

# 太魯閣國家公園杜鵑花屬植物遺傳多樣性調查

徐源泰<sup>1</sup>、劉育姍<sup>2</sup>、巫佳霖<sup>2</sup>

1.國立台灣大學園藝學系教授兼系主任 2.國立台灣大學園藝學系研究生

## 摘要

本次調查發現太魯閣國家公園區內族群最大之杜鵑花屬植物為玉山杜鵑，其分佈範圍最大且數量多，細葉杜鵑以及南湖杜鵑僅在南湖大山區域被觀察到，著生杜鵑僅生長於清水山區，此外金毛杜鵑、南澳杜鵑以及西施花雖然在區內存在，但其族群極小，紅毛杜鵑則多生長於台八線中橫公路以及大禹嶺部分，台灣高山杜鵑則和玉山杜鵑一樣生長於合歡山區與南湖山區。針對玉山杜鵑對其可能之遷移路線以及親緣地理進行分析，結果發現合歡主峰、合歡東峰有相同之單套基因型，代表其於過去曾進行交流，推測是在過去冰河時期，高山杜鵑往低海拔處遷移，因此造成其基因互相交流所造成。此外，太魯閣國家公園區內之玉山杜鵑，其遷移分佈可能是隨著冰河時期後的氣候回暖，由低海拔區域往山上遷移，因此在除了部分區域有共同的單套基因型之外，合歡山主峰、合歡北峰以及南湖大山區域皆有獨特之單套基因型存在。

本調查試驗期望能藉由對區內杜鵑花屬資源之調查，以及對其親緣地理、遷移模式之研究，能提供太魯閣國家公園內部管理之相關基礎資訊，並可做為與過去調查之比較，藉以觀測區內杜鵑花屬植物之遷移變動情況，此外亦可於過去之基礎上，提供更多遺傳多樣性以及過去可能遷移路線之資訊，以補充擴增區內解說資料之內容，並可做為未來遺傳多樣性監測之基礎。

## 研究緣起

根據前一年度所進行的「太魯閣國家公園杜鵑花屬植物小分子熱休克蛋白與其地理分佈之研究」發現，杜鵑屬植物中的細胞質第一型小分子熱休克蛋白 (cytosolic class I small heat shock protein) 與其生長海拔高度具有相關性；由於前一年度之採樣地點集中於南湖中央尖區與合歡山區，本年度則針對太魯閣國家公園全區之杜鵑花屬植物進行調查，以確認其遺傳多樣性與其環境之關係，並將評估其成為區內指標性植物之可能性。本年度之工作並將延伸進行太魯閣國家公園全區代表性杜鵑花分佈之調查，及製作蠟葉典藏標本與保育解說資料。

## 材料與方法

### (一) 植物調查

#### 1. 植物採集與紀錄

本調查試驗將根據前人之紀錄，對太魯閣國家公園區內進行野生杜鵑花屬植物之調查，並採集葉片之標本以供後續蠟葉標本的製作。本調查試驗中杜鵑花屬植物之採集規畫路線如下：(1) 南湖大山區；(2) 蓮花池步道、梅園-竹村步道；(3) 清水山區；(4) 台八線中橫公路；(5) 合歡山-奇萊山區

#### 2. 環境因子之觀測與評估

本調查試驗針對下列環境因子加以直接觀測或以間接方式評估：

- (1) 海拔高 (altitude, Alt.)
- (2) 坡度 (slope, Slo.)
- (3) 地理位置描述
- (4) pH 值測定

### (二) 合歡奇萊山區以及南湖山區之玉山杜鵑親緣關係之確認

由於合歡奇萊山區以及南湖山區皆有玉山杜鵑之蹤跡，因此本試驗中以葉綠體 DNA 上之 *trnL-trnF* intergenic spacer、*trnL* intron 以及 *aptB-rbcL* 區域對合歡奇萊山區以及南湖山區的玉山杜鵑進行試驗，以觀測其親緣關係，並推測其可能的遷移路線。分析項目如下：

#### 1. 遺傳變異分析

- (1) 核苷酸歧異度 ( $\pi$ , Nucleotide diversity)
- (2) 單套基因型歧異度 (Hd, Haplotype diversity)

#### 2. 中性假說檢定 (Neutral hypothesis test)

中性假說檢定之理論基礎為遺傳變異存在族群與否受隨機的基因漂變 (genetic drift) 影響，而不受天擇 (selection) 和族群大小 (demography) 變動等因素的影響，此處所使用的方法為 Fu & Li (1993) 的  $D^*$  test 以及  $F^*$  test，與 Tajima (1989) 的  $D$  test。此處之  $D^*$  test、 $F^*$  test 與  $D$  test 皆是以 DnaSP4.0 之軟體進行計算。

#### 3. 遺傳譜系分析

定序後之序列經由和基因庫的資料進行排列比對後，以 TCS 基因譜系分析 (Clement *et al.*, 2000) 進行分析，TCS 根據 DNA 的序列變異，分析族群中不同基因型的親緣關係，並利用單套型出現機率和每一變異步驟運算，再回溯基因型的共同祖先。

## 結果與討論

### ■ 杜鵑花分佈調查

#### (1) 南湖大山

調查路線：南湖大山登山口→多加屯山→木杆鞍部→雲稜山莊→審馬陣山→南湖大山北峰→南湖大山

杜鵑種類：細葉杜鵑、台灣高山杜鵑、玉山杜鵑、南湖杜鵑

#### (2) 蓮花池步道、梅園-竹村步道

調查路線：

杜鵑種類：南澳杜鵑

#### (3) 清水山區

調查路線：大禮→大同→砂卡礑林道

杜鵑種類：著生杜鵑

#### (4) 台八線中橫公路

調查路線：台八線、台14甲、大禹嶺步道

杜鵑種類：西施花、台灣高山杜鵑、金毛杜鵑、紅毛杜鵑、南澳杜鵑

#### (5) 合歡山-奇萊山區

調查路線：合歡主峰→合歡山北峰→小奇萊→合歡山東峰

杜鵑種類：西施花、台灣高山杜鵑、玉山杜鵑

表一、各區域杜鵑分佈種類以及族群大小

	合歡山奇萊山區	清水山區	蓮花池步道	中橫公路	南湖大山
西施花				零星	
紅毛杜鵑				中等	
金毛杜鵑				中等	
南澳杜鵑			零星	零星	
台灣高山杜鵑	豐富			中等	豐富
玉山杜鵑	豐富				豐富
著生杜鵑		豐富			
細葉杜鵑					豐富
南湖杜鵑					豐富

豐富 > 100株 100株 > 中等 > 40株 零星 < 40株

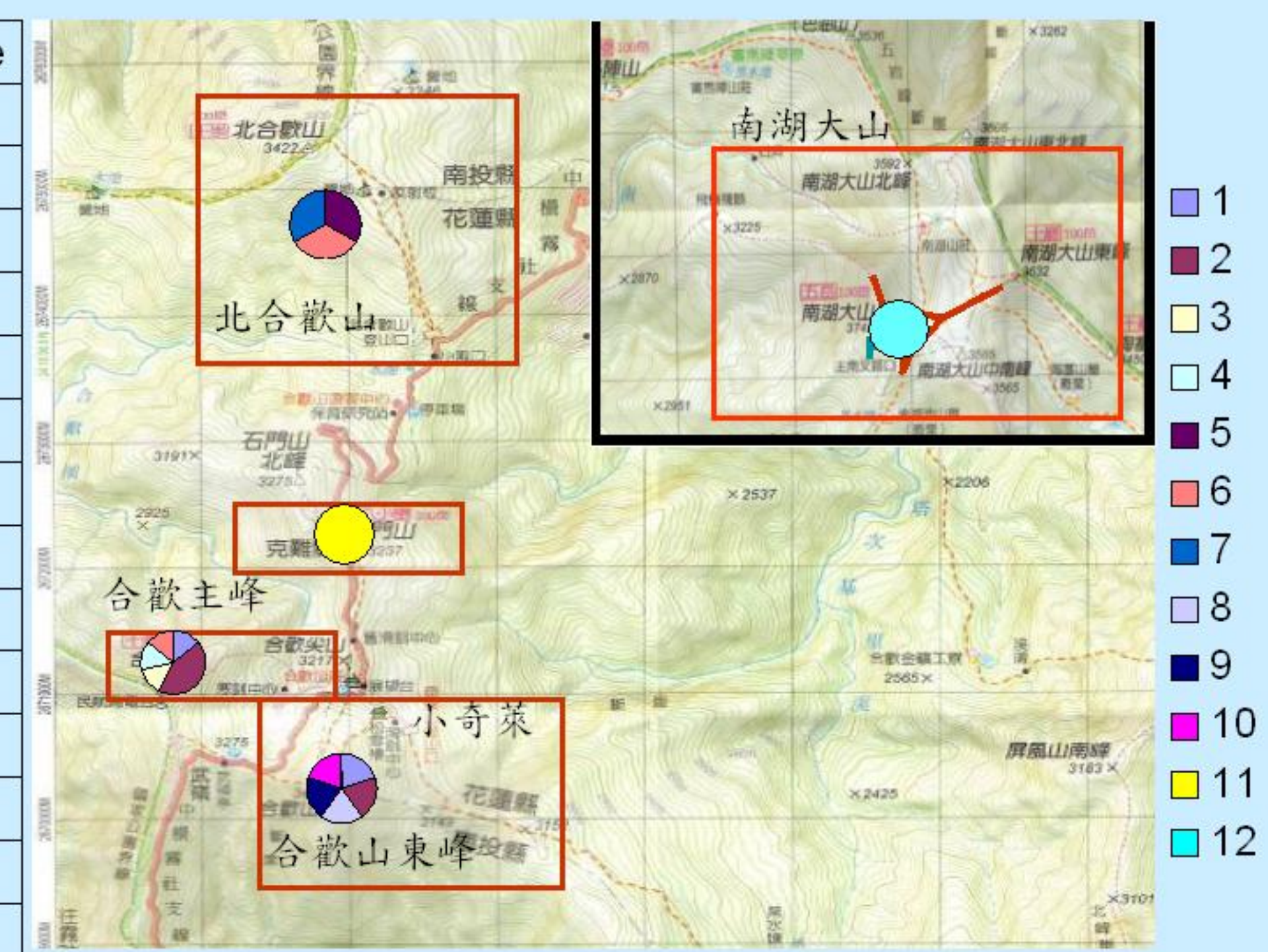
### ■ 玉山杜鵑親緣地理之分析

針對杜鵑葉綠體 DNA 上之 *trnL-trnL-trnF* 和 *aptB-rbcL* IGS 分析其單套基因型之歧異度 (haplotype diversity, Hd)，發現以 *aptB-rbcL* 具有最高之歧異度。若以核苷酸歧異度 (nucleotide diversity,  $\pi$ ) 分析，不同區域所得之歧異度分別由 0.0002-0.0113，若和蔣 (2004) 對玉山國家公園內之玉山杜鵑比較，則發現其普遍都較低。以中性假說檢定 (neutral hypothesis test) 對三個區域之綜合序列分析，所得之  $D^*$ 、 $F^*$  以及  $D$  值皆呈現顯著負值，即偏離中性假說之情況，此代表太魯閣國家公園內之玉山杜鵑族群可能於近代受到瓶頸效應之影響，因而造成其單套基因形歧異度與核苷酸歧異度皆低，且偏離中性假說檢定的情形。

對玉山杜鵑支單套基因型進行其分佈區域的分析，結果發現單套基因型第二型存在於合歡山主峰及東峰，其代表過去此區域之杜鵑曾經有互相交流的機會，因此推估應該是於第四紀冰河時期，玉山杜鵑皆往低海拔處進行遷移，其相互之間進行基因上之交流。此外，以 TCS 基因譜系分析，發現單套基因型第二型即為祖先型，其它之單套基因型多為此基因型演化而來，但在合歡北峰、小奇萊以及南湖大山區域皆有其單獨存在的祖先型，由此可知太魯閣國家公園區內之玉山杜鵑具有多樣性。

表二、親緣地理研究中所使用之玉山杜鵑樣本及其單套基因型分類。

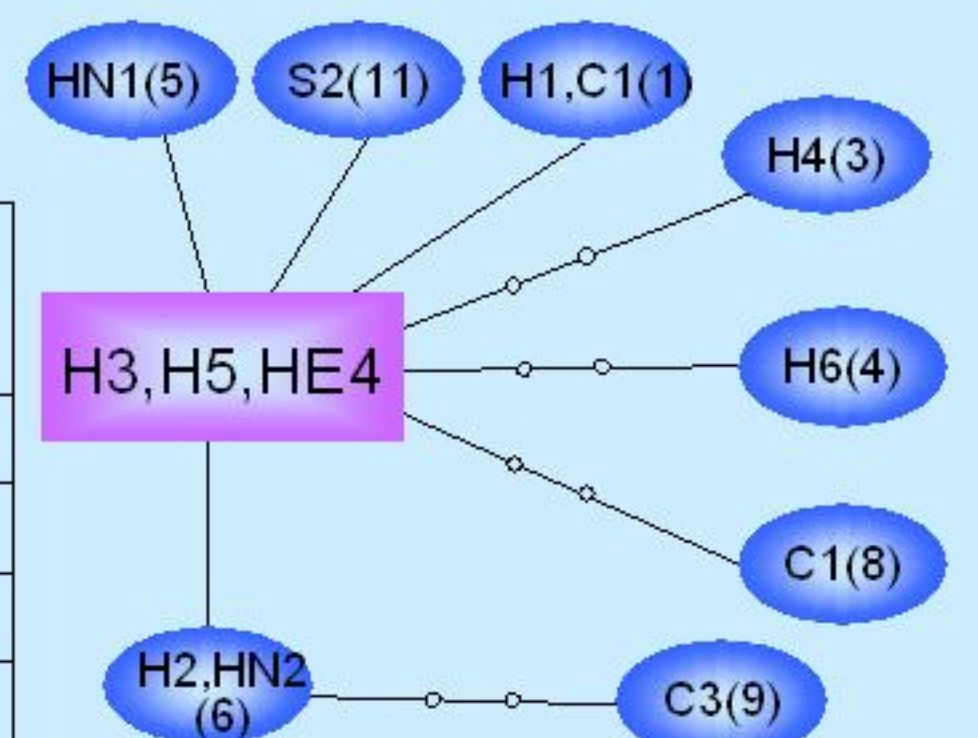
	Site	Altitude (m)	Haplotype
H1	合歡主峰	3416	Hap1
H2	合歡主峰	3416	Hap6
H3	合歡主峰	3416	Hap2
H4	合歡主峰	3416	Hap3
H5	合歡主峰登山山稜線	3385	Hap2
H6	合歡山主峰戰備道旁10公尺	3239	Hap4
HN1	合歡北峰山頂下(東方)	3416	Hap5
HN2	合歡北峰下北坡	3422	Hap6
HN3	合歡北峰下北坡	3419	Hap7
C1	小奇萊步道	3070	Hap8
C2	小奇萊步道	3033	Hap1
C3	小奇萊步道	3165	Hap9
C4	小奇萊步道	3050	Hap10
S2	石門山北峰	3123	Hap11
HE4	合歡山東峰北登山道	3322	Hap2
SS1	南湖主峰頂	3742	Hap12



圖一、玉山杜鵑單套基因型之分佈。

表三、玉山杜鵑之單套基因型、核苷酸歧異度以及中性假說檢定之結果。

Sequence number	cpDNA regions	haplotype	Haplotype diversity	Nucleotide diversity	$D^*$	$F^*$	$D$
1	<i>trnL</i> intron	2	0.095	0.0002	-	-	-
2	<i>trnL-trnF</i> IGS	4	0.414	0.0012	-	-	-
3	Seq1 and Seq2	5	0.486	0.0008	-	-	-
4	<i>aptB-rbcL</i> IGS	9	0.797	0.0113	-	-	-
5	Seq3 and Seq 4	12	0.942	0.0062	-3.0158*	-3.2469*	-2.2883*



圖二、玉山杜鵑其單套基因型之間之關係。

## 結論

- 南湖大山區域幾乎包含了所有適於生長於高山上之杜鵑花屬植物，因此南湖大山區域可能是高山杜鵑之生長熱點 (hotspot)。
- 於合歡山主峰、合歡山北峰、石門山區域、小奇萊與合歡東峰以及南湖大山區域所採集之玉山杜鵑樣本，根據其 cpDNA 之部份序列可知其具有 12 個單套基因型，且其單套基因型歧異度與  $\pi$  值皆低，代表此區域之玉山杜鵑於之前可能遭受到瓶頸效應。
- 單套基因型第二型廣泛出現於各個區域，代表不同區域的玉山杜鵑於過去曾相互交流，若以 TCS 進行分析可知其祖先行存在於合歡山主峰以及東峰區域，而後由此區域進行擴散，但在南湖大山部份其所得基因型與奇萊合歡山區有所差異，代表其可能為另一分支之玉山杜鵑擴增而來。
- 以 Fu & Li's test 與 Tajima's test 對玉山杜鵑之 cpDNA 進行中性檢定，發現其已偏離中性期望值，且其  $D^*$ 、 $F^*$  與  $D$  皆呈現負值，此結果代表玉山杜鵑 cpDNA 之突變於過去曾受到抑制，其可能與過去氣候之變化有關。