

陽明山地區矢竹族群生態及遺傳研究

韓中梅 黃 生

國立臺灣師範大學生物系

內政部營建屬陽明山國家公園管理處

中華民國八十九年十二月

陽明山地區矢竹族群生態及遺傳研究

韓中梅 黃 生

國立臺灣師範大學生物學系

內政部營建署陽明山國家公園管理處

中華民國八十九年十二月

目錄

摘要.....	2
Abstract.....	3
前言.....	4
文獻評述.....	5
材料與方法.....	9
結果.....	14
討論.....	19
結論與建議.....	20
參考文獻.....	21
附表.....	25

摘 要

本研究報導分佈於陽明山地區包籜矢竹之族群生態及遺傳變異情形。89年平均結實率為0.67，大屯山、苗圃及中湖三地之結實率並無顯著不同；而追蹤大屯山、小油坑及中湖之小苗存活率的結果顯示，三地雖有小苗數的差異，但存活率則無顯著不同；基徑及、平均高度均與齡級成高度相關 ($r=0.91, 0.93$)，可作為生物量預測式之指標；根據預測式，幼苗至少需費時3-5年才能達成體大小。另外，使用葉綠體基因區間片段 *trnT-trnD* 序列的資料分析顯示開花前之成體與種子萌發形成之同齡層有極大之遺傳差異，需做擴大追蹤。

關鍵詞：包籜矢竹、生長曲線、生物量預測式、族群遺傳、基因區間 *trnT-trnD*

Abstract

This study reported the ecology and genetic variation of *Arudinaria usawai* population distributed in Yanmingshan area. 67% florets produced seeds in 2000, and no significant difference among florets recorded in three sites. The survival rates are similar in three sites, while the mean seedlings survived are different. Culms' base diameter and average height are both highly correlated to its developing order ($r=0.91$, 0.93). According to the prediction models, it takes 3-5 years reaching average adult-culms size. Intergenic spacer of chloroplast DNA (*trnT-trnD*) was sequenced, though small sample size, still revealed major difference between parents and offspring cohorts, and successive study was suggested.

Keyword: *Arudinaria usawai* Hayata 、 survivalship curve 、 predicted value of biomass 、 *trnT-trnD* spacer

一、前言

陽明山地區的矢竹為該種在台灣分布面積最大，植物相最完好的族群。包籜矢竹 (*Arundinaria usawai* Hayata) 為本區亦為本島之特有種，然以其生活週期甚長，故生活史未甚明瞭，生態角色亦未清楚。本年適逢開花，陽明山各矢竹覆蓋之山坡均見鑲嵌狀枯黃斑塊，且日益擴大，足見生態因子及年齡結構等，均與此物種之存續有關。

竹類植物有特殊的生活史模式，通常為多年生植物，一生開花一次，開花結實後即行枯死，特定種類並會進行大規模的同步開花、死亡 (McClintock & Bell, 1995; Makita, 1997)。國外已有對特定種類作生活史方面的觀察，發現成體枯死後，需費時達四年幼體才能取代舊有的成體 (Widmer, 1997)。園區矢竹於1999年年中被觀察到有成鑲嵌狀枯死的現象，枯黃斑塊中小苗的更新情形、恢復舊觀所需時間，以及矢竹整個生活史中萌發、生長及開花結實等各階段的資料均需進行收集。

根據過去對包籜矢竹的遺傳結構研究 (陳等, 1998) 顯示，本區矢竹亞族群間的分化明顯，但與本種在其他分佈地點，如北縣金瓜石、瑞濱等地之族群間的關係，及開花前後遺傳變異的改變均有待進一步的探討。本研究以葉綠體基因區間片段 *trnT-trnL* 序列資料探討各族群間遺傳變異及遺傳距離等問題，冀明瞭各地方族群適應策略上的差異，以供此種特有物種經營管理之參考。

二、文獻評述

(1) 族群生態學方面

族群生態學研究的是族群在地理上如何分佈及族群的大小如何改變兩方面的問題。有關族群生態學方面的研究很多，有研究非生物因子如何影響族群動態 (O'Connor et al., 1998)，有影響生物性因子如競爭、捕食對族群大小變化的影響 (Hedrick, 1984)，亦有研究族群本身特性對族群分佈、族群大小的影響 (Orr, 1998)。依同齡層 (cohort) 在各年齡存活個體比例所繪製的曲線稱為存活曲線 (survival curve)，可分為三型 (Deevey, 1947)。第一型表示死亡率在幼體期較低，並且相對較為穩定，而在成體期較高且隨年齡增大而急遽上升；第二型的物種的死亡率不隨年齡的改變而有太大的變化；第三型物種的死亡率在幼體期極高，但會隨年齡增加而下降。

根據 Taylor and Qin (1988) 對 *Sinarundinaria fangiana* (A. Camus) Keng f. et Wen. 更新機制所做的研究顯示，*S. fangiana* 幼苗的死亡率隨幼苗的成長而下降，屬於第三型的存活曲線。在不同的樹冠層覆蓋率 (canopy coverage) 下，*S. fangiana* 更新的模式會有所不同。在鬱閉及開放的樹冠層下，種子的萌發率及幼苗的存活率會因為光線穿透率的不同、溫度及濕度的改變而有所差異。文中指出將試區中的枯立竹及上層林木伐除會減低種子萌發率，也會使幼苗的死亡率升高。

Makita (1998) 對箬竹屬 (*Sasa*) 的兩個物種所做的報導，幼苗的存活曲線亦均屬於第三型。幼苗的生長明顯地可以分為數個時期，萌發初期死亡率極高，接著數年死亡率會逐漸下降時期，植株密度穩定 (density-stable phase)，進入第三個時期後死亡率維持恆定 (thinning phase)。「分蘗」在幼苗的生長中扮演了重要的角色，分蘗有兩種形式，一為幼苗基部側生的稈枝，另一為由走莖作植株

水平的擴張，兩個時期的相對長短及出現的時間及次序會因不同的根莖形式而有差異。根莖屬橫走側出單稈散生型 (leptomorph) 的 *S. tsuboiana*，幼苗在萌發第二年就出現水平擴張的根莖；根莖包含橫走側出單稈散生型 (leptomorph) 及合軸叢生型 (pachymorph) 兩種形式的 *S. kurilensis* 在萌發後的前十年中極少有橫向的根莖出現。不同的分蘖方式使得兩種筴竹屬植物在更新的過程中有截然不同的外觀。

(2) 族群遺傳方面

族群遺傳學主要的工作在於檢測物種內遺傳變異的分佈情形，探討各種演化力量對此遺傳結構的影響 (Wright, 1951)。一個物種的遺傳結構除了可以反應演化的歷程外，族群內的遺傳變異亦隱含了族群繼續演化的潛能 (Gottlieb, 1977; Schemske, 1984)。因此，族群遺傳結構的研究對解釋物種的演化而言，是極為必須的。

竹類植物的生活史與其他植物有很大的不同，生殖特性尤為獨特。許多竹類植物為多年生，且在整個生活史中只開花一次 (McClure, 1966; Janzen, 1976; Soderstrom and Calderon, 1979; Simmonds, 1980; Dransfield and Widjaja, 1995)。兩次開花相隔的時間可達百年以上 (Janzen, 1976; Campbell, 1985)。許多種類的族群會進行同步大規模的開花 (mass flowering)，結實後全數死亡 (Taylor and Qin, 1988; Makita, 1992; Makita *et al.*, 1993。) 在大規模開花、死亡後，族群的更新主要是依賴種子萌發 (Veblen, 1982; Taylor and Qin, 1988; Makita, 1992; Makita *et al.*, 1993。) 種子萌發後的時期是整個生活史中最脆弱的一環，死亡率極高 (Liddle *et al.*, 1982; Taylor and Qin, 1988; Makita, 1992; Makita *et al.*, 1993)。有關以分蘖繁殖為主的竹類營養系的生長及種群社會結構 (demographic structure) 如何影響族群遺傳結構等問題的研究則極少 (Makita, 1998)。

除有性生殖外，在漫長的生活史中，竹類植物以分蘖營養生殖擴

張植群範圍。根據Ellstrand and Roose (1987) 對21種生活史中有部分為分蘖繁殖的植物所做的分析指出，在有性生殖頻率很低的情形下，重組 (recombination) 便不是主要的變異來源，不同生長季所累積的體細胞突變才是族群遺傳變異的主要來源。族群形成的歷史，如時間長短、起始個體 (initial individual) 的遺傳結構等，都會影響經由體細胞突變所累積而來的遺傳變異度高低。透過親子間基因型的比對，可以瞭解重組對族群遺傳變異豐富度的影響，進一步推估體細胞突變對族群遺傳結構的影響。

陳等 (1998) 利用同功異構酵素方法對台灣東北部的包籜矢竹亞族群間的遺傳變異度所做的研究顯示，包籜矢竹的遺傳變異豐富，各亞族群的平均異合度為0.221，相對於Hamrick and Godt(1990) 的資料，此值高於單子葉植物的平均異合度 (0.144)，也大於多年生木本植物的平均值 (0.149)，更大於特有種平均異合度 (0.063) 若以生殖方式評估，則大於一般異配生殖、風媒物種 (0.148) 及有性生殖物種。同時亞族群間卻也存有高度的遺傳分化 ($G_{ST}=0.143$)，並推測除通過每一生長季逐年累積的體細胞突變外，包籜矢竹的高遺傳變異度應屬於有性生殖的結果，非僅靠來自分蘖營養繁殖的突變累積。

本種自發表(Hayata, 1916)以來未曾有開花之紀錄(林, 1976)，然而1988年四月，李瑞宗先生曾於小觀音山採得包籜矢竹的花(李, 1992)，繼而在1996年四月，我們也在金瓜石地區採到開花的矢竹樣本。1999年四月陽明山國家公園園區內出現包籜矢竹小規模開花，開花區域大量落種，並呈現斑塊狀枯黃的現象。1999年11月至2000年二月，陽明山國家公園園區內的包籜矢竹族群全面開花，大量結實。值此84年來矢竹首度行大規模有性生殖的機會，使藉由種子苗研究包籜矢竹族群遺傳結構成為可能。本研究擬對該報導所提出的假說做一檢測，研究有性生殖在包籜矢竹遺傳多樣性中所扮演

的角色。

除遺傳結構外，本種自發表以來，始終缺乏生態如族群更新機制等方面的資料。本研究擬對包籜矢竹族群生態方面的問題做觀察記錄，藉以瞭解包籜矢竹的更新情形。

本研究即擬解決下列問題

(一) 族群生態方面

1. 2000年結實率為何？
2. 由種子萌發的同齡層其存活率為何？
3. 不同微棲地環境中的小苗存活率是否有顯著不同？
4. 是否可以找出有效之生物量預測式預測小苗生長狀況

(二) 族群遺傳

1. 陽明山亞族群間在DNA層次是否也有明顯的遺傳分化情形？
2. 各族群間DNA層次的遺傳距離是否也與地理距離成顯著相關？
3. 有性生殖對遺傳變異在陽明山亞族群間分佈情形的影響

四、材料與方法

(一) 族群生態

1. 結實率之估算

於中湖、大屯山及苗圃三地各隨機選取30棵植株，每個植株上選取4個完整種子穗，分別記錄各種子穗之小花及種子數目。並以單因子變異數分析檢驗三地結實率是否有顯著之不同。

2. 小苗存活率之監測

a. 野外樣區的設立

88年：大屯山、二子坪在穿越線上各設立兩個 $1 \times 1 \text{ m}^2$ 的試區

89年：大屯山、小油坑及苗圃各設立三個 $1 \times 1 \text{ m}^2$ 的試區

以SAS 6.10軟體進行簡單統計值(均值、變異數、極值等)之描述及單因子變異數分析檢驗大屯山、小油坑及苗圃結實率是否有顯著之不同。

b. 溫室栽種

自小油坑、苗圃及七星山隨機選取幼苗栽種於溫室。溫室設定如下：

溫度：上限 28°C 下限 0°C

濕度：上限100% 下限80%

光度：上限60 下限30 (delay:15分鐘)

c. 存活率及生長資料的紀錄

每月固定記錄試區內及溫室穴植盤中之存活小苗數，並取約30棵小苗攜回測量記錄。每個穴植盤以系統取樣法(systematic sampling with a random start)選定小苗進行測量記錄株高、基徑、最大葉寬及齡級等資料。株高指自根莖萌發處至第一片展開葉基部之高度；基徑指桿基上第二節中央之直徑；齡級指每一竹桿自根莖萌發的順序。

3. 生物量預測式

以SAS 6.10軟體進行相關分析及線性迴歸分析，以齡級為自變數高度及基徑為應變數，求線性迴歸係數及截距。

(二) 族群遺傳 (採集地點資料請見附表)

1. 總DNA之抽取

- a. 隨機取樣約30棵植株，間隔10公尺，置於-70℃冰箱保存
- b. 以液態氮研磨成粉末，以Plant Genomic DNA Miniprep System Kit (Viogene)抽取樣本總DNA
- c. 萃取出DNA溶於200 μ l 的 TE buffer，以Beckman DU-20 Spectrophotometer量測樣品的OD₂₆₀值，定量DNA濃度，同時在1 % 瓊脂膠片上進行電泳，檢查DNA的完整性

2. 聚合酵素連鎖反應(PCR)

本研究選擇葉綠體DNA上基因區間片段atpB-rbcL、trnD-trnT、trnT-trnL，參考Tarblet et al. (1991)的方法經修飾後使用，利用GeneAmp PCR System 9700熱循環儀進行反應。

PCR的反應為每50 μ l中加入1 μ l (約30 ng) 的模版DNA，5 μ l的10X Buffer，0.8 μ l的dNTP (5mM)，0.2 μ l的Primer (10 μ M) (每一種)，及0.3 μ l Taq (2 unit/ μ l)

PCR反應的條件設定相同，條件為 94℃ (變性) 3分鐘後，共35次的如下反應：94℃ 30秒，51℃ (黏合) 50秒及72℃ (延長) 1分30秒；結束後加上10分鐘72℃的延長反應。

3. PCR產物之純化

以1~2% 瓊脂膠體電泳分離PCR產物後再以Gel extraction Kit (Viogene)純化膠體。

4. 質體之篩選及定序

將純化過的 *trnL-trnF* 區間片段接入 pGEM-T Easy 載體 (Promega) 中，以轉形作用將接好的重組質體以42℃送入大腸桿菌

勝任細胞(*E.coli* DH5 α)中，再將菌液塗抹於含青黴素 (Ampicillin) 的LB固體培養基上，於37°C烘箱中隔夜培養。

以牙籤挑選出培養基上的白色菌落，劃在LB固體培養基上保存。同時利用此牙籤將菌落另外接種於0.7ml的LB培養液，經抽取所含質體DNA後，以1%瓊脂膠體進行電泳，比對DNA條帶的長度，挑選出含有插入片段的質體，由保存的LB固體培養基上挑出菌落另外接種於30ml的LB培養液，抽取出所含質體後，再用限制酵素*EcoRI*檢查其插入片段大小的正確性，所挑選出正確大小的重組質體，利用自動定序儀以universal primer定序。

5. 序列分析

以sequencher軟體進行序列的比對排序，排列 (alignment)、修正後的序列並插入空隙 (gap) 以達到最大的相似性及合理性。排列完整的序列以sequencher軟體轉換成DnaSP軟體 (version 3.14) (Rozas and Rozas, 1999) 及PAUP* (Phylogenetic Analysis Using Parsimony *and other methods, Version 4.0, Swofford, 1998) 軟體所需的文件格式。以PAUP*軟體計算出每條序列的核酸組成比例，並將空隙處理成第五種特徵態 (fifth state) 後計算出兩兩序列間的遺傳距離。以DnaSP軟體計算樣本序列在排列後產生indel (insertion與deletion的合稱) 及核苷酸置換 (substitution) 的位點數量，依此計算有變異的位點之比例，算法為indel與置換之和除以排列後的序列長度。

6. 遺傳變異度及遺傳分化分析

對於空隙的處理，DnaSP軟體分析時，是將其排除在外而不納入計算，以致於空隙處的訊息會因此漏失。因為以上的檢測項目其計算原理只考慮相同位置上核苷酸種類的相同與否及種類數量，而不考慮其轉變形式，所以，在利用DnaSP軟體分析時，對空隙的處理是人為的將它改成其他樣本序列上相同位置的核苷酸之替換 (transition) 形式，例如，其他樣本的序列上第150位點為A，則將

所有第150位點的空隙改成G；若相同位置上有兩種核苷酸，則改成第三種核苷酸種類，例如其他樣本的序列上第160位點有A及T兩種情況，則將所有第160位點的空隙改成G或C（改成同一種）。如此，空隙的位置便能由DnaSP軟體所計算，不會因此喪失其訊息。

核苷酸歧異度 (nucleotide diversity, π) 及基因型歧異度 (haplotype diversity, h)

π 的算式為

$$\pi = n \sum x_i x_j \pi_{ij} / (n-1) \quad (\text{Nei, 1987 equation 10.5 or 10.6})$$

n 為取樣的DNA序列數量， π_{ij} 是第 i 個與第 j 個基因型間的序列差異。

基因型歧異度又稱基因歧異度 (gene diversity)，基因型歧異度 h 的算式為

$$h = n(1 - \sum x_i^2) / (n-1) \quad (\text{Nei, 1987 equation 8.4 but replacing } 2n \text{ by } n)$$

x_i 是第 i 個基因型的頻率， n 為取樣的個體數。

核苷酸歧異度及基因型歧異都是用於計算族群內的遺傳變異， π 顯示的是族群中不同個體間序列差異的加權，不管不同基因型的數量，而 h 顯示的是不同的對偶基因的數量及頻率，不管其序列上的關係 (Avice, 2000; Graur and Li, 2000; Page and Holmes, 1998)，因此，二者是考慮不同的層面，比較二者的數值高低可以推測族群的歷史。

7. 親緣關係樹的建立

利用 PAUP* (Phylogenetic Analysis Using Parsimony *and other methods, Version 4.0, Swofford, 1998) 軟體，以最大儉約方法進行分析。其原理是找出一個樹形，只需要最少次的演化步驟（如核苷酸的置換、取代或插入等）就能解釋觀察到的樣本之間的差異 (Graur and

Li, 2000)。方法是比較各個核苷酸位置，在所有可能的樹上都重建各個核苷酸的演化過程，找出只需最少的改變次數就能完成所有的核苷酸演化的樹，此樹即稱為最檢約樹 (maximum parsimony tree)。

若有多棵同等儉約樹 (equally parsimonious trees) 時，則以多數決共同樹 (majority consensus tree) (Margush and McMorris, 1981) 表示。並經過bootstrap (Felsenstein, 1985)的佐證，分析方法是進行1000次的重複取樣，鑑定親緣關係樹上分支的可信度。

陽明大學圖書館

五、結 果

(一) 族群生態

1. 隨機選取大屯山、苗圃及中湖三地植株計算結實率並進行統計分析的結果顯示三地的結實率並無顯著不同 ($p>0.05$)，平均結實率為 0.67 ± 0.21 ，同地區內不同個體間的結實率亦無顯著差異 ($p>0.05$)。(詳見表一～表三)

●種子穗結實率描述統計值 (表一)

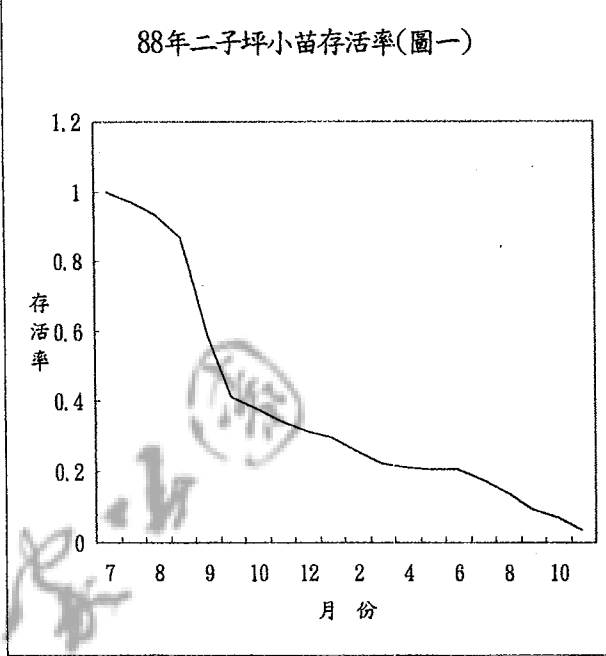
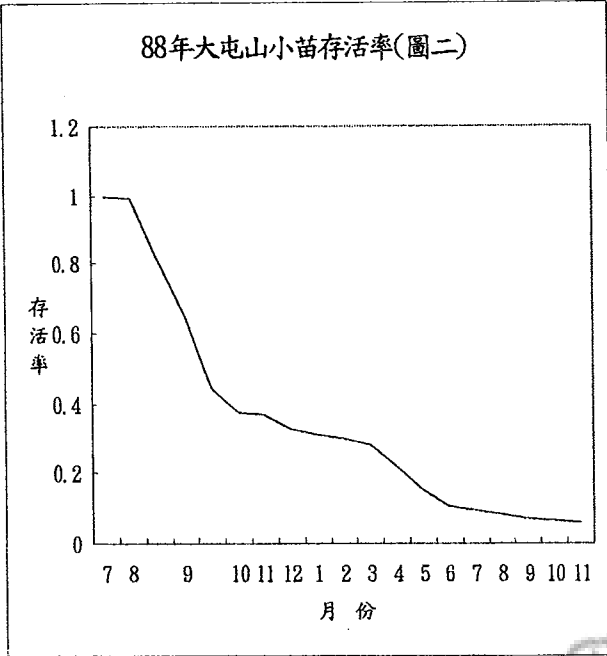
地點	個體數	平均結實率	標準差	極大值	極小值
大屯山	30	0.67	0.015	0.91	0.39
苗圃	30	0.56	0.042	0.96	0.21
中湖	30	0.59	0.056	0.91	0.02

●三區種子穗結實率比較 (表二)

地區	個體數	P-值	個體差異
大屯山	30	0.07015	不顯著
苗圃	30	0.10264	不顯著
中湖	30	0.08537	不顯著

●三地間種子穗結實率比較 (表三)

變源	SS	df	MS	F	P-值	臨界值
組間	0.20789	2	0.10395	2.7638	0.0686	3.1013
組內	3.27207	87	0.03761			
總和	3.47997	89				

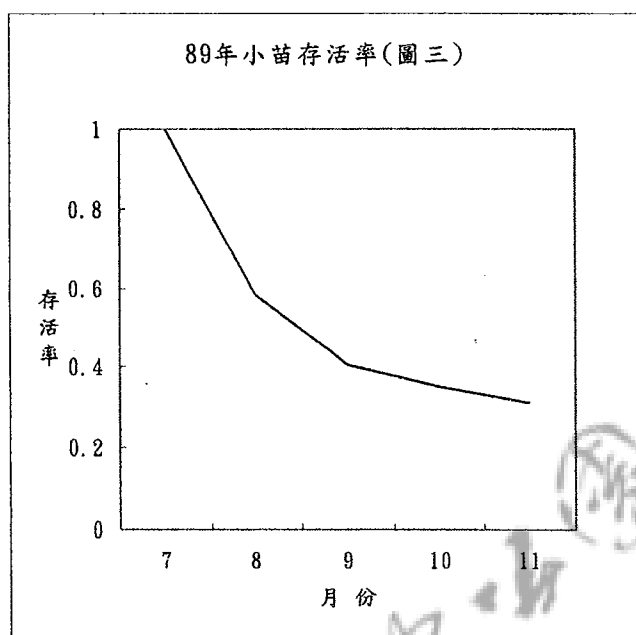


2. 根據對二子坪及大屯山二地於88年萌發之種子苗追蹤結果顯示17個月(88年7月—89年11月)之小苗平均存活率為0.046，對大屯山、小油坑及苗圃於89年萌發之同齡層追蹤結果顯示四個月(89年7月—89年11月)之小苗平均存活率為0.31，單因子變異數分析結果顯示三地各月份的存活率無顯著不同($p>0.05$)(表四、圖一~圖三)。然而，自七星山、小油坑及苗圃三地移植溫室之小苗存活率則有不同，小油坑種子苗存活率顯著低於其他兩地($p=0.005$)。(表五、表六)

大屯山、小油坑及苗圃各月份存活率之比較(表四)

大屯山、小油坑、苗圃各月份存活率變異分析

	P值
8月	0.0764
9月	0.0764
10月	0.0961
11月	0.3316



存活率 (溫室) (表五)

組	重複	總和	平均	變異數
苗圃	47	40.59	0.864	0.012
七星山	12	10.937	0.911	0.016
小油坑	10	7.545	0.755	0.012

單因子變異數分析ANOVA

變源	SS	自由度	MS	F	P-值	臨界值
組間	0.143	2	0.071	5.663	0.005*	3.1359
組內	0.831	66	0.013			
總和	0.974	68				

unpaired t-test (表六)

(*:表顯著差異)

T值	苗圃	七星山	小油坑
苗圃	--		
七星山	0.1939	--	
小油坑	0.0057*	0.0064*	--

5. 生物量預測式

以齡級分別與平均高度及基徑作相關分析的結果顯示齡級與平均高度及基徑均分別有高度的相關性 ($r=0.916, 0.930$)。再以齡級為自變數分別與平均高度及基徑作線性迴歸分析，可得下列預測式：

平均高度與齡級預測式：

$$\text{高度(cm)} = \text{齡級} \times 3.476 + 14.15$$

$$\text{決定係數 } R^2 = 0.94$$

$$\text{相對誤差 } S_{y.x} = 4.898$$

參考值為190cm (徐等 1976)

基徑與齡級之預測式：

$$\text{基徑(mm)} = \text{齡級} \times 0.22 + 0.43$$

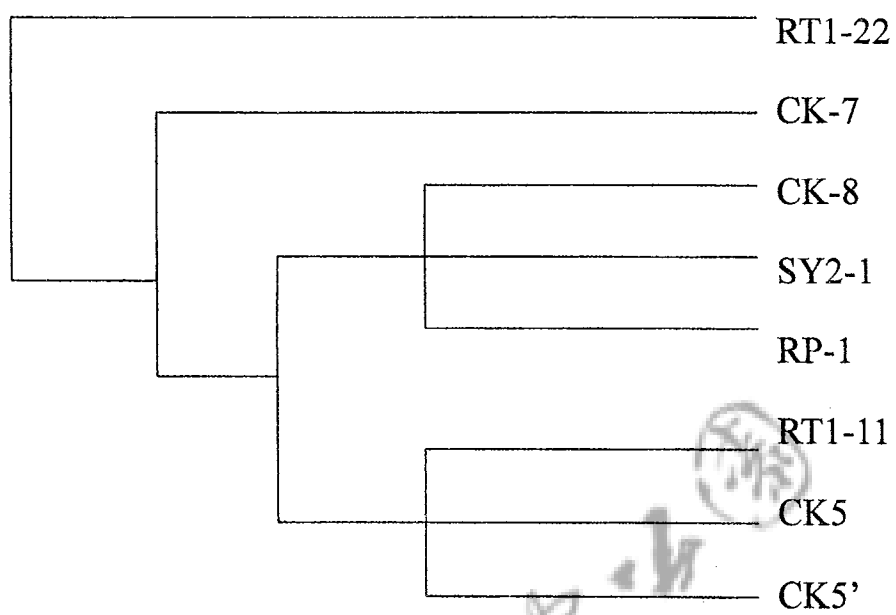
$$\text{決定係數 } R^2 = 0.96$$

$$\text{相對誤差 } S_{y.x} = 0.167$$

參考值為7.6mm (徐等 1976)

(二) 族群遺傳

1. *trnT-trnD* 片段總長為774個鹼基對，發生插入或漏失有462個鹼基對，發生置換則只有2個鹼基對，共有4種基因型
2. 利用最大簡約法所得之親緣關係樹如圖四。



包籐矢竹葉綠體基因區間片段trnD-trnT最簡約親緣關係樹

六、討 論

(一) 族群生態

89年度結實率為67%，高於Taylor and Qin(1988)於臥龍地區估算之*Sinarundinaria*結實率(34%)，由於該研究之結實率估算是利用竹林下深度一公尺土壤中的種子數與小花數的比例代表之，脫去莖穎的種子會使估算結果有低估的可能，而本研究直接紀錄種子穗之結實情形，相信誤差較小。

種子苗在野外試區之存活曲線近似Deevey(1947)所定義之第三型存活曲線，在幼體期死亡率極高。此一結果也與Taylor and Qin (1988) 研究*Sinarundinaria fangiana* 更新機制，以及Makita (1998) 對箬竹屬(*Sasa*)的兩個物種所做研究之結果相同。Makita (1998) 將幼苗的生長分為數個時期，分別為高死亡率之萌發初期(mortality-high phase)、死亡率逐漸下降，植株密度穩定時期(density-stable phase)及死亡率恆定期(thinning phase)。根據對88年萌發之同齡層所做之存活率曲線圖，7-9月三個月中死亡率極高，而在後續10月至89年11月則已進入死亡率逐漸下降的時期，但尚未至植株密度穩定的狀況，需要持續的追蹤。由圖中亦可發現二子坪及大屯山兩地在88年及89年7-9月的死亡率較其他月份為高，可能的原因是7-9月為高溫少雨之夏季，濕度低，對竹苗而言環境較為惡劣，而其他月份的雨量多濕度高，環境壓力較小所致。

若根據本研究所得之齡級對基徑的生物量預測式，同時參考徐等(1976)所提供的成體基徑均值7.6mm，若基徑增加之趨勢不發生改變，則需至第32齡級之新桿長出才能達成體基徑，目前記錄到之最大齡級為12，最快需至第三年始能得成體粗細之新桿；若以平均齡級5.67來計算，則需至第6年始能得成體粗細之新桿。而以齡級對平均高度的生物量預測式同時參考徐等(1976)所提供的成體平均高度均值190cm，若高度增加之趨勢不變，則需至第

51齡級之新桿長出才能達成體基徑，目前記錄到之最大齡級為12，最快需至第五年始能得成體高度之新桿；若以平均齡級5.67來計算，則需至第9年始能得成體大小之新桿。綜合兩個預測式之結果，在分蘖新桿基徑及高度增加的趨勢不變的情形下，最快要三至五年的時間種子萌發之同齡層個體才能達到徐等（1976）所記錄到的成體大小。

（二） 族群遺傳

根據親緣關係樹，園區內二子坪開花前的個體與小油坑開花後種子萌發個體的遺傳距離大於其與園區外金瓜石及省道84k(瑞濱)族群的遺傳距離，顯示在包籜矢竹漫長的生活史中，一生一次的有性生殖使得遺傳上有巨大的、跳躍式的改變，而不同於裸子植物等生活史長度相仿但一生中進行多次有性生殖的物種。此一結果支持陳等（1998）所做之包籜矢竹的高遺傳變異度應非僅靠來自分蘖營養繁殖的突變累積，而為來自有性生殖的推測。而金瓜石、瑞濱兩地屬海岸地區，小油坑種子苗樣本在親緣樹的位置落於該兩族群個體間，顯示小油坑在遺傳上可能較近海岸系統，但因樣本數過小，對基因型的取樣並不完整，尚須更多樣本及其他基因區間片段的資料的佐證。

七、結論與建議

陽明山地區包籜矢竹大規模開花後的更新順暢，可望最快於三至五年內達原族群外觀，建議對園區竹林的管制延長，以保持更新不受干擾。對竹苗生長的追蹤記錄則建議延長至新個體取代舊有族群，以涵蓋整個更新過程，作為日後之參考依據。

大規模開花使族群之遺傳物質有交流重組的機會，對遺傳變異分布的影響則需更大量序列資料作更進一步的分析。

八、參考文獻

- 李瑞宗, 1992. 丹山草欲然. 陽明山國家公園管理處, 台北.
- 林則桐, 1986. 包箨矢竹與台灣矢竹學名之訂正. 現代育林 2(1): 77-79.
- 林維治, 1976. 台灣竹亞科植物之分類 (續). 林業試驗所報告271號.
- 徐國士, 林則桐, 陳慶福, 高進義, 1986. 陽明山國家公園台灣矢竹生態之調查研究. 內政部營建屬委託林業試驗所及湖田國小研究, p.74.
- 陳雅慈, 陳進霖, 林怡孜, 王國雄, 黃生, 1998. 台灣東北部的矢竹 (*Arundinaria usawai* Hayata) 亞族群間的遺傳變異度分析. 師大生物學報33(1):57-69.
- Avice, J. C. 2000. *Phylogeography: The History and Formation of Species*. Harvard University Press, London.
- Cambell, J.J.N., 1985. Bamboo flowering patterns: a global view with special reference of East Asia. *Journal of the American Bamboo Society*: 17-35
- Deevey, E. S., 1947. Lifetables for natural populations of animals. *Quart. Rev. Biol.* 22:283-314.
- Dransfield, S. and E.A. Widjaja, 1995. Plant Resources of South-East Asia. No.7 Bamboos. Leiden: Backhuys Publishers.
- Ellstrand, N.C. and M.L. Roose, 1987. Patterns of genotypic diversity in clonal plant species. *Amer. J. Bot.* 74(1):123-131.
- Felsenstein, J. 1985. Confidence limits on phylogenies: an approach using bootstrap. *Evolution* 39: 783-791.

- Gottlieb, L.D., 1977. Electrophoretic evidence and plant systematics. *Ann. Mo. Bot. Gard.* 64:161-180.
- Graur, D., and W. H. Li. 2000. *Fundamentals of Molecular Evolution*, 2nd ed. Sinauer Associates, Inc., Sunderland, Massachusetts.
- Hayata, B., 1916. *Icons plantarum formosananarum* Vol.6.
- Hedrick, P.W., 1984. Population biology: The evolution and ecology of populations. Jones and Bartlet, Inc. U.S.A.
- Hamrick, J.L. and M.J.W. Godt, 1990. Allozyme diversity in plant species. In "Plant population genetics, breeding and gene resources". ed. by A.H.D. Brown, M.T. Clegg, A.L. Kahler, and B.S. Weir, (eds.). Sinauer Associates, Inc, Massachusetts. p. 43-63.
- Janzen, D., 1976. Why bamboos wait so long to flower? *Annual Review Ecology and Systematics* 7:347-391.
- Liddle, M.J., C.S.J. Budd and M.J. Hutchins, 1982. Population dynamics and neighbourhood effects in establishing swards of *Festuca rubra*. *Oikos* 38:52-59.
- Makita, A., 1992. Survivorship of a monocarpic bamboo grass, *Sasa kurilensis*, during the early regeneration process after mass flowering. *Ecological Research*, 7:245-254.
- Makita, A., Y. Konno, N. Fujita, K. Takada and E. Hamabata, 1993. Recovery of a *Sasa tsuboiana* population after mass flowering and death. *Ecological Research* 8:215-224.
- Makita, A., 1998. Population dynamics in the regeneration process of monocarpic dwarf bamboos, *Sasa* species. In Population biology of grasses, p.313-332, ed. Cheplick, G. P. Cambridge: Cambridge University Press.
- McClintock, D. and M. Bell, 1995. Flowering records:1994.

- Newsletter, 22:11-14. Bamboo Society, EBS Great Britain.
- McClure, F.A., 1966. *The Bamboos, A Fresh Perspective*. Harvard University Press: Cambridge, MA.
- Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia Univ. Press. New York.
- O'Connor T.G. and T.M. Everson, 1998. Population dynamics of perennial grasses in African savanna and grassland. *In* Population biology of grasses, p.333-365, ed. Cheplick, G. P. Cambridge: Cambridge University Press.
- Orr, D.M., 1998. A life cycle approach to the population ecology of two tropical grasses in Queensland, Australia. *In* Population biology of grasses, p.366-389, ed. Cheplick, G. P. Cambridge: Cambridge University Press.
- Page, R. D. M., and E. C. Holmes. 1998. *Molecular Evolution : A Phylogenetic Approach*. Blackwell Science, Oxford.
- Rozas, J., and R. Rozas. 1999. DnaSP version 3: an integrated program for molecular population genetics and molecular evolution analysis. *Bioinformatics* 15: 174-175.
- Schemsk, D.W., 1984. Population structure and local selection in *Impatiens* (Balsaminaceae), a selfing annual. *Evolution* 38:817-832.
- Simmonds, N.W., 1980. Monocarpy, calendars and flowering cycles in Angiosperms, *Kew Bulletin* 35:235-245.
- Soderstrom T. R. and C.E. Calderon, 1979. A commentary on the bamboos (Poaceae: Bambusoideae). *Biotropica*, 11:161-172.
- Swofford, D. L. 1998. *PAUP*. Phylogenetic Analysis Using Parsimony (* and Other Method)*. Version 4. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts.
- Taylor, A. H. and Qin, Z., 1988. Regeneration from seed of

Sinarundinaria fangiana, a bamboo, in the Wolong giant panda reserve, Sichuan, China. *American Journal of Botany*, 75:1065-73.

Taberlet, P., L. Gielly, G. Pautou, and J. Bouvet. 1991. Universal primers for amplification of three non-coding regions of chloroplast DNA. *Plant Molecular Biology* 17: 1105-1109.

Wider, Y, 1997. Life history of some *Chusquea* species in old-growth oak forest in Costa Rica. In *The Bamboos*, ed. G. P. Chapman, p. 17-31. London: Academic Press.

Wright, S., 1951. The genetical structure of population. *Ann. Eugen.* 15:323-354.

附表：採集地點

編號	採集點	代號	位置	樣本數
1	大屯山-開花前	DT-1	陽明山	26
2	大屯山-開花後	DT-2	陽明山	25
3	二子坪-開花前	RT-1	陽明山	30
4	二子坪-開花後	RT-2	陽明山	30
5	小觀音山-開花後	KI-2	陽明山	30
6	竹子山-開花前	CT-1	陽明山	30
7	小油坑-開花後	SY-2	陽明山	30
8	中湖-開花前	CH-1	陽明山	30
9	中湖-開花後	CH-2	陽明山	30
10	樹梅坪	SM	台北縣	28
11	金瓜石	CK	台北縣	30
12	2省道84k	RP	台北縣	30
外群	太平山	TP	宜蘭縣	30
外群	合歡山	HH	台中縣	30

外群：玉山箭竹 *Yushania niitakayamensis* Hayata

國家圖書館出版品預行編目資料

陽明山地區矢竹族群生態及遺傳研究

/韓中梅 黃 生著—初版 台北市:陽明
山國家公園管理處, 民 89

面 公分

ISBN

1.

書 名/ 陽明山地區矢竹族群生態及遺傳研究

著 者/ 韓中梅 黃 生

出版機關/ 內政部營建屬陽明山國家公園管理處

台北市陽明山竹子湖路一之廿號

(02) 2861-3043

<http://www.cpami.gov.tw/ymsnp/ymshome.htm>

出版年月/ 中華民國八十九年十二月/初版

工 本 費/ 新台幣 70 元整

統一編號 002254890202