

肆、討論

(一) 日本絨螯蟹 (*E. japonica*) 的遺傳多樣性分析

分析 61 條定序的日本絨螯蟹序列，在鹼基對比例方面，A 所佔比例約為 27.6 %，T 所佔比例約為 35.9 %，C 所佔比例約為 19.8 %，G 所佔的比例約為 16.7 %， $A+T=63.5\%$ 。相較於中華絨螯蟹 $A+T=62.34\%$ (孔等, 2001)、*Potamonautes calcaratus* $A+T=66.84\%$ (Daniels *et al.*, 2002)、拉氏清溪蟹 (*Candidiopotamon rathbunae*) $A+T=71.2\%$ (Shih *et al.*, 2006)、梭子蟹屬 (*Portunus*) $A+T=74.7\%$ (Mantelatto *et al.*, 2007) 皆呈現出 A-T rich 的現象。Sun *et al.* (2005) 對於日本絨螯蟹粒線體 DNA 進行序列的研究亦指出，日本絨螯蟹的粒線體 DNA 存在於 A-T rich 的現象，此與本研究定序出來的結果一致。

比較六個小地理區不同族群的單倍基因型多樣性指數 (h)，最高的值為 1.000，最低的值為 0.533，但所有小地理區的基因型多樣性指數皆高於 0.500。 h 值達到 1.000 的小地理區為中國大陸珠江 (China Ju - Jiang) 的族群，因其樣本數只有兩個，故經由估算，多樣性的指數才會到達 1.000。相較於單倍基因型多樣性指數，核苷酸多樣性指數 (π 與 θ) 的數值皆較低。 π 值最高為 0.00541，最低為 0.00120； θ 最高為 0.00544，最低為 0.00120；顯示出核苷酸多樣性指數皆低於 0.01。相較於淡水性甲殼生物螯蝦 (*Ausropotamobius italicus*) h 值為 0.220， π 值為 0.045 (Zaccara *et al.*, 2005)；海洋性甲殼生物蟹 (*Limulus polyphemus*) h 值為 0.846， π 值為 0.004 (Pierce *et al.*, 2000) 與斷溝龍蝦 (*Panulirus interruptus*) h 值為 0.8617， π 值為 0.034 (García-Rodríguez *et al.*, 2000)。

guez and Perez-Enriquez, 2006)；並根據 Grant and Bowen (1998) 與 Avise (1994) 的研究，均顯示本研究的結果屬於高 h 值與低 π 值〈表七〉。

從分子生物的角度，經由單倍基因多樣性指數 (h) 與核苷酸多樣性指數 (π 與 θ) 兩者的變異模式可以用於推測物種可能經歷了何種歷史事件的影響。導致整個大東亞日本絨螯蟹的高 h 值與低 π 值的結果，原因可能為最初的族群本身族群量小，所擁有的遺傳結構多樣性較小或是因為經歷了某些地質事件造成族群內的遺傳多樣性緊縮，而後又經歷了族群量快速的成長。因此，推測此物種曾經可能經歷的歷史事件如下：(一) 經歷創始者效應，其後快速擴張 (Population expansion) 形成現今的族群分布。(二) 曾經遭受瓶頸 (Bottleneck effect) 效應，其後快速擴張形成現今的族群狀態。

東亞地區的日本絨螯蟹是否經歷族群快速擴張事件，可經由 Tajima's D 與 Fu and Li's D 兩種中性檢定加以印證，經由運算後 D 值皆為負值，且 P 值皆大於 0.1，僅大地理區中的台灣 (Taiwan) 與小地理區中的琉球沖繩 (Okinawa) 小於 0.05 呈現顯著偏離 0 的結果。負的 D 值表示族群經歷擴散現象，負的 D 值越小 (越偏離 0)，顯示出受到事件直接的選擇 (directional selection) 越明顯，而後伴隨族群擴散的現象越顯著；而小於 0.05 的 P 值呈現顯著的偏離 0 的結果更印證族群經歷快速擴張的結果〈表八〉。此外，Simonsen *et al.* (1995) 提到，中性檢定的效力和可信度區間會受到樣本數和分析序列長度的影響，換句話說，若是提高所分析的樣本數和序列的長度可以增加中性檢定的效力，並提到，此二種方式，以增加樣本數的效果更好。於此研究中，有兩個小地理區 (Japan Main Island and China Ju-Jiang) 無法運算中

性檢定，原因就是因為族群的數量太少（最少需四個樣本），而台灣（Taiwan）與琉球沖繩（Okinawa）分別於 Tajima D test 與 Fu and Li's D test 中 P 值介於 0.1 與 0.05 之間，顯示本研究若增加樣本數所運算出的結果將越接近自然環境中母族群的變化，並且中性檢定越能呈現顯著偏 0。

至於大東亞地區的日本絨螯蟹族群所經歷的歷史事件為創始者效應或是瓶頸效應，而後才快速擴張，可以從地質史中略為推測。根據林與周（1974）、賴（1989）與胡（1995）的研究指出，台灣早期曾因冰河時期與中國大陸相鄰；Lin *et al.*（2002）於草蜥的親源地理關係研究中，將中國大陸、台灣、日本琉球與日本本島於第四紀冰河時期的海進海退繪製出一模擬圖（圖八）。顯示出，原本東亞島弧的島嶼於第四紀冰河時期時，是與亞洲大陸相連，隨著冰河的退卻，海平面逐漸的上升，造成各島嶼與亞洲大陸的分離，並使生物族群之間逐漸產生了隔閡。因此推測，在各島嶼尚未分隔時，日本絨螯蟹應廣泛分布於舊亞洲大陸沿岸的各水系中。當島嶼的產生並逐漸與亞洲大陸分隔之後，才開始往各獨立的島嶼內部水系快速擴散。因此推測，大東亞地區的日本絨螯蟹族群經歷瓶頸效應而後族群快速擴張的可能性較高。

台灣島內中的三個小地理分區中，其 h 值介於 0.8 至 0.9 之間， π 與 θ 的值亦呈現較低的值（皆低於 0.01），根據上段的敘述，地理歷史事件中的瓶頸效應所造成的影響可能性很高。但於台灣境內，造成三個小地理分區中，高 h 值與低 π 與 θ 的另一種可能原因為環境的污染，以及人為大量捕捉的影響，造成台灣地區日本絨螯蟹的族群迅速減少。快速緊縮的族群，為造成台灣日本絨螯蟹族群在分子序列層次上表現出高 h 值與低 π 與 θ 值的另一可能原因。

(二) 日本絨螯蟹 (*E. japonica*) 族群間之遺傳分化

比較日本絨螯蟹的遺傳差異，先從大的地理區討論起。中國大陸、台灣、琉球沖繩與日本，這四個大地理區的基因型來看，琉球沖繩與日本分別各自擁有獨立的基因型 (Haplotype) 分別為 H1 ~ H5 與 H22 ~ H23；台灣地區與中國大陸則存在一共享基因型 H19。經由相比較兩兩地區的基因歧異度 (D_{xy}) 與基因淨歧異度 (D_A) 以台灣地區與中國大陸的值最低，再加以相對照遺傳分化值 (N_{st} 、 F_{st}) 與基因交流度 (N_m) 後，亦可發現台灣地區與中國大陸有基因交流的現象。台灣與中國大陸地區、琉球沖繩與日本三個大地理區中，基因交流的現象則非常微弱 (基因歧異度與淨歧度值相對較高；遺傳分化值趨近於 1；基因交流度值非常低，趨近於 0)。

日本絨螯蟹的生活史中會降海產卵，卵於海水中所孵出的幼生會行為期約一個月的浮游生活，而後上溯至淡水溪流中成長 (賴, 1986; 李, 2001)。行浮游生活的幼生，可能會因海流的流動或是壓艙水 (Clark *et al.*, 2006; Robbin *et al.*, 2006)，而傳播到其他地方。根據圖十，台灣沿岸冬季的海流圖，於台灣的西北角有海流會流向中國大陸福建，加上往返中國大陸的船隻，壓艙水的利用，成為影響台灣與中國大陸地區日本絨螯蟹基因交流的可能原因。Roman 與 Palumbi (2004) 研究海洋性蟹類，歐洲綠蟹 (*Carcinus meanas*) 的族群結構指出，海洋中的海槽或是海溝，可能是影響島嶼與陸域地區歐洲綠蟹族群出現分群的一個可能原因。Ogoh 與 Ohmiya (2005) 對於日本地區的海洋性節肢動物 *Vargula hilgendorffii* 進行生物地理的研究，指出 Kerama 海槽與 Tokara 海槽是

造成 *Vargula hilgendorfii* 分群的原因。推測，Kerama 海槽與 Tokara 海槽〈圖七〉是造成台灣地區、琉球沖繩與日本這三地區基因交流現象較弱的可能原因。

台灣島內的三個小地理區內，日本絨螯蟹的基因歧異度值皆小於 0.005，基因淨歧異度值皆小於 0.00005，顯示三個小地理區的族群結構非常相似。遺傳分化值大約介於 0.00501~0.01975 之間，基因交流度值最高更高達 49。顯示三個小地理區族群間的基因交流相當的頻繁，因此各族群的相似度也極高。根據幼生須於海洋中行約一個月左右浮游生活的習性與台灣沿岸沿岸流的流況圖〈圖十〉，沿岸流極可能影響台灣地區日本絨螯蟹各族群基因交流頻繁的原因之一。

(三) 日本絨螯蟹 (*E. japonica*) 種內與絨螯蟹各種間之親源關係

就絨螯蟹屬的 NJ Tree 關係圖〈圖四〉可看出狹額新絨螯蟹的關係最遠，其次是台灣扁絨螯蟹，中華絨螯蟹、合浦絨螯蟹與日本絨螯蟹於本研究中顯示屬於同一群，其 Bootstrap 值為 100，可信度相當高。Sakai (1983) 根據型態學的特徵以及不同的生態習性，將狹額新絨螯蟹歸為新絨螯蟹屬；戴等 (1986) 利用與絨螯蟹屬關係最近的近方蟹屬 (*Hemigrapsus*) 做外群，用支序分類法比較了絨螯蟹屬 4 個物種與外群組在 22 個型態學特徵上的差別，其中狹額絨螯蟹有 17 個祖徵與外類群相類似，超過絨螯蟹屬中其他三個物種，認為是絨螯蟹屬中最原始的一個物種；但 Guo *et al.* (1997) 利用分子生物的技术進行研究，支持新絨螯蟹屬的成立；孫等 (2003) 從粒線體 16S rRNA 序列探討絨螯蟹類的系統發生關係，其序列歧異數據比較和系統發生樹都支持新絨螯蟹屬

為一個獨立的屬，至今新絨螯蟹屬已為一有效的屬。本研究中，狹額新絨螯蟹是最基礎的一個分支，遺傳歧異度的部份亦與絨螯蟹屬的物種相差約 13 個百分比，此部分結果與孫等（2003）16S rRNA 的結果相雷同。有關於台灣扁絨螯蟹，是否應把其獨立出來提升成一個新的屬（扁絨螯蟹屬（*Platyeriocheir*））也一直是倍受爭議的話題。本研究中，利用粒線體 COI 基因比較台灣扁絨螯蟹與絨螯蟹屬各物種的關係，其遺傳歧異度相差約 13 個百分比，並可將台灣扁絨螯蟹與中華絨螯蟹、合浦絨螯蟹與日本絨螯蟹，清楚區分，再加上生態上洄游的習性亦與其他的絨螯蟹不同（屬於夏季降海產卵）（洪，1993；蕭，2007），外型上又與中華絨螯蟹、日本絨螯蟹有明顯的差異（戴，1988）。綜合以上各點，支持台灣扁絨螯蟹成立成一個新的屬的可能性，新的屬為扁絨螯蟹屬（*Platyeriocheir*）。此一結果與 Ng *et al.* (1999) 所提出將台灣扁絨螯蟹另立為一個新屬的結果相符。

本研究中絨螯蟹屬中的日本絨螯蟹、合浦絨螯蟹與中華絨螯蟹為同一分群中，此一分群內亦包含了日本絨螯蟹三大地理區的族群，並且顯示，日本本島的日本絨螯蟹與中華絨螯蟹的關係較為接近，而琉球沖繩的日本絨螯蟹與台灣、中國大陸的族群較為接近，且 Bootstrap 值皆在 90 以上，可信度相當高，且台灣、中國大陸日本絨螯蟹的族群與合浦絨螯蟹無法分群，並且為同一群。高等（1999）利用粒線體 12S rRNA 的序列為標記，對於日本千葉縣坂田川、歌山縣古座川、北海道石狩川與新瀉縣三面川四處所產的日本絨螯蟹族群進行比較，發現四處的族群沒有明顯分群的現象，其結果與本研究中日本本州地區的樣本無法分群的結果相同。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 與日本以及琉球的日本絨螯蟹（*E. japonica*）有明顯的差異存在，亦與本

研究中琉球與日本族群分群的結果相同。隨後 Komai *et al.* (2006) 將日本 Ogasawara 的日本絨螯蟹發表成新種 *E. ogasawaraensis* Komai, 2006。Chu *et al.* (2003)，利用 16S rRNA、COI 與 ITS 三個片段進行絨螯蟹屬內種間分子親緣關係的研究，其 16S rRNA 與 ITS 的結果指出，合浦絨螯蟹的關係與日本絨螯蟹關係最近，其次是中華絨螯蟹，而後是台灣扁絨螯蟹，關係最遠的則是狹額新絨螯蟹；而 COI 的結果卻是合浦絨螯蟹與中華絨螯蟹的關係較近，其次是日本絨螯蟹，而後是台灣扁絨螯蟹，關係最遠的則是狹額新絨螯蟹。本研究結果，合浦絨螯蟹與台灣、中國大陸的日本絨螯蟹混合成一群，並與日本琉球沖繩地區的日本絨螯蟹形成一個單系群，而日本地區的日本絨螯蟹則與中華絨螯蟹成一個單系群，此與 Chu *et al.* (2003) COI 的結果有點出入，但若再加入採集地點相比較，合浦絨螯蟹確實是與日本產的日本絨螯蟹關係是較遠的，此與本文的結果較相符。從本研究中 NJ Tree 分析的結果與 Chu *et al.* (2003) 相比較，對於絨螯蟹屬的分類關係提出了幾點可能性：（一）從分支圖來看，絨螯蟹屬除了可能有四個種，分別是中華絨螯蟹、日本絨螯蟹（所指的是產於日本本島的物種，因日本絨螯蟹的模式標本所採集到的地點位於日本）、產於琉球沖繩的日本絨螯蟹（為一新種）與合浦絨螯蟹（亦把台灣與中國大陸的產的日本絨螯蟹皆歸屬於合浦絨螯蟹）；（二）絨螯蟹屬除了 *E. ogasawaraensis* 僅包含日本絨螯蟹與中華絨螯蟹兩種，而真正的日本絨螯蟹指的是琉球沖繩與台灣、中國大陸所產的日本絨螯蟹，而合浦絨螯蟹，為日本絨螯蟹的同種異名，同屬於日本絨螯蟹，日本本島所產的日本絨螯蟹，則應為中華絨螯蟹的同種；（三）絨螯蟹屬除了 *E. ogasawaraensis* 尚有三個種與一個亞種，中華絨螯蟹，日本絨螯蟹（產於日本本島）與合浦絨螯蟹（將台灣、中國大陸的日本絨螯蟹歸屬於合浦絨螯蟹）與產於琉球沖繩的日本絨螯蟹為合浦絨螯蟹的一個亞種；（四）絨螯蟹屬除了 *E. ogasawaraensis* 還有中

華絨螯蟹與日本絨螯蟹兩種，並有兩個亞種，合浦絨螯蟹與台灣、中國大陸所產的日本絨螯蟹為一亞種，而另一亞種為琉球沖繩所產。本研究分析可發現，合浦絨螯蟹的三條序列（Eh01、Eh02、Eh03）分別與台灣、中國大陸地區日本絨螯蟹的 H14、H9、H8 共享基因型〈表十四〉。又根據本論文各物種之間歧異度的對照表，中華絨螯蟹與日本地區的日本絨螯蟹約有 4.6%~5.0% 的差異，與琉球沖繩的日本絨螯蟹相差 4.4%~5.8%；合浦絨螯蟹與台灣、中國大陸地區的日本絨螯蟹這一類群，與日本地區的日本絨螯蟹相差 4.6%~4.8%，與琉球沖繩的日本絨螯蟹約有 3.4%~4.0% 的差異，並與中華絨螯蟹相差 5.2%~5.6%〈表十五〉。本研究中的 NJ Tree 結果，儘管 Bootstrap 值偏低〈圖四〉，但中華絨螯蟹與台灣與中國大陸地區的日本絨螯蟹與合浦絨螯蟹、琉球沖繩地區的日本絨螯蟹、日本地區的日本絨螯蟹成為四個獨立的單系群。中華絨螯蟹為一有效物種（Ng *et al.*, 1999）；且根據高與周（1998）利用 RAPD 的分析方式分析了中華絨螯蟹遼河、長江與歐江，發現其遼河與歐江的族群有明顯的差異；李與鄒（1999）以 RAPD 的方法分析中國大陸沿海六水系絨螯蟹（中華絨螯蟹和日本絨螯蟹）的群體親緣關係，發現珠江與南流江流域的絨螯蟹族群可與長江、遼河、黃河和歐江水系的絨螯蟹族群分群；顯示中國大陸的歐江對於絨螯蟹的種類中是一個明顯的界線。唐（2000）利用 ITS 與 COI 基因序列的研究，認為中國大陸各水系的絨螯蟹是日本絨螯蟹的兩個亞種，且中華絨螯蟹（*E. j. sinensis*）分布於北緯 26° 以北，合浦絨螯蟹（*E. j. hepunsis*）分布於北緯 26° 以南；李與曾（2000）對於合浦絨螯蟹的型態學進行研究，並至南流江、欽江、公館河、茅嶺江與北倫河採集樣本，確立的合浦絨螯蟹此物種應屬於絨螯蟹屬下的一個有效物種；孫等（2002）與孫等（2005）兩篇文章皆利用 16S rRNA 對於中華絨螯蟹與合浦絨螯蟹兩物種分別進行 RFLP 與序列變異的分析，發現歐江及其以北的水系主要分布的物種

為中華絨螯蟹，歐江及其以南的水系所分布的物種為合浦絨螯蟹；從這可以明顯的得知，中國大陸對於歐江以南水系所產的絨螯蟹應屬於合浦絨螯蟹。再與本研究的 NJ Tree 相比較，其台灣與中國大陸地區的日本絨螯蟹與合浦絨螯蟹、琉球沖繩地區的日本絨螯蟹、日本地區的日本絨螯蟹這三個單系群，極有可能分別為三個有效的物種。根據日本絨螯蟹的模式標本是於日本所採集到的，且合浦絨螯蟹亦被認為是一個有效的種（Guo *et al.*, 1997；Ng *et al.*, 1999；李與曾，2000），因此推論，本研究中日本地區的日本絨螯蟹較符合現今所泛稱真正的日本絨螯蟹；台灣與中國大陸的一群，其基因型皆與合浦絨螯蟹的序列相符合，又根據合浦絨螯蟹的分布為歐江以南（孫等，2002；孫等 2005），因此推測，台灣與中國大陸的日本絨螯蟹，實則應屬於合浦絨螯蟹；而琉球沖繩地區的日本絨螯蟹，很有可能為一個新種，若能加以外部型質的資料，將更能確定此一事實。因此，上述的討論支持（一）的假說，絨螯蟹屬中可能有四種（另有一種為 *E. ogasawaraensis*），分別為中華絨螯蟹、日本絨螯蟹（日本地區所產）、琉球沖繩地區的新種，和台灣與中國大陸地區的合浦絨螯蟹。於此將琉球沖繩地區的新種絨螯蟹其學名暫定為（*E. sp. nov.*），並認為台灣與中國大陸地區的日本絨螯蟹應屬於合浦絨螯蟹。而絨螯蟹屬內各物種的分布範圍，根據本研究應如〈圖十二〉。

日本絨螯蟹的種內親緣關係樹（NJ Tree）〈圖五〉顯示主要分為三群，分別為台灣、中國大陸（Taiwan, China）、琉球沖繩（Okinawa）與日本（Japan），且 Bootstrap 值皆高於 95，可信度相當高。與 AMOVA 的運算後，變異的結果產生於地理區間的結果相符。將數據繪製成 Minimum-spanning network，亦發現琉球沖繩（Okinawa）與台灣、中國大陸（Taiwan, China）相差了 16 個 Steps，日本（Japan）又與琉球沖繩（Okinawa）相差了 19 個 Steps，更證明此三個分群的可信度很高

〈圖六〉。三個分群的分界，與地理位置的 Kerama 海槽與 Tokara 海槽相符〈圖七〉，並與 Lin *et al.* (2002) 所繪製的第四紀冰河時期海進海退模擬圖相類似〈圖八〉。推測，第四紀冰河時期結束時，海平面的上升，Tokara 海槽的形成使得日本的族群最先與琉球沖繩和台灣、中國大陸的族群造成隔離，而後海平面的繼續上升，Kerama 海槽的形成切斷了琉球沖繩與台灣、中國大陸兩族群的聯繫，使這兩群產生了隔離，最終，台灣地區才與中國大陸分離，但可能因造成隔離的台灣海峽深度不夠，使得台灣與中國大陸的族群並未有分群的現象。

利用分子鐘 (Molecular clock) 的概念，並使用研究中所定序出的序列，再加上蟹類的粒線體 COI 基因的變異速度為每個 Base pair 每百萬年是 1.66%~2.33%，經由演算後進行推估各大地理區族群分隔的時間點，而後進行比對地質的歷史事件，以了解何為影響族群分隔的原因。本研究中，台灣、中國大陸與日本本島的日本絨螯蟹族群隔離發生的時間約為 7.47 百萬年前，而台灣、中國大陸與日本琉球沖繩的日本絨螯蟹隔離發生的時間約為 6.38 百萬年前，日本本島與日本琉球沖繩的日本絨螯蟹隔離的時間約為 7.65。根據，Kimura *et al.* (1991) 提到，Tokara 海槽形成的時間約為七百萬年前，Kerama 海槽形成的時間約為五百萬年前。與日本絨螯蟹分子鐘演算的結果相對照，發現其隔離的時間點幾乎吻合，由此推測兩海槽對於日本絨螯蟹族群分群的影響是可能性很高。

日本絨螯蟹是屬於洄游性的生物，幼生會於海洋中行約一個月左右的浮游時期是眾所皆知的。但浮游時期的幼生，為何無法藉由洋流而往北擴散到琉球沖繩與日本？由上述的推測，發現 Tokara 與 Kerama 兩海槽的存在，有可能影響到日本絨螯蟹的分群現象，另一方面，根據賴等 (1986) 對於日本絨螯蟹於室內繁殖的報告指出，日本絨螯蟹的幼生

於飢餓的環境下超過四天，會有大量死亡的現象，往北的日本絨螯蟹幼生若經由營養塩較缺乏的黑潮帶送，因為飢餓的關係，導致幼生不易由台灣傳播至較遠的琉球沖繩，甚至日本，因此造成分群的現象。雖然由本論文的結果有分群的現象，並且符合地質上的 Tokara 與 Kerama 兩海槽，但是真正的分界點是否真是為此兩海槽，或是另有其他的分界點？於本論文中因數據的不足，無法再做進一步的探討，往後，若是可獲得更多日本經琉球沖繩至台灣這些島列其他島嶼的日本絨螯蟹標本（例如：八重山），將可為東亞地區的日本絨螯蟹分群的資料建立的更詳細。

(四) 影響台灣島內日本絨螯蟹 (*E. japonica*) 各族群交流的因素

族群間的基因交流程度與族群個體遷移的數量呈正相關，遷移的距離，除了和物種本身的遷移能力有關之外，往往亦受到其他被動傳播的因子所影響。從生活史來看，日本絨螯蟹於雌蟹將卵釋出後，卵及漂浮於河口，孵出後的幼生又行浮游生活，此二個階段，皆是使日本絨螯蟹傳播至鄰近河口的機會，也因此而產生了基因交流的現象。其中，又以行浮游生活時期中的蚤狀幼體與大眼幼體的傳播能力最好（賴等, 1986; Shy and Yu, 1992）。亦有研究顯示，蟹類的蚤狀幼體和大眼幼體兩時期浮游天數越久，幼苗擴散的範圍越廣（DeVries and Forward, 1989；薛，2000）。根據以上推測，台灣沿岸地區的海流，成為絨螯蟹幼苗散播的主要原因之一。

從分子演算的觀點來看，利用所獲得的序列，經由有效族群量的估計而後推估兩兩族群間遷移的比率，發現台灣島內的三個小地理區各族群的遷移方向分別為，西部地區往北部地區遷移與東北地區往北部地區

遷移，皆是往台灣北部的方向集中。詹等（1996）對於台灣東北角海域黑潮與沿岸流的調查發現，東北角海域海流的流向是由南往北流〈圖九〉，此結果與習性為秋冬產卵的日本絨螯蟹東北地區族群往北遷移至北部地區的比率較大的結果相符。另由國家海洋研究中心網頁所提供的台灣西部海流資料顯示，冬季的台灣沿岸的海流方向，亦是由南往北流動〈圖十〉，此與西部地區的日本絨螯蟹往北部地區遷移的比率較高的結果吻合。由上述的資料顯示，台灣島內的日本絨螯蟹族群遷移與高度基因交流的情況，台灣島沿岸海流所造成的影響是顯著的。

台灣島內的絨螯蟹大致以中央山脈分隔成東西兩群，東部以台灣絨螯蟹為主，西部至東北部則是以日本絨螯蟹為主。為何於台灣島內會形成兩物種分群的現象，可以從海流這方面推測出端倪。根據上述的討論結果，假設台灣島沿岸的沿岸流是影響日本絨螯蟹族群交流的重要原因，由於冬季的沿岸流皆是由南往北流動〈圖十〉，在這段時期繁殖的日本絨螯蟹幼生大部分遷移的路徑皆是比較偏向往北移動，並無法藉由海流將幼生由西往東傳。夏季的海流流況因為黑潮的作用增強〈圖十一〉，使得台灣東部的海流流向皆是由南往北，而西南部的海流形成一回流，對於在夏季繁殖的台灣絨螯蟹，幼生亦是由南往北傳，西南部的回流是對於台灣扁絨螯蟹擴散到西部的一個阻礙，而東北角於宜蘭南澳附近的外海亦是受到由南往北強勁海流的影響，幼生亦可能少許的進入宜蘭平原地區，但若要傳播至基隆附近，海流的力量或許不太足夠，因此台灣絨螯蟹的分布也僅到宜蘭地區，且數量並不多，形成與日本絨螯蟹共域的現象（根據採集的經驗，在共域的地區若是捕獲十隻日本絨螯蟹，約只採集到一隻台灣絨螯蟹）。

(五) 日本絨螯蟹 (*E. japonica*) 的保育問題

現今從分子生物學的層面來探討保育的問題是非常熱門的一門學問 (Castilla *et al.*, 1998 ; Paetkau, 1999 ; Douglas *et al.*, 2003) , 其中以演化有效單位 (ESU, Evolutionarily Significant Unit) 與管理單位 (MU, Management Unit) 最被廣為討論。根據 Moritz (1994) 從保育的角度定義演化有效單位一文中, 認為演化有效單位 (ESU) 的定義為曾經經歷歷史事件分隔的族群單元或是存在足夠可被分隔的遺傳距離的族群單元, 例如: 在演化樹上, 一個獨立的分支可被歸為一個演化有效單位; 並將管理單位 (MU) 定義為, 經由人為所規劃出的一基本管理單位, 一個管理單元可以包含至少一個至多個演化有效單位 (Moritz, 1995) 。

從東亞的大地理區來看, 依據演化有效單位與管理單位的觀念, 相比較本研究中利用 NJ Tree 所繪製出的日本絨螯蟹演化樹〈圖五〉, 再加上地理區上的隔離, 將 NJ Tree 演化樹的分群結果, 台灣、中國大陸 (Taiwan, China)、琉球沖繩 (Okinawa) 與日本 (Japan) 分別訂為三個演化有效單位。日本沿琉球沖繩群島經台灣而至中國大陸的廣東省, 以兩個海槽分別將日本絨螯蟹的族群分成三個演化有效單位, 但因人為的海上運輸或是貿易活動, 壓艙水的利用, 造成三個演化有效單位之間已有族群交流的現象 (Yamasaki *et al.*, 2006) , 為了防止東亞日本絨螯蟹基因混亂或是窄化的問題, 建議將上述的三個演化有效單位分別依照地理區, 劃定三個管理單位, 做為人為保育管理的單位。

根據文獻的記載, 台灣島內的日本絨螯蟹族群, 於 1977 年, 西南部的二仁溪尚有其採集的紀錄 (李等, 1977) , 但現今, 其分布卻只剩

下烏溪以北至台灣東北角的溪流中。因為污染的日益嚴重，且絨螯蟹的美味為老饕的最愛，大量的捕捉已使原生的日本絨螯蟹數量日漸稀少。近年來，台灣地區引進了俗稱大閘蟹的中華絨螯蟹以滿足老饕的需求，此亦引起另一個攸關於台灣地區日本絨螯蟹族群的大問題，即是，中華絨螯蟹與日本絨螯蟹雜交問題，在 Peng (1986)、Zhao *et al.* (1988) 與 Lu *et al.* (2000) 三篇報告指出，中華絨螯蟹與日本絨螯蟹有可能會雜交，並產下子代，雖 Lee *et al.* (2004) 利用核型學擬將此二物種的雜交問題釐清，但結果卻發現，中華絨螯蟹與日本絨螯蟹的染色體套數一樣，但兩物種染色體中心粒的位置不太一樣，對於此二物種是否為不同種且存在雜交的問題，亦是無法確定，相較於本研究的結果，亦顯示中華絨螯蟹與日本絨螯蟹的關係相近。進口的中華絨螯蟹若於台灣野外的環境建立起族群，對於本土的日本絨螯蟹，除了有爭奪棲地的問題之外，假若又可以與本土日本絨螯蟹雜交產下子代，將影響到台灣整個日本絨螯蟹的族群結構，並造成基因的混雜。若海流為影響日本絨螯蟹族群往北遷移的一個主要原因，西南部因環境汙染而消逝的日本絨螯蟹族群其種源的補充不足，導致西部地區日本絨螯蟹迅速的消失，往日長輩們口述日本絨螯蟹夜闖民宅的情境也將不復見。目前台灣地區的日本絨螯蟹的分布僅從濁水溪以北至東北角的大溪川、梗枋溪、新城溪與白米溪等地，相較於 1977 年的分布範圍，大約減少了一半〈圖十三〉。為了保育台灣逐漸消逝的日本絨螯蟹，有以下建議。（一）對於原始的棲地必須進行保育。棲地的破壞，是造成絨螯蟹無法生存主要的原因之一，維持良好的棲地環境或是對於棲地就地的維護，可以減少現生日本絨螯蟹的族群，逐漸消逝的趨勢。（二），對於日本絨螯蟹進行復育，若有必要，可選擇合適的地點放流。依照台灣島內日本絨螯蟹族群之間的高相似度與高基因交流度，對於復育的工作可選擇具有較多基因型（Haplotype）的北部地區（North）與東北地區（NorthEast）進行採集種原〈表六〉，

若須放流，可選擇西岸較南的乾淨水系進行放流，因此處根據早期的紀錄曾經是日本絨螯蟹的棲地（洪，1993），且於本論文中，根據海流的影響，較南方的日本絨螯蟹族群若可以適應其環境，且開始繁衍後代，於浮游時期的幼生，藉由海流的影響，將可被往北帶送，以利傳播。（三）對於中華絨螯蟹與日本絨螯蟹雜交問題的預防，目前的研究結果，無法確定兩物種雜交的可能性，在尚無法確定之前，建議對中華絨螯蟹的進口與販售進行管制，並且加強養殖的中華絨螯蟹其逃脫防範至野外的可能，儘可能的避免兩物種於自然環境下之接觸。

