

臺灣產褸網蜘蛛分子遺傳結構之分析

林俊宏 李錦年 楊智傑 呂柏緯 陳世煌 呂光洋 方剛*

國立臺灣師範大學生物學系

摘要

遷移能力低的節疣類褸網蜘蛛雖然在臺灣處處可見，但臺灣地形受到高山與短促河流分割，造成地形阻隔，可能因此產生族群遺傳結構的變化。本文使用隨機多型性放大(Random amplification of polymorphism determination; RAPD)方式，以不同的隨機引子放大 DNA 模板之後，分析分佈於臺灣北、中、南及東部的褸網蜘蛛，對各地族群的基因結構作探討。結果顯示臺灣褸網蜘蛛可分兩個群組，分別為北部及中部群組與東部及南部群組，初步結果也顯示褸網蜘蛛的族群遺傳結構與地理隔離相關。這種變化是否是因為地理隔離產生或是本島褸網蜘蛛來自不同的祖先，因地緣阻絕隔離而產生分化，仍然需要更多的相關研究以證實。

關鍵詞：隨機多型性放大、褸網蜘蛛

緒言

蜘蛛屬於節肢動物門(Arthropoda)蛛形綱(Arachnida)中的蜘蛛目(Araenae)。蜘蛛的種類繁多，是現有生物中的第七大目。日據時期，日本學者對臺灣蜘蛛方面研究有相當豐富的成果，近年來國內則少有這方面的研究報導。臺灣有豐富的天然資源，多變化的氣候，而且地形崎嶇不平，涵蓋高度範圍甚廣，所蘊藏蜘蛛的種類繁多，但國人蜘蛛研究方面記錄不多。

蜘蛛的分類隨學者的觀點不同，對於各種特徵的重視程度不一，而所倚賴的分類系統亦不盡相同。傳統上蜘蛛的分類是以形態與生活習性為主要依據，但是隨著新種類發現的增加，歧異度也愈複雜，若是僅靠著傳統形態與行為分類方式，無法解決所有的問題，因此使用不同的分析方法驗證不同分類的方式是有必要的。

褸網蜘蛛是節疣類蜘蛛的一科，褸網蜘蛛科(Psechridae)一共包括四個屬，分別是 *Psechrus*、*Fecenia*、*Haurokou* 和 *Psaka* (Levi, 1982; Forster, 1973)。它們分佈於東南亞的印度、印尼、緬甸與婆羅洲及澳洲，而臺灣僅有褸網蜘蛛屬(*Psechrus*)。臺灣發現的褸網蜘蛛體長約為 2 公分，雄性較雌性為細小。腹部呈長卵形，蜘蛛近腹部端有節疣，從上面看可見絲疣。外部生殖器成幾丁質，被中隔分為兩部。頭部呈淡黃色，胸板為黑褐色。腳呈淡黃色，各節末端顏色較濃。一般皆棲息於山崖窩洞處，結漏斗形網。其平網部分大可達一公尺左右。網孔皆不規則，有如經過長久的風雨吹打而變成破爛的形狀，是以得名為褸網蜘蛛。

過去文獻報告顯示，臺灣的褸網蜘蛛最早被鑑定為只有一個種，為野褸網蜘蛛(*Psechrus torvus*) (Kayashima, 1962; 李, 1964)。但也有學者認為臺灣的褸網蜘蛛應

*通信作者(corresponding author)：方剛(Kang Fang)；FAX: 886-2-29312904；E-mail: biofv033@sc.ntnu.edu.tw

不只一個種 (Yoshida, 1978)。後又有報告認為臺灣的樓網蜘蛛與大陸同種，為中國樓網蜘蛛 (*Psychrus sinensis*) (Levi, 1982)。也曾有學者鑑定比對過文獻中發表臺灣的樓網蜘蛛，也證實樓網蜘蛛為中國樓網蜘蛛，目前在臺灣並沒有發現野樓網蜘蛛 (Chen, 1996)。

經鑑定臺灣各地所採集的樓網蜘蛛標本生殖器官，發現臺灣各地的樓網蜘蛛有分化的跡象，隨著地理分佈上位置不同，樓網蜘蛛的生殖器官形態已經有了區別。初步由形態區別顯示臺灣地區的樓網蜘蛛可分為三個族群，北部的樓網蜘蛛與中國樓網蜘蛛相同，而中部的樓網蜘蛛與在東部和南部所分布的樓網蜘蛛在形態上，尤其在生殖器官與中國樓網蜘蛛明顯不同 (陳，未發表結果)，究竟這種差異是地理的阻隔而造成的，或為一尚未發表的新種，仍然有待更進一步的探討。樓網蜘蛛有定點捕食特性，它們遷移能力不高，此種形態上的差異與遺傳結構上有何關係？或是地形分割所造成的阻隔？是一個值得思索的問題。本文將就所臺灣北部、中部、東部與南部所收集得樓網蜘蛛，以隨機多型性放大 DNA (Random Amplification Polymorphism DNA; RAPD) 的數據，作遺傳結構分析。由數據結果分析顯示，臺灣樓網蜘蛛分佈的遺傳結構，受到地形隔離的影響，產生了明顯的變化。

材料與方法

材料採集與保存

族群採樣分別取自臺灣本島北部、中部、南部及東部四個區域，以勘定地形 (山脈、河川) 的隔離對樓網蜘蛛族群遺傳結構

分化的影響，樓網蜘蛛樣區採集標本位置 (圖一)，海平面高度及經緯度則分別記錄以為參考 (表一)。

將採集的蜘蛛活體及卵囊，置入塑膠盒，帶回實驗室。每一族群除了少數成體以 70% 酒精固定保存，以鑑定種別和做為存證標本之用外，其餘個體以及孵化的幼蜘蛛均可提供做為 DNA 的萃取之用。此外也記錄採集地點之生態環境與棲地環境，以供未來遺傳結構變異分析的參考。

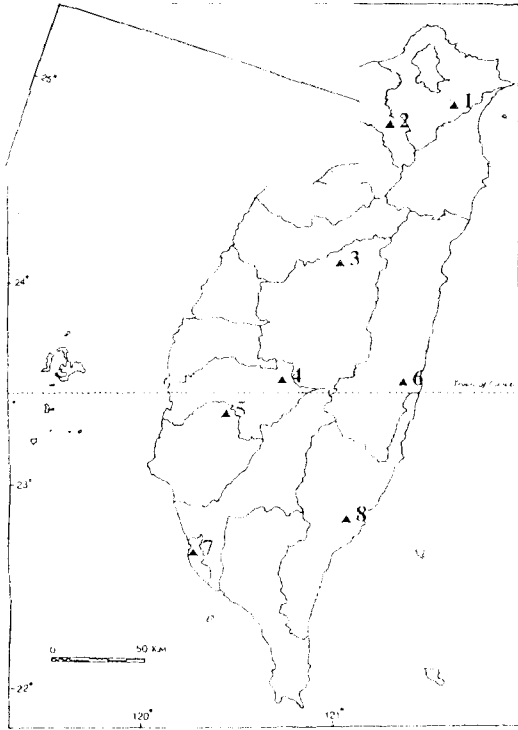
研究方法

1. 樓網蜘蛛 DNA 的萃取

將採回的樣本存於 -70°C 的冰箱中。個別蜘蛛萃取時，每隻蜘蛛取其腳 1 對，置於研鉢中，加入液態氮研磨，再加入 $500\ \mu\text{l}$ 萃取緩衝液 (包括 $70\ \text{mM NaCl}$, $10\ \text{mM Tris-HCl}$, $25\ \text{mM EDTA pH 8.0}$, $0.9\% \text{ SDS}$, proteinase K ($6\ \mu\text{g/ml}$)) (Huber, 1993)，將研磨混合液，置於 50°C 水浴槽中 8 個小時或 37°C 隔夜後，再加入 0.1 倍體積的 3M NaOAc pH 4.7 ，再以等體積的 phenol/chloroform (1:1 體積混合物) 萃取兩次，取上清液再以 2 倍體積的 chloroform 萃取一次，混入 2 倍體積的無水酒精。倒轉混合置於 -70°C 的冰箱中 20 分鐘或 -20°C 兩個小時後，以 $12\ \text{K rpm}$ 離心 10 分鐘沉澱核酸，再用 70% 酒精洗去鹽類。風乾後沉澱後，加入 20 至 $35\ \mu\text{l}$ 的 TE 緩衝液，隔夜待核酸溶解後，測量 OD_{260} 定量萃取的核酸 (Sambrook *et al.*, 1989)。將部分 DNA 稀釋為 $50\ \text{ng}/\mu\text{l}$ 以為未來使用。另外取 100 至 200 ng 的 DNA 樣品在 0.7% 的洋菜膠進行電泳，檢查 DNA 的完整之後，保存於 4°C 冰箱中。

2. 聚合酶連鎖反應 (PCR)

取 $50\ \text{ng}$ 的萃取 DNA 加入反應溶液中。



圖一、蜘蛛採集地點圖。“▲”表示縷網蜘蛛 (*Psechrus* sp) 族群採集點，地圖上縷網蜘蛛採集點分別為(與表一對照): 1.台北坪林, 2.桃園三民, 3.南投惠孫林場, 4.嘉義阿里山, 5.台南關子嶺, 6.花蓮瑞穗, 7.高雄壽山及 8.台東紅葉。

Figure 1. Sample collection mapping. “▲” means sites where *Psechrus* sp were collected, and their corresponding latitude are shown in Table 1.

表一、縷網蜘蛛採集地點及海拔高度。位置表示與圖一相對應的位置。

Table 1. The corresponding latitude of the sites where *Psechrus* sp were collected.

位置	縷網蜘蛛採集地	海拔高度 (M)	經緯度
1	台北坪林	550	N 24°56' E 121°42'
2	桃園三民	550	N 24°49' E 121°20'
3	南投惠孫林場	750	N 24°02' E 121°02'
4	嘉義阿里山	2200	N 23°32' E 120°47'
5	台南關子嶺	400	N 23°31' E 120°30'
6	花蓮瑞穗	150	N 23°30' E 121°22'
7	高雄壽山	350	N 22°39' E 120°15'
8	台東紅葉	300	N 23°30' E 121°20'

反應溶液包括 10 ng 引子、100 μ M dNTP、1U *Taq* DNA 聚合酶 (Viogene), 調整總體積至 25 μ l 的反應溶液後, 進行 PCR 反應。實驗將採用的十六個隨機放大引子, 皆為 10 個鹼基 (nt) 長的 DNA 片段 (表二) (Perez *et al.*, 1998)。

PCR 反應條件為: 先以 95°C 反應 6 分鐘, 使 DNA 的雙股裂解。再以循環式的裂解溫度 94°C 作用 1 分鐘, 引子煉合溫度 32°C 作用 1 分鐘, 延長溫度 72°C 作用 2 分鐘, 進行 45 個循環反應, 最後以 72°C 作用 10 分鐘。

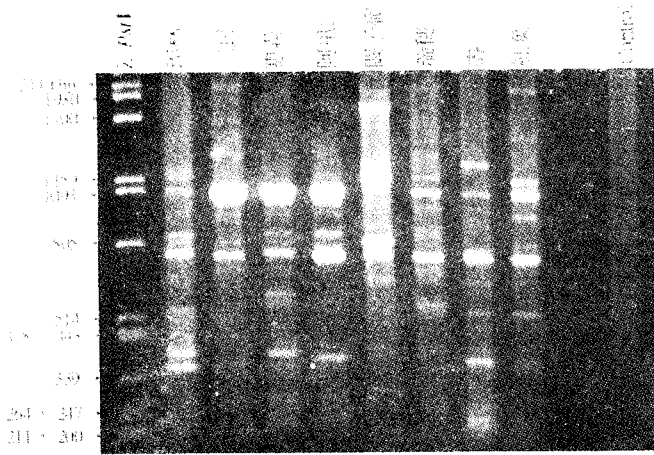
每個引子除了以採集的縷網蜘蛛 DNA 為模板進行 RAPD 的 PCR 放大之外, 另外也同時加入一個沒有放入 DNA 模板的對照組, 以確定實驗組訊號不含任何非專一污染來源。

3. PCR 產物分析

每個 PCR 放大產物以 6% 的聚丙烯醯膠電泳分析, 確定對照組無污染後, 再取 10 μ l 產物以 1% 的洋菜電泳分離, 由溴化乙錠 (ethidium bromide) 染色照相存檔, 並以噬菌體 λ DNA/*Pst*I 做為分子量標記, 比對產物條紋出現位置。

4. 資料數據分析

根據洋菜膠電泳照片 (圖二), 就同一個引子所放大多形性 DNA 比對分析。每一地區族群皆分析兩至三隻樣本, 這些樣本經由每一引子放大後所出現條紋形式皆相同。分析族群在照片中同一水平位置出現放大產物的 DNA 樣本記為 1, 水平高度沒有出現放大產物的 DNA 樣本記為 0。把所有的引子 PCR 放大的產物經過轉換之後, 依據群間相同條紋 (shared band) 的數目所計算出樣本間的相似度 (similarity index), 其公式為 $S_{xy} = 2m_{xy} / (m_x + m_y)$ 。其中 S_{xy} 代表樣本



圖二、代表性 RAPD 電泳圖 (引子 Q2)。照片從左至右的 Lane 分別為 $\lambda/PstI$ 、台北坪林、桃園三民、南投惠孫、嘉義阿里山、台南關子嶺、花蓮瑞穗、高雄壽山、台東紅葉。最右邊一個 Lane 則為控制組，未加入蜘蛛 DNA 所做的 PCR 反應，以確定實驗組無污染，所有經引子放大的 RAPD 產物在各地族群間皆有其多型性。

Figure 2. The electrophoretic analysis of RAPD from random primer Q2. The first lane from the right (control) is the product from assay without DNA to confirm absence of nonspecific amplification due to residual contamination.

x 與樣本 y 之間的 DNA 相似度， m_{xy} 為 x 與 y 之間之共同條紋 (shared bands) 數，而 m_x 與 m_y 則分別為 x 與 y 本身的條紋數 (Nei and Li, 1979)。分析方法是利用 NTSYS-PC 軟體 (Version 1.8; Rohlf, 1993) 所得 UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean) 樹狀圖 (Sneath and Sokal, 1973)。

結 果

RAPD 產物電泳數據分析及族群間相同條紋 (shared bands) 數目統計

由 16 個引子所放大的 RAPD 經洋菜膠

電泳分析之後，發現所有放大引子的 RAPD 產物在各地族群間皆有其多型性。選用的 16 個引子電泳結果顯示放大的 RAPD 條紋 (bands) 涵蓋範圍從 150 至 3500 鹼基對 (bp) (表二)。其中對於八個區域所採集蜘蛛的基因組 DNA，經過放大反應所得條紋數目皆不相同，但區域內採集蜘蛛其條紋出現形式皆相似。因此其條紋出現樣式與採集地蜘蛛來源相關，而造成隨機放大效果有所差別。如引子 Q9 所放大得的條紋數變化涵蓋範圍最廣，它們可以隨不同的蜘蛛，放大最少 1 個條紋，最多 11 個條紋。平均每個引子放大可得到的條紋數，皆在 7 至 13 條之間 (除 Q3 外，它放大可得到的條紋數平均僅為 4.4 條)。

表三 (a) 為統計各蜘蛛族群經 PCR 放大後所得之條紋總數，以及每一蜘蛛族群間相同條紋的數目。統計結果顯示，所得條紋最多的是桃園三民的襖網蜘蛛族群，總計共放大 174 條；最少的則是坪林的襖網蜘蛛，總計共放大 145 條。各地區的蜘蛛放大條紋總數都在 145 至 174 條之間，平均值是 160 條。在蜘蛛族群相同條紋數目中，相同出現位置數目最多的是花蓮瑞穗與台東紅葉，共有 109 條。相同條紋數目最少的是台北坪林對高雄壽山。大部分出現位置的相同條紋的數目都在 70 至 80 左右，平均數目為 77 條。族群間的相同出現位置條紋數會因為使用的引子不同而有大的變化。例如台北坪林和桃園三民兩族群的相同條紋數在使用引子 Q4 放大時只有 2 條，而使用引子 Q5 放大時的相同條紋數有 7 條。

物種間的相似度 (similarity index) 統計

為依據族群間相同條紋 (shared band) 的數目可以估計物種間的相似度 (similarity

表二、RAPD 引子序列及其放大條紋數目及每一引子放大所涵蓋範圍 (±代表標準誤差)。

Table 2. DNA sequences of RAPD primers and the average and the range of total numbers of the bands and the covered ranges amplified for each primer (± means standard error).

引子	序列 (5'→3')	GC 含量(%)	放大條紋數目		放大條紋涵蓋範圍(bp)
			平均放大條紋數	放大條紋數目範圍	
Q2	TCTGTCGGTC	60	10.5±2.2	7~14	200~2100
Q3	GGTCACCTCA	60	4.4±2.5	2~9	200~800
Q4	AGTGCGCTGA	60	12.1±3.1	8~16	200~3500
Q5	CCGCGTCTTG	70	9.5±1.9	6~11	250~2500
Q7	CCCCGATGGT	70	13.9±2.4	10~18	200~2800
Q8	CTCCAGCGGA	70	9.0±2.7	5~13	150~1800
Q9	GGCTAACCGA	60	6.8±3.4	1~11	150~1400
Q10	TGTGCCCCGA	70	13.0±1.4	11~15	240~2300
Q12	AGTAGGGCAC	60	13.9±2.8	11~19	250~1800
Q13	GGAGTGGACA	60	11.1±2.1	9~15	150~1700
Q16	AGTGCAGCCA	60	11.6±2.8	8~17	200~1800
Q18	AGGCTGGGTG	70	7.8±4.1	2~14	200~1700
V2	AGTCACTCCC	60	7.5±1.3	6~10	350~1800
V4	CCCCTCACGA	70	9.8±3.9	4~17	400~1800
V7	GAAGCCAGCC	70	11.4±2.5	7~15	350~2900
V19	GGGTGTGCAG	70	8.5±2.8	4~14	250~2000

表三(a)、個體間相同放大條紋數目 (對角線以下), 對角線數字顯各地縷網蜘蛛所得的放大條紋數。

Table 3(a). Common bands that appeared between samples from two different sites in all the primers tested (below diagonal). The numerical values in the diagonal represent the total numbers of the bands amplified in all the primers used in each site (bold letters).

	坪林	三民	惠蓀	阿里山	關子嶺	瑞穗	壽山	紅葉
坪林	145							
三民	83	174						
惠蓀	81	101	171					
阿里山	70	82	92	147				
關子嶺	62	64	70	65	159			
瑞穗	78	78	80	73	81	172		
壽山	59	61	78	65	83	85	156	
紅葉	78	74	81	73	71	109	80	161

index) 表三(b)。其中相似度最高的為花蓮瑞穗對台東紅葉 ($S_{xy} = 0.655$), 相似度最低的則為桃園三民對高雄壽山 ($S_{xy} = 0.370$)。樣區標本彼此相似度與共同條紋的數目的多寡是一致的。由數據結果也可以看出若干地區內的縷網蜘蛛間的相似度較高, 如中區的桃園三民、南投惠蓀、嘉義阿里山間彼此相互的相似度皆高於 0.500。在南區

的高雄壽山與台南關子嶺的相似度更高達 0.527, 而東部的花蓮瑞穗和台東紅葉彼此的相似度為 0.655, 更是所有得到所有 28 種相似度比較中最高的。南部關子嶺與東部紅葉族群的相互間的相似度為 0.444, 關子嶺與瑞穗是 0.489, 顯示東部與南部族群之間仍然是有區隔的。相較與東部及南部四個族群, 北部與中部之間甚至中北部與東南族群

間的相似度則明顯降低。

UPGMA 親緣關係樹狀圖的分析

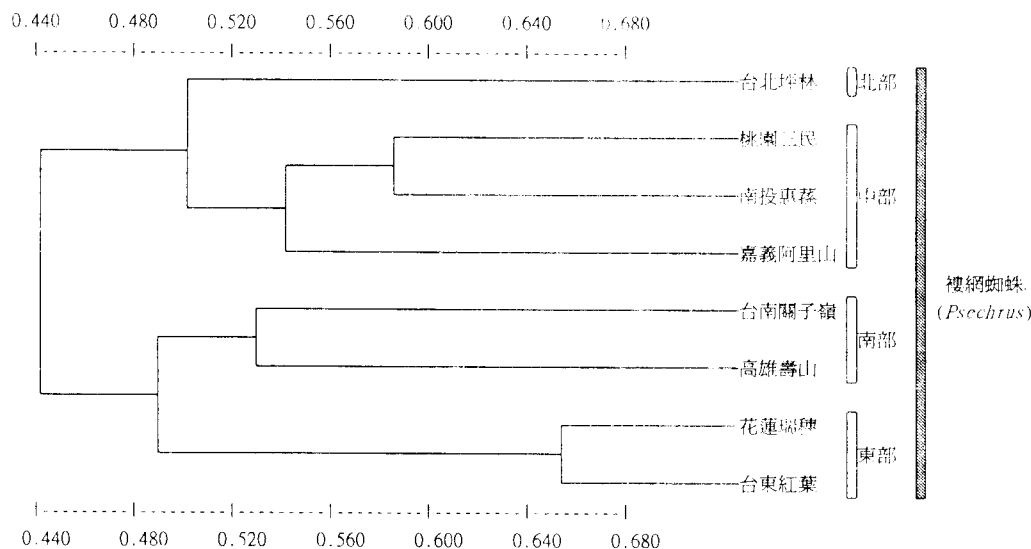
從族群間的相似度比較，可以看出縷網蜘蛛族群結構與地理位置的相關性，這些相似度所看出的關係，更可以由所建立 UPGMA 的樹狀圖證實（圖三）。根據相似度所建立的親緣關係樹狀圖，可看出收集臺灣縷網蜘蛛間的親緣關係。圖形顯示對應的刻度越大，代表物種間的親緣關係越近。花

蓮瑞穗和台東紅葉的分支點對應位置為 0.655，代表這兩個地點間的親緣關係密切。圖中可看出北部與中部群關係較近，而東部與南部群又屬於相近的一群。北中部與南東部的分支點刻度皆為 0.443。而北部和中部分支點刻度為 0.504。南部與東部分支點較其它地區分支點刻度較大，如台南關子嶺和高雄壽山的刻度為 0.525。同在東部的花蓮瑞穗、台東紅葉分支點刻度更高到達 0.655。從樹狀圖中可以看出臺灣各地區的

表三(b)、個體間的相似度，物種間的相似度 (similarity index)。 $S_{xy} = 2m_{xy} / (m_x + m_y)$ 。其中 S_{xy} 代表樣本 x 與樣本 y 之間的相似度，而 m_{xy} 為 x 與 y 之間的相同條紋 (shared band) 數，而 m_x 與 m_y 則分別為 x 與 y 本身的條紋數。

Table 3(b). Similarity index between samples of two different sites.

	坪林	三民	惠孫	阿里山	關子嶺	瑞穗	壽山	紅葉
坪林	1.000							
三民	0.520	1.000						
惠孫	0.513	0.586	1.000					
阿里山	0.479	0.511	0.579	1.000				
關子嶺	0.408	0.384	0.424	0.425	1.000			
瑞穗	0.492	0.451	0.466	0.458	0.489	1.000		
壽山	0.392	0.370	0.477	0.429	0.527	0.518	1.000	
紅葉	0.510	0.442	0.488	0.474	0.444	0.655	0.505	1.000



圖三、依相似度以 UPGMA (NTSYS-PC 軟體) 分析所得之縷網蜘蛛親緣關係樹。圖中的刻度為親緣關係樹之分支點相似度大小。各族群右邊分別把北區、中區、南區及東區的縷網蜘蛛加以標示。

Figure 3. UPGMA phylogenetic analysis of *Psecchrus* sp as derived from similarity index using NTSYS-PC software. The scale bar on the top represents similarity index.

縷網蜘蛛間的親緣遺傳結構和地理的位置分佈有密切的關係。

討 論

臺灣全島雖然在高低海拔地區都皆可發現縷網蜘蛛，但是這類蜘蛛具定點捕食性，不像大部份在臺灣常見的蜘蛛科，如狼蜘蛛或跑蜘蛛等，由粒線體 DNA 序列分析，發現南北物種彼此之間沒有明顯的歧異度（呂，1998）。但是縷網蜘蛛的幼蟲沒有空飄的能力，所以遷移能力不高。臺灣地勢上，中央山脈跨越南北，東西走向河流，貫穿其間，受到地形分割的影響，再加上縷網蜘蛛與人類互動關係不多，極可能造成蜘蛛在不同棲息地間基因交流速率緩慢，其遺傳結構也可能因為地形分割，產生隔離。由於縷網蜘蛛生長為成體比率甚少，而且其生殖構造在成體之前不易辨識（Levi, 1982），因此由形態特徵作族群間結構分析困難重重，故使用更進一步用不同方式對縷網蜘蛛族群分佈的遺傳構造是有必要的。

分子生物技術對於許多物種親緣關係的分析有很好的成果，但是應用在蜘蛛親緣關係的研究報告，仍相當有限。本文利用 RAPD 鑑定族群遺傳結構是因為它的操作簡單，只需要少量的與一小段合成的單股 DNA 作為引子，即可進行 PCR 反應，事先無須取得該基因組的任何相關資料。使得 RAPD 技術可運用在無先前研究資料的物種上，分析效率高，所需要的 DNA 量甚少，更重要的是，這種技術不需使用放射性同位素，對分子生態學的研究有相當大的助益（Williams *et al.*, 1990; 鄭 等，1994）。RAPD 是利用一個隨機放大引子，可以放大 DNA 模板上多形性

（polymorphic）序列，是為隨機放大（random amplification）。文獻資料顯示比較隨機放大 PCR 產物的多型性 DNA，可分析出物種族群間的親緣關係（Hadrys *et al.*, 1992; Fegan *et al.*, 1993），過去也有用 RAPD 分析昆蟲，如蚱蜢（Chapco *et al.*, 1992），切葉蜂（Rui and Gerald, 1996）族群分佈的例子，為 DNA 指紋分析技術（DNA fingerprinting）開闢了一個新的領域，更是提供遺傳構造研究另外一種值得嘗試方式。

由 RAPD 指標分析結果及樹狀圖顯示臺灣縷網蜘蛛可分為兩個群組，分別是北部與中部群組及東部與南部群組等兩種群組。其中桃園三民、南投惠蓀與嘉義阿里山等三個區域可以歸類為一起為中部類群，這個類群可與台北坪林結合成一群組，而歸在一起的台南關子嶺與高雄壽山與相似度甚高的花蓮瑞穗與台東紅葉結合成另一群組。而樣本相似度極接近的中部地區，包括地理上相近的南投惠蓀及嘉義阿里山與桃園三民，所涵蓋的距離最廣。雖然桃園三民與台北坪林距離（35 公里）較南投惠蓀（85 公里）為近，但是桃園三民卻與南投惠蓀間的相似度遺傳距離為近。而花蓮瑞穗與台東紅葉之間約九十公里，但其相似度最高。雖然南部關子嶺及高雄壽山與花蓮瑞穗及台東紅葉兩區域間橫著中央山脈，但是東部類群與南部類群仍可以歸納在一起，而不能與中部歸在一起。

由這份結果可以看出臺灣縷網蜘蛛的分佈確實受到了地理的影響。過去也由比較粒線體核醣體 DNA 序列分析顯示臺灣縷網蜘蛛中部族群間相似度較北部或南部為高（呂，1998；楊，1999），但是由於利用粒線體核醣體 DNA 序列個體間相似度較高，其解析度較低；而本研究以 RAPD 的分析縷網蜘蛛遺傳結構，則有較高的解析能力。這

項結果顯示廣泛分佈於中央山脈甚至雪山山脈的樓網蜘蛛遺傳結構迥異於低海拔地區，產生特有的遺傳結構。至於其詳細分化情形，則仍有待蒐集更多的樣本，以證明這項初步的研究結果。但是東部與南部族群間並不因為山脈阻擋而被獨立歸為一類。由其高相似度來看，估計東部物種可能自南部遷移過來，這項結論仍然需要分析更多樣本證實。此外未來更應注意河川的分割所造成的影響。臺灣的大河川多源自中部山脈。而樓網蜘蛛遷移性低，未來應再繼續分析不同河川兩岸高海拔樣本，以證實遷移能力的強弱與不同的遺傳結構的建立相關，臺北坪林與桃園三民，距離甚近，且海拔高度差異不多，但是遺傳結構歧異度甚多，究竟是河川橫越其間所造成的隔離？還是這兩種棲息地樣本，來自不同的祖先，分別獨立演化出不同的系統結構，這都還有待進一步分析。未來仍應繼續就形態、解剖、行為等更多的標記釐清這些問題。

臺灣地形狹窄，中央山脈將全島分割成東西兩個領域，南北有河流貫穿，造成許多生物地理上的分割，脊椎動物如白頭翁、蜥蜴等（呂，1997），植物界有天南科浮萍（Araceae）依臺灣水系不同而分隔（Liao and Hsiao, 1998）。但是對於無脊椎動物的分佈，卻鮮有數據支持地理分化的報告。

這項利用 RAPD 的方法，可以瞭解全臺灣樓網蜘蛛族群的分化與地理關係，從所得的結果來推論臺灣樓網蜘蛛族群彼此間的親緣關係與族群分化情形，判斷臺灣樓網蜘蛛的分化的確是受到地形的影響；至於其影響程度有何程度，未來仍然應繼續蒐集臺灣各地與鄰近地區如大陸或東南亞地區的相關樓網蜘蛛群種，有系統比對形態與收集核酸層次的數據，這種研究方式不僅了解臺灣樓網

之樓網蜘蛛種群，與鄰近地區之間的關係，更可以用作研究其它無脊椎動物遺傳結構的參考。

參考文獻

- Chapco, W., N. W. Ashoym, R. K. B. Martel, N. Antonishyn, and W. L. Crosby. 1992. A feasibility study of the use of random amplified polymorphic DNA in the population genetics and systematics of grasshoppers. *Genome* 35: 569-574.
- Chen, S. H. 1996. The psechrid spiders of Taiwan (Araneae: Psechridae). *Chinese Biosci.* 39: 23-56.
- Fegan, M., J. M. Manner, D. J. Maclean, J. A. G. Irwin, K. D. Z. Samuels, D. G. Holdom, and D. P. Li. 1993. Random amplified polymorphic DNA marker revealed a high degree of genetic diversity in the entomopathogenic fungus *Metarhizium anisopliae* var. *anisopliae*. *J. Gen. Microbiol.* 139: 2075-2081.
- Forster, R. R. 1973. The spiders of New Zealand. Part 4. *Otago Mus. Bull.* 4: 1-310.
- Hadrys, H., M. Balick, B. Schierwater. 1992. Applications of random amplified polymorphic DNA (RAPD) in molecular ecology. *Mol. Ecol.* 1: 55-63.
- Huber, K. C., T. S. Haider, M. W. Muller, B. A. Huber, and R. J. J. Schweyen. 1993. DNA sequence data indicates the polyphyly of the family Ctenidae (Araneae). *J. Arachnol.* 21: 194-201.
- Kayashima, I. 1962. 關於臺灣產 (*Pscherus*

- torvus*) 蜘蛛. *Atypus*. 25: 9-11. (In Japanese)
- Levi, H. W. 1982. The spider genera *Pscherus* and *Fecenia* (Araneae: *Psechrus*) . *Pac. Insects*. 24: 114-138.
- Liao, L. C. and J. C. Hsiao. 1998. Relationship between population genetic structure and riparian habitat as revealed by RAPD analysis of the rheophyte *Acorus gramineus* Soland. (Araceae) in Taiwan. *Mol. Ecol.* 7: 1275-1281.
- Nei, M. and W. H. Li. 1979. Mathematical model for studying genetic variations in terms of restriction endonuclease. *Proc. Acad. Natl. Sci. (USA)* . 76: 5269-5273.
- Perez, T., J. Albornoz, and A. Dominguez. 1998. An evaluation of RAPD fragment reproducibility and nature. *Mol. Ecol.* 7: 1347-1357.
- Rohlf, F. J. 1993. NTSYS-PC Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. Applied Biostatistics. New York.
- Rui, L. and H. R. Gerald. 1996. Use of RAPD analyses to estimate population genetic parameters in the alfalfa leaf-cutting bee. *Megachile rotundata*. *Genome* 39: 655-665.
- Sambrook, J., E. F. Fritsch, and T. Maniatis. 1989. Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2nd edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.
- Sneath, P. H. A. and R. R. Sokal. 1973. Numerical Taxonomy. W. H. Freeman. San Francisco.
- Williams, J. G. K., A. R. Kubelik, K. J. Livak J. A., Rafalski, and S. V. Tingey. 1990. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful genetic markers. *Nucleic Acids Res.* 18: 6531-6535.
- Yoshida, H. 1978. On some Formosan spiders. *Atypus*. 71: 21-28. (In Japanese)
- 呂光洋 1997. 「臺灣生物相形成及演化之探討」計畫簡介。科學發展月刊 25: 723-732.
- 呂柏緯 1998. 由粒線體 16S 核糖體 DNA 核酸序列分析縷網蜘蛛的親緣關係。國立臺灣師範大學生物系碩士論文.
- 李長林 1964. 臺灣之蜘蛛。大江印刷廠 84 頁.
- 楊智傑 1999. 由粒線體核酸序列及 RAPD 分析臺灣產縷網蜘蛛之親緣關係。國立臺灣師範大學生物系碩士論文.
- 鄭可大, 陳志輝和周昌弘 1994. Random Amplified Polymorphic DNA 在生態學上的應用。生物科學 35: 1-10.

(接受日期 : 1999.7.30)

RAPD-Estimated Genetic Relationship of Psechrid Spiders (Araneae: *Psechrus*) in Taiwan

Chun-Hung Lin, Chin-Nien Lee, Chih-Che Yang, Bor-Wei Lue, Shyh-Hwang Chen,
Kang Fang*

Department of Biology, National Taiwan Normal University
Taipei, Taiwan

ABSTRACT

RAPD analyses were performed to eight different populations of Taiwanese psechrid spiders to determine their genetic relationships. An overall of sixteen primers giving rise to 174 polymorphic bands were used to examine nucleotide similarities and an UPGMA tree was constructed from the data obtained. The results showed that the population of psechrid spiders in Taiwan can be grouped into several clusters that have a high level of genetic heterogeneity. Samples collected from northern and central Taiwan can be paired with those from southern and eastern sectors of the island that indicates genetic variation among the populations studied because of geological separation. More in-depth investigation is needed before a more clear picture on the genetic structure of psechrid spiders in Taiwan be finely understood.

Key words: RAPD, Psechrid spiders