

國立臺灣大學生命科學院漁業科學研究所



博士論文

Institute of Fisheries Science
College of Life Science
National Taiwan University
Doctoral dissertation

經濟性蟹類地理親緣關係與休閒漁業
資源復育策略

Phylogeographic Relationships of Economical Crab and
Resource Restoration Strategies for Recreational
Fisheries

呂友銘
Yu-Ming Lu

指導教授：韓玉山 博士
Advisor: Yu-San Han, Ph. D.
共同指導教授：李英周 博士
Coadvisor: Ying-Chou Lee, Ph. D.

中華民國 112 年 7 月

July 2023

致謝



完成論文拿到這學位，首要指導教授韓玉山博士及共同指導教授李英周博士對於學生學習研究上不吝指正與指導，悉心斧正，建立學生邏輯思維，讓學生走在最正確的方向，與口試委員何平合博士、柯佳吟博士、陳美存博士、施君翰博士在論文審查時提供重要的建議，使論文能夠更臻完善。

感謝漁科所指導教授韓玉山博士及共同指導教授李英周博的諄諄教誨、提攜與指導，老師教導我們正確的學習方法與研究態度，告誡我們做研究要先把根基打穩，才能經得起考驗。老師的專業知識協助我解決學習及研究上的問題，常分享豐富的人生經驗，使我明白待人處事的道理，並深刻體會凡事小心謹慎，魔鬼往往藏在小細節裡。感謝樹德科大副教授施君翰學長一路從大學到博士給予栽培、支持、關心與付出，無怨無悔地鼓勵；曾宗德老師給我許多機會參與漁業署及國科會經濟性蝦蟹類相關計畫，同時指導我甲殼類生物資源學及分子生物技術的研究，往後還需更加精進，對您們的恩情學生沒齒難忘。感謝博士後研究青蛙學長、秉宏學長、侯董學長、濟時學長、Karen、羿文學姐、阿德學長、小E學長、東東、陳紅與浩齊相伴，在研究路上有你們多了幾分歡樂。

敬謝所有家人的栽培，特別是父親、母親及哥哥，此成果與您們共享。

呂友銘 謹誌 2023.7


中文摘要



近年世界各國海洋休閒漁業產業大量興起，在許多國家例如中國大陸、澳洲、冰島、紐西蘭、日本、歐盟、俄羅斯及印尼等國家列入國家發展戰略中，然而隨著產業蓬勃發展對海洋魚、蝦、蟹類資源需求使用激增導致資源匱乏，各國政府不得不採用創造經濟利益市場財貨的生物放流以補充休閒漁業產業的迫切需求，對生態系統的造成很大程度上尚未得到研究。本研究選擇在東亞地區各國休閒漁業產業中被經常使用的兩種經濟性蟹類紅星梭子蟹(*Portunus sanguinolentus*)及遠海梭子蟹(*Portunus pelagicus*)，旨在探討休閒漁業產業中兩種物種的族群資源管理，並確定了該物種在東亞地區的族群遺傳結構、系統發育地理學和族群歷史動態。本文的前言部分介紹了研究的背景和動機，指出了經濟性蟹類的重要性以及其面臨的保育和管理挑戰。本研究的目的是為了提供休閒漁業產業中遠海梭子蟹和紅星梭子蟹的族群資源管理策略，以及為經濟性蟹類的保育和漁業資源管理提供科學依據。

本研究樣本來源包括來自東亞地區的遠海梭子蟹和紅星梭子蟹，分析方法包括分子生物學技術。透過分析樣本的遺傳標誌和地理位置資訊，本研究確定了遠海梭子蟹和紅星梭子蟹在東亞地區的族群遺傳結構和系統發育地理學，並探討了族群歷史動態。

在研究結果本研究介紹了紅星梭子蟹和遠海梭子蟹的地理親緣關係和族群遺傳結構。研究發現，紅星梭子蟹研究樣本來自中國大陸(上海、廈門、香港)、臺灣(宜蘭、臺中、東港)和新加坡(新加坡)，共收集了 6 個族群，包括 110 個樣本。所有個體的核苷酸多樣性(π)為 0.01149，其值介於 0.00372(新加坡)和 0.01345(宜蘭)之間。共鑑定了 90 個單倍型，可分為兩大譜系：譜系 A 由來自上



海、宜蘭、廈門、臺中和東港的樣本組成，譜系 B 則對應於來自新加坡的樣本。遠海梭子蟹 6 個樣本，包括來自臺灣地區的高雄和澎湖、中國大陸地區的廈門和香港、越南和新加坡的共 166 個樣本，可分為兩大譜系：譜系 A 由來自廈門、香港、越南和新加坡的樣本。高雄的樣本僅屬於譜系 B，而澎湖的樣本中既有屬於譜系 A 的，也有屬於譜系 B 的。譜系 A 和 B 的單倍體歧異度(h)分別為 0.993 和 0.990，核苷酸歧異度(π)的估計值分別為 0.040 和 0.031。紅星梭子蟹的族群遺傳結構較為複雜，可能受到海流和陸地障礙的影響，而遠海梭子蟹的族群遺傳結構較為單純，可能受到海流的影響。東亞地區兩個蟹種的地理親緣關係，顯示這兩個物種都分別存在兩個遺傳譜系，其中紅星梭子蟹的中國、臺灣附近海域樣本為一個譜系，而新加坡樣本為另一個獨立譜系，但是遠海梭子蟹的臺灣地區澎湖樣本點卻出現兩個譜系，推測可能是人為因素所造成的。此外，本研究還探討了沿岸休閒漁業資源復育策略，提出了一些具體的建議，包括加強監測和管理、建立保護區和限制漁獲量等。此外，本研究彙整兩種蟹類以及美國藍蟹在幾個國家中的漁業管理辦法中，並沒有檢測 DNA 的管理辦法，故進一步分析我國不同漁業別屬性與地理親緣的關係，提出未來制定沿岸休閒漁業資源復育策略。

本文總結了研究的主要結果和貢獻，強調了研究對於休閒漁業產業和經濟性蟹類的保育和管理的重要性。本研究的結果可以為休閒漁業產業中遠海梭子蟹和紅星梭子的族群資源管理提供科學依據，同時也可以為經濟性蟹類的保育和管理提供參考。未來的研究可以進一步探討經濟性蟹類的族群遺傳結構和生態學特徵，以及休閒漁業產業的可持續發展策略。

關鍵字: 休閒漁業、紅星梭子蟹、遠海梭子蟹、族群結構、地理親緣

Abstract



In recent years, marine recreational fishing industries have emerged extensively worldwide, becoming a national development strategy in various countries such as Mainland China, Australia, Iceland, New Zealand, Japan, the European Union, Russia, and Indonesia. However, with the thriving development of these industries, the soaring demand for marine fish, shrimp, and crab resources has led to resource depletion. Governments have been compelled to employ biostocking to supplement market goods that generate economic benefits, thus meeting the urgent demand of the recreational fishing industry. The significant impacts of this approach on the ecosystem are yet to be thoroughly studied.

This study selects two economically valuable crab species frequently used in East Asia's recreational fishing industries, the three-spotted swimming crab (*Portunus sanguinolentus*) and the blue swimming crab (*Portunus pelagicus*). The aim is to explore the population resource management of these two species within the recreational fishing industries, and to ascertain their population genetic structure, phylogeography, and population historical dynamics in East Asia. The introduction section of this paper presents the background and motivation for the study, highlighting the importance of economically valuable crab species and the conservation and management challenges they face. The objective of this study is to provide strategies for managing the population resources of blue and three-spotted swimming crabs in recreational fishing industries and to provide a scientific basis for the conservation and management of economically valuable crab species.

This research employs samples of blue and three-spotted swimming crabs from East Asia, analyzed using molecular biology techniques. By analyzing the genetic markers and geographical information of the samples, this study identifies the population genetic structure and phylogeography of the blue and three-spotted swimming crabs in East Asia, as well as explores the historical dynamics of these populations.

In the results section, this study reveals the geographical kinship and population genetic structure of three-spotted and blue swimming crabs. It's found that the three-spotted swimming crab samples are from Mainland China (Shanghai, Xiamen, Hong Kong), Taiwan (Yilan, Taichung, Donggang), and Singapore, with a total of six populations comprising 110 samples collected. The nucleotide diversity (π) of all individuals is 0.01149, ranging between 0.00372 (Singapore) and 0.01345 (Yilan). Ninety haplotypes were identified, divided into two clades: Clade A consists of samples from Shanghai, Yilan, Xiamen, Taichung, and Donggang, while Clade B corresponds to samples from Singapore. Blue swimming crab samples come from Kaohsiung and Penghu in Taiwan, Xiamen and Hong Kong in Mainland China, Vietnam, and Singapore, including a total of 166 samples from six populations, and they can be divided into two major clades: Clade A consists of samples from Xiamen, Hong Kong, Vietnam, and Singapore. Samples from Kaohsiung belong only to Clade B, while those from Penghu belong to both Clades A and B. The haplotype diversity (h) of Clades A and B is 0.993 and 0.990, respectively, with estimated nucleotide diversity (π) values of 0.040 and 0.031. The population genetic structure of the three-spotted swimming crab is relatively complex, possibly affected by ocean currents and terrestrial barriers, while the population genetic structure of the blue swimming crab is simpler, possibly influenced by ocean currents. The geographical kinship of the two crab species in East

Asia shows that both species each have two genetic clades, with the China and Taiwan area samples of the three-spotted swimming crab forming one clade and the Singapore samples forming another independent clade. However, samples from Penghu in Taiwan for the blue swimming crab display both clades, suggesting potential human influences. In addition, this study explores strategies for restoring coastal recreational fishing resources and offers specific suggestions, including strengthening monitoring and management, establishing protected areas, and limiting catch amounts.

Furthermore, this research aggregates management measures from several countries for both crab species, as well as the American blue crab, none of which include DNA testing in their management strategies. Therefore, the study further analyzes the correlation between different fisheries attributes and geographical kinship in our country, proposing strategies for the restoration of coastal recreational fishing resources in the future.

In conclusion, this paper summarizes the key findings and contributions of the study, emphasizing the importance of the research for the recreational fishing industry and for the conservation and management of economically valuable crab species. The results can provide a scientific basis for managing the population resources of blue and three-spotted swimming crabs in the recreational fishing industry, and can also serve as a reference for the conservation and management of economically valuable crab species. Future research can further explore the population genetic structure and ecological characteristics of economically valuable crab species, as well as strategies for the sustainable development of the recreational fishing industry.

Keywords: Recreational fishing, *Portunus sanguinolentus*, *Portunus pelagicus*, Population structure, Phylogeography.

目錄



致謝	i
中文摘要	ii
Abstract.....	iv
目錄	vii
表目錄	viii
圖目錄	ix
第一章 前言	1
1.1 研究背景	1
1.2 研究目的	12
第二章 材料與方法	13
2.1 休閒漁業研究業態定義	13
2.2 樣本來源	14
2.3 分析方法	15
第三章 結果與討論	22
3.1 紅星梭子蟹地理親緣關係.....	22
3.2 遠海梭子蟹地理親緣關係.....	31
3.3 沿岸休閒漁業資源復育策略	39
3.4 未來研究方向	45
第四章 結論	46
參考文獻	47

表目錄



表 1. 紅星梭子蟹 7 個族群的採樣點代碼、樣本量(n)、單倍體數(nh)、單倍體歧異度(h)、核苷酸歧異度(π)、Tajima's <i>D</i> test 值及 Fu's <i>F_s</i> 統計值	66
表 2. 遠海梭子蟹 6 個族群的採樣點代碼、樣本量(n)、單倍體數(nh)、單倍體歧異度(h)、核苷酸歧異度(π)、Tajima's <i>D</i> test 值及 Fu's <i>F_s</i> 統計值.....	67
表 3. 紅星梭子蟹 7 族群中成對族群間遺傳分化指數(<i>F_{ST}</i>)值 (DNA 分析)	68
表 4. 紅星梭子蟹 7 族群中成對族群間 P 值的矩陣 (DNA 分析).....	69
表 5. 紅星梭子蟹 7 族群的 AMOVA 分析結果 (DNA 分析).....	70
表 6. 遠海梭子蟹 6 族群中成對族群間 P 值的矩陣 (DNA 分析).....	71
表 7. 遠海梭子蟹 6 族群中成對族群間遺傳分化指數(<i>F_{ST}</i>)值 (DNA 分析)	72
表 8. 遠海梭子蟹 6 族群的 AMOVA 分析結果 (DNA 分析)。	73
表 9. 各國針對漁村經濟蟹類的休閒漁業管理措施.....	74
表 10. 不同漁業別屬性可能存在地理親緣關係.....	75
表 11. 沿岸休閒漁業資源復育策略.....	76

圖目錄




圖 1.紅星梭子蟹的採樣地點和單倍型族群.....	78
圖 2.遠海梭子蟹的取樣區和單倍型族群.....	79
圖 3.紅星梭子蟹 7 個採樣點所有樣本譜系分析.....	80
圖 4.紅星梭子蟹所有 mtDNA 16S + COI 序列單倍體之親緣關係圖。.....	81
圖 5.紅星梭子蟹所有樣本的基因型網狀親緣關係圖。.....	82
圖 6.紅星梭子蟹 7 個採樣點之 UPGMA 樹狀圖(for DNA 分析).....	83
圖 7.紅星梭子蟹之錯位分布(mismatch distribution).....	84
圖 8.遠海梭子蟹 6 個採樣點樣本的譜系分析.....	85
圖 9.遠海梭子蟹所有 mtDNA 16S + COI 序列單倍體之親緣關係圖。.....	86
圖 10.遠海梭子蟹所有樣本的基因型網狀親緣關係圖.....	87
圖 11.遠海梭子蟹 6 個採樣點之 UPGMA 樹狀圖(for DNA 分析).....	88
圖 12.遠海梭子蟹之錯位分布(mismatch distribution).....	89

第一章 前言




1.1 研究背景


近年來，世界各國的休閒漁業產業蓬勃發展，許多漁村紛紛轉型，提供休閒旅遊服務。休閒漁業是一種傳統漁業與現代休閒產業相結合的新型漁業產業形態，提供產品和服務以滿足人們休閒需求，被各國政府認為能夠優化漁業產業結構，增加漁民收入，並為社會創造經濟、生態和社會的複合價值。以美國為例，2011年的休閒漁業產值(包括漁獲價值、釣魚器械價值、旅遊消費價值、提供的就業崗位價值和乘數效應價值)總和約為 1500 億美元，佔漁業經濟總產值的 74.81% (NOAA, 2013)。再根據聯合國糧農組織的世界內陸漁業資源現狀綜述報告，2016年內陸休閒漁業產值(包括捕撈經濟價值和休閒漁業非市場使用價值)約為 910~1,050 億美元，也佔漁業經濟總產值的 70%，其中有 790 億美元的休閒漁業非市場使用價值中，美國和加拿大的產值占了 72%，表明已發展國家和發展中國家在休閒漁業產值的總量和結構上存在顯著差異 (Funge-Smith, 2018)。隨者產業的發展，資源利用與資源復育問題也逐漸被重視，國際休閒漁業研究目前比較關注在休閒漁獲的放流保育行為研究 (Bartholomew *et al.*, 2005; Arlinghaus *et al.*, 2007; Shih *et al.*, 2011; Arlinghaus, 2015)、休閒漁業生物與環境議題 (Lewin *et al.*, 2006)以及管理模式(Morales-Nin *et al.*, 2005; Cooke & Cowx, 2006; Shih *et al.*, 2011; Shih *et al.*, 2018)等方面都已經有豐富的研究成果。



在複雜的社會生態系統(Social–Ecological Systems)中，海洋和海岸生態系統與人類社會相互關聯，休閒漁業場所的擴張和硬體設施的建設可能會導致熱島效應或微氣候的改變，以及食用經濟性魚蝦蟹類的捕撈壓力和遊憩型經濟性物種的移植、活體進口、放流或復育等影響，往往會導致基因污染的疑慮，因此，近年來海洋生物技術的發展已經開發利用海洋藍色公路的休閒資源，以避免對生態系統服務造成干擾(Hussain *et al.*, 2017; Bir *et al.*, 2020)，多項研究指出，發展海岸藍色公路休閒漁村旅遊壓力與氣候變遷對經濟生產產生影響，然而，不當的生態復育措施對人類民生福祉和生態系統服務的功能產生了重大影響，休閒漁業活動也造成生態壓力的增加和生態系統服務的功能失調，因此，需要展開政策性的海岸生態復育計畫，結合生態方面的專業人員以保護、復育和補償的觀點，並配合跨領域研究，尤其是結合社會科學與工程自然科學，更詳細的了解臺灣休閒農漁村的經濟性蟹類地理親緣和生態系統服務功能的動態，將對評估經濟性蟹類生態福祉和生態系統服務的永續性政策研擬有極大的幫助和意義。相關的研究已經進行，其中包括萬里蟹、海洋音樂祭、各地方農漁會所辦理的海洋季活動等，這些活動增加了生態壓力並造成生態系統服務的功能失調。因此，需要從聯合國「2030永續發展目標」(Sustainable Development Goals, SDGs)的角度出發，結合專業人員和跨領域研究，保護和復育生態系統服務的功能，以實現永續發展的目標。紅星梭子蟹(*Portunus sanguinolentus*)和遠海梭子蟹(*Portunus pelagicus*)分佈於整個東亞地區，是中國、新加坡和臺灣休閒漁業中的重要經濟蟹種。



近年來，全球對蟹類族群的經濟潛力越來越感興趣，特別是在歐美、澳洲和亞洲等地區，漁村正積極轉型為休閒娛樂產業。目前，堪察加擬石蟹(*Paralithodes camtschaticus*)，又被稱為北海道帝王蟹、阿拉斯加帝王蟹、鱈場蟹、北方帝王蟹或紅帝王蟹，是全球最成功的例子之一。該物種於1960年代被引入巴倫支海，並自2004年起支持俄羅斯商業漁業的穩定發展。從1999年至2006年，堪察加擬石蟹的休閒捕撈得到許可 (Dvoretzky & Dvoretzky, 2022)。雖然近年來新冠肺炎疫情對堪察加擬石蟹休閒漁業造成了影響，但隨著疫情逐漸舒緩，堪察加擬石蟹捕撈活動立刻受到當地釣魚愛好者和旅行社的熱烈歡迎。許可證的價格設定在800-1500盧布之間，淨利潤可達2160萬至4050萬盧布(相當於288,000至540,000美元)，因此堪察加擬石蟹捕撈被認為對此類漁業的組織者來說是非常有利可圖的。業餘漁民預計將獲得至少6900萬盧布(約930,000美元)的收入，這也是摩爾曼斯克州政府積極支持休閒捕撈螃蟹的原因，有望為漁村帶來豐厚營收(Dvoretzky & Dvoretzky, 2022)。堪察加擬石蟹(*Paralithodes camtschaticus*)是北海道漁業的一個重要休閒經濟支柱，年捕撈量相當可觀(Ashkenazi & Jacob, 2003)。這不僅為當地漁民帶來了穩定的收入，還促進了整個漁業產業鏈的發展(Zahn, 1970)。另外一種作為日本最著名的美食之一的灰眼雪蟹 (*Chionoecetes opilio*) 又名雪蟹、皮匠蟹(美國)、皇后蟹(加拿大和歐洲)吸引了大量希望品嚐這道佳餚的國內外遊客(Matsuda, 2001)。尤其在冬季，灰眼雪蟹肉質最為鮮美的時候，它已成為美食愛好者不容錯過的亮點 (Stevens, 2014)。因此，這推動了當地旅遊業的發展，包括




住宿、交通和其他相關服務 (Matsuda, 2001)。總的來說，北海道的灰眼雪蟹所帶來的經濟效益不僅局限於漁業，還涉及旅遊業、休閒捕魚、烹飪場所以及區域品牌推廣等多個領域 (Matsuda, 2001)。這種蟹類休閒產業所帶來的經濟效應為該地區帶來了顯著的收益，並有助於當地經濟的可持續發展 (Ashkenazi, & Jacob, 2003)。

此外，美國緬因州的藍蟹遠海梭子蟹 (*Portunus pelagicus*) 和龍蝦漁業是該地區最重要的商業漁業之一 (Beem, 2007)。西澳大利亞的西部藍蟹遠海梭子蟹和岩龍蝦 (*Panulirus cygnus*) 漁業每年平均捕撈量約為11,000噸，價值約為1.5億美元，除了商業捕撈外，休閒捕撈每年約捕撈600噸，也支持著當地漁村經濟 (Phillips & Melville-Smith, 2005)。此外，灰眼雪蟹等不同種類的經濟蟹在美國、俄羅斯和加拿大都被認為是非常有價值的捕撈物種 (Hardy *et al.*, 2011, Pinfold, 2006, Kaiser *et al.*, 2018)。巴倫支海休閒漁業的捕撈量增長速度相當迅速：挪威產的灰眼雪蟹休閒漁業的上岸量從2012年的總濕重2,478公斤激增至2016年的5,405,764.2公斤，增加了2,000多倍 (Norges Råfisklag, 2017)。根據挪威海洋研究所(IMR)的數據，隨著灰眼雪蟹休閒漁業上岸量的持續增長，其價值可能高達25億挪威克朗。在美國、北歐、東南亞和澳大利亞，許多受商業和休閒漁業捕撈的螃蟹物種具有很高的經濟和社會價值，尤其是梭子蟹 (Guillory *et al.*, 1998; Suwannarat *et al.*, 2017; Johnston *et al.*, 2017; Obregón *et al.*, 2020)。藍蟹 (*Callinectes sapidus*) 是美國弗吉尼亞州切薩皮克灣地區的代表，該物種支撐著切薩皮克灣及周邊地區的重要商業和休閒漁業 (Prager *et al.*, 1990; Paolisso, 2007)。自1950年以來，美國墨西哥灣和




大西洋沿岸地區每年平均捕撈75,811公噸藍蟹，年產值達5700萬美元。然而，近年來的資源評估顯示，切薩皮克灣藍蟹族群的資源量正處於歷史最低水平 (Paolisso, 2007)。美國弗吉尼亞州和馬里蘭州政府在切薩皮克灣的藍蟹復育計劃為當地漁民帶來了休閒漁業的額外收益，每年約增加180萬至240萬美元的淨經濟效益 (Anderson, 1989)。藍蟹在美國切薩皮克灣及其支流中尤為豐富，成為當地娛樂漁業的熱門對象 (Prager *et al.*, 1990)。此外，首長黃道蟹 (*Cancer magister*) 漁業作為一種休閒體驗式漁業，其捕撈範圍從美國加州中部至阿拉斯加海域，主要使用餌料陷阱進行捕撈。自1990年以來，首長黃道蟹一直是華盛頓州、俄勒岡州和加利福尼亞州太平洋沿岸地區最具經濟價值的單一物種休閒漁業 (Deweese *et al.*, 2004)。經濟性蟹類資源對休閒漁業、就業機會和外匯收入等方面的當地經濟影響顯著 (Suwannarat *et al.*, 2017)。在澳大利亞，經濟性蟹類產業價值超過10億澳元，為沿海社區和漁村創造了數千個工作崗位 (Guillory *et al.*, 1998; Suwannarat *et al.*, 2017)。同樣地，在美國，甲殼類漁業的經濟價值已超過20億美元，對路易斯安那州、馬里蘭州和阿拉斯加等州的經濟作出了重要貢獻 (Guillory *et al.*, 1998)。歐盟同樣高度依賴甲殼類經濟性蟹類資源，特別是在西班牙、法國和英國等國家 (Arlinghaus *et al.*, 2010)。


地中海綠蟹 (*Carcinus aestuarii*) 在克羅地亞阿德里亞海帕里拉潟湖 (Parila Lagoon) 的族群動態和繁殖情況對該地區潟湖休閒漁業經濟產業具有重大影響。研究人員認為，應該根據地中海綠蟹的生物特徵和族群動態 (例如最小和平均帶



卵雌蟹大小、第一年生命中的死亡率或第二年建立、晚春繁殖期等) 來監測地中海過渡水域生態系統的潛在變化(Glamuzina *et al.*, 2017)。同時，管理休閒漁業中的人為活動，以減少對其干擾程度 (Glamuzina *et al.*, 2017)。在過去20年裡，日本的休閒漁業垂釣者參與度明顯上升。自1999年勞動力市場重組，每週工作時間縮短後，民眾開始享有更多休閒時間。加上較高的可支配收入，使得休閒漁業參與人數大幅增加。然而，這也對許多人帶來了過度捕撈或漁業資源匱乏的壓力，除北海道地區外，其他地區的休閒漁業者對魚類的喜愛遠大於蟹類(Ashkenazi, & Jacob, 2003)。這可能是因為在日本，蟹類被視為相當昂貴的奢侈品，並受到法律保護，限制了其在休閒漁業產業的發展 (Kitada & Kishino, 2006)。相模灣位於東京都附近的神奈川縣境內，距離東京不到50公里，是日本極受歡迎的休閒捕魚場所之一。該地區提供各式捕魚體驗，並支持多種商業漁業，如定置網、圍網、刺網、底延繩釣和中層拖網等體驗漁業 (原田穰，2010)。根據1990年的一項調查，約有140,000名休閒漁民將神奈川縣，尤其是相模灣的紅海鯛作為捕魚目標 (Imai, 2005)。根據2015年的數據，經濟蟹在印尼卡拉旺縣被認為是具有高經濟價值的優質海產品之一，並成為該地區主要出口到世界各國的產品 (Duri, 2014)。根據印尼卡拉旺地區政府公告的資料卡拉旺縣的休閒漁業資源主要包括：(1)海水漁業，產量達7369.66噸；(2)一般漁業(包括河流、淡水和濕地)，產量為339.97噸；(3)水產養殖(例如魚池和水田)，產量達到36954.56噸 (Doyon, 2009)。

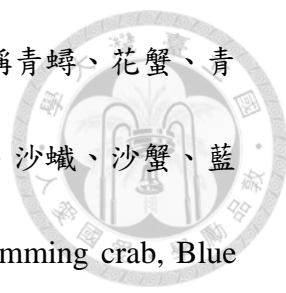


紅星梭子蟹(*Portunus sanguinolentus*, Herbst, 1783)的分類地位為節肢動物門(Phylum: Arthropoda)、甲殼亞門(Subphylum: Crustacea)、軟甲綱(Class: Malacostraca)、十足目(Order: Decapoda)、梭子蟹科(Family: Portunidae)、梭子蟹屬(Genus: Portunus)。俗稱紅點泳蟹、三點蟹、三點市仔、三點仔、三目仔、三目蟻、三眼蟹、梭子蟹、槍蟹、海蟲、水蟹、門蟹、蓋魚、童蟹，英文名稱為 Red-spotted swimming crab 和 Blood-spotted swimming crab。紅星梭子蟹是一種廣泛分布於印度-太平洋地區，從東非至夏威夷都有其分布 (Apel & Spiridonov, 1998; Lai *et al.*, 2010; Huang & Shih, 2021)。紅星梭子蟹也是中國東海和南海的主要蟹類之一。這種螃蟹在中國價值極高，自 1990 年代以來出口量不斷增加。在南海北部大陸棚上，螃蟹的數量和分佈進行了定量分析，其中紅星梭子蟹佔所有螃蟹類型的捕撈量近 30% (Huang, 2009)。在 1998 年和 1999 年，紅星梭子蟹在東海經濟重要蟹類中排名居高，僅次於大閘蟹 (Yu *et al.*, 2006)。然而，過度捕撈導致紅星梭子蟹產量在過去幾年中有所下降 (Yang *et al.*, 2014)。紅星梭子蟹的頭胸甲呈梭形，寬約為長的 2 至 2.5 倍，寬度約為 10 至 18 公分，前部表面有一點隆起，並有許多小顆粒，後部幾乎光滑。前額具有約略等大的 4 個三角形的銳齒，幼體較鈍，側齒比中央齒大，但不較突出。前側緣含眼後齒共有 9 齒，其中第 1 齒比隨後的 7 齒長而銳，第 9 齒特別長且橫向生長成尖棘；後側緣呈圓形。蟹螯細長，左右對稱，其長度約為頭胸甲長度的 2 倍餘，而略大於甲寬，長節呈棱柱形，其內緣有 3 至 4 枚刺棘；腕節背面具有 2 條細小隆線，其內、外角各有 1 棘，掌



節具有 6 條隆脊，背面 2 條，內側面 1 條，外側面 3 條，其內側面的 1 條隆脊末端具有 1 刺，下表面光滑；指節很長（中央研究院臺灣生命大百科，2023）。蟹腳的第 4 對前節和指節呈槳狀，扁平且表面具軟毛，適合游泳，後部表面則光滑無刺。頭胸甲呈灰綠色、灰棕色、青褐色、黃綠色至綠褐色，其腸域及後鰓域均具有 3 個紅褐色至黑褐色的大圓斑，並圍繞著白色圈。蟹螯的長節內側及兩指大多呈紅褐色，虎口處則有 1 個紅褐色斑點，指尖、不動指及掌部多為白色。蟹腳的指節呈淡藍色，前節則逐漸轉為與頭胸甲同色。此種肉食性大型兇猛甲殼類主要以魚類、多毛類和其他甲殼類為食物。主要生殖高峰期約在每年 2 月和 6 月至 7 月間。抱卵雌蟹終年均有發現，此時成蟹會游到淺海水深約 5 公尺的地方進行交配和產卵。出生半年後即可達到性成熟，其最小殼寬為 8.7 公分，平均成熟殼寬為 11.5 公分，壽命僅約 1 年（中央研究院臺灣生命大百科，2023）。

遠海梭子蟹 (*P. pelagicus*) 分布於印度-太平洋地區、東南亞和東亞(包括日本、韓國、中國、臺灣和孟加拉灣)，以及澳大利亞的西部、北部和東部 (Lai *et al.*, 2010; Huang & Shih, 2021)。這些蟹通常由海洋洋流分散至幾公里範圍內，並不受人口統計邊界的限制，具有高度的人口交換水平 (Becker *et al.*, 2007; Zhou *et al.*, 2015)。該物種在東南亞商業漁業中具有重要地位，而成功並可持續管理漁業資源的關鍵因素在於族群遺傳結構 (Hillis *et al.*, 1996)。遠海梭子蟹 (*Portunus pelagicus*, Linnaeus, 1766) 的分類地位為節肢動物門(Phylum: Arthropoda)、甲殼亞門(Subphylum: Crustacea)、軟甲綱(Class: Malacostraca)、十足目(Order: Decapoda)、



梭子蟹科(Family: Portunidae)、梭子蟹屬(Genus: Portunus)。俗稱青蟬、花蟹、青花蟹、市仔(蠟仔)、花腳市仔(花跣蠟仔)、花市仔(花蠟仔)、沙蠟、沙蟹、藍點蟹、藍蟹；英文名稱為 Blue swimming crab, Pacific blue swimming crab, Blue manna crab, Flower crab。頭胸甲呈梭子狀，寬度通常為 8 至 12 公分，最大可達 18.7 公分，寬度約為長度的 2 至 2.3 倍。表面有許多粗糙的小顆粒和隆起，心胃區無疣狀突起，雌性顆粒較雄性顯著，顆粒間常有許多短而密集的細毛。前額有四個齒，中間一對額齒較短小，兩側的額齒較尖銳；幼體額齒較圓鈍，成體額齒較尖銳。前側緣含眼後齒共有九個齒，其中第九個齒特別長且橫向生長成尖棘；後側緣呈圓形。蟹螯左右大小不同，瘦長。雄性蟹螯長度約等於頭胸甲長的 4 倍，長節內緣有 3 至 4 枚尖棘，腕節的內、外角各有 1 棘，掌部有 3 棘，掌部下緣光滑。泳肢的後緣無刺或小刺。雌雄顏色有明顯的差異。雌性的頭胸甲與蟹腳均呈橄欖色、紅褐色、棕綠色至灰色，蟹螯前節腹面淡橙色、延伸至可動指及不可動指基部，兩指前端為紅褐色至深紅色；蟹腳的前節和指節為淡橙色至紫色。蟹螯和泳肢具有許多淡色的斑點和雲斑。雄性的頭胸甲呈黑褐色，帶有一點暗紫色，並散生著左右對稱的淡色浪花狀斑紋。蟹螯及蟹腳末 3 節均呈寶藍色至紫色，兩指的內側顏色較淡，外側與指尖均呈紅褐色至紫紅色，虎口處有 1 個紅褐色的斑點；蟹螯和泳肢具有鑲深色邊的淺藍色至白色圓斑。肉食性，為大型兇猛甲殼類，主要以魚類、其他甲殼類為食物。產卵期為 3 月至 10 月，此時成蟹會游到 5 公

尺以淺的淺海交配產卵，出生半年就可達性成熟，壽命僅約 1 年（中央研究院臺灣生命大百科，2023）。




不同地區的複雜地質事件和氣候歷史可以解釋現今海洋生物的系統地理模式 (Hewitt, 1996; Avise, 2000; Dodd *et al.*, 2002)。因此，氣候變化、生物學和地理學的相互作用影響了特定物種的當前遺傳組成 (Hewitt, 2000; Dell *et al.*, 2014)。古氣候的變化促成了亞洲大陸和附近島嶼的現代生物多樣性模式 (Gallagher *et al.*, 2015)。更新世冰川時代東亞地區海平面的波動導致了呂宋島、海南島和臺灣島與大陸的聯繫反復改變 (Hansen & Sato, 2012; Wang *et al.*, 1999)。因此，臺灣海峽幾乎與太平洋分離，南海完全暴露，臺灣的主要島嶼與大陸相連 (Chen *et al.*, 2015)。複雜的地質和氣候因素導致了古代的替代和擴散事件，進而形成了高度多樣化和獨特的生物群 (Li *et al.*, 2017)。這些歷史事件似乎是東亞生物的遺傳隔離、分佈和遺傳結構的主要原因 (Shen *et al.*, 2011)。在最後冰川期 (LGM)，東海的海平面比現在低 130-150 米，南海的海平面低 100-120 米 (Xiao *et al.*, 2004; Liu *et al.*, 2007)。因此，黃海、渤海灣、對馬島和臺灣海峽完全暴露出來，使得日本、韓國和臺灣與中國大陸相連 (Wang & Sun, 1994)。在後冰期，沿岸洋流由中國大陸流向南海，中國沿岸沿福建流向越南 (Wang & Sun, 1994)。另外，新加坡水域的溫鹽環流也很重要。冰川期中，許多河流被大海隔開，但在間冰期連接在一起，基因流動可能是不可避免的結果 (Craw *et al.*, 2007)。確定過去和現在的因素如

何影響觀察到的遺傳結構可以更深入地了解物種的進化歷史和生態適應，制定管理和保護策略 (McCartney-Melstad & Shaffer, 2015)。



一個物種的遺傳多樣性通常由過去和現在的棲地可用性和連通性模式所決定 (Awise, 2000; Hewitt, 2000; Chen *et al.*, 2015; Chen *et al.*, 2017)。現存族群遺傳多樣性的模式可能主要由歷史過程形成，例如冰川、氣候變化和古地理形態 (Strugnell *et al.*, 2012; Pinceel *et al.*, 2013; Nali *et al.*, 2020)。最近的研究表明，氣候變化可能導致物種分佈和生物豐富度的重大變化，而 DNA 技術也可以用於追蹤適應性的遺傳影響 (Awise, 2000; Hewitt, 2000)。線粒體(mt)DNA 具有許多特點，例如快速進化、最小的重組和母系遺傳，使其適合於群體遺傳學研究 (Hoelzel *et al.*, 1991; Xu *et al.*, 2009)。

基因學研究利用 mtDNA 細胞色素氧化酶(COI)基因標記，以探討南海周圍遠海梭子蟹的遺傳結構，強調歷史上的變異是影響因素 (Ren *et al.*, 2018)。mtDNA 的 D 環在其他甲殼類物種中具有較高的多態性，因此具有區分不同族群的潛力 (McMillen-Jackson & Bert, 2003; McMillen-Jackson & Bert, 2004; Gallagher *et al.*, 2019)。大約在 0.1-0.11 億年前(Mya)，全球冰川作用導致南海地勢下降 100-120 米，將太平洋和印度洋隔開，形成了裸露的陸脊——巽他山 (Voris, 2000; Chai *et al.*, 2017; Madduppa *et al.*, 2021)。遺傳多樣性及其與族群遺傳結構的關係可用於管理和保護一個具有商業價值的物種 (Ward, 2000; Ortega-Villaizán Romo *et al.*, 2006)。本研究的兩種經濟性蟹類，被亞州各國家經常做為休閒漁業產業發展中



食用，近年來由於資源捕撈劇烈導致蟹類資源匱乏，各國政府為了持續性發展休閒漁業產業，進行資源復育放流，以補充匱乏的蟹類資源進而影響到休閒漁業產業發展，而這種被在生物經濟學中為創造增進漁民經濟性的生態復育資源放流是屬於「市場財貨型」資源復育，有別於一般為增進生態系統服務的「非市場財貨型」生態復育型資源放流。此外，本研究探討的兩種梭子蟹類拓殖路徑從更新世冰川時代迄今，本研究設立假說認為這兩種梭子蟹紅星梭子蟹及遠海梭子蟹的類應該會有類似的拓殖路徑的假說，然而東亞地區各國政府也經常進行增進漁民經濟性的生態復育資源放流是屬於「市場財貨型」資源復育工作，然而缺乏相關科學性研究探討實證，「市場財貨型」資源復育工作是否會造成基因汙染問題?基於功能遺傳多樣性與漁業管理相關，因此對於被開發的海洋物種的保護與管理非常重要研究，研究的資料亦可作為休閒漁業產業螃蟹資源復育管理的依據。

1.2 研究目的

本研究主要是利用來自控制區(D-loop)基因的 mtDNA 片段，研究東亞地區紅星梭子蟹及遠海梭子蟹 2 蟹種族群的遺傳結構，以及它們的族群歷史動態，並提出沿岸休閒漁業產業資源復育管理策略。

第二章 材料與方法



2.1 休閒漁業研究業態定義

休閒漁業通常可以被分為淡水休閒漁業和海洋休閒漁業，這兩種是最常見的分類。但根據活動的特性和地點，休閒漁業還可以細分為以下類型：

1.淡水休閒漁業：通常在湖泊、河流、池塘或水庫中進行，產生船舶型、水上型、陸域型、餐飲型、文化體驗型、環境教育型、食魚教育型、住宿型等等，目標物種包括水母、鱒魚、鯉魚、鱸魚、經濟蝦蟹、螺貝類、哺乳類鯨豚等。

2.海洋休閒漁業：這包括在海岸線附近沙泥灘、濕地、潟湖、灣口、港灣、碼頭、海蝕地形、凍層或更深的海洋中進行的漁業活動，產生船舶型、水上型、泊地型、餐飲型、文化體驗型、環境教育型、食魚教育型、住宿型等等，目標物種包括可能包括水母、螢光浮游動植物、鯊魚、鱸魚、鮪魚、馬鱈、鯛魚、經濟蝦蟹、螺貝類、哺乳類鯨豚等。

3.飛釣：這是一種特殊的釣魚技術，有可能在海洋或淡水環境中進行，屬於特殊文化現象。

4.冰釣：在冰凍的湖泊或河口海域等流域上鑽孔釣魚，通常在寒冷的地區進行，屬於特殊文化現象。

5.潛水釣魚：這種類型的休閒漁業涉及潛水，通常在海洋或淡水中捕獲魚類。

6. 比賽釣魚：包括各種形式的釣魚比賽，從本地社區比賽到國際性的賽事。

7. 休閒養殖漁業：在人工池塘或水庫裡飼養魚種，供人釣魚娛樂。

8. 博物廣類型：海洋博物館或海生館提供遊客認識休閒漁業生物資源。

9. 極地休閒漁業：南北極休閒漁業體驗近年來蓬勃發展，冰層到海上各項體驗活動。

以上都是目前國內外休閒漁業的主要類型，但實際的類型可能會因地理位置、氣候條件、可獲得的魚種、文化傳統和個人興趣等因素而異。而本研究主要是探討海洋休閒漁業為主。

2.2 樣本來源

本研究於 2018 年 12 月至 2019 年 10 月期間，採集紅星梭子蟹樣本在每個沿海和河口地區利用 5 個誘餌陷阱，從下午 17:00 至隔日早上 7:30 先後採集樣本，每週工作 3 天。收集了來自中國大陸包括上海(SH)、廈門(XM)、香港(HK)、臺灣地區樣本包括宜蘭(YL)、臺中(TC)、東港(DG)和新加坡(SGP)的 7 個族群，包括 110 個體 (圖 1，表 1)，其中上海、廈門及香港標本船均使用單拖網進行蟹類採集，臺灣地區樣本包括宜蘭、臺中、東港及新加坡則是使用籠具進行蟹類採集 (圖 1，表 1)，捕撈捕獲後立即從冷凍或結冰後的樣本中提取 DNA 並保存在 -75°C；另外遠海梭子蟹從 6 個地區收集共 166 個樣本，其中包含中國大陸的廈門(XM)和香港(HK)，越南的河內(VN)臺灣的高雄(KK)和澎湖(PH)，以及新加坡

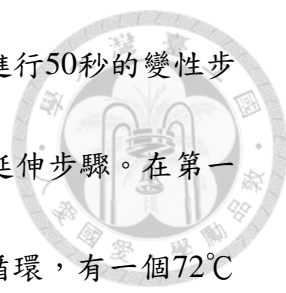
(SGP) ，其中廈門及香港標本船均使用單拖網進行蟹類採集，越南則是使用刺網進行蟹類採集，臺灣地區樣本包括高雄、澎湖及新加坡則是使用籠具進行蟹類採集 (圖 2，表 2)，並在提取 DNA 前立即儲存在-75°C。



2.3 分析方法

1. DNA 萃取，擴增和定序


研究的第一個步驟是DNA的萃取，這裡本研究使用了QIAamp DNA Mini Kit來從樣本的步足肌肉組織中提取總基因組DNA，這是一種由Sambrook和Russell在2001年開發的技術 (Sambrook & Russell, 2001)。該套件利用了細胞裂解、核酸結合、酒精洗滌和核酸洗滌等步驟來從樣本中分離出純化的DNA。然後，本研究專注於從步足肌肉中提取線粒體DNA，並對其進行了PCR擴增和定序分析。特別地，本研究對線粒體DNA的控制區片段進行了擴增和定序。這個區域被認為對規範線粒體DNA複製和轉錄有重要作用，因此它對本研究的研究具有重要意義。為了擴增控制區序列，本研究使用了兩種引子：YEN-F和YEN-B。這些引子是設計用來配對和擴增特定的DNA區域的短片段。YEN-F引子的序列是5'-GCA AAT ACA CGC AAT AAC TCT CAT AC-3'，而YEN-B引子的序列是5'-TGT AAA TCC GTT ACG AAT AAT ATA GG-3'。PCR反應是在Geneamp 2400熱迴圈設備(Perkin Elmer, Norwalk, CT, USA)上進行的。這台機器提供了一種準確且可靠的方法來進




行PCR反應。PCR程序包括39個循環，每個循環包括在95°C下進行50秒的變性步驟、在50°C下進行1分鐘的退火步驟和在72°C下進行1.5分鐘的延伸步驟。在第一個循環，有一個95°C下5分鐘的初始變性步驟，而在最後一個循環，有一個72°C下10分鐘的最終延伸步驟。經過PCR反應後，本研究通過將產物在1.5%瓊脂糖凝膠電泳上分離後。電泳是一種在電場的作用下使DNA片段按照大小排序的實驗技術。分離後，本研究使用基因清潔II試劑盒 (Bio101) 進行純化。這個試劑盒包含了一種可以結合DNA並將其從混合物中分離出來的特殊矽膠柱。最後，本研究使用ABI 377 DNA定序儀進行定序，以確定PCR產物中的mRNA。這個儀器使用的是染料終止定序技術，這是一種能夠快速且準確地確定DNA序列的方法。這種方法利用了四種不同顏色的螢光標記染料，每種染料標記一種鹼基，從而可以在定序過程中分辨出A、T、C和G。因此，通過這種方式，本研究可以獲得本研究PCR產物中的確切mRNA序列。這些步驟在本研究的研究中非常重要，因為它們為本研究提供了瞭解基因的變化和功能的基礎知識，並且可以指導本研究進行更深入的分析 and 研究。

2. 序列分析

在本研究的序列分析程序中，本研究首先收集了大量的基因序列。然後，本研究使用了一種強大的工具，稱為MegAlign (DNASTAR, LaserGene, WI, USA)，對這些序列進行比對。這種比對方式使本研究能夠明確地看到序列之間的一致性




與差異，這對於後續的分析至關重要。本研究對比對結果進行了深入的分析，並計算了各種參數，包括基因組成、轉換/顛換比 (transition/transversion) 等。這些數值都被用來評估序列的變化程度，以及單倍型的差異程度和核苷酸的多樣性 (Nei, 1987)。所有這些計算都是通過使用 DnaSP v5.00 軟件 (Rozas et al., 2003) 來完成的，這是一款專門為進化生物學和遺傳學研究設計的強大工具。在瞭解了本研究的數據集的基本特徵後，本研究開始建立了親緣關係樹。本研究使用的方法是鄰接法 (Neighbor-Joining, NJ)，這種方法被廣泛應用於生物資訊學，可以有效地處理大量的數據。為了確保本研究的親緣關係樹是可靠的，本研究進行了一千次的 bootstrap 分析 (Felsenstein, 1985)，這種分析方法可以評估本研究的結果的穩定性和可信度。接著，本研究利用 MEGA 6 軟件計算了 DNA 單倍型的兩兩比較 (pairwise comparison) 突變數。根據這些計算出的突變數，本研究使用 Network 軟件版本 4.6.1.3 (www.fluxus-engineering.com) 構建了最小生成樹 (minimum spanning network) (Bandelt *et al.*, 1999)。這種圖可以清晰地呈現各個族群之間的關係，並且可以根據這些關係來推測物種的遷移歷史，以追溯單倍型間的親緣關係和演化歷史 (Excoffier *et al.*, 1992)。本研究利用這個最小生成樹，對親緣關係進行深入的分析。本研究對樹狀結構進行了詳細的解釋，並根據其結果推測出族群擴張的時間。本研究使用了 $\tau = 2\mu T$ 公式進行計算 (Rogers and Harpending, 1992)，其中 T 表示擴張開始的時間， τ 表示擴張持續的時間， μ 則是




每一代時間內的突變率乘以基因序列的數量。為了估計這些參數，本研究參考了每百萬年1.17-1.66%的平均發散率，以及每一年的世代時間 (Liu *et al.*, 2007)。本研究根據這種詳細而全面的序列分析程序，使本研究能夠深入瞭解本研究的物種的遺傳結構和親緣關係，並提供了對物種演化歷程的深入理解。這些理解不僅對於本研究的當前研究至關重要，也對於未來的研究具有長遠的價值。

為了深入探討遺傳結構並了解不同族群之間的遺傳分化程度，本研究採用了一套全面的分析方法。首先，本研究採用了一款強大的統計軟件，名為ARLEQUIN 3.5 (Excoffier *et al.*, 2010)。這款軟件使本研究能夠精確地計算每一對族群之間的遺傳分化指數 (F_{ST})。這種指數可以作為一種量化的方式，來衡量不同族群之間遺傳變異的多少。在計算出 F_{ST} 值之後，本研究進行了進一步的分析。本研究將這些值用於繪製採樣地點的樹狀圖，以更直觀地呈現族群之間的遺傳相關性。此外，本研究採用了未加權對群法 (UPGMA) 來建立這樹狀結構，這種方法可以提供一個更清晰的視覺表達，以便本研究更好地理解 and 解釋數據。本研究還進行了分子變方分析法AMOVA (Excoffier *et al.*, 1992)以評估族群的地理結構。這種方法能夠揭示族群內部以及族群之間的遺傳變異情況，進一步深化本研究對族群間遺傳分化的理解。此外，本研究根據UPGMA圖將族群劃分為不同的組，然後進行10000次置換排列運算，以檢驗統計學上的顯著水平，確保本研究的結果具有足夠的信度。在這些分析的基礎上，本研究進行了一些進一步的檢驗。本



研究利用DnaSP 5.10 (Rozas et al., 2003)進行了中性測驗和族群變異分佈檢驗。中性測驗包括了田島D檢驗 (Tajima, 1989) 和Fu的FS檢驗 (Fu, 1997)。這兩種檢驗的結果可以告訴本研究族群是否經歷過擴張，也就是說，這個族群的大小是否曾經有過顯著的變化。為了進一步驗證這些結果，本研究還進行了族群變異檢測。這種檢測是通過計算族群內任兩個個體間核苷酸序列差異的統計分佈來進行的。這種方法可以揭示族群內的遺傳多樣性，並可以用來推測族群大小的變化歷史。本研究的分析還涉及到卜瓦松分佈 (Poisson distribution)。如果一個族群在過去某段時間內快速增長，那麼它的分佈將呈現出卜瓦松分佈的特徵，也就是說，這種分佈將呈現出一個單峰模式。相反，如果一個族群的大小保持穩定，則它的分佈將呈現多峰模式 (multi-model)。然而，如果一個族群曾經經歷過擴張，那麼它的分佈將呈現單峰模式 (uni-model) (Rogers and Harpending, 1992 ; Rogers, 1995)。本研究的研究方法結合了多種分析手段，對族群的遺傳結構和遺傳分化進行了全方位的研究。通過深入分析和瞭解族群之間的遺傳分化，本研究可以對物種的遷移、演化和適應獲取更深入的認識，從而推進遺傳學和演化生物學的研究。本研究的研究結果不僅提供了豐富的數據來瞭解族群的遺傳結構和演化歷程，也為未來的研究提供了重要的理論基礎和參考資料。


在本研究中，本研究使用了Mantel測試 (Mantel, 1967)。這是一種在統計學上常用的方法，被廣泛應用於對空間模式的分析，尤其適合處理地理數據與其他



變量之間的關聯。在本研究中，本研究選擇使用ARLEQUIN軟件來進行這一測試，軟件具有優異的性能和良好的靈活性。為了進行空間隔離測試，本研究首先將本研究的數據集進行適當的整理和處理。具體來說，本研究根據成對的族群間的遺傳分化指數 (F_{ST}) 值和相應的地理距離進行估計。 F_{ST} 值反映了族群間的遺傳分化程度，而地理距離則代表了兩個族群之間的實際距離。在收集並處理好數據後，本研究使用Mantel測試進行統計分析。在此過程中，本研究進行了1000次置換排列，以確定其顯著性水平。透過這種方式，本研究能夠檢驗遺傳分化與地理距離之間是否存在顯著的關聯。此外，為了確保本研究的分析結果更加精確，本研究選擇了使用最短距離作為樣本間的近似地理距離。這種方法可以避免可能的誤差，使本研究的研究結果更加可靠。透過進行這樣的分析，本研究可以更深入地理解和研究族群之間的遺傳分化與空間分布的關聯。這將對揭示物種的分佈模式和演化歷程具有重要的價值，也為本研究提供了更豐富的理論依據和數據支持，使本研究能夠更好地進行未來的研究。

3. 休閒漁業質性研究方法

本研究在休閒漁業部分研究方法上則採取的是文獻分析法 (document analysis)、歷史研究法 (historical research) 與比較研究法 (Comparative research) (鍾倫納，1993)。本研究選擇採用文獻分析 (document analysis) 法，冀圖透過是一種對各種現存休閒漁業資料蒐集、分析與解釋以瞭解事件或推估事情發展的研




究方法，一般而言它是透過官方與非官方的各種文件資料，包括官方出版品、書籍、期刊、論文、報紙等相關資料的蒐集，來印證研究者對某事的看法，並找出真相，同時從事內容比對分析，並經由類似的情境預測未來可能的發展走向（鍾倫納，1993）。歷史研究法 (historical research) 休閒漁業產業歷史分析的目的是描述歷史事實，並指出某一特定時空發生的休閒漁業產業歷史事實有何前因後果與關聯性。而歷史研究有幾個重要的階段，首先是蒐集資料的階段，其次是考證資料的階段，最後是消化資料的階段，而後將分散的休閒漁業產業史料歸納在一起，融會貫通，指出其中的關係，並使其以新的面貌呈現，最終闡明休閒漁業產業歷史發展的軌跡及其意義所在（易君博，2006）。比較研究法 (Comparative research) 主要是探討變項與變項之間的關係，除了可以使用量化的研究方法，還可以透過質化的分式來分析；比較研究法常常使用於跨文化、跨社會或跨國家之間的異同比較；有時亦用於特殊文化或社會地位的比較；有時著眼於不同社會或文化的典型代表的差異情形，本研究使用比較研究法探討休閒漁業產業政策有助於理論的建立以及新的研究，它根據一定的標準，對兩個或兩個以上有聯繫的事物進行考察，尋找其異同，探求普遍規律與特殊規律的方法（鍾倫納，1993）。比較研究法就是對比不同國家休閒漁業產業政策的相似性或相異程度的研究與判斷，並制定差異比較的方法，很適合使用在政策差異性討論的研究（鍾倫納，1993）。

第三章 結果與討論



3.1 紅星梭子蟹地理親緣關係


本次研究聚焦於東亞地區一種經濟價值極高的蟹種—紅星梭子蟹。這種蟹種因其豐富的營養價值和獨特的口感，深受消費者的喜愛，對於當地的休閒漁業產業經濟具有重大影響。本研究共收集到110個該蟹種的基因序列樣本，這些樣本的收集極其謹慎，充分考慮了選擇的多樣性和全面性，覆蓋了東亞地區的多個重要海域。本研究所研究的對象是控制區序列，長度約為864個鹼基對(bp)。這些序列中，包含有57個變異點，以及71個有效變異點，這些數據充分展現了本研究研究對象的變異度和多樣性。在經過進一步的統計分析和整理後，本研究最終得到90個單倍體（被稱為S1數據集）。這些單倍體不僅是本研究研究成果的核心部分，也將成為本研究未來深入研究的基礎。值得一提的是，這些序列已被成功上傳到全球公認的基因數據庫GeneBank中，其登錄號為OL692628 – OL692737。這一點既是對本研究研究成果的重要認可，也為全球的科研工作者提供了重要的參考數據。在本研究的研究中，本研究特別關注了東亞地區的七個重要群體。在對這些群體進行詳細評估的過程中，本研究發現了一個有趣的現象，即在其核苷酸組成的頻率上，AT的偏差顯著，G + C含量僅占總量的33.7%。這種偏差可能與這些群體的特殊遺傳特性有關，這項發現將引領本研究進一步的研究。此外，本研究還對單倍體歧異度(h)進行了評估，這是一種能夠反映群體內部基因多樣性的重



要指標。透過進一步分析這一指標，本研究可以深入了解該蟹種在東亞地區的遺傳結構和分布特徵，為其資源保護和合理利用提供科學依據。本研究的研究還將對理解該蟹種的適應性進化、群體動態以及生態保護策略提供重要參考。本研究對這些研究結果進行了仔細的整理和詮釋，以便為未來的研究者和利用者提供更直觀、更完整的參考資源。


本研究中本研究對於東亞地區的紅星梭子蟹七個群體進行了細致的基因多樣性分析。研究結果指出，這些群體的單倍體歧異度(h)達到了0.988，其範圍則在廈門(XM)的0.856至宜蘭(YL)、台中(TC)、香港(HK)以及新加坡(SGP)的1.000之間變化(表1)。這樣的歧異度數據，再一次證明了東亞地區紅星梭子蟹種群的遺傳多樣性。總體上，本研究在110個樣本中成功地獲得了90個單倍體，其中最常見的等位基因是由廈門、上海和新加坡的11個體所共享的。這些結果進一步確定了本研究研究的可靠性和有效性。在分析過程中，本研究採用了T92模型進行數據解讀。選擇此模型的原因是其能提供對本研究研究數據的最佳擬合效果。T92模型在本研究中扮演了至關重要的角色，本研究使用它來建立了鄰接法(NJ)和最大概似法(ML)的系統樹，並以此進行了AMOVA分析。通過這一模型，本研究充分利用了其在統計分析領域的強大能力。

分析結果揭示了NJ和ML樹的高度相似性(圖4)，對本研究的研究具有重要價值，因為它確定了兩個主要的譜系(譜系A和譜系B)。根據NJ和ML樹的結果，



本研究發現譜系A和譜系B的自舉值 (bootstrap) 分別高達99和100。這一結果意味著本研究可以將所有的紅星梭子蟹個體有效地分為兩個譜系。這個結果對於本研究理解紅星梭子蟹在東亞地區的遺傳結構，以及研究其演化歷程具有重大的啟示意義。此外，這個發現還可能對於保護該物種的生物多樣性，以及對其進行合理的利用具有重要的參考價值。本研究的研究不僅提供了該物種的基因結構信息，還對其生物地理分佈、物種形成、適應性演化等方面的研究提供了寶貴的數據支持。此外，本研究的研究也將對該物種的保護和合理利用，甚至對於更廣泛的漁業資源管理和保護策略制定具有重要的參考價值。本研究提供了一個全面而深入的視角來研究紅星梭子蟹的遺傳多樣性和譜系結構，為未來進一步的研究和應用打下了堅實的基礎。

透過本次研究，本研究對東亞地區的七個族群進行了全面且深入的分析。本研究首先根據 F_{ST} 值來評估這些族群在遺傳上的差異，結果顯示這七個族群內的遺傳分化指數 F_{ST} 達到顯著差異 (表3, 表4)。這樣的發現使本研究得以預測，這些族群在遺傳結構上可能存在著巨大的差異，這對於本研究理解東亞地區的生物多樣性以及其形成過程有著至關重要的啟示作用。接著，本研究進一步將這七個族群進行細分，將他們劃分為兩個主要群體。第一群體包含了廈門(XM)、台中(TC)、上海(SH)、東港(DG)、香港(HK)和宜蘭(YL)等族群，而第二群體則僅包含新加坡(SGP)族群。本研究選擇這樣劃分的依據，是根據了本研究對這些族群之



間遺傳差異的評估，並綜合考慮了地理位置和環境因素的影響。進一步的，本研究根據UPGMA樹狀圖，將這七個族群再次細分為五個不同的群體，並對這些群體進行了AMOVA分析。在未分群的情況下，AMOVA的結果顯示，族群間的遺傳分化指數(F_{ST})值為0.4259(表5)。這一數值的意義是，至少有一對族群之間存在著顯著的遺傳差異。這一結果進一步確定了本研究的研究假設，即這些族群在遺傳上存在著顯著的差異。在分析所有分群的 Φ_{CT} 值後，本研究發現所有的值都是顯著的，這同樣強化了本研究對於族群間遺傳差異的認識。以上研究結果不僅有助於本研究理解各族群間的遺傳分化程度，而且也提供了有關東亞地區生物多樣性和形成過程的新見解。另外，本研究中對族群間遺傳結構的評估，以及對地理位置和環境因素的綜合考慮，進一步加強了本研究對於生物多樣性保護和利用的認識。這些研究結果將對本研究制定相關保護措施和生物多樣性維護策略提供實質幫助，而且，這些結果也對本研究對於地區性生物多樣性的認識有著深遠的影響。在本研究中，本研究進行了深度的分析，以探討東亞地區的七個族群間的遺傳變異。其中，本研究確認第二組具有最高的 Φ_{CT} 值，達到了0.7519。這一數值極高，顯示出這一組的遺傳變異程度相當大。根據這一結果，本研究進一步將研究的對象劃分為兩個主要群體：第一組包括上海 (SH)、宜蘭 (YL)、台中 (TC)、廈門 (XM)、東港 (DG)和香港 (HK)等族群，而第二組則僅包括新加坡 (SGP)族

群。此外，本研究發現不同組間的 Φ_{CT} 值亦有顯著差異，這也表明在這些族群間可能存在額外的遺傳斷裂（表5）。




進一步的，本研究在研究過程中對這七個族群進行了田島D檢驗 (Tajima's D test)。這是一種非常重要且常用的統計測試方法，用於探討和評估遺傳變異的程度。在這七個族群中，本研究發現除了上海 (SH) 外，其他所有族群的田島D檢驗值並不顯著（表1）。然而，當本研究將所有族群的資料進行合併分析後，田島D檢驗的結果卻顯示出明顯的差異。這一發現意味著在整體水平上，這些族群之間確實存在著明顯的遺傳差異。為了進一步確認本研究的研究結果，本研究在研究中還進行了Fu's F_s 測試，這是另一種常見且重要的遺傳統計測試方法。通過這種測試，本研究發現上海(SH)、台中(TC)、東港(DG)、香港(HK)和宜蘭(YL)這五個族群的Fu's F_s 值達到了顯著性，如表1所示，而其他的族群並未達到顯著性。此外，當本研究將所有族群的資料以及譜系A和譜系B的資料進行合併後進行Fu's F_s 測試，本研究也發現結果顯示出明顯的差異。這一結果進一步證實了本研究的研究假設，即這些族群間存在著顯著的遺傳差異。通過這一系列深入的分析，本研究得出了幾個重要的結論。首先，東亞地區的七個族群間確實存在著顯著的遺傳差異，並且這些差異在整體水平上也具有明顯的統計學意義。其次，本研究確定了兩個主要的族群群體，並且這兩個群體之間也存在著顯著的遺傳差異。本研究的研究也顯示出，這些族群間可能存在額外的遺傳斷裂。以上所有的研究結

果，都為本研究深入了解東亞地區的遺傳多樣性提供了重要的科學依據。在譜系A和譜系B的所有樣本中，本研究發現錯位分布(mismatch distribution)都呈現單峰分布(見圖7)。這種分布特性提供了本研究對這些族群遺傳結構的進一步理解。

在本研究的研究中，本研究在東亞地區的紅星梭子蟹(*P. sanguinolentus*)群體中發現了兩個明顯的譜系(A和B)，這與之前的一項研究 (Sezmiş, 2004) 的結果相符。儘管所有的七個族群中都包含有來自譜系A和B的個體，但本研究確實在研究中檢測到了這兩個明顯的譜系 (圖3、圖5和圖6)。本研究的結果顯示，上海(SH)、廈門(XM)、香港(HK)、宜蘭(YL)、臺中(TC)和東港(DG)這六個族群主要屬於譜系A，而新加坡(SGP)族群則僅包含有來自譜系B的個體。這種分佈特性對於理解這些族群的遺傳結構和演化歷程提供了重要的資訊。

在本研究的研究中，本研究對譜系A的族群包括廈門(XM)、上海(SH)以及臺中(TC)進行了詳細的分析，本研究發現這些族群共享一種最常見的等位基因，這強烈暗示著它們具有共同的祖先關係。在遺傳學的研究中，這種共享等位基因的現象通常表示著這些族群在演化上有著密切的關聯。事實上，有一些學者的研究結果顯示，那些含有共同祖先基因型的族群，往往在遺傳變異性方面表現出較高的穩定性和多樣性(Crandall & Templeton, 1993; Chiang & Schaal, 1999; Wang et al., 2000)。



本研究也對譜系A和譜系B的核苷酸多樣性進行了比較。從本研究的分析結果可以看出，相比於譜系A的核苷酸歧異度($\pi = 0.00780$)，譜系B的核苷酸歧異度($\pi = 0.01345$; $h = 1.000$)明顯較高，且其單倍型多樣性($h = 0.987$)也較高。這種結果表明，譜系B的遺傳變異可能更加豐富，並且在時間尺度上，譜系B可能比譜系A更古老。根據本研究的估計，譜系A和譜系B的擴張時間分別為160,022年和322,744年。這種結果與本研究前面關於兩個譜系遺傳變異度的比較結果是一致的。這兩個譜系的擴張時間差異，可能與它們在遺傳結構、適應能力和演化壓力等方面的差異有關。錯位分佈的分析顯示，譜系A可能在經歷了一次人口瓶頸或擴張之前，擁有一個較小的族群(圖7)(Rogers *et al.*, 1992)。這種結果也得到了本研究的錯位分布模式的支持，該模式顯示譜系A相對於譜系B更近期地經歷了擴張，而譜系B則只經歷了基因流交換，並未經歷明顯的族群擴張。由於本研究的樣本數量有限，譜系B的存在配對差異以及期望的錯位分佈可能會表現出多峰狀。這種現象可能反映了譜系B在演化過程中的某些特殊事件或模式。

紅星梭子蟹的生態研究表明，它們的浮游幼蟲階段主要受到中國近海流以及南海暖流的影響。這兩種海流在地理分布上形成了一種複雜的互動關係，對浮游幼蟲的分布和生存環境產生了重要影響。換句話說，這些幼蟲可能會被洋流帶到不同的海域，導致中國南部沿海地區的低鹽度環境 (Li *et al.*, 2000; Tzeng, 2004; Ren *et al.*, 2017)，並在那裡適應和生存。進一步地，紅星梭子蟹幼生的高度傳播


能力和海洋環境中物理屏障的缺乏，可能為這種蟹的遺傳交換提供了有利條件。

海洋生態系統中的物種遺傳結構往往受到多種因素的影響，其中包括物理障礙、幼蟲的擴散能力，以及成年個體的長距離游泳能力等等 (Grant & Bowen, 1998)。

本研究的研究結果與以往的一些研究發現相吻合 (Ma et al., 2015)，例如，在研究中國海岸的鏽斑蟊 (*Charybdis feriata*) 時也發現了類似的低遺傳分化現象在過去的地質時代，末次盛冰期時，中國和東南亞的大部分地區都是暴露的陸地 (Tzeng et al., 2004, 2007, 2008; Chu et al., 2011, 2012; Xu & Chu, 2012)。因此，本研究可以推測，譜系B (估計的進化年齡為322,744年前) 的形成可能早於譜系A (估計的進化年齡為160,022年前)。隨著海平面的上升，這些被海水淹沒的海岸線開始形成新的海洋生態環境，譜系A在這樣的環境中逐漸發展起來。後來，這個新形成的譜系可能通過南海暖流和中國沿岸流進一步擴散到香港(HK)、廈門(XM)、東港(DG)、臺中(TC)和上海(SH)等海域。

從這些研究結果中，本研究可以看出，這種蟹的遺傳結構和地理分布受到多種複雜因素的影響。在所有的族群中，最年長的族群來自新加坡(SGP)，而最年輕的族群則出現在廈門(XM)。這些發現對本研究理解紅星梭子蟹的生態演化和地理分布提供了重要的線索。。


此外，譜系B的分布範圍可能無法通過馬六甲海峽擴展到印度洋。在冰川期，隆達陸架 (sunda shelf) 被阻塞 (Abdul Halim et al., 2021)。當海平面上升時，譜



系B能夠侵入新的海岸線，但其幼蟲無法穿越馬六甲海峽進入印度洋。虎蝦也表現出相似的模式，在馬六甲海峽西海岸有一個明顯的遺傳斷裂 (Abdul Halim *et al.*, 2021)。因此，譜系B可能僅分布在南海，並沒有擴張至西太平洋 (譜系A)。

由於棲地破壞，海洋物種受限於相對狹窄的區域，導致族群混合和遺傳變異減少 (Benzie & Williams, 1997; Benzie, 1999)。在末次冰盛期 (LGM) 之後，本蟹種的分布範圍逐漸擴大，隨著東海海平面上升，游蟹在達到特定大小或生活階段時從近海遷移到沿岸區域，但距離有限 (Dall *et al.*, 1990)。因此，對於本蟹種來說，基因流主要通過蟹類幼生期傳播。洋流在擴散過程中起著關鍵作用。本蟹種的壽命約為 1-2 年，它通常棲息在 10-80m 深的沙質海底棲地 (Wenner, 1972; Campbell, 1986; Kepele' & Tsareva, 2005)。幼蟲隨洋流漂流，經過15-18天，孵化出的幼體逐漸轉變為稚蟹並適應海底生活 (Rasheed & Mustaqim, 2010)。因此，本蟹種浮游幼體階段可能對決定遺傳結構產生影響。後冰河時期，沿岸洋流從中國大陸轉向南海。中國沿海的海流自福建流向越南。在新加坡水域的溫鹽環流發揮著重要作用 (Hu *et al.*, 2000)。然而，在譜系A中，臺灣東港 (DG) 樣本與中國沿岸海流的相互作用並不明顯，進而導致譜系B孤立群的形成。

總結來看，A譜系的擴散路徑是由南端的黑潮帶至臺灣，並分為三條洋流支流：一條經過臺灣東部，另一條通向西部，使香港(HK)和宜蘭(YL)的族群相對相似，最後一條則流向臺灣海峽和中國沿海水域直至上海(SH)。對於譜系B而言，




這意味著新加坡(SGP)沒有擴張，僅形成了基因流的互動。然而，其他海洋生物也表現出類似的兩個主要譜系模式。例如，藤壺 (Chan *et al.*, 2007; Tsang *et al.*, 2012) 和股窗蟹 (Wong *et al.*, 2010) 在東亞、東北亞和東南亞海域有不同的血統，其中東亞和東北亞的族群年齡明顯較小。對亞洲沿海紅星梭子蟹商業物種的管理和保護而言，系統地理學研究對確定其起源地和遺傳結構具有重要意義。

3.2 遠海梭子蟹地理親緣關係

在東亞地區，本研究共採集了六個族群的遠海梭子蟹樣本，合計166個樣本。這些樣本的DNA進行了仔細的序列分析，每一個樣本的序列長度約為715鹼基對。在這個精細而繁瑣的分析過程中，本研究檢測到了92個變異點和199個有效變異點。這些變異點展現了樣本間的遺傳多樣性，並促成了116種獨特的單倍型的形成，詳細信息請見S1數據集。所有的序列均已經被妥善地保存和登錄在GenBank中，登錄號為MZ512410–MZ512575。在這些序列中，本研究發現核苷酸組成的頻率呈AT偏差，其中G+C的含量為46.0%。

本研究在研究的六個族群中，進一步探討了個體的單倍體歧異度，這是一種描述遺傳變異程度的指標。本研究發現這些個體的單倍體歧異度範圍從0.949(越南VN)到0.995(香港HK)，詳情請見表2。本研究也研究了整體族群的核苷酸歧異度，這是另一種衡量DNA序列差異程度的指標，發現其為0.064，範圍從0.020(高雄KK)至0.045(香港HK)，詳情請見表2。



在處理這些數據時，本研究選擇了T92模型來進行解釋，這是一種用來描述DNA序列演化的數學模型，被認為是本研究的最佳擬合模式。本研究利用這個模型進行了鄰接法 (NJ) 和最大概似法 (ML) 的重建，以及AMOVA分析，這些方法都被廣泛用於遺傳學研究中。本研究建構的NJ和ML樹的結果非常相似，都顯示出兩個明顯的譜系，即A和B，如圖9所示。同時，本研究也繪製了親緣關係圖和網狀圖，如圖9和圖10所示，這些圖能夠清楚地描繪出各族群和單倍型間的親緣關係。值得一提的是，主要節點在NJ法和ML法中均得到了Bootstrap值的支持，這增強了本研究的分析結果的可信度。


在本研究的研究中，所有樣本的單倍型都經過仔細的確定，並利用這些單倍型構建了系統發育樹，以揭示其間的親緣關係，相關的圖示請見圖10。值得注意的是，本研究的分析結果強烈提示了兩個不同的譜系的存在，分別為譜系A和B，如圖8所示。本研究發現，廈門 (XM)、香港 (HK)、越南(VN) 和新加坡 (SGP) 的樣本全部屬於譜系A；而高雄 (KK) 的樣本完全屬於譜系B；在澎湖 (PH) 的樣本中則兩者都有。接下來，本研究進一步探索了譜系A和B的單倍體歧異度，這是一個重要的遺傳變異度指標。本研究的數據顯示，譜系A和B的單倍體歧異度分別為0.993和0.990。此外，本研究還計算了核苷酸歧異度，這是另一種重要的DNA序列變異度指標，譜系A和B的估計值分別為0.040和0.031，詳細的數據見

表2。本研究還計算了兩個譜系的 τ 值，譜系A和B的 τ 值分別為 $19.439/2\mu$ 和 $11.712/2\mu$ 代。




研究還分析了族群間的遺傳分化指數(F_{ST})值，這是一個評估族群間遺傳變異度的重要指標。結果顯示，除了香港 (HK) 和廈門 (XM) 之間以及澎湖 (PH) 和高雄 (KK) 之間的關係外，其他族群的 F_{ST} 值都顯示出顯著的差異 (表6，表7)。

接著，本研究在六個採樣區的UPGMA樹中確定了兩個譜系，譜系A包括香港 (HK)、廈門 (XM)、越南 (VN) 和新加坡 (SGP) 族群，譜系B包括澎湖 (PH)和高雄 (KK) 族群，如圖11所示。根據組間方差分量檢驗的結果，本研究嘗試了六種不同的分組方案 (G1、G2、G3、G4 和 G5)，結果顯示其中五種方案具有統計上的顯著性，見表6。從 Φ_{CT} 值來看，本研究認為G2、G3和G4分組方案是最佳的分組方案 (圖11)。最後，本研究對六個樣本群體或總族群的Tajima' s D值進行了檢驗，Tajima' s D是一種檢驗DNA序列是否符合中性演化假說的方法。本研究的數據顯示，所有群體的Tajima' s D值都不顯著，詳見表2。這些結果將對本研究進一步理解和探索這些族群的遺傳結構和演化歷程提供有價值的資訊。在對兩個譜系和總群體進行分析後，本研究發現Fu's F_s 檢驗結果均顯著，Fu's F_s 是一種檢驗遺傳結構是否有選擇壓力或人口擴張的統計檢驗。在使用平方偏差度量的統計分析上 (當 $p > 0.05$ 時)，從譜系A或B所得到的分佈顯示出單峰特性，而這種分佈與本研究以增長擴張模型估計的分佈沒有顯著差異 (圖12)。



在此基礎上，本研究根據UPGMA樹狀圖，將東南亞地區的六個樣本族群分成了兩個主要的群，並對其進行了AMOVA分析。當本研究未對六個樣本族群進行分群處理的情況下，AMOVA的結果顯示，族群間的遺傳分化指數 (F_{ST}) 值為0.41978(表8)。這意味著，在成對比較的族群中，至少存在一對具有顯著的遺傳異質性。進一步分群的結果顯示，所有分群的 Φ_{CT} 值均具有顯著性。當本研究將六個族群進一步分為兩個主要的群時，第一個群包括香港 (HK)、廈門 (XM)、越南 (VN)和新加坡 (SGP)族群；而第二個群則包括澎湖 (PH)和高雄 (KK)族群。在這種分類方法下，本研究獲得了最高的 Φ_{CT} 值，達到了0.46573，這暗示著遺傳的不連續性可能也存在於這些族群之間 (表8)。

值得注意的是，本研究在東亞地區發現了兩個明顯的遠海梭子蟹 (*P. pelagicus*) 的譜系A和B，這與過去的一些研究結果是一致的，如Sezmiş (2004), Chan et al. (2007), Wong et al. (2010), 和Tsang et al. (2012)都提出了兩個譜系的存在。雖然在本研究研究中所有六個群體都包含了譜系A和B的個體，但本研究確實在這些群體中檢測到了兩個明顯的譜系，詳見圖8、圖9和圖10。這些研究結果對於本研究理解遠海梭子蟹在東亞地區的族群結構和演化歷程具有重要的指導意義。在進行詳細的遺傳分析後，本研究發現，廈門(XM)、香港(HK)、越南(VN)和新加坡(SGP)的樣本族群中，主要屬於譜系A的個體較多，而澎湖(PH)和高雄(KK)的樣本族群中則主要屬於譜系B的個體較多。




在進一步探討個體的遺傳特徵時，本研究注意到，在那些擁有祖先基因型的族群中，其核苷酸和單倍體歧異度(h)顯著地較高。根據Crandall & Templeton (1993), Chiang & Schaal (1999), 和 Wang et al. (2000)的研究，這是長時間內突變累積的結果 (圖9)。在進行比較分析後，本研究發現譜系A的核苷酸歧異度($\pi = 0.044$; $h = 0.992$)顯著地高於譜系B($\pi = 0.031$; $h = 0.990$)。這種顯著差異顯示出譜系A可能比譜系B更為古老，如圖10所示。在計算族群年齡時，本研究根據平均突變率為2.3%/My來進行估計。透過這種計算，本研究得出譜系A和譜系B的擴散時間分別為597,718年和360,125年，詳見圖11。在進一步分析錯位分布後，本研究發現譜系B的峰值較為陡峭，這與Rogers & Harpending (1992) 的觀點相符，即譜系B在擴散或瓶頸事件之前的初始族群可能較小。同時，譜系B的成對分布更明顯地偏移到分布模式的右側，這意味著譜系B的擴散可能是在近期發生的，這與Chan et al. (2007), Wong et al. (2010), 和 Tsang et al. (2012)的研究結果相吻合。

隨著梭子蟹生命週期的推進，這些生物從近岸區域遷移到遠海地帶的趨勢成為一種常見的現象。然而，從生物學的角度來看，由於遷徙距離的限制 (Dall *et al.*, 1990)，幼蟹的浮游期在梭子蟹族群之間的基因交流中起著關鍵的作用，其中洋流的影響不可忽視。這一點解釋了為什麼澎湖(PH)與高雄(KK)族群之間的遺傳分化指數(F_{ST})值至少是其他族群中所獲得值的兩倍。除此之外，本研究也注意到，族群混合和遺傳變異的降低也可能與棲地喪失有關 (Benzie & Williams, 1997)。

自從末次冰河期以來，遠海梭子蟹的數量逐漸增加，這可能受到東海海平面變化的影響。



儘管本研究在本研究中發現了兩個明顯的譜系（如圖9和圖10所示），但這並不意味著所有六個樣本族群都完全歸於這兩個譜系。例如，廈門 (XM)、香港 (HK)、越南 (VN) 和新加坡 (SGP) 的族群僅屬於譜系A，而澎湖 (PH) 和高雄 (KK) 族群則主要屬於譜系B。實際上，越南與新加坡水域的溫鹽環流對這些族群結構的形成起到了關鍵作用 (Hu *et al.*, 2000)。然而，本研究需要指出的是，儘管本研究在臺灣高雄 (KK) 與中國沿岸海流之間並未發現明顯的遠海梭子蟹譜系交互作用，但譜系B中確實存在一個孤立的群體。這個孤立的群體在其蟹類浮游幼生期顯現出擴展性，具有潛在的高度幼生期擴散能力。這種特性可能導致在10-100公里的地理中尺度範圍內的同種樣本之間有廣泛的基因交流 (Yap *et al.*, 2002)。這種現象在遺傳學中非常常見，並為本研究理解物種演化和分佈提供了深入的見解。這種在地理範圍內的基因交流不僅增加了物種的適應能力，也提供了物種對環境變化的應對機制，從而有利於物種的生存和繁衍。然而，在中國大陸，族群遺傳結構的變化相對有限，這可能歸因於沿海區域的基因流量高於內陸 (Ren *et al.*, 2018)。在馬來西亞，微衛星分析也顯示，遠海梭子蟹 (*P. pelagicus*) 族群間的遺傳分化相對較低 (Chai *et al.*, 2017)。這一觀察結果與昆士蘭莫頓灣的研究結果相符，那裡的遠海梭子蟹在一天內最多可以擴散20公里 (Smith, 1989；



Sumpton *et al.*, 1994)。有趣的是，本研究的研究發現，在地理中尺度區域（如爪哇海）內，遠海梭子蟹族群傾向於混合，但在更大的尺度上，這些族群會呈現出顯著的遺傳差異（Kangas, 2000）。這一結果與先前的研究結論相吻合，該研究報告指出，遠海梭子蟹（*P. pelagicus*）在成蟹階段每天都在地理中尺度範圍內擴散，從而展現出顯著的擴散靈活性（Abdul Halim *et al.*, 2021）。

過去和現在的棲地結構對遠海梭子蟹的遺傳模式產生了重大影響。中國和東南亞裸露的大陸塊孕育了譜系A，其演化歷史比譜系B更悠久。在末次冰河期，譜系A中的物種可能從中國沿岸擴散到東南亞地區。隨著海平面下降，這些物種首先在香港地區定居，然後隨著海平面上升和海岸線後退，進一步擴展到新加坡（SGP）沿岸。隨著海平面上升，海岸線被淹沒，從而出現了位於譜系B中的澎湖（PH）和高雄（KK）族群。南海的暖流可能將譜系B的物種分散到了澎湖水域。

這兩個譜系的年齡差異可以部分歸因於約一百萬年前的不同擴散路徑和起源時期（Lai *et al.*, 2010; Ren *et al.*, 2018; McMillen-Jackson & Bert, 2004）。譜系A，尤其是廈門（XM）、香港（HK）、越南（VN）、澎湖（PH）和新加坡（SGP）的族群，攜帶最常見的等位基因。換言之，這些族群可能具有共同的祖先。對於擁有祖先基因型的族群，突變的長期累積導致核苷酸和單倍體歧異度更高（Voris, 2000; Gallagher *et al.*, 2019; Sambrook & Russell, 2001）。香港（HK）族群可能是最古老的族群，因為它展示出顯著更高的核苷酸歧異度（ $\pi=0.046$ ）和單倍體歧異度（ $h=$

0.995)，與其他族群的多樣性相比(表2)。另一方面，高雄(KK) 族群可能是最年輕的。本研究還強調遠海梭子蟹起源於中國大陸 (Briggs, 1999)。



根據目前的討論，譜系B的傳播路線似乎源於中國南部的廈門(XM)，向北至同緯度的澎湖(PH)地區，再進一步向臺灣南部的高雄(KK)擴散。譜系A中的新加坡(SGP)和越南(VN) 族群位於採樣區域的最南端。譜系B中的廈門(XM)群體顯示出最低的核苷酸和單倍體歧異度。此外，香港(HK)和新加坡(SGP) 族群之間的關係不如廈門(XM)和香港(HK) 族群之間的關係密切(圖2)。因此，譜系A可能有兩條不同的傳播路線：一條是從中國南部到低緯度地區的南部(越南VN和新加坡SGP)以及廈門以北(XM)；另一條是從中國南部到澎湖(PH)和高雄(KK)的同緯度地區。兩個譜系都顯示了人口擴張，譜系A始於倒數第二個間冰期(大約597,718年前)，譜系B始於末次盛冰期(大約360,125年前)(圖10)。

考慮到末次盛冰期巽他大陸架的封鎖，譜系B的分佈範圍可能經由馬六甲海峽向印度洋擴散(Benzie & Williams, 1997)。因此，正如Lai等人所指出，印度洋中發現的遠海梭子蟹可能是另一個物種 (Lai *et al.*, 2010)。更明確地說，海峽西側出現了顯著的基因隔離。因此，譜系B的分佈主要限於南海，並未向西太平洋(譜系A)延伸 (圖8和圖11)。


這項研究強調，在長期穩定的族群平衡中，族群才會出現不匹配的混亂分佈。然而，最近的快速擴張或瓶頸效應導致了具有更陡峭峰值的單峰分佈(近似卜瓦

松分布)，表明擴張前的初始族群較小 (Lai *et al.*, 2010; Ren *et al.*, 2018)。本研究發現，譜系B呈現出陡峭的波峰(圖12)。




3.3 沿岸休閒漁業資源復育策略


在全球各地，休閒漁業產業的蓬勃發展被廣泛視為一種重要的社會、文化和經濟活動 (Post *et al.*, 2002 ; Lewin *et al.*, 2006 ; Berestovsky, 2010) 。關於休閒漁業的現狀與未來方向，相關文獻討論觸及了許多關鍵議題，包括過度捕撈、產業的自我維持、公眾的認識，以及管理策略。讓本研究進一步探討這些議題。過度捕撈在商業漁業中長期存在，並已成為一個普遍認識的問題。然而，休閒漁業的過度捕撈問題近十年來才開始受到足夠的重視。這可能是因為，儘管休閒漁業被視為一種自我維持的產業，當漁獲的質量下降時，捕撈活動將自然減少，從而避免了整個產業體系的崩潰。然而，這種觀念並未考慮到當捕撈壓力達到一個臨界點，某些休閒漁業產業釣客和魚類的行為可能導致魚群數量進一步減少，甚至導致崩潰的可能性。另外，儘管研究已經指出了休閒漁業可能面臨的崩潰風險，但社會上仍有一些阻力和誤解，使得這個問題沒有得到足夠的重視。一些人認為休閒漁業崩潰的說法是危言聳聽，並且缺乏證據。這些誤解可能源於對休閒漁業動態性質的誤解，以及從特定地區豐富的魚類資源和較少的釣客情況來推斷整個休閒漁業的情況。為了防止可能的崩潰並建立一個可持續的休閒漁業管理框架，本研究認為需要對休閒漁業的動態性質有深入的理解。這需要從多角度來進行研究，



包括生態學、經濟學、社會學等領域的研究，以建立一個全面的理論基礎，並提供實際的管理策略。如此世界各國政府才可以在休閒漁業出現危機時，能有所作為，避免或緩解可能的崩潰。儘管研究已知商業漁業中存在大量的過度捕撈現象 (Worm *et al.*, 2009)，但過度捕撈問題在休閒漁業中只在近十年左右得到了足夠的關注。雖然常有言論指出休閒漁業產業活動“已不如往日”，但研究顯示，休閒漁業的衰退可能正在進行，但本研究卻很難直接察覺 (Post *et al.*, 2002)。透過對文獻的深度資料蒐集，發現了歐美各國提供休閒漁業衰退證據的出版物，儘管大部分證據似乎僅是軼事性的 (Post *et al.*, 2002)。歷史上，休閒漁業總是被視為一種自我維持的產業體系，當漁獲的質量下降時，捕撈活動將自然減少，從而避免了整個產業體系的崩潰 (Carpenter *et al.*, 1994; Smith, 1999; Hansen *et al.*, 2000)。這與商業漁業形成鮮明對比，在商業漁業中，儘管魚群數量下降，但由於基礎設施的成本、就業需求以及政府補貼等經濟因素，捕撈活動常常會持續進行，最終導致魚群的崩潰 (Clark, 2006)。這份研究提出了休閒漁業可能會較易崩潰的觀點，並探討了可能打破自我維持機制而引發崩潰的相關生態和收穫過程 (Post *et al.*, 2002)。這份研究同時開發了一個簡單的概念模型，這個模型指出，當捕撈活動使得魚群數量降低到某個臨界點時，某些休閒漁業產業遊客量多寡和魚類的行為可能導致魚群數量進一步減少，甚至導致崩潰 (Clark, 2006)。雖然在大多數情況下，本研究並未擁有足夠的數據來對魚群和捕撈進行有效評估，但研究數據




顯示，都會區周邊的休閒漁業產業消耗的遊憩行為產的的努力量與捕獲率呈現負相關，這可能導致過度捕撈和魚群數量的大幅度下降 (Post et al., 2002)。即使這些可能導致崩潰的機制之後，對於休閒漁業可能崩潰的結論，社會似乎仍存在一些阻力 (Post et al., 2002)。例如研究報告關於休閒漁業崩潰的標題，結尾處加上了一個問號 (Post et al., 2002)。這篇論文引發了公眾、管理部門和科學界對休閒漁業的高度關注，包括加拿大及其它地區。不僅許多加拿大日報、保護雜誌 (Pyzer, 2002)、商業雜誌 (Nikiforuk, 2002) 都發表了相關的報導，也引發了公眾的廣泛討論。然而，它也受到了一些人的嚴厲批評，他們認為這種說法是危言聳聽並且缺乏證據。對於這些批評的檢視將會是有價值的，因為它們揭示了對休閒漁業系統動態性質的誤解。例如，有些人提供了一些軼事，認為在他們的管理區域內並無證據顯示休閒漁業有所衰退或崩潰。這些觀察往往來自於魚類資源豐富多寡與遊客量呈正相關 (Post et al., 2002; Walters & Martell, 2004; Erisman et al. 2011)。儘管這樣，本研究的工作是確定如何最有效地減少崩潰的風險和衝擊，這必然需要對休閒漁業的動態性質有深入的理解。這將為休閒漁業管理提供必要的理論基礎，並將其握在本研究的手中，以便在需要時可以使用這些資訊來預防可能的崩潰。因此，研究應著眼於理解和預測休閒漁業的動態性質，以建立一個更強大和可持續的管理框架。



本研究歸納最後一次最大冰河期，整個黃海、渤海灣、對馬島和臺灣海峽暴露在外，日本、韓國和臺灣與中國大陸相連。冰後時期，沿岸流從中國大陸流向南海，中國沿岸流沿福建流向越南成為一套海流系統，以及新加坡水域溫鹽循環形成另一套海流系統，造成螃蟹浮游幼蟲在這兩套海流系統中飄送而形成兩個遺傳譜系，中國紅蟹 (Ma *et al.*, 2015)、虎蝦 (Abdul Halim *et al.*, 2021)也出現兩個譜系。在本研究中紅星梭子蟹觀察到東亞地區樣本點具有一個遺傳譜系，新加坡樣本點也形成另一個遺傳譜系；然而遠海梭子蟹大致上也形成東亞地區樣本點與新加坡樣本點形成不同的遺傳譜系，但是卻發現澎湖地區樣本點出現新加坡譜系。棲地復育的評估之用，同時，並考量避免人為疏忽或缺乏基本觀念導致來路不明的種苗物種基因污染問題的前提下，可以進行移地復育與放流指標生物(Shih *et al.*, 2011)，因此本研究推論其原因來自人為因素所造成的，例如漁民引進養殖不同譜系的螃蟹逃逸 (錢華等人，2012; 李明會等人，2016)、政府或民間團體的復育放流 (Chang *et al.*, 2008; Chang *et al.*, 2011; 李英周等人，2014)、學術界資源復育研究放流(李英周、張惟哲，2007)、休閒業者主動放流(Shih *et al.*, 2011; 施君翰，2011; 張惟哲，2013)、宗教團體放生(Lee *et al.*, 2021)。

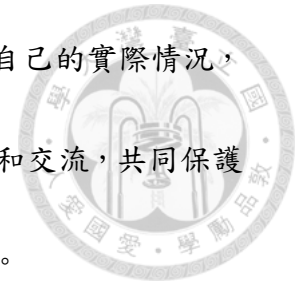
漁業管理措施是為了保護和利用海洋資源，避免過度捕撈和資源枯竭，同時也考慮到漁民的生計和社會經濟的發展。不同的國家或地區根據自己的情況和目標，制定了不同的漁業管理措施，包括對漁具、努力量、漁獲量和體長等方面的



規範和限制。本研究彙整不同國家針對漁村經濟蟹類的漁業管理措施，包括藍蟹、梭子蟹類和青蟹類，資料涵蓋這些蟹類的分布、漁期、漁區、漁具、努力量、漁獲量和體長等方面，並且比對了美國、澳洲、日本和臺灣的規定和限制（表8）。

本研究將以漁村經濟蟹類為例，分析美國、澳洲、日本和臺灣的漁業管理措施的異同。首先，從漁具方面看，美國、澳洲和臺灣都主要使用蟹籠來捕捉藍蟹、梭子蟹類和青蟹類，並且對蟹籠的大小有一定的要求，以避免捕捉到過小或過大的個體。日本則使用刺網來捕捉遠海梭子蟹，並且對網目大小有規定，以減少誤捕物種。其次，從努力量方面看，美國和澳洲都對每個人或每艘船可以使用的蟹籠數量有限制，以控制捕撈強度。臺灣則是以時間來管制努力量，即設定每年的開放漁期。日本則是以配額制來管制努力量，即每個縣市政府根據每年的總容許漁獲量分配給各個漁民。再次，從漁獲量方面看，美國、澳洲和日本都是根據生物許可量或法定規定的許可量來設定每年或每季的總容許漁獲量，並且根據市場需求和資源狀況進行調整。臺灣則是根據法定規定的許可量來設定每年或每季的總容許漁獲量，但沒有明確說明如何計算或調整。最後，從體長方面看，美國、澳洲和臺灣都對各種蟹類設定了最小合法尺寸，以保護未成熟的個體和繁殖能力。日本則沒有對體長有明確的規定，可能是因為遠海梭子蟹的成熟大小較大，不易捕捉到過小的個體。綜上所述，美國、澳洲、日本和臺灣在漁村經濟蟹類的漁業管理措施上有一些共同點，也有一些差異。這些差異可能源於不同的資源狀況、


市場需求、社會文化和管理目標等因素。各國或地區應該根據自己的實際情況，制定合理有效的漁業管理措施，同時也應該加強國際間的合作和交流，共同保護和利用海洋資源 (表8)，但是現有管理措施均為涉及遺傳基因。



因此本研究進一步分析我國不同漁業別，遠洋與近海漁業、沿岸漁業、養殖漁業和其他 (放生) 的商業、休閒、保育、宗教的屬性，是否涉及當地/外來物種，存在地理親緣關？(表10)。其中遠洋與近海漁業商業屬性只會影響當地物種，沿岸漁業會涉及當地與外來物種的商業、休閒和保育屬性，養殖漁業會涉及當地與外來物種的商業、休閒、保育和宗教屬性，其他宗教性放生會同時涉及當地與外來物種。而沿岸漁業、養殖漁業、其他 (放生)漁業可能影響地理親緣關係。

本研究制定沿岸休閒漁業資源復育策略，從表格中可以看出，沿岸漁業和養殖漁業都有商業、休閒和保育三種屬性，而宗教放生則只有宗教一種屬性。這意味著沿岸漁業和養殖漁業的利益相關者比宗教放生更多，也更需要平衡各方的需求和權益。另外，宗教放生的目前管理辦法只有農委會放流放生管理辦法一項，而沿岸漁業和養殖漁業則有多項管理辦法，顯示宗教放生的管理相對單一和簡單，而沿岸漁業和養殖漁業的管理則較為複雜和多元。其次，從表格中可以看出，

因此本研究提出沿岸休閒漁業資源復育策略如下，復育策略分為輸入端控制和輸出端控制兩方面。輸入端控制是指對於 (1) 休閒性養殖魚種、(2) 商業性養殖漁業魚種和 (3) 資源復育物種進行事前的 DNA 檢測，以釐清是否為本地或



外來物種；輸出端控制是指對於 (1) 無論商業性或休閒性之放流、放生或資源復育前，必須進行物種 DNA 檢測、(2) 提高公眾環保意識、海洋生物多樣性和環境保護的認識，鼓勵社區參與監督行列、(3) 收集遊釣者的樣本，社區提供檢測是否為當地物種、(4) 公開資訊，民眾可透過App查詢當地是否存在外來種、(5) 社區水域存在外來種時，開放民眾遊釣移除，以確保外來物種移入當地，以及檢測環境中的外來物種並移除 (表11)。

3.4 未來研究方向

一、東亞地區同樣具有兩個遺傳譜系的物種是否也出現基因汙染問題。

二、經濟螃蟹市場財貨商業價值已有很多研究，但是缺乏復育目的不同所產生的兩種經濟模型(市場財貨及非市場財貨)的比較，經濟蟹的休閒漁業的價值卻很少被探討與估計。

三、建議

a.制定檢測DNA的管理準則。

b.建立社區聯繫系統，舉辦DNA檢測教育訓練，鼓勵社區參與監督行列。

c.建立遊釣團體聯繫系統，由社區檢驗DNA。

d.建立資訊公開系統，民眾可透過App查詢當地是否存在外來種。

e.建立社區水域存在外來種時，開放民眾遊釣移除的系統。

第四章 結論



本研究探討東亞地區兩個蟹種的地理親緣關係，顯示這兩個物種都分別存在兩個遺傳譜系，其中紅星梭子蟹的中國、臺灣附近海域樣本為一個譜系，而新加坡樣本為另一個獨立譜系，但是遠海梭子蟹的臺灣地區澎湖樣本點卻出現兩個譜系，推測可能是人為因素所造成的。因此彙整兩種蟹類以及美國藍蟹在幾個國家中的漁業管理辦法中，並沒有檢測DNA的管理辦法，故進一步分析我國不同漁業別屬性與地理親緣的關係，提出未來制定沿岸休閒漁業資源復育策略。

許多研究探討休閒漁業產業管理政策提出建立在地非政府組織NGO及在地居民共同參與休閒漁業產業資源復育工作比較有可能達到永續性以及空間管理範圍較大，但仍應該顧及社區漁業文化的偏好與歷史性，同時需要理解該社區的類型，以及在地非政府組織與在地居民從歷史沿革所產生的保育偏好及行為認同感。從本研究針對的東亞地區各國對於紅星梭子蟹及遠海梭子蟹兩種經濟蟹的喜愛，從棲地管理到漁業管理再到蟹苗放流資源補充復育工作，雖說可以創造維持休閒漁業產業的短期繁榮，然而缺乏正確的放流知識卻可能帶來災難性的後果。休閒漁業產業的經營管理政策必須在有制度的合理化管理行動中，必須考慮的目標成果如總捕獲量、經濟蟹的捕獲量、每單位努力的捕獲量(CPUE)、最小化崩潰的風險、支出(漁業的總經濟價值，即花費的錢)、遊客的最大平均滿意度、努力的均等分配以及來自不滿意的遊客的投訴資訊等等。綜合而言，休閒漁業產業不同的復育目標所產生的市場財貨及非市場財貨兩種經濟模型之間存在直接的衝突，必須評估權衡。

參考文獻



- Aboim, M. A., Menezes, G. M., Schlitt, T., & Rogers, A. D. (2005). Genetic structure and history of populations of the deep-sea fish *Helicolenus dactylopterus* (Delaroche, 1809) inferred from mtDNA sequence analysis. *Molecular ecology*, 14(5), 1343-1354.
- Anderson, E. E. (1989). Economic benefits of habitat restoration: seagrass and the Virginia hard-shell blue crab fishery. *North American Journal of Fisheries Management*, 9(2), 140-149.
- Apel, M., & Spiridonov, V. A. (1998). *Taxonomy and zoogeography of the portunid crabs (Crustacea: Decapoda: Brachyura: Portunidae) of the Arabian Gulf and adjacent waters* (pp. 159-331). KSA, Riyadh: National Commission for Wildlife Conservation and Development.
- Arlinghaus, R. (2015). *Hand in Hand für eine nachhaltige Angelfischerei: Ergebnisse und Empfehlungen aus fünf Jahren praxisorientierter Forschung zu Fischbesatz und seinen Alternativen*. Leibniz-Institut für Gewässerökologie und Binnenfischerei.
- Arlinghaus, R., Cooke, S. J., & Cowx, I. G. (2010). Providing context to the global code of practice for recreational fisheries. *Fisheries Management and Ecology*, 17(2), 146-156.
- Arlinghaus, R., Cooke, S. J., Lyman, J., Policansky, D., Schwab, A., Suski, C., ... & Thorstad, E. B. (2007). Understanding the complexity of catch-and-release in recreational fishing: an integrative synthesis of global knowledge from historical, ethical, social, and biological perspectives. *Reviews in Fisheries Science*, 15(1-2), 75-167.

Ashkenazi, M., & Jacob, J. (2003). *Food culture in Japan* (Vol. 1). Greenwood Publishing Group.

Avise, J. C. (2000). *Phylogeography: the history and formation of species*. Harvard university press.

Bandelt, H. J., Forster, P., & Röhl, A. (1999). Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular biology and evolution*, 16(1), 37-48.

Bartholomew, A., & Bohnsack, J. A. (2005). A review of catch-and-release angling mortality with implications for no-take reserves. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 15, 129-154.

Becker, B. J., Levin, L. A., Fodrie, F. J., & McMillan, P. A. (2007). Complex larval connectivity patterns among marine invertebrate populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104(9), 3267-3272.

Beem, B. (2007). Co-management from the top? The roles of policy entrepreneurs and distributive conflict in developing co-management arrangements. *Marine Policy*, 31(4), 540-549.

Benzie, J. A. (1999). Genetic structure of coral reef organisms: ghosts of dispersal past. *American Zoologist*, 39(1), 131-145.

Benzie, J. A., & Williams, S. T. (1997). Genetic structure of giant clam (*Tridacna maxima*) populations in the west Pacific is not consistent with dispersal by present-day ocean currents. *Evolution*, 51(3), 768-783.

Berestovsky, E.G. (2010). Modern realities of recreational fishing on salmon rivers in Russia. *Fish Resources*, 1, 50-54.

Bir, J., Golder, M. R., Al Zobayer, M. F., Das, K. K., Zaman, S., Chowdhury, L. M. D., & Paul, P. C. (2020). A review on blue economy in Bangladesh: prospects and challenges. *International Journal of Natural and Social Sciences*, 7, 21-29.

Briggs, J. C. (1999). Coincident biogeographic patterns: Indo-West Pacific Ocean. *Evolution*, 53(2), 326-335.

Campbell, G. R. (1986). *Size at sexual maturity and occurrence of ovigerous females in three species of commercially exploited portunid crabs in SE Queensland*. In Proceedings of the Royal Society of Queensland (Vol. 97, pp. 79-87).

Carpenter S.R., Munoz-Del-Rio A., Newman S., Rasmussen P.W. & Johnson B.M. (1994) Interactions of anglers and walleyes in Escanaba Lake, Wisconsin. *Ecological Applications*, 4, 822–832.

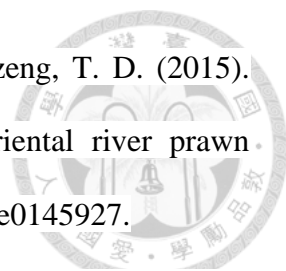
Chai, C. J., Esa, Y. B., Ismail, S., & Kamarudin, M. S. (2017). Population structure of the blue swimmer crab *Portunus pelagicus* in coastal areas of Malaysia inferred from microsatellites. *Zoological Studies*, 56.

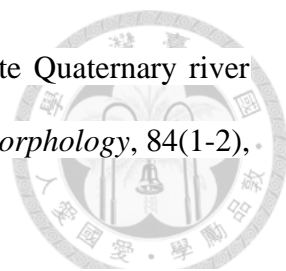
Chan, B. K., Tsang, L. M., & Chu, K. H. (2007). Morphological and genetic differentiation of the acorn barnacle *Tetraclita squamosa* (Crustacea, Cirripedia) in East Asia and description of a new species of *Tetraclita*. *Zoologica Scripta*, 36(1), 79-91.

Chang, W. C., Lee, Y. C., & Shih, C. H. (2008). The determination of mass marking methods with high marks retention rate for hatchery-reared fry. *Fisheries Society of Taiwan*, 35(2), 185-194.

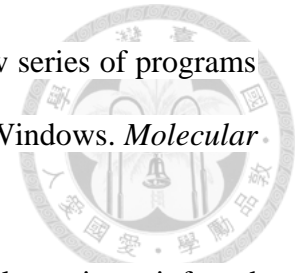
Chang, W. C., Lee, Y. C., Shih, C. H., Chu, T. J., and Chang, P. H. (2011). Population size and stocking contribution rates for marked and recaptured black porgy *Acanthopagrus schlegelli*, in Northwestern Taiwan, 2005-2008. *Fisheries Research* 109:252-256.

Chen, P. C., Shih, C. H., Chu, T. J., Lee, Y. C., & Tzeng, T. D. (2017). Phylogeography and genetic structure of the oriental river prawn *Macrobrachium nipponense* (Crustacea: Decapoda: Palaemonidae) in East Asia. *PloS one*, 12(3), e0173490.

- 
- Chen, P. C., Shih, C. H., Chu, T. J., Wang, D., Lee, Y. C., & Tzeng, T. D. (2015). Population structure and historical demography of the oriental river prawn (*Macrobrachium nipponense*) in Taiwan. *PLoS One*, 10(12), e0145927.
- Chiang, T. Y., & Schaal, B. A. (1999). Phylogeography of North American populations of the moss species *Hylocomium splendens* based on the nucleotide sequence of internal transcribed spacer 2 of nuclear ribosomal DNA. *Molecular Ecology*, 8(6), 1037-1042.
- Chu, T. J., Wang, D., Haung, H. L., Lin, F. J., Wang, C. M., Shih, C. H., & Tzeng, T. D. (2011). Genetic variations and expansion of whiskered velvet shrimp (*Metapenaeopsis barbata*) off China and Taiwan inferred from intron sequence. *Biochemical Systematics and Ecology*, 39(4-6), 520-525.
- Chu, T. J., Wang, D., Huang, H. L., Lin, F. J., & Tzeng, T. D. (2012). Population Structure and Historical Demography of the Whiskered Velvet Shrimp (*Metapenaeopsis barbata*) off China and Taiwan Inferred from the Mitochondrial Control Region. *Zoological Studies*, 51(1), 99-107.
- Clark C.W. (2006) *The Worldwide Crisis in Fisheries Economic Models and Human Behavior*. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 263 pp.
- Cooke, S. J., & Cowx, I. G. (2006). Contrasting recreational and commercial fishing: searching for common issues to promote unified conservation of fisheries resources and aquatic environments. *Biological conservation*, 128(1), 93-108.
- Crandall, K. A., & Templeton, A. R. (1993). Empirical tests of some predictions from coalescent theory with applications to intraspecific phylogeny reconstruction. *Genetics*, 134(3), 959-969.

- 
- Craw, D., Burridge, C., Anderson, L., & Waters, J. M. (2007). Late Quaternary river drainage and fish evolution, Southland, New Zealand. *Geomorphology*, 84(1-2), 98-110.
- Dall, W. H. B. J., Hill, B. J., Rothlisberg, P. C., & Sharples, D. J. (1990). The biology of the Penaeidae. *The biology of the Penaeidae*, 27.
- Dell, M., Jones, B. F., & Olken, B. A. (2014). What do we learn from the weather? The new climate-economy literature. *Journal of Economic literature*, 52(3), 740-798.
- Deweese, C., Sortais, K., & Leet, W. (2004). Conserving California fish... Extension approaches applied to contentious marine-fisheries management issues. *California Agriculture*, 58(4), 194-199.
- Dodd, R. S., & Afzal Rafii, Z. (2002). Evolutionary genetics of mangroves: continental drift to recent climate change. *Trees*, 16, 80-86.
- Doyon, A. (2009). *The impact and implications of migrant workers on Karawang*, West Java, Indonesia (Doctoral dissertation, University of British Columbia).
- Duri N. A. (2014). *Economic study of the management and utilization of crab resources :Case study in the water of Tangerang, Jakarta, Bekasi and Karawang*. Thesis, IPB University, Bogor, Indonesia, p.145. [In Indonesian].
- Dvoretzky, A. G., & Dvoretzky, V. G. (2022). Renewal of the amateur red king crab fishery in Russian waters of the Barents Sea: Potential benefits and costs. *Marine Policy*, 136, 104916.
- Erisman B.E., Allen L.G., Claisse J.T., Pondella II D.J., Mille E.F. & Murray J.H. (2011) The illusion of plenty: hyperstability masks collapses of two recreational fisheries that target spawning aggregations. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 68, 1705–1716.

Excoffier, L., & Lischer, H. E. (2010). Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular ecology resources*, 10(3), 564-567.



Excoffier, L., Smouse, P. E., & Quattro, J. (1992). Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131(2), 479-491.

Felsenstein, J. (1985). Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. *Evolution*, 39, 783-791.

Fu, Y. X. (1997). Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics*, 147(2), 915-925.

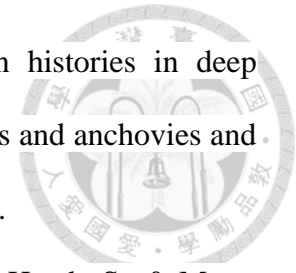
Funge-Smith, S. (2018). Review of the state of the world fishery resources: Inland fisheries. *FAO Fisheries and Aquaculture Circular*, 3.

Gallagher, J., Finarelli, J. A., Jonasson, J. P., & Carlsson, J. (2019). Mitochondrial D-loop DNA analyses of Norway lobster (*Nephrops norvegicus*) reveals genetic isolation between Atlantic and East Mediterranean populations. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*, 99(4), 933-940.

Gallagher, S. J., Kitamura, A., Iryu, Y., Itaki, T., Koizumi, I., & Hoiles, P. W. (2015). The Pliocene to recent history of the Kuroshio and Tsushima Currents: a multi-proxy approach. *Progress in Earth and Planetary Science*, 2, 1-23.

Glamuzina, L., Conides, A., Mancinelli, G., Dobroslavić, T., Bartulović, V., Matić-Skoko, S., & Glamuzina, B. (2017). Population dynamics and reproduction of Mediterranean green crab *Carcinus aestuarii* in Parila Lagoon (Neretva estuary, Adriatic Sea, Croatia) as fishery management tools. *Marine and Coastal Fisheries*, 9(1), 260-270.

Grant, W. A. S., & 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(5), 415-426.



Guillory, V., Perry, H., Steele, P., Wagner, T., Hammerschmidt, P., Heath, S., & Moss, C. (1998). The Gulf of Mexico blue crab fishery: historical trends, status, management, and recommendations. *Journal of Shellfish Research*, 17(2), 395-403.

Halim, S. A. A. A., Othman, A. S., Akib, N. A. M., Jamaludin, N. A., Esa, Y., & Nor, S. A. M. (2021). Mitochondrial markers identify a genetic boundary of the Green Tiger Prawn (*Penaeus semisulcatus*) in the Indo-Pacific Ocean. *Zoological studies*, 60.

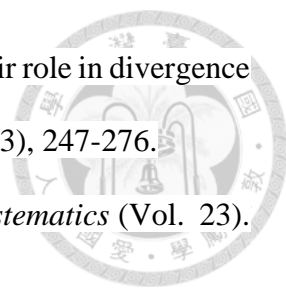
Halim, S. A. A. A., Othman, A. S., Akib, N. A. M., Jamaludin, N. A., Esa, Y., & Nor, S. A. M. (2021). Mitochondrial markers identify a genetic boundary of the Green Tiger Prawn (*Penaeus semisulcatus*) in the Indo-Pacific Ocean. *Zoological studies*, 60.

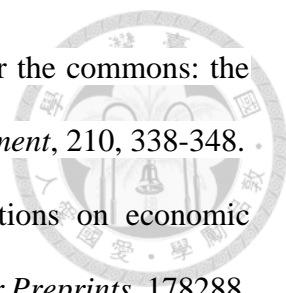
Hansen M.J., Beard T.D. & Hewett S.W. (2000) Catch rates and catchability of walleyes in angling and spearing fisheries in northern Wisconsin lakes. *North American Journal of Fisheries Management*, 20, 109–118.

Hansen, J. E., & Sato, M. (2012). *Paleoclimate implications for human-made climate change* (pp. 21-47). Springer Vienna.

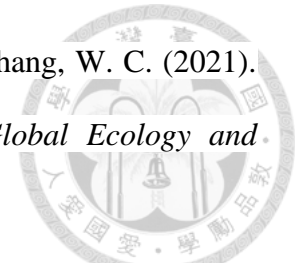
Hardy, S. M., Lindgren, M., Konakanchi, H., & Huettmann, F. (2011). *Predicting the distribution and ecological niche of unexploited snow crab (Chionoecetes opilio) populations in Alaskan waters: a first open-access ensemble model.*

Hewitt, G. (2000). The genetic legacy of the Quaternary ice ages. *Nature*, 405(6789), 907-913.

- 
- Hewitt, G. M. (1996). Some genetic consequences of ice ages, and their role in divergence and speciation. *Biological journal of the Linnean Society*, 58(3), 247-276.
- Hillis, D. M., Moritz, C., & Mable, B. K. (1996). *Molecular systematics* (Vol. 23). Sinauer.
- Hoelzel, A. R., Hancock, J. M., & Dover, G. A. (1991). Evolution of the cetacean mitochondrial D-loop region. *Molecular biology and evolution*, 8(4), 475-493.
- Hu, J., Kawamura, H., Hong, H., & Qi, Y. (2000). A review on the currents in the South China Sea: seasonal circulation, South China Sea warm current and Kuroshio intrusion. *Journal of Oceanography*, 56, 607-624.
- Huang, Y. H., & Shih, H. T. (2021). Diversity in the Taiwanese swimming crabs (Crustacea: Brachyura: Portunidae) estimated through DNA barcodes, with descriptions of 14 new records. *Zoological Studies*, 60.
- Huang, Z. (2009). Species composition and quantitative distribution of crabs in the northern continental shelf of South China Sea. *J. Dalian. Fish. Univ*, 24(6), 553-558.
- Hussain, M. G., Failler, P., Karim, A. A., & Alam, M. K. (2017). Review on opportunities, constraints and challenges of blue economy development in Bangladesh. *Journal of Fisheries and Life Sciences*, 2(1), 45-57.
- Imai, T. (2005). Sea farming of red sea bream *Pagrus major* (Temmick et Schelegel) in waters off Kanagawa prefecture, Japan with special reference to stock enhancement effect. *Bulletin of the Kanagawa Prefectural Fisheries Research Institute (Japan)*.
- Johnston, D., Marks, R., Marsh, C., Gaughan, D. J., Molony, B., & Santoro, K. (2017). *West Coast Blue Swimmer Crab Resource Status Report 2018*. Status Reports of the Fisheries and Aquatic Resources of Western Australia, 18.

- 
- Kaiser, B. A., Kourantidou, M., & Fernandez, L. (2018). A case for the commons: the snow crab in the Barents. *Journal of Environmental Management*, 210, 338-348.
- Kalkuhl, M., & Wenz, L. (2018). The impact of climate conditions on economic production. Evidence from a global panel of regions, *EconStor Preprints*, 178288.
- Kalkuhl, M., & Wenz, L. (2020). The impact of climate conditions on economic production. Evidence from a global panel of regions. *Journal of Environmental Economics and Management*, 103, 102360.
- Kangas, M. I. (2000). *Synopsis of the biology and exploitation of the blue swimmer crab, Portunus pelagicus Linnaeus, in Western Australia*. Fisheries Western Australia.
- Kepel', A. A., & Tsareva, L. A. (2005). First record of tropical crabs *Portunus sanguinolentus* (Herbst, 1783) and *Plagusia depressa tuberculata* Lamarck, 1818 in Peter the Great Bay, Sea of Japan. *Russian Journal of Marine Biology*, 31, 124-125.
- Kitada, S., & Kishino, H. (2006). Lessons learned from Japanese marine finfish stock enhancement programmes. *Fisheries Research*, 80(1), 101-112.
- Kourantidou, M., Kaiser, B. A., & Fernandez, L. M. (2015). Towards Arctic resource governance of marine invasive species. *Arctic yearbook*, 2015, 175-94.
- Lai, J. C., Ng, P. K., & Davie, P. J. (2010). A revision of the *Portunus pelagicus* (Linnaeus, 1758) species complex (Crustacea: Brachyura: Portunidae), with the recognition of four species. *Raffles Bulletin of Zoology*, 58(2).
- Lee, Y. C., Chang, P. H., Shih, C. H., Shiao, J. C., Tzeng, T. D., & Chang, W. C. (2021). The impact of religious release fish on conservation. *Global Ecology and Conservation*, 27, e01556.

Lee, Y.C., Chang, P. H., Shih, C. H., Shiao, J. C., Tzeng, T. D., Chang, W. C. (2021). The impact of religious release fish on conservation. *Global Ecology and Conservation*. 27(1): e01556.



Lewin W.-C., Arlinghaus R. & Mehner T. (2006) documented and potential biological impacts of recreational fishing: insights for management and conservation. *Reviews in Fisheries Science*, 14, 305–367.

Lewin, W. C., Arlinghaus, R., & Mehner, T. (2006). Documented and potential biological impacts of recreational fishing: insights for management and conservation. *Reviews in Fisheries Science*, 14(4), 305-367.

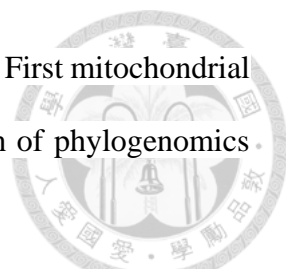
Li, N. S., Zhao, S. L., & Wasiliev, B. (2000). *Geology of marginal sea in the Northwest Pacific*. Heilongjiang Education Press, Harbin, China, 1-555.

Li, Y., Chen, J., Jiang, L., & Qiao, G. (2017). Islands conserve high species richness and areas of endemism of Hormaphidinae aphids. *Current Zoology*, 63(6), 623-632.

Liu, M. Y., Cai, Y. X., & Tzeng, C. S. (2007). Molecular systematics of the freshwater prawn genus *Macrobrachium* Bate, 1868 (Crustacea: Decapoda: Palaemonidae) inferred from mtDNA sequences, with emphasis on East Asian species. *Zoological Studies*, 46(3), 272.

Lu, Y. M., Shih, C. H., Chen, P. C., Kao, W. C., Lee, Y. C., Han, Y. S., & Tzeng, T. D. (2022a). Phylogeography and Genetic Structure of the Swimming Crabs *Portunus sanguinolentus* (Herbst, 1783) in East Asia. *Journal of Marine Science and Engineering*, 10(2), 281.

Lu, Y. M., Shih, C. H., Chen, P. C., Kao, W. C., Lee, Y. C., Han, Y. S., & Tzeng, T. D. (2022b). Genetic Variations and Expansion of the Blue Swimmer Crab (*Portunus pelagicus*) in Southeast Asia. *Journal of Marine Science and Engineering*, 10(8), 1071.

- 
- Ma, H., Ma, C., Li, C., Lu, J., Zou, X., Gong, Y., ... & Xia, L. (2015). First mitochondrial genome for the red crab (*Charybdis feriata*) with implication of phylogenomics and population genetics. *Scientific Reports*, 5(1), 1-14.
- Madduppa, H., Martaulina, R., Zairion, Z., Renjani, R. M., Kawaroe, M., Anggraini, N. P., ... & Sani, L. M. I. (2021). Genetic population subdivision of the blue swimming crab (*Portunus pelagicus*) across Indonesia inferred from mitochondrial DNA: Implication to sustainable fishery. *Plos one*, 16(2), e0240951.
- Mantel, N. (1967). The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer research*, 27(2_Part_1), 209-220.
- Matsuda, Y. (2001). History of Fish Marketing and Trade with Particular Reference to Japan. *International Institute of Fisheries Economics and Trade*.
- McCartney-Melstad, E., & Shaffer, H. B. (2015). Amphibian molecular ecology and how it has informed conservation. *Molecular Ecology*, 24(20), 5084-5109.
- McMillen-Jackson, A. L., & Bert, T. M. (2003). Disparate patterns of population genetic structure and population history in two sympatric penaeid shrimp species (*Farfantepenaeus aztecus* and *Litopenaeus setiferus*) in the eastern United States. *Molecular Ecology*, 12(11), 2895-2905.
- McMillen-Jackson, A. L., & Bert, T. M. (2004). Mitochondrial DNA variation and population genetic structure of the blue crab *Callinectes sapidus* in the eastern United States. *Marine Biology*, 145(4), 769-777.
- Morales-Nin, B., Moranta, J., García, C., Tugores, M. P., Grau, A. M., Riera, F., & Cerda, M. (2005). The recreational fishery off Majorca Island (western Mediterranean): some implications for coastal resource management. *ICES Journal of Marine Science*, 62(4), 727-739.

Nali, R. C., Becker, C. G., Zamudio, K. R., & Prado, C. P. (2020). Topography, more than land cover, explains genetic diversity in a Neotropical savanna tree frog. *Diversity and Distributions*, 26(12), 1798-1812.

National Oceanographic and Atmospheric Administration (NOAA). (2013). *Communities: the US Population Living in Coastal Watershed Counties*. <http://stateofthecoast.noaa.gov/population/welcome.html>.

Nei, M. (1987). *Molecular evolutionary genetics*. Columbia university press.

Nei, M., & Tajima, F. (1981). DNA polymorphism detectable by restriction endonucleases. *Genetics*, 97(1), 145-163.

Nikiforuk A. (2002) Gone fishin' and Canada's neglected, multibillion sportfishing industry might not come back. *Canadian Business November*, 111–116.

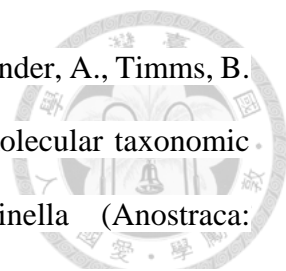
Norges Råfisklag, (2017). Statistikkbank. Retrieved April <http://www.rafisklaget.no/portal/page/portal/NR/PrisogStatistik/Statistikkbank>.

Obregón, C., Tweedley, J. R., Loneragan, N. R., & Hughes, M. (2020). Different but not opposed: perceptions between fishing sectors on the status and management of a crab fishery. *ICES Journal of Marine Science*, 77(6), 2354-2368.

Ortega-Villaizán Romo, M. D. M., Suzuki, S., Nakajima, M., & Taniguchi, N. (2006). Genetic evaluation of interindividual relatedness for broodstock management of the rare species barfin flounder *Verasper moseri* using microsatellite DNA markers. *Fisheries Science*, 72, 33-39.

Paolisso, M. (2007). Cultural models and cultural consensus of Chesapeake Bay blue crab and oyster fisheries. *Napa Bulletin*, 28(1), 123-135.

Phillips, B. F., & Melville-Smith, R. (2005). Sustainability of the western rock lobster fishery: a review of past progress and future challenges. *Bulletin of Marine Science*, 76(2), 485-500.

- 
- Pinceel, T., Vanschoenwinkel, B., Waterkeyn, A., Vanhove, M. P., Pinder, A., Timms, B. V., & Brendonck, L. (2013). Fairy shrimps in distress: a molecular taxonomic review of the diverse fairy shrimp genus *Branchinella* (Anostraca: Thamnocephalidae) in Australia in the light of ongoing environmental change. *Hydrobiologia*, 700, 313-327.
- Pinfold, G. (2006). Overview of the Atlantic Snow Crab Industry. Submitted to: Department of Fisheries and Oceans.
- Post J.R., Sullivan M., Cox S., Lester N.P., Walters C.J., Parkinson E.A. et al. (2002) Canada's recreational fisheries: the invisible collapse? *Fisheries*, 27, 6–17.
- Post, J. R. (2013). Resilient recreational fisheries or prone to collapse? A decade of research on the science and management of recreational fisheries. *Fisheries Management and Ecology*, 20(2-3), 99-110.
- Prager, M. H., McConaughy, J. R., Jones, C. M., & Geer, P. J. (1990). Fecundity of blue crab, *Callinectes sapidus*, in Chesapeake Bay: biological, statistical and management considerations. *Bulletin of Marine Science*, 46(1), 170-179.
- Pyzer G. (2002) *Political neglect. Pollution. Invasive species. Overfishing*. Can our sportfish survive the next 30 years? That depends on you. *Outdoor Canada Summer*, 86–92.
- Rasheed, S., & Mustaqim, J. (2010). Size at sexual maturity, breeding season and fecundity of three-spot swimming crab *Portunus sanguinolentus* (Herbst, 1783)(Decapoda, Brachyura, Portunidae) occurring in the coastal waters of Karachi, Pakistan. *Fisheries research*, 103(1-3), 56-62.
- Ren, G., Ma, H., Ma, C., Wang, W., Chen, W., & Ma, L. (2017). Genetic diversity and population structure of *Portunus sanguinolentus* (Herbst, 1783) revealed by mtDNA COI sequences. *Mitochondrial DNA Part A*, 28(5), 740-746.

Ren, G., Miao, G., Ma, C., Lu, J., Yang, X., & Ma, H. (2018). Genetic structure and historical demography of the blue swimming crab (*Portunus pelagicus*) from southeastern sea of China based on mitochondrial COI gene. *Mitochondrial DNA Part A*, 29(2), 192-198.

Rogers, A. R., & Harpending, H. (1992). Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic differences. *Molecular biology and evolution*, 9(3), 552-569.

Rozas, J., Sánchez-DelBarrio, J. C., Messeguer, X., & Rozas, R. (2003). DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics*, 19(18), 2496-2497.


Sambrook, J., & Russell, D. W. (2013). *Molecular cloning: a laboratory manual*. 3rd ed.

Sezmiş, E. (2004). *The population genetic structure of Portunus pelagicus in Australian waters* (Doctoral dissertation, Murdoch University).

Shih, C. H. Liu, C. C. Lu, Y. M. Liu, W. H. Tzeng, T. D. (2018). *Migration attitude of agricultural-fishery return hometown policy for educated rural youth: The case of Taiwan*. The 1st International conference of Sustainable Development of Fishery & Marine Ecological Environment at Penghu.

Shih, C. H., Kuo, Y. Y., Chu, T. J., Chou, W. C., Chang, W. T., & Lee, Y. C. (2011). Eco-environmental impact assessment of pre-leisure beach nourishment on the benthic invertebrate community at Anping coast. *China Ocean Engineering*, 25, 215-236.

Smith B.D. (1999) A probabilistic analysis of decision-making about trip duration by Strait of Georgia sport anglers. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 56, 960– 972.

- 
- Smith, G. S. (1989). Behavior of the commercial sand crab *Portunus pelagicus* (L.) at trap entrances. *Asian Fisheries Science*, 3, 101-113.
- Song, H.T.; Yu, C.G.; Xue, L.J.; Yao, G.Z. (2006). *The economical shrimp and crab from East China Sea*. Beijing: Ocean Press.
- Stevens, B. G. (Ed.). (2014). *King crabs of the world: biology and fisheries management*. CRC Press.
- Strugnell, J. M., Watts, P. C., Smith, P. J., & Allcock, A. L. (2012). Persistent genetic signatures of historic climatic events in an Antarctic octopus. *Molecular ecology*, 21(11), 2775-2787.
- Sumpton, W.D.; Potter, M.A.; Smith, G.S. (1994). Reproduction and growth of the Commercial Sand Crab, *Portunus pelagicus* (L.) in Moreton Bay, Queensland. *Asian Fish Sci*, 7, 103–113.
- Suwannarat, S., Sangthong, D., Samipak, S., & Sangthong, P. (2017). A multiplex PCR assay for the identification of five commercially important portunid crabs: *Portunus pelagicus*, *P. gladiator*, *P. sanguinolentus*, *Charybdis natator*, and *C. feriatu*s. *Food Biotechnology*, 31(3), 177-192.
- Tajima, F. (1989). Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics*, 123(3), 585-595.
- Tsang, L. M., Wu, T. H., Shih, H. T., Williams, G. A., Chu, K. H., & Chan, B. K. (2012). Genetic and morphological differentiation of the Indo-West Pacific intertidal barnacle *Chthamalus malayensis*. *Integrative and Comparative Biology*. 52(3), 388-409.
- Tzeng, T. D. (2004). Stock identification of sword prawn *Parapenaeopsis hardwickii* in the East China Sea and Taiwan Strait inferred by morphometric variation. *Fisheries Science*, 70(5), 758-764.

Tzeng, T. D. (2007). Population structure of the sword prawn (*Parapenaeopsis hardwickii*)(Decapoda: Penaeidae) in the East China Sea and waters adjacent to Taiwan inferred from the mitochondrial control region. *Zoological Studies*, 46(5), 561-568.

Tzeng, T. D., Chu, T. J., Wang, D., Haung, H. L., & Yeh, S. Y. (2008). Population structure in the sword prawn (*Parapenaeopsis hardwickii*) from the East China Sea and Taiwan Strait inferred from intron sequences. *Journal of Crustacean Biology*, 28(2), 234-239.

Tzeng, T. D., Yeh, S. Y., & Hui, C. F. (2004). Population genetic structure of the kuruma prawn (*Penaeus japonicus*) in East Asia inferred from mitochondrial DNA sequences. *ICES Journal of Marine Science*, 61(6), 913-920.

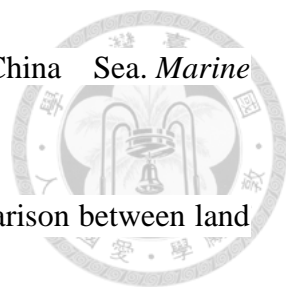
Voris, H. K. (2000). Maps of Pleistocene sea levels in Southeast Asia: shorelines, river systems and time durations. *Journal of biogeography*, 27(5), 1153-1167.

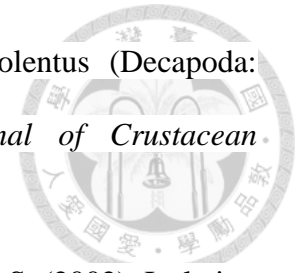
Walters C.J. & Martell S.J.D. (2004). *Fisheries Ecology and Management*. Princeton, NJ: Princeton University Press, 399 pp

Walton, W. C., MacKinnon, C., Rodriguez, L. F., Proctor, C., & Ruiz, G. M. (2002). Effect of an invasive crab upon a marine fishery: green crab, *Carcinus maenas*, predation upon a venerid clam, *Katelysia scalarina*, in Tasmania (Australia). *Journal of Experimental Marine Biology and Ecology*, 272(2), 171-189.

Wang, J. P., Hsu, K. C., & Chiang, T. Y. (2000). Mitochondrial DNA phylogeography of *Acrossocheilus paradoxus* (Cyprinidae) in Taiwan. *Molecular Ecology*, 9(10), 1483-1494.

Wang, L., Sarnthein, M., Erlenkeuser, H., Grimalt, J., Grootes, P., Heilig, S., ... & Pflaumann, U. (1999). East Asian monsoon climate during the Late Pleistocene:

- 
- high-resolution sediment records from the South China Sea. *Marine Geology*, 156(1-4), 245-284.
- Wang, P. & Sun, X. (1994). Last glacial maximum in China: Comparison between land and sea. *Catena*, 23, 341–353.
- Ward, R. D. (2000). Genetics in fisheries management. *Hydrobiologia*, 420(1), 191-201.
- Wenner, A. M. (1972). Sex ratio as a function of size in marine Crustacea. *The American Naturalist*, 106(949), 321-350.
- Wong, K. J., Chan, B. K., & Shih, H. T. (2010). Taxonomy of the sand bubbler crabs *Scopimera globosa* De Haan, 1835, and *S. tuberculata* Stimpson, 1858 (Crustacea: Decapoda: Dotillidae) in East Asia, with description of a new species from the Ryukyus, Japan. *Zootaxa*, 2345(1), 43-59.
- Worm B., Hilborn R., Baum J.K., Branch T.A., Collie J.S., Costello C. et al. (2009) Rebuilding global fisheries. *Science*, 325, 578–585.
- Xiao, S., Li, A., Jiang, F., Li, T., Wan, S., & Huang, P. (2004). The history of the Yangtze River entering sea since the last glacial maximum: a review and look forward. *Journal of Coastal Research*, 20(2), 599-604.
- Xu, J., & Chu, K. H. (2012). Genome scan of the mitten crab *Eriocheir sensu stricto* in East Asia: Population differentiation, hybridization and adaptive speciation. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 64(1), 118-129.
- Xu, J., Chan, T. Y., Tsang, L. M., & Chu, K. H. (2009). Phylogeography of the mitten crab *Eriocheir sensu stricto* in East Asia: Pleistocene isolation, population expansion and secondary contact. *Molecular phylogenetics and Evolution*, 52(1), 45-56.
- Yang, C. P., Li, H. X., Li, L., & Yan, Y. (2014). Occurrence and effects of the rhizocephalan parasite *Diplothylacus sinensis* (Cirripedia: Rhizocephala:



- Thomsoniidae) in the swimming crab *Portunus sanguinolentus* (Decapoda: Portunidae) in Honghai Bay, South China Sea. *Journal of Crustacean Biology*, 34(5), 573-580.
- Yap, E. S., Sezmis, E., Chaplin, J. A., Potter, I. C., & Spencer, P. B. S. (2002). Isolation and characterization of microsatellite loci in *Portunus pelagicus* (Crustacea: Portunidae). *Molecular Ecology Notes*, 2(1), 30-32.
- Yu, C., Song, H., Yao, G., & Lu, H. (2006). Composition and distribution of economic crab species in the East China Sea. *Oceanologia et Limnologia Sinica*, 37(1), 60.
- Zahn, M. C. (1970). Japanese tanner crab fishery in the Eastern Bering Sea. *Commercial Fisheries Review*, 32(2).
- Zhou, S., Smith, A. D., & Knudsen, E. E. (2015). Ending overfishing while catching more fish. *Fish and Fisheries*, 16(4), 716-722.
- 中央研究院臺灣生命大百科。(2023)。物種分類系統。
<https://taieol.tw/pages/127048/articles>。(下載時間 2023 年 4 月 1 日)。
- 李明會、趙衡、周偉。(2016)。雲南外來脊椎動物及其危害防控。林業調查規劃。41(5), 118-127。
- 李英周、施君翰、朱達仁、郭一羽。(2011)。石門水庫集水區移地復育在地民眾參與生態監測及成效評估。國立臺灣大學。
- 李英周、張惟哲。(2007)。臺灣西部海域黑鯛魚苗放流效果評估。臺灣水產雙月刊。644(8): 14-24。
- 易君博。政治理論與研究方法。三民出版社。164-165頁。
- 施君翰。(2011)。遊憩導向型海岸人工生態棲地之復育模式研究v國立臺灣大學博士論文。臺北市。141頁。
- 原田穰。(2010)。神奈川縣水產技術センター。日本水産学会誌。76(4), 741-741。

張惟哲。(2013)。以社區營造為基礎之休閒導向增殖放流研究。國立臺灣大學博士
論文。臺北市。81頁。

漁業署。(2014)。沿近海漁船捕撈蟬蟹類漁獲管制措施。

https://www.fa.gov.tw/view.php?theme=Press_release&subtheme=&id=1295。

(下載時間2023年4月1日)

錢華、張建、蔡雲飛。(2012)。防止螃蟹逃逸有效方法。漁業致富指南。(6), 70-70。

鍾倫納。(2006)。應用社會科學研究法。臺灣商務印書館。臺北市，149。

表 1. 紅星梭子蟹 7 個族群的採樣點代碼、樣本量(n)、單倍體數(nh)、單倍體歧異度 (h)、核苷酸歧異度(π)、Tajima's D test 值及 Fu's F_s 統計值

採樣點	代碼	樣本	單倍體	群體 A	群體 B	h 單倍體歧異度	π 核苷酸歧異度	D test	F_s
上海	SH	18	14	18	0	0.961 ± 0.034	0.00478 ± 0.00097	-1.8221 *	-7.429 *
臺中	TC	25	25	25	0	1.000 ± 0.011	0.00818 ± 0.00818	-1.6345	-22.885 **
廈門	XM	18	11	18	0	0.856 ± 0.079	0.00372 ± 0.00110	-1.7473	-4.134
屏東	DG	16	13	16	0	0.967 ± 0.036	0.00596 ± 0.00088	-0.9149	-5.639 *
香港	HK	11	11	11	0	1.000 ± 0.039	0.00652 ± 0.00078	-0.7909	-6.454 *
宜蘭	YL	15	15	15	0	1.000 ± 0.024	0.00909 ± 0.00111	-0.9552	-8.867 **
新加坡	SGP	7	7	0	7	1.000 ± 0.076	0.01345 ± 0.00173	1.0533	-1.300
譜系 A		103	83			0.987 ± 0.006	0.00780 ± 0.00054	-2.1899 **	-114.956 **
譜系 B		7	7			1.000 ± 0.076	0.01345 ± 0.00173	1.0533	-1.300
合計		110	90			0.988 ± 0.005	0.01149 ± 0.00135	-2.04282 *	-105.649 **

* $P < 0.05$, ** $P < 0.01$.

(本表修改自 Lu *et al.*, 2022a)

表 2. 遠海梭子蟹 6 個族群的採樣點代碼、樣本量(n)、單倍體數(nh)、單倍體歧異度 (h)、核苷酸歧異度(π)、Tajima's D test 值及 Fu's Fs 統計值



採樣點	代碼	樣本	單倍體	譜系 A	譜系 B	h單倍體歧異度	π 核苷酸歧異度	田島D檢驗	Fs
廈門	XM	22	16	22	0	0.970 ± 0.022	0.045 ± 0.00462	-0.87197	1.271
澎湖	PH	30	20	1	29	0.961 ± 0.021	0.023 ± 0.00431	-1.53515	-1.445
高雄	KK	36	23	0	36	0.962 ± 0.019	0.020 ± 0.00114	-1.03393	-2.597
香港	HK	28	26	28	0	0.995 ± 0.011	0.046 ± 0.00252	-1.15632	-4.889
越南	VN	27	15	27	0	0.949 ± 0.022	0.025 ± 0.00194	0.5638	1.662
新加坡	SGP	23	17	23	0	0.972 ± 0.020	0.032 ± 0.00152	0.03936	-0.197
譜系 A		101	75			0.993 ± 0.003	0.042 ± 0.00186	-1.59138 *	-24.23 *
譜系 B		65	41			0.979 ± 0.007	0.020 ± 0.00097	-1.30135	-11.305 *
Total		166	116			0.994 ± 0.002	0.064 ± 0.00120	-1.0188	-31.544 *

* $P < 0.05$.

(本表修改自 Lu *et al.*, 2022b)

表 3. 紅星梭子蟹 7 族群中成對族群間遺傳分化指數(F_{ST})值 (DNA 分析)

	上海	宜蘭	廈門	台中	屏東	香港	新加坡
上海	-	0.354	0.063	0.055	0.182	0.321	0.790
宜蘭	0.354	-	0.342	0.242	0.274	0.153	0.734
廈門	0.063	0.342	-	0.030	0.136	0.315	0.822
台中	0.055	0.242	0.030	-	0.075	0.198	0.742
屏東	0.182	0.274	0.136	0.075	-	0.167	0.767
香港	0.321	0.153	0.315	0.198	0.167	-	0.739
新加坡	0.790	0.734	0.822	0.742	0.767	0.739	-

(本表修改自 Lu *et al.*, 2022a)



表 4. 紅星梭子蟹 7 族群中成對族群間 P 值的矩陣 (DNA 分析)

	上海	宜蘭	廈門	台中	屏東	香港	新加坡
上海	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
宜蘭	0.000	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
廈門	0.000	0.000	-	0.036	0.000	0.000	0.000
台中	0.000	0.000	0.036	-	0.000	0.000	0.000
屏東	0.000	0.000	0.000	0.000	-	0.000	0.000
香港	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	-	0.000
新加坡	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	-

(本表修改自 Lu *et al.*, 2022a)

表 5. 紅星梭子蟹 7 族群的 AMOVA 分析結果 (DNA 分析)

族群	群體	變異數	百分比	Φ 值	P 值
族群 1	群體 1{上海、宜蘭、台中、廈門、 屏東、香港、新加坡}	AP	42.59	$\Phi_{ST} = 0.42592$	***
		WP	57.41		
族群 2	群體 1{上海、宜蘭、台中、廈門、屏東、香港} 群體 2{新加坡}	AG	75.19	$\Phi_{CT} = 0.75194$	***
		AP/WG	4.45	$\Phi_{SC} = 0.17932$	***
		WP	20.36	$\Phi_{ST} = 0.79643$	***
族群 3	群體 1{上海、廈門、宜蘭、台中} 群體 2{香港、宜蘭} 群體 3{新加坡}	AG	52.28	$\Phi_{CT} = 0.52277$	***
		AP/WG	4.27	$\Phi_{SC} = 0.08937$	***
		WP	43.46	$\Phi_{ST} = 0.56542$	***
族群 4	群體 1{上海、廈門、台中} 群體 2{屏東} 群體 3{香港、宜蘭} 群體 4{新加坡}	AG	45.71	$\Phi_{CT} = 0.45707$	***
		AP/WG	4.05	$\Phi_{SC} = 0.07457$	***
		WP	50.24	$\Phi_{ST} = 0.49755$	***
族群 5	群體 1{上海} 群體 2{廈門、台中} 群體 3{屏東} 群體 4{香港、宜蘭} 群體 5{新加坡}	AG	40.23	$\Phi_{CT} = 0.40227$	***
		AP/WG	5.16	$\Phi_{SC} = 0.08627$	***
		WP	54.62	$\Phi_{ST} = 0.45384$	***

AG 是變異數的組間成分；AP/WG 是變異數的群體間/組內成分；WP 是變異數的群體內成分。*** P < 0.001，根據排列檢驗得出。

(本表修改自 Lu *et al.*, 2022a)

表 6. 遠海梭子蟹 6 族群中成對族群間 P 值的矩陣 (DNA 分析)

	香港	廈門	越南	新加坡	澎湖	高雄
香港	-	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000
廈門	0.083	-	0.000	0.000	0.000	0.000
越南	0.000	0.000	-	0.000	0.000	0.000
新加坡	0.000	0.000	0.000	-	0.000	0.000
澎湖	0.000	0.000	0.000	0.000	-	0.090
高雄	0.000	0.000	0.000	0.000	0.090	-

(本表修改自 Lu *et al.*, 2022b)

表 7. 遠海梭子蟹 6 族群中成對族群間遺傳分化指數(F_{ST})值 (DNA 分析)

	香港	廈門	越南	新加坡	澎湖	高雄
香港	-	0.037	0.122	0.176	0.588	0.532
廈門	0.037	-	0.139	0.162	0.571	0.514
越南	0.122	0.139	-	0.250	0.703	0.629
新加坡	0.176	0.162	0.250	-	0.447	0.389
澎湖	0.588	0.571	0.703	0.447	-	0.035
高雄	0.532	0.514	0.629	0.389	0.035	-

(本表修改自 Lu *et al.*, 2022b)

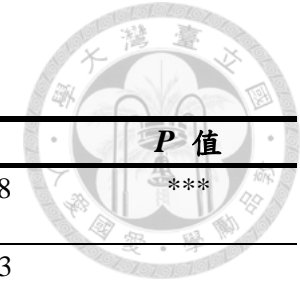


表 8. 遠海梭子蟹 6 族群的 AMOVA 分析結果 (DNA 分析)。

族群	群體	變異數	百分比	Φ 值	P 值
族群 1	群體 1{香港、廈門、越南、 澎湖、高雄、新加坡}	AP	41.98	$\Phi_{ST} = 0.41978$	***
		WP	58.02		
族群 2	群體 1{香港、廈門、越南、新加坡} 群體 2{澎湖、高雄}	AG	46.57	$\Phi_{CT} = 0.46573$	
		AP/WG	7.07	$\Phi_{SC} = 0.13235$	***
		WP	46.36	$\Phi_{ST} = 0.53644$	***
族群 3	群體 1{香港、廈門、越南} 群體 2{新加坡} 群體 3{澎湖、高雄}	AG	44.45	$\Phi_{CT} = 0.44445$	*
		AP/WG	4	$\Phi_{SC} = 0.07201$	***
		WP	51.55	$\Phi_{ST} = 0.48446$	***
族群 4	群體 1{香港、廈門、越南} 群體 2{越南} 群體 3{新加坡} 群體 4{澎湖、高雄}	AG	43.42	$\Phi_{CT} = 0.43419$	*
		AP/WG	2.13	$\Phi_{SC} = 0.03759$	***
		WP	54.45	$\Phi_{ST} = 0.45546$	***

AG 是變異數的組間成分，AP/WG 是變異數的組內/群體間成分，而 WP 是變異數的群體內成分。* $p < 0.05$ ，** $p < 0.001$ ，基於排列檢驗。
(本表修改自 Lu *et al.*, 2022b)



表 9. 各國針對漁村經濟蟹類的休閒漁業管理措施

物種 管理措施	藍蟹 (梭子蟹科) <i>Callinectes sapidus</i>	梭子蟹類 (梭子蟹科) <i>Portunus spp.</i>	青蟹類 (梭子蟹科) <i>Scylla spp.</i>	臺灣目前蟹類管制措施 紅星梭子蟹 遠海梭子蟹
分布	◆ 大西洋岸，水深至 90m 以淺。	◆ 西太平洋溫帶至熱帶水域，分布水深至 50m。	◆ 產於印度-西太平洋沿岸海域，分布於河口潮間帶或紅樹林。	◆ 臺灣周邊海域。
漁期	◆ 全年	◆ 8 月 1 日-12 月 31 日(美國) ◆ 1 月-4 月(澳洲)	◆ 8 月 16 日-11 月 15 日(美國)	◆ 8 月 1 日至 12 月 31 日
漁區	◆ 切薩皮克灣	◆ 全海域	◆ 全海域	◆ 臺灣周邊海域
漁具漁法	◆ 蟹籠 <2 呎 x 6 呎寬	◆ 蟹籠 <2 呎 x 6 呎寬	◆ 蟹籠 <2 呎 x 6 呎寬	◆ 刺網-網目 2.5~3 公分
努力量	◆ 最多 5 個。 ◆ 漁船數等努力量限制以時間來管制。	◆ 兩個蟹籠(南卡) ◆ 每日 10 隻螃蟹(加州)	◆ 最多 5 個。 ◆ 漁船數等努力量限制以時間來管制。	◆ 設定總容許漁獲量，縣市政府配額，每年檢討
漁獲量	◆ 生物許可量(MSY)(澳、日) ◆ 法定規定的許可量(TAC)(美)	◆ 生物許可量(MSY)(澳、日) ◆ 法定規定的許可量(TAC)(美) ◆ ITQTAC	◆ 生物許可量(MSY)(澳、日) ◆ 法定規定的許可量(TAC)(美)	◆ 法定規定的許可量(TAC)
體長	◆ <4.5 公分禁捕(美國) ◆ 最小合法休閒尺寸設定為 12.7 cm (澳洲)	◆ 9cm(美國) ◆ 最小合法休閒尺寸限制設定為 12.7 cm (澳洲)	◆ 9cm(美國)	◆ 紅星梭子蟹 8cm。 ◆ 遠海梭子蟹長 8cm。
漁業執照	◆ 16 歲以上	◆ 個人不須許可證。(澳) ◆ 動力漁船要許可證。(澳)	◆ 16 歲以上	◆ 18 歲以上(20 噸以下) ◆ 個人(無)



表 10. 不同漁業別屬性可能存在地理親緣關係

漁業別	編號	屬性				物種		可能存在地理親緣關係
		商業	休閒	保育	宗教	當地	外來	
遠洋與近海漁業	1	◎				◎		
沿岸漁業	2	◎	◎	◎		◎	◎	◎
養殖漁業	3	◎	◎	◎	◎	◎	◎	◎
其他:放生	4				◎	◎	◎	◎

◎:表示產業中存在的項目。

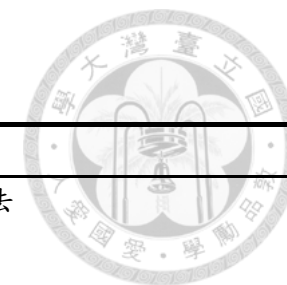


表 11. 沿岸休閒漁業資源復育策略

漁業別	屬性	目前管理辦法	沿岸休閒漁業資源復育策略
沿岸漁業	商業	1. 沿近海漁業管理辦法 ¹	設立沿岸休閒漁業資源復育管理辦法
	休閒	1. 娛樂漁業管理辦法 ²	輸入端控制(Input control) 1. 休閒性養殖魚種含觀賞魚種，應檢測 DNA，以釐清其為本地種或外來種。 2. 商業性養殖漁業魚種，應檢測 DNA，以釐清其為本地種或外來種。 3. 資源復育物種與宗教放生物種應檢測 DNA，以防止有外來種。
		2. 採石花菜、九孔管理辦法 ³	
		3. 澎湖南方四島紫菜採收注意事項 ⁴	
		4. 桃園新屋石滬群使用管理規範 ⁵	
		5. 魷魷漁業管理辦法 ⁶	
6. 水域潛水管理辦法(屏東、台東) ⁷			
保育	1. 水產動物海域放流限制及應遵行事項 ⁸ 2. 科學研究 3. 環境監測	輸出端控制(Output control) 1. 無論商業性或休閒性之放流、放生或資源復育前，需要檢測物種 DNA。 2. 提高公眾環保意識、海洋生物多樣性和環境保護的認識，鼓勵社區參與監督行列。 3. 收集遊釣者的樣本，社區提供檢測是否為當地物種。 4. 公開資訊，民眾可透過 App 查詢當地是否存在外來種。 5. 社區水域存在外來種時，開放民眾遊釣移除。	
養殖漁業	商業	1. 養殖漁業生產區設置及管理準則 ⁹	2. 提高公眾環保意識、海洋生物多樣性和環境保護的認識，鼓勵社區參與監督行列。 3. 收集遊釣者的樣本，社區提供檢測是否為當地物種。 4. 公開資訊，民眾可透過 App 查詢當地是否存在外來種。 5. 社區水域存在外來種時，開放民眾遊釣移除。
		2. 養殖漁業放養申報作業及審查要點 ¹⁰	
		3. 觀賞魚藥品檢驗登記簡化措施說明 ¹¹	
	休閒	1. 養殖漁業生產區設置及管理準則 ⁹	
		2. 養殖漁業放養申報作業及審查要點 ¹⁰	
		3. 觀賞魚藥品檢驗登記簡化措施說明 ¹¹	
保育	1. 水產動物海域放流限制及應遵行事項 ⁸ 2. 養殖漁業生產區設置及管理準則 ⁹ 3. 養殖漁業放養申報作業及審查要點 ¹⁰		



4. 觀賞魚藥品檢驗登記簡化措施說明¹¹
5. 科學研究

宗教 養殖漁業生產區設置及管理準則⁹

其他： 宗教 水產動物海域放流限制及應遵行事項⁸
移地放生

¹105年08月04日行政院農業委員會漁業署「沿近海漁業管理及責任制漁業之實踐」。 https://www.fa.gov.tw/view.php?theme=Conservation_and_enforcement_results&subtheme=&id=2

²112年02月07日行政院農業委員會漁業「娛樂漁業管理辦法」。 <https://law.moj.gov.tw/LawClass/LawAll.aspx?pcode=M0050012>

³109年11月30日新北市政府漁業及漁港事業管理處「貢寮保育區」。 https://fishery.ntpc.gov.tw/cht/index.php?code=list&flag=detail&ids=143&article_id=414

⁴105年12月02日臺灣國家公園「澎湖南方四島國家公園紫菜採收注意事項」。

<https://np.cpami.gov.tw/%E7%9F%A5%E8%AD%98%E5%AD%B8%E7%BF%92/%E7%94%9F%E6%85%8B%E6%97%85%E9%81%8A.html>

⁵111年05月02日桃園市政府海岸管理工程處新屋石滬群使用管理規範。 <https://law.tycg.gov.tw/LawContent.aspx?id=GL002333>

⁶111年11月09日花蓮縣政府「魩魮漁業管理辦法」。 <https://glrs.hl.gov.tw/glrsout/LawContent.aspx?id=GL000365>

⁷112年02月22日交通部觀光「水域遊憩活動管理辦法」。 <https://law.moj.gov.tw/LawClass/LawAll.aspx?pcode=K0110024>

⁸111年09月12日行政院農業委員會「水產動物海域放流限制及應遵行事項」。 https://www.fa.gov.tw/view.php?theme=FisheriesAct_LAW&subtheme=&id=11&print=Y

⁹110年04月27日行政院農業委員會「養殖漁業生產區設置及管理準則」。 <https://law.moj.gov.tw/LawClass/LawAll.aspx?pcode=M0050070>

¹⁰111年02月15日行政院農業委員會「養殖漁業放養申報作業及審查要點」。 <https://law.coa.gov.tw/GLRSnewsout/LawContent.aspx?id=FL014628>

¹¹105年11月15日行政院農業委員會「觀賞魚藥品檢驗登記簡化措施」。 https://www.baphiq.gov.tw/theme_data.php?theme=news&sub_theme=message&id=16502

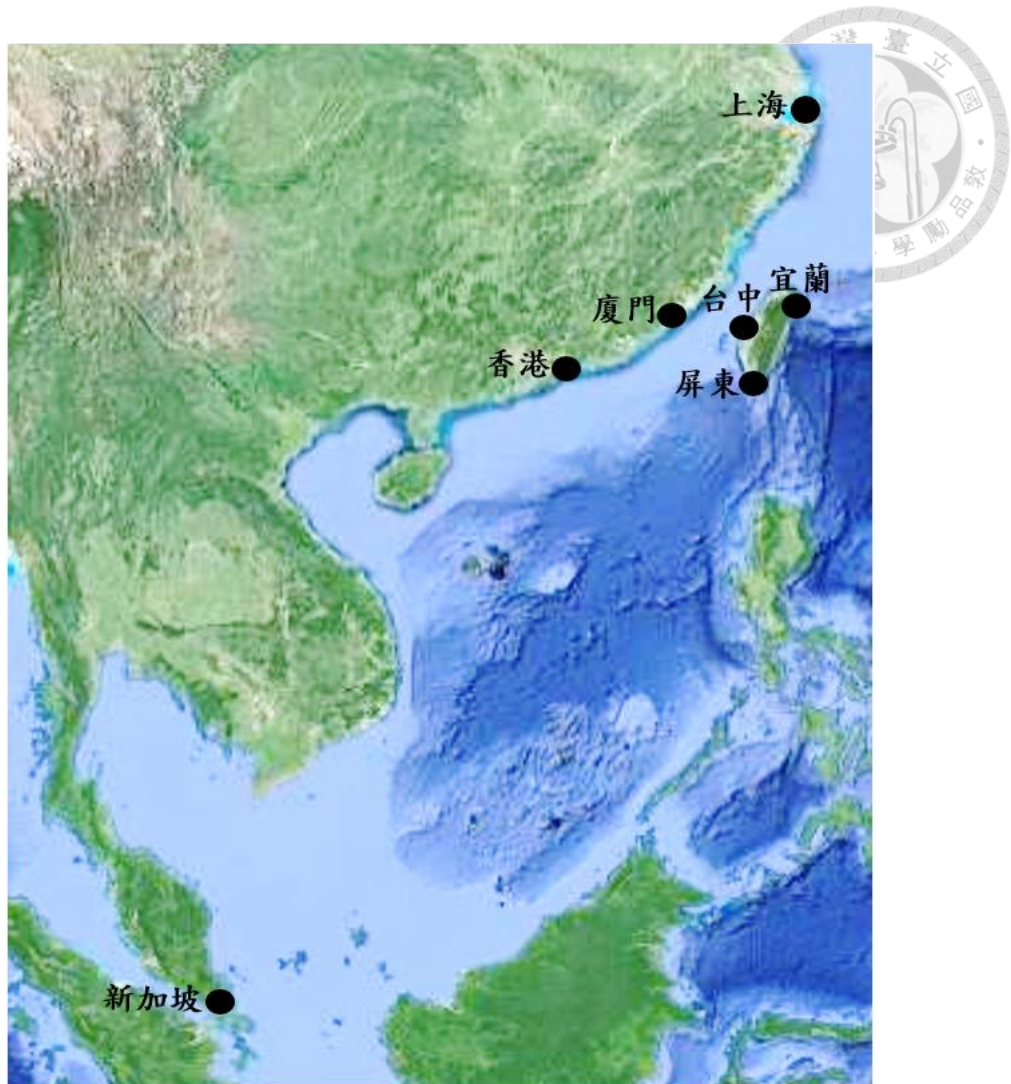


圖 1.紅星梭子蟹的採樣地點和單倍型族群

(本圖修改自 GOOGLE 地圖)

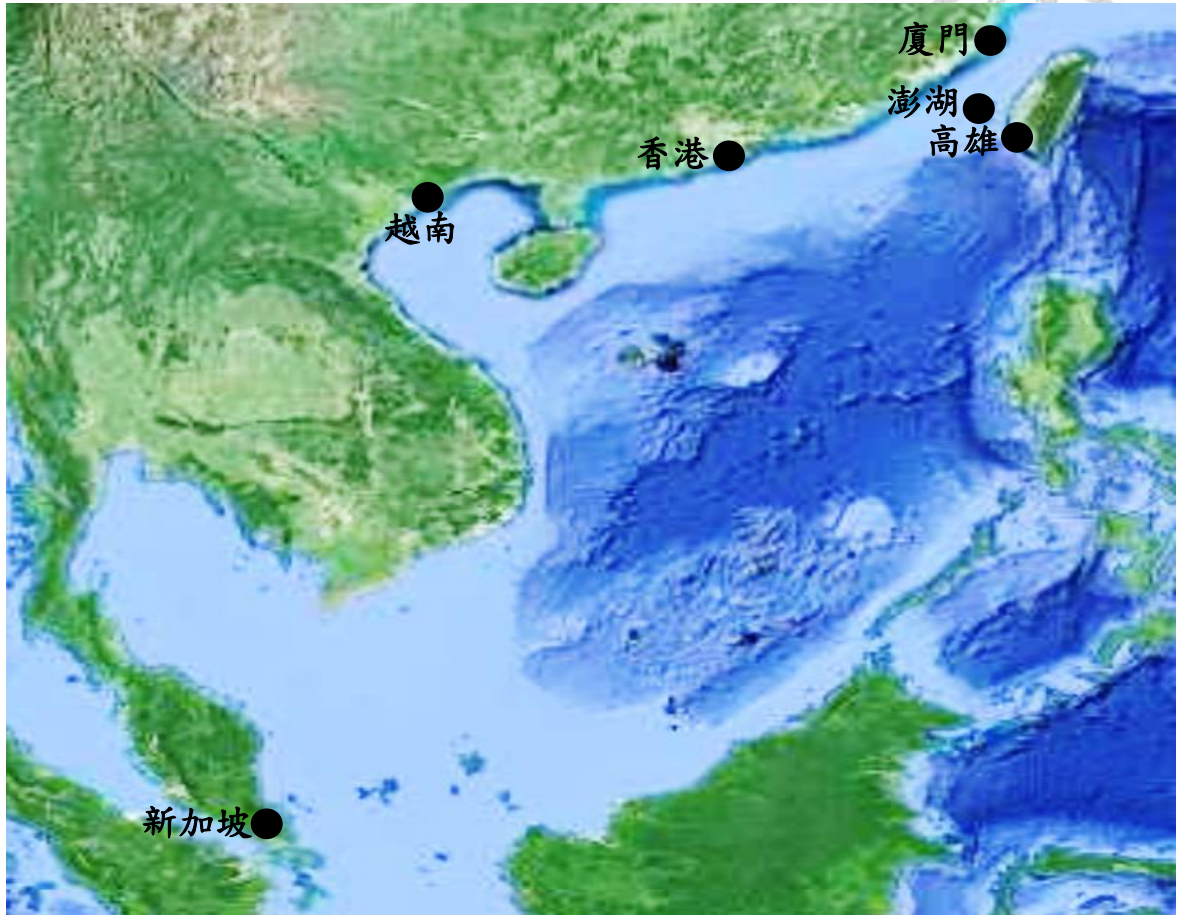


圖 2.遠海梭子蟹的取樣區和單倍型族群

(本圖修改自 GOOGLE 地圖)

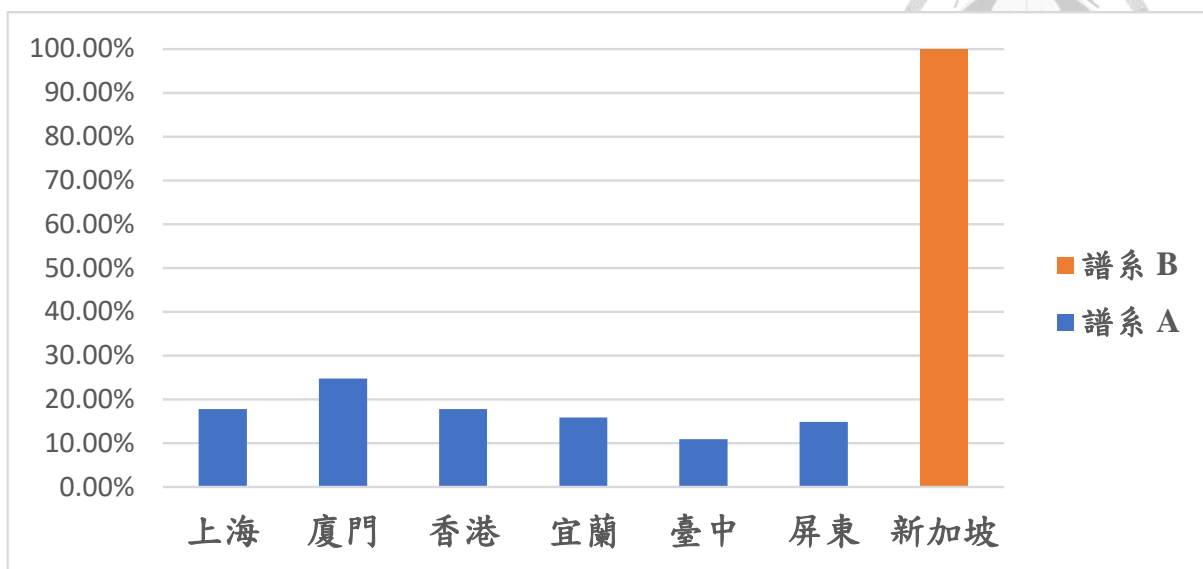


圖 3.紅星梭子蟹 7 個採樣點所有樣本譜系分析

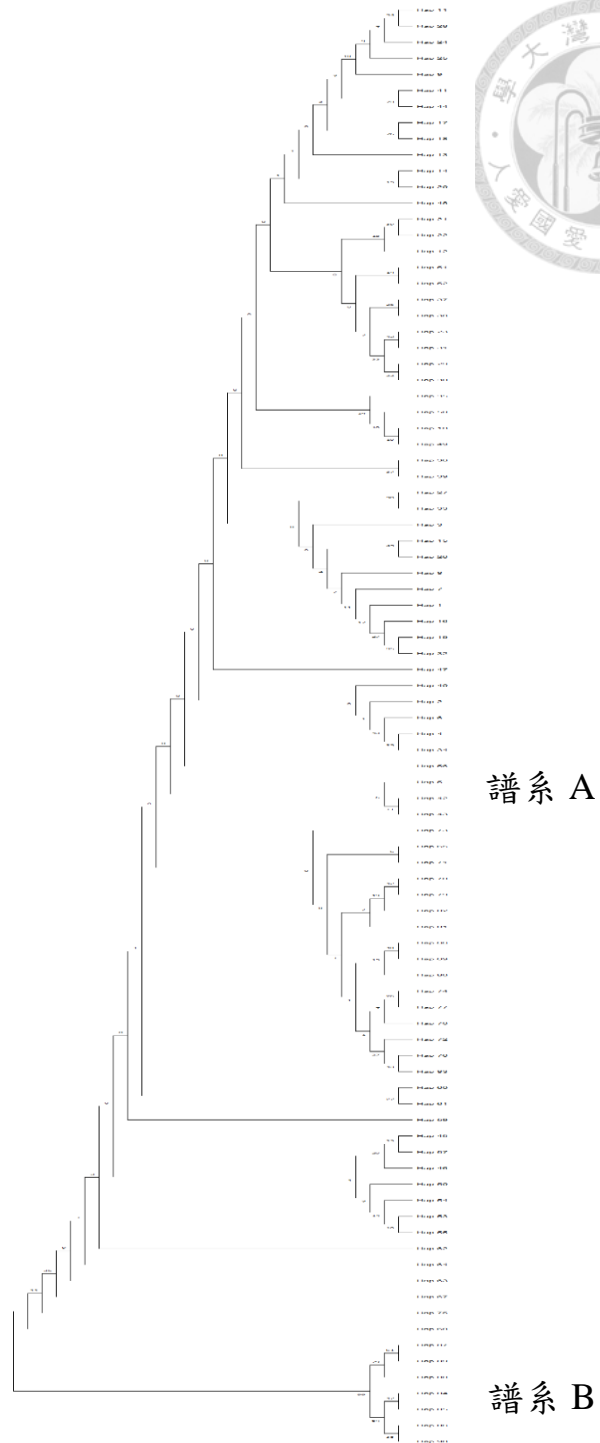


圖 4.紅星梭子蟹所有 mtDNA 16S + COI 序列單倍體之親緣關係圖。

(本圖修改自 Lu et al., 2022a)

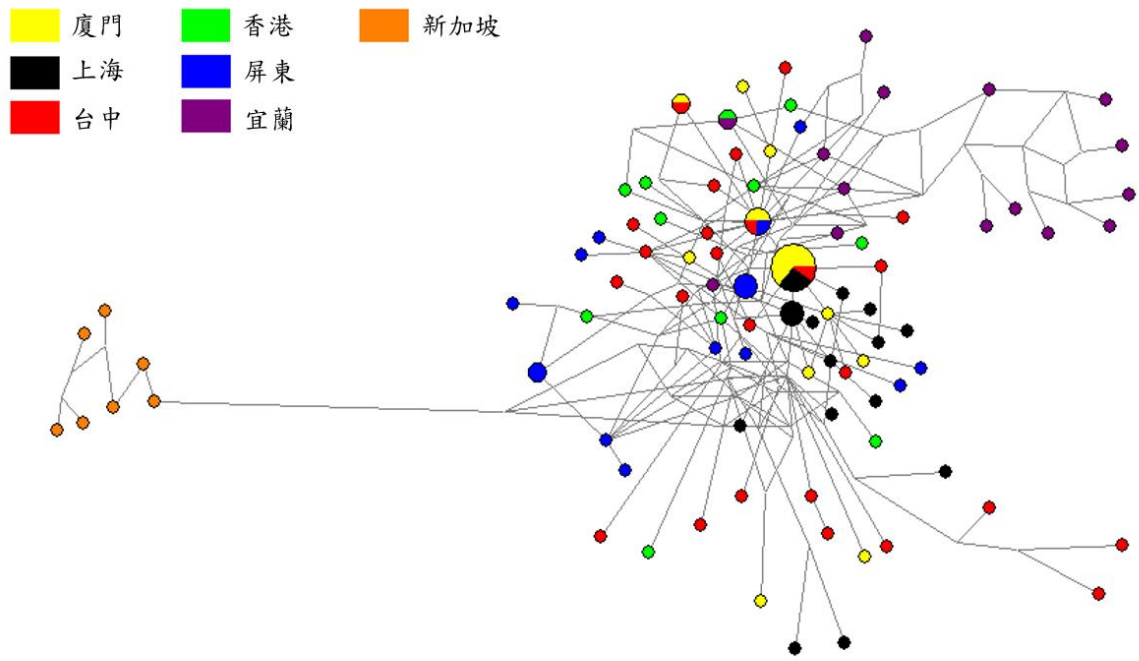


圖 5.紅星梭子蟹所有樣本的基因型網狀親緣關係圖。

(本圖修改自Lu et al., 2022a)

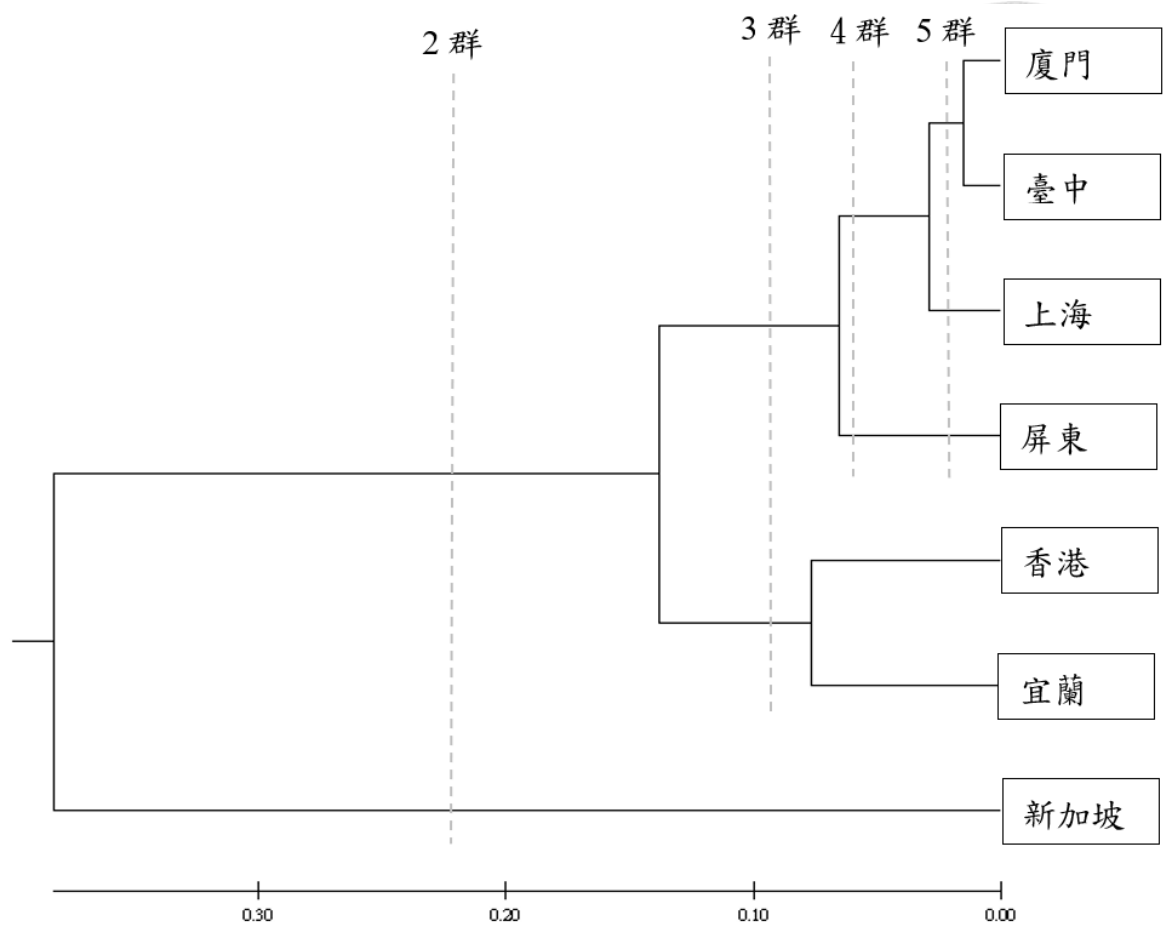


圖 6.紅星梭子蟹 7 個採樣點之 UPGMA 樹狀圖(for DNA 分析)

(本圖修改自 Lu et al., 2022a)

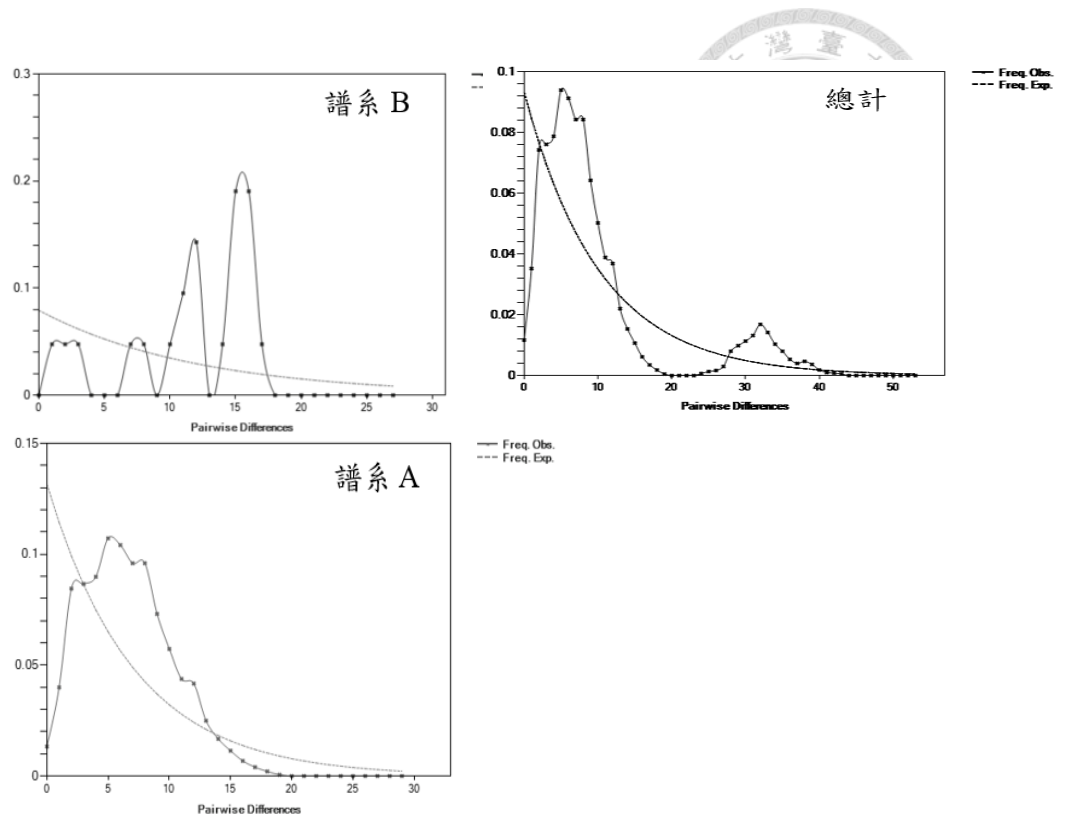


圖 7.紅星梭子蟹之錯位分布(mismatch distribution)

(本圖修改自Lu et al., 2022a)

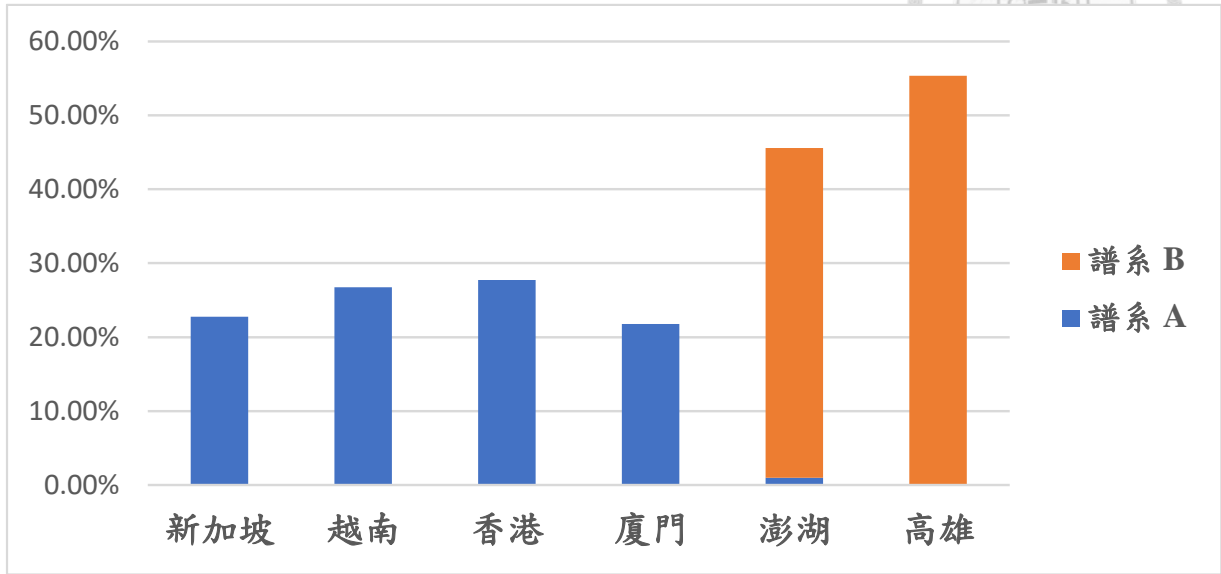


圖 8.遠海梭子蟹 6 個採樣點樣本的譜系分析

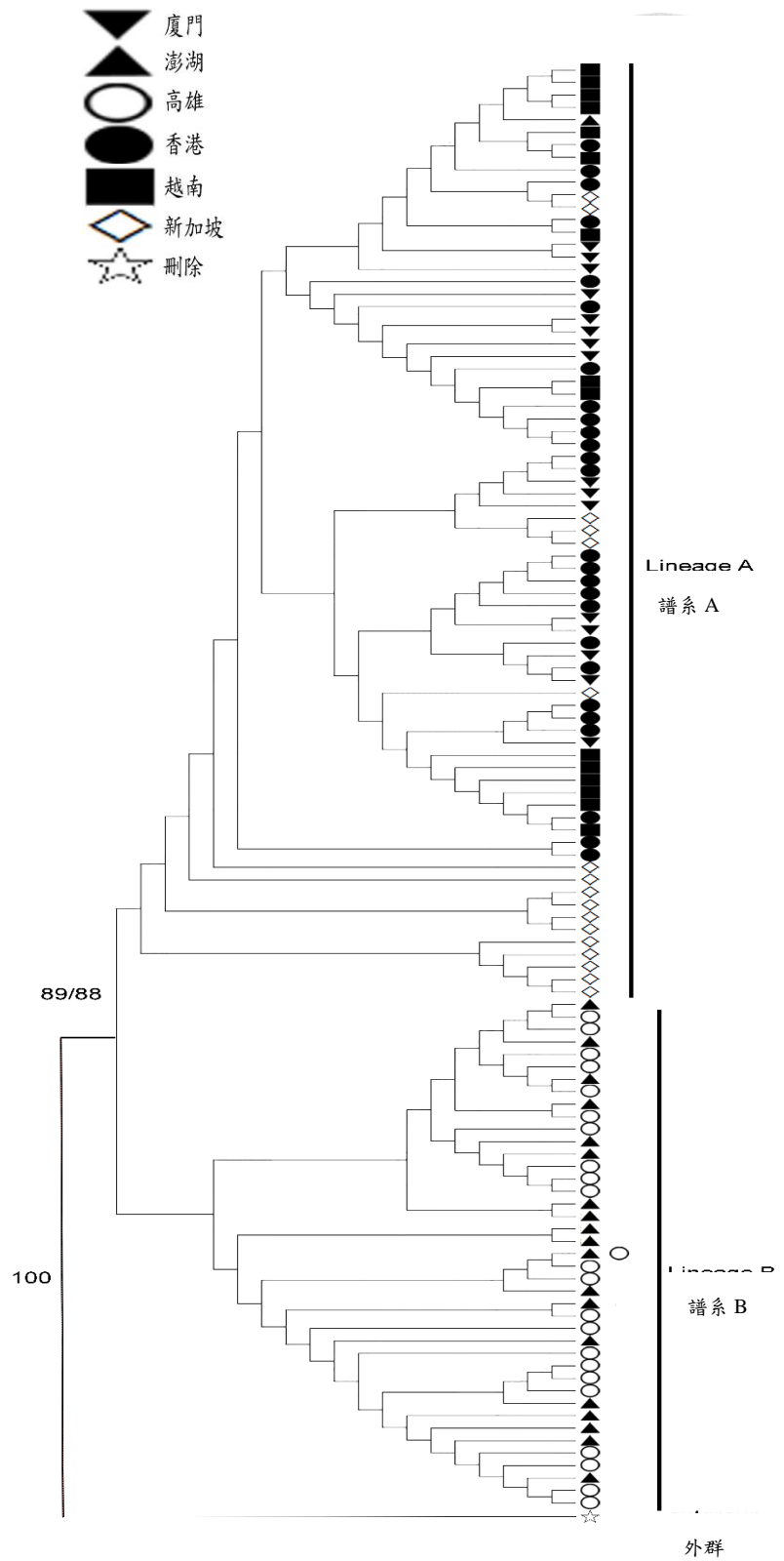


圖 9.遠海梭子蟹所有 mtDNA 16S + COI 序列單倍體之親緣關係圖。

(本圖修改自Lu et al., 2022b)

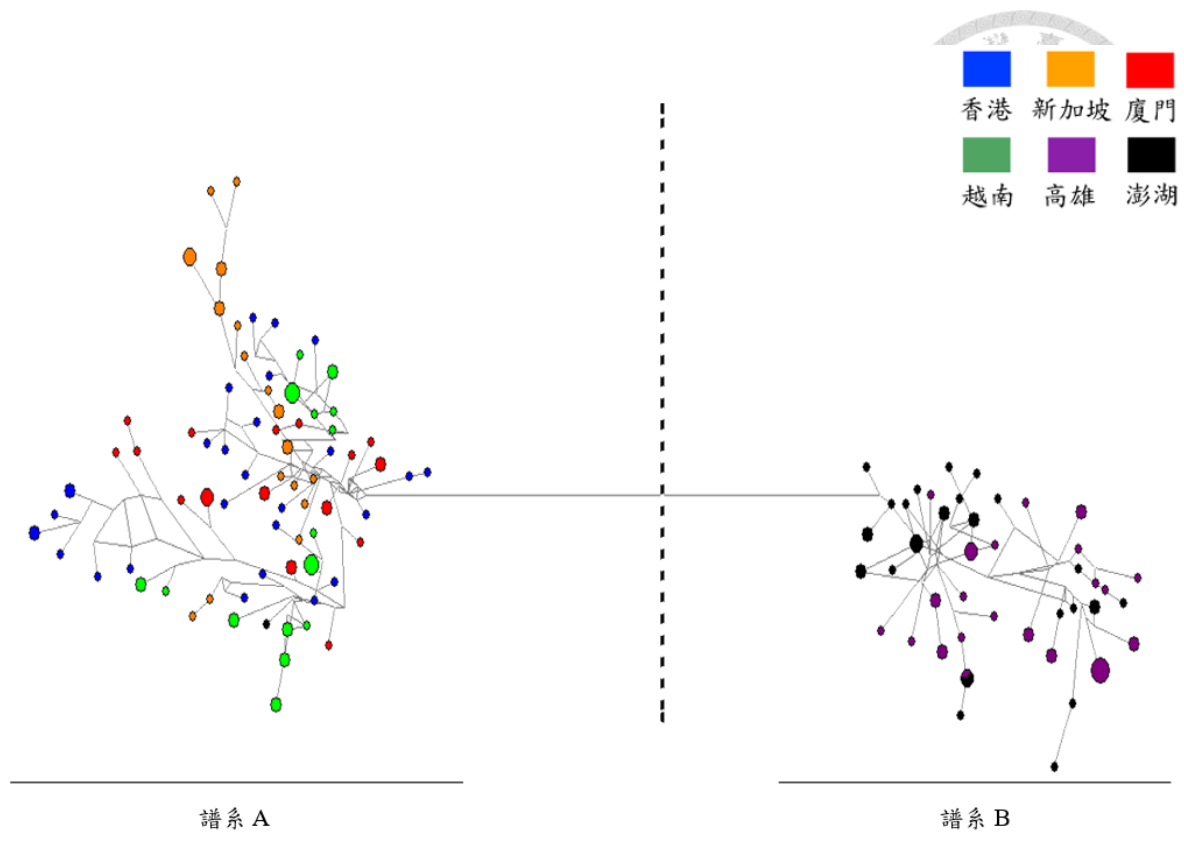


圖 10.遠海梭子蟹所有樣本的基因型網狀親緣關係圖

(本圖修改自Lu et al., 2022b)

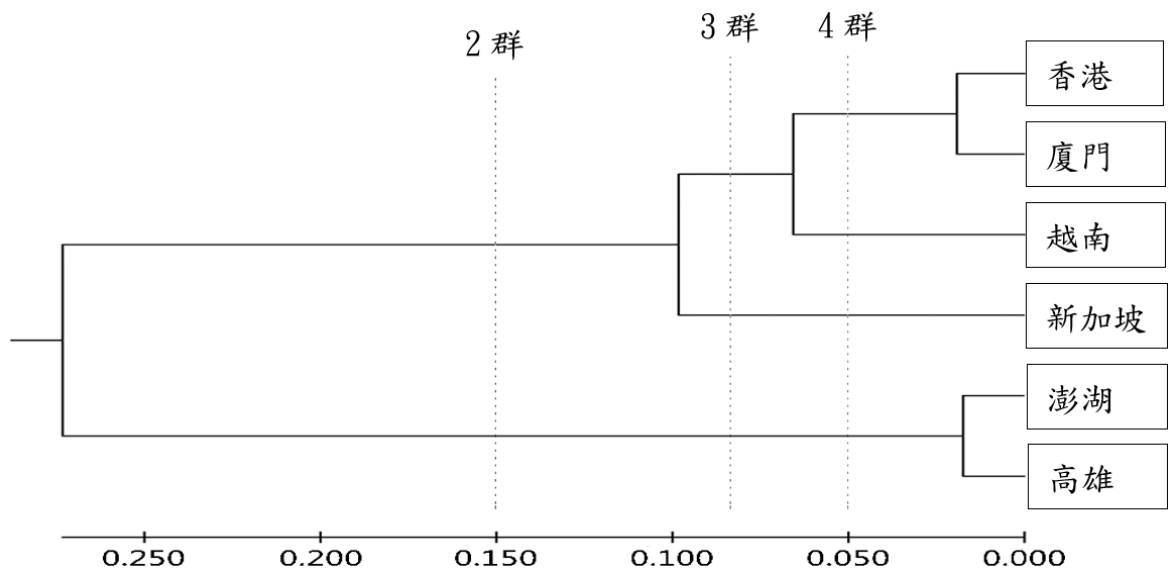


圖 11.遠海梭子蟹 6 個採樣點之 UPGMA 樹狀圖(for DNA 分析)

(本圖修改自Lu et al., 2022b)

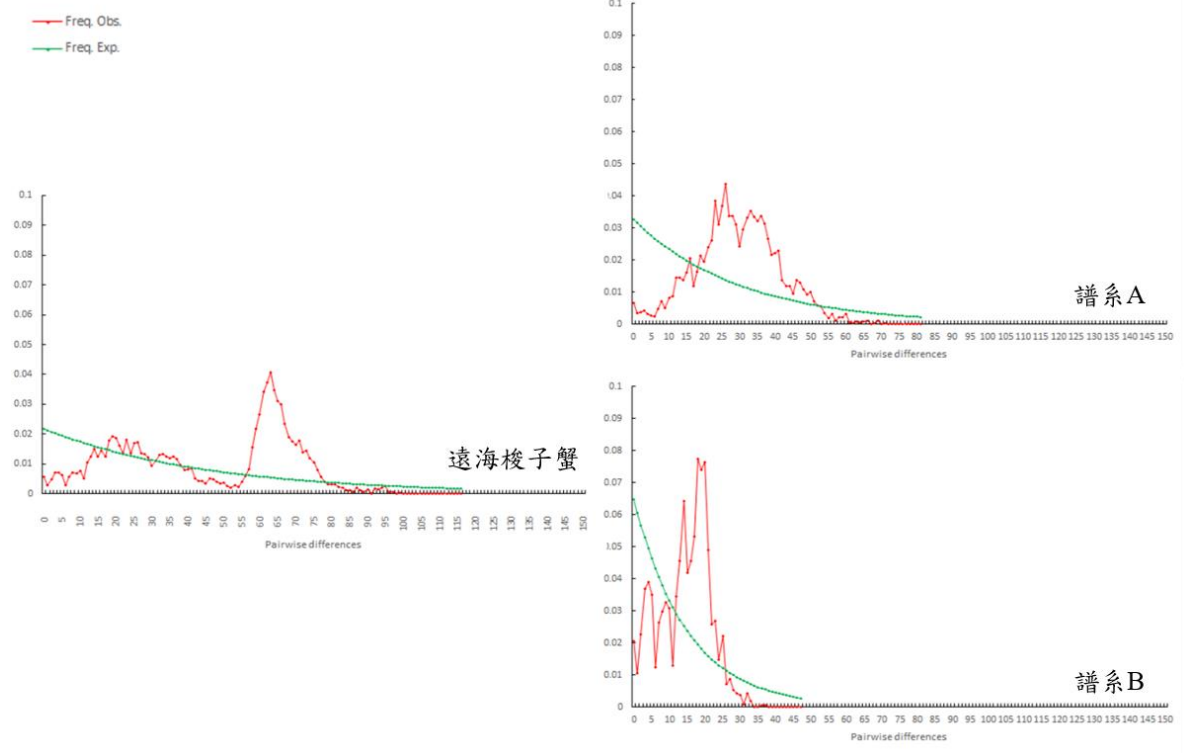


圖 12.遠海梭子蟹之錯位分布(mismatch distribution)

(本圖修改自Lu *et al.*, 2022b)

