

行政院及所屬各機關出國報告

(出國類別：研究)

台灣鳥類遺傳多樣性分析技術之研究

服務機關：行政院農業委員會

特有生物研究保育中心

出國人職稱：助理研究員

姓名：姚正得

出國地區：瑞典斯德哥爾摩

出國期間：九十二年十一月十六日至十一月二十六日

報告日期：九十三年二月二十四日

F8/
669>04545

系統識別號:C09204545

公 務 出 國 報 告 提 要

頁數: 006 含附件: 否

報告名稱:

台灣鳥類遺傳多樣性分析技術之研究

主辦機關:

行政院農業委員會特有生物研究保育中心

聯絡人/電話:

方素麗/049-2761331轉108

出國人員:

姚正得 行政院農業委員會特有生物研究保育中心 動 研究

出國類別: 研究 實習

出國地區: 瑞典

出國期間: 民國 92 年 11 月 16 日 -民國 92 年 11 月 26 日

報告日期: 民國 93 年 02 月 24 日

分類號/目: F8/林業 /

關鍵詞: 台灣,鳥類系統分類,親緣地理研究。

內容摘要: 鳥類遺傳多樣性除了有其本身的演化歷史和生物多樣性上的意義外,透過核酸序列的變異,還可以瞭解該族群的許多重要特質:例如地理分化、族群的有效族群量、族群變動歷史;並可推測及建構各類鳥種的親緣地理關係樹。由於分子遺傳技術上的進步及族群遺傳理論的發展,藉由建立與國內學者及國外分子系統分類研究團隊的合作關係,使得我們可以對台灣鳥類遺傳多樣性進行有效的評估。目前已經和台灣師範大學生命科學系李壽先老師及瑞典自然史博物館脊椎動物學門的鳥類分子系統分類研究群建立良好的合作模式。針對小翼鵝、黃胸蘆鶻、冠羽畫眉、繡眼畫眉、畫眉等鳥種分析其遺傳變異,並探討不同海拔區域鳥類的分化現象。已經建構具體的鳥類遺傳多樣性分析技術的基礎,並將藉由穩定長期合作的關係,逐步進行台灣鳥類系統分類及親緣地理研究。

本文電子檔已上傳至出國報告資訊網

摘要：

鳥類遺傳多樣性除了有其本身的演化歷史和生物多樣性上的意義外，透過核酸序列的變異，還可以瞭解該族群的許多重要特質：例如地理分化、族群的有效族群量、族群變動歷史；並可推測及建構各類鳥種的親緣地理關係樹。由於分子遺傳技術上的進步及族群遺傳理論的發展，藉由建立與國內學者及國外分子系統分類研究團隊的合作關係，使得我們可以對台灣鳥類遺傳多樣性進行有效的評估。目前已經和台灣師範大學生命科學系李壽先老師及瑞典自然史博物館脊椎動物學門的鳥類分子系統分類研究群建立良好的合作模式。針對小翼鵝、黃胸藪鷗、冠羽畫眉、繡眼畫眉、畫眉等鳥種分析其遺傳變異，並探討不同海拔區域鳥類的分化現象。已經建構具體的鳥類遺傳多樣性分析技術的基礎，並將藉由穩定長期合作的關係，逐步進行台灣鳥類系統分類及親緣地理研究。

目次：

封面.....	1
摘要.....	2
目次.....	3
正文.....	4
一、目的.....	4
二、過程.....	4
三、心得.....	5
四、建議.....	5
封底.....	7

一、目的：

一個生物族群的遺傳多樣性，除了有本身在演化和生物多樣性上的意義外，它同時提供了我們許多重要的資訊，以瞭解該族群在族群遺傳上許多重要特質，例如：有效族群數量 (effective population size)；基因流動 (gene flow) 以及地理分化 (geographical differentiation) 模式；及族群大小變動的歷史。

近年來，由於分子遺傳技術上的進步以及族群遺傳理論上的發展，使得我們可以對台灣鳥類的遺傳變異度進行有系統研究與評估。台灣為一海島，面積雖小，但正式記錄的鳥類約有 450 種，其中 150 餘種為留鳥，大多棲息於森林之內。台灣與大陸地理上的高度隔離提供了研究鳥類族群內遺傳變異極大的優勢；由於台灣與亞洲大陸陸地的最後一次相連，在約略一萬五千至兩萬年前第四紀的最後一次冰河消退，因此對許多飛行能力並不凸出的森林性鳥類而言，台灣鳥類與在亞洲大陸上的同種族，基因流通中斷已至少達一萬五千年以上，這使得在應用族群遺傳方法分析島內鳥類族群的遺傳變異時，可將島內鳥類族群視為獨立基因庫，而忽略亞洲大陸族群基因庫的潛在影響。本研究計劃建構以現代分子遺傳技術以及族群遺傳模式，對棲息於不同海拔高度的森林性鳥類遺傳多樣性，進行有系統的分析研究技術，以對台灣鳥類的遺傳多樣性有較全面性的認識；並希望藉由遺傳多樣性的資訊來洞悉台灣鳥類在空間上的族群遺傳結構，並對台灣鳥類的現今有效族群遺傳結構、有效族群數量和其在過去時間上的變動有所推估。這可從植被演替過程的研究結果，推測導致棲息於該特定植被的鳥類族群也當隨之變動。而這樣的族群長期變動，便可從其遺傳多樣性中尋出蛛絲馬跡；藉由檢視棲息於不同海拔棲地之鳥類的有效族群變動，來展現長期氣候變遷所導致的棲息地變化，如何影響一個生態體系內物種遺傳多樣性。這個研究模式的建立，將有助我們全面性地了解，現今全球環境變遷對生物環境可能造成的衝擊。

二、過程

(一) 藉由 1997 年瑞典 Uppsala 大學 Dr. Per Alstrom 一次來台進行鳥類血液採樣的機會，與其建立合作研究的共識，由本計畫執行人繼續在台灣進行採樣，並逐步促成本計畫。

(二) 研究地區

1. 瑞岩溪野生動物重要棲息環境

本區位於南投縣仁愛鄉，隸屬於南投林區管理處埔里事業區第 131-136 林班，面積約為 2,574ha。涵蓋了由海拔 1,210m 起始的原始闊葉林、針闊葉樹混交林、針葉樹林到 3,416m 高的高山草生地，可算是臺灣地區最具有山地植被縮影代表性的自然保護區。

2. 合歡山

本區位於花蓮及南投兩縣的交界處。地形上屬於中央山脈中段的山脊，高度大致是 3000m 以上，主峰及其他群峰則海拔皆超過 3,400m，週邊河域有濁水溪及茨次基里溪，亦以主峰為主要分水嶺。

(三) 研究方法：

在研究樣區以霧網捕捉黃胸薺眉、冠羽畫眉、小翼鶉、畫眉、縮眼畫眉、栗背林鴉、山紅頭等燕雀目鳥類，採 0.1mm 血液樣本後原地釋放。所採集樣本一部分在台灣

師範大學生命科學系以實驗室自行設計且用畫眉亞科鳥類的多對 PCR (polymerase chain reaction) 引物，試對各個鳥種的不同 mtDNA 片段進行擴增。一部分則送至瑞典自然史博物館之分子系統分類實驗室進行核酸定序。藉由核酸序列資料建構鳥類地理親緣關係分析探討→鳥類的演化歷史和生物地理。透過基因定序與比較，可以瞭解鳥類的遺傳多樣性及推測各類群門在演化樹的相關位置。

三、心得

- (一) 在中高海拔地區，我們以數量極普遍的黃胸薮眉 (*Liocichla steerii*) 與冠羽畫眉 (*Yuhina brunelli*) 作為中海拔森林性鳥類代表，及高海拔森林的栗背林鴉 (*Erithacus johnstoniae*)，由台灣師範大學生命科學系嘗試對其 mtDNA 上的 cytochrome-b 基因，ND6 基因，及控制區等片段的核酸序列進行定序分析。針對這三種鳥類序列資料進行族群變異分析，發現黃胸薮眉粒腺體控制區遺傳多樣性較低，冠羽畫眉的遺傳多樣性較高；而較高海拔的栗背林鴉其結果則相當特殊，雖然僅有 8 種基因型，卻有高達 45 變異點。根據目前初步分析結果顯示，台灣中海拔常綠闊葉林的鳥類遺傳多樣性可能有其典型的特徵，傾向為多基因型與低度的遺傳分化。根據這樣的結果進一步分析則發現，台灣中海拔森林性鳥類極可能是最近一次冰期後隨著常綠闊葉林的回復，族群逐漸擴張而來 (李 1991)。
- (二) 以繡眼畫眉 (*Alcippe morrisonia*) 與台灣畫眉 (*Garrulax taewanus*) 作為低海拔森林性鳥類代表，嘗試對其 mtDNA 上的基因部分片段核酸序列進行定序分析。針對目前兩種鳥類的序列資料進行族群變異分析，發現繡眼畫眉 cytochrome-b 所定序的區段，具有一定程度遺傳多樣性；台灣畫眉樣本在 cytochrome-b 基因區段，也出現一定遺傳多樣性 (李 1992)。
- (三) 結合對低、中、高海拔鳥類遺傳多樣性分析結果，以棲息於台灣不同海拔棲地之鳥類的族群變動，來展現長期氣候變遷所導致的棲息地變化，如何影響一個生態系內的種遺傳多樣性，提供極為良好之基礎，也顯示了台灣島內鳥類缺乏遺傳上的分化 (李 1991 及 1992)。
- (四) 經由這項國際合作計畫，將可推動本中心與瑞典自然史博物館脊椎動物學門 Dr. Per Ericson 及 Dr. Per Alstrom 的雙向合作關係，特別是台灣的鳥類因其來源及擴散方向在最近燕雀目高階系統分類型式研究上具有極重要價值。藉由本計畫推動，除了建構台灣鳥類遺傳多樣性分析技術之基礎概念，並可逐步擴大參與研究澳洲—巴布亞—青藏高原—台灣地區間燕雀目鳥類的種化及親緣地理關係。

三、建議

- (一) 繼續推動本中心與瑞典自然史博物館脊椎動物學門 Dr. Per Ericson 及 Dr. Per Alstrom 的雙向合作關係，特別是進行有關台灣的鳥類來源及擴散方向及鳴禽類燕雀目高階系統分類型式的研究。

- (二) 建立國內野生動物遺傳物質儲存庫及遺傳多樣性研究實驗室,逐步落實台灣在鳥類系統分類及遺傳多樣性分析研究的技術。