

行政院農業委員會林務局保育研究系列 96-03 號

行政院農業委員會林務局委託研究系列 96-00-8-03 號

苗栗淺山地區破碎化林地內小型齧齒目動物
遺傳多樣性與其保育對策之研究

Genetic diversity and conservation strategy of rodents
in fragmented lowland forests in Miaoli County



委託機關：行政院農業委員會林務局

執行機關：台灣生態學會

中華民國 九十七年 六月

目 錄

目 錄.....	1
表 目 錄.....	3
圖 目 錄.....	4
研究團隊說明.....	5
中文摘要.....	6
英文摘要.....	8
一、前言.....	10
二、研究目的.....	12
三、研究材料及方法.....	13
3.1 研究區域.....	13
3.2 嚙齒動物捕捉調查.....	13
3.3 土地利用數化和地景變遷分析.....	13
3.4 遺傳分析.....	14
3.4.1 DNA 淬取.....	14
3.4.2 AFLP 分析.....	14
3.4.3 基因型分析.....	16
3.4.4 分子變方分析 (analysis of molecular variance, AMOVA).....	16
3.4.5 分派檢定 (assignment test).....	16
3.4.6 個體間的遺傳距離.....	17
3.4.7 空間自相關分析 (spatial autocorrelation analysis).....	17
3.4.8 遺傳邊界偵測 (detection of genetic boundary).....	17
3.5 刺鼠棲地適宜性(habitat suitability)模式的建立.....	18
3.5.1 刺鼠分佈資料.....	18
3.5.2 建立棲地適宜性模式的環境因子.....	18
3.5.3 棲地適宜性模式.....	18

3.6 破碎地景中個體間散佈距離之推估.....	19
3.7 基因交流與地景連結度之相關.....	20
四、結果與討論.....	20
4.1 三義地區林地中齧齒類動物的組成.....	20
4.2 研究區域 1904-2001 年的地景變遷.....	21
4.3 刺鼠的族群遺傳結構與基因交流.....	22
4.4 刺鼠的棲地適宜性模式.....	24
4.5 三義地區地景連結度與刺鼠基因交流的相關性檢驗.....	25
4.5 三義地區刺鼠散佈潛在廊道位置.....	26
五、建議.....	26
5.1 整合不同物種的相關研究，進行綜合評估分析，以獲得區域地景連結度的完整資訊.....	26
5.2 公開、共享政府部門的地理資料，便於建立完整的地景變遷資料庫，以評估、預測地景連結度的動態變化.....	27
5.3 應用 LiDAR 資料輔助野生動物棲地品質和空間分佈的預測，以利棲地的經營管理.....	27
5.4 考慮進一步開始有關生態廊道規劃、設置的實驗研究，以減緩主要道路系統和住宅區對野生動物基因交流的衝擊.....	28
致 謝.....	29
參考文獻.....	29

表目錄

表 1. 苗栗三義地區地被類型分類表.....	35
表 2. 苗栗三義地區刺鼠 AFLP 分析使用之引子組合 和多型性基因座數量.....	35
表 3. 苗栗三義地區林地齧齒動物捕獲量.....	35
表 4. 苗栗三義地區 1904-1977 年地被類型轉換面積	36
表 5. 三義地區 1904-1977 年地被類型轉換百分比	36
表 6. 苗栗三義地區 1977-2001 年地被類型轉換面積	37
表 7. 苗栗三義地區 1977-2001 年地被類型轉換百分比	37
表 8. 分子變方分析 (AMOVA)	38
表 9. 以生態棲位因素分析(ENFA)建立三義地區刺鼠棲地適宜性模式所採用的的環境因子及邊際性因子和特化度因子的 factor score.....	38
表 10. 以 Mantel tests 檢驗三義地區刺鼠兩個體間遺傳距離矩陣和 6 個最少成本路徑 (LCP)模式所產生的距離矩陣的相關性.....	39
表 11. 在破碎地景中，以 Mantel test 檢驗遺傳距離和最少成本路徑距離相關性的研究實例.....	39

圖目錄

圖 1. 研究區域樣區位置.....	40
圖 2. 苗栗三義地區 1904-2001 年地景變遷分析流程	40
圖 3. 1904、1977、2001 年苗栗三義地區地被類型圖.....	41
圖 4. 三義地區 1904-2001 年地被類型面積變化	42
圖 5. 1904-2001 年苗栗三義地區林地覆蓋空間變化	42
圖 6. 2001 年苗栗三義地區林地覆蓋的時空變化.....	43
圖 7. 東、西區域內和區域間成對樣區間族群遺傳分化指數與樣區間直線距離的關係	43
圖 8. 三義地區刺鼠族群分派檢定機率.....	44
圖 9. 三義地區刺鼠族群遺傳空間自相關分析.....	45
圖 10. Wombling method 計算分佈範圍刺鼠基因頻率變化的坡度圖和檢測顯著遺傳界線 的分佈圖	46
圖 11. 遺傳界線與 1904、1977、2001 年地被類型圖套疊.....	47
圖 12. 模式驗證的預測/期望比值 (predicted/expected ratio, P/E)與棲地適宜性的關係...	48
圖 13. 研究區域中一刺鼠個體在 6 個最少成本路徑(LCP)模式中散佈至其他地點的路徑	49
圖 14. 棲地適宜性分佈圖與潛在廊道位置套疊.....	50

研究團隊說明

計畫主持人：

林良恭教授 台灣生態學會會員

研究員：

王豫煌 台灣生態學會會員

中文摘要

地景連結度的維護對於緩和棲地破碎化所造成的遺傳多樣性喪失和侷限的基因交流等負面影響具有重要意義。利用族群遺傳學輔助地景連結度的評估對於保育的規劃極有助益；但是，族群遺傳結構未必能完全反映出現存的地景連結度，而可能是過去歷史的影響。因此，我們需要地景變遷的資訊才可能正確的解釋遺傳結構與地景連結度的關係。為瞭解地景變遷對於地景連結度和族群遺傳結構的影響，我們對苗栗三義地區的地景變遷和當地刺鼠的地景遺傳學進行分析探討。

為解析三義地區地景變遷的格局與過程，我們數化、分析了 1904、1977 和 2001 年三個時期的地被圖。研究區域的森林在 1904 和 1977 年之間大幅增加，1977 和 2001 年之間僅些微增加。1904 至 2001 年之間林地區塊連結度大幅增加是因為人工大量種植相思樹和油桐以做為薪炭和榨取桐油的來源。但是，1977 至 2001 年之間發展出高車流量的道路系統和沿路密集的建築區可能會降低森林的連結度。為瞭解三義刺鼠族群遺傳的空間結構，我們使用 172 個 AFLP 基因座來量化個體的遺傳變異。分子變方分析顯示高速公路東、西兩側區域間和區域內的樣區間存有細微的遺傳分化；分派檢定亦顯示出區域和樣區間的基因交流有所侷限。空間自相關圖展現出樣區內的遺傳結構呈梯度變化，而跨越樣區或區域間的遺傳結構隱含階段式的梯度變化。Wombling method 則檢驗出研究區域有顯著的遺傳界線，將這些界線與 1904、1977 和 2001 年的地被圖套疊，發現 2001 年的地景障礙位置較接近這些遺傳界線，原因可能為近期發展的道路系統和密集建築區減少了樣區間基因交流的機會。

以遺傳學估計個體散佈的方法結合最小成本路徑(LCP)分析可以有效的評估間接估計的基因交流和地景連結度的關係。但是，若缺乏對研究物種散佈行為的瞭解，將會降低 LCP 分析的效力。因此，我們將棲地適宜性模式整合至 LCP 分析中，以避免缺乏對研究物種散佈所需的知識而造成 LCP 分析中時常面臨的主觀加權問題。我們利用刺鼠的捕獲資料和生態棲位因素分析來建立研究區域中刺鼠棲地適宜性分佈模式。我們轉換模式產生的適宜性地圖以用於 LCP 分析中較為客觀的成本加權。些微增加的 Mantel 相關顯示經由等級加權的適宜性地圖產生的 LCP 距離，比直線距離較能解釋地景連結度與遺傳距離的關係。

以此整合地景變遷、地景遺傳、棲地適宜性模式和最小成本路徑分析為一的研究可以較客觀的評估地景連結度，同時也產生有關適宜棲地分佈、潛在散佈路徑位置和生態廊道設置點等豐富的資訊，可提供區域遺傳多樣性保育和地景規劃、設計使用。

關鍵詞：生態棲位因素分析、基因交流、地理資訊系統、棲地適宜性模式、地景變遷、地景連結度、苗栗縣、刺鼠、族群遺傳結構、三義鄉

英文摘要

Conserving landscape connectivity is important to ameliorate the adverse effects, e.g., loss of genetic diversity and limited gene flow, caused by habitat fragmentation. Using population genetics to assess connectivity is useful for conservation planning. Population genetic structure, however, may not precisely reflect current but historical connectivity. Therefore, we need information on the landscape change to adequately address the relationship of genetic structure and connectivity. To understand the effects of landscape change on connectivity and population genetic structure, we study the landscape genetics of *Niviventer coninga* and landscape change in Sanyi Township, Miaoli County.

To reveal the pattern and process of landscape change in Sanyi, we analyzed the land cover map derived from the historical maps of 1904, 1977, and aerial photo images of 2001. Forest drastically increased between 1904 and 1977 and increased a bit between 1977 and 2001. Reforestation, due to the plantation of *Acacia confusa* for fuel wood and *Aleurites montana* for extracting seed oil, largely increased forest connectivity between 1904 and 2001. Forest connectivity, however, could be reduced by the development of heavy traffic road system and dense building along road system in between 1977 and 2001.

To reveal the spatial genetic structure of *N. coninga*, we used 172 loci of amplified fragment length polymorphic DNA to quantify individual genetic variation. Analysis of molecular variance indicated weak differentiation between region and among sites. Assignment test also showed limited gene flow between region and among sites. Spatial correlograms illustrated a gradient of within-site genetic structure and a implicit step gradient of whole region genetic structure. Significant ($p \leq 0.05$) genetic boundaries detected by Wombling method and overlaid with the land cover maps of 1904, 1977, and 2001 suggested that recent development of high traffic road system and areas of dense building may decrease the gene flow among sites.

Combining genetic estimates of dispersal with least-cost path (LCP) modeling helps to correlate indirect measures of gene flow with functional connectivity. Applicability of LCP modeling, however, is reduced if knowledge of dispersal is lacking. Therefore, we integrated habitat suitability (HS) modeling into LCP analysis to avoid the subjectivity common in LCP analyses lacking knowledge of dispersal. We used presence-only data and ecological niche factor analysis to model HS for *N. coninga*. We adapted the resultant HS map for incorporation into LCP analyses. Slightly increasing Mantel correlations indicated that genetic distances were better explained by LCP distance estimated from class-weighted

HS map than by geographical distance alone.

Such an integral study of landscape change, landscape genetics, and incorporating HS modeling into LCP analysis can more objectively evaluate landscape connectivity and generate information on distribution of suitable habitat, on potential routes of dispersal, and for placement of corridors.

Keywords: ENFA, gene flow, GIS, habitat suitability modeling, landscape change, landscape connectivity, Miaoli County, *Niviventer coninga*, population genetic structure, Sanyi Township

一、前言

因為物種的生活史特徵(life history traits)和散佈能力(dispersal ability)不同,地景變遷過程中,棲地破碎化會阻礙族群間個體的散佈和基因交流,可能引發不同程度族群遺傳多樣性的流失及族群滅絕的風險(Vucetich & Waite 1998; With & King 1999)。因此,野生生物散佈能力和基因交流的研究對於自然保育的規劃與決策具有重要的意義。舉凡保護區位置的選擇、遺傳保育單元的界定、棲地復育及地景的規劃、設計,都需要考慮區域或地景尺度下,有關族群間個體散佈和基因交流的資訊(Hale et al. 2001; Diniz-Filho & De Campos Telles 2002; Gompert et al. 2006; Zannèse et al. 2006)。

過往,有關野生動物散佈的研究多採用重複捕捉-標放法或無線電追蹤法,必須耗費相當大的時間與人力,且對於小型動物而言,往往難以進行區域性大尺度的研究(Peakall et al. 2006)。藉由上述方法所觀察或推估物種的散佈能力,未必相對於實際的基因交流現況,因為散佈他地的個體,因種內的競爭,未必能成功的繁殖,達成有效的基因擴散(Riley et al. 2006, Strasburg 2006)。近年來,結合地景生態學和族群遺傳學的理论與研究方法,發展出「地景遺傳學」此一新的研究領域(Manel et al. 2003),應用新的分析方法,如族群分派檢定(assignment test; Pritchard et al. 2000, Pritchard & Wen 2004),或採用空間統計學的分析方法,如空間自相關分析(spatial autocorrelation; Peakall et al. 2003; Peakall & Smouse 2006),或偵測遺傳阻隔的 Wombling method (Cercueil et al. 2007, Crida & Manel 2007),使得檢驗族群間基因交流的現狀,並探討其與地景格局(或棲地破碎化)的相關得以實現。

近年來,最小成本路徑 (least-cost path, LCP) 分析已廣泛的用於評估破碎化地景中的動物散佈或基因交流與地景連結度的關係,例如: red squirrel *Sciurus vulgaris* (Verbeylen et al. 2003)、roe deer *Capreolus capreolus* (Coulon et al. 2004)、land snail *Cepaea nemoralis* (Schweiger et al. 2004)、blotched tiger salamander *Ambystoma tigrinum* (Spear et al. 2005)、Pacific jumping mouse (Vignieri 2005)、American marten *Martes americana* (Broquet et al. 2006)、和 desert bighorn sheep *Ovis canadensis* (Epps et al. 2007)。這些研究中,利用 GIS 描繪出連接兩個體或族群間,穿越了不同地景組成而具有最小累積成本或風險的可能散佈路徑,再計算這些可能路徑的距離 (McCoy & Johnston 2001; Adriaensen et al. 2003; Verbeylen et al. 2003);而此經由 LCP 推測的散佈路徑距離,可能可以反映出個體或族群間實際的相隔距離,亦即實際的地景距離。以兩個

體或族群間的遺傳距離與地理直線距離或地景距離的相關性，可以檢驗基因交流是否與預測的散佈路徑相關。

使用 LCP 分析之前，必須對於各種地景組成進行合理的加權產生成本網格圖層 (cost grid layer)，以反映出動物穿越各地景組成所面臨的風險或付出的成本 (McCoy & Johnston 2001; Adriaensen et al. 2003; Verbeylen et al. 2003)。然而，目前的研究中，給予地景組成權重多依賴研究者本身的專業意見 (Coulon et al. 2004; Vignieri 2005; Spear et al. 2005; Broquet et al. 2006; Compton et al. 2007; Epps et al. 2007)，或以設計實驗來估計動物穿越不同地景組成所遭遇的阻力係數 (Stevens et al. 2006)。如果缺乏專業評斷或實驗估計的參數，地景組成的加權即成為反覆的嘗試錯誤，不斷的以不同的地景組成權重組合重複 LCP 分析，以找出一組權重組合能夠產生與遺傳距離有最高相關的地景距離 (Chardon et al. 2003; Verbeylen et al. 2003; Schweiger et al. 2004)此過程極為繁瑣、耗時，且不盡合理。因此，欲使 LCP 分析能夠客觀、可信的用於地景連結度的評估，找尋客觀的地景組成加權方法是當前迫切的需求。

棲地適宜性(habitat suitability, HS)模式或稱資源選擇函數(resource selection functions; Boyce et al. 2002; Hirzel et al. 2006a)可以反映出動物穿越各棲地類型時所面對的相對風險或成本，因而可輔助地景連結度的評估。棲地適宜性模式預測地景中適宜棲地或資源區塊 (resource patches) 的分佈。模式產生的棲地適宜性分佈圖 (HS map) 表示每一資源區塊被該物種利用的機率 (Boyce et al. 2002)。因此，經適當轉化的棲地適宜性分佈圖或許可以合理的取代 LCP 分析中所需要的成本網格圖層。

棲地適宜性模式是基於量化地點或區塊是否被生物所利用的環境特性而建立，因此建立模式所需要的生物空間分佈資料有兩種型態：出現-未出現資料 (presence-absence data) 或出現資料 (presence-only data)。以出現-未出現資料來建立棲地適宜性模式能夠獲得最好的結果，因為針對這種資料型態所發展的建模方法多而完備，並且這類模式可以對比反映出物種未出現地點的環境差異性 (Hirzel et al. 2006a)。然而，出現資料卻非常的豐富，且易於從博物館的標本收藏資料庫中取得，相對的，值得信賴、可用的出現-未出現資料卻非常稀有 (Boyce et al. 2002; Zaniwski et al. 2002; Reutter et al. 2003; Graham et al. 2004)。利用無線電或衛星定位追蹤動物的移動也是收集動物的出現資料 (Boyce et al. 2002)；在有限時間、經費下執行的短期調查研究，也會傾向於收集生物出現的分佈資料 (Boyce et al. 2002)。這些因素都可能會排除使用需要出現-未出現資料來建立模式的方法，因為研究者沒有可信度高的未出現資料，或是無法適當的產生假的未

出現資料 (pseudo absence data)。過去，以出現資料建立的棲地適宜性模式難以驗證其可靠性 (Boyce et al. 2002; Pearce & Boyce 2006)；但是，Boyce et al. (2002) 發展，後經 Hirzel et al. (2006a) 改進的 k-fold cross validation 方法解決了模式難以驗證的困境。此模式驗證方法配合生態棲位因素分析 (ecological niche factor analysis, ENFA, Hirzel et al. 2002)——一種使用出現資料的棲地適宜性模式建立方法，其結果亦相當良好。目前，有關整合棲地適宜性模式和 LCP 分析以評估地景連結度和基因交流的可行性，尚未有發表的文獻探討此一議題 (Guisan & Thuiller 2005)，並且，在台灣有關棲地破碎化對動物散佈和基因交流影響的類似研究亦相當缺乏。

二、研究目的

近年來政府推動「平地景觀造林」、「保育自然資源，復育劣化林地」為當前國家森林永續經營和國土復育的施政重點。若此施政方針能正確執行，則有可能提昇低海拔林地的環境品質，減緩森林性野生動物所面臨的生存壓力，連結分隔族群的基因交流，以保存野生動物族群的遺傳多樣性，避免局部小族群滅絕的危機。但是，該於何處進行林地復育，才可能達到前述永續經營的目標，目前國內似乎仍沒有相關的研究可供參考。本計畫利用森林性齧齒動物為研究對象，結合地景變遷分析、地景遺傳分析，找出研究區域中阻斷族群間基因交流的區域，並推測較可能形成連結破碎化棲地的生態廊道，這些區域即可考慮為優先進行林地復育的地點。

本計畫選擇苗栗縣三義鄉為研究區域，是因為三義地區整體環境是以農地、竹林、相思樹和油桐人造林為主要組成的農林生態系。近年來，地方政府極力推動桐花祭、木雕藝術節活動下，吸引了許多觀光人潮車陣，擁有農地、林地者也開始經營民宿，發展休閒農業。但相對而言，有關本地區生物多樣性現況的瞭解仍相當有限，因此本計畫的目的為：

1. 瞭解三義地區林地中齧齒動物的主要組成；
2. 以地理資訊系統數化三義地區不同時期的地被類型，瞭解三義地區地景變遷的過程；
3. 藉由分子生物技術量化、分析研究區域內被捕獲動物個體的遺傳差異，探討森林性齧齒動物的族群遺傳結構現況；
4. 整合地理資訊系統空間分析和族群遺傳分析的結果，探討三義地區地景變遷的時空

- 間背景下，破碎化林地對森林性齧齒動物基因交流的影響；
5. 發展評估地景連結度與基因交流關係的方法；
 6. 綜合研究結果，提出台灣西部淺山地區野生動物遺傳多樣性研究、保育之建議。

三、研究材料及方法

3.1 研究區域

研究區域涵蓋苗栗縣三義鄉大部分地區，面積約 100 平方公里 (圖 1)，海拔高度約 200-980 公尺。三義鄉 2004 年人口數約 17,990 人；主要經濟活動為農業、觀光、木雕產業和工業。國道 1 號 (6 線道，車流量 = 67,594 輛/日，速限 = 100 公里/小時) 和省道台 13 線 (4 線道，車流量 = 21,416 輛/日，速限 = 60 公里/小時)，及其兩側的住宅、工業區將研究區域的森林劃分為東、西兩區。研究區域 2001 年的林地覆蓋率約 60% (圖 1)；其他土地利用類型，如竹林、農地、縣道、鄉道和建築區更進一步的分割東、西區域的森林 (圖 1)。

3.2 齧齒動物捕捉調查

為瞭解三義地區林地中齧齒動物多樣性的現況，我們參照 2001 年三義地區的正射影像，於高速公路東、西兩側區域，選擇 8 個分散樣區，樣區環境為林地或靠近林地的灌叢、茶園、果園；每個樣區設置穿越線數條 (依林地現況而定) 進行調查；穿越線上每隔約 15-20 公尺放置一個台製捕鼠籠 (長 28×寬 17×高 14 公分)，鼠籠的大小適用於捕捉小於赤腹松鼠體型的動物，因此，可以避免捕獲其他體型較大的動物，如鼬獾、白鼻心。所有籠位均以衛星定位儀紀錄其 97 二度分帶投影座標，定位精度為 3-5 公尺 (PDOP ≤ 6，未進行差分修正)。

所有捕獲的動物均以 isoflurane 麻醉後，再以剪趾法編號，記錄其物種、性別、年齡和體重等資料，並取部分耳朵和尾巴以酒精保存，供 DNA 分析用；使用 isoflurane 可有效縮短動物麻醉後的恢復時間、且藥物代謝快，對動物健康的影響可盡量減低。捕獲個體於採樣、紀錄完成後即原地釋放。

3.3 土地利用數化和地景變遷分析

為瞭解三義地區地景變遷的過程，我們採用 1904 年台灣堡圖(中央研究院計算中心地理資訊小組提供)、1977 年第一版相片基本圖(中央研究院計算中心地理資訊小組提供)、和 2001 年正射影像(林務局農林航空測量所)三時期的地圖影像資料做為比對研究區域地景變遷的資料依據。依據三個時期的地圖、影像資訊，我們將研究區域的地景組成分為林地、竹林、灌叢、農地、茶園、果園、建築區、一等道路、二等道路...等 16 類(表 1)，在地理資訊系統中對各時期的地圖影像中的地物進行數化、分類；數化的地被類型圖(land cover map)為向量格式(vector)，需轉換網格式資料(網格大小為 20 m，採用 maximum combined area 格式轉換規則)，以便於進行地景變遷分析(圖 2)。

3.4 遺傳分析

本研究中捕獲的齧齒動物雖以赤腹松鼠和刺鼠居多，而先前的增幅片段長度多型性(amplified fragment length polymorphism, AFLP) DNA 試驗針對赤腹松鼠和刺鼠兩物種進行引子組合篩選，結果以刺鼠為對象，篩選所得的引子組合和可用的多型性片段較多，較可能正確的反映出該物種的遺傳變異，因此，本研究的遺傳分析、遺傳結構與地景變遷和地景連結度的關係，僅針對刺鼠進行研究、探討。本研究共捕獲 134 隻刺鼠，但是，在 W4 樣區僅捕獲 3 隻刺鼠，數量過低，不足以進行遺傳結構分析，因此，後續的遺傳分析摒除 W4 的樣本，總樣本數為 131 隻刺鼠。

3.4.1 DNA 萃取

我們使用 MasterPure Complete DNA Purification (Epicentre Biotechnologies) 試劑組萃取刺鼠 DNA；以超微量分光光度計 (UV/Vis Spectrophotometer SSP-3000, Infinigen Biotechnology Inc.) 測定 DNA 的濃度，以 A260/A280 的吸光度比值接近 1.8 來確認每個 DNA 樣本的品質，最後，將 DNA 濃度稀釋至 50 ng/ μ L 供後續分析使用。

3.4.2 AFLP 分析

3.4.2.1 DNA 消化和接合反應

我們依據 Vos et al. (1995) 和 Berres (2002) 的 AFLP (amplified fragment length polymorphism) DNA 實驗方法，選用 EcoRI/MseI 和 EcoRI/Taq α I (New England Biolabs Inc.) 兩種限制酵素 (restriction enzymes) 組合消化 DNA。在 EcoRI/MseI 消化反應中，8 μ L 的緩衝液中含有 EcoRI、MseI 兩種酵素各 5 units 和 1 倍的(1X) NEBuffer 2 (New

England Biolabs Inc., USA), 與 2 μ L 的 DNA 在 37 °C 反應 3 小時, 再以 65 °C 作用 10 分鐘, 以終止酵素的反應活性。在 EcoRI/Taq α I 消化反應中, 先以 3 μ L 的緩衝液(其中含有 EcoRI 酵素 5 units 和 1X NEBuffer 3 (New England Biolabs Inc.)), 與 2 μ L 的 DNA 在 37 °C 反應 3 小時, 再以 65 °C 作用 10 分鐘, 以終止酵素的反應活性; 此反應液接著與 5 μ L 的緩衝液(其中含有 Taq α I 酵素 5 units、1X NEBuffer 3 和 1X BSA (New England Biolabs Inc.))在 65 °C 反應 3 小時, 再以 80 °C 作用 10 分鐘, 以終止酵素的反應活性。接合反應(ligation)中, 每一消化反應液與 10 μ L 的接合反應緩衝液(其中含有 200 units 的 DNA ligase (New England Biolabs Inc.)、37.5 pmole 相對應於 3 種限制酶辨識序列的接合子(adaptor) 和 1X T4 DNA ligase reaction buffer)在 16°C 靜置隔夜, 進行接合反應。接合反應後的容液以滅菌純水稀釋至 100 μ L, 供預選(pre-selective) PCR 使用。

3.4.2.2 預選 PCR 反應

以 5 μ L 稀釋後的接合反應液加入 20 μ L 的預選 PCR 反應混合液(其中含有 0.5 μ L of deionized formamide、1X PCR buffer (含 2 mM MgSO₄)、0.5 μ L dNTP (10 mM each, New England Biolabs Inc.)、7.5 pmole EcoRI 引子、7.5 pmole MseI (或 Taq α I)引子, 和 1.25 units Taq DNA polymerase (New England Biolabs Inc.)), 進行預選 PCR 反應。預選 PCR 反應共使用 4 種引子組合 (E-A/M-G、E-A/M-C、E-A/T-G、E-A/T-C)。反應溫度條件, 最初以 72°C 反應 2 分鐘, 接著以 94°C、50 秒, 56°C、1 分鐘, 72°C、2 分鐘的設定, 進行 20 次循環反應, 以增加選擇性 PCR 使用模版 DNA 的濃度。最後, 以 5 μ L 預選 PCR 的產物以滅菌純水稀釋至 95 μ L 供選擇性 PCR 使用。

3.4.2.3 選擇性 PCR 反應

以 5 μ L 預選 PCR 產物的稀釋液加入 20 μ L 的選擇性 PCR 反應混合液(其中含有 0.5 μ L deionized formamide、1X PCR buffer (含 2 mM MgSO₄), 1 μ L of dNTP (10 mM each, New England Biolabs Inc.)、5 pmole 選擇性 EcoRI 引子、25 pmole 選擇性 MseI (或 Taq α I)引子、和 1.25 units Taq DNA polymerase)。選擇性 EcoRI 引子的 5' 端以 6-FAM 或 NED (Applied Biosystems)兩種螢光分子予以標記; 所有選擇性增幅聚合酶連鎖反應 (polymerase chain reaction, PCR) 所使用的引子均以高效液相層析儀 (high performance liquid chromatography, HPLC) 純化。共使用 12 種選擇性引子組合進行 AFLP 分析 (表 2)。反應溫度條件, 最初以 94°C 反應 1 分鐘, 接著以 94°C、50 秒, 65-57°C、2 分鐘,

72°C、2 分鐘的黏合溫度循環遞減設定(每次循環，黏合溫度遞減 1°C)，進行 9 次循環反應，再以 94°C、50 秒，56°C、2 分鐘，72°C、2 分鐘的設定，進行 20 次循環反應，最後，以 72°C、10 分鐘延長反應，以增加增幅片段的專一性。

3.4.3 基因型分析

選擇性增幅聚合酶連鎖反應的產物以 ABI 3100 Genetic Analyzer 與 GS500 ROX DNA 分子量標準品(Applied Biosystems)進行毛細管電泳分析；以 GeneScan (Applied Biosystems)收集 DNA 片段的螢光訊號；以 GeneMapper 4.0 (Applied Biosystems)篩選多型性 DNA 片段，並將資料轉換為 0 與 1 的基因型矩陣(genotype matrix)。為確認 AFLP 基因座的再現性，我們在 W1-W3 和 E1-E4 每個樣區中任意挑選 2 個個體 DNA (共 14 個個體)，再重複進行 2 次獨立的 AFLP 分析，經比對 3 次基因型分析的結果，再現性為 86% (12/14)以上的 AFLP 基因座才予以保留，再計算所有保留基因座的出現頻率 (band frequency)，剔除高於 95%或低於 5%的基因座，最後，共篩選出 172 個多型性基因座(表 2) 供遺傳分析使用。

3.4.4 分子變方分析 (analysis of molecular variance, AMOVA)

為瞭解三義地區高速公路東、西兩側區域間和東、西各區域內刺鼠族群遺傳結構的分化狀況，我們使用 GenAlEx 6 (Peakall & Smouse 2006)進行分子變方分析(analysis of molecular variance, AMOVA)，計算分配於區域間、區域內和樣區內的刺鼠遺傳變異量。為比較兩兩樣區間的遺傳差異，我們亦使用 GenAlEx 6 (Peakall & Smouse 2006)計算成對樣區間的遺傳分化指數(Φ_{PT} , Φ_{PT})。AMOVA 和 Φ_{PT} 的顯著性均以 9999 permutations 檢驗之。為檢驗區域間和區域內遺傳分化差異的顯著性，我們以 t-test 檢測區域內成對樣區間 Φ_{PT} 和區域間成對樣區間 Φ_{PT} 差異的顯著性。

3.4.5 分派檢定 (assignment test)

分派檢定可以計算出個體的基因型屬於某一族群的機率。近年來，許多研究採用貝氏分派檢定(Bayesian assignment test)來評估族群或研究樣區間動物基因交流的狀況 (Pritchard et al. 2000; Corander & Marttinen 2006; Gompert et al. 2006; Riley et al. 2006)。由於 AMOVA 和族群分化指數必須先主觀的劃分族群為分析單位，這類分析方法所反映的族群分化狀況為過去到現在的平均值，其中包含了過去基因交流的影響；而分派檢

定以個體為分析單位，不需預先劃分族群單位，較能反映出現代基因交流的狀況。

我們使用 Structure 2.2 (Falush et al. 2007) 進行分派檢定。分析條件的設定如下：50,000 burnins、500,000 Markov Chain Monte Carlo (MCMC) simulations、using admixture model、inferring alpha、using individual alpha for each population，其餘皆為預設值；估計實際的遺傳群集數(true number of genetic clusters, K) 為 1-7；每個 K 值以相同的設定，重複計算 5 次。為正確的估計 K 值，我們依照 Evanno et al. (2005) 的方法計算對應每個 K 值 log likelihood 的變化率(ΔK)，具有最高 ΔK 所估計的 K 值，即為研究區域中實際的族群數。

3.4.6 個體間的遺傳距離

我們使用 GenAlEx (Peakall & Smouse 2006) 計算兩兩個體間的遺傳距離，計算公式為 $D = N_{xy} / N$ ， N_{xy} 為兩個體間共有的基因座數量， N 為所有的基因座數量。

3.4.7 空間自相關分析 (spatial autocorrelation analysis)

空間自相關分析是檢驗在特定距離範圍內的兩兩個體間的遺傳相似性是否顯著異於所有兩兩個體間的遺傳相似的平均值，亦即一個體的遺傳特性(基因型)是否與鄰近個體的遺傳特性有所關聯 (Manel et al. 2003)。為瞭解樣區內和跨越區域、樣區間兩個空間尺度下，刺鼠族群遺傳結構的空間格局，我們使用 GenAlEx 6 (Peakall & Smouse 2006) 進行樣區內和整個研究區域內兩個空間尺度的空間自相關分析，並以 9999 permutations 檢驗各距離等級自相關係數的顯著性。在樣區內空間自相關分析中，因為各樣區內各距離等級範圍內的成對遺傳距離資料量太少，不容易檢測出空間格局的存在，所以，我們將所有樣區各距離等級的資料合併分析，以增加各距離等級內的樣本數。

3.4.8 遺傳邊界偵測 (detection of genetic boundary)

為檢測研究區域中是否因地景障礙的阻隔不利於刺鼠的散佈，而在地景障礙兩側附近形成顯著差異的遺傳邊界 (genetic boundary)，我們使用 Wombling method 將刺鼠個體的基因頻率在分佈範圍中內差計算 (interpolate) 形成個體基因頻率變化的坡度圖 (systemic function map)，以展現刺鼠基因頻率坡度變化的方向和強度，再以 binomial test 檢測基因頻率坡度變化較強的地帶形成遺傳邊界的顯著性 (Crida & Manel 2007)。

Wombling 分析的參數設定如下：像元解析 = 50 m，bandwidth (h) = 600 m，candidate

boundary (pB) = 0.1，邊界顯著水準(alpha) = 0.05。

3.5 刺鼠棲地適宜性(habitat suitability)模式的建立

棲地品質的好壞、面積大小和棲地的空間分佈會影響動物族群的生存和個體散佈的風險(Taylor et al. 2006, Baguette & Van Dyck 2007)，因此，棲地適宜性分佈的資訊對於探討地景連結度與動物散佈和基因交的關係極具重要性。我們利用研究中捕獲刺鼠的出現資料和巨觀的環境因子，建立刺鼠的棲地適宜性模式，以預測研究區域中適宜棲地的分佈，並應用於評估地景連結度與刺鼠散佈的關係。

3.5.1 刺鼠分佈資料

為增加刺鼠的出現資料量，我們在 GIS 軟體中以每個捕獲刺鼠的地點為中心，畫出半徑 20 公尺的圓形區域做為刺鼠出現的區域，此區域面積 (1,257 平方公尺) 相近於 Chang (1991) 以無線電追蹤研究刺鼠的核心活動範圍。這些圓形區域所構成的向量式圖層再轉換為像元解析(pixel size)為 10 公尺的二元網格式 (binary grid)圖層，刺鼠出現區域為 1，其餘區域為 0。

3.5.2 建立棲地適宜性模式的環境因子

為建立刺鼠的棲地適性模式，我們採用 12 項環境因子(表 2)；每一環境因子圖層的像元解析均為 10 公尺(因應衛星影像的像元解析)。兩幅涵蓋研究區域的 SPOT5 衛星影像(像元解析為 10 公尺，2005 年 10 月 16 日、2006 年 3 月 30 日拍攝，中央大學太空遙測研究中心處理) 用來計算研究區域的平均常態植生指數 (normalized difference vegetation index, NDVI)。坡度、坡向圖層由林務局農航所提供的數值高程模型 (digital elevation model, DEM)經內差(inverse distance weight)計算而得。研究區域 2001 年的土地利用圖則用來計算各項距離因子(如 distance to forest、distance to bamboo plantation... 等 9 項距離因子)。為使資料符合常態分佈，有 9 項環境因子圖層以 Box-Cox transformation (Hirzel et al. 2002)進行資料轉換，坡向因子採用平方根(square root)轉換；為避免過多 0 出現於 distance to forest 因子中，而對該因子加 0.5 進行轉換(表 2)。

3.5.3 棲地適宜性模式

我們使用 BioMapper (Hirzel et al. 2006b)中的生態棲位因素分析(ecological niche

factor analysis, ENFA; Hirzel et al. 2002)和 k-fold cross validation 建立並驗證研究區域中刺鼠的棲地適宜性模式。基於生態棲位的觀念，ENFA 萃取出邊際性因子(marginality factor)和特化度因子 (specialization factors)以量化比較該物種出現地點的環境特徵與整個研究區域環境特徵的差異(Hirzel et al. 2002)。邊際性是量測該物種出現地點環境狀況的平均值與整個研究區域環境狀況的平均值之差異性 (Hirzel et al. 2002)；特化度(或稱容忍度，tolerance)則反映出該物種沿環境梯度分佈的侷限性(Hirzel et al. 2002)。

棲地適宜性分佈圖是以幾何平均距離法 (geometric mean distance; Hirzel & Arlettaz 2003; Hirzel et al. 2006b) 計算而得。為驗證棲地適宜性模式的可信度，刺鼠的出現資料以零逢機分配 (zero randomness) 劃分為 10 等分 (partitions) 進行 k-fold cross validation (Hirzel et al. 2006a)。模式的優劣可以 continuous Boyce index 和預測/期望比值 (predicted/expected ratio, P/E)對應棲地適宜性之曲線 (P/E curve) 進行檢驗；continuous Boyce index 為物種出現的 P/E 和棲地適宜性之間的 Spearman 等級相關係數 (Hirzel et al. 2006a)；若 P/E 曲線隨棲地適宜性增加而增加 (圖 2)，則顯示該棲地模式具有良好的預測能力 (Hirzel et al. 2006a)。

3.6 破碎地景中個體間散佈距離之推估

為預測破碎地景中刺鼠個體散佈的可能路徑，我們使用最少成本路徑(least-cost path, LCP)分析兩個體間的散佈路徑，並計算所有 LCP 路徑的距離以估計兩個體間的地景連結度。兩個體間的 LCP 距離是以 ArcView 3.2 (Environmental System Research Institute, ESRI)和 PathMatrix script (Ray 2005)計算而得。本研究中分別以 6 個不同的散佈成本圖層(Cost 1- Cost 2)來推估個體間可能散佈路徑的距離。Cost 1 圖層假設所有地被類型(森林和非森林)不影響刺鼠的散佈，因而所有網格的加權值均為 1。Cost 2 圖層中，每一個網格的成本加權值是以 101 減去該位置的棲地適宜性數值(圖 12、圖 13b)。然而，看似很精確的連續性棲地適宜性數值忽略了模式本身的不確定性，未必能完全的反映出棲地利用的實際狀況；因此，依據 P/E 曲線的趨勢將棲地適宜性數值重新劃分為少數幾個等級，應較能呈現模式的真實訊息(Hirzel et al. 2006a)。Cost 3-5 圖層是將棲地適宜性劃分為 2 或 4 個等級，各等級給予不同的成本加權。Cost 3 圖層中分為 4 等級(第 1 級： $0 \leq HS < 25$ 、第 2 級： $25 \leq HS < 50$ 、第 3 級： $50 \leq HS < 75$ 、第 4 級： $75 \leq HS \leq 100$)，各等級分別給予 1000、100、10、1 的成本加權(圖 12、圖 13c)。Hirzel et al. (2006a)建議以 $P/E = 1$ 和 P/E 曲線中的轉折點做為劃分棲地等級的標準(圖 12)。因此，Cost 4 圖

層中分為 4 等級，(第 1 級： $0 \leq HS < 16$ 、第 2 級： $16 \leq HS < 38$ 、第 3 級： $38 \leq HS < 60$ 、第 4 級： $60 \leq HS \leq 100$)，各等級分別給予 1000、100、10、1 的成本加權(圖 12、圖 13d)。因為我們採用鄰近林地或林地內刺鼠的出現資料來建立棲地適宜性模式，因此，模式主要是反映森林區域的棲地適宜性。我們以 Cost 5 和 6 兩圖層來檢驗是否所有的林地都適於刺鼠散佈：在 Cost 5 圖層中(圖 12、圖 13e)，若棲地適宜性(HS) ≥ 16 ，則成本加權為 1，若棲地適宜性(HS) < 16 ，則成本加權為 1000；在 Cost 6 圖層中，若森林的成本加權為 1，非森林的成本加權為 1000。

3.7 基因交流與地景連結度之相關

為檢驗刺鼠基因交流是否受地景連結度的影響，我們使用 GenAlEx (Pekall & Smouse 2006a)中的 Mantel test (9,999 randomizations)檢驗兩個體間的遺傳距離矩陣和 6 個經自然對數轉換的 LCP 距離矩陣的相關性。

四、結果與討論

4.1 三義地區林地中齧齒類動物的組成

捕捉調查結果發現，研究區域林地中鼠類的組成仍以森林性的赤腹松鼠和刺鼠為主(分別捕獲 223 隻和 134 隻)，鬼鼠和小黃腹鼠為棲息農業開墾環境的物種，僅分別被捕獲 2 隻和 6 隻(表 3)，顯示鬼鼠和小黃腹鼠難以入侵、適應森林環境。對照台中大肚台地林地中的捕捉資料(王豫煌，未發表資料)，大肚台地林地中的鼠類組成幾乎以適應人為干擾、農業活動頻繁的小黃腹鼠、赤背條鼠、月鼠和鬼鼠等物種為主，赤腹松鼠的數量較少，刺鼠則完全消失，也顯示出三義地區林地遭受人為干擾的程度較低，適於森林性動物的生存。比較赤腹松鼠和刺鼠的捕獲量，赤腹松鼠在各樣區出現的數量普遍高於刺鼠(E2 除外)，顯示赤腹松鼠對於環境的適應力較強，對棲地的選擇性較低；而刺鼠在各樣區不均勻的分佈，可能是反映出各樣區中微棲地空間分佈和人為干擾歷史的差異，此推論需要進一步調查量化以比較各樣區微棲地空間分佈差異和追溯涵蓋各樣區附近的近期土地利用變遷資料，才得以確認。

4.2 研究區域 1904-2001 年的地景變遷

圖 3 顯示研究區域 1904、1977 和 2001 年三個時期地被類型的分佈狀況。1904 年的地景組成以灌叢為主，森林覆蓋為少數大面積的區塊；1977 年的地景組成則轉變為以森林覆蓋為主，森林區塊多且零碎，灌叢大幅減少，農業活動增加；2001 年的地景組成仍以森林覆蓋為主，森林覆蓋更為完整、連續，但是，高車流量的道路系統(高速公路、省道)和道路沿線發展的住宅區、工業區將研究區分隔為東、西兩區域。

圖 4 顯示研究區域 1904-2001 年地被類型面積變化的趨勢：1904-1977 年間，森林面積大幅增加(約 3400 公頃增加至 6100 公頃)，1977-2001 年間，森林面積僅小幅增加(約 6100 公頃增加至 6500 公頃)；竹林面積逐年快速增加，1904 年約 20 公頃，1977 年約 225 公頃，2001 年約 690 公頃；灌叢面積則是逐年大幅減少，1904 年約 5500 公頃，1977 年約 1200 公頃，2001 年約 670 公頃；農地面積在 1904 年約 560 公頃，1977 年增至約 1100 公頃，2001 年又減至 570 公頃；茶園面積逐年減少，而果園面積在 1904-1977 年間，由 0 增至 890 公頃，1977-2001 年間，增至 1020 公頃；建築區、工業區、高車流量道路(一等道路)和其他鋪設路面道路系統(二、三等道路，如縣道、鄉道)，都是在 1977-2001 年間快速增加。

表 4-7 詳列了研究區域在 1904-1977 和 1977-2001 年間地被類型轉換的面積和百分比。1904-1977 和 1977-2001 年間，森林覆蓋的增加，主要是來自於灌叢轉換為林地，而局部林地也因為砍伐、轉為竹林、農地、茶園、果園等不同的土地利用形式而消失。1904-1977 和 1977-2001 年間，各地被類型的相互轉換的變動性很高，主要是森林、灌叢和各類農業活動之間的動態消長，顯示研究區域整體土地利用的變化很大，主要原因為所使用地圖資料時間間隔太長(兩期間約為 70 年和 30 年)，無法顯示研究區域土地利用的漸進變化。若要精確的掌握研究區域土地利用的動態變化，瞭解地景變遷的過程與機制，更進一步應用於研究區域地景發展模式的預測，則必須收集更多不同時期的地圖或航攝影像資料，進行數化、分析；然而，台灣早期的詳實的地圖及航攝影像等資料稀少且不易取得，數化這些土地利用資料也需要耗費大量的時間、人力和金錢，唯有長期的研究累積和共享相關的地理資訊檔案，才可能解決目前有關地景變遷研究資料殘缺、取得不易的困境。

圖 5 顯示研究區域 1904-1977 和 1977-2001 年間林地消長的空間變化，將兩期林地消長的空間變化進行邏輯運算，即可以確認區域內現存的任一林地大概是屬於哪一時期的林地(圖 6)。圖 6 顯示研究區域目前的森林覆蓋主要是來自於 1904-1977 年間增加的

林地，其次為 1904 年殘存至今的林地，少部分林地為 1977-2001 年間增加的林地。如前述，受限於地圖、影像資訊的時間間隔太長，1904-1977 和 1977-2001 年期間的林地有發生變動，因資料缺乏，而忽略了期間的變化。研究區域現存林地中，得自於 1904 年以後增加的林地，多為相思樹、樟樹和油桐造林地，為早期薪炭、製腦和桐油等經濟用途造林，但因石化工業的發展，逐漸取代這些經濟樹種的用途，以致造林地日漸荒廢而鮮有人為干擾，這些區域樹冠層雖以相思樹、油桐為主，但樹冠層下的第二層喬木和灌叢多為次生的原生樹種，顯示植物群落的次生演替亦持續進行中。自 1904 年殘存至今的林地，多位於地形較為陡峭、不利人為開發的山區，林相為次生的闊葉林，這些殘存的林地是否為三義地區生物多樣性的核心區域，則有待進一步資源調查予以確認。

由地景變遷分析中整體面積變化的趨勢，展現出森林覆蓋增加、灌叢減少、農業活動型態隨不同時期有所轉變，住宅區、工業區、道路系統在 1977-2001 年間快速發展。研究區域的森林覆蓋雖然增加，但是，近期發展的道路系統，車速和車流量遠高於 1970 年以前的道路系統，且 1970 年以前，研究區域的道路以未鋪設柏油、水泥的道路為主，對於野生動物穿越道路所造成的衝擊應遠低於近期的道路系統；此外，住宅區和工業區主要是沿著南北向的高速公路和省道沿線兩側發展，此狀況更可能形成研究區域中地面活動的野生動物進行東西向散佈時所面臨的障礙。

現存林地年齡的空間分佈資訊(圖 6)應可約略反映出研究區域林地遭受近期人為干擾的相對時間；然而，因為早期的圖資缺乏，時間跨距太大，以致圖 6 可能高估了 1904 年殘存至今的林地分佈。因此，若要瞭解較原始林地的分佈，則需必須取得日治中、後期至 1970 年之間的圖資，進行數化、分析。

4.3 刺鼠的族群遺傳結構與基因交流

AMOMA 的結果(表 8)顯示，雖然研究區域的刺鼠遺傳多樣性大部分存在於樣區中，但是，高速公路東、西兩側區域間和區域內樣區間的刺鼠仍有輕微的遺傳分化($P = 0.0001$)。成對樣區間的遺傳分化指數(Φ_{PT} , Φ_{PT})均顯著大於零($P < 0.05$)；圖 7 展現區域內和區域間成對樣區間的遺傳分化指數與樣區間直線距離的關係，而區域內的 Φ_{PT} 值顯著低於區域間的 Φ_{PT} 值($t = -2.778$, $P = 0.012$)，此現象可能隱含著南北向發展的高車流量道路系統和沿路兩側密集的建築區對刺鼠東西向基因交流的部分影響。

分派檢定結果顯示，當 $K = 2$ 時， ΔK 值最大，亦即研究區內存有兩個族群。檢視每個個體分派至兩族群(淺灰色為族群 1，深灰色為族群 2)的機率，顯示分佈於樣區

W1-W3 的刺鼠，其基因型多屬於族群 1；分佈於樣區 E2 和 E4 的刺鼠，其基因型亦多屬於族群 1，然而，E1 樣區刺鼠個體的基因型雖以族群 1 佔多數，但基因型屬於族群 2 的比例增加，E3 樣區刺鼠個體的基因型則多屬於族群 2(圖 8A)。將各樣區中所有刺鼠個體的分派機率加總平均(圖 8B)，顯示各樣區平均的基因型表現並不一致，可能意謂著樣區間的基因交流有所限制。將東、西兩區域中刺鼠個體的分派機率分別加總平均(圖 8C)，亦顯示東、西區域平均的基因型表現有些差異，也意謂著東、西區域間的基因交流有所限制。

樣區內的空間自相關分析中(圖 9A)，刺鼠在各距離等級的自相關係數均顯著大於或小於 0，且自相關係數呈現隨距離等級增加而遞減的趨勢；此現象反映出刺鼠在樣區範圍內(≤ 1000 m)的空間尺度下，其遺傳結構的空間格局呈現梯度變化，個體間的遺傳關係隨距離漸增而遞減，並未形成遺傳關係相近的個體集中分佈的現象。跨越東、西區域所有樣區的空間自相關分析(圖 9B)中，刺鼠在 100-1000 m 距離等級的自相關係數均顯著大於 0，且自相關係數呈現隨距離等級增加而遞減的趨勢，在 1500-3000 m 距離等級的自相關係數均沒有顯著大於或小於 0，然而，在 4000-8000 m 距離等級的自相關係數均顯著小於 0；此現象反映出刺鼠在研究區域(≤ 8000 m)的空間尺度下，其遺傳結構的空間格局呈現階段式梯度變化(step gradient)，暗示著研究區域中刺鼠個體間的距離在 1500-3000 m 的範圍內，可能存有輕微的遺傳隔閡(genetic gap)。

Wombling method 計算出研究區域中刺鼠分佈範圍內的基因頻率的空間變化圖(systemic function map，圖 10a)，顯示刺鼠分佈範圍內的基因頻率在不同的空間位置有起伏變化(不同的漸層色彩)，局部區域基因頻率坡度的變化較為劇烈(色彩轉換的地帶)可能形成基因頻率坡面的斷崖，亦即顯著的遺傳界線(genetic boundary)。Binomial test 確認了遺傳界線的顯著性($P \leq 0.05$)和空間位置(boundaries map 圖 10b)。為解釋造成這些遺傳界線的原因，我們將圖 10b 與 1904、1977 和 2001 年的地被類型圖套疊圖(圖 11)，並考慮不同時期地景組成對刺鼠散佈行為的衝擊程度，我們認為 1904 年的地景主要以灌叢和森林為主，人為的干擾形式主要為茶園和農地，整體而言對刺鼠的散佈應不構成太大的影響；在 1977 年的地景中，森林覆蓋大幅增加，人為的干擾形式主要為茶園和果園，高速公路正在興建中，省道的車速、車流量不高，縣道和鄉道多為泥土路面，整體地景的連結度應有利於刺鼠的散佈；在 2001 年的地景中最明顯的變化為高速公路、省道、縣道和道路兩側沿線發展的建築區、工業區的出現，2001 年道路系統的車速、車流量均遠高於 1977 年以前的道路系統(可能增加動物穿越道路的死亡率)，沿路發展

的住宅區人為活動頻繁(因為刺鼠並非一般活動於都市、農田的鼠類，不會侵入人為活動頻繁的住宅區)，此兩項因素均極不利於刺鼠的散佈，因而極可能構成刺鼠散佈時所面臨的障礙，而這些地景障礙的位置與遺傳界線的位置也較為相符，我們推論遺傳界線的形成受近期(1977年以後)地景變遷影響的可能性較高。

綜合整體遺傳分析的結果，我們發現三義地區的刺鼠確實存有輕微的遺傳分化現象，樣區間的基因交流受限因而形成顯著的遺傳界線，而造成遺傳分化和遺傳界線的原因可能與1977年以後的地景變遷較有相關；並且，南北向發展的主要道路系統和建築區，對於東、西區域間刺鼠基因交流的阻礙大於東、西區域內次要道路系統和其他土地利用型對區域內刺鼠基因交流的影響。

4.4 刺鼠的棲地適宜性模式

三義地區刺鼠分佈的整體邊際性 (total marginality) 和容忍度 (tolerance) 分別為 0.745 和 0.279 (整體邊際性和容忍度的數值變化範圍為 0-1)。棲地適宜性分佈圖是以 ENFA 所萃取的前 4 個因子計算而得；此 4 個因子解釋了預測刺鼠分佈的 12 項環境因子 87% 的總變異量。邊際性因子 (marginality factor) 為第 1 個因子，解釋了 60% 環境因子的總變異；至森林距離 (-0.315)、至竹林距離 (0.414)、至裸露地距離 (0.301)、至建築物距離 (0.442)、至果園距離 (0.472) 對於邊際性因子有較大的影響 (表 9)。其餘 3 個因子為特化度因子 (specialization factors)，解釋了 27% 環境因子的總變異；至森林距離 (-0.494, -0.628)、至裸露地距離 (0.514, -0.465)、至建築物距離 (-0.477)、至竹林距離 (-0.389)、至水域距離 (0.38) 對於特化度因子 1、2 有較大的影響；至農地距離 (0.37)、至果園距離 (-0.315)、平均 NDVI (-0.728) 對於特化度因子 3 有較大的影響 (表 9)。Continuous Boyce index (window size = 20) 為 $0.888 + 0.168$ ；P/E 隨棲地適宜性呈現近似指數增加 (圖 12)。

由 ENFA 所得的因子分數 (factor score) 指出，刺鼠的棲地需求為遠離人為活動的森林區域 (表 9)；然而，因為其分佈具高邊際性 (0.745)、低容忍度 (0.279)，顯示這樣的棲地在三義地區並不普遍。雖然，刺鼠棲息於低海拔的森林，其出現與否卻不易預測 (Wu & Yu 2000)。密集的灌叢覆蓋是影響刺鼠棲地利用和空間分佈的重要為棲地因子 (Chang-Chien 1989; Chang 1991; Tsai 1997)。因為刺鼠會在地面或樹上築巢，密集的灌叢覆蓋可以提供刺鼠安全的棲息、庇護場所，也有利於刺鼠自地面攀爬到樹冠層。檢視刺鼠的適宜棲地分佈圖，發現部分不適棲地出現於較大的森林區塊內 (圖 13)。由於光梯度

的限制，通常在林緣有較密集的灌叢覆蓋；森林內部，林下的灌叢覆蓋度較稀疏、且分佈不均，只有孔隙(gap)出現的地點才可能有密集的灌叢。因此，森林內部灌叢稀疏且分佈不均，可能是造成刺鼠捕獲率偏低的因素，致使刺鼠的出現資料有所偏差，因而影響了模式對於森林內部的預測力。雖然，本研究建立的棲地適宜性模式並未採用影響刺鼠空間分佈的微棲地因子，continuous Boyce index 和 P/E 曲線均顯示該模式反映了研究區域中刺鼠棲地分佈大致的格局，也顯示該模式具有高度的預測性。

若要提升 ENFA 對於森林內部適宜棲地分佈的預測能力，可能需要採用在地景層次上能夠反映複雜的森林三維結構的微棲地因子。以分散、小樣區調查，量測固定面積中灌叢覆蓋和高度的變化，若沒遙測技術的協助，似乎無法將棲地調查資料內差至涵蓋整個研究區域。近年來，遙測領域中積極發展雷射光達技術 (light detection and ranging, LiDAR) 可望解決以地景層次收集森林三維結構變化的難題 (Zimble et al. 2003; Hyde et al. 2005; Nelson et al. 2005; Hyde et al. 2006)。

4.5 三義地區地景連結度與刺鼠基因交流的相關性檢驗

圖 13 顯示了研究區域中一刺鼠個體散佈至其他個體位置，依據直線路徑 (圖 13a)、連續性成本 (Cost 1; 圖 13b)、等級成本加權(Cost 12; 圖 3c-f) 6 種 LCP 模式所推測的可能散佈路徑。些微增加的 Mantel 相關顯示等級加權的適宜性地圖，比直線距離，較能解釋地景連結度與遺傳距離的關係(表 10)。

三義地區刺鼠的基因交流可能受到森林破碎化的影響。儘管刺鼠個體間的遺傳距離與直線地理距離有相關；但是，與以 LCP 所估計的地景距離呈現較高的相關性，尤其是，依據棲地適宜性等級進行成本加權的方式，更提高了遺傳距離與地景距離的相關性(表 10)。依據 P/E 曲線的趨勢將連續的棲地適宜性數值重新劃分為少數幾個等級較能反應實際的棲地狀況 (Hirzel et al. 2006a)，這是因為連續的棲地適宜性分佈圖隱含模式本身的不確定性 (Hirzel et al. 2006a)，並且 P/E 並未隨棲地適宜性呈現線性增加的趨勢 (圖 2)。依據棲地等級而給予不同的散佈成本權重，而非採用連續數值(101 - HS)加權，應該較能反映出刺鼠在不同棲地狀況下的散佈成本；此觀點也經由遺傳距離與 Cost 4 地景距離具有較高的相關性而獲得證實。

表 11 列舉了國外的相關研究。不論物種本身的移動能力、分析層次和研究範圍大小有所差異，這些研究顯示了物種的基因交流與地景的連結度均有相關。刺鼠的相關係數 (0.147; 表 11) 高於 European roe deer (Coulon et al. 2004)約 5 倍，低於 natterjack toad

(Stevens et al. 2006)約 5 倍。這些研究中，基因交流與地景連結度呈現低相關的情形，可能是因為在估計基因交流時採取過度簡化的假設、或是動物個體散佈、散佈的傾向，在不同性別、年齡和社會地位的差異所致 (Broquet et al. 2006)。

4.5 三義地區刺鼠散佈潛在廊道位置

本研究以 Cost 4 成本圖層所估計的 LCP 距離與刺鼠的遺傳距離有較高的相關性，將此模式預測所有刺鼠個體的最少成本路徑繪出，連結不同棲地區塊，所有個體共同使用的路徑部分(圖 14)，有可能為研究區域內刺鼠散佈的潛在廊道位置。雖然，東西向的廊道跨越了高速公路、省道和住宅區等主要的障礙區，對刺鼠而言，似乎不可能穿越；但是，這些廊道位置是連結最近棲地區塊的路徑。未來或可考慮以這些潛在廊道位置優先進行生態廊道規劃設計的實驗。

五、建議

5.1 整合不同物種的相關研究，進行綜合評估分析，以獲得區域地景連結度的完整資訊

地景連結度會因物種的適應力、散佈行為和能力的不同而改變，亦即有物種專一性 (Taylor et al. 2006)。地景連結度本身無所謂好或壞，因為地景連結度有利於某一物種的生存，也有可能不適用於另一物種的生存(Taylor et al. 2006)。本研究係針對刺鼠單一物種進行族群遺傳結構與地景連結度關係的探討，並不表示研究區域中其他森林性物種都具有相同的反應。因此，區域地景連結度的評估應該對區域生態系中不同分類群、散佈能力的物種進行類似的研究，最後，再整合這些研究個案，進行綜合的評估分析才能獲得區域地景連結度的完整資訊，對於維護區域生態過程(ecological processes)才能進行妥善的規劃和管理。此項整體評估的工作，需要長期累積許多不同物種散佈、族群遺傳、棲地利用和空間分佈的相關資訊，並非短時間一、兩年即可達成的目標；因此，建議未來應整合不同領域，如植物、昆蟲、兩棲爬蟲、鳥類和中、小型哺乳動物的研究者，在相同的研究區域，進行一系列類似的研究，並考慮採用標準化的研究方法，以便於後續資料的整合分析。

5.2 公開、共享政府部門的地理資料，便於建立完整的地景變遷資料庫，以評估、預測地景連結度的動態變化

地景連結度為一動態的觀念，因為不同時期的土地利用方式和管理政策都會影響區域地景的發展，進而改變地景的連結度(Taylor et al. 2006)。因此，欲維護一區域地景的連結度，必須先有足夠的地景資料，如不同時期且時間間隔較近的地被類型或土地利用圖、土地所有權、區域發展計畫等資料，用來建立可靠的地景變遷模式，以便預測區域未來地景發展的趨勢，如此才能評估現階段的地景連結度是否能夠維持或進一步改善。在台灣進行整合地景變遷和生態過程相關的研究並不像在歐、美地區一般容易，原因在於有關地景變遷研究所必須的地圖、航攝、衛星影像等空間地理資料的取得不易，尤其是台灣土地利用的變換率(turnover)很快，需要時間間隔密集的資料，才可能建立可靠的地景變遷模式；然而，日治時期以後至 1977 年間的土地利用有極大的轉變，相關的影像資料未公開而無法取得。即便取得，研究者也必須花費相當大的時間和精力，數化、處理和建置研究所需的地理資料庫，而不若國外研究者可以快速、輕易的從政府相關部門取得研究所需的空間資料，立即著手研究。本研究進行三義地景變遷分析所需的早期資料，所幸有中央研究院地理資訊小組提供地圖影像，才得以進行，但礙於 1940-1950 年間的早期航照影像無法取得(即便取得仍需要花費相當的時間進行正射處理和數化)，資料的時間間隔太長，以致研究產生的地景變遷資訊可能有所偏差。為解決未來相關研究將面臨相同的困境，建議政府部門應開放已經建置好的地理資料，包括圖資、影像、數化檔案提供一般學術單位研究使用，否則，在一般研究計畫經費、人力的限制下，且生態學者並非人人都是地理資訊、遙測影像處理專家，所產生的資料品質必然很難達到研究目標需求的水準。而後續研究產生的空間資料，包括圖資、影像、數化各類檔案，在研究發表後，也應盡快公開、共享於政府部門(如內政部國土資訊部門或中央研究院計算中心地理資訊小組)的地理資料庫中，提供一般學術研究者申請使用。現在生態保育的研究和規劃都必須考慮時空變化的因素，唯有開放共享政府部門每年耗資龐大所建置的地理資料，探討生態過程時空變化與地景變遷相關的議題，才得以順利進行。

5.3 應用 LiDAR 資料輔助野生動物棲地品質和空間分佈的預測，以利棲地的經營管理

研究區域中，地景連結度雖然是維持物種生存需要考慮的條件，但是良好棲地面積的多寡對於物種的生殖和存活更是必須考慮的要件，棲地品質的好壞、面積多寡和空間分佈都會影響物種長遠的生存。本研究以棲地適宜性模式預測刺鼠棲地品質的空間分

佈，並將結果轉化、整合至 LCP 分析中，即嘗試以此分析模式同時考慮棲地品質的好壞、面積多寡、空間分佈等因素，探討地景連結度與刺鼠散佈、基因交流的相關性。本研究建置棲地適宜性模式僅採用與人為干擾相關的巨觀因子(macro environmental variable)，因缺乏與刺鼠微棲地選擇相關因子的地景層次資料(研究區域森林三維結構，如樹冠高度、孔隙分佈、灌叢密度等)，使得模式的預測能力仍有待改進。國外近年的研究開始大量使用 LiDAR 技術量化、估計森林複雜的三維結構，以輔助評估野生動物棲地品質。國內，近年亦逐漸採用 LiDAR 技術，但多用於坡地、土石流監測和都市三維模型建置，應用於森林結構分析的研究很少，資料量少且未公開一般學術研究申請使用。LiDAR 資料對於棲地模式預測能力提升的程度，是值得進一步探討的研究方向，但先決條件是要有涵蓋研究區域的 LiDAR 資料可供使用。

5.4 考慮進一步開始有關生態廊道規劃、設置的實驗研究，以減緩主要道路系統和住宅區對野生動物基因交流的衝擊

本研究發現高速公路、省道高車流量道路系統，和沿道路系統兩側發展的密集建築區可能阻斷刺鼠族群間的基因交流，進而形成遺傳分化的現象。為減緩道路系統、建築區對野生動物散佈的衝擊，可能需要考慮在適當的地點設置生態廊道，而地點的選擇，可以優先考慮在本研究中利用棲地適宜性模式和 LCP 分析預測的移動路徑穿越道路系統、建築區的附近區域(圖 14)，進行適當的保育措施，例如，確認這些區域的土地所有權，若為公有地，則可以立即減少人為的活動、干擾，配合植物群落的演替階段進行輔助性的原生樹種植栽，加速演替復原速率，若需穿越道路、建築區，則需設計誘導、協助動物通行的設施，沿著這些 LCP 路徑，建立以朝向自然演替的綠帶連接隔離的棲地區塊；若 LCP 穿越區域屬於私有地，則必須與所有權人進行協調、溝通，或結合當地社區、環境團體的影響力，說服所有權人願意配合綠帶的發展，長期維持這些廊道的存在。雖然，這些廊道的位置是依據研究刺鼠的經驗而設置，未必全然有利於其他物種的散佈；然而，刺鼠為林地中主要的鼠類，亦為森林中肉食性動物重要的食物來源，對這些肉食性動物而言，刺鼠這項食物資源的空間分佈，也有可能影響肉食動物的空間分佈，刺鼠會利用的廊道或許有可能誘導肉食性動物使用，這樣的臆測也需要更多的野外研究加以驗證。

致 謝

本計畫的地景變遷研究得以順利完成，必須感謝中央研究院計算中心地理資訊小組及廖泮銘先生提供台灣堡圖和第一版相片基本圖的影像，並提供程式輔助影像座標系統的轉換。野外調查、採集的勞苦，感謝張育誠、周政翰、林笈克、陳柏豪、陳廣霖、陳欣一、吳榮笙、陳佑哲、蔡智豪諸位朋友共同分擔。

參考文獻

- Adriaensen F., Chardon J.P., De Blust G., Swinnen E., Villalba S., Gulinck H. & Matthysen E. (2003). The application of 'least-cost' modelling as a functional landscape model. *Landscape and Urban Planning*, 64, 233-247.
- Baguette M. & Van Dyck H. (2007). Landscape connectivity and animal behavior: functional grain as a key determinant for dispersal. *Landscape Ecology*, 22, 1117-1129.
- Berres M.E. (2002). General fluorescent AFLP (fAFLP) protocols. URL http://ravel.zoology.wisc.edu/sgaap/AFLP_html/fAFLP_protocols.htm
- Boyce M.S., Vernier P.R., Nielsen S.E. & Schmiegelow F.K.A. (2002). Evaluating resource selection functions. *Ecological Modelling*, 157, 281-300.
- Broquet T., Ray N., Petit E., Fryxell J.M. & Burel F. (2006). Genetic isolation by distance and landscape connectivity in American marten (*Martes americana*). *Landscape Ecology*, 21, 877-889.
- Cercueil A., Francois O. & Manel S. (2007). The Genetical Bandwidth Mapping: A spatial and graphical representation of population genetic structure based on the Wombling method. *Theoretical Population Biology*, 71, 332-341.
- Chang S.W. (1991). The population ecology of *Niviventer coxingi* in the Miantianshan area. In: *Graduate School of Zoology*. Taiwan University Taipei, Taiwan, p. 61.
- Chang-Chien L.W. (1989). The ecology of rodents in the Miantianshan area of Yangmingshan National Park. In: *Graduate School of Zoology*. Taiwan University

- Taipei, Taiwan, p. 54.
- Chardon J.P., Adriaensen F. & Matthysen E. (2003). Incorporating landscape elements into a connectivity measure: a case study for the Speckled butterfly (*Pararge aegeria* L.). *Landscape Ecology*, 18, 561-573.
- Compton B.W., McGarigal K., Cushman S.A. & Gamble L.R. (2007). A resistant-kernel model of connectivity for amphibians that breed in vernal pools. *Conservation Biology*, 21, 788-799.
- Corander J. & Marttinen P. (2006). Bayesian identification of admixture events using multilocus molecular markers. *Molecular Ecology*, 15, 2833-2843.
- Coulon A., Cosson J.F., Angibaut M., Cargnelutti B., Galan M., Morellet N., Petit E., Aulagnier S. & Hewison A.J.M. (2004). Landscape connectivity influences gene flow in a roe deer population inhabiting a fragmented landscape: an individual approach. *Molecular Ecology*, 13, 2841-2850.
- Crida A. & Manel S. (2007). wombo: an r package that implements the Wombling method to identify genetic boundary. *Molecular Ecology Notes*, 7, 588-591.
- Diniz-Filho J.A.F. & De Campos Telles M.P. (2002). Spatial autocorrelation analysis and the identification of operational units for conservation in continuous population. *Conservation Biology*, 16, 924-935.
- Epps C.W., Wehausen J.D., Bleich V.C., Torres S.G. & Brashares J.S. (2007). Optimizing dispersal and corridor models using landscape genetics. *Journal of Applied Ecology*, 44, 714-724.
- Evanno G., Regnaut S. & Goudet J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14, 2611-2620.
- Falush D., Stephens M. & Pritchard J.K. (2007). Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles. *Molecular Ecology Notes*.
- Gompert Z., Nice C.C., Fordyce J.A., Forister M.L. & Shapiro A.M. (2006). Identifying units

- for conservation using molecular systematics: the cautionary tale of the Karner blue butterfly. *Molecular Ecology*, 15, 1759-1768.
- Graham C.H., Ferrier S., Huettman F., Moritz C. & Peterson A.T. (2004). New developments in museum-based informatics and applications in biodiversity analysis. *Trends in Ecology & Evolution*, 19, 497-503.
- Guisan A. & Thuiller W. (2005). Predicting species distribution: offering more than simple habitat models. *Ecology Letters*, 8, 993-1009.
- Hale M.L., Lurz P.W.W., Shirley M.D.F., Rushton S., Fuller R.M. & Wolff K. (2001). Impact of landscape management on the genetic structure of red squirrel populations. *Science*, 293, 2246-2248.
- Hirzel A., Hausser J. & Perrin N. (2006b). BioMapper3. Available from <http://www2.unil.ch/biomapper/>.
- Hirzel A.H. & Arlettaz R. (2003). Modeling habitat suitability for complex species distributions by environmental-distance geometric mean. *Environmental Management*, 32, 614-623.
- Hirzel A.H., Hauser J., Chessel D. & Perrin N. (2002). Ecological-niche factor analysis: how to compute habitat-suitability maps without absence data? *Ecology*, 83, 2027-2036.
- Hirzel A.H., Le Lay G., Helfer V., Randin C. & Guisan A. (2006a). Evaluating the ability of habitat suitability models to predict species presences. *Ecological Modelling*, 199, 142-152.
- Hyde P., Dubayah R., Walker W., Blair J.B., Hofton M. & Hunsaker C. (2006). Mapping forest structure for wildlife habitat analysis using multi-sensor (LiDAR, SAR/InSAR, ETM+, Quickbird) synergy. *Remote Sensing of Environment*, 102, 63-73.
- Manel S., Schwartz M.K., Luikart G. & Taberlet P. (2003). Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. *Trends in Ecology & Evolution*, 18, 189-197.

- McCoy J. & Johnston K. (2001). *Using ArcGIS Spatial Analyst*. ESRI, Redlands, USA.
- Nelson R., Keller C. & Ratnaswamy M. (2005). Locating and estimating the extent of Delmarva fox squirrel habitat using an airborne LiDAR profiler. *Remote Sensing of Environment*, 96, 292-301.
- Peakall R. & Lindenmayer D. (2006). Genetic insights into population recovery following experimental perturbation in a fragmented landscape. *Biological Conservation*, 132, 520-532.
- Peakall R., Ruibal M. & Lindenmayer D. (2003). Spatial autocorrelation analysis offers new insights into gene flow in the Australian bush rat, *Rattus fuscipes*. *Evolution*, 57, 1182-1195.
- Peakall R. & Smouse P.E. (2006). GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, 6, 288-295.
- Pearce J.L. & Boyce M.S. (2006). Modelling distribution and abundance with presence-only data. *Journal of Applied Ecology*, 43, 405-412.
- Ray N. (2005). PATHMATRIX: a geographical information system tool to compute effective distances among samples. *Molecular Ecology Notes*, 5, 177-180.
- Reutter B.A., Helfer V., Hirzel A.H. & Vogel P. (2003). Modelling habitat-suitability using museum collections: an example with three sympatric *Apodemus* species from the Alps. *Journal of Biogeography*, 30, 581-590.
- Riley S.P., Pollinger J.P., Sauvajoy R.M., York E.C., Bromley C., Fuller T.K. & Wayne R.K. (2006). A southern California freeway is a physical and social barrier to gene flow in carnivores. *Molecular Ecology*, 15, 1733-1741.
- Schweiger O., Frenzel M. & Durka W. (2004). Spatial genetic structure in a metapopulation of the land snail *Cepaea nemoralis* (Gastropoda: Helicidae). *Molecular Ecology*, 13, 3645-3655.
- Spear S.F., Peterson C.R., Matocq M.D. & Storfer A. (2005). Landscape genetics of the

- blotched tiger salamander (*Ambystoma tigrinum melanosticum*). *Molecular Ecology*, 14, 2553-2564.
- Stevens V.M., Verkenne C., Vandewoestijne S., Wesselingh R.A. & Baguette M. (2006). Gene flow and functional connectivity in the natterjack toad. *Molecular Ecology*, 15, 2333-2344.
- Strasburg J.L. (2006). Conservation biology: Roads and genetic connectivity. *Nature*, 440, 875-876.
- Taylor P.D., Fahrig L. & With K.A. (2006). Landscape connectivity: a return to the basics. In: *Connectivity Conservation* (eds. Crooks KR & Sanjayan M). Cambridge University Press Cambridge, UK, pp. 30-43.
- Tsai J.J. (1997). Population dynamics and microhabitat use of the Spinous country rat (*Niviventer coxinga*) at Tahanshan and Nanjeanshan areas. In: *Biological Sciences*. National Sun Yat-Sen University Kaohsiung, Taiwan, p. 62.
- Verbeylen G., De Bruyn L., Adriaensen F. & Matthysen E. (2003). Does matrix resistance influence Red squirrel (*Sciurus vulgaris* L. 1758) distribution in an urban landscape? *Landscape Ecology*, 18, 791-805.
- Vignieri S.N. (2005). Streams over mountains: influence of riparian connectivity on gene flow in the Pacific jumping mouse (*Zapus trinotatus*). *Molecular Ecology*, 14, 1925-1937.
- Vos P., Hoger R., Bleeker M., Reijans M., van de Lee T., Hornes M., Frijters A., Pot J., Peleman J., Kuiper M. & Zabeau M. (1995). AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research*, 23, 4407-4414.
- Vucetich J.A. & Waite T.A. (1998). Erosion of heterozygosity in fluctuating populations. *Conservation Biology*, 13, 860-868.
- With K.A. & King A.W. (1999). Extinction thresholds for species in fractal landscapes. *Conservation Biology*, 13, 314-326.

- Wu H.-Y. & Yu H.-T. (2000). Population dynamics of the spiny country rat (*Niviventer coxingi*) in a subtropical montane forest in central Taiwan. *Journal of Zoology*, 250, 339-346.
- Zaniewski A.E., Lehmann A. & Overton J.M.C. (2002). Predicting species spatial distributions using presence-only data: a case study of native New Zealand ferns. *Ecological Modelling*, 157, 261-280.
- Zannèse A., Morellet N., Targhetta C., Coulon A., Fuser S., Hewison A.J.M. & Ramanzin M. (2006). Spatial structure of roe deer populations: towards defining management units at a landscape scale. *Journal of Applied Ecology*, 43, 1087-1097.
- Zimble D.A., Evans D.L., Carlson G.C., Parker R.C., Grado S.C. & Gerard P.D. (2003). Characterizing vertical forest structure using small-footprint airborne LiDAR. *Remote Sensing of Environment*, 87, 171-182.

表1. 苗栗三義地區地被類型分類表

代號	地被類型	
1	Forest	林地
2	Bamboo plantation	竹林
3	Bush	灌叢
4	Cemetery	墓地
5	Farm land	水田、旱地
6	Tea plantation	茶園
7	Orchard	果園
8	Building	建築區
9	Industrial district	工業區
10	Railroad	鐵路
11	Highway & provincial road	高速公路、省道
12	County road	縣道
13	Township road	鄉道
14	Unpaved road	未鋪設路面道路
15	River, pond & reservoir	溪流、池塘、水庫
16	Bareland & exposed river bed	裸露地、河床地
999	Background	無資料

表2. 苗栗三義地區刺鼠 AFLP 分析使用之引子組合和多型性基因座數量

引子組合	螢光標記	多型性基因座 (N)
E-AAA/T-GAA	6-FAM	15
E-AAA/T-GAG	6-FAM	19
E-AAA/T-CAG	6-FAM	21
E-ACA/T-GAA	6-FAM	13
E-AAA/M-CCG	6-FAM	4
E-ACA/M-CCG	6-FAM	8
E-AGA/T-CAA	NED	21
E-AGA/T-CAG	NED	15
E-AAC/T-GAA	NED	20
E-AAC/T-GAG	NED	17
E-AAC/T-CAG	NED	12
E-AGA/M-CGA	NED	7
總計		172

表3. 苗栗三義地區林地齧齒動物捕獲量

樣區	捕捉努力量		捕獲動物數量			
	籠數	捕捉籠夜	<i>Bandicota indica</i>	赤腹松鼠 <i>Callosciurus erythraeus</i>	<i>Niviventer coninga</i>	小黃腹鼠 <i>Rattus losea</i>
W1	170	1010	0	61	18	
W2	90	450	0	22	24	2
W3	80	1520	1	29	14	
W4	120	1100	0	25	3	
E1	68	408		22	18	
E2	80	560		13	23	1
E3	70	490		23	16	
E4	80	560	1	28	18	3
總計	758	6098	2	223	134	6

表4. 苗栗三義地區 1904-1977 年地被類型轉換面積

		LC1904 (hectares)										1977 Total			
Land cover		1	2	3	5	6	8	10	14	15	16				
LC1977 (hectares)	1	2327.6	7.4	3438.8	109.6	187.8	15.5	1.8	26.2	0.4	67.3	6182.3	3854.7	LC1977 GAINS (hectares)	
	2	104.3	1.8	115.3	2.0	0.3	1.2	0.0	0.7	0.0	0.4	225.9	224.1		
	3	334.6	0.5	725.8	45.7	74.1	5.1	0.8	8.5	1.0	21.1	1217.1	491.3		
	4	1.2	0.0	11.1	1.5	1.4	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	15.4	15.4		
	5	208.6	3.4	466.0	295.3	32.8	27.1	6.6	28.7	5.7	52.6	1127.0	831.7		
	6	9.6	1.0	165.3	2.7	162.2	0.3	2.0	4.9	0.0	0.0	348.0	185.8		
	7	369.2	3.5	438.1	33.1	21.7	4.6	0.1	7.0	0.0	12.4	889.8	889.8		
	8	20.2	2.9	51.8	36.4	15.3	10.2	1.6	8.2	2.9	5.0	154.4	144.2		
	10	2.4	0.0	5.7	3.3	0.0	0.2	0.2	1.0	0.0	0.1	12.8	12.6		
	12	0.2	0.2	1.9	2.6	2.3	0.2	0.4	0.2	0.2	1.0	9.2	9.2		
	13	0.0	0.0	0.2	0.3	0.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.6	0.6		
	14	0.9	0.0	0.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	1.5	1.5		
	15	7.9	0.0	17.6	18.1	0.0	4.8	0.1	2.3	0.3	17.3	68.6	68.2		
	16	30.3	0.3	52.0	12.3	25.9	2.3	3.1	13.4	2.4	13.2	155.2	141.9		
	1904 Total		3417.1	21.0	5490.0	562.8	524.0	71.5	16.7	101.2	12.9	190.5	10407.6		
			1089.5	19.2	4764.2	267.5	361.8	61.3	16.5	101.1	12.6	177.3			

LC1904 LOSSES (hectares)

表5. 三義地區 1904-1977 年地被類型轉換百分比

		LC1904 (%)										1977 Total			
Land cover		1	2	3	5	6	8	10	14	15	16				
LC1977 (%)	1	21.0	0.1	31.0	1.0	1.7	0.1	0.0	0.2	0.0	0.6	55.7	34.7	LC1977 GAINS (%)	
	2	0.9	0.0	1.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	2.0	2.0		
	3	3.0	0.0	6.5	0.4	0.7	0.1	0.0	0.1	0.0	0.2	11.0	4.4		
	4	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.1		
	5	1.9	0.0	4.2	2.7	0.3	0.2	0.1	0.3	0.1	0.5	10.2	7.5		
	6	0.1	0.0	1.5	0.0	1.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	3.1	1.7		
	7	3.3	0.0	3.9	0.3	0.2	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1	8.0	8.0		
	8	0.2	0.0	0.5	0.3	0.1	0.1	0.0	0.1	0.0	0.1	1.4	1.3		
	10	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.1		
	12	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.1		
	13	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0		
	14	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0		
	15	0.1	0.0	0.2	0.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.6	0.6		
	16	0.3	0.0	0.5	0.1	0.2	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1	1.4	1.3		
	1904 Total		30.8	0.2	49.4	5.1	4.7	0.6	0.2	0.9	0.1	1.7	100.0		
			9.8	0.2	42.9	2.4	3.3	0.5	0.2	0.9	0.1	1.6			

LC1904 LOSSES (%)

表6. 苗栗三義地區 1977-2001 年地被類型轉換面積

Land cover	LC1977 (hectares)															2001 Total	LC2001 GAINS (hectares)
	1	2	3	4	5	6	7	8	10	12	13	14	15	16			
LC2001 (hectares)	1	4793.6	97.0	841.4	0.6	173.8	151.5	395.6	10.9	0.9	0.3	0.1	0.6	5.7	37.6	6509.4	1715.9
	2	473.4	98.0	51.8	0.1	15.1	1.0	48.1	1.1	0.1	0.2	0.0	0.1	1.4	0.1	690.5	592.5
	3	325.5	10.6	99.4	0.2	73.6	46.0	85.1	4.4	0.7	0.2	0.0	0.1	7.4	16.8	669.9	570.6
	4	1.5	0.0	0.5	9.6	0.0	2.4	0.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	14.8	5.2
	5	63.6	2.5	25.4	0.9	430.0	4.9	15.3	7.5	0.8	1.0	0.1	0.0	6.4	16.3	574.6	144.6
	6	14.5	0.0	9.4	0.0	1.2	42.4	1.6	0.2	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	69.4	27.0
	7	327.4	13.2	106.0	3.0	247.8	15.9	290.5	12.2	0.4	0.1	0.0	0.2	1.2	2.2	1020.1	729.6
	8	61.0	1.3	20.2	0.7	97.7	23.8	24.3	112.6	0.8	0.9	0.2	0.1	3.0	17.6	364.2	251.5
	9	27.3	0.0	24.6	0.0	0.0	51.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	103.5	103.5
	10	0.6	0.0	0.0	0.0	3.6	0.0	0.4	0.3	7.8	0.0	0.0	0.0	0.3	0.0	13.1	5.3
	11	2.1	0.0	1.2	0.0	4.0	4.1	0.0	2.2	0.1	5.9	0.0	0.0	0.7	51.7	72.1	72.1
	12	5.8	0.4	3.1	0.0	3.3	0.1	3.1	0.4	0.0	0.2	0.0	0.2	0.3	0.2	17.3	17.0
	13	22.6	0.6	5.8	0.4	11.6	2.8	4.6	0.7	1.2	0.1	0.2	0.2	1.1	1.1	53.0	52.8
	14	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.1	0.1
	15	26.8	0.2	17.6	0.0	35.1	0.0	14.5	1.2	0.0	0.2	0.0	0.0	39.4	4.6	139.8	100.3
	16	36.6	2.1	10.7	0.0	30.2	1.3	6.0	0.6	0.0	0.0	0.0	0.0	1.5	6.9	95.9	89.0
1977 Total	6182.3	225.9	1217.1	15.4	1127.0	348.0	889.8	154.4	12.8	9.2	0.6	1.5	68.6	155.2	10407.6		
	1388.8	127.9	1117.7	5.8	697.0	305.6	599.3	41.8	5.0	8.9	0.4	1.5	29.1	148.2			
	LC1977 LOSSES (hectares)																

表7. 苗栗三義地區 1977-2001 年地被類型轉換百分比

Land cover	LC1977 (%)															2001 Total	LC2001 GAINS (%)
	1	2	3	4	5	6	7	8	10	12	13	14	15	16			
LC2001 (%)	1	43.2	0.9	7.6	0.0	1.6	1.4	3.6	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.3	58.6	15.4
	2	4.3	0.9	0.5	0.0	0.1	0.0	0.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	6.2	5.3
	3	2.9	0.1	0.9	0.0	0.7	0.4	0.8	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.2	6.0	5.1
	4	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
	5	0.6	0.0	0.2	0.0	3.9	0.0	0.1	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.2	5.2	1.3
	6	0.1	0.0	0.1	0.0	0.0	0.4	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.6	0.2
	7	3.0	0.1	1.0	0.0	2.2	0.1	2.6	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	9.2	6.6
	8	0.6	0.0	0.2	0.0	0.9	0.2	0.2	1.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	3.3	2.3
	9	0.3	0.0	0.2	0.0	0.0	0.5	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.9	0.9
	10	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0
	11	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.5	0.7	0.7
	12	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.2	0.1
	13	0.2	0.0	0.1	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.5	0.5
	14	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
	15	0.2	0.0	0.2	0.0	0.3	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.4	0.0	1.3	0.9
	16	0.3	0.0	0.1	0.0	0.3	0.0	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.9	0.8
1977 Total	55.7	2.0	11.0	0.1	10.2	3.1	8.0	1.4	0.1	0.1	0.0	0.0	0.6	1.4	100.0		
	12.5	1.2	10.1	0.1	6.3	2.7	5.4	0.4	0.1	0.1	0.0	0.0	0.3	1.3			
	LC1977 LOSSES (%)																

表8. 分子變方分析 (AMOVA)

Source of variation	d.f.	Total variance %	Φ statistics	P value
Between regions	1	2.116	$\Phi_{RT}=0.021$	0.0001
Among populations/ regions	5	3.557	$\Phi_{PR}=0.036$	0.0001
Within populations	124	94.326	$\Phi_{PT}=0.057$	0.0001

表9. 以生態棲位因素分析(ENFA)建立三義地區刺鼠棲地適宜性模式所採用的環境因子及邊際性因子和特化度因子的 factor score，粗體字表示 factor score $\geq |\pm 0.3|$

環境因子	資料轉換	數值範圍	邊際性因子 (60%)	特化度因子		
				Factor 1 (11%)	Factor 2 (11%)	Factor 3 (5%)
Aspect	Square root	0.017-18.974	-0.038	0.039	-0.019	-0.054
Distance to forest	Plus 0.5	0.5-475.9	-0.315	-0.494	-0.628	-0.226
Distance to bamboo plantation	Box-Cox	0-30.641	0.414	0.217	-0.389	0.244
Distance to bare land	Box-Cox	0-52.756	0.301	0.514	-0.465	-0.042
Distance to building	Box-Cox	0-44.568	0.442	-0.477	0.093	0.134
Distance to bush	Box-Cox	0-34.395	0.103	-0.29	-0.04	-0.093
Distance to farm	Box-Cox	0-30.412	0.276	-0.182	0.168	0.37
Distance to orchard	Box-Cox	0-24.981	0.472	-0.257	0.017	-0.315
Distance to road	Box-Cox	0-31.564	0.123	0.096	0.076	0.26
Distance to water	Box-Cox	0-57.532	0.174	-0.043	0.38	-0.153
Mean NDVI*	None	-0.321-0.476	0.226	0.116	-0.161	-0.728
Slope	Box-Cox	-1.789-16.721	-0.191	0.086	0.149	0.032

*Mean normalized difference vegetation index

表10. 以 Mantel tests 檢驗三義地區刺鼠兩兩個體間遺傳距離矩陣和 6 個最少成本路徑(LCP)模式所產生的距離矩陣的相關性

LCP model ^a	Mantel r (P -value) ^b		
	全區	高速公路以西	高速公路以東
Cost 1	0.123 ($P < 0.0001$)	0.115 ($P = 0.0012$)	0.151 ($P < 0.0001$)
Cost 2	0.127 ($P < 0.0001$)	0.116 ($P = 0.0016$)	0.160 ($P < 0.0001$)
Cost 3	0.147 ($P < 0.0001$)	0.138 ($P < 0.0001$)	0.162 ($P < 0.0001$)
Cost 4	0.161 ($P < 0.0001$)	0.142 ($P < 0.0001$)	0.169 ($P < 0.0001$)
Cost 5	0.158 ($P < 0.0001$)	0.139 ($P < 0.0001$)	0.159 ($P < 0.0001$)
Cost 6	0.154 ($P < 0.0001$)	0.120 ($P = 0.0008$)	0.149 ($P < 0.0001$)

^a 模式定義請參見圖 12、13

^b Mantel r 為 Pearson 相關係數

表 11. 在破碎地景中，以 Mantel test 檢驗遺傳距離和最少成本路徑距離相關性的研究實例

物種	R	P	分析層次	研究範圍 (km ²)	參考文獻
European roe deer (<i>Capreolus capreolus</i>)	0.031	0.005	individual	2200	Coulon <i>et al.</i> 2004
American marten (<i>Martes americana</i>)	0.043	0.026	individual	800	Broquet <i>et al.</i> 2006
Spiny rat (<i>Niviventer coninga</i>)	0.147	0.0001	individual	100	This study
Land snail (<i>Cepaea nemoralis</i>)	0.374	0.007	population	16	Schweiger <i>et al.</i> 2004
Mountain vizcacha (<i>Lagidium viscasia</i>)	0.40	0.008	population	12000	Walker <i>et al.</i> 2007
Pacific jumping mouse (<i>Zapus trinotatus</i>)	0.420	0.029	individual	945	Vignieri 2005
Natterjack toad (<i>Bufo calamita</i>)	0.75*	0.036	population	100	Stevens <i>et al.</i> 2006

* partial Mantel test

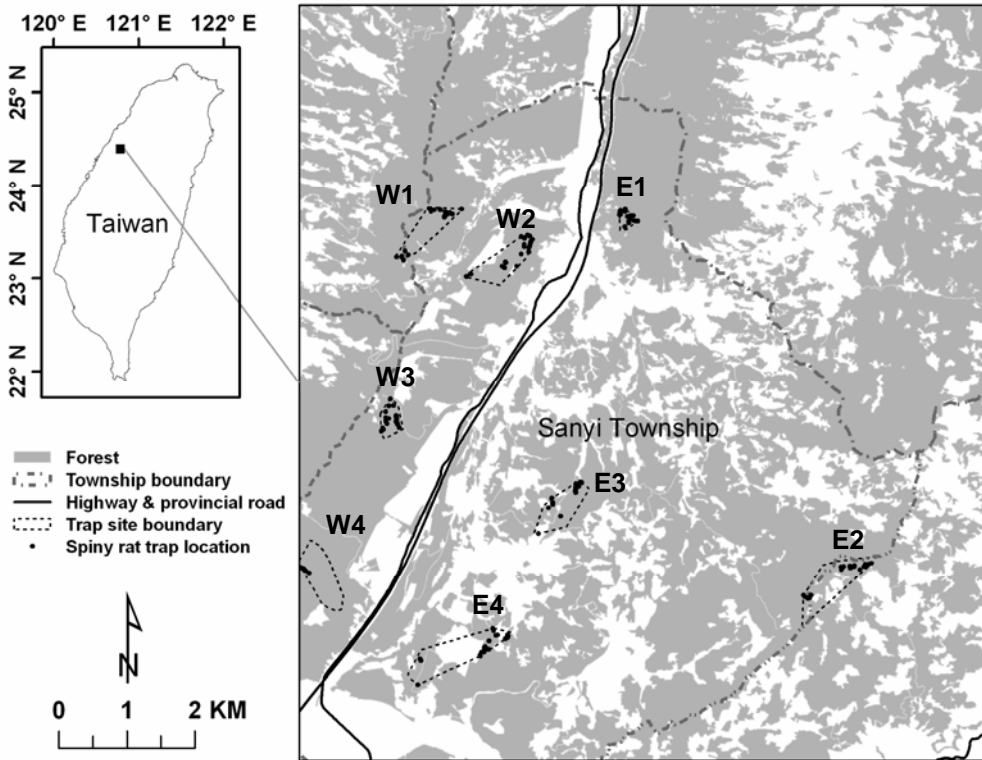


圖1. 研究區域樣區位置

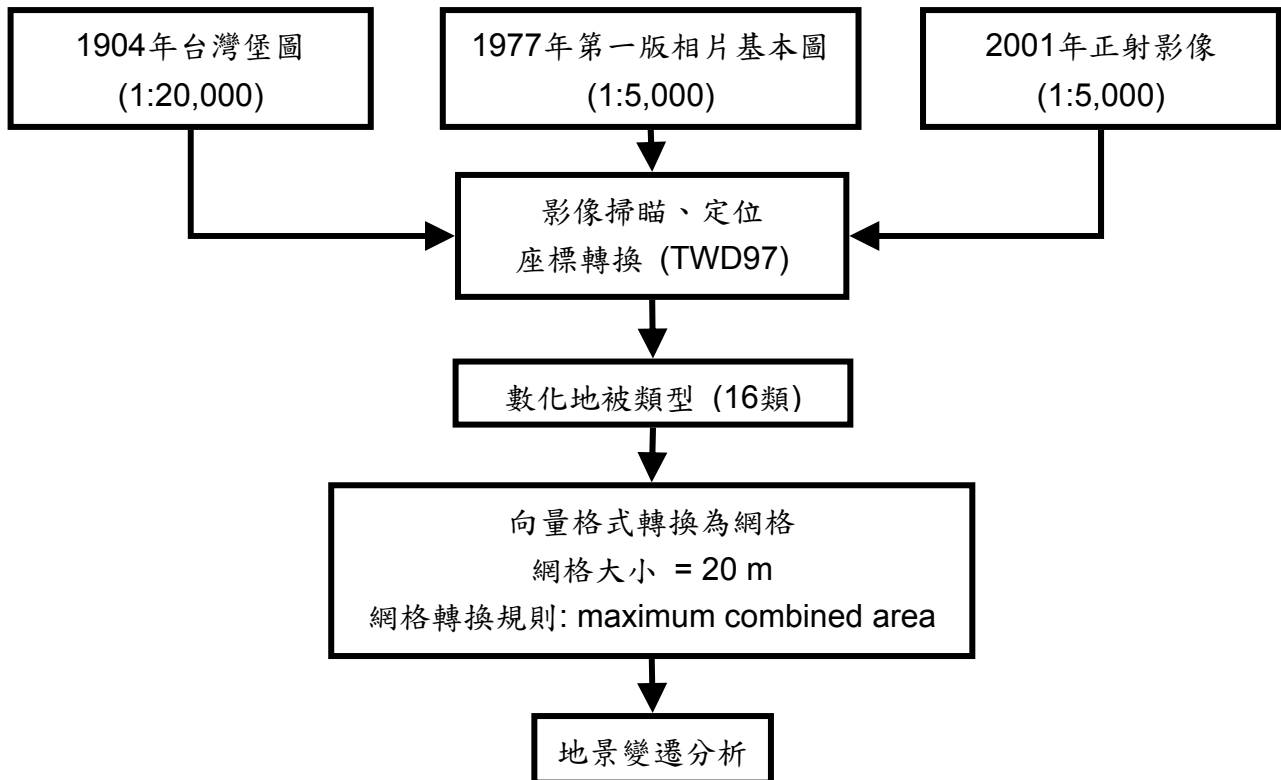


圖2. 苗栗三義地區 1904-2001 年地景變遷分析流程

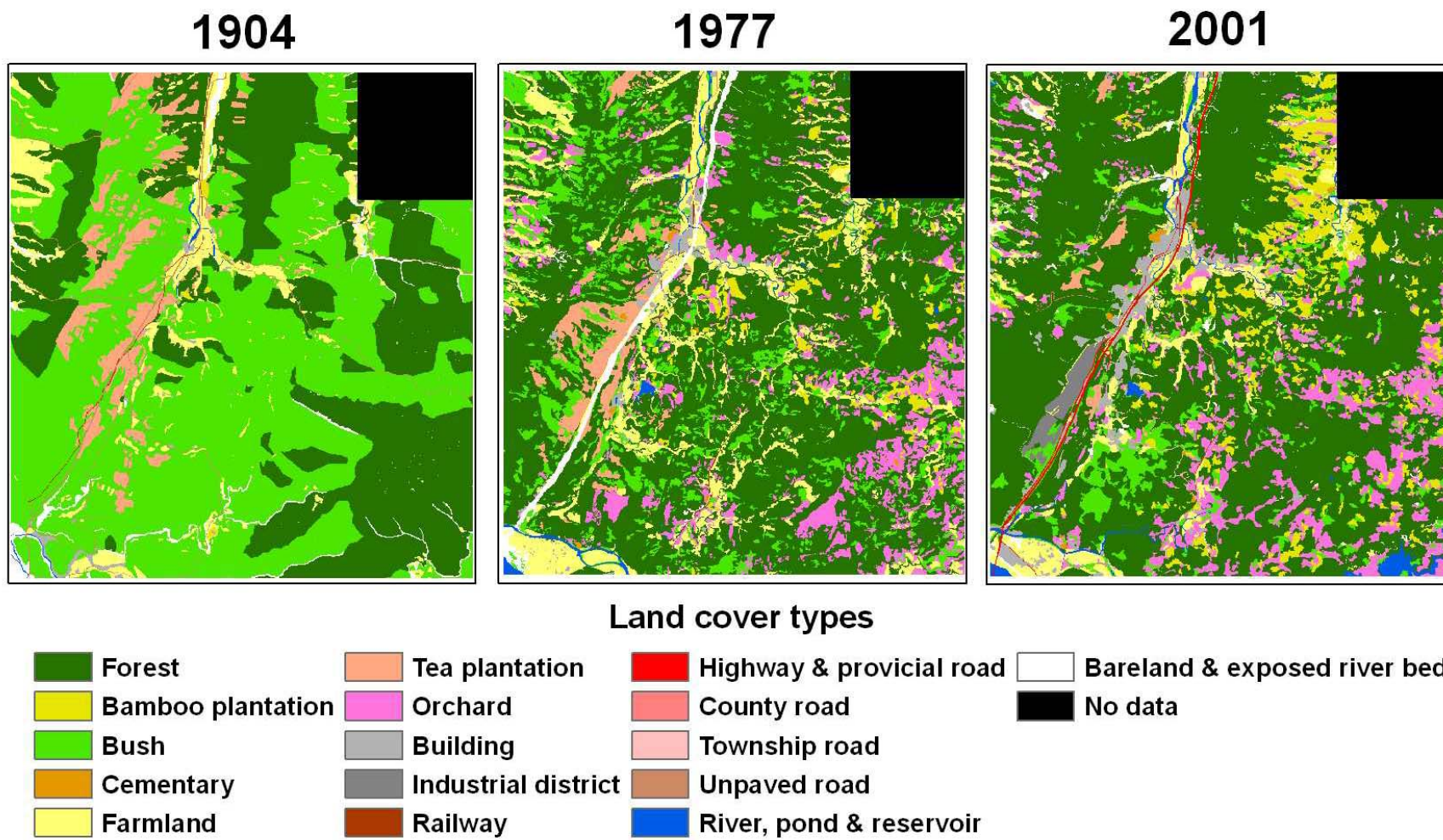


圖3. 1904、1977、2001 年苗栗三義地區地被類型圖

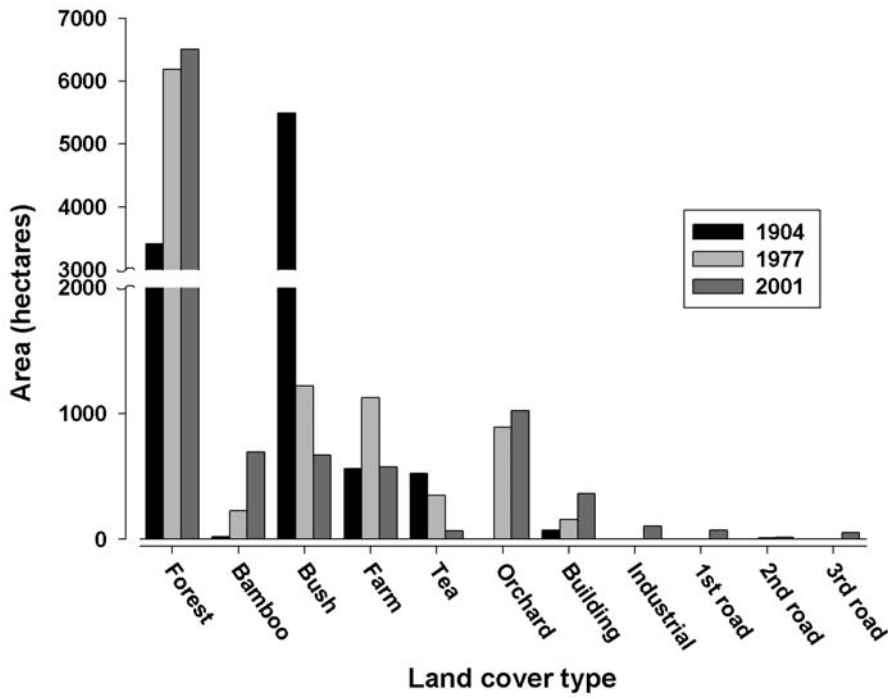


圖4. 三義地區 1904-2001 年地被類型面積變化

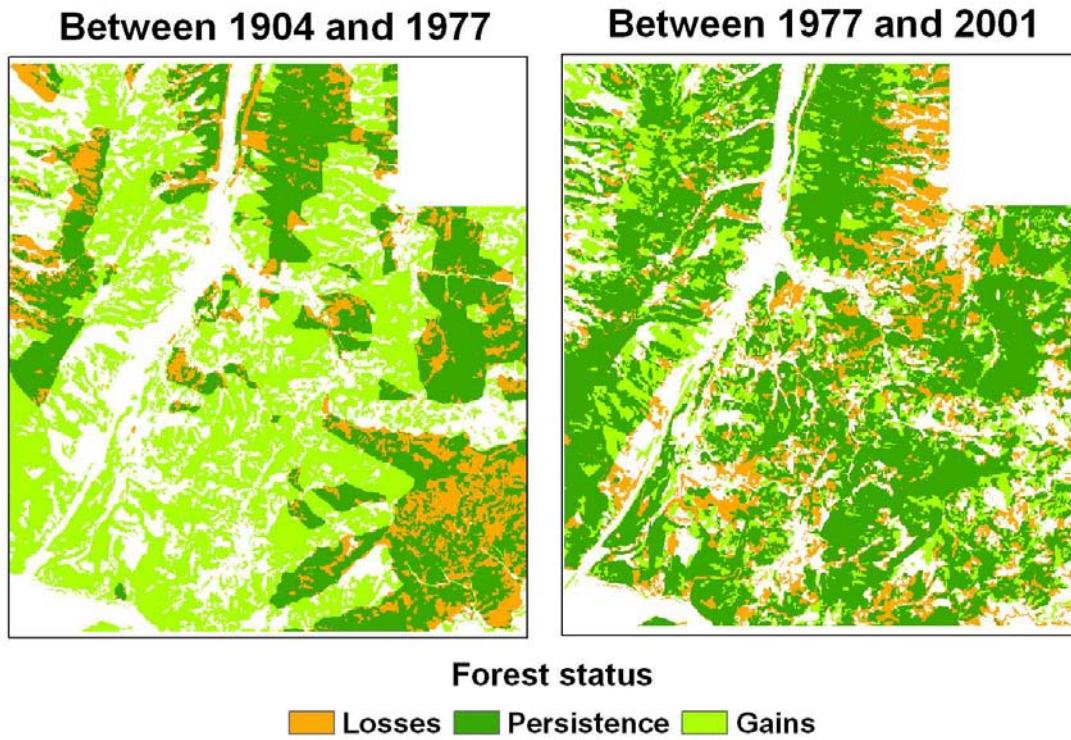


圖5. 1904-2001 年苗栗三義地區林地覆蓋空間變化



- Non-forest
- Forest remnant from 1904
- Forest gained between 1904 and 1977 and persisted through 2001
- Forest gained between 1977 and 2001

圖6. 2001年苗栗三義地區林地覆蓋的時空變化

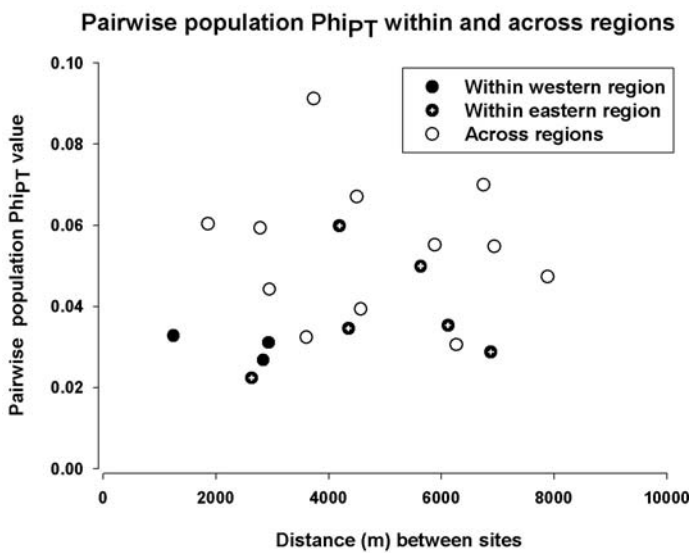


圖7. 東、西區域內和區域間成對樣區間族群遺傳分化指數與樣區間直線距離的關係

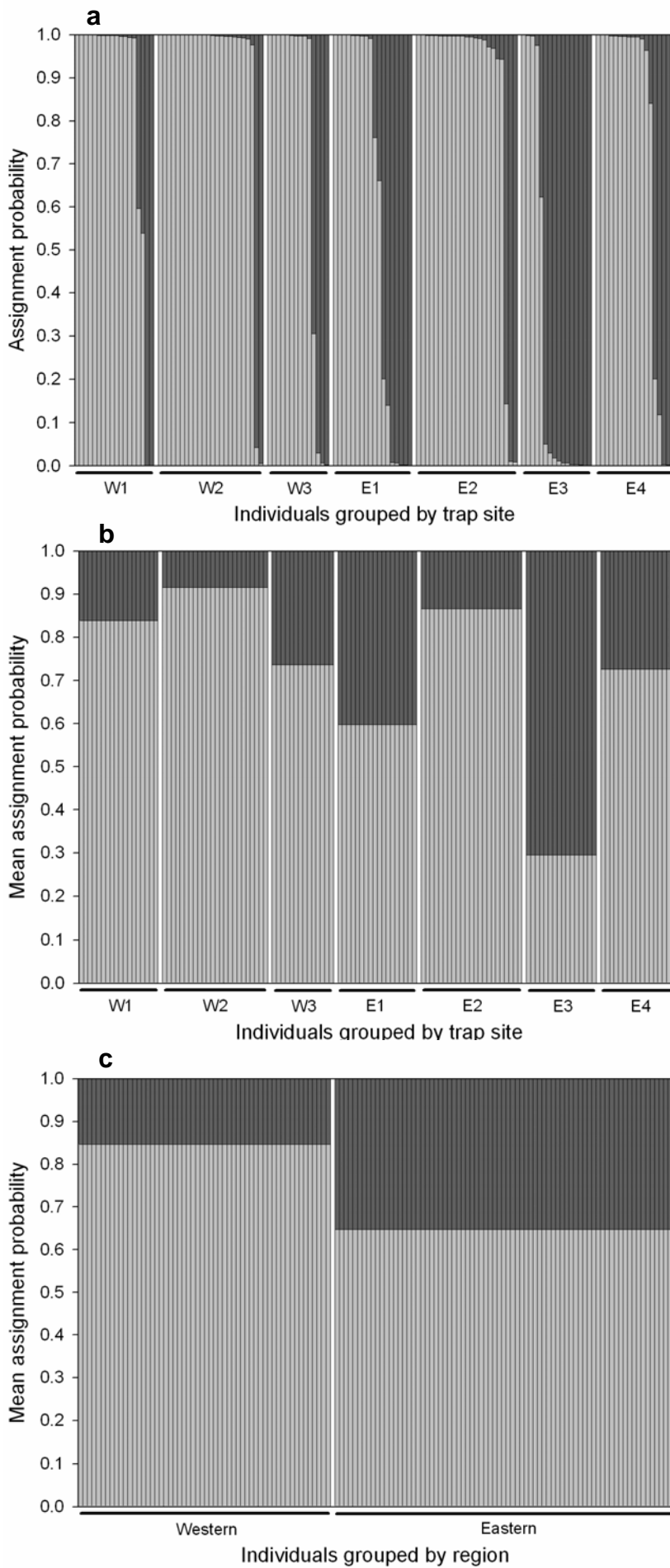


圖8. 三義地區刺鼠族群分派檢定：(A)個體的分派機率，(B)各樣區個體的平均分派機率，(C)東、西區域個體的平均分派機率；淺灰色長條為屬於族群1的分派機率，深灰色長條為屬於族群2的分派機率

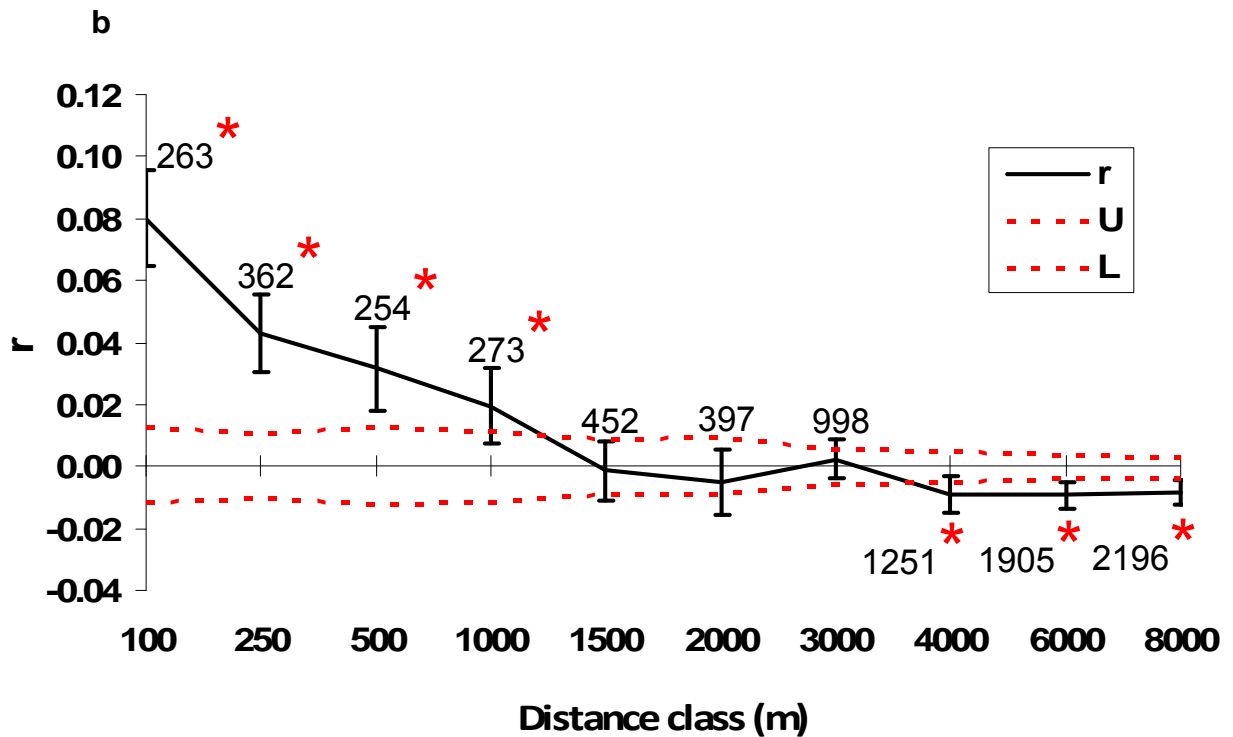
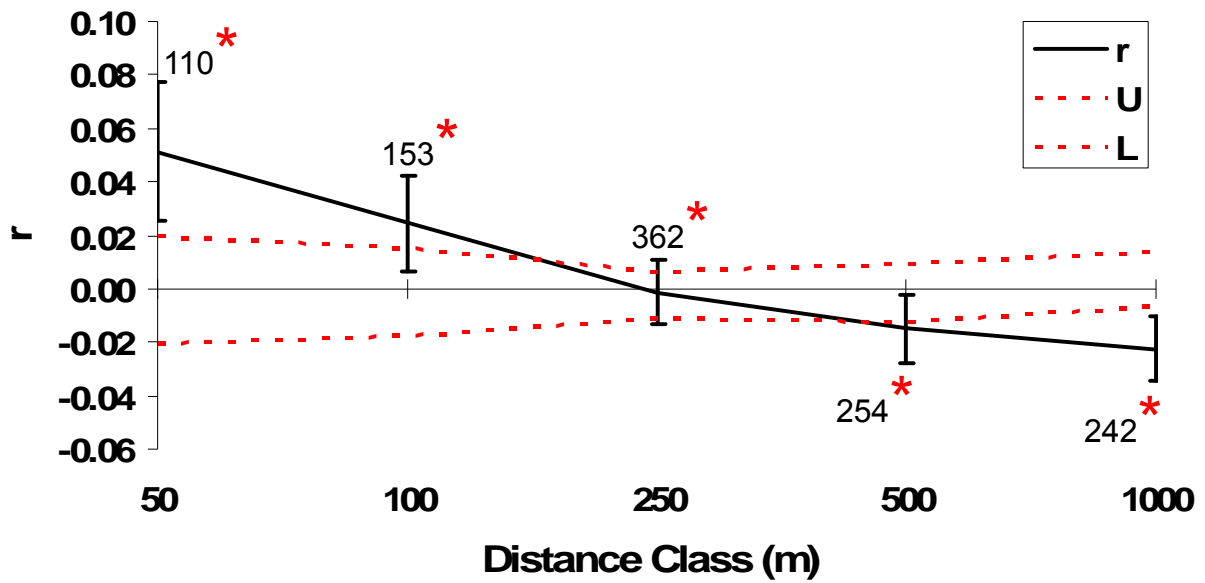


圖9. 三義地區刺鼠族群遺傳空間自相關分析：a)合併各樣區資料所呈現樣區內的空間遺傳結構，b)全區域的空間遺傳結構。誤差線表示各距離等級自相關係數(r)的 95%可信賴區間，數值表示該距離等級的樣本數，*表示 $P < 0.05$ ，虛線表示無空間自相關假說($r = 0$)的可信賴區間

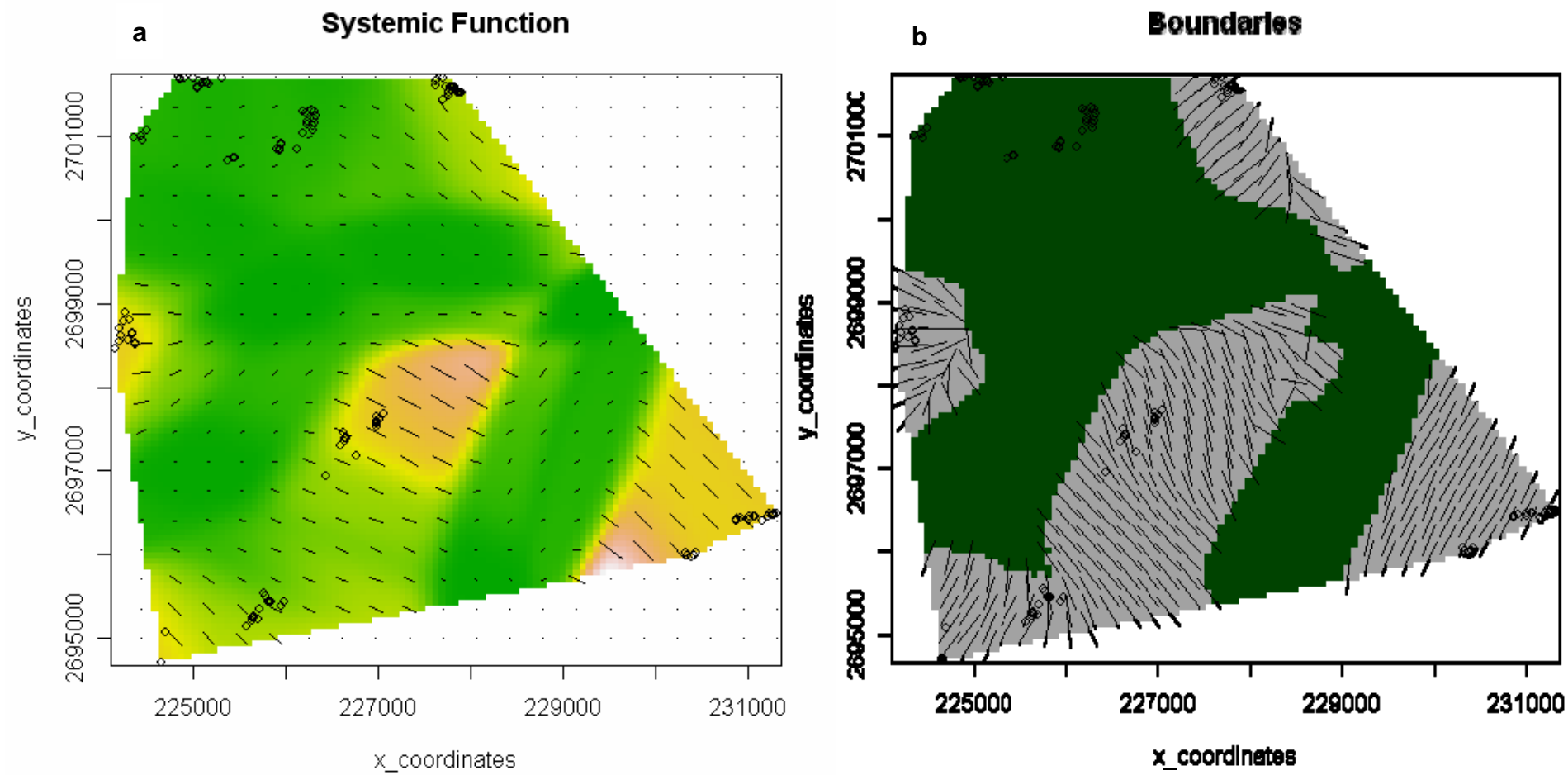
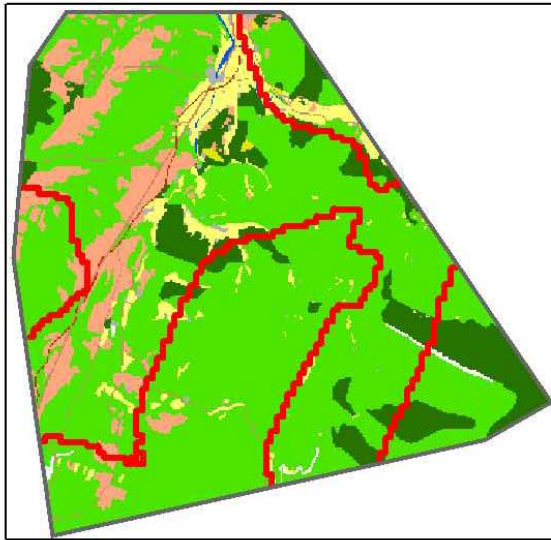
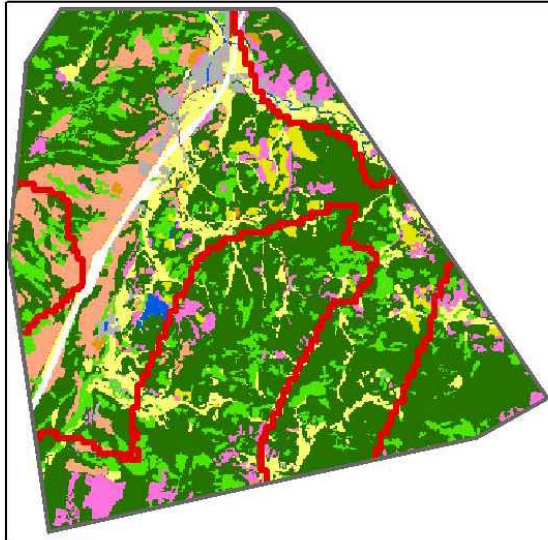


圖10. Wombling method 計算分佈範圍刺鼠基因頻率變化的坡度圖(a)和檢測顯著遺傳界線的分佈圖(b)

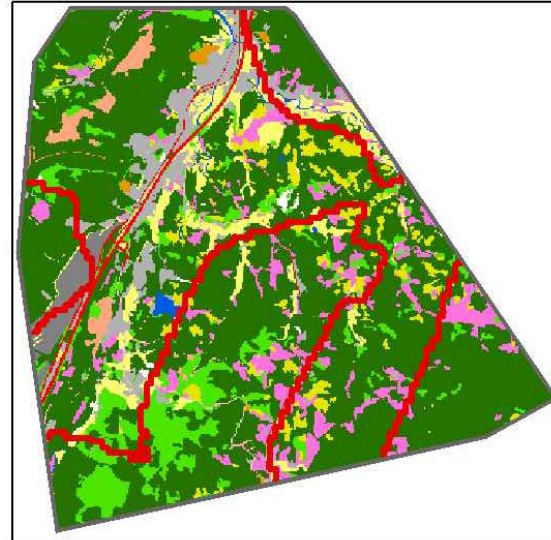
1904



1977



2001



Land cover types



圖11. 遺傳界線與 1904、1977、2001 年地被類型圖套疊

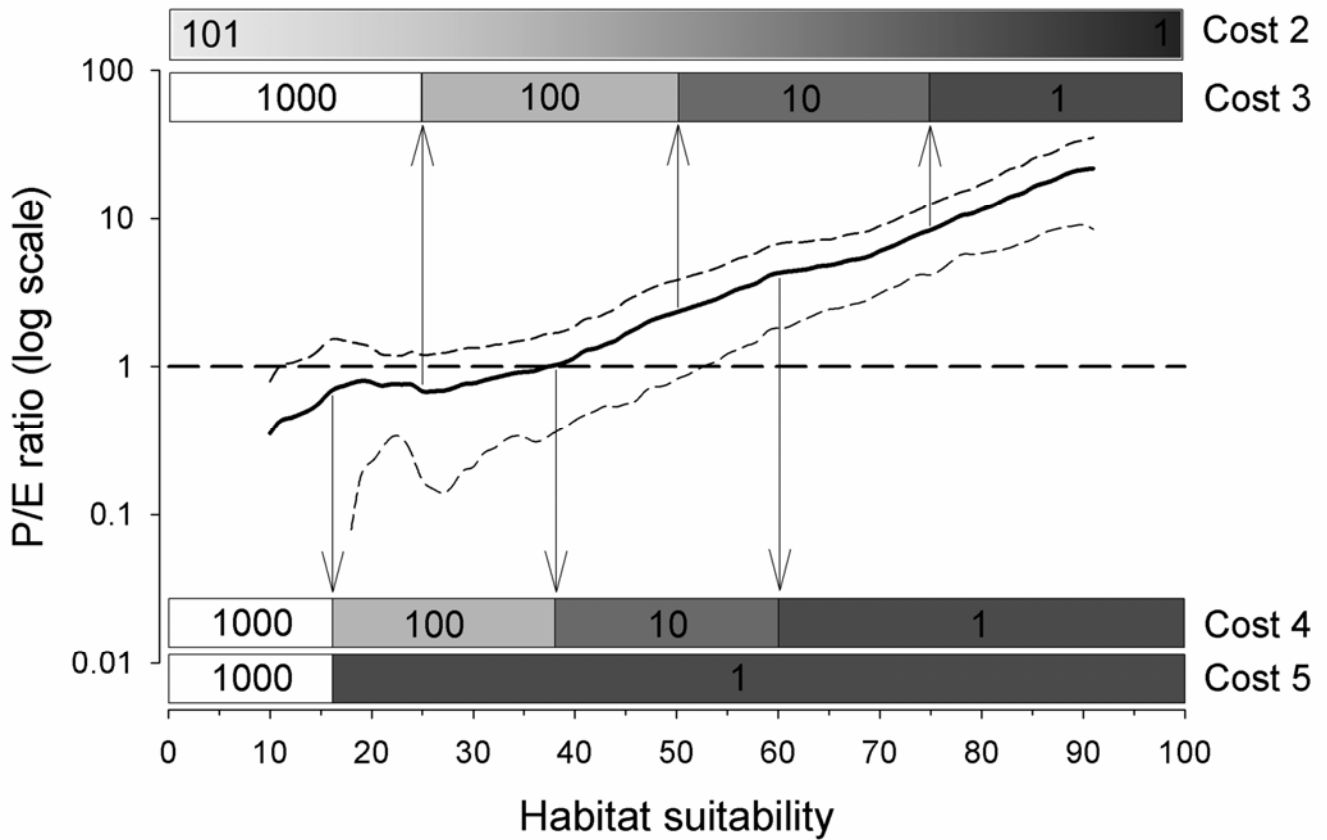


圖12. 模式驗證的預測/期望比值 (predicted/expected ratio, P/E)與棲地適宜性的關係。P/E 曲線的趨勢可以輔助棲地適宜性等級劃分和散佈成本加權；實線表示 P/E 平均值，短虛線表示 P/E 的標準偏差，長虛線(P/E=1)表示隨機模式。灰階橫條表示對應棲地適宜性數值或等級的四種散佈成本加權方法(Cost 2-5)，橫條中的數值為相對的散佈成本

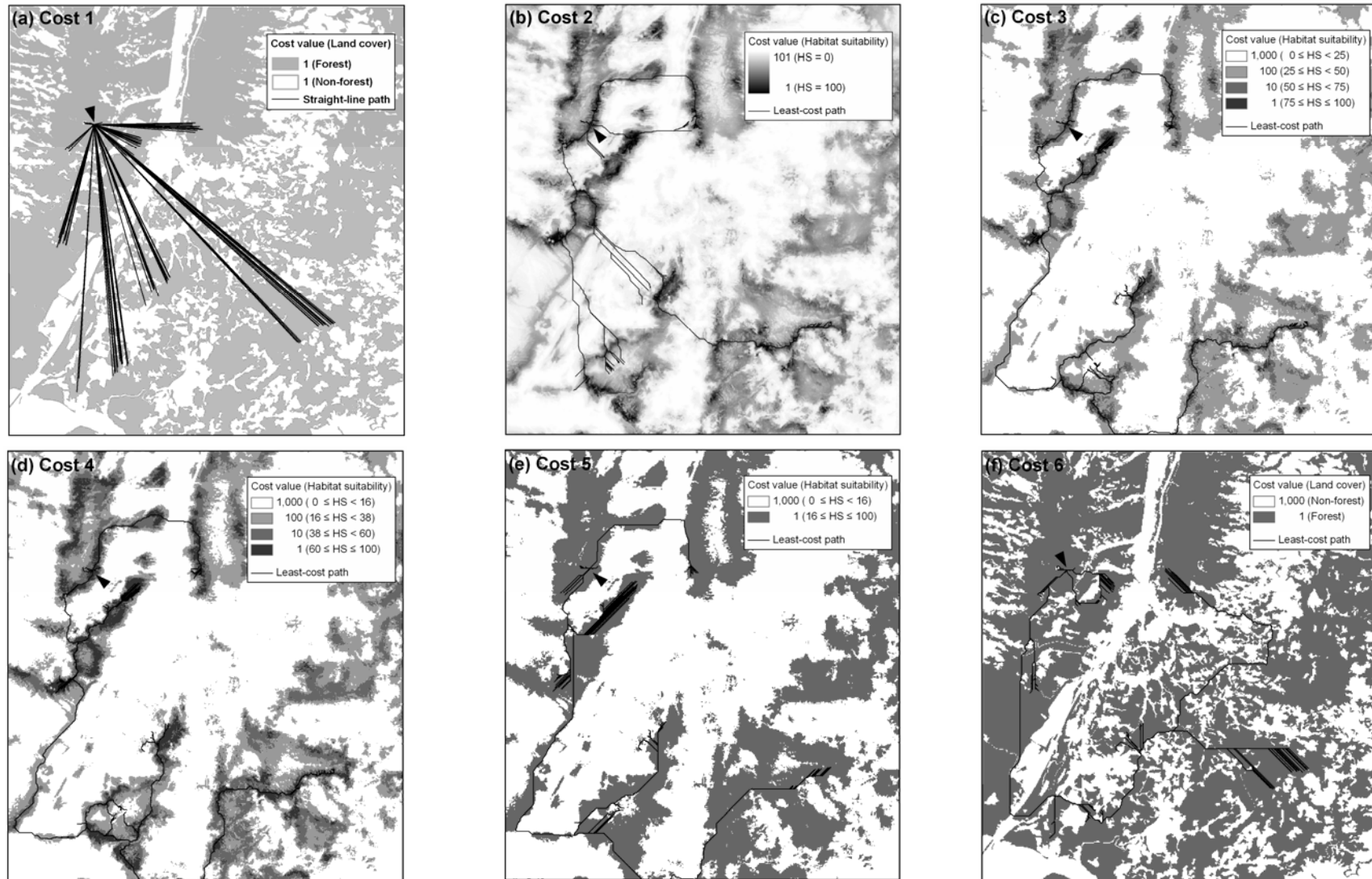


圖13. 研究區域中一刺鼠個體在六個最少成本路徑(LCP)模式中散佈至其他地點的路徑：a)在 Cost 1 中，林地和非林地的散佈成本均為 1，而產生直線路徑；b)在 Cost 2 中，每一網格的成本加權值為 101 減去該網格的棲地適宜性數值 ($101 - HS$)；c-d)在 Cost 3 和 4 中四個棲地適宜性等級的成本加權分別為 1, 10, 100, 1000；e)在 Cost 5 中，若網格的 $HS \geq 16$ ，則成本加權為 1，若網格的 $HS < 16$ ，則成本加權為 1000；f)在 Cost 6 中林地的成本加權為 1，非林地為 1000

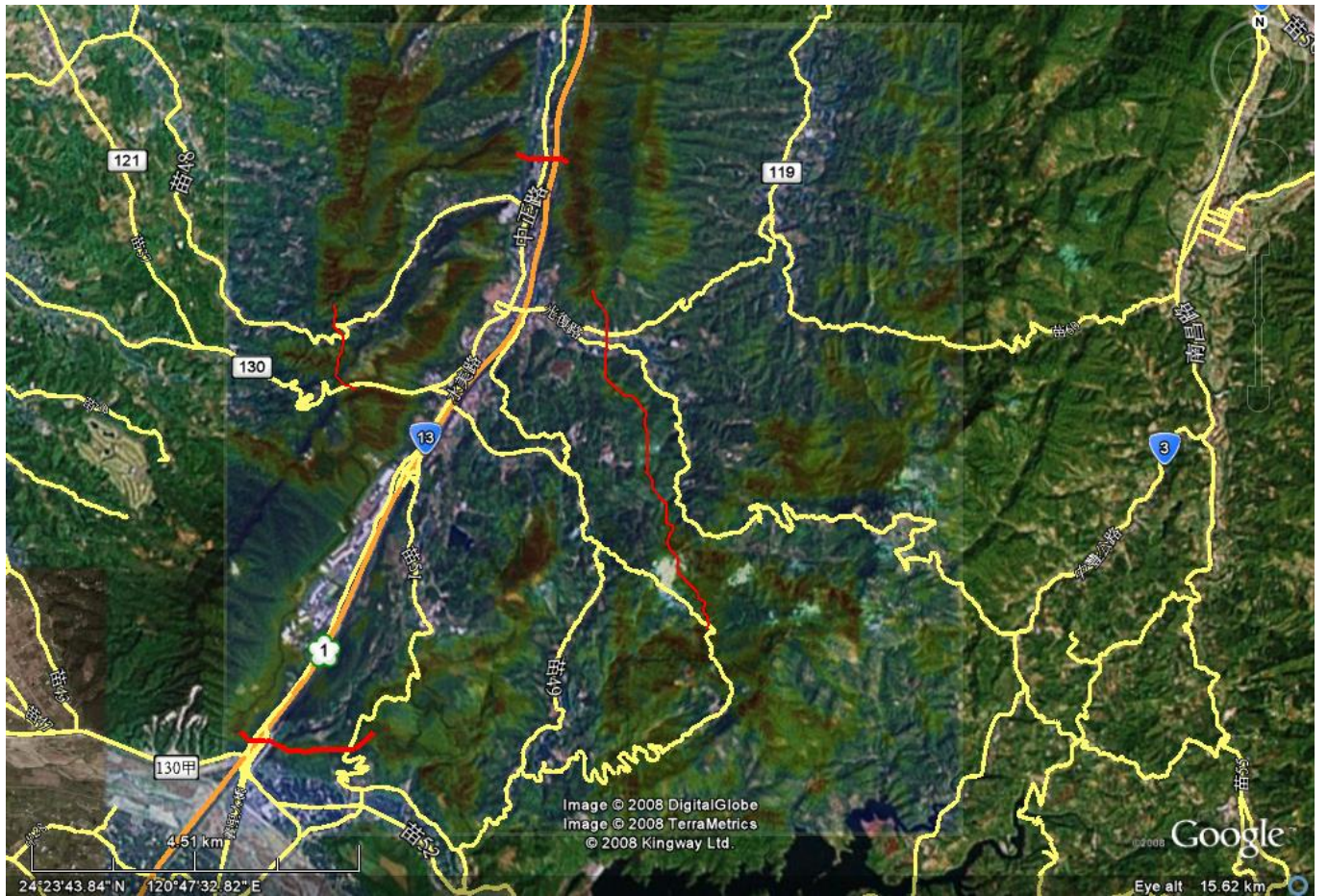


圖 14. 棲地適宜性分佈圖與潛在廊道位置套疊。粗紅線為跨越高速公路、省道，連結東、西區域間刺鼠族群的潛在廊道位置，細紅線為連結東、西區域內刺鼠族群的潛在廊道位置。這些潛在廊道位置為所有捕獲刺鼠個體，以 Cost 4 成本圖層推測的共同最少成本路徑(LCP)。