

玉山國家公園東部園區偶蹄目監測  
與中小型食肉目動物分布調查

Artiodactyla Monitoring and Small to Medium-sized  
Carnivore Survey at the Eastern Area of  
Yushan National Park

受委託者：國立東華大學

計畫主持人：吳海音

計畫助理：劉曼儀

玉山國家公園管理處

中華民國 98 年 12 月

該研究報告非本處立場、僅供參考



## 目次

表次	III
圖次	V
摘要	VII
第一章 緒論	1
第二章 研究方法	3
第一節 研究地描述	3
第二節 調查方法	5
第三節 監測資料分析	7
第四節 排遺分析	9
第三章 結果與討論	15
第一節 沿線調查	15
第二節 自動相機記錄	18
第三節 食肉目動物排遺分析	20
第四章 綜合討論與建議	51
第一節 綜合討論	51
第二節 建議	53
謝辭	55
參考書目	57
附錄一 期中審查會議紀錄	67
附錄二 期末審查會議紀錄	68

玉山國家公園東部園區偶蹄目監測與中小型食肉目動物分布調查

表次

表 1-1	不同區段五種動物見聞與排遺—拱痕的 紀錄頻度 . . . . .	24
表 3-1	不同區段五種動物見聞與排遺—拱痕的 紀錄頻度 . . . . .	25
表 3-2	各次沿線調查於不同區段紀錄到 食肉目動物的排遺數量 . . . . .	25
表 3-3	食肉目動物排遺 DNA 分析之 PCR 成功率與 定序成功的數目 . . . . .	26
表 3-4	食肉目動物排遺外觀判定與 DNA 鑑種結果對照 . . . . .	27

# 玉山國家公園東部園區偶蹄目監測與中小型食肉目動物分布調查

## 圖次

圖 2-1	調查路線圖	12
圖 2-2	自動相機設站位置圖	13
圖 3-1	各次沿線調查中有個別物種活動跡象之 路段單位的分布圖	28
圖 3-2	沿線調查去程中動物痕跡紀錄的頻度	30
圖 3-3	由外觀上判為食蟹獾與貂科動物排遺的 月份與區段分布	34
圖 3-4	由外觀上判為食蟹獾與貂科動物排遺在 各路段單位上出現的情形	35
圖 3-5	各區段自動相機設站對個別動物 有效紀錄的日均頻度	36
圖 3-6	個別物種在各區段自動相機設站的出現率	42
圖 3-7	12S rRNA 基因之演化樹 (Neighbor-joining tree)	45
圖 3-8	外觀判定為食蟹獾、貂科與不明排遺之 空間分布	46
圖 3-9	DNA 判定為食蟹獾與黃喉貂排遺之 空間分布	47
圖 3-10	食肉目動物排遺分析結果	48
圖 3-11	外觀上具差異之兩種食肉目動物排遺 的分析結果 (相對頻度百分比)	49

# 玉山國家公園東部園區偶蹄目監測與中小型食肉目動物分布調查

## 摘 要

關鍵詞：偶蹄目動物、食肉目動物、遺傳種別鑑定

### 一、緣起

多樣而豐富的偶蹄目動物，是玉山國家公園東部園區野生動物資源的特色，更是過往此區資源監測的重點。偶蹄目動物的數量與活動會影響植被，而又易受人為活動的干擾，有長期監測的必要。近年來東部園區的中小型食肉目動物數量有增加的趨勢，但目前缺乏此區中小型食肉目動物的相關生態資訊及基礎調查。基於上述，本計劃延續過往的監測程序，對此區的偶蹄目動物進行監測，並對食肉目動物進行分布與相對數量的調查。

### 二、方法及過程

採沿線步行調查與自動相機記錄兩種方式，對瓦拉米到大分山區進行監測調查。自 2009 年 4 月至 11 月間每月進行一次沿線調查，紀錄沿線所見的動物活動跡象，並利用紅外線感應自動相機，拍攝並記錄出現的物種、性別、數量與時間。在此期間，共計佈設 23 個自動相機樣站。此外，利用沿線調查採集到的食肉目動物排遺，萃取 DNA，以特定引子增幅 12S rRNA 基因，利用序列的種間差異，辨識排遺所屬種類，並取部份排遺檢視內含物以進行食性分析。

### 三、重要發現

沿線調查所得各區段動物排遺痕跡紀錄量與其在各區段內分布的普及性一致，而遊客的出現或踩踏、豪大雨的沖刷、及步道沿線的除草作業，會影響排遺在路徑上的存留狀況及動物在路面上的活動。依外觀與內含物暫判為獾與貂類排遺的數量以後者為多，各月份中四至五月及十一月時量多，四月及五月時，抱崖段貂類排遺較多，而十一月時獾類排遺量低。自動相機紀錄的季日均頻度以山羌與台灣獼猴最高，水鹿的季節變化大，食肉目動物中的食蟹獾與白鼻心在瓦拉米段的紀錄較多，黃喉貂在四區段間相近。動物在各區段設站的出現率仍是以山羌

## 玉山國家公園東部園區偶蹄目監測與中小型食肉目動物分布調查

較高，台灣獼猴次之。動物在各區段的出現率有隨季節變遷逐漸下降的趨勢。

比較兩種方法所得資料，山豬的紀錄最少，自動相機記錄到食蟹獾、白鼻心與鼬獾的數量相近，黃喉貂的數量多於黃鼠狼，但沿線調查少見白鼻心與鼬獾。

食肉目排遺鑑種結果顯示食蟹獾排遺較易成功鑑種，而黃喉貂排遺易萃取出其獵物的 DNA。目前所用遺傳分子鑑種技術的效率有待改進，而此法尚可用以鑑定動物取用的獵物種類。

### 四、主要建議事項

加強分子生物技術於野生動物管理上的運用及相關技術的研發，加強山豬、水鹿與黃喉貂等族群量變遷中物種的調查研究與保育管理。

## 英文摘要

The eastern area of the Yushan National Park abounds with wildlife with the artiodactyla and carnivora being the most prominent groups. Herbivory and trampling by artiodactyla would exert influence on vegetation, and their abundance and activity in turn are susceptible to human interference. Therefore, long-term monitoring of the population status and their effects on habitat are needed. The small to medium-sized carnivores were the least known wildlife in this area due to their elusive nature, nocturnal habits and low densities. Recently, carnivore tracks and signs became more easily seen along the trail. However, there was difficulty in species identification for most of the carnivore feces found in the field. This study aims to monitor the status of artiodactyla species and to discern the carnivore species inhabiting the area. The monitoring program was employed by sign counts and infrared-triggered cameras. Carnivore feces found during the survey were collected for genetic and diet analysis. Species were determined by the sequences of 12S rRNA gene of mitochondrial DNA extracted from fecal samples. Diet of carnivores were studied by fecal analysis. The results showed the amount of the signs of a given species parallels to the spread of signs along the trail. Tourists, heavy rain and mowing interfered the persistency of fecal pellets and activity of wildlife along the trail. Mustelid-type feces were more abundant than mongoose-type feces and the spatial and seasonal occurrence of the two types of feces varied. Daily capture rates by automatic cameras and rate of occurrence on camera stations were the highest for *Muntiacus reevesii* and *Macaca cyclopis*. Among carnivore species, camera capture rates were higher for *Herpestes urva* and *Paguma larvata* in Walami section and the camera capture rates of *Martes flavigula* were similar in the four sections. *Sus scrofa* was the least recorded species by either

method, while less *Paguma larvata* and *Melogales moschata* were found by signs and tracks survey than by camera recording. Success rate in genetic species identification of the fecal samples was higher for *Herpestes urva*. However, DNA of the preys eaten by *Martes flavigula* were more readily extracted from feces. The molecular technique of genetic species identification employed in this study awaits further improvement. The technique can also be applied to ascertain the prey species for carnivorous mammals.

Keywords: artiodactyla, carnivora, monitoring surveys, track surveys, automatic camera surveys, genetic species identification, diet

## 第一章 緒 論

玉山國家公園東部園區擁有豐富的野生動物資源豐富，在台灣的中大型哺乳動物（包括偶蹄目、食肉目與屬靈長目的台灣獼猴）中，除麝香貓、石虎與雲豹外，其他種類在此區皆有出現紀錄。過往對玉山國家公園東部園區的動物研究與監測，以台灣黑熊生態研究及偶蹄目動物監測為主。上述的研究與監測計畫，揭示了黑熊存續與森林生態系間的密切關係，同時確認了本區域偶蹄目動物分布上的種間差異。偶蹄目動物的取食與踩踏會影響植物生長與植群演替，而其數量與分布又會受到獵捕、工程與遊憩等人為活動的影響。基於資源保育與管理的需求，對偶蹄目動物的長期監測有其必要性。

除去偶蹄目動物之外，本區食肉目動物群聚的種類豐富。食肉目動物居於營養階層的高層，存續仰賴低階消費者的供養，其捕食又控制著獵物族群的數量。擁有種類多樣食肉目的生態系，多為結構完整的生態系，而具保育與研究價值。然而，過去在此區僅有對台灣黑熊的長期研究，對其他中小型食肉目動物的相關資訊，則十分缺乏。

近年來玉山國家公園東部園區食肉目動物的數量有上升的趨勢，且出現位置可及接近登山口的步道區段。除去監測調查中食肉目動物活動紀錄漸增之外，在本區活動的登山客、工人、與保育巡查人員目擊食肉目的頻度亦有增加的趨勢。這些出現與發現頻度逐漸增加的活動跡象，提供了進一步調查與研究食肉目動物的機會與必要性。

食肉目動物的習性較為隱密，且族群量較低，調查不易。過去對食肉目動物的調查與研究，多利用對排遺的辨識與分析，以取得物種與其分布的資料，及對其食性的瞭解。然而，近年來國內外研究陸續發現，利用食肉目動物排遺的外觀與內含物判別物種上的限制與問題。食性上有重疊的共域物種，排遺的外觀與內

含可能十分相近，而同種的異域族群，則可能因為食物資源的差異而有不相似的排遺。

過去在玉山國家公園東部園區的動物監測調查，主要是利用沿線調查與自動相機記錄食肉目動物的出沒與活動，其中不乏食肉目動物的紀錄，只是兩種方法調查所得結果有所分歧。在沿線調查中，若依循國內相關野生動物調查技術手冊辨識排遺所屬種類，則會將許多捲曲而含毛骨的排遺判為黃鼠狼的排遺，然而自動相機記錄到黃鼠狼的頻度甚低。此外，沿線調查中還蒐集到許多排遺，無法依過往經驗辨別種類所屬，致使無法對食肉目動物進行監測。

近年分子生物技術的發展，使研究人員可由多種檢體中，萃取增幅遺傳物質。如屍骸、毛皮、頭髮、體或血液、排遺、尿液等檢體，作為遺傳物質的來源。相關技術也被應用於野生動物的調查與研究工作上，對動物活動後留下之排遺或毛髮進行遺傳分析，分辨種類、性別、個體、與取食之物種的種類等，為調查監測、族群估算、行為與生態等研究提供重要的資訊。為避免種類上的誤判，目前學界逐漸改採分子生物的技術，對排遺或利用特殊陷阱採集到的獸毛，進行種類的確認。

基於上述，本計畫延續過往的操作方式，持續對玉山國家公園東部園區中大型哺乳動物進行監測，並嘗試建立對排遺鑑種的分子技術，以運用於食肉目動物的監測及食性研究。

## 第二章 研究方法

### 第一節 研究地描述

本計畫的調查與監測範圍於玉山國家公園的東部園區。此區屬花蓮縣卓溪鄉拉庫拉庫流域的南岸，有八通關日據越嶺道橫貫此區。

調查路線包括南安登山口（海拔高約300公尺）至大分沿線約40公里，及大分山區的山徑（圖2-1）。南安至大分間的路徑經佳心、黃麻、瓦拉米、土沙多、石洞、抱崖、新康等駐在所，緩升至海拔約1750公尺的多美麗，而後爬升至海拔2000公尺的稜線頂，再緩降至海拔1300公尺的大分。將這段路程依夜宿地點區分為三區段：登山口至13.5K的瓦拉米區段、13.5K到27.5K的抱崖區段、及27.5K到40K的大分區段。大分山區的山徑有三條，大分上、大分北與大分S1段，總長約5公里。大分上段為一環形的調查路線，長約2公里；大分北段自大分山屋往北，為八通關越嶺古道的一段，樣線長2公里；大分S1段自大分下部落下切至拉庫拉溪溪邊，長約1公里；大分S2段，起自橫渡拉庫拉溪後溪岸旁之二葉松林，迄於大分溫泉，長約1.5公里。

調查路線兩側的植被以常綠闊葉林、針闊葉混生林、落葉林與草生地為主。闊葉林出現在步道 18.5K 以前海拔較低之區段，主由樟科楠屬之樹種組成；針闊葉混生林出現於其後海拔較高區段，以紅檜（*Chamaecyparis formosensis*）、五葉松（*Pinus morrisonicola*）、二葉松（*Pinus taiwanensis*）、台灣杉（*Taiwania cryptomerioides*）與威氏帝杉（*Pseudotsuga wilsoniana*）等針葉樹種與森氏櫟（*Quercus mori*）與青剛櫟（*Cyclobalanopsis glauca*）等殼斗科樹種為主。步道沿線交雜有小片的造林地，登山口附近部分路段有廣東油桐（*Aleurites montana*）造林地的分布，14.5K 以前步道兩側交雜有杉類與檫木等人造林，造林的杉樹種類以柳杉（*Cryptomeria japonica*）、台灣杉與紅檜為主，14.5K 以後區段是以天然林為主的天然闊葉混生林，大分附近、大分上、大分 S1 及部分大分北路段有松

# 玉山國家公園東部園區偶蹄目監測與中小型食肉目動物分布調查

類造林地。

## 第二節 調查方法

在動物監測上採行沿線步行調查與自動相機記錄兩種方式。沿線調查的頻度依區段而異，每月對瓦拉米與抱崖區段進行一次調查，另每季進入大分山區一次。進行沿線調查時，以每小時兩公里的速度步行，沿途搜尋與記錄中大型哺乳動物（含靈長目、食肉目與偶蹄目動物）的出現與活動痕跡。區分並記錄動物種類與活動跡象類別、數量、發現時間，並以衛星定位儀記錄發現地點的 GPS 座標。每次調查時對瓦拉米、抱崖與大分三段分去程與回程分別記錄沿線所見的動物活動跡象，對大分山區四山徑路段的記錄則僅有單程的記錄。

動物活動跡象分見聞與痕跡兩大類，見聞記錄包括目擊動物與聽到叫聲，痕跡記錄則以排遺為主，其他尚包括足印、食痕、屍體或殘骸、黑熊的爪痕或折枝、山豬的拱痕、水鹿的磨角或啃食痕跡、山豬或熊的窩或棲臥處等。目擊動物或聽到動物叫聲時，判斷可偵測到的個體數，及動物距離道路的遠近（距離二十公尺以內為近）。對於排遺，以外觀平滑與濕潤的程度判斷新鮮度（新鮮者約為一日內的排遺），並在記錄後移除，以避免重複計數。偶蹄目動物的排遺或是多粒成堆出現，或是短距離間隔出現的單粒排遺，對前者以一堆為一筆記錄，對後者則視連續出現者為一筆記錄。對足印、食痕與山豬拱痕的記錄，則將相鄰出現者合併為一筆記錄。

自動相機記錄是藉由沿線架設的紅外線感應自動相機，拍攝並記錄到影像的物種、數量與時間，作為調查與監測的資料。所使用的自動相機分傳統（使用底片）與數位相機兩種，而數位相機又分僅照相紀錄與照相後可持續錄影的兩種。對後者，在本調查中設定於照相後錄影一分鐘，以供檢視動物後續的行為。受到相機數量、研究區地形的限制、及動物對自動相機可能的趨避行為，架設相機之樣點的選擇以獸徑與窪地水窟等為主。

在監測調查上，自 2009 年 4 月至 11 月間每月進行一次沿線調查，及更換

與讀取自動相機的電池、底片與記錄。在此期間，共計佈設 23 個自動相機樣站（圖 2-2），相機間距離在五百公尺以上。

在食肉目動物部份，利用沿線調查採集到的食肉目動物排遺，作為排遺分子鑑種與辨識技術建立的樣本，並取部份排遺檢視內含物以進行食性分析。採集排遺時，同時紀錄排遺外觀（如顏色、乾溼、軟硬、可辨識的內容物等），在其旁邊放置比例尺後照相，以供後續測量長度與寬度。並依據排遺外觀與內容物進行初步辨識。將含多量果實的排遺視為白鼻心的排遺，直條而有昆蟲或甲殼類動物碎片的為食蟹獐的排遺（獐狀排遺），捲曲而含毛骨或花粉團的為貂科動物（黃鼠狼與黃喉貂）的排遺（貂狀排遺），體積大而有動物或植物性食物的為黑熊的排遺。除黑熊外，對其他三種動物排遺的確認，有待分子鑑種技術的運用。對較新鮮的排遺，以棉花棒取兩毫升浸泡於 95% 的酒精中，作為 DNA 鑑種分析的樣本。

對食肉目動物排遺的採集工作，以每兩週一次為原則，除配合固定監測調查外，另視天候與排遺蒐集量調整之。

### 第三節 監測資料分析

對沿線調查資料的分析上，有鑒於適用於調查與偵測各類動物的活動痕跡有別，在分析時將活動跡象分為代表動物當下出現的見聞（目擊與叫聲）記錄，與會在野外留存一段時間，可代表動物曾經出現過的痕跡記錄（包括排遺、拱痕、足印、食痕、窩或棲息處等）。另對沿線發現的動物屍體，亦記錄種類與發現時的狀況。在痕跡紀錄中，以排遺佔大多數，而山豬則會留下拱土的痕跡。這兩類痕跡是多種動物出沒時留下的主要活動跡象，且在種類的分辨上較無疑慮，因此在對痕跡資料的分析上，除所有資料外，另取見聞與排遺拱痕資料，檢視時空與種間差異。

由於每次行程持續的日數不一，回程時路線上動物排遺等痕跡的數量，會受到去回程間相隔時間的影響。此外，每次調查中去程的進行方式較為一致，而回程的時間與速度則多差異。因此，對記錄的分析與呈現，區分全程與僅取去程資料兩種分式進行。

對沿線調查資料的分析上，對個別物種計算每次調查所得各路段單位之見、聞、與排遺-拱痕記錄量，以此計算各區段的痕跡記錄頻度，用以指示動物在各區段的相對活動量。

進行相機記錄的資料分析時，利用相機的照片與時間記錄，作為各樣站有無某種動物與其出現頻度分析的資料。以各次架設相機時之開機時間與相片上最後一張照片之時間顯示的間隔，計算該次的有效工作日。對個別樣站，合併同季中不同底片的工作日與資料。對季節的劃分，配合氣候與自動相機記錄的月份分布，以四月到六月為第一季，七月到九月為第二季，十月到十二月為第三季。

遇有短時間連續照到同種動物的情形時，若可判斷為不同個體，則區分為不同筆有效資料，若無法區別，則將相距不到十分鐘者視為重複紀錄，記為一筆有效資料。對各底片檢視並登錄各有效資料的動物種類、數量、性別與時間。分

析時僅計算有效資料筆數，不計算其中個體數。台灣獼猴經常成群活動，各猴群大小不一，此外，也有單獨活動的孤猴。然而，利用自動相機記錄到的獼猴記錄，無法區分孤猴與猴群，也無法對計數猴群大小，因此對獼猴的照片記錄不論其中個體數為何，皆視為一筆資料。

對自動相機的資料，計算某物種在各區段所有設站或各設站所有紀錄中出現的**出現率與日均頻度**，用以表示動物在區內分佈的普遍性，及在樣站或區內的相對活動量。**出現率**是以某動物出現的樣站數除以該區段的設站總數，**日均頻度**是以動物在相機記錄中的有效資料數除以有效工作日總和。

在所使用的兩種自動相機中，傳統相機受到電池電力與底片數的限制，有效工作日與有效紀錄皆少於數位相機。在資料分析時，對兩種相機皆合併各季於個別樣站取回的所有記錄，計算各次佈設的有效工作日與紀錄到的資料總數，進行上述各項計算。

國內其他利用自動相機進行的調查與研究中，會計算 OI 值—在相機樣站 1000 個有效工作時數中記錄到的有效資料數。OI 值與本報告使用的日均頻度都是動物相對出現頻度的指標，兩者間只有單位上的差異，前者的數值為後者的 41.7 倍。由於以日為單位的指標較符合動物日週性的活動特性，較易轉換成每天出現次數或幾日出現一次的理解，且國外文獻對自動相機記錄亦多以日為計量單位，故在此使用日均頻度呈現與分析資料。

## 第四節 排遺分析

對採集到的排遺樣本萃取 DNA，以特定引子增幅 12S rRNA 基因，利用粒線體 DNA 序列的種間差異，辨識排遺所屬種類。為補充網路資料庫內物種資訊的不足，並增加更多 12S rRNA 基因的資料，另萃取食肉目的肌肉組織，建立各物種 12S rRNA 基因的相關資訊。

### DNA 萃取

備製樣本時，以自然沉澱與離心，去除排遺樣本中的殘渣與微生物，以提高樣本的純度。隨後以 proteinase K 分解蛋白質，並以塩析及氯仿分離去除蛋白質，再添加 100% 酒精使 DNA 析出，以萃取 DNA。詳細步驟如下：

將保存於 95% 酒精中的排遺搖勻後靜置，待 1 分鐘大顆粒沉澱後，取上清液 1.5ml 置入離心管 (ependorf)。以 3200rpm (約 1000g) 離心 3 分鐘，去除上清液，並加入 STE buffer (500ul)，輕輕搖盪後，再以 5500 rpm (約 3000g) 離心 3 分鐘，去除上清液。每一樣本分別加入 TNE buffer (500ul)、proteinase K (12ul)、10% SDS solution (12ul)，混合均勻後置於乾浴槽以 56°C 加熱 3 小時。加熱結束後，加入 5M LiCl (300ul)，搖勻後以 12500 rpm (約 15000g) 離心 10 分鐘，取上清液並加入 Chloroform : Isoamyl alcohol (24 : 1) 混合液 600ul，緩慢搖晃 10 分鐘後，再以 12500 rpm 離心 20 分鐘。吸取上層水溶液 500ul 置於新的離心管，並添加冰的 100% 酒精 500ul，輕輕搖勻後以 12500 rpm 離心 20 分鐘，去除上清液後，再加入 70% 酒精 1ml 沖洗，以去除 DNA 中的雜質，再以 12500 rpm 離心 20 分鐘，去除上清液，真空乾燥後，加入 TE buffer 30ul 保存。

萃取肌肉組織的 DNA 時，先將小片肌肉約 20mg 置入含 100ul TNE buffer 的離心管中，將肌肉剪碎後，補上 400ul 的 TNE buffer，其他如添加 proteinase K、10% SDS 等後續步驟，則與排遺樣本相同。

## PCR 反應條件

初期參考相關文獻，採用通用於脊椎動物的 12S rRNA 基因引子 L1091 (5'-AAAAAGCTTCAAAGTGGGATTAGATACCCCACTAT) 與 H1478 (5'-TGACTGCAGAGGGTGACGGGCGGTGTGT) (Meyer 1993)。然而，由於所得片段僅約 450bp，雖尚可區別物種但可獲得的資訊較少，故改採自行設計之 12S rRNA 基因引子 L\_mam 與 H\_vert。此對引子在 PCR 增幅後可得到大小約 850bp 的片段，依定序品質約可得 600~700bp 的可信序列資料，以作為物種鑑定與物種專一性引子設計之用。兩組引子的 PCR 反應條件相同，總體積 20 ul，起始在 94°C 下反應 5 分鐘，使雙股 DNA 分離，隨後以 94°C - 30 秒、64°C - 30 秒與 72°C - 60 秒的順序重複 30 次，每次重覆時將 annealing 的溫度減 0.1°C，以增幅基因片段。上述程序結束後，再以 72°C - 10 分鐘與 4°C - 10 分鐘進行反應，以確保增幅基因片段的完整。取 PCR 產物 1ul 進行電泳膠分析，檢視是否成功放大目標片段。將成功增幅的 PCR 產物送陽明基因體中心進行定序，以定序結果進行鑑種與其他分析。

## 排遺樣本鑑種

將定序所得之序列資料以 Sequencher 4 進行人工校正後，再以 Mega 4 做 alignment，取 L1091 與 H1478 間所夾序列與 NCBI 資料庫中取得之山羌、黃喉貂、黃鼠狼與台灣黑熊的序列，及對相關單位典藏之食肉目動物肌肉樣本所得序列加以比對，以鑑別物種。另以此 402bp 片段計算各序列間之歧異度，再以 Neighbor-joining 的方法重複演算 1000 次 (bootstrap)，畫出各序列的演化樹型圖。

## 食性分析

於自野外採集的食肉目排遺樣本中，每月選取十份排遺進行食性分析。樣本的選取以含毛骨與含昆蟲兩類排遺各半為原則。利用網目 0.373mm 的篩網篩洗

排遺，將篩洗留下的碎片烘乾後秤重，並進行分類，紀錄碎片的類別及乾重。碎片的類別分為：哺乳動物的毛骨、鳥類的羽及骨、兩爬動物的鱗片與骨、節肢動物中的昆蟲與甲殼類、來自於蜂窩的花粉團、土團等類。

圖 2-1 調查路線圖

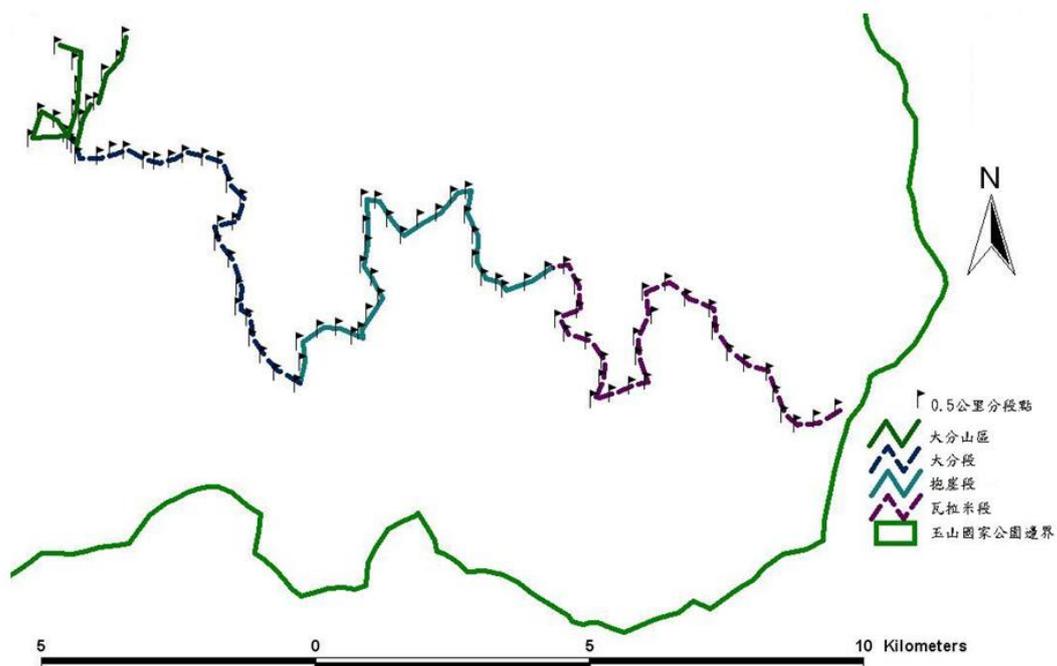
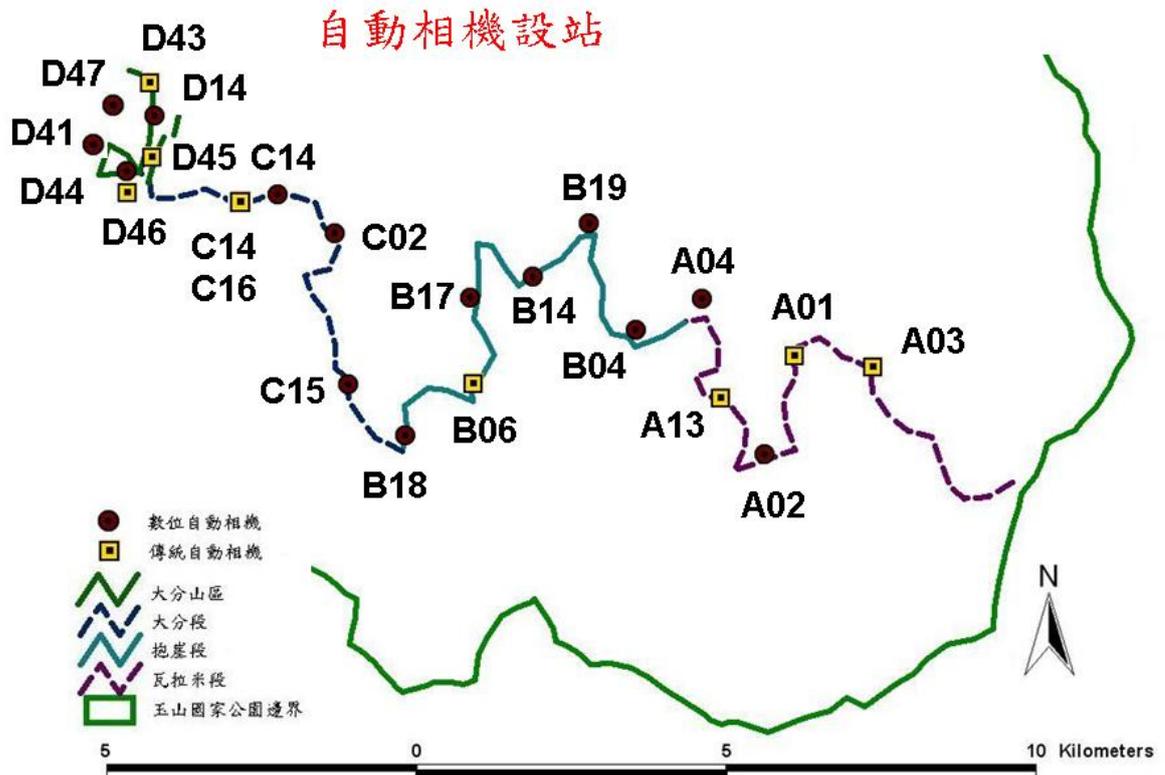


圖 2-2 自動相機設站位置圖



# 玉山國家公園東部園區偶蹄目監測與中小型食肉目動物分布調查

## 第三章 結果與討論

### 第一節 沿線調查

自今年四月起，每月進行一次沿線調查，共計進行八次。其中 5 月、9 月與 11 月進行瓦拉米到大分山區的全線調查，其他各月則調查瓦拉米與抱崖段。然而，六月與八月的調查受到豪雨與颱風影響，所得資料甚少，不列入後續分析。九月份也受到天候影響，無法完成對大分山區 S2 路線的調查。

#### 偶蹄目與靈長目

本年度各次調查所得偶蹄目與靈長目動物見聞與痕跡紀錄共 1795 筆（表 3-1）。整體而言，排遺與拱痕、去程所見、及對水鹿的紀錄最多，山豬的紀錄最少。比較五種動物在四區段中的出現情形，在瓦拉米段較常發現台灣獼猴，在抱崖段以長鬃山羊的排遺最多，大分段台灣獼猴的活動頻繁，在大分山區段記錄到大量的水鹿排遺。目擊與痕跡紀錄最少的山豬，僅有 20 筆記錄，其中大分山區段記錄到的有 14 筆，其他各區皆只有零星紀錄。以下對山豬以外的偶蹄目與台灣獼猴進行分析與比較。

彙整各次調查中四種動物目擊與痕跡記錄在全區路段單位上的分布情形（圖 3-1），並自上述資料中取去程中各物種的痕跡紀錄（圖 3-2），以比較與分析不同月份與區段間的差異。

#### 山羌

瓦拉米段各月山羌排遺量皆低，四月與七月全無所見，抱崖段與瓦拉米段發現的排遺量相似，七月時亦沒有紀錄。大分山區段山羌的排遺較多，其中大部分出現於 U 段。四月與七月在瓦拉米段找不到山羌排遺，可能是假期較多遊客的踩踏與六月及七月時較多的降雨所致。下雨與除草作業可能也影響到十月時遊客較少之抱崖段的山羌排遺量。而由山羌記錄在各區段上的空間分布來看，其在瓦

拉米與抱崖段的出現甚為零星，在瓦拉米段上連續出現的情形較其他區段少，或許也是受瓦拉米段較多遊客干擾的影響。

## 水鹿

瓦拉米與抱崖沿線甚少水鹿的活動，到大分段水鹿排遺量漸增，到大分山區段最高，該處的四條小徑中，以U段的水鹿痕跡最多。由有出現紀錄之路段單位的分布來看，水鹿在步道附近的活動自抱崖段19K開始才較為穩定。

## 長鬃山羊

四區段中以抱崖段與大分山區段中長鬃山羊的痕跡較多，五月與十月排遺量的減少可能也與降雨及除草作業有關。長鬃山羊在大分山區段的活動量亦高，四路徑中以S1段較多。長鬃山羊在瓦拉米段與大分段僅有零星的紀錄，但其在瓦拉米與抱崖段上有幾個固定出現及留下排遺的路段單位。

## 台灣獼猴

台灣獼猴在瓦拉米段與大分段較易遇到，而在抱崖段與大分山區段甚少見到台灣獼猴的活動。與其他三種動物的情形相似，七月與十月時瓦拉米段台灣獼猴的排遺量亦低。在瓦拉米段大部分的路段單位上都有台灣獼猴活動的紀錄，且多處有在時間與路線上連續分布的情形。獼猴的樹棲性及遇人會發出警戒叫聲的習性，應是牠們較不受遊客影響的原因。獼猴在大分段的分布較瓦拉米段零星，而在抱崖與大分山區段甚少出現。

整體而言，各區段動物排遺痕跡紀錄量與其在各區段內分布的普及性一致。亦即，在某區段中排遺量高時，有排遺出現的路段單位數亦高，表示當動物在某區段活動頻繁時，會出現在較多路段單位上，同時留下較多的排遺。然而，遊客的出現或踩踏、豪大雨的沖刷、及步道沿線的除草作業，會影響排遺在路徑上的存留狀況及動物在路面上的活動。

## 食肉目

沿線調查共記錄到 766 筆食肉目動物排遺，包括 5 個黑熊排遺，2 個白鼻心排遺（表 3-2），其他依外觀與內含物暫時判為獾狀與貂狀排遺的分別有 242 與 516 個排遺。各月份中以七月到十月調查到的排遺數量較少，四至五月及十一月時量多，但兩區段兩種排遺的相對量有別（圖 3-3）。四月及五月時，瓦拉米段兩種排遺量皆高，數量相近，而抱崖段則是貂狀排遺的量遠高於食蟹獾。十一月時，瓦拉米與抱崖段都有多量的貂狀排遺，而獾狀排遺的數量甚低。

配合排遺在兩區段中的空間分布來看，獾狀排遺在瓦拉米段的分布較廣，自四月至十一月間遞減，而 7K 至 8K 間的出現較為穩定（圖 3-4）。獾狀排遺的出現地點在抱崖段的分布零散，七月之後則少有出現。貂狀排遺在瓦拉米段出現的路段單位數略少於抱崖段，在排遺量多時，可以在連續數公里的路段單位中記錄到。

## 第二節 自動相機記錄

### 自動相機記錄

本年度於調查區共佈設 23 個自動相機樣站。由於開始紀錄的日期不一，相機運作與電池消耗的狀況有別，所以各設站有效工作日數不等，共累積 3072.5 工作日的紀錄，2872 筆有效記錄。自動相機記錄到的動物包括有偶蹄目（1650 筆）、台灣獼猴（606 筆）、食肉目（195 筆）、齧齒目（130 筆）、與種類不明之蝙蝠（1 筆）等哺乳動物，共 2592 筆有效紀錄，及藍腹鷓（212 筆）、深山竹雞（7 筆）、松雀鷹（18 筆）、熊鷹（8 筆）、褐林鴉（16 筆）、幾種鳩鴿類（24 筆）與紫嘯鶇（6 筆）等鳥類，共 280 筆有效紀錄。

在偶蹄目動物中，以山羌的紀錄最多（819 筆），水鹿次之（683 筆），長鬃山羊與山豬分為有 108 與 40 筆有效紀錄。在食肉目動物中，以食蟹獾（59 筆）與白鼻心（53 筆）較多，鼬獾（41 筆）與黃喉貂（28 筆）次之，台灣黑熊（10 筆）與黃鼠狼（2 筆）最少。

對照沿線調查的結果，兩種方法所得山豬的紀錄皆最少，沿線調查中水鹿紀錄遠多於山羌，而在自動相機記錄中則是以山羌的紀錄較多。在食肉目動物方面的差異更大。自動相機記錄到食蟹獾、白鼻心與鼬獾的數量相近，黃喉貂的數量多於黃鼠狼，但沿線調查很少紀錄到白鼻心與鼬獾，而貂科動物的排遺則多被判為是黃鼠狼的。

將各自動相機設站的紀錄依日期分季，合併各季資料，以計算不同動物在各樣站上出現的日均頻度。各設站於各季的累積工作日為 5.0 日到 176.4 日不等，三季中各設站總工作日則在 42.2 日到 340.5 日間。

各自動相機設站動物紀錄之日均頻度的變化甚大，且與沿線調查所得不盡相似。若以各季日均頻度的均值來看，各種動物中以山羌與台灣獼猴最高

(0.18~0.34)，水鹿的季節變化大(0.11~0.63)，其它的偶蹄目與食肉目動物各季日均頻度的均值都在 0.1 以下。分區與分季來看(圖 3-5)，山羌在瓦拉米段、抱崖段及第二與三季的大分山區段紀錄較多，水鹿在瓦拉米以外三區段也有與山羌相近的紀錄量。長鬃山羊紀錄的日均頻度不高(0.1 以下)，但區段間差異不大。山豬在四區段都有記錄，而以大分山區段較高。台灣獼猴的紀錄與山羌及水鹿相近，而在四區中以大分山區段的紀錄較多。在食肉目動物中，食蟹獾與白鼻心的狀況相似，皆以瓦拉米段較多，其它三區甚少。黃喉貂紀錄的日均頻度，在四區段間相近，而鼬獾的出現頻度低，且在各區段與季節間的變化大。

比較動物於不同季節在各區段設站的出現率(圖 3-6)，仍是以山羌較高，台灣獼猴次之，兩者在區段間及季節間的變動相似。水鹿在大分山區段的出現率較高，長鬃山羊在抱崖段在第三季的出現率低，山豬在大分山區段出現率較高。食肉目動物的出現率多在 0.5 以下，其中食蟹獾少在大分山區段現身、黃鼠狼則只被大分山區的相機記錄到。在多種動物上可發現其在各區段上的出現率有隨季節變遷逐漸下降的趨勢。

藍腹鵝是自動相機記錄到最多的鳥種。其在設站上的日均頻度及於各區段的出現率，都是以瓦拉米段較高(圖 3-6)。

### 第三節 食肉目動物排遺分析

#### 種類辨識

對自野外採集到的食肉目動物排遺，共萃取了 311 份的 DNA（表 3-3），其中以 PCR 成功增幅的樣本有 85 個。考量 PCR 產物濃度高低與有無雜訊對定序成功率的影响，剔除其中 PCR 產量過低與雜訊在 100bp 左右的 37 個樣本，對其餘的 48 個樣本進行雙向定序，結果皆成功得到可供比對的訊號（表 3-3），但所得序列不全為食肉目動物（表 3-4）。在定序成功率上，外觀判定為食蟹獾排遺樣本（獾狀排遺）的成功率為 0.29（19/66），而外觀判定為貂科動物排遺（貂狀排遺）樣本則僅有 0.08（18/233）。

序列分析結果顯示，在定序成功的 48 個樣本中，有五個是食肉目動物獵物的 DNA 序列（4 個山羌及 1 個白面鼯鼠），有一個應是操作過程受人為污染而得到人的序列，其它的 42 個樣本確認屬食肉目動物排遺，而種類計有食蟹獾、黃喉貂、台灣黑熊與白鼻心。在 42 個食肉目動物排遺樣本中，19 個獾狀排遺中有 17 個（0.89）確屬食蟹獾，另外兩個分屬黃喉貂與黑熊；24 個貂狀排遺樣本中，扣除污染或得到獵物序列的六個樣本，其餘 18 個樣本皆確定屬黃喉貂（表 3-4）。另有四個無法自外觀判別種類的樣本，DNA 分析結果顯示有兩個屬黃喉貂、一個屬食蟹獾、一個屬白鼻心。取由外觀誤判的排遺樣本檢視其外觀與內含物，發現是外觀、大小或內含物造成的誤判。應屬黃喉貂的排遺中含多量的節肢動物，屬黑熊的排遺小，內含以植物為主，兩者皆非典型的食蟹獾排遺，但亦與黃喉貂或黑熊排遺有別，可見食肉目動物排遺的外觀變化大，而由外觀辨識種類具誤判的風險，但在本研究中誤判的風險不大，而利用分子技術判種的效率有待提升。

對食蟹獾與黃喉貂排遺 DNA 定序的成功率以前者為高，原因可能與其獵物類群有關。食蟹獾以甲殼類與昆蟲為主食，兩者皆含幾丁質的外骨骼，分解不易，

且較易刮下動物的腸壁細胞，使之容易抽取到食肉目 DNA 並成功的 PCR 與定序。又因目前使用的引子並不會增幅甲殼類與昆蟲的 12S rRNA 基因，因此不易產生雜訊。黃喉貂多以哺乳動物為食，但似容易排出未完全消化的獵物組織，且其量多於黃喉貂的腸壁細胞，導致自排遺中易萃取出獵物的 DNA，並在通用於哺乳動物之引子的作用，成功增幅出獵物的 DNA 而造成誤判。

欲解決上述情形造成的誤判，可設計對食肉目或個別食肉目物種具專一性的引子，以提升對排遺鑑別的成功率。此外，若能針對食肉目的獵物物種，或可能被其獵食之珍稀或特定物種設計引子，則可用於探討食肉目動物的食性，或其與特定物種間的交互關係。

利用目前對 L1091 與 H1478 間所夾片段之定序資料，與 NCBI 資料庫的四條序列進行 alignment，完全相同之序列僅取 1 條為代表，以 Neighbor-joining 方法重複演算 1000 次，得到 12S rRNA 基因的演化樹如圖 3-7。由圖示可知除黃鼠狼樣本分至同群的機率為 93% 之外，不論是黃喉貂、食蟹獾、鼬獾、台灣黑熊或白鼻心其分至相同群的機率皆為 100%。圖中 4 種貂科動物與 2 種靈貓科動物分別在同一支系內，但圖中較特別之處為山羌在此演化樹型圖上的位置，界於兩群食肉目動物之間，且與熊科動物最為相近，由已知的演化關係推測食肉目動物由有蹄動物相近的食蟲動物演化而來，則山羌較合理的位置應位於食肉目動物與其他類群動物之間。造成山羌嵌於食肉目類群中的可能原因有二。首先，對分屬不同科或更高層級兩物種之 12S rRNA 基因的變異區段，因演化時間久，致使可變異區段的變異程度已達飽和，而無法分辨兩者序列的相似是出於同源或是由重複突變造成。圖上山羌與其他食肉目動物分為同群的機率偏低（山羌與黑熊：39%），亦暗示此可能性。其次，由於所使用的 12S rRNA 序列片段僅 400bp，在扣除保守性區段後，可供演化樹型分析之變異區段僅 138bp，可分析的序列長度過短，造成部分物種在演化樹型圖上被歸併於演化上親緣關係較遠的類群內。

雖然 12S rRNA 基因可能較不適用於科以上之類群演化關係的推演，但其具

有種內保守與種間有別的特性，故在物種鑑定上相當實用。在種內保守性上，進一步檢視定序結果，在 10 條黃鼠狼序列中有 3 個核酸位置具有變異度，台灣黑熊排遺與 NCBI 上的台灣黑熊序列在 2 個核酸位置上有差異，3 個鼬獾樣本中只有 1 個核酸的差異。此外，19 個食蟹獾序列與 23 個黃喉貂序列皆無種內變異存在。在種間的差異性上，樹型圖上關係最近的物種為黃鼠狼與小黃鼠狼，但兩物種間仍有 10 個核酸的差異，而黃鼠狼與黃喉貂間則有 27 個核酸的差異。12S rRNA 基因的上述特性，有利於物種鑑別技術的發展。例如，可在種間差異處進行具物種專一性之引子的設計，亦可利用適合的內切限制酶進行反應，以期獲得不同片段大小的產物。但不論是專一性引子或特定內切限制酶反應皆需有大量的食肉目樣本進行檢驗，以確認其可信度。後續將持續收集食肉目排遺樣本，以提升 DNA 鑑種技術的有效性。

比較外觀與 DNA 判定不同種類之排遺的空間分佈情形（圖 3-8 與圖 3-9），可發現外觀及 DNA 判定為食蟹獾的排遺多分布於瓦拉米段，而外觀與 DNA 判定為黃喉貂的排遺則分散於兩區段中。此現象與自動相機的結果相符。此外，部份區段採集到多量的排遺，但定序成功者寡，是此些區段環境條件不利於排遺中 DNA 的保存，或是這些排遺多屬定序成功率低的黃喉貂，或是其他尚未定序成功的種類（如鼬獾），則需進一步釐清與確認。

### 食性分析

為了解研究區內食肉目動物的食性及種間的差異，取 60 件排遺進行食性分析。選取樣本與分析時雖嘗試利用排遺外觀與內含物區別種類，但由於進行食性分析的樣本多未能成功定序，因此無法進行種間比較。在此僅將所有樣本合併，而對不同月份的樣本進行比較，藉以了解研究區中整體食肉目動物的食性與其季節變異。

在所檢視排遺樣本的內含物中，以哺乳類與節肢類碎片的出現率及相對重要

性最高。不同月份間的主要獵物類群有別，五至七月偏重於哺乳動物，而八月時則以節肢動物為主（圖 3-10）。排遺中的哺乳動物碎片以毛骨為主，多為齧齒目與食蟲目的屍骸，而節肢動物則以昆蟲與蟹類佔大宗。

由於 DNA 辨種結果顯示由外觀辨識的誤判風險有限，且至今尚未分析出在自動相機記錄中亦屬少見的黃鼠狼，在此暫將判為黃鼠狼與黃喉貂的排遺視為黃喉貂排遺，與由外觀判為食蟹獾比較其組成（圖 3-11）。所有的食蟹獾排遺皆有節肢動物的碎片，另近半數有兩爬的碎骨，有兩成含有哺乳動物。黃喉貂排遺的內含物中以哺乳動物最常見，其次為節肢動物與花粉，另有一件有植物。

表 3-1 不同區段五種動物見聞與排遺—拱痕的紀錄頻度

區段	月	山羌		山豬		水鹿		台灣獼猴		長鬃山羊		總計
		見聞	排遺/拱痕	見聞	排遺/拱痕	見聞	排遺/拱痕	見聞	排遺/拱痕	見聞	排遺/拱痕	
瓦拉米段	4	3	1					6 7	12 2	1	5 3	40
	5	4 4	11		1			6 3	15 2	1	1	48
	7	4 3	1				1	4 8	4 3		2 1	31
	9	2 2	6 3				1	6 10	22 7	3	1 2	65
	10	1 2	4				1	12 9	7		7	43
	11	3	6 1					10 7	29 11		4 3	74
拖崖段	4		1 6		1		1		1 5	2	44 2	63
	5	3	8 5					4 2	1 3	4 1	29 6	66
	7	1							1		17	19
	9		3 14 8			1 1	14 5	2		1	42 9	100
	10		1 4		2	1	7 1				14	30
	11	2 1	12 10				3 2	3 1	1 2	1	32 6	76
大分段	5		1 8 20			3	11 3		62 3		5	116
	9	1 1	4 3			1 1	25	3	44 7		8 5	103
	10		1 2 4			2 7	7 1	4	40 4	1	3	76
	11		1		2	2	13	3	25 4	2 2	1 1	56
大分山區	5	2	57 1		11	4 1	269 4	1			46 1	397
	11	2	68 3		3	5 1	270 6		1	2	31	392
總計		28 20	211 60	0 0	19 1	19 11	622 23	63 50	268 50	14 5	292 39	1795

表 3-2 各次沿線調查於不同區段紀錄到食肉目動物的排遺  
數量

區段	月	獾狀	貂狀	台灣黑熊	白鼻心	總計
瓦拉米段	四月	75	61			136
	五月	65	56	1		122
	七月	8	12			20
	九月	31	7			38
	十月	6	10			16
	十一月	16	93			109
合計		201	239	1		441
抱崖段	四月	11	71			82
	五月	22	80	5		107
	七月		5			5
	九月	3	28			31
	十月	2	20			22
	十一月	3	73		2	78
合計		41	277	5	2	325
總計		242	516	6	2	766

表 3-3 食肉目動物排遺 DNA 分析之 PCR 成功率與定序成功的數目

	外觀判定					總計
	獾狀	貂狀	台灣黑熊	白鼻心	不明	
<b>PCR 有產物</b>						
已定序	19	24	1		4	48
未定序	7	29		1		37
<b>PCR 無產物</b>						
	40	180		2	4	226
<b>總計</b>	66	233	1	3	8	311
<b>定序成功率</b>	0.29 (19/66)	0.08 (18 <sup>a</sup> /233)	1.0	0	0	

其中 PCR 有產物但未定序樣本，為有 100bp 大小的雜訊或 PCR 產物濃度過低，故未送定序。定序成功率之分子為定序資訊判定可鑑別食肉目動物之樣本數，故不包含人為汙染與獵物 DNA 樣本數。<sup>a</sup> 扣除 5 個獵物 DNA 與 1 個人為汙染的樣本數。

表 3-4 食肉目動物排遺外觀判定與 DNA 鑑種結果對照

DNA 判定	外觀判定				總計
	獾狀	貂狀	黑熊	不明	
食蟹獾	17			1	18
黃喉貂	1	18		2	21
台灣黑熊	1		1		2
白鼻心				1	1
山羌		4 <sup>a</sup>			4
白面鼯鼠		1 <sup>a</sup>			1
人		1 <sup>a</sup>			1
總計	19	24	1	4	48
外觀判定 正確率	0.89 (17/19)	1.00 (18/18 <sup>b</sup> )	1.00 (1/1)		

a, 人為汙染或獵物 DNA ; b, 扣除人為汙染與獵物 DNA 之樣本數

圖 3-1 各次沿線調查中有個別物種活動跡象之路段單位的分布圖

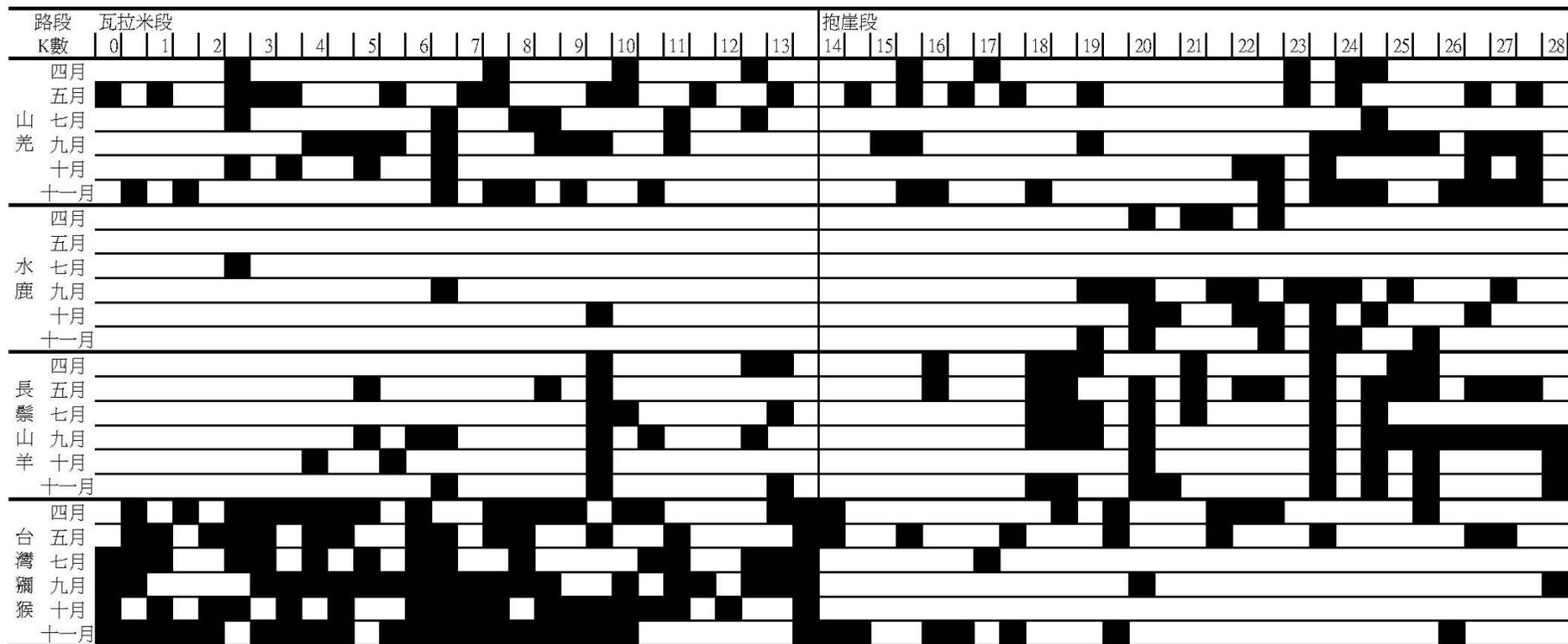


圖 3-1 (續)

路段 K數	大分段	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	N		S1		S2		U	
													0	1	0	0	1	0	1	
山 羌	五月																			
	九月																			
	十月																			
	十一月																			
水 鹿	五月																			
	九月																			
	十月																			
	十一月																			
長 鬚 山 羊	五月																			
	九月																			
	十月																			
	十一月																			
台 灣 獼 猴	五月																			
	九月																			
	十月																			
	十一月																			

圖 3-2 沿線調查去程中動物痕跡紀錄的頻度

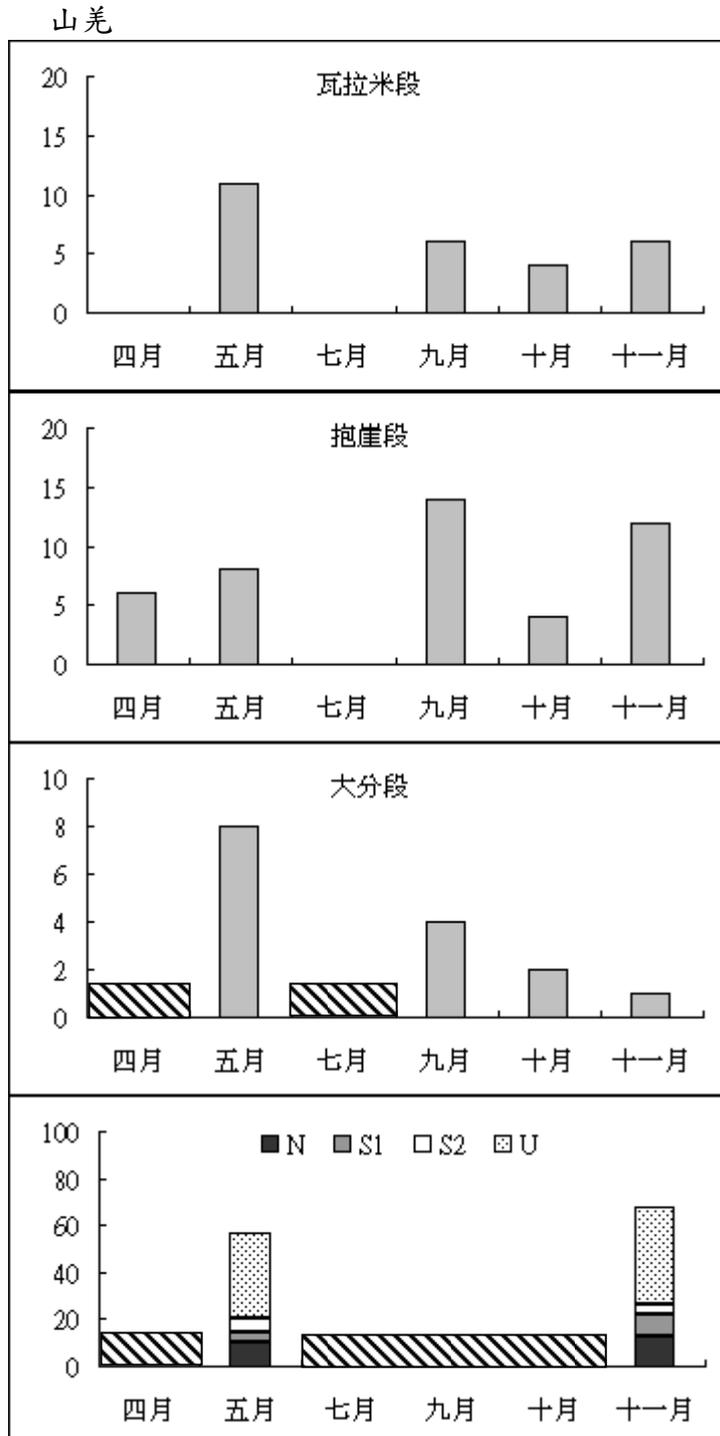


圖 3-2 (續)

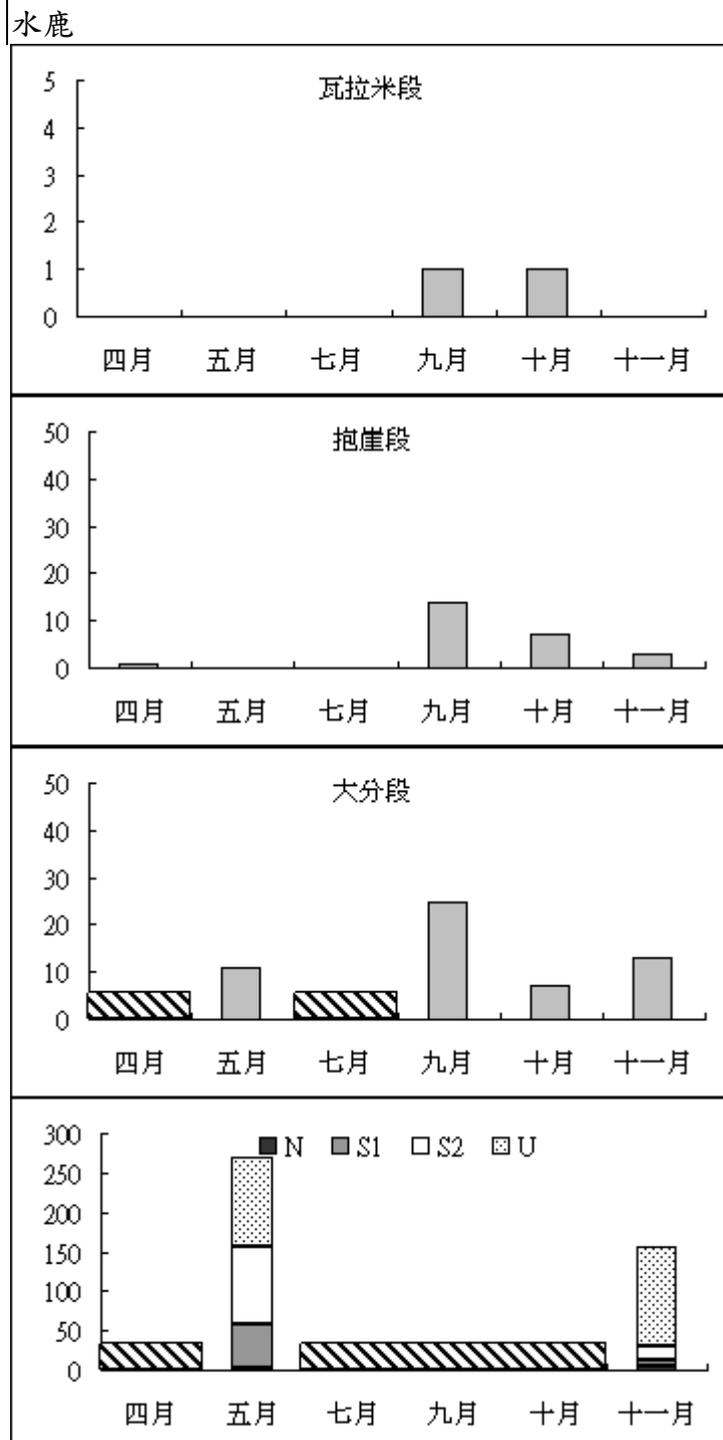


圖 3-2 (續)

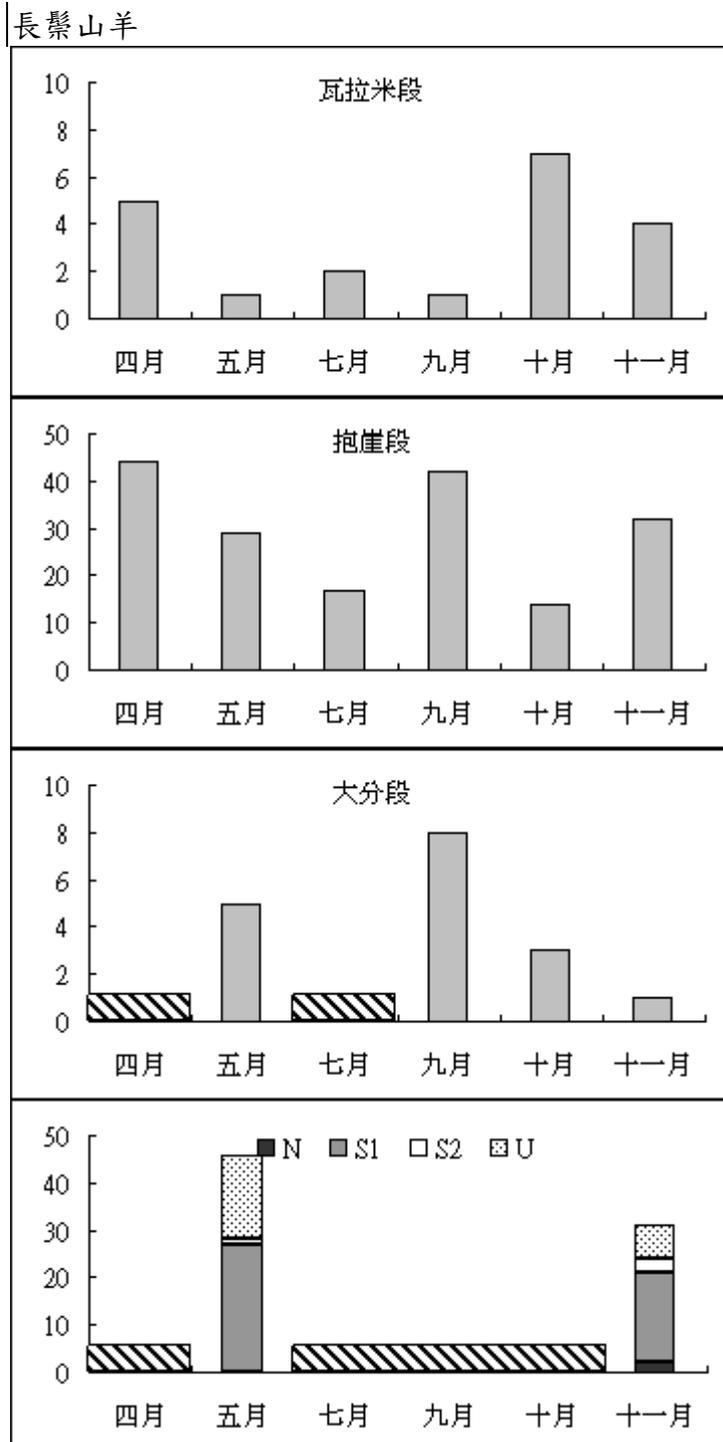


圖 3-2 (續)

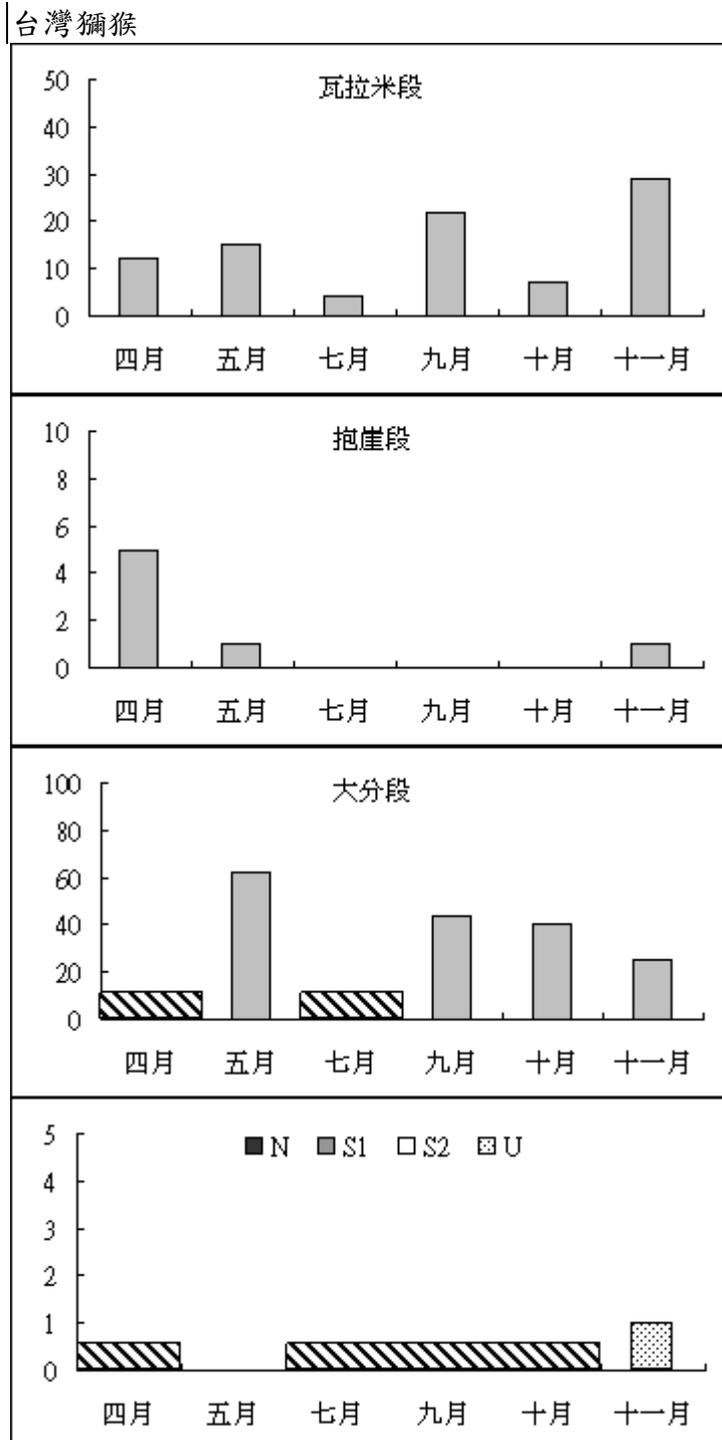


圖 3-3 由外觀上判為食蟹獾與貂科動物排遺的月份與區段分布

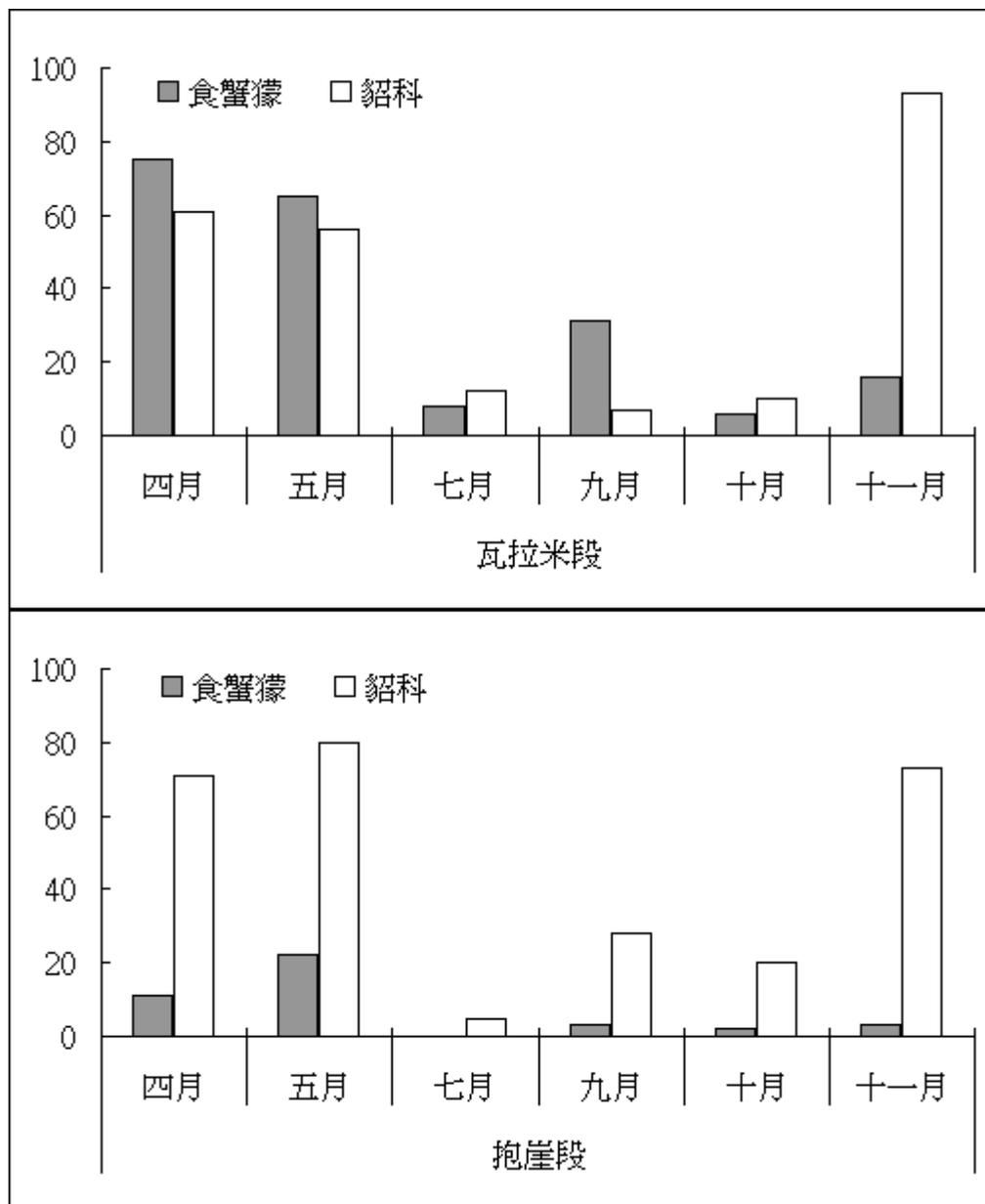


圖 3-4 由外觀上判為食蟹獾與貂科動物排遺在各路段單位上出現的情形

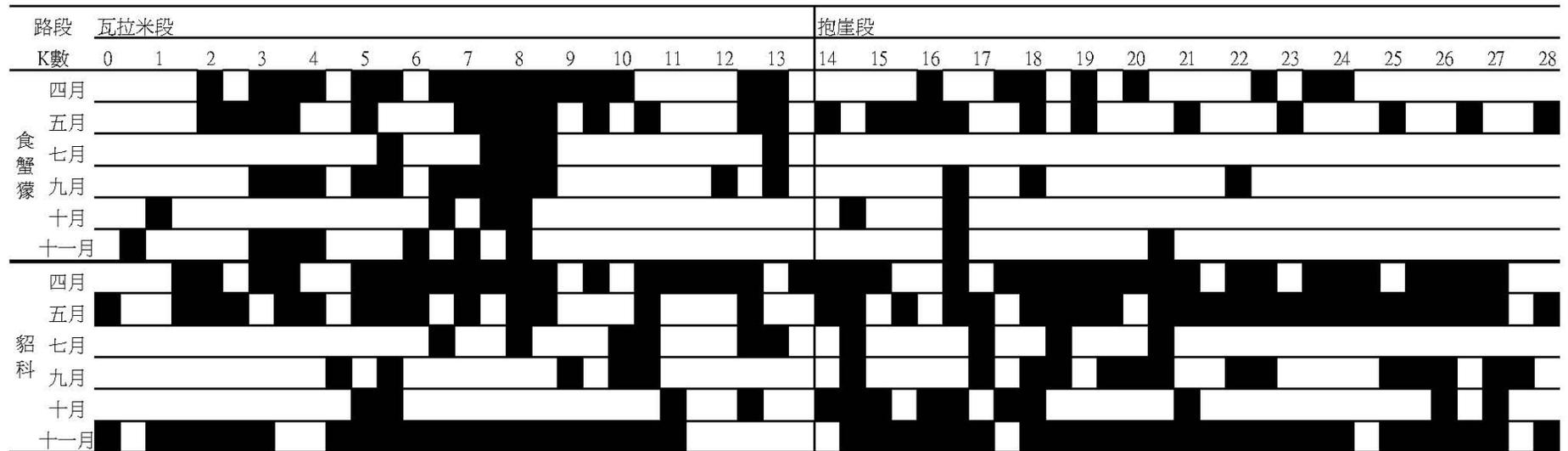
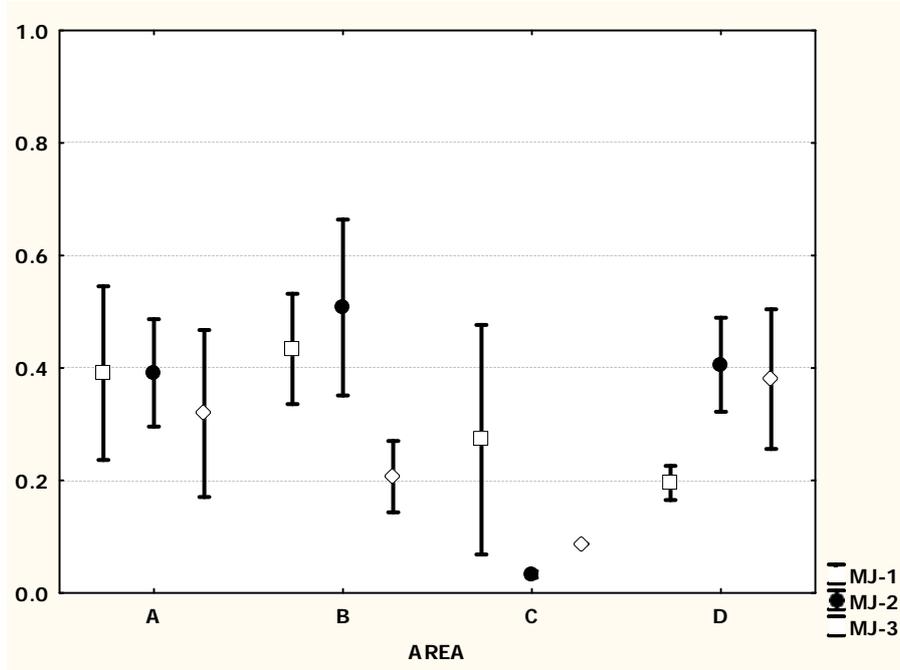
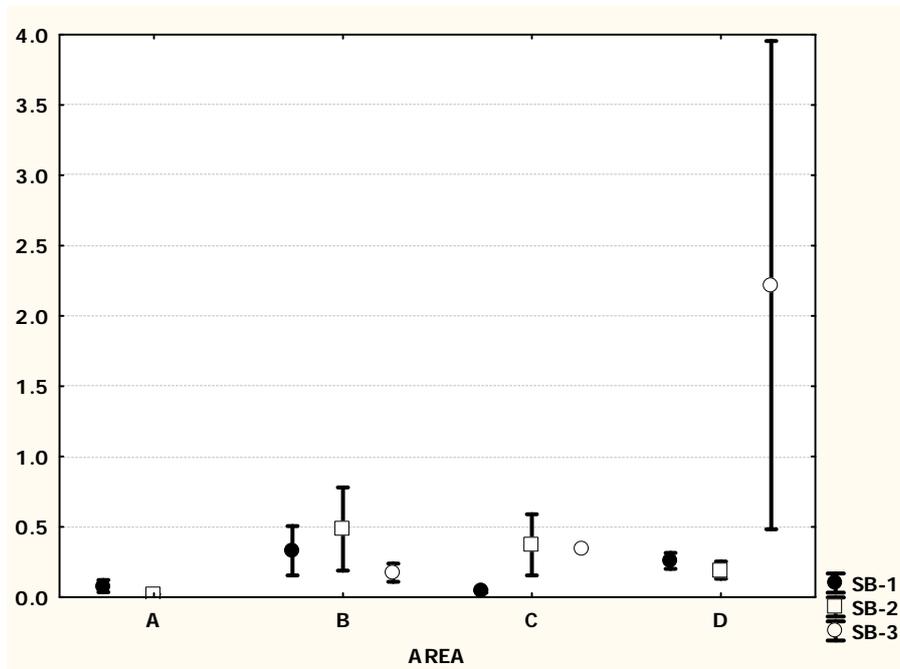


圖 3-5 各區段自動相機設站對個別動物有效紀錄的日均頻度

山羌

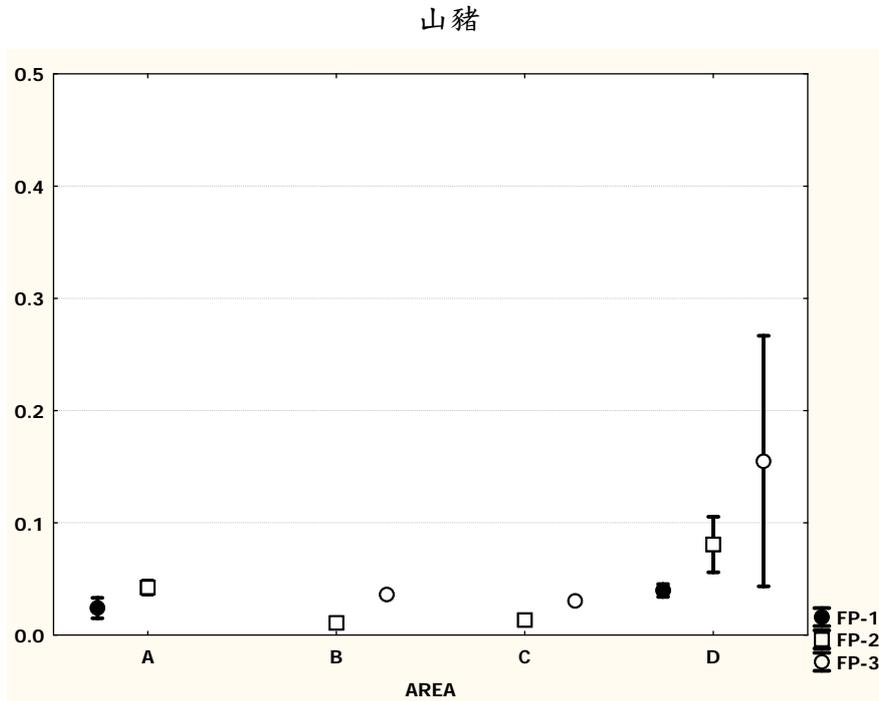
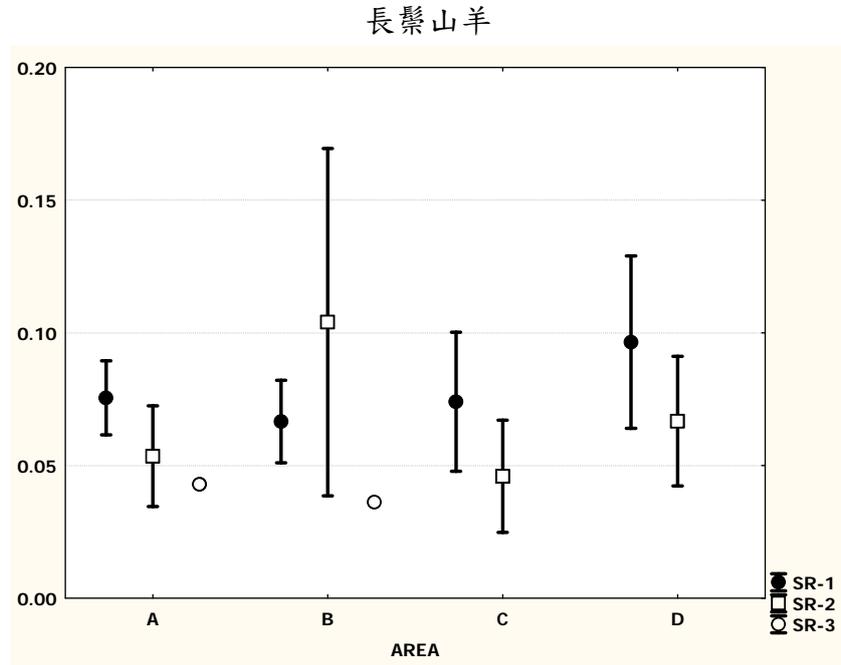


水鹿



X 軸為區段，A，瓦拉米；B，抱崖；C，大分；D，大分山區。圖中點為日均頻度的均值，線條為 SE。實心圓形、空心方格與圓形分別代表第一至第三季。

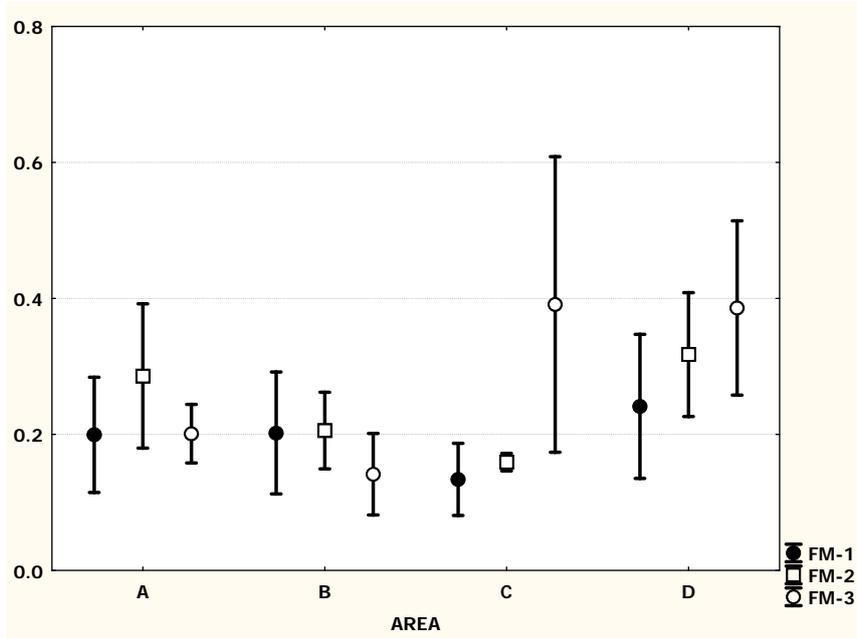
圖 3-5 (續)



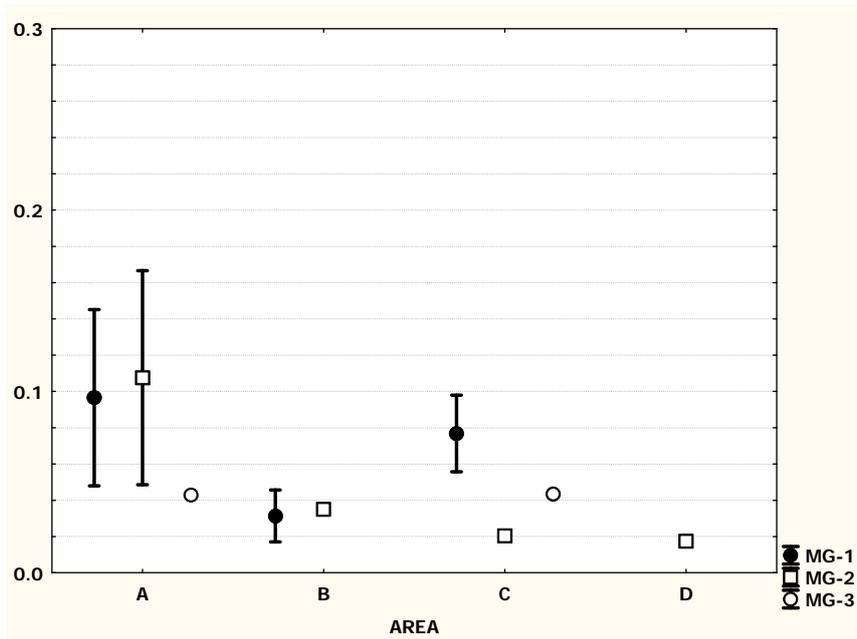
X 軸為區段，A，瓦拉米；B，抱崖；C，大分；D，大分山區。圖中點為日均頻度的均值，線條為 SE。實心圓形、空心方格與圓形分別代表第一至第三季。

圖 3-5 (續)

台灣獼猴



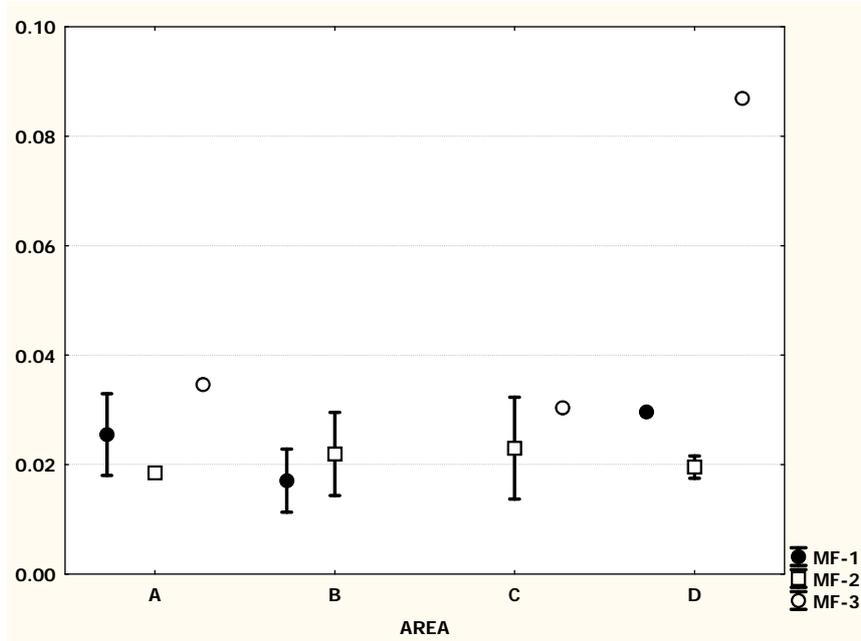
食蟹獾



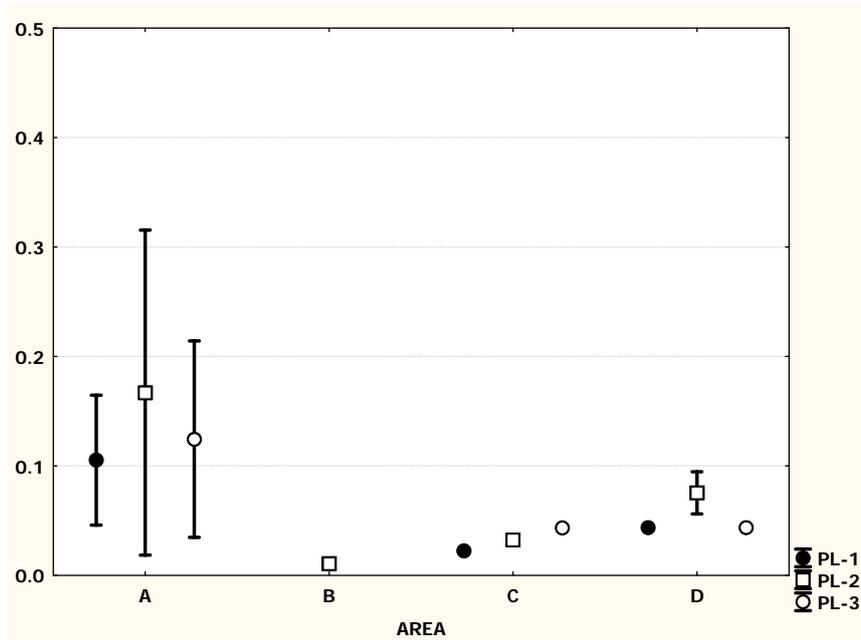
X 軸為區段，A，瓦拉米；B，抱崖；C，大分；D，大分山區。圖中點為日均頻度的均值，線條為 SE。實心圓形、空心方格與圓形分別代表第一至第三季。

圖 3-5 (續)

黃喉貂



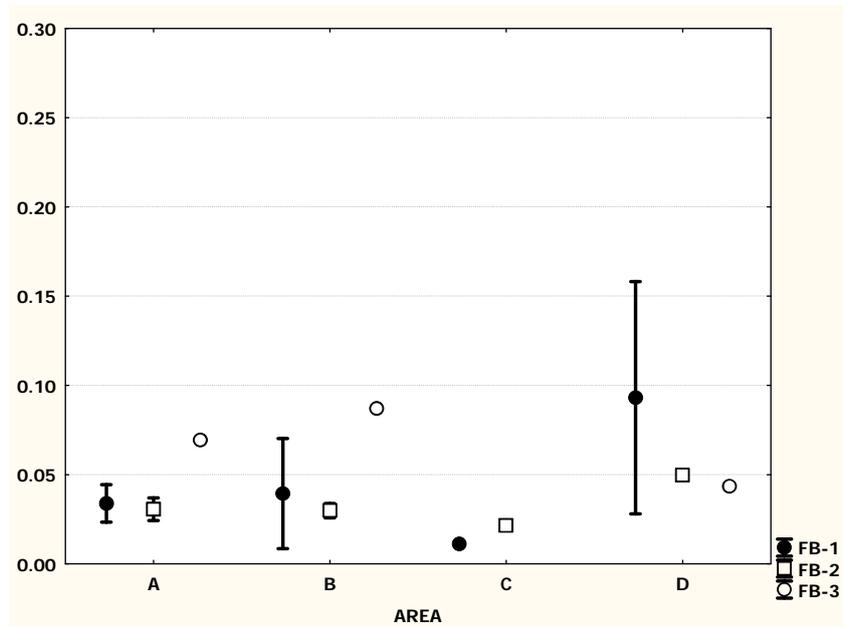
白鼻心



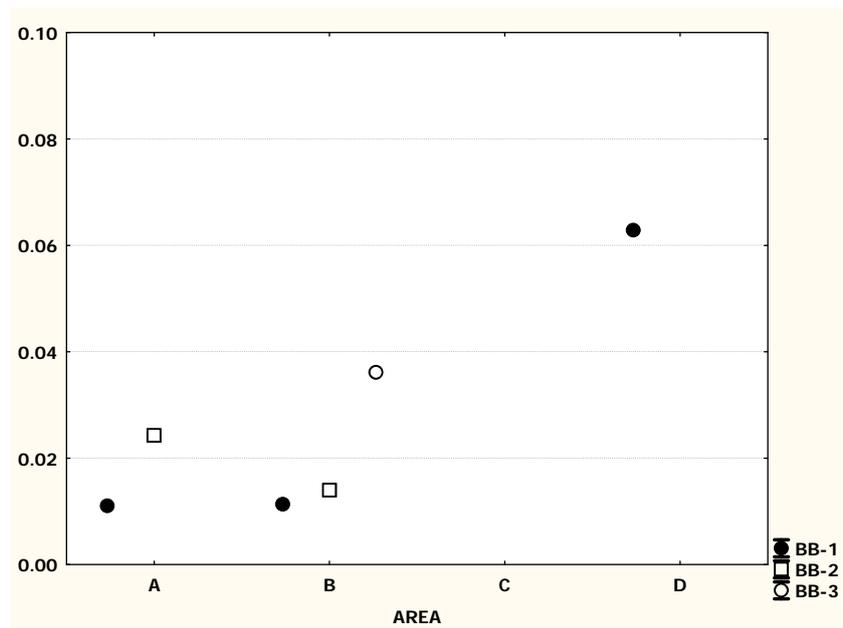
X 軸為區段，A，瓦拉米；B，抱崖；C，大分；D，大分山區。圖中點為日均頻度的均值，線條為 SE。實心圓形、空心方格與圓形分別代表第一至第三季。

圖 3-5 (續)

麝獾

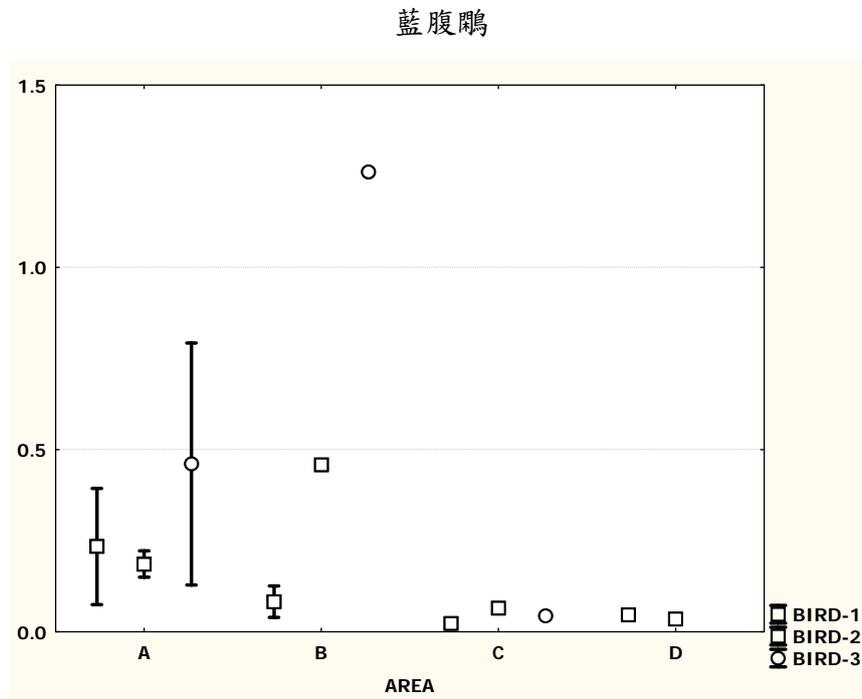


台灣黑熊



X 軸為區段，A，瓦拉米；B，抱崖；C，大分；D，大分山區。圖中點為日均頻度的均值，線條為 SE。實心圓形、空心方格與圓形分別代表第一至第三季。

圖 3-5 (續)



X 軸為區段，A，瓦拉米；B，抱崖；C，大分；D，大分山區。圖中點為日均頻度的均值，線條為 SE。實心圓形、空心方格與圓形分別代表第一至第三季。

圖 3-6 個別物種在各區段自動相機設站的出現率

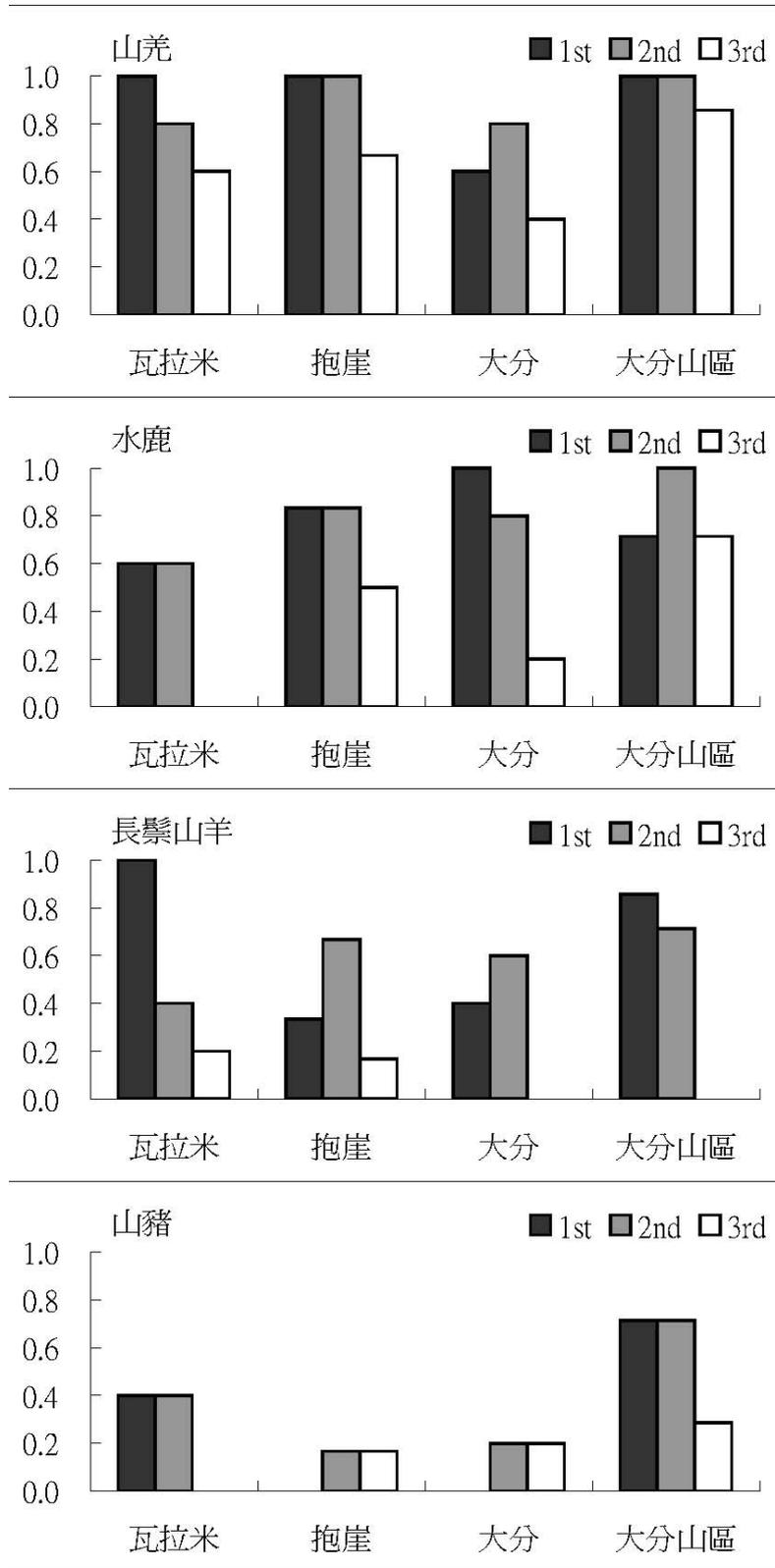


圖 3-6 (續)

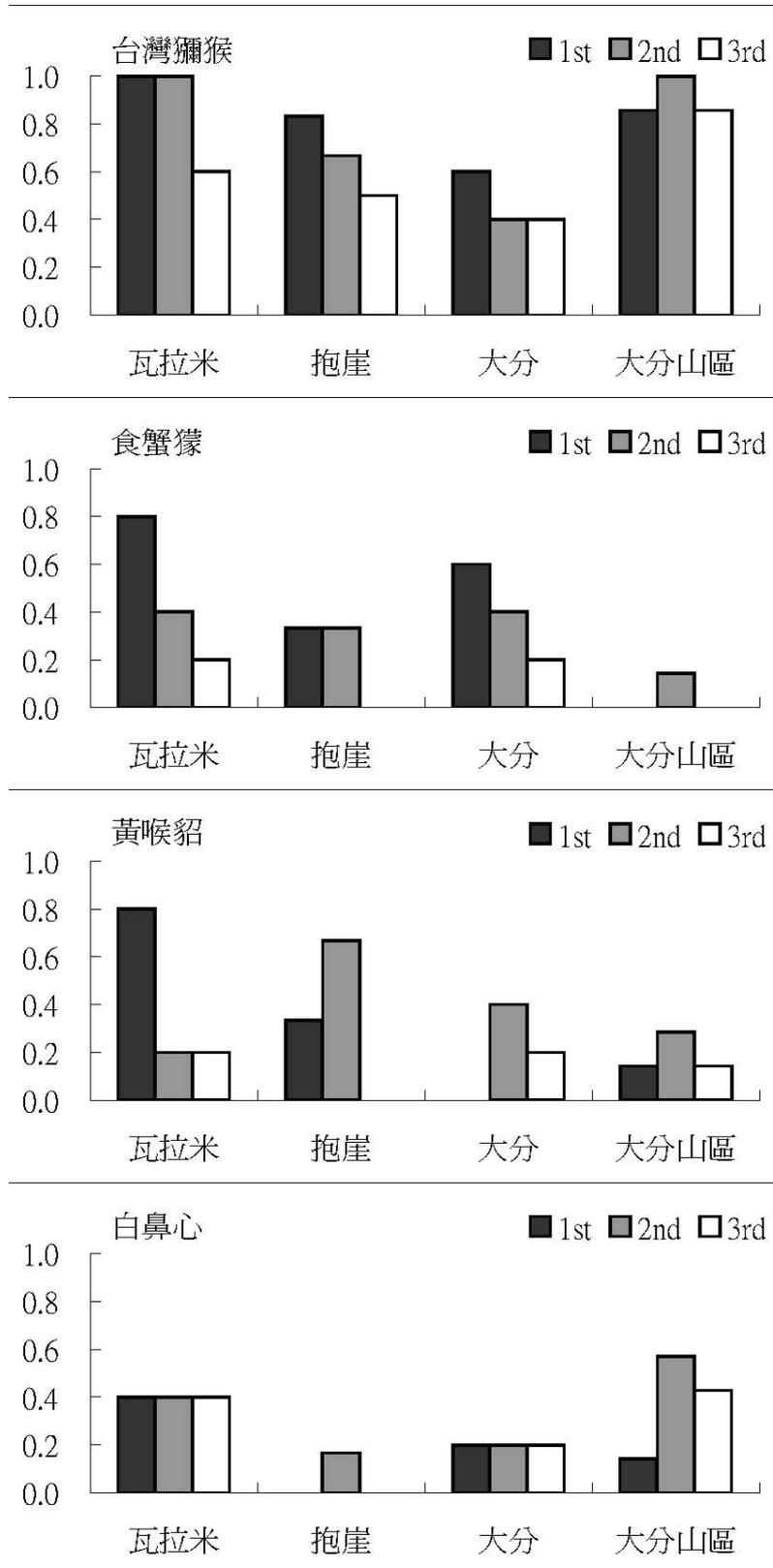


圖 3-6 (續)

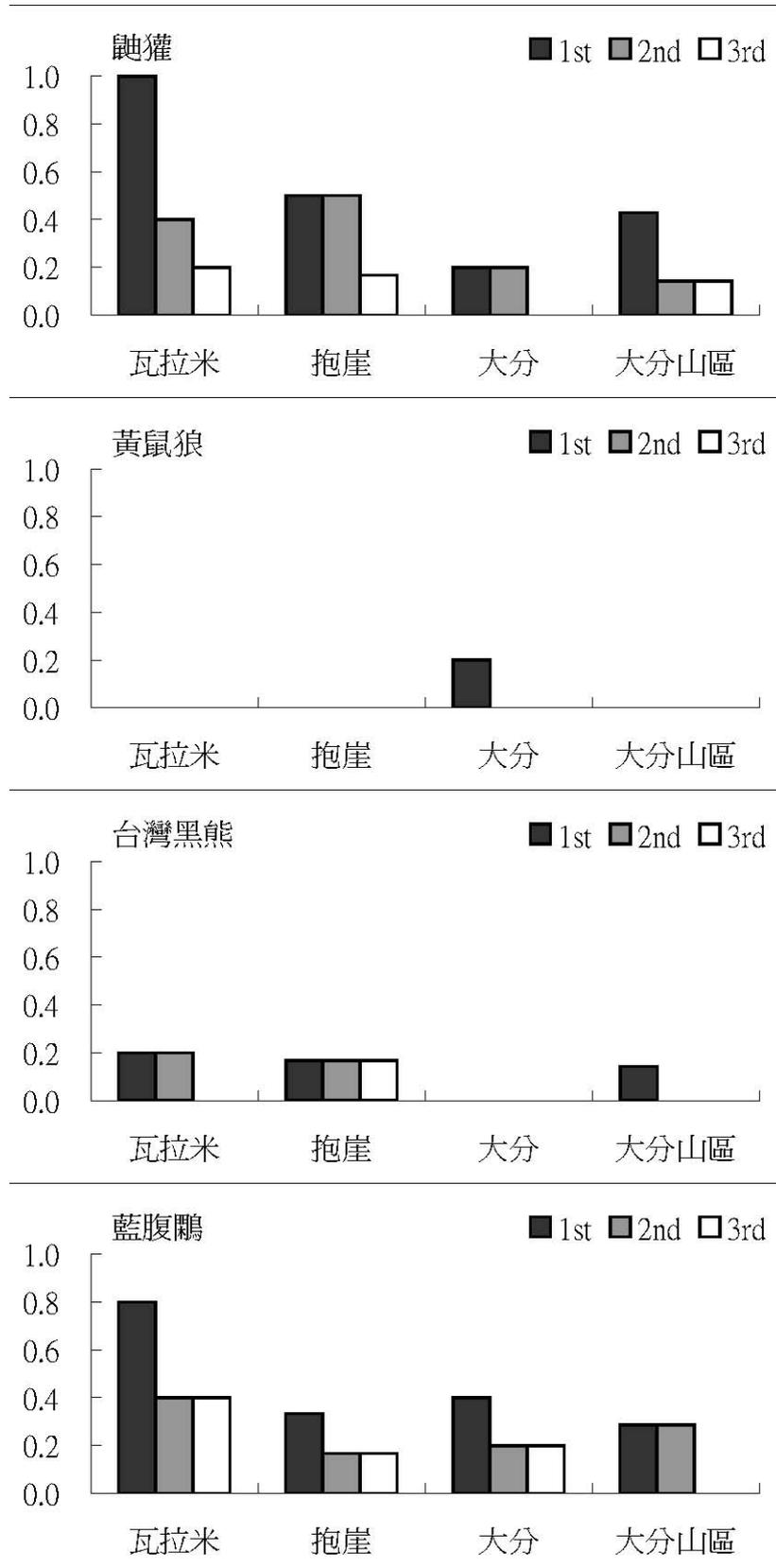


圖 3-7 12S rRNA 基因之演化樹 (Neighbor-joining tree)。其中 F 字首代表樣區內之排遺樣本，OM 與 OF 分別表示其他地區之肌肉組織與排遺樣本，後方之數值表示樣本數，例如黃喉貂中 F21, OM1 表示樣區內排遺樣本 23 個與其他地區之肌肉樣本 1 個皆為此基因型，其餘為 NCBI 上下載之序列，例如 EF035447 表示 NCBI 上序列編號 EF035447 之山羌序列資料。分岔點左方數值表示重複演算 1000 次時，其分岔點下方樣本被歸於同一群的百分比。

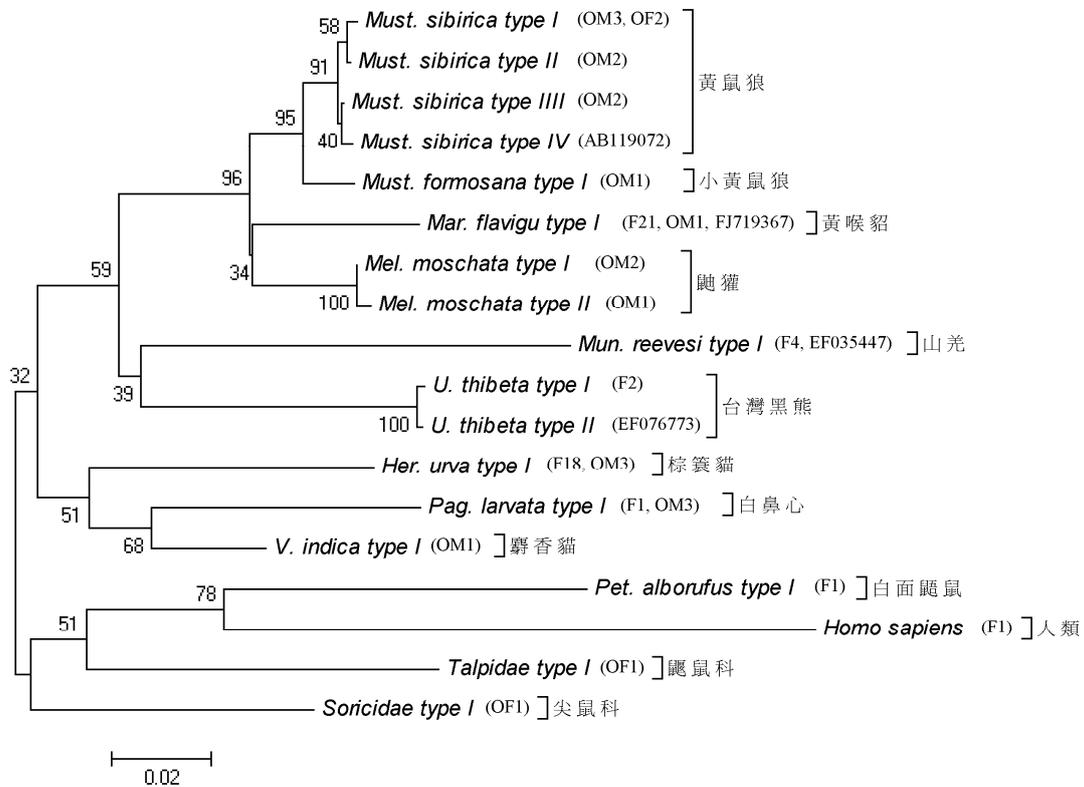


圖 3-8 外觀判定為食蟹獾、貂科與不明排遺之空間分布。以每公里為單位統計，並標示在半公里處，標示之柱狀高低表示樣本數分別由 0 至 31 個不等。外觀判定為食蟹獾的樣本，主要分布在瓦拉米的中段，而外觀判定為黃喉貂的樣本，則廣佈於調查沿線中，並無特別集聚的現象。

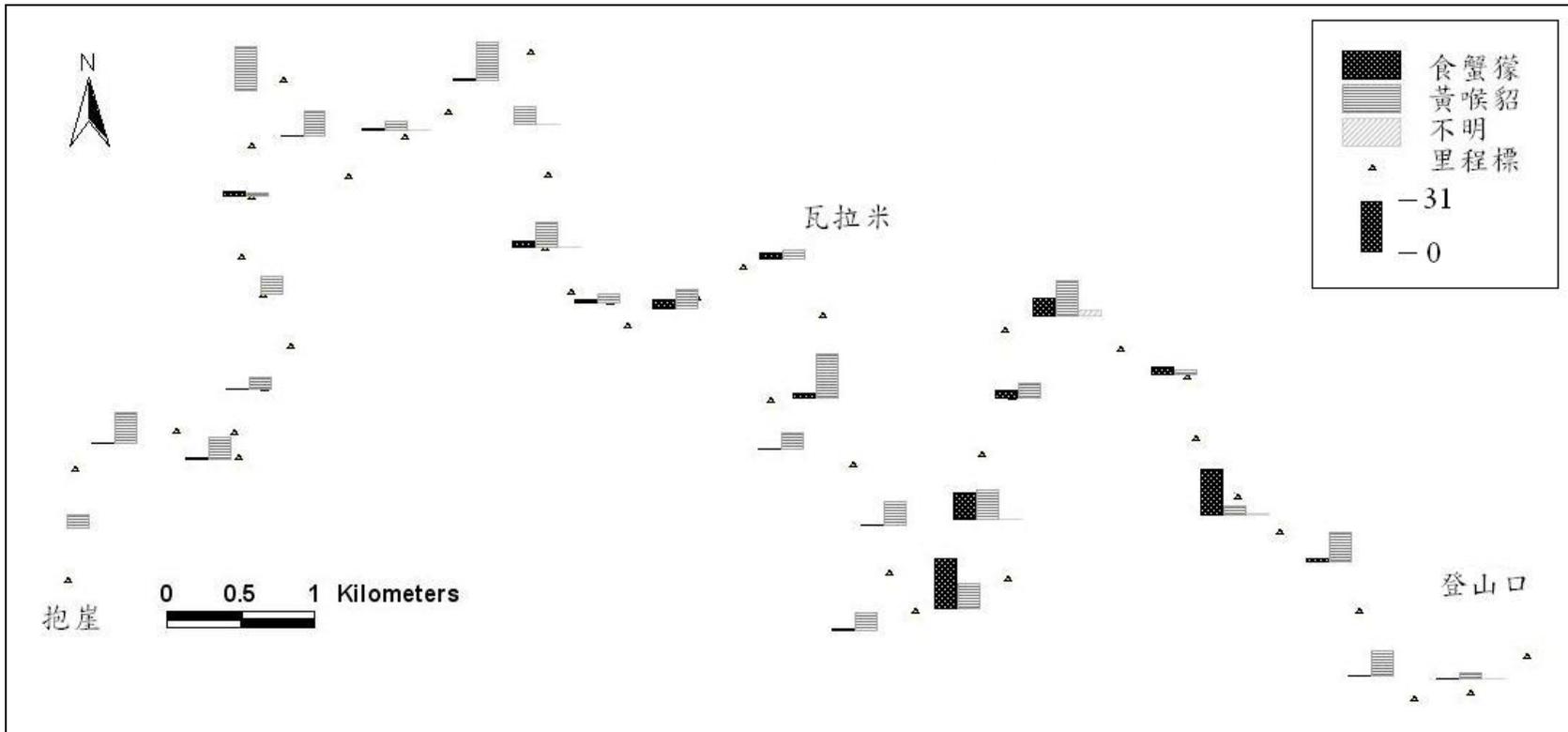


圖 3-9 DNA 判定為食蟹獾與黃喉貂排遺之空間分布。以每公里為單位統計，並標示在半公里處，標示之柱狀高低表示樣本數由 0 至 8 個不等，除部分區段無辨識成功的樣本外，其分布與外觀判定的分布相似。食蟹獾排遺主要集中在登山口至瓦拉米的中段，另外 A 為外觀判定為不明，分子鑑定為食蟹獾之排遺樣本。

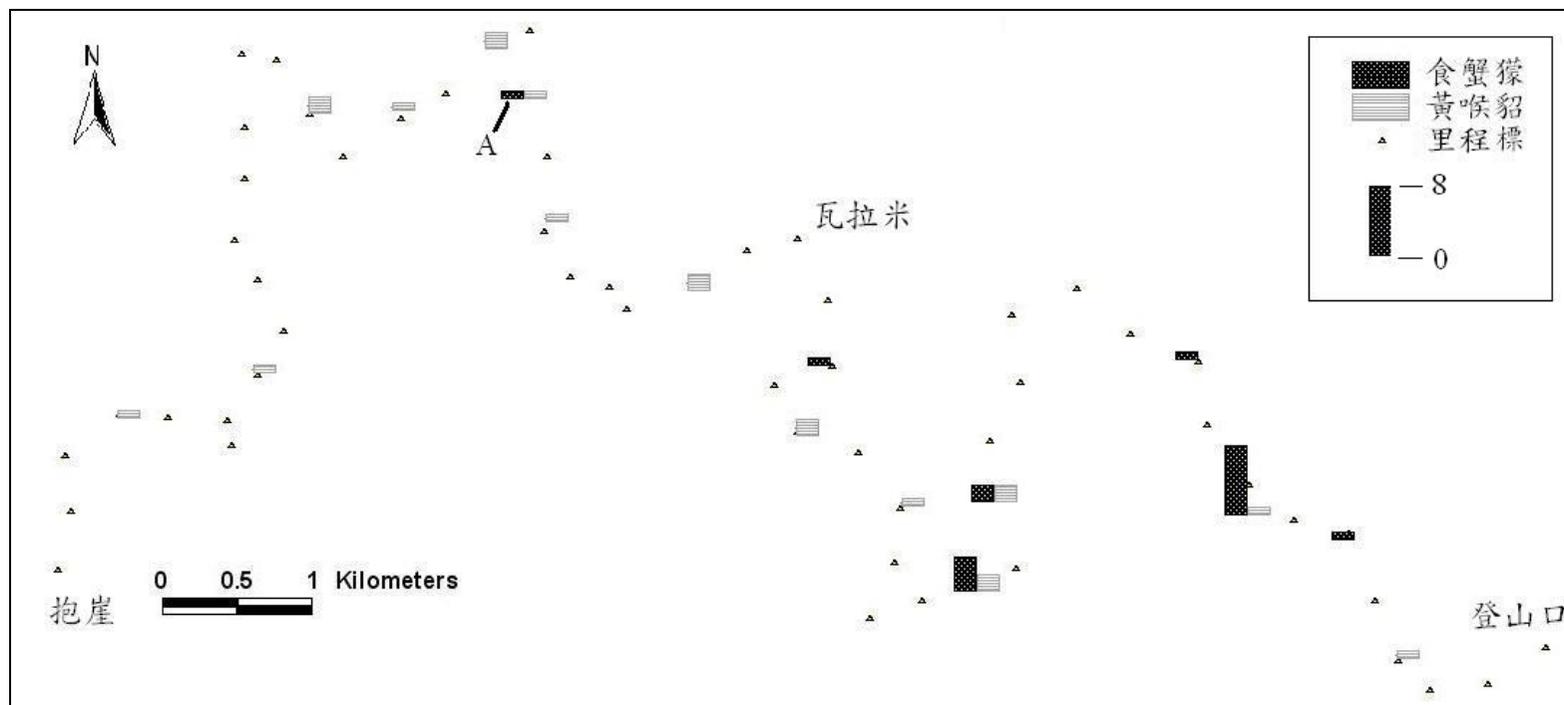


圖 3-10 食肉目動物排遺分析結果

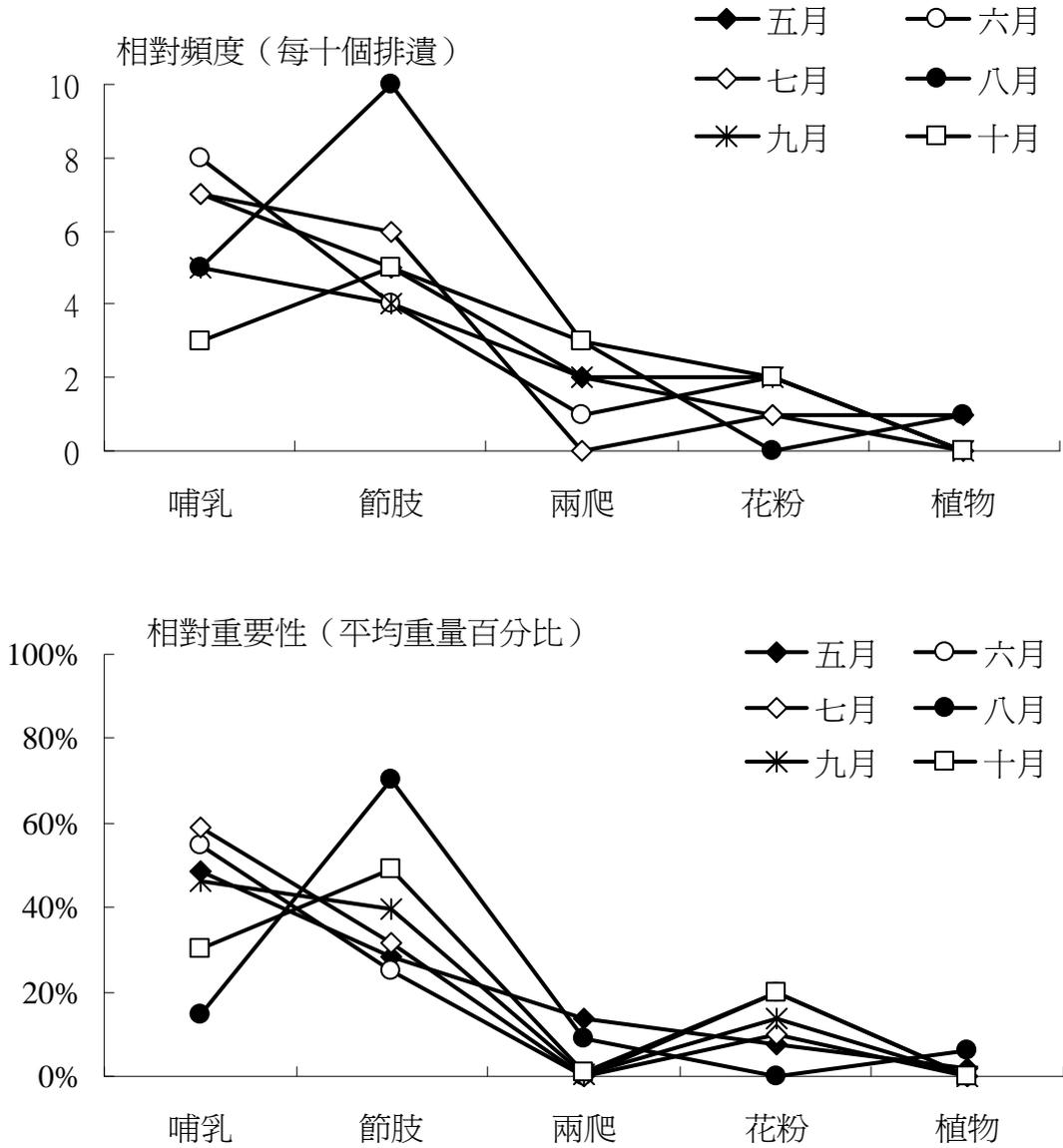
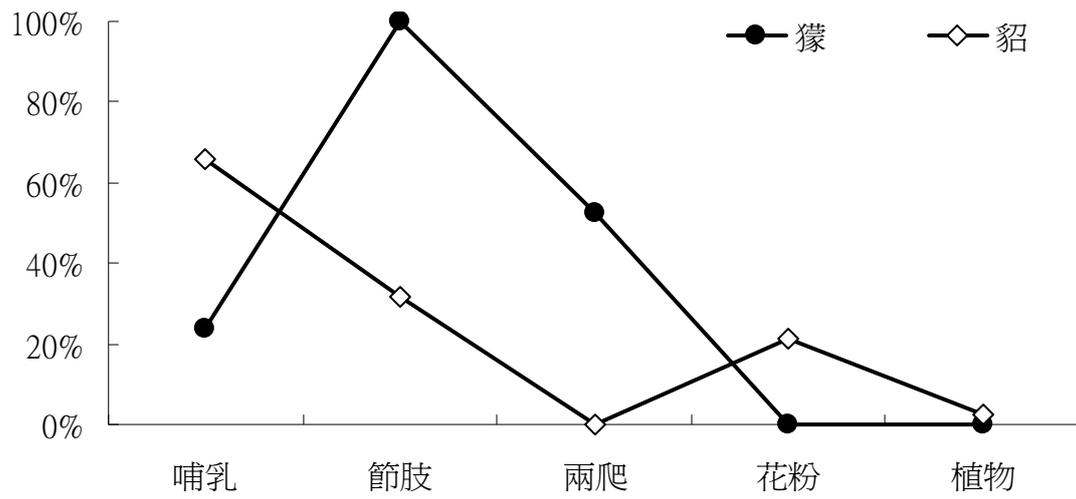


圖 3-11 外觀上具差異之兩種食肉目動物排遺(獾狀與貂狀排遺)的分析結果(相對頻度百分比)



# 玉山國家公園東部園區偶蹄目監測與中小型食肉目動物分布調查

## 第四章 綜合討論與建議

### 第一節 綜合討論

監測結果顯示山羌在瓦拉米區段步道上的痕跡量低，連續出現的路段單位較少，可能與此區段遊客較多有關。遊客的踩踏會影響步道上山羌排遺的存留，對遊客的走避，也會減少山羌在步道路面上的活動。山羌在瓦拉米段的見聞紀錄並不低於抱崖段，且其在瓦拉米段的自動相機記錄也僅略低於抱崖段，顯示仍有一定數量的山羌在瓦拉米步道兩側林中活動。台灣獼猴以瓦拉米區段的沿線調查所得較多，但在大分山區自動相機的紀錄多，或許表示大分山區的台灣獼猴較常在地面活動。水鹿痕跡以大分山區為多，但在抱崖設站的自動相機記錄多，尤其在水鹿發情期間，在緊鄰水池設站常紀錄到重複出現的水鹿個體與雄鹿對峙的鏡頭，顯示水鹿在繁殖季時似會集中在水池附近。野外現場調查，尚發現許多被水鹿啃剝樹皮或摩角的數木，這些樹木的存續值得追蹤監測。

痕跡調查所得的月間變化大，但無法區分天候、遊客與除草對動物活動的影響。利用沿線調查到的排遺與見聞來記錄動物的出沒與活動時，需考慮到上述影響，並需配合對步道以外區域動物活動的調查，才能做為指示動物相對數量或相對活動量的指標。

相機記錄顯示食蟹獾與白鼻心在瓦拉米區段的活動量較高，而在沿線調查中瓦拉米段的獾狀排遺量多，但未能尋獲或區辨出白鼻心的排遺。此外，鼬獾在大分山區的自動相機記錄量較高，但全線少有見聞與排遺紀錄。顯見沿線以人力找尋排遺並非調查白鼻心與鼬獾的有效方法。瓦拉米段的植被以闊葉混淆林為主，果實供應量較為充足，而此區段沿線近溪流且多小溪澗穿越，水棲節肢動物豐富，這或許是瓦拉米段食蟹獾與獾狀排遺較多的原因。

黃鼠狼的密度以高海拔山區較多，中海拔山區的族群量應甚低，而本研究自

動相機的黃鼠狼紀錄甚少，當屬合理。對獾狀與貂狀排遺的 DNA 分析，迄今未分辨出黃鼠狼的排遺。由此觀之，此區的黃鼠狼數量甚少，而以黃喉貂的數量較多，且其排遺與黃鼠狼甚為接近，未來資源調查時應避免對兩物種排遺的誤判。

沿線調查與自動相機記錄皆顯示山區山豬的數量少，分布點侷促，未來應加強對山豬族群的調查與保育。

受到排遺保留狀況與其中內含物的影響，排遺分子辨種的效率有限，對食蟹獾的辨識成功率較對黃喉貂的高。若欲提升分子鑑種的效率，須加強對不同物種 DNA 序列種內與種間變異的了解。然而，排遺內含物分析顯示黃喉貂會取食齧齒目與食蟲目等小型哺乳動物，而排遺 DNA 分析則可辨識出中大型哺乳類獵物，這揭示黃喉貂取食習性的特色（對小型哺乳動物連皮帶骨攝入，對中大型哺乳動物取食肌肉為主），也顯示利用排遺內容物分析食性的不足。在適當設計下，因可開發可用於辨識排遺所屬物種與所含獵物種類的分析技術，用於食肉目動物或其獵物的調查與研究上。

本研究顯示，玉山國家公園東部園區黃喉貂與水鹿的數量在增加中，黃喉貂與植食性物種及其他食肉目動物的交互關係，水鹿族群對植株存活與植物群落演替的影響，是未來應加強注意的問題。

## 第二節 建議

### 建議一

(建議主題)：立即可行建議

主辦機關：玉山國家公園

協辦機關：相關研究機構

分子鑑種技術效率的提升，不論在辨種成功率的提高，或藉以辨別排遺中的獵物種類，皆需以對特定 DNA 序列之種內與種間變異的了解為基礎。除輔助物種辨識與資源調查外，分子生物相關技術尚可協助族群量推估、族群存續分析、動物個體行為生態研究，為野生動物研究與資源管理上的利器，建議促進相關研究材料與資訊的典藏與整合，以提升可運用於資源保育與管理之分子生物技術的發展。

### 建議二

(建議主題)：立即可行建議

主辦機關：內政部營建署

協辦機關：國家公園、相關的研究與資源管理機構

山豬的族群現況，數量漸增之水鹿與黃喉貂對其他物種與生態系的影響，是台灣山區目前普遍存在的問題，需加強研究與監測，並將相關工作與成果與資源保育單位的任務與業務結合，進行必要的資源管理。

# 玉山國家公園東部園區偶蹄目監測與中小型食肉目動物分布調查

## 謝辭

計畫執行期間，承玉山國家公園管理處與南安管理站提供經費、器材與行政支持，屏東科技大學野生動物保育研究所台灣黑熊研究團隊在野外調查與資訊上的協助與分享，林宗以先生提供諸多協助與建議，特有生物研究保育中心提供食肉目動物組織樣本以供進行遺傳分析與比對，特此表達謝意。野外資料的搜集，由東華大學自然資源管理研究所野生動物研究室助理與研究生協力完成。



## 參考書目

- 王穎 1995 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）。內政部營建署玉山國家公園管理處。
- 王穎、黃美秀 2000 玉山國家公園台灣黑熊之生態及人熊關係之研究（二）。內政部營建署玉山國家公園管理處。
- 王穎、吳煜慧 2001 玉山國家公園台灣黑熊之生態及人熊關係之研究（三）。內政部營建署玉山國家公園管理處。
- 李玲玲 2003 國家公園保育及經營管理成效評估準則之建立。內政部營建署
- 吳海音 2002 玉山國家公園東部園區大型哺乳動物監測計畫。內政部營建署玉山國家公園。
- 吳海音 2003 玉山國家公園東部園區吊橋步棧道工程對野生動物影響監測。內政部營建署玉山國家公園。
- 吳海音 2004 玉山國家公園東部園區台灣黑熊及偶蹄目動物群聚研究。內政部營建署玉山國家公園。
- 吳海音 2005 玉山國家公園東部園區偶蹄目動物監測計畫。內政部營建署玉山國家公園。
- 吳海音 2006 玉山國家公園東部園區偶蹄目動物監測計畫。內政部營建署玉山國家公園。
- 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。內政部營建署玉山國家公園。
- 周蓮香 1991 玉山國家公園新康山區陸上脊椎動物調查。內政部營建署玉山國家公園管理處。
- 陳怡君、王穎 2001 玉山國家公園瓦拉米地區訪客數量對山羌之影響。國家公園學報. 11(1):86-95。
- 陳怡君、吳海音、吳煜慧 2002 玉山國家公園大分至南安地區野生哺乳動物之相對豐度調查。內政部營建署玉山國家公園管理處。
- 黃美秀 2004 玉山國家公園楠梓仙溪地區中大型哺乳動物之族群監測。內政部營建署玉山國家公園管理處。

- 裴家騏、姜博仁 2002 大武山自然保留區和周邊地區雲豹及其它中大型哺乳動物之現況與保育研究(二)。行政院農委會林務局保育研究系列 91-20 號。
- 裴家騏、姜博仁 2004 大武山自然保留區和周邊地區雲豹及其它中大型哺乳動物之現況與保育研究(三)。行政院農委會林務局保育研究系列 91-20 號。
- 裴家騏、姜博仁 2002 大武山自然保留區和周邊地區雲豹及其它中大型哺乳動物之現況與保育研究(二)。行政院農委會林務局保育研究系列 91-20 號。
- Alacs, E., D. Alpers, P. J. de Tores, M. Dillon & P. B. S. Spencer (2003) Identifying the presence of quokkas (*Setonix brachyurus*) and other macropods using cytochrome b analyses from faeces. *Wildlife Research*, 30, 41-47.
- Andheria, A. P., K. U. Karanth & N. S. Kumar (2007) Diet and prey profiles of three sympatric large carnivores in Bandipur Tiger Reserve, India. *Journal of Zoology*, 273, 169-175.
- Berry, O., S. D. Sarre, L. Farrington & N. Aitken (2007) Faecal DNA detection of invasive species: the case of feral foxes in Tasmania. *Wildlife Research*, 34, 1-7.
- Carbone, C., S. Christie, K. Conforti, T. Coulson, N. Franklin, J. R. Ginsberg, M. Griffiths, J. Holden, & K. Kawanishi (2001) The use of photographic rates to estimate densities of triggers and other cryptic mammals. *Animal Conservation*, 4, 75-79.
- Colli, L., R. Cannas, A. M. Deiana, G. Gandolfi & J. Tagliavini (2005) Identification of mustelids (Carnivora : Mustelidae) by mitochondrial DNA markers. *Mammalian Biology*, 70, 384-389.
- Dalen, L., B. Elmhagen & A. Angerbjorn (2004) DNA analysis on fox faeces and competition induced niche shifts. *Molecular Ecology*, 13, 2389-2392.
- Dalen, L., A. Gotherstrom & A. Angerbjorn (2004) Identifying species from pieces of faeces. *Conservation Genetics*, 5, 109-111.
- Farrell, L. E., J. Romant & M. E. Sunquist (2000) Dietary separation of sympatric carnivores identified by molecular analysis of scats. *Molecular Ecology*, 9, 1583-1590.

- Fernandes, C. A., C. Ginja, I. Pereira, R. Tenreiro, M. W. Bruford & M. Santos-Reis (2008) Species-specific mitochondrial DNA markers for identification of non-invasive samples from sympatric carnivores in the Iberian Peninsula. *Conservation Genetics*, 9, 681-690.
- Genovesi, P., M. Secchi & L. Boitani (1996) Diet of stone martens: An example of ecological flexibility. *Journal of Zoology*, 238, 545-555.
- Gill, J. A., W. J. Sutherland, & A. R. Watkinson (1996) A method to quantify the effects of human disturbance on animal populations. *Journal of Applied Ecology*, 33, 786-792.
- Gomez-Moliner, B. J., M. T. Cabria, J. Rubines, I. Garin, M. J. Madeira, A. Elejalde, J. Aihartza, P. Fournier & S. Palazon (2004) PCR-RFLP identification of mustelid species: European mink (*Mustela lutreola*), American mink (*M. vison*) and polecat (*M. putorius*) by analysis of excremental DNA. *Journal of Zoology*, 262, 311-316.
- Goszczynski, J., M. Posluszny, M. Pilot & B. Gralak (2007) Patterns of winter locomotion and foraging in two sympatric marten species: *Martes martes* and *Martes foina*. *Canadian Journal of Zoology-Revue Canadienne De Zoologie*, 85, 239-249.
- Harrington, L. A., A. L. Harrington & D. W. Macdonald (2008) Estimating the relative abundance of American mink *Mustela vison* on lowland rivers: evaluation and comparison of two techniques. *European Journal of Wildlife Research*, 54, 79-87.
- Hofer, U., L. F. Bersier & D. Borcard (2004) Relating niche and spatial overlap at the community level. *Oikos*, 106, 366-376.
- Janecka, J. E., L. I. Grassman, J. N. Derr, R. L. Honeycutt, W. Eiadthong & M. E. Tewes (2006) Rapid whole genome amplification of DNA from felids: Applications for conservation genetics. *Wildlife Society Bulletin*, 34, 1134-1141.
- Janecka, J. E., R. Jackson, Z. Yuquang, L. Diqiang, B. Munkhtsog, V. Buckley-Beason & W. J. Murphy (2008) Population monitoring of snow leopards using noninvasive collection of scat samples: a pilot study. *Animal Conservation*, 11, 401-411.
- Koepfli, K. P., B. Kanchanasaka, H. Sasaki, H. Jacques, K. D. Y. Louie, T. Hoai, N. X. Dang, E. Geffen, A. Gutleb, S. Y. Han, T. M. Heggberget, L.

- LaFontaine, H. Lee, R. Melisch, J. Ruiz-Olmo, M. Santos-Reis, V. E. Sidorovich, M. Stubbe & R. K. Wayne (2008) Establishing the foundation for an applied molecular taxonomy of otters in Southeast Asia. *Conservation Genetics*, 9, 1589-1604.
- Kok, O. B. & J. A. J. Nel (2004) Convergence and divergence in prey of sympatric canids and felids: opportunism or phylogenetic constraint? *Biological Journal of the Linnean Society*, 83, 527-538.
- Kurose, N., R. Masuda & M. Tatara (2005) Fecal DNA analysis for identifying species and sex of sympatric carnivores: A noninvasive method for conservation on the Tsushima islands, Japan. *Journal of Heredity*, 96, 688-697.
- Lampa, S., B. Gruber, K. Henle & M. Hoehn (2008) An optimisation approach to increase DNA amplification success of otter faeces. *Conservation Genetics*, 9, 201-210.
- Lanszki, J. (2003) Feeding habits of stone martens in a Hungarian village and its surroundings. *Folia Zoologica*, 52, 367-377.
- Lopez-Giraldez, F., B. J. Gomez-Moliner, J. Marmi & X. Domingo-Roura (2005) Genetic distinction of American and European mink (*Mustela vison* and *M. lutreola*) and European polecat (*M. putorius*) hair samples by detection of a species-specific SINE and a RFLP assay. *Journal of Zoology*, 265, 405-410.
- Loveridge, A. J. & D. W. MacDonald (2002) Habitat ecology of two sympatric species of jackals in Zimbabwe. *Journal of Mammalogy*, 83, 599-607.
- Lynch, A. B., M. J. F. Brown & J. M. Rochford (2006) Fur snagging as a method of evaluating the presence and abundance of a small carnivore, the pine marten (*Martes martes*). *Journal of Zoology*, 270, 330-339.
- Lynch, A. B. & Y. McCann (2007) The diet of the pine marten (*Martes martes*) in Killarney National Park. *Biology and Environment-Proceedings of the Royal Irish Academy*, 107B, 67-76.
- Malisa, A., P. Gwakisa, S. Balthazary, S. Wasser & B. Mutayoba (2005) Species and gender differentiation between and among domestic and wild animals using mitochondrial and sex-linked DNA markers. *African Journal of Biotechnology*, 4, 1269-1274.

- Meyer, A. (1993) "Evolution of mitochondrial DNA in fishes." In: Hochachka, P.W., Mommsen T.P., eds. (Amsterdam: Elsevier) pp 1-38.
- Mohd. Azlan, J. & E. Lading (2006) Camera trapping and conservation in Lambir Hills National Park, Sarawak. *The Raffles Bulletin of Zoology*, 54, 469-475.
- Moruzzi, T. L., T. K. Fuller, R. M. Degraaf, R. T., & W. L. Brooks (2002) Assessing remotely triggered cameras for surveying carnivore distribution. *Wildlife Society Bulletin*, 30, 380-386.
- Mukherjee, N., S. Mondol, A. Andheria & U. Ramakrishnan (2007) Rapid multiplex PCR based species identification of wild tigers using non-invasive samples. *Conservation Genetics*, 8, 1465-1470.
- Murphy, M. A., K. C. Kendall, A. Robinson & L. P. Waits (2007) The impact of time and field conditions on brown bear (*Ursus arctos*) faecal DNA amplification. *Conservation Genetics*, 8, 1219-1224.
- Napolitano, C., M. Bennett, W. E. Johnson, S. J. O'Brien, P. A. Marquet, I. Barria, E. Poulin & A. Iriarte (2008) Ecological and biogeographical inferences on two sympatric and enigmatic Andean cat species using genetic identification of faecal samples. *Molecular Ecology*, 17, 678-690.
- Onorato, D., C. White, P. Zager & L. P. Waits (2006) Detection of predator presence at elk mortality sites using mtDNA analysis of hair and scat samples. *Wildlife Society Bulletin*, 34, 815-820.
- Padial, J. M., E. Avila & J. M. Gil-Sanchez (2002) Feeding habits and overlap among red fox (*Vulpes vulpes*) and stone marten (*Martes foina*) in two Mediterranean mountain habitats. *Mammalian Biology*, 67, 137-146.
- Palomares, F., J. A. Godoy, A. Piriz, S. J. O'Brien & W. E. Johnson (2002) Faecal genetic analysis to determine the presence and distribution of elusive carnivores: design and feasibility for the Iberian lynx. *Molecular Ecology*, 11, 2171-2182.
- Phillips, R. B., C. S. Winchell & R. H. Schmidt (2007) Dietary overlap of an alien and native carnivore on San Clemente Island, California. *Journal of Mammalogy*, 88, 173-180.
- Piggott, M. P. & A. C. Taylor (2003) Extensive evaluation of faecal preservation and DNA extraction methods in Australian native and introduced species.

- Australian Journal of Zoology, 51, 341-355.
- Pilot, M., B. Gralak, J. Goszczynski & M. Posluszny (2007) A method of genetic identification of pine marten (*Martes martes*) and stone marten (*Martes foina*) and its application to faecal samples. Journal of Zoology, 271, 140-147.
- Polly, D., D. W.-H. Gina, E. H. Ronald, D. Graham & P. Houde (2006). Earliest Known Carnivoran Auditory Bulla and Support for a Recent Origin of Crown-Clade Carnivora (Eutheria, Mammalia), Palaeontology, 49, 1019-1027.
- Pompanon, F., A. Bonin, E. Bellemain & P. Taberlet (2005) Genotyping errors: Causes, consequences and solutions. Nature Reviews Genetics, 6, 847-859.
- Posluszny, M., M. Pilot, J. Goszczynski & B. Gralak (2007) Diet of sympatric pine marten (*Martes martes*) and stone marten (*Martes foina*) identified by genotyping of DNA from faeces. Annales Zoologici Fennici, 44, 269-284.
- Prigioni, C., A. Balestrieri, L. Remonti & L. Cavada (2008) Differential use of food and habitat by sympatric carnivores in the eastern Italian Alps. Italian Journal of Zoology, 75, 173-184.
- Prugh, L. R., S. M. Arthur & C. E. Ritland (2008) Use of faecal genotyping to determine individual diet. Wildlife Biology, 14, 318-330.
- Prugh, L. R. & C. E. Ritland (2005) Molecular testing of observer identification of carnivore feces in the field. Wildlife Society Bulletin, 33, 189-194.
- Reed, J. E., R. J. Baker, W. B. Ballard & B. T. Kelly (2004) Differentiating Mexican gray wolf and coyote seats using DNA analysis. Wildlife Society Bulletin, 32, 685-692.
- Remonti, L., A. Balestrieri & C. Prigioni (2007) Role of fruits in the diet of small mustelids (*Mustela sp.*) from the western Italian Alps. European Journal of Wildlife Research, 53, 35-39.
- Rivero, K., D. I. Rumiz & A. B. Taber (2004) Estimating brocket deer (*Mazama gouazoubria* and *M. americana*) abundance by dung pellet counts and other indices in seasonal Chiquitano forest habitats of Santa Cruz, Bolivia. European Journal Wildlife Research, 50, 161-167.
- Roon, D. A., L. P. Waits & K. C. Kendall (2005) A simulation test of the

- effectiveness of several methods for error-checking non-invasive genetic data. *Animal Conservation*, 8, 203-215.
- Rosellini, S., E. Osorio, A. Ruiz-Gonzalez, A. P. Isabel & I. Barja (2008) Monitoring the small-scale distribution of sympatric European pine martens (*Martes martes*) and stone martens (*Martes foina*): a multievidence approach using faecal DNA analysis and camera-traps. *Wildlife Research*, 35, 434-440.
- Rowcliffe, J. M. & C. Carbone (2008) Surveys using camera traps: are we looking to a brighter future? *Animal Conservation*, 11, 185-186.
- Rowcliffe, J. M., J. Field, S. T. Turvey & C. Carbone (2008) Estimating animal density using camera traps without the need for individual recognition. *Journal of Applied Ecology*, 45, 1228-1236.
- Ruell, E. W. & K. R. Crooks (2007) Evaluation of noninvasive genetic sampling methods for felid and canid populations. *Journal of Wildlife Management*, 71, 1690-1694.
- Santini, A., V. Lucchini, E. Fabbri & E. Randi (2007) Ageing and environmental factors affect PCR success in wolf (*Canis lupus*) excremental DNA samples. *Molecular Ecology Notes*, 7, 955-961.
- Sarre, S. D. & A. Georges (2009) Genetics in conservation and wildlife management: a revolution since Caughley. *Wildlife Research*, 36, 70-80.
- Sheppard, S. K. & J. D. Harwood (2005) Advances in molecular ecology: tracking trophic links through predator-prey food-webs. *Functional Ecology*, 19, 751-762.
- Shimatani, Y., T. Takeshita, S. Tatsuzawa, T. Ikeda & R. Masuda (2008) Genetic identification of mammalian carnivore species in the Kushiro Wetland, Eastern Hokkaido, Japan, by analysis of fecal DNA. *Zoological Science*, 25, 714-720.
- Smart, J. C. R., A. I. Ward, & P. C. L. White (2004) Monitoring woodland deer population in the UK: an imprecise science. *Mammal Review*, 34, 99-114.
- Sugimoto, T., J. Nagata, V. V. Aramilev, A. Belozor, S. Higashi & D. R. McCullough (2006) Species and sex identification from faecal samples of sympatric carnivores, Amur leopard and Siberian tiger, in the Russian Far East. *Conservation Genetics*, 7, 799-802.

- Sutherland, W. J., A. S. Pullin, P. M. Dolman, & T. M. Knight (2004) The need for evidence-based conservation. *Trends in Ecology and Evolution*, 19, 305-308.
- Symondson, W. O. C. (2002) Molecular identification of prey in predator diets. *Molecular Ecology*, 11, 627-641.
- Taylor, A. R. & R. L. Knight (2003) Wildlife responses to recreation and associated visitor perceptions. *Ecological Applications*, 13, 951-963.
- Valiere, N., C. Bonenfant, C. Toigo, G. Luikart, J. M. Gaillard & F. Klein (2007) Importance of a pilot study for non-invasive genetic sampling: genotyping errors and population size estimation in red deer. *Conservation Genetics*, 8, 69-78.
- Waits, L. P. & D. Paetkau (2005) Noninvasive genetic sampling tools for wildlife biologists: A review of applications and recommendations for accurate data collection. *Journal of Wildlife Management*, 69, 1419-1433.
- Wegge, P., M. Odden, C. P. Pokharel & T. Storaas (2009) Predator-prey relationships and responses of ungulates and their predators to the establishment of protected areas: A case study of tigers, leopards and their prey in Bardia National Park, Nepal. *Biological Conservation*, 142, 189-202.
- Wehausen, J. D., R. R. Ramey & C. W. Epps (2004) Experiments in DNA extraction and PCR amplification from bighorn sheep feces: the importance of DNA extraction method. *Journal of Heredity*, 95, 503-509.
- Wilson, D. E., F. R. Cole, J. D. Nichols, R. Rudran, & M. S. Foster (1996) *Measuring and Monitoring Biological Diversity, standard methods for mammals*. Smithsonian Institution Press. London.
- Zhang, B. W., M. Li, L. C. Ma & F. W. Wei (2006) A widely applicable protocol for DNA isolation from fecal samples. *Biochemical Genetics*, 44, 503-512.
- Zhou, Y. B., E. Slade, C. Newman, X. M. Wang & S. Y. Zhang (2008) Frugivory and seed dispersal by the yellow-throated marten, *Martes flavigula*, in a subtropical forest of China. *Journal of Tropical Ecology*, 24, 219-223.
- Zielinski, W. J. & N. P. Duncan (2004) Diets of sympatric populations of american martens (*Martes americana*) and fishers (*Martes pennanti*) in

California. *Journal of Mammalogy*, 85, 470-477.

# 玉山國家公園東部園區偶蹄目監測與中小型食肉目動物分布調查

## 「玉山國家公園東部園區偶蹄目監測與中小型食肉目動物分布調查」委託案期中審查會議紀錄

壹、時間：中華民國 98 年 8 月 4 日下午 1 時 30 分

貳、地點：本處三樓會議室

參、主持人：陳處長隆陞

肆、出（列）席單位及人員：（如簽到單影本）

伍、委託機構（國立東華大學）簡報：（略）

陸、審查意見：

- 一、自動相機的設置距離為多少？請於期末報告中述明。
- 二、與往年的比較，其比較基礎請加以說明。
- 三、以棲地類型分析動物分布的可能性如何？若可行，請在期末報告時加以分析以瞭解動物的棲地偏好性。
- 四、物種發現頻度除以區段呈現，建議可用細的路段資料呈現，以更詳確的瞭解物種出現的主要區域。
- 五、請就數位相機的架設作較清楚的敘述。
- 六、水鹿的數位相機與排遺在不同年度間的改變似未完全一致，水鹿的數量是否真的降低，請作進一步的討論。
- 七、排遺之分子鑑識，請作進一步的陳述探討。
- 八、野生動物的數量可呈現國家公園園區的經營管理成效，是否可藉由調查資料提出一個指數（或指標）用以判斷野生動物數量變多或變少？

柒、會議結論：

- 一、請計畫執行單位依上述審查意見辦理，並將對應處理情形列表納入期末報告書之附錄中。
- 二、本計畫期中報告審查通過。請依契約書之規定辦理第一期款核銷及撥付第二期款事宜。

捌、散會

## 「玉山國家公園東部園區偶蹄目監測與中小型食肉目動物分布調查」委託案期末審查會議紀錄

壹、時間：中華民國 98 年 12 月 4 日上午 11 時

貳、地點：本處 3 樓會議室

參、主持人：陳處長隆陞

肆、出（列）席單位及人員：（如簽到單影本）

伍、委託機構（國立東華大學）簡報：（略）

陸、審查意見：

- 一、建議能對食肉目動物排遺在不同區段與去回程的數量變化作量化的陳述。
- 二、有關食蟹獾與貂科動物排遺外觀的判定依據，建議作更進一步的陳述，以供 DNA 判定之探討與後續應用參考。
- 三、針對相機與排遺所得的分布資訊有何差異，以及推斷之中小型食肉目較可能分布狀況作一討論。
- 四、建議就圖表內容所呈現訊息能清楚的描述，以利後續資料的引用。
- 五、建議進一步討論各類別物種在不同區段出現率與環境的關係，以明瞭環境與物種分布的相關性。

柒、會議結論：

- 一、本計畫經審查委員之審查，其工作內容及執行成效與契約書大致相符，期末報告原則通過。
- 二、請計畫執行單位依上述審查意見修正報告，並將各期報告之審查意見對應處理情形製表納入報告書之附錄中。依本處結案報告格式製作報告書，並依契約書規定，連同正式報告書、光碟等資料函送本處認可後，辦理第三期請款與結案相關事宜。

捌、散會