

- 公開
- 一年後公開
- 二年後公開
- 密件、不公開

行政院農業委員會 108 年度科技計畫期末研究報告

資訊庫編號：

計畫名稱：臺灣鬼頭刀漁業資源評估研究

(第 1 年 / 全程 1 年)

(英文名稱) Study on the population dynamics of dolphinfish in the
Taiwan waters

計畫編號：108 農科-9.2.3-漁-F1(2)

全程計畫期間：108 年 1 月 1 日至 108 年 12 月 31 日

本年計畫期間：108 年 1 月 1 日至 108 年 12 月 31 日

計畫主持人：王勝平

執行機關：國立台灣海洋大學



目錄

成果中文摘要.....	IX
成果英文摘要(ABSTRACT).....	XI
第一章 前言.....	1
1.1 台灣鬼頭刀漁業與資源概況.....	1
1.2 前人研究概況.....	2
1.3 計畫目標與最終效益.....	4
第二章 實施方法.....	6
2.1 鬼頭刀生殖生物物學研究.....	6
2.1.1 樣本測量與採集.....	6
2.1.2 生殖腺成熟指數.....	6
2.1.3 肥滿度.....	6
2.1.4 肝指數.....	7
2.1.5 生殖腺組織切片之製作.....	7
2.1.6 生殖腺成熟階段.....	8
2.1.7 性成熟體長.....	9
2.2 太平洋鬼頭刀之系群結構解析.....	9
2.2.1 樣本採集.....	9



2.2.2 分子生物學實驗:粒線體 DNA 片段之萃取與增幅	10
2.2.3 鹼基序列間之親疏判定.....	11
2.3 台灣海域鬼頭刀 CPUE 標準化	12
2.3.1 漁獲統計資料.....	12
2.3.2 漁獲拍賣資料之漁業別辨識	12
2.3.3 CPUE 標準化分析	13
2.4 西北太平洋鬼頭刀資源評估	14
2.4.1 海域與漁業劃分.....	14
2.4.2 使用資料.....	14
2.4.3 生物參數.....	15
2.4.4 資源評估模式.....	16
2.4.5 情境分析.....	16
第三章 結果與討論	18
3.1 鬼頭刀生物生殖生物學研究	18
3.1.1 樣本彙整與採集.....	18
3.1.2 生殖腺成熟度指標分析.....	18
3.1.3 肥滿度月別變化.....	18
3.1.4 肝指數月別變化.....	18
3.1.5 生殖腺成熟階段之月別變化	19



3.1.6 生殖季節之判斷.....	19
3.1.7 性成熟體長.....	19
3.2 太平洋鬼頭刀之系群結構解析	20
3.2.1 鬼頭刀肌肉樣本之採集.....	20
3.2.2 粒線體 DNA 萃取與專一性引子設計.....	21
3.2.3 粒線體 DNA 組成與鹼基序列間之親疏判定.....	22
3.3 台灣海域鬼頭刀之資源評估分析	23
3.3.1 漁業別辨識之群集分析.....	23
3.3.2 CPUE 標準化分析	25
3.3.3 資源評估分析.....	27
第四章 檢討與建議	29
4.1 正確漁獲資料之重要性	29
4.2 生物學研究之重要性	29
4.3 努力量資料缺乏之問題	30
第五章 成果效益說明及重大突破	31
5.1 學術成就(科技基礎研究).....	31
5.2 技術創新(科技技術創新).....	31
5.3 經濟效益(經濟產業促進).....	31



5.4 社會影響(社會福祉提升、環境保護安全).....	31
5.5 其他效益(科技政策管理、人才培育、法規制度、國際合作、 推動輔導等).....	32
5.6 國際比較.....	32
參考文獻.....	33
附圖.....	36
附表.....	80



圖目錄

圖 1. 太平洋海域各國之鬼頭刀生產量之歷年變動趨勢。.....	36
圖 2. 本研究所採用之西北太平洋鬼頭刀漁獲量之歷年變動趨勢。.....	36
圖 3. 本研究採用台東縣新港魚市場量測之雌雄別體長資料體長頻度資料。....	37
圖 4. 本研究用以進行西北太平洋鬼頭刀資源評估之各項資料及時間序列。....	37
圖 5. 歷年台灣東部海域雌雄別鬼頭刀生殖腺魚體樣本之體長頻度。.....	38
圖 6 台灣東部海域雌雄別鬼頭刀樣本魚體之生殖腺成熟度指數。.....	39
圖 7. 台灣東部海域雌雄別鬼頭刀樣本魚體之肥滿度。.....	40
圖 8. 台灣東部海域雌雄別鬼頭刀樣本魚體之肝指數。.....	41
圖 9. 台灣東部海域鬼頭刀之雌魚卵巢與雄魚精巢月別成熟發育階段比例。...	42
圖 10. 台灣東部海域雌雄別鬼頭刀之成熟體長估計。.....	43
圖 11. 彙整 NCBI 基因庫之鬼頭刀粒線體 DNA ND1 基因序列。.....	44
圖 12. 鬼頭刀粒線體 DNA ND1 之引子設計與基因序列之相對位置。.....	44
圖 13. 鬼頭刀 mtDNA ND1 之專一性引子 PCR 產物(約 970bp)電泳圖。.....	45
圖 14. 新港區漁會拍賣資料之群集分析結果。.....	46
圖 15. 新港區漁會拍賣資料各群集之漁獲魚種組成。.....	47
圖 16. 蘇澳區漁會拍賣資料之群集分析結果。.....	49
圖 17. 蘇澳區漁會拍賣資料各群集之漁獲魚種組成。.....	50
圖 18. 東港區漁會拍賣資料之群集分析結果。.....	52
圖 19. 東港區漁會拍賣資料各群集之漁獲魚種組成。.....	53
圖 20. 新港區漁會拍賣資料各群集之鬼頭刀漁獲量。.....	55
圖 21. 蘇澳區漁會拍賣資料各群集之鬼頭刀漁獲量。.....	55
圖 22. 東港區漁會拍賣資料各群集之鬼頭刀漁獲量。.....	56
圖 23. 新港區漁會拍賣資料中鬼頭刀冷凍與生鮮漁獲之比例。.....	56
圖 24. 蘇澳區漁會拍賣資料中鬼頭刀冷凍與生鮮漁獲之比例。.....	57
圖 25. 東港區漁會拍賣資料中鬼頭刀冷凍與生鮮漁獲之比例。.....	57
圖 26. 新港區漁會拍賣資料各群集中鬼頭刀漁獲量之比例。.....	58
圖 27. 蘇澳區漁會拍賣資料各群集中鬼頭刀漁獲量之比例。.....	58
圖 28. 東港區漁會拍賣資料各群集中鬼頭刀漁獲量之比例。.....	59
圖 29. 新港區資料之鬼頭刀年別 CPUE 標準化之殘差分布及常態機率圖 (Quantile-Quantile Plot)。.....	60
圖 30. 新港區資料之鬼頭刀季別 CPUE 標準化之殘差分布及常態機率圖 (Quantile-Quantile Plot)。.....	60
圖 31. 新港區資料之鬼頭刀年別標準化 CPUE(灰色區域為 95%信賴區間)。..	61
圖 32. 新港區資料之鬼頭刀季別標準化 CPUE(灰色區域為 95%信賴區間)。..	61
圖 33. 蘇澳區資料之鬼頭刀年別 CPUE 標準化之殘差分布及常態機率圖	



(Quantile-Quantile Plot)。	62
圖 34. 蘇澳區資料之鬼頭刀季別 CPUE 標準化之殘差分布及常態機率圖 (Quantile-Quantile Plot)。	62
圖 35. 蘇澳區資料之鬼頭刀年別標準化 CPUE(灰色區域為 95%信賴區間)。	63
圖 36. 蘇澳區資料之鬼頭刀季別標準化 CPUE(灰色區域為 95%信賴區間)。	63
圖 37. 整合新港及蘇澳區資料之鬼頭刀年別 CPUE 標準化之殘差分布及常態機 率圖(Quantile-Quantile Plot)。	64
圖 38. 整合新港及蘇澳區資料之鬼頭刀季別 CPUE 標準化之殘差分布及常態機 率圖(Quantile-Quantile Plot)。	64
圖 39. 整合新港及蘇澳區資料之鬼頭刀年別標準化 CPUE(灰色區域為 95%信賴 區間)。	65
圖 40. 整合新港及蘇澳區資料之鬼頭刀季別標準化 CPUE (灰色區域為 95%信 賴區間)。	65
圖 41. 本研究各情境模式對於新港及蘇澳 CPUE 之套適情形。	66
圖 42. 基礎情境下模式對於體長頻度套適情形(上：歷年；下：彙集各年)。	67
圖 43. 基礎情境下模式對於歷年體長頻度套適程度之殘差分布圖。	68
圖 44. 固定於前人研究之成長參數情境下模式對於體長頻度套適情形(上：歷 年；下：彙集各年)。	69
圖 45. 固定於前人研究之成長參數情境下模式對於歷年體長頻度套適程度之殘 差分布圖。	70
圖 46. 各情境模式所估計之西北太平洋雌雄魚別鬼頭刀成長曲線。	71
圖 47. 各情境下模式所估計西北太平洋雌雄別鬼頭刀之體長別漁具選擇性。	72
圖 48. 各情境下模式所估計西北太平洋雌雄別鬼頭刀之年齡別漁具選擇性。	73
圖 49. 各情境模式所估計之歷年西北太平洋鬼頭刀加入量變動趨勢。	74
圖 50. 各情境模式所估計之歷年西北太平洋鬼頭刀親魚量變動趨勢。	74
圖 51. 歷年西北太平洋鬼頭刀親魚量相對於初始親魚量水準(SSB/SSB ₀)之變動 趨勢。	75
圖 52. 歷年西北太平洋鬼頭刀親魚量相對於 MSY 水準下親魚量(SSB/SSB _{MSY})之 變動趨勢。	76
圖 53. 歷年西北太平洋鬼頭刀親魚量相對於 40%初始親魚量水準 (SSB/SSB _{0.4SSB0})之變動趨勢。	76
圖 54. 歷年西北太平洋鬼頭刀漁獲死亡率相對於 MSY 水準下漁獲死亡率 (F/F _{MSY})之變動趨勢。	77
圖 55. 歷年西北太平洋鬼頭刀漁獲死亡率相對於 40%初始親魚量水準下漁獲死 亡率(F/F _{0.4SSB0})之變動趨勢。	77
圖 56. 各情境下西北太平洋鬼頭刀資源評估以 MSY 參考點水準之 Kobe Plot。	78
圖 57. 各情境下西北太平洋鬼頭刀資源評估以 0.4SSB ₀ 參考點水準之 Kobe	



Plot ◦ 79



表目錄

表 1. 鬼頭刀粒線體 DNA NADH dehydrogenase 1(mtDNA ND1) 於各區域樣本 之各項遺傳歧異度分析.....	80
表 2. 鬼頭刀粒線體 DNA NADH dehydrogenase 1(mtDNA ND1) 於各區域樣本 之 Slatkin linearized F_{STs}	81
表 3. 台東縣新港區漁會、宜蘭縣蘇澳區漁會以及屏東縣東港區漁會主要魚種 之漁獲比例。.....	82
表 4. 新港區資料之鬼頭刀 CPUE 標準化 GLM 分析之 ANOVA 表。.....	83
表 5. 蘇澳區資料之鬼頭刀 CPUE 標準化 GLM 分析之 ANOVA 表。.....	84
表 6. 整合新港區及蘇澳區資料之鬼頭刀 CPUE 標準化 GLM 分析之 ANOVA 表。.....	85
表 7. 各情境下西北太平洋鬼頭刀資源評估各項模式重要變量之估計值。.....	86



成果中文摘要

本研究彙整歷年度研究結果並持續採集鬼頭刀生樣本，本計畫採集包括台灣(東港、蘇澳及新港)與日本(長崎及鹿兒島)之不同時間序列採集之生物樣本。另外，亦增加東太平洋厄瓜多、觀察員採樣自西北太平洋、北太平洋中部、南太平洋及印度洋樣本。共分析包含台灣、日本、東太平洋、南太平洋及印度洋樣本共 526 隻個體之 mtDNA ND1 部分序列，經排序後使用 766bp，進行分析研究。族群歧異度分析結果顯示:139 個位置發生變異，共有 168 種基因型。各採樣區域內的單倍基因型歧異度 Hd 介於 0.883 至 0.985 之間，顯示各區域均有相同的單倍基因型出現。各採樣區域的核苷酸歧異度 π ，介於 0.00299~0.00532 之間；其中最小值則出現在鹿兒島樣本，最大值則出現於澎湖樣本，顯示澎湖樣本相較於其他區域樣本於核苷酸歧異度具較高的變異。另外，以 FST 固定指數分析族群遺傳結構，各採樣區域的 FST 介於 0~0.08999 之間，其中 FST 之最大值 (0.08999*)則出現在台灣澎湖及日本鹿兒島兩樣區之間，台灣海域樣本方面，澎湖與新港的 2013 年及 2014 年樣本，另外與日本鹿兒島及西北太平洋樣本均呈現顯著差異。在台灣之外其他海域樣本方面，新港 2013 年樣本與北太平洋中部樣本有顯著差異，同樣的日本鹿兒島海域樣本亦與北太平洋中部樣本有顯著差異。進一步依照 FST 固定指數及地理環境分布分群，以分子變方分析 (AMOVA) 分析，結果顯示太平洋海域鬼頭刀遺傳族群結構呈現複雜多分群現象。故依據研究結果建議增加有效之分子基因座遺傳資訊，並擴大樣本數與地理分布範圍以期完整瞭解太平洋區鬼頭刀之時空分布特徵及族群遺傳結構，作為後續鬼頭刀資源評估及管理政策制定之重要參考依據。

本研究於本年度持續於台東縣新港魚市場採集鬼頭刀生殖腺樣本進行臺灣東部海域鬼頭刀之生殖生物學研究，並累計於自 2016 至 2017 年間所收集之樣本進行分析，雌雄別之生殖腺指數大約於由 2 月後開始增加，至 8 月後逐漸降低。雌魚肝臟指數亦在 8 至 9 達最高峰，雄魚方面則沒有太大的變動，而雌雄魚之肥滿度則無明顯變動。根據生殖腺指數及生殖腺成熟階段月別變動推論，鬼頭刀為終年產卵，高峰為 3 月到 7 月，而東部海域是鬼頭刀產卵場之一。雌雄魚之 50%性成熟體長估計分別為 52.3 公及 55.9 公分。



本研究採用群集分析法進行拍賣資料作業航次之作業漁法判別，結果顯示群集分析能夠成功區分各地作業航次別之作業漁法與目標魚種。進一步根據篩選出之漁業資料進行台灣東部海域鬼頭刀之 CPUE 標準化，而標準化 CPUE 趨勢顯示於 2000 至 2007 年間呈現逐年增加，之後至 2009 年間則大幅減少，但近年來仍是呈現減少的趨勢。

本研究將整合歷年之漁獲量、體長資料及標準化 CPUE 序列進行西北太平洋鬼頭刀資源之完整資源評估分析，本研究採用資源整合模式(Stock Synthesis, SS)進行分析。所有情境之分析結果皆顯示，目前西北太平洋鬼頭應無過度利用 (overfishing) 及過漁 (overfished)，但親魚量已相當接近於 MSY 及 $0.4SSB_0$ 參考點水準，且有區間估計也顯示現今親魚量會有相當高的機率低於 MSY 參考點。



成果英文摘要(Abstract)

In this year, biological samples of dolphinfish were collected continually in the main fishing ports for dolphinfish landings including Tungkung, Suao and Shingkang in different spatial-temporal scales. In this study, the collection of dolphinfish was increased from Tungkang, Suao, and Taitung in the waters of Taiwan. Also, the additional samples collected from others waters such as Manta, Ecuador in the eastern Pacific Ocean, from the Nagasaki and Kagoshima, Japan and the western and central North Pacific Ocean were included for the sequencing analysis. Total of 562 biological samples were analyzed from the waters of Taiwan, Japan, Ecuador and western and central North Pacific Ocean. According to results, we investigated the pattern of genetic differentiation with 766 bp of the mtDNA ND1 from 562 individuals. We report that the localities from PonHu showed significant genetic differentiation with Taitung 13, Taitung 14 in Taiwan, Kagoshima in Japan and the locality in the western North Pacific Ocean. In additional, Taitung 13 showed significant genetic differentiation with the locality in the central North Pacific Ocean. Moreover, the samples from Kagoshima revealed the genetic differentiation with the locality in the central North Pacific Ocean. These results show genetic heterogeneity among the localities of Taiwan, Japan and central North Pacific Ocean. Furthermore, the AMOVA results of multiple groupings show the complex differentiation pattern. Therefore, we suggest that the genetic loci, sample sizes and geographic coverage should be increased to improve the power of bioinformatics analyses. It is essential and helpful to resolve the genetic population structure of dolphinfish in the Pacific Ocean.

This study continued to collected gonad samples in Shingkang fish markets during and the reproductive biology analysis was conducted by pooling the samples with those collected in 2016 and 2017. The trends of gonadosomatic indices (GSI) of females and males indicated that the GSI generally began to increase since February and gradually decreased after August. Hepasomatic index of females reached a peak in August and September but there was no pattern for males. The values of somatic condition factor did not reveal obvious trends for both females and males. The trends of gonadosomatic indices (GSI) and maturity stages indicated that the dolphinfish can spawn during the entire year with a peak from March to July and the Taiwan



waters should be a spawning ground for dolphinfish. The body lengths of 50% maturity are 52.3 and 55.9 cm for females and males, respectively.

In this study, the cluster analysis method was used to analyze the fishing method for the trips of the auction data and the results indicated that the cluster analysis can successfully identify the fishing methods and targeting species for each fishing trip. CPUE standardizations were further conducted based on the selected data from the dolphinfish longline fishery. The standardized CPUE series indicated that it increased during 2000 to 2007, substantially decreased until 2009 and still revealed a decreasing trend in recent years.

The full stock assessment of dolphinfish in the northwest Pacific Ocean using Stock Synthesis (SS), which was implemented by incorporating historical catches, length-frequency data and standardized CPUE series. The results of all scenarios indicated that the stock of dolphinfish in the northwest Pacific Ocean might not be subject to overfishing or overfished. However, the current spawning stock biomass was close to the levels of MSY and 0.4SSB₀. In addition, there is a high probability that the current spawning stock biomass would be lower than the MSY level.

第一章 前言

1.1 台灣鬼頭刀漁業與資源概況

鬼頭刀(*Coryphaena hippurus*)為台灣沿近海漁業資源中重要的經濟性魚種之一，根據歷年之漁獲統計資料，近年來台灣沿近海漁業之鬼頭刀產量約佔總產量之 7-10%左右，且呈現逐年增加的趨勢，其中台灣東部海域之鬼頭刀產量即約佔全台灣鬼頭刀產量之 70%左右，而鬼頭刀更是台灣東部海域極為重要之主要目標魚種。台灣東部海域之鬼頭刀主要為延繩釣漁業所漁獲(約佔 96%)，於 1980 年代中期之前台灣東部海域之鬼頭刀漁獲量並不高，然而至 1990 年開始漁獲量大幅增加，自 1980 年代中期之前低於 4,000 公噸大幅增加，漁獲量最高曾達到 13,000 公噸。根據近年來宜蘭及台東之漁獲拍賣統計資料，台灣東部海域鬼頭刀的漁獲量於 2000 年至 2007 年間呈現逐年增加的趨勢，並增加至 2007 年的 8,000 公噸左右，然而至 2008 年漁獲量則開始大幅減少，雖然於 2013 年曾增加至 4,000 多公噸，但於 2016 年則又減少至 2,500 公噸左右。

SPF (2013)指出 Sustainable Fisheries Partnership (SFP)檢視太平洋水域鬼頭刀之漁業與資源狀況，該分析報告指出，雖然以有限的資料顯示目前太平洋鬼頭刀資源處於良好的狀態，且東太平洋與中西太平洋之 CPUE 亦無呈現下降趨勢。然而，目前的資源分析是基於鬼頭刀可能的族群結構以及生活史特徵(如繁殖力高、生長速度快、成熟年齡早、壽命短等)而設定其對過度開發為非常低敏感性之基礎下所進行。此外，根據針對中南美洲鬼頭刀漁業之生態風險評估之結論指出鬼頭刀已處於中等程度風險。因此，針對鬼頭刀資源進行更深入的全球性規模之分析，以期有助於判斷太平洋鬼頭刀資源之變動趨勢。然而，由於目前尚未針對太平洋鬼頭刀進行資源評估，因此導致太平洋鬼頭刀資源狀態存在著高度的不確定性。此外，雖然目前部份分析支持東太平洋與中西太平洋鬼頭刀分屬不同系群，但由於缺乏全面太平洋鬼頭刀之漁業生物學資訊，因此太平洋鬼頭刀資源的系群結構亦尚未達成共識。

SPF (2013) 綜合各項資訊指出，目前太平洋鬼頭刀漁業屬於管理不善之漁業 (poorly managed fisheries) ，且目前僅少數國家參與執行漁業改進計畫(Fishery

Improvement Project, FIP), 而台灣之中西太平洋延繩釣漁業則被列入需要執行 FIP 的國家之一。由於資源狀態與管理資訊的缺乏, SFP 敦促太平洋鬼頭刀漁業之業者進行 FIP 之規劃與執行。

FIP 內容為制訂具有明確可測量指標及相關預算的漁業工作計畫, 參與者需據以逐年改進。工作計畫制定依據及內容須有科學研究之數據, 因此須由科學家執行鬼頭刀族群及資源研究分析, 作為工作計畫之佐證。為順利取得 FIP 認證, 確保美國外銷市場通路, 擬以分區分階段方式, 進行鬼頭刀族群及資源科學研究調查分析工作。本研究之目的在於建立臺灣鬼頭刀資源基礎資料, 以作為日後與其他太平洋水域鬼頭刀資源類緣關係之分析基礎。分析鬼頭刀資源漁業指標。以檢視該資源之變動趨勢, 供漁業改進計畫(FIP)參考。

台灣海域捕獲之鬼頭刀, 以美國為主要外銷市場, 佔出口量 90%以上, 近年來, 環保組織為達到在漁產品穩定供應與保護海洋資源間取得平衡之目標, 向美國販賣漁產品的大型連鎖量販與零售商進行遊說, 使得採購商同意採購若未能具有生態標籤, 但取得進行 FIP 證明之漁產品, 無 FIP 者不予採購。過去因我國鬼頭刀漁業尚未取得 FIP 認證, 使得外銷美國通路嚴重受阻。為達到在漁產品穩定供應與保護海洋資源間取得平衡之保育目標, 台東縣新港區漁會及產業界之利益相關者自 2014 年開始建立台灣之鬼頭刀漁業改進計畫, 發展至今蘇澳及東港區漁會也已加入台灣鬼頭刀漁業改進計畫之行列。

1.2 前人研究概況

國外有關鬼頭刀之研究報告, 由於鬼頭刀屬於混獲魚種(bycatch), 因此相關的資源評估研究並不多見, 大多以生物學研究為主, Beardsley (1967)、Rose and Hassler (1968)、Murray (1985)、Uchiyama et al. (1986)、Bentivoglio (1988)、Massuti and Morales (1997)、Potoschi et al. (1999)等曾進行大西洋、地中海及夏威夷海域鬼頭刀之成長與生物學研究, Oxenford and Hunte (1983、1985、1986a、1986b、1987、1999)則針對中西大西洋海域鬼頭刀進行成長、系群、洄游、食性及資源豐度分析。資源評估方面, Mahon and Oxenford (1999)彙整中西大西海域鬼頭刀資源之初步預警結果, Patterson and Martinez (1991)以年級群解析法分析厄瓜多爾海

域之鬼頭刀資源。Sakamoto and Kojima (1999)則彙整日本鄰近海域鬼頭刀之生物學及漁獲趨勢。

雖然鬼頭刀為台灣東部沿近海漁業相當重要的經濟性魚種，但過去有關鬼頭刀資源評估的相關報告並不多，大多也是以生物學研究及生物參數估計為主。針對台灣東部海域鬼頭刀，Lee and Shung (1986)曾進行其漁場調查，陳等(1999；2003；2004；2006)與鄭(2005)曾分析其漁獲量變動趨勢以及估計其成長與死亡率等生物參數，Wu et al. (2001)進行其生殖生物學研究，張(2006)以耳石進行年齡查定，Wu et al. (2005)進行其食性與攝食棲地等相關研究，江等(2005)則分析其雌雄異形及性比。而資源分析方面，王及王(2004)分析其單位努力漁獲量變動並指出自 1989 年起即有持續下降的情形，陳(2007)則嘗試以調整型架年級群解析方法進行台灣東部海域鬼頭刀資源量之調查與評估，吳(2010)則是利用資源整合模式進行台灣東部海域鬼頭刀資源評估分析。

太平洋鬼頭刀遺傳族群結構之解析，過去雖有多位研究學者運用不同之分子遺傳研究方法解析太平洋鬼頭刀遺傳族群結構，其中，Tripp-Valdez et al. (2010)以微衛星多型性分析加利福尼亞灣區域鬼頭刀族群，研究結果顯示並無分群現象。另 Diaz-Jaimes et al. (2010) 以粒線體 ND1 基因序列分析結果顯示太平洋各樣區之鬼頭刀無顯著遺傳差異。而 Rocha-Olivares et al. (2006) 則認為夏威夷海域及墨西哥沿岸區域之間具顯著遺傳差異性。再者，丁(2014) 以粒線體 ND1 基因及控制區序列探討台灣海域鬼頭刀族群遺傳結構，結果顯示台灣所捕獲之鬼頭刀和關島族群及夏威夷族群分屬不同族群。Chang et al. (2013)研究指出，西太平洋與東太平洋鬼頭刀之成長參數具有明顯的差異而可能分屬不同的族群。根據上述研究結果說明太平洋鬼頭刀遺傳族群結構至今尚未有所定論。本計畫聚焦於台灣周邊海域族群結構，同時加入日本海域(西北太平洋)、厄瓜多海域(東太平洋)樣本及北太平洋中部及西部海域樣本，以增進太平洋鬼頭刀族群結構的資料解析度。

根據 104 至 106 年度之計畫執行成果指出，鬼頭刀產量於 2008 年產量大幅減少後變動趨勢則較為平緩，雖然近年來產量減少但產值卻是呈現增加的趨勢，此顯示鬼頭刀資源對台灣漁業產業之重要性。根據歷年雌雄別鬼頭刀之體長頻度分布，雌雄別歷年之平均體長並無明顯的變動，但近年來出現較多小體型魚之漁獲。雌雄別之體長頻度呈現明顯的月別變動趨勢，且於 6 及 7 月間具有兩個峰群，根據此分析結果顯示台灣東部海域鬼頭刀資源可能於每年的 6 及 7 月間與 11 及

12 月間具有兩個加入群。此外，於 4 至 6 月第一個盛漁期所漁獲體長皆明顯高於其他月別，而 10 至 12 月第二個盛漁期之漁獲體長則明顯較小。各採樣區域的遺傳結構及分化的程度區具有差異，但族群結構仍須持續採集不同年間與擴大樣本數與地理分布以供作後續相關分子生物學實驗之所需。根據生殖腺分析結果，台灣東部海域應為鬼頭刀產卵場，而鬼頭刀終年產卵並且生殖高峰季節約為 3 到 7 月。根據標準化 CPUE 變動趨勢，於每年第 2 季台灣東部海域鬼頭刀會出現 CPUE 之最高峰，而通常於第 4 季又會出現次高峰，然而近年來 CPUE 呈現逐年減少的趨勢。根據成長參數之估計與分析結果，於 2008 及 2009 年前後成長曲線具有差異，而同時期之雌雄別成長曲線亦有差異，而主要差異在於雄魚極限體長明顯高於雌魚。

1.3 計畫目標與最終效益

配合台灣鬼頭刀 FIP 之推動與執行，有必要針對台灣鬼頭刀資源利用進行評估與分析，作為 FIP 工作計畫之科學佐證。

在進行資源之分析與評估前必須針對該資源的群體有一明確的定義，因此有關資源之系群結構為資源分析中為相當重要的一項研究。雖然目前一般是將東太平洋與中西太平洋之鬼頭刀資源分別進行相關之資源分析，然而目前由於太平洋鬼頭刀資源之系群結構仍在有不確定性，因此在進行資源評估前有必要針對太平洋鬼頭之系群結構進行研究分析。因此本研究將持續進行太平洋鬼頭刀之系群結構分析，確立台灣海域鬼頭刀與其他太平洋水域之鬼頭刀資源之類緣關係，以作為日後進行資源評估分析之基礎。

配合鬼頭刀 FIP 的執行，研究團隊規劃長期之研究計畫，以供作為建立台灣海域鬼頭刀資源評估之基礎與發展：(1)進行鬼頭刀生物樣本之採集，進行生活史參數之分析研究，包括成長及生殖生物學等；(2)利用分子遺傳學方法分析太平洋鬼頭刀之族群結構；(3)彙整歷年之漁獲統計及體長量測資料，以各項漁業指標及體型變動趨勢初步分析鬼頭刀之利用情形與資源可能之動態；(4)進行鬼頭刀之 CPUE 標準化，以分析相對資源豐度指標變動趨勢；(5)根據歷年漁獲

量資料與相對資源豐度指標，以進行初步之資源評估分析；(6)整合生活史參數、漁獲量資料、漁獲物體型組成與相對資源豐度指標，以整合資源評估模式進行鬼頭刀之完整資源評估。藉由此長期研究計畫之執行成果，以期提供未來進行台灣鬼頭刀漁業資源管理之科學參考依據。

在過去 104 至 107 年間配合鬼頭刀 FIP 的進行，本研究團隊已陸續進行了漁獲統計資料彙整、生物樣本採集、族群結構初步分析、生殖與成長初步分析以及資源豐度指標變動分析等各項工作。本年度計畫除了持續進行各項資料的彙整及生物樣本採集外，工作重點在於持續進行族群結構分析及生殖生物學分析，並整合漁獲量資料、漁獲物體長頻度資料、生物參數與相對資源豐度指標等資訊進行台灣海域鬼頭刀資源評估。

第二章 實施方法

2.1 鬼頭刀生殖生物學研究

2.1.1 樣本測量與採集

本研究於宜蘭縣南方澳魚市場及臺東縣成功鎮新港漁市場進行鬼頭刀生殖腺樣本採集，測量記錄包括尾叉長(精確至 0.1cm)、體重(Round weight, RW) (精確至 0.1g)、生殖腺重和肝臟重(精確至 0.01g)。生殖腺經由電子天秤量測後，再將所有的生殖腺樣本以 10%中性福馬林溶液進行固定組織及保存，以待後續之處理與分析。

2.1.2 生殖腺成熟指數

本研究測量每一個生殖腺樣本之重量，並根據其體型資料進行生殖腺成熟指數分析。生殖腺成熟指數(Gonadosomatic index, GSI)計算公式如下：

$$GSI = \frac{GW}{RW} \times 100$$

GSI 為生殖腺成熟指數；

GW 表示生殖腺重(gonad weight)(g)；

RW 表示魚體全重(g)。

2.1.3 肥滿度

為了瞭解鬼頭刀在生殖季節與非生殖季節的能量變化情況，本研究以肥滿度(somatic condition factor)作為型態指標，其公式如下(Dutil and Lambert, 2000；Silva et al., 2013):

$$CF = \frac{(RW - GW)}{FL^3} \times 100$$

CF 為肥滿度；

RW 表示魚體全重(g)；

GW 表示生殖腺全重(g)；

FL 表示尾叉長(cm)。

2.1.4 肝指數

為反映動物體內儲存能量指標，肝指數(Hepasomatic index, HSI)可作為判斷生殖期之指標。其公式如下：

$$HSI = \frac{LW}{RW} \times 100$$

HIS 為肝指數；

LW 表示肝臟重(g)；

RW 表示魚體全重(g)。

2.1.5 生殖腺組織切片之製作

切取固定於 10%中性福馬林之生殖腺組織（約 1cm³），並放置包埋盒以流水清洗 12 小時以去除殘留之固定液，再經脫水（dehydration）、清洗（clearing）、浸潤（infiltration）包埋（embedding）切片（sectioning）及染色（staining）處理後封蓋（mounting），做成永久組織切片標本以利觀察。組織切片處理程序參考 Sheehan and Hrapchak（1973）及 Bancroft and Stevens（1996）之方法，經試驗後略為修改，其處理程序如下：

- (1) 脫水（dehydration）：分別將組織逐漸浸泡於 70%、80%、90%之酒精中各 1 小時，再放入 100%酒精中 30 分鐘，以去除組織內所含水分及殘留固定液。
- (2) 清洗（clearing）：因酒精與石蠟不能互溶，使用二甲苯（xylene）取代組織中之 100%酒精（連續 2 次，每次 30 分鐘），以脫去組織中所含酒精，二甲苯使生殖腺組織更為透明。
- (3) 浸潤（infiltration）：將組織浸入 52~54°C 石蠟中，浸置時間約 1 小時，讓石蠟充分溶入組織中，填充脫水皺縮的細胞，以利進行組織切片。
- (4) 包埋（embedding）：將經處理後組織取出放置銅模中，使用 Shandon Histocentre 包埋機，注入 58°C 液狀石蠟，注入過程中為避免氣泡產生造成爾後切片皺摺，必要時以加熱之鑷子伸入石蠟液中趕走氣泡，然後置於冷卻台迅速冷卻。

- (5) 切片 (sectioning)：由包埋鋼模中取出冷卻之組織蠟塊，修切成適當大小，利用手動切片機，切取 4~6 μ m 之連續切片，將切下之切片置於展蠟水槽中展蠟，水溫溫度約 45°C。將載玻片塗上薄薄一層蛋清（蛋白和甘油比例 1:1）作為黏著劑，將展開之組織切片撈附著於玻片上後，置於烘片台上烘乾。
- (6) 染色 (staining)：以二甲苯溶解已烘乾之組織切片上的石蠟，浸泡於 100%酒精中並經逐次降低酒精濃度，以清水清洗後，再以水溶性 Mayer's 蘇木精 (hematoxylin) 進行染色，再經清水清洗，並以酒精溶性的伊紅 (eosin-B) 進行染色，後以清水清洗，再經逐次增加酒精濃度之脫水過程處理後即完成對比染色 (counter-staining)。
- (7) 封蓋 (mounting)：染色完成後之玻片，連續二次在二甲苯中浸泡各一分鐘，使非水性物質鑲嵌於介質中，最後以粘膠 (permount mounting medium) 將蓋玻片覆蓋於組織上，即完成永久組織切片之製作。

2.1.6 生殖腺成熟階段

(一) 卵巢

由卵巢組織切片觀察卵細胞生成過程(oogenesis)參考前人之研究對於卵巢發育成熟階段之定義(Murua et al.,2003；Alejo-Plata et al., 2011；Furukawa, et al., 2012；Zúñiga-Flores et al. 2011)，以卵巢樣本最成熟階段卵細胞發育或退化情形及卵巢外部型態，將卵巢成熟情形區分為六個階段：(1)未成熟期(immature stage)；(2)發育期(developing stage) (3)成熟期(ripening stage)；(4)產卵期(spawning stage)；(5)產過卵期(spawned stage)及(6)休止期(resting stage)。當卵巢成熟階段達到第(3)期或以上之個體，屬於達“性成熟”(sexually mature)之樣本；成熟階段第(3)~(5)期屬於生殖活躍期(reproductively active)；成熟階段第(1)~(2)期及第(6)期則屬於生殖休止時期(reproductively inactive)。

(二) 精巢

利用精巢的組織切片觀察精細胞發育過程(spermatogenesis)，並參考先前的研究(Alejo-Plata et al., 2011；Brown-Peterson et al., 2011；Zúñiga-Flores et

al.2011；Furukawa, et al., 2012；Kayaba et al., 2015)及精巢外部型態，將成熟過程分為五個階段：(1)未成熟期(immature stage)；(2)發育期(developing stage)；(3)成熟期(maturing stage)；(4)完熟期(ripe stage)；(5)休止期(resting stage)。當精巢達成熟期以上，表示此魚已達性成熟(sexually mature)，當精巢達成熟期或完熟期，表示此魚在生殖活躍期(reproductively active)。

2.1.7 性成熟體長

經由生殖腺組織切片及外部型態，判斷樣本是否達性成熟。以泛線性模式(general liner model, GLM)推估魚群達性成熟與否與尾叉長之關係，假設誤差為二項分配(binomial distribution)，並利用最小平方法估計參數，泛線性模式公式如下：

$$M = a + b * L + \varepsilon$$

式中 M 表示是否成熟(0 為未成熟，1 為成熟)：

L 為尾叉長(cm)；

a 及 b 為參數；

ε 為誤差項(屬於二項式分布)。

而根據上述式參數估計結果可進行轉為體長別之成熟機率(P)之邏輯曲線：

$$P = \frac{1}{1 + e^{-r(L-L_{50})}}$$

其中 r 為邏輯曲線反曲點之斜率參數，亦即等於 b 參數；

L_{50} 為成熟機率為 50%時之體長。

2.2 太平洋鬼頭刀之系群結構解析

2.2.1 樣本採集

本年度繼續採集台灣海域鬼頭刀生物樣本、萃取粒線體 DNA(mtDNA)、實行 PCR 引子設計試驗、後續分子生物實驗及粒線體基因序列定序為重要研究項目，分別於台東縣新港、宜蘭縣蘇澳、屏東縣東港及澎湖之鬼頭刀採集生物樣本，供作計畫研究建置生物資料庫所需，同時評估持續於澎湖縣漁市場樣本採

集之可行性。生物樣本之基本資訊包含：體長、體重、性別、採樣日期、及採樣地點(經緯度)等相關生物資料，且所有肌肉組織樣本均以濃度 70%以上酒精浸泡，並於室溫下保存。另外，持續採集太平洋其他區域鬼頭刀生物樣本，並擴增日本海域樣區進行與台灣海域樣本比較分析，同時也加入觀察員計畫採集之中部及西部北太平洋樣本與南太平洋樣本，以利解析太平洋鬼頭刀遺傳族群結構。

2.2.2 分子生物學實驗:粒線體 DNA 片段之萃取與增幅

本計畫以採集之生物樣本，進行相關分子生物學實驗包含粒線體 DNA 之純化及 ND1 片段 DNA 之定序等，利用粒線體 DNA 的序列特徵解析不同海域鬼頭刀之遺傳族群結構。

(1) 萃取粒線體 DNA：以不同部位生物樣本 (例如：魚鰭及肌肉組織)萃取粒線體 DNA，供作後續相關生物學實驗。本研究萃取 crude mtDNA 的方法，主要參考 Hillis and Moritz (1990) 之步驟為主，再依各個樣本保存狀態與實驗情形加以調整，以獲得最佳實驗品質之粒線體 DNA，以利後續相關分子生物實驗進行。

(2) 專一性引子設計：彙整已發表於 National Center for Biotechnology Information (NCBI)之鬼頭刀粒線體 DNA 基因序列為主要參考之資料庫，並作為設計專一性引子之重要依據。經初步分析，本研究將以 mitochondrially encoded NADH dehydrogenase 1(mtDNA ND1) 為主要研究基因，進行後續太平洋鬼頭刀遺傳族群結構解析研究。

(3) 粒線體 DNA 片段之增幅：本實驗利用聚合酶連鎖反應 (polymerase chain reaction； PCR) 增幅製備特定研究目標粒線體 DNA 片段，並用於後續特定 DNA 片段定序反應。專一性引子之設計為鎖定粒線體 DNA 中的 mtDNA ND1 片段，作為後續序列分析之基本資料。同時考慮專一性引子設計注意事項，設計多組引子進行引子專一性實驗，以定序出的 mtDNA ND1 基因片段序列，探討此粒線體 DNA 片段之變異性。聚合酶連鎖反應之條件，經測試不同反應溫度並多次反覆實際操作，逐次修改而成。聚合酶連鎖反應溶液總積為 25 μ l，其中包括 10X buffer 反應溶液[50mM KCl、10mM Tris-HCl(pH=8.3) 、1.5mM MgCl₂、0.1% gelatin]，200 μ M dNTP(即分別含有相同 200 μ M 濃度的 dATP、

dGTP、dTTP、dCTP) 並加上所需增幅一對引子，10 ng/μl crude DNA 作為模板 (template)於無菌水中，再加入 Super Taq 聚合酶(Taq: *Thermus aquaticus*, HT Bio-technology LTD)，將整管置於溫度循環控制儀，進行以下的 PCR 程式:

Step1: 94°C, 2 mins。預熱。

Step2: 94°C, 1min。將 DNA 雙股變性解開(denaturation)。

Step3: 50°C, 1min10sec.使互補股片段與引子煉合(annealing)。

Step4: 72°C, 2 mins.此時聚合酶進行反應，在引子 3'端的延伸聚反應 (extension)。重覆進行 Step2~4,共 35 個循環。

Step5: 72°C,10 mins。

Step6: 4°C,低溫保存 PCR 產物(特定 DNA 片段)。

PCR 產物可由 1%的瓊脂凝膠片(agarose gel)，在 TAE 緩衝溶液中進行電泳，並判斷反應物的片段長度及產量。電泳反應條件為電壓 100V，約半小時後，將瓊脂凝膠片置於 0.005%溴化乙錠(ethidium bromide; EtBr)溶液中染色一小時。將瓊脂凝膠片置紫外光下拍照解析，並與標識 DNA(DNA markers; 1kb ladder)比較，確認特定 DNA 片段之長度。

DNA 定序反應依據 1977 年 Sanger 等人發表的雙去氧核糖核苷酸鏈終結法

(dideoxy chain termination method) 的理論進行 DNA 定序。將確認過後之特定 mtDNA ND1 PCR 產物，利用自動定序分析儀 ABI PRISM 3730 DNA Sequencer 中進行 DNA 定序，彙整所有定序樣本之序列以作為解析遺傳族群結構的基本生物資訊。

2.2.3 鹼基序列間之親疏判定

本研究以 mtDNA ND1 之基因片段序列進行各項相關分子遺傳統計分析。生物資訊之統計分析包括將排序整理所得之序列以 Arlequin 和 DnaSP 進行遺傳歧異度基本統計分析，並解析各海域鬼頭刀之分子遺傳的各項統計介量，供作族群結構研析之依據。

(1)推算單倍基因型多樣性指數 Hd (haplotype diversity) 及核苷酸歧異度 π (nucleotide diversity) 來探討特定 DNA 片段的多型性，推算族群內遺傳組成之

多樣性指數 Hd (h =haplotype diversity) 依公式 $h = \frac{n}{n-1} \left(1 - \sum_{i=1}^k x_i^2 \right)$ (Nei,1987), n

為族群的總樣本數， x_i 為基因型 i 在該族群的所佔的比例，由於族群內單倍基

因型多樣性的推算並沒有包含單倍基因型間核苷酸序列組成的差異性，故再推算兩條序列之間的核苷酸歧異度 π ， π 值為隨機選取兩條序列中，平均每個位點核苷酸不同的比例，可以提供更多的訊息，探討族群間的遺傳結構及基因交流的情形。

(2) 本研究階段以 F_{ST} 固定指數 fixation index 分析族群遺傳結構的狀況，其方式以所得之核苷酸序列直接估算固定指數，在估算 F_{ST} (Hudson et al 1992) 的方法中，兩個族群分別以 x 及 y 代表， d_x 與 d_y 分別代表 x 與 y 族群的 π 值(個體間遺傳變異的程度)。兩族群間全部的遺傳變異則以 d_{xy} 表示。其公式：

$d_{xy} = \sum_{ij} x_i y_j \Pi_{ij}$ (Nei.1987)，其中 x_i 和 y_j 代表 x 族群第 i 條序列的頻率及 y 族群第 j 條序列的頻率。兩族群間全部的遺傳變異 d_{xy} 包含了族群內及族群間的變異，故在估算族群間變異 d_A 時，只需要將 d_{xy} 減去兩族群內變異的平均值即可得到。 $d_A = d_{xy} - (d_x + d_y)/2$ (Nei.1987)，又 F_{ST} 可經由計算族群間的遺傳變異佔兩族群全部遺傳變異的比例得到， $F_{ST} = \frac{d_A}{d_{xy}}$ 。由所得之 F_{ST} 來討論兩族群的遺

傳結構及分化的程度。

2.3 台灣海域鬼頭刀 CPUE 標準化

2.3.1 漁獲統計資料

在漁獲統計資料部份，本研究彙整自歷年漁業署之漁業統計年報資料以分析台灣歷年鬼頭刀之漁獲產量與產值變動趨勢。另外，本研究亦彙整台東縣新港區漁會、宜蘭縣蘇澳區漁會以及屏東縣東港區漁會自 2000 年至 2018 年之每日拍賣資料，以針對台灣東部海域鬼頭刀資源變動進行分析。由於東港區漁會之卸售漁獲中包含大量之冷凍漁獲物，然而經洽詢東港於 2011 年後拍賣資料始有區分冷凍或生鮮漁獲記錄。

2.3.2 漁獲拍賣資料之漁業別辨識

由於漁獲拍賣資料並無登錄各漁船之作業漁法，因此在進行資料時無法依據不同之漁法別進行分析。本研究依據 2000 年至 2018 年之宜蘭蘇澳漁會、台東新港漁會及東港漁會之漁獲拍賣資料中之主要漁獲組成以群級分析法(cluster

analysis)進行分群以判別漁業種類，後續再篩選出鬼頭刀延繩釣漁業之資料進行鬼頭刀之資源豐度指標分析。群集分析是以 R 之 kmeans 及 hclust 函數進行計算(The R Foundation for Statistical Computing Platform, 2019)。本研究首先非階層式群級分析法(non-hierarchical cluster analysis)之 K 組平均法(K-means)將原始作業報表資料區分為 k 個群集以考量混合不同魚種之作業情況(將 n 個主要漁獲魚種任取 2 魚種之排列數)，之後再將 K-means 法所得之 k 個群集以階層式群級分析法(hierarchical cluster analysis)配合華式最小變異(Ward minimum variance method)及歐式距離法(Euclidean distances)進行分群。群集分析是以 R 之 kmeans 及 hclust 函數進行計算(The R Foundation for Statistical Computing Platform, 2019)。

2.3.3 CPUE 標準化分析

本研究根據上述所推估之努力量(作業時數)進行 CPUE 之計算，除了年別、月別及噸級別因子外，本研究以前亦彙整台灣東部海域之環境因子資料以納入 CPUE 標準化模式進行分析，包括表水溫(sea surface temperature, SST)、水溫離均差(sea temperature anomaly, STA)、海水表面高度(surface sea surface height relative to geoid, SSH)、海水鹽度(salinity, SAL)及混合層深度(mixed layer metric depth below sea surface, MLD)。然而，根據過去之 CPUE 標準化分析結果，環境因子對於 CPUE 變異之解釋能力相當低，僅約佔總變異 0.5%以下，此外環境因子資料之可得性具有數個月以上之時間延遲，因此本年度計畫不再把環境因子納入於 CPUE 標準化分析之中。

本研究利用泛線性模式(general linear model, GLM)進行台灣東部鬼頭刀之 CPUE 標準化分析，然而由於因子間通常也具有高度相關性，因此本研究不考量納入交感因子。此外，為考量 CPUE 之年及季節性變動趨勢，本研究將 CPUE 標準化模式建構如下：

(1) 年變動模式

$$\log(CPUE + c) = \mu + Y + M + CT + T + B + \varepsilon$$

其中 CPUE 為名目 CPUE (漁獲量 kg/作業時數)；

c 為常數(名目 CPUE 中位數之 10%)

μ 為截距；

Y 為年效應；

M 為月效應；

CT 為漁船噸級別效應；

T 為目標魚種效應(群集分析所區分之群集)；

B 為港別漁船效應(僅在合併各漁業資料分析時採用)；

ε 為誤差項， $\varepsilon \sim N(0, \sigma^2)$ 。

(2) 季節變動模式

$$\log(CPUE + c) = \mu + YQ + CT + T + B + \varepsilon$$

其中 YQ 為年-季效應；

其中各項因子皆為類別變數。模式選擇乃是根據判定係數(R²)、Akaike information criterion (AIC)及 Bayesian information criterion (BIC)統計值，而準標化結果則是以年別效應之最小平方平均值 (least square means) 做為估值。模式是以 R 之 glm 及 lsmean 函數進行運算，模式選擇則是根據 Akaike information criterion (AIC)統計值以逐步迴歸方法進行(stepwise)，而準標化結果則是以年或年-季效應之最小平方平均值 (least square means) 做為估值。

2.4 西北太平洋鬼頭刀資源評估

2.4.1 海域與漁業劃分

根據 FAO 太平洋漁獲量統計資料，太平洋鬼頭刀東太平洋(77 及 87 區)之祕魯、厄瓜多、哥斯大黎加等國、西北太平洋(61 區)之日本、台灣以及西南太平洋(71 區)之菲律賓與印尼之漁業所漁獲(圖 1)。雖然前人研究結果說明太平洋鬼頭刀遺傳族群結構至今尚未有所定論，而本研究之系群結構分析結果指出台灣、日本及東太平洋海域樣區之鬼頭刀族群遺傳差異程度並無明顯分群現象。東太平洋熱帶委員會(Inter-America Tropical Tuna Commission, IATTC)亦是根據祕魯、厄瓜多、哥斯大黎加等國之漁業資料與東太平洋鬼頭刀相關生物參數針對東太平洋鬼頭刀進行資源評估。因此，本研究乃針對西北太平洋之鬼頭刀進行資源評估分析，雖然菲律賓之漁獲被 FAO 列入東南太平洋區，然而菲律賓鄰近台灣同屬黑潮水域，因此本研究除了採用日本與台灣漁獲量之外，亦將菲律賓漁獲量納入進行資源評估，綜上述考量本研究採用台灣(TWN)、日本(JPN)及菲律賓(PHI)漁業之漁獲資料進行西北太平洋鬼頭刀之資源評估分析。

2.4.2 使用資料

總漁獲量資料方面，台灣鬼頭刀漁獲量資料來源包括漁業年報自 1953 年至 2018 年沿近海漁業之漁獲量以及東縣新港區漁會、宜蘭縣蘇澳區漁會以及屏東縣東港區漁會自 2000 年至 2018 年之每日拍賣資料，然而由於東港區漁會拍賣資料無法區分遠洋或沿近海之漁獲量，且歷年台東縣新港區漁會及宜蘭縣蘇澳區漁會拍賣量記錄在排除冷凍鬼頭刀漁獲量後亦明顯低於漁業年報中沿近海漁業之

鬼頭刀漁獲量，因此本研究選擇採用漁業年報中沿近海漁業之鬼頭刀漁獲量。日本漁獲量資料來源為日本水產廳之漁業統計資料，然而日本於 2005 年之後將鬼頭刀與其他 8 種魚種合併為其他類，因此本研究根據 2002 至 2005 年間鬼頭刀佔與其他 8 種魚種合計漁獲量之比例以推估 2006 年後鬼頭刀之漁獲量。菲律賓之鬼頭刀漁獲量則是來自於 FAO 漁獲量統計資料，而菲律賓僅有於 1993 至 1996 年間有較高之漁獲量鬼頭刀漁獲量。圖 2 為本研究所採用之西北太平洋鬼頭刀漁獲量之歷年變動趨勢。

相對資源指標方面，本研究同時納入根據新港(SK)與蘇澳(SO)資料所得之標準化 CPUE，然而由於漁獲量資料僅有年別資料可供用以進行資源評估，因此本研究採用年別之標準化 CPUE 作為相對資源指標。

體長頻度資料為水產試驗所東部海洋生物研究中心自 2003 年至 2018 年於台東縣新港魚市場量測之體長資料，並以 3 公分為組距彙整為體長頻度組成(圖 3)。

圖 4 為本研究用以進行西北太平洋鬼頭刀資源評估之各項資料及時間序列概要，包括漁獲量、CPUE 及體長頻度資料。

2.4.3 生物參數

雖然過去曾經有採用鱗片及耳石所進行台灣與日本海域鬼頭刀之年齡成長研究(Shung, 1987; 張, 2006; Furukawa et al., 2012)，然而 Shung (1987)所估計之成長參數對於一般認定的快速成長魚種而言明顯過低(Chang et al., 2013)。而張 (2006)及 Furukawa et al. (2012)之樣本則為小魚，因此極限體長估計值明顯小於漁獲物最大體長。以年齡形質獨立進行之成長參數估計納入資源評估中應較為理想，然而由於上述過去以年齡形質所估得之成長參數顯然並不適用，而過去其他有關成長參數之前人研究皆為體長頻度分析法，本研究中之體長資料時間序列及樣本數皆較過去研究長且多，因此本研究於資源評估模式中同時以體長頻度分析法進行成長參數之估計。體長與體重關係式以及性成熟參數則根據本研究之樣本分析結果。

在最大年齡方面，在東太平洋的資源評估中設定為 4 歲，本研究根據 Taylor (1958)以極限體長之 95%反推最大齡，參考近年來以體長頻度分析之極限體長推估結果大多介於 4 至 5 歲間，因此本研究亦將最大年齡設定為 4 歲，4 歲以上則累計為 plus group。

在自然死亡率(natural mortality, M)方面，本研究參考過去之成長參數並以 Pauly (1980)經驗式進行估計，根據分析結果將自然死亡率設定為 0.8。

在親魚量與加入量關係式方面，本研究同時採用 Beverton-Holt 及 Ricker 之親魚量與加入量關係式進行分析，由於鬼頭刀被廣泛認為屬於高生產力魚種，在

東太平洋的資源評估中亦根據此生產力特性將參數 steepness (h) 則設定為 1，因此本研究亦採用此值進行評估。

2.4.4 資源評估模式

本研究採用系群整合模式 (Stock Synthesis, SS, version 3.30.01) 進行西北太平洋之鬼頭刀資源評估 (Methot et al, 2019)。根據過去之年齡成長分析結果，鬼頭刀具有性別之成長差異，SS 可依據雌雄別之成長參數等進行性別模式之年齡結構模式建構，而雌雄性比則假設為 0.5。本研究中考量之年齡結構為 0 至 4 歲，模式之時間序列為 1953 至 2018 年。

親魚量與加入量關係式設定為 Beverton-Holt 及 Ricker 模式並納入對數常態分布(lognormal)之隨機變數為程序誤差(process error)，而有關此程序誤差變異數(σ_v)之設定，在過去鮪旗魚類之資源評估中多數普遍採用 0.4 為設定值，本研究考量鬼頭刀屬於短生活史且高生產力之魚種，加入量可能具有明顯的年間變動，因此本研究初步設定為 0.6 並不設定限制函數(constrain)進行估計，經初步分析結果加入量年間變異之均方根誤差(root mean square error, RMSE)約為 0.54，因此本研究最終將設定 σ_v 為 0.5。由於 2000 年前並無 CPUE 及體長資料，故此隨機變數程序誤差之估計設定為 2000 至 2017 年，其餘年間則設為不納入此程序誤差。

在漁具選擇性方面，本研究將台灣漁業之鬼頭刀漁具選擇性設定為 double normal 模式進行漁具選擇性之模式建構，而其他漁業則因缺乏體長資料無法進行漁具選擇性之而設定為於台灣相同。此外，各項資料權重則設定為等權重，而 CPUE 之標準誤初始值設定為 0.2，體長頻度資料之有效樣本數皆設定為 20。

2.4.5 情境分析

考量生活史參數之不確定性，本研究參考過去研究有關鬼頭刀之生活史參數估計值設定不同之情境以進行資源估之敏感度分析。參考過去之台灣及日本成長參數並以 Pauly (1980)經驗式進行自然死亡率估計，本研究另設定較高及較低之自然死亡率。親魚量與加入量關係式方面，亦考量較低之生產力特性將參數 steepness (h)。成長參數方面，亦採用台灣海域最近之估計結果(Chang et al., 2013)，而不於模式中進行估計。此外，考量 2000 年前並無任何 CPUE 及體長資料，將資源評估模式之時間序列設定為 2000 年至 2018 年。下列為本研究所建立之 10 項情境：

- (1) Base：根據上述基礎生物參數及模式假設建構之情境。
- (2) h_low：親魚量與加入量關係之 steepness (h) 參數設定為 0.8。

- (3) M_high：自然死亡率設定為 1.2。
- (4) M_low：自然死亡率設定為 0.6。
- (5) FixG：採用 Chang et al. (2013) 之成長參數，而不於模式中進行估計。
- (6) Y2K：資源評估模式之時間序列設定為 2000 年至 2018 年，不納入 2000 年前之漁獲量資料，並配合上述基礎生物參數及模式假設建構之情境。
- (7) – (10) 資源評估模式之時間序列設定為 2000 年至 2018 年，並配合(2) – (5) 之生物參數設定所建構情境。

第三章 結果與討論

3.1 鬼頭刀生物生殖生物學研究

3.1.1 樣本彙整與採集

本年度之樣本採集主要在於補充過去 2006 至 2016 期間各月別生殖腺樣本較少之月份，於 2019 年 4 月至 10 月期間總計測量臺東新港漁市場 141 尾鬼頭刀生殖腺樣本，雌魚樣本體長為 47.5 至 107.0cm，體重介於 0.9kg 至 10.0kg，雄魚樣本體長為 53.0 至 115.0cm，體重介於 1.4kg 至 10.5kg；累積歷年之樣本體長頻度如圖 5 所示。

3.1.2 生殖腺成熟度指標分析

將本年度採樣的樣本併入歷年累積之樣本分析後，得到之 GSI 值月別變化如圖 6。雌雄魚平均月別 GSI 值最低和最高皆分別為 12 月和 4 月，有兩個高峰值在 4 月和 7 月，從最低值 12 月到 2 月，過了 2 月開始上升至 4 月最高峰，之後略微下降，於 7 月達第二個高峰期 7 月，之後則緩降至最 12 月之最低值。

3.1.3 肥滿度月別變化

合併分析所有雌雄魚的肥滿度月別變化結果如圖 7 所示，雌雄魚肥滿度皆於 1 月之相對高值呈現逐月下降的趨勢，而 4 月到 7 月(生殖季) 期間之肥滿度平均值相較其他月份明顯較低，8 月開始則有增加的趨勢，至 10 至 11 月間達最高值，而 12 月則又下降至最低值。

3.1.4 肝指數月別變化

在肝臟指數方面，雌魚在八、九月達最高峰，遠高於其他月份(圖 8)，雄魚方面則沒有太大的起伏變動趨勢。

3.1.5 生殖腺成熟階段之月別變化

雄魚之各月份間卵巢成熟階段比例如圖 9 所示，雌魚未成熟期之樣本出現在 2 月(12.5%)、7 月(4%)及 12 月(20%)，以 12 月的比例較高，其餘月份均未出現未成熟期的樣本。發育期則出現在 10 月(4%)和 12 月(5%)這兩個月份，以 12 月的比例較高。成熟期的樣本則各別出現在 2 月、3 月、7 月、9 月和 10 月、及 12 月，其中以 10 月(13%)的比例最高。產卵期從 2 月到 12 月均有出現，除了 1 月份沒有以外。其中以 8 月(25%)比例最高，12 月(3%)比例最低。產過卵期全年均有出現，除了 10 月(48%)，各月份比例均大於 50%。休止期部份，從 10 月到 12 月以及 1 月和 3 月，共出現 5 個月份，最低值出現在 3 月(8%)。

各月間的精巢成熟階段組成比例結果如圖 9 所示，未成熟期出現在 1 月(11%)及 2 月(14%)。發育期除了 1 月、4 月、8 月及 10 月以外，其餘月份都有出現。成熟期全年皆有出現，以 3 月份最高，比例為 78%，接著為 6 月和 9 月的比例均為 67%。除了 6 月以外，其餘月份均有出現完熟期，最高值出現在 4 月(45%)。休止期除了 3 月以外，各月份都有出現，而 7、8、10 月則有較高的比例。

3.1.6 生殖季節之判斷

根據 GSI 月別變化、生殖腺成熟階段月變化之結果、平均卵徑月變化之結果，4 到 7 月的 GSI 值趨勢相對於其他月份是較高的，平均卵徑月別變動同樣也發現 3 到 7 月相對高於其他月份。最後根據生殖腺成熟階段月變化之結果，各月份均有產過卵期，且數值都大於 50%以上。在產卵期方面，除了 1 月未出現以外，其他月份均有。綜合上述結果推斷，鬼頭刀為終年產卵，高峰為 3 月到 7 月，而東部海域是鬼頭刀產卵場之一。

3.1.7 性成熟體長

本研究以組織切片的結果來判定鬼頭刀是否達到性成熟，並以邏輯曲線求得雌雄性成熟比率(P)與體長(FL)關係式(圖 10)，邏輯曲線之估計結果如下：

雌魚

$$P = \frac{1}{1 + e^{-0.253(L-52.31)}}$$

雄魚

$$P = \frac{1}{1 + e^{-0.273(L-55.98)}}$$

當雌魚體長達 52.31cm 時，有 50% 的機率個體達成性成熟，而當體長達 63.9cm 時，有 95% 的機率個體達成性成熟；雄魚體長達 55.98cm 時，有 50% 的機率個體達成性成熟，而當體長達 66.9cm 時，有 95% 的機率個體達成性成熟。另外本研究也透過組織切片觀察，得到採集樣本中雌性鬼頭刀最小性成熟體長為 46.0cm，雄性鬼頭刀最小性成熟體長為 47.2cm。

3.2 太平洋鬼頭刀之系群結構解析

3.2.1 鬼頭刀肌肉樣本之採集

本年度樣本採集彙整過去以 2013、2014、2016 及 2017 年之樣本，且加入日本長崎及鹿兒島海域樣本，本計畫共收集台灣海域包含澎湖、東港、新港及蘇澳等樣區捕獲之鬼頭刀為主要分析樣本，另加入日本長崎及鹿兒島海域樣本，同時亦持續擴增其他太平洋海域增加生物樣本，包括東太平洋厄瓜多、觀察員採樣自西北太平洋、北太平洋中部、南太平洋及印度洋樣本，以期增進生物樣本資料庫之完整性。基本生物資料包含體長、體重、性別、採樣日期、採樣地點(經緯度)，且所有肌肉組織樣本均以濃度 70% 以上酒精浸泡，並於室溫下保存。本年度分析粒線體 DNA ND1 序列樣本包含台灣西部海域—澎湖、台灣南部海域—屏東東港、台灣東北部海域—宜蘭蘇澳以及台灣東部海域—新港。於臺灣海域各採樣點共採得 562 隻魚體之肌肉樣本，其中包括澎湖 13 隻樣本、東港 79 隻樣本、蘇澳 89 隻樣本及新港 141 隻樣本。另外，於其他太平洋海域樣本共得日本海域樣本 96 隻，包含長崎海域樣本 57 隻及鹿兒島海域樣本 39 隻。另於東太平洋海域(Manta, Ecuador) 共採得 22 隻，西北太平洋 20 隻、北太平洋中 17 隻、南太平洋 12 隻及印度洋樣本 37 隻。本研究建議增加各樣區之樣本數量及擴大採樣區域涵蓋範圍，可有助於太平洋鬼頭刀遺傳族群結構的完整解析。

3.2.2 粒線體 DNA 萃取與專一性引子設計

本年度已自 562 隻鬼頭刀肌肉樣本中萃取粒線體 DNA，並以設計之專一性引子執行聚合酶連鎖反應，成功增幅特定 mtDNA ND1 片段並執行定序反應，並彙整所有個體之序列分析，供作解析遺傳族群結構所需之各項統計介量生物資訊。本研究之粒線體 DNA 萃取方法主要參考 Hillis and Moritz (1990) 之步驟，並分別以不同部位之生物樣本組織進行粒線體 DNA 粗萃取實驗，供作後續相關分子生物學實驗之所需。

本計畫彙整前人之鬼頭刀相關遺傳族群結構研究及已發表於 National Center for Biotechnology Information (NCBI) 之鬼頭刀粒線體 DNA 基因序列為主要參考資訊，作為設計專一性引子之重要依據。並以 mtDNA ND1 為主要研究基因，彙整基因資料庫中 mtDNA ND1 序列(AF256056; AF272054-272061; AF290386-290390) 作為引子設計參考基因序列資料庫(圖 11)。此段 mtDNA ND1 基因中，各核苷酸分布百分比約為 A: 23.9%; T: 31.3%; C:27.8%; G:17.1%，基因序列總長度約 973 bp，變異程度約 5.7%。且此段基因前段及後段序列均相對較為保守，中段之後變異逐漸增多，以此序列特徵為設計引子之重要概念，同時參考前人研究，設計多組引子進行測試，並成功增幅特定 DNA 片段。將成功經由 PCR 增幅之特定 DNA 片段 PCR 產物以 1% 的瓊脂凝膠片，在 TAE 緩衝溶液中進行 PCR 產物電泳，以 PCR 產物電泳膠片圖判斷反應物的片段長度及產量。經由 PCR 增幅定序反應及彙整排序後得到之可供族群結構研析之特定 DNA 片段序列長度為 766bp。並將此片段序列資料與 GenBank 中已知基因序列資料比對並確認其基因界限後，顯示本片段為 mtDNA ND1 之部份基因序列資料，確立設計引子之專一性。

為定序特定 mtDNA ND1 之序列，於引子設計實驗時需注意的事項有：(a) 引子長度通常為 18-25 個鹼基長。(b) 在所設計的引子序列中 GC 含量約在 40-60%。(c) 同一反應中的引子序列不可互補，以免造成自相黏合的情況(d) 引子黏合溫度盡量不要相差 5°C 以上(e) 注意模板中所有可能和引子互補的區域，設計時避免含有這些區域。考慮以上的注意事項，我們選擇使用 NADH163F 5'-TAA TCC TGC CGC AAT TAT CC-3' 及 NADH1128R 5'-AGG CCT TCC AGG TTA GGT GT-3' (參考 Diaz-Jaimes et al. 2006 修改而成)。所定序之 mtDNA ND1 基因片段與主要變異區域引子的相關位置詳見圖 12。另 PCR 產物可由 1% 的瓊脂凝膠片(agarose gel)，在 TAE 緩衝溶液中進行電泳，並判斷成功增幅之反應物的片段長度約為 970 bp，如圖 13。

3.2.3 粒線體 DNA 組成與鹼基序列間之親疏判定

經由 PCR 增幅定序反應後所得到之特定 DNA 片段長度約為 970bp。將本片段序列資料與 GenBank 中已知基因序列資料相比對並確認其基因界限後，判定本片段為鬼頭刀 mtDNA ND1 之部份基因序列。再將所有樣本之序列彙整，以 MEGA v5 (Tamura et al., 2011) 中之 CLUSTALW (Thompson et al., 1994) 程式予以排序，得到特定 DNA 片段長度為 766bp 作為本研究解析之基本資料。

本年度以台灣周圍海域採樣區域之 mtDNA ND1 核苷酸序列為主要解析範圍，同時加入日本長崎及鹿兒島海域樣本與厄瓜多海域樣本分析，共同討論台灣、日本及厄瓜多海域之遺傳資訊差異。所分析之樣本數共為 562 隻樣本(台灣海域 322 隻、日本海域 96 隻、厄瓜多海域 22 隻、西北太平洋 20 隻、北太平洋中部 17 隻、南太平洋 12 隻及印度洋樣本 37 隻)，經初步分析結果為之平均鹼基百分比組成為 A 為 23.6%，T 為 31.1%，C 為 27.1%，G 為 18.2%。顯示此段核苷酸序列 A+T 比例值高於 C+G (45.3%)。經排序比較之後，發現所分析的 766bp 核苷酸序列中，共有 139 個位置發生變異。

族群歧異度分析:總計共 562 個體經過分析，共出現 168 種基因型。各採樣區域內的單倍基因型歧異度 Hd 介於 0.883 (台東新港 2014 樣本)與 0.985 (南太平洋樣區)之間，顯示各採樣區域均有相同的單倍基因型出現。全部個體不分區域之 Hd 值則為 0.9214，顯示個體間的多型性高，就台灣樣區分析，則以蘇澳樣區(2016 樣本)之 Hd 值為最高 0.932。各採樣區域的核苷酸歧異度 π ，介於 0.00299~0.00532 之間(表 1)；其中最小值則出現在鹿兒島樣本，最大值則出現於澎湖樣本，顯示澎湖樣區相較於其他族群於核苷酸歧異度有較高的變異。而單以台灣樣區來看，亦以澎湖樣區 π 值 0.00532 為最高。全部個體不分族群之核苷酸歧異度 π 則為 0.00407。

族群遺傳結構解析:以 F_{ST} 固定指數 fixation index 分析族群遺傳結構，各樣區間的 F_{ST} 之相互比較結果如表 2 所示。各採樣區域的 F_{ST} 介於 0~0.08999 之間，其中 F_{ST} 之最大值 (0.08999*)則出現在台灣澎湖及日本鹿兒島兩樣區之間，於台灣海域樣本方面，澎湖與新港的 2013 年及 2014 年樣本，另外與日本鹿兒島及西北太平洋樣本均呈現顯著差異。根據結果推測澎湖海域鬼頭刀與台灣周邊海域、日本海域至西北太平洋之遺傳差異，可能為樣本數較少造成，或因地理分布環境不同造成差別。而在台灣之外其他海域樣本方面，新港 2013 年樣本與北太平洋中部樣本有顯著差異，同樣的日本鹿兒島海域樣本亦與北太平洋中部樣本有顯著差異，推測新港及鹿兒島較為接近，且與北太平洋中部可能因地理環境不同造成差別。進一步依照地理環境分布分群，並以分子變方分析 (AMOVA)，結果顯示太平洋海域鬼頭刀遺傳族群結構呈現複雜多分群現象，參考本研究採樣區域之固定指數及其採樣區域之地理位置為依據再進行多重分群之分子變方分析，結果顯示太平洋鬼頭刀為多群且複雜之遺傳結構，台灣與日本採樣區均各自呈現分群，且也與其他海域有混合的情形。綜合各項分

析結果顯示澎湖樣本與台東新港、日本鹿兒島及北太平洋西部樣本在族群結構上有相當程度的分別，而北太平洋中部相對台東新港及日本鹿兒島出現遺傳差異，然而其他樣區之樣本並沒有呈現明顯的族群結構差異。故依據研究結果建議納入多重基因座遺傳資訊，並增加樣本數與地理分布範圍可有助於更進一步且詳盡瞭解太平洋區鬼頭刀之時空分布特徵及族群遺傳結構，作為後續鬼頭刀資源評估及管理政策制定之重要參考依據。

3.3 台灣海域鬼頭刀之資源評估分析

3.3.1 漁業別辨識之群集分析

宜蘭蘇澳區漁會及台東縣新港區漁會之漁獲拍賣資料中共計有登錄超過 200 魚種項目，本研究根據歷年漁獲量進行篩選，以根據最為重要之漁獲魚種進行後續之漁業別辨識之群集分析。新港區漁會較為重要的漁獲魚種約為 14 種，約佔 90.2%，其他物種比例皆不到 1%且總量僅約為 9%，故其他魚種之漁獲量累計為一類為”其他”，因此新港區漁會之漁獲魚種共計區分為 15 類；蘇澳區漁會較為重要的漁獲魚種約為 13 種，約佔 96.6%，即使不計算蘇澳最大宗之鯖鱈漁獲所佔之比例，其他魚種比例也皆不到 1%且僅佔約總漁獲量之 3%，故其他魚種之漁獲量累計為一類為”其他”，因此蘇澳區漁會之漁獲魚種共計區分為 14 類；東港區漁會較為重要的漁獲魚種約為 13 種，約佔 95.0%，其他魚種比例皆不到 1%且總量不到 5%，故其他魚種之漁獲量累計為一類為”其他”，因此東港區漁會之漁獲魚種共計區分為 14 類(表 3)。

本研究根據上述之主要漁獲魚種分別針對蘇澳區漁會及新港區漁會之漁獲拍賣資料進行群集分析，首先非階層式群級分析法之 K 組平均法(K-means)將原始拍賣作業資料區分為 k 個群集以考量混合不同魚種之作業情況(將各漁港之魚種分類任取 2 魚種之排數)，蘇澳區漁會之拍賣作業資料區分 182 群集，新港區漁會之拍賣作業資料區分 210 群集，東港區漁會之拍賣作業資料區分 182 群集，之後再將 K-means 法所得之群集以階層式群級分析法進行分群。有關階層式集群數的選擇，本研究是根據群集分析法群間變異大且群內變異小的基礎理論進行判斷，本研究是以某一群集數能使群間的相對變異與群內相對變異達 50~60%以上作為判斷標準。

針對新港區漁會拍賣資料之群集分析，本研究最後選取 8 個群集數(圖 14)，而各群集之歷年漁獲魚種組成如圖 15 所示，根據群集分析及漁獲魚種組成之結果可明顯針對各漁業作業種類進行辨識：

(1) 第 1 群集：漁獲魚種較為多樣，但主要以鯊類、鮪類及鬼頭刀等魚種為較多，因此該群集可判別為鮪延繩釣漁業。

- (2) 第 2 群集：此群集幾乎由鬼頭刀漁獲組成，其他魚種之漁獲量明顯較少，因此該群集可判別為鬼頭刀延繩釣漁業。
- (3) 第 3 群集：漁獲魚種中幾乎由其他魚種所組成，然而此群集之細項漁獲魚種中多數為鮪旗鯊類而部份為其他浮魚類，因此該群集於此海域應可判別為混雜各魚種之延繩釣漁業。
- (4) 第 4 群集：漁獲魚種中幾乎由白皮所組成，因此該群集可判別為鏢旗魚漁業。
- (5) 第 5 群集：漁獲魚種中幾乎由雨傘旗魚所組成，因此該群集可判別為刺網漁業(小目)。
- (6) 第 6 群集：漁獲魚種中大多由紅及鮪旗鯊類所組成，因此該群集可判別為流刺網漁業(大目)。
- (7) 第 7 群集：漁獲魚種中大多由小串所組成，亦有部份之真鯷、黃鰭鮪、鬼頭刀及黑皮旗魚，因此該群集可判別為表層鮪延繩釣漁業。
- (8) 第 8 群集：漁獲魚種中大多為其他鯛類及其他魚種所組成，因此該群集應屬於為一支釣或雜魚延繩釣漁業。

針對蘇澳區漁會拍賣資料之群集分析，本研究最後亦選取 7 個群集數(圖 16)，而各群集之歷年漁獲魚種組成如圖 14 所示，根據群集分析及漁獲魚種組成之結果可明顯針對各漁業作業種類進行辨識：

- (1) 第 1 群集：此群集幾乎由黃鰭鮪漁獲組成，亦有少部份鬼頭刀漁獲，因此該群集可判別為鮪延繩釣漁業。
- (2) 第 2 群集：漁獲魚種中幾乎為其他魚種，然而此群集之細項漁獲魚種中多數為鮪旗鯊類而部份為其他浮魚類，因此該群集於此海域應可判別為混雜各魚種之鮪延繩釣漁業。
- (3) 第 3 群集：漁獲魚種中大多由鰹魚漁獲所組成，另外鯖魚及圓花鯷亦佔有較大比例，因此該群集可判別為扒網漁業。
- (4) 第 4 群集：漁獲魚種中主要由黑皮旗魚所組成，亦有少數鯊及其他魚種，因此該群集應屬於為鮪延繩釣漁業。
- (5) 第 5 群集：此群集幾乎由鬼頭刀漁獲組成，其他魚種之漁獲量明顯較少，因此該群集可判別為鬼頭刀延繩釣漁業。
- (6) 第 6 群集：漁獲魚種中主要由青鯊及大目吾鯊所組成，因此該群集於此海域應可判別為鮪延繩釣漁業。
- (7) 第 7 群集：漁獲魚種中大多由鯖魚漁獲所組成，另外鰹魚亦佔有較大比例，因此該群集可判別為扒網漁業。

針對東港區漁會拍賣資料之群集分析，本研究最後亦選取 7 個群集數(圖 18)，而各群集之歷年漁獲魚種組成如圖 19 所示，根據群集分析及漁獲魚種組

成之結果可明顯針對各漁業作業種類進行辨識：

- (1) 第 1 群集：漁獲魚種中主要由黑皮旗魚所組成，因此該群集應屬於為以旗魚為主之延繩釣漁業。
- (2) 第 2 群集：漁獲魚種中主要為櫻花蝦及赤尾青蝦，因此該群集可判別為蝦拖網漁業。
- (3) 第 3 群集：此群集幾乎由黃鰭鮪漁獲組成，亦有黑皮旗魚等魚種之漁獲量，因此該群集可判別為鮪延繩釣漁業。
- (4) 第 4 群集：此群集幾漁獲魚種較為多樣，但主要是以大鯊、水鯊、黃鰭鮪、黑皮旗魚等魚種，因此該群集可判別為鮪延繩釣漁業。
- (5) 第 5 群集：漁獲魚種中主要是有黑鮪所組成，另外黃鰭鮪及黑皮旗魚亦佔有較大比例，因此該群集可判別為鮪延繩釣漁業。
- (6) 第 6 群集：漁獲魚種以大目鮪及黃鰭鮪為主，亦有部份黑皮旗魚漁獲，因此該群集於此海域應可判別為延繩釣漁業。
- (7) 第 7 群集：漁獲魚種中幾乎鬼頭刀，因此該群集可判別為鬼頭刀延繩釣漁業。

根據新港、蘇澳及東港區漁會拍賣資料之群集分析結果顯示，即使拍賣資料庫中並未登錄作業漁法，但透過統計分析結果仍是可依漁獲魚種組成明確地將作業漁法判別出來。此外，新港、蘇澳及東港區漁會拍賣資料之群集中皆有一群集之鬼頭刀漁獲量為最多，其他群集之鬼頭刀則非常之少(圖 20 至 22)。因此後續進行 CPUE 標準化分析時，本研究將新港及蘇澳區漁會拍賣資料中鬼頭刀漁獲相當少之集群資料以進行分析。

然而，由於蘇澳及東港區漁會冷凍漁獲佔有相當大的比例，而冷凍漁獲大多於外洋漁獲或遠洋返台卸售，並非為台灣水域作業所漁獲。因此，本研究嘗試進行鬼頭刀冷凍與生鮮漁獲分析，結果發現東港漁會之漁獲資料於 2011 年後排除冷凍漁獲後鬼頭刀漁獲呈現相當劇幅的減少(圖 23 至 25)，且由於可區分資料之時間序列過短，若合併外洋、遠洋及沿近海漁獲進行後續分析並不合適。

3.3.2 CPUE 標準化分析

由於 2011 年之前無法區分東港區漁會冷凍或生鮮漁獲，亦無法區分遠洋或沿近海漁獲，因此東港區漁會資料不納入後續之分析。根據群集分析之結果，本研究排除各群集中包含極少數鬼頭刀漁獲量(鬼頭刀漁獲量平均比例少於 1%)之群集資料，以進行後續之群集分析(圖 26 至 28)。

(1) 新港區資料之鬼頭刀 CPUE 標準化

在年變動模式部份經由逐步迴歸分析結果各項主效應則保留於模式中。表

4 為 GLM 分析之 ANOVA 表，而模式對於 CPUE 變異數之解釋比例(R^2)為 49.4%，其中又以目標魚種因子之解釋能力最高。圖 29 為殘差分布圖，結果顯示殘差分布及常態機率圖(Quantile-Quantile Plot)符合常態分布之假設。

在季節變動模式部份，經由逐步迴歸分析結果各項主效應則保留於模式中。表 4 為 GLM 分析之 ANOVA 表，而模式對於 CPUE 變異數之解釋比例(R^2)為 49.3%。在季節變動模式中，目標魚種對於 CPUE 仍是最具有解釋能力之因子。圖 30 為殘差分布及常態機率圖，結果顯示殘差分布符合常態分布之假設。

根據年別標準化 CPUE 之變動趨勢，於 2000 至 2007 年間呈現逐年增加，之後至 2009 年間則大幅減少，雖然 2013 及 2014 年又有增加，但其後變動趨勢仍是呈現減少的趨勢(圖 31)。

根據季別標準化 CPUE 之變動趨勢，大致上每年第 2 季為鬼頭刀會 CPUE 高峰，另外在第 4 季左右會出現次高峰，但若以大趨勢來看同樣顯示近年來標準化 CPUE 呈現逐年減少的趨勢(圖 32)。

(2) 蘇澳區資料之鬼頭刀 CPUE 標準化

在年變動模式部份經由逐步迴歸分析結果各項主效應則保留於模式中。表 5 為 GLM 分析之 ANOVA 表，而模式對於 CPUE 變異數之解釋比例(R^2)為 34.7%，其中又以目標魚種因子之解釋能力最高。圖 33 為殘差分布圖，結果顯示殘差分布及常態機率圖(Quantile-Quantile Plot)符合常態分布之假設。

在季節變動模式部份，經由逐步迴歸分析結果各項主效應則保留於模式中。表 5 為 GLM 分析之 ANOVA 表，而模式對於 CPUE 變異數之解釋比例(R^2)為 34.7%。在季節變動模式中，目標魚種對於 CPUE 仍是最具有解釋能力之因子。圖 34 為殘差分布及常態機率圖，結果顯示殘差分布符合常態分布之假設。

根據年別標準化 CPUE 之變動趨勢，同樣是於 2000 至 2007 年間呈現逐年增加，之後至 2011 年間則大幅減少，隨後又有增加但近幾年呈現變動的趨勢(圖 35)。

根據季別標準化 CPUE 之變動趨勢，大致上每年第 2 季為鬼頭刀會 CPUE 高峰，但近幾年較無明顯季節變動特徵，歷年來亦無像新港區於第 4 季左右再次出現次高峰，此外於部份季節之估計結果變異相當大，以大趨勢來看 2007 年來標準化 CPUE 呈現逐年減少的趨勢，但近年來變動幅度較大(圖 36)。

(3) 整合新港與蘇澳區資料之鬼頭刀 CPUE 標準化

在年變動模式部份經由逐步迴歸分析結果各項主效應則保留於模式中。表 6 為 GLM 分析之 ANOVA 表，而模式對於 CPUE 變異數之解釋比例(R^2)為

45.2%，其中又以目標魚種之解釋能力最高。圖 37 為殘差分布圖，結果顯示殘差分布及常態機率圖(Quantile-Quantile Plot)符合常態分布之假設。

在季節變動模式部份，經由逐步迴歸分析結果各項主效應則保留於模式中。表 6 為 GLM 分析之 ANOVA 表，而模式對於 CPUE 變異數之解釋比例(R^2)為 45.1%。在季節變動模式中，目標魚種對於 CPUE 仍是最具有解釋能力之因子。圖 38 為殘差分布及常態機率圖，結果顯示殘差分布符合常態分布之假設。

根據年別標準化 CPUE 之變動趨勢，非常接近於新港區之結果，同樣於 2000 至 2007 年間呈現逐年增加，之後至 2009 年間則大幅減少，雖然 2013 及 2014 年又有增加，但其後變動趨勢仍是呈現減少的趨勢(圖 39)。

根據季別標準化 CPUE 之變動趨勢，同樣較接近於新港區之結果，大致上每年第 2 季為鬼頭刀會 CPUE 高峰，另外在第 4 季左右會出現次高峰，若以大趨勢來看同樣顯示近年來標準化 CPUE 呈現逐年減少的趨勢(圖 40)。

3.3.3 資源評估分析

本研究同時採用 Beverton-Holt 及 Ricker 之親魚量與加入量關係式進行分析，然而當採用 Beverton-Holt 關係式時，或許是因此模式是為非密度依存(density-independent)之關係式，而鬼頭刀為高產力且生活史短之魚種，因此在進行資源評估分析時，MSY 及其相關變數之估計結果時相當不合理之高，且生物量及漁獲死亡率之估結果亦過度樂觀，因此本研究僅採用 Ricker 親魚量與加入量關係式進行後續之資源評估分析。

圖 41 為各情境模式對於 CPUE 之套適情形，結果顯示無論皆能適當地套適新港及蘇澳之 CPUE。有關模式對於體長頻度之套適，在以模式估計成長參數的各項情境下，模式亦能適當的各年度之體長頻度資料，本研究列舉基礎情境下之體長頻度套適情形(圖 42 及 43)，然而將成長參數固定於 Chang et al. (2013)之估計值時，體長頻度套適則略有變差(圖 44 及 45)。

根據本研究各情境模式所估計之成長曲線，除了在高自然死亡率情境下所估得之成長曲線與其他情境略有差異外，其他情境所估計之成長曲線相當接近，然而 Chang et al. (2013)估計之成長曲線則與本研究具有相當大的差異(圖 46)。圖 47 及 48 為模式所估計之體長別及年齡別漁具選擇性，同樣的除了將成長參數固定於 Chang et al. (2013)之估計值時，本研究各種情境下所估得之體長別及年齡別漁具選擇性並無明顯差異。然而，將成長參數固定於 Chang et al. (2013)之估計值時，則由於本研究歷年漁獲體長大多在 120 公分以下，但 Chang et al. (2013)之成長曲線則於 2 歲魚左右即達約 120 公分，因而造成 100 公分或 2 歲魚以上之漁具選擇性相當之低(圖 42、46、47 及 48)。

圖 49 及 50 為根據本研究各情境模式所估計之歷年加入量與親魚量變動趨勢，結果顯示不同情境下由於初始加入量之估計值具有差異，因此整個時間序列之估計值亦有不同。此外，在納入所有時間序列漁獲量之情境下親魚於量 1980 末期至 1990 年代末期因歷經高漁獲利而降低之歷年最低水準，而自 2000 年時間序列開始之情境於 2000 年代初始則是相對較高之水準，自 2004 年開始則各情境所估計之親魚量之變動趨勢則大致相近。然而，當成長參數固定於 Chang et al. (2013) 之估計值時，即使該情境之加入之估計值為各情境中最低，但由於 2 歲以上之漁具選擇性相當低，因此也造成該情境之親魚量估計結果也明顯高於其他情境。相較於初始親魚量(SSB₀)，在 1990 年代親魚量曾因在大量漁獲量利用水準下而減少至接近於初始親魚量之 40%，隨後因漁獲水準減少而有增加的趨勢，但近年來雖然漁獲量逐年減少，但親魚量仍逐年減少至約為始親魚量之 45 至 55% 左右(圖 51)。

在分析相對親魚量及漁獲死亡率變動趨勢時，本研究除了採用 MSY 作為參考點外，亦同時採用 40% 親魚量水準(0.4SSB₀)作為參考點進行分析(圖 51 至 55)。除了 2000 年代初期外，各情境之相對親魚量及漁獲死亡率之估計值差異不大且變動趨勢相當一致，而當時間序列始至 2000 年且設定於低自然死亡率時資源狀態會相對較差。然而，所有情境之分析結果皆顯示，漁獲死亡率曾於 1980 年代末期至 1990 年代末期因高漁獲量高於 MSY 及 0.4SSB₀ 水準，此後亦皆低於此兩參考點水準，然而由於 CPUE 於近年來呈現逐年減少的趨勢，親魚量及相對親魚量估計結果亦持續減少，雖然目前親魚量仍高於 MSY 及 0.4SSB₀ 水準，但也接近於兩個參考點水準。

表 7 為各情境下各項模式重要變量之估計值，在不同情境下各項變量估計值具有明顯差異，然而相對量之估計值則相當接近。現今親魚量約為初始水準之 45% 至 54%，也皆高於 MSY 及 0.4SSB₀ 水準，而現今漁獲死亡率亦皆低於此 MSY 及 0.4SSB₀ 水準。現今 MSY 或 0.4SSB₀ 水準之漁獲量約在 1 萬 5 千至 2 萬 5 千噸間，而近 3 年之年總漁獲量約在 7 千至 8 千多噸，皆低於 MSY 或 0.4SSB₀ 水準之漁獲量。

圖 56 及 57 為根據各情境估計值並以 MSY 及 0.4SSB₀ 參考點水準之 Kobe Plot，所有情境之分析結果皆顯示目前西北太平洋鬼頭並無過度利用 (overfishing) 及過漁 (overfished)，但親魚量已相當接近於 MSY 及 0.4SSB₀ 參考點水準，且有區間估計也顯示現今親魚量會有相當高的機率低於 MSY 參考點。

第四章 檢討與建議

4.1 正確漁獲資料之重要性

在本研究所採用之台東縣新港區漁會、宜蘭縣蘇澳區漁會以及屏東縣東港區漁會之拍賣資料中，皆無漁船於該航次之作業漁法資訊。然而，根據本研究以統計方法進行漁獲魚種組成比例之群集分析後，可以非常成功地進行作業漁法別的辨識。因此，即使在作業漁法資訊不完整的情形下，若能詳實記錄魚種別之漁獲量資料，仍可以透過此資料進行漁法種類的判別。近年來，漁業署極力推廣卸漁聲明書之填寫，未來若能透過此資料的詳實填報，將可以對漁法別之漁業及資源分析具有相當大的助益。

此外，漁獲量資料為進行資源評估最重要之基礎資訊，鬼頭刀為我國重要的經濟性魚種且漁獲應皆有透過拍賣系統進行銷售，因此台灣之鬼頭刀漁獲量資料或許應較有可靠性，日本之歷年漁獲量亦相當多且高於台灣之鬼頭刀漁獲量，然而日本可能因較不重視鬼頭刀漁獲，因此近年來已將鬼頭刀併入其他魚種記錄，本研究僅能根據過去之鬼頭刀漁獲比例進行推估以納入資料源評估模式進行分析，然而日本鬼頭刀漁獲量資料將會是造成資源評估不確定性的重要因素。

4.2 生物學研究之重要性

在進行資源之分析與評估前必須針對該資源的群體有一明確的定義，因此有關資源之系群結構為資源分析中為相當重要的一項研究。本研究已於台灣南部海域、台灣東北部海域以及台灣東部海域各採樣點進行魚體之肌肉樣本採集，亦於透過學術合作蒐集得東太平洋海域及日本南部海域之肌肉樣。但為了完成整個太平洋海域或其他洋區之鬼頭刀族群結構分析，漁業署業已將鬼頭刀樣本收集納入觀察員之工作項目中，以取得太平洋海域及其他洋區或水域之鬼頭刀肌肉樣本，以利進行不同洋區或水域鬼頭刀系群結構之比較分析。未來持續透過回收樣本之分析將會對太平洋鬼頭刀資源之族群結構能有更為明確的分析。

此外，生物性樣本資料的收集以及生物參數的估計將是未來減少資源評估結果不確定性的重要工作項目，例如及雌雄別之體型資料、系群結構分析、年齡成長分析、生殖生物學研究以及各項生活史參數估計等。鬼頭刀為台灣為東部海域最為重要的經濟性漁獲魚種之一，為改善鬼頭刀 1 之資源評估分析，除了持續改漁業統計資料之收集外，亦應加強各項生物樣本蒐集與研究。

4.3 努力量資料缺乏之問題

鬼頭刀幾乎皆由延繩釣漁業所漁獲，而分析延繩釣漁業之努力量應是以每次作業之投放鈎數為最佳，但在台灣沿近海漁業域長期缺乏實際努力量資料蒐集之情形下，在過去進行鬼頭刀 CPUE 分析時僅能利用航次數作為努力量之代表值。然而，不同規模之作業漁船在海上作業的天數不盡相同，每航次中作業次數與投放鈎數亦不相同，因此若根據航次數以齊頭式方法作為努力量之代表值，可能會造成後續在估計 CPUE 時的偏差。本研究過去曾利用用近幾年之 VDR 資訊回推歷年資料中每航次之作業時數。本研究根據月別、噸級、航次數等因子之作業時數以泛線性模式(*general linear model, GLM*)推估模式以進行相對努力量之推估，雖然結果顯示小時數與月別、噸級、航次數等因子可建構良好之模式，但由於 CTR 以下漁船並無 VDR 資料可供推估，而必須僅能假設 CTR 之作業型態與 CT0 相同才能進行分析，另外由於樣本船之數量有限，在進行模式分析時可能於部份類別上因資料點不足而造成估計結果的偏差，因此本研究仍僅能採用航次數作為努力量代表值。因此，未來若能納入更多船漁之 VDR 資料，例如納入港口查報員調查漁船之 VDR 資料，應該能進一步改善估計結果之代表性。

第五章 成果效益說明及重大突破

5.1 探索(Discovery)

本研究針對鬼頭刀資源進行了資源豐度指標分析、資源之系群結構分析以及生殖生物學分析，這些成果不僅是瞭解對象魚種之資源結構與變動之重要項目，亦提供了該魚種之生活史資訊，而各項指標及參數估計結果亦是後續進行資源評估時重要之參考依據，而這些參數皆會影響到該魚種之資源評估結果，因此本研究之成果對於未來進行太平洋鬼頭刀資源解析與評估具有重要之參考價值。

5.2 發展(Development)

一般在台灣沿海漁業之拍賣資料中皆登記無漁船於該航次之作業漁法資訊。本研究以統計方法進行漁獲魚種組成比例之群集分析後，可以非常成功地進行作業漁法別的辨識，因此即使在作業漁法資訊不完整的情形下仍可以透過此資料進行漁法種類的判別。本研究除了以基礎之樣本量測資料進行各項生物指標變動趨勢分析外，亦採用組織學之分析方法進行性成熟與生殖活動判斷。另外，本研究亦採用基因分子生化技術分析太平洋頭鬼頭刀族群結構。

5.3 推廣(Delivery)

台灣海域鬼頭刀之漁獲，主要以美國為重要外銷市場，為達到在漁產品穩定供應與保護海洋資源間取得平衡之保育目標，台東縣新港區漁會及產業界之利益相關者自 2014 年開始建立台灣之鬼頭刀漁業改進計畫，發展至今蘇澳及東港區漁會也已加入台灣鬼頭刀漁業改進計畫之行列。除了改善漁業資料統計系統、加強混獲物種資料收集、提升現有管理策略與決策程序等目標外，同時以最佳可得科學資料為基礎，發展預警策略及漁獲量管控措施，使資源可以在保育基礎下永續利用。本研究配合鬼頭刀改進計畫的執行，研究團隊規劃長期之研究計畫，以供作為建立台灣海域鬼頭刀資源評估之基礎與發展。

5.4 商業化(Commercialization)

新港鬼頭刀近 10 年的漁獲平均量約 2,600 公噸左右，平均產值約台幣 1.6 億元，在盛漁期時，一艘船一天最多可捕獲將近上千公斤的魚，對當地漁民來

說是相當重要的收入來源。因此，為維護此重要漁業資源，新港區漁會、採購商、加工廠、貿易商及當地漁民共同主動發起 FIP 行動，希望能透過 FIP 使這項漁業資源得以永續發展，讓賴此漁業為生的所有人，能永續經營此漁業。本研究配合鬼頭刀 FIP 的執行，以供作為建立台灣海域鬼頭刀資源評估之基礎與發展，對未來鬼頭刀漁業產業的持續發展具有一定程度的助益。

5.5 其他效益(科技政策管理、人才培育、法規制度、國際合作、推動輔導等)

本研究除了於台灣沿近海域漁獲之鬼頭刀漁獲進行採用分析外，亦於透過學術合作蒐集其他水域之樣本。此外，東太平洋之美洲熱帶鮪類委員會(IATTC)也已極積發展國際合作進行東太平洋鬼頭刀之生物學研究及資源評估分析。為求太平洋海域鬼頭刀資源永續利用，除了進行國際合作研究才能產出更為完整之分析結果，而參與國際合作，無論是對於科學研究、政策管理或法規制度的人才培育皆會具有相當大的助益。

5.6 國際比較

過去有關太平洋鬼頭刀的研究分析大多著重各生物學研究，近年來有台灣與日本亦有多項研究成果，而台灣與日本目前的樣本來源同處於西北太平洋海域，因此仍需要整合太平洋其他水域之樣本或是分析結果才能對於太平洋鬼頭刀生物學研究能有更為完整的瞭解。此外，過去有關鬼頭刀資源評估的研究並不多，台灣過去曾經以傳統資源評估方法以及現今最為流行之系群整合模式進行資源狀態評估。現今 IATTC 也正積極發展東太平洋鬼頭刀資源評估，未來除了在系群結構及生物學上與東太平洋進行比較分析外，資源評估的發展也將會影響未來對於此魚種之管理策略。

參考文獻

- Bancroft, J., Stevens, A., & Turner, D. (1996). Theory and practice of histological techniques 4th Ed Churchill Living Stone, New York Edinburgh. Madrid, Sanfrancisco, 766 pp.
- Beardsley, G.L. Jr. (1967). Age, growth and reproduction of the dolphin, *Coryphaena hippurus*, in the Straits of Florida. *Copeia*, 1967: 441-451.
- Bentivoglio, A. A. (1988). Investigations into the growth, maturity, mortality rates and occurrence of the dolphin (*Coryphaena hippurus*, Linnaeus) in the Gulf of Mexico. M.Sc. thesis, University College of North Wales, Bangor, UK. 37 pp.
- Chang, S.K, DiNardo, G., Farley, J., Brodziak, J., Yuan, Z.L. (2013). Possible stock structure of dolphinfish (*Coryphaena hippurus*) in Taiwan coastal waters and globally based on reviews of growth parameters. *Fish. Res.* 147: 127-136.
- Chiang, W.C., C.L. Sun, S.P. Wang, S.Z. Yeh, Y. Chen, W.C. Su, D.C. Liu, W.Y. Chen (2009). Sex-specific per recruit analysis of the sailfish, *Istiophorus platypterus*, in the waters off eastern Taiwan. *Fish. Bull.* 107: 265-277.
- Chiang, W. C., Sun, C. L., Yeh, S. Z., Su, W. C., & Liu, D. C. (2006). Spawning Frequency and Batch Fecundity of the Sailfish (*Istiophorus platypterus*)(*Istiophoridae*) in Waters off Eastern Taiwan. *Zoological Studies*, 45(4), 483-491.
- Diaz-Jaimes, P., M. Uribe-Alcocer, A. Rocha-Olivares, F. J. Garcia-de-Leon, P. Nortmoon, and J. D. Durand (2010). Global phylogeography of the dolphinfish (*Coryphaena hippurus*): The influence of large effective population size and recent dispersal on the divergence of a marine pelagic cosmopolitan species. *Molecular phylogenetics and evolution* 57: 1209-1218.
- Lee, C. L., and S. H. Shung. (1986). Survey of fishing ground of dolphinfish in eastern waters of Taiwan. *Bull. Taiwan Fish. Res. Inst.* 40: 61-71.
- Mahon, R. and H.A. Oxenford (1999). Precautionary assessment and management of dolphinfish in the Caribbean. *Sci, Mar.* 63(3-4): 429-438.
- Massutí, E. and B. Morales-Nin (1997). Reproductive biology of dolphin-fish (*Coryphaena hippurus* L.) off the island of Majorca (western Mediterranean). *Fish. Res.* 30:57-65.
- Methot, R.D., Wetzel, C.R., Taylor, I.G., Doering, K. (2019). Stock Synthesis User Manual, Version 3.30.14. NOAA Fisheries, Seattle, WA.
- Murray, P.A. (1985). Growth and mortality in the dolphin-fish *Coryphaena hippurus* caught off Saint Lucia, W.I. In: WECAFC (ed.), National reports and selected

- papers presented at the fourth session of the Working Party on assessment of marine fishery resources, pp. 147-153. Paipa, Department of Boyaca, Colombia, 29 October - 2 November, 1984. FAO Fish.Rep, 327, 290 pp.
- Nishida, T., Kitakado, T., Iwasaki, K., Itoh, K. (2014). ADmodel Builder implemented age-structured production model (ASPM) software (VERSION 3, 2014) –User' s manual. IOTC-2014-WPTT16-54 REV_1.
- Oxenford, H.A. and W. Hunte. (1983). Age and growth of dolphin, *Coryphaena hippurus*, as determined by growth rings in otoliths. Fish. Bull. 81: 906-909.
- Oxenford, H.A., and W. Hunte (1986a). A preliminary investigation of the stock structure of the dolphin, *Coryphaena hippurus*, in the western central Atlantic. Fish. Bull. 84: 451-460.
- Oxenford, H.A. and W. Hunte (1986b). Migration of the dolphin (*Coryphaena hippurus*) and its implications for fisheries management in the western central Atlantic. Proc. Gulf Caribb. Fish. Inst. 37: 95-111.
- Oxenford, H.A. and W. Hunte (1987). Long-term trends in abundance of the dolphin, *Coryphaena hippurus* near Barbados. Proc. Gulf Caribb. Fish. Inst. 38: 510-527.
- Oxenford, H.A. and W. Hunte (1999). Feeding habits of the dolphinfish (*Coryphaena hippurus*) in the eastern Caribbean. Sci.Mar. 63(3-4): 303-315.
- Patterson, K. E. and J. Martinez (1991). Exploitation of the dolphinfish *Coryphaena hippurus* L. off Ecuador: Analysis by length-based virtual population analysis. Fishbyte 9: 21-23.
- Potoschi, A., O. Reñones, and L. Cannizzaro (1999). Sexual development, maturity and reproduction of dolphinfish (*Coryphaena hippurus*) in the western and central Mediterranean. Sci. Mar. 63: 367-372.
- Punt, A. E. 1994. Assessments of the stocks of Cape hakes, *Merluccius* spp. Off South Africa. S. Afr. J. Mar. Sci. 14 : 159-186.
- Restrepo, V. 1997. A stochastic implementation of an Age-structured Production model (ICCAT/ SCRS/97/59), 23pp.
- Rocha-Olivares, A., M. Bobadilla-Jimenez, S. Ortega-Garcia, N. Saavedra-Sotelo and J.R. Sandoval-Castillo (2006). Mitochondrial variability of dolphinfish *Coryphaena hippurus* populations in the Pacific Ocean. Ciencias Marinas 32, 569–578.
- Rose, C.D. and W.W. Hassler. (1968). Age and growth of the dolphin, *Coryphaena hippurus* (Linnaeus), in North Carolina waters. Trans. Am. Fish. Soc. 97: 271-276.
- Sakamoto, R. and S. Kojima. (1999). Review of dolphinfish biological and fishing data in Japanese waters. Sci. Mar. 63: 375-385.

- Sheehan, D. C., & Hrapchak, B. B.(1973). Theory and practice of histotechnology. The C.V. Mosby Comp. Toronto, London.
- Uchiyama, J. H., R. K. Burch, and S. Kraul Jr. (1986). Growth of dolphins, *Coryphaena hippurus* and *C. equiselis* in Hawaiian waters, as determined by daily increments on otoliths. Fish. Bull. 84: 186-191.
- Wu, C. C., W. C. Su, and T. Kawasaki (2001). Reproductive biology of the dolphinfish *Corphaena hippurus* on the east coast of Taiwan. Fish. Sci. 67: 784-793.
- 丁皎 (2014)。以粒線體 NADH 1 及控制區(D-LOOP)探討鬼頭刀(*Coryphaena hippurus*)在台灣海域族群遺傳結構。國立中山大學生物科學系研究所碩士論文。54 頁。
- 王健雄、王世斌 (2004)。近海鬼頭刀資源潛量評估。九十二年度行政院農業委員會科技計畫研究報告，19 頁。
- 江偉全、林富家、許紅虹、陳文義、蘇偉成 (2005)。臺灣東部海域鬼頭刀雌雄異型與性比。水產試驗所專訊，10:11-15。
- 吳常瑛，2010。以資源整合模式進行台灣東部海域鬼頭刀資源評估之研究。國立臺灣海洋大學環境生物與漁業科學研究所碩士論文，107 頁。
- 張伊坊 (2006)。台灣東部海域鬼頭刀的日齡與成長之研究。國立台灣大學海洋研究所碩士論文。
- 陳文義 (2003)。鬼頭刀資源量之調查與評估。台灣省水產試驗所九十二年度年報。
- 陳文義 (2004)。鬼頭刀資源量之調查與評估。台灣省水產試驗所九十三年度年報。
- 陳文義 (2007)。台灣東部海域鬼頭刀之資源評估與調查。水產試驗所東部海洋生物研究中心。
- 陳文義、江偉全、許紅虹、許儷玉、蘇偉成 (1999)。台灣東部海域鬼頭刀漁獲量變動趨勢與成長參數之研究。水產研究，7(1&2):1-9。
- 陳郁凱、陳文義、江偉全、林富家、許紅虹、蘇偉成 (2006)。以多體長頻度分析法 (MULTIFAN) 估計台灣東部海域鬼頭刀之年齡、成長及死亡率。水產研究，14(1):37-48。
- 鄭羽超 (2006)。臺灣東部海域鬼頭刀年齡與成長及死亡率之估計。國立臺灣海洋大學環境生物與漁業科學研究所碩士論文。

附圖

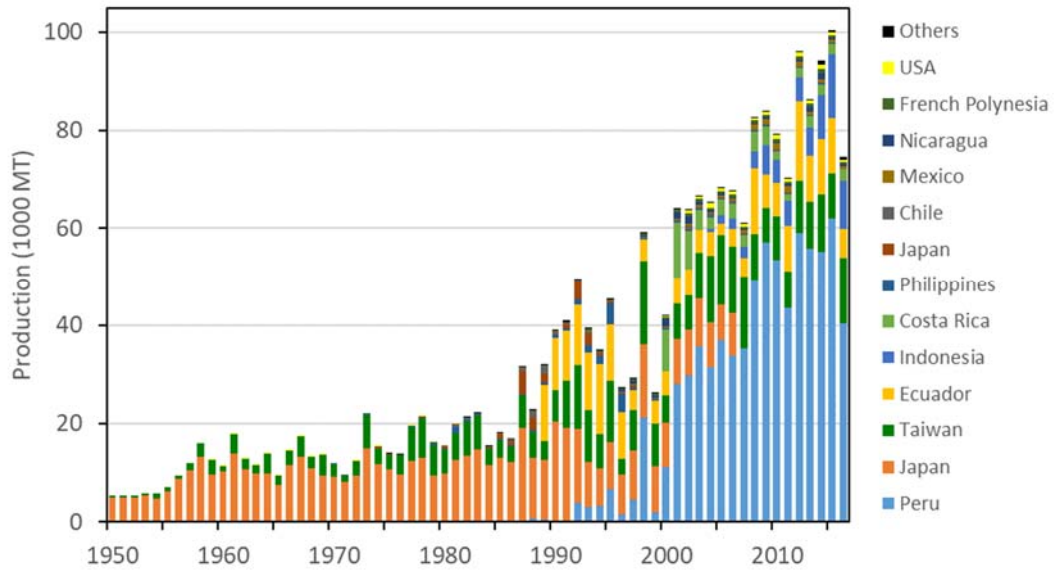


圖 1. 太平洋海域各國之鬼頭刀生產量之歷年變動趨勢。

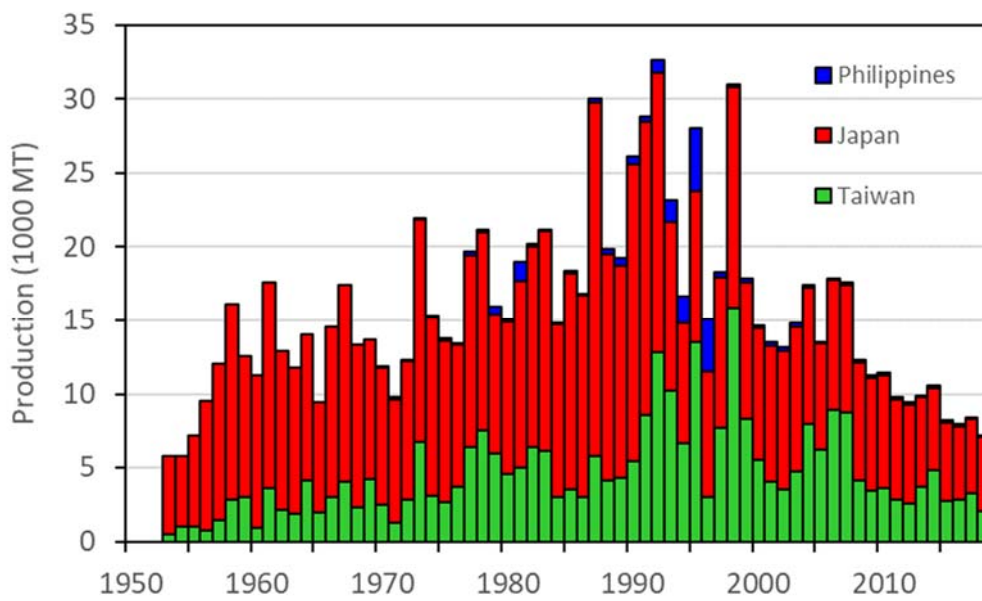


圖 2. 本研究所採用之西北太平洋鬼頭刀漁獲量之歷年變動趨勢。

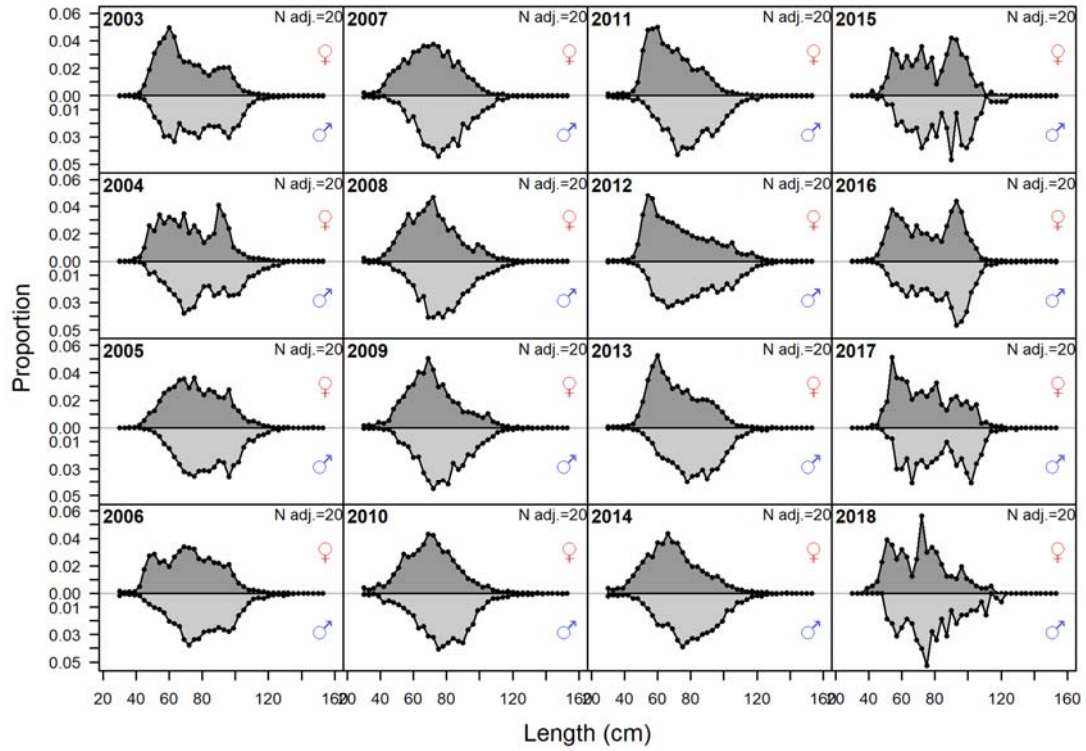


圖 3. 本研究採用台東縣新港魚市場量測之雌雄別體長資料體長頻度資料。

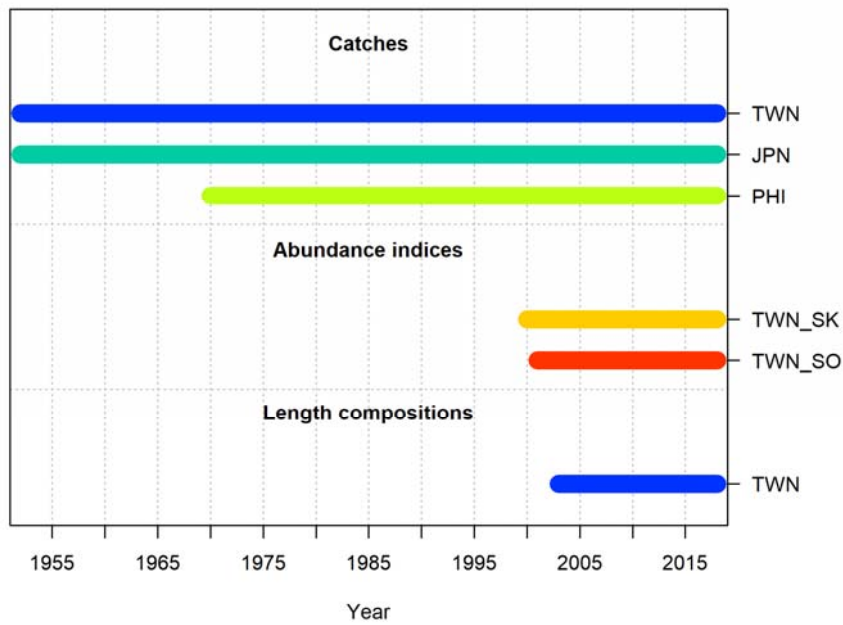


圖 4. 本研究用以進行西北太平洋鬼頭刀資源評估之各項資料及時間序列。

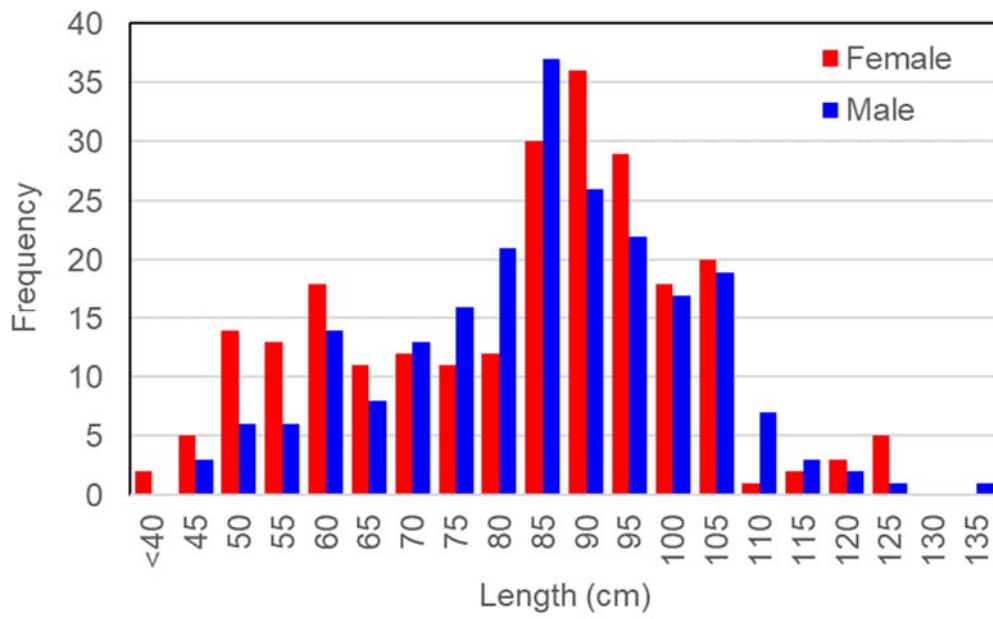


圖 5. 歷年台灣東部海域雌雄別鬼頭刀生殖腺魚體樣本之體長頻度。

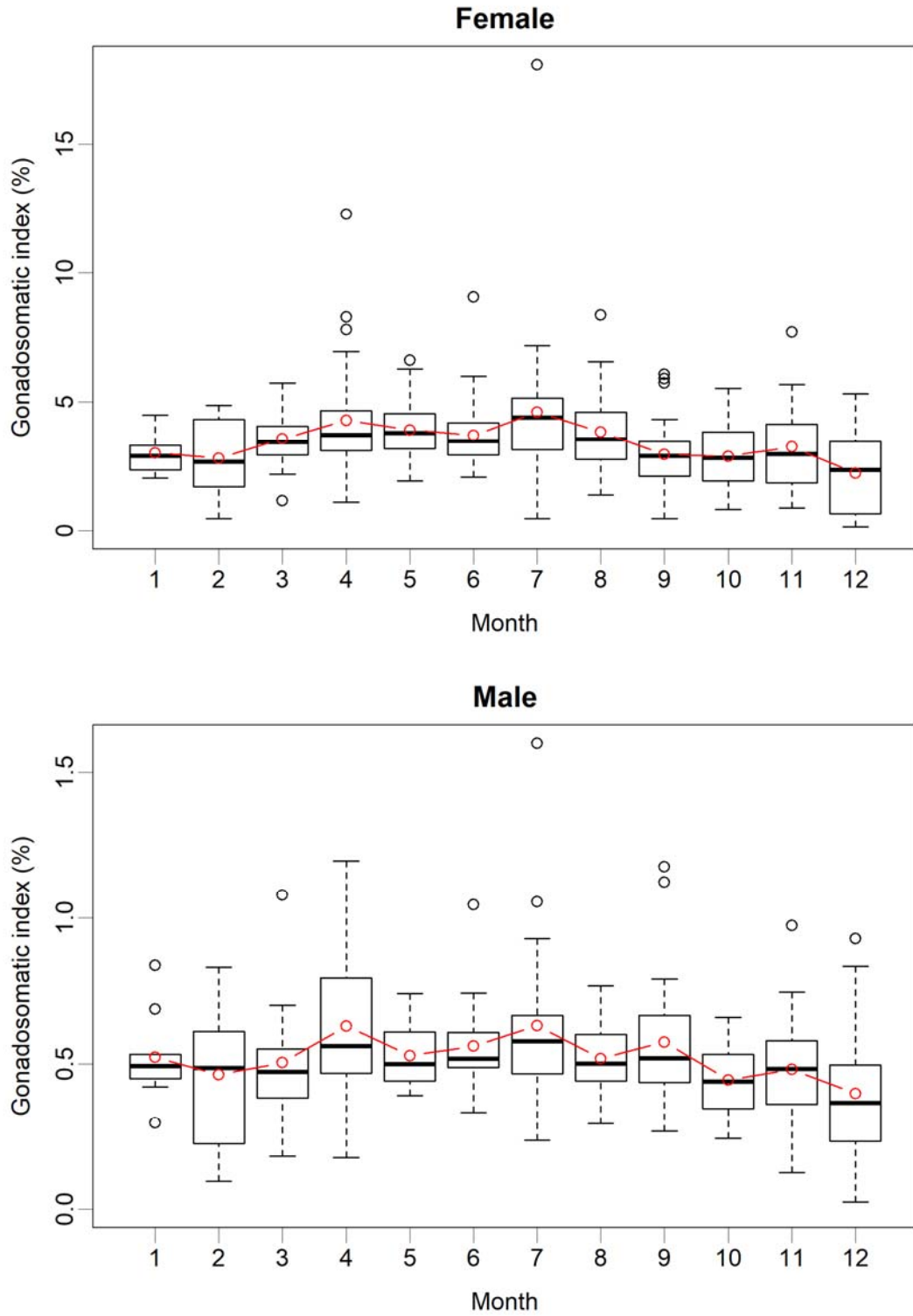


圖 6 台灣東部海域雌雄別鬼頭刀樣本魚體之生殖腺成熟度指數。

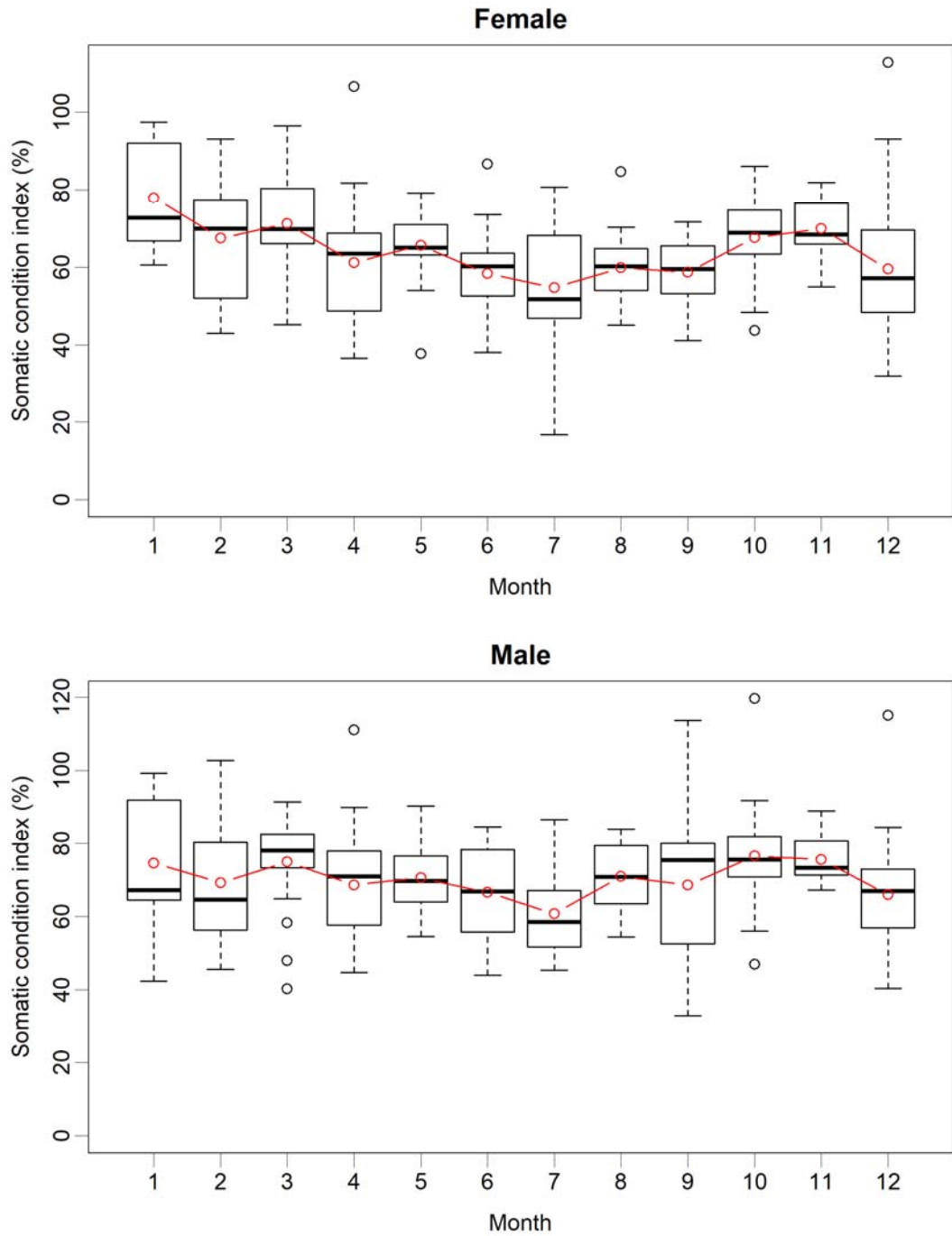


圖 7. 台灣東部海域雌雄別鬼頭刀樣本魚體之肥滿度。

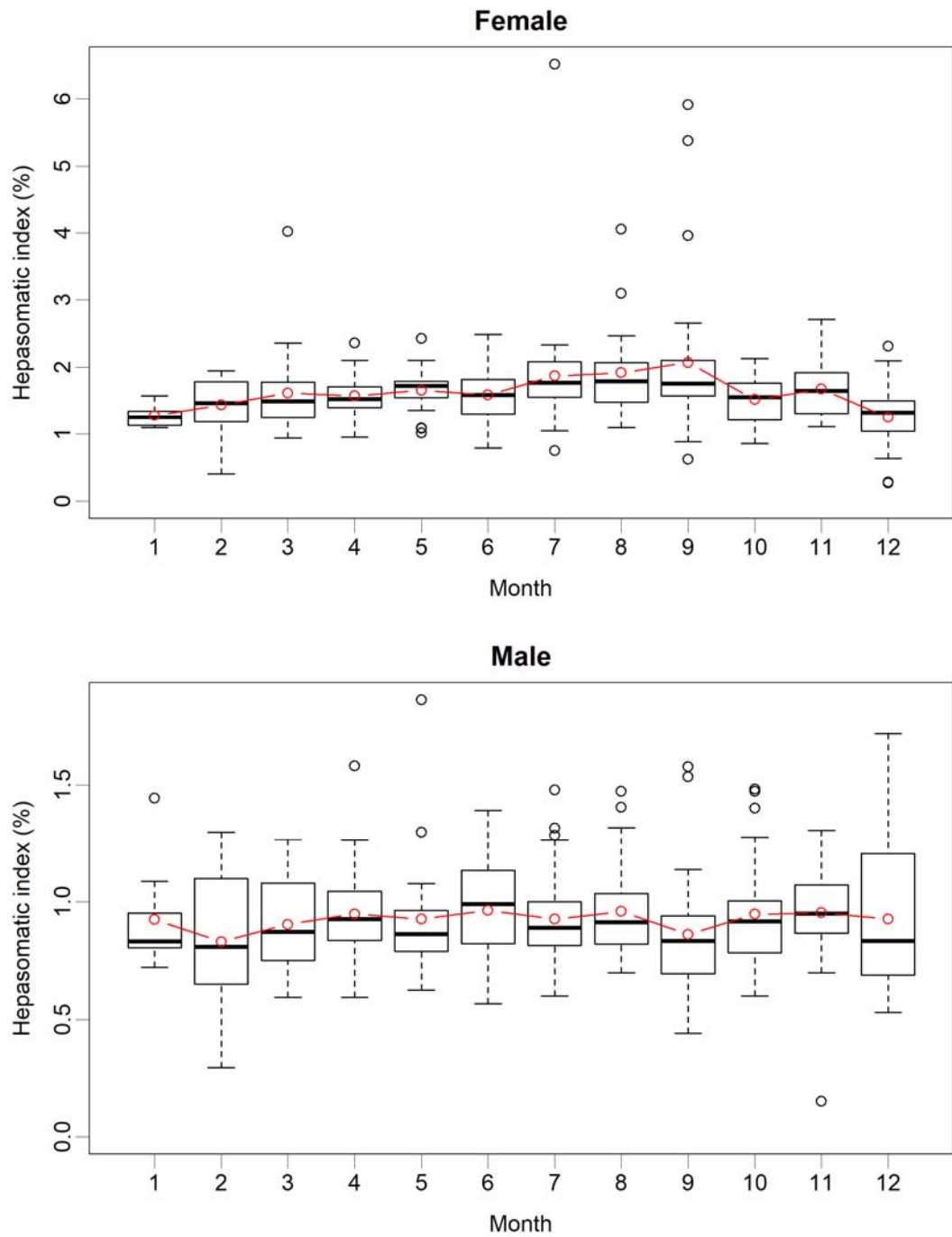
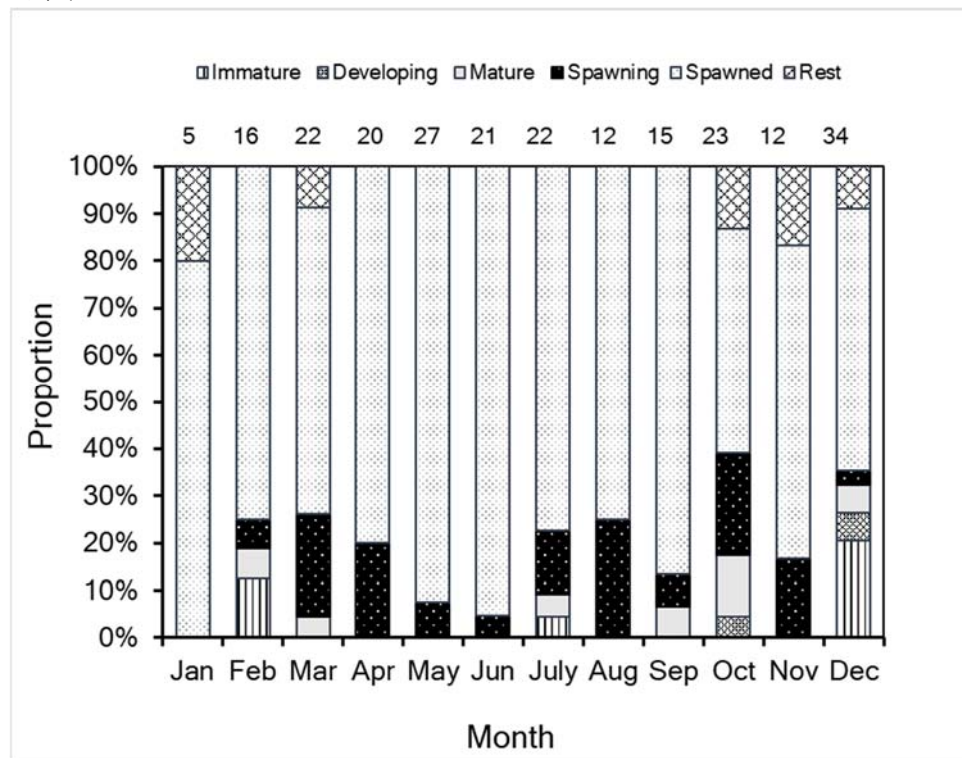


圖 8. 台灣東部海域雌雄別鬼頭刀樣本魚體之肝指數。

雌魚



雄魚

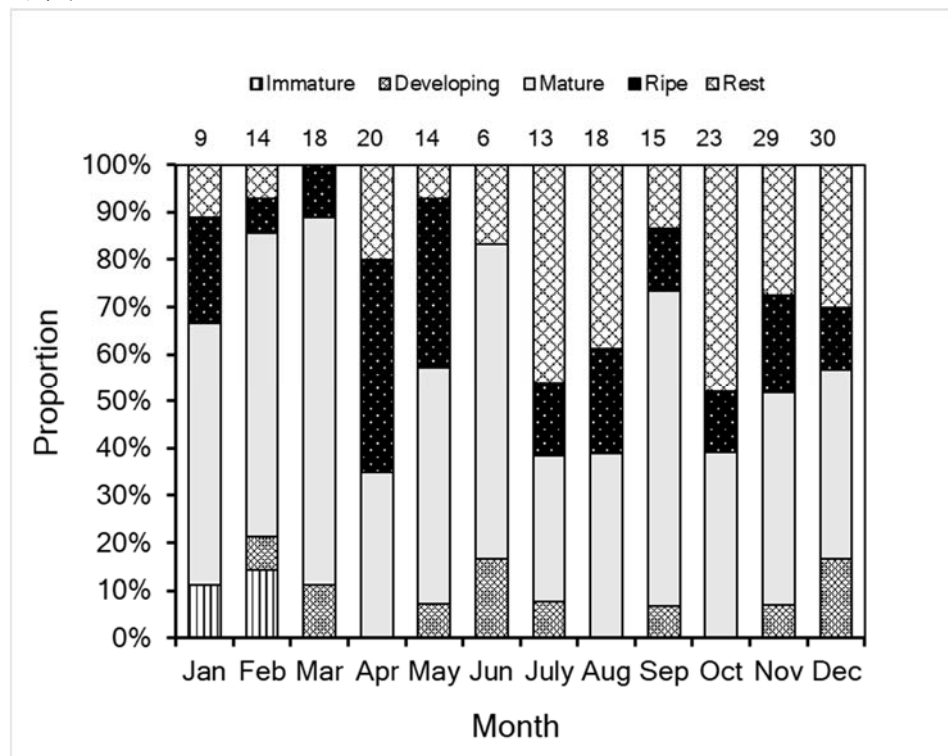


圖 9. 台灣東部海域鬼頭刀之雌魚卵巢與雄魚精巢月別成熟發育階段比例。

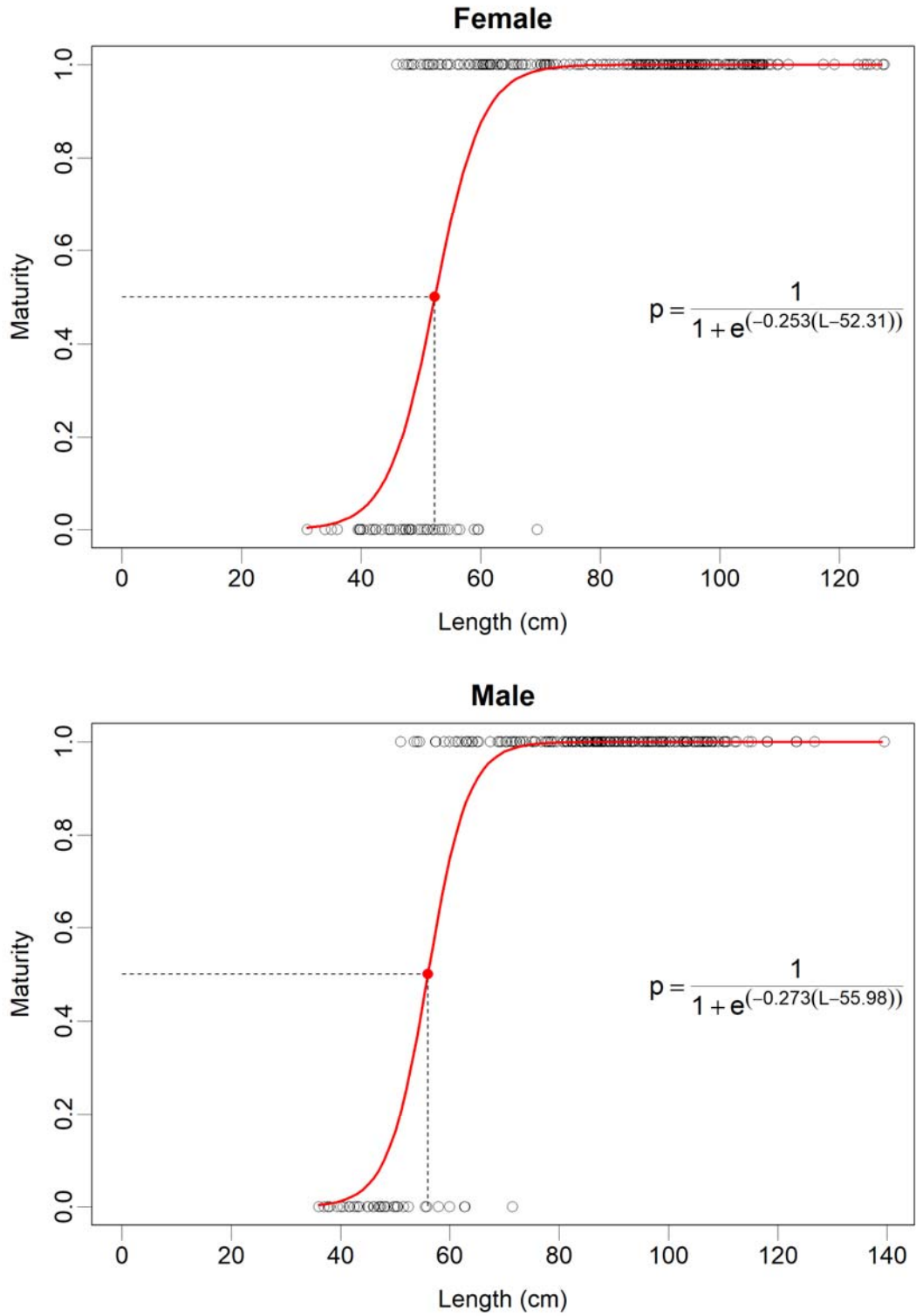


圖 10. 台灣東部海域雌雄別鬼頭刀之成熟體長估計。

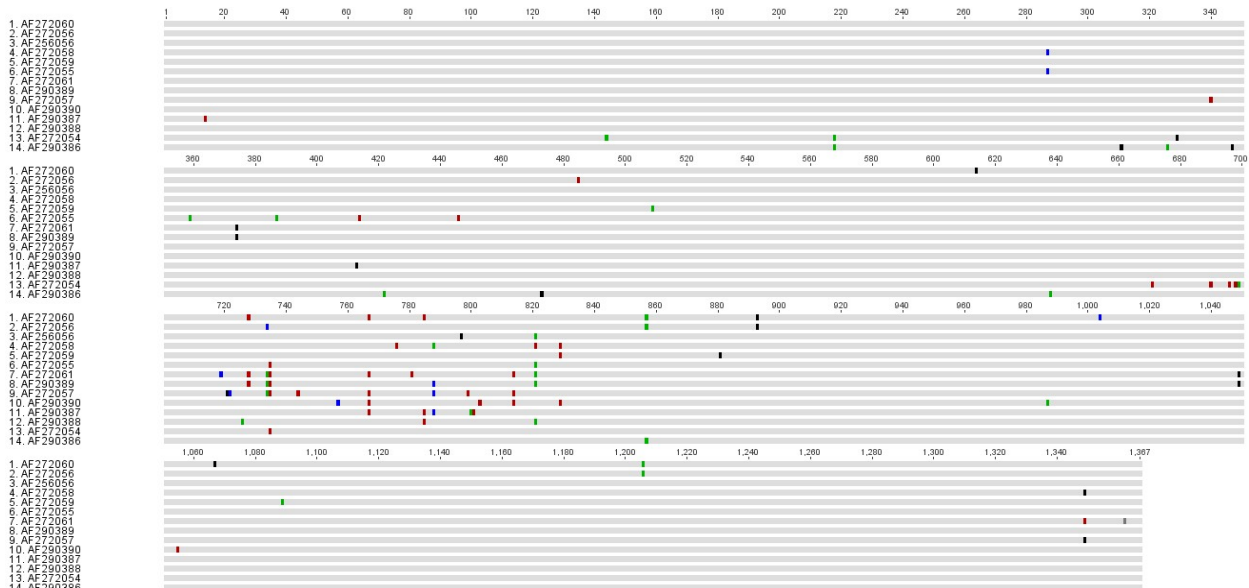


圖 11. 彙整 NCBI 基因庫之鬼頭刀粒線體 DNA ND1 基因序列。



圖 12. 鬼頭刀粒線體 DNA ND1 之引子設計與基因序列之相對位置。

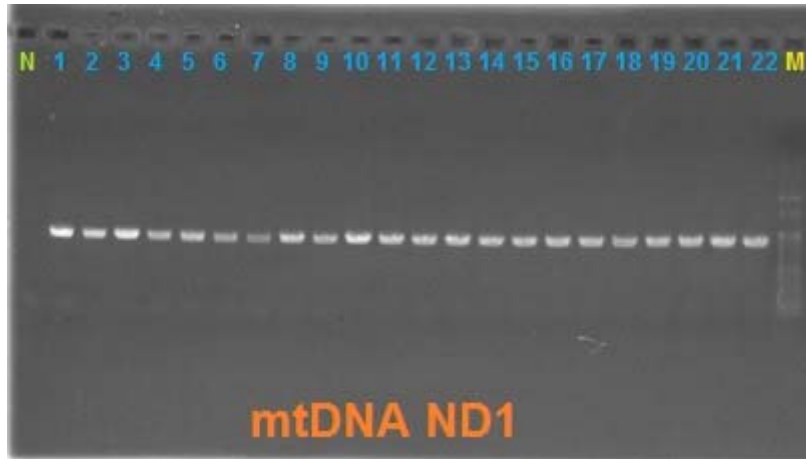


圖 13. 鬼頭刀 mtDNA ND1 之專一性引子 PCR 產物(約 970bp)電泳圖。

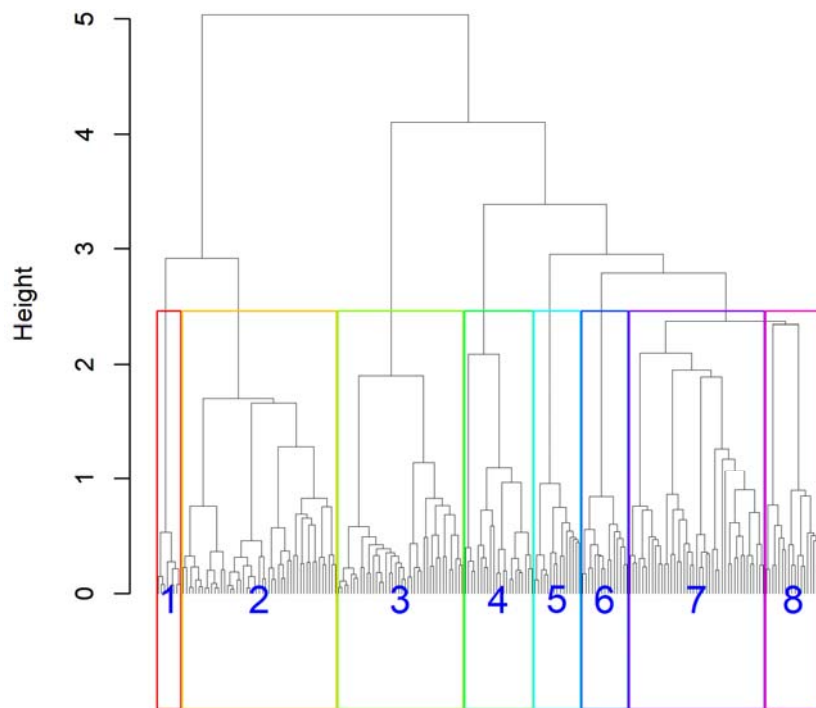
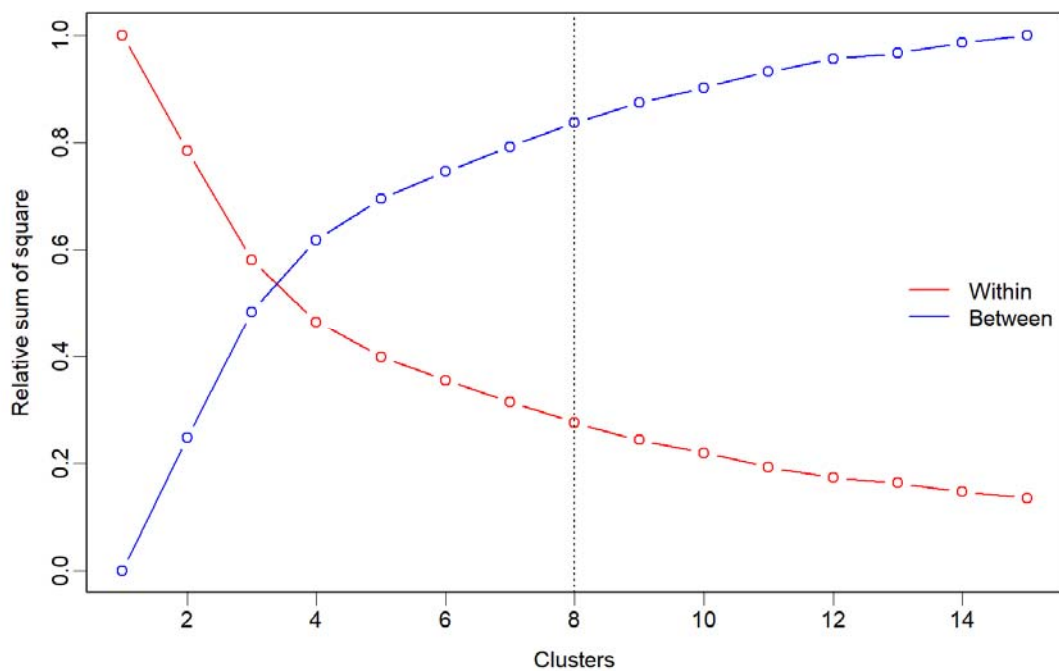


圖 14. 新港區漁會拍賣資料之群集分析結果。

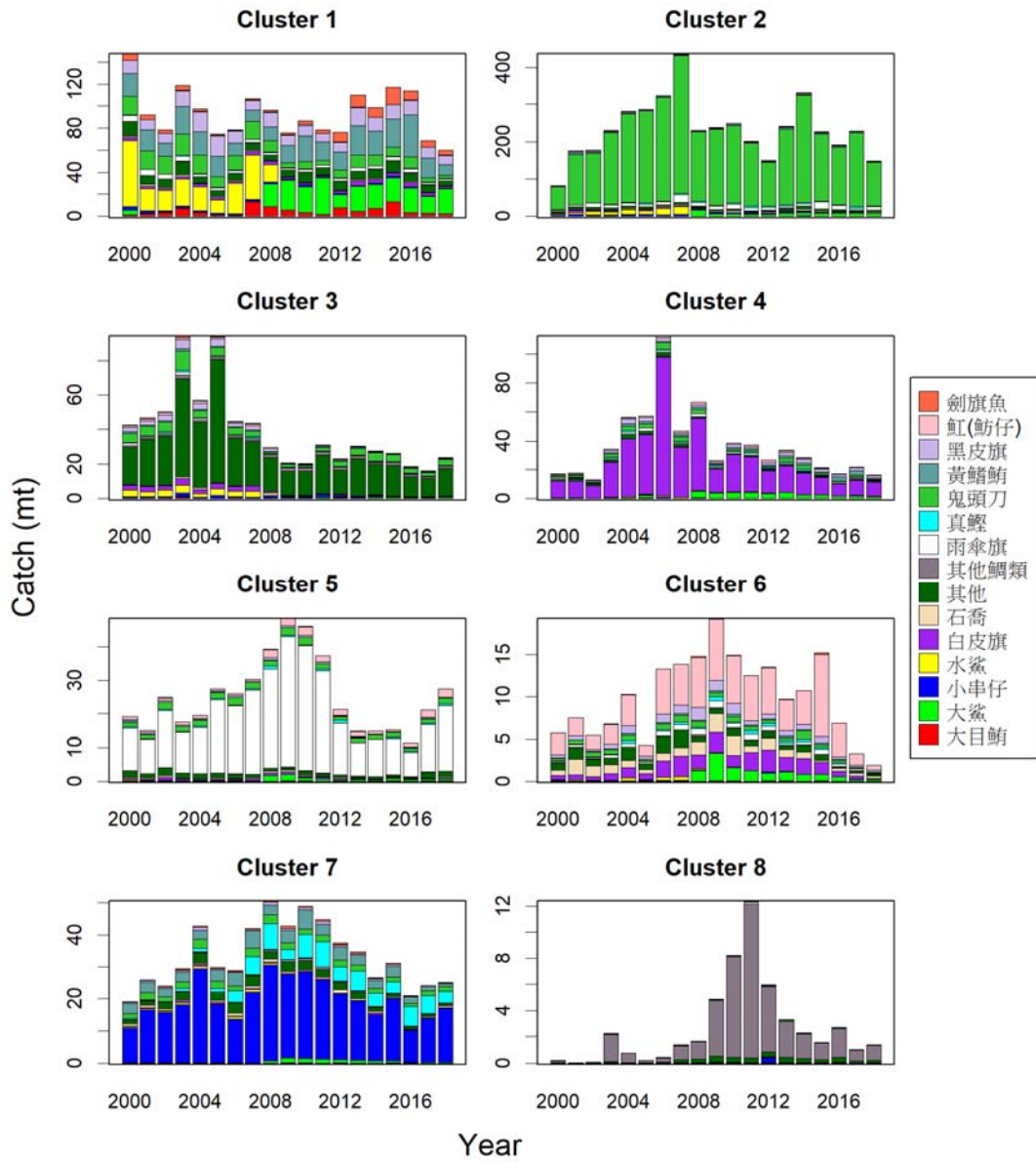


圖 15. 新港區漁會拍賣資料各群集之漁獲魚種組成。

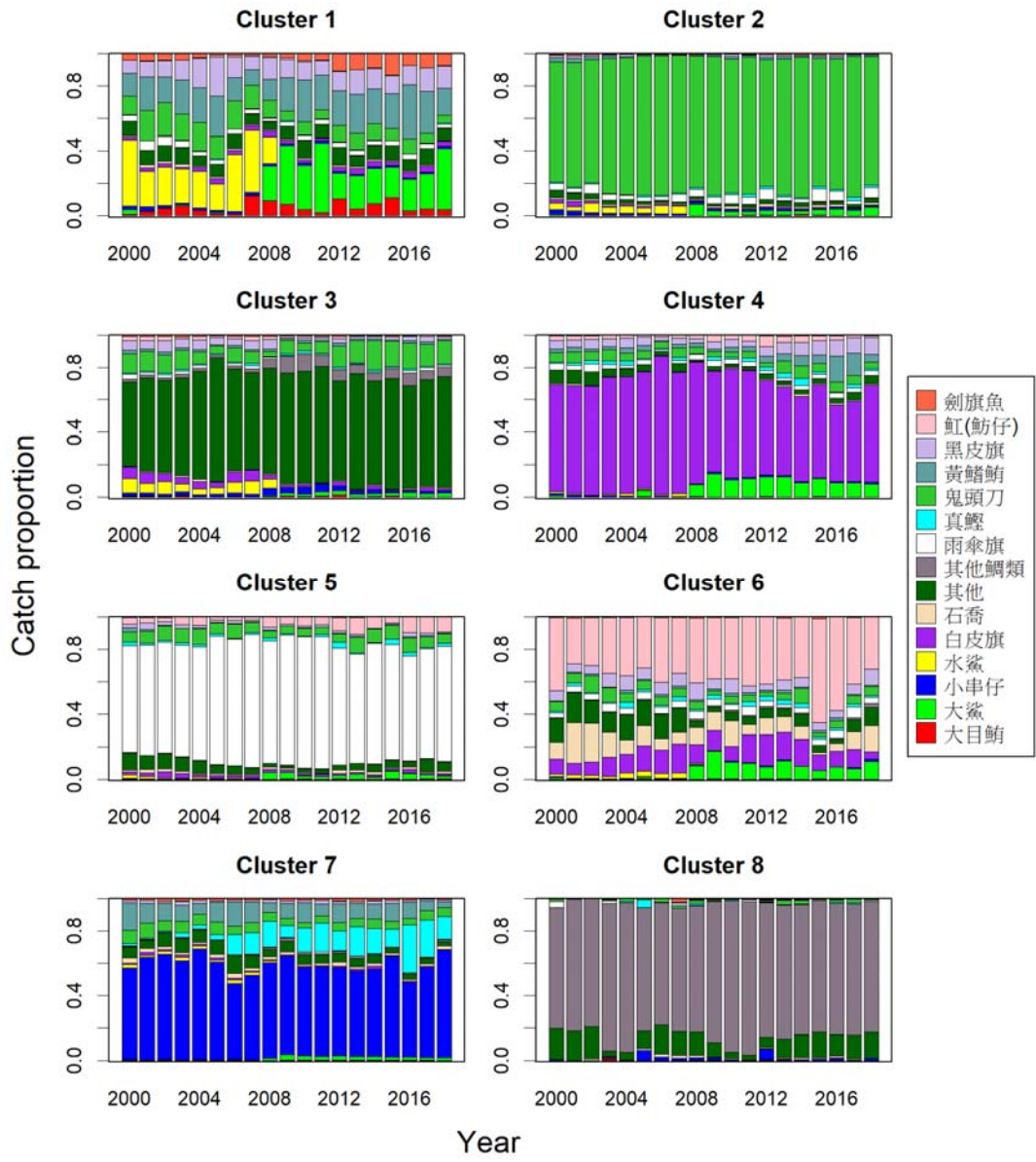


圖 15. (續)。

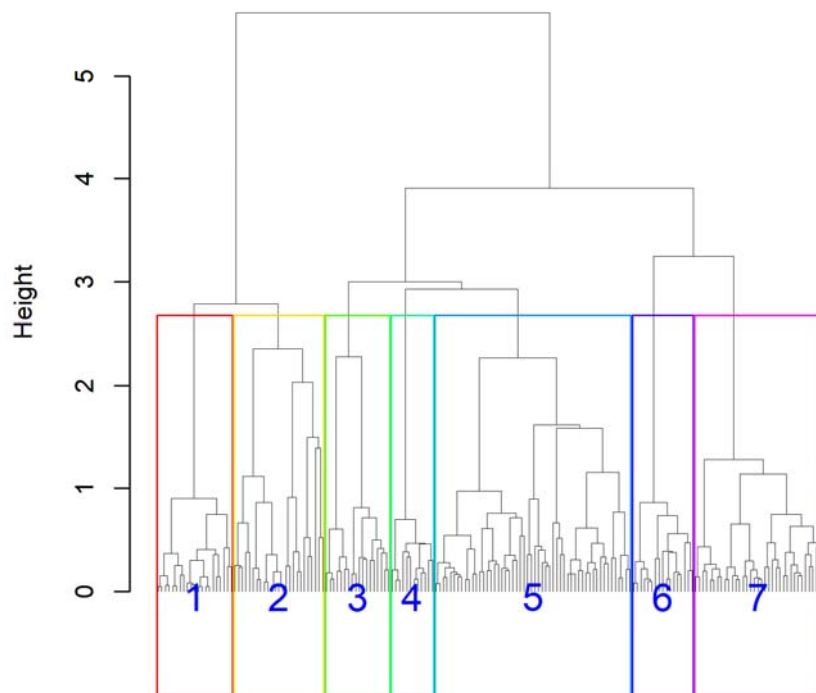
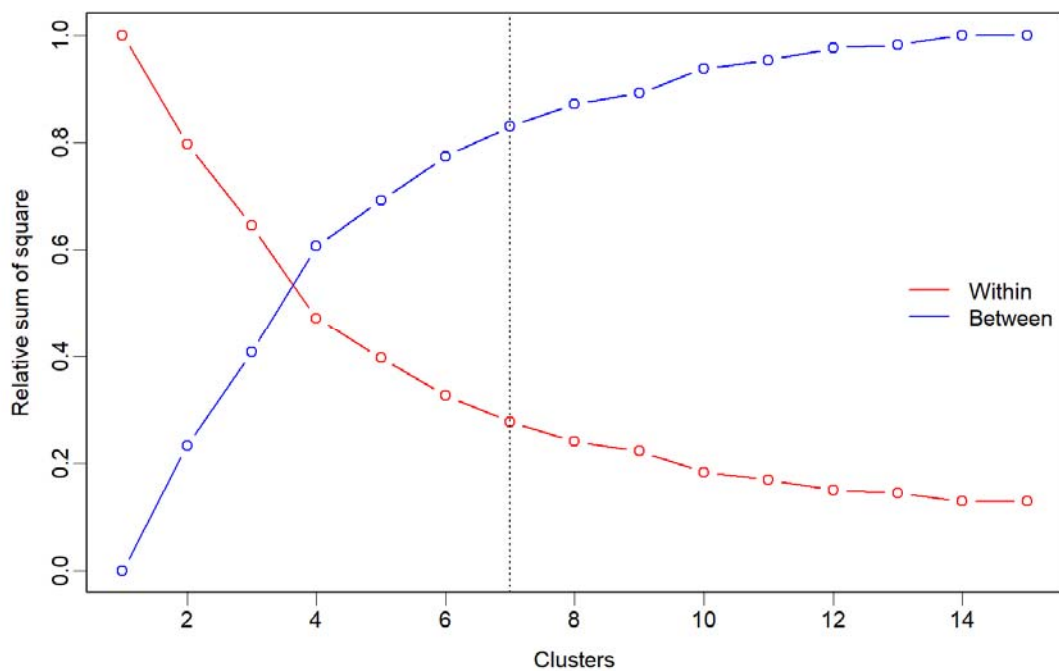


圖 16. 蘇澳區漁會拍賣資料之群集分析結果。

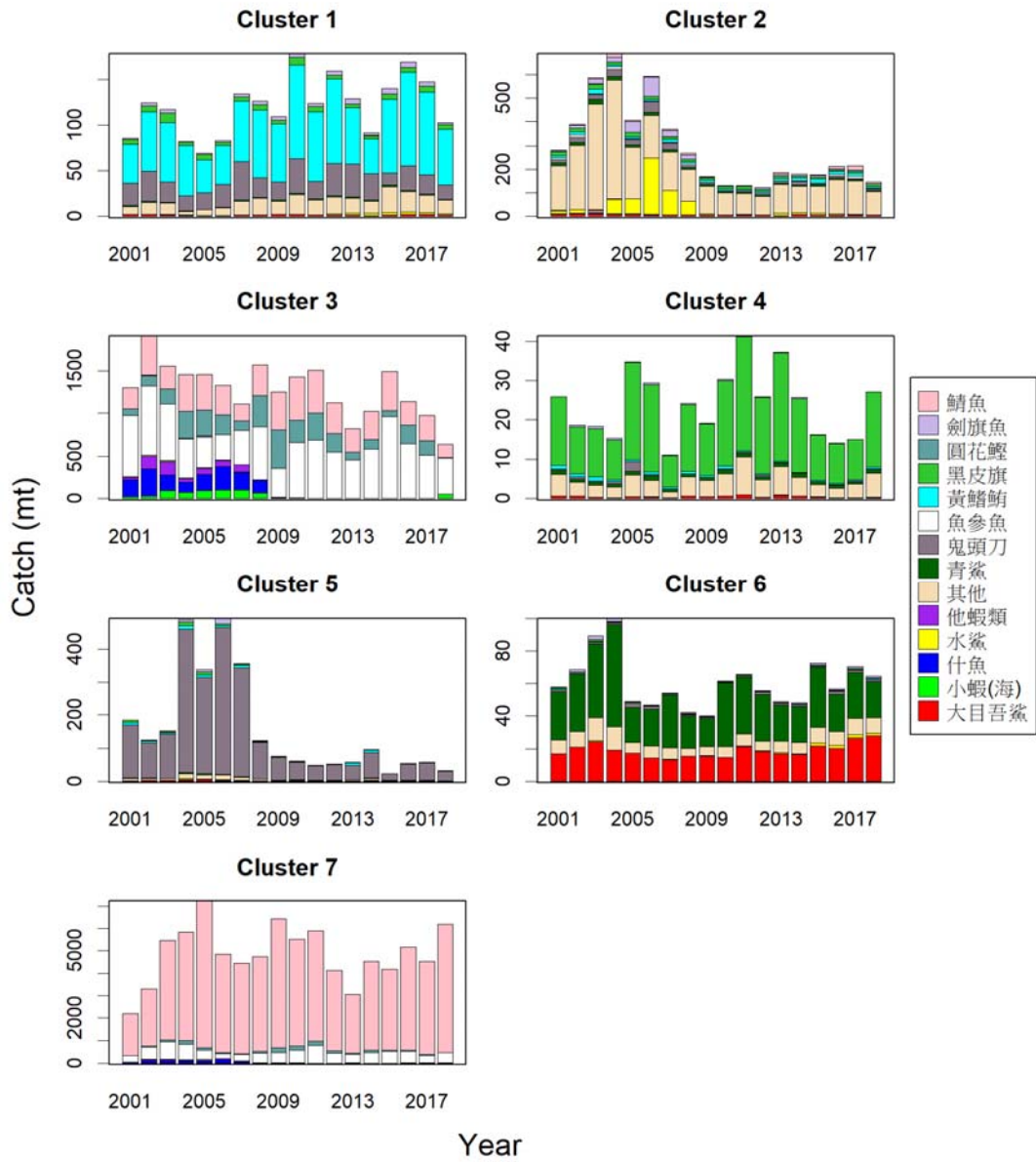


圖 17. 蘇澳區漁會拍賣資料各群集之漁獲魚種組成。

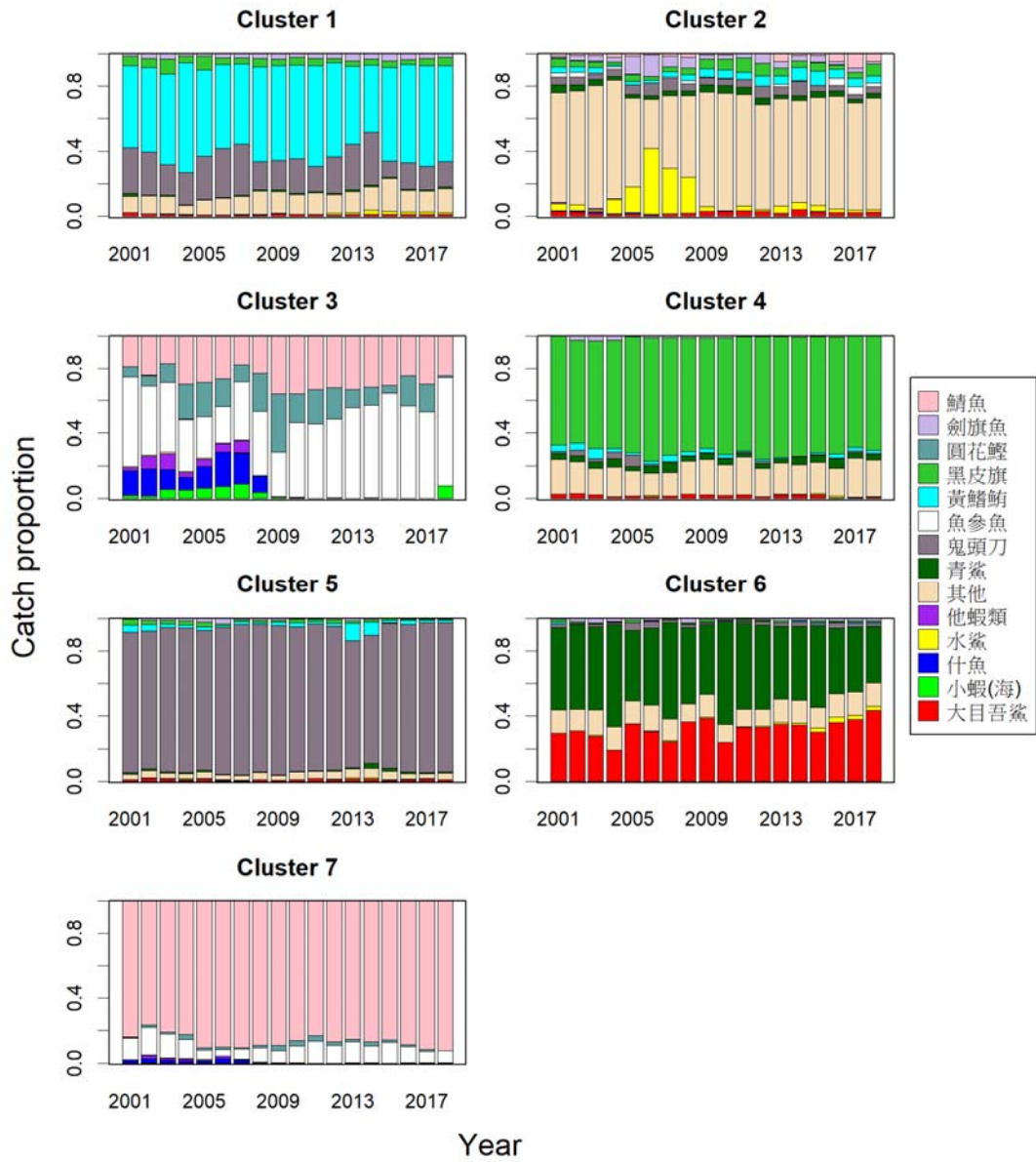


圖 17. (續)。

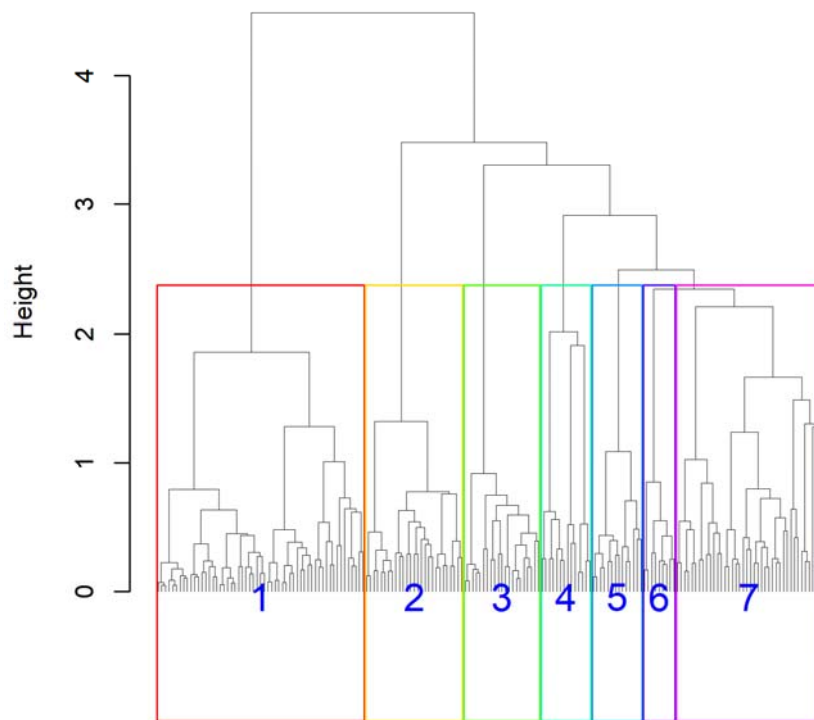
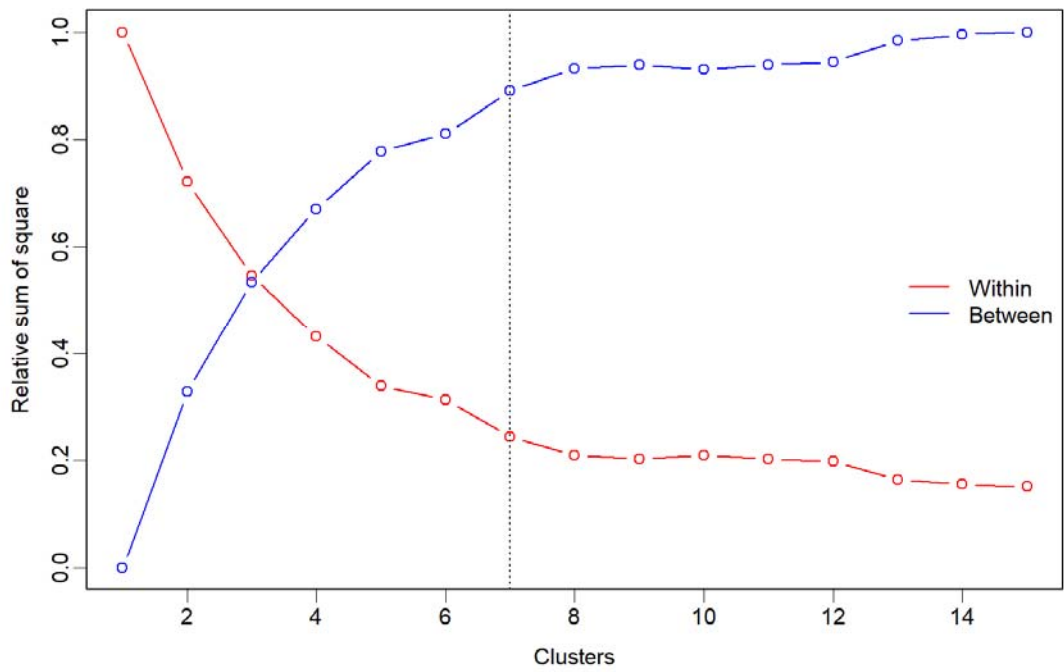


圖 18. 東港區漁會拍賣資料之群集分析結果。

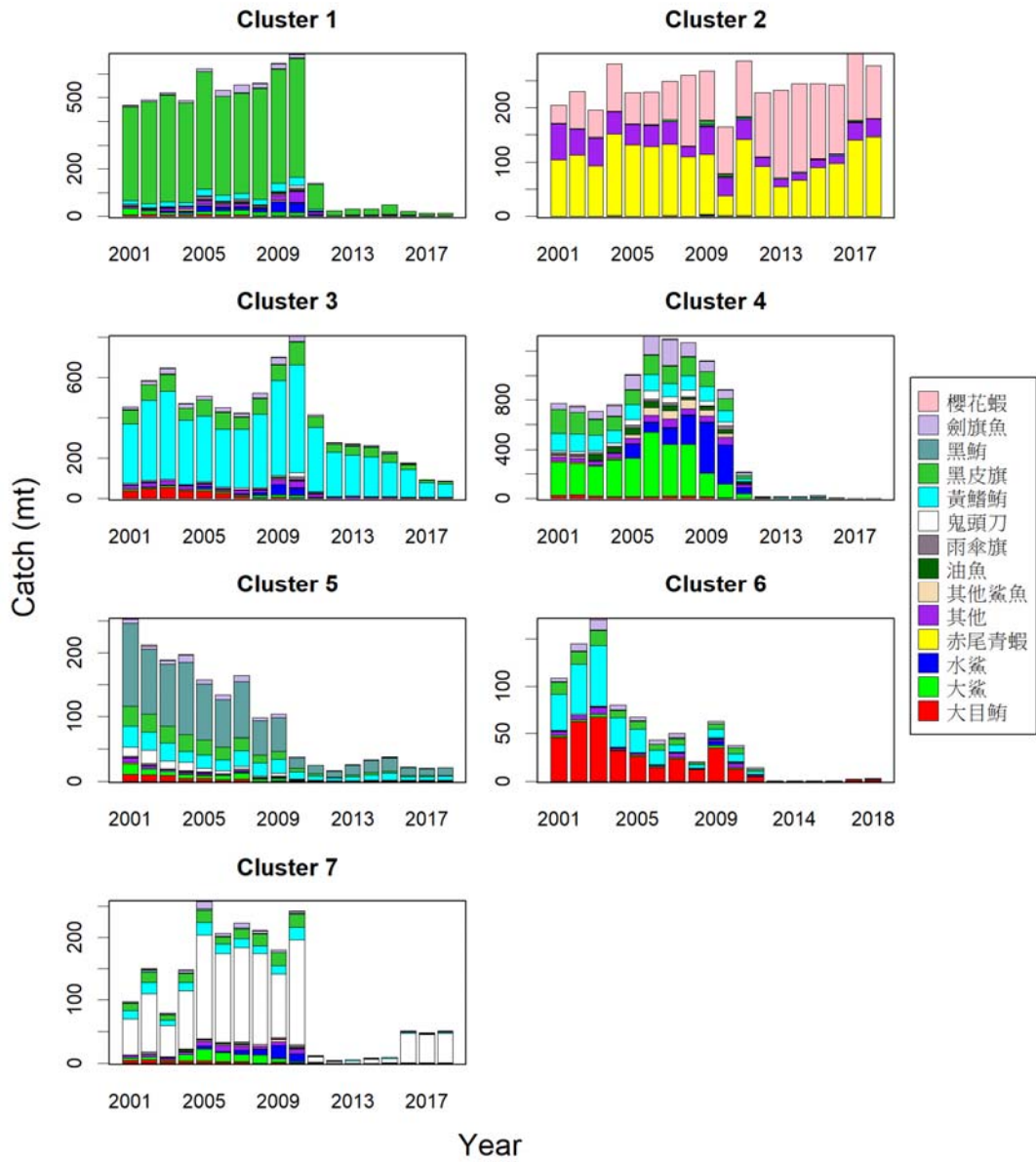


圖 19. 東港區漁會拍賣資料各群集之漁獲魚種組成。

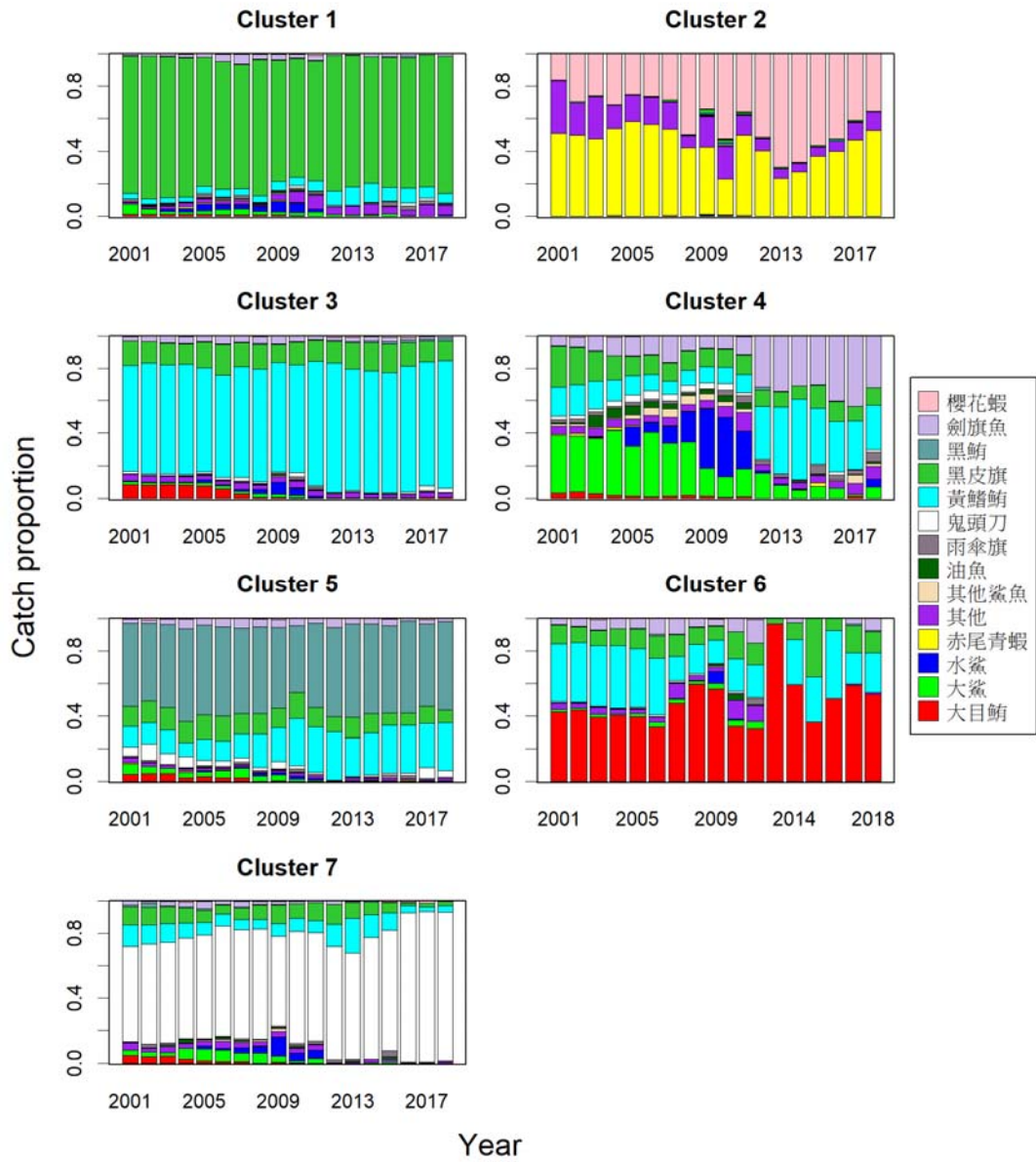


圖 19. (續)。

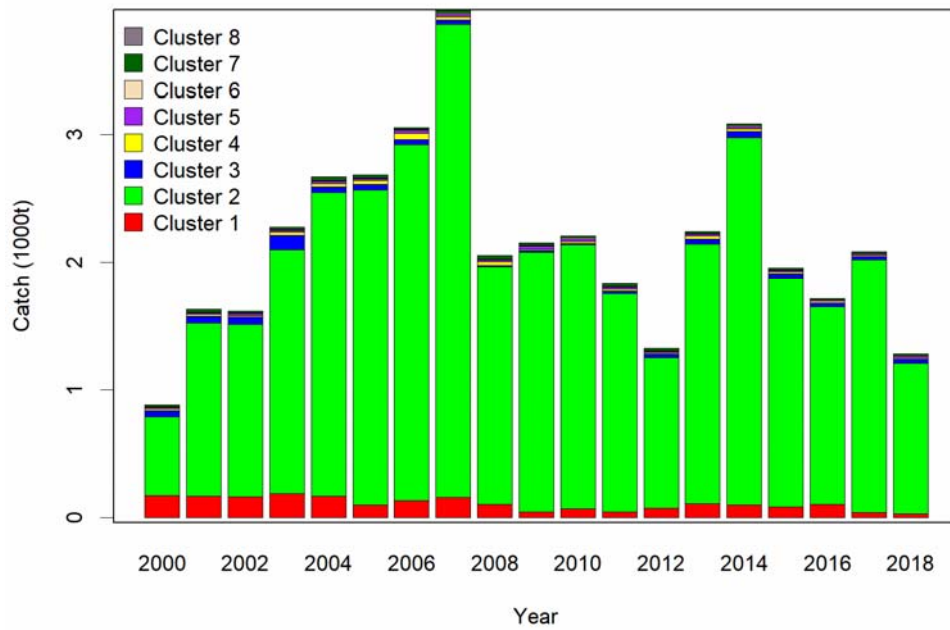


圖 20. 新港區漁會拍賣資料各群集之鬼頭刀漁獲量。

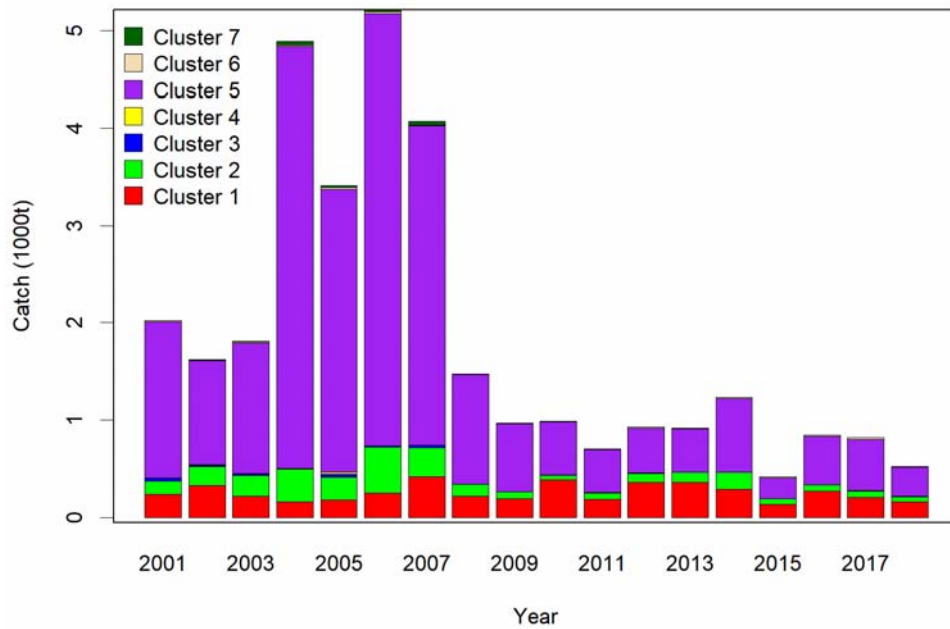


圖 21. 蘇澳區漁會拍賣資料各群集之鬼頭刀漁獲量。

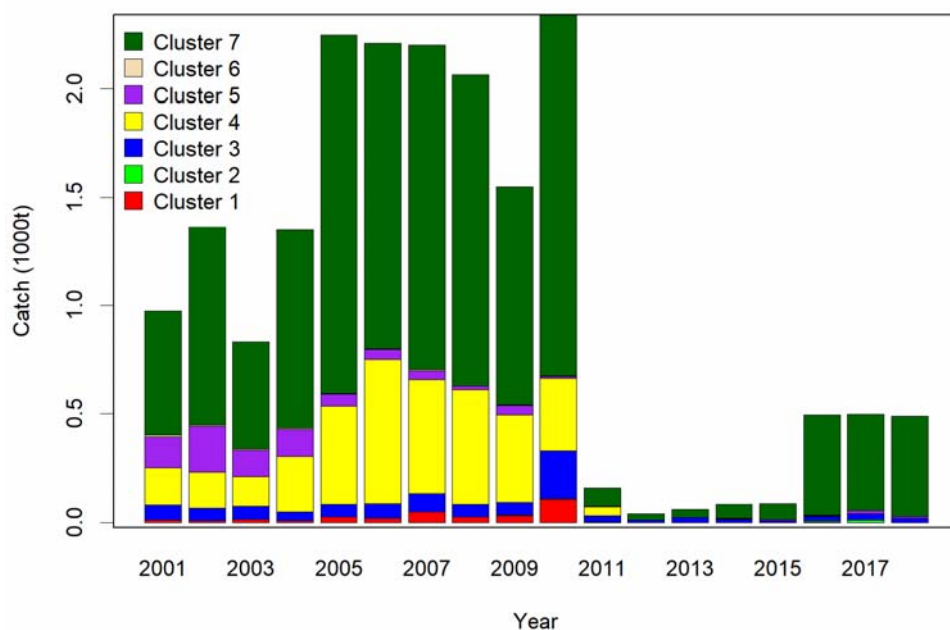


圖 22. 東港區漁會拍賣資料各群集之鬼頭刀漁獲量。

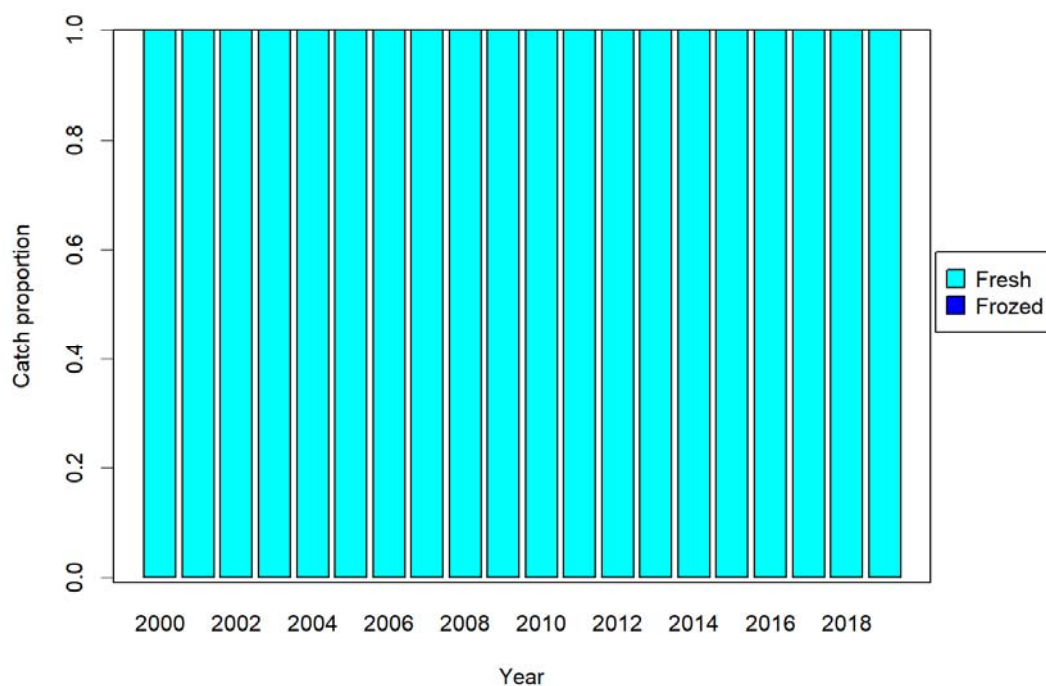


圖 23. 新港區漁會拍賣資料中鬼頭刀冷凍與生鮮漁獲之比例。

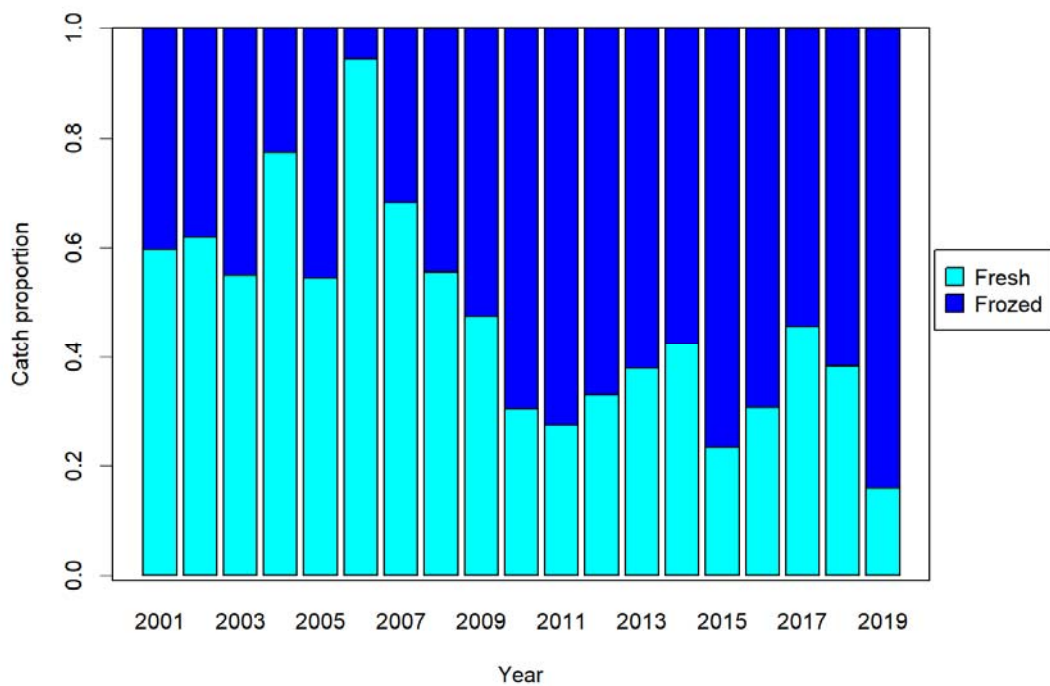


圖 24. 蘇澳區漁會拍賣資料中鬼頭刀冷凍與生鮮漁獲之比例。

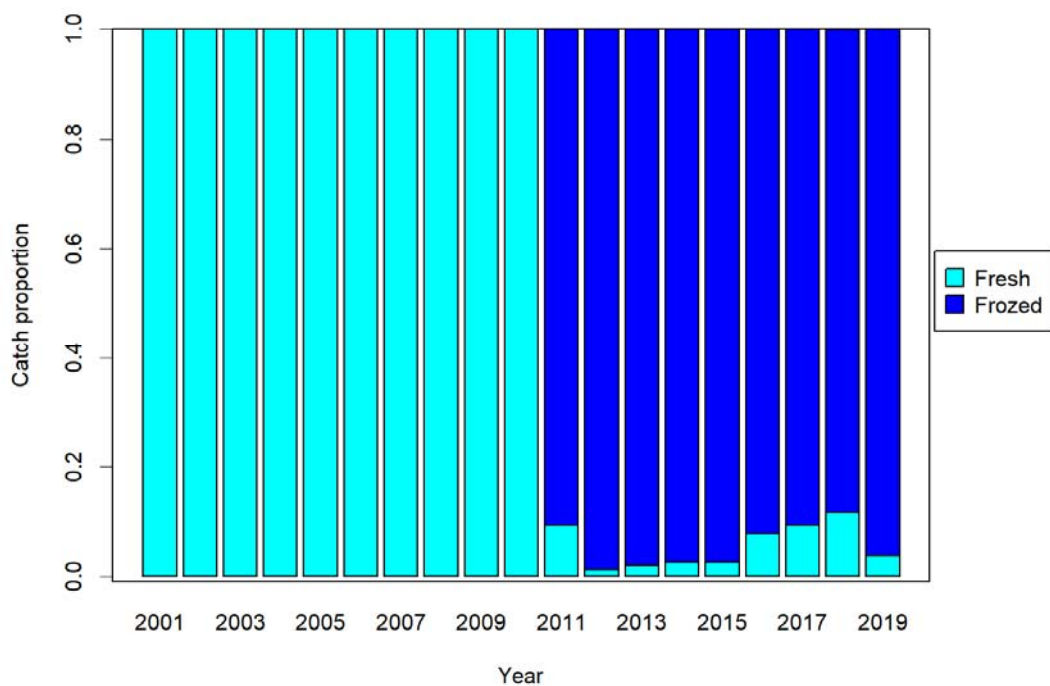


圖 25. 東港區漁會拍賣資料中鬼頭刀冷凍與生鮮漁獲之比例。

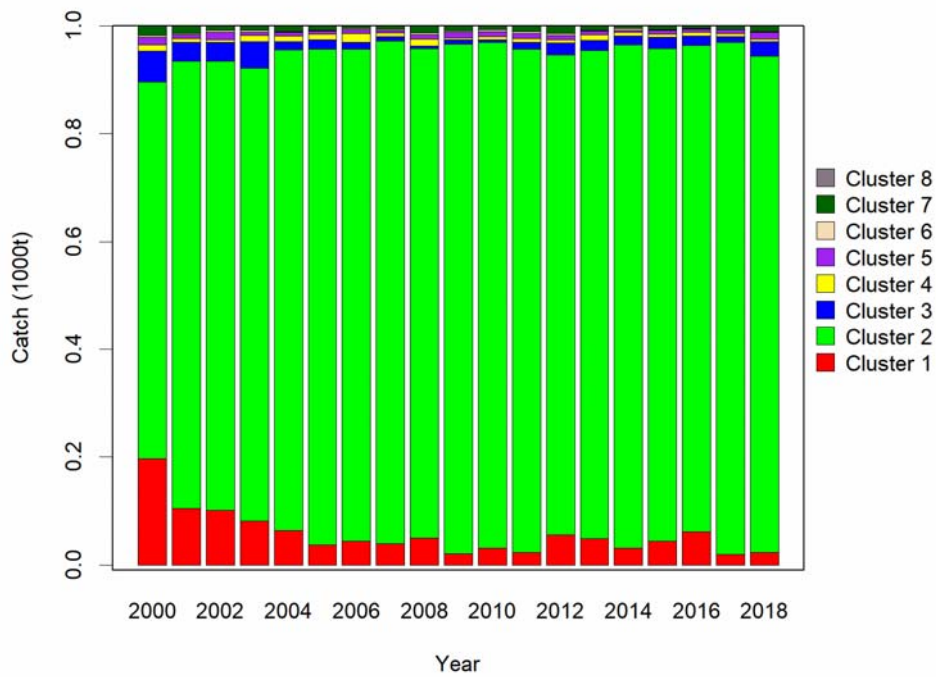


圖 26. 新港區漁會拍賣資料各群集中鬼頭刀漁獲量之比例。

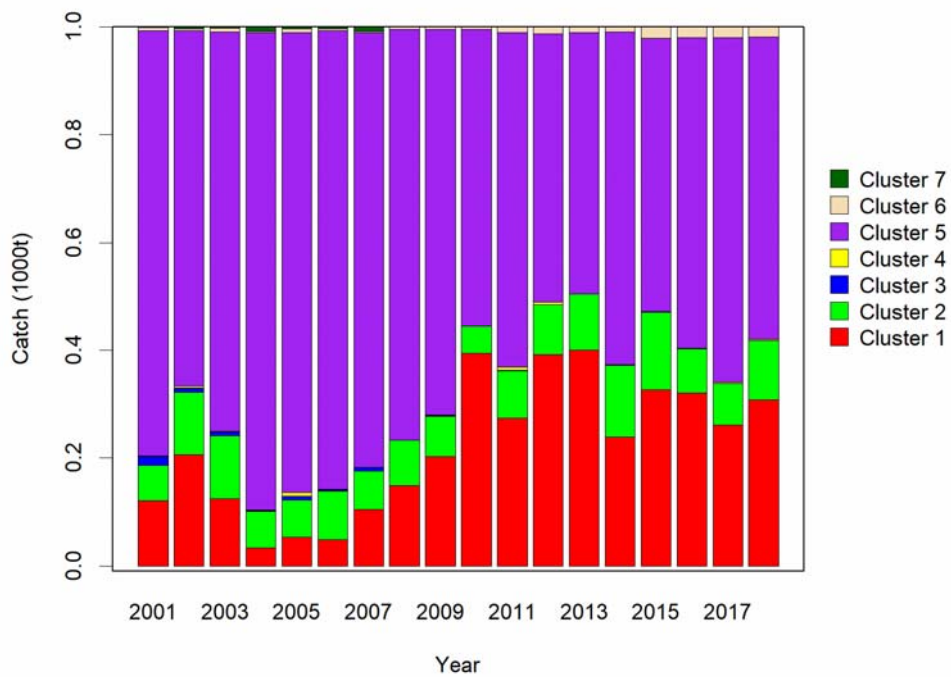


圖 27. 蘇澳區漁會拍賣資料各群集中鬼頭刀漁獲量之比例。

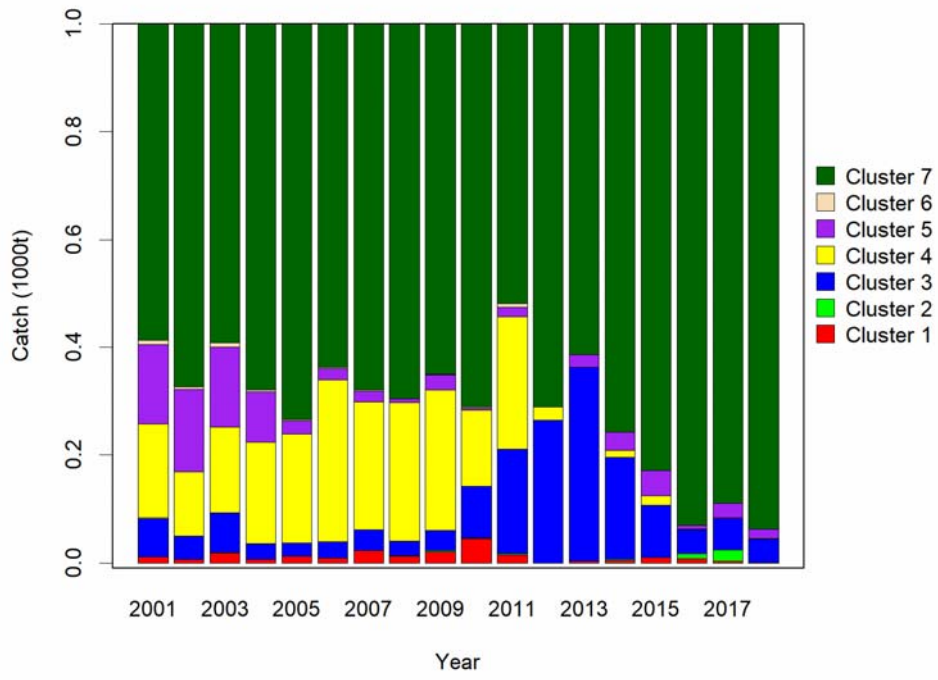


圖 28. 東港區漁會拍賣資料各群集中鬼頭刀漁獲量之比例。

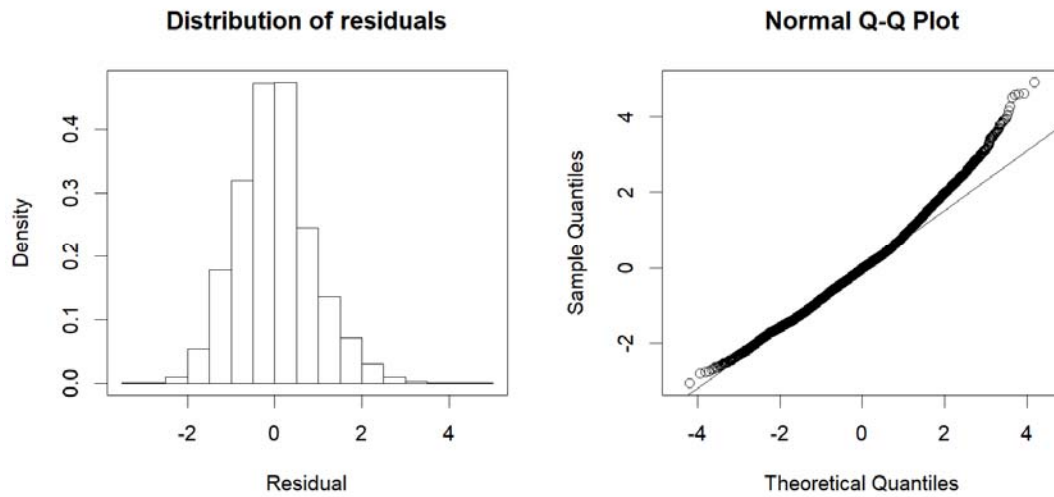


圖 29. 新港區資料之鬼頭刀年別 CPUE 標準化之殘差分布及常態機率圖 (Quantile-Quantile Plot)。

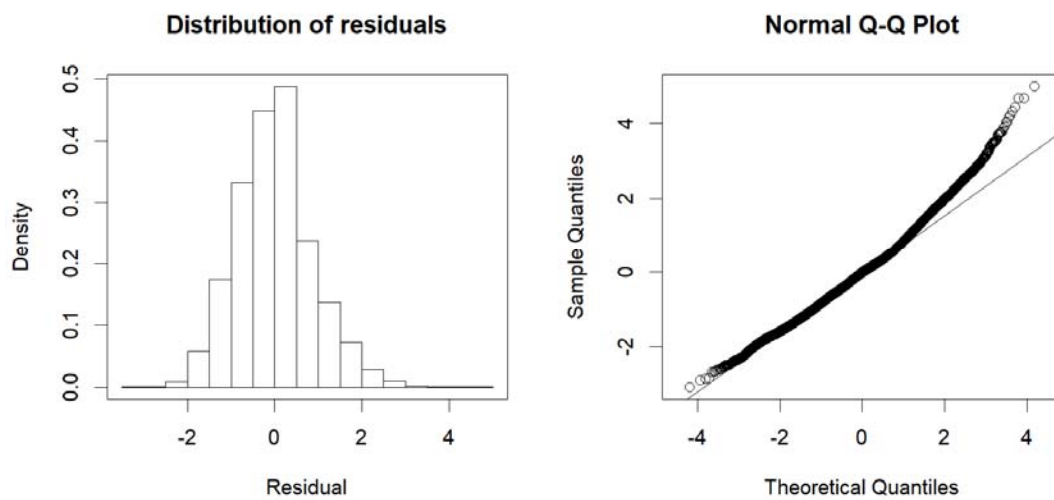


圖 30. 新港區資料之鬼頭刀季別 CPUE 標準化之殘差分布及常態機率圖 (Quantile-Quantile Plot)。

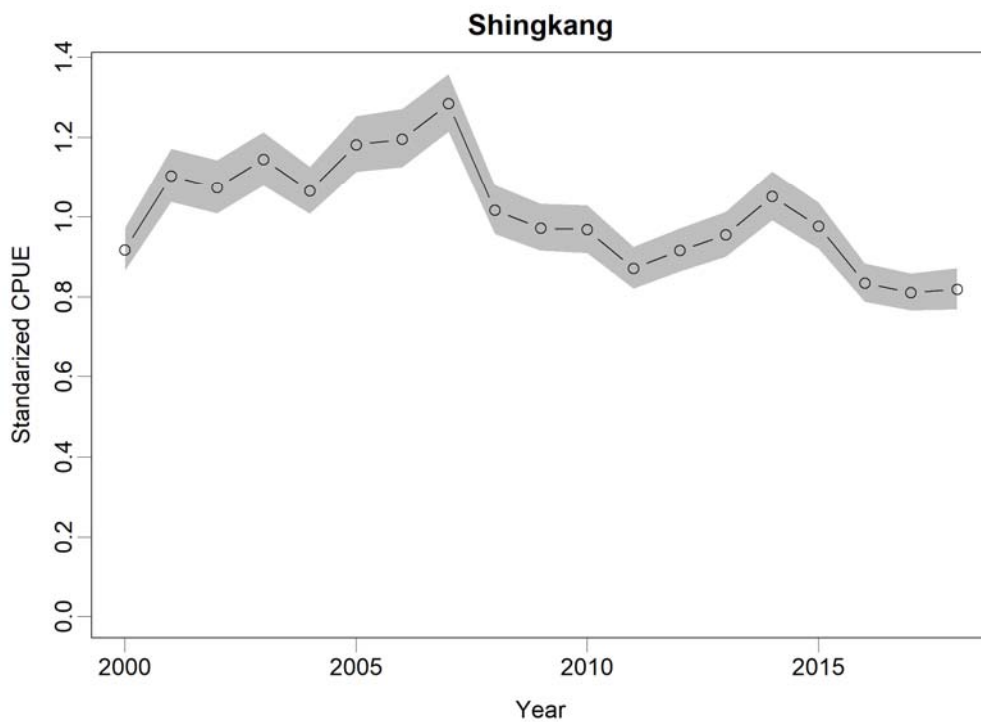


圖 31. 新港區資料之鬼頭刀年別標準化 CPUE(灰色區域為 95%信賴區間)。

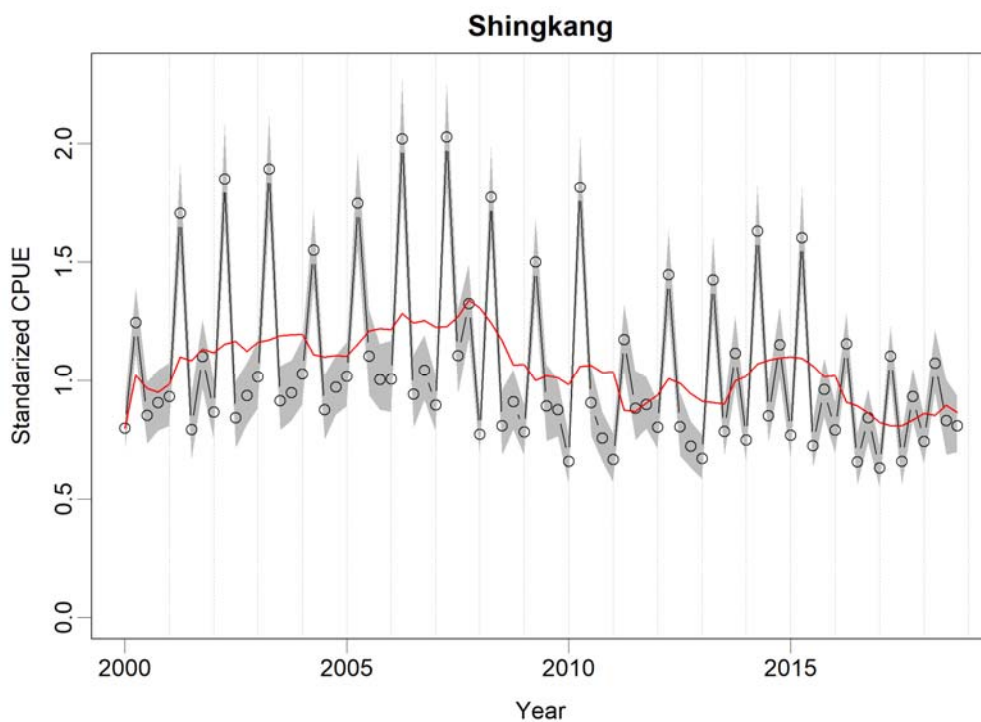


圖 32. 新港區資料之鬼頭刀季別標準化 CPUE(灰色區域為 95%信賴區間)。

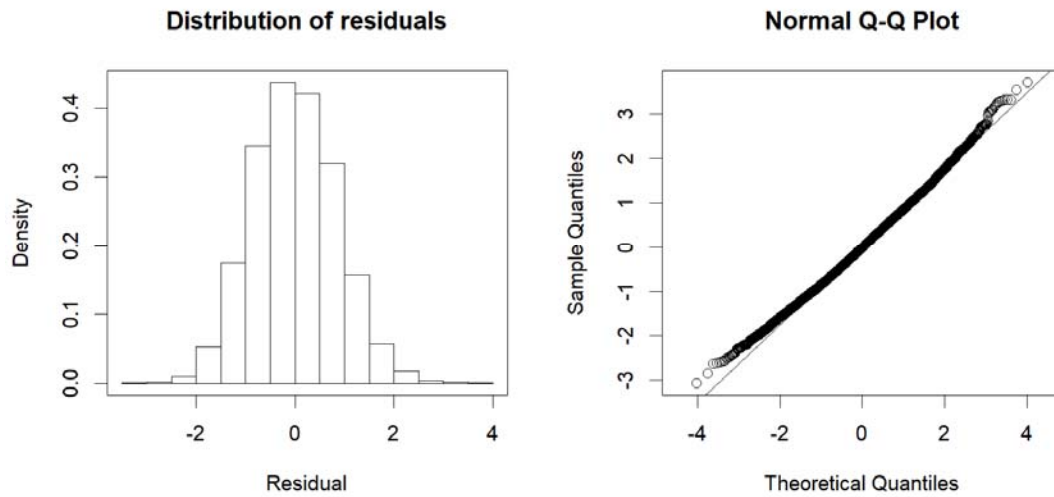


圖 33. 蘇澳區資料之鬼頭刀年別 CPUE 標準化之殘差分布及常態機率圖 (Quantile-Quantile Plot)。

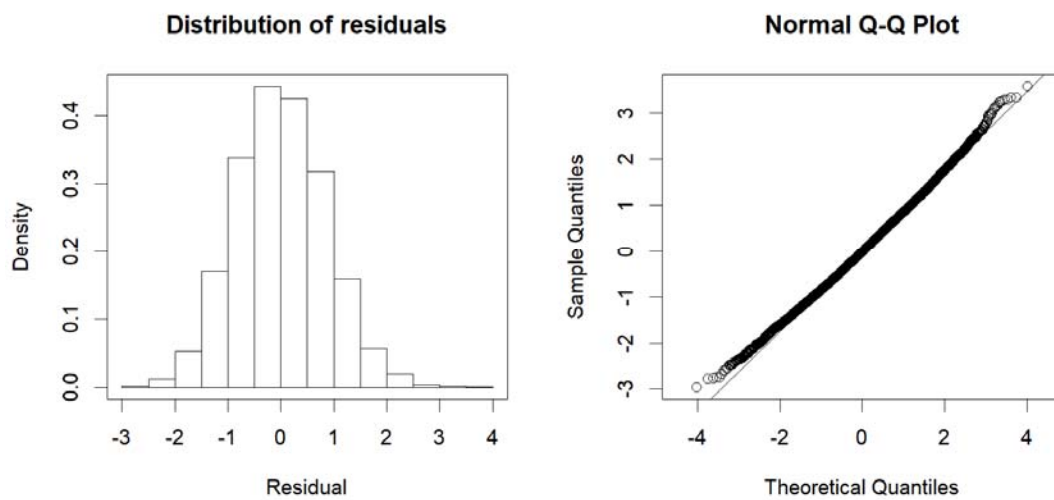


圖 34. 蘇澳區資料之鬼頭刀季別 CPUE 標準化之殘差分布及常態機率圖 (Quantile-Quantile Plot)。

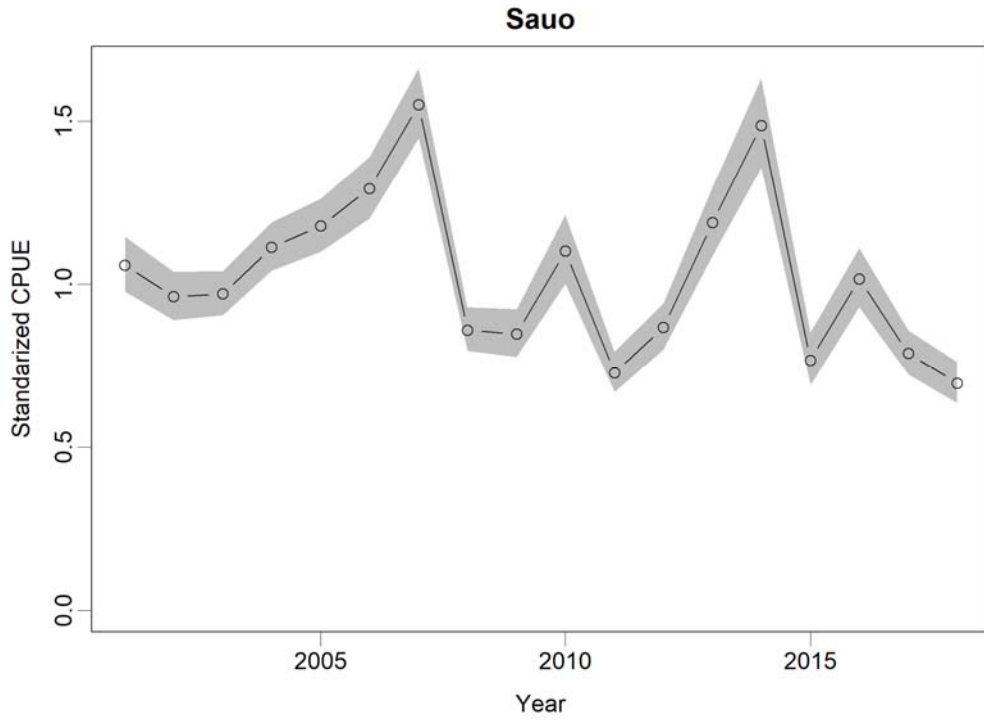


圖 35. 蘇澳區資料之鬼頭刀年別標準化 CPUE(灰色區域為 95%信賴區間)。

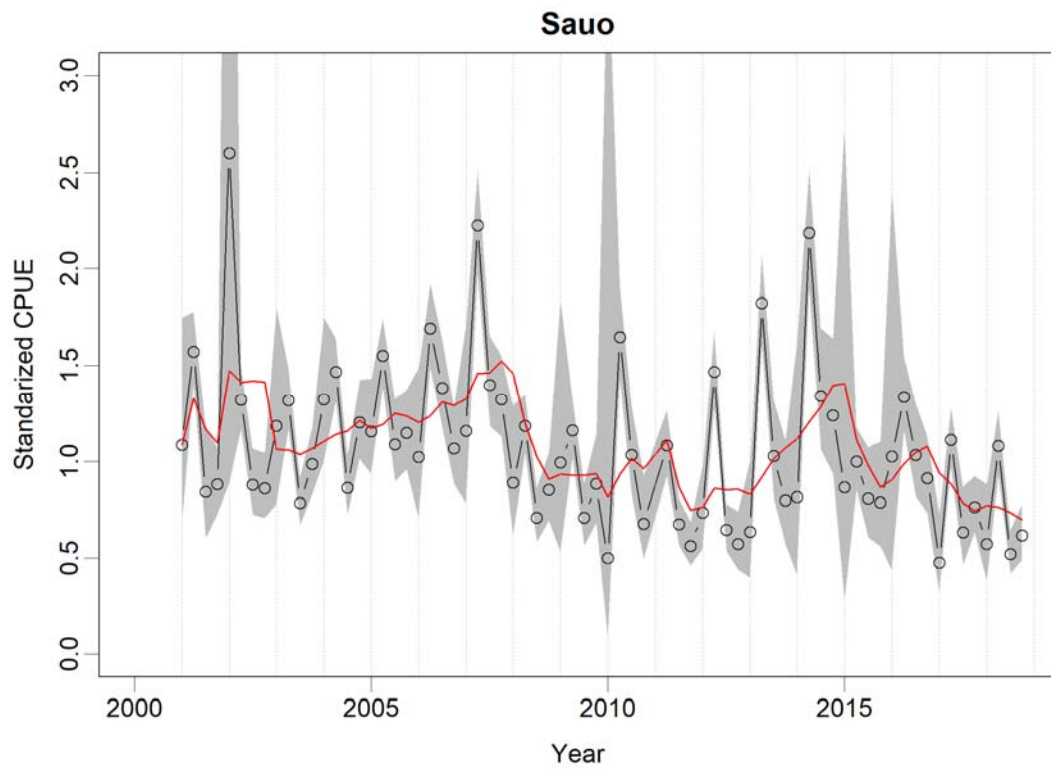


圖 36. 蘇澳區資料之鬼頭刀季別標準化 CPUE(灰色區域為 95%信賴區間)。

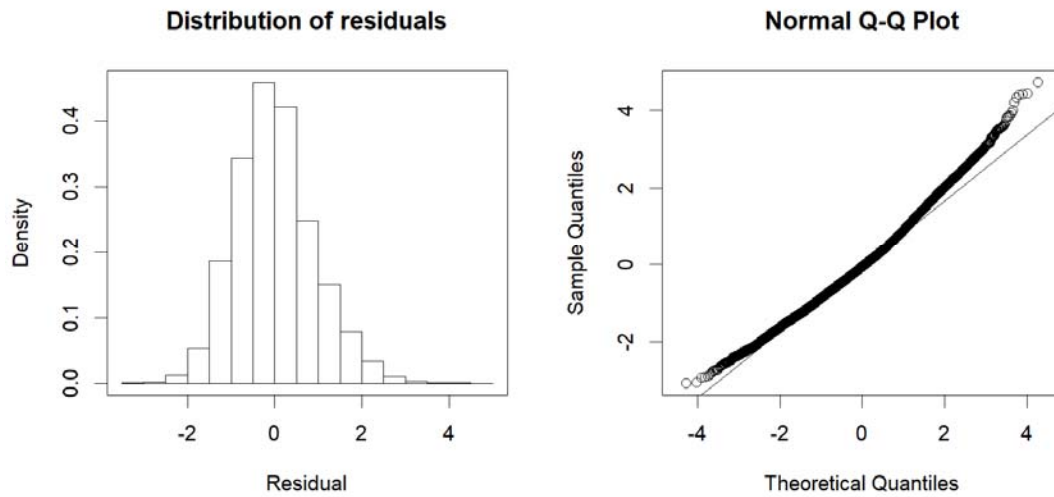


圖 37. 整合新港及蘇澳區資料之鬼頭刀年別 CPUE 標準化之殘差分布及常態機率圖(Quantile-Quantile Plot)。

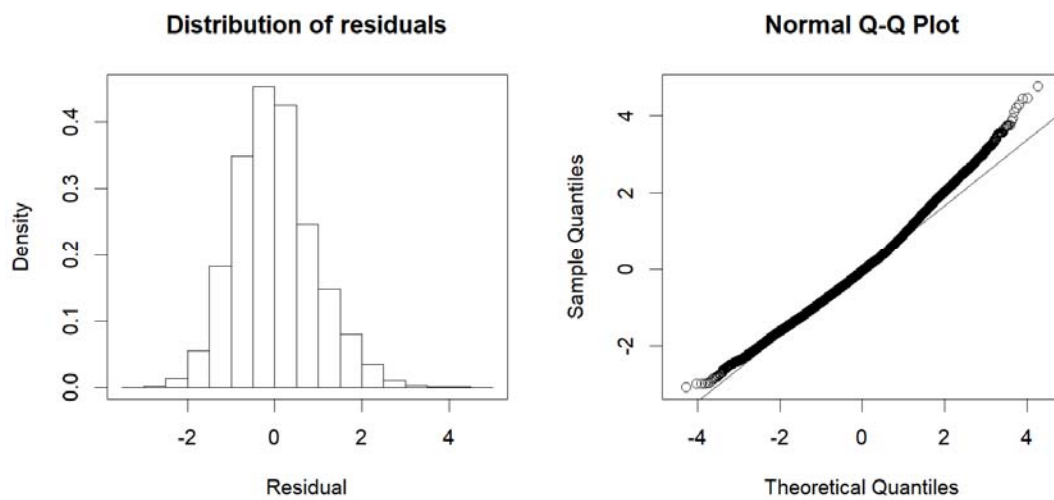


圖 38. 整合新港及蘇澳區資料之鬼頭刀季別 CPUE 標準化之殘差分布及常態機率圖(Quantile-Quantile Plot)。

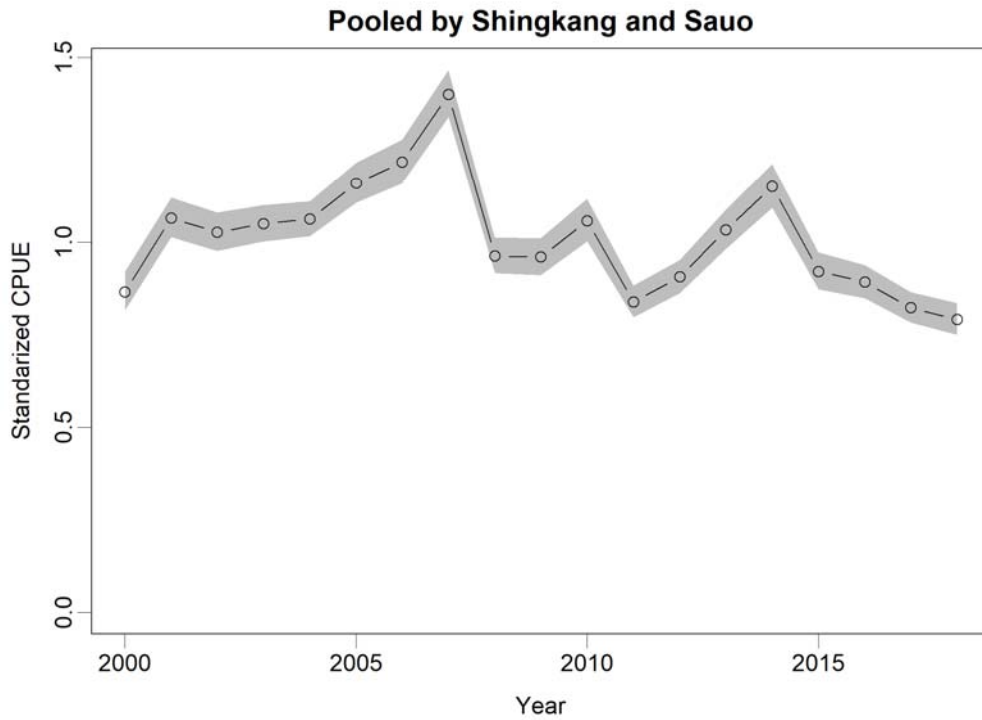


圖 39. 整合新港及蘇澳區資料之鬼頭刀年別標準化 CPUE(灰色區域為 95%信賴區間)。

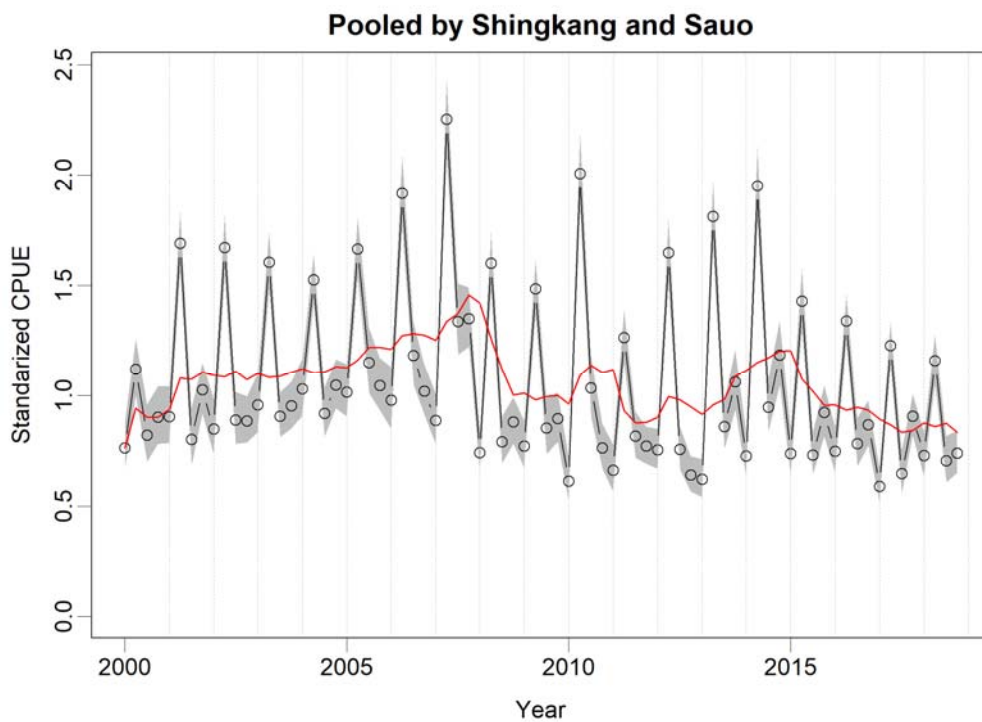


圖 40. 整合新港及蘇澳區資料之鬼頭刀季別標準化 CPUE (灰色區域為 95%信賴區間)。

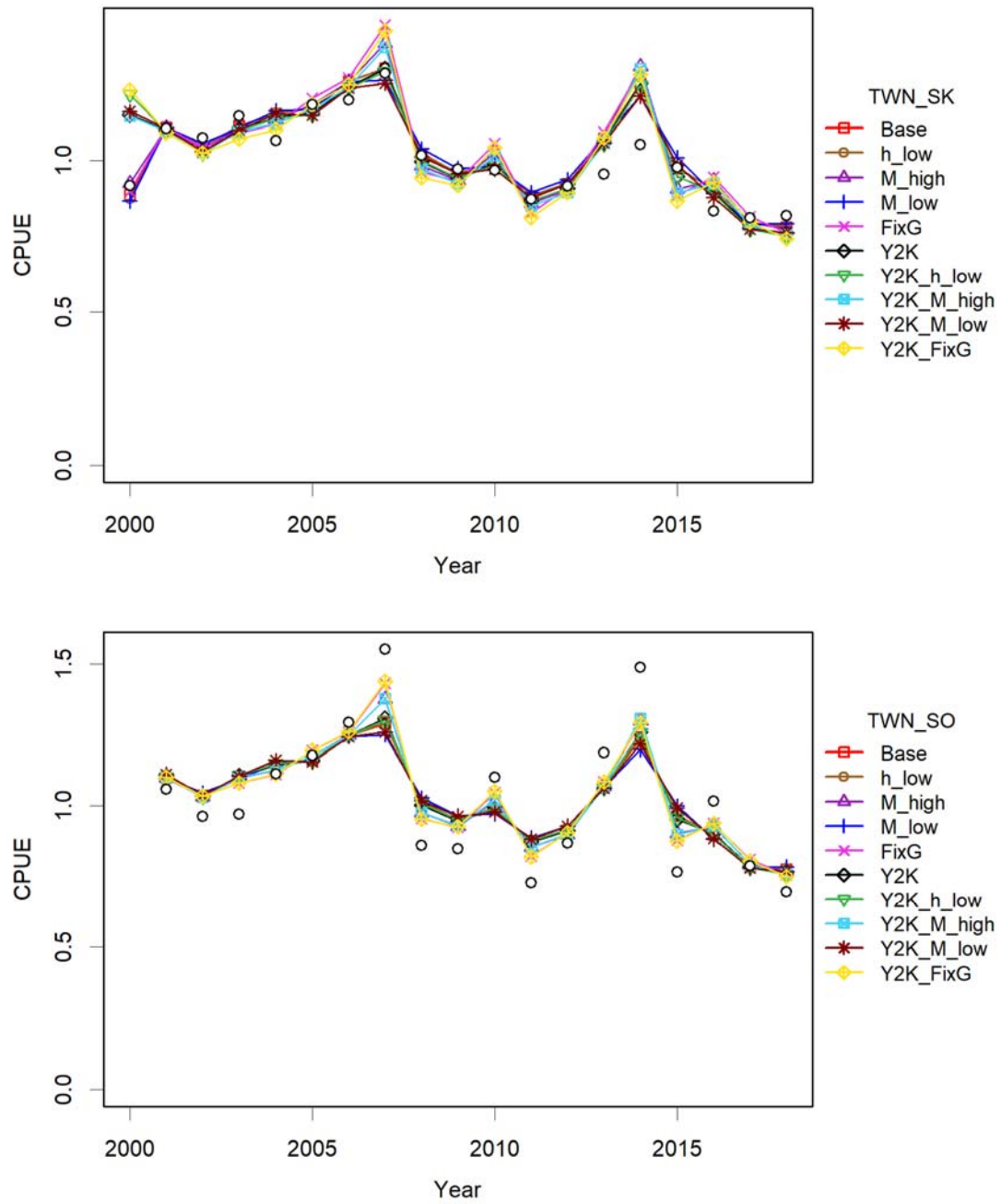


圖 41. 本研究各情境模式對於新港及蘇澳 CPUE 之套適情形。

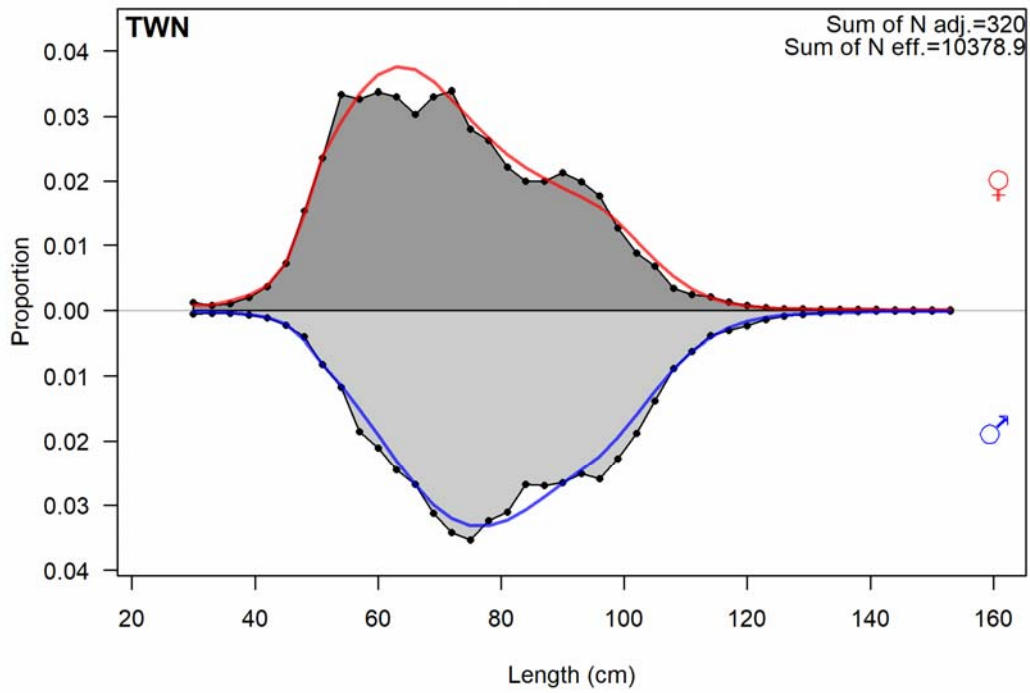
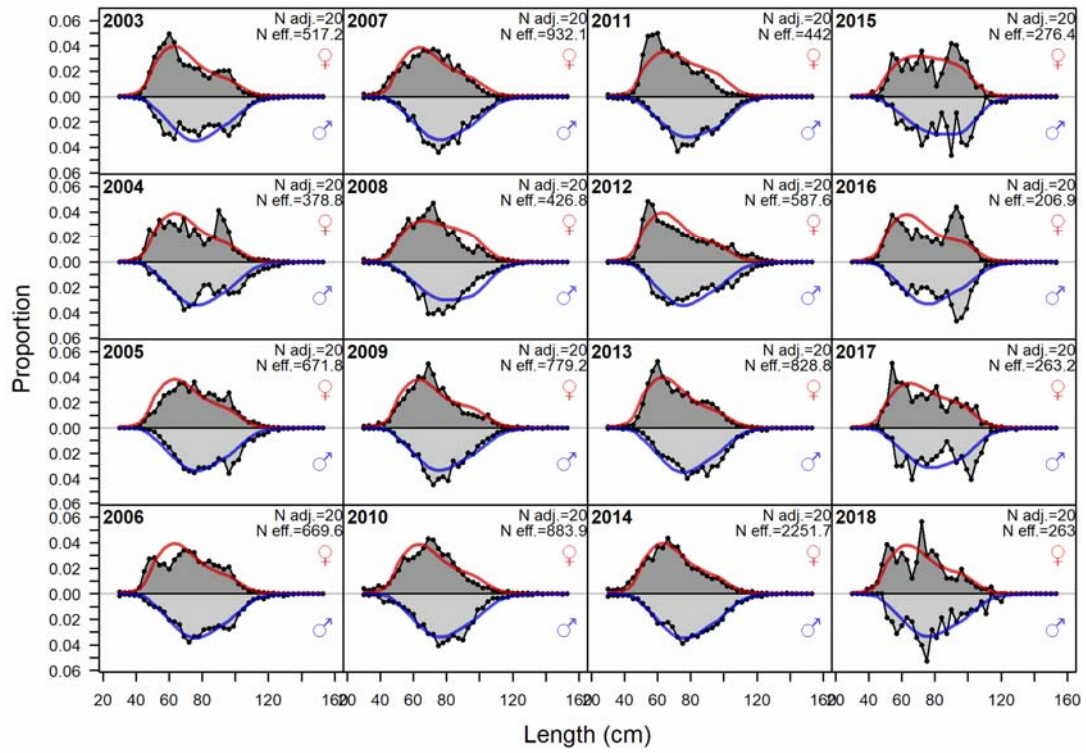


圖 42. 基礎情境下模式對於體長頻度套適情形(上：歷年；下：彙集各年)。

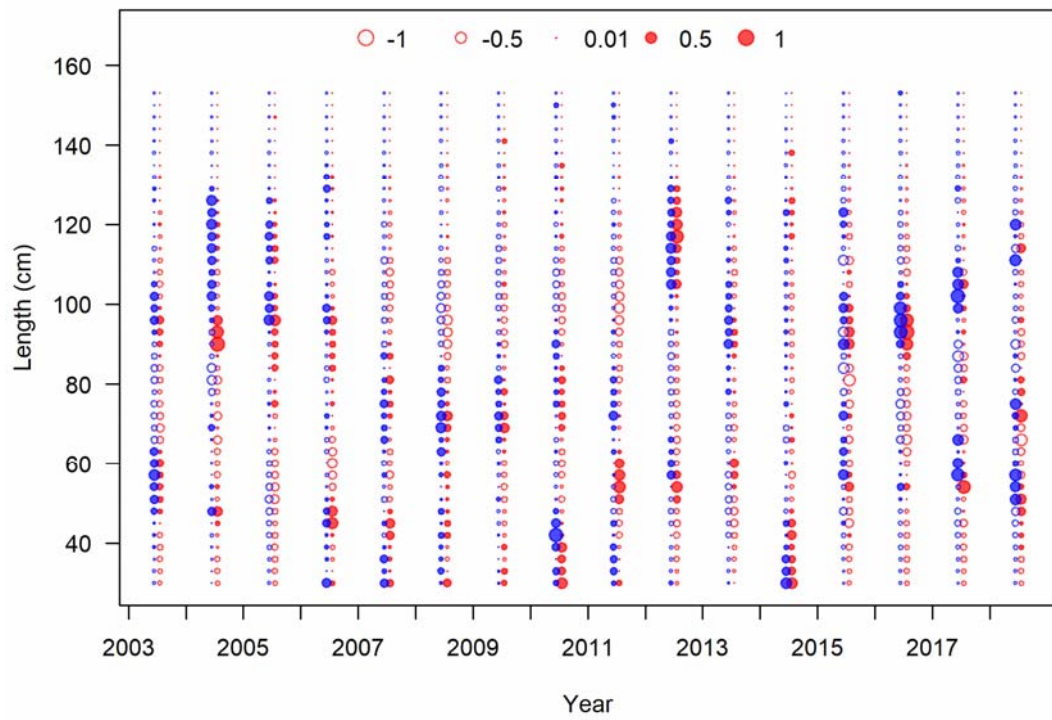


圖 43. 基礎情境下模式對於歷年體長頻度套適程度之殘差分布圖。

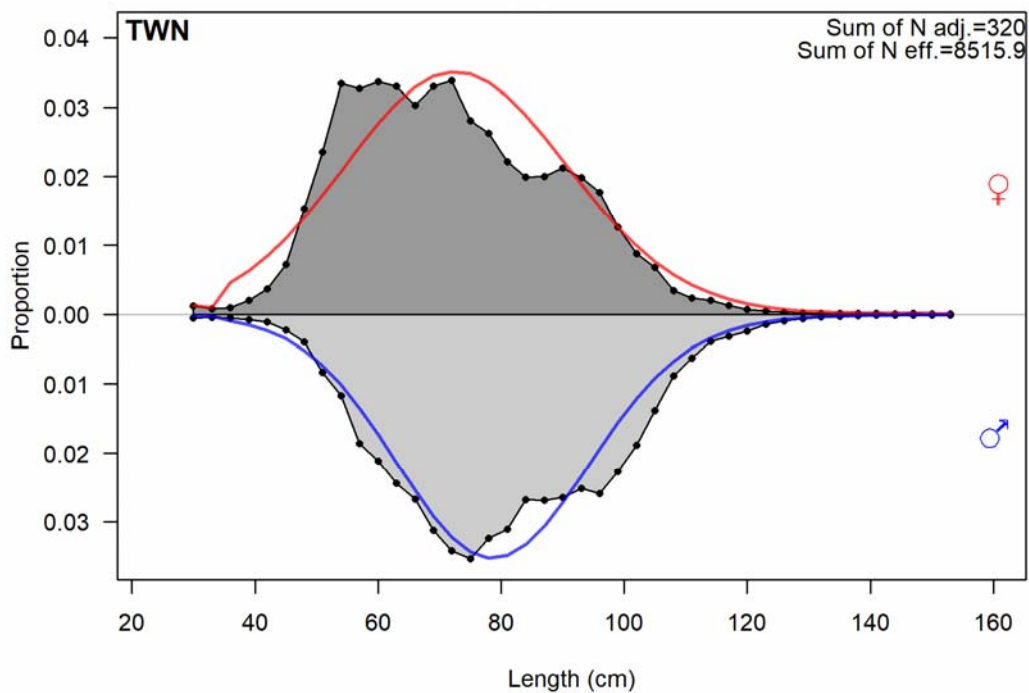
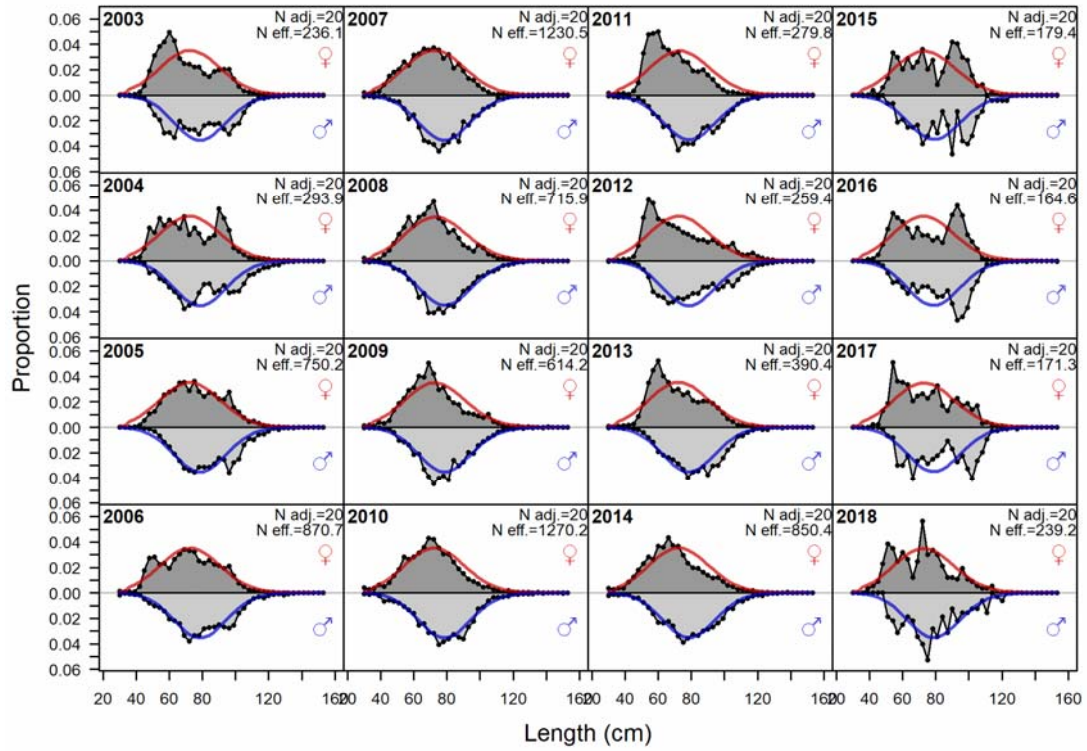


圖 44. 固定於前人研究之成長參數情境下模式對於體長頻度套適情形(上：歷年；下：彙集各年)。

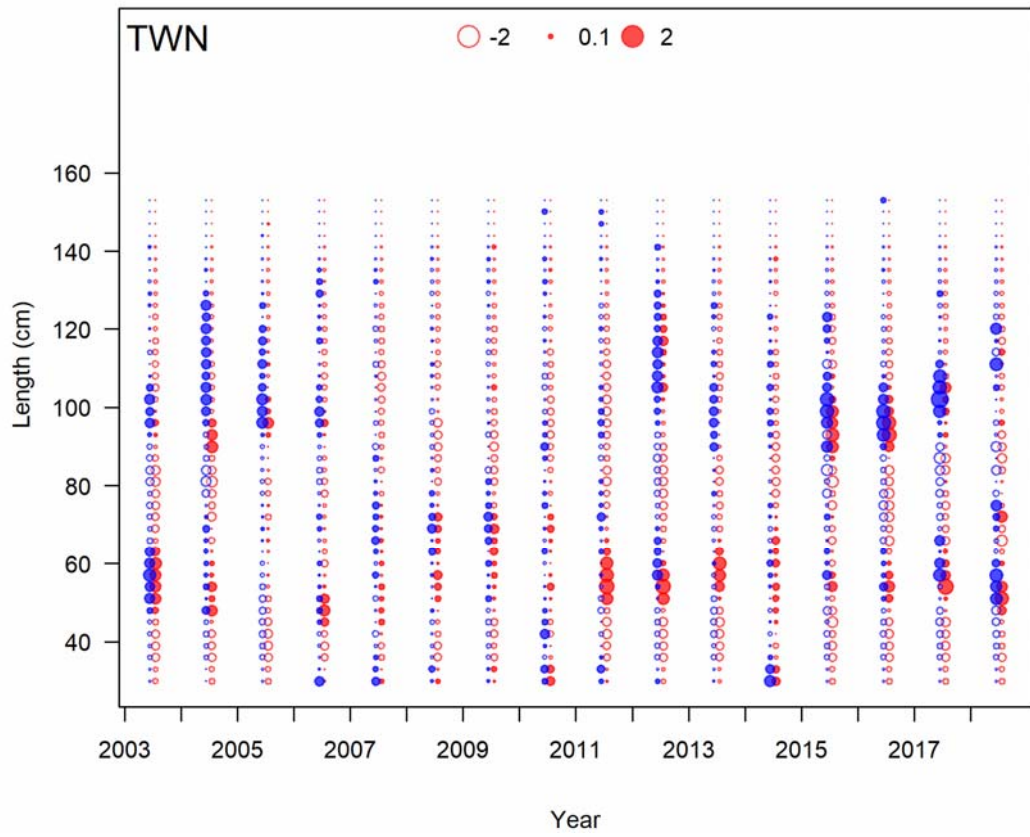


圖 45. 固定於前人研究之成長參數情境下模式對於歷年體長頻度套適程度之殘差分布圖。

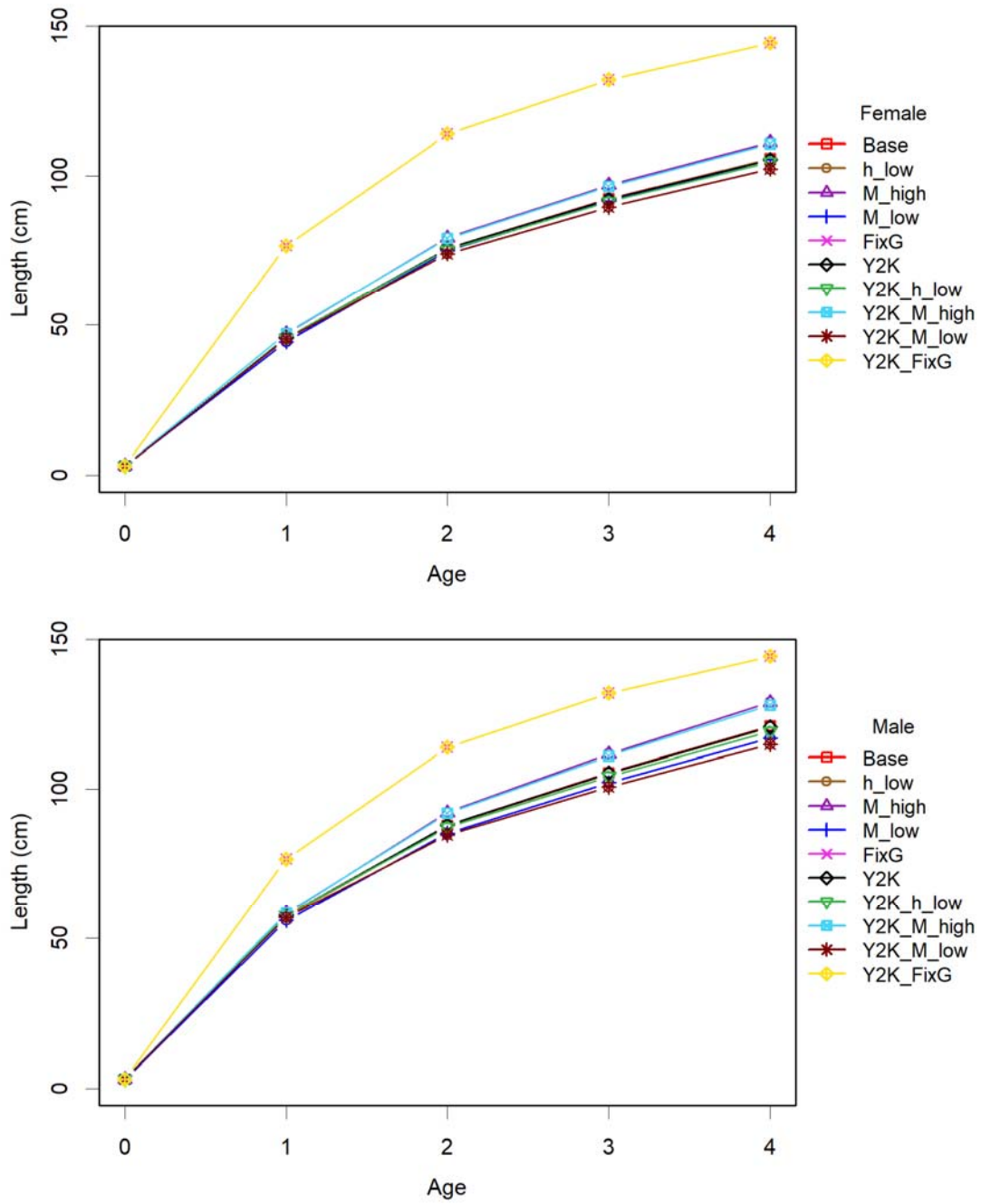


圖 46. 各情境模式所估計之西北太平洋雌雄魚別鬼頭刀成長曲線。

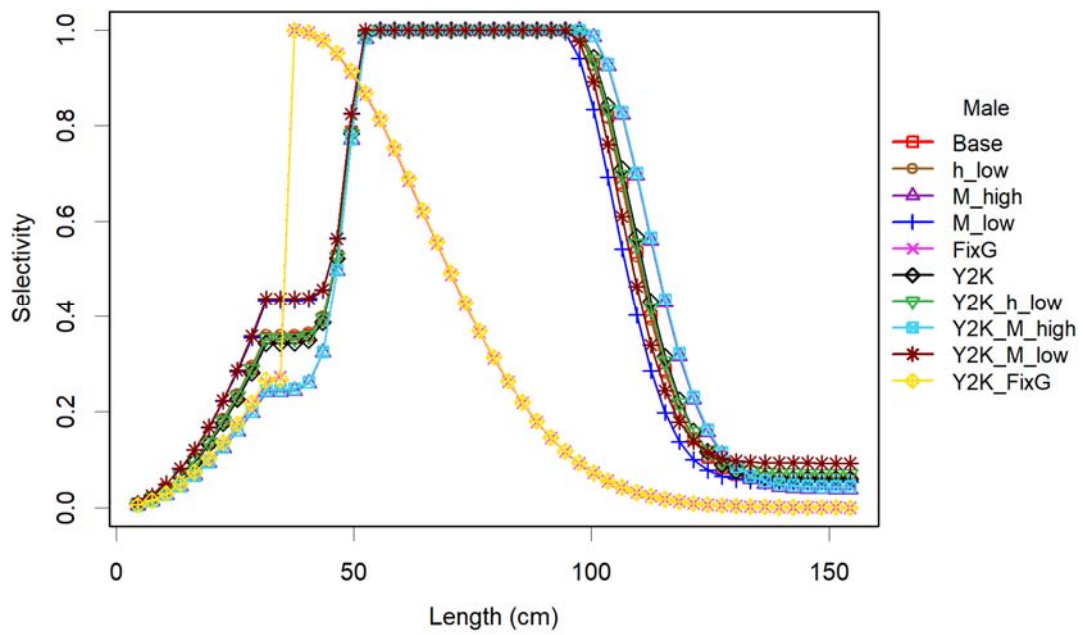
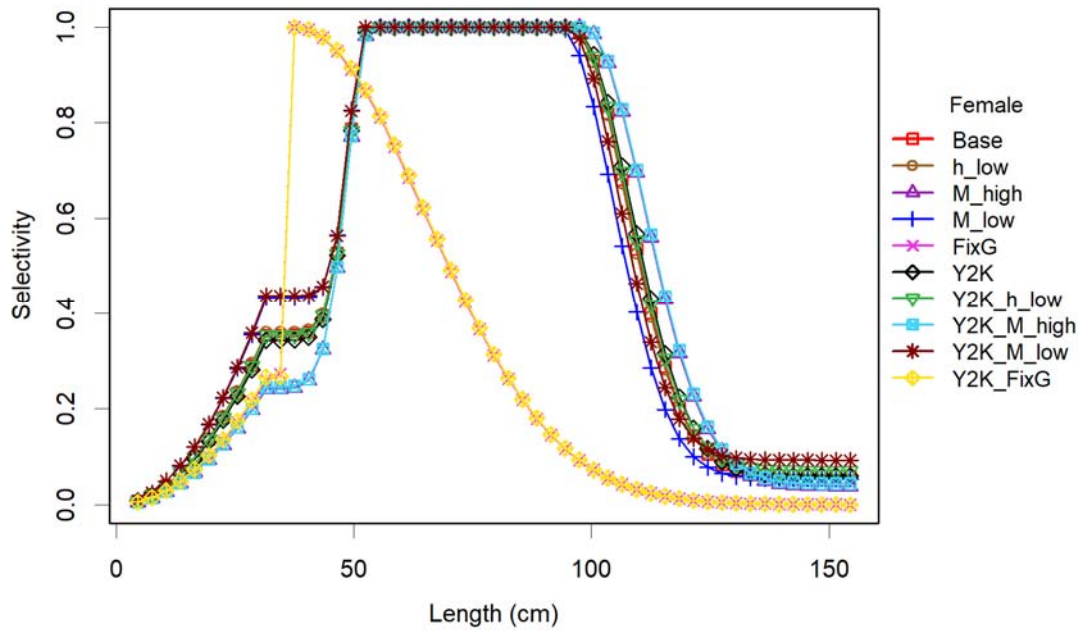


圖 47. 各情境下模式所估計西北太平洋雌雄別鬼頭刀之體長別漁具選擇性。

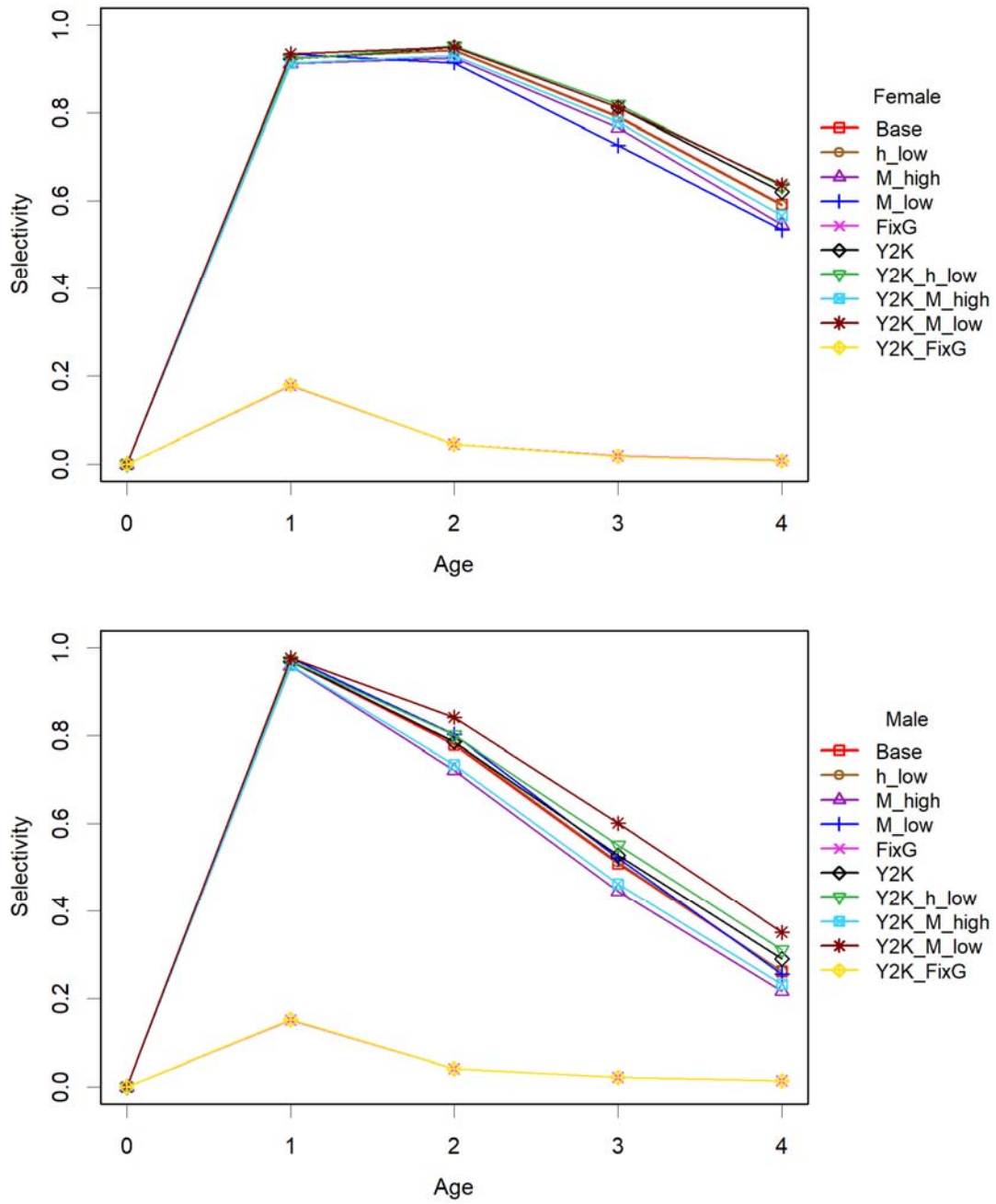


圖 48. 各情境下模式所估計西北太平洋雌雄別鬼頭刀之年齡別漁具選擇性。

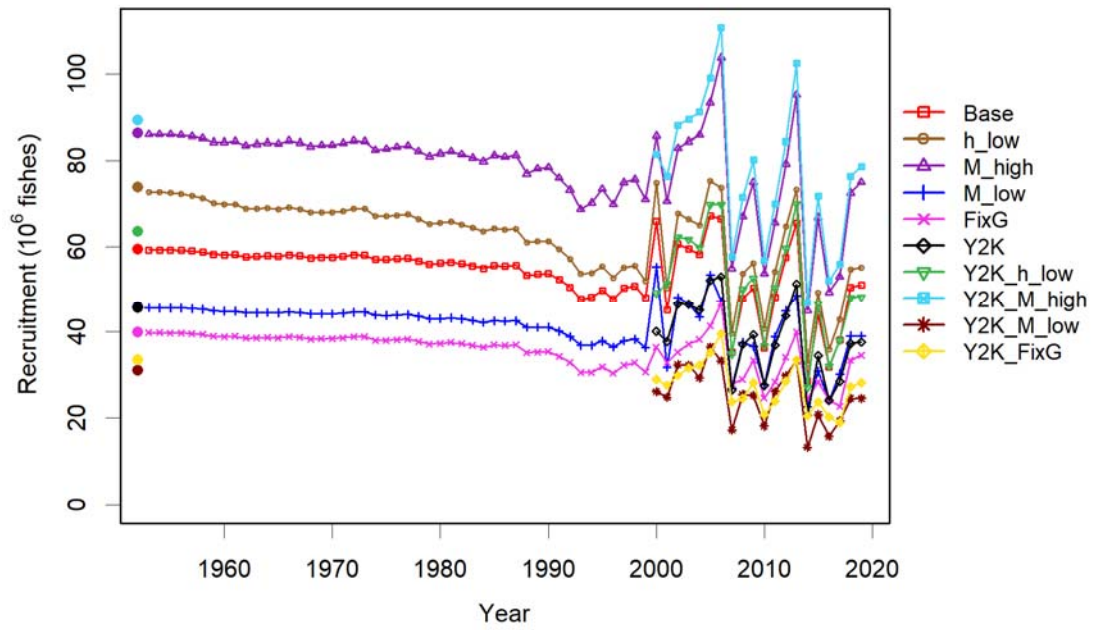


圖 49. 各情境模式所估計之歷年西北太平洋鬼頭刀加入量變動趨勢。

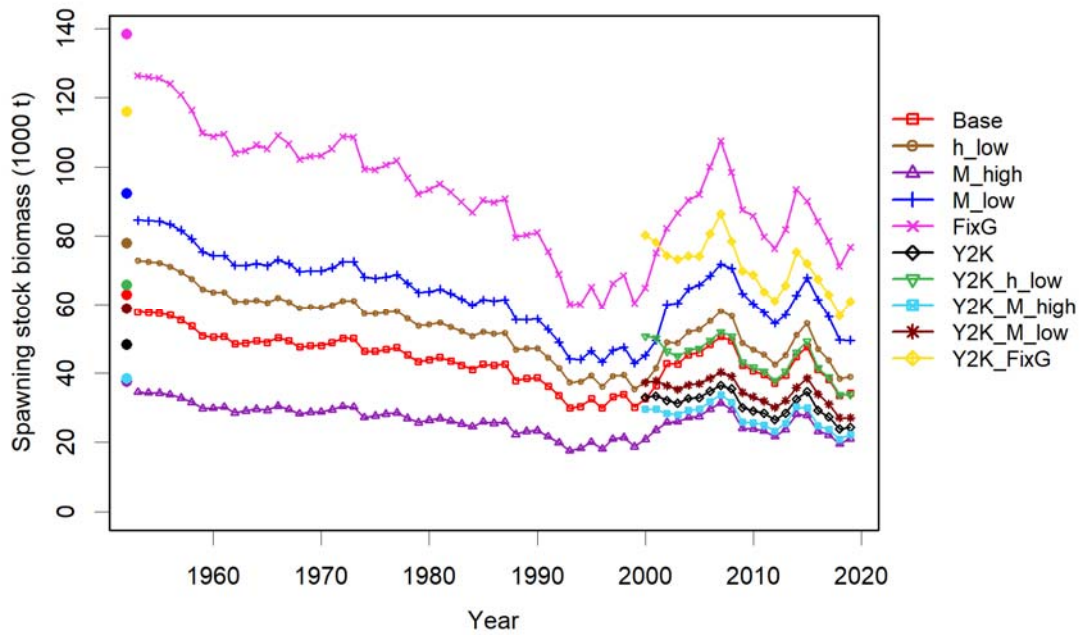


圖 50. 各情境模式所估計之歷年西北太平洋鬼頭刀親魚量變動趨勢。

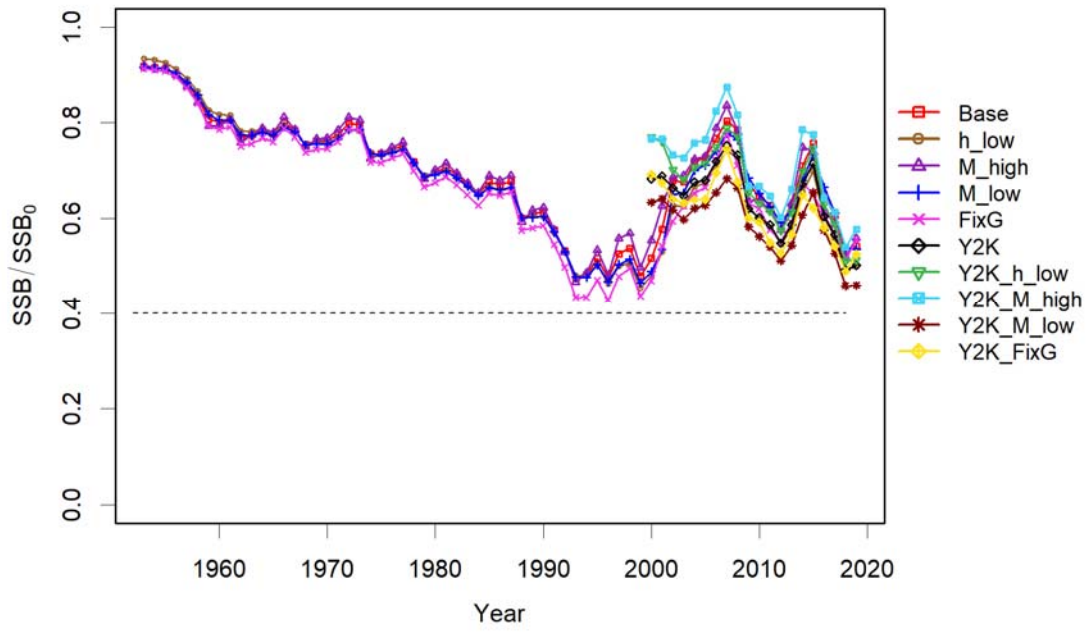


圖 51. 歷年西北太平洋鬼頭刀親魚量相對於初始親魚量水準(SSB/SSB₀)之變動趨勢。

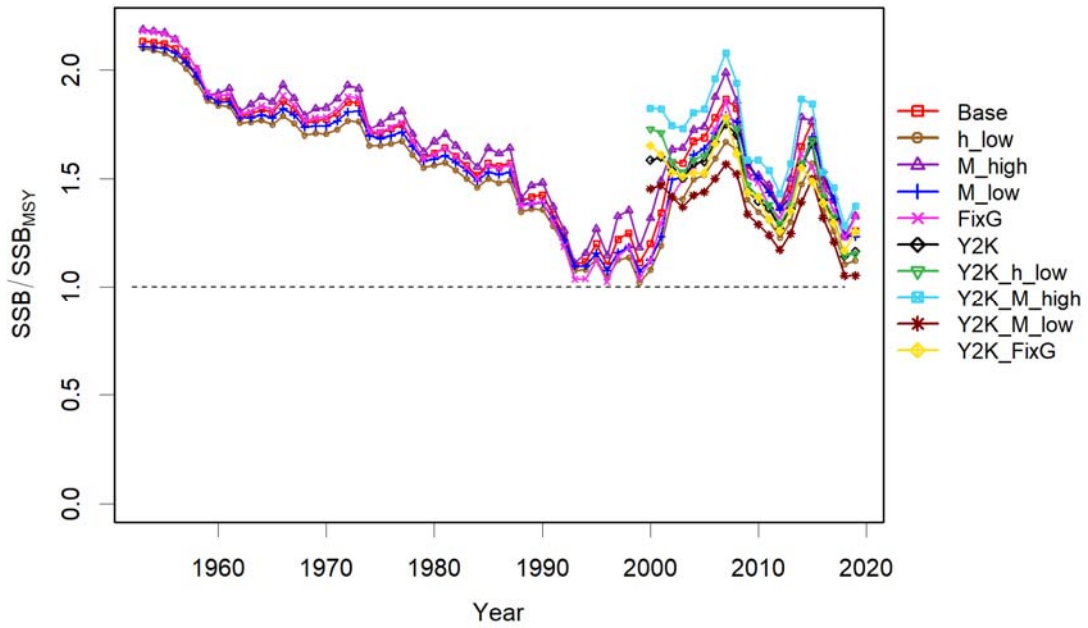


圖 52. 歷年西北太平洋鬼頭刀親魚量相對於 MSY 水準下親魚量(SSB/SSB_{MSY})之變動趨勢。

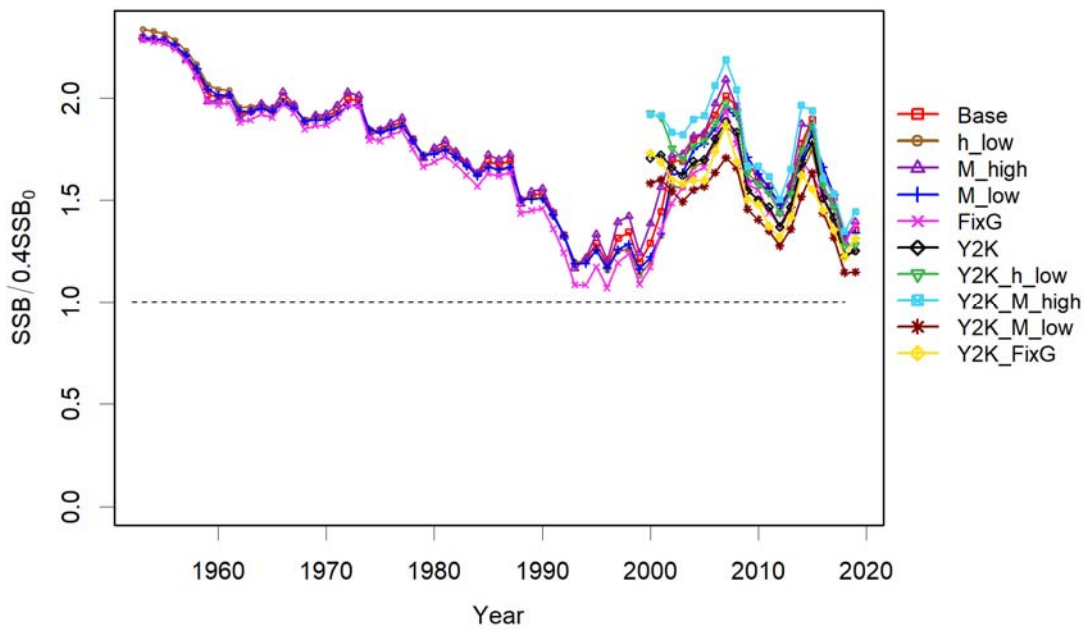


圖 53. 歷年西北太平洋鬼頭刀親魚量相對於 40%初始親魚量水準(SSB/SSB_{0.4SSB0})之變動趨勢。

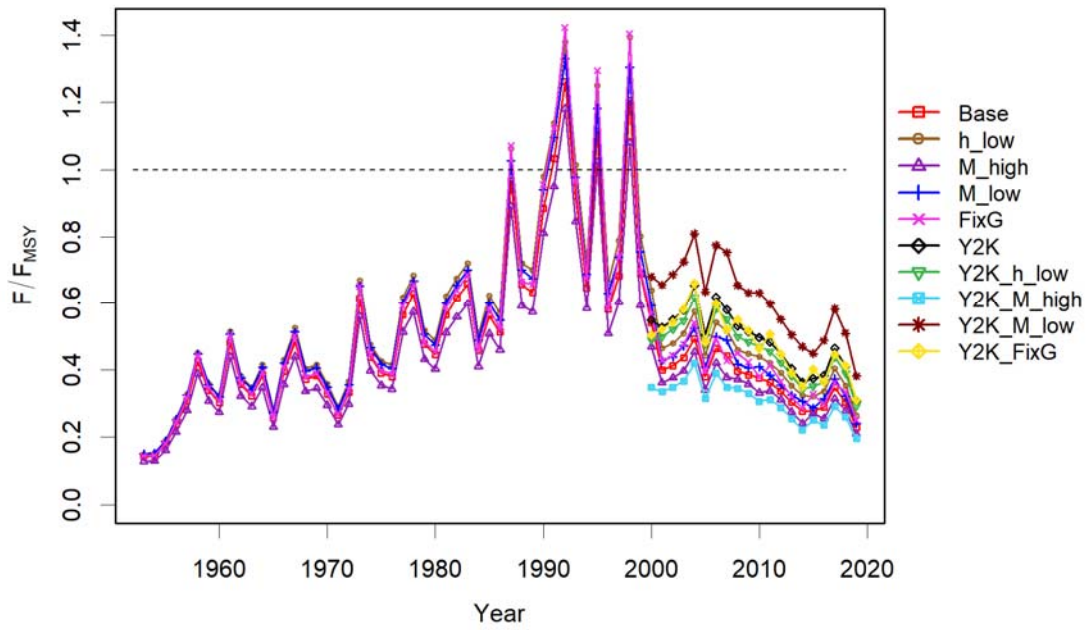


圖 54. 歷年西北太平洋鬼頭刀漁獲死亡率相對於 MSY 水準下漁獲死亡率 (F/F_{MSY}) 之變動趨勢。

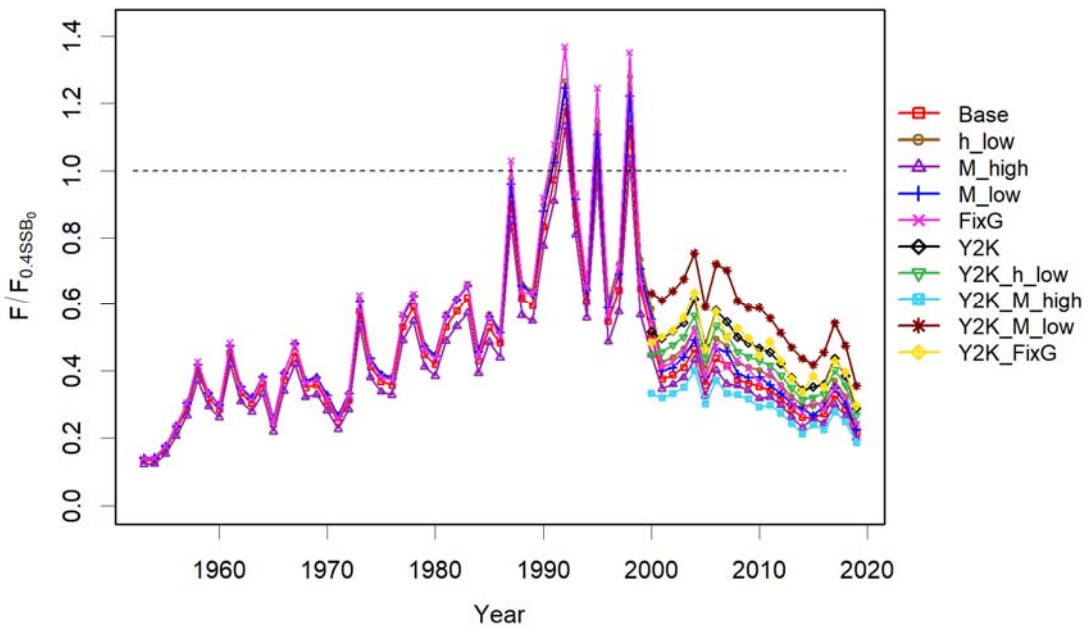


圖 55. 歷年西北太平洋鬼頭刀漁獲死亡率相對於 40% 初始親魚量水準下漁獲死亡率 ($F/F_{0.4SSB_0}$) 之變動趨勢。

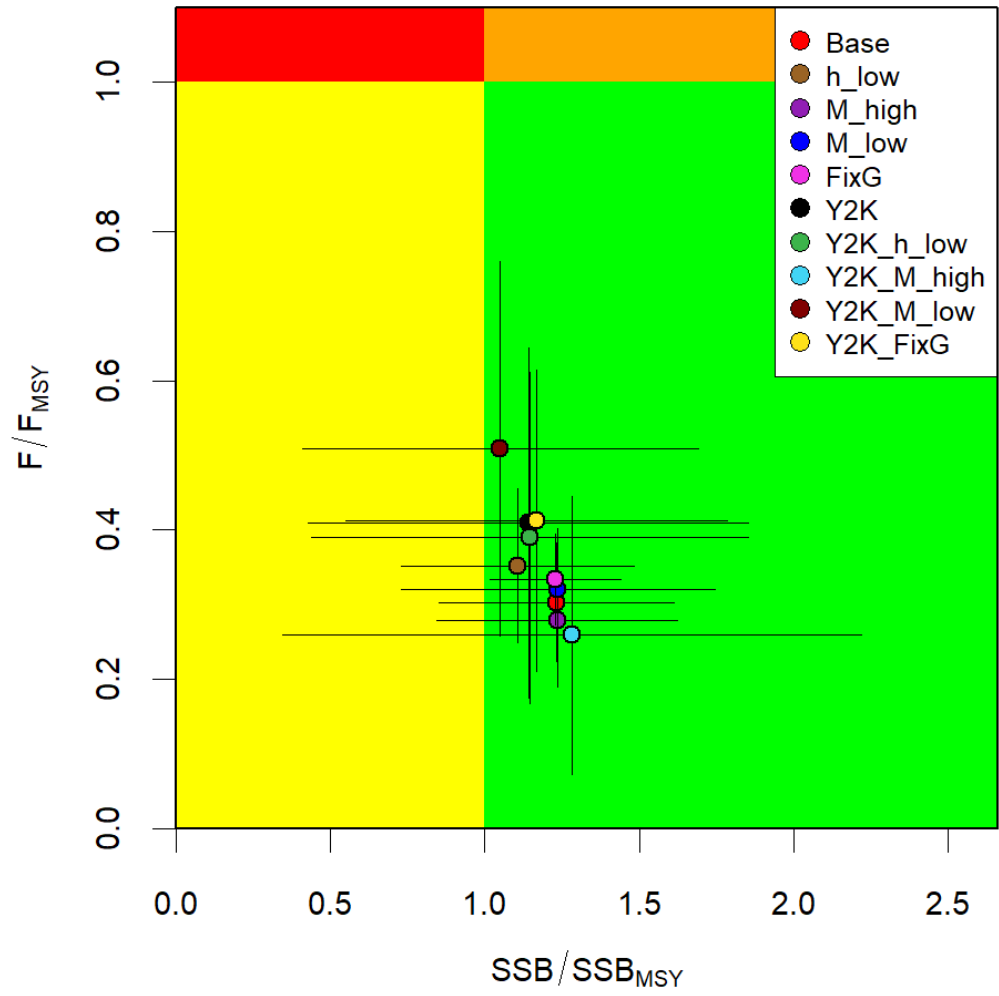


圖 56. 各情境下西北太平洋鬼頭刀資源評估以 MSY 參考點水準之 Kobe Plot。

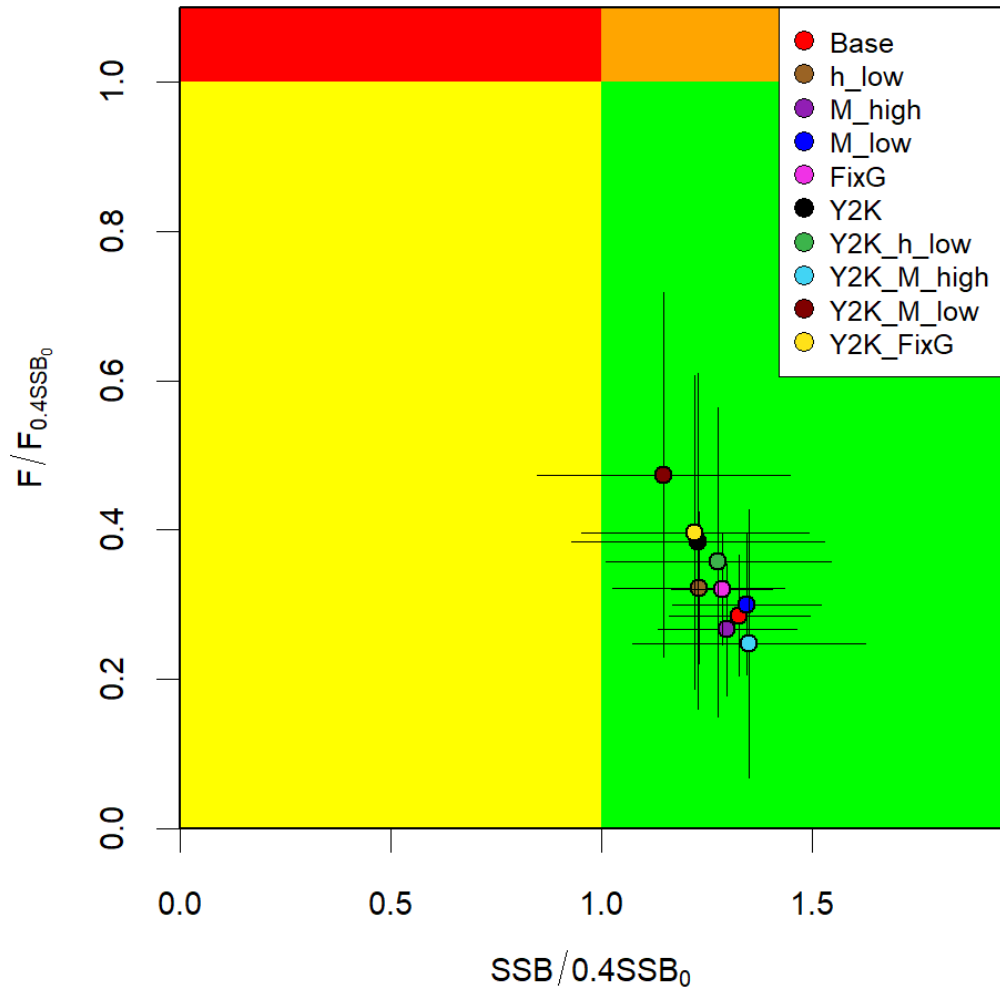


圖 57. 各情境下西北太平洋鬼頭刀資源評估以 $0.4SSB_0$ 參考點水準之 Kobe Plot。

附表

表 1. 鬼頭刀粒線體 DNA NADH dehydrogenase 1(mtDNA ND1) 於各區域樣本之各項遺傳歧異度分析

Statistics	Taitung13	Taitung14	SuAo16	PonHu	TungKang18	NGSK14	KGSM16	Manta	NCPac	NWPac	SPac	Indian
No. of sample size	77	64	89	13	79	57	39	22	17	20	12	37
No. of polymorphic sites	57	45	63	18	56	49	32	25	19	22	15	29
No. of haplotypes	42	30	48	9	43	32	24	17	13	13	11	19
Nucleotide diversity π (\pm SD)	0.00400 (\pm 0.00046)	0.00346 (\pm 0.00051)	0.00423 (\pm 0.00045)	0.00532 (\pm 0.00129)	0.00390 (\pm 0.00043)	0.00484 (\pm 0.00046)	0.00299 (\pm 0.00050)	0.00437 (\pm 0.00078)	0.00395 (\pm 0.00059)	0.00432 (\pm 0.00076)	0.00409 (\pm 0.00064)	0.00394 (\pm 0.00072)
Haplotype diversity Hd (\pm SD)	0.928 (\pm 0.021)	0.883 (\pm 0.030)	0.919 (\pm 0.022)	0.910 (\pm 0.068)	0.932 (\pm 0.019)	0.932 (\pm 0.022)	0.922 (\pm 0.031)	0.965 (\pm 0.028)	0.963 (\pm 0.033)	0.884 (\pm 0.067)	0.985 (\pm 0.040)	0.890 (\pm 0.040)

表 2. 鬼頭刀粒線體 DNA NADH dehydrogenase 1(mtDNA ND1) 於各區域樣本之 Slatkin linearized F_{ST}s

	Taitung13	Taitung14	SuAo16	PonHu	TungKang18	NGSK14	KGSM16	Manta	NCPac	NWPac	SPac	Indian
Taitung13	0.00000											
Taitung14	0.00000	0.00000										
SuAo16	0.00000	0.00000	0.00000									
PonHu	0.05154*	0.04509*	0.02455	0.00000								
TungKang18	0.00625	0.00000	0.00000	0.02813	0.00000							
NGSK14	0.00462	0.00087	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000						
KGSM16	0.00000	0.00000	0.00000	0.08999*	0.00694	0.01317	0.00000					
Manta	0.00059	0.00265	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.01284	0.00000				
NCPac	0.03201*	0.02100	0.02361	0.04413	0.02178	0.02108	0.05671*	0.01045	0.00000			
NWPac	0.00583	0.00895	0.00757	0.06334*	0.01634	0.01252	0.00933	0.00666	0.02845	0.00000		
SPac	0.00000	0.00000	0.00000	0.04573	0.01441	0.00414	0.00000	0.00000	0.01335	0.00000	0.00000	
Indian	0.00174	0.00000	0.00000	0.00342	0.00000	0.00000	0.00893	0.00000	0.02537	0.00221	0.00000	0.00000

表 3. 台東縣新港區漁會、宜蘭縣蘇澳區漁會以及屏東縣東港區漁會主要魚種之漁獲比例。

新港			蘇澳			東港		
魚種	比例	累積比例	魚種	比例	累積比例	魚種	比例	累積比例
鬼頭刀	44.6%	100.0%	鯖魚	67.6%	100.0%	黑皮旗	23.9%	100.0%
白皮旗	6.9%	55.4%	魚參魚	15.4%	32.4%	黃鰭鮪	22.5%	76.1%
雨傘旗	6.8%	48.6%	圓花鰹	4.2%	17.0%	大鯊	10.8%	53.7%
黃鰭鮪	5.7%	41.7%	鬼頭刀	2.7%	12.9%	赤尾青蝦	6.3%	42.8%
小串仔	5.2%	36.1%	什魚	1.9%	10.2%	鬼頭刀	5.9%	36.5%
大鯊	4.7%	30.8%	黃鰭鮪	1.2%	8.3%	櫻花蝦	5.8%	30.6%
水鯊	4.1%	26.2%	他蝦類	0.7%	7.1%	水鯊	5.3%	24.8%
黑皮旗	3.9%	22.1%	青鯊	0.6%	6.4%	劍旗魚	5.0%	19.5%
真鰹	1.7%	18.2%	黑皮旗	0.6%	5.7%	黑鮪	3.2%	14.5%
魷(魴仔)	1.6%	16.6%	水鯊	0.5%	5.2%	大目鮪	2.9%	11.4%
劍旗魚	1.4%	15.0%	小蝦(海)	0.5%	4.6%	其他鯊魚	1.2%	8.5%
其他鯛類	1.3%	13.6%	大目吾鯊	0.4%	4.1%	油魚	1.2%	7.3%
石喬	1.2%	12.3%	劍旗魚	0.3%	3.7%	雨傘旗	1.0%	6.0%
大目鮪	1.2%	11.0%	其他	3.4%	3.4%	其他	5.0%	5.0%
其他	9.8%	9.8%						

表 4. 新港區資料之鬼頭刀 CPUE 標準化 GLM 分析之 ANOVA 表。
年別模式

	Sum Sq	Df	F values	Pr(>F)
Y	585.5	18	42.449	< 2.2e-16 ***
M	2804.6	11	332.727	< 2.2e-16 ***
CT	8744.6	8	1426.437	< 2.2e-16 ***
T	12359.6	3	5376.341	< 2.2e-16 ***
Residuals	26857.9	35049		

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

季別模式

	Sum Sq	Df	F values	Pr(>F)
YQ	3337	75	57.908	< 2.2e-16 ***
CT	8632.9	8	1404.476	< 2.2e-16 ***
T	12398.2	3	5378.812	< 2.2e-16 ***
Residuals	26894.1	35003		

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

表 5. 蘇澳區資料之鬼頭刀 CPUE 標準化 GLM 分析之 ANOVA 表。
年別模式

	Sum Sq	Df	F values	Pr(>F)
Y	812.3	17	66.157	< 2.2e-16 ***
M	1018.9	11	128.24	< 2.2e-16 ***
CT	593.3	7	117.344	< 2.2e-16 ***
T	3933.5	3	1815.383	< 2.2e-16 ***
Residuals	12294.3	17022		

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

季別模式

	Sum Sq	Df	F values	Pr(>F)
YQ	1886.9	70	37.24	< 2.2e-16 ***
CT	577.3	7	113.95	< 2.2e-16 ***
T	3839	3	1767.91	< 2.2e-16 ***
Residuals	12290.7	16980		

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

表 6. 整合新港區及蘇澳區資料之鬼頭刀 CPUE 標準化 GLM 分析之 ANOVA 表。

年別模式

	Sum Sq	Df	F values	Pr(>F)
Y	1066	18	72.347	< 2.2e-16 ***
M	4635	11	514.721	< 2.2e-16 ***
CT	6392	8	976.168	< 2.2e-16 ***
T	11422	5	2790.717	< 2.2e-16 ***
B	86	1	105.057	< 2.2e-16 ***
Residuals	42652	52107		

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

季別模式

	Sum Sq	Df	F values	Pr(>F)
YQ	5625	75	91.402	< 2.2e-16 ***
CT	6328	8	964.058	< 2.2e-16 ***
T	11632	5	2835.295	< 2.2e-16 ***
B	77	1	93.455	< 2.2e-16 ***
Residuals	42718	52061		

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

表 7. 各情境下西北太平洋鬼頭刀資源評估各項模式重要變量之估計值。

	R ₀	SSB ₀	SSB ₂₀₁₈	SSB _{0.4SSB}	SSB _{MSY}	Catch _{MSY}	Catch _{0.4SSB0}	F ₂₀₁₈	F _{MSY}	F _{0.4SSB}
Base	59,407	62,791	33,349	25,116	27,063	22,618	22,525	0.109	0.360	0.383
h_low	73,835	77,803	38,304	31,121	34,647	21,016	20,835	0.096	0.272	0.297
M_high	86,330	37,396	19,426	14,958	15,734	23,816	23,772	0.166	0.597	0.624
M_low	45,766	92,170	49,583	36,868	40,088	21,728	21,615	0.092	0.287	0.306
FixG	39,912	138,227	71,096	55,291	57,916	22,121	22,087	1.446	4.332	4.505
Y2K	45,594	48,171	23,697	19,268	20,770	17,679	17,606	0.149	0.363	0.386
Y2K_h_low	63,570	65,706	33,584	26,282	29,291	18,274	18,113	0.106	0.273	0.298
Y2K_M_high	89,247	38,398	20,722	15,359	16,164	24,688	24,642	0.156	0.600	0.628
Y2K_M_low	31,063	58,715	26,920	23,486	25,630	15,196	15,110	0.144	0.282	0.303
Y2K FixG	33,390	115,730	56,591	46,292	48,497	18,540	18,511	1.779	4.316	4.489

表 7. (續)。

	SSB_{2018}/SSB_0	B_{2018}/SSB_{MSY}	$B_{2018}/SSB_{0.4SSB_0}$	F_{2018}/F_{MSY}	$F_{2018}/F_{0.4SSB_0}$
Base	0.531	1.232	1.328	0.303	0.285
h_low	0.492	1.106	1.231	0.352	0.322
M_high	0.519	1.235	1.299	0.278	0.266
M_low	0.538	1.237	1.345	0.321	0.300
FixG	0.514	1.228	1.286	0.334	0.321
Y2K	0.492	1.141	1.230	0.409	0.385
Y2K_h_low	0.511	1.147	1.278	0.390	0.357
Y2K_M_high	0.540	1.282	1.349	0.259	0.248
Y2K_M_low	0.458	1.050	1.146	0.509	0.474
Y2K FixG	0.489	1.167	1.222	0.412	0.396