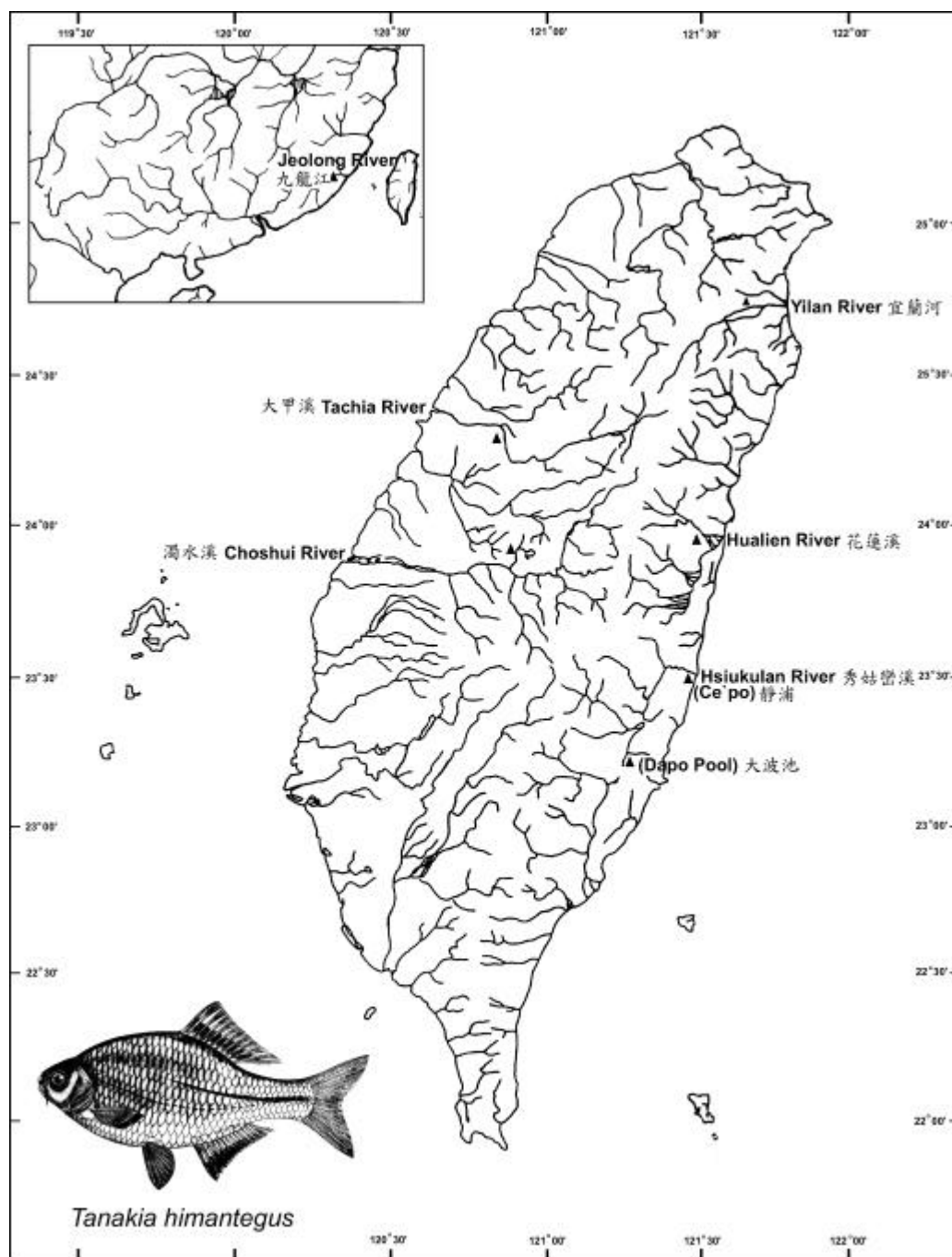
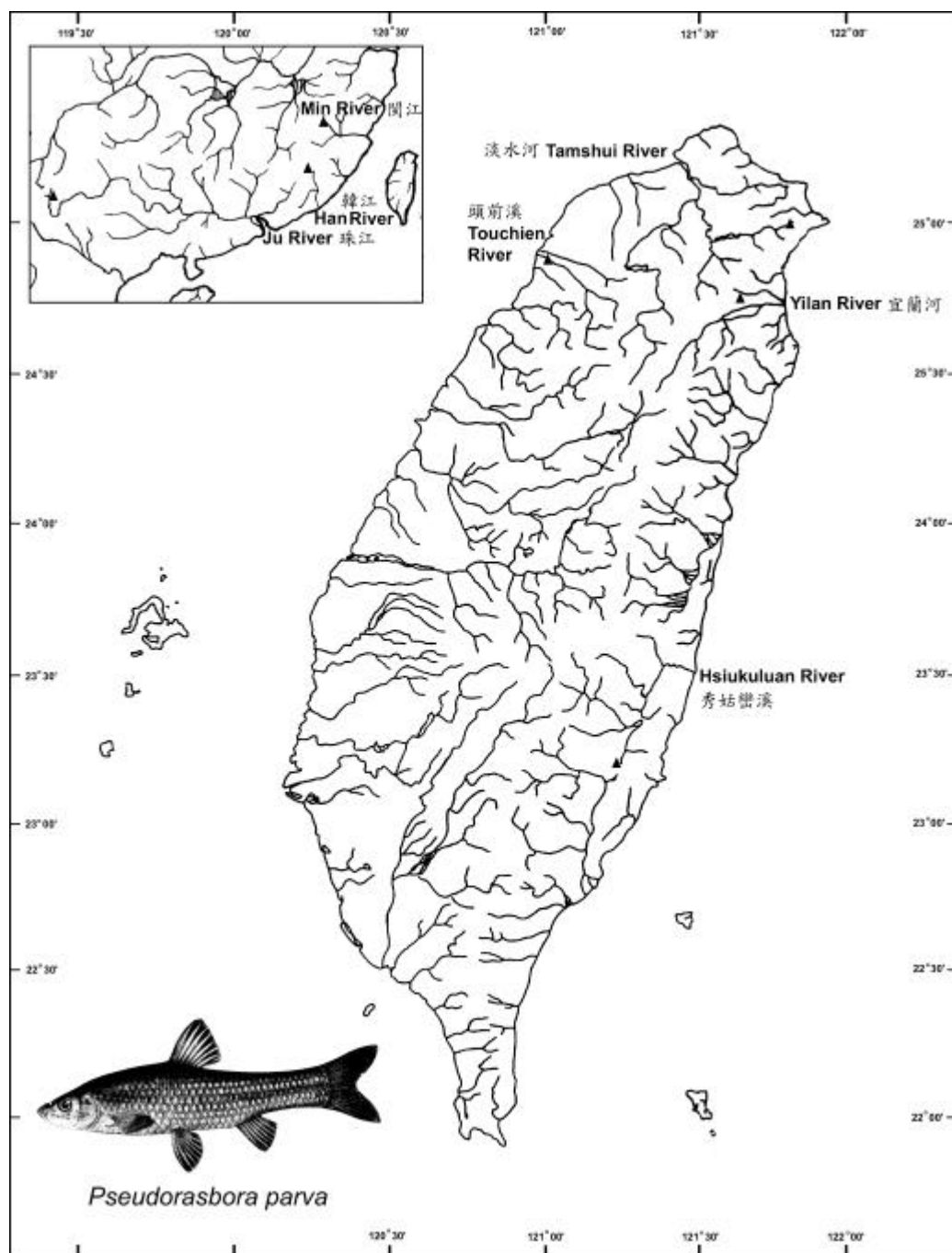


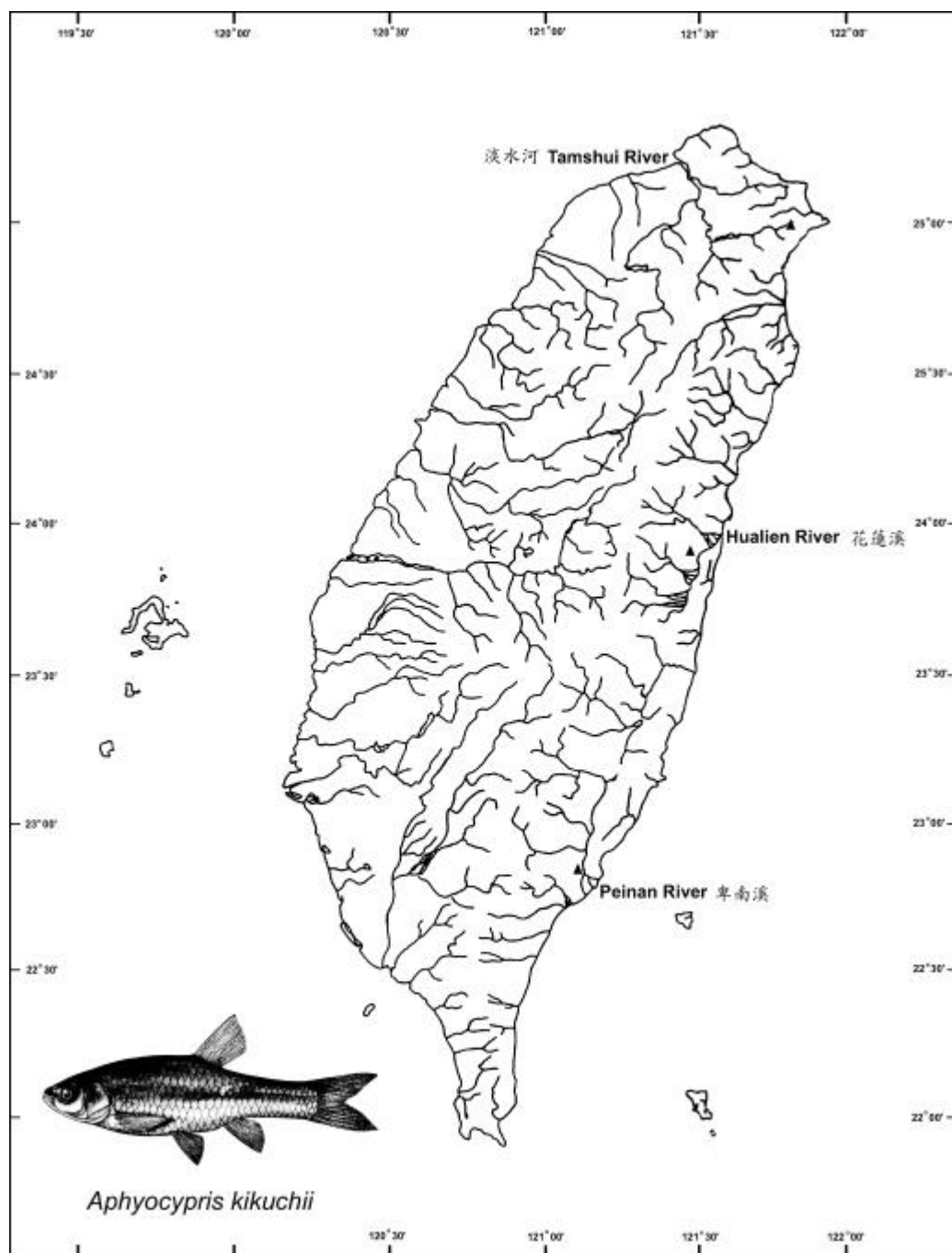
圖一：高體 之採集地點地理位置圖及其形態特徵。



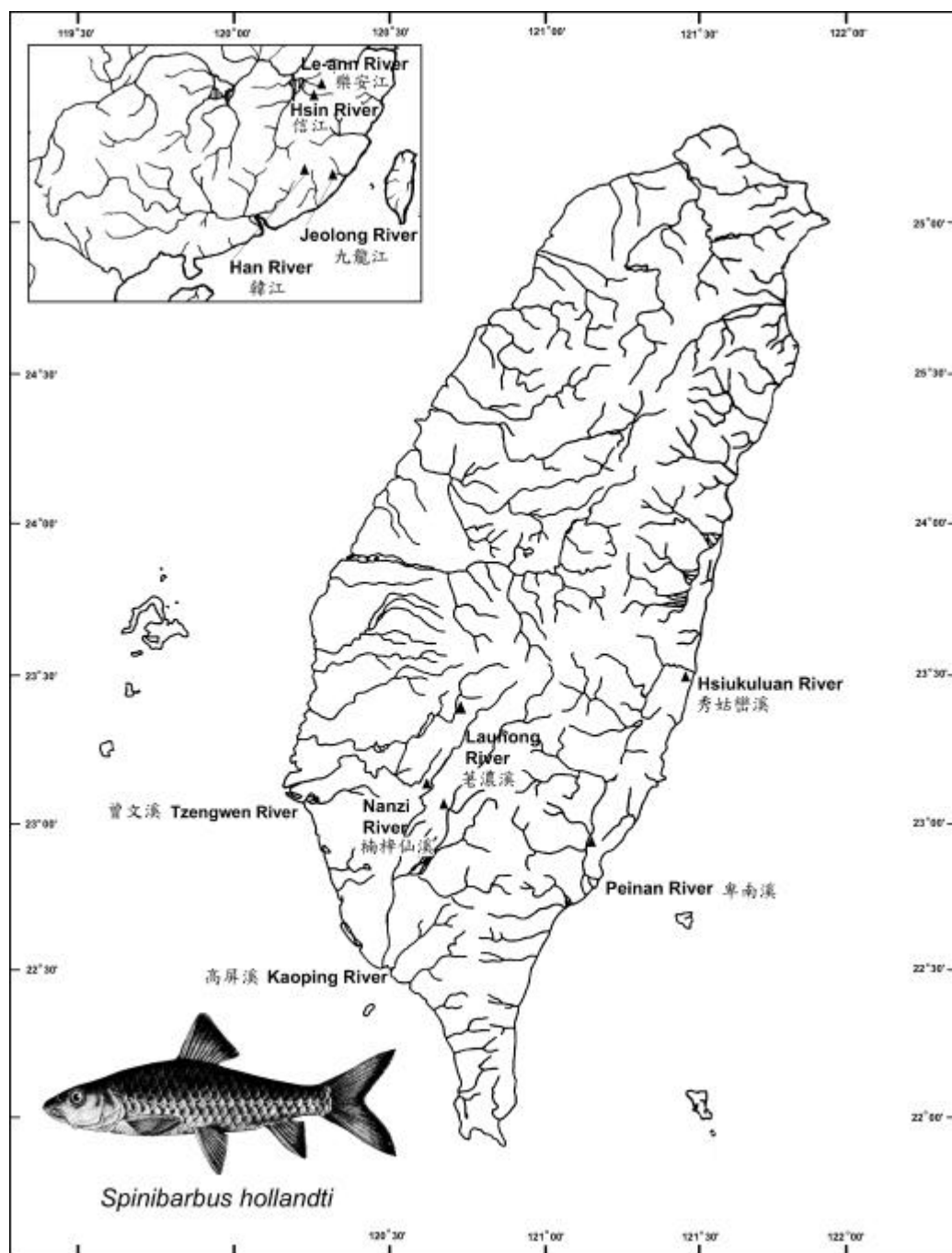
圖二：革條副鱗之採集地點地理位置圖及其形態特徵。



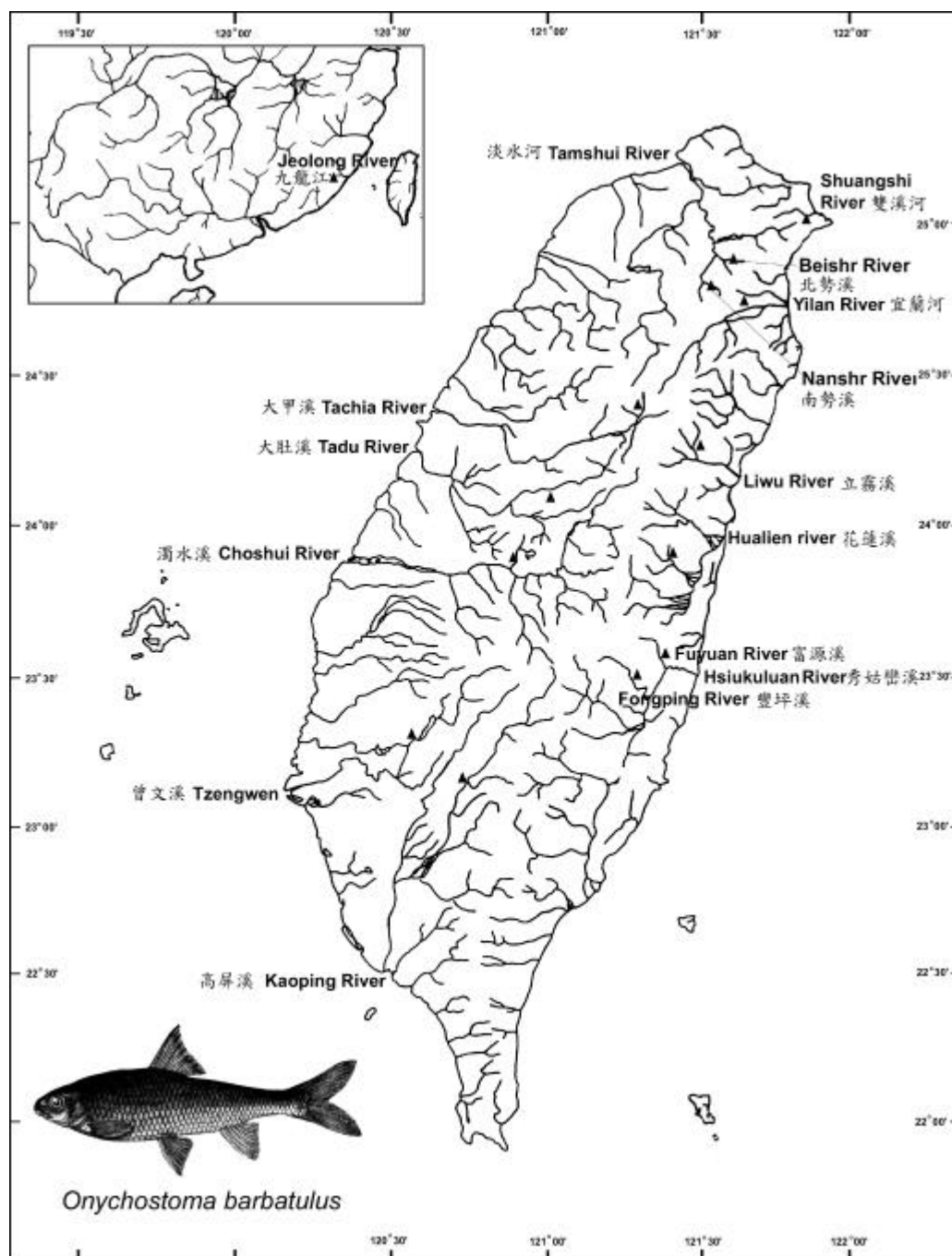
圖三：羅漢魚之採集地點地理位置圖及其形態特徵。



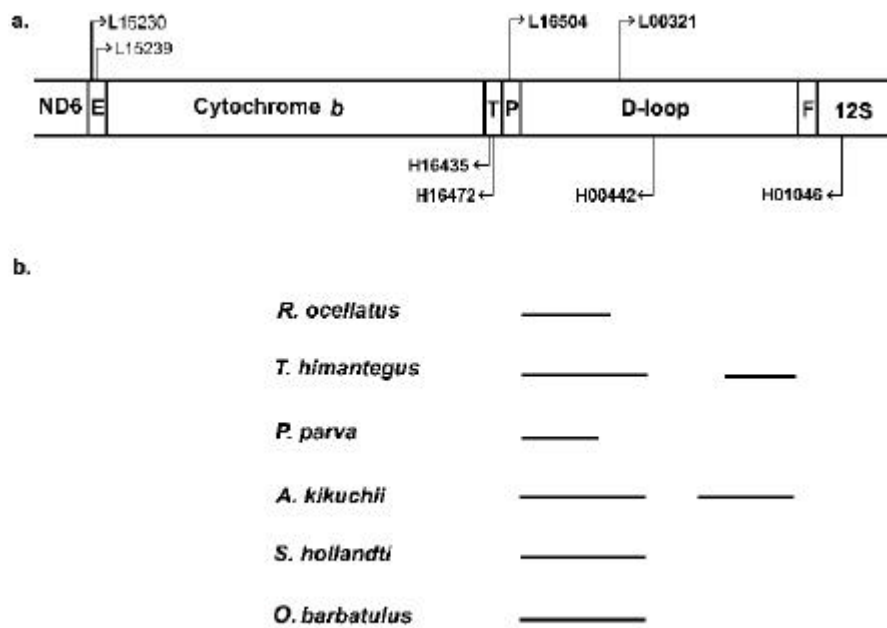
圖四：菊池氏細鯽之採集地點地理位置圖及其形態特徵。



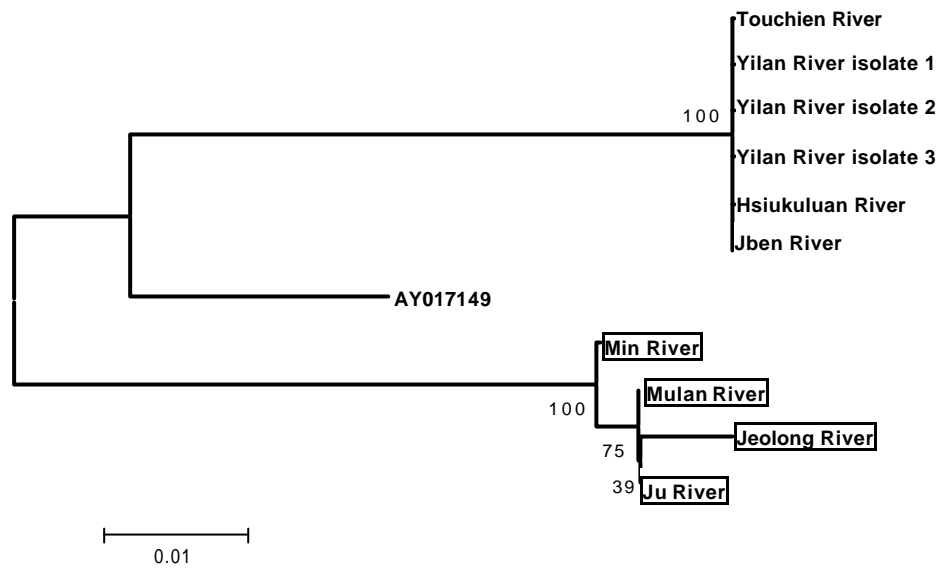
圖五：何氏棘 之採集地點地理位置圖及其形態特徵。



圖六：台灣白甲魚之採集地點地理位置圖及其形態特徵。

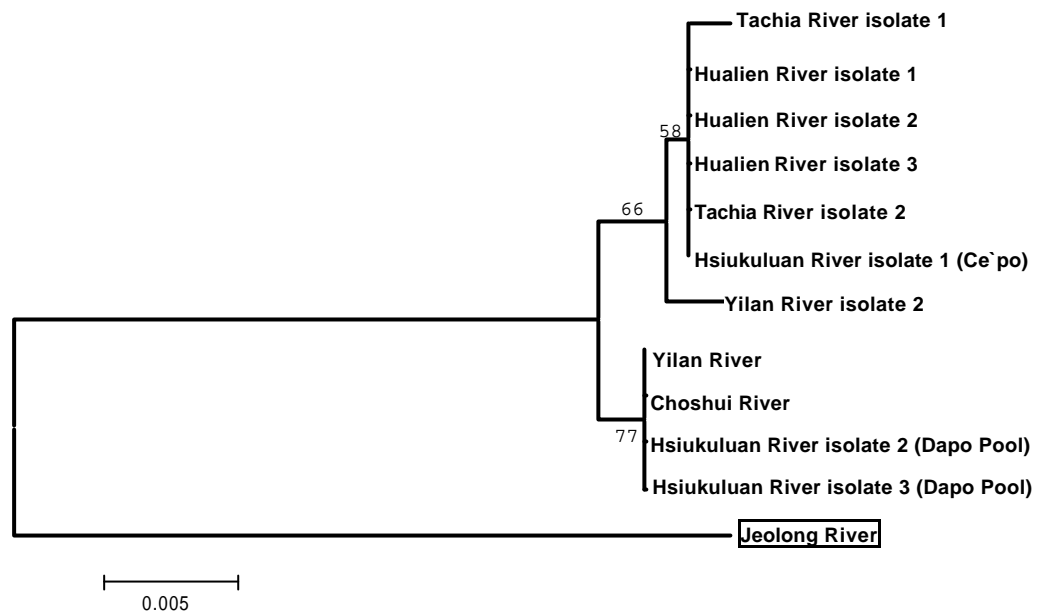


圖七：a 圖為本研究中經聚合酶鏈鎖反應（Polymerase Chain Reaction）放大的 DNA 片段，及其反應所須之引子（primer）位置。b 圖為本研究中所使用之部分 D-loop 片段位置圖。

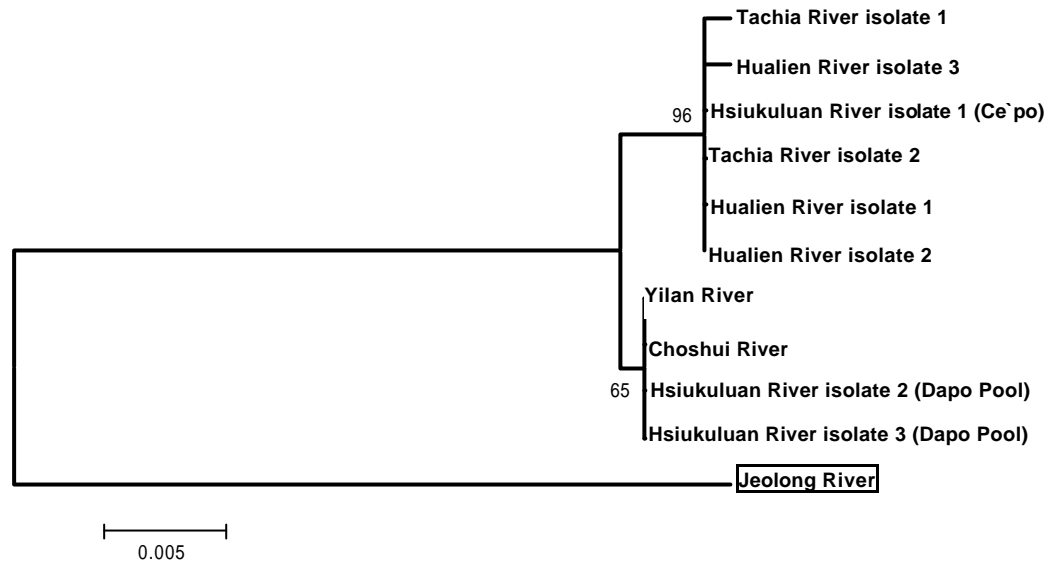


圖八：以 D-loop 部分序列共 343bp 所建構之高體 台灣及大陸族群之親緣關係圖。所使用之片段長度及位置如圖七所示。上圖為根據 Tamura-Nei 之方法所計算之遺傳距離，依照 Neighbor-joining 的模式所建構之親緣關係樹形圖。其中加框線者為大陸樣本。AY017149 為由基因庫中下載之序列。

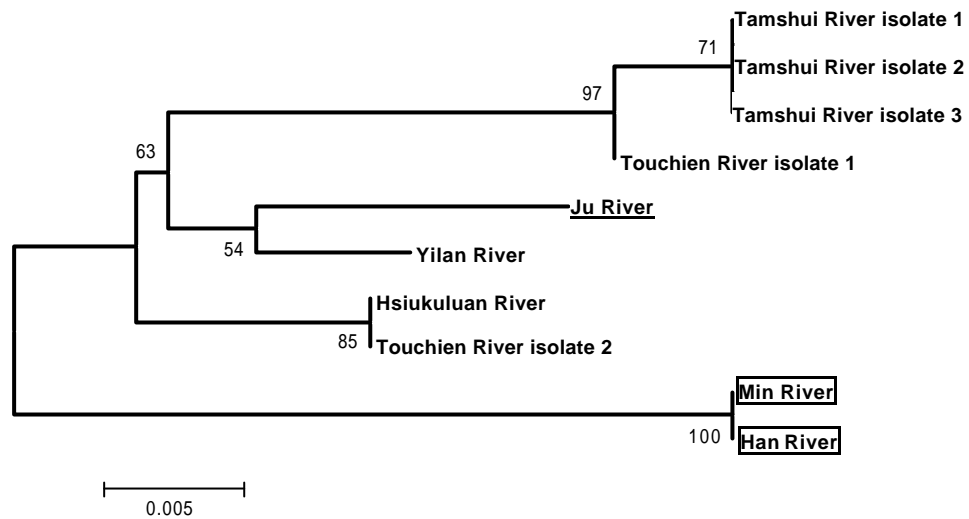




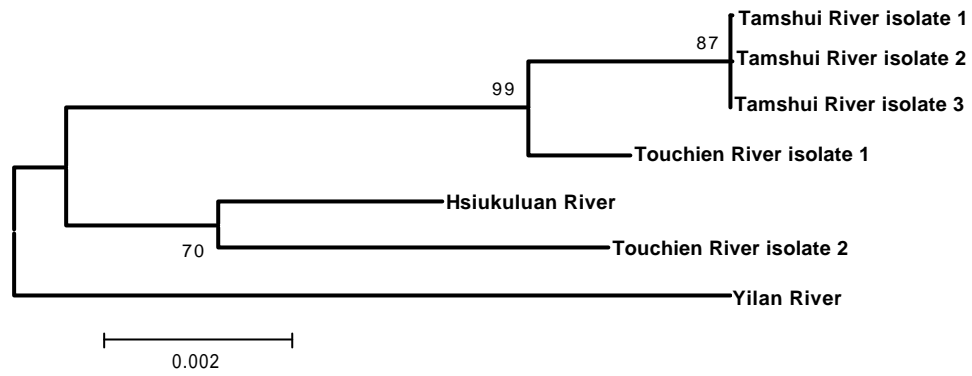
圖九：以 D-loop 部分序列共 620bp 所建構之革條副鱗台灣及大陸族群之親緣關係圖。所使用之片段長度及位置如圖七所示。上圖為根據 Tamura-Nei 之方法所計算之遺傳距離，依照 Neighbor-joining 的模式所建構之親緣關係樹形圖。其中加框線者為大陸樣本。



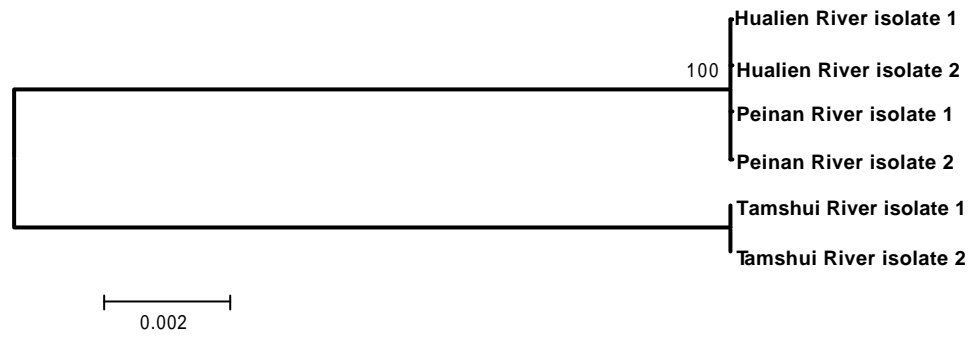
圖十：以 D-loop 完整序列共 914bp 所建構之革條副鱗台灣及大陸族群之親緣關係圖。上圖為根據 Tamura-Nei 之方法所計算之遺傳距離，依照 Neighbor-joining 的模式所建構之親緣關係樹形圖。其中加框線者為大陸樣本。



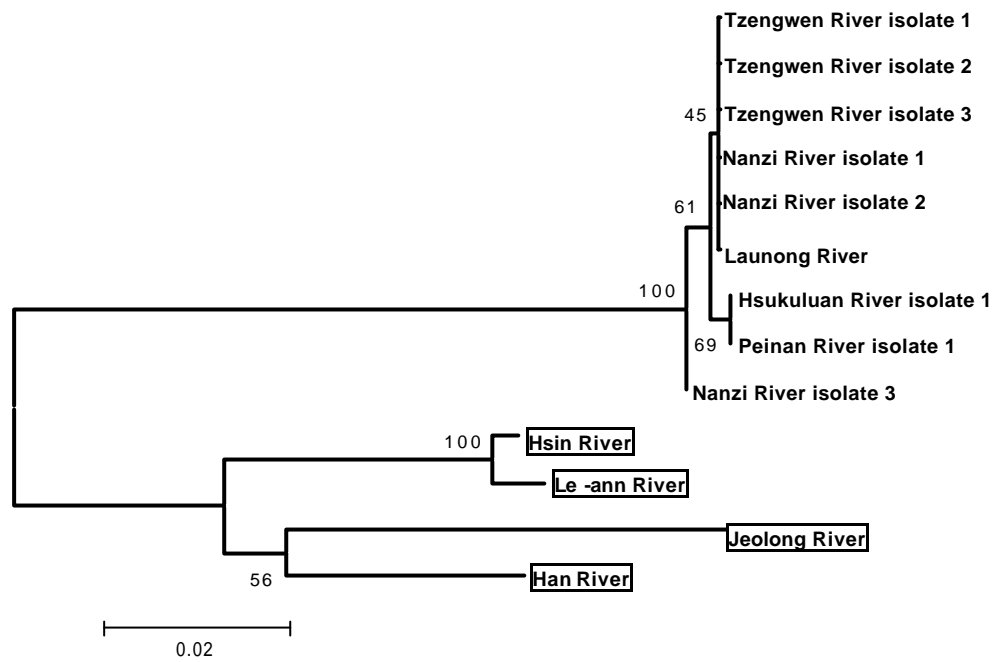
圖十一：以 D-loop 部分序列共 243bp 所建構之羅漢魚台灣及大陸族群之親緣關係圖。所使用之片段長度及位置如圖七所示。上圖為根據 Tamura-Nei 之方法所計算之遺傳距離，依照 Neighbor-joining 的模式所建構之親緣關係樹形圖。其中加框線者為大陸樣本。



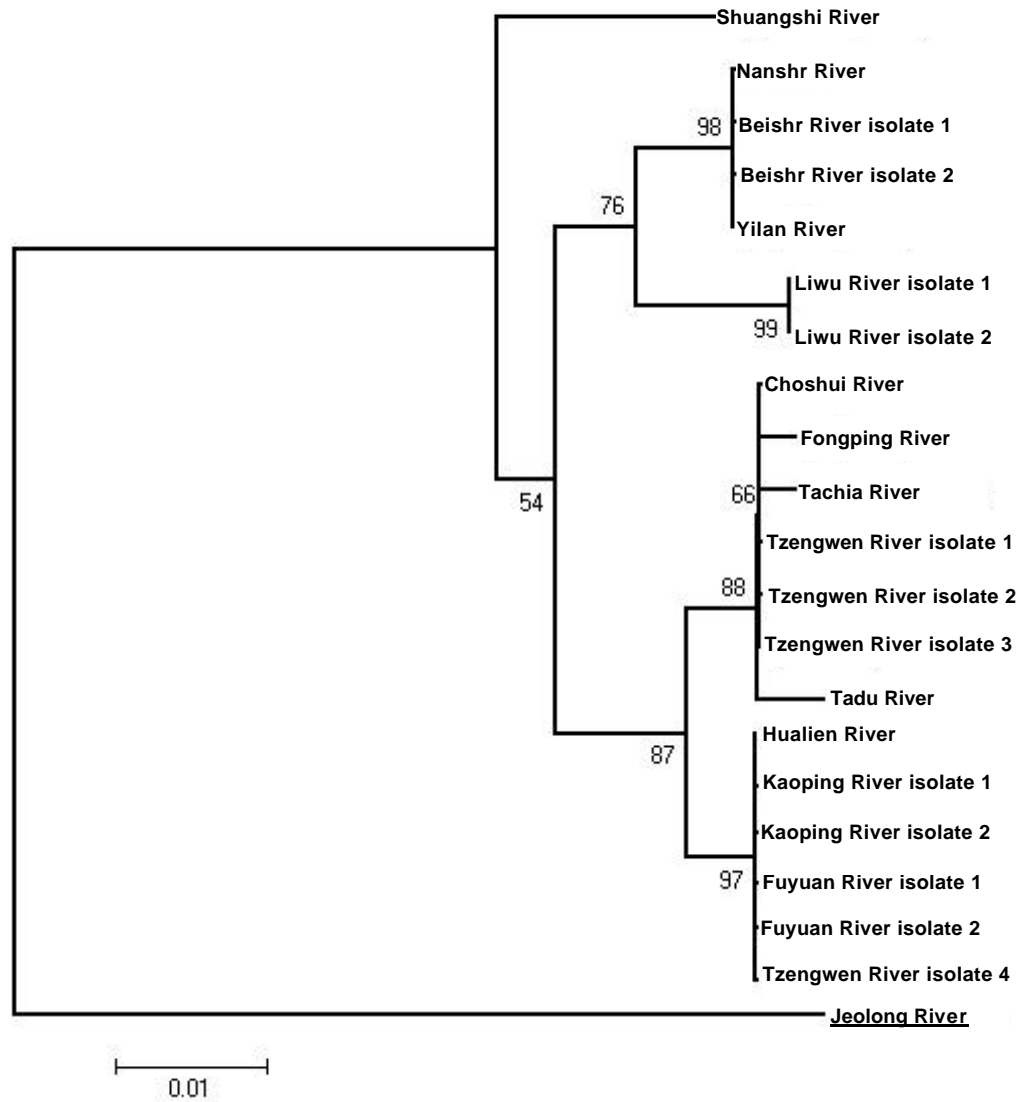
圖十二：以 D-loop 完整序列共 933bp 所建構之羅漢魚台灣族群之親緣關係圖。上圖為根據 Tamura-Nei 之方法所計算之遺傳距離，依照 Neighbor-joining 的模式所建構之親緣關係樹形圖。



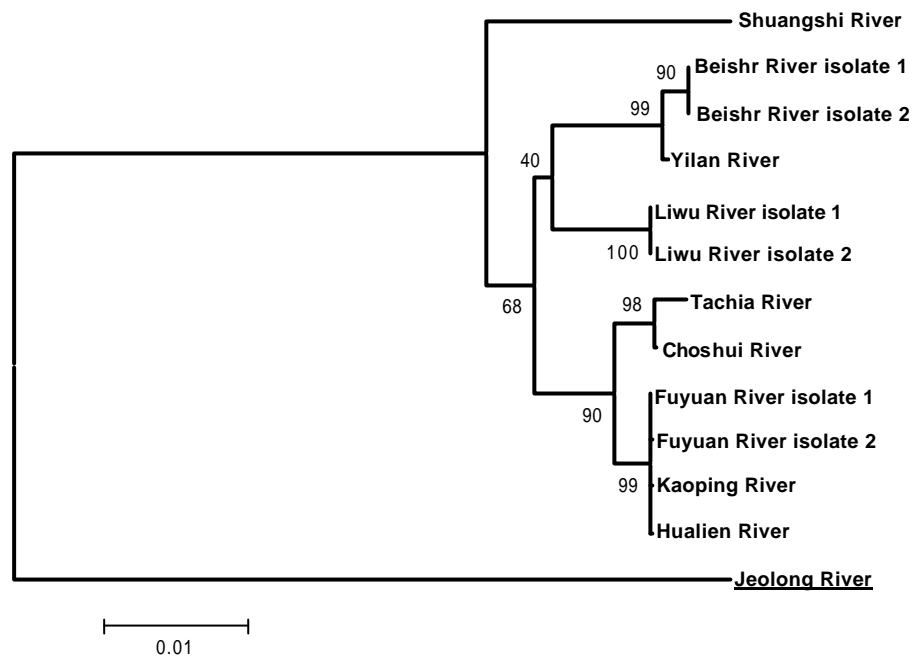
圖十三：以 D-loop 部分序列共 733bp 所建構之菊池氏細鯽台灣族群之親緣關係圖。所使用之片段長度及位置如圖七所示。上圖為根據 Tamura-Nei 之方法所計算之遺傳距離，依照 Neighbor-joining 的模式所建構之親緣關係樹形圖。



圖十四：以 D-loop 部分序列共 436bp 所建構之何氏棘 台灣及大陸族群之親緣關係圖。所使用之片段長度及位置如圖七所示。上圖為根據 Tamura-Nei 之方法所計算之遺傳距離，依照 Neighbor-joining 的模式所建構之親緣關係樹形圖。其中加框線者為大陸樣本。

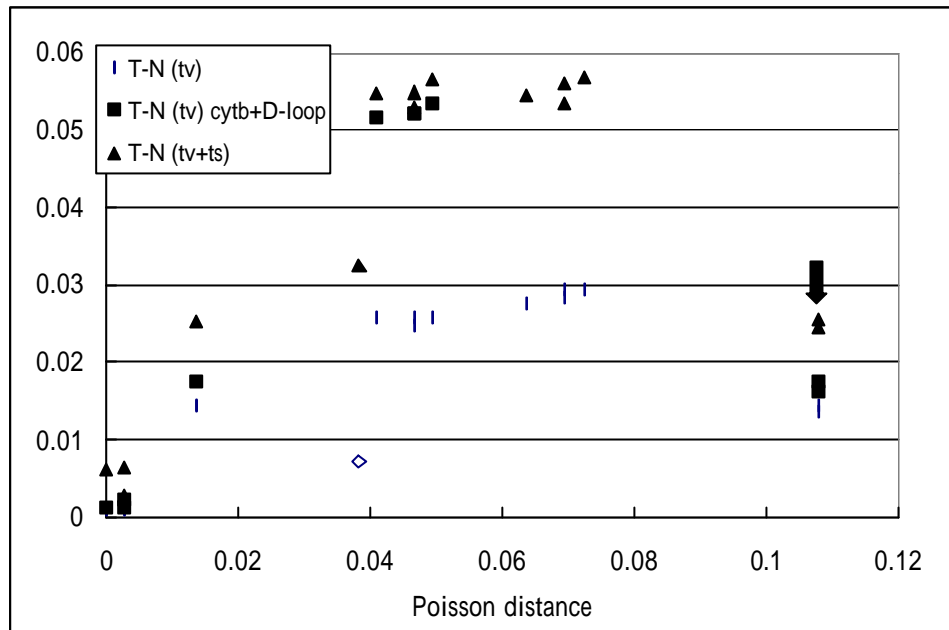


圖十五：以 D-loop 部分序列共 447bp 所建構之台灣白甲魚台灣及大陸族群之親緣關係圖。所使用之片段長度及位置如圖七所示。上圖為根據 Tamura-Nei 之方法所計算之遺傳距離，依照 Neighbor-joining 的模式所建構之親緣關係樹形圖。其中加框線者為大陸樣本。

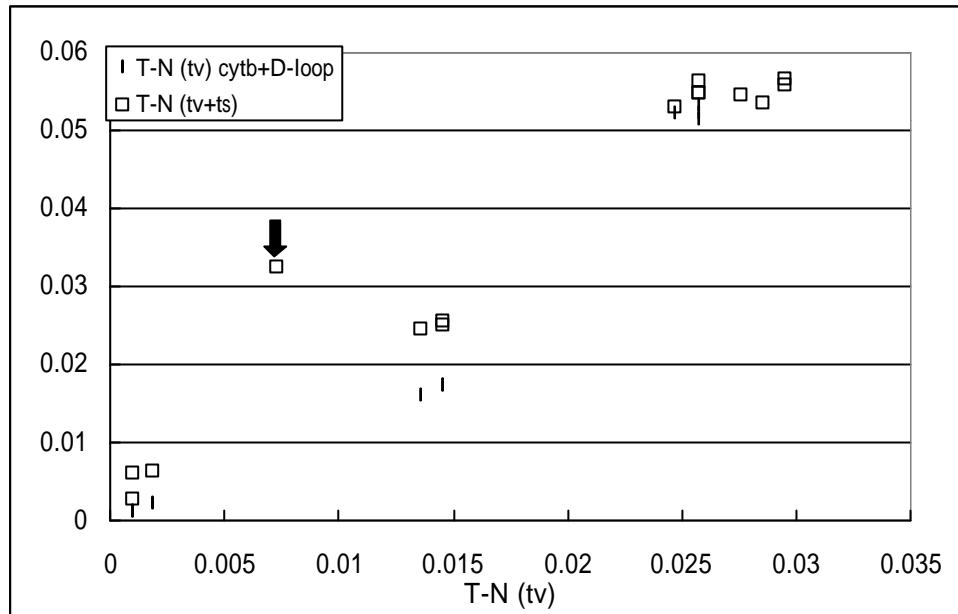


圖十六：以 D-loop 完整序列共 946bp 所建構之台灣白甲魚台灣及大陸族群之親緣關係圖。上圖為根據 Tamura-Nei 之方法所計算之遺傳距離，依照 Neighbor-joining 的模式所建構之親緣關係樹形圖。其中加框線者為大陸樣本。

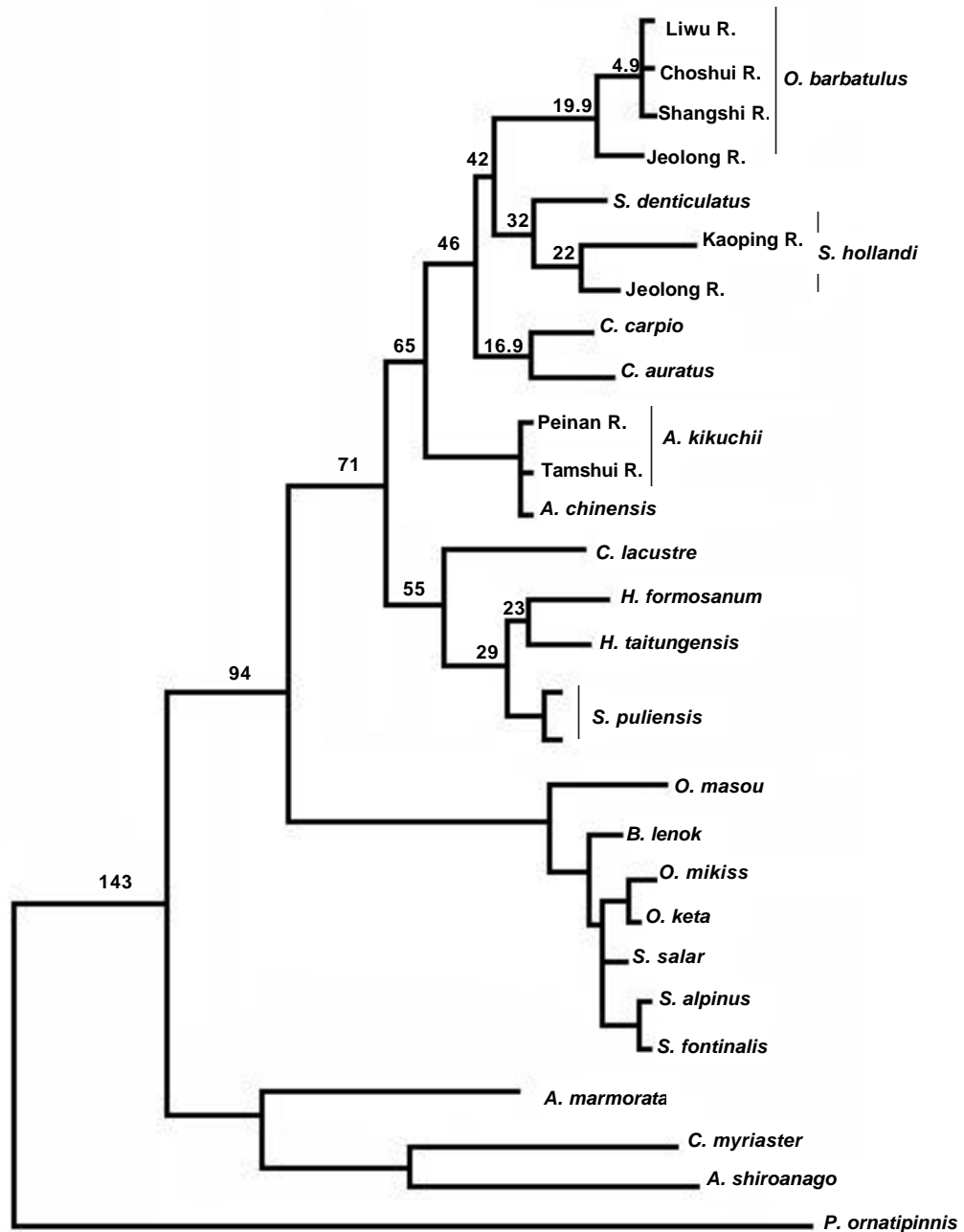




圖十七：台灣白甲魚與何氏棘 細胞色素乙 (cytochrome *b*) 及 D-loop 區段 Tamura-Nei 遺傳距離與 Poisson 遺傳距離間之相對關係圖。圖中箭頭所指的位置，為台灣與大陸間台灣白甲魚之 Tamura-Nei 遺傳距離與 Poisson 遺傳距離之相對關係，由於 Poisson 遺傳距離已發生偏差，判斷 Poisson 遺傳距離在此節點已不適用。故由此之下之分子中估算並不能再使用 Poisson 遺傳距離。



圖十八：台灣白甲魚與何氏棘 細胞色素乙 (cytochrome *b*) Tamura-Nei 遺傳距離顛換與所有取代比較。圖中箭號所指的資料點為台灣與大陸之何氏棘 之 Tamura-Nei 遺傳距離顛換與所有取代之相對關係，顯示在此節點何氏棘 之取代在顛換與替換間有偏差存在，故不能使用所有的變異加入分子中之計算。除此之外，所有的資料點呈現明顯之正相關，所以當在台灣白甲魚族群內分子鐘之計算時，可將所有的變異加入比較。



圖十九：以完整細胞色素乙（cytochrome *b*）基因序列共 1140bp 所建構之親緣關係樹型圖。圖中節點上所標示之數字，除了 *P. ornatipinnis* 與其他目間之分化時間設定為 143 百萬年之外，其餘為依照 Poisson 遺傳距離所計算之分化年代，但是在台灣白甲魚種內之分化時間計算，由於 Poisson 遺傳距離已有明顯偏差，故改用 Tamura-Nei 遺傳距離計算。

