

行政院農業委員會林務局委託研究計畫 99 - 00 - 8 - 05

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 一〇〇 年 七 月

一、摘要

食蛇龜屬於二級保育類動物，現正受到嚴重的生存威脅。本計畫旨在研究食蛇龜野外族群分布現況，與族群基因分化狀況，以提供未來保育作業之依據。工作內容及目的包含以下四項：(1) 野外及收容食蛇龜粒線體序列比較、以了解台灣島內族群間分化狀況、找出族群間的分子鑑識標幟、並尋找違法出口食蛇龜之族群來源；(2) 以形態及測量數值建構野生族群之判別方法、以供快速鑑鑒定食蛇龜來源；(3) 藉由訪問及採集之食蛇龜資料，預測食蛇龜在全島之適合環境，以作為未來野放及保育族群的依據；(4) 了解食蛇龜的微棲地需求、以幫助未來選擇食蛇龜復育或野放地點之棲地、或營造本種的適合環境。

我們自十一個縣市取得 163 隻野外個體，以及收容食蛇龜 623 隻的血液樣本。根據 106 隻中，粒線體基因 2162 個鹼基的分析結果，台灣的食蛇龜可歸為北部、南部、及東部三群。已測量 137 隻野外個體及 401 隻收容個體的形態特徵資料，依據來自北、南、東等三區的野生個體形態特徵建立的判別分析，其判別方程式可鑑定 93% 的個體。基因和形態分群結果大致相同。

我們同時利用訪問方式調查到 464 筆食蛇龜的分布地點資料，訪問地點普及於十三縣市。利用地理資訊系統，預測出適合食蛇龜的棲地分布於全台一千公尺以下、靠近水源、年均溫在 20 - 23 °C、坡度差異在 40 - 60 °之間的山坡地次生林區域。

由無線電追蹤的 566 隻次的食蛇龜定位，有 80% 以上都是在土表棲息，地表覆蓋物則是以草叢和落葉層為主。多數個體也都是使用森林覆蓋度較高(80% 以上)的環境。

關鍵字：食蛇龜、族群遺傳、微棲地、分布、族群測量、判別式分析

Abstract

Yellow-margined box turtle (*Coura flavomarginata*) is a protected wildlife species in Taiwan whose survival is threatened by habitat destruction and illegal trade. The purpose of this project is to understand the island-wide distribution and population genetic structure of the species in order to provide guidelines for future conservation plans. This project investigates (1) within-island genetic differentiation using mitochondrial DNA sequences, in order to detect genetic markers for different populations and any patterns of illegal collecting; (2) morphometric discrimination among populations so as to offer a fast identification method; (3) distribution of the species on the island by interview and collecting, so as to predict suitable habitats in Taiwan for future restoration or translocation programs; and (4) microhabitat requirements for the species, in order to choose or construct suitable environments for the conservation of this turtle.

We collected tissue samples from 163 wild-caught turtles in 11 counties and cities throughout Taiwan, and 623 samples from confiscated turtles. Based on the analysis of 2162 bases of mitochondrial genome from 106 turtles, three distinct groups (northern, southern, and eastern) are recognized. Measurements of 43 shell characters from 137 wild-caught and 401 confiscated turtles were made. Based on discriminant function analysis using wild-caught individuals, groupings similar to the molecular results successfully distinguish 93% of the individuals.

Four hundred and sixty four localities from 13 counties and cities were recorded based on field interview and collecting. We predict the suitable habitats for the turtle should be in secondary forests in hilly areas below 1000 m in elevation, close to water source, with annual average temperature between 20–23 °C, and in slopes between 40–60%.

We used radio-tracking to obtain 566 sightings of turtles in one area. Over 80% of the records were above the soil; ground cover was mainly grasses and detritus. Most individuals utilized habitats with high canopy cover (over 80%).

Keyword: *Cuora flavomarginata*; population genetics; microhabitat, distribution, morphometrics, discriminant analysis

二、前言

食蛇龜(或稱黃緣閉殼龜)(*Cuora flavomarginata*)屬於淡水地澤龜科(Geomydidae)中的閉殼龜(*Cuora*)一屬。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。閉殼龜一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),但尚未普遍被接受。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;雌龜每年可生蛋一至二次,每次僅生 1-5 顆卵 (Chen and Lue, 1999);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。從 2006 年至今(2011 年 7 月),國內執法單位共查緝到八次大宗保育類食蛇龜的走私或違法飼養案例,總數超過兩千隻。其中五件案子是在運送出口的過程中被查獲,總數就達 2,315 隻,未被查獲到的隻數更是難以估計。

食蛇龜在臺灣列為保育種,但缺乏其成熟年齡、壽命、族群年齡結構等資料。野生的族群雖然分散全島,但也都缺乏族群分化程度、棲地需求等基本生物學資料。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。

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,總數超過兩千隻,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，目前在美國紐約州紐約市郊區一塊土地上，多年來飼養並繁殖食蛇龜，以保護種源。目前該團隊的種源為7隻雄龜、19隻雌龜及51隻圈養繁殖的子代，絕大多數的個體都為臺灣的亞種(應都是由臺灣非法走私出口)(Farrell 個人通訊)。在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：一方面釐清食蛇龜在島內的族群分化狀況；並提出對目前收容之食蛇龜的安置方法。此外，規劃並執行針對食蛇龜的教育和保育收容方案，也是落實保育的長遠做法。

查獲到的食蛇龜個體，均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。但因食蛇龜每次走私查獲到的數量龐大，牽涉到的問題較為複雜，不同於其他種類少數個體的野放。未經評估的大量野放可能對環境產生衝擊，不可任意為之。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，因為族群數目低，而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，但族群數量均不詳。在台灣，食蛇龜的記錄包括全島約一千公尺以下的山地。由初步的粒線體分子分析，東部和西部族群有超過百分之三的差異(吳聲海, 未發表資料)。然而這些變異，雖然顯示不同族群已有分化，但仍須更多資料才能確定。此外，要將這些不同族群視為演化的重要單位 (evolutionarily significant unit)，作為分別保育的標的，也仍需要更多的生活史和遺傳資料。

野放的淡水龜，尤其是陸龜，常遇到的問題是野放後個體會向外地活動，不會留在野放區域，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貧乏，需要很大的活動範圍才能支持其生存。箱龜在自然棲地要掘不只一個洞作為休息場所，而活動範圍內可供掘洞的地點有限制，因此其族群密度不高。然而台灣的食蛇龜活動範圍小、可能是環境中資源足夠。近年來的觀察，也發現食蛇龜休息時的需求僅為地面遮蔽度高溼度較高，且不會掘洞。對於棲地的使用方式不同於陸龜或箱龜。因此在復育上的需求，應遠低於箱龜或陸龜。

本計畫的目標為規畫目前收容食蛇龜的未來經營復育策略。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。

三、研究目的

- 1、瞭解全島食蛇龜分布情形、食蛇龜棲地需求。
- 2、瞭解族群分化程度、建立野放食蛇龜之粒線體分群方法(包含分析方法、引子建立)。
- 3、建立選擇野放地點之標準作業程序，以利評估適合野放的地區及野放數目，處理後續其他查緝食蛇龜野放問題。
- 4、尋求未來查緝、救傷及收容之爬蟲類動物個體合宜的規劃。

四、年度工作項目

- 1、全島食蛇龜族群取樣，及粒線體序列分析，並完成鑑定族群之分子標記。以野外資料收集為主，將台灣分為北、中、南、東四區，每區各採集約 30 隻食蛇龜個體，進行雙向粒線體分析，且分析長度應有 2000 base pairs。
- 2、調查野生食蛇龜分布地點。加強食蛇龜野外棲地調查，分析其活動棲地之特性，收集野生食蛇龜分布地點、巨棲環境及微棲地資料。

五、材料與方法

1、食蛇龜粒線體分子序列

(1) 樣本取得與遺傳標記選取

於全島一千公尺以下丘陵區域採集食蛇龜。採集地點依台灣縣市區分為四個區域，包括東部的花蓮縣和台東縣；北部的基隆市、新北市、桃園縣、新竹縣、苗栗縣和宜蘭縣；中部為南投縣、雲林縣、及嘉義縣；南部為屏東縣、及高雄市。以野地巡視撿拾及陷阱誘捕兩種方式捕獲食蛇龜，陷阱以市售老鼠籠構成，設置於森林底層遮陰良好處，內置放水果作為誘餌(Chen and Lue, 1999)。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。體重係使用攜帶式電子秤測量(TANITA, 型號：1475T)，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，以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。已收容之食蛇龜，也以上述方式取得血液樣本。

本研究使用粒線體中的 ND4 (the nicotinamide adenine dinucleotide dehydrogenase subunit 4)、CR (control region) 及 16S rRNA (16s ribosomal RNA gene) 三個片段作為遺傳標記，比較各族群間之差異。依據過往龜類分子親緣研究，適用於探討龜類族群間親緣關係的遺傳標記，為粒線體中的 CR (control region) 片段或 ND4 (the nicotinamide adenine dinucleotide dehydrogenase subunit 4) 片段(Starkey et al., 2003; Spinks and Shaffer, 2005; Amato et al., 2008)。文獻中亦提出，16S (16s ribosomal RNA gene) 片段可將臺灣與琉球的食蛇龜，區分為兩個亞種(Honda et al., 2002)，所以本研究也選用 16 rRNA 片段分析。

表一、本研究所採用之食蛇龜粒線體各段引子序列與增幅長度。

引子名稱	序列(5'-3')	序列 長度 (bp)	參考文獻
CR 片段			
DES-1v2	GCATTCATTTTTTTTCCGTTAGCA	652	修改自 Spinks and Shaffer, 2005
P2R-v2	GAGAGCAACTAAACTGACACAAATGCTAGCCATAG G		本研究
ND4 片段			
ND4	CACCTATGACTACCAAAAAGCTCATGTAGAAGC	700	Wiens et al., 2010
Hist	CCTATTTTTAGAGCCACAGTCTAATG		Wiens et al., 2010
16S 片段			
H3056	CCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAG	810	Honda et al. 2002
16S-L2	GGCCTTAAAGCAGCCACCAACTAAGAAAGCGT		本研究

(2) DNA 萃取

使用 Reagent Genomic DNA kit (Geneaid, Taiwan) 自血液萃取 DNA，

步驟如下：

- (1) 取 100µl 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 – 16,000rpm 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。

(3) 增幅 DNA

以聚合連鎖反應(polymerase chain reaction, PCR)增幅 DNA 片段。表一為本次研究所使用之引子序列(primer)。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，62°C，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% 瓊脂凝膠(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 100 bp 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，以求取最佳的親緣樹建構模式及相關參數，以供後續建構親緣樹使用(Posada and Crandall, 1998)。建議最佳模式為 HKY + I，各鹼基頻率參數為 A = 0.2937、C = 0.2063、G = 0.1730、T = 0.3270；鹼基置換率(transition/transversion)為 8.6842。

本研究共以三種方法建構親緣樹：最大簡約法(Maximum parsimony; MP)、最大概似法(Maximum likelihood; ML)及貝氏分析(Bayesian inference)。利用 PAUP 3.1 軟體以最大簡約法(MP)建構親緣樹(Swofford, 1998)；以 MEGA 5.0 建構最大概似法(ML)親緣樹(Tamura et al., 2011)；以 Mrbayes 3.1 建構貝氏親緣樹(Huelsenbeck and Ronquist, 2001; Ronquist and Huelsenbeck, 2003)。以重複抽樣法(bootstrapping value)計算 MP 與 ML 親緣樹的可信度，重複抽樣次數為 1000 次；貝氏親緣樹則以事後機率(posterior probabilities)顯示其可信度。各類分析均加入中國食蛇龜族群序列(GenBank No. AY874540)，及同屬金頭閉殼龜(*Cuora aurocapitata*)的序列(GenBank No. EU708434)作為外群，一同分析。

為檢驗所有個體與各族群中的基因變異是否符合中性選擇假說，以 Tajima's *D* test (Tajima, 1989)、Fu and Li's *D* 與 *F* test (Fu and Li, 1993)三種統計數值計算，均使用 DNA SP 5.1 軟體執行(Librado and Rozas, 2009)。

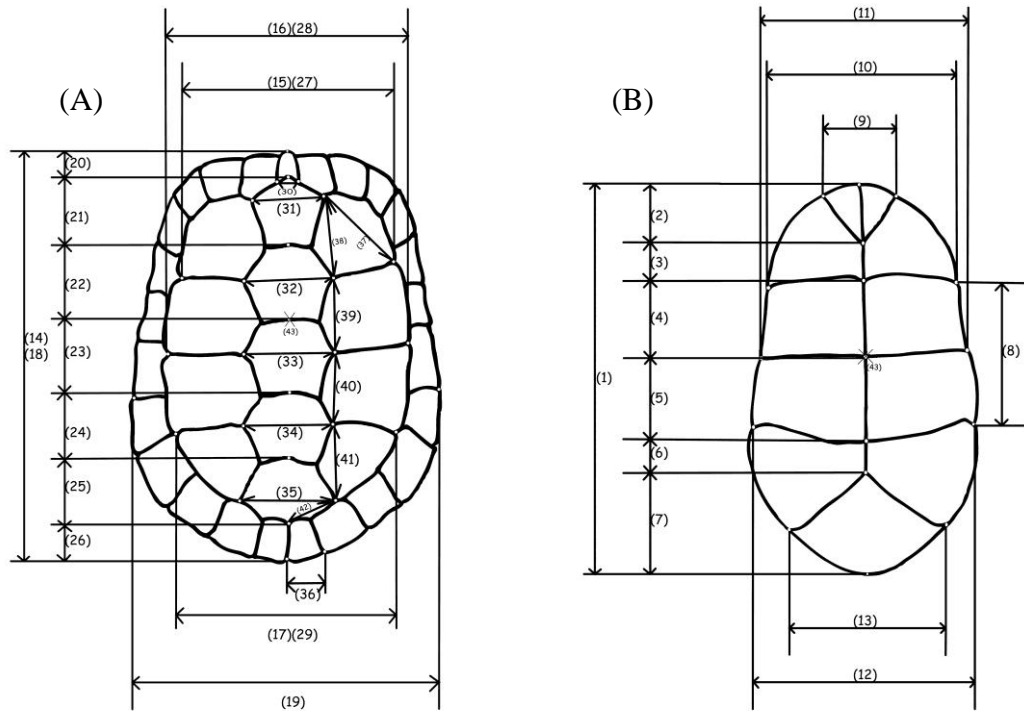
2、形態特徵測量與判別公式

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）(圖一)：

- (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 (MIL: 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 (MIRW: last right marginal width),
- (37) 第一右肋盾寬 (PI1RW: 1st right pleural width),
- (38) 第一右肋盾長 (PI1RL: 1st right pleural length),
- (39) 第二右肋盾長 (PI2RL: 2nd right pleural length),
- (40) 第三右肋盾長 (PI3RL: 3rd right pleural length),

- (41) 第四右肋盾長 (PI4RL: 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)。



圖一、食蛇龜背甲(A)及腹甲(B)所測量的各特徵。

所有特徵以 SYSTAT 軟體，利用 principal component 及 discriminant function analysis 來區別性別及族群間的變異。(同一特徵有兩個數字時，前者代表弧長，後者代表直線長度)。

3、野生食蛇龜分布地點調查及棲地分布預測

由於食蛇龜偏好棲息於森林底，且活動時間與氣候及季節有關，並非容易發現的物種，因此調查以問卷方式採樣山區民眾資料(Charnley et al., 2008)，將民眾發現食蛇龜的地點，以全球定位系統(Global Positioning System, GPS)定位。問卷調查採用面談(face to face)方式，以增加問卷的回收率(White et al., 2005)，並且訪問時盡量以農民或者當地長年住戶(practitioner)為訪問對象(Gros, 1998)。考量食蛇龜活動範圍大小(陳, 1998; unpublished data)，沿途每一公里採用一位可信受訪者資料。為減少受訪者回答出現誤

差，訪問設定為固定內容及流程，並以受訪者較容易回答的方法設計訪問內容(豐田秀樹, 1998)，紀錄表如表二。遇到適合受訪者之訪問流程如下：

1. 表明身分：中興大學學生，以學生身分訪問，降低受訪者戒心。
2. 表明來意：烏龜相關的研究，
3. 詢問是否看過食蛇龜，
4. 拿食蛇龜照片，簡介這是種住在山區，腹甲能閉合的龜。
 - A. 受訪者表示看過此種龜，並且能額外清楚說明其正確習性，例如：清晨及黃昏容易見到、下雨天容易見到、喜歡躲在陰暗處、殼比一般水龜高，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。若受訪者說出價錢很貴或者很補等話語，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裡沒有，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泡在池塘裡，拿出斑龜的照片給受訪者，並解釋兩種的外表差異，若確認為斑龜，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，拿出柴棺龜的照片，並解釋兩種的外表差異，若確認為柴棺龜，則紀錄為無食蛇龜。
 - E. 若是路途中遇見野外個體，則進行抽血、取蟬及形質測量，並施打晶片。

以上的訪問順序，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身份；被訪問的對象均為當地住家及正在田地工作的成年人，加以訪問過程中受訪者若能對食蛇龜的習性作正確描述，可認定為誠實的描述。其他沒有見過、或無法描述外型及習性的受訪者、該次訪問即視為無效，不予記錄。

預測食蛇龜分布，是以利用一公里解析度的衛星照片，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、土壤質地(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居住之巨棲地圖層，評估台灣目前適合食蛇龜居住之地理區域。

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) (Stockwell and Noble, 1992; Franklin and Miller, 2010)預測食蛇龜適合居住之棲地環境位置，以避免使用不存在資料(absence data)時，假性的不存在資料(pseudo-absence data)造成預測錯誤(Engler et al., 2004; Guisan and Zimmermann, 2000)。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，而切點值以最大的敏感度加特異性減一為之 $(\text{sensitivity} + \text{specificity} - 1)$ (Akobeng, 2007)，敏感度及特異性之計算公式如表三附註所示。預測出之圖層的處理均利用 ArcGIS Desktop 10 (Geography Information System, GIS)。

4、微棲地調查

作為微棲地調查的樣本、是由湖山水庫(圖二)施工前(2008年和2009年)移出、暫時安置於當地人提供的果園內的190隻，以及附近野生的個體(中部水資源局今年決定、將把190隻的個體，就地野放。但將於未來兩年持續監測其生長及存活狀況)。棲地調查是利用無線電追蹤的方式(接收器為 LA 12-Q, AVM Instrument Company, Ltd, California, USA, 或 TR-4, Telonics, Inc., Arizona, USA; 天線為 RA-19, 216–220 MHz, Telonics, Inc., Arizona, USA; 發射器為 RI-2B 或 PD-2, Holohit Systems Ltd, Ontario, Canada。前者重 15 g，電池可持續使用兩年；後者重 3 g，電池可使用六個月)(圖三-五)，觀察並紀錄食蛇龜在野外實際利用棲地的情況。地點位於雲林縣林內鄉湖本村，於選定的十三隻成年食蛇龜(四隻為湖山水庫移地保育而移動到有圍籬的休耕果園，九隻為湖本當地野生個體)背甲上黏附發報器，並每個禮拜追蹤一次。發報器是利用塑鋼土黏附在第四肋盾(fourth costal scute)上，避免影響食蛇龜的交配行為(Beaupre et al., 2004)，發報器加塑鋼土的重量總和不超過 Beaupre 所建議的爬蟲類所能負荷的體重 10% 的上限。當追蹤發現無線電標籤(radio-tagged)的食蛇龜時，紀錄其經緯度、活動狀態、躲藏處(包含底質跟覆蓋物兩部分)、冠層覆蓋度(高覆蓋度:量測距離地面 150 cm 高的覆蓋度)、林下覆蓋度(低覆蓋度:量測距離地面 50 cm 高)及氣溫與濕度等環境因子。

表二、本研究使用之訪問表格。

食蛇龜田野訪問記錄表			
訪問日期		流水編號	
縣市/鄉/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	
備註:			

表三、實際值與預測值矩陣。

		實際值	
		存在	不存在
預測值	存在	真實存在	假性不存在
	不存在	假性存在	真實不存在

註一. 敏感度 = 真實存在 / (真實存在 + 假性不存在)

註二. 特異性 = 真實不存在 / (真實不存在 + 假性存在)



圖二、雲林縣湖山水庫集水區動工前移出了 190 隻食蛇龜。



圖三、背甲黏有 15 g, RI-2B 無線電發射器的食蛇龜。



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



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

六、結果與討論

1、食蛇龜粒線體分子序列

我們共採得 163 隻野生食蛇龜的血液樣本，分別來自基隆、台北、苗栗、台中、南投、雲林、嘉義、台南、屏東、花蓮及台東等十一個縣市（表四）。依區域分界，北部取得 31 隻樣本、中部 99 隻、南部 14 隻、東部 19 隻。收容的食蛇龜個體，已取得其中 623 隻的血液樣本。

表四、各地取得之食蛇龜血液樣本數量，與已完整取得基因序列之個體數。

縣市	基隆	台北	苗栗	台中	南投	雲林	嘉義	台南	屏東	花蓮	台東	屏東收容	高雄收容
樣本數	11	3	17	1	5	92	1	6	8	16	3	-	-
定序完成	11	2	17	1	5	19	1	4	8	12	3	12	11

2. DNA 序列

共在 106 隻個體成功取得三段基因的完整序列，其中 83 隻為野外捕獲個體，23 隻為收容個體（表四）；北部完成 30 隻、中部 26 隻、南部 12 隻、東部 15 隻；收容個體則分別來自屏東非法養殖場查獲 12 隻個體，及高雄小港機場查獲的 11 隻個體。

所得序列長度，CR 片段為 652 個鹼基對(base pair; bp)、ND4 片段為 700 bp、及 16S 片段為 810 bp，共 2162 bp；其中 2119 bp 沒有變異，43 個具變異的鹼基對中，6 個為單一個體之無分析用途之變異，37 個為可用於分析的變異（parsimony informative sites）。

3. 親緣分析

以最大概似法(ML)、最大簡約法(MP)與貝氏分析(MB)對野外捕獲的 83 隻個體所建構之親緣樹，顯示相似的結果（圖六、七、八）。所有野外個體可區分為兩大群，第一大群包含所有花蓮與台北個體，及部分基隆、苗栗與台東個體；第二群包含所有南投、雲林、台南及屏東個體，及部分苗栗、台東與基隆個體。進一步 ML 親緣樹顯示（圖六），

兩大群內皆包含兩個單系群，第一大群 Ia 包含所有花蓮個體與一隻台東個體，皆位於台灣東部；Ib 包含所有台北個體與部分基隆、苗栗個體，皆位於台灣北部；第二大群 IIa 包含所有南投個體、部分雲林、台南個體及兩隻基隆個體，除了兩隻基隆個體外，皆位於台灣中南部；IIb 包含所有屏東個體、部分雲林、台南、台東與苗栗個體，涵蓋台灣北、中、南、東部。MP 與 MB 親緣樹也顯示第一大群內包含兩個單系群（圖七、八），與 ML 親緣樹相同，但第二大群則無法明確區分。

依據 ML 與 MP 結果，台灣食蛇龜可區分為三個族群，東部群(Ia)、北部群(Ib)與南部群(IIa 與 IIb)。依據此分群，各群間遺傳距離(pairwise distance)及遺傳分化指數(Fst)，均顯示東部與北部群較相近，南部群則較遠（表五）；且相較之下，南部群與中國族群距離較近。各群間的遺傳分化指數（表六），皆大於 0.25，表示各族群間已高度分化。

表五、台灣島內食蛇龜各族群間的遺傳距離(Pairwise distance)

	東部群	北部群	南部群	中國	外群
東部群					
北部群	0.003				
南部群	0.011	0.011			
中國	0.010	0.010	0.004		
外群	0.056	0.054	0.052	0.051	

表六、台灣島內食蛇龜各族群間遺傳分化指數(Fst)。

	東部群	北部群	南部群
東部群			
北部群	0.9362		
南部群	0.7555	0.74365	

各群內皆發現含有不符合此規則之個體，分別討論如下：花蓮所有個體皆歸入東部群(Ia)內，但台東僅一隻個體歸入，另兩隻則歸為南部群；此係應捕獲地點不同：歸入東部群之個體來自較北方的紅葉，南部群個體來自較南方的大武，所以歸屬於不同群。可依此推論東部群與南部群的區隔位於台東縣內。北部群包含基隆、台北及苗栗個體，但有採自兩隻基隆個體與七隻苗栗個體卻歸入南部群。依據基隆捕捉地點居民表示，該

地過去曾有放生行為，所以此二隻個體，可能是自南部被放生至此地。至於苗栗個體被納入南部群，可能顯示北部群與南部群的地理區隔位於苗栗縣內，然而，苗栗個體的捕獲地點，雖然也分為兩處，但兩處地點皆同時存在有南部群與北部群的個體，沒有地理隔閡，這樣的情形，是自然產生或是人為放生行為造成？在此研究中，尚無法判斷。

以最大概似法將野外個體(83 隻)與收容個體(23 隻)序列一同分析，顯示 12 隻屏東非法養殖場(I_Pingtung)的個體中，5 隻歸入東部群，5 隻歸入南部群，另 2 隻(I_Pingtung 10012&00766)則自成一未知族群，與東部及北部群關係相近；高雄小港機場查獲的 11 隻個體，1 隻歸入東部群，10 隻來自南部群（圖九）。此結果顯示，目前所查獲的走私食蛇龜，主要來自南部族群，其次為東部族群，意即此二族群具嚴重的盜獵壓力。

4. 中性選擇假說檢測

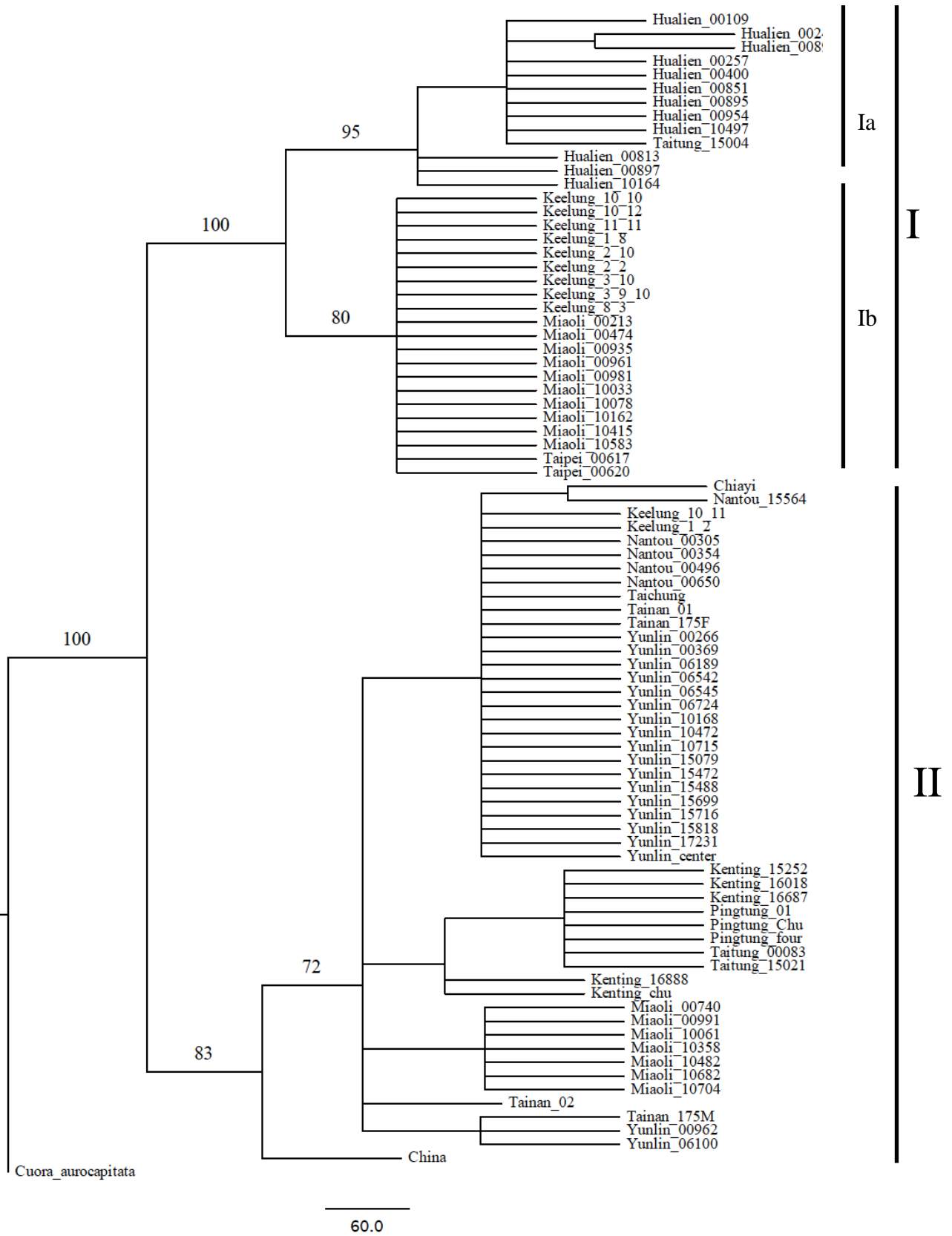
依據 Tajima's D test、Fu and Li's D 與 F test 三種統計方式，所得數值列於表七。所有結果的 p 值皆大於 0.05，顯示都無顯著偏離 0。即表示各族群遺傳變異，符合中性選擇，未受天擇影響。

表七、各族群遺傳結構中性選擇假說測試結果。

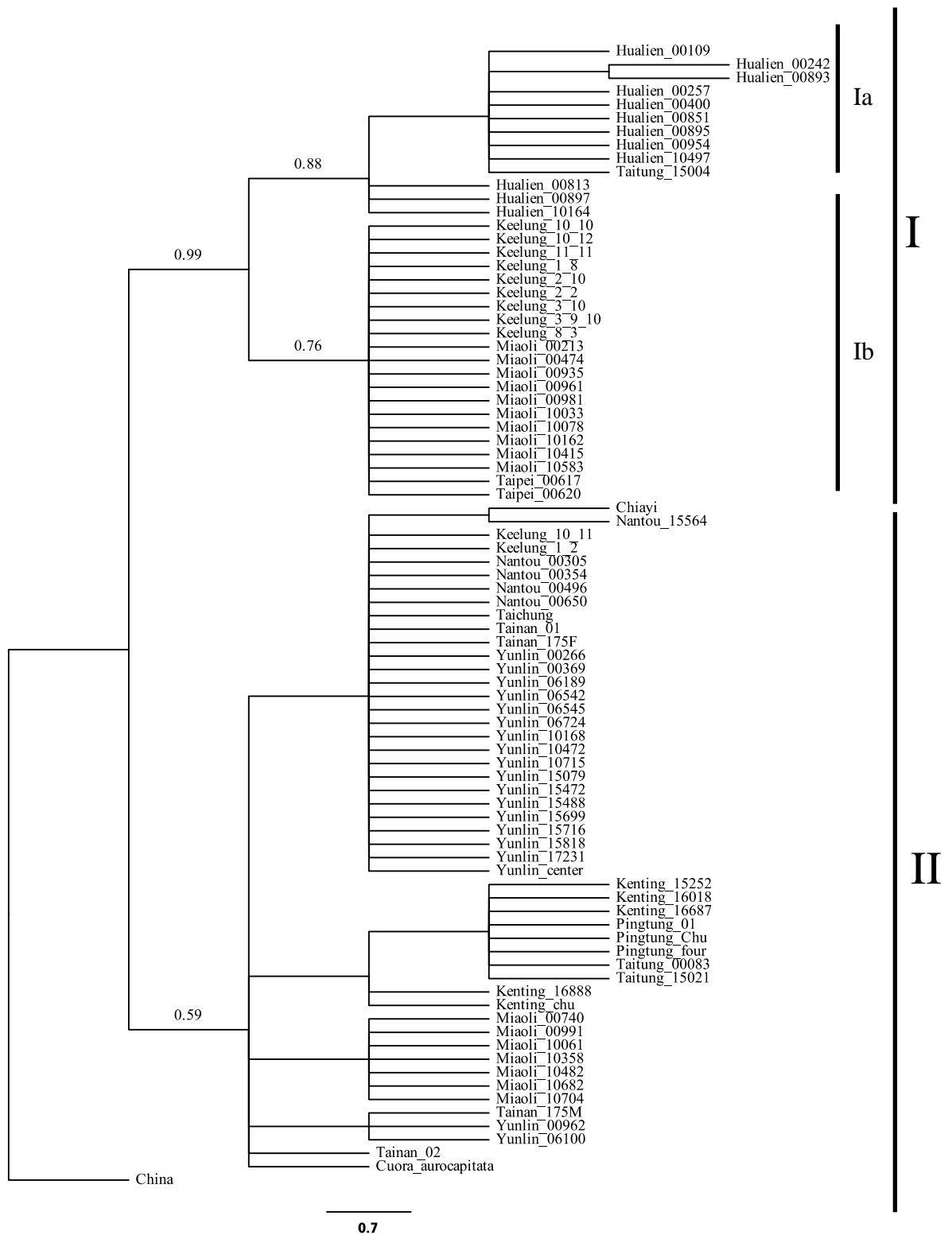
	Tajima's D	p	Fu and Li's D	p	Fu and Li's F	p
東部群	0.09664	>0.1	0.95275	>0.1	0.83322	>0.1
北部群	-1.16356	>0.1	-1.55770	>0.1	-1.66344	>0.1
南部群	0.78479	>0.1	0.72931	>0.1	0.89272	>0.1
所有樣本	1.93490	>0.05	0.64556	>0.1	1.37861	>0.1



圖六、野外捕獲食蛇龜的粒線體(CR+ND4+16S)序列，以最大概似法(ML)建構之親緣樹，分枝旁之數字代表經重複抽樣 1000 次的可信度數值(bootstrap value)。



圖七、野外捕獲食蛇龜的粒線體粒線體(CR+ND4+16S)序列，以最大簡約法(MP)建構之親緣樹，分枝旁之數字代表經重複抽樣 1000 次的可信度數值(bootstrap value)。



圖八、野外捕獲食蛇龜的粒線體粒線體(CR+ND4+16S)序列，以貝氏分析(MB)建構之親緣樹，分枝旁之數字代表事後機率(posterior probabilities)。



圖九、野外捕獲及收容個體的粒線體(CR+ND4+16S)序列，以最大概似法(ML)建構之親緣樹，分枝旁之數字代表經重複抽樣 1000 次的可信度數值(bootstrap value)。I_Pingtung 表示收容個體來自屏東非法養殖場(虛線箭頭)，I_Kaohsiung2 表示來自高雄小港機場所查獲的個體(實線箭頭)。

2、形態特徵測量與判別公式

自2007年8月份起至2010年9月份共測量記錄了538隻食蛇龜之甲殼特徵，其中401隻為收容於中興大學之個體（含1隻於實驗室孵化之個體，其母體來自於金門查緝之收容群中）（表八）；查緝食蛇龜雌性少於雄性，平均背甲長雄性比雌性略大（表九）；137隻為野外捕獲之個體，分別為基隆13隻、新北市3隻、苗栗16隻、台中1隻、南投8隻、雲林52隻、嘉義1隻、台南6隻、屏東9隻、花蓮25隻、台東3隻（表十）；野生個體的雌性較雄性多，背甲長亦為雌性較長（表九）。

表八、已測量甲殼形質之查緝收容食蛇龜性別及成/幼體樣本數量。

查緝地點	Adult			Juvenile			Unknown	Total
	Male	Female	sex unknown	Male	Female	sex unknown		
新竹	80	52	0	66	55	6	2	261
屏東	18	23	0	4	0	0	0	45
金門	39	42	1	3	8	1	0	94
實驗室孵化	1	0	0	0	0	0	0	1
Total	138	117	1	73	63	7	2	401

表九、已測量食蛇龜之背甲長平均及範圍（僅用於多變值分析、有完整數據者才列於此）。

	背甲長平均 ± 標準差	範圍	樣本數
查緝	135.28 ± 25.36	71.00 – 186.35	397
雄	131.35 ± 21.48	76.00 – 174.00	209
雌	141.57 ± 27.64	74.25 – 186.35	178
野生	145.82 ± 23.83	67.20 – 182.50	131
雄	139.06 ± 23.00	67.20 – 170.95	45
雌	158.80 ± 11.37	120.50 – 158.80	68
性別不詳	113.66 ± 23.93	79.55 – 163.66	18

表十、已測量甲殼形質之野外食蛇龜性別及成/幼體樣本數量。

縣市	Adult			Juvenile			Unknown	Total
	Male	Female	sex unknown	Male	Female	sex unknown		
基隆市	5	5	0	1	1	1	0	13
新北市	1	2	0	0	0	0	0	3
苗栗縣	5	10	0	0	1	0	0	16
台中市	0	1	0	0	0	0	0	1
南投縣	2	4	0	2	0	0	0	8
雲林縣	9	34	3	1	0	4	1	52
嘉義縣	0	0	0	1	0	0	0	1
台南市	1	4	0	1	0	0	0	6
屏東縣	5	4	0	0	0	0	0	9
花蓮縣	7	5	0	4	0	6	3	25
台東縣	2	1	0	0	0	0	0	3
Total	37	70	3	10	2	11	4	137

用於判別分析的野生食蛇龜共有134隻，包括雄性46隻(36隻成熟個體,10隻幼體)，雌性70隻(68隻成熟個體,2隻幼體)，及18隻性別不詳的個體(表十一)。

表十一、用於判別分析之野生食蛇龜數量及性別。

	成體	幼體	不明	Total
雌性	68	2	0	70
雄性	36	10	0	46
未知性別	3	11	4	18
Total	107	23	4	134

野生個體的分區，以分成三區(表十二)或四區(表十三)的方式分別作多變質分析。三區分法為北、南、東，其中中央山脈以東為東部；中央山脈以西，則以濁水溪為界，分為北部和南部。四區的分法，仍以中央山脈以東為東部，中央山脈以西，則以

苗栗丘陵南緣(大安溪)以北為北部，苗栗丘陵南緣(大安溪)以南至濁水溪為西北部，濁水溪以南為南部。

表十二、以三區畫分的食蛇龜數目。

	E	N	S	Total
F	6	24	40	70
M	13	15	18	46
U	9	1	8	18
Total	28	40	66	134

表十三、以四區畫分的食蛇龜數目。

	E	N	NW	S	Total
F	6	19	5	40	70
M	13	12	3	18	46
U	9	1	0	8	18
Total	28	32	8	66	134

多變質分析、以各測量質的未轉換原始數值和以背甲長 (CL) 標準化後之比值分別以主成份分析和判別式分析來檢視是否有分群及分群間的差異。原始值和比例的主成分分析均無法區分各地個體。因此採用判別式分析來檢視各地野生個體的分群狀況。經測試，以轉換後的數值 (各數值除以背甲長) 經過逐步向前區別分析法後 (forward stepwise method) 可得到最好的鑑別率。以三個分區求得的判別分析公式 (表十四)，以二十個特徵可以有平均 93% 的鑑別能力。其中以東部和南部都有 95% 的鑑別度，北部區有 89% 的鑑別度 (表十五)。將第一和第二軸的積分作圖，北部和南部有交集，東部分區明顯和另兩區有差異 (圖十)。

以四分區所作的判別式分析，也是由 20 個特徵來分辨 (與三分區的判別式有 15 個特徵相同) (表十六)，平均鑑別度有 92% (表十七)。第一軸和第二軸的圖與三區相似，西北區 (苗栗) 夾在北區和南區之間 (圖十一)。但因西北區的個體數目少，有較高的鑑別度，但可能並不可靠。因此以三區可明顯分別各地的族群。

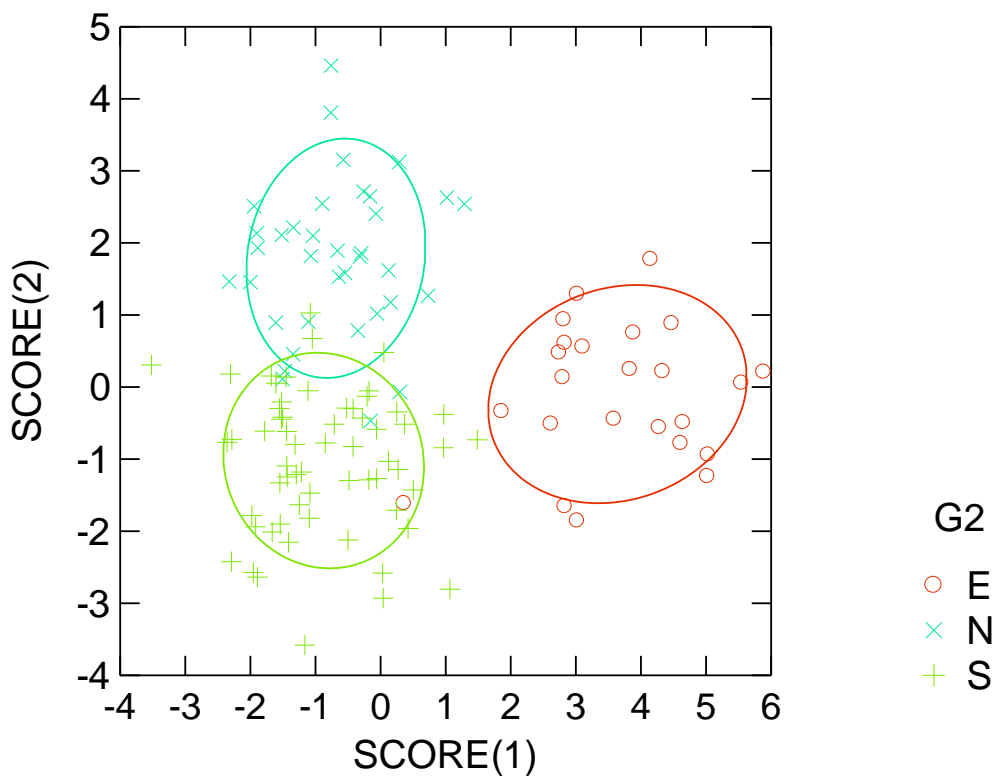
測量值的判別式分析，和粒腺體 DNA 的結果相似；不論形態或基因，北部、南部、和東部族群均有明顯分化。

表十四、經轉換後之食蛇龜測量特徵用於三區的判別分析的特徵名稱及判別公式。

	1	2
Constant	-13.686	-15.035
ANL07DBCL18	31.800	6.256
GW09DBCL18	20.011	26.571
HW10DBCL18	-28.570	-11.120
PEW11DBCL18	-4.009	43.608
AW12DBCL18	12.742	-22.202
ACCW15DBCL	-9.418	27.074
PCCW17DBCL	19.860	9.380
V1L21DBCL	40.677	-25.551
V2L22BCL	56.462	46.512
V4L24DBCL	61.045	28.115
V5L25DBCL	2.807	37.782
MLL26DBCL	-40.574	63.840
ACW27DBCL	-14.778	-39.265
V1W31DBCL	42.693	-30.744
V5W35DBCL	-82.050	-7.904
MLRW36DBCL	18.445	-35.292
PL1RL38DBCL	-61.660	19.096
PL3RL40DBCL	-27.085	-45.109
PL4RL41DBCL	22.292	-59.711
V5RBEWDBCL	78.927	26.480

表十五、以轉換後的特徵經篩選後、以判別式分析獲得的三分區個體鑑別度。

	E	N	S	%correct
E	21	0	1	95
N	0	32	4	89
S	1	2	55	95
Total	22	34	60	93



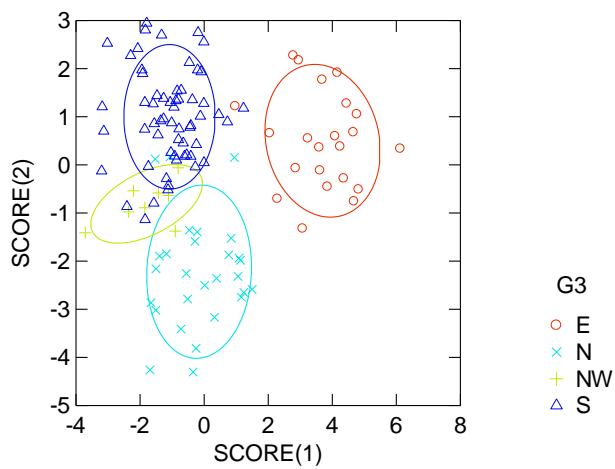
圖十、以三分區建立之判別式分析作圖。北部分區 (×) 和南部分區 (+) 有個體重疊、東部分區 (○) 個體與另兩區有較大差異。

表十六、經轉換後之食蛇龜測量特徵用於四區的判別分析的特徵名稱及判別公式。

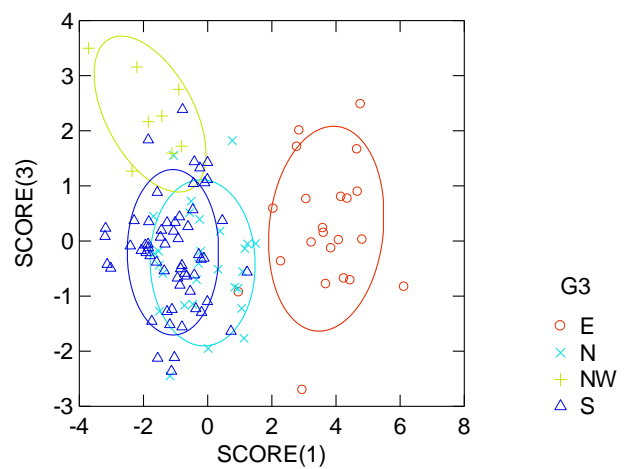
	1	2	3
Constant	6.747	1.637	-13.549
CPL01DBCL18	2.658	8.570	28.925
GL02DBCL18	-41.006	10.120	-59.307
HL03DBCL18	-35.454	-6.551	-27.136
PEL04DBCL18	-43.485	8.447	-5.096
AL05DBCL18	6.269	5.709	-55.141
FL06DBCL18	-24.214	14.419	-1.307
GW09DBCL18	13.894	-23.336	41.490
PEW11DBCL18	-10.254	-33.699	13.404
FW13DBCL18	33.368	4.706	-17.722
ACCW15DBCL	15.906	-38.110	-24.721
V1L21DBCL	27.376	41.353	44.526
V2L22BCL	19.462	0.202	65.263
V4L24DBCL	39.308	-6.292	55.752
V5L25DBCL	-14.937	-37.973	35.986
MLL26DBCL	-37.911	-43.793	-0.515
ACW27DBCL	-23.245	49.001	-12.384
CEW30BCL	-15.924	25.321	28.930
V1W31DBCL	44.251	16.913	-28.230
V2W32DBCL	1.233	-39.808	-0.062
V3W33DBCL	-31.785	41.354	17.212
V5W35DBCL	-78.135	-5.321	43.541
MLRW36DBCL	6.935	34.919	1.763
PL1RL38DBCL	-63.225	-24.608	-14.998
PL4RL41DBCL	48.956	42.446	-64.375
V5RBEWDBCL	99.478	-11.955	-44.663

表十七、以轉換後的特徵經篩選後、以判別式分析獲得的四分區個體鑑別度。

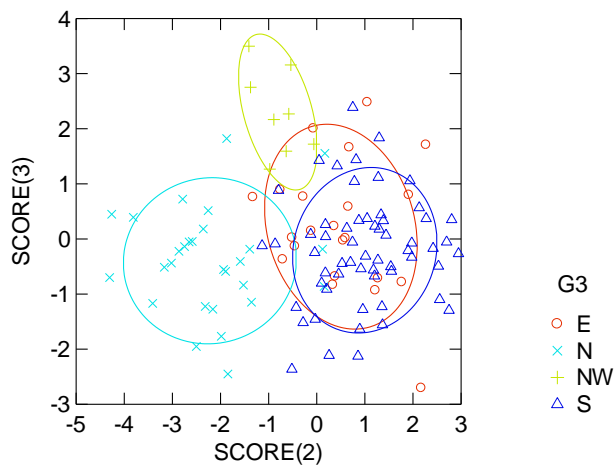
	E	N	NW	S	%correct
E	21	0	0	1	95
N	0	25	1	2	89
NW	0	0	8	0	100
S	0	1	4	53	91
Total	21	26	13	56	92



(A)



(B)



(C)

圖十一、以四分區建立之判別式分析作圖。○：東部分區；✕：北部分區；△：南部分區；+：西北部分區。

3、野生食蛇龜分布地點調查及棲地分布預測

於台北、桃園、苗栗、彰化、南投、雲林、嘉義、台南、高雄、屏東、台東、花蓮、宜蘭等縣市採樣 424 筆訪問的分布地點資料（博物館記錄 4 筆、捕捉記錄 57 筆、訪問記錄 363 筆），用於分布預測的依據。採樣方式為在台灣各地規劃數條東西向穿越台灣的路線，調查範圍大致於海拔 1000 m 至 0 m，並且在調查時輔以周遭之縣道、林道以及產業道路。已調查之省道(及周邊範圍)包括台 2、3、5、5 甲、7、7 乙、7 丙、8、9、11 甲、13 甲、14、16、18、20、22、23、24 等（表十八、圖十二）。訪問到有食蛇龜分布的海拔在 20 m 至 800 m 的中低海拔區域（圖十三），全台灣各區域均有其分佈蹤跡。盜獵嚴重及高度開發的低海拔區域，其最後目擊食蛇龜之年分相較於整體資料傾向較久遠的年代(表十九)，推測不再有食蛇龜生存的區域與曾經有大量捕捉或開發造成的林相破碎有關。而在中海拔地區的受訪者調查顯示，在原住民中，僅有賽夏族、靠海以及靠近平地漢族的阿美族以及排灣族才有捕食食蛇龜的習慣，其餘種族則有禁止捕食食蛇龜之禁忌；而漢人由於相信龜鹿二仙膠等中藥配方具有抗癌健身的功效，較有大量捕捉及收購食蛇龜活體或龜板等商業行為。

調查過程中，高雄及台南靠水庫區域較常耳聞盜獵仍存在的消息(表十九)，南迴公路及墾丁國家公園境內有食蛇龜出現的區域也都有耳聞盜獵的狀況；而相較於其他區域，南部地區有較多盜獵及買賣仍在進行中，其中又以中盤收購為大宗(表十九)。常見的野生動物中，受訪者表示有食蛇龜的西部區域大多伴以南蛇、果子狸、竹雞等中低海拔常見的生物的出現；而東部則常伴以飛鼠、山羌、山豬等中海拔物種。發現方式有九成以上是目擊，剩餘一成有的是有捕捉行為或者是看獵人捕捉。發現時間由於需要可信度，皆要求受訪者回想最近一次看見的時間，加上近年來保育意識高漲，因此發現時間集中在近五年內（圖十四）。

過去文獻記載食蛇龜偏好離永久水源較近的棲地，雌龜在繁殖期常出現在森林邊緣，而雄龜則偏好居住於森林密度較高之區域；並且多分布於中低海拔之闊葉林 (Swinhoe, 1864；毛, 1971；陳, 1998)，預測模式選用之因子參考了這些可能是食蛇龜偏好的巨棲地類型。用於預測食蛇龜分布之巨棲地因子資料庫來源為台灣大學空間生態研究室。為了避免預測模式計算時受共線性(collinearity)影響結果，會避免選用高度相關 (correlation > 0.6) 之巨棲地因子（表二十），再配合 Akaike's Information Criterion (AIC) 篩選模式，並參考 Area Under Curve (AUC) 值 (Hanley and McNeil, 1982；Lasko, 2005)，

選擇出之最適合用以預測食蛇龜分布的環境因子。經過篩選，留下用以作為預測模式之因子有年均溫、溫季雨量、坡向、土地利用、植被類型、水源距離、坡度等(表二十一)。其中，植被類型及坡向皆為類別性資料，其分級依據如表二十二及表二十三。

食蛇龜適合棲息的區域在全台各地中低海拔山區成帶狀分布，在海岸山脈也有適合棲地；在陽明山、大崗山、林口台地等較為獨立之山區也有適合分布的區域(圖十五)。食蛇龜偏好距離主要河流一公里到兩公里之間的棲地，但會住在穩定水源附近；棲地集中在年均溫 20 - 23 °C 的次生林區域，與陳與呂(2008)過去的研究相似，較少出現在破碎的森林區域；偏好坡度差異在 40 - 60 ° 之間的山坡地區。溫季雨量雖然較集中在 1400 - 1800 mm，但大致上食蛇龜並沒有雨量偏好(圖十六)，或許與只是喜好在雨後覓食的特性有關(Chen, 1998)。

未來若是有野放活動，將考慮預測機率在 0.8 以上的區域(Baskaran et al., 2006)進行進一步的評估，例如：盜獵壓力、附近原住民種族特性、林相、農藥使用情形及水泥排水溝狀況等會影響食蛇龜生存的因子，並配合當地相關單位配合監督及進行後續追蹤。

表十八、訪問路線分布及對照縣市

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 丙+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

表十九、由訪談記錄到各地對食蛇龜利用狀況。

縣市	位置	發現年分	海拔(m)	盜獵	利用
桃園	台 7	1995	711	N	食用
苗栗	縣道 124	2005	666	N	食用
南投	縣道 131	2010	681	N	觀賞
南投	縣道 151	2010	404	Y	小盤
雲林	縣道 154	2005	101	Y	小盤
嘉義	台 3	2010	307	Y	中盤
台南	台 20	1950	210	Y	小盤
	台 3	2005	320	Y	中盤
	台 3	2005	181	Y	中盤
	台 3	2010	138	Y	中盤
	縣道 174	2010	244	Y	中盤
	縣道 174	2010	238	Y	中盤
	縣道 174	2008	238	Y	中盤
	縣道 174	2005	183	Y	中盤
	縣道 174	2008	125	Y	中盤
	縣道 174	2010	124	Y	中盤
高雄	台 20	1950	616	Y	小盤
屏東	台 9	2010	242	Y	小盤
台東	台 20	2005	298	Y	中盤
花蓮	台 11 甲	1990	165	Y	小盤
	台 11 甲	1950	44	Y	中盤
	台 11 甲	1950	136	Y	小盤
	台 11 甲	2010	136	Y	小盤
	台 11 甲	2010	65	Y	小盤
宜蘭	台 9 甲	1980	475	N	食用

表二十、各因子間相關程度。

	河流距離	水源距離	森林區塊	坡向指標	溫季雨量	坡度範圍	年均溫
水源距離	0.140						
森林區塊	-0.075	0.065					
坡向指標	0.041	-0.123	-0.388				
溫季雨量	0.042	-0.079	-0.409	0.329			
坡度範圍	0.069	-0.151	-0.601	0.595	0.541		
年均溫	-0.079	0.037	0.443	-0.411	-0.421	-0.648	
植被指標	-0.057	0.095	0.311	-0.401	-0.391	-0.609	0.538

表二十一、用以預測食蛇龜分布區域之巨棲地因子名稱及說明

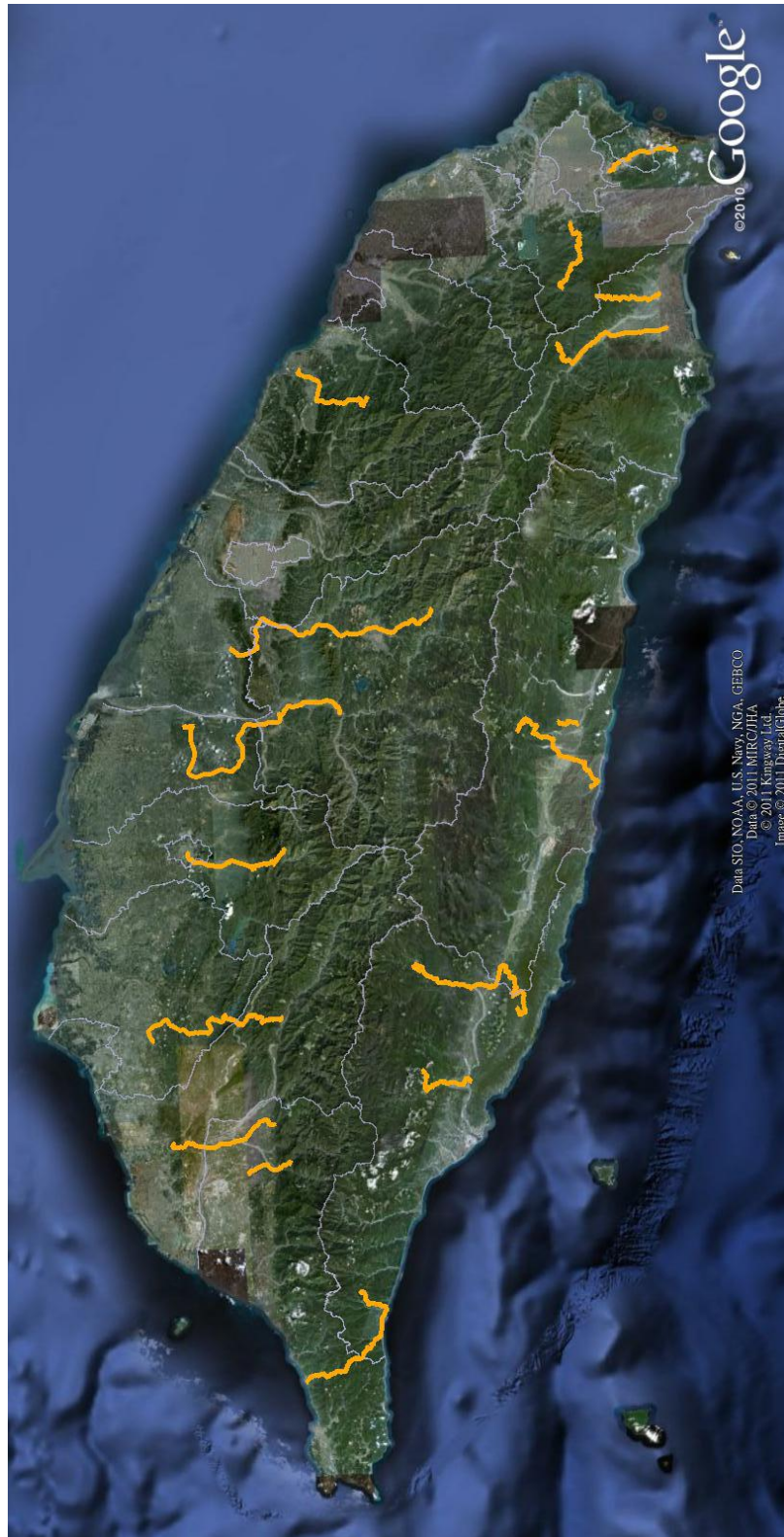
因子名稱	說明
河流距離	到最近主要河流之距離 (m)
水源距離	到最近永久水源之距離 (m)
森林區塊	森林區塊數量
坡向指標	以季風影響程度分成十六級之坡向
溫季雨量	五到九月之平均雨量 (mm)
坡度範圍	坡度的範圍
年均溫	十二個月的月均溫平均 (°C)
植被指標	覆蓋之植被及土地利用

表二十二、植被指標。

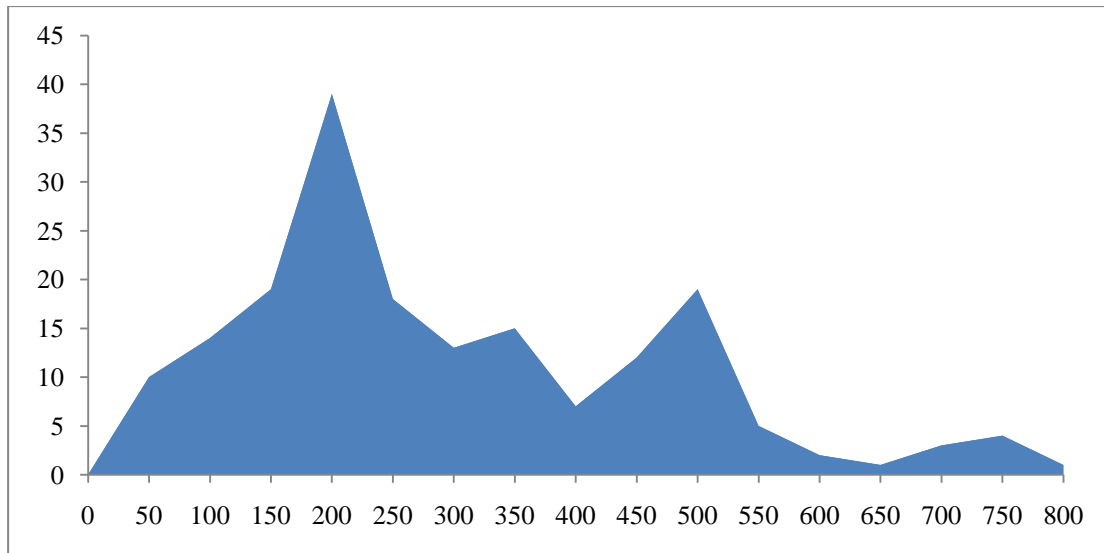
植被類型	植被指標
冷杉	1
鐵杉	2
紅樹林	3
台灣二葉松	4
玉山箭竹	4
針葉林	5
櫟樹林	6
楠栲林	7
榕楠林	8
人造相思林及次生林	9
人造柳杉林	10
竹林	11
溫帶果園	12
低海拔果園	13
農地(茶樹+稻米)	14
農地(稻米+甘蔗)	15
魚塭	40
都市	50
山毛櫸	60

表二十三、坡向指標。

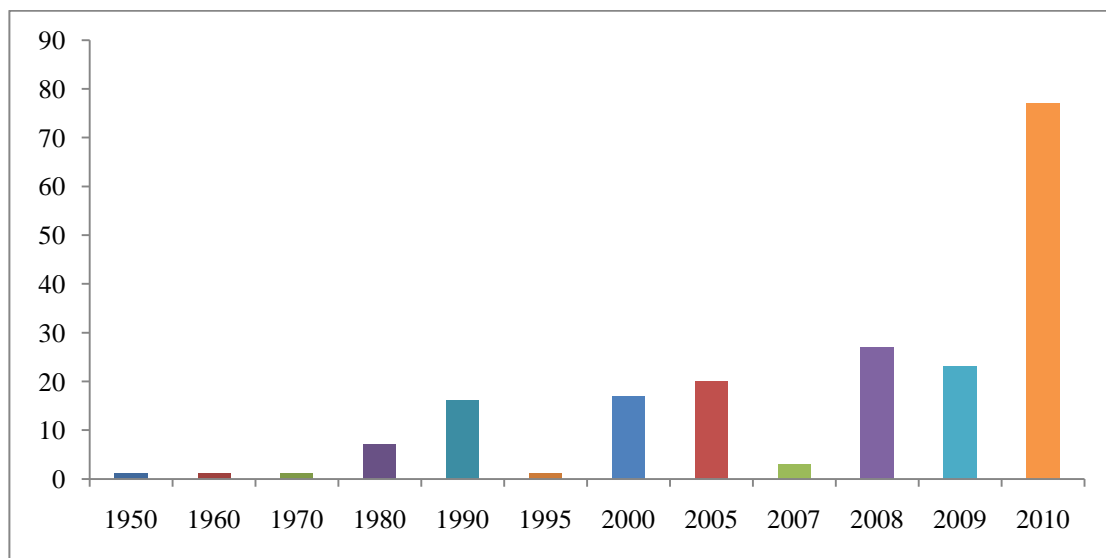
實際坡向	坡向指標
191.24 - 213.75	1
213.75 - 236.25	2
236.25 - 258.75	4
258.75 - 281.25	6
281.25 - 303.75	8
303.75 - 326.25	10
326.25 - 348.75	12
348.75 - 11.25	14
11.25 - 33.75	16
33.75 - 56.25	15
56.25 - 78.75	13
78.75 - 101.25	11
101.25 - 123.75	9
123.75 - 146.25	7
146.25 - 168.75	5
168.75 - 191.25	3



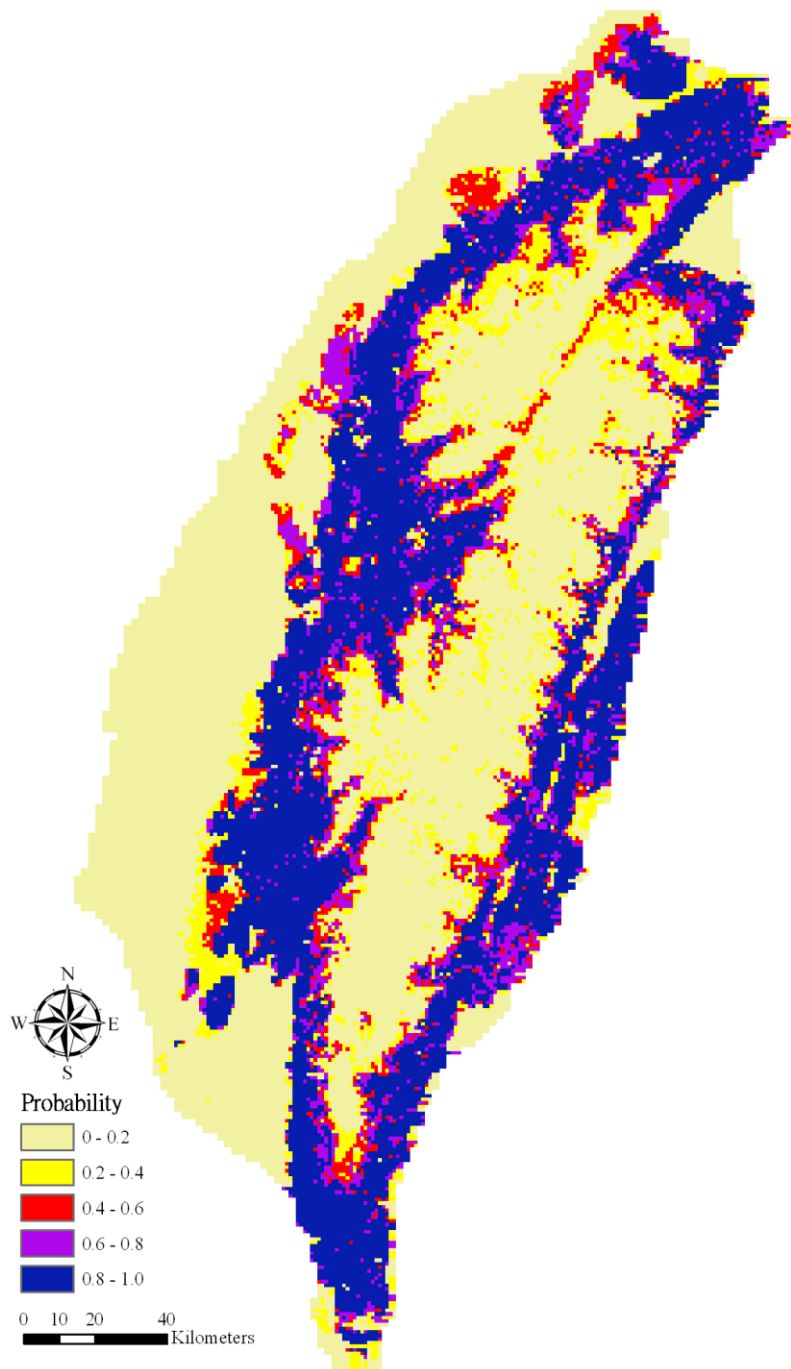
圖十二、以訪問方式調查食蛇龜分佈的路線示意圖。



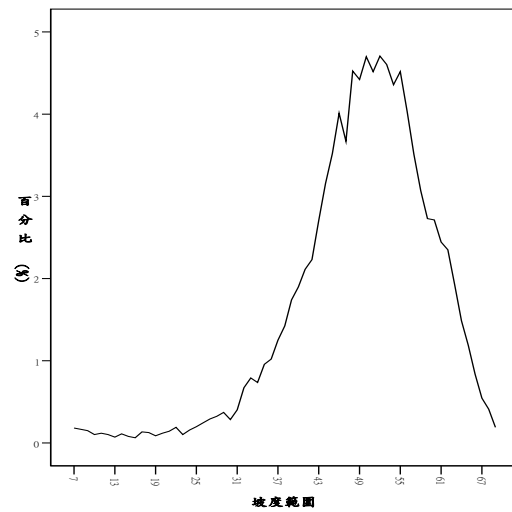
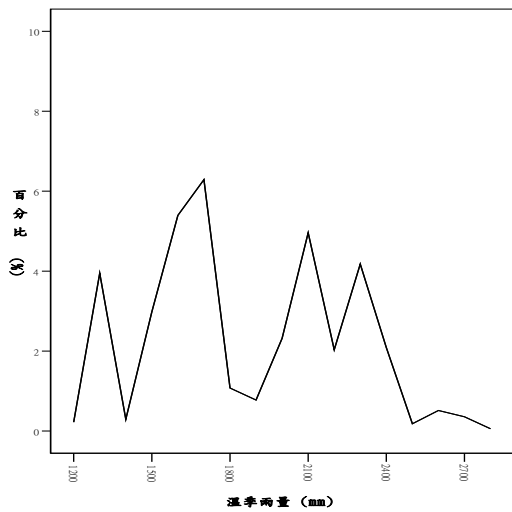
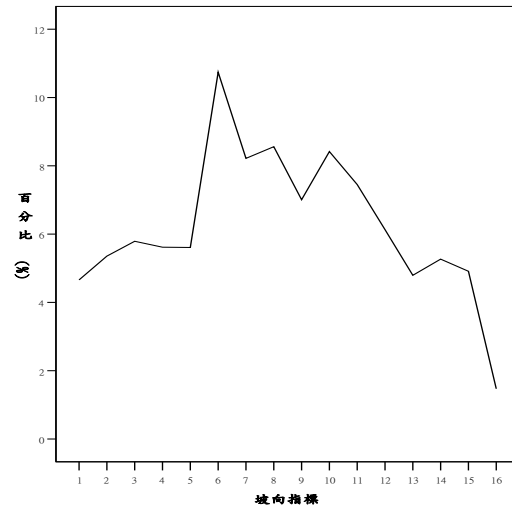
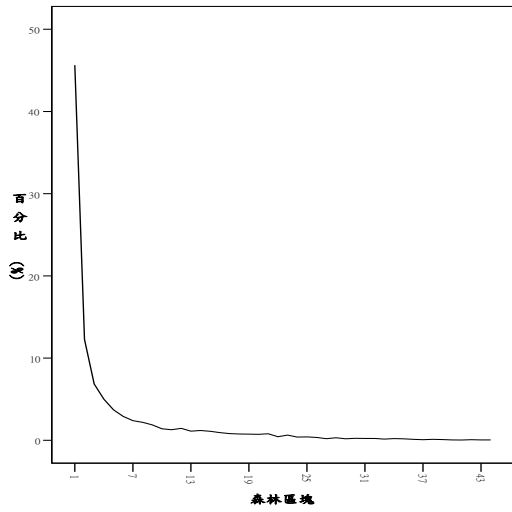
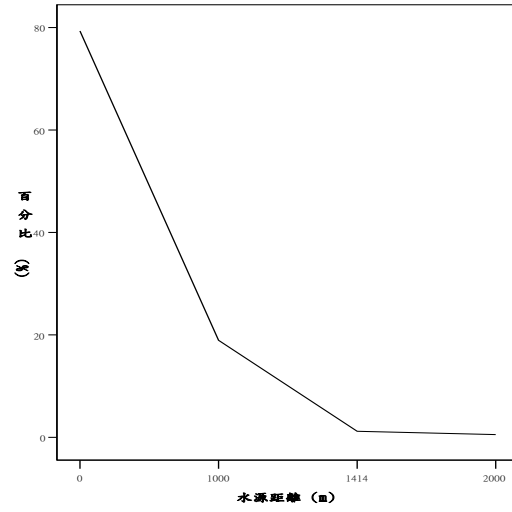
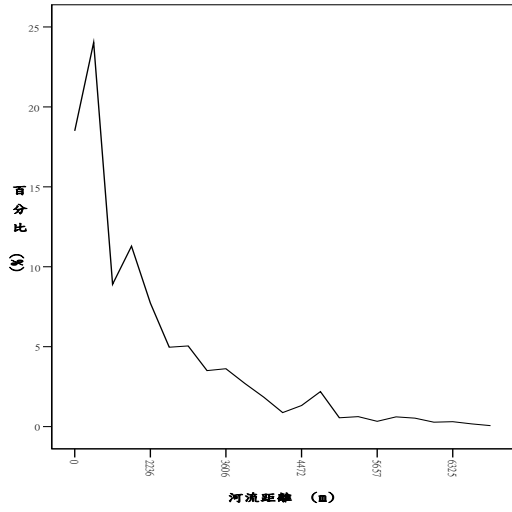
圖十三、訪問及捕捉所得之食蛇龜分布海拔，縱軸為累積隻數，橫軸為海拔。



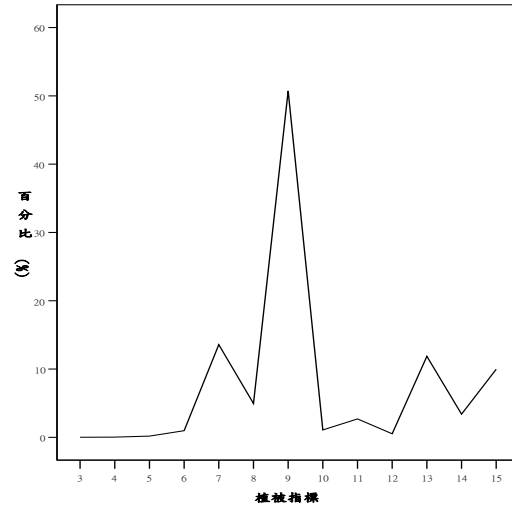
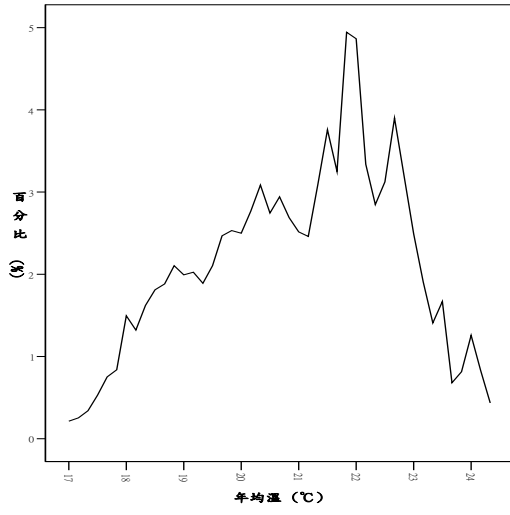
圖十四、受訪者提供之最近期食蛇龜目擊年分。縱軸為人數，橫軸為年分。



圖十五、利用 GARP 預測軟體所預測計算出之食蛇龜潛在適合棲息範圍，數字越高表示越適合食蛇龜居住，其中又以 0.8 以上為最適合區域(本圖之分界為未合併前之縣市)



圖十六、各個環境因子有食蛇龜分布區域百分比。植被指標及坡向指標請對照表十八及表十九。



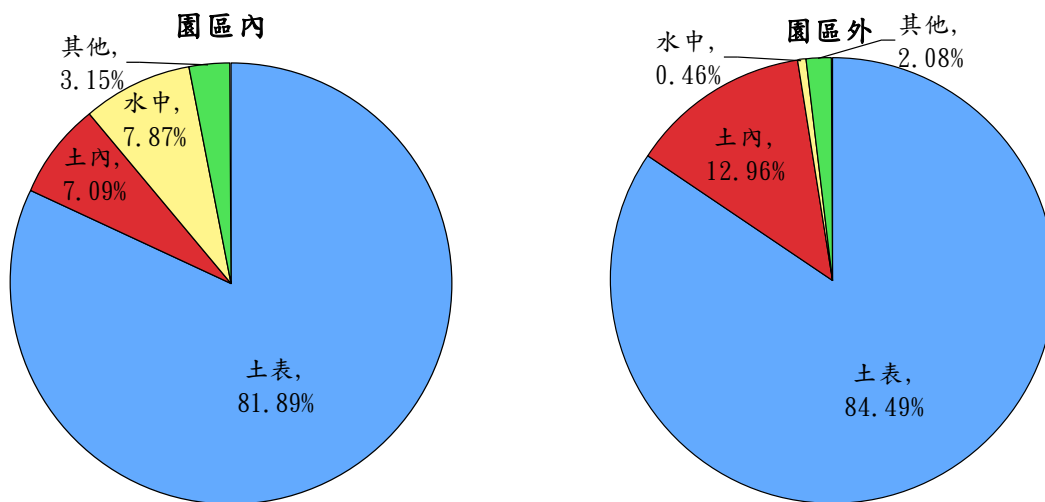
圖十六、(續)

4、微棲地調查

(1) 活動狀態

裝設無線電和其他記錄器的食蛇龜，均沒有任何死亡（僅有因無線電電池耗盡，無法追蹤到）。所有個體，其體重也都正常、可顯示外加的裝置，並未影響其生活。

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



圖十七、湖本地區食蛇龜於園區內外躲藏處底質所佔的比例。

(2) 躲藏處

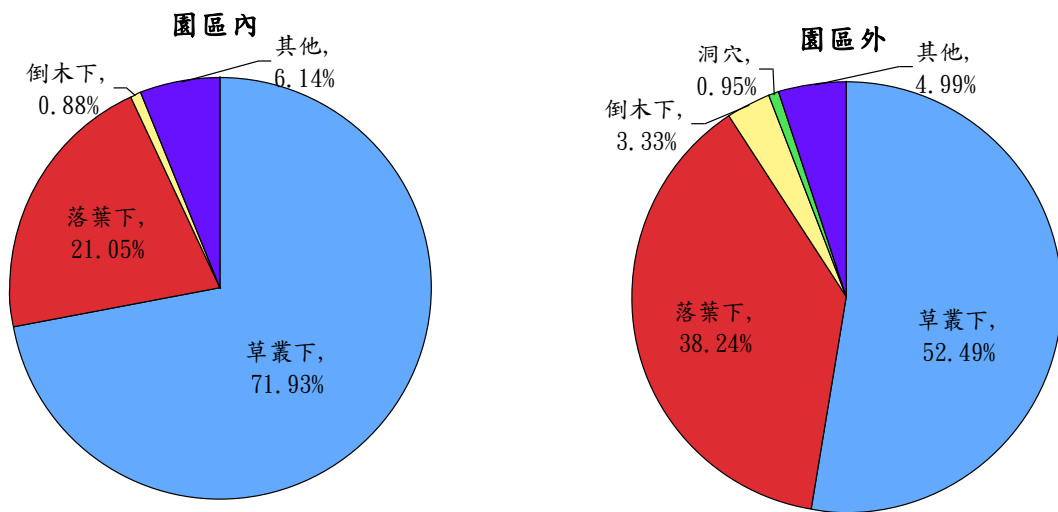
土表是食蛇龜最常躲藏的位置，佔園區內食蛇龜躲藏比例的 81.89%（圖十七）；園區外則佔 84.49%。其次是躲藏在土中，園區內有 7.09%；園區外則較高(12.96%)；躲藏於土內大多出現在冬季，平均埋藏深度為 6.1cm (2 - 12.1cm)。另外有些個體則會泡在水中，園區內有 7.87%，且多集中在夏季；園區外則僅觀察到 2 次(0.46%)（圖十七）。

不論園區內（圖十八）或是園區外的個體都喜好躲藏於草叢以及落葉層的覆蓋下（圖十九），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草叢下，可能與園區內地表的優勢草本植物大花咸豐草有關。而園區外躲藏於草叢下則佔 52.49%。相較園區內僅 21.05% 個體會躲藏於落葉層下方，園區外有較高的 38.24%。

其餘躲藏地點包含倒木下、洞穴、竹叢下、樹根下及土壤邊坡。



圖十八、湖山水庫移除之食蛇龜的臨時安置區。

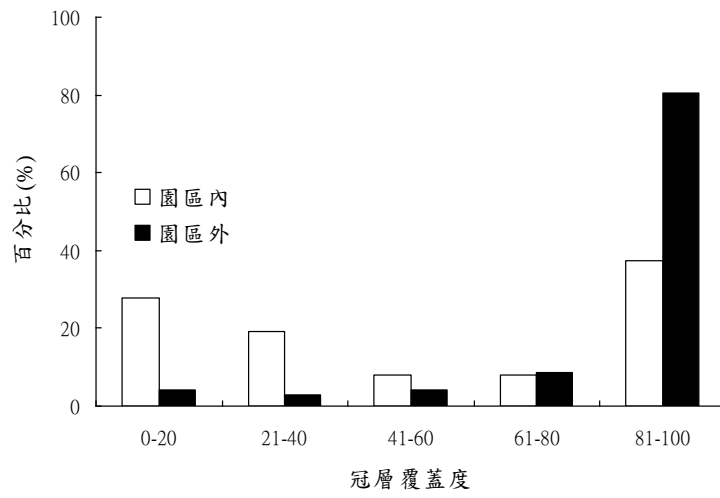


圖十九、湖本地區食蛇龜於園區內外躲藏處覆蓋物所佔的比例。

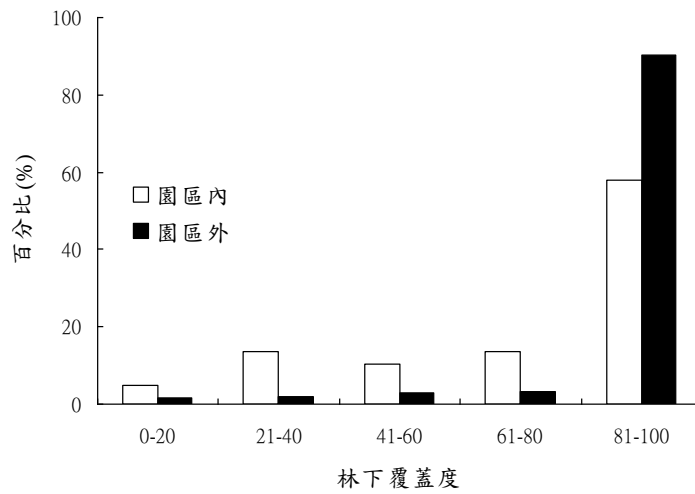
(3) 覆蓋度

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，不論在冠層還是林下，都是以利用高覆蓋度(81 - 100%)為最高(圖二十)，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，導致園區內食蛇龜優先選擇有較高林下覆蓋度的地點。

(A)



(B)



圖二十、湖本地區食蛇龜躲藏位置的冠層覆蓋度(A)與林下覆蓋度(B)。

在我們追蹤的期間僅發現 1 次的覓食活動以及 21 次爬行，絕大多數食蛇龜在被發現時都是躲藏以及休息(544 次)，原因可能跟我們的追蹤時間有關(0900-1700)。Plummer (2003)對錦箱龜(*Terrapene ornata*)的研究指出，烏龜的活動高峰在兩個不同的時段，一是 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。

雖然在園區外有一條小溪，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池中，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，本實驗追蹤的觀察也與 Chen (1998)認為食蛇龜為陸棲性的結果類似。因此食蛇龜泡在水中應是與 Ernst 等人(1997)的研究發現食蛇龜在夏季或乾季會靠近水邊喝水或將整個身體泡在水中，以避免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涼的躲藏處，因此躲藏於水中的比例較園區外高。在冬天的休眠期間，則較常發現食蛇龜埋藏在土中，可能是食蛇龜為了維持體溫而把自己埋在土中。但實際測量時空氣溫度均大於土表溫度，此為追蹤測量的上下午時段。晚上及清晨是否食蛇龜可藉埋在土中保持溫度，仍需進一步調查。

由追蹤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，甚少被發現在裸露的溪床上或是空曠地活動，此應可避免暴露在危險、以及避免照射到過多陽光引起熱休克。

七、結論

1、形態測量和粒線體分子序列均顯示台灣的食蛇龜可歸納成東部，西北部，和西南部等三個群。由走私食蛇龜的分子歸屬和由訪問，都顯示西南部和東部的食蛇龜受到嚴重的盜獵壓力。

2、依據訪問和採集地點建構之食蛇龜分布預測，顯示食蛇龜適合棲息的區域在全島中低海拔山區（包括海岸山脈；在陽明山、大崗山、林口台地等較為獨立之山區也有適合分布的區域。食蛇龜偏好的環境，為距離主要河流一公里到兩公里之間的棲地，但會住在穩定水源附近；棲地集中在年均溫 20 - 23°C 的次生林區域，且較少出現在破碎的森林；偏好坡度差異在 40 - 60° 之間的山坡地區。棲地的溫季雨量集中在 1400 - 1800 mm。

3、土表是食蛇龜最常躲藏的位置，其次是躲藏在土中。都喜好躲藏於草叢以及落葉層的覆蓋下。食蛇龜躲藏時，不論在冠層還是林下，都是以利用高覆蓋度(81 - 100%)的林地。

4、在雲林湖山水庫預定地捕捉，用於棲地選擇研究的食蛇龜，中部水資源局將於臨時保育區擇時野放，並做長期追蹤。

5、未來一年計畫，將針對野放地點，開放認養或野放程序（附錄），舉行討論。

八、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.
- Baskaran, LM, V.H Dale, RA Efroymsen, W Birkhead. 2006. Habitat modeling within a Regional Context: An Example Using Gopher Tortoise. *The American Midland Naturalist* 155:335–351.
- 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.
- Central Weather Bureau Ministry of Communication. (1990). (Taiwan: Climatic atlas of Taiwan republic of China).
- 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, 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, KY Lue. 2002. Growth patterns of the yellow-margined box turtle (*Cuora flavomarginata*) in Northern Taiwan. *Journal of Herpetology* 36: 201–208.
- Chen, TH, Lue, KY 2008. Thermal preference of the yellow-margined box turtle (*Cuora flavomarginata*) (Testudines: Geoemydidae) inhabiting a mesic lowland forest, northern Taiwan. *Amphibia-Reptilia* 29: 513 – 522.
- 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.
- Cicero C, NK Johnson. 2007. Narrow contact of desert sage sparrows (*Amphispiza belli nevadensis* and *A. b. canescens*) in Owens valley, eastern California: evidence from mitochondrial DNA, morphology, and GIS-based niche models. *Ornithological Monographs* 63: 78–95.
- Clement M, D Posada, KA Crandall. 2000. TCS: a computer program to estimate gene

- genealogies. *Molecular Ecology* 9: 1657–1659.
- Cook, RP. 2004. Dispersal, home range establishment, survival, and reproduction of translocated eastern box turtles, *Terrapene c. carolina*. *Applied Herpetology* 1: 197–228.
- Dodd, CK Jr. 2002. North American box turtles: a natural history. (Norman, USA: University of Oklahoma Press).
- 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. 1990. A new species of *Cuora* (Reptilia: Testudines: Emydidae) from the Ryukyu Islands. *Proceedings of the Biological Society of Washington* 103:26–34.
- 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.
- Fong JJ, JF Parham, J Fu. 2002. A reassessment of the distribution of *Cuora flavomarginata*
- Fu YX, Li WH. 1993. Statistical tests of neutrality of mutations. *Genetics* 133: 693-709.
- Gray, 1863 on Mainland China. *Russian Journal of Herpetology* 9: 9–14.
- Franklin, J, , JA Miller. 2010. Mapping species distributions: spatial inference and prediction. (UK: Cambridge University Press).
- Gray, JE. 1863. Observations on box tortoises, with the description of three new Asiatic species. *Proceedings of the Zoological Society of London* 1863:173–179.
- Gros PM. 1998. Status of the cheetah *Acinonyx jubatus* in Kenya: a field-interview assessment. *Biological Conservation* 85: 137–149.
- Gros, PM, M Rejmánek. 1999. Status and habitat preferences of Uganda cheetahs: an attempt to predict carnivore occurrence based on vegetation structure. *Biodiversity and Conservation* 8: 1561–1583.
- 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.
- Hsieh, CF, , TC Huang. 1993. *Flora of Taiwan*, 2nd edition. (Taipei, Taiwan: national science council of the republic of china).
- Hsü, HF. 1930. Preliminary note on a new variety of *Cyclemys flavomarginata* from China. *Contributions from the Biological Laboratory of the Science Society of China, Zoological Series* 6:1–17.
- Huelsenbeck, JP, F Ronquist. 2001. MRBAYES: Bayesian inference of phylogeny. *Bioinformatics* 17:754–755.
- Iverson, JB. 1985. Checklist of the turtles of the world with English common names. *Society for the Study of Amphibians and Reptiles/Herpetological Circular* 14:1–14.
- Iverson JB. 1992. *A revised Checklist with Distribution Maps of the Turtles of the World*. Privately Printed. Richmond.
- Kumar S, K Tamura, M Nei. 2004. MEGA3: integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment. *Briefing in Bioinformatics* 5: 150–163.
- Lasko, TA, JG Bhagwat., KH Zou, L Ohno-Machado. 2005. The use of receiver operating characteristic curves in biomedical informatics. *Journal of Biomedical Informatics* 38: 404–415.
- Lee, PF, CY Liao., , YC Li, , YH Pan, WH Fu, HW Chen. 1997. An ecological and environmental GIS database for Taiwan. Council of agriculture, Taipei (in Chinese, English abstract).
- Librado P, J Rozas. 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* 25: 1451–1452.
- 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.
- MacKenzie, DI. 2006. Modeling the probability of resource use: the effect of, and dealing with, detecting a species imperfectly. *Journal of Wildlife Management* 70: 367–374.
- McArthur S, R Wilkinson, J Meyer. 2004. *Medicine and Surgery of Tortoises and Turtles*. Wiley-Blackwell, Ames, Iowa, U.S.A..
- Mao, SH. 1971. *Turtles of Taiwan*. (Taipei, Taiwan: Commercial Press).
- Paquette SR, FJ Lapointe. 2007. The use of shell morphometrics for the management of the endangered malagasy radiated tortoise (*Geochelone radiata*). *Biological Conservation*

134: 31–39.

- Peterson, AT. 2001. Predicting species' geographic distributions based on ecological niche modeling. *The Condor* 103: 599–605.
- Phillips, SJ, RP Anderson, RE Schapire. 2006. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modelling* 190: 231–259.
- Phillips, SJ, M Dudík, RE Schapire. 2004. A maximum entropy approach to species distribution modeling. In *Proceedings of the Twenty-First International Conference on Machine Learning*. ACM Press, New York: 472–486.
- Plumer, MC. 2003. Activity and thermal ecology of box turtle *Terrapene ornata* as its southwestern range limit in Arizona. *Chelonian Conservation and Biology* 4(3): 569–577.
- Posada D, KA Crandall. 1998. MODELTEST: testing the model of DNA substitution. *Bioinformatics Applications Note* 14: 817–818.
- 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.
- Rotenberry JT, KL Preston, ST Knick. 2006. GIS-based niche modeling for mapping species' habitat. *Ecology* 87: 1458–1464.
- Ronquist, F, JP Huelsenbeck. 2003. MRBAYES 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics* 19:1572–1574.
- 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.
- 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.
- Swofford DL. 1998. PAUP: phylogenetic analysis using parsimony and other methods. Sunderland, Mass: Sinauer Associates.
- Tajima F. 1989. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics* 123: 585–595.
- Tamura K, D Peterson, N Peterson, G Stecher, M Nei, S Kumar. 2011. MEGA5: molecular

- evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Molecular Biology and Evolution* (In Press).
- Thompson JD, TJ Gibson, F Plewniak, F Jeanmougin, DG Higgins. 1997. The CLUSTAL_X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Research* 25: 4876–4882.
- 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.

九、計畫主持人

機關名稱：國立中興大學生命科學系

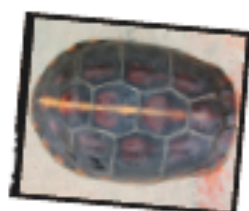
姓名： 吳聲海 職稱： 副教授 電話：04-22840319 ext. 711

傳真：04-22874740 電郵：shwu@dragon.nchu.edu.tw

十、研究人員

<u>序號</u>	<u>機關名稱</u>	<u>單位名稱</u>	<u>研究人員</u>	<u>職稱</u>
1	中興大學	生科系	吳聲海	副教授
2	台灣大學	生科系	李培芬	教授
3	彰化基督教醫院	基因醫學部	陳明	主任
4	中興大學	生科系	林奕甫	研究生
5	中興大學	生科系	張文宏	研究助理
6	中興大學	生科系	蔡俊興	研究生
7	中興大學	生科系	蔡慧珊	研究助理
8	中興大學	生科系	黃繼瑩	研究生
9	中興大學	生科系	柯伶樺	研究生
10	中興大學	生科系	陳慧娟	研究生
11	中興大學	生科系	鍾朝仁	研究生
12	中興大學	生科系	楊茵洳	研究生
13	中興大學	生科系	盧宜岑	研究生
14	中興大學	生科系	蘇珊慧	研究生
15	中興大學	生科系	陳帝溶	研究生
16	中興大學	生科系	洪敏瑜	研究生
17	中興大學	生科系	石涓銘	大學部學生

附錄，為領養計畫設計之食蛇龜介紹草稿



收養一隻食蛇龜前 你應該要知道的所有事情

中興大學生命科學系 節類與脊椎動物形態研究室

食蛇龜

學名:
Cuora flavomarginata
(Gray, 1863)
俗名:
(English) Yellow-margined Box Turtle
(中文) 黃緣閉殼龜
分類地位:
Class Reptilia
爬行綱
Order Testudines
龜鱉目
Family Geomydidae
澤龜科
世界分布:
中國中南部、台灣、
日本琉球群島南部
台灣分布:
棲息於全台低海拔地區
保育等級:
二級，瀕危

基本資料

外觀	頭頂為橄欖綠色，兩眼後方各有一條亮黃色縱帶，向後延伸至頭頂後方，且逐漸變寬；多數個體背甲中央具有一條縱向黃色的突起棱脊，但會隨年紀增長而逐漸磨平；背甲呈暗褐色，邊緣為黃色；背甲各鱗片中間為暗紅色；腹甲為黑色，中央具有一條橫向的棱帶，將腹甲分為前後兩片；每片均可活動，向上時與背甲可緊密閉合
雌雄分辨	成龜體型，雌龜大於雄龜；雌龜最大背甲長可達18公分，雄龜則多半不及17公分；雌龜頭部後方肌肉較大，所以頭部看起來較雌龜大；雌龜尾巴基部較為肥大，乃因雌龜具有陰莖，一般狀況下陰莖會藏於泄殖腔中；雌龜尾部較粗；雌龜泄殖腔開口約在背甲邊緣外，雄龜則在背甲邊緣內
生態習性	陸棲性，主要分佈在海拔一千公尺以下山脈與平原交接的丘陵地帶；渡冬時會在森林底層棲息，春夏時則在開闊地區或森林邊緣棲息；會掘土埋住自己；攀爬能力佳
食性	雜食，吃食植物的各部分（葉、芽、莖、果）、蠶類、昆蟲、蚯蚓、陸蟹、蛙、魚，且會吃食動物的屍體
生殖	生殖季在四月至九月間；每年生殖季最多可產兩窩蛋，每窩1至4顆不等；蛋為長橢圓形，屬於軟殼蛋，鈣板排列不緊密；蛋孵化約需83天左右；低溫孵化時間較長，高溫較短；性別由孵卵時的溫度決定，高溫（30°C以上）為雄性，低溫為雌性





食蛇龜

學名:
Cuora flavomarginata
(Gray, 1863)
俗名:
(English) Yellow-
margined Box Turtle
(中文) 黃緣閉殼龜
分類地位:
Class Reptilia
爬行動
Order Testudines
龜鱉目
Family Geomydidae
澤龜科
世界分布:
中國中南部、台灣、
日本琉球群島南部
台灣分布:
棲息於全台北海拔地區
保育等級:
二級，瀕危

保育

獵捕壓力：寵物、藥用、食用

中國大陸的食蛇龜族群，因食用及藥用的獵捕壓力，導致已呈極度瀕危狀態。台灣人因民性及宗教的關係，並沒有食用龜類的傳統，但為了應付中國大陸以及寵物市場的龐大商機，致使台灣的食蛇龜族群面臨極大的獵捕壓力。目前中興大學生科系收容的食蛇龜，來源皆是政府單位查緝到、正欲走私出口到中國大陸，單次查緝量皆以百隻為單位起跳，在2009年8月，甚至有過一次走私一千兩百隻食蛇龜的恐怖紀錄。

被收容的食蛇龜，並非就此安享天年。因為在等待走私出口的過程中，龜隻不被餵水也不被餵食，不知道處在飢餓並脫水的狀態下有多久。運送時走私者又為了節省空間，會將許多個體擠在一隻小箱子或小網袋中。龜隻層層堆疊、推擠，龜甲及裸露的表皮皮膚皆備瘡累累；被查緝到時，多數個體因長期處於內外傷嚴重、生理虛脫及心理驚嚇緊張的多重壓力，需要很長的時間治療調養。收容單位在這段時間目睹許多龜隻死亡；即使內外傷在治療後痊癒，但這一年的存活率仍然不高。

棲地破壞

以湖山水庫為例：水庫所在的雲林縣林內鄉的湖本村，原本存有一穩定的食蛇龜族群，規劃為水庫預定地後，卻沒有任何配套的前置處理程序，逕行將水庫預定地內地面植物及土表全面剷除。像這樣的工程，用怪手等大型機具推倒鏟盡地面所有的植被，除了直接破壞原始棲息地外，也不知道碾過、掩埋了多少隻原本就生存在水庫集水區預定地裡的食蛇龜。食蛇龜原始廣泛分布在台灣中低海拔的區域，而這些區域大多被人類開發佔盡，僅存的一些穩定區塊，卻又因這樣無窮的理由，被硬生生的拔除了。

食蛇龜可有明天

野外的食蛇龜面臨龐大獵捕壓力及無止盡棲地破壞的夢魘，收容食蛇龜的單位則需面臨日漸飽和的空間及飼養壓力。若要在這當中勉力取得平衡，終極目標則為讓收容的食蛇龜可以回歸到野外原始棲地生活；甚至可擴大保育思維，進一步去思考並探討異地野放的實行方式。針對這些目標，必須蒐集並加速有關食蛇龜的基本生態學、生理學、生殖生態學及族群遺傳學等相關研究。各收容單位也在為收容的龜隻找尋其他出路，諸如開放讓可信任、經過評估確定認可的單位接手少量食蛇龜照顧飼養的可行性。



食蛇龜

學名:

Cuora flavomarginata
(Gray, 1863)

俗名:

(English) Yellow-margined Box Turtle
(中文) 黃緣閉殼龜

分類地位:

Class Reptilia

爬行綱

Order Testudines

龜鱉目

Family Geomydidae

澤龜科

世界分布:

中國中南部、台灣、

日本琉球群島南部

台灣分布:

棲息於全台低海拔地區

保育等級:

二級，瀕危

健康長久

個性	性好躲藏，環境中有積土可供半埋或遮蔽處可供躲藏者為佳
密度	一個 130 x 70 x 45 cm (長、寬、高) 之空間內，可養4隻成龜；由於食蛇龜攀爬能力佳，須比飼養其他烏龜增加高度，開口四周如有向內延伸的平面阻隔更佳
健康要件	通風且可曬到日光，若有半開放的室外空間者佳（須設置防盜措施），例如頂部非玻璃或密閉的溫室或網室。箱內均需提供積土或遮蔽躲藏處
溫度	不需提供熱源。若養於室內，夏季須注意通風勿悶熱；若養於半開放室外環境，則冬季注意地面須有躲避遮蔽處
燈源	室內飼養需提供飼養爬行動物專用的UVA、UVB燈泡，定時開啓，依照瓦數不同有不同的照射時間，不可照射過長時間，且須有遮蔽處
底質	砂、培養土混舍以提高排水能力、防止結塊；砂、培養土混舍以提高排水能力、防止結塊；或使用園藝用之大塊耐木墊片。可濕乾草，需注意乾草如被龜隻帶入水盆，易生臭味或園藝用之大塊耐木墊片。可濕乾草，需注意草被龜隻帶入水盆後易臭
陸水比例	約為陸5水1的比例。野外調查幾乎沒有看過食蛇龜在水裡，但在人為飼養飼養環境下則常可見泡在水中。建議水域面積勿過大，為活水者（有持續的流進流出）佳；若提供水盆，因龜常在水中排糞，應注意餵食日之隔日需換水
食物	微爛的水果、蔬菜（新鮮的亦可，宜挑選當季、便宜者）為主，老幼低脂飼料為輔；偶可餵食蟋蟀、肉片、豬肝、死鼠等作為動物性蛋白質來源。水果蔬菜香氣重者，如香蕉、番茄、南瓜等
餵食頻率	活動季節一週二至三次
弱勢個體	若為小空間混養，需注意有無優勢/弱勢個體，後者可能會長期搶不到食物，此時即需要隔離餵食或換籠位飼養
休眠	冬季天冷時會進入休眠狀態，雖然還醒著，但不怎麼動也不怎麼吃
疾病	呼吸道疾病會從鼻孔流出鼻水，或無受擾狀況下持續張嘴，此時務必盡快就醫；若在活動季節時連續兩次無進食，需盡快就醫；若眼窩過於凹陷則表有脫水可能，需盡快就醫或補充輸液（可將龜隻尾部泄殖腔口浸於稀釋運動飲料中）
寄生蟲	野外個體常見的體外寄生蟲為蝨，此外消化道中還可能有蛔蟲、阿米巴原蟲等。無論面對的是野外的食蛇龜或是已經收容個體，在照顧時都應盡量戴上手套，且照顧完動物後務必仔細清洗雙手，才是正確保護自己之道



食蛇龜

學名:
Cuora flavomarginata
(Gray, 1863)

俗名:
(English) Yellow-
margined Box Turtle
(中文) 黃緣閉殼龜

分類地位:
Class Reptilia

爬行綱
Order Testudines

龜鱉目
Family Geomydidae
澤龜科

世界分布:
中國中南部、台灣、
日本琉球群島南部
台灣分布:
棲息於全台北海拔地區
保育等級:
二級、瀕危

收養流程

提出申請意願	請有興趣的單位向中興大學生科系吳覺海老師提出申請
了解食蛇龜背景	中興大學生科系吳覺海老師會提供該單位有關食蛇龜基本背景介紹資料
自我評估	該單位自我評估，提出欲養龜隻隻數以及環境設置、空間大小等資料（附上照片）
審核確認	中興大學生科系審核該單位提出的資料，選定適宜的隻數並挑出適合的龜隻
移交動物	移交動物至該單位，填寫並交換所有相關證明文件
定期接受探視	該單位需接受中興大學生科系人員定期探視

懇切拜託

說實話，食蛇龜雖然臭了點，但他們真的很可愛。他們也許不會像貓或狗等和人類相同的哺乳類般回應你的呼喚，但當看著一隻食蛇龜將頭、手、腳縮進甲殼內，背甲腹甲緊密閉上，不留一點空隙讓手指可伸入將它扳開時，不禁會讓讚嘆出此般生物的那偉大意志的神奇之處！

這樣的一隻生物，僅求能安靜緩慢的在牠最喜愛的滿佈枯枝落葉樹根走莖的低海拔闊葉林底爬行盤伏著；然而這廣大的天地卻無牠一個渺小的容身之處，致使牠來到這水泥叢林中，居住在地被單調、四方侷限的飼養箱格裡。

期望對牠產生興趣、伸出援手、決定接管牠接下來好長一段生命的你，可以妥善的安置牠、用精富興味的眼神觀察牠、甚至伸出手來回輕撫牠背甲上的黃色稜脊，跟牠來點隨帶壓力的互動。請記住，目前尚無確定辦法可以完美的推斷食蛇龜壽命有多長，但一般相信一隻健康的食蛇龜，存活三十年以上是毫無問題的。當你決定要收養牠，請務必記得牠有可能成為你的傳家之寶，牠會比貓、犬、兔等動物的壽命都更長。

最後懇切拜託，請不要棄養牠！牠前半段被當作貨物的走私人生已經夠苦的了，請不要二次拋棄牠。如果有任何飼養上困難，都請將牠送回來中興大學生科系。

連絡方式

中興大學生命科學系 節類與脊椎動物形態研究室

吳覺海

shwu@dragon.nchu.edu.tw

04-2284-0416 轉 711, 712

台中市南區國光路250號

文字／攝影：蔡麗珊、林奕甫
2011年4月