

臺灣水鹿跨域整合研究 (一)

太魯閣國家公園管理處委託研究報告

中華民國 101 年 12 月

(本報告內容及建議，純屬研究小組意見，不代表本機關意見)

系統編號: PG10101-0364

臺灣水鹿跨域整合研究 (一)

受委託者：中華民國國家公園學會

研究主持人：王穎

協同主持人：朱有田

研究員：顏士清、張郁琦、廖昱銓

太魯閣國家公園管理處委託研究報告

中華民國 101 年 12 月

(本報告內容及建議，純屬研究小組意見，不代表本機關意見)

臺灣水鹿跨域整合研究(一)

目次

圖次 III

表次 V

摘要 VII

第一章 蒐集之資料、文獻分析 1

第二章 研究方法及過程 7

 第一節 研究地區 7

 第二節 研究方法 7

第三章 研究發現 15

第四章 討論 49

第五章 建議事項 57

 第一節 結論 57

 第二節 建議 57

附錄一 61

附錄二 63

參考書目 65

臺灣水鹿跨域整合研究(一)

圖次

圖 3-1 研究樣區之環境類型分布圖 43

圖 3-2 水鹿位置之海拔高度平均及上下限 44

圖 3-3 水鹿、山羊、山羌、山豬之日活動模式 44

圖 3-4 南湖水鹿排遺萃取 DNA 經 PCR 增幅所得 D-loop 片段電泳圖 . . . 45

圖 3-5 臺灣水鹿族群 D-loop 基因單套型 Neighbor-joining 親緣關係樹 . . 46

圖 3-6 太魯閣水鹿族群 D-loop 基因單套型 Neighbor-joining 親緣關係樹 . 47

圖 3-7 臺灣水鹿族群 Nested Clade Analysis 結果圖 48

表次

表 2-1	陶塞河流域至南湖山區，自動相機站架設情形	13
表 2-2	臺灣水鹿粒線體全長增幅之引子序列與增幅片段長度	14
表 3-1	2012 年奇萊磐石山區水鹿捕捉個體基本資料	22
表 3-2	奇萊磐石山區所有捕捉雄鹿與雌鹿之形質測量平均值	22
表 3-3	水鹿追蹤定位情形	23
表 3-4	奇萊磐石山區水鹿追蹤個體之日位移距離 (m)	24
表 3-5	奇萊磐石山區水鹿追蹤個體之活動範圍	25
表 3-6	水鹿對不同環境類型之選擇	26
表 3-7	水鹿定位點位置之坡度	27
表 3-8	水鹿對不同坡向之使用比例(%)	28
表 3-9	以自動相機調查陶塞河流域與南湖山區中大型哺乳動物相	29
表 3-10	陶塞河流域與南湖山區水鹿相對豐度於不同季節與海拔之變化	30
表 3-11	陶塞河流域與南湖山區山羌相對豐度於不同季節與海拔之變化	30
表 3-12	陶塞河流域與南湖山區獼猴相對豐度於不同季節與海拔之變化	31
表 3-13	陶塞河流域與南湖山區野豬相對豐度於不同季節與海拔之變化	31
表 3-14	臺灣水鹿族群各樣區樣本數量分布與已分析序列數量	32
表 3-15	陶塞溪中下游水鹿粒線體基因組 (mitochondrial genome) 序列	33
表 3-16	各樣區 D-loop 基因單套型分布數量表(Haplotypes Inference)	35
表 3-17	太魯閣國家公園境內水鹿族群遺傳距離	37
表 3-18	臺灣水鹿族群族群分化值(Fst)與遺傳距離	38
表 3-19	Nested Clade Analysis 事件檢測表	39
表 3-20	臺灣水鹿族群 D-loop 親緣樹三類群遺傳距離	40
表 3-21	臺灣水鹿與亞洲其他水鹿亞種之遺傳距離	41
表 3-22	Nested Clade Analysis 使用參數表	42

摘要

關鍵詞：水鹿、空間使用、棲地選擇、族群遺傳

一、研究緣起

臺灣水鹿(Formosan sambar, *Rusa unicolor swinhoii*)是臺灣特有亞種，且被列為保育類野生動物，過去族群數量曾因棲地破碎化與狩獵壓力影響而一度銳減，直到近年來才逐漸回昇，因此我們欲檢測其是否曾遭逢瓶頸效應或產生族群間遺傳分化；此外，為建立將來對臺灣野生水鹿族群的經營管理方針，必須瞭解野生水鹿的棲地選擇方式，藉由棲地選擇研究，可讓物種層級的保育策略與棲地層級的保育策略接軌。

二、研究方法與過程

在空間使用與棲地選擇研究的部分，我們於太魯閣國家公園奇萊山區以 GPS 項圈發報器對水鹿進行追蹤，2012 年共回收 13 隻個體的追蹤定位資料，藉定位資料分析水鹿的日位移距離、活動範圍，以及使用的環境類型、海拔，並探討其對不同坡向、坡度與太陽輻射量是否有所偏好。

在陶塞河流域與南湖山區，我們架設了 12 台數位自動相機，自 2011 年 12 月至 2012 年 10 月監測此區的動物相與動物相對豐度，並比較不同海拔梯度與不同季節間的動物相對豐度變化。

2012 年對太魯閣國家公園境內臺灣水鹿遺傳結構分析，主要著重北區（南湖陶塞線與陶塞溪中下游）及西南區（奇萊、磐石）水鹿遺傳樣本分析。目前已蒐集分析出 362 粒線體 D-loop DNA 全長序列，包括奇萊山區、磐石山區、南湖大山陶塞線與陶塞溪中下游。除此之外為了與臺灣其他地區水鹿進行遺傳歧異度分析，我們亦蒐集分析雪霸國家公園翠池與志樂河流域、丹大野生動物重要棲息環境、雙龍林道與雙龍治茆山、玉山新康與三叉山、大武山等山區樣本。

三、重要發現

水鹿平均日位移距離約為 200-500 m，最大可超過 6 km。以 95% MCP

(minimum convex polygon)估算活動範圍，發現最大者可達 1,584 ha，雄鹿平均活動範圍(691±504 ha)大於雌鹿(385±298 ha)。並發現箭竹灌叢與草生地是水鹿最喜好的環境類型，每隻個體均會依季節遷徙於中海拔與高海拔的棲地，水鹿主要使用坡度 15-40 度的環境，對於不同的坡向與太陽輻射量則未表現出有一致的偏好。

於陶塞河流域與南湖山區回收 11 台數位自動相機的資料，相機共工作 73,500.5 h。結果顯示數量最豐富的物種為山羌(OI=44.54)，水鹿次之(OI=9.24)。1500-2000 m 海拔梯度的動物種類與相對豐度都高於其他三個海拔更高的區段。並發現本區的山羌、野豬、獼猴可能都有季節性遷徙行為。

粒線體 DNA 序列遺傳多樣性分析方面，D-loop 單套型目前共發現 30 個序列單套型 (haplotype)。以太魯閣國家公園與丹大野生動物重要棲息環境多樣性較高，但需考量無法排除因樣本收集量不同而導致的誤差。重要的發現是太魯閣陶塞溪中下游流域、雪霸國家公園翠池與及志樂溪所擁有 6 個單套型其核苷酸取代特徵與臺灣其他地區明顯不同。經親緣關係分析、bootstrap 顯著性分析與分化指數 (F_{ST})，將臺灣水鹿分成兩大遺傳類群。陶塞溪中下游與雪霸國家公園翠池與志樂溪形成一主要類群，這一類群稱為陶塞溪中下游類群；而南湖陶塞線、奇萊山區、磐石山區、丹大野生動物重要棲息環境與大武山水鹿形成另一類群，這個類群稱為中央山脈主要類群。經由分子鐘的計算，這兩類群分歧時間為 58,000 至 118,000 年，大約落在臺灣的前次冰河期。Nested clade analysis 的分析結果也顯示地理距離的隔離，是造成臺灣水鹿遺傳分化因素之一。而根據此研究的發現，今後臺灣水鹿的保育策略所採用之保育強度與運用策略，可將各保護區不同的地理氣候條件列入考量，而非一致相同。另外，開發利用解析度更高的遺傳標記去進行不同地區的族群遺傳管理，可能是急迫需要進行的。

四、主要建議意見

立即可行之建議

主辦機關：太魯閣國家公園管理處、中華民國國家公園學會

協辦機關：無

對於水鹿的追蹤應持續進行，增加樣本數與追蹤時間，使研究成果更具可信度以作為保育參考，並有利於把成果發表至國際期刊，宣傳太魯閣國家公園之保育研究成果。

長期性建議

主辦機關：太魯閣國家公園管理處

協辦機關：臺灣師範大學生命科學系、臺灣大學動物科學與技術學系

由於新式數位相機的長時間工作能力極強，陶塞橫斷或其他路程遙遠地區，可由巡山員架設相機作監測，半年至一年後回收一次即可。

為何獨特的太魯閣國家公園陶塞中下游水鹿類群會存在，其形成原因與自然環境、地理環境及氣候變遷之關係必須加以研究釐清。

ABSTRACT

Keywords: sambar deer, space use, habitat selection, population genetics

The Formosan sambar deer (*Rusa unicolor swinhoii*), an endemic subspecies to Taiwan and also classified as a “rare and valuable species” in Conservation Law, was studied to learn its space use, habitat selection, and genetic differentiation among populations from 2009 to 2012 in Taroko National Park due to a recent rapid increase of its population.

We used GPS collars to study the space use and habitat selection by Formosan sambar deer in Mt. Chilai, Taroko National Park. Location data from 13 deer were analyzed for their daily movement, home range, and habitat selection. Habitat selection study included 5 variables: vegetation type, elevation, aspect, slope, and solar radiation. The daily movement distance of sambar deer was about 200-500 m, and the maximum distance was over 6 km. The mean home range (95% minimum convex polygon) was 691 ± 504 ha for male and 385 ± 298 ha for female, and the largest one was 1,584 ha. The deer preferred using arrow-bamboo grassland. Every individual migrated between the medium-elevation and high-elevation areas seasonally. The slopes of 15-40 degrees were most frequently used by deer. In addition, the deer did not show a consistent preference to different aspect and solar radiation.

We established 12 camera traps to monitor the fauna of Taosai River basin and Mt. Nanhu. We also compared the animal relative abundance among seasons and among elevation zones. The total sampling effort was 73,500.5 hours. The results showed that the muntjac (OI=44.54) and sambar deer (OI=9.24) were the 2 most abundant large mammal in this area. The elevation zone of 1500-2000 m had higher diversity and abundance of large mammals than the other 3 higher elevation zones. In

addition, the muntjac, wild boar, and Formosan macaque might migrate seasonally among different elevation zones.

To study the genetic structure, we collected deer samples from the north region (Nanhu-Taosai route and Taosai mid-lower stream route) and southeast region (Mt. Chilai and Panshi) of Taroko National Park this year. Entire D-loop sequences of mitochondrial DNA from 362 samples were analyzed, including the samples of Mt. Chilai, Mt. Panshi, Nanhu-Taosai route and Taosai mid-lower stream route. In addition, the samples of Shei-Pa National Park, Danda Wildlife Refuge, Yushan National Park, and Da-wu-shan Natural Reserve were also collected and analyzed to construct the genetic diversity analysis among diverse regions. Thirty haplotypes were identified based on the polymorphism of mitochondrial sequences. The preliminary results showed that genetic diversities of Taroko National Park and Danda Wildlife were higher than those other regions. Importantly, there were 6 haplotypes possessed unique nucleotide substitution characteristics in Taroko Taosai mid-lower stream, Shei-pa Cui Pond, and Shei-pa Zhile Creek distinguished to other regions in Taiwan. Formosan sambar deer was divided into two major clades based on the phylogenetic analysis, bootstrap value, and fixation index (F_{ST}). The Taosai mid-down steam clade consisted of Taosai mid-lower stream, Shei-pa Cui Pond, and Shei-pa Zhile, and the Central mountain clade consisted of Nanhu-Taosai route, Mt. Chilai, Mt. Panshi, Danda Wildlife Refuge, and Da-wu-shan Natural Reserve. The divergence time between two major clades was 58,000-118,000 years ago based on the molecular clock calculation, and this time frame was located approximately in the last glacial period in Taiwan. The result of nested clade analysis indicated the geographic isolation was also a cause of genetic differentiation among Formosan sambar deer populations. Based on the investigation of this research, the different geographical and climatic conditions of conservation areas were taken into consideration in the conservation levels and

strategies of Formosan sambar deer. Furthermore, developing genetic markers with higher resolution in proceeding population genetic management is urgently required.

This project comes to the immediate and long-term strategies.

For immediate strategies:

1. A larger sample size and longer period of deer tracking should be collected for providing more reliable information on management and conservation. In addition, this would be benefit for publishing this study on an international journal and for advertising the efforts on conservation by Taroko National Park.

For long-term strategies:

1. The lifetime of the digital scouting camera with 1 battery package is longer than a half year. Thus, using the camera for fauna monitoring is now applicable in the remote mountain areas. The Headquarter of National Park can assign the rangers to set up and retrieve the data every 0.5-1 year period.
2. The establishment of unique Formosan sambar deer in Taroko Taosai mid-lower stream and its relationships with natural environment, geographic environment, and climatic changes should be investigated and clarified in the future.

第一章 緒論

壹、研究緣起與背景

鹿科動物類緣關係與演化史：目前世界上的鹿科動物約有 53 種，是偶蹄目動物中物種數目第二多者。早期依據掌骨構造差異，將其區分成 Plesiometacarpalia 及 Telemetacarpalia 兩大類 (Brooke 1878)，配合地理學資料，大致上以大西洋為界，將美洲、澳洲的鹿歸於 Telemetacarpalia 類；歐、亞、非洲的鹿則為 Plesiometacarpalia 類。而後又依據形態及地理分布將鹿科動物中的鹿亞科 (Cervinae) 及鹿亞科 (Muntiacinae) 歸於 Plesiometacarpalia 類；獐亞科 (Hydropotinae) 與美洲鹿亞科 (Odocoileinae) 則歸為 Telemetacarpalia 類 (Grubb 1993)。近來，以分子標記多型性建構物種類緣關係之研究漸增，已有研究團隊利用粒線體與細胞核之分子遺傳標記，分析包含 15 屬 25 種鹿科動物之 DNA 序列，提供目前為止最大規模之鹿科動物類緣關係建立與分類之參考，其研究結果支持 Brooke 以形態作依據之二分法 (Gilbert et al. 2006)。在建構類緣關係後，為進一步瞭解鹿科動物演化方式，研究團隊利用分子鐘 (molecular clock) 假說 (Zuckerandl and Pauling 1965)，依核 苷酸序列之分歧度，推算鹿科動物分歧時間，將結果與化石證據、史前氣候及地形變化比較，藉此推測出鹿科動物的起源在中新世 (Miocene) 亞洲地區，並藉重建鹿科動物祖先形態的研究，窺探新近紀 (Neocene) 在形態學及生物地質學之演化過程。

水鹿 (sambar deer, *Rusa unicolor*) 屬鹿亞科 (Cervinae)，分類上與 *Cervus timorensis* 親緣關係最近，分布於南亞及東南亞地區，東至臺灣，西至印度，南至蘇門達臘，北至中國西藏。臺灣地理位置為世界水鹿自然分布範圍之最東處，臺灣的水鹿棲地也是世界上水鹿棲地裡緯度與海拔最高的地區之一。臺灣水鹿 (Formosan sambar, *R. u. swinhoii*) 是臺灣特有亞種，且被列為保育類野生動物，過去廣泛分布在臺灣的山區，但如同其他地區的水鹿族群，臺灣水鹿也受到棲地開發與狩獵壓力影響，族群數量一度銳減，直到近年來才逐漸回昇。以往國內對於

野生水鹿的族群狀況很不了解，近幾年來才漸有研究計畫針對水鹿作行為(郭正彥 2005)、食性(李玲玲 及林宗以 2003; 李玲玲等 2006)、族群狀況監測(李玲玲等 2007; 翁國精等 2010; 翁國精等 2009)、活動模式(王穎等 2010; 裴家騏及姜博仁 2004)、分布預測與空間使用(王穎等 2009; 王穎等 2010; 王穎等 2008; 廖昱銓及王穎 2011; 顏士清及王穎 2011; 顏士清等 2009)等方向之研究，而臺灣水鹿之遺族群傳結構及其與亞洲其他水鹿亞種之親緣關係研究則較為缺乏。

太魯閣國家公園境內地勢高聳，二千公尺以上的山區面積約佔園區之半，近六分之一的面積為三千公尺以上的高峰所據，境內地形峻峭。動物的分布、遷徙與分化易受地形與垂直氣候變化所影響。臺灣存在一個典型的例子是：臺灣草蜥 (*Takydromus formosanus*) 以立霧溪為界，利用粒線體多態性可將臺灣草蜥明顯分成北岸的北部種與南岸的東部種 (Lin et al. 2002)，臺灣草蜥即因太魯閣地形之地理區隔而發展出種化的結果。太魯閣境內地形險峻海拔變化幅度大，垂直的氣候分布以及陡峭的溪谷環境，可能形成某些高海拔物種棲地島嶼化，同時也可能侷限中大型哺乳動物如臺灣水鹿的播遷。因此，我們極有興趣想去瞭解，臺灣水鹿在這多棲地島嶼化的太魯閣境內，是否也有遺傳分化。若有這種情形，未來也希望進一步研究棲地環境、種化與雜交帶 (hybridization zone) 間的關聯。

欲了解水鹿的棲地、分布、移動如何受到地形、環境的影響，首先必須了解水鹿的棲地選擇方式。此外，棲地選擇的研究也可讓管理部門能將有限的資源投在更需要被關注的區域，進而改善或有效管理棲地環境。過去曾有研究建立印度及澳洲的水鹿棲地選擇模式，顯示海拔、森林面積、降雨量、人類活動干擾等因子是影響水鹿棲地的重要因素(Gormley et al. 2011; Kushwaha et al. 2004)，然而臺灣的水鹿生存環境具有緯度、海拔較高之獨特性，環境與國外的水鹿棲地並不相同，熱帶起源的臺灣水鹿如何適應偏向溫帶性氣候的臺灣中高海拔山區將是值得探討的議題。此外，過去的研究是靠穿越線調查獲得水鹿分布資料，進一步推測其棲地選擇方式，尚無任何研究是藉由動物追蹤技術進行。動物追蹤可直接從動物身上獲得定位資料，相較於穿越線調查，可更直接的去判斷水鹿個體如何使用

其生活空間。臺灣水鹿常與臺灣野山羊(*Naemorhedus swinhoei*)及山羌(*Muntiacus reevesi micrurus*)共域，共域的草食獸之間由於生活空間、食性等的重疊而產生競爭關係(Ager et al. 2003; Brunjes et al. 2006)，因此對水鹿空間使用的研究也將有助於未來對其他中大型草食獸的後續研究。

水鹿於亞洲有許多亞種分布，每個亞種的外觀形態特徵與生態習性各有差異，透過對形態與生態棲息地的調查，可以了解不同亞種的特性。隨分子生物技術之發展與進步，可更加精準地判斷亞種遺傳特性與進一步探討亞種間的關聯性及亞種內族群的關係。以下就近年來常使用的粒線體分子遺傳標記與其特性作介紹。

1. 分子遺傳標記

分子系統發生學 (molecular systematics) 是利用不同個體間遺傳物質核苷酸序列之差異作為分類基礎，探討物種特徵與該物種和其他物種的關係。而分子遺傳標記 (molecular marker) 指的是可遺傳並可檢測的核苷酸序列，帶有隨機發生的遺傳變異 (genetic variation) (Avisé 2004)。在演化過程中，這些變異會被忠實地記錄下來，藉由比對核苷酸序列上的這些遺傳變異，可分析物種的遺傳特徵 (genetic characteristics) 及建構類緣關係 (phylogenetic relationship)，獲取相關的遺傳資訊。隨分子生物技術進步，越來越多分子遺傳標記被開發出來，本研究擬採用其中較常被用作類緣關係及族群遺傳探討的分子遺傳標記:粒線體 DNA (mitochondrial DNA) 進行遺傳分析。

2. 分子遺傳標記—粒線體 DNA

粒線體為分布於細胞質之胞器，具單倍體 (haploid) 之環狀 DNA，屬母系遺傳 (maternal inheritance)，沒有基因重組現象，能忠實傳遞母方遺傳資訊 (Dawid and Blackler 1972)。此外，粒線體 DNA 外缺乏組蛋白 (histone) 保護，且其進行複製時，DNA 修補酶之專一性較細胞核中 DNA 修補酶差，使粒線體 DNA 發生變異之機率較高，其變異與演化速率約為細胞核 DNA 之 10 倍 (Brown et al.

1979)。另一方面，一細胞中具有之粒線體複本數 (copy number) 遠多於體染色體，使萃取 DNA 時所需樣本量較少，遺傳變異常為單一核苷酸之取代 (substitution)，鮮少有插入 (insertion) 或刪除 (deletion) 之情況 (Wolstenholme 1992)。同時，粒線體 DNA 序列易由國際資訊網站取得及搜尋比對，結合前述優點，粒線體 DNA 序列的多型性，適用於哺乳動物類緣關係的鑑定，為類緣關係分析之利器。於探討類緣關係的研究中，最常被使用的粒線體 DNA 分子遺傳標記為細胞色素 *b* 基因 (cytochrome *b*) 及 D-loop 序列。細胞色素 *b* 基因能轉譯蛋白質，參與調節體內重要生理機制，在物種內保留性較高，而在物種間則有適度的變異，可藉此瞭解物種間的關聯與演化關係 (Irwin et al. 1991)。D-loop 序列為職司複製粒線體 DNA 中一段控制區域 (control region)，不會轉譯蛋白質，其核苷酸突變率 (nucleotide mutation rate) 為粒線體 DNA 中最高的區域 (Aquadro and Greenberg 1983)，約為其他區域之 2-5 倍 (Meyer 1993)。高度的序列多型性使其適用於物種內或族群間關係之分析，並有助瞭解其遺傳歧異程度

本研究之目的為探討臺灣水鹿的空間使用與棲地選擇方式，及深入研究太魯閣國家公園內各地區水鹿之遺傳結構，揭露其獨特性，並配合自動相機調查與水鹿追蹤探討此區水鹿族群形成遺傳分化的原因。此研究所建立之水鹿棲地選擇模式及粒線體 DNA 資料庫，將能成為保育臺灣野生水鹿之重要分子與族群管理依據。

貳、研究目標

- 一、了解太魯閣國家公園水鹿之空間使用與棲地選擇方式。
- 二、調查南湖山區及陶塞河流域之水鹿活動情形，並嘗試探討此區水鹿季節性移動情形。
- 三、陶塞河流域動物相調查。
- 四、臺灣水鹿排遺樣本採集及 DNA 純化與保存。

- 五、臺灣水鹿粒線體 D-loop 及 Cytochrome b 序列全長增幅與分析。
- 六、陶塞河流域水鹿全長粒線體基因組 DNA 序列分析。
- 七、太魯閣國家公園境內臺灣水鹿族群之遺傳距離與親緣關係分析。
- 八、太魯閣國家公園境內臺灣水鹿、雪霸國家公園、玉山國家公園、丹大野生動物自然棲息環境與大武山自然保留區與亞洲其他水鹿亞種之粒線體親緣關係分析。

第二章 研究方法及過程

第一節 研究地區

太魯閣國家公園位於花蓮、臺中及南投三縣境內，其範圍以立霧河流域、中部東西橫貫公路沿線及其外圍山區為主，包括合歡山區、奇萊連峰(中央山脈北三段北段)、南湖中央尖山區(中央山脈北一段)、中央山脈北二段、陶塞河流域、清水山及清水斷崖、三棧河流域等，面積共約 92,000 ha。本年度研究主要在奇萊山區與托博闊溪區域、南湖山區及陶塞河流域進行。南湖山區位於中央山脈主稜，奇萊山區則位於中央山脈主稜及向東延伸之奇萊東稜上，兩區海拔大多在 3,000 m 以上，年均溫為 7.7 °C，冬季一、二月間溫度常在 0 °C 以下，年雨量在 2,000 mm 以上，夏季多雨，冬季較乾，並可能積雪；托博闊溪位於奇萊東稜(磐石山區)北方，下游接立霧溪，本區昔為太魯閣族傳統領域，今已罕有人跡；陶塞溪發源自南湖山區，下游接立霧溪，在本研究中由竹村進入陶塞溪往上至南湖山區源頭區域，海拔約從 1,000 m 至南湖山區 3,000 m 以上，本區海拔 1,000 m 之年平均溫為攝氏 17.5 °C，冬夏兩季雨量及雨日較多，2,000 m 處年均溫為攝氏 12.5 °C，夏季多雨。

太魯閣國家公園高海拔地區植物相以高山針葉林、玉山箭竹矮灌叢等類群為主，林線以上具有大面積的高山草原。針葉林組成以雲杉、鐵杉、冷杉、二葉松等為主，玉山箭竹矮灌叢除玉山箭竹為優勢種外，亦常有圓柏及杜鵑花科植物(楊遠坡及徐國士，2004)。中海拔地區植物相極為豐富，以闊葉林及針闊葉混淆林為主。

第二節 研究方法

壹、水鹿棲地選擇

一、水鹿捕捉方法

為了解水鹿之棲地選擇模式，本年度研究在奇萊與磐石山區進行野生水鹿捕捉工作，捕捉過程由獸醫師全程監控水鹿生理狀況，以避免造成水鹿之傷亡。本年度共捕捉 10 隻水鹿，其中 9 隻設置 GPS(global positioning system)項圈發報器。除本年度捕捉與追蹤所得資料外，再納入過去數年之追蹤資料一併分析，以利呈現更完整具代表性的結果。

捕捉時先選擇適當地形架設圍網，在網前放置誘餌吸引水鹿前來舔食，待水鹿進入圍網中，研究人員靠近驅趕使其撞上圍網受縛，再由獸醫師以吹箭注射麻醉藥，麻醉藥使用 Xylazine HCl 1.2 mg/kg 及 Ketamine HCl 2.0 mg/kg 混合劑量(董光中 et al. 1993)，等待約 5 分鐘水鹿安靜不再掙扎後，研究人員再上前壓制，並解開網子及網綁四肢確保人員安全。接著注射抗緊迫藥物 dexamethasone 5 ml，防止水鹿過度緊迫，再以 TScale DR-300 電子吊秤測定重量，秤重後設置 GPS 項圈發報器，再測量水鹿之頸圍、肩高、體長，同時注射辨識晶片。最後靜脈注射解劑 Yohimbine 0.12-0.175 mg/kg，解開繩索原地釋放。從動物受縛至釋放，均在 30 分鐘內完成以降低動物的緊迫。

二、空間使用與棲地選擇分析方法

本研究採用GPS項圈發報器追蹤水鹿，其中4個瑞典製GPS項圈設定為每1小時定位一次，定位點儲存於項圈上，待研究人員持接收器下載；5個台灣製GPS項圈為每7小時定位一次，當動物進入GSM通訊範圍內時，項圈會發送簡訊把定位資料傳到研究人員手機中。扣除定位失敗及誤差過大的定位資料後，將餘下的有效定位資料以軟體ArcGIS 10.0 (ESRI, Redlands, CA)及Geospatial Modelling Environment (<http://www.spatial ecology.com/gme/index.htm>)，分析其日位移距離、活動範圍與棲地選擇方式。

日位移距離的計算方法是從每日的定位點中隨機選取一點，計算連續兩日間點位的位移距離。活動範圍以最小凸多邊形法(minimum convex polygon, MCP)及Fixed Kernel Method計算。以95% MCP代表其活動範圍，50% MCP及Fixed

Kernel Method代表其核心區域(Millspaugh and Marzluff 2001)。MCP為最廣泛被使用之方法，而Kernel Method可以提供更正確的活動範圍計算，更貼近動物實際使用的範圍大小(Millspaugh and Marzluff 2001; Worton 1989)。

棲地選擇之研究可從四個尺度進行探討(Johnson 1980)，我們以其中針對個體或族群的二級尺度(home-range scale, 2nd-order selection)與三級尺度(within-home-range scale, 3rd-order selection)進行研究，二級尺度指動物如何在棲地中選擇其活動範圍的空間分布位置，而三級尺度指動物個體在其活動範圍之內，偏好或避免怎樣的環境型態。

在二級尺度的研究上，我們先定義研究樣區範圍為所有水鹿之追蹤定位點的100%MCP (Vila et al. 2008)，計算研究樣區範圍內各種環境類型之面積比例(即availability)，再計算其追蹤定位點位於各種環境類型之數量比例(即utility)，以 χ^2 goodness-of-fit test比較，以了解水鹿是否會選擇(偏好或避免)所處的環境類型，再進一步以Bonferroni method檢測其對個別環境類型之選擇性(Byers et al. 1984, Neu et al. 1974)。環境類型包括:箭竹灌叢與草生地、針葉林、針闊葉混淆林、闊葉林、裸露地...等，利用林務局提供之台灣現生天然植群圖分析。

在三級尺度的研究上，是以個體為單位，計算每隻個體之追蹤定位點的各種環境因子參數，此外在其活動範圍建立等量之隨機點位，計算隨機點位的環境因子參數，以t-test或 χ^2 goodness-of-fit test比較，了解在其活動範圍內，偏好使用何種環境。關於三級尺度的環境因子，我們挑選了海拔、坡度、坡向、太陽輻射量...等，利用解析度30x30 m的數位高程模組圖層(digital elevation model)進行分析。

貳、陶塞河流域與南湖山區水鹿與其他中大型哺乳動物監測

陶塞河流域目前均為人跡罕至之地，由於路線困難且無百岳誘因，即使登山界亦罕有人進入此區域，研究調查更是極為缺乏。為補足太魯閣國家公園對本區的哺乳動物調查資料，我們於2011年12月下旬至隔年1月上旬，在陶塞河流域與南湖山區，自海拔約1,000 m的竹村一帶往上至南湖山區，沿線架設12台Reconyx HC500自動照相機(Reconyx, Holmen, USA)(表 2-1)，以對此區水鹿與其他

他中大型哺乳動物之相對豐度與活動情形作初步了解。

根據自動相機拍攝結果，可獲知本區中大型哺乳動物種類與相對豐度，相對豐度以 OI (occurrence index) 為比較標準(裴家騏 and 姜博仁 2002)，OI 計算方法如下：

$$OI=(\text{有效照片數}/\text{相機工作時數})\times 1000$$

並進一步將資料分為春(3-5 月)、夏(6-8 月)、秋(9-11 月)、冬(12-2 月)四個季節，以及 1,500-2,000、2,001-2,500、2,501-3,000、3,001-3,500 四個海拔梯度，以了解動物在不同季節、不同海拔之相對豐度變化。

此外，我們進一步分析各動物的活動模式，以每小時為一單位，計算各小時目標動物照片數量佔該目標動物總照片數量的比例，以此比例為標準比較各時段間的相對活動量。

參、太魯閣國家公園境內臺灣水鹿遺傳樣本收集、保存與序列分析

一、樣本收集

太魯閣國家公園境內遺傳樣本：今年(2012)的蒐集主要以北區及西南區為主。北區以陶塞溪流域中下游與陶塞溪上游上南湖主峰沿線(南湖大山陶塞線)；西南區以奇萊山區與磐石山區為主。

為了與臺灣其他地區水鹿進行遺傳歧異度分析，我們亦蒐集分析非太魯閣國家公園境內遺傳樣本：今年主要蒐集地區(從北至南)為雪霸國家公園翠池與志樂溪流域、丹大野生動物重要棲息環境、雙龍林道與治茆山、玉山新康與大武山。

目前已蒐集樣本，包括奇萊山區 39 個樣本、磐石山區 16 個樣本、南湖大山陶塞線 85 個水鹿樣本與陶塞溪中下游 46 個水鹿樣本；雪霸國家公園翠池與志樂溪流域 25 個水鹿樣本；丹大野生動物重要棲息環境 75 個樣本；玉山國家公園樣區共 131 個水鹿樣本；大武山 101 個水鹿樣本。總共蒐集 522 個樣本。

二、臺灣水鹿排遺與組織中粒線體 DNA 抽取

排遺 DNA 萃取分兩階段進行，第一階段為樣本淨化處理及 DNA 初步萃取，

第二階段則利用套組抽取及純化 DNA。在第一階段，由於排遺樣本所含雜質及粗纖維多，取約 1~2 g 排遺先以 5 mL 酒精(MERCK, Germany)及 5 mL 含 1 mM EDTA(SIGMA, USA)之緩衝液清洗，離心分離雜質後，以 CTAB 溶液(MERCK, Germany) 及 phenol/chloroform/isoamyl alcohol 混合液 (25:24:1, SIGMA, USA) 進行 DNA 初步萃取，而後進入第二階段由 QIAamp spin column (QIAGEN, USA) 純化 DNA。

將上述混和液加入 QIAamp spin column 後以 6,000 xg 離心後去過濾液，再加入剩餘混合液，重複上述步驟，8,000 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 20,000 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 8,000 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。

三、聚合酶鏈鎖反應(Polymerase Chain Reaction, PCR)擴增 DNA 片段

臺灣水鹿粒線體 D-loop 與 cytochrome b DNA 片段擴增：根據文獻與 NCBI Genbank 上發表之序列 (accession number: NC008414) 設計 2 對引子，每對引子擴增產物長度預計分別約為 1,256 bp 與 1,301bp。擴增臺灣水鹿粒線體控制區 DNA 序列 PCR 反應條件為 50 μ l 反應體積，粒線體 DNA 模板、50 mM KCl、10 mM Tris-HCl (pH 8.3)、0.5 mM MgCl₂、0.2 μ M 引子、100 μ M dNTP 以及 1 unit Tag 聚合鏈。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。

陶塞河流域臺灣水鹿粒線體基因體全長 DNA 片段擴增：根據文獻與 NCBI Genbank 上發表之序列 (accession number: NC008414)，已設計 16 對引子，每對引子擴增產物長度約為 1 kb。引子序列如表 2-2。PCR 擴增臺灣水鹿粒線體基因體全長 DNA 序列反應條件如上所述。

四、粒線體 D-loop DNA 與粒線體基因組全長序列分析

DNA 序列分析則以 forward 以及 reverse 兩種引子，雙邊同時進行作用，並以 ABI PRISM™ Dye Terminator Cycle Sequence Kit (Applied Biosystems Division, Perkin-Elmer Cetus) 標定並經 3730 DNA 序列分析儀 (ABI) 分析其 DNA 序列。

肆、粒線體 DNA 序列多態性、遺傳距離、遺傳分化 (genetic differentiation)、基因流向與親緣關係資料分析

臺灣水鹿粒線體 D-loop 與 cytochrome b DNA 序列的比對與粒線體 DNA 序列多態性分析則使用 MegAlign multiple alignment 軟體 (DNASTAR Inc.) 進行比對。利用 Jotun Hein Method (Hein 1990) 將不同序列共同進行排序比對，從中尋找核苷酸變異位置，作為單套型判定與特徵序列辨別之用。個別水鹿之間 D-loop 或 cytochrome b 序列的遺傳距離 (pairwise distance) 則使用 DNA Sequence Polymorphism (DNASP) 軟體進行分析計算 (Librado and Rozas 2009)。親緣關係樹 (phylogenetic tree) 之建立係根據最大似然法 (Maximum Likelihood, ML) (Felsenstein 2006)。經使用 PHYLIP 套裝程式 [PHYLIP 3.6: Phylogeny Inference Package. University of Washington, Seattle, WA 及 PHYLIP Version 3.66 Executables for PowerMac. University of Washington, Seattle, WA] 計算後而構築。總體 F 統計值 (F-statistic) 計算及族群間 F_{ST} 值 (分化指數) 計算使用 Genepop Version 4 軟體 (Raymond and Rousset, 1995)。

關於臺灣水鹿演化上的分歧時間估算，則參考 Randi *et al.* (1997) 所發表之數據，以 $r = 0.4 - 0.8 \times 10^{-7}$ (nucleotide substitutions/site/year) 作為粒線體核苷酸序列發生變異的速率，代入 $T = \frac{K}{2r}$ 之公式，以推測不同水鹿族群在演化上出現分歧之可能時間。

表 2-1 陶塞河流域至南湖山區，自動相機站架設情形。

編號	座標 (TWD97)	海拔 (m)	架設日期	相機型號
A	300081, 2685299	1,522	2011/12/27	Keep Guard
B	299635, 2685497	1,663	2011/12/28	Keep Guard
C	298736, 2686537	1,879	2011/12/29	Reconyx HC-500
D	298912, 2687195	1,607	2011/12/29	Reconyx HC-500
E	298810, 2687338	1,541	2011/12/29	Reconyx HC-500
F	298112, 2688452	1,598	2011/12/31	Reconyx HC-500
G	296723, 2688941	2,405	2012/1/1	Reconyx HC-500
H	295257, 2688833	2,995	2012/1/2	Reconyx HC-500
I	295603, 2690140	2,243	2012/1/4	Reconyx HC-500
J	294720, 2694493	3,510	2012/1/16	Reconyx HC-500
K	290134, 2697007	2,606	2012/1/17	Reconyx HC-500
L	293206, 2697267	3,190	2012/1/17	Reconyx HC-500

表 2-2 臺灣水鹿粒線體全長增幅之引子序列與增幅片段長度

引子名稱	序列(5'-3')	增幅片段 長度(bp)
Formosan Sambar mtDNA PF1	TCCCAGCCTTCCTATTAACC	913
Formosan Sambar mtDNA PF2	AACGGAAAGAAATGGGCTAC	1,386
Formosan Sambar mtDNA PF3	AAACATCACCTCCAGCATAAC	1,087
Formosan Sambar mtDNA PF4	CTTCACAAACAAACTTTGCCC	1,376
Formosan Sambar mtDNA PF5-2	TGCATATGACACGTATCACTAC	1,297
Formosan Sambar mtDNA PF6	CCAACTCAACTACTACCACAC	1,029
Formosan Sambar mtDNA PF7	GTCTAATGCTTCACTCAGCC	936
Formosan Sambar mtDNA PF8	CTACTACTTCTCTCACTCCCTG	1,016
Formosan Sambar mtDNA PF9	CTTTCTTTCCACAACACTTCC	1,016
Formosan Sambar mtDNA PF10	AGTTTCCTCTGAAGACGTA CTG	1,079
Formosan Sambar mtDNA PF11	CTTGCTCACTTTCTTCCAC	975
Formosan Sambar mtDNA PF12	GGGAACCGCAACCACATAC	945
Formosan Sambar mtDNA PF13	TGCACTCCTATTACCACTTC	927
Formosan Sambar mtDNA PF14	TCCGACTCTCTATCAACAC	1,356
Formosan Sambar mtDNA PF15-2	GGCAAATATACCCACCACATT	1,130
Formosan Sambar mtDNA PF16	ATTGGATGAGAAGGTGTAGG	1,470
Formosan Sambar mtDNA PF17-1	TAGGACAACCCCGATTCCC	1,445
Formosan Sambar mtDNA PF18	TGACCAATATCCGAAAAACCC	929
Formosan Sambar mtDNA PF19	AATCCACTCAACACACCCCC	1,282
Formosan Sambar mtDNA PF20-2	CCTCGTCAACATGCATATCCC	982

第三章 研究發現

壹、水鹿空間使用與棲地選擇

本年度共捕捉 10 隻水鹿，包括 5 雄 5 雌，其中 9 隻配戴 GPS 項圈作追蹤(表 3-1)。合併過去研究成果(王穎等 2009, 2010; 顏士清及王穎 2011)，共捕捉 30 隻水鹿，包括 20 雄 10 雌，雄鹿平均體長 140 ± 9 cm、肩高 99 ± 8 cm、頸圍 71 ± 7 cm、體重 114 ± 13 kg，雌鹿平均體長 130 ± 9 cm、肩高 89 ± 5 cm、頸圍 47 ± 4 cm、體重 78 ± 12 kg (表 3-2)。

合併過去收集的資料(王穎等 2010; 顏士清及王穎 2011)，目前共有 13 隻水鹿的追蹤資料較多足以進行分析，包括 6 隻雌鹿與 7 隻雄鹿，追蹤天數最短者為 23 日(今年 10 月底捕捉個體，目前仍持續追蹤當中)，最長者為 356 日，獲得的有效定位點數介於 21 至 8267 個(表 3-3)，結束追蹤的原因包括項圈掉落、追蹤個體死亡、項圈故障等。

水鹿平均日位移距離約為 200-500 m，連續兩日間位置移動最小值僅 1 m，最多可達 6,297 m (表 3-4)；以 95% MCP 估算活動範圍，活動範圍最大可達 1584 ha，雄鹿平均活動範圍(691 ± 504 ha)大於雌鹿(385 ± 298 ha)，但以 fixed kernel method 估算主要使用的活動範圍面積，則顯示雄鹿(50 ± 22 ha)與雌鹿(51 ± 37 ha)活動範圍相近(表 3-5)。

在二級尺度的棲地選擇上，以定位資料較充足的 10 隻個體作分析。我們先將集合所有的水鹿定位點繪製成 100% MCP 圖形，定義為研究樣區(圖 3-1)，面積為 3225 ha，其中所佔面積比例最大的環境類型為針葉林(60.31%)，其次依序為針闊葉混淆林(17.36%)、箭竹灌叢與草生地(11.04%)、闊葉林(8.62%)、裸露地(2.67%)。以卡方分析比較水鹿對各環境類型的使用比例與環境類型實際面積比例，結果在每隻水鹿個體上均發現顯著差異($P<0.001$)，顯示水鹿對不同環境類型可能有所偏好或避免。再進一步以 Bonferroni simultaneous confidence interval 檢測其對個別環境類型的選擇，發現箭竹草生地是水鹿最偏好的環境類型，有 8

隻個體都喜好使用此環境，對針闊葉混淆林的選擇方式則因個體而異並不一致，對於針葉林、闊葉林、裸露地，則是多數個體都較不使用(表 3-6)。但其中因針葉林面積比例過大、裸露地面積比例過小，可能會導致統計分析時的誤差。

在三級尺度的棲地選擇上，分析水鹿所在位置海拔高度顯示，平均海拔高度約為 2,000 至 3,000 m 之間，每隻水鹿個體均會使用中海拔及高海拔地區，其使用的最低海拔為 1,474 m，最高至 3,276 m(圖 3-2)。分析水鹿定位點之坡度，顯示水鹿主要使用坡度約 15-40 度的環境(表 3-7)，超過 50 度的陡坡，多數個體都不使用；與隨機點位之坡度相較，有 7 隻個體使用的坡度顯著高於隨機點位之坡度(平均坡度高 1.5-7.1 度)，3 隻個體使用的坡度顯著低於隨機點位之坡度，另 3 隻個體則未出現顯著差異。分析水鹿所在位置之坡向，發現每隻個體對坡向之選擇並不一致(表 3-8)，以 χ^2 goodness-of-fit test 與隨機點位之坡向相較，在 13 隻個體中有 10 隻個體呈現顯著差異($P < 0.001$)，顯示各水鹿個體各有其常用的坡向，但常用坡向因個體而異，無法歸納出哪個坡向是本物種喜好使用的。比較水鹿所在位置與隨機點位之太陽輻射量顯示，4 隻個體所在位置的太陽輻射量顯著較高，4 隻個體所在位置的太陽輻射量顯著較低，另 5 隻則無顯著差異，此結果顯示水鹿可能沒有選擇太陽輻射量較高之區域的傾向。

貳、陶塞河流域與南湖山區水鹿與其他中大型哺乳動物監測

2012 年 10 月回收 11 台自動相機，相機工作時期約 10.5 個月，總工作時數為 73,500.5 h(表 3-9)。結果顯示數量最豐富的物種為山羌(OI=44.54)，其他數量較多的物種尚有水鹿(OI=9.24)、獼猴(OI=6.61)、野豬(OI=2.04)、山羊(OI=1.05)。

比較不同海拔梯度的動物相，顯示 1500-2000 m 梯度的動物相最豐富，除前述幾種偶蹄目動物與獼猴外，還有食蟹獾、鼬獾、白鼻心等食肉目動物，以及藍腹鷗、帝雉、熊鷹等珍稀鳥類。狗在 1,500-2,000 m、2,501-3,000 m、3,001-3,500 m 三個海拔梯度均有出現，其中出現在 1,500-2,000 m 者可能是竹村居民飼養或遺留的犬隻，在 2,501-3,000 m 與 3,001-3,500 m 出現者猜測可能是隨登山客上山

的犬隻。除了動物相最豐富外，各動物在 1,500-2,000 m 梯度的相對豐度也最高。

檢視各動物在不同季節與不同海拔梯度間的相對豐度變化，水鹿並未表現出特殊趨勢(表 3-10)；山羌僅在夏季上到 3,000 m 以上的高海拔地區，冬季時主要集中在 1,500-2,000 m 的區域，超過 2,000 m 的地區都較少使用(表 3-11)；獼猴可能有明顯的季節性遷徙行為，其在夏季常會使用 3,000 m 以上高海拔地區，但在冬季則僅出沒在 1,500-2,000 m 的區域(表 3-12)；野豬未被發現出沒於 3,000 m 以上高海拔地區，但可能也有季節性遷徙行為，其在冬天僅出沒於 1,500-2,000 m 區域，但其他季節都會使用 2,501-3,000 m 的區域(表 3-13)。

分析水鹿、山羊、山羌、山豬之活動模式(圖)，顯示水鹿、山羊、山羌均具有晨昏兩個活動高峰，且皆為日夜都活動，但水鹿與山羌夜間活動比例較高，山羊日間活動比例較高，而山豬應為日行性動物，但夜間偶會活動。

參、太魯閣國家公園境內臺灣水鹿遺傳樣本收集、保存與序列分析

一、樣本採集與分析

太魯閣樣本：陶塞流域中下游區域 (TRKTS) 包括梅園、竹村、雞鳴山南邊與陶塞溪及波浪溪交叉平台，至今共收集 46 個水鹿樣本；南湖大山陶塞溪線 (NHTS) 至今共收集 85 個水鹿樣本；西南區包括奇萊山區 (TRKCL)、磐石山區 (TRKPS)，分別採到水鹿 39 與 16 個樣本；太魯閣銅門 (TRKTM) 4 個樣本。非太魯閣樣本：雪霸國家公園翠池 (SPCP) 與志樂溪 (SPZL) 共收集收集 25 個水鹿樣本；丹大野生動物重要棲息環境 (DD) 共收集 75 個樣本:包含雙龍林道 (DDSL) 17 個與雙龍治茆山 (DDZM) 2 個水鹿樣本。玉山國家公園(YS) 各樣區(見表 3-14)共收集 131 個水鹿樣本；大武山共收集 101 個水鹿樣本。總共收集 522 個樣本。

二、自水鹿排遺抽取分析粒線體 D-loop 及 Cytocchrome b DNA 序列

DNA 抽取與純化主要利用 SDS 將排遺上面黏覆細胞膜打破，同時利用

protease K 將細胞中蛋白質水解，再將核與粒線體基因組 (genome) 抽取出來。後利用 phenol 與 chloroform 純化 DNA。最後以絕對酒精沈澱 DNA。由於排遺內含的 DNA 太少，所以將純化後產物直接進行 PCR。PCR 產物經瓊脂膠體電泳分析確定是否成功擴增出粒線體 D-loop 序列 (圖 3-4)。

三、PCR 擴增結果與 DNA 序列分析

PCR 反應：擴增粒線體 DNA 序列主要有，1. D-loop，為控制區全長序列，直至 12 月 4 日，已分析出排遺粒線體 D-loop 序列共 362 條完整序列，完成率約 70% (表 3-14)。；2. 為粒線體基因組全長 (whole genome) 序列，2 條全長陶塞溪中下游水鹿粒線體 2 個基因組 I 與 II (mitochondrial genome) 序列，如表 3-15。

肆、粒線體 DNA 序列多態性、遺傳距離、遺傳分化 (genetic differentiation)、基因流向與親緣關係資料分析

一、序列比對與粒線體 D-loop 單套型分析

將目前 D-loop 全長序列分析成功之 362 條序列進行比對，其 D-loop 單套型與採樣地點關係經整理結果如表 3-16。目前共發現 30 個序列單套型，在南湖大山陶塞採集線，主要為單套型 S3、S4、S5、S6、S7、S8、S9 與 S10；陶塞溪中下游為 S11、S12 與 S13。奇萊山區為 S5、S14 與 S15；磐石山區為 S5、S16、S17、S18、S19 與 S20；雪霸國家公園翠池與志樂溪流域為 S1 與 S2；丹大野生動物重要棲息環境主要為 S15、S18、S19、S21 與 S22；南投雙龍林道與治茆山單套型只有 S5 與 S21 兩型。玉山國家公園新康有 22 個樣本，卻只檢出 S24 這一型；玉山八通關有 S21 與 S26 兩型；而大武山有 S21、S28、S29、S230。整體而言，S5 與 S21 含樣本數比較多且分佈也較廣。而重要的是太魯閣陶塞溪中下游流域、南湖大山陶塞採集線、雪霸國家公園翠池與及志樂溪所擁有單套型 (S1、S2、S7、S11、S12 與 S13) 有幾個核苷酸取代特徵與其他地區明顯不同。丹大野生動物重要棲息環境中 S22 單套型 (只有一個樣本)，其特徵序列與陶塞溪中下游類群較近。目前所獲得資料以太魯閣國家公園與丹大野生動物重要棲息環境

水鹿之粒線體單套型最為豐富。

二、Neighbor-join 親緣關係樹的建立

利用 D-loop 各單套型間之遺傳距離建構 Neighbor-join 親緣關係樹，結果顯示，目前所獲得之臺灣水鹿樣本之粒線體 D-loop 區域可以分成兩大遺傳類群(圖 3-5)。陶塞溪中下游與雪霸國家公園翠池形成一主要類群，這一類群稱為陶塞中下游類群 (clade III)，包括 S1、S2、S11、S12 與 S13。但南湖大山陶塞線之 S7 與丹大野生動物重要棲息環境的 S22，也被歸於於這一主要類群；而南湖大山陶塞線的 S3 與 S5、奇萊山區全部、磐石山區全部、丹大野生動物重要棲息環境、南投雙龍林道(除治茆山兩個樣本)與大武山自然保留區形成另一類群，這個類群我們現稱為中央山脈主要類群。這兩類群間之 bootstrap value 高於 89%，顯示這演化樹樹形具有統計意義。除雪霸國家公園與海岸山脈外，中央山脈主要類群分布於臺灣各山區，其中 S5 與 S21 分布最廣。丹大野生動物重要棲息環境的 S22(共兩個樣本皆屬於同一個單套型)，則同時擁有這兩大類群部份特徵，在親緣關係樹建構時，被分類於陶塞中下游類群。中央山脈主要類群則又分成次兩類群：clade II 與 clade III，但這兩次類群間 bootstrap value 低於 70%。

若只分析太魯閣國家公園內所有水鹿樣本的粒線體 D-loop DNA 序列之 haplotype，亦發現太魯閣陶塞溪水鹿與其它地區，如南湖大山陶塞線、奇萊、磐石山區呈現不同分群，bootstrap value 為 96% (圖 3-6)。

三、臺灣島內水鹿的遺傳分化與分歧時間

若依所採集樣本之地理分布，將太魯閣國家公園境內水鹿分為南湖山區、陶塞河流域、奇萊、磐石與銅門等五個族群，經計算遺傳距離顯示，陶塞河流域水鹿與南湖山區、奇萊、磐石及銅門遺傳距離最遠(分別為 0.00886、0.00853、0.00865 與 0.00860)。若排除陶塞河流域水鹿，則各地區水鹿遺傳距離落於 0.00135 與 0.00211 間 (表 3-17)。

依國家公園(雪霸、太魯閣陶塞溪中下游、太魯閣其它地區、玉山)與丹大野生動物重要棲息環境及大武山自然保留區水鹿之地理分布，分成六大族群，進

行遺傳距離與與族群分化指數 (F_{ST} 值) 計算(表 3-18)，結果顯示：雪霸、太魯閣陶塞溪中下游水鹿族群之遺傳距離最近 (0.00167)，大武山與玉山國家公園次之 (0.00168)，但與臺灣其他水鹿族群遺傳距離較遠 (0.00779 – 0.00875)；分化指數 (F_{ST} 值) 也有相似結果，雪霸、太魯閣陶塞溪中下游水鹿族群與臺灣其他水鹿族群 F_{ST} 值較大 (0.82070– 0.91050)。若去除雪霸、太魯閣陶塞溪中下游水鹿族群，臺灣其他族群間 F_{ST} 值較小 (0.24018 – 0.46926) 大武山與玉山國家公園次之 (0.27750)。這結果顯示結果臺灣水鹿族群曾經經過分化，造成雪霸、太魯閣陶塞溪中下游水鹿族群與臺灣其他族群有較遠的遺傳距離。由親緣關係樹的建構、地理分布、遺傳距離與遺傳分化分析，顯示臺灣水鹿曾經經歷某種限制(如地理、氣候或植被變異之限制)而發生顯著分化。然而在晚近時期部分地區限制消失，而造成分化族群再次遭遇，造成北部雪霸、太魯閣陶塞溪中下游類群較多；南部為中央山脈主要類群較多現象，玉山國家公園與大武山間基因交流較不受限制。但欲知兩族群是否共域或有雜交，尚須更敏感遺傳標記檢驗分析。

四、Nested clade analysis (NCA) 顯示

為了瞭解造成雪霸、太魯閣陶塞溪中下游水鹿族群與臺灣其他水鹿族群遺傳分化的地理因素，我們進行 Nested clade analysis (NCA) 分析。首先，將臺灣水鹿基因單套型繪出 gene network，同時參考前述研究所獲得的水鹿活動範圍進行分群(表 3-22)。最後得到水鹿遺傳結構與地理關係的 NCA 結果 (圖 3-7)。參考以 Nested clade analysis 分析臺灣水鹿不同類群遺傳分化事件檢測表 (表 3-19)，顯示造成第一類群與第二、第三類群分歧原因之一可能為“距離加上隔離限制基因交流”(restricted gene flow with isolation by distance)。造成雪霸、太魯閣陶塞溪中下游水鹿類群 (圖 3-7, 3-1 階層) 與臺灣水鹿主要類群遺傳分化可能經遠距離隔離、在地化 (long-distance colonization) 與過去曾發生棲地片段化 (past fragmentation) 等等因素而造成如此明顯遺傳分化 (表 3-19)。

五、粒線體全長 DNA 序列分析

根據 D-loop 的遺傳距離，我們今年挑選 D-loop 遺傳距離較遠的兩個太魯閣

陶塞溪中下游單套型樣本 (S12 與 S13, 分別命名為 I 與 II) 進行完整粒線體基因組的 DNA 序列分析, 目前已完成全部序列分析 (表 3-15)。粒線體基因組總長約 16491-16505 個核苷酸, 共 22 個 tRNA、1 個 12S rRNA、1 個 16S rRNA、7 個 ND(1-6)、3 個 COX(1-3)、1 個 CYTB、2 個 ATP 與 1 個 D-loop 序列。而 12S rRNA、16S rRNA、tRNA^{His}、COX1 與 COX3 在太魯閣陶塞溪中下游類群與中央山脈主要類群基因長度上有不同。tRNA 則長度除 tRNA^{his} 不一樣外, 其他完全一樣。不同類群粒線體除 DNA 序列長度不一樣外, S12 與 S13 與中央山脈主要列群 DNA 序列總共有 5 個 transversion 與 15 個 transition。S12 與 S13 DNA 序列總共有 1 個 transversion 與 10 個 transition。

六、臺灣水鹿與亞洲水鹿之親緣關係

參考 Randi et al. (1997) 所發表之數據, 以鹿科動物粒線體核苷酸序列發生變異的速率為參考演化速率: $r = 0.4 - 0.8 \times 10^{-7}$ (nucleotide substitutions/site/year), 再配合臺灣島內水鹿 (陶塞溪中下游類群與中央山脈主要類群兩大類群) 與亞洲水鹿 (海南島水鹿與印度水鹿) 遺傳距離, 即可獲得這些不同地區水鹿過去可能分歧時間。

臺灣島內水鹿 (兩大類群) 分歧時間約於 58,500-118,000 年前間 (表 3-20), 約於最近一次冰河時期 (沃姆冰河期 Wurm ice age: 12,000 - 110,000 年前)。

臺灣水鹿與海南島水鹿、印度水鹿之間的比較。與臺灣水鹿粒線體 D-loop 親緣關係較接近的為海南島水鹿 (0.02146 ± 0.00000), 其次為印度水鹿 (0.04937 ± 0.00986); 分歧時間分別為 134,125 - 268,250 年前與 308,562-617,125 年前。因水鹿為熱帶起源哺乳動物, 推測臺灣水鹿因於上上一次冰河時期 (里斯冰河期 Riss ice age: 130000 - 200000 年前) 由亞洲大陸藉由陸橋 (Sundaland) 遷移到台灣 (表 3-21)。

表3-1 2012年奇萊磐石山區水鹿捕捉個體基本資料。

編號	捕捉時間	性別	體重	體長	頸圍	肩高	體外寄生蟲	項圈廠牌
CL21	7/17	雄	106	141	73	99	有	Followit
CL22	7/18	雌	65	120	44	85	有	Followit
CL23	7/19	雄	N/A	132	72	100	無	Followit
CL24	7/21	雌	97	118	53	92	有	Followit
CL25	7/21	雌	49	101	38	81	有	台灣製
CL26	9/4	雄	115	138	70	91	有	台灣製
CL27	9/4	雄	108	147	79	110	有	台灣製
CL28	10/23	雄	N/A	150	63	94	有	未掛
CL29	10/24	雌	65	123	47	92	無	台灣製
CL30	10/25	雌	N/A	126	45	86	無	台灣製

表3-2 2009年至2012年，奇萊磐石山區所有捕捉雄鹿與雌鹿之形質測量平均值。

	體重 (kg)	體長 (cm)	頸圍 (cm)	肩高 (cm)
雄鹿	114±13	140±9	71±7	99±8
雌鹿	78±12	130±9	47±4	89±5

表3-3 2009年至2012年，奇萊磐石山區水鹿追蹤定位情形，僅列出已回收足夠資料進行分析的個體。

個體	性別	追蹤天數	嘗試定位數	有效定位數	定位成功率 (%)	定位間隔 (小時)	現況
CL4	雌	183	1098	778	70.86	4	項圈脫落
CL6	雄	356	8544	8267	96.76	1	個體死亡
CL15	雄	348	2088	1489	71.31	4	項圈故障
CL17	雄	25	152	138	90.79	4	失蹤
CL18	雌	212	1268	315	24.84	4	項圈故障
CL19	雄	167	1002	612	61.08	4	項圈脫落
CL20	雄	130	778	375	48.20	4	失蹤
CL22	雌	50	1197	1156	96.57	1	追蹤中
CL23	雄	103	2452	2068	84.34	1	追蹤中
CL24	雌	38	903	486	53.82	1	項圈故障
CL26	雄	70	240	21	8.75	7	追蹤中
CL29	雌	24	82	41	50.00	7	追蹤中
CL30	雌	23	75	31	41.33	7	追蹤中

表3-4 2009至2012年，奇萊磐石山區水鹿追蹤個體之日位移距離。

個體	平均位移距離 (m)	最小值 (m)	最大值 (m)
雄鹿			
CL6	268±565	4	4283
CL15	243±476	1	3885
CL17	804±1654	11	6297
CL19	353±488	1	4014
CL20	479±632	7	3566
CL23	294±364	4	1519
雌鹿			
CL4	459±693	5	4279
CL18	330±788	4	4422
CL22	394±272	16	984
CL24	373±594	12	2370
CL29	356±275	21	846
CL30	406±242	96	995

表3-5 2009至2012年，奇萊磐石山區水鹿追蹤個體之活動範圍。

個體	95% MCP (ha)	50% MCP (ha)	Fixed kernel method (ha)	追蹤天數	定位點數
雄鹿					
CL6 ^a	1584	117	62	356	8267
CL15 ^a	557	33	28	348	1489
CL17	877	29	45	25	138
CL19	642	135	84	167	612
CL20	337	21	54	130	375
CL23	150	18	24	103	2068
CL26 ^b	55	4	55	70	21
平均	691±504	59±53	50±22		
雌鹿					
CL4 ^a	743	274	103	183	778
CL18	502	73	47	212	315
CL22	71	13	20	50	1156
CL24	225	77	33	38	486
CL29 ^b	33	10	50	31	41
CL30 ^b	32	7	15	23	31
平均	385±298	109±114	51±37		

^a 資料取自顏士清及王穎(2011)。

^b 追蹤天數與定位點不足，取平均數時暫不納入此個體資料。

表3-6 水鹿對不同環境類型之選擇 (P：偏好；A：避開)。

個體	箭竹灌叢與 草生地	針葉林	針闊葉	闊葉林	裸露地	
	面積 (ha)	356	1945	560	278	86
	面積比例(%)	11.04	60.31	17.36	8.62	2.67
CL4	使用比例(%)	10.03	21.59	3.47	63.11	1.80
	選擇		A	A	P	
CL6	使用比例(%)	13.04	36.75	48.03	2.13	0.06
	選擇	P	A	P	A	A
CL15	使用比例(%)	7.32	92.61	0	0	0.07
	選擇	A	P	A	A	A
CL17	使用比例(%)	78.95	7.52	13.53	0	0
	選擇	P	A		A	A
CL18	使用比例(%)	78.03	19.11	0.64	2.23	0
	選擇	P	A	A	A	A
CL19	使用比例(%)	46.32	27.99	25.20	0	0.49
	選擇	P	A	P	A	A
CL20	使用比例(%)	54.55	43.32	1.60	0	0.53
	選擇	P	A	A	A	A
CL22	使用比例(%)	62.81	36.92	0	0	0.26
	選擇	P	A	A	A	A
CL23	使用比例(%)	18.59	47.00	34.41	0	0
	選擇	P	A	P	A	A
CL24	使用比例(%)	53.50	46.50	0	0	0
	選擇	P	A	A	A	A

表 3-7 水鹿定位點位置之坡度。

個體	平均坡度	標準差	最小值	最大值
CL4	31.02	11.32	4.22	61.95
CL6	30.66	10.45	0.00	61.41
CL15	27.35	9.01	1.62	49.21
CL17	27.35	9.01	1.62	49.21
CL18	28.44	8.46	2.67	47.37
CL19	23.96	12.82	0.00	50.93
CL20	27.26	12.83	1.42	49.60
CL22	25.99	12.28	1.15	49.29
CL23	25.70	6.66	1.71	45.80
CL24	21.63	10.08	1.76	47.37
CL26	27.54	8.33	17.58	48.19
CL29	35.87	9.16	17.97	49.10
CL30	26.30	8.37	12.85	38.52

表 3-8 水鹿對不同坡向之使用比例(%), 粗體為比例最高者。

個體	坡向使用比例(%)			
	東	西	南	北
CL4	36.4	4.0	10.4	49.2
CL6	17.3	61.9	3.4	17.5
CL15	21.7	19.7	38.3	20.3
CL17	30.1	5.9	43.4	20.6
CL18	64.4	9.8	1.0	24.8
CL19	19.8	15.7	4.2	60.3
CL20	25.9	7.2	8	58.9
CL22	36.4	2.5	4.0	57.1
CL23	4.5	52.2	41.6	1.7
CL24	22.8	9.3	43.2	24.7
CL26	9.5	0	4.8	85.7
CL29	22.0	4.9	12.2	61.0
CL30	38.7	0	3.2	58.1

表 3-9 2011 年 12 月至 2012 年 10 月，以自動相機調查陶塞河流域與南湖山區
中大型哺乳動物相。共 11 個相機站，總工作時數 73,500.5 h。

動物	海拔梯度 (m)									
	Total		1500-2000		2001-2500		2501-3000		3001-3500	
	張數	OI	張數	OI	張數	OI	張數	OI	張數	OI
水鹿	679	9.24	606	14.82	14	2.13	23.00	1.76	36	2.78
山羌	3274	44.54	2887	70.60	64	9.72	316.00	24.19	7	0.54
山羊	77	1.05	29	0.71	14	2.13	10.00	0.77	24	1.85
野豬	150	2.04	137	3.35	2	0.30	11.00	0.84		
獼猴	486	6.61	444	10.86	9	1.37	5.00	0.38	28	2.16
食蟹獾	18	0.24	18	0.44						
白面鼯鼠	1	0.01	1	0.02						
白鼻心	1	0.01	1	0.02						
鼬獾	6	0.08	6	0.15						
狗	4	0.05	1	0.02			2	0.15	1	0.08
鼠類	18	0.24	18	0.24						
藍腹鵲	58	0.79	58	0.79						
帝雉	1	0.01	1	0.01						
紫嘯鸕	5	0.07	5	0.07						
熊鷹	1	0.01	1	0.01						

表 3-10 水鹿相對豐度(OI)於不同季節與不同海拔之變化。2011 年 12 月至 2012 年 10 月，以自動相機於陶塞河流域與南湖山區調查。

海拔梯度 (m)	春	夏	秋	冬
1500-2000	10.19	26.04	8.76	9.87
2001-2500	0.81	4.08	1.36	1.08
2501-3000	1.25	3.85	0	1.64
3001-3500	2.91	4.76	2.04	0
Total	6.92	16.14	5.27	5.59

表 3-11 山羌相對豐度(OI)於不同季節與不同海拔之變化。2011 年 12 月至 2012 年 10 月，以自動相機於陶塞河流域與南湖山區調查。

海拔梯度 (m)	春	夏	秋	冬
1500-2000	97.58	85.30	26.12	98.70
2001-2500	16.14	14.95	3.17	4.32
2501-3000	32.81	38.04	13.36	5.48
3001-3500	0	1.59	0	0
Total	66.51	55.09	16.96	53.39

表 3-12 獼猴相對豐度(OI)於不同季節與不同海拔之變化。2011 年 12 月至 2012 年 10 月，以自動相機於陶塞河流域與南湖山區調查。

海拔梯度 (m)	春	夏	秋	冬
1500-2000	8.42	16.30	3.70	19.18
2001-2500	2.42	1.36	1.36	0
2501-3000	0.42	0.68	0.23	0
3001-3500	0	5.66	0.68	0
Total	5.43	10.17	2.31	10.11

表 3-13 野豬相對豐度(OI)於不同季節與不同海拔之變化。2011 年 12 月至 2012 年 10 月，以自動相機於陶塞河流域與南湖山區調查。

海拔梯度 (m)	春	夏	秋	冬
1500-2000	0.89	6.94	1.06	4.28
2001-2500	0	0.91	0	0
2501-3000	1.25	1.13	0.68	0
3001-3500	0	0	0	0
Total	0.75	4.08	0.70	2.26

表 3-14 臺灣水鹿族群各樣區樣本數量分布與已分析序列數量

地點	樣區縮寫	樣本數	已分析序列
雪霸翠池	SPCP	7	7
雪霸志樂溪	SPZL	18	18
太魯閣南湖	NHTS	85	64
太魯閣陶塞溪	TRKTS	46	46
太魯閣奇萊	TRKCL	39	35
太魯閣盤石	TRKPS	16	14
太魯閣銅門	TRKTM	4	4
丹大	NTDD	56	56
雙龍	DDSL	17	17
洽卵	DDZM	2	2
玉山南二段	YSSRS	5	5
玉山拉庫音	YSLK	15	2
玉山石洞	YSSD	3	1
玉山三叉稜	YSSC	64	22
玉山嘉明湖	YSJM	19	19
玉山新康	YSSK	15	8
玉山八通關	YSBTG	10	3
大武山知本	DWSJB	55	23
大武山隘寮	DWSAL	46	22
總數		522	362
完成率			70%

表 3-15 陶塞溪中下游水鹿粒線體基因組 (mitochondrial genome) 全長序列

Feature	粒線體序列特徵						基因序列結構					
	太魯閣陶塞溪類群						中央山脈類群					
	I			II			Start Codon			Stop Codon		
	Position	Length (bp)	Position	Length (bp)	Position	Length (bp)	太魯閣陶塞溪類群	中央山脈類群	太魯閣陶塞溪類群	中央山脈類群	太魯閣陶塞溪類群	中央山脈類群
						I	II	I	II	I	II	
tRNA ^{Phe}	1 - 69	69	1 - 69	69	1 - 69	69						
12S rRNA	70 - 1028	959	70 - 1028	959	70 - 1024	955						
tRNA ^{Val}	1029 - 1095	67	1029 - 1095	67	1025 - 1091	67						
16S rRNA	1095 - 2669	1575	1095 - 2669	1575	1091 - 2671	1581						
tRNA ^{Leu(UUR)}	2670 - 2744	75	2670 - 2744	75	2672 - 2746	75						
ND1	2747 - 3701	955	2747 - 3701	955	2749 - 3703	955	ATG	ATG	ATG	TA-	TA-	TA-
tRNA ^{Ile}	3703 - 3771	69	3703 - 3771	69	3705 - 3773	69						
tRNA ^{Gln}	3769 - 3840	72	3769 - 3840	72	3771 - 3842	72						
tRNA ^{Met}	3843 - 3911	69	3843 - 3911	69	3845 - 3913	69						
ND2	3912 - 4953	1042	3912 - 4953	1042	3914 - 4955	1042	ATA	ATA	ATA	AT-	AT-	AT-
tRNA ^{Trp}	4954 - 5021	68	4954 - 5021	68	4956 - 5023	68						
tRNA ^{Ala}	5025 - 5092	68	5025 - 5092	68	5027 - 5094	68						
tRNA ^{Asn}	5094 - 5166	73	5094 - 5166	73	5096 - 5168	73						
tRNA ^{Cys}	5199 - 5266	68	5199 - 5266	68	5201 - 5268	68						
tRNA ^{Tyr}	5267 - 5334	68	5267 - 5334	68	5269 - 5336	68						
COX1	5337 - 6880	1544	5337 - 6880	1544	5339 - 6881	1543	ATG	ATG	ATG	TA-	TA-	TA-
tRNA ^{Ser(AGY)}	6880 - 6950	71	6880 - 6950	71	6881 - 6951	71						
tRNA ^{Asp}	6956 - 7023	68	6956 - 7023	68	6957 - 7024	68						

表 3-15 (續前頁)陶塞溪中下游水鹿粒線體基因組 (mitochondrial genome) 全長序列

COX2	7025 - 7708	684	7025 - 7708	684	7026 - 7709	684	ATG ATG ATG TAA TAA TAA
tRNA ^{Lys}	7712 - 7779	68	7712 - 7779	68	7713 - 7780	68	
ATP8	7781 - 7981	201	7781 - 7981	201	7782 - 7982	201	ATG ATG ATG TAA TAA TAA
ATP6	7942 - 8622	681	7942 - 8622	681	7943 - 8623	681	ATG ATG ATG TAA TAA TAA
COX3	8622 - 9415	794	8622 - 9415	794	8623 - 9406	784	ATG ATG ATG T-- T-- T--
tRNA ^{Gly}	9416 - 9484	69	9416 - 9484	69	9407 - 9475	69	
ND3	9485 - 9830	346	9485 - 9830	346	9476 - 9821	346	ATA ATA ATA TA- T-- T--
tRNA ^{Arg}	9832 - 9900	69	9832 - 9900	69	9823 - 9891	69	
ND4L	9901 - 10197	297	9901 - 10197	297	9892 - 10188	297	ATG ATG ATG TAA TAA TAA
ND4	10191 - 11567	1377	10191 - 11567	1377	10182 - 11559	1378	ATG ATG ATG T-- T-- T--
tRNA ^{His}	11568 - 11637	70	11568 - 11637	70	11560 - 11628	69	
tRNA ^{Ser(UCN)}	11638 - 11697	60	11638 - 11697	60	11629 - 11688	60	
tRNA ^{Leu(CUN)}	11698 - 11764	67	11698 - 11764	67	11689 - 11755	67	
ND5	11768 - 13559	1792	11768 - 13559	1792	11759 - 13549	1791	ATA ATA ATA TAA TAA TAA
ND6	13572 - 14099	528	13572 - 14099	528	13546 - 14073	528	TTA TTA TTA CAT CAT CAT
tRNA ^{Glu}	14100 - 14170	71	14100 - 14170	71	14074 - 14144	71	
CYTB	14173 - 15312	1140	14173 - 15312	1140	14147 - 15286	1140	ATG ATG ATG AGA AGA AGA
tRNA ^{Thr}	15313 - 15384	72	15313 - 15384	72	15287 - 15358	72	
tRNA ^{Pro}	15385 - 15450	66	15385 - 15450	66	15359 - 15424	66	
D-loop	15451 - 16491	1041	15451 - 16491	1041	15425 - 16505	1081	

表 3-16 各樣區 D-loop 基因單套型分布數量表(Haplotypes Inference)

地區	樣本數	S1	S2	S3	S4	S5	S6	S7	S8	S9	S10	S11	S12	S13	S14	S15	S16	S17	S18	S19	S20	S21	S22	S23	S24	S25	S26	S27	S28	S29	S30
SPCP	7	5	2																												
SPZL	18	6	12																												
NHTS	64			16	15	20	3	1	1	5	1											2									
TRKTS	46											16	27	1																	
TRKCL	35					28								2	5																
TRKPS	14					8											2	1	1	1	1										
TRKTM	4																3		1												
NTDD	56															30			3	4		18	1								
DDSL	17																						17								
DDZM	2					2																									
YSSRS	5					5																									
YSLK	2					2																									

表 3-16 (續) 各樣區 D-loop 基因單套型分布數量表(Haplotypes Inference)

地區	樣本數	S1	S2	S3	S4	S5	S6	S7	S8	S9	S10	S11	S12	S13	S14	S15	S16	S17	S18	S19	S20	S21	S22	S23	S24	S25	S26	S27	S28	S29	S30	
YSSD	1																					1										
YSSC	22																								22							
YSJM	13																					13										
YSSK	8																							1	7							
YSBTG	3																					2					1					
DWJB	23																						7					12	4			
DWAL	22																						15								5	2
Total	362	11	14	16	15	65	3	1	1	5	1	16	27	1	2	35	5	1	5	5	1	75	1	1	29	0	1	12	4	5	2	

表 3-17 太魯閣國家公園境內不同地區水鹿族群粒線體 D-loop 遺傳距離

Population	Nanhu (63)	Taosai (45)	Qilai (35)	Panshi (34)	Tongmen (4)
南湖 (Nanhu)		0.00102	0.00032	0.00048	0.00051
陶塞 (Taosai)	0.00886		0.00142	0.00180	0.00318
奇萊 (Qilai)	0.00157	0.00853		0.00052	0.00052
磐石 (Panshi)	0.00191	0.00865	0.00135		0.00057
銅門 (Tongmen)	0.00211	0.00860	0.00136	0.00153	

註:灰底標示數值為標準差。

表 3-18 臺灣不同的區水鹿族群粒線體 D-loop 分化值(F_{ST})與遺傳距離(灰底部
分)

Population	Shepai (25)	Taroko (116)	Taosai (45)	Danda (75)	Yushan (60)	Dawushan (45)
雪霸國家公園 (Shepai)		0.00995	0.00167	0.00984	0.00906	0.00898
太魯閣國家公園 (Taroko clade)	0.89527		0.00881	0.00269	0.00225	0.00273
太魯閣陶塞 (Taosai clade)	0.65936	0.88212		0.00875	0.00785	0.00779
丹大野生動物重要 棲息環境 (Danda)	0.84016	0.24018	0.82070		0.00276	0.00295
玉山國家公園 (Yushan)	0.91050	0.43113	0.89715	0.34442		0.00168
大武山自然保留區 (Dawushan)	0.89115	0.46926	0.87510	0.32914	0.27750	

表 3-19 以 Nested Clade Analysis 分析臺灣水鹿不同類群遺傳分化事件檢測表

Clade	Chain of Inference	Inference Key
Clade 1-5 (S21,S24,S26,S28,S29,S30)	1-2-3-4 NO	Restricted gene flow with isolation by distance (restricted dispersal by distance in non-sexual species).
Clade 1-9 (S14,S15)	1-2-3-5-6*-7-8 YES	Restricted gene flow/dispersal but with some long-distance dispersal over intermediate areas not occupied by the species or past gene flow followed by extinction of intermediate populations. Insufficient genetic resolution to discriminate between range expansion/colonization and restricted dispersal/gene flow.
Clade 1-12 (S4,S5,S18)	1-2-3-5-6-7-8 YES	Restricted gene flow/dispersal but with some long-distance dispersal over intermediate areas not occupied by the species or past gene flow followed by extinction of intermediate populations.
Clade 1-16 (S1,2,11)	1-2 IO	Tip/interior status cannot be determined: inconclusiveoutcome.
Clade 2-1	Null hypothesis cannot be rejected.	Moving on to next clade
Clade 2-2	1-2-3-4 NO	Restricted gene flow with isolation by distance (restricted dispersal by distance in non-sexual species).
Clade 2-3	Null hypothesis cannot be rejected.	Moving on to next clade
Clade 2-4	1-2-3-4 NO	Restricted gene flow with isolation by distance (restricted dispersal by distance in non-sexual species).
Clade 2-5	1-2-11-12-13-14 NO	Long-distance colonisation and/or past fragmentation (not necessarily mutually exclusive).
Clade 2-7	1-19 NO	Allopatric fragmentation.
Clade 3-1	1-2-3-4 NO	Restricted gene flow with isolation by distance (restricted dispersal by distance in non-sexual species).
Clade 3-2, 3-3	1-2 IO	Tip/interior status cannot be determined: inconclusiveoutcome.
Total Cladogram	1-2-3-4 NO	Restricted gene flow with isolation by distance (restricted dispersal by distance in non-sexual species).

表 3-20 臺灣島內水鹿族群粒線體 D-loop DNA 序列之三類群間遺傳距離與預測

遺傳分歧時間		
Comparison	遺傳距離 (Genetic distance)	預估分歧時間 (Estimated divergence time)
Clade 1 vs. Clade 2	0.00301 (0.00000)	18812.5~37625
Clade 1 vs. Clade 3	0.00944 (0.00000)	59000~118000
Clade 2 vs. Clade 3	0.00936 (0.00000)	58500~117000

註:計算所採用演化速率為 0.04—0.08 核苷酸/百萬年 (Randi *et al.* 1997)

表 3-21 臺灣水鹿與亞洲其他水鹿亞種之粒線體 D-loop DNA 序列遺傳距離與預測遺傳分歧時間

臺灣水鹿 V.S. 水鹿亞種	遺傳距離 (Genetic distance)	預估物種分歧時間 (Estimated divergence time)
海南島水鹿 (Hainan sambar deer)	0.02146 (0.00000)	134125~268250 年
印度水鹿 (India sambr deer)	0.04937 (0.00986)	308562.5~617125 年

註:計算所採用演化速率為 0.04—0.08 核苷酸/百萬年 (Randi *et al.* 1997)

表 3-22 Nested Clade Analysis 使用參數表

Region	(n)	Latitude	Longitude	Range(km)
Shepai	25	-24.38522	121.2147	1.5
TRK-Nanhu	64	-24.29695	121.46856	1.5
TRK-Taosai	45	-24.2742	121.48724	1
TRK-South	53	-24.06949	121.33591	6.5
Danda	75	-23.7361	121.01515	6
YS-North	8	-23.4634	121.03998	4.5
YS-South	52	-23.34429	121.08046	10
DW-Ailiao River	22	-22.75139	120.84597	3.4
DW-Jihben River	23	-22.71489	120.90687	3.3
Nan-ao	1	-24.40608	121.5373	1.2
Total	368			

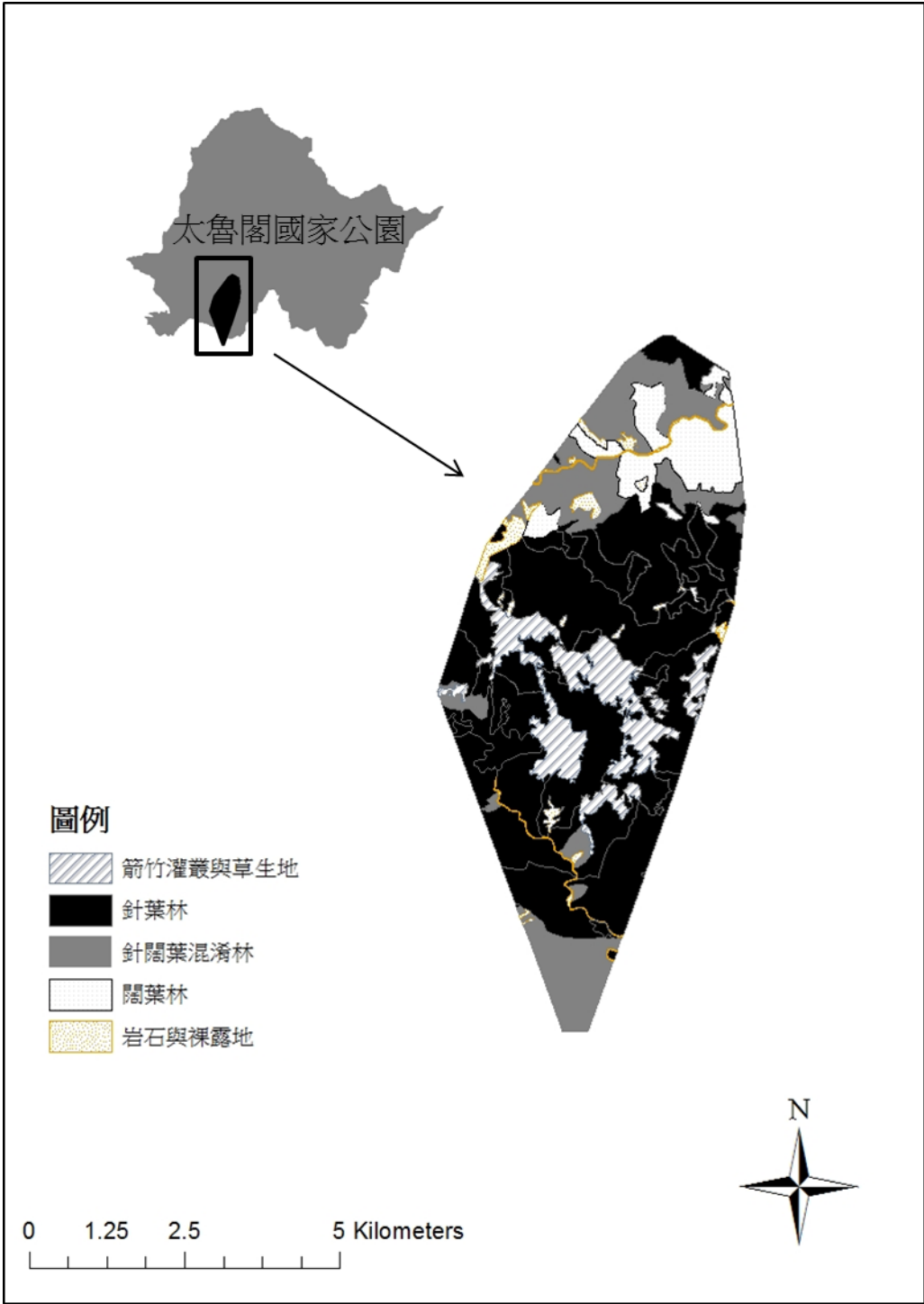


圖 3-1 研究樣區之環境類型分布圖。

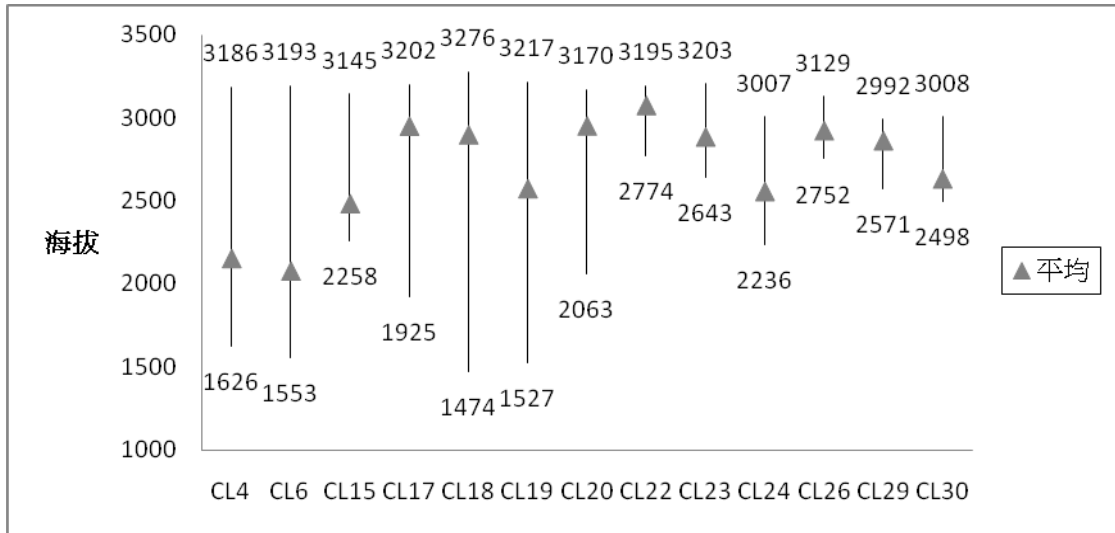


圖 3-2 水鹿位置之海拔高度平均及上下限。

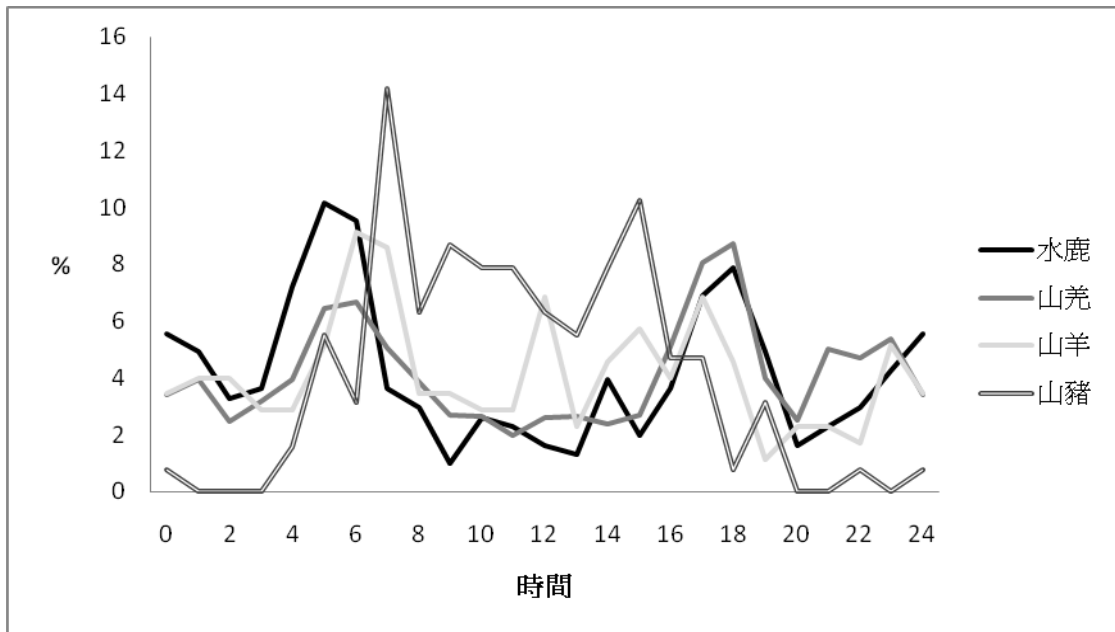


圖 3-3 陶塞河流域與南湖山區，水鹿、山羊、山羌、山豬之日活動模式

Formosan Sambar Deer

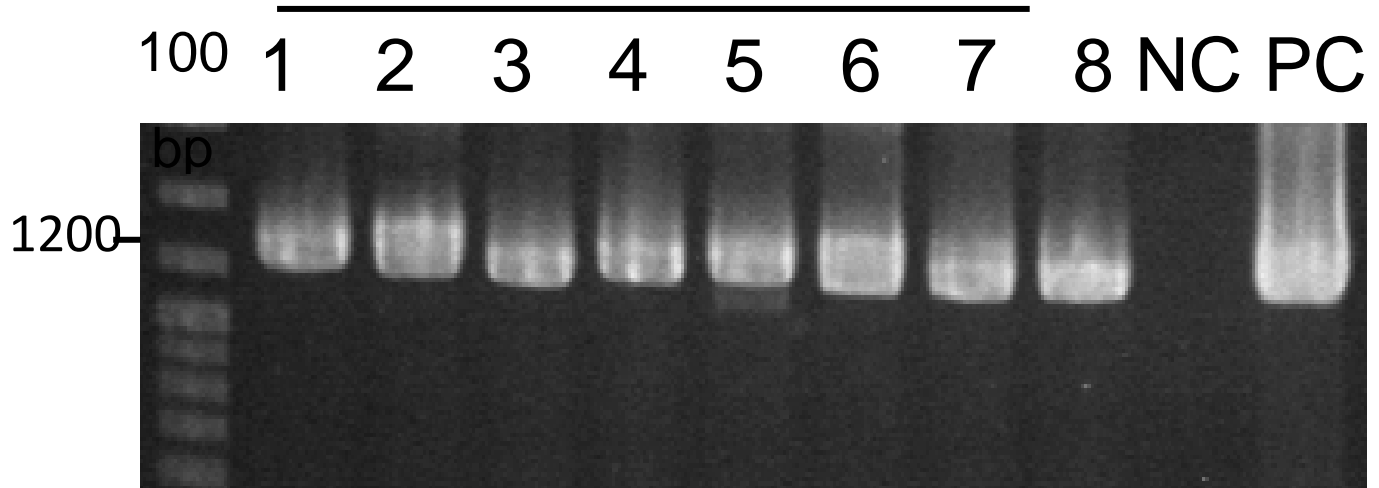


圖 3-4 D-loop 片段電泳圖

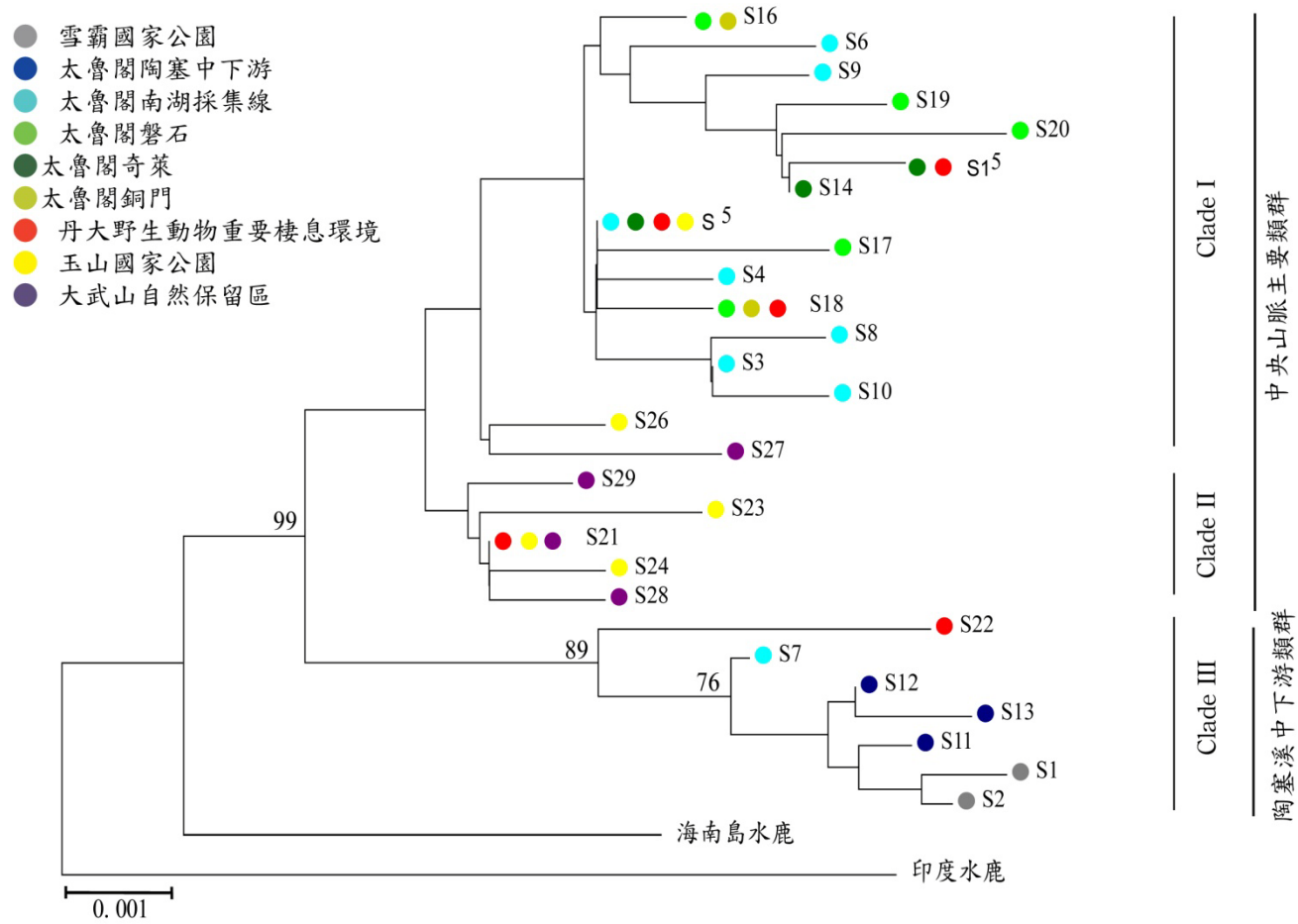


圖 3-5 臺灣水鹿族群 D-loop 基因單套型 Neighbor-joining 親緣關係樹

- ▲ 太魯閣陶塞中下游
- ▲ 太魯閣南湖採集線
- ▲ 太魯閣磐石
- ▲ 太魯閣奇萊
- ▲ 太魯閣銅門

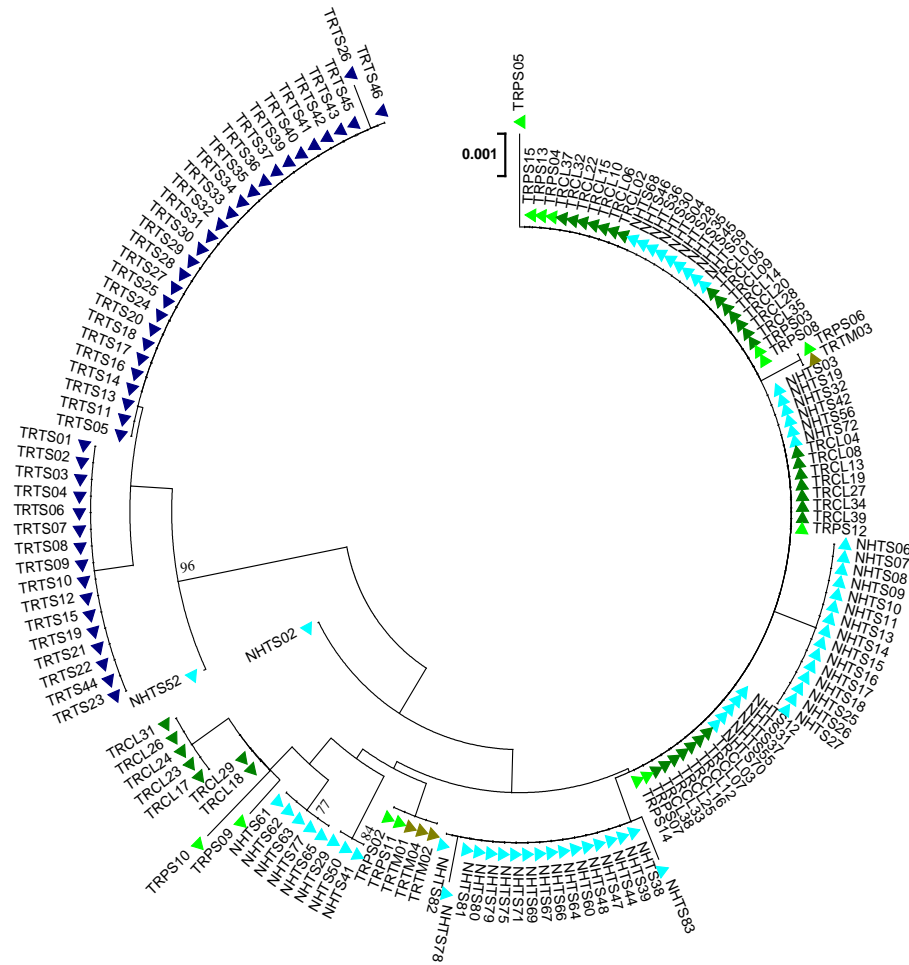


圖 3-6 太魯閣水鹿族群 D-loop 基因單套型 Neighbor-joining 親緣關係樹

第四章 討論

壹、水鹿空間使用與棲地選擇

我們使用的項圈分屬 Tellus、Tenxsys、與台灣製造共三種品牌，其中 Tellus 的項圈工作情況較佳，自 2009 年起共使用在 13 隻水鹿上，有 3 隻個體在裝上項圈之後不到一天，項圈便斷裂或故障，另外 10 隻個體均成功獲得一定時間的追蹤資料，但其中也有部分於一到三個月項圈便故障或失蹤，例如 CL17 往南遷移至天長隧道附近後，便再也搜尋不到其蹤跡。Tenxsys 的項圈於 2010 年使用在 8 隻個體上，其無線下載功能表現不佳，至今未下載到資料，且部分項圈 VHF 無線電故障，因此目前仍持續嘗試針對這些個體進行捕捉，以期回收項圈資料，目前已成功回收一個項圈，讀取資料後發現項圈在掛上動物的隔天便故障，因此只有一天的資料。台灣製項圈共有 5 個，為台灣廠商自行研發，前 3 個均有硬體或軟體上的瑕疵，以致項圈故障或資料可信度不足，但持續測試改善之後，後 2 個項圈目前的工作表現良好，但仍有待更長時間的檢驗。

水鹿的平均日位移距離大多在 200 m 至 500 m 之間，最低位移距離甚至不到 10 m，顯示水鹿每日的活動區域很固定，不會離開太遠。最大位移距離可達 4-6 km，這種長距離位移發生在季節轉換時於高海拔棲地與中海拔棲地之間移動，由於台灣山區地形陡峭，海拔變化大，使得水鹿的季節性遷徙可以在一天之內完成。

台灣水鹿的活動範圍較美國聖文森島的水鹿更大(Shea et al. 1990)，這可能是因聖文森島的面積很小，且位於熱帶所造成。我們還發現雄鹿的活動範圍較雌鹿大，這可能是因為雄鹿體型明顯大於雌鹿，過去研究指出在哺乳動物中，性別間的活動範圍差距主因之一是性別間的體重差異(Harestad and Bunnell 1979)，體型較大的雄鹿需要移動較大的距離以獲取更多的食物，也可能是因雄性要找尋配偶而增加活動範圍。

在二級棲地選擇的部分，我們發現箭竹草生地是多數水鹿偏好使用的環境類型(表 3-2)。李玲玲及林宗以(2003)針對臺灣水鹿之研究顯示，台灣水鹿在中高海拔地區(2300-3000 m)以禾草類為主食，玉山箭竹佔極高比例，在中低海拔地區(<1400 m)則以樹葉類比例較高；吳海音及施金德(2011)也指出箭竹為水鹿極佳的食物來源；此外李玲玲等(2006)利用穿越線調查法發現，玉里野生動物保護區的臺灣水鹿密度於箭竹草地與針葉林鑲嵌的地景類別最高，這些研究結果均與本研究追蹤結果相互呼應。此外，發現針葉林、闊葉林、裸露地為多數水鹿較不使用的環境類型(表 3-2)。關於針葉林的部分，實際上每隻個體使用針葉林的比例都不低，推測實因研究樣區中針葉林所佔比例過高，以致統計分析導出不正確的結論，我們仍認為水鹿是需要森林作為掩蔽場所的草食動物，查閱過去文獻，李玲玲等(2006)認為臺灣水鹿密度於箭竹草地與針葉林鑲嵌的地景類別最高，Stafford (1997)也指出水鹿在紐西蘭對松類森林造成損害，其分析水鹿胃內含物也發現松葉是水鹿常吃的食物之一，這些研究都支持水鹿可能喜好在針葉林活動。闊葉林分布位置在研究樣區的邊緣，距離捕捉地點較遠，可能也會使得統計分析導出的結論值得再討論。而岩石裸露地形由可能於較缺乏食物資源又無遮蔽，崩壁區域又過於陡峭，因此並不吸引水鹿停留。

雖然我們使用的是最廣泛被應用在棲地選擇研究的統計分析方法(Byers et al. 1984, Neu et al. 1974)，但未來仍應設法找出其他更合適的統計方法，或是改善棲地環境分類方式及其他資料處理方法。此外，部分 GPS 項圈的定位間隔僅 1 小時，過短的定位間距可能會導致定位點間的自相關(autocorrelation)過高而影響分析結果(Millspaugh and Marzluff 2001)，未來針對這些定位間距短的資料，可考慮改為隨機抽取部分的資料進行分析。

水鹿在世界上分布，低至海平面，高至超過 3000 m 的高山(臺灣、印度、緬甸)(Leslie 2011)，在印度喜馬拉雅山脈的水鹿曾被發現冬季會降遷至海拔較低的區域(Green 1987)。本研究對水鹿所在位置海拔高度分析結果顯示，牠們除了使

用高海拔地區外，也都會降遷至 2000 m 左右或更低的中海拔地區(圖 3-1)，顯示對於水鹿棲地之經營，除了易目擊水鹿的高海拔地區外，鄰近的中海拔地區也須納入考量。

分析水鹿所在位置的坡度發現，水鹿最常使用坡度較緩(15-40 度)的地形，多數個體都未曾使用坡度超過 50 度的地形，62 度以上的陡坡則從未有水鹿使用過，坡度可能會在部分地區造成水鹿族群之間的地理隔離。

坡向與太陽輻射量是兩個相關的因子，由於本研究樣區位處北回歸線之北，南向坡所獲得的日照會高於北向坡，太陽輻射量更高，相對的更為溫暖，植物資源也可能較豐富。有些鹿科動物會傾向使用太陽輻射量較高的區域，這是因為這些地區冬季積雪較少(D'Eon 2001)，但在本研究中並未發現水鹿對坡向與太陽輻射量有一致的選擇傾向，推測可能是因本研究樣區冬季積雪時間不長，且過去觀察到水鹿於冬天會遷移至不會積雪的中海拔地區(王等 2010)，因此積雪並不會影響水鹿對坡向與太陽輻射量的選擇。此外，太陽輻射量高的地區植物資源可能相對較豐富，也會受到鹿科動物所喜好(D'Eon and Serrouya 2005)，我們猜測本研究樣區的植物資源豐富，對目前的水鹿族群數量而言仍十分充足，因此水鹿在各坡向及不同太陽輻射量的地區大多可以取得足夠的食物，因此未對這兩個因子產生一致的選擇傾向。目前發現到部分個體的位置之坡向與太陽輻射量與隨機點位具有顯著差異，或許是受到其他環境因子影響所致。

本研究首度揭露了水鹿對棲地的選擇方式，但我們在部份環境因子中並未找到明顯的選擇傾向，除這些環境因子對水鹿影響較小或受其他環境因子交互影響的可能性外，也可能因為部分個體的追蹤時間還不夠長，資料尚不足以呈現其棲地選擇方式，且短期間的棲地選擇與長期的棲地選擇也可能因尺度關係造成差異(Mayor et al. 2009)。未來應持續追蹤與回收資料，並增加樣本數，以獲得更完整的結果。

貳、陶塞河流域與南湖山區水鹿與其他中大型哺乳動物監測

在陶塞河流域與南湖山區的 12 台相機已回收 11 台，其中 1 台無法尋獲。資料顯示本區各種偶蹄目動物與台灣獼猴的數量都極為豐富，並有多種小型食肉目動物與珍稀鳥類出沒，為動物資源十分豐富的地區。哺乳動物物種種類與陳怡君等(2009)年相較，本研究少記錄了黃鼠狼，但多記錄到白面鼯鼠與狗，自由活動犬隻的出沒可能對野生動物造成干擾，也可能傳播疾病(朱何宗 2008)。根據不同季節、不同海拔梯度間的動物相對豐度變化，顯示山羌、獼猴、野豬可能具有季節性的垂直遷徙情形，裴家騏及姜博仁(2004)與翁國精等(2009)都曾指出獼猴可能有季節性遷徙行為，但前述研究所觀察到的山羌與野豬並無此行為。

過去對陶塞河流域的調查(陳怡君等 2008, 2009)，僅限於鄰近竹村的區域以及南湖山區，而中間一段約七日路程的深山地區則從未有過調查，蓋因傳統的底片型自動相機需每月更換一次電池底片，而此路線路程遙遠且極為困難，實難每月定期調查。近年由於數位型自動相機的快速發展，一台相機可連續工作數月至一年，使得對本區的調查變得更為可行。本次調查獲得有效動物照片 4779 張，資料十分豐富，但有幾點美中不足的地方：1. 其中一台位於海拔梯度 2001-2500 m 的相機未能收回；2. 各梯度相機數量分配不均，1500-2000 m 的區段有 6 台相機，另外 3 個區段各有 2 台相機，較多的監測點與監測時間會讓 1500-2000 m 區段的資料更具代表性，也可能記錄到更豐富的物種種類數量，但因 2001-2500 m 及 2501-3000 m 兩個區段多半地形陡峭、缺少樹木，且動物痕跡較少，使得研究人員不易找到適合架設相機的地點；3. 由於相機是冬季架設，隔年秋季回收，因此冬季與春季的資料最為豐富，之後部分相機故障或耗盡電力，夏季與秋季的資料變得較少。以上這些缺點都可能讓海拔梯度間、季節間的比較產生一些誤差，但整體而言仍是極珍貴且具一定可信度的結果。

參、排遺樣本、粒線體 DNA 萃取與序列分析

本研究發現所採集之水鹿排遺樣本經粒線體 DNA 萃取與序列分析，最終成功率超過 70%。歸咎其成功率高原因如下：1. 粒線體基因組 DNA，在每個細胞

複本數 (copy number) 高於核 DNA，所以容易被擴增；2. 採集時，儘量採集新鮮樣本，且儘快處理；3. 雖然再某些低海拔地可以發現水鹿蹤跡，如丹大雙龍林道，但大部分水鹿為中高海拔大型草食動物，食性單純，且排遺位於較高海拔，氣溫較冷，故保存條件較好。

肆、野生臺灣水鹿粒線體遺傳多樣性

目前所獲得之 362 個粒線體 D-loop 序列，共分成 30 個單套型。陶塞中下游類群共有 7 個單套型與中央山脈主要類群共有 23 個單套型。陶塞中下游(梅園、竹村) 46 個序列只獲得個 3 單套型 (S11、S12 與 S13)，雪霸翠池與志樂溪 25 個序列只獲得 2 個單套型，可見第 III 類群水鹿粒線體 D-loop 單套型多樣性較少。雪霸翠池、志樂溪與陶塞中下游具有較獨特單套型水鹿需要加強保育。南湖陶塞線、奇萊、磐石山區與丹大野生動物重要棲息環境還具有多樣性。但丹大、玉山新康、大武山等多樣性卻比奇萊、磐石山區以北還少，其原因是否是人為干擾或是自然環境變遷所造成，值得進一步探究。

伍、粒線體單套型親緣關係(haplotype genealogy)與遺傳結構(genetic structure)

利用 D-loop 各單套型間之 DNA 序列多型性與遺傳距離建構親緣關係樹，目前所獲得之臺灣水鹿之粒線體 D-loop 區域可以分成兩大遺傳類群。陶塞溪中下游與雪霸國家公園翠池形成一主要類群(陶塞中下游類群，clade III)，包括 S11、S12、S13、S1 與 S2。但南湖陶塞線之 S7 與丹大野生動物重要棲息環境的 S22，也被歸於於這一類群；而南湖大山陶塞線的 S3 至 S10、奇萊山區全部、磐石山區全部、丹大野生動物重要棲息環境、南投雙龍林道(除治茆山兩個樣本)與大武山自然保留區形成另一類群(中央山脈主要類群)。南湖陶塞線、奇萊、磐石山區以北樣本主要被分派到類群 I；丹大、玉山國家公園與大武山水鹿則被分派到第 II 類群。可見臺灣水鹿有南北遺傳分化現象，而界線具目前研究應該落在奇萊磐石與雪山附近(或是立霧溪與大甲溪為界)。

陸、族群分化與遺傳地景(genetic landscape)

太魯閣國家公園水鹿若依棲地地理，分成南湖、陶塞溪中下游、奇萊、磐石與銅門。經計算不同族群遺傳距離後，顯示陶塞溪中下游水鹿族群與太魯閣國家公園其它地區水鹿有明顯遺傳距離。另外，若以臺灣不同的區水鹿族群來計算遺傳距離，亦顯示陶塞溪中下游水鹿族群與丹大野生動物重要棲息環境、玉山國家公園境內與大武山自然保留區有明顯遺傳距離；另外遺傳分化值 (F_{ST}) 也明顯較大。但陶塞溪中下游水鹿族群卻與雪霸國家公園志樂溪翠池水鹿有較小遺傳距離與 F_{ST} 值，顯示陶塞溪中下游水鹿族群卻與雪霸國家公園志樂溪翠池水鹿有較近的共同親緣關係 (粒線體 D-loop 序列差異少)，推測可能曾經因為過去遭受地質氣候事件隔離，或經瓶頸效應或 founder effect，導致差異如此大的遺傳分化。而玉山國家公園與大武山分部水鹿間，遺傳親緣近，顯示這兩地區遺傳交流較無限制。因此將來臺灣不同地區的水鹿所採取的保育策略必將有所不同。

柒、族群遺傳分化的假設

本研究共收集分析出 362 份野生水鹿排遺中的粒線體 D-loop 序列，經親緣關係樹分析將臺灣水鹿分成兩大遺傳類群，分別為陶塞中下游類群與中央山脈主要類群。參考王穎老師團隊水鹿行為研究顯示，水鹿遷移對於大於 50 度陡坡，較不喜歡。而陶塞溪與雪霸國家公園境內 3000 公尺以上的高山林立，勢必對於遷移造成某種程度的限制。利用 Randi 等人 (1997) 年所計算出鹿科動物粒線體 DNA 演化速度 (0.04-0.08 個核苷酸/百萬年)，估計陶塞中下游類群與中央山脈主要類群，這兩類群分歧時間約於 58,500-118,000 年前間，約於上次冰河時期。再加上地理隔離因素與行為模式，推測造成遺傳分化的原因可能有三種：1. 水鹿由亞洲大陸分別由南北不同路徑遷徙來臺，而後南北分化；2. 早期臺灣水鹿只有一相近遺傳族群，而後地理氣候隔離，導致太魯閣陶塞溪中下游與雪霸國家公園水鹿發生分化；3. 早期臺灣水鹿只有一相近遺傳族群，分布於現今太魯閣與雪霸國家公園以南，而於冰河時期，氣溫下降，而導致雪線下降，將南北隔離分化。而晚近，部分隔離因素消失，又導致這兩群水鹿有機會相遇。總總證據顯

示這期間太魯閣與雪霸國家公園以北過去可能發生過與地質變化或氣候變遷導致與臺灣水鹿族群隔離，最後再加上遠距離隔離（long-distance colonization）與棲地片段化（past fragmentation）而造成遺傳分化。而這兩不同水鹿水鹿族群是共域或是有雜交，尚須待更敏感遺傳標記分析。

這些遺傳研究結果顯示，太魯閣國家公園陶塞中下游及雪霸國家公園現有臺灣水鹿與主要中央山脈類群水鹿的粒線體 D-loop 有明顯的遺傳分化。而這個發現，對於整個臺灣水鹿的保育提供一個相當重要的水鹿族群遺傳概括。未來，將繼續把未完成序列分析的部分補齊，也將對太魯閣國家公園境內水鹿，根據遺傳特徵、生活史、行為特性、地理景觀特性、植被與氣候變遷進行更精確族群定義。而各族群之遺傳歧異度、分化程度與演變歷程也將一一研究探討。

第五章 結論與建議

第一節 結論

水鹿追蹤研究發現，水鹿具季節性遷徙行為，因此除了高海拔地區的水鹿棲地需要關注，鄰近的中海拔地區水鹿族群狀況、環境是否受到水鹿過量的負面影響等，未來都需注意。水鹿極少使用坡度超過 50 度的環境，這可以做為探討地理隔離時的參考。對水鹿之空間使用與棲地選擇之研究已取得一定成果，未來須持續增加追蹤時間，使研究成果更具可信度以作為保育與經營管理之參考。

於陶塞河流域與南湖山區的自動相機監測結果顯示山羌與水鹿相對數量較多，海拔較低的 1500-2000 m 區段哺乳動物相對數量與多樣性最高，且發現山羌、野豬、獼猴都可能有季節性遷徙行為。數位自動相機工作時間達半年以上，大量節省回收資料與更換電池所耗費的人力，因此建議管理處未來可自行監測，由巡山員與志工以半年的間隔回收資料與更換電池。此外，自由活動犬隻會出沒在陶塞溪與南湖山區，可能對野生動物產生不良影響，應持續注意。

粒線體 DNA 序列遺傳多樣性分析方面，目前可將臺灣水鹿分成兩大遺傳類群，經分子鐘計算，這兩類群分歧時間為 58,000 至 118,000 年，大約落在臺灣的前次冰河期，其中獨特的陶塞溪中下游類群形成原因仍須加以研究釐清。未來除繼續增加樣本數與採集地點外，也應加強蒐集臺灣各地水鹿頭骨樣本，進行形態學研究，以銜接遺傳與外觀形態間的關係。並應開發有效微衛星標記，建立由排遺 DNA 進行個體鑑別的方法，可幫助水鹿族群數量估算與進一步的遺傳結構研究。

第二節 建議

建議一

繼續追蹤水鹿，取得並發表研究成果；立即可行建議

主辦單位：太魯閣國家公園管理處、中華民國國家公園學會

協辦單位：無

對水鹿之空間使用與棲地選擇之研究目前已取得一定成果，為國際上首度對水鹿進行如此深入之研究，未來須持續增加追蹤樣本數與追蹤時間，除可使研究成果更具可信度外，亦有利於把成果發表至國際期刊，將有助於其他地區、國家對水鹿保育與經營管理之參考，及宣傳太魯閣國家公園之保育研究成果。

建議二

蒐集水鹿頭骨，進行形態學研究：立即可行建議

主辦單位：太魯閣國家公園管理處

協辦單位：其他高山型國家公園管理處、臺灣師範大學生命科學系、臺灣大學動物科學與技術學系

加強蒐集臺灣各地水鹿頭骨樣本，進行形態學研究，以銜接遺傳與外觀形態間的關係。

建議三

注意犬隻於山區出沒情形：中長期建議

主辦單位：太魯閣國家公園管理處、鄉公所

協辦單位：當地社區居民、登山團體

自由活動犬隻會出沒在陶塞溪與南湖山區，可能對野生動物的生存、健康、行為產生不良影響，應持續注意相關資訊，若嚴重需設法移除犬隻。

建議四

管理處以數位自動相機自行監測深山地區動物相：中長期建議

主辦單位：太魯閣國家公園管理處

協辦單位：臺灣師範大學生命科學系

陶塞橫斷這類較難到達的地區，每趟行程超過十天，在過去若欲架設自動相機監測，花費的人力成本非常高昂，但近年來數位自動相機效能不斷進步，現在使用的相機能夠儲存大量照片，且一組電池之電力能維持超過半年的時間，大量節省回收資料與更換電池所耗費的人力。因此在這類深山地區架設自動相機監測動物情況已變得十分可行，建議管理處未來可自行監測，由巡山員與志工以半年的間隔回收資料與更換電池。

建議五

釐清陶塞中下游類群出現原因：中長期建議

主辦單位：太魯閣國家公園管理處

協辦單位：臺灣大學動物科學與技術學系

為何獨特的太魯閣國家公園陶塞中下游水鹿類群會存在，其形成原因與自然環境、地理環境及氣候變遷之關係必須加以研究釐清。

建議六

開發水鹿之微衛星標記：中長期建議

主辦單位：太魯閣國家公園管理處

協辦單位：臺灣大學動物科學與技術學系

由於從排遺中進行 DNA 分析，進而探討族群遺傳歧異度、族群估算、有效族群估算，都需要判斷排遺是否是由不同個體所排放。因此建立由排遺 DNA 進行個體鑑別方法，是計算臺灣水鹿數量的一個重要技術。有效微衛星標記開發是

個體鑑別必須工具，因此，建議未來需進行研究，開發有效微衛星標記進行太魯閣國家公園境內水鹿族群估算。

附錄一

「台灣水鹿跨領域整合研究(一)」案

期中審查會議出席人員簽名冊

主辦單位：保育研究課

時間	101年7月4日上午9時正	地點	本處會議室
主持人	曾處長偉宏	記錄	蔡佩芳
出席人員			
機關(單位)	簽名 (請以正楷書寫,以利辨識)		
1	中華民國 國家公園學會	王毅 顏士清 翁國精 朱有田	
2		林宗以	
3	太魯閣國家公園 副處長		
4	秘書	林忠邦	
5	企劃經理課	夏士泥	
6	環境維護課		
7	遊憩服務課	尹其敏 量姓蓮	
8	解說教育課	李宗霖	
9	蘇花管理站		
10	布洛灣管理站		
11	天祥管理站	邱昭珩	
12	合歡山管理站		
13	保育研究課	陳信山 蔡佩芳	
14	人事室	林怡仁	
15	雪霸國家公園	于淑芬	

李於於教授
韓國士教授

「台灣水鹿跨領域整合研究(一)」
委託研究計畫案期中審查會議紀錄

一、時間：101 年 7 月 4 日上午 9 時正

二、地點：本處會議室

三、主持人：林秘書忠杉

記錄：蔡佩芳

四、出席人員：詳簽名冊（略）

五、主辦課室報告：

本案已依合約第二條規定(101 年 6 月 25 日前) 於 100 年 6 月 21 日(公文號 1010002655)提出期中報告書，並出席本處排定今日之期中審查會議。

六、討論：

(一)本計畫水鹿空間使用方式，其季節性遷移之差異性，以及人為活動干擾之衝擊等資料，建議納入期末研究成果。

(二)本計畫目前遺傳基因的研究結果尚未明確，實受限於樣本數，建議列出未來採樣地區之優先順序，以有效檢視其假說和結果。

(三)建議修正前言部分內容之屬、種名；此外，土地利用型圖層資料林務局於 2008 年更新，建議可依此版本修正分析。

(四)水鹿定位點坡度分析，建議將坡度小於 47 度之比例，與水鹿實際使用度之比例做比較分析，以確定其是否有明確之選擇偏好。

七、結論：

(一) 有關各與會人員相關意見和建議，請受託單位參酌辦理。

(二) 本期中審查符合本處要求，同意備查，並請依合約辦理後續作業。

八、散會：10 時 10 分正。

附錄二

「台灣水鹿跨領域整合研究(一)」案

期末審查會議出席人員簽名冊

主辦單位：保育研究課

時間	101 年 12 月 4 日下午 2 時正	地點	本處會議室
主持人	曾處長偉宏	記錄	蔡佩芳
出席人員			
機關 (單位)	簽名 (請以正楷書寫，以利辨識)		
1	中華民國 國家公園學會	王毅 朱有田 廖登	
2			
3	太魯閣國家公園 副處長	張育文	
4	秘書	林忠祥	
5	企劃經理課	連珪	
6	環境維護課	何文斌	
7	遊憩服務課		
8	解說教育課	邱育現	
9	蘇花管理站	陳宇臣	
10	布洛灣管理站		
11	天祥管理站		
12	合歡山管理站		
13	保育研究課	陳俊山 高欣 陸志豐	
14		林展興	
15		陳彥喜	

「台灣水鹿跨領域整合研究(一)」
委託研究計畫案期末審查會議紀錄

一、時間：101 年 12 月 4 日下午 2 時正

二、地點：本處會議室

三、主持人：曾處長偉宏

記錄：蔡佩芳

四、出席人員：詳簽名冊（略）

五、主辦課室報告：

本案已依合約第二條規定(101 年 11 月 25 日前) 於 100 年 11 月 23 日(公文號 1010005131)提出期末報告書，並出席本處排定今日之期末審查會議。

六、討論：(略)

七、結論：

1. 有關101年度各委託(研究)辦理計畫簡報電子檔，會後保存於本處公用區 U:\業務資料區\04-簡報區\保育課\101\期末簡報 資料夾中，提供本處各業務課室經營管理參考運用。
2. 本計畫研究結果及結論建議有關雪霸國家公園的部分，請保育課將該資料提供雪管處參酌。
3. 本期末審查符合本處要求，同意備查，並請依合約辦理後續請款及結案等相關事宜。

八、散會：14 時 30 分正。

參考書目

- Ager, A., Johnson, B., Kern, J., Kie, J. 2003. Daily and seasonal movements and habitat use by female rocky mountain elk and mule deer. *Journal of Mammalogy* 84, 1076-1088.
- Aquadro, C. F. and B. D. Greenberg. 1983. Human mitochondrial DNA variation and evolution: analysis of nucleotide sequences from seven individuals. *Genetics* 103, 287-312.
- Bandelt, H. J., P. Forster, A. Rohlf. 1999. Median-Joining Networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*. 16, 37-48.
- Belkhir, K., P. Borsa, J. Goudet, L. Chikhi, F. Bonhomme. 2000. GENETIX 4.01, logiciel sous Windows pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier, France.
- Brown, W. M., M. George, Jr., and A. C. Wilson. 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proceeding of National Academy of Sciences*. 76:1967-1971.
- Brooke, V. 1878. On the classification of the Cervidae, with a synopsis of the existing species. *Proceeding of Zoology Society of London*. 883-928.
- Brunjes, K.J., Ballard, W.B., Humphrey, M.H., Harwell, F., McIntyre, N.E., Krausman, P.R., Wallace, M.C., 2006. Habitat Use by Sympatric Mule and White-Tailed Deer in Texas. *Journal of Wildlife Management* 70, 1351-1359.
- Byers, C. R., Steinhorst, R. K., Krausman, P. R. 1984. Clarification of a technique for analysis of utilization-availability data. *The Journal of Wildlife Management* 48(3):1050-1053.
- David, I. B., A. W. Blackler. 1972. Maternal and cytoplasmic inheritance of

- mitochondrial DNA in *Xenopus*. *Developmental Biology* 29:152-161.
- D'Eon, R. G. 2001. Using snow-track surveys to determine deer winter distribution and habitat. *Wildlife Society Bulletin* 29:879–887.
- D'Eon, R. G., Serrouya, R. 2005. Mule deer seasonal movements and multiscale resource selection using global positioning system radiotelemetry. *Journal of Mammalogy* 86(4):736-744.
- Excoffier, L., Smouse, P., Quattro, J. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*. 131, 479–491.
- Felsenstein J. 2006. PHYLIP version 3.66 executables for PowerMac. University of Washington, Seattle.
- Gormley, A.M., Forsyth, D.M., Griffioen, P., Lindeman, M., Ramsey, D.S.L., Scroggie, M.P., Woodford, L. 2011. Using presence-only and presence–absence data to estimate the current and potential distributions of established invasive species. *Journal of Applied Ecology* 48, 25-34.
- Green, M. J. B. 1987. Ecological separation in Himalayan ungulates. *Journal of Zoology (London), Series B* 1:693–719.
- Grubb, P. 1993. *Mammal Species of the World: A Taxonomic and Geographic Reference*. D.E. Wilson and D.M. Reeder, eds. Smithsonian Institution Press, Washington and London.
- Gilbert, G., Ropiquet, A., Hassanin, A. 2006. Mitochondrial and nuclear phylogenies of Cervidae (Mammalia, Ruminantia): systematics, morphology, and biogeography. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 40:101-117.
- Harestad, A. S., Bunnell, S. L. 1979. Home range and body weight – a reevaluation. *Ecology* 60:389-402.
- Hein, J. 1990. Unified approach to alignment and phylogenies. *Methods Enzymol.*

- 183, 626-645.
- Irwin, D. M., T. D. Kocher, A. C. Wilson. 1991. Evolution of the cytochrome b gene of mammals. *Mol. Evol.* 32, 128-144.
- Johnson, D.H., 1980. The comparison of usage and availability measurements for evaluating resource reference. *Ecology* 61, 65-71.
- Kushwaha, S.P.S., Khan, A., Habib, B., Quadri, A., Singh, A., 2004. Evaluation of sambar and muntjak habitats using geostatistical modelling. *Current Science* 86, 1390-1400.
- Leslie, D.M., 2011. *Rusa unicolor* (Artiodactyla: Cervidae). *Mammalian Species* 43, 1-30.
- Librado, P. and Rozas, J. 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* **25**, 1451-1452 | doi: 10.1093/bioinformatics/btp187.
- Mayor, S. J., Schneider, D. C., Schaefer, J. A., Mahoney, S. P. 2009. Habitat Selection at Multiple Scales. *Ecoscience* 16(2):238-247.
- Meyer, A. 1993. Evolution of mitochondrial DNA in fishes. In: Hochachka, P. W. and Mommsen, T. P. (eds.) , *Biochemistry and Molecular Biology of Fishes*, Vol. 2. Elsevier, Amsterdam.
- Miller, M. P. 2000. Tools for population genetic analysis (TFPGA), version 1.3: a Windows program for the analysis of allozymes and molecular population genetic data. Available via [http:// bioweb.usu.edu /mpmbio/tfpga.htm](http://bioweb.usu.edu/mpmbio/tfpga.htm).
- Millsbaugh, J.J., Marzluff, J.M., 2001. Radio tracking and animal populations. Academic Press, San Diego, USA.
- Neu, C. W., Byers, C. R., Peek, J. M. 1974. A technique for analysis of utilization-availability data. *The Journal of Wildlife Management* 38(3):541-545.
- Shea, S.M., Flynn, L.B., Marchinton, R.L., Lewis, J.C., 1990. Ecology of sambar deer

- on St. Vincent National Wildlife Refuge, Florida. Part II: Social behavior, movement ecology, and food habitats. Bulletin of Tall Timbers Research Station 25, 13-62.
- Stafford, K. J. 1997. The diet and trace element status of sambar deer (*Cervus unicolor*) in Manawatu district, New Zealand. New Zealand Journal of Zoology 24:267-271.
- Timmins, R.J., Steinmetz, R., Sagar Baral, H., Samba Kumar, N., Duckworth, J.W., Anwarul Islam, M., Gimán, B., S., H., Lynam, A.J., Fellowes, J., Chan, B.P.L., Evans, T., 2008. *Rusa unicolor*. In: IUCN 2010. IUCN Red List of Threatened Species.
- Vila, A. R., Beade, M. S., Lamunière, D. B. 2008. Home range and habitat selection of pampas deer. Journal of Zoology 276(1):95-102.
- Wolstenholme, D. R. 1992. Animal mitochondrial DNA: structure and evolution. International Review of Cytology 141:173-215.
- Worton, B.J. 1989. Kernel Methods for Estimating the Utilization Distribution in Home-Range Studies. Ecology 70, 164-168.
- 王穎、顏士清、林子揚、張郁琦、賴冠榮。2009。太魯閣國家公園高山生態系 - 臺灣水鹿棲地使用之研究(二)。太魯閣國家公園管理處委託研究報告，60 頁。
- 王穎、顏士清、林子揚、陳匡洵、廖昱銓、賴冠榮、2010。奇萊山區臺灣水鹿之活動模式與空間使用。太魯閣國家公園管理處委託研究報告，40 頁。
- 王穎、顏士清、廖家宏、葉建緯、2008。太魯閣國家公園高山生態系 - 臺灣水鹿棲地使用之研究(一)。太魯閣國家公園管理處委託研究報告，46 頁。
- 朱何宗。2008。太魯閣鸛家公園食肉目動物疾病風險調查。太魯閣國家公園管理處自行研究報告，57 頁。
- 李玲玲、林宗以、2003。臺灣水鹿的食性研究。行政院農委會林務局，68 頁。
- 李玲玲、林宗以、池文傑、2007。玉山國家公園南二段地區中大型哺乳動物調查

- 暨臺灣水鹿族群監測計畫。內政部營建署玉山國家公園管理處，70 頁。
- 李玲玲、林宗以、蔡振光、2006。臺灣水鹿食性暨玉里野生動物保護區水鹿族群生態研究(三)。行政院農委會林務局保育研究系列第 93-2 號，64 頁。
- 翁國精、林宗以、張書德、范震華、2010。玉山國家公園新康山區中大型哺乳動物監測暨水鹿族群生態研究。玉山國家公園管理處委託研究報告，79 頁。
- 翁國精、林宗以、蔡及文、2009。玉山國家公園新康山區暨南二段中大型哺乳動物調查計畫。玉山國家公園管理處，88 頁。
- 陳怡君、王穎、廖家宏、葉建緯。2008。陶塞流域中大型哺乳動物族群監測模式研究-含梅園竹村復育後野生動物族群評估。太魯閣國家公園管理處委託研究報告，41 頁。
- 陳怡君、王穎、賴冠榮、黃敏琪、廖昱銓。2009。代表性生態系經營管理-農業用地回收後生態復育計畫第一期。太魯閣國家公園管理處委託研究報告，72 頁。
- 郭正彥、2005。磐石山區高地草原臺灣水鹿之日間行為。國立臺灣師範大學生命科學系碩士論文，72 頁。
- 董光中、王俊秀、徐慶霖、楊忠亮、施宗雄、1993。鹿隻化學制動藥物選擇及臨床應用之探討。臺灣畜牧獸醫學會會報 61:9-18。
- 楊遠波、徐國士、2004。太魯閣國家公園高山地區植物資源及基礎調查研究。太魯閣國家公園管理處，89 頁。
- 廖昱銓、王穎、2011。磐石山區臺灣水鹿的季節性移動。太魯閣國家公園管理處，26 頁。
- 裴家騏、姜博仁、2002。大武山自然保留區和周邊地區雲豹及其他中大型哺乳動物之現況與保育研究(一)。行政院農委會林務局研究系列 90-6 號，62 頁。
- 裴家騏、姜博仁、2004。大武山自然保留區和周邊地區雲豹及其他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研究系列 92-2 號，85 頁。
- 顏士清、王穎、2011。臺灣水鹿之活動範圍與社會結構初探—以奇萊磐石山區為

例。太魯閣國家公園管理處，29 頁。

顏士清、王穎、歐恒佑、2009。太魯閣國家公園臺灣水鹿 (*Rusa unicolor swinhoii*)

分布之預測。生物學報 44:89-96。