

東海大學生命科學系  
碩士論文

指導教授：林良恭 博士  
Dr. Liang-Kong Lin

從分子資料檢視台灣地區鬼鼠之遺傳變異  
Genetic Variation of the Greater Bandicoot Rat (*Bandicota  
indica*) in Taiwan Based on Molecular Data

研究生：陳逸文  
Yi-Wen Chen

中華民國九十八年七月二十四日

## 致謝

本論文承蒙指導教授林良恭老師在野外採集、研究經費以及邏輯概念等各方面給予諸多協助與指導，以及口試委員台灣大學李玲玲老師、中山大學張學文老師、東華大學吳海音老師以及特有生物研究保育中心鄭錫奇老師對於學生論文方向及缺失給予諸多寶貴意見。感謝在研究期間提供許多意見及討論的押田龍夫老師、仕緯學長、豫煌學長、家鴻學長、守立學長、育誠學長、烏龍學長、小朱學姐、柏豪學長、怡明和詩婷，還有在行政事務上幫很多忙的助理惠美，此外也感謝生科系上曾經給過各式各樣協助的各位老師及朋友們。

感謝提供樣本的台中自然科學博物館陳彥君學姐、東華大學吳海音老師、特有生物研究保育中心張簡琳玟研究員、屏東科技大學陳貞志學長、疾病管制局王錫杰研究員及廣州大學。感謝協助進行野外採集的廈門大學李振基老師和越南國立生態及生物資源研究中心(IEBR)的 Mr. Nguyen Truong Son。在此更要特別感謝一直以來陪著我外出採集的守立學長和盈捷以及無怨無悔跟著我到處跑的軍凌。

另外要感謝中山醫學大學的雯萱、小涵、俊年、牧野、敬之、元良、宗益、怡孜、舒婷學姐及如珊學姐等人，在我分生實驗上有困難以及對未來徬徨的時候所給予的鼓勵與協助。感謝碩士班生涯中每天陪伴我的小霜霜(霜毛蝠)。也要感謝我的偶像戴佩妮跟製作人陳子鴻

給予精神上的鼓勵。除此之外，更要感謝為了這個研究所犧牲的所有看似兇猛實際卻很膽小的鬼鼠們。

最後要感謝的是我的家人，父母親給予的支持使我能無憂無慮的完成學業，妹妹經常告訴我許多發生在家中的趣事，讓我保有愉快的心情，以及大伯在學業上所給予的許多關心，還有在我每次回家時總是叮嚀我要好好唸書卻沒能看到我畢業的祖母，因為有家人們的鼓勵與支持，我才能順利完成學業。

## 目錄

中文摘要	I
英文摘要	III
一、前言	1
二、材料與方法	7
1. 樣本採集	7
2. 去氧核糖核苷酸(DNA)分析	7
3. 序列片段增幅反應(PCR)及定序	8
(1) 控制區域(d-loop)	8
(2) 細胞色素 <i>b</i> 基因(cytochrome <i>b</i> gene, <i>cytb</i> gene)	9
4. 序列分析	10
(1) 排序(alignment)及定義單型(haplotype)	10
(2) 繪製親緣關係樹(phylogenetic tree)	10
(3) 核苷酸多樣性、單型多樣性與遺傳變異	11
(4) 單型的網狀結構(haplotype network)	12
(5) 不相合分佈分析(mismatch distribution analysis)	12
三、結果	13
1. 序列資料	13
(1) 控制區域片段序列資料	13
(2) 細胞色素 <i>b</i> 基因序列資料	13
2. 分子親緣關係	14
(1) 控制區域片段序列	14
(2) 細胞色素 <i>b</i> 基因序列	15
3. 遺傳變異	17
(1) 控制區域片段序列	17

(2) 細胞色素 <i>b</i> 基因序列·····	19
4. 單型網狀關係·····	20
(1) 控制區域片段序列·····	20
(2) 細胞色素 <i>b</i> 基因序列·····	21
5. 不相合分佈(mismatch distribution) ·····	22
四、討論·····	24
1. 鬼鼠的親緣地理·····	24
2. 台灣地區鬼鼠之引進的可能性·····	30
五、參考文獻·····	35
六、表目·····	42
七、圖目·····	43
八、表和圖·····	44
九、附錄一·····	62
十、附錄二·····	68
十一、附錄三·····	70
十二、作者資訊·····	74

## 摘要

鬼鼠(*Bandicota indica*)為分布於東南亞最大型的鼠科動物，亦是台灣體型最大的鼠類動物，普遍分布於較低海拔地區，Swinhoe (1870)曾提出鬼鼠可能是1630年荷蘭人殖民時引進台灣的，但是缺乏歷史記載的證據。以遺傳學的角度來看，物種在拓殖到新環境時，應該會受到創立者效應或瓶頸效應的影響而呈現較低的遺傳多樣性。因此透過探討不同地理分布族群的遺傳結構，以及各族群間的分化程度與親緣關係，可追溯物種的演化歷史。本研究選用粒線體核苷酸之控制區域(d-loop)及細胞色素 *b* 基因(*cytb*)的序列建構親緣關係樹，以探討台灣地區鬼鼠的族群遺傳變異，並以基因單型的網狀關係圖以及不相合分布分析檢驗鬼鼠是否具有短期內引進物種的遺傳特性，並檢驗與福建、廣東和越南樣本的親緣關係。控制區域片段序列(700 bp)及細胞色素 *b* 基因完整序列(1140 bp)的親緣關係分析可將台灣的樣本分為台灣型與花蓮型兩大群，兩型間遺傳距離遠，族群分化指數高且基因交流指數低，AMOVA 分析亦顯示大部分的變異是存在於兩型之間。台灣型在 *cytb* 的單型網狀關係圖呈現分支較多的結構，與短期內引進種的情形不太一致。不相合分佈分析中具有族群擴張的現象且未受瓶頸效應影響。此外台灣型與福建的單型具有高度相近的親緣關係，顯示台灣型的鬼鼠可能是從大陸地區拓殖而來。而花蓮型單型在 *cytb*

所呈現的高遺傳多樣性指數，可能與多次入侵有關，來源初步可以排除福建、廣東及越南南部等地區。未來應該針對越南北部以及其他東南亞地區進行更多樣本的分析以釐清與花蓮型單型的親緣關係。

## Abstract

*Bandicota indica* is the largest muridae animal distributed in Southeast Asia, and also the biggest rodent generally habitat at lower elevation area in Taiwan. Swinhoe (1870) speculated that this rat had been introduced to Taiwan by the Dutch in the 17th century, but lacking the historical evidence. From the view of the genetics, species colonize a new environment should affect by the founder effect or the bottleneck effect, exhibiting a lower genetic diversity. The evolutionary history of the species could be traced by understand the genetic variations, population divergence and phylogenetic relationships of the populations in different geographical regions. In this study, I used the d-loop region and cytochrome *b* gene sequences of the mitochondrial DNA to reconstruct the phylogenetic trees in order to understand the population genetic structure of *Bandicota indica* in Taiwan, and examine the phylogenetic relationships of samples from Fujian, Guangdong, and Vietnam. I used the haplotypes network and mismatch distribution analysis to examine any genetic pattern of the recent introduced species in *Bandicota indica*. The phylogenetic analysis of the d-loop partial sequence (700 base pairs) and cytochrome *b* gene complete sequence



(1140 base pairs) can separate the Taiwan samples into two groups, Taiwan type and Hualien type. The genetic distance and sequence divergence were high between two types. Most of the variance is between two types in AMOVA analysis and the gene flow was low. The large divergent star-like structure in cytochrome *b* gene haplotypes network of Taiwan types was not consistent with the pattern of recent introduced species. The unimodal displays in mismatch distribution analysis revealed the population expansion of Taiwan types, and closely relationships between Taiwan types and Fujian haplotypes suggest that the rat might have been colonized from mainland. The high genetic diversity of cytochrome *b* sequences in Hualien types might be resulted from the multiple introduction events. In this study, however, I excluded the Fujian, Guangdong, and Southern Vietnam as the possible origin of the Hualien types. Further investigation on relationships among populations of Hualien and Northern Vietnam and other regions of Southeast Asia should be conducted in detail with more samples.

## 一、前言

鬼鼠(*Bandicota indica*)屬於齧齒目(Order Rodentia)、鼠科(Family Muridae)、鬼鼠屬(Genus *Bandicota*)為分布於東南亞最大型的鼠科動物(Aplin *et al.*, 2003)，同屬之內尚包含有另外兩個有效種，即小鬼鼠(*Bandicota bengalensis*)和賽氏鬼鼠(*Bandicota savilei*)，前者主要分布於印度、斯里蘭卡、尼泊爾與緬甸，後者主要分布於緬甸、泰國、柬埔寨以及越南(Wilson and Reeder, 2005)。鬼鼠的分布最為廣泛，主要分布於中國(四川、雲南、貴州、廣西、廣東、福建、江西)、孟加拉、印度、斯里蘭卡、寮國、緬甸、尼泊爾、泰國、越南、馬來西亞的Kedah 和 Perlis 兩處、印尼及台灣(Corbet and Hill 1992; Wilson and Reeder, 2005)。本屬種類其背毛蓬鬆且粗糙，其中摻雜有很多黑色突出的保護毛，特別是身體的下背部到臀部，一般剛捕獲的亞成體或成體的鬼鼠會豎起保護毛，並且會發出類似豬叫的特殊低吼聲。鬼鼠的門齒寬大，具有橘色或奶油色的琺琅質。鬼鼠是此屬內體型最大的種類，體長為 210 到 345 mm，而小鬼鼠屬於中等體型，體長為 160 到 250 mm，賽氏鬼鼠則和小鬼鼠具有相似的體型，體長為 180 到 240 mm (Aplin *et al.*, 2003)。

鬼鼠在台灣是體型最大的鼠類動物，體重紀錄最高可達 1180 公克，體長最大可達 332.3 mm(陳彥君 私人通訊)，普遍分布於全島低

海拔地區，目前已知分布上限約為海拔 1100 公尺，主要棲息於雜草廢耕地及農田(林良恭，1981)。偏好取食甘蔗、水稻、雜糧及雜草等植物，此外亦會取食螟蟲、夜盜蛾、蚱蜢、螻蛄等昆蟲及蚯蚓、水蛭等無脊椎動物，屬於雜食性 (王博優，1970、1977)。鬼鼠非常會挖掘地洞，並將挖掘出來的廢土堆在洞口形成一個小土丘(許富雄，1989)，是危害農作區的鼠類物種之一。由生殖腺及子宮角檢視鬼鼠生殖週期的研究顯示台灣的鬼鼠全年均可生殖，一胎產子數平均為  $5.0 \pm 2.0$  隻(鄭錫奇，1990)。

Swinhoe (1870) 曾提到他從來沒有在中國大陸觀察到鬼鼠，但是在台灣的打狗(今高雄)到大員(今台南)的道路旁卻很常見，因此他認為鬼鼠會出現在台灣，很可能是在 1630 年代荷蘭人殖民台灣時被引進來，但是他並未敘及從何處引進來。黑田支持 Swinhoe 的想法，認為鬼鼠可能是人為引進到台灣的種類(Kuroda, 1938; 黑田，1940)。但是 Tokuda(1941)則認為並沒有確切的紀錄可以證明鬼鼠是荷蘭人引進來台灣。Ellerman and Morrison-Scott (1951)則認為鬼鼠是一種與人類共存的動物，也許可以作為解釋鬼鼠在印尼及馬來半島等地呈現跳躍分布的原因。Lekagul and McNeely(1977)及 Marshall (1977)則都認為鬼鼠的體型大，吃起來又美味，並且與人共生，因此可能透過人類攜帶造成地理上的散播。Wilson and Reeder (2005)認為台灣地區的鬼

鼠是有人為引進的可能，但是未多加說明其判斷的依據。

從遺傳的角度來看，當一個物種拓殖到新的棲地時，因為拓殖族群僅為母族群的一部份，即可表現出創立者效應(founder effect)，或接著亦可能面臨新環境壓力，經歷瓶頸效應(bottleneck effect)，導致族群數量變少後再增加的一段過程，因此新的拓殖族群在遺傳結構上可能產生基因漂移(genetic drift)，將呈現較低的遺傳多樣性。但是拓殖族群若是與母族群之間若具有頻繁的基因交流(gene flow)的話，則可能降低基因漂移所造成的影響(Nei *et al.*, 1975)。親緣地理學(phylogeography)結合了遺傳結構與物種地理分布的資訊，可以瞭解在不同地理分布的物種或族群所具有的遺傳變異以及各物種或族群之間的分化程度與親緣關係，因此可藉此透過親緣地理的方式來檢視物種或不同地理族群的演化歷史。

在人為協助之下所產生的生物拓殖通常為較近期發生的事件，故創立者效應易被檢驗出來(Cox, 2004)。例如南美洲的大西洋鮭魚(*Salmo salar*) (Valiente *et al.*, 2007)、美洲東岸的美洲家朱雀(*Carpodacus mexicanus*) (Hawley *et al.*, 2006)以及義大利的一種壁蜥(*Podarcis sicula*) (Capula, 1994)，與原生地區的族群比較，具有較低的遺傳變異。Hingston *et al.* (2005)透過檢視引進馬達加斯加島的單型與其他地區的黑鼠(*Rattus rattus*)粒線體DNA控制區域片段序列，發現島

上族群的單型多樣性及核苷酸多樣性皆明顯偏低。Gündüz *et al.* (2001) 亦利用控制區域片段序列檢視馬德拉群島上的小家鼠(*Mus musculus domesticus*)，島上族群的核苷酸多樣性亦偏低。

若是被引進族群是來自多個不同的原生族群，或近期內經由多次的引進，那麼創立者效應可能不明顯，被引進的族群則可能具有與原生族群較相似的遺傳多樣性(Cox, 2004)。像沙氏變色蜥(*Anolis sagrei*) 因為多次的入侵，造成美國佛州的入侵族群基因多樣性甚至高於原生地區之一的古巴(Kolbe *et al.*, 2004)。

粒線體 DNA (mitochondrial DNA, mtDNA) 因為具有母系遺傳的特性、分子量小、無核酸修補機制、無插入子(intron)與假基因(pseudogene)、高副本數(high copy number)、演化速度比核 DNA 快 5-10 倍，因此適合作為研究的遺傳標記物質，可用來追溯親族譜系以及演化歷史，因而已被廣泛地應用在探討族群遺傳結構以及物種親緣地理的相關研究中(Avise *et al.*, 1987; Avise, 1994; Oshida *et al.*, 2000; 2001; 2006; Yuan *et al.*, 2006; 朱巧雯, 2006; 張育誠, 2007; 鄭維新, 2007)。透過基因單型的網狀關係圖(haplotypes network)，可以瞭解各個基因單型間的親緣關係及演化步驟，通常短時間內拓殖的族群，所呈現的大多是短分支星狀放射(star-like)的網狀關係，而位於中央的單型通常為出現機率最高或數量最多的單型，也就是最可能的原

始基因單型，在分支末端則為最近分化出來的單型，因此可以藉此回溯單型的共同祖先(Avise, 2000)。因為人為引進種通常具上述之結構，如馬達加斯加島上的黑鼠即呈現類似這種短分支星狀放射的網狀關係(Hingston *et al.*, 2005)。

利用不相合分佈分析(mismatch distribution)，即透過計算族群內任兩個體間的核酸序列差異(pairwise difference)的分布情形，以族群內遺傳多樣性的資料，可用來推估族群大小變動的歷史。若一個族群在過去一段短時間內快速成長，則分析結果會呈現符合普瓦松分佈(poisson distribution)的單峰分佈模式。若是族群呈現穩定狀態，則會呈現差異較多的單峰型分佈模式(Rogers and Harpending, 1992; Rogers, 1995)。引進種在引進後，由於極短時間內族群擴張所能累積的變異應該不多，如歐洲的小斑獾(*Genetta genetta*)呈現出兩兩序列差異極小的單峰分佈情形(Gaubert *et al.*, 2009)。

本研究選擇粒線體 DNA 中的控制區域片段(control region or d-loop region)及的細胞色素 *b* 基因(cytochrome *b* gene)為遺傳標記物質，來探討台灣地區鬼鼠的族群遺傳變異。本研究目的主要是檢視台灣地區鬼鼠的族群遺傳結構與親緣地理關係，驗證其是否具有短期內引進物種的遺傳特性，並討論台灣地區的鬼鼠是否真的如同 Swinhoe(1870)所認為，是在 17 世紀荷蘭殖民時期被人為引進到台

灣，抑或是經由自然的生物拓殖至台灣地區。

## 二、材料與方法

### 2.1 樣本採集

本研究的鬼鼠組織樣本共計有 139 份，總共取自台灣地區 35 個地點之鬼鼠 124 個樣本，另取得中國福建 2 個地點 5 個樣本，廣東 1 個地點 3 個樣本，越南北部 1 個地點 1 個樣本及越南南部 3 個地點 6 個樣本，所有採集的樣本皆以衛星定位系統(global positioning system, GPS)紀錄採樣位置資訊，各採樣地點分布如圖一及表一，樣本來源詳細資訊詳見附錄一。

後續分析用於外群比較的物種，其中以台中市南區捕捉之溝鼠 (*Rattus norvegicus*) 作為控制區域序列的外群，另外經由 NCBI (National Center for Technological Information) 資料庫取得相近種小鬼鼠 (*B. bengalensis*) 的序列資料 (accession number: AM408336.1) 則作為細胞色素 *b* 基因序列的外群。

### 2.2 去氧核糖核苷酸(DNA)分析

標本採集後，利用滅菌消毒過的解剖工具，依據標本現存狀況選擇剪取標本的外耳殼、趾頭、尾巴、毛皮、肝臟或肌肉少許組織，以 99.8 % 酒精保存於冷凍小管中，並存放於 -20 或 -80°C 的冰箱中。萃取 DNA 時，每個樣本採取 3-5 mg 的組織，利用 MasterPure™ DNA Purification Kit (EPICENTRE® Biotechnologies, Madison, Wisconsin) 萃



取個體的所有 DNA(genomic DNA)。

## 2.3 序列片段增幅反應(PCR)及定序

利用萃取出 genomic DNA 進行聚合酶連鎖反應(polymerase chain reaction, PCR)增幅粒線體 DNA 片段，所使用的分子標記為粒線體 DNA 的控制區域(d-loop)及細胞色素 b 基因(cytochrome *b* gene, *cytb* gene)。

### 2.3.1 控制區域(d-loop)

利用 Oshida 等人所設計的引子(primer) L15933 與 H637 (Oshida *et al.*, 2001)，對控制區域片段序列進行擴增，引子序列詳見表二。PCR 反應總體積為 50  $\mu$ l，包括 0.5  $\mu$ l genomic DNA，每個 primer 為 0.3  $\mu$ l (25 pmol/ $\mu$ l)，4  $\mu$ l 的 dNTP Mix，5  $\mu$ l 的 buffer，0.2  $\mu$ l 的 Taq polymerase。PCR 反應過程為預熱(preheat temperature)：95°C，10 分鐘，接下來是 35 個循環的連續三個步驟：變性解開(denaturing temperature)：95°C，1 分鐘、黏合(annealing temperature)：53°C，1 分 30 秒、延展(extension temperature)：72°C，2 分鐘，經過 35 個循環後，最後的延展反應為 72°C，10 分鐘，使延展反應作用完全，反應後降溫至 4°C 保存。所得之 PCR 產物以 1.2 % 洋菜膠(agarose gel) 進行瓊脂糖膠體電泳反應(electrophoresis)，並經過溴化乙錠(ethidium bromide, EtBr)染色確認是否增幅成功。增幅成功的樣本委由明欣生物

科技有限公司(Mission Biotech Co. Ltd., Taipei, Taiwan)進行 PCR 產物純化後，採用自動定序儀(ABI PRISM™ 3730 XL DNA Analyzer, Applied Biosystems, California, USA) 以 PCR 反應引子 L15933 與 H637，來進行序列定序。

### 2.3.2 細胞色素 *b* 基因(Cytochrome *b* gene, *cytb* gene)

利用通用引子 L14724 (Kocher *et al.*, 1989)與 Oshida 等人設計的引子 H15910 (Oshida *et al.*, 2000)，搭配兩段自行設計的引子 Cb-F1 及 Cb-R1 進行 *cytb* 基因序列擴增。另外設計 Cb-F2 與 Cb-R2 配合 H14742 (Martin *et al.*, 2000)對於部份組織保存較差的個體進行序列擴增，引子序列詳見表二。PCR 反應總體積為 50  $\mu$ l，包括 0.5  $\mu$ l genomic DNA，每個引子為 0.3  $\mu$ l (25 pmol/ $\mu$ l)，4  $\mu$ l 的 dNTP Mix，5  $\mu$ l 的 buffer，0.3  $\mu$ l 的 Taq polymerase。PCR 反應過程與前述控制區域相似，預熱：95 $^{\circ}$ C，7 分鐘，接著 35 個循環的連續三個步驟：變性解開：95 $^{\circ}$ C，1 分鐘、黏合：53 $^{\circ}$ C，1 分 15 秒、延展：72 $^{\circ}$ C，2 分鐘，接著進行最後的延展反應為 72 $^{\circ}$ C，10 分鐘，使延展反應作用完全，反應後降溫至 4 $^{\circ}$ C 保存。增幅成功的樣本亦委由明欣生物科技有限公司進行 PCR 產物純化，再以兩段自行設計的引子 Cb-F1 及 Cb-R1 來進行基因片段的定序。

## 2.4 序列分析

### 2.4.1 排序(alignment)及定義單型(haplotype)

將所有定序成功所得樣本的 d-loop 及 *cytb* 序列資料匯入軟體 BioEdit Version 7.0.9.0 (Hall, 1999)，以其中的 ClustalW (Thompson *et al.*, 1994)方法進行排序(alignment)並切齊，結果利用肉眼進行檢視以及人工校正。利用軟體 DAMBE Version 5.0.80(Xia and Xie, 2001)將所有序列中相同的歸為同一個單型(haplotype)，將控制區域序列單型定義為 DH，細胞色素 *b* 基因序列定義為 CH，並根據採集點分布排序。

### 2.4.2 繪製親緣關係樹(phylogenetic tree)

利用軟體 MEGA Version 4.1 beta2 (Kumar *et al.*, 2008)以鄰接法 (neighbor-joining method, NJ)及最大簡約法(maximum parsimony method, MP)；軟體 PhyML Version 3.0 (Guindon and Gascuel, 2003)以最大概似度法(maximum likelihood method, ML)；軟體 MrBayes Version 3.1.2 (Ronquist and Huelsenbeck, 2003)以貝氏法則(bayesian inference, BI)，分別繪製 d-loop 及 *cytb* 序列的單型親緣關係樹。在以最大概似度法及貝氏法則繪製前，先運用軟體 MODELTEST Version 3.7 (Posada and Crandall, 1998)檢驗選擇出序列資料所最適用的鹼基取代模型，並依據結果設定各項參數。各節點的分支支持則以拔靴法 (bootstrap method) (Felsenstein, 1985)進行1000次的重複取樣計算。

### 2.4.3 核苷酸多樣性、單型多樣性與遺傳變異

利用軟體DnaSP Version 5.00.03 (Librado and Rozas, 2009)計算核苷酸多樣性(nucleotide diversity;  $\pi$ )、單型多樣性(haplotype diversity)、變異位點(variable site)的數量及可辨識位點(parsimony informative site)的數量。再利用軟體MEGA Version 4.1 (Kumar *et al.*, 2008)根據Kimura-2-parameter，計算各地區樣本的族群內遺傳距離，以及族群間的遺傳距離，亦即族群間的核酸序列差異值(nucleotide diversity between populations;  $D_{xy}$ )和族群間的核酸淨差異值(net nucleotide diversity between population;  $D_a$ )。其中 $D_{xy}$ 值為比較兩族群間任取兩基因單型的平均差異，可以用來比較族群間的多樣性差異。而 $D_a$ 值則被視為族群間的遺傳距離。

依照序列親緣關係樹所得到的親緣系群(lineage)結果，利用軟體DnaSP進行Tajima's D test (Tajima, 1989) 及Fu and Li's  $D^*$  test (Fu and Li, 1993)等中性檢測(neutral test)，檢測選用的分子遺傳標記在族群中的遺傳變異是否為中性，以了解遺傳變異是否只有受到隨機的基因漂變(genetic drift)影響，而不受其他因素影響，若檢測出來的數值在統計上不顯著，表示遺傳變異屬於中性突變(Kimura, 1983)。再計算各親緣系群之間的遺傳分化指數(fixation index;  $F_{st}$ )，主要是用來判斷族群間遺傳分化(genetic differentiation)的情形，數值越大代表族群間分

化越大；另外計算基因交流指數(number of migrants per generation; Nm)，代表的是每個世代族群間遷徙個體數，可用來間接評估基因交流的大小，數值越大代表基因交流越強(Hudson *et al.*, 1992)。再利用軟體Arlequin Version 3.11 (Excoffier and Schneider, 2005)進行分子變方分析(analysis of molecular variance; AMOVA) (Excoffier *et al.*, 1992)，用以評估變異在族群內、族群間與地理間的分佈模式， $\phi_{CT}$ 為地理區間的分化程度， $\phi_{ST}$ 為族群間的分化程度， $\phi_{SC}$ 為地理區內族群間的分化程度。

#### **2.4.4 單型的網狀結構(haplotype network)**

利用軟體TCS Version 1.21 (Clement *et al.* 2000) 進行分析，運用95 %最大統計簡約法則(statistical parsimony)將各個單型之間的改變量計算出來，然後將僅有單一改變量的單型連接起來，若兩兩單型之間改變量過大，其間則以未取樣到的一至多個假設單型來連接，使其形成網狀關係圖，用以表現各個單型間的差異與關聯性，並可呈現基因單型間的親緣關係與演化步驟。

#### **2.4.5 不相合分佈分析(mismatch distribution analysis)**

將排序好的序列資料匯入軟體 DnaSP，將序列資料轉換成 Arlequin 格式，利用軟體 Arlequin 進行不相合分佈分析，並進行 1000 次的重複取樣計算，將得到的結果數據利用 Excel 進行繪圖。

### 三、結果

#### 3.1 序列資料

##### 3.1.1 控制區域片段序列資料

在台灣地區 124 個鬼鼠的樣本中，成功完成控制區域片段序列定序的共有 124 個樣本，有效可供分析的序列長度為 700 bp，其中沒有插入(insertion)或者缺失(deletion)的情形。總共可定義出 29 個單型(haplotype): DH01-DH29，包含 36 個變異位點(variable site) (附錄二)，其中有 29 個為可辨識位點(parsimony informative site)。核苷酸多樣性( $\pi$ )為  $0.956 \pm 0.101\%$ ，單型多樣性(Hd)為  $0.935 \pm 0.009$  (表三)。

台灣以外地區 15 個鬼鼠的樣本中，成功完成定序的有 14 個樣本，其中有一個廣東樣本定序失敗，同樣使用長度為 700 bp 的序列進行分析，共定義出 8 個單型: DH30-DH37，包含 32 個變異位點(附錄二)，其中有 23 個為可辨識位點。各地區的核苷酸多樣性與單型多樣性詳見表三。

##### 3.1.2 細胞色素 *b* 基因序列資料

在台灣地區 124 個鬼鼠的樣本中，成功完成細胞色素 *b* 基因序列定序的共有 124 個樣本，有效可供分析的序列為 1140 bp 的完整序列，亦沒有發現有插入或缺失的狀況。共定義出 35 個單型: CH01-CH35，包含 70 個變異位點(附錄三)，其中有 58 個為可辨識位點。核苷酸多樣性

( $\pi$ )為 $0.723 \pm 0.098\%$ ，單型多樣性(Hd)為 $0.939 \pm 0.009$  (表三)。

台灣以外地區 15 個鬼鼠的樣本中，成功完成定序的總有 14 個樣本，其中有一個越南南部樣本定序失敗，同樣以長度為 1140 bp 的序列進行分析，共定義出 10 個單型：CH36-CH43，包含 69 個變異位點(附錄三)，其中有 50 個為可辨識位點。其他各地區的核苷酸多樣性與單型多樣性詳見表三。

### 3.2 分子親緣關係

經由 MODELTEST 檢驗結果，不論 d-loop 或是 *cytb* 序列資料，最適用的鹼基取代模型皆為 HKY+I+G model，除鄰接法(NJ)與最簡約法(MP)外，最大概似度法(ML)和貝氏法(BI)皆設定模式為 HKY+I+G model，並依照參數建構親緣關係樹。

#### 3.2.1 控制區域片段序列

由四種統計方法所建構的親緣關係樹，可將所有樣本分成三大群，分別為台灣多數樣本(n=110)及福建(n=5)為第 I 群，部份花蓮的樣本(n=14)則是第 II 群，越南南部(n=6)則為第 III 群(圖二)。第 I 群內節點支持度低於 60% 的皆予以省略，福建樣本與台灣型樣本之間的分支支持度亦皆低於 60%，事後機率(posterior probability)低於 70%，顯示兩者之間的關係相近歸為同一群。此外，在第 I 群中，從 NJ tree 來看，DH05 與 DH07 可歸為一小群，主要分布在苗栗、台中、

彰化和南投；MP tree 中則是 DH03、DH04、DH08、DH11 和 DH22 歸為一小群，主要分布於新竹、苗栗、台中、彰化和高雄；ML 及 BI tree 中則是都具有上述兩小群(圖二和表一)。另外 DH23 在所有的樹型中皆以高支持度被分出來，而此單型分布於台東鹿野(圖二和表一)。廣東(n=2)和越南北部(n=1)與越南南部的樣本，在鄰接法所建構的樹型中有稍微高於 70% 的支持度，因此歸於第 III 群內(圖二 a)，但是在其他三種方法所建構的樹型中，廣東和越南北部樣本則分別歸為第 IV 群及第 V 群，與其他樣本的關係因為支持度不高且不明確(圖二 b、圖二 c 和圖二 d)。此外，廣東與越南北部樣本之間的關係亦因支持度低，皆低於 50%，因此呈現不明確的情形。在鄰接法與最大簡約法所建構的樹型中，第 II 群較早分離出來(圖二 a 和圖二 b)，而在最大似度法與貝氏法的樹型中則是第 III 群先被分出來(圖二 c 和圖二 d)，但是此節點的分支支持度在四種方法中都不高，因此在此三大群分群的先後順序上並無法提供有效的支持。因此可以看出在台灣這個相同地理區域內的樣本，形成具有台灣型(Taiwan type)與花蓮型(Hualien type)兩個不同分群的情形。

### 3.2.2 細胞色素 *b* 基因序列

由四種統計方法所建構的親緣關係樹中，大致上可將所有樣本分成三大群，分別以台灣多數的樣本(n=110)及福建樣本(n=5)為第 I



群，廣東(n=3)則是第Ⅱ群，越南南部(n=5)則為第Ⅲ群(圖三)。在第Ⅰ群中節點支持度低於60%的皆予以省略，而福建樣本與台灣樣本之間的拔靴值支持度亦皆低於60%，事後機率低於80%，顯示兩者之間關係相近，無法有效區分開來，因此歸為同一群內。此外在第Ⅰ群中均具有四個小群，分別是CH03、CH04、CH05、CH06和CH12為一小群，分布於新竹、苗栗和彰化；CH08、CH11和CH20為一小群，主要分布於台中及高雄；CH09、CH13、CH15和CH18為一小群，分布於台中、彰化和南投；分佈在花蓮鳳林到富里一帶的CH28和CH30則是歸為另一群，但又與分佈於花蓮及台東的CH27和CH29以低支持度歸為一群，顯示東部花蓮地區的族群與西部具有不同的分化，但是分化並不明顯(圖三和表一)。在第Ⅱ及Ⅲ群中，拔靴值支持度(bootstrap support value)皆高達99%以上，事後機率高達100%，因此分別具有明顯分群。而在最大簡約法所建構的樹型中，少部份花蓮樣本(n=2)所具有的一個單型與越南北部樣本(n=1)，因為99%的支持度可獨立歸為第Ⅳ-1群，其他花蓮單型則歸為第Ⅳ-2群(圖三 b)。但是在貝氏法所建構的樹型中，多數花蓮樣本(n=14)與越南北部的單型因事後機率高達99%而可歸為第Ⅳ群(圖三 d)。但在鄰接法與最大概似度法所建構的樹型中，多數花蓮樣本均與越南北部樣本因為支持度皆低於55%以下，顯示這些樣本在整個樹型之中的關係並不

明確，無法有效歸為一群，但是卻也無法與台灣其他多數樣本歸為同一群，但是其中亦呈現出可將花蓮其中一單型與越南北部樣本以 100% 的支持度歸為獨立一小群，與最大簡約法建構的樹型中之第 IV-1 群相似，因此在鄰接法及最大概似度法的親緣關係樹中僅依採集點將其視為第 IV 群(圖三 a 和圖三 c)。而此結果亦可看出台灣地區具有非單獨的一群，而是形成具有台灣型(Taiwan type)與地位不明確的花蓮型(Hualien type)。

### 3.3 遺傳變異

從分子親緣關係的結果來看，可以將分布於台灣的樣本分為兩部份，即台灣型及花蓮型，因此在遺傳距離的計算上，將台灣樣本視為兩個不同的族群分開計算。其他的樣本則以地理遠近分為福建族群、廣東族群、越南北部族群及越南南部族群分開計算。

#### 3.3.1 控制區域片段序列

台灣型群內本身核苷酸歧異度具有 0.49 % 的差異，而花蓮型群內則具有 0.1 % 的差異(表四)。根據根據 Kimura-2-parameter 所計算族群間的核酸序列差異值(Dxy)詳見表五，亦即表示族群間的多樣性差異，其中台灣型與花蓮型差異很大(2.86 %)，但與福建樣本差異並不多(0.67 %)，其餘差異皆高於 1.15 % 以上。而台灣型與花蓮型之間的核酸序列淨差異值(Da)高達 2.56 %，與福建族群差異僅有 0.37 %，與

廣東族群差異達 1.91 %，與越南北部族群差異高達 2.49 %，與越南南部族群差異則是 2.22 %。而花蓮型與福建族群差異達 2.54 %，與廣東族群差異達 1.66 %，與越南北部族群差異為 2.54 %，與越南南部的差異為 2.45 % (表五)。

中性檢測(neutral test)的結果中，花蓮型樣本的 Tajima's D 值與 Fu and Li's D 值皆呈負值且顯著偏離 0，而其餘均呈現無顯著差異，顯示遺傳變異屬於中性突變，不受天擇影響。

各地區族群的族群分化指數(Fst)與基因交流指數(Nm)詳見表七，僅台灣型族群與福建族群之間的 Fst 值較低(0.54)，其餘兩兩分群的比較結果均很高，顯示各群之間的遺傳分化明顯。而從基因交流指數來看，顯示台灣型族群與福建族群之間的指數最高(0.21)，其餘皆低於 0.1，亦顯示各群之間的遺傳分化明顯。由於越南北部樣本數過低(n=1)，無法計算此兩項數值，因此無法比較。

將所有樣本以六大群進行 AMOVA 的結果，即台灣型、花蓮型、福建族群、廣東族群、越南北部族群和越南南部族群，顯示大部分的變異是存在於群間的(80.45 %)，其群間的遺傳分化指數  $\phi_{CT}$  為 0.80451，因此在群間具有極高的遺傳分化。而將台灣的樣本分為台灣型及花蓮型進行 AMOVA 分析的結果顯示，大部分的變異是存在於兩型之間(83.61 %)，其兩型之間的遺傳分化指數  $\phi_{CT}$  為 0.83614，結

果接近顯著，因此顯示兩型具有相當的遺傳分化(表九)。

### 3.3.2 細胞色素 *b* 基因序列

台灣型群內本身核苷酸歧異度具有 0.31 % 的差異，而花蓮型群內則具有高達 0.75 % 的差異(表四)。根據根據 kimura-2-parameter 所計算族群間的核酸序列差異值(Dxy)詳見表六，亦即族群間的多樣性差異，其中台灣型與花蓮型差異達 2.4 %，但是與福建的單型差異卻僅有 0.35 %，其餘差異皆高於 1.8 % 以上。而台灣型與花蓮型之間的核酸序列淨差異值(Da)高達 1.87 %，與福建族群差異僅有 0.16 %，與廣東族群差異達 3.15 %，與越南北部族群差異高達 3.15 %，與越南南部族群差異則是 3.05 %。而花蓮型與福建族群差異達 2.02 %，與廣東族群差異達 2.05 %，與越南北部族群差異為 1.50 %，與越南南部的差異為 1.94 % (表六)。

中性檢測(neutral test)的結果中，僅花蓮型樣本的 Fu and Li's D 值顯著偏離 0 且為正值，表示保留了相當的多型性。其餘均呈現無顯著差異，顯示遺傳變異屬於中性突變，不受天擇影響。

各地區族群的族群分化指數(Fst)與基因交流指數(Nm)詳見表八，僅台灣型族群與福建族群之間的 Fst 值較低(0.46)，其餘兩兩分群的比較結果均很高，顯示各群之間的遺傳分化明顯。而從基因交流指數來看，顯示台灣型族群與福建族群之間的指數最高(0.29)，其餘依

然低於 0.1，亦顯示各群間遺傳分化明顯。而因為越南北部的樣本數過低(n=1)，無法計算此兩項數值，因此無法比較。

將所有樣本以六大群進行 AMOVA 的結果，即台灣型、花蓮型、福建族群、廣東族群、越南北部族群和越南南部族群，顯示多數的變異(83.81%)是由群間所產生的，其群間的遺傳分化指數  $\phi_{CT}$  為 0.83806，顯示各大群之間均有顯著性的遺傳差異。而將台灣的樣本分為台灣型及花蓮型進行 AMOVA 分析的結果顯示，具有 83.24% 的顯著變異是由此兩型的不同所產生，其兩型之間的遺傳分化指數  $\phi_{CT}$  為 0.83243 且達顯著，顯示兩型具有明顯的遺傳分化(表九)。

### 3.4 單型網狀關係

以 95% 最大統計簡約法則(statistical parsimony)計算所建立的單型網狀關係，其中各個單型在樣本數所佔的比例以圖形的大小表示，圖四及圖五中出現的方形所代表的是軟體所計算出最有可能是祖先型的單型。

#### 3.4.1 控制區域片段序列

在以 95% 最大統計簡約法則計算之下，所有的單型被分割成兩部份，其中台灣型與福建的單型連接在一起，而花蓮型、廣東的單型及越南的單型則是被分割出來。

在包含台灣型單型的網狀關係中，以軟體計算結果顯示 DH04 為

最有可能的祖先型單型(圖四)，而此一單型主要分布在新竹及苗栗一帶(表一)。而包含花蓮型單型的網狀關係中，最可能的祖先行單型為DH24(圖四)，而此單型分布主要在花蓮縣的瑞穗鄉和吉安鄉(表一)。

分布在福建的兩個單型主要位在網狀關係較外圍分支的部份，與台灣型的單型之間只有 1 到 3 個核苷酸的改變量，相似度極高。而花蓮型單型與廣東的單型較為相似，但是具有 11 個核苷酸改變量，廣東的單型與越南北部的單型之間則有 6 到 10 個核苷酸改變量，接著越南北部的單型與南部的單型之間則具有 10 個核苷酸的改變量(圖四)。

### 3.4.2 細胞色素 *b* 基因序列

以 95 %最大統計簡約法則計算之下，所有的單型被分割成五個部份，台灣型的單型與福建的單型仍然連接在一起，花蓮型的單型被分兩部份，其中一個單型與越南北部的單型具有 6 個核苷酸改變量，其他四個花蓮型的單型則是互相連接，並且這四個單型之間核苷酸改變量差異頗大，單型間具有多個未取樣到的假設單型存在，而廣東的單型與越南南部的單型則是另外連接成一群，而且其間核苷酸改變量不高(圖五)。在包含台灣型單型的網狀關係中，以軟體計算結果顯示CH07 為最有可能的祖先型單型(圖五)，而此一單型主要分布於台中、彰化、南投、台南和屏東等地 (表一)。而包含大部分花蓮型單

型的網狀關係中，最可能的祖先行單型為 CH31(圖五)，而此單型分布主要在花蓮縣的瑞穗鄉和吉安鄉(表一)。

### 3.5 不相合分佈(mismatch distribution)

將台灣島內樣本以不相合分佈分析的結果，橫軸為兩個相比較的序列核苷酸的差異數量，縱軸為差異所佔的頻度，結果得到平均的差異為 6.692 (d-loop)及 8.245 (cytb)，而 raggedness index 為 0.0223 (d-loop)及 0.0102 (cytb)，p 值為 0.416 (d-loop)及 0.850 (cytb)皆不顯著，而不相合分佈呈多個波峰(multimodal)(圖六 a 和圖七 a)。在非單峰分佈的結果中，raggedness index 值小表示符合虛無假說(null hypothesis)，即符合迅速擴張的模式(sudden expansion model)，此外 p 值大於 0.05 不顯著則無法拒絕虛無假說，亦即符合迅速擴張的模式。由親緣關係樹及單型網狀關係圖的結果來看，因為台灣型樣本與花蓮型樣本差異甚大，因此將樣本中差異明顯的花蓮型樣本去除，即只分析台灣型的樣本，結果可以得到平均的差異為 3.477 (d-loop)及 3.493 (cytb)，raggedness index 為 0.0306 (d-loop)及 0.0135 (cytb)，p 值為 0.279 (d-loop)及 0.795 (cytb)，其中不相合分佈在細胞色素 *b* 基因序列上呈單一波峰(unimodal)，而在控制區域序列上呈現出不明顯雙峰的情形(圖六 b 和圖七 b)，但是 r 值小且 p 值皆不顯著，因此仍符合迅速擴張的模式。此外只分析花蓮型的樣本，結果可以得到平均的差異為 0.714 (d-loop)

及 8.440 (*cytb*)，raggedness index 為 0.4016 (d-loop)及 0.3078 (*cytb*)，p 值為 0.625 (d-loop)及 0.155 (*cytb*)，其中不相合分佈在細胞色素 *b* 基因序列上呈多個波峰(multimodal)，而在控制區域序列上呈現不明顯雙峰的情形(圖六 c 和圖七 c)，r 值大顯示並不符合迅速擴張的模式。



## 四、討論

### 4.1 鬼鼠的遺傳變異及親緣地理

就 d-loop 與 *cytb* 親緣關係樹而言，其樹形皆支持台灣地區鬼鼠的遺傳結構可區分為全島分布的台灣型與僅分布於花蓮一帶的花蓮型（圖二、圖三和表一），且兩型所呈現高的分化指數( $F_{st}$ )與低的基因交流指數( $N_m$ )（表七和表八），另 AMOVA 分析結果亦顯示有 83% 以上的變異為兩群間所構成的（表九），顯示台灣地區鬼鼠的遺傳結構具有地理上明顯的結構。

就其他台灣地區中、低海拔的齧齒類動物遺傳結構相比較，赤腹松鼠(*Callosciurus erythraeus*)之 d-loop 序列的結果顯示在台灣具有四個地理分群，而此四個分群的遺傳距離為 0.99 % 到 2.10 % (Oshida *et al.*, 2006)，然而台灣鬼鼠的兩大分群之 d-loop 遺傳距離為 2.56 %；小黃腹鼠(*Rattus losea*) *cytb* 序列在台灣可分為三個地理分群，此三個分群的遺傳距離為 0.03 % 到 0.39 % (鄭維新, 2006)，而台灣鬼鼠的兩大分群之 *cytb* 遺傳距離為 1.87 %。赤腹松鼠的地理分群主要是受到山脈分隔形成 (Oshida *et al.*, 2006)，小黃腹鼠亦是山脈分隔所形成的分群 (鄭維新, 2006)，反觀台灣地區的鬼鼠，台灣型與花蓮型之間的遺傳距離如此之大是較為罕見的。

由於本研究 d-loop 的序列長度僅有 700 bp，而 *cytb* 的序列長度

為全長 1140 bp，後者帶有的變異位點訊息較為豐富，在此僅討論 *cytb* 序列所計算出的遺傳多樣性指數。其台灣型之單型多樣性與核苷酸多樣性分別為  $0.920 \pm 0.014$  與  $0.303 \pm 0.023$  (%)，而花蓮型的鬼鼠分別為  $0.593 \pm 0.144$  與  $0.740 \pm 0.248$  (%) (表四)。Grant and Bowen (1998) 將核苷酸多樣性( $\pi$ )與單型多樣性( $h$ )的變異組成分為四種關係，用來推估族群歷史，即(一)當單型多樣性( $h$ )與核苷酸多樣性( $\pi$ )的變異都低 ( $h < 0.5, \pi < 0.5$  %)，表示曾發生瓶頸效應或是由單一且少數個體所產生的創立者效應；(二)當單型多樣性的變異大與核苷酸多樣性的變異低，表示經歷低有效族群量後又伴隨著迅速的族群成長與突變的累積；(三)當單型多樣性的變異低與核苷酸多樣性的變異高時，這可能是來自於兩個分歧之族群中極少數的有效族群發生二次接觸 (secondary contact) 所導致，或者是在一個大而且穩定的族群中發生了瓶頸效應所產生；(四)單型多樣性與核苷酸多樣性的變異均高時，表示是一個大而穩定的族群在經過長時間的演化所產生的，或者是兩個分歧之異域族群二次接觸後形成。台灣型的鬼鼠在 *cytb* 序列的分析結果是屬於第二類型，顯示台灣型的鬼鼠可能是經歷低有效族群量 (effective population size) 後，伴隨著迅速的族群成長與部份突變的累積而構成現在的族群遺傳多樣性。在台灣的菊池氏細鯽 (*Aphyocypris kikuchii*) 亦具有低核苷酸多樣性，推測是因為在經歷一段低有效族群

數量的時期過後，近期產生族群的擴張所導致(Lin *et al.*, 2008)。花蓮型的鬼鼠在 *cytb* 序列的分析結果則是屬於第四類型，表示是一個大而穩定的族群在經過長時間的演化所產生的，或者是兩個分歧之異域族群二次接觸後形成。針對台灣小蹄鼻蝠(*Rhinolophus monoceros*)的研究，Chen *et al.* (2006)指出東部族群具有高遺傳多樣性，是由島內具有已分化的不同族群相混合所形成。

從 d-loop 以及 *cytb* 的親緣關係樹來看，所有的樹型皆呈現出台灣型和福建為同一親緣群(圖二和圖三)，並且其間之遺傳距離差異僅有 0.37 % (d-loop)與 0.16 % (*cytb*) (表五和表六)，而台灣型和花蓮型之間的遺傳距離卻高達 2.56 % (d-loop)與 1.87 % (*cytb*)。就小黃腹鼠的研究而言，分布於台灣地區的小黃腹鼠與金門地區(等同於福建的族群)的 *cytb* 遺傳距離為 1.7 %到 2.8 %，與島內地理分群為 0.03 %到 0.39 %相比的差異高(鄭維新，2006)，此結果與距離隔離(isolation by distance)的理論概念相符合，而台灣型鬼鼠則不符合。另從台灣地區小家鼠(*Mus musculus*)的研究來看，金門地區與台灣地區的 d-loop 遺傳距離僅為 0.287 %到 0.497 %之間，而島內各族群與台灣東南部的族群(壽豐到關山一帶)間之遺傳距離乃為 0.616 %到 1.81 %之間，此結果並不符合距離隔離的模式(楊尚達，1998)。台灣東南部的小家鼠族群具有較高比例的特定基因型，形成族群內分化較深的一群，被認

為是另一次的入侵(楊尚達, 1998)。花蓮型鬼鼠與小家鼠東南族群較為相似的情形, 亦顯示花蓮型鬼鼠具有另一次入侵的可能。

台灣型鬼鼠不論是在 d-loop 或 *cytb* 序列的分析所建構的親緣關係樹皆顯示與廣東、越南北部以及越南南部均屬於不同的分群(圖二和圖三), 然而 *cytb* 親緣關係樹中, 在台灣型與福建單型所屬的第 I 群內, 分布於花蓮地區的 CH28 和 CH30 可以接近 70% 的支持度歸為一小群, 顯示分布於東部花蓮地區的台灣型單型與其他地區的台灣型有些微的分化, 可能是由於中央山脈的阻隔所影響, 但是隔離的效果並不高。而花蓮型的鬼鼠與福建、廣東、越南北部及越南南部之間的遺傳距離, 除了越南北部以外, 其餘在各樹型中皆顯示與花蓮型是屬於不同的分群(圖二和圖三)。從 *cytb* 的 MP 親緣關係樹來看, 其中花蓮型的其中一單型與越南北部以高支持度分屬於同一群(第 IV-2 群)(圖三 b); 在 *cytb* 的 BI 樹型中, 亦以高支持度呈現花蓮型與越南北部為一群(第 IV 群)(圖三 d); 其餘在 NJ 與 ML 樹型中之第 IV 群的支持度雖不高, 這些結果亦顯示花蓮型與越南北部具有較為相近的關係。比較黑眶蟾蜍(*Bufo melanostictus*)於越南、雲南、海南島與台灣族群親緣關係, 台灣族群與海南島較相近(Liu *et al.*, 2000); 月鼠(*Mus caroli*)在日本、印尼、越南、泰國等東南亞各地區與台灣的族群之間, 亦顯示台灣族群與雲南和海南島族群較為相近(Shimada *et al.*, 2007); 另外

繡眼畫眉(*Alcippe morrisonia*)在廣東、廣西、湖南、海南島、雲南及越南的各亞種中，台灣亞種與海南島及廣東的亞種族群較為相似(Zou *et al.*, 2007)。上述研究均未呈現台灣與越南之間具有較相近之親緣關係的情形，但由於本研究鬼鼠的越南北部樣本數量僅有一隻個體，因此在這裡無法給予更明確的解釋，有關花蓮型的來源值得更深入調查分析。

從單型的網狀關係來看，d-loop 與 *cytb* 在台灣型的部份呈現稍微不同的趨勢，d-loop 的單型間最大的核苷酸改變量已達到 10 個改變量(圖四)，*cytb* 的單型間亦高達 11 個核苷酸改變量(圖五)，以 TCS 軟體計算出來之 d-loop 序列的祖先型單型為 DH04 多分布於台灣西北部的新竹及苗栗一帶，而 *cytb* 序列的祖先型單型為 CH07 分布於台中以南到屏東以北一帶，然而 TCS 軟體僅計算唯一的祖先型，由物種拓殖的遺傳觀點來看，創立者族群雖然個體數量不多基因型分化不高，但是拓殖到新環境的族群應該不會只有一種單型經由演化留存下來，因此 Posada and Crandall (2001)指出祖先型單型應該是位於網狀關係內部，個體數量較多分布較廣的單型，因此在 d-loop 的網狀關係中，與 DH04 以一個改變量相連接的單型 DH09，亦位於網狀關係的內部且具有較多的數量，而此單型的分布則是位於台中、南投、彰化與屏東等中南部一帶。在 *cytb* 的網狀關係中，與 CH07 以一個改變量

相連接的單型且個體數量高分布於網狀關係內部的單型 CH14，亦為可能的祖先型單型之一，此單型分布於台中、彰化與南投一代。如此看來台灣型在 d-loop 與 *cytb* 具有相似的擴散歷史。而花蓮型因為在 *cytb* 序列單型間彼此差異較大，在 d-loop 序列單型的數量僅有三個，因此並不容易判別出祖先型的單型。

以不相合分佈分析的結果來看，台灣型的鬼鼠單型符合迅速擴張的情形，但是族群在迅速擴張時所產生的波形會與受到瓶頸效應影響的波形相似，不過通常受到瓶頸效應影響所產生的波形，會在兩兩差異值較大的位置形成些許頻率較低的波峰(Rogers and Harpending, 1992)，而台灣型鬼鼠之不相合分佈的波形並未有如此現象，因此可以排除受到瓶頸效應的可能。台灣葉鼻蝠在最後一次冰河期以後播遷到台灣，亦經由不相合分佈顯示其族群正處於短時間快速擴張且不受瓶頸效應影響的階段(朱巧雯，2006)。花蓮型的結果在 d-loop 序列的分析中具有不明顯的兩個波峰，而在 *cytb* 序列的分析中則具有多個波峰(圖六 c 和圖七 c)，且 raggedness index 值大，均顯示花蓮型並不符合迅速擴張的模式，並且在 *cytb* 序列間差異大，平均的差異 8.440，可能為不同的已分化族群擴散後交會所造成，如同小黃腹鼠在西部族群(台中至屏東一帶) 在不相合分佈分析中呈現明顯的雙峰，推測是受到兩個族群分別從西北部與西南部冰河期避難所擴張形成的混合

區域(鄭維新, 2006)。花蓮型的鬼鼠在 *cytb* 序列的分析中呈現多個波峰，亦可能代表經過多個不同分化族群的接觸所形成。

#### 4.2 台灣地區鬼鼠為人為引進種類的可能性

根據 Swinhoe(1870)的推論，台灣的鬼鼠可能是 1630 年代荷蘭人殖民時引進台灣地區的。從台灣型的鬼鼠來看，不相合分佈分析符合迅速擴張的模式，並且未受瓶頸效應影響；遺傳多樣性指數屬於 Grant and Bowen (1998)提出的第二類型，此與外來種引進時，受到創立者效應與瓶頸效應影響形成的低單型多樣性與低核苷酸多樣性不同。

*d-loop* 與 *cytb* 的單型網狀關係圖可以看出單型間的核苷酸改變量高，此亦與外來種的情形不太相似，例如引進馬達加斯加島上的黑鼠 (*Rattus rattus*)單型間最大僅有 3 個改變量，並呈現明顯的短分支星狀結構(Hingston *et al.*, 2005)，其他像引進歐洲的牛蛙(*Rana catesbeiana*)亦具有此種結構(Ficetola *et al.*, 2008)。這些結果均呈現台灣型鬼鼠可能不是短期內引進的。除此之外，在台中清水遺址的調查紀錄中記載挖掘到鬼鼠下顎骨的殘骸，但是並未對當時挖掘到的地層情形多加描述，而清水遺址所屬的番仔園文化推測應該是距今兩千到四百年前(何傳坤等, 1998)。另在台南新化丘陵地區屬於更新世地層的二重溪層，亦曾鑑定出有鬼鼠的化石，並且推測當時的古生態環境為低海拔區的開墾區、農田區、草生地及河邊，與現生的鬼鼠所處生態環境相

似(茅秀娟，2003)。由這些紀錄亦可說明鬼鼠在很久以前就已經存在於台灣。

早期根據 Allen(1938)、Ellerman and Morrison-Scott (1951)與 Lekagul and McNeely(1977)等文獻紀錄，皆未提及鬼鼠有分布至福建地區，這些文獻僅記載在雲南的騰越地區有分布紀錄。但是在比較晚期壽振黃(1964)提及鬼鼠在福建的福清、建甌、龍溪、平和及永定等地區均有紀錄；張榮祖等(1997)亦提及鬼鼠在福建多數地區均有分布紀錄，但皆未說明為何早期的文獻並沒有記載。范雪春與鄭國珍(2006)在福建省境內發現的第四紀時期哺乳動物化石的考古研究報告中，亦未在福建地區有鬼鼠的化石紀錄。或許有可能早期福建地區並沒有鬼鼠的分布，是在較近期才從其他地方拓殖而來，是否具有從台灣拓殖到福建地區的可能性呢？親緣關係樹中，台灣型和福建為同一親緣群(圖二和圖三)，並且在單型網狀關係中，福建的單型均位於網狀關係的外圍末端(圖四和圖五)，應該是較為近期演化出來的單型(Posada and Crandall, 2001)，可能為台灣型拓殖到福建地區後所演化出的新單型。不過，韓德芬與張森水(1978)在浙江余杭鎮的鳳凰山山坡地，卻有挖掘到鬼鼠右下顎骨的化石紀錄，其出土地層推測為更新世晚期，因此大陸東南沿海一帶應該早就有具有鬼鼠的分布，因此台灣型鬼鼠拓殖到福建的可能性並不高。



既然鬼鼠在台灣或大陸東南沿海一帶皆具有化石的紀錄，那麼福建與台灣的鬼鼠應該都不是短期內外來引進的物種。但從不相合分佈分析符合迅速擴張的模式而言，台灣型鬼鼠推測應是經由低有效族群數量擴張所形成，與物種拓殖到新環境時受到創立者效應的情形相似，並且台灣型與福建的親緣關係又如此相近，因此鬼鼠或許有從福建拓殖到台灣的可能性。但是由於本研究在福建的樣本採集僅在南平與泰寧(圖一)，未在福建地區廣泛採集，因此無法明確說明，尚需要更多福建地區不同地點的樣本進行分析。但是台灣型鬼鼠 *cytb* 單型網狀關係之核苷酸改變量與其序列的核苷酸多樣性皆略低於小黃腹鼠(鄭維新，2006)，因此台灣型鬼鼠的拓殖事件應該不是短期內形成，應該比小黃腹鼠經歷冰河期後擴張產生如此的遺傳多樣性稍為晚期，或許可能為最後一次冰河期拓殖至台灣。此外，還有一種可能則是從原本就有鬼鼠分布的地區，在距離現今極為接近的時期分別經由人為引進到台灣地區以及福建地區，因此目前台灣型與福建的單型才會具有如此相近的關係，然而從本研究的結果並無法得知是從何處引進，但是以現有的資料可以排除廣東、越南北部及越南南部等地區。

在親緣關係樹中與台灣型明顯不同的花蓮型單型，其遺傳多樣性指數皆高，為 Grant and Bowen (1998)所提出的第四類型，屬於一個大而穩定的族群在經過長時間的演化所產生的，或是具有已分化之異

域族群混合的結果。可能花蓮型是一個存在台灣的古老祖先型，從鬼鼠的分布來看，鬼鼠是一個熱帶型的物種，在經由自然的生物拓殖的時候，很可能先拓殖至東南亞一帶，然後再拓殖到中國東南沿海，接著才拓殖到台灣，之後受到中央山脈隔離形成殘存在台灣東部的祖先型族群，如澤蛙(*Rana limnocharis*)在台灣東部的族群亦被認為具有古老的祖先型 (Toda *et al.*, 1998)，但是從鬼鼠的 *cytb* 單型網狀關係來看，單型之間具有太多的假設單型的存在，顯示各個單型之間的改變量很大，與一個大而穩定的族群的單型網狀關係所應呈現出單型數量大且各單型之間的改變量小的情形不符合，如小黃腹鼠的單型網狀關係中，各個單型之間所存在的假設單型並沒有花蓮型鬼鼠那麼的多 (鄭維新，2006)，因此花蓮型的鬼鼠可能不太像是殘存在台灣東部的古老祖先型，另外從採集的樣點來看，花蓮型的鬼鼠在花蓮地區的南端並未有明顯的地理阻隔，若花蓮型鬼鼠是較古老的祖先型，經歷那麼久遠的歷史，應該會具有更為廣泛的分布才對，但是或許是因為花蓮型的樣本數並不高，因此尚有許多假設單型未被採樣到所導致。然而在吉安地區靠近花蓮港的鬼鼠採集點曾有廣泛分布於東南亞之緬甸小鼠(*Rattus exulans*)多次入侵的紀錄(儲瑞華等，2007)，入侵花蓮地區的緬甸小鼠具有遺傳距離高達 1.4 %到 3.4 %的四種單型，此亦代表高遺傳多樣性，因此花蓮型鬼鼠亦可能與緬甸小鼠具有相似的模

式，即跟隨船泊運輸經由花蓮港侵入花蓮地區，不過此花蓮型鬼鼠在外型上與台灣型鬼鼠並不具有可由肉眼分辨的明顯差異，因此一般調查無法從外型立即判斷為外來入侵的物種。儲瑞華等指出(2007)緬甸小鼠的四種單型分別與泰國、蘇拉維西及東南亞區域相似，推測來源為鄰近泰國一帶的東南亞地區。花蓮型的鬼鼠在親緣關係樹中，並未與任何台灣以外的樣本具有完全相同的單型，僅在 *cytb* 序列分析中呈現其中一個花蓮型單型與越南北部具有高支持度為同一群，但是由於越南北部樣本數僅有一隻，因次無法明確斷定花蓮型的鬼鼠與越南北部之親緣關係，但是從黑眶蟾蜍、繡眼畫眉及月鼠的研究(Liu *et al.*, 2000; Shimada *et al.*, 2007; Zou *et al.*, 2007)指出，台灣的族群與越南地區並未有較為相近的親緣關係，因此本研究無法有效說明此花蓮型鬼鼠的確切來源，但是以本研究所採集台灣以外之樣本檢視結果來看，本研究確定可以初步排除福建、廣東及越南南部等地區為此花蓮型來源的可能。但是不可否認花蓮型確實與越南北部的單型有較相近的關係，因此未來首先需要增加越南北部的採集樣本，加以詳細檢視分布於越南北部與此花蓮型鬼鼠的關係。另外更需要採集以本種所分布的東南亞其他地區的樣本，加以檢視其與花蓮型之親緣關係，檢視是否與緬甸小鼠具有從東南亞其他地區引進的可能。

### 參考文獻

- 王博優。1970。蔗園野鼠藥劑防除之研究：I、發生消長與食性。台糖研究所研究彙報。
- 王博優。1977。蔗園鼠類組成之研究。台糖研究所研究彙報。
- 朱巧雯。2006。台灣地區兩種葉鼻蝠科蝙蝠之遺傳變異。私立東海大學生命科學系碩士論文。
- 何傳坤、劉克竑、陳浩維。1998。台中縣清水鎮清水遺址調查暨考古發掘報告。行政院文化建設委員會委託，國立自然科學博物館執行。台中。
- 林良恭。1981。台灣哺乳類研究。私立東海大學生物研究所碩士論文。
- 茅秀娟。2003。臺灣西南部新化丘陵地區齧齒動物化石牙齒之研究。國立成功大學地球科學系碩士論文。
- 范雪春、鄭國珍。2006。福建第四紀哺乳動物化石考古發現與研究。科學出版社。北京。
- 許富雄。1989。台北縣貢寮鄉草生地小黃腹鼠及鬼鼠之族群生態研究。國立台灣大學動物學研究所碩士論文。
- 張榮祖、金善科、全國強、李思華、葉宗耀、王逢桂、張曼麗。1997。中國哺乳動物分布。中國林業出版社。北京。
- 張育誠。2007。台灣黑腹絨鼠族群分化之研究。私立東海大學生命科學系碩士論文。
- 黑田長禮。1940。原色日本哺乳類圖說。三省堂。東京。(日文)
- 楊尚達。1998。台灣地區小家鼠粒線體控制區序列變異及族群遺傳之研究。國立台灣大學動物學研究所碩士論文。
- 壽振黃。1964。中國經濟動物志-獸類。科學出版社。北京。
- 鄭錫奇。1990。鬼鼠之生殖與生態研究。國立台灣大學動物學研究所碩士論文。

- 鄭維新。2007。台灣地區小黃腹鼠與亞洲家鼠之地理變異及親緣地理學研究。國立嘉義大學生物資源學系研究所碩士論文。
- 韓德芬、張森水。1978。建德發現的一枚人的犬齒化石及浙江第四紀哺乳動物群新資料。古脊椎動物與古人類。16：255-263。
- 儲瑞華、曹又仁、莊媛茹、陳皇奇、林曜松、吳海音。2007。台灣地區外來種緬甸小鼠的族群遺傳結構與生物地理起源。特有生物研究。9：1-11。
- Allen, G. M. 1938. The Mammals of China and Mongolia. Part 2. The American Museum of Natural History, New York.
- Aplin, K. P., P. R. Brown, J. Jacob, C. Krebs, and G. R. Singleton. 2003. Field Methods for Rodent Studies in Asia and the Indo-Pacific. Australian Centre for International Agricultural Research, Canberra, Australia.
- Avise, J. C. 1994. Molecular Markers, Natural History and Evolution. Chapman and Hall, New York.
- Avise, J. C. 2000. Phylogeography: the History and Formation of Species. Harvard University Press, London.
- Avise, J. C., J. Arnold, J. R. Ball, E. Bermingham, T. Lamb, J. E. Neigel, C. A. Reeb, and N. C. Saunders. 1987. Intraspecific phylogeography: the mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. Annual Review of Ecology and Systematics 18: 489-522.
- Capula, M. 1994. Population genetics of a colonizing lizard: loss of genetic variability in introduced populations of *Podarcis sicula*. Experientia 50: 691-696.
- Chen, S. F., S. J. Rossiter, C. G. Faulkes, and G. Jones. 2006. Population genetic structure and demographic history of the endemic Formosan lesser horseshoe bat (*Rhinolophus monoceros*). Molecular Ecology 15: 1643-1656.

- Clement, M., D. Posada, and K. A. Crandall. 2000. TCS: A computer program to estimate gene genealogies. Version 1.21. *Molecular Ecology* 9: 1657-1659.
- Corbet, G. B., and J. E. Hill. 1992. *The Mammals of the Indomalayan Region: A Systematic Review*. Oxford University Press, Oxford.
- Cox, G. W. 2004. *Alien Species and Evolution: The Evolutionary Ecology of Exotic Plants, Animals, Microbes and Interacting Native Species*. Island Press, Washington, D.C.
- Ellerman, J. R., and T. C. S. Morrison-Scott. 1951. *Checklist of Palaeartic and Indian Mammals 1758 to 1946*. British Museum, London.
- Excoffier, L., G. Laval, and S. Schneider. 2005. Arlequin (version 3.0): An integrated software for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online* 1: 47-50.
- Excoffier, L., P. E. Smouse, and J. M. Quattro. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* 131: 479-491.
- Felsenstein, J. 1985. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution* 39: 783-791.
- Ficetola, G. F., A. Bonin, and C. Miaud. 2008. Population genetics reveals origin and number of founders in a biological invasion. *Molecular Ecology* 17: 773-782.
- Fu, Y.-X., and W.-H. Li. 1993. Statistical tests of neutrality of mutations. *Genetics* 133: 693-709.
- Gaubert, P., J. Godoy, I. delCerro, and F. Palomares. 2009. Early phases of a successful invasion: mitochondrial phylogeography of the common genet (*Genetta genetta*) within the Mediterranean Basin. *Biological Invasions* 11: 523-546.

- Grant, W., and B. W. Bowen. 1998. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation. *Journal of Heredity* 89: 415-426.
- Guindon, S., and O. Gascuel. 2003. A simple, fast, and accurate algorithm to estimate large phylogenies by maximum likelihood. *Systematic Biology* 52: 696-704.
- Gündüz, İ., J.-C. Auffray, J. Britton-Davidian, J. Catalan, G. Ganem, M. G. Ramalinho, M. L. Mathias, and J. B. Searle. 2001. Molecular studies on the colonization of the Madeiran archipelago by house mice. *Molecular Ecology* 10: 2023-2029.
- Hall, T. A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Research Symposium Series* 41:95-98.
- Hawley, D. M., D. Hanley, I. J. Lovette, and A. A. Dhondt. 2006. Molecular evidence for a founder effect in invasive house finch (*Carpodacus mexicanus*) populations experiencing an emergent disease epidemic. *Molecular Ecology* 15: 263-275
- Hingston, M., S. M. Goodman, J. U. Ganzhorn, and S. Sommer. 2005. Reconstruction of the colonization of southern Madagascar by introduced *Rattus rattus*. *Journal of Biogeography* 32:1549-1559.
- Hudson, R. R., D. D. Boos, and N. L. Kaplan. 1992. A statistical test for detecting geographic subdivision. *Molecular Biology and Evolution* 9: 138-151.
- Kimura, M. 1983. *The Neutral Theory of Molecular Evolution*. Cambridge University Press, Cambridge.
- Kocher, T. D., W. K. Thomas, A. Meyer, S. V. Edwards, S. Paabo, F. X. Villablanca, and A. C. Wilson. 1989. Dynamics of mitochondrial DNA evolution in mammals: amplification and sequencing with conserved primers. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 86: 6196-6200.

- Kolbe, J. J., R. E. Glor, L. R. G. Schettino, A. C. Lara, A. Larson, and J. B. Losos. 2004. Genetic variation increases during biological invasion by a Cuban lizard. *Nature* 431: 177-181.
- Kumar, S., J. Dudley, M. Nei, and K. Tamura. 2008. MEGA: A biologist-centric software for evolutionary analysis of DNA and protein sequences. *Briefings in Bioinformatics* 9: 299-306.
- Kuroda, N. 1938. A List of the Japanese Mammals. Published by the Author, Tokyo.
- Lekagul, B., and J. A. McNeely. 1977. Mammals of Thailand. Association for the Conservation of Wildlife, Bangkok.
- Librado, P., and J. Rozas. 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* 25: 1451-1452.
- Lin, H.-D., K.-C. Hsu, K.-T. Shao, Y.-C. Chang, J.-P. Wang, C.-J. Lin, and T.-Y. Chiang. 2008. Population structure and phylogeography of *Aphyocypris kikuchii* (Oshima) based on mitochondrial DNA variation. *Journal of Fish Biology* 72: 2011-2025.
- Liu, W, A. Lathrop, J. Fu, D. Yang, and R. W. Murphy. 2000. Phylogeny of east asian bufonids inferred from mitochondrial DNA sequences (Anura: amphibia). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 14: 423-435.
- Marshall, J. T. Jr. 1977. Family Muridae: rats and mice. Pp: 397-485. In "Mammals of Thailand". Lekagul, B. and J. A. McNeely, editors. Association for the Conservation of Wildlife, Bangkok.
- Martin, Y., G. Gerlach, C. Schlotterer, and A. Meyer. 2000. Molecular phylogeny of European Muroid rodents based on complete cytochrome *b* sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 16: 37-47.
- Nei, M., T. Maruyama, and R. Chakraborty. 1975. The bottleneck effect and genetic variability in population. *Evolution* 29: 1-10.



- Oshida, T., L. K. Lin, R. Masuda, and M. C. Yoshida. 2000. Phylogenetic relationships among Asian species of *Petaurista* (Rodentia, Sciuridae), inferred from mitochondrial cytochrome *b* gene sequences. *Zoological Science* 17: 123-128.
- 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., L. K. Lee, L. K. Lin, and Y. J. Chen. 2006. Phylogeography of Pallas's saquirrel in Taiwan: geographical isolation in an arboreal small mammal. *Journal of Mammalogy* 87: 247-254.
- Posada, D., and K. A. Crandall. 1998. Modeltest: testing the model of DNA substitution. *Bioinformatics* 14: 917-818.
- Posada, D., and K. A. Crandall. 2001. Intraspecific gene genealogies: trees grafting into networks. *Trends in Ecology and Evolution* 16: 37-45.
- Rogers, A. R. 1995. Genetic evidence for a Pleistocene population explosion. *Evolution* 49: 608-615.
- Rogers, A. R., and H. C. Harpending. 1992. Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic differences. *Molecular Biology and Evolution* 9: 552-569.
- Ronquist, F., and J. P. Huelsenbeck. 2003. MRBAYES 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics* 19: 1572-1574.
- Shimada, T., K. P. Aplin, T. Joghara, L.-K. Lin, V. Herbreteau, J.-P. Gonzalez, and H. Suzuki. 2007. Complex phylogeographic structuring in a continental small mammal from East Asia, the rice field mouse, *Mus caroli* (Rodentia, Muridae). *Mammal Study* 32: 49-62.
- Swinhoe, R. 1870. Catalogue of the mammals of China (south of the River Yangtze) and of the island of Formosa. *Proceedings of the Scientific Meetings of Zoological Society of London* 1870:615-673.

- Tajima, E. 1989. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics* 123: 585-595.
- Thompson, J. D., D. G. Higgins, and T. J. Gibson. 1994. Clustal W: 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.
- Toda, M., M. Nishida, M. Matsui, K. Y. Lue, and H. Ota. 1998. Genetic variation in the Indian rice frog, *Rana limnocharis* (Amphibia: Anura) in Taiwan, as revealed by allozyme data. *Herpetologica* 54: 73-82.
- Tokuda, M. 1941. A revised monograph of the Japanese and Manchou-Korean Muridae. *Biogeographica* 4: 1-155.
- Valiente, A. G., F. Juanes, P. Nunñez, and E. Garcia-Vazquez. 2007. Is genetic variability so important? Non-native salmonids in South America. *Journal of Fish Biology* 71:1-12
- Wilson, D. E., and D. M. Reeder. 2005. *Mammal Species of the World: A Taxonomic and Geographic Reference*. Third edition. The Johns Hopkins University Press, Baltimore.
- Xia, X., and Z. Xie. 2001. DAMBE: Data analysis in molecular biology and evolution. *Journal of Heredity* 92: 371-373.
- 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.
- Zou, F., H. C. Lim, B. D. Marks, R. G. Moyle, and F. H. Sheldon. 2007. Molecular phylogenetic analysis of the Grey-cheeked Fulvetta (*Alcippe morrisonia*) of China and Indochina: A case of remarkable genetic divergence in a "species". *Molecular Phylogenetics and Evolution* 44: 165-174.

## 表目

表一、鬼鼠之採樣地點、樣本數(N)、控制區域片段序列單型及細胞色素 <i>b</i> 基因完整序列單型·····	44
表二、鬼鼠粒線體 DNA 之引子(primer)序列·····	45
表三、本研究中鬼鼠分析樣本之採樣地、樣本數量、基因型數量、變異位點數、可辨識位點數、基因型歧異度、核苷酸歧異度百分比及中性假說檢定(Tajima's D test 和 Fu and Li's D* test)結果·····	46
表四、本研究中台灣地區的鬼鼠分析樣本之親緣型、樣本數量、基因型數量、變異位點數、可辨識位點數、基因型歧異度、核苷酸歧異度百分比及中性假說檢定(Tajima's D test 和 Fu and Li's D* test)結果·····	47
表五、以 d-loop 序列根據 Kimura-2-parameter 計算之各族群間的平均遺傳距離(%)·····	48
表六、以 <i>cytb</i> 序列根據 Kimura-2-parameter 計算之各族群間的平均遺傳距離(%)·····	49
表七、鬼鼠控制區域片段序列各地區之族群分化指數與基因交流指數·····	50
表八、鬼鼠細胞色素 <i>b</i> 基因序列各地區之族群分化指數與基因交流指數·····	51
表九、本研究鬼鼠樣本之分子變方分析·····	52

## 圖目

- 圖一、鬼鼠樣本的採樣點分布圖.....53
- 圖二、控制區域片段序列的親緣關係樹。a:以鄰接法繪製，b:以最簡約法繪製，c:以最大概似度法繪製，d:以貝氏法繪製.....54
- 圖二(續)、控制區域片段序列的親緣關係樹。a:以鄰接法繪製，b:以最簡約法繪製，c:以最大概似度法繪製，d:以貝氏法繪製.....55
- 圖三、細胞色素 *b* 基因完整序列的親緣關係樹。a:以鄰接法繪製，b:以最簡約法繪製，c:以最大概似度法繪製，d:以貝氏法繪製.....56
- 圖三(續)、細胞色素 *b* 基因完整序列的親緣關係樹。a:以鄰接法繪製，b:以最簡約法繪製，c:以最大概似度法繪製，d:以貝氏法繪製.....57
- 圖四、鬼鼠之控制區域片段序列單型的網狀關係圖。藍色為台灣型(1-23, 25, 28-29)，綠色為花蓮型(24, 26-27)，紅色為福建單型(30-31)，淺黃色為廣東單型(32-33)，深黃色為越南北部單型(34)與越南南部單型(35-37) .....58
- 圖五、鬼鼠之細胞色素 *b* 基因完整序列單型的網狀關係圖。藍色為台灣型(1-30)，綠色為花蓮型(31-35)，紅色為福建單型(36-37)，淺黃色為廣東單型(38-40)，深黃色為越南北部單型(41)與越南南部單型(42-45) .....59
- 圖六、台灣地區的鬼鼠的控制區域片段序列之不相合分佈分析。a:台灣整體的樣本。b:台灣型的樣本。c:花蓮型的樣本.....60
- 圖七、台灣地區的鬼鼠的細胞色素 *b* 基因完整序列之不相合分佈分析。a:台灣整體的樣本。b:台灣型的樣本。c:花蓮型的樣本.....61

表一、鬼鼠之採樣地點、樣本數(N)、控制區域片段序列單型及細胞色素**b**基因完整序列單型

Table 1. Sampling locality, sample size (N), d-loop haplotypes and *cytb* haplotypes of *Bandicota indica*

No.	Locality	N	d-loop Haplotypes (no. of individuals)	<i>cytb</i> haplotypes (no. of individuals)
1.	台北縣貢寮鄉	6	DH01 (6)	CH01 (6)
2.	桃園縣新屋鄉	4	DH02 (4)	CH02 (4)
3.	新竹市香山區	3	DH04 (3)	CH03 (3)
4.	新竹縣北埔鄉	1	DH03 (1)	CH03 (1)
5.	苗栗縣公館村	2	DH04 (1), DH05 (1)	CH04 (1), CH05 (1)
6.	苗栗縣三義鄉	2	DH04 (1), DH05 (1)	CH06 (1), CH07 (1)
7.	台中縣龍井鄉	14	DH05 (1), DH06 (1), DH08 (2), DH09 (1), DH10 (3), DH11 (5), DH12 (1)	CH07 (2), CH08 (2), CH09 (1), CH12 (4), CH14 (1), CH16 (3), CH17 (1)
8.	台中市西屯區	2	DH07 (1), DH08 (1)	CH07 (1), CH08 (1)
9.	台中縣大肚鄉	4	DH05 (3), DH08 (1)	CH07 (2), CH10 (1), CH11 (1)
10.	台中縣大里市	2	DH08 (1), DH09 (1)	CH08 (1), CH14 (1)
11.	台中縣霧峰鄉	3	DH05 (1), DH08 (1), DH10 (1)	CH07 (1), CH08 (1), CH16(1)
12.	彰化縣彰化市	1	DH11 (1)	CH12 (1)
13.	南投縣國姓鄉	8	DH09 (6), DH13 (2)	CH13 (6), CH14 (2)
14.	南投縣埔里鎮	10	DH09 (8), DH13 (1), DH14 (1)	CH13 (1), CH14 (8), CH15 (1)
15.	南投縣魚池鄉	5	DH09 (2), DH13 (1), DH14 (2)	CH13 (1), CH14 (2), CH15 (2)
16.	南投縣水里鎮	1	DH05 (1)	CH07 (1)
17.	彰化縣溪州鄉	4	DH05 (1), DH09 (1), DH15 (2)	CH07 (1), CH14 (1), CH18 (2)
18.	彰化縣二林鄉	5	DH05 (3), DH10 (2)	CH07 (3), CH16 (2)
19.	彰化縣伸港鄉	1	DH12 (1)	CH17 (1)
20.	嘉義縣新港鄉	1	DH16 (1)	CH19 (1)
21.	高雄縣寶來鄉	3	DH08 (3)	CH20 (3)
22.	台南縣楠西鄉	1	DH17 (1)	CH21 (1)
23.	台南縣官田鄉	1	DH18 (1)	CH22 (1)
24.	台南縣新市鄉	1	DH19 (1)	CH07 (1)
25.	台南縣歸仁鄉	5	DH10 (1), DH20 (3), DH21 (1)	CH07 (1), CH23 (1), CH24 (3)
26.	高雄線路竹鄉	1	DH22 (1)	CH25 (1)
27.	屏東縣內埔鄉	2	DH09 (1), DH10 (1)	CH07 (1), CH26 (1)
28.	台東縣鹿野鄉	1	DH23 (1)	CH27 (1)
29.	花蓮縣富里鄉	1	DH25 (1)	CH28 (1)
30.	花蓮縣瑞穗鄉 1	5	DH23 (1), DH25 (4)	CH29 (1), CH30 (4)
31.	花蓮縣瑞穗鄉 2	9	DH24 (5), DH25 (4)	CH30 (4), CH31 (4), CH32 (1)
32.	花蓮縣鳳林鎮	1	DH25 (1)	CH30 (1)
33.	花蓮縣吉安鄉	9	DH24 (7), DH26 (1), DH27 (1)	CH31 (5), CH33 (1), CH34 (1), CH35 (2)
34.	宜蘭縣羅東鎮	2	DH28 (2)	CH01 (2)
35.	宜蘭縣員山鄉	3	DH28 (2), DH29 (1)	CH01 (3)
36.	福建省泰寧縣	4	DH30 (4)	CH36 (4)
37.	福建省南平市	1	DH31 (1)	CH37 (1)
38.	廣東省新會市	3	DH32 (1), DH33 (1) *	CH38 (1), CH39 (1), CH40(1)
39.	越南興安(Hung Yen)	1	DH34 (1)	CH41 (1)
40.	越南永隆(Vinh Long)	1	DH35 (1)	*
41.	越南後江(Hau Giang)	3	DH36 (1)	CH42 (1), CH43(1), CH44(1)
42.	越南前江(Kien Giang)	2	DH37 (1)	CH45 (1)

\*：採樣地點中所包含的一個定序失敗的樣本。

表二、鬼鼠粒線體 DNA 之引子(primer)序列

Table 2. Primer sequences and names of mtDNA of *Bandicota indica* used in this study

Sequence	Primer Name	Primer Sequence (5' to 3')	Reference
d-loop	L15933	5'-CTCTGGTCTTGTAACCAAAAATG-3'	Oshida <i>et al.</i> 2001
	H637	5'-AGGACCAAACCTTTGTGTTTATG-3'	Oshida <i>et al.</i> 2001
cytb	L14724	5'-GATATGAAAAACCATCGTTG-3'	Kocher <i>et al.</i> 1989
	H15910	5'-GATTTTTGGTTTACAAGACCGAG-3'	Oshida <i>et al.</i> 2000
	Cb-F1	5'-AGTCGAATGAATCTGAGGTGGTT-3'	design in this study
	Cb-F2	5'-CCTTCACGTAGGACGAGGAA-3'	design in this study
	Cb-R1	5'-TCTGGGAAGAATAGAACTA-3'	design in this study
	Cb-R2	5'-TCCTCATGGAAGCACRTAAC-3'	design in this study
	H14742	5'-GGGTTGTTDGATCCWGTTC-3'	Martin <i>et al.</i> 2000

表三、本研究中鬼鼠分析樣本之採樣地、樣本數量、基因型數量、變異位點數、可辨識位點數、基因型歧異度、核苷酸歧異度百分比及中性假說檢定(Tajima's D test 和 Fu and Li's D\* test)結果

Table 3. Sampling localities, sample sizes, haplotype numbers, variable sites, parsimony informative sites, haplotype diversity, percent of nucleotide diversity, and results of the neutral tests of *Bandicota indica*

Sequence	Locality	N	No. of Haplotype	Variable Sites	Parsimony Informative Sites	Nucleotide Diversity (%)	Haplotype Diversity	Tajima's D test	Fu and Li's D* test
d-loop	Taiwan	124	29	36	29	0.956 ± 0.101	0.935 ± 0.009	0.00763, P > 0.1	-0.08318, P > 0.1
	Fujian	5	2	2	0	0.114 ± 0.068	0.400 ± 0.237	-0.97256, P > 0.1	-0.97256, P > 0.1
	Guangdong	2	2	4	0	0.571 ± 0.286	1.000 ± 0.500	--	--
	North Vietnam	1	1	--	--	--	--	--	--
	South Vietnam	6	3	6	3	0.381 ± 0.101	0.733 ± 0.155	0.0848, P > 0.1	0.07538, P > 0.1
cytb	Taiwan	124	35	70	58	0.723 ± 0.098	0.939 ± 0.009	-1.18675, P > 0.1	0.04864, P > 0.1
	Fujian	5	2	2	0	0.070 ± 0.042	0.400 ± 0.237	-0.97256, P > 0.1	-0.97256, P > 0.1
	Guangdong	3	3	9	0	0.526 ± 0.222	1.000 ± 0.272	--	--
	North Vietnam	1	1	--	--	--	--	--	--
	South Vietnam	5	4	8	6	0.386 ± 0.081	0.900 ± 0.161	1.02753, P > 0.1	1.02753, P > 0.1

--：樣本數過低無法計算。

表四、本研究中台灣地區的鬼鼠分析樣本之親緣型、樣本數量、基因型數量、變異位點數、可辨識位點數、基因型歧異度、核苷酸歧異度百分比及中性假說檢定(Tajima's D test 和 Fu and Li's D\* test)結果

Table 4. Sample types, sample sizes, haplotype numbers, variable sites, parsimony informative sites, haplotype diversity, percent of nucleotide diversity, and results of the neutral tests of *Bandicota indica*

Sequence	Type	N	No. of Haplotype	Variable Sites	Parsimony Informative Sites	Nucleotide Diversity (%)	Haplotype Diversity	Tajima's D test	Fu and Li's D* test
d-loop	Taiwan Type	110	26	22	14	0.497 ± 0.022	0.928 ± 0.011	-0.48305, P > 0.1	-1.61356, P > 0.1
	Hualien Type	14	3	5	0	0.102 ± 0.069	0.275 ± 0.148	-1.88933, P < 0.05	-2.40998, P < 0.05
cytb	Taiwan Type	110	28	34	20	0.303 ± 0.023	0.920 ± 0.014	-1.3968, P > 0.1	-2.32469, 0.10 > P > 0.05
	Hualien Type	14	5	25	0	0.740 ± 0.248	0.593 ± 0.144	0.31228, P > 0.1	1.5862, P < 0.02

--：樣本數過低無法計算



表五、以 d-loop 序列根據 Kimura-2-parameter 計算之各族群間的平均遺傳距離(%)

Table 5. Pairwise of average population genetic distance compute by using Kimura-2-parameter of d-loop

	Taiwan Type	Hualien Type	Fujian	Guangdong	N. Vietnam	S. Vietnam
Taiwan Type		2.56	0.37	1.91	2.49	2.22
Hualien Type	2.86		2.54	1.66	2.54	2.45
Fujian	0.67	2.65		1.98	2.60	2.24
Guangdong	2.45	2.00	2.33		0.87	1.36
N. Vietnam	2.74	2.60	2.65	1.15		1.35
S. Vietnam	2.66	2.69	2.49	1.84	1.54	

左下角數值: 族群間的核酸序列差異值(Nucleotide Diversity Between Populations, Dxy)

右上角數值: 族群間的核酸淨差異值(Net Nucleotide Diversity Between Population, Da)

表六、以 *cytb* 序列根據 Kimura-2-parameter 計算之各族群間的平均遺傳距離(%)

Table 6. Pairwise of average population genetic distance compute by using Kimura-2-parameter of *cytb*

	Taiwan Type	Hualien Type	Fujian	Guangdong	N. Vietnam	S. Vietnam
Taiwan Type		1.87	0.16	3.15	3.15	3.05
Hualien Type	2.40		2.02	2.05	1.50	1.94
Fujian	0.35	2.43		3.11	3.31	3.19
Guangdong	3.57	2.69	3.41		2.74	1.34
N. Vietnam	3.31	1.88	3.34	3.01		2.76
S. Vietnam	3.40	2.51	3.42	1.80	2.95	

左下角數值: 族群間的核酸序列差異值(Nucleotide Diversity Between Populations, Dxy)

右上角數值: 族群間的核酸淨差異值(Net Nucleotide Diversity Between Population, Da)

表七、鬼鼠控制區域片段序列各地區之族群分化指數與基因交流指數  
 Table 7. Pairwise comparison of Fst and Nm values of d-loop between each population

	Taiwa Type	Huali Type	Fujian	Guangdong	N. Vietnam	S. Vietnam
Taiwa Type		0.03	0.21	0.07	--	0.05
Huali Type	0.89		0.01	0.05	--	0.03
Fujian	0.54	0.96		0.04	--	0.03
Guangdong	0.78	0.83	0.85		--	0.09
N. Vietnam	--	--	--	--		--
S. Vietnam	0.83	0.91	0.90	0.74	--	

右上數值為基因交流指數 Nm

左下數值為族群分化指數 Fst

--：樣本數過低無法計算

表八、鬼鼠細胞色素 *b* 基因序列各地區之族群分化指數與基因交流指數  
 Table 8. Pairwise comparison of  $F_{st}$  and  $N_m$  values of *cytb* between each population

	Taiwa Type	Huali Type	Fujian	Guangdong	N. Vietnam	S. Vietnam
Taiwa Type		0.07	0.29	0.03	--	0.03
Huali Type	0.78		0.05	0.08	--	0.07
Fujian	0.46	0.83		0.02	--	0.02
Guangdong	0.88	0.76	0.91		--	0.09
N. Vietnam	--	--	--	--		--
S. Vietnam	0.90	0.77	0.93	0.74	--	

右上數值為基因交流指數  $N_m$

左下數值為族群分化指數  $F_{st}$

--：樣本數過低無法計算

表九、本研究鬼鼠樣本之分子變方分析

Table 9. Analysis of molecular variance (AMOVA) among groups of *Bandicota indica*

Group Structure	Among groups				Among populations within groups				Among individuals within populations			
	Va	%	P	$\phi$ CT	Va	%	P	$\phi$ SC	Va	%	P	$\phi$ ST
1	6.77412	80.45	<0.0001	0.80451	0.80183	9.52	<0.0001	0.48712	0.84423	10.03	<0.0001	0.89974
2	8.48660	83.61	<0.0001	0.83614	0.77453	7.63	<0.0001	0.46569	0.88865	8.76	<0.0001	0.91245
3	10.72946	83.81	<0.0001	0.83806	0.69689	5.44	<0.0001	0.33612	1.37644	10.75	<0.0001	0.89249
4	10.28914	83.24	0.00129	0.83243	0.66054	5.34	<0.0001	0.31892	1.41066	11.41	<0.0001	0.88587

Group structure : 1. d-loop 序列分為六大群，即台灣型、花蓮型、福建、廣東、越南北部與越南南部

2. d-loop 序列分為兩大群，即台灣型和花蓮型

3. *cytb* 序列分為六大群，即台灣型、花蓮型、福建、廣東、越南北部與越南南部

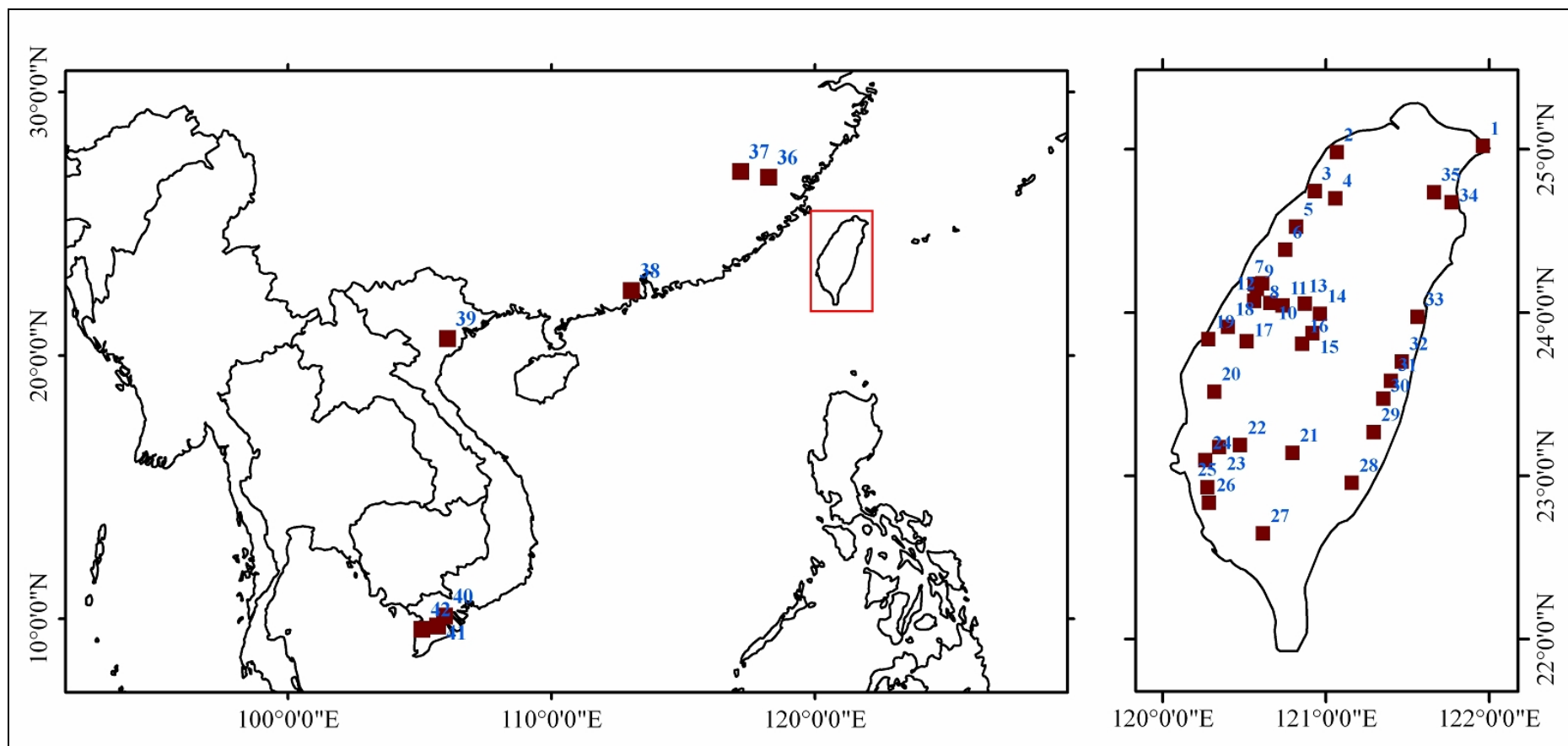
4. *cytb* 序列分為兩大群，即台灣型和花蓮型

Va: variance components

%: percentage of variation

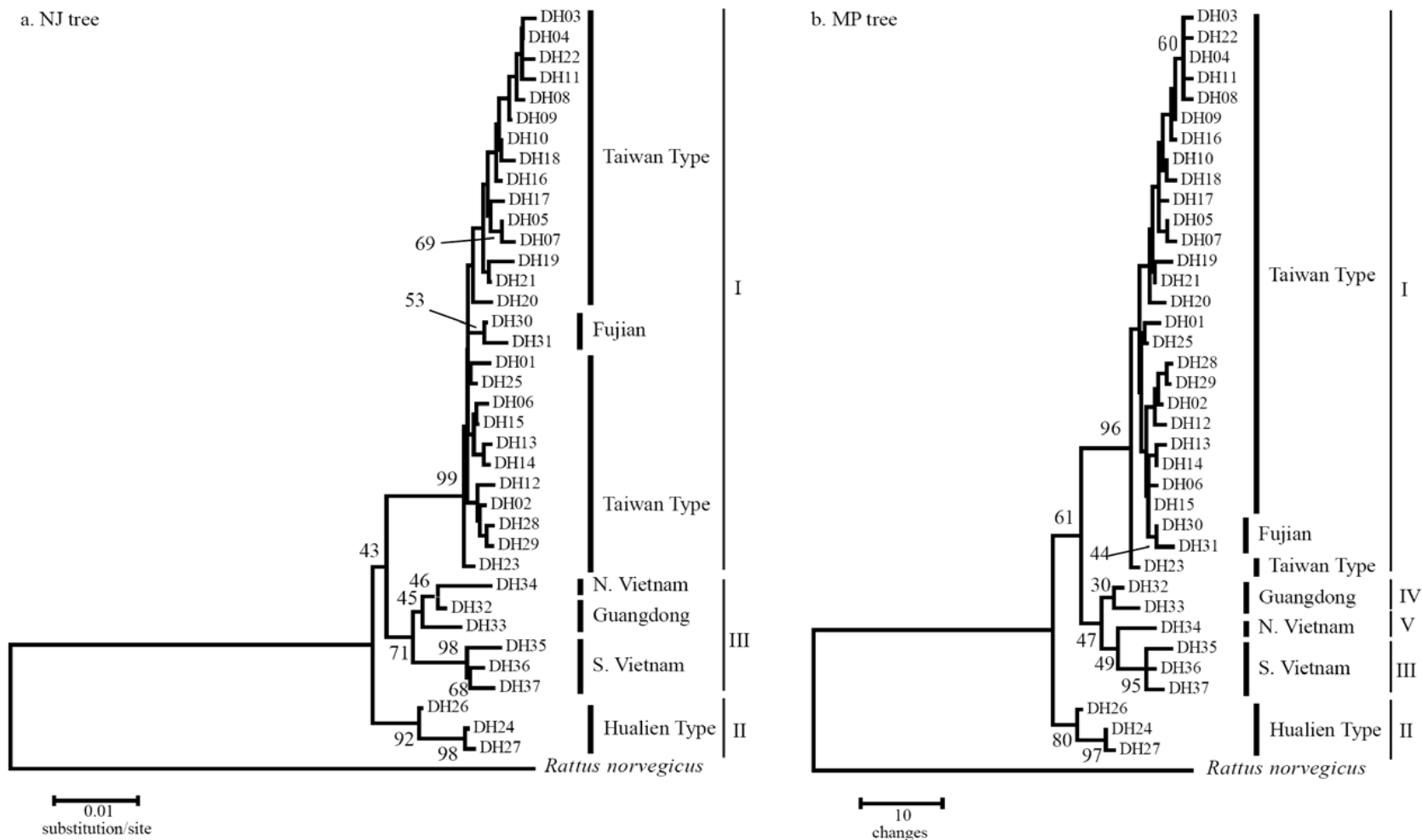
P: possibility of the significance test of  $\phi$ -statistics

$\phi$  CT,  $\phi$  SC and  $\phi$  ST: fixation indices of  $\phi$ -statistics (Excoffier, 1992)



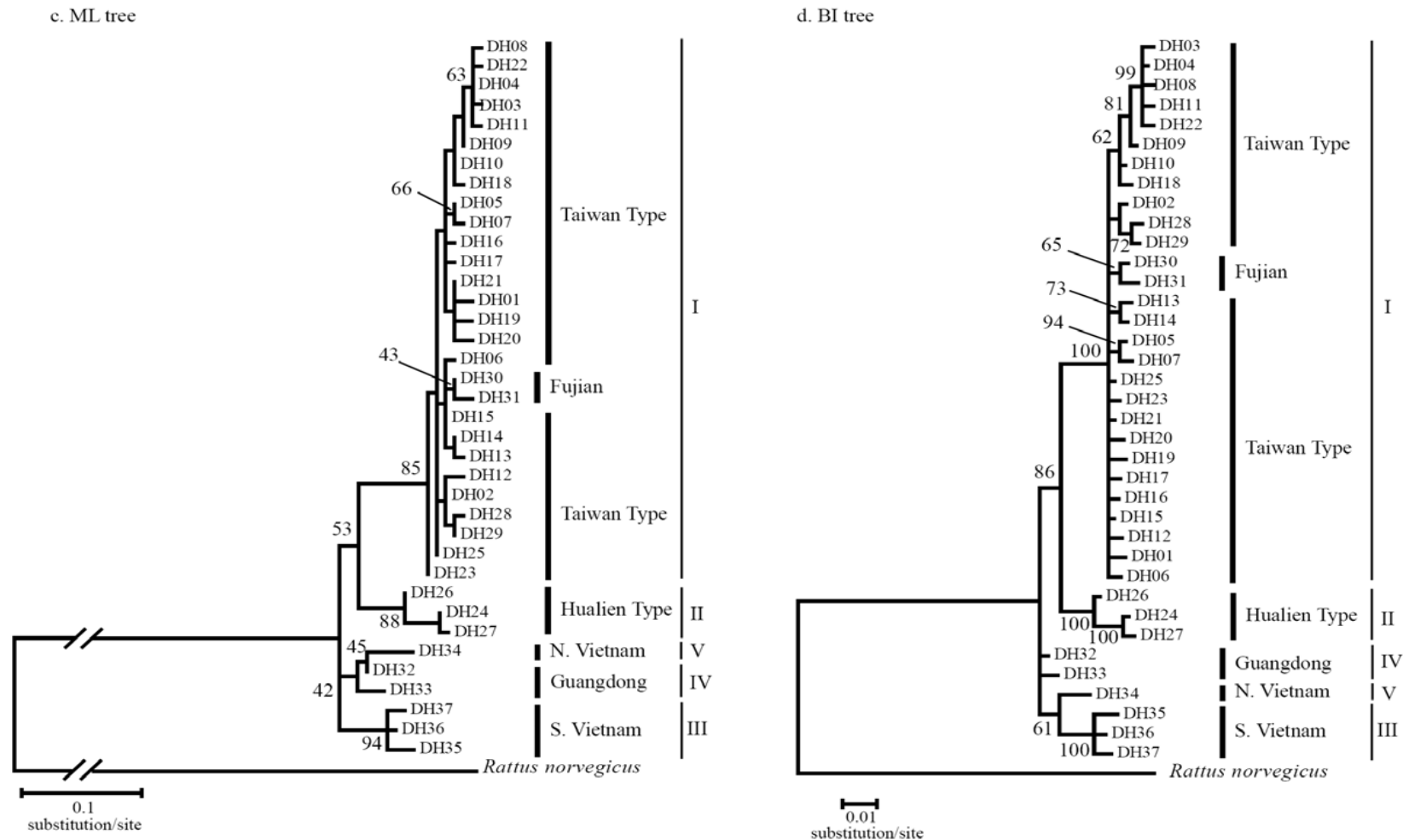
圖一、鬼鼠樣本的採樣點分布圖。

Figure 1. Distribution of the sampling localities of *Bandicota indica*.



圖二、控制區域片段序列的親緣關係樹。a:以鄰接法繪製，b:以最簡約法繪製，c:以最大概似度法繪製，d:以貝氏法繪製。

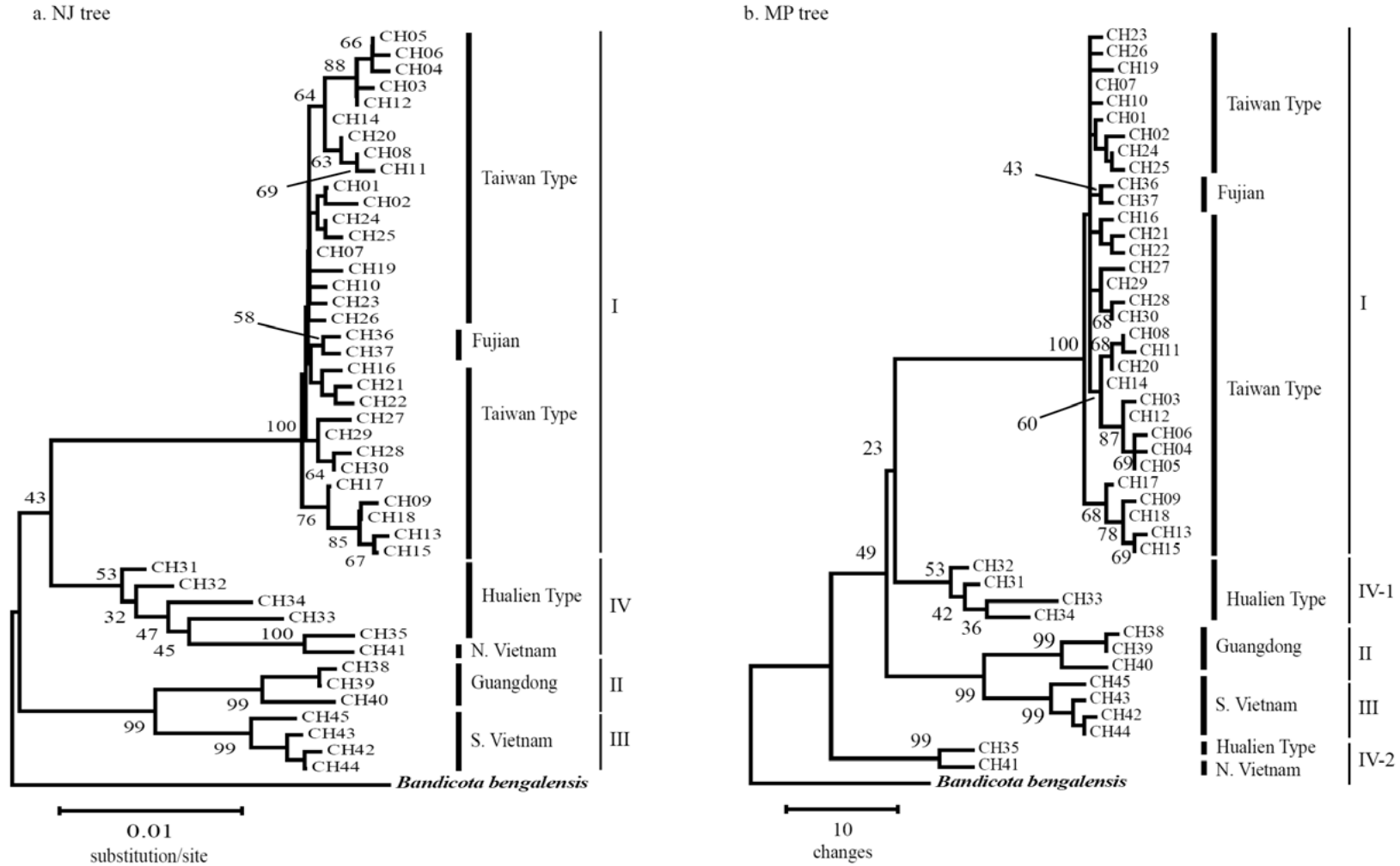
Figure 2. Phylogenetic trees of d-loop partial sequence constructed from four methods. a: Neighbor joining method, b: Maxium parsimony method, c: Maxium likelihood method, d: Bayesian inference method.



圖二(續)、控制區域片段序列的親緣關係樹。a:以鄰接法繪製，b:以最簡約法繪製，c:以最大概似度法繪製，d:以貝氏法繪製。

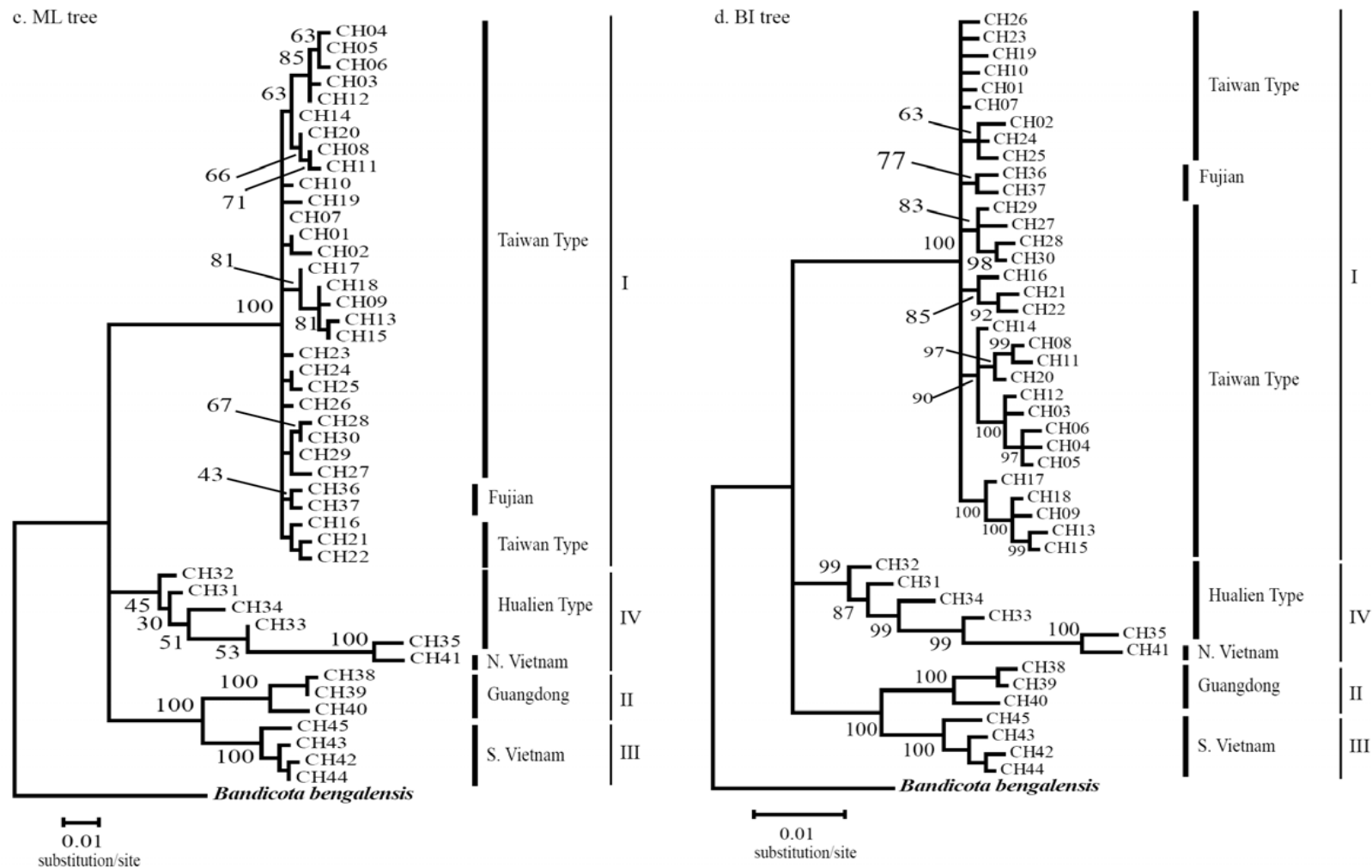
Figure 2 (continue). Phylogenetic trees of d-loop partial sequence constructed from four methods. a: Neighbor joining method, b: Maximum parsimony method, c: Maximum likelihood method, d: Bayesian inference method.





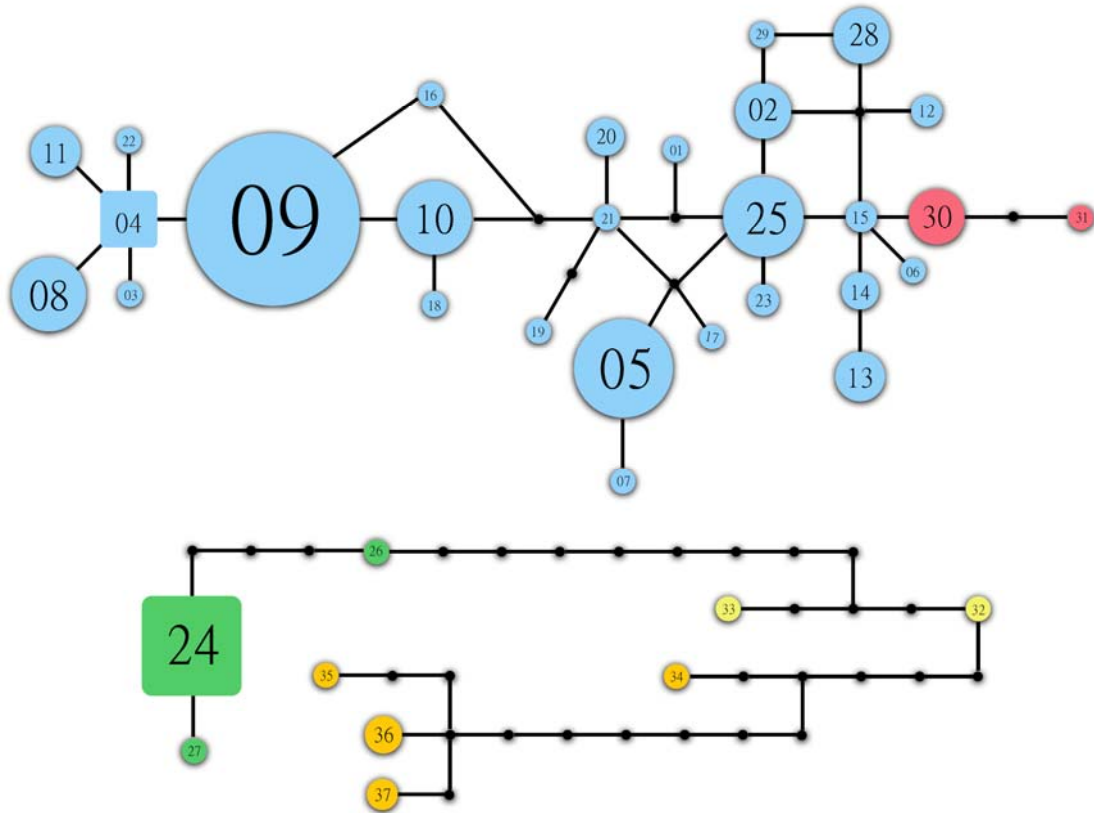
圖三、細胞色素 *b* 基因完整序列的親緣關係樹。a: 以鄰接法繪製，b: 以最簡約法繪製，c: 以最大概似度法繪製，d: 以貝氏法繪製。

Figure 3. Phylogenetic trees of *cytb* complete sequence constructed from four methods. a: Neighbor joining method, b: Maxium parsimony method, c: Maxium likelihood method, d: Bayesian inference method.



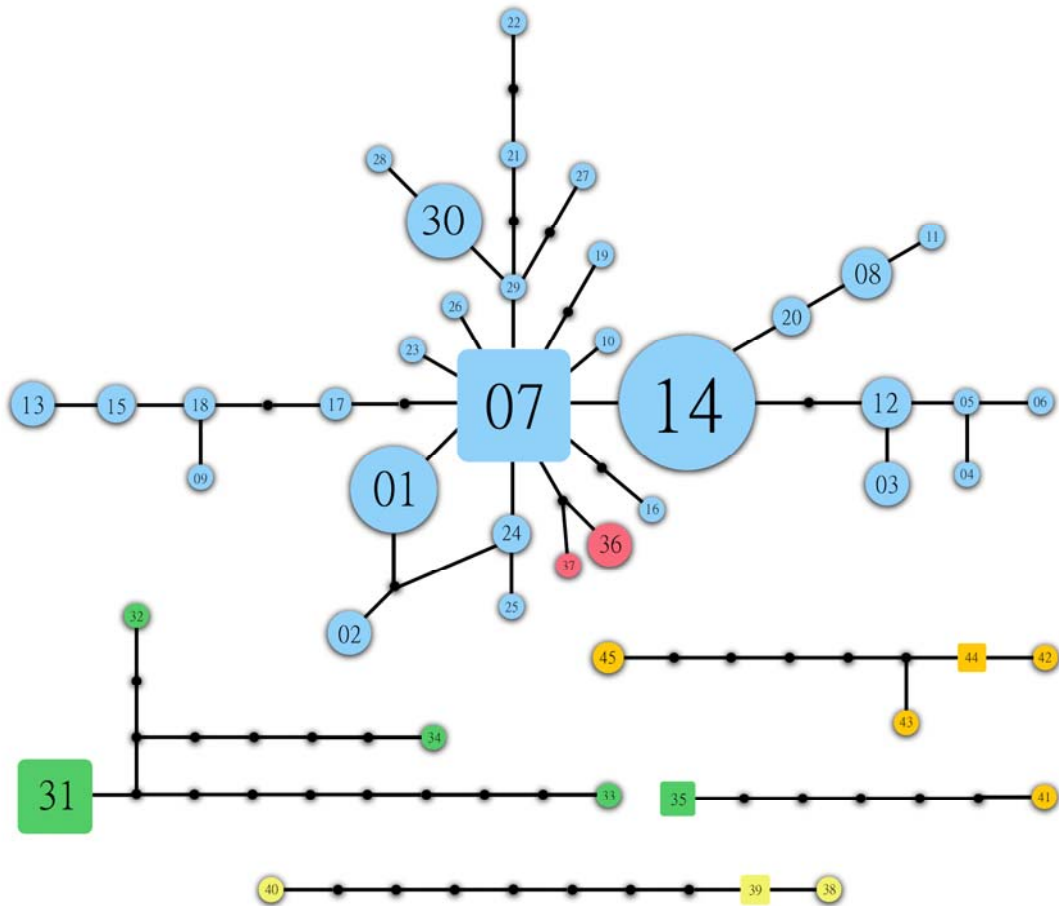
圖三(續)、細胞色素 *b* 基因完整序列的親緣關係樹。a: 以鄰接法繪製，b: 以最簡約法繪製，c: 以最大概似度法繪製，d: 以貝氏法繪製。

Figure 3 (continue). Phylogenetic trees of *cytb* complete sequence constructed from four methods. a: Neighbor joining method, b: Maximum parsimony method, c: Maximum likelihood method, d: Bayesian inference method.



圖四、鬼鼠之控制區域片段序列單型的網狀關係圖。藍色為台灣型(1-23, 25, 28-29)，綠色為花蓮型(24, 26-27)，紅色為福建單型(30-31)，淺黃色為廣東單型(32-33)，深黃色為越南北部單型(34)與越南南部單型(35-37)。

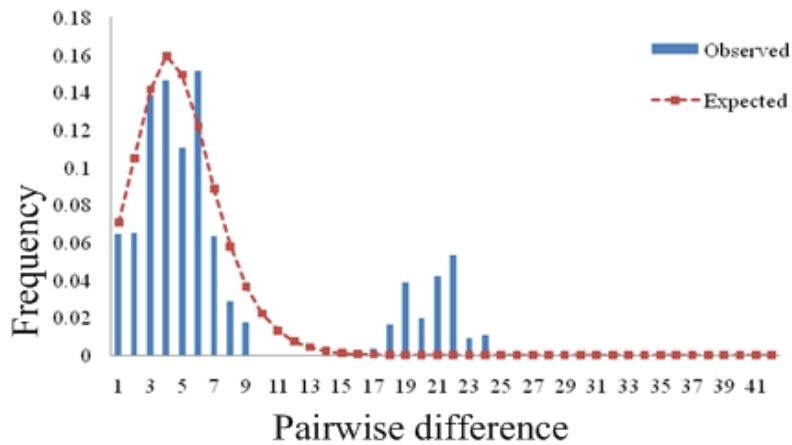
Figure 4. Statistical parsimony network of d-loop haplotypes of *Bandicota indica*. Blue: Taiwan types (1-23, 25, 28-29), green: Hualien types (24, 26-27), red: Fujian haplotypes (30-31), light yellow: Guangdong haplotypes (32-33), dark yellow: haplotypes of Northern Vietnam (34) and Southern Vietnam (35-37).



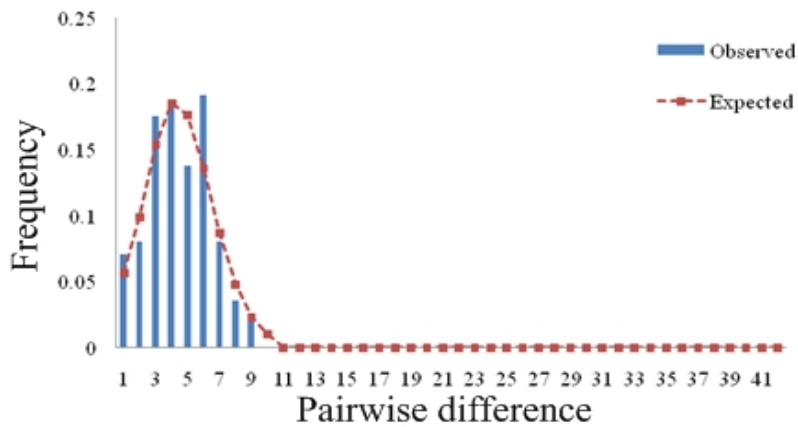
圖五、鬼鼠之細胞色素 *b* 基因完整序列單型的網狀關係圖。藍色為台灣型(1-30)，綠色為花蓮型(31-35)，紅色為福建單型(36-37)，淺黃色為廣東單型(38-40)，深黃色為越南北部單型(41)與越南南部單型(42-45)。

Figure 5. Statistical parsimony network of *cytb* haplotypes of *Bandicota indica*. Blue: Taiwan types (1-30), green: Hualien types (31-35), red: Fujian haplotypes (36-37), light yellow: Guangdong haplotypes (38-40), dark yellow: haplotypes of Northern Vietnam (41) and Southern Vietnam (42-45).

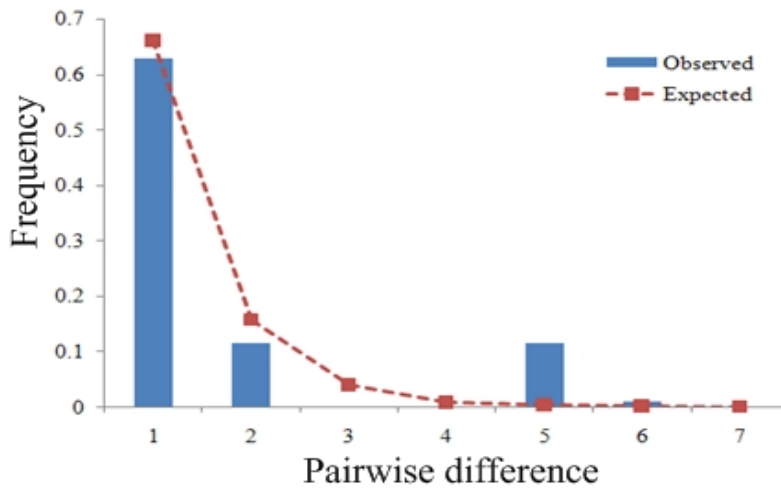
a.



b.

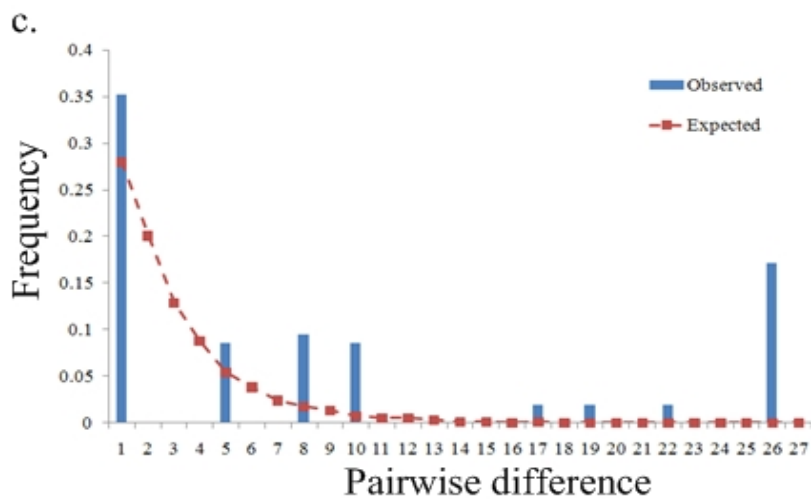
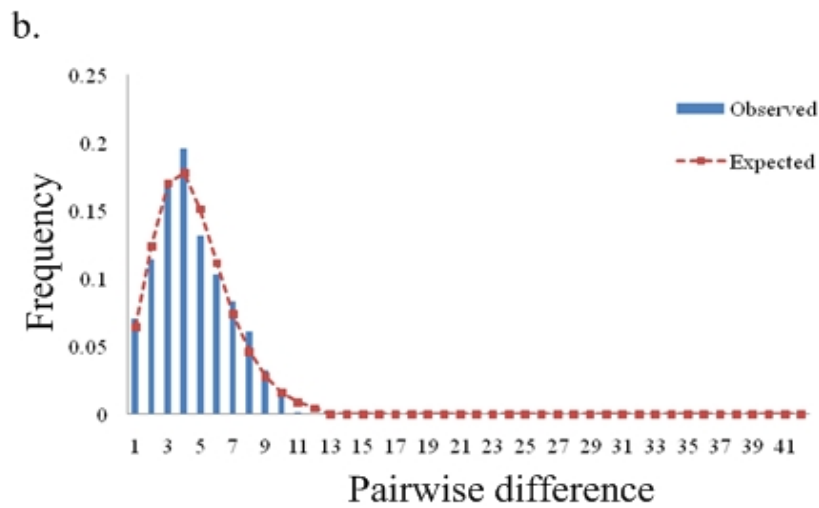
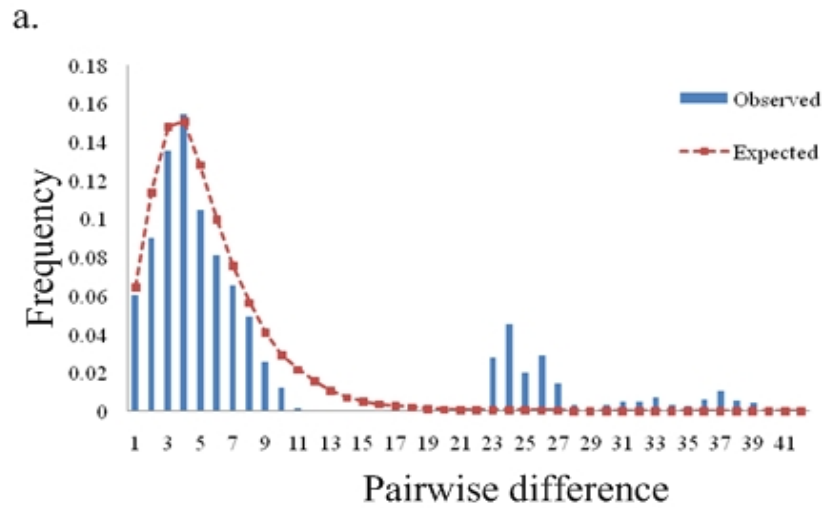


c.



圖六、台灣地區的鬼鼠的控制區域片段序列之不相合分佈分析。a：台灣整體的樣本。b：台灣型的樣本。c：花蓮型的樣本。

Figure 6. Mismatch distribution analysis of d-loop sequences of *Bandicota indica* in Taiwan. a: overall in Taiwan, b: Taiwan type, c: Hualien type.



圖七、台灣地區的鬼鼠的細胞色素 *b* 基因完整序列之不相合分佈分析。a：台灣整體的樣本。b：台灣型的樣本。c：花蓮型的樣本。

Figure 7. Mismatch distribution analysis of *cytb* sequences of *Bandicota indica* in Taiwan. a: overall in Taiwan, b: Taiwan type, c: Hualien type.

附錄一、本研究所有採集的鬼鼠樣本資訊

Sample ID	Locality	經度	緯度	No. in Fig1	d-loop	cytb	現存組織	提供單位
T00518	台中縣霧峰鄉	120°44'05.98" E	24°02'39.46" N	11	DH10	CH16	肌肉	NMNS
T01176	台中縣龍井鄉-南寮	120°33'55.17" E	24°10'31.33" N	7	DH11	CH12	肌肉	NMNS
T01177	台中縣龍井鄉-南寮	120°33'55.17" E	24°10'31.33" N	7	DH11	CH07	肌肉	NMNS
T01178	台中縣龍井鄉-南寮	120°33'55.17" E	24°10'31.33" N	7	DH12	CH17	肌肉	NMNS
T01180	台中縣龍井鄉-南寮	120°33'55.17" E	24°10'31.33" N	7	DH11	CH12	肌肉	NMNS
T01181	台中縣龍井鄉-南寮	120°33'55.17" E	24°10'31.33" N	7	DH11	CH12	肌肉	NMNS
T01182	台中縣龍井鄉-南寮	120°33'55.17" E	24°10'31.33" N	7	DH11	CH12	肌肉	NMNS
T01184	台中縣龍井鄉-南寮	120°33'55.17" E	24°10'31.33" N	7	DH05	CH07	肌肉	NMNS
T01576	台中縣霧峰鄉	120°44'05.98" E	24°02'39.46" N	11	DH05	CH07	肌肉	NMNS
T01598	台中縣龍井鄉-南寮	120°33'55.17" E	24°10'31.33" N	7	DH10	CH16	肌肉	NMNS
T01856	台中縣龍井鄉-南寮	120°33'55.17" E	24°10'31.33" N	7	DH09	CH14	肌肉	NMNS
T02258	台中縣龍井鄉-南寮	120°33'55.17" E	24°10'31.33" N	7	DH10	CH16	肌肉	NMNS
T04354	台中縣龍井鄉-南寮	120°33'55.17" E	24°10'31.33" N	7	DH10	CH16	肌肉	NMNS
T04427	南投縣埔里鎮	120°57'52.87" E	23°59'35.83" N	14	DH09	CH14	肌肉	NMNS
T04428	南投縣埔里鎮	120°57'52.87" E	23°59'35.83" N	14	DH13	CH13	肌肉	NMNS
T04429	南投縣埔里鎮	120°57'52.87" E	23°59'35.83" N	14	DH14	CH15	肌肉	NMNS
T04430	南投縣埔里鎮	120°57'52.87" E	23°59'35.83" N	14	DH09	CH14	肌肉	NMNS
T04436	南投縣國姓鄉	120°52'22.30" E	24°03'23.19" N	13	DH09	CH14	肌肉	NMNS
T04437	南投縣埔里鎮	120°57'52.87" E	23°59'35.83" N	14	DH09	CH14	肌肉	NMNS
T04438	南投縣國姓鄉	120°52'22.30" E	24°03'23.19" N	13	DH09	CH14	肌肉	NMNS
T04439	南投縣國姓鄉	120°52'22.30" E	24°03'23.19" N	13	DH09	CH14	肌肉	NMNS
T04440	南投縣埔里鎮	120°57'52.87" E	23°59'35.83" N	14	DH09	CH14	肌肉	NMNS
T04441	南投縣水里鎮-水里國小	120°51'17.98" E	23°48'38.70" N	16	DH05	CH07	肌肉	NMNS
T04450	南投縣魚池鄉	120°55'07.62" E	23°52'31.39" N	15	DH09	CH14	肌肉	NMNS
T04451	南投縣魚池鄉	120°55'07.62" E	23°52'31.39" N	15	DH14	CH15	肌肉	NMNS

附錄一(續)

Sample ID	Locality	經度	緯度	No. in Fig1	d-loop	cytb	現存組織	採集單位
T04452	南投縣魚池鄉	120°55'07.62" E	23°52'31.39" N	15	DH14	CH15	肌肉	NMNS
T04453	南投縣埔里鎮	120°57'52.87" E	23°59'35.83" N	14	DH09	CH14	肌肉	NMNS
T04454	南投縣國姓鄉	120°52'22.30" E	24°03'23.19" N	13	DH09	CH14	肌肉	NMNS
T04458	南投縣國姓鄉	120°52'22.30" E	24°03'23.19" N	13	DH09	CH14	肌肉	NMNS
T04468	南投縣國姓鄉	120°52'22.30" E	24°03'23.19" N	13	DH13	CH13	肌肉	NMNS
T04469	南投縣埔里鎮	120°57'52.87" E	23°59'35.83" N	14	DH09	CH14	肌肉	NMNS
T04470	南投縣國姓鄉	120°52'22.30" E	24°03'23.19" N	13	DH09	CH14	肌肉	NMNS
T04472	南投縣埔里鎮	120°57'52.87" E	23°59'35.83" N	14	DH09	CH14	肌肉	NMNS
T04473	南投縣國姓鄉	120°52'22.30" E	24°03'23.19" N	13	DH13	CH13	肌肉	NMNS
T04474	南投縣魚池鄉	120°55'07.62" E	23°52'31.39" N	15	DH09	CH14	肌肉	NMNS
T04475	南投縣魚池鄉	120°55'07.62" E	23°52'31.39" N	15	DH13	CH13	肌肉	NMNS
T04482	南投縣埔里鎮	120°57'52.87" E	23°59'35.83" N	14	DH09	CH14	肌肉	NMNS
T05520	彰化縣溪州鄉	120°30'59.02" E	23°49'29.22" N	17	DH15	CH18	肌肉	NMNS
T05521	彰化縣	120°24'04.29" E	23°54'50.89" N	18	DH10	CH16	肌肉	NMNS
T05522	彰化縣	120°24'04.29" E	23°54'50.89" N	18	DH05	CH07	肌肉	NMNS
T05523	彰化縣二林鎮	120°24'04.29" E	23°54'50.89" N	18	DH10	CH16	肌肉	NMNS
T05524	彰化縣二林鎮	120°24'04.29" E	23°54'50.89" N	18	DH05	CH07	肌肉	NMNS
T05525	彰化縣溪州鄉	120°30'59.02" E	23°49'29.22" N	17	DH15	CH18	肌肉	NMNS
T05526	彰化縣溪州鄉	120°30'59.02" E	23°49'29.22" N	17	DH05	CH07	肌肉	NMNS
T05527	彰化縣二林鎮	120°24'04.29" E	23°54'50.89" N	18	DH05	CH07	肌肉	NMNS
T05529	彰化縣溪州鄉	120°30'59.02" E	23°49'29.22" N	17	DH09	CH14	肌肉	NMNS
T05530	台中縣霧峰鄉	120°44'05.98" E	24°02'39.46" N	11	DH08	CH08	肌肉	NMNS
T08032	台中市西屯區-台糖用地	120°36'23.80" E	24°11'33.80" N	8	DH07	CH07	肌肉	NMNS
T08034	台中縣大肚鄉-望高寮	120°34'43.80" E	24°08'43.30" N	9	DH08	CH11	肌肉	NMNS
T08060	台中縣大肚鄉-望高寮	120°34'43.80" E	24°08'43.30" N	9	DH05	CH10	肌肉	NMNS



附錄一(續)

Sample ID	Locality	經度	緯度	No. in Fig1	d-loop	cytb	現存組織	採集單位
T08220	台中縣大肚鄉-望高寮	120°34'43.80" E	24°08'43.30" N	9	DH05	CH07	肌肉	NMNS
T08458	高雄線路竹鄉-台灣製鋼公司	120°17'8.80" E	22°50'12.30" N	26	DH22	CH25	肌肉	NMNS
T09339	台中縣龍井鄉-南寮	120°33'55.17" E	24°10'31.33" N	7	DH06	CH09	肌肉	NMNS
T09388	苗栗縣三義鄉-關刀山	120°45'07.80" E	24°23'09.60" N	6	DH05	CH07	肌肉	NMNS
T11312	台中縣龍井鄉-南寮	120°33'55.17" E	24°10'31.33" N	7	DH08	CH08	肌肉	NMNS
T11456	屏東縣內埔鄉-屏東科技大學第一餐廳前	120°36'59.30" E	22°38'53.00" N	27	DH10	CH26	肌肉	NMNS
T11458	屏東縣內埔鄉-屏東科技大學第一餐廳前	120°36'59.30" E	22°38'53.00" N	27	DH09	CH07	肌肉	NMNS
T11518	新竹市香山區-大湖里	120°55'59.27" E	24°44'40.25" N	3	DH04	CH03	肌肉	NMNS
T11519	桃園縣新屋鄉-新屋鄉農會	121°04'04.47" E	24°58'57.58" N	2	DH02	CH02	肌肉	NMNS
T11521	桃園縣新屋鄉-新屋鄉農會	121°04'04.47" E	24°58'57.58" N	2	DH02	CH02	肌肉	NMNS
T11522	苗栗縣公館村-五谷村	120°49'11.08" E	24°31'34.11" N	5	DH05	CH04	肌肉	NMNS
T11524	嘉義縣新港鄉-安和村	120°19'03.37" E	23°30'59.95" N	20	DH16	CH19	肌肉	NMNS
T11525	桃園縣新屋鄉-新屋鄉農會	121°04'04.47" E	24°58'57.58" N	2	DH02	CH02	肌肉	NMNS
T11526	新竹市香山區-大湖里	120°55'59.27" E	24°44'40.25" N	3	DH04	CH03	肌肉	NMNS
T11527	苗栗縣公館村-五谷村	120°49'11.08" E	24°31'34.11" N	5	DH04	CH05	肌肉	NMNS
T11985	台中縣大里市-中投公路 8K	120°39'45.90" E	24°03'30.50" N	10	DH09	CH14	肌肉	NMNS
T11986	台中縣大里市-大里溪堤防外	120°39'45.90" E	24°03'30.50" N	10	DH08	CH08	肌肉	NMNS
T12188	台中市南屯區垃圾衛生掩埋場復育公園	120°34'46.60" E	24°08'52.20" N	9	DH05	CH07	肌肉	NMNS
T12761	苗栗縣三義鄉-裕隆車廠	120°45'07.80" E	24°23'09.60" N	6	DH04	CH06	肌肉	NMNS
T12993	新竹縣北埔鄉-北埔村	121°03'30.93" E	24°42'02.01" N	4	DH03	CH03	肌肉	NMNS
T13022	台中市西屯區-東海大學牧場	120°36'44.85" E	24°10'46.86" N	8	DH08	CH08	肌肉	NMNS
B06-3	花蓮縣吉安鄉-光華工業區	121°33'44.25" E	23°58'26.94" N	33	DH26	CH31	完整個體	NDHU
BDE0294	花蓮縣吉安鄉-吉安農改場	121°33'44.25" E	23°58'26.94" N	33	DH27	CH31	完整個體	NDHU
BDE0295	花蓮縣吉安鄉-吉安農改場	121°33'44.25" E	23°58'26.94" N	33	DH24	CH35	完整個體	NDHU
BDE0394	花蓮縣吉安鄉-吉安農改場	121°33'44.25" E	23°58'26.94" N	33	DH24	CH31	完整個體	NDHU

附錄一(續)

Sample ID	Locality	經度	緯度	No. in Fig1	d-loop	cytb	現存組織	採集單位
BDE0395	花蓮縣吉安鄉-吉安農改場	121°33'44.25" E	23°58'26.94" N	33	DH24	CH31	完整個體	NDHU
BDE0396	花蓮縣吉安鄉-吉安農改場	121°33'44.25" E	23°58'26.94" N	33	DH24	CH33	完整個體	NDHU
BDE0397	花蓮縣吉安鄉-吉安農改場	121°33'44.25" E	23°58'26.94" N	33	DH24	CH31	完整個體	NDHU
S0074	新竹市香山區-櫻花莊	120°55'59.27" E	24°44'40.25" N	3	DH04	CH03	腳趾	ESRI
S0446	宜蘭縣員山鄉-福園	121°39'45.12" E	24°44'17.26" N	35	DH29	CH01	尾巴	ESRI
S0451	宜蘭縣羅東鎮-北城橋下	121°46'15.00" E	24°40'32.18" N	34	DH28	CH01	尾巴	ESRI
S0452	宜蘭縣羅東鎮-北城橋下	121°46'15.00" E	24°40'32.18" N	34	DH28	CH01	尾巴	ESRI
S0516	彰化縣伸港鄉-西濱大橋	120°16'54.22" E	23°50'12.69" N	19	DH12	CH17	尾巴	ESRI
S0948	彰化縣彰化市-貓羅溪與烏溪匯流口	120°33'44.81" E	24°04'17.97" N	12	DH11	CH12	尾巴	ESRI
S1245	花蓮縣吉安鄉-光華活動中心	121°33'44.25" E	23°58'26.94" N	33	DH24	CH34	尾巴	ESRI
S1250	花蓮縣吉安鄉-仁和村	121°33'44.25" E	23°58'26.94" N	33	DH24	CH35	尾巴	ESRI
S1400	花蓮縣富里鄉-長富大橋	121°17'37.47" E	23°16'05.72" N	29	DH25	CH28	尾巴	ESRI
S2239	台南縣楠西鄉-174 線	120°28'33.89" E	23°11'20.41" N	22	DH17	CH21	腳趾	ESRI
S2251	台南縣新市鄉-南科樹谷園區	120°15'47.48" E	23°05'47.34" N	24	DH19	CH07	尾巴	ESRI
EvenR001	台中縣沙鹿鎮-靜宜大學後山	120°35'05.46" E	24°13'41.28" N	7	DH08	CH08	肌肉	THU
EvenR002	高雄縣桃源鄉-勤和村少年溪風景區	120°46'26.56" E	23°10'17.56" N	21	DH08	CH20	完整個體	THU
EvenR003	台東縣鹿野鄉-台九線 351.5K	121°09'34.50" E	22°57'28.98" N	28	DH23	CH27	完整個體	THU
EvenR037	高雄縣桃源鄉-小關山林道 11K	120°47'49.38" E	23°08'28.60" N	21	DH08	CH20	完整個體	NPUST
EvenR038	高雄縣桃源鄉-小關山林道 11K	120°47'49.38" E	23°08'28.60" N	21	DH08	CH20	完整個體	NPUST
EvenR040	台北縣貢寮鄉-台二線 102.5K	121°57'42.32" E	25°01'15.17" N	1	DH01	CH01	完整個體	THU
EvenR041	台北縣貢寮鄉-台二線 102.5K	121°57'42.32" E	25°01'15.17" N	1	DH01	CH01	完整個體	THU
EvenR042	台北縣貢寮鄉-台二線 102.5K	121°57'42.32" E	25°01'15.17" N	1	DH01	CH01	完整個體	THU
EvenR043	台北縣貢寮鄉-台二線 102.5K	121°57'42.32" E	25°01'15.17" N	1	DH01	CH01	完整個體	THU
EvenR044	台北縣貢寮鄉-台二線 102.5K	121°57'42.32" E	25°01'15.17" N	1	DH01	CH01	完整個體	THU

附錄一(續)

Sample ID	Locality	經度	緯度	No. in Fig1	d-loop	cytb	現存組織	採集單位
EvenR045	台北縣貢寮鄉-台二線 102.5K	121°57'42.32" E	25°01'15.17" N	1	DH01	CH01	完整個體	THU
EvenR047	台南縣官田鄉-171 線	120°20'54.80" E	23°10'34.90" N	23	DH18	CH22	完整個體	THU
EvenR078	花蓮縣瑞穗鄉-瑞穗牧場	121°21'10.76" E	23°28'25.39" N	30	DH23	CH29	完整個體	THU
EvenR079	花蓮縣瑞穗鄉-富里村	121°23'55.64" E	23°34'59.57" N	31	DH24	CH31	完整個體	THU
EvenR080	花蓮縣瑞穗鄉-富里村	121°23'55.64" E	23°34'59.57" N	31	DH24	CH32	完整個體	THU
EvenR081	花蓮縣鳳林鎮	121°27'57.92" E	23°42'03.22" N	32	DH25	CH30	完整個體	THU
EvenR082	花蓮縣瑞穗鄉-瑞穗牧場	121°21'10.76" E	23°28'25.39" N	30	DH25	CH30	完整個體	THU
EvenR083	花蓮縣瑞穗鄉-富里村	121°23'55.64" E	23°34'59.57" N	31	DH24	CH31	完整個體	THU
EvenR084	花蓮縣瑞穗鄉-富里村	121°23'55.64" E	23°34'59.57" N	31	DH25	CH30	完整個體	THU
EvenR085	花蓮縣瑞穗鄉-富里村	121°23'55.64" E	23°34'59.57" N	31	DH25	CH30	完整個體	THU
EvenR086	花蓮縣瑞穗鄉-富里村	121°23'55.64" E	23°34'59.57" N	31	DH25	CH30	完整個體	THU
EvenR087	花蓮縣瑞穗鄉-富里村	121°23'55.64" E	23°34'59.57" N	31	DH25	CH30	完整個體	THU
EvenR088	花蓮縣瑞穗鄉-富里村	121°23'55.64" E	23°34'59.57" N	31	DH24	CH31	完整個體	THU
EvenR089	花蓮縣瑞穗鄉-富里村	121°23'55.64" E	23°34'59.57" N	31	DH24	CH31	完整個體	THU
EvenR090	花蓮縣瑞穗鄉-瑞穗牧場	121°21'10.76" E	23°28'25.39" N	30	DH25	CH30	完整個體	THU
EvenR091	花蓮縣瑞穗鄉-瑞穗牧場	121°21'10.76" E	23°28'25.39" N	30	DH25	CH30	完整個體	THU
EvenR092	花蓮縣瑞穗鄉-瑞穗牧場	121°21'10.76" E	23°28'25.39" N	30	DH25	CH30	完整個體	THU
EvenR093	桃園縣新屋鄉-新屋鄉農會	121°04'04.47" E	24°58'57.58" N	2	DH02	CH02	完整個體	THU
EvenR094	台南縣歸仁鄉-高鐵車站	120°16'30.46" E	22°55'51.72" N	25	DH20	CH24	完整個體	THU
EvenR095	台南縣歸仁鄉-高鐵車站	120°16'30.46" E	22°55'51.72" N	25	DH10	CH23	完整個體	THU
EvenR096	台南縣歸仁鄉-高鐵車站	120°16'30.46" E	22°55'51.72" N	25	DH20	CH24	完整個體	THU
EvenR097	台南縣歸仁鄉-高鐵車站	120°16'30.46" E	22°55'51.72" N	25	DH20	CH24	完整個體	THU
EvenR098	台南縣歸仁鄉-高鐵車站	120°16'30.46" E	22°55'51.72" N	25	DH21	CH07	完整個體	THU
EvenR099	宜蘭縣員山鄉-紅柴林	121°39'45.12" E	24°44'17.26" N	35	DH28	CH01	肌肉	CDC

附錄一(續)

Sample ID	Locality	經度	緯度	No. in Fig1	d-loop	cytb	現存組織	採集單位
EvenR100	宜蘭縣員山鄉-紅柴林	121°39'45.12" E	24°44'17.26" N	35	DH28	CH01	肌肉	CDC
EvenR065	福建省南平市-大橫頭自然村	117°10'35.62" E	26°58'48.08" N	37	DH31	CH37	肌肉、肝	XMU
EvenR071	福建省泰寧縣-沁洋川	118°14'37.82" E	26°45'55.59" N	36	DH30	CH36	肌肉、肝	XMU
EvenR072	福建省泰寧縣-沁洋川	118°14'37.82" E	26°45'55.59" N	36	DH30	CH36	肌肉、肝	XMU
EvenR073	福建省泰寧縣-沁洋川	118°14'37.82" E	26°45'55.59" N	36	DH30	CH36	肌肉、肝	XMU
EvenR074	福建省泰寧縣-沁洋川	118°14'37.82" E	26°45'55.59" N	36	DH30	CH36	肌肉、肝	XMU
0713	廣東省新會市	113°02'00.11" E	22°27'30.07" N	38	DH32	CH38	毛皮	GZHU
0714	廣東省新會市	113°02'00.11" E	22°27'30.07" N	38	*	CH39	毛皮	GZHU
0715	廣東省新會市	113°02'00.11" E	22°27'30.07" N	38	DH33	CH40	毛皮	GZHU
HY-01	越南興安(Hung Yen)	106°03'25.20" E	20°38'11.72" N	39	DH34	CH41	肌肉、肝	IEBR
VL-78	越南永隆(Vinh Long)	105°56'42.00" E	10°06'28.00" N	40	DH35	*	肌肉、肝	IEBR
HG-161	越南後江(Hau Giang)	105°41'10.00" E	09°43'43.00" N	41	DH36	CH42	肌肉、肝	IEBR
HG-162	越南後江(Hau Giang)	105°41'10.00" E	09°43'43.00" N	41	DH36	CH43	肌肉、肝	IEBR
HG-163	越南後江(Hau Giang)	105°41'10.00" E	09°43'43.00" N	41	DH36	CH44	肌肉、肝	IEBR
UMT-146	越南前江(Kien Giang)-U Minh Thuong National Park	105°05'14.00" E	09°36'00.00" N	42	DH37	CH45	肌肉、肝	IEBR
UMT-160	越南前江(Kien Giang)-U Minh Thuong National Park	105°05'14.00" E	09°36'00.00" N	42	DH37	CH45	肌肉、肝	IEBR

NMNS: 國立自然科學博物館

NDHU: 國立東華大學

ESRI: 行政院農業委員會特有生物研究保育中心

THU: 東海大學

CDC: 行政院衛生署疾病管制局

XMU: 廈門大學

GZHU: 廣州大學

IEBR: 越南國立生態及生物資源研究中心

\*: 定序失敗

附錄二、鬼鼠 *Bandicota indica* 控制區域片段部份序列(d-loop)單型之變異位點

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50			
DH01	A	C	A	A	A	T	A	C	A	A	C	T	C	T	C	A	T	T	C	T	T	T	G	T	C	A	A	A	T	A	C	G	A	G	A	A	T	A	T	C	A	A	A	T	C	A	T	C	A				
DH02	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.		
DH03	G	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.				
DH04	G	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.		
DH05	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.		
DH06	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.			
DH07	G	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.		
DH08	G	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	
DH09	G	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.		
DH10	G	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.		
DH11	G	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.		
DH12	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.			
DH13	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	
DH14	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	
DH15	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	
DH16	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	
DH17	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.		
DH18	G	.	.	.	.	G	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	
DH19	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	C	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.

附錄二(續)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50			
<b>DH01</b>	A	C	A	A	A	T	A	C	A	A	C	T	C	T	C	A	T	T	C	T	T	T	G	T	C	A	A	A	T	A	C	G	A	G	A	A	T	A	T	C	A	A	A	T	C	A	T	C	A				
DH20	G	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.
DH21	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.		
DH22	G	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	G			
DH23	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.			
DH24	.	T	C	.	C	.	.	.	.	C	T	C	.	.	.	.	.	.	T	C	.	.	.	A	.	.	G	C	.	.	.	T	.	.	.	.	.	G	G	T	.	.	.	T	G	.	.	G					
DH25	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.				
DH26	.	T	C	.	C	.	.	.	.	C	T	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	C	.	.	T	.	.	.	.	G	G	.	.	.	.	T	G	.	.	.	.	.	.						
DH27	.	T	C	.	C	.	.	.	.	C	T	C	.	T	.	.	T	C	.	.	.	.	A	.	.	G	C	.	.	T	.	.	.	.	G	G	T	.	.	.	T	G	.	.	G								
DH28	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	C	.	.	.	.	A	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.					
DH29	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	C	.	.	.	A	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.					
DH30	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.				
DH31	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	A	C	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.					
DH32	.	T	C	.	C	.	.	T	T	C	T	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	C	.	T	A	.	.	.	A	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.				
DH33	.	T	C	.	C	.	.	T	C	T	C	.	T	.	.	T	C	.	.	.	.	.	A	.	.	.	C	.	T	A	.	.	.	A	G	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.				
DH34	.	T	C	.	C	C	.	T	.	C	T	C	T	.	.	.	.	C	.	C	A	.	.	.	.	C	.	T	A	.	.	.	A	.	.	.	T	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.				
DH35	.	A	.	.	C	C	.	.	C	T	C	.	C	.	C	.	C	.	C	.	C	.	A	.	T	.	.	G	T	A	.	.	.	A	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.				
DH36	.	T	.	.	C	C	.	.	C	T	C	.	C	.	C	.	C	.	.	.	.	.	A	.	T	.	.	.	T	A	.	.	.	A	.	.	.	G	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.				
DH37	.	T	.	.	C	C	.	.	C	T	C	.	C	.	G	C	.	C	.	.	.	.	A	.	T	.	.	.	T	A	.	.	.	A	.	.	.	G	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.					

附錄三、鬼鼠 *Bandicota indica* 細胞色素 *b* 基因完整序列(cytb)單型之變異位點

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	
CH01	C	T	G	C	A	A	T	T	G	C	C	A	A	A	C	T	C	T	A	T	T	C	T	C	T	G	
CH02	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH03	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH04	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH05	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH06	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH07	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH08	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH09	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.
CH10	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH11	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH12	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH13	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH14	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH15	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH16	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH17	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH18	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH19	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH20	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH21	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH22	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH23	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH24	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH25	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH26	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH27	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH28	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH29	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH30	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH31	.	C	A	.	.	G	.	.	.	T	.	.	.	.	T	.	.	.	.	C	C	.	.	.	C	.	
CH32	.	C	A	.	.	G	.	.	.	T	.	.	.	.	T	.	.	.	.	C	C	.	.	.	C	.	
CH33	T	C	A	.	.	G	.	.	A	T	T	.	.	.	T	.	.	C	.	C	C	.	.	.	C	.	
CH34	.	C	A	.	.	G	.	.	.	T	.	.	.	.	T	.	.	.	.	C	C	.	.	.	C	.	
CH35	T	C	.	.	.	G	.	C	A	T	T	.	.	G	T	.	T	C	.	.	C	.	.	.	C	.	
CH36	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH37	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH38	.	C	.	.	G	G	.	.	.	T	.	G	G	.	T	.	.	.	G	.	C	.	.	T	C	.	
CH39	.	C	.	.	G	G	.	.	.	T	.	.	G	.	T	.	.	.	G	.	C	.	.	T	C	.	
CH40	.	C	.	.	G	G	.	.	A	T	.	.	G	.	T	C	.	.	G	.	C	.	.	T	C	.	
CH41	T	C	.	.	.	G	.	C	A	T	T	.	.	.	T	.	.	C	.	.	C	.	.	.	C	A	
CH42	.	C	.	.	.	G	.	.	.	T	.	.	G	.	T	.	.	.	.	C	.	.	.	.	C	.	
CH43	.	C	.	.	.	G	.	.	A	T	.	.	G	.	T	.	.	.	.	C	.	.	.	.	C	.	
CH44	.	C	.	.	.	G	.	.	.	T	.	.	G	.	T	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	C	.
CH45	.	C	.	.	.	G	.	.	.	T	.	.	G	.	T	.	.	.	.	C	T	.	.	.	.	C	.

附錄三(續)

	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	
CH01	C	C	T	G	T	T	G	G	T	T	C	G	A	A	T	T	A	T	C	T	C	C	A	C	G	C	
CH02	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH03	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH04	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH05	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH06	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH07	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH08	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH09	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH10	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH11	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH12	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH13	.	.	.	A	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH14	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH15	.	.	.	A	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH16	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH17	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH18	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH19	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH20	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH21	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH22	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH23	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH24	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH25	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH26	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH27	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH28	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH29	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH30	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH31	T	.	.	A	C	.	.	.	A	.	T	.	.	.	.	C	.	.	T	.	T	.	G	.	.	.	.
CH32	T	.	.	A	C	.	.	.	A	.	T	.	.	.	.	C	.	.	T	.	T	T	.	.	.	.	.
CH33	T	.	.	A	C	.	.	.	A	.	T	.	.	C	.	C	.	.	T	C	T	.	G	.	.	.	.
CH34	T	.	.	A	C	.	.	.	A	.	T	.	.	.	.	C	.	.	T	.	T	.	G	.	.	.	.
CH35	.	.	.	A	C	.	.	.	A	.	T	A	.	C	.	.	.	.	T	C	T	T	.	.	.	.	.
CH36	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH37	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH38	.	.	.	A	C	.	.	.	A	.	T	.	.	.	C	.	.	C	T	.	T	.	.	.	.	.	.
CH39	.	.	.	A	C	.	.	.	A	.	T	.	.	.	C	.	.	C	T	.	T	.	.	.	.	.	.
CH40	.	.	.	A	C	.	.	.	A	.	T	.	.	.	C	.	G	C	T	.	T	.	.	.	.	.	.
CH41	.	.	.	A	C	.	.	.	A	.	T	A	.	C	.	.	.	.	T	C	T	T	.	.	A	.	.
CH42	.	A	.	A	C	.	.	.	A	C	T	.	.	.	.	.	.	.	C	T	.	T	.	.	.	.	A
CH43	.	.	.	A	C	.	.	.	A	C	T	.	.	.	.	.	.	.	C	T	.	T	.	.	.	.	A
CH44	.	A	.	A	C	.	.	.	A	C	T	.	.	.	.	.	.	.	C	T	.	T	.	.	.	.	A
CH45	.	.	.	T	C	.	.	.	A	.	T	.	.	.	.	.	.	.	C	T	.	T	.	.	T	.	A



附錄三(續)

	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	
CH01	A	T	G	C	C	A	A	T	A	T	G	G	C	C	G	T	A	T	A	A	T	T	C	A	A	A	
CH02	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH03	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH04	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	A	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH05	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH06	C	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH07	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH08	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.
CH09	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.
CH10	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH11	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.
CH12	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH13	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	T	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.
CH14	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH15	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.
CH16	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.
CH17	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.
CH18	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.
CH19	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.
CH20	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.
CH21	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.
CH22	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.
CH23	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH24	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH25	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G
CH26	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH27	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH28	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH29	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH30	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH31	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.
CH32	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.
CH33	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.
CH34	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.
CH35	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	C	C	.	.	.	.
CH36	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH37	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH38	.	C	.	T	T	.	.	.	.	C	T	.	T	.	.	C	.	.	.	.	C	C	.	G	G	.	.
CH39	.	C	.	T	T	.	.	.	.	C	T	.	T	.	.	C	.	.	.	.	C	C	.	G	G	.	.
CH40	.	C	.	T	T	.	.	.	.	C	T	.	T	.	.	C	.	.	.	.	.	C	.	.	G	.	.
CH41	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	G	.	.	.	C	C	.	.	G	.	.
CH42	.	C	.	.	T	G	G	.	.	.	T	.	T	.	A	.	.	C	.	.	.	C	.	.	G	.	.
CH43	.	C	.	.	T	G	G	.	.	.	T	.	T	.	A	.	.	C	.	.	.	C	.	.	G	.	.
CH44	.	C	.	.	T	G	G	.	.	.	T	.	T	.	A	.	.	C	.	.	.	C	.	.	G	.	.
CH45	.	C	.	.	T	.	G	.	.	.	T	.	T	.	A	.	.	C	.	.	.	C	.	.	G	.	.

附錄三(續)

	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100	101	102	103
CH01	T	T	T	C	G	C	T	T	C	G	C	T	C	G	A	C	C	T	T	C	T	T	A	A	A
CH02	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH03	C	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH04	C	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH05	C	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH06	C	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH07	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH08	C	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH09	.	.	C	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH10	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH11	C	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH12	C	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH13	.	.	C	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH14	C	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH15	.	.	C	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH16	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH17	.	.	C	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH18	.	.	C	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH19	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.
CH20	C	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH21	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.
CH22	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.
CH23	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH24	.	.	C	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH25	.	.	C	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH26	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH27	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.
CH28	.	.	C	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH29	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH30	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH31	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	.	.	.	.	C	C	.
CH32	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	T	.	.	.	.	.	.	C	C	.
CH33	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	T	.	.	.	C	T	.	.	.	.	.	.	C	C	.
CH34	.	.	C	T	.	.	.	.	.	.	T	.	T	.	C	T	.	.	.	T	.	.	C	C	.
CH35	.	.	C	T	.	.	.	.	.	.	T	.	T	.	C	.	.	.	.	T	.	.	C	C	.
CH36	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH37	.	.	C	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
CH38	.	C	C	.	.	.	.	.	.	A	.	C	T	.	.	.	T	.	.	.	.	.	C	T	G
CH39	.	C	C	.	.	.	.	.	.	A	.	C	T	.	.	.	T	.	.	.	.	.	C	T	G
CH40	.	C	C	.	.	.	.	.	.	.	.	C	T	.	.	.	T	.	.	.	.	.	C	C	G
CH41	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	T	.	T	.	C	.	.	.	.	T	.	.	C	C	.
CH42	.	C	C	.	.	.	C	.	T	A	.	C	T	.	.	.	T	.	.	.	.	.	C	C	G
CH43	.	C	C	.	.	.	C	.	T	.	.	C	T	.	.	.	T	.	.	.	.	.	C	C	G
CH44	.	C	C	.	.	.	C	.	T	.	.	C	T	.	.	.	T	.	.	.	.	.	C	C	G
CH45	.	C	C	.	.	.	C	.	T	.	.	C	T	.	.	.	T	.	.	.	.	.	C	C	G