

台灣地區裳鳳蝶族親緣分析與比較親緣地理研究初探

劉俊賢、賴伯琦

E-mail: 345517@mail.dyu.edu.tw

摘要

本研究利用粒線體DNA COI基因，進行台灣地區裳鳳蝶族之親緣關係研究，共獲得可分析之COI基因片段共830個鹼基位置。利用 neighbor-joining(NJ) 及 maximum-parsimony(MP) 等親緣關係重建法進行台灣地區裳鳳蝶族親緣關係分析，結果顯示台灣地區之裳鳳蝶族內以曙鳳蝶屬與多姿麝鳳蝶屬之親緣關係最相近。在台灣地區的裳鳳蝶族中，曙鳳蝶為台灣特有種之保育類物種，與其同屬種類皆棲息於熱帶地區或溫帶之低海拔低區，而台灣之曙鳳蝶僅以中部高海拔山區為主要棲息區域。因此，曙鳳蝶在台灣地區歷經冰河時期的氣候變遷，那樣的歷史演變過程，對於曙鳳蝶現今的保育問題，有何意涵，不得而知，所以，經由利用生態環境共域之多姿麝鳳蝶進行親緣地理關係之比較，分析結果發現中低海拔之多姿麝鳳蝶呈現高度基因交流之狀況，僅山區之樣點間成輕微受到阻隔效應之影響，但這兩蝴蝶因飛行能力強大，分屬不同山區之樣點間未造成族群明顯的分化現象，山區的曙鳳蝶族群間的基因多樣性則高於共域之多姿麝鳳蝶，但族群間之交流仍屬頻繁，因此，未來若需進行曙鳳蝶之保育，一方面，根據親緣地理分析結果顯示，曙鳳蝶之族群可視為一演化顯著單位(Evolutionary Significant Unit, ESU)，進行監測曙鳳蝶族群的變動、族群基因遺傳結構並與多姿麝鳳蝶族群共同比較，將可作為未來保育策略之參考。

關鍵詞：裳鳳蝶族、曙鳳蝶、多姿麝鳳蝶、粒線體DNA、親緣地理

目錄

1. 前言 1
1.1 台灣地區裳鳳蝶族現況 1
1.2 台灣地區裳鳳蝶族物種介紹 3
1.3 分子親緣分析在分類研究上的運用 7
1.4 親緣地理之理論與應用 9
1.5 保育遺傳與保育策略 11
1.6 研究目的 12
2. 材料與方法 13
2.1 物種採集及保存 13
2.2 採集地點、編號與數量 13
2.3 萃取方法 14
2.4 聚合?連鎖反應 (Polymerase Chain Reaction) 15
2.4.1 引子(primer)設計 15
2.4.2 聚合?連鎖反應條件設定 15
2.5 電泳膠片配製 16
2.6 序列定序 16
2.7 分子資料分析 17
2.7.1 序列校正 17
2.7.2 親緣樹形圖重建 17
2.7.3 序列多樣性(diversity)統計分析 18
2.7.4 族群結構 18
3. 結果 19
3.1 台灣地區裳鳳蝶族之親緣關係 19
3.1.1 物種粒線體DNA COI片段序列之組成與變異 19
3.1.2 台灣島內裳鳳蝶族 (*Triodini*) 之親緣關係 20
3.2 曙鳳蝶與多姿麝鳳蝶親緣地理關係之比較 20
4. 討論 24
4.1 粒線體DNA 片段之選擇及裳鳳蝶族物種之親緣關係 24
4.2 曙鳳蝶與多姿麝鳳蝶之親緣地理的比較 27
4.3 台灣地區曙鳳蝶保育策略的建議 32
5. 結論 35
參考文獻 55

參考文獻

- 方懷聖、楊燿隆、姚正得，1998，蘭嶼珠光鳳蝶之生態及復育研究，台灣省特有生物研究保育中心87年度計畫執行成果(動物組)。
- 王智文，2005，台灣及大陸東南地區中華花鱗(*Cobitis sinensis*)種群形態系統分類、分子地理親緣與生殖生態之研究，中山大學碩士論文。
- 王雲卿，1982，台灣山岳一覽表，野外雜誌社。
- 白九維、王效岳、陳小鈺，1999，中國珍稀與觀賞蝴蝶，淑馨出版社。
- 白水隆，1960，原色台灣蝶類大圖鑑，保育社。
- 何健鎔，1995，烏石坑地區蝴蝶資源，台灣省特有生物研究保育中心。
- 周堯，1998，中國蝴蝶分類與鑑定，河南科學技術出版社。
- 徐堉峰，1999，台灣蝶圖鑑 第一卷，台灣省之鳳凰谷鳥園。
- 徐堉峰，2001，台灣蝶圖鑑 第二卷，台灣省之鳳凰谷鳥園。
- 徐堉峰，2006，台灣蝶圖鑑 第三卷，國立鳳凰谷鳥園。
- 張文典，2006，居民對颱風災害環境衝擊認知及觀光發展態度之研究 以梨山地區為例。朝陽科技大學碩士論文。
- 郭雅晴，1990，大紅紋鳳蝶之生物學研究，台灣大學碩士論文。
- 楊燿隆，1997，曙鳳蝶保育研究(1/3)，台灣省特有生物研究保育中心86年度計畫執行成果(動物組)。
- 楊燿隆、賴肅如，1998，曙鳳蝶保育研究(2/3)，台灣省特有生物研究保育中心87年度計畫執行成果(動物組)。
- 楊燿隆、賴肅如，1999，曙鳳蝶保育研究(3/3)，台灣省特有生物研究保育中心88年度計畫執行成果(動物組)。
- 壽建新、周堯、李宇飛，2006，世界蝴蝶分類名錄，河南科學技術出版社。
- 趙榮台、楊曼妙、吳玟欣，2009，建立台灣的保育類昆蟲評估分類機制，行政院農業委員會林務局。
- 濱野榮次，1987，台灣蝶類生態大圖鑑，牛頓出版社。
- Avise, J. C. 2000. Phylogeography: the history and formation of species. University of Harvard Press.
- Boosart, J. L. and Prowell, D. P. 1998. Genetic estimates of population structure and gene flow: limitations, lessons and new directions. Trends in Ecology and Evolution 13:202-206.
- Cano, J. M., Makinen, H. S., Leinonen, T., Freyhof, J. and Merila, J. 2008. Extreme neutral genetic and morphological divergence supports classification of Adriatic three-spined stickleback (*Gasterosteus aculeatus*) populations as distinct conservation units. Biological Conservation 141:1055-1066.
- Caterino, M. S. and Sperling, F. A. H. 1999. *Papilio* phylogeny based on mitochondrial cytochrome oxidase I and II genes. Molecular Phylogenetics and Evolution 11(1): 122-137.
- Caterino, M. S., Reed, R. D., Kuo, M. M. and Sperling, F. A. H. 2001. A partitioned likelihood analysis of swallowtail butterfly phylogeny (Lepidoptera: Papilionidae). System Biology

- 50(1):106-127. 24.Chu, J. H., Lin, Y. S. and Wu, H. Y. 2007. Evolution and dispersal of three closely related macaque species, *Macaca mulatta*, *M. cyclopis*, and *M. fuscata*, in the eastern Asia. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 43:418-429. 25.Common, I. F. B. and Waterhouse, D. F. 1995. Butterflies of Australia. CSIRO Publication Australia. 26.Cox, B. C. and Moore, P. D. 2005. Biogeography: an ecological and evolutionary approach. Blackwell Publishing Company. 27.DeChaine, E. G. and Martin, A. P. 2005. Historical biogeography of two alpine butterflies in the Rocky Mountains: broad-scale concordance and local-scale discordance. *Journal of Biogeography* 32:1943-1956. 28.Frankham, R., Ballou, J. D. and Briscoe, D. A. 2010. Introduction to conservation genetics. United States of America by Cambridge University Press, New York. 29.Grant, W. S. and Bowen, B. W. 1998. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of Marine Fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation. *Journal of Heredity* 89:415-426. 30.Harrison, S. and Bruna, E. 1999. Habitat fragmentation and large-scale conservation: what do we know for sure? *Ecography* 22:225 – 232. 31.Jang-Liaw, N., Lee, T. and Chou, W. 2008. Phylogeography of *Sylvirana latouchii* (Anura, Ranidae) in Taiwan. *Zoological Science* 25:68-79. 32.Kato, Y. and Yagi, T. 2004. Biogeography of the subspecies of *Parides* (*Byasa*) *alcinous* (Lepidoptera: Papilionidae) based on a phylogenetic analysis of mitochondrial ND5 sequences . *Systematic Entomology* 29:1-9. 33.Kondo, K. and Shinkawa, T. 2003. Molecular systematics of birdwing butterfly (Papilionidae) inferred from mitochondrial ND5 gene. *Journal of the Lepidopterists' Society* 57(1):17-2. 34.Lai., B. C. G. 2003. Distribution of genetic diversity at local to continental scales in European insects: implications for conservation Ph. D Thesis. The University of Birmingham. UK. 35.Librado, P. and Rozas, J. 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* 25:1451-1452. 36.Lin, S. M., Chen, C. A. and Lue, K.Y. 2002. Molecular phylogeny and biogeography of the grass lizards genus *Takydromus* (Reptilia: Lacertidae) of east asia. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 22(2):276-288. 37.Loxdale, H. D. and Lushai, G. 1998. Molecular markers in entomology. *Bulletin of Entomological Research* 88:577-600. 38.Lunt, D. H., Zhang, D. X., Szymura, J. M. and Hewitt, G. M. 1996. The insect cytochrome oxidase I gene : evolutionary patters and conserved primer for phylogenetic studies. *Insect Molecular Biology* 5(3): 153-165. 39.MacArthur, R. H. and Wilson, E. O. 1967. The theory of island biogeography. Princeton University Press. 40.Morinaka, S., Maeyama, T., Maekawa, K., Erniwati, D., Prtjono, S. N., Ginarsa, I. K., Nakazawa, T. and Hidaka, T. 1999. Molecular phylogeny of birdwing butterflies based on the representatives in most genera of the tribe Troidini (Lepidoptera: Papilionidae). *Entomological Science* 2(3):347-358. 41.Moritz, C. 1994. Defining evolutionarily significant units for conservation. *Trends in Ecology and Evolution* 9:373-375. 42.Moritz, C. 1995. Uses of molecular phylogenies for conservation. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London* 349:113-118. 43.New, R. T. 1997. Butterfly conservation. Oxford University Press. 44.Rogers, A.R. and Harpending, H. 1992. Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic differences. *Molecular Biology and Evolution* 9(3):552-569. 45.Silva-Branda, K. L., Freitas, A. V. L., Brower, A. V. Z. and Solferini, V. Nisaka. 2005. Phylogenetic relationships of the New World Troidini swallowtails (Lepidoptera: Papilionidae) based on COI, COII, and EF-1a genes. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 36:468-483. 46.Simon, C., Frati, F., Beckenbach, A., Crespi, B., Liu, H. and Flook, P. 1994. Evolution, weighting, and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers. *Annals of the Entomological Society of America* 87:651 – 701. 47.Sperling, F. 2003. Butterfly molecular systematics: from species definitions to higher level phylogenies in Butterflies: *Ecology and Evolution Taking Flight*. Boggs, C. L., W. B. Watt, and Ehrlich, P. R., (Eds) University of Chicago Press. Chicago USA pp 431-458. 48.Taberlet, P. 1998. Biodiversity at the intraspecific level: The comparative phylogeographic approach. *Journal of Biotechnology* 64:91-100. 49.Taberlet, P., Fumagalli, L., Wust-Saucy, A. and Cosson, J. 1998. Comparative phylogeography and postglacial colonization routes in Europe. *Molecular Ecology* 7:543-464. 50.Tamura, K., Dudley, J., Nei, M. and Kumar, S. 2007. MEGA4: Molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution* 24:1596-1599. 51.Tilman, D., Fargione, J., Wolff, B., D ' Antonio, C., Dobson, A., Howarth, R., Schindler, D.,Schlesinger, W.H., Simberloff, D. and Swackhamer, D. 2001. Forecasting agriculturally driven global environmental change. *Science* 292:281 – 284. 52.Tsao, W. C. and Yeh, W. B. 2008. DNA-based discrimination of subspecies of swallowtail butterflies (Lepidoptera: Papilioninae) from Taiwan. *Zoological Studies* 47(5):633-643. 53.Truett, G. E., Heeger, P., Mynatt, R. L., Truett, A. A., Walker, J. A. and Warman, M. L. 2000. Preparation of PCRQuality mouse genomic DNA with hot sodium hydroxide and tris (HotSHOT). *BioTechniques* 29:52-54. 54.Vila, M., Lundhagen, A. C., Thumanl, K. A., Stone, J. R. and Bjorklund, M. 2006 . A new conservation unit in the butterfly *Erebia triaria* (Nymphalidae) as revealed by nuclear and mitochondrial markers. *Annales Zoologici Fennici* 43:72-79. 55.Vitousek, P. M., Mooney, H. A., Lubchenco, J. and Melillo, J. M. 1997. Human domination of earth ' s ecosystems. *Science* 277:494-499. 56.Wang, J. P., Hsu, K. C. and Chiang, T. Y. 2000. Mitochondrial DNA phylogeography of *Acrossocheilus paradoxus* (Cyprinidae) in Taiwan. *Molecular Ecology* 9:1483 – 1494. 57.Warshall, P. 1994. The madrean sky island archipelago: a planetary overview. in *Biodiversity and management of the Madrean Archipelago: the sky islands of southwestern*. Debano, L. F., Ffolliott, P.F., Ortega-Rubio, A., Gottfried, G.J. and Hamre, R. H., (EDs). U.S. Department of Agriculture, Forest Service General Technical Report RM-GTR-264, pp.6-19. 58.Yagi, T., Sasaki, G. and Takebe, H. 1999. Phylogeny of japanese Papilionid butterflies inferred from nucleotide sequences of the mitochondrial ND5 gene. *Journal of Molecular Evolution* 48:42-48. 59.Yuan, S. L., Lin, L. K. and Oshida, T. 2006. Phylogeography of the mole-shrew (*Anourosorex yamashinai*) in Taiwan: implications of interglacial refugia in a high-elevation small mammal. *Molecular Ecology* 15:2119-2130. 60.Zink, R. M., Kessen, A. E., Line, T. V. and Blackewll-Rago, R. C. 2001. Comparative phylogeography of some aridland bird species. *Journal of the Cooper Ornithological Society* 103:1-10.