

東海大學生命科學系
碩士論文

指導教授：林良恭 博士

Advisor: Dr. Liang-Kong Lin

島嶼中的島嶼：從粒線體 DNA 探討台灣不同高山地
區台灣高山田鼠 (*Microtus kikuchii*) 的遺傳結構
Islands within an island: the genetic structure of Taiwan
vole (*Microtus kikuchii*) among different alpine regions
inferred from mitochondrial DNA

研究生：王玉婷

Yu-Ting Wang

中華民國 101 年 8 月

東海大學生命科學系
碩士論文學位考試審定書

生命科學系碩士班研究生 王玉婷 君所撰寫之論文

(中文)

島嶼中的島嶼:從粒線體 DNA 探討台灣不同高山地區台灣高山田鼠
(*Microtus kikuchii*) 的遺傳結構

(英文)

Islands within island: The genetic structure of Taiwan vole
(*Microtus kikuchii*) among different alpine regions inferred from
mitochondrial DNA

經本委員會審定通過，特此證明。

學位考試委員會

召集人

于宏燦

(簽名)

委員

林良榮

林思民

蔣鎮宇

陳湘馨

中華民國 101 年 7 月 11 日

致謝

論文的完成首先要感謝林良恭老師，如果沒有老師的指導，沒有實驗室的經費支持，實驗是無法完成的，要感謝老師在百忙之中還是花了很多時間跟我討論實驗跟論文，而且還一直鼓勵我要有自信。另外要感謝口試委員蔣鎮宇老師、于宏燦老師、林思民老師、陳湘繁老師提出寶貴的意見和建議，讓我的論文能夠更趨於完善。

這裡最重要的是要感謝我的父母、家人，總是支持我做自己有興趣的事情，不論是爬山還是讀書，讓我可以比別人有更大自由做自己想做的事情。

實驗室方面要感謝當初烏龍學長帶我去合歡山跟雪山抓老鼠，讓我學會抓老鼠的技巧，跟思考加入野生動物實驗室，剛進研究所真的什麼也不會，要感謝當時怡明在各方面的協助，感謝育誠學長無私的提供各種資訊，讓我能夠更快的進入狀況，特別要感謝守立學長，幫我把基礎建立起來，沒有學長耐心指導的話，所有的實驗和分析絕對不可能順利完成，要感謝博子學長提供研究分析上面的意見，還有幫我指正英文的錯誤，感謝豫煌學長與任緯學長提供很多研究的方向和想法，還有分析上面的建議，感謝一直努力朝夢想前進的鯨騎士政修，給了我很多新的衝擊，以及與我從大學開始同家族六年，超級熱血的詩婷，精明幹練可以快速處理實驗室各種大小事務的惠美姐，很厲害脾氣很好的子和學長，細心能幹體力又強的雪芸，不管發生什麼事都

可保持樂天面對的佳偉，要感謝你們給予我不管是實驗或是生活上的支持。

野外實驗的部份絕對要感謝祥笙和姵玟，如果沒有兩位老班底任勞任怨的協助，野外實驗的進行鐵定會困難許多，也不會有這麼多難忘的故事可以讓我們回味，感謝小藍、冠涵、宜君、曷諭、悅山、小林哥，想到大家願意背著完全超出負載的背包陪我上山抓老鼠，心裡真的只有無盡的感謝，謝謝你們。

樣本的蒐集要感謝台灣大學的林雨德老師、李徵葳學姐、于宏燦老師、嘉義大學許富雄老師、中興大學吳聲海老師、加州大學柏克萊分校脊椎動物學博物館、日本京都大學松浦宜弘先生，無私的提供樣本給我，讓這次實驗的資料可以更完備。

要感謝東海生科系的老師們給予的教導和鼓勵，特別是林仲平老師在研究上的指導，以及所有系上的同學。還要感謝我的室友小葉、心影、左旋、子揚、周幽王、小溫、Ricky 和山社的朋友們，你們的鼓勵和支持，是我繼續前進的動力。

最後當然要感謝台灣高山田鼠，你們真的是超可愛又神奇的生物，謝謝你們讓我可以將實驗完成，希望你們能夠繼續在台灣的山林裡繁衍不息。

目錄

中文摘要.....	IIIIV
英文摘要.....	VI
前言.....	1
材料與方法.....	7
一、樣本蒐集.....	7
二、DNA 萃取、增幅與定序.....	8
(1) DNA 萃取.....	8
(2) 序列片段增幅反應反應.....	8
(3) DNA 定序.....	10
(4) 序列處理.....	10
三、分子親緣關係分析.....	10
(1) 演化模型挑選.....	10
(2) 建構親緣關係樹.....	10
(3) 物種樹.....	11
(4) 分子時鐘估算.....	12
四、建構最大統計簡約網狀關係圖.....	12

五、族群遺傳變異分析	13
六、遺傳分化程度分析	13
七、分子變方分析	14
八、族群變動歷史	14
(1) 不相合分布分析	14
(2) 貝式天際線.....	15
九、距離隔離理論檢測	15
十、最小成本路徑和直線距離與遺傳距離相關性比較	16
結果.....	18
一、基因多樣性	18
二、分子親緣關係分析	19
(1) 演化模型.....	19
(2) 親緣關係樹.....	19
(3) 物種樹.....	21
(4) 分子時鐘估算.....	21
三、最大統計簡約網狀關係圖	22
四、遺傳變異分析	24

五、遺傳分化程度分析	25
六、分子變方分析	25
七、族群變動歷史	27
(1) 不相合分布分析	27
(2) 貝式天際線.....	27
八、距離隔離理論檢測	29
九、最小成本路徑和直線距離與遺傳距離相關性比較	29
討論.....	30
結論.....	39
引用文獻.....	40
表目	48
圖目	50
表和圖.....	51
附錄一	80
附錄二.....	87
個人資料.....	88

摘要

天空島嶼 (sky island) 指的是受到地理環境所分隔的高海拔棲地，棲息在天空島嶼之上的物種在長期地理隔離之下，不同島嶼的族群就可能逐漸產生基因上的分歧。台灣高山田鼠 (*Microtus kikuchii*) 為台灣特有種，主要分佈範圍在台灣海拔 2500 公尺以上的山區，本研究檢視台灣高山田鼠的族群遺傳結構是否會受到台灣山區地理結構的影響，不同山區族群呈現明顯的遺傳分化，以及根據物種分布海拔所推算出來的最小成本路徑 (least-cost path) 是否比直線距離對於遺傳距離有更高的解釋度。本研究樣本採集自全台灣 21 個地點，利用粒線體 DNA 之控制區域 (D-loop) 和細胞色素 *b* 基因 (cyt-*b*) 序列，以及 Y 染色體 DBY7、DBY11、DBY14 序列作為分子遺傳標記，建構親緣關係樹與最小網狀關係圖 (network) 進行分析。結果顯示台灣高山田鼠族群有明顯的族群遺傳結構，可分為 8 個不同的系群，且各系群皆有特定的地理分布範圍，推測在過去間冰期，台灣高山田鼠分布被限制在數量極多的高山避難所之中，並在各個避難所內逐漸產生分化。而最小成本路徑對於遺傳距離有更高的解釋度，推測台灣高山田鼠的遷移可能受到了低海拔環境的阻礙。貝式天際線 (Bayesian skyline plot) 分析的結果，顯示台灣高山田鼠在最末次冰期發生族群

擴張，並在冰河期結束後呈現族群大小縮減的情形。而北大武山地區的族群與其它地區的族群已出現明顯的遺傳分化，推測因為北大武山與其他山系相連接的最低鞍低至海拔 1700 公尺以下，進而導致長期的地理隔離。

關鍵字: 天空島嶼、台灣高山田鼠、族群遺傳結構、最小成本路徑、避難所

Abstract

Sky islands are high-elevation habitats that are geographically subdivided and isolated among different mountain ranges. Populations of different sky islands will differentiate genetically from each other after long-term geographical isolation. Taiwan voles (*Microtus kikuchii*) are endemic to Taiwan. They are mainly distributed on mountain ranges above 2500 m in elevation. This research examined whether population genetic structure of Taiwan voles were affected by Taiwan's mountain topology and populations between different mountain regions would exhibit significant genetic differentiation. Furthermore, least-cost path derived from Taiwan voles' elevation distribution was expected to have more explanation power in variations of pair-wise genetic distance than Euclidean distance. Population fluctuations of Taiwan voles in the past were also investigated. This study used the mitochondria DNA control region, cytochrome *b* gene and Y chromosome DNA DBY7, DBY11 and DBY14 gene sequence as molecular markers to reconstruct phylogenetic trees and networks of specimens collected from 21 different localities. Phylogenetic analysis showed that Taiwan voles have significant genetic

structure and could be separated into eight lineages. Population subdivision was correlated with mountain range location and topographic structure. Taiwan voles likely were isolated in multiple high mountain refugia during interglacial periods and gradually diverged among these refugia. Higher correlation with genetic distance of least cost path than Euclidean distance suggests that low-elevation habitats likely interfere with dispersals of Taiwan voles. Bayesian skyline plots showed that population of Taiwan voles expanded during the last glacial period and reduced thereafter. The population in the mountain Peitawu has significant genetic differentiation from the other populations. This likely was caused by long-term geographical isolation from populations of the other parts of Taiwan due to saddles of < 1700 m elevation connecting Mountain Peitawu and the other mountain ranges.

Key words: sky island, Taiwan vole, population genetic structure, least cost path, refugia

前言

天空島嶼 (sky island) 或稱高山島嶼 (mountain island) 指的是如同島嶼般獨立的高海拔棲地 (Mayr and Diamond 1976, Masta 2000, Powledge 2003, Baker 2008) 。由於山頭與山頭之間受到地理環境阻隔，因此不同山頭的族群之間不容易進行交流，長期下來不同山區的族群便可能出現型態、行為與基因上的差異 (Masta 2000, Knowles 2001, Shepard and Burbrink 2008, 2009, Robin et al. 2011) 。

更新世 (Pleistocene) 時期的氣候震盪 (climate oscillation) 影響了全球物種的分布及其遺傳結構的變化 (Hewitt 2000, 2004) 。在冰河時期，由於冰河的擴張以及平均溫度下降，許多溫帶地區的物種被迫遷移至低緯度較溫暖的地區，在冰河極盛期 (full-glacial period) ，寒冷以及乾燥的氣候使許多物種分布面積與族群大小大幅度的縮減，分布被迫侷限在數個特定的冰河避難所 (glacial refugia) 之中 (Bennett and Provan 2008, Stewart et al. 2010) ，例如原本棲息歐洲北方的物種在冰河期遷移至南方避難所，等到轉變成適宜的氣候環境之後，再由南方幾個避難所擴張回原先分佈的區域 (Bennett et al. 1991, Taberlet and Cheddadi 2002) 。

分布在高海拔山區的適寒性物種 (cold-adapted species) 亦隨著

冰河週期的氣候變化而經歷了數次分布面積的擴張與收縮的歷程，在間冰期溫度上升，山區適寒性物種被迫退縮至更高海拔較為寒冷的地區，物種分布面積迅速縮減，因而被隔離在數量極多且相互獨立，如同天空島嶼一般的山頭避難所之中，不同山頭上的族群在長時間的地理隔離之後，逐漸產生遺傳上的差異。等到冰河期氣候恢復寒冷，適寒性物種分布由高山地區往低海拔的地區擴張，此時鄰近山區的族群有機會相遇並進行交流，減緩族群之間的遺傳差異 (Hewitt 1996, DeChaine and Martin 2004, Bennett and Provan 2008, Stewart et al. 2010) ，也因此天空島嶼上較少如海洋島嶼般出現高比例的島嶼特種，或是形成單系群 (monophyletic group) (Masta 2000, McCormack et al. 2008) 。

有關高山物種的親緣地理研究，像是美國西北洛磯山脈的蚱蜢 *Melanoplus oregonensis* (Knowles 2001) 、蝴蝶 *Parnassius smintheus* (DeChaine and Martin 2004, Schoville and Roderick 2009) 以及中國南方的高山物種華南五針松 (*Pinus kwangtungensis*) (Tian et al. 2010) 等，都發現有較高的基因歧異度 (genetic diversity) 與明顯的地理分群，而這些物種都沒有出現廣布性的基因型 (haplotype) ，大多數的基因型僅分布在特定的地理區域，有些基因型甚至僅為單一採集點所獨有，而主要系群的基因型只有在交界地區有出現重疊，推測這些高

山物種在過去間冰期退縮至分散的山頭避難所之中，由於受到地理環境的限制，即使在冰河期物種分布範圍往低海拔擴張，也很少能夠進行長距離的水平遷移，大多僅隨著冰河週期進行週期性的垂直遷移，只有地理位置相鄰的族群有機會進行基因交流，主要系群之間仍保留遺傳上的差異 (Hewitt 1996, Knowles 2001, DeChaine and Martin 2004, Tian et al. 2010)。

高山物種擴張模式屬於短距離週期性的擴張收縮，較少進行長距離的遷移，理論上族群結構結果應符合距離隔離理論 (isolation by distance) (Wright 1943)，個體間的遺傳差異會隨著地理距離增加而增加。事實上，許多高山物種的研究都發現距離隔離理論不適用於解釋不同山區之間的遺傳距離變化 (Assefa et al. 2007, Kebede et al. 2007, Robin et al. 2010)。以非洲的大裂谷 (Rift Valley) (Kebede et al. 2007) 與印度的巴爾卡德山口 (Palghat Gap) (Robin et al. 2010) 等明顯的地理障礙為例，由於物種難以跨越，障礙兩側的族群出現明顯的分化，即使障礙兩側的族群的直線距離很接近。而這些明顯的地理障礙可能會使不同山頭族群之間的遺傳距離與直線距離的相關性變低。

考慮到地理環境的限制，不同山區的物種擴散的路徑應該會傾向避開低海拔地區，並藉由山頭之間海拔高度較高的連接處作為交流的路徑。如此遷移路徑通常不會是單純的直線，理論上依照物種分佈海

拔所推算出來的採集點之間最小成本路徑 (least-cost path) 較能夠反應地理結構對物種遷移路徑的影響，個體之間的最小成本路徑對於個體之間遺傳差異應該會比直線距離有更高的解釋度。

位於亞熱帶與熱帶之間的台灣是一座地質年代十分年輕的島嶼，經由歐亞板塊與菲律賓板塊碰撞而浮出海面，時間大約在900萬年前左右 (Sibuet and Hsu 2004)，中央山脈則於500萬年前開始快速隆升，直到100萬年前抬升速率趨緩，形成如同現今所見之山勢 (Liu et al. 2000, Lee et al. 2006)。在過去冰河期海平面下降，台灣曾經數次與亞洲大陸相連 (Voris 2000)，許多歐亞地區的物種藉由陸橋由亞洲大陸遷移至台灣，然而當冰河期過後，溫度逐漸上升，台灣島內適寒性物種分布被侷限於高海拔山區。由於台灣本身是一座多山的島嶼，有兩百多座海拔超過3000公尺的山峰，且山勢地形陡峭崎嶇，雨水侵蝕與河川切割作用強烈，被河谷低地所分隔的不連續高海拔棲地就如同前述天空島嶼一般，不同山頭上的族群在長時間的地理隔離之下，就可能逐漸出現基因上的差異。分佈在高山地區的山椒魚，在島內高山已分化為五個不同物種 (Lai and Luei 2008)，高海拔植物玉山金絲桃 (*Hypericum nagasawae* Hayata) (郭福麟 2009)，在不同的地理區域之間也已出現遺傳上差異。

分類地位屬於倉鼠科 (Cricetidae) 田鼠屬 (*Microtus*) 的台灣高

山田鼠 (*Microtus kikuchii*) 是台灣特有種 (Kuroda 1920) ，田鼠屬的物種大多分佈於溫帶地區 (Conroy and Cook 2000) ，台灣高山田鼠是少數分佈介於亞熱帶與熱帶地區和田鼠屬物種，主要分佈在海拔 2500 公尺以上的玉山箭竹 (*Yushania niitakayamensis*) 草原與針葉林 (Yu 1993, 林良恭 2002) ，不同山頭上的族群，就如同被分隔在不同的島嶼之上，或許已經出現遺傳上的差異。

Yu (1995) 將採集自玉山國家公園中三個不同穿越線的高海拔鼠類：高山白腹鼠 (*Niviventer culturatus*) 、台灣森鼠 (*Apodemus semotus*) 與台灣高山田鼠個體進行同功酶電泳分析 (allozyme electrophoresis analysis) ，發現台灣高山田鼠三個穿越線族群之間的遺傳分化指數 (fixation index, F_{st}) 明顯高於高山白腹鼠與台灣森鼠。而李徵葳 (2010) 的研究檢視雪山山脈、思源啞口與南湖山區地區台灣森鼠與台灣高山田鼠族群的遺傳結構，同樣也發現台灣高山田鼠具有較高的核苷酸歧異度 (nucleotide diversity) ，不同樣區之間的遺傳分化指數也明顯較高。

台灣高山田鼠在局部的山系之間，已可看到明顯遺傳結構，而台灣島的地理結構複雜，海拔高於 2000 公尺有中央山脈、雪山山脈、玉山山脈及阿里山山脈這四個主要的山脈，且具有許多獨立的山系，像是白姑大山、干卓萬山、西巒大山等與其它山系之間只有狹窄的廊

道相連，有可能減緩了與不同山系族群交流的程度，特別是位於中央山脈南端，標高海拔 3092 公尺的北大武山，方圓 45 公里之內皆沒有高於海拔 3000 公尺以上的山峰，與北方山系之間的最低鞍海拔低於 1700 公尺，此段中央山脈主脊陷落區可能會是阻礙北大武山地區的族群與其它山區族群進行交流的地理障礙，北大武山的族群或許已經與其它地區的族群現明顯的差異。由於前述有關台灣高山田鼠的研究範圍大多僅侷限在部份的區域之中，本研究的調查範圍擴大到整個台灣島，以了解過去冰河週期的氣候變化以及島內高山地理結構對於台灣高山田鼠遺傳結構的影響。

本研究欲探討的問題為：

1. 台灣高山田鼠是否吻合典型的天空島嶼物種描述，族群結構明顯受到地理環境影響，而呈現明顯的地理分群，且在過去具有數量極多且分散的山頭避難所？
2. 台灣高山田鼠的族群結構是否符合距離隔離理論？另外最小成本路徑是否比直線距離對於高山田鼠的遺傳距離有更高的相關性？
3. 台灣高山田鼠的族群大小變動是否會受到冰河週期氣候震盪的影響？

材料與方法

一、樣本蒐集

目前本實驗 DNA 的樣本共計有 136 隻，21 個地點，其中包含台灣大學林雨德老師提供的品田山、桃山、思源啞口、南湖大山樣本共 20 隻 DNA 萃取液，嘉義大學許富雄老師提供瑞穗林道與玉山南峰樣本共 11 隻 DNA 萃取液，中興大學吳聲海老師所提供的思源啞口 1 隻個體組織，以及加州大學柏克萊分校脊椎動物學博物館 (Museum of Vertebrate Zoology, University of California, Berkeley, California, USA) 提供于宏燦老師採集自塔塔加、玉山、八通關、南橫、關山的樣本共 28 隻。由於台灣高山田鼠主要分布於 2500 公尺以上的山區 (Yu 1993, 林良恭 2002)，根據等高線圖，在雪山、阿里山、中央山脈、玉山山脈等主要山脈，特別是山勢地形較為獨立的山區，像是北大武山、白姑大山、干卓萬山、西巒大山等進行採集，各採集地點如圖一與表一，樣本資訊詳見附錄一。除了台灣高山田鼠樣本之外，另有松浦宜弘先生提供日本宮崎縣，台灣高山田鼠相近種日本田鼠 (*Microtus montebelli*) 的組織樣本一份，以及從 NCBI (National Center for Technological Information) 的核酸序列資料庫 (GenBank) 取得另一種相近種，根田鼠 (*Microtus oeconomus*) 的序列 (登錄號:

AY220045.1、HM135943.1) 做為粒線體序列外群，田鼠屬 (*Microtus*) 的黑田鼠 (*Microtus agrestis*) Y 染色體序列 (登錄號:AY541707.1、AY541710.1、AY541734.1) 做為 Y 染色體序列外群。

二、DNA 萃取、增幅與定序

(1) DNA 萃取

將採集自樣本的肌肉、肝臟組織用純度 99 % 的酒精保存於冷凍小管中，並放置於 -20 °C 的冰箱中。之後每個樣本各取 3-5 mg 的組織，切碎後使用 MasterPure™ DNA Purification Kit (Epicentre® Biotechnologies, Madison, Wisconsin, U.S.A.) 進行 DNA 萃取，萃取流程依廠商建議操作流程進行。

(2) 序列片段增幅反應 (polymerase chain reaction, PCR) 反應

本研究選用粒線體細胞色素 *b* 基因 (cytochrome *b* gene, *cyt-b* gene)、控制區域 (control region, 又稱 D-loop) 以及 3 段 Y 染色體的內含子 (intron) 序列 DBY7、DBY11、DBY14 做為分子標記。

細胞色素 *b* (*cyt-b*) 基因使用兩組引子 MVZ 05 (Smith and Patton 1993) / Micro06 (Galbreath and Cook 2004) 以及 Arvic07 (Brunhoff et al. 2003) / VOLE14 (Conroy and Cook 1999) 進行擴增。控制區域 (D-loop) 則使用引子 L15933 和 H637 (Oshida et al. 2001) 進行擴增，

引子序列詳見表二。PCR 總反應溶液體積為 50 μl ，包含 0.5 μl 的 DNA 萃取液，各 0.5 μl 的引子 (25pmol / μl)，5 μl 的 10X 緩衝溶液 (PCR buffer)，4 μl 的 dNTP Mixture (各 2.5mM)，0.2 μl 的聚合酵素 (Taq polymerase)，39.3 μl 的去離子水 (double-distilled water, ddH₂O)。

使用溫度循環機 (Thermal cycler) 進行 PCR 反應，先以 94 °C 反應 10 分鐘，接著 94 °C 反應 1 分鐘讓 DNA 雙股打開變性 (denaturation)，50 °C 1 分鐘引子黏合 (annealing)，72 °C 2 分鐘進行 DNA 複製延伸 (extension)，重複上述的三個步驟共 35 個循環，最後在 72 °C 作用 10 分鐘。

三段 Y 染色體序列 BDY7、DBY11、DBY14 基因則使用 3 組引子 Y9 / Y10、Y3 / Y4、Y11 / Y12 (參考自 Hellborg and Ellegren 2003，論文中並無記錄引子名稱，因此自行替引子命名)，來進行擴增。PCR 總反應溶液體積為 50 μl ，包含 2 μl 的 DNA 萃取液，各 0.5 μl 的 primer (25 pmol / μl)，5 μl 的 10X PCR buffer，4 μl 的 dNTP Mixture，0.2 μl 的聚合酵素 (Taq polymerase)，37.8 μl 的無菌水。PCR 循環溫度與時間為:95 °C 10 分鐘，接著進行 94 °C 30 秒，50 °C 30 秒，與 72 °C 1 分鐘上述的三個步驟共 35 個循環，最後 72 °C 10 分鐘。PCR 結束之後，取 5 μl 所得產物和 1 μl 的染色溶液 (dye)，以 1.2 % 洋菜膠 (agarose gel) 進行電泳反應 (electrophoresis)，經過溴化乙啶螢光染

劑 (ethidium bromide, EtBr) 染色，於紫外光照相系統下檢視，確認是否增幅成功。

(3) DNA 定序

PCR 產物純化與定序皆由明欣生物科技公司 (Mission Biotech Co. Ltd., Taiwan) 執行，採用自動定序儀 ABI PRISM 3730XL (Applied Biosystems, California, U.S.A.) 進行定序。

(4) 序列處理

使用軟體 Bioedit v7.0.9 (Hall 1999) 用人工目視的方式判讀波形圖，去除序列頭尾雜亂的部分，並以內建之 ClustalW (Thompson et al. 1994) 進序列排序 (alignment)，切齊之後將排序完成的結果存檔以進行後續分析。

三、分子親緣關係分析

(1) 演化模型挑選 (substitution model)

以軟體 jModelTest 0.1.1 (Posada 2008) 進行不同演化模型分析，以 AIC (Akaike Information Criterion) 挑選出各序列的最佳演化模型，參考其結果用於之後親緣關係樹分析。

(2) 建構親緣關係樹

使用軟體 BEAST v1.6.1 (Drummond and Rambaut 2007)，進行貝

式推論法 (Bayesian inference, BI) 建構親緣關係樹，貝式親緣關係樹是使用馬可夫鏈蒙地卡羅法 (Markov chain Monte Carlo, MCMC) 估算出來的後驗機率 (posterior probabilities) 來作為分歧點的支持度。一般來說當分歧點的後驗機率大於 0.95 時，代表此節點以下的單系群 (monophyletic group) 得到了顯著的支持。設定進行運算 1×10^7 代，每 1000 代抽樣一次，之後用軟體 Tracer v1.5 (Drummond and Rambaut 2007) 分析 BEAST 分析後產生的 log 文件，檢視運算收斂的情況，在數據的後驗值 (posterior) 有效抽樣 (ESS) 大於 200 時，才認定 MCMC chain 已達到穩定。

(3) 物種樹 (species tree)

此部分同樣使用軟體 BEAST v1.6.1 對 *cyt-b* 與 D-loop 片段進行 *BEAST 分析，重建構多基因親緣關係樹。分析前先使用軟體 BEAUti 設定每個序列所屬的 species，species 在這裡指的並不是分類學 (taxonomy) 上所說的種 (species)，而是指親緣關係樹某一分歧點 (divergence time) 之下的單系群，理論上不同 species (單系群) 的個體之間不會有生殖的行為 (Heled and Drummond 2010)。因此根據之前貝式親緣關係樹分析的結果，將親緣關係樹中幾個主要的分支視為是不同的 species，在設定不同序列所屬的 species 之後，進行 *BEAST 分析，觀察分歧點的後驗機率值是否支持 species 分群，以及 species

tree 樹型結構是否與貝式親緣關係樹的結構相符合。

(4) 分子時鐘估算 (molecular clock)

BEAST v1.6.1 貝式親緣關係樹建立和分歧時間點估算可同時進行，由於台灣高山田鼠的演化速率還未知，且缺少化石紀錄作為分歧點定年的依據，由於一般哺乳類通用演化速率為每百萬年 2% 的核苷酸置換率 (2% substitution per million years) (Avice et al. 1998)，而鼠類的核苷酸置換率又比一般哺乳類快 3~5 倍 (Irwin et al. 1991)，參考其它田鼠屬物種的研究 (Brunhoff et al. 2003, Bannikova et al. 2010)，將高山田鼠的核苷酸置換率設定成固定值，每百萬年 8% 的核苷酸置換率，分子時鐘模式 (molecular clock model) 設定為嚴格的分子鐘 (strict clock)，用以評估物種樹 (species tree) 分歧點時間。

四、建構最大統計簡約網狀關係圖 (statistical parsimony network)

使用軟體 TCS 1.21 (Clement et al. 2000) 建構單套型的最大統計簡約網狀關係圖，位點缺失 (gap) 視為是 A、T、C、G 以外的第五種型態，設定基因型 (haplotype) 連接限制 (connection limit) 可信度大於 95%，觀察不同基因型之間的關係，以及找出位於基部 (basal) 的基因型。

五、族群遺傳變異分析

以軟體 DnaSP ver 5.10.01 (Librado & Rozas, 2009) 分析序列的多型性位點 (polymorphic sites) 數目、簡約資訊位點 (parsimony informative sites)、基因型 (haplotype) 數目、基因型歧異度 (haplotype diversity, h)、核苷酸歧異度 (nucleotide diversity, π)，以及進行 Tajima (1989)、Fu & Li (1993) 中性假說 (neutral theory) 檢測，確認高山田鼠的是否符合中性理論，族群間的變異僅受到隨機的基因漂變影響，而不受到天擇的影響。

六、遺傳分化程度分析

使用軟體 DnaSP ver 5.10.01 (Librado & Rozas, 2009) 計算各採集點族群之間以及不同地理區域之間的遺傳分化指數 (fixation index, F_{ST}) 與基因交流指數 (number of migrants per generation, Nm)。另使用軟體 MEGA 5 (Tamura et al. 2011)，以 Kimura 2-parameter (K2P) model (Kimura 1980) 估算主要系群之間的核苷酸置換之平均數 (nucleotide diversity between population, D_{xy})、族群內的核苷酸置換之平均數 (nucleotide diversity within population, D_x) 和校正後系群間核苷酸置換之平均數 (net nucleotide diversity between population, D_a)。

七、分子變方分析 (analysis of molecular variance, AMOVA)

使用軟體 Arlequin ver 3.5.1.3 (Excoffier and Lischer 2010) 進行分子變異分析 (Analysis of molecular variance, AMOVA) 分析，進行 1000 次的 permutation，計算變異在區域間、區域內不同族群間和族群內的分佈，以及不同區域間 (Φ_{CT})、區域內不同的族群之間 (Φ_{SC})、族群內 (Φ_{ST}) 的遺傳分化指數，用以評估遺傳結構是否與地理區域劃分相關聯。本研究區域劃分乃依據 (1) 海拔 2000 公尺的等高線圖，將雪山山脈、白姑大山山系與北大武山等獨立山系與中央山脈設定為不同的地理區域，總共劃分成 4 個地理區域；(2) 親緣關係樹中主要系群的地理分布來進行區域的劃分。

八、族群變動歷史

(1) 不相合分佈分析 (mismatch distribution)

使用軟體 Arlequin ver 3.5.1.3 (Excoffier and Lischer 2010) 計算族群內兩兩個體間核苷酸序列差異 (pairwise differences) 頻率分布的情形，了解過去的族群變動歷史 (demographic history)。若結果呈現單峰分布，表示族群曾經經歷過擴張事件 (expansion event) 或是族群經歷過長時間的族群成長，若呈現多峰分佈，表示族群中可能有多個

遺傳支系或是族群大小維持穩定 (Harpending 1994) 。族群發生擴張的假說藉由進行適合度檢定 (goodness-of-fit test) ，估算實際觀測的頻率分布曲線與期望值之間的偏差平方和 (sum of squared deviations, SSD) 來進行檢驗，並計算 Harpending's raggedness index (r) (Harpending 1994) 檢驗頻率分布曲線的平滑度。

(2) 貝式天際線 (Bayesian skyline plot)

使用軟體 BEAST v1.6.1 進行貝式天際線 (Bayesian skyline plot) 的建構，用以估算 *cyt-b* 與 D-loop 序列的族群變動歷史。將高山田鼠的核苷酸置換率設定成固定值，每百萬年 8% 的核苷酸置換率，運算 1×10^7 代，每 1000 代取樣一次，之後用軟體 Tracer v1.5 (Drummond and Rambaut 2007) 分析 BEAST 分析後產生的 log 文件，建構 *cyt-b* 與 D-loop 序列的貝式天際線 (Bayesian skyline plot) 。

九、距離隔離理論 (isolation by distance) 檢測

根據距離隔離理論 (isolation by distance) 理論，假設物種遷移能力有限，無法進行長距離的擴散，那麼採集點之間的直線距離與遺傳距離應為顯著的正相關 (Wright 1943) 。使用軟體 ArcGIS 9.3 (ESRI, California, U.S.A.) 計算各族群採集樣本之間的兩兩直線距離 (Euclidean distance) ，配合軟體 MEGA 5 (Tamura et al. 2011) 計算個

體之間的兩兩遺傳距離 (genetic pairwise distance) ，並將個體之間的直線距離與遺傳距離進行 Mantel test ，測試台灣高山田鼠是否符合距離隔離理論，採集樣本間的直線距離與遺傳距離呈現顯著的正相關。

十、最小成本路徑 (least-cost path) 和直線距離 (Euclidean distance)

與遺傳距離相關性比較

已知高山田鼠僅分佈在海拔 2000 公尺以上的地區，目前為止還未有在海拔 2000 公尺以下地區抓到過高山田鼠的記錄。假設高山田鼠目前只能在海拔 2000 公尺等高線以上的區域內活動，推測在海拔 2000 公尺以上區域所畫出來的採集樣本之間最小成本路徑 (least-cost path) 會比採集樣本之間直線距離對於採集樣本之間的遺傳距離 (genetic pairwise distance) 有更高的相關性。

利用軟體 ArcGIS 套件 landscape genetic toolbox (Etherington 2011) 根據農林航空測量所製作的 40m X 40m 數位高程模型進行設定，依據每個網格的海拔高度給予不同的成本值 (cost) ，成本值代表高山田鼠穿越該 40mX40m 網格所需花費之成本，由於高山田鼠僅分佈於海拔 2000 公尺以上之地區，推測海拔 2000 公尺以上的地區較容易穿越，將海拔 2000 公尺以上的地區設定成本值為 1，由於北大武山與其它山區之間最低鞍部低於海拔 2000 公尺，但是高於海拔 1500 公尺，

我將海拔 1500~2000 公尺的成本值設為 10，海拔 1500 公尺以下推測高山田鼠應無法輕易穿越，將成本值設為 100。在成本值設定好之後，計算不同採集點之間的最小成本路徑長度 (length of least-cost paths) 和最小成本路徑長度×穿越網格所需的成本值，所得到的成本距離 (cost distance of least-cost paths)。使用統計軟體 R ver 2.15.0 (R Development Core Team 2011) 進行 Mantel test 分析，檢驗採集樣本之間最小成本路徑距離與最小成本路徑的成本距離，是否比直線距離對於採集樣本之間的遺傳距離有更高的相關性。

結果

一、基因多樣性

粒線體 *cyt-b* 與 D-loop 皆完成 136 個個體之定序。*cyt-b* 序列全段共 1140 個鹼基對 (base pair, bp) ，無任何插入 (insertion) 或缺失 (deletion) ，核苷酸置換之變異位點 (substitution variable site) 共 187 個，其中有簡約訊息位點 (parsimony informative sites) 143 個，單獨變異 (singleton) 36 個，所有序列共有 85 種基因型 (haplotype) ，平均基因型歧異度 (haplotype diversity, h) 為 0.991 ± 0.002 ，平均核苷酸歧異度 (nucleotide diversity, π) 為 0.02875 ± 0.00712 。D-loop 基因完成定序的片段長度為 634-640 個鹼基對，核苷酸置換之變異位點共 112 個，其中簡約訊息位點有 103 個，單獨變異 9 個，插入缺失 (Indel) 共 6 段，共有 79 種基因型，平均基因型歧異度為 0.989 ± 0.002 ，平均核苷酸歧異度 0.03913 ± 0.00789 。

Y 染色體的部份，成功定序 58 隻台灣高山田鼠的 DBY7 序列、DBY11 序列與 DBY14 序列。DBY7 序列定序完成的片段長度為 366-377 個鹼基對，核苷酸置換之變異位點 3 個，其中有簡約訊息位點 2 個，單獨變異 1 個，1 段長 11 個鹼基對的插入缺失 (Indel) ，4 種基因型，平均基因型歧異度 0.558 ± 0.038 ，平均核苷酸歧異度 0.0017 。

± 0.00109 。DBY11 定序完成的序列長度為 481bp，核苷酸置換之變異位點 4 個，簡約訊息位點 4 個，單獨變異 2 個，無插入缺失，有 5 種基因型，平均基因型歧異度 0.356 ± 0.074 ，平均核苷酸歧異度 0.00135 ± 0.0099 。DBY14 定序完成序列長度為 385bp，核苷酸置換之變異位點 2，簡約訊息位點 2，無插入缺失，3 種基因型，平均基因型歧異度 0.42 ± 0.069 ，平均核苷酸歧異度 0.00117 ± 0.00082 。

二、分子親緣關係分析

(1) 演化模型

使用軟體 jModelTest 0.1.1 (Posada 2008) 進行演化模型分析的結果，顯示 *cyt-b* 的最佳演化模型為 GTR (generalized time reversible model) +I (invariant sites) +G (gamma distribution) (Tavare 1986)，D-loop 的最佳演化模型為 TVM (transversional model) +I +G (Posada 2003)。

(2) 親緣關係樹

cyt-b 與 D-loop 片段所建構出來的貝式親緣關係樹 (圖二、圖三) 可將台灣高山田鼠分成 4 個主要的系群 (phylogroup)，分別為分布在雪山山脈到南湖大山一帶的雪山南湖群 (SN)；分布在合歡山、白姑大山到干卓萬、丹大林道的中央山脈北群 (NCR)；分布在瑞穗林道

以南到美奈田主山的中央山脈南群 (SCR) ；以及只分布在北大武山一帶的北大武山群 (PTW) 。雪山南湖群 (SN) 、中央山脈北群 (NCR) ，中央山脈南群 (SCR) 這三個主要系群之下又各自化分為 2 ~ 3 個亞系群。雪山南湖群 (SN) 下可分成分布在雪山山脈一帶的 SN I 群，與分布在南湖山區一帶的 SN II 群；中央山脈北群 (NCR) 下可分成分布在白姑大山、合歡山、與南湖大山的 NCR I 群與分布在合歡山到能高、丹大林道的 NCR II 群；中央山脈南群 (SCR) 下可分成分布在阿里山山脈與玉山山脈的 SCR I 群，分布在玉山山脈到瑞穗林道的 SCR II 群與分布在南橫、關山到美奈田主山的 SCR III 群，這 7 個亞系群加上北大武群 (PTW) 共可分成 8 個系群。cyt-*b* 序列親緣關係樹各系群的分歧點後驗機率值 (posterior probabilities) 大多都高於 0.95，SN 與 SCR 的分歧點後驗機率值為 0.51，或許是因為中央山脈北群 (NCR) 、中央山脈南群 (SCR) 與雪山南湖群 (SN) 三群過去幾乎在相同的時間產生分歧，導致此分歧點的後驗機率值支持度較低；D-loop 序列的親緣關係樹各系群分歧點的後驗機率值都高於 0.95，顯示各系群皆得到顯著的支持。cyt-*b* 序列和 D-loop 序列的親緣關係樹有些許的差異，在 cyt-*b* 的貝式親緣關係樹中，南湖地區樣本編號 NH-K6、NH-K8 的個體與雪山樣本編號 SS-K7 的個體歸為 SN II 群，合歡山的樣本 HH-K18 歸為 NCR I 群，干卓萬 (GCW) 與丹大林道

(DK) 的樣本歸為 NCR II 群，關山的一隻個體 (樣本編號 K-K8) 則歸為 SCR I 群；但在 D-loop 序列的貝式親緣關係樹中樣本 NH-K6、SS-K7 歸為 SN I 群，干卓萬 (GCW) 與丹大林道 (DK) 的樣本還有 NH-K8 歸為 NCR I 群，HH-K8 歸為 NCR II 群，所有關山 (K) 的個體皆歸為 SCR III 群。

(3) 物種樹

參考前述 *cyt-b* 序列親緣關係樹的結果，將台灣高山田鼠預設成 SN I、SN II、NCR I、NCR II、SCR I、SCR II、SCR III 與 PTW 共 8 個分離的 species (單系群) (詳見附錄一)，利用 *BEAST 建構 *cyt-b* 與 D-loop 序列的多基因 species tree (圖四)。結果顯示除了 SN I 與 SN II 的分歧點後驗機率值為 0.7421，所有分歧點都得到 0.95 以上的支持。

(4) 分子時鐘估算

根據物種樹 (species tree) 分歧點估算時間 (表三與圖四)，島內第一次的分歧事件約發生在 30~50 萬年前，北大武山地區的族群與其它地區的族群產生分歧，第二次的分歧事件約發生在 20 - 30 萬年前，北大武山地區以外的族群，以丹大林道與瑞穗林道之間為界線，南北分化為二個系群，其餘的分歧事件則發生在 15 萬年前以內。

三、最大統計簡約網狀關係圖

使用軟體 TCS 1.21 所建構出來的 *cyt-b* 與 D-loop 的最大統計簡約網狀關係圖 (圖五、圖六、表四)，大致上皆出現 8 個互相分離的網狀關係圖。若將這 8 個分離的網狀關係圖，視為是不同的系群，可對應到親緣關係樹 SN I、SN II、NCR I、NCR II、SCR I、SCR II、SCR III 與 PTW 的 8 個分群。*cyt-b* 序列的最大統計簡約網狀關係圖與親緣關係樹的分群幾乎相同，僅 NCR 中來自合歡山的樣本 HH-K18 (基因型 CH34) 自己獨立，未與其它的網狀關係圖相連接，玉山的樣本 Y-K2 (基因型 CH60) 歸於 SCR II 群，但是在親緣關係樹中則歸為 SCR I 群；D-loop 序列的最大統計簡約網狀關係圖中，SN 群中雪山的樣本 SS-K7 (基因型 DH5) 自己獨立，未與其它的網狀關係圖相連接，採集自干卓萬 (GCW-K1、GCW-K2；基因型 DH37、DH38) 與丹大林道 (DK-K1、DK-K2、DK-K3；基因型 DH39、40) 的樣本則歸於 NCR II 群，但在 D-loop 的親緣關係樹則是被分到 NCR I 群。*cyt-b* 與 D-loop 序列的最大統計簡約網狀關係圖之間也有些許的差異，*cyt-b* 序列最大統計簡約網狀關係圖中南湖的 NH-K6 (基因型 CH10)、雪山的 SS-K7 (基因型 CH5) 屬於 SN II 的基因型群，合歡山 HH-K18 (基因型 CH34) 自己獨立不屬於任何一個基因型群，關山的 K-K8 (基因型 CH62) 歸於 SCR I 群，但是在 D-loop 的最大統計簡約網狀關係圖

中，NH-K6 (基因型 DH9) 屬於 SN I 基因型群，SS-K7 (基因型 DH5) 自己獨立不屬於任何一個基因群，HH-K18 (基因型 DH23) 歸於 NCR II 基因型群，K-K8 (基因型 DH71) 歸於 SCR III 群。cyt-*b* 序列與 D-loop 序列，都沒有廣佈性的基因型，大部分的基因型為單一採集點所獨有，少數的基因型則為 2~3 個採集點所共有 (表四)。cyt-*b* 序列的 SN I 與 SCR I 網狀關係圖呈現星狀結構，表示過去可能經歷過瓶頸效應 (bottleneck effect) 與近期的族群擴張，cyt-*b* 與 D-loop 的 NCR I 網狀關係圖中，採集自白姑大山的個體 (cyt-*b* 序列基因型 CH36 - CH39；D-loop 序列基因型 DH28 - DH31) 皆自成一小群，且已和合歡山地區的個體產生分歧。

Y 染色體 DBY7、DBY11、DBY14 核苷酸變異位點較少 (附錄二)，將三段序列合併分析建構最大統計簡約網狀關係圖 (圖七、表四)，Y 染色體基因型之間差異較小，無法像粒線體基因一樣分成 8 個系群。基因型 Y1 與 Y5 之間相差 12 步 (step)，包含 1 個鹼基變異與一個 11 個鹼基的片段缺失 (deletion)，由於本實驗的外群日本田鼠 (*Microtus montebelli*) 與黑田鼠 (*Microtus agrestis*) Y 染色體序列皆沒有出現 11 個鹼基的片段缺失，推測 Y1-Y4 的共同祖先型過去曾經經歷過一次片段缺失事件。Y1-Y4 差異不大，其中 Y1 為雪山山脈與中央山脈北段最主要的基因型，除了白姑大山之外廣泛分布於丹

大林道以北的所有採集點，Y2、Y3、Y4 分布皆僅侷限於一特定採集點，分別為雪山、合歡山與白姑大山，而採集自白姑大山的樣本皆屬於 Y4，在瑞穗林道以南的地區，Y5 分布於阿里山、玉山和八通關地區，與外群日本田鼠的親緣關係最近，Y6 分布於關山、塔關山與美奈田主山，Y7、Y8 都只有一隻個體，皆分布於關山地區，Y9 只出現在北大武山。

四、遺傳變異分析

台灣高山田鼠的 *cyt-b* 序列 8 個系群的基因型歧異度 (h) 介於 0.906 ~ 1，各系群核苷酸歧異度介於 0.0022 ~ 0.00626 (表五)，8 個系群之中，NCR II 群有最高的基因歧異度 ($\pi = 0.00626$)，其次為 SCR II 群 ($\pi = 0.0586$)，而 SN II 群的基因歧異度最低 ($\pi = 0.0022$)。

D-loop 序列 8 個系群的基因型歧異度 (h) 介於 0.879 ~ 1，各系群核苷酸歧異度介於 0.0057 ~ 0.01319 (表六)，8 個系群中 SN II 群有最高的基因歧異度 ($\pi = 0.01319$)，其次為 NCR I 群 ($\pi = 0.01245$)，SN I 群的歧異度最低 ($\pi = 0.0057$)。對於台灣高山田鼠 8 個系群進行中性檢測 (表六、表七)，除了北大武的個體數太少無法計算之外，僅 *cyt-b* 序列分布於雪山山脈地區的 SN I 群有顯著偏離零 ($p < 0.05$)，其餘的系群 Tajima's D test 和 Fu 與 Li's test 皆未顯著偏離零，推測族群的

遺傳變異未受選汰影響，且族群大小大致上並無明顯變化。

五、遺傳分化程度分析

cyt-*b* 序列 8 個系群之間的 D_a 值介於 1.36 % ~ 6.37 % 之間 (表七) ，
D-loop 序列 8 個系群之間的 D_a 值介於 1.56 % ~ 8.25 % 之間 (表八) ，
北大武群與其它系群之間的遺傳差異最大， D_a 值皆高於 5 % 以上。
使用軟體 DnaSP v5.10.01 計算各採集樣點族群之間的 F_{ST} 與 N_m 的結
果 (表九、表十) ，除了大雪山 (DS) 與向陽 (SHY) 因為只採集到
一隻個體，無法計算 F_{ST} 值與 N_m ，cyt-*b* 序列族群之間的 F_{ST} 介於 -0.009
~ 0.993； N_m 介於 -28.026 ~ 55.306 (表九) ；D-loop 序列族群之間的 F_{ST}
介於 -0.0529 ~ 0.9904 ； N_m 介於 0.010 ~ 39.496 (表十) 。大多數族群
之間的 $F_{ST} > 0.5$ ， $N_m < 1$ ，顯示不同採集點族群之間多已出現高度分
化，且各族群之間缺乏基因交流。

六、分子變方分析

將全部的 21 個採集點族群劃分成雪山山脈、白姑大山、中央山
脈、北大武山這 4 個地理區塊，將 cyt-*b* 和 D-loop 片段分別進行
AMOVA 分析 (表十一、表十二) 。二者分析結果皆顯示變異主要存
在於區域內不同族群之間，cyt-*b* 序列區域內不同族群之間變異占所

有變異的 45.14 %；D-loop 序列區域內不同族群之間變異占有所有變異的 41.64 %，而不同區域之間、區域內族群之間以及族群內的遺傳分化指數均高，顯示不論是區域之間、區域內族群間與族群內都已出現顯著的遺傳分化。

變異主要存在於區域內不同族群之間或許是因為主要的採集點族群都被位於中央山脈這個地理區域之中，若根據親緣關係樹的結果，將 SN、NCR、SCR、PTW 這 4 個主要系群的地理分布劃分成 4 個不同的地理區域，亦即雪山山脈到南湖大山為第一個地理區域；合歡山、白姑大山到千卓萬、丹大林道為第二個地理區域；瑞穗林道到美奈田主山為第三個地理區域；北大武山為第四個地理區域，進行 AMOVA 檢測，*cyt-b* 和 D-loop 片段分析結果皆顯示變異主要存在於不同地理區域之間（表十二），*cyt-b* 序列區域內不同族群之間變異占有所有變異的 51.26 %；D-loop 序列區域內不同族群之間變異占有所有變異的 43.87 %，不同區域之間、區域內族群之間以及族群內的遺傳分化指數，也顯示不論是區域之間、區域內族群間與族群內都已出現顯著的遺傳分化。

七、族群變動歷史

(1) 不相合分布分析

根據親緣關係樹的 4 個主要系群進行不相合分布分析 (圖七、圖八)，除了北大武群 (PTW) 樣本數過少，無法看出族群過去的變化之外，*cyt-b* 與 D-loop 序列主要的 3 個系群皆呈現雙峰或多峰分佈 (multimodal distribution) 且族群擴張的適合度檢定，各系群在 *cyt-b* 或 D-loop 序列幾乎都呈現顯著差異，SCR 系群的 *cyt-b* 序列則接近顯著 ($p = 0.1$)，僅 SCR 系群的 D-loop 序列在族群擴張適合度檢定未達顯著 ($p = 0.5$)，說明這些主要系群內可能包含有多個遺傳支系。將 3 個主要系群下的 7 個亞系群進行不相合分布分析 (圖八 (b)、圖九 (b))，除了 NCR I 亞系群的族群擴張適合度檢定有顯著 (D-loop 序列 $p < 0.0001$) 或接近顯著 (*cyt-b* 序列 $p = 0.1$) 的差異之外，其餘 6 個亞系群及 PTW 系群在族群擴張檢定中都沒有顯著差異，可能經歷了近期的擴張事件。雖然部分亞系群呈現雙峰或多峰型式，但未達顯著差異，而所有系群或亞系群的 Harpending's raggedness index 檢定都未達顯著。

(2) 貝氏天際線

cyt-b 與 D-loop 序列所建構出來的貝氏天際線結果相似，*cyt-b* 序列的貝氏天際線結果 (圖十 (a))，可看出台灣高山田鼠大約在 2~4

萬年前曾發生過族群數量縮減，隨後發生族群大小快速增加，直到一萬年前左右族群數量又再度往下降；D-loop 序列的貝式天際線（圖十一 (a)）族群大小在 4~2 萬年前左右開始快速上升，直到一萬年前左右又開始往下降。

根據親緣關係樹的 4 個主要系群進行貝式天際線的分析（圖十 (b)、圖十一 (b)），除了北大武群 (PTW) 因樣本數過少，無法進行分析之外，大部分系群的貝式天際線也出現族群大小增加，到近期逐漸下降的情形。cyt-*b* 序列的雪山南湖群 (SN)、中央山脈南群 (SCR) 約在 2~4 萬年前曾發生過族群數量略微減少，隨後在 2 萬年前發生族群大小增加，直到 1 萬年前之後族群數量又再度往下降；而中央山脈北群 (NCR) 則是在 2 萬年前到 1 萬年前族群大小略為減少，直到 1 萬年前又快速增加，到近期才又略為減少。D-loop 序列雪山南湖群 (SN) 的貝式天際線大約從 5 萬年前開始逐漸下降，直到 5 千年前才略往上升；中央山脈北群 (NCR) 與中央山脈南群 (SCR) 的貝式天際線皆在 4 萬年前左右族群大小逐漸往上升，直到一萬年前左右又開始往下降。而 3 個主要系群下的 7 個亞系群由於樣本數量較少，所建構出來的貝式天際線多趨於平緩，且後驗值 (posterior) 有效抽樣 (ESS) 偏低，因此不採納 7 個亞系群貝式天際線的分析結果。

八、距離隔離理論檢測

以 Mantel test 檢驗個體間的遺傳距離與地理直線距離的相關性，*cyt-b* 序列呈現顯著正相關， $r = 0.709$, $p = 0.001$ (表十三)；D-loop 序列亦呈現顯著正相關， $r = 0.7207$, $p = 0.001$ (表十四)。台灣高山田鼠族群結構符合距離隔離理論，遺傳距離會隨著地理距離增加而增加。

九、最小成本路徑和直線距離與遺傳距離相關性比較

使用軟體 ArcGIS 計算出來各樣本之間的最小成本路徑 (圖十二)，接著使用軟體 R 進行 Mantel test 檢驗，比較 *cyt-b* 與 D-loop 序列最小成本路徑長、最小成本路徑與成本距離和直線距離跟遺傳距離的相關性 (表十三、表十四、圖十二)。結果最小成本路徑長度 (*cyt-b* 序列 $r = 0.7317$, $p = 0.001$ ；D-loop 序列 $r = 0.7304$, $p = 0.001$) 對於遺傳距離比直線距離有更高的相關性，另外最小成本路徑的成本距離 (*cyt-b* 序列 $r = 0.7671$, $p = 0.001$ ；D-loop 序列 $r = 0.7591$, $p = 0.001$) 又比最小成本路徑長有更高的相關性，推測台灣高山田鼠的遷移路徑會受到海拔高度限制的影響。

討論

台灣高山田鼠的族群遺傳結構

從粒線體 DNA 親緣關係樹與網狀關係圖的結果 (圖二、圖三、圖五、圖六)，台灣高山田鼠可區分成 8 個系群，且所有系群皆有特定的地理分布範圍，顯示台灣高山田鼠的族群結構確實受到地理結構的影響。由於許多基因型僅為單一採集點所獨有，且多數採集點族群之間的 F_{ST} 值 > 0.5 (表九、表十)，顯示不同採集點族群之間多已出現分化，推測台灣高山田鼠在過去間冰期，分布被迫退縮至比現今分布更高海拔的地區，被分隔在數量極多的島嶼狀山頭避難所之中，在長時間的地理隔離之下，不同避難所內的族群逐漸出現遺傳上的差異，而不同系群的基因型在交界地區有出現重疊的現象，應是冰河期不同山區的族群分佈往低海拔的地區擴張，相鄰的系群在交界地帶產生二次接觸 (secondary contact)，但各系群僅在交界地區進行有限度的交流，在還沒有機會進行更頻繁的基因交流之前，台灣高山田鼠分布又再次受到間冰期的影響，退縮回高海拔山區，主要系群之間仍然保有遺傳上的差異。Y 染色體核苷酸變異位點數雖然較少，但是仍然可看出地理上分化，不同的基因型皆有特定的地理分布範圍。

最小成本路徑對遺傳距離的解釋度優於直線距離

cyt-*b* 與 D-loop 片段 Mantel test 的結果皆顯示直線距離與遺傳距離有顯著正相關，顯示台灣高山田鼠的遺傳差異符合距離隔離理論，個體地理距離越遠，遺傳差異越大，但是最小成本路徑與遺傳距離有較高的相關性（表十三、表十四），推測高山田鼠遺傳結構很可能受到地理結構的影響，台灣高山田鼠的播遷路徑應傾向避開低海拔環境，並藉由較高海拔的地區進行擴散，低海拔的地理環境應會對於台灣高山田鼠的擴散造成阻礙。

台灣高山田鼠最小成本路徑與直線距離兩者與遺傳距離的相關性之差異比預期來的小，或許是因為台灣的山脈多呈現南北走向，從圖十二中可看到最小成本路徑也多呈現直線狀，這可能兩者相關性差異不大的原因。

台灣高山田鼠在地質時間上的族群變動

假設高海拔物種分布過去受到冰河週期的影響，那麼預期高海拔物種的族群大小也會隨著間冰期族群分布範圍縮小而下降，並在冰河期族群分布範圍擴張時增加，由於最末次冰期大約從 7 萬年前開始，在 1 萬 6 千年前左右進入冰河極盛期，並在一萬年前結束冰河期進入間冰期 (Zheng et al. 2002)，推測高山物種族群大小應該會在最末次

冰期增加，從 1 萬年前至今日隨著平均溫度上升而逐漸減少。然而如是北美 Ouachita 山區的特有種蝾螈 *Plethodon fourchensis* (Shepard and Burbrink 2009)、墨西哥的花旗松 (*Pseudotsuga menziesii*) (Gugger et al. 2011)、分布在中國西南方海拔 2000-4000 公尺的橙翅噪鷓 (*Garrulax elliotii*) (Qu et al. 2011) 等中高海拔物種的貝式天際線分析結果，從 7 萬年前至今大多是呈現族群大小持續維持穩定或緩升，或是一開始並無明顯變化，直到近期才開始快速增加，並非如原先預期會在 1 萬年前至今日出現族群大小縮減的情形，以 *Plethodon fourchensis* 和的例子來說，冰河期乾燥的氣候使落葉林與針葉林分布範圍縮減，不利於 *Plethodon fourchensis* 生存，反而是間冰期較為潮濕的氣候反而有利森林生長和 *Plethodon fourchensis* 的擴張，這或許是 *Plethodon fourchensis* 從 1 萬年前至今族群大小快速增加的原因 (Shepard and Burbrink 2009)。

從台灣高山田鼠中性檢測的結果僅 *cyt-b* 序列的 SN I 群有顯著偏離零 ($p < 0.05$)，其餘的系群 Tajima's D test 和 Fu 與 Li's test 皆未顯著偏離零，推測族群大小大致上並無明顯變化。而不相合分布分析的結果，除了 NCR I 群以外，其餘的系群皆未顯著偏離族群擴張假說的預期值，顯示大多數的系群可能經歷過近期的族群擴張。*cyt-b* 與 D-loop 序列所建構出來的貝式天際線 (圖十 (a)、圖十一 (a)) 顯示

台灣高山田鼠主要系群約在 4~2 萬年前左右經歷族群量的擴張，隨後在 1 萬年前之後出現族群大小快速下降的情形，與前述的物種不同，台灣高山田鼠在地質時間上的族群變化符合原先預期高海拔物種族群大小會在冰河期增加，且在間冰期減少的推測。台灣高山田鼠的族群大小似乎比其他物種更容易受到冰河期—間冰期氣候震盪的影響，或許是因為台灣高山田鼠對於溫度的變化較敏感、移動能力較弱或是對於乾燥環境的適應力較強等因素影響。

台灣高山田鼠與台灣島內其它物種的族群遺傳結構比較

臺灣島上的地理結構由南北走向的中央山脈橫互其中，位於低海拔地區的物種，像是赤腹松鼠 (*Callosciurus erythraeus*) (Oshida et al. 2006)、拉都希氏赤蛙 (*Rana latouchii*) (Jang-Liaw et al. 2008)、褐樹蛙 (*Buergeria robusta*) (Lin et al. 2012) 等，因為受到中央山脈的阻隔，族群多呈現東西分群。對於棲息在中高海拔地區的物種而言，山脈通常不會阻礙其交流，理論上中高海拔地區物種的族群遺傳結構不會出現東西分群，而是會受到河川與山谷切割的影響，在不同山系之間出現遺傳上的分化。然而台灣中高海拔地區的物種遺傳結構研究，多呈現南北分群，如台灣森鼠 (Hsu et al. 2001)、台灣短尾鼩 (*Anourosorex squamips yamashinai*) (Yuan et al. 2006)、黑腹絨鼠 (*Eothenomys*

melanogaster) (張育誠 2007) 、台灣長鬃山羊 (*Capricornis swinhoei*) (徐秀敏 2002) 、標蛇 (*Achalinus niger*) (謝佳蓉 2006) 等。有些中高海拔地區物種則呈現沒有明顯的地理遺傳差異，如高山白腹鼠 (Hsu et al. 2000) 、白面鼯鼠 (*Petaurista alborufus*) (Oshida et al. 2011) 、藪鳥 (*Liocichla steerii*) (McKay et al. 2010) 等，很少中高海拔地區的物種會如原先預期出現多個地理分群。

台灣高山田鼠的族群遺傳結構出現多個地理分群，或許是因為台灣高山田鼠分布在比其它物種更高海拔的區域，其主要分布在海拔 2500 公尺以上的地區 (Yu 1993, 林良恭 2002) ，是台灣哺乳動物中分布被侷限在最高海拔的物種 (Yu 1994) ，不像森鼠、高山白腹鼠等可分布到海拔 1500 公尺左右的中海拔地區 (Hsu et al. 2000, 2001) ，或是像白面鼯鼠 (Oshida et al. 2011) 和台灣長鬃山羊 (徐秀敏 2002) 等甚至可分布至幾百公尺的低海拔的地區，相較於其它物種，台灣高山田鼠分布棲地較小且分散，在過去間冰期溫度上升，山區物種分布往高海拔地區退縮的時候，台灣高山田鼠分布面積縮小及破碎化的情況會更明顯，不同山區的族群較容易產生遺傳分化。即使在冰河期族群分佈往較低海拔擴張，台灣高山田鼠的擴張的範圍也必然小於其它中高海拔地區的物種，限制不同地區族群交流的程度。

從遺傳變異分析的結果，已知北大武山地區的族群與其它地區的族群有明顯的遺傳差異 (cyt-*b* 序列 Dxy 值 > 5.7 % ; D-loop 序列 Dxy 值 > 6.9 %) ，與其他系群之間的遺傳距離甚至高於一般哺乳動物姊妹種的平均差異 (5%) (Baker and Bradley 2006) ，即使跟地理距離最為相近的美奈田主山 F_{ST} 值也已高達 0.9205 ，可說與其它山系的族群之間，幾乎已經沒有基因交流，推測北大武山與卑南主山之間的中央山脈主脊陷落區 (海拔低於 1700 公尺) 應為北大武地區族群與其它山區族群交流的障礙。理論上其它棲息在北大武山區的中高海拔物種應該也會受到低地的隔離效應，與其它山頭的族群之間出現明顯的遺傳差異，但是台灣森鼠、高山白腹鼠、條紋松鼠等，在北大武山的族群卻沒有與其它地區的族群出現明顯的分化，這段中央山脈陷落區對於這些海拔分布較廣的物種而言，並沒有阻隔效果，然而主要分佈在海拔 2300 公尺以上的玉山金絲桃 (*Hypericum nagasawai*) ，也發現北大武山區的基因型為該族群所獨有，且與其它地區的基因型遺傳差距最遠 (郭福麟 2009) ，推測北大武山應為高海拔物種 (分布海拔高於 2000 公尺) 在南部地區的重要的避難所。

活動能力與戀出生地性

物種活動能力會影響其受地理障礙阻隔的程度，活動能力較強或具飛行能力的物種，若可以輕易的跨越地理障礙，通常不太容易出現

地理上的分群 (Gillespie et al. 2012)。中高海拔地區的物種，即使過去因為面臨不適應的氣候，分布被侷限在不同的避難所之中，逐漸累積遺傳上的變異，然而當氣候轉變，分散在不同避難所的族群開始往外擴張的時候，移動能力強的物種能夠快速的進行遠距離擴散，導致不同系群快速的混合與交流，減少不同地理區域之間的遺傳差異。舉例來說，分布中高海拔的藪鳥具有明顯的遺傳結構與高核苷酸歧異度，但是不同地理區域之間卻沒有明顯的遺傳差異 (McKay et al. 2010)，從台灣高山田鼠明顯的遺傳結構與地理分群，以及遺傳結構符合距離隔離理論，樣本間直線距離與遺傳距離為顯著的正相關的結果來看，台灣高山田鼠的播遷能力有限，不易進行長距離的遷移。

從野外資料以及微衛星 DNA (microsatellite) 的研究已證實台灣高山田鼠為一夫一妻制的物種 (Wu et al. 2012)，平均胚胎數僅 2.1 ± 0.5 個 (呂孟栖 1991)，公鼠與母鼠皆具有照顧子代的行為 (楊怡明 2011)。已知大多數的哺乳類為一夫多妻制，一般來說一夫多妻制 (polygamous) 的物種，由於雄性個體之間的競爭 (male-male competition)，雄性親代會將剛成年的雄性子代趕離出生地，而造成雄性偏差性的播遷 (male-biased dispersal) 現象 (Greenwood 1980, Dobson 1982, Wolff 1993)。而一夫一妻制的物種，理論上由於雌雄個體所受到的競爭壓力相仿，成年個體播遷的性別差異應較小

(Dobson 1982)，且雄性親代與子代之間的交配競爭，應不像一夫多妻制的物種那麼激烈，有較高比例的子代能繼續留在原出生的鄰近地區。田鼠屬中同樣為一夫一妻制的草原田鼠 (*Microtus ochrogaster*)，公鼠與雌鼠皆具有高比例的戀出生地性 (philopatry) (Mcguire et al. 1993)，但母鼠會比公鼠具有更高比例的戀出生地性 (Lucia et al. 2008)，當所在地區環境資源充足，有較高比例的子代會繼續留在出生地附近 (Lin et al. 2006)，推測台灣高山田鼠可能也具有高比例的戀出生地性，有較多的個體會留在原出生地附近進行繁殖，減緩了族群向外擴散以及與不同地區族群間交流的速度，不同地區的族群因而出現較明顯的遺傳分化。法國庇里牛斯山 (Pyrenees) 的高海拔物種岩雷鳥 (*Lagopus muta pyrenaica*) 也因為具有傾向在原出生地繁殖的特性，不易跨越地理障礙，導致不同山區的族群產生遺傳差異 (Bech et al. 2009)。

參考之前的研究，以及分子時鐘估算的結果，台灣高山田鼠過去與根田鼠 (*Microtus oeconomus*) 分歧的時間應在 95 萬年前以內 (Bannikova et al. 2010)，而從台灣高山田鼠具有極高的基因型歧異度 (cyt-*b* h = 0.991; D-loop h = 0.989)，且大部份的基因型僅為單一採集點所獨有，沒有廣布性的基因型來看 (表四)，台灣高山田鼠可能具有極快的鹼基置換速率。已知田鼠屬的物種的演化速率高於一般的哺

乳類 (Conroy and Cook 2000, Triant and DeWoody 2006) ，這或許是台灣高山田鼠比起其它中高海拔物種，能夠快速累積遺傳變異並產生分化的原因。

全球暖化對於高山田鼠的影響

相較於中低海拔地區的物種 高山物種更容易受到歷史的氣候波動與氣候變遷的影響，可以預期隨著全球暖化造成氣溫升高，會迫使中高海拔地區的物種往更高海拔的地區移動，這些高山物種將面臨棲地面積漸縮小與破碎化 (Parmesan 2006) ，使族群面臨瓶頸效應，基因歧異度下降，甚至是族群滅絕的危機 (Bech et al. 2009) 。台灣在過去一百年溫度上升至少 0.6°C (Chou et al. 2011) ，中央山脈植物分佈平均每年上升 3.6 公尺 (Jump et al. 2012) ，未來高山田鼠很可能是台灣的哺乳動物中最早面臨全球暖化威脅的物種，特別是像北大武山這種山頂面積較小的地區，很可能會出現族群數量大量縮減或甚至滅絕的情況。

結論

1. 台灣高山田鼠族群遺傳結構與一般的天空島嶼物種相似，主要山系之間已出現明顯的基因差異，推測台灣高山田鼠在過去間冰期分布被侷限在數量極多的山頭避難所之中，逐漸產生遺傳上的差異。
2. 高山田鼠分佈海拔所估算出來的樣本之間最小成本路徑與成本距離比樣本之間直線距離對樣本間遺傳距離有更高的解釋度，說明台灣高山田鼠的族群交流路徑受到山區地理結構的影響。
3. 台灣高山田鼠在最末次冰河期發生族群擴張，並在冰河期結束後呈現族群大小縮減的情形。
4. 北大武的族群受到長期地理隔離的影響，與其它地區的族群已出現明顯的遺傳差異，推測北大武山在過去間冰期應為適寒性物種在台灣南部地區的一個重要避難所。

引用文獻

- Assefa, A., D. Ehrlich, P. Taberlet, S. Nemomissa, and C. Brochmann. 2007. Pleistocene colonization of afro-alpine 'sky islands' by the arctic-alpine *Arabis alpina*. *Heredity* **99**:133-142.
- Avise, J. C., D. Walker, and G. C. Johns. 1998. Speciation durations and Pleistocene effects on vertebrate phylogeography. *Proceedings of the Royal Society of London Series B-Biological Sciences* **265**:1707-1712.
- Baker, A. J. 2008. Islands in the sky: the impact of Pleistocene climate cycles on biodiversity *Journal of biology* **7**:32.
- Bannikova, A. A., V. S. Lebedev, A. A. Lissovsky, V. Matrosova, N. I. Abramson, E. V. Obolenskaya, and A. S. Tesakov. 2010. Molecular phylogeny and evolution of the Asian lineage of vole genus *Microtus* (Rodentia: Arvicolinae) inferred from mitochondrial cytochrome b sequence. *Biological Journal of the Linnean Society* **99**:595-613.
- Bech, N., J. Boissier, S. Drovetski, and C. Novoa. 2009. Population genetic structure of rock ptarmigan in the 'sky islands' of French Pyrenees: implications for conservation. *Animal Conservation* **12**:138-146.
- Bennett, K. D. and J. Provan. 2008. What do we mean by 'refugia '? *Quaternary Science Reviews* **27**:2449-2455.
- Bennett, K. D., P. C. Tzedakis, and K. J. Willis. 1991. Quaternary Refugia of North European Trees. *Journal of Biogeography* **18**:103-115.
- Brunhoff, C., K. E. Galbreath, V. B. Fedorov, J. A. Cook, and M. Jaarola. 2003. Holarctic phylogeography of the root vole (*Microtus oeconomus*): implications for late Quaternary biogeography of high latitudes. *Molecular Ecology* **12**:957-968.
- Chou, C. H., T. J. Huang, Y. P. Lee, C. Y. Chen, T. W. Hsu, and C. H. Chen. 2011. Diversity of the alpine vegetation in central Taiwan is affected by climate change based on a century of floristic inventories. *Botanical Studies* **52**:503-516.
- Clement, M., D. Posada, and K. A. Crandall. 2000. TCS: a computer program to estimate gene genealogies. *Molecular Ecology* **9**:1657-1659.
- Conroy, C. J. and J. A. Cook. 1999. MtDNA evidence for repeated pulses

- of speciation within arvicoline and murid rodents. *Journal of Mammalian Evolution* **6**:221-245.
- Conroy, C. J. and J. A. Cook. 2000. Molecular systematics of a holarctic rodent (*Microtus* : Muridae). *Journal of Mammalogy* **81**:344-359.
- DeChaine, E. G. and A. P. Martin. 2004. Historic cycles of fragmentation and expansion in *Parnassius smintheus* (Papilionidae) inferred using mitochondrial DNA. *Evolution* **58**:113-127.
- Dobson, F. S. 1982. Competition for Mates and Predominant Juvenile Male Dispersal in Mammals. *Animal Behaviour* **30**:1183-1192.
- Drummond, A. J. and A. Rambaut. 2007. BEAST: Bayesian evolutionary analysis by sampling trees. *Bmc Evolutionary Biology* **7**.
- Etherington, T. R. 2011. Python based GIS tools for landscape genetics: visualising genetic relatedness and measuring landscape connectivity. *Methods in Ecology and Evolution*.
- Excoffier, L. and H. E. L. Lischer. 2010. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources* **10**:564-567.
- Galbreath, K. E. and J. A. Cook. 2004. Genetic consequences of Pleistocene glaciations for the tundra vole (*Microtus oeconomus*) in Beringia. *Molecular Ecology* **13**:135-148.
- Gillespie, R. G., B. G. Baldwin, J. M. Waters, C. I. Fraser, R. Nikula, and G. K. Roderick. 2012. Long-distance dispersal: a framework for hypothesis testing. *Trends in Ecology & Evolution* **27**:47-56.
- Greenwood, P. J. 1980. Mating Systems, Philopatry and Dispersal in Birds and Mammals. *Animal Behaviour* **28**:1140-1162.
- Gugger, P. F., A. Gonzalez-Rodriguez, H. Rodriguez-Correa, S. Sugita, and J. Cavender-Bares. 2011. Southward Pleistocene migration of Douglas-fir into Mexico: phylogeography, ecological niche modeling, and conservation of 'rear edge' populations. *New Phytologist* **189**:1185-1199.
- Hall, T. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. Pages 95-98.
- Harpending, H. C. 1994. Signature of Ancient Population-Growth in a Low-Resolution Mitochondrial-DNA Mismatch Distribution. *Human Biology* **66**:591-600.
- Heled, J. and A. J. Drummond. 2010. Bayesian Inference of Species Trees from Multilocus Data. *Molecular Biology and Evolution* **27**:570-580.

- Hellborg, L. and H. Ellegren. 2003. Y chromosome conserved anchored tagged sequences (YCATS) for the analysis of mammalian male-specific DNA. *Molecular Ecology* **12**:283-291.
- Hewitt, G. M. 1996. Some genetic consequences of ice ages, and their role in divergence and speciation. *Biological Journal of the Linnean Society* **58**:247-276.
- Hewitt, G. M. 2000. The genetic legacy of the Quaternary ice ages. *Nature* **405**:907-913.
- Hewitt, G. M. 2004. Genetic consequences of climatic oscillations in the Quaternary. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series B-Biological Sciences* **359**:183-195.
- Hsu, F. H., F. J. Lin, and Y. S. Lin. 2000. Phylogeographic variation in mitochondrial DNA of Formosan white-bellied rat *Niviventer culturatus*. *Zoological Studies* **39**:38-46.
- Hsu, F. H., F. J. Lin, and Y. S. Lin. 2001. Phylogeographic structure of the Formosan wood mouse, *Apodemus semotus* Thomas. *Zoological Studies* **40**:91-102.
- Huang, J. P. and C. P. Lin. 2011. Lineage-specific late pleistocene expansion of an endemic subtropical gossamer-wing damselfly, *Euphaea formosa*, in Taiwan. *Bmc Evolutionary Biology* **11**.
- Irwin, D. M., T. D. Kocher, and A. C. Wilson. 1991. Evolution of the Cytochrome-B Gene of Mammals. *Journal of Molecular Evolution* **32**:128-144.
- Jang-Liaw, N. H., T. H. Lee, and W. H. Chou. 2008. Phylogeography of *Sylvirana latouchii* (Anura, Ranidae) in Taiwan. *Zoological science* **25**:68-79.
- Jump, A. S., T. J. Huang, and C. H. Chou. 2012. Rapid altitudinal migration of mountain plants in Taiwan and its implications for high altitude biodiversity. *Ecography* **35**:204-210.
- Kebede, M., D. Ehrich, P. Taberlet, S. Nemomissa, and C. Brochmann. 2007. Phylogeography and conservation genetics of a giant lobelia (*Lobelia giberroa*) in Ethiopian and Tropical East African mountains. *Molecular Ecology* **16**:1233-1243.
- Kimura, M. 1980. A Simple Method for Estimating Evolutionary Rates of Base Substitutions through Comparative Studies of Nucleotide-Sequences. *Journal of Molecular Evolution* **16**:111-120.
- Knowles, L. L. 2001. Did the Pleistocene glaciations promote divergence?

- Tests of explicit refugial models in montane grasshoppers.
Molecular Ecology **10**:691-701.
- Kuroda, N. 1920. Mammals of Micronesia collected by Mr. T. Momiyama. *Dôbutsugaku Zasshi* **32**:199-208.
- Lai, J. S. and K. Y. Luei. 2008. Two new *Hynobius* (Caudata : Hynobiidae) salamanders from Taiwan. *Herpetologica* **64**:63-80.
- Lee, Y. H., C. C. Chen, T. K. Liu, H. C. Ho, H. Y. Lu, and W. Lo. 2006. Mountain building mechanisms in the Southern Central Range of the Taiwan Orogenic Belt - From accretionary wedge deformation to arc-continental collision. *Earth and Planetary Science Letters* **252**:413-422.
- Lin, H. D., Y. R. Chen, and S. M. Lin. 2012. Strict consistency between genetic and topographic landscapes of the brown tree frog (*Buergeria robusta*) in Taiwan. *Molecular Phylogenetics and Evolution* **62**:251-262.
- Lin, Y. K., B. Keane, A. Isenhour, and N. G. Solomon. 2006. Effects of patch quality on dispersal and social organization of prairie voles: An experimental approach. *Journal of Mammalogy* **87**:446-453.
- Liu, T. K., Y. G. Chen, W. S. Chen, and S. H. Jiang. 2000. Rates of cooling and denudation of the Early Penglai Orogeny, Taiwan, as assessed by fission-track constraints. *Tectonophysics* **320**:69-82.
- Lucia, K. E., B. Keane, L. D. Hayes, Y. K. Lin, R. L. Schaefer, and N. G. Solomon. 2008. Philopatry in prairie voles: an evaluation of the habitat saturation hypothesis. *Behavioral Ecology* **19**:774-783.
- Masta, S. E. 2000. Phylogeography of the jumping spider *Habronattus pugillis* (Araneae : Salticidae): Recent vicariance of sky island populations? *Evolution* **54**:1699-1711.
- Mayr, E. and J. M. Diamond. 1976. Birds on islands in the sky: origin of the montane avifauna of Northern Melanesia. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **73**:1765.
- McCormack, J. E., B. S. Bowen, and T. B. Smith. 2008. Integrating paleoecology and genetics of bird populations in two sky island archipelagos. *BMC biology* **6**.
- Mcguire, B., L. L. Getz, J. E. Hofmann, T. Pizzuto, and B. Frase. 1993. Natal Dispersal and Philopatry in Prairie Voles (*Microtus ochrogaster*) in Relation to Population-Density, Season, and Natal Social-Environment. *Behavioral Ecology and Sociobiology* **32**:293-302.

- McKay, B. D., H. L. Mays, Y. W. Peng, K. H. Kozak, C. T. Yao, and H. W. Yuan. 2010. Recent range-wide demographic expansion in a Taiwan endemic montane bird, Steere's Liocichla (*Liocichla steerii*). *Bmc Evolutionary Biology* **10**.
- 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.
- Oshida, T., J. K. Lee, L. K. Lin, and Y. J. Chen. 2006. Phylogeography of Pallas's squirrel in Taiwan: Geographical isolation in an arboreal small mammal. *Journal of Mammalogy* **87**:247-254.
- Oshida, T., L. K. Lin, S. W. Chang, Y. J. Chen, and J. K. Lin. 2011. Phylogeography of two sympatric giant flying squirrel subspecies, *Petaurista alborufus lena* and *P. philippensis grandis* (Rodentia: Sciuridae), in Taiwan. *Biological Journal of the Linnean Society* **102**:404-419.
- Parnesan, C. 2006. Ecological and evolutionary responses to recent climate change. *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics* **37**:637-669.
- Posada, D. 2003. Using Modeltest and PAUP* to select a model of nucleotide substitution. Pages 6.5.1–6.5.14 in A. Baxevanis, D. Davison, R. Page, G. Petsko, L. Stein, and G. Stormo, editors. *Current protocols in bioinformatics*. John Wiley & Sons, New York.
- Posada, D. 2008. jModelTest: phylogenetic model averaging. *Molecular Biology and Evolution* **25**:1253.
- Powledge, F. 2003. Island biogeography's lasting impact. *Bioscience* **53**:1032-1038.
- Qu, Y. H., X. Luo, R. Y. Zhang, G. Song, F. S. Zou, and F. M. Lei. 2011. Lineage diversification and historical demography of a montane bird *Garrulax elliotii* - implications for the Pleistocene evolutionary history of the eastern Himalayas. *Bmc Evolutionary Biology* **11**.
- R Development Core Team. 2011. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria
- Robin, V. V., M. Katti, C. Purushotham, A. Sancheti, and A. Sinha. 2011. Singing in the sky: song variation in an endemic bird on the sky

- islands of southern India. *Animal Behaviour* **82**:513-520.
- Robin, V. V., A. Sinha, and U. Ramakrishnan. 2010. Ancient Geographical Gaps and Paleo-Climatic Shape the Phylogeography of an Endemic Bird in the Sky Islands of Southern India. *PloS one* **5**.
- Schoville, S. D. and G. K. Roderick. 2009. Alpine biogeography of Parnassian butterflies during Quaternary climate cycles in North America. *Molecular Ecology* **18**:3471-3485.
- Shepard, D. B. and F. T. Burbrink. 2009. Phylogeographic and demographic effects of Pleistocene climatic fluctuations in a montane salamander, *Plethodon fourchensis*. *Molecular Ecology* **18**:2243-2262.
- Sibuet, J. C. and S. K. Hsu. 2004. How was Taiwan created? *Tectonophysics* **379**:159-181.
- Smith, M. F. and J. L. Patton. 1993. The diversification of South American murid rodents: evidence from mitochondrial DNA sequence data for the akodontine tribe. *Biological Journal of the Linnean Society* **50**:149-177.
- Stewart, J. R., A. M. Lister, I. Barnes, and L. Dalen. 2010. Refugia revisited: individualistic responses of species in space and time. *Proceedings of the Royal Society B-Biological Sciences* **277**:661-671.
- Taberlet, P. and R. Cheddadi. 2002. Quaternary refugia and persistence of biodiversity. *Science* **297**:2009-2010.
- Tamura, K., D. Peterson, N. Peterson, G. Stecher, M. Nei, and S. Kumar. 2011. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Molecular Biology and Evolution* **28**:2731-2739.
- Tavare, S. 1986. Some Probabilistic and Statistical Problems in the Analysis of DNA Sequences. Pages 57-86 Miura, R. M.
- Thompson, J. D., D. G. Higgins, and T. J. Gibson. 1994. ClustalW: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research* **22**:4673-4680.
- Tian, S., J. Lopez-Pujol, H. W. Wang, S. Ge, and Z. Y. Zhang. 2010. Molecular evidence for glacial expansion and interglacial retreat

- during Quaternary climatic changes in a montane temperate pine (*Pinus kwangtungensis* Chun ex Tsiang) in southern China. *Plant Systematics and Evolution* **284**:219-229.
- Triant, D. A. and J. A. DeWoody. 2006. Accelerated molecular evolution in *Microtus* (Rodentia) as assessed via complete mitochondrial genome sequences. *Genetica* **128**:95-108.
- Voris, H. K. 2000. Maps of Pleistocene sea levels in Southeast Asia: shorelines, river systems and time durations. *Journal of Biogeography* **27**:1153-1167.
- Wolff, J. O. 1993. What Is the Role of Adults in Mammalian Juvenile Dispersal. *Oikos* **68**:173-176.
- Wright, S. 1943. Isolation by distance. *Genetics* **28**:114-138.
- Wu, J. S., P. J. Chiang, and L. K. Lin. 2012. Monogamous System in the Taiwan Vole *Microtus kikuchii* Inferred from Microsatellite DNA and Home Ranges. *Zoological Studies* **51**:204-212.
- Yu, H. T. 1993. Natural-History of Small Mammals of Subtropical Montane Areas in Central Taiwan. *Journal of Zoology* **231**:403-422.
- Yu, H. T. 1994. Distribution and Abundance of Small Mammals Along a Subtropical Elevational Gradient in Central Taiwan. *Journal of Zoology* **234**:577-600.
- Yu, H. T. 1995. Patterns of Diversification and Genetic Population-Structure of Small Mammals in Taiwan. *Biological Journal of the Linnean Society* **55**:69-89.
- Yuan, S. L., L. K. Lin, and T. Oshida. 2006. Phylogeography of the mole-shrew (*Anourosorex yamashinai*) in Taiwan: implications of interglacial refugia in a high-elevation small mammal. *Molecular Ecology* **15**:2119-2130.
- Zheng, B., Q. Xu, and Y. Shen. 2002. The relationship between climate change and Quaternary glacial cycles on the Qinghai-Tibetan Plateau: review and speculation. *Quaternary International* **97**:93-101.
- 呂孟栖。1991。合歡山地區台灣高山田鼠 (*Microtus kikuchii*) 的生態與生殖研究。東海大學生物學研究所碩士論文。
- 李徵葳。2010。臺灣中部山區地景因子對台灣高山田鼠 (*Microtus*

- kikuchii*) 和台灣森鼠 (*Apodemus semotus*) 族群遺傳結構之影響。臺灣大學生態學與演化生物學研究所碩士論文。
- 林良恭。2002。玉山國家公園之高山島嶼生態學哺乳類保育遺傳研究。內政部營建署玉山國家公園管理處委託研究報告。
- 徐秀敏。2002。以粒線體核酸分析探討台灣長鬃山羊之親緣關係與生物地理。國立中山大學生物科學系研究所碩士論文。
- 張育誠。2007。台灣黑腹絨鼠族群分化之研究。東海大學生命科學系碩士論文。
- 郭福麟。2009。玉山金絲桃之族群遺傳研究。國立臺灣師範大學生命科學系碩士論文。
- 楊怡明。2011。一夫一妻制台灣高山田鼠 (*Microtus kikuchii*) 父親照顧對子代發育之影響。東海大學生命科學系碩士論文。
- 謝佳蓉。2006。台灣產標蛇屬之親緣地理。國立中山大學生物科學系碩士論文。

表目

表一、台灣高山田鼠採集樣點資訊及分析序列數目。.....	51
表二、聚合酶連鎖反應 (PCR) 引子序列。.....	52
表三、圖四物種樹 (Species tree) 分歧時間推算的結果。..	52
表四、所有粒線體 <i>cyt-b</i> 與 D-loop 以及 Y 染色體基因型在 台灣採集地點的分佈。.....	53
表五、本研究中高山田鼠 <i>cyt-b</i> 序列主要系群的序列數量、基 因型數量、核苷酸置換變異位點數、簡約資訊位點數、核 苷酸歧異度、基因型歧異度及中性假說檢定 (Tajima's D test、Fu and Li's D test 和 Fu and Li's F*) 結果。.....	54
表六、本研究中高山田鼠 D-loop 序列主要系群的序列數量、 基因型數量、核苷酸置換變異位點數、簡約資訊位點數、 核苷酸歧異度、基因型歧異度及中性假說檢定 (Tajima's D test、Fu and Li's D test 和 Fu and Li's F*) 結果。.....	55
表七、 <i>cyt-b</i> 序列各系群間核苷酸置換之平均數。。	56
表八、D-loop 各系群間核苷酸置換之平均數。。	57
表九、 <i>cyt-b</i> 序列兩兩族群間遺傳分化指數與基因交流指數。	58
表十、D-loop 序列兩兩族群間遺傳分化指數與基因交流指 數。.....	59

表十一、 根據海拔 2000 公尺等高線劃分成 4 個地理區域 (雪山山脈、白姑大山、中央山脈、北大武山) 進行分子變方分析的結果。	60
表十二、 根據親緣關係樹 4 個主要系群的地理分佈，劃分成 4 個地理區域 (SN、NCR、SCR、PTW) 進行分子變方分析的結果。	61
表十三、 <i>cyt-b</i> 基因遺傳距離與地理直線距離、最小成本路徑距離、最小成本距離 cost 的相關性。	62

圖目

圖一、台灣高山田鼠樣本採集地點。.....	63
圖二、 <i>cyt-b</i> 序列所建構的貝氏親緣關係樹。.....	64
圖三、D-loop 序列所建構的貝氏親緣關係樹。.....	65
圖四、合併分析 <i>cyt-b</i> 和 D-loop 序列所建構的物種樹 (species tree) 。.....	66
圖五、 <i>cyt-b</i> 最大統計簡約網狀關係圖。.....	67
圖六、D-loop 最大統計簡約網狀關係圖。.....	68
圖七、合併 Y 染色體 DBY7、DBY11 和 DBY14 序列所建構的最大統計簡約網狀關係圖。.....	69
圖八 (a)、 <i>cyt-b</i> 序列 4 個主要系群的不相合分布圖。.....	70
圖九 (a)、D-loop 序列 4 個主要系群的不相合分布圖。.....	72
圖十 (a)、 <i>cyt-b</i> 序列貝式天際線。.....	74
圖十一 (a)、D-loop 序列貝式天際線。.....	76
圖十二、使用 40m X 40m 數位高程模型設定不同海拔的成本值及台灣高山田鼠不同採集樣本對應的最小成本路徑。.....	78
圖十三、遺傳距離與三種地理距離 (直線距離、LCP 距離、LCP 成本值距離) 的散佈圖.....	79

表一、台灣高山田鼠採集樣點資訊及分析序列數目。

編號	縣/市	鄉鎮市區	地點	代號	海拔高度(m)	經緯度	N
1	台中	和平	369 山莊-雪山主峰	SS	3140-3886	24.38°N 121.23°E	13
2	台中	和平	大雪山森林遊樂區天池	DS	2580	24.28°N 121.03°E	1
3	台中	和平	品田山-桃山	SH	3000-3320	24.43°N 121.30°E	6
4	宜蘭	大同	思源啞口	SY	2200	24.39°N 121.36°E	6
5	台中	和平	南湖大山	NH	2940-3400	24.37°N 121.44°E	9
6	花蓮	秀林	合歡山	HH	2920-3250	24.15°N 121.28°E	21
7	南投	仁愛	白姑大山東南峰	PK	3027-3056	24.20°N 121.13°E,	9
8	南投	仁愛	能高天池山莊	NG	2840	24.05°N 121.28°E	5
9	南投	仁愛	三叉峰-牧山	GCW	3027-3226	23.87°N 121.15°E	2
10	南投	信義	丹大林道七分所	DK	2380	23.74°N 121.15°E	3
11	花蓮	卓溪	瑞穗林道	RS	2500	23.56°N 121.25°E	5
12	南投	信義	西巒大山	HL	2783-2880	23.70°N 120.94°E	2
13	嘉義	阿里山	阿里山森林遊樂區	AL	2250-2600	23.52°N 120.82°E	5
14	嘉義	阿里山	塔塔加	TTK	2560-2850	23.47°N 120.91°E	7
15	嘉義	阿里山	玉山圓峰-玉山南峰	Y	3500-3844	23.46°N 120.95°E	12
16	南投	信義	觀高-八通關	BTG	2500-3500	23.49°N 121.03°E	10
17	高雄	桃源	關山	K	3100-3600	120.91°E, 23.23°N	10
18	高雄	桃源	塔關山登山口	TK	2550	120.95°E, 23.27°N	2
19	台東	海瑞	向陽森林遊樂區	SHY	2340	120.99°E, 23.25°N	1
20	台東	延平	美奈田主山	MNT	2857-2932	121.00°E, 22.98°N	4
21	屏東	泰武	北大武山	PTW	2649-2823	120.75°E, 22.62°N	3

表二、聚合酶連鎖反應 (PCR) 引子序列。

基因	引子	序列	來源
cyt- <i>b</i>	MVZ 05	CGAAGCTTGATATGAAAACCATCGTTG	Smith and Patton, 1993
	Micro06	GGATTATTTGATCCTGTTTCGT	Galbreath and Cook 2004
	Arvic07	AAAGCCACCCTCACACGATT	Brunhoff et al. 2003
	VOLE14	TTTCATTACTGGTTTACAAGAC	Conroy and Cook, 1999
D-loop	L15933	CTCTGGTCTTGTAACCAAAAATG	Oshida <i>et al.</i> , 2000
	H637	AGGACCAAACCTTTGTGTTTATG	
DBY7	Y9	GGTCCAGGAGARGCTTTGAA	Hellborg and Ellegren, 2003
	Y10	CAGCCAATTCTCTTGTGGG	
DBY11	Y3	TCTTTTTGGCTGTAGGCAGAGTA	
	Y4	TGGTGAAGGGCCTCCTCTCG	
DBY14	Y11	CAAGAAGTGCCTTCTTGGTTG	
	Y12	GGCTCCAAATCCTCCACTG	

表三、圖四物種樹 (Species tree) 分歧時間推算的結果。節點名稱與圖四中的節點名稱相對應，分歧時間為中值 (median)，95 % HPD 表示分歧時間的 95 % 的可信賴區間。

Node	Age	95 % HPD
t1	0.6226	0.4341-0.7604
t2	0.4261	0.3104-0.5295
t3	0.2447	0.1949-0.2950
t4	0.1137	0.0793-0.1494
t5	0.1075	0.0609-0.1646
t6	0.036	0.0204-0.0605
t7	0.0314	0.0195-0.0465
t8	0.0218	0.0124-0.0331

表四、所有粒線體 *cyt-b* 與 D-loop 以及 Y 染色體基因型在台灣採集地點的分佈，括號中的數字為基因型的個體數，兩個以上族群間共有的基因型以粗體表示。

編號	代號	N	C-ytb 基因型編號	D-loop 基因型編號	Y 染色體
1	SS	13	CH01(2)、CH02(1)、CH03(3)、CH04(1)、 CH05(1)、CH06(2)、CH07(2)、CH08(1)	DH01(2) 、 DH02(1) 、 DH03(3) 、 DH04(1)、DH05(1)、DH06(2)、DH07(3)	Y1 (2)、Y2(3)
2	DS	1	CH9(1)	DH08(1)	Y1 (1)
3	SH	6	CH10(5)、CH11(1)	DH09 (5)、DH10(1)	Y1 (3)
4	SY	6	CH12(2)、CH13(2)、CH14(1)、CH15(1)	DH11(5)、DH12(1)	Y1 (3)
5	NH	9	CH16(1)、CH17(2)、CH18(2)、CH19(1)、 CH20(1)、CH21(1)、 CH22 (1)	DH09 (1) 、 DH13(1) 、 DH14(2) 、 DH15(1)、DH16(1)、 DH17 (3)	Y1 (4)
6	HH	21	CH22 (2) 、 CH23(2) 、 CH24(1) 、 CH25(1)、CH26(3)、CH27(3)、CH28(1)、 CH29(1)、CH30(1)、CH31(1)、CH32(1)、 CH33(1)、CH34(1)、CH35(2)	DH17 (2) 、 DH18(2) 、 DH19(1) 、 DH20(5) 、 DH21(1) 、 DH22(1) 、 DH23(4) 、 DH24(1) 、 DH25(2) 、 DH26(1)、DH27(1)	Y1 (9)、Y3(1)
7	PK	9	CH36(4)、CH37(1)、CH38(3)、CH39(1)	DH28(4)、DH29(1)、DH30(3)、DH31(1)	Y4(5)
8	NG	5	CH40(1)、CH41(1)、CH42(2)、CH43(1)	DH32(1) 、 DH33(1) 、 DH34(1) 、 DH35(1)、DH36(1)	Y1 (3)
9	GCW	2	CH44(1)、CH45(1)	DH37(1)、DH38(1)	
10	DK	3	CH46(1)、CH47(2)	DH39(2)、DH40(1)	Y1 (1)
11	RS	5	CH48(3)、CH49(1)、CH50(1)	DH41(3)、DH42(1)、DH43(1)	Y5 (2)
12	HL	2	CH51(2)	DH44(2)	
13	AL	5	CH52(3)、 CH53 (1)、CH54(1)	DH45(1) 、 DH46(1) 、 DH47(1) 、 DH48(1)、DH49(1)	Y5 (1)
14	TTK	7	CH55(2) 、 CH56(1) 、 CH57 (2) 、 CH58(1)、CH59(1)	DH50 (2) 、 DH51(1) 、 DH52 (2) 、 DH53(1)、DH54(1)	
15	Y	12	CH53 (2) 、 CH57 (1) 、 CH60(1) 、 CH61(1)、CH62(2)、CH63(1)、CH64(1)、 CH65(3)、CH66(1)	DH52 (1) 、 DH55(3) 、 DH56(1) 、 DH57(1) 、 DH58(1) 、 DH59(2) 、 DH60(2)、DH61(1)、DH62(1)	Y5 (4)
16	BTG	10	CH53 (2) 、 CH67(1) 、 CH68(1) 、 CH69(1)、CH70(1)、CH71(3)、CH72(1)	DH50 (1) 、 DH60 (1) 、 DH63(3) 、 DH64(2)、DH65(2)、DH66(1)	Y5 (5)
17	K	10	CH73 (3) 、 CH74(3) 、 CH75(1) 、 CH76(1)、CH77(1)	DH67 (3) 、 DH68(1) 、 DH69(1) 、 DH70(1)、DH71(2)、DH72(2)	Y6 (5)、Y7(1)、 Y8(1)
18	TK	2	CH73 (1)、CH78(1)	DH67 (1)、DH73(1)	Y6 (1)
19	SHY	1	CH79(1)	DH67 (1)	
20	MNT	4	CH80(1)、CH81(2)、CH82(1)	DH74(2)、DH75(1)、DH76(1)	Y6 (1)
21	PTW	3	CH83(1)、CH84(1)、CH85(1)	DH77(1)、DH78(1)、DH79(1)	Y9(2)

表五、本研究中高山田鼠 *cyt-b* 序列主要系群的序列數量、基因型數量、核苷酸置換變異位點數、簡約資訊位點數、核苷酸歧異度、基因型歧異度及中性假說檢定 (Tajima's D test、Fu and Li's D test 和 Fu and Li's F*) 結果。

分群	序列數量 (Haplotype)	基因型 數量	核苷酸置換變 異位點 (substitution Variable Site)	簡約資訊位點 (Parsimony Informative Sites)	核苷酸 歧異度 (π)	基因型 歧異度 (h)	Tajima's D	Fu & Li's D	Fu & Li's F*
Taiwan	136	85	187	150	0.02875	0.991	-0.269, $p > 0.1$	-0.45761, $p > 0.1$	-0.445, $p > 0.1$
SN	33	20	53	37	0.01343	0.962	0.64726, $p > 0.1$	-0.35061, $p > 0.1$	-0.01784, $p > 0.1$
SN I	19	10	35	9	0.00468	0.906	-1.86580, $p < 0.05^*$	-2.43693, $p < 0.05^*$	-2.63756, $p < 0.05^*$
SN II	14	10	12	5	0.0022	0.956	-1.3266, $p > 0.1$	-1.05661, $p > 0.1$	-1.2925, $p > 0.1$
NCR	42	27	57	45	0.01595	0.974	1.33878, $p > 0.1$	0.22584, $p > 0.1$	0.73768, $p > 0.1$
NCR I	20	11	19	13	0.00573	0.926	0.84163, $p > 0.1$	-0.1011, $p > 0.1$	0.20418, $p > 0.1$
NCR II	22	16	36	18	0.00626	0.965	-1.06753, $p > 0.1$	-1.25873, $p > 0.1$	-1.40291, $p > 0.1$
SCR	58	35	82	56	0.01452	0.977	-0.37095, $p > 0.1$	-1.14813, $p > 0.1$	-1.01843, $p > 0.1$
SCR I	25	13	16	11	0.00261	0.93	-1.20138, $p > 0.1$	-0.43741, $p > 0.1$	-0.78464, $p > 0.1$
SCR II	17	12	33	17	0.00586	0.949	-1.36985, $p > 0.1$	-0.97342, $p > 0.1$	-1.25817, $p > 0.1$
SCR III	16	10	26	14	0.00573	0.917	-0.67275, $p > 0.1$	-0.69889, $p > 0.1$	-0.79794, $p > 0.1$
PTW	3	3	8	0	0.00467	1	-	-	-

- 代表樣本數過低無法進行計算

表六、本研究中高山田鼠 D-loop 序列主要系群的序列數量、基因型數量、核苷酸置換變異位點數、簡約資訊位點數、核苷酸歧異度、基因型歧異度及中性假說檢定 (Tajima's D test、Fu and Li's D test 和 Fu and Li's F*) 結果。

分群	序列 數量	基因型 (Haplotype) 數量	核苷酸置換變 異位點 (substitution Variable Site)	簡約資訊位點 (Parsimony Informative Sites)	核苷酸 歧異度 (π)	基因型 歧異度(h)	Tajima's D	Fu & Li's D	Fu & Li's F*
Taiwan	136	79	112	87	0.03913	0.989	0.1778, $p > 0.1$	0.96444, $p > 0.1$	0.73293, $p > 0.1$
SN	33	17	49	27	0.01957	0.936	0.04858, $p > 0.1$	-1.50263, $p > 0.1$	-1.162, $p > 0.1$
SN I	19	9	20	6	0.0057	0.895	-1.40168, $p > 0.1$	-2.0788, $0.10 > p > 0.05$	-2.18384, $0.10 > p > 0.05$
SN II	14	9	42	14	0.01319	0.879	-1.64648, $p > 0.1$	-1.62939, $p > 0.1$	-1.87642, $p > 0.1$
NCR	42	24	45	35	0.0189	0.961	0.51838, $p > 0.1$	0.1266, $p > 0.1$	0.31402, $p > 0.1$
NCR I	20	10	22	17	0.01245	0.911	1.07566, $p > 0.1$	0.37479, $p > 0.1$	0.67612, $p > 0.1$
NCR II	22	14	29	17	0.01038	0.926	-0.65587, $p > 0.1$	-0.73292, $p > 0.1$	-0.82861, $p > 0.1$
SCR	58	36	63	55	0.02676	0.98	0.59764, $p > 0.1$	0.81544, $p > 0.1$	0.87657, $p > 0.1$
SCR I	25	17	40	15	0.01007	0.963	-1.5677, $p > 0.1$	-2.117, $0.10 > p > 0.05$	-2.28228, $0.10 > p > 0.05$
SCR II	17	10	28	22	0.01238	0.934	-0.18864, $p > 0.1$	0.51594, $p > 0.1$	0.36409, $p > 0.1$
SCR III	16	9	21	19	0.01163	0.936	0.39166, $p > 0.1$	1.13367, $p > 0.1$	1.06963, $p > 0.1$
PTW	3	3	11	0	0.01153	1	-	-	-

表七、 *cyt-b* 序列各系群間核苷酸置換之平均數。對角線以上: 校正後系群間核苷酸置換之平均數 (Da) , 對角線: 系群內核苷酸置換之平均數 (Dx) , 對角線以下: 系群間核苷酸置換之平均數 (Dxy) 。

(a) 4 個主要系群

	SN	NCR	SCR	PTW
SN	0.0140	0.0258	0.0249	0.0504
NCR	0.0361	0.0067	0.0293	0.0523
SCR	0.0379	0.0387	0.0121	0.0559
PTW	0.0597	0.0581	0.0643	0.0047

(b) 7 個亞系群與北大武群 (PTW)

	SN I	SN II	NCR I	NCR II	SCR I	SCR II	SCR III	PTW
SN I	0.0031	0.0206	0.0326	0.0282	0.0341	0.0292	0.0371	0.0572
SN II	0.0241	0.0038	0.0293	0.0282	0.0329	0.0308	0.0331	0.0537
NCR I	0.0375	0.0345	0.0067	0.0207	0.0310	0.0320	0.0382	0.0523
NCR II	0.0324	0.0329	0.0268	0.0054	0.0318	0.0295	0.0359	0.0527
SCR I	0.0378	0.0370	0.0365	0.0367	0.0050	0.0160	0.0136	0.0551
SCR II	0.0332	0.0352	0.0379	0.0347	0.0206	0.0043	0.0180	0.0582
SCR III	0.0406	0.0370	0.0436	0.0406	0.0180	0.0221	0.0039	0.0637
PTW	0.0611	0.0580	0.0581	0.0577	0.0599	0.0627	0.0680	0.0047

表八、 D-loop 各系群間核苷酸置換之平均數。對角線以上: 校正後系群間核苷酸置換之平均數 (Da) , 對角線: 系群內核苷酸置換之平均數 (Dx) , 對角線以下: 系群間核苷酸置換之平均數 (Dxy) 。

(a) 4 個主要系群

	SN	NCR	SCR	PTW
SN	0.0190	0.0291	0.0367	0.0722
NCR	0.0484	0.0197	0.0194	0.0570
SCR	0.0607	0.0438	0.0290	0.0634
PTW	0.0876	0.0727	0.0838	0.0118

(b) 7 個亞系群與北大武群 (PTW)

	SN I	SN II	NCR I	NCR II	SCR I	SCR II	SCR III	PTW
SN I	0.0057	0.0292	0.0333	0.0438	0.0529	0.0482	0.0552	0.0825
SN II	0.0337	0.0033	0.0400	0.0454	0.0561	0.0546	0.0532	0.0741
NCR I	0.0425	0.0479	0.0126	0.0156	0.0333	0.0319	0.0404	0.0637
NCR II	0.0520	0.0524	0.0273	0.0108	0.0334	0.0260	0.0321	0.0585
SCR I	0.0595	0.0614	0.0433	0.0426	0.0132	0.0303	0.0304	0.0723
SCR II	0.0577	0.0629	0.0448	0.0380	0.0406	0.0075	0.0220	0.0722
SCR III	0.0635	0.0603	0.0521	0.0430	0.0396	0.0341	0.0109	0.0742
PTW	0.0912	0.0816	0.0758	0.0697	0.0819	0.0847	0.0856	0.0118

表九、 *cyt-b* 序列兩兩族群間遺傳分化指數與基因交流指數。對角線下方為 F_{ST} ，對角線上方為 Nm 值。

	SS	DS	SH	SY	NH	HH	PK	NG	GCW	DK	RS	HL	AL	TTK	Y	BTG	K	TK	SHY	MNT	PTW
SS		-	1.454	0.040	0.156	0.114	0.025	0.038	0.040	0.026	0.036	0.019	0.025	0.057	0.082	0.086	0.024	0.046	-	0.040	0.024
DS	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SH	0.147	-		0.068	0.220	0.128	0.034	0.050	0.050	0.037	0.050	0.028	0.034	0.068	0.095	0.100	0.035	0.059	-	0.051	0.031
SY	0.862	-	0.785		1.495	0.086	0.010	0.017	0.019	0.007	0.016	0.005	0.011	0.036	0.056	0.058	0.011	0.032	-	0.027	0.015
NH	0.616	-	0.532	0.143		0.270	0.099	0.103	0.097	0.080	0.087	0.062	0.077	0.114	0.150	0.152	0.070	0.102	-	0.098	0.056
HH	0.688	-	0.661	0.745	0.480		0.194	0.493	0.302	0.215	0.090	0.065	0.077	0.123	0.165	0.162	0.068	0.099	-	0.092	0.057
PK	0.911	-	0.880	0.963	0.717	0.564		0.021	0.026	0.010	0.014	0.004	0.010	0.035	0.055	0.055	0.009	0.027	-	0.021	0.015
NG	0.869	-	0.835	0.936	0.708	0.336	0.923		0.111	0.054	0.023	0.010	0.016	0.045	0.071	0.070	0.016	0.037	-	0.031	0.019
GCW	0.862	-	0.833	0.930	0.721	0.453	0.905	0.693		0.146	0.023	0.011	0.019	0.046	0.069	0.067	0.016	0.034	-	0.029	0.021
DK	0.906	-	0.873	0.971	0.758	0.538	0.963	0.823	0.632		0.012	0.002	0.008	0.035	0.056	0.055	0.007	0.025	-	0.019	0.014
RS	0.874	-	0.834	0.939	0.743	0.735	0.946	0.915	0.918	0.954		0.031	0.028	0.102	0.214	0.417	0.038	0.092	-	0.067	0.018
HL	0.930	-	0.900	0.982	0.801	0.793	0.985	0.962	0.958	0.993	0.891		0.009	0.061	0.109	0.130	0.013	0.053	-	0.037	0.010
AL	0.909	-	0.879	0.958	0.766	0.766	0.962	0.940	0.931	0.969	0.900	0.96		0.543	0.480	0.287	0.020	0.062	-	0.051	0.015
TTK	0.815	-	0.788	0.873	0.687	0.671	0.877	0.846	0.844	0.877	0.710	0.80	0.315		55.306	1.450	0.072	0.148	-	0.121	0.030
Y	0.753	-	0.726	0.817	0.625	0.602	0.821	0.780	0.785	0.817	0.538	0.70	0.343	0.005		-28.028	0.117	0.223	-	0.183	0.042
BTG	0.744	-	0.714	0.813	0.622	0.607	0.820	0.782	0.790	0.819	0.375	0.66	0.465	0.147	-0.009		0.129	0.241	-	0.193	0.043
K	0.912	-	0.878	0.957	0.781	0.787	0.965	0.940	0.939	0.972	0.867	0.95	0.927	0.776	0.681	0.659		6.637	-	0.144	0.014
TK	0.845	-	0.810	0.886	0.709	0.717	0.904	0.872	0.879	0.911	0.730	0.82	0.800	0.628	0.529	0.510	0.036		-	0.361	0.025
SHY	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
MNT	0.863	-	0.832	0.904	0.718	0.731	0.923	0.891	0.895	0.929	0.788	0.871	0.831	0.673	0.578	0.565	0.634	0.409	-		0.022
PTW	0.911	-	0.890	0.944	0.818	0.814	0.945	0.930	0.924	0.947	0.932	0.962	0.943	0.892	0.856	0.853	0.947	0.908	-	0.921	

- 代表樣本數過低無法進行計算

表十、D-loop 序列兩兩族群間遺傳分化指數與基因交流指數。對角線下方為 F_{ST} ，對角線上方為 Nm 值。

	SS	DS	SH	SY	NH	HH	PK	NG	GCW	DK	RS	HL	AL	TTK	Y	BTG	K	TK	SHY	MNT	PTW
SS		-	0.835	0.030	0.295	0.087	0.035	0.038	0.049	0.036	0.045	0.014	0.027	0.053	0.087	0.092	0.031	0.033	-	0.029	0.030
DS	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SH	0.231	-		0.065	0.444	0.104	0.053	0.052	0.065	0.049	0.059	0.027	0.039	0.064	0.100	0.108	0.042	0.044	-	0.041	0.041
SY	0.894	-	0.795		0.611	0.058	0.013	0.021	0.030	0.020	0.027	0.002	0.012	0.035	0.062	0.068	0.018	0.021	-	0.016	0.024
NH	0.458	-	0.360	0.291		0.402	0.224	0.186	0.271	0.181	0.153	0.098	0.123	0.167	0.238	0.247	0.124	0.126	-	0.129	0.098
HH	0.742	-	0.706	0.813	0.384		0.185	0.484	0.391	0.195	0.129	0.066	0.093	0.143	0.238	0.236	0.090	0.092	-	0.096	0.070
PK	0.877	-	0.826	0.950	0.527	0.575		0.052	0.082	0.053	0.049	0.010	0.032	0.072	0.133	0.124	0.029	0.031	-	0.025	0.031
NG	0.869	-	0.829	0.923	0.573	0.341	0.828		0.182	0.115	0.076	0.025	0.039	0.081	0.145	0.146	0.053	0.056	-	0.048	0.043
GCW	0.836	-	0.793	0.893	0.480	0.390	0.753	0.579		0.563	0.069	0.027	0.043	0.081	0.140	0.145	0.054	0.057	-	0.050	0.045
DK	0.875	-	0.837	0.925	0.581	0.562	0.824	0.684	0.308		0.059	0.021	0.035	0.070	0.117	0.125	0.051	0.056	-	0.040	0.037
RS	0.847	-	0.808	0.904	0.620	0.660	0.837	0.767	0.784	0.810		0.083	0.065	0.133	0.274	0.414	0.091	0.094	-	0.084	0.042
HL	0.946	-	0.902	0.990	0.719	0.792	0.961	0.908	0.902	0.924	0.750		0.014	0.051	0.109	0.143	0.036	0.042	-	0.025	0.023
AL	0.904	-	0.864	0.956	0.670	0.729	0.886	0.866	0.854	0.877	0.794	0.949		0.433	0.609	0.397	0.039	0.044	-	0.033	0.031
TTK	0.825	-	0.795	0.878	0.600	0.636	0.776	0.756	0.755	0.782	0.652	0.830	0.366		39.496	1.412	0.100	0.103	-	0.090	0.050
Y	0.741	-	0.714	0.800	0.513	0.512	0.654	0.634	0.641	0.681	0.477	0.696	0.291	0.006		6.244	0.160	0.161	-	0.155	0.075
BTG	0.731	-	0.698	0.787	0.503	0.515	0.668	0.632	0.633	0.666	0.376	0.636	0.387	0.151	0.039		0.190	0.192	-	0.175	0.075
K	0.890	-	0.858	0.933	0.668	0.736	0.897	0.826	0.824	0.831	0.734	0.875	0.867	0.715	0.610	0.569		-4.975	-	0.134	0.033
TK	0.883	-	0.850	0.923	0.665	0.731	0.889	0.817	0.815	0.817	0.727	0.858	0.850	0.708	0.608	0.566	-0.053		-	0.145	0.036
SHY	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
MNT	0.897	-	0.861	0.941	0.659	0.723	0.909	0.839	0.833	0.862	0.749	0.908	0.885	0.735	0.617	0.588	0.650	0.633	-		0.033
PTW	0.892	-	0.860	0.913	0.718	0.780	0.890	0.854	0.848	0.871	0.856	0.917	0.891	0.835	0.769	0.771	0.883	0.874	-	0.883	

- 代表樣本數過低無法進行計算

表十一、根據海拔 2000 公尺等高線劃分成 4 個地理區域 (雪山山脈、白姑大山、中央山脈、北大武山) 進行分子變方分析的結果。

(a) cyt-b 序列

變異來源 (Source of variation)	d.f.	平方和 (Sum of squares)	方差分量 (Variance components)	占有變異的百分比 (%) of variation)	Φ -statistics	p
區域間	3	611.897	7.19691	33.61	$\Phi_{CT} = 0.33611$	<0.0001
區域內不同族群間	17	1077.399	9.66508	45.14	$\Phi_{SC} = 0.67989$	<0.0001
族群內個體間	115	523.321	4.55062	21.25	$\Phi_{ST} = 0.78748$	<0.0001

(b) D-loop 序列

變異來源 (Source of variation)	d.f.	平方和 (Sum of squares)	方差分量 (Variance components)	占有變異的百分比 (%) of variation)	Φ -statistics	p
區域間	3	477.383	5.75002	33.58	$\Phi_{CT} = 0.33576$	<0.0001
區域內不同族群間	17	809.964	7.13066	41.64	$\Phi_{SC} = 0.62685$	<0.0001
族群內個體間	115	488.145	4.24474	24.79	$\Phi_{ST} = 0.75214$	<0.0001

表十二、根據親緣關係樹4個主要系群的地理分佈，劃分成4個地理區域 (SN、NCR、SCR、PTW) 進行分子變方分析的結果。

(a) *cyt-b* 序列

變異來源 (Source of variation)	d.f.	平方和 (Sum of squares)	方差分量 (Variance components)	占有變異的百分比 (%) of variation)	Φ -statistics	<i>p</i>
區域間	3	1075.850	10.33019	51.26	$\Phi_{CT} = 0.51262$	<0.0001
區域內不同族群間	17	613.447	5.27112	26.16	$\Phi_{SC} = 0.53668$	<0.0001
族群內個體間	115	523.321	4.55062	22.58	$\Phi_{ST} = 0.77418$	<0.0001

(b) D-loop 序列

變異來源 (Source of variation)	d.f.	平方和 (Sum of squares)	方差分量 (Variance components)	占有變異的百分比 (%) of variation)	Φ -statistics	<i>p</i>
區域間	3	748.539	6.90416	43.87	$\Phi_{CT} = 0.43871$	<0.0001
區域內不同族群間	17	538.809	4.58837	29.16	$\Phi_{SC} = 0.51945$	<0.0001
族群內個體間	115	488.145	4.24474	26.97	$\Phi_{ST} = 0.73027$	<0.0001

表十三、 *cyt-b* 基因遺傳距離與地理直線距離、最小成本路徑距離、最小成本路徑成本距離的相關性。

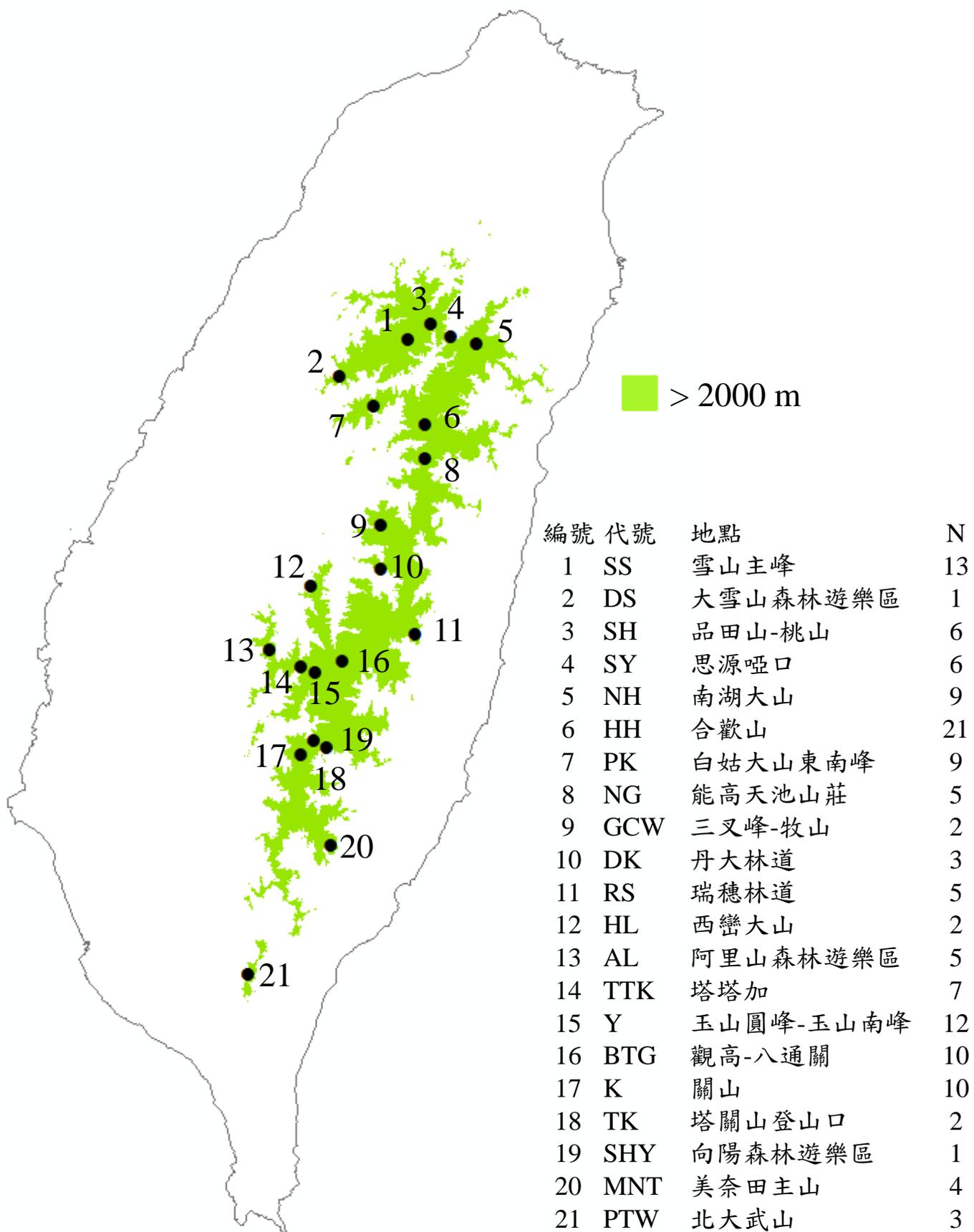
Geographic distance	<i>r</i>	<i>p</i>
Euclidean distance	0.709	0.001
Least cost path length	0.7317	0.001
Least cost path cost distance	0.7671	0.001

r 代表 Mantel test 相關係數 (correlation coefficient)

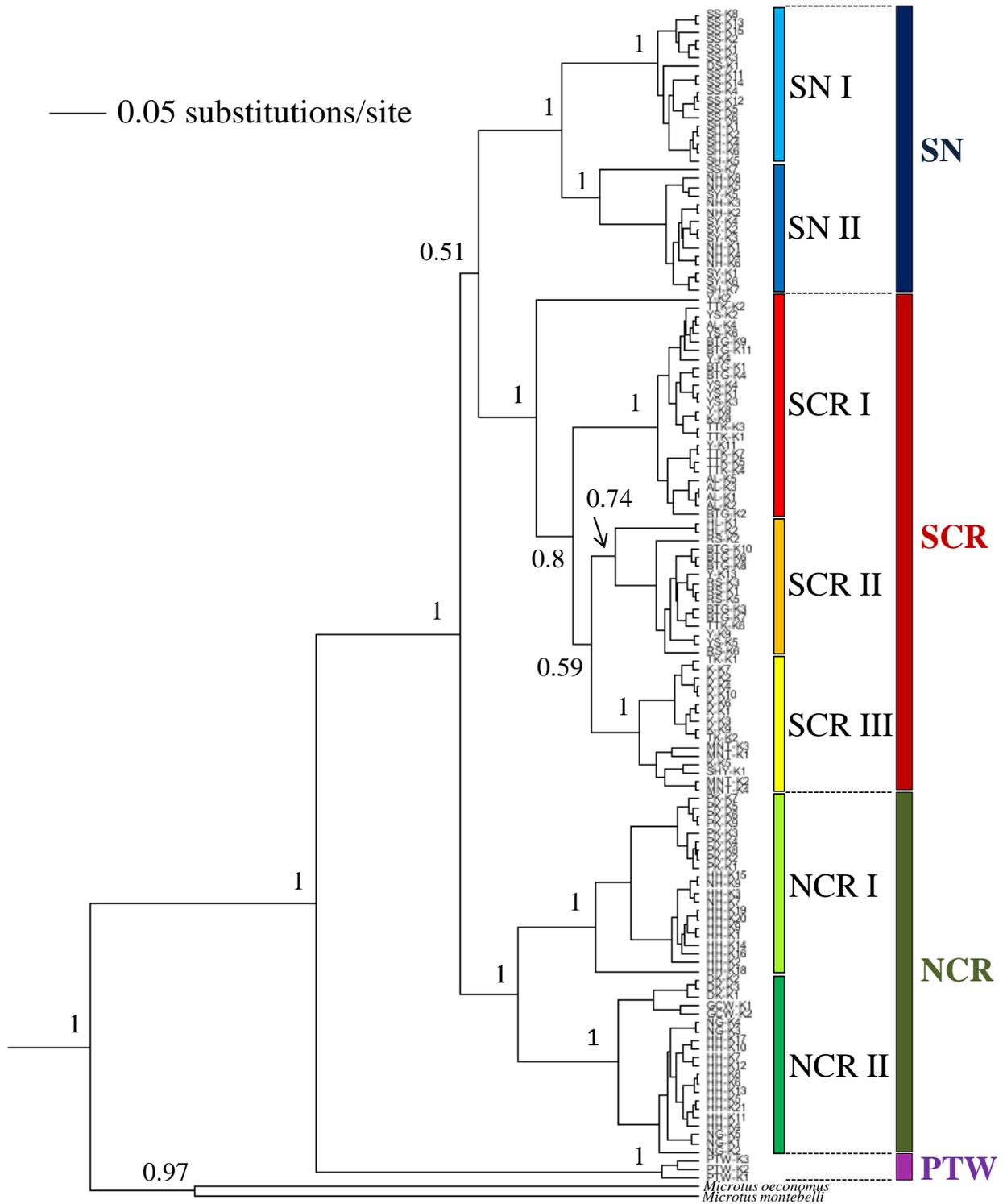
表十五、 *D-loop* 基因遺傳距離與地理直線距離、最小成本路徑距離、最小成本路徑成本距離的相關性，

Geographic distance	<i>r</i>	<i>p</i>
Euclidean distance	0.7207	0.001
Least cost path length	0.7304	0.001
Least cost path cost distance	0.7591	0.001

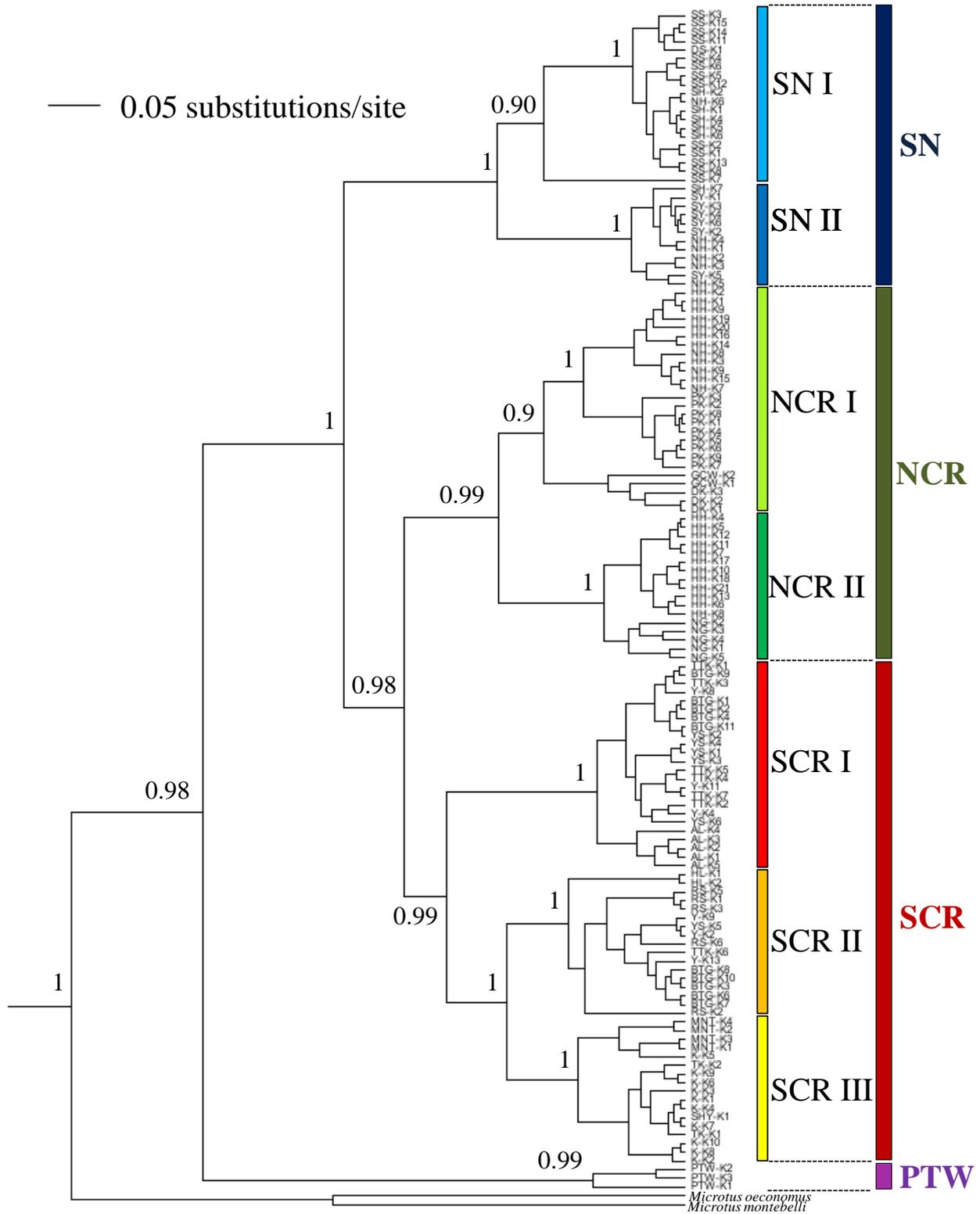
r 代表 Mantel test 相關係數 (correlation coefficient)



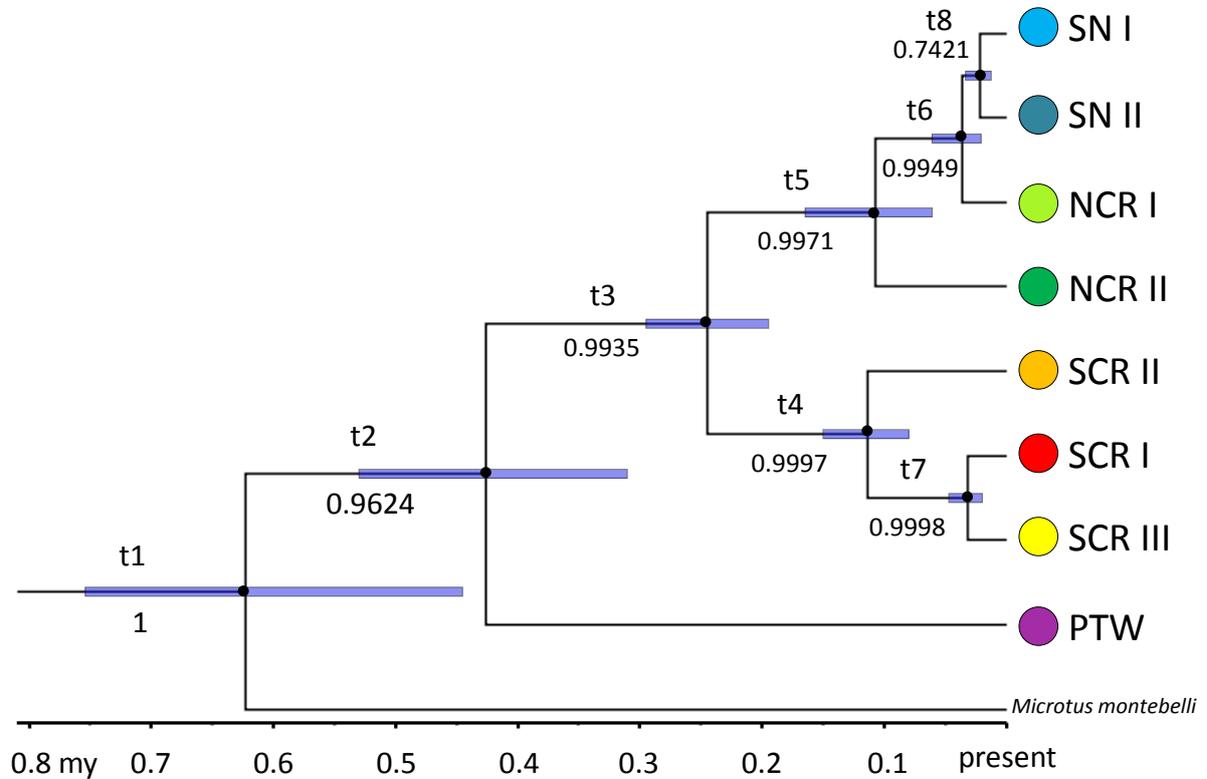
圖一、台灣高山田鼠樣本採集地點。



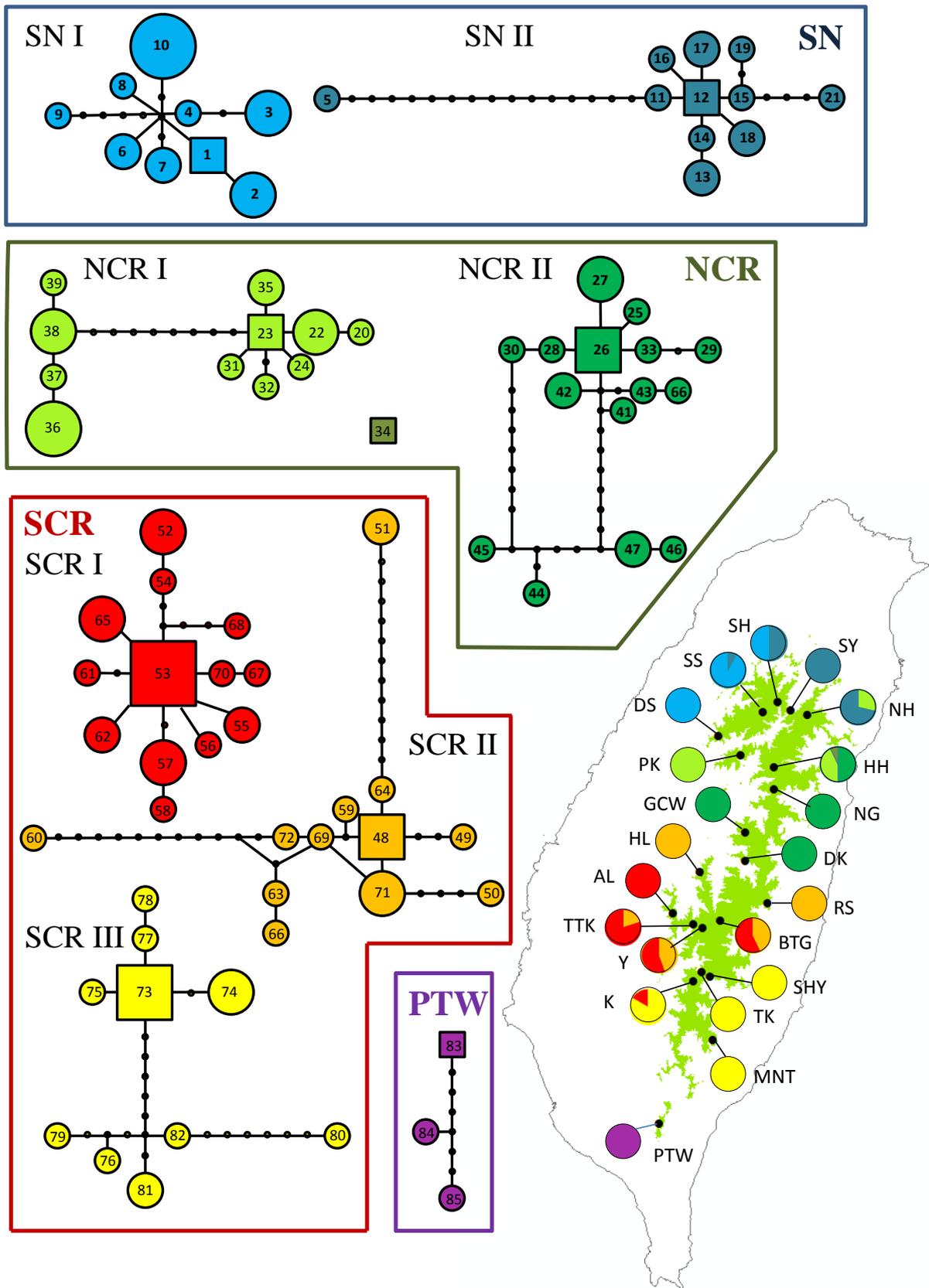
圖二、cyt-*b* 序列所建構的貝氏親緣關係樹。分歧點數值代表後驗機率值。SN: 雪山南湖群；NCR: 中央山脈北群；SCR: 中央山脈南群；PTW: 北大武群；SN I: SN 的亞系群，主要分布在雪山山脈；SN II: SN 的亞系群主要分布在南湖山區；NCR I: NCR 的亞系群，分布在白姑大山、合歡山、與南湖大山；NCR II: NCR 的亞系群，主要分布在合歡山到能高、丹大林道；SCR I: SCR 亞系群，主要分布在阿里山山脈與玉山山脈；SCR II: SCR 亞系群，分布在玉山山脈到瑞穗林道；SCR III: SCR 亞系群，主要分布在南橫、關山到美奈田主山。



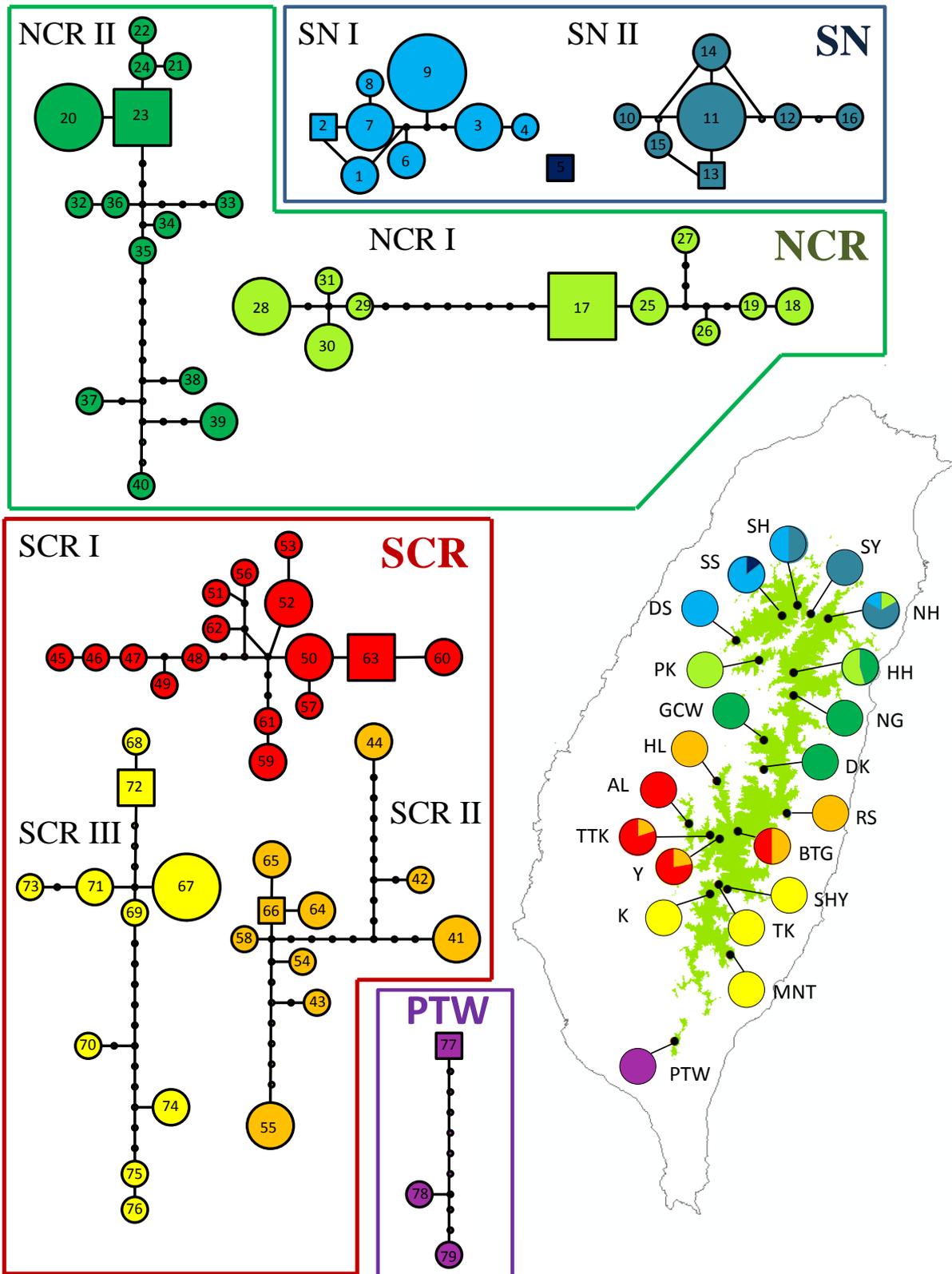
圖三、D-loop 序列所建構的貝氏親緣關係樹。分歧點數值代表後驗機率值。SN: 雪山南湖群; NCR: 中央山脈北群; SCR: 中央山脈南群; PTW: 北大武群; SN I: SN 的亞系群, 主要分布在雪山山脈; SN II: SN 的亞系群主要分布在南湖山區; NCR I: NCR 的亞系群, 分布在白姑大山、合歡山、與南湖大山; NCR II: NCR 的亞系群, 主要分布在合歡山到能高、丹大林道; SCR I: SCR 亞系群, 主要分布在阿里山山脈與玉山山脈; SCR II: SCR 亞系群, 分布在玉山山脈到瑞穗林道; SCR III: SCR 亞系群, 主要分布在南橫、關山到美奈田主山。



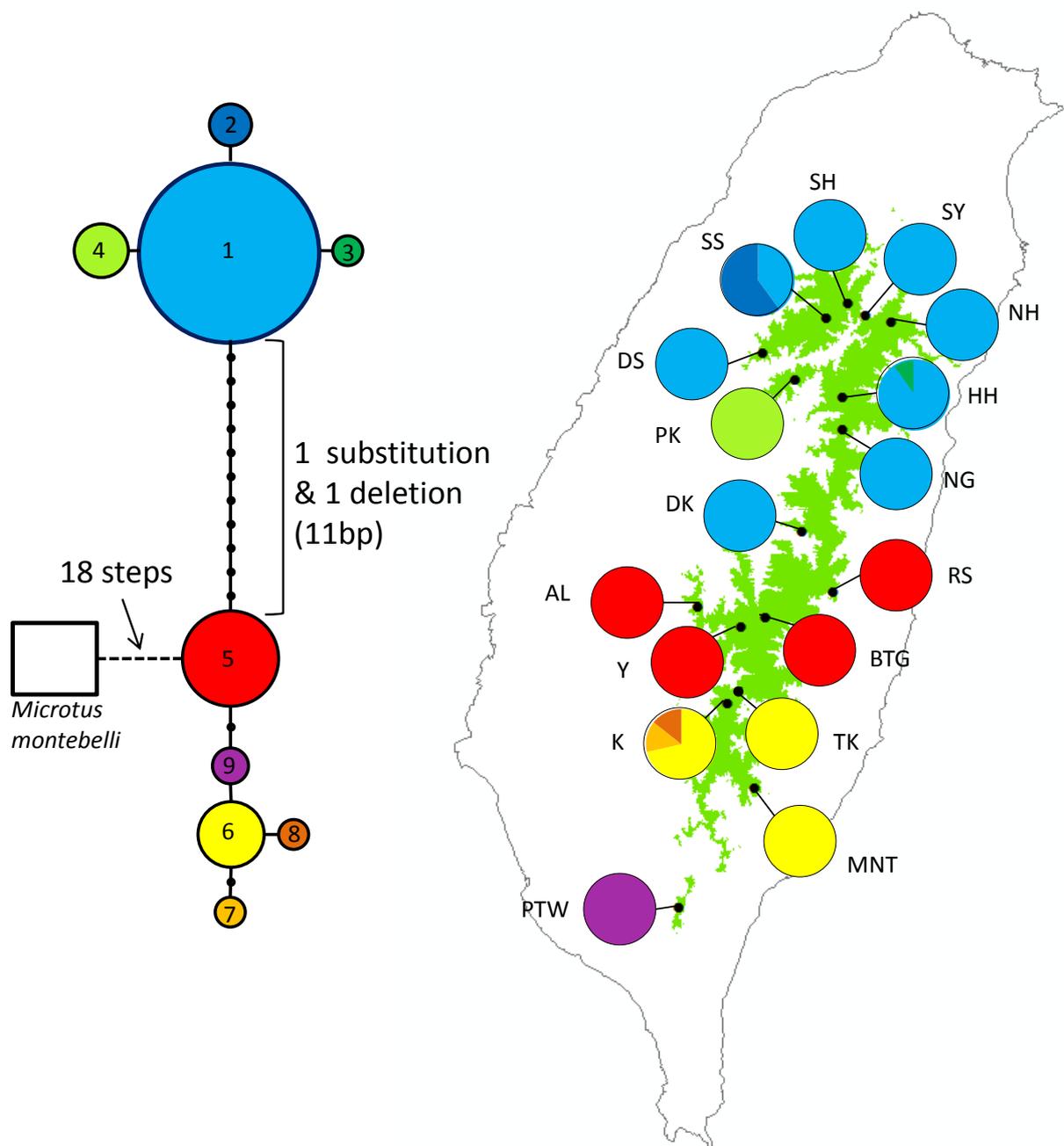
圖四、合併分析 *cyt-b* 和 D-loop 序列所建構的物種樹 (species tree)。分歧點上方為分歧點的名稱，下方數值代表後驗機率值，位於節點的紫色長條代表分歧時間的 95% 可信賴區間。SN I: SN 的亞系群，主要分布在雪山山脈；SN II: SN 的亞系群主要分布在南湖山區；NCR I: NCR 的亞系群，分布在白姑大山、合歡山、與南湖大山；NCR II: NCR 的亞系群，主要分布在合歡山到能高、丹大林道；SCR I: SCR 亞系群，主要分布在阿里山山脈與玉山山脈；SCR II: SCR 亞系群，分布在玉山山脈到瑞穗林道；SCR III: SCR 亞系群，主要分布在南橫、關山到美奈田主山。



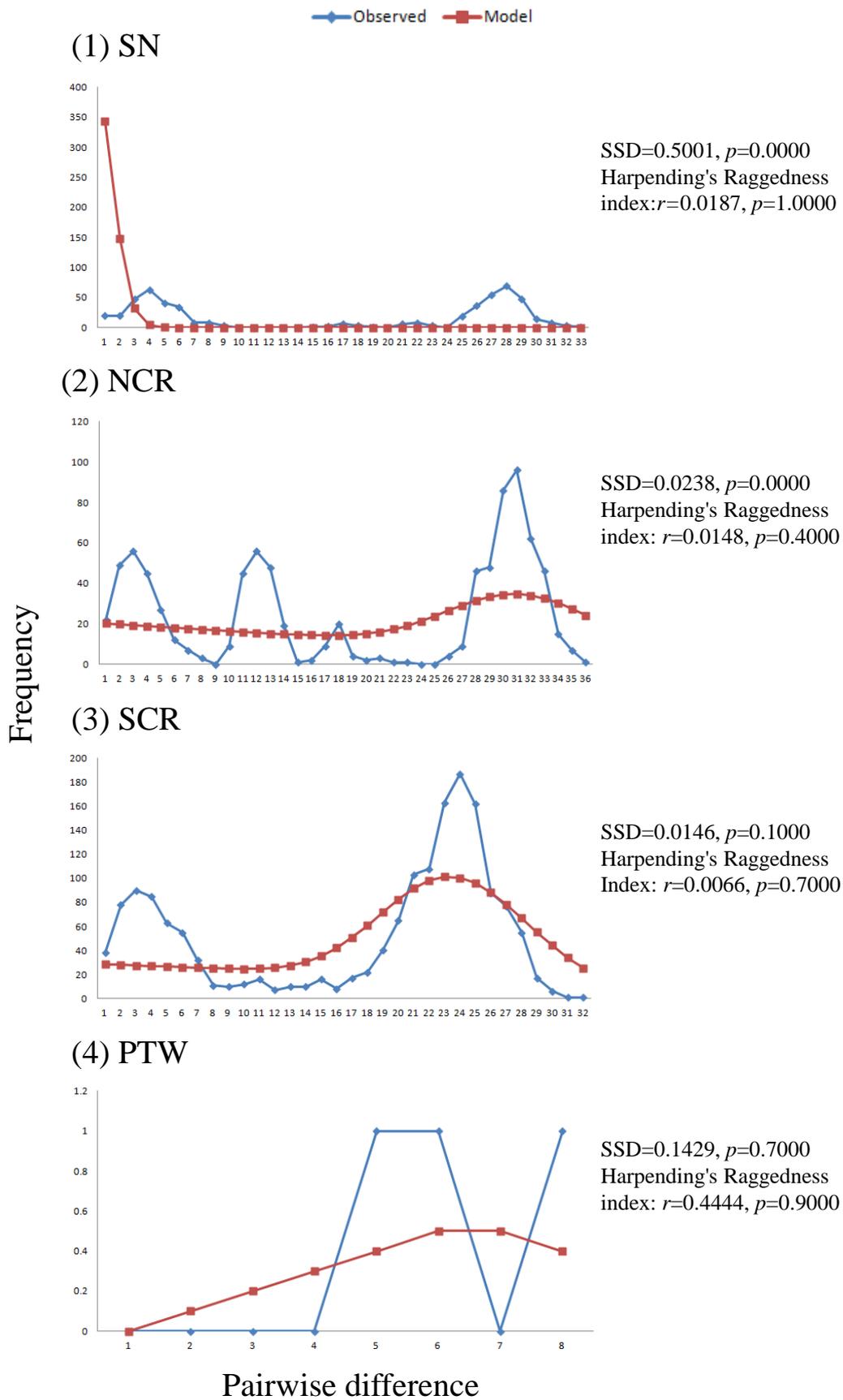
圖五、*cyt-b* 最大統計簡約網狀關係圖。圓圈代表基因型，正方形代表可能的祖先型基因型，黑色圓點代表假想基因型，每一段黑色線條代表一次鹼基變異，圓圈內的數字代表基因型代號，採集點代號詳見圖一，彩色框線代表親緣關係樹的4個主要系群。SN:雪山南湖群；NCR:中央山脈北群；SCR:中央山脈南群；PTW:北大武群。



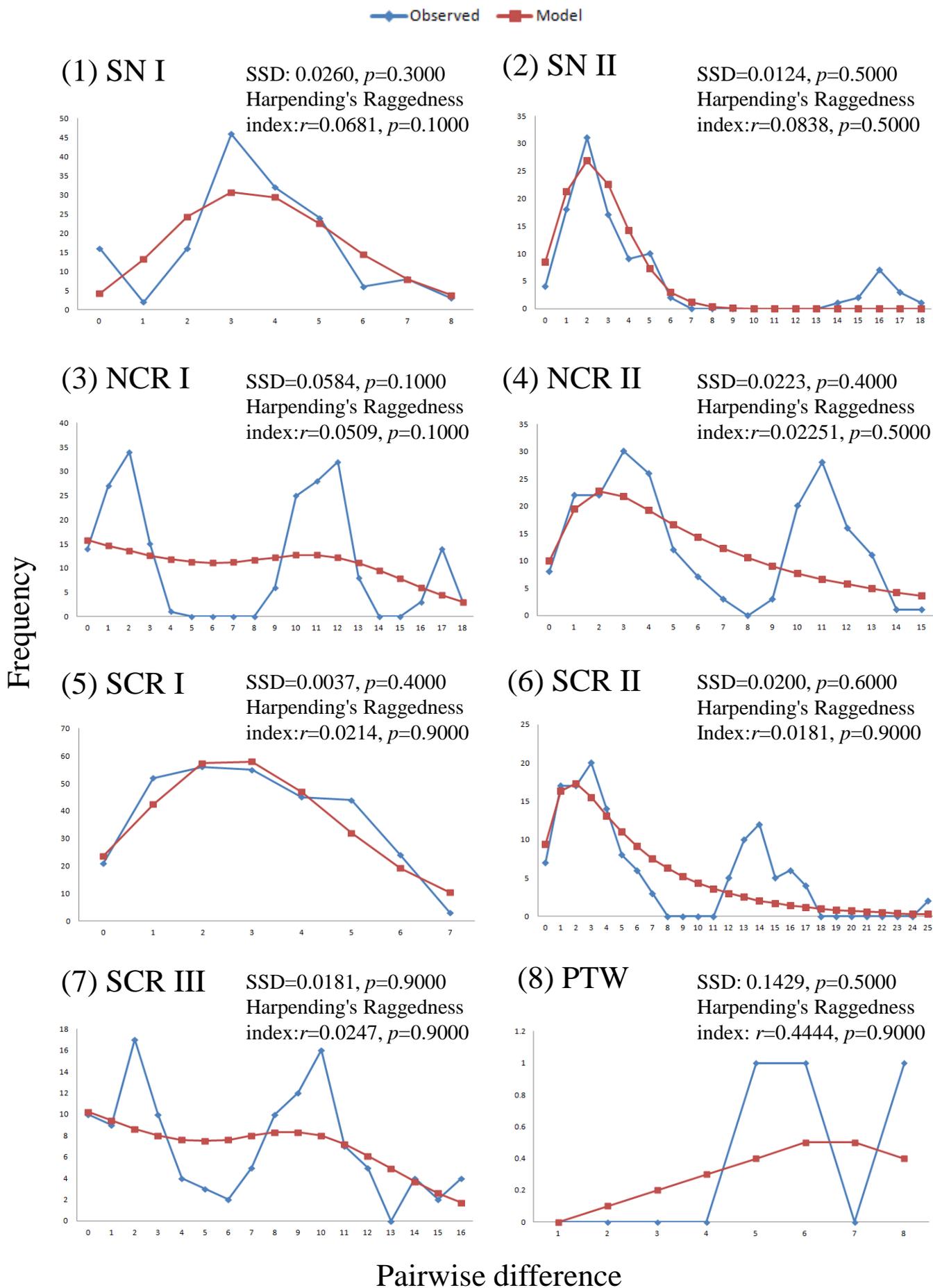
圖六、D-loop 最大統計簡約網狀關係圖。圓圈代表基因型，正方形代表可能的祖先型基因型，黑色圓點代表假想基因型，每一段黑色線條代表一次鹼基變異，圓圈內的數字代表基因型代號，採集點代號詳見圖一，彩色框線代表親緣關係樹的4個主要系群。SN:雪山南湖群；NCR:中央山脈北群；SCR:中央山脈南群；PTW:北大武群。



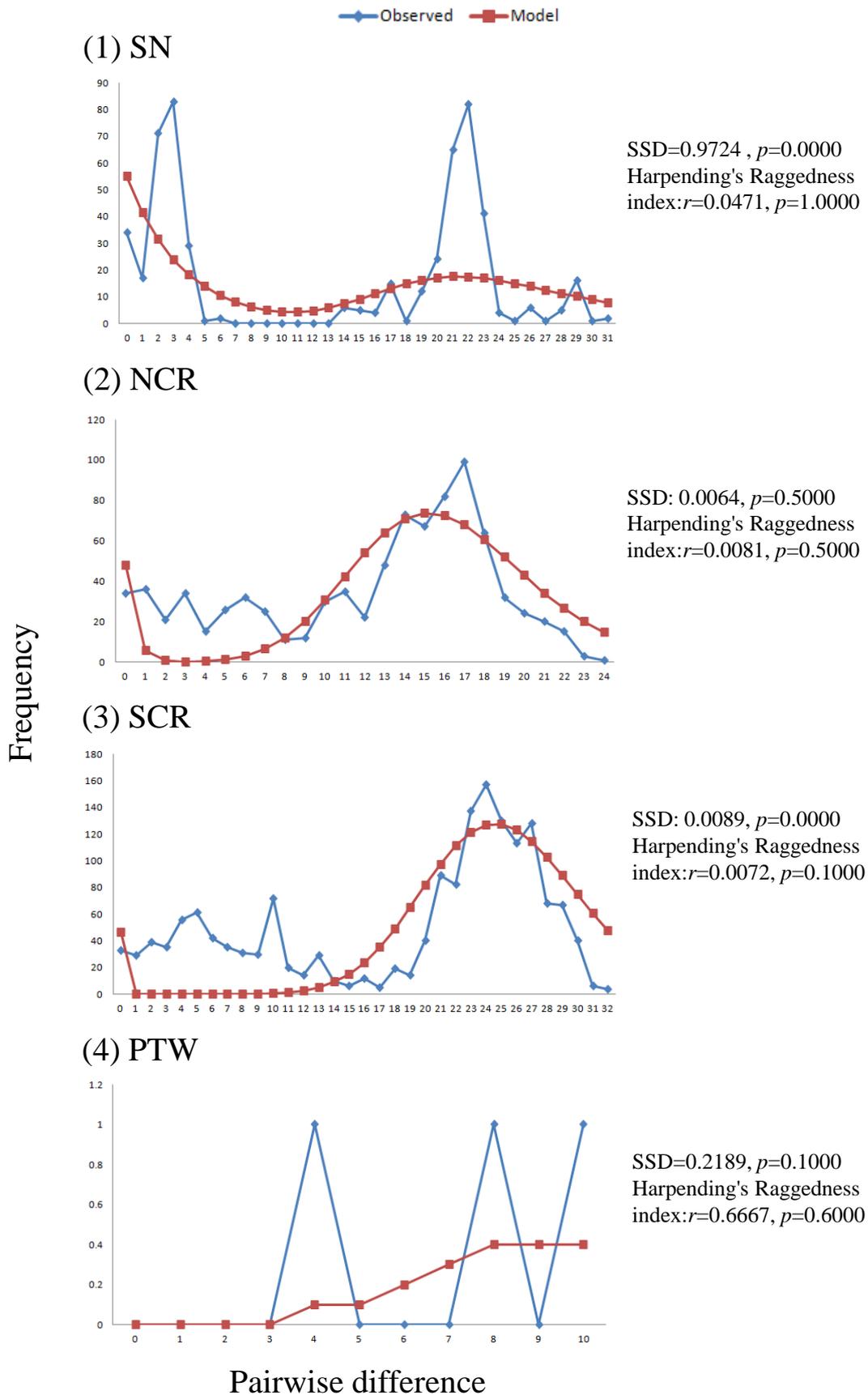
圖七、合併 Y 染色體 DBY7、DBY11 和 DBY14 序列所建構的最大統計簡約網狀關係圖。圓圈代表基因型，正方形代表可能的祖先型基因型，黑色圓點代表假想基因型，每一段黑色線條代表一次鹼基變異，圓圈內數字代表基因型代號，白色方框代表作為外群的日本田鼠，虛線代表親緣關係，關係遠近與虛線長短無關，採集點代號詳見圖一。



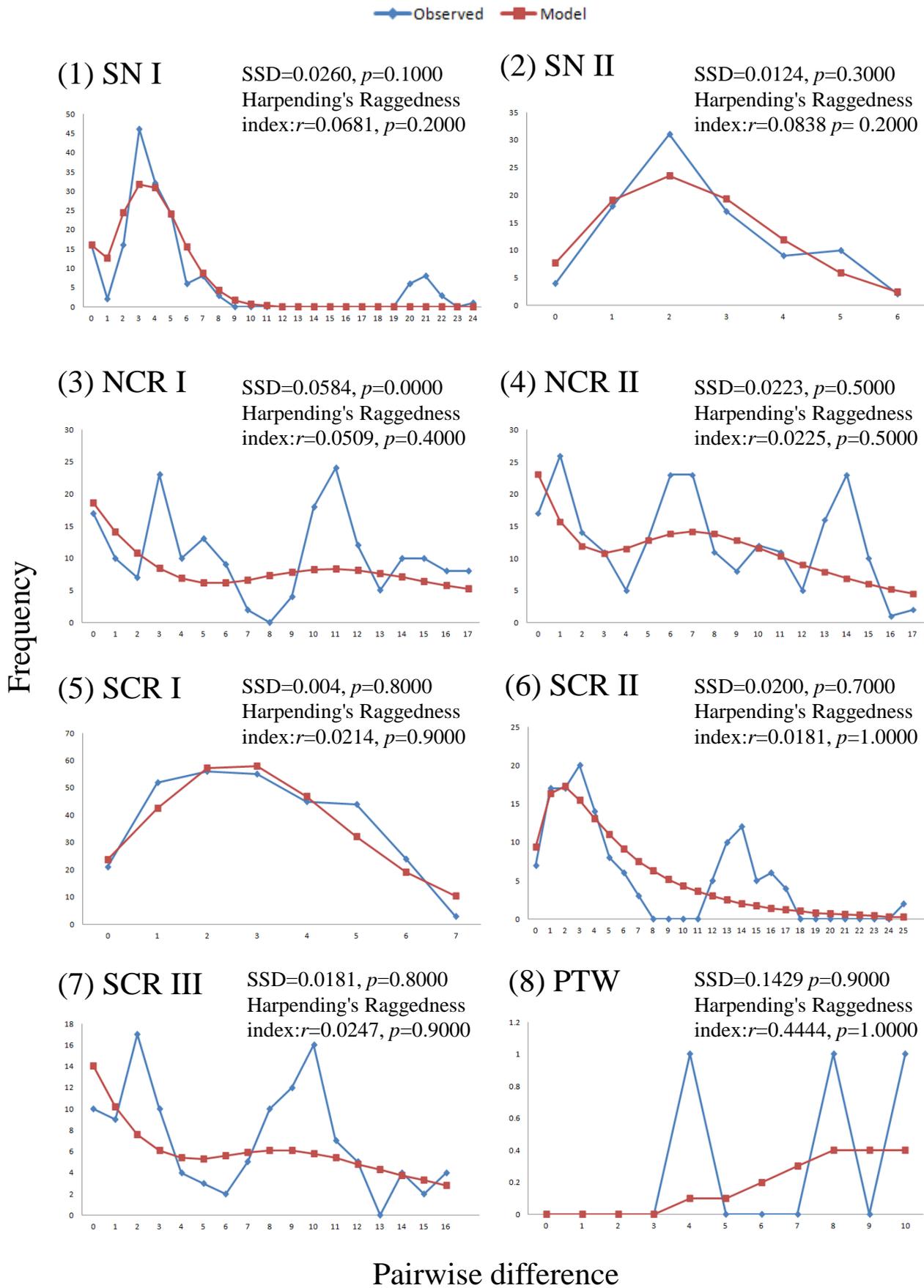
圖八 (a) 、*cyt-b* 序列 4 個主要系群的不相合分布圖。SN:雪山南湖群; NCR:中央山脈北群; SCR:中央山脈南群; PTW:北大武群。



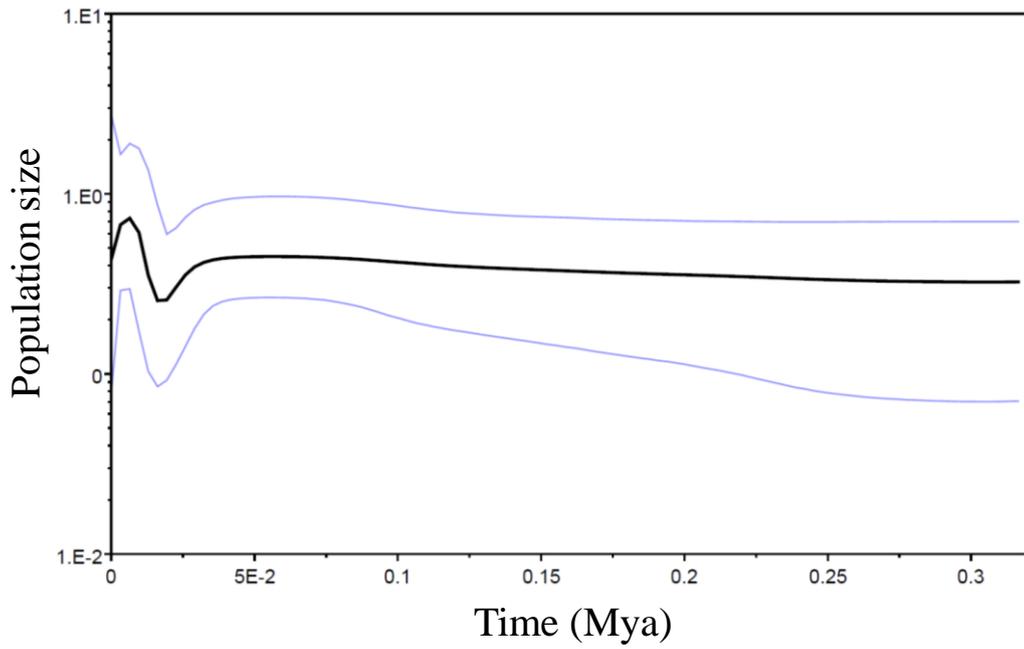
圖八 (b)、*cyt-b* 序列 7 個亞系群的不相合分布圖。



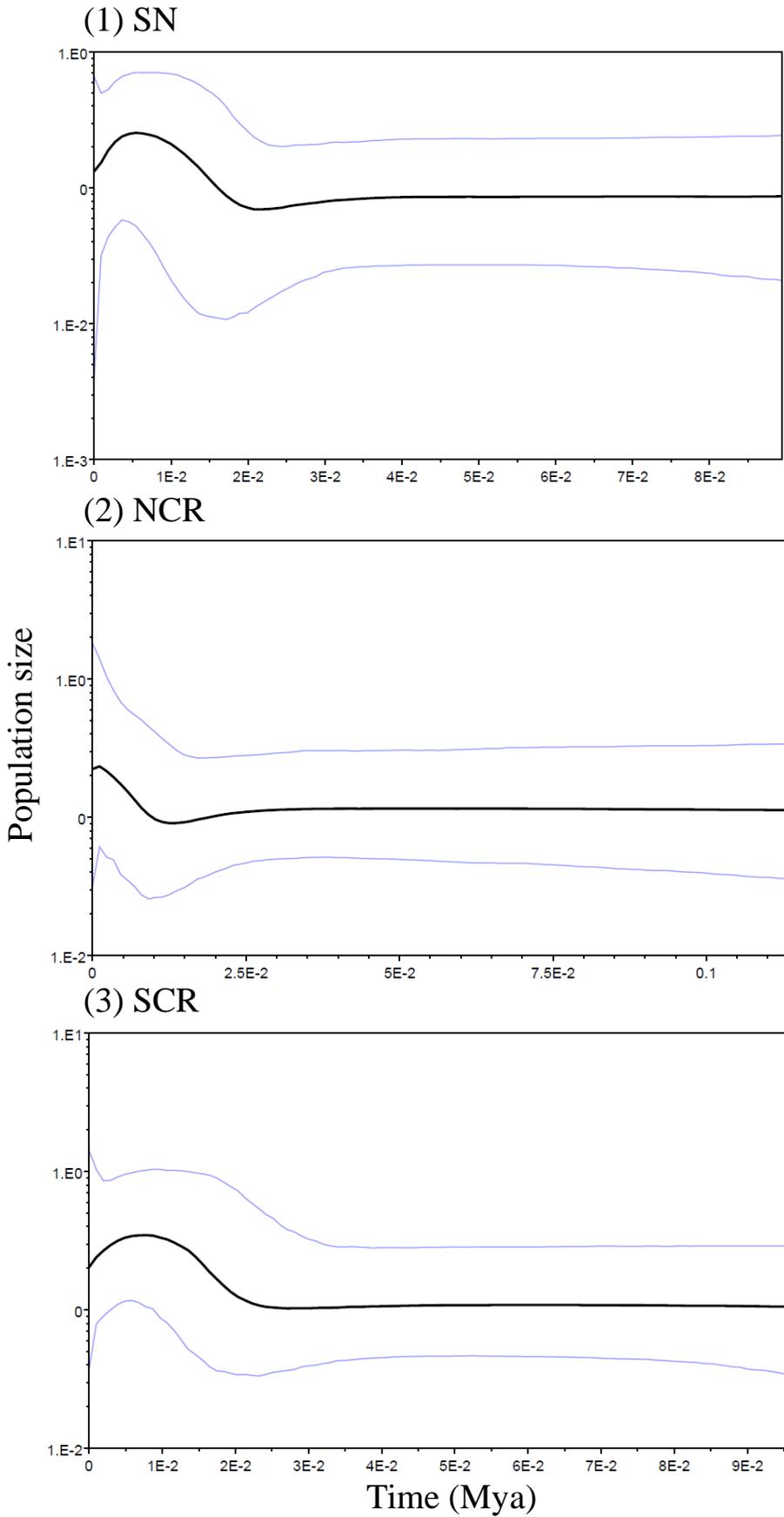
圖九 (a)、D-loop 序列 4 個主要系群的不相合分布圖。SN:雪山南湖群; NCR:中央山脈北群; SCR:中央山脈南群; PTW: 北大武群。



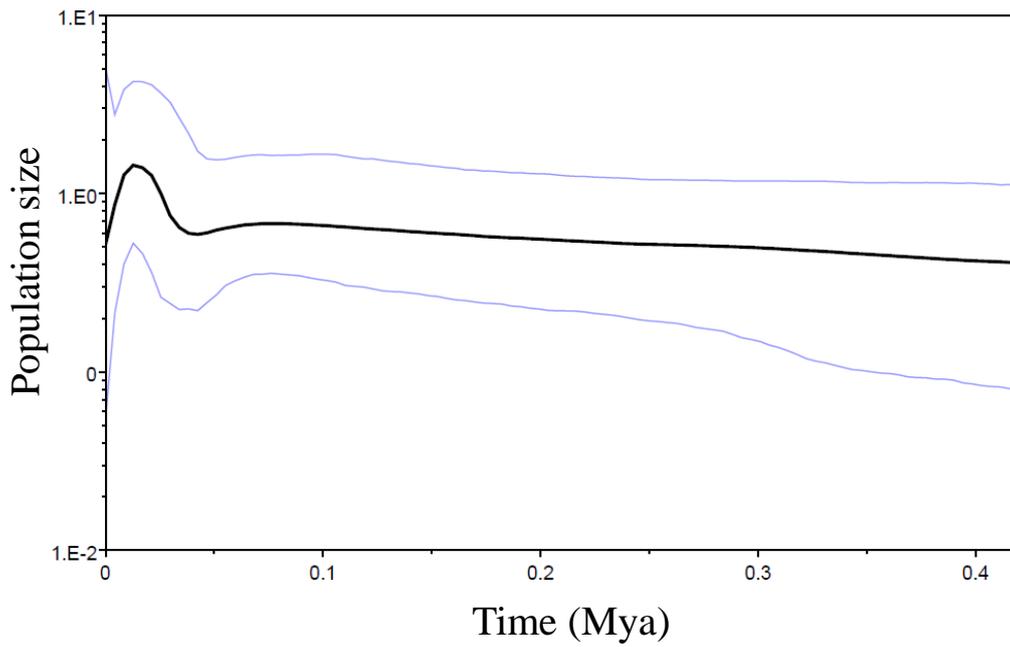
圖九 (b)、D-loop 序列 7 個亞系群的不相合分布圖。



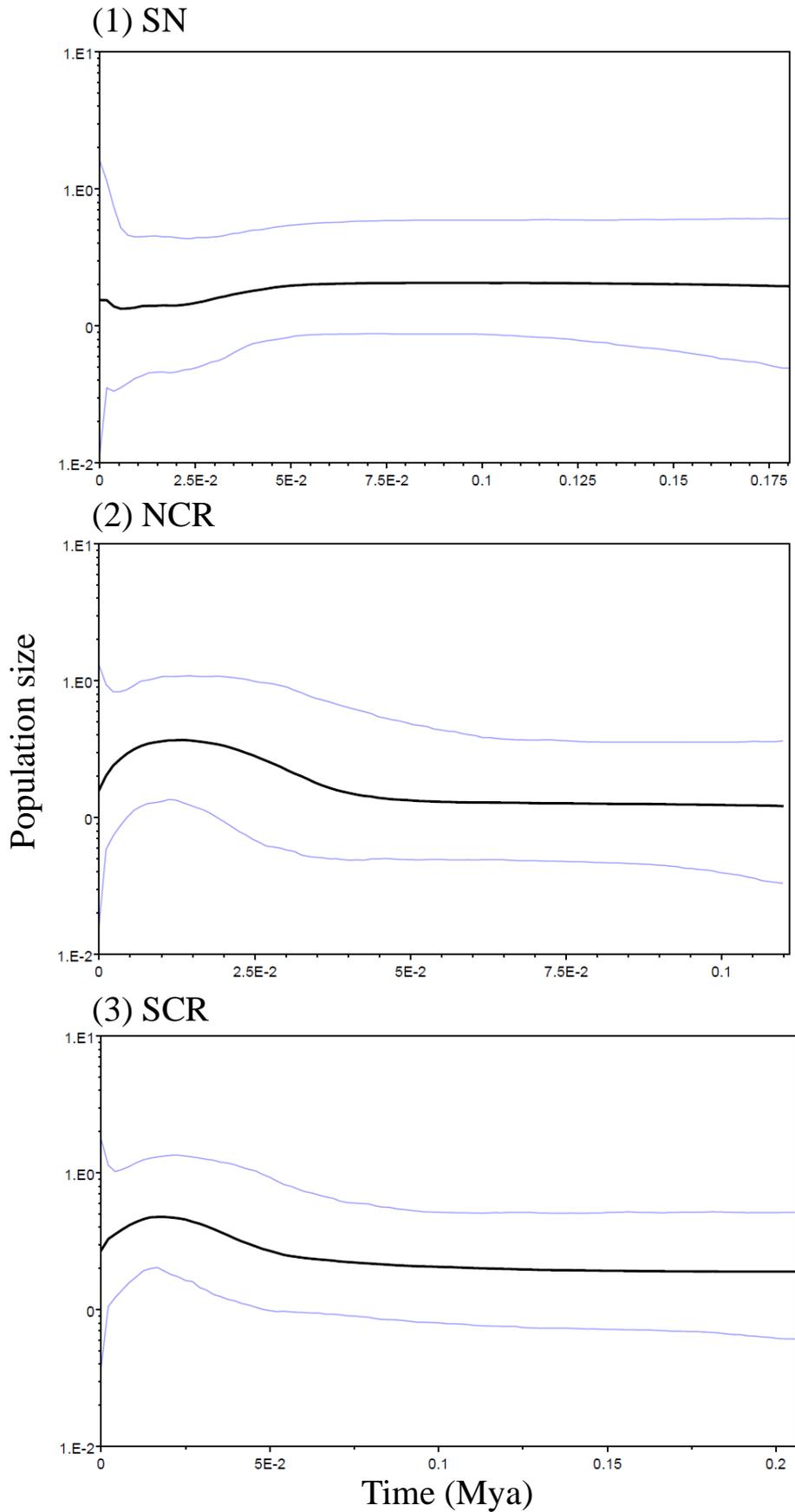
圖十 (a) 、*cyt-b* 序列貝式天際線。橫軸代表時間，單位為百萬年前，縱軸為族群大小。



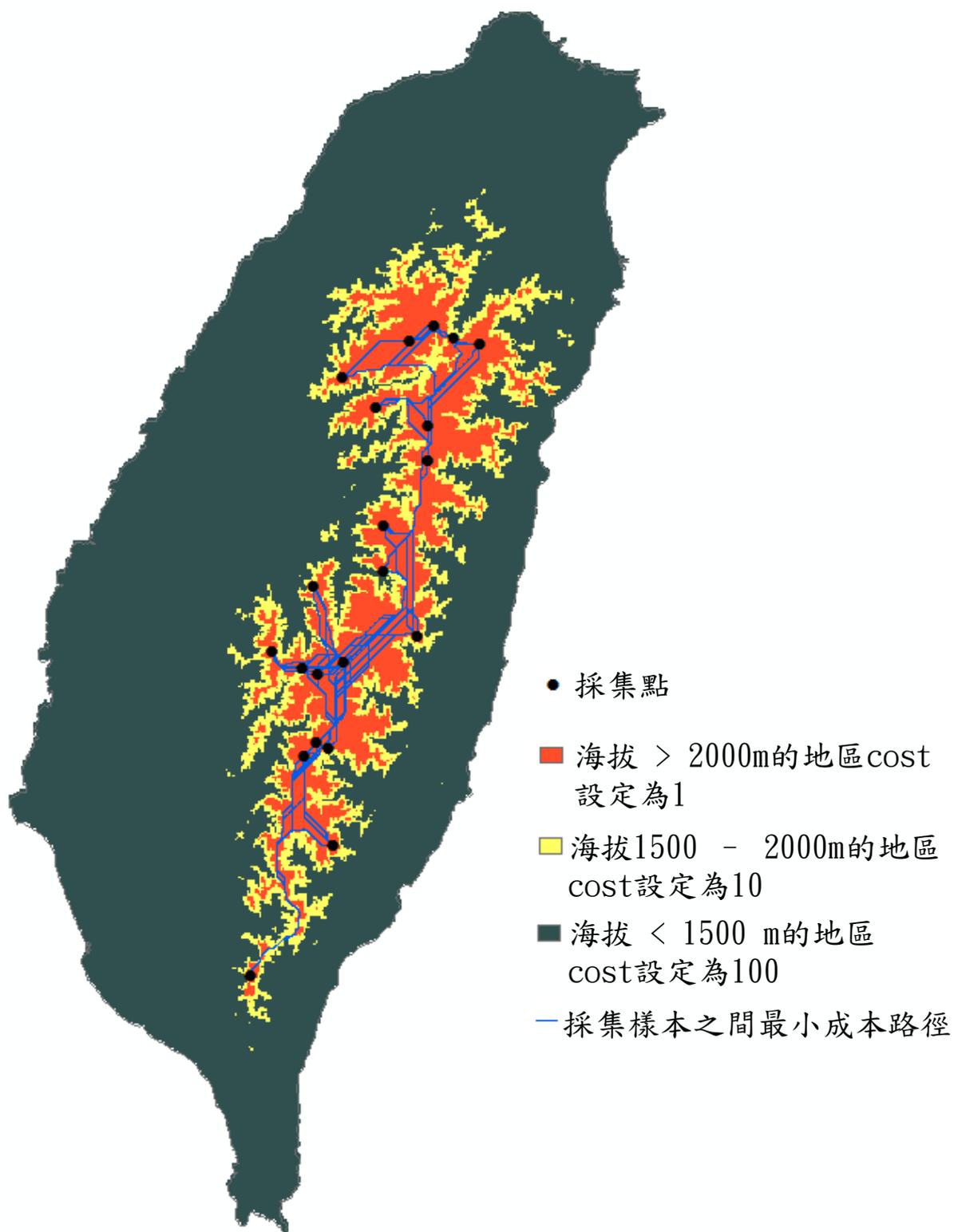
圖十 (b) 、*cyt-b* 序列主要系群 SN、NCR、SCR 群的貝式天際線。橫軸代表時間，單位為百萬年前，縱軸為族群大小。



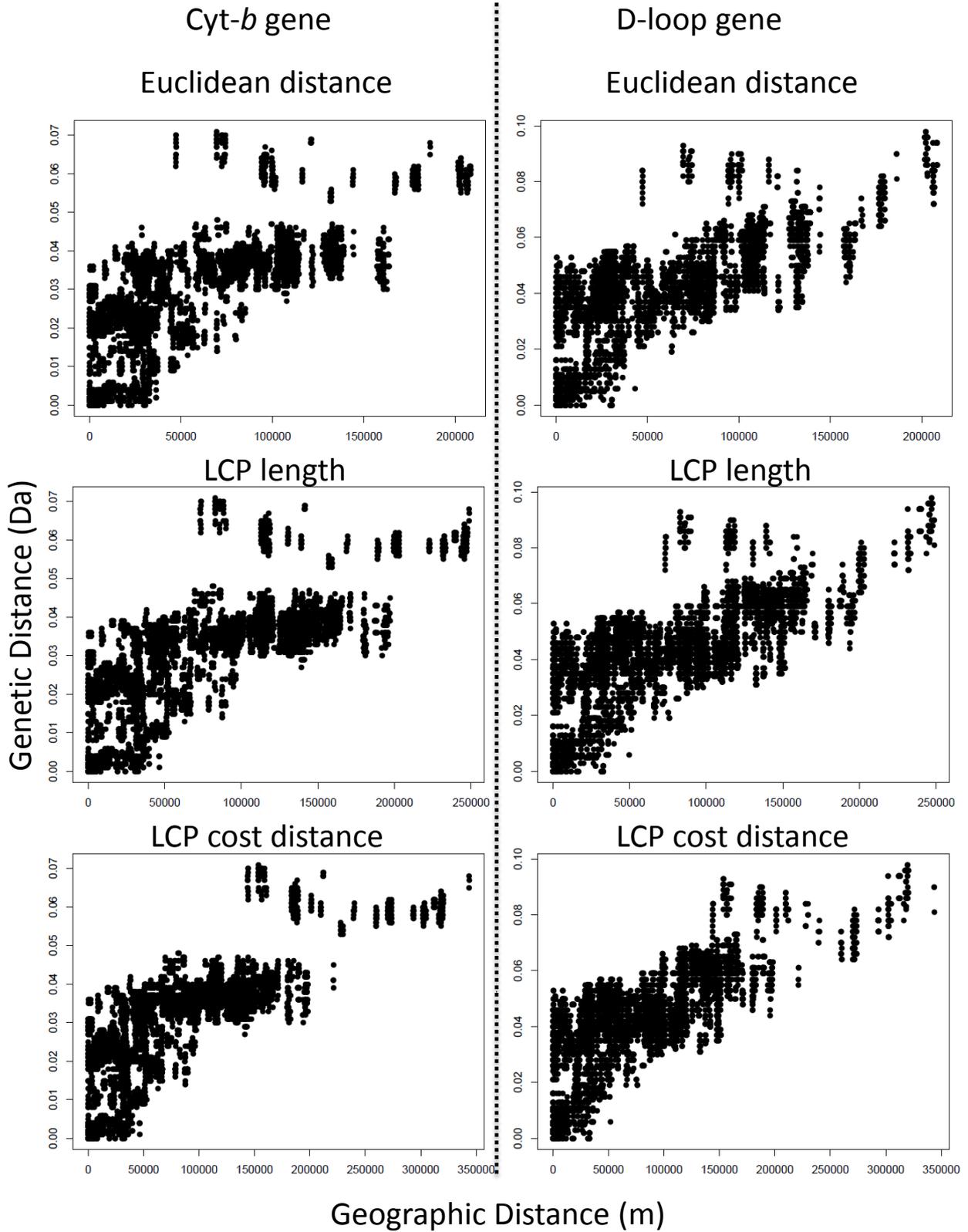
圖十一 (a) 、D-loop 序列貝式天際線。橫軸代表時間，單位為百萬年前，縱軸為族群大小。



圖十一 (b) 、D-loop 序列主要系群 SN、NCR、SCR 的貝式天際線。橫軸代表時間，單位為百萬年前，縱軸為族群大小。



圖十二、使用 40m X 40m 數位高程模型設定不同海拔的成本值及台灣高山田鼠不同採集樣本對應的最小成本路徑。



圖十三、遺傳距離與三種地理距離（直線距離、LCP 距離、LCP 成本值距離）的散佈圖

附錄一、本研究所有台灣高山田鼠的樣本資訊

樣本代號	採集地點	性別	標本來源	species tree 分群	cyt-b 基因型代 號	D-loop 基因型 代號	Y 染色體基因型 代號
SS-K1	台中縣和平鄉雪山 369 山莊	♀	THU	SN I	CH1	DH1	
SS-K2	台中縣和平鄉雪山 369 山莊	♀	THU	SN I	CH1	DH1	
SS-K3	台中縣和平鄉雪山圈谷	♂	THU	SN I	CH2	DH2	Y1
SS-K4	台中縣和平鄉雪山圈谷	♀	THU	SN I	CH3	DH3	
SS-K5	台中縣和平鄉雪山圈谷	♀	THU	SN I	CH3	DH3	
SS-K6	台中縣和平鄉雪山圈谷	♀	THU	SN I	CH4	DH4	
SS-K7	台中縣和平鄉雪山圈谷	♂	THU	SN II	CH5	DH5	Y2
SS-K8	台中縣和平鄉雪山圈谷	♀	THU	SN I	CH6	DH6	
SS-K11	台中縣和平鄉雪山黑森林	♀	THU	SN I	CH7	DH7	
SS-K12	台中縣和平鄉雪山圈谷	♂	THU	SN I	CH3	DH3	Y2
SS-K13	台中縣和平鄉雪山黑森林	?	THU	SN I	CH6	DH6	
SS-K14	台中縣和平鄉雪山黑森林	♂	THU	SN I	CH7	DH7	Y1
SS-K15	台中縣和平鄉雪山黑森林	♂	THU	SN I	CH8	DH7	Y2
DS-K1	台中縣和平鄉大雪山森林遊樂區天池	♂	THU	SN I	CH9	DH8	Y1
SH-K1	台中縣和平鄉桃山步道	♂	NTU	SN I	CH10	DH9	Y1
SH-K2	台中縣和平鄉桃山步道	♀	NTU	SN I	CH10	DH9	
SH-K4	台中縣和平鄉桃山步道	♀	NTU	SN I	CH11	DH9	
SH-K5	台中縣和平鄉桃山步道	♂	NTU	SN I	CH10	DH9	

樣本代號	採集地點	性別	標本來源	species tree 分群	cyt-b 基因型代 號	D-loop 基因型 代號	Y 染色體基因型 代號
SH-K6	台中縣和平鄉桃山步道	♂	NTU	SN I	CH10	DH9	Y1
SH-K7	台中縣和平鄉品田山	♂	NTU	SN II	CH10	DH10	Y1
SY-K1	宜蘭縣大同鄉思源啞口	♂	NTU	SN II	CH12	DH11	Y1
SY-K2	宜蘭縣大同鄉思源啞口	♀	NTU	SN II	CH13	DH11	
SY-K3	宜蘭縣大同鄉思源啞口	♂	NTU	SN II	CH13	DH11	
SY-K4	宜蘭縣大同鄉思源啞口	♂	NTU	SN II	CH14	DH11	Y1
SY-K5	宜蘭縣大同鄉思源啞口	♂	NTU	SN II	CH15	DH12	Y1
SY-K6	宜蘭縣大同鄉思源啞口	♂	NCHU	SN II	CH12	DH11	
NH-K1	台中縣和平鄉南湖大山	♂	NTU	SN II	CH16	DH13	
NH-K2	台中縣和平鄉南湖大山	♂	NTU	SN II	CH17	DH14	
NH-K3	台中縣和平鄉南湖大山	♀	NTU	SN II	CH17	DH14	
NH-K4	台中縣和平鄉南湖大山	♂	NTU	SN II	CH18	DH15	Y1
NH-K5	台中縣和平鄉南湖大山	♂	NTU	SN II	CH19	DH16	Y1
NH-K6	台中縣和平鄉南湖大山	♀	NTU	SN II	CH18	DH9	
NH-K7	台中縣和平鄉南湖大山	♀	NTU	NCR I	CH20	DH17	
NH-K8	台中縣和平鄉南湖大山	♂	NTU	SN II	CH21	DH17	Y1
NH-K9	台中縣和平鄉南湖大山	♂	NTU	NCR I	CH22	DH17	Y1
HH-K1	南投縣仁愛鄉合歡山莊雪訓場附近	♀	THU	NCR I	CH23	DH18	
HH-K2	南投縣仁愛鄉合歡山莊雪訓場附近	♀	THU	NCR I	CH24	DH19	
HH-K3	南投縣仁愛鄉合歡山莊雪訓場附近	♂	THU	NCR I	CH22	DH17	Y1

樣本代號	採集地點	性別	標本來源	species tree 分群	cyt-b 基因型代 號	D-loop 基因型 代號	Y 染色體基因型 代號
HH-K4	南投縣仁愛鄉合歡山莊雪訓場附近	♀	THU	NCR II	CH25	DH20	
HH-K5	南投縣仁愛鄉合歡山莊雪訓場附近	♀	THU	NCR II	CH26	DH20	
HH-K6	合歡山	♀	THU	NCR II	CH27	DH21	
HH-K7	合歡山	♂	THU	NCR II	CH28	DH20	
HH-K8	合歡山	♂	THU	NCR II	CH27	DH22	Y1
HH-K9	合歡山	?	THU	NCR I	CH23	DH18	
HH-K10	合歡山	♀	THU	NCR II	CH29	DH23	
HH-K11	合歡東峰	♀	THU	NCR II	CH26	DH20	
HH-K12	合歡東峰	♀	THU	NCR II	CH30	DH20	
HH-K13	合歡東峰	♂	THU	NCR II	CH27	DH24	Y1
HH-K14	合歡東峰	♀	THU	NCR I	CH31	DH25	
HH-K15	合歡東峰	♂	THU	NCR I	CH22	DH17	Y1
HH-K16	合歡東峰	♂	THU	NCR I	CH32	DH25	Y1
HH-K17	合歡小風口	♂	THU	NCR II	CH33	DH23	Y1
HH-K18	合歡小風口	♂	THU	NCR I	CH34	DH23	Y1
HH-K19	合歡小風口	♂	THU	NCR I	CH35	DH26	Y1
HH-K20	合歡小風口	♂	THU	NCR I	CH35	DH27	Y1
HH-K21	合歡山	?	THU	NCR II	CH26	DH23	
PK-K1	白姑大山	♀	THU	NCR I	CH36	DH28	
PK-K2	白姑大山	♂	THU	NCR I	CH36	DH28	

樣本代號	採集地點	性別	標本來源	species tree 分群	cyt-b 基因型代 號	D-loop 基因型 代號	Y 染色體基因型 代號
PK-K3	白姑大山	♂	THU	NCR I	CH37	DH29	Y5
PK-K4	白姑大山	♂	THU	NCR I	CH36	DH28	Y5
PK-K5	白姑大山	♂	THU	NCR I	CH38	DH30	Y5
PK-K6	白姑大山	♀	THU	NCR I	CH38	DH30	
PK-K7	白姑大山	♂	THU	NCR I	CH39	DH31	Y5
PK-K8	白姑大山	♀	THU	NCR I	CH36	DH28	
PK-K9	白姑大山	♂	THU	NCR I	CH38	DH30	Y5
NG-K1	南投縣仁愛鄉精英村能高天池	♀	THU	NCR II	CH40	DH32	
NG-K2	南投縣仁愛鄉精英村能高天池山莊	♀	THU	NCR II	CH41	DH33	
NG-K3	南投縣仁愛鄉精英村能高天池山莊	♂	THU	NCR II	CH42	DH34	Y1
NG-K4	南投縣仁愛鄉精英村能高天池山莊	♂	THU	NCR II	CH42	DH35	Y1
NG-K5	南投縣仁愛鄉精英村能高天池山莊	♂	THU	NCR II	CH43	DH36	Y1
GCW-K1	南投縣千卓萬	♀	THU	NCR II	CH44	DH37	
GCW-K2	南投縣千卓萬	♀	THU	NCR II	CH45	DH38	
DK-K1	南投縣信義鄉地利村丹大林道	♂	THU	NCR II	CH46	DH39	
DK-K2	南投縣信義鄉地利村丹大林道	♂	THU	NCR II	CH47	DH39	
DK-K3	南投縣信義鄉地利村丹大林道沿線	♂	THU	NCR II	CH47	DH40	Y1
RS-K1	玉里瑞穗林道	?	NCU	SCR II	CH48	DH41	
RS-K2	玉里瑞穗林道	♂	NCU	SCR II	CH49	DH42	Y5
RS-K3	玉里瑞穗林道	?	NCU	SCR II	CH48	DH41	

樣本代號	採集地點	性別	標本來源	species tree 分群	cyt-b 基因型代 號	D-loop 基因型 代號	Y 染色體基因型 代號
RS-K5	玉里瑞穗林道	♂	NCU	SCR II	CH50	DH41	Y5
RS-K6	玉里瑞穗林道	?	NCU	SCR II	CH48	DH43	
HL-K1	南投縣西巒大山	♀	THU	SCR II	CH51	DH44	
HL-K2	南投縣西巒大山	♀	THU	SCR II	CH51	DH44	
AL-K1	嘉義縣阿里山鄉香林村阿里山森林遊樂區	♂	THU	SCR I	CH52	DH45	Y5
AL-K2	嘉義縣阿里山鄉香林村阿里山森林遊樂區	♀	THU	SCR I	CH52	DH46	
AL-K3	嘉義縣阿里山鄉香林村阿里山森林遊樂區	♀	THU	SCR I	CH52	DH47	
AL-K4	嘉義縣阿里山鄉阿里山森林遊樂區姊妹潭	?	THU	SCR I	CH53	DH48	
AL-K5	嘉義縣阿里山鄉阿里山森林遊樂區姊妹潭	♀	THU	SCR I	CH54	DH49	
TTK-K1	嘉義縣阿里山鄉排雲山莊往塔塔加鞍部步道	♀	MVZ	SCR I	CH55	DH50	
TTK-K2	南投縣信義鄉沙里仙溪林道	♀	MVZ	SCR I	CH56	DH51	
TTK-K3	嘉義縣阿里山鄉排雲山莊往塔塔加鞍部步道	♂	MVZ	SCR I	CH55	DH50	
TTK-K4	嘉義縣阿里山鄉排雲山莊往塔塔加鞍部步道	♀	MVZ	SCR I	CH57	DH52	
TTK-K5	嘉義縣阿里山鄉排雲山莊往塔塔加鞍部步道	♂	MVZ	SCR I	CH58	DH53	
TTK-K6	嘉義縣阿里山鄉排雲山莊往塔塔加鞍部步道	♂	MVZ	SCR II	CH59	DH54	
TTK-K7	嘉義縣阿里山鄉排雲山莊往塔塔加鞍部步道	♀	MVZ	SCR I	CH57	DH52	
Y-K2	嘉義縣阿里山鄉排雲山莊往圓峰營地步道	♀	MVZ	SCR I	CH60	DH55	
Y-K4	南投縣信義鄉玉山國家公園圓峰山屋	♂	THU	SCR I	CH61	DH56	Y5
Y-K8	嘉義縣阿里山鄉排雲山莊往圓峰營地步道	♀	MVZ	SCR I	CH62	DH57	
Y-K9	嘉義縣阿里山鄉排雲山莊往圓峰營地步道	♂	MVZ	SCR II	CH63	DH55	Y5

樣本代號	採集地點	性別	標本來源	species tree 分群	cyt-b 基因型代 號	D-loop 基因型 代號	Y 染色體基因型 代號
Y-K11	嘉義縣阿里山鄉排雲山莊往圓峰營地步道	♂	MVZ	SCR I	CH57	DH52	Y5
Y-K13	嘉義縣阿里山鄉排雲山莊往圓峰營地步道	♀	MVZ	SCR II	CH64	DH58	Y5
YS-K1	玉山南峰	?	NCU	SCR I	CH65	DH59	
YS-K2	玉山南峰	♂	NCU	SCR I	CH53	DH60	Y5
YS-K3	玉山南峰	?	NCU	SCR I	CH65	DH61	
YS-K4	玉山南峰	?	NCU	SCR I	CH65	DH59	
YS-K5	玉山南峰	♂	NCU	SCR II	CH66	DH55	Y5
YS-K6	玉山南峰	?	NCU	SCR I	CH53	DH62	
BTG-K1	南投縣信義鄉八通關古道 16 公里處	♀	MVZ	SCR I	CH67	DH63	
BTG-K2	南投縣信義鄉老濃溪營地往下 1 公里處	♂	MVZ	SCR I	CH68	DH63	Y5
BTG-K3	南投縣信義鄉玉山國家公園白洋金礦	♂	THU	SCR II	CH69	DH64	Y5
BTG-K4	南投縣信義鄉八通關古道 16 公里處	♀	MVZ	SCR I	CH70	DH63	
BTG-K6	南投縣信義鄉八通關古道 16 公里處	♀	MVZ	SCR II	CH71	DH65	
BTG-K7	南投縣信義鄉班那依克營地	♂	MVZ	SCR II	CH72	DH65	Y5
BTG-K8	南投縣信義鄉八通關古道 12.8 公里處	♀	MVZ	SCR II	CH71	DH66	
BTG-K9	南投縣信義鄉老濃溪營地往上 1.5 公里處	♂	MVZ	SCR I	CH53	DH50	
BTG-K10	南投縣信義鄉老濃溪營地往下 1 公里處	♂	MVZ	SCR II	CH71	DH64	Y5
BTG-K11	南投縣信義鄉老濃溪營地往上 1.5 公里處	♂	MVZ	SCR I	CH53	DH60	Y5
K-K1	高雄縣桃源鄉關山	♂	THU	SCR III	CH73	DH67	Y6
K-K2	高雄縣桃源鄉庫哈諾辛	♂	THU	SCR III	CH74	DH68	

樣本代號	採集地點	性別	標本來源	species tree 分群	cyt-b 基因型代 號	D-loop 基因型 代號	Y 染色體基因型 代號
K-K3	高雄縣桃源鄉關山	♂	THU	SCR III	CH75	DH69	Y6
K-K4	高雄縣桃源鄉關山	♂	THU	SCR III	CH74	DH67	Y7
K-K5	高雄縣桃源鄉關山	♀	THU	SCR III	CH76	DH70	
K-K6	高雄縣桃源鄉往關山步道	♂	MVZ	SCR III	CH73	DH71	
K-K7	高雄縣桃源鄉往關山步道	♂	MVZ	SCR III	CH77	DH67	Y8
K-K8	高雄縣桃源鄉往關山步道	♀	MVZ	SCR I	CH62	DH72	
K-K9	高雄縣桃源鄉往關山步道	♂	MVZ	SCR III	CH73	DH71	Y6
K-K10	高雄縣桃源鄉往關山步道	♂	MVZ	SCR III	CH74	DH72	Y6
TK-K1	高雄縣桃源鄉南橫公路 143.4 公里處	♂	MVZ	SCR III	CH78	DH67	Y6
TK-K2	高雄縣桃源鄉南橫公路 143.4 公里處	♀	MVZ	SCR III	CH73	DH73	
SHY-K1	台東縣海端鄉向陽森林遊樂區	♂	THU	SCR III	CH79	DH67	
MNT-K1	台東縣延平鄉美奈田主山	♀	THU	SCR III	CH80	DH74	
MNT-K2	台東縣延平鄉美奈田主山	♀	THU	SCR III	CH81	DH75	
MNT-K3	台東縣延平鄉美奈田主山	♂	THU	SCR III	CH82	DH74	Y6
MNT-K4	台東縣延平鄉美奈田主山	♂	THU	SCR III	CH81	DH76	
PTW-K1	屏東縣泰武鄉北大武山	♂	THU	PTW	CH83	DH77	Y9
PTW-K2	屏東縣泰武鄉北大武山	♀	THU	PTW	CH84	DH78	
PTW-K3	屏東縣泰武鄉北大武山	♂	THU	PTW	CH85	DH79	Y9

THU: 東海大學; NTU: 台灣大學林雨德老師; NCHU: 中興大學吳聲海老師; NCU: 嘉義大學許富雄老師;

MVZ: Museum of Vertebrate Zoology, University of California, Berkeley, California, USA

附錄二、Y 染色體 DBY7、DBY11、DBY14 的基因型與變異所在位點。

基因型	個體數	DBY7 (378bp)											DBY11(481 bp)				DBY14 (381 bp)				
		27	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	94	267	64	193	307	341	95	106
Y1	26	A	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	T	A	C	G	A	A	T	T
Y2	3	A	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	T	G	C	G	A	A	T	T
Y3	1	A	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	T	A	C	G	A	G	T	T
Y4	5	A	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	T	A	C	G	A	A	A	T
Y5	12	A	G	G	A	A	A	C	A	T	T	T	A	G	A	C	G	A	A	T	T
Y6	7	A	G	G	A	A	A	C	A	T	T	T	A	G	A	T	A	A	A	T	C
Y7	1	A	G	G	A	A	A	C	A	T	T	T	A	G	A	T	A	G	A	T	T
Y8	1	G	G	G	A	A	A	C	A	T	T	T	A	G	A	T	A	A	A	T	C
Y9	2	A	G	G	A	A	A	C	A	T	T	T	A	G	A	C	A	A	A	T	C

— 符號代表鹼基缺失

個人資料

姓名: 王玉婷

生日: 1986 年 6 月 15 日

通訊:

E-mail: snakefishfox@gmail.com

地址: 新北市永和區永貞路 39 巷 3 號 1 樓

學歷:

國立台北師範學院附設實驗國民小學

金華國中

中正高中

私立東海大學 生命科學系 生態暨生物多樣性組 (大學部)

私立東海大學 生命科學系 生態暨生物多樣性組 (研究所)