

討 論

一、臺灣島內兩種白粉蝶族群間基因流傳與遺傳分化之探討

根據本研究所得之數據估算，臺灣島內緣點白粉蝶 (*Pieris canidia*) 與白粉蝶 (*P. rapae crucivora*) 的各族群間基因流傳值分別介於 1.17- 292 與 0.71- 8.86，平均值分別為 41.96 與 10.09，與白粉蝶屬其他的族群間以同功異構酶分析之基因流傳值相較，例如 *P. napi* (Nm= 11)、*P. adalwinda* (Nm= 2.2) 和 *P. bryoniae* (Nm= 8.8) 等物種 (Porter and Geiger 1995)，顯示兩物種族群間的基因流傳均屬順暢。

臺灣島內緣點白粉蝶與白粉蝶之族群遺傳分化指數 (F_{ST} = 0.0601 vs. 0.11516) 與 Porter 和 Geiger (1995) 白粉蝶屬 *napi* 種群之五種白粉蝶以同功異構酶分析之結果，與本研究結果相似 (F_{ST} 分別是 0.0226、0.0277、0.0052、0.1322、0.1010)，顯示此物種缺少族群間遺傳分化的現象。

由於本研究中之白粉蝶能作長距離的移動 (250-600 m/ day) (Jonse et al. 1980, Ohsaki 1980)，此高移動力可解釋為何兩物種族群間擁有高基因流傳值，且族群間並無分化現象。移動能力是影響許多昆蟲族群間基因交流的重要原因，若一物種具高移動力，可除去地理阻隔的干擾，造成族群間基因交流順暢 (Bilton 1992, Eber et al. 1992, Rank 1992, Napolitano and Descimon 1994)，例如夜蛾科 (Noctuidae) 的 *Helicoverpa virescens* (Nm= 135) (Korman et al. 1993)、*Spodoptera frugiperda* (Nm= 7.6) (Pashley et al. 1985) 與泛世界性危害棉花的甜菜夜蛾 (*H. armigera*)，因具有高移動能力 (2000 km)，棲地間的撒哈拉沙漠亦不造成阻隔，所以結果顯示在非洲與歐洲地區的族群間基因流傳非常順暢 (Nm= 25- 156)，分化情形不符合隔離分化模型，且缺

乏族群結構。

二、臺灣島內兩種白粉蝶族群內遺傳變異

比較兩物種族群內遺傳變異，緣點白粉蝶的遺傳變異 ($h=0.372$, $\pi=0.00057$) 較白粉蝶 ($h=0.792$, $\pi=0.003$) 低，且前者的核苷酸置換位點比例僅有後者的十分之一 (0.002 vs. 0.02)，顯現出相當低程度的遺傳變異。原生物種並未如預期地有較高的遺傳變異，應與其在 1960 年代受到白粉蝶競爭生態棲位，導致族群數量遽減 (日浦 1973, 貢 1996)，在瓶頸效應下遺失其原有的部分遺傳變異所致。

王等 (1996) 以同功異構酶分析顯示臺灣島內緣點白粉蝶與白粉蝶之族群內遺傳變異皆偏低 ($H_e < 0.06$ vs. 0.076)。雖樣本數僅包含台北地區，但仍可見到白粉蝶變異度較高之事實。而由本研究結果顯示兩物種的差異更大，由於樣本數較大，樣區分布更廣，由 DNA 作為分子標記可讀取較多的遺傳訊息，可依此看出兩物種更完全的遺傳結構。本研究結果得知臺灣島內外來種白粉蝶具有較原生種緣點白粉蝶高程度的遺傳變異。Williamson (1996) 指出高遺傳變異使族群對環境的適應力較高，與外來種入侵成功具正相關性 (Kreiser et al. 2000, Clegg et al. 2002, Stepien et al. 2002); 因此具有較高遺傳變異應是造成白粉蝶於 1960 年代在臺灣成功建立穩定族群，且數量相對於緣點白粉蝶呈現優勢 (貢 1996, Chu and King 1973) 的原因之一。

三、臺灣島白粉蝶族群與鄰近地區族群比較之探討

若如陳 (1973) 與濱野 (1987) 所述，臺灣島內白粉蝶為自日本引入之外來物種，則臺灣島內白粉蝶應源自於日本之白粉蝶母族群，但由本研究結果卻發現日本地區之族群較臺灣白粉蝶族群變異低 ($h=0.216 < 0.792$, $\pi=0.00039 < 0.003$); 另依 Takami (2004) 以複製片

段長度多型性 (AFLP) 分析日本地區 36 個白粉蝶族群，結果亦顯示日本族群之遺傳變異度低 ($H_e=0.0442-0.0638$) 的格局。以 DNA 序列與 AFLP 兩個方法檢測，皆顯示出日本地區白粉蝶遺傳變異程度低於臺灣島內白粉蝶族群卻擁有的遺傳變異，顯示臺灣島內白粉蝶族群並未發生由少數奠基者建立之新族群所預測的創始者效應。

由創始者效應所導致遺傳變異之減少，與最初入侵之族群數量有相當大的關係；因此若最初的奠基者數目愈多，抑或奠基者是來自多個母族群的多重入侵事件，皆可使新族群保有高遺傳變異度 (Nei et al. 1975, Ross 1983, Maruyama and Fuerst 1985, Baker and Moeed 1987, Demelo and Hebert 1994)。例如北美五大湖區於 1988 年藉由船隻壓艙水多次引入斑馬貽貝 (*Dreissena polymorpha*)，經 Stepien et al. (2002) 以 RAPDs 發現，入侵北美的斑馬貽貝族群與歐洲的族群遺傳變異程度相近似 ($H=0.18-0.222$ vs. $0.128-0.196$)，無創始者效應發生。臺灣島內白粉蝶應有較多的入侵族群數量或因多重入侵事件而導致其遺傳歧異度偏高，無創始者效應存在。

比較另一鄰近臺灣地區的中國大陸白粉蝶族群，由圖六可見，依鄰近歸群法所建構之親緣關係樹並未依地區而有單系群存在，反而臺灣、中國大陸與日本三地區族群之基因型呈現交錯狀態，代表三地區族群互相間在遺傳上的關係仍是相近的；而臺灣同時擁有與日本 (TW01=JP01) 以及中國大陸 (TW03=CN08, TW04=CN05) 相同的基因型，顯示臺灣之白粉蝶族群並非如陳 (1973) 與濱野 (1987) 所推測為單一自日本引入，除日本之外應另包括來自中國大陸地區族群的多重入侵事件。因入侵的時間並不長，所以詳細的白粉蝶入侵臺灣島之歷史仍須有更完整的樣本蒐集與更靈敏的遺傳標誌方可推知。

結 論

以粒線體 DNA 之 *COI* 基因部分片段序列分析並比較緣點白粉蝶 (*P. canidia* (Sparman, 1768)) 與白粉蝶 (*P. rapae crucivora* Boisduval, 1836) 在臺灣島內之族群遺傳結構以及與臺灣以外地區族群之親緣關係得知，緣點白粉蝶與白粉蝶在島內之族群間基因流傳相當順暢；後者之遺傳變異度較日本白粉蝶族群變異度高，而與中國大陸族群變異度相近似，這樣的結果顯然並不符合創始者效應的預測。利用鄰近歸群法重建之親緣關係樹顯示，臺灣、中國大陸以及日本之白粉蝶基因型呈現互相交錯混雜的狀態。且網狀親緣關係圖呈現臺灣產族群同時擁有中國大陸與日本的部分基因型。日本之各族群內與族群間之遺傳歧異度亦偏低。因此臺灣島內之白粉蝶族群可能由多重入侵事件所建立，其來源地區包括中國大陸與日本等地區，而非過去所認為的由日本的單次引入事件。