行政院農業委員會林務局保育研究系列　100-35　號

■公開
□限閱

台灣全島食蛇龜族群遺傳與棲地環境調查及復育經營策略研究計畫

Population Genetics, Distribution and Conservation of the Yellow-Margined Box Turtle (*Cuora flavomarginata*) in Taiwan

委託機關：行政院農業委員會林務局

執行機關：國立中興大學生命科學系

中華民國　一〇一　年　十　月

計畫序號、名稱及經費：

計畫編號：　99 林發-8.1-保-78

100 林發-7.1-保-87

兩年經費

九十九年：

計畫名稱：台灣全島食蛇龜族群遺傳與棲地環境調查及復育經營策略研究計畫

計畫經費：農委會林務局 1,000.0 千元，合計 1,000.0 千元

一百年：

計畫名稱：台灣全島食蛇龜族群遺傳與棲地環境調查及復育經營策略研究計畫(2)

計畫經費：農委會林務局 975.0 千元，合計 975.0 千元

目錄

中文摘要 VIII

英文摘要 X

前言 1

計畫目的及工作內容 5

第一章、食蛇龜粒線體分子序列、生物地理、及查緝個體來源 6

研究方法 6

結果與討論 10

第二章、食蛇龜外部形態多變值統計分析 25

研究方法 25

結果與討論 33

第三章、食蛇龜分布地點調查及棲地分布預測 50

研究方法 50

結果與討論 55

第四章、食蛇龜棲地及活動模式 63

研究方法 63

結果與討論 65

第五章、食蛇龜微衛星座基因 71

研究方法 71

結果與討論 76

第六章、龜家路迢迢：研討會 78

第七章、綜合討論及建議 79

致謝 89

參考文獻 90

附錄、研討會議程、中英文摘要、各節問答記錄、及綜合座談記錄 94

表目錄

表一、2006 年至今，國內查獲走私、非法養殖或持有食蛇龜案件、數量及收容地點..... 2

表二、各引子序列與增幅長度 7

表三、各縣市與地區捕獲食蛇龜數量 10

表四、各次走私查緝事件選取之食蛇龜數量，及利用粒線體 CR 片段歸群結果 10

表五、台灣野生食蛇龜各段基因基本資料 11

表六、其他龜類研究，粒線體 DNA 片段遺傳距離 12

表七、粒線體 DNA 基因型七群的族群基因交流指數(N_m) 與分化指數(F_{st})(上半部為基因交流指數，下半部為族群分化指數 12

表八、粒線體 DNA 基因型七群間的遺傳距離 13

表九、台灣島與中國食蛇龜 粒線體 DNA 各基因型內個體來源與數量 18

表十、台灣島野生食蛇龜粒線體 CR 片段各基因型來源與個體數，及走私收容個體具各基因型的案件來源與數量（參照圖八）。野外來源欄內地名，代表野生食蛇龜捕獲地點； 走私收容欄內地名，代表走私事件查獲地點（表一） 19

表十一、台灣食蛇龜野外個體採集地點及樣本數 27

表十二、台灣食蛇龜五地理分區雌、雄樣本數及背甲長(CL) 28

表十三、台灣食蛇龜甲殼特徵多變量變異數分析檢定性別間差異達顯著水準之原始值變數與比值變數（樣本數 100） 34

表十四、台灣食蛇龜甲殼特徵性別間比值變數判別分析典型判別函數係數、特徵值、相關係數、累積變異量及顯著性檢定（樣本數 100） 35

表十五、台灣食蛇龜甲殼特徵性別間比值變數判別分析標準化典型判別函數係數 36

表十六、台灣食蛇龜甲殼特徵性別間比值變數判別分析判別模型函數係數 37

表十七、台灣食蛇龜甲殼特徵性別間比值變數判別分析判別正確率 37

表十八、台灣食蛇龜雌龜甲殼特徵地理分群間（五群）比值變數判別分析判別模型函數係數 41

表十九、台灣食蛇龜雌龜甲殼特徵地理分群間五群比值變數判別分析判別正確率 41

表二十、台灣食蛇龜雌龜甲殼特徵地理二大群間比值變數判別分析各典型判別函數係數、特徵值、相關係數、累積變異量及顯著性檢定 42
表二十一、台灣食蛇龜雌龜甲殼特徵地理二大群間比值變數判別分析標準化典型判別函數係數 42
表二十二、台灣食蛇龜雌龜甲殼特徵地理分群間（二大群）比值變數判別分析判別模型函數係數（樣本數 64） 43
表二十三、台灣食蛇龜雌龜甲殼特徵地理分群間（二大群）比值變數判別分析判別正確率（樣本數 64） 43
表二十四、台灣食蛇龜雄龜甲殼特徵地理分群間（五群）比值變數判別分析判別模型函數係數 47
表二十五、台灣食蛇龜雄龜甲殼特徵地理分群間（五群）比值變數判別分析判別正確率 47
表二十六、台灣食蛇龜雄龜甲殼特徵地理分群間（二大群）比值變數判別分析判別模型函數係數 48
表二十七、台灣食蛇龜雄龜甲殼特徵地理分群間（二大群）比值變數判別分析判別正確率 ... 48
表二十八、本研究使用之訪問表格 51
表二十九、用於分析食蛇龜地理分布之地理資訊圖層及來源 52
表三十、用於預測食蛇龜再台灣分布的環境因子平均值和範圍 54
表三十一、全島訪問食蛇龜分布的行政區、路線、有效訪問數目、及海拔分布 55
表三十二、依行政區需分所有食蛇龜收集地點類型和數目 56
表三十三、各縣市訪問記錄中，有出現記錄和無出現記錄數目和海拔分布 57
表三十四、訪問和採集資料中，有出現記錄和無出現記錄資料海拔分布 58
表三十五、七個環境因子計算出的四個預測分布的模式 AUC 值 59
表三十六、實際和預測分布點的環境因子比較 60
表三十七、龜鱉目(Testudines)已發表微衛星 DNA 引子的物種及其數量 72
表三十八、台灣食蛇龜的微衛星引子序列 74
表三十九、食蛇龜微衛星 DNA 引子測試結果及數量 76

表四十、雲林縣湖本村食蛇龜食蛇龜族群十三組微衛星 DNA 標誌之對偶基因數、基因頻率之期望值、觀測值、以及符合哈溫定律的機率值 77

表四十一、各查緝單位收到烏龜後的緊急處理程序 85

表四十二、各收容機構收到烏龜後的後續處理標準程序 85

表四十三、烏龜症狀檢查表 86

表四十四、野生食蛇龜體重（g）和背甲直線長（mm）回歸式（log (WT) = 3.0392*log (CL) - 3.9034）計算出之體重期望值和低於期望值 10%、20%的體重。體重低於期望值 20%個體可作為需要醫治或照顧的食蛇龜體重指標 88

圖目錄

圖一、台灣島野生食蛇龜粒線體 DNA 序列之網狀親緣結構圖(nested clade network)。C_au：金頭閉殼龜 (*C. aurocapitata*)；C_am：馬來箱龜(*C. amboinensis*)。 14

圖二、台灣島野生食蛇龜粒線體各基因型地理分布圖。依據圖一之網狀親緣結構分析結果繪製，各地點顏色與圖一各群框線相對應。 15

圖三、最大簡約法(Maximum parsimony)建構之台灣島野生食蛇龜粒線體 DNA 親緣關係樹。分析採用之最佳演變模式為 TIM1+I+G，各鹼基頻率參數： A = 0.2916、C = 0.2109、G = 0.1729、T = 0.3246。各分支的數值代表，以重複抽樣法(Boostrap value)所得之可信度。C_au：金頭閉殼龜 (*C. aurocapitata*)；C_am：馬來箱龜(*C. amboinensis*)。 16

圖四、依據貝氏分析(Bayesian inference; BI) 建構之台灣島野生食蛇龜粒線體 DNA 親緣關係樹。各分支的數值代表，以事後機率(posterior probabilities) 所得之可信度 。C_au：金頭閉殼龜 (*C. aurocapitata*)；C_am：馬來箱龜(*C. amboinensis*)。 17

圖五、依據貝氏分析(Bayesian inference; BI) 建構之台灣島野生食蛇龜核 DNA 親緣關係樹。各分支的數值代表，以事後機率(posterior probabilities) 所得之可信度。C_au：金頭閉殼龜 (*C. aurocapitata*)；C_pani：潘氏閉殼龜(*C. pani*)。 20

圖六、台灣島野生食蛇龜粒線體 CR 片段，以最大簡約法(Maximum parsimony)所建構之親緣關係樹。分析時所採用之最佳演變模式為 TPM1uf+I，各鹼基頻率參數： A = 0.3055、C = 0.1927、G = 0.1506、T = 0.3512。各分支的數值代表，以重複抽樣法(Boostrap value)所得之可信度。C_au：金頭閉殼龜 (*C. aurocapitata*)；C_am：馬來箱龜(*C. amboinensis*)。 21

圖七、台灣島野生食蛇龜粒線體 CR 片段，依貝氏分析(Bayesian inference; BI) 建構之親緣關係樹。各分支數值代表，以事後機率(posterior probabilities) 所得之可信度。C_au：金頭閉殼龜 (*C. aurocapitata*)；C_am：馬來箱龜(*C. amboinensis*)。 22

圖八、以走私收容食蛇龜與野生食蛇龜的粒線體 CR 片段，由貝氏分析(Bayesian inference; BI) 建構之親緣關係樹。各分支數值代表，以事後機率(posterior probabilities) 所得之可信度。Hap 為 Haplotype 基因型（本圖之基因型編號為 CR 片段，和所有分析時所採用基因型編號不同）。Tp：新北走私個體、Tt：台東、Pt：屏東、Km：金門、Hc：新竹、Ks_1：高雄港 、Ks_2：高雄機場。C_au：金頭閉殼龜 (*Cuora aurocapitata*)；C_am：馬

來箱龜(*Cuora amboinensis*).....23
圖九、台灣食蛇龜野外個體採集地點，各數字編號代表各採集地點，數字編號採集地點詳見表九；各採集地點根據親緣分析結果指定其地理分群（事前分群），相同顏色代表同一分群。第一大群「ＮＥ」包含三個分群：N（北部群，以藍色表示，包含由編號 7~9 地點採集之樣本）、E1（東部第一群，以白色表示，包含由編號 1~3 地點所採集到的樣本）、E2（東部第二群，以橙色表示，包含由編號 4 地點採集之樣本）第二大群「SP」包含二個分群：S（西南部群，以黃色表示，包含由編號 10~15 地點採集之樣本）與 P（半島群，以粉紅色表示，包含由編號 16~21 地點採集之樣本）。五群即為「E1、E2、N、S、P」等五個分群。 29
圖十、食蛇龜背甲（Ａ）及腹甲（Ｂ）所測量的各特徵。 31
圖十一、台灣食蛇龜兩性之甲殼特徵比值變數 PCA 主成份分數散佈。 34
圖十二、台灣食蛇龜甲殼特徵性別間比值變數判別分析典型判別函數分數散佈圖（樣本數 100）。 36
圖十三、台灣食蛇龜雌龜甲殼特徵比值變數主成份分析主成份分數散佈圖。地理分群代號為：E1，東部第一群；E2，東部第二群；N，北部群；P，半島群；S，西南部群。 38
圖十四、台灣食蛇龜雌龜甲殼特徵比值變數兩大群隻地理分群主成份分析主成份分數散佈圖。NE，北部群、東部第一群及東部第二群；SP，半島群及西南部群。 39
圖十五、台灣食蛇龜雌龜甲殼特徵地理分群間（五群）比值變數判別分析典型判別函數分數散佈圖。 40
圖十六、台灣食蛇龜雌龜甲殼特徵地理分群間（二大群）比值變數判別分析典型判別函數分數散佈圖。 42
圖十七、台灣食蛇龜雄龜甲殼特徵比值變數主成份分析主成份分數五群散佈圖。 44
圖十八、台灣食蛇龜雄龜甲殼特徵比值變數主成份分析主成份分數二大群散佈圖。 45
圖十九、台灣食蛇龜雄龜甲殼特徵地理五群比值變數判別分析典型判別函數分數散佈圖。 ... 46
圖二十、台灣食蛇龜雄龜甲殼特徵地理分群間（二大群）比值變數判別分析典型判別函數分數散佈圖。 48
圖二十一、訪問到食蛇龜地點海拔分布。 56

圖二十二、訪問到食蛇龜出現的年代。 57

圖二十三、Ensamble 預測模式顯示的食蛇龜出現網格最符合實際出現地點。 59

圖二十四、以熱點方式表示的台灣島食蛇龜預測分布點。顏色越深的點代表越多預測模式預測為棲地。 61

圖二十五、食蛇龜預測分布範圍和現有保護區（含國家公園）疊圖，並顯示預定野放區域。 62

圖二十六、湖本地區食蛇龜於園區內外躲藏處底質所佔的比例。 65

圖二十七 、湖本地區食蛇龜於園區內和園區外躲藏處覆蓋物所佔的比例。 66

圖二十八、湖本地區食蛇龜躲藏位置的(A)冠層覆蓋度與(B)林下覆蓋度。 66

圖二十九、2008 年 9 月到 2010 年 12 月每月在保育區捕捉食蛇龜的數目（2008 年 10 月和 2010 年 12 月未捕捉）。三角形為各月平均氣溫。 67

圖三十、食蛇龜在十二月平均每小時活動頻率。圖上虛線為各月各小時平均氣溫。 68

中文摘要

台灣各地的食蛇龜族群近年受到嚴重的獵捕壓力和棲地喪失，同時查緝的食蛇龜數量也急速地造成野生動物收容的壓力。本計畫期望能迅速提出本種保育措施的建議，一方面減緩收容動物的壓力，一方面能復育台灣的野生族群。計畫內容包括：以分子、形態研究了解食蛇龜在島內的地理分布結構以及辨識特徵；由地理資訊系統了解本種在台灣島的分布地區，以選擇復育地區；由野外研究了解食蛇龜的棲地需求和活動方式；以及藉由舉辦研討會徵詢對收容食蛇龜的保育意見。

台灣島的食蛇龜，粒線體基因型可歸納為東部和西部兩群，北部（包括宜蘭、台北、基隆、苗栗）可能是兩群的交界地帶。雖然兩群分化指數達 0.77，但因其遺傳距離最大僅 0.9 %，且核基因變異更小，因此全島應可視為單一族群。我們也篩選出 13 組可用於未來族群遺傳和鑑定用的食蛇龜微衛星 DNA。食蛇龜龜甲的多變值分析也略可區分東、西部兩群，和粒線體結果相似，可配合使用於快速鑑定來源。

由 424 筆訪問和採集資料，利用地理資訊系統預測的食蛇龜棲地，是由坡向、離河流距離、離水域距離、森林區塊數目、常態差異植生指數、溫季總降雨量、和年均溫決定的。預測全島的食蛇龜分布區中，僅有 10%以下位於現有的保護區內。

食蛇龜在野外喜好棲息在森林覆蓋度高的環境；活動期在四月到十月，十一月到三月為度冬期。 食蛇龜為日間活動，春季在上午 06–09 hr，到夏、秋季則為 06–09 及 15–19 hr 兩個時段，在冬季則僅在 10–14 hr 有較多的活動。整體活動溫度在活動期為 23–27˚C，在度冬期則是 18–21˚C。活動距離和活動範圍，沒有雌雄間的差異，但在活動期和度冬期則顯著不同。

本計畫於為一〇一年五月十九日舉辦研討會，共有十位講員及 94 人參加。對食

蛇龜野放、繁殖、救傷、生物學均做了討論。綜合本研究結果和研討會的討論，本報告最後提出食蛇龜野放的建議。

關鍵字：地理資訊、多變質形質測量、活動範圍、活動週期、粒線體 DNA、微衛星基因座、復育、再引入

英文摘要

Populations of the yellow-margined box turtle in Taiwan is threatened by increased hunting pressure and habitat destruction. The number of confiscated turtles soared in recent years has crowded rescue centers. This project aims to propose a conservation plan for the species in order to restore natural populations and to seek methods to alleviate the conditions in the rescue centers for the species. The contents of the project includes using molecular techniques and multivariate morphometrics to understand the patterns of geographic distribution and to identify turtles of unknown origins; employing geographic information system (GIS) to predict the suitable habitats for restoration of populations; performing field studies to understand the habitat requirements and activity patterns; and holding conference to discuss the issues for the conservation of reptiles in general, and freshwater turtles in particular.

A western and an eastern geographic group was identified based on mitochondrial (mt) DNA haplotypes, populations in the northern part of the island (including I-lan, Taipei, Keelung, and Miaoli) probably represents introgression of the two geographic groups. Despite the fixation index of 0.77 between the two groups, the low genetic distance (average 0.9%) and even smaller nuclear DNA differentiation suggests the species can be treated as a single population. Thirteen polymorphic mitosatellite loci were identified from populations throughout the island and can be used for future population genetic studies and forensic identification purposes.

Multivariate morphometrics on capapace and plastron measurements also revealed two groups similar to mtDNA haplotype analysis, and would be useful to identify sources of

confiscated individuals.

The predictive distribution of the species using GIS based on 424 interview and collecting records was best modelled by the slopes of the mountain, distance to river, distance to water body, number of forest blocks, normalized difference vegetation index, total precipitation in the warm season, and annual average temperature. Only less than 10 % of the predicted range of the species is included in current protected areas.

The species was found to prefer forested areas with high canopy cover. April to October is the active period and wintering takes place between November and March. The turtle is an diurnal species, activities in the spring are concentrated between 06–09 hr; in summer and fall the activities are splitted in two periods (06–09 and 15–19 hr); during the wintering months the few activity was recorded between 10–14 hr. Body temprature when active is mainly between 23–27˚C in the active periods and 18–21˚C during the wintering periods. Average moving distance and home range size do not differ between sexes, but are significantly smaller during the wintering period.

A conference and workshop participated by 94 persons was held in 19 May, 2012,. There were 10 invited speakers and the topics included reintroduction, restoration, rescue, and basic biology of the yellow-margined box turtle. Based on results from the projects and the summaries from the conference, a tentative restoration plan is proposed for *Cuora flavomarginata* in Taiwan.

keywords: geographic information system, multivariate morphometrics, home range, activity cycle, mtDNA, microsatellites, restoration, reintroduction

前言

食蛇龜（或稱黃緣閉殼龜）(*Cuora flavomarginata*)屬於淡水地澤龜科(Geoemydidae)中的閉殼龜(*Cuora*)屬。本屬包含十一種在亞洲東南部（包括琉球、臺灣、中國東南到印尼、菲律賓）(Iverson, 1992, Honda et al, 2002, Fong et al, 2002)的半水棲或陸棲的烏龜。食蛇龜是台灣唯一屬於本屬的種類。閉殼龜屬中和食蛇龜關係最近的三個種，都分佈於中國東部及東南部及中南半島(Honda et al. 2002, Stuart and Parham 2004)。本種有三個亞種，分別是臺灣的指名亞種，琉球的亞種，及在中國長江流域的亞種；其中琉球的族群有人認為應被認定為一種(Ernst et al, 2008)，但未普遍被接受。本種在台灣的分布與人類活動最頻繁的地區重疊，因此族群受到嚴重分割，加以盜獵及開發嚴重，更使族群及生存棲地受到嚴重威脅 (Lin et al, 2010)。

食蛇龜活動範圍小，但有領域性（Chen and Lue, 1999a）；雌龜每年可生蛋一至二次，每次僅生 1–5 顆卵 (Chen and Lue, 1999b)；族群成長的速度緩慢。然而食蛇龜被獵捕的壓力嚴重，捕捉到的龜主要為供應海外（尤其是中國）寵物或食用市場（Chen et al, 2009）。從 2006 年至今（2012 年 9 月）七年間，國內執法單位查緝到九次大宗（一百隻以上）食蛇龜的走私或違法飼養案例，總數超過三千隻（表一）。其中七件是在運送出口的過程中被查獲，總數就達 3,379 隻。這些案子，應只是更大規模走私、盜獵行為中少數曝光的部份，真正違法捕捉、交易、繁殖、走私的情形難以估計。

食蛇龜在國內列為保育種，但缺乏其成熟年齡、壽命、族群年齡結構和密度等族群資料。野生的族群雖然分散全島，但也都缺乏分布範圍、族群分化程度、棲地需求、食性等基本生態和遺傳學資料。這應是讓本種的保育及復育停滯不前的原因。

目前法院對執法機關查緝到違反野生動物保育法的案件，幾乎完全以輕判或無罪結案，無法嚇阻對野生動物的危害及對環境的破壞。執法機關目前對查緝到的食蛇

龜，唯一的作法便是安置於收容機構，但是由於無法確知其族群或地域的來源，只能無限期的放在收容場所；即使繁殖，後代孵出後也繼續飼養。至今並無長期規畫，要選擇何種基因型的個體來作有計畫的種源篩選及繁殖，或在國內選擇可作為野放的地點。

表一、2006 年至今，國內查獲走私、非法養殖或持有食蛇龜案件、數量及收容地點。

年	查獲機關	地點	數量	收容地點
2006	海巡署	金門	198	中興
2006	海巡署	新竹	311	中興
2008	海巡署	台北	323	新竹動物園
2008	海巡署	屏東	110	中興
2009	海關	高雄港	231	中興
2009	海關	高雄機場	1252	中興
2010	海關	新北市	530	中興
2011	台東縣警局	台東縣	20	中興
2012	海關	高雄	534	中興
2012	台東縣警局	台東縣	124	中興
2012	墾丁國家公園	屏東	4	中興
總計			3,637	

目前共有三個單位（台北動物園、新竹動物園、中興大學）收容這些被查緝到的食蛇龜，總數超過三千隻，各收容單位都已達到可容納數量的上限。被查獲的食蛇龜，在走私運送之前，可能多已經過數月以上缺水缺食物的囚禁時間，尤其所有動物都被侷限在極小的空間，因此被查獲時，脫水、營養不良、挫傷、敗血症及其他因緊迫造成的傷病比例極高，許多個體都需要個別照顧。在收容中心已超過負荷的情況下，其排擠效應將無法對更多的其他動物提供適當的照顧。

世界自然保育聯盟(IUCN)之下的龜類存續聯盟(Turtle Survival Alliance, TSA)，成立了各種類的專屬「種類經營團隊」(taxon management group)，將瀕臨絕種的個體，集中飼養繁殖，來保存基因多樣性及種源。目前已成立的團隊也包括了食蛇龜經營團隊，成員包括歐洲和北美洲的人士。歷年來國內查緝到食蛇龜的時刻，該聯盟均對收

容食蛇龜表達關切及興趣。雖然到現在，國內並未將食蛇龜交送國外保育機構，但國內實應對層出不窮的食蛇龜走私及日益增多的收容個體提出妥當的對應策略。

查獲到的食蛇龜個體，極可能多為原產於本國之野生動物，永久飼養於收容單位並非唯一選項。國內過去對於救傷或自城市或民宅移除的野生動物，多採取鄰近放生的做法，但這些情形都僅為少數個體。但因食蛇龜每次查緝到的數量龐大，牽涉到的問題較為複雜，不同於其他種類少數個體的野放：如野生或飼養個體之認定、個體來源鑑定、野放程序、環境評估和監測等。未經評估的大量野放也可能對環境產生衝擊。為求長遠計，應儘速規劃可行的具體方案，安置目前已收容的食蛇龜，並建立處理保育類動物的標準程序。

讓野生動物重回其原生地，是生態及保育的理想。然而，本種分布範圍與人口密度及土地利用最密集的地區幾乎完全重疊，冒然野放是否只是讓更多的盜獵和走私發生，因此必須事先對該種生物的生態及經營管理策略做完整的評估。譬如，分布於全島的食蛇龜，是否已有族群隔離以及分化；食蛇龜棲地微棲地的需求和在自然環境中的密度為何；野放個體應釋放在現今有天然族群分布的地區、抑或適合本種生存但目前已絕跡的地區？食蛇龜野放後對環境的衝擊如何，食蛇龜野放後的生存率又如何？無法鑑識族群或不適宜野放個體應如何處置？以上都應是執行食蛇龜復育工作之前必須瞭解及考慮的項目。

瀕臨絕種的陸龜及淡水龜，因為族群數目過低，保育的首要工作是在短時間內增加族群量，並野放到原有棲地，因此會利用所有可以生育的個體（包含野生個體、動物園或私人繁殖個體）來達到復育的目的(Tubervill et al, 2005)。棲地受到嚴重破壞的種類，也有集中野放到保護區的案例。例如北美東部的箱龜 (Cook 2004)，有很廣的分布，但族群間的分化不大，因此在野放時不會深究其族群來源。

在琉球的食蛇龜，只發現於西表島，遺傳多樣性極低（Honda，個人通訊）。在中國，本種的分布雖然廣布於長江中下游的南北岸省份，但族群數量不詳；但多數地區的野生族群均極為少見（張方、個人通訊）。台灣儼然保有本種最大數目的野生族群。了解本種的生物學並維持本種族群數量和遺傳多樣性，達到保育本種的目的，本國是最適合的地區。

本計畫的目標是評估現已被收容的食蛇龜是否適合野放，以及訂定經營復育策略。做法為：了解台灣島內食蛇龜族群的分化程度、找出鑑定來源的簡易方法（分子及形態）、了解食蛇龜的微棲地需求和預測分布範圍。根據這些結果，才可規劃保育的單位（全島視為單一族群、或有數個演化單位），規劃適合的復育或野放地點，並鑑定現有或未來之查緝到食蛇龜的來源。

計畫目的及工作內容

一、利用粒線體 DNA 了解台灣島各地族群的關係，並找出鑑定個體來源、和特有基因型的分布範圍。

二、利用龜殼測量和多變值分析，了解食蛇龜在外表上的變異及鑑定族群來源的方式。

三、利用捕捉和訪問，配合地理資訊系統，預測食蛇龜在全島的分布和棲地需求，找出適合野放、或應予保育的地點。

四、利用野外研究，了解食蛇龜活動週期、微棲地利用、活動範圍，以確立野放或復育地點的環境和野放密度。

五、開發微衛星基因鑑識，作為未來鑑定、族群研究的基礎。

六、舉辦研討會，徵詢對走私個體野放、食蛇龜保育的看法。

本報告依據以上六個工作項目，分六章敘述研究方法、呈現結果，並作討論；第七章為根據研究結果，對規劃食蛇龜野放做全面的討論和建議。

第一章、食蛇龜粒線體分子序列、生物地理、及查緝個體來源

研究方法

1. 樣本與遺傳標記

野生食蛇龜採集於全島一千公尺以下丘陵區域。食蛇龜以野地巡視撿拾及陷阱誘捕兩種方式捕獲，陷阱使用市售老鼠籠，設置於森林底層遮陰良好處，內置放水果作為誘餌(Chen and Lue, 1999a)。設籠後，每日巡視，以防捕獲動物死亡。

捕獲之食蛇龜，經測量體重、背甲長及抽血後，於原地釋放。體重以攜帶式電子秤（TANITA, 型號：1475T）測量，背甲長以游標尺測量。使用醫用 3 ml 空針與 23 號針頭，抽取背靜脈竇(common intercostal vein)之血液，依照體型大小決定抽取的數量，最多不超過 0.5 ml 或不超過個體體重的 1% (McArthur et al., 2004)。取得之血液保存於 99%無水酒精中，攜回實驗室後冰存於-20°C 冰箱中。為了解查緝到食蛇龜的來源，於各次查緝案中收容個體中選取至少 20 隻，也以上述方式取得血液樣本。

用於比較族群間遺傳差異和探討族群間親緣關係的標記是粒線體中的 ND4 (nicotinamide adenine dinucleotide dehydrogenase subunit 4)、CR (control region)及 16S rRNA (16s ribosomal RNA gene)等三個片段；前兩者為適用於探討龜類的遺傳標記(Starkey et al., 2003; Spinks and Shaffer, 2005; Amato et al., 2008)。Honda et al. (2002)使用 16S 片段將臺灣與琉球的食蛇龜區分為兩個亞種，本研究也選用 16 rRNA 片段分析。

由於粒線體 DNA 僅可顯示母系遺傳資訊，為瞭解父系遺傳之親緣關係，另取兩段核基因片段分析：R35(Intron 1 of the fingerprint protein 35)及 RELN(Intron 61 of the reelin gene)，探討加州澤龜的族群分化情形(Spinks et al., 2010)。表二為本次研究所使用之引子序列(primer)。

2. DNA 萃取

使用 Reagent Genomic DNA kit (Geneaid, Taiwan)自血液萃取 DNA，步驟如下：

(1) 取 100 µl 血球量，置於 1.5 ml 微量離心管中，以 6000 rpm 離心 20 sec。

(2) 去除上清液後，加入 300 µl Cell Lysis Buffer 均勻混合。

(3) 置於 60˚C 水浴直到沉澱物完全溶解，水浴時每 3 min 取出震盪。

(4) 加入 5 µl RNase A (10mg/ml)，均勻混合後，置於室溫下 5 min。

(5) 加入 100 µl Proten Removal Buffer，快速混合後，置於冰上 5 min。

(6) 以 16,000 rpm 離心 3 min，使蛋白質沈澱。

(7) 吸取上清液至 1.5 ml 微量離心管中。

(8) 加入 300 µl Isopropanol，緩慢均勻混和後，以 14,000~16,000 rpm 離心 5 min。

(9) 除去上清液後，加入 300 µl 70%酒精清洗沉澱物。

(10) 以 16,000 rpm 離心 3 min 後去除酒精，置於真空乾燥機烘乾 15–20 min。

(11) 乾燥後取出，加入 50 µl 滅菌水，置於 60˚C 水浴至沉澱物溶解。

表二、各引子序列與增幅長度。

引子名稱	序列(5'-3')	序列長（bp）	參考文獻
CR 片段			
DES-1v2	GCATTCATTTTTTTTCCGTTAGCA	651	修改自 Spinks and Shaffer, 2005
P2R-v2	CCTATGGCTAGCATTTGTGTCAGTTTAGTTGCTCTC		本研究
ND4 片段			
ND4	CACCTATGACTACCAAAAGCTCATGTAGAAGC	700	Wiens et al., 2010
Hist	CCTATTTTTAGAGCCACAGTCTAATG		Wiens et al., 2010
16S 片段			
H3056	CCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAG	777	Honda et al. 2002
16S-L2	GGCCTTAAAGCAGCCACCAACTAAGAAAGCGT		本研究
R35 片段			
R35Ex1	ACGATTCTCGCTGATTCTTGC	1015	Spinks et al., 2010
R35Ex2	GCAGAAAACTGAATGTCTCAAAGG		Spinks et al., 2010
RELN 片段			
RELN61F	TGAAAGAGTCACTGAAATAAACTGGGAAAC	1106	Spinks et al., 2010
RELN61R	GCCATGTAATTCCATTATTTACACTG		Spinks et al., 2010

3. 增幅 DNA

以聚合連鎖反應(polymerase chain reaction, PCR)增幅 DNA 片段。 PCR 反應溶液總體積共 30 µl ，包含 0.5 µl 聚合酵素(Taq polymerase; ProTag)，3 µl 10X 緩衝液(100 mM Tris-HCl(pH 9.0), 500 mM KCL, 0.1% (w/v)gelatin, 15mM MgCl2, 1% Triton X-100)，1 µl 的 10 mM dNTPs，引子(10 µM)各 1 µl、1 µl 食蛇龜 DNA 及 22.5 µl 滅菌水。混合均勻後，置於加熱循環機(Thermal cycler)中進行反應。循環流程為：

Preheating : 將 DNA 的雙股變性打開，95°C，5 min。

Denaturation: 將 DNA 的雙股變性打開， 95°C，30 sec。

Annealing: 使引子與 DNA 結合，30 sec。

Extension: DNA 延伸反應，72°C，80 sec。(重複 Denaturation 至 Extension 步驟共 35 至 40 次)

Final extension: 72°C，80 sec。

PCR 反應結束後，取 5 µl 的 PCR 產物加上 1 µl 的 6X 染色溶液，於 2.0%瓊酯凝膠(agarose gel)中進行電泳反應，以 140 V 電壓反應 20 min，經過溴化乙啶螢光染劑(Ethidium bromide, EtBr) 處理 30 min 後，配合 100bp DNA ladder 作為標幟，於紫外線燈下拍照。確認增幅成果與檢視品質。

4. DNA 定序

增幅的產物以 PCR 反應時相同的引子，委託源資國際生物科技股份有限公司(Tri-I Biotech, Inc., Co., Ltd., Taiwan)進行定序，自動定序設備為 ABI 3730 DNA Analyzer。

5. DNA 序列與分子親緣分析

以 Codoncode Aligner 3.7 程式(CodonCode, Dedham, MA, USA)整理合併所得 DNA 序列，再轉入 MEGA 5.0 程式中(Tamura et al., 2011)分析基本資料；之後以 Modeltest 3.7 程式導入 PAUP 程式中，求取最佳的親緣樹建構模式及相關參數，供後續建構親緣樹使用(Posada and Crandall, 1998)。TCS 1.21 程式建構網狀親緣結構圖(nested clade network)(Clement et al, 2000) 用於分辨各基因型之間關係。

本研究共以兩種方法建構親緣樹：利用 PAUP 3.1 軟體以最大簡約法(MP)建構親緣樹(Swofford, 1998)，以重複抽樣法(Boostrap value)計算 MP 親緣樹的各分支可信度，重複抽樣次數為 1000 次；以 Mrbayes 3.1 建構貝氏親緣樹(BI)(Huelsenbeck and Ronquist, 2001; Ronquist and Huelsenbeck, 2003)，以事後機率(posterior probabilities)顯示其各分支可信度。所有分析皆加入中國食蛇龜族群序列(GenBank No. AY874540)。

粒線體 DNA 分析的外群為金頭閉殼龜 (*Cuora aurocapitata*; GenBank No. NC 009509.1)及馬來箱龜(*C. amboinensis*; GenBank No. NC 014769.1)。核 DNA 分析則以金頭閉殼龜 (*C. aurocapitata*; GenBank No. NC 009509.1)與潘氏閉殼龜(*C. pani*; GenBank No. NC_014401.1)作為外群。

野生個體三段粒線體 DNA 序列合併分析，兩段的核 DNA 則另行分析。收容個體的來源僅分析粒線體 DNA 的 CR 片段。

結果與討論

1.食蛇龜樣本數

共採得來自 12 個縣市共 122 隻野生個體；包括北部 33 隻，中部 34 隻，南部 29 隻，與東部 26 隻（表三）；收容個體則依走私查緝事件選取，共選取 180 隻（表四）。

表三、各縣市與地區捕獲食蛇龜數量。

	北部				中部				南部		東部		
縣市	基隆	新北	苗栗	宜蘭	台中	南投	雲林	嘉義	台南	屏東	花蓮	台東	總計
樣本數	12	3	17	1	1	12	19	2	10	19	13	13	122
	33				34				29		26		

表四、各次走私查緝事件選取之食蛇龜數量，及利用粒線體 CR 片段歸群結果。

查獲地點	金門	新竹	屏東	高雄港	高雄機場	新北	台東	總計
樣本數	56	45	18	20	20	20	1	180
第一群	0	1	9	2	1	3	1	17
第二群	56	44	9	18	19	17	0	163

2. 粒線體 DNA 序列分析

CR 序列長度為 651 個 bp。在野生個體，651 bp 中有 625 個位置無變異，26 個位置有變異，其中 22 個為可用於分析的變異位(parsimony informative sites)，122 隻野生個體可歸納為 16 組基因型；個體間遺傳距離為 0–3.1%，平均為 1.4%。ND4 片段序列長度為 700 bp，14 個位置有變異，其中 10 個為可分析之變異位，可歸納為 13 個基因型，個體間遺傳距離為 0–0.9%，平均為 0.4%。16S 片段序列長度為 777 bp，11 個有變異位置皆為可分析之變異位，可歸納為 10 個基因型；個體間遺傳距離為 0–1.2%，平均為 0.3%（表五）。

三段粒線體序列合併後總長度為 2128 bp，51 個變異位中有 43 個為可分析之變異位，共可歸納為 29 個基因型；中國個體之序列不同於此 29 基因型，為另一單獨的基因型。所有個體間遺傳距離為 0–1.5%，平均為 0.7%。

表五、台灣野生食蛇龜各段基因基本資料。

	長度	變異位	可分析變異位	異配子	遺傳距離	平均	基因型
mtDNA	2128	51	43	0	0 – 1.5%	0.7%	29
CR	651	26	22	0	0 – 3.1%	1.4%	16
ND4	700	14	10	0	0 – 0.9%	0.4%	13
16S	777	11	11	0	0 – 1.2%	0.3%	10
nuDNA	2121	51	1	48	0 – 0.1%	0	
R35	1015	24	0	24	0	0	
RELN	1106	27	1	24	0 – 0.2%	0	
mt+nu	4249	102	44	48	0 – 0.8%	0.4%	

3. 核 DNA 序列分析

R35 片段長度為 1015 bp，具 24 個變異位，均為異配子(heterozygous)。RELN 片段長度為 1106 bp，具 27 個變異位，其中 1 個為可以分析之變異位，24 個位置為異配子(表五)。合併分析，總長度為 2121 bp，共 51 個變異位，1 個為可分析之變異位，48 個位置為異配子(表五)。

4. 親緣分析

(1)粒線體 DNA

三段粒線體 DNA 合併後，30 個基因型（含中國個體）之網狀親緣結構圖(nested clade network)（圖一）包括兩大群（I 群和 II 群）：I 群包括 1 至 11 基因型；II 群包括 13 至 30 基因型。I 群又可區分為三小群（I–1, I–2, I–3）。I–1 包括基因型 1 至 4（圖一與二的橘色標示），個體皆來自台東海岸山脈東側；I–2 包括基因型 5 至 8（圖一與二的棕色框標示），來自花蓮和台東的中央山脈東側；I–3 包括基因型 9 至 11（圖一與二的綠色標示），個體來自基隆、台北、苗栗等地。II 群中有四小群（II–1, II–2, II–3, II–4）。II–1 包括基因型 15、16 及 20（圖一與二的黃色框標），個體來自台中、雲林、台南等地；II–2 包括基因型 13 至 14（圖一與二的芥末色框標）；II–3 包括基因型 24 至 30（圖一與二的紅色標示），個體來自基隆、台北、台中、雲林、嘉義與台南等地個體來自苗栗與宜蘭； II–4 包括基因型 17、18、19、21 至 23（圖一與二的紫紅色標示），個體來自台南及恆春半島的屏東與台東。

30 個粒線體 DNA 的基因型在 MP 與 BI 關係樹均可以區分為兩個單系群（圖三、四），與網狀親緣結構分析結果相似。但兩種分析法中各小群的相互關係並不一致；如 MP 親緣樹中的 II 群中有五個分支，且此五分支合併與中國基因型（Hap_12）重複

抽樣可信度僅為 55%（圖三）；而在 BI 親緣樹，中國基因型與 I 大群歸在一起，且 II 大群內各小群彼此間關係有別於 MP 親緣樹。兩大群間的遺傳距離為 0.9%，小於許多其他龜類族群間的最小的遺傳距離（表六）。但台灣食蛇龜 I 和 II 兩大群間的族群分化指數為 0.77， 顯示兩群間已高度分化；基因交流指數為 0.07，代表兩群間基因幾乎無交流。

同一大群內各小群間的基因交流指數均在 0–0.08 之間（表七），顯示至少有近代產生的隔離或瓶頸效應。I 大群中三小群間的遺傳距離在 0.3–0.4%間，II 群中的四小群遺傳距離在 0.2–0.4%間，仍代表同一大群間差異很小（表八）。但不同大群的距離在 1.1–1.3%之間，代表已有隔離。分布重疊或相近的 I–3 群和 II-2 群（台灣北部）、以及 I–2 和 II–4 群（台灣南端）（圖二），其遺傳距離分別為 1.1%和 1.2%。甚至同樣由苗栗採集的個體，就分屬於 I–3 和 II–2 的兩大群。

表六、其他龜類研究，粒線體 DNA 片段遺傳距離。

種類	基因	序列長	遺傳距離	參考文獻
Geoemyda spengleri	Cyt-b	1060	1.96 – 2.70%	Gong et al, 2009
Chelonia mydas	CR	384	0.3 – 10%	Dethmers et al, 2006
Chrysemys picta	CR	720	0.15 – 2.27%	Starkey et al, 2003
Emys marmorata	ND4	672	3.23%	Spinks & Shaffer, 2005
Emys marmorata	CR	630	3.34%	Spinks & Shaffer, 2005
Glyptemys insculpta	CR	750	2%	Amato et al, 2008

表七、粒線體 DNA 基因型七群的族群基因交流指數(N_m) 與分化指數(F_{st})(上半部爲基因交流指數，下半部爲族群分化指數。

	I–1	I-2	I–3	II–2	II–1	II–3	II–4
I–1		0.03	0.02	0.01	0.01	0.01	0.01
I–2	0.90		0.02	0.01	0.01	0.01	0.01
I–3	0.94	0.91		0.00	0.01	0.01	0.01
II–2	0.97	0.97	0.98		0.05	0.06	0.05
II–1	0.97	0.96	0.98	0.82		0.08	0.05
II–3	0.96	0.96	0.97	0.81	0.75		0.05
II–4	0.97	0.96	0.98	0.84	0.84	0.84	

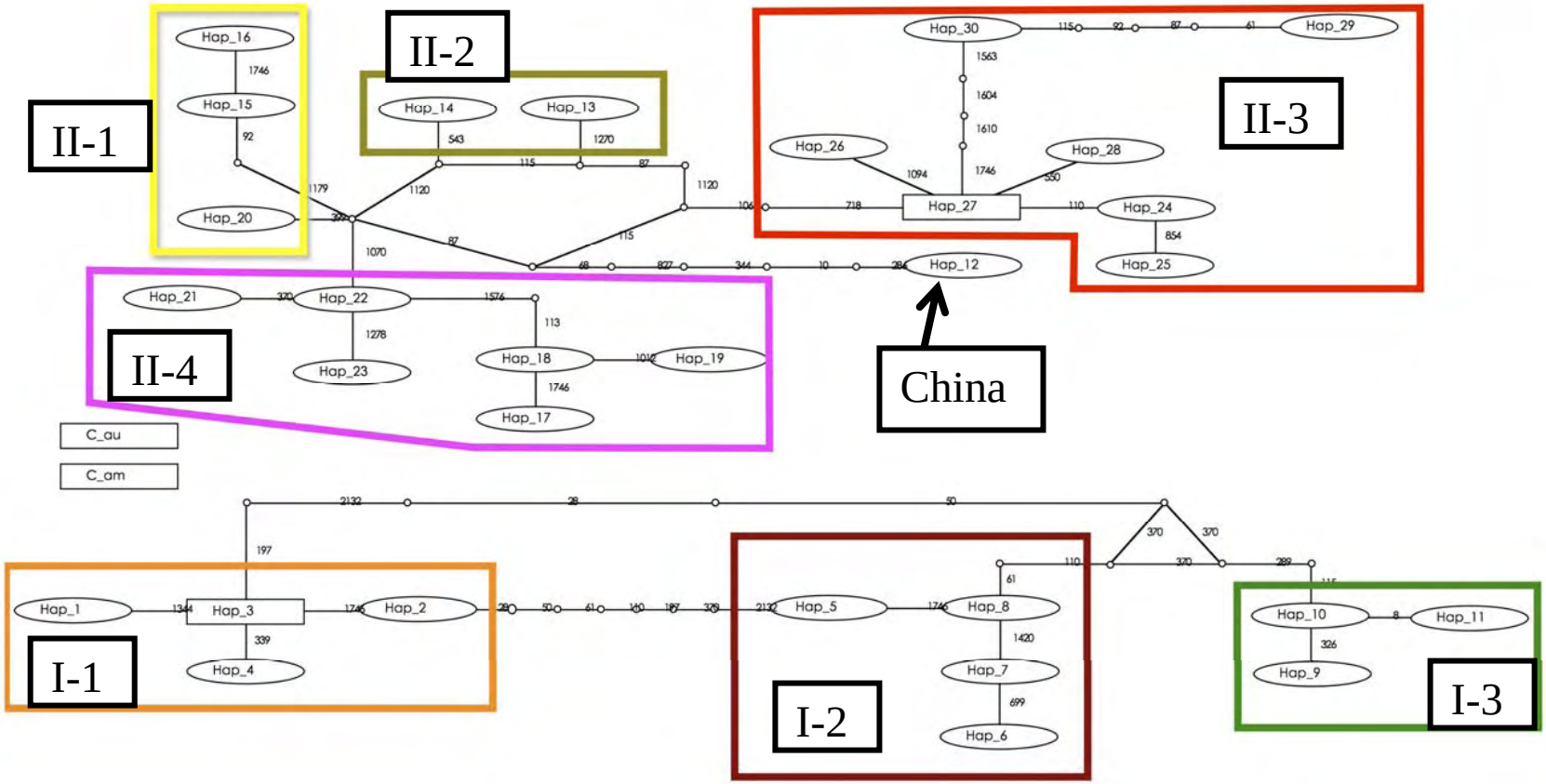
表八、粒線體 DNA 基因型七群間的遺傳距離。

	I–1	I-2	I–3	II–2	II–1	II–3	II–4
I–1							
I–2	0.4%						
I–3	0.3%	0.3%					
II–2	1.2%	1.2%	1.1%				
II–1	1.1%	1.1%	1.1%	0.2%			
II–3	1.2%	1.2%	1.2%	0.2%	0.2%		
II–4	1.3%	1.2%	1.2%	0.4%	0.4%	0.4%	

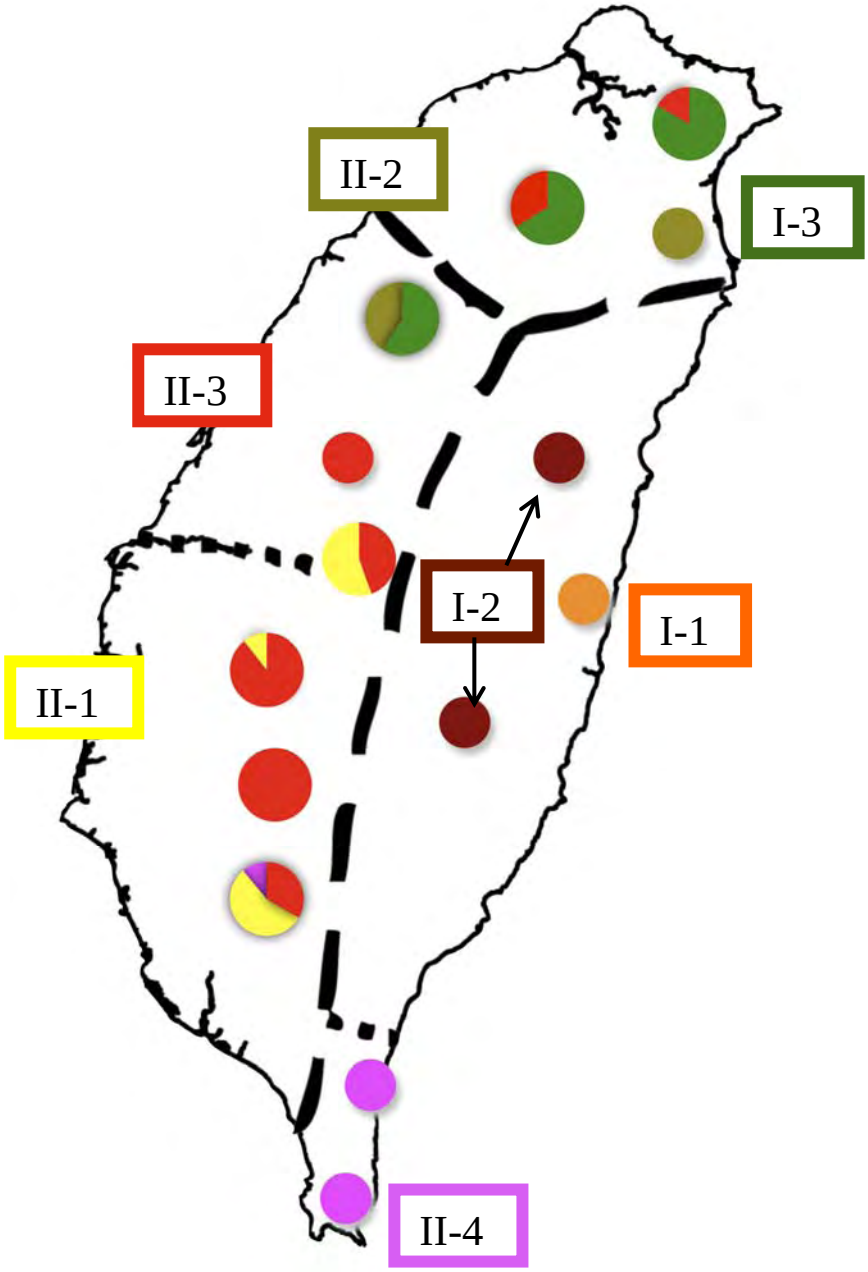
台灣野生食蛇龜的基因型的兩大群地理分布範圍在台灣的西北（苗栗到基隆）重疊：第一群包含苗栗丘陵以北（苗栗、台北、基隆），與中央山脈東側（花蓮、台東）；第二群主要包括中央山脈西側（台中、雲林、嘉義、台南）與恆春半島（屏東、台東）的個體，但是基隆、台北、苗栗採集的部份個體基因型也包括在第二群中（表九）。由於沒有採到桃園、新竹的個體，無法確定從苗栗到台北、基隆是否均有兩大群交會的情況。由於已知基隆地區採集地點有放生記錄，因此現有資料也無法確定兩大群基因型的混雜是人為造成，抑或是自然發生。

(2)核 DNA

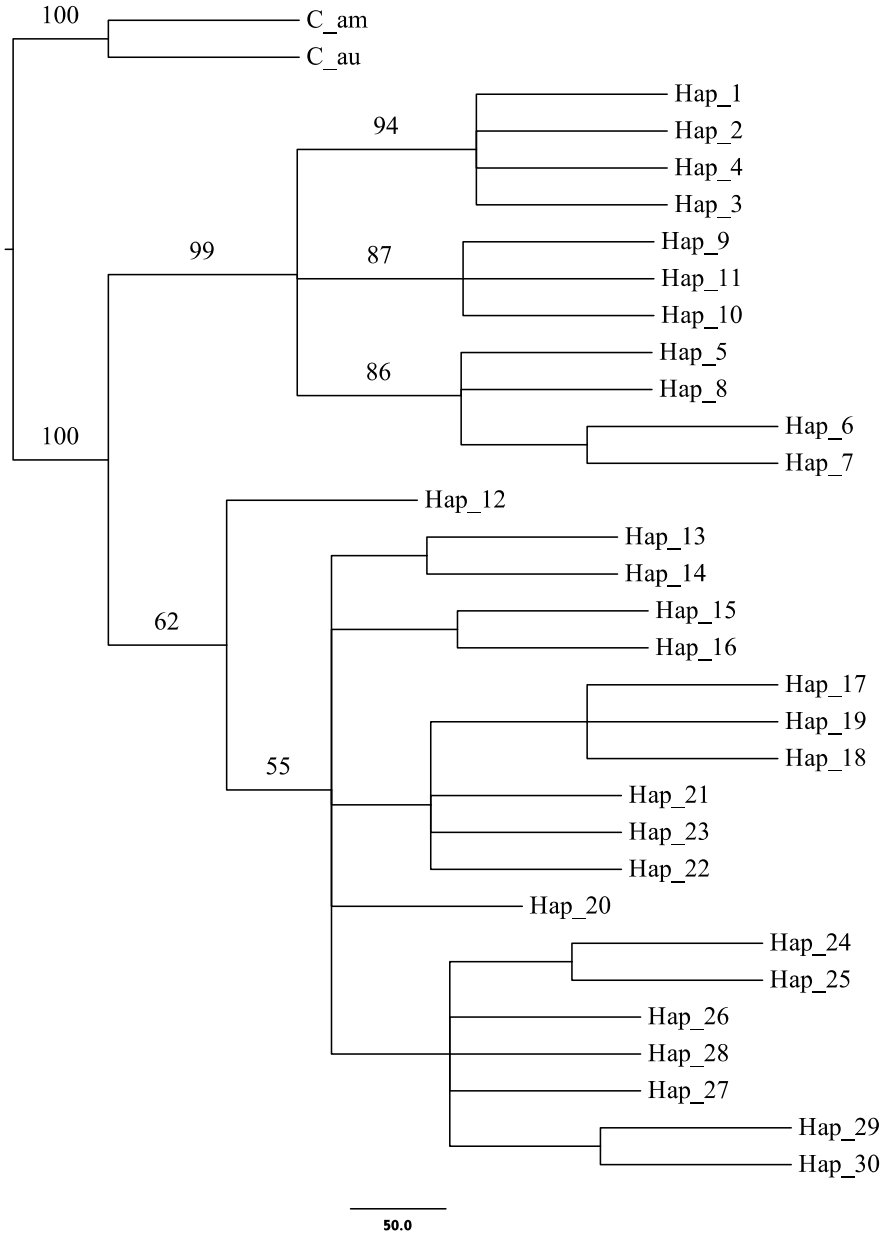
核 DNA 中兩段序列的不一致性測試(incongruence length difference test; ILD test)(Farris et al., 1994)顯示兩段具明顯差異(p=0.01)，無法以最大簡約法(maximum parsimony; MP)建構親緣關係樹，僅可以使用貝氏分析(Bayesian inference)建構。 BI 親緣關係樹將 122 隻個體歸類為兩大群，21 隻歸在同一群個體的來源包含台北、雲林、南投、嘉義、台南、屏東等地；其餘 101 隻歸為一群。此歸群結果與實際地理區間無關聯，也與粒線體 DNA 之結果不相同（圖五）。



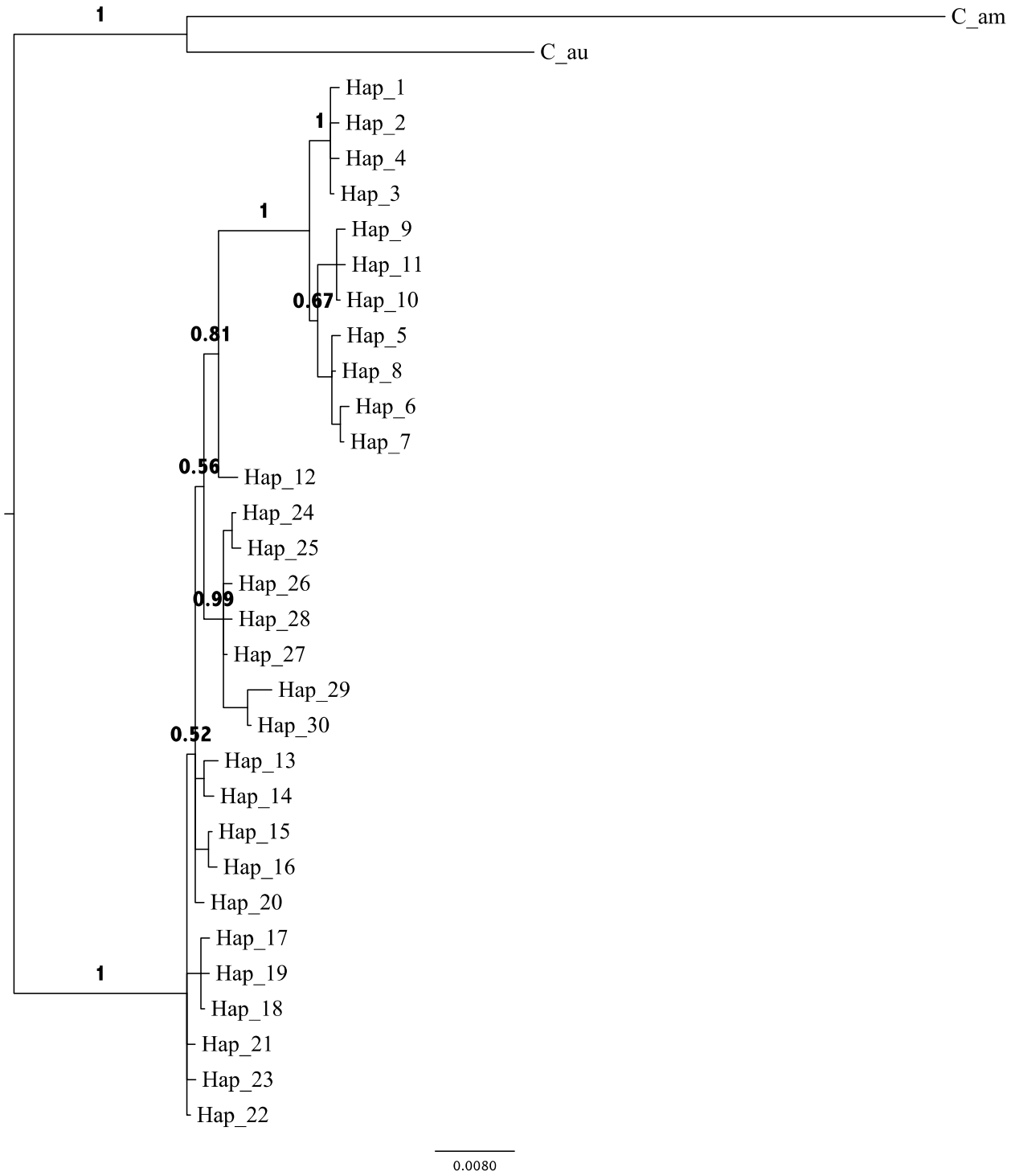
圖一、台灣島野生食蛇龜粒線體 DNA 序列之網狀親緣結構圖(nested clade network)。C_au：金頭閉殼龜 (*C. aurocapitata*)；C_am：馬來箱龜(*C. amboinensis*)。



圖二、台灣島野生食蛇龜粒線體各基因型地理分布圖。依據圖一之網狀親緣結構分析結果繪製，各地點顏色與圖一各群框線相對應。



圖三、最大簡約法(Maximum parsimony)建構之台灣島野生食蛇龜粒線體 DNA 親緣關係樹。分析採用之最佳演變模式爲 TIM1+I+G，各鹼基頻率參數： A = 0.2916、C = 0.2109、G = 0.1729、T = 0.3246。各分支的數值代表，以重複抽樣法(Boostrap value)所得之可信度。 C_au：金頭閉殼龜 (*C. aurocapitata*)；C_am：馬來箱龜(*C. amboinensis*)。



圖四、依據貝氏分析(Bayesian inference; BI) 建構之台灣島野生食蛇龜粒線體 DNA 親緣關係樹。各分支的數值代表，以事後機率(posterior probabilities) 所得之可信度 。C_au：金頭閉殼龜 (*C. aurocapitata*)；C_am：馬來箱龜(*C. amboinensis*)。

表九、台灣島與中國食蛇龜 粒線體 DNA 各基因型內個體來源與數量。

基因型		來源與個體數
第一群		
I–1	Hap_1	1：台東(1)
	Hap_2	1：台東(1)
	Hap_3	7：台東(7)
	Hap_4	1：台東(1)
I–2	Hap_5	1：花蓮(1)
	Hap_6	2：花蓮(2)
	Hap_7	8：花蓮(7)、台東(1)
	Hap_8	3：花蓮(3)
I–3	Hap_9	1：基隆(1)
	Hap_10	20：基隆(9)、台北(1)、苗栗(10)
	Hap_11	1：台北(1)
	Hap_12	1：中國(1)
第二群		
II–1	Hap_15	6：南投(2)、雲林(2)、台南(2)
	Hap_16	1：台南(1)
	Hap_20	1：台南(1)
II–2	Hap_13	7：苗栗(7)
	Hap_14	1：宜蘭(1)
II–3	Hap_17	1：屏東(1)
	Hap_18	13：屏東(11)、台東(2)
	Hap_19	1：屏東(1)
	Hap_21	1：屏東(1)
	Hap_22	5：台南(1)、屏東(4)
	Hap_23	1：屏東(1)
II–4	Hap_24	2：嘉義(1)、台南(1)
	Hap_25	1：台南(1)
	Hap_26	2：南投(1)、嘉義(1)
	Hap_27	30：基隆(2)、台北(1)、台中(1)、南投(8)、雲林(16)、台南(2)
	Hap_28	1：台南(1)
	Hap_29	1：南投(1)
	Hap_30	1：雲林(1)

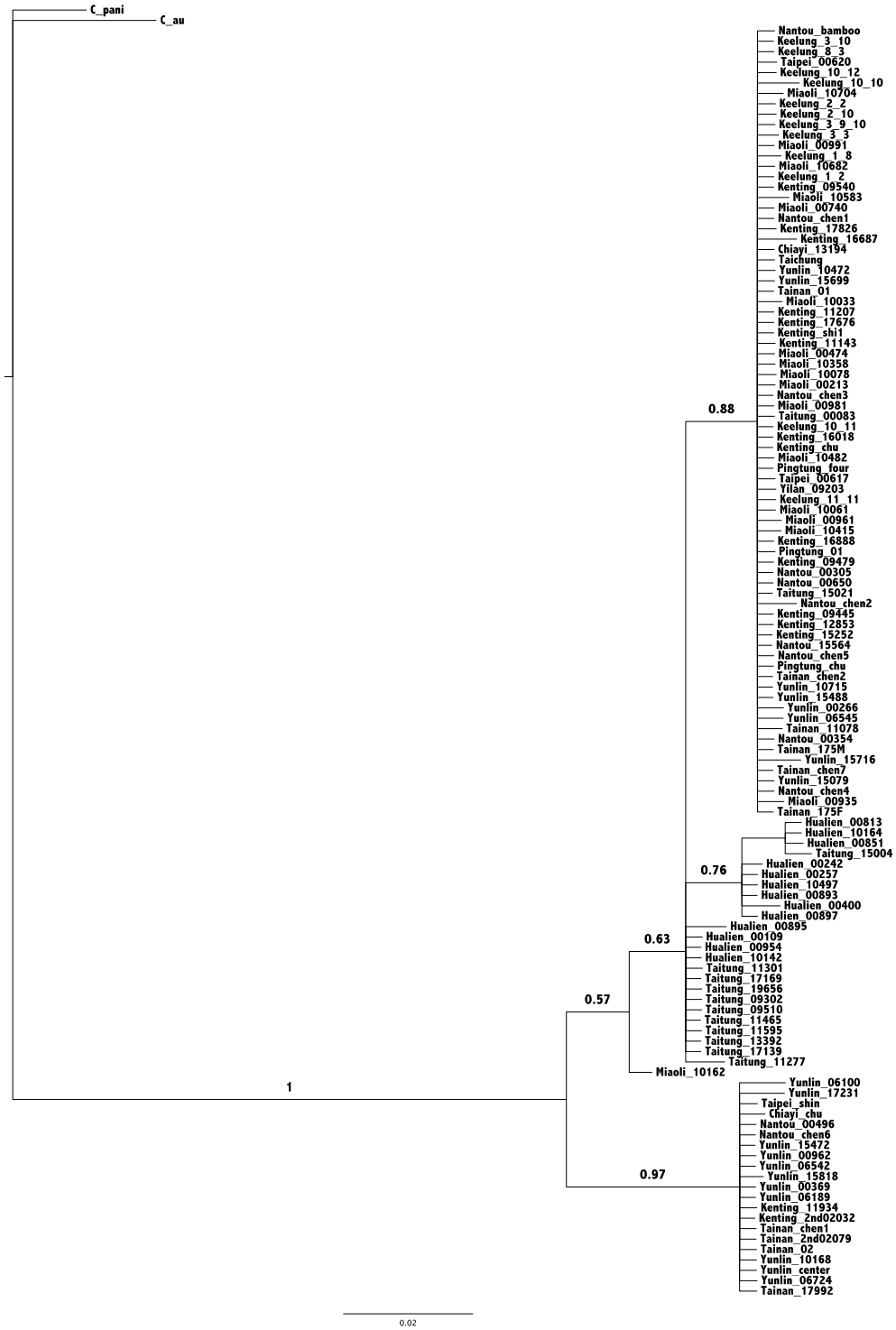
5. 走私個體抽樣辨識來源

利用粒線體 DNA 中的 CR 片段的 16 個基因型建構分子親緣樹（圖六、圖七），所得結果與三段粒線體 DNA 合併分析結果相同：基因型 1 至 6 的個體來自苗栗丘陵以北（苗栗、台北、基隆）、與中央山脈東側（花蓮、台東）；基因型 7 至 16 來自中央山脈西側（台中、雲林、嘉義、台南）與恆春半島（屏東、台東）。

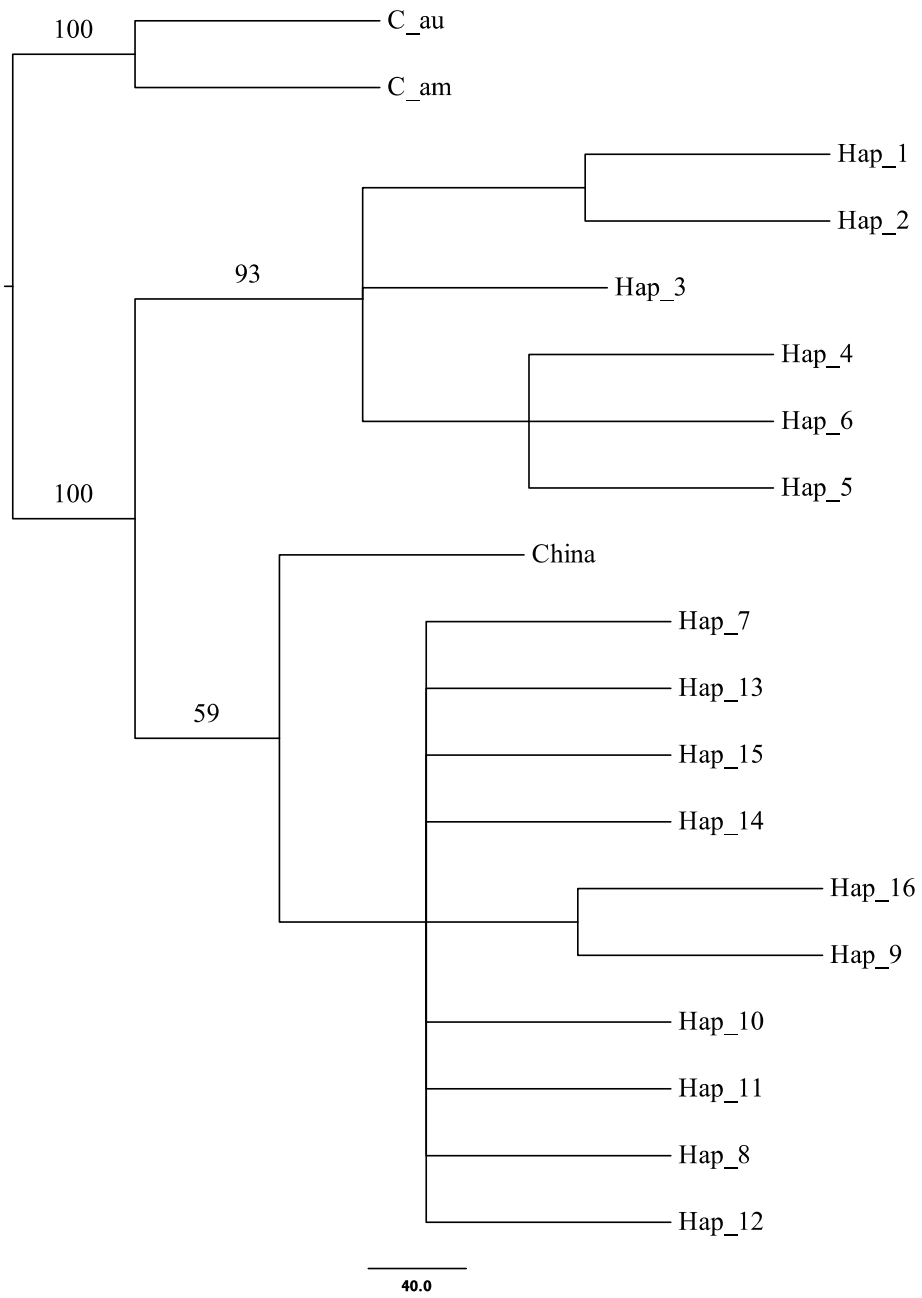
粒線體 CR 片段是三段序列中變異最大的一段，可用來辨識個體歸屬。我們把 180 隻走私收容個體與野生食蛇龜的 16 個基因型一起分析（表四、圖八），屬於第一大群（苗栗丘陵以北與中央山脈東側）的有 17 隻走私收容個體，其餘 163 隻都屬於第二群（中央山脈西側與恆春半島）（表十），這表示西部地區的中南部地區盜獵壓力較大。沒有個體與中國個體歸為同一單系群，代表這些個體應皆源自台灣，而不是由中國輸入。

表十、台灣島野生食蛇龜粒線體 CR 片段各基因型來源與個體數，及走私收容個體具各基因型的案件來源與數量（參照圖八）。野外來源欄內地名，代表野生食蛇龜捕獲地點； 走私收容欄內地名，代表走私事件查獲地點（表一）。

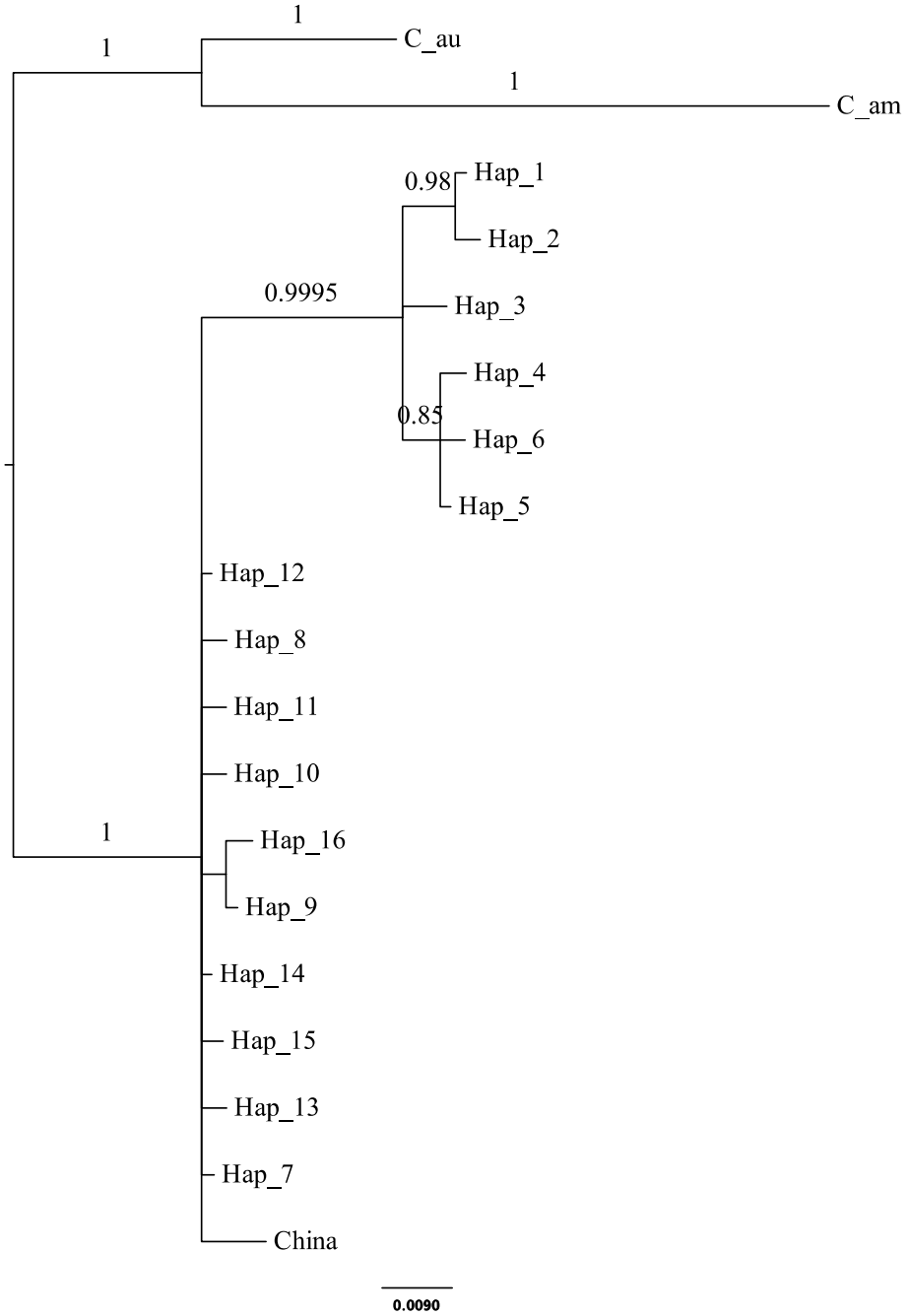
基因型	野外來源		走私收容	
第一群	總數	採集地及個體數	總數	查獲案件來源及個體數
Hap_1	9	台東(9)	3	屏東(3)
Hap_2	1	台東(1)		
Hap_4	1	基隆(1)	1	新竹(1)
Hap_5	20	基隆(9)、台北(1)、苗栗(10)		
Hap_6	1	台北(1)		
Hap_3	14	花蓮(13)、台東(1)	13	新北(3)、高雄港(2)、高雄機場(1)、屏東(6)、台東(1)
第二群				
Hap_9	7	南投(2)、雲林(2)、台南(3)	45	新北(3)、新竹(14)、高雄港(2)、高雄機場(3)、屏東(2)、金門(21)
Hap_16	1	南投(1)		
Hap_7	7	苗栗(7)	60	新北(4)、新竹(17)、高雄港(3)、高雄機場(13)、屏東(3)、金門(20)
Hap_14	33	基隆(2)、台北(1)、南投(9)、嘉義(1)、台中(1)、台南(2)、雲林(17)		
Hap_15	1	台南(1)		
Hap_11	1	台南(1)	25	新北(5)、高雄港(5)、高雄機場(2)、屏東(4)、金門(9)
Hap_12	7	台南(1)、屏東(6)		
Hap_8	1	宜蘭(1)	13	新竹(13)
Hap_10	15	屏東(13)、台東(2)	5	新北(4)、高雄機場(1)
Hap_13	3	嘉義(1)、台南(2)	15	新北(1)、高雄港(8)、金門(6)



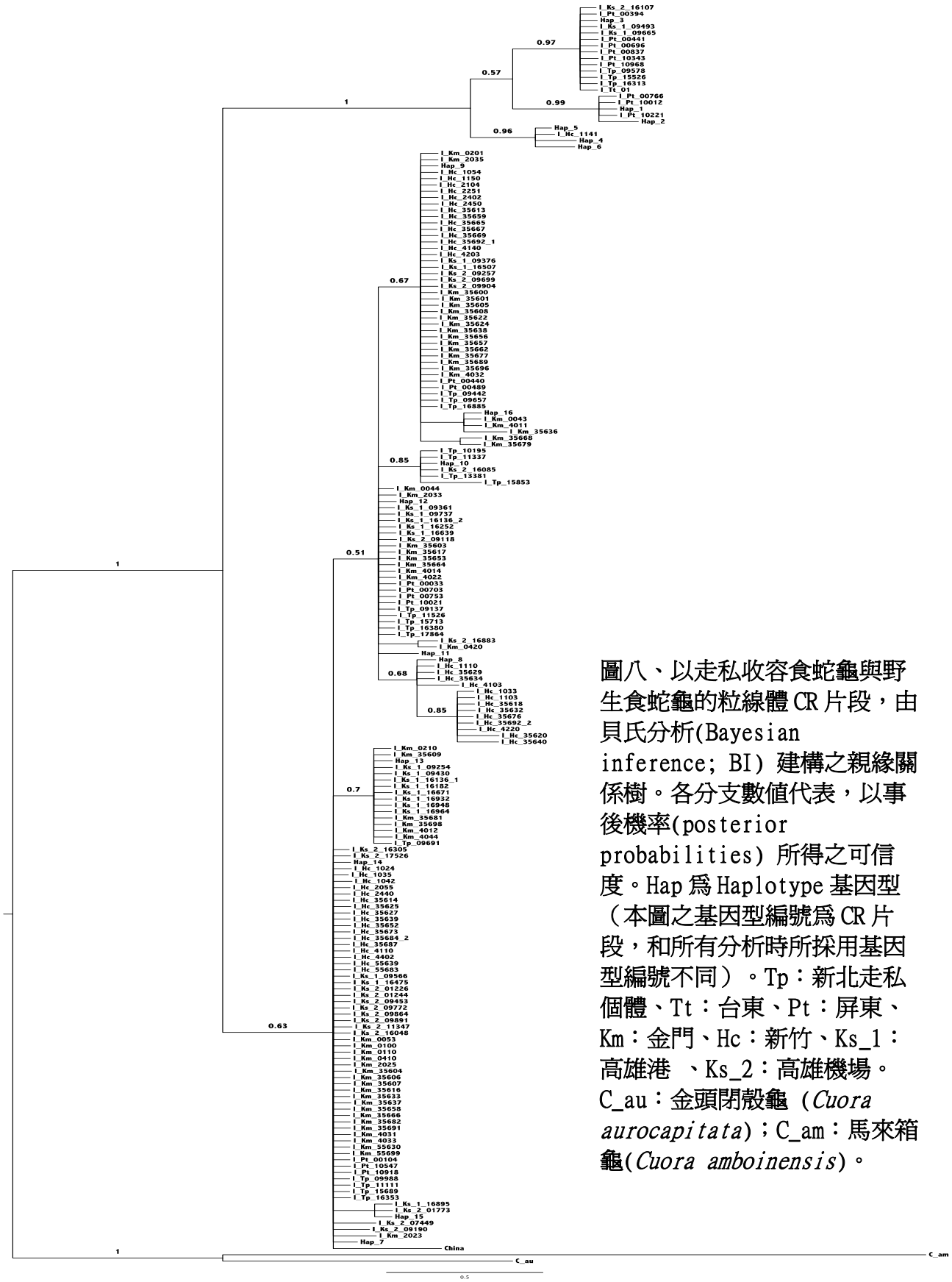
圖五、依據貝氏分析(Bayesian inference; BI) 建構之台灣島野生食蛇龜核 DNA 親緣關係樹。各分支的數值代表，以事後機率(posterior probabilities) 所得之可信度。C_au：金頭閉殼龜 (*C. aurocapitata*)；C_pani：潘氏閉殼龜(*C. pani*)。



圖六、台灣島野生食蛇龜粒線體 CR 片段，以最大簡約法(Maximum parsimony)所建構之親緣關係樹。分析時所採用之最佳演變模式爲 TPM1uf+I，各鹼基頻率參數：A = 0.3055、C = 0.1927、G = 0.1506、T = 0.3512。各分支的數值代表，以重複抽樣法(Boostrap value)所得之可信度。C_au：金頭閉殼龜 (*C. aurocapitata*)；C_am：馬來箱龜(*C. amboinensis*)。



圖七、台灣島野生食蛇龜粒線體 CR 片段，依貝氏分析(Bayesian inference; BI) 建構之親緣關係樹。各分支數值代表，以事後機率(posterior probabilities) 所得之可信度。C_au：金頭閉殼龜 (*C. aurocapitata*)；C_am：馬來箱龜(*C. amboinensis*)。



圖八、以走私收容食蛇龜與野生食蛇龜的粒線體 CR 片段，由貝氏分析(Bayesian inference; BI) 建構之親緣關係樹。各分支數值代表，以事後機率(posterior probabilities) 所得之可信度。Hap 為 Haplotype 基因型（本圖之基因型編號為 CR 片段，和所有分析時所採用基因型編號不同）。Tp：新北走私個體、Tt：台東、Pt：屏東、Km：金門、Hc：新竹、Ks_1：高雄港 、Ks_2：高雄機場。C_au：金頭閉殼龜 (*Cuora aurocapitata*)；C_am：馬來箱龜(*Cuora amboinensis*)。

第二章、食蛇龜外部形態多變值統計分析

研究方法

食蛇龜來源為 2007 年 8 月至 2011 年 9 月採集自全島一千公尺以下丘陵區域之野生個體，共捕獲 149 隻 。採集地點共 21 個，包括東部的花蓮縣和台東縣；北部的基隆市、新北市、苗栗縣和宜蘭縣；南部為台中市、南投縣、雲林縣、嘉義縣、台南市及屏東縣。採集方式主要為市售捕鼠籠陷阱誘捕，鼠籠置於森林底層遮蔽良好處，並以水果為誘餌（Chen, 1998）。每籠放置一至二週，每日巡籠，以防捕獲動物死亡，並適時更換誘餌。捕獲之食蛇龜，經紀錄各項基本資料及量測各項甲殼特徵值後，於原地釋放。所有個體，扣除極端資料、性別不明、和幼體後，共餘 100 隻成體樣本。

由於 MANOVA 及 DA 的分析需事先指定所屬地理分群，於是將樣本依據其採集地（表十一），指定其地理分群（圖九），以五群「E1、E2、N、S、P」進行探討，PCA 及 DA 中並加入二大群「N E、SP」之比較，其中「N E」代表包含「N、E1、E2」三群之第一大群，N 為北部族群， E1 與 E2 分別為東部第一群與東部第二群；「SP」代表包含「 S、P」二群之第二大群，S 為西南部族群，P 為恆春半島族群。各地理分群之雌雄背甲長測量平均值見表十二。

1. 形態特徵測量與判別公式

所有野外捕捉個體，除了性別、體重外，以游標尺或皮尺測量每隻個體背甲及腹甲的以下 43 個特徵，作為多變值分析的資料（腹甲/背甲測量特徵中，凡是屬於弧長/弧寬者如 1. CPL 腹甲弧長；14. CCL 背甲弧長；15. ACCW 前背甲弧寬；16. CCCW 中背甲弧寬；17. PCCW 後背甲弧寬等，皆以皮尺測量至最小單位 1 mm。其餘特徵則皆以游標尺測量至最小單位 0.1 mm）（圖十）：

(1) 腹甲弧長 (CPL: curved carapace length),

(2) 咽盾長 (GL: gular length),

(3) 肱盾長 (HL: humeral length),

(4) 胸盾長 (PeL: pectoral length),

(5) 腹盾長 (AL: abdominal length),

(6) 股盾長 (FL: femoral length),

(7) 肛盾長 (AnL: anal length),

(8) 橋長 (BL: bridge length),

(9) 咽盾寬(GW: gular width),

(10) 肱盾寬(HW: humeral width),

(11) 胸盾寬 (PeW: pectoral width),

(12) 腹盾寬 (AW: abdominal width),

(13) 股盾寬 (FW: femoral width),

(14) 背甲弧長 (CCL: curved carapace length),

(15) 前背甲弧寬 (ACCW: anterior curved carapace width),

(16) 中背甲弧寬 (CCCW: center curved carapace width),

(17) 後背甲弧寬 (PCCW: posterior curved carapace width),

(18) 背甲長 (CL: carapace length),

(19) 最大背甲寬 (MCW: maximum carapace width),

(20) 頸盾長 (CeL: cervical length),

(21) 第一椎盾長 (V1L: 1st vertebral length),

(22) 第二椎盾長 (V2L: 2nd vertebral length),

(23) 第三椎盾長 (V3L: 3rd vertebral length),

(24) 第四椎盾長 (V4L: 4th vertebral length),

(25) 第五椎盾長 (V5L: 5th vertebral length),

(26) 最後緣盾長 (MlL: last marginal length),

(27) 前背甲寬 (ACW: anterior carapace width),

(28) 中背甲寬 (CCW: center carapace width),

(29) 後背甲寬 (PCW: posterior carapace width),

(30) 頸盾寬 (CeW: cervical width),

(31) 第一椎盾寬 (V1W: 1st vertebral width),

(32) 第二椎盾寬 (V2W: 2nd vertebral width),

(33) 第三椎盾寬 (V3W: 3rd vertebral width),

(34) 第四椎盾寬 (V4W: 4th vertebral width),

(35) 第五椎盾寬 (V5W: 5th vertebral width),

(36) 最後右緣盾寬 (MlRW: last right marginal width),

(37) 第一右肋盾寬 (Pl1RW: 1st right pleural width),

(38) 第一右肋盾長 (Pl1RL: 1st right pleural length),

(39) 第二右肋盾長 (Pl2RL: 2nd right pleural length),

(40) 第三右肋盾長 (Pl3RL: 3rd right pleural length),

(41) 第四右肋盾長 (Pl4RL: 4th right pleural length),

(42) 第五椎盾右後緣寬 (V5RBEW: 5th vertebral right back edge width),

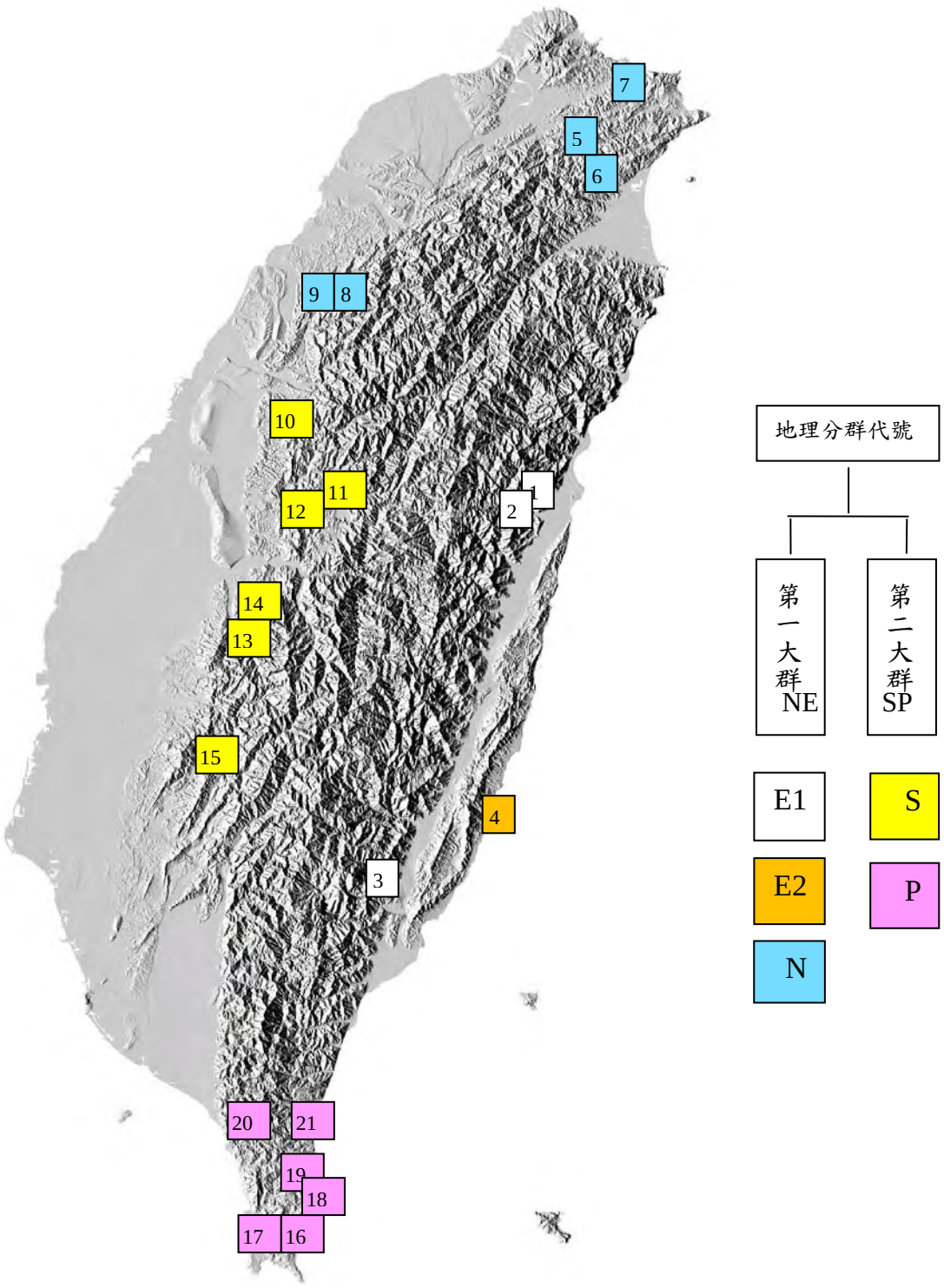
(43) 殼高 (SH: shell height)。

表十一、台灣食蛇龜野外個體採集地點及樣本數。

編號	採集地縣市	性別 雌	性別 雄	總數（縣市）	地理分區代號	總數（地理分區）
1	花蓮縣	2	5	8	E1	9
2	花蓮縣		1			
3	台東縣	1	0	1		
4	台東縣	3	6	9	E2	9
5	新北市	1	0	2	N	23
6	新北市	1				
7	基隆市	4	5	9		
8	苗栗縣	2	1	12		
9	苗栗縣	6	3			
10	台中縣	1	0	1	S	50
11	南投縣	1		6		
12	南投縣	3	2			
13	雲林縣	25	7	39		
14	雲林縣	6	1			
15	台南縣	4	0	4		
16	屏東縣	1	2	8	P	9
17	屏東縣		1			
18	屏東縣		1			
19	屏東縣		1			
20	屏東縣	2				
21	台東縣	0	1	1		
總數(性別)		64	36			100

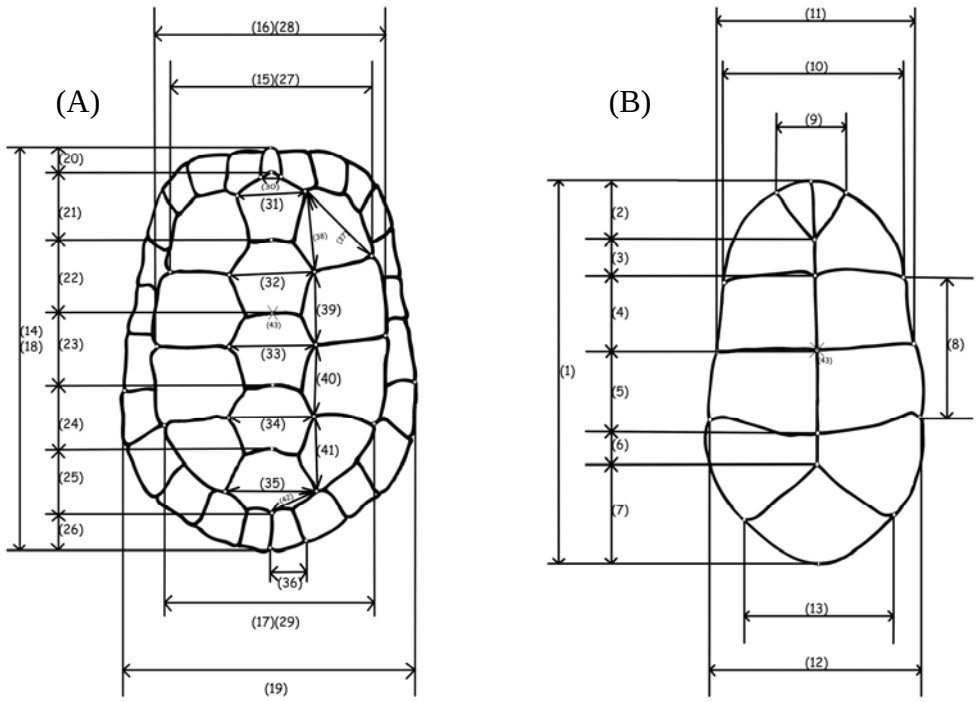
表十二、台灣食蛇龜五地理分區雌、雄樣本數及背甲長(CL)。

地理分區 n（F,M）	性別	
	Female	Male
	$\overline{X}$ ± SD min – max	$\overline{X}$ ± SD min – max
E1（3,6）	162.22 ± 4.14 157.45 – 164.72	145.73 ± 14.12 128.10 – 170.95
E2（3,6）	142.33 ± 6.43 135.00 – 147.00	142.33 ± 14.03 129.60 – 161.00
N （14,9）	157.51 ± 11.82 144.00 – 182.50	144.12 ± 10.66 130.90 – 161.50
S （40,10）	160.97 ± 8.46 143.10 – 178.70	153.35 ± 9.83 132.65 – 167.66
P （4,5）	163.53 ± 7.90 152.00 – 169.20	154.46 ± 14.15 135.80 – 168.00



圖九、台灣食蛇龜野外個體採集地點，各數字編號代表各採集地點，數字編號採集地點詳見表九；各採集地點根據親緣分析結果指定其地理分群（事前分群），相同顏色代表同一分群。第一大群「N E」包含三個分群：N（北部群，以藍色表示，包含由編號 7~9 地點採集之樣本）、E1（東部第一群，以白色表示，包含由編號 1~3 地點所採集到的樣本）、E2（東部第二群，以橙色表示，包含由編號 4 地點採集之樣本）第二大群「SP」包含二個分群：S（西南部群，以黃色表

示，包含由編號 10~15 地點採集之樣本）與 P（半島群，以粉紅色表示，包含由編號 16~21 地點採集之樣本）。五群即爲「E1、E2、N、S、P」等五個分群。



圖十、食蛇龜背甲（A）及腹甲（B）所測量的各特徵。

2. 使用變數

統計分析中所使用的變數，除了 43 個測量原始值變數，另有以背甲長標準化之 42 個比值變數。多變量變異數分析法，分別使用以上二組變數，以了解性別間、地理分群間體型及形狀上的差異。主成分分析法及判別分析法，則為了減低體型大小差異因素對分析結果造成的　　，僅使用比值變數。

3. 統計方法

（1）多變量變異數分析法（Multivariate Analysis of Variance, MANOVA）

以 43 個特徵之原始值或 42 個比值作為依變數，性別、地理分群為 2 個　定因子做 MANOVA 分析，以了解 43 個原始值變數分別在性別、地理分群兩個因素上是否確有形態差異存在。　性別間形態差異達顯著水準，後續地理分群間主成分分析法及判別分析法將分開雌雄樣本分析；反之，　性別間形態差異未達顯著水準，後續地理分群間主成分分析法及判別分析法將合併雌雄樣本分析。

（2）主成分分析法（Principle Component Analysis, PCA）

雖然由 MANOVA 中可知地理分群間差異主要發生在　些特徵上，但其他差異未達顯著的特徵未必對地理分群間的差異完全沒有　　力，尤其是當許多特徵同時存在時，個別特徵或許　　力甚微，但各特徵間的相互關係加總起來便可能造成明顯的　。因此，為求保　所有特徵的資訊，及了解整體甲殼特徵與地理分群間的關係，以 42 個比值變數做 PCA，並利用主成份分數繪出所有觀測值在兩兩主成份的散佈圖，以檢視是否在地理分區上有明顯可分辨之分布型態。使用軟體為 SYSTAT 12.0。

（3）判別分析法（Discriminant Analysis, DA）

DA 有　於找出族群間有效的判別特徵及判別規則。以檢驗、比較台灣地區食蛇龜甲殼形態變異與遺傳變異是否相符，並　試進一步建立可用於分辨未知來源個體的判別模型。 本研究中的樣本數：原始值變數個數比值為 2.3，因此如投入全部 42 個對數轉換後之比值變數作為預測變數，估計 DA 結果將不理想。　果真如此，則將利用 MANOVA、PCA 分析中所選取出來的變數作為 DA 中的自變數（預測變數），以地理分群作為依變數（分組變數），以　步選擇法選擇進入判別函數的變數；事前機率則依據組別樣本大小計算。使用軟體為 SPSS 12.0。

結果與討論

1. MANOVA

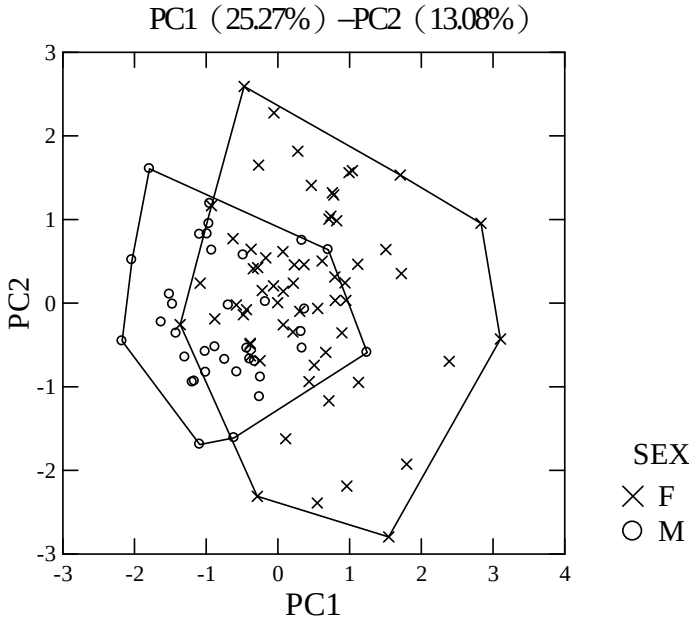
MANOVA 整體考驗結果，各組原始值變數、比值變數在性別上差異顯著（p 0.05）。性別間差異顯著之原始值變數共有 28 個，分別為腹甲特徵 9 個、背甲_整體長度特徵 10 個、背甲_椎盾特徵 4 個與背甲_肋盾特徵 5 個，均為雌性大於雄性（表十三）。

性別間差異達顯著之比值變數共有 19 個，分別為腹甲特徵 5 個、背甲_整體長度特徵 6 個、背甲_椎盾特徵 5 個與背甲_肋盾特徵 3 個。比值變數可視為標準化後的甲殼形狀特徵。除了在背甲_椎盾特徵中的最後右緣盾寬（36）顯示雌性小於雄性外，其餘皆為雌性大於雄性（表十三）。

2. PCA

以 42 個比值變數之相關　　做 PCA 後，共選出 11 個特徵值大於 1 的主成份。PC1 到 PC5 特徵值分別為 10.611、5.492、4.007、2.801、2.149，特徵值總和為 25.060，累積之解釋變異比例為 59.68%。

兩性除了在 PC1 上雌龜整體主成份分數值較雄龜大（圖十一），且未完全重疊外，其餘主成分上兩者皆幾乎完全重疊；顯示綜合所有特徵，並無法有效區分雌龜與雄龜。



圖十一、台灣食蛇龜兩性之甲殼特徵比值變數 PCA 主成份分數散佈。

表十三、台灣食蛇龜甲殼特徵多變量變異數分析檢定性別間差異達顯著水準之原始值變數與比值變數（樣本數 100）。

甲殼特徵名稱	(編號)	原始值變數	F 值	性別比較	比值變數	F 值	性別比較
腹甲	1 腹甲弧長	CPL	22.262	M F	R-CPL	15.481	M F
	4 胸盾長	PeL	11.520	M F	R-PeL		
	5 腹盾長	AL	20.844	M F	R-AL	11.603	M F
	6 肛盾長	AnL	23.526	M F	R-AnL	14.236	M F
	8 橋長	BL	26.457	M F	R-BL	12.552	M F
	10 肱盾寬	HW	13.242	M F	R-HW		
	11 胸盾寬	PeW	19.404	M F	R-PeW		
	12 腹盾寬	AW	19.907	M F	R-AW	11.983	M F
	13 股盾寬	FW	11.597	M F	R-FW		
背甲_整體	14 背甲弧長	CCL	18.644	M F	R-CCL	13.515	M F
	15 前背甲弧寬	ACCW	32.556	M F	R-ACCW	27.526	M F
	16 中背甲弧寬	CCCW	36.956	M F	R-CCCW	36.731	M F
	17 後背甲弧寬	PCCW	19.948	M F	R-PCCW	9.671	M F
	18 背甲長	CL	11.732	M F			
	19 最大背甲寬	MCW	22.545	M F	R-MCW	6.204	M F
	27 前背甲寬	ACW	33.044	M F	R-ACW		
	28 中背甲寬	CCW	37.293	M F	R-CCW		
	29 後背甲寬	PCW	23.246	M F	R-PCW		
	43 殼高	SH	39.071	M F	R-SH	36.241	M F
背甲_椎盾長	22 第二椎盾長	V2L	23.936	M F	R-V2L	17.541	M F
	23 第三椎盾長	V3L	32.765	M F	R-V3L	26.007	M F
	24 第四椎盾長	V4L	17.473	M F	R-V4L		
背甲_椎盾寬	32 第二椎盾寬	V2W			R-V2W	21.531	M F
	33 第三椎盾寬	V3W			R-V3W	24.861	M F
	36 最後右緣盾寬	MlRW			R-MlRW	8.293	M F
	42 第五椎盾右後緣寬	V5RBEW	6.706	M F	R-V5RBEW		
背甲_肋盾	37 第一右肋盾寬	Pl1RW	18.135	M F	R-Pl1RW	6.987	M F
	38 第一右肋盾長	Pl1RL	14.813	M F	R-Pl1RL		
	39 第二右肋盾長	Pl2RL	31.937	M F	R-Pl2RL	31.959	M F
	40 第三右肋盾長	Pl3RL	24.039	M F	R-Pl3RL	19.493	M F
	41 第四右肋盾長	Pl4RL	10.968	M F	R-Pl4RL		
特徵個數		28			19		

p .01 p .001

3. DA

42 個比值變數經　步選擇法選擇了 7 個甲殼特徵：股盾長（6）、肛盾長（7）、腹盾寬（12）、股盾寬（13）、中背甲寬（28）、最後右緣盾寬（36）及第二右肋盾長（39）進入判別函數（表十四），由標準化典型判別函數係數（表十五）可看出對判別函數具有較大　　力的甲殼特徵主要為肛盾長（7）及股盾寬（13）。

7 個甲殼特徵中，股盾長（6）、肛盾長（7）、腹盾寬（12）、中背甲寬（28）及第二右肋盾長（39）與判別函數為正相關；股盾寬（13）及最後右緣盾寬（36）與判別函數則為負相關。由兩性別在典型判別函數上的分布（圖十二）可看出，典型判別函數分數值　大者，　容易被判別為雌龜；判別函數分數值　小者，　容易被判別為雄龜。　即，當食蛇龜之股盾長（6）、肛盾長（7）、腹盾寬（12）、中背甲寬（28）及第二右肋盾長（39）等五個甲殼特徵比例　長且股盾寬（13）及最後右緣盾寬（36）等二個甲殼特徵比例　短者，　可能是雌龜；反之則　可能是雄龜。這些特徵多為龜殼中後部份、尤其是腹面的特徵，應該顯示的是雌性產卵需求所需要的較大空間。判別模型函數係數如表十六，判別正確率 94%（表十七）。另外，將判別函數中 7 個甲殼特徵之比值分別做性別間 t-test，除了股盾長（6）及股盾寬（13）外，其餘皆達顯著水準（p　0.001）。

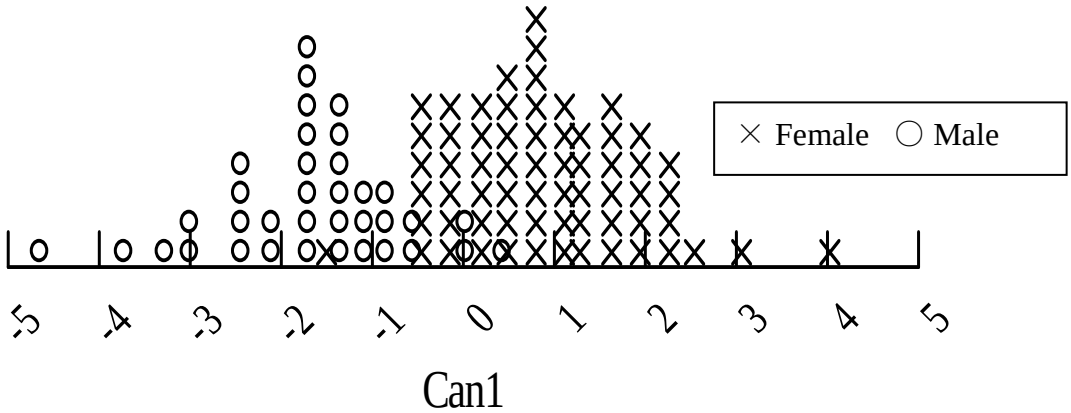
表十四、台灣食蛇龜甲殼特徵性別間比值變數判別分析典型判別函數係數、特徵值、相關係數、累積變異量及顯著性檢定（樣本數 100）。

甲殼特徵		Can1
6 股盾長	R-FL	30.14
7 肛盾長	R-AnL	**67.73**
12 腹盾寬	R-AW	19.16
13 股盾寬	R-FW	**-54.27**
28 中背甲寬	R-CCW	19.77
36 最後右緣盾寬	R-MlRW	-26.26
39 第二右肋盾長	R-Pl2RL	42.85
常數		-27.41
Eigenvalue		1.576
Canonical correlations		0.782
Cum proportion（%）		100.00
Wilks' Λ		0.388
方值		89.421

p　.001

表十五、台灣食蛇龜甲殼特徵性別間比值變數判別分析標準化典型判別函數係數。

甲殼特徵		Can1
6 股盾長	R-FL	0.36
7 肛盾長	R-AnL	**0.89**
12 腹盾寬	R-AW	0.43
13 股盾寬	R-FW	**-0.92**
28 中背甲寬	R-CCW	0.53
36 最後右緣盾寬	R-MlRW	-0.35
39 第二右肋盾長	R-Pl2RL	0.48



圖十二、台灣食蛇龜甲殼特徵性別間比值變數判別分析典型判別函數分數散佈圖（樣本數 100）。

台灣食蛇龜性別間比值變數典型判別函數（表十六）：

-27.41＋30.14（股盾長比值）＋67.73（肛盾長比值）＋19.16（腹盾寬比值）-54.27（股盾寬比值）＋19.77（中背甲寬比值）-26.26（最後右緣盾寬比值）＋42.85（第二右肋盾長比值）

雌龜之典型判別函數分數範圍：-1.501 – 4.028

雄龜之典型判別函數分數範圍：-4.645 – 0.436

由以上 7 個甲殼特徵來看，台灣地區食蛇龜性別間甲殼形態差異主要表現在腹甲後　由股盾起至最末端的　　形狀上（股盾長 6、肛盾長 7、腹盾寬 12、股盾寬 13），雌龜由股盾起較為寬長，至肛盾　長而近末端較　　，雄龜則由股盾起較為短，至肛盾　較雌龜寬短而近末端較　　。背甲上的差異則為雌龜的背甲中部較寬（中背甲寬 28）、第二右肋盾（第二右肋盾長 39）較長且最後緣盾（最後右緣盾寬 36）較　，雄龜的背甲中部較　、第二右肋盾較短且最後緣盾較寬。

表十六、台灣食蛇龜甲殼特徵性別間比值變數判別分析判別模型函數係數。

變數		Fisher's 線性判別函數	
		Female	Male
6 股盾長	R-FL	693.10	615.08
7 肛盾長	R-AnL	1798.69	1623.33
12 腹盾寬	R-AW	589.09	539.48
13 股盾寬	R-FW	-374.57	-234.06
28 中背甲寬	R-CCW	554.12	502.93
36 最後右緣盾寬	R-MlRW	466.43	534.43
39 第二右肋盾長	R-Pl2RL	2276.83	2165.88
常數		-784.71	-715.26

各甲殼特徵名稱前所標示之編號，與表 3 中之甲殼特徵編號相同

表十七、台灣食蛇龜甲殼特徵性別間比值變數判別分析判別正確率。

性別	分類前樣本數	分類結果		正確率（%）
		Male	Female	
Female	64	1	61	98.44
Male	36	31	5	86.11
總預測正確率= 94.0%		Press'Q=70.56		

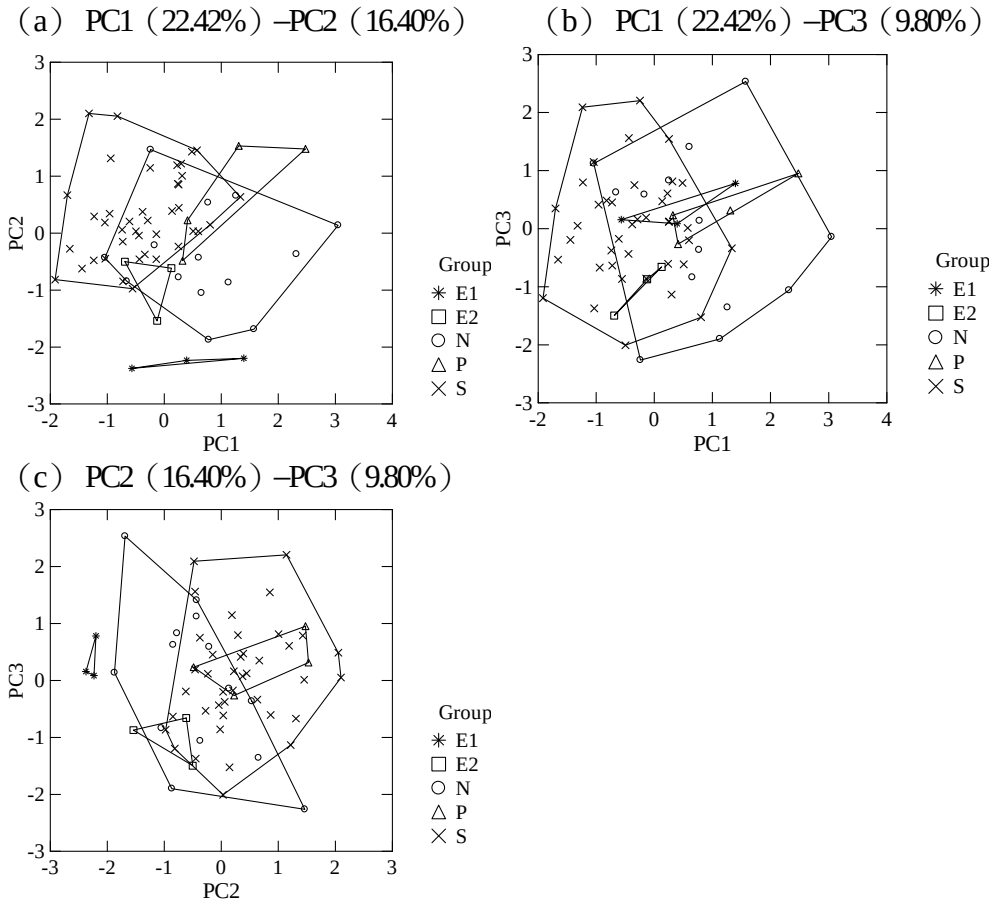
$p < .05$

4. 地理分群間差異

(1)雌龜 PCA

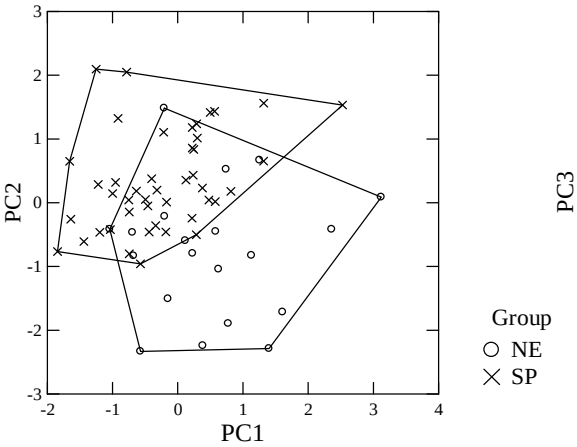
64 隻雌龜以 42 個比值變數之相關　做 PCA，共萃取出 10 個特徵值大於 1 的主成份，PC1 – PC5 特徵值分別為 9.415、6.888、4.116、2.691、2.455，特徵值總和為 25.565，累積之解釋變異比例為 60.87%。

利用特徵向量計算出 64 個個體在五個主成份上的主成份分數，繪製散佈圖，以五個地理分群來看， 均無法區分各地理區個體（圖十三）。PC　無法分開兩群的個體（圖十四）。

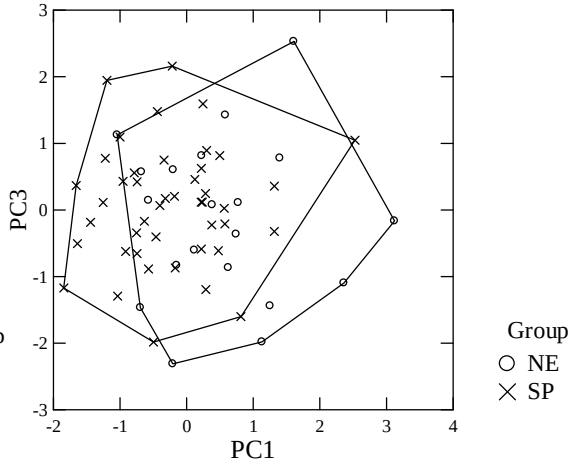


圖十三、台灣食蛇龜雌龜甲殼特徵比值變數主成份分析主成份分數散佈圖。地理分群代號爲：E1，東部第一群；E2，東部第二群；N，北部群；P，半島群；S，西南部群。

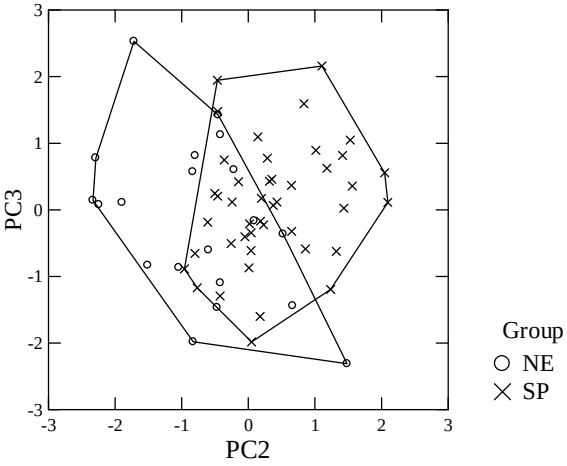
（a） PC1（22.42%）–PC2（16.40%）



（b） PC1（22.42%）–PC3（9.80%）



（c） PC2（16.40%）–PC3（9.80%）

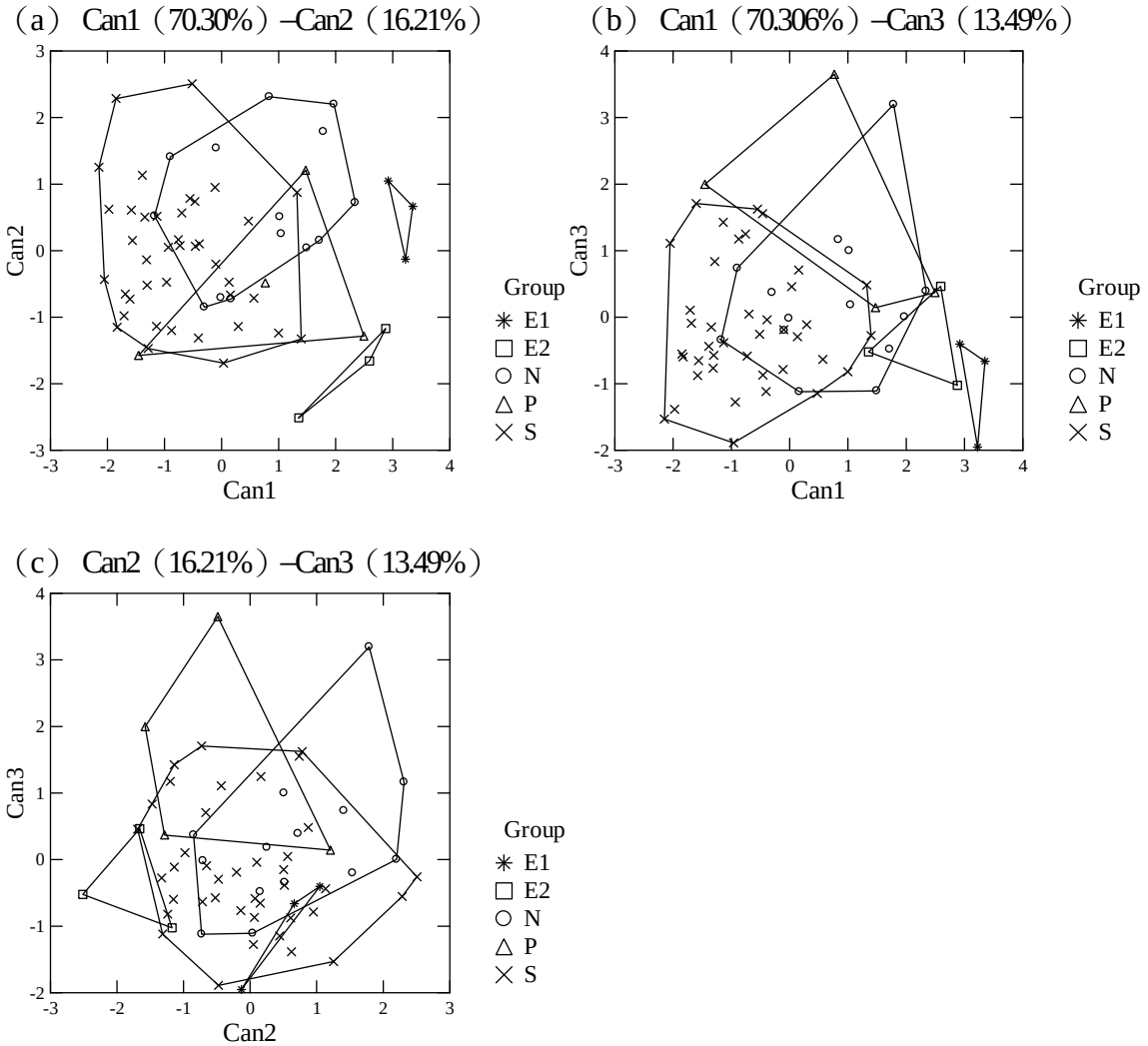


圖十四、台灣食蛇龜雌龜甲殼特徵比值變數兩大群隻地理分群主成份分析主成份分數散佈圖。NE，北部群、東部第一群及東部第二群；SP，半島群及西南部群。

(2)雌龜 DA

64 隻雌龜以 42 個比值變數、地理五群做 DA，經　步選擇法將肱盾寬（10）、最大背甲寬（19）及殼高（43）3 個甲殼特徵進入判別函數，產生 3 個判別函數，解釋變異量分別為 70.30%、16.21%、13.49%，均達顯著水準（p　.001）。

由標準化典型判別函數係數可看出，3 個甲殼特徵中，殼高（43）與第一判別函數（Can1）為正相關，肱盾寬（10）、最大背甲寬（19）與 Can1 皆為負相關；而殼高（43）及最大背甲寬（19）對 Can1 具有較大　　力。與第二判別函數（Can2）為正相關者為最大背甲寬（19）及殼高（43），肱盾寬（10）與 Can2 為負相關；而肱盾寬（10）及最大背甲寬（19）對 Can2 具有較大　　力。3 個甲殼特徵與第三判別函數（Can3）皆為正相關；其中肱盾寬（10）對 Can3 具有較大　　力。



圖十五、台灣食蛇龜雌龜甲殼特徵地理分群間（五群）比值變數判別分析典型判別函數分數散佈圖。

由每個樣本在各判別函數的判別函數分數，繪製樣本在兩兩判別函數空間中的散佈圖，雌龜地理分群五群在 Can1　Can2 圖中，西南部群、北部群及半島群重疊，東部第一群、東部第二群與其餘三群完全分開空間中（圖十五 a）。在 Can1　Can3 空間中東部第一群與其他族群皆完全分開（圖十五 b）。在 Can2　Can3 空間中東部第一群、東部第二群與半島群三者各自分開，（圖十五 c）。

地理分群五群的判別模型函數係數如表十八，判別正確率平均為 84.4%，以東部兩群正確率 100%，西南部群正確率 97.5%，北部群正確率 57.14%，半島群正確率 25.00%最低（表十九）。

表十八、台灣食蛇龜雌龜甲殼特徵地理分群間（五群）比值變數判別分析判別模型函數係數。

變數		Fisher's 線性判別函數				
		E1	E2	N	S	P
10 肱盾寬	R-HW	293.44	457.66	345.83	381.39	462.00
19 最大背甲寬	R-MCW	1077.57	988.54	1197.05	1206.92	1139.90
43 殼高	R-SH	819.17	755.55	669.03	558.86	690.20
常數		-628.34	-614.96	-664.18	-638.00	-691.64

表十九、台灣食蛇龜雌龜甲殼特徵地理分群間五群比值變數判別分析判別正確率。

地理分區五族群	判別前樣本數	判別結果					正確率（%）
		E1	E2	N	S	P	
E1	3	3	0	0	0	0	100.00
E2	3	0	3	0	0	0	100.00
N	14	0	0	8	6	0	57.14
S	40	0	0	1	39	0	97.50
P	4	0	1	1	1	1	25.00
總預測正確率= 84.4%　Press'Q=165.77							

以二大群做 DA，經　步選擇法選擇了 4 個甲殼特徵：肱盾長（3）、咽盾寬（9）、第二椎盾長（22）及第四椎盾長（24）進入判別函數，解釋變異量為 100%，達顯著水準（p　.001）（表二十）。由標準化典型判別函數係數（表二十一）可看出，4 個甲殼特徵與判別函數皆為正相關，其中第二椎盾長（22）及第四椎盾長（24）對判別函數具有較大　　力。

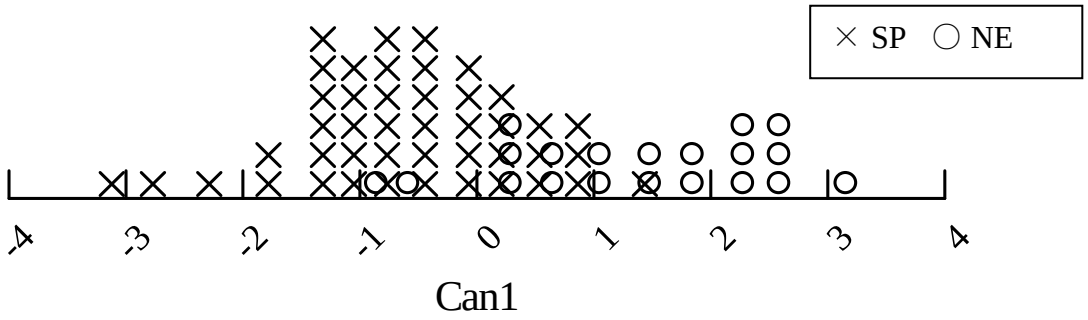
表二十、台灣食蛇龜雌龜甲殼特徵地理二大群間比值變數判別分析各典型判別函數係數、特徵值、相關係數、累積變異量及顯著性檢定。

甲殼特徵		Can1
3 肱盾長	R-HL	25.53
9 咽盾寬	R-GW	31.00
22 第二椎盾長	R-V2L	**64.05**
24 第四椎盾長	R-V4L	**56.59**
常數		-31.58
Eigenvalue		0.897
Canonical correlations		0.688
Cum proportion（%）		100.00
Wilks' Λ		0.527
方值		38.401

表二十一、台灣食蛇龜雌龜甲殼特徵地理二大群間比值變數判別分析標準化典型判別函數係數。

甲殼特徵		Can1
3 肱盾長	R-HL	0.44
9 咽盾寬	R-GW	0.47
22 第二椎盾長	R-V2L	**0.76**
24 第四椎盾長	R-V4L	**0.59**

地理分群二大群在 Can1 上雖兩大群間互有重疊，但大致可看出判別函數分數大者，容易被判定為北部群、東部第一群及東部第二群這一大群，反之，分數小者，容易被判定為半島群及西南部群這一大群（圖十六）。



圖十六、台灣食蛇龜雌龜甲殼特徵地理分群間（二大群）比值變數判別分析典型判別函數分數散佈圖。

地理分群二大群的判別模型函數係數如表二十二，判別正確率為 85.9%（表二十三），以西南部群及半島群正確率 93.18%較高，東部第一群、東部第二群及北部群

正確率為 70.00%，對照五群的判別結果，二大群中東部第一群、東部第二群及北部群這一大群較低的判別正確率，可能是來自於五群中的北部群。

表二十二、台灣食蛇龜雌龜甲殼特徵地理分群間（二大群）比值變數判別分析判別模型函數係數（樣本數 64）。

變數		Fisher's 線性判別函數	
		NE	SP
3 肱盾長	R-HL	985.28	933.94
9 咽盾寬	R-GW	1392.03	1329.71
22 第二椎盾長	R-V2L	1877.58	1748.80
24 第四椎盾長	R-V4L	2004.92	1891.14
常數		-567.93	-502.89

表二十三、台灣食蛇龜雌龜甲殼特徵地理分群間（二大群）比值變數判別分析判別正確率（樣本數 64）。

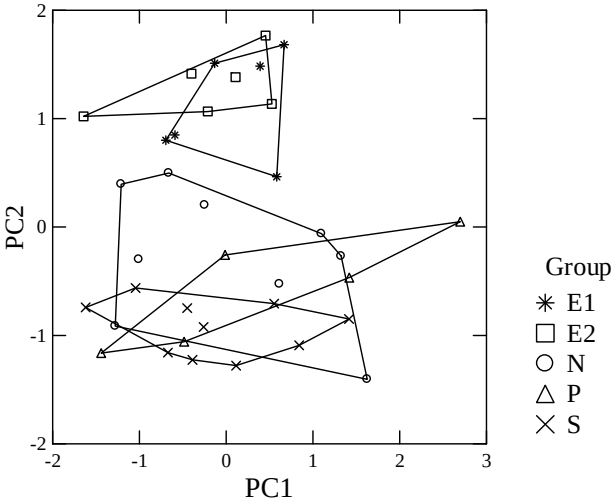
地理分區二大群	判別前樣本數	判別結果		正確率（%）
		NE	SP	
NE	20	14	6	70.00
SP	44	3	41	93.18
總預測正確率= 85.9%		Press'Q=33.06		

(3)雄龜 PCA

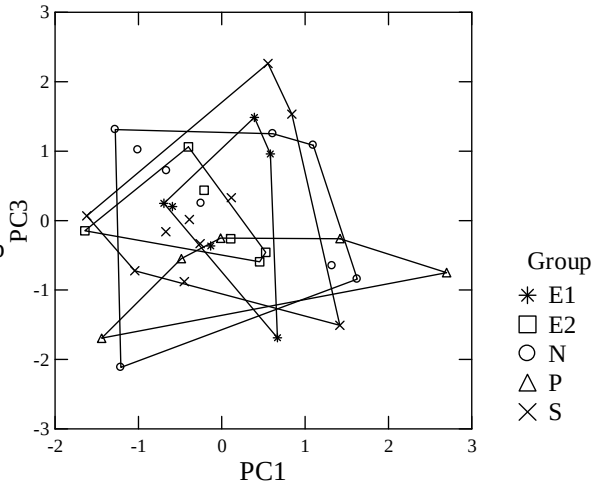
36 隻雄龜，以 42 個比值變數之相關　　做 PCA，共萃取出 10 個特徵值大於 1 的主成份，因 PC6 – PC11 之特徵值皆 < 2.0，解釋變異比例皆 < 5.0%，只表列 PC1 – PC5 的結果。PC1 – PC5 特徵值分別為 9.113、6.124、4.722、3.588、2.612，特徵值總和為 26.159，累積之解釋變異比例為 62.28%。

利用特徵向量計算出 36 個個體在五個主成份上的主成份分數，繪製散佈圖，以五個地理分群來看，在 PC1　PC2 東部第一群與東部第二群重疊，北部群、西南部群與半島群重疊（圖十七 a）。在 PC1　PC3 空間中五群全部互相重疊（圖十七 b）。在 PC2　PC3 空間中，東部第一群與東部第二群重疊，北部群、西南部群與半島群重疊，且前二群與後三群分開（圖十七 c）。PC 分數皆未分開二大群個體（圖十八）。

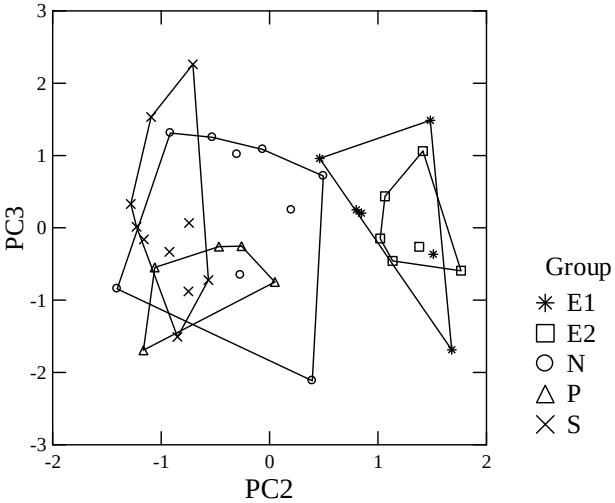
（a） PC1（21.70%）–PC2（14.58%）



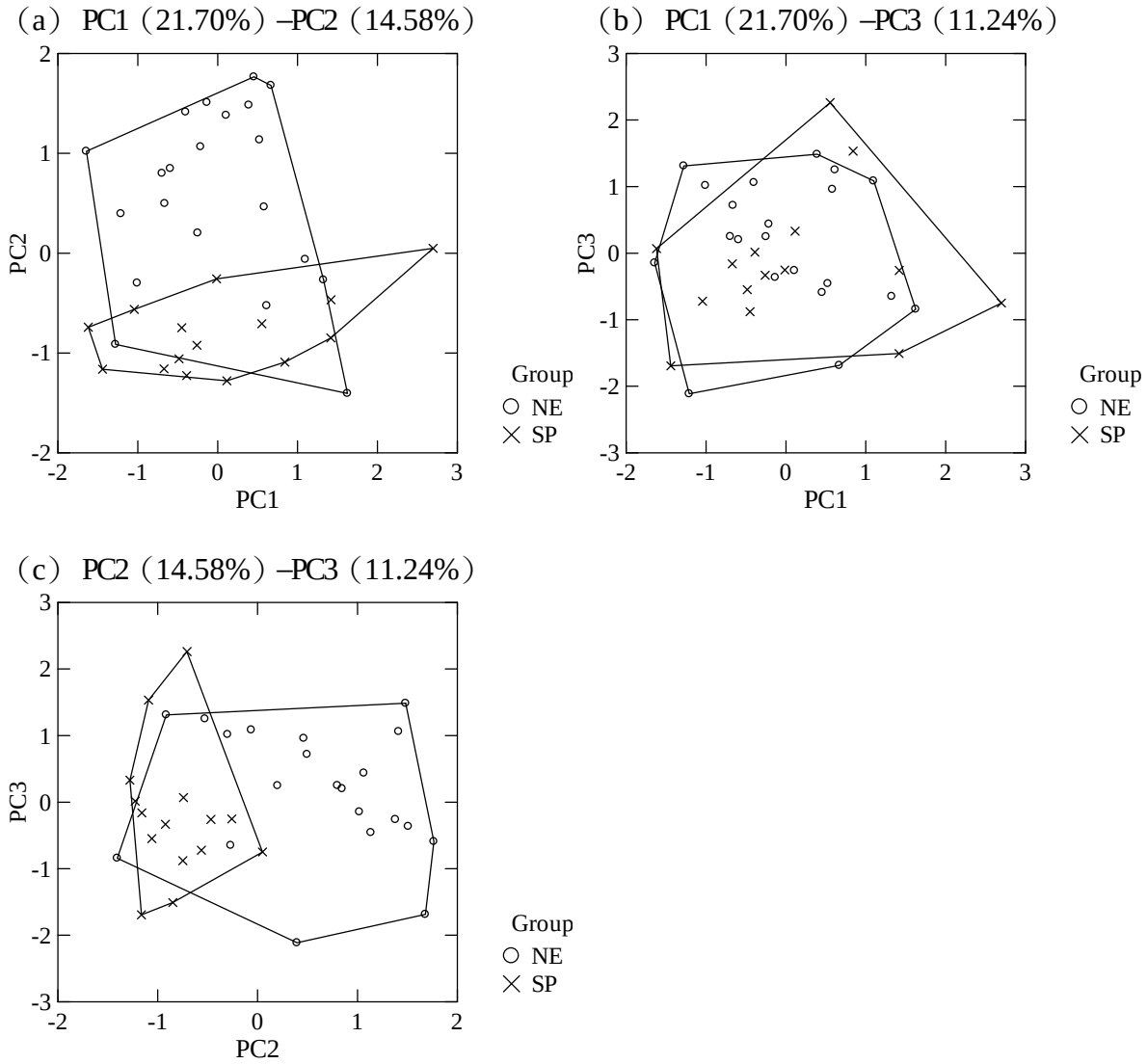
（b） PC1（21. 70%）–PC3（11.24%）



（c） PC2（14.58%）–PC3（11.24%）



圖十七、台灣食蛇龜雄龜甲殼特徵比值變數主成份分析主成份分數五群散佈圖。



圖十八、台灣食蛇龜雄龜甲殼特徵比值變數主成份分析主成份分數二大群散佈圖。

(4)雄龜 DA

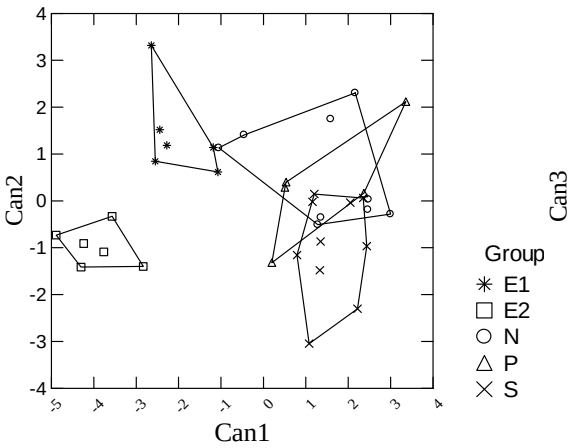
36 隻雌龜以 42 個比值變數、地理分群五群做 DA，經　步選擇法選擇了 4 個甲殼特徵：第四椎盾長（24）、最後緣盾長（26）、前背甲寬（27）及殼高（43）進入判別函數，共產生 4 個判別函數，解釋變異量分別為 79.55%、14.47%、5.87%、0.11%，僅前 3 個判別函數達顯著水準（p　0.05）。

4 個甲殼特徵中，第四椎盾長（24）、最後緣盾長（26）、前背甲寬（27）與第一判別函數（Can1）為正相關，殼高（43）與 Can1 為負相關；而最後緣盾長（26）及前背甲寬（27）對 Can1 具有較大　　力。與第二判別函數（Can2）為正相關者為第四椎盾長（24）、最後緣盾長（26）、前背甲寬（27），殼高（43）與 Can2 為負相關；而第四椎盾長（24）對 Can2 具有較大　　力。與第三判別函數（Can3）為

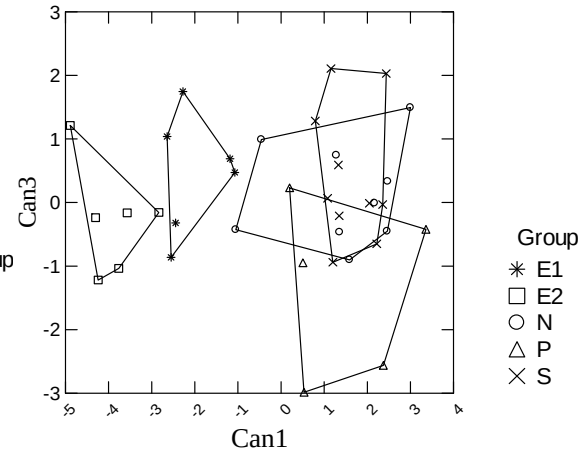
正相關者為最後緣盾長（26）及殼高（43），第四椎盾長（24）及前背甲寬（27）與 Can3 為負相關；而最後緣盾長（26）及殼高（43）對 Can3 具有較大　　力。

雄龜地理分群五群在 Can1　Can2，東部兩群與其他三群分開。西南部群、北部群及半島群與東部二個分群比較，有較長比例的最後緣盾長（26）、前背甲寬（27）及第四椎盾長（24），較短比例的殼高（43）（圖十九 a）。在 Can1　Can3 中（圖十九 b），西南部群、北部群及半島群重疊，東部第一群、東部第二群與其餘分群皆完全分開。在 Can2　Can3 中（圖十九 c），除了東部第一群外的其餘四群則皆互相重疊。

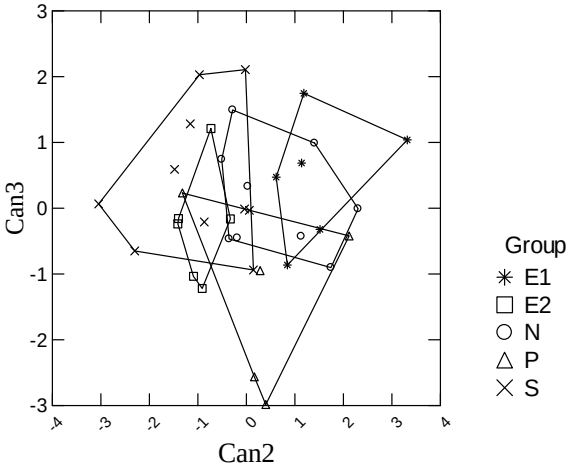
（a） Can1（79.55%）–Can2（14.47%）



（b） Can1（79.55%）–Can3（5.87%）



（c） Can2（14.47%）–Can3（5.87%）



圖十九、台灣食蛇龜雄龜甲殼特徵地理五群比值變數判別分析典型判別函數分數散佈圖。

五群地理分群的判別模型函數係數如表二十四，判別正確率平均為 72.2%，以東部第一群及東部第二群正確率 100%最高，西南部群正確率 70.0%，半島群正確率 60.0%，北部群正確率 44.44%最低（表二十五）。北部群中個體主要被　判至西南部群及東部第一群；西南部群中個體主要被　判至北部群及半島群；半島群中個體主要被　判至北部群及西南部群。

表二十四、台灣食蛇龜雄龜甲殼特徵地理分群間（五群）比值變數判別分析判別模型函數係數。

變數		Fisher's 線性判別函數				
		E1	E2	N	S	P
24 第四椎盾長	R-V4L	2854.15	2549.22	2875.97	2714.62	2882.29
26 最後緣盾長	R-MlL	4506.65	4163.34	4851.63	4848.44	4747.45
27 前背甲寬	R-ACW	2082.88	1978.18	2305.83	2302.41	2328.89
43 殼高	R-SH	-313.52	-256.73	-477.68	-473.97	-552.06
常數		-975.82	-858.80	-1063.58	-1034.74	-1036.04

表二十五、台灣食蛇龜雄龜甲殼特徵地理分群間（五群）比值變數判別分析判別正確率。

地理分區五族群	判別前樣本數	判別結果					正確率（%）
		E1	E2	N	S	P	
E1	6	6	0	0	0	0	100.00
E2	6	0	6	0	0	0	100.00
N	9	2	0	4	3	0	44.44
S	10	0	0	2	7	1	70.00
P	5	0	0	1	1	3	60.00
總預測正確率= 72.2%　Press'Q=61.36							

以二大群做 DA，經　步選擇法選擇了 2 個甲殼特徵：最大背甲寬（19）及第三椎盾長（23）進入判別函數，解釋變異量為 100%，達顯著水準（p　0.001）。標準化典型判別函數係數中，第三椎盾長（23）與判別函數為正相關，最大背甲寬（19）與判別函數為負相關，其中第三椎盾長（23）對判別函數具有較大　　力。

地理分群二大群在 Can1 上（圖二十），雖兩大群間互有重疊，但大致可看出判別函數分數　大者，　容易被判定為北部群、東部第一群及東部第二群這一大群，反之，分數　小者，　容易被判定為半島群及西南部群這一大群。

地理分群二大群的判別模型函數係數如表二十六，判別正確率為 80.6%（表二十七），以東部第一群、東部第二群及北部群這一大群正確率 85.71%較高，西南部群及半島群這一大群正確率為 73.33%。

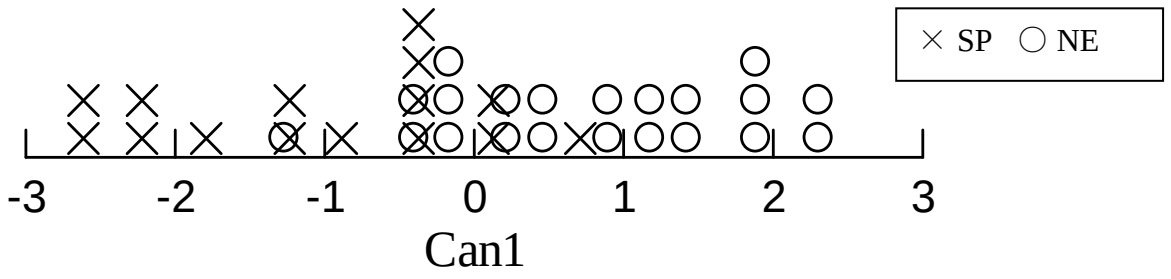
表二十六、台灣食蛇龜雄龜甲殼特徵地理分群間（二大群）比值變數判別分析判別模型函數係數。

變數		Fisher's 線性判別函數	
		NE	SP
19 最大背甲寬	R-MCW	1126.16	1182.91
23 第三椎盾長	R-V3L	2048.99	1895.66
常數		-585.95	-595.07

各甲殼特徵名稱前所標示之編號，與表 3 中之甲殼特徵編號相同
NE 北部群、東部第一群及東部第二群 SP 半島群及西南部群

表二十七、台灣食蛇龜雄龜甲殼特徵地理分群間（二大群）比值變數判別分析判別正確率。

地理分區二大群	判別前樣本數	判別結果		正確率（%）
		NE	SP	
NE	21	18	3	85.71
SP	15	4	11	73.33
總預測正確率= 80.6%		Press'Q=13.44		



圖二十、台灣食蛇龜雄龜甲殼特徵地理分群間（二大群）比值變數判別分析典型判別函數分數散佈圖。

由以上統計分析結果來看，台灣地區食蛇龜雌龜地理分群間甲殼形態確實存在差異，且以東部二群（尤其東部第一群）與其他三群之間差異較為顯著，主要差異在於殼高、背甲後段寬度（最大背甲寬 19）及腹甲前　前段寬度（肱盾寬 10）。東部第一群殼高最高、背甲後段較　且腹甲前　前段較　；東部第二群殼較　平、背甲後段較

且腹甲前　前段較寬；西南部群、北部群及半島群則為殼更　平、背甲後段較寬且腹甲前　前段較　。但因東部樣本數較小，必須再增加分析的動物數目。

雄龜群間甲殼形態　存在差異，　以東部二群與其他三群之間差異較顯著，主要差異在於殼高、背甲前段寬度（前背甲寬 27）、第四椎盾長度（第四椎盾長 24）及最後緣盾長度（最後緣盾長 26）。東部二群皆是殼較為高隆、背甲前段較　且最後緣盾較短，二者差異在於東部第一群有較長的第四椎盾；西南部群、北部群及半島群則為殼較　平、背甲前段較寬且最後緣盾較長，第四椎盾長度則三群間　有差異，西南部群的較短、北部群及半島群的較長。

雌龜、雄龜地理分群間甲殼形態差異之共同點為，東部二群相較於其他三群，皆為背甲較高隆（此點東部第二群雌龜較不明顯）且背甲外型　　較　（此點雌龜表現在後段、雄龜表現在前段）；反之，西南部群、北部群及半島群則為背甲較　平且背甲外型　　較寬（此點雌龜表現在後段、雄龜表現在前段）。

第三章、食蛇龜分布地點調查及棲地分布預測

研究方法

由於食蛇龜　好棲息於森林底，且活動時間與氣　及季節有關，並非容易發現的物種，因此調查以問　方式採樣山區民　資料(Charnley et al., 2008)，將民　發現食蛇龜的地點，以全球定位系統(Global Positioning System, GPS)定位。問　調查採用面談(face to face)方式，以增加問　的回收率(White et al., 2005)，並且訪問時　量以農民或者當地長年　(practitioner)為訪問對　(Gros, 1998)。考量食蛇龜活動範圍大小(Chen, 1998; unpublished data)，　每一公　採用一位可信受訪者資料 。為減少受訪者回答出現　差，訪問設定為　定內容及流程，並以受訪者較容易回答的方法設計訪問內容，紀錄表如表二十八。　到適合受訪者之訪問流程如下：

1. 表明　分：中興大學學生，以學生　分訪問，降低受訪者　心。
2. 表明來意：烏龜相關的研究，
3. 詢問是否看過食蛇龜，
4. 　食蛇龜照片，簡　這是種　在山區，腹甲能閉合的龜。
   - A. 受訪者表示看過此種龜，並且能　外清　明其正確　性，例如：清　及黃　容易見到、下雨天容易見到、喜　躲在陰　處、殼比一　水龜高，則確認受訪者認得食蛇龜。進一步詢問看過的地點、年份、月份、以及附近常見的野生動物。　受訪者　出　很　或者很　等　，則進一步詢問是否有盜獵情形及相關訊息。
   - B. 受訪者表示這種烏龜這　沒有，要在其他地點才有，則紀錄為無食蛇龜。
   - C. 受訪者表示看過烏龜，但表示該種烏龜都會　在　，　出　龜的照片　受訪者，並解釋兩種的外表差異，　確認為　龜，則紀錄為無食蛇龜。
   - D. 受訪者表示看過烏龜，但表示殼的顏色應該很淡，　出　龜的照片，並解釋兩種的外表差異，　確認為　龜，則紀錄為無食蛇龜。
   - E. 　是路　中　見野外個體，則進行抽血、取　及形質測量，並施打　片。

以上的訪問　序，均先予口頭確定為食蛇龜；再經出示照片，因此可確定為有效的訪問（當地見過食蛇龜）。訪問開始前，均表明訪問人的學生　份：被訪問的對

均為當地　家及正在　地工作的成年人，加以訪問過程中受訪者　能對食蛇龜的　性作正確　述，可認定為　實的　述。其他沒有見過、或無法　述外型及　性的受訪者、該次訪問即視為無效，不予記錄。

表二十八、本研究使用之訪問表格。

食蛇龜　野訪問記錄表			
訪問日期		流水編號	
縣市/　/村			
GPS 位置	E	N	
海拔(m)			
受訪者資料			
食蛇龜存在	有/無		
發現方式			
發現年分			
常見動物			
基本資料	體長(mm)	體重(g)	
血樣/tick	有/無	有/無	
備　：			

預測食蛇龜分布，是以利用一公　解析度的衛星照片，運用地理資訊系統(geographic information system, GIS)將食蛇龜之棲地點入地圖中，以雨量、溫度、一月均溫、七月均溫、年均溫、一月雨量、七月雨量、年雨量、年最高溫、年最低溫、年均溫、坡度、坡向、植被種類、水源距離、土地利用、土　質地(Peterson, 2001)、海拔高度等環境因子(Guisan and Thuiller, 2005; Raxworthy et al., 2003; Rotenberry and Johnson, 2006)，與食蛇龜分布地點互相比較，分析食蛇龜棲息地點與環境因子之間的相關性，繪出台灣適合食蛇龜　　之　棲地圖層，評估台灣目前適合食蛇龜　　之地理區域。

為了降低預測的不確定性(uncertainty)，選擇只使用存在資料(presence-only data)的預測軟體 Genetic Algorithm for Rule-set Prediction (GARP) (Franklin and Miller, 2010)預測食蛇龜適合　　之棲地環境位置，以　　使用不存在資料(absence data)時，　性的不存在資料(pseudo-absence data)造成預測　　(Engler et al., 2004)。調查資料中以百分之

二十的資料作為測試資料(testing data)，重複確定模式的正確性(accuracy)。預測出之分布機率以切點值(cut-off point)分為有食蛇龜存在與無食蛇龜存在，而切點值以最大的 度加特異性減一為之(sensitivity+specificity-1) 。預測出之圖層的處理均利用 ArcGIS Desktop 10 (Geography Information System, GIS)。

食蛇龜的活動範圍在 0.07-8.25 ha (Chen, 1998)或更大，因此採用的地理資訊環境資料為 1 km^2 解析度的地圖（共 37,552 格）。由於野外捕捉和訪問多 公路，因此特地不使用和公路或海拔相關的圖層。

用於預測分布的環境因子彼此間沒有很高的相關（< 0.7）。而且在選擇環境因子時，會依據實際地點資料的分布方式。表二十九列出所有測試的環境因子，最後用於預測分布的環境因子共有七個：坡相指數（將原始資料換算為十六個 限，最小和最大值分別為 1 和 16, 平均 8.71 ± 4.59）、和河流最近距離（最小和最大值分別為 1 和 10440 m，平均 2041 ± 1663 m）、和水域最短距離（最小和最大值分別為 0 和 8000 m，平均 363 ± 637 m）、森林區塊數目（最小和最大值分別為 0 和 93，平均 8.37 ± 11.81）、常態化差異植生指數（最小和最大值分別為-1.0 和+1.0，平均 0.32 ± 0.15）、溫季總降雨量（最小和最大值分別為 975 和 3175 mm，平均 1686 ± 490 mm）、以及年平均溫度（最小和最大值分別為 6.50 和 25.17 ，平均 19.56 ± 4.13 ）（表三十）。

表二十九、用於分析食蛇龜地理分布之地理資訊圖層及來源。

類型	來源	環境變數	述
氣	Climatic Atlas of Taiwan	P_HOT	季（五月到九月）總雨量
		P_COLD1	季（十一月到三月）總雨量之一
		P_COLD2	季（十月到三月）總雨量之二
		P_CV	年平均雨量變異系數（Coefficient of variation）
		P_MEAN	年平均雨量
		P_RATIO	季總雨量之一和年平均雨量比值
		P_RATIO2	季總雨量之二和年平均雨量比值
		P_STD	年平均雨量標準差
		P_TOTAL	年總雨量
		P_WETH	相對 季節總雨量
		P_WETP	特 季節總雨量
		P_WETTOT	季節總雨量
		PMNWET	季節月數
		T_CV	十二月平均溫度變異係數

表二十九（續）

類型	來源	環境變數	述
		T_MAX	最高月均溫
		T_MEAN	全年年均溫
		T_MIN	最低月均溫
		T_RANGE	最高與最低月均溫之差距
		T_STD	年溫度標準差
		T_TOTAL	年總雨量
	Ecoregion (H.J. Su, 1992)	HJSU41	生態氣　分區：41 區
		HJSU8	生態氣　分區：8 大區
		WARMTH	溫量指數（Warmth index, 全年各月平均溫度高於 5 之累加值）
		HUMIDITY	相對　度
土地利用	U.S. Geological Survey	NDVI_MEAN	常態化差異植生指數平均（Mean of Normalized Difference Vegetation Index）
		NDVI_STD_D	常態化差異植生指數標準差（Standard deviation of Normalized Difference Vegetation Index）
	Flora of Taiwan, 2nd	FOR_PATCH	森林區塊數目
		FOR_AREA	森林面積
		FOR_DNSTY	森林密度
		FOR_MAX	最大森林面積
		FOR_MIN	最小森林面積
		FOR_SD	森林面積標準差
		FOREST	森林面積
		NATURE	自然度指數（Naturalness index）
		HUMAN_AREA	人活動面積
		VEG	植生指數（Vegetation index）
地理	Topographic maps public by Ministry of the Interior	ASPECT	坡向指數（Aspect index）
		SOUTH	南相指數（South aspect）
		WEST	西相指數（West aspect）
		D2_3000	與海拔 3000 公尺地區最近距離（Nearest distance to 3000 m and above areas）
	DTM	DLS_HOUR	直　光空域（Direct light skyspace）
		RIDGE_DENS	線密度（Ridge density）
		WLS_HOUR	全天光空域（Whole light skyspace
	Watershed Distribution of Taiwan	D2_RIVER	離河流最近距離
		D2_WATER	離水域最近距離
		WTRSHD	集水區　界

表三十、用於預測食蛇龜再台灣分布的環境因子平均值和範圍。

	ENFA	Ensemble	GARP	MaxEnt	全台	食蛇龜
ASPECT	11.0 ± 3.9	10.0 ± 4.1	8.7 ± 4.4	9.5 ± 4.3	6.4 ± 5.5	9.0 ± 4.5
	0 – 16	1 – 16	1 – 16	1 – 16	0 – 16	0 – 16
D2_RIVER (m)	1101.2 ± 1069.9	1227.9 ± 1196.3	1850.8 ± 1500.5	1076.7 ± 1196.4	2041.2 ± 1662.7	1378.4 ± 1519.0
	0 – 5831.0	0 – 6324.6	0 – 6708.2	0 – 7280.1	0 – 10440.3	0 – 8544.0
D2_WATER (m)	54.8 ± 229.7	44.2 ± 205.7	211.3 ± 433.5	50.1 ± 219.6	362.0 ± 637.5	132.6 ± 340.9
	0 – 2000	0 – 1414	0 – 2236	0 – 1414	0 – 8000	0 – 1000
FOR_PATCH	3.6 ± 4.4	5.2 ± 5.8	5.5 ± 7.6	7.3 ± 6.0	8.4 ± 11.8	6.4 ± 6.9
	0 – 41	1 – 41	1 – 45	1 – 35	0 – 93	1 – 38
NDVI	0.37 ± 0.09	0.35 ± 0.08	0.36 ± 0.10	0.33 ± 0.08	0.32 ± 0.15	0.34 ± 0.09
	0.08 – 0.64	0.08 – 0.58	0.06 – 0.58	0.11 – 0.63	0 – 0.65	0.16 – 0.58
P_HOT (mm)	1942.5 ± 433.2	1846.0 ± 366.7	1752.6 ± 404.0	1811.9 ± 322.0	1685.8 ± 489.1	1805.9 ± 356.3
	1100 – 3175	1225 – 2900	1100 – 2900	1300 – 2900	975 – 3175	1200 – 2750
T_MEAN ( )	21.0 ± 1.8	21.6 ± 1.4	21.0 ± 1.8	22.0 ± 1.2	19.6 ± 4.1	21.4 ± 1.7
	11.2 – 25.0	17.5 – 24.7	17.0 – 24.5	18.5 – 25.0	6.5 – 25.2	17.0 – 24.5

預測全島食蛇龜分布均只使用實際出現的資料。預測的方法有：最大　值（Maximum entropy, MaxEnt），基因演算法（ Genetic algorithm for Rule-set Production, GARP），生態棲位因子分析 Ecological niche factor analysis, ENFA），整合分析、熱點分析(Ensemble and hotspot)等四個。另外使用間　分析法（Gap analysis）來把食蛇龜預測範圍和現有保護區分布比較，便可顯示在台灣食蛇龜　在分布區域中有多少是被保護的，以及熱點分布地區有多少是　不在保護區範圍內。這樣的圖可以作為未來保護區設置的參考，以及規劃未來保育策略。

Maxent 用 20%的資料作測試；GARP 則是以 50%的資料當模式運算的測試。所有的模式均使用各特徵　線（receiver oeprating characteristic ROC）的下面積（area under the curve, AUC）評估(Hanley and McNeil, 1982). AUC 數值在 0.5 – 0.7 代表模式不佳、0.7 – 0.9 為良好模式、大於 0.9 為非常好 (Swet, 1988）。

結果與討論

1　訪問和採集地點

全島的訪問路線如表三十一，共收集 424 個地點，其中只有四個是　物　資料（表三十二）。在 363 個訪問點中，有 143 個出現資料和 221 個沒有出現地點。全島的出現地點海拔高度從 19 到 782 m（圖二十一），集中在 100 到 500 m 的地區（表三十三、三十四）。多數的發現記錄在 2010 年（圖二十二）。

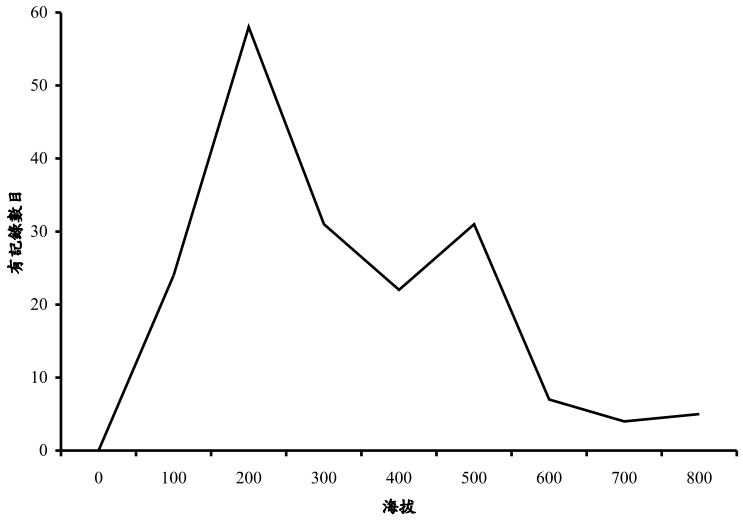
表三十一、全島訪問食蛇龜分布的行政區、路線、有效訪問數目、及海拔分布。

縣市	訪問路線	有效訪問	海拔範圍(m)
苗栗	119+台 13+台 3+124	21	40 - 537
花蓮	台 8+台 9+11 甲	35	43 - 312
宜蘭	台 7　+台 7	19	10 - 1075
宜蘭	9 甲	15	28 - 548
台北	110+台 9+台 9 甲+107	12	202 - 470
台北 桃園	台 3+台 7 乙+台 7+119	15	71 - 866
基隆	台 5+台 5 甲+台 2 丁+基 8	7	237 - 359
台東	台 20+台 9+台 23	56	64 - 1049
屏東	台 24	8	56 - 415
南投 雲林	台 16+131+151+台 3+154	42	49 - 1076
南投　化	台 14+　60	38	44 - 1153
嘉義	台 18+嘉 130	13	56 - 1228
高雄 台南	台 20	9	84 - 616
屏東	台 9	14	64 - 461
屏東	185+屏 8+台 22	7	51 - 292
高雄	高 108+高 140+台 28	22	47 - 126
南投	投 80+台 21	12	355 - 686
嘉義 台南	台 3+174	18	102 - 340
	總數	363	

表三十二、依行政區需分所有食蛇龜收集地點類型和數目。

縣市	訪問數量	物	捕捉數量	縣市總數
宜蘭	34		1	35
基隆	7		2	9
台北	18	1		19
桃園	9			9
苗栗	21		2	23
台中	1*			1
化	3			3
南投	79		7	86
雲林	10		18	28
嘉義	16			16
台南	20		2	22
高雄	26			26
屏東	29	3	7	39
台東	56			56
花蓮	35		17	52
總數	**364**	**4**	**56**	424

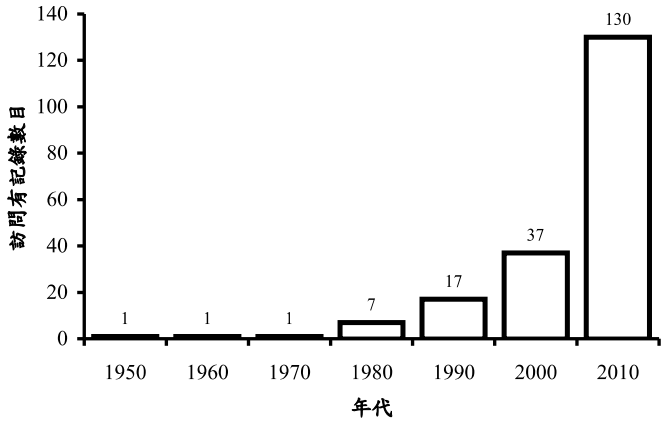
：台中的地點為民　由　家附近送來之個體。



圖二十一、訪問到食蛇龜地點海拔分布。

表三十三、各縣市訪問記錄中，有出現記錄和無出現記錄數目和海拔分布。

縣市	出現記錄	海拔範圍	無記錄	海拔範圍
台北	12	210 – 722	52	57 – 1153
基隆	1	351	6	237 – 359
宜蘭	22	9 – 548	12	9 – 1075
花蓮	14	62 – 335	21	43 – 312
台東	12	140 – 373	44	64 – 1049
桃園	2	711 – 736	7	399 – 866
苗栗	10	70 – 704	11	34 – 329
化	0		3	44 – 243
雲林	2	90 – 101	8	49 – 126
南投	27	210 – 722	52	57 – 1153
嘉義	4	264 – 340	12	56 – 1228
台南	14	99 – 320	6	84 – 210
高雄	6	50 – 616	20	46 – 288
屏東	16	64 – 461	13	51 – 341
合計	143		221	



圖二十二、訪問到食蛇龜出現的年代。

表三十四、訪問和採集資料中，有出現記錄和無出現記錄資料海拔分布。

海拔區間	合計	有記錄	無記錄
0 – 49	25	8	17
50 – 99	59	16	43
100 – 149	46	19	27
150 – 199	36	19	17
200 – 149	59	39	20
250 – 299	26	18	8
300 – 349	28	13	15
350 – 399	33	15	18
400 – 449	23	7	16
450 – 499	19	12	7
500 – 549	7	5	2
550 – 599	7	2	5
600 – 649	3	1	2
650 – 699	4	3	1
700 – 749	9	4	5
750 – 799	2	1	1
800 – 849	3		3
850 – 899	5		5
900 – 949	0		0
950 – 999	0		0
1000 – 1049	3		3
1050 – 1099	4		4
1100 – 1149	0		0
1150 – 1199	1		1
> 1200	1		1
總計	403	182	221

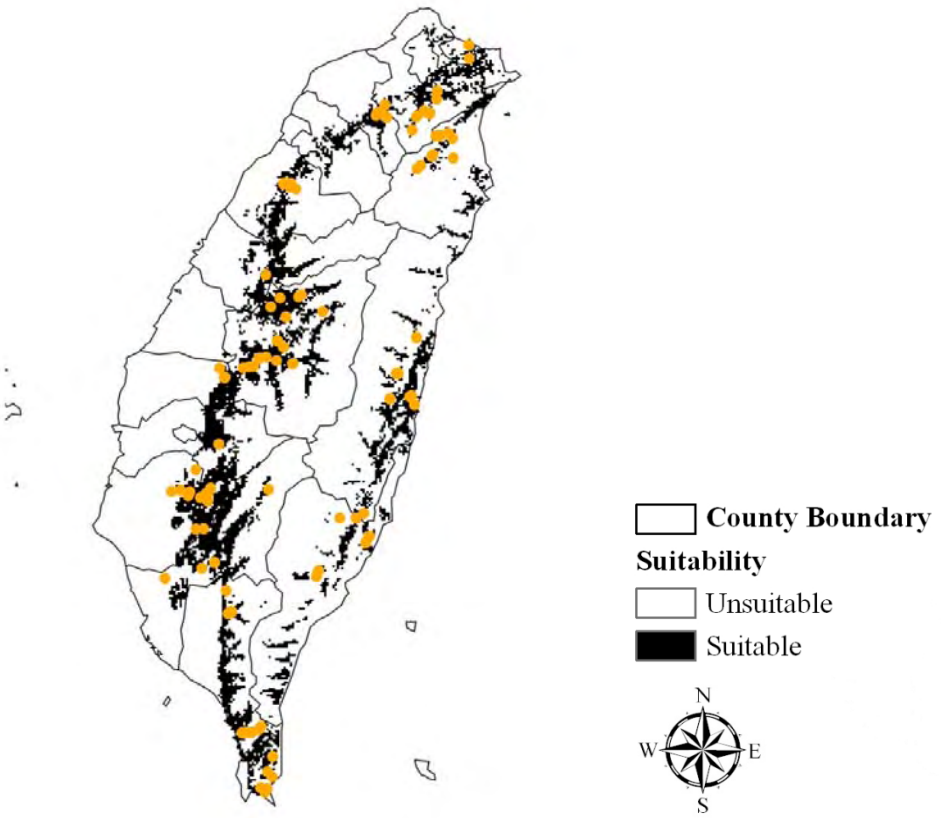
2. 預測分布點位

以七個因子計算出的四個預測分布的模式 AUC 值在 0.80 到 0.88 間（表三十五），顯示四個模式均有良好的區分能力。多數的實際出現地點都至少位於一種預測

模式的網格中，四種預測模式平均有 66 個出現地點位在網格內，有 67.8%的預測成率。以整合預測模式之分布區和實際出現點位的符合程度最好（圖二十三）。

表三十五、七個環境因子計算出的四個預測分布的模式 AUC 值。

	AUC value	Predictive presence grids	Distribution of Taiwan (%)
ENFA	0.80 ± 0.01	5435	14.47
Ensemble	0.87 ± 0.01	6168	16.43
GARP	0.86 ± 0.01	14407	38.37
MaxEnt	0.88 ± 0.01	3804	10.13



圖二十三、Ensamble 預測模式顯示的食蛇龜出現網格最符合實際出現地點。

所有食蛇龜預測出現網格的環境因子均顯著有別於全島平均，顯示食蛇龜分布是有選擇性（表三十六）。以熱點分析法檢視四個模式所預測出的食蛇龜分布地區（4 代表四個模式均預測該網格有食蛇龜分布、0 表示該網格均不位於　何模式所預測出現的

點位），顯示食蛇龜出現在西部丘陵、東部海岸山脈、東部　流河　下游（圖二十四）。

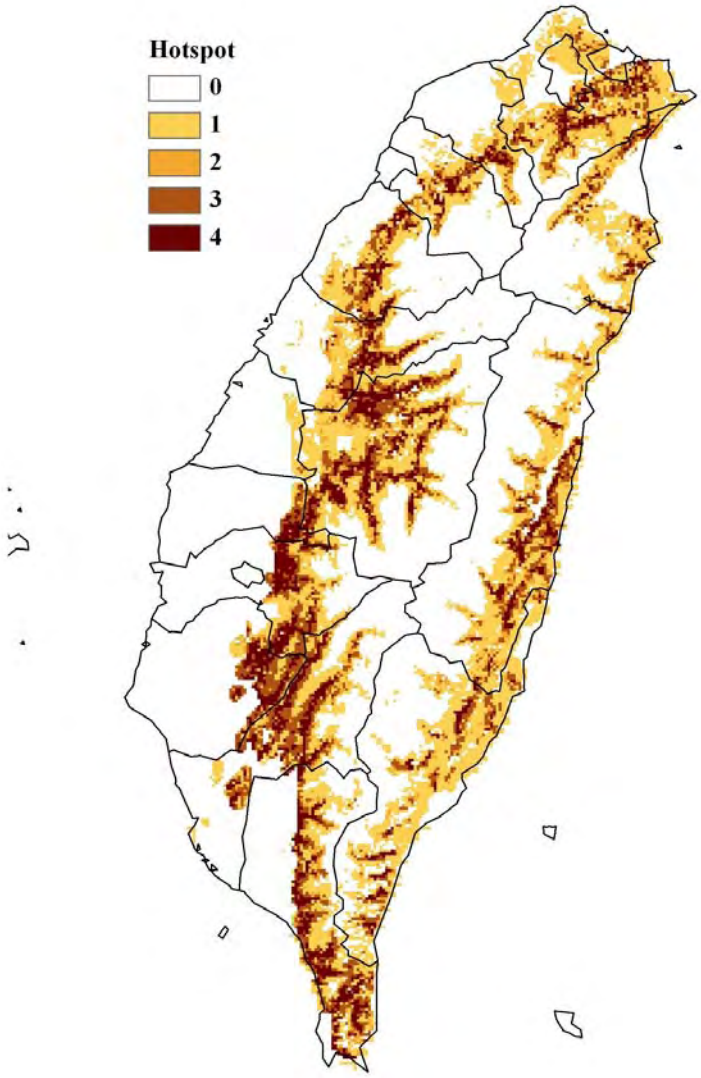
表三十六、實際和預測分布點的環境因子比較。

	ASPECT	D2_RIVER	D2_WATER	FOR_PATCH	NDVI_MEAN	P_HOT	T_MEAN
ENFA	***	0.25	***	***	**	**	*
Ensemble	*	0.72	***	*	0.41	0.35	0.66
GARP	0.49	***	0.09	***	0.05	*	*
MaxEnt	0.34	0.07	***	**	0.08	0.78	**

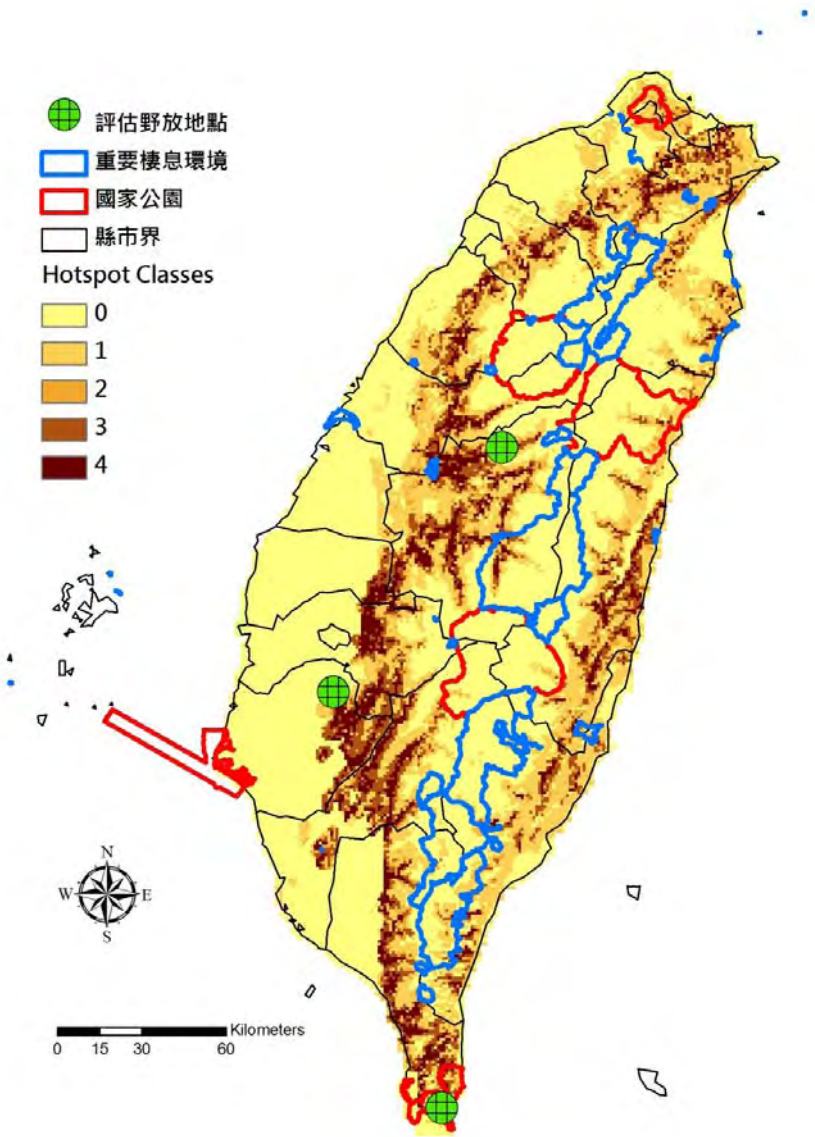
a. Mann-Whiney U test

b. * = $p < 0.05$, ** = $p < 0.01$, *** = $p < 0.001$.

台灣島約有 20%（8048 個網格）的面積是各類的保護區（國家公園、國家自然公園、野生動物保護區、野生動物重要棲息環境、自然保　區、自然保護區等），但只有 363 個預測有食蛇龜分布的網格（佔全部保護區域的 4.51%）是被保護的地區，而且多位於保護區的　緣。其中有三個地區包含 15 個食蛇龜的熱點網格，包含了大　山自然保　區、墾丁國家公園、和水　野生動物重要棲息環境（圖二十五）。



圖二十四、以熱點方式表示的台灣島食蛇龜預測分布點。顏色越深的點代表越多預測模式預測爲棲地。



圖二十五、食蛇龜預測分布範圍和現有保護區（含國家公園）疊圖，並顯示預定野放區域。

第四章、食蛇龜棲地及活動模式

研究方法

1. 微棲地利用、活動範圍、活動模式

用於了解微棲地、活動範圍和活動模式的食蛇龜，是由湖山水　（附圖一）施工前（2008 年和 2009 年）移出、　時安置於當地人提供的臨時　養區內（0.35 公　之圍　的範圍。以下稱為園區內）的 190 隻，以及附近野生的個體（湖本村臨時　養區以外之自然棲地。以下稱為園區外）。

棲地調查地點位於雲林縣林內　湖本村，於十三隻成年食蛇龜（四隻為湖山水移地保育而移動到有圍　的　　果園園區內（附圖二），九隻為湖本園區外之當地野生個體）背甲上　附發報　（發　　為 RI-2B 或 PD-2，Holohit Systems Ltd, Ontario, Canada。前者重 15 g，電　可持續使用兩年；後者重 3 g，電　可使用六個月），以接收　（LA 12-Q, AVM Instrument Company, Ltd, California, USA, 或 TR-4, Telonics, Inc., Arizona, USA）和天線（RA-19, 216–220 MHz, Telonics, Inc., Arizona, USA）　測食蛇龜位置（附圖三–五）。發報　利用　　土　附在第四肋盾(fourth costal scute)上，

食蛇龜的交配行為(Beaupre et al., 2004)，發報　加　　土的重量總和不超過 Beaupre 所建議的　　類所能負荷的體重 10%的上限。每星期　　一次 。

為了解食蛇龜的日、和年活動週期、以及活動時期的溫度，2009 年 10 月至 2010 年 12 月，在十六隻次（11 雌、5 雄）成年食蛇龜　上　附小型無線電發　　（3 g, model PD-2, Holohil Systems Ltd., Ontario, Canada）、加速記錄　（18g, HOBO Pendant® G Acceleration Data Logger - UA-004-64, Onset Computer Corporation, Massachusetts, USA）、和溫光度記錄　（18g, HOBO Pendant® Temperature/Light Data Logger 64K - UA-002-64, Onset Computer Corporation, Massachusetts, USA）等三項， 每一到二個月下　資料或更換　　個體。

加速記錄　的準確度是± 0.075 g，因此當三個　限在兩個時間的差的絕對值大於 0.075 g 時便視為在該時段有活動（　X_0　X_1　or　Y_0　Y_1　or　Z_0　Z_1　> 0.075 g, X_0, Y_0, Z_0 are the value at time 0, and X_1, Y_1, Z_1 are the value at time 1）。加速　安　後之前二日視為動物的適應期，資料　　不用；記錄　除下時不　一整日的資料也不用於

分析。記錄　每四分　記錄一筆資料，因此每小時有 15 個數據。我們計算所有個體在每個月每小時活動時段的比例的平均，作為該月食蛇龜在各小時活動的值。

當發現食蛇龜時，紀錄每隻所在經　度、活動狀態、躲藏處（包含底質　覆蓋物兩部分）、冠層覆蓋度（高覆蓋度：量測距離地面 150 cm 高的覆蓋度。以　面密度計測量）、林下覆蓋度（低覆蓋度：量測距離地面 50 cm 高的覆蓋度。　面密度計測量）及氣溫與　度等環境因子。

　　設無線電和其他記錄　的食蛇龜，在研究其間均沒有　何死亡（僅有因無線電電　　，無法　　到）。所有個體，其體重也都正常，可顯示外加的　置，並未　其生活。

為了比較加速記錄　記錄的活動資料，在湖本村加設圍　的臨時　養區內，每月捕捉食蛇龜。鼠籠間隔 10 m、共放置 35 個（5 X 7 方　）。該月份活動頻率越高，則進籠個體數量比例也應越高。

2. 活動距離和活動範圍

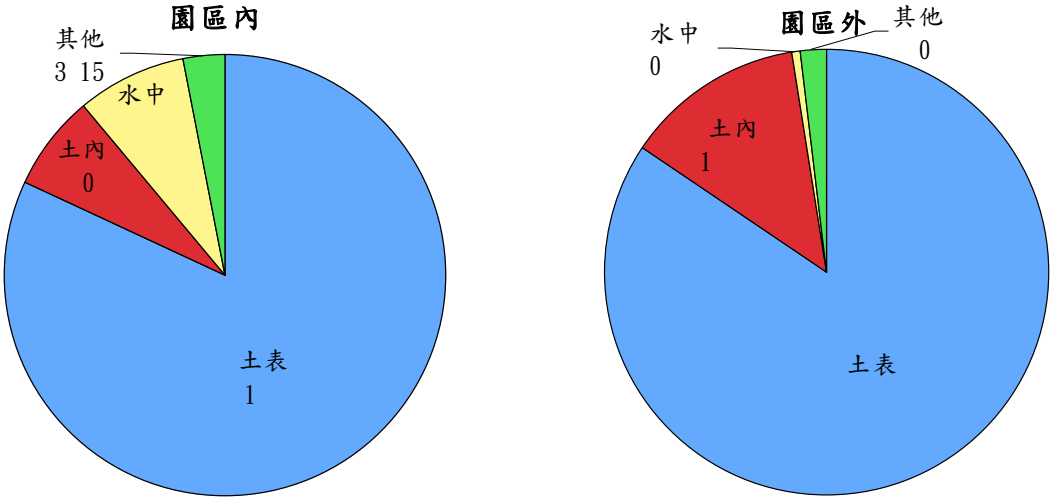
活動距離是將每週無線電定位點在 ArcGIS 上計算兩點間的直線距離。

所有無線電　　地點都轉換成 x-y　後輸入 Arc GIS 10 (Environmental Systems Research Institute Inc.) 和 Biotas 2.0 Alpha （Ecological Software Solutions LLC, Florida, US）軟體。分別利用最小多　形法（minimum convex polygon, MCP）、50%和 95%核心活動區域法（fixed kernel estimation, FKE）計算活動範圍。

活動範圍的重疊百分比是利用最小多　形法所得出的活動期和　冬期的相同區域面積除以度冬期的活動範圍面積。

結果與討論

從 2009 年 4 月至 2010 年 12 月，我們總共　　定位了 566 隻次的紀錄，其中觀到的　食活動僅佔 1 次(0.18%)，移動　行則有 21 次(3.71%)，大部分食蛇龜被發現時都是躲藏於植物或是　　的覆蓋下(538 次，95.05%)，6 次(1.06%)發現在無植物覆蓋的空地上　息。

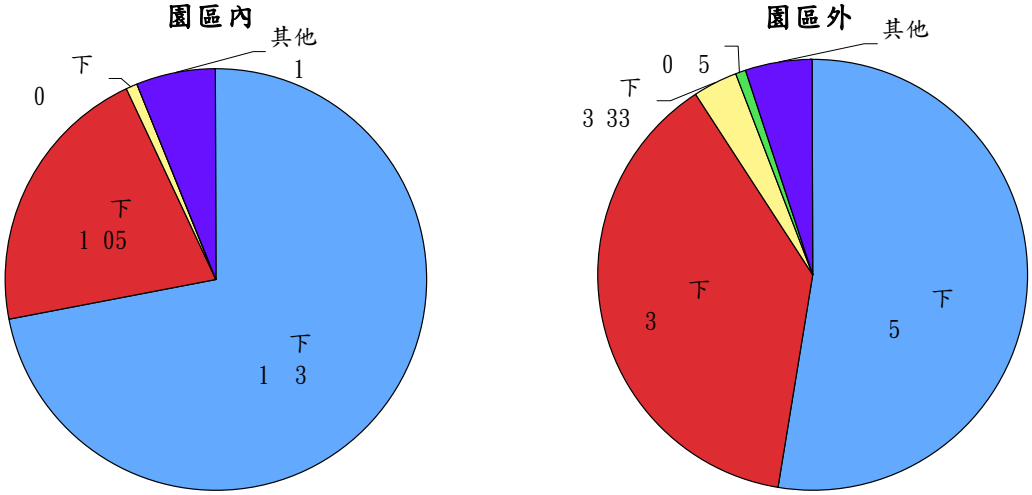


圖二十六、湖本地區食蛇龜於園區內外躲藏處底質所佔的比例。

1. 躲藏處

土表是食蛇龜最常被發現的位置，佔園區內食蛇龜躲藏比例的 81.89%（圖二十六）；園區外則佔 84.49%；其次是躲藏在土中，園區內有 7.09%；園區外則較高(12.96%)；躲藏於土內大多出現在冬季，平均　藏深度為 6.1 cm (2–12.1 cm)。另外有些個體則會　在水中，園區內有 7.87%，且多集中在夏季；園區外則僅觀　到 2 次(0.46%)（圖二十六）。

不論園區內或是園區外的個體都喜好躲藏於　　以及　　層的覆蓋下（圖二十七），兩者相加佔躲藏比例的 90%以上，其中園區內有 71.93%的食蛇龜喜好躲藏於　下，可能與園區內地表的　　本植物大花　　有關。而園區外躲藏於　　下則佔 52.49%。相較園區內僅 21.05%個體躲藏於　　層下方，園區外有較高的 38.24%。其餘躲藏地點包含　　下、　　、竹　下、樹根下及土　　坡。

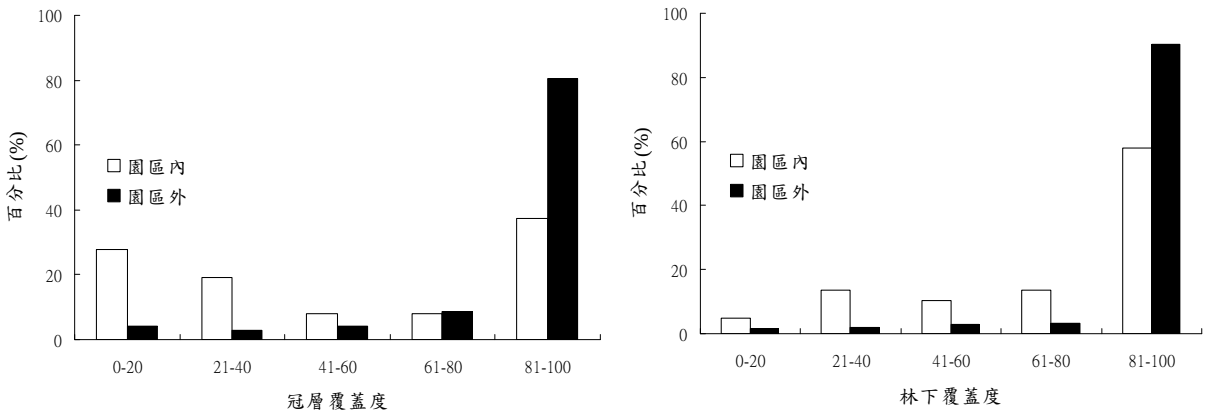


圖二十七 、湖本地區食蛇龜於園區內和園區外躲藏處覆蓋物所佔的比例。

2. 覆蓋度

覆蓋度的計算是利用覆蓋度計測量東南西北四個方位的覆蓋度並加以平均。 園區外的食蛇龜躲藏時，不論在冠層　是林下，都是以利用高覆蓋度(81–100%)比例最高（圖二十八），高覆蓋度的比例在林下佔了 90.42%，而在冠層則佔 80.4%。雖然園區內的食蛇龜在冠層和林下覆蓋度也是利用高覆蓋度的比例為最高，但比例明顯比園區外低很多，且在冠層低覆蓋度(0–20%)的利用比例為第二高，可能因為園區內較園區外缺乏高大的植被，導致園區內食蛇龜　先選擇有較高林下覆蓋度的地點。

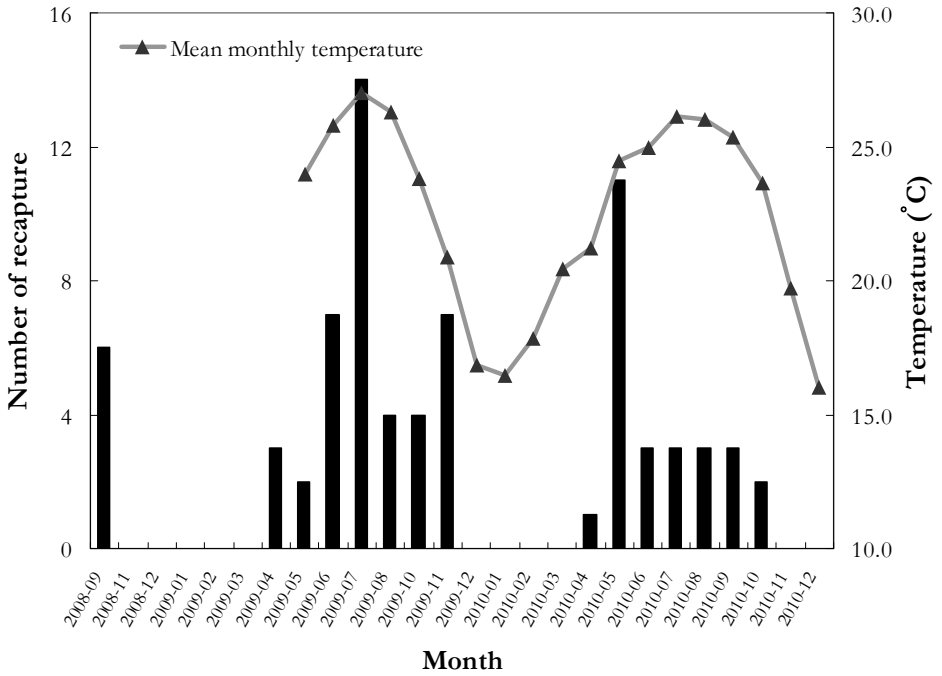
(A)　　(B)



圖二十八、湖本地區食蛇龜躲藏位置的(A)冠層覆蓋度與(B)林下覆蓋度。

3. 活動週期

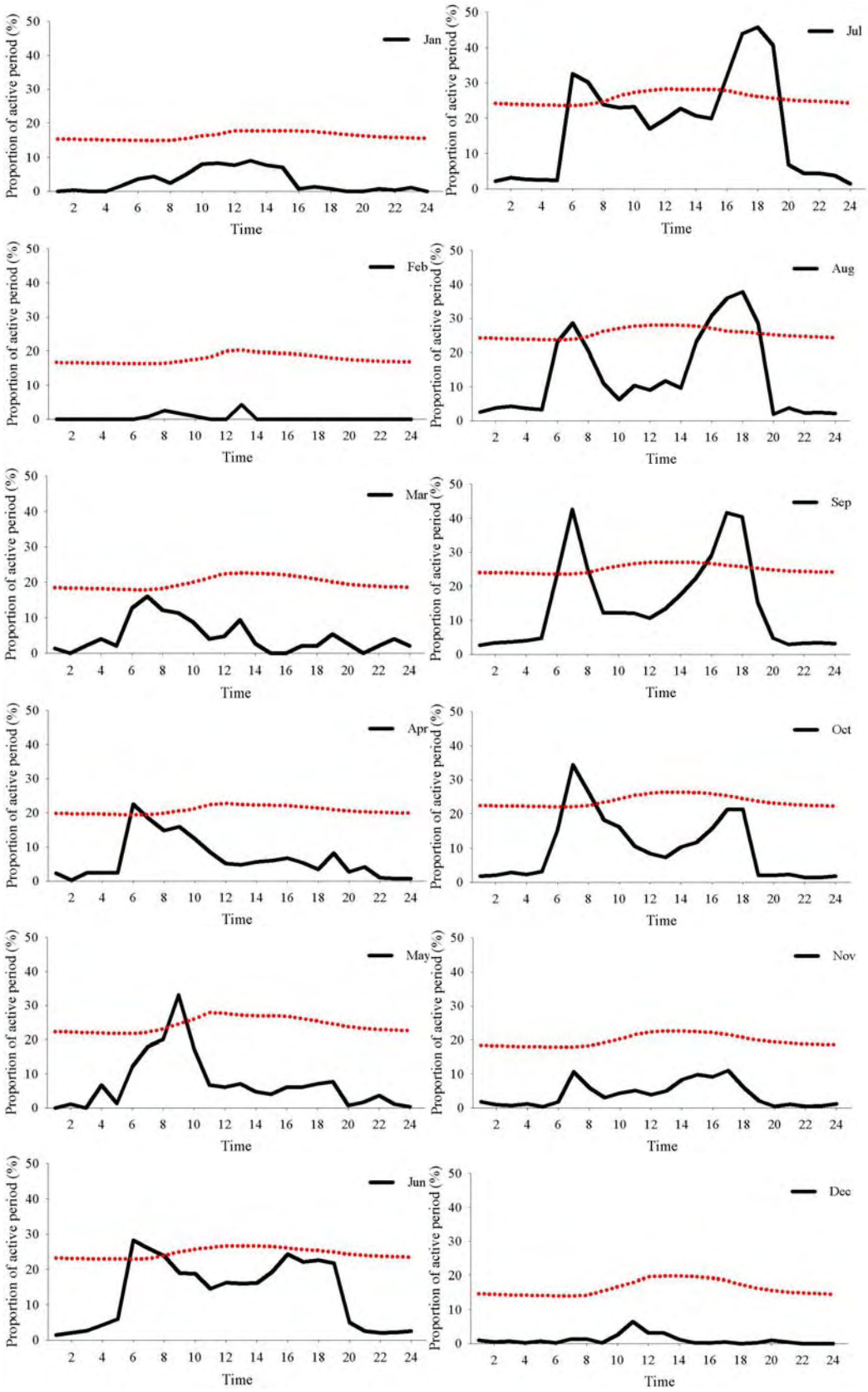
三十個月在臨時保育區的捕捉中，11 月到 3 月未捕獲　何食蛇龜，例外是 2009 年 11 月（該月月均溫 20.9 ˚C，比 2010 年 11 月之 19.7 ˚C 高，且降雨也較多）（圖二十九）。我們將四月到十月稱為食蛇龜的活動期、十一月到三月是　冬期。最高的捕獲率是 2009 年 7 月的 51.85%。四月到十月活動期的平均上籠率（13.8%）顯著高於冬期（1.7%）（$\chi^2 = 23.31, p < 0.05$）。



圖二十九、2008 年 9 月到 2010 年 12 月每月在保育區捕捉食蛇龜的數目（2008 年 10 月和 2010 年 12 月未捕捉）。三角形爲各月平均氣溫。

4.日活動週期

由加速記錄　獲得的日活動模式和捕捉資料相　，同樣在四月到十月間食蛇龜有較高頻率的活動時間。三月到五月，活動頻率較高是在 06–09 hr；在六月到十月，活動頻率高的時間有兩段，分別是 06–09 和 15–19 hr；十一月也是兩個時段，但活動度較六至十月為低；在十一月到二月，活動　度最低，而且集中在氣溫較高的 10–14 hr。在活動　度最高的四月到十月，0600 到 1900 有 18.3%的時間有移動，在　間（2000–0500）則只有 2.6%；同時在溫度較高時段的活動也較少（12.2%）（圖三十）。



圖三十、食蛇龜在十二月平均每小時活動頻率。圖上虛線爲各月各小時平均氣溫。

5. 溫度喜好

溫光度記錄　所記錄的溫度和烏龜被捕獲時測量到的體溫沒有差異（N = 17, t = 3.55, $p < 0.05$），因此記錄　的溫度可用於估計食蛇龜體表溫度。

配合加速記錄　所得到的食蛇龜活動時的平均溫度，最高是七月的 25.8˚C，最低是十二月的 17.7˚C。食蛇龜在活動期間，活動時的溫度在 17 – 34˚C 間，集中於 23 – 27˚C；在度冬期，活動時的溫度範圍在 13 – 30˚C 之間，集中於 18 – 21˚C。

在我們　　的期間僅發現 1 次的　食活動以及 21 次　行，絕大多數食蛇龜在被發現時都是躲藏以及　息(544 次)，原因可能　我們的　　時間有關(0900-1700)。Plummer (2003)對　箱龜(*Terrapene ornata*)的研究指出，烏龜的活動高　在兩個不同的時段，是 0600 至 0900，另一是 1600 到 1800，這或許可以解釋僅有少數比例的食蛇龜在被我們發現時正在活動。

雖然在園區外有一　小　，但是我們僅發現 2 次園區外的個體躲藏在水中，而位於園區內的個體則較常躲藏於水　中，且通常是在夏季。近年來的研究發現台灣的五種原生淡水龜中僅食蛇龜是陸棲性的烏龜，本實驗　　的觀　也與 Chen (1998)認為食蛇龜為陸棲性的結果類似。因此食蛇龜　在水中應是與 Ernst 等人(1997)的研究發現食蛇龜在夏季或乾季會　近水　　水或將整個　體　在水中，以　　發生失水或是體溫過高的情形有關。而園區內因為較缺乏大型的植被，導致覆蓋度較低，園區內的 食蛇龜可能較不易在夏天高溫時找到陰　的躲藏處，因此躲藏於水中的比例較園區外高。在冬天的　　期間，則較常發現食蛇龜　藏在土中，可能是食蛇龜為了維持體溫而把自　在土中。但實際測量時空氣溫度均大於土表溫度，此為　　測量的上下午時段。上及清　是否食蛇龜可藉　在土中保持溫度，仍需進一步調查。

由　　的經驗以及數據發現，野外食蛇龜喜好在高覆蓋度的冠層林下活動，甚少被發現在　　的　　上或是空　地活動，此應可　　在危　、以及　　照　到過多光引起熱　　。

6. 活動範圍

2009 年四月起到 2010 年 12 月，10 隻　上發報　的園區外烏龜每週至少　　定位一次。雄食蛇龜平均活動範圍 (tMCP) 1.70 ± 0.56 ha (N = 4, 0.75 – 3.61 ha)，雌性為 6.33 ± 2.75 ha (N = 6, 0.36 – 17.47 ha)。在活動期的範圍無論雌雄，都明顯高於　冬期的範圍（雄性：1.66 ± 0.53 和 0.13 ± 0.03 ha；雌性為 5.42 ± 2.49 and 0.19 ± 0.07 ha），冬期的活動範圍比活動期減少了均接近 90%。雄性和雌性在活動期和　冬期活動範圍重疊部份各為 90.0 ± 7.6 % 和 85.2 ± 13.2 %。以 95%FKE 方法估計的活動範圍分別是雄性的 2.01 ± 0.38 ha (N = 4, 1.17 – 3.05 ha) 和雌性的 1.60 ± 0.21 ha (N = 6, 0.85 – 2.29 ha)。以 50%FKE 方法　是雌性活動範圍大於雄性（雄：0.34 ± 0.04 ha (N = 3, 0.21 – 0.41 ha) 、雌性 0.22 ± 0.03 ha (N = 6, 0.14 – 0.32 ha)。以 FKE 估計的活動範圍是雌性小於雄性，但是以 MCP 方法則是雌性大於雄性。差異的原因是雌龜中有數隻的活動範圍明顯大於其他個體，以致　　MCP 法計算的活動範圍。　將這些少數個體移動長距離的　　除去，則在 FKE 方法上就讓其活動範圍顯著　小。

7. 活動距離

我們利用 Arc GIS 10 計算野外食蛇龜（6 隻雌龜、3 隻雄龜）每週移動之直線距離。雄龜平均每週活動 39 ± 5 m (N = 108, range = 3 – 218 m)，雌龜為 32 ± 4 m (N = 357, range = 0 – 266 m)。雄龜在活動期和　冬期的　移動距離分別是 52 ± 5 和 16 ± 3 m，雌龜則分別是 43 ± 8 和 14 ± 2。雄龜和雌龜都在七月有最長的　移動距離（72 ± 18 和 54 ± 23 m），但最短的　移動距離在雄龜是一月（5 ± 2 m），雌龜則是二月（9 ± 2

m）。　平均移動距離只和活動季節有關（$F_{1, 431} = 69.91, p < 0.001$），但和性別無關（$F_{1, 431} = 1.34, p = 0.25$）。

第五章、食蛇龜微衛星座基因

研究方法

1. 微衛星基因座篩選之遺傳研究

微衛星 DNA(microsatellite DNA)對於族群遺傳和個體鑑識是非常適合的特徵標記。微衛星基因座散佈於生物基因體中，是由 2-6 個鹼基單元頭　相連，重複 5-50 次所構成的 DNA 序列，由於重複性的 DNA 片段在 DNA 複製時會產生　動　　，產生重複次數增加或減少的現　，因此有高　變率。再者，由於屬於中性分子標記、具共顯性及其在真核基因體中的普遍性，使其成為族群遺傳學研究、親子鑑定、與遺傳圖　建立很好的分子標記，並可用於分析有效族群數(effective population size)。此外，大部份的基因座可適用於相近物種上，由過去研究瞭解，微衛星基因座兩側的序列在相近物種間相對保　(O'Reilly et al., 1995)。有報告指出不同種的海龜，以相同的引子(primer)，可　取 25%到 90%相同的微衛星的對偶基因(alleles) (Monzón-Argüello et al., 2007)；　有報告指出針對澤龜科(Emydidae)　氏水龜(*Glyptemys muhlenbergii*)開發的引子，其中 40%可通用於此科不同物種(King and Julian, 2004)。而使用綠　龜、　　龜、　龜、側頸龜微衛星引子，有 20 %的引子可供屬於陸龜科(Testudinidae) 的　　陸龜(*Gopherus agassizii*)分析使用(Edwards, et al., 2004)。目前這些方法　未應用於　何閉殼龜屬或本種。因此本計畫　將利用其他龜鱉種類的已知微衛星 DNA 引子，篩選適合用於食蛇龜的微衛星 DNA，作為未來族群遺傳結構、族群動態、和親子鑑定研究的基礎。

（1）遺傳標記篩選

利用其他龜鱉種類的已知微衛星DNA引子，篩選適合用於食蛇龜的微衛星基因座，首先由親緣關係近的龜科開始選取，依序由Geomydidae (34組)、 Testudinidae (57組)、Emydidae (48組)三個科中選出測試。龜鱉目(Testudines)已發表微衛星DNA引子的物種及其數量如表三十七。

表三十七、龜鱉目(Testudines)已發表微衛星 DNA 引子的物種及其數量。

亞目	科	物種	數量	各科引子數量小計
Cryptodira	Cheloniidae	*Caretta caretta*	1	27
		Chelonia mydas	16	
		Eretmochelys imbricata	1	
		Macrochelys temminckii	9	
	Dermatemydidae	*Dermatemys mawii*	7	7
	Dermochelyidae	*Dermochelys coriacea*	7	7
	Emydidae	*Emydoidea blandingii*	7	48
		Glyptemys muhlenbergii	27	
		Malaclemys terrapin	6	
		Terrapene carolina triunguis	8	
	Geoemydidae	*Mauremys reevesii*	8	34
		Mauremys rivulata	6	
		Sacalia quadriocellata	20	
	Testudinidae	*Geochelone elegans*	6	57
		Geochelone radiata	8	
		Gopherus agassizii	20	
		Gopherus polyphemus	9	
		Testudo hermanni	6	
		Testudo weissingeri	8	
Pleurodira	Podocnemididae	*Podocnemis expansa*	8	14
		Podocnemis unifilis	6	
總計				194

（2）增幅DNA

使用聚合連鎖反應(polymerase chain reaction, PCR)增幅DNA片段。使用所選出的其他龜種微衛星引子進行PCR。PCR反應溶液總體積為30 l，包含 0.5 l 聚合酵素(Taq polymerase)，3 l 10X緩衝液(100 mM Tris-HCl, (pH 9.0), 500 mM KCL, 0.1% (w/v)gelatin, 15mM MgCl2, 1% Triton X-100)，1 l 10 mM dNTPs，g雙向引子(10 M)各1 l，1 l 食蛇龜DNA及22.5 l滅菌水。混合均勻後，置於加熱循環機(thermal cycler)中進行反應。循環流程為：

Preheating : 將 DNA 的雙股變性打開，95°C，5 min。

Denaturation: 將 DNA 的雙股變性打開， 95°C，30 sec。

Annealing: 使引子與DNA結合，溫度 度46-60°C，30 sec。

Extension: DNA延伸反應，72°C，30 sec。(重複Denaturation至Extension步驟共30至35次)。

Final extension: 72°C，5 min。

PCR反應結束後，取5 l的 PCR 產物加上1 l的6X染色溶液，於 2.0%瓊酯凝膠(agarose gel)中進行電泳反應，以 140 特電壓反應 20分 ，經過溴化乙啶螢光染劑(Ethidium bromide, EtBr) 處理30分 後，配合100bp DNA ladder作為標幟，於紫外線燈下拍照。確認增幅成 並檢視品質。

（3）DNA定序

PCR增幅的產物以反應時相同的引子，委託源資國際生物科技股份有限公司（Tri-I Biotech, Inc., Co., Ltd., Taiwan）進行雙向定序，自動定序設備為 ABI 3730 DNA Analyzer。

（4）基因選殖(T-A Cloning)

如果引子 增出的片 長，或是引子專一性不佳者，就會進行基因選殖(T-A Cloniong)，目的是要篩選出乾 的單一序列，用來設計新的引子。實驗流程為：

a、 化：使用Gel Elution Kit (Cat#:DP03-150, GeneMark, Inc.)將增幅的PCR產物 化，去除PCR反應所 的離子、引子、dNTP等雜質。

b、連接(ligation)：使用Fast-Link™ DNA Ligation Kits(Epicentre® Biotechnologies)，將 化後的PCR產物連結到 體(yT&A Vector)上。於16°C 養1小時。

c、轉型作用 (transformation)：取出10 l (Competement E.coli Cell DH5)，將1 l ligation的產物混合，先冰浴30分 ，接著放入42°C水浴中，進行 Heat-shock 反應45 ，迅速置於冰中，使 體進入大 菌中，再加入90 l SOC 養液，於37°C shaker中 養60分 。

d、 ：取出含有ampicillin (50 g/ml) 與的LB平 養基，將經過轉型的 以50 l/plate與1drop/plate X-gal-IPTG的量均勻 在LB 養基上， 菌液乾後，將 養基置於37°C 養箱 養12-16小時備用。

e、PCR-check： 一點轉型成 的菌 進行PCR確認，確認含有目標序列的質體成 轉型到大 菌中。

f、質體萃取(plasmid extraction)：將轉型作用成　的菌　　到新的LB　養液中，37°C shake　養12–16小時，再使用GeneSpin Plasmid MiniPrep Kit (Protech Technology Enterprise Co., Ltd.)萃取質體，並將萃取出的質體DNA保存於-20°C冰箱。

g、定序：取出質體DNA 10　l，以質體上的　13F引子，委託源資國際生物科技股份有限公司（Tri-I Biotech, Inc., Co., Ltd., Taiwan）進行單向定序。

h、引子設計與測試：　過基因選殖出的乾　序列，使用primer 3 (v. 0.4.0)，設計新的引子，並進行PCR測試，評估是否具有多型性並能　作日後為分析使用。最　用於分析的微衛星引子序列及其重複片段如表三十八。

表三十八、台灣食蛇龜的微衛星引子序列。

Locus	primer sequence(5'-3')	origin species	origin loci	repeat motif
CF1	F: CCAGCATTTGGGCCTTAGTA* R: AGGCAGCAATTATCCTGCAC	*Gallus galhus*	TGFB2	(AC)n
CF2	F: TACACAAGCAATAAGCG R: TGGTAGCGGAGTTAGGC*	*Mauremys reevesii*	Cre46	(AC)n
CF3	F: CCTGACCTTTCCTTCTGGCAGCTTAG* R: CCTCCCTTGCTCCGCTTTGTGA*	*Mauremys reevesii*	Cre37	(CT)nN(AC)n
CF4	F: CCTATCTCATAATGGTGTCTGG* R: CTTCCCTCAATACAATGGTTA*	*Mauremys rivulata*	MR2	(AT)n(AC)n
CF5	F: AAGGGCATCAAGATACGG R: TGTTTGCGCTAAGGAACG	*Sacalia quadriocellata*	SYB65	(CA)n
CF6	F: AATCACCCTGAGGTTTGT R: CTACCCATCTCTTCTTATTCAGC*	*Sacalia quadriocellata*	SYB73	(GT)n
CF7	F: TCTTTCCTGAACCTCCTT* R: TCTTCATCTGTTTCCTAGCA	*Sacalia quadriocellata*	SYB75	(AC)n
CF8	F: TCTAGGGTCGCCCCTGTAGG R: GTGGAGCACTGTAAGGAAG	*Mauremys rivulata*	MR5	(GA)n
CF9	F: ATCCCTGAAATTTTGTGTGTTC R: TTTACTCTAGAAGGGGCAATC C	*Glyptemys muhlenbergii*	GmuD16	(TATC)n
CF10	F: GCAGTTAGGCATTACTCAACATC R: AGGGTATGAATACAGGGGTGT C	*Glyptemys muhlenbergii*	GmuD21	(GATA)n
CF11	F: AACAATGCCTGAAAATGCAC R: TAGGCTACCTCTGAAAATGCTG	*Glyptemys muhlenbergii*	GmuD88	(ATCT)n
CF12	F: TGCCCTCTGATGCTCTGGTG R: GCCCAAATGTCTACAACTGTGG	*Mauremys rivulata*	MR8	(GT)n
CF13	F: AGTGTAGTCATGGCATAGAGAGG R: ATCAAATTCTTCCAACCCTACC	*Glyptemys muhlenbergii*	GmuD70	(TAGA)n

針對食蛇龜的序列重設引子。

（5）螢光引子設計

使用不同族群的樣本PCR，利用高　的4.0%瓊酯凝膠(agarose gel)電泳，可　步評估是否此微衛星DNA具多型性，　選出具多型性且變異大的片段，委託　和　易股份有限公司合成WellRed Oligos螢光引子。

（6）基因型判別

基因型判別與分析是使用微衛星引子PCR，得到各基因座不同長度，表示族群基因型的多樣性。利用選出的微衛星螢光引子　增微衛星片　，PCR反應結束後，取1　l的PCR產物進行　　管電泳(capillary electrophoresis)，接著作基因型判別(genotyping)，使用設備為GenomeLab™ GeXP Genetic Analysis System (Backman coulter, Inc.)。

（7）數據分析

使用Arlequin (ver 3.5.12) (Excoffier et al., 2005) 進行遺傳結構分析，計算各基因座上的對偶基因頻率分布，估計遺傳變異度。可得知平均觀測異值度(Ho)、平均期望異值度 (He)。並檢測各基因作是否符合哈溫平　(Hardy-Weinberg equilibrium)。

結果與討論

從其他龜鱉種類的已知微衛星DNA引子中已選出61組引子進行測試，篩選可適用於食蛇龜的微衛星基因座有 27組(44.26%)引子，但在本種增幅出具多型性的微衛星基因座的引子為13組(21.31%) (表三十九)。

表三十九、食蛇龜微衛星 DNA 引子測試結果及數量。

來源物種	已測試引子	可　取微衛星DNA的引子	適用於食蛇龜之多型性引子
Gallus gallus	1	1	1
Glyptemys muhlenbergii	24	9	4
Gopherus polyphemus	2	2	
Mauremys reevesii	8	3	2
Mauremys rivulata	6	5	3
Sacalia quadriocellata	20	7	3
總計	61	27	13

13 組微衛星引子分析結果顯示，對偶基因數(A)　於 3 到 14，平均觀測異值度(H_o)為 0.610 (0.333–0.885)、平均期望異值度 (H_e) 為 0.682 (0.401–0.870)，平均觀測值小於平均期望值，顯示其帶有較低之遺傳　異度。接著測試是否符合哈溫定律，共 11 組基因座符合哈溫定律，其中有兩組基因座 CF2 與 CF10　離哈溫平　($p<0.05$)(表四十)。

由於微衛星DNA為共顯性之分子標記，具多型性高等特性，因此可作為個體辨識之工具，　已廣　應用於人類　份辨識或親子鑑定上，動物方面也應用於　　、　、　等血統　明。食蛇龜微衛星基因座用來作為個體辨識，為有應用　值的鑑定方法。其作為親子鑑定工具，可以標示繁殖個體的基因型組合並建立血統　明，因為子代有父系與母系的一半基因型，可回　親代的基因型。此法建立後可管理養殖場的繁殖個體，及管　繁殖場種龜來源是否合法。

在做這些應用時，應同時建立基因資料　以供比對使用，因此要持續的　集資料，　可能收納中國大陸和日本食蛇龜族群基因型資料　，以區別台灣個體與進口個體的基因型差異。

表四十、雲林縣湖本村食蛇龜食蛇龜族群十三組微衛星 DNA 標誌之對偶基因數、基因頻率之期望值、觀測值、以及符合哈溫定律的機率值。

Locus	Repeat motif	*A*	*n*	H_o	H_e	*P value of HWE test*
CF1	(AC)n	8	51	0.745	0.717	0.7372
CF2	(AC)n	6	44	0.409	0.661	0.0001
CF3	(CT)nN(AC)n	8	32	0.813	0.810	0.3099
CF4	(AT)n(AC)n	7	43	0.581	0.612	0.3618
CF5	(CA)n	3	53	0.453	0.507	0.4706
CF6	(GT)n	10	42	0.643	0.648	0.1122
CF7	(AC)n	7	52	0.885	0.771	0.7573
CF8	(GA)n	3	38	0.368	0.401	0.7150
CF9	(TATC)n	9	49	0.694	0.779	0.6935
CF10	(GATA)n	7	18	0.333	0.795	0.0000
CF11	(ATCT)n	3	47	0.489	0.555	0.3274
CF12	(GT)n	14	50	0.880	0.870	0.6982
CF13	(TAGA)n	7	41	0.634	0.739	0.2054

n, sample size; *A*, number of alleles; H_O, observed heterozygosity; H_E, expected heterozygosity; *HWE*, Hardy–Weinberg equilibrium.

第六章、龜家路迢迢：研討會

研討會的日期為一〇一年五月十九日（週六）上午九時起至下午五時。地點在國立中興大學生命科學大　一　的　　室。　　十位講員演講（附錄）。參加總人數為 94 人，包括講員十人、預先報名 60 人（電　及電子　件）、現場報名 10 人、及工作人員 14 人。議程（包括講員和題目）、演講摘要、會中提問、綜合座談記錄均列於附錄。

第七章、綜合討論及建議

查緝的食蛇龜是野生　是養殖？

台灣島，應該算得是食蛇龜三個不連續分布地區中（台灣、日本、中國）族群量最大的一個地區。台灣低海拔地區的開發，讓食蛇龜喪失許多原有棲地，近年來盜獵更成為威脅本種生存的更大威脅。但是設立低海拔保護區緩不　急，防範獵捕也有成效。對於被查緝到的食蛇龜，又因並不被　認是　野生動物　，因此也無法立即野放。

近年來親緣地理學的研究顯示台灣許多種類都有明顯的遺傳隔離，形成不同的演化單元。這也引發一個問題：台灣的食蛇龜是否在島內已經形成族群分割、各自演化成不同演化單位的情況？食蛇龜是否有需要先了解其遺傳變異、鑑定其來源，以　野放後基因　染、適應不良的後果。另外兩個食蛇龜分佈的地區（中國、日本）在過去地質歷　上，和台灣島在不同時間有不同程度的接　，造成種類的交流，台灣的食蛇龜確實可能會有更複雜的遺傳組成。但是由於缺乏日本和中國的食蛇龜（基因資料　僅有一隻中國食蛇龜序列可參考）樣本，無法分析其分子序列。因此現在的做法，僅能利用台灣島內各地採集，來了解全島食蛇龜的野生族群間的關係。

被查緝的食蛇龜，首先要作的應該是判定是否為野生或人工飼養繁殖的個體，但是這　然是現在最無法達成的目標。人工飼養的食蛇龜，可能　就是由全島不同地方捕獲的個體繁殖出來的，遺傳物質已然　不　　，在　沒有全島食蛇龜遺傳資料以前，除非本種已經在野外完全　失，沒有人會　望把人工飼養的個體野放。現在判野生與否的方式，僅是由外觀判定：人工飼養的生長快，背甲　片的同心　年　　之間距離可能較寬（食物較多）；或是背甲　片缺少　　的　跡。但是這些判定方式並沒有被測試。比較科學的方法，可能是　　、組　、　片　定同位素的比例來鑑定，因為人工飼養的食物，和野外的食物，在　、　等元素的組成和來源不同。

是查緝的食蛇龜是人工飼養的，則動物可以被用做　育、研究、或其　用　，甚至安　死。但　是走私查緝到的食蛇龜確實是從野外捕捉、而非人工繁殖的個體，　野放應該是最好的方式。

但是被查緝到的食蛇龜，多有傷病，並不適合立即野放，就傷復原可能就需要一年的時間；但是每年增加的新被查緝的食蛇龜持續增加，讓收容單位負　持續加

重。但　沒有解決食蛇龜本　的問題。

野生動物的野放，應在被發現地區為之；　將被查緝的個體視為野生動物，便可能需要確定其來源，再分別釋放至最近地區。這時便需了解食蛇龜在台灣島的族群變異和生態資料。　是台灣各地食蛇龜沒有特　的遺傳變異，便可把全島的食蛇龜視作單一族群，　何適合的棲地均可野放。但　是食蛇龜顯現　些遺傳變異的結構，在保育上，便需考慮特　族群、或特　基因型的保育。這些應該被考慮單獨保育的族群或地理分布單元稱為　演化重要單位或 ESU (evolutionarily significant unit)(如 Moritz, 1994, 2002)。ESU 的目的是保護演化的產物（特　的基因型或生態型），以及保護可讓演化持續發生的環境和　　大的自　自　的族群（確保族群可以繼續產生變異和讓天擇繼續發生）。

台灣島內食蛇龜遺傳和形態變異

食蛇龜的粒線體基因明顯呈現地區性的變異。東部（花蓮、台東）和西部的主要粒線體基因型沒有交集，顯示有生殖上的隔離（缺乏基因交流、不同基因型的地域分布）。但是粒線體基因型間的差異，最主要出現的是在變異最多的片段（control region），而且基因型差異的程度，也未達到其他龜鱉類族群間差異的程度，因此這些差異最有可能是近期（數　年內）產生的族群　張和瓶頸效應。支持這個　法的　有　核 DNA 的缺少變異、以及核 DNA 和 mtDNA 演化樹的不一致（第二章）。冰河期適合食蛇龜棲地變少，食蛇龜分布範圍可能　小並南移；又可以在不到兩　年的時間快速　張到現代的情形。這都可以造成族群間遺傳上的變異模式。

從苗栗、台北和基隆野外採集的個體，粒線體基因型同時出現接近西部和東部的類型。雖然不能排除這樣的混合是過去宗　放生造成的結果，但是地理上，苗栗以北到宜蘭可能就是東部和西部基因型交會的地區。

除了北部可能是東西兩大群交會的可能性外，恆春半島山區　可能是食蛇龜產生東西交會的地區。但是恆春的基因型和台東的基因型差異大，遺傳距離遠，因此並不支持南部有基因交流。

過去傳言的北部族群有較高較　的殼、南部有較　、較寬的殼，在多變值的統計上並未見到如此情形。現有結果可看出雌雄有顯著的形狀差別，但南北沒有差別。反而是東部和西部的殼形狀有一些差異（第三章）。但是因為東部個體數目　少，可

能　　統計結果。今年（2012）六月在東部查獲了一百餘隻可確定從東部捕捉的食蛇龜，將可以在最近重新分析形態測量資料，以確定東、西部的形態是否有差別。

此外，研究期間有機會實際見到各地的野生個體，發現東部和西部個體，在頭部　　顏色上也呈現一些差異。東部個體　後黃　非常顯著，可呈現近橙紅色，且黃　和頭色分界明顯。但是此顏色的差別，是在研究後期，把一些捕獲食蛇龜洗　後才發現的特徵。研究　期，食蛇龜被捕捉時　體被　土遮蓋無法定量頭部黃　的顏色，而且　期僅記錄黃　的形狀，照相時曝光程度差異　大，以致無法將顏色特徵併入分析。如果未來在顏色和形狀上的差異，也如同 mtDNA 基因型的差異，則雖然基因變異少，但仍可支持食蛇龜有快速但顯著的分　。配合東部西部個體可能表現的形狀差異，兩者　可能作為未來利用外表特徵分辨西部和東部族群的方式。

由查緝食蛇龜的粒線體基因型分析，顯示 90%以上的個體，都有西部的基因型，可見西部（尤其是西南部）是這些盜獵、走私的來源地區。但是在今年，在台東縣查獲的一　目的不明的食蛇龜，以及在高雄海關查獲的許多個體呈現東部的顏色（這　食蛇龜　未分析其基因型），我們必須　意，東部可能將成為未來被非法捕捉的地區。

形態和粒線體的差異，均顯示相同的東、西部差異。以較為保　的做法，野放或繁殖等復育工作，都應該將兩群視為不同的經營單元或保育單元。但是在實際辨識上，由於無法將所有個體都分析其微衛星基因，僅由母系遺傳的基因型差異仍無法　定其真正來源。由於北部同時採集到屬於東部和西部的基因型，可能在近代兩　已有基因交流。又因野外食蛇龜族群數量急速減少，　由整個種類的保育策略來看，不理會基因差異的野放至少是　速復育食蛇龜數量的方法。

野放和監測

在台灣，食蛇龜的記錄包括全島約一千公尺以下的山地。野放的淡水龜，尤其是陸地生活的種類，常　到的問題是野放後個體會向外地活動，不會　在野放區域，因此無法見到保育或復育的成效。綜觀已知案例，可發現陸龜因生活地區的資源　乏，需要很大的活動範圍才能支持其生存。箱龜在自然棲地要　不只一個　作為　息場所，而活動範圍內可供　　的地點有限　，因此其族群密度不高。然而台灣的食蛇龜活動範圍小，可能是地處低　度，溫度適宜，環境資源　　。近年來的觀　，也發現

食蛇龜　息時的需求僅為地面遮蔽度高　度較高，且不會　　。對於棲地的使用方式不同於陸龜或箱龜。因此在復育上的環境需求，應遠低於箱龜或陸龜。

野放方案和其他做法

演化重要單位有兩個標準，一個是遺傳上的特　程度，另一個是生態上的特　程度。生態上的特　包括了各類基因型的適應程度，另一個是在生態　位上的差別。所　的分子生態學研究，通常可以很容易看出不同基因型上的分布的差異，和各地區基因型是否有隔離，但是　少研究能顯示特別基因型是否有演化上的　　（適應程度的高低）（Crandall et al, 2000）。因此基因型的在不同地區的分布，雖然可以否定基因交流，但　無法顯示其在該環境中的　　。食蛇龜在東部和西部的不同基因型，雖然有可能是對不同環境的適應，但是並無法在此評估。此外，　是東西部食蛇龜在生態　位上有差別，也是可以判　不同基因型可能分別佔領生態不同　位，因而需要個別保育。目前並沒有　何資料顯示兩區食蛇龜會佔領不同　位，但從各地區的生物相調查資料，東部和西部森林的動物相都沒有差異，食蛇龜也是在全島低海拔森林唯一的陸地龜鱉類，應可　定都　有相同的生態　位。

台灣食蛇龜所顯示不同地區的基因型差異（即使是東部和西部的差異），都只能判定是近代產生的；而在生態　位上，食蛇龜在各地應是沒有差異。　根據 Crandall et al (2000)的最低標準，全島的食蛇龜可以視為單一族群，且應　許基因間的交流。是依據 Moritz (2002)的建議，並以最嚴　的標準，北部（苗栗以北到基隆、宜蘭）的交會區、西南部、和東部（花蓮、台東）都應可視為單獨的經營單位。三個區域都應有　　大的地區　許　大的族群數目生存，以保持基因多樣性；三個地區之間讓動物得以自由通過的　　應保持　通，　許基因交流。

食蛇龜　可以野放，另一項需要考慮的是野放密度。究　台灣的森林，食蛇龜能有多大的　　量？在台灣對於食蛇龜密度的估計，多是以捕捉　力量來估計（每籠、每天捕捉到個體數）。但是全台灣所有食蛇龜的棲地，似乎都　受過去或現代不同程度的捕捉壓力或是環境破壞，因此沒有一個地方可稱得是真正自然的環境。即使以單位捕捉　力量，也　是低估了真正的族群密度。加以各研究檢查鼠籠的頻度可能從一天一次到七天才一次，所得到的資料也並非真正族群密度。

利用已知面積內捕捉到個體數目所估計的食蛇龜密度，從最低的 1.1 – 3.2 隻 / 公（Tsai, 2007）到較高的 9.8 隻/ 公 （Chen, 1998），但這些資料，可能都比真正環境中可以 的數目要低。可能是低估台灣實際族群密度的原因捕捉有：幼體捕獲數目不 ，食蛇龜活動量不大，所有地區都有歷 或近代的獵捕壓力、以及缺乏長期且數量 多的標放研究 。台灣過去食蛇龜的密度很高，1960 年代在恆春有一個上午在一處森林和有遮 的 流捕獲近百隻的 法（Mao 1971）。可換算成一公 遠超過三、四十隻的密度。現代有些環境仍有一公 近二十隻的密度。 從物種復育的角度來看，高密度的野放對生態系可能也不會有 大 。

北美洲的箱龜（*Terrapene carolina*）在體型大小、生態 位上都類似食蛇龜。在各地族群密度的差別極大（2.7–26.9）（Langtimm et al, 1996），但箱龜棲地多在溫帶，生態系中食物較少；箱龜又需要在環境中 ，對棲地的需求較高，因此台灣島的食蛇龜族群密度，應該可以超過箱龜的密度。

陸龜因為有許多種類都瀕臨絕種，對其野放的研究建議在野放前應該先在野放地點 予數個月到一年以上的適應期，以增加陸龜 在原棲地、不會離開野放區域的機會（Tuberville et al, 2005; Field et al, 2007）。野放後一年的陸龜，經過越久時間的在地 養，活動範圍也越小（Tuberville et al 2005）。箱龜在交換棲地後，會有 向同一方位運動以及活動範圍變大的情況（Rittenhouse et al, 2007）。收容多年的食蛇龜，在野放時，可能也會有活動範圍較大的機率，而且 能經過在地 養，也應該有可能降低其野放 期的活動範圍。但是台灣環境資源可能較為 ，必然可以比 陸龜更易有較多的合適環境；而且 能有 大的地區，對於食蛇龜來 ，野放前的在地養，不見得是必要的。

查緝動物野放的 可能包括了：死亡率高、成為生態系中的有害種類、傳染 病或 生 、不了解動物本 需求和遺傳組成、生態系可能已被其他種類取代、缺少長期資源的投 （IUCN, 2002）。國內實際收容照顧食蛇龜的經驗已很 ，可以做到野放前動物的治 、 、救 等預備工作（表四十一、四十二、四十三）；加上本研究對野外族群以及對棲地的了解，可以篩選適合野放和復育的個體和地點。未來最需要的工作，便是野放或復育後的長期監測，以確保野放成 。

野放動物是受 的做法，但是野放是否成 、是否達到維護種類或族群永續生存的目的，在國內少有探討。尤其在國內，食蛇龜持續受到有組 、有計劃的捕捉和走私，國人對自然棲地保護的不重視，以及保育資源缺乏的情況，即使野放仍然不

一定可以成　（Dodd and Siegel, 1991）。

國內對於食蛇龜保育的看法，都認為僅野放並無法保　本種能　永續存在（第六章、附錄）。其中最重要後續工作是　絕走私、保護棲地、和保育　育。食蛇龜如同　　、　山甲，都是低海拔地區的保育類動物，但是由於被保護環境的面積不　和棲地破　，這些生物的保育，仍然面臨許多　　。此外，保護區的設立和生物和生態系的保護，必須能　配合鄰近民　的　　，也需要地方　民的主動參與，才有可能成　。

是將目前查緝並收容的食蛇龜均視為野生動物，則減緩收容單位負　以及回復台灣島各地族群量的做法就是野放或移地保育。對於野放的建議和其成效的檢驗如下：

復育個體，應選取　　的性成熟個體（由野外捕捉之　　個體，所計算出的體重和背甲長回歸公式（log (WT) = 3.0392*log (CL) - 3.9034, WT 為體重 g、CL 為背甲直線長 mm）中，實際體重在期望值 90%以上的個體（表四十一））以每公　二十隻的密度野放。

移地保育（由原自然棲地移到另一自然環境）應選擇鄰近區域（西部或東部）；野放仍應　試辨認基因型或外型的歸屬後為之。

野放和復育，應至少有三年的族群監測（每年至少兩次的調查），以更精確地估算族群數和死亡率。三年中應可每年繼續　　野放或復育個體。三年檢討野放成效，　野放個體開始生殖，同時野放個體數目的存　比例是野放數量的 50　以上，應可視為成　的野放。否則該野放地點應視為失敗（如持續被捕捉、環境　化等）。應另選擇地點為之。

野放地點數量不宜　多，以三個以內為限。且每地點面積（食蛇龜可使用棲地）應有 10 公　以上，以便可釋放　　數量，　使族群估算能有較小　差。

不適宜野放的受傷、雜交等個體，可考慮用於生命或環境　育，或提供研究用。小學、中學、養老院、育幼院等　育和　會　利機構，也都可以飼養食蛇龜作為育、醫　之用。

表四十一、各查緝單位收到烏龜後的緊急處理程序。

適用對　：各海巡、岸巡、海關人員 適用時機：已聯　收容機構但　時無法將動物送過去前，於有安全措施的處所　置烏龜的可行處理程序及應　意事項		
烏龜在網　中	開網　放出	有　　空間則將大隻和小隻分開
提供水	、或以　布　成　　後放入水 （　使用　深或　小的水　）	水中加一點運動　料，一公　水加一瓶蓋。加運動　料的隔天要把水換　（水會　）。
提供食物	短　　置，可不用提供食物	
受傷嚴重或虛　個體	出，獨自　養	
死亡個體	出，放入　　帶或乾　　膠密　，冰存　移交相關單位	

表四十二、各收容機構收到烏龜後的後續處理標準程序。

接回		
隻檢查、救傷*(附錄一、二)	檢　、	成、幼體分開
依隻數需時數小時至一天	投　後觀　一週	依隻數需時數小時至一天
受傷嚴重或虛　個體	送醫	
死亡個體	冰存	
定期		
食、清	評估、醫 *(附錄一、二)	測量、公母判定、打片、抽血
二至三日一次	動物情況較差時每日檢查；情況　定後於　食時間觀	依隻數需時數小時至一天
受傷嚴重或虛　個體	送醫	
死亡個體	冰存	

表四十三、烏龜症狀檢查表。

之一		需送醫的烏龜症狀檢查表
1	外觀	體表或甲殼外傷、　包、　塊、異常脫皮。
2		虛脫、頭部與四　外　且　　後無　回反應。
3		、口、　多量分　物或　　物。
4		張開、　吸急　。
5		緊閉無法　開，　　外　　大。
6		脫肛。
7	異	上或　殖　口（在　　處）有　敗　。
8	生	排遺中目視可見　卵或　體（將　卵或　體收集　　於70% 酒精，送予　醫鑑種後治　）。

之二		其他可自行處理之烏龜狀況處理表
1	外傷	隔離，獨自　養。發現第一時間先以生理食　水　洗　　清　，之後每日以十　　釋之　　水　洗傷口直到結　。
2	陷	大多為脫水所致。每日將病龜　置　釋　　內至少三十分　並照日光。　為冬天，　釋　　需用熱水，保持水溫約22—25 C。
3	體重過輕	隔離，獨自　養。需每日　食，將　果切　與　類　勻　食，養後再放回共養。
4	殼軟且　平	食物內多　加　粉，並且每日照日光約三十分　；照日光時要　予遮蔽物，不可乾　，防　照日過熱導致熱　　。

表四十三（續）

之三	定期的烏龜檢查表		
日期		記錄者	
種類		來源	
編號		性別	
	體表（四　、頭、頸、　　）無外傷，光　，無脫皮或　大現		
	體表顏色無過淡或　紅色現		
	甲殼（背甲與腹甲）無外傷		
	龜甲成形且		
	四　有力，無法輕易將　體　出殼外，即便　出　可自行　回殼內		
	難以將龜甲打開（烏龜有力可緊閉龜甲）		
	如龜甲不能輕易打開，則可　以下檢測事項		
	無　　打開，　吸急　現		
	無　陷、無分　物，　　明　，對於外界　　有明顯反應		
	無分　物（　置烏龜觀　無分　物流出　　）		
	體重適當（將體重與背甲長帶入公式：log (WT) = 3.0392*log (CL) - 3.9034）		
	食　佳，可自行進食		
	殖　　圍乾　，無　　外　（無脫肛現　）		
	殖　並無傳出　　氣		
	體表無外　生　（　生　種類：Tick蟎 位置頭部：_____；前　：_____；後　：_____；　部：____）		
	排遺內無出現　卵或　體		
繁殖季	母龜前　、　　無受傷（有，則可能有蛋　在　　）		

表四十四、野生食蛇龜體重（g）和背甲直線長（mm）回歸式（log (WT) = 3.0392*log (CL) - 3.9034）計算出之體重期望值和低於期望值 10%、20%的體重。體重低於期望值 20%個體可作爲需要醫治或照顧的食蛇龜體重指標。

背甲直線長	體重期望值	10% less	20% less
35	6	6	5
40	9	8	7
45	13	12	11
50	18	16	15
55	24	22	19
60	32	29	25
65	40	36	32
70	51	46	40
75	62	56	50
80	76	68	61
85	91	82	73
90	109	98	87
95	128	115	102
100	150	135	120
105	174	156	139
110	200	180	160
115	229	206	183
120	260	234	208
125	295	265	236
130	332	299	266
135	372	335	298
140	416	374	333
145	463	417	370
150	513	462	410
155	567	510	453
160	624	562	499
165	685	617	548
170	751	675	600
175	820	738	656
180	893	804	714
185	970	873	776
190	1052	947	842
195	1139	1025	911
200	1230	1107	984

致謝

從 2006 年金門運回因走私被查獲的第一　食蛇龜，至今快要六年。雖然從開始我們就　望能把　們放回自然棲地，但是　不　望野放成為　意放生。許多人也都望能有更完　的計畫和評估，以確保野放能真正達到保育目的。然而在接下來幾年，　沒有想到適當的食蛇龜野放方案，又有更多數目的食蛇龜被查緝到，表示　們受到的威脅更加嚴重，保育和復育族群和種類的背　知識更顯得有迫切需要。在短短三年，我們能很快地從多種角度來了解食蛇龜的生物學，有　於許多單位、個人的　　和支持：

林務局、海巡署、經　部水利署中區水資源局、墾丁國家公園管理處、特有生物研究保育中心、西　　國家　　區管理處、林業試驗所恆春研究中心、內政部警政署森林　自然保育警　隊、台灣森林資料　中心、林務局南投林區管理處、公共電視台。

基隆市政　、新北市市政　、桃園縣政　、新竹縣政　、苗栗縣政　、台中市市政　、南投縣政　、雲林縣政　、嘉義縣政　、台南市政　、高雄市政　、屏東縣政　、台東縣政　、花蓮縣政　、宜蘭縣政　、金門縣政　農業局、苗栗　　士　頭　之家、苗栗縣　　區發　　會。

　　明、馬國　、　東　、　　、林文　、　　（　化基　　醫院），　（台灣大學），　　喜、　其　（屏東科技大學），　海　、　　文（東華大學），　　（宜蘭大學），林　興、林　　（特有生物研究保育中心），謝　（中央警　大學），林　　（西　　國家　　區）、　光中、高如　、　　、張　、　、　　（中興大學　醫系），謝　永、張　開、　　。

中興大學生命科學系的實驗室研究生、　理和大學部學生：林　　、　　興、　　、張文　、張　評、　　、　　、　　、　　、　　、　溶、宜　、　　、　真、　　、　千　、　佳、　　、張　　、　學　、　、黃繼　、　時平、　育　、　　、張少　、黃　嘉、　　文、黃星華、　、張　方、　　、　　、　幼。

參考文獻

Amato ML, RJ Brooks, J Fu. 2008. A phylogeographic analysis of populations of the wood turtle (*Glyptemys insculpta*) throughout its range. Molecular Ecology 17: 570–581.

Beaupre SJ, ER Jacobson, HB Lillywhite, K Zamudio. 2004. Guidelines for use of live amphibians and reptiles in field and laboratory research, 2nd Edition. Lawrence, American Society of Ichthyologists.

Charnley S, AP Fischer, ET Jones. 2008. Traditional and local ecological knowledge about forest biodiversity in the Pacific Northwest. Portland, U.S. Department of Agriculture, Forest Service, Pacific Northwest Research Station. 52 pp.

Chen T.-H. 1998. Life histories of the Chinese Stripe-necked Turtle (*Ocadia sinensis*) and the Yellow-margined Box Turtle (*Cistoclemmys flavomarginata*) in Northern Taiwan. Ph.D. Dissertation, National Taiwan Normal University, Taipei. Taiwan. (In Chinese)

Chen TH, KY Lue. 1999a. Activity, movement patterns, and home range of the yellow-margined box turtle (*Cuora flavomarginata*) in Northern Taiwan. Journal of Herpetology 33: 590–600.

Chen TH, KY Lue 1999b. Population characteristics and egg production of the yellow-margined box turtle, *Cuora flavomarginata flavomarginata*, in northern Taiwan. Herpetologica 55: 487–498.

Chen TH, , HC Chang, KY Lue. 2009. Unregulated trade in turtle shells for Chinese traditional medicine in East and Southeast Asia: the case of Taiwan. Chelonian Conservation and Biology 8: 11–18.

Cook RP. 2004. Dispersal, home range establishment, survival, and reproduction of translocated eastern box turtles, *Terrapene c. carolina*. Applied Herpetology 1: 197–228.

Crandall KA, ORP Bininda-Emonds, GM Mace, RK Wayne. 2000. Considering evolutionary processes in conservation biology. Trends in Ecology and Evolution 15(7), 290–295.

Dethmers KM, D Broderick, C Moritz, NN Fitzsimmons, CJ Limpus, S Lavery, S Whiting, M Guinea, RIT Prince, R Kennett. 2006. The genetic structure of Australasian green turtles (*Chelonia mydas*): exploring the geographical scale of genetic exchange. Molecular Ecology 15: 3931-3946.

Dodd CK, Jr, RA Seigel. 1991. Relocation, repatriation, and translocation of amphibians and reptiles: are they conservation stragegies that work? Herpetologica 47(3), 336–350.

Engler R, A Guisan, L Rechsteiner. 2004. An improved approach for predicting the distribution of rare and endangered species from occurrence and pseudo-absence data. Journal of Applied Ecology 41: 263–274.

Ernst CH., JE Lovich, A. Laemmerzahl, S Sekscienski. 1997. A comparison of plastral scute lengths among members of box turtle genera *Coura* and *Terrapene*. Chelonian Conservation and Biology 2: 603–607.

Ernst CH, AF Laemmerzahl, JE Lovich. 2008. A morphological review of the *Cuora flavomarginata* (Testudines: Geoemydidae). Proceedings of the Biological Society of Washington 121: 391–397.

Field KJ, CR Tracy, PA Medica, RW Marlow, PS Corn. 2007. Return to the wild: translocation as a tool in conservation of the desert tortoise (*Gopherus agassizii*). Biological Conservation 136, 232–245.

Fong JJ, JF Parham, J Fu. 2002. A reassessment of the distribution of *Cuora flavomarginata* on mainland China. Russian Journal of Herpetology 9(1), 9–14.

Franklin, J, , JA Miller. 2010. Mapping species distributions: spatial inference and prediction. (UK: Cambridge University Press).

Gong S, H Shi, Y Mo, M Auer, M Vargas-Ramírez, AK Hundsdörfer, U Fritz. 2009. Phylogeography of the endangered black-breasted leaf turtle (*Geoemyda spengleri*) and conservation implications for other chelonians. Amphibia-Reptilia 30: 57-62.

Gros PM. 1998. Status of the cheetah *Acinonyx jubatus* in Kenya: a field-interview assessment. Biological Conservation 85: 137–149.

Guisan A, W Thuiller. 2005. Predicting species distribution: offering more than simple habitat models. Ecology 8: 993–1009.

Hanley JA, J Barbara, , MD McNeil. 1982. The meaning and use of the area under a receiver operating characteristic (ROC) curve. Radiology 143: 29–36.

Honda M, Y Yasukawa, R Hirayama, H Ota. 2002. Phylogenetic relationships of the Asian box turtles of the genus *Cuora* sensu lato (Reptilia: Bataguridae) inferred from mitochondrial DNA sequences. Zoological Science (Japan) 19: 1305–1312.

IUCN. 2002. Guidelines for the Placement of Confiscated Animals. Prepared by the IUCN/SSC Re-introduction Specialist Group. IUCN, Gland, Switzerland and ERWDA, Abu Dhabi, UAE. 24 pp.

Iverson JB. 1992. A revised Checklist with Distribution Maps of the Turtles of the World. Privately Printed. Richmond.

Langtimm CA, CK Dodd, Jr, R Franz. 1996. Estimates of abundance of box turtles (*Terrapene carolina bauri*) on a Florida Island. Herpetologica 52(4), 496–504.

Lin YF, SH Wu, TE Lin, JJ Mao, TH Chen. 2010. Population status and distribution of the endangered yellow-margined box turtle *Cuora flavomarginata* in Taiwan. Oryx 44: 581–587.

Mao SH 1971. Turtles of Taiwan. A Natural History of the Turtles. The Commercial Press, LTD. Taipei.

McArthur S, R Wilkinson, J Meyer. 2004. Medicine and Surgery of Tortoises and Turtles. Wiley-Blackwell, Ames, Iowa, U.S.A. 2009 – 1102).

Moritz C. 2002. Strategies to protect biological diversity and the evolutionary processes that sustain it. Systematic Biology 51(2), 238–254.

Otto-Bliesner, B.L., Marshall, S.J., Overpeck, J.T., and Miller, G.H. (2006). Simulating arctic climate warmth and icefield retreat in the last interglaciation. Science 311: 1751 – 1753.

Plumer, MC. 2003. Activity and thermal ecology of box turtle Terrapene ornate as its southwestern range limit in Arizona. Chelonian Conservation and Biology 4(3): 569–577.

Raxworthy CJ, E Martinez-Meyer, N Horning, RA Nussbaum, GE Schneider, MA Ortega-Huerta, AT Peterson. 2003. Predicting distributions of known and unknown reptile species in Madagascar. Nature 426: 837–841.

Rittenhouse CD, JJ Millspaugh, MW Hubbard, SL Sheriff. 2007. Movement of translocated and resident three-toed box turtles. Journal of Herpetology 41(1), 115–121.

Rotenberry JT, KL Preston, ST Knick. 2006. GIS-based niche modeling for mapping species' habitat. Ecology 87: 1458–1464.

Spink PQ, HB Shaffer. 2005. Range-wide molecular analysis of the western pond turtle (*Emys marmorata*): cryptic variation, isolation by distance, and their conservation implications. Molecular Ecology 14: 2047–2064.

Spink PQ, RC Thomson, HB Shaffer. 2010. Nuclear gene phylogeography reveals the historical legacy of an ancient inland sea on lineages of the western pond turtle, *Emys marmorata* in California. Molecular Ecology 19: 542–556.

Starkey DE, HB Shaffer, RL Burke, MRJ Forstner, JB Iverson, FJ Janzen, AGJ Rhodin, GR Ultsch. 2003. Molecular systematics, phylogeography, and the effects of pleistocene glaciation in the painted turtle (*Chrysemys picta*) complex. Evolution 57: 119–128.

Stuart BL, JF Parham. 2004. Molecular phylogeny of the critically endangered Indochinese box turtle *Cuora galbinifrons*. Molecular Phylogenetics and Evolution 32: 164–182.

Swets JA. 1988. Measuring the Accuracy of Diagnostic Systems. Science 240: 1285–1293.

Tsai C.-F. 2007. Daily activity patterns and home range of *Cuora flavomarginata* in a monsoon forest in southern Taiwan. M.S. Thesis. Institute of Biodiversity of National Cheng Kung University, Tainan. Taiwan. (In Chinese)

Tuberville TD, EE Clark, KA Buhlmann, JW Gibbons. 2005. Translocation as a conservation tool: site fidelity and movement of repatriated gopher tortoises (*Gopherus polyphemus*). Animal Conservation 8: 349–358.

White PCL, NV Jennings, AR Renwick, NHL Barker. 2005. Questionnaires in ecology: a review of past use and recommendations for best practice. Journal of Applied Ecology 42: 421–430.

Wiens JJ, CA Kuczynski, PR Stephens. 2010. Discordant mitochondrial and nuclear gene phylogenies in emydid turtles: implications for speciation and conservation. Biological Journal of the Linnean Society. 99: 445–461.

附錄、研討會議程、中英文摘要、各節問答記錄、及綜合座談記錄

議程

0900-0930　報到

0930-0940　致

0940-1015　　喜演講（國立屏東科技大學野生動物保育研究所）

之罪：台灣淡水龜的現況、保育與

1015-1050　張明雄演講（臺北市立動物園保育研究中心）

類的野放與再引入：以台北市立動物園野生動物收容中心為例

1050-1100　　息

1100-1155　Russell L　Burke演講（Hofstra University, USA）

人工繁殖龜類方法的回顧

1155-1230　　演講（國立宜蘭大學森林　自然資源學系）

蘭　平原「問題蛇類」可能的成因、處理及應用

1230-1330　午

1330-1410　林國　演講（行政院農業委員會林務局）

野生動物保育、野放與復育的相關法律規定

1410-1450　　演講（國立中興大學　醫系）

類動物的救傷與收容：興大　醫院的經驗分

1450-1510　　息

1510-1550　　海演講（國立中興大學生命科學系）

臺灣地區食蛇龜的研究現況

1550-1610　　演講（國立中興大學生命科學系）

野放前的背　探討：食蛇龜野放棲地的規劃—物種分布模式的應用

1610-1630　林　　、　　演講（國立中興大學生命科學系）

野放前的背　探討：臺灣食蛇龜的族群分化情形

1630-1700　綜合討論

會議資料（含中英文摘要）

「龜家路迢迢」—談　　類野生動物的收容與保育研討會

在前面

在　　類中，人最　的是蛇、最不　的是龜。然而這兩類都有相同的命運——都沒辦法安　活在家園。人　到了蛇，總要　迫　們　　；人　到了龜，要帶回自　家中安　。

天上　　龜蛇，醫學用蛇做符號、民間把　龜　在　基礎下。我們把蛇和龜放在和日常生活中各種圖　中，但　無法和　們共同生活在一起。

全世界三百多種烏龜，有一半以上都受到生存威脅；蛇類有三千多種，因為　密的　性，　使瀕臨絕種，也很難　　。

蛇和龜在被人捕獲或是走私被查獲時，常因為缺乏照顧的常識，造成傷病，以致於更多動物的無　被　　。把存活的動物野放，　又可能因為季節、棲地的不適當，而不能達到保育的目的。

本研討會的議題，由失所的　　類成因，動物的照顧，到野放的準備，由專家分　經驗，並和參加來賓共同討論　　歸家之路。

本次研討會以食蛇龜作為主要案例。主要原因是近年來查獲到走私（輸出）的食蛇龜數量，是台灣保育類野生動物中最龐大的。　能為這個種類建立一個整體地收容、救傷、野放、評估的流程，對於所有　　類未來的保育工作，都應該是很好的範本。

Snakes are detested by many and turtles are adored, yet these two reptile groups faced the same ordeal of homelessness. Snakes are usually forced to be displaced and turtles are transferred to tanks and terraria.. More than half of the turtle species are threatened with extinction, the figure for snakes is less clear due to their secretive habits.

Snakes and turtles are usually injured and mishandled after capture or seized, and the mortality can be very high. Releasing these reptiles to natural habitats may also be hazardous to their survival if done haphazardly.

In this conference, experts will talk about the varous aspects on reptile conservation and translocation. Many examples are drawn from the yellow-margined box turtle which constitutes the major illegal hunting and experting of protected wildlife species in the past six years in Taiwan and much studies have been undertaken or are in progress on this one species. The rescue and translocation procedures used for this species should provide a model for future conservation of reptile species.

摘要

之罪：台灣淡水龜的現況、保育與

Turtles in trouble: Status, conservation challenge of the freshwater turtles in Taiwan

喜 Tien-His Chen
國立屏東科技大學野生動物保育研究所

台灣淡水龜的族群現況與保育，　經是亞洲地區的模範生，現在　也　步　陷了。高利的誘　與管理執法上的　處理，造成台灣淡水龜面臨嚴重的生存危機。過去的分布現況調查資料顯示除了金龜(*Mauremys reevesii*)之外，多數種類仍存在有不少　定的族群，尤其在北部地區。食蛇龜(*Cuora flavomarginata*)與　　龜(*Mauremys mutica*)除於日本少數島　與台灣之外，於其他分布範圍已不易找到野生族群存在，因此被中國大陸養龜場選為　作的目標物種，中國大陸放　瀕危物種人工飼養及　格　作的　業行為，造成被列為瀕危物種更容易成為大量收　的目標，對野生族群形成更嚴重的生存威脅。目前台灣與中國大陸之間　易的便利性，已　使野生龜類非法走私　　，甚至已到失　地步，需要有關單位正視此嚴重問題。此外，兩岸之間非法洗龜(turtle laundering)　是另一新形式的非法　售圖利方式，　過由中國大陸進口少數合

法人工飼養個體，再大量　售台灣原生或非法繁殖個體，以合法　護非法。目前相關保育組雖積極　動將食蛇龜與　　龜提　為 CITES 附錄一物種，禁　　業性質國際　易，並配合修訂保育類動物名錄之等　，禁　人工飼養與繁殖行為。但非法捕捉與走私問題如無法即時解決，相關名錄修訂緩不　急，僅能管　　過合法管　　易問題，兩岸間非法走私問題並無法過修法獲得有效改　。

Three of the four freshwater geoemydid turtles (except *Mauremys reevesii*) once had stable populations throughout Taiwan, expecially in the northern part of the island, but their continued survival are now facing uncertain future. Two species are currently found only in several small islands in Japan and in Taiwan (*Cuora flavomarginata* and *Mauremys mutica*), but have mostly disappeared in continental Asia. These two species are chosen for large-scale commercial use and their price has been soared to record high in recent years, which escalates their extirpation probabilities. The ease of cross-strait commerce between ROC and China also facilitates the smuggling of wild-caught turtles to China. Furthermore, a new type of illegal trading is observed involving 'turtle laundering' in which a small number of legally imported turtles to Taiwan is used to cover the large-scale selling of illegally caught or bred turtles in Taiwan.

類的野放與再引入：以台北市立動物園野生動物收容中心為例

The release and reintroduction of reptiles- a case study of the wildlife rescue center in Taipei Zoo

張明雄 Ming-Hsung Chang
台北市立動物園保育研究中心

從民國 85 年起，台北市立動物園在行政院農委會經費支持下成立野生動物收容中心。除了　　保育主管機關鑑定涉及野生動物保育法案件的動物之外；也收容因違法輸入與　　而受政　查扣或被沒收的保育類野生動物，讓這些原本面臨　　的野生動物得以存活，並有專業的照養。此外，收容中心也經常接受縣市政　和　防人員委託　　收容的保育類動物，例如許多入　民宅的本土蛇類，例如　　公、南蛇、　　蛇、雨　節等。

收容中心在照養這些野生動物的過程中，除了具有累積野生動物管理知識與醫　技　，與　動保育　育　導等…域外保育　能之外；更應考量讓這些收容的野生動物動物本　發　對於其野生族群存續及基因多樣性維持的　在重要　值。讓來自於自然棲地的野生動物回歸自然，就成了收容中心不可　　的重要　務。因此，收容中心針對收容動物訂定了野放流程。在　過族群現況、棲地現況、個體現況、釋放地現況等評估後，期能把收容個體或其繁殖族群釋回原棲地(也就是野放)。對於所收容的本土保育類野生動物，在個體　　以因應野外生活之下，　可能立即進行野放。為　　造成物種基因多樣性下降，野放地點選擇在其原本出現或捕獲地點附近，並選擇人為　　較少的地點進行野放。

然而，目前在收容中心有來自世界各地，約一百種、近千隻的動物，多為外來物種，其中以　　類為多，有許多收容的物種(例如：　　陸龜、　　星龜、紅　　龜等…)，在棲地破壞與獵捕壓力之下，物種存續已面臨瀕危，這些收容的個體對其物種的遺傳多樣性與物種保存具有重要　值，　需積極進行保育，更有必要發　保育計畫。因此，收容中心在提供專業的醫　和照養之時，也針對部分瀕危龜類　動保育計畫。保育內容從基礎生物學資料　集起始，步建立營養需求、個體成長、繁殖技　、族群遺傳管理模式、　向國際合作，以　大　養族群的遺傳多樣性、　動瀕危陸龜域內保育等，　力　動使繁殖個體重　原棲地的目標。

以　　星龜為例，我們持續記錄個體的生長　線及　　狀況，並以　便　　分析，以了解　　星龜個體的繁殖週期。此外，我們也發　遺傳標記進行新生個體的親子鑑定與　養族群遺傳管理，以維持　養族群的遺傳多樣性和預防近親交配。同時，我們和美國貝　　龜類保育中心交流龜卵孵化技　和親子鑑定技　；並與國際龜類存續聯盟共同　動　　Lawkananda 野生動物保護區內的星龜復育中心　建，　望未來可以把我們所繁殖的個體送回原棲地，將　星龜域外保育成果延伸到域內保育與復育，有效提高其原棲地族群的遺傳多樣性，進而　向

生態多樣性復育的目標　動。對於這些被收容的個體而言，個體的存活必須要能　發　對物種延續或野外族群存續的實質　獻，才能反應收容中心對於物種保育上最直接而積極的　值。

In 1996, under the support of the Council of Agriculture, R. O. C a wildlife rescue center was established inside Taipei zoo. In addition to species identification for animals involved in the case of wildlife trafficking or violations according to the Wildlife Conservation Law, the major role of this center is a shelter for rescuing the confiscated wildlife creatures from facing euthanasation and destruction. Besides, the Center also accepts the native wildlife animals which have invaded civilian surroundings and have been caught and sent to the Center by firefighters, i.e. snakes.

Beside improvement of managing animal care and medical techniques, keeping the rescued animals alive for contributing a potential value for species survival in the future and releasing rescued wildlife back to their native habitat is one of the most important tasks in the Center. Therefore, the Center set up a program for animal release and reintroduction for the animals. We will release or reintroduce the rescue individuals after assessment the current states of the wild population, captive population, habitats, and the recovery zones. For native/local species, the health individuals will be released into the field immediately after necessary procedures. The locations of release are chosen as the place which original appearance, or the vicinity which minimize human disturbance.

The Center keeps approx. 1000 individuals over 100 species mostly reptiles. Many reptile species suffering habitat fragment and overexploitation threatening with extinction, such as the Burmese star tortoises, radiated tortoises, and red-foot tortoises. If we can create a captive population and the conservation breeding program with the rescue individuals, it maybe could help species survival. Hence, in addition to provide professional medical and keeping for the rescue tortoise, the rescue center promotes the tortoise conservation program. The contents of the program include to keep the basic biological information recorded, nutrition analysis, the individual growth rate, breeding technology, population genetics management and the international cooperation to expand the genetic diversity of captive populations and promote the in *ex-situ* and *in-situ* conservation of endangered tortoises within efforts to promote the breeding of individuals to return to the goal of the original habitat.

Burmese star tortoise, for example, we continue recording the growth curve data and the health status, and fecal hormone analysis to understand the reproductive cycle of our captive population. In addition, we also develop genetic markers for paternity testing and genetic management of captive populations of the newborn individual, in order to maintain the genetic diversity of captive populations and the prevention of inbreeding. We had upgraded incubation techniques shared from the Behler Chelonian Center (USA.) and provide paternity identification information to them. We also work with the Turtle Survival Alliance to build the expansion of the Burmese tortoise restoration center in Lawkananda protected areas in Myanmar. We hope that future breeding individuals returned to their original habitat, to increase the effective population size and the genetic diversity of the in-situ populations. For these rescue animals, the most value of survival should link to the species/wild population survival, and that are also the most important value of the rescue center for species conservation.

人工繁殖龜類方法的回顧

Head-starting turtles: a review of what works

Russell L Burke
Department of Biology, Hofstra University, USA

(　head-starting 直　為　好的開始　或　提前起步　。在此是指將存活率很低的幼年動物飼養到較大後，再將其野放，以便提　野生動物的整體存活率)

從 1970 年代起，龜類保育人士便開始幼龜起步計畫。因為容易找　龜產卵處、卵可以被保護、且能大規模孵化、因此龜類的起步計畫較其他類動物適用，尤其可以快速得到許多幼龜並降低蛋和幼龜被捕食機會。然而也有人認為起步計畫並不能有效保護真正能維持族群的亞成體和成年動物。大多類似計畫也因為缺乏對幼龜的　　，無從確認這些幼龜是否確實參與族群的生殖。針對以上兩點　慮，現今的起步計畫，將飼養幼龜，和保護亞成體和成體的計畫同步實

施，這些計畫將幼龜用於　會　育計畫中。此外，由回顧海龜、淡水龜、和陸龜的各類起步計畫後發現，這些計畫實際多能重建被滅絕的族群、增加成體數量、並增加對幼龜生態的了解。

Turtle conservationists have been involved in head-starting programs since at least the 1970s. Head-starting is used in many taxa, but is particularly appealing in turtles because turtle nests can be relatively easy to find, eggs can often be protected, and mass production of hatchlings is often possible. Therefore, in many species it is not too difficult to produce hatchlings and greatly reduce predation on eggs and neonates. Head-starting programs have been strongly criticized because they usually do not focus on conservation of subadults and adults, the two life stages most important to population persistence in long-lived species like turtles. Most head-starting programs also have a poor record of tracking hatchlings, thus it has been impossible to determine whether head-started hatchlings are actually recruited into the adult population. There are now responses to both of these criticisms. First, conservation programs that integrate head-starting programs into support for protection of subadult and adult turtles are being developed. These combine the public appeal of turtle hatchlings with broader educational programs. Second, a review of studies of head-starting in sea turtles, freshwater turtles, and land tortoises shows that head-starting programs can re-establish extirpated populations, significantly increase recruitment, and help understanding of turtle hatchling ecology.

蘭　平原“問題蛇類”可能的成因、處理及應用

“Problem snakes” in Lanyang plain
- the potential causation, management and further application

Jean-Jay Mao
國立宜蘭大學森林　自然資源學系

不明原因的蛇類放生所造成　在生態失　的　慮、環境開發(土地利用方式改變)所導致的人與蛇類衝　，是目前宜蘭地區的野生動物問題中，最為常見且迫切需要處理的工作。相較於開發過程中的人、蛇衝　問題來看，目前蛇類放生的狀況，多屬偶發性的案例，雖無法有系統的進行資料收集與處理，但在過去　星發生的案例中，　陸續　現了部分處理上，　解決的問題。然而，就蛇類問題的廣　性而言，環境開發過程中所導致的人蛇衝　，則經常性出現在人口　密的蘭　平原各地。

本研究室自 2008 年起，針對宜蘭縣境內開發環境中的人、蛇衝　問題，　試以不同的處理策略，系統性的　　宜蘭縣政　，完整的進行捕獲蛇類之處理及相關　作流程建立，以位處蘭　平原區段的 17 處　防分隊，做為“問題蛇類”處理的點位所在，並對需要進行蛇類　作的　防人員，提供蛇類辨識與　作處理所需的相關　育　　，以找出政　保育及動物相關主管單位，未來在蛇類處理過程中所必需面對的問題。

　　步的結果看來，除因　防隊所在地的環境特性與各隊內經驗傳　上的不同會有　外，當採取不同的處理策略　　防隊處理蛇類時，會在處理的蛇種比例及數量上產生差異，　可能在後續管理上，出現不同難度需要　　及因應的問題，例如：當採取主動前　各　防隊處理，並完整的進行各筆蛇類資料收集的方式時，雖可得到多項完整的相關資料進行分析，但所　費的人力與資源量較大；　採用重點式處理時(如：僅處理保育類物種時)，則容易產生無法監　的不當蛇類資源　　與　費。

在這些處理蛇類的後續應用方面，為考量維持這些與人類發生衝　的蛇類，在原有生態系統中的角色與　能，並期　能合理提供國內生技醫　所需相關原料來源，進行利用，處理過程中除了外來的寵物蛇種，採永久　置收容方式外，所有的原生蛇類均於進行適當處置後於原捕獲區域　　野放。相關蛇類的處置，包括進行長度與重量的形值測量、雌雄判別、外　生　的收集、　食與生殖狀況的判定，此一部分的資料累積，可用於進行相關物種之自然　與生活　資料之累積，做為未來各物種經營管理之參考依據。在　蛇的處置方面，除前述的基本測量及資料收集外，我們針對所有捕獲的　蛇，均進行蛇　的採取後野放，所採集之蛇　，經計

量、測試與評估之後，部分　蛇種類(如：雨　節、　　蛇)的產量，目前均　以提供國內每年生產　蛇　血清所需。

One of the most important wildlife issues in the Langyang Plan concerns snakes: snakes that are released to the wild for unknown reasons may disrupt the ecosystem, and urban development greatly increases the incidences of human-snake conflict.
Several different strategies were employed since 2008 to help local government to establish operating procedures for catching and managing snakes. Seventeen fire brigate precincts in the Langyang area are used as stations for handling snakes. Personnel training on snake identification and handling methods are provided and future tasks concerning snakes are identified. The number of snake species and individuals encountered differs and their potential handling difficulties varies when different strategies were employed.

Except for exotic snakes which were permanently housed in rescue centers, all local species were released near the sites of their capture after collecting relevant biological data. Venom was extracted from venomous snakes and it is estimated that the venom produced by several species from the area can provide the production of antivenom for domestic use.

野生動物保育、野放與復育的相關法律規定

Law and regulations on wildlife conservation, translocation, and restoration

林國　Kuo-Chang Lin
行政院農業委員會林務局野生物保育科

台灣氣　溫　，雨量　　，全島山　　，　　，　直高差大，58%面積為森林所覆，生態環境多變化，因而　育　　的生物資源，高比例的特有種及其　　有程度舉世名，不論在學　研究或資源保育，深具重要性。但在人口密度高、開發壓力大、以及環境　、地質地形　　，易受衝擊等因素下，對生物多樣性的保育與永續利用的工作，有許多加　與改進之處。

為保育野生動物資源，台灣於 1932.12.28 公布「　獵法」，並自 1972.10 起發布施行台灣地區全面禁獵，嚴格禁　　獵行為。1989 年參　國內外經驗與法規，研訂「野生動物保育法」。但後因國際　會指　我國司法單位對非法　售野生動物行為取　不力，美國更於 1994.8.19 引用「　利修正案」對我進行　易　　。為配合國際　　及保育實際需要，1994 年大幅修正該法，大幅提高違法案件之　則與適用對　。經過政　與民間各界人士、團體的　力下，1996 年美國正式將我國自「　利修正案」觀　名單中　除，其內政部長　比特更稱　台灣對於野生動物保育工作的具體成果，可做為其他亞洲國家之典範。

依據野生動物保育法規定，保育類野生動物不得　　、　　、獵捕、　　、　　、　列、　示、持有、輸入、輸出或飼養、繁殖。但保育類野生動物有危及公共安全或人類性命之　者；危害農林作物、家　、家　或水產養殖者；傳　　病或病　害者或有　　空安全之者除情況緊急外，可報　主管機關同意後處理。而一　類野生動物　不得　意捕捉，依該法第 17　，須事先經主管機關　　許可，否則均將可能面臨處分。

另近年來台灣各地所新興起的放生、放流行為，　嚴重　　本土生態。不當之放生行為，將導致動物大量傷亡；公共衛生、　病傳　危機；基因　染；動物　利　視；外來種入與生態破壞等多面向的問題。現行法規　不　以有效規範此現　，目前林務局正研　針對大型、　業化的放生進行修法，採行政許可的方式規範不當之放生行為，以　台灣　　的島　生態系再　破壞，　此修正案　須民　及立法委員的支持，方可施行。

The biodiversity of the island of Taiwan is our natural heritage, but its persistence is threatened by human population growth, land development, and fragile landscapes. Much needs to be improved for biodiversity conservation and their sustainable use.

The hunting law was permanently suspended in 1972 to ban any form of hunting. The wildlife conservation law was in effect in 1989, and its contents were significantly amended in 1994 in

response to international sanctions resulting from the continued illegal wildlife trade within the country. Within two years, the efforts of wildlife conservation by ROC governments are recognized internationally.

As a rule, the use and trade of protected wildlife and their products are prohibited, with the exception of species that may endanger publish health of human life, or threats to agriculture and aquaculture. All other wildlife can be used only by application.

Religious and other forms of release of animals to natural habitats may be threats to the endemic ecosystems, public health, genetic contamination, invasive species, and to the animals themselves. But existing laws have no jurisdictions to regulate to these activities. The Forest Bureau is preparing an amendment to regulate inproper release of animals to the wild.

類動物的救傷與收容：興大　醫院的經驗分

The rescue and shelter for reptiles: the experience of NCHU Veterinary Medical Teaching Hospital

Wen Hou
國立中興大學　醫系

類救傷中，龜類甲殼破　的急救與緊迫症　群的治　為最常見病例，以下將以實際病例進行簡　。甲殼破　之病例為 2010 年 6 月民　拾獲之　龜，由於該　龜在馬路上被壓過，造成中至後半　甲殼破　，送至　學醫院時可見甲殼破　處內　　出且　染　　，經確認無持續出血也無內　破　後，為其清理　口並進行甲殼復位　定　　，　後　予 Enrofloxacin 預防　染並　予 Meloxican　　，每日為其進行　水及皮　傷口護理，三日後可正常游泳進食，目前精　食　與生活狀況與一　　龜無異，收容於中興大學　醫　學醫院。統計甲殼破　龜隻　復狀況，　　期發現進行治　，可達八成以上存活率。

緊迫症　群部分，走私沒入龜隻易產生緊迫症　群，出現　食、精　　等臨　症狀並可能致死。此部分以四組病例進行討論，病例一至三皆進行緊迫症　群　程，　予 Dexamethasone、Gentamicin 及輸液進行治　。病例一為由金門走私沒入之食蛇龜共 191 隻，其中接受治　者(從嚴)為 50 隻，約 26.2%，未接受治　者 141 隻，約 73.8%，治　後死亡者為 10 隻，死亡率為 20%，未經治　死亡者為 86 隻，死亡率為 61%，本病例中總死亡率為 50%。病例二為新竹南　　港走私沒入之食蛇龜共 311 隻，其中接受治　者(從寬)為 155 隻，約 49.8%，未接受治　者 156 隻，約 50.2%，治　後死亡者為 24 隻，死亡率為 15.5%，未經治　死亡者為 70 隻，死亡率為 45%，本病例中總死亡率為 30%。病例三為 3 隻走私沒入之紅龜幼體，於入院治　一個月後持續　食　　而後相繼死亡，於病理解　中發現病龜有明顯營養不良情形。病例四為中興大學生科系收容走私沒入花背箱龜 3 隻，為其進行緊迫症　群　程並　置食　　管　予營養　　，病龜復原良好，精　食　　復正常並於一個月後出院。由此可知，於緊迫症　群的處理中，　予適當的治　是必要的，但僅由輸液提供營養　　仍屬不　，　　置食　　管經　　予營養吸收可提高病龜之存活率。因此，緊迫症　群之治　與食　　管之　　應用增加了病龜之存活率，實為可行之支持　法。

The shell rupture and the stress syndrome of turtles were the most common cases in our clinical reptile emergency. The case of shell rupture was a Chinese stripe-necked turtle rolled over by a car, causing the rupture of the posterior half of the shell with internal organs exposed, and was presented to the NCHU Veterinary Medical Teaching Hospital in June, 2010. With hemorrage stopped and organs cleaned, the trauma debridement and the shell repair surgery were performed. Enrofloxacin for anti-infection and meloxian for analgesia were given after surgery. Wound care was performed daily, and the turtle was able to swim normally 3 days later. It was sheltered in NCHU Veterinary Medical Teaching Hospital with normal spirit and appetite. 80% of survival rate could be achieved if patients were treated immediately.

Stress syndrome are oftened observed in smuggled turtles. Clinical sign as anorexia and malaise could be observed and probably fatal. Four cases are presented. Case 1 to 3 is treated following the stress syndrome course, and offered Dexamethasone, Gentamicin and fluid. Case 1 is 191 yellow-

margined box turtles smuggled from Kinmen, fifty of which (26%) were treated (strict treatment); 141 (74%) were untreated. Twenty percent (10) were dead in the treatment group whereas the untreated group suffered 61% (86) mortality, with an overall mortality of 50%. Case 2 is 311 yellow-margined box turtles smuggled from Hsinchu Nan-Liao harbor. About half (155) of them received treatment (wide) and 50.2% (156) of them were untreated. The mortality rate of the treatment and untreated groups were 15.5% and 45%, respectively. The total mortality of this case was 30%. Case 3 consists of three smuggled juvenile Red-Footed Tortoise. The patients showed emaciation and anorexia and died successively in a month during hospitalized. Severe malnutrition was found in necropsy. Case 4 was three smuggled flowerback box turtles. The patients were treated for stress syndrome and were performed oesophagostomy tube placement. The patients' spirit and appetite become normal and well recovered, and were discharged after a month.

These cases stressed the need for appropriate treatment dealing with stress syndrome. However, a nutritional supplement provided by infusion only is still insufficient, the placement of oesophagostomy tube to facilitate nutrient absorption by the gastrointestinal tract can increase the survival rate of patients. Therefore, the treatment of stress syndrome and the supporting application of oesophagostomy tube increase the survival rate of the turtles and is indeed a useful supporting therapy.

台灣地區食蛇龜研究現況

Current researches on *Cuora flavomarginata* in Taiwan

海 Sheng-Hai Wu
國立中興大學生命科學系

食蛇龜分佈在海拔一千公尺以下的山地，棲地破壞和盜獵是威脅本種生存的最大原因。近六年來執法單位查緝的食蛇龜近三千隻，經由許多單位和個人的　　，五年來開始了多項食蛇龜的相關研究，為的是了解這些龜是否有　望回家(　　或新　)的可能。為了　望野放這些被查緝的保育種類，我們從族群遺傳、棲地喜好、活動範圍、棲地預測、野外適應等野放前應考慮的因素，以便能在實際野放後真正能達成保育的目的。我們從野外族群取下組　做遺傳研究以了解台灣的食蛇龜族群是否有隔離和分化；我們利用地理資訊系統預測食蛇龜在台灣適合　環境為何；以無線電和記錄　　食蛇龜日、季節、和整年的活動，以確定食蛇龜的棲地選擇方式、活動模式、和活動範圍；也正開始比較收容個體和野生個體在野外生活模式的差異，以確定野放食蛇龜是否　　其生活　性。

The yellow-margined box turtle is distributed in mountains below 1000 m in elevation in Taiwan, with habitat destruction and illegal hunting the two most important threats to its survival. Three thousand turtles confiscated in the past 6 years have provided a good opportunity to study the species in order to evaluate the possibility for species restoration. Studies on population genetics, habitat preference, predicted distribution, home range, activity patterns, and rehabilitation were undertaken in the past three years.

食蛇龜野放棲地的規劃：物種分布模式的應用

Potential translocation sites for rescued *Cuora flavomarginata*: applications of species distribution modeling

Shan-Hui Su
國立中興大學生命科學系

黃緣閉殼龜，又稱食蛇龜，是台灣本土種半陸棲澤龜。近年來由於　間　傳其龜　中　效甚佳，加上食蛇龜個性溫和成為寵物市場的新寵，造成食蛇龜在野外的盜獵狀況嚴重，　其在野外的族群數量。近幾年，越來越多食蛇龜在走私的時　被查獲，但是由於各地收容場所有限，加上野外族群量日益減少，規劃收容個體的野放　在必行。

本研究在 2010 – 2011 以野外訪問、設陷阱及　集　物　資料等三種方法，　集了 424 筆食蛇龜實際分布地點；並利用基因演　法(Genetic Algorithm of Rule-set Prediction, GARP)、最大　函數演化法(Maximum Entropy, MaxEnt)及生態棲位因子分析(Ecological Niche Factor Analysis, ENFA)等三種分布預測模式計算食蛇龜分布機率，並以　線下面積(area under curve)檢測預測結果的可信度。在分析了食蛇龜實際分布的地點特性之後，選取了七個相關性低，且最能代表食蛇龜分布棲位的因子用來預測　的分布狀況。做出預測結果之後，進一步檢視適合食蛇龜的棲地是否和現有的保育區有重疊。

結果顯示大多數適合食蛇龜分布的地區均沒有在現有保育區的範圍內。在預測了現下分布之後，本研究進一步利用現下分布狀況，預測冰河時期以及 2050 年、2080 年的分布預測。結果顯示，冰河時期時，食蛇龜集中分布於台灣南部；而相較於現下的分布狀況，2050 年到 2080 年適合分布的區域　　北部及高海拔地保育區、人　　少的區域移動。

進一步檢視各縣市現下有連續 20 平方公　以上適合食蛇龜的連續棲地數量。北部只有宜蘭不在列；南部僅有　化不在列；而東部則只有花蓮在列。更近一步對照預測的未來適合棲地，有　現下適合棲地重疊，並且也有連續 20 公　以上的　　縣市。北部地區適合的有台北的　　區、桃園大　及復興　交界處、苗栗大湖及　　交界處；南部地區適合的有南投的國　及　　、台中東　　及新　區、復興區的交界處；東部地區則是花蓮的　　海岸山脈山側較為適合。

南部地區雖然現下適合區域超過 20 平方公　的縣市　有雲林、嘉義、台南，但考量未來的分布　　以及在訪談過程中得知的盜獵　息，南部地區適合野放的適合棲地不　先考慮這些縣市。

Predicting suitable habitats using GIS can be used to select potential habitats to restore endangered species. Localities of actural occurrence of the yellow-margined box turtles were obtained by trapping, field interview, and museum records in 2010–2011, and a total of 424 data points were obtained. Genetic Algorithm of Rule-set Prediction (GARP), Maximum Entropy (MaxEnt) and Ecological Niche Factor Analysis (ENFA) were performed to culculate the potential distribution probabilities of all 1*1 km^2 grids of Taiwan. A total of seven factors with low correlation coefficients were chosen to predict the distribution of the species.

Most of the predicted distribution area of the turtle was outside of the current protected areas. Future distribution of the species in response to climate change is predicted to be in the northern part of the island and at higher elevations.

Predicted distribution with at least contiguous 20 km^2 area from different counties are potential candidates for use in restoration for the turtle species. However, several places with known poaching incidences probably should be given low priorities for the conservation of the species.

臺灣食蛇龜的族群分化情形

Population differentiation of *Cuora flavomarginata* in Taiwan

林　　、　　、　　海
Yi-Fu Lin, Miin-Yu Horng, Sheng-Hai Wu
國立中興大學生命科學系

食蛇龜(*Cuora flavomarginata*)為華　　公約附錄二物種(CITES II)，分布於台灣島、八重山群島(日本)與中國大陸。台灣島的食蛇龜族群，正面臨嚴重的盜獵壓力。現有許多被查獲的盜獵個體，　　置於各地收容中心。為了野放收容個體，必須先瞭解台灣島內野生族群分化情形，以確認收容個體是否應野放至不同地區，以防　各族群間的基因　染。我們自台灣各地採得 122 隻野生食蛇龜樣本。本研究選取三段粒線體基因(CR、ND4、16S；2128 bp)與兩段核基因(R35、RELN；2121 bp)序列，分析野生族群的分化情形。親緣樹形分析結果顯示台灣食蛇龜可歸為北東群(包含苗栗、台北、花蓮、台東)與南群(台中至屏東)。其中 4 隻採集自北東群的個體，但親緣分析歸屬於南群，此情形可能係由宗　放生行為造成。但由於核基因幾乎無變

異，所以此結果僅能顯示母系遺傳的差異。因此，我們將選擇具共顯性(　具父系與母系遺傳)的微衛星基因座(microsatellite loci)，進一步分析可能的族群分化情形。目前以　物種微衛星引子測試，已篩選出 13 組具多型性的微衛星基因座。

Ideally, confiscated yellow-margined box turtles should be restored to their original habitats so as to ensure the survival of the species in Taiwan. Should there be significant genetic differentiation among populations within the island, the release and restoration program should take into account the origin of the confiscated turtles. One hundred and twenty two turtles were collected and sampled for mitochondrial (CR, ND4, and 16S, 2128 bp) and nuclear (R35 and RELN, 2121 bp) DNA sequences. All turtles were clustered into a north-eastern and a south-western group based on mtDNA analysis. Almost no variation is observed in nuclear DNA, so the results can only differentiate effects from maternal inheritance. Thirteen microsatellite loci were chosen to further analyze the population differentiation.

各節問與答記錄

第一節　　喜

問：以現在的棲地狀況，台灣龜現在　能能存活下去？

答：台灣其實　有很多地方狀況不　，比如　　龜，現在很多　　的　、　　，他在　面　得很好。以食蛇龜來講，大家　有去看很多資料，現在低海拔的森林慢慢有在　復，這大家經　況不好，很多果園都　　，對食蛇龜來講就是很好的環境。現在不可能　在平地，　淡水，　清湖，以前都　經　到，現在　　都難以生存。

我要　調　到大陸去不一定是去　，最主要是在　作，　一　有　　用，我真的不知　。而且他們會評估，　種越瀕危，他們越去　，他們找辦法把野外的個體都收　以後，種源都在他們　上，這樣他們　格就會很好，金　龜　三線閉殼龜都是一個例子。　完一種再換一種。現在金　龜一　要十　，大家都　不起，也不知　要　　辦。

這是一個很嚴　的問題，有關單位應該去重視，再　下去，現在大陸　　一隻四五千塊人民　，台灣收大　兩三千，在經　狀況不好情形下，　到又判不重，有多少人會　意冒這　去　。但這真的是　難的，現在　格一直高，要在野外每個地方都　　，真的　難的。要擇重點去執行。

第二節 無

第三節 Burke

問：能放在幼龜上的　片大小？

答：8mm，　造一個小傷口放入，已做了三年　　都沒問題

問：多大年紀的龜可以這樣放　片？

答：　孵化即可放入

問：大量放出幼龜後再被獵人　走的問題如何處理？

答：大部份獵人是對大隻的才有興趣。但　是被當作寵物　走，則小隻的因為很可　也會有此問題。有些野放點就不會公開。

問：棲地流失的問題？

答：依狀況不同，會有不同的處理方式

問：幾　可放回？

答：孵化後 48 小時內即可放回。有些是經一年的研究實驗後再放回。有些地區七　後才放回，因為　小會被　食者

問：　病、傳染病的處理？

答：衛生管理要做好，比如　防護　、　　等，　量做到不因人為因素使　病把野外族群　滅

第四節

林國　回應保育類的蛇可否學　自　處理？宜縣政　應是與老　有合作案，不代表每個人都可以自　去處理。法　中有規定　椎動物　有危害民　安全即可捕捉或　　，但是我們保育部門不會特別去　傳看到蛇要打死。

問：蛇類移地或原地野放的　　？

答：放回地點　是私有地　民會不　意，但移地野放需考慮到個體是否合適的問題。而放回公有地，政　也不認同。針對此況狀，應與政　好好談談。持續開發最後必定導致沒有何地方可以野放動物。

問：好的　蛇法？

答：不用　　，不用　　。

1.將大膠帶有　性面　上　在　子、　子底部　　處，蛇　行　到後會　膠帶一起　成一團。

2.離門 50 公分處放　鼠　。

以上兩個方法　到蛇後，找個深　子放入　　，就可去除膠帶與　鼠　的　性。

3.　　放流　網

4.　前先　膠帶較易　到。　蛇會越躲越進去。

以上有安民心，也可　到蛇。

第五節 林國

問：法　規定危及農作物就可以　　野生動物，　種在非合法農地則也可以　　？例如水會破壞國有林　地的林　，　　處理？

答：非法農地就非合法作物，則這些作物就不被保護。水　在國有林　地或國家公園　破壞林　，但在這些區域，　才是主角，而且水　在這　是危害　是自然現　，因此需要先檢討看野生動物是否真的有危害，也要看這個區域的　先目的是保護動物　是保護作物。

問：意圖　　野生動物　法，但全國滅鼠週用　　老鼠，　使得捕食老鼠的　　死亡，國外已有研究　實這個關連，這樣也不　法　？

答：以危害最小而為之。完全不做　難。開發新的　使得老鼠死亡　不危害　老鼠的其他動物。並參考國際經驗。

問：台灣保育類龜鱉類獵捕壓力大，又有水　破壞棲地，政　山林警　　育民　是否有其他方法？

答：加　取　、加　查緝、移地　養、檢舉　金。全民來　　，24 小時檢舉　金：0800-057-930。

問：是否與大陸合作取　盜獵？答：全世界野生動物現在八成　大陸有關，被　、　用或加工後再出來，大陸都是一個關鍵的國家。　面更有大部份是台　在　作，應不可能。

第六節

問：烏龜的輸液是用　一種？

答：烏龜為半　　壓，用 Electrose®比　　水一比一，再加入　基　、維生素等，利用不同輸液去調整　　壓

第七節 無

第八節

喜建議：1.台灣平地目前沒有食蛇龜是因為開發。在海　原本也會有一些，目前都因為開發而　　失。2.用現況分佈去預測過去 2008 年會有　差。3.北部獵捕壓力非常嚴重（老家狀況），但中南部也一樣大，因此野放在　　可能都沒差。

問：2010 年以前的狀況是否可預測

答：問　調查年代久遠前的分佈及盜獵狀況，海拔 50 公尺　右的地方、　有海　都有人有看過。南部　得較明顯，北部較　藏，與法律重視程度有關。

問：為何選 20 平方公　作為分析單位

答：沒有特別依據，為自行定義

家　建議：在調查中有些以前有但現在已沒有的地區，造成他過去　失的原因已經不存在了，也許這些地方更適合野放可以重新做考慮。所有　山地區都不是國家公園或保護區，所以都要去面對　區。所以不要排除這些區域。

第九節 林　　、

家　建議：評估西部基因型混　的原因可能是放生行為，但可能仍有其他原因，東部也有很多放生行為，但東部沒有複雜基因狀況，單　用放生行為去解釋可能不　。

答：東部採集點較散、較少，可能因此有實驗　差。

問：STR 為　　會有　獻？

答：粒線體 DNA 看到的是比較久遠的，是過去的，而 STR 可以計算基因流向，這是未來想知　的，應該可以算出放生的是從　　流過來的，我們想知　確切是　　來的。另外 STR 也顯示東部基因型較為乾　單一，　西部的結果有差異。

林　民建議：STR 混　與放生行為有特定關係

顏　　建議：1.不建議將台灣地理分區去分型的結果放入投　中，因這些都是平面分區，且平面分區在現行生物地理上有些過時。不要把平面分區當成　設，再將　的結果　入。2.中國的樣本有多少？　只有一隻，樣本數　少，日後做比較、　　、鑑識來看食蛇龜是不是從大陸來，應用性就不能放　寬。

喜建議：以前做　　龜台灣中部與大陸華南　海南島的較為接近。現在大陸龜可能是從台灣過去再回來台灣，把他當成大陸種　來鑑定就會有問題，　能以外觀分辨就好了，但是現在龜也可以染色，　體色分也不一定可行。

綜合討論時間之記錄

家　：食蛇龜在台灣好　不是瀕臨絕種，如果他是瀕臨絕種，我會部份支持　養繁殖，但他如果沒有瀕臨絕種，我就會　得野生族群的保育比　養繁殖更重要。但是很多生物學的研究需要進行，　　海列出很多需要做的工作，這些基本生物學的研究　我們今天討論要不要野放是兩件事情，這些遺傳或棲地的研究本來要持續進行，現在　養的個體，我不　成為了重建族群或野放而去繁殖。如果這些個體為了要野放而考量的其他問題解決了，譬如　病、　　的問題能解決。遺傳的部份，　　們的資訊正確，看起來不需考量遺傳，就建議去找過去　有但現在沒有的地方，做「族群重建」，而非野放。不建議再放在現在預估　在有或已有高密度數量的地點，　要放在後者，是要等更多的問題都獲得解決之後的事，因為野放個體可能會直接　　原本族群。如何找到過去有但現在沒有的地方？可找國家公園。　有平原地帶、農業環境但是適合的地方，則可去　　區合作，進行　區保育運動。不一定非要訂定保育區。做「族群重建」前則要特別考量遺傳及　病的事情。

喜：從前有但現在沒有的地點，舉例：　清湖，現在雄中　有標本。有些地方以前不適合，現在　　變適合，比如八　山、　園，種有　　、　　，樹下就有食蛇龜，後來被獵人　光。是要考量不要讓烏龜放回去就被　。適合的農業環境其實越來越多，　花蓮美　山下，散步　會撿到。其實食蛇龜對環境沒有　　，只要獵捕壓力不存在，否則有心人士去野放的地點撿不就可以了。反正被　到也不會被判　。

問：食蛇龜面臨壓力來源為兩大項：棲地破壞與獵捕。棲地破壞，如果是工程規模大的多半是政　工程，很難阻　。另外一個捕獲的部份，我本　　南部，每天下完雨後農民就會　機　出去　　，看有沒有食蛇龜。他一天的工資大　八百一千，下雨天他又沒辦法工作，撿一隻烏龜就是他一天工資。現在政　　上的兩三千隻食蛇龜，能不能釋出來讓市場　格　　？當食蛇龜一隻　一兩百塊時，獵捕壓力應該就沒有　　多。現在獵捕壓力對食蛇龜來　應該是最多的，可能讓市場　　，對野外族群的部份應該是比較好。

林國　：　頭都指向獵捕，嚴格去執行　也是有相當的難度，比如　　去查　一位農民不小心撿到一隻烏龜去　　家用的行為？如果食蛇龜的族群量大到可以讓農民去　　家用，也是件好事情，不過重點就在現在的族群不　大。　　先生提出的問題，我　演講的講義也有提出一個看法，　然現有族群要放出去有　難，則有沒有辦法利用現有族群來作永續性的經營？但這需要　　的規劃，以及　　的管理，　　的管理則需要所有合作單位配合，比如各縣市政　相關人員。　　的管理才是保育最　要走的一　路。　要　沒有可野放的區域也不見得。我一直在　　我們林務局的長　　同事。林務局的人不能養動物，而　　研究生的報告評估適合的地點有好幾個　在森林　　區　面，的確森林　區是管理　度比較高的地方，有些平地的　知本、　源，東　山等等，在這些地方做大規模、大範圍的放　，也許有機會可以解決一些問題。讓　格　　並不容易，但讓　格降低，應該是可以做的到。

家　：這是一個　有意　的問題：　養繁殖的族群建立，可不可以變成永續的經營，以降低野生族群被獵捕的可能性。我不　清　台灣的市場有多大，在場各位有人知　　？台灣每年要　　的食蛇龜市場有多大？是天文數字？　是很少，是主要的市場在中國大陸？（　：主要是在中國大陸，台灣沒有。）如果是這樣子，　能　過走私的管理，是有可能降低台灣個體走私出口的可能性。　國內沒有很大的市場，　不定維持一個小的繁殖族群就　以應　台灣市場的需求。在國內做很好的個體　　，繁殖的　何個體在市場上都　　得到，或者　費的　何個體都知　他的產地。如果能做到這樣，就不用　心　目混　，也不用　心因為有合法的管　，反而讓合法　護非法，但是前提是台灣的市場可以　　，（　：一個前提是要能防　走私。）對，但　現在台灣最大的壓力是去供應中國大陸的市場的　，台灣的繁殖族群做的再好，去到中國大陸　　，不見得能　台灣這　做的個體標示去進行管理。反而是有很多的野生個體會因為有合法出口的個體而　目混　出去。如果這是一個重要的問題，反而我們今天要解決的是走私的問題。國內市場　　小，現在的三千隻每年的生產量可以到多少，就能　　台灣市場的　，　　在台灣建立一個　業性繁殖的基地也不是一個不可能的事情，前提是　些　　因素要排除。

林國　：有關走私的問題，　大家報告我們的　力。現在走私的管　就是海、陸、空，空的部份　查的比較嚴，海的部份就真的是比較差，我們　經　海巡署做過很多方面的　通，現在狀況是，要進來的查的很嚴，但是走私要出去的相對　很多，也是牽涉到人民　外快的問題。海巡署目前也有很多專案在執行，他們有答應我們　　量去做處理，但是他們面臨到的問題是比如　現在　　著食蛇龜出去，他沒有走私，因為　的目的地是金

門，是馬　，算國內運輸，就沒有所　走私的問題，很多事只能我們慢慢　他們　破、　通。走私　能　絕，族群就能　在國內，後續處理可能才會比較簡單。

顏　　：關於市場這件事，因為我們做了三年的在台灣的　何的市場上流通的野生動物的{可以找到的野生動物}，從　年　做到　　。台灣的寵物市場是一個無法被預期的市場，所以　不可能預設預期產值　　東西的，我們在網路上看到的　些每年幾　　的都是法　　的。不能預期的原因是，論　很多，我先講這件事情，為　　帶有不可預期性，因為我們沒有　何一個法規可以規範網路　售動物，而　　之所以不會在網路上　售的原因當然是因為有　　的壓力團體在　　。.....台灣多數的入口網　　意配合這件事情，可是如果　是在自　的部　格其實也不　受管　，更何況是主機在國外的，　根本不受管　。　就　下兩件事。經　部　業司對網路　售動物其實沒有　　樣的看法，是以前我們總是認為要實體　家才能　售動物，可是經　部　業司沒有去管網路　家的出現。第二個是這些　體這些網　看來好　又屬於 NCC 的範圍，但 NCC　他們只管有害　少年　　心　　的東西，但這明明就是危害大家　心　　的東西，在這些技　上的問題　不　能　配合，因此我們去看很多的　台，小　　都會在上面問　　。因為　沒有辦法去舉　，　些小　　到底是有幾個　號，成交率有多少，而且　從他的敘述也很難去判　，雖然大家心知　明，　是經驗，每個人都　我已經養了一年對他有　情，所以出　就　　之類的，　　有　情　　意　。　些東西明明我們一看就知　　是最近　個中　他的東西出來的，就　到花蓮　　家去，然後　然大家都有，大家　上都一大　個東西，　　要去預測量，預測他到底有多少的量，到底多少　出去，到底多少在台灣，有　些東西他出不　，他　到　港去，他　到中國大陸去，這個是每一個物種、　每一個物種的每一段時間都不一樣。因為他不定時，他　　不　　地圖龜，不　西龜，這些不　受管　之水龜，就可以直接從報　單上去估　個量、需求　總　。而　這種是　面下的東西我們就不　得。我講另外一個　　達　　龜的事情，他們　到開放之後，有人要　　？沒有。為　　？因為想　、有辦法　、　意　的、可以　　的，　就　完了　完了不是　？為　　達　星龜這些開放合法進口之後，其實　　他　是的，星龜的　　是因為台灣在寵物市場上的不確定性造成的，而且　這樣的對動物來　並沒有好處，因為　　了，所以不會有人好好照顧他。在　　面會讓他冒死　就算了。而食蛇龜又一向也被認為是一種很　養的東西，我　認食蛇龜沒有容易　冒，可是我們不知　，因為很多人養到的其實都已經　是這　大的了，很少人真的去從 baby 下去顧到大，不知　他的營養需求，不知　他中間要換多少的食物，這些其實是不知　的事情。我　得　養的族群要　　樣子去做永續的利用是可以討論的事情，但是我不認為我們該　望於市場的　　，因為台灣從來沒有一個寵物有這樣的機　發

過，所有我們評估過的不管是淡水　、海水　，不管是　一種寵物，其實在台灣的市場的壽命都只有三年，因為台灣的運作就是第一個出來　很　，第二個很常有（？），第三個　　然後在市場上　失。在他失去市場　值之後　　就把他　到外面去，這是台灣運作的方式，所以我不　得我會對這件事情很　觀。

喜：以　養族群去供應大陸　個市場，以食蛇龜為例不　可能。其實台灣野生食蛇龜最主要不是進到大陸市場，是進到大陸養龜場。他們也都知　雖然野生存活率比較低，因為.....，但是他比較　　，繁殖率比較高。最近　大陸　一間，他在講　市場上面看到的食蛇龜、　　龜，都是人工　養的，表示他們是執法有力，活的很好，其實都不是，其實都是養龜場，他們繁殖的　　狀況比較　的　出來，不然就是繁殖出來讓他　很好長很快，基本上這些長大繁殖力都不是很好，而且都有近親交配等，都沒有去管理，野生的　是比較好。所以要讓他　　，應是不　可能。大陸為　　這樣　作？學者　入。他們有些學者有在開會，知　　幾種是極度瀕危，外面　　有野生族群，是有學者在參與他們的　作。比如　網路上　台灣　有，他們內地很多人也不是　蛋。他們會選一種是越瀕危的，現在世界上　　有，如果把　　全部　光，基本上種源就　　在他們　上要來　作，就十　、　　這樣來　，這種　完了就不要了，野外死光光也不關他們的事。　金　龜，　完，不理他了，業者目前沒有市場，所以他也不會想　　了，就去找另外一種，食蛇龜、　　龜，一種一種這樣　下去，　一種進入極度瀕危名單，　個就是他們　作的對　。　　龜，他　　？他好　　？都不是。當寵物，他也不好看，大家喜　養　　龜　？好　也沒　　特色，主要是他進入瀕危或極度瀕危名單，大陸、越南沒了，台灣　有，他們就很快進入　作名單。這幾年　利百分之一百多，很多人一直在　，更多的人就會收，他們知　台灣　有一些，就佈線，最主要是台　，台　參與所以就來台灣收，食蛇龜大致也是這樣的狀況。所以要　過人工　養讓市場是　難的。就算國際會議這樣討論，很多去參加的是他們的　　。

家　：　們各位對食蛇龜市場很多人都瞭解，　起來食蛇龜的市場確實存在，如果他是一個存在的事實的　，我個人　得　就應該要經過管理了。如果一個合法的　養族群能過產地　明、或個體　　，能　達到國內市場上不再有非法個體，或者能　讓非法個體沒有生存空間的　，這只是在國內的部份。而台灣現在用收容個體所建立出來的繁殖族群的下一代是不是能　出口，這可能會有　慮，可能要　林務局去考慮，如果未來他要變成一個出口項目的　，合法出口的　，　們現在用的個體是一個非法產生的個體去建立的繁殖族群，可能會有　慮，但是　可以在國內市場來作管理，前提是這樣的做法能　產生效果，降低野生個體的再捕捉。如果　　喜講的是對的　，似乎食蛇龜的很多其他的烏龜過去　作的一樣，是一個　段性的、是一種　流的，也就是　如果我們

能　　得過這　食蛇龜的，如果中國大陸他們開始大量繁殖食蛇龜，然後這個市場就會自然的因為大量繁殖的個體出現了，所以這個市場的　　不可　了，因此這個市場就會降低了，如果我們可以　過這個部份的　　我們就可以 Survive。我們的能　過這一　的在台灣的非法捕捉的重要工作可能就是野生族群的維護。如果食蛇龜的這個寵物市場是他的最大市場的　是有可能有這種　流性的，但是他如果　有其他的市場存在的　，就不一定了。如果他　　具　用市場　食用市場的　，他很可能就會是一個持續性的市場，而不見得會有　　。這個時　　養族群的存在是不是能　降低野生個體的被捕捉，　就更需要被討論了。

海：食蛇龜、閉殼龜這一屬在大陸其實　是有很大宗是用來　用的，　用也是開發了一大　的　種　　，所以這樣來　應該是持續性的會越來越大，就　現在他們大陸養最多的是三線，他們在廣西南部他們養的是非常大規模的，可是他們　是花很多的　去　野生的，就是因為要持續的把他們的種源顧好，所以這　野生的個體會持續的會被他們走。

林　民：我的想法　　老　　林科長很　，雖然有些人對於造成他　　之類的比較不　得會樣，但是至少我去年去大陸的時　，看到他們的水族市場上面流通的龜看起來似乎是他們養出來的第二代，所以表示他們大量收　種龜的後果就是他們開始有一些一半的是 CB 的，他的成龜應該是來自野生的，但是他的小龜是 CB 的，　些東西至少開始供應寵物市場，看起來是這個樣子。我自　是　微　觀一點，我比較　成　老　講的。其實我得食蛇龜狀況可能　閉殼龜不　一樣，因為目前　上持有食蛇龜的人很多，所以真的要　　、　要把台灣的人　上有的龜全部　　完我　得是　　不完的。然後這個龜其實我或顏老　我們其實從高中就開始，　個時　　沒有保育法的時　在建國花市就有　，　個時　的龜可以養到現在，我們高中是十五　。我比較　觀　得他應該可以　得過老　　的所　　個　流，可以　過一　子（顏：前提是　要　他　　）沒　，　　是個好方法，用　　水果來　一下。我　得用大量的 CB 去降低　　甚至再　考　是不是去　植台灣一些比較中規中　的養龜場，一定會有人　得這樣的想法不好...

喜：台灣現在合法養龜場就我所知，　食蛇龜，有花蓮的養龜場，　　龜在宜蘭。現在很　　的就是有沒有辦法管　他。有台　要　宜蘭　張照，這樣他方便做生意，這個涉及到我們管理的問題。如果就現在所　合法的，　有　　易　，他有十隻，他號稱有 XX　的有十隻，送去網路上用這張　　了多少隻，我不知　，以這樣的量除非就地合法，其實就讓原來非法的全部都用同一體　，我不知　這樣的方法大家可不可以接受，就我來講，我們一直在讓很多原來非法的就地合法，這樣的做法我不知　對不對，就我們之前去花蓮，　　看一場，他　長開了一個　明，表示在野保法實施前就　有，列

了一個五十種的名單，包含有　氏樹　，活了二十幾年，這我沒有辦法接受，　有一些保育法實施之前沒發現的新種，這我也沒辦法接受，結果縣政　同意，他　現場看到的我　認他，沒看到的就都算了，中間涉及到為　　他可以做　　，　個地方政　　，我們不要理他　，這樣他就合法了，五百多隻，至少我沒辦法接受這樣的做法，我知現在很多地方政　，　好　相報，很多人比照辦理，　在場很多的學者可能接下來會被要求去做這樣的認　，至少我不　意去做。

海：現在適合的棲地以及以棲地預測的模式來看，我們應該確實去找一些適合的棲地，繼續觀　，繼續　，真的都　不到，就把烏龜都放在這些地方，有管理的地方，讓他變成新的野生族群。從最壞的角度想，這些收容的食蛇龜　設都不能回到野外，不能放到真正的野生族群的　，最壞的打算就是他們變成　　了，我們用他來作　育當地，用他來　試在　一個環境存活，中間被　　、棲地被破壞，大家都把他　光，也就是這樣。當然這是最壞的想法，如果有好一點的，就是　真正放回野生族群，這中間　有就是已經適合棲地但是沒有，看他能不能回復。另外就是全部　著養，我們自　繁殖，合法的，每一隻都可以管理，都可以知　是　，就是這幾個方式。各位認為有　　地方適合我們做　一些事情的，不管是　育的，不管是野放的，或是有　　地方　宗　團體可以合作的，都很　　和我們連　，我們都　望能　大家合作。

附圖一、雲林縣湖山水　集水區動工前移出了 190 隻食蛇龜。

附圖二、湖山水　移除之食蛇龜的臨時安置區。

附圖三、背甲　有 15 g, RI-2B 無線電發　　的食蛇龜。

附圖四、　測食蛇龜活動的加速記錄　（acceleration data logger, UA-004-64, Onset Computer Corporation, Massachussetts, USA）和小型的無線電發　　（3g PD-2 transmitter, Holohit Systems Ltd., Ontario, Canada）。

附圖五、背覆了加速記錄　、溫度光度記錄　（Temperature/illuminance data logger, UA-002-64）、和小型無線電發　　的食蛇龜。