

國立嘉義大學生命科學院

學生學術研究成果優良海報評選獲獎名單

時間:107年5月30日

學士組

名次	獲獎人姓名	指導教師
生物資源學系		
第一名	陳俊佑	呂長澤
第二名	周紹慈	許富雄
第三名	沈芳仔	蔡若詩
微生物免疫與生物藥學系		
第一名	陳家華	朱紀實
第二名	賴純資	劉怡文
第三名	顧子奇	翁博群



生物資源學系



堇菜屬植物種子彈力傳播機制初探

陳俊佑、呂長澤

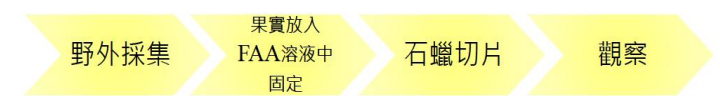
國立嘉義大學 生物資源學系

摘要

種子傳播機制為植物適存與否的重要因素，主要分成藉物傳播及自主散播兩大類。植物可藉由不同傳播方式擴大自己的族群範圍，以避免近親交配、病原菌感染、及因族群密度過高而產生競爭。本研究主要探討台北堇菜 (*Viola nagasawai* Makino & Hayata) 的初級傳播機制，觀察其蒴果在未成熟及種子彈射後兩不同生理時期的果實組織切片、及成熟蒴果種子彈射距離測量，藉以了解果實內部形態構造及細胞變化與種子彈射範圍。由結果顯示，台北堇菜果實漸趨成熟，果瓣內的薄壁細胞逐漸失水及兩側厚壁細胞向內夾，推測其力量大於珠柄所能承受時而斷裂並將種子彈出。此外台北堇菜彈射距離最遠可達近 4 公尺，相較皆為自主傳播的酢漿草及碎米薺，兩者傳播距離約 1.4 及 2 公尺而言，更有效將種子帶離母株。

材料方法

➤ 石蠟切片實驗

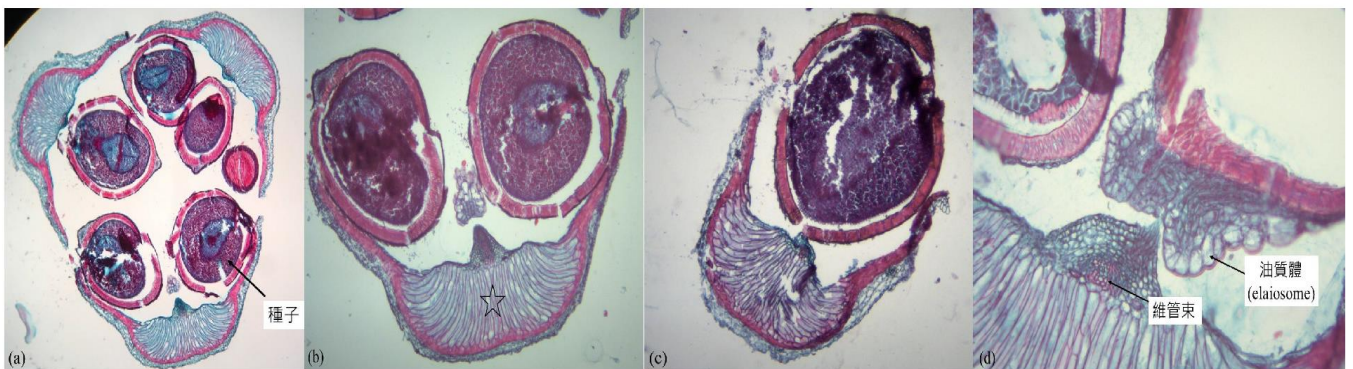


➤ 種子傳播距離實驗



結果

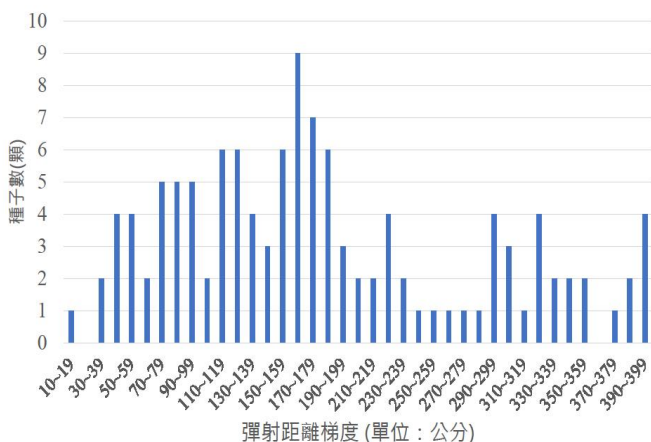
1. 果實石蠟切片以觀察細胞構造



- (a) 為果實未開裂狀態，可觀察到台北堇菜果實為三心皮蒴果所構成，圖中果實空腔內紅色圓形部分為尚在發育種子，果瓣旁開裂處為心皮背縫線，因切片時造成裂開。
- (b) 由 (a) 圖單一果瓣放大，可見果瓣內有膨大之薄壁細胞組織 (星芒處)。
- (c) 為已開裂蒴果且彈出部分種子，與 (b) 圖比較可發現彈射後果瓣有明顯皺縮趨勢。當果瓣中央之薄壁細胞組織隨著果實成熟而逐漸失水，心皮兩側之厚壁細胞組織因果瓣中央之薄壁細胞失水，進而向內收縮。
- (d) 在珠柄處可發現突起之維管束構造，推測與種子及油質體之發育有關。

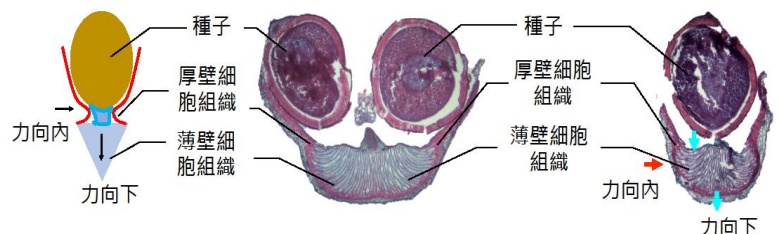
2. 種子彈射距離測定

本次研究使用 6 株植株，每株 1 個成熟蒴果，共獲得 123 顆種子，平均每個蒴果約收集到 20 顆種子；種子彈射距離從 0.15 公尺到 4 公尺，平均彈射距離為 2.06 公尺。種子彈射距離依 10 cm 為一級距，製成如下種子數量與距離分佈關係圖。由圖可見，大部分種子彈射距離落在 1~2 公尺之間，少數種子的彈射距離可達 3 公尺以上。相較於皆為快速彈送體傳播的酢漿草 (*Oxalis corniculata*) 彈射傳播距離約 1.4 公尺及碎米薺 (*Cardamine hirsuta*) 彈射傳播距離約 2 公尺而言，台北堇菜的種子傳播更能有效地將種子帶離母株。



討論

利用不同階段果實石蠟切片的觀察中，推測其傳播機制為利用每個果實裂瓣內，著生種子處的薄壁組織失水，造成垂直及水平兩方向的蓄力，當力量超越種子油質體與心皮著生點所承受的力時，使得種子彈出；兩側厚壁細胞組織更因心皮內所含之種子數量漸少而向內夾；且此次在石蠟切片的實驗觀察中發現到，心皮著生處有維管束組織生長，推測除了是提供種子及油質體發育所需外，同時提供阻抗果瓣向內夾時所產生的力量，以蓄積張力。



溫度與酸鹼度對斑腿樹蛙與布氏樹蛙蝌蚪之生長與發育的影響

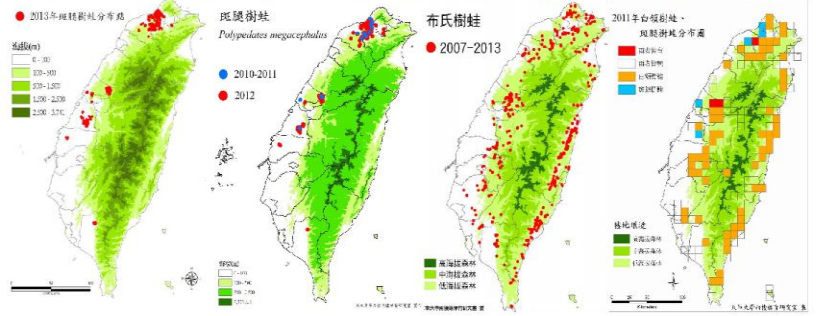
Effects of temperature and pH on tadpole growth and development of *Polypedates megalcephalus* and *Polypedates braueri*

生資四甲 周紹慈
指導老師：許富雄老師

研究動機

外來入侵種(invasive alien species)經常對世界各地的生物多樣性造成負面影響，其危害包括有捕食原生種、競爭棲地與資源、與近似原生種雜交、攜帶疾病或寄生蟲、甚或造成入侵地的生物組成產生改變。

斑腿樹蛙是台灣在近年所發現的外來入侵種，自2006年首次於彰化發現後，便不斷的擴展分布區域與建立族群，擴展速率快速，偏好棲息於海拔較低的開闊棲地。而布氏樹蛙則是台灣的原生種，並廣泛分佈於海拔1,000公尺以下之低山林地或果園的靜水域。其分布海拔差異可能存在環境溫度的影響，而斑腿樹蛙與布氏樹蛙所偏好繁殖水域的水質也可能存有差異，不同環境因子可能影響不同物種的適存度。故本研究藉由室內試驗設計，探討不同溫度與酸鹼度水體，對斑腿樹蛙與布氏樹蛙蝌蚪之生長與發育的影響。

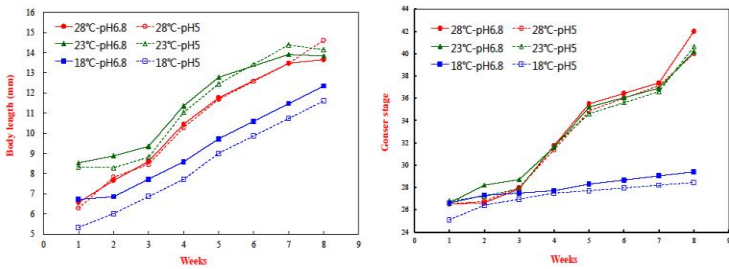


研究方法

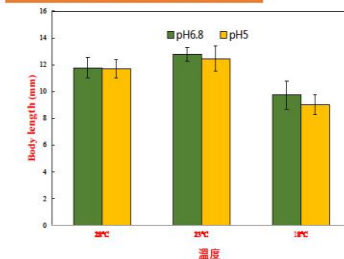
- 試驗蝌蚪採集：在兩個族群較大量的斑腿樹蛙與布氏樹蛙樣區進行卵泡採集，帶回實驗室孵化，布氏樹蛙共有10個卵泡孵化，斑腿樹蛙有5個卵泡孵化，隨機選取蝌蚪進行試驗。
- 試驗處理：溫度：18、23及28°C；酸鹼度：pH 5.0與 6.8
- 每隻蝌蚪獨立飼養，並餵食足量的飼料。
- 實驗期間定期進行蝌蚪的觀察及測量，每隻均紀錄其Gosner發育期、體重、體長及尾長。

研究結果

布氏樹蛙在8週內的成長發育表現

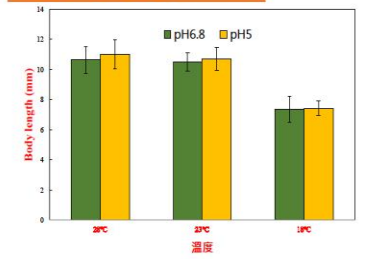


布氏樹蛙生長檢測



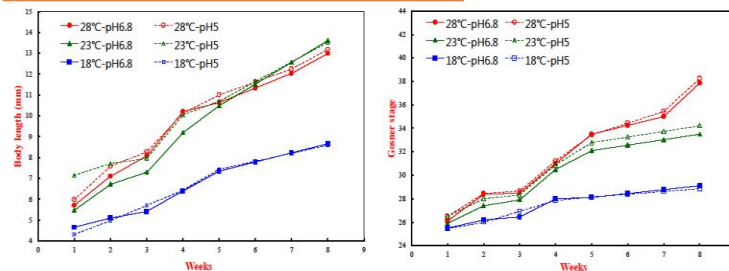
	df	F	P
pH	1	1.90	0.10
Temp	2	56.02	<0.001
pH x Temp	2	0.48	0.49

斑腿樹蛙生長檢測

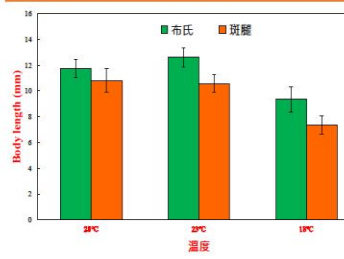


	df	F	P
pH	1	1.07	0.31
Temp	2	98.84	<0.001
pH x Temp	2	0.13	0.88

斑腿樹蛙在8週內的成長發育表現



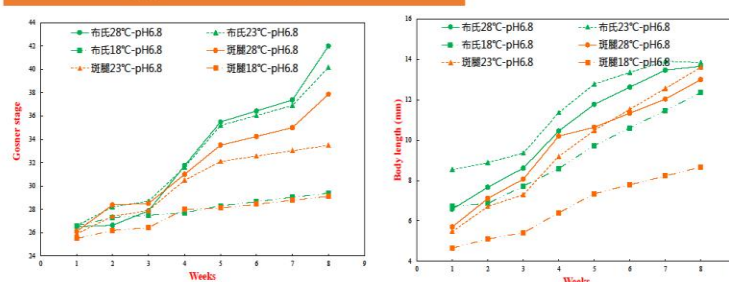
各溫度下兩物種的生長檢測



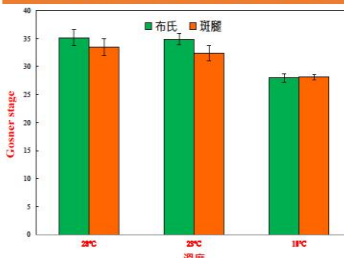
	df	F	P
SP	1	113.15	<0.001
Temp	2	178.76	<0.001
SP x Temp	2	5.52	0.01

Temp	t-test	df	t	P
布-斑 28°C	t=3.155	df=31	t=3.155	P=0.00356
23°C	t=8.981	df=37	t=8.981	P<0.0001
18°C	t=6.833	df=34	t=6.833	P<0.0001

兩物種的成長發育表現



各溫度下兩物種的發育檢測



	df	F	P
SP	1	38.39	<0.001
Temp	2	326.43	<0.001
SP x Temp	2	12.80	0.00001

Temp	t-test	df	t	P
布-斑 28°C	t=3.413	df=31	t=3.413	P=0.0018
23°C	t=6.500	df=37	t=6.500	P<0.0001
18°C	t=-0.586	df=34	t=-0.586	P=0.5617

酸鹼度

相關討論

溫度

- 酸鹼值對於布氏樹蛙及斑腿樹蛙的生長發育影響在檢測結果上都沒有顯著差異
- 可能的原因：設計酸鹼值時，低酸鹼度非參照實際野外測量值
- 過去相關酸鹼值的研究上要在pH4.8以下才有顯著差異
- 溫度對於布氏樹蛙及斑腿樹蛙蝌蚪的生長發育都有顯著的影響
- 在各溫度設置下布氏生長皆較斑腿佳發育部分在18度時沒有顯著差異
- 低溫對於兩物種都有延緩生長發育的影響
- 海拔分布差異

參考文獻：
Beard, K. H. and W. C. Pitt. 2005. Potential consequences of the coqui frog invasion in Hawaii. Diversity and Distributions 11:427-433
Gosner KL. 1960. A simplified table for staging anuran embryos and larvae with notes on identification. Herpetologica 16: 183-190.
Griffith RA. 1993. The effect of pH on feeding behaviour in newt larvae (Triturus: Amphibia). Journal of Zoology 231: 285-290.

The accuracy of avian community monitoring program: The importance of accounting imperfect detection



Fang-Yu Shen¹, Jo-Szu Tsai¹ and Tzung-Su Ding²

1. Department of Biological Resources, National Chiayi University
2. School of Forestry and Resource Conservation, National Taiwan University

1. Introduction

Species richness is the most common index of biodiversity. The number of species reflects an intuitive and natural sense of community composition in a given location. In monitoring bird populations, point count method is widely used to record birds across various spatial or temporal scales. Unfortunately, many factors affect the detectability of bird species and thus reduce the accuracy of monitoring program, resulting underestimation of species richness. Therefore, detectability of bird species should be estimated, and survey should take imperfect and heterogeneous species detectability into account. Our aim was to estimate species richness by using Breeding Bird Survey (BBS) data in Taiwan and to determine factors of species detectability.

2. Methods

Since 2009, Taiwan BBS has been annually conducted by using point-count method from March to June. We only used the data of year 2009, which each quadrat contained 6-10 sampling points and was visited 3 times. Moreover, counts were conducted only in optimal weather conditions, and all birds heard or seen were recorded during the 2-minute count period with three distance intervals (0-25, 25-100, >100m). Additionally, only birds recorded within 100m, resident breeding birds (list follows The Checklist of Birds of Taiwan, 2017) and when all three surveys were conducted by the same surveyors in each quadrat were used in our analyses.

We used capture-recapture approach through COMDYN software (Hines et al., 1999) to estimate species richness and mean species detectability (p) from 3 visits in 2009 in 95 quadrats. We tested determinants of detectability using linear mixed model with random quadrat effect using lme4 package in R (Bates et al., 2015), and considered region, elevation, Julian date, species count and survey effort as covariates (Table 1). F-test based on the Kenward-Roger approach was used to test fixed effects. Differences in raw species count and estimated species richness were evaluated with two-tailed paired t-test. And the differences in three visits of mean species detectability were examined by ANOVA. To assess the change of observed species count among three visits, we used Wilcoxon rank sum tests for each matched pairs. Statistical tests were conducted in R v.3.4.4 (R Development Core Team 2018).

3. Results

Mean species detectability was 0.80 ± 0.01 (range: 0.31-1.00; Fig. 1), showing that using raw species count alone could be biased. Mean species detectability has no significant difference among three visits ($F_{(2,282)}=1.32, P=0.27$). In addition, we found no significant difference in frequency of species occurrence among three visits ($V=1916, P=0.15$), indicating species detectability was consistent throughout the breeding season. As a result, estimated species richness was higher than raw species count ($n=14.30, df=284, P<0.05$; Fig. 2). Mean species detectability was not significantly affected by survey effort, region, date, elevation, nor species count (Table 2).

4. Discussion

The consistency of species detectability through time in our results suggested that breeding birds in Taiwan may maintain a certain level of breeding activity throughout the breeding season. We suggest that further research can incorporate consecutive months of surveys instead of during breeding season and MAPS Taiwan data into the comparison. Overall, species detectability is unlikely to be perfect. Therefore, incorporating species detectability is crucial in avian monitoring programs.

Table 1 Factors in explaining mean species detectability (p) in Breeding Bird Survey Taiwan (BBS).

Factors	Reason
1. Region	Spatial difference in species composition, abundance and habitat structure might influence p across ecological regions in Taiwan.
2. Elevation	Spatial difference in species composition, abundance and habitat structure might influence p across different elevation in Taiwan.
3. Julian date	Higher vocalizations and activity at the beginning of breeding season might lead to higher detection probability.
4. Species count	Higher total species count might increase the detection probability.
5. Survey effort	Number of survey sampling points per quadrat increase, the detection probability might increase.

Table 2 Factors of mean species detectability in Taiwan Breeding Bird Survey, by using a linear mixed model with random effects for quadrats.

Determinants	Effect	Std. Error	t value	F-test
Survey effort	0.00642	0.07932	8.870	0.1277
Region-high altitude	0.04188	0.00578	1.110	
Region-North	0.04800	0.03903	1.250	0.1505
Region-West	-0.01790	0.03591	-0.498	
Raw species count	0.00151	0.00211	0.718	0.839
Julian date	0.00026	0.00035	0.736	0.8915
Elevation	-0.00004	0.00003	-1.144	0.4596

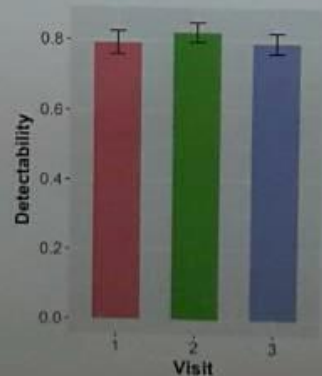


Fig. 1 Mean species detectability in 2009 Taiwan Breeding Bird Survey. With $p=0.79, 0.82, 0.79$ for visit 1, 2, 3, respectively.

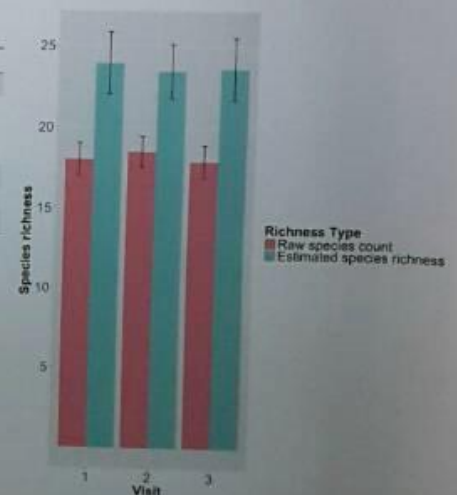


Fig. 2 Mean raw species count and estimated species richness in three visits.

5. Acknowledgments

We sincerely appreciate the dedicated volunteers that conducted surveys of the Taiwan Breeding Bird Survey. Thanks for Chia-Jen Ko provided the calibrated 2009 data. Furthermore, thanks for Cheng-Tsu Liu for arranging the data into analysis format. Special thanks to James E. Hines who helped to implement the data in program COMDYN.

References

- Hines, J. E., Sauer, J. A., Hines, J. E., & Walden, S. (2011). Using three nested effects models using mark-recapture approach. *Journal of Wildlife Management*, 75(1), 140-142.
- Hines, J. E., Sauer, J. A., Walden, S. J., & Jones, J. R. (1999). COMDYN: software to study the dynamics of animal communities using a capture-recapture approach. *Bird Study*, 46(4), 620-621.
- R Core Team (2018). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL: <http://www.R-project.org/>.



國立嘉義大學生命科學院

學生學術研究成果優良海報評選獲獎名單

時間:107年5月30日

碩博士組

名次	獲獎人姓名	指導教師
食品科學系		
第一名	劉康佑	許成光
第二名	Nguyen Xuan Hoang(阮宣宏)	許成光
第三名	倪彥綉	吳思敬
生物資源學系		
第一名	郭晉緯	方引平
第二名	黃羽萱	方引平
第三名	李昱緯	蔡若詩
生化科技學系		
第一名	李汶鈴	陳瑞傑
第二名	黃雅晨	魏佳俐
第三名	王榆婷	魏佳俐
微生物免疫與生物藥學系		
第一名	楊芳俞	吳進益
第二名	陳德宇	謝佳雯
第三名	戴元昌	劉怡文



生物資源學系



植被與棲地特性對臺灣野兔食性的影響

郭晉緯、方引平

國立嘉義大學生物資源學系



前言



草食性哺乳動物的食物組成受植被組成與棲地特性的影響。曾有研究指出，植物覆蓋度與多樣性會影響小獸類的食物組成與食性多樣性 (Sassi et al. 2011)。再者，不同棲地特性也會有不同的植被組成與分布；例如河岸草生地植物覆蓋度與多樣性皆高，而農地周邊草地因受人為干擾大，植物覆蓋度與多樣性則低。此外，越來越多的研究利用DNA巨量條碼技術 (DNA metabarcoding) 進行分子食性分析，以得到動物更精細的取食類別。本研究在八掌溪河岸兩種棲地類型—**河岸草生地**與**農地周邊草地**收集臺灣野兔 (*Lepus sinensis formosus*) 排遺，以分子食性分析瞭解不同棲地下，野兔取食類別和植被組成的關聯性，並探討植物覆蓋度與多樣性對其覓食策略之影響。再者，也會關注野兔是否取食入侵植物。

材料與方法



- 2017年8至10月於八掌溪河岸草生地與農地周邊草地設置4個樣區 (含6個樣點，圖一)，收集野兔排遺儲存於酒精。記錄每堆排遺座標與顆數，以及測量糞徑大小。



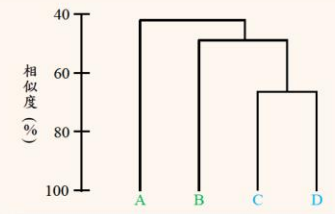
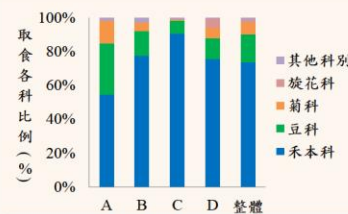
- 各樣點選取4個2x2公尺樣方進行植被調查，記錄植種及其覆蓋度與高度。
- 各樣點選取8堆排遺再逢機各挑2顆，以這16顆排遺分成4個樣本進行DNA萃取，並擴增葉綠體 *trnL* 部分基因片段。其後，合併4個DNA擴增產物成1個次世代定序 (NGS) 樣本。
- NGS序列資料以R語言套件進行清理，相同序列合併成單型。將讀值數 ≥ 5 的單型與NCBI資料庫進行比對，以得知各單型對應之科、屬或種類別；後續計算各類讀值數比例。
- 比較各樣區間樣方整體植物覆蓋度，並以夏農多樣性指數計算其多樣性，皆以單因子變異數分析 (ANOVA) 檢定。
- 依各類讀值數比例計算各樣本野兔食性多樣性，並比較樣區間野兔取食相似度。

結果



- 植物覆蓋度在4個樣區有顯著差異 ($p = 0.04$)，其中以**樣區A**最高 (103.6%)、**樣區D** (55.0%) 最低。各樣區植物覆蓋度高的物種皆不同：樣區A與B為甜根子草，C為牛筋草，D為馬唐。植物多樣性在4個樣區沒有顯著差異 ($p = 0.27$)，而各樣區平均的植物多樣性指數高低為 $D > C > B > A$ 。
- 各樣點次世代定序樣本，比對整理後共有1,931個單型481,115條讀值。所有樣本98.8%單型可鑑定至科、75.6%至屬、43.7%至種，共鑑定出22科128個類別 (含34個物種)。此外，各樣本單型可鑑定到分類階層差異大。

- 各樣區的野兔皆以禾本科 (73.7 \pm 22.2%) 與豆科 (16.7 \pm 14.8%) 植物為主食，菊科則在樣區A、B、D取食較多 (圖二)。
- 各樣區皆有取食禾本科開卡蘆與豆科銀合歡，然取食類別差異大 (圖三)。部分取食的植種僅出現在特定樣區，例如禾本科李氏禾僅出現在樣區B，而豆科合萌屬則出現在樣區D。此外，樣區植物覆蓋度越高的物種，野兔取食比例也越高。
- 各樣區食性多樣性指數為 $D (1.98) > C (1.69) > B (1.67) > A (1.46)$ 。此外，**農地周邊草地C與D**食物組成較相似，與河岸草生地A與B相似度低 (圖四)。



討論



- 臺灣野兔在調查樣區皆以禾本科植物為主食，與國外野兔屬動物的食性 (Lorenzo et al. 2011) 相似。然而，與國內其他研究結果比較，陽明山的野兔食痕以錢蒲與日本針蘭為主 (陳與呂, 1991)，而社頂的則為含羞草與長穗木 (彭與呂, 1993)，除分析方法不同外，樣點海拔高度與棲地環境不同可能是影響野兔食性組成的重要因子。
- 研究樣點中，野兔取食類別多與當地優勢植種相符，反應優勢植物物種的覆蓋度高低會影響野兔的取食數量；但部分優勢植種，如甜根子草，取食比例反而低，推測應與甜根子草植株太高，野兔不易取食有關。
- 當植物多樣性越高，臺灣野兔食性多樣性也越高。此外，植被組成相似的樣區，野兔的食物組成也較相似。
- 野兔在4個樣區皆有發現取食入侵種銀合歡，且其覆蓋度越高，取食越多。然而在分析中並未發現其他入侵種，未來可針對入侵植物與野兔的關係進一步探討。
- 葉綠體 *trnL* 基因在科層級鑑別力佳，但部分禾本科與菊科植物向下的分類群難以區分；對於這些類群則須配合其他分子標記分析。再者，當地植被調查與植物分子序列資料庫建立是必須的，有助於釐清臺灣野兔實際的取食對象。





臺灣無尾葉鼻蝠不同季節食蛛特性之探討

國立嘉義大學生物資源學系

黃羽萱、廖崇甫、方引平



前言

蝙蝠取食非空中飛行的獵物需具有特殊的覓食能力；而蜘蛛已知被多種蝙蝠取食，例如彩蝠屬 (*Kerivoula* spp.) 與鼠耳蝠屬 (*Myotis* spp.) 蝙蝠，但多僅辨識到目的層級。先前觀察臺灣無尾葉鼻蝠 (*Coelops frithii formosanus*) 的排遺碎片發現蜘蛛出現頻率與數量皆高，但碎片形態僅少數可鑑定至科，難以瞭解取食蜘蛛的類別與特性，如遊走蛛或結網蛛，以及體型大小；或是有無季節的轉變。利用排遺DNA巨量條碼分析 (metabarcoding analysis) 可獲得大量且精細的獵物資料，有助於探究臺灣無尾葉鼻蝠的食蛛特性。因此，本研究利用無尾葉鼻蝠排遺進行分子食性分析，以瞭解取食蜘蛛的類別與體型特性。此外，分析蝙蝠在一個年度中不同生活史時期取食蜘蛛的組成變化；整理被取食蜘蛛的生態特性，以推測無尾葉鼻蝠覓食棲地的特性。

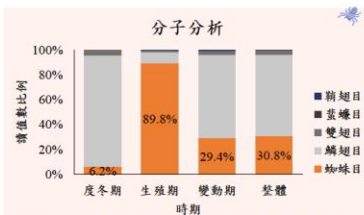
材料方法

1. 研究於2016-2017年依蝙蝠生活史將取樣分為3個時期：度冬期 (12-2月)、生殖期 (5-7月) 與變動期 (9-11月)。每時期各收集2次排遺，每次取樣60顆排遺進行後續分析。
2. DNA巨量條碼分析部分，先萃取排遺內節肢動物DNA (每個DNA樣本隨機選10顆排遺)，使用引子ZBJ-F1c與ZBJ-R2c (157 bp) 擴增COI基因片段。每個DNA樣本重複3次PCR，等比例混勻3次PCR產物，委由生技公司進行次世代定序。得到的序列以R語言套件整理與比對。只分析比對資料中序列相似度>97%之序列。序列比對資料庫為GenBank、BOLD與自行建立的部分當地蜘蛛序列。
3. 每時期各進行2次樣點周邊夜間蜘蛛相調查，以掃網針對灌叢活動蜘蛛進行採集 (高度3 m以下)。收集到的蜘蛛鑑定至科並區分為3類功能群 (遊走蛛、圓網蛛、立體網蛛)。
4. 建備當地蜘蛛序列資料庫，萃取蜘蛛DNA，使用引子LCO-1490F與Chel-Re2擴增粒線體COI基因片段。
5. 以Shannon's多樣性指數比較各時期蝙蝠取食的蜘蛛科別多樣性。並計算Morisita's指數比較各時期的食性重疊度。
6. 鑑定至物種階層的蜘蛛體長範圍參考《台灣蜘蛛觀察入門》與《香港蜘蛛圖鑑》。蜘蛛分類則參考臺灣生物多樣性資訊入口網 (TaiBIF)。

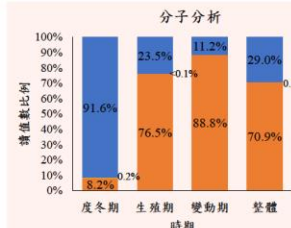
結果

1. 本研究分析12個次世代樣本 (共360顆排遺)。野外蜘蛛調查共採集16科60種蜘蛛 (568隻)，其中有9科32種蜘蛛自行建立序列資料。
2. 蜘蛛目整體讀值比例30.8%，生殖期蜘蛛目比例最高89.8%，度冬期蜘蛛目比例最低6.2% (圖一)。
3. 相似度>97%且屬於蜘蛛目的序列 (讀值) 共有86,538條 (全部樣本有1,416,451條；>97%相似度有281,379條)。

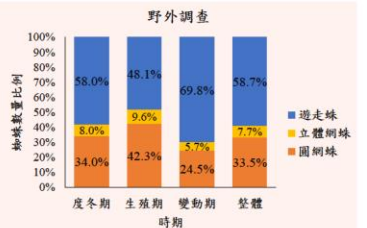
比對出的蜘蛛有8個科別，包含遊走蛛4科：蠅虎科、高腳蛛科、紅螯蛛科、貓蛛科；結網蛛4科：長腳蛛科、金蛛科、姬蛛科、幽靈蛛科，其中立體網蛛為姬蛛科、幽靈蛛科。可鑑定到種的有14種。



4. 各季遊走蛛比例：度冬期>生殖期>變動期；結網蛛比例：變動期>生殖期>度冬期。立體網蛛比例低。(圖二)
5. 野外蜘蛛時期變化較小。遊走蛛比例：變動期>度冬期>生殖期；結網蛛比例：生殖期>度冬期>變動期。(圖三)
6. 度冬期有最高的蜘蛛科別多樣性，生殖期則最低 (表一)。生殖期與變動期蜘蛛科別重疊度最高，度冬期與其他兩時期的重疊度最低 (表二)。
7. 估算被取食的蜘蛛體長為0.3-3.0 cm。(表三)



圖二、分子分析各時期各類群蜘蛛讀值比例。



圖三、野外調查各時期各類群蜘蛛數量比例。

表一、分子分析與野外調查時期蜘蛛科別的Shannon's多樣性指數。

時期	Shannon's多樣性指數	
	分子分析	野外調查
度冬期	0.849	2.136
生殖期	0.401	2.030
變動期	0.603	2.051

表二、Morisita's指數分析分子方法在時期間蜘蛛科別食性重疊度。

Morisita's重疊度指數	
度冬期vs變動期	0.213
生殖期vs變動期	0.979
度冬期vs生殖期	0.372

表三、相似度>97%比對到物種與其體長範圍。

科	俗名	學名	體長 (cm)
遊走蛛	蠅虎科	<i>Pseudopoda sprentholus</i>	0.8-1.3
	蠅虎科	<i>Thiania subopressa</i>	0.6-0.9
	蠅虎科	<i>Procastus stragifer</i>	0.5-0.8
	蠅虎科	<i>Telamonia festiva</i>	0.6-1.2
結網蛛	日本蟻蛛	<i>Myrmachon japonica</i>	0.6-0.9
	二叉黑條蠅虎	<i>Phanella bifurcata</i>	0.4-0.5
圓網蛛	長腳蛛科	<i>Leucagea blanda</i>	0.6-1.3
	長腳蛛科	<i>Leucagea tessellata</i>	0.5-0.9
	長腳蛛科	<i>Leucagea celebensis</i>	0.8-1.3
	金蛛科	<i>Neoscona pumpanara</i>	0.6-1.2
	金蛛科	<i>Nephila clavata</i>	0.6-3.0
	金蛛科	<i>Thelacantha brevistigma</i>	0.6-1.1
	姬蛛科	<i>Parasitostoda lapidarium</i>	0.4-0.8
	幽靈蛛科	<i>Lithina lacunata</i>	0.3-0.4

討論

1. 無尾葉鼻蝠取食高比例的結網蛛，並利用環境中數量多的蜘蛛，如金蛛科、長腳蛛科與姬蛛科蜘蛛。然而野外調查受限網具高度，可能造成野外調查中結網蛛比例較低。
2. 對比其他蝙蝠，巴布亞彩蝠 (*Kerivoula papuensis*) 取食2個科別蜘蛛，而道氏鼠耳蝠 (*Myotis daubentonii*) 取食3科別，無尾葉鼻蝠則取食8個科別，且遊走蛛較牠們多。此外，無尾葉鼻蝠取食夜行性遊走蛛外，例如高腳蛛科與紅螯蛛科蜘蛛，也吃日行性遊走蛛，如蠅虎科、貓蛛科蜘蛛。遊走蛛多於灌叢間活動、躲藏，蝙蝠需有能力偵測獵物並予以撿拾。
3. 分子資料中立體網蛛比例偏低，可能為排遺碎片量與所萃得之DNA量非等比例，也可能是蜘蛛序列資料庫不足。
4. 無尾葉鼻蝠取食蜘蛛種類多停棲或結網於灌叢間，且未出現地棲蜘蛛；推測應活動於灌叢植被間尋找獵物。無尾葉鼻蝠回聲定位音頻與翅型結構也支持其具撿拾灌叢蜘蛛的特性。
5. 取食蜘蛛物種最大雖可達3 cm，但大部分物種體長介於0.3-1.3 cm，因此無尾葉鼻蝠應以中小型蜘蛛為主要取食對象。
6. 無尾葉鼻蝠度冬期取食蜘蛛比例最少，但科別多樣性最高，並以遊走蛛為主，可能此時蜘蛛多為若蛛與護卵成蛛，若蛛小易躲藏，導致無尾葉鼻蝠捕捉不易。此外，遊走蛛護卵時仍會外出覓食，被無尾葉鼻蝠捕食到的機率較高；相反地，結網蛛會在隱密處織網護卵，不捕食獵物。生殖期無尾葉鼻蝠取食蜘蛛的數量最多，但科別多樣性最低，推測此時無尾葉鼻蝠哺育需較多能量，取食優勢的蜘蛛種類有助於降低捕食的能量耗損。然而變動期時，無尾葉鼻蝠有食物轉換的現象，主要獵物由蜘蛛轉為鱗翅目昆蟲，可能與成蛛數量逐漸下降有關。



台灣外來種和原生種鳥類群聚的相對變化



The relative changes between exotic and native bird communities in Taiwan

李昱緯 Yu-Wei Lee、蔡若詩 Jo-Szu Tsai

國立嘉義大學生物資源學系

Department of Biological Resources, National Chiayi University, Taiwan

前言

外來種被認為是造成現今生物多樣性下降的原因之一。外來鳥類可藉由和原生種競爭食物、巢穴、或是雜交、掠食、散播疾病等，直接或間接的導致原生鳥類的多樣性下降。而且具有棲地廣適性、一年能多次繁殖、體型較小、群聚覓食或群聚繁殖等特性的外來種，對原生鳥類多樣性的影響較大。台灣的外來種鳥類主要是引進至動物園及寵物市場做為觀賞用途，但由於飼養不慎和宗教放生，使得越來越多的外來鳥類逸出至野外環境。然而針對外來種鳥類群聚的相關研究距今已超過十年，而且現今研究大多針對分佈和繁殖狀況的研究，甚少有以群聚角度探討外來種鳥類對原生種鳥類的影響。再加上台灣繁殖鳥類大調查提供了長期且涵蓋不同的棲地類型的鳥類調查資料，有利於了解台灣外來種鳥類群聚隨時間的改變，以及外來鳥類對相同同功群原生鳥類的影響。

目的

利用繁殖鳥類大調查的資料，了解低海拔外來鳥類是否隨時間演進而增加，及相同同功群下，外來鳥類和原生鳥類群聚的相對變化。

假說

1. 外來鳥類會對屬於相同同功群的原生鳥類造成負面影響。

1-1. 當某一類同功群內的外來鳥類數量上升時，屬於該同功群的原生鳥類數量下降。

1-2. 當某一類同功群內的外來鳥類生物量上升時，屬於該同功群的原生鳥類生物量下降。

2. 棲地廣適性的外來物種對原生鳥類的影響強度會比棲地狹適性的外來鳥種大。

2-1. 出現在較多棲地類別的外來種，該外來種總隻數/和該外來種相同同功群的總鳥隻數比，會比出現在較少棲地類別的外來種高。

2-2. 出現在較多棲地類別中的外來種，該外來種總生物量/和該外來種相同同功群的總生物量比，會比出現在較少棲地類別的外來種高。

棲地類別

都市：建物與人工鋪面、公園綠地

開闊地：草地、農耕地、裸露地

灌叢：灌叢

森林：森林、果園

濕地：濕地、水體



台灣繁殖鳥類大調查 Breeding Bird Survey Taiwan

從2009年開始，針對在台灣繁殖的鳥類進行調查。除了提供物種分布資訊，也能監測繁殖鳥類族群的變化，反映鳥類與環境保育的狀況。BBS Taiwan樣區依照不同海拔段及生態氣候區域分層，並依面積比例於各分層中隨機抽取1*1公里網格，每個樣區內會設立6-10個調查樣點。每年每樣區會進行兩次調查，並依照樣區海拔分為不同的調查月份，低海拔區域(海拔1000公尺以下)為3及5月，中海拔區域(海拔1000-2500公尺)為4及6月，高海拔區域(海拔2500公尺以上)為5及6月。調查時，每個樣點會進行6分鐘的鳥類調查，記錄所有看到和聽到的鳥種及數量。所有調查會在日出後四小時內完成調查，並避免在大雨、強風及濃霧的天氣進行調查。



方法

資料來源及棲地分類

鳥類調查資料選用台灣繁殖鳥類大調查2009-2016年之歷史資料，並排除當年調查樣區內不足六個樣點和海拔高度高於1000m之樣區。依照樣區內土地利用將樣區分成都市、開闊地、灌叢、森林、濕地五大類。

物種名錄、生物量及功能群

外來種名錄主要採用2017年台灣鳥類名錄內所標示之引進種及附錄二所有物種。鳥類體重則參考台灣鳥類誌、臺灣野鳥手繪圖鑑及網路生命大百科所標示之體重。鳥類同功群主要依照棲地和食性等特性分為14種。

分析

資料分析前，會先排除(單年總隻數/當年調查樣區數) < 10%的物種，另外也會排除野鴿、綠頭鴨、環頸雉、黑頭文鳥及猛禽於分析中。

使用Generalized linear mixed model分析年份和物種數及隻數的關係；以Mann-Whitney U test分析比較不同年份間，屬於相同同功群的外來鳥總隻數(生物量)/該同功群總隻數(生物量)的比例是否有差異；使用ANOVA比較外來種出現棲地類別的多寡和外來鳥總隻數(生物量)/該同功群總隻數(生物量)的比例是否有差異。

同功群

陸地雜食者、陸地食植者、陸地食蟲者、樹棲蟲食者、樹棲雜食者、樹棲食植者、高草雜食者、高草食蟲者、灌叢食蟲者、水域泥岸游涉禽、泥灘涉禽、水岸高草游涉禽、空中蟲食者、猛禽

參考文獻

- Martin-Albarracin, V. L., Amico, G. C., Simberloff, D., & Nuñez, M. A. 2015. Impact of non-native birds on native ecosystems: a global analysis. *PLoS One*, 10(11), e0143070.
- Shirley, S. M., & Kark, S. 2009. The role of species traits and taxonomic patterns in alien bird impacts. *Global Ecology and Biogeography*, 18(4), 450-459.