

壹、前言

(一) 生物地理學、親緣地理學與族群遺傳結構

生物地理學 (Biogeography) 為地理學與生物學之間的交叉科學，是研究生物的分布及其分布規律的科學 (殷等，2004)。概括的來說，其研究著重於生物之特性與生物之起源、分布、適應、生態歷史和地理分布關係的科學 (Brown and Lomolino, 1998)。Nelson and Platnick (1984) 又將生物地理學分為兩大研究領域：一、生態性生物地理學 (Ecological Biogeography)；二、歷史性生物地理學 (Historical Biogeography)。生態性生物地理學是指研究影響生物地理分布的因素為生態因素，如：雨量、溫度等。歷史性的生物地理學是指專門於地質歷史事件所造成的生物地理分佈模式。

親緣地理學 (Phylogeography) 為生物地理學中的一個小分支，是由動物學者 *Avise et al.* (1987) 所提出專門研究物種本身的遷徙能力及地質歷史事件與生物地理分佈之間的一些相關性。根據周等 (1996) 提到親緣地理的研究是偏重於近緣物種 (Closely related species)，著重於同一物種的起源歷史以及不同族群之間的親緣關係。近年來，生物演化研究其中一個重要的趨勢就是親緣地理學，藉由分子生物的技術將基因譜系 (Gene genealogies) 進行重建，追溯近緣物種間或是同種族群的演化關係。Page and Holmes (1998) 提到，影響到基因譜系組成的演化力量，包含了隨機遺傳漂變 (Random genetic drift)、天擇 (Natural selection)、遷移形式 (Migration model) 等。因此，藉由親緣地理的研究除了可了解遺傳變異的分布狀況外，更可進一步釐清物種在演化上與

地理位置的關係。

族群遺傳結構 (Genetic structure) 是屬於親緣地理學研究課題中的一小部分。主要是探討在同一物種內，同一族群中，各基因的組成狀況，或是探討在不同族群間，各基因組成的比例的差異。了解一個族群大小的變化，例如：遷入 (Immigration) 、遷出 (Emigration) 、擴張 (Increased) 或是縮小 (Decreased) 等，其反應於基因結果上的狀況。藉由研究族群遺傳結構，對於物種的組成及族群之間的架構有一初步的了解。利用這類的資訊，可以試著回推該族群過去所遭受的演化機制，以及祖先的遺傳多型性如何在受到隔離的子代族群內，由多起源 (Polyphyly) 經由並行起源 (Paraphyly) 而至單起源 (Monophyly) ，而這推論所依據的理論基礎就是依據溯祖理論 (Coalescent theory) (Futuyma, 1997) 。



(二) 台灣的地理概況

從世界地圖來看，台灣的地理位置位在西太平洋西緣，呂宋島弧與琉球島弧的集合點，懸掛於中國大陸的邊緣 (林與周，1974) 。島弧的內部為不超過 200 公尺的淺海，而外側為太平洋深海 (胡，1995) 。一般所謂的台灣，實包括台灣島，十三個圍繞本島的附屬島嶼，和台灣海峽中的澎湖群島。台灣本島在地圖上大致呈現紡錘狀，它的長軸做南北走向，長約 385 公里，東西最大的寬度是 143 公里，本島面積是 35,960 平方公里，台灣海峽水深不過 80 公尺，顯示台灣本島實為亞洲大陸棚的一部份，並且為一大陸性島嶼 (柳，1989) 。澎湖群島位於本島之西約五十公里，由 64 個大小島組成，在低潮時的總面積為 127 平

方公里。在圍繞台灣本島的十三個附屬島嶼中，東海岸的綠島、蘭嶼和龜山島，比較重要，而且有人居住（李，1989）。若以經緯度來劃分時，最北端應是北緯 25 度 56 分，其最南端則為北緯 21 度 45 分，最西為東經 119 度 18 分，東端為東經 124 度 34 分。北迴歸線（23.5 度）通過嘉義市南郊，屬於亞熱帶氣候區（胡，1995）。

台灣本島的地形最高點位於玉山山脈，最高峰為玉山，海拔大約 3,952 公尺。與玉山山脈平行的尚有中央山脈、雪山山脈、阿里山山脈、及台東海岸山脈等，大致皆呈東北－西南走向，屬於典型的壯年期地形。台灣的河川一般都很短，河床也陡，所以流水比較湍激。水量普通甚少，洪水時期才告陡增。流域寬度窄，中、上游流域常見深谷、瀑布，是年青河流的特色（林與周，1974）。其流向有些是根據地質構造方向，有些是根據地形的坡度刻劃而成。每條河岸都留有明顯的河岸階地，證明陸地多次隆起的現象（胡，1995）。

位於亞熱帶氣候區的台灣，全年平均溫度在 20°C 以上。但因本島內具有高聳的山地地形，山之高度足以展示寒原之氣候，平地海岸則罕見霜雪而為熱帶氣候，由於海拔升高溫度遞減，故而具有垂直的熱暖溫寒四種溫度帶以及不同的溼度帶。陳（1957）將本島之氣候區分為七種不同的溫度與溼度的氣候組合，多樣性的氣候有利於多種生物的生存。有利的生物地理位置及多樣性的氣候環境條件，使台灣成為適合各式各樣生物落腳生存的重要地區。

（三）台灣的地質事件

島嶼在地質學上，依據形成的方式不同，可分成大陸性島嶼（Continental island）與海洋性島嶼（Oceanic island）（Wallace, 1998）。大陸性島嶼是位於大陸棚上的島嶼，在島嶼的形成過程中，曾經有一段時間是和大陸相連。從日本開始經琉球群島以及台灣皆是屬於大陸性島嶼，於最近的一次冰河期（距今約一萬八千年前），全球的海平面下降，曾形成陸橋與亞洲大陸相連（Hashimoto, 1899；施等，1989；鄭，1991）。經由陸橋，並加上冰河時期的冰冷氣候，原生存於較高緯度地區的物種，因此可以至較低緯度的地區生存，且可與大陸性島嶼的生物進行交流。當冰河時期的結束，陸橋的消失，原生存於高緯度的生物，被海洋隔離在大陸性島嶼上，造成大陸性的島嶼常保留冰河時期所遺留下來的孑遺物種，如台灣的櫻花鉤吻鮭（王，1997）。大陸性島嶼的生物多來自原接連的大陸，島上的生物與原大陸近似，其差異程度視分離的時間而定。海洋性的島嶼在形成的過程中，不與大陸先連接，多半是因為火山作用所形成。初形成時，島上沒有生物，物種經由相鄰的大陸遷徙進入或是經人為攜帶至島上，再逐漸演化成新種。

在板塊構造學說中，台灣位於歐亞大陸板塊與菲律賓海板塊的聚合和壓縮界線上，因此在東台灣裂谷以西的台灣，甚至更西的台灣海峽部份全部都歸屬於歐亞大陸板塊（李，1989）。台灣的地質事件，與亞洲大陸的變動相當有淵源，因在第三紀之前仍與亞洲大陸相連，至今其與大陸分離之時間尚未精確的確定，有人認為分離於 300 萬年前，亦有人認為分離不過 20 至 40 萬年（柳，1966）。古第三紀開始，台灣就有較詳盡的地質紀錄，古新世至始新世的畢祿循環與碧候循環，漸新世的初中嶺循環、西村循環與後期的四稜沉積循環；新第三紀中新世初期的木山沉積循環、中期的石底沉積循環與末期的南莊沉積循環，至上新世後開始的卓蘭沉積循環；經第四紀的更新世與全新世至今約 6,500 萬年

(林與周，1974 ；賴，1989 ；胡，1995) 。詳盡的地質事件記錄，是提供研究親緣地理的基礎。台灣與中國大陸頗有淵源，生物種類的相似度也很高。

島嶼上的生物會與大陸塊上其他同種或是其他相類似物種的族群在隔離的情況下生存，經由演化的過程以及生活上的適應，往往和大陸塊上的生物會有差異。長時間的隔離以及演化，島嶼生物所顯現的生態特色通常有特有種化 (Endemic) 的現象，也因此島嶼中會出現較高比例的特有種生物 (Endemic species) (Byrne, 1980) 。屬於大陸性島嶼的台灣，除了連續好幾次的冰河時期與亞洲大陸的生物有交流或是傳播擴散的機會，至更新世末 (距今約 1 萬年前) ，海平面的上升，澎湖水道遭淹沒，造成隔離。早期上新世 (距今約 650 萬年前) 恆利盆地衝撞中央山脈的南緣，也為台灣南部帶入不同地區的生物 (胡，1995) 。造成至今台灣生物相豐富，特有種繁多的現象。

(四) 分子技術與親緣地理學

分子生物學於理論以及技術上均自 80 年代開始迅速的發展 (許，2007) ，尤其是聚合酶連鎖反應 (Polymerase chain reaction; PCR) 技術的發明，更使其向生物學的各領域滲透。在分子技術的普遍化中，包括了隨機擴增多形性 DNA (Random amplify polymorphism DNA; RAPD) 、擴增片段長度多形性 (Amplify fragments length polymorphism; AFLP) 、限制片段多形性 (Restriction fragments lengths polymorphism, RFLP) 、同功酶 (Isozyme) 、聚合酶連鎖反應、分子定序 (Sequencing) 以及微衛星 DNA (Microsatellite DNA) 等技術之發展，均廣泛的應用於

分子演化的研究上（許，2007）。生物體中的遺傳物質可分為兩類：一是核染色體 DNA（Genomic DNA）；一是胞器 DNA，如粒線體 DNA（Mitochondrial DNA; mtDNA）及葉綠體 DNA（Chloroplast DNA）。就親緣地理的研究上，胞器 DNA 是目前被廣泛運用的分子標記。因胞器 DNA 為單系遺傳，在有性生殖的過程中不會經過基因重組，能確實顯現親本單系的來源，並具有較低的遺傳重組率，近年來常被用於推論親緣地理模式及物種在冰河作用後的遷移路徑（Avise, 1994）。

胞器 DNA 中的粒線體 DNA 其演化速率較一般合染色體 DNA 快 5~10 倍（Li and Zharkikh, 1995；Futuyma, 2005；王，1997），雙股環形的分子結構，排序的順序並不固定，但長度大小卻不會相差太多，大約為 15,000 至 17,000 個鹼基對（bp）。絕大部份動物的粒線體基因組均由 2 個核糖體核糖核酸（rRNA）、13 個蛋白質基因（Protein Coding Gene）、22 個轉移核糖核酸（tRNA）以及一段含有大量腺嘌呤（Adenine; A）與胸腺嘧啶（Thymine; T）控制粒線體 DNA 複製（Replication）及轉錄（Transcription）起始的控制區（Control region）所組成（Okimoto *et al.*, 1992）。常被用來分析種內族群間及種間關係的研究（Avise, 1989）。

早期甲殼類動物親緣分析所使用的分子標記，大多為等位酶（Allozyme，又稱為同功酶 Isozyme）電泳技術。近年來由於 DNA 序列分析技術十分普及且簡易，許多利用 DNA 序列為分子標記的親緣關係報告也相繼的發表（施，2002）。在甲殼類的研究中，因為粒線體 DNA 具有下列的性質：（一）、本身組成保守，缺乏修補的機制（Repaired mechanism），複製的忠誠度較低，較易發生變異（Dlayton, 1982）；（二）、母系遺傳的特性，為進行生物親緣關係提供了極佳的基本條件

(Brown *et al.*, 1991 ； 莊，2003 ； 黃，2005) ，亦可作為親緣分種以及族群結構的探討 (Wenink *et al.*, 1993) ； (三) 、粒線體構造簡單，容易純化 (黃，2005) ；因此是研究族群結構、基因交流、生物地理與親緣關係的一種好材料 (Bermingham and Martin, 1998 ； Bernatchez and Wilson, 1998) 。

用於甲殼類親緣關係檢定的粒線體 DNA ，目前最常使用的兩個片段是 16S rRNA 與 COI (Cytochrome oxidase I) 。 16S rRNA 為粒線體 DNA 上一構造性的非編碼 (Non-coding) 基因，其 16Sar 與 16Sbr 引子 (Primer) 之間約 520 bp 的片段為甲殼類系統分類學上最廣為使用的 (Erik *et al.*, 1993) 。此外， Crandall and Fitzpatrick (1996) 兩人所使用的 1471 和 1472 引子之間的 16S 基因片段，相較於傳統的 16Sar 和 16Sbr 片段，在 3' 端多了約 20 個有較多變異的片段 (Schubart *et al.*, 2000) ，也十分適合於無脊椎動物。 COI 則為粒線體 DNA 的編碼 (Coding) 基因，亦廣泛使用於甲殼類的親緣分析上 (Schubart *et al.*, 1998 ； Chu *et al.*, 1999 ； Harrison and Crespi, 1999) 。 COI 片段的變異性相較於 16S 而言，大了兩倍之多 (Schubart *et al.*, 1998 ； Chu *et al.*, 1999) ，因此對於相近種類、甚至族群之間的遺傳變異，將具有較佳的解析度 (施，2002) 。

利用粒線體 DNA 的 COI 片段當做分子標記，已經被廣泛運用於甲殼類動物的系統分類 (Bucklin *et al.*, 2003 ； Kawane *et al.*, 2005 ； Mantelatto *et al.*, 2007) 、族群遺傳結構 (Daniels *et al.*, 2002 ； Daniels, 2003 ； Cassone and Boulding, 2006) 、基因交流 (Daniels *et al.*, 2002 ； Daniels, 2003 ； Bruyn *et al.*, 2004) 、生物地理 (Harrison, 2004 ； Yeo *et al.*, 2007) 、親緣地理 (Bruyn *et al.*, 2004 ； Cassone and Boulding,

2006 ; Remerie *et al.*, 2006) 和推斷遷移路徑 (Bruyn *et al.*, 2004 ; Yeo *et al.*, 2007) 的研究中。國內，亦有不少人利用 COI 片段對於甲殼類動物進行研究，劉 (2006) 利用此一片段對於台灣的粗糙沼蝦做親緣地理與族群遺傳結構以及沼蝦屬的系統分類； Khoo (2007) 利用 COI 對於台灣產的新種沼蝦進行分析與發現；蕭 (2007) 也對台灣東部的台灣絨螯蟹做一族群遺傳結構的研究； Shih *et al.* (2004) 從分子層面來看南台灣澤蟹屬的系統發生關係； Shih *et al.* (2005) 對於新種淡水蟹進行系統分類與生物地理的初探； Shih *et al.* (2006) 對於拉氏清溪蟹進行臺灣島內親緣地理的研究； Shih *et al.* (2007) 又對於台灣西南地區澤蟹屬進行親緣關係與親緣地理的研究。由這些文章亦可得知，COI 用於台灣地區甲殼類生物生物地理的相關研究其實是具有足夠的解析力。



(五) 台灣島內的絨螯蟹

在水域生物中，屬於節肢動物 (Arthropod) 的螃蟹，除了是餐桌上的佳餚之外，在海洋、河口、溪流，甚至是小山澗中，皆可發現其蹤跡。目前世界上被發現的蟹種就約有 5,000 種之多 (陳與孫，2002)，因台灣島內地理環境特殊，台灣境內產的蟹類就有 39 科，約 620 種以上的蟹類 (Ho *et al.*, 2001)。一般來說，台灣島的螃蟹大致可分為三大類，淡水蟹類 (Freshwater crab)、兩側洄游性蟹類 (Catadromous crab)、海洋性蟹類 (Oceanic crab) (李，2001)。一般淡水蟹類泛指生活在淡水環境且完成生活史的蟹類，又稱溪蟹 (陳等，2001)，例如：拉氏清溪蟹 (*Candidiopotamon rathbunae*)、黃綠澤蟹 (*Geothelphusa olea*) 與台灣南海溪蟹 (*Nanhaipotamon formosanum*) 等。洄游性蟹類是指生活史必

須至河口產卵，卵所孵出的幼生會於大海中經歷一浮游期的階段，而後再上溯至淡水的水域中成長，等成熟後再洄游至河口產卵，完成生活史。此種蟹類最讓人所熟知的就是俗稱大閘蟹的中華絨螯蟹（*Eriocheir sinensis*）以及容易在河川中下游所發現的字紋弓蟹（*Varuna litterata*）。海洋性蟹類則是生活史完全在海中完成，餐桌上著名的鋸緣青蟬（*Scylla serrata*）與遠洋梭子蟹（*Portunus pelagicus*）皆屬於此類。

本篇論文所研究的生物絨螯蟹，屬於節肢動物門（Arthropoda），甲殼亞門（Crustacea），軟甲綱（Malacostraca），十足目（Decapoda），方蟹科（Grapsidae），弓蟹亞科（Varuninae）；且有三個屬，分別為絨螯蟹屬（*Eriocheir* (de Haan, 1835)）、扁絨螯蟹屬（*Platyerocheir* Ng, Junyao and Peter Ng, 1999）與新絨螯蟹屬（*Neoeriocheir* Sakai, 1983）；絨螯蟹屬以下有三種，分別為日本絨螯蟹（*E. japonica* (de Haan, 1835)）、合浦絨螯蟹（*E. hepuensis* (Dai, 1991)）與中華絨螯蟹（*E. sinensis* H. Milne Edwards, 1854），扁絨螯蟹屬有台灣扁絨螯蟹（*P. formosa* (Chan, Hung and Yu, 1995)），新絨螯蟹屬則為狹額新絨螯蟹（*N. leptognathus* (Rathbun, 1913)）(Ng *et al.*, 1999)。根據戴等（1986）、Dai（1991）與 Ng *et al.*, (1999) 所提，五種絨螯蟹在地理的分布如下；狹額新絨螯蟹的分布，北從朝鮮半島西岸、遼東灣、渤海灣、山東半島、江蘇，南至浙江、福建；日本絨螯蟹分布北自庫列島經日本、朝鮮半島東岸及部分南岸，南至中國大陸的福建、廣東兩省以及台灣（賴等，1986）；中華絨螯蟹廣布於中國大陸的沿海各省，以及朝鮮半島西岸；台灣扁絨螯蟹的分布則是最小的，僅中國大陸的廣東省與台灣，但於廣東省的分布地，僅捕獲一隻標本，就未曾再有紀錄，因此頗有爭議（Chan *et al.*, 1995）；合浦絨螯蟹則分布於中國大陸的西南部。外部型態上，合浦絨螯蟹、日本絨螯蟹和中華絨螯蟹的外型相似；

台灣扁絨螯蟹則和狹額絨螯蟹的外型較相似（洪，1993；Dai, 1991）。

被中央山脈分隔成東西兩半的台灣，恰巧境內兩種絨螯蟹的分布，就大致符合其分隔的結果。根據文獻，中央山脈以西的河川，南部以屏東四文溪為界往北至宜蘭的大溪川，為日本絨螯蟹的主要分部位置；中央山脈以東的河川，北起宜蘭大溪川，南至屏東四文溪，則是以台灣扁絨螯蟹為主（洪，1993）。僅有少部分的溪流有兩物種共域的情形，其中目前已知的河川為東北部的大溪川與梗枋溪與宜蘭的新城溪有發現此情形。

根據訪談，早期的台灣，河川受到污染較少，生存於西部河川中的日本絨螯蟹，其數量繁多。居住於苗栗後龍流域的居民，更是以醃漬的日本絨螯蟹為下酒的好配菜。相較於今日，雖然經濟較早年的台灣繁榮了，但河川的汙染卻嚴重了。曾經毛蟹降海多到可以於民宅中發現其蹤跡的景象，至今已不復見，有些河川甚至有絕種的危機（鄭等，1998）。東部河川是台灣絨螯蟹重要棲息地，於現今的台灣，相較於西部的河川，算是污染較低的環境，但因人為的大量捕抓，台灣絨螯蟹的數量與成體大小，也與早期的數量與個體有所差異（洪，1993；蕭，2007）。毛蟹的美味受到了老饕的喜愛，台灣本土的毛蟹數量逐漸在減少，對於市場上的需求也無法滿足，因此有業者從中國大陸引進俗稱大閘蟹的中華絨螯蟹來販售。相較台灣本土的日本絨螯蟹與台灣絨螯蟹，大閘蟹的味道卻遜色許多（洪，1993）。絨螯蟹的販售不僅僅在台灣，甚至日本也有養殖販售的例子（Yamasaki *et al.*, 2006），於台灣，本土絨螯蟹的單價甚至比進口的大閘蟹還要高，若可以善加養殖販售，將是另一種經濟來源。

(六) 台灣的絨螯蟹生態習性

屬於兩側洄游的絨螯蟹，平時生活在淡水的湖泊、溪流之中，但每到繁殖季，就會從湖泊或溪流順流而下，洄游至河川出海口交配繁殖後代，這樣的過程稱為「生殖洄游」或是「降海繁殖」（李，2001）。會有此一行為，是由於淺海的水溫穩定、食物來源充足。因此，除了絨螯蟹外，尚有些深海蟹類或是陸棲性蟹類也會於夏季遷移至較溫暖的淺海區或是河川出海口區進行繁殖（李，2001）。

台灣本土產的兩種絨螯蟹，雖生產繁殖的時間不同，但其洄游的生態習性卻類似。日本絨螯蟹於每年年末至翌年夏初至河口或是內灣交配產卵，產出的卵附著於腹肢的剛毛上，抱卵期間，雌蟹間歇地煽動腹肢，促使卵的成長。卵在海中大約兩個星期後孵化，孵出的幼苗行約一個月蚤狀幼體（Zoea）的浮游生活後，經脫殼變態而成大眼幼體（Megalopa），開始行底棲生活。大眼幼體大約生活五到七天，隨即進入稚蟹期（Juvenile crab）。即溯河而上，回至河川成長，待成長至成蟹再降海繁殖，完成生活史（Yamasaki *et al.*, 2006；賴等，1986）。台灣扁絨螯蟹則是於四、五月，春夏之交，隨著梅雨季溪水高漲，蟹齡達兩年的成熟雌蟹會順流而下，準備至河口繁殖。雌蟹移動的兩個星期後，雄蟹跟著也開始往下游移動。六月為台灣絨螯蟹的交配繁殖高峰期，交配後雄蟹死亡，雌蟹則是於近海抱卵，直到孵化（洪，1993；陳，1998；李，2001）。

(七) 絨螯蟹的文獻回顧

廣泛分布於韓國、日本、台灣、中國大陸的絨螯蟹，長期以來，其分類問題存在著很大的爭議，過去數十年有許許多多的學者探討過這類的問題。日本絨螯蟹、合浦絨螯蟹、中華絨螯蟹、台灣扁絨螯蟹、狹額新絨螯蟹是目前眾所皆知的幾種絨螯蟹。Sakai (1983) 根據形態學特徵以及生活習性不同的特點，將狹額絨螯蟹（狹額新絨螯蟹）從絨螯蟹屬（*Eriocheir*）中獨立出來，建立了新絨螯蟹屬（*Neoeriocheir*），並定名為狹額新絨螯蟹；戴等（1986）根據型態上的不同，認為絨螯蟹屬下有四個種，分別為日本絨螯蟹、中華絨螯蟹、直額絨螯蟹（台灣扁絨螯蟹）與狹額絨螯蟹（狹額新絨螯蟹）；戴（1988）利用支序分類學的方式進行研究，認為狹額絨螯蟹（狹額新絨螯蟹）是絨螯蟹屬中最原始的類群，並不支持將其另立新屬；Dai (1991) 將在中國大陸合浦所發現的絨螯蟹，依據型態上與日本絨螯蟹有些許的差異，認定是一個日本絨螯蟹的亞種，並命名為合浦絨螯蟹（*E. japonica hepuensis*）；Chan *et al.* (1995)，於珠江澳門一帶調查結果顯示，無法再次採集到台灣東部絨螯蟹的相似物種，僅能發現日本絨蟹的族群分布，並將台灣東部的絨螯蟹重新命名為台灣絨螯蟹（台灣扁絨螯蟹）；Guo *et al.* (1997) 從分類學的角度對於四種絨螯蟹的型質再次比較，其論點支持 Sakai (1983) 所提出建立新絨螯蟹屬（*Neoeriocheir*）的論點；Ng *et al.* (1999) 利用型態上的差異做為檢測，將台灣扁絨螯蟹也提升至一個新屬，為扁絨螯蟹屬（*Platyeriocheir*），且支持 Sakai (1983) 所提出的新絨螯蟹屬（*Neoeriocheir*），並認為合浦絨螯蟹可以從日本絨螯蟹的亞種之下提升成為一個種，並定名為（*E. hepuensis*）。隨著分子技術的進步，邱等（2001）利用粒線體 16S rRNA 對於絨螯蟹屬進行系統發生的研究，認為狹額絨螯蟹（狹額新絨螯蟹）是絨螯蟹屬系統演化的一個側支，而不能提升為一個新屬，並提出狹額絨螯蟹（狹額新絨螯蟹）應還是屬於絨螯蟹屬下的一個物種的論點。孫等（2003）利用粒線體 16S rRNA 序列探

討絨螯蟹屬的系統發生關係，認為合浦絨螯蟹與日本絨螯蟹屬於同一物種，即日本絨螯蟹（*E. japonica*），並提出扁絨螯蟹屬（*Platyeriocheir*）是絨螯蟹屬的同物異名，因此認為台灣扁絨螯蟹應該還是屬於絨螯蟹屬，不須提升為一新屬的論點。同年 Tang *et al.* (2003) 利用粒線體 COI 與核染色體 ITS 對於亞洲地區絨螯蟹屬進行系統發育的研究，則認為合浦絨螯蟹為日本絨螯蟹的一個亞種。而後 Chu *et al.* (2003) 也利用 16S rRNA、COI 與 ITS，三條序列進行屬內種間親緣關係的檢定，其結論是把合浦絨螯蟹認為是一個有效的種，與 Ng *et al.* (1999) 的論點相符。至今，絨螯蟹屬中，包含日本絨螯蟹、合浦絨螯蟹與中華絨螯蟹是被確立的，而台灣扁絨螯蟹與狹額新絨螯蟹是否該被獨立出來且提升成兩個獨立的新屬，尚有存在些許的爭議。

絨螯蟹屬內，不管是否包含台灣扁絨螯蟹與狹額新絨螯蟹，由演化關係樹來看，日本絨螯蟹（應為中國大陸地區的合浦絨螯蟹）與中華絨螯蟹關係是最密切的（邱等，2001；孫等，2003）。曾經有人認為日本絨螯蟹（應為中國大陸地區的合浦絨螯蟹）與中華絨螯蟹為同一物種，並且可以雜交而產生子代（Peng, 1986；Zhao *et al.*, 1988；Lu *et al.*, 2000）。為了釐清此二種蟹類雜交的真實性，Lee *et al.*, (2004) 利用核型學的方法，對於日本絨螯蟹（應為中國大陸地區的合浦絨螯蟹）與中華絨螯蟹進行染色體套數的計算，發現，兩種蟹類染色體的套數一致，皆為 73 套 146 條染色體。雖在電子顯微鏡下觀測到，兩物種染色體的中心粒位置有些些微的不同，但兩物種雜交的可能性卻還是存在的。

絨螯蟹屬中，就所被熟知的幾種之外，也陸續發表過新種。Yamasaki *et al.* (2006) 利用 RFLP 檢測粒線體 DNA 的變異進行族群間結構的探討，發現位於日本邊陲的一個小島嶼 Ogasawara 與日本本島的日本絨螯

蟹 (*E. japonica*) 有明顯的差異存在。 Komai *et al.* (2006) 對於日本 Ogasawara 的日本絨螯蟹進行形質上的檢測，並將產於此地的日本絨螯蟹發表成新種，為 *Eriocheir ogasawaraensis* 。除了新種的發表之外，尚有些文獻提到有關中華絨螯蟹在其他地區被新發現的文章。 Clark *et al.* (2006) 與 Robbins *et al.* (2006) 皆分別於伊拉克與伊朗發現中華絨螯蟹的記錄，並提及有關壓艙水可能為其傳播過去的主要原因之一。

於此，本文中所提到的絨螯蟹類群，目前根據 Ng *et al.* (1999) 所提的五種進行撰寫。分別是日本絨螯蟹 (*E. japonica* (de Haan, 1835))、合浦絨螯蟹 (*E. hepuensis* (Dai, 1991))、中華絨螯蟹 (*E. sinensis* H. Milne Edwards, 1854)、台灣扁絨螯蟹 (*P. formosa* (Chan, Hung and Yu, 1995))、狹額新絨螯蟹 (*N. leptognathus* (Rathbun, 1913))。



(八) 研究目的

過去，對於日本絨螯蟹相關的研究，有幼苗孵育與幼苗對毒物的耐受性 (賴等, 1986 ; Shy *et al.*, 1992 ; Zhao *et al.*, 1997)、族群的組成 (Kobayashi and Matsuura, 1995 ; Kobayashi, 1999 ; Herborg *et al.*, 2006) 及絨螯蟹屬的分類 (戴等, 1986 ; 洪, 1993 ; 陳, 1998 ; 堵, 2002)。於分子生物學方面，則多半為絨螯蟹屬內親緣關係的研究 (孔等, 2001 ; Tang *et al.*, 2003 ; Chu *et al.*, 2003) ；種內的族群結構問題，目前也僅 Yamasaki *et al.* (2006) 利用 RFLP 的方法進行日本境內族群的研究，發現日本本島的各族群沒有明顯的差異存在，反而是與離島的族群有分群的現象。直至目前仍無學者針對台灣島內日本絨螯蟹族群遺傳

變異做詳盡的研究，台灣境內，日本絨螯蟹的分佈為何？台灣本島內的族群遺傳結構組成是否與日本本島一致，為同一分群內？與相鄰的日本島系或是中國大陸地區的日本絨螯蟹是否有遺傳的差異存在？是本論文感興趣的課題。

多篇文章提到日本絨螯蟹、中華絨螯蟹為日本與中國大陸地區主要的經濟蟹類之一(高等, 2000 ; 孔等, 2001 ; Sun *et al.*, 2005 ; Yamasaki *et al.*, 2006)，其中孔等 (2001) 指出近年來由於人為過度捕撈與開發對環境的破壞加劇，已使自然族群資源量減少，加上市場需求促使人工育苗廣泛發展，大規模的養殖盛行與無規範的幼苗供應已造成各水系的種群產生混染。直至目前為止，台灣沒有養殖日本絨螯蟹的紀錄，對於絨螯蟹需求量大增的台灣，日後是否也將進行日本絨螯蟹養殖業的開發不得而知。整個日本絨螯蟹族群的基因多樣性是否因此而趨向於貧乏？它的族群遺傳結構是否會趨向同質化？經由日本絨螯蟹在台灣族群遺傳結構的研究，將可為往後養殖業的開發或是保育的工作，建立一份基礎而有意義的資料。

因為受限於許多條件，少有人會探討海域性生物的分布限制因素，因此，日本絨螯蟹與台灣絨螯蟹為什麼於台灣的分布，大致上以中央山脈成為區隔，直至目前仍是個謎。也因此深入研究日本絨螯蟹的族群遺傳結構不只可讓我們更了解此物種，更可以讓我們做為海域性生物基因交流的一個參考。

本篇研究希望了解與解釋以下的問題:

- (一) 比較中國大陸地區與各島系之間，日本絨螯蟹是否有分群的現象。
- (二) 台灣島內的日本絨螯蟹與台灣絨螯蟹分隔的可能原因。
- (三) 台灣島內日本絨螯蟹的族群遺傳結構。

(四) 影響台灣島內日本絨螯蟹族群遺傳結構的原因。

(五) 以遺傳多樣性的角度，提供日本絨螯蟹於保育方面的建議。

