

公開

密件、不公開

執行機關(計畫)識別碼：110103e108

# 行政院農業委員會林務局九十五年度科技計畫研究報告

資訊庫編號：953401

計畫名稱： 台灣彩蝠遺傳多樣性及保育遺傳之研究 (I) (第1年/全程3年)

(英文名稱) **The genetic diversity and conservation genetics studies of the Taiwanese woolly bat (*Kerivoula*) (I)**

計畫編號： 95農科-11.1.3-務-e1(8)

全程計畫期間： 95年6月26日至97年12月31日

本年計畫期間： 95年6月26日至95年12月31日

計畫主持人： 方引平

執行機關： 國立嘉義大學

## 中文摘要

台灣彩蝠為近期發現的台灣新記錄屬的新種蝙蝠，且多在竹林或其鄰近地區捕獲。而台灣竹林的分布呈現塊狀化分布，或許對台灣彩蝠族群的交流有所影響。因此，本研究全程擬以三年的時間，針對台灣彩蝠的族群遺傳結構進行分析，並探討其地理分佈與棲地的關係，推估關連族群的大小及其歷史變動。第一年的結果發現，台灣彩蝠的基因單型可以明顯區分為兩個系群，其中系群 I 的單型主要分布於北部，而系群 II 則較局限於南部區域，但許多地點同時擁有兩個系群的單型。藉由族群間的分化指數與 mismatch distribution 分析結果推測，台灣彩蝠之兩系群應為近期擴張的結果。而後續棲地零碎化與族群交流的關係，則有待進一步分析。

## Abstract

The Taiwanese woolly bat (*Karivoula* sp.), a new species of Taiwan, was found recently and often caught in the bamboo forest. However, the bamboo forests in Taiwan are not continuous. In fact, habitat fragmentation has been identified as one of the important factors leading to the disruption of populations in many kinds of bats. This study aims to understand the effect that bamboo forest fragmentation has on the population structure of the Taiwanese woolly bat in three years. The results of the first year reveal that there are two lineages of the Taiwanese woolly bat. The most haplotypes of lineage 1 are widely distributed over north and central Taiwan, and the haplotypes of lineage 2 are distributed in south Taiwan. Base on  $F_{st}$ , mismatch distribution analysis and nested clade analysis, we suppose the two lineages of the Taiwanese woolly bat are demographic expansion recently.

## 前言

台灣彩蝠為近期發現的台灣新記錄屬的新種蝙蝠(Fang and Lee, 發表中)。最近的調查研究發現，其生態需求與其他台灣的蝙蝠頗為不同。台灣彩蝠多在竹林或其鄰近地區捕獲(江, 2006)，並曾發現其以竹節為棲所並進行育幼，此一生態習性極為特殊，推測其出現與竹林的相關性極高。然而台灣地區竹林在的分布雖廣，但分布特性與人為活動有所相關，造成竹林棲地在部分區域呈現塊狀化分布(或零碎化)。此外，竹林的經濟價值在各地產業發展不同，部分地區已無經營管理，形成竹林自然演替，是否對於台灣彩蝠族群有所影響，亦值得探討。

棲地零碎化或破碎化(habitat fragmentation)對許多無脊椎動物、兩棲類、爬蟲類、鳥類和哺乳動物的影響是很複雜的，每個物種對於棲地尺寸改變或棲地隔離的反應也有所不同。通常棲地破碎化，會間接降低物種的生存率及繁殖率，進而降低其總族群量。而在鳥類或是蝙蝠，即使牠們比其他脊椎動物具有較強的移動能力，但仍然會受到影響。Hobbs 和 Saunders(1993)指出，在澳大利亞西部的黃痔吸蜜鳥(*Lichenostomus ornatus*)由於棲地破碎化而使族群數量下降，甚至到地區性滅絕。Antongiovanni & Metzgers (2005)發現在亞馬遜森林裡的食蟲性鳥類，對環境變化敏感的數個鳥種，不會出現在小片段的森林裡。另外 Brosset *et al.* (1996)發現在法屬圭亞那森林砍伐地區的矛鼻蝠類(phylostomid)之蝙蝠種類豐富度下降，許多森林性的蝙蝠物種也較少分布在此或是完全不出現。在一些熱帶地區，由於人類對土地的需求量增加，使得森林的砍伐面積也逐漸擴大，因此有許多研究探討在森林裡生活的生物，面對棲地破碎化時所產生的變化。例如，分布在墨西哥的香蕉蝠(*Musonycteris harrisoni*)，森林破碎化影響牠們的覓食行為，使得牠們只在未受干擾的森林裡覓食。另外，Law & Anderson (2000)發現在澳洲的 *Vespadelus pumilus*，兩性選擇棲所時皆偏好在直徑較大的樹種，且雌性偏好在成熟的森林裡覓食，並推測森林地景發生破碎化時，會對此種蝙蝠造成衝擊。雖然蝙蝠具有飛行能力，但仍會受到棲地零碎化的影響。而台灣彩蝠選擇棲所時偏好於竹林，所以當竹林分布呈不連續性及缺乏管理時，是否對其族群有所影響是值得探討。

以往對於生物面臨棲地破碎化時，大多使用觀察法或捕捉法等方式，得知是否影響其族群動態。Schulze et al. (2000)利用霧網捕捉在瓜地馬拉內提卡爾國家公園(Tikal National Park)的蝙蝠，得知大型的食果性蝙蝠主要分布在連續的森林，小型的食果性蝙蝠主要分布在森林片段，主要是由於食物的來源而影響其分布，至於其他的食蟲性蝙蝠則由於捕捉率較低，因此難以藉此快速評估棲地破碎化的影響，但在森林片段所捕獲的食蟲性蝙蝠數量近似於零，或許可證明這些食蟲性蝙蝠較易受棲地破碎化影響。而近年來分子技術越來越進步，提供更有效的方式來得知族群結構，因此也常利用這些技術來評估生物的族群動態。Mossman & Waser (2001)利用微隨體 DNA 探討棲地破碎化對美國印第安納白足鼠(*Peromyscus leucopus*)族群結構的影響，除了證實微隨體 DNA 的確能檢驗出族群內的分化程度外，並得知棲地破碎化對印第安納白足鼠的遺傳結構有所影響。另外 Rossiter et al. (2000)亦利用微隨體 DNA 探討英國地區蹄鼻蝠(*Rhinolophus ferrumequinum*)在棲地分布呈破碎化的族群遺傳結構，得知在英格蘭和威爾斯的群體在遺傳上有所隔離。在臺灣探討的例子並不多，但對竹林棲地依賴性及高的諸羅樹蛙則有類似的探討。盧和呂(2005)探討棲地零碎化對諸羅樹蛙族群遺傳結構之影響，結果顯示族群的基因交流並不順暢。因此，利用分子遺傳標記探討台灣彩蝠的族群結構，除能了解台灣彩蝠的遺傳多樣性外，還能有效的了解台灣彩蝠在棲地呈破碎化分布時，對其遺傳結構的影響，進而評估其族群動態。

因此，本研究擬以三年的時間，針對台灣彩蝠的族群遺傳結構進行分析，並配合探討其地理分佈與棲地(竹林)的關係，推估關連族群的大小及其歷史變動。本研究的結果可以瞭解台灣彩蝠是否受到棲地零碎化影響而有遺傳分化，進而推論其族群擴散的形式，並在保育遺傳及相關保育上提供建議。所得之遺傳多樣性資料亦可增加台灣野生物遺傳物質資料庫。

## 材料與方法

### 一、樣本採集：

本研究主要除實驗室舊有樣本外，還對台灣本島所缺乏樣本的地區進行採集，每個地區的樣本數約為五至十隻。捕捉季節因為冬季蝙蝠會進行冬眠，因此除了冬季外，於其他三季進行捕捉。在所選定的採樣點，依經驗在其通道使用器具捕捉，捕捉器具為霧網及豎琴網。霧網與豎琴網主要架設在其通道上，在霧網部分，使用蝙蝠超音波偵測器(如 AnaBat)與掃網輔助，利用蝙蝠超音波偵測器得知有蝙蝠經過，並以掃網驅趕使蝙蝠飛入霧網中，提高捕捉效率。捕捉器具主要於日落前架設完畢，霧網部分於晚上九點半至十點結束捕捉，豎琴網部分則視當地環境，可擺設整夜，並於隔日早上巡視。捕捉個體除少數帶回實驗室取內臟與肌肉組織並製成皮毛及頭骨標本外，其餘皆只剪取兩小片翼膜組織(翼膜大小直徑約 4 mm)後便放飛。所有翼膜、內臟及肌肉組織保存於濃度 99.5%的酒精，存放在-20°C的冰箱中等待後續處理。

## 二、DNA 萃取及聚合酶連鎖反應(polymerase chain reaction, PCR)

每一樣本取其肌肉組織1mg左右或一片翼膜組織，將其置於1.5ml 離心管均質化後，並利用標準phenol/chloroform流程或以DNA Purification Kits萃取DNA，所獲DNA溶於30-100 $\mu$ l無菌水或保存液(TE buffer)中，取1 $\mu$ l 以0.8% agarose gel進行濃度檢測，再取剩餘原液以適當倍率稀釋之以供之後進行聚合酶連鎖反應。最後將萃出的DNA置於-20°C的冰箱中保存待用。

使用L14724(5'-CGA AGC TTG ATA TGA AAA ACC ATC GTT G-3')搭配自行設計的引子：KCBH747(5'-TAG GTC AGG GGA GAA TAG GAC-3')的組合，加上另外以L15162(5'-GCA AGC TTC TAC CAT GAG GAC AAA TAT C-3')或自行設計的KCBL479(5'-CTC GTA GAA TGA ATC TGA GG-3') 搭配通用引子 H15915(5'-AAC TGC AGT CAT CTC CGG TTA ACA AGA C-3')進行聚合酶連鎖反應，分別擴增粒線體DNA Cytochrome b基因的前、後兩個片段，每一樣本反應總體積為50  $\mu$ L，含模板DNA 2  $\mu$ L、每一primer各1  $\mu$ L、dNTP 4  $\mu$ L、Taq buffer 5 $\mu$ L、100X的BSA 0.5 MI及Taq 0.1  $\mu$ L。PCR反應起始溫度為94°C反應10分鐘，接著為38個循環，每一循環為94 °C 40秒、45-48 °C 40秒、72 °C 60秒，循環結束後72 °C 10分鐘。將所得產物以1.3%洋菜膠跑電泳，以

ethidium bromide染色後在紫外光燈下確認是否為正確片段，而後交由明欣生技公司進行定序。

### 三、資料分析

將成功定序之樣本資料匯入BioEdit 7.0.4.1排序比較，經人為方式把粒線體DNA Cytochrome b全片段(1140 bp)序列整理出。使用MEGA 3.1軟體(Kumar *et al.*, 2004)以Kimura 2-parameter model (Kimura, 1980)計算彼此鹼基對替換(transition)與鹼基對顛換(transversion)之間的比值，並建立親緣關係樹(Neighbor-joining tree)及計算單型間遺傳距離、系群間與系群內平均遺傳距離。並使用DNASP 4.0 (Rozas *et al.*, 2003)中Tajima D test、Fu and Li's D\* test 及Fu and Li's F\*test (Fu and Li, 1993)進行中性檢測(neutral test)，檢測是否使用的分子遺傳標記在演化上是中性的。且計算基因單型歧異度(haplotype diversity)、核苷酸歧異度(nucleotide diversity,  $\pi$ )、族群分化指數 (Fixation index,  $F_{ST}$ )、 $D_{xy}$ 值(表示兩個族群間任取兩個基因單型，兩兩比較平均的差異)及序列間pairwise difference做Mismatch distribution分析。以TCS 1.21將基因單型以最簡約分析做網狀圖(network)。

## 結果

本研究目前取得台灣地區 18 個地點之台灣彩蝠共 72 個樣本，樣本採集分布如圖一，目前成功定序出 48 隻個體。利用雙股 DNA 聚合酶連鎖反應(PCR)增幅產生的 Cytochrome b 全片段，在所有個體中並沒有發現任何序列長度的變異，沒有插入(insertion)或是缺失(deletion)。所分析的 Cytochrome b 序列長度為 1140bp。Cytochrome b 序列中平均鹼基頻率(base frequency)：A 佔 30.9%，T 佔 29.6%，C 佔 26.5%，G 佔 13.1%，以 A 與 T 所佔的比例較高；鹼基對替換與鹼基對顛換之間的比值 transition/transversion 約為 13.01。Cytochrome b 序列中沒有變異的位點有 1105 個，有變異的位點有 35 個，其中 parsimony informative sites 為 29 個，parsimony uninformative site 為 6 個。變異非平

均分布於三個位點，第一位點的變異有 9 個，佔 25.7%，第二位點有變異的有 2 個，佔 5.7%，第三位點有變異的有 24 個，佔 68.6%，變異集中在第三個位點。經由 Tajima's D test 及 Fu and Li's D and F test 檢測，此段基因為中性( $P>0.1$ , NS)，受到天擇的影響甚少。

分析48隻個體的Cytochrome b序列，共出現了13個基因單型(haplotype)。各區域擁有的基因單型(haplotype)數目、基因單型歧異度(haplotype diversity)、核苷酸歧異度(nucleotide diversity;  $\pi$ )如表一所示。除了東部區域，各區域族群所擁有的基因單型數目差不多，以南部較多，有7種基因單型。各地區的族群基因單型歧異度介於0~1之間，其中以台南東山、高雄梅蘭兩地基因單型歧異度最高(haplotype diversity=1)，而新竹司馬庫斯、高雄美瓏族群的基因單型歧異度最低(haplotype diversity=0)。而核苷酸歧異度以高雄梅蘭族群最高(1.754%)，表示高雄梅蘭地區的各基因單型差異最大；新竹司馬庫斯、高雄美瓏地區最低(0%)，表示新竹司馬庫斯、高雄美瓏地區每個基因單型彼此之間沒有差異。各種基因單型出現的頻率如表二所示，大部份基因單型只出現在一個區域，只有少數(KN6與KS1)同時出現在三個區域(圖二)。

利用Kimura 2-parameter model計算物種之間的遺傳距離，得知不同個體的遺傳距離最大為0.0233，最小值為0，平均遺傳距離為0.0102。利用Neighbor-joining method 所建構出的親緣關係樹型圖(圖三)中可以得知，基因單型大致上可分成兩大系群。系群內與系群間遺傳距離如表三所示，得知系群內平遺傳距離不大，但系群間遺傳距離則高達0.0188。將所得基因單型以最簡約法則所得之網狀圖(圖四)，亦分成兩群，而群I較均勻分布，群II則稍微局限於南部區域。

分析各區域族群之間的 $D_{xy}$ 值與各地區的 $\pi$ 值(表四)，除了北部區域族群與中部相比較所得之 $D_{xy}$ 值(0.00565)與族群內部差異的 $\pi$ 值(0.00721)小，其餘所得之 $D_{xy}$ 值皆較 $\pi$ 值大，表示大部分區域之間的差異值皆較族群內部的差異大。而分析其族群遺傳分化指數( $F_{ST}$ 值)(表五)，同樣北部區域族群與中部相比較所得之 $F_{ST}$ 值小於0.25，其餘皆大於0.25，所以南部與其他族群有高度的遺傳分化。

將全部及分區族群個體兩兩比較其鹼基差異數，並繪置其 mismatch distribution 圖



(圖五、圖六、圖七、圖八)。結果所得資料呈雙峰狀分布，其中全部個體的 mismatch distribution 圖(圖五)可能與其族群可分為兩個系群有關。而各分區皆呈多峰狀分布(圖六、圖七、圖八)，其中以中部區域呈現明顯的雙峰狀分布。

## 討論

台灣彩蝠以目前的調查記錄顯示，應為中、低海拔物種，且在遺傳結構上可分為兩個系群(lineages)。分析兩個系群的分布，其中系群I的基因單型在分布上有由北向南遞減的趨勢；而系群II則相反，為由南向北遞減，但其分布與系群I相比，則較局限於南部區域。此外較特別的是，某些地點只有單一基因單型，如桃園小烏來、桃園奎輝、新竹司馬庫斯等，而其中只有高雄美瓏之樣本數較高( $n=4$ )。另外，小烏來與奎輝所擁有之基因單型為此兩地點獨有，但此一現象可能是由於樣本數不足所造成。而在網狀圖中(nested clade analysis)，系群I以KN1數量最多，且分布在北部與中部區域，雖然系群I均勻分布於北、中、南三個區域，但仍然以北部及中部的基因單型數量最多，推測系群I族群起源可能在北部或中部，或是曾以北部或中部為避難所。但中部區域的基因單型數量少於北部，因此北部區域較有可能為系群I族群起源地或避難所。系群II分布以南部最多，且基因單型數量亦以南部較高，故推測系群II族群之起源地或避難所應為南部。另外，在 mismatch distribution 中，皆呈現多峰狀分布。而北部與南部區域之波峰較多，中部區域則單純兩個高峰，推測系群I與系群II兩族群已開始擴張，系群I為由北向南擴張，系群II則往中北部擴張。

另外，以母系遺傳之分子標記物來分析台灣彩蝠族群間的分化指數得知，南部族群與其他地區之間交流很低，但在南部區域仍然可捕獲到北部或中部亦有之基因單型，推測台灣彩蝠之兩系群為近期開始擴張，而系群II較系群I來得晚，因此使得南部族群與其他族群之 $F_{ST}$ 值較高。或是，台灣彩蝠之母性個體對出生地有依戀性(Philopatry)，使得其分化指數較高。另外，由於缺乏中部區域較連續性之樣點，可能在中部區域所得資訊亦較缺乏。而且有些地點之樣本較少，亦無法完整探討台灣彩蝠的族群遺傳結構，或許之

後需要在增加其樣本數，或是在區域內增加捕捉地點。而這兩個系群是否有基因的交流，也有待深入分析，或許之後可使用微隨體DNA等遺傳標記物，確定台灣彩蝠兩個系族群間的交流情形。

關於台灣彩蝠分布與竹林棲地的關係亦著手進行，先嘗試利用GIS將竹林棲地的圖層重整，再將現有台灣彩蝠捕獲與未捕獲的資料進行初步套疊。由於有兩個系群，下一個年度將持續捕捉台灣彩蝠，並就系群族群交流與竹林面積與邊緣界線的距離進行分析探討，以瞭解棲地零碎化與台灣彩蝠族群間交流的關係。

## 結論與建議

結果顯示台灣彩蝠具有兩個系群，代表台灣彩蝠曾經歷過特殊的族群分化事件，或許與其他大部分哺乳動物一樣，曾受到冰河期棲地與環境結構的改變的影響，族群避居於特定的避難所。而台灣彩蝠對於竹林的偏好，或許更加深棲地改變對其族群分化的作用。然而現今竹林的分布是否對其族群擴張與交流有所影響，仍須進一步探討。但無論如何，台灣彩蝠的保育單元除了全島整體族群外，本研究的初步結果建議，應將兩個系群視為不同的保育單元，以進行後續的管理與研究。

針對台灣彩蝠與竹林的關係，及其保育價值，有待更多的研究來說明，而日後對於竹林的經營利用，則須提出更佳策略，以利林業管理。

## 參考文獻

- 江集鯉。2006。新竹白蘭地區台灣彩蝠食性與覓食策略之研究。國立台灣大學動物學研究所碩士論文。
- 江集鯉、方引平、林曜松。2005。新竹白蘭地區台灣彩蝠食性分析?動物行為與生態 2005年聯合學術年會論文集 O-50。黃生、張崑雄、楊正澤、吳聲海、郭雅惠合編。
- 盧建名、呂光洋。2005。棲地零碎化對諸羅樹蛙族群遺傳結構影響之探討。動物行為與

生態 2005 年聯合學術年會論文集 O-70。黃生、張崑雄、楊正澤、吳聲海、郭雅惠合編。

Antongiovanni, M., and J. P. Metzger. 2005. Influence of matrix habitats on the occurrence of insectivorous bird species in Amazonian forest fragments. *Biological Conservation*. 122: 441-451.

Brosset, A., P. Charles-Dominique, A. Coxkle, J. F. Cosson, and D. Masson. 1996. Bat communities and deforestation in French Guiana. *Can. J. Zool.* 74: 1974-1982.

Fu, Y. X. and W. H. Li. 1993. Statistical tests of neutrality of mutations. *Genetics*, 133: 693-704.

Hartl D.L., and A. G. Clark. 1989. Population subdivision and migration. pp281-326 See *Principle of population genetics*. Sinauer Associates Press, U.S.A.

Hobbs, R.J., and D.A. Saunders. 1993. Effects of landscape fragmentation in agricultural areas. In: Moritz, C., Kikkawa, J. (Eds.), *Conservation Biology in Australia and Oceania*. Surrey Beatty and Sons, Chipping Norton, Sydney, Australia, pp. 77-95.

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

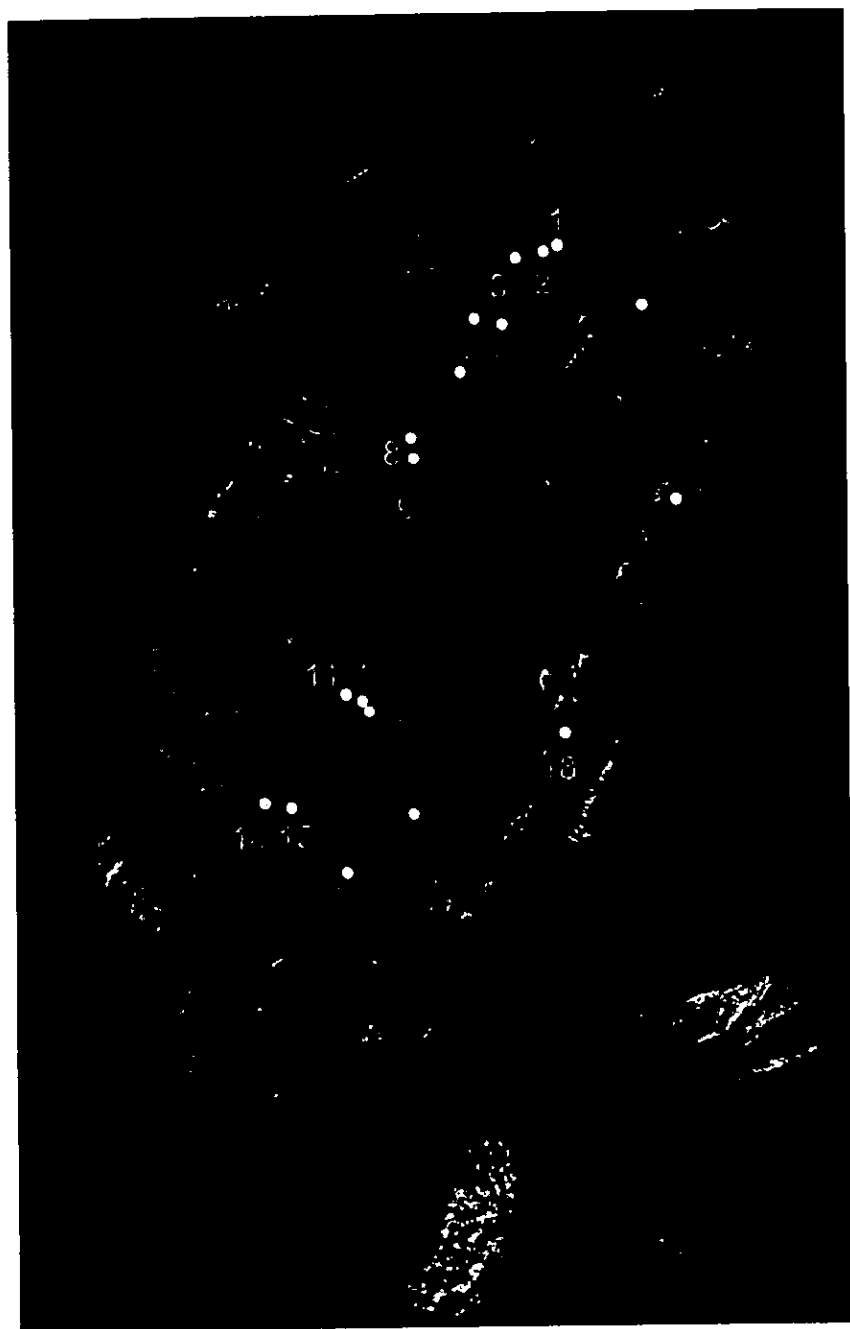
Kumar, S., K. Tamura, and M. Nei. 2004. MEGA3: integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment. *Briefings in Bioinformatics*, 5: 150-163.

Law, B. S., and J. Anderson. 2000. Roost preferences and foraging ranges of the eastern forest bat *Vespadelus pumilus* under two disturbance histories in northern New South Wales, Australia. *Austral Ecology*. 25: 352-367.

Lloyd, B. D. 2003. The demographic history of the New Zealand short-tailed bat *Mystacina tuberculata* inferred from modified control region sequences. *Molecular Ecology*, 12:

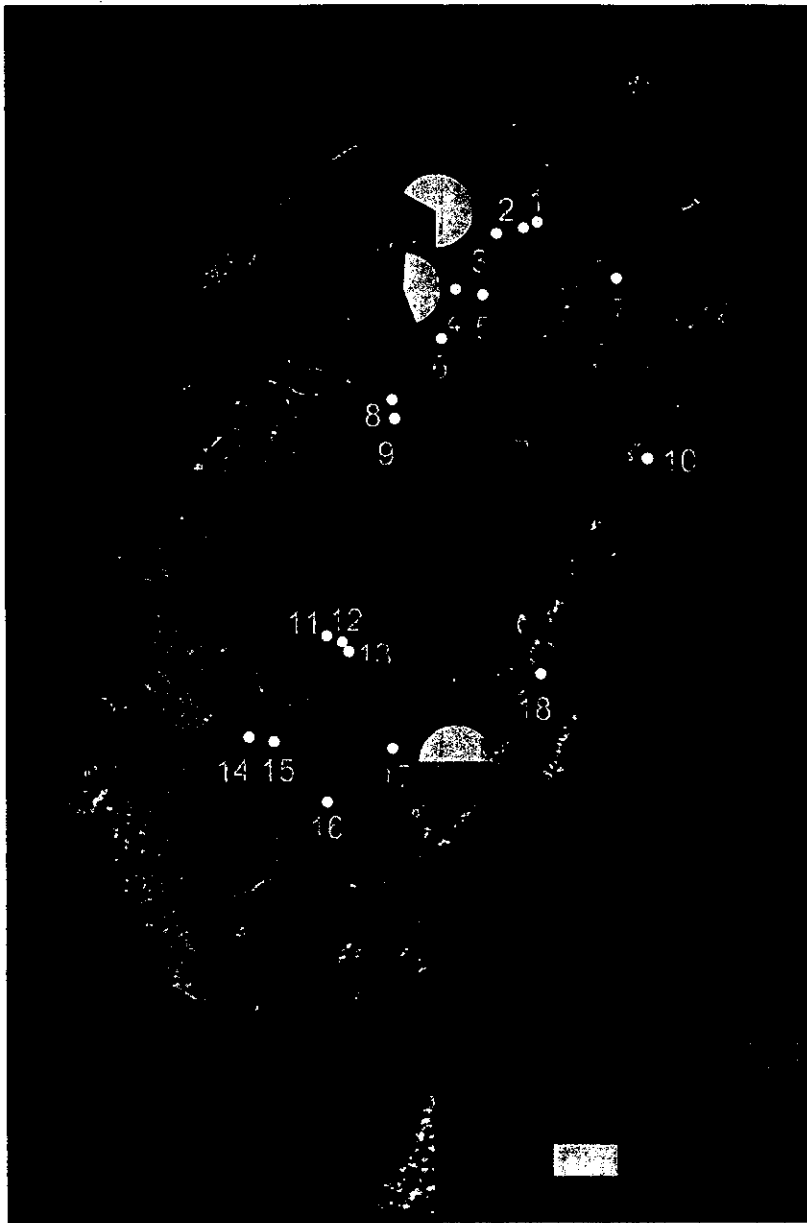
1895–1911.

- Manly B.F.J. 1985. The statistics of natural selection on animal populations. In: Population and Community Biology (eds Usher MB, Rosenzweig ML), pp.424-428.
- Mossman, C. A., and P. M. Waser. 2001. Effects of habitat fragmentation on population genetic structure in the white-footed mouse (*Peromyscus leucopus*). *Can. J. Zool.* 79: 285-295.
- Nei, M. 1987. Molecular Evolutionary Genetics. Columbia University Press. New York
- Rossiter, S. J., G. Jones, R. D. Ransome, and E. M. Barratt. 2000. Genetic variation and population structure in the endangered greater horseshoe bat *Rhinolophus ferrumequinum*. *Molecular Ecology* 9: 1131-1135.
- Rousset, F., and M. Raymond. 1995. Testing heterozygote excess deficiency. *Genetics* 140: 1413-1419.
- Rozas, J., J. C. Sanchez-Delbarrio, X. Messeguer, and R. Rozas. 2003. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics*, 19: 2496-2497.
- Salgueiro, P., Coelho, M. M., Palmeirim, J. M., and M. Ruedi. 2004. Mitochondrial DNA variation and population structure of the island endemic Azorean bat (*Nyctalus azoreum*). *Molecular Ecology*, 13: 3357–3366.
- Schulze, M. D., N. E. Seavy, and D. F. Whitacre. 2000. A Comparison of the Phyllostomid Bat Assemblages in Undisturbed Neotropical Forest and in Forest Fragments of a Slash-and-Burn Farming Mosaic in Petén, Guatemala. *Biotropica*, 32(1): 174-184.
- Stoner, K. E., M. Quesada, V. Rosas-Guerrero, and L. A. Lobo. 2002. Effects of Forest Fragmentation on the Colima Long-nosed Bat (*Musonycteris harrisoni*) Foraging in Tropical Dry Forest of Jalisco, Mexico. *Biotropica*, 34(3): 462-467.



- |                    |                      |
|--------------------|----------------------|
| 1. 桃園縣復興鄉小烏來 (1)   | 10. 花蓮縣秀林鄉大禮大同步道 (2) |
| 2. 桃園縣復興鄉奎輝 (1)    | 11. 嘉義縣竹崎鄉水社寮 (5)    |
| 3. 新竹線關西鎮赤柯山 (3)   | 12. 嘉義縣竹崎鄉龍雲渡假村 (1)  |
| 4. 新竹縣五峰鄉白蘭 (30)   | 13. 嘉義縣阿里山鄉米洋溪 (1)   |
| 5. 新竹縣尖石鄉司馬庫斯 (2)  | 14. 台南縣東山鄉仙公廟 (3)    |
| 6. 宜蘭縣大同鄉破礮溪 (6)   | 15. 嘉義縣大埔鄉茄苳村 (4)    |
| 7. 苗栗縣泰安鄉司馬限林道 (1) | 16. 高雄縣桃源鄉美瓏林道 (4)   |
| 8. 台中縣東勢鎮四角林林場 (1) | 17. 高雄縣桃源鄉梅蘭林道 (2)   |
| 9. 台中縣和平鄉若茵農場 (4)  | 18. 花蓮縣卓溪鄉三民林道 (1)   |

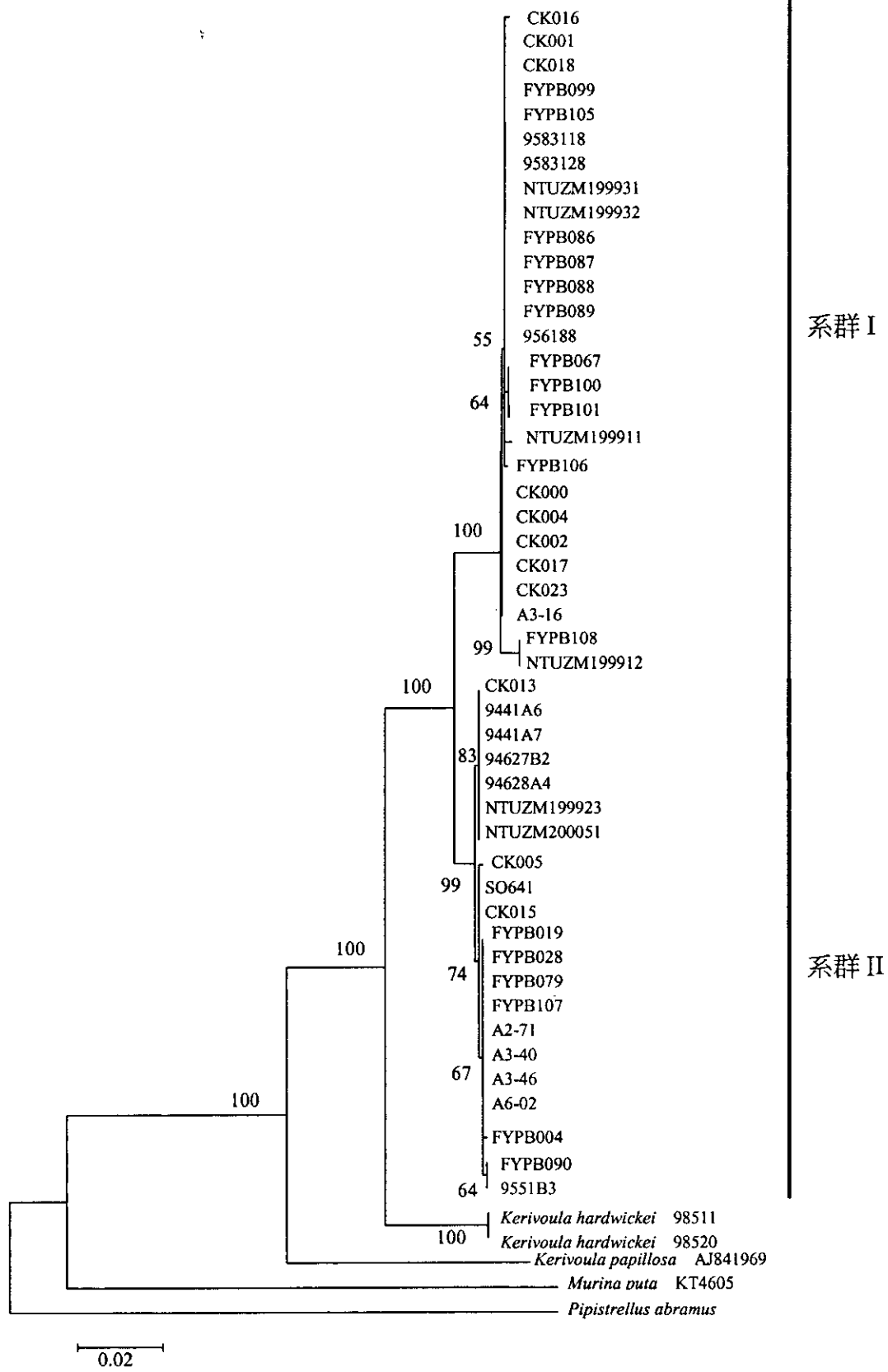
圖一、台灣彩蝠 18 個採集地點，括號中為樣本數。



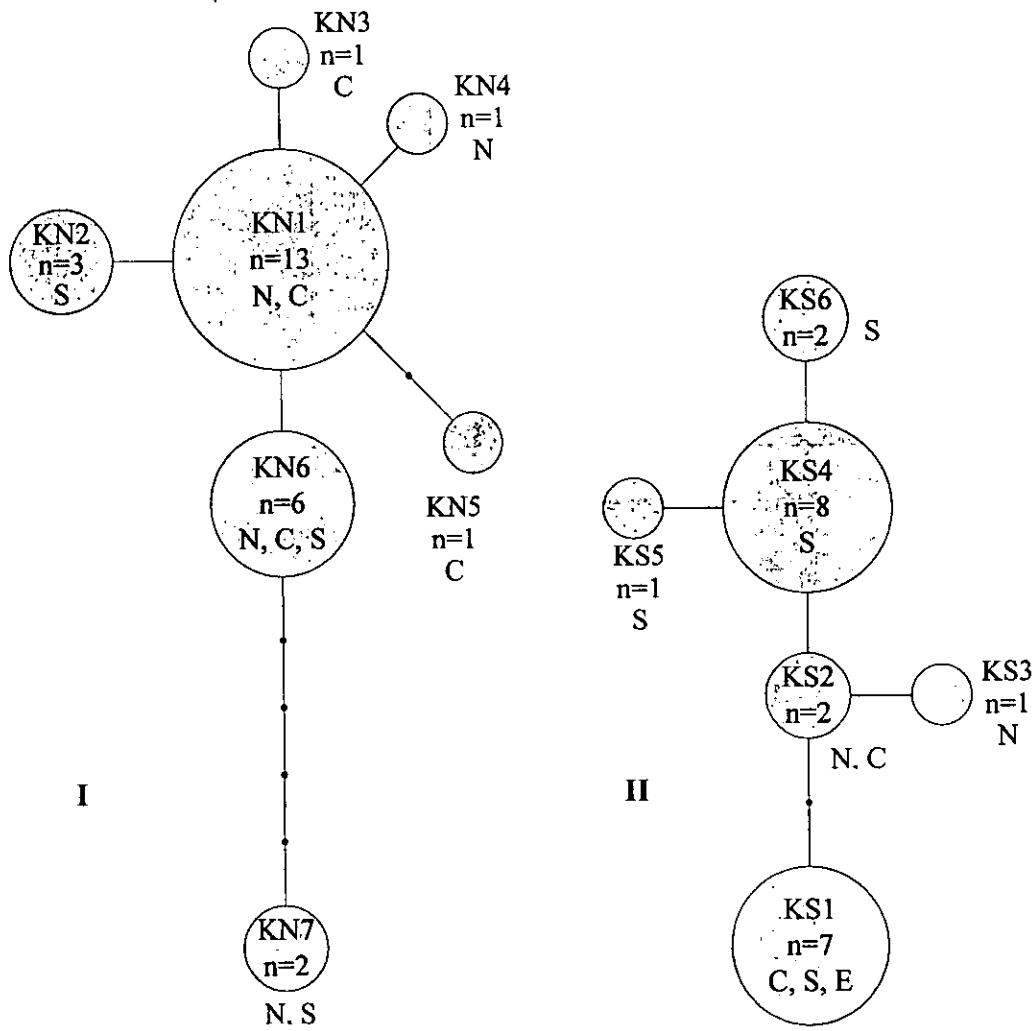
- |                |        |                 |        |
|----------------|--------|-----------------|--------|
| 1. 桃園縣復興鄉小烏來   | 1(0:1) | 10. 花蓮縣秀林鄉大禮大同  | 1(1:0) |
| 2. 桃園縣復興鄉奎輝    | 1(0:1) | 11. 嘉義縣竹崎鄉水社寮   | 5(2:3) |
| 3. 新竹縣關西鎮赤柯山   | 3(1:2) | 12. 嘉義縣竹崎鄉龍雲渡假村 | 1(1:0) |
| 4. 新竹縣五峰鄉白蘭    | 7(1:6) | 13. 嘉義縣阿里山鄉米洋溪  | 1(1:0) |
| 5. 新竹縣尖石鄉司馬庫斯  | 2(0:2) | 14. 台南縣東山鄉仙公廟   | 3(2:1) |
| 6. 苗栗縣泰安鄉司馬限林道 | 1(1:0) | 15. 嘉義縣大埔鄉茄苳村   | 4(4:0) |
| 7. 宜蘭縣大同鄉破礮溪   | 6(1:5) | 16. 高雄縣桃源鄉美瓏林道  | 4(4:0) |
| 8. 台中縣東勢鎮四角林林場 | 1(0:1) | 17. 高雄縣桃源鄉梅蘭林道  | 2(1:1) |
| 9. 台中縣和平鄉若茵農場  | 4(0:4) | 18. 花蓮縣卓溪鄉三民林道  | 1(0:1) |

圖二、各個基因單型之分布圖。圓餅圖顏色表示各基因單型，各顏色之比例為個體數比。

標註於地點後的數字代表其個體數，括弧內為性別數，男左女右。

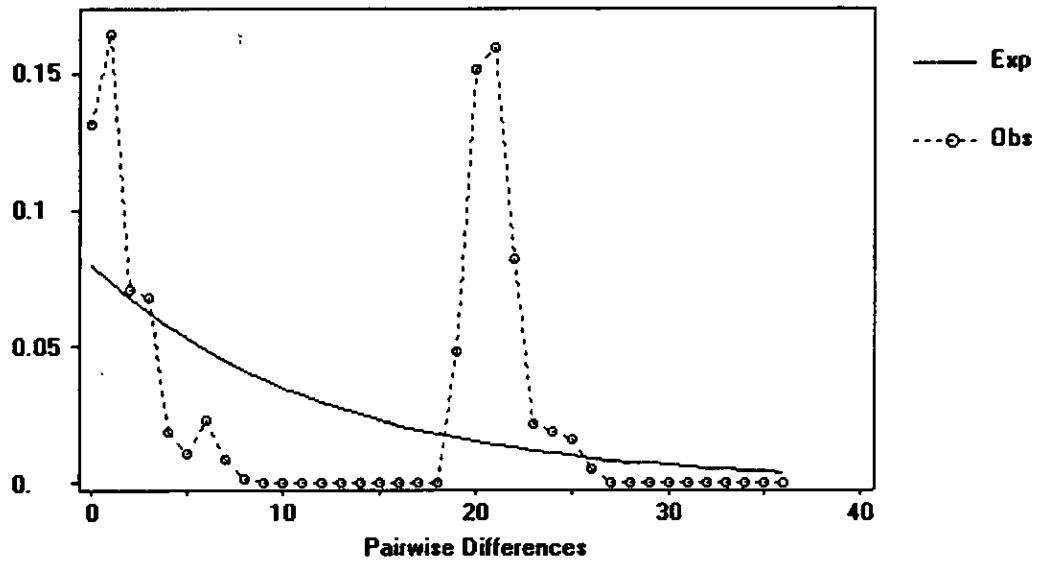


圖三、利用 Cytochrome b 序列，Neighbor-joining method 所建構出的族群地理親緣關係圖。

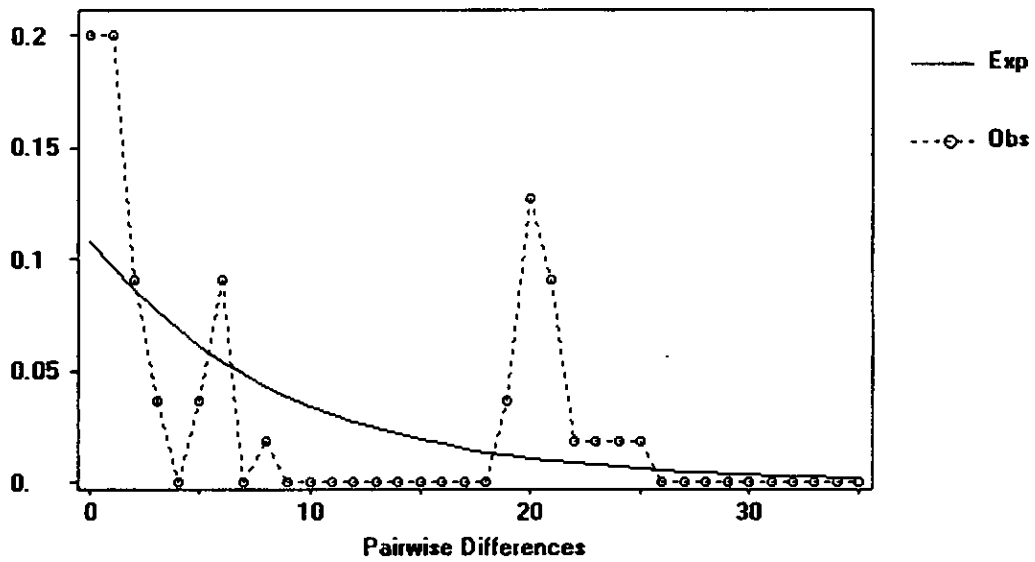


圖四、將基因單型以最簡約分析所得之網狀圖(network)，n 代表基因單型數目，N、C、S 與 E 分別代表北部、中部、南部與東部地區。

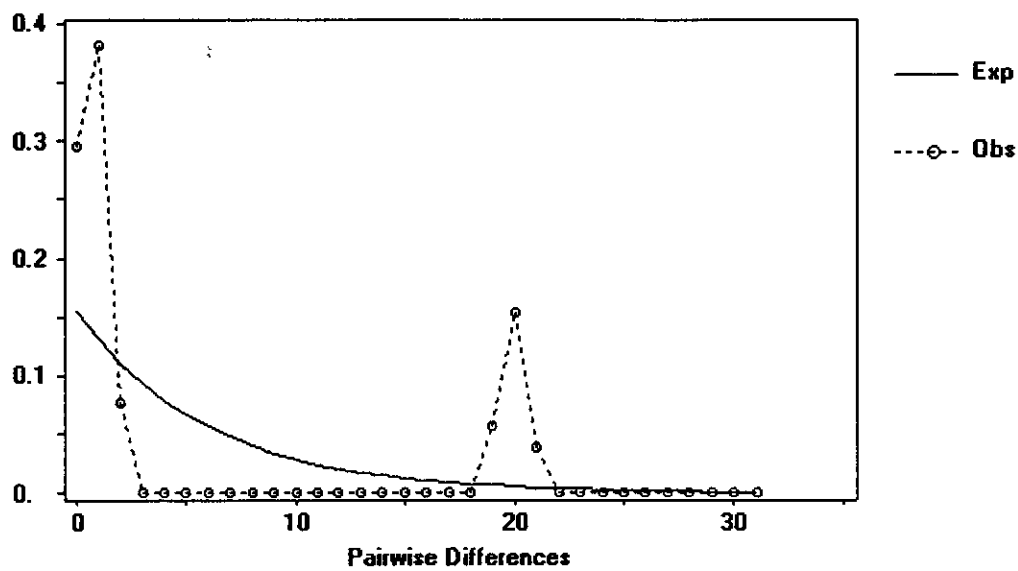




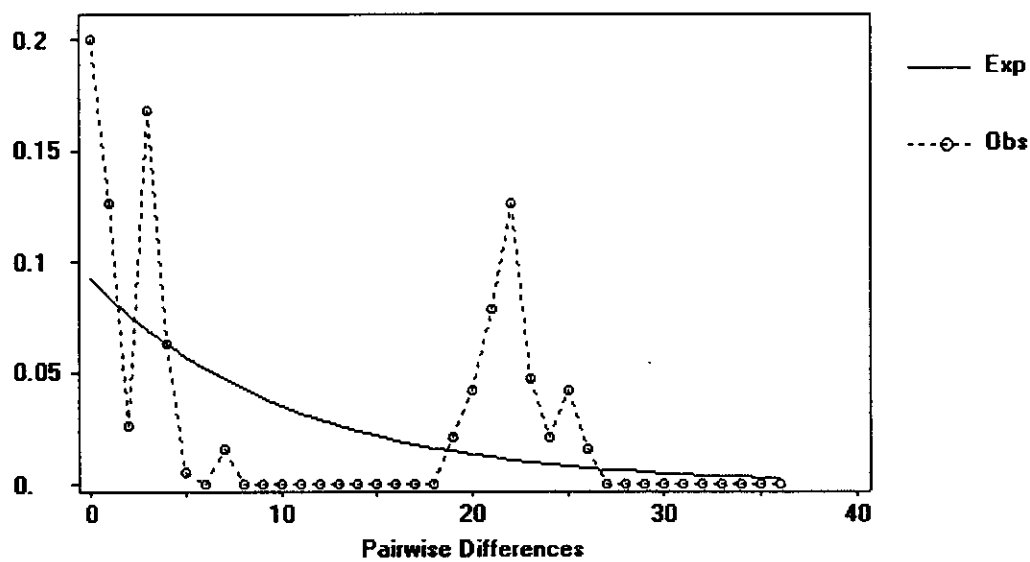
圖五 利用 Cytochrome b 序列分析全島所得的 mismatch distribution



圖六 利用 Cytochrome b 序列分析北部區域所得的 mismatch distribution



圖七 利用 Cytochrome b 序列分析中部區域所得的 mismatch distribution



圖八 利用 Cytochrome b 序列分析南部區域所得的 mismatch distribution

表一、台灣彩蝠的 Cytochrome b 基因全片段分析個體之採樣地點、各地區分析樣本數、各地區基因單型數目、基因單型歧異度、核苷酸歧異度

區域	地點	數量	基因單型 數目	基因單型 歧異度	核苷酸歧異度
北部	桃園小烏來	1	1	-	-
	桃園奎輝	1	1	-	-
	新竹關西	3	2	0.66667	0.01170
	宜蘭大同	6	2	0.33333	0.00585
	Total	11	6	0.8	0.00721
中部	新竹白蘭	7	4	0.80952	0.00551
	新竹司馬庫斯	2	1	0	0
	苗栗司馬限	1	1	-	-
	台中東勢	1	1	-	-
	台中和平	4	2	0.5	0.00044
	Total	15	6	0.70476	0.00480
南部	嘉義水社寮	5	2	0.6	0.01211
	嘉義龍雲	1	1	-	-
	嘉義米洋溪	1	1	-	-
	嘉義大埔	4	2	0.5	0.00132
	台南東山	3	3	1	0.01520
	高雄美瓏	4	1	0	0
	高雄梅蘭	2	2	1	0.01754
Total	20	7	0.8	0.00861	
東部	花蓮大禮大同	1	1	-	-
	花蓮三民林道	1	1	-	-
	Total	2	1	0	0

表二 台灣彩蝠各地區族群所擁有的基因單型種類 (haplotype)、數目 (number)、基因單型頻率 (haplotype frequency)，及其所屬的系群 (lineages)

區域	地點	基因單型	數量	基因單型頻率	系群
北部	桃園小烏來	KN4	1	0.0909	I
		KN7	1	0.0909	I
	新竹關西	KN6	2	0.1818	I
		KN3	1	0.0909	I
	宜蘭大同	KN1	5	0.4545	I
		KS2	1	0.0909	II
中部	新竹白蘭	KN1	2	0.1333	I
		KN3	1	0.0667	I
		KN6	3	0.2	I
		KS2	1	0.0667	II
	新竹司馬庫斯	KN1	2	0.1333	I
	苗栗司馬限	KS1	1	0.0667	II
	台中東勢	KN1	1	0.0667	I
	台中和平	KN1	3	0.2	I
		KN5	1	0.0667	I
	南部	嘉義水社寮	KN2	3	0.15
KS6			2	0.1	II
嘉義龍雲		KS4	1	0.05	II
嘉義米洋溪		KS1	1	0.05	II
嘉義大埔		KS1	3	0.15	II
		KS4	1	0.05	II

	台南東山	KN7	1	0.05	I
		KS4	1	0.05	II
		KS5	1	0.05	II
	高雄美瓏	KS4	4	0.2	II
	高雄梅蘭	KN6	1	0.05	I
		KS4	1	0.05	II
東部	花蓮大禮大同	KS1	1	0.5	II
	花蓮三民林道	KS1	1	0.5	II

表三 系群內與系群間的遺傳距離(K2P)

	系群 I	系群 II
系群 I	0.0014	
系群 II	0.0188	0.0016

對角線上為系群內

表四 各區域間之 Dxy 與區域內之核苷酸歧異度

	North	Center	South
North	0.00721		
Center	0.00565	0.0048	
South	0.01308	0.0131	0.00861

對角線上為核苷酸歧異度，其餘數值為 Dxy 值

表五 各區域間之遺傳分化指數(F<sub>ST</sub>)

	North	Center	South
North			
Center	-0.06309		
South	0.39538	0.48849	