

PG9504-0936

095—301020200G1—003

玉山國家公園植物微衛星 DNA 之分析 及資料庫之建立(1/3)

Construction of a microsatellite fingerprint database
of vascular plants in Yushan National Park

受委託者： 國立成功大學

研究主持人：蔣鎮宇 教授

協同主持人：王震哲 教授

邱文良 副研究員

許再文 副研究員

研究助理： 黃啟俊 博士班研究生

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 95 年 12 月

該研究報告非本處立場、僅供參考

目次

表次.....	II
圖次.....	III
中文摘要.....	IV
英文摘要.....	V
第一章 緒論.....	01
第一節 研究緣起與背景.....	01
第二節 研究目的.....	06
第二章 方法與結果.....	07
第一節 材料與方法.....	07
第二節 結果.....	13
第三節 討論.....	31
第三章 結論與建議.....	41
第一節 結論.....	41
第二節 建議.....	41
誌謝.....	43
參考書目.....	45
附錄一.....	51
附錄二.....	73
附錄三.....	75
附錄四.....	77

表次

表 1、 裸子植物鐵杉、南洋紅豆杉及紅檜族群之採樣資料.....	09
表 2、 蕨類植物石松族群之採樣資料.....	10
表 3、 紅檜微衛星 DNA 之引子序列.....	15
表 4、 南洋紅豆杉微衛星 DNA 之引子序列.....	17
表 5、 鐵杉微衛星 DNA 之引子序列.....	18
表 6、 石松微衛星 DNA 之引子序列.....	19
表 7、 紅檜微衛星 DNA 不同之基因座在個體所顯現之基因型.....	20
表 8、 南洋紅豆杉微衛星 DNA 不同之基因座在個體所顯現之基因型.....	22
表 9、 鐵杉微衛星 DNA 不同之基因座在個體所顯現之基因型.....	23
表 10、 石松微衛星 DNA 不同之基因座在個體所顯現之基因型.....	24
表 11、 紅檜、南洋紅豆杉及鐵杉不同微衛星 DNA 之基因歧異度.....	25
表 12、 紅檜及南洋紅豆杉族群之衛星 DNA 歧異度.....	26
表 13、 根據微衛星 DNA 估算之紅檜遺傳分化指數(F_{ST})...	27
表 14、 根據微衛星 DNA 估算之南洋紅豆杉遺傳分化指數(F_{ST}).....	28
表 15、 根據微衛星 DNA 估算之鐵杉遺傳分化指數(F_{ST})..	29

圖次

圖 1、紅檜、南洋紅豆杉及鐵杉之採集點地圖.....11
圖 2、紅檜、南洋紅豆杉及鐵杉.....12

中文摘要

關鍵詞：紅檜、分子指紋、石松科、微衛星DNA、南洋紅豆杉、鐵杉。

一、研究緣起

分子指紋技術已廣泛應用於生物保育，其中基因體中的微衛星DNA因具有高解析力及變異性的特性，使得此技術在物種之保育及遺傳多樣性的分析上提供了快速又可靠的工具。本研究針對之物種紅檜、鐵杉、南洋紅豆杉及石松科植物不論在林業、觀光、藥用或園藝上均極為重要，鑑於過去濫採盜伐等人為因素的干擾造成這些物種的野外族群受到極大的衝擊；針對這些種類，本研究進行族群遺傳結構及歧異度的分析。

二、研究方法及過程

分子指紋技術中微衛星指紋提供了幾近於中性且代表整個基因組的分子標記，其對偶基因的特性更提供了估算族群中異型基因合子和遺傳變異以及族群間遺傳分化程度的可能，因此，分離及利用微衛星指紋基因已成為保育遺傳學的研究主流之一。

三、重要發現

紅檜的野外族群仍維持高度遺傳歧異度，其中又以南橫地區檜谷的族群遺傳歧異度為最高，新中橫和南橫地區因保有較古老之基因型或基因交流造成兩地區族群不分化，可考慮作為保育遺傳多樣性的熱點；南洋紅豆杉則因分布零星、野外族群數量減少，造成其遺傳歧異度偏低，顯示南洋紅豆杉應優先考慮進行保育及復育之工作；至於鐵杉不同之個體均顯現不同之基因型組成，加上族群間呈現顯著分化，顯示鐵杉族群彼此間鮮少基因交流。石松屬族群則可被分為兩群：著生型及地生型，其遺傳組成歧異度因各擁有不同的分子指紋組成，顯示微衛星DNA在物種鑑定上的可應用性。

四、主要建議事項

紅檜雖然曾受到過去砍伐影響而降低老樹數量及分布，但仍保有較高之遺傳歧異度顯示針對紅檜進行保育時，主要針對於維持野外族群數量及棲地完整性以降低外在因素干擾；南洋紅豆杉在野外族群數量稀少且遺傳歧異度較低，建議進行野外族群調查並明確記錄標示每一族群、個體之分布範圍，進行原地保育、種原保存等以維持南洋紅豆杉之遺傳歧異度；鐵杉族群均保有獨特之基因型，建議維持棲地完整性以減少人為破壞，將有助於鐵杉族群的延續。由於石松科植物族群的種間具有遺傳變異，應進一步了解物種族群遺傳結構研究。

英文摘要

DNA fingerprinting has been widely applied to examine the genetic variation for the purpose of biological conservation. DNA microsatellites with short sequence repeats provide high variability and high resolution in assessing population genetic structure. In this study, three gymnosperms, *Chamaecyparis formosensis* Matsumura, *Taxus sumatrana* (Miq.) de Laub, and *Tsuga chinensis* (Franchet) Pritz. ex Diels var. *formosana* (Hayata) Li & Keng were examined. In the past decades, human overexploitation has caused the population decline. In this study, microsatellite polymorphisms were examined and the genetic structure was analyzed. The microsatellite DNA diversity within populations of *Chamaecyparis formosensis* is high. Population of south-cross island highway with the highest level of genetic diversity compared to other populations should be considered as a hot spot, as indicated by its demography. *Taxus sumatrana* should be protected at a high priority based on its rarity and low genetic diversity. *Tsuga chinensis* var. *formosana*, in turn, under low disturbance remains healthy in nature, as revealed by its high genetic diversity within and among populations. Epiphytic and terrestrial Lycopodiaceae in Taiwan possess distinct microsatellite alleles at each locus, suggesting usefulness of the fingerprinting techniques for species identification.

Keywords: *Chamaecyparis formosensis*, fingerprinting, Lycopodiaceae, *Taxus sumatrana*, *Tsuga chinensis* var. *formosana*.

第一章 緒論

第一節 研究緣起與背景

遺傳多樣性意指生物的種或族群所保有的基因型 (genotypes) 及對偶基因 (alleles) 的歧異程度，不同的基因型常會表現出不同的外表型 (phenotypes)，一如人類眼睛、毛髮及皮膚的顏色，及植物花瓣的顏色和不同的花型。新的遺傳突變常會造成外表性狀及特徵的改變，因此種間及族群間所呈現之外部形態的異同，常受到古老的遺傳祖先型及新的遺傳變異影響。

在 DNA 序列上所呈現的個體間或族群間的差異即代表著不同程度的遺傳變異，DNA 序列的改變如果是在不轉譯的基因區間(intergenic spacer)或同義的(synonymous)的置換位置，並不會引起胺基酸序列的改變，但可能影響基因體(genome)的穩定以及基因的表現程度；相對地，非同義(nonsynonymous)的置換則會改變胺基酸的序列以及蛋白質的結構，並造成生化上或是形態上功能的變異，因而影響生物的存活、適應或生殖。

遺傳多樣性的估算，可藉由對多型性(polymorphism)的多寡，異型基因合子(heterozygosity)的高低，對偶基因歧異度(allelic diversity)，或是基因單型歧異度(haplotype diversity)加以評估。有些基因可能因為受到強烈的天擇，抑或遺傳漂度(genetic drift)影響，趨於固定(fixed)而缺乏變異；有的物種或族群則因有較高程度的異交(outcrossing)，或是大的族群，較高程度的基因交流，而在基因座中保有較高的遺傳歧異程度。因此遺傳歧異度的高低、變異量在族群間的分布、以及分子序列中不同位置的置換模式，常被用來估算天擇的型式，以及族群遺傳的結構和「健康」的程度(即適應與否)，並提供了保育工作在遺傳學上不可或缺的資訊。

遺傳多樣性(genetic diversity)是國際最主要的保育組織世界自然保育聯盟(Conservation Union, IUCN)所認定的三大多樣性的保育階層之一，早在西元 1970 年澳洲的保育學者 Otto Frankel 即提出生物遺傳因子在保育生物學上的重要性；Frankel 與美國的 Michael Soulé 更在公元 1981 年出版的第一本保育書籍中，揭櫫生物遺傳因子對保育生物學中的顯著影響(Frankel and Soulé 1981)。

保育工作的進行在確保野外族群及物種的存活及適應，所端賴的即是族

群中遺傳歧異度的高低以及多型性的多寡。達爾文在界定天擇的定義時，即提到族群中個體間因遺傳上的差異(genetic variation)，而有不同的性狀表現，並在外在環境的選擇下，呈現出不同的存活(survivorship)，以及不同程度的孕性(fertility)和生殖率(fecundity)，亦即不同的適應度(fitness)。愈來愈多的分子證據都支持達爾文的看法，亦即遺傳多樣性的高低決定了物種生存的品質，易言之，缺乏遺傳變異的族群或種類，常有較高的滅絕危機。因此，透過對遺傳歧異度的估算，有助於對亟待保育的物種及族群之現況的了解，更有助於厘清保育單位(conservation units)的界定，提高保育工作的效率。

近年來，分子生物學技術的神速發展，使得探索野外生物族群的遺傳歧異程度及結構變得不但可行而且快速，其中針對特定基因的分定序，提供了演化學者在基因分子演化及可能的適應機制的了解上了不可或缺的資訊。一如 Chiang et al. (2001)於 *Molecular Ecology* 所發表關於東亞紅樹林的親緣地理，該研究不但顯示出水筆仔族群間藉由洋流攜帶頻繁的種子傳播，更提供了分類學者認定台灣的水筆仔為新種的佐證。

愈來愈多的分子證據顯示出台灣植物高遺傳歧異度的特質，甚至遠高於整體中國大陸族群遺傳歧異的總和。異常的高遺傳歧異度與台灣的冰河歷史有密不可分的關係，根據現今的植物組成以及化石證據，台灣島嶼的生物大多來自於鄰近的亞洲大陸，這一個由歐亞大陸板塊及菲律賓海板塊擠壓隆起的島嶼(Sibuet and Hsu 1997, 2004)，約在距今約200-300萬年前，開始有動植物從大陸移入並拓殖(colonization)，並且歷經多次的冰河週期，其中最後一次冰河擴張距今約10萬年前，一直延續到最近的兩萬年前。在冰河擴張時期，因海水水位明顯下降(約達120公尺)，使得連結台灣及大陸間的陸橋從海中裸露出來，提供了動植物移入台灣的管道，加上台灣地處低緯度，在冰河擴張時期，提供了許多生物避難的棲所，因為此一不平常的冰河及地質歷史，使得台灣島嶼保有了許多遺傳的多型性及歧異度(Hikida and Ota 1997, Chiang et al. 2006)。

然而，在這樣的冰河時期生物大量移入避難所的歷史之下，加上後冰河時期族群的大量擴張，使得多數現今的植物族群間擁有極低的遺傳分化。在保育工作的推展中，如若採取 Moritz (1994)的定義，亦即所有的保育單位都必須是單源群(monophyletic)，勢必造成界定及執行上的困難，因為多數的台

灣植物族群是多源群(polyphyletic)或側系群(paraphyletic)，另一方面，雖然單一基因的分序列的確提供了不少族群及種演化的訊息，但是對於 genome 上其他多數的基因座卻被大大的忽略，基於上述理由，如何慎選適用的分子標記作為保育遺傳學的參考是當務之急。

分子指紋(fingerprinting)技術中微衛星指紋(microsatellite)提供了幾近於中性(neutral)且代表整個基因組的分子標記(molecular marker)，其對偶基因的特性更提供了估算族群中異型基因合子和遺傳變異以及族群間遺傳分化程度的可能，因此，分離及利用微衛星指紋基因已成為保育遺傳學的研究主流之一。微衛星指紋技術的高變異性，使得不同種類及族群間存在著特殊的電泳條帶型式，對於特有生物的保育、確定造林種源以及遏止林木被盜採上極有應用性，也非常具有學術性，也因此建構本土的微衛星指紋資料庫對特有生物的保育有其必要性及迫切性。

台灣的植物具有極高的特有種比例，許多的特有植物甚至有極狹窄的棲地選擇，加上近年來人類對自然棲地的大肆開發，造成這些種類面臨生存上的危機。遺傳多樣性是否因為人為的干擾以及棲地的消失而大量流失一直是保育工作者最關心的議題之一，微衛星指紋技術不但提供了高度敏感的工具，更提供了物種間相互比對的齊一標準。因此最好的策略是針對亟待保育物種以及其他近緣(同屬)物種一併研究，並建立一有系統屬於台灣專有的資料庫。

近年來因生物多樣性觀念的漸趨成熟，學者開始重視遺傳多樣性熱點(hotspot)的研究。以保育觀點來說，此需先探尋保有高度族群遺傳歧異度的地區，瞭解當地物種遺傳結構的組成，進一步給予這些地區採取必要的保育措施及經營管理 (Morton and Clegg 1993)。而這些熱點該如何選擇？首先必須建立物種分布與族群大小、數量的相關資料庫，之後利用各種不同的分子標記(尤其是分子指紋)來鑑定遺傳歧異度的保留點。

由於資訊科技的發達與進步，使得數位化生物資源資料庫的建構和利用更為便利(Morin 1991, 1992; Raven 1992)。其中 NCBI (National Center for Biotechnology Information)等數位化資料庫的建立，整合大量生物資訊及基因體序列等資料，對於生物學的進展有極大貢獻，加上近幾年來網路普及和資料庫發展，使得建構數位化生物資源資料庫成了重要且必須的議題。玉山國

家公園境內由於生態棲地保育完整、生物種類繁多，為生態保育良好典範之一，但也由於物種種類繁多、管理不易，更需加強數位化生物資源資料庫的建立，以提供生態保育方面有用之資訊與建議。

台灣由於生態環境及氣候類型多樣化，孕育出許多生物特有種；但特有種在空間分佈上較廣泛分佈種狹隘，相對地較易受到危害而影響其族群適存度，因此針對特有種的研究及保育更為重要，也因此瞭解台灣特有種的族群演化歷史將有助於台灣特有物種保育策略的建立。紅檜(*Chamaecyparis formosensis* Matsumura)因木材質地良好、不易腐壞等優良條件，適合用於建築加工，為高級建材之一；南洋紅豆杉(*Taxus sumatrana* (Miq.) de Laub)雖不是特有種，但因近年來在藥用醫療上受到高度關切，在紅豆杉屬(*Taxus*)中其植物體萃取物紫杉醇(taxoids)對於部分惡性腫瘤具有療效(Nicolaou and Guy 1996)；而位於塔塔加大鐵杉(*Tsuga chinensis* (Franchet) Pritz. ex Diels var. *formosana* (Hayata) Li & Keng)由於其樹形優美、壯觀，加上位於交通要道上，儼然成為國家公園代表樹木之一，由上顯現這些物種在經濟、醫療應用及觀光上具有極大重要性，因此針對於物種族群、生態棲地的保育更為重要。

此外，維管束植物目前被分為兩大門即石松門(Lycophytes)以及真葉植物門(Euphyllophytes)；其中，真葉植物門下又可分為蕨類以及種子植物。在真葉植物門下的蕨類包含薄囊蕨、厚囊蕨、原始薄囊蕨以及木賊。而卷柏科(Selaginellaceae)、水韭科(Isoetaceae)、及石松科(Lycopodiaceae)等三科則被歸類為石松門之下(Schneider et al. 2002, Smith et al. 2006)。石松科植物為現生維管束植物最原始的一類，其生活型態豐富，不但有著生型、地生型，且其種類分佈廣泛；在台灣地區共有三屬二十三種，可分為石杉屬(*Huperzia*)、石松屬(*Lycopodium*)及小石松屬(*Lycopodiella*)(吳兆弘、秦仁昌 1991)。其中，石杉屬有四種，小石松屬一種，這些種類皆為地生型。而石松屬共有十八種，兼有著生型及地生型者，分布也較廣(郭城孟 1999)。因此，我們希望能利用微衛星序列的研究為玉山國家公園地區的石松科植物建立識別碼，以辨別此地區的石松科植物族群遺傳結構與其他地區之族群是否不同；探討微衛星指紋對於本科植物不同生活型與不同屬之間是否為良好的指標標記；並建立其種源資料庫，以利未來進行各不同種群間的研究。

本研究擬針對玉山國家公園境內有滅絕危機及能代表玉山國家公園特有

的植物種類建構微衛星資料庫，由兩個子計畫分別針對不同類型的植物進行研究，分別為：

1. 裸子植物、木本被子植物 (蔣鎮宇、許再文)
2. 蕨類植物、草本被子植物 (王震哲、邱文良)

95 年度分別以「南洋紅豆杉、紅檜及鐵杉」與「高海拔開闊地石松科種類」為主。於 1 月至 8 月進行野外採樣工作，7-10 月進行實驗室工作，11-12 月進行報告撰寫：

第二節 研究目的

1. 利用分子生物學技術，本研究根據 Hsu et al. (2004)方式分離及鑑定各類植物不同的微衛星 DNA 基因座。
2. 設計各物種之微衛星 DNA 基因座的專用引子，因物種族群在其演化歷史中受到歷史事件及生態因子等影響造成族群分化，並會影響其遺傳結構，因此根據物種族群之遺傳變異將可推估其演化歷史。
3. 由於紅檜及南洋紅豆杉在經濟上及醫療上均為重要物種，為確保古老及珍稀樹木之保存，建立珍稀樹木之分子身分證以提供分子鑑定，進而防止盜採濫伐等人為破壞。
4. 塔塔加大鐵杉為國家公園境內重要觀光景點之一，因此比較塔塔加大鐵杉族群和其他地區族群並建構其分子指紋。
5. 利用微衛星序列的研究為玉山國家公園地區的石松建立識別碼，以辨別此地區的石松與其他地區石松的不同；並建立其種源資料庫，以利未來進行玉山地區石松族群的比較或是種間的分類研究。

第二章 方法與結果

第一節 材料與方法

一、採集地點：

本研究針對中央山脈及玉山山脈的鐵杉、南洋紅豆杉、紅檜以及石松科族群進行採樣，每一個體取3-5片嫩葉以矽膠固定，以利DNA萃取：

裸子植物取樣(表 1，圖 1、2)：紅檜在新中橫、南橫等地區進行採樣，主要針對具有林務局編號之老樹及巨木進行採樣，以每 10 公尺為最小間距進行族群隨機採樣，共取得 9 個族群 78 個個體，每一個體以矽膠取幼嫩葉片固定，並利用 GPS 記錄每一個體之經緯度位置及加以編號。南洋紅豆杉主要針對台大實驗林及阿里山進行採樣共 2 個族群 5 個個體，每一個體以矽膠取幼嫩葉片固定。鐵杉主要針對新中橫地區及南橫地區等老樹或巨木進行採樣，以每 10 公尺為間距進行族群隨機採樣，共取得 5 個族群 40 個個體，以矽膠取幼嫩葉片固定，並利用 GPS 記錄每一個體之經緯度位置及加以編號。

蕨類植物取樣(表 2)：石松科主要針對新中橫地區及南橫地區等進行採樣，以 10 公尺為最小間距進行取樣，共取得 12 種 18 個族群 110 個個體，每一個體以矽膠取幼嫩葉片固定。

二、實驗室工作：

(一)DNA 萃取：

幼嫩的葉組織以矽膠乾燥處理，回到實驗室並以液態氮將葉組織研磨成粉狀。利用 CTAB 方式(Doyle and Doyle 1987)將在液態氮下磨成粉末的植物組織分離出 genomic DNA。

(二)利用微衛星DNA引子以聚合酵素(*Taq* polymerase)在溫度循環器擴增出微衛星DNA，在總體積100 μ l的反應液中加入5U聚合酵素，10 μ L 10X緩衝液，10 μ L的dNTP，濃度2 pmole的引子各10 μ l，最後加入20ng DNA，以無菌水補足100 μ l。聚合酵素反應在溫度循環機(Thermal cycler)進行，共進行31個循環，每個循環流程為：92 $^{\circ}$ C，45秒，將DNA的雙股變性打開(denaturation)；49 $^{\circ}$ C，1分15秒，使DNA與引子結合(annealing)；72 $^{\circ}$ C，1分30秒，進行DNA延伸反應(extension)，最後在72 $^{\circ}$ C作用10分鐘。PCR結束後，取5 μ l的PCR產物加上1 μ l 6

倍的染色溶液，在1%瓊脂凝膠(agarose gel)中以100伏特電壓跑電泳約30分鐘，經過溴化乙啶螢光染劑(EtBr)處理後，配合所選用的DNA ladder當分子大小的標記，並在紫外線燈下顯色及拍照。

(三) Polyacrylamide gel 電泳判斷 PCR 產物片段長度及 band 條數

取一大(33.3 × 41.9 cm²)一小(33.3 × 39.4 cm²)玻璃，在小片玻璃上塗上 γ -methacryloxypropyl-trimethoxysilane，可使膠片可附著其上，在大片玻璃上塗上 dimethyldichlorosilane solution，可使膠片和玻璃分離，將兩片玻璃重疊並插入梳子以及用膠布封住四周空隙，配置 6% acrylamide stock solution (acrylamide : N,N'-methylene bisacrylamide = 29:1)，10% Ammonium persulfate 以及 TEMED (N,N,N',N'-tetramethylethylenediamine)，以 3:24:1 比例混合均勻後利用針筒注入兩片玻璃之間並清除氣泡，水平靜置等待其凝固即可拔除梳子及膠布，利用 pipette 清洗 well 後加入 PCR 產物，將垂直電泳槽注入 1X TBE buffer 跑膠，在室溫下以 150V 電壓進行電泳，經過溴化乙啶螢光染劑(EtBr)處理後判別 DNA 片段長度及條帶數。

(四) 分子指紋的變異分析，主要利用 Arlequin Version 2.0 (Schneider et al. 2002) 估算族群間及種間的遺傳分化；平均觀測異質度(Ho)是每個基因座中所包含之異型合子個體(heterozygosity)在族群中實際所佔之比率。平均期望異質度(He)則是根據哈溫定所估算之期望值，定義如下(Hamrick and Allard 1972)：

$$He = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^{n_i} (P_{ij})$$

其中 m 為基因座總數，n 為各基因座對偶基因數，P_{ij} 為第 i 個基因座的第 j 各對偶基因頻率；並根據 $F_{ST} = 1/(1+2Nm)$ 的公式，估計族群間可能的基因交流，其中 N 中是表示族群中雌個體的有效族群量，m 表示雌個體的遷徙能力。當族群分化程度 $F_{ST} < 0.05$ ，表示族群間幾乎沒有遺傳分化，若 $0.05 < F_{ST} < 0.15$ ，表示族群間的分化程度低等，若 $0.15 < F_{ST} < 0.25$ ，表示族群間屬於中度分化，若 $F_{ST} > 0.25$ ，表示族群間屬於高度分化，其中 F_{ST} 代表族群間遺傳分化程度， F_{SC} 代表種內族群間遺傳分化程度， F_{CT} 代表種間遺傳分化程度。

表 1、裸子植物鐵杉、南洋紅豆杉及紅檜族群之採樣資料

	地點	經緯度	族群 代號	樣本 數
<i>Chamaecyparis formosensis</i>	台中縣雪山登山口	24'23"N 121'17"E	SS	5
	南投縣塔塔加	23'29"N 120'53"E	TT	6
	南投縣石山工作站	23'29"N 120'51"E	T18	19
	南投縣杉林溪林道	23'40"N 120'47"E	SL	5
	高雄縣檜谷	23'15"N 120'56"E	KK	7
	高雄縣塔關山	23'15"N 120'56"E	TK	5
	高雄縣啞口至檜谷	23'15"N 120'55"E	KG	8
	高雄縣天池	23'16"N 120'54"E	TC	8
	台東縣向陽台 20 線 154km	23'14"N 120'58"E	SY	15
<i>Taxus sumatrana</i>	台灣大學實驗林	23'40"N 120'48"E	TA01	2
	嘉義縣阿里山	23'31"N 120'49"E	TA02	3
<i>Tsuga chinensis</i> var. <i>formosana</i>	台中縣雪山	24'23"N 121'17"E	CSS	10
	南投縣塔塔加	23'29"N 120'53"E	CTT	9
	南投縣玉山登山口至排雲山莊	23'29"N 120'58"E	CPY	6
	高雄縣塔關山	23'15"N 120'56"E	CTK	5
	台東縣向陽台 20 線 154km	23'14"N 120'58"E	CSY	10

表 2、蕨類植物 石松族群之採樣資料

物種名	採集地點	樣本數	樣本編號
<i>Lycopodium fordii</i>	關山	10	A3
	瓦拉米	10	B2
	陳有蘭溪	10	D2
	東埔	10	E2
<i>Lycopodium sieboldii</i>	關山	5	A2
<i>Lycopodium phlegmaria</i>	瓦拉米	5	B3
<i>Lycopodium fargesii</i>	東埔	5	E1
<i>Lycopodium squarrosum</i>	瓦拉米	5	B1
<i>Lycopodium serratum</i> var. <i>longipetiolatum</i>	陳有蘭溪	5	D1
<i>Lycopodium multispicatum</i>	八通關草原	5	C1
<i>Lycopodium clavatum</i>	關山	5	A5
	八通關草原	5	C2
	東埔	5	E4
<i>Lycopodium veitchii</i>	關山	5	A4
	東埔	5	E3
<i>Lycopodium annotinum</i>	關山	5	A1
<i>Lycopodioum yueshanense</i>	關山	5	A6
<i>Lycopodium juniperoideum</i>	八通關草原	5	C3
	東埔	5	E5

圖 1、紅檜、南洋紅豆杉及鐵杉之採集點地圖

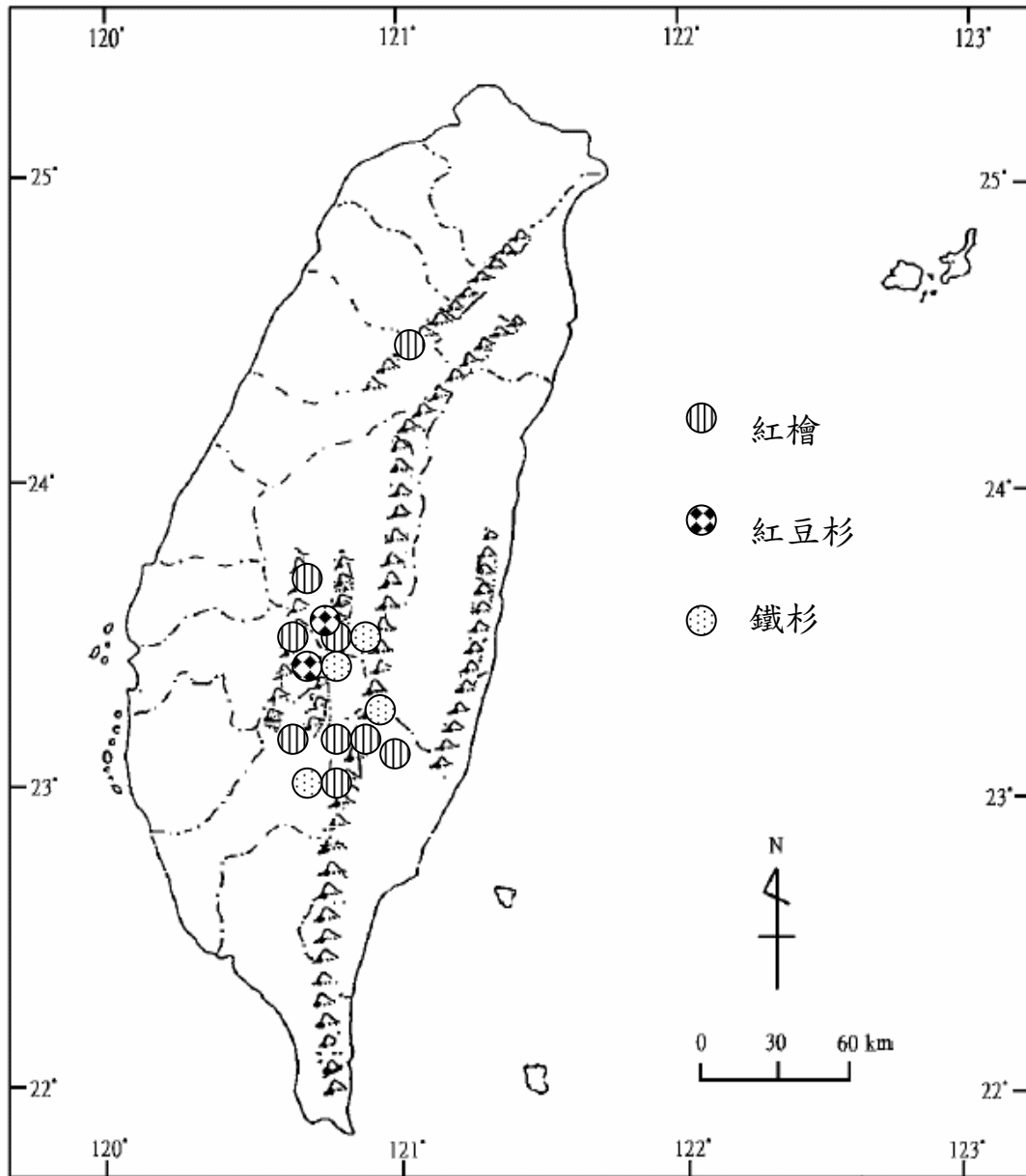


圖 2、紅檜、南洋紅豆杉及鐵杉

(1) 紅檜(*Chamaecyparis formosensis*)



(2) 南洋紅豆杉(*Taxus sumatrana*)



(3) 鐵杉(*Tsuga chinensis* var. *formosana*)



第二節 結果

一、 裸子植物紅檜、南洋紅豆杉及鐵杉之遺傳歧異度

(一)紅檜的遺傳歧異度：

根據Asako et al. (2006)及Nakao et al. (2001)設計微衛星DNA之引子共24組(表3)，其中11組可成功增幅出紅檜之微衛星DNA，每個族群選1-5個個體進行測試，顯示不同族群之個體均擁有其獨特之基因型(表7)。在計算異型合子(heterozygosity, 表11)時發現平均觀測值(H_e : 0.49242)多大於平均預測值(H_o : 0.44576)，顯示紅檜保有較高之遺傳歧異度；除了COS2619及COS1991為同型合子之外，其他基因座均有較高之異型合子比例，而且觀測值(1.00000-0.04167)多大於預測值(0.33599-0.77216)，顯示不同的基因座在紅檜中均具有較高之遺傳歧異度。

在紅檜各族群的比較(表12)，各族群之平均觀測值(0.43182-0.54545)多大於平均預測值(0.36364-0.54545)，其中南橫地區之平均異型合子最高(0.52121)，人工林次之(0.50000)，新中橫地區最低(0.44318)；屬於新中橫地區之TT及T18的異型合子(0.43182-0.45455)較其他南橫地區(SY, TC, YK, KK, TK; 0.47727-0.54545)及人工林(SL, SS; 0.45455-0.54545)低。在族群分化指數(F_{ST})上(表13)，新中橫和南橫之族群分化指數為0.02136顯示兩地區之族群並不顯著分化；人工林之族群和新中橫族群之分化指數為0.1238，屬於低度分化，而和南橫地區族群之分化指數為0.03928為不顯著分化。

(二)南洋紅豆杉的遺傳歧異度：

以Hsu et al.(2004)之微衛星DNA篩選方法成功在南洋紅豆杉物種中篩選出微衛星DNA並設計引子(表4)，用來測試每一個個體，結果顯示每一個體均擁有獨特之基因型(表8)。在計算異型合子(表11)時發現平均觀測值(0.45)小於平均預測值(0.55)，顯示南洋紅豆杉遺傳歧異度偏低；其中屬於台大實驗林區之族群(TA01; $H_o = 0.5$, $H_e = 0.4375$)較阿里山之族群(TA02; $H_o = 0.416$, $H_e = 0.533$)保有較高之遺傳歧異度。在遺傳分化指數上(表14)，台大實驗林區之族群和阿里山之族群的分化指數為0.16548，顯示兩族群呈現中度分化。

(三)鐵杉之遺傳歧異度：

根據Hugh et al.(2003)設計15組引子(表5)，其中成功增幅出4組引子，結果顯示每一個體均擁有獨特之基因型(表9)。在遺傳分化指數上(表15)，不同的族群之分化指數均為顯著分化($F_{ST} = 0.1629-0.7333$)

二、 石松科植物之遺傳歧異度

根據玉山國家公園管理處出版的玉山國家公園關山區維管束植物調查研究報告(一、二)(郭長生等 1988)、玉山國家公園東埔玉山區維管束植物細部調查研究報告(一、二)(郭城孟 1988)、八通關草原生態之研究(郭城孟 1990)以及玉山國家公園瓦拉米地區生態資源與經營管理之研究(郭城孟、張和明 1999)，得知玉山國家公園內已有採集記錄之石松科植物有：福氏石松(*Lycopodium fordii* Bak.)、鱗葉石松(*Lycopodium sieboldii* Miq.)、垂枝石松(*Lycopodium phlegmaria* L.)、銳葉石松(*Lycopodium fargesii* Hert.)、杉葉石松(*Lycopodium squarrosum* G. Forst.)、長柄千層塔(*Lycopodium serratum* Thunb. var. *longipetiolatum* Spring)、地刷子(*Lycopodium multispicatum* L.)、石松(*Lycopodium clavatum* L.)、玉山石松(*Lycopodium veitchii* Christ.)、玉山地刷子(*Lycopodium yueshanense* Kuo)、杉葉蔓石松(*Lycopodium annotinum* L.)、玉柏(*Lycopodium juniperoideum* L.)、多穗石松(*Lycopodium multispicatum* Wilce)、反捲葉石松(*Lycopodium quasipolytrichoides* Hayata)、小杉葉石松(*Lycopodium selago* L. var. *appressum* Desv.)、線葉蔓石松(*Lycopodium pulcherrimum* Kuo)及相馬氏石松(*Lycopodium somai* Hayata)共十七種。而目前我們所採集到的有十二種。

表 3、紅檜微衛星 DNA 之引子序列

基因座		引子序列(5' to 3')	重複序列	長度(bp)
Co 31	F:	AACAAATAGGCACCCAACTTC	(CT)11	136
	R:	GATGGTGAGATGAGGGAGG		
Co 66	F:	CTAGGAGCCAATCTAAGACTTCTC	(CT)25	223
	R:	TGACAATGAAATCCTACAAGACC		
Co 67	F:	CTCAAATAACTACCCAAACTC	(CT)27	298
	R:	TCCAATGCCTTACAAAGC		
Co 69	F:	TATATTGGCTCAAGGTGGGT	(CT)13	242
	R:	AATCTGAGAGCTGCAAGGAA		
Co 88	F:	GAAGGTAGTTGGTAGAAGTATTAG	(CT)22	238
	R:	ACACATGGAAGCAATTATAC		
Co 93	F:	CAAGCAGCTACAACAAAGAATGAC	(CT)8	257
	R:	AGCAAGAAGGTGAAAGTTATGAGG		
Co 115	F:	AATACACAATCGAATCAATC	(CT)35	255
	R:	TGCAGGACTGGTTTTAG		
Co 118	F:	CTTGATTTATGATAGATTTGTTG	(CT)16	320
	R:	GGCATTAGACTTAGTGGATT		
Co 144	F:	CTTGTACTTGTTGGTTGTG	(CT)19	229
	R:	ATTTAGGTCTCTTTATAGTCCTT		
Cos0319	F	GCTACTAATAGAGGGAGGGA	(AG)17	220-275
	R	AATAAAATGACAAGGGGATA		
Cos1526	F	AGGAGCGGGTAGACATTATTCAGTC	(AG)20	156-188
	R	CCTATAGTATGCCCAAATCTTGTTGC		
Cos1536	F	GATCAAGTTCATAAGTTAGGATTG	(CT)15CC	194-260
	R	GTTTCTTTATGGAGGAGAAAGTGACAA		
Cos1761	F	CTTCCTGGTATGAATCAACT	(CT)14(AC)16	158-183
	R	ACGGACAAACATCTTCTCT		
Cos1874	F	TAGTGCTAGGGATTGATGAG	(GAT)6	195-202
	R	GACCACCTTGAACCTAACC		
Cos1951	F	AAGTGAAATAAGTCCTCATCAAATCC	(AG)16GG	184-254
	R	GTTTCTTCATGAACATAACCAACTGCC		
Cos1991	F	AATTGCGTGATATGAGTGTGTGGC	(AG)18	170-192
	R	CAGAGGGATAATTCCTTGTGAGGG		
Cos2126	F	GCGAAATCAAGTGGAGTC	(CTG)5	176-224
	R	AAGAGGGAGGATGTTGTAATAC		

表 3(續)、紅檜微衛星 DNA 之引子序列

基因座		引子序列(5' to 3')	重複序列	長度(bp)
Cos2165	F	GGTATCAACAAATCATCAAATGC	(TG)21	145-172
	R	GTTTCTTCAAGTTTGGAAATCAAGGGAG		
Cos2224	F	TGGTGATGTCAGGGTTAGAG	(CT)19	178-215
	R	GGCTAGGATGGGAGGG		
Cos2590	F	CAACCCACATCACCCACCTGAC	(CA)13	142-198
	R	TGGATGAGGAGAGGCAGTTGTAGTTA		
Cos2610	F	GATCTATGTCTCTTCGGTACTATT	(CA)13	177-206
	R	TTACACAATGGGATGATGA		
Cos2619	F	CCCTACCATTACCTGTTATATATGTGTG	(GT)14	171-192
	R	GCTATGGTTAGGATTTGGGACTG		
Cos2667	F	TTCCAATTATAACTCATTATGGG	(GT)13(GA)20	178-234
	R	TCCTTTATTCCTTTAATCTTGTTT		
Cos2680	F	CTTGCATGTGTTTTTACAAGCTAAG	(GT)13	160-180
	R	TTAGTATCATGTTCCAGGTTATTCTCTC		

表 4、南洋紅豆杉微衛星 DNA 之引子序列

基因座		引子序列(5' to 3')	重複序列	長度(bp)
TS01	F	AATTGGGGGCCTGAATAGAC	(TCC)5	158
	R	CACTCCAGGTCATGACACCA		
TS02	F	GCCACTCTATGGATACCCTTCA	(TTG)6	218
	R	TAATGAGATGGGAGGGGTGA		
TS04	F	CAAATTTGTGATATTCCAATTCCT	(AAAT)9	249
	R	GAGGTCCTACTGTCCCACACA		
TS05	F	TTCCATCTCCTAGGGATTCGA	(TAT)6	235
	R	CGCTACAGTAAAAACACGCAGA		
TS06	F	CGCTACAGTAAAAACACGCAGA	(ATA)6	290
	R	TTCCTAGTGATTGACGCCACA		
TS07	F	CTGTCCTCGGTGGCTACAAT	(TG)8	247
	R	TCCATCACAAGGCACAAAGA		
TS08	F	GGGGTCGGACTATCCTCAAC	(TG)7	255
	R	CACAAGGGACAAGGTTGGTT		
TS09	F	TGCTTTTGGGAAATGTTGTG	(TC)12	271
	R	CGAAAAAGGTACCATGGAAAT		
TS10	F	GGACACCAAGTTCCTTCTTGA	(AG)10	243
	R	TGGATTCTCCATTCCAAATGA		

表 5、鐵杉微衛星 DNA 之引子序列

基因座		引子序列(5' to 3')	重複序列	長度(bp)
AA01	F:	GGACTCTCTCATGTATTGCTATG	(CT)41	329-303
	R:	CGCAAAGGGCAACCAAGGAAGAC		
AA06	F:	AGCACACACACTTACCTCTCAAG	(CT)18	296-266
	R:	AGTACACAACAATATATCTTGGG		
EC07	F:	GACCATGATCAATCTGGGAGTG	(CT)29	162-124
	R:	AGTTCTCCTAGTGATACACG		
EC10	F:	CCTTAGGACTACTCTCTCT	(CT)26	410-306
	R:	CAGCATCAAGGAAGATTTT		
EC12	F:	CATTAAATTTGGGATATGCAAG	(GT)21	213-159
	R:	CCCAAAGGATCAAAATCTATTT		
EE06	F:	GGGTGTGTAGAGATCTAGTGTAG	(GA)17	308-238
	R:	GYAGCATAAACAATGTAKAGATG		
EE10	F:	CACCTTCCAATTTTCAACTCT	(CT)17	141-107
	R:	GCCCAAGGAGATGGCTTTTGC		
EE12	F:	AAACAACCCATGTTGCTTTCA	(AC)14	190-158
	R:	CCGCTGGGAACCGATAGGAGG		
EH032	F:	TGGGAAAGGAGGGTTAAATAG	(AG)24	236-202
	R:	AGACCACCTTCTACCTCAAGC		
AC07	F:	TCTCTCTTTCTCTCTCTCACC	(CT)15	153
	R:	CTTGCTATTCATTCTACTTTGCC		
AD05	F:	CTTGCTTGAATCTATTAGTTGAG	(AG)18	173
	R:	ACCTAAACTCCATTTTCT		
AE05	F:	CCAAAACCAACATGCCCTAGTTC	(AG)48	359
	R:	TAAACATTGCTCTTCCTGCCAC		
ED08	F:	AAGAGATCATAACCCAAATAC	(AC)24	213
	R:	CCCCATAGAAAATTGTGAGAC		
EF01	F:	CACCACCCCTGTCTTTAACTCT	(CT)22	301
	R:	TGAAGGGTGGATTAGGGAGAT		
EG12	F:	GAGGCTAGAGGCATGCATGGC	(CT)22	163
	R:	CATGTGTAGACAAGATRAGGG		

表 6、石松微衛星 DNA 之引子序列

基因座	引子序列(5' to 3')	重複序列	長度(bp)
For A	F: ATGCCTGGGCTTATGCCACC	(TTG)7	283
	R: CGGCCGCGAATTCAGTAGTGA		
For B	F: CATATTTAAGCAATTCCCCT	(AG)74	304
	R: CCATTGTAATCTTCGCTGTC		
For C	F: CAATGCTTAAGGGTCCACAA	(TG)11(AG)62	298
	R: TTCATTAGATGGAGCATAACAG		
For D	F: GCTAATCTACTACTAGCAAC	(GA)54	310
	R: CAAGAGTAGGTTTCATTAGAT		
For E	F: CTAGAGTTGGGTTCGGCTGGA	(AG)49	301
	R: TCCAGCCGACCCAACCTCTAG		
For F	F: ATCTGGATACATCGCGCATG	(AG)25	267
	R: ATTTTCATACAACCATTGTAC		
For G	F: CAATGCTTAAGGGTCCACAAA	(GA)17N(GT)6N(AG)10	303
	R: TCATTGTACCCTTTGTTGTCTT		
For H	F: GCTATGAAGAGTGTCCGTTT	(AG)53	266
	R: TTTCCACATCTTATTGTACC		
For I	F: AGATGTGGGAATACAGTGTGC	(CAA)7	280
	R: GCCGCGAATTCAGTAGTATT		

表 7、紅檜微衛星 DNA 不同之基因座在個體所顯現之基因型(I~IV 表示同一基因座之不同基因型)

個體\基因座	COS2224	COS2590	COS2619	COS2680	COS1991	COS2667	COS1874	COS2165	COS1536	COS2126	CO66
SL01	I	I	I	I	I	I	II	I	I	I	I
SL02	I	I	I	I	I	I	I	I	II	I	I
SY01	I	II	I	I	I	II	I	II	III	I	I
SY02	I	III	I	II	I	II	I	II	II	I	I
SY03	III	IV	I	II	I	I	I	II	III	I	I
SY04	I	IV	I	I	I	I	I	IV	II	I	I
TC01	I	III	I	II	I	I	III	III	IV	I	I
TC02	I	III	I	II	I	I	I	II	II	I	I
YK01	I	III	I	I	I	I	III	II	IV	I	I
YK02	IV	IV	I	I	I	II	I	III	I	I	I
YK03	III	IV	I	I	I	I	I	III	III	I	I
YK04	I	III	I	I	I	II	III	II	IV	I	I
KK01	III	IV	I	I	I	I	I	IV	II	I	I
KK02	III	IV	I	II	I	I	I	II	III	I	I
KK03	III	IV	I	II	I	I	I	II	IV	I	I
TK01	III	IV	I	II	I	II	I	V	IV	I	I

表 7、(續)紅檜微衛星 DNA 不同之基因座在個體所顯現之基因型(I~IV 表示同一基因座之不同基因型)

個體\基因座	COS2224	COS2590	COS2619	COS2680	COS1991	COS2667	COS1874	COS2165	COS1536	COS2126	CO66
TT01	II	III	I	I	I	II	III	II	IV	I	I
TT02	II	III	I	I	I	II	III	II	IV	I	I
TT03	III	III	I	II	I	I	I	II	II	I	I
TT04	III	IV	I	I	I	I	I	II	II	I	I
T1801	I	III	I	I	I	II	I	III	II	I	I
T1802	II	IV	I	III	I	II	I	II	IV	I	I
SS01	V	IV	I	II	I	III	IV	II	II	I	II
SS02	V	IV	I	I	I	III	IV	II	IV	I	II

表 8、南洋紅豆杉微衛星 DNA 不同之基因座在個體所顯現之基因型(I~III 表示同一基因座之不同基因型)

個體\基因座	TS01	TS02	TS03	TS04	TS05	TS06	TS07	TS08	TS09	TS10
T01-01	II	I	-	I	I	I	I	I	-	I
T01-02	I	I	-	I	I	II	I	I	-	I
T01-03	I	I	-	II	I	III	I	I	-	I
T01-04	I	I	-	II	II	III	II	I	-	I
T01-05	I	I	-	I	I	III	I	I	-	I

表 9、鐵杉微衛星 DNA 不同之基因座在個體所顯現之基因型(I~III 表示同一基因座之不同基因型)

個體\基因座	AC05	EE06	EE10	EH32
CSS01	III	III	III	II
CSS02	I	III	III	II
CTT01	I	I	II	II
CTT02	II	I	II	II
CTT03	III	I	III	II
CTT04	II	III	III	II
CTT01	I	III	III	III
CTT02	I	III	III	II
CTK01	I	II	I	I
CSY01	I	III	II	I
CSY02	I	II	I	II
CTK02	I	III	I	I

表 10、石松微衛星 DNA 不同之基因座在個體所顯現之基因型(I~IV 表示同一基因座之不同基因型)

種\基因座	For A	For B	For C	For D	For E	For F	For G	For H	For I
著生型									
福氏石松	I	I	I	I	I	I	I	I	I
鱗葉石松	I	I	I	II	II	I	I	I	I
垂枝石松	I	II	II	II	II	II	II	II	II
銳葉石松	I	I	I	I	II	II	II	II	II
杉葉石松	II	III	II	II	II	II	II	II	II
地生型									
長柄千層塔	--	--	III	--	III	--	--	--	--
地刷子	III	--	--	--	--	--	--	--	--
石松	III	--	--	--	--	--	--	--	--
玉山石松	III	--	IV	--	--	--	--	--	--
玉山地刷子	III	--	IV	--	--	--	--	--	--
杉葉蔓石松	III	--	IV	--	--	--	--	--	--
玉柏	III	--	IV	--	--	--	--	--	--

表 11、紅檜、南洋紅豆杉及鐵杉不同微衛星 DNA 之基因歧異度(Num. alleles：基因座之 allele 數目；Ho：實際之 heterozygosity；He：預測之 heterozygosity；Allelic range：片段差異範圍)

Speices	Locus	Num. alleles	Ho	He	Allelic range(bp)	
<i>Chamaecyparis formosensis</i>	COS2224	5	0.04167	0.68883	25	
	COS2590	5	1	0.77216	16	
	COS2619	1	0	0	0	
	COS2680	3	0.375	0.58422	10	
	COS1991	1	0	0	0	
	COS2667	2	0	0.49645	10	
	COS1874	2	1	0.51064	10	
	COS2165	5	0.375	0.33599	30	
	COS1536	4	0.625	0.49379	15	
	COS2126	2	1	0.51064	20	
	CO66	2	1	0.51064	10	
	Mean	2.909	0.49242	0.44576	13.273	
<i>Taxus sumatrana</i>	TS01	3	0	0.62222	10	
	TS02	2	1	0.55556	25	
	TS04	2	0	0.53333	5	
	TS05	2	0	0.53333	5	
	TS06	3	0.6	0.51111	50	
	TS07	2	0	0.53333	10	
	TS08	2	1	0.55556	10	
	TS10	2	1	0.55556	20	
		Mean	2.25	0.45	0.55	16.875

表 12、紅檜及南洋紅豆杉族群之衛星 DNA 歧異度(Mean Num. alleles：平均基因座之 allele 數目；Mean Ho：平均實際之 heterozygosity；Mean He：平均預測之 heterozygosity；Mean Allelic range：平均片段差異範圍)

	Population	Mean Num. alleles	Mean Ho	Mean He	Mean Allelic range
<i>Chamaecyparis formosensis</i>	SL	1.636	0.54545	0.37879	5.545
	SY	2.182	0.52273	0.47403	9.545
	TC	1.818	0.54545	0.4697	7
	YK	2.091	0.47727	0.42208	8.818
	TT	2	0.43182	0.41234	7.727
	T18	1.818	0.45455	0.4697	7.455
	KK	1.818	0.51515	0.37576	7.091
	TK	1.545	0.54545	0.54545	7.091
	SS	1.636	0.45455	0.36364	6.182
<i>Taxus sumatrana</i>	TA01	4	0.5	0.4375	14.375
	TA02	2	0.41667	0.53333	13.125

表 13、根據微衛星 DNA 估算之紅檜遺傳分化指數(FST)

F _{ST}	人工林	新中橫地區			南橫地區					
		SL	SS	TT	T18	SY	TC	YK	KK	TK
人工林	-									
	SL	-								
	SS	0.1515	-							
新中橫地區	0.1238			-						
	TT	0.1649	0.104	-						
	T18	0.1611	0.1852	0.0403	-					
南橫地區	0.03928			0.02136		-				
	SY	0.0101	0.06	0.0064	0.0518	-				
	TC	0.0782	0.127	0.0744	0.1171	0.1079	-			
	YK	0.0069	0.1139	0.0059	0.0254	0.0585	0.0141	-		
	KK	0.1907	0.0509	0.0689	0.2198	0.0478	0.1461	0.123	-	
	TK	0.2691	0.1529	0.0086	0.0921	0.0374	0.0393	0.066	0.0278	-

表 14、根據微衛星 DNA 估算之南洋紅豆杉遺傳分化指數(F_{ST})

F_{ST}	台大實驗林	阿里山
台大實驗林	-	
阿里山	0.16548	-

表 15、根據微衛星 DNA 估算之鐵杉遺傳分化指數(F_{ST})

FST		雪山山脈		新中橫地區		南橫地區			
			CSS		CTT	CPY		CSY	CTK
雪山山脈		-							
	CSS		-						
新中橫地區		0.16129		-					
	CTT		0.37255		-				
	CPY		0.2		0.46919	-			
南橫地區		0.51515		0.43529			-		
	CSY		0.5		0.55378	0.55556		-	
	CTK		0.66667		0.62791	0.73333		0.55556	-

第三節 討論

一、 分子指紋在保育工作的可行性

近年來分子生物學蓬勃發展，提供了學者生物學的嶄新視野，並解決過往許多困擾生物學者的棘手問題。在物種親緣的研究上，系統分類學者以分子序列如 DNA、蛋白質等遺傳物質，因源來自於共同祖先之同源特徵，重建物種親緣並顯現物種演化的歷史(Graur and Li 2000)。另外在分子技術的快速發展如聚合酵素連鎖反應(PCR)技術、基因選殖(cloning)及分子定序技術(sequencing)的成熟等，也使得分子生物學成為生物學的主流之一。而分子技術如隨機擴增多型性 DNA(RAPD)、限制性片段長度多形性 DNA(RFLP)、擴增片段長度多形性 DNA(AFLP)、同功酵素(isozyme)和微衛星 DNA(microsatellite DNA)等多被用於研究物種親緣或族群遺傳研究(Goldstein and Schlötterer 1999)，其中根據 DNA 序列之片段多型性所發展出來之分子指紋技術(DNA fingerprinting)更被廣泛利用及重視，一如國際性期刊 *Molecular Ecology Notes* 即專門刊登分子指紋相關的文章。雖然 DNA 在生物體內皆由四個核苷酸所組成，但由於核苷酸排列組合的不同造就了變化萬千的遺傳多樣性，而分子指紋就是依據核苷酸序列不同排列而發展出來的技術。分子指紋最早是由 Jeffreys et al. (1985)所提出，主要是以重複序列作為探針(probe)，用以和 DNA 序列雜合並顯現其多型性，由於物種、族群及個體所帶有之遺傳訊息均具有其多樣性及獨特性，藉由分子指紋技術將可顯現物種族群間的差異，更進一步瞭解其演化歷史及族群動態。

總和來說，分子指紋技術包含了 RAPDs、RFLP、AFLPs 以及 microsatellites，隨機擴增多型性 DNA (RAPDs)利用聚合酵素連鎖反應原理以 *Taq* polymerase 在溫度循環器隨機擴增基因座間片段，相較於傳統 PCR 技術中使用高度專一性的引子及較高的黏合溫度(45-60°C)，RAPD 以由 10 個隨機組成的鹼基組成專一性低的單一引子，在較低的溫度下進行黏合，因此具有相當高的敏感性，而其多型性的產生主要是因為(1)在兩端引子黏合複製區中插入長片段 DNA 序列，因片段過長無法複製造成此一複製區缺失；(2)在兩端引子黏合複製區中插入或缺失短片段 DNA 序列，因而造成增幅片段長度的改變；(3)在引子黏合區產生缺失情形，造成無法增幅或增幅較長片段；(4)

在引子黏合區產生核苷酸取代使得 PCR 增幅時改變片段長度或無片段產生。隨機擴增多型性 DNA 技術在 1990 產生，因技術簡單、可大量顯現 DNA 訊息等優點，到 1996 年短短 6 年就已經產生約 3000 篇相關文獻，即便現今仍受到學者重視；限制性片段長度多形性 DNA (RFLP)利用來自於原核生物之限制核酸內切酶(endonuclease)作用於生物基因組，限制核酸內切酶由 4-6 鹼基所組成 且具有專一性，可辨識並切下特定 DNA 區段，當 DNA 發生插入或刪除情況時會改變 DNA 片段長度，進而以此推算彼此的差異，可用於建構基因圖譜、重建物種親緣以及親子鑑定等；增擴片段長度多形性 DNA (AFLP)主要是由 Zabeau and Vos (1993)及 Vos et al. (1995)所提出，藉由整合 RFLP 及 PCR 技術所形成之分子指紋技術，原理在於利用兩種不同之限制核酸內切酶切下 DNA 片段，利用已知序列之 adaptor 接上 DNA 片段後，在第一次 PCR 時根據 adaptor 設計引子，在 5'端為互補之序列，在 3'端則為延長 1 鹼基以篩選特定 DNA 片段，每當引子增加 1 個鹼基時將會增幅較高專一性之 DNA 片段，以原先 PCR 產物進行第二次 PCR 時，以 3'端延長 3 個鹼基及具有螢光標定之引子將可篩選出較高專一性之片段，而 AFLP 除了擁有 RFLP 的優點外，更可瞭解在限制核酸內切酶切點鄰近之核苷酸序列及差異，在應用上可用於探討分子分類、族群遺傳結構、建構基因圖譜等方面，雖然 AFLP 功能強大，但因需要較好之 DNA 品質及易產生特定片段等限制造成其實際應用仍具有困難；微衛星 DNA (microsatellite DNA)，又稱為 simple sequence repeats (SSRs)，早在 1970 年即被發現並因普遍存在於各類生物體遺傳訊息中而隨即受到重視，而在 1991 年第一次從植物基因體中篩選出微衛星 DNA (Weising et al. 1991; Beyermann et al. 1992)，在研究初期，一般認為和動物基因組相比較，其在植物體基因組中豐富度較低，但近年來隨著研究技術成熟、相關資料豐富，證實在植物基因組之豐富度較原先預測來的高(Candle et al. 2000; Morgante et al. 2002)，微衛星 DNA 是由 1-6 個核苷酸組成之重複序列，在動物基因體中最常見之重複序列主要為(A)_n、(CA)_n 及其互補股 (Aitman et al. 1991; Beckmann and Weber, 1992; Jurka and Pethiyahoda 1995)，在植物基因體中則為(A)_n、(AT)_n、(GA)_n 及(GAA)_n (Cardle et al. 2000; Morgante et al. 2002; Toth et al. 2000)，而在植物葉綠體基因組中則常見(A)_n 或(T)_n 單一重複序列(Powell et al. 1995a; Powell et al. 1995b)；除了重複序列

不同外，微衛星 DNA 可分成(1)完美重複(perfect repeats)，也就是單一核苷酸序列重複所形成之微衛星 DNA，重複序列並無被打斷的情形；(2)不完美重複(imperfect repeats)，重複序列中有被一或多個非重複之核苷酸打斷，造成序列呈不連續重複；(3)複合型重複(compound repeats)，由多個不同完美或不完美之重複序列之核苷酸所組成(Weber 1990)；本研究主要是以微衛星 DNA 做為分子標記，建構紅檜、南洋紅豆杉、鐵杉及石松科植物的分子指紋，被分離及鑑定的微衛星 DNA 以(AG)、(CT)、(AC)為主，在石松科植物並分離出(TTG)、(CAA)的微衛星 DNA，進一步分析顯示，紅檜、南洋紅豆杉及鐵杉不同之個體均擁有獨特之基因型(表 7-9)，證實分子指紋實際應用的可行性，藉由微衛星 DNA 所建構之分子指紋資料將可分辨不同個體以及族群。

在紅檜的研究，我們比較紅檜在不同地區之微衛星 DNA 基因型發現新中橫及南橫地區部分個體有重疊情形發生，據此推測兩地理區間之紅檜均保有較古老之基因型或是曾經發生基因交流，造成兩地理區基因型部分重疊的情形產生，而在人工林中也發現和南橫部分個體有基因型重疊的情況，顯示人工林的族群可能以南橫的紅檜族群作為母本。而在南洋紅豆杉的研究，比較來自於台大實驗林及阿里山族群發現每一個體之基因型均不同，且完全沒有重疊情形發生，顯示南洋紅豆杉不同的族群及個體中均帶有獨特之基因型並且可用於辨識彼此的不同。而在鐵杉的分子指紋研究，比較來自雪山、新中橫及南橫族群發現彼此個體之基因型均不同，且完全無重疊現象產生，顯示鐵杉不同之族群及個體均帶有獨特之基因型且可用於辨識個體間的差異。

二、 紅檜、南洋紅豆杉及鐵杉的遺傳組成探討

(一) 紅檜 (*Chamaecyparis formosensis*) 隸屬於柏科 (Cupressaceae) 扁柏屬 (*Chamaecyparis*)，為台灣特有種，偏好生活在涼爽、潮濕的地區，主要分布於海拔 1000-2900 公尺的中高海拔雲霧帶山區，常和台灣扁柏 (*C. obtuse* Sieb. & Zucc. var. *formosana* (Hayata) Rehder) 及其他針葉樹木混生或形成純林，由於其分布範圍較廣泛，常可在中海拔山區發現其蹤跡，例如嘉義阿里山、南投溪頭以及新竹觀霧等均可發現紅檜巨木的存在，由於木材質地良好、不易腐壞等優良條件，適合用於建築加工、家具、雕刻等用材，為高級木材之一，又因為紅檜樹皮較薄且紋路細緻，俗稱為“薄皮”。在林業上由於其高經濟價

值，佔有極大的重要性，日據時代林木砍伐事業為政府主要經濟來源之一，而在國府接台之後，林木砍伐事業仍是政府主要推行事業之一；根據微衛星 DNA 之結果顯示，紅檜在野外族群之觀測異型合子比值較預測值高，代表野外族群仍保有較高之遺傳歧異度，推測主要是因為紅檜的分布海拔範圍較廣、族群數量多，加上野外族群保有老樹數量比例高，即使在過去大量砍伐之威脅下，現生族群仍然能夠保有較高之遺傳歧異度；當將不同地理區之紅檜相比較時，顯示位於塔塔加及石山工作站之異型合子比值較其他地理區低，推測主要是因為早期伐木事業主要產地為阿里山、塔塔加一帶，伐木業的盛行加上開發較早，造成新中橫具有古老基因型之老樹被砍伐，只留下較小或無經濟價值之老樹，使得位於阿里山到塔塔加一帶之紅檜保有較低之遺傳歧異度，老樹因受到過去伐木影響而造成數量減少而不易見；但位於南橫之紅檜族群則相對保有較高之遺傳歧異度，推測主要受到開發時間較晚，且有國家公園的設立，相較於阿里山、塔塔加一帶的族群因伐木事業而數量減少，南橫地區能夠保有較多老樹，其分布的比例及範圍也較廣泛。

另一值得注意的是位於杉林溪及雪山登山口之紅檜族群，當地之族群雖多為樹齡較短之人工林，但仍保有較高之遺傳歧異度且和南橫部分族群之基因型重疊，推測可能是當初造林時曾經使用由向陽、天池等具有較高遺傳歧異度地區採收種子培育之種苗，顯示在執行物種復育或栽種時，所栽植之種苗來源對於人工林之遺傳多樣性將有極大影響，在選擇栽植之種苗時，必須來自擁有較高遺傳歧異度之物種族群，避免選用遺傳同質化高之族群作為母本植物，才能保有較高之遺傳多樣性，避免有限保育資源之耗費。

遺傳分化指數的分析，結果顯示紅檜(表 13)在新中橫地區和南橫地區之分化指數低($F_{ST}=0.02136$)代表族群間無顯著分化，加上兩地理區間部分個體擁有相同之基因型，推測主要是因為兩地理區間均保有古老之基因型或是曾發生基因交流造成彼此間無顯著分化，而人工林和新中橫地區族群呈低度分化($F_{ST}=0.1238$)，但和南橫地區族群卻無顯著分化($F_{ST}=0.03928$)，加上人工林之個體擁有和南橫地區族群相同之基因型，推測人工林的母本族群主要來自於南橫地區之族群；在地理區內族群之遺傳分化指數顯示新中橫及南橫兩地理區內之族群分化指數均低($F_{ST}=0.0374-0.1079$)，顯示地理區內之族群有基因交流情形，造成地理區內族群呈現低度或無分化狀況；而人工林內之族

群分化指數為 0.1515，顯示兩族群為中度分化，推測主要是因為兩族群之母本物種來自於南橫地區不同族群，因此造成兩族群間呈現中度分化情況。

(二) 南洋紅豆杉(*Taxus sumatrana*) 隸屬於紅豆杉科(Taxaceae)紅豆杉屬(*Taxus*)，零星分布於海拔 2600 公尺的山區，數量極為稀少。由於木材質地精細、顏色豐富及樹形特殊等特性，適合用於雕刻、建築用途，因此過去曾遭受到極為嚴重之盜採濫伐，造成其族群數量在野外分布更為稀少，但自從政府明令禁止南洋紅豆杉之砍伐及買賣，其受到人為活動威脅的情況有稍減緩。而近年來紅豆杉屬植物在藥用醫療方面受到高度關切，主要是因為學者證實從太平洋紫杉(*T. brevifolia*)植物體所萃取之紫杉醇(taxoids)對於部分惡性腫瘤具有療效(Nicolaou and Guy 1996)；Shen et al. (2002, 2005)證實由南洋紅豆杉所萃取之紫杉醇的確對於部分腫瘤及癌細胞具有抑制效果，更彰顯了南洋紅豆杉的重要性。相對於紅檜族群具有較高之遺傳歧異度，南洋紅豆杉族群之異型合子觀測值(0.45)則較期望值(0.55)低，顯示南洋紅豆杉族群在野外保有較低的遺傳歧異度，比較來自於台大實驗林及阿里山族群發現遺傳分化指數(表 14)為 0.16548，顯示此兩個族群呈現中度分化情形，加上兩族群帶有不同之基因型，顯示兩族群間鮮少發生基因交流。南洋紅豆杉原本分布較為狹隘、數量稀少，一般皆認為其為稀有、瀕危之植物，由於盜採濫伐情形嚴重，造成原本零星分布之南洋紅豆杉分布更為稀少，過去曾經記錄之個體現今也消失殆盡造成本次實驗採樣困難，顯示南洋紅豆杉物種在保育上的重要性及急迫性；保育目的在於維護生物多樣性，減少人為或自然因素造成物種或族群滅絕，而保育遺傳學主要以分子層面探討物種保育，維持物種遺傳歧異度以適應環境的改變，包含對於族群有效的經營管理、厘清物種分類地位、定義有效保育單位以及利用分子技術瞭解物種遺傳結構。維持物種遺傳歧異度是重要且必須的，維持遺傳歧異度才能物種在環境變動下能有較高機會存活，族群數量的維持是相當重要的，由於每一世代均會損失 $1/2N$ 遺傳歧異度(N 代表族群數目)(Frankham et al. 2002)，所以一物種必須要維持其最小有效族群數量才能避免滅絕，保育的觀念隨著分子技術的進步而有所改變，傳統的保育觀念是以物種數量為主，單純地認為物種數量越多對於物種存活越有利，可能利用近親繁殖出大量後代或是只保育特定地區的物種，如明尼

蘇達灰狼在 1949 年被重新引進安大略湖，現有的族群均只來自同一對親代，導致近親交配十分嚴重，雖然其族群數量在 1980 年曾增加至 50 隻個體，但因近親繁殖衰退(inbreeding depression)，導致其適存度降低、族群數量小且繁殖率低(Laikre and Ryman 1991)，此種保育方法雖然能產生並保有大量的個體，但由於近親交配結果，造成同型合子(homozygote)比例增高，造成遺傳歧異度喪失，易發生遺傳疾病或無法適應環境改變而滅絕。若要避免近親交配過於嚴重，可引進外來族群來增加其遺傳歧異度，引進外來族群雖然會短暫地影響族群數量(Madsen et al. 1999; Westemeier et al. 1998)，但會減少其近親交配機率，將有效增加物種遺傳歧異度與提高適存度，對於族群的延續是必要的。如墨西哥所羅門的 topminnow fish 上游族群在 1978 年因河床乾枯而滅絕，新族群的建立均來自於同一個體，因此近親交配比例高，導致其抵抗傳染病及惡劣環境的能力極差，在 1983 年至下游引進 30 隻母魚並成功提高其適存度，減低近親繁殖衰退對於族群的影響(Vrijenhoek 1994)。

根據分子層面的保育則必須要考慮到族群遺傳結構，由於近親交配跟遺傳漂變均會造成遺傳歧異度的下降，執行保育計畫時則更須注重維持異型合子比例及有效族群數量，以提供物種在面對環境改變時能具有較高的適存度。近年來台灣生態保育觀念抬頭，保護區的設立、瀕危物種的保育等對於自然環境的保護將有助於維持生物多樣性，其中物種遺傳多樣性與物種生存與否更是息息相關，已有許多研究顯示一旦物種喪失其遺傳多樣性，其物種或族群均存在著高度滅絕的危險性，因此著重於物種遺傳多樣性的保育、訂定具有遺傳歧異度的保育單位將有助於物種族群的延續。一旦南洋紅豆杉野外數量過少時將可能造成物種絕滅，為了要避免此情形發生針對南洋紅豆杉的保育及復育是必要且刻不容緩的。比較不同族群之遺傳歧異度發現位於台大實驗林(TA01)之南洋紅豆杉相對於野外族群(TA02)保有較高之歧異度，顯示台大實驗林所保存之南洋紅豆杉具有較高之異型合子比值，在物種種原保存上具有一定的貢獻。

(三)鐵杉(*Tsuga chinensis* (Franchet) Pritz. ex Diels var. *formosana* (Hayata) Li & Keng)隸屬於松科(Pinaceae)鐵杉屬(*Tsuga*)，為台灣特有變種，主要分布於海拔 2000-3500 公尺之山區，常與其他針葉樹形成混合林或獨自形成純林，雖

然鐵杉常和台灣扁柏、紅檜等針葉樹混生，但遠觀可發現鐵杉樹形為具有許多分枝形成似傘形、枝條呈現展開狀及樹皮呈現雲斑狀，近觀可發現葉子成螺旋狀生長且成線形等特徵可和其他樹種作為區分。玉山國家公園境內之塔塔加大鐵杉因座落於登山健行者必經路線，加上樹形優美壯觀且保護得當，已成為遊客駐足之重要觀光景點，儼然成為玉山國家公園指標物種之一，而針對大鐵杉族群進行分子指紋的建構將能彰顯國家公園對於物種保育的重視。根據微衛星 DNA 結果顯示每一個體間均擁有獨特之基因型，藉由不同之基因座組合將可用來分辨個體差異，證實分子指紋在保育應用的可行性。比較鐵杉不同族群之遺傳分化指數(表 15)顯示族群間均呈現顯著分化($F_{ST} = 0.1629-0.7333$)，顯示族群間鮮少基因交流產生。

植物種原保存在保育上也是重要議題之一，簡單地說種原就是植物遺傳資源，由於人為活動干擾因素，造成野生生物族群的數量減少及棲地破碎化，為了避免受干擾之物種的滅絕，種原保育對於保留其遺傳歧異度極為重要。種原保育主要著重於(1)原棲地保存；由於生物為了適應生育棲地而演化出不同的特性，因此在不受干擾情形下在原棲地復育瀕危之植物將有助於其穩定生長及恢復族群數量，並定期進行族群調查、評估遺傳多樣性等以瞭解野外生物之族群結構，此一方法通常是最適合應用於保育但卻是最困難執行，主要在於棲地一旦遭受破壞將無法短時間內復原，加上人為干擾不易移除，造成原棲地保存困難性增加，(2)移地保存；由於生物干擾耐受程度不同，造成部分物種可能無法忍受原棲地之外在持續干擾，因此必須進行移地保存的動作，將瀕危之生物遷移至合適棲地或保育區，並給予合適之照顧以維持其族群數量，此方法需注意所移植之植株是否具有高度遺傳歧異度，避免取得來自於同一個體之後代造成遺傳均質化，降低物種遺傳歧異度而浪費有限保育資源。(3)種子庫設立；不僅是瀕危植物，高經濟作物及藥用植物也是種子庫保存目標之一，植物每一次繁殖大多能產生大量的種子，且每一顆種子均帶有來自親代之遺傳訊息，但由於棲地負荷量緣故造成部分種子無法生存於合適之棲地並萌芽生長，因此收集植物種子將有助於保有植物之遺傳多樣性，所收集之種子資源不僅未來可供植物復育之用，在植物育種、遺傳改良及生物學研究上均是不可或缺。

三、紅檜、南洋紅豆杉及鐵杉之保育策略探討

物種以下層次的遺傳多樣性，可分為個體、族群內及族群間三個不同的層次，而一物種的遺傳結構即為對偶基因(alleles)其異型合子(heterozygote)比例在個體、族群內及族群間的分佈，針對族群遺傳結構的研究，就保育物種而言乃十分重要；此外，利用分子遺傳親緣分析可解決分類上尚有問題的類群，確認物種在分類上的地位為瀕危野生族群有效管理的首要，此亦有助於物種保育管理單位的制定。在進行保育計劃時，針對一個具遺傳多樣性，且為 Evolutionary Significant Units (ESUs) (Moritz 1994)的物種之有效管理單位可節省不少資源。因此，在進行保育工作之前，除了必須努力將物種目前的情況忠實呈現之外，必須將根據遺傳結構研究及生態調查結果結合在一起，並且落實在管理策略的擬定上，這樣不但能讓物種保育工作達到預定的目的，而且也能夠減少因嘗試錯誤所造成人力及物力方面的浪費。

在紅檜的保育上，紅檜族群由於族群數量多、老樹比例多，雖然曾遭受過去伐木業的影響造成數量上的減少，但整體來說仍保有較高之遺傳歧異度，其中又以南橫地區之族群保有較高之遺傳歧異度，代表為遺傳歧異度的熱點，顯示國家公園及檜谷保育區的設立對於紅檜的保育的確有正面的影響，不僅能夠保存當地之老樹不受砍伐，更能保有老樹之遺傳多樣性。而人工林的栽種對於保有物種遺傳歧異度也是有必要的，只要選擇高遺傳歧異度之母本族群進行栽種，將能夠有效地保存紅檜之特有及多樣性。

而在南洋紅豆杉的保育上，野外族群由於零星分布、數量稀少等原因造成採樣不便，加上過去記錄之個體現在均已消失，由微衛星 DNA 所估算之異型合子也低於觀測值，顯示南洋紅豆杉族群的確受到嚴重的威脅，一旦物種之數量減少、遺傳歧異度喪失，將嚴重威脅到物種生存，建議針對南洋紅豆杉野外族群進行詳細記錄及觀察，並瞭解其遺傳結構組成，選取具有較高遺傳歧異度之族群進行保育及復育工作，以避免南洋紅豆杉在野外族群的滅絕。

在鐵杉的保育上，雖然在林業及藥用上不如紅檜及南洋紅豆杉重要，但也由於這些特性使得鐵杉能夠保有較為完整的族群分布，在野外常見巨大且數量眾多之鐵杉族群，樹形壯觀優美、高聳參天，顯現其在生態旅遊的重要性；塔塔加大鐵杉位於交通要道旁，完整的樹形及巨大之身影常吸引路過之

遊客駐足欣賞，加上受到國家公園妥善的保護，儼然成為塔塔加鞍部重要地標，不僅成為重要觀光景點之一，更是絕佳之生態保育教材，保有古老樹種不僅能夠作為生態旅遊之用，更能保有物種古老之基因型，對於民眾之遊憩教育及學術研究均有極大幫助。

老樹在學術應用、觀光遊憩上極為重要，不僅因本身帶有古老之遺傳歧異度，其所產生之子代同樣也攜帶著來自古老祖先之基因型；過去老樹的砍伐及死亡不僅造成野外族群的減少，更造成物種遺傳歧異度的喪失，如新中橫紅檜的砍伐及阿里山神木的死亡，均會造成古老之基因型的消逝，遺傳多樣性的喪失更顯得種原保育的重要性，種原保育上可保有物種之遺傳組成，藉由收集老樹之種子、花粉甚至於枝條均有助於維持物種之遺傳多樣性；老樹在物種演化歷史別具意義，在遭受外在壓力影響仍能存活並傳遞子代顯示其具有較高之適存度，用來與現生之族群比對更能瞭解物種遺傳結構改變及森林更新；在微衛星資料庫建立後不僅能夠鑑定物種來源，更能鑑定新生小苗之親代，瞭解族群更新狀態，並依此制訂合適之保育策略；在民眾教育上，古老樹種的保存代表著政府對於自然生態的重視，藉由休閒遊憩、生態解說等在潛移默化下教育民眾生態保育的重要性。

四、蕨類植物遺傳變異探討

結果可見各種間的微衛星序列片段的 haplotype 並不一致，似乎顯示微衛星序列片段 haplotype 可用來分辨石松科不同屬與各種間的差異。在所選取的 12 個樣本中，長柄千層塔為石杉屬，其他 11 個樣本則皆為石松屬。其中長柄千層塔不但僅有基因座 For C、E，且其 haplotype 與其它石松不同，是否可用為屬間區分之指標，有賴後續更多種類與樣本之研究。

就石松屬之生活型而言，從基因座的有無顯示著生型石松具有基因座 For A~I 而地生型石松則只有基因座 For A、C，可見地生型石松與著生型石松的微衛星序列片段 locus 組成是不同的。著生型石松具有的基因座 For B、D~I 在地生型石松是缺失的。因此，後續應繼續進行更多微衛星序片段尋找，[編排?]以確認著生型石松及地生型石松之微衛星序列片段組成之不同。

另由海拔高度來看，著生型的福氏石松、鱗葉石松、垂枝石松、銳葉石松以及杉葉石松其族群大多分布於台灣中低海拔山區，而地生型的地刷子、

石松等族群分布主要在台灣中海拔山區，其他地生型石松：玉山石松、玉山地刷子、玉柏及杉葉蔓石松等則分布在台灣高海拔山區。由微衛星序列片段基因座 For C 來看，可觀察到於中海拔之地生型石松在基因座 For C 是缺失的。顯示 locus For C 可能會受到生育地環境的影響。

近年來園藝造景事業逐漸為國人所重視，而外形優美的石松科植物由於相當具有觀賞價值，因此常受到園藝業者的濫採，許多種類之族群已面臨著過度採集的壓力。另外一些地生型石松因為其分布地點位於中高海拔山區，面對全球環境溫度變遷的影響，其棲地環境可能有消失的危險；遺傳歧異度的確保，當有助於其對環境變遷壓力的適應。由於石松科植物種群面臨的環境壓力不同，因此我們的保育策略也需分別因應。本研究結果初步顯示，微衛星指紋對於不同種群、不同生活型及不同海拔的石松科植物具有辨識功能。

第三章 結論與建議

第一節 結論

紅檜族群在歷經過去伐木事件後仍然保有較高之遺傳歧異度，其中新中橫地區之族群受到早期伐木影響造成遺傳歧異度較低，南橫地區之族群因受到國家公園及檜谷保護區的設立而保有較高遺傳歧異度。南洋紅豆杉族群在野外極為稀少且不易見，加上其遺傳歧異度較低顯示南洋紅豆杉迫切地需要進行保育及復育。鐵杉族群由於數量龐大、基因型獨特，推測在維持棲地完整性的情形下將不會影響其物種延續。石松族群各種間的遺傳結構皆有變異，因此除了稀少以及特有種外，即使是廣泛分布的物種也應該選擇性的保存，以保持玉山地區石松族群的多樣性。

第二節 建議

傳統的保育觀念在於維持物種族群數量，純粹以數量來決定物種是否可以延續下去，因此常利用近親交配或無性繁殖等方法以增加族群數量，而這種情形雖然會增加族群數量，但極有可能導致族群發生近親衰退，造成族群數量減少、物種滅絕等情況。以保育遺傳的角度來談，維持物種遺傳多樣性是極為重要的，具有較高遺傳歧異度的物種在面臨外在環境改變情況下能具有較高的適存度，能夠適應環境的改變而存活並成功留下子代；一旦物種之遺傳歧異度降低，極有可能受到遺傳漂變等因素造成數量減少、物種滅絕等，因此保持物種遺傳歧異度將有助於物種延續。

國家公園的設立對於物種的保育是極為重要的，不僅可以減低人為干擾，更可以針對園區內之物種進行研究及保育工作，紅檜、南洋紅豆杉及鐵杉均為重要經濟、觀光及藥用植物之一，過去人為干擾對於其野外數量、族群分布及遺傳組成均造成影響，不同物種受威脅程度也有所不同，因此針對各物種進行研究以瞭解不同物種現今之數量、分布及遺傳組成將有助於為各物種提供合適保育策略；紅檜雖然曾受到過去砍伐影響而降低老樹數量及分布，但仍保有較高之遺傳歧異度顯示針對紅檜進行保育時，主要針對於維持野外族群數量及棲地完整性以降低外在因素干擾；南洋紅豆杉在野外族群數

量稀少且遺傳歧異度較低，建議進行野外族群調查並明確記錄標示每一族群、個體之分布範圍，以進行原地保育如定期巡視、減低人為干擾等，而種原保存如收集種子、小苗甚至於枝條等以分別進行保存、扦插等將有助於維持南洋紅豆杉之遺傳歧異度；鐵杉族群均保有獨特之基因型，建議維持棲地完整性以減少人為破壞，將有助於鐵杉族群的延續。由於石松科植物族群的種間具有遺傳變異，因此應該進一步去了解其泛分布物種，以及稀少和特有種之族群遺傳結構研究，以了解後續關於玉山地區石松族群之保育策略如何制定。

生物多樣性包含生態系多樣性、物種多樣性及遺傳多樣性，其中遺傳多樣性更是近年來研究重點之一，物種一旦喪失遺傳多樣性便可能無法適應環境的改變而造成數量減少、物種滅絕等危機，因此保有高度之遺傳多樣性對於生物而言是不可或缺的，維持生育地完整便是保有物種遺傳多樣性策略之一，減少外在壓力干擾將可減少歧異度喪失，除了維護物種生育地完整外，種原的保存也是極為重要的，種子庫的設立將有助於保有物種遺傳歧異度，而這些工作將有賴於國家公園管理處積極處理以維持台灣之生物多樣性。

誌謝

感謝中興大學 呂金誠教授、國立自然科學博物館 楊宗愈研究員以及特有生物保育中心 彭國棟副主任對於本計畫執行期間所給予之指正與協助。

感謝實驗室同仁在計畫執行期間所給予之協助及指導。

參考書目

- 吳兆弘、秦仁昌 (1991) 中國蕨類植物科屬志。科學出版社。
- 郭長生、王建平、王弼昭、曾景亮、王順美、張惠英、翁莉莉、蕭淑娟 (1988) 玉山國家公園關山區維管束植物調查研究報告(一、二)。內政部營建署玉山國家公園管理處出版。
- 郭城孟 (1988) 玉山國家公園東埔玉山區維管束植物細部調查研究報告(一、二)。內政部營建署玉山國家公園管理處出版。
- 郭城孟 (1990) 八通關草原生態之研究。內政部營建署玉山國家公園管理處出版。
- 郭城孟 (1999) 台灣維管束植物簡誌。行政院農業委員會出版。
- 郭城孟、張和明 (1999) 玉山國家公園瓦拉米地區生態資源與經營管理之研究。內政部營建署玉山國家公園管理處出版。
- Aitman, T. J., C. M. Hearne, M. A. McAleer, and J. A. Todd. (1991) Mononucleotide repeats are an abundant source of length variants in mouse genomic DNA. *Mammalian Genome*. 1: 206-210.
- Asako M., N. Tani, X. G. LI, Y. Nakao, N. Tomaru, and Y. Tsumura (2006) Development and polymorphisms of microsatellite markers for hinoki (*Chamaecyparis obtuse*). *Molecular Ecology notes*. 6: 310-312
- Beckmann, J. S., and J. L. Weber (1992) Survey of human and rat microsatellites. *Genomics*. 12: 627-631.
- Beyermann, B., P. Nurnberg, A. Weihe, M. Mexixner, J. T. Epplen, and T. Borner. (1992) Fingerprinting plant genomes with oligonucleotide probes specific for simple repetitive DNA sequences. *Theoretical and Applied Genetics*. 83: 691-694.
- Beckmann, J. S., and J. L. Weber (1992) Survey of human and rat microsatellite. *Genomics*. 12: 627-631.
- Candle, L., L. Ramsay, D. Mibourne, M. Macaulay, D. Marshall, and R. Waugh (2000) Computational and experimental characterization of physically clustered simple sequence repeats in plants. *Genetics*. 156: 847-854.

- Chiang, T. Y., Y. C. Chiang, Y. J. Chen, C. H. Chou, S. Havanond, T. N. Hong, and S. Huang (2001) Phylogeography of *Kandelia candel* in East Asiatic mangroves based on nucleotide variation of chloroplast and mitochondrial DNAs. *Molecular Ecology*. 10: 2697-2710
- Chiang Y. C., K. H. Hung, B. A. Schaal, X. J. Ge, T. W. Hsu and T.Y. Chiang (2006) Contrasting phylogeographical patterns between mainland and island taxa of the *Pinus luchuensis* complex. *Molecular Ecology*. 15: 765-779.
- Doyle J. J., and J. L. Doyle (1987) A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin*. 19: 11-15
- Frankel O.H., and M. E. Soulé (1981) Conservation and evolution. Cambridge University Press, Cambridge, UK.
- Frankham, R., J. D. Ballou, and D. A. Briscoe (2002) Introduction to Conservation Genetics. Cambridge University Press, UK.
- Goldstein, D. B., and C. Schlötterer (1999) Microsatellites: Evolution and Applications. Oxford University Press, Oxford.
- Graur, D., and W. H. Li (2000) Fundamentals of Molecular Evolution 2nd. Sinauer Associates, USA.
- Hamrick, J. L. and R. W. Allard (1972) Microgeographical variation in allozyme frequencies in *Avena barbata*. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 69: 2100-2140.
- Hikida T. and H. Ota (1997) Biogeography of reptiles in the subtropical East Asian Islands. In: *The Symposium on the Phylogeny, Biogeography and Conservation of Fauna and Flora of East Region*, National Taiwan Normal University, Taipei, Taiwan. 11–18.
- Hsu K. C., J. P. Wang, W. L. Chen, and T. Y. Chiang (2004) Isolation and characterization of microsatellite loci in *Acrossocheilus paradoxus* (Cyprinidae) using PCR-based isolation of microsatellite arrays (PIMA). *Conservation Genetics*. 5: 1-3
- Hugh W., E. Pritchard, A. Benowicz, D. Ally, and C. Ritland (2003) Microsatellite markers in western hemlock [*Tsuga heterophylla* (Raf.) Sarg]. *Molecular ecology notes*. 3: 592-594.

- Laikre, L., and L. Ryman (1991) Inbreeding depression in a captive wolf population. *Conservation Biology*. 5: 33-40.
- Jeffreys A. J., V. Wilson, and S. L. Thein (1985) Hypervariable 'minisatellite' regions in human DNA. *Nature*. 314: 67-73.
- Jurka, J., and C. Pethiyagoda (1995) Simple repetitive DNA sequences form primates: compilation and analysis. *Journal of Molecular Evolution*. 40: 120-126.
- Madsen, T., R. Shine, M. Olsson and H. Wittzell (1999) Restoration of and inbred adder population. *Nature*. 402: 34-35.
- Morgante, M., M. Hanafey, and W. Powell (2002) Microsatellites are preferentially associated with nonrepetitive DNA in plant genomes. *Nature Genetics*. 30: 194-200.
- Morin, N. R. (1991) Beyond the hardcopy: databasing Flora of North America information. In Proceedings of the International Congress for Systematic and Evolutionary Biology IV. (Portland), 973-980.
- Morin, N. R. (1992) The Importance of Computerization in National Biological Surveys. In C.-I Peng (ed.), The Biological Resources of Taiwan: A Status Report. Institute of Botany, Academia Sinica Monograph Series 11: 13-24.
- Moritz, C. (1994) Defining 'Evolutionary Significant Units' for conservation. *Trends Ecology and Evolution*. 9: 373-375
- Morton, B. R., and M. T. Clegg (1993) A chloroplast DNA mutational hot-spot and gene conversion in a non-coding region near *rbcL* in the grass family (Poaceae). *Current Genetics*. 24: 357-365
- Nakao, H., A. Matsumoto, Y. Tsumura and N. Tomaru (2001) Highly polymorphic microsatellite markers in *Chamaecyparis obtuse*. *Canadian Journal of Forest Research-Revue Canadienne De Recherche Forestiere*. 31: 2248-2251.
- Nicolaou, K.C. and K. R. Guy (1996) Taxoids: New weapons against cancer. *Scientific American*. 274: 94-98.
- Powell, W., M. Morgante, R. McDevitt, G. G. Vendramin, and J. A. Rafalski

- (1995a) Polymorphic simple sequence repeat regions in chloroplast genomes: applications to the population genetics of pines. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 92: 7759-7763.
- Powell, W. M. Morgante, C. Andre, J. W. McNicol, G. C. Machray, J. J. Doyle, S. V. Tingey, and J. A. Rafalski (1995b) Hypervariable microsatellites provide a general source of polymorphic DNA markers for the chloroplast genome. *Current Biology*. 5: 1023-1029.
- Raven, P.H. (1992) The importance of national biological inventory. In C.-I Peng (ed.), *The Biological Resources of Taiwan: A Status Report*. Institute of Botany, Academia Sinica Monograph Series 11: 1-12.
- Schneider, H., K. M. Pryer, R. Cranfill, A. R. Smith, and P. G. Wolf (2002) Evolution of vascular plant body plans: a phylogenetic perspective, pages 330-364. in Q. C. B. Cronk, R. M. Bateman, and J. A. Hawkins, editors, *Developmental Genetics and Plant Evolution*. Taylor and Francis, London.
- Shen, Y. C., K. C. Cheng, Y. C. Lin, Y. B. Cheng, A. T. Khalil, J. H. Guh, C. T. Chien, C. M. Teng, and Y. T. Chang (2005) Three new taxane diterpenoids from *Taxus sumatrana*. *Journal of Natural Products*. 68: 90-93.
- Shen, Y. C., S. S. Wang, Y. L. Pan, K. L. Lo, R. Cahkrabarty, C. T. Chien, Y. H. Kuo, and Y. C. Lin (2002) New taxane diterpenoids from the leaves and twigs of *Taxus sumatrana*. *Journal of Natural Products*. 65: 1848-18525.
- Sibuet J. C., and S. K. Hsu (1997) Geodynamics of the Taiwan arc-arc collision. *Tectonophysics*. 274: 221-251.
- Sibuet, J.C., and S. K. Hsu (2004) How was Taiwan created? *Tectonophysics*. 379: 159-181.
- Smith, A. R., K. M. Pryer, E. Schuettpelez, P. Korall, H. Schneider, and P. G. Wolf (2006) A classification for extant ferns. *Taxon*. 55: 705-731.
- Toth, G. Z. Gaspari, and J. Jurka (2000) Microsatellites in different eukaryotic genomes: survey and analysis. *Genome Research*. 10: 967-981.
- Vos, P. R. Hogers, M. Bleeker, M. Reijan, T. Van de Lee, M. Hornes, A. Frijters, J. Pot, J. Peleman, M. Kuiper, and M. Zabeau (1995) AFLP: a new technique

- for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research*. 23: 4407-4414.
- Vrijenhoek, R. C. (1994) Genetic diversity and fitness in small populations. Conservation genetics. Birkhauser, Basel, Switzerland.
- Weber, J. L. (1990) Informativeness of human(dC-dA)_n x dG-dT)_n polymorphisms. *Genomics*. 7: 524-530.
- Weising, K. B. Beyermann, J. Ramser, and G. Kahl (1991) Plant DNA fingerprinting with radioactive and digoxigenated oligonucleotide probes complementary to simple repetitive DNA sequences. *Electrophoresis*. 12: 159-169.
- Westemeier, R. L., J. D. Brawn, S. A. Simpson, T. L. Esker, R. W. Jansen, J. W. Walk, E. I. Kershner, J. L. Bouzat, and K. N. Paige (1998) Tracking the long-term decline and recovery of an isolated population. *Science*. 282: 1695-1698.
- Zabeau, M., and P. Vos (1993) Selective restriction fragment amplification: a general method for DNA fingerprinting. European Patent Office, Germany.

附錄一：

計畫主持人／協同主持人最近五年主持之委辦計畫

蔣鎮宇(計畫主持人)

計畫名稱 (本會補助者請註明編號)	計畫內擔任之工作	起迄年月	補助或委託機構	執行情形	經費總額
數位化台灣植物誌及互動式檢索	主持人	94/4/1~94/	特有生物研究中	已結案	610,000
台灣高山筷子芥屬植物熱休克基	主持人	94/1/1~94/	林務局	已結案	800,000
台灣胡麻花及其近緣種之地理親	主持人	94/8/1~95/	國科會	已結案	920,000
玉山國家公園之台灣特有黃苑屬	主持人	94/4/20~94/	營建署玉管處	已結案	450,000
台東蘇鐵與琉球蘇鐵之親緣地理	主持人	93/8/1~94/	國科會	已結案	1,432,000
台灣胡麻花及近緣種之地理親緣	主持人	93/8/1~94/	國科會	已結案	900,000
台東蘇鐵與琉球蘇鐵之親緣地理	主持人	92/8/1~94/	國科會	已結案	1,411,500
台灣柯及柳葉柯(殼斗科)之親緣	主持人	92/8/1~94/	國科會	已結案	999,800
台灣南部地區生物資源調查及研	主持人	92/1/1~92/	農委會	已結案	1,000,000
入侵植物小花蔓澤蘭的遺傳研究	主持人	92/1/1~92/	農委會	已結案	450,000
台東蘇鐵與琉球蘇鐵之親緣地理	主持人	91/8/1~92/	國科會	已結案	1,291,500
台灣柯及柳葉柯(殼斗科)之親緣	主持人	91/8/1~92/	國科會	已結案	1,119,000
台灣南部地區生物資源調查及研	主持人	91/1/1~91/	農委會	已結案	1,000,000
入侵外來種植物的遺傳多樣性研	主持人	91/1/1~91/	農委會	已結案	550,000

論文著述：

1. Chiang YC, Hung KH, Schaal BA, GE XJ, Hsu TW, **Chiang TY***. Contrasting phylogeographical patterns between mainland and island taxa of the *Pinus luchuensis* complex. Molecular Ecology 2006; 15: 765-79 [SCI]
2. Ge XJ, Zhou XL, Li ZC, Hsu TW, Schaal BA, **Chiang TY***. Low Genetic Diversity and Significant Population Structuring in the Relict *Amentotaxus argotaenia* Complex (Taxaceae) Based on ISSR Fingerprinting. Journal of Plant Research 2005 (in press) [SCI]
3. Zhang Q, **Chiang TY**, George M, Liu JQ, Abbott RJ. Phylogeography of the Qinghai-Tibetan Plateau endemic *Juniperus przewalskii* (Cupressaceae) inferred from chloroplast DNA sequence variation. Molecular Ecology 2005; 13: 3513-3524. [SCI]
4. Hsu TW, **Chiang TY**, Peng CI. *Lepidium bonariense* L. (Brassicaceae) newly naturalized to Taiwan. Endemic Species Research 2005; 7: 89-94.
5. Hsu TW, **Chiang TY**, Peng JJ. *Asystasia gangetica* (L.) T. Anderson subsp. *micrantha* (Nees) Ensermu (Acanthaceae), a newly naturalized plant in Taiwan. Taiwania 2005; 50: 117-122.
6. Huang JC, Wang WK, Peng CI, **Chiang TY***. Phylogeography and conservation genetics of *Hygrophila pogonocalyx* (Acanthaceae) based on *atpB-rbcL* noncoding spacer cpDNA. Journal of Plant Research 2005; 118: 1-11 [SCI]
7. Jean JS, **Chiang TY**, Wei KY, Jiang WT, Liu CC, Tsai YP. Bacterial Activity and Their Physiological Characteristics in the Sediments of ODP Holes 1202A and 1202D, Okinawa Trough, Western Pacific. TAO 2005; 16: 113-136 [SCI]
8. **Chiang TY***, Schaal BA. Review: Phylogeography of Plants in Taiwan and the Ryukyu Archipelago. Taxon 2005 (in press) [SCI]
9. Ge XJ, Liu MH, Wang WK, Schaal BA, **Chiang TY***. Population structure of wild bananas, *Musa balbisiana*, in China determined by SSR fingerprinting and cpDNA PCR-RFLP. Molecular Ecology 2004; 14: 933-944 [SCI]
10. Hung KH, Hsu TW, Schaal BA, **Chiang TY***. Loss of genetic diversity and erroneous phylogeographical inferences in *Lithocarpus konishii* (Fagaceae) of Taiwan caused by the Chi-Chi earthquake: implications for conservation. Annals

- of Missouri Botanical Garden 2004; 92: 52-65 [SCI]
11. Chen CN, Chiang YC, Ho THD, Schaal BA, **Chiang TY***. Coalescent processes and relaxation of selective constraints leading to contrasting genetic diversity at paralogs *AtHVA22d* and *AtHVA22e* in *Arabidopsis thaliana*. Molecular Phylogenetics and Evolution 2004; 32: 616-626 [SCI]
 12. Wang JP, Lin HD, Huang S, Pan CH, Chen XL, **Chiang TY***. Phylogeography of *Varicorhinus barbatulus* (Cyprinidae) in Taiwan based on nucleotide variation of mtDNA and allozymes. Molecular Phylogenetics and Evolution 2004; 31: 1143-1156 [SCI]
 13. Chiang YC, Schaal BA, Ge XJ, **Chiang TY***. Range expansion leading to departures from neutrality in the non-symbiotic hemoglobin gene and the cpDNA *trnL-trnF* intergenic spacer in *Trema dielsiana* (Ulmaceae). Molecular Phylogenetics and Evolution 2004; 31: 929-942 [SCI]
 14. **Chiang TY***, Hung KH, Hsu TW, Wu WL. Lineage sorting and phylogeography in *Lithocarpus formosanus* and *L. dodonaeifolius* (Fagaceae) from Taiwan. Annals of Missouri Botanical Garden 2004; 91: 207-222 [SCI]
 15. Chou WC, Huang YW, Tsay WS, **Chiang TY**, Huang DD, Huang HJ. Expression of Genes Encoding the Rice Translation Initiation Factor, eIF5A, is involved in developmental and environmental responses. Physiology Plantarum 2004; 121: 50-57 [SCI]
 16. Ge XJ, Zhang LB, Yuan YM, **Chiang TY**. Strong genetic differentiation of the East-Himalayan *Megacodon stylophorus* (Gentianaceae) detected by Inter-Simple Sequence Repeats (ISSR). Biodiversity and Conservation 2004; 14: 849-861 [SCI]
 17. Wu JC, Wang SY, Huang YH, Sheen IJ, **Chiang TY**. Changes of viral quasi-species in chronic hepatitis D: Immune epitopes and functional domains associated with selection. Journal of Hepatology 2003; 40 (Supplement): 133 [SCI]
 18. Wu WL, Schaal BA, Hwang CY, Hwang MD, Chiang YC, **Chiang TY***. Characterization and adaptive evolution of α -tubulin genes in the *Miscanthus sinensis* complex (Poaceae). American Journal of Botany 2003; 90: 1513-1521 [SCI]

[編排 ?]

19. Wang DL, Li ZC, Hao G, **Chiang TY**, Ge XJ. Genetic diversity of *Calocedrus macrolepis* (Cupressaceae) in southwestern China. Biochemical Systematics and Ecology 2003; 32: 797-807 [SCI]
20. Hsu TW, Chiang TY, Peng JJ. *Semiaquilegia adoxoides* (DC.) Makino (Ranunculaceae), a newly naturalized plant in Taiwan. Taiwania 2004; 49: 44-48.
21. Hsu KC, Wang JP, Chen XL, **Chiang TY***. Isolation and characterization of microsatellite loci in *Acrossocheilus paradoxus* (Cyprinidae) using PCR-based isolation of microsatellite arrays (PIMA). Conservation Genetics 2003; 5: 113-115 [SCI]
22. Hsu TW, **Chiang TY**, Chung NJ. *Taportea aestuans* (L.) Chew (Urticaceae), a newly recorded plant in Taiwan. Taiwania 2003; 48: 72-76.
23. Chiang YC, Schaal BA, Chou CH, Huang S, **Chiang TY***. Contrasting selection modes at Adh1 locus in outcrossing *Miscanthus sinensis* vs. inbreeding *Miscanthus condensatus* (Poaceae). American Journal of Botany 2003; 90: 561-570 [SCI]
24. Chiang YC, Chou CH, Huang S, **Chiang TY***. The impacts of fungal contamination on the RAPD fingerprinting in *Miscanthus* (Poaceae). Australian Journal of Botany 2003; 51: 197-201 [SCI]
25. Ge, XJ, Chiang YC, Chou CH, **Chiang TY***. Nested clade analysis of *Dunnia sinensis* (Rubiaceae), a monotypic genus from China based on organelle DNA sequences. Conservation Genetics 2002; 3: 351-362. [SCI]
26. Chiang YC, Ge XJ, Chou CH, Wu WL, **Chiang TY***. Nucleotide Sequence Diversity at the Methionine Synthase Locus in Endangered *Dunnia sinensis*: An Evaluation of the Positive Selection Hypothesis. Molecular Biology and Evolution 2002; 19: 1367-1375 [SCI]
27. Lu SY, Hong KH, Liu SL, Cheng YP, Wu WL, **Chiang TY***. Genetic variation and population differentiation of *Michelia formosana* (Magnoliaceae) based on cpDNA variation and RAPD fingerprints: relevance to post-Pleistocene [編排 ?] recolonization. Journal of Plant Research 2002; 115: 203-216 (SCI)
28. Wu JC, Chen CM, **Chiang TY**, Tsai WH, Jeng WJ, Sheen IJ, Lin CC, Meng XJ.

- Spread of hepatitis E virus among different-aged pigs: two-year survey in Taiwan. Journal of Medical Virology 2002; 66: 488-492. (SCI)
29. Hsu TW, **Chiang TY**, Wang JC. *Myosotis arvensis* (L.) Hill (Boraginaceae), a naturalized species in Taiwan. Taiwania 2002; 47: 159-163.
 30. **Chiang TY**, Chiang YC, Chou CH, Cheng YP, Chiou WL. Phylogeography and conservation of *Archangiopteris somai* Hayata and *I. itoi* Hayata based on nucleotide variation of the *atpB-rbcL* intergenic spacer of chloroplast DNA. Fern Gazette 2002; 16: 335-340. [SCI]
 31. Lu SY, Peng CI, Cheng YP, Hong KH, **Chiang TY***. Chloroplast DNA phylogeography of *Cunninghamia konishii* (Taxodiaceae), an endemic conifer of Taiwan. Genome 2001; 46: 797-807 [SCI]
 32. **Chiang TY**, Hong KH, Peng CI. Experimental hybridization reveals biased inheritance of the internal transcribed spacer of the nuclear ribosomal DNA in *Begonia taipeiensis*. Journal of Plant Research 2001; 114: 343-351 [SCI]
 33. Hsing YI, Hsieh JS, Peng CI, Chou CH, **Chiang TY***. Systematic status of the *Glycine tomentella* and *G. tabacina* species complex based on ITS sequences of nuclear ribosomal DNA. Journal of Plant Research 2001; 114: 435-442 [SCI]
 34. **Chiang TY**, Lin SH. Taxonomic revision and cladistic analysis of *Diphyscium* (Family Diphysciaceae) of Taiwan. Botanical Bulletin Academia Sinica 2001; 42: 215-222 [SCI]
 35. Hsu KC, Chiang YC, **Chiang TY**. Revisiting the β -Tubulin genes in the red algae genus *Chondrus*: ancient lineage sorting of faster evolution? Bioformosa 2001; 36: 37-42.
 36. Huang S, Chiang YC, Schaal BA, Chou CH, **Chiang TY***. Organelle DNAs phylogeography of *Cycas taitungensis*, a relict species in Taiwan. Molecular Ecology 2001; 10: 2669-2681 [SCI]
 37. **Chiang TY**, Chiang YC, Chen YJ, Chou CH, Havanond S, Hong TN, Huang S. Phylogeography of *Kandelia candel* in East Asiatic mangroves based on nucleotide variation of chloroplast and mitochondrial DNAs. Molecular Ecology 2001; 10: 2697-2710 [SCI]
 38. Huang J.C., Wang W.K., Hong K.H., **Chiang TY***. Population differentiation

and phylogeography of *Hygrophila pogonocalyx* based on RAPDs fingerprints.

Aquatic Botany 2001; 70: 269-280. [SCI] [編排 ?]

Symposium proceedings

1. Schaal BA, **Chiang TY**, Chou CH (eds.) Plant evolutionary genetics and biology of weeds. Taiwan Endemic Species Research Institute, Nantou, Taiwan. 2004.
2. **Chiang TY**, Chiang YC, Pan CH, Wang WK, Chen CN, Hsu TW, Schaal BA. Comparative Genomics of Horizontal Transfer between Chloroplast and Nuclear Genomes in Rice and Arabidopsis. Pp. 1-10. In Schaal BA, Chiang TY, Chou CH (eds.) Plant evolutionary genetics and biology of weeds. Taiwan Endemic Species Research Institute, Nantou, Taiwan. 2004.
3. 林其永、許再文、牟善傑、**蔣鎮宇**. 南台灣苔類植物物種多樣性研究. PP. 36-44. In 劉和義 (Ed.) 台灣生物資源調查與研究研討會論文集. 行政院農業委員會. 2003.

Other Publication

1. **Chiang TY***, Moore SJ, Hsu JW, Chen CC. Mosses of Taiwan. 400 pp. Council of Agriculture, ROC. 2001.
2. **Chiang TY**, Hsu TW, Moore SJ, Tan B. An Updated Checklist of Taiwan Mosses. National Cheng-Kung University. 2001
3. Wang MJ, Lin LL, Hsieh BF, **Chiang TY**, Wang JP, Ung YC. Genetic variation and reproductive strategies of *Rhizophora stylosa*. Nature Conservation Quarterly 33, 2001.

王震哲(共同主持人)

計畫名稱 (本會補助者請註明編號)	計畫內擔任之工作	起迄年月	補助或委託機構	執行情形	經費總額
台灣產月桃屬植物天然雜交之研	主持人	94/8/1~95/	國科會	已結案	800,000
數位化台灣植物誌及互動式檢索	主持人	94/4/1~94/	特有生物研究中	已結案	610,000
台灣高山植物遺傳多樣性研究及	主持人	94/1/1~94/	林務局	已結案	800,000
國家植群多樣性調查及製圖計畫	主持人	94/1/1~94/	林務局	已結案	2,700,000
台灣產月桃屬植物天然雜交之研	主持人	93/8/1~94/	國科會	已結案	800,000
大武山自然保留區生物資源調查	主持人	93/5/1~94/	林務局台東林管	已結案	1,600,000
國家植群多樣性調查及製圖計畫	主持人	93/1/1~93/	林務局	已結案	2,500,000
台灣產石竹科石竹亞科之系統分	主持人	92/8/1~93/7/3	國科會	已結案	780,000
大武山自然保留區生物資源調查	主持人	92/5/1~93/	林務局台東林管	已結案	1,600,000
國家植群多樣性調查及製圖計畫	主持人	92/4/1~92/	林務局	已結案	2,450,000
台灣北部地區生物資源調查及研	主持人	92/1/1~92/	農委會	已結案	1,000,000
台灣產毛茛屬之系統分類研究	主持人	91/8/1~92/7/3	國科會	已結案	824,000
大武山自然保留區生物資源調查	主持人	91/5/1~92/	林務局台東林管	已結案	1,600,000
台灣北部地區生物資源調查及研	主持人	91/1/1~91/	農委會	已結案	1,000,000
大武山自然保留區生物資源調查	主持人	90/9/1~91/	林務局台東林管	已結案	1,600,000

犯罪現場中植物跡證自動化鑑定	主持人	90/8/1~91/	國科會	已結案	388,000
陽明山國家公園磺嘴山生態保護	主持人	90/4/1~90/12/	陽明山國家公園	已結案	787,000
台灣北部地區生物資源調查及研	主持人	90/1/1~90/	農委會	已結案	1,000,000

A. 期刊論文

- Chen, C.-H., J.-C. Wang*, and Y.-C. Chang. (2006) *Tripterospermum lilungshanensis* (Gentianaceae), a new species in Taiwan. Botanical Bulletin of Academia Sinica. (SCI) (accepted)(IF=0.595, 91/138)
- Huang, Y. M., H. M. Chou, T. H. Hsieh, J. C. Wang, W. L. Chiou. (2006) Cryptic characteristics distinguish diploid and triploid varieties of *Pteris fauriei* (Pteridaceae). Canadian Journal of Botany. (In press) (SCI, IF=1.194, 61/138)
- Tsai, L.-C., Y.-C. Yu, H.-M. Hsieh, J.-C. Wang, A. Linacre, and J. C.-I Lee. (2006) Species identification using sequences of the trnL intron and the trnL-trnF IGS of chloroplast genome among popular plants in Taiwan. Forensic Science International. (SCI) (accepted)(IF=1.388, 4/9)
- Tsai, L.-C., H.-M. Hsieh, J.-C. Wang, L.-H. Huang, A. Linacre, and J. C.-I Lee. (2006) Cannabis seed identification by chloroplast and nuclear DNA. Forensic Science International 158: 250–251. (SCI) (IF=1.388, 4/9)
- Hsu, T.-W., H.-M. Chang, S.-H. Su, S.-W. Chung, and J.-C. Wang* (2005) *Burmannia cryptopetala* Makino (Burmanniaceae), a newly recorded plant in Taiwan. Taiwania 50: 303-308. (國科會優良期刊)
- Kuo, S. M., T. Y. A. Yang, and J. C. Wang (2005) Revision of *Ranunculus cantoniensis* DC. and allied species (Ranunculaceae) in Taiwan. Taiwania 50(3): 209-221. (國科會優良期刊)
- Hsu, Y. F., J. C. Wang, L. W. Wu, H. M. Chang, C. L. Huang, and J. R. Chen (2004) Notes on host association and immature biology of *Nacaduba pactolus hainani* Bethune-Baker (Lepidoptera: Lycaenidae). BioFormosa

39 (2):61-65.

- Omori, T., J. C. Wang, and J. Murata (2004) Morphological differentiations between subspecies in *Arisaema thunbergii* (Araceae) with special reference to sexual dimorphism. *Journal of Japanese Botany* 79:247-254.
- Huang, S. F., S. Y. Hwang, J. C. Wang, and T. P. Lin (2004) Phylogeography of *Trochodendron aralioides* (Trochodendraceae) in Taiwan and its adjacent areas. *Journal of Biogeography* 31:1251-1259. (SCI)
- Chang, H. M., W. L. Chiou, and J. C. Wang (2003) Supplements to the Pteridophytes in Taiwan (I): *Dryopteris decipiens* (Hook.) Kuntze (Dryopteridaceae). *Taiwania* 48(3): 197-202. (國科會優良期刊)
- Moore, S. J., H. M. Chang, and J. C. Wang (2003) *Microtrichomanes digitatum* (Sw.) Copel. (Hymenophyllaceae), a new record from Taiwan. *Taiwania* 48(1): 22-28. (國科會優良期刊)
- Hsu, T. W., T. Y. Chiang, and J. C. Wang (2002) *Myosotis arvensis* (L.) Hill (Boraginaceae), a naturalized species in Taiwan. *Taiwania* 47: 159-163. (國科會優良期刊)
- Wang, J. C. and S. D. Shen (2001) The genus *Trigonotis* Steven (Boraginaceae) in Taiwan. *Taiwania* 46: 363-375. (國科會優良期刊)
- Chang, H. M. and J. C. Wang (2001) Confirmation of three species of pteridophytes in Taiwan. *Taiwania* 46: 376-384. (國科會優良期刊)
- Chen, C. H. and J. C. Wang (2001). Revision of the genus *Oreomyrrhis* Endl. (Apiaceae) in Taiwan. *Botanical Bulletin of Academia Sinica* 42: 303-312. (SCI) (IF=0.595, 91/138)
- Wu, J. E., S. Huang, J. C. Wang, and W. F. Tong (2001). Allozyme variation and population genetic structure in *Trochodendron aralioides*. *Journal of Plant Research* 114: 45-57. (SCI) (IF=1.224, 59/138)

B. 研討會論文

- Chen, T.-Y., C.-F. Hsieh, J.-C. Wang (2005) Species composition and stand structure of the beech forest in Taiwan. XVII International Botanical Congress Vienna, Austria Center.
- Liao, C.-C., J.-C. Wang, S.-C. Wu, T.-Y. Chen, C.-F. Hsieh (2005) Floristic composition and regeneration of *Chamaecyparis*-dominated forests in northern Taiwan. XVII International Botanical Congress Vienna, Austria Center.
- 廖啟政、王震哲、吳聖傑、陳子英、謝長富 (2005) 臺灣北部溫帶針葉林之植物組成及檜木的更新。第三屆台灣植群多樣性研討會論文集，23-48 頁。行政院農委會林務局。
- 陳子英、王震哲、廖啟政、宋梧魁、謝長富 (2005) 臺灣水青岡林的植群分類。第三屆台灣植群多樣性研討會論文集，230-249 頁。行政院農委會林務局。
- 王震哲、許再文、牟善傑、張和明、蔣鎮宇、邱文良、彭鏡毅 (2004) 西表島植物誌。植物多樣性與保育遺傳學研討會。國立成功大學。
- 牟善傑、王震哲、邱文良 (2004) 東亞禾葉蕨科之系統分類與地理分布。植物多樣性與保育遺傳學研討會。國立成功大學。
- 張和明、劉世慧、邱文良、王震哲 (2004) 哈氏狗脊蕨與細葉狗脊蕨之親緣地理研究。植物多樣性與保育遺傳學研討會。國立成功大學。
- 廖啟政、楊于宣、王震哲 (2004) 國家植群多樣性調查及製圖計畫—頭前溪及大漢河流域。第二屆台灣植群多樣性研討會。行政院農委會林務局。
- 王震哲、張和明、牟善傑、劉淑娟 (2003) 台灣北部地區生物資源調查—桃園縣。台灣生物資源調查與研究研討會論文集 140-145 頁。國立中山大學生物科學系。
- Chen, C. H. and J. C. Wang (2003) Phytogeography of the Eastern Himalayas and Taiwan: Gentianaceae as an example. International Symposium on Plant Diversity in Eastern Asia and Workshop on Botanical Gardens. National Museum of Natural Science, Taichung, Taiwan.
- Tsai, L., J. C. Wang, C. M. Hsu, H. M. Hsieh, and J. C.-I Lee (2003) Forensic application of plant morphological and molecular database. International

Symposium on Plant Diversity in Eastern Asia and Workshop on Botanical Gardens. National Museum of Natural Science, Taichung, Taiwan.

陳志雄、王震哲 (2002) 從植物保育的觀點來看中央山脈保育軸的建立。棲地零碎化、生態廊道及棲息地網研討會論文集 39-49 頁。

Chen, C. H. and J. C. Wang (2001) Molecular phylogeny of *Gentiana* sect. *Chondrophyllae* Bunge (Gentianaceae). International Symposium on Genetic Diversity of Plants. National Sun-Yat-Sen Univ. Kaohsiung. (NSC87-2311-B-003-013)

C. 專書

王震哲 (2006) 台北縣誌—土地誌植物篇。台北縣政府出版。(in press)

王震哲等 (2006). 大武山自然保留區解說手冊。行政院農業委員會林務局出版。

王震哲等 (2006). 大武山自然保留區生物資源調查研究(全)。行政院農業委員會林務局保育研究系列 93-28。

邱文良(共同主持人)

計畫名稱 (本會補助者請註明編號)	計畫內擔任之工作	起迄年月	補助或委託機構	執行情形	經費總額
烏來鳳尾蕨起源之研究(3/3)	主持人	94/8/1~95/	國科會	已結案	645,000
林業試驗所植物標本館典藏數位	主持人	94/3/1~95/	國科會	已結案	1,422,000
台灣高山植物基因庫遺傳多樣性	主持人	94/1/1~94/	農委會	已結案	780,000
數位化台灣植物誌及互動式檢索	主持人	94/4/1~94/	特有生物研究中	已結案	610,000
烏來鳳尾蕨起源之研究(2/3)	主持人	93/8/1~94/	國科會	已結案	596,000
林業試驗所植物標本館典藏數位	主持人	93/3/1~94/	國科會	已結案	1,467,000
重要樹種遺傳變異及保育之研究	主持人	93/1/1~93/12/	農委會	已結案	980,000
烏來鳳尾蕨起源之研究(1/3)	主持人	92/8/1~93/	國科會	已結案	592,000
傅氏鳳尾蕨複合群之研究	主持人	92/8/1~93/	國科會	已結案	754,000
加強與日本的植物多樣性比較研	主持人	92/8/1~93/7/3	農委會	已結案	812,000
台灣東部地區生物資源調查及研	主持人	92/1/1~92/	農委會	已結案	1,000,000
林業試驗所與東京大學植物標本	主持人	92/4/1~92/	農委會	已結案	552,000
傅氏鳳尾蕨複合群之研究	主持人	91/8/1~92/	國科會	已結案	587,000
崇樹蕨的植物地理與生殖生物學	主持人	91/8/1~92/	國科會	已結案	707,000
台灣東部地區生物資源調查及研	主持人	91/1/1~92/	農委會	已結案	1,000,000
哈盆自然保留區長期監測及	主持人	91/1/1~91/12/	農委會	已結案	1,800,000
崇樹蕨的植物地理與生殖生物學	主持人	90/8/1~91/	國科會	已結案	926,000

台灣北部地區生物資源調查及研	主持人	90/1/1~91/	農委會	已結案	1,000,000
哈盆自然保留區長期監測及	主持人	90/1/1~90/12/	農委會	已結案	1,98,000

A. 期刊論文(*: SCI 期刊)

- Huang, Y.-M., W.-L. Chiou, and P. S. Lee. 2001. Morphology of the gametophytes and young sporophytes of Cyatheaceae native to Taiwan. *Taiwania* 46(3): 274-283. (NSC 89-2313-B-054-042)
- Chiou, W. L., J. C. Lin, and J. Y. Wang. 2001. Phenology of *Cibotium taiwanense* (Dicksoniaceae). *Taiwan J. For. Sci.* 16(4): 209-215.
- 李建堂、鄭育斌、邱文良、林則桐、陳建文、王儀臻 2002 關渡自然保留區 1986-1998 年植群變遷 台灣林業科學 17(1): 41-50。
- Moore, S.-J., T. -H. Hsieh, Y.-M. Huang, W.-L. Chiou. 2002. *Diplazium maonense* Ching, A Poorly Known Species of the Athyriaceae (Pteridophyta) in Taiwan. *Taiwan J. For. Sci.* 17(1): 113-118.
- *Chiou, W.-L., D. R. Farrar, and T. A. Ranker. 2002. The mating systems of some epiphytic Polypodiaceae. *Amer. Fern J.* 92(2): 65-79.
- 林朝欽、董世良、邱文良 2002 福山植物園自然教育之評估 戶外遊憩研究 15(3): 1-10。
- Chiang, T.Y., Chiang Y.C., Chou H., Cheng Y. P., Chiou W. L.. 2002. Phylogeography and conservation of *Archangiopteris somai* Hayata and *A. Itoi* Shieh based on nucleotide variation of the *ATPB-RBCL* intergenic spacer of chloroplast DNA. *Fern Gaz* 16(6): 335-340.
- *Lin H. J., Shao K. J., Chiou W. L., Maa C. W., Hsieh H. L., Wu W. L., Severinghaus L. L. Wang Y. L. 2003. Biotic communities of freshwater marshes and mangroves in relation to saltwater incursions: implications for wetland regulation. *Biodiversity and Conservation* 12: 647-665.
- Chiou W. L., Huang Y. M., Lee P. H. 2003. Mating Systems of Cyatheaceae Native to Taiwan. *NBRI Golden Jubilee Vol.:* 485-489. (NSC 90-2313-B-054-016).
- 邱文良、李沛軒、黃曜謀 2003 同型孢子蕨類配子體的生殖生物學 台灣林

- 業科學 18(1): 67-73。 (NSC 89-2313-B-054-043)
- 11.黃曜謀、翁韶良、邱文良 2003 蕨類植物孢子的收集與保存 台灣林業科學 18(1): 75-79。 (NSC 90-2313-B-054-021)
 - 12.黃曜謀、郭巧瑜、邱文良 2003 台灣產金狗毛蕨屬配子體與幼孢子體的形態 台灣林業科學 18(3): 163-170。
 - 13.Chang, H. M., W. L. Chiou, J. C. Wang. 2003. Supplements to the Pteridophytes in Taiwan (I): *Dryopteris decipiens* (Hook.) Kuntze (Dryopteridaceae). *Taiwania* 48(3): 197-202. (NSC 91-2313-B-054-013)
 - 14.*Craig E. M., T. C. Lin, C. C. Hsu, S. H. Lin, K. C. Lin, Y. Hsia, and W. L. Chiou. 2004. Ecophysiology and plant size in a tropical epiphytic fern, *Asplenium nidus*, in Taiwan. *Intel. J. Plant Sci* 165(1): 65-72.
 - 15.*Huang Y. M., C. M. Chou, W. L. Chiou 2004. Density Affects Gametophyte Growth and Sexual Expression of *Osmunda cinnamomea* L. (Osmundaceae, Pteridophyta). *Ann. Bot.* 94: 229-232. (NSC 92-2313-B-054-015)
 - 16.林麗君、董景生、邱文良、王相華 2004 宜蘭縣南澳鄉金洋及澳花部落泰雅族民族文化初步調查 國家公園學報 14(1): 25-54。
 - 17.*Craig E. M, T. C. Lin, K. C. Lin, C. C. Hsu, W. L. Chiou. 2004. Causes and consequences of high osmotic potentials in epiphytic higher plants. *Journal of Plant Physiology*: 161: 1119-1124.
 - 18.Li, J. H. K. C. Yang, S. W. Chung, C. W. Chen. Chiou, W. L. 2004. Type specimens in the herbarium of Taiwan Forestry Research Institute. II. *Taiwan Forestry Research Institute Ext.* 165: 1-230.
 - 19.柯佳玟、黃曜謀、邱文良 2004 連珠蕨生殖生物學 生物學報 39(2): 83-91.
 - 20.Li, J. H. K. C. Yang, S. W. Chung, C. W. Chen. Chiou, W. L. 2005. Type specimens in the herbarium of Taiwan Forestry Research Institute. III. *Taiwan Forestry Research Institute Ext.* 169: 1-219 pp. (NSC 93-2422-H-054-001)
 - 21.Chiou, W. L., S. J. Moore. 2005. A History of taxonomic studies of the vascular plants of Taiwan. *Japanese Journal of Botany*: 80(5): 309-312.
 - 22.*Chiou, W. L., C. E. Martin, T. C. Lin, C. C. Hsu, K. C. Lin. 2005. Ecophysiological Differences Between Sterile and Fertile Fronds of the Subtropical Epiphytic Fern *Pyrrhosia lingua* (Polypodiaceae) in Taiwan. *American*

- Fern Journal: 95(4): 150-159.
23. Chiou, W. L., Y. M. Huang, T. H. Shieh, S. Y. Hsu. 2006. *Diplazium megaphyllum* (Bak.) Christ, a rare fern in Taiwan, reproduces by apogamy. Taiwan Journal of Forest Science 21(1): 39-47.
 24. *HSU, C. C. , T. C. LIN, W. L. CHIOU, S. H. LIN, K. C. LIN, C.E. MARTIN. 2006. Canopy CO₂ concentrations and Crassulacean acid metabolism in *Hoya carnos* in a subtropical rain forest in Taiwan: consideration of CO₂ availability and the evolution of CAM in epiphytes. PHOTOSYNTHETICA 44 (1): 130-135.
 25. *Huang, Y. M., H. M. Chou, T. H. Hsieh, J. C. Wang, W. L. Chiou. 2006. Cryptic characteristics distinguish diploid and triploid varieties of *Pteris fauriei* (Pteridaceae). Can. J. Bot. 84: 261-268.
 26. Chiou, W. L., Y. M. Huang, C. M. Chen. 2006. Conservation of two endangered ferns, *Archangiopteris simai* and *A. itoi* (Marattiaceae: Pteridophyta), by propagation from stipules. Fern Gazette 17 (5): 271-278.
 27. Li, Jer-Haur, W. L. Chiou. 2006. Changes in the Flora on Islet Pengchiayu across 100 years. Taiwania 51(3):1-14.
 28. *Cheng YP, Hwang SY, Chiou WL, Lin TP. 2006. Allozyme variation of populations of *Castanopsis carlesii* (Fagaceae) corroborating diversity centers and potential divergence areas in Taiwan. Ann. Bot. 98:601-608.
 29. HM Chang, SJ Moore, WL Chiou, Jenn-Che Wang. 2006. Supplements to the pteridophytes in Taiwan (II): *Diplazium crassiusculum* Ching (Athuriaceae). Taiwania 51(4): 287-292.
 30. 柯佳玟、黃曜謀、邱文良 2006 儲存條件對連珠蕨孢子活力的影響 生物學報 41(2): in press.

B. 研討會論文

1. 林則桐，邱文良，2001，福山植物園的經營管理。第二屆倫理思想與道德關懷國際學術研討會。淡江大學。Pp.1-13。
2. 彭鏡毅，陳子英，邱文良，王震哲，謝長富，郭城孟，2001，北部地區生物資源調查與研究。台灣生物資源調查研討會。中山大學。
3. 邱文良，李沛軒，黃曜謀，2001，同型孢子蕨類配子體的生殖生物學。台灣蕨類植物學術研討會。國立自然科學博物館。P.9。

4. 黃曜謀，翁紹良，邱文良，2001，蕨類孢子的收集與保存。台灣蕨類植物學術研討會。國立自然科學博物館。P.11。
5. Chiou, Wen-Liang, Y. P. Cheng, Y. C. Chiang, T. Y. Chiang, Y. M. Huang. 2001. Genetic diversity and reproductive biology of *Archangiopteris somai* Hayata, a rare fern endemic to Taiwan. An International Symposium of “Fern Flora Worldwide – threats and responses”. British Pteridological Society. P.6.
6. 鐘詩文，陳建文，鄭育斌，邱文良，2003，東部生物資源調查。台灣生物資源調查與研究研討會論文集。Pp 214-217。
7. Chiou, Wen-Liang, Y. M. Huang, and G. M. Chen. 2004. Conservation of endangered ferns, *Archangiopteris somai* and *A. itoi* (Marattiaceae), by propagation from their stipules. An International Symposium of “Ferns for 21st Century”. British Pteridological Society. P. 21-22.
8. 陳建文、鄭育斌、邱文良。2005。林業試驗所植物標本館資料庫。國科會數位典藏 2004 成果分享報告。台北。
9. Wen-Liang Chiou. 2005. Taxonomic studies of the vascular plants of Taiwan, past, present, and future. Biodiversity seminar under auspices of National Science Council, Taiwan and Polish Academy of Science. Warsaw, Poland. P. 18.
10. 陳建文、鄭育斌、鐘詩文、邱文良。2005。林業試驗所植物標本館典藏數位計畫。2005 自然物標本與生物多樣性資料庫整合國際研討會 Species 2000 亞太地區論壇。台中。P179-188。
11. Wen-Liang Chiou. 2006. Phenology of 16 ferns in a subtropical forest of northeastern Taiwan. 2006 Botanical Conference in Chico, CA, USA.
12. 邱文良、謝顯丞。2006。植物園數位植物多元開發暨加值應用。國科會數位典藏加值應用研討會。
13. 李欣芸、黃曜謀、邱文良。2006。佳樂水地區鬯蕨族群的生存概況。中華林學會 95 年研討會。
14. 柯佳妘、黃曜謀、邱文良。2006。儲存條件對連珠蕨孢子活力的影響。中華林學會 95 年研討會。
15. 邱文良。2006。台灣植物物種多樣性研究的回顧與展望。台灣生物保育遺傳與保育策略研討會。
16. 鄭育斌、邱文良、蔣鎮宇。2006。台灣植物生命條碼建置。野生動物遺傳

物質冷凍典藏與管理暨生命條碼研習會。

C. 專書及專書論文

1. 樓梅芳，江和隆，邱文良，楊國禎，呂勝由，2000，台北植物園自然教育解說手冊-植物篇(邱文良，呂勝由，楊國禎編)。林業試驗所叢刊第 114 號，253 pp.
2. 呂勝由，邱文良，鄭育斌(編)，2000，台灣稀有及瀕危植物之分級彩色圖鑑(V)。農委會印行，175 pp.
3. 邱文良，黃怡菁，沈勇強(編)，2000，森林資源保育與經營研討會論文集。林業試驗所叢刊第 126 號，266 pp.
4. 邱文良，鄭育斌，陳建文，2000，關渡自然保留區與自然公園生物資源變遷之研究(II)—水陸域植物。In “關渡自然保留區與自然公園生物資源變遷之研究期末報告” 台北市政府，343 pp。
5. 呂勝由，邱文良，鄭育斌，陳建文(編)，2001，台灣稀有及瀕危植物之分級彩色圖鑑(VI)。農委會印行，175 pp.
6. 邱文良、黃怡菁、呂勝由，2005，太魯閣國家公園原生植物培育及太魯閣台地景觀綠美化之規劃研究。太魯閣國家公園管理處。49 pp。

D. 其它

1. 邱文良，林則桐，2001，福山植物園經營現況。林業研究專訊 8(6): 4-7。
2. 徐嘉君，邱文良，董景生，2001，不單只是吊著這麼簡單：附生植物的生理生態學。林業研究專訊 8(6): 16-18。
3. Chiou, W.-L., and D. R. Farrar. 2001. How to collect fern spores. Fiddlehead Forum 28(5): 39.
4. 曾喜育，伍淑惠，郭紀凡，邱文良，2002，海底來的訪客—高位珊瑚礁。發現綠色台灣(郭城孟主編)。pp. 50-57.
5. 黃曜謀，邱文良，2002，森林中的綠傘—筆筒樹。發現綠色台灣(郭城孟主編)。pp. 80-83.
6. 徐嘉君，邱文良，2002，空中的居民—附生植物。發現綠色台灣(郭城孟主編)。pp. 144-145.
7. 陳俊銘，黃曜謀，邱文良，2003，蕨類植物的無性繁殖。林業研究專訊 10(4):

9-13。

8. 陳建文，邱文良，2004，林業試驗所植物標本館資料庫簡介。林業研究專訊 11(4): 28-33。
9. 邱文良，2005，植物園與生物多樣性。林業研究專訊 12(2/3): 1-4。
10. 李沛軒，黃曜謀，邱文良，2006，古老的高山蕨類—絨假紫萁介紹。自然保育季刊 53: 45-48。
11. 駱為家，黃曜謀，邱文良，2006，正在消失中的浮水性蕨類 — 槐葉蘋。台灣博物 24(4): 66-69。
12. 黃曜謀，陳俊銘，邱文良，2006，生長在鹼性沼澤裡的稀有蕨類—鬯蕨。台灣博物 25(1): 64-67。
13. Chiou, W. L. 2006. Developing an action plan for Fushan Botanic Garden: A dream for people who appreciate biodiversity. BGjournal: 3(2): 22-23.

許再文(共同主持人)

主持人 姓名	計畫名稱	起訖 年月	補助或 委託機關	備註
許再文	二、台灣地區歸化植物之調查研究	92/1/1~92/ 12/31	農委會	已完成
	三、臺灣原生植物種原之蒐集及種苗繁殖研究： 薔薇科及杜鵑花科 2	91/1/1~91/ 12/31	農委會	已完成
許再文	四、台灣原生蕨類植物園設置之研究(3/3)	90/1/1~90/ 12/31	農委會	已完成
許再文	四、臺灣原生植物種原之蒐集及種苗繁殖研究： 薔薇科及杜鵑花科 1	90/1/1~90/ 12/31	農委會	已完成

A. Periodical

1. Chiang, T. Y. and **T. W. Hsu** 1999. Re-examination of *Bryonoguchia brevifolia*, a synonym of *Hylocomiatrum himalayanum*. Bot. Bull. Acad. Sin. 40: 243-245
2. **Hsu, T. W.** and C. S. Kuoh 1999. *Cayratia maritima* B. R. Jackes (Vitaceae), a new addition to the flora of Taiwan. Bot. Bull. Acad. Sin. 38: 319-327.
3. **Hsu, T. W.**, S. J. Moore and T. Y. Chiang 2000. Low RAPD polymorphism in *Archangiopteris itoi*, a rare and endemic fern in Taiwan. Bot. Bull. Acad. Sin. 41: 15-18.
4. **Hsu, T. W.** and S. C. Wu 2000. *Cissus elongata* Roxb. (Vitaceae), a new addition to the flora of Taiwan. Taiwaniana 45(3): 235-238.
5. **Hsu, T. W.**, C. C. Huang and C. I Peng 2000. *Ludwigia* (Onagraceae) of Taiwan. Weed Sci. Bull. 20(2): 108-109.

6. **Hsu, T. W.**, N. J. Chung and J. C. Wang 2000. *Rhaphidophora hongkongensis* Schott (Araceae), a new addition to the flora of Taiwan. *Taiwania* 45(4): 323-327.
7. **Hsu, T. W.**, J. J. Peng and H. Y. Liu 2001. *Melothria pendula* L. (Cucurbitaceae), a newly naturalized plant in Taiwan. *Taiwania* 46: 193-198.
8. **Hsu, T. W.**, N. J. Chung and J. C. Wang 2002. *Myosotis arvensis* (L.) Hill (Boraginaceae), a naturalized species in Taiwan. *Taiwania* 47: 159-163.
9. **Hsu T. W.** and Y. H. Tseng 2003. *Solanum elaeagnifolium* Cav. (Solanaceae): a Noxious Weeds Newly Naturalized to Taiwan. *Endemic Species Research* 5(1): 49-51.
10. **Hsu T. W.**, T. Y. Chiang, and N. J. Chung 2003. *Laportea aestuans* (L.) Chew (Urticaceae), a Newly Recorded Plant in Taiwan. *Taiwania* 48(1): 72-76.
11. **Hsu, T. W.** and N. J. Chung 2003. *Ruellia tuberosa* L. (Acanthaceae), a naturalized species in Taiwan. *Quart. J. Exp. For. Nat. Taiwan Univ.* 16(3): 145-149.
12. Chiang, T. Y., K. H. Hong, **T. W. Hsu** and W. L. Wu 2004. Lineage sorting of cpDNA vs. significant RAPD fingerprinting differentiation in *Lithocarpus formosanus* and *L. dodonaeifolius* (Fagaceae). *Annals of the Missouri Botanical Garden* 91: 207-222.
13. **Hsu T. W.**, T. Y. Chiang and J. J. Peng 2004. *Semiaquilegia adoxoides* (DC.) Makino (Ranunculaceae), a newly naturalized plant in Taiwan. *Taiwania* 49(1): 44-48.
14. Aoki, K., T. Suzuki, **T.-W. Hsu** and N. Murakami 2004. Intraspecific variation of chloroplast DNA and phylogeography of the component species of broad-leaved evergreen forests in Japan. *J. Plant. Res.* 117: 77-94.
15. Miwa, H., **T.-W. Hsu**, J. Suhara, X. Chen, D.-S. Cho and N. Murakami 2004. Molecular Systematic Study of Asian *Conocephalum japonicum*

- (Hepaticae). *Acta Phytotax. Geobot.* 55 (1): 9-18.
16. **Hsu, T. W.**, S.-M. Ku, C.-I Peng 2004. *Persicaria capitata* (Ham. ex D. Don) H. Gross (Polygonaceae), a newly naturalized plant in Taiwan. *Taiwania* 49(3): 183-187.
 17. Hung, K. H., **T.-W. Hsu**, B. A. Schaal and T. Y. Chiang 2005. Loss of genetic diversity and erroneous phylogeographical inferences in *Lithocarpus konishii* (Fagaceae) of Taiwan caused by the chi-chi earthquake: implications for conservation. *Annals of the Missouri Botanical Garden* 92: 52-65. (Co-first author) (SCI)
 18. Ge X.-J., X.-L. Zhou, Z.-C. Li, **T.-W. Hsu** & T.-Y. Chiang 2005. Low genetic diversity and significant population structuring in the relict *Amentotaxus argotaenia* complex (Taxaceae) based on ISSR fingerprinting. *Journal of Plant Research* 118: 415 – 422. (SCI)
 19. **Hsu T. W.**, T. Y. Chiang & J. J. Peng 2005. *Asystasia gangetica* (L.) T. Anderson subsp. *micrantha* (Nees) Ensermu (Acanthaceae), a newly naturalized plant in Taiwan. *Taiwania* 50(2): 117-122.
 20. **Hsu T. W.**, H.-M. Chang, S.-H. Su, S.-W. Chung & J.-C. Wang 2005. *Burmannia cryptopetala* Makino (Burmanniaceae), a newly recorded plant in Taiwan. *Taiwania* 50(4): 302-306.
 21. **Hsu, T.-W.**, T. Y. Chiang & C. I Peng 2005. *Lepidium bonariense* L. (Brassicaceae), a naturalized species in Taiwan. *Endemic Species Research* 7: 89-94.
 22. **Hsu, T.-W.**, T. Y. Chiang & C. I Peng 2006. *Croton bonplandianus* Baillon (Euphorbiaceae), a newly naturalized plant in Taiwan. *Endemic Species Research* 8: 77-82.
 23. **Hsu, T.-W.**, K.-H. Wang and T.-Y. Chiang 2006. *Ipomoea purpurea* (L.) Roth (Convolvulaceae), a species of the *I. nil* complex, Newly Naturalized in Taiwan. *Bioformosa* 41: 19-22.
 24. **Hsu, T.-W.**, T.-Y. Chiang, K.-C. Tsai and C.-C. Huang 2006. *Ipomoea eriocarpa* R. Br. (Convolvulaceae) Newly Naturalized in Taiwan. *Endemic Species Research* 8: 103-107.
 25. **Hsu T. W.**, C.-I Peng & C.-M. Wang 2006. *Austroeupatorium inulifolium* (Kunth) King & Robinson (Asteraceae), a newly naturalized plant in Taiwan. *Taiwania* 51: 41-45.
 26. Yang T.-Y. A., T.-Y. Chiang, C.-I Peng, and **T-W Hsu*** 2006. *Chloranthus henryi* Hemsl. (Chloranthaceae), a new record to the flora of Taiwan. *Taiwania* 51: 283-286.
 27. Chiang Y.-C., K.-H. Hung, B. A. Schaal, X.-J. Ge, **T.-W. Hsu** and T.-Y.

- Chiang 2006. Contrasting phylogeographical patterns between mainland and island taxa of the *Pinus luchuensis* complex. *Molecular Ecology* 15: 765–779. (SCI)
28. Shinohara, W. **T.-W. Hsu**, S.-J. Moore and N. Murakami 2006. Genetic analysis of the newly found diploid cytotype of *Deparia petersenii* (Woodsiaceae: Pteridophyta): evidence for multiple origins of the tetraploid. *International Journal of Plant Science* 167(2): 299-309. (SCI)
29. Shinohara, W., **T.-W. Hsu**, S.-J. Moore, H.-M. Chang and N. Murakami 2006. *Deparia longipes* (Woodsiaceae) Native to Taiwan. *American Fern Journal* 96: 96-99. (SCI)

附錄二：期初簡報意見

期初簡報意見	處理情形
計畫的目的建議予以強化，以彰顯計畫的重點。	遵照辦理
野外採集方法、數量、分布點與實驗設計之內容應加以明確與具體說明	遵照辦理
所選擇之物種建議再作斟酌。	遵照辦理
本研究的目的是以遺傳多樣性角度探討生態保護區劃設妥適性，請以 Hot spot 和生態保護區的關聯性討論之。	遵照辦理
參考文獻部分有關主持人及協同主持人等之近來有關本計畫相關之著作，建議再予增列，以說明本計畫工作團隊之專業能力。	遵照辦理
第一年僅包含蕨類植物及裸子植物，為何僅選取四種裸子植物，其取樣是按株樹、族群或是其它？可否詳述之	依物種重要性及保育急切性進行物種選擇
計畫工作項目每年度之工作內容，無年度細項工作，建議條列分項詳加說明。另第一年經費與第二及三年經費有其一段差距，建議工作項目之比重應調整之。	遵照辦理
老樹的身分證是以「種」為單位，還是以「株」為單位？這牽涉到取樣的方式，可否再釐清楚一些？	遵照辦理
請將上述審查意見及辦理情形製表納入期中報告書之附錄中。	遵照辦理
請依上述審查意見，修正計畫書後送本處辦理後續簽約及撥款事宜。	遵照辦理

附錄三：期中簡報意見

期中簡報意見	處理情形
本計畫之目的、假設及工作項目，應配合預期效益，於報告中以更明確及具體化陳述。	遵照辦理
物種選擇及採樣應該完整週延。應由不同海拔、地區和所有族群均採樣。分年之項目及完成程度如何宜更明確。	遵照辦理
建議報告書以一般科學論文之格式撰寫或以玉管處期末報告格式之規定書寫。	遵照內政部報告格式修訂
由於係期中報告希望有關方法部分得多加著墨。工作進度建議應補上。	遵照辦理
建議報告應將預期效益另整理列於最後一小節。	遵照內政部報告格式修訂
報告書第七頁至第八頁之種類，建議再予確認。	遵照辦理
學名的書寫應該一致；如紅檜不列命名者(第九頁)而次頁的學名含命名者，然全為斜體(第十頁)，應予修正。	遵照辦理，已修正
<i>L. yushanese</i> 見於簡報資料而不見於名錄，請更正。另附錄一有多處文字遺漏或錯誤，請在檢查修正。英文參考書目請增列最新之文獻。	遵照辦理
本報告期初簡報會議意見之處理情形說明太籠統，建請補充修正之。	遵照辦理
請依上述審查意見及辦理情形製表納入期末報告書之附錄。	遵照辦理

附錄四：期末簡報意見

期末簡報意見	處理情形
(一) 本計畫為第一年，但已有初步且具體之成果，建議應持續研究，將來之應用價值可期。建議在第二年之研究進行更大、更有系統之取樣，以期分析資料能更客觀、精確。	遵照辦理
(二) 對於第三章結論與建議部分，建議在有充分資訊下，針對該等物種之保育策略能提出更明確、具體、詳細之建議事項，俾供玉管處及各界於保育實務之應用。	遵照辦理
(三) 報告書之撰寫約分為工作報告與研究報告二類，其格式亦有所不同，本報告應用何種格式應予釐清，建議應以研究報告之方式為之。	遵照辦理
(四) 本報告書之內容編排建議重新調整，如第 16 頁至 17 頁到 33 頁應置於方法材料中，第 34 頁亦可列於方法與材料中，並對這些物種加以介紹及加上學名。而第 18 頁至 32 頁各表建議能予以適當說明。	遵照內政部報告格式修訂
(五) 參考文獻請與內文完成配合，而參考文獻的寫法請一致，如年代有括號或無；內文引用者為 2 個著者時之連接以"and"或"&"需一致；說明文獻引用出處，建議以作者全名說明，如郭城孟，1999。	遵照辦理
(六) 石松之研究結果應列於報告書中。簡報中有關紅豆杉之族群數量說明，建議再予查明。	遵照辦理。本研究僅針對南洋紅豆杉在玉山國家公園境內之分布進行研究，暫不列入其他地區之族群。
(七) 石松科有三屬，中文名稱中包括「燈籠草屬」與佛甲草科中文屬名相同，是否另採用或命名，以免混淆。	根據中國蕨類科屬志(吳和泰 1991)， <i>Lycopodiella</i> 的中文名稱為小石松屬，因此另採用此名，以免混淆。
(八) 學名格式請統一。	遵照辦理
(九) 第 2 頁中段 Sir 之稱謂應予注意。第 3 頁有關台灣地質之說明，建議再加以查明並列引用文獻。報告內容有關單位建議均採用 SI 制。	遵照辦理
(十) 第 82 頁附錄二之審查意見打字錯誤很多，建議校正之，而意見處理情形之說明請依實際研究工作情況回覆說明。	遵照辦理
(十一) 表號及圖號建議以阿拉伯數字表示，內容之中文字體與英文字體以及各種數字之字型與大小，請統一調整與編排。	遵照辦理
(十二) 本報告未將期初簡報會議之審查意見列表納入該報告書之附錄中，建請補充修正之。並請將上述審查意見及辦理情形製表納入期末報告書之附錄中。	遵照辦理