

玉山國家公園食蟲目遺傳多樣性
研究及蝙蝠現況調查計畫
Genetic Diversity of Insectivora and bat fauna
survey in Yusan National Park

受委託者：私立東海大學

研究主持人：林良恭

研究助理員：陳家鴻、呂孟栖、周政翰

張育誠、陳佑哲、賴佳青

內政部營建署玉山國家公園管理處

中華民國九十二年十二月

※注意事項：

◎封面顏色

色調 0 紅 64

濃度 255 綠 0

亮度 32 藍 0

目次

| | |
|------------------|-----|
| 表次 | III |
| 圖次 | IV |
| 附錄 | VI |
| 參考書目 | VI |
| 中文摘要 | VII |
| 英文摘要 | XI |
| 第一章 前言 | 1 |
| 第一節 食蟲目遺傳多樣性研究 | 1 |
| 第二節 玉山國家公園蝙蝠現況調查 | 2 |
| 第二章 材料與方法 | 5 |
| 第一節 食蟲目遺傳多樣性研究 | 5 |
| 第二節 蝙蝠現況調查 | 6 |
| 第三章 結論與討論 | 11 |

目次

| | | |
|-----|------------|----|
| 第一節 | 食蟲目遺傳多樣性研究 | 11 |
| 第二節 | 蝙蝠現況調查 | 14 |
| 第三節 | 建議事項 | 17 |

表次

| | | |
|-----|--|----|
| 表 1 | 台灣長尾鼯的採集記錄 | 19 |
| 表 2 | 短尾鼯的採集記錄 | 19 |
| 表 3 | 台灣長尾鼯在玉山國家公園境內與境外族群的 AMOVA 分析結果 | 20 |
| 表 4 | 玉山國家公園長尾鼯單核型頻度之分化 | 21 |
| 表 5 | 高山鼯鼠採集記錄 | 22 |
| 表 6 | 玉山國家公園內捕捉到蝙蝠之物種、地點及隻數 | 23 |
| 表 7 | 未知種鼠耳蝠 (<i>Myotis</i> sp.1 及 <i>Myotis</i> sp.2) 與 寬吻鼠耳蝠外部特徵比較 | 24 |

圖次

| | | |
|-----|---|----|
| 圖 1 | 51 隻長尾鼯的粒線體細胞色素 b 區域序列利用 鄰接法進行 1000 次 bootstrap 重複取樣後，所 得之親緣關係樹 | 25 |
| 圖 2 | 台灣長尾鼯之 32 個單型進行 statistical parsimony network 分析之結果 | 26 |
| 圖 3 | 40 隻短尾鼯的粒線體細胞色素 b 區域序列利用 鄰接法進行 1000 次 bootstrap 重複取樣後，所 得之親緣關係樹 | 27 |
| 圖 4 | 玉山國家公園三樣區蝙蝠捕捉種數 | 28 |
| 圖 5 | <i>Myotis</i> sp.1 頭骨照片 | 29 |
| 圖 6 | <i>Myotis</i> sp.2 頭骨照片 | 29 |
| 圖 7 | 未知種鼠耳蝠 (<i>Myotis</i> sp.1, <i>Myotis</i> sp.2) 與寬吻鼠耳蝠頭骨特徵以主成份分析結果 . . . | 30 |
| 圖 8 | 毛翼大管鼻蝠頭骨 | 31 |
| 圖 9 | 毛翼大管鼻蝠染色體 | 32 |

圖 10 高山家蝠染色體 · · · · · 33

| | | |
|------|----------------|----|
| 附錄一 | 食蟲目及翼手目分佈之二度分帶 | 35 |
| 附錄二 | 玉山國家公園翼手目名錄 | 37 |
| 附錄三 | 期初簡報會議記錄 | 38 |
| 附錄四 | 期中審查會議記錄 | 39 |
| 附錄五 | 期末審查會議記錄 | 40 |
| 附錄六 | 審查意見回覆 | 42 |
| 參考書目 | | 47 |

中文摘要

關鍵詞：玉山國家公園、基因分化、食蟲目、蝙蝠多樣性、高山島嶼

一、研究緣起

高山生態系是台灣地區生物多樣性最豐富的場所，且是野生動物保育與研究的一處重要位置。由於生存於山區的生物彼此間的交互作用會因山脈切割關係較為不易，因此探討高山島嶼對棲地、物種及基因的影響為當今生物多樣性保育研究的重要課題。玉山國家公園成立後，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尚屬初步。玉山國家公園所處範圍包含有台灣兩座主要山脈，即玉山山脈與中央山脈，對於分佈於此高山上的生物而言，值得探討因高山林立關係形成高山島嶼效應的研究。食蟲目(Insectivora)動物體型小移動力低，對棲地需求亦特化，本研究計畫將針對玉山國家公園各山區內的食蟲目，利用粒線腺體DNA (mitochondrial DNA, mtDNA) 遺傳標記，比較不同高山地區族群間的遺傳變異。本研究除將可瞭解不同山脈食蟲目動物之遺傳組成，並透過分子資料尋求是否有隱藏性物種(cryptic species)的存在，提供國家公園進行減少棲地島嶼化效應之保育規劃和教育上的參考。另外玉山國家公園園區內蝙蝠種類的資料非常薄弱且為陳舊，而蝙蝠為森林生態系的重要指標，本研究將針對園區內不同海拔高度棲地及位置建立蝙蝠種類分佈資料，完成園區內最完整的哺乳動物資源相。

二、研究方法及過程

1. 樣區設置

食蟲目：在園區內選擇玉山與中央山脈系的適當棲地，設置捕捉樣區，以 GPS 記錄各樣區的座標位置，並記錄各樣區的植被狀況，所得之記錄資料整理成相容於 GIS 資料庫之格式。

翼手目：針對園區範圍內之塔塔加（含楠溪林道），梅山地區與東部南安瓦拉米三處遊客中心地區，進行蝙蝠調查工作。

2. 活體捕捉與組織取樣

食蟲目：在各選定樣區，設置薛氏活體捕捉及掉落式陷阱(Sherman live trap and

pitfall 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。

- 翼手目：
1. 夏季一次至楠溪林道、梅山地區與南安瓦拉米地區進行翼手目動物（蝙蝠）調查。
 2. 選定適當地點，在傍晚時架設霧網，並輔以蝙蝠偵測器，偵測是否有蝙蝠活動，並記錄所偵測到之頻率與活動時間。
 3. 待蝙蝠上網後，小心將其從網上解下，記錄蝙蝠上網時間、高度、當時之溫度、濕度以及蝙蝠之性別、生殖狀況，並測量其體重、前臂長、體長、尾長等形質特徵與所發出之超音波頻率，並以 GPS 定位，記錄捕捉點之位置座標與海拔高度。每個不同捕捉地點所捕獲之每隻蝙蝠，均採取少量之體表組織（翼膜）後，將其上標（翼環）後原地釋放，所取下之組織存放於 95% 的酒精中。對於無法直接辨識種類之個體，乃攜回實驗室做進一步的確認比對。

3. DNA 萃取與分子標記

以 phenol-chloroform method 萃取組織樣品之 DNA。針對不同的物種，依據與其相近種已知的 mtDNA 序列，設計適當的引子 (primers)，以聚合酶連鎖反應 (polymerase chain reaction, PCR)，增幅產生特定區域的 mtDNA 序列，經定序後取得 DNA 序列以 Neighbor-Joining method 與 Network Parsimony method 進行分析，做為量化族群遺傳結構的分子標記。

三、重要發現

台灣長尾鼯共 51 隻個體進行定序，所得部分序列為 650bp，共得到 32 個單型 (haplotype)。短尾鼯共 40 隻個體進行定序，所得部分序列為 737bp，共得到 16 個單型。台灣長尾鼯的單型分佈似乎並沒有特定的地理模式，玉山國家公園內的台灣長尾鼯族群具有相當高的單型多樣性指數 (>0.8) 與較高的核苷酸多樣性指數；但族群分化指數偏低至中等 (0.04~0.128)。短尾鼯的單型及核苷酸二種多樣性指數偏低，且此二族群間的族群分化指數為 0.49，表示有相當的族群分化存在，並顯示以合歡山地帶分成南北兩地理族群。塔塔加地區鼯鼠疑似為一新種，

與低地區之鼯鼠在型態上明顯有差異。

蝙蝠調查在瓦拉米共計發現未知名鼠耳蝠 (*Myotis* sp.1)、台灣葉鼻蝠、台灣小蹄鼻蝠、渡瀨氏鼠耳蝠、姬管鼻蝠 (*Murina*)、台灣管鼻蝠及毛翼大管鼻蝠共計七種；在梅蘭林道共計發現未知名鼠耳蝠兩種 (*Myotis* sp.1, *Myotis* sp.2)、台灣葉鼻蝠、台灣管鼻蝠、高山家蝠(*Pipistrellus* sp.)、彩蝠(*Kerivola* sp.)共計六種；在塔塔加地區則發現渡瀨氏鼠耳蝠、台灣長耳蝠、台灣小蹄鼻蝠及寬耳蝠共計四種。

四、主要建議事項

本研究顯示玉山國家公園內高山島嶼效應使得在食蟲目動物因障礙關係的產生基因分化的現象，尤其是對棲地要求較明顯的物種，如短尾鮑。未來應深入探討隔離機制的形成，並減少過多人為切割環境因子的促成。

玉山國家公園內蝙蝠多樣性指數高，但全面與長期性的物種調查應再持續。

英文摘要

英文摘要

High mountains have been constituted the specific ecosystems in Taiwan. It is inhibiting the higher species diversity and the important sites for wildlife conservation and research. However, the high mountain range and a number of deep valleys may have interrupted the interactions among wildlife. The information of the habitats, species and genetic differentiation among the conspecific isolating populations should be necessarily studied by means of biodiversity researches. Yusan National Park is famous throughout the world for its unique mountain habitat islands where occupied by two main mountain ranges, such as Central Mountain Range and Yusan Mountain Range. Although the fauna survey has been done surrounding the areas, none of the conservation genetics studies on the species living in the mountain islands in Yusan National Park have been studied. It provides the best study areas and materials for understanding the genetic structures of animals living in the mountain islands inside the park. The objectives of this study are: 1) to determine population genetic differentiation based on the mtDNA data of Insectivora mammals, 2) to reexamine the cryptic species of Insectivora. On the other hand, the bat fauna information in Yusan National Park was old and not yet investigated systematically. Therefore, the purpose this study is also to survey bat fauna at different altitudes, habitats and areas in the park. The expected results will be built up a complete basic data of the mammalian resources in Yusan National Park. In the results, the genetics of *Anourosorex* populations was divided two groups, whereas the *Soriculus* populations were not according to the geographical pattern. The mountain mole (*Mogera* sp.) might be a valid new species. The bat fauna was surveyed in the areas of three visitor center within park and total 12 species were recorded.

第一章 前言

第一節 食蟲目遺傳多樣性研究

動物族群的分布與擴散常會受到地理或生態因素的限制。地理因素的限制有：山脈、河川、海洋等，例如擴散能力較差的小型哺乳動物族群便可能因為無法越過高聳的山脈，而無法擴散至山脈的另一側，或者受到大型河流的阻礙，而無法遷徙至河流的對岸；生態因素的限制有：棲地的要求與選擇等，例如生活在河川中的初級淡水魚因為終生無法離開淡水河流生存，其族群的擴散範圍便會受限於其所生活的河流，或者生活於熱帶雨林的物種因為無法適應其他的棲地型態而無法擴散至熱帶雨林以外的地區。這些受限並被隔離於不同地區的族群之間的基因交流(gene flow)也會因為族群間沒有個體的交流而被阻斷，於是造成遺傳上的隔離(genetic isolation)，也就是在族群遺傳結構上產生分化的現象，如果隔離的機制維持的時間夠長，足以產生及累積足夠的變異，進一步達到生殖隔離(reproductive isolation)離，甚至使隔離的族群形成不同的物種，這也就是異域種化(allopatric speciation)的過程(Avise 2000)。

高山山脈為台灣十分特殊的生態系，海拔落差大，其間溪谷縱橫，切割明顯。此特殊地理地形使各山脈之間形成天然屏障，尤其是棲息於高山山頂上之生物其相互交流機會有所影響，因此探討高山島嶼對棲地、物種及基因的影響為當今生物多樣性研究的重要課題，在保育研究中更具有指標的功用。

近年來，分子標記(molecular marker)被廣泛的應用在族群遺傳結構及地理親緣關係的研究上(Avise 2000)，因為分子標記的尺度較傳統的形態特徵(如毛皮顏色、頭骨形質等)要小(Polly 2001)，可以從遺傳的層次上觀察族群遺傳結構，也因此，針對不同的尺度需求，發展出了許多不同的分子標記。較常被使用來研究族群遺傳結構的分子標記有：同功異構酶(allozyme)、核 DNA 及胞器 DNA(粒線體 DNA 或葉綠體 DNA)的片段長度或序列，及微衛星體(microsatellite)等。其中粒線體 DNA(mitochondrial DNA，簡稱 mtDNA)為最有力的分子標記之一，由於它具有以下數個特性：母系遺傳、缺乏基因重組、演化速率為核 DNA 的 10~15 倍、容易被分離及取得，因此在 1987 年以來發表的科學文章中，有超過百分之六十有關族群遺傳結構及地理親緣關係的研究是以 mtDNA 為分子標記(Avise 2000)。而其中控制區域(control region)的位置介於 phenylalanine tRNA (tRNAPhe) 與 proline tRNA (tRNAPro) 之間，是粒線體 DNA 在複製及轉錄

時主要的調控區域；控制區域爲一 non-coding region，容易累積變異，爲粒線體 DNA 中演化最快、最多變異的部分，故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）。而根據林良恭（2002）之調查研究，玉山國家公園內高海拔地區之小型哺乳動物計有嚙齒目的台灣森鼠，高山白腹鼠，高山田鼠，黑腹絨鼠與食蟲目的長尾鼯與短尾鼯。其中發現，林良恭（2003）研究玉山國家公園園區內之高山田鼠在遺傳結構方面，各採集點皆呈現獨立分群之現象。嚴格說來，各高海拔山區間之高山田鼠族群似乎正朝向亞種分化之地位前進。小型食蟲目動物因散佈能力（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可能更易產生遺傳分化。

食蟲目動物（Insectivora），一般通稱爲鼯鼯（shrews）及鼯鼠（moles），全世界約有 423 種，爲哺乳動物的第三大目。食蟲目動物在台灣分布十分廣泛，是數量僅次於嚙齒目（Rodentia）動物的廣域性小型哺乳類動物群，廣泛分布在台灣低海拔至高海拔的平地或山區中，生活於草原或雜木林內，食性複雜，通常以動物爲食，亦相當能適應人類的生活環境，例如錢鼠。過去台灣對食蟲目動物的研究相當有限，以新物種發表以及染色體核型分析等報告爲主，而相關的生態研究及族群遺傳結構僅有少數文獻提及。因此，研究、比較園區內各山系間小型食蟲目的族群遺傳結構，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多樣性的現況，並可能檢視是有隱藏物種（Cryptic species）存在，進而提供園區經營管理的參考依據。

第二節 玉山國家公園蝙蝠現況調查

全世界的蝙蝠約近千種，僅次於嚙齒目動物種類。蝙蝠是唯一真正可以飛行的哺乳動物，屬於翼手目。下分二個亞目，即大翼手亞目和小翼手亞目，其下共計 18 科。大翼手亞目的蝙蝠僅有一科，即舊大陸（從非洲到太平洋島嶼）的果蝠，共有 42 屬約 170 種（林良恭等 1997）。

蝙蝠的監測研究常被忽略，或許由於蝙蝠的監測研究技術較不易爲人所熟悉，以致被研究的機會不多。事實上，蝙蝠類動物在一保留（護）區內的生態角色相當重要而且特殊，不但種類多，可能超過嚙齒目動物，而且數量也不算稀少。加上蝙蝠類動物大多是食蟲性，因此在生態系的食物鏈與能量流轉之觀點，蝙蝠是不可忽視的監測對象。

蝙蝠是會飛行的動物，監測研究上之技術類似鳥類，但與鳥類不同的是蝙蝠乃屬於夜間飛翔，不易直接觀察。通常蝙蝠較不易被採獲，加上他們快速的飛翔能力及夜間活動，許多自然保護（留）區的調查常忽略對蝙蝠的普查工作。就台灣地區的蝙蝠而言，目前已知種類達 30 種之多（林良恭，未出版資料）。其中有不少種類生存於森林內，包括樹棲或天然洞穴裡，但多數的生態地位皆仍不太清楚。由於蝙蝠的型態、生理及行為方面的適應非常獨特，因此有關蝙蝠的調查研究也較不同於其他哺乳類動物。

玉山國家公園自成立以來，對園區內蝙蝠種類資料仍僅依賴當初國家公園設立之基礎調查，爾後園區內之普查也皆缺乏蝙蝠相關資料。由於蝙蝠為森林生態系內重要一環，它們控制森林昆蟲數量具舉足輕重的地位。玉山國家公園所處範圍涵蓋了低中高不同海拔地帶，此等複雜的自然的棲地分佈，提供可棲息於園區內蝙蝠的多樣性。因此亟需建立玉山國家公園園區蝙蝠種類分佈及生態資料。林良恭等人（1997）指出在玉山國家公園園區範圍與鄰近地區翼手目（蝙蝠）種類計有高山管鼻蝠、彩蝠（阿里山），台灣鼠耳蝠、金黃鼠耳蝠、黃喉家蝠、高山管鼻蝠、台灣大蹄鼻蝠與摺翅蝠（鹿林山區）共 3 科 7 種，對玉山國家公園園區內其他地區（尤其是南部與東部地區），資料仍屬不足。本研究將針對園區內不同海拔高度棲地及位置，初步建立蝙蝠種類分佈資料，期待未來能完成整理玉山國家公園園區內最完整的哺乳動物資源相。

第二章 材料與方法

第一節 食蟲目遺傳多樣性研究

一、 野外研究

於秀姑巒山、塔塔加、圓峰及關山等地點，選擇適當棲地放置薛爾曼氏 (Sherman) 捕捉器進行採集，共捕捉 51 隻個體長尾鼯 (*Soriculus fumidus*) (表 1) 及短尾鼯 (*Anourosorex squamipes*) 40 隻個體 (表 2)，進行分子資料分析。另外，亦針對塔塔加地區進行鼯鼠之捕捉。

二、 遺傳標記

本研究中使用粒線體 DNA 的細胞色素 b (cytochrome b) 區域作為遺傳標記，比較不同採集地個體間的遺傳差異。

三、 DNA 粹取與聚合酶連鎖反應

鼯鼠個體解剖後，取其肝組織，以 Proteinase K/phenol /chloroform 法粹取其 DNA。首先將組織磨碎後以 STE buffer 清洗，加入 100 μ l lysis buffer 以均質器做均質研磨，再加入 450 μ l lysis buffer 及 15 μ l proteinase K (20mg/ml)，置於 37 $^{\circ}$ C 下水浴至少 24 小時。加入等體積的酚-氯仿混合溶劑 (phenol : chloroform : isoamylalcohol = 25 : 24 : 1) 後，以 13000 rpm 離心 13 分鐘。取出上層水溶液，重複此步驟三次再改以氯仿 (chloroform : isoamylalcohol = 24 : 1) 重複一次。將上清液取出，加入二倍體積的低溫無水酒精，置於 -80 $^{\circ}$ C 30 分鐘以沈澱 DNA。再以 70% 的酒精清洗 DNA 一次，將 DNA 置於 60 $^{\circ}$ C 加熱器烘乾 10 分鐘後，加入 TE buffer 50 μ l 將 DNA 溶解，存於 4 $^{\circ}$ C 冰箱備用。

將得到的 genomic DNA 以自行設計的粒線體細胞色素 b 引子進行 PCR 反應，每管反應總體積為 50 μ l，內含 200 ng 的 template DNA、5 μ l 10X taq buffer、4 μ l dNTP (2.5mM)、0.3 μ l forward primer (2.5 pmol/ μ l)、0.3 μ l reverse primer (2.5 pmol/ μ l)、0.2 μ l DNA taq polymerase (5U/ μ l) 及 49.7 μ l 的滅菌二次水。溫度反應

流程為 95°C 4 分鐘，每一循環包括：94°C 60 秒，引子最適黏合溫度 (52°C ~ 55°C) 60 秒，72°C 120 秒，共 35 循環，最後以 72°C 10 分鐘進行延伸反應，即可得 PCR 產物。

將 PCR 反應產物 5 μ l，置於濃度為 1.2% 的洋菜膠體 (agrose gel) 中，進行電泳檢測，電泳時間為 21 分鐘。最後以溴化乙啶 (ethidium bromide) 處理 7 分鐘，將 DNA 染色，於紫外光燈箱拍照判讀，確認 PCR 產物大小與濃度。粒線體 DNA 的 cytochrome b 片段增幅成功後，委託生物科技公司以自動定序儀定序。

四、資料分析

所得之序列經排序後以電腦軟體 MEGA 進行遺傳距離計算，再以 Neighbor-joining 方法重建親緣關係樹。所有的分析都進行 1000 次的 bootstrap 重新取樣檢驗。單型間的連結關係則使用電腦軟體 TCS 以 statistical parsimony method 進行重建。此外，並使用電腦軟體 DNASP 以及 ARLEQUIN 計算各地區間個體的族群交流指數，單型多樣性指數 (haplotype diversity)，核甘酸多樣性指數 (nucleotide diversity) 以及 AMOVA (analysis of molecular variance) 顯著性分析。

第二節 蝙蝠現況調查

一、野外研究

玉山國家公園的蝙蝠以蝙蝠一年活動最高峰的 7 月至 9 月進行，共計調查三個月。調查的地點含括園區內屬低海拔，位於花蓮縣玉里鎮南安之瓦拉米步道；屬中海拔，位於高雄縣桃源鄉梅山之梅蘭林道及屬高海拔之塔塔加楠溪林道三區。各調查樣區詳述如下：

1. 瓦拉米步道海拔高度在五百公尺，中段在調查期間因施工無法進入，故僅於步道前半段段調查 4.5 公里。步道前段屬於造林地，樹種單調，鬱閉度不高，最高樹高約六米，步道寬度約兩米半步道。
2. 梅山之梅蘭林道海拔高度為八百至九百公尺左右，林道前段為農墾地（竹

林、果樹、農田)，至約 2K 處始進入次森林環境，林道前 3 公里為柏油路，之後為碎石路，至 5 公里之後又為柏油路，但鬱閉度不佳，林道前 4.5 公里段路面狹小約一米寬，不適合做蝙蝠調查，因此蝙蝠調查是從林道 4.5 公里之後開始。

3. 塔塔加之調查地點選擇在林道鬱閉度佳之楠溪林道，林道寬闊約三米，海拔高度為一千八百至兩千公尺。楠溪林道植物以殼斗科、樟科為主要的樹種，另有紅檜、華山松、柳杉等造林樹種。

二、蝙蝠存在判定

肉眼觀察：在傍晚薄暮及清晨時刻進行。

霧網

- (1) 霧網於天黑之前架設好，因為日落後 2-3 小時通常為蝙蝠活動高峰。但是要等到看到蝙蝠飛行或天完全黑了才將網目放下，以免捉到鳥類。
- (2) 以多張網就可組成不同的角度，比較常用的是 V 型、L 型及三角形。
- (3) 15 分鐘檢查一次；上網的蝙蝠要儘快移走，避免網袋混淆、纏結或被蝙蝠咬破而逃跑。

三、標本處理技術

蝙蝠外部測量：捕捉到之個體以電子式游標尺 ($\pm 0.01\text{mm}$) 測記定量形質紀錄十三個外部型值：

前臂長(Forearm length, FA)

尾長(Tail length, TL)

第一指長(Thumb length, ThL)

腳距(Tibia length, Tib)

腳掌長(Hindfoot length, HL)

第二掌骨長(Second metacarpal length, SEC)

第三掌骨長(Third metacarpal length, THI)

第四掌骨長(Fourth metacarpal length, FOU)

第五掌骨長(Fifth metacarpal length, FIF)

耳長(Ear length, EAR)

耳珠長(Tragus length, Trg)

股間膜長度(Uroptagium length, URO)

股間膜軟骨長度 (Cartilage zone, UROC)

標本處理

頭骨部分

將所捕獲之個體，解剖取出頭骨及身體部分，保存部分組織標本，將組織固定於 100%酒精；剩餘部分以乾燥處理一週，待所有部分乾燥完全後，轉換至標本蟲處理，待標本蟲將個體之肌肉組織處理完成，時間約一週；將標本轉換至 10%氨水中，其目的在於脫去標本上之脂肪組織及去除所殘餘之標本蟲（蟲卵），處理時間約 4-7 天依個體體型決定。將標本轉置於清水中約一星期，目的為去除氨水。最後將標本乾燥保存，並置於乾燥環境中。

將處理後之標本以電子式游標尺 ($\pm 0.01\text{mm}$) 測記定量形質紀錄十八個頭骨測值：

頭骨最大長度 (Greatest length of skull including incisors, GLS)

髁突骨到犬齒長 (Condyl canine length, CCL)

髁突骨到鼻端長 (Condyl basal length, CBL)

髁突骨到門齒長 (Condyl basal length including incisors, CBL1)

乳突骨寬 (Mastoidal breadth, MAB)

顴骨寬 (Zygomatic breadth, ZYG)

腦室寬 (Breadth of braincase, BCW)

腦室高 (Height of braincase, BCH)

眼窩最短距離 (Interorbital constriction(least width of skull at postorbital constriction), InOrlW)

上顎犬齒寬 (Breadth across upper canines, BAC)

上顎臼齒寬 (Breadth across upper molar, BAM)

上顎骨全齒列長 (Length of maxillary toothrow i-m3, MAX1)

上顎骨齒列長 (Length of maxillary toothrow c-m3, MAX2)

上顎骨臼齒齒列長 (Length of upper molariform toothrow, UML)

下顎骨齒列長 (Length of mandibular toothrow, MTR)

下顎骨臼齒齒列長 (Length of low molariform toothrow, LML)

下顎全長 (Length of mandible, MdL)

下顎高 (Height of mandible, MdH)

所得之型態數據以多變量分析方法 (Multivariate analysis of variance(MANOVA)) 及主成分分析 (Principal Component Analysis, PCA)

第三章 結果與討論

第一節 食蟲目遺傳多樣性研究

台灣長尾鮑取塔塔加地區等共 51 隻個體進行定序，所得部分序列為 650bp，共得到 32 個單型 (haplotype)。短尾鮑取塔塔加地區等共 40 隻個體進行定序，所得部分序列為 737bp，共得到 16 個單型。鼯鼠則僅於塔塔加與鄰近阿里山共獲五隻個體，粒線體細胞色素 *b* 之序列為 1140bp。

一、台灣長尾鮑

以鄰接法進行 1000 次 bootstrap 重複測試後，所得到之台灣長尾鮑單型間並無明顯分群表現 (圖 1)，除了北大武的 1 隻個体外，其他支序結構的 bootstrap 支持度最高只有 49。利用 statistical parsimony method 重建單型間最簡約演化關係後 (圖 2)，可發現四個主要的單型分群。然而，和捕捉位置相比較後，其中二群涵蓋了數個地理距離相去甚遠的地點，表示這些單型分佈似乎並沒有特定的地理模式。經由 AMOVA 分析，將玉山國家公園境內捕獲的個體和其他地區比較，發現雖然有部分單型分佈於一個以上的地點，但統計分析仍支持玉山國家公園境內的台灣長尾鮑族群和其他地點顯著不同 ($P < 0.05$) (表 3)。Exact test 的結論也支持塔塔加地區族群的個體和圓峰，能高山與北大武之族群有顯著不同 (表 4)。同時，玉山國家公園內的台灣長尾鮑族群具有相當高的單型多樣性指數 (> 0.8) 與較高的核甘酸多樣性指數；但族群分化指數偏低至中等 (0.04~0.128) 顯示各地點間仍有一單型分佈似乎並沒有特定的地理模式定程度的個體交流。

二、短尾鮑

40 隻短尾鮑的粒線體細胞色素 *b* 區域序列在使用鄰接法以 1000 次 bootstrap 重複測試重建親緣關係樹後，發現短尾鮑族群可明顯分成三群，主要的為雪山群與中央山脈群，但中山山脈群又可再分成合歡山-天池-關山群以及塔塔加-阿里山-溪頭群 (圖 3)。而國家公園境內的關山-天池族群和塔塔加地區族群的單型多樣性指數分別為 0.67 與 0.83，核甘酸多樣性指數則分別為 0.00091 與 0.00523。和台灣長尾鮑相比，短尾鮑的二種多樣性指數偏低，且此二族群間的族群分化指數為 0.49，表示有相當的族群分化存在，支持親緣關係數的分析結果。

三、鼫鼠

在塔塔加地區共獲五隻標本(表 5)，粒線體 DNA 之細胞色素 b 之分析發現高山地區鼫鼠與平地鼫鼠(標本來自彰化)彼此之間平均遺傳距離為 8.4%，此距離已達種化地步，另外，就型態而言，塔塔加高山鼫鼠描述如下：

1.外部特徵：

體型較台灣鼫鼠小，毛皮濃密呈天鵝絨般柔軟光滑之黑色，不似日本之 *Mogera* 屬，而是與歐洲之 *Talpa* 屬較相似，胸部與腹部不被分泌物著色，尾長 10.0~12.0mm (尾部比例平均為 9.0%)，比台灣鼫鼠稍長(尾部比例，五隻標本平均 6.9%)，由長的毛髮覆蓋，鼻部長而纖細。鼻溝部之鼻唇面向前突出，鼻孔開啓稍微向兩側上口鼻部份裸露，長的縱像並呈長方形。

2.頭骨：

頭骨小，頭骨最大長度為 29.06~30.64mm，上顎長度相對較短，尤其在吻突部分較狹窄，吻突的外部輪廓並無非常狹隘，而側面觀在第四前臼齒往前的方向朝下方彎曲顴骨弧往外彎曲，聽泡開口垂直且寬，而且內鼓骨不完全介於 *M. latouchei* 與台灣鼫鼠之中間型態相對於縱向長度頭狀骨孔較寬，眶下頭狀骨的背部邊緣位於第 2 臼齒齒根之上。

3.齒式 = I 3/2, C 1/1, P4/4, M 3/3 = 42

上門齒列往前突出，排列成 V 型，第一門齒對明顯較其他大，第一到第三上前臼齒有足夠的空間，並不似台灣鼫鼠擁擠，上臼齒相對較小而且下椎並不發展，呈三角形。

四、討論

近來許多台灣地區的動物地理親緣關係研究顯示，台灣的生物地理深受到過去地質事件及島上複雜地形的影響(Hsu 2001)。台灣是一個多山的島嶼，海拔 1500 以上的山區就佔據了全島面積的三分之二，另外有許多的河流分布其中，形成許多獨立的河系，台灣石賓(*Acrossocheilus paradoxus*)為初級淡水魚，終生受限於其所生活的河流，分析 mtDNA 序列發現各大流域的族群間產生高度的遺傳分化(Wang 2000)。而高聳的中央山脈對島上的生物族群擴散形成極大的阻隔，對於低海拔物種而言，中央山脈形成了東西向交流的阻隔，例如以 RFLP 方

法分析莫氏樹蛙(*Rhacophorus moltrechti*)的 mtDNA，發現東部族群組與西部族群組有明顯的分化現象產生(葉 1997)。類似的東西分群現象亦發生在其他物種上，如：斯文豪氏攀蜥(劉國強 1995)等。

但是對於分布在中高海拔的物種而言，中央山脈所造成的影響便與低海拔物種不同了，這些物種可能受到不同山系間的山谷或是分布在中央山脈中不同的河系所形成的深蝕河谷阻礙，導致無法在各山系間進行擴散而形成被隔離的族群。分布於中高海拔山區的長鬃山羊(*Naemorhedus swinhoei*)，分析 mtDNA cytochrome *b* gene 所建構的基因樹顯示長鬃山羊在中央山脈分為南北兩大族群(張 2002)；另外以 RFLP 分析分布於中高海拔山區的台灣森鼠(*Apodemus semotus*)的 mtDNA 發現呈南北兩大分群(Hsu 2001)這些研究顯示分布於中央山脈間的深蝕河谷會造成中高海拔物種族群擴散及遺傳上的隔離。而對於分布在更高海拔的物種，如：高山田鼠(*Volemys kikuchii*)，分布於海拔 2000 公尺~3500 公尺山區，深蝕河谷的隔離可能使其分布形成高山島嶼的型態，分布於各個獨立山頂的族群彼此間的基因交流將被阻斷，可能因而形成遺傳分化。去年初步研究結果顯示，分屬於關山、阿里山、能高三地的族群間有明顯的遺傳分化。

台灣過去對長短尾鼯的研究十分缺乏。據行政院農委會彙整歷年來台灣本島哺乳動物的分布資料，顯示長短尾鼯廣泛分布在中、高海拔山區的森林底層、箭竹林、雜木林中。從海拔 300m 到 3300m 都曾有捕獲紀錄，其豐富度在海拔 1500~2500m 為最高(Yu, 1994)。過去有學者曾對阿里山地區的長短尾鼯族群進行初步的生態研究(Alexander et al. 1987)，顯示短尾鼯對密蔽植被及適合鑽洞的地方有強烈偏好，且無明顯生殖季節，而長尾鼯則較屬地面活動無棲地特別偏好。總結長尾鼯可能因分布廣，海拔變化範圍大(1200~3800 公尺)，基因交流機會較大，因此受山脈明顯隔離之效應較不突出。而短尾鼯體型較大，因屬半穴居型習性，對棲地要求較嚴格，因此受山脈阻隔之限制較明顯。由初步的分析結果，台灣短尾鼯族群明顯地分離成南北二族群，且南北族群 cytochrome *b* 序列的單型分佈形式顯著不同。合歡山以北的短尾鼯族群，單型數目明顯較少，且序列間差異度很小，或完全一致。南部族群則無主要的單型存在，單型的數目較多且間變異很大。仔細分析二群的地理位置，似乎與台灣山脈的走勢有關。北群之個體全屬於雪山山脈，南群則包括中央山脈及阿里山山脈，後者包括溪頭、杉林溪、塔塔加和阿里山森林遊樂區等地。台灣短尾鼯全部族群的核苷酸歧異度高達 0.01962，在與 737 bp 中有 66 個多型位點，其他鼯屬的種內研究比較，變異的程

度相當高。將單型多樣性及核甘酸多樣性指數與前人所做的研究相比較後，發現台灣的短尾鼯族群的單型多樣性極高(91.9%)，但核甘酸多樣性指數則屬中等，表示台灣的短尾鼯族群可能是經歷瓶頸效應後快速擴張，再漸漸隔離，但隔離所造成分化的時間並不久。世界短尾鼯的分佈主要在台灣以及中國大陸四川省，呈現跳躍式分佈。未來將收集更多鼯類細胞色素 *b*(Cytochrome *b*)區域序列的演化速率，並利用分子鐘理論，試圖計算短尾鼯分化的時間點，配合地質事件(例如冰河期)，做合理的解釋。

第二節 蝙蝠現況調查

本次調查在瓦拉米共計發現未知名鼠耳蝠 (*Myotis* sp.1)、台灣葉鼻蝠、台灣小蹄鼻蝠、渡瀨氏鼠耳蝠、姬管鼻蝠(*Murina* sp.)、台灣管鼻蝠及毛翼大管鼻蝠共計七種；在梅蘭林道共計發現未知名鼠耳蝠兩種 (*Myotis* sp.1, *Myotis* sp.2)、台灣葉鼻蝠、台灣管鼻蝠、高山家蝠(*Pipistrellus* sp.)、彩蝠(*Kerivora* sp.)共計六種；在塔塔加地區則發現渡瀨氏鼠耳蝠、台灣長耳蝠、台灣小蹄鼻蝠及寬耳蝠共計四種(表 6)。由捕捉結果可知位於較低海拔的瓦拉米所捕捉到的物種最多，屬高海拔的塔塔加楠溪林道所捕捉到的物種就較少，且隻數亦較少(圖 4)。

一、物種各論

1. 鼠耳蝠

本次調查在玉山國中公園中，有兩種鼠耳蝠為新發現，共檢視 *Myotis* sp.1 共 11 筆，*Myotis* sp.2 共 1 筆。其中 *Myotis* sp.1 與寬吻鼠耳蝠在外部特徵上具有類似的定性特徵，二者之翼膜接點於後腳趾基部，與股間膜接點互為交叉；且二者具有毛色差異，寬吻鼠耳蝠毛色為黑色，而 *Myotis* sp.1 腹面毛端為白色，再者寬吻鼠耳蝠耳殼缺科明顯，但 *Myotis* sp.1 較不明顯。*Myotis* sp.1 與寬吻鼠耳蝠之外部測量值方面在前臂長(FA)、拇指長(ThL)、腳脛長(TIB)、及後腳掌長(HF)，具有顯著差異($\alpha=0.05$)(表 7)；在頭骨形態方面，*Myotis* sp.1 與寬吻鼠耳蝠有著類似的形態(圖 5)。

Myotis sp.2 外部定性特徵也類似寬吻鼠耳蝠，但外部測量值皆顯著大於寬吻鼠耳蝠，其毛色為暗紅棕色，翼膜接於後腳指基部，與股間膜互為交叉，且其腹面毛端為白色，耳殼相對長度較短於寬吻鼠耳蝠。*Myotis* sp.2 外

部測量特徵前臂長 (FA) 及腳脛長 (Tib), 拇指長 (THL) 與後腳掌長 (HFL) 皆顯著大於寬吻鼠耳蝠 (表 7); *Myotis* sp.2 其頭骨的隴高異於其他類群鼠耳蝠 (圖 6)。

Myotis sp.1、*Myotis* sp.2 及寬吻鼠耳蝠可依前臂長 (FA) 及腳脛長 (Tib) 區分三者 (表 7)。且 *Myotis* sp.1、*Myotis* sp.2 及寬吻鼠耳蝠之三者頭骨特徵利用主成分分析上亦具有顯著分群現象 (圖 7)。

2. 台灣小蹄鼻蝠

為台灣特有種。夜行性，以昆蟲為食。棲息於低海拔之岩洞、隧道中；白天棲息時，個體間常相互緊靠，呈一密集之群聚數量可高達數千隻。有時與其他種類蝙蝠(如台灣葉鼻蝠、摺翅蝠)同居一洞，但不同種類各自成群，不相混雜。本次調查在瓦拉米捕獲兩隻，楠溪林道捕獲一隻。

3. 台灣葉鼻蝠

為台灣特有種。夜行性，以大型昆蟲為食。多棲息在低海拔廢棄建築物或隧道中，亦有棲息於橋墩下者；附近的環境多為開墾地或次生闊葉林。每年五、六月為生殖期，一胎一仔，母子關係緊密，七至九月為育幼期，此階段幼蝠逐漸成長獨立。部分族群於冬季時會離開原棲息洞穴而遷移他處渡冬。由於體型大，有時被人誤認為是食果性的台灣狐蝠。本次調查在瓦拉米及梅蘭林道各捕獲兩隻。

4. 台灣管鼻蝠

本種為台灣特有種。夜行性，以昆蟲為食。屬於中海拔山區森林性蝙蝠。本次調查在瓦拉米捕獲一隻，梅蘭林道捕獲兩隻。

5. 毛翼大管鼻蝠

日人風野鐵吉曾於 1935 年在埔里獲一標本，直至 1996 年林良恭等人始又於台中縣大雪山林道，海拔 2000 公尺處採得一標本，屬山區森林性蝙蝠，甚罕見。本次調查在瓦拉米捕獲第二隻，十足彌貴，另毛翼大管鼻蝠之頭骨及染色體資料如圖 8 及圖 9。

6. 姬管鼻蝠

過去調查零星分布於海拔 1500 公尺以上的山區森林中，為台灣的新紀錄種。本次調查於瓦拉米低海拔捕獲一個體。

7. 渡瀨氏鼠耳蝠

昔日曾分布於台北、台南、苑裡、恆春；目前於基隆暖暖、台北市陽明山、苗栗縣泰安、雲林縣水林、台南縣東山、屏東縣南仁山有發現記錄。本次調查在瓦拉米及楠溪林道各捕獲一隻。

8. 台灣長耳蝠

為台灣特有種，又名台灣兔耳蝠，為日人吉行瑞子於 1990 年首次採集到而發表之台灣新種。屬中、高海拔山區森林性蝙蝠。由於耳朵甚大，覓食高度接近地面，飛行時顯得緩慢笨拙；在休息時會把耳殼向後平貼，並以前臂夾於身體兩側，僅耳珠豎立。本次調查在楠溪林道捕獲一隻。

9. 台灣寬耳蝠

本種於 1995 年首次於南投縣海拔 2160 公尺的梅峰地區被採集發現，屬於中、高海拔山區森林性蝙蝠，為台灣新記錄之特有種。本次調查在楠溪林道捕獲一隻。

10. 高山家蝠

本種最早發現紀錄為 1998 年於台中縣 210 林道，爾後在大禹嶺、草嶺及寶來地區亦有捕獲。此次於梅蘭林道捕獲一隻，為玉山國家公園首次捕獲資料，該物種之染色體資料見圖 10。

11. 彩蝠

本種最早於 1999 年新竹地區首次被發現，目前尚未定名，本種之特徵為漏斗式之耳殼，惟本種之毛色並未如其他同屬不同種具有彩色斑紋。本種於梅蘭林道捕獲兩個體，為玉山國家公園內首次捕獲。

二、討論

玉山國家公園內環境變化大且存有海拔梯度變化，成就多樣性之棲地，提供多樣物種的棲所。台灣地區目前現有紀錄種蝙蝠為廿二種，玉山國家公園內就發現十二種的蝙蝠，其中台灣小蹄鼻蝠、台灣葉鼻蝠、台灣管鼻蝠、台灣長耳蝠及台灣管鼻蝠共五種為台灣特有種，高山家蝠、彩蝠及兩種鼠耳蝠為近年發現的新種，再者毛翼大管鼻蝠更是近幾年來野外捕捉的第二筆資料，彌足珍貴。顯示玉山國家公園內不僅有多樣性的蝙蝠，其棲地更顯重要性。

第三節 建議事項

一、立即可行之建議：

玉山國家公園內蝙蝠多樣性指數高，但全面與長期性的物種調查應再持續。

二、長期性建議

本研究顯示玉山國家公園內高山島嶼效應使得在食蟲目動物因障礙關係的產生基因分化的現象，尤其是對棲地要求較明顯的物種，如短尾鼯。未來應深入探討隔離機制的形成，並減少過多人為切割環境因子的促成。

表 1 台灣長尾駒的採集記錄

| | 個體數 | 採集時間 | 捕捉夜×捕捉器 | 海拔高度(m) |
|-------|-----|---------------------------|---------|-----------|
| 秀姑坪 | 4 | 2002/11/24-30 | 160 | 3357-3513 |
| 玉山圓峰 | 7 | 2002/10/14-18 | 200 | 3683-3718 |
| 關山 | 2 | 2002/4/1-5 | 405 | 2653-2848 |
| 塔塔加 | 11 | 2003/2/6-10 2003/6/6-9 | 630 | 2100 |
| 南橫天池 | 1 | 2003/8/4-7 | 150 | 2030 |
| 能高山 | 12 | 2002/7/22-24 | 160 | 2860-3071 |
| 阿里山 | 2 | 2002/7/28-31 | 440 | 2100 |
| 北大武 | 7 | 2002/5/31-6/4 | 220 | 2115-2322 |
| 雪山黑森林 | 3 | 2003/8/13-19 | 260 | 3380 |
| 合歡山 | 1 | 2002/8/29-9/1 | 120 | 3000 |
| 藤枝 | 1 | 2003/11/11-14 | 180 | 2000 |
| 總數 | 51 | | 2925 | |

表 2 短尾駒的採集記錄

| | 個體數 | 採集時間 | 捕捉夜×捕捉器 | 海拔高度(m) |
|------|-----|-----------------------------|---------|-----------|
| 關山 | 1 | 2002/4/1-5 | 405 | 2653-2848 |
| 塔塔加 | 4 | 2001/8/24-27 2002/9/1-4 | 440 | 2500 |
| 南橫天池 | 2 | 2001/07/16-20 | 320 | 2030 |
| 阿里山 | 15 | 2001/8/18-22 | 180 | 2100 |
| 溪頭 | 3 | 2000/12/22-25 | 120 | 1000 |
| 合歡山 | 5 | 2001/3/28-30 2002/8/8-11 | 430 | 3000 |
| 李棟山 | 10 | 2002/7/19-23 | 480 | 1500-1750 |
| 總數 | 40 | | 2375 | |

表 3 台灣長尾駒在玉山國家公園境內與境外族群的 AMOVA 分析結果

| | d. f. | variance components | % of variation | ψ -statistics | P value |
|--------------------|-------|---------------------|----------------|--------------------|---------|
| Among groups | 1 | 0.80569 | 19.92 | 0.19920 | 0.01186 |
| Among populations | 9 | 54.116 | 23.42 | 0.29241 | <0.0001 |
| within groups | | | | | |
| Within populations | 40 | 91.672 | 56.66 | 0.43337 | <0.0001 |

表 4 玉山國家公園長尾鮑單核型頻度之分化

| | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 |
|---------|---|---|---|---|---|---|---|---|---|----|----|
| 1.秀姑坪 | | - | - | - | + | - | - | | - | - | - |
| 2.玉山圓峰 | - | | - | + | + | - | - | - | - | - | - |
| 3.關山 | - | - | | | | - | - | - | - | - | - |
| 4.塔塔加 | - | + | - | | + | - | + | - | - | - | - |
| 5.能高山 | + | + | - | + | | - | + | - | + | - | - |
| 6.阿里山 | - | - | - | - | - | | - | - | - | - | - |
| 7.北大武 | - | - | - | + | + | - | | - | - | - | - |
| 8.南橫天池 | - | - | - | - | - | - | - | | - | - | - |
| 9.雪山黑森林 | - | - | - | - | + | - | - | - | | - | - |
| 10.合歡山 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | | - |
| 11.藤枝 | - | - | - | - | - | - | - | - | - | - | |

Table of significant differences (significance level=0.0500):

表 5 高山鼯鼠(*Mogera sp.*)的採集記錄

| 編號 | 採集地點 | 性別 | 體重(g) | 體長(cm) | 尾長(cm) | 前腳長(cm) |
|-----|------|----|-------|--------|--------|----------|
| 001 | 塔塔加 | 公 | 35 | 12.45 | 1 | 1.4*1.4 |
| 002 | 塔塔加 | 公 | 41 | 13.5 | 1.05 | 1.5*1.55 |
| 003 | 阿里山 | 公 | 43.5 | 13.6 | 1.25 | 1.3*1.4 |
| 004 | 阿里山 | 母 | 23.5 | 12.35 | 1.05 | 1.4*1.4 |
| 005 | 阿里山 | 母 | 28.4 | 12.95 | 1.35 | 1.4*1.35 |

表 6 玉山國家公園內捕捉到蝙蝠之物種、地點及隻數表

| 地點 物種 (音頻) | | 玉山國家公園 | | |
|--|---------|-------------|-------------|------------|
| | | 瓦拉米 | 梅蘭林道 | 楠溪林道 |
| 台灣小蹄鼻蝠 <i>Rhinolophus monoceros</i> | (70kHz) | 2 | | 1 |
| 台灣葉鼻蝠 <i>Hipposideros terasensis</i> | (70kHz) | 2 | 2 | |
| 台灣管鼻蝠 <i>Murina puta</i> | (70kHz) | 1 | 2 | |
| 毛翼大管鼻蝠 <i>Harpiocephalus harpia</i> | (70kHz) | 1 | | |
| 姬管鼻蝠 <i>Murins sp.</i> | (70kHz) | 1 | | |
| 渡瀨氏鼠耳蝠 <i>Myotis formosus watasei</i> | (60kHz) | 1 | | 1 |
| 鼠耳蝠 <i>Myotis sp.1</i> | (50kHz) | 5 | 6 | |
| 鼠耳蝠 <i>Myotis sp.2</i> | (50kHz) | | 1 | |
| 台灣長耳蝠 <i>Plecotus taivanus</i> | | | | 1 |
| 台灣寬耳蝠 <i>Barbastella leucomelas</i> | | | | 1 |
| 高山家蝠 <i>Pipistrellus sp.</i> | (40kHz) | | 1 | |
| 彩蝠 <i>Kerivoula sp.</i> | (70kHz) | | 2 | |
| 合計 | | 7 種 13 隻 | 6 種 14 隻 | 4 種 4 隻 |

註：數字表捕捉到之個體數。

表 7 未知種鼠耳蝠 (*Myotis sp.1* 及 *Myotis sp.2*) 與寬吻鼠耳蝠外部特徵比較

| Species | FA | TIB | THL | HFL |
|-----------------------|--------------|----------------|---------------|-----------------|
| <i>M. latirostris</i> | 34.00 ± 1.51 | C 13.89 ± 1.31 | C 4.00 ± 0.52 | B 8.31 ± 0.54 B |
| <i>Myotis sp.1</i> | 35.88 ± 1.28 | B 16.92 ± 0.87 | B 5.61 ± 0.53 | A 8.52 ± 1.38 A |
| <i>Myotis sp.2</i> | 39.62 ± 1.21 | A 20.50 ± 0.55 | A 6.06 ± 0.72 | A 6.19 ± 0.97 A |

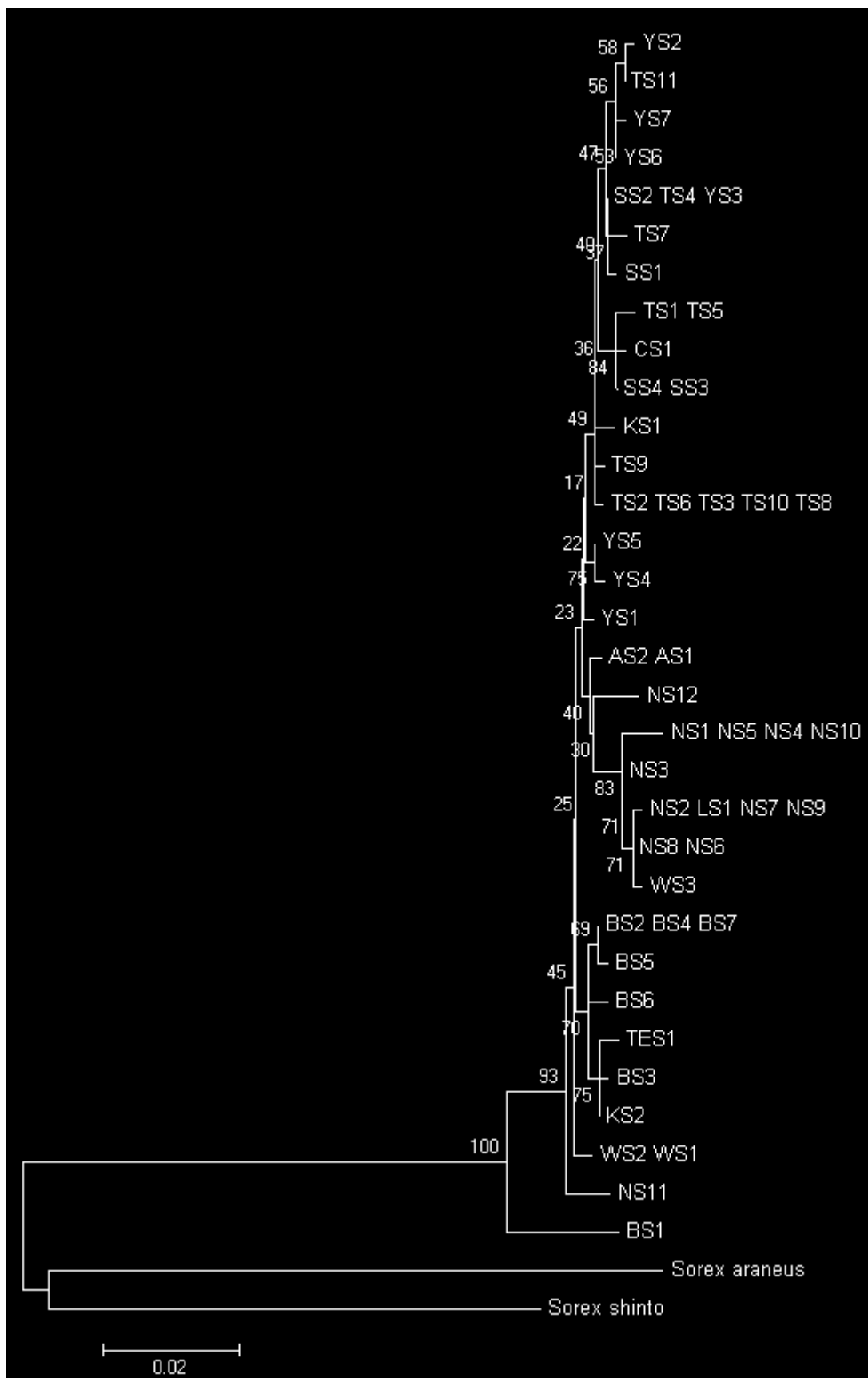


圖 1 51 隻長尾駒的粒線體細胞色素 b 區域序列利用鄰接法進行 1000 次 bootstrap 重複取樣後，所得之親緣關係樹

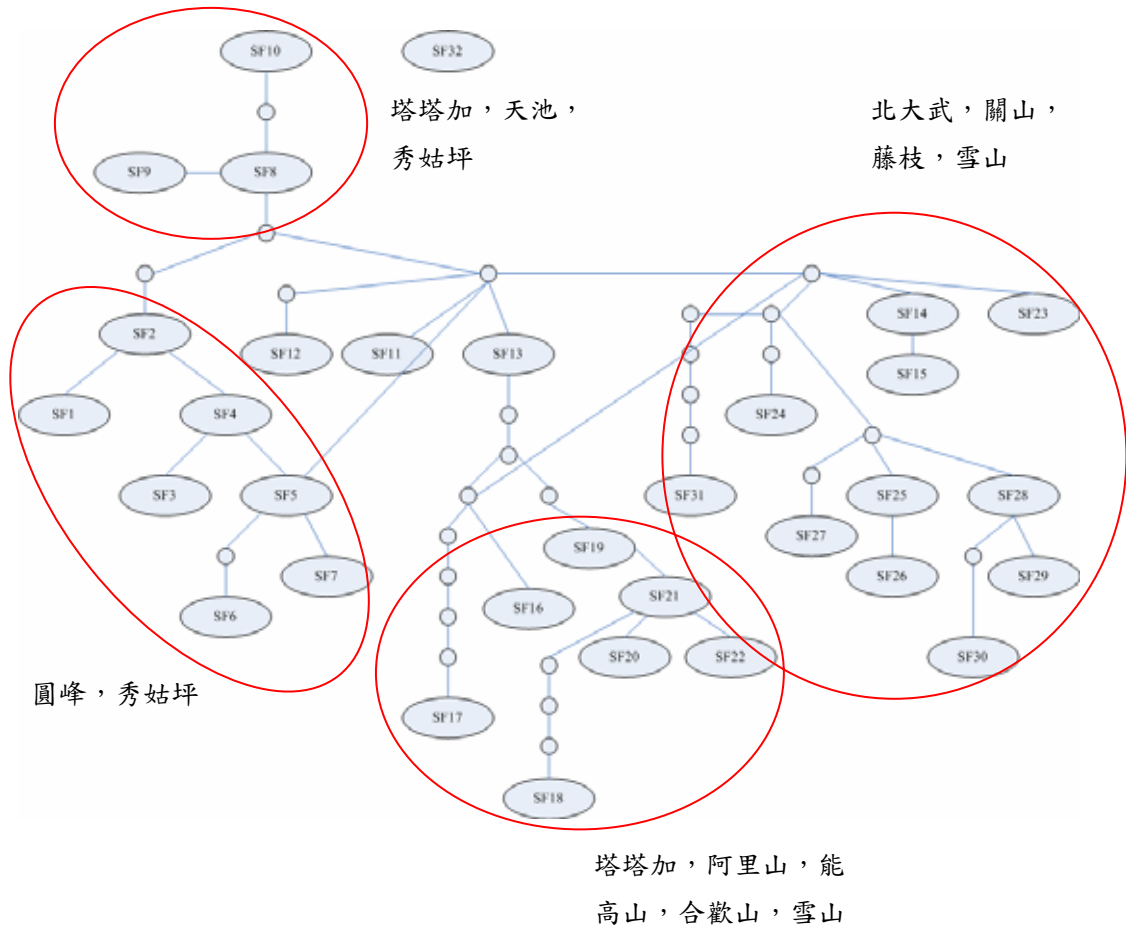


圖 2 台灣長尾駒之 32 個單型進行 statistical parsimony network 分析之結果

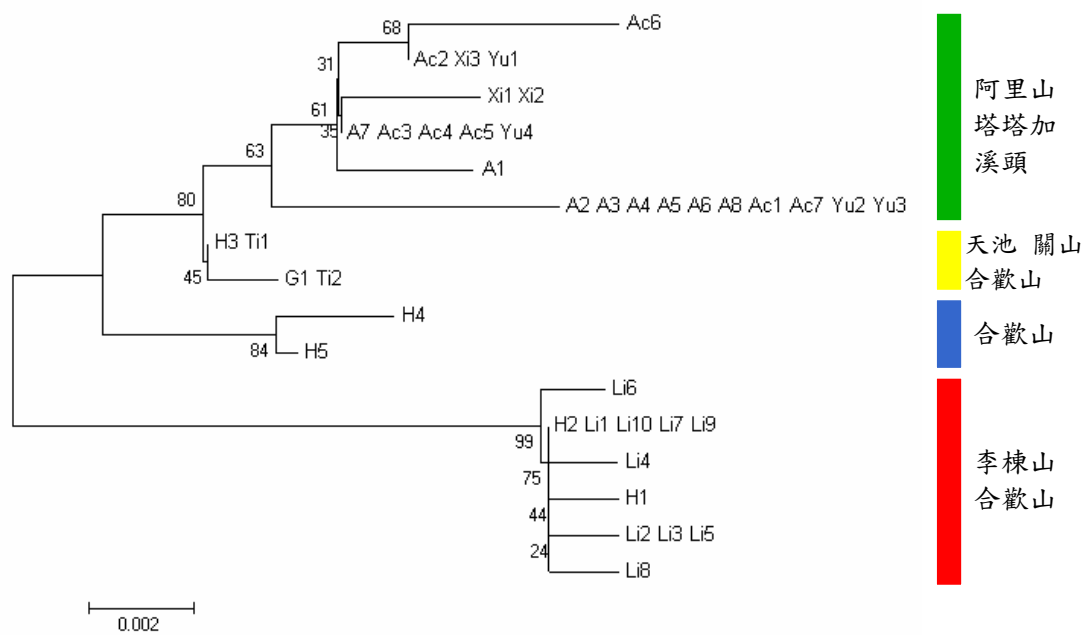


圖 3 40 隻短尾鮡的粒線體細胞色素 b 區域序列利用鄰接法進行 1000 次 bootstrap 重複取樣後，所得之親緣關係樹

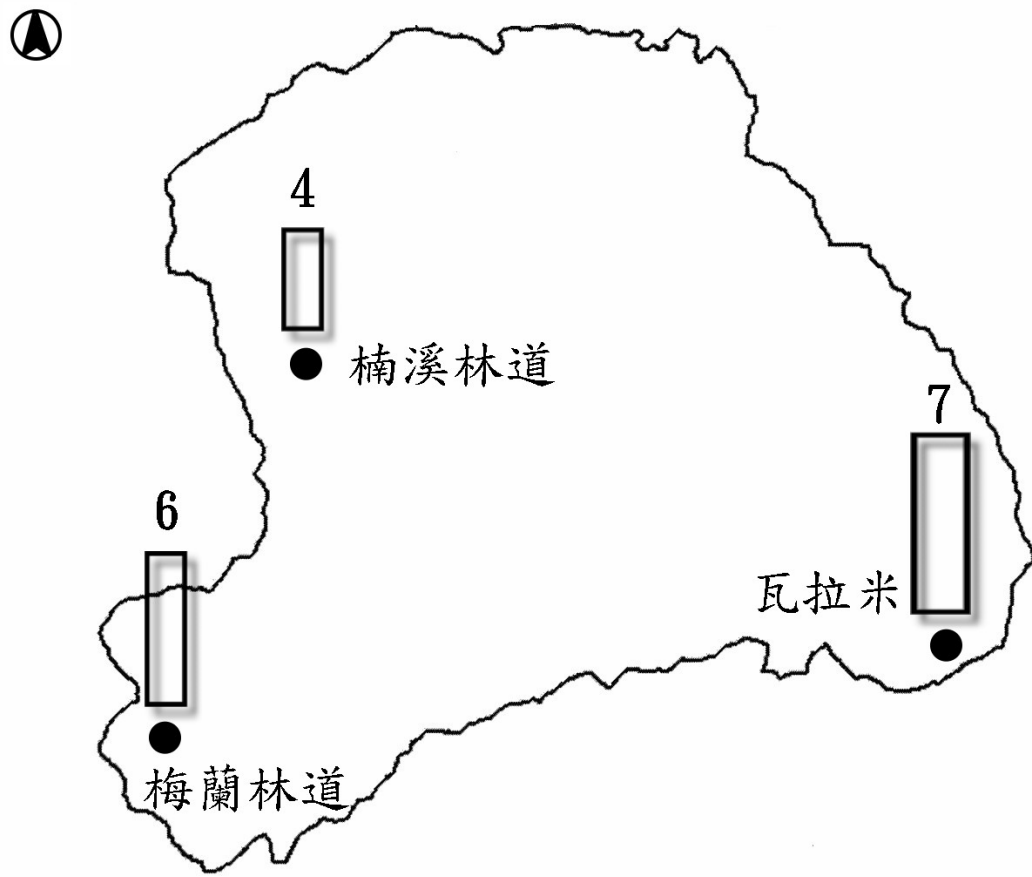
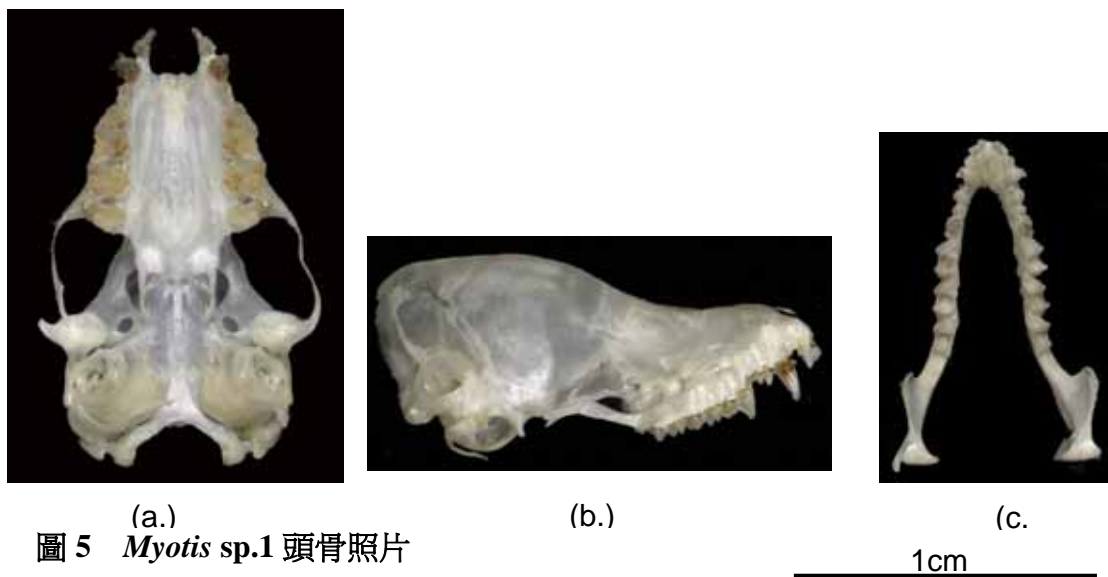
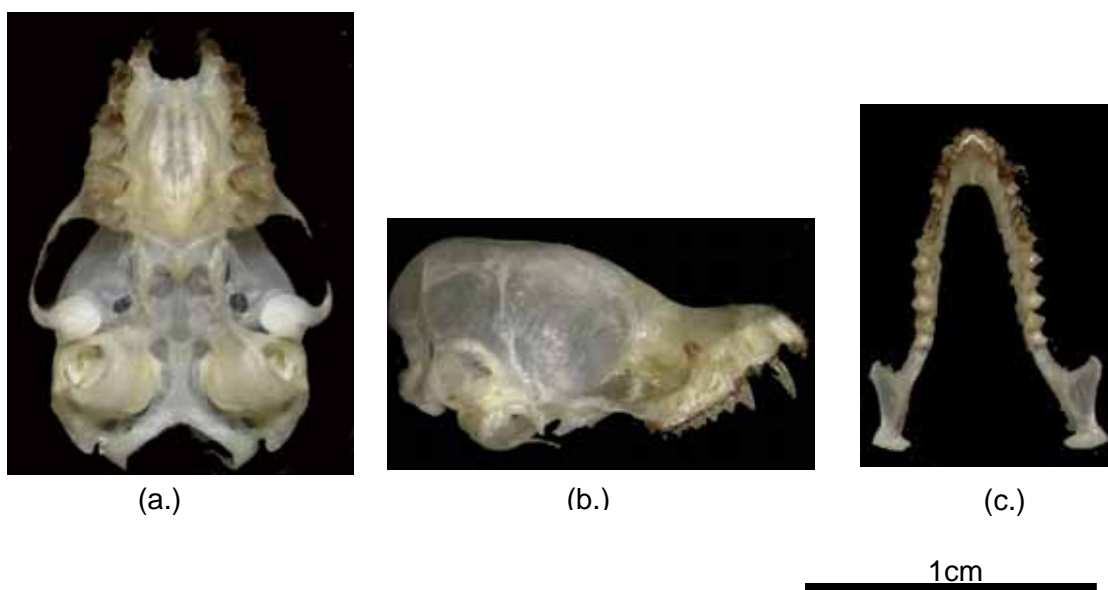


圖 4 玉山國家公園三樣區蝙蝠捕捉種數



(a.)
圖 5 *Myotis sp.1* 頭骨照片
(a.) 上顎骨腹面 (Ventral view)
(b.) 上顎骨側面 (Profile view)
(c.) 下顎骨 (Mandible)



(a.)
圖 6 *Myotis sp.2* 頭骨照片
(a.) 上顎骨腹面 (Ventral view)
(b.) 上顎骨側面 (Profile view)
(c.) 下顎骨 (Mandible)

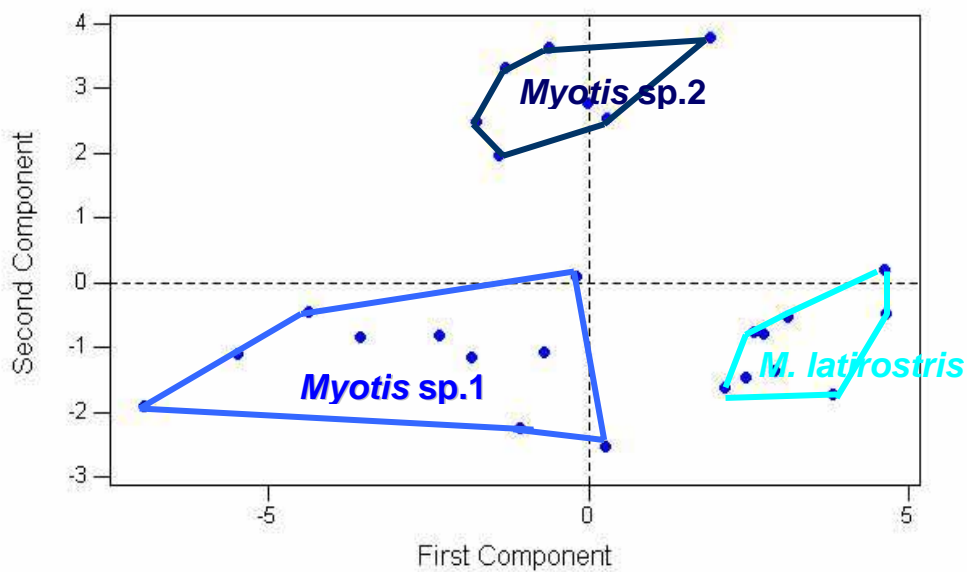


圖 7 未知種鼠耳蝠 (*Myotis sp.1*, *Myotis sp.2*) 與寬吻鼠耳蝠頭骨特徵以主成份分析結果

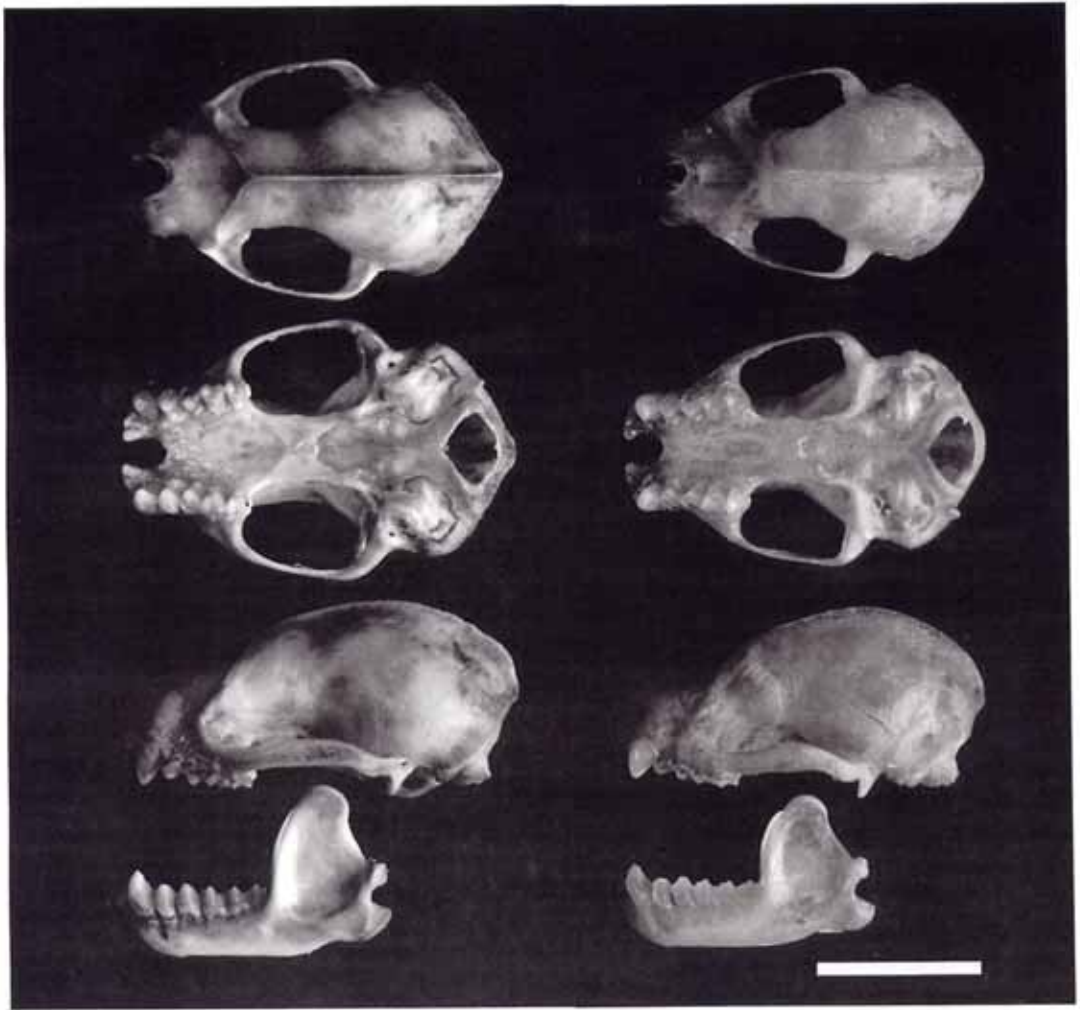


圖 8 毛翼大管鼻蝠頭骨

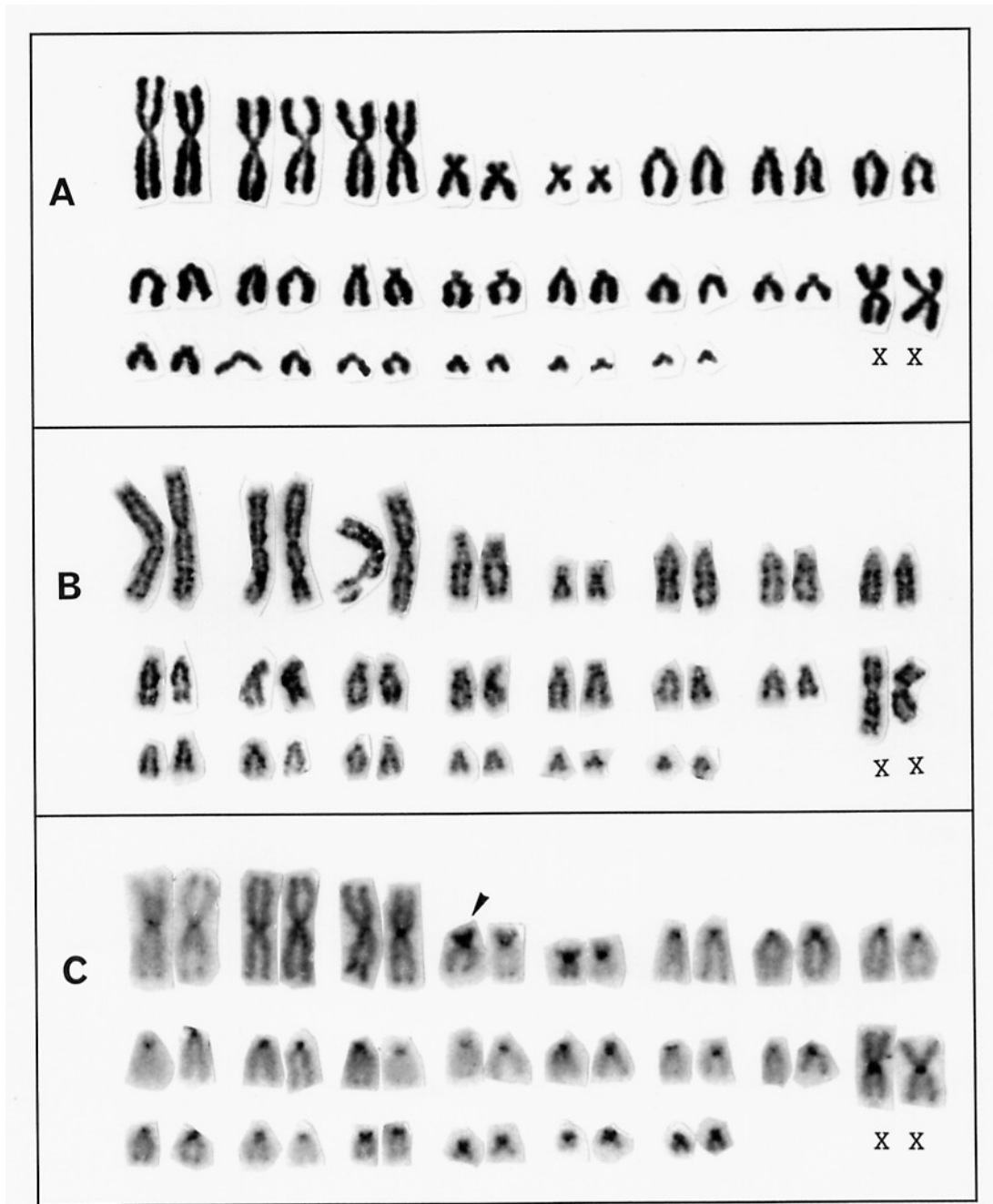


圖 9 毛翼大管鼻蝠染色體

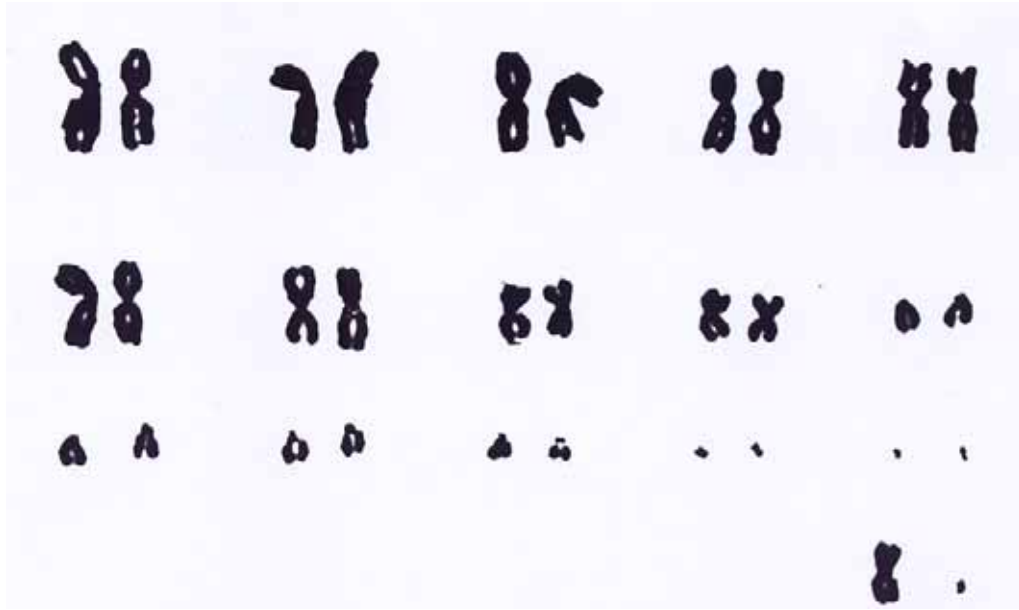


圖 10 高山家蝠染色體

附錄一
食蟲目及翼手目分佈之二度分帶

附錄二

玉山國家公園翼手目名錄

| | | 中名 | 學名 | 保育等級 |
|-------|------|--------|--------------------------------|------|
| 小翼手亞目 | | | | |
| | 蹄鼻蝠科 | 台灣小蹄鼻蝠 | <i>Rhinolophus monoceros</i> | |
| | 葉鼻蝠科 | 台灣葉鼻蝠 | <i>Hipposideros terasensis</i> | |
| | 蝙蝠科 | 台灣管鼻蝠 | <i>Murina puta</i> | |
| | | 毛翼大管鼻蝠 | <i>Harpiocephalus harpia</i> | |
| | | 姬管鼻蝠 | <i>Murins sp.</i> | |
| | | 渡瀨氏鼠耳蝠 | <i>Myotis formosus watasei</i> | |
| | | 鼠耳蝠 | <i>Myotis sp.1</i> | |
| | | 鼠耳蝠 | <i>Myotis sp.2</i> | |
| | | 台灣長耳蝠 | <i>Plecotus taivanus</i> | |
| | | 台灣寬耳蝠 | <i>Barbastella leucomelas</i> | |
| | | 高山家蝠 | <i>Pipistrellus sp.</i> | |
| | | 彩蝠 | <i>Kerivoula sp.</i> | |

附錄三

「玉山國家公園食蟲目遺傳多樣性研究及蝙蝠現況調查計畫」委託案期初簡報會議紀錄

壹、時間：中華民國九十二年三月二十四日下午三時三十分

貳、地點：本處三樓會議室

參、主持人：陳代理副處長隆陞代

肆、出（列）席單位及人員：（如簽到單影本）

伍、委託機構（東海大學）簡報：（略）

陸、會議結論：

- 一、 本案設置樣區時，建議考慮以物種特別棲地需求設計取樣，探討蚯蚓之分佈與食蟲目分佈之相關性。
- 二、 請於計畫內容撰述有關蝙蝠為森林生態系重要指標之特性。
- 三、 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。
- 四、 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。

柒、散會

附錄四

「玉山國家公園食蟲目遺傳多樣性研究及蝙蝠現況調查計畫」委託案期中審查會議紀錄

壹、時間：中華民國九十二年七月二十四日下午三時

貳、地點：本處三樓會議室

參、主持人：陳副處長隆陞代

肆、出（列）席單位及人員：（如簽到單影本）

伍、委託機構（東海大學）簡報：（略）

陸、審查意見：

- 一、 各種蝙蝠之樣本蒐集，尤其需注意棲地環境之特徵（如森林棲地內之蝙蝠），是否受人類開發行為影響，建議全面收集棲地環境資料。
- 二、 物種隔離機制很難以一模式套用到多種物種，建議多作一些探討；另環境干擾程度影響物種多樣性，也許可多加以探討說明。
- 三、 本案低海拔區域之物種於保育上深具探討價值，請加強園區低海拔地區物種之調查工作。
- 四、 蝙蝠調查建議增加坑道探查；並由管理處各管理站保育巡查員協助提供轄區內坑道地點資訊。
- 五、 研究內容充實，尤其園區內蝙蝠物種調查之資料可供本處經營管理暨辦理通盤檢討之重大參據。
- 六、 園區內中低海拔地區以南安瓦拉米地區棲地較完整、物種豐富，本計畫在瓦拉米地區調查發現毛翼大管鼻蝠，係本種在臺灣第四次採集紀錄。

柒、會議結論：

- 一、 請計畫執行單位依上述審查意見辦理，並將對應處理情形列表納入期末報告書之附錄中。
- 二、 本計畫之工作進度及項目契約書所訂相符，期中報告審查通過。請依契約書之規定辦理第一期款核銷及撥付第二期款事宜。

捌、散會

附錄五

「玉山國家公園食蟲目遺傳多樣性研究及蝙蝠現況調查計畫」委託案期末審查會議紀錄

壹、時間：中華民國九十二年十二月八日下午三時三十分

貳、地點：本處三樓會議室

參、主持人：鄭課長瑞昌代

肆、出（列）席單位及人員：（如簽到單影本）

伍、委託機構（東海大學）簡報：（略）

陸、審查意見：

- 一、 分子生物之研究結果是否與形態上之分別一致？樣本數如何影響結果，請討論。
- 二、 族群之隔離是否有非地理性因子存在？
- 三、 兩種新種鼠耳蝠，暫名為：Myotis sp1、sp2 樣本數有多少？是否可以有足夠資料來呈現為新種的差異？
- 四、 高山家蝠是否可由其外表形態上很清楚判定為新種？
- 五、 本處所進行基因多樣性之生態研究，已顯著領先各友處。
- 六、 蝙蝠之分佈較難掌控，建議本處保育巡查時多予注意。
- 七、 建請提供完整物種調查資料以供本處下次通盤檢討之用。
- 八、 研究報告中有許多遺傳學專有名詞，請補充說明或於附錄中詳述。並於報告書中補上期中報告食蟲目（鼯鼠）的資料。
- 九、 長尾鼯在高山地區受山脈隔離之效應不突出，其體型大小是否影響動物遷徙之難易度？
- 十、 蝙蝠之現況調查，樣本數之代表性是否足夠？
- 十一、 台灣新種蝙蝠之未來命運，請持續命名發表之路。

柒、會議結論：

- 一、 本計畫經審查委員之審查，其工作內容及執行成效與契約書大致相符，期末報告原則通過。

- 二、 請計畫執行單位依上述審查意見修正報告，並將各期報告之審查意見對應處理情形製表納入報告書之附錄中。依本處結案報告格式製作報告書，並依契約書規定，連同正式報告書、光碟等資料函送本處認可後，辦理第三期請款與結案相關事宜。

捌、散會

附錄六

審查意見回覆

| | | 委員意見 | 回應情形 |
|--------|---|---|---|
| 期初簡報 | 一 | 本案設置樣區時，建議考慮以物種特別棲地需求設計取樣，探討蚯蚓之分佈與食蟲目分佈之相關性。 | 食蟲目在食物上並不只以蚯蚓為食，其攝食較屬於隨機性，而本計畫在食蟲目的研究上是以遺傳多樣性作為探討，而非食性或棲所選擇。 |
| | 二 | 請於計畫內容撰述有關蝙蝠為森林生態系重要指標之特性。 | 會依意見撰述有關蝙蝠為森林生態系重要指標之特性於計畫內容。 |
| | 三 | 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。 | 會依建議撰述於期中計畫報告之附錄中。 |
| | 四 | 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。 | 會依意見照辦。 |
| 期中審查會議 | 一 | 各種蝙蝠之樣本蒐集，尤其需注意棲地環境之特徵（如森林棲地內之蝙蝠），是否受人類開發行為影響，建議全面收集棲地環境資料。 | 蝙蝠之分佈會受人之干擾。人類活動多半導致棲地破碎、破壞甚至完全改變，使得蝙蝠棲所或者覓食地區改變。棲地環境資料範圍相當之大，包含大氣、水文、動植物甚至到土壤等等，已超出本計畫之目標，但採樣中會記錄蝙蝠樣本蒐集時之植被狀況、天候狀況等資料。 |
| | 二 | 物種隔離機制很難以一模式套用到多種物種，建議多作一些探討；另環境干擾程度影響物種多樣性，也許可多加以探討說明。 | 要以一模式來套用到多物種之隔離機制實為不易，本計畫先行針對高山山脈此一隔離機制來加以探討此隔離機制是否存在，或者僅對哪些物種有影響或影響程度。未來會再依本機制之結果深入探討其他可能存在的隔離機制。 |

| | | |
|---|--|---|
| 三 | 本案低海拔區域之物種於保育上深具探討價值，請加強園區低海拔地區物種之調查工作。 | 有些物種的分佈會有季節性的變化，或因氣候或因食物，本計畫調查期間屬於夏季，為多數動物活動之高峰，但過了此季有些物種或許遷移至中、高海拔亦有不遷移者，因此無論海拔高低都應調查，並加入季節上的調查，會更具全面性。 |
| 四 | 蝙蝠調查建議增加坑道探查；並由管理處各管理站保育巡查員協助提供轄區內坑道地點資訊。 | 坑道之調查實有其必要性，有許多蝙蝠是以天然或人工坑道、洞穴作為棲所或者是夜間覓食期間之暫時休息處。若國家公園能提供詳細坑道所在位置，有助於坑道內蝙蝠之調查。然坑道若為蝙蝠白天之休息棲所，則國家公園應加以管理，避免遊客之無心或刻意進入而造成蝙蝠之干擾。 |
| 五 | 研究內容充實，尤其園區內蝙蝠物種調查之資料可供本處經營管理暨辦理通盤檢討之重大參據。 | 蝙蝠是最容易被忽略但是對昆蟲控制有非常大影響的物種之一。如國家公園能對蝙蝠加以經營管理，絕對有其生態上及生物多樣性必要性。 |
| 六 | 園區內中低海拔地區以南安瓦拉米地區棲地較完整、物種豐富，本計畫在瓦拉米地區調查發現毛翼大管鼻蝠，係本種在臺灣第四次採集紀錄。 | 毛翼大管鼻蝠實為珍貴之記錄。 |
| 七 | 蝙蝠名錄另製表（以Excel 格式呈現）於附錄中，並列出保育等級。 | 資料加於附錄中 |
| 八 | 加註各樣點之 TM 二度分帶座標資料。 | 加註於附錄中 |
| 九 | 結案時交付調查物種之幻燈片及解說資料。 | 結案時繳交 |

| | | | |
|--------|---|---|---|
| 期末審查會議 | 一 | 分子生物之研究結果是否與形態上之分別一致？樣本數如何影響結果，請討論。 | 會將討論論述於結報。 |
| | 二 | 族群之隔離是否有非地理性因子存在？ | 是 |
| | 三 | 兩種新種鼠耳蝠，暫名為： <i>Myotis</i> sp1、sp2 樣本數有多少？是否可以有足夠資料來呈現為新種的差異？ | 兩種新種鼠耳蝠皆有十數筆以上之樣本資料，非僅有玉山國家公園所採得之樣本，在作為新種鑑定上已有足夠之樣本數。 |
| | 四 | 高山家蝠是否可由其外表形態上很清楚判定為新種？ | 除了採集海拔分佈之外，其外表形態可以作為判定。 |
| | 五 | 本處所進行基因多樣性之生態研究，已顯著領先各友處。 | 玉山國家公園在此議題上有卓越之前瞻性。 |
| | 六 | 蝙蝠之分佈較難掌控，建議本處保育巡查時多予注意。 | 如能在巡察時多注意蝙蝠是否存在甚至是生病或死亡個體都可以留意，都會是重要的資料。 |
| | 七 | 建請提供完整物種調查資料以供本處下次通盤檢討之用。 | 依建議提供物種調查資料。 |
| | 八 | 研究報告中有許多遺傳學專有名詞，請補充說明或於附錄中詳述。並於報告書中補上期中報告食蟲目（鼯鼠）的資料。 | 依意見補充說明及增加食蟲目之資料。 |
| | 九 | 長尾鼯在高山地區受山脈隔離之效應不突出，其體型大小是否影響動物遷徙之難易度？ | 是 |

| | | |
|-----------|-------------------------------|--|
| <p>十</p> | <p>蝙蝠之現況調查，樣本數之代表性是否足夠？</p> | <p>蝙蝠調查有其窒礙因素，如捕捉不易，亦不像鳥類可以聽其鳴叫聲或直接、間接觀察而確認物種，必須捕捉到方可辨識。再者台灣蝙蝠的許多生態資料仍有相當需要加入研究及探討的空間，諸如蝙蝠是否會遷移、各種蝙蝠之棲所及棲地空間利用等，種種因素會影響調查的方向甚至調查地點的選定。在本計畫中所調查到之蝙蝠多屬森林性蝙蝠，但尚不可知的是是否有遷移性蝙蝠未出現在調查期間，或者在捕捉技術上不易捕捉的種類，如飛行在樹冠層上方者。但就台灣蝙蝠已知物種及台灣蝙蝠的活動行為而言，除棲息於大型洞穴或房舍的蝙蝠會有集體飛離棲所，但並無發現集體覓食，特別是森林性蝙蝠，至今所發現幾乎為個體活動，所以就玉山國家公園的發現現況而言，或許捕捉到之個體數僅個位數，但已足具代表性。</p> |
| <p>十一</p> | <p>台灣新種蝙蝠之未來命運，請持續命名發表之路。</p> | <p>會依意見照辦</p> |

參考書目

- 林良恭、李玲玲、鄭錫奇。1997。臺灣的蝙蝠。國立自然科學博物館。
- 張訓誠。2002。以粒線體核酸序列與頭骨形態分析長鬃山羊屬（偶蹄目：牛科）之親緣關係與生物地理。國立中山大學生命科學研究所碩士論文。
- 葉文珊。1997。莫氏樹蛙族群地理親緣關係之研究。國立臺灣大學動物學研究所碩士論文。
- 劉國強。1995。以粒線體核酸分析斯文豪氏攀蜥之生物地理與親緣關係。國立中山大學生命科學研究所碩士論文。
- 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, P. S., L. K. Lin, and B. M. Huang. 1987. Ecological notes on two sympatric mountain shrew (*Anourosorex squamipes* and *Soriculus fumidus*) in Taiwan. Journal of Taiwan Museum **40**(2):1-7.
- 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.
- Baker, A. J. 2000. Molecular methods in ecology. Blackwell Science Press. Oxford. UK.
- 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.
- Hsu, F. H., F. J. Lin and Y. S. Lin. 2001. Phylogeographic structure of Formosan wood mouse, *Apodemus semotus* Thomas. *Zoological Studies* **40**:91-102.
- 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).
- Polly, P. D. 2001. On morphological clocks and paleophylogeography: towards a timescale for *Sorex* hybrid zones. *Genetica* **112**:339-357.
- 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.
- Wang, J. P., K. C. Hsu and T. Y. Chiang. 2000. Mitochondrial DNA phylogeography of *Acrossocheilus paradoxus* (Cyprinidae) in Taiwan. *Molecular Ecology* **9**:1483-1494.
- 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.