台灣寵物店花栗鼠的物種鑑定

Identification of Chipmunks Sold in Pet Shops of Taiwan

張仕緯

Shih-Wei Chang

行政院農業委員會特有生物研究保育中心　南投縣集集鎮民生東路 1 號

Endemic Species Research Institute, Jiji, Nantou, Taiwan

摘　要

花栗鼠屬(*Tamias*)動物並非台灣原生的物種，卻於水族寵物店中普遍出現。爲鑑定目前市售的花栗鼠種類，以粒線體 DNA 細胞色素 *b* 基因序列爲標記，將從台灣北、中、南、東 6 縣市寵物店及飼主共取得的 13 隻花栗鼠與從 *GenBank* 下載分屬 23 種花栗鼠的 25 條序列資料進行比對。藉由鄰聚法與 K2P 分子取代模式的分析，花栗鼠屬動物在親緣關係上可區分爲 3 大支系，來自台灣市售的花栗鼠與西伯利亞花栗鼠(*T. sibiricus*)的關係最爲相近，屬同一支系。在遺傳距離比較上，台灣的樣本也與西伯利亞花栗鼠最近，與其他花栗鼠較遠，因此本研究所獲之台灣市售花栗鼠可視爲西伯利亞花栗鼠。親緣關係樹中，台灣的樣本又可分爲 3 群，代表台灣的花栗鼠可能至少有 3 個來源，其中 1 群與其他西伯利亞花栗鼠的遺傳距離(K2P)有 10.0%，顯示西伯利亞花栗鼠中可能有隱藏種的存在。

Abstract

Chipmunks belonging to the genus *Tamias* (Rodentia: Sciuridae) are not native to Taiwan, but are commonly found in the pet shops. In order to identify the species, I obtained 13 individuals from the shops in six counties and cities, and made mitochondrial cytochrome *b* sequence (1044 bp) analyses. Also, the sequences of 23 known species of *Tamias* were retrieved from *GenBank*. The neighbor-joining tree constructed with Kimura's 2 parameter (K2P) model showed that Taiwanese samples were closely affiliated to the Siberian chipmunk *T. sibiricus* and distinguishable from the lineages of the other chipmunk

species. Accordingly, the chipmunks in Taiwan were likely *Tamias sibiricus*. Three phylogenetic groups were identified within the Taiwan samples, implying that they had three biogeographic origins. One of the groups diverged greatly (genetic distance=10%) from *T. sibiricus*, suggesting the presence of cryptic species in the Siberian chipmunk.

關鍵詞：花栗鼠、外來種、細胞色素 *b* 序列、物種鑑定

Key words: Chipmunk, *Tamias sibiricus*, exotic species, mitochondrial cytochrome *b* sequence, identification

收件日期：96 年 9 月 19 日　　接受日期：96 年 12 月 7 日

Received: September 19, 2007　　Accepted: December 7, 2007

緒　言

花栗鼠(或稱金花鼠)屬(*Tamias*)動物在分類上歸屬於嚙齒目(Rodentia)、松鼠科(Sciuridae)(Thorington and Hoffmann 2005)。花栗鼠並非台灣的原生種(Corbet and Hill 1992)，卻是目前市面上水族寵物店普遍販售的物種。全世界共有 25 種花栗鼠，其中 24 種分布於北美洲，僅 1 種分布於亞洲(Thorington and Hoffmann 2005)。目前有紀錄因人類行爲而被引入非原生棲地的有 3 種，分別爲西伯利亞花栗鼠(*T. sibiricus)*、美東花栗鼠(*T. striatus)*及湯森德氏花栗鼠(*T. townsendii)*。西伯利亞花栗鼠分布於亞洲的西伯利亞、中國北部、韓國及日本北海道，被引入西歐、日本本州等地；美東花栗鼠分布於北美洲東部，被引入英國與美、加部分非原生棲地；湯森德氏花栗鼠則分布於北美洲美國與加拿大洛磯山脈(Rocky Mountains)到海岸的範圍，被引入美、加其他非原生的部分地區(Long 2003)。西伯利亞花栗鼠是農林作物的重大危害者，美東花栗鼠與湯森德氏花栗鼠則是疫病的帶原者(Long 2003)。

至於在台灣寵物店販售及民間飼養的花栗鼠，究竟爲何物種，並未經有系統的研究。林(2002)指出市售的花栗鼠爲美東花栗鼠；范等(2006)將美東花栗鼠列爲已引入台灣但尚未在野外建立族群的物種，並進行風險評估，但這兩篇文獻皆未描述物種鑑定的依據。梁等(2007)發現花栗鼠是寵物賣場販售的哺乳動物之一，但未指明爲何物種。由於美東花栗鼠獨居性強，對同種其他個體攻擊性高，少見圈養的情形(Henwood 1998)；而西伯利亞花栗鼠則是花栗鼠中最常見的寵物種類(Henwood 1998)。另外，台灣與西伯利亞花栗鼠所在的東亞及西伯利亞較爲接近，與美東花栗鼠所在的美國東部較遠，在地緣的引進關係上，是前者的可能性高於後者。因此，市面上的花栗鼠到底是美東花栗鼠或西伯利亞花栗鼠，尚需釐清。由於外來物種身分的確認是管理上重要的基礎，錯認物種將導致管理上的疏失與缺漏。在台灣過去曾有被政府公告禁養的美洲巨水鼠(*Myocastor coypus*)，因被誤認爲其他物種，而導致大量飼養與繁殖的情形(盧 2004)。

外部形態是進行物種鑑定最容易、也最經

濟的方式。但在國內花栗鼠各物種皮毛標本不足的情形下，利用市面上少數有美東花栗鼠照片的書(如：「哺乳動物圖鑑」，克拉頓伯克 2003)，並無法輕易地由毛色形態來區分美東花栗鼠與西伯利亞花栗鼠。幸好目前分子遺傳技術的進步，使研究者能利用少量的 DNA 即能進行物種的初步鑑定。吳等(2001)與儲等(2007)即利用粒線體 DNA 控制區域的資訊，與*GenBank*的資料比對，確認台灣新記錄到的外來鼠類爲緬甸小鼠(*Rattus exulans*)，提供形態鑑定(Motokawa *et al*. 2001)之外很好的佐證，並且利用分子資訊，推測入侵台灣的緬甸小鼠的可能來源地區。

在哺乳動物的物種鑑定上，粒線體細胞色素*b*基因序列是一廣泛被使用，且是有效的遺傳標記(Hsieh *et al*. 2001)。目前 *GenBank* 上已有充足的細胞色素*b*基因資訊可用來作爲花栗鼠的物種比較(Piaggio and Spicer 2001) ，因此本研究即利用此分子遺傳標記，透過與*GenBank*的序列資料比對，來鑑定目前出現在台灣的花栗鼠物種，並探討其可能的生物地理來源。

材料與方法

一、標本採集

從桃園縣龍潭鄉、新竹市、台中市、台南縣歸仁鄉及高雄市共 6 間水族寵物販售店，各取得 2 隻花栗鼠，另外由花蓮縣新城鄉一位飼主處取得 1 隻，共 13 隻花栗鼠。表 1 列出各花栗鼠樣本編號、性別與採集地點等資訊。動物攜回實驗室麻醉取其腳趾組織，死亡的個體則取肌肉組織，保存於 99 %的酒精，並冰存於-20℃冷凍庫中，以備接續的分子分析。

二、DNA 萃取、PCR 與定序

DNA 萃取是以 MasterPure™ DNA Purification Kit (Epicentre, Madison, USA) 進行，萃取過程依原廠操作程序(protocol)進行，萃取出之 DNA 以 TE 緩衝溶液保存。爲增幅粒線體細胞色素*b*基因序列，以引子組 cb1: 5’- GAC ATG AAA AAT CAT CGT TG- 3’(forward)及 cb3: 5’-CAT TTT TGG TTT ACA AGA CCA AAG - 3’(reverse) 進行聚合酶連鎖反應(PCR)。此引子組是根據 Oshida *et al*. (2000) 所用引子，參考 Reyes *et al*. (2000) 發表的同爲松鼠科的*Sciurus vulgaris* 的粒線體 DNA 完整序列，分別由 Oshida (未發表資料)與本文作者修改設計。每次 PCR 使用 50 µl 的反應溶液，其中包括 50-200 ng 的模版 (template) DNA、各引子 12.5 pmole、*TaKaRa Taq*™ 1 unit、10×PCR buffer 5 µl、dNTP Mixture 4 µl (Takara Bio Inc., Shiga, Japan) 及 ddH_2O 加至 50 µl。PCR 增幅細胞色素 *b* 基因的過程起始於 94℃加熱 5 min，然後進行 35 個熱循環反應，每一循環包括 94℃ 1 min、55℃ 1 min 及 72℃ 2 min，最後再 72℃加熱 10 min，便完成 PCR 反應。所有 PCR 產物皆經電泳法與 EtBr 染色檢視，確認增幅的基因片段符合預期的長度。後續基因定序的工作則交由明欣生物科技公司(台北，台灣)以 ABI Prism 3730 自動定序儀(Applied Biosystems, California, USA)執行。定序時先利用與 PCR 反應相同的引子，若有必要，再用自行設計的兩個引子 cb4: 5’- GTA ATG ACG GTA GCT CCT C - 3’ (reverse) 及 cb5: 5’- TAG GAG ACC CTG ATA ACT ATA-3’ (forward) 讀出細胞色素 *b* 基因兩端的序列。

三、資料分析

定序所得之序列，以 BioEdit 軟體 (Version 7.0.1) (Hall 1999) 進行排列比對 (alignment)。爲鑑定市售花栗鼠所屬物種，本研究採取二途徑，一是分析待鑑定對象與參考序列的親緣關係；二是比較待鑑定對象與參考序列的遺傳距離。本研究以鄰聚(neighbor-joining)法 (Saitou and Nei 1987) 來建構台灣市售花栗鼠與其他花栗鼠間的親緣關係，以 Kimura's 2 parameter

model (K2P) (Kimura 1980)爲分子取代(substitution)模式，並利用 bootstrap 法(Felsenstein 1985)重複 1,000 次運算來求親緣關係之可信度。遺傳距離亦是以K2P 爲模式來校正計算。鄰聚法、bootstrap 法及遺傳距離的計算皆是用軟體 MEGA 3.1 (Kumar *et al*. 2004) 來執行。作爲比對參考的其他花栗鼠粒線體細胞色素 *b* 基因序列，則從 *GenBank* 下載，包含的序列、物種與其擷取碼 (accession number) 請參見表 2，共 23 個物種 25 條基因序列。

結　果

本研究蒐集 13 隻台灣市售花栗鼠，得到 13 條粒線體細胞色素 *b* 基因的完整序列，基因全長 1140 bp，在 *GenBank* 的擷取碼列於表 1。13 隻花栗鼠中僅兩隻的單套基因型(haplotype)相同，故共有 12 個單套基因型(表 1)。將這 12 個基因序列與從 *GenBank* 下載的其他花栗鼠序列進行親緣關係分析，其關係樹如圖 1。由圖 1 可見，花栗鼠的物種可分爲 3 大支系，每個支系皆有 100%的 bootstrap 值支持。第一個支系是分布於北美洲西部的花栗鼠，共涵蓋 21 個種類；第二個支系僅有 1 種，爲分布於北美洲東部的美東花栗鼠(*T. striatus)*；第三個支系爲採自台灣的樣本與西伯利亞花栗鼠(*T. sibiricus)*。台灣的樣本又可分爲 3 個親緣群(phylogroup)，分別爲 TW1、TW2 及 TW3 (表 1、圖 1)。TW1 群有 9 個個體、8 個單套基因型，來源地點包括桃園縣、新竹市、台中市、台南縣及高雄市；TW2 群有 3 個個體、3 個單套基因型，來源地點包括台中市與花蓮縣；TW3 群僅 1 個個體、1 個單套基因型，來源地爲台中市。*GenBank* 中的西伯利亞花栗鼠序列與 TW1 群的關係最接近。

在遺傳距離方面，以 3 個台灣的親緣群分別與花栗鼠各物種進行計算，結果如表 3。對 TW1 群、TW2 群及 TW3 群而言，距離最近的都是西伯利亞花栗鼠，距離分別爲 1.2%、3.6%及 9.8%，遠小於台灣樣本與其他花栗鼠物種間的遺傳距離(17.0-22.1%)，TW1 群、TW2 群及 TW3 群應皆可視爲西伯利亞花栗鼠。西伯利亞花栗鼠支系中，TW3 群是與其他個體(包括 *GennBank* 中西伯利亞花栗鼠的序列及 TW1 群、TW2 群)關係最遠的 1 群(圖 1)，遺傳距離達 10.0%。

討　論

一、台灣市售花栗鼠的物種鑑定

台灣的花栗鼠樣本與西伯利亞花栗鼠在親緣關係樹上屬同一支系，該支系中目前並無其他花栗鼠物種，亦即與台灣樣本親緣關係最近的是西伯利亞花栗鼠。再者，台灣樣本與西伯利亞花栗鼠的遺傳距離比起與其他花栗鼠的遺傳距離也近了不少，顯示台灣市售的花栗鼠應該屬於西伯利亞花栗鼠類群，而非先前部分文獻所列的美東花栗鼠。本研究在台灣的採樣數量不多，並無法完全排除其他花栗鼠物種亦被引入台灣的可能性，但樣本來源涵蓋台灣北、中、南、東各區，若眞有其他花栗鼠物種，相對數量必然少很多。美東花栗鼠因獨居性強，少有圈養作爲寵物的情形，而西伯利亞花栗鼠則是花栗鼠中最常見的寵物種類(Henwood 1998)，也是花栗鼠中唯一原生於亞洲的成員(Thorington and Hoffmann 2005)。後者雖未分布於台灣，但在地緣上，確實是最可能引進台灣的種類。因此，台灣市售的花栗鼠應以西伯利亞花栗鼠爲主，至於是否有其他物種，則尙待個案的報導。

二、花栗鼠中可能存在的隱藏種

花栗鼠屬動物可分爲 3 大支系(圖1)，其中分布於北美西部的美西花栗鼠支系內種類最多，Piaggio and Spicer (2001)依分子研究將其分爲 5 群，以細胞色素 *b* 基因序列爲標記，群

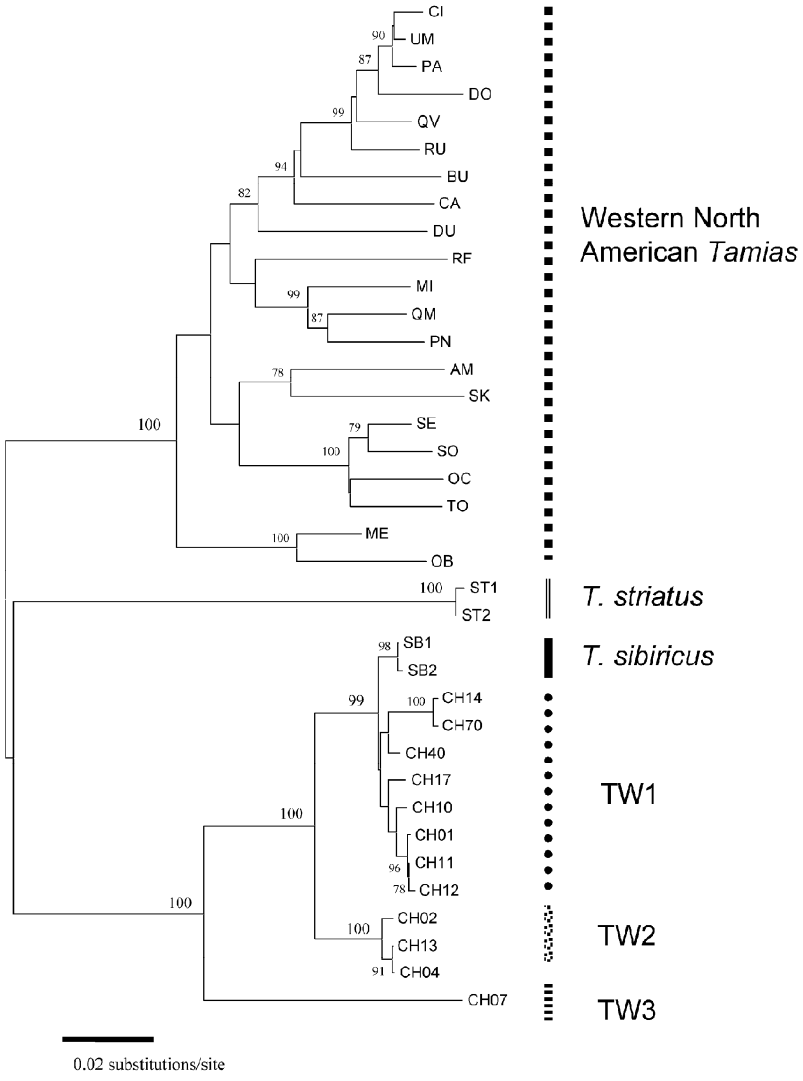

圖 1. 以鄰聚法分析粒線體細胞色素 *b* 基因部分片段序列(1044 bp)建構的台灣市售花栗鼠與花栗鼠屬(*Tamias)*其他物種的親緣關係。結果顯示台灣市售花栗鼠與西伯利亞花栗鼠的關係最近。各分歧點旁的數值爲以bootstrap法重複運算 1,000 次所得到的可信度百分比，僅列出其中大於 75 的部分。台灣樣本的序列代碼請參見表 1；北美西部花栗鼠的序列代碼請參見表 2。TW1、TW2 及 TW3 爲採自台灣的花栗鼠親緣群。

Fig. 1. The phylogenetic tree constructed with Kimura's 2 parameter model and partial mitochondrial cytochrome *b* sequences (1044 bp) for chipmunks obtained from the pet shops in Taiwan and for 23 species obtained from *GenBank* (numbers beside nodes, bootstrap values calculated from 1,000 replicates with values >75; sequence codes, Taiwan samples in Table 1, and those for Western North American *Tamias* in Table 2; TW1, TW2 and TW3, three phylogenetic groups of Taiwan samples).

表 1. 從台灣各地寵物店蒐集的花栗鼠樣本(TW1、TW2 與 TW3 是 3 個主要親緣群，三者之關係請參見圖 1)

Table 1. *Tamias* specimens obtained from the pet shops in Taiwan (TW1, TW2 and TW3, three major phylogenetic groups in Fig. 1)

Specimen number	Sex	Sources	MtDNA cyt *b* haplotypes	MtDNA cyt *b* phylogroups	*GenBank* accession number
CH01	♀	Taichung City	CH01	TW1	EU050992
CH02	♂	Taichung City	CH02	TW2	EU050993
CH04	♂	Taichung City	CH04	TW2	EU050994
CH07	♂	Taichung City	CH07	TW3	EU050995
CH10	♂	Tainan County	CH10	TW1	EU050996
CH11	♀	Taoyuan County	CH11	TW1	EU050997
CH12	♂	Taoyuan County	CH12	TW1	EU050998
CH13	♂	Hualien County	CH13	TW2	EU050999
CH14	♂	Hsinchu City	CH14	TW1	EU051000
CH17	♂	Hsinchu City	CH17	TW1	EU051001
CH20	♀	Tainan County	CH14	TW1	EU051002
CH40	♀	Kaohsiung City	CH40	TW1	EU051003
CH70	♂	Kaohsiung City	CH70	TW1	EU051004

表 2. 從 *GenBank* 下載的花栗鼠(*Tamias*)各物種粒線體細胞色素 *b* 基因序列

Table 2. Mitochondrial cytochrome *b* sequences of the *Tamias* species retrieved from *GenBank*

Sequence	Species	Accession number
CI	*Tamias cinericollis*	AF147636
UM	*Tamias umbrinus*	AF147677
PA	*Tamias palmeri*	AF147655
DO	*Tamias dorsalis*	AF147641
QV	*Tamias quadrivittatus*	AF147660
RU	*Tamias rufus*	AF147663
BU	*Tamias bulleri*	AF147634
CA	*Tamias canipes*	AF147635
DU	*Tamias durangae*	AF147642
RF	*Tamias ruficaudus*	AF147661
MI	*Tamias minimus*	AF147649
QM	*Tamias quadrimaculatus*	AF147657
PN	*Tamias panamintinus*	AF147656
AM	*Tamias amoenus*	AF147631
SK	*Tamias siskiyou*	AF147668
SE	*Tamias senex*	AF147665
SO	*Tamias sonomae*	AF147669
OC	*Tamias ochrogenys*	AF147654
TO	*Tamias townsendii*	AF147674
ME	*Tamias merriami*	AF147644
OB	*Tamias obscurus*	AF147652
ST1	*Tamias striatus*	AF147671
ST2	*Tamias striatus*	AF147672
SB1	*Tamias sibiricus*	AF147666
SB2	*Tamias sibiricus*	AF147667

表 3. 台灣市售的花栗鼠親緣群 TW1、TW2 及 TW3 與各花栗鼠物種的 K2P 遺傳距離(%)。所有的台灣親緣群皆與西伯利亞花栗鼠的遺傳距離最近

Table 3. Genetic distances (%) based on Kimura's 2 parameter model among three *Tamias* phylogenetic groups (TW1, TW2 and TW3) of the chipmunks obtained from the pet shops in Taiwan, and 23 *Tamias* species from *GenBank*

Species	Phylogenetic groups		
	TW1	TW2	TW3
Tamias amoenus	18.1	18.6	18.7
Tamias bulleri	17.3	17.6	19.3
Tamias canipes	17.3	16.8	18.2
Tamias cinericollis	17.0	16.7	19.1
Tamias dorsalis	18.3	17.8	20.8
Tamias durangae	17.5	16.4	18.5
Tamias merriami	18.4	17.6	18.3
Tamias minimus	19.0	18.8	19.4
Tamias obscurus	18.2	17.5	18.4
Tamias ochrogenys	20.2	19.2	20.0
Tamias palmeri	17.1	16.8	19.5
Tamias panamintinus	17.4	16.3	18.1
Tamias quadrimaculatus	18.0	17.4	18.6
Tamias quadrivittatus	18.4	17.9	19.6
Tamias ruficaudus	18.6	18.5	19.3
Tamias rufus	17.4	16.9	19.6
Tamias senex	19.7	18.3	19.8
Tamias sibiricus	1.2	3.6	9.8
Tamias siskiyou	18.3	18.5	19.5
Tamias sonomae	20.3	19.6	20.3
Tamias striatus	19.3	19.0	19.2
Tamias townsendii	20.7	19.2	22.1
Tamias umbrinus	17.4	17.1	19.6

間的遺傳距離(K2P)爲 7.9-10.9%，群內種間的遺傳距離則爲 4.3-5.9%。台灣市售的花栗鼠加上 *GenBank* 中西伯利亞花栗鼠 2 序列共 14 個單套基因型的樹形關係可明顯區分爲 3 大親緣群(圖 1)，3 群間的遺傳距離爲 3.8-10.3%，其中 TW3 與其他兩群的遺傳距離達 10%以上，不但超過美西花栗鼠的群內種間差異值，還達到群間的差異水準，顯示分布於亞洲的花栗鼠物種多樣性可能被低估。Bradley and Baker (2001)歸納多種嚙齒類與蝙蝠類的分子親緣研究後發現，以細胞色素*b*基因序列估算的種間遺傳距離(K2P)，若大於 11%，則爲不同物種；若小於 2%，則爲同種；若介於 2-11%間，則需要進一步確認。Baker and Bradley (2006)在倡議 Genetic Species Concept 時，提議對哺乳動物而言，若種內兩親緣群間遺傳距離達 5%以上，就值得以此作爲搜尋隱藏種的起點。

本研究發現的西伯利亞花栗鼠有 3 親緣

群，其中的 TW3 群很可能與 TW1 加 TW2 群是不同物種，亦即西伯利亞花栗鼠中有隱藏種的存在。雖 TW3 群僅有 1 個樣本，且單以遺傳距離，尚難論斷種的地位，但相關的分類學研究，卻值得就此展開。根據初步外形觀察(個人未發表資料)，TW3 群個體的背部條紋較短，背部前、中段顏色偏灰色，後段則偏紅棕色，腹部顏色較黃；TW1 加 TW2 群的背部條紋較長，背部前、中、後段顏色較一致，無明顯差別，腹部較白。目前西伯利亞花栗鼠雖被分爲 9 亞種 (Thorington and Hoffmann 2005)，在 *GenBank* 中西伯利亞花栗鼠資料有限(細胞色素 *b* 基因僅 2 序列，且皆來自西伯利亞遠東近海地區)，且未進行大規模標本比對的情形下，尚無法將本研究發現的 3 個親緣群與亞種名作對應連結。而此 3 親緣群究竟是 3 亞種，或是有 2 種以上，則還有待未來更進一步的研究。

三、市售花栗鼠的可能地理來源

前述台灣市售花栗鼠可區分爲 3 群，由其彼此間不小的遺傳差異推斷，很可能台灣水族寵物店中販售的花栗鼠來源不只一處。西伯利亞花栗鼠分布區域廣泛，涵蓋西伯利亞、中國北方、韓國、日本北海道等地 (Thorington and Hoffmann 2005)。圖 1 顯示TW1 群與 *GenBank* 上的 2 隻西伯利亞花栗鼠的親緣關係最近，但彼此間的平均遺傳距離尚有 1.2%，可能西伯利亞遠東近海地區並非台灣市售花栗鼠的直接種原產地。TW1 群在本研究取樣中共有 9 個個體，占全部取樣的 69%，是主要的成員，其種原產地可能是西伯利亞遠東範圍的鄰近地區。TW2 群、TW3 群與 TW1 群有相當之遺傳差異，種原可能是來自較遠的地區(如：韓國或中國大陸華北地區)或被海洋隔離的島嶼(如：日本北海道)。Henwood (1998)曾表示韓國、日本北海道皆是寵物花栗鼠的種原產地，因此來自韓國、日本北海道及中國大陸華北地區的花栗鼠野外樣本，將是解開台灣市售花栗鼠種原產地的關鍵。另外，從西伯利亞花栗鼠(含台灣樣本)種內的高遺傳多樣性，顯見花栗鼠寵物馴化的過程是多次發生且來自不同地區。

四、花栗鼠在台灣的流通情形

本研究在台中市取樣 4 個體，但單套基因型涵蓋 TW1、TW2、TW3 三群；台中市以外地區的取樣共 9 個體，除花蓮縣有 1 個 TW2 群個體外，不論北台灣或南台灣，皆屬 TW1 群個體(表 1)。來自台中的花栗鼠有最高的遺傳多樣性，似乎代表台中或鄰近的中台灣地區可能是台灣市售花栗鼠不同來源的流通匯集地。

五、花栗鼠對台灣生態的可能影響

在台灣，花栗鼠是水族寵物店常見的動物之一，因飼養不慎而逃逸的例子容易發生並有所耳聞，然而目前尚無在野外建立存續族群之報導，對台灣生態之衝擊尚無紀錄。不過，西伯利亞花栗鼠已名列全球外來引入種的名單中(Long 2003)，文獻記載十九世紀時就開始由亞洲往西拓展，近來已分布至芬蘭。人爲引入寵物飼養後逃脫至野外，並成功建立野生族群的國家包括：法國、德國、奧地利、義大利、荷蘭、瑞士及日本(部分非原生地區) (Long 2003; Thorington and Ferrell 2006)。其中在日本，來自亞洲大陸的西伯利亞花栗鼠已因野放或逃脫而在野外建立族群，甚至在北海道可能與當地原生的西伯利亞花栗鼠亞種 *T. s. lineatus* 產生雜交與競爭 (Abe *et al*. 2005)。

林(1991)曾歸納引入種對生態的影響可分爲 5 類：植物及棲地的改變、掠食、競爭、疾病和寄生蟲、雜交。林(1991)同時指出，樹棲者的危害較地棲者爲大，因爲樹棲者可同時捕捉樹棲與地棲的獵物；另外，食肉目、嚙齒目、偶蹄目的引進最易造成原生物種因被捕食而豐度降低、甚至滅絕。西伯利亞花栗鼠是嚙齒目動物，雜食性，會吃堅果、種子、昆蟲、

蝸牛、鳥蛋、雛鳥；主要在地上活動，但也會上樹棲息 (Abe *et al*. 2005)，似乎是相當有潛在風險的引入種。范等 (2006) 設計一套台灣外來種陸域脊椎動物風險評估系統，並依此評估 42 種已經引入台灣的外來種陸域脊椎動物，西伯利亞花栗鼠並不在其評估中。若將Abe *et al*. (2005) 及 Long (2003)所載的西伯利亞花栗鼠相關參數帶入范等 (2006) 的評估表，得到總分 3.09，放入原有被評估的 42 物種中比較，居第 13 位，比牛蛙 (*Rana catasbeiana*) 的分數還高一些。因此，西伯利亞花栗鼠可算是潛在風險高的引入物種。

在對生態環境的可能影響方面，由於其體型、形態、習性等特性與台灣原生的條紋松鼠*(Tamiops maritimus)*極爲相近，若在野外建立族群，很可能與條紋松鼠發生競爭的關係，對原生條紋松鼠的生存恐有不利影響。至於雜交可能性，則由於花栗鼠與條紋松鼠的親緣關係相當遠 (Mercer and Roth 2003)，這個機率並不高。除了對生態環境的可能影響，西伯利亞花栗鼠也會造成農作物受害，牠在原生地是森林附近農地主要的有害動物之一，危害對象包括種子類、瓜果類及根莖類作物(Long 2003)。由於花栗鼠會儲存種子、堅果在地下洞穴中 (Abe *et al*. 2005)，因此其危害的數量可能遠超過生存繁殖需求。所以一旦西伯利亞花栗鼠在野外建立族群並繁衍增長，將可能形成嚴重的外來種衝擊問題，因此須提防寵物花栗鼠入侵台灣的自然生態。

謝　誌

感謝兩位審查者提供寶貴的修改意見；Dr. Oshida提供引子資訊；許善理小姐、劉嘉顯、黃光隆先生協助樣本採集；蔡奇立先生協助實驗室工作；Dr. Cara Lin Bridgman 與蔡住發博士協助文稿英文部分的修訂。本研究由農委會特有生物研究保育中心提供經費。

引用文獻

林俊義。1991。台灣引進野生動物對生態體系的影響：鳥獸部分。私立東海大學生物學系。

吳海音、吳逸華、儲瑞華、林曜松。2001。緬甸小鼠在台灣之發生及防治。植物保護學會會刊 43: 205-214。

林良恭。2002。台灣外來種脊椎動物之現況。全球變遷通訊 33: 9-14。

克拉頓伯克。2003。哺乳動物圖鑑（黃小萍譯）。貓頭鷹出版社。台北。

范孟雯、林瑞興、黃雅倫、林德恩。2006。台灣外來種陸域脊椎動物風險評估系統。特有生物研究 8: 7-22。

盧高宏。2004。麝香鼠、河狸鼠還是美洲巨水鼠？植物保護通報 11: 1-3。

梁世雄、陳俊宏、杜銘章、王渭賢、侯平君、謝寶森。2007。外來觀賞與寵物物種入侵潛力評估及分級管理制度之建立。國立高雄師範大學生物科技系。

儲瑞華、曹又仁、莊媛茹、陳皇奇、林曜松、吳海音。2007。台灣地區外來種緬甸小鼠的族群遺傳結構與生物地理起源。特有生物研究 9: 1-11。

Abe, H., N. Ishii, T. Itoo, Y. Kaneko, K. Maeda, S. Miura and M. Yoneda. 2005. A guide to the mammals of Japan. Tokai University Press, Kanagawa, Japan.

Baker, R. J. and R. D. Bradley. 2006. Speciation in mammals and the Genetic Species Concept. Journal of Mammalogy 87: 643-662.

Bradley, R. D. and R. J. Baker. 2001. A test of the Genetic Species Concept: Cytochrome-*b* sequences and mammals. Journal of Mammalogy 82: 960-973.

Corbet, G. B. and J. E. Hill. 1992. The mammals of the Indomalayan region: A systematic

review. Oxford University Press, Oxford, UK.

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

Hall, T. A. 1999. BioEdit: A user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. Nucleic Acids Symposium Series 41: 95-98.

Henwood, C. 1998. The guide to owning chipmunks and similar species. T. F. H. Publications, Inc., Neptune City, New Jersey, USA.

Hsieh, H. M., H. L. Chiang, L. C. Tsai, S. Y. Lai, N. E. Huang, A. Linacre and J. C. Lee. 2001. Cytochrome *b* gene for species identification of the conservation animals. Forensic Science International 122: 7-18.

Kimura, M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. Journal of Molecular Evolution 16: 111-120.

Kumar, S., K. Tamura and M. Nei. 2004. MEGA3: Integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment. Briefings in Bioinformatics 5: 150-163.

Long, J. L. 2003. Introduced mammals of the world: Their history, distribution and influence. CABI Publishing, Wallingford, UK.

Mercer, J. M. and V. L. Roth. 2003. The effects of Cenozoic global change on squirrel phylogeny. Science 299: 1568-1572.

Motokawa, M., K. H. Lu, M. Harada and L. K. Ling. 2001. New records of the Polynesian Rat *Rattus exulans* (Mammalia: Rodentia) from Taiwan and the Ryukyus. Zoological Studies 40: 299-304.

Oshida, T., L. K. Lin, R. Masuda and M. C. Yoshida. 2000. Phylogenetic relationships among Asian species of *Petaurista* (Rodentia, Sciuridae), inferred from mitochondrial cytochrome *b* gene sequences. Zoological Science 17: 123-128.

Piaggio, A. J. and G. S. Spicer. 2001. Molecular phylogeny of the chipmunks inferred from mitochondrial cytochrome *b* and cytochrome oxidase II gene sequences. Molecular Phylogenetics and Evolution 20: 335-350.

Reyes, A., C. Gissi, G. Pesole, F. M. Catzeflis and C. Saccone. 2000. Where do rodents fit? Evidence from the complete mitochondrial genome of *Sciurus vulgaris*. Molecular Biology and Evolution 17: 979-983.

Saitou, N. and M. Nei. 1987. The neighbor-joining method: A new method reconstructing phylogenetic trees. Molecular Biology and Evolution 4: 406-425.

Thorington, R. W. Jr. and K. Ferrell. 2006. Squirrels: The animal answer guide. The Johns Hopkins University Press, Baltimore, USA.

Thorington, R. W. Jr. and R. S. Hoffmann. 2005. Family Sciuridae. pp. 754-818. *In*: D. E. Wilson and D. M. Reeder (ed.). Mammal species of the world: A taxonomic and geographic reference. The John Hopkins University Press, Baltimore, USA.