

全球氣候變遷生物監測－ 太魯閣國家公園鳥類長期監測計畫（1）

太魯閣國家公園管理處委託辦理報告

中華民國 101 年 12 月

(本報告內容及建議，純屬研究小組意見，不代表本機關意見)

全球氣候變遷生物監測－太魯閣國家公園鳥類長期監測計畫（I）

太魯閣國家公園管理處委託辦理報告（104 年度）

全球氣候變遷生物監測— 太魯閣國家公園鳥類長期監測計畫（1）

受委託者：國立東華大學

研究主持人：許育誠

研 究 助 理：鄭勝文

太魯閣國家公園管理處委託辦理報告

中華民國 101 年 12 月

(本報告內容及建議，純屬研究小組意見，不代表本機關意見)

目次

表次	III
圖次	V
摘要	VII
第一章 緒論	1
第一節 研究緣起與背景	1
第二節 蒐集之資料、文獻分析	2
第二章 研究方法及過程	7
第一節 研究地點與鳥類繫放	7
第二節 候鳥血液寄生蟲的檢測與遺傳多樣性	10
第三章 研究成果	13
第一節 鳥類繫放	13
第二節 候鳥血液寄生蟲的盛行率與遺傳多樣性	22
第三節 候鳥與留鳥血液寄生蟲的流通狀況	27
第四章 結論與建議	29
第一節 討論與結論	29
第二節 建議	32
致謝	35
附錄一「全球氣候變遷生物監測—太魯閣國家公園鳥類長期監測計	

畫(一)」委託辦理計畫案期中審查會議紀錄	37
附錄二「全球氣候變遷生物監測—太魯閣國家公園鳥類長期監測計	
畫(一)」委託辦理計畫案期末審查會議紀錄	39
參考書目	41

表次

表 1. 2012 年太魯閣地區繫放的鳥類種類和數量	14
表 2. 本研究 2012 年在三個海拔樣區所繫放的鳥種和數量 . .	16
表 3. 匯源礦道 2009-2012 年鳥類繫放成果	18
表 4. 洛韶地區鳥類異地回收記錄	20
表 5. 合歡農場 2009-2012 年鳥類繫放成果	21
表 6. 黑臉鵒各亞種的血液寄生蟲盛行率	23
表 7. 黑臉鵒各類血液寄生蟲的感染樣本數與基因單型數 . .	24
表 8. 血液寄生蟲各基因單型在不同亞種黑臉鵒的感染數 . .	26

圖次

圖 1. 本研究三個不同海拔的繫放地點	8
圖 2. 本年度繫放的四種太魯閣國家公園新紀錄鳥種	15
圖 3. 蘇拉颱風過後的匯源礦道樣區	17
圖 4. 黑臉鵒血液寄生蟲各基因單型的親源關係樹	25
圖 5. 黑臉鵒和 10 種畫眉科鳥類體內血液寄生蟲親源關係圖 .	28

摘要

關鍵詞：鳥類、繫放、血液寄生蟲

一、研究緣起

太魯閣國家公園區內鳥類資源豐富，除涵蓋臺灣棲息在各海拔環境的留棲性鳥類外，區內冬季休耕的農業用地，是許多小型候鳥度冬的重要環境。全球氣候變遷一方面可能影響鳥類分佈的海拔變動，另一方面也可能對候鳥遷移的習性產生影響。太魯閣國家公園同時提供了探討這二類鳥類受到氣候變遷可能影響的場域。過去在太魯閣國家公園的鳥類繫放研究，發現許多園區內新紀錄的鳥種（許育誠 2011），顯示鳥類繫放是研究鳥類多樣性的有效工具。本研究擬在園區內不同海拔地區進行鳥類繫放，收集不同地區鳥種組成的季節組成資料，並利用繫放採得的遺傳樣本，進行遺傳多樣性的相關研究。探討園區內候鳥和留鳥間寄生蟲疾病的遺傳多樣性。未來可將研究成果擴及候鳥的繁殖地區，進行跨區域的整合研究。

二、研究方法及過程

在三個海拔高度的地區各選定一個樣區，作為長期固定繫放的地點。每季在各樣區至少各進行一次鳥類繫放調查，繫放以霧網捕捉，主要對象為數量較多的非保育類鳥類。捕捉到的個體分別進行標記、測量和採集血樣後於原地野放。從繫放時採得的血液樣本萃取 DNA，以巢式聚合酶連鎖反應，檢測園區內數量最多的冬候鳥黑臉鵙血液寄生蟲的盛行率、分析各亞種間血液寄生蟲盛行率的差

異、寄生蟲在各亞種間的分化狀況，並比較候鳥和留鳥是否感染相同的血液寄生蟲。

三、重要發現

今年一共在太魯閣國家公園園區內繫放 45 種、1042 隻鳥類，其中包括四種太魯閣國家公園的新紀錄種。繫放-回收資料顯示中海拔地區的鳥類會在鄰近的開墾地之間移動。相較於低海拔地區，高海拔地區鳥類的活動範圍似乎較廣，繫放個體重新被捕獲的數量較少，每次繫放回收的間隔時間也較長。

候鳥血液寄生蟲盛行率的研究則顯示不同亞種宿主間，血液寄生蟲沒有明顯的遺傳分化；而留鳥和候鳥間則沒有共同基因型的血液寄生蟲。

四、主要建議事項

根據本年度研究成果及研究過程中的發現和心得，提出以下二項建議：(一) 持續進行太魯閣國家公園鳥類的長期繫放、(二) 與東亞各國進行小型鳥類繫放交流。

立即可行建議：持續進行太魯閣國家公園鳥類的長期繫放

主辦單位：太魯閣國家公園

協辦單位：具鳥類繫放經驗的研究單位或民間團體

本研究希望建立國家公園區內不同海拔高度的鳥類長期繫放作業，並收集各地點的鳥類繫放資料。今年的繫放工作中，我們持續發現園區新紀錄的鳥種，後續應還會有更多新紀錄的鳥種經由繫放而被發現。

國內的鳥類繫放工作，大多是由鳥會等民間團體進行，重點在建立鳥類辨

識與形值資料的收集，以及透過回收，瞭解鳥類的遷移等。近年來開始有利用繁殖季的固定努力量繫放，檢測台灣留棲性鳥類的繁殖狀況等。而我們在太魯閣國家公園內的鳥類繫放工作，除了前述目標外，還藉由繫放操作時收集鳥類的組織樣本，進行遺傳分析與疾病檢測等。若能持續進行，更可以利用回收資料，估算各種鳥類的存活率等生活史參數。

中長期建議：與東亞各國進行小型鳥類繫放交流

主辦單位：太魯閣國家公園管理處

協辦單位：具鳥類繫放經驗的研究單位或民間團體

鳥類繫放的跨國合作，可以建立候鳥遷移的路線，長期的資料累積還可以作為研究氣候變遷等環境議題對生物影的重要資訊。在東亞地區，可能由於回收率低，目前尚無大規模的跨國繫放合作。

在太魯閣地區，每年均有大量的黑臉鵒在此度冬，在東亞地區，同樣以黑臉鵒為主要繫放鳥種的還有南韓的Hong-do和Heuksan-do等地的繫放站。黑臉鵒是當地數量最多的過境鳥種（Nam et al. 2011）。未來若能與當地鳥類繫放人員合作，連接鳥類遷徙的過境點（stopover site）和度冬地的繫放工作，分享二地的繫放資料，將有助於瞭解此一太魯閣國家公園內數量最多冬候鳥的遷移生物學。

Abstract

Keywords: Bird, Bird banding, Avian haemosporidian parasites

1. Introduction

The mountainous topology of the Taroko National Park provides various habitats for birds. The farmland fallow in winter provides important wintering habitats for migratory birds. Bird banding has been proved an effective way to record new species in the Park. In this study, by using mist-netting, we conducted extensive bird banding. The aim of this study are to collect species composition data in different seasons, and to collect blood samples from migratory birds for avian haemosporidian parasite analyses.

2. Materials and methods

We conducted bird banding at low, middle and high elevation sites at least once per season. We target at small-sized passerines. All birds were banded and measured when caught, after collecting some blood sample, the birds were released immediately. Using the blood samples from the Black-faced Bunting (*Emberiza spodocephala*), we extracted DNA and then conducted nested polymerase chain reaction to examine the existence of avian haemosporidian parasites. We then sequenced the parasites' mitochondrial DNA to decide the lineage of parasites and their specificity to different subspecies of Black-faced Bunting, as well as to different host species.

3. Main findings

In total, we have banded 1,042 birds from 45 species this year, four species of them were new records in the Taroko National Park. In mid-elevation areas, we recovered some birds in different localities, indicating that they can frequently move among fallow farmland in mid-elevation area. Compared the with low-elevation site, in high-elevation site, the birds seem to use a wider activity range with fewer species were recaptured, lower recover rate in several common species and more long-interval recaptures.

Blood parasite analysis revealed no difference in the prevalence of avian haemosporidian parasites in three subspecies of Black-faced Bunting. There is no parasite lineage share between the Black-faced Bunting and Timalidae babblers.

4. Suggestions

(1) Conduct long-term bird banding

Bird banding is an effective method to find cryptic bird species, with more birds banding practices, more new species will be found in the future. In addition, while holding birds in hands, we can collect body measurements data and biological materials (feather, blood, feces etc.) for other researches. The recapture of banded birds allow us to estimate the migration and survival rate of birds.

(2) International cooperation to study the migration of small passerines.

Few international bird banding cooperation was conducted in East Asia. By connecting bird banding sites along their potential migration routes, we can collect data such as their presence data, sex ration and body mass change. These information will contribute our understanding to the migration ecology of migratory birds of Taroko National Park.

第一章 緒論

第一節 研究緣起與背景

太魯閣國家公園海拔高度落差超過 3000 公尺，是全國唯一、也是世界少有涵蓋自海平面至高山的國家公園。區內鳥類資源豐富，除涵蓋臺灣棲息在各海拔環境的留棲性鳥類外，區內冬季休耕的農業用地，是許多小型候鳥度冬的重要環境（王維辰和許育誠 2011）。全球氣候變遷一方面可能影響鳥類分佈的海拔變動，另一方面也可能對候鳥遷移的習性產生影響，冬季候鳥進入園區也可能和區內的留鳥產生互動。太魯閣國家公園同時提供了探討這二類鳥類受到氣候變遷可能影響的場域。

過去在太魯閣國家公園的鳥類繫放研究，發現許多園區內新紀錄的鳥種（許育誠 2011）。利用繫放時所收集不同海拔地區鳥類的形值、生理和遺傳資料，發現鳥類在型態和遺傳上有隨著海拔增加產生變異的現象（許育誠 2009）；高海拔鳥類可能會因為氣候暖化而增加罹患寄生蟲疾病的風險（許育誠 2011）。顯示鳥類繫放是研究鳥類多樣性和生物適應的有效工具。本研究擬在園區內不同海拔地區進行鳥類繫放，收集不同地區鳥種組成的季節組成資料，並利用繫放採得的遺傳樣本，進行遺傳多樣性的相關研究。探討園區內候鳥和留鳥間寄生蟲疾病的遺傳多樣性，以及度冬候鳥間的族群分化。未來可將研究成果擴及候鳥的繁殖地區，進行跨區域的整合研究。

第二節 蒐集之資料、文獻分析

全球氣候變遷對生物的影響，是近年來許多生態研究關注的焦點。氣候暖化可能改變生物的分佈狀態，例如最近的報導顯示全世界的動、植物目前正以平均每 10 年 16.9 公里的速度快速往高緯度地區擴張，並以每 10 年 11 公尺的速度往高海拔地區分佈（Chen et al. 2011）。氣候暖化對留鳥的影響，可能改變他們海拔分佈的形式。例如東南亞地區的鳥類研究則發現許多熱帶地區的留鳥，其分佈範圍都有向上擴展的現象（Peh 2007）。Jump 等人（2012）的研究則發現自 1906 至 2006 年的 100 年間，台灣地區植物的分佈上限，平均以每年 3.6 公尺的速率往高海拔地區擴張。這類的研究都需要有長期累積的資料才能進行，而所需的資料來源除了長期監測的調查資料外，綜合不同年代的研究報告也可提供一些線索。為瞭解氣候變遷對國家公園生物多樣性的影響，近年來各國家公園也著手進行相關的研究。例如林惠珊等人（2011）分析日據時代（1925-1933）、1989、1996 和 2011 等年代雪霸國家公園區內的鳥類調查報告，發現至少有 67.3% 鳥種的海拔分佈上限往上增加，更有 75% 以上鳥種的分佈下限往上抬升。墾丁國家公園秋季過境猛禽的調查結果則顯示自 2002 至 2011 年，赤腹鷹過境墾丁的日期雖然沒有明顯變動，但主要過境期持續的時間卻有越來越長的現象，亦即赤腹鷹通過墾丁地區的數量越來越分散在不同日期（楊建鴻和楊明淵 2011）。金門國家公園 1989、2004、2010 年三次的鳥類調查結果則發現，金門地區的候鳥數量大多數都呈現減少的趨勢，尤其以雁鴨科鳥類減少的現象最為明顯，但八哥、紅鳩等鳥類的數量卻持續快速增加（許育誠 2010a）。這些結果雖然不能指出全球暖化是唯一的原因，但環境變遷的確造成鳥類數量或分佈形式的改變。在太魯閣國家公園，我們過去在山紅頭的研究發現鳥類的體型有隨著海拔梯度增加的現象，

而鳴唱聲的頻率則隨著海拔高度增加而逐漸降低（許育誠 2009、施佩君 2010）。生物在不同環境所產生的形值改變，是經過長期演化作用的結果。快速的氣候變遷是否會造成這些生物適應性演化的改變，進而影響物種的存活，是目前演化生態學研究關注的重要議題。

全球氣候變遷對鳥類的影響，除了改變鳥類的分佈外，也可能改變鳥類對疾病的感受性。國外的研究已顯示氣候變遷可能改變疾病的分佈形式（Harvell et al. 2002、Kutz et al. 2005、Massad and Forattini 2008）。夏威夷的研究也發現隨著氣候暖化，禽瘧疾的盛行率有往高海拔地區擴張的現象，並可能對高海拔地區的鳥類可能產生威脅（Freed et al. 2005）。過去我們針對太魯閣國家公園園區內的鳥類，進行了禽瘧疾寄生蟲盛行率的檢測，發現禽瘧疾在園區鳥類的盛行率達 29%，但只分佈在高海拔地區的鳥種較不易受感染，可能是高海拔的低溫限制了病媒或病原的活動；我們也發現禽瘧疾寄生蟲和宿主鳥種間雖然具有很強的專一性，但病原蟲的遺傳多樣性很高，可能是病原蟲藉由快速演化試圖增加對新宿主的寄生成功率（許育誠 2011）。全球暖化是否也會改變寄生蟲的分佈形式，增加太魯閣高海拔地區鳥類感染禽瘧疾的風險，有待持續監測。

台灣地區共 546 種鳥類中，有 253 種候鳥，佔所有鳥種數的 46.3%（劉小如等 2010）。這些候鳥中大多數是偏好在濕地活動的水鳥，因此過去在太魯閣、玉山和雪霸等山岳型國家公園的鳥類研究中，極少著重在候鳥相關的議題。但台灣的候鳥除水鳥外，還有為數不少的陸鳥，這類候鳥有些在過境時會沿著山區遷移，例如每年秋季玉山國家公園的塔塔加和自忠等地區，有數量眾多的候鳥會在夜間過境（陳炤杰 2009、2010）。在太魯閣國家公園，根據許皓捷（2007）整理太魯閣國家公園自 1989-2007 年、共 18 篇的鳥類調查報告，列出太魯閣國家

公園共有 152 種鳥類，其中包含 38 種候鳥，佔園區內鳥種數的 25%，他們已是太魯閣國家公園內鳥類多樣性的重要組成。根據我們 2009-2011 年在園區內的鳥類繫放成果，一共繫放了 100 種鳥，其中候鳥有 30 種，佔繫放鳥種數的 30%。太魯閣地區大部分候鳥均為冬季造訪的冬候鳥或過境鳥，園區內冬季休耕或廢耕的農地，在冬季正好提供他們在太魯閣地區度冬的重要棲息環境（王維辰 2011，王維辰、許育誠 2011）。對候鳥而言，氣候變遷對他們的遷移行為可能產生許多影響（Knudsen et al. 2011），最直接的就是改變候鳥遷移的行為（Schaefer et al. 2008），或是改變遷移開始的時間（Jonzén et al. 2006）等。

鳥類在野生動物中，是數量、種類較多，且較容易被發現的一個類群。傳統上的鳥類資源多以目視或聽覺進行調查，但對於習性隱蔽、不擅鳴叫的種類，很可能會忽略他們的存在，鳥類繫放提供了偵測這些隱蔽性鳥種的有效方法。例如在 2009-2011 年鳥類繫放作業中，我們所繫放的 100 種鳥中，一共有中地鵒、黃眉柳鶯、極北柳鶯、大葦鶯、短尾鶯、白眉鵒、黃喉鵒、冠鵒、野鵒、茅斑蝗鶯、褐色鵒等 11 種鳥未列在許皓捷（2007）的名錄中，是太魯閣國家公園的新紀錄種。這些鳥均為冬季造訪的候鳥，他們鮮少鳴叫且多偏好在灌叢中活動，除了透過繫放捕捉外，並不容易被紀錄。繫放除了可以增加太魯閣地區的鳥類名錄外，還可藉由標示個體的異地回收，探討候鳥的遷移路徑。在過去三年的繫放中，我們就曾經分別回收來自俄羅斯和韓國的候鳥，確定在太魯閣地區度冬候鳥的來源地。

冬季是候鳥和留鳥在台灣共存的季節，在太魯閣地區，我們發現這二類鳥在冬季使用的棲地環境略有不同，留鳥以森林灌叢為主要棲地，而候鳥則多利用廢棄或休耕的農地，但二者仍有在同一地區出現的情形（王維辰和許育誠 2011、

許育誠 2011)。國外的研究已經發現候鳥和留鳥間會互相傳播血液寄生蟲 (Waldenström et al. 2002)，這些候鳥是否會將病原帶進台灣？是否會將在台灣度冬時感染的病原帶回繁殖地？不同來源地間的候鳥是否可能會在度冬地交換病原？這些問題將可藉由太魯閣國家公園的鳥類長期繫放研究所收集的樣本進行探討。在過去的繫放研究中，我們著重在園區內的中海拔地區。本年度的研究，我們預計在園區內不同海拔高度地區進行鳥類繫放，依照標準化的鳥類繫放作業，收集園區內不同海拔地區的鳥類繫放資料，同時收集形值、遺傳樣本和羽毛等，建立鳥類長期監測計畫的作業系統，並收集過去繫放個體的回收紀錄；同時持續進行禽瘧疾寄生蟲的篩檢作業（許育誠 2011），並探討候鳥對度冬地忠誠性與禽瘧疾寄生蟲在候鳥的專一性與盛行率。

第二章 研究方法及過程

第一節 研究地點與鳥類繫放

一、研究地點

根據 2009-2011 年太魯閣國家公園區內的鳥類繫放經驗，我們在海拔 0-1000、1000-2000、2000-3000 公尺等三個海拔高度的地區各選定一個樣區，作為建立長期固定繫放的地點。低海拔樣區選定位於蘇花公路匯源隧道出口旁的廢棄礦道，海拔約 100 公尺，主要環境是低海拔的闊葉林（圖 1a）。中海拔樣區選定洛韶的一片山坡農地，海拔約 1200 公尺，主要環境是農田，種植蕃茄、高麗菜和水蜜桃等作物，冬季則大多處於休耕狀態（圖 1b, c）。高海拔樣區選定位於大禹嶺和小風口之間的合歡農場，海拔約 2700 公尺，主要環境是廢棄的農地，其間有部分為針葉樹造林地（圖 1c）。除以上三個樣區外，我們另於冬季在園區內其他地區增加繫放作業，一方面增加繫放的候鳥數量，一方面也收集更多候鳥的回收紀錄和組織樣本。



圖 1. 本研究三個不同海拔的繫放地點。(a)低海拔匯源礦道，(b)中海拔洛韶山坡農地，夏季，(c)中海拔洛韶山坡農地，冬季，(d)高海拔合歡農場。

（資料來源：本研究）

二、鳥類繫放作業

自計畫開始，每季在三個海拔高度的樣區至少各進行一次鳥類繫放調查，每次繫放作業包括二個上午和二個下午的時段，鳥網架設高度皆在四公尺以下，主要繫放對象為數量較多的非保育類鳥類。繫放以霧網捕捉，每次架設 6-10 張網。捕捉到的個體分別進行以下操作：(1)記錄捕獲日期和地點；(2)在每隻個體的跗蹠骨套上有編號的金屬環；(3)進行各項形值測量，包括體重、喙長、喙寬、喙深、翼長、尾長、跗蹠骨長、寬等形值；(4)於腋下靜脈採集約 20 ul 的血液，置於 600 ul 的 100 %酒精中保存，供後續 DNA 萃取與分析用。完成下列操作的個體立即於原地野放。

第二節 候鳥血液寄生蟲的檢測與遺傳多樣性

一、候鳥血液寄生蟲的檢測

在過去的研究中，我們已經對太魯閣地區的鳥類進行禽瘧疾盛行率的篩檢，並針對畫眉科鳥類的病原蟲進行序列檢測和分析。本年度將針對候鳥進行禽瘧疾寄生蟲多樣性的探討，一方面比較候鳥體內禽瘧疾寄生蟲是否和本地鳥種所感染的寄生蟲相同，同時也比較同一鳥種中的寄生蟲是否因為宿主亞種的不同而有遺傳分化的現象。本研究以黑臉鵒為主要篩檢對象。根據我們過去的繫放資料，黑臉鵒是太魯閣國家公園內數量最多的候鳥，自閤口至 2000 公尺慈恩的農地或灌叢等地都可發現。牠們每年 11 月在園區內開始有少量個體出現，12 月至 4 月間則數量普遍且穩定，至隔年 5 月則突然全數離開（許育誠 2009、2010b、2011）。黑臉鵒共有三個亞種：指名亞種（*Emberiza spodocephala spodocephala*）分佈於中國東北和西伯利亞、華中亞種（*E. s. sordida*）分佈於中國華中地區、日本亞種（*E. s. personata*）則分佈於庫頁島至日本中部（Byers et al. 1995 劉小如等人 2010）。三個亞種的繁殖地不重疊，但冬季則都會到中國東南和台灣等地度冬。由過去的繫放資料顯示，在太魯閣國家公園園區內，三個亞種均有出現，正適合用來探討血液寄生蟲病原在不同亞種間的遺傳分化等議題。血液寄生蟲的檢測的主要對象為造成鳥類感染禽瘧疾的血液變形蟲（*Haemoproteus*）、瘧原蟲（*Plasmodium*）和住血原蟲（*Leucocytozoon*）等三屬的原蟲。利用 Walendenström 等人（2004）所發展出的巢式聚合酶連鎖反應（nested polymerase chain reaction, nested PCR）增幅瘧原蟲粒線體 DNA 細胞色素 *b*（cytochrome *b*, cyt-*b*）基因的部分片段，PCR 的溫度設定與各項藥品用量，可見許育誠（2010）。經過 PCR 增幅作用後的 DNA 產物以 1.2 % 的瓊脂糖凝膠（agarose gel）進行電泳

(electrophoresis) (電壓：100 V，時間：30 分鐘)，電泳後的膠片再以溴化乙菲錠 (ethidium bromide) 染色，最後於紫外光下進行顯像與拍照。瓊脂糖凝膠電泳的結果若顯示有約 580 bp 的 DNA 片段者，則判定為感染禽瘧疾的個體。感染的個體則將 PCR 的產物加以定序。所得的禽瘧疾病原蟲 DNA 序列利用 DNASP V5 (Librado and Rozas 2009) 建構這些樣本的基因單型 (haplotype)，並計算各單型的樣本數。採用 MEGA 5 軟體 (Tamura et al. 2007)，評估最適合的演化模型，再以所得的演化模型建構這些血液寄生蟲的親源關係圖。

二、度冬候鳥在禽瘧疾傳播的可能角色

將所定序的候鳥血液寄生蟲基因單型和先前已完成定序的留鳥的血液寄生蟲序列比對，分析留鳥和候鳥病原共享的程度，以瞭解候鳥在禽瘧疾傳播的可能角色。而各亞種候鳥間的病原基因單型共享程度，則可作為判斷候鳥是否在度冬地交換病原的線索。

第三章 研究成果

第一節 鳥類繫放

至 2012 年 11 月 11 日止，我們共在低（匯源礦道）、中（洛韶）、高（合歡農場）等三個不同海拔樣區進行 16 次繫放作業。一共繫放了 41 種、789 隻次鳥類。若加上其他地點的繫放，則本年度共進行 28 次繫放作業，一共繫放了 45 種、1042 隻（770 隻為本年新增個體，其餘為回收繫放的個體）、共 1251 隻次鳥類。其中有 482 筆重複捕捉記錄，共來自 361 隻鳥。表 1 為本年度繫放的鳥種名錄與繫放數量。

今年的繫放一共新增加四種太魯閣國家公園新記錄種鳥類的繫放記錄，分別為紅頭伯勞（*Lanius bucephalus*）、灰斑鶇（斑鶇，*Muscicapa griseisticta*）、鏽鴉（*Emberiza rustila*）與金鴉（*Emberiza aureola*）（圖 2）。紅頭伯勞是台灣地區稀有的冬候鳥，我們於 2012 年 1 月 13 日於洛韶繫放，之後於 2 月至 4 月的繫放中，雖然未再捕獲，但每次均於洛韶樣區中發現，至 5 月才離開洛韶。這隻鳥每天清晨都會在繫放地點附近的電線上鳴叫，非常容易發現，可確定為在當地度冬的個體。灰斑鶇是台灣地區不普遍的過境鳥，是 2012 年 5 月 5 日在洛韶繫放，共捕獲二隻，該群至少有 6 隻，因為只在 5 月出現，應該是春季北返時過境的個體。金鴉是台灣地區稀有的過境鳥，我們於 2012 年 10 月 28 日在洛韶繫放一隻，鏽鴉則是不普遍的過境鳥，於 2012 年 10 月 27 日在洛韶繫放三隻、11 月 11 日在蓮花池繫放一隻。這些金鴉和鏽鴉的羽色都正在褪換中，不是典型成鳥的羽色，目前還不確定牠們是過境鳥，或是會在太魯閣地區度冬。

表 1. 2012 年太魯閣地區繫放的鳥類種類和數量。

鳥種	留/候鳥	繫放 隻數	繫放 隻次	鳥種	留/候鳥	繫放 隻數	繫放 隻次
黑臉鵒	候鳥	197	276	紅尾鶇	候鳥	6	6
山紅頭	留鳥	129	162	雜頭翁	留鳥	6	6
粉紅鸚嘴	留鳥	108	132	短翅樹鶯	候鳥	5	6
綠繡眼	留鳥	63	65	麻雀	留鳥	5	5
深山鶯	留鳥	60	76	褐頭鷓鴣	留鳥	5	5
藪鳥	留鳥	59	65	黃胸青鶇	留鳥	4	4
冠羽畫眉	留鳥	59	60	褐色叢樹鶯	留鳥	4	4
酒紅朱雀	留鳥	42	44	鏽鵒	候鳥	4	4
繡眼畫眉	留鳥	36	42	灰鶯	留鳥	3	3
白腰文鳥	留鳥	34	34	洋燕	留鳥	3	3
紅頭山雀	留鳥	32	36	棕面鶯	留鳥	3	3
灰頭花翼	留鳥	21	29	鱗胸鷓鴣	留鳥	3	3
栗背林鶇	留鳥	21	29	小卷尾	留鳥	2	2
樹鵒	候鳥	18	20	五色鳥	留鳥	2	2
小鵒	候鳥	15	22	灰斑鶇	候鳥	2	2
小鶯	留鳥	13	16	頭烏線	留鳥	2	2
白環鸚嘴鵒	留鳥	13	13	黃眉鵒	候鳥	1	3
綠畫眉	留鳥	12	13	大彎嘴	留鳥	1	1
金翼白眉	留鳥	11	13	小翼鵒	留鳥	1	1
黃尾鵒	候鳥	10	10	金鵒	候鳥	1	1
小彎嘴	留鳥	8	9	紅嘴黑鵒	留鳥	1	1
黑枕藍鶇	留鳥	8	9	紅頭伯勞	候鳥	1	1
極北柳鶯	候鳥	8	8				
合計				45 種		1042	1251

(資料來源：本研究)



圖 2. 本年度繫放的四種太魯閣國家公園新紀錄鳥種。(a)紅頭伯勞，(b)灰斑鶇，
(c) 鏽鶇，(d) 金鶇。(資料來源：本研究)

一、低海拔匯源礦道繫放成果

今年我們共在匯源礦道進行四次繫放，一共捕獲鳥類 10 種、64 隻次(表 2)。各次繫放捕獲的數量以 2 月(28 隻次)和 5 月(21 隻次)最多，而 7 月和 9 月的數量分別只捕獲 7 和 8 隻次。7 月可能是因為低海拔地區的氣溫太高，鳥類的活動不頻繁，不易被捕獲；9 月則是因為 7 月底的蘇拉颱風重創蘇花公路，將樣區原本的森林環境(圖 1a)幾乎夷為平地(圖 3)。也因為颱風造成的災害，9 月之後我們就停止在此區的繫放工作。此區所繫放的鳥種均為留鳥，且多為低海拔地區常見的鳥種，但在 2 月曾捕獲黃胸青鶇(1 隻)和冠羽畫眉(5 隻)等繁殖地位於較高海拔地區的種類，應該是冬季降遷至此的個體。

表 2. 本研究 2012 年在三個海拔樣區所繫放的鳥種和數量

匯源礦道			洛韶農地			合歡農場		
	隻數	隻次數		隻數	隻次數		隻數	隻次數
繡眼畫眉	18	21	黑臉鵪	121	165	藪鳥	56	62
山紅頭	9	11	粉紅鸚嘴	48	53	深山鶯	53	69
綠畫眉	10	11	綠繡眼	40	41	酒紅朱雀	42	44
黑枕藍鶇	6	7	白腰文鳥	32	32	冠羽畫眉	30	31
頭烏線	2	2	山紅頭	20	21	紅頭山雀	22	26
小彎嘴	1	1	小鵪	13	19	灰頭花翼	21	29
冠羽畫眉	5	5	樹鵪	8	8	栗背林鵪	21	29
綠繡眼	4	4	極北柳鶯	6	6	山紅頭	15	22
大彎嘴	1	1	小鶯	4	4	金翼白眉	11	13
黃胸青鶇	1	1	黃尾鵪	4	4	紅尾鶇	6	6
			白環鸚嘴鵪	3	3	灰鶯	3	3
			鏽鵪	3	3	粉紅鸚嘴	3	3
			藪鳥	3	3	褐色叢樹鶯	3	3
			小彎嘴	2	2	鱗胸鵪鵯	3	3
			灰斑鶇	2	2	小翼鵪	1	1
			洋燕	2	2	棕面鶯	1	1
			雜頭翁	2	2	黃胸青鶇	1	1
			五色鳥	1	1	極北柳鶯	1	1
			金鵪	1	1			
			冠羽畫眉	1	1			
			紅嘴黑鵪	1	1			
			紅頭伯勞	1	1			
			短翅樹鶯	1	1			
			褐色叢樹鶯	1	1			
			繡眼畫眉	1	1			
合計	57	64		321	378		293	347

(資料來源：本研究)



圖 3. 蘇拉颱風過後的匯源礦道樣區。原本被森林環繞的廢棄礦道已被土石掩埋。
(資料來源：本研究)

綜合過去的繫放記錄，從 2009 年至今，我們一共在匯源礦道共進行 10 次繫放作業，一共繫放了 12 種、99 隻、120 隻次。其中 8 種、17 隻鳥有回收記錄，共回收 21 次（表 3）。

表 3. 匯源礦道 2009-2012 年鳥類繫放成果。

繫放次	起始日	結束日	鳥種數	隻數	回收數
1	2009/4/17	2009/4/17	6	12	0
2	2009/5/8	2009/5/8	4	6	2
3	2009/5/31	2009/5/31	3	6	0
4	2009/7/21	2009/7/22	6	18	3
5	2011/7/11	2011/7/12	4	11	2
6	2011/9/7	2011/9/8	2	3	1
7	2012/2/7	2012/2/9	8	28	4
8	2012/5/14	2012/5/16	5	21	5
9	2012/7/22	2012/7/24	3	7	0
10	2012/9/12	2012/9/14	4	8	4

說明：虛線以下為本年度的繫放成果。

（資料來源：本研究）

二、中海拔洛韶樣區繫放成果

今年在洛韶一共進行 7 次繫放，一共捕捉 25 種、321 隻、378 隻次鳥(表 2)。

此區繫放的鳥類將近一半為候鳥，共有 10 種、160 隻、210 隻次，是三個樣區中候鳥數量最多的地區。其中黑臉鵒是此區冬季數量最多的鳥種，一共捕獲 121 隻、165 隻次。在 1 至 4 月，他們是洛韶樣區數量最多的鳥種，至 5 月起即全數離開，截至 10 月仍未返回此區度冬。此樣區是 2011 年冬季才開始進行繫放的地區，除今年的繫放外，另有二次 2011 年冬季的採集記錄。總計在此區在過去一年間共繫放了 28 種、443 隻鳥，其中候鳥 11 種、214 隻，留鳥 17 種、229 隻。

留鳥在種類和數量略多於候鳥，然而二者利用此區的方式有很大的差異：整體而言，候鳥在一年內各月間的回收率為 44.4% (95/214)，顯著高於留鳥 13.5% 的回收率 ($\chi^2_1 = 51.75, P < 0.01$)。若以個別鳥種而言，繫放的鳥種中，只有 6 種鳥的繫放數量較多 (10 隻以上)，其中黑臉鵒不僅數量最多，且有 51.7% 的個體在同一度冬季中有回收記錄。另一種鵒科候鳥小鵒也有 29.4% 的回收率，顯示洛韶地區的農田是這些候鳥度冬的重要環境，他們在冬季會持續利用這地區。留鳥中則以粉紅鸚嘴、白腰文鳥、綠繡眼和山紅頭等鳥類數量較多，他們雖然經常成群在樣區中出現，但除粉紅鸚嘴有 37.5% 的回收率外，其他三種的回收率都極低 (<3%)，對大部分留鳥而言，這些地區不是他們主要的活動環境，即使在候鳥離開的月份，他們也不會固定出現在這裡。此外，我們也在洛韶地區收集到 7 筆異地回收的繫放記錄，包括 4 筆洛韶繫放，西寶或蓮花池回收，以及 3 筆西寶或蓮花池繫放，於洛韶回收 (表 4)。顯示在太魯閣中海拔的蓮花池、西寶和洛韶等開墾環境中，鳥類互相移動可能很頻繁。

表 4. 洛韶地區鳥類異地回收記錄

序號	鳥種	繫放日期	繫放地點	回收日期	回收地點
洛韶繫放，於其他地點回收：					
1	黑臉鵑	2011/12/31	洛韶	2012/1/7	西寶
2	粉紅鸚嘴	2012/1/14	洛韶	2012/11/10	蓮花池
3	黑臉鵑	2012/1/14	洛韶	2012/2/6	西寶
4	黑臉鵑	2012/1/15	洛韶	2012/4/13	西寶
其他地點繫放，於洛韶回收：					
5	黑臉鵑	2009/12/5	西寶	2011/12/31; 2012/1/14	洛韶
6	白腰文鳥	2010/7/7	蓮花池	2012/10/28	洛韶
7	粉紅鸚嘴	2012/5/5	西寶	2012/10/26	洛韶

（資料來源：本研究）

三、高海拔合歡農場繫放成果

今年在合歡農場分別於 2、4、6、8、10 月進行繫放，一共繫放 18 種、293 隻、347 隻次鳥（表 2）。此區的鳥種以留鳥為主，候鳥只有二種，一是紅尾鵲，牠是我們在太魯閣地區唯一繫放的一種夏候鳥，於 4、6、8 月的繫放都有捕獲。另一種則是極北柳鶯，是台灣地區普遍的過境鳥和不普遍的冬候鳥，於 10 月 7 日捕獲一隻。各次的繫放中，2 月因為高海拔地區天氣寒冷，6 月則因為繫放途中下雨，影響繫放作業進行，致使繫放的數量較少。8 月起高山鳥類似乎開始結群，加上當年繁殖幼鳥的加入，使得繫放的數量大幅增加。

綜合過去的繫放記錄，從 2009 年至今，我們一共在合歡農場進行 15 次繫放作業，一共繫放了 22 種、672 隻、802 隻次鳥類。其中 11 種、95 隻鳥有回收記錄，共回收 131 次（表 5）。

表 5. 合歡農場 2009-2012 年鳥類繫放成果。

繫放次	起始日	結束日	繫放鳥種數	繫放隻數	回收數
1	2009/6/30	2009/7/2	3	4	0
2	2009/8/18	2009/8/18	7	26	0
3	2009/8/25	2009/8/27	11	54	9
4	2009/9/12	2009/9/12	2	2	2
5	2010/4/29	2010/5/2	12	90	11
6	2010/12/24	2010/12/25	5	18	1
7	2011/7/22	2011/7/24	14	173	6
8	2011/9/28	2011/9/30	8	45	2
9	2011/10/21	2011/10/23	8	35	2
10	2011/10/28	2011/10/29	4	8	2
11	2012/2/14	2012/2/16	6	25	8
12	2012/4/27	2012/4/29	10	64	11
13	2012/6/8	2012/6/10	14	50	19
14	2012/8/8	2012/8/10	12	93	22
15	2012/10/5	2012/10/7	13	115	36

說明：虛線以下為本年度的繫放成果。

（資料來源：本研究）

第二節 候鳥血液寄生蟲的盛行率與遺傳多樣性

一、候鳥血液寄生蟲盛行率

在 2012 年的繫放作業中，一共捕獲 12 種、268 隻候鳥，其中以黑臉鵑的數量最多，共有 197 隻，其餘種類的繫放數量都在 20 隻以下（表 1）。由於黑臉鵑的數量高出其他候鳥甚多，因此以黑臉鵑作為血液寄生蟲主要的檢測對象。共檢測了 190 隻個體，其中 52 隻檢測出血液寄生蟲，盛行率為 27.4%。我們另外利用自 2009 年起於太魯閣地區所收集的鵑科鳥類樣本，檢測其他鵑科鳥類感染血液寄生蟲的狀況，發現除黑臉鵑外的鵑科鳥類，感染血液寄生蟲的比例甚低：在 27 隻檢測的其他鵑科鳥類樣本中（包括 16 隻小鵑、7 隻黃喉鵑、2 隻白眉鵑、1 隻冠鵑和 1 隻葦鵑），只有 1 隻葦鵑呈陽性反應。

為增加樣本數，以進行黑臉鵑血液寄生蟲遺傳多樣性分析，我們綜合了 2009-2012 年間採集的黑臉鵑血液樣本進行檢測。一共檢測黑臉鵑 447 隻、720 份樣本（含重複捕捉的樣本），其中 131 隻、181 份樣本呈陽性反應。這 720 份樣本中，有 580 份可以由外型判斷亞種。在太魯閣地區度冬的黑臉鵑以華中亞種（*E. s. sordida*）的數量最多，共有 278 隻次、指名亞種（*E. s. spodocephala*）174 隻次之、日本亞種（*E. s. personata*）的數量最少，共有 128 隻次。各黑臉鵑亞種間的血液寄生蟲盛行率差異不大，分別介於 24.3%至 28.9%之間（表 6）。

表 6. 黑臉鵑 (*E. spodocephala*) 各亞種的血液寄生蟲盛行率

亞種別	樣本數	感染數	盛行率(%)
指名亞種 (<i>E. s. spodocephala</i>)	174	43	24.7
日本亞種 (<i>E. s. personata</i>)	128	37	28.9
華中亞種 (<i>E. s. sordida</i>)	278	67	24.1
不詳	140	34	24.3
合 計	720	138	25.1

(資料來源：本研究)

二、候鳥血液寄生蟲遺傳多樣性

將呈陽性反應的樣本進行 DNA 序列的判讀，扣除 PCR 產物量過少，無法定序，以及序列過於混亂無法判讀者，共完成 118 隻黑臉鵑、161 隻樣本的序列判讀，每份樣本共定序 441bp 的 *cyt-b* 基因。從這些序列共鑑定出 22 種基因單型 (H01-H22)。與 GenBank 資料庫比對的結果，發現在台灣度冬的黑臉鵑血液中，同時可檢測出瘧原蟲、血液變形蟲和住血原蟲等三屬的血液寄生蟲。各屬寄生蟲的感染樣本數與檢測出的基因單型數如表 7 所示。檢測出的寄生蟲類型中，瘧原蟲屬的寄生蟲不論是感染樣本數或是寄生蟲的基因單型 (haplotype) 數都最多，是黑臉鵑主要感染的血液寄生蟲。

表 7. 黑臉鵪各類血液寄生蟲的感染樣本數與基因單型數

病原種類型	感染樣本數	基因單型數
瘧原蟲 (<i>Plasmodium</i> spp.)	134	15
血液變形蟲 (<i>Haemoproteus</i> spp.)	21	4
住血原蟲 (<i>Leucocytozoon</i> spp.)	6	3
合計	161	22

(資料來源：本研究)

利用 *cyt-b* 的 441 bp 基因片段，以最大可能性法 (maximum likelihood) 建構黑臉鵪血液寄生蟲的親源關係樹 (圖 4)，發現各基因單型大致可以分成四個支系 (lineage)，血液變形蟲和住血原蟲各自成一支系，而瘧原蟲則可再分成 A、B 二支系。各支系多有一主要的基因單型，例如血液變形蟲以 H05 基因單型較普遍，佔全部感染血液變形蟲樣本的 80.9% (17/21)；瘧原蟲支系 A 中以 H03 型最普遍，93 隻感染樣本中有 56 隻屬於此型 (60.2%)；瘧原蟲支系 B 中以 H07 型最普遍，41 隻感染樣本中有 21 隻屬於此型 (51.2%)。住血原蟲則因感染樣本數較少 (6 隻)，沒有主要的感染基因單型 (表 8)。

血液寄生蟲基因單型在不同亞種黑臉鵪宿主中的專一性並不明顯。盛行率較高的血液寄生蟲基因單型在各亞種黑臉鵪中均可發現，僅見於單一亞種宿主的血液寄生蟲基因單型都是出現頻度極低的基因單型。唯一的例外是瘧原蟲 H07 和 H04 二基因單型。H07 在華中亞種感染個體的出現率達 23.3% (14/60)，在日

本亞種中則完全沒有出現 (0/34) ($\chi^2_1=9.32, P<0.01$)，也高於在指名亞種感染個體的出現率 (8.3%, 3/36)，但無統計上的顯著差異 ($\chi^2_1=3.47, P>0.05$)，在。在日本亞種和指名亞種間也無顯著差異 ($\chi^2_1=2.96, P>0.05$)。而 H04 基因單型在華中亞種感染個體的出現率只有 1.7%，顯著低於在日本亞種和指名亞種感染個體中的出現率 (χ^2 分別為 11.98, $P<0.01$ 和 4.49, $P<0.05$)。

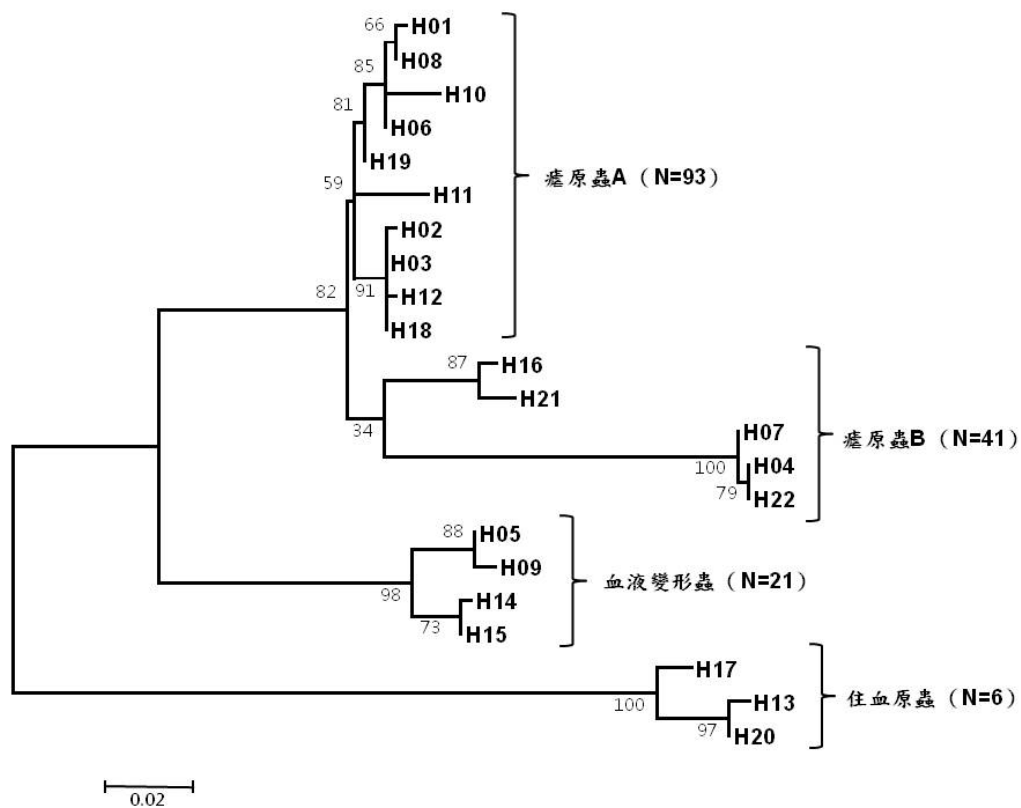


圖 4. 黑臉鵪血液寄生蟲各基因單型的親源關係樹 (Maximum likelihood tree, Model: TN93+G, 500 bootstraps)。

(資料來源：本研究)

表 8.血液寄生蟲各基因單型在不同亞種黑臉鵝的感染數。

病原類別與支系	基因單型	亞 種			不詳	合計
		指名亞種	華中亞種	日本亞種		
瘧原蟲 A	H01	2				2
	H08	1				1
	H10			1		1
	H06	6	8	7	4	25
	H19				1	1
	H11		2			2
	H02	1				1
	H03	11	22	11	12	56
	H12		2			2
	H18	1		1		2
瘧原蟲 B	H16				1	1
	H21		1			1
	H07	3	14		4	21
	H04	6	1	8	2	17
	H22		1			1
血液變形蟲	H05	4	4	4	5	17
	H09		1			1
	H14			1		1
	H15		2			2
住血原蟲	H17		1		1	2
	H13	1				1
	H20		1	1	1	3
合計		36	60	34	31	161

(資料來源：本研究)

第三節 候鳥與留鳥血液寄生蟲的流通狀況

在 2011 年的研究中，我們檢測了 10 種、共 908 隻畫眉科鳥類的血液寄生蟲盛行率。從其中共獲得 172 個樣本的血液寄生蟲序列（許育誠 2011）。我們以這些序列作為太魯閣留鳥血液寄生蟲的代表，比較畫眉科鳥類和黑臉鵒的血液寄生蟲之間是否有相同的序列，亦即二類群的鳥是否有病原蟲共享的現象。總共 353 個血液寄生蟲序列（每隻個體的序列長度為 403bp）中，一共鑑定出 56 個基因單型，其中 41 種來自畫眉科鳥類，15 種來自黑臉鵒，二者完全沒有相同的基因單型，顯示黑臉鵒和畫眉科鳥類間的禽瘧疾血液寄生蟲有明顯的遺傳分化，彼此間的禽瘧疾病原蟲並不會互相感染。雖然二者體內沒有共有的血液寄生蟲，但由圖 5 的親源關係圖顯示黑臉鵒和畫眉科鳥類血液寄生蟲的親源關係非常接近。

第四章 結論與建議

第一節 討論與結論

一、鳥類繫放

本研究所選定的三處繫放點中，洛韶是以農耕地為主的環境，所繫放的鳥中，約有一半是候鳥。此結果與我們過去在西寶所進行的調查相同：太魯閣國家公園中海拔地區的農田環境，在冬季休耕時提供候鳥重要的棲息環境（王維辰、許育誠 2011）。今年至 10 月止，這些候鳥尚未回到這裡度冬，預計自 11 月中起，他們會陸續出現，應可回收到今年初所繫放的個體，屆時可藉由繫放個體的回收數量，探討他們對於度冬棲地的忠誠性。

低海拔的匯源礦道和合歡農場都是以森林為主的環境，但是在匯源的繫放數量較合歡農場的結果少很多。此區海拔低、溫度高，且面向海面，清晨的光線已經很強，致使鳥多在樹林中間活動而不易捕捉。此區已因蘇拉風災而毀損，後續如果要持續進行低海拔地區的繫放，應避免選擇向陽面，或許可以增加繫放的成果。

除了繫放數量的差異外，在合歡農場樣區中，鳥類利用此區域的方式似乎和在匯源礦道樣區的鳥類不同。綜合歷年的繫放—回收（以及再回收）的資料，合歡農場總共繫放 22 種鳥，其中只有 11 種有回收記錄，而匯源繫放的 12 種鳥中，就有 8 種有回收記錄；此外，合歡農場的 131 次回收紀錄中，有 48 次（36.6%）的回收是發生在距前次捕捉後間隔 4 次（含）以上的繫放作業；而匯源樣區大部分鳥類的繫放回收都出現在相近的繫放作業，僅 14.3%（3/21）的回收是出現在距前次捕捉後間隔 4 次（含）以上的繫放作業。這些資料意謂高海拔地區鳥類的

活動範圍可能較大，較不易被連續捕獲。此外，在合歡農場各鳥種的繫放回收率也有很大的變異，在繫放數量最多的 10 種鳥中（繫放隻數在 25 隻以上），以山紅頭的回收率最高，可達 48.1%（13/27），其次是深山鶯，有 20.7%（24/116）的個體有回收記錄，其他數量較多的常見鳥種，例如藪鳥（10/112）、酒紅朱雀（7/82）、冠羽畫眉（8/77）、栗背林鴉（10/57）、灰頭花翼（9/50）、金翼白眉（5/31）等，都只有 7.1%至 17.5%的個體有回收記錄，而灰鶯則從未被回收（共繫放 25 隻）。上述鳥類是合歡農場最常見的鳥類，每次繫放大多有捕獲記錄，牠們的低回收率顯示在高海拔地區，這些鳥的活動範圍可能很廣泛，以致每次繫放所捕獲的個體多不相同。

二、候鳥血液寄生蟲的篩檢

在太魯閣國家公園園區內，黑臉鵒是數量最多的候鳥，今年檢測的樣本顯示其血液寄生蟲的盛行率為 27.4%。在台灣，鵒科鳥類共有 19 種（劉小如等 2011），牠們在台灣全是冬季的過境或度冬鳥類。園區內除了黑臉鵒外，我們過去也曾紀錄到 9 種鵒科鳥類，唯數量遠少於黑臉鵒，每年都僅有少數個體的發現記錄。我們檢測了其中 5 種、共 27 隻鵒科鳥類的血液樣本，僅有一隻呈現陽性反應，似乎這些冬季共域的鵒科鳥類，並不會感染黑臉鵒的血液寄生蟲。

黑臉鵒指名亞種的繁殖區位於西伯利亞地區，我們預期該地的低溫會不利病媒和病原的生長，因而使疾病的盛行率較低（LaPointe et al. 2010）。但研究結果發現三個亞種黑臉鵒的血液寄生蟲盛行率沒有差異。此外，在黃鶺鴒的研究中，在春季過境期的採樣檢驗中，發現不同亞種的黃鶺鴒，不同亞種間所感染的血液寄生蟲有顯著的差異，推測原因可能跟牠們在繁殖地使用不同類型棲地有關

(Valkiūnas and Iezhova 2001)。本研究中各亞種黑臉鵙感染的血液寄生蟲類型沒有明顯差異，除少數僅出現在 1 隻個體的基因單型外，各血液寄生蟲的基因單型多同時出現在各亞種黑臉鵙間，並沒有因為三個亞種繁殖地不共域而有血液寄生蟲特化的現象。但是有二種基因型在不同亞種宿主間的出現率有顯著差異，表示不同類型的病原可能有不同的感染能力 (Szöllősi et al. 2011)。Szymanski and Lovette (2005) 的研究發現血液寄生蟲的宿主—病原的專一性不高，不同科鳥類共有同一類型血液寄生蟲的現象很普遍；而 Bensch 等人 (2000) 則有不同的發現：不同鳥種間各自帶有獨特的血液寄生蟲類型，宿主間沒有病原共享的現象，但是有些宿主鳥種間的血液寄生蟲遺傳差異非常小，亦即病原蟲可能在不同種宿主間轉移的現象經常出現。比較黑臉鵙和畫眉科鳥類體內的血液寄生蟲，則發現與 Bensch 等人 (2000) 的結果相似：宿主鳥種間沒有共同的寄生蟲基因單型，但各自感染的血液寄生蟲中，各支系的遺傳組成非常接近。此現象暗示血液寄生蟲可能藉由產生新的遺傳變異，而在新的宿主體內成功拓殖。

第二節 建議

建議一

持續進行太魯閣國家公園鳥類的長期繫放：立即可行建議。

主辦單位：太魯閣國家公園

協辦單位：具鳥類繫放經驗的研究單位或民間團體

本研究希望建立國家公園區內不同海拔高度的鳥類長期繫放作業，收集各地點的鳥類繫放資料，並收集鳥類形值和組織資料。這些資料若能持續累積，將可作為未來環境變遷相關研究的重要基礎資料。今年的繫放工作中，我們持續發現園區新紀錄的鳥種，後續應還會有更多新紀錄的鳥種經由繫放而被發現。

國內的鳥類繫放工作，大多是由鳥會等民間團體進行，重點在建立鳥類辨識與形值資料的收集，以及透過回收，瞭解鳥類的遷移等。近年來開始有利用繁殖季的固定努力量繫放，檢測台灣留棲性鳥類的繁殖狀況等。而我們在太魯閣國家公園內的鳥類繫放工作，除了前述目標外，還藉由繫放操作時收集鳥類的組織樣本，進行遺傳分析與疾病檢測等。若能持續進行，更可以利用回收資料，估算各種鳥類的存活率等生活史參數。

建議二

與東亞各國進行小型鳥類繫放交流：中長期建議

主辦機關：太魯閣國家公園管理處

協辦機關：具鳥類繫放經驗的研究單位或民間團體

鳥類繫放的跨國合作，可以建立候鳥遷移的路線，長期的資料累積還有可以作為研究氣候變遷等環境議題對生物影的重要資訊。例如在歐洲進行的Euring鳥類繫放計畫，即整合歐洲各國的鳥類繫放工作，目前已累積超過1000萬筆鳥類的繫放記錄，為歐洲鳥類的遷移路徑和時程的研究，提供非常重要的資料。目前東亞地區鳥類繫放的跨國合作，多半集中在水鳥的繫放工作，小型鳥類則可能因為回收率低，目前尚無大規模的跨國繫放合作。

在太魯閣地區，每年均有大量的黑臉鵝在此度冬，在東亞地區，同樣以黑臉鵝為主要繫放鳥種的還有南韓的Hong-do和Heuksan-do等地的繫放站。黑臉鵝是當地數量最多的過境鳥種（Nam et al. 2011）。雖然我們還沒有回收到當地繫放的黑臉鵝，但是太魯閣閣口曾經拾獲來自Hong-do繫放的藍磯鶇，顯示經過當地的候鳥冬季會到太魯閣地區。未來若能與當地鳥類繫放人員合作，連接鳥類遷徙的過境點（stopover site）和度冬地的繫放工作，分享二地的繫放資料，將有助於瞭解此一太魯閣國家公園內數量最多冬候鳥的遷移生物學。

致謝

本研究感謝太魯閣國家公園補助研究經費。感謝徐中琪、黃仕澤、蔡佩芳、朱何宗、楊淳凱、曾信翰以及多位志工協助進行野外工作。徐中琪協助進行性別鑑定與血液寄生蟲篩檢。涂志昀協助各項行政事宜。以上各位的協助，是本研究能順利完成的最重要助力。感謝太魯閣國家公園管理處保育課陳俊山課長和蔡佩芳在各行政作業的支援和協助。

附錄一

「全球氣候變遷生物監測—太魯閣國家公園鳥類長期監測計畫(一)」

委託辦理計畫案期中審查會議紀錄

一、時間：101 年 7 月 3 日上午 9 時正

二、地點：本處會議室

三、主持人：曾處長偉宏

記錄：蔡佩芳

四、出席人員：詳簽名冊 (略)

五、主辦課室報告：

本案已依合約第二條規定(101 年 6 月 25 日前) 於 101 年 6 月 22 日(公文號 1010002679)提出期中報告書，並出席本處排定今日之期中審查會議。

六、討論：(略)

七、結論：

(一)鳥類研究是本處未來與國際接軌，推動跨域合作可行性較高之物種，可積極與相關領域之國際專家學者，做資料的交流，或建立合作研究之平台。

(二)有關各與會人員相關意見和建議，請受託單位參酌辦理。

(三)本期中審查符合本處要求，同意備查，並請依合約辦理後續作業。

八、散會：9 時 50 分正。

「全球氣候變遷生物監測—太魯閣國家公園鳥類長期監測計畫(一)」案

期中審查會議出席人員簽名冊

主辦單位：保育研究課

時間	101 年 7 月 3 日上午 9 時正	地點	本處會議室
主持人	曾處長偉宏	記錄	蔡佩芳
出席人員			
機關 (單位)	簽 名 (請以正楷書寫，以利辨識)		
1	國立東華大學	許育訓 鄭曉文 孫中琪	
2			
3	太魯閣國家公園 副處長		
4	秘書		
5	企劃經理課	費士泥	
6	環境維護課	何文晟	
7	遊憩服務課	黃志強	
8	解說教育課	孫政坤	
9	蘇花管理站		
10	布洛灣管理站	黃清波	
11	天祥管理站	邱如珍	
12	合歡山管理站	郭偉雄	
13	保育研究課	傅信仁 蔡佩芳	
14		李俊怡	
15	人事室	黃揚江	

附錄二

「全球氣候變遷生物監測—太魯閣國家公園鳥類長期監測計畫(一)」

委託辦理計畫案期末審查會議紀錄

一、時間：101 年12 月4 日下午4 時10 分正

二、地點：本處會議室

三、主持人：曾處長偉宏 記錄：蔡佩芳

四、出席人員：詳簽名冊

五、主辦課室報告：

本案已依合約第二條規定(101 年11 月25 日前) 於101 年11 月22 日(公文號1010005098)提出期末報告書，並出席本處排定今日之期末審查會議。

六、討論：(略)

七、結論：

- 1.有關101年度各委託（研究）辦理計畫簡報電子檔，會後保存於本處公用區U:\業務資料區\04-簡報區\保育課\101\期末簡報資料夾中，提供本處各業務課室經營管理參考運用。
- 2.本案可參照水鹿跨域整合研究之模式，未來可朝向國際合作接軌，尤其可積極先與對岸大陸相關領域之專家學者，做資料的交流，或建立合作研究之平台。
- 3.本期末審查符合本處要求，同意備查，並請依合約辦理後續請款及結案等相關事宜。

八、散會：16 時40 分正。

「全球氣候變遷生物監測—太魯閣國家公園鳥類長期監測計畫(一)」案

期末審查會議出席人員簽名冊

主辦單位：保育研究課

時間	101 年 12 月 4 日下午 4 時 20 分	地點	本處會議室
主持人	曾處長偉宏	記錄	蔡佩芳
出席人員			
機關 (單位)		簽 名 (請以正楷書寫，以利辨識)	
1	國立東華大學	許育誠	
2			
3	太魯閣國家公園 副處長		
4	秘書	林忠林	
5	企劃經理課	張美惠	
6	環境維護課		
7	遊憩服務課		
8	解說教育課	郭育現	
9	蘇花管理站		
10	布洛灣管理站		
11	天祥管理站		
12	合歡山管理站		
13	保育研究課	高欣 傅俊山 張玉蓮	
14		陳毅文	
15			

參考書目

- 王維辰。2011。農地現況與鳥類群聚關係之研究。國立東華大學自然資源與環境學系碩士論文。花蓮。
- 王維辰、許育誠。2011。太魯閣地區農地和廢耕地之鳥類群聚。國家公園學報。21：9-20.
- 林惠珊、黃永坤、黃光瀛、羅宏仁、孫元勳。2011。雪山地區鳥類海拔變化。第九屆海峽兩岸鳥類學術研討會論文摘要集。台北。
- 施佩君。2010。山紅頭（*Stachyris ruficeps*）鳴唱聲的地理變異。國立東華大學自然資源與環境學系碩士論文。花蓮。
- 陳炤杰。2009。玉山國家公園鳥類之資源清查與族群監測系統規劃及資料庫建置。玉山國家公園管理處。南投。
- 陳炤杰。2010。玉山國家公園鳥類資源調查規劃及資料庫與網頁建置。玉山國家公園管理處。南投。
- 許皓捷。2007。太魯閣國家公園鳥類群聚之研究（二）。內政部營建署太魯閣國家公園管理處。花蓮。
- 許育誠。2009。代表性生態系經營管理－霧林帶指標物種棲地問題計畫第一期。太魯閣國家公園管理處。花蓮。
- 許育誠。2010a。金門鳥類調查。金門國家公園管理處。金門。
- 許育誠。2010b。代表性生態系經營管理之霧林帶指標物種棲地問題計畫（二）鳥類於不同棲地環境的生存適應。太魯閣國家公園管理處。花蓮。

許育誠。2011。代表性生態系經營研究－霧林帶指標物種建立監測第三期。太魯閣國家公園管理處。花蓮。

楊建鴻、楊明淵。2011。一百年度墾丁國家公園春季及秋季過境猛禽族群數量調查。墾丁國家公園管理處。屏東。

劉小如、丁宗蘇、方偉宏、林文宏、蔡牧起、顏重威。2010。臺灣鳥類誌（下），行政院農業委員會林務局。台北。

Bensch, S., M. Stjernman, D. Hasselquist, Ö. Örjan, B. Hansson, H. Westerdahl and R. T. Pinheiro 2000. Host specificity in avian blood parasites: a study of *Plasmodium* and *Haemoproteus* mitochondrial DNA amplified from birds. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 267: 1583-1589. Byers, C., U. Olsson and J. Curson 1995. *Buntings and Sparrows: A Guide to the Buntings and North American Sparrows*. Pica Press, New York

Byers, C., U. Olsson and J. Curson. 1995. *Buntings and Sparrows: A Guide to the Buntings and North American Sparrows*. Pica Press, New York.

Chen, I-C., J. K. Hill, R. Ohlemüller, D. B. Roy and C. D. Thomas 2011. Rapid range shifts of species associated with high levels of climate warming. *Science* 333: 1024-1026.

Freed, L. A., R. L. Cann, M. L. Goff, W. A. Kuntz and G. R. Bodner 2005. Increase in avian malaria at upper elevation in Hawaii. *Condor* 107: 753-762.

Harvell, C. D., C. E. Mitchell, J. R. Ward, S. Altizer, A. P. Dobson, R. S. Ostfeld and M. D. Samuel 2002. Climate warming and disease risks for terrestrial and marine biota. *Science* 296: 2158-2162.

Jonzén, N., A. Lindén, T. Ergon, E. Knudsen, J. O. Vik, D. Rubolini, D. Piacentini, C. Brinch, F. Spina, L. Karlsson, M. Stervander, A. Andersson, J. Waldenström, A.

- Lehikoinen, E. Edvardsen, R. Solvang, N. C. Stenseth 2006. Rapid advance of spring arrival dates in long-distance migratory birds. *Science* 312: 1959-1961.
- Jump, A. S., T.-J. Huang and C.-H. Chou 2012. Rapid altitudinal migration of mountain plants in Taiwan and its implications for high altitude biodiversity. *Ecography* 35: 204-210
- Knudsen, E., A. Lindén, C. Both, N. Jonzén, F. Pulido, N. Saino, W. J. Sutherland, L. A. Bach, T. Coppack, T. Ergon, P. Gienapp, J. A. Gill, O. Gordo, A. Hedenström, E. Lehikoinen, P. P. Marra, A. P. Møller, A. L. K. Nilsson, G. Péron, E. Ranta, D. Rubolini, T. H. Sparks, F. Spina, C. E. Studds, S. A. Sæther, P. Tryjanowski and N. C. Stenseth 2011. Challenging claims in the study of migratory birds and climate change. *Biological Reviews* 86: 928-946.
- Kutz, S. J., E. P. Hoberg, L. Polley and E. J. Jenkins 2005. Global warming is changing the dynamics of Arctic host-parasite systems. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 272: 2571-2576.
- LaPointe. D. A., M. L. Goff and C. T. Atkinson 2010. Thermal constraints to the sporogonic development and altitudinal distribution of avian malaria *Plasmodium relictum* in Hawaii. *Journal of Parasitology* 96: 318-324.
- Librado, P. and J. Rozas 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* 25: 1451-1452.
- Massad, E. and O. P. Forattini 2008. Modelling the temperature sensitivity of some physiological parameters of epidemiologic significance. *Ecosystem Health* 4: 119-129.
- Nam, H.-Y., C.-Y. Choi, J.-G. Park, G.-P. Hong, I.-J. Won, S.-J. Kim, G.-C. Bing and H.-Y. Chae 2011. Protandrous migration and variation in morphological

- characters in *Emberiza* buntings at an East Asian stopover site. *Ibis* 153: 494-501.
- Peh, K. S.-H. 2007. Potential effects of climate change on elevational distributions of tropical birds in Southeast Asia. *Condor* 109: 437-441.
- Schaefer, H.-C., W. Jetz and K. Böhning-Gaese 2008. Impact of climate change on migratory birds: community reassembly versus adaptation. *Global Ecology and Biodiversity* 17: 38-49.
- Szöllősi, E., M. Cichoń, M. Eens, D. Hasselquist, B. Kempenaers, S. Merino, J.-Å. Nilsson, B. Rosivall, S. Rytönen, J. Török, M. J. Wood and L. Z. Garamszegi. 2011. Determinants of distribution and prevalence of avian malaria in blue tit populations across Europe: separating host and parasite effects. *Journal of Evolutionary Biology* 24: 2014-2024.
- Szymanski, M. M. and I. J. Lovette 2005. High lineage diversity and host sharing of malarial parasites in a local avian assemblage. *Journal of Parasitology* 91: 768-774.
- Tamura, K., J. Dudley, M. Nei and S. Kumar S 2007. *MEGA4*: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution* 24:1596-1599.
- Valkiūnas, G. and T. A. Iezhova 2001. A comparison of the blood parasites in three subspecies of the Yellow Wagtail *Motacilla flava*. *Journal of Parasitology* 87: 930-934.
- Waldenström, J., S. Bensch, S. Kiboi, D. Hasselquist and U. Ottosson 2002. Cross-species infection of blood parasites between resident and migratory songbirds in Africa. *Molecular Ecology* 11: 1545-1554.

Waldenström, J., S. Bensch, D. Hasselquist and Ö. Östman 2004. A nested polymerase chain reaction method very efficient in detecting *Plasmodium* and *Haemoproteus* infection from avian blood. *Journal of Parasitology* 90: 191-194.