

國立嘉義大學生命科學院
110 年度學生學術研究成果優良海報競賽獲獎名單

食品科學系			
學制別	姓名	指導老師	名次
學士班	吳昶庭	羅至佑	1
	梁雅晴	張文昌	2
	李奕慧	呂英震	3
碩士班	王子瑄	張文昌	1
	江浙展	羅至佑	2
	劉中翔	張文昌	3
水生生物科學系			
學士班	邱淮祥	李安進	1
	林俐均	李安進	2
	謝睿宸	李安進	3
碩士班	曾郁仁	吳淑美	1
	林芝佑	黃承輝	2
	楊建銘	黃承輝、董哲煌	3
生物資源學系			
學士班	林翰昇	方引平	1
	陳心怡	方引平、林政道	2
	鄭子琪	陳宣汶	3
碩士班	陳俊佑	呂長澤	1
	蘇昱	林政道	2
	林唐禕	陳宣汶	3
生化科技學系			
學士班	劉禮玲	林芸薇	1
	簡晉誠	林芸薇	2
	黃奕翔	林芸薇	3
碩士班	林鼎展	陳瑞祥	1
	于仁豪	陳政男	2
	黃千芬	陳瑞祥	3
微生物免疫與生物藥學系			
學士班	吳宛庭	謝佳雯	1
	曾嚴慈	翁炳孫	2
	陳子瑞	吳進益	3
碩士班	李嘉雯	劉怡文	1
	謝文媛	翁博群	2
	楊子瑩	劉怡文	3
生命科學全英文碩士學位學程			
碩士班	KHALID AMJAD (安賀立)	賴弘智	1

生物資源學系



東亞摺翅蝠與鱗翅目獵物組成之海拔分布特性—分子食性分析之應用

林翰昇、林榮未、廖崇甫、方引平
國立嘉義大學生物資源學系

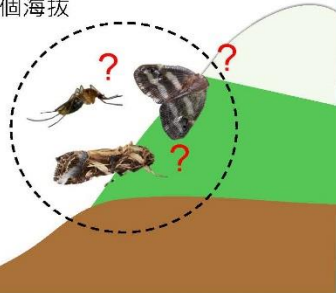


前言

東亞摺翅蝠(*Miniopterus fuliginosus*)是食蟲性的穴居型蝙蝠，在臺灣從海邊至海拔2,500m的高山皆可發現，海拔分布範圍廣。過去研究指出，海拔間的食物資源組成有異，對於不同海拔分布的捕食者有所影響(Sam, 2017)；因此，對於分布海拔跨距大的摺翅蝠，其海拔間的族群食性是否一致值得探討。摺翅蝠的主要獵物為鱗翅目昆蟲(盧, 2013)，而昆蟲的物種豐富度常與海拔梯度有所關聯，尤其季節變化更是影響蛾類海拔分布範圍的重要因子(Maicher, 2020)。因此，本研究透過DNA巨量條碼技術(DNA metabarcoding)，分析春季(3-4月)與夏季(7-9月)於嘉義、南投三個海拔

(低：200-600m、中：1,100m、高：2,100-2,300 m)所收集的摺翅蝠排遺，以獲得獵物細部資訊。

此外，利用公民科學的開放資料—「慕光之城蛾類影像查詢系統」，整理不同季節摺翅蝠取食之蛾類的海拔分布範圍，以比對摺翅蝠的食性與各海拔食物資源的關係。

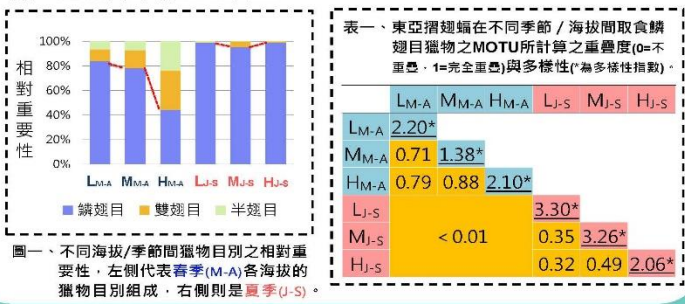


方法

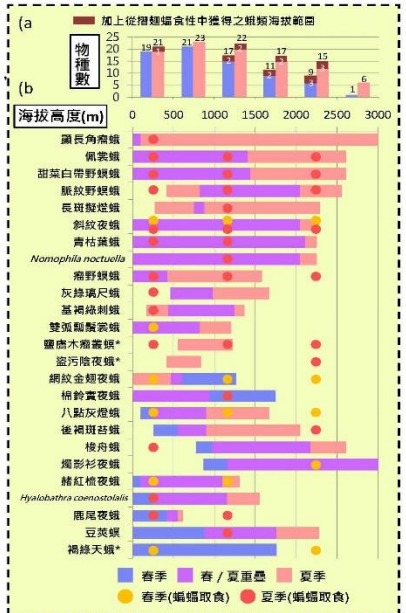
- 收集嘉義、南投低(L)、中(M)、高(H)海拔東亞摺翅蝠排遺，並挑選春季(M-A)12類/夏季(J-S)24類，共36類排遺進行萃取。
- 春季/夏季的摺翅蝠排遺樣本各製作成1個次世代樣本(含3海拔)，並透過引子外加掛Barcode，於後續拆開分析。
- 使用的條碼序列為粒線體DNA COI基因的片段。
- 獲得的次世代定序資料透過Lin (2018)所編寫的R程式進行整理，並和NCBI與BOLD的資料庫進行比對。比對參考：1. 該獵物類別是否在台灣被紀錄過；2. 序列相似度 > 97%判定至種、> 95%為屬、> 93%為科、> 91%為目。
- 以Mothur軟體(Schloss et al., 2009)進行MOTU歸類，閾值為97%。
- 以「慕光之城蛾類影像查詢系統」之開放資訊，彙整相鄰區域蛾類海拔與季節資訊，並繪製摺翅蝠取食蛾類之海拔分布圖；資料過少(< 10筆)之物種則剔除。
- 以獵物MOTU之讀值計算不同海拔/季節間：
 1. 香農多樣性指數(Shannon's diversity index)
 2. 食性重疊度指數(Pianka's niche overlap index)

結果

- 定序獲得242,549條序列，清理後為142,748條；有139,979條序列可判定至目以下的層級，含4目46科，以鱗翅目(84.2%)最多，雙翅目(9.9%)次之，半翅目(5.9%)再次之。此外，可判定至物種的讀值數有19%，含3目17科39種昆蟲，33種為鱗翅目蛾類。
- 共歸類出380個MOTU，其中348個MOTU被判定為鱗翅目。
- 鱗翅目讀值比例在春季(M-A)隨海拔上升而下降(L:84.0%、M:78.1%、H:44.3%) (圖一，左側)，夏季(J-S)則皆高於95% (圖一，右側)。此外，春季雙翅目和半翅目的讀值比例高，尤其是高海拔，這兩目即佔50%以上。

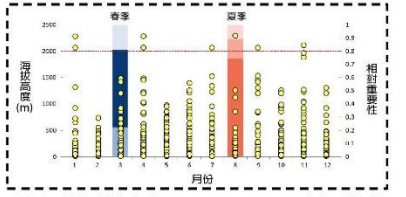


- 鱗翅目獵物MOTU多樣性在夏季低/中海拔最高(L_{J-S}:3.30; M_{J-S}:3.26)且多樣性隨海拔上升而下降；春季則在中海拔有最低的獵物多樣性(M_{M-A}:1.38)(表一)。
- 鱗翅目獵物MOTU重疊度在春季(0.71-0.88)高於夏季(0.32-0.49)，且兩季皆以中/高海拔間的獵物重疊度最高(表一)。
- 此外，整體取食蛾類物種數隨海拔上升而下降(L:26、M:21、H:14)，且夏季多於春季(26 > 10)。
- 就取食目可彙整海拔分布之蛾類物種(25)，可發現海拔500-1,000m的物種數最高(21:23)；海拔2,500m以上則最低(1:6)；多數蛾類(19)在夏季之可分布海拔範圍，比起春季要更高(圖二)。



圖二、摺翅蝠食性中蛾類物種之海拔分布範圍(刪除蛾類紀錄<5筆之物種)。(a)不同海拔範圍內的蛾類物種數。(b)能被鑑定至種、蛾類的海拔分布範圍。其中藍色為該蛾類於春季的分布範圍、紅色為夏季、紫色則為兩季重疊；該海拔下摺翅蝠的取食情況，由●代表春季、●代表夏季。

- 只有斜紋夜蛾同時出現於所有季節/海拔的排遺樣本中，且兩季的取食比例皆集中於低、中海拔(相加近80%)。根據其海拔分布資訊，斜紋夜蛾多被紀錄於海拔2,000m以下(圖三)。



圖三、比較斜紋夜蛾(*Spodoptera litura*)在各季節的海拔分布與在摺翅蝠食性的相對重要性，以●代表其季節與海拔分布資訊。

討論

- 東亞摺翅蝠主要取食鱗翅目(84.2%)，與過去利用傳統形態分析的結果相似，但透過分子方法可獲得更細部的獵物組成，有助於瞭解不同海拔間東亞摺翅蝠食物組成的差異。
- 由結果得知，季節是影響摺翅蝠食性的重要因子，且影響程度比海拔來得大，在春季，摺翅蝠主要取食3目獵物；夏季則幾乎完全取食鱗翅目(圖一)。原因推測可能與食物資源組成的季節變異有關；參考蛾類海拔分布資訊(圖二)，春季幾乎沒有蛾類被紀錄於海拔2000m以上，所以高海拔摺翅蝠可能轉而利用其他兩目的昆蟲；夏季蛾類海拔分布廣，且可拓展至高海拔，因此各海拔的摺翅蝠皆可取用鱗翅目昆蟲。
- 此外，摺翅蝠在低/中海拔利用的鱗翅目物種數目較多，與Maicher (2020) 研究蛾類物種豐富度在中海拔最高的結果不完全符合，未來可增加分析樣本數，並針對摺翅蝠主要取食之獵物類別如裳蛾科、夜蛾科，進一步探討。
- 排遺樣本與公開資訊獲得之蛾類海拔分布範圍有對應關係，如：斜紋夜蛾在低/中海拔的樣本中相對豐富度高，符合其多被記錄於2,000m海拔以下的特性(圖三)；海拔分布範圍較侷限的獵物亦只在特定海拔樣本中被發現，如：鹿尾夜蛾、燭影衫夜蛾，此外，也間接證明摺翅蝠可能沒有單日海拔垂直遷移。
- 本次獲得39種獵物資訊中，有9種為臺灣常見農業及病媒害蟲，佔整體獵物讀值比例的22.1%；因此，東亞摺翅蝠應對於害蟲抑制上應有一定價值。未來可針對蝙蝠利用有害昆蟲及對環境的助益更進一步探討。

臺灣森鼠吃什麼？以排遺碎片進行分子食性分析

陳心怡、林政道、郭晉緯、方引平
國立嘉義大學生物資源學系



前言

臺灣森鼠 (*Apodemus semotus* Thomas, 1908) 為臺灣中高海拔優勢的小型齧齒類哺乳動物。森鼠以植物為食且包含種子，然在部分季節則會取食動物性食物 (甘, 1995)。過去透過胃含物分析食性，取食的種子常被咬碎而無法鑑定，動物性食物也無法瞭解細部類別。近期，國外研究利用分子食性分析探討姬鼠屬動物的食性，認為其應屬雜食性 (Sato et al., 2019)；而本研究初期進行排遺碎片形態觀察也發現到森鼠取用高比例的動物性食物。因此，本研究同時利用兩種對應植物與動物的分子標記物，進行森鼠排遺樣本的DNA巨量條碼分析 (DNA metabarcoding)，了解其動物性和植物性食物的類別，與過往的研究結果進行比較，並進一步探討類別間的異同。

材料與方法

排遺收集

- 109年7月於鹿林小屋周邊利用薛氏捕鼠器捕捉森鼠
- 餌料使用地瓜沾花生醬
- 選擇顏色較深的排遺，減少屬於餌料的比例

動物食性

- 選取雌雄各12顆排遺樣本，以6顆作為單位，分別萃取動物性DNA；使用ANML-F1與R2引子對擴增粒線體DNA COI基因片段

植物食性

- 使用與分析動物食性相同的排遺樣本組合，以植物DNA萃取試劑進行萃取；使用trnL-P6-g與h引子對擴增葉綠體DNA trnL基因片段

資料分析

- 將上述動物性與植物性樣本分別製成一個定序樣本，委由生技公司進行次世代定序
- 使用Lin (2018)所撰寫之R package進行序列整理，並與GenBank和BOLD資料庫進行比對；序列相似度>97%判定為種，95~97%判定為屬，91~95%判定為科，88~91%判定為目

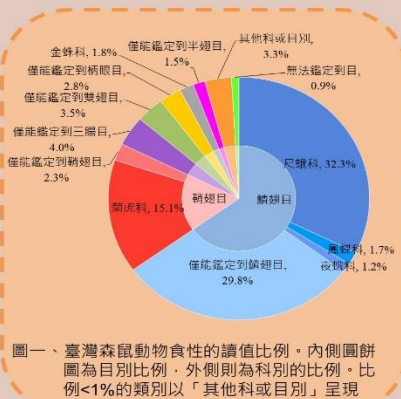
結果

分子食性分析-動物食性

- 所得之原始讀值數共有101,945條，可分析的讀值數為77,926條
- 序列整理判定後發現臺灣森鼠共取食10目30科 (272個MOTU)，主要目別為鱗翅目 (66.4%)與鞘翅目 (18%)，而鱗翅目尺蛾科 (32.3%)與鞘翅目菊虎科 (15.1%)為主要科別 (圖一)
- 雄性樣本判定出7目19科 (179個MOTU)，主要為鱗翅目 (72.8%)與鞘翅目 (12%)，其中尺蛾科 (20.7%)與菊虎科 (14.1%)為主要科別
- 雌性樣本判定出8目24科 (134個MOTU)，主要目別為鱗翅目 (60%)與鞘翅目 (23.9%)，其中尺蛾科 (43.9%)和菊虎科 (9.8%)為主要科別

分子食性分析-植物食性

- 所得之原始讀值數共有110,473條，可分析的讀值數為100,412條
- 序列整理判定後發現臺灣森鼠共取食25科 (128個MOTU)，主要為薔薇科 (27.7%)、車前科 (21.5%)與禾本科 (14.1%) (圖二)
- 雄性樣本有15科 (64個MOTU)，主要為禾本科 (28%)與薔薇科 (24.5%)
- 雌性樣本有19科 (64個MOTU)，主要為車前科 (35.6%)與薔薇科 (31%)



臺灣森鼠食性類別與大林姬鼠 (*Apodemus speciosus*) 比較 (Sato et al., 2019)

- 動物食性有13個科別兩者皆有，17個為臺灣森鼠獨有，而大林姬鼠獨有科別有23個 (表一)
- 植物食性有16個兩者皆有的科別，9個為森鼠獨有科別，另外有27個大林姬鼠獨有科別 (表二)
- 大林姬鼠取食的科別較多，且植物的科別比例多於動物 (圖三)

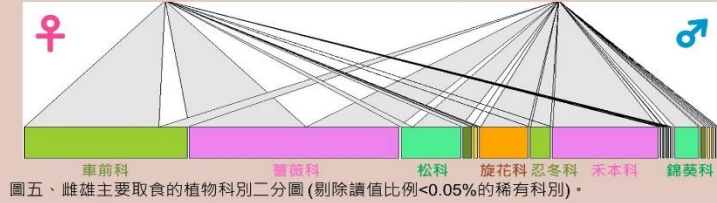
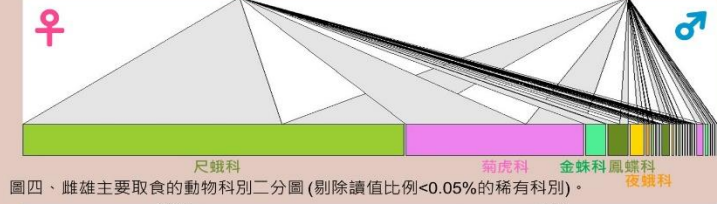
表一、臺灣森鼠取食之動物食性科別與大林姬鼠相比 (Sato et al., 2019)

目別	科別	大林姬鼠	目別	科別	大林姬鼠			
鱗翅目	Geometridae	尺蠖科	鞘翅目	Cantharidae	蠍虎科			
	Papilionidae	鳳蝶科		Carabidae	步行蟲科			
	Noctuidae	夜蛾科		Cerambycidae	天牛科			
	Tortricidae	捲葉蛾科		Chrysomelidae	金花蟲科			
	Drepanidae	鉤蛾科		雙翅目	Muscidae	家蠅科		
	Erebidae	裳蛾科			Drosophilidae	果蠅科		
	Crambidae	草螟蛾科			Simuliidae	刺蠅科		
	Notodontidae	舟蛾科			Culicidae	蚊科		
	Psychodidae	蠅蚋科			Sciaridae	蕈蠅科		
	Hemiptera	蝽蟓科			Tachinidae	寄生蠅科		
	Pyralidae	螟蛾科			Tabanidae	虻科		
	Nolidae	燈蛾科			Syrphidae	食粉蛾科		
	膜翅目	Ichneumonidae			寄蜂科	Chironomidae	搖蚊科	
		Braconidae			小蠶科	綱目	Araneidae	蜘蛛科
		Diapriidae			蜂食蠅科		Limacidae	蛞蝓科



雌雄取食科別差異

- 動物食性中雌雄皆主要取食鱗翅目尺蛾科 (圖四)；植物食性雌性主要取食禾本科，雌性則為車前科 (圖五)



討論

- 分子食性分析中，臺灣森鼠在動物和植物食性中主要取食尺蛾科與薔薇科，與Sato et al. (2019)所得的夜蛾科與蝸牛科不盡相同；可能是本研究僅取樣單一季節且樣本數少所造成。然而，臺灣森鼠應與大林姬鼠皆歸屬於雜食性。
- 動物食性中含有少量膜翅目姬蜂科、小繭蜂科與錘角細蜂科，以及雙翅目寄生蠅科，推測可能是因為其寄生在蟲體上或是森鼠在棲息環境中不小心誤食；植物食性出現餌料的讀值比例低，表示使用地瓜作為餌料時，收集顏色較深的排遺可以減少含有餌料的比例。
- 雌雄所得之主要類別上沒有太大的差異，但讀值比例卻有所不同，推測可能是因為樣本數不足而導致樣本間的差異變大，因此雌雄在取食類別上是否具有差異仍有待探討。
- 本研究與Sato et al. (2019)所使用之動物引子對不同，ANML-F1與R1引子對可適用於較廣的類群，但ZBJArTf1c與R2c引子對僅適用於節肢動物門序列的擴增。本研究有判定出節肢與非節肢動物的結果，因此未來在針對動物食性進行分子分析時可以採用此引子對。
- 資料庫完整性會影響到序列的比對，本研究中的動物食性大多比對到昆蟲綱下的分類群，對於是否會取食更多其他類群則有待探討。因此，未來在進行相關研究時，應建立當地動植物的序列資料，才能呈現更完整的食性類別。

本研究為科技部109年度大專生研究計畫之部分研究內容

前言

大赤鼯鼠(*Petaurista philippensis grandis*)與白面鼯鼠(*P. alborufus lena*)為台灣特有亞種，且為臺灣原住民常利用之野生動物；其分布範圍在海拔1000 m~2500 m山區間多有重疊。過去對兩種鼯鼠之研究多著重其行為、棲地與食性，對於鼯鼠寄生蟲的了解所知甚少。本研究收集花蓮地區兩種鼯鼠體內寄生蟲，以建立台灣鼯鼠寄生蟲基本資料，並探討其群聚組成有無差異。

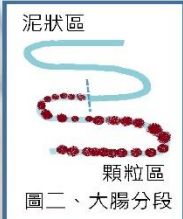
方法

樣本處理

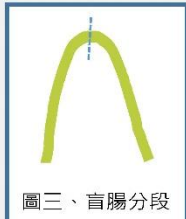
- 取出鼯鼠腸道並分別平均分配為小腸(SI):3段(圖一),大腸(LI):2段(圖二),盲腸(CE):2段(圖三)。
- 將每段腸道內容物沖洗至容器並保留沉積物(40ml以上)。



圖一、小腸分段



圖二、大腸分段



圖三、盲腸分段

檢查腸內寄生蟲相

- 針對蟻蟲(圖八)：每個樣本均勻搖晃數次後取出5ml計數；當數量>100隻，以1*1cm網格進行數量估算，隨機取6格計數，紀錄估算格數，重複3次後估算數量。
- 其餘寄生蟲種類則按實際數量紀錄。

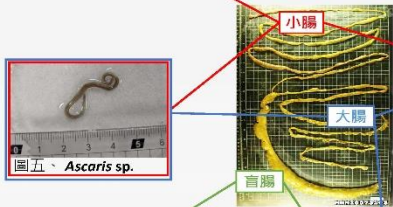
結果

大赤鼯鼠及白面鼯鼠體內寄生蟲

在兩種鼯鼠中皆發現五種寄生蟲，分別為圓線蟲(*Nippostrongylus* sp.)(圖四)、蛔蟲(*Ascaris* sp.)(圖五)、鞭蟲(*Trichuris* sp.)(圖六)、條蟲(*Bertiella musasabi*)(圖七)及蟻蟲(*Syphacia* sp.)(圖八)。



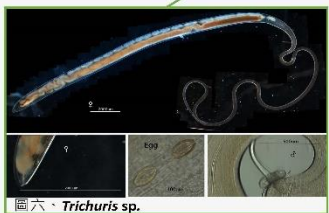
圖四、*Nippostrongylus* sp.



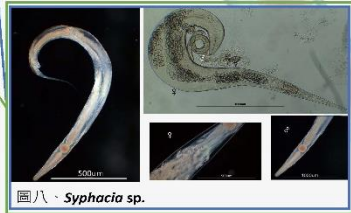
圖五、*Ascaris* sp.



圖七、*Bertiella musasabi*



圖六、*Trichuris* sp.



圖八、*Syphacia* sp.

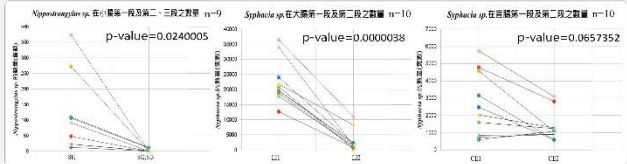
寄生蟲感染率

表一、兩種鼯鼠體內的五種寄生蟲感染率，僅*B. musasabi* 差異較大。

	大赤鼯鼠(n=23)	白面鼯鼠(n=26)
	P(%)	P(%)
Nematoda		
<i>Nippostrongylus</i> sp.	100.00%	100.00%
<i>Syphacia</i> sp.	100.00%	100.00%
<i>Trichuris</i> sp.	65.22%	73.08%
<i>Ascaris</i> sp.	4.35%	11.54%
Cestoda		
<i>Bertiella musasabi</i>	17.39%	7.69%

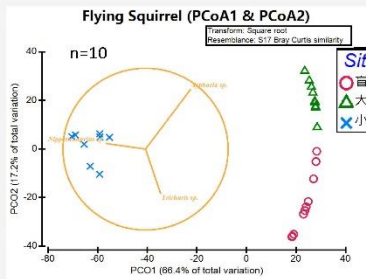
P(%)=prevalence(%)

小型線蟲種類在同部位不同段落的數量比較



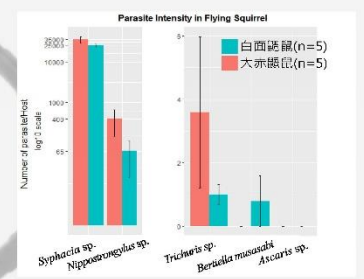
圖九、同部位段落間寄生蟲數量差異大。

鼯鼠體內寄生蟲群聚組成



圖十、寄生蟲群聚在腸道的不同位置間有明顯差異。

鼯鼠體內的寄生蟲豐度



圖十一、不同寄生蟲在兩種鼯鼠體內的感染強度無明顯差異。

討論

- 從大赤鼯鼠及白面鼯鼠的體內寄生蟲的種類與感染率來看，兩者間並無太大差異。所感染的五種寄生蟲中有四種線蟲是透過糞口傳染，顯示兩種鼯鼠在食性與生活環境上應有高度重疊。而感染率差異較大的條蟲則屬於複雜生活史寄生蟲，中間宿主為節肢動物，推測兩種鼯鼠對於偶發性食入的節肢動物種類上可能有所不同。
- 由宿主腸道各部位寄生蟲群聚組成的差異，可得知各寄生蟲的生態區位皆有不同；此現象可能是寄生蟲種間為避免資源上的重疊競爭，或是由於腸道不同部位的菌相差異，所造成的生態區位分化。
- 本研究發現的5種鼯鼠寄生蟲中，僅條蟲*B. musasabi*在過去曾在台灣被紀錄(Pallas, 1766)；從形態上來看兩種鼯鼠所感染的鞭蟲(*Trichuris* sp.)應為新種，而其他寄生蟲則需進一步由形態與分子特徵來確認種類。
- 過去台灣鼯鼠寄生蟲研究十分稀少，在東亞與南亞地區鼯鼠寄生蟲的相關研究亦不多，期望能夠透過本研究建立鼯鼠寄生蟲多樣性之基本資料。

參考資料





茶匙黃 (*Viola diffusa*) 種子傳播機制初探

陳俊佑、呂長澤

國立嘉義大學 生物資源學系

摘要

植物的種子傳播機制主要分為藉物傳播及自主散播等兩大類，藉由有效的傳播方式，植物得以拓展族群、避免種內競爭、被捕食者捕食等優點；由以草本植物而言，縱使種子傳播距離僅數公尺，仍可避免族群過度密集而導致競爭。本研究主要探討茶匙黃 (*Viola diffusa*) 的初級傳播機制，此類低矮的草本植物，藉由自身產生能量的方式將種子彈出；故本次藉由觀察其蒴果不同生理時期的組織切片，了解果實發育、蒴果開裂、果瓣形變和將種子快速彈出等階段間的關聯性，推論該主動彈出的詳細機轉；又藉由高速攝影記錄種子彈出的瞬間，並藉此推算出此類機制的可能彈射速度。由結果顯示，茶匙黃 (*V. diffusa*) 果實可進一步細分為外、中、內三層果皮；果實逐漸成熟的過程中，種子逐漸長大，且此互相推擠的力量使得蒴果開裂；果實開裂後，中果皮剛性細胞層不斷向內收合，使得種子被擠壓而出。在高速攝影記錄方面，推算出茶匙黃 (*V. diffusa*) 種子彈射平均初速度為 5.48 ± 4.90 m/s。此機轉相較於其他機制而言，是為前人研究中較少提及之以中果皮蓄力的方式；且植物藉由多樣化的自力傳播方式，皆為希望自己的子代能有更好的傳播距離，又未來能與相似機制的物種比較相關生態意義上的優勢。

材料方法

利用埋蠟切片法觀察果實不同生理階段的細胞構造變化

茶匙黃 (*V. diffusa*) 果實發育部分選擇 0~5 期中的前五個階段 (圖 1)，分別為 0 期：果實初發育、1 期：果實低垂且未成熟、2 期：果實抬起且近成熟、3 期：果實已成熟且開裂、4 期：果瓣內種子部分彈出，並針對各時期進行石蠟埋切片，另在 Fast Green—Safranin O 染色劑作用下，果實內已木質化的細胞呈深紅色，若為薄壁細胞則呈藍綠色，藉比較茶匙黃果實各生理階段的細胞構造變化。

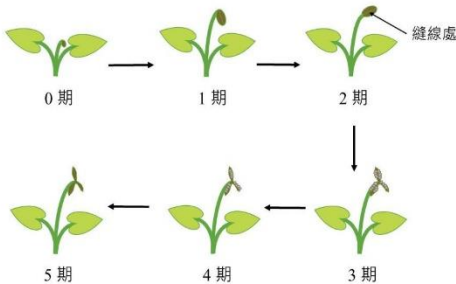


圖 1、茶匙黃 (*V. diffusa*) 果實 0~5 期生長情形。

利用高速攝影機記錄種子彈射

選取果實狀態進入第 3 期近成熟之茶匙黃 (*V. diffusa*) 植株置於室內，待其蒴果開裂後，利用高速攝影機 (Panasonic LUMIX GH5 · f/4.5 · 180 fps; & Panasonic LUMIX GH5S · f/10 · 240 fps; SONY RX100 M5 · f/2.8 · 960 fps) 記錄種子快速彈出的過程。利用 fimeg 將所記錄到 10 顆種子的影像資料分格，並利用 ImageJ 進行影像辨識，分析各影格內種子彈射角度、距離；因所紀錄之種子彈射情形為斜拋運動，故利用斜拋運動相關公式求出種子彈射時之平均初速度及平均作用力，相關演算公式見圖 2。

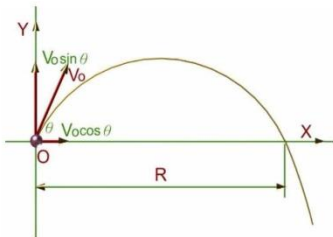


圖 2、斜拋運動示意圖。

圖 2 引自: http://163.28.10.78/content/vocation/mechanical/tp_s1/top3/chap8/html/ch8-3.htm

結果

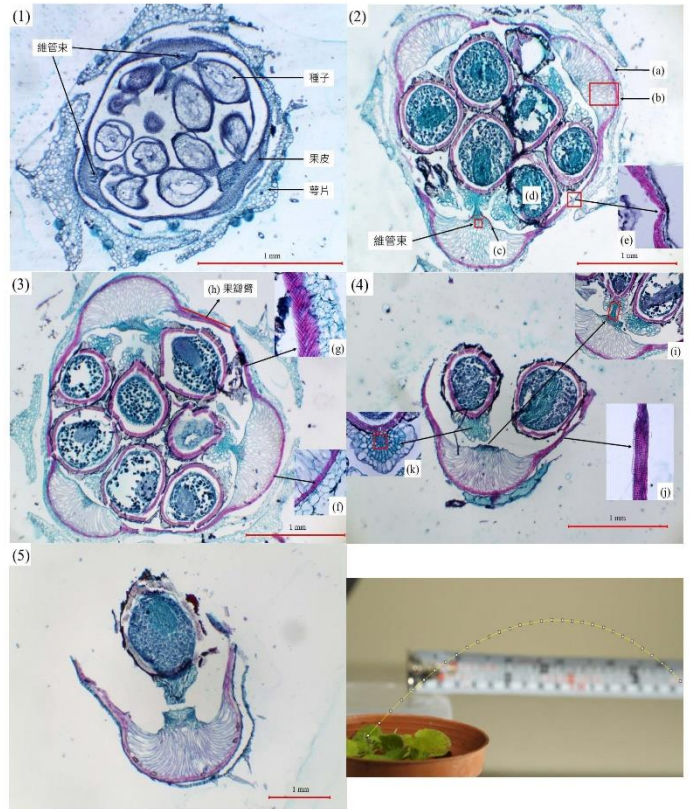


圖 3-1、第 0 期階段，果皮細胞尚未分化，但可見膨大的果皮及其中的維管束組織。

圖 3-2、自第 1 期階段起，各層果皮細胞已基礎分化、成形且可明顯區別。外果皮 (a)，於此階段即可見由約 2~3 層薄壁細胞所構成；中果皮 (b) 部分，於此階段可見由膨大之薄壁細胞及木質化之剛性細胞所構成 (紅框處)，在薄壁細胞的發育下，使得剛性層維持 U 型；內果皮 (c) 相鄰種子之薄壁細胞層，茶匙黃 (*V. diffusa*) 之內果皮位於中果皮薄壁細胞中央之半圓形薄壁細胞層突起 (紅色半圓形處)。

圖 3-3、第 2 期階段，可見該中果皮剛性細胞層具不同走向纖維之加厚生長 (f)，且位於果瓣靠近種子一側，則具縱向纖維垂直加厚於原本的橫向纖維上 (g)；剛性層未與薄壁細胞組織連接處，稱為果瓣臂 (h)。

圖 3-4、第 3 期階段，外果皮因 3 枚果瓣沿背縫線處開裂，而一同從該處斷裂。中果皮之兩側果瓣臂越貼緊種子；內果皮則有維管束經由珠柄連接種子，且在種子彈出前仍藉由其暫留於果瓣上。

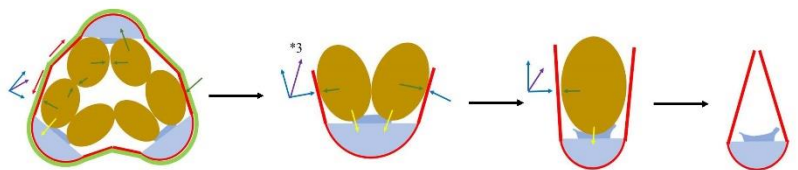
圖 3-5、第 4 期階段，剩餘種子因中果皮之果瓣臂收合而擠成一列，直至最後，果瓣內種子全數彈離，果瓣臂收合；內果皮部分，直至第 5 期，維管束完全斷裂，種子則全數彈離果瓣。

圖 3-6、茶匙黃 (*V. diffusa*) 種子彈射軌跡圖。由種子彈射軌跡圖可見，種子離開母株時，為一拋體運動；而種子彈射平均初速度為 5.48 ± 4.90 m/s。

討論

依上述結果，茶匙黃之種子彈射機制，推論如下：

隨著果實成熟，種子互相推擠 (深綠色箭頭) 且往外撐開，心皮間相互牽制力量不足 (紅色箭頭)，使得果瓣沿縫線處開裂。開裂後，種子仍舊向外撐著果瓣，而中果皮之剛性細胞層因缺少果瓣間力量牽制，故緊貼種子，而此時種子則因珠柄 (黃色箭頭) 而暫留於果瓣上。待暴露於大氣中的時間越長，而剛性細胞層仍持續向內擠壓，又珠柄連結因水分散失而薄弱，當其斷裂，則種子彈出；直至，最後一顆種子離開果瓣，兩果瓣臂向內緊貼。



水稻田耕作對土壤線蟲群聚影響

林唐禕¹, 林釗輝¹, 邱名鍾¹, 陳宣汶^{1*}

國立嘉義大學生物資源學系

* Email: chen7@mail.ncyu.edu.tw

前言

農業生態系統中的生物群聚經常被用來反映環境的變化與作物的健康，包括土壤食物網中的線蟲。線蟲佔據土壤食物網中許多不同功能的生態區位，並擁有豐富的物種類群與生物多樣性，雖然有些會直接造成作物病害，但也貢獻在有機物的循環、調控微生物群落、害蟲生物防治等生態服務。這些特性使得土壤線蟲能夠在擾動頻度高的農業生態系統中扮演良好的生物指標。在台灣，稻米是最主要的糧食以及耕作面積最廣的作物，其植株在每個生長階段會對應不同的田間管理與擾動；其中自休耕期旱地轉換成淹水濕地環境之過程，預期將造成土壤生物組成的劇烈變化。本篇旨在分辨水稻田當中的土壤線蟲群聚，探討線蟲群聚在各耕作階段之間隨時間消長的狀況，進一步描述和推估當前水稻耕作擾動下土壤生態系的變化。

樣本採集與檢查

1. 樣區

線蟲的採集樣區位於農業試驗所嘉義農業試驗分所溪口農場。該區共 8 塊 50m × 100m 的試驗田(圖一)，分別施行慣行農法與永續農法。田區之間由土堤田埂隔開。

2. 採樣方法

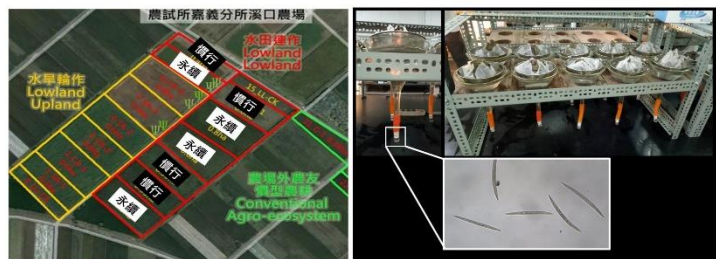
線蟲的採樣根據種植時程分成 8 次，分別在田區翻土、放水、插秧、第一次追肥(含殺草劑)、第二次追肥、穗肥、割稻前，與割稻後。每次的採樣點於田區內距離田埂 10m 處隨機選擇 3 棵互相間距超過 10m 的秧苗(未秧苗時則隨機取 3 個點)，以鏟子挖取秧苗旁土表以下 3-15cm 的土樣 400g

3. 線蟲萃取與樣本檢查

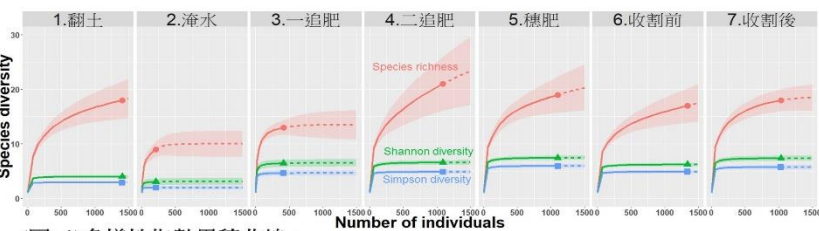
樣本在 12hr 內帶回實驗室並將 400g 的土壤藉由柏門氏漏斗分離法(Baermann funnel method) 萃取土壤中的線蟲(圖二)。土壤樣本靜置於柏門氏漏斗中 48-58hr，萃取過程藉由約 1000ml 的清水將線蟲誘導出，並使其沉降置底部的 13ml 收集瓶中。萃取之後的樣本均勻混合後取出其中的 1ml 以 90°C 的熱水殺死其中的線蟲，在光學顯微鏡下鑑定至科級並拍照。剩餘的線蟲樣本以 70% 酒精固定並保存在 -20°C 中。

結果

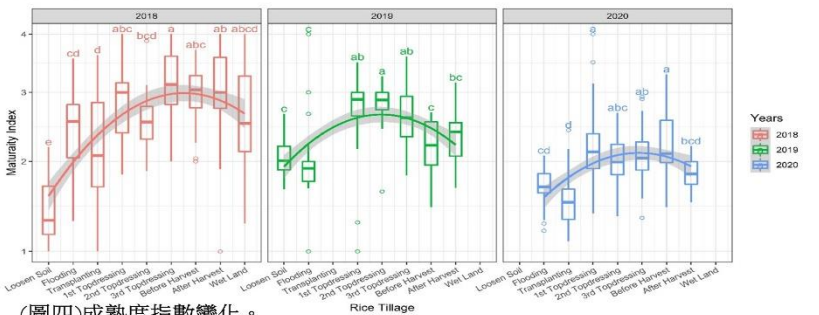
本次取樣時期為 2018-2020 年之第一期稻作共計 27358 隻線蟲，包含 16 個科，33 個形態種。在水稻田淹水後轉換成濕地的過程中，線蟲的總量大幅下降(圖五)，追肥後稍有回升，但仍不及淹水前的乾土狀態，明顯改變土壤線蟲的數量與種類組成。多樣性指數整體隨著時程增加(圖三)，物種豐富度 Species richness 在追肥期間增加最多，Shannon diversity 與 Simpson diversity 則逐次上升。成熟度指數在乾土期間最低，在追肥期間上升至最高點後下降(圖四)。PCoA 與 PerMANOVA 檢定結果顯示群聚在兩時程之間皆有顯著差異(圖六)。



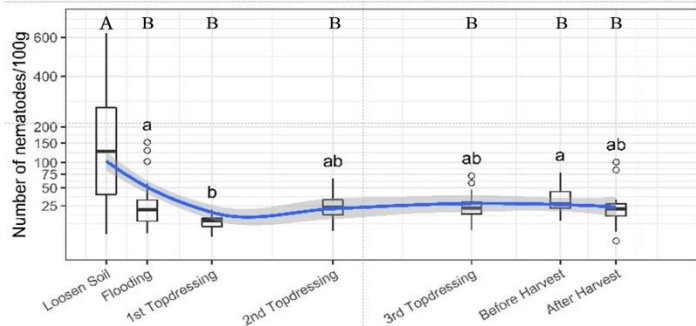
(圖一) 嘉義溪口農試所樣區圖 (圖二) 柏門氏漏斗



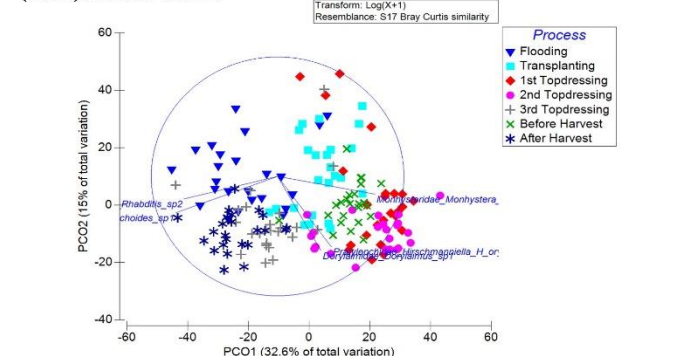
(圖三) 多樣性指數累積曲線。



(圖四) 成熟度指數變化。



(圖五) 線蟲數量變化



(圖六) 主座標分析 Principal Co-ordinates Analysis

討論

土壤線蟲群聚反映著農業生態系中可用資源的消長與生態演替過程。而隨著稻田耕作，升高的成熟度指數表示線蟲群聚中繁殖力較高的物種減少，逐次新增了營養階層較高的K策略物種，在群聚組成逐次明顯的改變下，可以發現相較於淹水，此些物種反映著耕作後期環境較低的擾動程度。而線蟲在數量減少的同時卻增加了多樣性指數，表示更加穩定的生態系，但相較於生態系中生物多樣性與生態系服務間較不確定的關聯，生態功能群組成與其間的互動網路動態對生態系功能與服務的影響較為直接。因此，如何藉由量測生物多樣性、建構生物多樣性網路、評估生態系功能、進而轉化成與生態系服務優劣相關的指標，是當今農業生態系與生物多樣性研究中最重要課題。

參考資料

