

玉山國家公園臺灣野豬遺傳親緣、外來豬種
基因滲入與馴養狩獵文化之調查計畫

受委託者：國立臺灣大學

計畫主持人：朱有田

協同主持人：姜延年

計畫助理：李一泓、李冠逸、

林玉珮

玉山國家公園管理處委託研究報告

中華民國九十八年十二月

該研究報告非本處立場、僅供參考

目次

目次.....	I
表次.....	III
圖次.....	V
摘要.....	1
Abstract.....	3
第一章 緒論.....	5
第二章 材料與方法.....	11
第一節 研究地區.....	11
第二節 研究方法.....	11
第三章 結果.....	17
第四章 討論.....	47
參考書目.....	51
附錄一 野豬養殖場問卷及基本資料記錄.....	55
附錄二 19 個下顎骨量測項目及縮寫.....	59
附錄三 期中審查意見及回覆.....	61
附錄四 期末審查意見及回覆.....	65

表次

表 1、玉山國家公園及鄰近地區採集臺灣野豬樣本統計表.....	23
表 2、粒線體分子標記檢測結果與各臺灣野豬基因單套型分布.....	24
表 3、26 頭臺灣野豬於 19 對微衛星標記之對偶基因分佈情形.....	25
表 4、以 19 對微衛星標記分析結果計算 26 頭臺灣野豬遺傳多態性...	26
表 5、依據 proportion of shared alleles (POSA) 計算所得之 26 頭臺灣野豬遺傳距離距正.....	27
表 6、臺灣野豬頭骨量測結果.....	28
表 7、野豬狩獵次數與其方式.....	29
表 8、養殖場中飼養野豬品種組成調查.....	30

圖次

圖 1、測量臺灣野豬下顎骨的 19 項測量值 (Endo <i>et al.</i> , 2002)	31
圖 2、以聚合酶鏈反應增幅粒線體 DNA 上 D-loop 片段.....	32
圖 3、以 BioEdit 軟體觀察 D-loop 片段定序結果.....	33
圖 4、經由 Genetic-profiler Version 2.2 軟體進行判讀結果.....	34
圖 5、以 D-loop 片段核甘酸多態性建構出親緣關係樹 (Neighbor-joining tree)	35
圖 6、以粒線體 DNA 中 D-loop 片段核苷酸多型性建構出網絡分析圖 (Network).....	36
圖 7、微衛星標記分析臺灣野豬、蘭嶼豬、梅山豬、桃園豬等 169 個 個體 MDS 分析結果.....	37
圖 8、不同地區 (臺東、屏東、花蓮和高雄) 之臺灣野豬下顎骨 19 個量測值比較.....	38
圖 9、以 19 對微衛星標記分析台灣野豬遭受蘭嶼豬基因滲入之可能 性 (probability)	40
圖 10、丹大地區野豬獵捕方式之比例.....	41
圖 11、丹大地區部落養豬戶分布圖.....	42
圖 12、丹大地區圈養豬隻品種與來源.....	43
圖 13、丹大地區圈養豬隻品種與始養年紀.....	44
圖 14、丹大地區圈養豬隻品種與性別.....	45
圖 15、丹大地區圈養豬隻品種與飼養時間.....	46

摘要

臺灣野豬 (*Sus scrofa taivanus*) 屬於偶蹄目 (Artiodactyla)，豬科 (*Suidae*)，為臺灣特有亞種。在傳統原住民之狩獵、祭儀、榮耀象徵及語言上扮演著豐富文化意涵的角色，顯示臺灣野豬在原住民生活文化關係的重要性。玉山國家公園園區動物資源豐富，擁有相當數量的臺灣野豬族群，但至今仍無對臺灣野豬之遺傳結構與歐亞豬種親緣鑑定進行研究。近年來分子生物技術提供系統分類學、生態學以及保育生物學新的研究方法與更細緻的結果，結合分子生物、傳統生物學方法與人類學的研究，讓我們可更深入瞭解國家公園動物保育的價值。以南投玉山國家公園境內與附近的丹大地區進行樣本分析結果，藉由粒線體 DNA 上 D-loop 片段多態性建構親緣關係樹，臺灣野豬自成一個分支 (clade)，41 個臺灣野豬樣本有 34 個個體在此分支內，分成 14 種基因單套型 (Haplotype)，而另外 7 頭則帶有蘭嶼豬粒線體 DNA 序列，顯示有部分臺灣野豬已經遭受外來基因滲入，assignment test 的結果顯示其可能性為 1.1%~32.0%，而在國家公園邊界的東埔村採得之 2 個圈養樣本皆遭受蘭嶼豬粒線體滲入的台灣野豬個體，除此之外，以 MDS 分析結果，證實從丹大保護區所獲得樣本，亦遭受基因滲入。與亞洲大陸和其他島嶼的野豬比較結果，臺灣野豬與福建、中國大陸野豬遺傳距離較近，而與琉球野豬較遠。使用 19 對微衛星標記檢測的 26 個個體平均對偶基因數目為 7.58 個，平均有效對偶基因數目為 4.0947 個。多態性指數 (PIC) 為 0.683，顯示本試驗所採用之微衛星標記具有足夠多態性，可用於臺灣野豬之族群遺傳結構分析。哈溫平衡檢測結果有 4 個微衛星標記顯著偏離平衡狀態。 F_{IS} 的計算值為 0.2778，亦顯示平均的雜合度較低，此數據

指出採得的樣本測得之純合子基因數目偏高。調查玉山國家公園鄰近地區狩獵型態的結果顯示，目前仍是以犬獵為主要獵捕野豬的方法，而專門針對野豬的犬獵方式對於野生的野豬族群形成一定程度的獵捕壓力。另外玉山國家公園鄰近地區之野豬仍保有一定程度的遺傳多態性，當地野豬的飼養情形以五頭以下為主。飼養的野豬來源為自行捕捉者居多，而飼養者仍會將家豬（主要為蘭嶼豬）與野豬混養，此方式增加家豬基因經由人為育種滲入到野豬個體，值得注意。

Abstract

Formosan wild boar (*Sus scrofa taiwanus*) is classified to Artiodactyla, Suidae, and it's the endemic subspecies in Taiwan. Formosan wild boars played a crucial cultural role in hunting, worshiping, language, and being the medals of honors in aborigines. All above indicated Formosan wild boar plays a significant role in the life culture of aborigines. There are abundance of animal resources in Yu-Shan National Park, and quite large Formosan wild boar populations inhabit in this region. Until now, no study to explore their genetic structure and performed phylogenetic analysis to compare with Eurasian pig breeds in this park. These days, the molecular biology technologies provided new study methods and accurate results for phylogenetics, ecology and conservation biology. It helped us to deeply realize the value of animal conservation in National Park by combining the studies of molecular biology, traditional biology, and anthropology. The samples obtained in Nantou Danda region nearby National Park were analyzed. Then, the phylogenetic relationship tree was constructed by the polymorphism of mitochondrial D-loop regions. Formosan wild boars formed a unique clade, and the 34 Formosan wild boar individuals of 41 samples which divided into 14 haplotypes clustered in this clade. In the other hand, the remained 7 individuals possessed the mitochondrial DNA sequences of Lanyu pigs. This result revealed part of Formosan wild boars already had gene introgression from Lanyu pigs. The probability of introgression were 1.1 to 32.0 percentage based on assignment test, and both of two obtained individuals from Donpu village where near the border of Yu-shan National Park were introgression by Lanyu pigs. Comparing the mitochondrial D-loop sequences of wild boars from Asian continent and neat islands, Formosan wild boar possesses genetic closer lineage to Fujian wild boar than Ryukyu wild boar. By 19 microsatellite markers, the mean allelic numbers in 26 individuals were 7.58, and the effect numbers of allele were 4.09. The polymorphism index content (PIC) value was 0.683, indicated that the selected

microsatellite markers were polymorphic enough and it fitted the analysis of population genetic in Formosan wild boars. The result of Hardy-Weinberg Equilibrium test indicated 4 loci were deviated, the reason was the observed heterozygosity lower than expected heterozygosity. It needs further investigation to explore the deviation. FIS value was 0.2778, it implies the mean heterozygosity is lower. We investigated the hunting status in the neighbor areas of Yu-shan National Park. Using hunting dogs as tracers is the major method for wild boar hunts. Hunting dogs are specialized to trace wild boars, and increase the hunting stress in the population of wild boars by them. In addition, the population of wild boars in the neighbor areas of Yu-shan National Park was still polymorphic. Less than five individuals reared in pens (domesticated) per feeder are identified. For convenient administration, wild boars rear pens near houses or farms. According to the result of investigation, feeding wild boars is a side job, and the purpose is eating by themselves, only few wild boars were sold by their feeders. The major source of wild boars was caught from the forests. Some wild boars are crossbred with domesticated pigs for increasing their offspring's performance by feeders. It should pay attention to the consequence of cross-breeding, which leads to domestic individuals' genes introgressing into the wild boar individuals located in National Park.

第一章 緒論

臺灣野豬 (Formosan wild boar, *Sus scrofa taivanus*) 屬於偶蹄目 (Artiodactyla)，豬科 (Suidae)，由於其外觀形態以及地理分佈位置，過去的學者將臺灣野豬定義為臺灣特有之亞種。在遺傳學的定義上，臺灣野豬與家豬可以進行繁殖，繁殖的雜交後代亦具有生殖能力，然而在目前的報告則尚無較具體的試驗結果。Kuroda (1935) 為最早對臺灣野豬進行外觀描述之學者，他依據 Marquis Yamashina 收藏的臺灣野豬標本進行外觀描述以及量測，根據 Kuroda 的描述，臺灣野豬的外觀為毛色黑、具有金黃色毛髮、咽喉處有白色毛髮、背部具有剛毛 (mane-bristle) 等特徵，而後則無對於臺灣野豬外表型態描述的報告出現。在臺灣野豬的生態調查以及行為習性方面，始於 1988 年由趙榮臺及方國運以穿越線法於福山植物園內對於臺灣野豬的足跡、步徑、排遺、拱痕以及築窩行為等特性進行記錄，而後吳幸如 (1993) 則在玉山國家公園八通關古道東段山風到瓦拉米地區，以排遺、拱痕、蹄印等針對臺灣野豬進行專門的行為研究。另外臺灣野豬與原住民間的文化、利益衝突及保育等議題，在王穎與吳幸如 (2004, 2005) 的研究室有進行相關的探討。

目前在臺灣山區出現的中大型哺乳動物中，臺灣黑熊、臺灣獼猴、臺灣山羌、長鬃山羊、臺灣水鹿皆為野生動物保護法內的保育類動物，唯獨臺灣野豬尚為列入。根據王穎 (2004, 2005) 以與原住民訪談以及調查野生動物監測文獻中發現，野生的臺灣野豬數量遠低於其他保育類動物。如果依據臺灣野豬活動痕跡進行數目的推估，吳海音 (2008) 的統計資料顯示，臺灣野豬在瓦拉米以及抱崖段的出現頻

率，在 2004 以及 2005 年的數量較少，2006 及 2007 年的數量有增加，而在 2008 年的數量又明顯降低。雖說臺灣野豬有可能會避開人類活動的區域，然而與其它在山區出沒的中大型哺乳動物比較，臺灣野豬的出現頻率則明顯較低。其減少的原因推測為過度獵捕所致。臺灣野豬除了面臨獵捕壓力外，也面臨了外來基因滲入的問題。在王穎 (2005) 的調查報告中指出，坊間臺灣野豬的飼養戶會利用體型與臺灣野豬相仿的蘭嶼豬與野豬進行雜交，藉此提高產仔數而增加其商業利益。臺灣野豬與蘭嶼豬雜交之後代外型與臺灣野豬相似，且具有生殖能力，對於臺灣野豬而言，蘭嶼豬的基因可藉由此等方式滲入臺灣野豬之族群。

蘭嶼豬為蘭嶼島達悟族原住民的畜養家畜，屬於我國本土豬種，有記載引入臺灣本島的過程分別為 1975 年及 1980 年引入臺灣大學及畜產試驗所，目前則分別在此二處進行保種並推廣為醫學用試驗動物。蘭嶼豬的外表型為毛色全黑，耳小豎立，屬於小型豬 (miniature pig)，蘭嶼豬是否以野外生存方式存在於臺灣本島山區目前並無研究。臺灣野豬除了面對棲地減少、大量獵捕的壓力外，雜交所導致的基因滲入也是臺灣野豬有別於其他中大型哺乳動物目前尚未發生之潛在威脅。

東南亞地區野豬種類具有全世界最高遺傳及外表型歧異度。Groves 等人 (1997) 利用頭骨形態量測，將豬屬分成三大群，分別為：第一群—爪哇疣豬 (*S. verrucosus*) 群，包括爪哇疣豬、鬚豬 (*S. barbatus*)、蘇拉威西疣豬 (*S. celebensis*)、維賽亞疣豬 (*S. cebifrons*)；第二群—菲律賓疣豬群 (*S. philippensis*)；第三群—歐亞野豬 (*S. scrofa*)，為現今全世界家豬的祖先。可知在分辨豬屬間不同物種，骨

測量值 (osteometric measurement) 可扮演一個重要的角色，提供許多重要資訊。除此之外，鄰近臺灣的琉球和日本島上特有亞種：琉球野豬與日本野豬，也早在 1998 和 2000 年建立起各自骨測量值的資料庫，進行有系統的研究 (Endo *et al.*, 1998; Endo *et al.*, 2000)。Endo 等人於 1998 年測量了 95 頭成年琉球野豬的下顎骨，共量測了 14 個測量值，建立起琉球野豬下顎骨測量值資料庫，以供動物考古學 (Zooarchaeology) 探討隨著歷史演進，琉球野豬下顎骨大小尺寸與形狀的改變，更可提供此量測值與其他亞種比較。此外，Endo 等人於 2000 年建立了數量更為龐大的日本野豬下顎骨資料庫，量測了 174 頭日本野豬下顎骨共 19 個量測值，發現在日本北部野豬的下顎骨較南部野豬大，此等骨骼形態上的差異，將來可與遺傳特徵結合。至目前為止，尚未有對於臺灣野豬作完整且系統骨骼量測的研究，也無相關的形態資料庫可供與鄰近島嶼野豬比較。

DNA 為遺傳物質，由成串的去氧核糖核苷酸所構成。一個核苷酸單位由五碳糖、磷酸根以及鹼基所構成，每一個核苷酸單位所組成的鹼基部分不同，分成腺嘌呤 adenine (A)、胸腺嘧啶 thymine (T)、胞嘧啶 cytosine (C)、鳥嘌呤 guanine (G) 等四種。依據成串不同鹼基構成的核苷酸序列即為組成之遺傳密碼。鹼基並非一成不變，在 DNA 複製時或是外在環境干擾下會有鹽基發生突變 (mutation) 的現象，不同突變的 DNA 藉由遺傳的方式傳給下一代，使不同個體或族群間具有不同的遺傳組成。利用此一特性，可在生物體內建立分子時鐘並探討曾經發生過的遺傳變異事件與發生時間 (Nei and Kumar, 2000)。在哺乳動物的細胞中，細胞核以及粒線體均含有 DNA。粒線體 DNA 為母性遺傳，具單套體，並無重組的問題，在粒線體 DNA

的控制區域的鹽基突變性高，常被使用為計算不同物種間或同種不同族群間的親緣關係 (Watanobe *et al.*, 1999)。而核內 DNA 則以微衛星 DNA (microsatellite DNA) 廣為使用作為族群間或族群內個體的親緣或親子關係鑑定工具 (Takezaki and Nei, 1996; Vernesi *et al.*, 2003; Jiang *et al.*, 2008)。對於細胞核 DNA 的遺傳組成，目前則是運用微衛星標記進行個體或是族群內、族群間的分析為主流。微衛星標記為位於細胞核染色體上具有連續重複序列的特定位置，其重複片段會隨染色體複製而產生不同之重複數目，以此種不同重複數目之片段為標記，可以進行個體或是族群之遺傳分析。

微衛星標記運用目前已出現相當多運用在野生動物進行保育以及族群分析之報告中，例如在 Brown 等人在 2007 年所發表的文獻中，以微衛星去分析位在非洲的長頸鹿族群間的遺傳關係，依照其採樣地區以及長頸鹿的皮毛花色可將長頸鹿分為六個族群，並統計各族群於當時所剩餘的頭數，發現位在西非的長頸鹿族群為瀕臨絕種的特殊族群，由於棲地的不足以及盜獵情形嚴重導致該族群數目下降。另外對於存在美洲西部山區的美洲山獅 (Puma, *Puma concolor*)，Mcrae 等人也研究分佈在加拿大南方到墨西哥北方的美洲山獅族群遺傳結構，推測在冰河時期後美洲山獅的遷徙情形、不同地區雜交比例、基因漂流以及棲地改變所造成的結果。在臺灣運用微衛星進行野生哺乳動物族群研究則有金門水獺 (黃, 2004)、梅花鹿 (高, 2002)、小麝鼯 (林, 2008) 等。微衛星分析之首要工作為微衛星標記之開發，在家畜方面，相較於野生動物，已被廣泛的開發與使用，在國際農糧組織 (ISAG-FAO, International Society of Animal Genetic-Food and Agriculture Organization) 已整理出世界各地學者已發表的微衛星標

記，其中包含牛、羊、雞、豬等物種。依據國際農糧組織所建議的標記進行分析，可以透過國際合作進而分析不同國家、不同地區的家畜遺傳結構、親緣關係，進而提供家畜飼主或是國家對於家畜的保存及利用之參考。臺灣野豬已知與家豬為同種 (*Sus scrofa*)，故可直接使用家豬已開發之微衛星標記，除了可以進行臺灣野豬族群內之遺傳分析，亦可探討臺灣野豬與其他豬種間之親緣關係。

研究臺灣野豬之遺傳多樣性與族群受其它豬種基因滲入情形，有其必要性與急迫性。尤其是國家公園內被保育之野豬。本研究計畫擬對於玉山國家公園內與其鄰近部落之臺灣野豬與蘭嶼豬及外來豬種雜交情形並利用 DNA 分子標記與頭骨外觀型態進行有系統之遺傳親緣關係與族群結構研究。分析野豬粒線體 DNA D-loop 序列多樣性與核微衛星標記之多態性，並分別以粒線體與核微衛星 DNA 之遺傳距離，與臺灣野豬之頭骨外觀形態進行分類，研究臺灣野豬之分子遺傳演化及其與歐亞野豬間遺傳與地理親緣關係，並藉此釐清玉山國家公園內臺灣野豬之親緣關係。為釐清外來豬種基因滲入之可能來源，同時調查鄰近國家公園部落間臺灣野豬馴養、與蘭嶼豬及外來豬種育種情形。本計畫研究結果未來除可以釐清玉山國家公園內野豬之遺傳結構，受外來豬種基因滲入情況與來源，可作為臺灣野豬未來保育策略擬定的重要依據外，亦可作為野豬與臺灣原住民狩獵與馴養文化變遷參考。

第二章 材料與方法

第一節 研究地區

玉山國家公園位居臺灣島中央地帶，包含花蓮、南投、嘉義、高雄等數個行政區，其地形可分為東埔、玉山、中央山塊三大地區，面積為 105490 公頃，屬於亞熱帶高山型國家公園，園區內包含了亞熱帶、溫帶以及寒帶地區，地理位置獨特，為保留臺灣原生種野生動物之最佳區域。本計畫預計由國家公園西北部的丹大地區、西南部的梅山地區以及東南部的南安地區進行研究。調查玉山國家公園內及鄰近地區臺灣野豬的遺傳多樣性以及蘭嶼豬與外來豬種基因滲入之情形，可以瞭解國家公園對臺灣野豬保育之重要性與可能遭受外來基因滲入的程度，亦可明瞭國家公園內臺灣野豬之遺傳親緣關係，同時對於國家公園附近之地區進行臺灣野豬之狩獵以及飼養馴化觀念之訪查，以作為國家公園對於臺灣野豬保育管理之參考。

第二節 研究方法

1、臺灣野豬標本：骨頭、標本、組織、血液與糞便整理與蒐集

(1) 玉山國家公園內之樣本由屏東科技大學黃美秀老師團隊、東華大學吳海音老師團隊及國家公園巡山員幫忙收集玉山國家公園中臺灣野豬之糞便、組織與骨骼標本，本團隊研究生亦一同協助收集。

(2) 信義鄉鄰近村落樣本由本團隊研究生與部落耆老共同收集。

2、臺灣野豬血液、組織與糞便粒線體 DNA 抽取

血液樣本收集：自頸靜脈竇抽取臺灣野豬血液約 8 ml，收集於含抗凝血試劑 heparin 之試管中，室溫下離心 10 分鐘。將上清液移至另一離心管中，在室溫下離心 10 分鐘，將上清液移至試管中。DNA 抽取則利用 Qiagen DNA 抽取套組抽取：將血小板懸浮液與蛋白酶在 1.5 ml 微量離心管中混合後，加 AL 緩衝液，充分混合於 56°C，靜置 10 分鐘後短暫離心。加入 100% 酒精充分混合後做短暫離心。將上述混和液加入 QIAamp spin column 後以 6000 xg 離心後去過濾液，再加入剩餘混合液，重複上述步驟，8000 rpm 1 分鐘。以 AW1 緩衝液，8000 rpm 離心 1 分鐘，清洗 column，再加入 AW2 緩衝液，以 20000 xg (14000 rpm) 離心 3 分鐘，清洗 column 並去過濾液後換上新的 1.5 ml 微量離心管，加入 AE 緩衝液或去離子水，以 8000 rpm 室溫下離心 1 分鐘，收集過濾液（沖出液），以光譜儀檢測 DNA 濃度並經瓊脂膠檢測 DNA 大小及品質。糞便 DNA 抽取則需先經由 50 mM EDTA 清洗，離心分離雜質後再經由 Starch 沈澱，爾後經由 QIAamp spin column 純化 DNA。

3、臺灣野豬頭骨量測

頭骨量測點主要依據 Endo (2002) 等作者所描述之測量方法及測量項目 (圖 1)。另外參考 von den Driesch (1976) 及 Grant (1986) 等作者所描述之測量方法及項目。共選取 19 個重要且可觀察下顎骨生長情形的測量值，作為本報告主要頭骨量測值，其量測項目及縮寫列於附錄二，因為下顎骨在野外或原住民收藏被保存較為完整，且可做為瞭解野豬生長情形之基準 (林, 1997)，加上可與已建構的琉球野豬 (Endo *et al.*, 1998) 和日本野豬 (Endo *et al.*, 2000) 資料庫進行比較，故本研究團隊傾向以牙齒測量及下顎骨測量為主。牙

齒分析有助了解動物之種屬及年齡，引用 von den Driesch (1976) 第三白齒測量點，量測第三白齒長度與寬度，量測結果與現生臺灣野豬及家豬作比較，可作為推測當時豬隻種屬的有效依據；且林 (1997) 指出所有下顎骨測量點均可作為了解臺灣野豬生長情形的基準，其中，角穴至內側門齒間齒齦前最高點、第一至第四前白齒、犬齒齒槽最大直徑等數值可以強調下顎骨生長大小與年齡的關係；而角穴至第三白齒外側齒槽、第三白齒外側齒槽至犬齒外側齒槽、第三白齒外側齒槽高度等與第三白齒外側齒槽有關的測量，可以說明該個體已達成年階段。除此之外，豬隻年齡判斷參照 Rolett 和 Chiu 在 1994 年所建立的系統，利用牙齒的萌發與磨蝕，將年齡分成四個年齡層，分別為：未成熟 (Immature)、亞成年 (Sub-adult)、青少年 (Young adult) 和成年 (Mature adult)。

4、臺灣野豬頭骨核基因組與粒線體 DNA 抽取

方法步驟主要依據 Mulligan (2005) 發表之論文。骨頭 DNA 樣本的採集，主要由每頭豬骨的牙齒萃取純化。先以去離子滅菌水洗淨後，以電鑽鑽洞收集骨粉，再將骨粉於微量離心管中以 SDS, proteinase K 作用隔夜，再利用 silica-based 的 glass milk 吸附古代 DNA。經酒精清洗後，最後以去離子水沖出 DNA，置於-20 冰箱中備用。

5、以聚合酶鏈鎖反應 (PCR) 擴增粒線體 DNA 片段

根據先前研究，現代臺灣野豬粒線體 DNA 序列設計 8 對引子，每對引子擴增產物長度約為 0.2-1 kb。反應條件為 50 μ l 反應體積，粒線體 DNA 模板(萃取純化自臺灣野豬骨頭)、50 mM KCl、10 mM

Tris-HCl (pH 8.3)、0.5 mM MgCl₂、0.2 μM 引子、100 μM dNTP 以及 1 unit Taq 聚合酶。作用條件：94°C、4 分鐘，接著 94°C 1 分鐘，60°C 1 分鐘以及 72°C 1.5 分鐘共 28 個循環，最後 72°C 10 分鐘結束作用。PCR 產物在 1.2 % 瓊脂膠體 / 1x TBE 條件下分析結果。

6、粒線體 DNA 序列多態性資料分析與外來豬種基因滲入 (introgression) 之研究

臺灣以外之豬品種的粒線體控制區 DNA 序列截取自 NCBI GenBank，與蘭嶼豬及現生臺灣野豬的 DNA 序列進行比對。一般家豬共同且高度變異重複片段 (motif) 為 CGTGCGTACA，在分析親緣關係時皆先予以刪除，不列入計算。豬粒線體控制區 DNA 序列的比對則使用 MegAlign multiple alignment 軟體 (DNASTAR Inc.) 進行比對。個別豬隻間控制區序列的 pairwise distance 則使用 DNA Sequence Polymorphism (DNASP) 軟體 (Rozas *et al.*, 2003) 進行分析計算。親緣關係樹 (phylogenetic tree) 之建立係根據鄰近連接法 (Neighbor joining, NJ) 經使用 MEGA 軟體 (Kumar *et al.*, 2004) 與 MrBayes 軟體計算後而構築。最後，使用 Network 軟體建構臺灣野豬基因單套型之網絡分析圖，分析各基因單套型之間的關係。

7、利用微衛星 DNA 標記分析臺灣野豬族群遺傳歧異度之研究

本試驗參考 ISAG-FAO (International Society of animal genetics-Food and Agriculture Organization) 所公布分析豬種間遺傳多態性的微衛星標記，從每對 (19 對) 染色體中挑選共 19 對微衛星標記進行遺傳多樣性分析。利用 Taq DNA polymerase 進行聚合酶

鏈鎖反應增幅微衛星標記片段後，以 MEGABACE 1000 核酸自動定序儀進行毛細管膠體電泳分析，最後以 Genetic-profiler Version 2.2 軟體進行判讀，將所得結果輸入 Microsoft Excel 軟體製表。族群間與個體間遺傳親緣關係則由軟體 POPGENE 計算 Fixation indices (F_{IS} 、 F_{ST} 、 F_{IT})；基因雜合度由軟體 CERVUS 計算；對偶基因頻率、哈溫平衡檢測由軟體 Genepop 及 phylip 計算。族群內遺傳距離由軟體 MSA 計算，由 PRIMER 軟體進行多元尺度分析 (Non-metric Multi-Dimensional Scaling, MDS)。Assignment test 則是使用 Structure 軟體進行計算。

8、對南投信義鄉原住民狩獵技巧演進調查

方法依據國立師範大學王穎教授撰寫之臺灣野豬與人之衝突現況與保育研究 (趙與方, 1998a; 1998b; 王, 1995) 及丹大地區布農族狩獵現況之調查研究 (林玉珮, 2007)。將狩獵方式分為槍獵、陷獵與犬獵三種，以獵物先被何種方式獵捕計算。調查原住民狩獵方式並統計狩獵頻率。

9、南投信義鄉野豬獵捕後販售與養殖場調查

調查野豬捕獲後獵物處理情形，販售價格 (包括活體、仔豬、架子豬、豬肉、獠牙與頭骨)。養殖現況則調查其配種管理、種豬公母來源與飼養管理等。這些調查可作為日後訂定臺灣野豬保育策略與防止外來豬種基因滲入之參考。

第三章 結果

一、組織、牙齒、骨骼、排遺等樣本之收集

經由南投縣信義鄉當地居民的協助，成功取得臺灣野豬的血液及組織樣本，同時將檢體以採集者所在之行政區域進行編號。另外與行政院農業委員會特有生物中心聯繫並取得特生中心收藏之臺灣野豬樣本。國家公園內樣本的採集則由東華大學吳海音老師研究室協助取得臺灣野豬下顎骨及牙齒樣本。此外，由國家公園邊界的南投縣信義鄉東埔村原住民協助蒐集 2 個野豬血液樣本和 7 個骨頭樣本(表 1)。目前，共取得 12 個野豬血液樣本、26 個組織樣本及 14 個骨頭樣本，總共 52 個樣本。

二、DNA 萃取、聚合酶鏈反應 (PCR)、定序與微膠體電泳

血液、組織樣本經由 silicon based 的方法抽取粒線體 DNA (Jiang *et al.*, 2008) 與核 DNA (Chang *et al.*, 2009) 後，分別以擴增粒線體 D-loop 以及微衛星標記的引子進行聚合酶鏈反應。在粒線體 DNA 分析部份：所採集之檢體在成功增幅目標 DNA 片段後，進行核苷酸定序取得檢體粒線體 D-loop 之核苷酸序列。臺灣野豬的粒線體 D-loop 序列長度約為 1044 base pair (bp)，部分樣本之瓊脂電泳(agarose gel electrophoresis)圖如圖 2。經由 ABI 3730 序列分析儀所得到的分析結果，以 BioEdit 軟體進行觀察定序結果如圖 3，每個樣本以肉眼觀察之方式檢查是否有儀器判讀錯誤之情形，若有發現則予以修正並記錄。微衛星標記分析部份：則在進行 PCR 螢光標定後，以 MEGABACE 1000 核酸自動定序儀進行毛細管 acrylamide 膠體電泳，之後由 Genetic-profiler Version 2.2 軟體進行所擴增 DNA 片段長度判讀(圖 4)，同時將判讀結果以肉眼方式再進行二次確認並以 excel 軟體將所

得到的對偶基因長度進行記錄，表 3 為南投地區 26 個臺灣野豬樣本之對偶基因判讀結果。

三、臺灣野豬遺傳多樣性分析與親緣關係樹繪製

結合本研究團隊發表之蘭嶼豬、梅山豬與桃園豬之粒線體 D-loop 序列與 NCBI 網站下載之世界各地已上傳的豬粒線體 D-loop 序列，成為一資料庫。將本研究所分析獲得的臺灣野豬粒線體 D-loop 序列與其他豬種進行比對，並以 MEGA 與 MrBayes 軟體根據各粒線體 DNA 之遺傳距離與多型性進行親緣關係樹 (Neighbor-joining tree) 繪製 (圖 5)。由圖可知，臺灣野豬自成一個分支，41 個臺灣野豬樣本有 34 個個體在此分支內，分成 14 種基因單套型，而另外 7 頭則帶有蘭嶼豬粒線體 DNA 序列，顯示臺灣野豬帶有蘭嶼豬粒線體 DNA，證實與蘭嶼豬間曾經有基因交流，NTJL01、NTRH01-03 和 NTDP01-02 具有第一型蘭嶼豬的粒線體 DNA，而 NTDL03 具有第二型蘭嶼豬的粒線體 DNA。粒線體分子標記檢測結果與各臺灣野豬基因單套型分布詳列於表 2。由表 2，得知各臺灣野豬基因單套型的分布不均，臺灣野豬單套型 H1、H6、H8-14 均只有一個個體，而擁有單套型 H5 的個體有八頭為最多，其分布範圍可能為最廣泛。血液與組織樣本共分析 29 頭，有 7 個樣本受到蘭嶼豬的基因滲入，22 頭臺灣野豬共分成 6 種基因單套型；骨頭樣本共分析 11 頭，亦分成 9 種基因單套型 (圖 6)。由圖 6，可得知不同臺灣野豬基因單套型之間的關係，至少可分為兩個群組，H1、H2、H3、H8、H12 和 H14 可視為有相近之親緣關係之群組；H6、H7、H9 和 H10 為另一個群組，H4、H5、H11、H13 則為另一群組。

除此之外，圖 5 也顯示臺灣野豬與福建野豬之親緣關係較近，而

與日本及琉球野豬較遠，顯示東亞地區的野豬有其密切之遺傳關係。但琉球與臺灣在地理位置上較福建與臺灣近，為何臺灣野豬與琉球野豬有較遠之親緣關係，需更進一步以地理演化與生物演化澄清。

臺灣野豬微衛星多態性的分析則是以本團隊所建構的蘭嶼豬、梅山豬與桃園豬等亞洲豬種之微衛星多態性資料庫進行比對分析。將南投地區所採得之樣本以 CERVUS 軟體 (version 2.0, Field Genetics Ltd., Edinburgh, UK; Marshall *et al.*, 1998) 進行對偶基因數目統計，對偶基因雜合度 (heterozygosity) 與多態性指數 (PIC) 之計算，由 POPGENE 軟體進行有效對偶基因以及 F_{IS} 值之計算，結果列於表 4。計算所得之平均預期雜合度 (expected heterozygosity) 為 0.73，PIC 值的範圍為 0.206~0.835， F_{IS} 值為 -0.229~0.5394。將原始數據以 MSA 軟體進行微衛星標記遺傳距離之計算，以 POSA 的公式求得遺傳距離矩正如表 5。將此遺傳距離由 PRIMER 軟體進行多元尺度分析 (Non-metric Multi-Dimensional Scaling, MDS) 分析結果如圖 7。以 structure 軟體估算基因滲入個體之情形如圖 9，以台灣野豬和蘭嶼豬的原始數據進行比較，樣本 1~7 為帶有蘭嶼豬粒線體的台灣野豬樣本，8~28 為台灣野豬樣本，29~67 為蘭嶼豬樣本，樣本 1 和樣本 2 為東埔村所採得的樣本，可被歸類為蘭嶼豬族群的可能性為 7.7% 與 9.0%，樣本 3~7 為丹大地區以及由特生中心所採得的樣本，其可被歸類為蘭嶼豬的可能性分別為 3.1%、32.0%、1.1%、1.9% 與 4.1%。另外樣本 16 為丹大地區採得帶有台灣野豬粒線體的樣本，其仍有 11.9% 的可能性被歸類為蘭嶼豬。

四、骨骼量測結果

收集樣本中，共有 14 個骨頭樣本，分別為 HLNA01、HLNA02、

HLSL03、TCHP01、NTSL03、KSTY02、KSTY03 及 NTDP03-09，其中 HLNA01 和 HLNA02 為東華大學吳海音老師提供樣本，NTDP03-09 則由南投信義鄉東埔村原住民協助蒐集，其餘樣本則來自特生中心，其中 HLNA01、HLSL03 和 KSTY03 具有完整的下顎骨可供測量（表 6），其餘樣本為牙齒、部分下顎骨或軀幹骨，為了比較各地區臺灣野豬在尺寸及形狀上是否有分化的趨勢，故特將本研究室內擁有之臺東及屏東臺灣野豬之量測值資料庫列於表 6，方便比對差異。依循 Endo 等人（2002）所測量的項目及方法，共量測 19 個骨測量值。年齡層（age group）的分辨，則參照 Rolett 和 Chiu（1994）建立之系統，依據牙齒萌發和磨蝕判斷，共分四個時期：未成熟（Immature）、亞成年（Sub-adult）、青少年（Young adult）和成年（Mature adult）。此三個樣本分成兩個年齡層，HLSL03 屬於未成熟，而 HLNA01 和 KSTY03 為成年。可看出所有量測值中，HLNA01 和 KSTY03 均大於 HLNA01，顯示年齡的估測近於實際年齡，年齡越大則所有下顎骨發育量測值越大。為了比較成年個體下顎骨尺寸大小，先將未成熟個體 HLSL03 排除，之後比較四個地區（臺東、屏東、花蓮和高雄）之臺灣野豬下顎骨 19 個量測值，整理於圖 8，各地區臺灣野豬下顎骨量測值之趨勢相似，屬於成年的 HLNA01 和 KSTY03 量測值相近，因樣本數過少，進行統計測驗會有相當大的取樣差異，未來將收集更多樣本進行統計分析，比較不同地區之臺灣野豬下顎骨尺寸及形狀，以及與琉球野豬和日本野豬的資料庫比較。

五、原住民狩獵方式、臺灣野豬獵捕後之處理方式與野豬養殖場飼養販售之調查

在狩獵方式與野豬獵捕後之處理方式，目前預計對信義鄉人和、地利、雙龍以及潭南四個村為調查地區，此四個村落多為布農族社

群。此四個村皆以丹大地區為主要獵場，利用丹大林道以及雙龍林道進入丹大溪、卡大溪、郡大溪和巒大溪流域進行狩獵。丹大地區鄰近玉山國家公園，經由調查該地區野豬多樣性可以評估國家公園內的臺灣野豬遭受蘭嶼豬等外來豬種基因滲入之情形。在 2009 年 8 月~11 月間，調查地利、雙龍、人和三村的狩獵資料，當地獵人受獵物種包含山羌、水鹿、山羊、野豬與飛鼠。以狩獵方式針對狩獵野豬進行統計得表 7，以犬獵所佔的比例最高（圖 10）。由於法律修改後使得原住民可以經由簡易程序合法擁有獵槍，故當地獵人大多持有獵槍，並以獵槍作為狩獵工具，再搭配獵犬或是陷阱方式進行狩獵。在野豬養殖場的調查方面，自 2009 年 10 月至 11 月間，訪查南投縣信義鄉濁水溪線部落共 13 戶養豬戶（圖 11），共計豬隻 57 頭。有 61.5% 的養豬戶將野豬飼養在住家附近，飼養頭數為 1~7 頭，有 38.5% 的飼養戶將豬隻飼養在耕作的農地附近，飼養頭數為 2~12 頭，每戶大多飼養 10 頭以下。將飼養的豬隻品種區別為三種，經由狩獵方式自山上捕捉的稱為純野豬，或使用山上捕捉的野豬使其交配產生之後代，家豬是指麝香豬、黑豬或是其他經人類馴養，可由外表與純野豬區別者，雜交種是指純野豬與家豬交配所產生之後代。對於飼養的野豬種類進行統計如表 8，其中純野豬的比例有 49.1%，家豬（包含黑豬與麝香豬）有 29.8%，雜交種的野豬則佔 21.1%。純野豬的來源主要是捕捉、他人贈與或是自行繁殖（圖 12），在山區使用陷阱捕捉到的野豬可由體型以及體背條紋換毛程度判斷其年齡，有哺乳期的仔豬或是剛離乳不久的幼豬，亦有在山區捕捉到的野豬成體然後帶回部落的情形，始養年齡如圖 13。依照公母對於飼養的野豬進行統計，由圖 14 可知飼養的雌性野豬數量較高，此乃母豬可以生產仔豬所致，而飼養戶會將公豬母豬關在一起使其繁殖。野豬養殖動機主要是自己食

用或配種，僅一名受訪者飼養目的為販賣，山豬肉的價格一公斤約 350 元，會有波動不過變化不大，仔豬則是一頭 3000 元。對於飼養時間進行調查的結果可發現，以飼養 1~5 年所佔的比例較高（圖 15），目前並無報告專門針對臺灣野豬的生長速率進行研究，所有受訪者皆表示野豬生長效率不如一般家豬（一般白色外來種肉豬約為五個月即可上市，體重為 100 公斤左右，黑豬則約一年，體重約 120 公斤），若飼養野豬要食用的話需要飼養一年以上。

表 1、玉山國家公園及鄰近地區與特生中心臺灣野豬樣本統計表

編號	性別	樣本形式	樣本來源	採集地點	分子標記結果	備註
NTRH01	♀	血液	養殖場	南投信義鄉人和村	第一型蘭嶼豬	原住民協助蒐集
NTRH02	♂	血液	養殖場	南投信義鄉人和村	第一型蘭嶼豬	原住民協助蒐集
NTRH03	♀	血液	養殖場	南投信義鄉人和村	第一型蘭嶼豬	原住民協助蒐集
NTDL01	-	血液	養殖場	南投信義鄉地利村	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTDL02	♀	血液	養殖場	南投信義鄉五里亭、姑姑山、is-ra	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTDL03	♂	血液	養殖場	南投信義鄉五里亭、姑姑山、is-ra	第二型蘭嶼豬	原住民協助蒐集
NTDL04	♂	血液	養殖場	南投信義鄉五里亭、姑姑山、is-ra	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTDL05	♀	血液	養殖場	南投信義鄉五里亭、姑姑山、is-ra	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTDL06	♂	血液	養殖場	南投信義鄉地利村巴庫拉斯	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTSL01	♂	組織	野外	南投信義鄉雙龍部落	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTRH04	-	組織	野外	南投信義鄉人和村	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTRH05	♂	組織	野外	南投信義鄉人和村	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTRH06	♂	組織	野外	南投信義鄉人和村	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTRH07	♂	組織	野外	南投信義鄉人和村	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTRH08	♀	組織	野外	南投信義鄉人和村、巴庫拉斯	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTRH12	-	組織	野外	南投信義鄉人和村	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTRH13	-	組織	野外	南投信義鄉人和村	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTRH14	-	組織	野外	南投信義鄉人和村	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTRH15	♀	血液	養殖場	中央山脈捕捉，人和村養殖	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTRH16	♂	組織	野外	南投信義鄉人和村	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTRH17	♂	組織	野外	南投信義鄉人和村	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTRH18	♂	組織	野外	南投信義鄉人和村	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTRH19	-	組織	野外	南投信義鄉人和村	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTRH20	♂	組織	野外	不明	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTRH21	♂	組織	野外	南投信義鄉人和村	臺灣野豬	原住民協助蒐集
TYDS01	♂	組織	野外	桃園大溪養殖場	-	特生中心樣本
KSTY01	♂	組織	野外	高雄桃源鄉藤枝 (來自野外)	-	特生中心樣本
NTJL01	♂	組織	野外	南投中寮鄉	第一型蘭嶼豬	特生中心樣本
KSML02	-	組織	野外	高雄茂林鄉多納村 (來自野外)	-	特生中心樣本
KSML03	-	組織	野外	高雄茂林鄉多納村 (來自野外)	-	特生中心樣本
TTXX01	-	組織	野外	台東	-	特生中心樣本
TTXX02	-	組織	野外	台東	-	特生中心樣本
TTXX03	-	組織	野外	台東	-	特生中心樣本
HLSL01	♂	組織	野外	花蓮秀林鄉清水山區 (來自野外)	-	特生中心樣本
TTXX04	-	組織	野外	台東	-	特生中心樣本
NTSL02	♂	組織	野外	南投水里人倫林道 8K	臺灣野豬	特生中心樣本
HLNA01	-	骨頭	野外	五指山	臺灣野豬	東華大學樣本
HLNA02	-	骨頭	野外	大分山屋	臺灣野豬	東華大學樣本
HLSL03	-	骨頭	野外	花蓮秀林鄉竹村 (來自野外)	臺灣野豬	特生中心樣本
TCHP01	-	骨頭	野外	台中和平鄉烏石坑 6 號攔砂壩 (來自野外)	-	特生中心樣本
NTSL03	-	骨頭	野外	南投信義鄉郡大溪 (來自野外)	-	特生中心樣本
KSTY02	-	骨頭	野外	高雄桃源鄉藤枝、溪南山 (來自野外)	-	特生中心樣本
KSTY03	-	骨頭	野外	高雄桃源鄉楠溪林道 12.7K (來自野外)	臺灣野豬	特生中心樣本
HLDF01	-	排遺	野外	花蓮大分地區	臺灣野豬	屏東科技大學樣本
NTDP01	♀	血液	養殖場	南投信義鄉東埔村	第一型蘭嶼豬	原住民協助蒐集
NTDP02	♂	血液	養殖場	南投信義鄉東埔村	第一型蘭嶼豬	原住民協助蒐集
NTDP03	-	骨頭	野外	南投信義鄉東埔村	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTDP04	-	骨頭	野外	南投信義鄉東埔村	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTDP05	-	骨頭	野外	南投信義鄉東埔村	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTDP06	-	骨頭	野外	南投信義鄉東埔村	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTDP07	-	骨頭	野外	南投信義鄉東埔村	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTDP08	-	骨頭	野外	南投信義鄉東埔村	臺灣野豬	原住民協助蒐集
NTDP09	-	骨頭	野外	南投信義鄉東埔村	臺灣野豬	原住民協助蒐集

表 2、玉山國家公園及鄰近地區各臺灣野豬基因單套型分布

編號	樣本形式	樣本來源	粒線體分子標記檢測結果	基因單套型
NTRH01	血液	養殖場	第一型蘭嶼豬	-
NTRH02	血液	養殖場	第一型蘭嶼豬	-
NTRH03	血液	養殖場	第一型蘭嶼豬	-
NTDL01	血液	養殖場	臺灣野豬	H1
NTDL02	血液	養殖場	臺灣野豬	H2
NTDL03	血液	養殖場	第二型蘭嶼豬	-
NTDL04	血液	養殖場	臺灣野豬	H2
NTDL05	血液	養殖場	臺灣野豬	H2
NTDL06	血液	養殖場	臺灣野豬	H2
NTSL01	組織	野外	臺灣野豬	H3
NTRH04	組織	野外	臺灣野豬	H4
NTRH05	組織	野外	臺灣野豬	H4
NTRH06	組織	野外	臺灣野豬	H3
NTRH07	組織	野外	臺灣野豬	H5
NTRH08	組織	野外	臺灣野豬	H2
NTRH12	組織	野外	臺灣野豬	H5
NTRH13	組織	野外	臺灣野豬	H5
NTRH14	組織	野外	臺灣野豬	H4
NTRH15	血液	養殖場	臺灣野豬	H3
NTRH16	組織	野外	臺灣野豬	H4
NTRH17	組織	野外	臺灣野豬	H6
NTRH18	組織	野外	臺灣野豬	H4
NTRH19	組織	野外	臺灣野豬	H5
NTRH20	組織	野外	臺灣野豬	H5
NTRH21	組織	野外	臺灣野豬	H5
NTJL01	組織	野外	第一型蘭嶼豬	-
NTSL02	組織	野外	臺灣野豬	H5
HLNA01	骨頭	野外	臺灣野豬	H7
HLNA02	骨頭	野外	臺灣野豬	H7
HLSL03	骨頭	野外	臺灣野豬	H8
KYTY03	骨頭	野外	臺灣野豬	H9
HLDF01	排遺	野外	臺灣野豬	H10
NTDP01	血液	養殖場	第一型蘭嶼豬	-
NTDP02	血液	養殖場	第一型蘭嶼豬	-
NTDP03	骨頭	野外	臺灣野豬	H2
NTDP04	骨頭	野外	臺灣野豬	H11
NTDP05	骨頭	野外	臺灣野豬	H12
NTDP06	骨頭	野外	臺灣野豬	H12
NTDP07	骨頭	野外	臺灣野豬	H5
NTDP08	骨頭	野外	臺灣野豬	H13
NTDP09	骨頭	野外	臺灣野豬	H14

表 3、26 頭臺灣野豬於 19 對微衛星標記之對偶基因分佈情形

	SW857	IGF1	S0155	S0005	SW911	S0068	S0002	S0228	SW24	S0227	SW72	S0218	S0355	SW122	S0225	S0226	SW951	S0215	S0386
NTDL01	BC	AF	BD	AA	CE	GG	DD	CG	CD	KK	AF	CF	DD	EE	AD	EE	DD	BB	GH
NTDL05	BC	DD	DD	AA	CD	GJ	DD	CK	CE	II	AG	CF	EE	EE	AD	CD	AC	BB	FF
NTDL06	BB	DH	AA	AA	CC	GG	BD	JK	CE	BF	BF	CC	EE	AF	BD	DD	AB	BE	DG
NTDL02	CJ	AC	AA	AC	DF	FF	BC	DJ	CC	JJ	CC	CF	EG	AA	AD	DD	BB	II	AA
NTDL04	BC	DD	AD	AA	CD	FI	BC	DK	EE	BI	AC	CC	EE	AD	AD	CE	..	BB	FF
NTSL01	BG	AD	AA	AB	CE	FF	BD	CF	EE	BC	GG	CC	DD	AF	AD	DE	BC	BF	EE
NTRH05	DD	DG	AA	AC	CC	FI	BB	IJ	EE	BJ	FF	AA	CF	CF	BD	EE	AB	EI	DD
NTRH06	BH	CC	AE	AA	CC	FI	CC	BB	CE	IJ	AF	AD	CE	AF	..	EE	BB	EE	DG
NTRH07	II	EE	DG	AA	AC	FF	BD	JK	EE	HI	AA	AA	BG	AA	AB	GG	BD	GG	HH
NTRH12	CH	AC	AE	AA	CC	DJ	CC	CK	EE	BI	FF	AE	DF	CE	AD	EE	AB	BE	DH
NTRH13	DH	CC	AE	AA	CC	FJ	CC	CK	EE	BI	AF	AE	DF	EE	AD	EE	BB	BE	DD
NTRH14	CC	CD	AA	AC	DD	AJ	BD	KK	BB	FF	AF	CC	EG	BE	AD	EE	CC	BB	FF
NTRH15	BE	DD	EE	AA	CE	GJ	BD	AG	CF	BB	GH	AC	GI	AD	AB	EE	AB	CE	FF
NTRH16	BB	BD	BB	AA	CD	GI	EE	GG	BE	FF	AG	CC	EG	AA	..	EE	DD	BB	CC
NTRH17	CC	EE	BB	..	CE	AF	CC	GG	CD	GI	CF	CC	EE	AA	AE	EE	BD	BB	FF
NTRH04	CI	CD	AD	AA	CC	HI	DD	II	CC	BE	FG	CC	GI	CD	DD	EE	AA	AH	FF
NTRH08	BC	AC	AB	AA	DE	AA	BC	CC	CF	HL	AA	AF	DG	AD	AD	DE	DD	AA	FF
NTRH18	BB	CC	AD	AC	CC	FG	BC	II	BB	BE	FF	CC	GG	AD	AD	EE	BB	AH	DD
NTRH19	EE	CD	DD	AA	CE	FF	CD	CC	BC	BD	AF	AA	CI	AA	AD	EF	CC	FF	DG
NTRH20	EJ	CC	AD	AA	CE	FG	AC	CI	CF	BH	AF	FF	II	AA	AA	EE	AC	FH	DD
NTRH21	BE	AC	AD	AA	CC	FG	DD	HI	BF	BB	GG	FF	EI	AA	AD	EE	AA	DD	DD
NTRH01	AF	AA	AC	AA	BB	CG	DD	CE	EH	FF	GG	BB	AE	BD	BB	CE	AB	CC	CC
NTRH02	BF	AC	AF	AC	CC	EE	DD	II	DD	II	EF	GG	GG	CC	BC	AA	AB	DD	BB
NTRH03	CF	CD	AA	..	CC	BE	CD	..	AD	AH	CG	EF	..	AC	BC	AA	AB	BE	GG
NTDL03	BF	DD	AA	AA	BC	EE	BD	CH	..	II	DG	FF	..	DD	AB	EE	BB	BB	..
NTJL01	CC	AC	AA	AA	CD	EI	DD	AG	FG	BD	FI	GG	CH	BB	AA	BC	AC	EE	CC

"." mean the missing data

"A~H" mean the codes of allele in each marker

表 4、以 19 對微衛星標記分析結果計算 26 頭臺灣野豬遺傳多態性

Locus	allele	Ne	N	H(E)	H(O)	HO	HE	PIC	HW	FIS
SW857	10	5.1407	26	17	9	0.654	0.821	0.782	NS	0.1882
IGF1	8	3.8629	26	15	11	0.577	0.756	0.699	NS	0.2216
S0155	7	2.9584	26	13	13	0.5	0.675	0.623	NS	0.2447
S0005	3	1.2872	24	6	18	0.25	0.228	0.206	NA	-0.121
SW911	6	2.3554	26	14	12	0.538	0.587	0.54	NS	0.0643
S0068	10	5.4737	26	17	9	0.654	0.833	0.795	NS	0.2
S0002	5	3.1515	26	13	13	0.5	0.696	0.624	NS	0.2676
S0228	11	6.7204	25	16	9	0.64	0.869	0.835	NS	0.2481
SW24	8	4.4643	25	14	11	0.56	0.792	0.744	NS	0.2784
S0227	12	5.8026	26	16	10	0.615	0.844	0.808	NS	0.2565
SW72	9	4.2785	26	17	9	0.654	0.781	0.73	NS	0.1467
S0218	7	4.0238	26	9	17	0.346	0.766	0.716	**	0.5394
S0355	9	5.3581	24	15	9	0.625	0.831	0.789	NS	0.2316
SW122	6	3.9765	26	13	13	0.5	0.763	0.719	NS	0.332
S0225	5	3.1051	24	20	4	0.833	0.692	0.618	NS	-0.229
S0226	7	2.2993	26	7	19	0.269	0.576	0.539	**	0.5236
SW951	4	3.453	25	13	12	0.52	0.725	0.66	NS	0.268
S0215	9	5.0074	26	10	16	0.385	0.816	0.78	**	0.5194
S0386	8	5.0813	25	5	20	0.2	0.82	0.777	**	0.751
mean	7.58	4.0947					0.73	0.683		0.2778

Ne: effective number of alleles
 N: the number of individual
 H(O): homozygotes
 H(E): heterozygotes
 HO: observed heterozygosity
 HE: expected heterozygosity
 PIC: Polymorphic information content
 HW: deviating from Hardy-Weinberg equilibrium
 FIS: fixation indices
 **: p < 0.01
 NS: not significant
 NA: not available

表 5、依據 proportion of shared alleles (POSA) 計算所得之 26 頭臺灣野豬遺傳距離距陣

	NTDL01	NTDL05	NTDL06	NTDL02	NTDL04	NTSL01	NTRH05	NTRH06	NTRH07	NTRH12	NTRH13	NTRH14	NTRH15	NTRH16	NTRH17	NTRH04	NTRH08	NTRH18	NTRH19	NTRH20	NTRH21	NTRH01	NTRH02	NTRH03	NTDL03	NTJL01		
NTDL01	0.000	0.930	0.865	1.846	1.019	1.240	1.240	0.693	1.335	0.804	0.693	0.747	1.153	0.818	0.693	1.073	0.865	0.930	0.642	0.642	1.240	2.251	1.692	1.792	1.135	1.692		
NTDL05	0.930	0.000	0.930	1.335	0.448	0.930	1.846	1.128	1.335	1.153	0.930	0.693	0.747	0.693	0.999	0.999	0.804	1.692	1.153	1.073	1.073	1.153	2.251	1.638	0.934	1.558		
NTDL06	0.865	0.930	0.000	1.335	1.386	1.335	0.747	0.693	1.846	0.804	0.865	1.440	1.240	1.447	1.240	1.153	1.846	0.999	0.999	1.073	1.240	1.335	1.335	1.281	1.723	1.558		
NTDL02	1.846	1.335	1.335	0.000	1.099	1.240	1.692	1.447	1.558	2.028	1.558	1.692	1.846	2.428	1.153	1.692	1.335	1.440	1.335	1.846	1.692	2.944	2.944	1.974	1.946	2.539		
NTDL04	1.019	0.448	1.386	1.099	0.000	0.875	0.944	0.758	0.944	0.944	0.588	0.693	1.281	0.758	0.588	1.099	0.875	1.281	0.944	1.099	1.186	1.638	2.890	1.735	1.179	1.386		
NTSL01	1.240	0.930	1.335	1.240	0.875	0.000	1.073	1.447	1.153	0.930	0.804	1.558	1.153	1.224	1.335	1.335	1.335	1.240	0.930	1.240	0.747	1.073	2.944	1.638	0.934	2.028		
NTRH05	1.240	1.846	0.747	1.692	0.944	1.073	0.000	0.435	1.335	0.342	0.379	1.335	1.240	1.329	1.153	0.865	2.251	0.460	0.930	0.804	0.865	1.558	1.335	1.638	1.253	1.240		
NTRH06	0.693	1.128	0.693	1.447	0.758	1.447	0.435	0.000	1.128	0.693	0.348	0.961	1.329	0.887	0.754	0.887	1.447	0.754	0.531	0.582	1.128	1.735	1.447	1.674	1.099	1.224		
NTRH07	1.335	1.335	1.846	1.558	0.944	1.153	1.335	1.128	0.000	1.240	0.930	1.692	1.692	1.329	1.558	2.944	1.073	1.692	1.240	1.335	2.028	2.028	1.846	1.974	1.386	2.539		
NTRH12	0.804	1.153	0.804	2.028	0.944	0.930	0.342	0.693	1.240	0.000	0.270	0.930	1.073	1.447	0.999	0.999	1.692	0.547	0.999	0.930	0.999	1.846	1.440	1.792	1.030	1.335		
NTRH13	0.693	0.930	0.865	1.558	0.588	0.804	0.379	0.348	0.930	0.270	0.000	0.693	1.153	1.041	0.865	1.073	1.240	0.502	0.642	0.547	0.804	2.028	1.558	1.974	0.934	1.440		
NTRH14	0.747	0.693	1.440	1.692	0.693	1.558	1.335	0.961	1.692	0.930	0.693	0.000	1.073	0.693	0.693	0.930	0.747	0.804	0.747	0.930	1.240	2.028	2.028	3.584	1.253	1.558		
NTRH15	1.153	0.747	1.240	1.846	1.281	1.153	1.240	1.329	1.692	1.073	1.153	1.073	0.000	1.041	0.930	0.693	0.999	1.153	1.335	0.804	0.693	1.073	1.846	1.281	0.693	1.558		
NTRH16	0.818	0.693	1.447	2.428	0.758	1.224	1.329	0.887	1.329	1.447	1.041	0.693	1.041	0.000	1.329	1.041	1.224	1.224	1.329	1.128	0.887	0.693	2.833	1.674	0.780	1.447		
NTRH17	0.693	0.999	1.240	1.153	0.588	1.335	1.153	0.754	1.558	0.999	0.865	0.693	0.930	1.329	0.000	0.930	0.999	0.999	0.999	0.865	1.335	2.251	1.440	1.386	0.934	1.692		
NTRH04	1.073	0.999	1.153	1.692	1.099	1.335	0.865	0.887	2.944	0.999	1.073	0.930	0.693	1.041	0.930	0.000	1.153	0.804	1.073	0.930	0.865	1.692	1.558	1.638	1.135	1.440		
NTRH08	0.865	0.804	1.846	1.335	0.875	1.335	2.251	1.447	1.073	1.692	1.240	0.747	0.999	1.224	0.999	1.153	0.000	1.558	1.073	0.999	1.558	2.944	3.638	3.584	1.946	2.028		
NTRH18	0.930	1.692	0.999	1.440	1.281	1.240	0.460	0.754	1.692	0.547	0.502	0.804	1.153	1.224	0.999	0.804	1.558	0.000	0.747	0.593	0.593	2.028	1.440	2.485	1.135	1.558		
NTRH19	0.642	1.153	0.999	1.335	0.944	0.930	0.930	0.531	1.240	0.999	0.642	0.747	1.335	1.329	0.999	1.073	1.073	0.747	0.000	0.460	0.930	2.944	2.028	2.485	1.723	1.240		
NTRH20	0.642	1.073	1.073	1.846	1.099	1.240	0.804	0.582	1.335	0.930	0.547	0.930	0.804	1.128	0.865	0.930	0.999	0.593	0.460	0.000	0.642	2.028	1.846	2.485	1.386	0.999		
NTRH21	1.240	1.073	1.240	1.692	1.186	0.747	0.865	1.128	2.028	0.999	0.804	1.240	0.693	0.887	1.335	0.865	1.558	0.593	0.930	0.642	0.000	0.999	2.028	1.638	0.934	1.692		
NTRH01	2.251	1.153	1.335	2.944	1.638	1.073	1.558	1.735	2.028	1.846	2.028	2.028	1.073	0.693	2.251	1.692	2.944	2.028	2.944	2.028	2.944	2.028	0.999	0.000	2.251	1.504	1.030	1.692
NTRH02	1.692	2.251	1.335	2.944	2.890	2.944	1.335	1.447	1.846	1.440	1.558	2.028	1.846	2.833	1.440	1.558	3.638	1.440	2.028	1.846	2.028	2.251	0.000	0.811	1.030	1.558		
NTRH03	1.792	1.638	1.281	1.974	1.735	1.638	1.638	1.674	1.974	1.792	1.974	3.584	1.281	1.674	1.386	1.638	3.584	2.485	2.485	2.485	1.638	1.504	0.811	0.000	0.934	1.974		
NTDL03	1.135	0.934	1.723	1.946	1.179	0.934	1.253	1.099	1.386	1.030	0.934	1.253	0.693	0.780	0.934	1.135	1.946	1.135	1.723	1.386	0.934	1.030	1.030	0.934	0.000	1.723		
NTJL01	1.692	1.558	1.558	2.539	1.386	2.028	1.240	1.224	2.539	1.335	1.440	1.558	1.558	1.447	1.692	1.440	2.028	1.558	1.240	0.999	1.692	1.692	1.558	1.974	1.723	0.000		

表 6、臺灣野豬頭骨量測結果

ID	Age group ¹	LA ²	LC	AHR	OHR	MHR	HM1	HG	LS	LR
HLNA01	Mature adult	214.41	229.21	106.56	103.63	93.63	37.60	38.39	51.00	63.49
HLSL03	Immature	117.46	126.86	55.50	54.11	48.37	22.12	21.73	28.40	36.63
KSTY03	Mature adult	209.44	226.30	100.87	98.62	88.72	39.07	34.42	42.74	67.00
Taitung	Mature adult	217.95	230.44	100.98	104.33	95.30	37.38	36.86	47.24	63.78
Pingtung	Mature adult	224.22	234.63	100.48	108.96	97.00	38.57	38.83	51.18	68.58

ID	LCA	BI	BC	LBM	BLP	BCP	BML	TC	BM	TM
HLNA01	19.11	35.29	26.15	36.58	86.34	106.01	26.65	22.80	50.91	25.67
HLSL03	3.57	24.97	21.20	25.63	55.31	67.83	14.23	12.49	49.06	13.37
KSTY03	8.11	37.08	30.06	36.41	90.50	110.62	24.17	22.13	54.45	21.74
Taitung	11.82	35.73	26.13	39.13	86.50	104.81	23.89	22.95	53.57	20.61
Pingtung	11.44	36.85	29.61	38.79	88.05	109.41	25.70	23.08	51.65	19.82

單位為公厘(mm)

¹ Age group 參照 Rolett 和 Chiu (1994) 建立的系統

² 19 個頭骨量測值縮寫參照 Endo 等人研究 (2002)

表 7、野豬狩獵次數與其方式

	總狩獵	狩獵山豬	犬獵	槍獵	陷獵
8月	16	4	2	1	1
9月	16	4	4	0	0
10月	13	4	3	1	0
11月	26	2	2	0	0
總計	71	14	11	2	1

表 8、養殖場中飼養野豬品種組成調查

養殖頭數	戶數	純野豬	家豬	雜交種	總頭數
1	3	100	0	0	3
2~5	7	60	28	12	25
6~10	2	0	58.8	41.2	17
11+	1	83.3	0	16.7	12
合計/平均	13	49.1	29.8	21.1	57

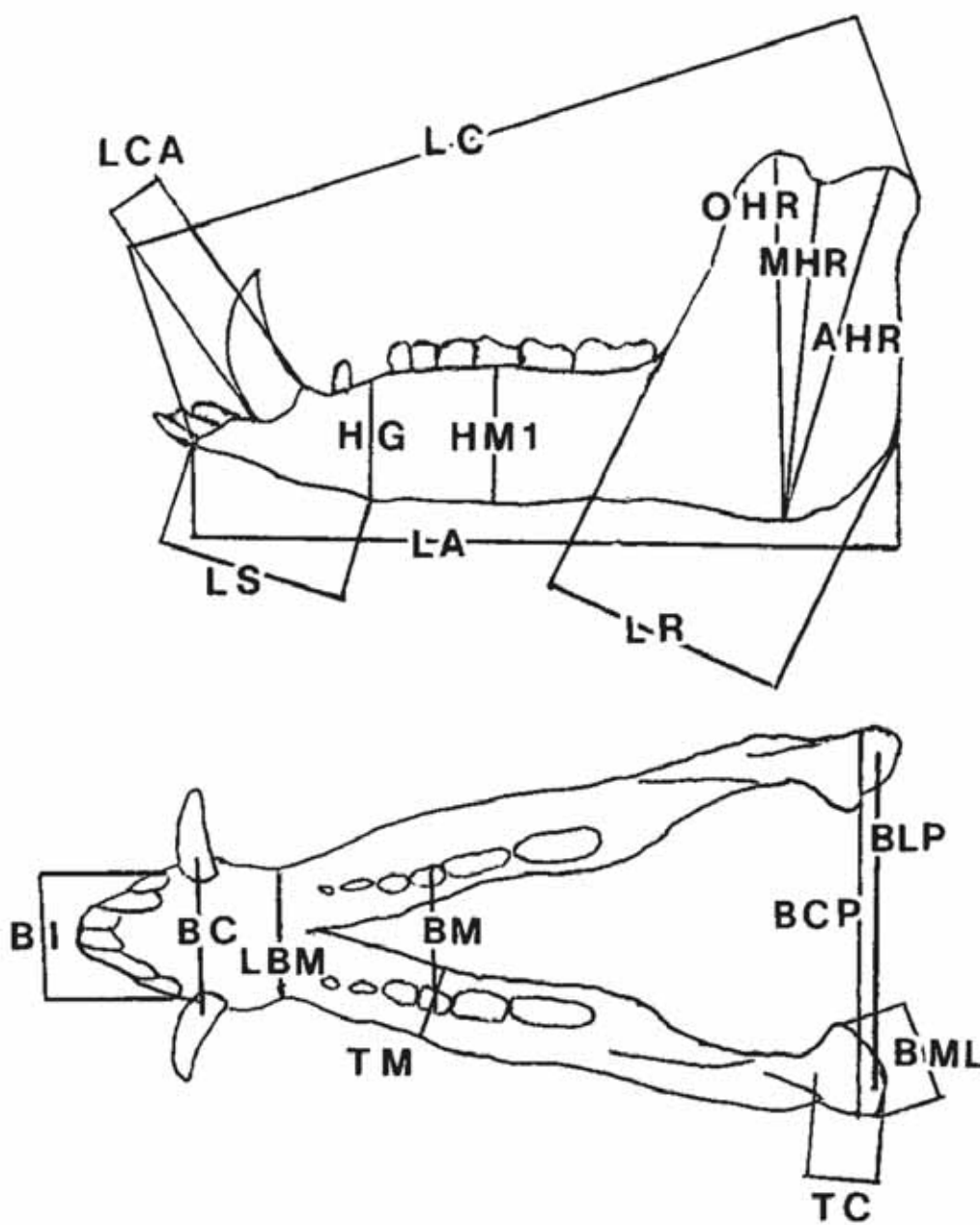


圖 1、測量臺灣野豬下顎骨的 19 項測量值 (Endo *et al.*, 2002)。

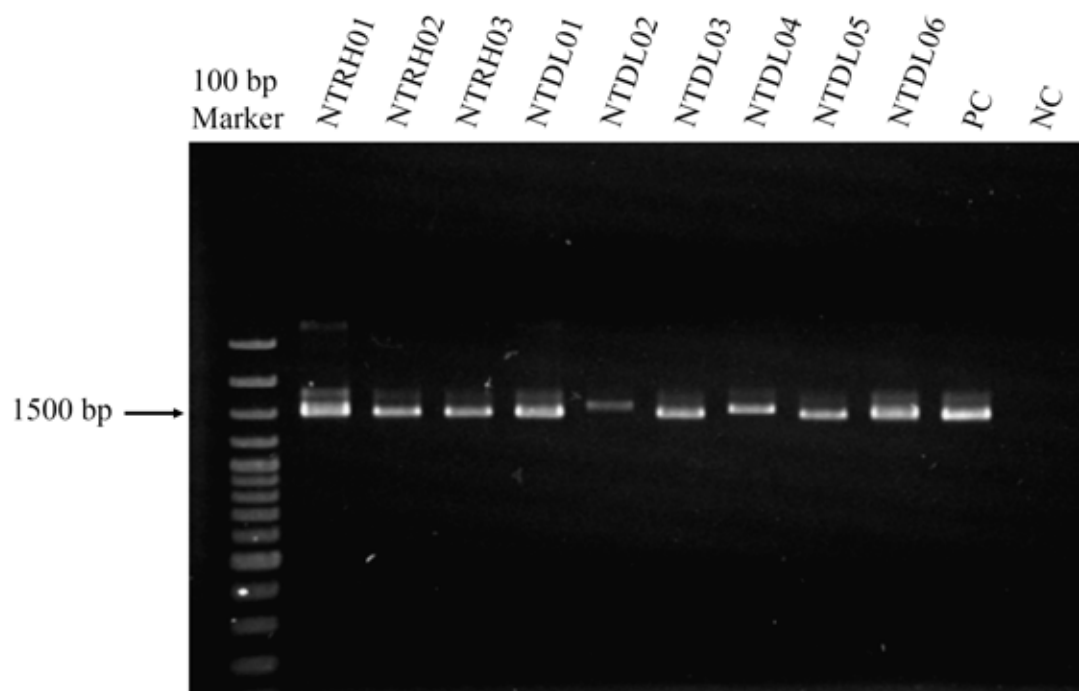


圖 2、以聚合酶鏈反應增幅粒線體 DNA 上 D-loop 片段。共九個樣本，分別為 NTRH01-03 及 NTDL01-06，以 Landrace 豬種的 DNA 做為正對照組，NC 為不含粒線體 DNA 的負對照組，預計增幅出的片段為 1045 basepair。

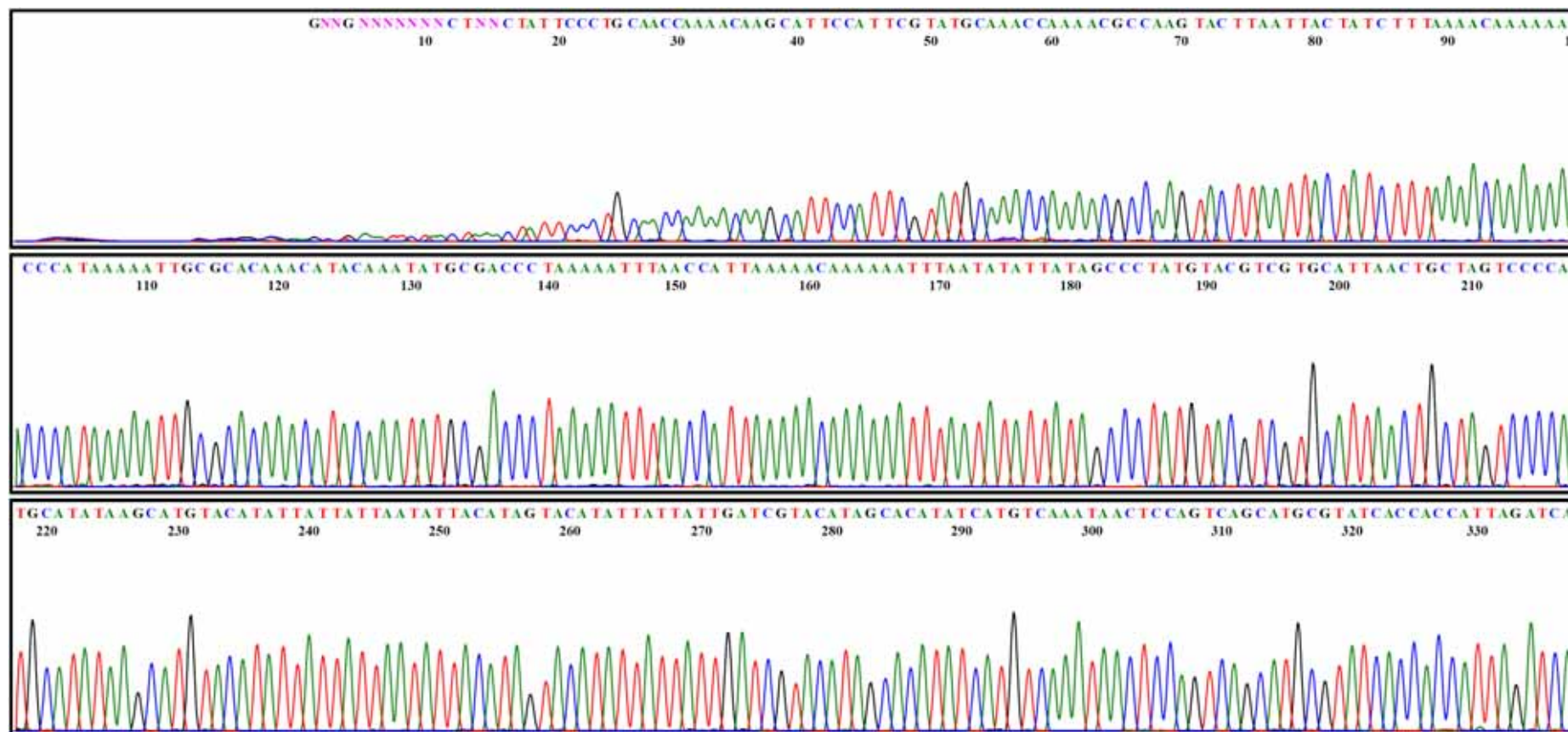


圖 3、PCR 增幅的粒線體 D-Loop 片段。以 silicon 純化去除 dNTP 與 primer 後，經 ABI 3730DNA 序列自動定序儀定序，再以 BioEdit 軟體讀取 D-loop 片段定序之結果（以 NTRH01 為例）。

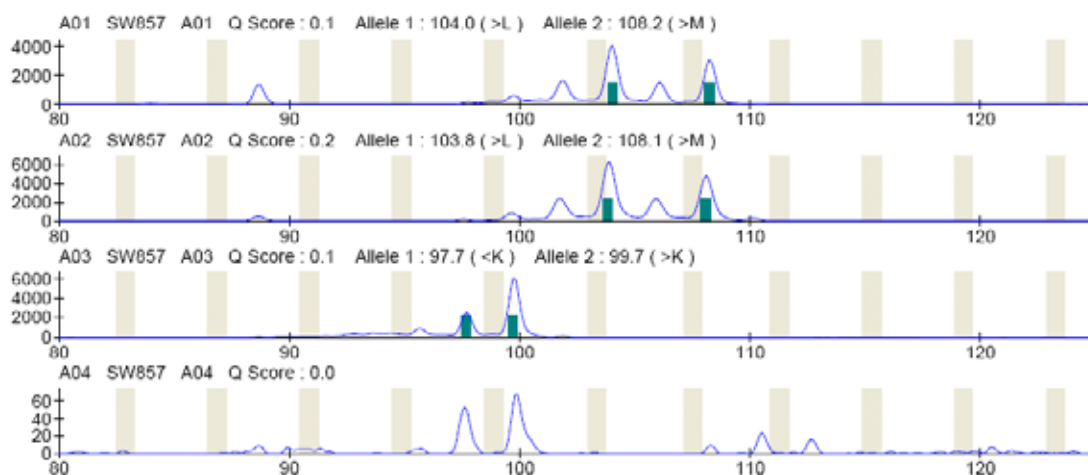


圖 4、經由 Genetic-profiler Version 2.2 軟體進行微衛星對偶基因核酸長度判讀結果。本圖以 SW857 為例，顯示 4 個個體（代號 A01~A04）的微衛星標記判讀結果，橫座標為增幅出的 DNA 片段長度，縱座標為引子所標示的螢光物質強度。A01、A02 的結果為 104 bp 與 106 bp，A03 為 100 bp，A04 為 missing data，需再行修改試驗細節並重做。

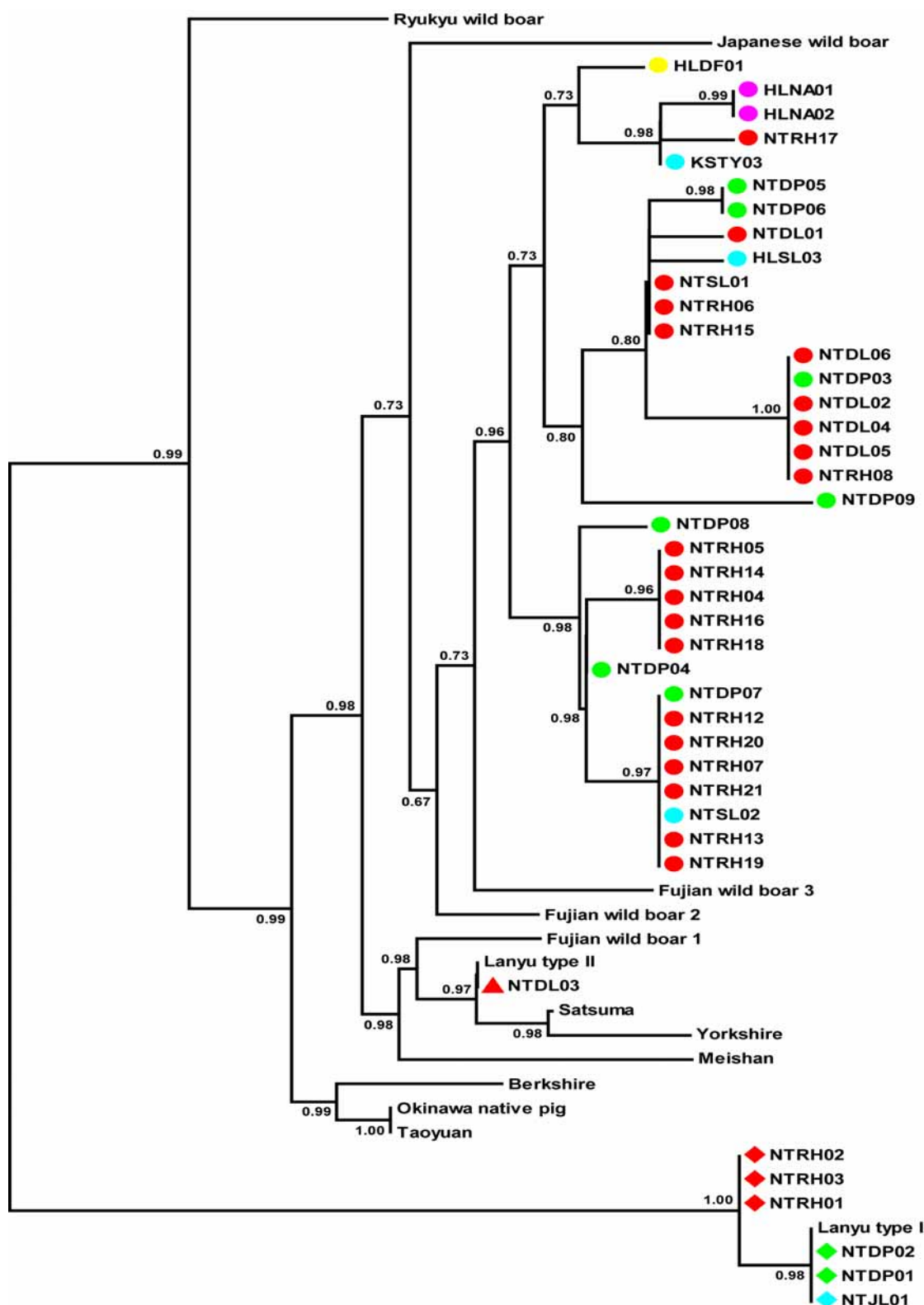


圖 5、以粒線體 DNA 中 D-loop 片段核苷酸多型性建構出親緣關係樹。●標示帶有臺灣野豬粒線體 DNA 個體；◆標示帶有第一型蘭嶼豬粒線體 DNA 個體；▲標示帶有第二型蘭嶼豬粒線體 DNA 個體。其餘豬種包括亞洲地區具代表性之家豬與野豬。各分支上的數字為後驗機率 (posterior probability) 值。數值越大代表以一分支的支持度越高。

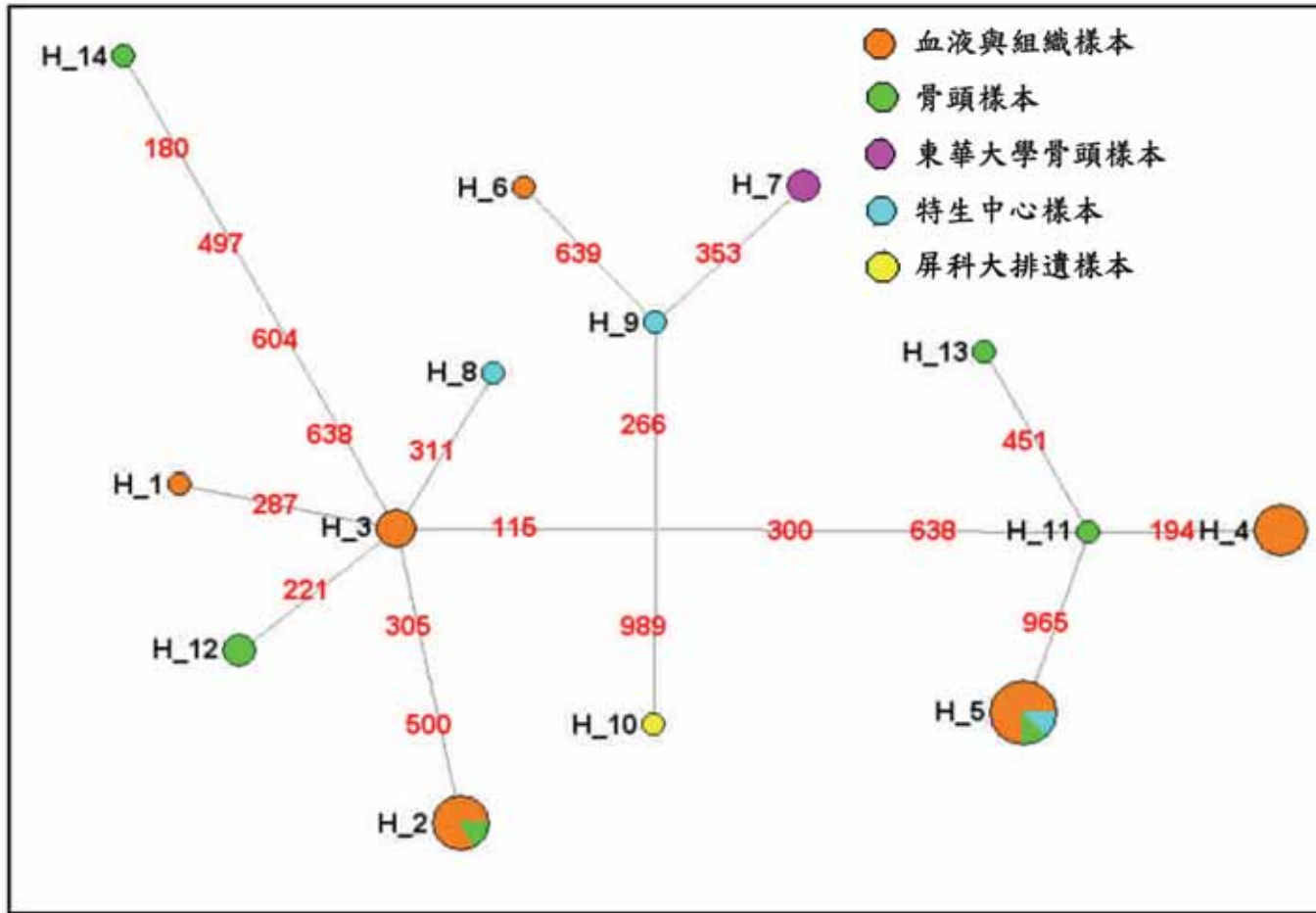


圖 6、以粒線體 DNA 中 D-loop 片段核苷酸多型性建構出網絡分析圖(Network)，臺灣野豬共分 14 個基因單套型 H1-14，圓餅圖大小越大，代表所含之個體越多。線段上紅色數字表示在 D-loop 片段上核苷酸取代位置，間隔越遠代表遺傳距離越遠。

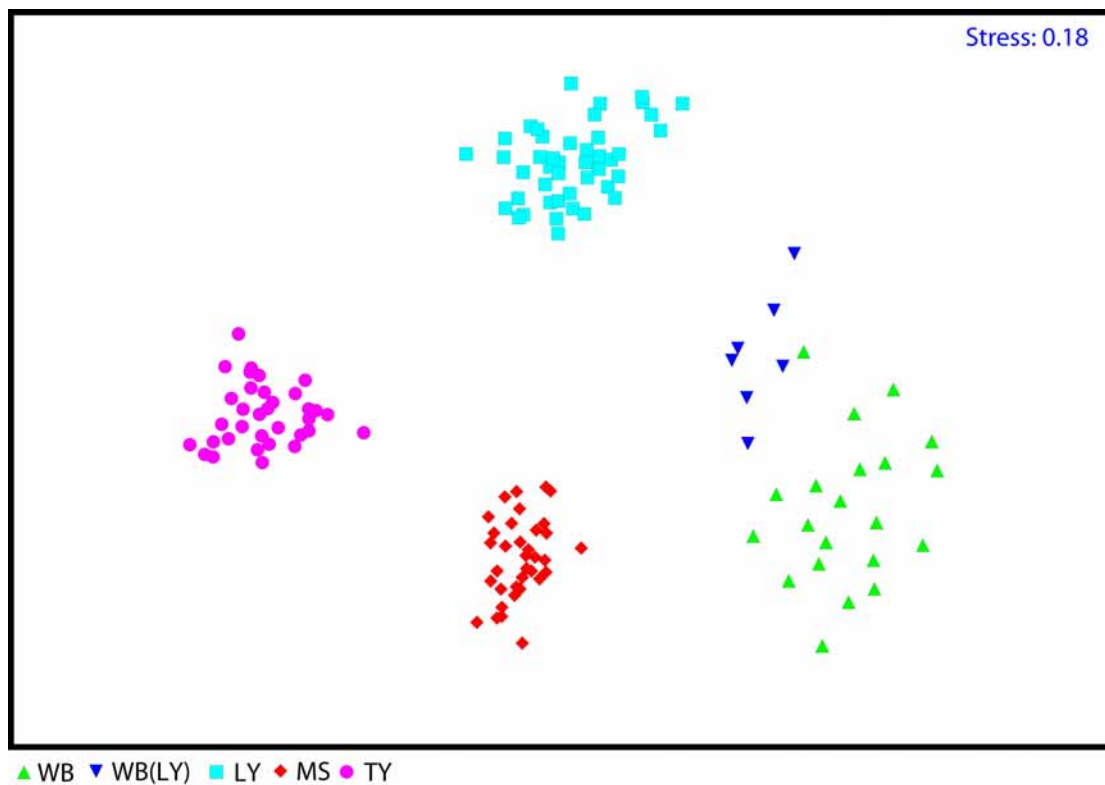


圖 7、微衛星標記分析臺灣野豬、蘭嶼豬、梅山豬、桃園豬等 169 個個體 MDS 分析結果。WB，臺灣野豬；WB (LY)，帶有蘭嶼豬粒線體的臺灣野豬；LY，蘭嶼豬；MS，梅山豬；TY，桃園豬。本圖所得之 STRESS 值為 0.18，顯示本圖具有代表性 (< 0.2)。

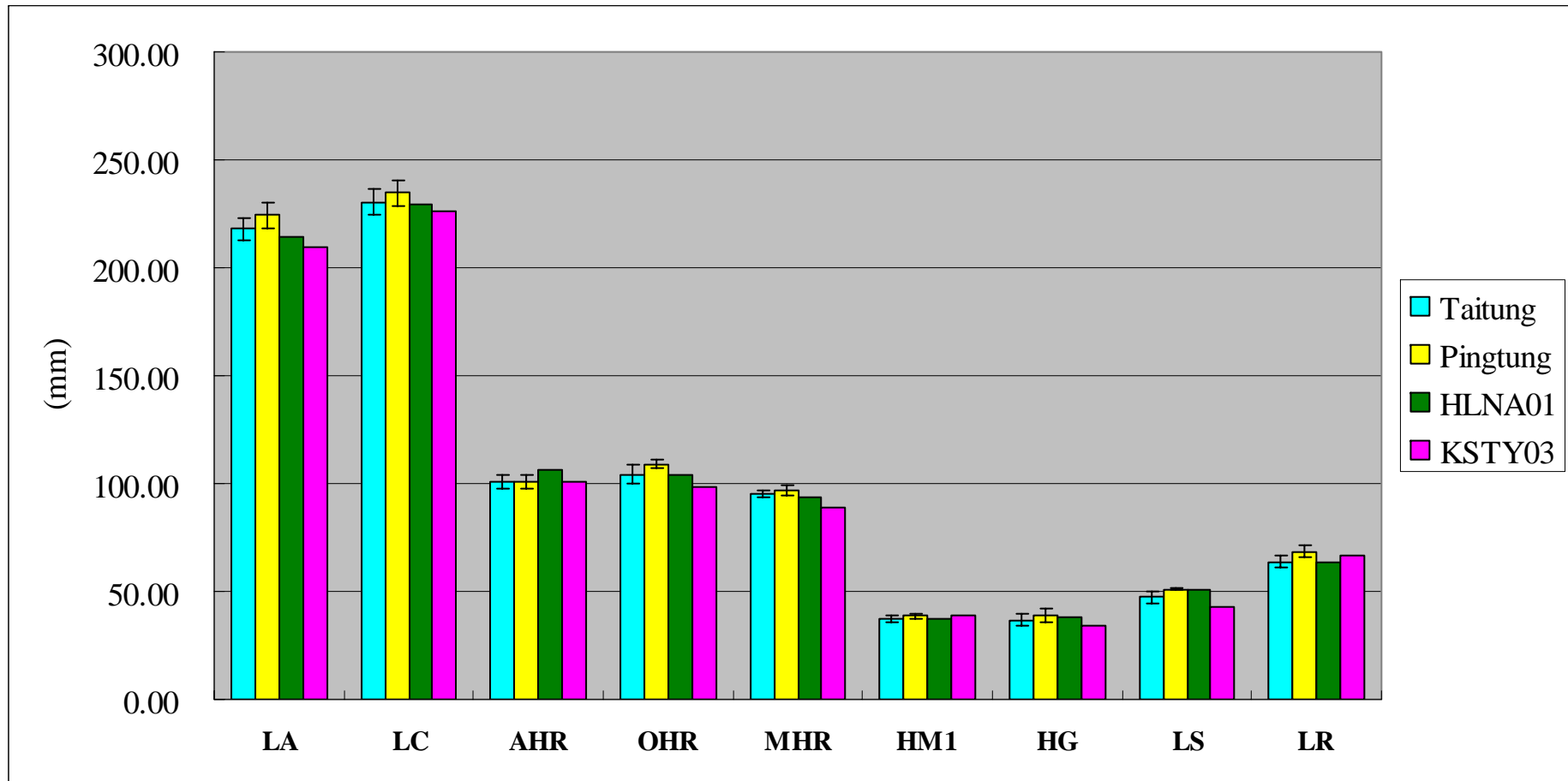
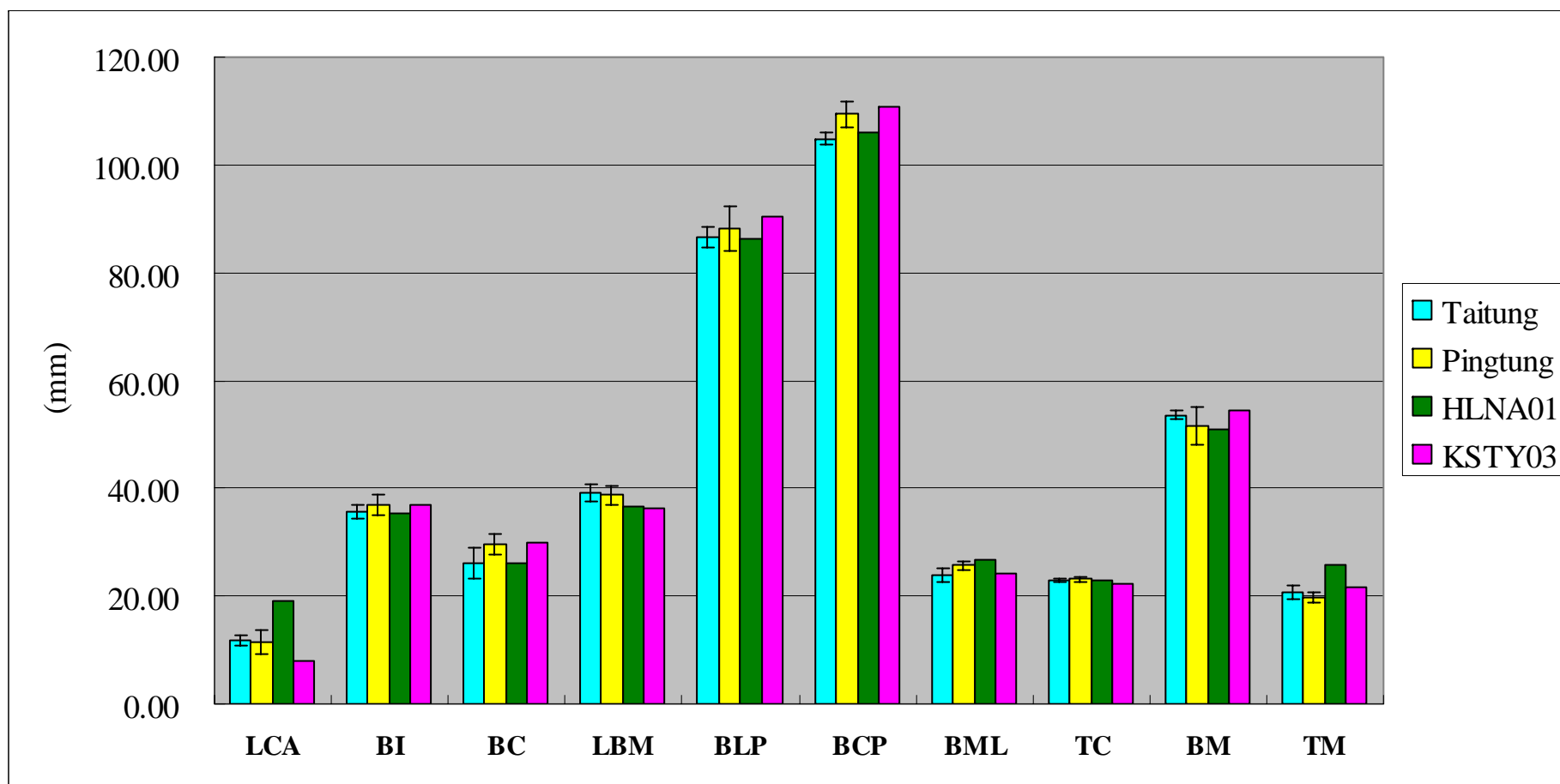


圖 8、不同地區（臺東、屏東、花蓮和高雄）之臺灣野豬下顎骨 19 個量測值比較，臺東和屏東的量測值為平均值±標準偏差；而花蓮和高雄僅各有一個樣本，故為 HLNA01 和 KSTY03 的測量值。



續圖 8、不同地區（臺東、屏東、花蓮和高雄）之臺灣野豬下顎骨 19 個量測值比較，臺東和屏東的量測值為平均值 ± 標準偏差；而花蓮和高雄僅各有一個樣本，故為 HLNA01 和 KSTY03 的測量值。

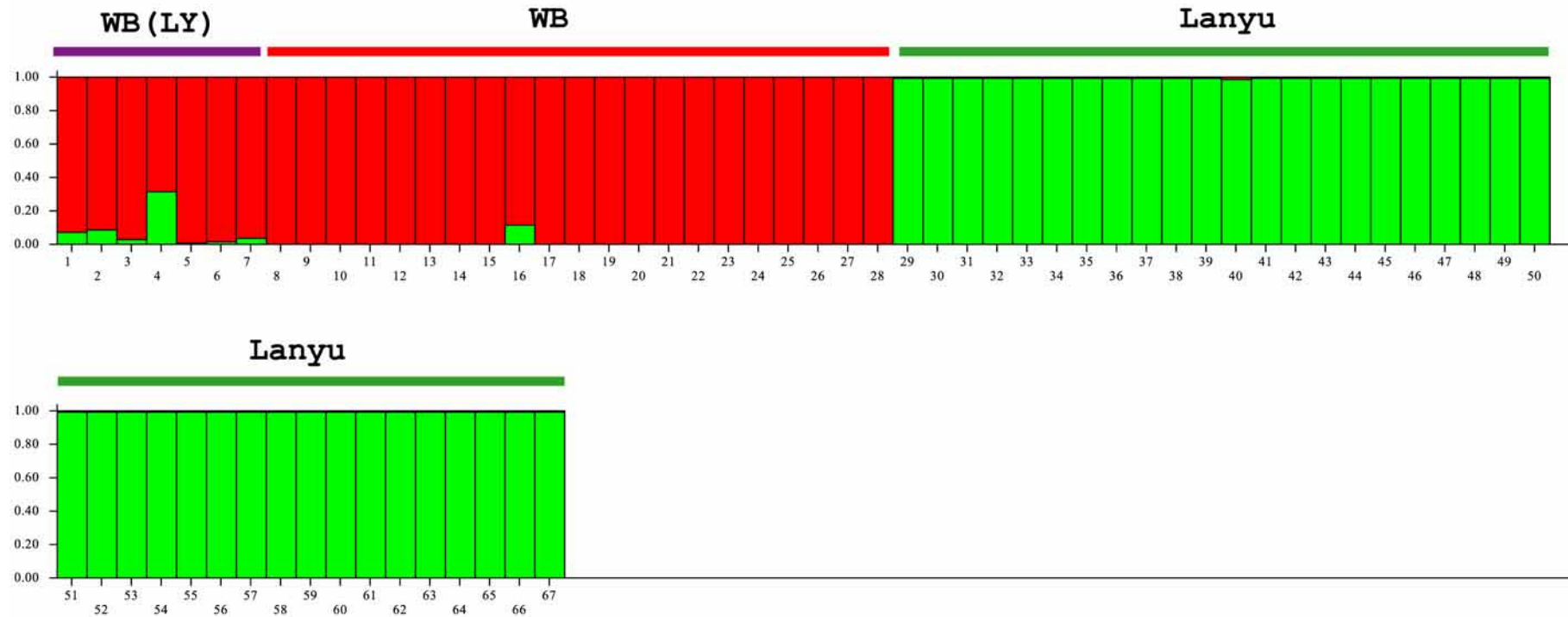


圖 9、以 19 對微衛星標記分析台灣野豬遭受蘭嶼豬基因滲入之可能性 (probability)。WB (LY)，帶有蘭嶼豬粒線體的台灣野豬；WB，台灣野豬；Lanyu，蘭嶼豬。

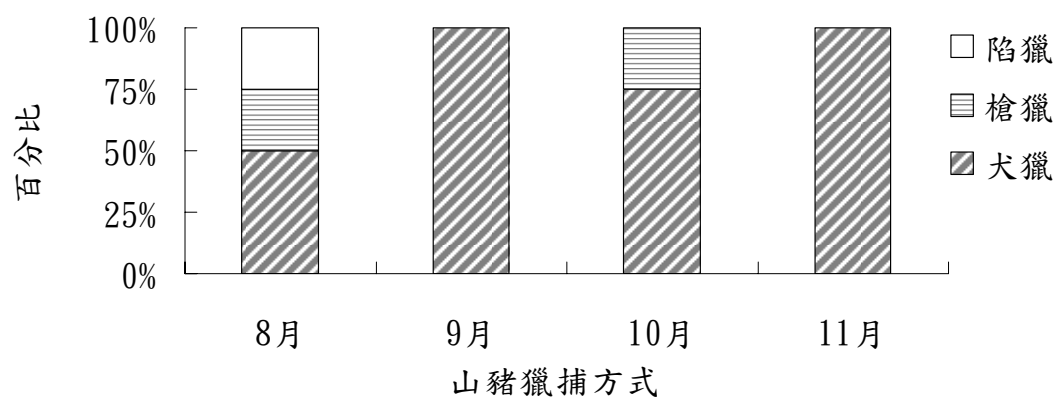


圖 10、山豬獵捕方式之比例



圖 11、丹大地區部落養豬戶分布圖

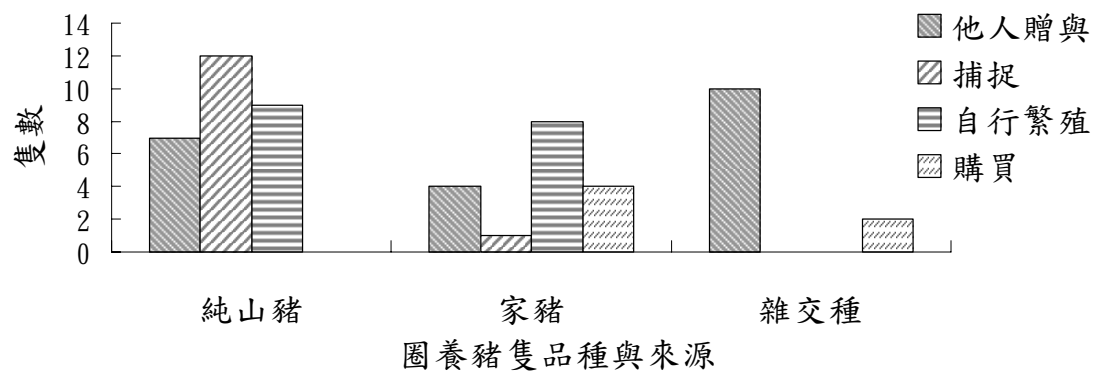


圖 12、丹大地區圈養豬隻品種與來源

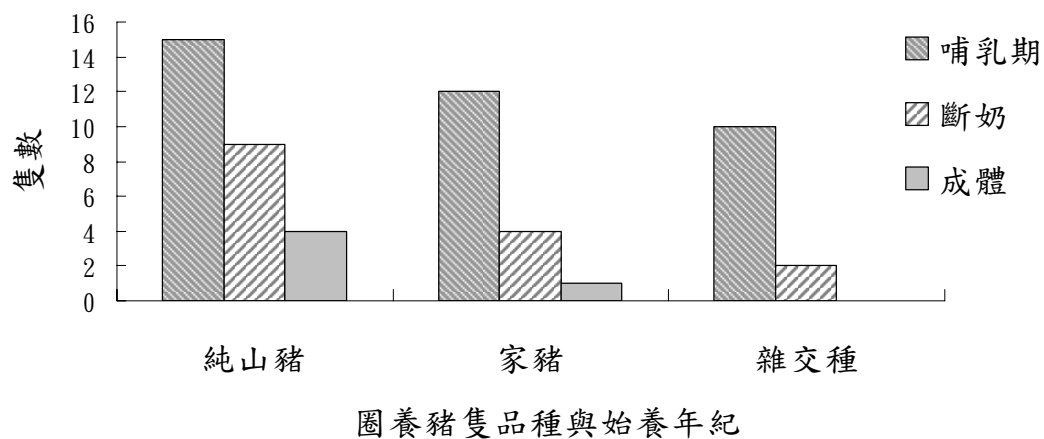


圖 13、丹大地區圈養豬隻品種與始養年紀

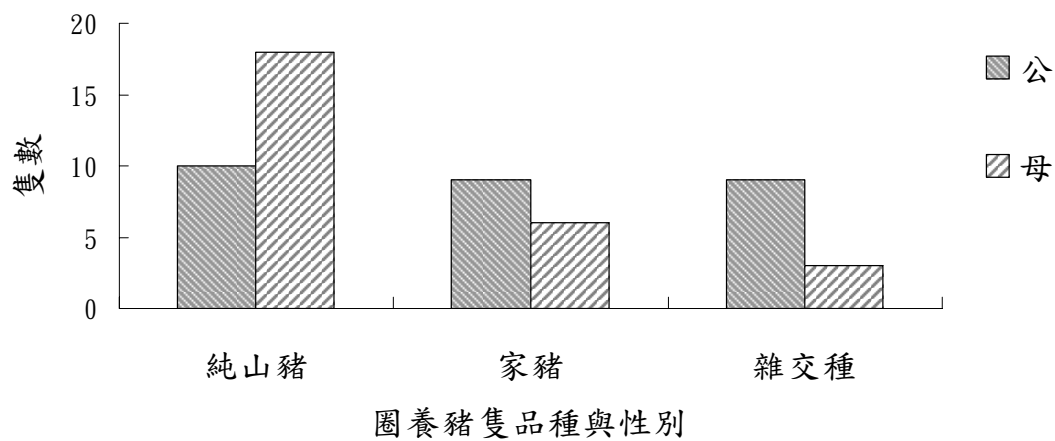


圖 14、丹大地區圈養豬隻品種與性別

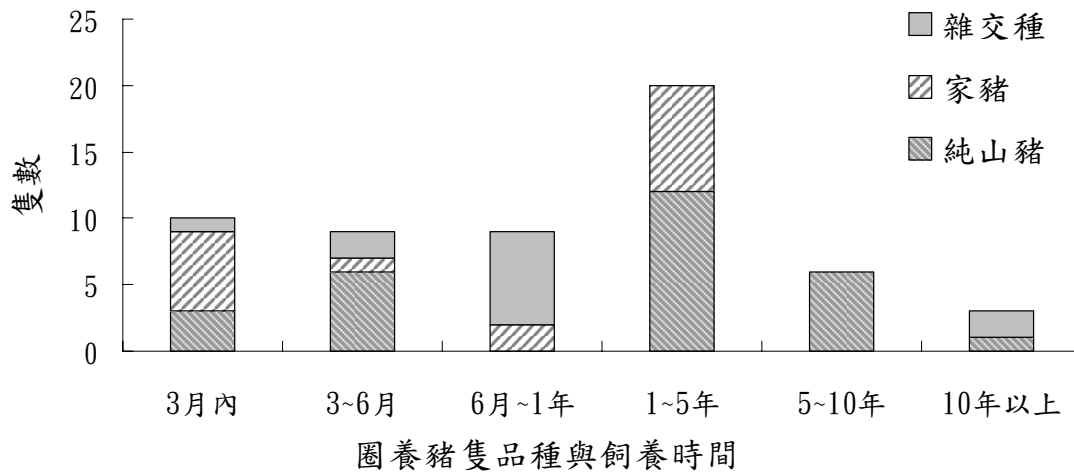


圖 15、丹大地區圈養豬隻品種與飼養時間

第四章 討論

目前針對南投信義鄉附近區域共分析 36 個樣本，以粒線體 D-loop 分子標記所得結果，共有 29 個個體擁有臺灣野豬之基因單套型，分成 10 種基因單套型；另外 7 個樣本則帶有蘭嶼豬粒線體 DNA 序列，NTJL01、NTRH01-03 和 NTDP01-02 具有第一型蘭嶼豬的粒線體 DNA，其中 NTJL01 和 NTDP01-02 之 D-loop 區域序列與第一型蘭嶼豬完全相同，而 NTRH01-03 則為含有第一型蘭嶼豬特有序列的不同基因單套型，而 NTDL03 具有與第二型蘭嶼豬完全相同粒線體 D-loop 序列。顯示部分臺灣野豬已帶有蘭嶼豬粒線體 DNA，證實臺灣野豬與蘭嶼豬間曾經有基因交流，部分臺灣野豬已遭蘭嶼豬之基因滲入，且分布地區甚廣。10 種基因單套型之臺灣野豬分布不均，有一半之基因單套型目前只含有一個個體，而最多個體（八頭）擁有之單套型為 H5，H2 單套型含六頭次之，第三則為單套型 H4 含五頭，可推測目前南投信義鄉附近區域之臺灣野豬，以帶有 H2、H4 和 H5 三種基因單套型分布最多，其分布範圍可能較為廣泛。除此之外，以血液與組織樣本分析共得 20 頭臺灣野豬分成 6 種基因單套型；而以骨頭樣本分析共得 7 頭臺灣野豬亦分成 6 種基因單套型。一般認為，原住民將狩獵得來之野豬下顎骨當作榮耀的象徵，保存擺設於家中展示，若以此觀點將可視所得之 7 個骨頭為較古老的樣本，而由骨頭樣本所得基因單套型之歧異度（7 個樣本有 6 種基因單套型）遠比血液與組織（20 個樣本有 6 種基因單套型）來得高，可推測之前的臺灣野豬或許擁有較高的遺傳歧異度，而因為人為捕捉及環境改變造成野豬數量減少，使得遺傳歧異度也隨之下降。至於在不同行政區域所採得的樣本或有落在不同分支的趨勢（如由人和村採得之樣本 NTRH 主要分布在親緣關係樹上臺灣野豬之第一大分支，第二大分支則多為

地利村所採得之樣本 NTDL)，但現階段尚無法以親緣關係樹或網絡分析圖清楚將不同地區採樣之野豬與其遺傳結構做一個結合。經由 NJ 親緣關係樹的分析結果，臺灣野豬的粒線體 D-loop 可以明顯與日本、琉球以及其他豬種區別，顯示臺灣野豬具有獨特的粒線體 D-loop 序列。而以遺傳距離來區別，臺灣野豬與中國大陸福建野豬日本野豬的親緣關係較地理關係靠近臺灣的琉球野豬近，這結果需結合更多的文獻與亞洲大陸之地理演化資料，才能更進一步討論這結果的相對意涵。

若將南投地區所得的樣本視為同一族群，可以得到該族群的平均對偶基因為 7.58，而平均有效對偶基因為 4.0947，每個微衛星基因庫出現的對偶基因數目為 3 至 12 個。若參考我們團隊所發表文獻 (Chang *et al.*, 2009) 與其他家養豬種相比，臺灣野豬具有較多種的對偶基因。有效對偶基因是指在受測族群內具有影響力的對偶基因數目，目前受測個體雖僅 26 個，但受測微衛星基因座之對偶基因數均高於估算出之有效對偶基因數目，另外經由對偶基因頻率所算得的多態性指數 (PIC) 也較高 (0.206~0.835，平均為 0.683)，顯示本研究所用之 19 個微衛星標記在臺灣野豬樣具有多態性，可作為研究臺灣野豬親緣關係之遺傳標記。在哈溫平衡檢測方面，有數個標記其哈溫平衡檢測為顯著偏離狀態 (S0218、S0226、S0215、S0386)，以目前所分析之樣本數只有 26 個，需收集分析更多個樣本才能正確檢視玉山國家公園與鄰近山區臺灣野豬之遺傳結構。

MDS 分析的結果 (圖 6) 可以看出無論是蘭嶼豬、梅山豬或是桃園豬都各自集結成一個區塊，而臺灣野豬本身亦座落在一個區域，不過與其他家養豬種相比，臺灣野豬個體間分佈則較為零散，其中有七

頭具有蘭嶼豬粒線體的臺灣野豬樣本，其分佈於臺灣野豬區塊之邊緣，而且與蘭嶼豬之遺傳關係較為接近。這結果顯示結合粒線體與微衛星遺傳訊息有助於釐清臺灣野豬個體是否有外來豬種或蘭嶼豬之基因滲入情形。以 assignment test 分析探討帶有蘭嶼豬粒線體的台灣野豬個體體內含有多少蘭嶼豬血統的可能性，其數值為 1.1%~32.0%，其可能性雖然不高，但與帶有台灣野豬粒線體的個體比較，其為蘭嶼豬的可能性皆偏高。值得一提的是，並非所有帶有台灣野豬粒線體的個體皆歸類為台灣野豬，樣本編號 16 的台灣野豬個體為蘭嶼豬的可能性為 11.9%，可見除了利用粒線體可以看出基因滲入外，使用微衛星亦可估算蘭嶼豬基因滲入台灣野豬的情形。

丹大地區狩獵的現況仍是以犬獵為主，在8~11月的調查期間，11月份針對野豬的狩獵趟數較少，根據受訪者表示，購買山產者在冬天較喜好像是山羌、山羊等可以進補的動物，進而對野豬的需求量下降，由此可見台灣野豬仍會因山肉市場而有獵捕壓力。根據吳幸如(2009)指出，以犬獵法對於野豬進行狩獵為造成野豬族群大量降低的主要可能原因，而獵狗會與野豬對峙，使得獵狗成為專一性狩獵野豬的方式。以外，根據針對丹大地區動物相調查者指出，於2009年9~11月間在丹大山區進行調查時，不論是目擊、排遺及腳印等痕跡，記錄到的山豬痕跡也遠遠比其他中大型哺乳動物山羌、山羊、水鹿少很多。相較槍獵與野外痕跡雙雙印證之下，可知野外野豬數量的確較少。且野豬又受犬獵專一性獵捕，對於野外族群量將岌岌可危。圈養的豬隻中，純種的野豬比例達49.1%，比起吳幸如(2009)調查花東、高屏及南投地區共25間山豬養殖場中，純種山豬僅佔30%，南投丹大地區養殖的純種野豬比例較高。其養殖多以實用為主而非以販賣為目

的，又野豬養殖戶大多表示養殖純種山豬耗時、食量大，但生長速度慢，對於養殖成本並不划算。部分養殖戶以前養純野豬，但現今都轉為飼養家豬或雜種豬，飼養的純野豬僅剩1~2頭。且許多在野外捕捉到純種小野豬的獵人，都因無養殖場所或不想養殖而將小野豬贈送給親朋好友。故推測在丹大部落飼養純種豬的比例將會減少。養殖的野豬不論是純種或是雜交種，均有逃出籠外的事件，對於野外野豬族群混入家豬基因為一大隱憂。

參考書目

- 王穎。2004。臺灣野豬 (*Sus scrofa taivanus*) 在農地之危害與被利用與養殖之現況調查。國立臺灣師範大學。
- 王穎。2005。臺灣野豬 (*Sus scrofa taivanus*) 與人之衝突現況與保育研究。行政院農業委員會林務局主管科技計畫 94 年度期末報告。
- 王穎, 陳怡君。1995。玉山國家公園瓦拉米地區中大型野生哺乳動物之棲地、習性及族群動態之調查(三)。玉山國家公園管理處。49 頁。
- 吳幸如。1993。臺灣野豬棲地利用及行為之研究。國立臺灣師範大學生物學研究所碩士論文。
- 吳幸如。2009。狩獵危害防治對台灣野豬族群影響之探討。國立台灣師範大學博士論文。
- 吳海音。2008。玉山國家公園東部園區南安至抱崖哺乳動物監測及與人類活動的關係。玉山國家公園管理處 97 年期末報告。
- 林玉珮。2007。丹大地區布農族狩獵現況之調查研究。國立台灣師範大學碩士論文。
- 林秀嫚。1997。十三行宜指出土動物骨骼之初步分析-以豬下顎骨為例。國立臺灣大學人類學研究所碩士論文。
- 林婷婷。2008。關渡草澤地小麝鼩(鼩形目:尖鼠科)的婚配制度。國立臺灣大學生態學與演化生物學研究所碩士論文。
- 黃傳景。2004。利用排遺 DNA 標定法探討金門地區水獺之族群遺傳結構與雌雄播遷模式之差異。國立臺灣大學生態學與演化生物學研究所碩士論文。
- 高章肇。2002。臺灣梅花鹿微衛星序列之研究。中央警察大學鑑識科學研究所碩士論文。
- 趙榮台、方國運。1988a。臺灣野豬之生態與行為研究(一), 第 35-36 頁。77 年生態研究報告第 009 號, 第 51 頁。行政院農委會。
- 趙榮台。1988b。臺灣野豬的生物學初探。林試所研究報告季刊 3(1): 353-362。
- Brown, D. M., R. A. Brenneman, K. P. Koepfli, J. P. Pollinger, B. Mila, N. J. Georgiadis, E. E. Louis Jr, G. F. Grether, D. K. Jacobs, and R. K. Wayne. 2007. Extensive population genetic structure in the giraffe. *BMC Biol.* 5: 57.
- Chang, W. H., H. P. Chu, Y. N. Jiang, S. H. Li, C. H. Chen, K. J. Chen, C.

- Y. Lin, and Y. T. Ju. 2009. Genetic variation and phylogenetics of Lanyu and exotic pig breeds in Taiwan analyzed by 19 microsatellite markers. *J. Anim. Sci.* 87: 1-8.
- von den Driesch, A. 1976. A Guide to the Measurement of Animal Bones from Archaeological Sites. Peabody Museum Bulletin, Bulletin 1. Harvard University, Massachusetts, USA.
- Endo, H., S. Maeda, D. Yamagiwa, M. Kurohmaru, Y. Hayashi, S. Hattori, Y. Kurosawa, and K. Tanaka. 1998. Geographical variation of mandible size and shape in the Ryukyu wild pig (*Sus scrofa riukiuanus*). *J. Vet. Med. Sci.* 60: 57-61.
- Endo, H., Y. Hayashi, K. Yamazaki, M. Motokawa, J. C. K. Pei, L. K. Lin, C. H. Chou, and T. Oshida. 2002. Geographical variation of mandible size and shape in the wild pig (*Sus scrofa*) from Taiwan and Japan. *Zoological Studies* 41: 452-460.
- Endo, H., Y. Hayashi, M. Sasaki, Y. Kurosawa, K. Tanaka, and K. Yamazaki. 2000. Geographical variation of mandible size and shape in the Japanese wild pig (*Sus scrofa leucomystax*). *J. Vet. Med. Sci.* 62: 815-820.
- FAO. 2004. Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans. Measurement of Domestic Animal Diversity (MoDAD): Recommended Microsatellite Markers. <http://dad.fao.org/cgi-bin/getblob.cgi?sid=59253a437cbea40e38a81682a1e805ee,50005882> Accessed Apr. 6, 2005.
- Groves, C. P. 1997. Taxonomy of wild boar (*Sus*) of the Philippines. *Zool. J. Linn. Soc.* 120: 163-191.
- Grant, A. 1986. The Use of Tooth Wear as A Guide to the Age of Domestic Ungulates. *Bar British Series* 109, pp.91-108.
- Jiang, Y. N., C. Y., Wu, C. Y. Huang, H. P. Chu, M. W. Ke, M. S. Kung, S. H. Li, K. Y. Li, Y. Wang, and Y. T. Ju. 2008. Inter-population and intra-population maternal lineage genetics of Lanyu pig(*Sus scrofa*) by analysis of mitochondrial *cytochrome b* and control region

- sequences. *J. Ani. Sci.* 86: 2461-2470.
- Kumar, S., K. Tamura, and M. Nei. 2004. MEGA3: Integrated software for Molecular Evolutionary Genetics Analysis and sequence alignment. *Brief. Bioinform.* 5: 150-163.
- Kuroda, N. 1935. Formosan mammals preserved in the collection of Marquis Yamashina. *J. Mamm.* 16: 277-291.
- Marshall, T. C., J. Slate, L. E. B. Kruuk, and J. M. Pemberton. 1998. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Mol. Ecol.* 7: 639-655.
- Mcrae, B. H., P. Beier, L. E. Dewald, L. Y. Huynh, and P. Keim. 2005. Habitat barriers limit gene flow and illuminate historical events in a wide-ranging carnivore, the American puma. *Mol. Ecol.* 14: 1965-1977.
- Mulligan, C. J. 2005. Isolation and analysis of DNA from archaeological, clinical, and natural history specimens. *Method. Enzymol.* 395: 87-113.
- Nei, M. and S. Kumar. 2000. *Molecular evolution and phylogenetics.* Oxford University Press.
- Rolett, B. V. and M. Y. Chiu. 1994. Age estimation of prehistoric pigs (*Sus scrofa*) by molar eruption and attrition. *J. Archaeol. Sci.* 21: 377-386.
- Rozas, J., J. C. Sánchez-Delbarrio, X. Messeguer, and R. Rozas. 2003. DNASP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics* 19: 2496-2497.
- Takezaki, N. and M. Nei. 1996. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics* 144: 389-399.
- Vernesi, C., B. Crestanello, E. Pecchioli, D. Tartari, D. Caramelli, H. Hauffe, and G. Bertorelle. 2003. The genetic impact of demographic decline and reintroduction in the wild boar (*Sus scrofa*): A microsatellite analysis. *Mol. Ecol.* 12: 585-595.
- Watanobe, T., N. Okumura, N. Ishiguro, M. Nakano, A. Matsui, M. Sahara, and M. Komatsu. 1999. Genetic relationship and distribution

of the Japanese wild boar (*Sus scrofa leucomystax*) and Ryukyu wild boar (*Sus scrofa riukiuanus*) analysed by mitochondrial DNA. Mol. Ecol. 8: 1509-1512.

附錄一

野豬養殖場問卷及基本資料記錄

2009.7.21 版

一、 養殖場基本資料

1. 名稱：_____ 2. 飼主姓名：_____ (飼養年資： 年)
3. 地點：_____ 縣 _____ 鄉 _____ 村(其它描述：_____)
4. 聯絡電話：_____ 5. 型態： 獨立/住家旁 _____
6. 飼主學經歷 _____

二、 飼養環境

6. 飼養場分區？ ___無， ___有： _____
13. 飼養面積與地面： _____ 14. 屋頂有無： _____
15. 其它描述及平面示意圖：

三、 飼養山豬組成及目的

16. 飼養頭數：純成公 _____ 純成母 _____ 純仔 _____ (公 母 _____)，共純 _____
家成公 _____ 家成母 _____ 家仔 _____ (公 母 _____)，共家 _____
混成公 _____ 混成母 _____ 混仔 _____ (公 母 _____)，共混 _____
品種不詳：成公 _____ 成母 _____；公仔 _____ 母仔 _____；性別不詳 _____
配幾代？ 如何配？ _____
其它補充描述： 一共養了 _____ 隻。 _____

17. 野豬來源及年紀：

F	sex	品種	隻數	來源	來源地點	始養年紀	養多久	備註

《填表說明》

「F」—表在本養殖場之第 n 代；「品種」--指純、家或混種；「來源-」-則需填代號：1 為自野外捕捉的，2 為暫時交換或借種，3 為買自其它養殖場，4 為自行繁殖的，5 為其它，但請於備註說明；「來源地點」--於野外捕捉者則指其捕捉點，如某山或某林道 nk 處，來自其它養殖場的則寫縣市鄉鎮名；「備註」處，請盡可能給予豬隻編號，配合其籠舍配置圖。購買者則於此註明當時之購買價格，種豬也需特別標明。

18. 養殖目的：___賣種豬； ___賣仔豬； ___賣豬肉； ___養大自己吃； ___親友寄養； ___當種豬配種用； ___其它：_____

四、販賣概況

19. 販售價格：（以前是指：_____）

個體狀況	內	容	以前價格(元/單位)	現在價格(元/單位)
(1).	_____	_____	_____	_____
(2).	_____	_____	_____	_____
(3).	_____	_____	_____	_____
(4).	_____	_____	_____	_____
(5).	_____	_____	_____	_____

（註：個體狀況及內容指如：仔豬活體、公豬頭或獠牙、整隻帶骨肉、去骨肉、種豬等，另仔豬請特別註明是多大的豬）

20. 販賣管道：自產自銷/定期批給山產店/餐廳會來買/其它_____

21. 販賣對象：同行/遊客/山產店/餐廳/其它_____
22. 購買目的：吃/配種/當寵物/轉賣再賺一手/其它_____
23. 銷售情形：目前(今年)平均每月賣出____隻(最多：__隻；最少：__隻)
 _____品系、_____年齡最好賣，因為：_____
 _____品系、_____年齡最難賣，因為：_____
 以_____時賣得最好，當時_____隻/年 或 月
24. 對未來販賣發展的看法：價格—會降價/會漲價/不會有太大變動/不知道
 _____會繼續養，因為：_____
 _____不會繼續養，因為：_____
 養殖規模打算—再擴充/縮小/還不想變/不知道

五、飼養經驗與動機

25. 仔豬死亡率：_____ (一胎 _____ 隻：_____)
26. 死亡原因：_____
27. 繁殖成功率：_____
28. 覺得好不好養？_____ 純野豬；_____ 雜交種；_____ 家豬
29. 是否偏好雜交豬？_____，原因：_____
30. 曾發生過疾病？_____否；_____是，病名：_____ 結果：_____
31. 餵食食物種類：_____ (來源：_____)
 覺得成本高嗎？是 / 否 成本：_____元/月
 有特別配方嗎？無/有，_____時，或加_____
32. 曾發生過養殖山豬逃逸事件嗎？無/有，是_____品系公/母/仔豬，有/無回來。
 有，是_____品系公/母/仔豬，有/無回來。
33. 特殊心得及其他記事：

附錄二、19 個下顎骨量測項目及縮寫

LA	下顎投影長	Length from the angle to anterior-most point of symphysis
LC	外側髁突至內側門齒間齒齦前最高點	Length from the condyle to anterior-most point of symphysis
AHR	下顎骨枝的外側高度	Aboral height of the vertical ramus
OHR	下顎骨枝的內側高度	Oral height of the vertical ramus
MHR	下顎骨枝的中央高度	Middle height of the vertical ramus
HM1	第一白齒齒槽高度	Height of the mandible at M1
HG	頷下點高度	Height of the mandible at Gnathion
LS	下頷長	Length of symphysis
LR	下顎枝寬度	Length of the ramus between the angle and M3
LCA	犬齒齒槽最大直徑	Length of canine alveolus
BI	第三門齒末端間寬度	Breadth at caudal point of I3
BC	兩犬齒齒槽間寬度	Breadth at canine alveoli
LBM	下顎骨最小寬度	Least breadth of the mandible
BLP	兩彎曲點內側寬度	Breadth of 2 halves between the most lateral points of the 2 angles
BCP	兩髁突間寬度	Breadth of 2 halves between the condylar processes
BML	髁突寬度	Breadth between medial and lateral points of the condylar process
TC	髁突厚度	Thickness between rostral and caudal points of the condylar process
BML	第一白齒間寬度	Breadth of the mandible at M1
TM	第一白齒中央下顎骨厚度	Thickness of the mandible at middle point of M1

附錄 三

期中審查意見及回覆

一、本案資料收集豐富。

回覆：本團隊自 2005 年起對遺傳多樣性進行研究，研究經歷尚淺，還須各界前輩給予本團隊指教。

二、樹型結構可利用其他分析方式一起比較分析。

回覆：遵照辦理。已加入網絡分析圖（network）合併比較（圖 5 與圖 6）。

三、是否可加入其他分子標記，如 Y 染色體的分子標記一起探討？

回覆：目前在 NCBI 上傳有關豬種的 Y 染色體序列僅 36 個，而其中包含了 11 個不同的區域，在比較 single nucleotide polymorphism(SNP) 的方式對於樣本進行遺傳多型性的研究上，其樣本數量目前尚屬缺乏。挑選適合的分子標記對於探討遺傳多型性頗為重要，不管是對於染色體或者是 Y 染色體上面有哪些特定的區域可以進行多型性研究，本團隊仍在評估中，目前著重於粒線體 D-loop 與微衛星間的相關性比較，感謝委員提供寶貴的意見。

四、樣本數的掌握及分析狀況可加以說明。

回覆：遵照辦理。本報告在粒線體 D-loop 的比較、頭骨量測以及微

衛星標記分析結果有針對採集的樣本來源進行分析結果的描述。

五、建議樣本之選擇盡量以本處轄區內樣本為主。

回覆：遵照辦理。新增樣本來源為國家公園邊境之東埔村，已算接近國家公園轄區，另外對於大分山區內的樣本採集也已和屏東科技大學黃美秀老師團隊達成共識，只是目前在野外可以觀察到的台灣野豬活動痕跡數量非常少，若有發現野豬樣本會協助收集轉交給予本團隊進行分析。

六、梅山豬是指何處的豬種？

回覆：梅山豬原產於中國大陸，屬於江海型豬種，其特色為具有高繁殖性能。我國政府於1994年自日本引進梅山豬進行試驗，並將梅山豬族群保存於畜產試驗所。本試驗所使用之梅山豬樣本即來自畜產試驗所。

七、台灣豬種與梅山豬的分歧時間為何？

回覆：分子時鐘之計算式為 $T = K/2r$ ，其中 T 代表兩物種之分歧時間 (divergence time)，單位為年， r 為核苷酸取代速率 (substitution rate)，根據參考文獻指出， $r = 1.5 \times 10^{-7}$ 至 1×10^{-8} substitutions/site/year (Wu et al., 2007)，而 K 代表兩物種之序列差異 (Sequence divergence)，藉由 D-loop 片段核苷酸多型性差異，可得知臺灣野豬與梅山豬之 $K = 0.00879$ ，代入分子時鐘之計算式可得臺灣野豬與梅山豬之分歧時間 29300 至 439500 年前，而分子時鐘之

計算分歧時間相當有爭議，選用之核苷酸取代速率不同，會嚴重影響分歧時間的多寡，較精確的方式是利用考古遺址化石，利用已知距今時間樣本校正親緣關係樹的時間軸，方可得到較為精準的物種分歧時間點。

附錄 四

期末審查意見及回覆

一、研究成果及收集之標本可作為解說教材，提供管理處使用或展示。

回覆：遵照辦理，不過目前在東埔地區收集到的頭骨已有風化現象，待日後收集到更完整之頭骨提供管理處使用與展示。

二、藉由糞便之收集應可增加樣本之收集，故對此方面之保存及萃取技術可再加以研究。

回覆：遵照辦理。由排遺樣本進行 DNA 萃取除了本試驗室建立的步驟外，亦參考其他文獻使用排遺 DNA 進行試驗的方法，目前尚在進行測試，期望可以找出最適合由野豬排遺抽取 DNA 的方式。

三、針對原住民目前飼養狀況是否有些對策或建議，以防範或減少其逃逸的機會，減少污染。

回覆：由於台灣野豬屬於非保育類，在原住民部落中飼養情形還算普遍，最根本的問題還是在於使原住民瞭解外來基因滲入台灣野豬族群對於其原住民文化衝突的重要性，使有飼養台灣野豬的原住民自己有野豬逃逸會影響原住民文化的意識，這樣在飼養野豬時自己會特別注意防範野豬逃出。

四、由目前遺傳特性之調查，是否有熱點值得特別保護或經營管理。

回覆：依照目前的數據仍無法找到有關的熱點，不過在大分地區青剛櫟結果的季節，該地區台灣野豬出現的機會較高。目前已與屏東科技大學黃美秀老師團隊合作，取得在大分地區採集的台灣野豬排遺樣本 34 件，待 DNA 分析結果出來之後與台灣野豬出現頻率對照，應可找

出其相關性。

五、口頭報告資料豐富，惟與紙本有所差異，宜在定稿本中加入。

回覆：遵照辦理。定稿本中已更新資料。

六、圖表中英文代號無文字說明，或可將文字代號名錄及參考圖表列於附錄。

回覆：遵照辦理，已將英文代號與全名詳列於附錄中。

七、為增加未來樣本數之收集，是否有可能在未來建立獵物檢查機制，以持續提供品系檢測的樣本。

回覆：狩獵對於原住民傳統文化極具代表性，建立獵物檢查機制除了可以增加受測樣本外，亦可以建立台灣野豬的遺傳基因庫，未來並可回饋給原住民使其瞭解她們所狩獵的台灣野豬與其他豬種間的差異。建立獵物檢查機制仍須和當地原住民取得共識，使其瞭解該機制對他們本身有益，而後並詳細規劃而實施。

八、研究成果漸趨完整，可適度提供國家公園相關建議。

回覆：本調查案有一大目標在於探討外來基因滲入台灣野豬的情況，建議首先還是教育有與台灣野豬接觸的原住民或是當地居民此基因滲入現象的嚴重性，有共識後要推行防止外來基因滲入台灣野豬族群的情形可以更順利。目前可由本計畫主持人經演講的方式進行觀念建立。

九、緒論內似乎缺少研究目的或主要執行項目的說明，建議補充。

回覆：遵照辦理，已於緒論中補充研究目的。

十、頭骨量測部份之圖、文說明，如縮寫應表列，並於文章內中文與縮寫對應，應可更清楚。

回覆：遵照辦理，縮寫已詳列於附錄中。

十一、部份頭骨量測的個體似乎沒有進行分子鑑定，是否有可能並非純種臺灣野豬？

回覆：更新數據後，有量測的個體皆已進行分子鑑定，且皆為純種臺灣野豬。

十二、表格的清晰度不佳（如，表 5）建議重新整理。

回覆：遵照辦理，已更新。

十三、圖 6 中的基因單套型的代號請與內文一致，此外口頭報告與書面資料不一致，請修正。

回覆：遵照辦理，已修正。

十四、親緣關係樹中請標記重複取樣的次數，此外，如何解釋 bootstrap 值偏低的原因。

回覆：由於原本分析的方式是使用較廣泛的分析方式，故 bootstrap 值較低。更新後使用 Bayesian 分析方式，經由後驗機率（posterior probability）提高其分支支持度。

十五、是否有野豬的相關生態資料，以推論族群遺傳結構的分化？

回覆：

有關臺灣野豬的文獻除了在緒論中有列出的外，對於臺灣野豬的遺傳

結構目前則無相關文獻。歐洲野豬的遺傳研究則像是 Scandura 在 2008 年發表的文獻說明藉由粒線體以及微衛星標記探討位於歐洲不同地區野豬的遺傳結構以及地理親緣關係。

十六、部份內文文獻引用的格式不一致，建議修正。

回覆：遵照辦理，已修正。

十七、圖 7 與圖 9 的樣本數不一，請說明或修正。文中 54 個樣本數來源（野外或圈養）請補充說明之。

回覆：圖 7 中的樣本除了台灣野豬 28 頭外，還有蘭嶼豬 39 頭，梅山豬 32 頭，桃園豬 33 頭，圖 9 則是針對帶有台灣野豬或蘭嶼豬粒線體共 67 頭個體進行分析，以探討台灣野豬中遭受蘭嶼豬基因污染的可能性，故此二圖的樣本數目不同。文中 54 個樣本來源說明已補充於表 1。