

雪霸國家公園管理處委託□研究■辦理計畫

雪山及南湖山區高山植物之遺傳分化—以南湖柳葉
菜、雪山馬蘭及南湖碎雪草為例

The genetic differentiation of alpine plants in Xue and Nanhu Mountain: a case study for *Epilobium nankotaizanense*, *Aster takasagomontanus* and *Euphrasia nankotaizanensis*

委託單位：雪霸國家公園管理處

執行單位：國立屏東科技大學

計畫主持人：洪國翔教授

共同主持人：王志強教授

執行期間：民國一零七年一月至一零八年十二月

目錄

中文摘要.....	IX
Abstract.....	1
第一章、計畫目標.....	1
第二章、前人研究與文獻回顧.....	2
(一) 冰河歷史事件及現今全球氣候變遷對物種分布之影響.....	2
(二) 山脈阻隔及棲地破碎化對族群遺傳結構之影響.....	3
(三) 分子標誌物及臺灣植物族群遺傳結構之研究.....	5
(四) 南湖柳葉菜、雪山馬蘭及南湖碎雪草過往遺傳多樣性研究.....	6
第三章、研究材料與地區.....	8
(一) 研究材料.....	8
1. 南湖柳葉菜.....	8
2. 南湖碎雪草.....	8
3. 雪山馬蘭.....	9
(二) 研究地區.....	11
第四章、研究方法.....	13
(一) 生育地環境調查.....	13
1. 伴生植群、植相樣區之選擇與設置.....	13

2. 環境因子觀測與評估方法.....	13
(二) 遺傳多樣性及族群結構分析.....	16
1. 取樣.....	16
2. 分子標誌物擴增與 DNA 定序.....	16
3. 資料分析.....	17
第五章、結果.....	22
(一) 生育環境調查.....	22
1. 伴生植物資源及土壤理化性質.....	22
2. 植物社會之分型.....	25
3. 植物社會與環境間的相關性.....	30
4. 典型對應分析.....	33
(二) 遺傳多樣性分析.....	36
1. 南湖碎雪草.....	36
2. 南湖柳葉菜.....	50
3. 雪山馬蘭.....	61
第六章、討論.....	72
1. 生育環境與植群調查.....	72
2. 低程度的遺傳多樣性.....	75

3. 族群分化程度及地理隔離效應.....	78
4. 持續萎縮的族群數量及族群動態.....	80
第七章、結論.....	82
第八章、建議與未來施行方向.....	84
第九章、主要參考書.....	86
附錄一. 南湖碎雪草伴生物種植物名錄.....	92
附錄二. 南湖碎雪草樣區基本資料.....	97
附錄三. 南湖碎雪草生育地土壤理化性質分析表.....	98
附錄四. 南湖柳葉菜伴生物種植物名錄.....	99
附錄五. 南湖柳葉菜樣區基本資料.....	103
附錄六. 南湖柳葉菜生育地土壤理化性質分析表.....	105
附錄七. 雪山馬蘭伴生物種植物名錄.....	106
附錄八. 雪山馬蘭樣區基本資料.....	111
附錄九. 雪山馬蘭生育地土壤理化性質分析表.....	112
附錄十. 研究材料及調查照片.....	113
附錄十一. 雪山馬蘭播種及栽種試驗.....	114
附錄十二. 第一次審查會議回覆辦理情形.....	115
附錄十三. 第二次審查會議回覆辦理情形.....	120

附錄十四. 第三次審查會議回覆辦理情形.....	124
附錄十五. 第四次審查會議回覆辦理情形.....	129

圖目錄

圖 1. 南湖柳葉菜(A, B)南湖碎雪草(C, D)雪山馬蘭(E, F)形態及生育地	10
圖 2. 調查地區位置圖	11
圖 3. 雪山及南湖大山圈谷每月月均溫及降雨量	12
圖 4. 4 × 4 m ² 調查樣區示意圖	13
圖 5. 以方位表示之水分梯度級(Day and Monk, 1974)	14
圖 6. 樣區之全天光空域(單斜線部分)與直射光空域(雙斜線部分)	15
圖 7. 雪山及南湖地區高山植群雙向矩陣群團分析圖	26
圖 8. 雪山及南湖大山地區草本植物社會降趨對應分析圖	31
圖 9. 雪山及南湖大山地區草本植物社會將趨對應分析圖(移除南外 16 及 22)	32
圖 10. 雪山及南湖地區草本植物社會典型對應分析圖	35
圖 11. 以聚類分析法所建構南湖碎雪草之 <i>trnL-F</i> 片段親緣樹狀圖	41
圖 12. 以聚類分析法所建構南湖碎雪草之 <i>rpL16 intron</i> 片段親緣樹狀圖	42
圖 13. 以聚類分析法所建構南湖碎雪草之 ITS 片段親緣樹狀圖	43
圖 14. 以聚類分析法結合三個基因座所建構南湖碎雪草之親緣樹狀圖	44
圖 15. STRUCTURE 軟體分析之南湖碎雪草遺傳組成圖(K=3)	47
圖 16. 雪山、南湖大山及奇萊北峰南湖碎雪草族群動態分析圖	49

圖 17. 以聚類分析法所建構南湖柳葉菜之 <i>rpS16</i> intron 片段親緣樹狀圖	54
圖 18. 以聚類分析法所建構南湖柳葉菜之 ITS 片段親緣樹狀圖	55
圖 19. 以聚類分析法結合二個基因座所建構南湖柳葉菜之親緣樹狀圖	56
圖 20. STRUCTURE 軟體分析之南湖柳葉菜遺傳組成圖(K=3)	58
圖 21. 雪山、南湖大山及奇萊主峰南湖柳葉菜族群動態分析圖	60
圖 22. 以聚類分析法所建構雪山馬蘭之 <i>rpL16</i> intron 片段親緣樹狀圖	65
圖 23. 以聚類分析法所建構雪山馬蘭之 ITS 片段親緣樹狀圖	66
圖 24. 以聚類分析法結合二個基因座所建構雪山馬蘭之親緣樹狀圖	67
圖 25. STRUCTURE 軟體分析之雪山馬蘭遺傳組成圖(K=2)	69
圖 26. 雪山及南湖大山雪山馬蘭族群動態分析圖	71

表目錄

表 1. 本研究所使用基因座基本資料	18
表 2. 南湖碎雪草伴生維管束植物資源統計表	22
表 3. 南湖柳葉菜伴生維管束植物資源統計表	23
表 4. 雪山馬蘭伴生維管束植物資源統計表	24
表 5. 雪山及南湖大山地區草本植物社會降趨對應分析結果	31
表 6. 雪山及南湖大山地區草本植物社會降趨對應分析結果(移除南外 16 及 22).....	32
表 7. 雪山及南湖大山地區草本植物社會典型對應分析結果(移除南外 16 及 22).....	33
表 8. 雪山及南湖地區草本植物社會環境因子與各軸相關性係數表	34
表 9. 本研究中南湖碎雪草所選用葉綠體及細胞核 DNA 基因座片段的序列長度和變異位 點資料	36
表 10. 南湖碎雪草 <i>trnL-F</i> 片段雪山、南湖大山及奇萊北峰族群之單型數目、單型多型 性、核苷酸歧異度及 Tajima's D 分析	37
表 11. 南湖碎雪草 <i>rpL16 intron</i> 片段雪山、南湖大山及奇萊北峰族群之單型數目、單型 多型性、核苷酸歧異度及 Tajima's D 分析	38
表 12. 南湖碎雪草 ITS 片段雪山、南湖大山及奇萊北峰族群之單型數目、單型多型性、 核苷酸歧異度及 Tajima's D 分析	39
表 13. 南湖碎雪草各族群間遺傳分化指數	46
表 14. 南湖碎雪草各族群之有效族群數量評估	48

表 15. 本研究中南湖柳葉菜所選用葉綠體及細胞核 DNA 基因座片段的序列長度和變異位點資料	50
表 16. 南湖柳葉菜 <i>rpS16</i> intron 片段雪山、南湖大山及奇萊主峰族群之單型數目、單型多型性、核苷酸歧異度及 Tajima's D 分析	51
表 17. 南湖柳葉菜 ITS 片段雪山、南湖大山及奇萊主峰族群之單型數目、單型多型性、核苷酸歧異度及 Tajima's D 分析	52
表 18. 南湖柳葉菜各族群間遺傳分化指數	57
表 19. 南湖柳葉菜各族群之有效族群數量評估	59
表 20. 本研究中雪山馬蘭所選用葉綠體及細胞核 DNA 基因座片段的序列長度和變異位點資料	61
表 21. 雪山馬蘭 <i>rpL16</i> intron 片段雪山及南湖大山族群之單型數目、單型多型性、核苷酸歧異度及 Tajima's D 分析	62
表 22. 雪山馬蘭 ITS 片段雪山及南湖大山族群之單型數目、單型多型性、核苷酸歧異度及 Tajima's D 分析	63
表 23. 雪山馬蘭各族群間遺傳分化指數	68
表 24. 雪山馬蘭各族群之有效族群數量評估	70

中文摘要

關鍵字:南湖碎雪草、南湖柳葉菜、雪山馬蘭、族群遺傳結構、遺傳分化、有效族群數量、管理單位

一、研究緣起

南湖碎雪草 (*Euphrasia nankotaizanensis* Yamam.)、南湖柳葉菜 (*Epilobium nankotaizanense* Yamam.) 及雪山馬蘭 (*Aster takasagomontanus* Sasaki) 皆為臺灣特有珍稀物種，其中南湖柳葉菜更是臺灣文化資產保存法明訂之珍貴稀有植物之一。上述三個物種在分布上皆呈狹隘之點狀分布，族群數量稀少，主要分布於雪山、南湖大山及奇萊山，但過往卻鮮少生育地及遺傳多樣性等研究資料。

二、研究方法及過程

本計畫主要目標即針對雪山、南湖大山及奇萊山之南湖碎雪草、南湖柳葉菜及雪山馬蘭為研究對象，調查生育地及族群遺傳結構。

三、重要發現

- (1) 三物種都生活在岩屑地形且土壤 pH 值為酸偏中性，在全天光空域環境因子上有所差異，其中南湖柳葉菜樣區具最低平均全天光空域。
- (2) 結合外群草本樣區進行植群分類分析共區分 9 個植群型，並顯示海拔及土壤 pH 值為影響草本植群分化重要指標。
- (3) 遺傳多樣性分析則顯示三物種皆存在低度遺傳變異，以族群層面來看南湖碎雪草及雪山馬蘭在族群內呈現高度遺傳同質性，但南湖柳葉菜族群內仍存在遺傳變異，可能原因為南湖碎雪草及雪山馬蘭野外族群數量較為稀少及遭受嚴重的瓶頸效應所致。
- (4) 親緣關係分析則顯示南湖碎雪草及雪山馬蘭不同山脈的族群位在不同支系，南湖柳葉菜則不同山脈個體有有混雜現象存在；族群結構分析結果也指出南湖碎雪草及雪山馬蘭族群間存在高度遺傳分化，顯示山脈阻隔效應存在，反之南湖柳葉菜卻呈現不同模式，族群間幾乎呈現混雜現象，主要是由於支序排列造成低度遺傳分化。
- (5) 族群動態分析則顯示三物種不論在雪山、南湖大山或奇萊山族群在過往都歷經過族群多次擴張及縮小事件，近 100 年來族群呈現持續萎縮的現象。
- (6) 三物種現今有效族群數量皆小，其中南湖碎雪草 ($N_e=16.91-580.13$) 及雪山馬蘭

($N_e=35.45-128.26$)明顯小於南湖柳葉菜族群量($N_e=261.78-943.39$)。

(7) 三物種分布範圍相當狹隘，且具有低度的遺傳歧異度，可能難以面對未來環境的變遷，此外南湖碎雪草及雪山馬蘭應將雪山、南湖大山及奇萊山三地族群視為不同的管理單位(management units, Mus)進行保育工作，但南湖柳葉菜則將三地族群視為單一管理單位。

四、主要建議事項

持續針對三物種進行長期監測，未來可更進一步進行授粉生態、繁殖特性研究。

主辦機關：雪霸國家公園

建議後續研究 方向如下：

1. 長期監測三物種生育棲地及族群數量。
2. 進行授粉生態、繁殖特性等研究調查。
3. 建立種子基因庫以保留種原。

Abstract

Keywords: *Euphrasia nankotaizanensis*, *Epilobium nankotaizanense*, *Aster takasagomontanus*, population genetic structure, genetic differentiation, effective population size, management unit

Introduction.

Euphrasia nankotaizanensis Yamam., *Epilobium nankotaizanense* Yamam., and *Aster takasagomontanus* Sasaki are rare and endemic species in Taiwan and *E. nankotaizanense* is one of the rare plants listed in Taiwan Cultural Heritage Preservation Act. Three species have been narrowly distributed in Xue Mountain, Nanhu Mountain, and Cilai Mountain with a small population sizes. In the past, few studies have been conducted about investigations of habitat, and genetic diversity.

Research Methods.

The three species are as the candidates for investigations of habitat and population genetics study in this research project.

Results.

- (1) All three species grows on the detritus-based soil with acid-neutral pH values. There are differences in WIs environment factors, and the lowest average WIs value was indicated in the sample plots of *E. nankotaizanense*.
- (2) The vegetation analysis indicated that there are 9 types for herb sample plots in Xue Mountain, Nanhu Mountain, and altitudes and pH values are the important factor to affect the changes of herb vegetations.
- (3) Genetic diversity analysis showed that there were lower levels of genetic variations for the three species. The high genetic homogeneity within populations of *E. nankotaizanensis* and *A. takasagomontanus* was indicated. The small population sizes and serious bottlenecks caused this phenomenon.
- (4) The phylogeny of *E. nankotaizanensis* and *A. takasagomontanus* uncovered a pattern with reciprocal monophyly of three mountains, but phylogeny of *E. nankotaizanense* showed paraphyly. The higher level of genetic differentiation was assessed in *E. nankotaizanensis*

and *A. takasagomontanus*, showing the effects of isolated mountain existed. However, lower level of genetic differentiation existed between populations in *E. nankotaizanense*, due to the lineage sorting.

- (5) Our results also showed shrinkage of populations, and small effective populations sizes (N_e) for three species. The N_e value of *E. nankotaizanensis* is 16.91 to 580.13, *A. takasagomontanus* is 35.45 to 128.26, and *E. nankotaizanense* is 261.78 to 943.39.
- (6) Because the three species are narrowly distributed and have lower genetic diversity, it may be difficult to face the environment changes for the future of species conservation. In addition, *E. nankotaizanensis* and *A. takasagomontanus* should treat the Xue Mountain, Nanhu Mountain, and Cilai Mountain as different management units for conservation work, however, *E. nankotaizanense* should treat them as a single management unit.

Suggestions.

The long term monitoring of three species should be conducted. In the future, we will be able to carry out the pollination and propagation projects.

1. Monitoring the habitats and the number of three species for a long term.
2. Conducting the pollination, and propagation projects.
3. Establishing gene pools of seeds to conserve germplasms of three species.

第一章、計畫目標

本計畫主要為調查研究特有珍稀植物在臺灣高山地區的分布環境特性及其族群遺傳結構及分化，了解族群演替歷史及活力的重要資訊，因此本研究選取分布於雪山及南湖山區的南湖柳葉菜、雪山馬蘭及南湖碎雪草為研究對象，進行族群生育環境、遺傳結構之分析，相關結果將可提供未來高山地區稀有物種保育策略訂定之參考依據。

- 1.調查雪山及南湖大山特有珍稀之高山植物：南湖柳葉菜、雪山馬蘭及南湖碎雪草分布環境之特性。
- 2.研究分析前項稀有植物其族群遺傳結構及分化。
- 3.探討高山植物族群演替史及族群動態之發展及走向。
- 4.分析及探究族群生育環境、遺傳結構、稀有物種保育的策略。

第二章、前人研究與文獻回顧

(一) 冰河歷史事件及現今全球氣候變遷對物種分布之影響

全球氣候變遷對於物種演化歷史有極大影響，第四紀(Quaternary)時期的冰河效應對於物種的遺傳歧異度、族群結構、遷移及分布模式有重大影響(Avis, 2000)。在第四紀更新世時北半球之冰河變動具有固定規律，約為十萬年的寒冷冰期，緊接著進入約兩萬年的間冰期，此一氣候的變動也影響物種分布。當氣候改變、氣溫降低時，原本廣泛分布之物種可能因此滅絕或族群驟縮，僅存的物種則可能往南或往低海拔遷移進入冰河避難所以延續其物種存活。當氣候回復、溫度上升時，生存於冰河避難所之物種可向外擴張、重新佔據新棲地，化石及花粉證據均支持此一現象(Afzal-Raffi and Dodd, 2007)。化石及分子證據支持大陸南部各省及臺灣等地為東亞大陸許多動植物在冰河時期的避難所。

物種分布雖然受到過往地質歷史的影響，然而近年研究亦顯示近代的全球氣候暖化更是嚴重影響著現今物種的分布模式與範圍，在遺傳層面更造成族群遺傳結構之改變，全球氣候暖化會造成物種往高海拔地區遷移，而森林線也有往高海拔地區推移之情形，林木在全球生態系中扮演了極重要的角色，會受到各種氣候變化的影響，如平均溫度，降水量的變化、極端氣溫和降水頻率的改變等。在過往的研究中多著重於低海拔物種的生物多樣性及族群動態調查，鮮少針對高山植物進行相關研究，但近年來研究顯示全球暖化對於高山生態系的影響應更為劇烈，此些高山植物在全球暖化下，特別是位於山脈頂端之植物類群，無法再往更高海拔遷移，往往會導致族群逐漸萎縮，最終可能走向滅絕之路 (Feeley *et al.*, 2012; Huang *et al.*, 2016)。

除上述原因外，棲息地的喪失、破碎化，或者棲息地質量的改變：種群的過度開發和捕獵、自然災害等原因，亦會造成物種瀕危甚至滅絕，然而在這些原因中最重要的是棲息地破壞(李典謨等，2005)。因此針對此類稀有物種、生育地及其所代表的高山生態系的詳細了解則為基礎且重要的工作。其環境因子的調查資料建立及模擬，可作為經營、管理及保護的措施依據，也是往後長期監測的基準。此外近交衰退、遺傳多樣性的喪失、雜交衰退及遺傳漂變等遺傳學因素在生物瀕危及至滅絕過程中的作用仍然是不可

忽視的(李典謨等, 2005)。臺灣高山地區特有植物其特殊、狹隘而破碎化的生長分布為保育研究的重要工作, 因此, 本研究計畫針對生育環境特性、遺傳結構二大構面進行調查研究。

(二) 山脈阻隔及棲地破碎化對族群遺傳結構之影響

物種分布除了受到垂直海拔梯度的影響外, 山脈間的阻隔亦會對物種遺傳多樣性及分化造成影響, 當一物種位於不同山脈但海拔高度相等之族群, 可以發現兩族群可能明顯受到地形上的阻隔而有遺傳分化產生, 但其中仍需考慮物種的傳播媒介, 若為蟲媒花及靠小型動物傳播的物種受到地形隔離的水平效應會相對於靠風或鳥類傳播的物種而言還來著強烈。Cottrell *et al.*, (2005) 針對分布於歐洲的 *Populus nigra* 為研究對象, 利用葉綠體 DNA 探討遺傳變異分布, 發現在義大利地區族群具有獨特之基因型, 而此些獨特基因型卻不存在於法國族群, 因此推論阿爾卑斯山對於該物種而言應具有高度的阻隔效應, 在臺灣的中央山脈對臺灣植物而言亦是對其造成明顯阻隔效應, 如青剛櫟 (*Cyclobalanopsis glauca*) 及卡氏櫟 (*Castanopsis carlesii*) (Huang *et al.*, 2002; Cheng *et al.*, 2005), 而這樣的阻隔造成東西兩邊族群有明顯分化, 上述例子都說明山脈對物種而言是地理障壁。然而分布於較低海拔的物種其山脈的阻隔效應可能的影響程度較小, 這些物種可以藉由山脈間的棲息地, 慢慢地傳播至另一山脈, 反觀主要分布於高海拔的物種其山脈的阻隔效應則相對較為強烈, 尤其對於生長在山脈頂端的物種其影響程度更為劇烈。

基因交流的定義為族群內或族群間遺傳物質的交換, 經由生殖或個體遷移所達成, 使存在於不同環境間的個體能有互相交換遺傳物質的可能(Hartl and Clark, 2007)。然而高強度的基因交流有利於遺傳基因的傳播並幫助物種去適應環境, 並降低族群間的遺傳分化。而高山的特點是有明顯的環境梯度與異質地形, 陡峭的峽谷和高山的山脊劃定植物的棲息地, 其生育地之差異易使物種成為獨立的族群, 一物種間受到地理上的隔離將會使得遺傳歧異度下降, 且基因交流對於生物多樣性來說是有其必要性, 族群間的地理隔離、距離及生物本身的遷移能力, 都是影響基因交流的重要因素(Slatkin, 1985)。由於高海拔族群間的基因交流是受限的, 惡劣氣候環境的高天擇壓力亦會影響(Lesica, 1995),

在高山地區其氣候因子會隨海拔梯度改變使得開花時間會發生差異進而減少基因交流程度(Hülber *et al.*, 2010)，伴隨著基因交流的減少，也意味著隨著海拔梯度族群間會有生殖隔離的產生，因此會減少不同海拔高度族群間或者不同山脈同一海拔高度下族群的交流。

高山物種在面對氣候持續變暖的壓力下，物種可能會逐漸適應氣候的變化，而位於較低和較高海拔族群屬於邊緣族群，對環境的適應能力可能較中間族群脆弱，因此需要高度基因交流來避免族群間有遺傳分化情形的產生，故族群間高度的基因交流被視為主要限制族群進行當地適應的因子之一，因此確定基因交流的方向有助於了解族群之遺傳結構。García-Fernández *et al.*, (2012)提出二種高山分布物種的族群遺傳結構模式分別為(1) Mountain islands 模式，指同一山系不同海拔的鄰近族群間具有順暢的基因交流(垂直基因交流)，使族群間共有基因型增加，及特有基因型比例下降且阻礙族群產生區域性適應的現象(local adaptation)；(2) Isolated belts 模式，指不同山系相同海拔族群間有頻繁的基因交流(水平基因交流)，但同一山系的不同海拔的鄰近族群間基因交流有受阻的現象，而造成同一山系不同海拔族群遺傳分化程度提高，亦增加不同海拔族群產生區域性適應的可能性。

棲地破碎化會阻礙族群間個體的傳播及基因交流，引發族群遺傳多樣性的流失及增加族群滅絕的風險(With and King, 1999)。棲地破碎化造成族群分化甚至滅絕的因素很多，主要為地理隔離的距離、族群的大小或是物種的傳播機制皆會影響(Wright, 1940)。對於植物而言，無論是風媒花或是蟲媒花，因受限棲地大小及距離阻礙植物傳粉者的傳播(Piotti, 2009)，進而造成族群縮小亦造成近親交配，然而近親交配更會使種內遺傳變異降低及稀有的等位基因喪失，其結果將導致物種的適應度和繁殖力降低(Reed *et al.*, 2003)。棲地破碎化也會因生奠基者效應、遺傳漂變等使種內基因交流減少引起遺傳降低(Templeton *et al.*, 1990)，遺傳多樣性的降低可能會傷害到族群的生存之潛能，主要在於異型合子降低導致個體的適應度和等位基因豐富度降低，使族群對未來環境的適應度降低。這說明族群大小與遺傳多樣性和異型合子程度有顯著相關。理論上棲地破碎化會造成小族群和隔離族群數量增加，減少基因交流程度，使族群間分化提高。當形成小族群破壞受到近親交配與遺傳漂變(genetic drift)的影響相對於大族群來的嚴重，會使族群掉

入族群數量愈來愈小的漩渦中，減少遺傳多樣性導致物種對因應環境變化得潛力下降，提高滅絕風險(Willi *et al.*, 2006)。

(三) 分子標誌物及臺灣植物族群遺傳結構之研究

分子技術的發展提供親緣地理學研究良好的方法和工具，尤其是胞器 DNA(organelle DNA)單系遺傳的特性，適合用於研究親緣地理或是探討族群遺傳結構 (Chiang *et al.*, 2006)。植物的胞器 DNA 包括葉綠體 DNA(chloroplast DNA, cpDNA)和粒腺體 DNA(mitochondrial DNA, mtDNA)，二者可能為同一遺傳機制或來自不同遺傳方式，它反應的是透過種子的基因流傳，成為進行族群遷徙路徑探討或確認的良好工具，其次葉綠體 DNA，不像核 DNA 般容易發生重組(recombination)，也具有較低的突變率，可以回推到古老或原始的基因型，而且還能在一些種內鑑別出多種單倍型(haplotype)(Tremblay and Schoen, 1999)，因此葉綠體 DNA 的多型性或變異，被普遍用於植物親緣地理研究或是近緣種間親緣關係研究，並適合用於探討物種遺傳變異的空間變化、分布和討論親緣地理問題，最重要的是可用於追蹤後冰河期族群拓殖路徑(Chiang *et al.*, 2006)。植物葉綠體 DNA 在一些非編碼區域存在相對較高的核苷酸置換率(Taberlet *et al.*, 1998)，從而使之在種間和種內都擁有較高的遺傳變異 (Newton *et al.*, 1999)，是迄今用於分子系統學和譜系地理學研究最多的一類基因組。種內葉綠體單倍型的地理分散式樣與親緣關係，已成功地用於多種植物的親緣地理學研究中，被廣泛用來探討物種族群的形成歷史、族群間的基因流狀況、氣候變化所導致植物族群破碎化的時空模式和遷移路線。

臺灣是位於歐亞大陸板塊邊緣之島嶼，島上的高山及歷經冰河時期之影響，植物經多次的拓殖、分布與隔離。許多的研究報告也利用葉綠體 DNA 遺傳變異探討族群遺傳結構，如：烏心石(*Michelia formosana*) (Lin, 2001)、臺灣杉(*Taiwania crypterioides*) (Lin *et al.*, 1993)、紅檜(*Chamaecyparis formosensis*) (Lin *et al.*, 1994)和香杉(*Cunninghamia konishii*) (Lin *et al.*, 1998)等樹種，Huang *et al.*, (2002)研究青剛櫟(*Cyclobalanopsis glauca*)，利用葉綠體 DNA 非編碼區序列的多型性和核苷酸歧異度等指標，推測臺灣東南部為青剛櫟在冰河時期的避難所，Huang *et al.*, (2004) 利用葉綠體 DNA 非編碼區序列，認為昆欄樹

(*Trochodendron aralioides*)之避難所位於中央山脈西側的中北部山區。此外 Huang *et al.*, (2016)利用葉綠體、粒腺體及細胞核 DNA 標誌物探討玉山圓柏族群結構，結果顯示族群間存在低度的遺傳分化，山脈間的阻隔效應並不顯著，且高海拔族群面臨較高滅絕的風險。

(四) 南湖柳葉菜、雪山馬蘭及南湖碎雪草過往遺傳多樣性研究

陳進霖(1996)利用同功異構酵素進行南湖柳葉菜之遺傳分析，結果發現 15 個同功酵素中，共鑑定出 20 個基因座，其中僅有 4 個基因座具有多型性，顯示該物種遺傳多樣性相當低，且山脈間的阻隔效應不強，導致族群間基因交流頻繁 $N_m=1.48$ ，而且甚至最遠的南北族群間幾乎沒有遺傳分化存在，該研究推論顯示南湖柳葉菜低度遺傳多樣性與遺傳分化可能與該物種過往能受到先驅者效應的影響，導致遺傳同質化情形甚高。雖然該研究支持低程度的遺傳多樣性論點，但各山脈間卻呈現低度分化，這樣的結果可能由於同功酵素多型性及靈敏度較低所致。

吳明洲(2004)進行碎雪草屬 (*Euphrasia*)系統生物研究，除了針對該屬各物種進行形態特徵研究外，亦以細胞核 DNA 進行親緣地理之探討，結果顯示臺灣產本屬植物屬於冰河時期孑遺植物，並推論目前碎雪草屬植物由幾個不同層次的歷史分隔事件造成現今的遺傳分布，並顯示臺灣曾有若干個避難所的存在 (Wu *et al.*, 2005)，親緣分析顯示臺灣產碎雪草植物四個分類群之 ITS 親緣關係樹為一單系群，親緣關係樹的三個支系和臺灣本屬四個分類群並不一致，因此說明臺灣產本屬植物關係相當近緣。Wu and Huang (2004)研究也說明臺灣產碎雪草屬四個分類群，可能由於支系排列(lineage sorting)或雜交現象使得不同種間具有相同的基因型。Gussarova *et al.*, (2008) 利用葉綠體及細胞核 DNA 探討全球碎雪草屬的親緣關係及生物地理模式，研究中顯示臺灣四個分類群為單系群，彼此間關係相當近緣，其結果與吳明洲 (2004) 研究結果一致。

除了上述遺傳相關的研究外，本計畫的雪山馬蘭及南湖碎雪草並無詳細的遺傳多樣性研究，然而南湖柳葉菜雖然有針對族群遺傳結構進行探討，但卻是利用同功異構酵素，並未利用 DNA 分子標誌物進行分析，都顯示著此三個特有珍稀物種急需進行遺

傳多樣性評估之研究，相關資料將可提供此三物種未來保育之重要遺傳資料。

第三章、研究材料與地區

(一) 研究材料

1. 南湖柳葉菜

柳葉菜屬(*Epilobium*)植物是柳葉菜科(Onagraceae)中最大的一個屬，廣泛分布於高海拔或高緯度地區(Keating *et al.*, 1982; Raven, 1988)，目前在世界上共有 165 種(Raven, 1988)。臺灣產 7 種其中 4 種為特有，南湖柳葉菜(*E. nankotaizanense*)屬其中之一。南湖柳葉菜為 1922 年 7 月佐佐木舜一與鈴木重良加入日本總督府山林課治水調查隊小林勇夫一行人的行列中，一起攀登南湖大山時，於南湖圈谷所發現並鑑定的新種記錄。而後 1926 年由山本由松發表以「南湖大山」命名的新種。

為多年生草本植物，高 3-8 cm，葉對生或互生，密集生長，疏鋸齒緣，橢圓形或圓形，長 0.5-2 cm，寬 0.3-1.5 cm；側脈 3-6 對；柄長 0.1-0.2 cm。花期 7-8 月，葉腋萌發單朵紫紅色花；花萼深 4 裂；花瓣 4 枚，長 1.5-3 cm，寬 0.7-2 cm，兩裂，花筒細長，子房下位。果期 10-11 月，蒴果暗紅色，長 2.5-3 cm；種子頂端具一叢柔毛。

目前南湖柳葉菜仍屬文化資產保存法明訂之 4 種珍貴稀有植物之一，根據臺灣維管束植物紅皮書名錄(臺灣植物紅皮書編輯委員會，2017)之評定，其被評選為易受害(VU)等級。目前已知族群僅分布在：雪山、南湖大山、中央尖山、奇萊主峰、馬博拉斯山和關山等六個地區(陳進霖，1997)。其生長之棲地在夏季時須承受嚴酷日光曝曬，冬季則必須抵抗覆雪低溫的環境壓力。分布區域狹小，族群數量稀少而集中。皆於海拔 3,300 m 以上的地區，為典型的高山岩屑地指標植物，且形成南湖圈谷開放式草本社會之優勢種。並可被視為上次冰河時期之後，高山植物向高海拔退縮，僅局部子遺之物種代表。

2. 南湖碎雪草

南湖碎雪草為玄參科 (*Euphrasia*)碎雪草屬的草本植物，形態變異極大。臺灣植物誌第一版(1978)共列 9 種，皆為特有；臺灣植物誌第二版(1998)將之合併為 3 種和 1 變種，根據臺灣維管束植物紅皮書名錄(臺灣植物紅皮書編輯委員會，2017)之評定，其被列為

接近受脅(NT)等級。南湖碎雪草(*E. nankotaizanensis*)是臺灣碎雪草屬中唯一花色全黃者，多年生，全株被毛，僅分布於南湖大山群峰 3,600~3,750 m 峰頂，及雪山山頂一帶的岩屑地，於 2018 年於奇萊北峰也發現其蹤跡。1928 年日籍學者佐佐木舜一於南湖大山首度發現本種，1930 年山本由松教授以南湖大山為名發表新種。南湖碎雪草為臺灣特有種，是冰河時期子遺的高山寒原植物，花朵單生，開放於枝條前端的葉腋，花鮮黃色，盛花期在每年的 7~9 月；蒴果在 10 月以後成熟。

3. 雪山馬蘭

雪山馬蘭(*Aster takasagomontanus*)為菊科紫菀屬(*Aster*)的物種為臺灣特有植物，族群數量稀少，雪山馬蘭生育地相當窄小，分布於海拔 3,600~3,800 m 的山區，僅見於南湖山區、雪山主峰到北峰稜脊一帶山區。族群主要散生於陽光充足的岩屑地，根據臺灣維管束植物紅皮書名錄(臺灣植物紅皮書編輯委員會，2017)之評定，其被列為接近受脅(NT)等級。首採集於南湖大山，佐佐木舜一採集於雪山，1931 年命名為雪山馬蘭。雪山馬蘭為多年生宿根性草本植物，植株高度約 30 cm，相當矮小，惟花期比較明顯。每年 4~5 月，從地表萌發新芽，葉片多叢生於根部，葉片為匙形到長橢圓形，葉片表面被短柔毛，少數葉片互生於莖；花期為 7~9 月，花莖抽苔於莖頂，單朵白色頭狀花著生於莖頂，綻放在高山岩屑地上，白色舌狀花位於外輪，黃色管狀花位於中央；結果期為 9~10 月，果實為長橢形褐色瘦果；果實成熟後，地上部逐漸枯萎。

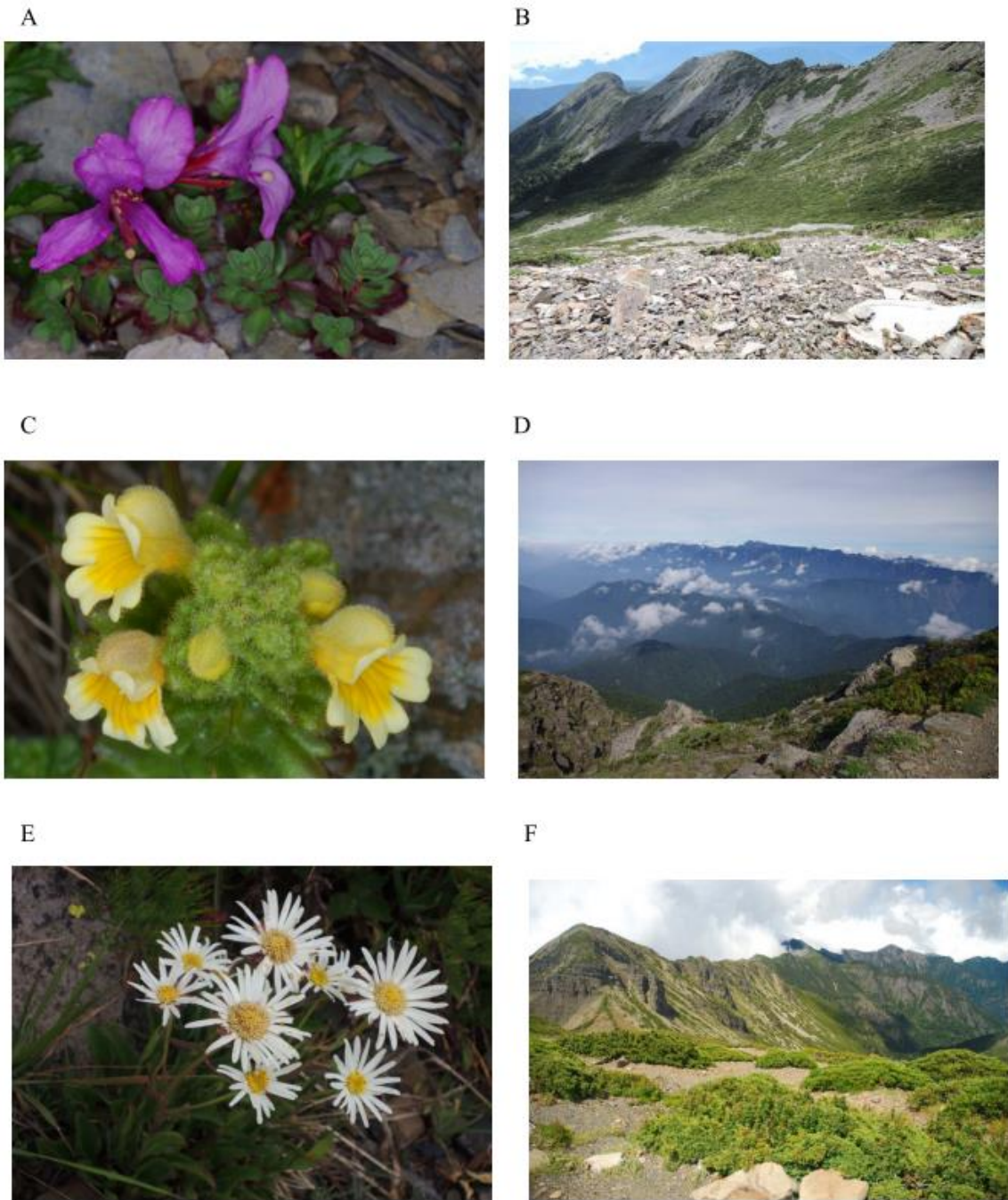


圖 1. 南湖柳葉菜(A, B)南湖碎雪草(C, D)雪山馬蘭(E, F)形態及生育地。

(二) 研究地區

本研究針對南湖柳葉菜，雪山馬蘭及南湖碎雪草三物種進行生育環境特性、遺傳結構之探討，除南湖柳葉菜有分布於中央尖山、奇萊主峰、馬博拉斯山及關山外，其餘兩物種主要分布於南湖大山及雪山山區（圖 2），因此本研究預計於雪山山脈之雪山主峰與北稜角間及中央山脈之南湖大山山區之南湖柳葉菜、雪山馬蘭及南湖碎雪草三物種生育地點進行其伴生植物、植相調查取樣及環境因子調查。

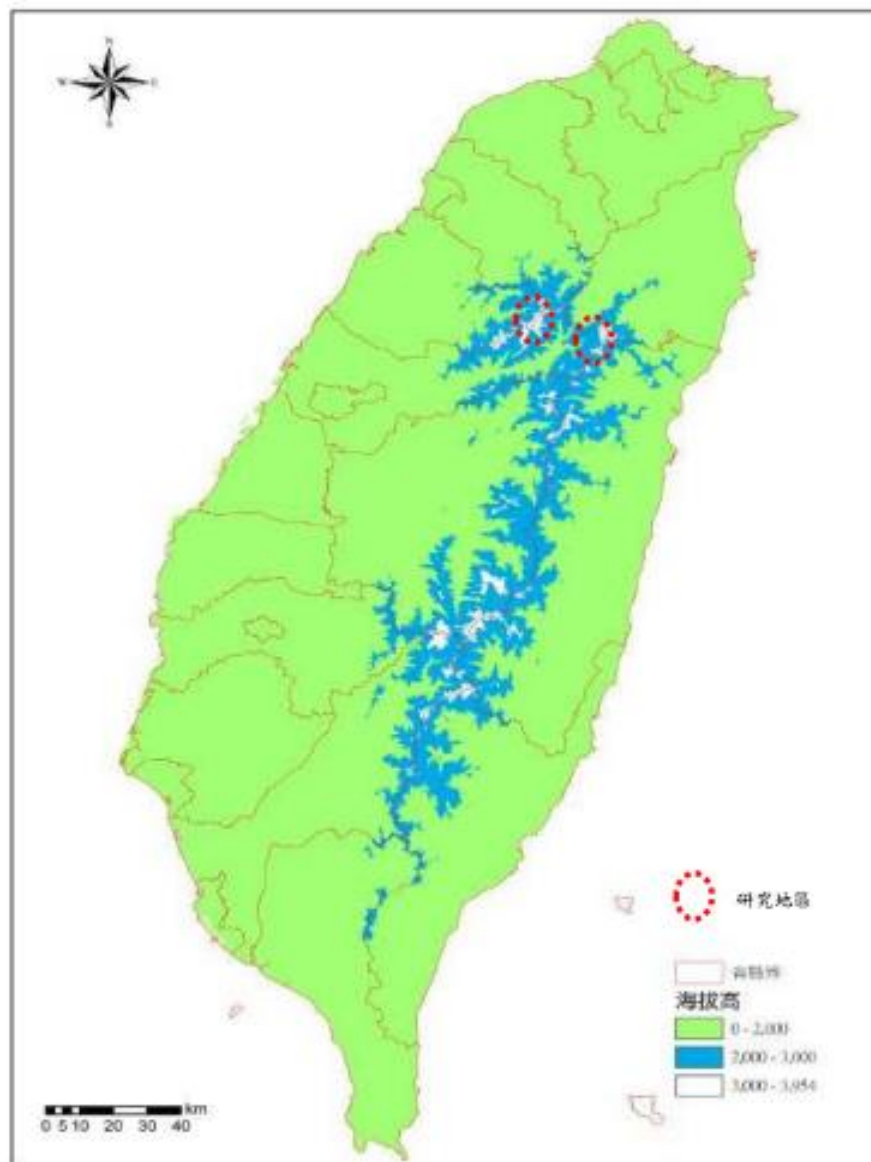
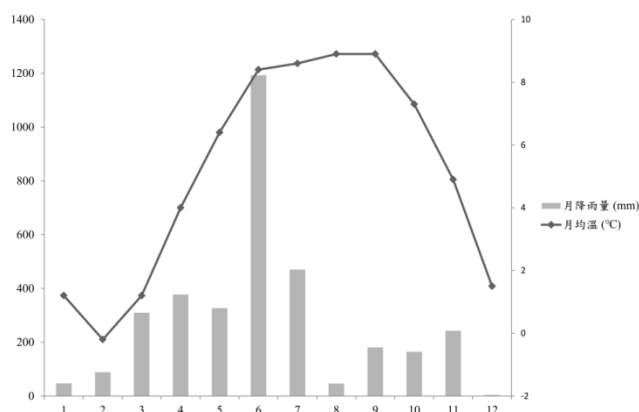


圖 2. 調查地區位置圖。

雪山及南湖大山海拔 2,000 m 以上地區屬於寒帶重濕型氣候，溫度低且濕度高，冬季有霜雪 (陳正祥，1957)，南湖大山位於臺灣中央山脈北段與雪山之緯度相當，因此氣候環境相近。根據中央氣象局 2018 年氣象資料顯示雪山圈谷月均溫介於 -0.2°C (2 月)- 8.9°C (8、9 月)，年均溫則約為 5.09°C ，月降雨量介於 4 mm (12 月)~ $1,192.5\text{ mm}$ (6 月)，雨量則多集中於 6 月。月相對溼度則介於 62% (1 月)~89% (11 月)，年平均相對濕度則為 75.83%。雪季從 11 月到隔年 5 月；夏季則偶有颱風。受山脈地型開口影響，冬季的東北季風常夾帶大量水氣自蘭陽溪谷湧入，造成大量降雪，因此雪山山區是臺灣冬季降雪最多的地區之一。南湖大山根據中央氣象局氣象資料顯示過往並無相關氣象資料，於 2018 年 1 月後陸續有相關氣候資料建構，其資料如圖所示，顯示 1 到 5 月其月均溫介於 -0.25°C (2 月)~ 7.1°C (5 月)，月降雨量介於 8 mm (5 月)~ 310 mm (1 月)，月相對溼度則介於 75% (5 月)~91% (4 月)，年平均相對濕度則為 82.75%。

A) 雪山圈谷 (2018 年)



B) 南湖圈谷 (2018 年)

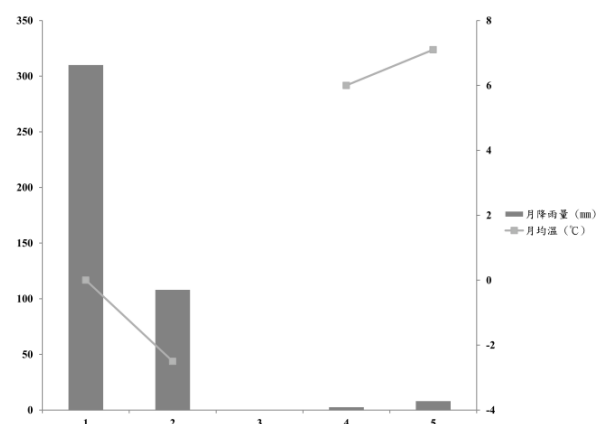


圖 3. 雪山及南湖大山圈谷每月月均溫及降雨量。

第四章、研究方法

(一) 生育地環境調查

1. 伴生植群、植相樣區之選擇與設置

本研究之調查方法採單一樣區之主觀取樣，樣區大小為 4 m×4 m，由 4 個 2 m×2 m 之小區組成 (圖 4)，除目標物種之樣區外，亦進行非目標物種樣區之取樣，記錄樣區內植物種類及覆蓋度，並利用矩陣群團分析法(matrix cluster analysis, MCA)對調查樣區加以歸群分析，並針對不同類型之植群屬性加以比較，同時記錄各地區不同族群之伴生植群及植相並加以比較。本計畫共調查 155 個樣區，其中包含內群樣區 78 個(南湖碎雪草 25 個、南湖柳葉菜 35 個及雪山馬蘭 18 個)及外群樣區 77 個(雪山地區 42 個及南湖地區 35 個)。

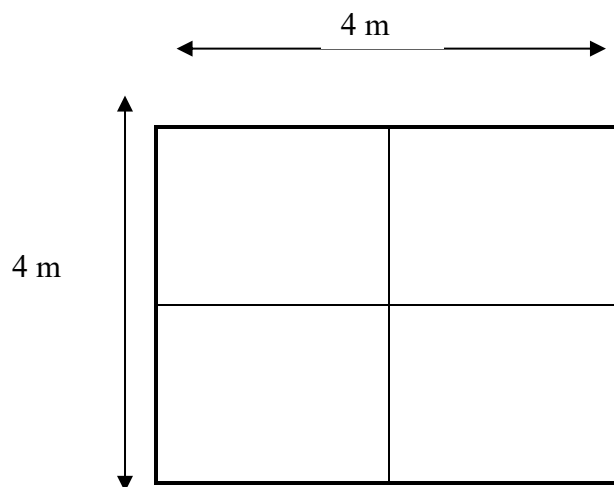


圖 4. 4 × 4 m² 調查樣區示意圖。

2. 環境因子觀測與評估方法

本研究針對各樣區之下列環境因子加以直接觀測或以間接方式評估，其中將坡向之方位轉換成水分梯度，並採取土壤樣品，攜回實驗室進行分析：

(1)海拔高(altitude, Alt.)

海拔高度係以全球衛星定位系統(global position system, GPS)及氣壓式高度計測定樣區所在之海拔高度，並記錄 TM 二度分帶座標值，以標定樣區在圖面之位置。

(2)坡度(slope, Slo.)

坡度影響土壤發育與堆積、土壤排水性、含水量及太陽輻射(蘇鴻傑，1987)，以羅盤儀或手提水準儀測出樣區所在坡面之仰角或俯角，若樣區為傾斜率不均一的生育地，則於樣區內取若干點進行測定後求其平均。

(3)坡向方位(aspect, Asp.)與水分梯度(moisture gradient, Mois.)

方位係指樣區最大坡度所面臨之方向，不同方向導致日照、溫度、濕度及土壤水分之差異。現場以羅盤儀測樣區或生育地最大坡度所面臨的方位。本研究將方位視為水分梯度之對應值，通常以北半球而言，西南向最乾燥，東北向最陰濕，故給予 1(最乾)至 16(最濕)之相對值(圖 5)。

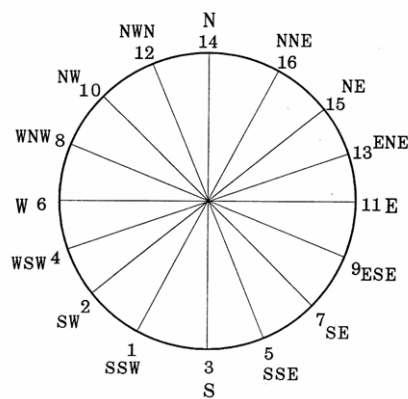


圖 5. 以方位表示之水分梯度級(Day and Monk, 1974)。

(4)全天光空域(whole light sky, Wls.)

全天光空域是指林分樣區能接受到太陽輻射的空域大小，為綜合方向、坡度、地形遮蔽度及太陽輻射能的估計值(蘇鴻傑，1987)。觀察樣區四周之十二個固定的方位角，測出遮蔽物之高度角，數位高程資料乃將樣區點位輸入程式後，以樣區點位比較 12 方

位之參考點，接著經由計算後求出相對比例面積之值，其值介於 0-255 之間，0 表示全天光空域為 0%，反之 255 為 100%。利用此兩方法相互對照、修正以求出該樣區全天光空域值 (圖 6)。

(5) 直射光空域(direct light sky, Dls.)

直射光空域表示某一生育地樣區直射光量的評估，其範圍由樣區可直接看到太陽在空中運行之天域大小(蘇鴻傑，1987)，直射光空域係於樣區林分中直接看到太陽在空中運行天域之大小，其大小相當於太陽夏至與冬至軌跡之範圍，再扣除直射光被稜線所遮蔽之部分(圖 6)。

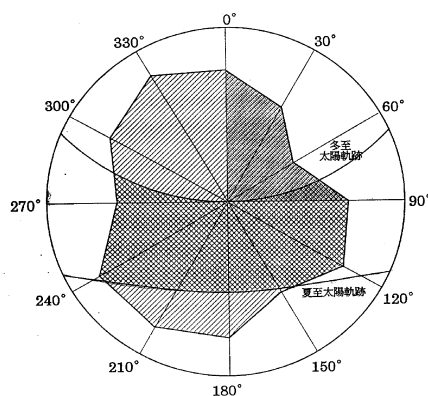


圖 6. 樣區之全天光空域(單斜線部分)與直射光空域(雙斜線部分)。

(6) 地形位置(Topographic position, Top.)

地形位置係指生育地位置與當地地形起伏之相對關係，其主要影響乾性及濕性之局部氣候、太陽輻射及土壤含水量(蘇鴻傑，1987)。稜線和上坡通常太陽輻射較高，較為乾燥。反之，溪谷及下坡則較為潮濕。本研究主要將地形位置分為 5 項，由乾燥到潮濕給予序位值，分別為：1-稜線至山頂；2-上坡；3-中坡；4-下坡；5-溪谷。

(7) 土壤性質分析

將研究樣區內採回之土壤經由 0.05 mm 篩網過篩後，將土壤與蒸餾水以 1：1 比例配置並攪拌，靜置一小時後以 DELTA 320 pH Meter 進行土壤 pH 值測定。另外，委託屏東科技大學水土保持科技服務中心，測定土壤碳、氮、磷之理化性質。

(8) 含石率 (stoniness, Sto.)

含石率可看出樣區之土壤發育狀況，並研判對植群生長產生之影響(蘇鴻傑，1987)。本研究採樣區內直接評估含石率值，依循 Franklin et al., (1979)之標準，將土壤含石率分為 5 級，依序為 0-5%(1 級)、6-35%(2 級)、36-65%(3 級)、66-95%(4 級)及 96-100%(5 級)。

(9)植群分析方法

本研究使用套裝軟體 PC-ORD 6.08 版內建之雙向矩陣群團分析法(Two-way Cluster Analysis)將樣區分類。雙向矩陣群團分析法係以各植物於各樣區中之重要值指數為計算基礎，採用 Motyka et al. (1950)之相似性指數(Index of Similarity, IS)，計算兩兩樣區間之相似性指數，將相似性最高之二樣區合併為一合成樣區，再計算合併後之合成樣區與其他樣區間相似性指數，如此依次合併，直至所有樣區合併至一合成樣區為止，各連結相似性指數繪製樹形圖(Dendrogram)，並列出各樣區物種及其重要值(顏色深淺表示高低)，對植物群落加以分類。

(二) 遺傳多樣性及族群結構分析

1. 取樣

完成雪霸國家公園(營雪保字第 107001016 號)及太魯閣國家公園採集證(太保字第 1070001414 號)之申請，另外由於南湖柳葉菜為文化資產保存法明訂之 4 種珍貴稀有植物之一，亦報請農委會核准採集申請(農授林務字第 1071700480 號)。南湖碎雪草則從雪山、南湖大山主峰、東峰及奇萊北峰各取一族群，每族群取 9-34 個植株之葉片；南湖柳葉菜則分別從雪山、南湖大山北峰、東峰及奇萊主峰取樣 4 個族群，每族群約取 15 個植株之葉片；雪山馬蘭則從雪山及南湖大山各取一族群，每族群約取 20 個植株之葉片。葉片以矽膠乾燥，並攜回實驗室進行後續分析。

2. 分子標誌物擴增與 DNA 定序

本研究預計選用 2 個葉綠體 DNA 片段及 1 個細胞核 DNA 片段進行遺傳多樣性及

族群遺傳結構探討。

(1) DNA 萃取

將樣本葉片在液態氮下磨成粉末狀，採用修改自 Doyle and Doyle (1987) 所提出的 CTAB (cetyltrimethyl ammonium bromide) 方法將磨碎之植物組織進行 genomic DNA 萃取，並以 DNA marker 進行定量，以 TE 溶液稀釋為 2 ng/μl 後，存於-20°C 冰箱備用。

(2) 葉綠體及細胞核 DNA 基因片段之擴增

利用所設計的引子(表 1)，經聚合酵素連鎖反應(polymerase chain reaction, PCR)擴增各基因片段。在總體積 50 μl 的反應溶液中，加入 25 μl 2X GoTaq Green Master Mix(Promega Co.)，濃度 5 pmole 的引子各 3 μl，及 5 μl 的 DNA (2 ng/μl)，並以無菌水補足 50 μl。PCR 反應在溫度循環機中先以 94°C，2 分鐘將 DNA 雙股結構打開，再進行共 35 個循環，每次循環流程分別為：94°C，50 秒將 DNA 變性(denature)、引子黏合溫度 40 秒，使 DNA 與引子黏合(annealing)、72°C，60 秒，進行片段擴增(extension)，最後以 72°C，5 分鐘補延長後結束反應。取 5 μl PCR 產物於 1% 瓊脂凝膠中進行電泳，經過溴化乙啶螢光染劑(ethidium bromide, EtBr)處理後，配合所選用的 DNA ladder(Bio100 DNA Ladder, PROtech)當標記，在紫外線燈下檢視反應結果。

(3) PCR 產物純化與定序

將目標片段於 1% 瓊脂凝膠下進行電泳，經 EtBr 染色後，在紫外燈下將目標片段切下，以 Agarose Gel DNA Extraction Kit 純化，純化後進行 DNA 片段定序。核酸序列自動定序則委託生技公司進行，利用 ABI3730x DNA Sequencer (ABI, Applied Biosystems CO.)進行分子定序。

3. 資料分析

(1) 序列確認及排列

表 1. 本研究所使用基因座基本資料

基因座	序列	黏合溫度(°C)	長度 (bp)
南湖碎雪草			
<i>trnL-F</i>	F: CGAAATCGGTAGACGCTACG R: ATTTGAACTGGTGACACGAG	50	854
<i>rpL16 intron</i>	F: GCTATGCTTAGTGTGTGACTCGTTG R: CCCTTCATTCTTCCTCTATGTTG	50	836
ITS	F: TCCTCCGCTTATTGATATGC R: GGAAGGAGAAGTCGTAACAAGG	50	677
南湖柳葉菜			
<i>trnL-F</i>	F: CGA AAT CGG TAG ACG CTA CG R: ATT TGA ACT GGT GAC ACG AG	50	846
<i>rpS16 intron</i>	F: GTG GTA AAA AGC AAC GCG CGA CTT R: TCG GGA TCG CAC ATC AAT TGC AAC	50	839
ITS	F: TCC TCC GCT TAT TGA TAT GC R: GGA AGG AGA AGT CGT AAC AAGG	50	677
雪山馬蘭			
<i>trnL-F</i>	F: CGA AAT CGG TAG ACG CTA CG R: ATT TGA ACT GGT GAC ACG AG	50	853
<i>rpL16 intron</i>	F: GCTATGCTTAGTGTGTGACTCGTTG R: CCCTTCATTCTTCCTCTATGTTG	50	1027
ITS	F: TCCTCCGCTTATTGATATGC R: GGAAGGAGAAGTCGTAACAAGG	50	656

將定序所得 DNA 序列與美國國家生物技術中心 (National Center for Biotechnology Information, NCBI) 的資料庫進行 BLAST 比對，以確認所獲得的資料正確，再進行排列分析。利用 MEGA 6 軟體 (Tamura *et al.*, 2013) 內建的 Clustal 程式進行資料排列後，以人工手動微調。

(2) 遺傳歧異度的估算

利用 DnaSP version 5.0 (Librado and Rozas, 2009) 計算三個物種及族群之核苷酸歧異度 (π , nucleotide diversity)，單型多型性 (haplotype diversity)，以量化各族群之遺傳歧異度，此外並計算各族群間遺傳分化以及 Tajima's D 值，若具顯著性則表示族群曾經歷過族群擴張或縮小。

(3) 建構親緣樹狀圖

以 MEGA 6.0 (Tamura *et al.*, 2013) 建構親緣樹狀圖，以 Kimura 雙參數模式 (two-parameter model) 的方法 (Tamura *et al.*, 2011) 計算鹼基替代率及遺傳距離。以 Neighbor-joining 方法重複 1,000 次計算，其中 bootstrap 值大於 70% 相當於統計學上 95% 信心水準支持 (Hillis and Bull, 1993)。

(4) 族群結構分析

依照地理區或者各種人為方式的分群，雖具有遺傳上的意義，但也會包含人為上的誤差，使用 STRUCTURE version 2.3.1 (Pritchard, 2000) 從個體層面上分析樣本的基因差異，再從基因差異進行分群分析，STRUCTURE 因其有多種不同模型可以提供分析選擇，因此可適用於分析不同模式下的族群遺傳結構。首先利用 STRUCTURE 程式從個體階層計算對偶基因頻度，分析樣本的基因差異並以此為分群依據，進行模擬運算，評估各對偶基因在各分群情況下的分派情形並重新分群。STRUCTURE 利用 Bayesian clustering 方法，應用 MCMC 演算法為運算原理，結合各種參數，計算分群數的事後機率分布，利用多基因座的基因型資料，以每個分派族群內的基因座符合哈溫平衡及連鎖反應為假定前提下推算族群結構，將所有取樣個體分派於 K 個亞族群中，用以鑑定潛在的隱藏性

族群結構。STRUCTURE 可使用許多不同類型的遺傳資料，且分群不將地理資料列入考慮(Pritchard *et al.*, 2000)。本次研究選擇混合模式(admixture model)進行分析，而其餘參數設定則使用預設值，利用 MCMC 法進行計算事後機率分布，100,000 次 Burn-in，1,000,000 次的模擬運算，分析不同山脈族群間之族群結構，此分析由於部分標誌物所具有核苷酸歧異度較低，因將三個分子標誌物結合一起進行分析。族群結構其模擬的分群數設定為 K=1-4 群，每個 K 值以相同條件重複模擬 10 次，並將所有結果資料利用 STRUCTURE HARVESTER 進行整合(Earl and vonHoldt, 2012)，將 STRUCTURE 分析結果的 likelihood 值進行轉化與圖形化，以方便判斷分群結果之可信度。

(5) 族群動態估算

利用 MIGRATE-N 3.2.1(<http://popgen.sc.fsu.edu/Migrate/Migrate-n.html>)，檢測族群的有效族群量及族群動態分析，主要估算族群在時間座標軸下有效族群數量(θ)的變化情形，其中 $\theta=4Ne\mu$ (Ne 為有效族群大小， μ 為突變率)，因此藉由 θ 值的估算將能評估族群有效族群數量(effective population size)，有效族群量是指在一個理想群體中，能夠產生此遺傳變異量所需的繁殖個體數量，通常是利用個體間 DNA 變異量計算出的現生族群量的大小，因此當物種的遺傳多樣性高則代表該物種的有效族群數量較高，根據研究顯示現生族群數量往往大於有效族群數量，應該當族群有效族群數量較低，也意味著現生族群數量也較低。分析使用馬可夫鏈蒙地卡羅 (Markov chain Monte Carlo, MCMC) 的模擬其重複值設為 1,000,000，burn-in 設 10,000 次，以大量隨機抽取樣本的方式去取得事後分布機率的最高值，利用每個基因最大的突變率(μ)，估算現在族群有效族群大小。本研究採用阿拉伯芥物種的突變率為依據，其葉綠體 DNA=0.044–0.261 $\times 10^{-8}$ /per site/per year，細胞核 DNA=0.448–0.986 $\times 10^{-8}$ /per site/per year (Huang *et al.*, 2012)，由於本分析是結合葉綠體 DNA 標誌物及細胞核標誌物進行分析，因此利用幾何平均數方式計算分析平均突變率。

(6) 族群分化估算

利用 DnaSP version 5.0 (Librado and Rozas, 2009)，分別估算三個物種之族群結構，

並計算各族群間遺傳分化指數(F_{ST})， F_{ST} 是族群間遺傳分化指數，主要是判斷族群間遺傳分化的情形，當 F_{ST} 值愈高，族群間的遺傳分化程度就愈大，族群間若 $F_{ST} < 0.05$ ，則代表族群間幾乎沒有遺傳分化，若 $0.05 < F_{ST} < 0.15$ ，則表示族群間的分化程度低等，若 $0.15 < F_{ST} < 0.25$ ，代表族群間屬中度分化，若 $F_{ST} > 0.25$ 時，表示族群間分化程度非常高 (Wright, 1978)。

(7)分歧時間估算

利用 BEAST 1.6 (Bayesian evolutionary analysis by sampling trees) (Drummond and Rambaut, 2007)以 Yale speciation 模式綜合 3 個基因片段探討本研究物種親緣樹狀圖中各支系之分歧時間，在缺乏三物種演化速率下，本研究採用阿拉伯芥物種的突變率為依據，其葉綠體 DNA= $0.044-0.261 \times 10^{-8}$ /per site/per year，細胞核 DNA= $0.448-0.986 \times 10^{-8}$ /per site/per year (Huang *et al.*, 2012)，重覆 10,000,000 次，去除最初 1,000,000 (burn-in)，並每 1,000 次記錄結果。以 TRACER 1.3(Rambaut and Drummond, 2004)分析 BEAST 1.6 所得之結果，所得之參數須確定其 ESS (Effective Sample Size) 高於 200。

第五章、結果

(一) 生育環境調查

1. 伴生植物資源及土壤理化性質

1.1 南湖碎雪草

本計畫共調查三處南湖碎雪草生育地樣區，包含奇萊北峰 EU1-6 樣區、雪山 EU7-16 樣區、南湖大山 EU17-25 樣區，共計 25 個樣區，於樣區內記錄了 28 科 52 屬 67 種維管束植物(表 2)。因其生育環境概屬碎屑岩石地，伴生物種多以草本為主，依其習性區分，共計有 59 種草本植物，3 種喬木植物，5 種灌木植物(附錄一)。其中特有種佔 50 種，特有率達 75.8%。

樣區生育環境調查結果顯示，南湖碎雪草生育地區主要分布於各山區之稜線及山頂上坡及中坡之岩屑地，地表含石率介於 66-100%，平均全天光空域為 74.4%，海拔高度介於 3,460-3,878 m，土壤 pH 值介於 5.11-6.81(附錄二)。

此外本研究同時針對雪山、南湖大山及奇萊北峰各取一樣區土壤進行理化性質分析，結果詳見附錄三，其中交換性陽離子中三地區間差異並不大，僅 Mg^{2+} 離子在南湖大山地區含量較高；此外土壤有機質比例、土壤總碳及土壤總磷量也都是南湖大山具有最高值，土壤總氮及土壤碳氮比則以雪山地區最高。

表 2. 南湖碎雪草伴生維管束植物資源統計表

分類群	科	屬	種	特有種
蕨類植物	3	3	3	0
裸子植物	1	1	2	1
雙子葉植物	20	36	45	37
單子葉植物	4	12	17	12
合計	28	52	67	50

1.2 南湖柳葉菜

本計畫共調查三處南湖柳葉菜生育地樣區，包含南湖大山 EP1-20 樣區、奇萊主峰 EP21-30 樣區、雪山主峰與北稜角間 EP31-35 樣區，共計調查 35 個樣區，於樣區內記錄了 20 科 38 屬 44 種維管束植物(表 3)。因概屬碎屑岩石地區，伴生物種計有 37 種草本植物，1 種喬木植物，6 種灌木植物(附錄四)。其中特有種 32 種，特有率達 72.7%。

樣區生育環境調查結果顯示，南湖柳葉菜生育地區主要分布於各山區之中坡及上坡之岩屑地，地表含石率介於 66-95%，平均全天光空域為 67.3%，土壤 pH 值介於 5.22-6.86，海拔高度介於 3,373-3,795 m 之間(附錄五)。

此外本研究同時針對雪山、南湖大山及奇萊主峰各取一樣區土壤進行理化性質分析，結果詳見附錄六，其中交換性陽離子 Ca^{2+} Mg^{2+} 、 K^{+} 以及 Na^{+} 在雪山地區含量較高，南湖大山次之、奇萊主峰最低；此外土壤有機質、土壤總碳、土壤總磷量及土壤碳氮比皆以雪山地區最高、土壤總氮量則以奇萊主峰最高。

表 3. 南湖柳葉菜伴生維管束植物資源統計表

類別	科	屬	種	特有種
裸子植物	1	1	1	1
雙子葉植物	17	30	35	26
單子葉植物	2	7	8	5
合計	20	38	44	32

1.3 雪山馬蘭

本計畫共調查兩處雪山馬蘭生育地樣區，包含雪山主峰 AS1-10 樣區、南湖大山 AS11-18 樣區，共計調查 18 個樣區，於樣區內記錄了 25 科 44 屬 50 種的伴生物種(表 4)。因其生育環境概屬碎屑岩石地，伴生物種多以草本為主，伴生物種計有 42 種草本植物，2 種喬木植物，6 種灌木植物(附錄七)。其中特有種 39 種，特有率達 78%。

樣區生育環境調查結果顯示，雪山馬蘭生育地區主要分布於各山區之稜線及山頂上坡及中坡之岩屑地，地表含石率介於 66-100 %，平均全天光空域為 76.1%，土壤 pH 值介於 4.69-6.58，海拔高度介於 3,533-3,880m 之間(附錄八)。

此外本研究同時針對雪山及南湖大山各取一樣區土壤進行理化性質分析，結果詳見附錄九，其中交換性陽離子中 Ca^{2+} 離子在雪山地區含量較高，其餘則是南湖大山含量較高；此外土壤總碳、土壤總磷量、土壤碳氮及土壤碳氮比皆以雪山地區較高，土壤有機質則以南湖大山較高。

表 4. 雪山馬蘭伴生維管束植物資源統計表

類別	科	屬	種	特有種
裸子植物	2	2	2	0
雙子葉植物	20	35	39	33
單子葉植物	3	7	9	6
合計	25	44	50	39

2. 植物社會之分型

本計畫除了針對南湖碎雪草、南湖柳葉菜及雪山馬蘭之生育地進行植群及環境因子取樣調查；此外，亦進行非目標物種之取樣，以求得目標植群的實際分布狀況；本計畫一共調查 155 個樣區，其中包含內群樣區 78 個(南湖碎雪草 25 個、南湖柳葉菜 35 個及雪山馬蘭 18 個)及外群樣區 77 個(雪山地區 42 個及南湖地區 35 個)。於所有樣區內共計調查到 36 科 79 屬 143 種維管束植物，並利用雙向矩陣群團分析法將其劃分，並以特徵種在前，優勢種在後的方式命名，一共將所有樣區劃分為 9 個植群型(圖 7)，結果分述如下：

- I. 曲芒髮草型(*Deschampsia flexuosa* type)
- II. 雪山馬蘭-髮草型 (*Aster takasagomontanus* - *Deschampsia cespitosa* var. *festucifolia* type)
- III. 玉山水苦蕒-羊茅型(*Veronica morrisonicola* - *Festuca caovina* type)
- IV. 羊茅-川上短柄草型(*Festuca caovina*- *Brachypodium kawakamii* type)
- V. 玉山圓柏型(*Juniperus squamata* var. *morrisonicola* type)
- VI. 玉山杜鵑型(*Rhododendron pseudochrysanthum* type)
- VII. 細葉山艾型(*Artemisia morrisonensis* type)
- VIII. 南湖柳葉菜型(*Epilobium nankotaizanense* type)
- IX. 玉山箭竹型(*Yushania niitakayamensis* type)

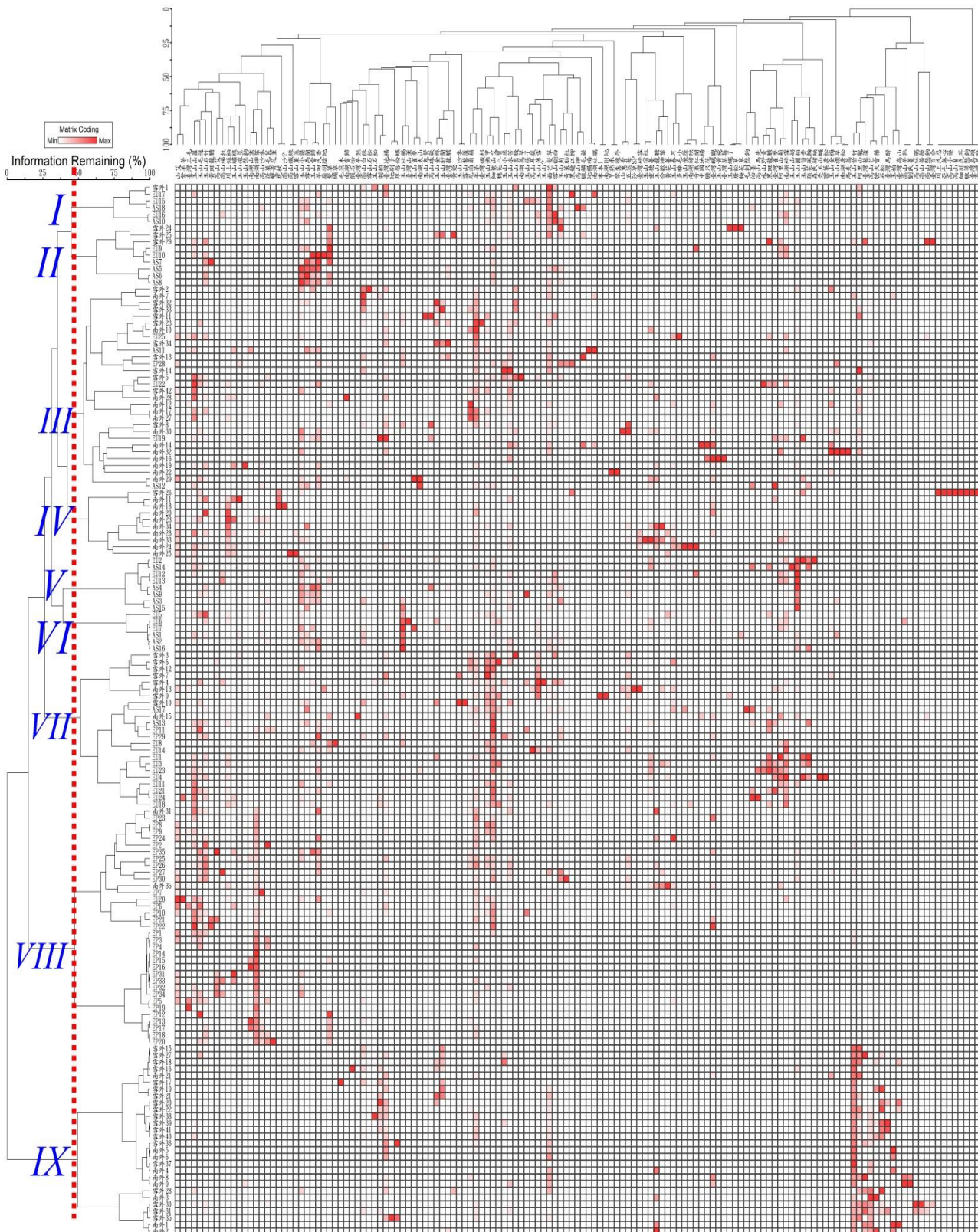


圖 7. 雪山及南湖地區高山植群雙向矩陣群團分析圖。

I. 曲芒髮草型(*Deschampsia flexuosa* type)

本型包含雪外 1、EU15-17、AS10、AS18 等 6 個樣區。海拔分布介於 3,520-3,878 m；坡度 22°-30°；坡向 45°-355°；含石率 55-85%；地形位置位於山頂及上坡處；土壤 pH 介於 3.89-5.41；全天光空域 62-95%；直射光空域 60-95%。主要優勢組成物種為曲芒髮草、雪山翻白草，其餘伴生植物為細葉山艾、臺灣地楊梅、雪山馬蘭、南湖碎雪草、玉山薄雪草、玉山小蘗、玉山薊、玉山佛甲草、玉山圓柏、玉山水苦蕒等 32 個物種。

II. 雪山馬蘭-髮草型(*Aster takasagomontanus* - *Deschampsia cespitosa* var. *festucifolia* type)

本型包含雪外 24-29、EU9-10、AS5-8 等 9 個樣區。海拔分布介於 3,619-3,793m；坡度 30°-42°；坡向 80°-315°；含石率 70-90%；地形位置位於山頂、稜線及上坡處；土壤 pH 介於 4.34-5.80；全天光空域 31-93%；直射光空域 27-95%。主要優勢組成物種為髮草、雪山馬蘭、玉山小蘗、曲芒髮草，其餘伴生植物為早田氏香葉草、玉山當歸、細葉山艾、玉山石竹、玉山薊、玉山針蘭、南湖碎雪草、阿里山薊、玉山蠅子草、玉山山蘿蔔等 37 個物種。

III. 玉山水苦蕒-羊茅型(*Veronica morrisonicola* - *Festuca caovina* type)

本型包含雪外(2、5、8、11、13、14、23、32、33、34、42)、南外(7、10、12、14、16、17、19、22、27、28、29、30、32)、EU(19、22、25)及 AS11-12 等 30 個樣區。海拔分布介於 3,316-3,813m；坡度 1°-50°；坡向 20°-360°；含石率 5-95%；地形位置位於山頂、稜線及上坡處；土壤 pH 介於 3.87-6.83；全天光空域 56-95%；直射光空域 57-95%。主要優勢組成物種為羊茅、尼泊爾籟簫、高山白珠樹、玉山山蘿蔔、曲芒髮草，其餘伴生植物為玉山水苦蕒、臺灣地楊梅、玉山金梅、南湖大山紫雲英、玉山針蘭、早熟禾、玉山杜鵑、臺灣鵝觀草、玉山小蘗、五蕊莓等 80 個物種。

IV. 羊茅-川上短柄草型(*Festuca caovina*- *Brachypodium kawakamii* type)

本型包含雪外 26、南外(11、18、20、23、24、25、26、33、34)等 10 個樣區。海拔分布介於 3,363-3,538m；坡度 10°-45°；坡向 95°-340°；含石率 50-90%；地形位置位於稜線及上坡處；土壤 pH 介於 5.74-7.12；全天光空域 33-73%；直射光空域 56-86%。主要優勢組成物種為川上短柄草及虎杖，其餘伴生羊茅、高山鐵線蓮、玉山山蘿蔔、玉山石竹、山艾、南湖豬殃殃、垂穗薹、臺灣鵝觀草、黃花薹及雪山馬蘭等 50 個物種。

V. 玉山圓柏型(*Juniperus squamata* var. *morrisonicola* type)

本型包含 EU(2、12、13)、AS(3、4、9、14、15)等 8 個樣區。海拔分布介於 3,468-3,877m；坡度 10°-40°；坡向 22°-210°；含石率 80-95%；地形位置位於山頂、稜線及上坡處；土壤 pH 介於 4.69-6.58；全天光空域 59-95%；直射光空域 71-96%。主要優勢組成物種為玉山圓柏、玉山小蘗及玉山杜鵑，其餘伴生植物為雪山馬蘭、雪山翻白草、曲芒髮草、玉山當歸、南湖碎雪草、細葉山艾、早田氏香葉草、垂穗薹、玉山水苦蕒及阿里山薊等 43 個物種。

VI. 玉山杜鵑型(*Rhododendron pseudochrysanthum* type)

本型包含 EU5-7、AS(1、2、16)等 6 個樣區。海拔分布介於 3,536-3,728m；坡度 11°-50°；坡向 30°-340°；含石率 80-95%；地形位置位於稜線及上坡處；土壤 pH 介於 4.76-6.09；全天光空域 59-93%；直射光空域 71-95%。主要優勢組成物種為玉山杜鵑，其餘伴生植物為玉山小蘗、高山白珠樹、玉山石竹、玉山圓柏、細葉山艾、南湖碎雪草、雪山馬蘭、玉山山蘿蔔、曲芒髮草、黃花薹及早田氏香葉草等 41 個物種。

VII. 細葉山艾型(*Artemisia morrisonensis* type)

本型包含雪外(3、4、6、7、9、10、12)、南外(13、15)、EU(1、3、4、8、11、14、18、21、23、24)、AS(13、17)及 EP(11、29)等 23 個樣區。海拔分布介於 3,419-3,886m；坡度 10°-50°；坡向 20°-355°；含石率 50-95%；地形位置位於山頂、稜線及上坡處；土壤 pH 介於 4.16-6.81；全天光空域 53-95%；直射光空域 68-96%。主要優勢組成物種為細葉山艾，其餘伴生植物為玉山薄雪草、玉山佛甲草、南湖碎雪草、玉山山蘿蔔、羊

茅、阿里山薊、髮草、尼泊爾籟簫、川上短柄草及五蕊莓等 78 個物種。

VIII. 南湖柳葉菜型(*Epilobium nankotaizanense* type)

本型包含南外(31、35)、EU20 及 EP(1-10、12-27 及 30-35)等 35 個樣區。海拔分布介於 3,373-3,795m；坡度 9°-55°；坡向 68°-290°；含石率 85-90%；地形位置位於稜線及上坡處；土壤 pH 介於 5.22-7.39；全天光空域 29-89%；直射光空域 54-96%。主要優勢組成物種為南湖柳葉菜，其餘伴生植物為羊茅、細葉山艾、山艾、玉山山蘿蔔、髮草、高山沙參、玉山石竹、高山艾、蓬萊毛茛及玉山毛蓮菜等 41 個物種。

IX. 玉山箭竹型(*Yushania niitakayamensis* type)

本型包含雪外(15-22、27-28、30-31 及 35-41)、南外(1-6、8-9 及 21)等 28 個樣區。海拔分布介於 3,087-3,536m；坡度 0°-65°；坡向 25°-300°；含石率 5-80%；地形位置位於稜線及上坡處；土壤 pH 介於 3.56-6.83；全天光空域 56-91%；直射光空域 66-95%。主要優勢組成物種為玉山箭竹，其餘伴生植物為高山芒、曲芒髮草、臺灣地楊梅、玉山針蘭、阿里山龍膽、羊茅、巒大當藥、玉柏及刺柏等 44 個物種。

由上述植物社會的劃分得知，目標物種中南湖柳葉菜能夠於植物社會劃分中獨立為一型；雪山馬蘭僅能成為其他植物社會之特徵種，並無法獨立為一型；南湖碎雪草則僅成為各植物社會的伴生物種，且並不佔優勢也不成為任一植物社會之特徵種；由此可知南湖碎雪草與雪山馬蘭於雪山及南湖地區為其他植物社會的伴生物種，物種組成並未有太大的差異，而南湖柳葉菜其組成之伴生物種能與其他社會有所區別。

3. 植物社會與環境間的相關性

本計畫共計調查 155 個樣區(78 個內群及 77 個外群樣區)，將野外調查資料製成原始矩陣後，以降趨對應分析測試軸長，計算三個序列軸長，軸長單位又稱為樹種轉換之平均標準偏差(Average Standard Deviation of Species Turnover, SD)(蘇鴻傑，1987)。其代表植物社會變異之梯度，並依據軸長是否大於 4 來解釋樣區與物種組成是否有轉換，該選擇使用典型對應分析或主成分分析，以分析環境因子與植群組成之關係。

3.1 降趨對應分析

經由降趨對應分析之結果，測得三軸之軸長及特徵值，軸長依序為 5.277、5.514、5.270；特徵值依序為 0.941、0.754、0.638(表 5)，表示各軸所代表之植群變異能力相仿，且以第二軸為主要之變異方向。DCA 三軸所代表之植群變異與生育地環境因子之變化有關，且經由降趨對應分析圖(圖 8)顯示受到樣區 16 及樣區 22 環境與組成差異較大之影響而使樣區分布呈現壓縮現象。

故為求更符合研究區域現地植群與環境之組成。因此，將環境及組成較為特殊之南外 16 及南外 22 樣區去除後再行分析 得到軸長依序為 6.965、4.381、4.284；特徵值為 0.779、0.507、0.450(表 6)，並依據此結果配合典型對應分析檢視環境變數以求其間之關係(圖 9)。經移除組成差異較大的樣區後，可由降趨對應分析圖顯示配合原始資料的比對，軸 1 與海拔及土壤 pH 有關，圖中最左方為玉山箭竹型的植物社會，其海拔分布最低，土壤 pH 質最酸，且組成物種均質性高，故能明確歸為一群，而中偏右為南湖柳葉菜型的植物社會，其具有中等的海拔及較偏中性的土壤，因此與其他植物社會有所區別。

表 5. 雪山及南湖大山地區草本植物社會降趨對應分析結果

	軸 1	軸 2	軸 3
特徵值	0.941	0.754	0.638
軸長	5.277	5.514	5.27

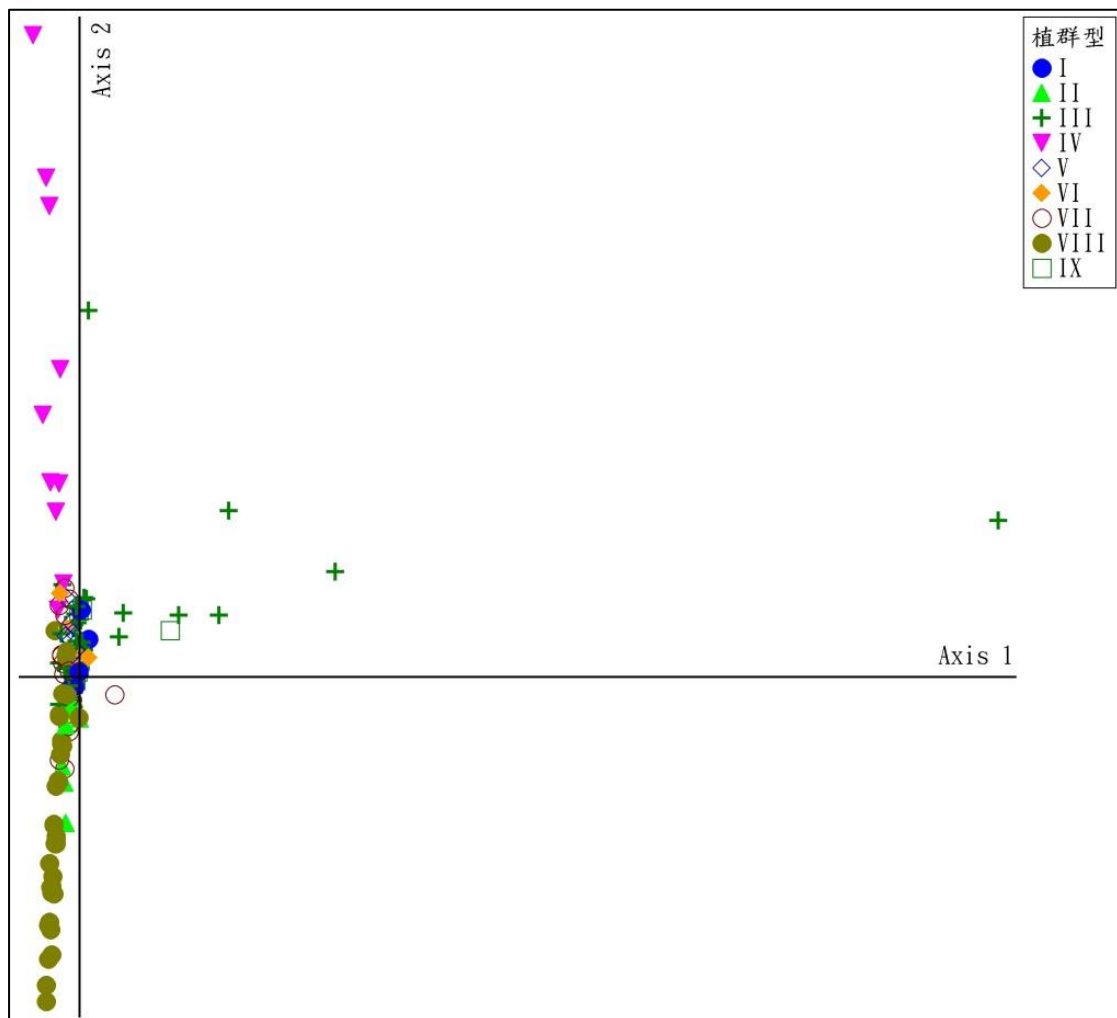


圖 8. 雪山及南湖大山地區草本植物社會降趨對應分析圖。

植群型代號：I. 曲芒髮草型、II. 雪山馬蘭-髮草型、III. 玉山水苦蕒-羊茅型、IV. 羊茅-川上短柄草型、V. 玉山圓柏型、VI. 玉山杜鵑型、VII. 細葉山艾型、VIII. 南湖柳葉菜型、IX. 玉山箭竹型。

表 6. 雪山及南湖大山地區草本植物社會降趨對應分析結果(移除南外 16 及 22)

	軸 1	軸 2	軸 3
特徵值	0.779	0.507	0.450
軸長	6.965	4.381	4.284

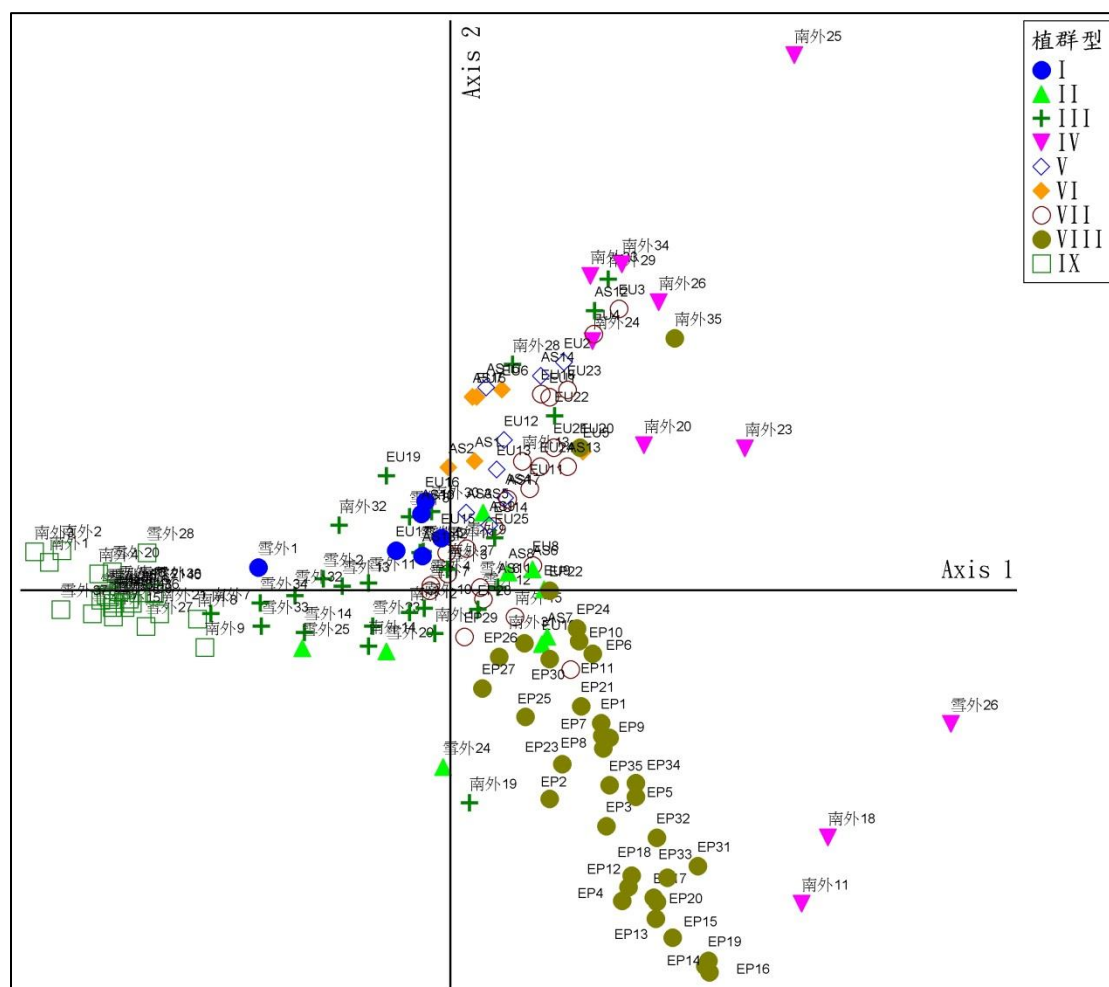


圖 9. 雪山及南湖大山地區草本植物社會降趨對應分析圖(移除南外 16 及 22)。

植群型代號：I. 曲芒髮草型、II. 雪山馬蘭-髮草型、III. 玉山水苦蕒-羊茅型、IV. 羊茅-川上短柄草型、V. 玉山圓柏型、VI. 玉山杜鵑型、VII. 細葉山艾型、VIII. 南湖柳葉菜型、IX. 玉山箭竹型。

4. 典型對應分析

本研究草本植物社會經由降趨對應分析結果顯示，其第一軸軸長皆大於 4 SD，呈現單峰分布，故皆以典型對應分析探討環境變數與植物社會組成之關係。各植物社會經由典型對應分析後，得知三軸之變異量分別為 3.9、2.4、2，累積變異量為 3.9、6.3、8.4；特徵值為 0.596、0.375、0.309；物種與環境相關係數為 0.895、0.775、0.756。上述結果顯示以第一軸之變異量最大，第二、三軸其次，因此利用第一軸與第二軸作為繪圖選擇及解釋係數之依據(表 7)。

表 7. 雪山及南湖大山地區草本植物社會典型對應分析結果(移除南外 16 及 22)

	軸 1	軸 2	軸 3
特徵值	0.596	0.375	0.309
變異解釋率	3.9	2.4	2
累積變異解釋率	3.9	6.3	8.4
Pearson 相關 (物種-環境)	0.895	0.775	0.756

本研究共調查 8 項環境因子，經由 Person 相關性測試發現各項因子均有達顯著。軸 1 之海拔、坡度、土壤 pH、含石率及地形位置均達極顯著正相關，全天光空域則達顯著負相關；軸 2 之土壤 pH 及地形位置達極顯著正相關，海拔、坡向、全天光空域及直射光空域達極顯著負相關 (表 8)。

表 8. 雪山及南湖地區草本植物社會環境因子與各軸相關性係數表

	軸 1	軸 2	軸 3
Alt	0.744**	-0.603**	-0.156
Slo	0.305**	0.013	0.241
Asp	0.04	-0.265**	0.111
Wls	-0.284**	-0.548**	-0.129
Dls	-0.143	-0.368**	-0.15
pH	0.646**	0.565**	-0.176
Sto	0.417**	-0.162	0.85**
Top	0.256**	0.607**	-0.101

註：* $P < 0.05$ ；** $P < 0.01$ 。Alt: 海拔、Slo: 坡度、Asp: 坡向、Wls: 全天光空域、Dls: 直射光空域、pH: 土壤 pH、Sto: 含石率、Top: 地形位置

以第一、二軸配合樣區及物種繪製雙序圖 (圖 10)。由圖顯示各植物社會之排序由左至右的土壤 pH 值依序提升(酸性至中性)，代表性植物社會為玉山箭竹型至南湖柳葉菜型，顯見土壤 pH 對於南湖柳葉菜而言相當重要。此外根據土壤理化性質分析顯示南湖柳葉菜樣區土壤總氮以及總磷相較其他兩物種樣區有偏高情形，且土壤碳氮比則相對較低(附錄三、六、九)。而雪山馬蘭-髮草型於圖中明顯的被分開，檢視其組成發現圖中左側為外群的物種所組成，而於右側則為南湖碎雪草與雪山馬蘭之樣區所組成，導致其被歸於一型的原因是皆具有相同的優勢物種-髮草，但其環境是明顯的有所差異，南湖碎雪草與雪山馬蘭主要分布於海拔 3,460 m 以上的區域，因此顯著地受到海拔的影響。

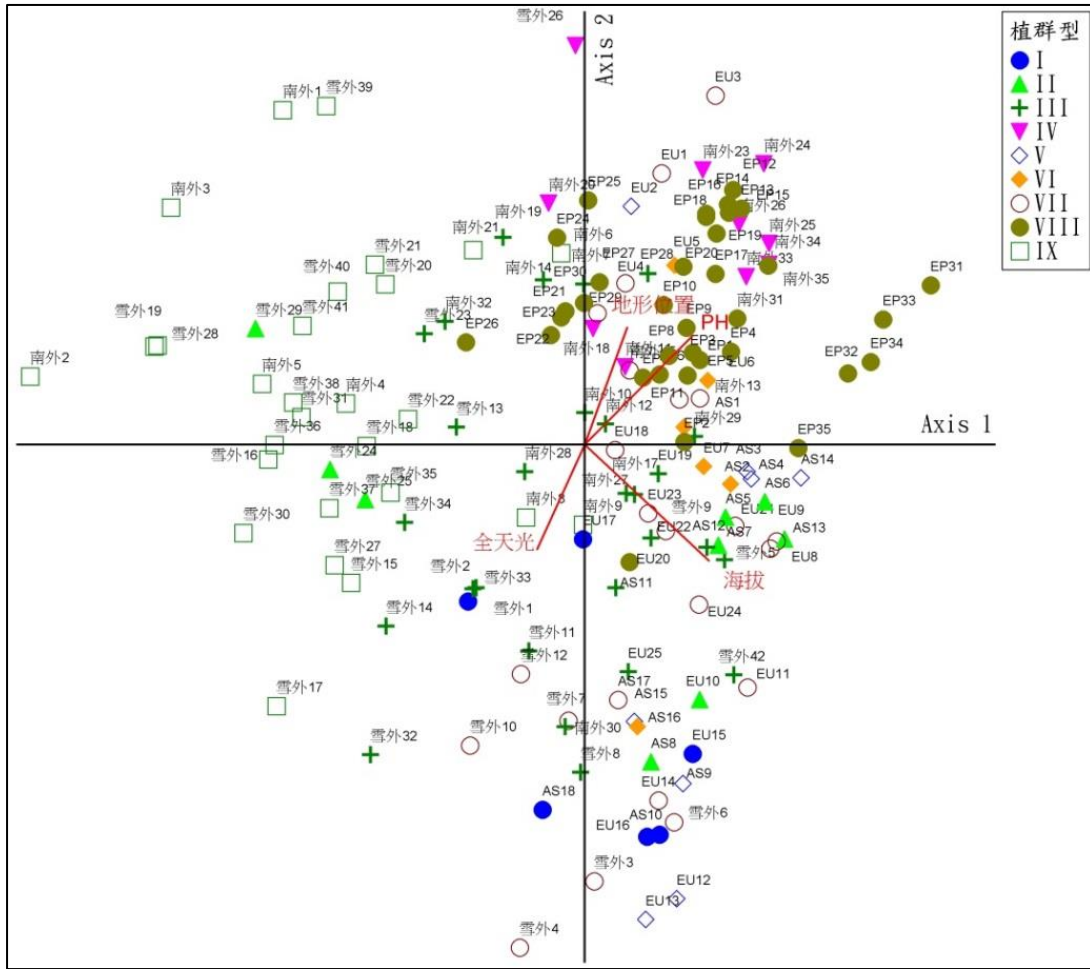


圖 10. 雪山及南湖地區草本植物社會典型對應分析圖。

植群型代號：I. 曲芒髮草型、II. 雪山馬蘭-髮草型、III. 玉山水苦蕒-羊茅型、IV. 羊茅-川上短柄草型、V. 玉山圓柏型、VI. 玉山杜鵑型、VII. 細葉山艾型、VIII. 南湖柳葉菜型、IX. 玉山箭竹型

(二) 遺傳多樣性分析

1. 南湖碎雪草

1.1 核苷酸鹼基組成分析

利用 MEGA6.0 程式分析南湖碎雪草之葉綠體及細胞核 DNA 片段，依分子序列計算不同片段多型性位點(polymorphic site)、單一突變位點(singleton variable sites)、及具有訊息多型性位點 (information site) (表 9)。得知南湖碎雪草其葉綠體 DNA *trnL-F* 片段長度介於 853-854 bp 之間，比對後全長為 854 bp，共有 3 個變異位置，佔全長 0.35%，且變異位點為具有親緣系統訊息，核苷酸平均組成各為：腺嘌呤(A: adenine)佔 33.6%；胸腺嘧啶(T: thymine)佔 30.4%，鳥糞嘌呤(G: guanine)佔 17.3%；胞嘧啶(C: cytosine)佔 18.7%。

葉綠體DNA *rpL16 intron* 片段長度介於 834-835 bp 之間，比對後全長為 836 bp，共有 5 個變異位置，佔全長 0.59%，其中只有 3 個具有親緣系統訊息，核苷酸平均組成各為：腺嘌呤(A: adenine)佔 40.3%；胸腺嘧啶(T: thymine)佔 27.8%，鳥糞嘌呤(G: guanine)佔 16.5%；胞嘧啶(C: cytosine)佔 15.4%。

細胞核 ITS 基因片段長度為 677 bp，共有 19 個變異位置，佔全長 1.03%，全部 19 個皆具有親緣系統訊息，核苷酸平均組成各為：腺嘌呤(A: adenine)佔 21.0%；胸腺嘧啶(T: thymine)佔 22.1%，鳥糞嘌呤(G: guanine)佔 28.4%；胞嘧啶(C: cytosine)佔 28.5%。

表 9. 本研究中南湖碎雪草所選用葉綠體及細胞核 DNA 基因座片段的序列長度和變異位點資料

基因座	數目	長度(bp)	變異位點	具有訊息變異位點	單型數目
南湖碎雪草					
葉綠體 DNA					
<i>trnL-F</i>	95	854	3	3	4
<i>rpL16 intron</i>	99	836	5	3	2
細胞核 DNA					
ITS	99	677	19	19	4

1.2 遺傳變異分析

利用 DnaSP 程式分析南湖碎雪草各族群之葉綠體及細胞核 DNA 片段，依分子序列計算不同族群核苷酸歧異度(π , nucleotide diversity)，單型多型性(haplotype diversity, Hd) 及 Tajima's D 檢測，結果列於下列各表。

1.2.1 葉綠體 DNA *trnL-F* 片段

南湖碎雪草 *trnL-F* 片段種內的核苷酸歧異度 π 為 0.00023，僅具有 4 個單型，且單型多型性 Hd 為 0.194，Tajima's D 值為 -0.76655，但不顯著。接著看三個不同山脈族群顯示，雪山、南湖大山主峰及東峰族群內皆不具有核苷酸歧異度，其 π 為 0 (表 10)，整合南湖大山兩族群顯示其具有 2 個單型核苷酸歧異度 π 為 0.00041，單型多型性 Hd 為 0.348，然而奇萊北峰族群亦具有 2 個單型核苷酸歧異度 π 為 0.00019，單型多型性 Hd 為 0.159，從此 *trnL-F* 片段來看，南湖大山族群遺傳多樣性高於雪山及奇萊北峰族群，且雪山及南湖大山主峰及東峰族群內遺傳多樣性呈現同質化現象。

表 10. 南湖碎雪草 *trnL-F* 片段雪山、南湖大山及奇萊北峰族群之單型數目、單型多型性、核苷酸歧異度及 Tajima's D 分析

	族群	數目	單型數目	單型多型性 (Hd)	核苷酸歧異度 (π)	Tajima's D
南湖大山	NH	37	2	0.348	0.00041	0.66335
主峰	NH1	29	1	0	0	-
東峰	NH2	8	1	0	0	-
雪山	XU	34	1	0	0	-
奇萊北峰	CLN	24	2	0.159	0.00019	-0.68111
全部		95	4	0.194	0.00023	-0.76655

1.2.2 葉綠體 DNA *rpL16* intron 片段

南湖碎雪草 *rpL16* intron 片段種內的核苷酸歧異度 π 為 0.00042，僅具有 2 個單型，且單型多型性 Hd 為 0.116，Tajima's D 值為 -0.72232，但不顯著。接著看三個不同山脈顯示，南湖大山主峰、東峰及奇萊北峰族群內皆不具有核苷酸歧異度，其 π 為 0，雪山族群其核苷酸歧異度 π 為 0.00105，具有 2 個單型，且單型多型性 Hd 為 0.292，Tajima's D 值為 0.46095，亦不顯著(表 11)。從此 *rpL16* intron 片段來看，雪山族群遺傳多樣性高於南湖大山及奇萊北峰族群，且南湖大山主峰、東峰及奇萊北峰族群內遺傳多樣性呈現同質化現象。

表 11. 南湖碎雪草 *rpL16* intron 片段雪山、南湖大山及奇萊北峰族群之單型數目、單型多型性、核苷酸歧異度及 Tajima's D 分析

	族群	數目	單型數目	單型多型性 (Hd)	核苷酸歧異度 (π)	Tajima's D
南湖大山	NH	38	1	0	0	-
主峰	NH1	29	1	0	0	-
東峰	NH2	9	1	0	0	-
雪山	XU	35	2	0.292	0.00105	0.46095
奇萊北峰	CLN	25	1	0	0	-
全部		98	2	0.116	0.00042	-0.72232

1.2.3 細胞核 DNA ITS 片段

南湖碎雪草 ITS 片段種內的核苷酸歧異度 π 為 0.01174，僅具有 4 個單型，且單型多型性 Hd 為 0.719，Tajima's D 值為 0.01174，具有顯著性($P < 0.01$)。接著看三個不同山脈顯示，南湖大山族群核苷酸歧異度 π 為 0.00055，單型多型性 Hd 為 0.371，但南湖大山主峰及東峰族群內皆不具有核苷酸歧異度，其 π 為 0，同樣雪山及奇萊北峰族群亦不具有核苷酸歧異度，其 π 為 0(表 12)。雪山、南湖大山主峰、東峰及奇萊北峰族群分別具有不同單型，且彼此間不混雜，各自具有獨特的基因型。

表 12. 南湖碎雪草 ITS 片段雪山、南湖大山及奇萊北峰族群之單型數目、單型多型性、核苷酸歧異度及 Tajima's D 分析

	族群	數目	單型數目	單型多型性 (Hd)	核苷酸歧異度 (π)	Tajima's D
南湖大山	NH	38	2	0.371	0.00055	0.81134
主峰	NH1	29	1	0	0	-
東峰	NH2	9	1	0	0	-
雪山	XU	35	1	0	0	-
奇萊北峰	CLN	25	1	0	0	-
全部		98	4	0.719	0.01174	3.33184**

** , $P < 0.01$

綜合上述分析顯示三個分子標誌物，其中以 ITS 片段具有較高核苷酸歧異度 π 為 0.01174 及單型多型性 Hd 為 0.719，而葉綠體 DNA 的標誌物則相對呈現較低的核苷酸歧異度及單型多型性。以族群層面來說南湖大山族群相對於雪山及奇萊北峰族群應具有較高的遺傳多樣性，且三個分子標誌物中以 ITS 片段在雪山、南湖大山主峰、東峰及奇萊北峰族群皆各自具有獨特基因型，且彼此不混雜。

1.3 親緣樹狀圖之建構

使用 MEGA6.0 軟體進行分析計算南湖碎雪草各族群之葉綠體及細胞核 DNA 片段序列的變異，並以 Kimura (1980) 雙參數模式計算出遺傳距離，根據此一遺傳距離利用聚類分析法(Neighbor-joining method)建構出親緣演化樹狀圖。在葉綠體 DNA *trnL-F* 片段樹狀圖中(圖 11)，可將南湖碎雪草分為四個支系，其中雪山及南湖大山東峰族群分別為單系群，另一支系則包含南湖大山主峰的所有個體，然而另一支系則為奇萊北峰族群，此外從樹狀圖中顯示所有南湖大山主峰個體與大部分奇萊北峰個體群聚在同一支系內。然而在另一個葉綠體 DNA *rpL16* intron 片段樹狀圖中(圖 12)，可將南湖碎雪草分為兩個支系，但卻呈現不一樣的分群模式，其中一個支系包含所有南湖大山主峰、東峰及奇萊北峰族群個體及大部分雪山族群的個體，另一支系則僅包含雪山族群的部分個體。細胞核 DNA ITS 片段，可將南湖碎雪草分為四個支系(圖 13)，且四個支系符合其地理區的區隔，雪山族群個體皆位在同一支系，另一支系則包含南湖大山主峰的所有個體，第三支系則包含南湖大山東峰的所有個體，第四支系則包含奇萊北峰的所有個體，且每個族群其所有個體分別具有同樣基因型，群聚在同一個支系。結合三個不同分子標誌物進行親緣樹狀圖分析顯示可將南湖碎雪草分為四個支系(圖 14)，且四支系符合其地理區的區隔，此外並計算各族群的分歧時間點，由於本分析是結合 2 個葉綠體 DNA 標誌物(*trnL-F* 及 *rpL16*)及 1 個細胞核標誌物(ITS)進行分析，因此利用幾何平均數方式計算三個分子標誌物的幾何平均突變率，其值為 $7.326 \times 10^{-7} - 2.513 \times 10^{-5}$ ，此物種的形成時間約距今 9.05×10^4 年前，其中雪山族群分歧時間點約距今 2.02×10^4 年前、奇萊北峰族群分歧時間點約距今 2.29×10^4 年前、南湖大山主峰族群分歧時間點約距今 2.71×10^4 年前、南湖大山東峰族群分歧時間點約距今 1.65×10^4 年前，綜合上述結果顯示兩山脈間應具有地理隔離效應存在，阻礙族群間的基因交流。

***trnL-F* 親緣樹狀圖**

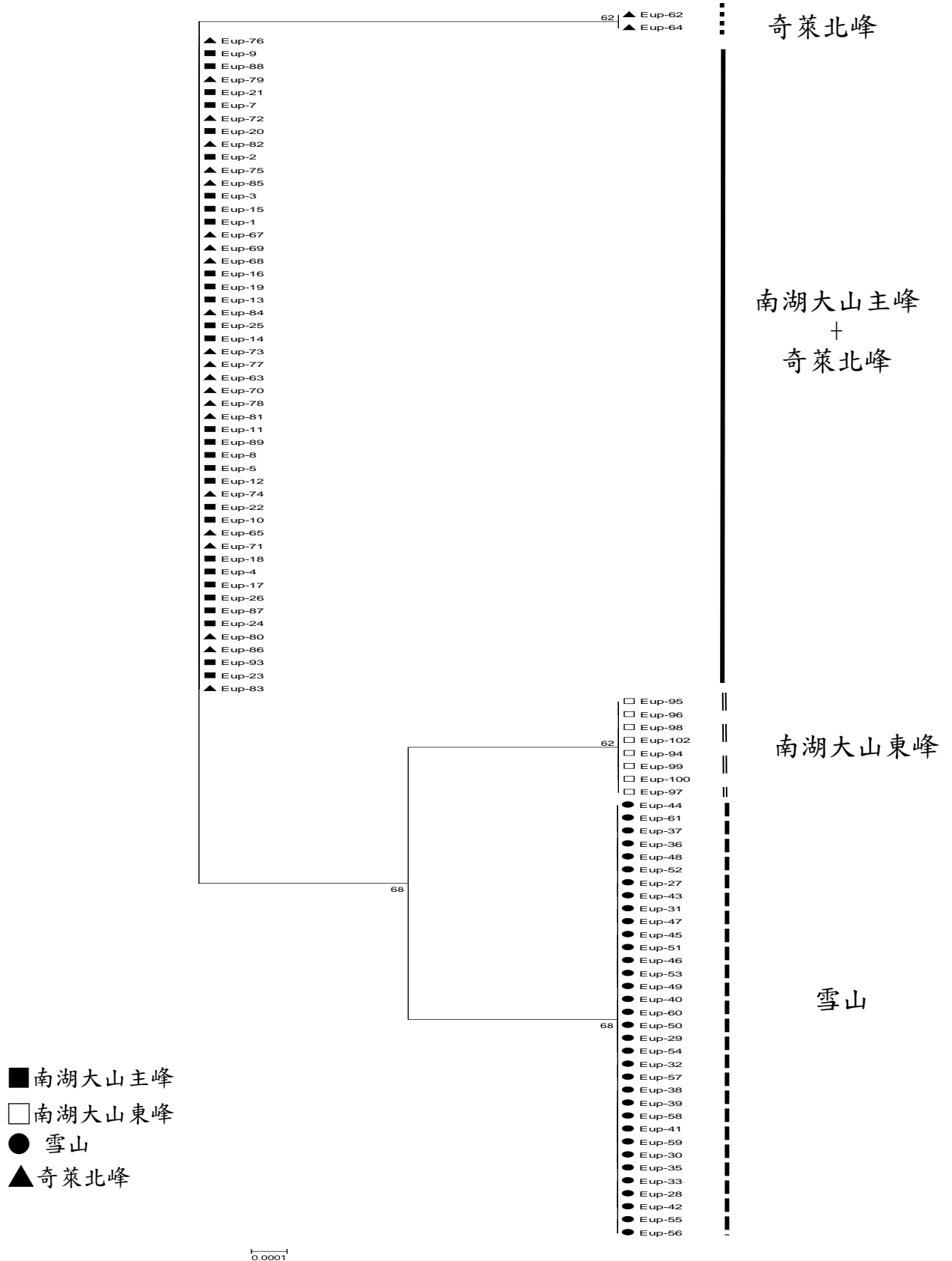
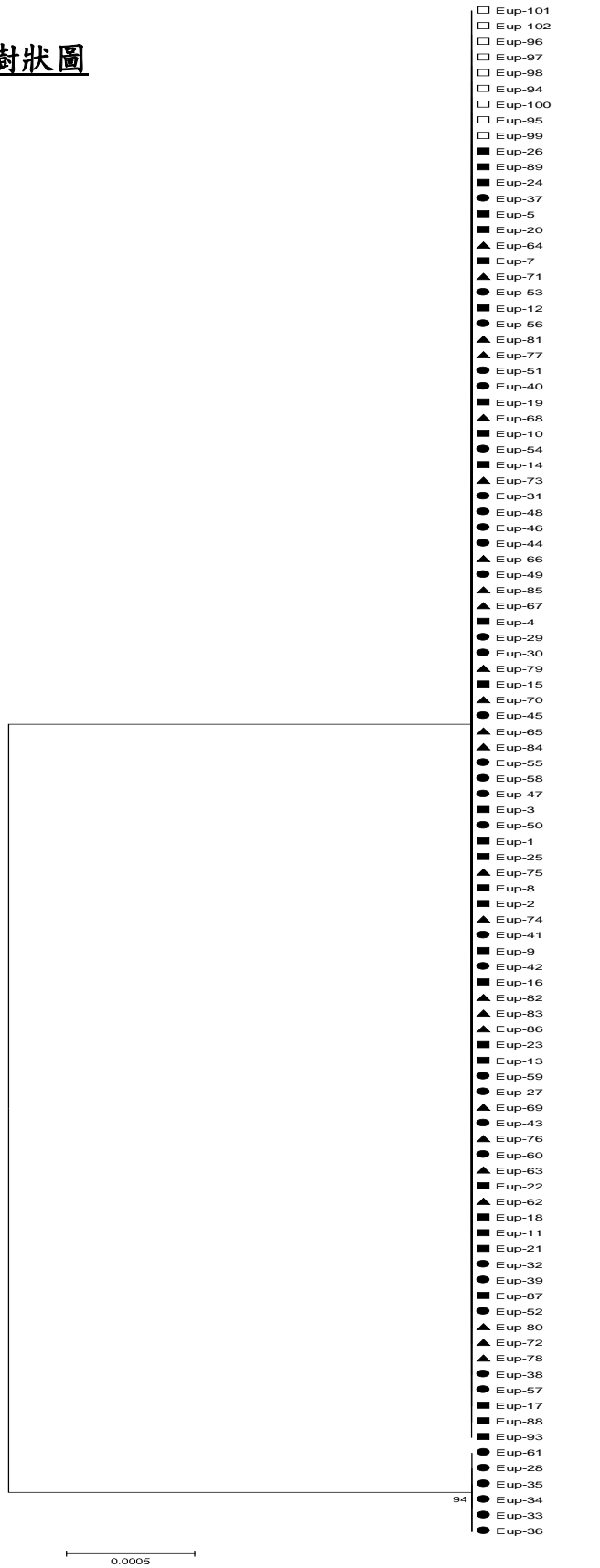


圖 11. 以聚類分析法所建構南湖碎雪草之 *trnL-F* 片段親緣樹狀圖。

***rpL16* intron 親緣樹狀圖**

- 南湖大山主峰
- 南湖大山東峰
- 雪山
- ▲ 奇萊北峰



南湖大山主峰
+
南湖大山東峰
+
奇萊北峰
+
雪山

雪山

圖 12. 以聚類分析法所建構南湖碎雪草之 *rpL16* intron 片段親緣樹狀圖。

ITS 親緣樹狀圖

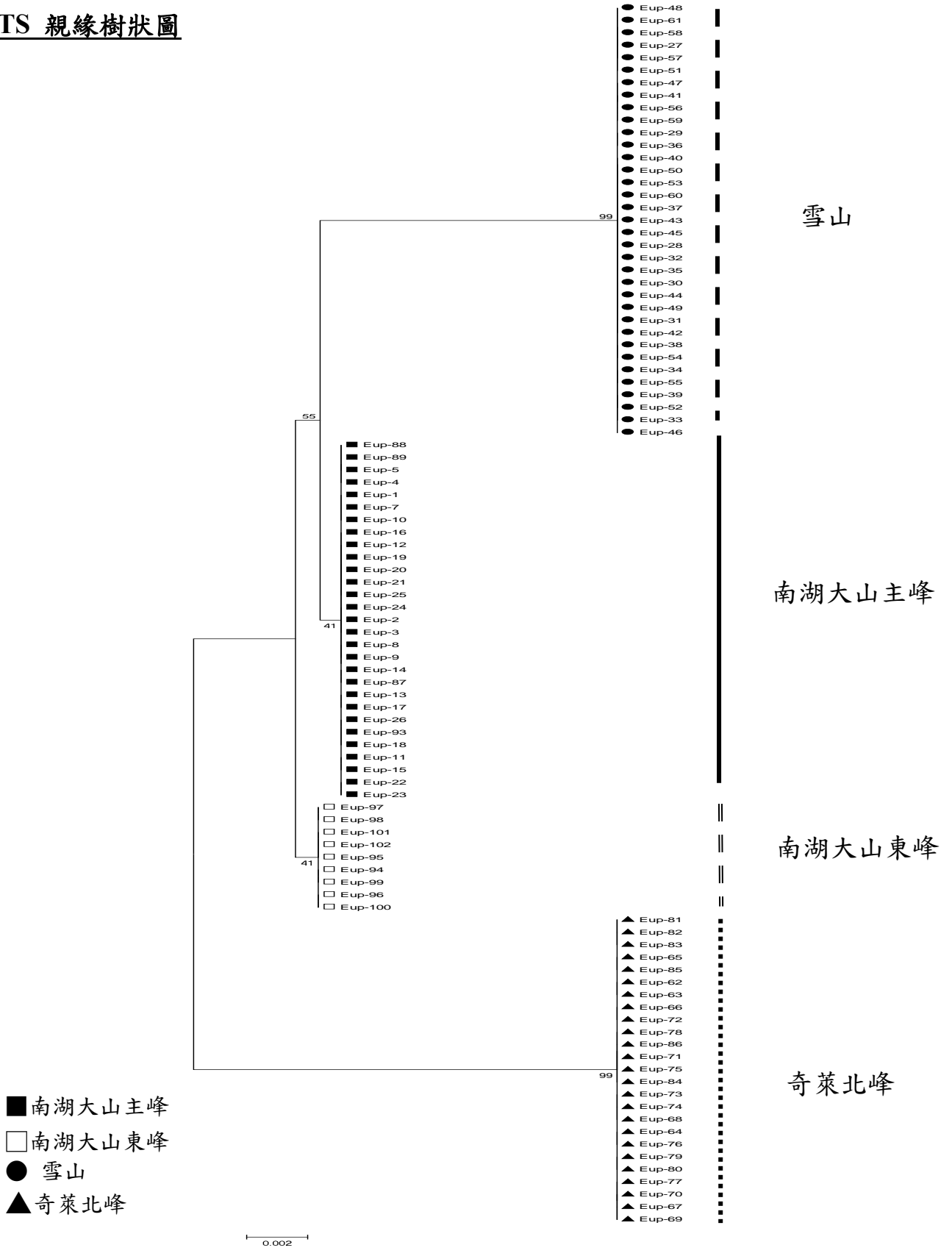


圖 13. 以聚類分析法所建構南湖碎雪草之 ITS 片段親緣樹狀圖。

***trnL-F+rpL16intron+ ITS* 親緣樹狀圖**

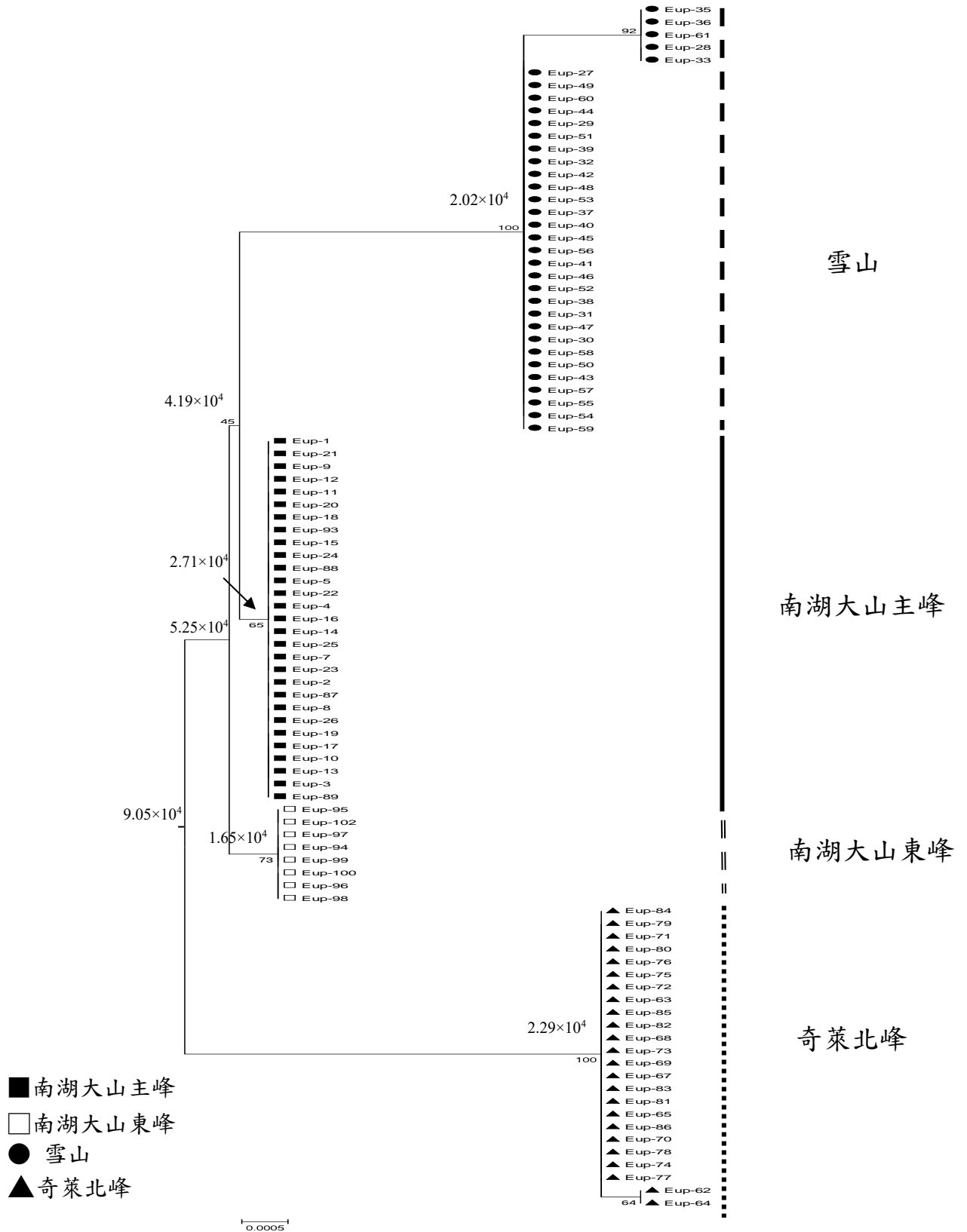


圖 14. 以聚類分析法結合三個基因座所建構南湖碎雪草之親緣樹狀圖。

1.4 遺傳分化及族群結構分析

利用 DnaSP 程式分析南湖碎雪草各族群之葉綠體及細胞核 DNA 片段之遺傳分化指數(F_{ST})，兩兩比較各族群間分化程度(表 13)。若單看南湖大山兩族群可以發現主峰跟東峰族群間在葉綠體 *rpL16* intron 呈現低度遺傳分化，葉綠體 *trnL-F* 及細胞核 ITS 標誌物則呈現高度的遺傳分化；在南湖大山與雪山其族群間葉綠體 DNA *trnL-F* 片段的遺傳分化指數 F_{ST} 為 0.82583，呈現高度的遺傳分化程度，相對於 *trnL-F* 片段，*rpL16* intron 片段則具有較低的遺傳分化指數，其 F_{ST} 為 0.14706，屬於中度遺傳分化程度，在細胞核 ITS 片段部分，同樣雪山及南湖大山間遺傳分化指數 F_{ST} 為 1.00000，呈現高度的遺傳分化，奇萊北峰族群在葉綠體 *trnL-F* 及 *rpL16* intron 片段與南湖大山族群呈現低至中度遺傳分化，但在細胞核 ITS 片段部分則呈現高度遺傳分化，然而奇萊北峰與雪山族群在 *rpL16* intron 片段呈現低至中度遺傳分化，但在 *trnL-F* 及 ITS 片段則呈現高度遺傳分化，綜合上述結果，不論在葉綠體及細胞核 DNA 片段，雪山及南湖大山兩山脈間存在高度的遺傳分化，但奇萊北峰族群與其他兩山脈則呈現低至高度遺傳分化。

表 13. 南湖碎雪草各族群間遺傳分化指數

	雪山	南湖大山	奇萊北峰		
			主峰	東峰	
<i>trnL-F</i>					
雪山	0.00000				
南湖大山	0.82583	0.00000			
主峰	1.00000	-	0.00000		
東峰	0.88889	-	0.87500	0.00000	
奇萊北峰	0.92643	0.15245	0.04348	0.80373	0.00000
<i>rpL16 intron</i>					
雪山	0.00000				
南湖大山	0.14706	0.00000			
主峰	0.14706	-	0.00000		
東峰	0.14706	-	0.00000	0.00000	
奇萊北峰	0.14706	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000
ITS					
雪山	0.00000				
南湖大山	1.00000	0.00000			
主峰	1.00000	-	0.00000		
東峰	1.00000	-	1.00000	0.00000	
奇萊北峰	1.00000	0.91155	1.00000	1.00000	0.00000

利用 STRUCTURE 2.3.4, 分析樣本的基因差異並進行分群分析, 並以 STRUCTURE HARVESTER 進行二階轉換根據 likelihood 值的事後機率 ΔK 值判斷最佳分群結果。此分析是結合三個分子標誌物進行歸群分析, 雪山、南湖大山及奇萊北峰族群分群結果如圖 15, 以 3 分群的 ΔK 值最高為 526.431。比較遺傳組成顯示雪山、南湖大山及奇萊北峰族群間具有不同的遺傳組成, 從圖 15 中可看出南湖大山不論主峰或東峰族群皆具有紅色遺傳組成, 雪山族群具有綠色的遺傳組成, 奇萊北峰族群則具有藍色的遺傳組成, 四個族群內個體其遺傳組成幾乎呈現同質化的現象。不論在遺傳分化指數及 STRUCTURE 分群分析都顯示三個山脈間應存在高度的遺傳分化, 而這樣高度的遺傳分化主要是由於地理上的隔離效應所造成。

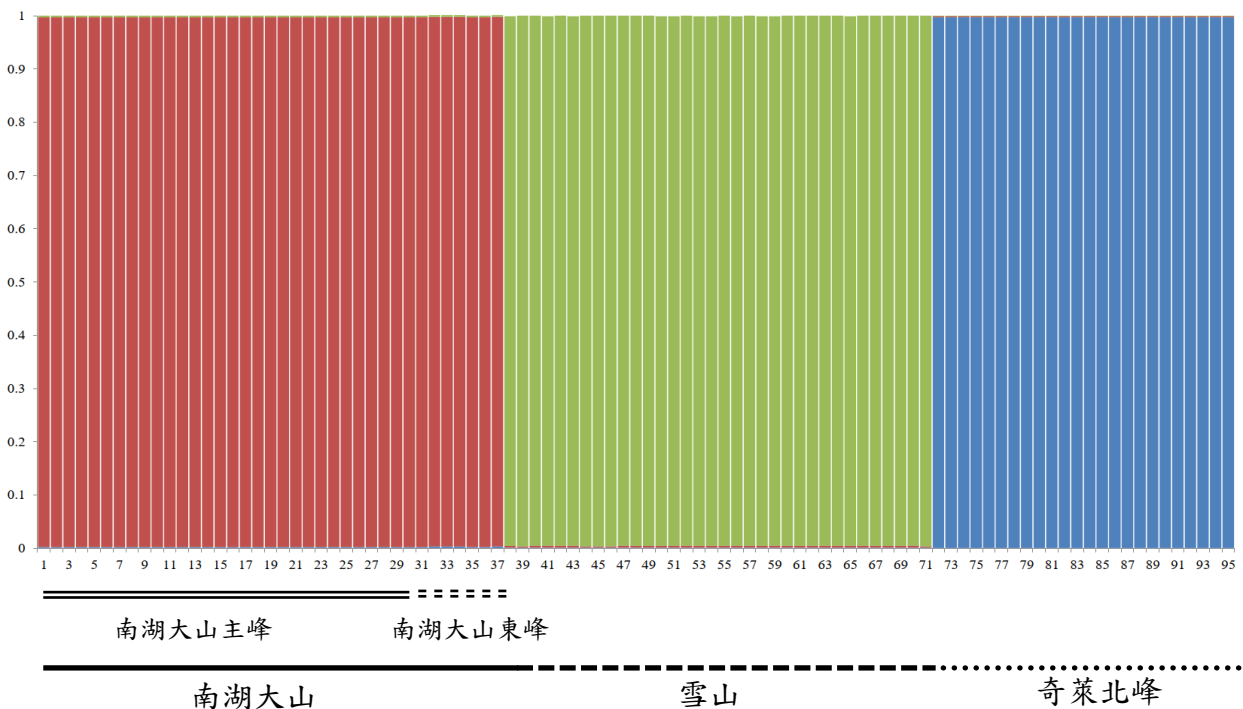


圖 15. STRUCTURE 軟體分析之南湖碎雪草遺傳組成圖(K=3)。

1.5 族群有效數量及族群動態分析

進一步利用 MIGRATE-N 檢測三山系之南湖碎雪草族群間族群動態，並且模擬南湖碎雪草族群之過往到現今族群動態及有效族群數量變化，因南湖碎雪草並無相關物種之葉綠體及細胞核 DNA 的突變速率可供參考，因此突變速率的使用方面，參考現有阿拉伯芥的突變速率做計算 (Huang *et al.*, 2012)，其葉綠體 DNA=0.044–0.261×10⁻⁸ /per site/per year，細胞核 DNA=0.448–0.986×10⁻⁸ /per site/per year，由於本分析是結合 2 個葉綠體 DNA 標誌物 (*trnL-F* 及 *rpL16*)及 1 個細胞核標誌物(ITS)進行分析，因此利用幾何平均數方式計算三個分子標誌物的幾何平均突變率，其值為 7.326×10⁻⁷–2.513×10⁻⁵。並依照 $\theta=4Ne\mu$ 進一步計算族群有效數量，根據 MIGRATE-N 檢測結果顯示南湖大山、雪山及奇萊北峰族群的 θ 值分別為 0.00054、0.00042 及 0.00043，整體為 0.00170，顯示南湖大山族群具有較高的有效族群數量，根據換算結果顯示南湖大山族群其有效族群數量介於 5.37-184.43，其中南湖主峰介於 3.38-116.03，東峰則介於 3.78-129.68，雪山族群介於 4.177-143.33，而奇萊北峰族群則介於 4.276-146.73，整體有效族群數量則介於 16.91-580.13 個個體(表 14)，此結果也於先前遺傳多樣性分析(表 10、11、12)結果相符合，顯示南湖大山相對於雪山及奇萊北峰族群具有較高的遺傳多樣性。

表 14. 南湖碎雪草各族群之有效族群數量評估

	族群	θ	幾何平均突變速率(μ)		有效族群數量(Ne)	
			上限	下限	上限	下限
南湖大山	NH	0.00054	2.513×10 ⁻⁵	7.326×10 ⁻⁷	184.43	5.37
主峰	NH1	0.00034	2.513×10 ⁻⁵	7.326×10 ⁻⁷	116.03	3.38
東峰	NH2	0.00038	2.513×10 ⁻⁵	7.326×10 ⁻⁷	129.68	3.78
雪山	XU	0.00042	2.513×10 ⁻⁵	7.326×10 ⁻⁷	143.33	4.177
奇萊北峰	CLN	0.00043	2.513×10 ⁻⁵	7.326×10 ⁻⁷	146.73	4.276
全部	Total	0.00170	2.513×10 ⁻⁵	7.326×10 ⁻⁷	580.13	16.91

為了解南湖碎雪草族群過往到現今的族群數量變化，需先了解物種的突變速率及世代時間。採用本研究中所計算之幾何平均突變速率 2.513×10^{-5} 為依據，另假設南湖碎雪草的世代時間為 1 年，以進行時間座標軸的換算，換算顯示時間坐標軸範圍為現今到過去 600 年之間。在族群動態圖結果顯示，南湖大山族群在過往 300 年內其族群量持續縮減。在雪山族群從過去 100-900 年間則亦經歷擴張及縮減過，然而 300-400 年其族群數量呈現上升的現象，其有效族群數量在現今到 100 年前其族群數量是持續呈現下降的趨勢，同樣的奇萊北峰族群與上述兩族群呈現類似的模式，在過往曾多次擴張及縮減過，且 100 年內則族群量持續減少。若將所有族群視為單一族群進行族群動態評估，則顯示南湖碎雪草物種其族群量呈現持續萎縮的情形(圖 16)。

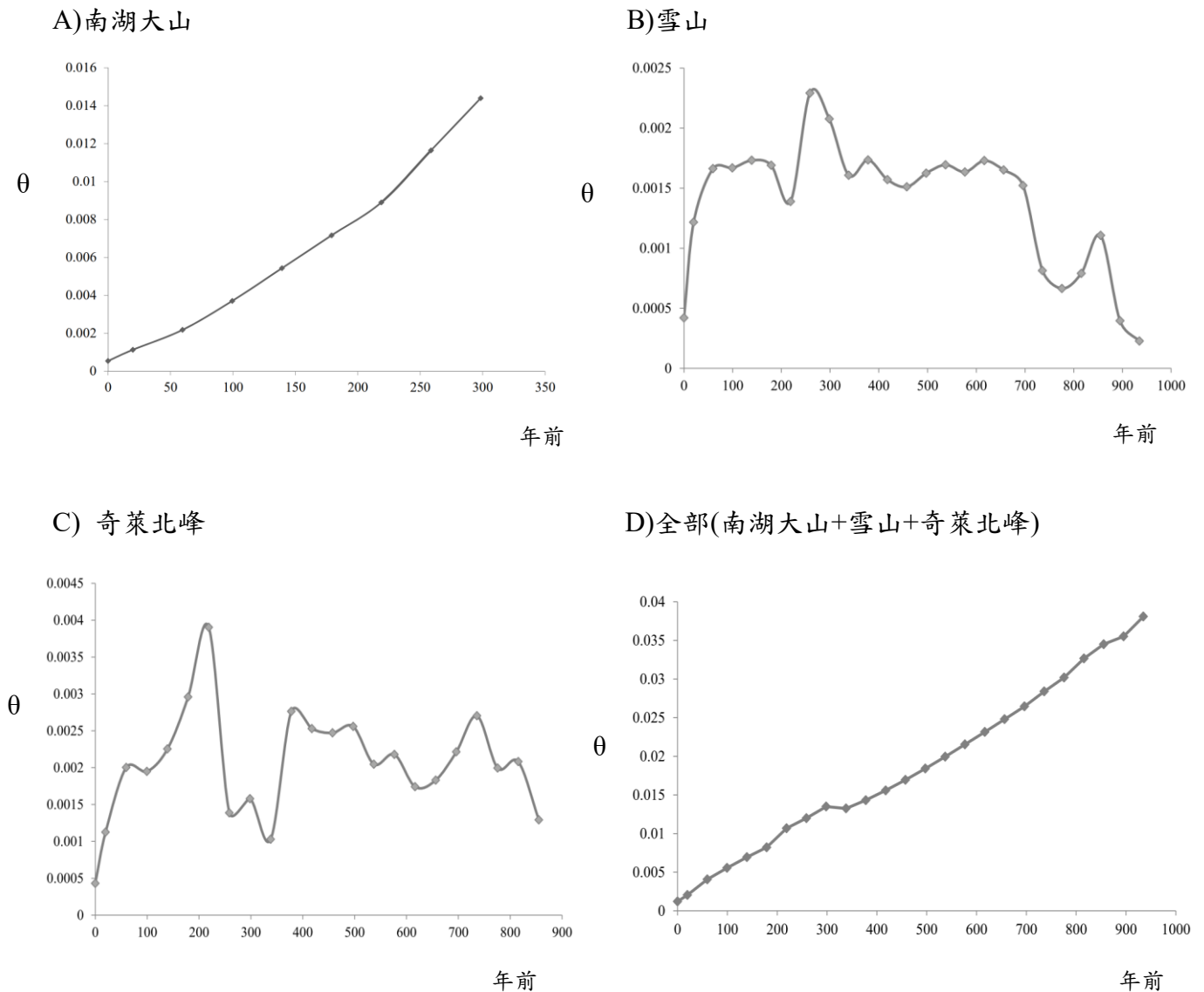


圖 16. 雪山、南湖大山及奇萊北峰南湖碎雪草族群動態分析圖。

2. 南湖柳葉菜

2.1 核苷酸鹼基組成分析

利用 MEGA6.0 程式分析南湖柳葉菜之葉綠體及細胞核 DNA 片段多型性位點、單一突變位點、及具有訊息多型性位點(表 15)。得知南湖柳葉菜其葉綠體 DNA *trnL-F* 片段長度為 846 bp，不具有遺傳變異，所有樣本具有相同的 DNA 組成，核苷酸平均組成各為：腺嘌呤(A: adenine)佔 34.2%；胸腺嘧啶(T: thymine)佔 30.6%，鳥糞嘌呤(G: guanine)佔 18.6%；胞嘧啶(C: cytosine)佔 16.6%。因此後續遺傳多樣性及族群遺傳結構分析將不包含此基因片段。

葉綠體DNA *rpS16 intron* 片段長度為 839 bp，共有 6 個變異位置，佔全長 0.72%，全部 6 個具有親緣系統訊息，核苷酸平均組成各為：腺嘌呤(A: adenine)佔 33.0%；胸腺嘧啶(T: thymine)佔 32.1%，鳥糞嘌呤(G: guanine)佔 18.2%；胞嘧啶(C: cytosine)佔 16.7%。

細胞核ITS 基因片段長度為 677 bp，共有 3 個變異位置，佔全長 0.44%，全部 3 個皆具有親緣系統訊息，核苷酸平均組成各為：腺嘌呤(A: adenine)佔 20.5%；胸腺嘧啶(T: thymine)佔 23.2%，鳥糞嘌呤(G: guanine)佔 29.6%；胞嘧啶(C: cytosine)佔 26.7%。

表 15. 本研究中南湖柳葉菜所選用葉綠體及細胞核 DNA 基因座片段的序列長度和變異位點資料

	基因座	數目	長度(bp)	變異位點	具有訊息多型性位點	單型數目
葉綠體	<i>trnL-F</i>	60	846	0	0	1
	<i>rpS16</i>	54	839	6	6	17
細胞核	ITS	60	677	3	3	7

2.2 遺傳變異分析

2.2.1 葉綠體 DNA *rpS16* intron 片段

南湖柳葉菜 *rpS16* intron 片段種內的核苷酸歧異度 π 為 0.00310，具有 17 個單型，且單型多型性為 0.851，Tajima's D 值為 2.45076，具顯著性(表 16)。接著看三個不同山脈族群顯示，南湖大山族群核苷酸歧異度 π 為 0.00328，具有 14 個單型，單型歧異度為 0.884，其中南湖大山北峰族群相較於東峰族群具有較高的遺傳多樣性；雪山族群其核苷酸歧異度 π 為 0.00347，具有 6 個單型，單型歧異度為 0.800；奇萊主峰族群核苷酸歧異度 π 為 0.00202，具有 6 個單型，單型歧異度為 0.762。綜合上述結果顯示雪山族群具有較高的遺傳多樣性，而奇萊主峰族群具有最低的遺傳多樣性。

表 16. 南湖柳葉菜 *rpS16* intron 片段雪山、南湖大山及奇萊主峰族群之單型數目、單型多型性、核苷酸歧異度及 Tajima's D 分析

族群	數目	單型數目	單型多型性 (Hd)	核苷酸歧異度 (π)	Tajima's D
南湖大山	28	14	0.884	0.00328	2.28263*
北峰 NH1	14	6	0.791	0.00352	2.03456*
東峰 NH2	14	10	0.945	0.00304	1.26095
雪山					
XU	11	6	0.800	0.00347	1.66312
奇萊主峰					
CLM	15	6	0.762	0.00202	1.21192
全部	54	17	0.851	0.00310	2.45076*

*, P<0.05

2.2.2 細胞核 DNA ITS 片段

南湖柳葉菜 ITS 片段種內的核苷酸歧異度 π 為 0.00219，具有 7 個單型，且單型多型性為 0.733，Tajima's D 值為 2.52375，具顯著性(表 17)。三個不同山脈族群顯示，南湖大山族群核苷酸歧異度 π 為 0.00188，具有 6 個單型，單型歧異度為 0.653，其中南湖大山北峰族群相較於東峰族群具有較高的遺傳多樣性；雪山族群其核苷酸歧異度 π 為 0.00063，僅具有 2 個單型，單型歧異度為 0.419；奇萊主峰族群核苷酸歧異度 π 為 0.00080，僅具有 2 個單型，單型歧異度為 0.533。綜合上述結果顯示南湖大山族群具有最高的遺傳多樣性，而雪山族群具有最低的遺傳多樣性。

表 17. 南湖柳葉菜 ITS 片段雪山、南湖大山及奇萊主峰族群之單型數目、單型多型性、核苷酸歧異度及 Tajima's D 分析

族群	數目	單型數目	單型多型性 (Hd)	核苷酸歧異度 (π)	Tajima's D
南湖大山	30	6	0.653	0.00188	1.54735
北峰 NH1	15	4	0.667	0.00220	1.75400
東峰 NH2	15	5	0.629	0.00151	0.28014
雪山					
XU	15	2	0.419	0.00063	0.74210
奇萊主峰					
CLM	15	2	0.533	0.00080	1.50272
全部	60	7	0.733	0.00219	2.52375*

*, P<0.05

2.3 親緣樹狀圖之建構

在葉綠體 DNA *rpS16* intron 片段樹狀圖中(圖 17)，同樣可將南湖柳葉菜分為兩個支系，其中一個支系包含全部奇萊主峰族群個體、部分南湖大山個體及大部分雪山族群的個體，另一支系則僅包含南湖大山個體及雪山族群的部分個體。細胞核 DNA ITS 片段，可將南湖柳葉菜分為二個支系(圖 18)，所有雪山、奇萊主峰及部分南湖大山個體群聚在同一個支系，另一支系則僅包含南湖大山的個體。結合三個不同分子標誌物進行親緣樹狀圖分析顯示可將南湖柳葉菜分為三個支系(圖 19)，其中一個支系包含南湖大山、雪山及奇萊主峰族群個體，第二個支系則僅包含南湖大山的個體，第三個支系則包含南湖大山及雪山族群個體。

***rpS16* intron 親緣樹狀圖**

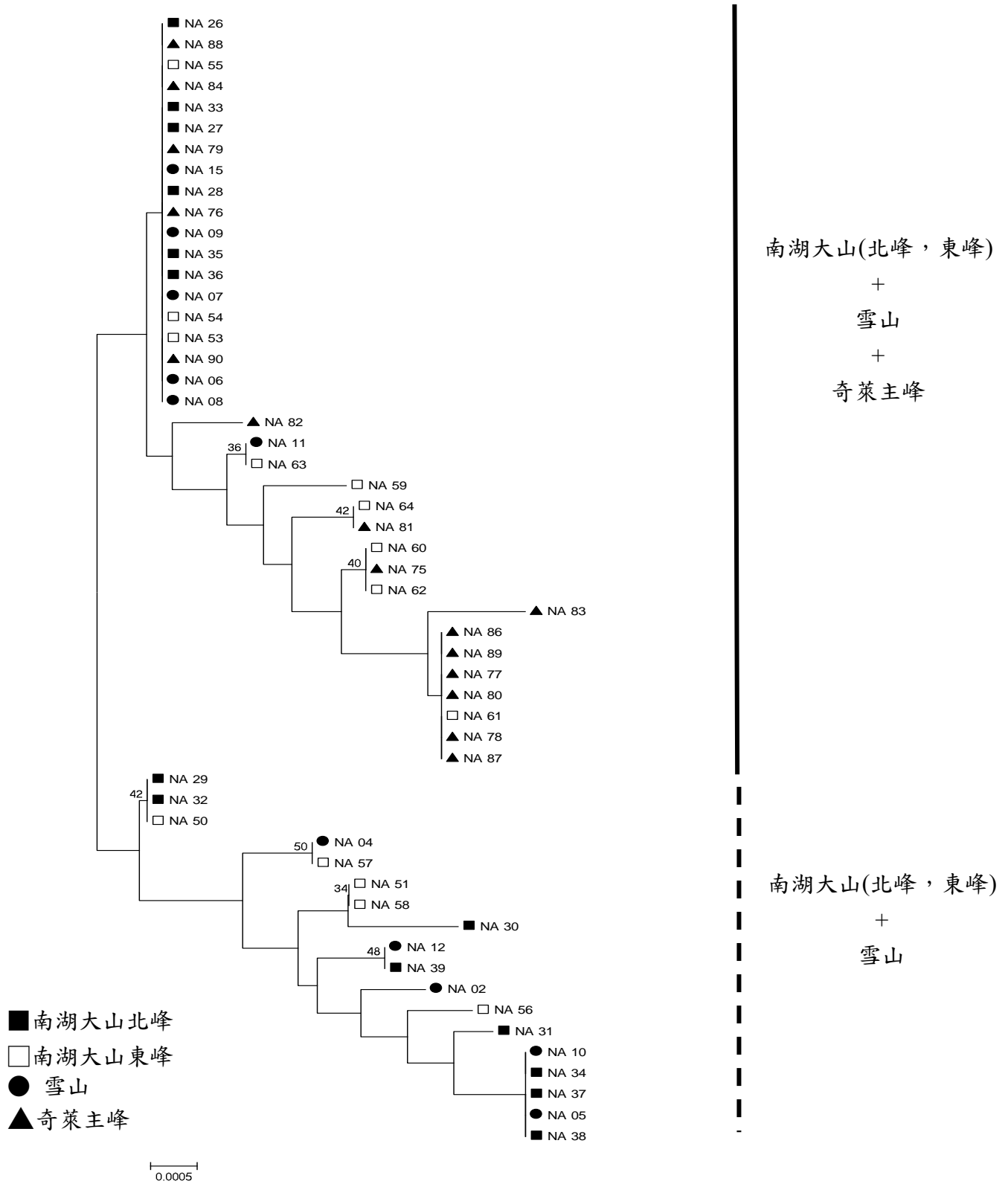


圖 17. 以聚類分析法所建構南湖柳葉菜之 *rpS16* intron 片段親緣樹狀圖。

ITS 親緣樹狀圖

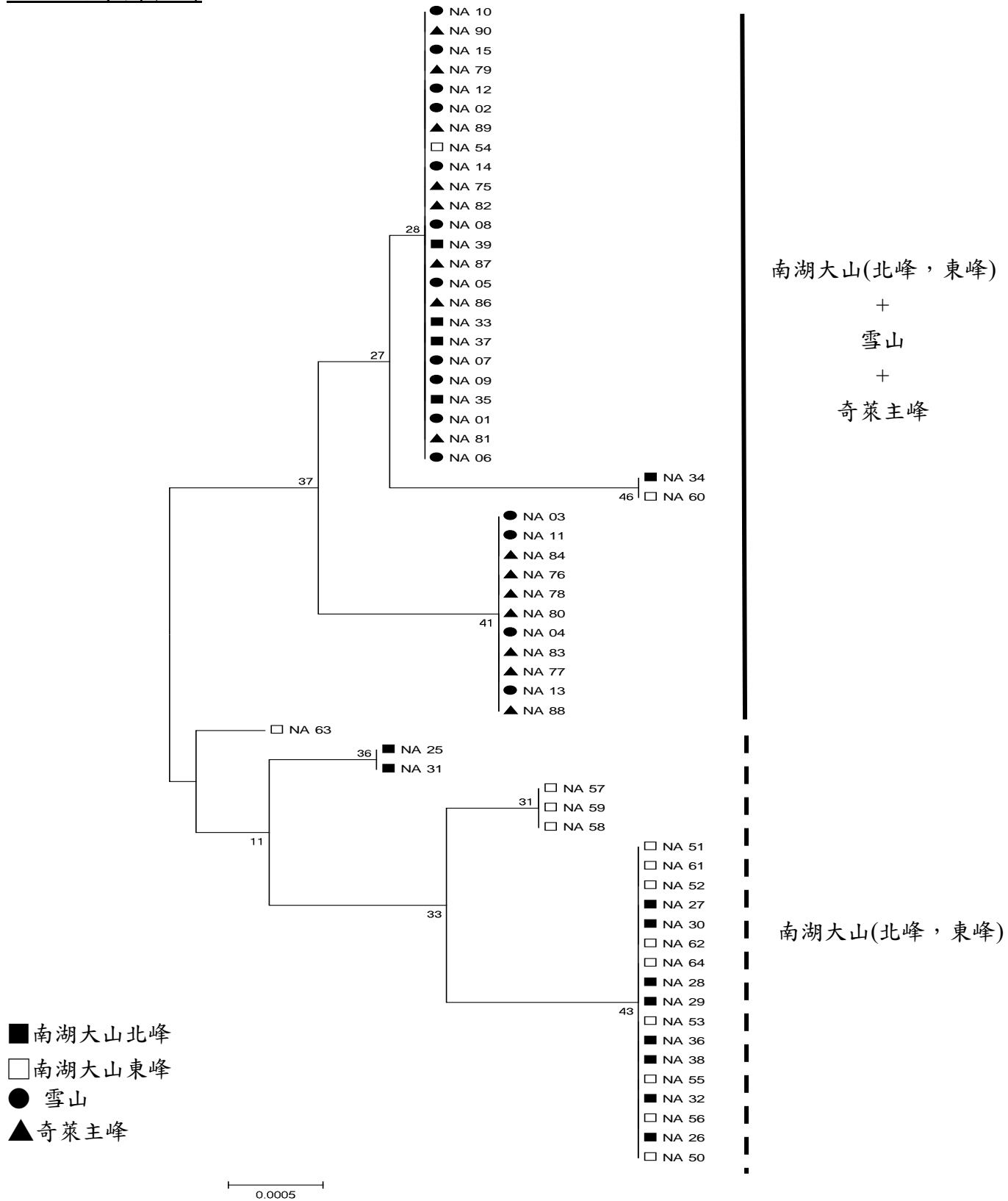


圖 18. 以聚類分析法所建構南湖柳葉菜之 ITS 片段親緣樹狀圖。

***rpS16* intron+ITS 親緣樹狀圖**

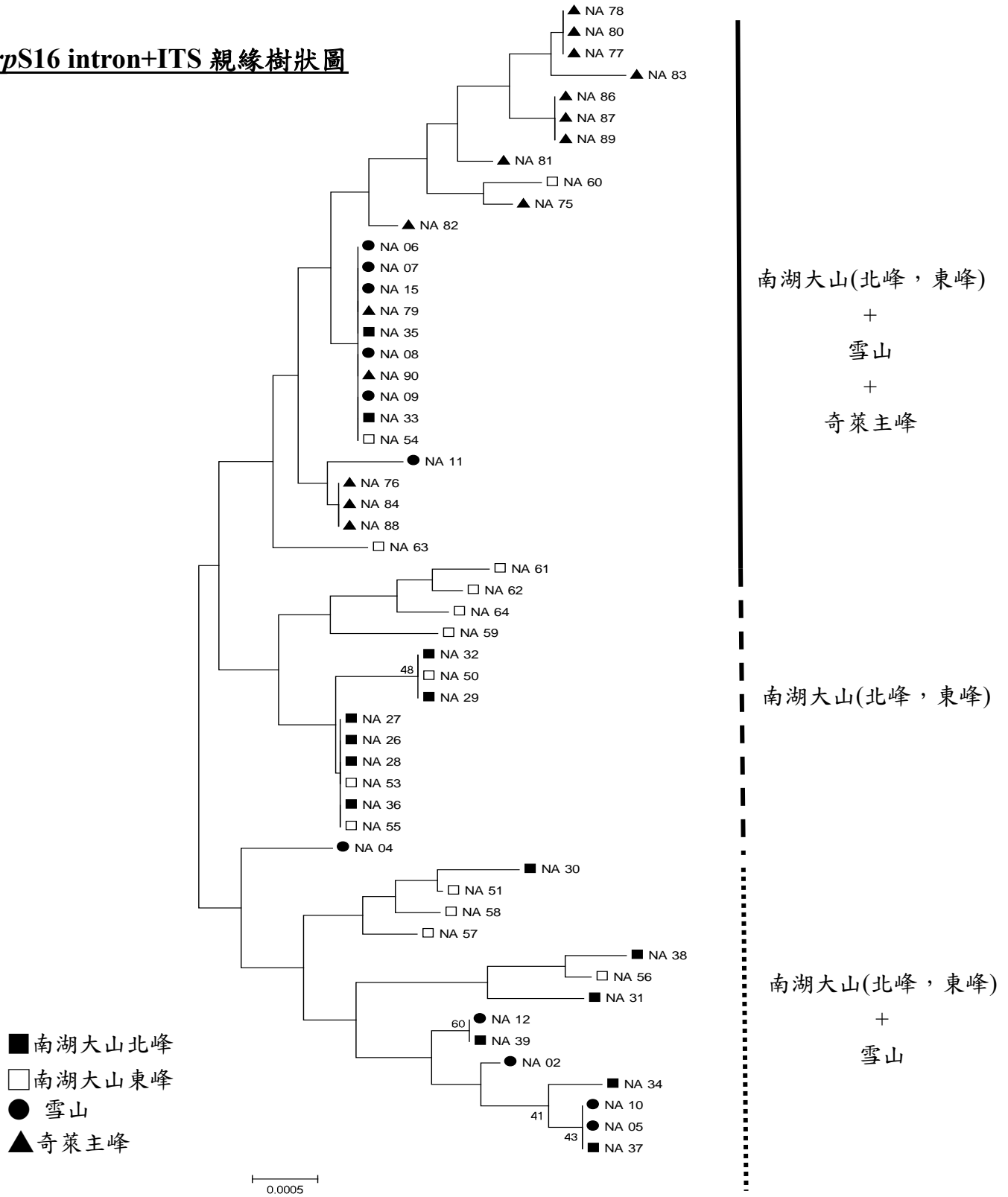


圖 19. 以聚類分析法結合二個基因座所建構南湖柳葉菜之親緣樹狀圖。

2.4 遺傳分化及族群結構分析

在葉綠體 DNA *rpS16* intron 片段，雪山與南湖大山族群間的遺傳分化指數 F_{ST} 為 0.05200，呈現低度遺傳分化程度，與奇萊主峰族群卻是呈現中度遺傳分化，其 F_{ST} 為 0.13865；然而南湖大山與奇萊主峰族群亦呈現中度遺傳分化，其 F_{ST} 為 0.13247，其中南湖大山東峰族群與奇萊主峰族群呈現低度遺傳分化。相對於 *rpS16* intron 片段具有中至低的遺傳分化，在細胞核 ITS 片段部分，多數族群間呈現高度遺傳分化情形，如雪山與南湖大山族群間其 F_{ST} 為 0.59407、南湖大山與奇萊主峰族群其 F_{ST} 為 0.55485。南湖柳葉菜在葉綠體 DNA 片段呈現中至低度遺傳分化，但細胞核 DNA 片段則呈現高度遺傳分化(表 18)。

表 18. 南湖柳葉菜各族群間遺傳分化指數

	雪山	南湖大山	奇萊主峰		
			北峰	東峰	
<i>rpS16</i>					
雪山	0.00000				
南湖大山	0.05200	0.00000			
北峰	0.05765	-	0.00000		
東峰	0.04554	-	0.00085	0.00000	
奇萊主峰	0.13865	0.13247	0.20329	0.03946	0.00000
ITS					
雪山	0.00000				
南湖大山	0.59407	0.00000			
北峰	0.48881	-	0.00000		
東峰	0.68672	-	0.02597	0.00000	
奇萊主峰	0.01704	0.55485	0.43750	0.65561	0.00000

STRUCTURE 分析結果顯示雪山、南湖大山及奇萊主峰三山脈間分群結果如圖 20，結果顯示以 3 分群的 ΔK 值最高為 3.162917。比較遺傳組成顯示雪山與奇萊主峰族群具有較相似的遺傳組成，而南湖大山與其他兩族群則呈現較為不同的遺傳組成，從圖 20 中可看出雪山與奇萊主峰族群以紅色跟藍色的遺傳組成為主，南湖大山族群則以綠色遺傳組成為主，亦參雜部分紅色跟藍色的遺傳組成，且北峰跟東峰兩族群其遺傳組成亦相近。從上述遺傳分化指數及 STRUCTURE 分群分析都顯示南湖大山與其他兩族群間存在高度的遺傳分化，雪山跟奇萊主峰族群則呈現較低的遺傳分化程度。

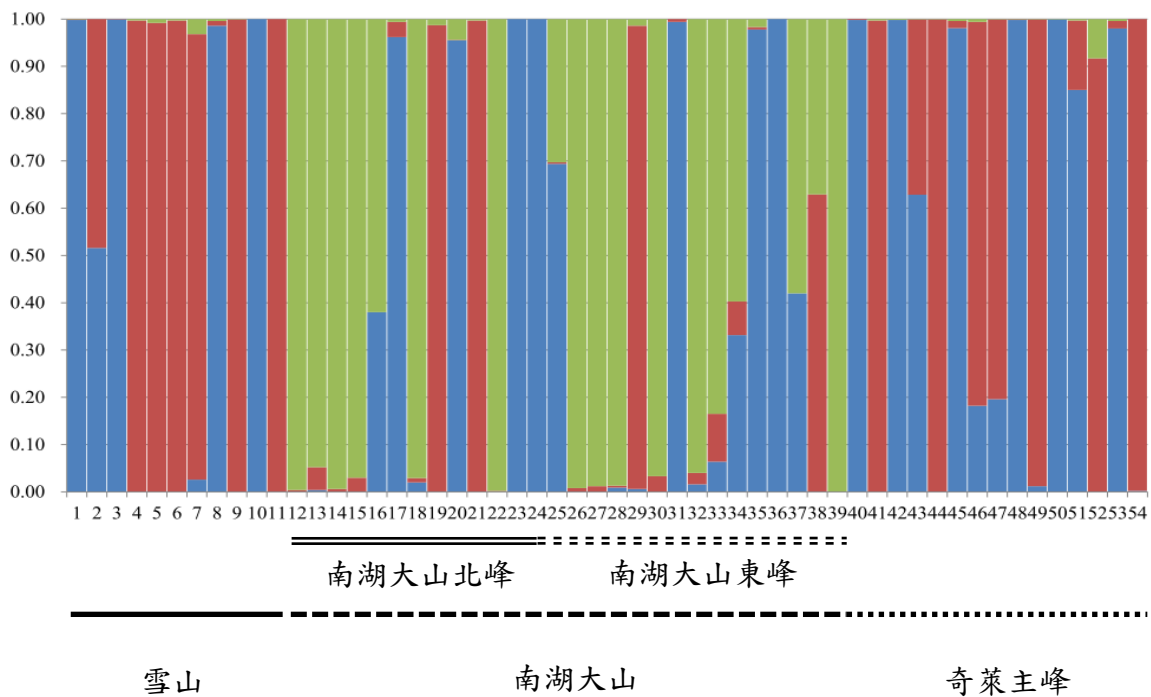


圖 20. STRUCTURE 軟體分析之南湖柳葉菜遺傳組成圖(K=3)。

2.5 族群有效數量及族群動態分析

本分析結合葉綠體 DNA *rpS16* 及細胞核 DNA ITS 進行分析，因此利用幾何平均數方式計算兩個分子標誌物的幾何平均突變率，其值為 1.06×10^{-6} – 3.82×10^{-6} 。並依照 $\theta = 4N_e\mu$ 進一步計算族群有效數量，結果顯示雪山、南湖大山及奇萊主峰族群的 θ 值分別為 0.00141、0.00434 及 0.00101，整體為 0.00400，顯示南湖大山族群具有較高的有效族群數量，根據換算結果顯示南湖大山族群其有效族群數量介於 284.03-1023.58，雪山族群其有效族群數量則介於 92.27-332.54，而奇萊主峰族群其有效族群數量則介於 66.09-238.20，整體有效族群數量則介於 261.78-943.39 個個體，這樣的結果也於先前遺傳多樣性分析(表 19)結果相符合，顯示南湖大山族群具有較高的遺傳多樣性。

表 19. 南湖柳葉菜各族群之有效族群數量評估

	族群	θ	幾何平均突變速率(μ)		有效族群數量(N_e)	
			上限	下限	上限	下限
南湖大山	NH	0.00434	3.82×10^{-6}	1.06×10^{-6}	1023.58	284.03
	北峰	NH1	3.82×10^{-6}	1.06×10^{-6}	426.88	118.45
	東峰	NH2	3.82×10^{-6}	1.06×10^{-6}	294.81	81.71
雪山	XU	0.00141	3.82×10^{-6}	1.06×10^{-6}	332.54	92.27
奇萊主峰	CLM	0.00101	3.82×10^{-6}	1.06×10^{-6}	238.20	66.09
全部	Total	0.00400	3.82×10^{-6}	1.06×10^{-6}	943.39	261.78

南湖柳葉菜族群動態分析則採用本研究中所計算之幾何平均突變速率 3.82×10^{-6} 為依據，另假設南湖柳葉菜的世代時間為 1 年以進行時間座標軸的換算，換算顯示時間坐標軸範圍為現今到過去 3,500 年之間。在族群動態圖結果顯示，南湖大山族群在過往 100-700 年其族群量曾持續擴張，然而大約到 100 多年前其族群數量有持續下降的趨勢。在雪山族群則曾至少經歷過兩次擴張及縮減現象，然而約 1500 年前開始族群量持續下降，同樣的奇萊主峰族群與雪山族群呈現類似的模式，約 1500 年前開始族群量持續下降。若將三個族群視為單一族群進行族群動態評估，則顯示南湖柳葉菜物種其族群量大約在 500 年前有擴張的現象，但至 100 多年前則族群量開始下降(圖 21)。

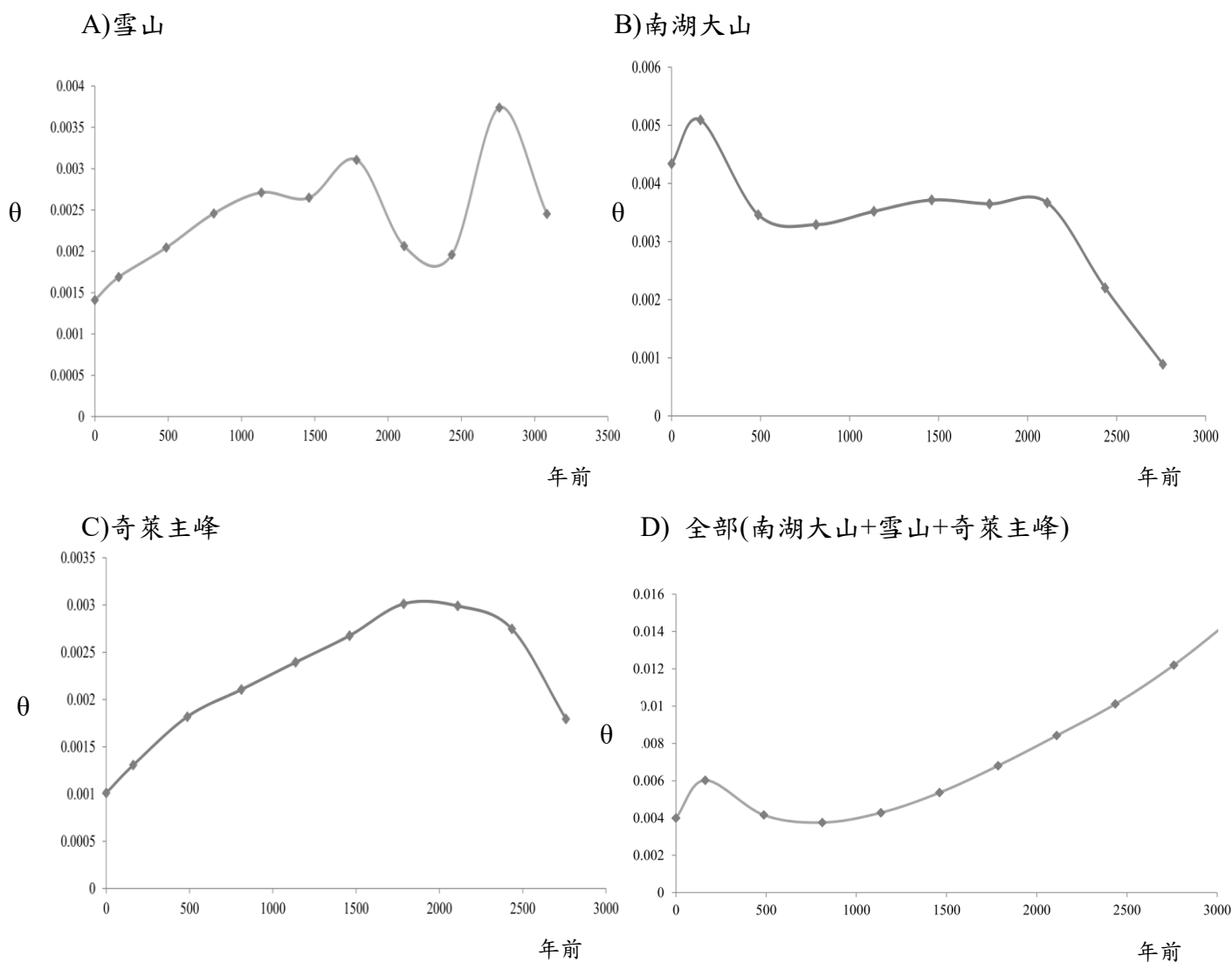


圖 21. 雪山、南湖大山及奇萊主峰南湖柳葉菜族群動態分析圖。

3. 雪山馬蘭

3.1 核苷酸鹼基組成分析

利用 MEGA6.0 程式分析雪山馬蘭之葉綠體及細胞核 DNA 片段多型性位點、單一突變位點及具有訊息多型性位點 (表 20)。得知雪山馬蘭其葉綠體 DNA *trnL-F* 片段長度為 853bp，不具有遺傳變異，所有個體具有相同的 DNA 組成，核苷酸平均組成各為：腺嘌呤(A: adenine)佔 35.2%；胸腺嘧啶(T: thymine)佔 29.4%，鳥糞嘌呤(G: guanine)佔 18.1%；胞嘧啶(C: cytosine)佔 16.3%。因此後續遺傳多樣性及族群遺傳結構分析將不包含此基因片段。

葉綠體DNA *rpL16 intron* 片段長度為1027bp，共有17個變異位置，佔全長1.66%，全部17個具有親緣系統訊息，核苷酸平均組成各為：腺嘌呤(A: adenine)佔43.0%；胸腺嘧啶(T: thymine)佔30.8%，鳥糞嘌呤(G: guanine)佔14.0%；胞嘧啶(C: cytosine)佔12.2%。

細胞核ITS 基因片段長度為656bp，共有10個變異位置，佔全長1.52%，全部10個皆具有親緣系統訊息，核苷酸平均組成各為：腺嘌呤(A: adenine)佔23.8%；胸腺嘧啶(T: thymine)佔24.4%，鳥糞嘌呤(G: guanine)佔25.3%；胞嘧啶(C: cytosine)佔26.5%。

表 20. 本研究中雪山馬蘭所選用葉綠體及細胞核 DNA 基因座片段的序列長度和變異位點資料

	基因座	數目	長度(bp)	變異位點	具有訊息的多型性位點	單型數目
葉綠體	<i>trnL-F</i>	37	853	0	0	1
	<i>rpL16 intron</i>	39	1027	17	17	2
細胞核	ITS	39	656	10	10	3

3.2 遺傳變異分析

3.2.1 葉綠體 DNA *rpL16* intron 片段

雪山馬蘭 *rpL16* intron 片段種內的核苷酸歧異度 π 為 0.00045，具有 2 個單型，且單型多型性為 0.456，Tajima's D 值為 1.33537，不具顯著性(表 21)。接著看兩個不同山脈族群顯示，雪山族群核苷酸歧異度 π 為 0.00000，僅具有 1 個單型，單型歧異度為 0.000；南湖大山族群其核苷酸歧異度 π 為 0.00045，具有 2 個單型，單型歧異度為 0.456，Tajima's D 值為 1.09508，不具顯著性。綜合上述結果顯示南湖大山具有較高的遺傳多樣性，而雪山族群內不具有遺傳變異。

表 21. 雪山馬蘭 *rpL16* intron 片段雪山及南湖大山族群之單型數目、單型多型性、核苷酸歧異度及 Tajima's D 分析

	族群	數目	單型數目	單型多型性 (Hd)	核苷酸歧異度 (π)	Tajima's D
南湖大山	NH	19	2	0.456	0.00045	1.09508
雪山	XU	20	1	0.000	0.00000	-
全部			2	0.456	0.00045	1.33537

*, P<0.05

3.2.2 細胞核 DNA ITS 片段

雪山馬蘭 ITS 片段種內的核苷酸歧異度 π 為 0.00784，具有 3 個單型，且單型多型性為 0.561，Tajima's D 值為 3.49803，具顯著性(表 22)。接著看兩個不同山脈族群顯示，南湖大山族群核苷酸歧異度 π 為 0.00000，具有 1 個單型，單型歧異度為 0.000；雪山族群其核苷酸歧異度 π 為 0.00029，僅具有 2 個單型，單型歧異度為 0.189。綜合上述結果顯示雪山具有較高的遺傳多樣性，而南湖大山族群內不具有遺傳變異存在。

表 22. 雪山馬蘭 ITS 片段雪山及南湖大山族群之單型數目、單型多型性、核苷酸歧異度及 Tajima's D 分析

	族群	數目	單型數目	單型多型性 (Hd)	核苷酸歧異度 (π)	Tajima's D
南湖大山	NH	19	1	0.000	0.00000	-
雪山	XU	20	2	0.189	0.00029	-0.59155
全部		39	3	0.561	0.00784	3.49803*

*, P<0.05

3.3 親緣樹狀圖之建構

在葉綠體 DNA *rpL16* intron 片段樹狀圖中(圖 22)，可以發現雪山馬蘭可分為兩個不同支系，其中一個支系包含全部雪山族群個體及部分南湖大山個體，另一支系則僅包含南湖大山個體。然而在細胞核 DNA ITS 片段，同樣可將現雪山馬蘭分為二個支系(圖 23)，所有雪山個體群聚在同一個支系，另一支系則為全部南湖大山的個體。結合兩個不同分子標誌物進行親緣樹狀圖分析顯示可將現雪山馬蘭分為兩個不同支系(圖 24)，其中一個支系南湖大山族群個體，另一個支系則僅為雪山族群個體，從親緣樹狀圖分析可明顯發現兩山脈族群間應具有高度遺傳分化情形。接者計算族群的分歧時間點，由於本分析結合葉綠體 DNA *rpL16* 及細胞核 DNA ITS 進行分析，因此利用幾何平均數方式計算兩個分子標誌物的幾何平均突變率，其值為 1.15×10^{-6} – 4.16×10^{-6} ，此物種的形成時間約距今 5.15×10^4 年前，其中雪山族群分歧時間點約距今 1.87×10^4 年前、南湖大山族群分歧時間點約距今 1.97×10^4 年前。

rpL16 intron 親緣樹狀圖

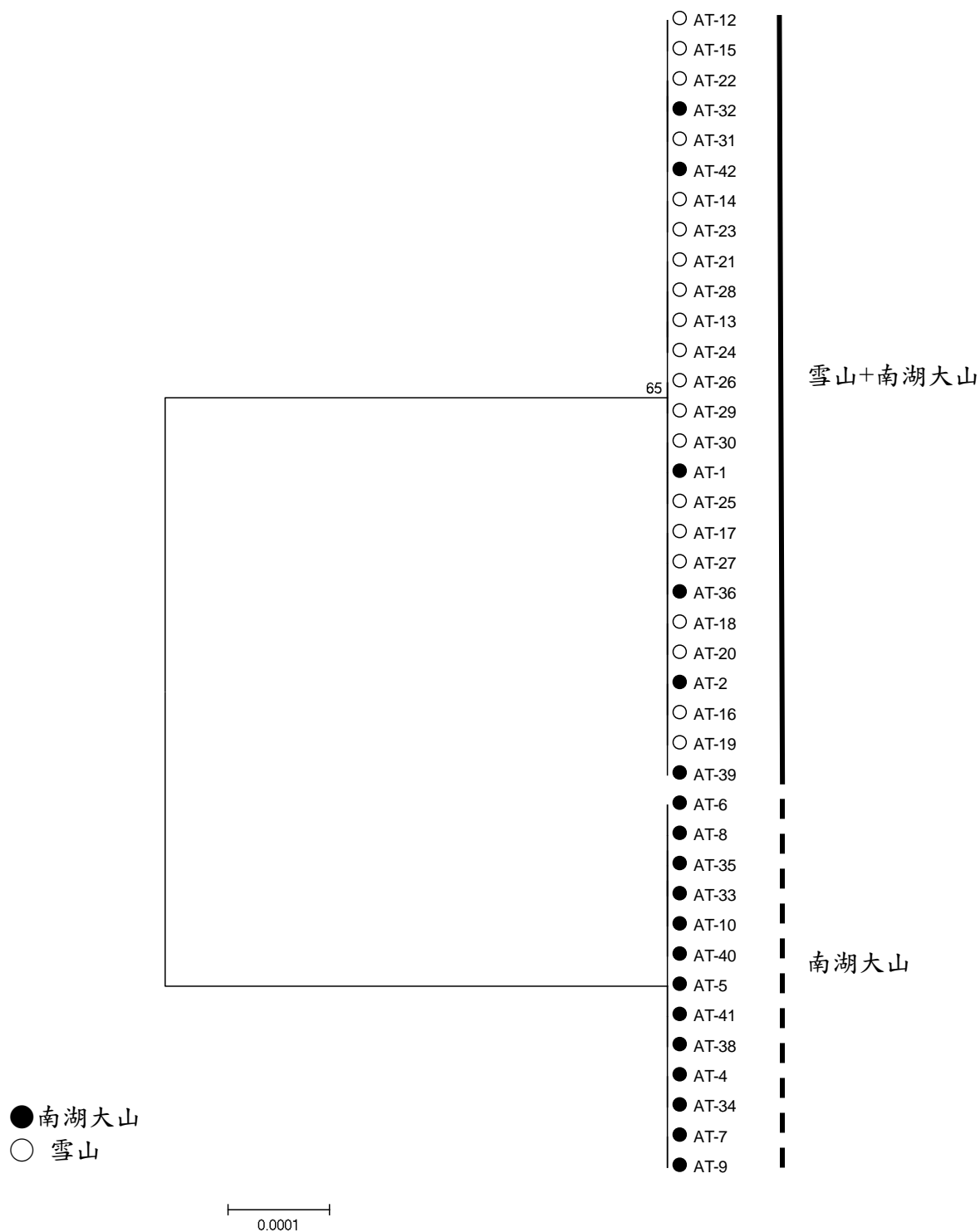


圖 22. 以聚類分析法所建構雪山馬蘭之 *rpL16* intron 片段親緣樹狀圖。

ITS 親緣樹狀圖

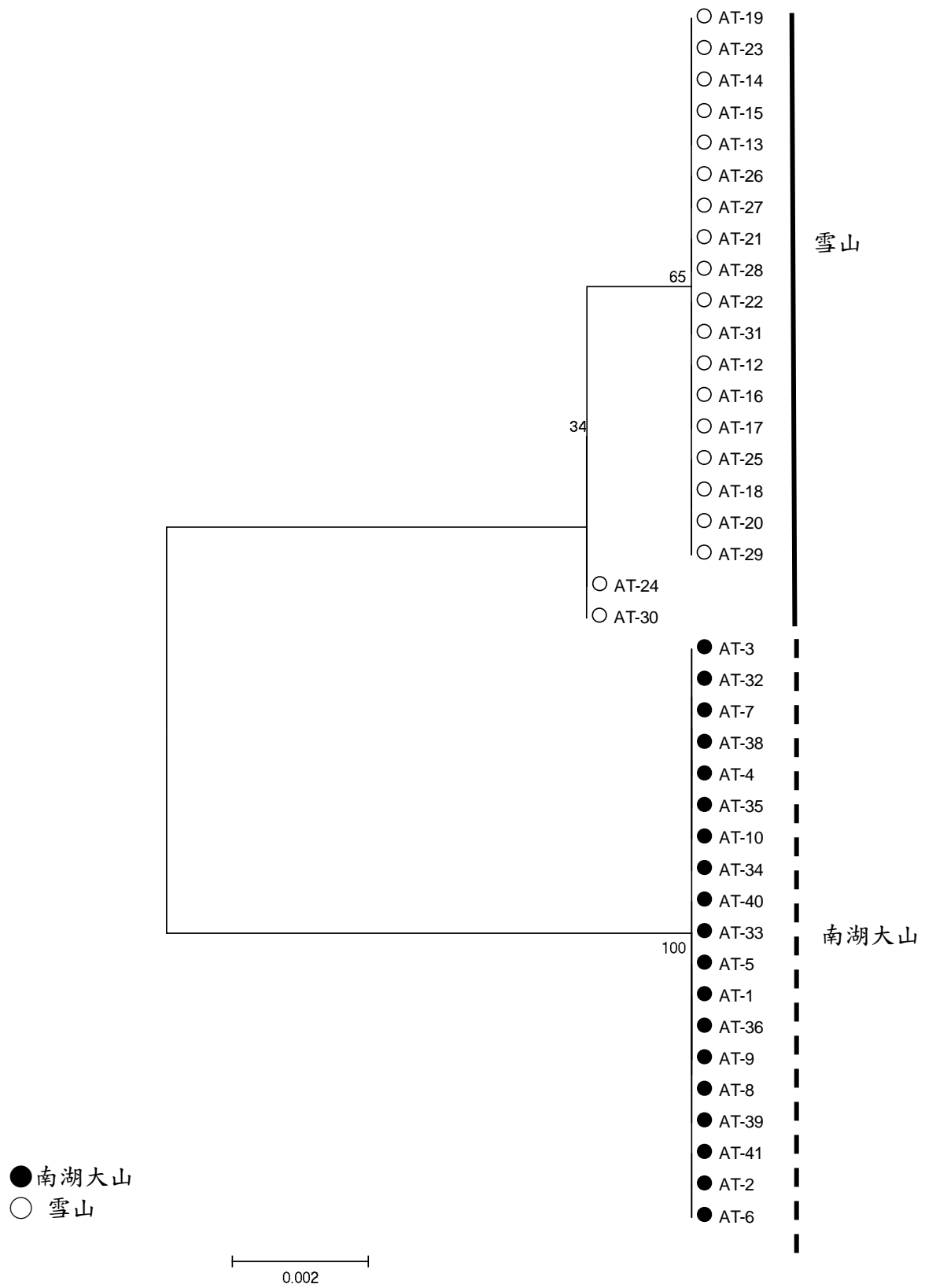


圖 23. 以聚類分析法所建構雪山馬蘭之 ITS 片段親緣樹狀圖。

rpL16 intron+ITS 親緣樹狀圖

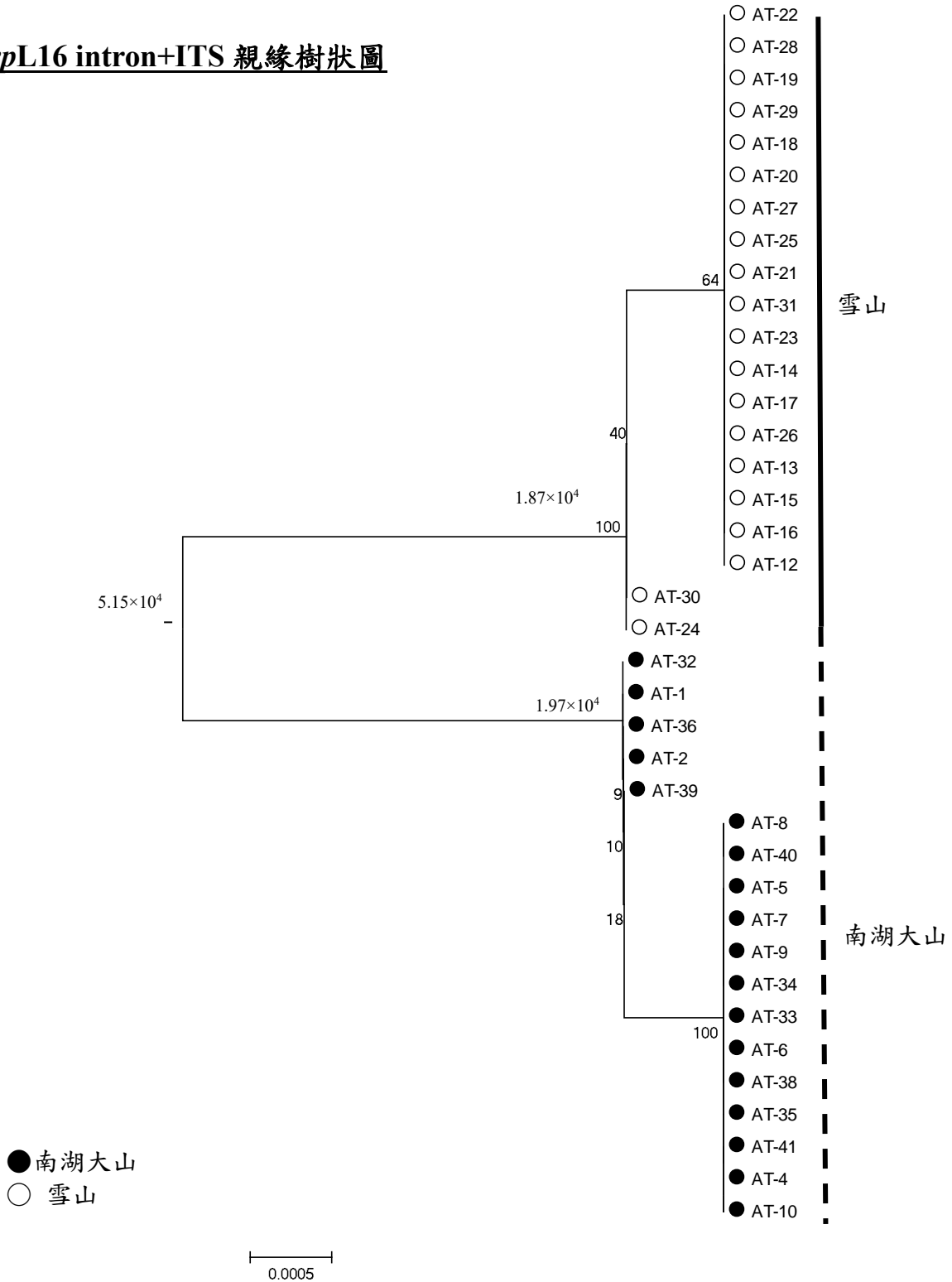


圖 24. 以聚類分析法結合二個基因座所建構雪山馬蘭之親緣樹狀圖。

3.4 遺傳分化及族群結構分析

在葉綠體 DNA *rpL16* intron 片段其雪山及南湖大山族群間的遺傳分化指數 F_{ST} 為 0.71499，呈現高度的遺傳分化程度，相對於 *rpL16* intron 片段，在細胞核 ITS 片段部分，雪山及南湖大山間遺傳分化指數 F_{ST} 為 0.89474，同樣呈現高度的遺傳分化程度，不論在葉綠體或細胞核 DNA 片段，兩山脈間皆存在高度的遺傳分化。此結果可與親緣樹狀圖分析結果相呼應(表 23)。

表 23. 雪山馬蘭各族群間遺傳分化指數

	南湖大山	雪山
<i>rpL16</i> intron		
南湖大山	0.00000	
雪山	0.71499	0.00000
ITS		
南湖大山	0.00000	
雪山	0.89474	0.00000

STRUCTURE 分析結果顯示雪山及南湖大山兩個族群分群結果如圖 25，結果顯示以 2 分群的 ΔK 值最高為 110.00228。比較遺傳組成顯示雪山及南湖大山族群間具有不同的遺傳組成，從圖 25 中可看出南湖大山族群具有藍色遺傳組成，雪山族群則具有紅色的遺傳組成，且南湖大山族群個體其遺傳組成呈現同質化的現象，而雪山族群部分個體間仍具有不同的遺傳組成。因此不論在遺傳分化指數及 STRUCTURE 分群分析都顯示雪山及南湖大山族群間存在高度的遺傳分化，而這樣高度的遺傳分化主要是由於地理上的隔離效應所造成，而且分群分析也顯示南湖大山具有較為單純的遺傳組成，而雪山遺傳組成則稍微複雜。

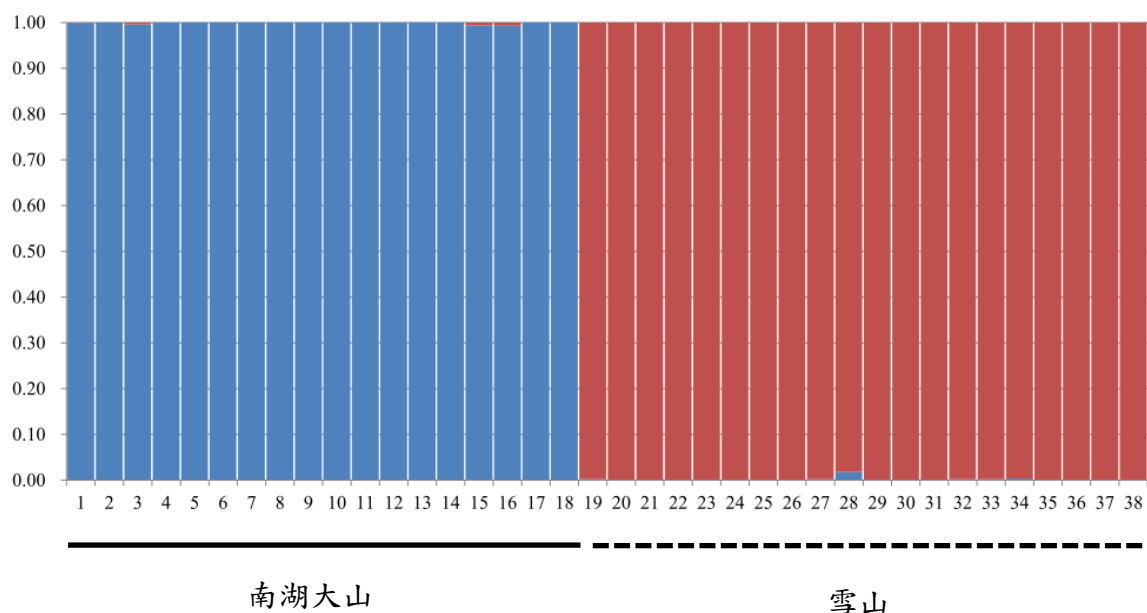


圖 25. STRUCTURE 軟體分析之雪山馬蘭遺傳組成圖(K=2)。

3.5 族群有效數量及族群動態分析

本分析結合葉綠體 DNA *rpL16* 及細胞核 DNA ITS 進行分析，因此利用幾何平均數方式計算兩個分子標誌物的幾何平均突變率，其值為 1.15×10^{-6} – 4.16×10^{-6} 。並依照 $\theta = 4N_e\mu$ 進一步計算族群有效數量，結果顯示雪山及南湖大山族群的 θ 值皆為 0.00025，整體為 0.00059，根據換算結果顯示雪山及南湖大山族群其有效族群數量都介於 15.02-54.35，整體上雪山馬蘭其有效族群數量則介於 35.45-128.26 (表 24)。

表 24. 雪山馬蘭各族群之有效族群數量評估

	族群	θ	幾何平均突變速率(μ)		有效族群數量(N_e)	
			上限	下限	上限	下限
南湖大山	NH	0.00025	4.16×10^{-6}	1.15×10^{-6}	54.35	15.02
雪山	XU	0.00025	4.16×10^{-6}	1.15×10^{-6}	54.35	15.02
全部	Total	0.00059	4.16×10^{-6}	1.15×10^{-6}	128.26	35.45

雪山馬蘭族群動態分析則採用本研究中所計算之幾何平均突變速率 4.162×10^{-6} 為依據，另假設雪山馬蘭的世代時間為 1 年以進行時間座標軸的換算，換算顯示時間坐標軸範圍為現今到過去 3,500 年之間。在族群動態圖結果顯示，雪山及南湖大山族群經歷過多次擴張及縮減現象，其中雪山族群約在 1500 年前族群數量曾大幅度下降而後有擴張現象，600 年前則持續下降；南湖大山族群在過往 1200 年其族群量曾擴張，然而大約到 900 多年前其族群數量則持續下降的趨勢。將三個族群視為單一族群進行族群動態評估，則顯示雪山馬蘭物種其族群量呈現持續下降的現象(圖 26)。

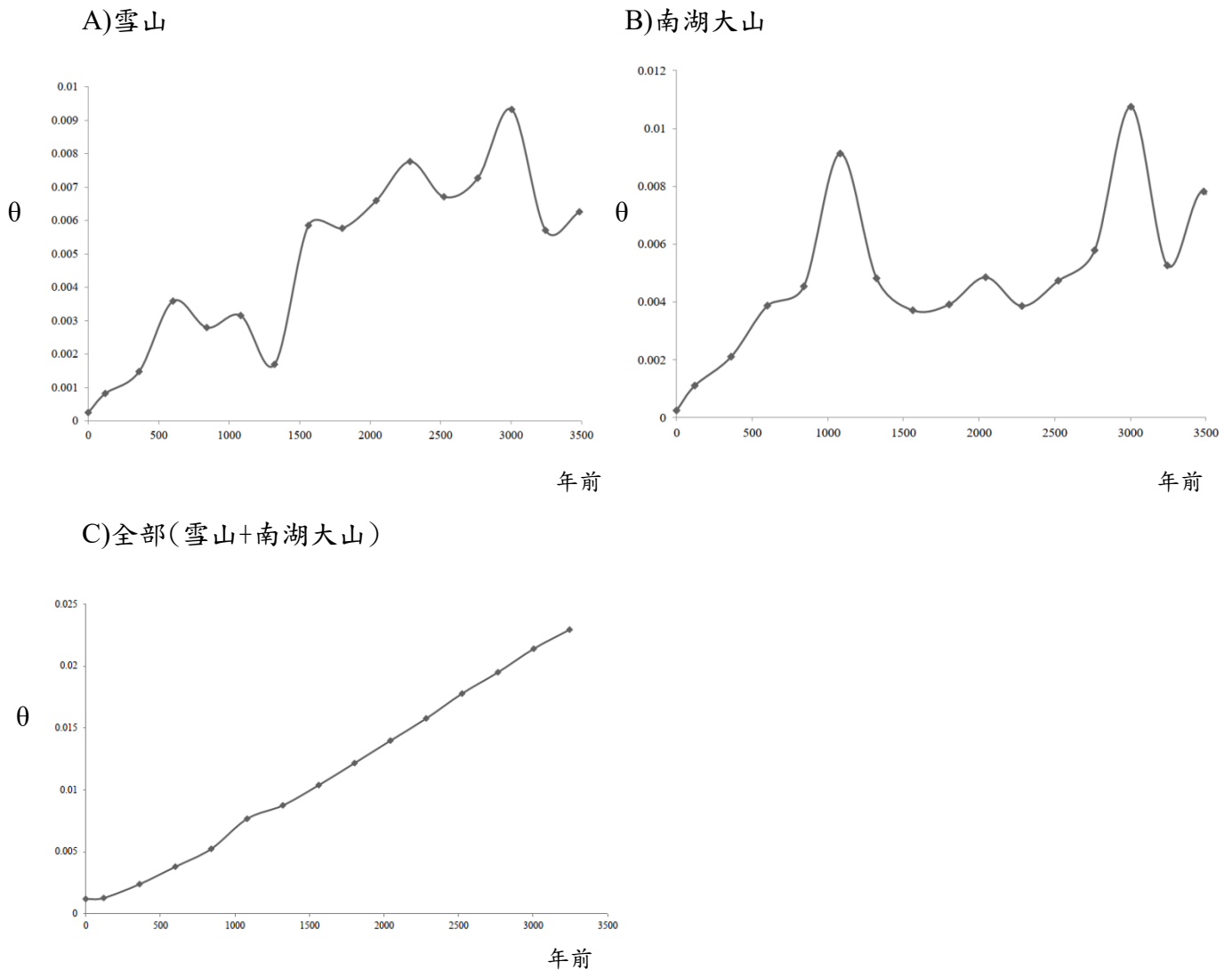


圖 26. 雪山及南湖大山雪山馬蘭族群動態分析圖。

第六章、討論

1. 生育環境與植群調查

植群的調查及分析主要在探討植物種類或者植物社會與環境因子間的各種關係及交互作用，植群分類目的是將調查後的林分依照相似歸類為一群(劉崇瑞、蘇鴻傑，1983)，而植群分類相關研究可用來了解某一特定區域內社會植物的結構及組成最基礎的分析，亦可作為未來棲地經營管理及科學研究之重要資料。然而目前國內植群分類相關研究多為中高海拔森林植群，鮮少針對高山草本生態進行探討，因此對於台灣整體植群研究可能有涵蓋性不足的疑慮。現今因全球氣候變遷已對高山生態系造成影響，而高山草本群落對於生物多樣性而言亦可能有著重要的角色，此外本研究對象南湖碎雪草、南湖柳葉菜及雪山馬蘭的生育環境資料及所處棲地植群類型並未有研究詳盡探討，且三物種屬於珍稀瀕危物種，都顯示本研究的重要性。

本研究現階段針對南湖碎雪草、南湖柳葉菜及雪山馬蘭進行生育地植群及環境因子取樣調查，其中南湖碎雪草樣區內記錄了 28 科 52 屬 67 種維管束植物；南湖柳葉菜部分則記錄了 20 科 38 屬 44 種維管束植物；雪山馬蘭部分記錄了 25 科 44 屬 50 種維管束植物，特有種比率分別為 75.8%、72.7%及 78.0%，顯示高山草本植群具有高度的特有率。三物種主要的生育環境皆概屬碎屑岩石地，伴生物種多以草本為主。在生育地環境部分顯示南湖碎雪草主要分布於各山區之稜線及山頂上坡及中坡之岩屑地，地表含石率介於 66-100%，平均全天光空域為 74.4%，海拔高度介於 3,460-3,878 m，土壤 pH 值介於 5.11-6.81。南湖柳葉菜主要分布於各山區各山區之中坡及上坡之岩屑地，地表含石率介於 66-95%，平均全天光空域為 67.3%，土壤 pH 值介於 5.22-6.86，海拔高度介於 3,373-3,795 m 之間。雪山馬蘭主要分布於各山區之稜線及山頂上坡及中坡之岩屑地，地表含石率介於 66-100%，平均全天光空域為 76.1%，土壤 pH 值介於 4.69-6.58，海拔高度介於 3,533-3,880m 之間，從所調查的生育環境可發現三者在全天光空域兩因子上有所差異，其中南湖柳葉菜其全天光空域則小於雪山馬蘭及南湖碎雪草。此外三物種生育地的土壤 pH 值為酸偏中性之反應，Chytrý et al. (2007)指出土壤 pH 值高低受到降水量多寡影響，且物種豐富度會受到降水量及土壤 pH 值的相互影響。據生

育地調查之觀察，推測由於其生長之碎屑岩地保水力不佳，且蒸發散快速；相較於由莊俊逸等(2003)，所進行之塔塔加高山地區森林、草原區域土壤之理化性質分析，顯示塔塔加高山 0-5 cm 之玉山箭竹及其他草原表土中測得 pH 值介於 4.21-4.51，屬偏酸性土；林志銓等(2011)於海拔約 3,400-3,600 m 之雪山翠池玉山圓柏植群分布地進行之調查，其海拔高度與兩物種生育地相近，土壤 pH 值介於 3.95-4.65 之間，土壤亦偏酸性，這可能為三物種生育環境的重要特性。

植群分類部分，針對南湖碎雪草、南湖柳葉菜及雪山馬蘭之生育地進行植群及環境因子取樣調查；此外，亦進行非目標物種之取樣，以求得目標植群的實際分布狀況，155 個調查樣區，其中包含內群樣區 78 個(南湖碎雪草 25 個，南湖柳葉菜 35 個，雪山馬蘭 18 個)及外群樣區 77 個(雪山地區 42 個，南湖地區 35 個)，共區分出 9 個植群型，分別為曲芒髮草型、雪山馬蘭-髮草型、玉山水苦蕒-羊茅型、羊茅-川上短柄草型、玉山圓柏型、玉山杜鵑型、細葉山艾型、南湖柳葉菜型、玉山箭竹型。本研究樣區多位於高海拔亞寒帶-高山植群帶區域，年雨量約 2,800 mm，年均溫 5°C 以下，生育地多為不良之裸岩或岩床，土壤乾燥、風力強大、日照強烈，冬季有積雪，相關研究也發現過去曾受到冰河影響而地表裸露，在此惡劣環境之下造成高大樹木無法在此扎根，因此，致使草本社會特別發達(陳玉峰，1995；何立德等，2010)。此分型結果與陳玉峰(1997)於雪山高山地區植群研究及呂勝由、林則桐(1990)在南湖大山所做之研究相似。從個植群型及伴生物種調查來看，發現生育地大多由草本植物為主要組成，而較少有木本植物出現，僅玉山圓柏、玉山杜鵑及玉山小蘗等木本植物會出現於三者的生育環境，這是因為在臺灣森林界線以上之植群形相，於下部主要為由玉山圓柏與玉山杜鵑所形成之矮盤灌叢，上部則有較多鑲嵌草本群落之碎岩地，但此二者常呈鑲嵌狀分布並無明顯區分界線，且與土壤化育及堆積情況有關(Wang, 1962；柳楷，1971；邱清安等，2010)。

在環境因子間的相關係探討部分，顯示在氣候因子中，以氣溫及降水影響植群之變化最為顯著(Walter, 1985)而海拔梯度可直接反應溫度的變化。本研究所紀錄之 8 項環境因子均達顯著，其中海拔為影響植物分化的重要指標，且能顯現植物組成在海拔梯度上之變異(張玲等，2007)。與前人文獻之植群生態調查比較中亦發現海拔皆為顯著之環境因子。而高山植群常以鑲嵌式分布，且受微環境之影響(Pauli *et al.*, 2003)，呂勝由、林

則桐(1990)於南湖大山所做研究結果顯示高山植群之分布受海拔、坡度及土壤含石率之影響，亦與本研究相符。陳玉峰(1997)說明南湖大山的岩屑地不穩定程度居全台之冠，這種流岩碎屑宛如冰河尚在運作，這種生育地不斷創建的情況下，使該區之高山草本植物得以生存而不被灌叢社會所取代，南湖柳葉菜亦為此種變動極大的生育地環境中能保有一席之地之成員之一，為典型的高山岩屑地指標植物，如今以南湖大山為南湖柳葉菜最大族群的分布地，其次為中央尖山；雪山北稜角至北峰崩塌地、秀姑巒山至馬博拉斯山鞍部崩岩碎屑地尚存局部小族群；向南至關山、向陽則偶見極少數個體。因此推測南湖柳葉菜於冰河期可能相當盛行，如今則零星殘存於少數山頭，可被視為上次冰河時期之後，高山植物向高海拔退縮，僅局部子遺之物種代表。因此，更應維護此高山環境，以確保這些珍貴稀有的植物能夠生存。

綜合上述結果南湖碎雪草、南湖柳葉菜及雪山馬蘭分布區域狹小，族群數量稀少而集中，且生育環境艱險，由周昌弘等(2011)研究所推論，未來氣候變遷將造成高山植物無法適應現今分布生境，而有遷移現象，最終會有植物因此滅絕，此外其他可適應岩屑地生長之植物可能入侵且占據其生育區域，使其生育區域遭受剝奪。若三物種無法與其他非在岩屑地生長之植物種互相競爭，最終可能難逃滅絕危機。日後可根據本研究所調查之樣區環境資料結合物種分布模擬，將可找出潛在的生育環境提供移地復育之用。

2. 低程度的遺傳多樣性

以族群遺傳學的角度來看，小族群相對於大族群具有較低的遺傳多樣性，當一族群遺傳多樣性下降，也意味族群對環境的適應能力跟著下降，未來若環境發生重大改變，物種可能會走向滅絕一途。此外物種棲地破碎化亦會造成族群間基因交流 (gene flow) 不順暢，在遺傳漂變 (genetic drift) 作用下，許多遺傳多型性將隨機從族群中永遠消失，物種的遺傳健康和種的遺傳結構完整性將被破壞，這樣的情形在小族群或瀕危物種中可能更為嚴重。

根據Grant and Bowen (1998)遺傳變異分析，藉由核苷酸歧異度(π)在物種中以0代表無遺傳歧異存在，到10%以上則顯示具有較高的遺傳歧異度；另外基因型歧異度(Hd)於族群或物種間由0~1的分布，Grant and Bowen (1998)依據 π 及Hd的分布將其分為四型，第一型為 $\pi < 0.005$, Hd < 0.5，表示此族群近期內曾遭受嚴重或長期的瓶頸效應，顯示現有族群來自於少數先驅者祖先族群的快速擴張形成；第二型為 $\pi < 0.005$, Hd > 0.5，顯示族群早期曾保持低度的有效族群量，之後發生族群快速擴張，長時間經演化累積突變數，雖有高的基因型歧異度，但核苷酸歧異度低仍不足以造成大量序列變異；第三型為 $\pi > 0.005$, Hd < 0.5，顯示發生於有效族群量大且穩定族群經歷嚴重瓶頸效應或產生二次接觸導致；第四型為 $\pi > 0.005$, Hd > 0.5，表該族群為久遠演化歷史之族群。

南湖碎雪草部分，本研究之葉綠體DNA *trnL-F*、*rpL16*及細胞核ITS三片段核苷酸歧異度與基因型歧異度，其葉綠體DNA *trnL-F* ($\pi=0.00023$, Hd=0.194)；葉綠體*rpL16* ($\pi=0.00042$, Hd=0.116)；細胞核ITS ($\pi=0.01174$, Hd=0.719)(表10、11、12)，顯示南湖碎雪草均具有低的 π 值及低至中的Hd值，較符合上述的第一種型 $\pi < 0.005$, Hd < 0.5或第二型 $\pi < 0.005$, Hd > 0.5，都顯示代表其族群在過去曾維持低度的有效族群數量，隨後曾有少數先驅者造成族群快速擴張，最後在長時間演化中累積突變數目，雖然造成基因型歧異度高，但依然不足以累積大量的序列變異，因而造成核苷酸歧異度低的情形。且族群動態分析圖(圖16)亦支持此種結果，顯示南湖碎雪草歷經瓶頸效應，導致族群萎縮。南湖柳葉菜部分，葉綠體DNA *trnL-F*、*rpS16*及細胞核ITS三片段核苷酸歧異度與基因型歧異度，其葉綠體DNA *trnL-F* ($\pi=0.00000$, Hd=0.000)；葉綠體*rpS16* ($\pi=0.00310$, Hd=0.851)；

細胞核ITS ($\pi=0.00219$, $Hd=0.733$) (表16、17)，顯示南湖柳葉菜均具有低的 π 值及高的 Hd 值，較符合上述的第第二型 $\pi < 0.005$, $Hd > 0.5$ ，顯示其族群在過去曾維持低度的有效族群數量。且族群動態分析圖(圖21)亦支持此種結果，顯示南湖柳葉菜歷經瓶頸效應導致族群萎縮。雪山馬蘭部分，葉綠體DNA *trnL-F*、*rpL16*及細胞核ITS三片段核苷酸歧異度與基因型歧異度，其葉綠體DNA *trnL-F* ($\pi=0.00000$, $Hd=0.000$)；葉綠體*rpL16* ($\pi=0.00045$, $Hd=0.456$)；細胞核ITS ($\pi=0.00784$, $Hd=0.561$) (表21、22)，但兩標誌物呈現不一樣模式，若以平均數值來看較為符合上述的第第二型 $\pi < 0.005$, $Hd > 0.5$ ，顯示其族群在過去曾維持低度的有效族群數量。且族群動態分析圖(圖26)亦支持此種結果，顯示雪山馬蘭歷經瓶頸效應，導致族群萎縮。

南湖碎雪草葉綠體 DNA *trnL-F* ($\pi=0.00023$, $Hd=0.194$, 表 10)及 *rpL16* ($\pi=0.00042$, $Hd=0.116$, 表 11)；南湖柳葉菜 *rpS16* ($\pi=0.00310$, $Hd=0.851$, 表 16)；雪山馬蘭 *rpL16* ($\pi=0.00045$, $Hd=0.456$, 表 21)相比前人以葉綠體 DNA 研究之玉山杜鵑(*Rhododendron pseudochrysanthum*) ($\pi=0.0121$, $Hd=0.920$) 和南湖杜鵑 (*R. hyperythrum*) ($\pi= 0.0055$, $Hd=0.900$) (黃啟俊, 2006)、臺灣鈴木草(*Suzukia shikikuensis*) ($\pi= 0.02217$, $Hd=0.985$) (陳怡雁, 2004)、夏枯草(*Prunella vulgaris*) ($\pi= 0.00477$, $Hd=0.850$) (陳嘉慧, 2008)、烏心石 (*Michelia formosana*) ($\pi=0.01063$, $Hd=0.95$) (Lu *et al.*, 2002)、長尾栲(*Castanopsis carlesii*) (Cheng *et al.*, 2005) ($\pi= 0.0095$, $Hd=0.761$)，顯示三個物種都具低度的單型多型性及核苷酸歧異度。南湖碎雪草細胞核 DNA ITS 之遺傳歧異度($\pi=0.01174$, $Hd=0.719$, 表 12)、南湖柳葉菜 ITS 片段($\pi=0.00219$, $Hd=0.733$, 表 17)及雪山馬蘭 ITS 片段($\pi=0.00784$, $Hd=0.561$, 表 22)比前人以細胞核 DNA 研究，如臺灣鈴木草($\pi= 0.01391$, $Hd=0.975$) (陳怡雁, 2004)、玉山杜鵑 ($\pi= 0.0115$, $Hd=0.930$) 和南湖杜鵑($\pi= 0.0313$, $Hd=1.000$) (黃啟俊, 2006)，也都可以看出三物種都比其它物種遺傳歧異度來得低，顯示不論在葉綠體 DNA 或細胞核 DNA 皆具有較低的遺傳歧異度，這樣的情形可能由於三個物種分布較為狹隘且侷限，且僅分布於岩屑地地形，因此造就三物種較低的遺傳歧異度。

中性理論認為遺傳變異在族群中的累積，都是由變異中立的選擇出現在族群中，而造成基因頻度的改變。在小族群中，經由遺傳漂變影響對偶基因流失較明顯；而在大族群中，因為具有較多個體數，基因流失相對較少，且族群中累積發生的突變次數較多，所以擁有較多的基因歧異度。相對於天擇理論，中性理論變異的存在受環境適應的影響

非常少，族群大小才是影響突變基因長期命運的重要因素。因此推論造成三物種具有較低遺傳歧異度的原因，可能是具有較小的族群數量外，同時歷經瓶頸效應，如過往的冰河事件等，造成遺傳多樣性的消失，然而三物種為高山寒原草本植物，在未來氣候變遷下，此物種可能將面臨更為嚴峻的挑戰，將來亦有可能走向滅絕一途。

3. 族群分化程度及地理隔離效應

在植物的生活史中有兩個時期可以產生基因交流，即受精前的花粉傳播和在受精後胚萌發種子或果實的傳播(Schaal, 1980; Cole and Biesboer, 1992; Loiselle *et al.*, 1995)，基因交流的順暢與否將影響族群間的分化程度及遺傳組成是否均質化(Broyles and Wyatt, 1993; Krauss, 1994)。遺傳分化指數 F_{ST} 在細胞核 DNA 為 $1/(1+4Nm)$ 顯示在中性天擇下每一個世代損失 $1/4N$ ，在相同條件下細胞核 DNA 達到溯祖過程所需時間為葉綠體 DNA ($1/2N$) 的兩倍，此外基因交流也是造成溯祖時間增長原因之一。三物種為臺灣生長在海拔地區眾多物種之一，由島嶼生物學的觀點，高山山頂由於空間地理上的隔離，可視為高山棲地島嶼(Mountain habitat island)(邱祈榮，2001)，因此本研究中三個物種族群間受到如海洋般的隔絕效應，也暗示族群受到山脈阻隔效應相當明顯，亦可能造成族群間將呈現中到高度的遺傳分化程度，且族群內的遺傳多樣性也可能降低。一般而言，特有且瀕危物種的族群為分布零散且孤立時，由於棲地上的不連續性分布和地理上的障礙存在，限制其族群間基因交流的可能性，因此孤立的族群會發生近親交配，造成異型合子的不足及遺傳漂變的情形，上述因素將會使族群間產生高程度的遺傳分化及明顯的族群遺傳結構(Dubreuil *et al.*, 2010)。

南湖碎雪草根據葉綠體 DNA *trnL-F* 及 *rpL16* 之族群間遺傳分化指數來看(表 13)，*trnL-F* 其 F_{ST} 為 0.04348-1.00000，其中雪山跟南湖大山及奇萊北峰族群間呈現高度的遺傳分化程度，然而南湖大山與奇萊北峰則呈現低度的遺傳分化；*rpL16* 其 F_{ST} 為 0.00000-0.14706，屬於低至中度遺傳分化，由於葉綠體 DNA 的基因交流代表種子的交流程度，因此似乎顯示山脈間種子基因交流相當頻繁，但這樣的結果可能與族群分隔的時間較短，因此部分族群間仍保有古老的多型性，造成族群間呈現低至中度的遺傳分化；相對於葉綠體 DNA 的基因交流代表種子的交流程度，細胞核 DNA 可代表花粉的交流程度，本研究中細胞核 DNA ITS 片段顯示遺傳分化指數 F_{ST} 在各族群間則為 0.91155-1.00000，呈現高度的遺傳分化程度，且 $Nm=0.0000$ 屬低度基因交流程度，也顯示南湖碎雪草花粉的傳播程度相當低。此外南湖碎雪草傳粉者應為昆蟲，其族群結構及分化程度應受限於昆蟲的飛行能力有限，而無法跨越位於不同地理區族群間，最後根據親緣樹狀圖(圖 11、

12、13、14)及 STRUCTURE 分析(圖 15)，也都支持族群間因地理隔離而造成族群間存在高度的遺傳分化，但部分族群可能由於有效族群量較大且分隔時間較短，因此呈現較低度的遺傳分化，並非現今的基因交流所造成。三種 DNA 片段的分化程度不盡相同，其中葉綠體 DNA *trnL-F* 及細胞核 DNA ITS 片段相對於葉綠體 DNA *rpL16* 片段都呈現較高程度的遺傳分化，顯示南湖碎雪草族群遺傳分化及族群遺傳結構除了受到傳粉媒介影響外，也受到支序排列(lineage sorting)影響，使各葉綠體 DNA *trnL-F* 及 *rpL16* 片段在部分族群間仍保留許多祖先多型性，造成較低的遺傳分化程度。

南湖柳葉菜根據葉綠體 DNA *rpS16* 之族群間遺傳分化指數來看其 F_{ST} 為 0.03946-0.20329，呈現低至高度遺傳分化，其中南湖大山北峰及奇萊主峰族群間呈現高度的遺傳分化程度，南湖大山東峰卻與奇萊主峰族群間呈現低度的遺傳分化程度；細胞核 DNA ITS 片段顯示遺傳分化指數 F_{ST} 在各族群間皆為 0.01704-0.68672，亦呈現低至高度的遺傳分化程度，僅雪山跟奇萊主峰、及南湖大山東峰跟北峰族群間呈現低度遺傳分化，其餘族群間皆呈現高度的遺傳分化。理論上南湖柳葉菜傳粉者為昆蟲，其族群結構及分化程度亦受限於昆蟲的飛行能力有限而無法跨越位於不同地理區族群間，應呈現高度遺傳分化，但是不同標誌物卻呈現不同程度的遺傳分化，這樣的情形主要是由於受到支序排列影響，使各葉綠體 DNA *rpS16* 及 ITS 片段在部分族群間仍保留許多祖先多型性，造成較低的遺傳分化程度。

雪山馬蘭根據葉綠體 DNA *rpL16* 之族群間遺傳分化指數來看其 F_{ST} 為南湖大山與雪山間呈現高度的遺傳分化程度， F_{ST} 為 0.71499，而細胞核 DNA ITS 片段顯示雪山及南湖大山間遺傳分化指數 F_{ST} 為 0.89474，亦呈現高度的遺傳分化程度，顯示不論是種子或花粉的傳播都受到阻礙，最後根據親緣樹狀圖(圖 22、23、24)及 STRUCTURE 分析(圖 25)，也都支持族群間因地理隔離而造成族群間存在高度的遺傳分化。同時也受到支序排列影響，使各葉綠體 DNA *rpL16* 片段在部分族群間仍保留許多祖先多型性。

綜合上述三物種族群間應都受到山脈阻隔效應的影響，但同時受到支序排列影響，而保留古老多型性，並非現今順暢的基因交流造成低度遺傳分化，此外三物種由於族群數量的差異亦會影響族群遺傳結構，其中南湖碎雪草及雪山馬蘭族群量較小，故受到遺傳漂變的影響較大，因此兩物種族群間的分化程度高於南湖柳葉菜各族群間。

4. 持續萎縮的族群數量及族群動態

物種分布受到許多因素影響，如地質歷史、物種演化、第四紀冰河事件等。而臺灣物種分布大多與冰河時期有極大的相關性，除了是鄰近大陸物種南遷的冰河避難所 (Chiang *et al.*, 2006)，在臺灣高海拔物種在面臨冰河時期、氣候動盪時，使得其生態棲位由原本面積狹小之山頂部分往較低海拔往面積較大之地區移動，使得族群可往中低海拔地區遷移並有機會佔據較大之生態棲位，並擴展其族群數量；而當冰河期結束，高山物種反之則往高海拔地區遷移，進而造成族群數量的下降 (Schmitt *et al.*, 2006)。在目前氣候變遷之強烈壓力下，物種分布會有所變化，造成不同海拔梯度族群之基因交流及族群動態有所影響，對高山植物影響更大。隨著經濟發展、人口增加與氣候變遷等，許多野生種原的棲息地已遭破壞，顯示出野生種原保育的重要性，而分類地位的釐清，則為種原保育所必需。保育的目的是維持生物多樣性，並達到生態平衡。而生物多樣性 (biodiversity) 是一個複雜的整體，我們至今仍無法預測物種的消失會對整個系統有什麼影響。每個物種對生物多樣性維持都有重要的影響，當物種的遺傳多樣性變異愈豐富，它對環境變動的適應能力就愈強 (Malcolm and Hunter, 2002)。當遺傳歧異度減少的時候，會使得族群降低環境改變的適應能力，進而減少其繁殖適應力。此外物種滅絕機率也取決於遺傳歧異度高低，為避免人為干擾而使物種瀕危和滅絕，理論上物種需維持其一定的族群數量才得以延續，否則將喪失物種的遺傳歧異度，要如何維持野外族群數量及遺傳的多樣性，就是未來物種保育的所需要努力方向。

本研究探討三物種遺傳多樣性，整體上來說具有低度遺傳變異度，其中南湖碎雪草及雪山馬蘭遺傳多樣性低於南湖柳葉菜；此外南湖碎雪草、南湖柳葉菜及雪山馬蘭其整體有效族群數量分別為 16.91-580.13、261.78-943.39 及 35.45-128.26 個個體 (表 14、19、24)，顯示現今三物種的族群數量都相當小，但南湖柳葉菜相對其他兩物種則具有較高的有效族群數量。然而現今族群可能受到各種因素如天災、棲地破碎化及氣候暖化等現象都會造成未來族群數量銳減。此外經族群動態分析，三物種不論雪山、南湖大山或奇萊山族群近 100 年來都呈現萎縮的現象 (圖 16、21、26)，也都說明現今三物種族群所面臨嚴峻的挑戰，尤其在氣候變遷下高山植物所面臨的風險高於低海拔物種，倘若未來族群

內遺傳變異仍持續減少，可能會導致三物種對環境改變的適應能力降低，最終可走向滅絕之路。

第七章、結論

1. 南湖碎雪草樣區內記錄 28 科 52 屬 67 種維管束植物，其中特有種佔 50 種，特有率達 75.8%；南湖柳葉菜樣區內則記錄 20 科 38 屬 44 種維管束植物，其中特有種 32 種，特有率達 72.7%；雪山馬蘭樣區內則紀錄 25 科 44 屬 50 種維管束植物，其中特有種 39 種，特有率達 78%，顯示三物種生育環境內伴生植物特有率高。
2. 三物種其生育環境概屬碎屑岩石地，伴生物種多以草本為主，僅少數喬木植物分布其內。
3. 南湖碎雪草主要分布於各山區之稜線及山頂上坡及中坡之岩屑地，地表含石率介於 66-100%，平均全天光空域為 74.4%，海拔高度介於 3,460-3,878 m，土壤 pH 值介於 5.11-6.81。南湖柳葉菜主要分布於各山區各山區之中坡及上坡之岩屑地，地表含石率介於 66-95%，平均全天光空域為 67.3%，土壤 pH 值介於 5.22-6.86，海拔高度介於 3,373-3,795 m 之間。雪山馬蘭主要分布於各山區之稜線及山頂上坡及中坡之岩屑地，地表含石率介於 66-100%，平均全天光空域為 76.1%，土壤 pH 值介於 4.69-6.58，海拔高度介於 3,533-3,880m 之間。從所調查的生育環境可發現三者在全天光空域兩因子上有所差異，其中南湖柳葉菜其全天光空域則小於雪山馬蘭及南湖碎雪草，此外三物種所分布的土壤 pH 值為中性偏酸。
4. 本計畫除了針對南湖碎雪草、南湖柳葉菜及雪山馬蘭之生育地進行植群及環境因子取樣調查，亦進行非目標物種之取樣共調查 155 個樣區，其中包含內群樣區 78 個及外群樣區 77 個，一共將所有樣區劃分為 9 個植群型，分別為曲芒髮草型、雪山馬蘭-髮草型、玉山水苦蕒-羊茅型、羊茅-川上短柄草型、玉山圓柏型、玉山杜鵑型、細葉山艾型、南湖柳葉菜型、玉山箭竹型。
5. 本研究共調查 8 項環境因子，經相關性測試發現各項因子均達顯著，其中軸 1 海拔、坡度、土壤 pH、含石率及地形位置均達極顯著正相關，全天光空域則達顯著負相關；軸 2 之土壤 pH 及地形位置達極顯著正相關，海拔、坡向、全天光空域及直射光空域達極顯著負相關。
6. 由社會典型對應分析圖顯示土壤 pH 對於南湖柳葉菜而言是相當重要環境因子之一，

此外根據土壤理化性質分析顯示南湖柳葉菜樣區土壤總氮以及總磷相較其他兩物種樣區有偏高情形，且土壤碳氮比則相對較低。

5. 南湖碎雪草之葉綠體 DNA *trnL-F* ($\pi=0.00023$, $Hd=0.194$)；葉綠體 *rpL16* ($\pi=0.00042$, $Hd=0.116$)；細胞核 ITS ($\pi=0.01174$, $Hd=0.719$)，顯示南湖碎雪草葉綠體 DNA 具有低的 π 值及低至中的 Hd 值，但細胞核 DNA 具有相對較高的 π 值及高的 Hd 值。南湖柳葉其葉綠體 DNA *trnL-F* ($\pi=0.00000$, $Hd=0.000$)；葉綠體 *rpS16* ($\pi=0.00310$, $Hd=0.851$)；細胞核 ITS ($\pi=0.00219$, $Hd=0.733$)，顯示南湖柳葉菜均具有低的 π 值及高的 Hd 值。雪山馬蘭部分，其葉綠體 DNA *trnL-F* ($\pi=0.00000$, $Hd=0.000$)；葉綠體 *rpL16* ($\pi=0.00045$, $Hd=0.456$)；細胞核 ITS ($\pi=0.00784$, $Hd=0.561$)，顯示雪山馬蘭葉綠體 DNA 具有低的 π 值及低的 Hd 值，但細胞核 DNA 具有相對較高的 π 值及高的 Hd 值。
6. 相對其他研究，本研究中三物種不論在葉綠體 DNA 或細胞核 DNA 都呈現低度遺傳多樣性。其中葉綠體 DNA 部分則南湖柳葉菜的遺傳歧異度大於其他兩物種；細胞核 DNA 則南湖碎雪草大於其他兩物種。
7. 本研究三物種族群間應受到山脈阻隔效應，但同時受到支序排列(lineage sorting)影響，保留許多古老多型性，並非現今順暢的基因交流造成低度的遺傳分化。
8. 本研究三物種整體來說具有低度遺傳變異度，南湖碎雪草、南湖柳葉菜及雪山馬蘭其整體有效族群數量分別為 16.91-580.13、261.78-943.39 及 35.45-128.26 個個體，顯示三物種的有效族群數量都相當小，其中以雪山馬蘭具最小有效族群數量。
9. 本研究三物種在族群動態分析部分顯示不論雪山、南湖大山或奇萊山族群近 100 年來族群都呈現萎縮的現象，也都說明現今三物種族群所面臨嚴峻的挑戰，尤其在氣候變遷下高山植物所面臨的風險高於低海拔物種。

第八章、建議與未來施行方向

物種保育唯有透過生態系、物種及遺傳等不同尺度多樣性資訊的整合來達成其目的。本研究則著重於南湖碎雪草、南湖柳葉菜及雪山馬蘭三個物種進行生育環境的調查及遺傳多樣性的評估，根據結果顯示三物種具有低度的遺傳歧異度，但近年氣候變遷可能導致未來高山植物的生育環境逐漸消失，甚至可能生育地面臨破碎化問題，造成其野外族群數目逐漸下降。因此對於像這類具有低度遺傳變異的瀕危物種，首要任務可能在於保護該物種的生育棲地、進一步維持物種的有效族群數量，使得瀕危族群能漸漸恢復原有的遺傳歧異度，這將會是一個十分重要的工作，當瀕危物種未能受到適當的保育時，反而會加速物種受到遺傳漂變的影響，造成遺傳多樣性降低的後果。

1. 本研究三物種現今分布範圍狹隘，根據現階段調查顯示三物種並無面臨立即性的族群減少之危機，但未來生育環境可能因為氣候變遷物種遷移的情形導致適應岩屑地生長之其他植物入侵且占據其生育區域，使其生育區域遭受剝奪。若三物種無法與其他岩屑地生長之植物種互相競爭，可能導致族群萎縮。近兩年的調查顯示野外三物種的族群數量及生育地並未有明顯減少的情形，雖然如此，未來仍需持續長期監測三物種族群現況(生育地環境及族群數量變化)，可考慮安排國家公園巡山員或志工定期、定點至生育地拍攝照片，累積長期的觀測資料以判斷植株的生長勢狀況，是否有移地保育或人工繁殖的需求，此外可考慮進行授粉生態、繁殖特性等研究調查，藉以保留珍貴稀有的植物資源。
2. 本研究所調查之三物種生育環境資料，未來可結合物種分布模擬，找出潛在的生育環境，當未來三物種的生育環境遭受破壞，可作為移地復育棲地之重要參考依據。
3. 根據遺傳多樣性評估顯示三物種不論在葉綠體 DNA 或細胞核 DNA 都呈現低度遺傳多樣性。整體有效族群數量南湖碎雪草為 16.91-580.13、南湖柳葉菜為 261.78-943.39 及雪山馬蘭為 35.45-128.26 個個體，顯示三物種的現存的有效族群數量都相當小。雖然南湖柳葉菜為文資法所保護之物種，但根據本研究結果南湖碎雪草及雪山馬蘭不論在野外觀察的族群量及遺傳層面上所推估的有效族群數量都小於南湖柳葉菜，因此未

來兩物種滅絕的風險較大，未來首先著重於棲地的維護不被破壞，並可同時維護此三物種不遭受到迫害，現今全球暖化問題也對高山生態體系有著劇烈影響，因此仍須持續監測三物種族群現況。

4. 根據遺傳結構分析，結果顯示南湖碎雪草及雪山馬蘭的保育工作，應將不同山脈的族群(具有高度遺傳分化)視為不同的管理單位(management units, Mus)進行族群及棲地各方面的維護；而南湖柳葉菜部分應將雪山、南湖大山及奇萊主峰三地族群(具有低度遺傳分化，且共有許多基因型)視為一個管理單位(management units, Mus)進行族群及棲地各方面的維護，若多限於人力及物力，需以維護南湖大山族群為主，因其具有較高的遺傳多樣性，且幾乎包含所有地區的基因型。
5. 未來可進行種原收集，放置國家作物種原中心或林業試驗所林木種子庫，請其協助進行保種動作，亦可進行種子發育及移地復育的相關試驗。
6. 本試驗亦針對雪山馬蘭進行播種試驗，在泥炭土+珍珠石+蛭石=3:1:1的介質下，溫度25°C左右，遮光程度約30%，結果顯示雪山馬蘭種子發芽率相當高，且可種植至開花階段(附錄十一)，可提供未來種原保存的重要基本資料。且根據現階段結果，說明雪山馬蘭未來若進行移地復育應是可行的。

第九章、主要參考書

- 李典謨、徐汝梅、馬祖飛 (2005) 物種瀕危機制和保育原理。科學出版社。
- 呂勝由、林則桐 (1990) 南湖大山植群生態之研究。林業試驗所研究報告季刊 5(2): 121-133。
- 邱祈榮 (2001) 臺灣高山棲地島嶼之研究。中華林學季刊 34(3): 351-361。
- 邱清安、曾彥學、王志強、廖敏君、曾喜育 (2010) 臺灣高山寒原植群之商榷及其在生態氣候觀點下的潛在位置。林業研究季刊 32(3): 89-102。
- 何立德、陳淑樺、齊士崢 (2010) 臺灣第四紀高山冰川退卻模式。地理學報 59:19-38。
- 陳玉峰 (1995) 台灣植被誌 第一卷。台北市。玉山社。
- 陳玉峰 (1997) 臺灣植被誌。晨星出版社 第 208-319 頁。
- 陳進霖 (1996) 南湖柳葉菜之族群遺傳研究。國立台灣師範大學碩士論文。
- 陳怡雁 (2004) 鈴木草屬(唇形科)台灣及琉球特有屬之親緣地理學研究。國立成功大學生物學研究所碩士論文。
- 陳嘉慧 (2008) 台灣產夏枯草之族群分化與親緣地理。國立台南大學碩士論文。58頁。
- 吳明洲 (2004) 臺灣產碎雪草屬植物之系統生物研究。國立台灣大學博士論文。
- 黃啟俊 (2006) 台灣產玉山杜鵑複合群之親緣地理學研究。國立成功大學生命科學系碩士論文。
- 張玲、袁曉穎、張東來 (2007) 大小興安嶺過渡區木本植物群落數量分類與排序。東北林業大學學報 35(9): 49-51。
- 蘇鴻傑 (1987) 森林生育地因子及其定量評估。中華林學季刊 20(1): 1-14。
- 柳楮 (1971) 臺灣植物群落分類之研究(II): 臺灣高山寒原及針葉林群系。臺灣省林業試驗所研究報告第 203 號, 24 頁。
- 臺灣植物紅皮書編輯委員會 (2017) 2017 臺灣維管束植物紅皮書名錄。行政院農業委員會特有生物研究保育中心、行政院農業委員會林務局、臺灣植物分類學會。南投。
- Afzal-Rafii Z, Dodd RS (2007) Chloroplast DNA supports a hypothesis of glacial refugia over postglacial recolonization in disjunct populations of black pine (*Pinus nigra*) in western Europe. *Molecular Ecology* 16: 723–736.
- Avise JC (2000) *Phylogeography: the history and formation of species*. Harvard University Press,

Cambridge, Massachusetts.

- Broyles SB, Wyatt R (1993) Allozyme diversity and genetic structure in southern Appalachian populations of poke milkweed, *Asclepias exaltata*. *Systematic Botany* 18: 18-30.
- Cheng YP, H Walter SY, Lin TP (2005) Potential refugia in Taiwan revealed by the phylogeographical study of *Castanopsis carlesii* Hayata (Fagaceae). *Molecular Ecology* 14: 2075-2085.
- Chiang YC, Hung KH, Schaal BA, Gest XJ, Hsu TW, Chiang TY (2006) Contrasting phylogeographical patterns between mainland and island taxa of the *Pinus luchuensis* complex. *Molecular Ecology* 15: 765–779.
- Cole CT, Biesboer DD (1992) Monomorphism, reduced gene flow and cleistogamy in rare and common species of *Lespedeza* (Fabaceae). *American Journal Botany* 79: 567-575.
- Cottrell JE, Krystufek V, Tabbener HE. (2005) Postglacial migration of *Populus nigra* L.: lessons learnt from chloroplast DNA. *Forest Ecology and Management* 206: 71-90.
- Day FP, Monk CD 1974, Vegetation patterns on a southern appalachian watershed. *Ecology* 55: 1064-1074.
- Doyle JJ, Doyle JL (1987) A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem Bull* 19: 11-15.
- Drummond AJ, Rambaut A (2007) BEAST: Bayesian evolutionary analysis by sampling trees. *BMC Evolutionary Biology* 7: 214.
- Dubreuil M, Riba M, Gonzalez-Martinez SC, Vendramin GG, Sebastiani F, Mayol M (2010) Genetic effects of chronic habitat fragmentation revisited: strong genetic structure in a temperate tree, *Taxus baccata* (Taxaceae), with great dispersal capability. *American Journal of Botany* 97: 303-310.
- Excoffier L, Smouse PE (1994) Using allele frequencies and geographic subdivision to reconstruct gene trees within a species: molecular variance parsimony. *Genetics* 136: 343-359.
- Excoffier L, Laval G, Schneider S (2005) Arlequin (version 3.0): An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics* 1: 47-50.
- Feeley KJ, Rehm EM, Machovina B (2012) The responses of tropical forest species to global

- climate change: acclimate, adapt, migrate, or go extinct? *Frontiers of Biogeography* 4: 69-84.
- Franklin JF, Maeda T, Ohsumi Y, Matsui M, Yagi H, Hawk M (1979) Subalpine coniferous forest of central Honshu, Japan. *Ecological Monographs* 49: 311-334.
- García-Fernández A, Segarra-Moragues JG, Widmer A, Escudero A, Iriondo JM (2012) Unravelling genetics at the top: mountain islands or isolated belts? *Annals of Botany* 110: 1221-1232.
- Grant WA, Bowen BW (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.
- Gussarova GI, Popp M, Vitek E, Brochmann C (2008) Molecular phylogeny and biogeography of the bipolar *Euphrasia* (Orobanchaceae): recent radiations in an old genus. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 48(2):444-60.
- Hartl DL, Clark AG (2007) *Principles of population genetics*. pp. 95-148. Sinauer Associates, Inc., Sunderland, Massachusetts.
- Hillis DM, Bull JJ (1993) An empirical test of bootstrapping as a method for assessing confidence in phylogenetic analysis. *Systematic Biology* 42: 182-192.
- Huang SSF, Hwang SY, Lin TS (2002) Spatial pattern of chloroplast DNA variation of *Cyclobalanopsis glauca* in Taiwan and East Asia. *Molecular Ecology* 11: 2349-2358.
- Huang SF, Hwang S Y, Wang JC, Lin TP (2004) Phylogeography of *Trochodendron aralioides* (Trochodendraceae) in Taiwan and its adjacent areas. *Journal of Biogeography* 31: 1291-1239.
- Huang CC, Hsu TW, Wang HV, Liu ZH, Chen YY, Chiu CT, Huang CL, Hung KH, Chiang TY. (2016) Multilocus analyses reveal postglacial demographic shrinkage of *Juniperus morrisonicola* (Cupressaceae), a dominant alpine species in Taiwan. *PLOS ONE* 11(8): e0161713.
- Hülber K, Winkler M, Grabherr G (2010) Intraseasonal climate and habitat specific variability controls the flowering phenology of high alpine plant species. *Functional Ecology* 24: 245-252.

- Krauss SL (1994) Restricted gene flow within the morphologically complex species *Persoonia mollis* (Proteaceae): contrasting evidence from the mating system and pollen dispersal. *Heredity* 73: 142-154.
- Lesica P, Allendorf FW (1995) When are peripheral populations valuable for conservation? *Conservation Biology* 9: 753-760.
- Librado P, Rozas J (2009) DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* 25: 1451-1452.
- Lin TP, Lu CS, Yang YL. (1993) Allozyme variation in four populations of *Taiwania cryptomerioides* in Taiwan. *Silvae Genetica* 42 : 278-284.
- Lin TP, Lee TY, Yang LF, Chung YL, Yang JC (1994) Comparison of the allozyme diversity in several populations of *Chamaecyparis formosensis* and *Chamaecyparis taiwanensis*. *Canadian Journal of Forest Research* 24 : 2128-2134.
- Lin TP, Wang CT, Yang JC (1998) Comparison of genetic diversity between *Cunninghamia konishii* and *C. lanceolata*. *Journal of Heredity* 89: 370-373.
- Lin TP (2001) Allozyme variations in *Michelia formosana* (Kanehira) Masamune (Magnoliaceae), and the inference of glacial refugium in Taiwan. *Theoretical and Applied Genetics* 102:450-457.
- Loiselle BA, Sork VL, Nason J, Graham C (1995) Spatial genetic structure of a tropical understory shrub, *Psychotria officinalis* (Rubiaceae). *American journal of botany* 82: 1420-1425.
- Lu SY, Hung KH, Liu SL, Cheng YP, Wu WL, Chiang TY. 2002. Genetic variation and population differentiation of *Michelia formosana* (Magnoliaceae) based on cpDNA variation and RAPD fingerprints: relevance to post-Pleistocene recolonization. *Journal of Plant Research* 115: 203-216.
- Malcolm L, Hunter J (2002) *Fundamentals of Conservation Biology*. Orono Press, Blackwell.
- Moritz C (1994) Defining evolutionary significant units for conservation. *Trends of Ecology and Evolution* 9: 373-375.
- Motyka J, Dobrzanski B, Zawadski S (1950) Wstepne badania nad lakami poludniowoschodniej Lubelszczyzny (Preliminary studies on meadows in the southeast of the province Lublin.

- Summary in English). *Ann. Univ. M. Curie-Sklodowska, Sec. E.* 5: 367-447.
- Pauli H, Gottfried M, Dirnböck T, Dullinger S, Grabherr G (2003) Assessing the longterm dynamics of endemic plants at summit habitats. pp. 195–207. In: Nagy L, et al. (eds.). *Alpine Biodiversity in Europe. Ecological Studies* 167.
- Piotti A (2009) The genetic consequences of habitat fragmentation: the case of forests. *iForest* 2: 75-76.
- Rambaut A, Drummond AJ (2004) *Tracer: MCMC trace analysis tool*. University of Oxford, Oxford, UK.
- Reed D H, Lowe EH, Briscoe DA, Frankham R (2003) Inbreeding and extinction: effects of rate of inbreeding. *Conservation Genetics* 4: 405-410.
- Schaal BA (1980) Measurement of gene flow in *Lupinus texensis*. *Nature* 284:450-451.
- Schmitt T, Hewitt GM, Muller P. (2006) Disjunct distributions during glacial and interglacial periods in mountain butterflies: *Erebia epiphron* as an example. *Journal of Evolutionary Biology* 19: 108-113.
- Slatkin M (1985) Gene flow in natural populations. *Annual Review of Ecology and Systematics* 16: 393-430.
- Taberlet P, Fumagalli L, Wust-Saucy AG, Cossons F (1998) Comparative phylogeography and postglacial colonization routes in Europe. *Molecular Ecology* 7: 453–464.
- Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipiński A, and Kumar S (2013) MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Molecular Biology and Evolution* 30: 2725-2729.
- Templeton AR, Shaw K, Routman E, Davis SK (1990) The genetic consequences of habitat fragmentation. *Annals of the Missouri Botanical Garden* 77: 13-27.
- Tremblay NO, Schoen DJ (1999) Molecular phylogeography of *Dryas integrifolia*: glacial refugia and postglacial recolonization. *Molecular Ecology* 8:1187-1198.
- Wang CK (1962) Some environmental conditions and responses of vegetation on Taiwan. *Biological Bulletin of Tunghai University* 11: 1-19.
- Walter H (1985) *Vegetation of the earth and ecological systems of the geo-biosphere*, 3rd ed. 25 pp. Berlin ; New York : Springer-Verlag.

- Willi Y, Buskirk JV, Hoffmann AA (2006) Limits to the adaptive potential of small populations. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 37: 433-458.
- With KA, King AW (1999) Extinction thresholds for species in fractal landscapes. *Conservation Biology* 13: 314-326.
- Wright S (1940) Breeding structure of populations in relation to speciation. *The American Naturalist* 74: 232-248.
- Wu MJ, Huang TC (2004) Taxonomy of the *Euphrasia transmorrisonensis* (Orobanchaceae) complex in Taiwan based on nrITS. *Taxon* 53:911–918.
- Wu MJ, Huang SF, Huang TC, Lee PF, Lin TP (2005) Evolution of the *Euphrasia transmorrisonensis* complex (Orobanchaceae) in alpine areas of Taiwan. *Journal of Biogeography* 32:1921–1929.

附錄一. 南湖碎雪草伴生物種植物名錄

屬性代碼(A, B, C)對照表

欄 A - T: 喬木、S: 灌木、C: 藤本、H: 草本

欄 B - E: 特有、V: 原生、R: 歸化、D: 栽培

欄 C - CR: 極危、EN: 瀕危、VU: 易危、NT: 接近受脅、DD: 資料不足

I.Pteridophyte 蕨類植物

1.Dryopteridaceae 鱗毛蕨科

1.*Polystichum lachenense* (Hook.) Bedd. 高山耳蕨 (H, V)

2.Ophioglossaceae 瓶爾小草科

2.*Botrychium lunaria* (L.) Sw. 扇羽陰地蕨 (H, V, NT)

3.Pteridaceae 鳳尾蕨科

3.*Cryptogramma brunoniana* Wall. 高山珠蕨 (H, V)

II.Gymnosperm 裸子植物

4.Cupressaceae 柏科

4.*Juniperus formosana* Hayata 刺柏 (T, V)

5.*Juniperus squamata* Lamb. var. *morrisonicola* (Hayata) H.L. Li & H. Keng 玉山圓柏 (T, E)

III.Dicotyledon 雙子葉植物

5.Apiaceae 繖形花科

6.*Angelica morrisonicola* Hayata 玉山當歸 (H, E)

7.*Oreomyrrhis taiwaniana* Masamune 臺灣山薰香 (H, E, VU)

8.*Pimpinella niitakayamensis* Hayata 玉山茴香 (H, E)

6. Asteraceae 菊科

9. *Anaphalis nepalensis* (Spreng.) Hand.-Mazz. 尼泊爾籟簫 (H, V)
10. *Artemisia kawakamii* Hayata 山艾 (H, E)
11. *Artemisia morrisonensis* L. 細葉山艾 (H, V)
12. *Aster takasagomontanus* Sasaki 雪山馬蘭 (H, E, NT)
13. *Cirsium arisanense* Kitamura 阿里山薊 (H, E)
14. *Leontopodium microphyllum* Hayata 玉山薄雪草 (H, E)
15. *Picris hieracioides* L. subsp. *ohwiana* (Kitamura) Kitamura 玉山毛蓮菜 (H, E)

7. Berberidaceae 小蘗科

16. *Berberis morrisonensis* Hayata 玉山小蘗 (S, E)

8. Brassicaceae 十字花科

17. *Arabis lyrata* L. subsp. *kamtschatica* (Fisch. ex DC.) Hulten 玉山筷子芥 (H, V)

9. Campanulaceae 桔梗科

18. *Adenophora morrisonensis* Hayata subsp. *uehatae* (Yamamoto) Lammers 高山沙參 (H, E)

10. Caryophyllaceae 石竹科

19. *Cerastium trigynum* Vill. var. *morrisonense* Hayata 玉山卷耳 (H, E)
20. *Dianthus pygmaeus* Hayata 玉山石竹 (H, E, VU)
21. *Silene glabella* (Ohwi) Ying 禿玉山蠅子草 (H, E, VU)

11. Clusiaceae 金絲桃科

22. *Hypericum nagasawai* Hayata 玉山金絲桃 (H, E)

12. Crassulaceae 景天科

23. *Hylotelephium subcapitatum* (Hayata) Ohba 穗花八寶 (H, E)

24. *Sedum morrisonense* Hayata 玉山佛甲草 (H, E)

13. Dipsacaceae 續斷科

25. *Scabiosa lacerifolia* Hayata 玉山山蘿蔔 (H, E)

14. Ericaceae 杜鵑花科

26. *Gaultheria itoana* Hayata 高山白珠樹 (S, E)

27. *Rhododendron pseudochrysanthum* Hayata 玉山杜鵑 (S, E)

28. *Rhododendron hyperythrum* Hayata 南湖杜鵑 (T, E)

15. Fabaceae 豆科

29. *Astragalus nankotaizanensis* Sasaki 南湖大山紫雲英 (H, E, EN)

16. Gentianaceae 龍膽科

30. *Gentiana arisanensis* Hayata 阿里山龍膽 (H, E)

31. *Gentiana davidii* Franch var. *formosana* (Hayata) T. N. Ho 臺灣龍膽 (H, E)

32. *Gentiana scabrida* Hayata var. *punctulata* S. S. Ying 黑斑龍膽 (H, E)

17. Geraniaceae 牻牛兒苗科

33. *Geranium hayatanum* Ohwi 早田氏香葉草 (H, E)

18. Lamiaceae 唇形花科

34. *Clinopodium laxiflorum* (Hayata) Mori 疏花風輪菜 (H, E)

19. Onagraceae 柳葉菜科

35. *Epilobium amurense* Hausskn. 黑龍江柳葉菜 (H, V)

36. *Epilobium hohuanense* Ying ex Chen, Hoch & Raven 合歡柳葉菜 (H, E)

37. *Epilobium nankotaizanense* Yamamoto 南湖柳葉菜 (H, E, VU)

20.Ranunculaceae 毛茛科

38.*Thalictrum myriophyllum* Ohwi 密葉唐松草 (H, E, VU)

21.Rosaceae 薔薇科

39.*Potentilla leuconota* D. Don var. *morrisonicola* Hayata 玉山金梅 (H, V)

40.*Potentilla tugitakensis* Masamune 雪山翻白草 (H, E, EN)

41.*Rubus rolfei* Vidal 高山懸鉤子 (S, V, NT)

42.*Sibbaldia procumbens* L. 五蕊莓 (H, V)

43.*Spiraea morrisonicola* Hayata 玉山繡線菊 (S, E)

22.Rubiaceae 茜草科

44.*Galium morii* Hayata 森氏豬殃殃 (H, E, VU)

45.*Galium nankotaizanum* Ohwi 南湖大山豬殃殃 (H, E, EN)

23.Scrophulariaceae 玄參科

46.*Euphrasia nankotaizanensis* Yamamoto 南湖碎雪草 (H, E, NT)

47.*Euphrasia transmorrisonensis* Hayata var. *durietziana* (Ohwi) T. C. Huang & M. J. Wu 多腺毛小米草 (H, E, NT)

48.*Pedicularis ikomai* Sasaki 高山馬先蒿 (H, E, VU)

49.*Veronica taiwanalpina* S. S. Ying 玉山水苦蕒 (H, E)

24.Valerianaceae 敗醬科

50.*Valeriana fauriei* Briquet 纈草 (H, V)

IV.Monocotyledon 單子葉植物

25.Cyperaceae 莎草科

51.*Carex brachyathera* Ohwi 垂穗薹 (H, E)

52.*Carex chrysolepis* Franch. & Sav. 黃花薹 (H, V)

53.*Carex satzumensis* Franch. & Sav. 油薹 (H, V)

26.Juncaceae 燈心草科

54.*Luzula taiwaniana* Satake 臺灣地楊梅 (H, E)

27.Orchidaceae 蘭科

55.*Ponerorchis kiraishiensis* (Hayata) Ohwi 奇萊紅蘭 (H, E)

28.Poaceae 禾本科

56.*Agropyron formosanum* Honda 臺灣鵝觀草 (H, E)

57.*Brachypodium kawakamii* Hayata 川上短柄草 (H, E)

58.*Bromus formosanus* Honda 臺灣雀麥 (H, E, NT)

59.*Bromus morrisonensis* Honda 玉山雀麥 (H, E)

60.*Deschampsia cespitosa* (L.) P. Beauv. var. *festucaefolia* Honda 髮草 (H, E)

61.*Deschampsia flexuosa* (L.) Trin. 曲芒髮草 (H, V)

62.*Deyeuxia suizanensis* (Hayata) C. Hsu 水山野青茅 (H, E, NT)

63.*Festuca ovina* L. 羊茅 (H, V)

64.*Festuca rubra* L. 紫羊茅 (H, E)

65.*Phleum alpinum* L. 高山梯牧草 (H, V)

66.*Poa taiwanicola* Ohwi 高山早熟禾 (H, E)

67.*Trisetum spicatum* (L.) Rich. var. *formosanum* (Honda) Ohwi 臺灣三毛草 (H, E)

附錄二. 南湖碎雪草樣區基本資料

樣區	X	Y	海拔(Alt)	坡度(Slo)	坡向 (Asp)	全天光 (Wls)	直射光 (Dls)	pH	含石率 (Sto)	地形 (Top)
奇萊北峰										
EU1	283908	2668076	3460	32	1	0.59	0.71	6.48	4	3
EU2	283911	2668076	3463	32	1	0.59	0.71	6.14	4	3
EU3	283927	2668082	3469	38	3	0.59	0.76	6.81	4	3
EU4	283947	2668103	3494	39	2	0.53	0.61	5.75	4	3
EU5	283992	2668098	3536	30	5	0.59	0.73	6.09	4	3
EU6	284001	2668136	3579	50	6	0.60	0.71	5.83	5	2
雪山										
EU7	273862	2697888	3639	11	12	0.65	0.75	6.04	4	3
EU8	273545	2697803	3762	40	9	0.90	0.95	5.75	4	3
EU9	273521	2697805	3778	42	7	0.90	0.95	5.8	4	3
EU10	273505	2697830	3793	32	5	0.89	0.89	5.57	4	2
EU11	273489	2697794	3803	35	9	0.92	0.92	5.93	4	2
EU12	273523	2697491	3877	10	11	0.95	0.96	5.63	4	1
EU13	273513	2697469	3876	17	11	0.95	0.96	5.18	4	1
EU14	273512	2697448	3873	35	2	0.92	0.96	5.11	4	1
EU15	273507	2697445	3873	35	4	0.85	0.92	5.36	4	1
EU16	273513	2697457	3878	24	3	0.90	0.94	5.11	4	1
南湖大山										
EU17	294950	2695233	3520	22	14	0.62	0.6	5.41	4	3
EU18	294956	2695190	3532	33	6	0.58	0.57	5.58	4	3
EU19	294948	2695182	3535	23	14	0.58	0.57	6.07	4	3
EU20	294935	2695087	3555	15	14	0.67	0.63	5.87	4	3
EU21	294936	2695011	3574	23	14	0.74	0.74	6.71	5	2
EU22	294908	2694906	3594	33	9	0.74	0.72	6.18	4	2
EU23	294889	2694855	3607	35	16	0.65	0.73	5.74	4	2
EU24	294848	2694811	3633	40	11	0.80	0.79	5.76	5	2
EU25	294775	2695078	3699	5	6	0.90	0.92	5.83	4	2

含石率: (1) 0-5%、(2) 6-35%、(3) 36-65%、(4) 66-95%、(5) 96-100%。

地形:(1)稜線至山頂、(2)上坡、(3)中坡、(4)下坡、(5)溪谷。

附錄三. 南湖碎雪草生育地土壤理化性質分析表

生育地區 土壤成分	南湖大山	奇萊北峰	雪山
交換性陽離子 Ca(cmol+)/kg)	1.76	1.20	1.17
交換性陽離子 Mg(cmol+)/kg)	0.78	0.18	0.10
交換性陽離子 K(cmol+)/kg)	0.28	0.14	0.15
交換性陽離子 Na(cmol+)/kg)	0.05	0.07	0.06
土壤有機質(%)	8.43	4.02	5.36
土壤總碳(%)	4.89	2.33	3.11
土壤總磷(mg/kg)	192.37	110.01	80.41
土壤總氮(mg/kg)	195.55	70.00	349.59
土壤碳氮比	25.37	29.8	50.08

附錄四. 南湖柳葉菜伴生物種植物名錄

屬性代碼(A, B, C)對照表

欄 A - T: 喬木、S: 灌木、C: 藤本、H: 草本

欄 B - E: 特有、V: 原生、R: 歸化、D: 栽培

欄 C - CR: 極危、EN: 瀕危、VU: 易危、NT: 接近受脅、DD: 資料不足

南湖柳葉菜伴生物種植物名錄

I. Gymnosperm 裸子植物

1. Cupressaceae 柏科

1. *Juniperus squamata* Lamb. var. *morrisonicola* (Hayata) H.L. Li & H. Keng 玉山圓柏 (T, E)

II. Dicotyledon 雙子葉植物

2. Apiaceae 繖形花科

2. *Angelica morrisonicola* Hayata 玉山當歸 (H, E)
3. *Oreomyrrhis taiwaniana* Masamune 臺灣山薰香 (H, E, VU)

3. Asteraceae 菊科

4. *Anaphalis morrisonicola* Hayata 玉山抱莖籟簫 (H, V)
5. *Anaphalis nepalensis* (Spreng.) Hand.-Mazz. 尼泊爾籟簫 (H, V)
6. *Artemisia kawakamii* Hayata 山艾 (H, E)
7. *Artemisia morrisonensis* L. 細葉山艾 (H, V)
8. *Artemisia oligocarpa* Hayata 高山艾 (H, E)
9. *Cirsium arisanense* Kitamura 阿里山薊 (H, E)
10. *Picris hieracioides* L. subsp. *morrisonensis* (Hayata) Kitamura 玉山毛連菜 (H, E)

4. Berberidaceae 小蘗科

11. *Berberis morrisonensis* Hayata 玉山小蘗 (S, E)

5. Brassicaceae 十字花科

12. *Arabis lyrata* L. subsp. *kamtschatica* (Fisch. ex DC.) Hulten 玉山筷子芥 (H, V)

6. Campanulaceae 桔梗科

13. *Adenophora morrisonensis* Hayata subsp. *uehatae* (Yamamoto) Lammers 高山沙參 (H, E)

7. Caryophyllaceae 石竹科

14. *Cerastium trigynum* Vill. var. *morrisonense* Hayata 玉山卷耳 (H, E)

15. *Dianthus pygmaeus* Hayata 玉山石竹 (H, E, VU)

8. Crassulaceae 景天科

16. *Sedum morrisonense* Hayata 玉山佛甲草 (H, E)

9. Dipsacaceae 續斷科

17. *Scabiosa lacerifolia* Hayata 玉山山蘿蔔 (H, E)

10. Ericaceae 杜鵑花科

18. *Gaultheria itoana* Hayata 高山白珠樹 (S, E)

19. *Rhododendron pseudochrysanthum* Hayata 玉山杜鵑 (S, E)

11. Gentianaceae 龍膽科

20. *Gentiana flavomaculata* Hayata 黃斑龍膽 (H, E)

21. *Gentiana scabrida* Hayata 玉山龍膽 (H, E)

22. *Gentiana scabrida* Hayata var. *punctulata* S. S. Ying 黑斑龍膽 (H, E)

23. *Lomatogonium chilaiensis* C. H. Chen & J. C. Wang 奇萊肋桂花 (H, E, CR)

12. Geraniaceae 牻牛兒苗科

24. *Geranium hayatanum* Ohwi 單花牻牛兒苗 (H, E)

25. *Geranium nepalense* Sweet subsp. *thunbergii* (Sieb. & Zucc.) Hara 牻牛兒苗 (H, V)

13. Onagraceae 柳葉菜科

26. *Epilobium amurense* Hausskn. 黑龍江柳葉菜 (H, V)

27. *Epilobium hohuanense* Ying ex Chen, Hoch & Raven 合歡柳葉菜 (H, E)

28. *Epilobium nankotaizanense* Yamamoto 南湖柳葉菜 (H, E, VU)

14. Primulaceae 櫻草科

29. *Primula miyabeana* Ito & Kawakami 玉山櫻草 (H, E)

15. Ranunculaceae 毛茛科

30. *Ranunculus formosa-montanus* Ohwi 蓬萊毛茛 (H, E)

16. Rosaceae 薔薇科

31. *Potentilla leuconota* D. Don var. *morrisonicola* Hayata 玉山金梅 (H, V)

32. *Sibbaldia procumbens* L. 五蕊莓 (H, V)

33. *Spiraea morrisonicola* Hayata 玉山繡線菊 (S, E)

17. Scrophulariaceae 玄參科

34. *Euphrasia transmorrisonensis* Hayata 玉山小米草 (H, E)

35. *Veronica morrisonicola* Hayata 玉山水苦蕒 (H, E)

18. Violaceae 堇菜科

36. *Viola biflora* L. 雙黃花堇菜 (H, V, NT)

III. Monocotyledon 單子葉植物

19. Juncaceae 燈心草科

37. *Luzula taiwaniana* Satake 臺灣地楊梅 (H, E)

20. Poaceae 禾本科

38. *Agropyron formosanum* Honda 臺灣鵝觀草 (H, E)

39. *Deschampsia cespitosa* (L.) P. Beauv. var. *festucaefolia* Honda 髮草 (H, E)

40. *Deschampsia flexuosa* (L.) Trin. 曲芒髮草 (H, V)

41. *Festuca formosana* Honda 臺灣羊茅 (H, E)

42. *Phleum alpinum* L. 高山梯牧草 (H, V)

43. *Trisetum spicatum* (L.) Rich. var. *formosanum* (Honda) Ohwi 臺灣三毛草 (H, E)

44. *Yushania niitakayamensis* (Hayata) Keng f. 玉山箭竹 (S, V)

附錄五. 南湖柳葉菜樣區基本資料

樣區	X	Y	海拔 (Alt)	坡度 (Slo)	坡向 (Asp)	全天光 (WIs)	直射光 (DIs)	pH	含石率 Sto	地形 Top
南湖大山										
EP1	294862	2696525	3583	42	11	0.77	0.87	5.94	4	3
EP2	294868	2696527	3583	40	9	0.80	0.81	5.96	4	3
EP3	294870	2696515	3575	27	5	0.70	0.78	6.23	4	3
EP4	294886	2696496	3567	35	11	0.65	0.71	6.45	4	3
EP5	294891	2696485	3559	35	7	0.65	0.69	6.12	4	3
EP6	294892	2696477	3555	25	7	0.64	0.72	5.96	4	3
EP7	294889	2696459	3548	36	11	0.68	0.78	5.59	4	3
EP8	294889	2696445	3536	35	11	0.54	0.62	5.88	4	3
EP9	294892	2696428	3532	25	11	0.53	0.63	6.23	4	3
EP10	294902	2696385	3511	19	7	0.50	0.6	6.26	4	3
EP11	294936	2695100	3565	22	14	0.66	0.76	6.04	4	3
EP12	295541	2695408	3545	35	1	0.70	0.84	6.71	4	3
EP13	295578	2695402	3547	31	4	0.78	0.92	6.86	4	3
EP14	295591	2695400	3552	33	2	0.75	0.9	6.65	4	3
EP15	295579	2695399	3548	31	4	0.75	0.9	6.69	4	3
EP16	295587	2695383	3538	31	4	0.68	0.84	6.45	4	3
EP17	295570	2695377	3538	31	4	0.72	0.8	6.67	4	3
EP18	295569	2695375	3533	31	4	0.73	0.88	6.52	4	3
EP19	295574	2695372	3534	31	4	0.70	0.82	6.64	4	3
EP20	295560	2695367	3528	31	4	0.73	0.84	6.36	4	3
奇萊主峰										
EP21	282431	2665566	3373	30	11	0.82	0.86	6.68	4	2
EP22	282417	2665526	3379	28	11	0.87	0.91	6.56	4	2
EP23	282432	2665503	3377	25	7	0.89	0.91	6.83	4	2
EP24	282427	2665493	3378	38	4	0.88	0.96	6.53	4	2
EP25	282670	2664869	3404	30	3	0.81	0.94	6.73	4	2
EP26	282674	2664871	3405	32	11	0.80	0.96	5.22	4	2
C27	282670	2664732	3405	40	6	0.66	0.69	6.65	4	2
EP28	282691	2664724	3422	32	2	0.71	0.68	6.83	4	3
EP29	282673	2664595	3419	37	6	0.68	0.68	6.11	4	3
EP30	282678	2664866	3417	10	11	0.81	0.93	6.83	4	2
雪山										

EP31	273518	2697863	3795	55	13	0.29	0.54	6.81	4	2
EP32	273524	2697875	3794	55	13	0.37	0.61	6.00	4	2
EP33	273537	2697877	3788	55	15	0.43	0.7	6.39	4	2
EP34	273528	2697881	3793	55	15	0.37	0.61	6.22	4	2
EP35	273529	2697890	3791	55	15	0.50	0.72	5.57	4	2

含含石率: (1) 0-5%、(2) 6-35%、(3) 36-65%、(4) 66-95%、(5) 96-100%。

地形:(1)稜線至山頂、(2)上坡、(3)中坡、(4)下坡、(5)溪谷。

附錄六. 南湖柳葉菜生育地土壤理化性質分析表

生育地區 土壤成分	南湖大山	奇萊主峰	雪山
交換性陽離子 Ca(cmol+)/kg)	1.02	2.14	4.11
交換性陽離子 Mg(cmol+)/kg)	0.08	0.02	0.37
交換性陽離子 K(cmol+)/kg)	0.35	0.34	0.4
交換性陽離子 Na(cmol+)/kg)	0.25	0.19	0.05
土壤有機質(%)	2.96	3.88	10.1
土壤總碳(%)	2.96	3.88	5.86
土壤總磷(mg/kg)	244.7	345.1	423.1
土壤總氮(mg/kg)	1657	3751	2727
土壤碳氮比	17.86	10.34	21.49

附錄七. 雪山馬蘭伴生物種植物名錄

屬性代碼(A,B,C)對照表

欄 A - T: 喬木、S: 灌木、C: 藤本、H: 草本

欄 B - E: 特有、V: 原生、R: 歸化、D: 栽培

欄 C - CR: 極危、EN: 瀕危、VU: 易危、NT: 接近受脅、DD: 資料不足

雪山馬蘭伴生物種

I. Pteridophyte 蕨類植物

1. Dryopteridaceae 鱗毛蕨科

1. *Dryopteris alpestris* Tagawa 腺鱗毛蕨 (H, V)

2. Pteridaceae 鳳尾蕨科

2. *Cryptogramma brunoniana* Wall. 高山珠蕨 (H, V)

II. Gymnosperm 裸子植物

3. Cupressaceae 柏科

3. *Juniperus squamata* Lamb. var. *morrisonicola* (Hayata) H.L. Li & H. Keng
玉山圓柏 (T, E)

III. Dicotyledon 雙子葉植物

4. Apiaceae 繖形花科

4. *Angelica morrisonicola* Hayata 玉山當歸 (H, E)

5. *Oreomyrrhis nanhuensis* C. H. Chen & J. C. Wang 南湖山薰香 (H, E, EN)

5. Asteraceae 菊科

6. *Anaphalis morrisonicola* Hayata 玉山抱莖籜簫 (H, V)

7. *Anaphalis nepalensis* (Spreng.) Hand.-Mazz. 尼泊爾籜簫 (H, V)
8. *Artemisia morrisonensis* L. 細葉山艾 (H, V)
9. *Aster takasagomontanus* Sasaki 雪山馬蘭 (H, E, NT)
10. *Cirsium kawakamii* Hayata 川上氏薊 (H, E)
11. *Erigeron morrisonensis* Hayata 玉山飛蓬 (H, E)
12. *Leontopodium microphyllum* Hayata 玉山薄雪草 (H, E)
13. *Picris hieracioides* L. subsp. *morrisonensis* (Hayata) Kitamura 玉山毛蓮菜 (H, E)
6. Berberidaceae 小蘗科
 14. *Berberis morrisonensis* Hayata 玉山小蘗 (S, E)
7. Brassicaceae 十字花科
 15. *Arabis lyrata* L. subsp. *kamtschatica* (Fisch. ex DC.) Hulten 玉山筷子芥 (H, V)
8. Campanulaceae 桔梗科
 16. *Adenophora morrisonensis* Hayata subsp. *uehatae* (Yamamoto) Lammers 高山沙參 (H, E)
 17. *Codonopsis kawakamii* Hayata 玉山山奶草 (H, E)
9. Caryophyllaceae 石竹科
 18. *Cerastium trigynum* Vill. var. *morrisonense* Hayata 玉山卷耳 (H, E)
 19. *Dianthus pygmaeus* Hayata 玉山石竹 (H, E, VU)

10. Crassulaceae 景天科

20. *Hylotelephium subcapitatum* (Hayata) Ohba 穗花八寶 (H, E)

21. *Sedum morrisonense* Hayata 玉山佛甲草 (H, E)

11. Dipsacaceae 續斷科

22. *Scabiosa lacerifolia* Hayata 玉山山蘿蔔 (H, E)

12. Ericaceae 杜鵑花科

23. *Gaultheria itoana* Hayata 高山白珠樹 (S, E)

24. *Rhododendron pseudochrysanthum* Hayata 玉山杜鵑 (S, E)

25. *Rhododendron pseudochrysanthum* Hayata var. *rufovelutinum* (Yamazaki)
Yamazaki 南湖杜鵑 (T, E)

13. Fabaceae 豆科

26. *Astragalus nankotaizanensis* Sasaki 南湖大山紫雲英 (H, E, EN)

14. Gentianaceae 龍膽科

27. *Gentiana atkinsonii* Burk. var. *formosana* (Hayata) Yamamoto 臺灣龍膽
(H, E)

28. *Gentiana flavomaculata* Hayata 黃斑龍膽 (H, E)

29. *Gentiana scabrida* Hayata var. *punctulata* S. S. Ying 黑斑龍膽 (H, E)

15. Geraniaceae 牻牛兒苗科

30. *Geranium hayatanum* Ohwi 早田氏香葉草 (H, E)

16. Lamiaceae 唇形花科

31. *Clinopodium laxiflorum* (Hayata) Mori 疏花風輪菜 (H, E)
17. Primulaceae 櫻草科
32. *Primula miyabeana* Ito & Kawakami 玉山櫻草 (H, E)
18. Ranunculaceae 毛茛科
33. *Ranunculus formosa-montanus* Ohwi 蓬萊毛茛 (H, E)
19. Rosaceae 薔薇科
34. *Potentilla tugitakensis* Masamune 雪山翻白草 (H, E, EN)
35. *Rubus pungens* Camb. var. *oldhamii* (Miq.) Maxim. 毛刺懸鉤子 (S, E)
36. *Sibbaldia procumbens* L. 五蕊莓 (H, V)
37. *Spiraea morrisonicola* Hayata 玉山繡線菊 (S, E)
20. Salicaceae 楊柳科
38. *Salix taiwanalpina* Kimura var. *takasagoalpina* (Koidz.) Ying 高山柳 (S, E)
21. Saxifragaceae 虎耳草科
39. *Parnassia palustris* L. 梅花草 (H, V)
22. Scrophulariaceae 玄參科
40. *Euphrasia nankotaizanensis* Yamamoto 南湖碎雪草 (H, E, NT)
41. *Veronica kojimae* Ohwi 玉山水苦蕒 (H, E)

IV. Monocotyledon 單子葉植物

23. Cyperaceae 莎草科

42. *Carex brachyathera* Ohwi 垂穗薹 (H, E)

43. *Carex satzumensis* Franch. & Sav. 油薹 (H, V)

24. Juncaceae 燈心草科

44. *Luzula taiwaniana* Satake 臺灣地楊梅 (H, E)

25. Poaceae 禾本科

45. *Brachypodium kawakamii* Hayata 川上短柄草 (H, E)

46. *Bromus formosanus* Honda 臺灣雀麥 (H, E, NT)

47. *Deschampsia cespitosa* (L.) P. Beauv. var. *festucaefolia* Honda 髮草 (H, E)

48. *Deschampsia flexuosa* (L.) Trin. 曲芒髮草 (H, V)

49. *Festuca ovina* L. 羊茅 (H, V)

50. *Trisetum spicatum* (L.) Rich. var. *formosanum* (Honda) Ohwi 臺灣三毛草
(H, E)

附錄八. 雪山馬蘭樣區基本資料

樣區	X	Y	海拔 (Alt)	坡度 (Slo)	坡向 (Asp)	全天光 (WIs)	直射光 (DIs)	pH	含石率 Sto	地形 Top
雪山										
AS1	273867	2697892	3612	11	12	0.65	0.78	5.96	4	3
AS2	273766	2697808	3670	22	16	0.63	0.74	5.86	4	3
AS3	273766	2697803	3673	22	16	0.63	0.74	6.02	4	3
AS4	273622	2697786	3716	31	11	0.62	0.73	5.7	4	3
AS5	273621	2697780	3716	34	11	0.66	0.75	5.43	4	3
AS6	273581	2697793	3737	30	11	0.62	0.72	5.74	4	3
AS7	273583	2697793	3736	30	11	0.62	0.72	5.25	4	3
AS8	273516	2697835	3791	42	7	0.93	0.91	4.92	4	2
AS9	273515	2697448	3876	40	5	0.90	0.95	5.21	4	1
AS10	273514	2697459	3880	28	5	0.88	0.92	5.12	4	1
南湖大山										
AS11	294947	2695176	3533	23	14	0.59	0.57	5.09	5	3
AS12	294805	2694830	3653	30	7	0.77	0.83	5.84	5	2
AS13	294792	2694837	3661	38	11	0.79	0.81	6.4	5	2
AS14	294778	2694857	3676	40	5	0.76	0.8	6.58	5	2
AS15	294704	2695059	3717	35	5	0.81	0.82	4.69	5	2
AS16	294681	2685079	3728	33	5	0.93	0.95	4.76	5	2
AS17	294573	2695176	3741	43	2	0.95	0.95	5.46	4	1
AS18	294574	2695182	3740	10	2	0.95	0.95	5.21	4	1

含石率: (1) 0-5%、(2) 6-35%、(3) 36-65%、(4) 66-95%、(5) 96-100%。

地形:(1)稜線至山頂、(2)上坡、(3)中坡、(4)下坡、(5)溪谷。


附錄九. 雪山馬蘭生育地土壤理化性質分析表

土壤成分	生育地區	
	南湖大山	雪山
交換性陽離子 Ca(cmol+)/kg)	1.24	1.75
交換性陽離子 Mg(cmol+)/kg)	0.7	0.22
交換性陽離子 K(cmol+)/kg)	0.44	0.38
交換性陽離子 Na(cmol+)/kg)	0.13	0.04
土壤有機質(%)	7.43	3.24
土壤總碳(%)	1.88	4.31
土壤總磷(mg/kg)	174.12	206.72
土壤總氮(mg/kg)	117	302.54
土壤碳氮比	41.31	63.94

附錄十. 研究材料及調查照片

	
樣區調查現況	樣區調查現況
	
南湖碎雪草生育地	南湖碎雪草植株
	
南湖柳葉菜生育地	南湖柳葉菜植株
	
雪山馬蘭生育地	雪山馬蘭植株

附錄十一. 雪山馬蘭播種及栽種試驗

	
<p>雪山馬蘭種子萌發狀況</p>	<p>雪山馬蘭種子萌發狀況</p>
	
<p>雪山馬蘭種子萌發狀況</p>	<p>雪山馬蘭 5 月份栽種狀況</p>
	
<p>雪山馬蘭 11 月份栽種狀況</p>	<p>雪山馬蘭 11 月份栽種狀況</p>
	
<p>雪山馬蘭 11 月份栽種狀況</p>	<p>雪山馬蘭 11 月份栽種狀況</p>

註:栽種介質為泥炭土+珍珠石+蛭石=3:1:1

附錄十二. 第一次審查會議回覆辦理情形

審查意見	辦理情形
<p>劉靜榆委員</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 環境因子觀測與評估方法有海拔高、坡度、坡向、方位與水分梯度、全天光空域、直射光空域，土壤性質等，除了土壤性質外，其他的都算是大環境的記錄，環境因子應該要增加微棲地的調查項目。 2. 土壤性質的調查只提到要檢測 pH 值，但未說明使用的檢測方法及儀器，請於材料方法中敘明並建議增列土壤含石率及含水率的紀錄。 3. 本計畫提出「物種棲地破碎化會造成族群間基因交流(gene flow)不順暢，在遺傳漂變(genetic drift)作用下，許多遺傳多型性將隨機從族群中永遠消失，物種的遺傳健康和種的遺傳結構完整性將被破壞，這樣的情形在小族群或瀕危物種中可能更為嚴重。」建議應該更具體的說明有關於碎裂化的現況及其原因。 	<ol style="list-style-type: none"> 1. 依委員建議辦理，後續會再增加土壤相關微環境因子調查，例如：土壤總碳量、土壤總磷量、土壤總氮量。 2. 依委員建議辦理，會詳述 pH 值檢驗的方式及相關儀器。土壤相關環境因子會再增加含石率及含水率。 3. 本研究中物種為高山植物，由於僅能生長於特定生育環境，且族群數量皆小，因此造就物種呈現不連續的分布，也阻礙族群間的基因交流，此外現今的氣候變遷可能對高山生態系統有較為嚴重的影響，也嚴重的威脅這些物種的生存。
<p>賴國祥委員</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 植相調查樣區位置：既定主觀取樣，建議：(1)是否灌叢生育地，以灌叢邊緣為中心線，左右各 50cm 或 1m，改以 1*1、1*2 或 2*2m² 方式進行樣點設置。(2)若是岩屑地以目標物種為中心，設 1*1 m² 或以 3*3m² 設樣區，調查四個角落的 	<ol style="list-style-type: none"> 1. 依委員建議進行野外樣區調查。

<p>1*1 m² 樣區，至於目標物種則全數調查。</p> <p>2. 種原保存維護除建立基因庫(種子、組培、境外保存)、保護現有生育地外，是否有思考其他可行方法。</p>	<p>2. 現生生育地的維護及種原的保存，應是目前較為可行的方式，其他可行方式如:利用不同族群或近緣種間的雜交進一步增加物種遺傳多樣性，是可考量的選項之一，但這樣的方式仍有需要謹慎思考的地方，可能造成物種的基因庫被汙染，尤其本研究中雪山及南湖大山族群呈現高度遺傳分化。</p>
<p>陳俊麟委員</p> <p>1. 南湖碎雪草之南湖大山的分佈資料為何沒有資訊，請於報告中加入。</p> <p>2. 南湖碎雪草目前都是以前的棲地資料，是否要強化此部分，並且同時進行其他三種植物相關資料收集。</p> <p>3. 建立基因庫保留種源及保護現有生育地是否有初步構想或想法，可提出初步建議。</p> <p>4. 審查報告書資料呈現上有許多格式或數據誤植，請修正。</p> <p>5. 野外採集需有記錄呈現，可讓主辦單位更明確瞭解工作情況。</p>	<p>1. 南湖碎雪草花期皆始於7月，因此，上述之調查時間內未見開花，其伴生植群亦未達生長適期，因此，其生育地調查及相關植群資料，待生長季持續進行，研究報告中所列之分布資料為王老師團隊 2009-2014年在雪山調查的資料，但南湖大山先前並無相關資料，因此報告中並無放入。待後續調查，詳細的生育環境資料會再第二次審查報告中加入。</p> <p>2. 依委員建議辦理，待後續調查會加入詳細的生育環境資料，此外會同時進行其他三種植物相關生育環境資料的調查。</p> <p>3. (1)基因庫保留種源:待後續調查時蒐集種子，並考慮進行種子發芽率的評估。未來若進行種源收集，可考慮放置國家作物種原中心或林業試驗所林木種子庫，請其協助進行保種動作。(2)現有生育地維護:</p>

	<p>建議避免山友造訪造成物種的生育地被破壞，此外更要持續普查本研究物種的生育地是否有遭受破壞；同時可以進一步調查是否有其他適合的生育環境，未來若當原生棲地被破壞時，將有域外保育的棲地可進行移植。</p> <p>4. 依委員建議辦理，會修正相關錯誤。</p> <p>5. 依委員建議辦理。</p>
<p>陳技佐綺鄉</p> <p>1. 建議受託單位 7 月進行野外調查及研究採樣需注意氣象及路況。</p> <p>2. 本案研究調查及採集標的涉文化資產保存法公告之珍貴稀有植物(南湖柳葉菜)，若可行建議今年度先完成採集之工作。</p> <p>3. 如何保留基因庫種源?是否有初步想法。</p>	<p>1. 謝謝委員的提醒，上山前會注意氣象及路況。</p> <p>2. 依委員建議辦理，今年會完成南湖柳葉菜採集工作。</p> <p>3. 待後續調查時蒐集種子，並考慮進行種子發芽率的評估。未來若進行種源收集，可考慮放置國家作物種原中心或林業試驗所林木種子庫，請其協助進行保種動作。</p>
<p>潘技正振彰</p> <p>1. 南湖碎雪草目前雪山地區僅剩 200 多株，建議評估是否有發新聞稿之必要性，加強對山友宣導與教育，避免山友踩踏到此稀有物種。</p> <p>2. 南湖碎雪草在分類上以往有的研究有與遺傳多樣性相關，建議本研究可將雪山圈谷的相近種當外群來進行分析，觀察其差異度，若差異大則無法進行雜交。</p> <p>3. 種子保存需在何種環境條件下進行，是否有相關研究報告可供參考。</p>	<p>1. 雖說發新聞稿來加強對山友宣導與教育，或許可避免山友踩踏到此稀有物種，但若新聞稿中有明確記載分布地，也會吸引山友爭相來拜訪，這樣可能會造成南湖碎雪草生育地破壞及數量的減少。</p> <p>2. 雜交成功與否，雖然與遺傳差異度有關，但並非絕對，因此這部分仍須進行雜交試驗才能明確得知。未來研究中會考慮加入近緣物種進入分析，並探討有無野外雜交個體存在。</p>

	<p>3. 種子保存:為保留種子活力過研究仍建議低溫保存，儲藏溫度愈低種子的儲藏壽命愈長 (Stanwood, 1985; Dickie et al., 1990; Ellis and Roberts, 1980)。但高山草本植物種子保存相關資料較少，因此本研究調查時會蒐集種子，後續考慮進行種子保存及發芽率的初步評估。</p>
<p>陳技士家鴻</p> <p>1. P25 雪山地區南湖碎雪草遺傳多樣性高則南湖地區低，是否可以解釋?或是此現象為自然狀況造成之結果。</p> <p>2. P39 如何恢復原有的遺傳歧異度。</p>	<p>1. 根據現有研究結果，造成這樣的現象可能是由於雪山地區的族群數量大於南湖大山所致，但仍不排除雪山族群可能是過往族群多次拓殖的現象因而造成多樣性較高，但這部分可能需要進行後續生物地理學探討才能得知。</p> <p>2. 若能維持現今族群量，當族群繁衍後代時，有性生殖過程中仍會藉由突變或重組使族群遺傳多樣性提高，因此若族群能維持其生育地及族群數量其遺傳多樣性是有機會增加，但若族群數量過少，遺傳多樣性可能就無法恢復。此外藉由不同族群間或種間雜交亦可增加遺傳多樣性，但這樣的方式仍有需要謹慎思考的地方，可能造成物種的基因庫被汙染。</p>
<p>于課長淑芬</p> <p>1. P9 研究材料之雪山馬蘭部分，花期為 7-8 月，與本處另案委託之「106 雪山高山生態系指標植物候調查」不一致，該案調查花期為 9-10 月。</p>	<p>1. 雪山馬蘭花期最早為 6 月開花，盛開時期為 8-9 月，南湖柳葉菜花期為 6 月底到 8 月中。</p>

<p>2. p11 研究地區部分 南湖柳葉菜亦在太魯閣園區之中央尖山、奇萊主山，是否有計畫採集分析(可完全瞭解太管處園區之南湖柳葉菜)。</p> <p>3. P15 遺傳多樣性及族群結構分析 1 取樣部分第 3 行”本前年度”？是第一年度上半年之類的嗎？另採樣時間未註明(採樣點位資料未來應於成果繳交時一併附於光碟中)。</p> <p>4. P36 倒數第 4 行“南湖碎雪草傳粉者為昆蟲”，為何種昆蟲？</p> <p>5. 有關保育生育地部分，有無具體保護建議？</p>	<p>2. 本計劃案主要以南湖大山族群為主，後續會考慮加入中央尖山、奇萊主山族群樣本。</p> <p>3. 依委員建議辦理，會再進行文字上修正及採樣點位資料未來成果繳交時會一併交付貴單位。</p> <p>4. 有關南湖碎雪草傳粉者為昆蟲，花粉傳播尚未記錄到為何種昆蟲，後續將使用影像攝影機記錄。</p> <p>5. 建議避免山友造訪造成物種的生育地被破壞，此外要持續普查本研究物種的生育地是否有遭受人為破壞的情形；同時可以調查是否有其他適合的生育環境可供生存，當原生棲地被破壞時，將有域外保育的地方可進行移植。</p>
<p>鄭副處長瑞昌</p> <p>1. 請受託單位提供野外調查詳實記錄(地點、時間)。</p> <p>2. 簡報中未呈現分期工作事項，建議受託單位提供未來工作期程規劃之資料。</p> <p>3. 本次審查會議缺少評選會議紀錄回覆表。</p> <p>4. 報告書 P39 結論與建議，提到建立基因庫保留種源等結論，請受託單位提供具體之建議。</p> <p>5. 新聞稿部分之撰寫需加強，建議與承辦課室討論後修正。</p>	<p>1. 依委員建議辦理，後續將提供野外調查詳實記錄(地點、時間)。</p> <p>2. 依委員建議辦理，後續審查會將提供未來工作期程規劃之資料。</p> <p>3. 依委員建議辦理，後續將放入審查會議回覆表。</p> <p>4. 所收集的種子後續應可考慮放置國家作物種原中心或林業試驗所林木種子庫，進行保種動作。</p> <p>5. 依委員建議辦理，後續會與承辦課室討論修正。</p>
<p>鍾處長銘山</p> <p>1. 請受託單位加強研究計畫報告書內容以重點之呈現，另結論與建議可以摘要條列撰寫。</p>	<p>1. 依委員建議辦理。</p>

附錄十三. 第二次審查會議回覆辦理情形

審查意見	辦理情形
<p>劉靜榆委員</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 本案之調查樣區位於最高海拔地區，工作艱辛，目前成果豐碩，直得肯定。 2. 本報告中生育地環境調查的「直接評估」部分宜更明確定義。 3. 植群分析方法的描述建議再詳加說明，下年度建議加入其他不含南湖柳葉菜、南湖碎雪草的樣區，並配合各樣區之微棲地因子進行對應分析(CCA)，以瞭解生育地之特性。 4. 植群型之命名建議依據植群命名法規之原則，並明確定義命名之方式，特別是優勢種及特徵種在植群型名稱之應用需要很明確，避免混用。 5. 雙向矩陣群團分析之原則宜在方法上略加說明並加註英文。 	<ol style="list-style-type: none"> 1. 謝謝委員的肯定。 2. 依委員建議辦理。 3. 依委員建議辦理，植群分析方法後續會詳加說明，此外明年度會加入不含本研究對象之樣區調查，並進行微棲地因子的對應分析(CCA)。 4. 依委員建議辦理，會依據植群命名法規之原則，明確定義命名的方式。 5. 依委員建議辦理，雙向矩陣群團分析之會在方法段落多加說明，並會加註雙向矩陣群團分析的英文。
<p>賴國祥委員</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 本計畫研究地區為高海拔地區，調查採樣極不容易，目前成果值得肯定。 2. 有效族群量的定義及討論建議詳加說明，並討論目前的族群量是否足夠族群延續? 3. 建議除監測外，加強現有生育地之管理維護，以維持現有族群狀況。 	<ol style="list-style-type: none"> 1. 謝謝委員的肯定。 2. 依委員建議辦理，會在有效族群量的定義及討論部份詳加說明。有效族群量是指在現階段遺傳多樣性下，所具有的族群數量，並非代表要延續族群量所需的最小族群數量。 3. 謝謝委員的意見，加強現有生育地之管理維護，應該是現階段保育此些物種最為重要的工作。 4. 依委員建議辦理，會統一內文與名

<p>4. 內文與名錄之中文名及學名應統一；表與內文之名詞應統一，部分數字需校正。</p>	<p>錄之中文名及學名，及確認內容及表格數字的一致性。</p>
<p>陳俊麟委員</p> <p>6. 南湖碎雪草為半寄生，是否有無寄主植物？</p> <p>7. 環境因子 pH 值的變化是否對相關植物族群分布具有影響力？</p> <p>8. 南湖柳葉菜及南湖碎雪草對生態之影響與意義？</p> <p>9. 種子收集之進度及相關試驗初步成果如何？</p> <p>10. 本計畫研究調查工作因環境條件較艱困，但都無相關資料呈現，請強化相關樣區及植物的圖片記錄資料的補充與強化。</p> <p>11. 本次報告書中格式，相關數值資料仍有許多錯誤或誤植處，請修正。</p>	<p>1. 根據野外觀察目前南湖碎雪草並無發現有寄生的現象，其寄生的特性可能有待進一步確認。</p> <p>2. 現階段發現環境因子 pH 值可能是兩物種生存環境的重要因子，後續若再加入不含本研究對象之樣區進行微棲地因子進行對應分析(CCA)，將可明確 pH 值是否為造成研究對象族群分布侷限的重要環境因子。</p> <p>3. 兩物種為冰河時期遺留的台灣特有種，且分布範圍較為侷限，具有生物演化與地質學上的重要意義，且在生態上兩物種分布的環境較為特殊，分布於高海拔(3000 公尺以上)岩碎地上，也說明瞭兩物種在生態上具有重要的意義。</p> <p>4. 目前已將南湖碎雪草種子請特生中心協助進行種子萌發試驗，待明年度呈現相關成果。</p> <p>5. 依委員建議辦理，報告將會強化相關樣區及植物的圖片記錄資料。</p> <p>6. 依委員建議辦理，會再修正相關錯誤的地方。</p>
<p>潘技正振彰</p> <p>4. 南湖柳葉菜及南湖碎雪草以平均突變速率來計算，時間為推估南湖碎雪草的世代時間為 1 年以進行時間座標軸的換算，換算顯示時間坐標軸範圍為現今到過去</p>	<p>1. 這部分的差異在於兩物種的遺傳多樣性高低及分析軟體設定所造成，後續會將採相同的時間座標軸。</p> <p>2. 根據 Wu et al., (2009)研究顯示南湖</p>

<p>900 年之間，南湖柳葉菜為 3,500 年之間，彼此之間的差異為何?</p> <p>5. 這兩者在報告書中均以子遺植物稱之，其鄰近地區如中國、日本等地是否有相近種，如為冰河期來到臺灣所子遺，其遺傳變異何以僅推估至 900 年或 3500 年之範圍?</p>	<p>碎雪草其相近種為 <i>E. borneensis</i> 及 <i>E. philippinensis</i>，分別分布於馬來西亞及菲律賓，此外日本亦有相近種 <i>E. maximowiczii</i> 的分布。而南湖柳葉菜由於屬文資法物種相關分子親緣研究資料較少，無法知道其近緣種，但同屬於 section <i>Epilobium</i> 的黑龍江柳葉菜可能是較為近緣物種，此物種不僅分布台灣同時於中國及日本。此外動態分析僅分析 900-3500 年間的族群改變情形，並非用來探討物種的起源時間，若要詳盡評估物種的起源時間則必須要有鄰近地區外群的加入進行生物地理的研究分析才能得知。</p>
<p>于課長淑芬</p> <p>1. 計算突變速率為何使用阿拉伯芥? 是否還有其他物種能取代? 若有其他物種，分析後數據是否有差異。</p>	<p>1. 由於並沒有南湖柳葉菜及南湖碎雪草物種的突變速率可用來估算，因此採用同為草本植物的阿拉伯芥的突變速率來估算，應是較為合理的選擇，如果選用其他木本植物的突變速率可能會造成分析結果有所問題。</p>
<p>陳秘書俊山</p> <p>1. 本研究案主要調查物種為南湖柳葉菜、雪山馬蘭及南湖碎雪草，本次報告缺少雪山馬蘭資料。</p> <p>2. 有關調查區域之溫度部分，針對雪山、南湖大山和奇萊主峰 3 個地區溫度是否有差異，建議受託單位可加以探討。</p>	<p>1. 雪山馬蘭是屬於明年度預定進行項目，待明年度將能提交相關研究成果。</p> <p>2. 依委員建議辦理，後續進行微棲地因子進行對應分析(CCA)，將可明確探討溫度是否為重要環境因子。</p>
<p>鄭副處長瑞昌</p> <p>1. 本研究案野外調查植物物種分布</p>	<p>1. 依委員建議辦理。</p>

<p>地點，需詳實記錄，研究成果報告提供物種分布地圖需另外處理。</p> <p>2. 本次報告針對二種物種(南湖柳葉菜及南湖碎雪草)進行比較，明年針對雪山馬蘭進行調查，未來是否需要三種植物進行比較。</p> <p>3. 本次審查資料結論建議未來保育策略者首重南湖碎雪草，其次為南湖柳葉菜，但南湖柳葉菜為文資法公告之珍稀物種，有關此部分，請受託單位再加以補充說明清楚。</p>	<p>2. 未來後續進行雪山馬蘭調查後亦會針對三物種間進行比較。</p> <p>3. 謝謝委員建議，後續結論建議部分將再補充說明清楚。</p>
<p>鍾處長銘山</p> <p>1. 珍稀物種之比較是否有準則?學術上是否有既定之準則可依據。</p> <p>2. 南湖柳葉菜及南湖碎雪草二種植物其分化不同，在生態演替過程中，目前處於何階段?</p> <p>3. 研究調查現地是否有植物更新情形存在?是否有觀察小苗存在?</p>	<p>1. 評估植物物種數量部分主要參考IUCN紅皮書項目有評估標準，本案結案前會進行比對，雖2017年植物名錄已公告，但仍會針對此部分會進一步確認。</p> <p>2. 兩物種由於遭受的演化力量不同導致於其遺傳分化程度不同，但根據族群動態分析兩物種族群逐漸萎縮，且族群具有低遺傳多樣性，都說明現階段兩物種滅絕的風險相當高，因此如果沒有持續監測或相關保育措施，未來可能走向滅絕。</p> <p>3. 目前現地觀察族群數量及更新情形(可觀察到有小苗)尚屬穩定，並沒有立即的危害造成族群量減少，但未來仍須持續監測。</p>

附錄十四. 第三次審查會議回覆辦理情形

審查意見	辦理情形
<p>李佩如技士</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 報告書第 8 頁研究材料與地區未紀錄野外調查及標本採樣時間，請補充。 2. 報告書第 10 頁請補充三種特稀有植物(南湖柳葉菜、雪山馬蘭及南湖碎雪草)目前於臺灣地區族群分布地圖。 3. 報告書第 72、73 頁討論第 2 點低程度的遺傳多樣性中結果顯示三種珍稀物種都歷經瓶頸效應，導致族群萎縮，是否能推算補充三個物種發生瓶頸效應時間或年份。 4. 報告書第 82 頁建議與未來施行方向第 5 點提到未來可進行種源收集，進行園區內 3 種稀有植物之保種作業，針對此部分，請評估現階段是否有執行之需要。 	<ol style="list-style-type: none"> 1. 依委員建議辦理，書面資料後續會補充。 2. 依委員建議辦理，書面資料後續會補充。 3. 報告書中圖 15、20 以及 25 可看出三種珍稀物種都歷經瓶頸效應的時間點。 4. 在 DNA 及遺傳物質分析結果，未來採種若係南湖柳葉菜只需在南湖大山採種；南湖碎雪草及雪山馬蘭則需分區採種(分南湖大山及雪山)。採種部份未在本計畫研究項目中，針對此部分，未來野外調查可同時進行南湖碎雪草採種；南湖柳葉菜收集種子比較繁瑣，因種子會飄散，所以會進行套袋收集種子。
<p>于淑芬課長</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 報告書第 47 頁圖 15 有顯示南湖碎雪草於南湖大山、雪山及奇萊北峰族群數量都有持續萎縮，但在雪山地區 900-1000 年前數量比目前還少，是否可解釋此部分。 2. 報告書結論提到現今三物種面臨嚴峻的環境及氣候改變，是否有過往資料顯示三種植物生長海拔有往上提升之現象(例：過往海拔 3200 公尺能發現的物種，現階段 	<ol style="list-style-type: none"> 1. 從報告書中圖 15 中可以了解過往雪山族群數量有曾經歷經過族群擴張的情形，但後續陸續遭受瓶頸效應(應是冰河事件發生之前後)導致族群數量變小，但仍大於 900-1000 年前族群數量。 2. 依委員建議辦理，後續找尋相關資料來檢視現今三物種是否有海拔上升的情形。 3. 雪山馬蘭目前是採種於南湖大山，萌發過程種子並未經過特別處理，

<p>要在 3500-3600 公尺才出現蹤跡)。</p> <p>3. 雪山馬蘭種子試驗中，發芽狀況極佳，採種是分區(南湖大山、雪山)試驗嗎?生長環境狀況及條件(溫度、濕度等)為何?種子是否有前處理?另種子採集之數量是多少?</p>	<p>在一般室溫環境下進行試驗。種子採集之數量這部分並無特別估算。</p>
<p>劉金龍課長</p> <p>1. 請詳述雪山馬蘭於雪山地區主要分布地點?</p> <p>2. 請受託單位補充雪山馬蘭、南湖柳葉菜及南湖碎雪草於轄區內發芽及開花月份，另是否有需加強對山友之宣導及避免踩踏，請評估補充說明。</p>	<p>1. 依委員建議辦理，雪山馬蘭主要分布雪山主峰頂及往北稜角鞍部路線上，另外附錄六中有詳細的座標資料。</p> <p>2. 雪山馬蘭係 7 月-9 月中、南湖柳葉菜係 6 月-7 月中、南湖碎雪草係 5 月-8 月中。在盛花期間，雪山主峰上除有 3 種珍稀物種外，同時還有其他植物亦在開花期，若園區內要加強對山友之宣導，應重視宣導山友不要跨越步道以外的地區及避免踩踏植物，影響高山珍稀植物的生育地，不需要針對特定物種宣導。</p>
<p>廖林彥主任</p> <p>1. 棲地破壞化造成遺傳多樣性降低對動物而言，會造成遷移困難，而植物是否也會有類似情況，會造成嚴重之影響。</p> <p>2. 有效族群量：南湖碎雪草 15~535；南湖柳葉菜 261~943；雪山馬蘭 35~128，請解釋為何數值差異這麼大。</p> <p>3. 在 DNA 分析中，南湖碎雪草及雪山馬蘭於雪山及南湖大山地區視為同一種，但建議將不同山脈族</p>	<p>1. 棲地破壞不論對動物或植物都會造成遺傳多樣性的下降以及傳播的困難，但仍需考慮不同物種本身傳播能力有所不同對其影響也會有所差異。</p> <p>2. 主要在於過往三物種的族群數量有明顯的差異，其中因南湖柳葉菜族群數量較大因此遺傳多樣性較高，也間接地造成高的有效族群數量，另外亦有可能南湖碎雪草以及</p>

<p>群視為同一種，復育不是要遺傳多樣性，如何做基因交流。</p> <p>4. 雪山馬蘭於雪山及南湖分化的時間點如何？</p>	<p>雪山馬蘭所遭受的瓶頸效應較大，因此呈現出此模式。</p> <p>3. 南湖碎雪草及雪山馬蘭在雪山以及南湖大山呈現高度遺傳分化，因此建議兩地方要同時都保存種原，而非僅保存單一山脈種原，未來若要增加遺傳多樣性是可考慮將兩地的植株進行人工授粉藉以增加多樣性，但仍需分別保存兩地種原。</p> <p>4. 依委員建議辦理，族群分化(雪山及南湖大山地區)的時間點，可以估算，資料後續補充。</p>
<p>藍智鴻技士</p> <p>1. 調查目標物種與伴生植物間是否有棲地、資源競爭的情形？不同植物族群的演替消長情形是否有季節性或長期消長趨勢。</p> <p>2. 目標物種的授粉昆蟲族群數量與其族群擴散有無直接影響。</p> <p>3. 雪山馬蘭種子散播方式為何？</p>	<p>1. 三個物種的伴生植物在每一樣區都有做覆蓋度調查，後續族群數要持續做監測調查才能知道數量，了解是否有族群消長的情形。</p> <p>2. 湖碎雪草昆蟲授粉部份主要是小型蠅類和熊蜂；另目標物種的授粉昆蟲族群數量與其族群擴散，不在本研究調查項目之中。</p> <p>3. 雪山馬蘭種子散播方式靠風力傳播為主。</p>
<p>鄭瑞昌副處長</p> <p>1. 本研究案調查請受託單位提供完整資料，需含 3 種珍稀植物地理位置座標。</p> <p>2. 目前文化資產保存法公告於 108 年度將珍貴稀有植物 5 種改成 4 種，報告書內容需修正。</p>	<p>1. 依委員建議辦理，附錄二、四以及六有提供詳細地理座標。</p> <p>2. 文化資產保存法公告於 108 年 4 月 23 日公告將珍貴稀有植物 5 種改成 4 種(解除臺灣油杉)，書面資料會統一修正。</p>
<p>楊模麟處長</p> <p>1. 本研究案未來最重要的保育工作是棲地維護，目前高山地區以承</p>	<p>1. 棲地維護部分，三物種生長皆不在登山步道，因此需加強對山友宣</p>

<p>載量進行山友管制，報告中提到首重棲地維護，在有限的環境下如何執行，請提出具體方針?</p> <p>2. 若三種珍稀物種植物的保種或採種部份是否能現在開始進行，為何目前野外調查未進行採種相關作業，將種子收集後送至國家作物種源中心或林業試驗所林木種子庫?</p>	<p>導，登山不離開既有的路徑，避免踐踏衝擊對高山植物生長及降低該族群數量之影響。</p> <p>2. 因本計畫預算未編列植物保種部分，目前還有一個生長季，針對三物種會先進行種子套袋及收集，若後續需要送國家作物種源中心，相關行政程序也請貴單位協助。</p>
<p>賴國祥委員</p> <p>1. 高山調查採樣有一定的困難度，目前之成果值得肯定。</p> <p>2. 物種生育地之描述，未來執行復育部分，除大環境外，目前出發點為人類角度，建議未來朝以物種生長地點紀錄並說明，例如：是否生長於灌木旁、岩石縫隙等，另關鍵因子需要再進一步分析。</p> <p>3. 現存三物種之族群量，依目前現況調查是否能預估可維持多久。</p> <p>4. 三物種目前皆面臨萎縮，若依現有的遺傳基因組成，可否推估能延續族群的最小族群量，亦即其族群量要達多少才足以維持不滅絕的量。</p> <p>5. 報告書第 80 頁結論第 7 點宜說明清楚。</p> <p>6. 植物調查樣區中，若有其他瀕臨危險(EN)以上之稀有植物，建議需記錄其狀況。</p>	<p>1. 謝謝委員的肯定。</p> <p>2. 依委員建議辦理。物種生育地之描述，未來會以物種角度紀錄及說明。</p> <p>3. 現存三物種之族群量，野外調查實際狀況觀測到目前族群數量是小的，但野外族群數量無法預估可維持多久，但仍需持續監測族群狀況。高山珍稀植物數量有減少之趨勢，建議管理單位在雪山地區或高山頂峰設置固定樣區(樣區不必大，但以不受人為干擾為主)，每年固定監測植物物種數量，累積長期監測數值，這方向的大數據可供未來經營管理參考。</p> <p>4. 根據 Franklin's 50/500 法則，若族群要維持長久時間不滅絕，至少需要 500 個個體，但根據分析結果顯示三物種中僅有南湖柳葉菜有效族群數量>500，其餘兩物種則較高的滅絕風險。</p> <p>5. 依委員建議辦理，書面資料後續會補充。</p>

	<p>5. 依委員建議辦理，書面資料後續會補充。</p>
<p>劉靜榆委員</p> <p>1. 本案經由之前的會議審查需要進行的工作項目大致底定，目前成果豐碩，值得肯定。</p> <p>2. 有關於植群分析的成果呈現目前有兩大學派，分別是歐陸學派和英美學派，在命名上建議本案採用歐陸學派，可參考 2003 年蘇鴻傑老師發表於台大實驗林有關植群命名的相關規定，將植群的層級劃分明確，本案的群型應該都是群叢等級以下。此外，應將命名的依據及定義在研究方法中說明清，例如優勢種、特徵種在命名上的排列順序，避免同一種植物分別被不同的命名時，卻無法分辨是優勢種或特徵種。本次報告雖有強調要進行其他外群樣區的調查，將資料再加入分析，這樣需要增加野外工作量，可以參考現有的植群分析文獻，嘗試將其相關資料納入本案植群分析結果，在不增加過多調查工作的前提下，呈現完整植群的層級及正式命名。</p>	<p>1. 謝謝委員的肯定。</p> <p>2. 依委員建議辦理，植群分析的成果在命名上會遵照委員意見參考 2003 年蘇鴻傑老師發表的文獻，以歐陸學派修正並列表呈現。</p>

附錄十五. 第四次審查會議回覆辦理情形

審查意見	辦理情形
<p>李佩如技士</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 報告書第 83 頁建議與未來施行方向第一點內容「根據現階段調查顯示兩物種並無面臨立即性的族群減少之危機...，兩物種是指雪山馬蘭、南湖碎雪草?請詳實紀錄植物名稱。 2. 請問第二次審查會議中有提到南湖柳葉菜有請特生中心協助進行種子萌發試驗，目前試驗是否有成果。 	<ol style="list-style-type: none"> 1. 此部分誤植，應為三物種，後續報告書會修正。 2. 目前剛進行萌發試驗，現階段實驗尚無結果，可能須等至明年。
<p>于淑芬課長</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 本研究調查三個物種土壤 PH 值偏中性，生長適合岩屑地，是否有機會能於武陵廢耕地進行復育? 2. 研究中有進行土壤有機質(有機碳、有機氮等)分析，請問此區域的碳氮與低海拔森林中有機碳、氮是否有差異?又或是只有土壤 PH 值有差異? 3. 南湖碎雪草是否有進行移地培育或種子試驗。 	<ol style="list-style-type: none"> 1. 現階段評估三物種中雪山馬蘭有可能性，但仍需前期試驗研究，本團隊後續可協助種原收集。 2. 現階段主要發現土壤 pH 值具有明顯差異，其他土壤有機質部分，尚須檢視其他研究資料進行比較。 3. 南湖碎雪草種子收集較不易，現階段尚無收集種子，因此並無進行種子試驗。
<p>潘振彰技士</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. 因山林開放政策，目前多數山友一日往返比例有增加之趨勢，此類山友多以輕裝上山，目前已發現雪東線許多地點均有捷徑的產生，亦很可能行走於雪山圈谷灌叢區，想瞭解研究調查過程中是否有發現路徑明顯受破壞或在此路徑上是否有南湖碎雪草、南湖 	<ol style="list-style-type: none"> 1. 目前三物種並無明顯因為山友踩踏造成破壞，其中南湖碎雪草以及雪山馬蘭可能有這樣的風險存在，故仍需進行長期觀測族群是否有受到危害，而南湖柳葉菜則主要分布在北陵角碎石坡上，山友不易到達，應較無受害之虞。

<p>柳葉菜生長，若有未來本處需要有何因應之經營管理措施。</p> <p>2. 在南湖調查之雪山馬蘭在型態上可明顯區分出不同之疑問種，然而在進行族群遺傳結構分析時，分析是否有排除疑問種或是有把疑問種一起進行分析。</p>	<p>2. 計劃書報告內容有排除疑問種分析，有關疑問種後續研究相關資料會提供給貴單位參考。</p>
<p>賴國祥委員</p> <p>1. 本計畫包含生態調查及物種遺傳分析都很詳盡，有具體成果，值得肯定。</p> <p>2. 報告書第 21、22、23 頁生育地之描述建議再檢視，例如：全天光空域可用平均值等。</p> <p>3. 報告書第 48、59、70 頁近幾百年來族群擴張及縮減的主要原因為何?建議可做推論。</p> <p>4. 報告書第 50、51 頁 Tajima's D 值欠顯著性，其代表意義，請補充說明。</p>	<p>1. 感謝委員提供的肯定，報告書的附錄及撰寫部分會統一修正。</p> <p>2. 生育地資料會再次檢視資料並修正。</p> <p>3. 百年來族群擴張及縮減其最主要原因可能在於過往氣候的影響，此外三物種野外族群量以及生育環境的差異亦會造成影響。</p> <p>4. 報告書將補充該資料，此數值主要可用來評估族群是否有經歷過擴張或瓶頸效應。</p>
<p>劉靜榆委員</p> <p>1. 本案經期中修正植群型呈現方式增加周邊棲地之樣區，更明確敘明植群型之環境因子與保育目標物種之關係，本案估算有效族群數量並進行繁殖復育先期試驗而提出具體的建議及未來施行方向，予以高度肯定。</p> <p>2. 依據雪山馬蘭播種試驗發現在海拔約 300m 的地區仍可存活甚至有開花植株，顯示物種的適應力應該很強，但報告書第 80 頁提到“適應環境的能力降低，最終可</p>	<p>1. 謝謝委員的肯定。</p> <p>2. 此部分資料會再進行修正。</p> <p>3. 謝謝委員肯定，期望貴單位未來能延續本計畫案。</p>

<p>能走向滅絕之路”，似乎不太符合，建議略予調整。</p> <p>3. 本案執行兩年，有許多突破更發現雪山馬藍物種的型態及 DNA 差異，可能有新種的存在，建議相關之研究應持續進行。特別是在有效族群估算及最小存活族群數與繁殖機制及棲地需求之相關係仍需進一步釐清。此外，有關全球暖化議題，本案之三個物種應該可以更有效呈現其差異，因此延續針對物候調查，對未來在氣候變遷的說明更為有利。</p>	
---	--