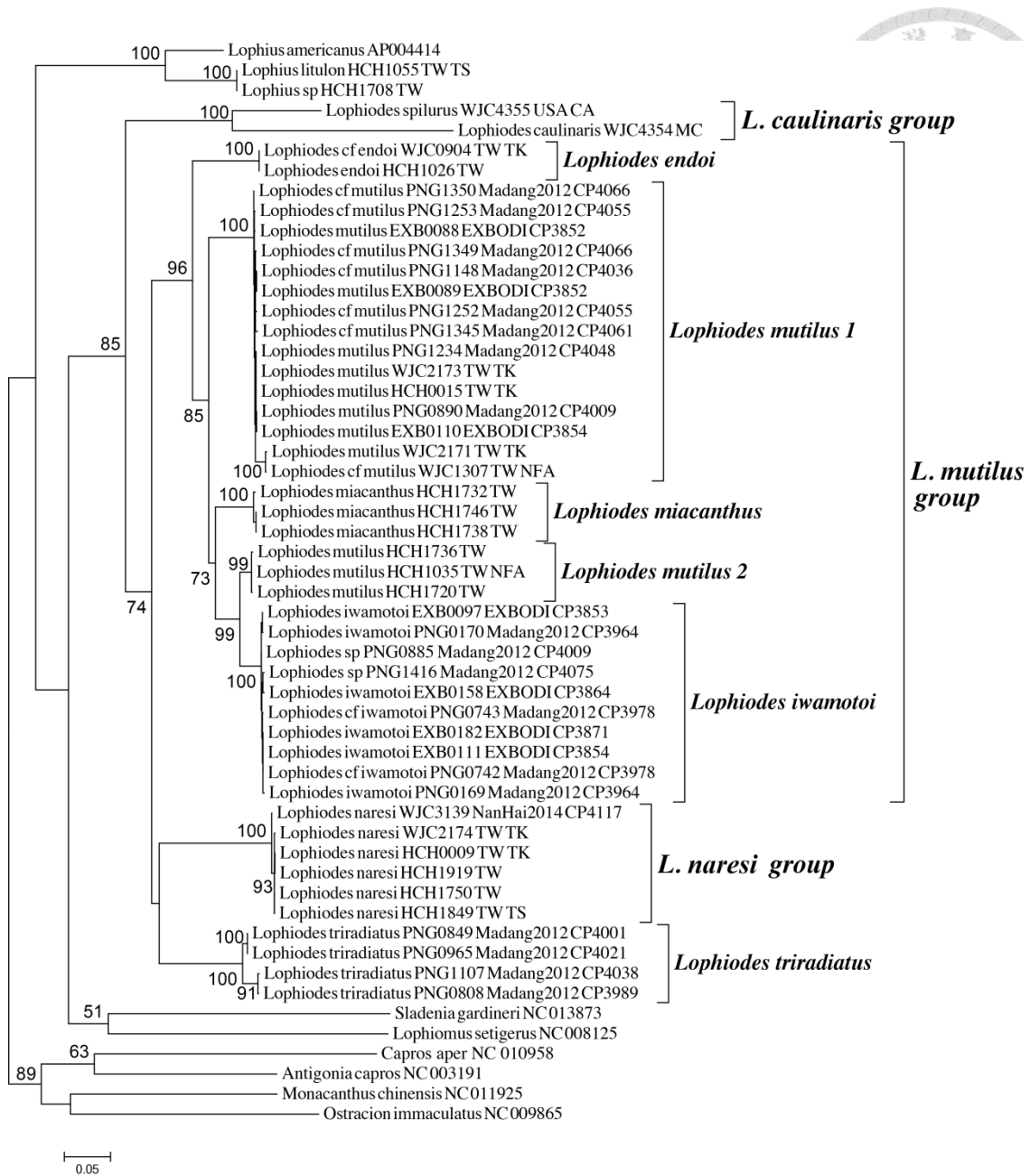


圖十二(a)、單棘魮魚科 *COI* 基因演化樹 (A 部分)，節點數字為 bootstrap 值 (高於 50)。種名旁 "A" 代表屬於 *C. abei* 種群，"F" 代表屬於 *C. fimbriatus* 種群，"P" 代表屬於 *C. pictus* 種群，"?" 則是未鑑定形態特徵之物種。

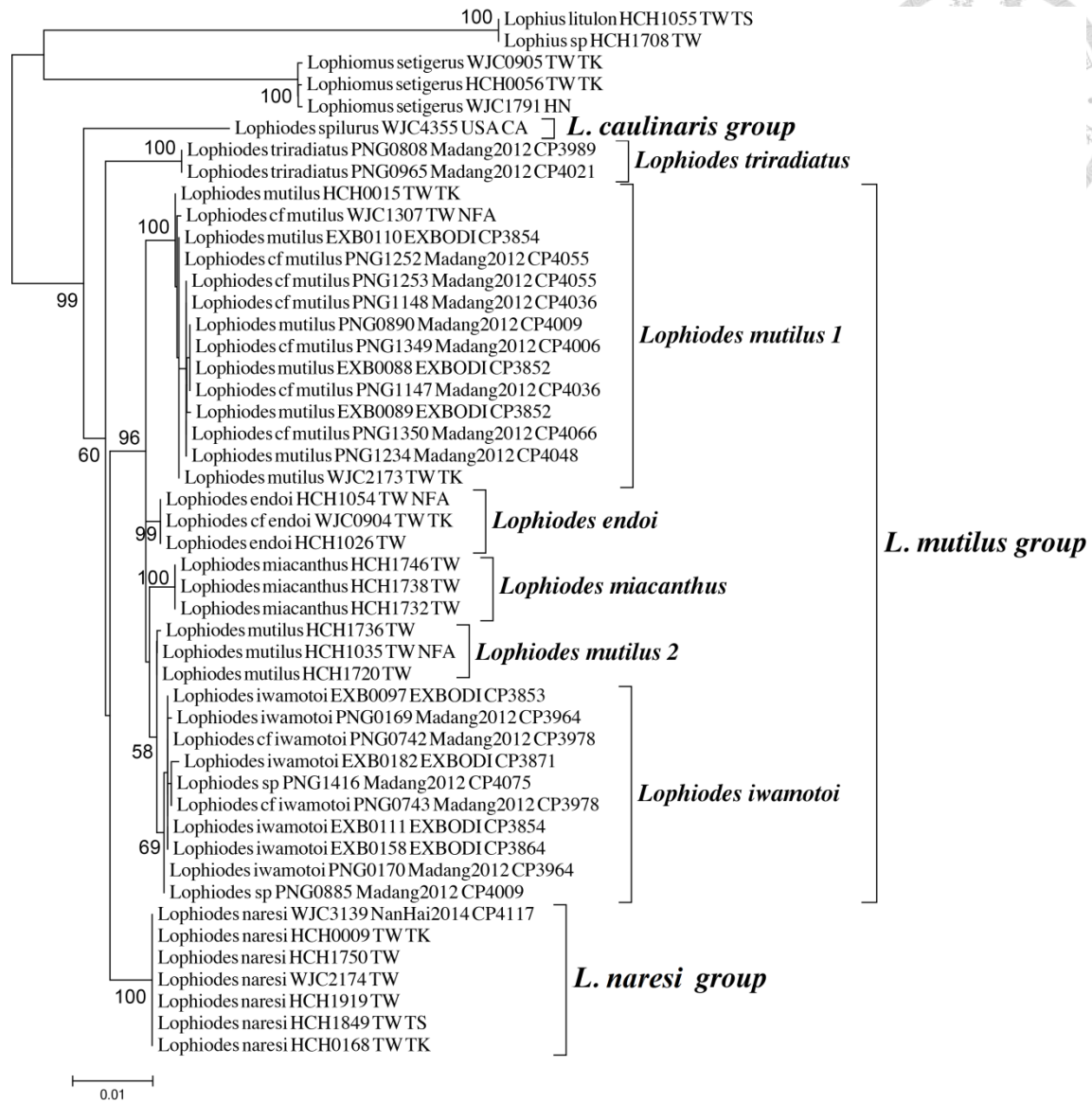


圖十二(b)、單棘雙魚科 *COI* 基因演化樹 (B 部分)，節點數字為 bootstrap 值 (高於 50)。種名旁 "A" 代表屬於 *C. abei* 種群，"F" 代表屬於 *C. fimbriatus* 種群，"P" 代表屬於 *C. pictus* 種群，"?" 則是未鑑定形態特徵之物種。

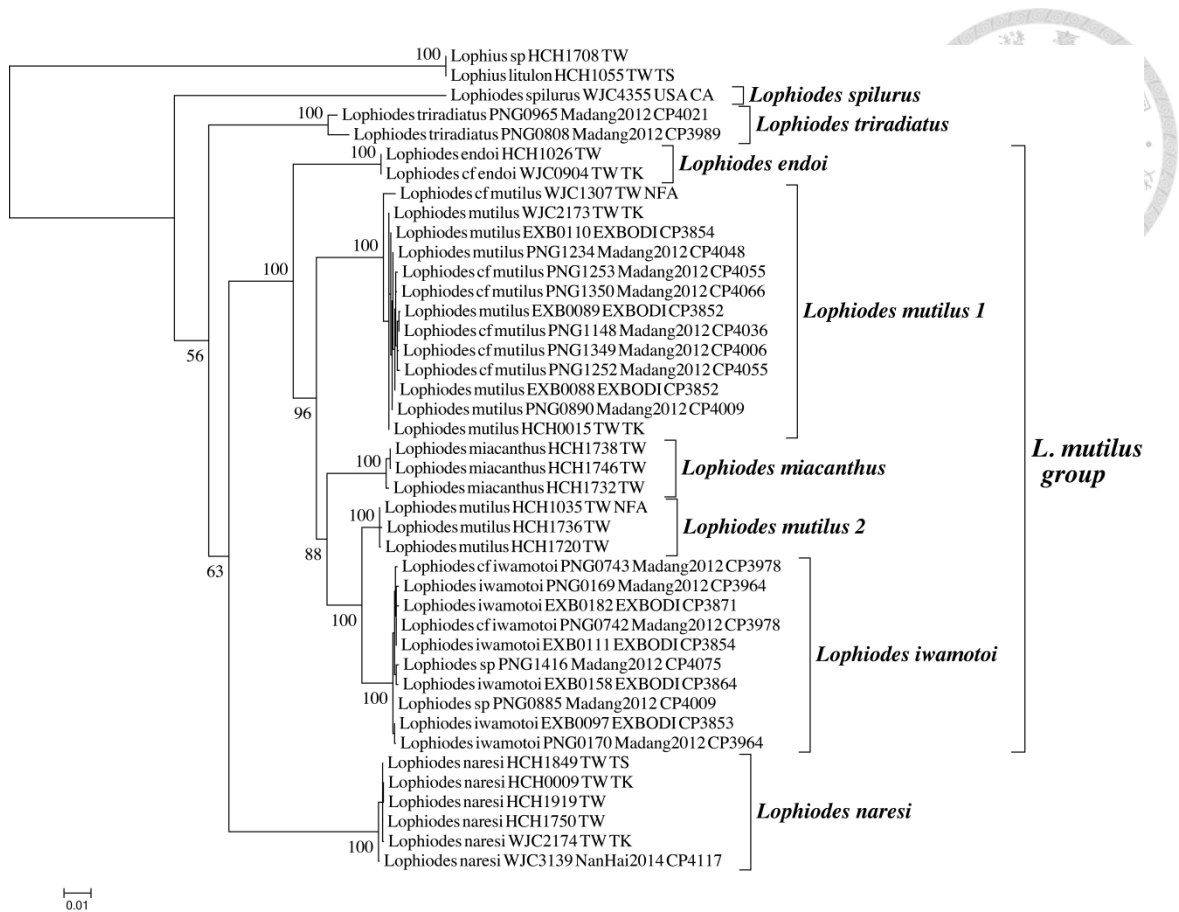




圖十三、鮫鱈科粒線體基因演化樹 (COI + Cytb)，節點數字為 bootstrap 值 (高於 50)。

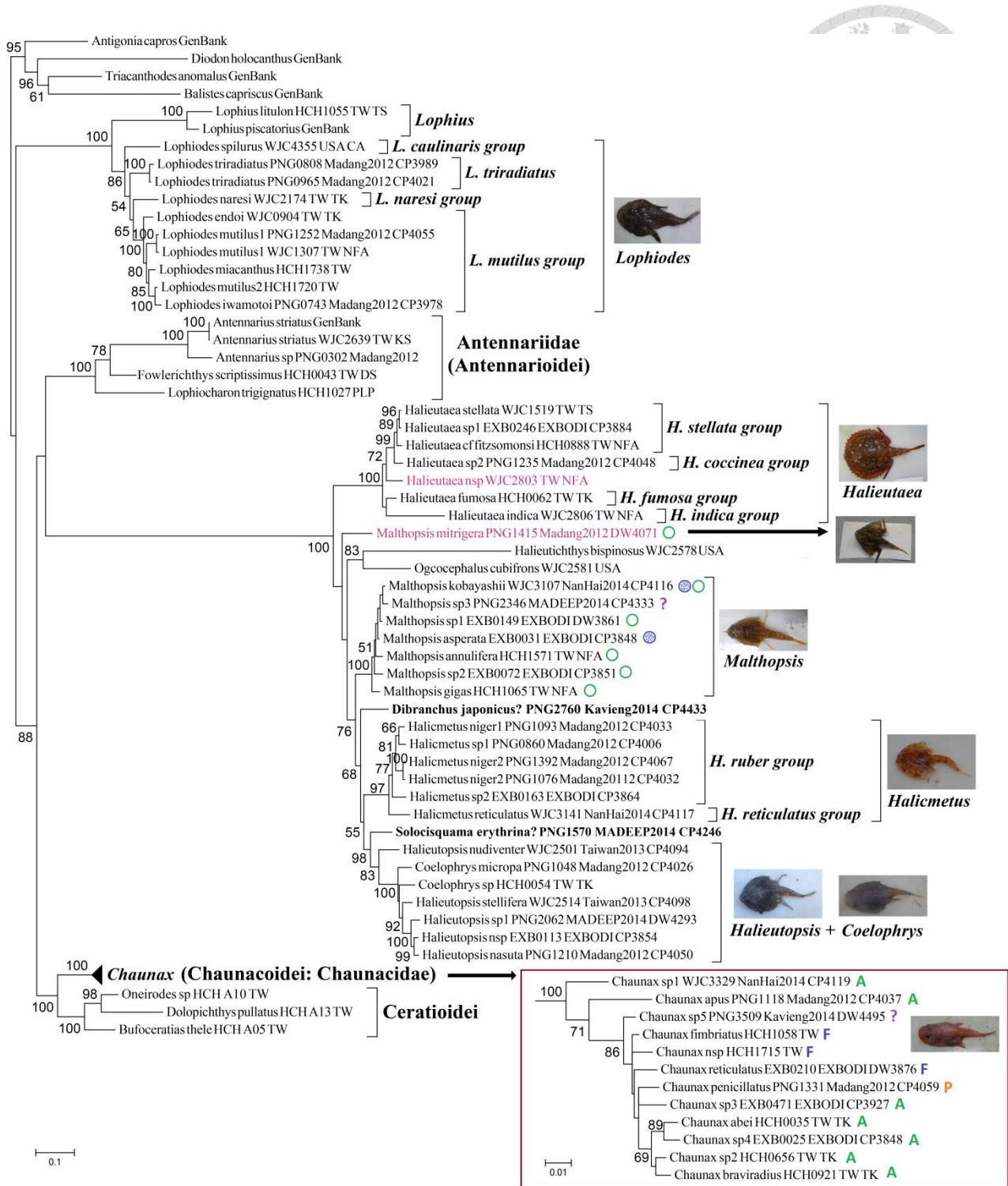




圖十四、鮫鱈科核基因演化樹 (RH + RAG1)，節點數字為 bootstrap 值(高於 50)。



圖十五、鮫鱈科的全部基因演化樹 (*COI+Cytb+RH+RAG1*)，節點數字為 bootstrap 值 (高於 50)。





圖十六、所有蒐集物種的合併基因演化樹，節點數字為 bootstrap 值（高於 50），紅字序列為本研究重要發現。*Malthopsis* 屬內 “” 代表屬於腹部有小刺種群之物種，“” 則為腹部無小刺種群之物種。*Chaunax* 屬內 “A” 代表屬於 *C. abei* 種群，“F” 代表屬於 *C. fimbriatus* 種群，“P” 代表屬於 *C. pictus* 種群。



圖十七、*M. mitrigeria* 與 *Malthopsis* 屬物種一般外形比較圖。(a) *M. mitrigeria* 亞成魚 (PNG2127)；(b) *M. mitrigeria* 成魚 (PNG1415)；(c) *M. gigas* 成魚 (WJC3884)，*Malthopsis* 屬物種一般外形。紅圈處為下鰓蓋骨盾結。