

091—301020200G1—002

玉山國家公園之高山島嶼生態 學哺乳類保育遺傳研究

Conservation Genetics of Mammals on the
Habitat Islands in Yushan National Park



內政部營建署玉山國家公園管理處委託研究報告

中華民國九十一年十二月

091—301020200G1—002

「玉山國家公園之高山島嶼生態
學哺乳類保育遺傳研究」

Conservation Genetics of Mammals on the
Habitat Islands in Yushan National Park

受委託者：中華民國國家公園學會

研究主持人：林良恭

研究助理：王豫煌、陳家鴻、周政翰

張育誠、袁守立、李仁凱

內政部營建署玉山國家公園管理處委託研究報告

中華民國九十一年十二月



內政部營建署玉山國家公園管理處

553 南投縣水里鄉中山路一段 300 號

總 機：(049) 2773121 (代 表)

傳 真：(049) 2774846

玉山國家公園研究叢刊編號：1086



動物群與植物群也是各國傳統資產的一部份，是以某個特定時間和地點為中心，歷經數百萬年演化之產物，因此絕對有理由和語言、文化一樣，是一國的大事。———

Edward O. Wilson

目 錄

中文摘要

英文摘要

第一章 前言.....	1
第一節 研究源起與背景.....	1
第二節 研究目的.....	2
第二章 研究方法與過程.....	4
第一節 野外研究.....	4
第二節 遺傳變異.....	5
第三節 資料分析.....	7
第三章 重要發現.....	8
第一節 採集結果.....	8
第二節 定序個體.....	8
第三節 親緣關係.....	8
第四章 結論與建議.....	10
第一節 群聚特性.....	10
第二節 遺傳多樣性.....	10
第三節 建議.....	11
第五章 參考文獻.....	12

圖目錄

圖 1 玉山國家公園位置圖.....	16
圖 2 塔塔加樣區.....	17
圖 3 圓峰樣區.....	18
圖 4 秀姑巒山樣區.....	19
圖 5 關山之樣區.....	20
圖 6 能高山樣區.....	21
圖 7 北大武山樣區.....	22
圖 8 引子粘合在控制區域模版的相對位置.....	23
圖 9 台灣森鼠之粒腺體 DNA 控制區以 Neighbor-joining 方法所建構 出來之親緣關係樹.....	24
圖 10 台灣森鼠地理距離與族群分化指數之回歸分析.....	25
圖 11 高山白腹鼠之粒腺體 DNA 控制區以 Neighbor-joining 方法所建 構出來之親緣關係樹.....	26
圖 12 高山田鼠之粒腺體 DNA 控制區以 Neighbor-joining 方法所建構 出來之親緣關係樹.....	27
圖 13 上圖為山區連續族群分佈，下圖則受到阻隔形成斷續分佈且中間 族群消失.....	28

表目錄

表 1 採集結果.....	29
表 2 森鼠標本之外部測質與採集區海拔高度.....	30
表 3 高山田鼠之標本測質與採集區海拔高度.....	31
表 4 高山白腹鼠之標本外部測質與採集區海拔高度.....	32
表 5 已定序個體之資料.....	33
表 6 台灣森鼠各地之間平均遺傳距離（%）.....	34
表 7 高山白腹鼠各地之間平均遺傳距離.....	35
表 8 高山田鼠各地之間平均遺傳距離.....	36
表 9 三種小型鼠類各採集地內的平均遺傳距離.....	37
表 10 高山田鼠各項遺傳指數.....	38

中文摘要

關鍵詞：高山島嶼；粒腺體 DNA；遺傳分化

一、研究緣起

台灣的面積雖然不大，但地理位置特別，介於古北(Palaearctic)與東方(Orinetal)南北兩大生物地理區的交界處，在過去的地質歷史中又曾多次和亞洲大陸相連。台灣的地形本複雜，中央山脈南北全長雖僅約 350 公里，卻擁有許多海拔高度在 3000 公尺以上的高山，因此擁有相當高歧異度的生物相。高山為台灣十分特殊的生態系，此生態系的生存環境相對而言也較為嚴酷，劇烈的溫度變化，稀薄的空氣，經常性的強風和強烈的紫外線照射等形成較短暫的生物可活動期，考驗著生物生存適應的能力，這樣的環境是探討生物演化的良好場所。另外，由於生存於山頂上的生物彼此間的交互作用也較為不易，所以在探討棲地島嶼化的保育研究中具有指標的功用。

從台灣的生物地理觀之，本島可分為高山及低地兩生物地理區，北方植物地理及古北區的動物多分布於台灣的高海拔山區，而低海拔則多為熱帶地理區的生物。已知在冰河期時北方區系的物種向南擴遷到台灣來，當氣候變暖冰河撤退後，這些物種便只能侷限分布於台灣較高海拔地區，台灣的山椒魚、櫻花鉤吻鮭及高山小黃鼠狼皆是類似的代表性物種。雖然台灣的高海拔地區此處環境對於許多冰河期播遷來的生物是個避難所，且因隔離促成物種特化，但亦使這些物種多半成為珍貴稀有種，當一旦環境改變時，尤其是人為的干擾，常使得該物種在應付環境的變化的能力不足，滅絕危機度增高，台灣櫻花鉤吻鮭即是一例。今日，生物多樣性保育是國內外保育的重心所在，而台灣高山生態系是物種多樣性的場所，且是生物資源保育與研究的一處重要位置。台灣地區國家公園成立後，在物種與棲地保育，已發揮既有之效力，但在遺傳保育的資料收集上卻仍顯貧乏。生物的遺傳多樣性是生物多樣性的三個組成部分之一，是物種和生態系統多樣性的重要基礎；而遺傳多樣性的豐富程度，又決定了物種對環境變化的適應能力與演化的

潛力。

玉山國家公園所處範圍恰包含有台灣兩座主山脈，即玉山山脈與中央山脈，對於分佈於此高山山脈上的哺乳動物而言，很值得探討因高山林立關係形成棲地隔離所造成基因變化的研究。另外，亦選擇園區外之能高與北大武山作為比對圖。本研究預期成果將可瞭解不同山脈同一種動物之遺傳組成，提供國家公園進行降低棲地島嶼化效應之保育規劃和教育上的參考，使生活於山區之動物避免族群基因狹窄化，而絕滅。

二、研究方法及過程

本研究計畫針對玉山國家公園山區內的塔塔加、關山、圓峰及秀姑巒山哺乳動物選擇鼠科動物內森鼠(*Apodemus semotus*)、高山白腹鼠(*Niviventer culturatus*)及高山田鼠(*Microtus kikuchii*)三物種，取其個體內的組織，抽取DNA分析後，利用粒腺體DNA (mitochondrial DNA, MtDNA) 控制區 (control region) 遺傳標記，比較不同高山地區族群間的遺傳變異。

三、重要發現

森鼠為各樣區內最具顯著性種，高山白腹次之，但在玉山圓峰及秀姑坪並未採獲，咸信這與高山白腹鼠以森林主要棲息地有關。高山田鼠在北大武山並未採獲；食蟲目動物則以長尾鼯為最顯著種。森鼠於各山系之親緣地性並未發現顯著地理分歧現象。白腹鼠就能高-關山-北大武山之三區形成等距之親緣關係。高山田鼠明顯呈現各山系形成獨立之支系，遺傳距離最遠為 4.6%、最近為 3.95%，各山系之族群間基因交流低。

四、主要建議事項

本研究之結果證實分佈海拔較高，如高山田鼠受到山脈阻隔效應相當明顯，台灣地區所謂高山島嶼 (mountain island) 棲地型完全成立。未來對高海拔生

物之保育應朝向避免切割，小族群分化之經營策略，尤其是玉山國家公園為台灣地區擁有最多山脈，即最多高山島嶼型的環境，如何減少人為干擾而降低高山島嶼棲地的形成之經營管理是值得重視的課題。

Abstract

Key words: Habitat islands, Conservation genetics, Small rodents

The island of Taiwan is located on the transition zone between Palaearctic and Oriental areas and connected the continent Asia during the geological epoch. In the topography of Taiwan, the high mountains with 3000m elevations have been constituted the specific ecosystems. The steep mountain ranges largely runs along the northeast-southwest longitudinal axis of the island. Many drainages have etched deeply through the mountainous terrains isolating the ridges, causing the formation of diverse habitats for mammals. However, the high mountain range and a number of deep valleys may have interrupted gene flows among conspecific geographical populations. Recently, the economic developments in the mountain areas in Taiwan also caused the habitat fragmentation. In order to conserve the biodiversity of mountain ecosystems in Taiwan, the information of the genetic differentiation among the conspecific isolating populations should be necessarily studied. Yusan National Park is famous throughout the world for its unique mountain habitat islands where occupied by two main mountain ranges of Taiwan, such as Central Mountain Range and Yusan Mountain Range. It provides the best study areas and materials for understanding the genetic structures of animals living in the habitat islands inside the park. Although the fauna intensive survey has been done surrounding the areas, none of the conservation genetics studies on the species of animals living in the habitat islands in Yusan National Park have been studied. The objectives of this study are: 1) to determine population genetic differentiation based on the control region of mtDNA data of small rodents, 2) to examine that whether the habitat islands constitute a geographical barriers for gene flow of small mammals in Yusan National Park, finally, 3) to provide the information for public conservation education and park planning. The results of this study show *Apodemus semotus* was the dominant species in all

trapping sites, including the Mts. Kan, Yuan, Shokulan and Tatachia area. The phylogeographic structure in the control region of mt DNA of *A. semotus*, *Niviventer culturatus* and *Microtus kikuchii* were analyzed. The phylogenetic trees are constructed by Neighbor-joining method. There were little phylogeographic patterning among the trapping localities of *A. semotus* and *N. culturatus*. However, the phylogenetic analysis of *M. kikuchii* revealed that the four lineages distinct separated. It may be concluded that the topography of the mountain ranges of Taiwan play the important role as a barrier against gene flow for the highland species. In future, the conservation strategy of Yusan National Park Service should be considered about the ecology of mountain-island habitats.

第一章 前言

第一節 研究緣起與背景

台灣的面積雖然不大，但地理位置特別，介於古北(Palaeartic)與東方(Orinetal)南北兩大生物地理區的交界處，在過去的地質歷史中，又曾多次和亞洲大陸相連。台灣的地形本複雜，中央山脈南北全長雖僅約 350 公里，卻擁有許多海拔高度在 3000 公尺以上的高山，因此擁有相當高歧異度的生物相。高山為台灣十分特殊的生態系，此生態系的生存環境，相對而言也較為嚴酷，劇烈的溫度變化，經常性的強風和強烈的紫外線照射等，形成較短暫的生物可活動期，考驗著生物生存適應的能力，這樣的環境是探討生物演化的良好場所。此外，由於棲息於各山系的生物族群，彼此間的交互作用也較為不易，所以在探討棲地島嶼化的保育研究中具有指標的功用。

從台灣的生物地理觀之，本島可分為高山及低地兩生物地理區，北方植物地理區及古北區的動物多分布於台灣的高海拔山區，目前已知這些北方區系的物種是在冰河南進時期播遷來台，當氣候變暖，冰河北退後，這些物種便只能侷限分布於台灣較高海拔地區，台灣的山椒魚、櫻花鉤吻鮭及高山小黃鼠狼皆是類似的代表性物種；而低海拔則多為熱帶地理區系的生物。雖然，台灣高海拔地區的環境對於許多在冰河期播遷而來的生物而言，是個避難所，但因山高、谷深的地域隔離而促成物種特化，使這些物種多半成為珍貴稀有種，一旦環境改變時，尤其是人為的干擾，常使得這些物種在應付環境變化的能力不足，而增高滅絕的危機，台灣櫻花鉤吻鮭即是一例。今日，生物多樣性的保存是國內外保育工作的重心所在，而台灣的山地生態體系是本土物種多樣性薈聚的熱點(hot spot)，且玉山國家公園位居於本土生物多樣性保育與研究的重要位置。國家公園成立後，在物種與棲地保育，已發揮實質之效力，但在遺傳保育的資料收集上卻仍顯貧乏。生物的遺傳多樣性是生物多樣性的三個組成部分之一，是物種和生態系統多樣性的重要基礎；而遺傳多樣性的豐富程度，又決定了物種對環境變化的適應能力與

演化的潛力。

玉山國家公園所處範圍涵蓋了中央山脈的心臟地帶（圖1），區內3000公尺以上的高山林立，谿壑深谷密佈，此等複雜的自然地理切割，塑造了島嶼化的棲地分佈，對於棲息於園區內的動物族群而言，必然導致了演化上深遠的影響，而極為值得深入探討因高山溪谷形成的棲地隔離，所導致遺傳結構變異的研究。

回顧過往玉山國家公園的保育研究計畫有關野生動物部分，大都以中、大型野生動物的分佈調查為主，對於小型哺乳動物的調查研究仍屬缺乏，更且，有關棲地島嶼化對野生動物族群遺傳結構影響的探討依然闕如。以保育的長久觀點而言，為保存園區內野生動物族群的長久續存，避免地域性小族群(*small local population*)因人為的干擾、隔離而導致族群內的遺傳歧異度下降，終至滅絕，探討族群間的遺傳變異情形成為必要的研究課題，國外有關道路對野生動物族群的影響，已有諸多研究可資參考 (Alexander and Waters 2000, Gerlach and Musolf 2000)，而本土的研究仍待開展。

小型哺乳類因散佈能力(*dispersal ability*)有限，更易於遭受棲地島嶼化的影響，使得棲息於各山系的族群間產生遺傳分化。因此，研究、比較園區內各山系間小型哺乳類的族群遺傳結構，將可瞭解一物種不同族群間受高山深谷之自然地理隔離所產生遺傳分化的程度，而掌握研究區內野生動物族群遺傳變異的現況，若研究中發現遺傳歧異度低的族群，探討造成該族群遺傳歧異度低落的原因為自然地理分隔，抑或人為干擾致使棲地破碎化所致，進而提供園區長遠經營管理的參考依據。

第二節 研究目的

本研究計畫針對玉山國家公園山區內的哺乳動物選擇鼠科動物內森鼠 (*Apodemus semotus*)、高山白腹鼠(*Niviventer culturatus*)及高山田鼠 (*Microtus kikuchii*)三物種，取其個體內的組織，抽取DNA分析後，利用粒腺體

DNA (mitochondrial DNA, MtDNA) 內控制區 (control region) 部份遺傳標記，比較不同高山地區彼此間的遺傳變異。本研究成果將可瞭解不同山脈同一種動物之遺傳組成，提供國家公園進行降低棲地島嶼化效應之保育規劃和教育上的參考，使生活於山區之動物避免族群基因狹窄化而絕滅。

第二章 研究方法及過程

本計畫主要工作內容可區分為野外調查、遺傳變異、資料分析三大部分。

第一節 野外研究

1. 樣區設置

在園區內選擇不同山系的適當棲地類型，設置捕捉樣區（圖 2 至圖 7）。玉山國家公園園區內捕捉樣區的包括有：

A. 塔塔加：

塔塔加位於台灣中部新中橫公路的最高點，行政區屬於南投和嘉義兩縣分界嶺線；地目編定目為國有林，分屬台大實驗林和社營林區和嘉義林區管理處阿里山林區，民國七十四年劃入玉山國家公園轄區範圍。鄰近東埔山和鹿林山原始森林開始於 1939～1942 年砍伐，至 1955 年東埔山含塔塔加地區林木均已砍伐殆盡，殘存原始森林有：雲杉林及鐵杉林，現存台灣二葉松於 1968 年變更林相所植，三森林個別面積約為 40～50 公頃。因伐木開發淋到有楠梓仙溪林道、玉山林道，及觀光交通所開闢之新中橫公路。兩次森林大火發生於 1963 及 1993 年，造成森林與玉山箭竹、高山芒草原相接的森林邊際。

B. 關山：

關山海拔 3666 公尺，為南台首嶽，遠觀呈金字塔型，氣勢磅礴，尤其圍繞主峰四周之支稜與山峰均較其矮上一截，亦顯得出類拔萃。主峰頂成南北走向之峽瘦脊，布滿著低矮箭竹，峰頂附近山坡避風處則佈滿著冷杉林；關山周圍乃保原始狀態。

C. 圓峰：

圓峰山屋位於玉山主峰南脊樑 3752 公尺的圓峰東側凹地上。

D. 秀姑巒山：

秀姑巒山海拔 3860 公尺，是僅次於玉山和雪山的台灣第三高山，也是中央山脈的最高峰。秀姑巒山峰頂周圍林相完整，依海拔的升高，台灣杉、雲杉、

冷杉、森氏杜鵑、玉山圓柏、玉山箭竹等依次出現，尤其在山凹避風之谷地有一片玉山圓柏的喬木林是為罕見之植物景觀，迎風處則多為玉山箭竹被覆。

為比對基因交流與地理距離關係，在園區外亦設立捕捉樣區，即

A. 能高：

能高山樣區，主要於天池山莊附近，穩天池之登山步道沿途，天池周圍以及天池往南華山步道沿途。海拔高度從天池山莊的 2860 公尺到 3080 公尺左右，植被主要為矮箭竹草坡與鐵杉，二葉松為主。

B. 北大武山：

中央山脈主脊在卑南主山後，脊樑陷落 500~1100 公尺，呈起伏曲折蜿蜒達 70 餘公里，才又隆起標高 3092 的北大武山。樣區主要以檜谷山莊為起點，沿登山步道往北大武山頂沿途放置陷阱，海拔高度約為 2150~2400m 左右。

2. 活體捕捉與組織取樣

在各選定樣區，設置薛氏活體捕捉陷阱(Sherman's live trap)。記錄捕獲個體之物種、性別、生殖狀況，量測體重、體長等形質特徵，採取少量體表組織（耳或腳趾）後，原地釋放捕獲的個體，以儘量降低對野生動物的傷害。採取的組織保存於 100%乙醇中。

第二節 遺傳變異

1. DNA 萃取與分子標記

粒線體 DNA 為雙股的環狀分子，為母系遺傳，因此可將其視為一單套分子 (simple haploid molecule)，不受遺傳重組之影響。哺乳類動物的粒線體 DNA 大小約為 16~18 kb。由於粒線體 DNA 的修補機制 (repair mechanism) 不完善 (Gray, 1989)，其平均演化速率為核基因體的 10~15 倍。而其中的控制區域 (control region) 的位置介於 phenylalanine tRNA ($tRNA^{Phe}$) 與 proline tRNA ($tRNA^{Pro}$) 之

間，是粒線體 DNA 在複製及轉錄時主要的調控區域。控制區域為一 non-coding region，容易累積變異，為粒線體 DNA 中演化最快、最多變異的部分，故為一理想的遺傳標記(genetic marker)，適合用於研究相近物種間或同種內族群間之親緣關係研究(Baker, 2000)。所採集的標本分別在野外或攜回實驗室進行解剖取得肌肉組織及肝臟，保存於-80℃至-30℃的冰箱或直接保存於 95 %的酒精中，以 Phenol/chloroform method 萃取 genomic DNA。

2. 聚合酶鏈反應(Polymerase Chain Reaction)

萃取得標本之 genomic DNA 後，利用 PCR 增幅粒線體 DNA 的控制區域片段。所使用的引子(Oshida *et al.*, 2001)分別為：

L15933: (forward)

5' -CTCTGGTCTTGTAACCAAAAATG-3'

H637: (reverse)

5' -AGGACCAAACCTTTGTGTTTATG-3'

在實驗過程中為了取得控制區域靠近 3' 端的重複序列，且設計了一內切引子(internal primer) CES1，其序列如下：

5' -CGGCACATACCCCATTCAGTG-3'。

引子黏合在控制區域模版的相對位置如圖 8 所示。DNA 聚合酶鏈鎖反應液的總體積為 50 μ l，其中含有 0.24 μ l 的聚合酶 (*Taq* polymerase)，1 μ l genomic DNA 萃取液，5 μ l 的 10 倍緩衝液 (PCR buffer)，一對分別含 L15933 及 H637 引子的 25mM 溶液各 0.5 μ l，各為 2.5mM 的 dATP、dGTP、dCTP、dTTP 的 dNTP 混合溶液 4 μ l，及滅過菌的一次蒸餾水 38.76 μ l。

使用的 program 如下：Denature 94℃ 1 分鐘，Annealing 54℃、1 分鐘，Extension 72℃ 2 分鐘，進行 35 個循環。保存在 4℃ 的冰箱中。

3. 電泳

取 PCR 增幅產物，利用 1 % 洋菜膠片(Agarose gel)，0.5× TAE buffer，以 100 伏特電壓進行電泳約 25 分鐘，再以溴化乙啶螢光染色劑(EtBr)染色，於紫外光燈下拍照並分析其片段長度及濃度。最後將 PCR 增幅產物以進行定序。

第三節 資料分析

取得定序結果後，利用 Neighbor-Joining method (Saitou and Nei, 1987)進行序列親緣關係的分析。

以此量化資料為基礎，進行 AMOVA(analysis of molecular variance)統計分析或計算各族群的遺傳歧異度，比較族群內、族群間的遺傳結構差異顯著與否 (Hoole et al. 1999, Bouzat 2001, Vucetich et al. 2001)。另可計算 Nei's 最小遺傳距離矩陣(Nei's minimum genetic distance)，以 UPGMA (unweighted pair-wise grouping method with arithmetic mean)或neighbor joining 集群分析(cluster analysis)比較族群間遺傳結構差異的關係；另以 GIS 輔助分析族群間的空間關係；最後，綜合分析、比對族群間遺傳結構與空間的關係(Ritchie et al. 2001, Vucetich et al. 2001)，以解釋研究區域內地形隔離所塑造的棲地島嶼化效應對小型哺乳動物族群遺傳影響。

第三章 重要發現

第一節 採集結果

本調查共進行五次野外調查，另加上持續每兩個月在塔塔加地區之小型哺乳類監測工作，所有 DNA 定序標本乃來自於上述六個地區。所有採集地區之採集結果皆以森鼠最具顯著性種（表 1），高山白腹次之，但在玉山圓峰及秀姑坪並未採獲，咸信這與高山白腹鼠以森林主要棲息地有關，而上述兩地點之棲地條件為圓柏灌叢。高山田鼠在北大武山並未採獲，本區有關本種之紀錄並不完整，是否存在尚待進一步求證。食蟲目動物則以長尾鼩為最顯著種，另外食肉目動物僅在玉山圓峰及秀姑坪各採獲一隻。其中森鼠、高山田鼠及高山田鼠三物種外部之值見（表 2-4）。

第二節 定序個體

森鼠取能高山等六地標本共 19 隻個體進行定序工作（表 5），高山田鼠則取能高山等 4 地區標本共 15 隻個體進行定序工作，高山白腹則取能高山等三地共 11 隻標本進行定序。

第三節 親緣關係樹

1. 台灣森鼠

以鄰近相連法(Neighbor-joining)所做出之森鼠在各地之 MtDNA 控制區域(control region)的序列並無分區表現(圖 9)，各地之遺傳距離也都保持在 0.91 至 1.30%（表 6），由於本種採集樣點較多，因此就本種之分佈隨地理遠近，發現其遺傳距離呈現拉大之正相關（圖 10）。

2. 高山白腹鼠

高山白腹鼠在三個地區之親緣關係樹出現關山與能高山一群，關山又與北大

武山一群（圖 11），似乎呈現關山之族群遺傳基因介於南北大武山與北能高山之相混和，其兩之遺傳距離為 2.04-2.35%（表 7）。

3. 高山田鼠

本種在四個採集區之 DNA 序列，明顯分出四群，各群的 bootstrap 值可信度皆高（圖 12）。從兩個地域的遺傳距離而言，由 3.0.%至 4.8.%（表 8），顯示高山田鼠在各山系間已形成基因分化現象。合歡山與能高山之間距離較近，形成另一群，而塔塔加與關山則亦屬於另一群系，就此四區之地理距離位置而言，亦是如此。

4. 三種小型鼠類之平均遺傳距離

就表 9 中，發現高山田鼠之遺傳距離最大，白腹鼠次之，台灣森鼠最小。若以三種鼠類之分佈高度而言，即海拔分佈範圍叫窄為高山田鼠，其次白腹鼠，森鼠為最寬。而其遺傳距離呈現到三角形，整個結果乃吻合山脈阻隔與海拔範圍之關係。

第四章 結論與建議

第一節 群聚特性

1. 高山白腹鼠的棲地特性以森林環境為主，在接近各山頂因缺乏森林棲地之條件，如玉山圓峰及秀姑坪，未捕獲到白腹鼠。
2. 在各山頂屬於圓柏及灌叢環境，森鼠和長尾鼯為最顯著種類。
3. 高山田鼠雖其分佈海拔高度比其他物種較高，但受箭竹草原棲地限制，南部北大武山調查區並未（海拔 2000 公尺）發現。

第二節 遺傳多樣性

就粒腺體 DNA 控制區之序列分析結果，台灣高山田鼠在本研究院之樣區皆呈現獨立分群現象，遺傳距離平均在 4% 以上，在玉山國家公園園區內的塔塔加與關山的族群亦是。Oshida et al. (2001) 曾對日本各地間飛鼠之遺傳距離進行分析，同樣使用 MtDNA 的控制區為標定分子，發現日本飛鼠亞種間之遺傳距離亦皆在 4% 左右。由於台灣高山田鼠之主要分佈為 2500 公尺以上，因此各峰之高山田鼠之基因機會相對受到山脈阻隔影響較大，嚴格說來，各地之田鼠族群正朝向亞種分化之地位前進，從四個地區之粒腺體 DNA 序列，計算出單倍基因型

（haplotype）及其多樣指數，核甘酸多樣性及基因分化指數（表 10），很明顯看出各地之間 F_{st} 相當高，通常 F_{st} 值大於 0.25 即屬於高度遺傳分化。另外，從基因交流係數（ N_m ）來看，皆低於 0.25 顯示各地彼此交流機會很低。另一方面，台灣森鼠則應分佈於 1200 至 3800 公尺，因此各山區之森鼠遺傳交流機會為較大且可能，本研究亦證實各山區森鼠的基因分化不明顯。白腹鼠目前所分析之族群數較少，但就能高關山北大武山之三區所形成之親緣關係，玉山國家公園內之關山則介於中間，形成南北兩族群間的交流帶。

第三節 建議

已知台灣特有種生物都分佈於高山地區，如此隔離的機制過去僅就台灣與鄰近地區相似物種進行比較。這些年來已有多數研究使用分子技術就台灣山區之各地族群進行遺傳結構分析，但仍甚少針對高海拔型的物種進行分析。本研究之結果證實分佈海拔較高，如高山田鼠受到山脈阻隔效應相當明顯，台灣地區所謂高山田鼠（mountain island）分佈型已完全成立，亞種分化地位值得深入探討。

未來研究與保育計畫規劃

小型哺乳類是構成陸地生態系內多樣性的角色，這可由牠們物種的組成、生活型和在群聚的功能所表現出。小型哺乳類在生態系的食物鏈中扮演生產者（植物）及初級消費者（無脊椎動物），與高級消費者（蛇類、猛禽及食肉動物）之間的能量與物質傳遞角色，而且小型哺乳類動物族群數量常因環境變動而有所波動，進而影響食物鏈中其營他養層（*trophic levels*）之生物拓殖（*colonization*）與滅絕（*extinction*）。因此未來研究於生物多樣性的架構中，便是要探討玉山國家公園內塔塔加地區小型哺乳類群聚型（*community pattern*）於時空尺度（*temporal & spatial scales*）的變化，尤其是受到人為干擾的環境變遷。此計畫主要目的即調查及監測玉山地區不同人為干擾梯度類的小型哺乳類之群聚生態，並經由各種類的族群動態，種間交互作用及其對棲地之需求，了解小型哺乳類在時間軸（族群變化等）與空間軸（棲地環境）之關係來探討台灣高山生態系之變遷。

未來對高海拔生物之保育應朝向避免切割，小族群分化之經營策略（圖 13），尤其是玉山國家公園為台灣地區擁有最多山脈，即最多高山島嶼的環境，如何減少人為干擾而降低高山島嶼的形成之經營管理是值得重視的課題。

第五章 參考文獻

- 阿部永. 2000. 日本產哺乳類頭骨圖說. 北海道大學圖書刊行會. 札幌市, 日本.
- 徐克學. 1996. 主成分分析. Pages 147-165 *in* 生物分類: 數量分類學. 水產出版社. 基隆市, 台灣.
- 堀川安市. 1929. 台灣哺乳類調查資料(3). 台灣博物學會會報 19(103):357-363.
- 陳耀茂. 1999. 主成分分析. Pages 159-200 *in* 多變量解析方法與應用. 五南圖書出版公司. 台北市, 台灣.
- Abe, H. 1991. Chapter 1. Pages 3-24 *in* Kusano, T., H. Mori, and I. Nobuyoshi editors. Laboratory and field experiments for applied zoology. Johoku Press, Japan.
- Alexander, S. M., and N. M. Waters. 2000. The effects of highway transportation corridors on wildlife: a case study of Banff National Park. Transportation Research Part C 8:307-320.
- Bonhote, J. L. 1901. On the squirrels of the *Sciurus erythraeus* group. Annual Magazine of Natural History 8:160-167.
- Bouzat, J. L. 2001. The population genetic structure of the Greater Rhea (*Rhea americana*) in an agricultural landscape. Biological Conservation 99:277-284.
- Castro-Campillo, A., H. R. Roberts, D. J. Schmidly, and R. D. Bradley. 1999. Systematic status of *Peromyscus boylii ambiguus* based on morphologic and molecular data. Journal of Mammalogy 80(4):1214-1231.
- Chen, S. L., H. Ota., and T. Hikida. 2001. Geographic variation in the two smooth skinks, *Scincella boettgeri* and *S. formosensis* (Squamata:

- Scincidae), in the subtropical east Asian islands. *Zoological Science* **18**:115-130.
- Corbet, G. B., and J. E. Hill. 1992. The mammals of the Indo Malayan region: A systematic review. Oxford University Press, New York, New York, USA.
- Díaz, M. M., R. M. Barquez, J. K. Braun, and M. A. Mares. 1999. A new species of *Akodon* (Muridae: Sigmodontinae) from northwestern Argentina. *Journal of Mammalogy* **80**(3):786-798.
- Dowling, T. E., C. Moritz, J. D. Palmer, and L. H. Riesberg. 1996. Nucleic acids III: analysis of fragments and restriction sites. Pages 249-320 *in* D. M. Hillis, C. Moritz, and B. K. Mable, editors. *Molecular Systematics*. Sinauer Associates, Inc., Massachusetts.
- Ellerman, J. R., and T. C. S. Morrison-Scott. 1951. Checklist of Palaearctic and Indian mammals 1758 to 1946. Trustees of the British Museum (Natural History), London, UK.
- Jones, G. S., F. L. Huang, and T. Y. Chang. 1969. A checklist and the vernacular names of Taiwan mammals (Excluding Sirenia, Pinnipedia, and Cetacea): A review of the literature. *Chinese Journal of Microbiology* **2**:47-65.
- Gerlach, G., and K. Musolf. 2000. Fragmentation of landscape as a cause for genetic subdivision in bank vole. *Conservation Biology* **14**:1066-1074.
- Jones, G. S., L. B. Lim, and J. H. Cross. 1971. Review, a key to the mammals of Taiwan. *Chinese Journal of Microbiology* **4**:267-278.
- Grossberg, R. K., D. R. Levitan, and B. B. Cameron. 1996. Characterization of genetic structure and genealogies using RAPD-PCR markers: a random primer for the novice and nervous. Pages 67-100 *in* J. D. Ferraris and S. R. Palumbi, editors. *Molecular Zoology: Advances, Strategies, and Protocols*. Wiley-Liss, Inc., New York, USA.

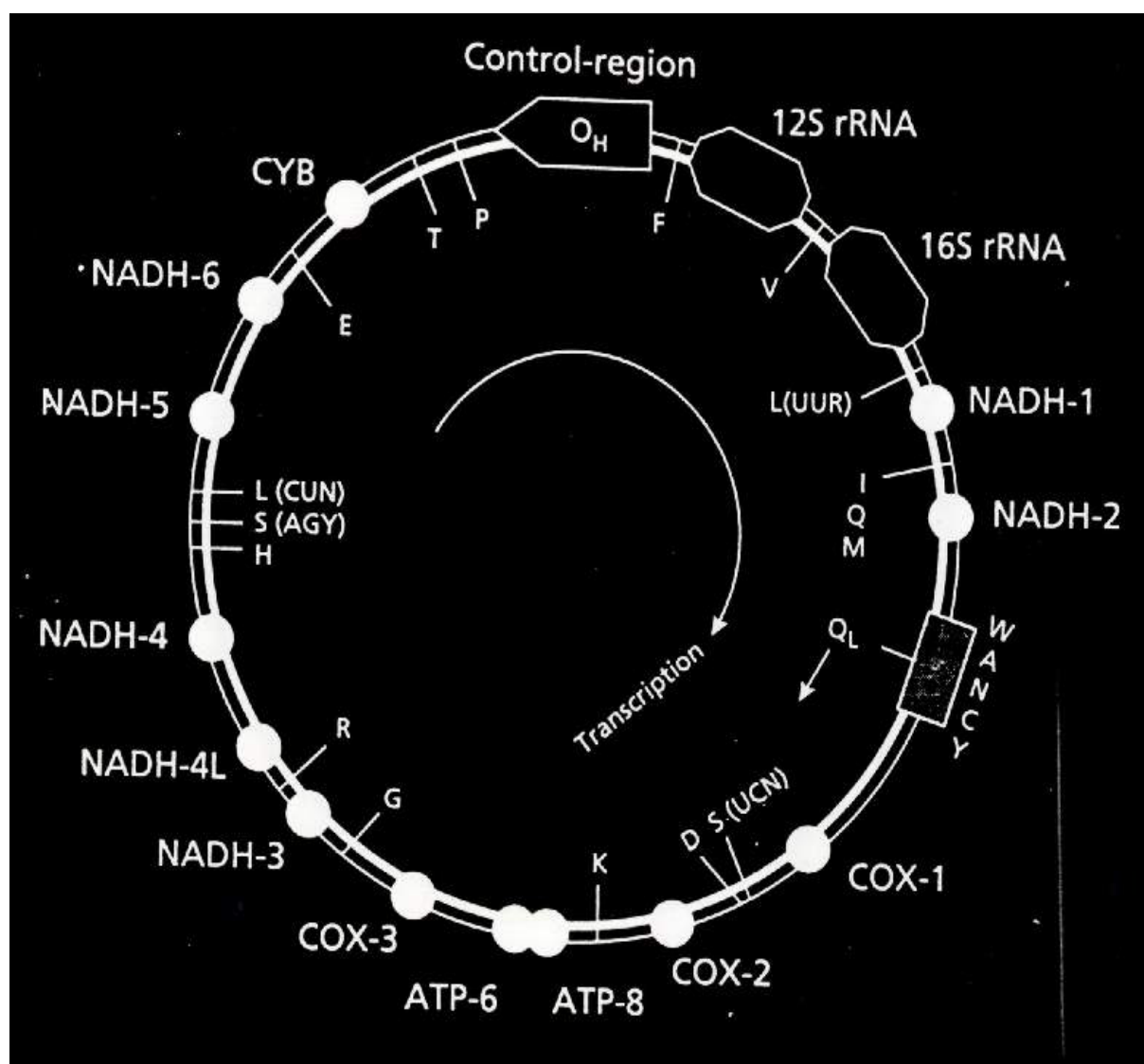
- Hoole, J. C., D. A. Joyce, and A. S. Pullin. 1999. Estimates of gene flow between populations of the swallowtail butterfly, *Papilio machaon* in Broadland, UK and implications for conservation. *Biological Conservation* **89**:293-299.
- Kuroda, N. 1935. Formosan mammals preserved in the collection of Marquis Yamashina. *Journal of Mammalogy* **16**(4):277-291.
- Legendre, P., and L. Legendre. 1998. Ordination in reduced space: principal component analysis. *in* Pages 387-424. Elsevier Science B. V., Amsterdam, The Netherlands.
- Oshida, T., K. Ikeda, K. Yamada, and R. Masuda. 2001. Phylogeography of the Japanese giant flying squirrel, *Petaurista leucogenys*, based on mitochondrial DNA control region sequences. *Zoological Science* **18**:107-114.
- Pan, R., Y. Peng, and Z. Ye. 1991. Utilization of principal components analysis in classification of animals. *Acta Teriologica Sinica* **11**(3):194-199. (in Chinese with English abstract).
- Ritchie, M. G., D. M. Kidd, and J. M. Gleason. 2001. Mitochondrial DNA variation and GIS analysis confirm a secondary origin of geographical variation in the bushcricket *Ephippiger ephippiger* (Orthoptera: Tettigonioidae), and resurrect two subspecies. *Molecular ecology* **10**:603-611.
- Taberlet, P. 1996. The use of mitochondrial DNA control region sequencing in conservation genetics. Pages 125-142 *in* T. B. Smith and R. K. Wayne, editors. *Molecular genetic approaches in conservation*. Oxford University Press, New York, New York, USA.
- Vucetich, L. M., J. A. Vucetich, C. P. Joshi, T. A. Waite, and R. O. Peterson. 2001. Genetic (RAPD) diversity in *Peromyscus maniculatus* populations in a naturally fragmented landscape. *Molecular ecology*

10:35-40.

- Wilson, D. E., and D. M. Reeder. 1992. Family: Sciuridae. Pages 421-422.
in Mammal species of the world: A taxonomic and geographic reference.
Smithsonian Institution Press, Washington and London.
- Yu, M. J. 1996. Rodentia: Sciuridae. Page 123 *in* M. J. Yu, editor.
Checklist of vertebrates of Taiwan. Tunghai University Press,
Taichung, Taiwan, ROC.

附 錄

1. 分子材料介紹
 - A.結構
 - B.特性
 - C.粒線體 DNA 控制區域位置
 - D.PCR 增幅反應
2. 研究材料介紹
 - A.台灣森鼠
 - B.高山白腹鼠
 - C.高山田鼠
3. 台灣陸生哺乳動物多樣性與保育

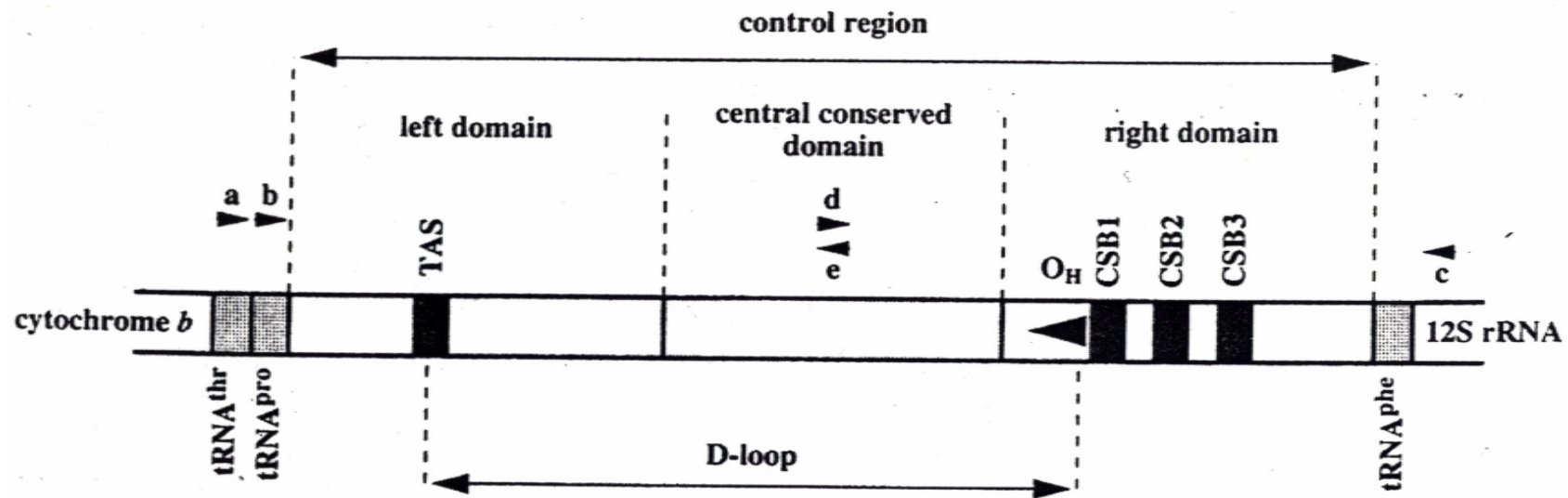


粒線體 DNA 結構

粒線體 DNA 的特性

1. 沒有重組，透過母系遺傳
2. 目前動物基因中研究最多
3. 粒線體基因體研究透澈
4. 環狀、雙螺旋 DNA 鏈，約 15,000~20,000bp 鹽基
5. 13 蛋白質轉錄基因，22 tRNA 基因，2 rRNA 基因和控制區(control region)。
6. 演化速率比核基因快 5~10 倍。

The Mitochondrial DNA Control Region



PCR 增幅反應

ddH₂O 39.3 μ l

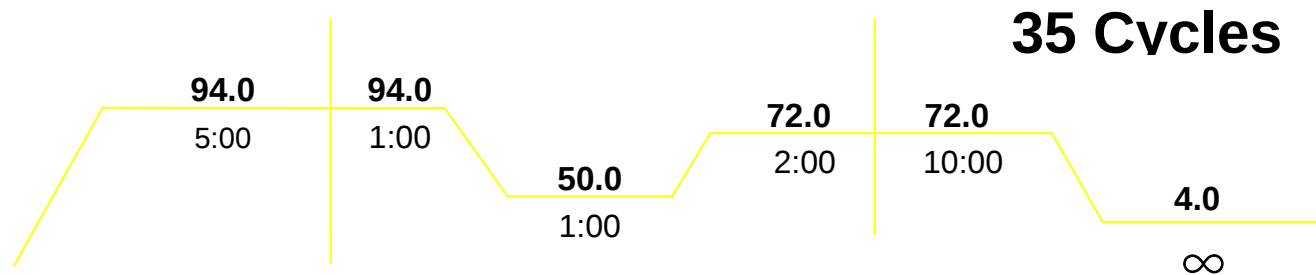
10X PCR buffer 5 μ l

dNTP 4 μ l

template DNA (100ng / μ l) 0.5 μ l

primer 1 (25 pmol / μ l) 0.5 μ l

Total 50.0 μ l
primer 2 (25 pmol / μ l) 0.5 μ l



(Oshida *et al.*, 2001)

研究材料介紹

高山田鼠又名菊池式田鼠(Kikuchis vole)，屬倉鼠科，為廣泛分布於新、舊大陸的近 50 種 *Microtus* 中，在北半球分佈最南方的種類，其為爭議最少的台灣特有種，學名稱為 *Microtus kikuchii*。高山田鼠僅見於海拔高度在 2,500 公尺以上特殊棲地，例如在合歡山區的箭竹草原，高山田鼠即為優勢種之一，其善於運用箭竹草原上的岩石洞穴作為巢穴，以草本植物之葉、莖、根等為食物來源，尤喜嗜嫩芽。



高山白腹鼠(*Niviventer culturatus*)頭軀幹長 12~18 公分，尾長 14~22 公分，目大突出，鬚多而長，體背黑色，毛質柔密，腹部為白色柔細短毛；尾較身體長，環節明顯，上部灰黑色，下部白色，末段有一截為白色。分佈於中、高海拔山區，棲息地包括草生地、荒廢地、闊葉林、混生林等。夜間活動，雜食性，喜食植物之嫩葉、芽或地下莖等。



台灣森鼠(*Apodemus semotus*) 在分類學上，屬於鼠科姬鼠屬的十三種動物之一，是本土最優勢高山鼠類，其為雜食性，體型大小與家鼠(*Mus spp.*)相似，棲地廣分佈於不同海拔、地型與植北被，海拔 1,500 公尺以上的森林即可見其蹤跡。



台灣陸生哺乳動物多樣性與保育

Mammal Diversity and Conservation in Taiwan

台灣是個大陸性島嶼，離大陸福建省最近的距離約為 130 公里，面積並不大，僅 36,000 平方公里，但因造山運動的關係，台灣中央部分隆起形成所謂高山島的特殊地形，即三千公尺以上的高山雖達百座之多，但面積卻只佔 0.9%而已。如此海拔高度垂直的變化，形成了不同的氣候帶(陳國祥,1993)，也提供了棲地多樣性的條件，以森林植被言，在中部地區即可分為六大植群帶(蘇鴻傑,1989)，相對而言亦提供動物多樣性物種可棲息的棲地。生物多樣性是當今保育的重要課題，而了解一地區之生物多樣性，通常亦先從該地區的生物相的種類豐富度(species richness)，特有性(endemism)和瀕危性(endangerment)探討著手(World Conservation Monitoring Centre, 1992)。哺乳動物為最適合此項討論的物種，其原因不外有三，即此類動物之分類地位與分布資料通常較為清楚，其次是哺乳動物與人類的關係密切，從過去屬於資源利用的單純經濟對象，到今保育和經營管理主要政策擬定的角色，最後是哺乳動物之絕滅情形明顯，不論是人類對其特別的情感，或其在生態系所扮演的地位，皆有相當突出的衝擊影響。

自 Swinhoe (1862)發表「On the mammals of Formosa」一文後，台灣哺乳類開始有了符合當代生物學命名原則的分類學研究，此文共列了 20 種台灣哺乳動物，惟所描述的種類大部份是屬於中大型的食肉目及偶蹄目動物。Swinhoe (1870)第二篇有關台灣哺乳類的記述一文，已增加成 36 種，其中包括了 13 種的鼠類等小型哺乳動物描述。雖然日人於 1895 年佔領台灣，但此後 20 年間台灣哺乳動物的分類研究仍為歐洲學者所作，其中英人 Oldfield Thomas 利用他人在台的採集而藏於大英博物館的台灣哺乳類標本，鑑定出長尾鼬、細尾長尾鼬、黃鼠狼、野兔、白面鼯鼠、長吻松鼠、森鼠、高山白腹鼠等 8 種類(1907;1908;1913a;1913b)，大致上於 1915 年左右，整個台灣哺乳動物種數已累積至 47 種(Aoki, 1913)。1920 年起，日人學者開始針對台灣的哺乳類進行採集、鑑定、分類與生態等廣泛性的研究，直至 1945 年日本戰敗止，此段期間主要發現了高山田鼠、月鼠、短尾鼬、

蘭嶼小麝鼯和台灣葉鼻蝠、無尾葉鼻蝠、寬吻鼠耳蝠、管鼻蝠、堀川氏棕蝠等共 5 種新種蝙蝠的記錄，因此整個台灣陸生哺乳動物種數累積共 66 種之多(Kuroda, 1952)。戰後，台灣陸生哺乳動物的研究幾陷停頓，直到 1960 年後，服務於美國海軍醫院在台第二研究單位的 Gwilym Jones 發表了 2 種新記錄種的蝙蝠和水鼯，並重新整理麝鼯屬(*Crocidura*)的分類，整個哺乳動物種數達 70 種之多。林良恭(1982)重新整理台灣陸生哺乳動物的文獻後，列出 61 種，刪除了不確定記錄的種類，如雙色葉鼻蝠，小麝鼯、細尾長尾鼯、歐洲家蝠、台中家蝠、皺鼻蝠、野貓、白胸鼯鼠和另一摺翅蝠亞種，並將赤腹松鼠由 2 種合併為 1 種。1990 年後，台灣哺乳類之分類研究又有了新的發展，日人 Yoshiyuki (1991)在中部山區發現台灣兔耳蝠，和鄭錫奇(1994)重新確認皺鼻蝠確實存在。接著三、四年間隨著許多研究人員的努力，又陸續發現台灣 7 種新種的哺乳動物：台灣寬耳蝠、高山鼠耳蝠、高山管鼻蝠、黃喉家蝠、彩蝠、高山家蝠及台灣高山小黃鼠狼，並重新確定一昔日與台灣長尾鼯誤認為同一種的細尾長尾鼯(Motokawa et al., 1997)；而 Fang et al. (1997)亦重新分類釐定三種麝鼯屬(*Crocidura*)鼯鼠，使得台灣陸生哺乳動物的種數達到近 79 種之多。

台灣陸生哺乳動中平均每屬含 1.33 種，而以食蟲目中為最高，平均每屬內含 1.50 種，其次齧齒目和翼手目，最低為單屬單種的靈長目、兔形目與鱗甲目。由於同屬內之物種若生活在同一類型棲地，則勢必導致競爭，在台灣，這些同屬的物種則趨向於以海拔高度來作棲地分隔(habitat segregation)(林良恭等, 1987；Yu, 1994)，屬於飛行的翼手目在此項區隔應較不明顯，但可卻見於食蟲目的麝鼯屬(*Crocidura*)和齧齒目中的姬鼠屬(*Apodemus*)，白腹屬(*Niviventer*)及鼯鼠屬(*Petaurista*)等屬之種類。就物種數與面積之關係，乃是島嶼生態學理論發展的基礎，更是依此項理論作為預測的基本模式。Eisenberg (1983)整理出哺乳動物種數與面積之線性迴歸關係，依不分區域面積的關係方程式計算台灣陸生哺乳動物種應為 86 種，而目前調查已知的實際值為 79 種，占期望值的 95 %；若以屬於熱帶區域的面積公式來計算則應為 85 種；但以熱帶性大陸性島嶼來計算卻僅為 27 種，實際的物種數近 300%倍於期望的物種數。如此似矛盾的情形，反應出台灣雖是個島嶼，但又不是真正的島嶼，主要是與大陸完全隔離的地質年代，受冰

河期的海進海退關係，時而分離時而結合(參考林朝榮等, 1984)，且台灣的動物來源不但包括古北區系的北方型物種，亦有來自喜馬拉雅山區系和中國南方區系，來源面廣(林俊義等, 1983)。整體而言，台灣陸生哺乳動物的種數多樣性完全屬於島嶼的性質並不是很吻合。

當年雨量超過 1000 公釐時的地區，以棲地異質性(habitat heterogeneity)的因子來預測可能存在哺乳類動物種數為較佳 (Kerr & Packer, 1997)。這些地區稱為高能量地區(high-energy regions)，即資源豐富可允許多種生物共存。台灣地區平均年雨量為約 2500 公釐，且山區多於平地，應可適合 Kerr & Packer 的預測模式。由於一地區海拔高度變化與棲地異質性呈相關，林良恭(1995)和戴永禎(1997)曾就林務局所轄管之國有林自然保護區之哺乳動物分布，初步探討過海拔高度落差與物種數豐富度的關係，依林良恭(1995)所列公式: $y=10.02 + 0.006 x$, 和戴永禎(1997)所列 $y=9.15 + 0.0061 x$, 其中 y = 物種數; x =海拔落差分別計算，哺乳動物種數分別為 33 及 34 種。因國有林自然保護區哺乳動物調查的原始資料皆較缺乏食蟲目(9 種)與蝙蝠類(24 種)等小型哺乳動物物種，前者種類可能與捕捉器型式有關，後者則因飛行關係不易獲得標本之故，以中大型物種而言台灣哺乳動物種類可說以達飽和。

大抵上，台灣的時空環境尺度(temporal & spatial scales)所能提供棲息的陸生哺乳動物種數應已達平衡狀況。未來除了人為引進的外來種(exotic species)外，若尚有隱藏未發現的種，應是屬於因台灣高山山脈阻隔而逐漸分化的區域族群，如黑腹絨鼠(Lin & Harada, unpublished data)及高山田鼠(見本報告)。或是目前從平地分布至高山屬於垂直分布廣的物種，而高山地區的個體可能另屬於其他種，因標本缺乏或不足尚未能作精密的比對鑑定，如高山鼯鼠(參考 Kano, 1940)。台灣陸生哺乳動物之特有種比例以翼手目為最高，達 54%，全部平均為 35%，與日本地區的 36%(105 種中 38 種)差距並不大。不過這些數字未來會因分類學深入的探討後而有所改變，尤其在分子系統方面的研究，如台灣高山地區常見的白面鼯鼠過去一直被認為是屬於分布於中國大陸 *Icthyophaga* 的一個亞種，但透過粒線體 DNA 的分析，台灣的白面鼯鼠應是獨立成一個種 (Oshida et al., 2000)。

近代台灣陸生哺乳動物於野外絕滅的物種，證據確鑿僅有梅花鹿 1 種，不過該動物卻因鹿茸的經濟價值，自清代起即有被人飼養的個體存在。另有似暹羅鹿之頭骨記錄(堀川, 1932)，但未有進一步的考證。雖國內野生動物保育法於 1989 年所公告哺乳動物保育類的動物名錄，各物種其瀕危程度的真實性多少仍存有質疑，但就這些優先需保護物種的現狀等級乃歸納為 (1)中大型物種或食物鏈高階的物種優先，(2)島嶼性或已知其族群分布呈現狹窄的物種優先，及(3)經濟價值高但人為狩獵濫用之物種優先等三大類型。其中屬於第一型有黑熊、雲豹、石虎、棕囊貓、麝香貓等 5 種；第二類型有狐蝠、水獺、黃喉貂等 3 種；第三類型有獼猴、穿山甲、白鼻心、水鹿、山羌及山羊等 6 種。整個保育類物種，佔陸生哺乳類物種數中的 20%，遠高於世界哺乳動物中瀕臨與受威脅物種的 14% 比例 (Ceballos & Brown, 1995)。在這 14 種受到法令嚴格保護的物種，僅獼猴與山羊為台灣特有種，佔 14%，而屬於特有種比例高的食蟲目及翼手目卻只有狐蝠被列入，這不代表上述二類動物的危機度不嚴重，如翼手目蝙蝠類，過去台灣地區許多蝙蝠洞遭受人為騷擾而蝙蝠棄棲的情形是相當普遍的。在台灣已設立之自然保護區，或自然保留區及國家公園內之哺乳類物種分布的調查並未相當完全，並未有任何單一的保護區或國家公園可涵蓋台灣所有的陸生哺乳動物種類，而且目前亦未針對某一類的哺乳動物劃出特定的保護區。就 1992 年的資料在台灣地區五個國家公園中，玉山、太魯閣及雪霸三個高山型之國家公園，其哺乳類動物種數分別為 34、31 及 32。而屬於平地型、近都會型之墾丁與陽明山國家公園僅為 15 及 14 種。以海拔落差與物種數之關係公式計算(參考林良恭, 1995 和戴永禎, 1997)，五個國家公園內哺乳類動物種數分別是墾丁為 12.4、11.6;陽明山為 15.5、14.8;玉山為 31.9、31.4;太魯閣為 32.2、31.7 及雪霸為 27.3、26.8。雖實際值與海拔落差與物種數關係公式所得的預測值差距不大，但亦顯示國家公園內哺乳類動物調查的資料也皆缺乏食蟲目(9 種)與蝙蝠類(24 種)等小型哺乳動物的物種。另外，五個國家公園內哺乳類動物種數與各國家公園中生態保護區的面積相關。基本上從動物分布的名錄來看，三個高山型國家公園分布種類的同質性高，平地型、近都會型的分布種類亦相近。14 種受到法令嚴格保護的哺乳動物物種在保護區與國家公園之分布與族群量等基礎生態資料不足，反而很難評析彼此間的瀕危度差異及保育優先等級的劃分。台灣面積不大，但卻擁有 79 種的陸

生哺乳動物種數，以單位面積來計算，高達 21.7 種，遠大於日本的 2.80 (川道, 1999)。其特殊物種豐富度現象應歸諸於台灣之山地(海拔高度高過 500 公尺)面積佔了 45%，高度變化提供了多樣的氣候區與植群帶，也使得動物種類豐富度增加。但近代以來，台灣原生環境逐漸消失，日據時代台灣林地面積由 1922 年至 1942 年減少了 1977 平方公里，而自 1968 年至 1992 年止天然林之面積又減少了 1254 平方公里(林國銓, 1993)，總計由 1922 年起台灣原生森林面積至少減少了 4000 平方公里，雖 1992 年止之人造林面積亦達有 2568 平方公里之多。若以減少的面積量去計算屬於一般的島嶼地區但為非飛行的哺乳動物物種數(參考 Eisenberg, 1983)，其公式為 $y = -146.32 + 44.12(\log \text{面積平方公里})$ ，結果為 13 種的物種，這與保育法所公告 14 種保育類物種相近。另外，由於海拔高度愈高，相對面積的比例愈小，當原本棲息於低海拔環境的物種，一旦遭破壞則其族群可容納之面積勢必減少，以穿山甲為例，過去其分布高度約由平地至 1000 公尺左右，其可棲息之面積為約 24000 平方公里，但今日其分布則提昇由 500 公尺至 2000 公尺，可棲息面積剩 12000 平方公里，少了 50%，雖高度變化其立體面積將有所變化且增加些，但應仍是負面影響程度。未來如何考量海拔高度昇降時之其立地總表面積的變化，應需一套完整的模式來推算。另外，當今保育生物學逐漸強調鑲嵌型棲地(mosaic)與生物異質族群(metapopulation)之關係，台灣的環境本就多呈現鑲嵌型棲地，未來論及台灣陸生哺乳動物多樣性之保育時，應朝向理論化、模式化的發展。

表 1 採集結果

採集地	關山	北大武山	能高山	玉山圓峰	秀姑坪（含白洋金礦）	總數
日期	2002/4/1-5	2002/5/31-6/4	2002/7/22-24	2002/10/14-18	2002/11/24-30	
捕捉夜×捕捉器	405	220	160	200	160	
高山田鼠 (<i>Volemys kikuchii</i>)	5	0	5	1	1	12
森鼠 (<i>Apodemus semotus</i>)	18	14	11	19	9	71
高山白腹鼠 (<i>Niviventer culturatus</i>)	4	14	6	0	0	24
條紋松鼠 (<i>Tamias maritimus</i>)	0	2	0	0	0	2
短尾鼯 (<i>Anourosorex squamipes</i>)	1	0	2	0	0	3
長尾鼯 (<i>Soriculus fumidus</i>)	2	7	12	7	4	32
黃鼠狼 (<i>Mustela sibirica</i>)	0	0	0	1	1	2

表 2 森鼠標本之外部測質與採集區海拔高度

森鼠	♂	♀	體長 (cm)	體重 (g)	海拔高度(m)
能高山	6	5	7.2-10.1	19.0-32.0	2860-3071
關山	2	2	7.8-8.7	19.0-21.2	2653-2848
玉山圓峰	8	9	6.0-9.1	9.8-11.2	3683-3718
塔塔加	3	0	7.4-7.8	-	2100
秀姑巒山	4	5	7.5-9.2	17.0-24.5	3357-3513
北大武山	6	8	7.2-10.2	12.0-30.5	2115-2322

表 3 高山田鼠之標本測質與採集區海拔高度

高山田鼠	♂	♀	體長 (cm)	體重 (g)	海拔高度(m)
能高山	1	2	9.3-10.3	35.0-44.0	2860-3028
關山	2	1	10.8-11.7	38.4-45.6	3066-3678
秀姑巒山	1	0	10.5	30.0	3357
玉山圓峰	1	0	9.5	32.5	3688
塔塔加	1	1	-	-	2100

表 4 高山白腹鼠之標本外部測質與採集區海拔高度

高山白腹鼠	♂	♀	體長 (cm)	體重 (g)	海拔高度(m)
能高山	4	2	10.6-16.0	42.0-98.0	2860-2991
關山	1	2	13.8	67.5-72.0	2653-2848
北大武山	6	8	11.9-15.7	65.0-106.0	2115-2419

表 5 已定序個體之資料

森鼠	<u>森 鼠</u>		<u>高山田鼠</u>		<u>高山白腹鼠</u>	
	♂	♀	♂	♀	♂	♀
能高山	2	1	3	2	2	1
關山	2	2	3	2	3	2
北大武山	1	2	-	-	2	1
玉山圓峰	2	1	-	-	-	-
塔塔加	3	0	1	1	-	-
秀姑巒山	2	1	-	-	-	-
合歡山	1	2	-	-	-	-

表 6 台灣森鼠各地之間平均遺傳距離（%）

	塔塔加	圓峰	北大武山	能高山
塔塔加				
圓峰	1.08			
北大武山	0.93	1.10		
能高山	1.29	1.00	1.15	
關山	0.91	1.27	0.77	1.30

表 7 高山白腹鼠各地之間平均遺傳距離

	北大武山	能高山
北大武山		
能高山	2.35	
關山	2.35	2.04

表 8 高山田鼠各地之間平均遺傳距離

	塔塔加	關山	能高山
塔塔加			
關山	4.0		
能高山	4.1	4.0	
合歡山	3.8	4.8	3.0

表 9 三種小型鼠類各採集地內的平均遺傳距離

	高山田鼠	高山白腹鼠	台灣森鼠
能高山	0.57	1.4	0.86
北大武山	—	0.0	0.43
關山	1.1	2.5	1.04
塔塔加	0.14	—	1.00
圓峰	—	—	0.72
各地總平均	2.99	2.19	1.07

表 10 高山田鼠各項遺傳指數

	Sample size	No. haplotype	Haplotype diversity	Nucleotide diversity	Nucleotide divergence	Fst	Gene flow(Nm)
關山	5	4	0.900	0.00910			
塔塔加	2	2	1.00	0.00142			
能高	5	5	1.00	0.00569			
合歡山	3	3	1.00	0.00510			
關-塔					0.03798	0.8621	0.08
關-能					0.03812	0.8060	0.12
關-合					0.04848	0.8453	0.09
塔-能					0.03912	0.9091	0.05
塔-合					0.03929	0.9120	0.05
能-合					0.02886	0.8203	0.11
總計	15	14	0.99	0.03196			



圖 1 玉山國家公園位於台灣中心地帶，範圍內包括了全島三分之一的名山，橫跨了中央山脈與玉山山脈。海拔從 300 公尺到將近 4000 公尺的玉山主峰。

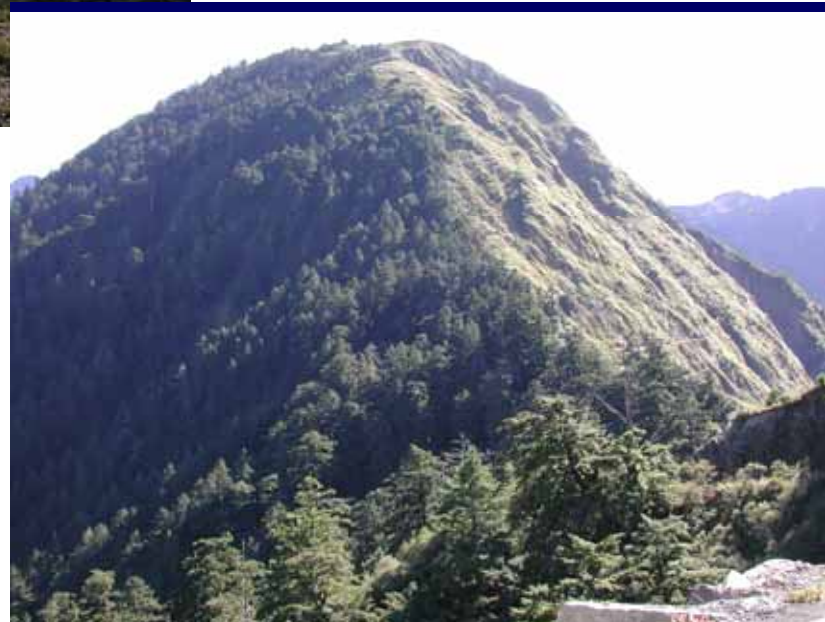


圖 2 塔塔加之三個不同林型之樣區分別位於玉山登山口左側陰坡之雲杉林、麟芷山登山步道旁之鐵杉林以及遊客中心往大鐵杉步道旁之二葉松林內。



圖 3 圓峰樣區位於圓峰營地四周，鄰近圓峰山屋，海拔約為 3700 公尺上下。樣區內之植被以玉山圓柏、杜鵑灌叢以及箭竹為主。



圖 4 秀姑巒山之樣區位於秀姑坪，距離白洋金礦山屋約 300 至 500 公尺，海拔約為 3500 公尺。樣區植被以矮箭竹草原為主夾雜杜鵑與玉山圓柏灌叢並有許多枯倒木。



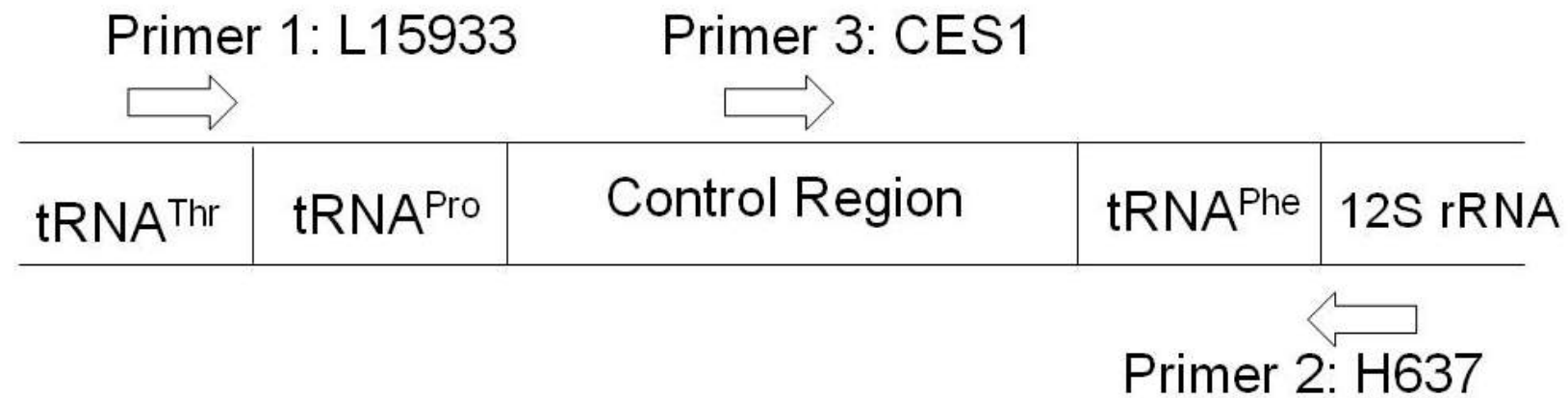
圖 5 關山之樣區分為庫哈諾辛山與關山主峰兩部分。庫哈諾辛山樣區海拔約 3100 公尺，樣區以箭竹草坡與杜鵑、圓柏灌叢為主，夾雜有鐵杉、二葉松林。關山樣區於主峰頂附近，海拔將近 3700 公尺，植被狀況大致以箭竹草坡與圓柏、杜鵑灌叢為主。



圖 6 能高山樣區主要於天池山莊附近、往天池之登山步道沿途、天池周圍以及天池往南華山步道沿途。海拔高度從 2860 公尺到 3080 公尺左右。植被主要以矮箭竹草坡與鐵杉、二葉松為主。



圖 7 北大武山樣區主要以檜谷山莊為起點，沿登山步道往北大武山頂，沿途放置陷阱。海拔高度約 2150 公尺到 2400 公尺。樣區植被以樟科與殼斗科闊葉樹為主。林下則以小灌木、五加科、玄參科等草本植物與蕨類為主。



L15933 5'-CTCTGGTCTTGTAACCAAAAATG-3'

H637 5'-AGGACCAAACCTTTGTGTTTATG-3'

CES1 5'-CGGCACATACCCCATTCAGTC-3'

圖 8 引子粘合在控制區域模版的相對位置

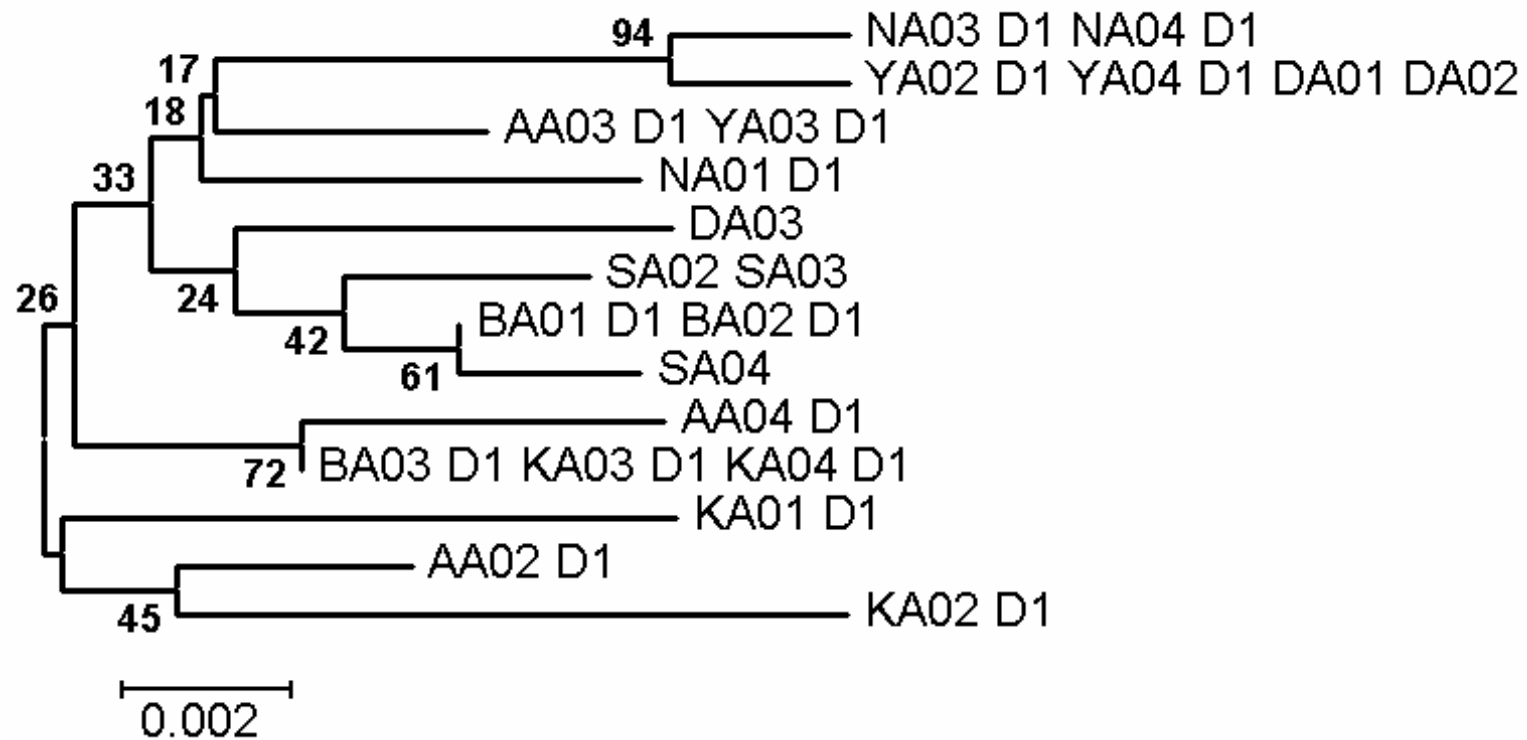


圖 9 台灣森鼠之粒腺體 DNA 控制區以 Neighbor-joining 方法所建構出來之親緣關係樹。

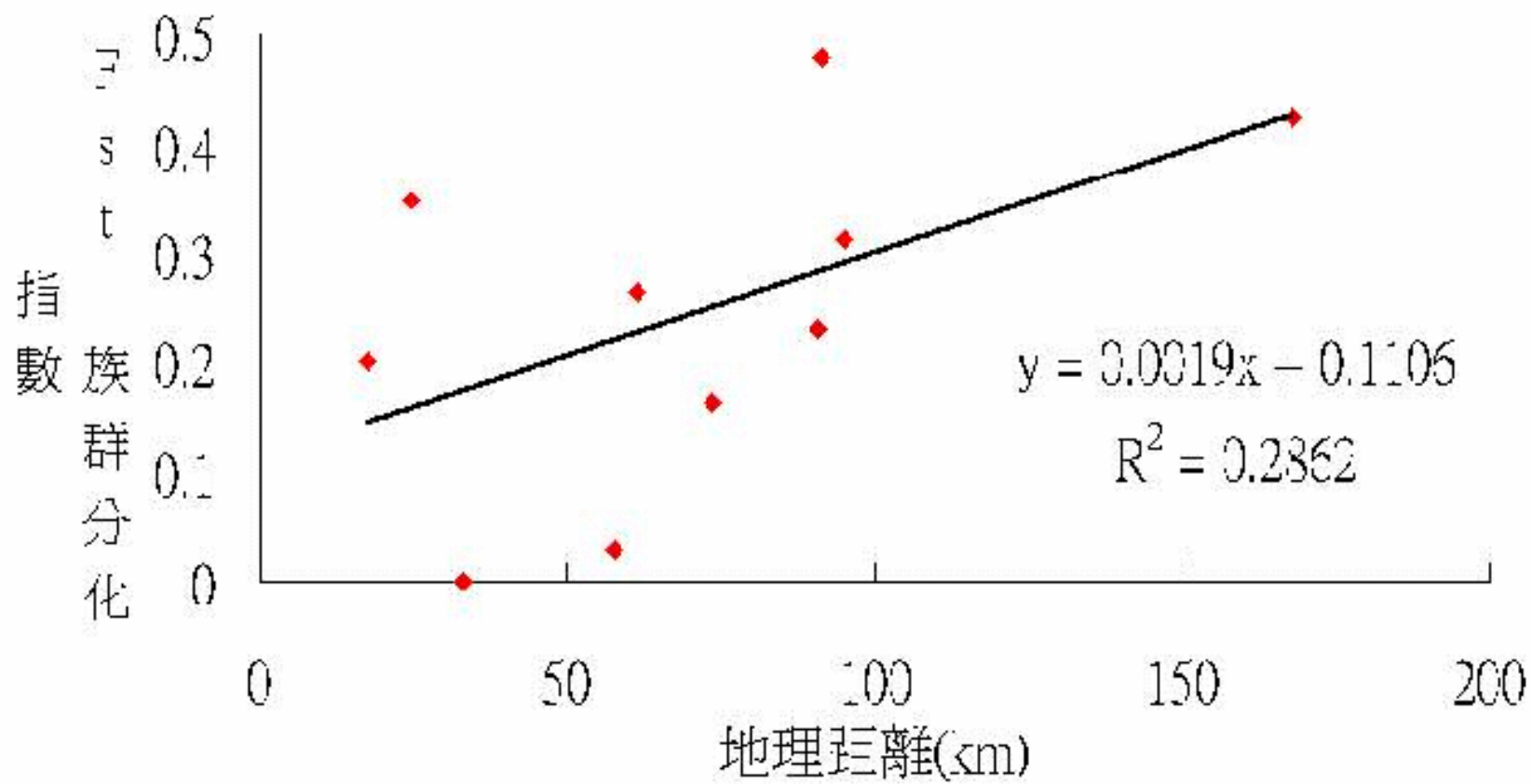


圖 10 台灣森鼠地理距離與族群分化指數之回歸分析

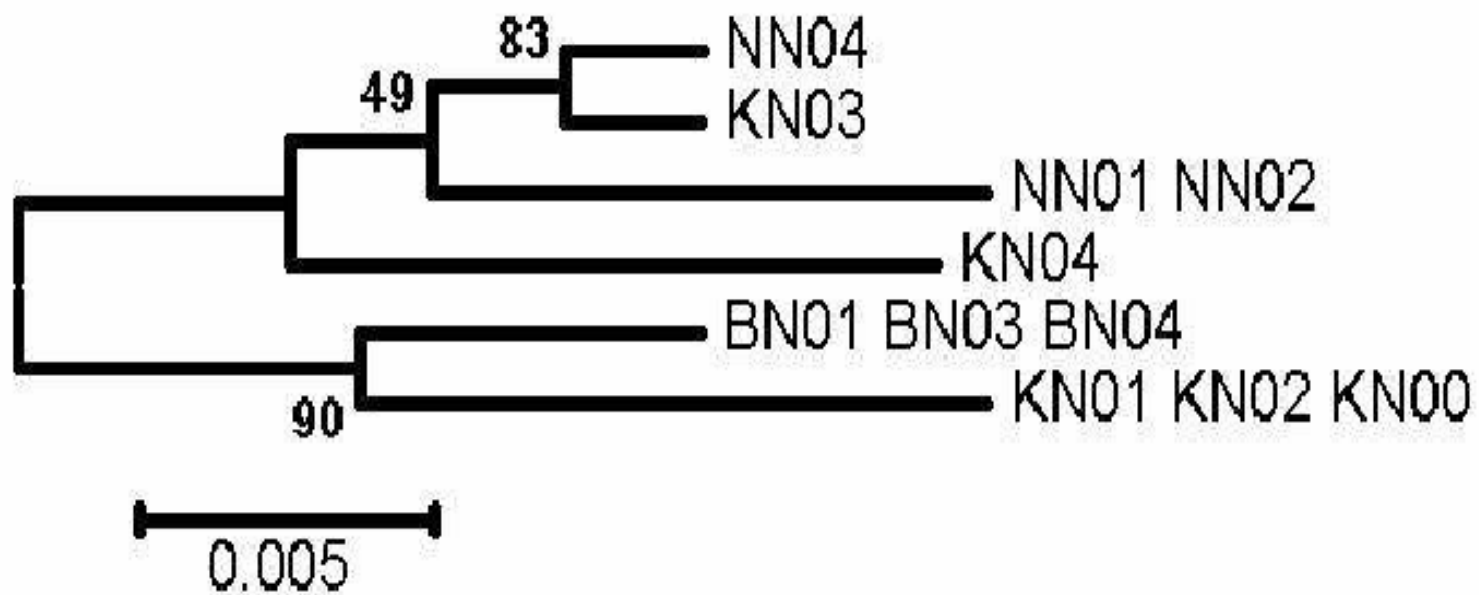


圖 11 高山白腹鼠之粒腺體 DNA 控制區以 Neighbor-joining 方法所建構出來之親緣關係樹。

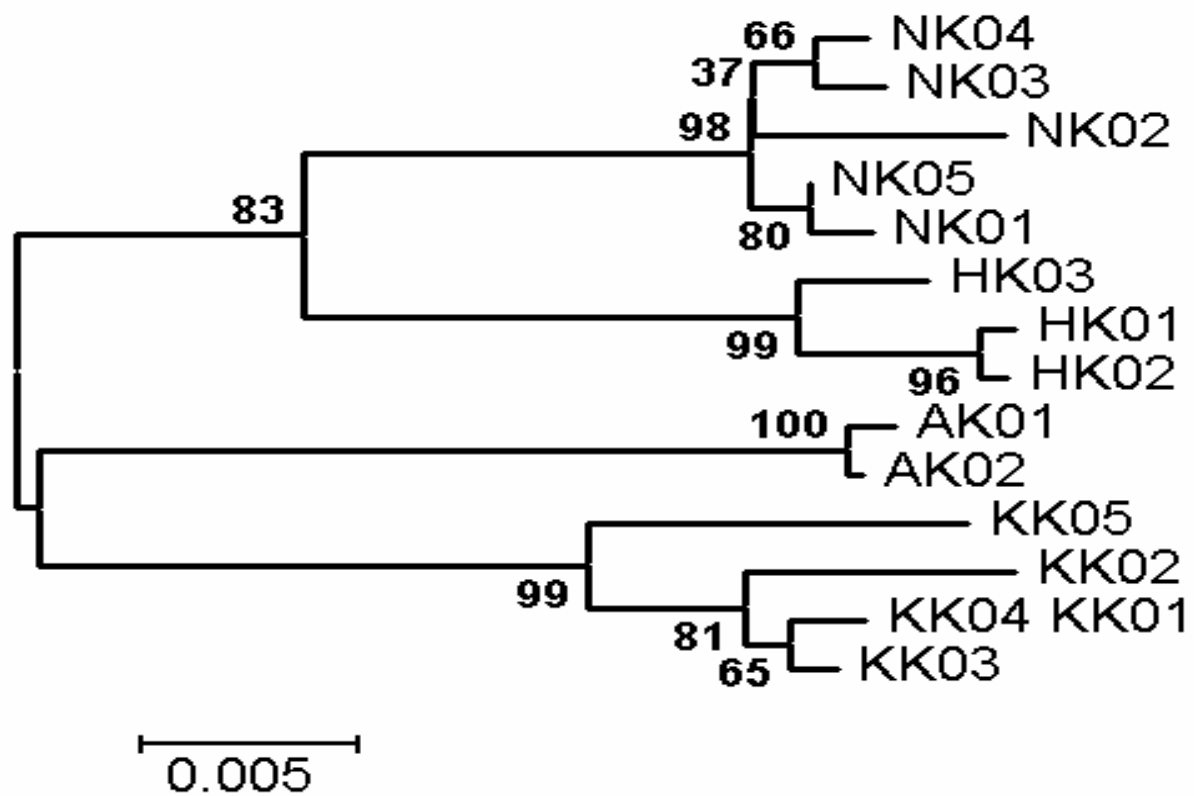


圖 12 高山田鼠之粒腺體 DNA 控制區以 Neighbor-joining 方法所建構出來之親緣關係樹。

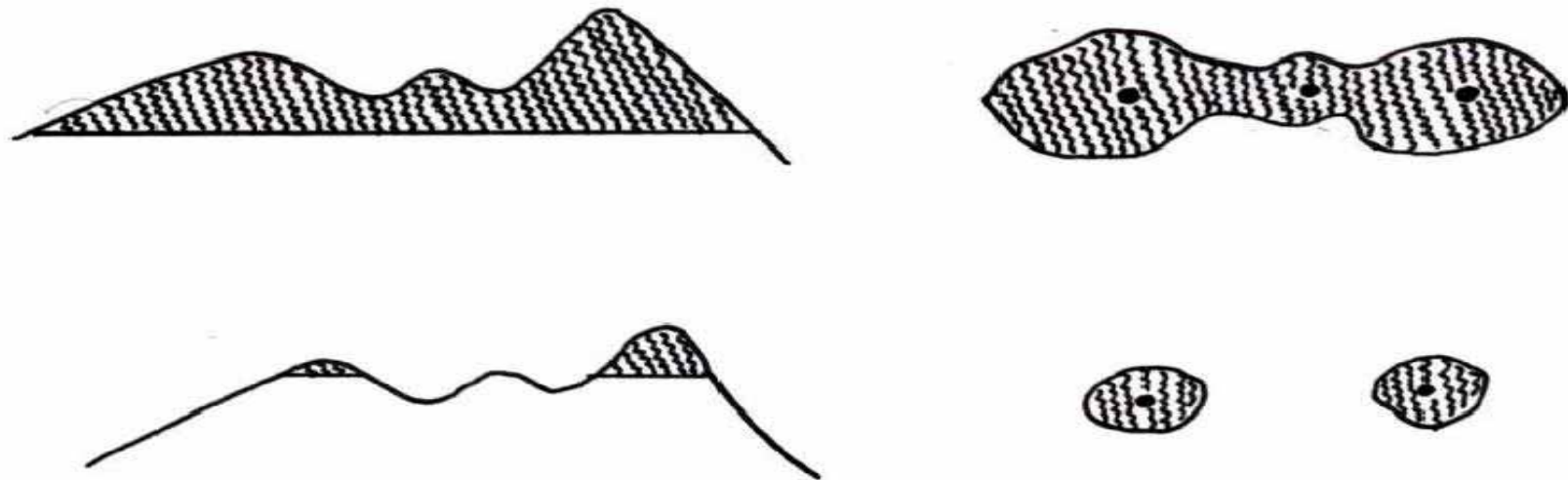


圖 13 上圖為山區連續族群分佈