

台灣昆蟲學會一〇二年 (第三十四屆) 年會  
論文宣讀摘要

K-1

Genetic approaches for controlling transmission of mosquito-borne diseases:  
focus on dengue

Anthony A. James

Department of Microbiology and Molecular Genetics, School of Medicine, University of California,  
Irvine, CA, 92697-4500; Department of Molecular Biology and Biochemistry,  
University of California, Irvine, CA

Genetics-based approaches have been proposed to control transmission of vector-borne pathogens. Strategies for both population suppression and population replacement of mosquitoes have benefitted from the development of transgenesis, site-specific recombination and targeted effector molecules. Advances in the development of vector-based genetic control strategies for preventing malaria parasite and dengue virus transmission have resulted in tools that in laboratory trials either suppress completely mosquito populations or render them incapable of transmitting the pathogens. The latest research will be presented on the development of a flightless-female strain for population suppression, a virus-resistance gene and the social issues for using genetically-modified mosquitoes to prevent transmission of dengue viruses by the pan-global vector mosquito, *Aedes aegypti*.

Key words: transgenesis, site-specific recombination, vector-borne diseases, genetic control, *Aedes aegypti*

Coevolution, phylogenetic history, and network structure of a specialized insect-plant mutualism diversifying on young oceanic islands (Phyllanthaceae: *Glochidion*; Lepidoptera: Gracillariidae: *Epicephala*)

David Hembry

Center for Ecological Research, Kyoto University, Otsu, Japan

Biologists have been fascinated by specialization since the time of Darwin. Many hypotheses have been proposed to explain which factors promote the evolution of specialization, but few studies have examined how patterns of specialization vary across space or time within a mutualism, or how they are influenced by the process of lineage diversification. In obligate, pollinating seed-predation mutualisms like those between figs and fig wasps (Moraceae: *Ficus*; Hymenoptera: Agaonidae), yuccas and yucca moths (Agavaceae: *Yucca*, *Hesperoyucca*; Lepidoptera: Prodoxidae: *Parategeticula*, *Tegeticula*) or leafflowers and leafflower moths (Phyllanthaceae: *Phyllanthus* s. l.; Lepidoptera: Gracillariidae: *Epicephala*), specialized insects pollinate the flowers of their host plants and oviposit into the flowers so their larvae may feed on the developing seeds. These interactions are marked by extremely high species-specificity. In this research, I examine the phylogenetic history of codiversification and patterns of specialization in the leafflower tree genus *Glochidion* and their reciprocally associated clade of mutualistic *Epicephala* on continents and on young oceanic islands. *Glochidion* and *Epicephala* have co-diversified recently on young oceanic islands in Eastern Polynesia in the south Pacific. Phylogenetic analysis reveals that both *Glochidion* and *Epicephala* have colonized Eastern Polynesia recently, but the colonizations are not congruent; two *Epicephala* clades of differing age are associated with a single clade of *Glochidion* in the region and the two taxa have not cospeciated. I then examine specialization and network structure in this mutualism on volcanic islands in the Society archipelago in Eastern Polynesia. In Asia, species-specificity in this mutualism is extreme and often one-to-one, but in the Society Islands, specialization is clearly lower than on continents. Combining phylogenetic and network approaches reveals that the proximate cause for lower specialization on oceanic islands than on continents is the multiple colonizations of Eastern Polynesia. Finally, I show that other moth lineages which have antagonistic, rather than mutualistic, interactions with *Glochidion* in Eastern Polynesia show different patterns of diversification and specialization than mutualistic *Epicephala*. Present research is examining the ultimate factors that determine network structure in this mutualism, as well as whether the patterns of specialization observed here are evolutionarily stable.

Key words: coevolution, specialization, cophylogenetics, mutualism, Lepidoptera

利用無線感測網路監測稻穀倉之積穀害蟲消長  
Monitoring of population fluctuations of stored-product insect pests with wireless  
sensor network in rough rice storehouses

姚美吉<sup>1</sup>、李啟陽<sup>1</sup>、邱相文<sup>2</sup>

Me-Chi Yao<sup>1</sup>, Chi-Yang Lee<sup>1</sup>, Hsiang-Wen Chiu<sup>2</sup>

<sup>1</sup>行政院農業委員會農業試驗所應用動物組

Applied Zoology Division, Agricultural Research Institute, Council of Agriculture, Taichung City, Taiwan

<sup>2</sup>行政院農業委員會農業試驗所農業工程組

Agricultural Engineering Division, Agricultural Research Institute, Council of Agriculture,  
Taichung City, Taiwan

我國安全存糧每年超過 40 萬公噸，其中 80% 以上以含穎殼之稻穀形式貯存。因不同地點、倉庫環境、溫濕度等因素，造成不同程度之害蟲發生。為了解稻穀進倉後之害蟲消長狀況，本試驗在台灣的北中南東共設置 4 處倉作為試區，並應用本所研發之 LED 燈光誘引器結合無線感測網路 (wireless sensor network) 之應用進行遠距自動化監測，除監測稻穀倉之害蟲族群消長趨勢，並評估環境因素對害蟲消長之影響。調查結果顯示，因貯藏地點及貯藏環境之差異，導致倉內溫度有明顯差異。其中貯藏期愈久之穀倉，害蟲發生之數量相對於當期進倉者為高，同時也會造成穀袋內溫度之升高，形成袋內溫度甚至高於倉內溫度之現象發生。研究調查中發現南部倉 (屏東市) 因新穀進倉時間約為 5 月底，較北部倉 (冬山)、中部倉 (伸港) 約提早 2 個月，其害蟲發生亦較北、中部嚴重。而北部因倉與倉之間無防蟲網阻隔，害蟲之發生亦高於中部。而東部倉 (富里) 因屬低溫倉，害蟲發生遠低於其他常溫倉。害蟲發生相中，仍以穀蠹 (*Rhyzopertha dominica*) 數量最高，其每日發生時間亦因貯藏地點，亦有不同發生型態，由長期調查結果顯示每日 14 點至 18 點，為穀蠹活動頻率較高時段。

關鍵詞 (Key words)：無線感測網路 (wireless sensor network)、積穀害蟲 (stored-product insect pests)、族群消長 (population fluctuations)、穀蠹 (*Rhyzopertha dominica*)

稻穀貯藏倉以防蟲網作為物理阻隔對積穀害蟲發生之影響  
Effects of insect-proof screens as a physical barrier on the population density of  
stored-product insect pests in rough rice storehouses

姚美吉、李啟陽  
Me-Chi Yao, Chi-Yang Lee

行政院農業委員會農業試驗所應用動物組  
Applied Zoology Division, Agricultural Research Institute, Council of Agriculture, Taichung City, Taiwan

公糧穀倉常需同時貯藏粳稻及秈稻，且貯藏期別包含 3 期以上，各倉之間並無明顯阻隔。又因倉容不足，常導致不同期別稻穀或穀種混倉貯藏。使各倉之害蟲族群相互影響，更常引起新穀進倉後害蟲快速發生。為解決新穀受害蟲入侵問題，本試驗在彰化伸港農會混倉貯藏倉，在新穀進倉時分別進行開放式穀袋及以 32 目防蟲網覆蓋穀袋阻隔方式貯藏，以了解其害蟲發生之影響。結果顯示稻穀貯藏前三個月，兩處理袋內害蟲發生數接近於零。但貯藏 6 及 9 個月後，兩處理害蟲發生數有顯著差異，開放式貯藏稻穀每公斤稻穀之害蟲數分別為 31.3、1794 隻，防蟲網阻隔式害蟲數分別為 2、160 隻，為開放式害蟲密度之 6.4、8.9%。從發生之害蟲相比較，開放式貯藏在貯藏 9 個月時，以麥蛾 (*Sitotroga cerealella* Olivier) 數量最多，達 1111 隻，占總蟲數之 61.9%。穀蠹 (*Rhyzopertha dominica* (Fabricius)) 次之，蟲數 583 隻，佔 32.5%。而防蟲網阻隔式在貯藏 9 個月時，以穀蠹最多，達 79.6 隻，占總數之 49.9%。米象次之，蟲數 63.2 隻，佔 39.6%。顯示防蟲網之物理阻隔，確實可降低新穀被害蟲入侵的數量，其中對麥蛾及穀蠹在貯藏稻穀之發生，更有明顯抑制效果。

關鍵詞 (Key words)：積穀害蟲 (stored-product insect pests)、防蟲網 (insect-proof screens)、麥蛾 (*Sitotroga cerealella* Olivier)、穀蠹 (*Rhyzopertha dominica*)

格氏突闊小蜂對於東方果實蠅蛹期寄生偏好與不同溫度下的寄生效力探討  
Host age preference and influence of temperature on parasitic ability of  
*Dirhinus giffardii*, a pupal parasitoid of *Bactrocera dorsalis*

董柏毅<sup>1</sup>、吳怡慧<sup>2</sup>、莊益源<sup>1</sup>  
Po-Yi Tung, Yi-Hui Wu, Yi-Yuan Chuang

<sup>1</sup> 國立中興大學昆蟲系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

<sup>2</sup> 行政院農業委員會苗栗區農業改良場

Miaoli District Agricultural Research and Extension Station, Council of Agriculture, Executive Yuan

格氏突闊小蜂 (*Dirhinus giffardii*)，屬膜翅目、小蜂科 (Hymenoptera: Chalcididae)，屬於廣寄生的蛹寄生蜂。本試驗針對此寄生蜂對東方果實蠅 (*Bactrocera dorsalis*) 的不同蛹期進行偏好測試，結果每一雌寄生蜂平均一天可產 4.2 個有效卵，其中寄生於第三日齡蛹者比率最高達 23%，與寄生於第六日齡蛹體之 6.7% 間有顯著差異，而與寄生其他日齡蛹體者無顯著差異。另探討格氏突闊小蜂在不同溫度下對東方果實蠅蛹的寄生能力試驗中，將剛羽化的格氏突闊小蜂分別飼育於 10°C、15°C、20°C、25°C、30°C、35°C，光週期為 12L:12D 的生長箱中，進行不同溫度下寄生效力的評估。結果如下，在 25°C 及 30°C 下寄生蜂分別於羽化後第 14 天及第 8 天後可進行有效寄生，而子代寄生蜂完成生活史的時間分別為 19.1 天及 14.4 天，隨飼育溫度上升，雌寄生蜂達到性成熟與子代發育的時間隨之縮短。此寄生蜂在溫度低於 15°C 的環境下無法進行有效寄生；35°C 時寄生蜂與果實蠅皆無法順利羽化。

關鍵詞 (Key Words)：格氏突闊小蜂 (*Dirhinus giffardii*)、蛹寄生蜂 (pupal parasitoid)、東方果實蠅 (*Bactrocera dorsalis*)、寄生效力 (parasitic ability)

植物揮發性成分對雌東方果實蠅誘效評估  
Evaluation of the attractiveness of plant volatiles to female oriental fruit fly

董耀仁、陳健忠

Yaw-Jen Dong, Chien-Chung Chen

行政院農業委員會農業試驗所應用動物組

Applied Zoology Division, Taiwan Agricultural Research Institute, Council of Agriculture,  
Executive Yuan

來自東方果實蠅寄主或非寄主植物揮發性成分已知對東方果實蠅雌蟲具誘引效果。本試驗利用室內及戶外網籠進行不同植物揮發性成分對東方果實蠅雌蟲誘引效果評估。Pa、Iba 及 Bb 三種成分經等比例混合後，於  $5 \times 5 \times 2 \text{ m}^3$  戶外網籠對東方果實蠅雌蟲之 1 日誘捕率達 59.9%，顯示其對東方果實蠅雌蟲具良好誘引效果。於室內比較此配方對不同日齡東方果實蠅雌蟲誘引效果，結果顯示其對卵巢發育完成可產卵之 14-16 日齡雌蟲 1 日平均誘捕率為 82.4%，高於 1-3 日齡卵巢未發育雌蟲之 28.0%。於戶外網籠測試以此配方添加於賜諾殺濃餌劑或市售蛋白質水解物對東方果實蠅雌蟲誘殺效果。賜諾殺濃餌劑加上植物揮發性成分對東方果實蠅雌蟲 1 日誘殺率為 42.9%，高於單獨賜諾殺濃餌劑處理組之 12.2% 及對照組之 0.0%。而市售蛋白質水解物加上植物揮發性成分對東方果實蠅雌蟲 1 日誘殺率為 37.1%，亦顯著高於單獨蛋白質水解物處理組之 19.0% 及對照組之 0.2%。本試驗結果顯示篩選出之植物揮發性成分配方對產卵雌蟲具誘引效果，搭配諾殺濃餌劑或蛋白質水解物使用，能有效提升對東方果實蠅雌蟲誘殺效果。

關鍵詞 (Key words)：東方果實蠅 (oriental fruit fly)、植物揮發性成分 (plant olatiles)、誘效 (attractiveness)

黃色及藍色黏紙對田間瓜實蠅之誘引效果比較  
The comparison of trapping effect of yellow and blue sticky paper to melon fly  
(*Bactrocera cucurbitae*) in field

陳昇寬  
Sheng-Kuan Chen

行政院農業委員會臺南區農業改良場  
Tainan District Agricultural Research and Extension Station, Council of Agriculture, Executive Yuan

為了防治果實蠅類害蟲，已有相當多的研究在探討誘引器的形狀、大小及顏色對果實蠅的誘引效果。以往的研究認為黃色對瓜實蠅最具有誘引力，在台灣所使用之誘引器也都以黃色為主，但本研究的發現卻與以往的認知不同。我們在嘉義中埔地區選擇 2 個試驗區，在全遮蔭的環境下（菜豆棚架內）設置黃色黏紙及藍色黏紙（高冠牌，高冠企業股份有限公司出品，面積 21.5 cm × 15.0 cm）各 4 張，捲成圓筒狀，以鐵絲懸掛於棚架下，約 2 星期回收一次，共計調查 5 次。結果 A 區所誘得之平均總蟲數，黃色黏紙僅有 3.4 隻/張黏紙，而藍色黏紙卻高達 74.0 隻/張黏紙，差異非常顯著。在藍色黏紙誘得之蟲數中，雄蟲平均為 77.9 隻/張黏紙，而雌蟲為 70.2 隻/張黏紙。在 B 區所誘得之平均總蟲數，黃色黏紙僅有 0.3 隻/張黏紙，而藍色黏紙為 23.8 隻/張黏紙。在藍色黏紙誘得之蟲數中，雄蟲平均為 20.7 隻/張黏紙，而雌蟲為 27.0 隻/張黏紙。A 區與 B 區的誘蟲情況相似，均以藍色黏紙誘得之蟲數較黃色黏紙為多，且在藍色黏紙誘得之蟲數中，雌、雄蟲之間沒有明顯差異。另外在雲林斗六絲瓜園內同樣設置黃色及藍色黏紙各 4 張誘引瓜實蠅，約每周調查 1 次，結果仍然以藍色黏紙誘引之瓜實蠅較黃色為多，藍色黏紙誘引之平均雄蟲數最高為 27.3 隻/張黏紙，而雌蟲最高為 34.5 隻/張黏紙，黃色黏紙誘引之平均雄蟲數最高只有 4.5 隻/張黏紙，而雌蟲最高只有 1.5 隻/張黏紙。

關鍵詞 (Key words)：黏紙 (sticky paper)、瓜實蠅 (*Bactrocera cucurbitae*)、誘引 (trap)

利用薊馬警戒費洛蒙於葡萄園及番石榴果園綜合防治之效果評估  
Study on the effect of integrated control with alarm pheromone of thrips at grapes and  
guava orchards in Taiwan

洪巧珍、王文龍、吳昭儀、張志弘、李慧玉

Chau-Chin Hung, Wen-Lung Wang, Cho-Yi Wu, Chih-Hung Chang, Hui-Yu Li

農委會農業藥物毒物試驗所 生物藥劑組

Division of Bio-pesticide, Taiwan Agricultural Chemicals and Toxic Substances Research Institute, COA

經調查薊馬在葡萄及番石榴的危害率高達 53.0 及 89.6%。於 2006 年 9 月起分別於苗栗縣卓蘭鎮、彰化縣大村鄉、及南投縣埔里鎮葡萄果園，以及 2012 年 8 月起於彰化縣社頭鄉番石榴果園，進行利用薊馬警戒費洛蒙綜合防治試驗。試驗時，於葡萄及番石榴果園修剪後開花前，即每公尺懸掛一條薊馬警戒費洛蒙，每 2.5 公尺懸掛一張白色黏紙；每個月加掛薊馬警戒費洛蒙與白色黏紙，至採收期為止。其中卓蘭鎮、埔里鎮、社頭鄉為藥劑防治果園，大村鄉為安全葡萄果園。於採收期調查果實被薊馬危害的比率，結果顯示葡萄果園處理薊馬警戒費洛蒙，可降低葡萄危害率。卓蘭鎮、埔里鎮葡萄被薊馬危害率藥劑防治對照區分別為 49.7%、57.9%，薊馬警戒費洛蒙綜合防治為 34.2%、35.9%。大村鄉安全葡萄果園薊馬警戒費洛蒙綜合防治區危害率 24.9%，對照區為 33.9%。由此顯示加入薊馬警戒費洛蒙的綜合防治處理，葡萄危害率平均降低可達 15.5%。另試驗觀察發現葡萄幼果至中果（長 8.68 mm 至 21.10 mm、寬 7.51 mm 至 16.49 mm），經接入臺灣花薊馬 (*Frankliniella intonsa*) 7 日後，顯示薊馬仍能造成危害。因此，防治薊馬由未開花前至幼果期間均需懸掛薊馬警戒費洛蒙。彰化縣社頭鄉番石榴果園利用薊馬警戒費洛蒙綜合防治區兩區 0.05 ha，於 2012 年 8 月至 2013 年 4 月黏板上的總蟲數分別為 6925.2、9373.8 隻；採收果的薊馬為害情形分別為 50、69.3%，對照區為 92.8%，顯示薊馬警戒費洛蒙發揮效果。

關鍵詞 (Key words): 薊馬 (thrips)、警戒費洛蒙 (alarm pheromone)、葡萄 (grape)、番石榴 (guava)、綜合防治 (integrated control)

應用 EXCEL 進行 Probit 分析的方法  
A simple method for Probit analysis by EXCEL

江明耀

Ming-Yao, Chiang

農業試驗所

Taiwan Agricultural Research Institute

進行藥劑對生物個體反應的試驗中，發生反應的單位是以生物個體發生反應或無反應這兩種結果計數，此種資料屬二項分布，當劑量越大，發生反應的生物個體數量越多，劑量與反應率間呈現 S 型曲線的關係。通常此類資料在統計上採用機率值分析 (probit analysis) 或對機值分析 (logit analysis) 的方式求取關係式。在農藥對昆蟲的藥效反應試驗中，通常採用機率值分析的方式求取半數致死濃度 (LD<sub>50</sub>) 或 90% 致死濃度 (LD<sub>90</sub>)，以評估藥劑對目標昆蟲的毒性。習慣上，試驗資料的分析必須透過 SAS、SPSS 等統計套裝軟體或個別開發的統計分析工具進行分析運算，然而專業統計軟體及個別開發工具皆因使用者操作不熟悉或本身介面生硬而不易使用或無法產製圖表。事實上，透過一般人較熟悉的 Microsoft Office Excel 軟體，利用其內建的資料分析工具及函數功能，進行資料轉換及迴歸分析後，也可以簡便的得到 PROBIT 分析的結果，並可繪製反應曲線圖，已足夠滿足一般性的需求。本文旨在分享利用 EXCEL 軟體進行 PROBIT 分析的方法。

關鍵詞 (Key words)：機率值分析 (probit analysis)、半數致死濃度 (Lethal Dose 50%, LD<sub>50</sub>)

新作用機制殺蟲劑對埃及斑蚊 (*Aedes aegypti*) 幼蟲抗藥性之研究  
The toxic effect and resistance of novel insecticides to Egypt mosquito (*Aedes aegypti*)

吳旺宗、王順成、吳芳儀、黃詩嫻

Wang-Jhong Wu, Shun-Cheng Wang, Fang-Yi Wu, Shih-Ying Huang

朝陽科技大學環境工程與管理系

Department of Environmental Engineering and Management, Chaoyang University of Technology

埃及斑蚊 (*Aedes aegypti*) 為傳播登革熱重要病媒蚊之一。本研究針對八種不同作用機制之殺蟲劑，評估其對埃及斑蚊幼蟲之抗、感品系之藥效，以瞭解舊型藥劑之抗藥性發生情形及新型藥劑未來使用之潛力。同時利用本年度測試對埃及斑蚊藥效結果與國內外往昔研究比較，以瞭解埃及斑蚊，在國內、外對常用殺蟲劑抗藥性發展之特異性，文中另比較埃及斑蚊與另一重要之登革熱病媒蚊-白線斑蚊對相同測試藥劑之藥效及抗藥性，分析種間對藥劑之差異性。研究結果顯示 2013 年埃及斑蚊對除蟲菊類之 Deltamethrin 產生高抗藥性，其  $RR_1$  (以  $LC_{50}$  為比較基準) 及  $RR_2$  (以  $LC_{90}$  為比較基準) 分別為 36.8 及 46.2，其它舊型藥劑如 Abamectin、Chlorpyrifos 及 BTI，其  $RR_1$  及  $RR_2$  值均在 1.9 與 3.7 之間，而對新作用機制型藥劑如 Emamectin benzoate、Indoxacarb、Fipronil、Spinosad，則其  $RR_1$  及  $RR_2$  均在 0.7 至 3.3 之間，顯示除 Emamectin benzoate 在未來使用上，宜再加探討，其餘藥劑對埃及斑蚊防治，未來可能均有應用空間。對白線斑蚊此趨勢大抵相同，唯一重大差異為白線斑蚊對 Chlorpyrifos 有較高抗藥性，其  $RR_1$  及  $RR_2$  分別為 5.6 及 7.9。歷年對埃及斑蚊及 2013 年埃及斑蚊對有機磷之 Chlorpyrifos 及蘇力菌 (BTI) 藥劑敏感性並無降低現象，唯對除蟲菊之 Deltamethrin 則有較高之抗藥性。新型藥性 Spinosad 在國內外均顯現出開發應用之潛力。

關鍵詞 (Key words): 埃及斑蚊 (*Aedes aegypti*)、白線斑蚊 (*Aedes albopictus*)、殺蟲劑 (pesticides)、登革熱 (dengue fever)、抗藥性 (resistance)

乙醯膽鹼酯酶胺基酸置換及內插子多態型與小菜蛾對美文松的抗藥性有關  
Amino acid substitutions and intron polymorphism of acetylcholinesterase associated  
with mevinphos-resistance in diamondback moth, *Plutella xylostella* (L.)

葉斯佳<sup>1</sup>、林佳麗<sup>1</sup>、馮海東<sup>2</sup>、戴淑美<sup>1</sup>

Shih-Chia Yeh, Chia-Li Lin, Hai-Tung Feng, Shu-Mei Dai

<sup>1</sup> 國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

<sup>2</sup> 行政院農業委員會動植物防疫檢疫局

Bureau of Animal and Plant Health Inspection and Quarantine, Council of Agriculture, Executive Yuan

小菜蛾 (*Plutella xylostella* L.) 是十字花科蔬菜的重要害蟲，長久以來一直以不同作用機制化學藥劑進行防治，但因其生活史短繁殖力強，所以抗藥性發展速度快。美文松是一種有機磷殺蟲藥劑，基於它在環境中分解快速與不易產生抗藥性等因素而成為防治小菜蛾之推薦用藥。1981 年自彰化縣溪湖鎮採集，並以美文松持續篩選的 SHM 抗性品系中，83% 的個體乙醯膽鹼酯基因 1 (acetylcholinesterase 1, *ace1*) 具有三個可造成胺基酸置換 (A298S、G324A、F386V) 的核苷酸突變 (G892T、G971C 與 T1156G)。小菜蛾在含有 TCN (T/T892, C/C971, t/t1156) 突變基因型的 *ace1* 中，其內插子 A 的長度為 282 個鹼基對，比含有 ggt (g/g892, g/g971, t/t1156) 野生型 *ace1* 的內插子 A 短 15 個鹼基對。為了探究此三個胺基酸置換在小菜蛾對美文松抗藥性所扮演的角色，本研究首先利用單對雜交與基因型鑑定分別建立含有 ggt 野生型或 TCN 突變 *ace1* 的 SH<sub>ggt</sub> 或 SHM<sub>TCN</sub> 基因型純系，然後進行生物檢定與酵素動力學，結果發現：(一) SHM<sub>TCN</sub> 品系小菜蛾對美文松的抗性較 SH<sub>ggt</sub> 品系高約 50 倍，(二) SHM<sub>TCN</sub> 品系小菜蛾的乙醯膽鹼酯酶對美文松不敏感的程度是 SH<sub>ggt</sub> 品系的 32 倍。由此二結果可知這三個乙醯膽鹼酯酶胺基酸置換與小菜蛾對美文松產生抗藥性有關。

關鍵詞 (Key words)：小菜蛾 (*Plutella xylostella*)、乙醯膽鹼酯酶 (acetylcholinesterase)、酵素動力學 (enzyme kinetics)

以生命表評估黃斑粗喙椿象 (*Eocanthecona furcellata*) 捕食斜紋夜蛾  
(*Spodoptera litura*) 及小菜蛾 (*Plutella xylostella*) 幼蟲之效能  
Predation evaluation of *Eocanthecona furcellata* fed on larvae of *Spodoptera litura* and  
*Plutella xylostella* based on life table

葉芷君、段淑人、齊心

Chih-Chun Yeh, Shu-Jen Tuan, Hsin Chi

國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

黃斑粗喙椿象 (*Eocanthecona furcellata*) 為台灣蔬果作物上常見的捕食性昆蟲，其主要的捕食對象為鱗翅目幼蟲，如斜紋夜蛾 (*Spodoptera litura*)、紋白蝶 (*Pieris rapae*)、小菜蛾 (*Plutella xylostella*)、甜菜夜蛾 (*Spodoptera exigua*) 等。為了解黃斑粗喙椿象應用於防治害蟲之潛能，本試驗以三齡斜紋夜蛾及四齡小菜蛾幼蟲為食餌，於溫度  $25 \pm 1^\circ\text{C}$ ，濕度  $60 \pm 10\%$  條件下研究黃斑粗喙椿象的兩性生命表及捕食量。結果顯示，捕食斜紋夜蛾之椿象族群介量 ( $r, \lambda, R_0, T$ ) 依序為  $0.1265 \text{ d}^{-1}$ ,  $1.1348 \text{ d}^{-1}$ ,  $325.8 \text{ offspring}$  及  $45.8 \text{ d}$ 。捕食小菜蛾幼蟲之椿象則為  $0.1389 \text{ d}^{-1}$ ,  $1.149 \text{ d}^{-1}$ ,  $292.4 \text{ offspring}$  及  $40.9 \text{ d}$ 。捕食斜紋夜蛾幼蟲的雄椿象壽命較捕食小菜蛾者長，分別為 89.6 及 61.3 天。兩個族群的淨捕食率為 863.1 及 644.1 幼蟲，成蟲期的取食量決定族群的捕食潛能。利用兩性生命表分析具雌雄兩性與齡期結構之族群時，不僅提供較完整的族群動態資訊，在模擬應用上也較傳統雌性生命表符合真實的情況。

關鍵詞 (Key words)：兩性生命表 (age-stage, two-sex life table)、黃斑粗喙椿象 (*Eocanthecona furcellata*)、斜紋夜蛾 (*Spodoptera litura*)、小菜蛾 (*Plutella xylostella*)

*Metarhizium anisopliae* as a Potential Biopesticide for the Brown-banded Cockroach,  
*Supella longipalpa* (Blattaria: Blattellidae)

Li-Cheng Tang, Yu-Ting Ni

The brown-banded cockroach, *Supella longipalpa* (F.), is one of the common household pests, while *Metarhizium anisopliae* (Metschn.) Sorok is an entomopathogenic fungus, which is safe to human, mammals, and environment. The pathogenicity of *M. anisopliae* against the brown-banded cockroach was evaluated using the common household pest management techniques *i.e.*, spraying, bait, and pheromone trap. The most effective control measure was by spraying the conidial suspension directly on the cockroach at 25°C. When sprayed a suspension at  $1.6 \times 10^8$  conidia/ml, the mortality and  $LT_{50}$  value were 78.3% and 9.8 days, respectively. The trap containing conidia combined with fecal extracts or/and food as an integrated application method was capable of enhancing the fungal infection. The treatment of cockroaches with conidia in combination with dichloromethane fecal extracts was found to be more effective, causing ca. 55.6% mortality. Moreover, application of methanol or ethanol fecal extracts combined with food resulted in 35.6 and 23.3% mortality in comparison with only 23.3 and 14.4%, respectively, by treating with methanol or ethanol extracts alone, indicating that fecal extracts applied together with foods could enhance the insecticidal activity. The suspension was sprayed on the surface of different materials commonly used for interior decoration in which those with smoother surface caused higher mortality; for example, plastic, tile and glass were higher than stainless sheet steel or wood. Our assays using a ratio of 1:10 (exposed: unexposed to conidia) resulted in 30.0% mortality in healthy colonies, indicating that *M. anisopliae* can be within *S. longipalpa* populations. Therefore, *M. anisopliae* could be a potential microbial agent for managing this cockroach when applied alone or in combination with food baits or with the bait stations containing fecal extracts.

Key words: *Supella longipalpa*, biopesticide, *Metarhizium anisopliae*, horizontal transmission, fecal extracts, food bait

平腹小蜂 (膜翅目：旋小蜂科) 之生活史研究  
A study of life history of *Anastatus japonicus* (Hymenoptera: Eupelmidae)

李嫩玉、張萃嫻

Shu-Yu Li, Tsui-Ying Chang

國立屏東科技大學植物醫學系

Department of Plant Medicine, National Pingtung University of Science and Technology

平腹小蜂 (*Anastatus japonicus*) 屬膜翅目、旋小蜂科 (Hymenoptera: Eupelmidae) 的寄生蜂，且為單元寄生性之卵寄生蜂。在本試驗以銀條斜線天蛾 (*Hippotion celerio*) 卵飼育平腹小蜂，進行生活史研究探討，結果顯示在 15、20、25、28 及 30°C 定溫下，平腹小蜂由卵發育至成蟲之總發育日數分別平均為 110.0、36.2、15.1、14.2 及 12.9 日，雌雄性比分別為 0：6、1.5：1、2：1、1：1.2 及 1：5，發育臨界低溫 13.4°C，有效積溫 203.9 日度。另外，在 20、25 及 30°C 定溫下，其雌雄成蟲壽命均以 20°C 的 43.4 與 17.1 日為最長；並且於每日產卵量和一生總產卵量以 25°C 的 6.0 和 142.7 粒卵為最高，以 20°C 之 3.1 和 123.7 粒卵為次之，而以 30°C 之每日產卵量和一生總產卵量的 4.1 和 66.0 粒卵為最低，並且以 25°C 為最適生長發育條件，且產卵高峰期於 5-11 日齡為最高。

關鍵詞 (Key words)：平腹小蜂 (*Anastatus japonicus*)、生活史 (life history)、壽命 (longevity)

平腹小蜂 (膜翅目：旋小蜂科) 之形態及應用初探  
Preliminary of morphology and application of *Anastatus japonicus*  
(Hymenoptera: Eupelmidae)

李嫩玉、張哲瑋、張萃嫻  
Shu-Yu Li, Jhe-Wei Chang, Tsui-Ying Chang

國立屏東科技大學植物醫學系  
Department of Plant Medicine, National Pingtung University of Science and Technology

平腹小蜂 (*Anastatus japonicus*) 之齡期為卵、幼蟲、蛹及成蟲期四個階段，其中幼蟲期又分為一齡、二齡及三齡，屬單元寄生性之卵寄生蜂，於形態特徵試驗將針對平腹小蜂其各別齡期進行深入描述。為期望其未來可供作為生物防治資材，因此做了相關應用試驗。於餵養平腹小蜂成蟲試驗中，供 20、40、60、80 及 100% 濃度之蜂蜜水餵養，壽命均與對照組 (完全不供給水和蜂蜜) 和 0% (只供水不供給蜂蜜) 呈顯著性差異，又以 100% 濃度蜂蜜餵養其壽命較長；另外，將代用寄主銀條斜線天蛾 (*Hippotion celerio*) 卵置 4°C 低溫冷藏 20 日後，平腹小蜂對其寄生率達 70% 以上，冷藏 39-42 日後仍有 40-50% 之寄生率；又將平腹小蜂各齡期於 4、10 和 15°C 低溫冷藏 1-6 週後，結果顯示在 4°C 均冷藏至 3 週後羽化率為 0%，且卵期與蛹期冷藏 1 週後即無法孵化或羽化，在 10°C 以三齡幼蟲保存一週之羽化率 97% 為最高，且雌性比為 58%，而在 15°C 則以蛹期保存一週之羽化率 95% 最高，雌性比為 64%，且保存至第六週後仍有 74% 之羽化率。

關鍵詞 (Key words)：平腹小蜂 (*Anastatus japonicus*)、形態 (morphology)、寄生率 (parasitism rate)

台灣犬蜱感染蜱媒病原體之分子流行病學調查  
Molecular epidemiological surveillance for tick-borne pathogens in dog ticks in Taiwan

簡嘉豪、舒佩芸、王錫杰

Chia-Hao Chien, Pei-Yun Shu, Hsi-Chieh Wang

疾病管制署研究檢驗及疫苗研製中心

Center for Research, Diagnostics and Vaccine Development, Centers for Disease Control, Taiwan

蜱媒疾病是藉由蜱蟲的叮咬將病原體傳染給宿主的疾病，其中包含許多人畜共通傳染病，因此，本研究主要在調查台灣犬類身上的外寄生蜱之種類，並利用 Real time PCR 或 Nested PCR 調查這些蜱蟲感染 *Anaplasma* spp.、*Ehrlichia* spp.、*Rickettsia* spp. 與 Apicomplexan parasites 的陽性率。結果發現採集自台灣北中南東 8 縣市犬類的外寄生蜱以血紅扇頭蜱 (*Rhipicephalus sanguineus*) 為主，並有少部分的豪豬血蜱 (*Haemaphysalis hystricis*)。血紅扇頭蜱感染 *Anaplasma* spp. 與 *Ehrlichia* spp. 的陽性率是 11% (229/2092)，感染 *Rickettsia* spp. 的陽性率為 1.7% (35/2092)，而感染 Apicomplexan parasites 的陽性率則為 1.5% (32/2092)。另外，豪豬血蜱的檢驗 *Anaplasma* spp. 與 *Ehrlichia* spp. 的陽性率是 11.8% (10/85)，*Rickettsia* spp. 為 0%，Apicomplexan parasites 則為 5.9% (5/85)。檢驗結果發現可能有 8 種人畜共通病原體 (*A. phagocytophilum*、*E. canis*、*E. chaffeensis*、*Candidatus Neoehrlichia mikurensis*、*Rickettsia felis*、*R. coronii*、*R. typhi*、*Babesia microti*) 及 4 種犬或牛病原體 (*A. platys*、*A. bovis*、*Hepatozoon canis*、*B. gibsoni*)。其中以 *A. phagocytophilum* 陽性率最高為 8.41% (176/2092)。而在多重感染的部分，有 10 個犬蜱檢體具有雙重感染，其中有 2 個血紅扇頭蜱感染 2 種人畜共通病原體 (*A. phagocytophilum*、*R. typhi* 或 *B. microti*)。這些結果值得犬隻飼主及管理單位注意並防範犬蜱傳播的人畜共通傳染病。

關鍵詞 (Key words): 血紅扇頭蜱 (*Rhipicephalus sanguineus*)、豪豬血蜱 (*Haemaphysalis hystricis*)、*Anaplasma*、*Rickettsia*、Apicomplexan parasites

以亞滅寧和蘇力菌以色列品系防治聖多美岡比亞瘧蚊之成效評估  
 Effectiveness evaluation of  $\alpha$ -cypermethrin and *Bacillus thuringiensis* subspecies  
*israelensis* on the control of *Anophele gambiae* in the Democratic Republic of Sao  
 Tome and Principe

徐雅羚<sup>1</sup>、鄭見福<sup>2</sup>、曾蓮芬<sup>2</sup>、連日清<sup>2</sup>、施惟量<sup>1,3</sup>、蔡坤憲<sup>1,2,4</sup>  
 Ya-Ling Hsu<sup>1</sup>, Chien-Fu Cheng<sup>2</sup>, Lien-Feng Tseng<sup>2</sup>, Jih-Ching Lein<sup>2</sup>,  
 Wei-Liang Shih<sup>1,3</sup>, Kun-Hsien Tsai<sup>1,2,4</sup>

<sup>1</sup> 國立臺灣大學公共衛生學系

Department of Public Health, National Taiwan University

<sup>2</sup> 中華民國臺灣駐西非聖多美瘧疾顧問團

Taiwan Anti-malaria Advisory Mission, Democratic Republic of Sao Tome and Principe, West Africa

<sup>3</sup> 國立臺灣大學流行病學與預防醫學研究所

Institute of Epidemiology and Preventive Medicine, National Taiwan University

<sup>4</sup> 國立臺灣大學環境衛生研究所

Institute of Environmental Health, National Taiwan University

瘧疾為全球重要的蚊媒傳染病之一，西非聖多美普林西比民主共和國 (Democratic Republic of Sao Tome and Principe) 自 2005 年起施行全國性室內殘效噴灑 (indoor residual spraying, IRS) 亞滅寧 ( $\alpha$ -cypermethrin) 後，瘧疾罹患率由 41.16% 降至 2.04%。為避免長期使用殺蟲劑導致蚊蟲產生抗藥性，2008 年起改以微生物蘇力菌以色列品系 (*Bacillus thuringiensis* subspecies *israelensis*, *Bti*) 控制瘧蚊幼蟲。本研究主要以室內和戶外的人體誘餌法評估上述二項防治措施對岡比亞瘧蚊 (*Anopheles gambiae*) 的防治成效。結果顯示：2005-2012 年室內平均蚊密度高低依序為 Agua Grande、Lemba、Cantagalo、Caue、Lobata、Me-Zochi，其中 Agua Grande、Lobata 和 Cantagalo 三省的蚊密度變化較大，其他三省則較為穩定；戶外平均蚊密度高低依序則為 Lemba、Agua Grande、Cantagalo、Lobata、Caue、Me-Zochi，其中 Agua Grande、Lobata 和 Cantagalo 三省成蚊密度變化較大。然 2007 年中至 2009 年底室內和戶外瘧蚊平均密度皆較高。室內和戶外的蚊密度比較顯示：聖多美六省岡比亞成蚊密度指數有顯著差異 ( $P$ -value  $< 0.0001$ )；進一步比較 2005-2007 年使用 IRS 與 2008-2012 年使用 *Bti* 後的成蚊密度，兩階段的成蚊密度皆有顯著差異 (室內  $P$ -value = 0.0002；戶外  $P$ -value = 0.0455)。室內瘧蚊有顯著差異者為 Caue 和 Me-Zochi，且使用 *Bti* 的成蚊密度皆較高；戶外有顯著差異者為 Lemba、Cantagalo、Me-Zochi，其中 Lemba、Cantagalo 使用 *Bti* 的成蚊密度較低，Me-Zochi 使用 IRS 的成蚊密度較低，其餘省份則無顯著差異。雖然結果顯示有些省份成蚊密度有增加現象，但兩種防治方法在多數省份仍能有效控制岡比亞瘧蚊數量。

關鍵詞 (Key words)：岡比亞瘧蚊 (*Anopheles gambiae*)、亞滅寧 ( $\alpha$ -cypermethrin)、蘇力菌以色列品系 (*Bacillus thuringiensis* subspecies *israelensis*)

聖多美普林西比民主共和國瘧疾清除前期之瘧疾分子檢驗  
Molecular diagnosis for the pre-elimination of malaria in the Democratic Republic of  
Sao Tome and Principe

許岑竹<sup>1</sup>、鄭見福<sup>2</sup>、曾蓮芬<sup>2</sup>、連日清<sup>2</sup>、方啟泰<sup>1</sup>、蔡坤憲<sup>2,3,4</sup>

Tsen-Ju Shiu<sup>1</sup>, Chien-Fu Cheng<sup>2</sup>, Lien-Feng Tseng<sup>2</sup>, Jih-Ching Lein<sup>2</sup>, Chi-Tai Fang<sup>1</sup>, Kun-Hsien Tsai<sup>2,3,4</sup>

<sup>1</sup> 國立台灣大學流行病學與預防醫學研究所

Institute of Epidemiology and Preventive Medicine, National Taiwan University

<sup>2</sup> 中華民國台灣駐西非聖多美瘧疾顧問團

Taiwan Anti-malaria Advisory Mission, Democratic Republic of Sao Tome and Principe, West Africa

<sup>3</sup> 國立臺灣大學環境衛生研究所

Institute of Environmental Health, National Taiwan University

<sup>4</sup> 國立台灣大學全球衛生中心

Global Health Center, National Taiwan University

瘧疾為全球最重要的蚊媒傳染病之一。西非聖多美普林西比民主共和國過往曾遭受瘧疾嚴重侵襲，在眾多防治措施介入之後，疫情已逐漸獲得控制，逐步邁向第一階段的瘧疾清除前期 (pre-elimination) 和第二階段的瘧疾清除期 (elimination)。瘧疾感染與瘧蚊、瘧原蟲和瘧疾病人有密切關係，其中透過瘧疾病例的檢驗、追蹤、治療和管理，乃是瘧疾防治的重要措施，也是防治策略重要的一環。隨著聖多美當地瘧疾盛行率下降，普遍使用的血液玻片顯微鏡檢工具，可能受到低寄生蟲血症或檢驗人員的訓練不足等因素之影響，進而降低臨床檢驗之專一性和靈敏度。有鑑於此，本研究收集整理 2011 年至 2013 年聖多美瘧疾病人、低寄生蟲血症病人與門診中心非瘧疾病人共 2,871 份血液濾紙片，利用定量聚合酶連鎖反應 (real-time polymerase chain reaction) 進行分析，以比較分子檢驗與顯微鏡檢結果之靈敏度差異，期能準確偵測瘧疾病例，盡早提供有效治療，減少潛在的瘧疾病患感染源，以助聖多美提早進入瘧疾清除前期。

關鍵詞 (Key words)：瘧疾 (malaria)、清除前期 (pre-elimination)、分子檢驗 (molecular diagnosis)

本土植物葉子精油對台灣鈹蠓幼蟲之活性影響與燈光對台灣鈹蠓之誘集效力評估  
Effect of leaf essential oils from indigenous plant and attraction efficiency of  
fluorescent lamp on *Forcipomyia taiwana*

唐若庭<sup>1</sup>、賴羿廷<sup>1</sup>、蔡佳宏<sup>1</sup>、張伊芸<sup>1</sup>、鄭森松<sup>2</sup>、蔡坤憲<sup>1,3</sup>

Jo-Ting Tang<sup>1</sup>, Yi-Ting Lai<sup>1</sup>, Chia-Hung Tsai<sup>1</sup>, I-Yun Chang<sup>1</sup>, Sen-Sung Cheng<sup>2</sup>, Kun-Hsien Tsai<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup> 國立臺灣大學環境衛生研究所

Institute of Environmental Health, National Taiwan University

<sup>2</sup> 國立臺灣大學實驗林管理處

The Experimental Forest, National Taiwan University

<sup>3</sup> 國立臺灣大學公共衛生學系

Department of Public Health, National Taiwan University

臺灣鈹蠓 (*Forcipomyia (Lasiohelea) taiwana*) 俗稱小黑蚊，為吸血性鈹蠓科昆蟲，成蟲於日間活動，因個體微小，人類宿主被叮咬時經常不易察覺，被叮咬部位易產生紅腫與癢痛，曾有急性過敏反應而住院的案例，嚴重騷擾人類生活，目前尚無明確傳播疾病的證據。本研究於野外採集已交配之小黑蚊族群，透過實驗室裸鼠餵食飽足血餐後產下具活性的卵粒，經孵化培育至三齡和四齡幼蟲時，於培養基質加入黑心柳杉 (*Cryptomeria japonica*)、土肉桂 (*Cinnamomun osmophloeum*)、過山香 (*Clausena excavate*)、小葉樟 (*C. brevipedunculatum*) 和白珠樹 (*Gaultheria cumingiana*) 等 5 種葉子精油後，試驗結果顯示 5 種葉子精油均呈現抗小黑蚊幼蟲活性的現象，其中以土肉桂和過山香葉子精油效果最佳，精油濃度為 15.8 mg/cm<sup>2</sup> 可滅活 100%；白珠樹葉子精油效果次佳，精油濃度為 31.6 mg/cm<sup>2</sup> 可滅活 100%，黑心柳杉和小葉樟葉子精油濃度約 31.6~63.2 mg/cm<sup>2</sup> 可滅活 80% 以上。在燈光誘集部分，本研究發現坊間販售之黃白色全光譜螺旋燈管 (24W, 2700K) 與可見光藍光 (400~450 nm) 對小黑蚊具吸引之功效，效果比常用紫外光捕蚊燈高三倍以上。未來將針對精油的主要成分進行實驗室和田間分析，並探討特定光源在野外誘捕小黑蚊之效力。

關鍵詞 (Key words)：台灣鈹蠓 (*Forcipomyia taiwana*)、精油 (essential oils)、日燈光 (fluorescent lamp)

臺北盆地臺灣蚊蠓 (*Forcipomyia (Lasiohelea) taiwana*: Diptera) 分佈與擴散  
Dispersal and distribution of biting midge (*Forcipomyia (Lasiohelea) taiwana*: Diptera)  
in Taipei Basin

黃基森  
Hwang Ji-Sen

臺北市立大學地球環境暨生物資源學系  
Department of Earth and Life Science, University of Taipei

本研究在臺北盆地進行臺灣蚊蠓 (*Forcipomyia (Lasiohelea) taiwana* Shiraki, 1913) (俗稱小黑蚊) 全面性調查，探討近年來小黑蚊在都會區之擴散，同時了解其分布與危害，以供未來進行防治與教育宣導之參考。本研究以臺灣地理人文全覽圖進行臺北盆地 (90 平方公里) 調查區之劃定。每平方公里選擇公園或綠地區域 1~5 處進行調查。調查係採用「人體誘集法」，在小黑蚊活動高峰時於選定的調查區以三角形三點的形式進行。2009~2013 年期間在淡水河系 (含淡水河、基隆河、新店溪與景美溪等) 定點之 45 處綠地進行長期監測，監測五年結果發現，有小黑蚊之危害區分別為 11 處 (佔 24.4%)、11 處 (24.4%)、13 處 (28.8%)、27 處 (60.0%) 與 31 處 (68.9%)，由此顯示，近年來小黑蚊在淡水河系已逐年大幅擴散蔓延。2002~2003 年間在臺北盆地調查發現 118 處有小黑蚊之危害 (陽性率達 72.4%)，危害密度在 1~176 隻/20 min 之間。小黑蚊之分布地點以運動休閒區 (57.6%) 最多，其次依序為生態文化區 (15.3%)、學校研究區 (8.5%)、風景遊憩區 (5.9%)、交通道路區 (5.1%)、住宅區 (5.1%) 與商業區 (2.5%)，由此顯示，小黑蚊已擴散至臺北都會區之居家與商業區周圍、社區公園、文教場所、交通要道、觀光遊憩、運動休閒等之綠地區。調查也發現臺北盆地週邊之所有山系，包括七星山系、大屯山系、五指山系、南港山系與二格山系均已有小黑蚊分布與危害。研究結果得知，近年來小黑蚊已在臺北都會區迅速的擴散蔓延至所有綠地區域，嚴重影響民眾與學童之健康與生活品質，同時嚴重打擊觀光遊憩、運動休閒與文化生態等產業。

關鍵詞 (Key words)：小黑蚊 (biting midge)、臺灣蚊蠓 (*Forcipomyia (Lasiohelea) taiwana*)、臺北盆地 (Taipei Basin)

於高雄積水地下室使用淡水中劍水蚤防治登革熱病媒蚊幼蟲之實務評估  
Practical evaluation of Taiwanese freshwater *Mesocyclops* spp. on the control of dengue  
mosquito larvae in water-filled basement of Kaohsiung City

李瑩潔<sup>1</sup>、蔡承晏<sup>2</sup>、蔡佳宏<sup>3</sup>、賴羿廷<sup>3</sup>、蔡坤憲<sup>3,4</sup>  
Ying-Chieh Lee<sup>1</sup>, Cheng-Yen Tasi<sup>2</sup>, Chia-Hung Tsai<sup>3</sup>, Yi-Ting Lai<sup>3</sup>, Kun-Hsien Tsai<sup>3,4</sup>

<sup>1</sup> 國立臺灣大學流行病學與預防醫學研究所  
Institute of Epidemiology and Preventive Medicine, National Taiwan University

<sup>2</sup> 彰化縣立田中高級中學  
Changhua County Tianjhong Senior High School

<sup>3</sup> 國立臺灣大學環境衛生研究所  
Institute of Environmental Health, National Taiwan University

<sup>4</sup> 行政院衛生福利部與國立臺灣大學傳染病防治研究及教育中心  
Infectious Diseases Research and Education Center, Ministry of Health and Welfare and  
National Taiwan University

淡水劍水蚤是一類浮游性的水生微型甲殼綱動物，全球已知的淡水性橈足類約有 700 多種，台灣目前尚無分類或生態學研究報告。過往實驗室分析已證實自南台灣田間採集之中劍水蚤可以有效捕食斑蚊幼蟲，且劍水蚤對現行登革熱使用之蘇力菌以色列品系 (*Bacillus thuringiensis israelensis*)、賽酚寧 (Cyphenothrin)、百滅寧 (Permethrin)、亞培松 (Temephos) 和美賜平 (Methoprene) 等微生物或化學藥劑的感受性較低，因此具潛力成為南台灣田間生物防治登革熱病媒蚊幼蟲的生物材料之一。本研究先期試驗自 2011 年起採集高雄市具捕食性之劍水蚤，經辦理地方民眾計畫說明和戶外集中式大量繁殖後，於 2012 年 3 月起將劍水蚤施放於衛生局列管之積水地下室共計 42 處，定期追蹤監測劍水蚤族群、斑蚊族群和水質之變化。經過一年之監測，結果顯示：施放之中劍水蚤存活繁殖率約為 45.3-60.0%，可長期存活於大面積水質清澈之中重度積水地下室 ( $60.0 \pm 12.7\%$ ) 和大面積水質清澈之輕度積水地下室 ( $45.3 \pm 13.5\%$ )，但不易存活於水質清澈的小面積窄池 ( $10.4 \pm 9.5\%$ ) 和混濁及有機質豐富的窄池 ( $5.0 \pm 10.0\%$ )。在積水地下室試驗樣點中，斑蚊幼蟲陽性率從列管時的 65.0% (101 年 3 月) 降至 0 (102 年 7 月)，顯示該生物防治方法適用於積水地下室，有鑑於高雄積水地下室在短時間內不易清除，針對此類型之孳生源提供生態的、永續的生物防治方法極為重要，本研究將持續監測此生物防治方法對現行疫情之影響。

關鍵詞 (Key words)：中劍水蚤 (*Mesocyclops* spp.)、登革熱 (dengue)、生物控制 (bio-control)

印度阜蠅 (*Phumosia indica* Surcouf (Diptera: Calliphoridae)) 產卵偏好初探  
Preliminary study of the oviposition preference of frog fly, *Phumosia indica* Surcouf  
(Diptera: Calliphoridae)

黃悠然、蕭旭峰

Yu-Jan Huang, Shih-Feng Shiao

國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

蛙蠅 (frog fly) 為幼蟲期於蛙類卵泡生活之雙翅目昆蟲。蛙蠅利用蛙卵之型式多樣，部分蠅類僅隨機取食蛙卵，如某些蚤蠅 (Phoridae)。此外則有許多蛙蠅發展出較專一的寄生關係，如果蠅科 (Drosophilidae) 種類，其寄主專一性高，幼蟲不會取食寄主以外的物種；水蠅科 (Ephydriidae) 之幼蟲則僅在某些細趾蟾科 (Leptodactylidae) 蛙類卵上發育，其寄主為親緣接近的數種蛙類，但不包含近緣且產卵在泥洞裡之種類。臺灣常見蛙蠅為麗蠅科之印度阜蠅 (*Phumosia indica*)，為布氏樹蛙 (*Polypedates braueri*) 與翡翠樹蛙 (*Rhacophorus prasinatus*) 等樹蛙之常見天敵。目前已有調查報告顯示其感染率極高，對許多保育類樹蛙族群具有潛在威脅。印度阜蠅之產卵行為類似於水蠅科蛙蠅，寄主專一性較低且不會產卵於泥洞內者，如臺北樹蛙 (*R. taipeianus*) 之卵泡。麗蠅科昆蟲被認為以嗅覺尋找產卵基質，在近距離下視覺亦為重要因子，因此推測印度阜蠅產卵行為可能受視覺等因素阻隔，進而影響其寄主專一性。本研究目的在於探討印度阜蠅的產卵行為，包含樹蛙卵泡對印度阜蠅之視覺與嗅覺誘因。目前已成功誘使印度阜蠅產卵至沾有樹蛙卵泡水溶液之衛生紙，其產卵量顯著高於僅以水沾濕者，此結果顯示蛙卵氣味應為誘因之一。未來將以黑色與白色衛生紙沾取樹蛙卵泡氣味，以討論視覺與嗅覺之交互作用對雌蟲產卵數的影響。其後亦將以 Y 形管試驗卵泡氣味的影響，並藉由這些結果討論印度阜蠅產卵行為與其寄主專一性的關係。

關鍵詞 (Key words): 印度阜蠅 (*Phumosia indica*)、蛙蠅 (frog fly)、產卵偏好 (oviposition preference)

棲蘭山親屍性甲蟲群聚差異與季節性變化  
Community differences and seasonal changes of necrophilous beetles in Chilanshan

賴韋翰<sup>1</sup>、黃文伯<sup>1</sup>、葛兆年<sup>2</sup>

Lai-Wei Han<sup>1</sup>, Wenbe Hwang<sup>1</sup>, Chao-Nien Koh<sup>2</sup>

<sup>1</sup>國立台南大學生態科學與技術學系

Department of Ecoscience and Ecotechnology, National University of Tainan

<sup>2</sup>林業試驗所森林保護組

Department of Forest Protection, Taiwan Forestry Research Institute

本研究以台灣東北部宜蘭縣棲蘭山地區的人工林及天然林為調查地區，各以 8 個懸掛式陷阱內置 18~22 克的鼠屍誘集該地區親屍性甲蟲，探討天然林和人工林之間，親屍性甲蟲的群聚是否因為林相不同而有所差異，並選定昆蟲綱鞘翅目的球蕈蟲科 Leiodidae、闇魔蟲科 Histeridae、金龜子科 Scarabaeidae、牙蟲科 Hydrophilidae、埋葬蟲科 Silphidae 以及隱翅蟲科 Staphylinidae 等親屍性甲蟲，作為主要監測物種，調查物種豐度、豐量以及物種多樣性指數，持續調查一年，比較甲蟲群聚的四季變化，在林相不同下的差異。推測在天然林棲地，基於植被比較豐富、棲地多樣性比較高，親屍性甲蟲物種應比人工林棲地更為豐富，且更具多樣性，而且季節變化對於天然林的甲蟲組成影響也比較小。由 1~6 月的初步結果顯示，在天然林抓到的物種數及豐量皆比在人工林高；2、3 月天然林的 Shannon-Wiener 多樣性指數比人工林要高，4~6 月兩者並無明顯差異，天然林的物種勻度和人工林並無明顯差異。兩棲地在季節變化上，天然林棲地物種數的波動比較小，甲蟲族群的結構較不受季節變化影響。在初步結果中得知在天然林棲地的親屍性甲蟲其物種豐度、豐量、多樣性都比人工林高，而且甲蟲的群聚結構較不受季節變化影響，初步結果與原本設立的假說相符。

關鍵詞 (Key words)：親屍性甲蟲 (necrophilous beetles)、生物多樣性 (biodiversity)、群聚結構 (community structure)、季節變化 (seasonal changes)、棲蘭山 (Chilanshan)

不同緯度尼泊爾埋葬蟲 (*Nicrophorus nepalensis* Hope) (Coleoptera: Silphidae)  
族群於各溫度條件下的繁殖策略  
Reproductive strategy of populations at different latitudes under various temperature  
conditions in *Nicrophorus nepalensis* Hope (Coleoptera: Silphidae)

張庭維、黃文伯

Ting-Wei Chang, Wenbe Hwang

國立台南大學生態科學與技術學系

Department of Ecoscience and Ecotechnology, National University of Tainan

根據國內先前的研究指出，在台灣低緯度地區，尼泊爾埋葬蟲捕獲數目隨著海拔高度升高而增加，在體型上，於海拔較高地區個體顯著大於海拔較低的地區。國外研究也發現海拔高度會影響埋葬蟲科、糞金龜與蝴蝶的體型大小、族群密度與繁殖策略。然而，海拔高度的變化可視同於緯度梯度的變化，不同緯度地區的族群其生活史策略之研究，亦可應用在氣候變遷對昆蟲影響的估算。因此本研究以嘉義縣阿里山奮起湖 (120°41'45"N, 23°30'20"E) 與高雄市藤枝林道 (經緯度：120°45'16"N, 23°4'2"E) 在約 1400 m 相同海拔高度的條件下，兩地的尼泊爾埋葬蟲族群為研究對象，來探討不同緯度區域族群的個體大小，以及在 16, 17, 18, 19, 20°C 實驗室條件下繁殖策略之差異。研究結果發現，較高緯度奮起湖族群平均的前胸背板寬 ( $5.06 \pm 0.52$  mm) 顯著大於較低緯度的藤枝族群 ( $4.89 \pm 0.56$  mm)。於實驗室的五個溫度條件下，除 19°C 外，較高緯度奮起湖族群後代發育至成蟲的數目顯著大於較低緯度的藤枝族群。在 16, 17, 18°C 三個溫度條件下，奮起湖族群的繁殖成功率亦顯著高於藤枝族群。故本研究結果推論，棲息於不同緯度的尼泊爾埋葬蟲族群，可能存在著不同的生態環境適應，較高緯度的生態群較能適應低溫的氣候條件。

關鍵詞 (Key words)：埋葬蟲 (*Nicrophorus*)、緯度 (latitudes)、溫度 (temperature)、繁殖成功率 (reproductive success)、生態群 (clines)

寬腹螳螂觸角的雌雄二型性與幼期發育

Postembryonic development of sexually dimorphic antennae in the giant Asian mantid,  
*Hierodula patellifera* (Mantodea: Mantidae)

邱名鍾、黃旌集、吳文哲、蕭旭峰

Ming-Chung Chiu, Chin-Gi Huang, Wen-Jer Wu, Shih-Feng Shiao

國立台灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

生物雌雄之間的表型差異在廣義解釋上被稱為性徵，而這些具有雌雄二型性的性徵代表了不同的繁殖策略。然而部分昆蟲的性徵在初齡幼蟲時期並不明顯，它們在幼期發育的過程中才逐漸分化。因此性徵的發育除了顯示兩性之間的生殖投資差異之外，也表現出成蟲與幼蟲之間生存策略的轉換以及環境因子的影響。觸角是螳螂主要的性費洛蒙接受器官，身為費洛蒙接收者的雄成蟲往往觸角較為發達。在我們的研究中，室內飼養的寬腹螳螂 (*Hierodula patellifera*) 雄成蟲觸角節數比雌蟲略多，且錐形感覺毛 (basiconic sensilla) 的數量較多，分布區域也較廣。而藉由對若蟲蛻皮的比較後發現，若蟲鞭節節數在發育過程中逐漸上升但不具有顯著的雌雄二型性，直到若蟲末齡時雄蟲觸角的節數才明顯較同期的雌蟲多並維持到成蟲。而錐形感覺毛數量與分布在雌雄蟲之間的分化則要等到成蟲時才顯現。錐形感覺毛的雌雄二型性使其被大多數的學者認為是雄螳螂接收性費洛蒙的位置，而成蟲時才明顯上升的數量則加強了這個推測。另外觸角特徵在野外的台灣斧螳 (*H. formosana*) 上會因寄生性鐵線蟲 (*Chordodes formosanus*) 的感染而受影響，但僅雄蟲錐形感覺毛的分布出現偏雌的現象而觸角節數並未顯著改變，這顯示觸角的發育過程受到環境的影響且不同的特徵的發育可能決定於不同的生理因子。

關鍵詞 (Key words): 寬腹螳螂 (*Hierodula patellifera*)、觸角感覺毛 (antennal sensillum)、雌雄二型性 (sexual dimorphism)、幼期發育 (postembryonic development)

二點葉蟎取食花豆葉於不同溫度下之兩性生命表探討  
Age-stage, two-sex life table of *Tetranychus urticae* fed on lima bean  
(*Phaseolus vulgaris* L.) at different temperatures

林雍翔、楊崇民、段淑人、齊心

Yung-Hsiang Lin, Chung-Ming Yang, Shu-Jen Tuan, Hsin Chi

國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

*Tetranychus urticae* Koch is a typically polyphagous pest of many ornamental and agricultural plants. Population of mites is inherently age-stage-structured, and stage differentiation is important to mite physiology, biochemistry, ecology, etc. Temperature played a critical factor which influenced population dynamics through adjustment of development time, survival, and reproduction rate. For evaluating population growth parameters of *T. urticae*, age-stage, two-sex life table was used to provide a comprehensive and complete description on whole characteristics of this population. Adults of *T. urticae* were collected from *Hedera helix* L. in campus of National Chung Hsing University and reared on lima bean (*Phaseolus vulgaris* L.) for at least 3 generations in growth chamber. Rather than the moderate temperature of 25°C, the life table trials were also implemented at other two harsh temperatures, 18 or 32°C, based on the average data in field during winter and summer in Taiwan. Parameters of this pest fed on lima bean at 18, 25, and 32°C were significantly different from each other. The intrinsic rates of increase ( $r$ ) were 0.1011, 0.2695, and 0.2800 d<sup>-1</sup>, the finite rates of increase ( $\lambda$ ) were 1.1064, 1.3093, and 1.3233 d<sup>-1</sup>, the net reproductive rates ( $R_0$ ) were 21.6, 43.2, and 12.1 eggs, at 18, 25, and 32°C, respectively. Comparing to two-sex life table, female age-specific life table resulted in overestimated parameters because of ignoring the pre-adult mortality and male individuals. Therefore, population growth will be inaccurately simulated by female age-specific life table theory. Based on age-stage, two-sex life table, we can get more practical survival rate and fecundity which can truly assess the growth potential of a population. Information from this study will be useful for setting accurate economic threshold of *T. urticae* on lima bean.

關鍵詞 (Key words): 兩性生命表 (age-stage, two-sex life table)、二點葉蟎 (*Tetranychus urticae*)、溫度 (temperature)、族群成長 (population growth)

*Megalorhipida leucodactyla* 在兩種寄主植物之生殖效率差異  
Differences reproductive efficiency of *Megalorhipida leucodactyla* on  
the two host plants

謝銘育、黃文伯、謝宗欣

Ming-Yu Hsieh, Wenbe Hwang, Tsung-Hsin Hsieh

國立臺南大學生態科學與技術學系

Department of Ecoscience and Ecotechnology, National University of Tainan

本研究探討 *Megalorhipida leucodactyla* 於 2 種寄主植物：紅花黃細心 (*Boerhavia coccinea* Mill.) 與黃細心 (*Boerhavia repens* L.) 上雌蟲產卵行為與幼蟲發育形態的差異。產卵試驗分成 3 組，第一組取紅花黃細心果實 20 顆，第二組取黃細心果實 20 顆，第三組取紅花黃細心與黃細心果實各 10 顆，分別放置在不同的塑膠盒  $60 \times 48 \times 30 \text{ cm}^3$  內，再放入一對雄蛾和雌蛾於盒子裡，直到雌性死亡，並於每 24 h 檢查記錄塑膠盒內雌性存活及產卵數量；發育試驗是取紅花黃細心網室  $60 \times 60 \times 60 \text{ cm}^3$  內 *M. leucodactyla* 當日所產的卵，並依紅花黃細心與黃細心分成兩組，每組 50 顆卵，置於  $27^\circ\text{C}$ ，L/D 12/12 的成長箱，分別以兩種寄主植物足量的果實飼養幼蟲至成蟲羽化，在每 24 h 觀察下，紀錄孵化日、體色、各齡期天數、重量及頭殼寬、存活率、性別比。將資料以 SPSS 20.0 版統計軟體進行分析，再將結果以 *T*-test 做比較。

關鍵詞 (Key words) : *Megalorhipida leucodactyla*、黃細心 (*Boerhavia repens* L.)、紅花黃細心 (*Boerhavia coccinea* Mill.)、生殖效率 (reproductive efficiency)、發育形態 (developmental morphology)

上升二氧化碳及施用肥料對植物、植食者的影響  
The impact of elevated carbon dioxide and fertilizers on plant and its herbivores

羅大偉、黃紹毅

Da-Wei Luo, Shaw-Yhi Hwang

國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

工業革命後人類開始大量使用石化燃料，因此也在大氣中釋出大量的二氧化碳 (carbon dioxide)，根據政府間氣候變遷小組 (IPCC) 的預測，空氣中二氧化碳的濃度將由目前 380 ppm，在 2050 年上升至 550 ppm，且在下一個世紀時濃度上升一倍。為瞭解二氧化碳對植物及其草食昆蟲之影響，前人研究已探討許多溫帶地區木本植物與其植食昆蟲的交互關係；而對於二氧化碳上升如何影響亞熱帶作物及其昆蟲方面，則少有研究。本實驗中我們探討短期作物蔬菜在二氧化碳處理與施肥 (fertilizer) 處理下，其生物量、化學成分的改變，以及對昆蟲取食後的影響。實驗結果顯示甘藍 (*Brassica oleracea*) 種於高二氧化碳濃度 (900 ppm) 以及施肥處理後，甘藍之生長受到促進，含較高之生物量。而紋白蝶 (*Pieris rapae*) 幼蟲取食高二氧化碳處理的葉片後，其相對生長速率較慢。雖然前人研究發現，在高二氧化碳處理下的植物含碳類化合物增加、含氮的營養物質減少，所以昆蟲必須藉由增加取食量以補償不足的營養攝取。然而，本實驗中甘藍的初級與次級代謝物含量在二氧化碳處理組中並無顯著差異，此結果可能和甘藍受到人類長期馴化以致失去這種能力有關。未來將繼續探討其他栽培及野生型作物在施肥與二氧化碳處理下，其化學成分及與草食者間的交互關係。

關鍵詞 (Key words)：二氧化碳 (carbon dioxide)、施肥 (fertilizer)、甘藍 (*Brassica oleracea*)、紋白蝶 (*Pieris rapae*)

花蓮地區矮小瘧蚊族群監測  
Population monitoring of *Anopheles minimus* (Diptera: Culicidae) in Hualien

林鶯熹<sup>1</sup>、余孟蝶<sup>1</sup>、郭慈文<sup>1</sup>、何兆美<sup>2</sup>、杜武俊<sup>3</sup>  
Ying-Hsi Lin, Meng-Tieh Yu, Tzu-Wen Kuo, Chau-Mei Ho, Wu-Chun Tu

<sup>1</sup>元培科技大學醫學檢驗生物技術系  
Department of Medical Laboratory Science and Technology, Yunpei University

<sup>2</sup>陽明大學醫學系熱帶醫學科  
Department of Medicine, National Yang Ming University

<sup>3</sup>國立中興大學昆蟲學系  
Department of Entomology, National Chung Hsing University

早期矮小瘧蚊遍布全台，近年調查顯示矮小瘧蚊呈低密度分佈於少數地區。本研究自 100 年 8 月至 102 年 7 月，於花蓮流域和秀姑巒流域調查幼蟲孳生源，並於鄰近養牛場或附近有牛隻放牧的地點懸掛誘蟲燈，進行成蟲分佈與密度變化調查。結果在花蓮瑞穗鄉、壽豐（水璉村南坑社區、米棧村、吳全村）、光復鄉，包括養牛場、溪流整治區、生態農場，以及保育生態區（如：濕地）等地採得矮小瘧蚊；其中以吳全樣點所獲得的矮小瘧蚊成蟲數量最多，平均 91.3 隻/次，佔全部矮小瘧蚊數量的 88.8%。矮小瘧蚊成蟲整年皆可發生，於冬天（11 月至 1 月）和春末夏初（4 月、5 月）各出現一個高峰期，密度和雨量成反比。自 16:00 至隔天早上 7:00 進行成蚊吸血活動調查，結果顯示於 18:00 至 22:00 數量最多，凌晨 2:00-3:00 之間次之，為矮小瘧蚊兩個主要吸血高峰。本調查亦發現矮小瘧蚊孳生、棲息及活動範圍，多鄰近社區或與人群活動範圍重疊。

關鍵詞 (Key words)：矮小瘧蚊、誘蟲燈、族群監測

臺灣南部地區矮小瘧蚊之監測  
Surveillance of the *Anopheles minimus* in Southern Taiwan

吳懷慧<sup>1</sup>、潘慧慈<sup>2</sup>、簡伊萱<sup>2</sup>、張念台<sup>2</sup>  
Huai-Hui Wu<sup>1</sup>, Hui-Tzu Pan, Yi-Hsuan Chien<sup>2</sup>, Niann-Tai Chang<sup>2</sup>

<sup>1</sup> 大仁科技大學生物科技系

Department of Biotechnology, Tajen University

<sup>2</sup> 國立屏東科技大學植物醫學系

Department of Plant Medicine, National Pingtung University of Science and Technology

2011年6月~2013年5月應用成蟲捕蚊燈在南部地區山區與平地之養牛戶，每週掛燈1次進行矮小瘧蚊 (*Anopheles minimus*, Theobald) 監測，於台南區調查4處、高雄區3處及屏東縣6處共13處畜舍，調查結果在台南龍崎區、高雄內門區、屏東楓港、丹路及滿洲的山區有矮小瘧蚊發生，而龍崎山區數量高於其他監測區；且瘧蚊種類山區多於平地，而矮小瘧蚊發生環境附近有牛隻與蜿蜒小河，水流速平緩、兩岸有水草及水質清澈無污染處。2012~2013年恆春半島的矮小瘧蚊發生消長，在滿州地區為6-9月與2-4月、楓港在6-8月及7、12-1月的丹路發生數量最多，另矮小瘧蚊數量於大雨後增多，在乾旱季時數量比雨季多，主要是大雨破壞幼蟲棲地，影響成蚊發生數量。山區瘧蚊種類有矮小瘧蚊、多斑瘧蚊 (*A. tessellatus*, Theobald)、斑腳瘧蚊 (*A. maculatus*, Theobald)、河床瘧蚊 (*A. ludlowae*, Theobald) 及中華瘧蚊 (*A. sinensis*, Wiedemann) 共5種；常見的中華瘧蚊大量發生於平地農業區中，其發生高峰期為6-8月。另2013年瘧蚊每月監測數量多於2011~2012年間的，再加上地方重視環境保護議題，間接影響水質變好，也造成山區瘧蚊數量增加的趨勢。

關鍵詞 (Key words)：矮小瘧蚊 (*Anopheles minimus*)、成蟲捕蚊燈 (mosquito light trap)、消長 (fluctuation)、監測 (surveillance)

## 台灣南部地區傳播牛隻疾病媒介庫蠓之監測

簡伊萱<sup>1</sup>、吳懷慧<sup>2</sup>、杜武俊<sup>3</sup>、張念台<sup>1</sup>  
Yi-Hsuan Chien<sup>1</sup>, Huai-Hui Wu<sup>2</sup>, Wu-Chun Du<sup>3</sup>, Niann-Tai Chang<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 國立屏東科技大學植物醫學系  
Department of Plant Medicine, National Pingtung University of Science and Technology

<sup>2</sup> 大仁科技大學生物科技系  
Department of Biotechnology, Tajen University

<sup>3</sup> 國立中興大學昆蟲學系  
Department of Entomology, National Chung Hsing University

庫蠓 *Culicoides* spp. (雙翅目 Diptera: 蠓科 Ceratopogonidae) 為傳播動物疾病之病媒，常在畜牧場中發生，造成動物養殖場傳染病的流行，尤其是在養牛場中可媒介傳播牛流行熱 (Bovine ephemeral fever)、赤羽病 (Akabane disease)、中山病 (Chuzan disease) 等，導致農民經濟損失嚴重。本文報告台灣南部地區養牛場庫蠓發生之監測，同時探討其族群消長、及與環境因子、疾病發生之相關性。自 101 年 6 月至 102 年 6 月間於台南、高雄及屏東等南部地區五個養牛場各設置一誘蟲燈，於下午五點至翌日上午八點進行夜間誘集。結果以屏東滿州地區誘捕之蟲數最多，每月平均可誘 13,943.0 隻，56 週總共捕獲 181,259 隻，其次為台南柳營區平均每月誘得 6,071.4 隻，總數為 78,928 隻。各場族群密度高峰在 8-9 月間，且除新化外其他四場的庫蠓發生量均與溫度因子呈顯著正相關 ( $p < 0.05$ )。另 9-12 月間每兩週對 3 間養牛場檢測一次田間庫蠓帶病毒率，結果台南柳營區與高雄大社區，病毒檢出率皆為 0.0%；屏東鹽埔鄉共檢測 9 次，其帶毒率為 11.1%，而檢出之病毒則為赤羽病毒，檢測期間台南柳營區與屏東鹽埔鄉牛隻皆在 9 月底陸續發生疫情造成牛隻死亡。雖然庫蠓發生量隨溫度升高而增加，但庫蠓密度與帶毒率似與南部牛隻疫情發生並無明顯相關，病媒蟲數密度低時即有疫情發生，因此牛隻流行病與媒介庫蠓間的關係仍有更深入探討之必要。

關鍵詞 (Key words): 庫蠓 (*Culicoides* spp.)、牛流行熱 (bovine ephemeral fever)、赤羽病 (Akabane disease)、監測 (surveillance)、消長 (fluctuation)

畜廄刺蠅 (*Stomoxys calcitrans*) 在養牛場發生之探討  
Studies on the stable fly *Stomoxys calcitrans* in dairy

盧佳寧、杜武俊

Chia-Ning Lu, Wu-Chun Tu

國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

畜廄刺蠅 (*Stomoxys calcitrans*) 為一種雌、雄成蟲皆會吸食動物血液的蠅類，其吸血行為會造成牛、馬、鹿等動物的騷擾，導致體重降低、產乳量減少等經濟損失，為全球性廣分布的畜牧業害蟲。本實驗自 102 年 5 月至 7 月分別選擇雲林縣斗南鎮及台南市柳營鎮各一處養牛場，利用黏板陷阱於農場周邊四個方位設置樣點，調查畜廄刺蠅在畜場的分布及活動情形，並探討其活動與牛舍環境的相關性。調查結果指出，廄刺蠅於養牛場呈差異性分布；在缺乏遮蔽或植被稀疏等處的陷阱分別捕捉到平均 3.3 隻/次及 9.3 隻/次的蟲體，而設置於牧草叢邊及高植被遮蔽的陷阱，平均可捕捉 826.3 隻/次及 607.3 隻/次的蟲體，顯示養牛場周邊環境顯著影響廄刺蠅的活動。比較面向與背向牛舍的黏板所捕捉到的蟲數，結果並無顯著差異，顯示陷阱黏板設置方向並不影響廄刺蠅的誘集。本實驗結果對於養牛場吸血性蠅類防治實務具有參考價值。

關鍵詞 (Key words)：畜廄刺蠅 (*Stomoxys calcitrans*)、環境因子 (environmental factors)、黏板陷阱 (sticky board trap)

病媒昆蟲攜帶赤羽病毒偵測及病毒遺傳分析  
The detection and genetic analysis of Akabane virus in vectors

曾皓佑、廖癸閔、杜武俊  
Hau-you Tzeng, Kuei-Min Liao, Wu-Chun Tu

國立中興大學昆蟲學系  
Department of Entomology, National Chung Hsing University

Akabane virus (AKAV) is an arbovirus belonging to the Simbu serogroup of the genus *Orthobunyavirus* causing fetal damage of ruminants. Detection of Akabane virus was conducted by collecting *Culicoides* and mosquito vectors from dairy in eight counties during September to December 2012. Eleven viral positive pools were detected amongst 322 tested pools, which include 8 pools from *Culocoides* spp., one pool from *Anopheles* spp., and two from *Culex* spp. The nucleotides of S RNA genome segment of 6 isolated AKAV were sequenced. The phylogenetic analysis of these isolated viruses with other AKAV isolations recorded in the database of the Genebank by Bayesian inference method shown there were Pacific-Asia and Africa 2 identified genotype, and our AKAV isolations can be classified into the Pacific-Asia genotype.

關鍵詞 (Key words) : 病媒昆蟲 (vectors)、赤羽病毒 (Akabane virus)、親緣關係分析 (phylogenetic analysis)

烏石坑地區大蚊季節變化之初步探討  
Study of crane flies in Wushykeng area

朱汶偵、徐翰慈、方懷聖

Wen-Chen Chu, Han-Tzu Hsu, Huai-Sheng Fang

特有生物研究保育中心

Endemic Species Research Institute of Taiwan

雙翅目 (Diptera) 的大蚊在生態角色上常是其他動物的食物資源，而幼蟲多以腐植質為食，可改變微棲地提供其他生物新的環境。目前已知的大蚊種類約有 350 種，多數為低中海拔之物種，然而可供比對之標本仍略為不足。本研究希冀可增加大蚊標本以供鑑定之用，並瞭解低中海拔不同季節之大蚊群聚變化。烏石坑地區位在臺中市和平區自由里，本單位在此設有低海拔試驗站。氣候為乾、濕季分明，而雨量集中在 4 月至 9 月。我們選取調查之樣點位在海拔 1,000 公尺，四周開闊無遮蔽。每個月進行一次調查，每次從天黑開始點燈至午夜零時。本調查持續時間從 2012 年 3 月至 2013 年 7 月，期間曾有兩個月份因道路封閉而無法前往，共累計 15 個月調查資料。總共採集及製作 107 隻大蚊標本，其中 99 隻為大蚊科 (Tipulidae)，78.8% 為大蚊屬 (*Tipula*)。這些體型較大的大蚊中，56.6% 是針大蚊 (*T. (Acutipula) shirakii*)。我們在調查時也發現到在森林邊緣針大蚊的數量比開闊地更多，可能與其幼蟲多生活在枯倒木下方之土壤表層有關。大蚊在烏石坑地區之數量及物種數皆少，推測是因樣點之週遭為人工林或苗圃有關，也顯示大蚊與環境應是息息相關的。

關鍵詞 (Key words)：大蚊科 (Tipulidae)、針大蚊 (*Tipula (Acutipula) shirakii*)、烏石坑地區 (Wushykeng area)

流速對溪流生態系水棲昆蟲拓殖之影響  
Effect of flow velocity on colonization of aquatic insect in stream ecosystem

劉尚儒、丘明智、郭美華

Shang-Ru Liu, Ming-Chih Chiu, Mei-Hua Kuo

國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

溪流流速會影響溪流生態系中水棲昆蟲的拓殖情形。本研究設計出能改變溪流流速之人工水道 (320 cm × 30 cm × 50 cm)，並擺設 5 個人工底質 (以籬笆網編成 25 cm × 25 cm × 5 cm，內置滿石頭)，測試流速對水棲昆蟲拓殖的影響。人工水道前端開口無夾角 (對照組) 及前端開口約夾角 45 度 (加速組)，各 6 個，放置於大甲溪上游之七家灣溪 (無農業活動) 及有勝溪 (有農業活動) 中，共 12 個人工水道，於第 2、7、14、28、42 天，各回收一個人工底質，將底質內的水棲昆蟲攜回實驗室鑑定及計數。結果顯示加速組與對照組間之平均流速具顯著差異 (七家灣溪：0.43 m/sec、0.22 m/sec；有勝溪：0.52 m/sec、0.21 m/sec)，兩測站之水棲昆蟲種類隨拓殖時間增加而上升，且加速組均較對照組為多，無顯著差異。兩測站之水棲昆蟲個體數也皆隨拓殖時間增加而上升，至第 14 天為峰值，第 28 天下降，又於第 42 天為另一峰值。多樣性指數分析結果顯示，七家灣溪的對照組多樣性較加速組為高，有勝溪則相反。隨拓殖時間增加，多樣性上升，於第 28 天達最高，僅七家灣溪的加速組於第 42 天達最高為例外。

關鍵詞 (Key words)：流速 (flow velocity)、拓殖 (colonization)、水棲昆蟲 (aquatic insect)、多樣性 (diversity)

極端洪流對溪流生態系水棲昆蟲之影響  
Effect of extreme flooding on aquatic insects in stream ecosystem

崔宇辰、丘明智、郭美華

Yu-Chen Cui, Ming -Chih Chiu, Mei-Hwa Kuo

國中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

全球暖化所造成的氣候變遷包含了因降雨模式改變所引起的極端洪流現象，這種突增的流量往往對溪流生態系帶來巨大的衝擊。本研究以大甲河流域上游於 2004 及 2005 年連續發生 50 年來最大之極端洪流衝擊為研究地點，目的亟欲了解極端洪流對水棲昆蟲之影響，因此在桃山西溪、七家灣溪、高山溪及有勝溪設樣站，並於極端洪流前（2003 年）、極端洪流後（2006 年），每月每站以舒伯氏水網（Surber sampler）採集 6 樣本，攜回實驗室鑑定並記錄物種數及個體數。結果顯示極端洪流前後皆可採到 6 目的水棲昆蟲，其中以蜉蝣目之個體數為最多且相對比例為最高，但受極端洪流負面影響，物種數及個體數皆下降，毛翅目、蜉蝣目、蜻蛉目及鞘翅目個體數約下降 40~80%；積翅目及雙翅目約下降 20%。本研究樣站的溶氧量 2003 年大於 2006 年，僅有勝溪有顯著差異；水溫則 2003 年低於 2006 年且各樣站皆無顯著差異，推測此處水棲昆蟲不單單僅受到極端洪流的衝擊，因此未來將進一步探討其他因子的影響及交互作用。

關鍵詞 (Key words)：水棲昆蟲 (aquatic insects)、極端洪流 (extreme flooding)、溪流生態系 (stream ecosystem)

大甲溪流域壩體拆除對水棲昆蟲之影響  
Effect of dam removal on aquatic insects in the Dajia River

林哲樟、丘明智、郭美華  
Che-Chang Lin, Ming-Chih Chiu, Mei-Hwa Kuo

國立中興大學昆蟲學  
Department of Entomology, National Chung Hsing University

本研究目的在於探討高山溪流中，人工壩 (artificial dam) 與木質殘材堆積所形成之天然壩 (natural dam)，於壩體拆除前後對水棲昆蟲之影響。試驗地點選位於台灣自然保育區雪霸國家公園境內大甲溪流域之七家灣溪的人工壩及高山溪的天然壩，並於兩種壩體上下游各設 2 個樣站，共設置 4 個樣站。兩種壩體於 2011 年 6 月時皆有進行壩體拆除，因此選定 2010 年 8 月至 2013 年 6 月於壩體拆除前後各一年的研究期間，並進行每 2 個月的採樣工作共 6 次。水棲昆蟲以舒伯氏水網採集 6 樣品，攜回實驗室鑑定，記錄水棲昆蟲種類及數量。結果顯示，水棲昆蟲物種數以天然壩較人工壩為多，且壩體移除後增加而人工壩則減少，數量則以人工壩較天然壩為多，且壩體移除後皆下降。受到壩體拆除的衝擊，多樣性指數分析結果顯示立即下降，且人工壩下游於一年期間尚未完全恢復，天然壩則隨季節波動，壩體移除影響並不明顯。壩體拆除對取食功能群組成造成波動，兩種壩體皆以下游波動較上游為大。壩體拆除後人工壩的刮食者及碎食者比例上升而捕食者、採食者及濾食者比例則下降；天然壩除碎食者外，則與人工壩相反。

關鍵詞 (Key words)：壩體拆除 (dam removal)、人工壩 (artificial dam)、天然壩 (natural dam)、多樣性 (diversity)、取食功能群 (feeding groups)

以跳蟲 (彈尾目: Collembola) 做為環境指標生物可行性之探討  
The exploration of the feasibility to springtails (Collembola) become  
biological indicators

段智友、丘明智、郭美華

Chih-Yu Tuan, Ming-Chih Chiu, Mei-Hwa Kuo

國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

跳蟲隸屬於節肢動物門、六足總綱、內口綱 (Entognatha)、彈尾目 (Collembola)，是土壤中數量較多的地棲性無脊椎動物，可反應土地耕作與植被覆蓋的情形，且一年四季均可採集到，具有成為生物指標的潛力。本研究於 2011 年及 2012 年 1 月，日月潭周圍選定 4 個樣站，包括貓囓山、青年活動中心、松柏崙步道及慈恩塔，每個樣點放置 4 個掉落式陷阱誘集跳蟲，10 天後收回實驗室進行鑑定並記錄個體數。2011 年採集到 5 科 (長角跳蟲科 (Entomobryidae)、球角跳蟲科 (Hypogastruridae)、等節跳蟲科 (Isotomidae)、圓跳蟲科 (Sminthuridae)、鱗跳蟲科 (Tomoceridae))，但 2012 年僅 4 科，沒有採集到等節跳蟲科。本研究各樣站共可採到 44 形態種，長角跳蟲科有 25 形態種為最多；各樣站共可採到個體數為 13,077 隻，球角跳蟲科有 12,425 隻為最多，長角跳蟲科有 571 隻次之。2011 年各樣站皆以球角跳蟲科的數量為最多，且為松柏崙步道的優勢種。多樣性指數分析結果顯示，2012 年的 Shannon-Wiener's 多樣性、均勻度及豐富度均高於 2011 年，但青年活動中心樣站例外。長角跳蟲科因體型較大、數量豐富且鑑定容易，具備良好指標生物的特性，日後將以球角跳蟲科及長角跳蟲科為主，進一步探討各樣站土地利用情形。

關鍵詞 (Key words)：彈尾目 (Collembola)、掉落式陷阱 (pitfall trap)、生物指標 (biological indicators)

菸草粉蝨傳播兩種番茄黃化捲葉病毒之傳播生物學  
Transmission biology of two tomato yellow leaf curl viruses by *Bemisia tabaci*

翁崧夏、吳鑫餘、蔡志偉

Sung-Hsia Weng, Hsin-Yu Wu, Chi-Wei Tsai

國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

番茄黃化捲葉病 (tomato yellow leaf curl disease) 經常造成田間番茄產量的嚴重損失，為番茄重要病毒病害。此病係由一群親緣相近的番茄黃化捲葉病毒 (tomato yellow leaf curl viruses) 所引起，並經由菸草粉蝨 (*Bemisia tabaci*) 傳播。雖然番茄黃化捲葉病毒的傳播特性已被研究許多，但其傳播模式仍存在著爭議。一般認為煙草粉蝨係以持續性循環型 (persistent-circulative) 的模式傳播番茄黃化捲葉病毒。但是，少數研究指出番茄黃化捲葉病毒不僅在粉蝨的血淋巴中循環，也會在其中增殖。目前臺灣番茄田間盛行的病毒為番茄黃化捲葉泰國病毒 (*Tomato yellow leaf curl Thailand virus*, TYLCTHV) 與番茄捲葉臺灣病毒 (*Tomato leaf curl Taiwan virus*, ToLCTWV)。我們利用傳播試驗及 PCR 研究菸草粉蝨傳播兩種病毒的傳播參數，並利用 RT-PCR 檢測病毒基因是否在粉蝨體內表現。結果顯示 TYLCTHV 和 ToLCTWV 最短的獲毒停留時間 (acquisition access period) 為 2 和 1 小時，最短的接種停留時間 (inoculation access period) 為 2 和 6 小時。此外，TYLCTHV 和 ToLCTWV 經由菸草粉蝨傳播的潛伏期 (latent period) 為 8 和 4 小時；兩種病毒皆可於整個成蟲期持續保留在粉蝨體內。並且，兩種病毒皆具有跨齡期傳播 (transtadial transmission) 的現象。根據經卵傳播 (transovarial transmission) 的實驗結果顯示，僅 TYLCTHV 可經卵傳播至於草粉蝨的子代，且子代具傳播此病毒的能力。將菸草粉蝨從 TYLCTHV 罹病植株轉移至芥藍苗飼育，病毒基因表現在 4、7 天後於粉蝨體內檢出。根據以上結果推測菸草粉蝨係以特殊的持續性增殖型 (persistent-propagative) 的模式傳播 TYLCTHV。

關鍵詞 (Key words)：菸草粉蝨 (*Bemisia tabaci*)、豆類金黃嵌紋病毒屬 (*Begomovirus*)、番茄黃化捲葉泰國病毒 (*Tomato yellow leaf curl Thailand virus*)、番茄捲葉臺灣病毒 (*Tomato leaf curl Taiwan virus*)、傳播生物學 (transmission biology)

木瓜秀粉介殼蟲在不同寄主植物上之生活史  
Life history of *Paracoccus marginatus* on four host plant species in Taiwan

陳敏敏<sup>1</sup>、吳文哲<sup>1</sup>、楊景程<sup>2</sup>

Min-Min Chen<sup>1</sup>, Wen-Jer Wu<sup>1</sup>, Chin-Cheng Yang<sup>2</sup>

<sup>1</sup>國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

<sup>2</sup>國立臺灣大學植物醫學碩士學位學程

Master Program for Plant Medicine, National Taiwan University

The papaya mealybug, *Paracoccus marginatus* Williams and Granara de Willink (Hemiptera: Pseudococcidae), is a polyphagous pest feeding on various tropical fruits, vegetables and ornamental plants. Previous observations indicated *P. marginatus* can infest up to 27 families of plants, some of which allow the mealybug to survive, develop and reproduce. The mealybug had spread among many of the Caribbean islands since 1990's and was introduced into Taiwan recently, causing significant crop damage and yield loss like in elsewhere. To develop strategies for management of this invasive pest, biology of the mealybug such as life history pattern plays a critical role considering efficient control largely relies on better understanding of the pest. In this study, the mealybugs are reared on four different plant species including *Carica papaya* L. (papaya), *Solanum melongena* L. (eggplant), *Hibiscus rosa-sinensis* L. (hibiscus) and *Bidens pilosa* L. (hairy beggartick) to assess the life history parameters, which may reveal how different host plants shape life cycles of *P. marginatus*. Data obtained from the former two host plants are able to assist the development of control scheme on fruits and vegetables such as the timing to take control action (e.g., when to release biological control agents). The latter two host plants (widespread weed and common ornamental plants in Taiwan, respectively) are of particular importance since they may represent one of major forces that accelerate spreading of the mealybug. Awareness of the life history of *P. marginatus* on these host plants are critical baseline information that likely contribute to reduce agricultural loss caused by this recently invaded pest.

關鍵詞 (Key words) : 木瓜秀粉介殼蟲 (*Paracoccus marginatus*)、粉介殼蟲科 (Pseudococcidae)、寄主植物 (host plants)、發育 (development)

東方果實蠅對乃力松抗藥性相關之特定羧酸酯酶身分鑑定  
Identification of the specific carboxylesterase associated with resistance to  
naled in *Bactrocera dorsalis*

許博凱<sup>1</sup>、馮海東<sup>2,3</sup>、黃莉欣<sup>2</sup>、陳倩瑜<sup>4</sup>、許如君<sup>1</sup>

Po-Kai Hsu, Hai-Tung Feng, Ju-Chun Hsu

<sup>1</sup> 國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

<sup>2</sup> 行政院農業委員會農業藥物毒物試驗所

Agricultural Chemicals and Toxic Substances Research Institute, Council of Agriculture, Executive Yuan

<sup>3</sup> 行政院農業委員會動植物防疫檢疫局

Bureau of Animal and Plant Health Inspection and Quarantine, Council of Agriculture, Executive Yuan

<sup>4</sup> 國立台灣大學生物產業機電工程學系

Department of Bio-Industrial Mechatronics Engineering, National Taiwan University

乃力松 (naled) 為我國政府進行東方果實蠅 (*Bactrocera dorsalis*) 共同防治及田間族群密度監測使用之有機磷類殺蟲劑。然而現今臺灣地區田間之東方果實蠅對乃力松已普遍產生抗藥性，其生化機制被證實與乙醯膽鹼酯酶之不敏感以及羧酸酯酶 (carboxylesterase) 對殺蟲劑代謝的增加有關，另於酯酶之原態膠體電泳 (native-PAGE) 圖譜上也發現乃力松抗性品系較其他有機磷類抗性品系與感性品系多一條特定羧酸酯酶條帶 (條帶 5)。本研究利用原態膠體電泳及活性染色探討特定羧酸酯酶與東方果實蠅乃力松抗性的關係。結果顯示，特定羧酸酯酶在乃力松感性與抗性個體中的出現頻度分別為 13.3% 及 90.0%。以乃力松作抑制劑處理膠片後，除條帶 6, 7 之外，其他酯酶條帶皆被抑制，與氧化巴拉松的抑制結果相同。以乃力松診斷劑量處理敏感性和抗性品系成蟲活體，於酯酶電泳圖譜上可看到感性品系之條帶 3, 4 強度明顯較未以乃力松處理的對照組低，而在抗性品系則無明顯差異。利用液相層析串聯式質譜儀 (LC-MS/MS) 分析特定羧酸酯酶，並與實驗室以次世代定序 (Next Generation Sequencing) 建立的東方果實蠅乃力松抗性及感性品系之轉錄體資料庫進行比對，顯示其在抗性品系的表現量較感性品系大於 30 倍，並與黑腹果蠅 (*Drosophila melanogaster*) 上具羧酸酯酶活性的蛋白質有高度相似度。未來將進一步以即時聚合酶鏈鎖反應 (RT-PCR) 測定特定羧酸酯酶於乃力松抗、感性品系的表現量，並以 RNA 干擾 (RNAi) 技術探討其功能。

關鍵詞 (Key words)：東方果實蠅 (*Bactrocera dorsalis*)、乃力松 (naled)、抗藥性 (resistance)、羧酸酯酶 (carboxylesterase)、隔離 (sequestration)

從基因表現量分析東方果實蠅對福木松之抗藥性機制  
Analysis of formothion resistance mechanisms in *Bactrocera dorsalis* by  
gene expression

范展嘉<sup>1</sup>、李雅倩<sup>1</sup>、許如君<sup>2</sup>、陳倩瑜<sup>3</sup>、馮海東<sup>4</sup>、路光暉<sup>1</sup>  
Zhan-Jia Fan<sup>1</sup>, Ya-Chien Lee<sup>1</sup>, Ju-Chun Hsu<sup>2</sup>, Chien-Yu Chen<sup>3</sup>, Hai-Tung Feng<sup>4</sup>, Kuang-Hui Lu<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

<sup>2</sup> 國立台灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

<sup>3</sup> 國立台灣大學生物產業機電工程學系

Department of Bio-Industrial Mechatronics Engineering, National Taiwan University

<sup>4</sup> 農委會動植物防疫檢疫局

Bureau of Animal and Plant Health Protection and Quarantine, Council of Agriculture

東方果實蠅 (*Bactrocera dorsalis*) 為東南亞地區重要的經濟害蟲。由於長年運用多種農藥進行防治，田野中之東方果實蠅已普遍發生抗藥性問題。本研究主要自基因表現層面探討東方果實蠅對福木松 (formothion) 產生抗藥性之分子機制，以期瞭解生理反應在昆蟲解毒作用上所扮演的角色，供害蟲防治之參考。利用 1 µl 丙酮 (控制組) 及 1 µl 福木松 (12 µg/ml, 感性蟲之半致死濃度) (試驗組) 分別處理感、抗性品系之三日齡雄成蟲，於處理後第 0、1 及 24 小時收集蟲體，並以 *Cnc*、*peroxin* 及 *CYP* 群基因之專一性引子對進行定量聚合酶連鎖反應分析基因表現量，所得結果顯示經藥劑處理之蟲體，其基因表現量相較於控制組有 0.4~2.6 倍的差異，表示有些基因表現被刺激，有些則被抑制。此外，抗性品系對照感性品系基因表現量之結果則可見，這些基因亦有 0.5~4.5 倍的變化，亦即抗性品系蟲體內有些基因表現量明顯提升，有些則被壓低。上述結果顯示，導致抗藥性的因素，除基因突變外，亦藉由調控解毒相關基因表現量改變生理反應、強化蟲體對外來毒物的代謝能力，抑或具重要影響。

關鍵詞 (Key words)：東方果實蠅 (*Bactrocera dorsalis*)、抗藥性 (insecticide resistance)、福木松 (formothion)、基因表現 (gene expression)

東方果實蠅乙醯膽鹼酯酶活性測試與 cDNA 選殖及表現  
Activity test and cDNA cloning and expression of the acetylcholinesterase in  
*Bactrocera dorsalis*

黃泰鈞、李雅倩、路光暉

Tai-Chun Huang, Ya-Chien Lee, Kuang-Hui Lu

國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

神經毒類殺蟲劑藉由與昆蟲體內的乙醯膽鹼酯酶 (acetylcholinesterase) 結合，抑制其酵素活性，進而達到殺蟲效果。此藥劑與酵素分子結合之特性，因此能成為具潛力之生物檢驗工具，用以檢測農作物之殺蟲劑殘留。為了建立東方果實蠅 (*Bactrocera dorsalis*) 此酯酶活性檢測方法，本研究先以其頭部均質液和硫化乙醯硫膽素 (acetylthiocholine iodide；類乙醯膽鹼化合物) 混合，建立合適的檢測範圍與標準方法。另外，以分子生物技術選殖乙醯膽鹼酯酶基因，接著以 RT-PCR 方式分別增幅出全長及成熟蛋白兩 cDNA 片段，並將之個別重組入 pET 29a 表現載體，再轉染入表現宿主 *E. coli* (BL21)，最後觀察乙醯膽鹼酯酶蛋白在系統中之表現情況與活性測試。目前之結果顯示，兩種基因片段皆無法被表達出蛋白，推論可能是此真核生物基因內含有一些此表現宿主無法表達的稀有密碼子所致。

關鍵詞 (Key words)：東方果實蠅 (*Bactrocera dorsalis*)、乙醯膽鹼酯酶 (acetylcholinesterase)、cDNA 選殖 (cDNA cloning)、基因表現 (gene expression)

鳥苷酸環化酶 *BdmGC-1* 於東方果實蠅成蟲盤之表現  
Expression of guanylyl cyclase *BdmGC-1* in the imaginal discs of oriental fruit fly,  
*Bactrocera dorsalis* (Hendel)

李雅倩、莊博旭、饒聖慈、路光暉

Ya-Chien Lee, Po-Hsu Chuang, Sheng-Tzu Rao, Kung-Hui Lu

國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

鳥苷酸環化酶 (guanylyl cyclase, GC) 為昆蟲體內重要之受器蛋白，其與變態、嗅覺及記憶等重要的生理功能息息相關。東方果實蠅 (*Bactrocera dorsalis* (Hendel)) 之鳥苷酸環化酶 *BdmGC-1*，已知其為羽化激素 (eclosion hormone) 之受器蛋白，並推測其與蛻皮行為相關。後續研究亦發現 *BdmGC-1* 表現於成蟲盤 (imaginal discs)，本研究即針對三齡末至蛹期之頭、翅、足成蟲盤，以西方墨點法、即時定量聚合酶連鎖反應及免疫組織化學染色等方法進行定性及定量分析，以及利用體外 (*in vitro*) 培養成蟲盤檢測 20-羥基蛻皮激素 (20-hydroxyecdysone, 20E) 與 *BdmGC-1* 基因表現之相關性。結果顯示於三組不同的成蟲盤內皆有 *BdmGC-1* 的核酸及蛋白質表現，而核酸之表現曲線於三種成蟲盤內具有相同的趨勢，其表現量皆於白蛹時期降至最低後隨著進入蛹期而提升。體外培養系統測試則發現，成蟲盤於 20E 為  $10^{-6}$  M 時，可持續變態，但其 *BdmGC-1* 之核酸表現受到抑制，若 20E 為  $10^{-11}$  M 時，其 *BdmGC-1* 表現量不受抑制但成蟲盤停止變態。上述結果推測 *BdmGC-1* 於成蟲盤之表現應受 20E 之調控，但其調節機制以及 *BdmGC-1* 於變態過程的角色扮演仍待試驗證明。

關鍵詞 (Key words)：鳥苷酸環化酶 (guanylyl cyclase)、成蟲盤 (imaginal discs)、20-羥基蛻皮激素 (20-hydroxyecdysone)、東方果實蠅 (*Bactrocera dorsalis*)

東方果實蠅 *scalloped* 與 *vestigial* 基因之結構及功能分析  
Structural and functional analysis of *scalloped* and *vestigial* genes in  
*Bactrocera dorsalis* Hendel

李佳容<sup>1</sup>、戴淑美<sup>1</sup>、張誠<sup>2</sup>  
Chia-Jung Lee<sup>1</sup>, Shu-Mei Dai<sup>1</sup>, Cheng Chang<sup>2</sup>

<sup>1</sup> 國立中興大學昆蟲學系  
Department of Entomology, National Chung Hsing University

<sup>2</sup> 國立中興大學生物科技發展中心  
Biotechnology Centre, National Chung Hsing University

東方果實蠅 (*Bactrocera dorsalis* Hendel) 是台灣果樹的首要害蟲之一，其危害嚴重影響水果的品質與產量。由於飛行能力強，使得危害面積易於擴大，並增加防治上的困難度。因此，瞭解東方果實蠅翅的發育調節機制，將有助於研擬降低其移動力的防治策略。本研究針對 *scalloped* (*sd*) 及 *vestigial* (*vg*) 這兩個潛在的翅發育調控因子進行研究，首先根據 *Henosepilachna vigintioctopunctata* 及 *Harmonia axyridis* 兩種瓢蟲 SD 與 VG 之蛋白序列，設計簡併式引子 (degenerate primers)，藉由 RT-PCR (reverse transcription-PCR) 選殖東方果實蠅之 *sd* 與 *vg* cDNA；取得部份序列後，再利用 RACE (rapid amplification of cDNA ends) 技術決定其全長結構。目前已知的部份序列比對結果顯示，此二基因與黑腹果蠅 (*Drosophila melanogaster*) 之對應序列相似，顯示演化上之同源性。接著再進一步使用 RNA 干擾 (RNA interference) 來探討東方果實蠅 SD 之生理功能，先利用 cDNA 序列製作雙股 RNA (double-strand RNA, dsRNA)，再以注射器分別注入二齡末幼蟲與老熟幼蟲的腹部末端，觀察記錄成蟲翅之形態變異，從而確認 SD 蛋白對東方果實蠅翅形成之影響。

關鍵詞 (Key words)：東方果實蠅 (*Bactrocera dorsalis* Hendel)、*scalloped*、*vestigial*、RNA 干擾 (RNA interference)

蜂毒胜肽對於多重抗藥性鮑氏不動桿菌之抗菌效能  
The antibacterial activity of mastoparan-AF against multiple-drug resistant  
*Acinetobacter baumannii*

林峻賢<sup>1</sup>、林春福<sup>2</sup>、杜武俊<sup>1</sup>

Chun-Hsien Lin<sup>1</sup>, Chuen-Fu Lin<sup>2</sup>, Wu-Chun Tu<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

<sup>2</sup> 中臺科技大學醫事檢驗生物技術系

Department of Medical Laboratory Science and Biotechnology, Central Taiwan University of  
Science and Technology

近年來由於抗生素濫用，導致細菌抗藥性問題日趨嚴重，對於多重抗藥性細菌的侵襲，已面臨無藥可用之窘境，如多重抗藥性鮑氏不動桿菌 (multiple-drug resistant *Acinetobacter baumannii*) 為目前造成醫院院內感染最常見病院菌之一。開發新藥不啻為解決方法之一，而虎頭蜂毒質的蜂毒胜肽 mastoparan 為自然界生物資材中，具抗菌活性之物質。本研究探討黃腰虎頭蜂 (*Vespa affinis*) 蜂毒胜肽 (mastoparan-AF) 對多重抗藥性鮑氏不動桿菌之抗菌效能，同時測試其與臨床上常用抗生素合併使用之協同抗菌效能。經抗菌敏感性試驗顯示，七株臨床分離之鮑氏不動桿菌對 amikacin、gentamicin、ampicillin/sulbactam (SAM)、piperacillin/tazobactam (TZP)、ceftazidime、cefotaxime、ceftriaxone、cefepime、imipenem、ciprofloxacin、levofloxacin、trimethoprim/sulfamethoxazole (SXT) 等 12 種受試抗生素皆呈抗性反應。比較 mastoparan-AF 與臨床上常用抗生素對鮑氏不動桿菌之抑菌效能，結果顯示 mastoparan-AF 於濃度 4-8 mg/L 即可有效抑制臨床分離株之生長，抑菌效能高於抗生素 8 倍~64 倍。協力抑菌測試結果顯示 mastoparan-AF 分別與 ciprofloxacin、trimethoprim/sulfamethoxazole (SXT) 合併使用對多重抗藥性鮑氏不動桿菌具協同抗菌效能。本試驗證實 mastoparan-AF 對於多重抗藥性鮑氏不動桿菌具有良好之抗菌效能，具研發潛力。

關鍵詞 (Key words)：蜂毒胜肽 (mastoparan-AF)、鮑氏不動桿菌 (*Acinetobacter baumannii*)、多重抗藥性 (multiple drug resistance)

埃及斑蚊感染登革熱病毒對其生殖調控之影響  
Effect of dengue virus infection in the regulation of reproduction in  
the mosquito *Aedes aegypti*

鄭雅尹、蕭信宏

Ya-Yin Cheng, Shin-Hong Shiao

國立臺灣大學寄生蟲學科

Department of Parasitology, National Taiwan University

The female *Aedes aegypti* plays a pivotal role in bloodmeal acquisition and reproduction, and thereby dengue virus (DENV) transmission. Dengue fever is one of the most devastating arthropod-borne diseases. The WHO reported some 2.5 billion people are now at risk from dengue and estimates that there may be 50 million cases of dengue infection worldwide every year. More than 1400 cases of dengue infection were reported in Taiwan at 2012. Up to now, no effective dengue vaccine or drug has been developed. Therefore, any possible avenue for developing novel control strategies against mosquito-borne diseases is urgently needed. In our preliminary results, we showed a significant reduction of the egg production was exhibited in the mosquitoes infected with dengue virus. To elucidate the impact and underlying mechanisms of DENV infection on mosquito reproduction, we first examine the effects of vitellogenesis upon DENV infection. The expression of vitellogenin was significantly inhibited in terms of transcription and translation level when female mosquitoes were fed by infectious blood meal. Components of a nutrient-sensitive signaling pathway, the TOR signaling pathway, were examined in the dengue virus infected mosquito. Information gathered in this study will pave the way toward the establishment of efficient strategies for vector control by using molecular engineering approaches.

Key words: *Aedes aegypti*, dengue virus, TOR signaling, vitellogenesis, reproduction

臺北盆地胡麻斑星天牛翅鞘斑型的變異：以關渡星天牛為例  
Variation of elytral maculation in white-spotted longicorn beetle *Anoplophora macularia* (Thomson) (Cerambycidae: Coleoptera) of Taipei Basin: with emphasis on white-spotted longicorn beetle in Guandu

馬堪津<sup>1</sup>、彭武康<sup>2</sup>、何鎧光<sup>2</sup>、徐爾烈<sup>2</sup>、吳文哲<sup>2</sup>、葉雲吟<sup>3</sup>、趙榮台<sup>3</sup>  
CJW Maa<sup>1</sup>, WK Peng<sup>2</sup>, KK Ho<sup>2</sup>, EL Hsu<sup>2</sup>, WJ Wu<sup>2</sup>, YY Yeh<sup>3</sup>, JT Chao<sup>3</sup>

<sup>1</sup> 中央研究院生物多樣性研究中心

Biodiversity Research Center, Academia Sinica

<sup>2</sup> 國立臺灣大學昆蟲學系暨研究所

Department and Graduate Institute of Entomology, National Taiwan University

<sup>3</sup> 林業試驗所森林保護組

Division of Forest Protection, Taiwan Forest Research Institute

本研究證實胡麻斑星天牛 (*Anoplophora macularia* (Thomson)) 族群在時空變遷下，翅鞘斑型模式 (Pattern of elytral maculation) 呈現了相應的變異。本研究檢視、紀錄、統計、分析了三個學術研究單位的典藏標本及個人於 2013 年在臺北市關渡紅樹林保護區採集的標本，合計三千五百多隻胡麻斑星天牛。將受檢星天牛左右翅鞘背面中至尾端 HH 斑以下的四對斑型 (Lingafelter and Hoebeke, 2002) 的變異分為不同參數：四對斑型明顯、完全者，為第壹組參數；四對斑型有聚散及消融者為次組參數；四對斑型全部消融者為末組參數，其餘類推，共計 12 項參數。參數的記錄資料以 Excel 檔下載，以多變量生態統計軟體 (PRIMER 5) 進行統計分析。結果顯示：1. 自 1950 年以來，四對斑型明顯、完全的個體，在臺北盆地的發生頻率有降低的趨勢；2. 自 1999 年以來，關渡紅樹林星天牛族群四對斑型的聚散度及消融相的發生頻率，有上昇的趨勢，其中第一對斑型消融的發生頻率增加顯著；3. 四對斑型全部消融的發生頻率，約為 2.3%，這些個體皆在羽化季的後期出現。

關鍵詞 (Key words)：胡麻斑星天牛 (*Anoplophora macularia* (Thomson))、翅鞘斑型 (elytral maculation)、臺北盆地 (Taipei Basin)、紅樹林 (mangrove)，生物多樣性 (biodiversity)

台灣地區腐生性異蚤蠅屬種類分類研究  
Taxonomic study of sacrophagous *Megaselia* species (Diptera: Phoridae) in Taiwan

吳宗學、蕭旭峰

Tsung-Hsueh Wu, Shih-Feng Shiao

國立台灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

蚤蠅是常見的小型蠅類，具有簡單的翅脈、隆起的胸部和看似兩節的觸角，食性以腐食和寄生為主。異蚤蠅屬 (*Megaselia*) 是蚤蠅科中最大的一個屬，絕大多數種類以腐爛的動物屍體為食，少數種類以真菌或腐敗的植物為食。台灣過去的蚤蠅研究，大多由 Brues 和 Borgmeier 鑑定和描述，紀錄有 12 屬 54 種，其中異蚤蠅就有 37 種。但是大多數研究者未曾到過台灣，僅透過其他學者提供的標本進行研究，採集的地點只集中在少數地區，研究標本多數保存於國外，其中許多已經損毀，資料不完整。本研究使用腐敗的豬肝作為陷阱，在台灣各地誘集腐食性的蚤蠅，期望透過採集與鑑定，建立腐生台灣種類的完整標本和資料，並確認是否有未被記錄的物種。目前採集的種類，以 4 個屬為主：*Diplonerva*、*Dorniphora*、*Megaselia* 和 *Puliciphora*，也是使用腐肉陷阱最常捕捉到的類群。其中採得異蚤蠅有 10 種，3 種卻認為新紀錄種，因為該屬種類和數量最多，為目前研究和調查的主要目標類群。

關鍵詞 (Key words)：雙翅目 (Diptera)、蚤蠅科 (Phoridae)、異蚤蠅 (*Megaselia*)

南亞及東南亞菸草粉蝨複合種群之親緣關係與族群結構  
Phylogenetic pattern and population structure of the *Bemisia tabaci* species complex in  
South and Southeast Asia

張建成<sup>1</sup>、申姬妲<sup>2</sup>、施瑞霖<sup>1</sup>

Jian-Cheng Chang<sup>1</sup>, Sanjitha Baanu<sup>2</sup>, Srinivasan Ramasamy<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 亞蔬-世界蔬菜中心

AVRDC - The World Vegetable Center

<sup>2</sup> 泰米爾納都農業大學

Tamil Nadu Agricultural University, India

The silver leaf whitefly, *Bemisia tabaci* Gennadius (Hemiptera: Aleyrodidae), is considered the most destructive pest on a wide range of agricultural and horticultural crops in South and Southeast Asia due to damages caused by their feeding habits and the begomoviruses they transmit. *B. tabaci* cryptic species complex contains morphologically indistinguishable species of different genetic groups, and identification of species boundaries becomes essential and imperative for the development of appropriate integrated pest management (IPM) for this noxious pest. This study was conducted to investigate the phylogenetic relationship and genetic structure among the populations of *B. tabaci* from India, Thailand, and the Philippines on the basis of the mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I (mtCOI) gene sequences (522 bp). Of the examined 90 samples, 14 haplotypes were obtained and phylogenetic analysis revealed six potential genetic groups congruent with geographical locations. All samples from the Philippines constituted a single haplotype and were placed in a distant independent cluster, indicating a different subspecies or species. Populations in Thailand and India exhibited high nucleotide and haplotype diversities, whereas the genetic diversity of *B. tabaci* found in the Philippines was absent. The genetic distances between the Philippines and India/Thailand populations are significantly high. The AMOVA analysis confirmed the significant level of genetic variation among populations ( $P < 0.01$ ). Our study showed that *B. tabaci* is composed of subpopulations for each geographical region, and there may be a need to develop IPM technologies at the country or regional level.

關鍵詞 (Key words)：菸草粉蝨 (*Bemisia tabaci*)、複合種群 (species complex)、親緣分析 (phylogenetic analysis)、基因多樣性 (genetic diversity)、粒腺體細胞色素氧化酶 I (mtCOI)

台灣脈翅目螳蛉科之分類修訂  
Taxonomic revision of Mantispidae (Neuroptera) in Taiwan

賴保成、楊曼妙

Bao-Cheng Lai, Man-Miao Yang

國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

台灣的螳蛉科 (Mantispidae) 紀錄始於二十世紀初期，至今國內未有針對此類群的分類學報告。本研究整理國內螳蛉科分類學研究的歷史與現況，並藉由觀察外部形態特徵與解剖雌雄蟲外生殖器進行比對，檢查保存於中興大學昆蟲標本館、台灣大學昆蟲標本館、台灣博物館、自然科學博物館、林業試驗所昆蟲標本館、農業試驗所昆蟲標本館的螳蛉科標本，以校對、鑑定和修訂台灣現有的螳蛉科物種，另亦借得北海道大學收藏的數種台灣螳蛉模式標本，進行檢查比對。同時探討螳蛉種內形態變異以及雌雄二型性的現象對分類學研究的影響。本研究共記述台灣的螳蛉科 6 屬 17 種，包含 2 個新紀錄屬、1 個新種、4 個新紀錄種、2 個新組合、並提出 1 個同物異名。新紀錄屬為：東螳蛉屬 *Orientispa* Poivre 和矢螳蛉屬 *Sagittalata* Handschin；新種為：梯螳蛉屬 *Euclimacia* Enderlein 1 種；新紀錄種為：日本螳蛉 *Mantispa japonica* McLachlan, 1875、眉斑東螳蛉 *Orientispa ophryuta* Yang, 1999、黑矢螳蛉 *Sagittalata ata* Yang, 1999 和亞矢螳蛉 *Sagittalata asiatica* Yang, 1999；新組合為：台灣東螳蛉 *O. formosana* (Okamoto, 1910)、雙東螳蛉 *O. orientalis* (Esben-Petersen, 1913)；以及釐清褐緣澳蜂螳蛉 *Austroclimaciella habutsuella* (Okamoto, 1910) 為四瘤澳蜂螳蛉 *A. quadrituberculata* (Westwood, 1852) 之同物異名。

關鍵詞 (Key words)：螳蛉科 (Mantispidae)、分類學 (taxonomy)、新種 (new species)、新紀錄 (new record)、修訂 (revision)

應用專一性引子及探針鑑定防檢疫薊馬害蟲  
Identification on thrips pest using specific primers via multiplex-PCR and biochip

吳昕縈<sup>1</sup>、葉文斌<sup>2</sup>、曾美容<sup>2</sup>、黃國修<sup>3</sup>、張念台<sup>4</sup>  
Sin-Ying Wu<sup>1</sup>, Wen-Bin Yeh<sup>2</sup>, Mei-Jung Tseng<sup>2</sup>, Kuo-Shiou Huang<sup>3</sup>, Niann-Tai Chang<sup>4</sup>

<sup>1</sup> 國立中興大學生物科技學士學位學程  
Bachelor Program of Biotechnology, National Chung Hsing University

<sup>2</sup> 國立中興大學昆蟲學系  
Department of Entomology, National Chung Hsing University

<sup>3</sup> 行政院農委會動植物防疫檢疫局新竹分局  
Hsinchu Branch, Bureau of Animal and Plant Health Inspection and Quarantine, Council of Agriculture,  
Executive Yuan

<sup>4</sup> 國立屏東科技大學植物醫學系  
Department of Plant Medicine, National Pingtung University of Science and Technology

Thrips are major pests of many agricultural plants worldwide. Besides being the only vectors of plant *Tospovirus*, they can directly damage host plants by sucking and laying eggs causing a great economic loss in agricultural production. Traditionally, thrips were identified by adult characteristics, while their small size, variation in color, and unclear characters usually made the identification hard to carry out. Moreover, the identification task would be impossible if the specimens are cryptic species or at the immature stages. The nuclear internal transcribed spacer (ITS) DNA has been broadly applied to distinguish thrips species was used to design the specific primers in this study. The specificity of these primers, examined on thrips species belonging to 21 thrips species using polymerase chain reaction (PCR), proved satisfactory. Designed primers were then applied in assays of multiplex-PCR and biochip to detect 64 thrips specimens collected from field and imported agricultural products. Biochips were further evaluated to detect 96 foreign samples through 96-well plate to elucidate its high-throughput efficiency. Both multiplex-PCR and biochip assays showed high specificity and accuracy in these primers on thrips identification. While biochip system, can detect dozens, or more, of species at the same time, is absolutely different to the traditional performance on single species identification. Therefore, the biochip system, not only contributing to thrips identification but also offering an identified platform to non-expert, would make insect identification no longer a difficult work.

關鍵詞 (Key words)：薊馬 (thrips)、分子鑑定 (molecular identification)、專一性引子 (specific primer)、複合性聚合酶連鎖反應 (multiplex-PCR)、生物晶片 (biochip)

小菜蛾對美文松的抗藥性遺傳研究  
Inheritance of mevinphos resistance in diamondback moth, *Plutella xylostella*

林佳麗<sup>1</sup>、葉斯佳<sup>1</sup>、馮海東<sup>2</sup>、戴淑美<sup>1</sup>  
Chia-Li Lin<sup>1</sup>, Shih-Chia Yeh<sup>1</sup>, Hai-Tung Feng<sup>2</sup>, Shu-Mei Dai<sup>1</sup>

<sup>1</sup>國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

<sup>2</sup>行政院農委會動植物防疫檢疫局

Bureau of Animal and Plant Health Inspection and Quarantine, Council of Agriculture, Executive Yuan

小菜蛾 (*Plutella xylostella* L.) 為十字花科蔬菜的重要害蟲，也是最容易對防治藥劑產生抗藥性的害蟲之一。為有效管理抗藥性問題，有必要進一步了解小菜蛾對殺蟲劑之抗藥性遺傳特性，以評估小菜蛾的抗藥性發展速度。本研究以美文松為例，利用本實驗室先前研究發現與美文松抗藥性相關的乙醯膽鹼酯酶 (acetylcholinesterase, AChE) A298S、G324A 與 F386V 胺基酸置換建立攜帶 AChE 感性基因型的 SH<sub>egg</sub> 品系與抗性基因型的 SHM<sub>TCN</sub> 品系，並進行互交、生物檢定與突變頻度分析。結果發現感性與抗性親代，以及兩個互交子代 F1 及 F1' 小菜蛾的半致死濃度分別為 14.9, 775.6, 334.1 及 363.3 µg/ml。F1 及 F1' 小菜蛾的顯性度 (Degree of dominance) 分別為 0.57 及 0.62。這些結果顯示小菜蛾對美文松的抗藥性是沒有母體效應的不完全顯性遺傳。經由 F1 與感性親代回交及 F1 自交的子代死亡率 Probit 值與美文松濃度作圖，發現劑量死亡反應曲線為具有平台的椅型曲線，表示此抗藥性遺傳主要由單一基因控制。小菜蛾對美文松抗藥性穩定度，第一至第十一代其抗性倍率從 52.10 倍衰退到 5.48 倍，可見小菜蛾對美文松的抗藥性不穩定。第一步偵測小菜蛾 AChE 基因 (*Pxace1*) 變異頻度發現 G892T、G971C、T1156G 點突變頻度與半致死濃度成正相關，相關度高達 0.97。綜合上述結果得知小菜蛾對美文松抗藥性與 *Pxace1* 點突變有關，屬於不完全顯性遺傳，抗藥性發展速率較隱性遺傳者快。因此，未來在小菜蛾對美文松或其他有機磷殺蟲藥劑的抗藥性管理應使用高劑量藥劑的防治策略來殺死偏顯性的異型合子，並且持續監測抗藥性的發展趨勢，適時輪用不同作用機制的藥劑，以達到避免或延遲抗藥性產生的目的。

關鍵詞 (Key words)：小菜蛾 (*Plutella xylostella*)、美文松 (mevinphos)、胺基酸置換 (amino acid substitution)、半致死濃度 (half lethal concentration)、顯性度 (degree of dominance)、乙醯膽鹼酯酶 (acetylcholinesterase)

熱帶亞洲、非洲豆莢螟族群之親緣關係  
Phylogenetic pattern of the legume pod borer, *Maruca vitrata* F. populations from  
tropical Asia and Africa

梅麗寧<sup>1,2</sup>、謝羅倫<sup>1</sup>、施瑞霖<sup>1</sup>、柯旭南<sup>2</sup>  
P. Malini<sup>1,2</sup>, Roland Schafleitner<sup>1</sup>, R. Srinivasan<sup>1</sup>, and M. Krishnan<sup>2</sup>

<sup>1</sup> 亞蔬-世界蔬菜中心  
AVRDC – The World Vegetable Center, Shanhua, Tainan 74151, Taiwan  
<sup>2</sup> Bharathidasan 大學

Dept. of Environmental Biotechnology, Bharathidasan University, Tiruchirappalli, Tamil Nadu, India

Legume pod borer (*Maruca vitrata*) is a serious pest of legumes in the tropics. Up to 80% yield losses have been reported in various food legumes due to its damage. Although *M. vitrata* is believed to be the major species causing economic damage in food legumes, it is not clear whether the genus *Maruca* has any other economically important pest species. Another question that remains unanswered is whether *M. vitrata* is composed of any cryptic species. In addition, different responses of *M. vitrata* male populations to the same sex pheromone blend(s) have been reported from sub-Saharan Africa and tropical Asia. Hence, we undertook a study to address the key question: How genetically homogenous are *M. vitrata* populations? A total of 78 *M. vitrata* populations consisting 686 individual larvae were collected from 23 host plant species in 10 countries. Sequence polymorphism in the mitochondrial cytochrome c oxidase I (*coxI*) gene and internal transcribed spacer 2 (ITS2) region was used for phylogenetic analysis to assess the genetic diversity of *M. vitrata*. In total, 72 *coxI* sequence variants were found in the studied populations. The phylogenetic tree based on *coxI* sequences indicates the presence of seven *M. vitrata* sub-groups, with different country origins. The majority of the *M. vitrata* populations from Africa constitute a single clade which is quite distinct from the Asian clades. The *M. vitrata* populations from Asia fall into six different clades. For ITS2, 675 sequences of about 143 bp were obtained from the *M. vitrata* populations to complement the diversity analysis based on *coxI* gene sequences. The phylogenetic tree based on the ITS2 sequences also showed that *M. vitrata* populations from Africa constitute a single clade. Hence we conclude that *M. vitrata* populations from Africa are genetically distinct from the Asian populations, which seem to possess several cryptic species.

關鍵詞 (Key words) : 豆莢螟 (*Maruca vitrata*)、粒腺體細胞色素氧化酶 I (*coxI*)、(ITS2)、親緣分析 (phylogenetic analysis)

瓜實蠅新誘引物質之誘引效力及安定性評估  
Efficacy and stability evaluation of a new attractant, raspberry ketone formate, for  
melon flies (*Bactrocera cucurbitae*)

王文萱<sup>1</sup>、許如君<sup>1,2</sup>、馮海東<sup>3</sup>、何明勳<sup>4</sup>、黃毓斌<sup>5</sup>  
Wen-Hsuan Wang<sup>1</sup>, Ju-Chun Hsu<sup>1,2</sup>, Hai-Tung Feng<sup>3</sup>, Ming-Hsun Ho<sup>4</sup>, Yu-Bin Huang<sup>5</sup>

<sup>1</sup> 國立台灣大學植物醫學碩士學位學程  
Master Program of Plant Medicine, National Taiwan University

<sup>2</sup> 國立台灣大學昆蟲學系  
Department of Entomology, National Taiwan University

<sup>3</sup> 行政院農業委員會動植物防疫檢疫局  
Bureau of Animal and Plant Health Inspection and Quarantine, Council of Agriculture

<sup>4</sup> 行政院農業委員會農業藥物毒物試驗所  
Taiwan Agricultural Chemicals and Toxic Substances Research Institute, Council of Agriculture

<sup>5</sup> 行政院農業委員會農業試驗所  
Taiwan Agricultural Research Institute, Council of Agriculture

瓜實蠅 (*Bactrocera cucurbitae*) 為葫蘆科作物之重要經濟害蟲，目前在臺灣主要利用誘雄物質克蠅 (cue-lure) 進行族群密度監測及滅雄防治，但因其對於未性成熟雄蟲誘引效果較差，且有效誘引距離較短，故本研究針對另一瓜實蠅誘引物質甲酸覆盆子酮酯 (raspberry ketone formate, RKF) 進行誘引效能及安定性測試。效能評估部分以網籠試驗測試不同日齡雄蟲之被誘引率，結果顯示兩誘引劑於各日齡之誘捕率間無顯著差異，且 24 小時內對未性成熟雄蟲之誘捕率即高於 50%；另標放再捕試驗於第 3 天之結果中，於 5、10、20 及 25 m 距離下 RKF 之回捕率均顯著優於克蠅。而在 RKF 水解特性探討部分，利用水分滴定儀及高效液相層析儀分析含水量及 RKF 純度變化，結果指出添加水分量與樣品靜置室溫 7 天後之 RKF 含量成負相關，而與 RKF 之分解產物覆盆子酮含量成正相關；水解產生之不純物則以網籠試驗進行測試，結果顯示添加 0.1-4% (w/w) 之甲酸或乙酸，對 RKF 及克蠅的誘引效果無顯著影響。由本研究結果可知，RKF 及克蠅均可對未性成熟雄蟲產生誘引效果，於遠距離下的誘引效能則以 RKF 較佳，具有取代克蠅做為防治資材之潛力；但 RKF 易水解變質的特性可能造成應用限制之疑慮，未來可針對此一缺陷進行改良，期望達到保護作物、提升田間防治效率之目的。

關鍵詞 (Key words)：瓜實蠅 (*Bactrocera cucurbitae*)、甲酸覆盆子酮酯 (raspberry ketone formate)、克蠅 (cuelure)、滅雄防治技術 (male annihilation technique)

尼泊爾埋葬蟲氣候誘導之合作行為促進生態棲位擴張  
 Climate-mediated cooperation promotes niche expansion in the burying beetle,  
*Nicrophorus nepalensis* (Coleoptera: Silphidae)

孫烜駿<sup>1,2</sup>、劉建男<sup>1</sup>、Dustin R. Rubenstein<sup>3</sup>、陳一菁<sup>1,4</sup>、詹仕凡<sup>1</sup>、陳伯飛<sup>1</sup>、  
 黃文伯<sup>5</sup>、楊平世<sup>2</sup>、沈聖峰<sup>1</sup>

Syuan-Jyun Sun<sup>1,2</sup>, Jian-Nan Liu<sup>1</sup>, Dustin R. Rubenstein<sup>3</sup>, I-Ching Chen<sup>1,4</sup>,  
 Shih-Fan Chan<sup>1</sup>, Bo-Fei Chen<sup>1</sup>, Wenbe Hwang<sup>5</sup>, Ping-Shin Yang<sup>2</sup>, Sheng-Feng Shen<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 中央研究院生物多樣性研究中心

Biodiversity Research Center, Academia Sinica

<sup>2</sup> 國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

<sup>3</sup> 哥倫比亞大學生態演化與環境生物學系

Department of Ecology, Evolution and Environmental Biology, Columbia University

<sup>4</sup> 國立成功大學生命科學系

Department of Life Sciences, National Cheng Kung University

<sup>5</sup> 國立臺南大學生態科學與技術學系

Department of Ecoscience and Ecotechnology, National University of Tainan

The niche breadth of a species is considered to reflect the balance between diversifying forces—*intra-* and *inter-specific* competition. However, *intraspecific* cooperation has long been hypothesized to be a crucial factor allowing niche breadth expansion, which received a large amount of attention only in humans. Numerous studies on animals have focused on the ecological and social determinants of the evolution of sociality, such as unpredictable environments and species competition, yet the ecological consequences of social behavior have been largely unexplored. This study uses the cooperatively breeding burying beetles (*Nicrophorus nepalensis*) to study group performance by experimentally manipulating group sizes for cooperative and non-cooperative groups along an elevational gradient, as interspecific competition over carcasses increases with rising minimum air temperature. We found that large groups of burying beetles had a higher probability of breeding success at lower elevations. Small groups, in contrast, showed higher probability of breeding success in the middle range. We also found behavioral evidence that social investment significantly decreased in large groups with increasing altitude and decreased temperature, but this was not significant for small groups. On the other hand, social conflicts varied unimodally with a peak at the intermediate altitudes in large groups, but were not

significant for small groups. Our findings demonstrate the influence of within-group conflicts, group-level performance, and ecological conditions on breeding success and niche breadth in *N. nepalensis*. A potential general framework appears: When grouping occurs to deal with environmental challenges, the cooperative phenotype of a social species will have wider niche breadth than the non-cooperative phenotype. This finding provides the first empirical evidence that cooperation promotes wider niche breadth in social animals on the intriguing dynamics between ecology and sociality.

關鍵詞 (Key words)：尼泊爾埋葬蟲 (*Nicrophorus nepalensis*)、棲位寬度 (niche breadth)、社會行為 (social behavior)、合作 (cooperation)、競爭 (competition)

檢測在桿狀病毒表現系統中多種內部核糖體進入位於不同昆蟲細胞株中之轉譯活性

Investigation of various IRESs activities in different insect cell lines in BEVS

周易德、陳銘祥、吳宗遠

Yi-De Chou, Ming-Hsiang Chen, Tzong-Yuan Wu

中原大學生物科技系

Department of Biotechnology, Chung Yuan Christian University

桿狀病毒表現系統 (Baculovirus expressing vector system; BEVS) 為目前廣泛使用的外源蛋白真核表現系統。此系統除了可以大量生產外源蛋白外，其類似哺乳類動物細胞中的後轉譯修飾作用，以及可以使用蟲體生產蛋白質來降低成本皆為此系統之優勢。為同時表現兩個以上之蛋白質以達到生產蛋白複合體或多價疫苗之目的，我們實驗室致力於開發於昆蟲系統中具有轉譯活性之內部核糖體進入位序列 (IRES) 之桿狀病毒多效表現載體。本研究中以桿狀病毒雙效表現載體：以核多角體基因啟動子啟動紅螢光基因 (DsRed)，並搭配不同昆蟲病毒之 IRESs 來調控綠螢光基因 (EGFP) 表現。我們同時測試了 RhPV、CrPV、PnV539、BQCV (5'UTR、IGR)、IFV、SBV 等 IRESs，在秋行軍蟲卵巢細胞株 (Sf21) 及擬尺蠖夜蛾幼蟲細胞株 (High-Five) 中之轉譯活性。以螢光顯微鏡、螢光偵測儀以及西方墨點法分析其報導基因之表現時，我們發現來自榕樹透翅毒蛾小 RNA 病毒 (PnV) 以及蚜蟲病毒 (RhPV) 之 IRES，在兩種細胞株間皆具有高量之轉譯活性。此外，以預測 RNA 結構軟體進一步分析各 IRESs 的二級結構時，我們初步分析出 IRES 在此兩種細胞株中具有強轉譯活性之必要的結構區域。建立在此雙效表現載體之平台下，未來我們將搭配其他 RNA 結構預測軟體的輔助，以期未來能以人工合成在昆蟲細胞中具高轉譯活性之一新穎 IRES。

關鍵詞 (Key words)：桿狀病毒載體表現系統 (baculovirus expression vector system, BEVS)、內部核糖體進入位點 (Internal Ribosome Entry Site)、秋行軍蟲卵巢細胞株 (Sf21)、擬尺蠖幼蟲細胞株 (High-Five)

金門地區外來入侵螞蟻調查研究  
The investigation of invasive ants in Kinmen

黃東毅、林宗岐

Dong-Yi Huang, Chung-Chi Ling

國立彰化師範大學生物學系

Department of Biology, National Changhuan University of Education

台灣目前已發現有 22 種外來種螞蟻入侵台灣，但金門地區針對外來螞蟻的調查仍有所欠缺，因此本研究於 2013 年 4 月至 9 月，將金門本島以  $2 \times 2 \text{ km}^2$  方格劃分，於每個方格以落葉袋採集法進行採集，並在道路周邊（環島東路、環島西路、伯玉路）以誘餌誘集法進行調查，以及在 3 個觀光區（中山紀念林、太武山、五虎山）以步道為穿越線每隔 300 公尺進行落葉袋採集法以及誘餌誘集法調查。結果採集到 4 亞科、15 屬、31 種共 656 隻螞蟻，其中發現有 6 種屬於外來種螞蟻，6 種外來螞蟻中有 3 種（熱帶大頭家蟻 *Pheidole megacephala*、獵食火家蟻 *Solenopsis invicta*、黑頭慌琉璃蟻 *Tapinoma melanocephalum*）在董等（2008）已發現入侵金門地區，另外三種（開墾單家蟻 *Monomorium sechellense*、褐足扁琉璃蟻 *Technomyrmex brunneus*、長角黃山蟻 *Paratrechina longicornis*）則為新發現外來入侵種。自從小三通以來金門與大陸經貿往來頻繁，但鄰近的福建地區偶有入侵紅火蟻的災情傳出，而台灣本島自 2003 年發現紅火蟻至今，仍無法完全撲滅入侵紅火蟻，因此建議能夠加強外來生物的管制，引入紅火蟻偵測犬，以避免入侵紅火蟻進入金門地區，對當地生態造成無可挽回的傷害。

關鍵詞 (Key words)：外來入侵螞蟻 (invasive ants)、落葉袋採集法 (winkler bag)、誘餌誘集法 (bait)、金門 (Kinmen)

利用 SPME 和 GC/MS 對台灣產舉尾蟻屬直舉尾蟻亞屬之毒液化學分類研究  
Use SPME and GC/MS to make the venom chemotaxonomy of  
*Crmatogaster (Orthocrema)* in Taiwan

謝承翰、林宗岐

Cheng-Han Hsieh, Chung-Chi Lin

國立彰化師範大學生物系

Department of Biology, National Changhua University of Education

台灣產舉尾蟻屬 (*Crmatogaster*) 中直舉尾蟻亞屬 (*Orthocrema*) 因體型小、形態特徵相似，因此在型態鑑定時常常會有鑑定錯誤之堪憂。本研究利用固相微萃取法 (SPME, Solid-phase microextraction) 對台灣發現的三種直舉尾亞屬蟻蟻包含：畢氏舉尾蟻 (*Crmatogaster biroi*)、席氏舉尾蟻 (*C. schimmeri*) 以及未確定種舉尾蟻 (sp. 1) 之毒液進行化學分類，以直舉尾蟻亞屬近緣姐妹群 (sister group) 十舉尾蟻亞屬 (*Decacrema*)：懸巢舉尾蟻 (*C. rogenhoferi*) 作親緣關係比較分析。毒液親緣關係研究結果顯示十舉尾蟻亞屬的懸巢舉尾蟻明顯的與直舉尾蟻亞屬的蟻蟻區分開；直舉尾蟻亞屬中畢氏舉尾蟻與 sp. 1 的親緣關係較近，其相似度高達 56.1%，而席氏舉尾蟻親緣關係則就比較遠。除此之外，為確認毒液是否為毒腺與杜弗氏腺共同分泌，分別對毒腺與杜弗氏腺之分泌物進行固相微萃取的分析，並與由螫針所分泌出的毒液做比較。結果顯示直舉尾蟻屬種類大部分毒液中的化合物是從杜弗氏腺裡所分泌的，毒腺中的成分中，發現並沒有任何化合物可被偵測到。這是否代表毒腺的功能有退化現象，在未來可以再繼續深入探討的研究方向。

關鍵詞 (Key words)：舉尾蟻屬、毒液、杜弗氏腺、毒腺、化學分類、固相微萃取

植物氣味與造癭小蜂的關係-刺桐絨小蜂嗅覺偏好  
Relationships between plants and gall wasps – Olfactory preference of  
*Quadrastichus erythrinae*

王庭碩、楊恩誠

Ting-Shuo Wang, En-Cheng Yang

國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

刺桐絨小蜂 (*Quadrastichus erythrinae*)，為一種寡食性的造癭小蜂，在台灣的主要寄主為原生種刺桐及黃脈刺桐。雌蟲的產卵行為導致刺桐葉片組織的不正常增生，膨大形成蟲癭，進而影響刺桐養分輸導，嚴重時可能造成植株死亡。行為觀察發現雌蟲偏好產卵於新芽而非成熟葉片；另外，在羽化而尚未咬開癭室的蟲癭周圍，常有許多雄蟲群聚等待交尾。不論是雌蟲產卵或雄蟲聚集的過程中，兩者都有明顯觸角擺動的搜尋行為。近期研究指出，刺桐絨小蜂雌蟲觸角具有多孔板狀感覺器 (Multiporous plate sensilla)，是在許多寄生性小蜂上常見的嗅覺感受器。據此推測，羽化後的刺桐絨小蜂可能以嗅覺作為主要尋找配偶或最適產卵地點。因此，本研究將實際測量及了解刺桐絨小蜂觸角上感覺器的構造及數量後，再針對不同的誘引因子 (刺桐葉片氣味、蟲癭次級代謝物) 進行後續的行為試驗比較。行為試驗顯示雌蟲對新芽氣味具有顯著的偏好，而雄蟲部分仍在進行中。針對雌雄刺桐絨小蜂偏好物進行氣味萃取，並以 GC-MS 圖譜分析比對化合物種類，結果發現在新芽及老葉間揮發性物質間成份雖無明顯差別，但含量卻有顯著的差異；而蟲癭的部分則存在一種不同於葉片氣味的化合物。之後將以生物性分析測試這些不同比例的化合物是否具有誘引效力。希望能藉由本研究深入探討嗅覺在這些造癭小蜂在產卵及尋找配偶行為中的重要性。

關鍵詞 (Key words)：刺桐絨小蜂 (*Quadrastichus erythrinae*)、嗅覺偏好 (olfactory preference)、多孔板狀感覺器 (multiporous plate sensilla)

微注射 DNA 於白腹叢蚊之基因表現調節技術  
Regulated expression of microinjected DNA in adult *Armigeres subalbatus*

蘇永倫、張文綺、曾皓佑、杜武俊

Yung-Luen Su, Wen-Chi Chang, Hau-You Tzeng, Wu-Chun Tu

國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

本研究利用注射 DNA 在蟲體轉移感染 (transfection) 技術，建構白腹叢蚊 *in vivo* 基因調節表現系統；並藉此探討白腹叢蚊抗菌肽 *cecropin B1* 之基因表現調節作用。將建構有 *cecropin B1* 五端調控區與冷光報導基因 luciferase 結合之質體 pGL4.10[luc 2]，利用毛細管微針注射於白腹叢蚊雌蚊體內，並於 24 小時後再注射經熱殺死之大腸桿菌 (*Escherichia coli*)，利用即時定量 PCR (quantitative real-time PCR) 技術檢測質體基因於蚊體內的表現量，以探討蚊體內轉殖之質體受誘導表現情形。當注射之質體濃度達 2.5 µg/µl 後，可成功在 PCR 中偵測到冷光報導基因 luciferase 的表現，顯示白腹叢蚊 *in vivo* 報導基因表現系統應用之可行性。本試驗進一步利用此蚊蟲體內表現系統探討 *Cecropin B1* 基因轉錄調控機制，並以 C6/36 細胞株試驗進行 *in vivo* 與 *in vitro* 報導基因表現系統之比較。

關鍵詞 (Key words)：白腹叢蚊 (*Armigeres subalbatus*)、天蠶素 (cecropin)、*in vivo*、即時定量 PCR (quantitative real-time PCR)、轉移感染 (transfection)

青帶鳳蝶複眼視蛋白與屏蔽色素的特殊分佈及光感受器光譜感度的修飾  
A unique distribution pattern of opsins and screening pigments and its function in  
shaping photoreceptor spectral sensitivities in the eye of *Graphium sarpedon*

陳姵如<sup>1</sup>、栗田ひろ子<sup>2</sup>、松下敦子<sup>2</sup>、楊恩誠<sup>1,3</sup>、蟻川謙太郎<sup>2</sup>

Pei-Ju Chen<sup>1</sup>, Hiroko Awata<sup>2</sup>, Atsuko Matsushita<sup>2</sup>, En-Cheng Yang<sup>1,3</sup>, Kentaro Arikawa<sup>2</sup>

<sup>1</sup> 國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University, Taiwan

<sup>2</sup> 日本綜合研究大學院大學先導科學研究科生命共生體進化學專攻

Department of Evolutionary Studies of Biosystems, Sokendai-Hayama

(The Graduate University for Advanced Studies), Japan

<sup>3</sup> 國立臺灣大學腦與心智科學研究所

Graduate Institute of Brain and Mind Sciences, National Taiwan University, Taiwan

The compound eye of *Graphium sarpedon* is furnished with 15 spectrally distinct photoreceptors. This is the most among insects studied so far. The primary factor that determines spectral sensitivity of photoreceptors is the absorption spectrum of visual pigments. Five mRNAs each encoding opsin of an ultraviolet (GsUV), a blue (GsB), or three long wavelength (GsL2, L3a, L3b)-absorbing visual pigment were identified in *Graphium* eyes. We localized these mRNAs by histological *in situ* hybridization and found that the L opsins are often coexpressed in the ventral retina. The unique regionalization of opsin distribution could explain the variety of spectral sensitivities to some extent, but not for some of the very narrow sensitivities. *In vivo* fluorescence microscopy has revealed that the *Graphium* eye contains three types of ommatidia with strong, weak, and no fluorescence under UV epi-illumination. In addition to the fluorescing pigment, the weakly fluorescing ommatidia have yellow pigment around the rhabdom that fluoresces under blue-violet excitation, while other two types have non-fluorescing red pigment there. The narrow spectral sensitivities and some other conspicuous sensitivity profiles as well, were reasonably explained by postulating the filtering effect of the fluorescent and colored screening pigments in the ommatidia.

關鍵詞 (Key words)：感光細胞 (photoreceptor)、光譜感度 (spectral sensitivity)、視蛋白 (opsin)、過濾作用 (filtering effect)、青帶鳳蝶 (*Graphium sarpedon*)

豌豆蚜蟲 *Apcadual* 基因於早期胚胎發育非典型表現  
 The noncanonical expression of *Apcadual* during early development in the pea aphid  
*Acyrtosiphon pisum*

蕭逸旻<sup>1,7</sup>、黃廷宇<sup>1,4</sup>、Charles E. Cook<sup>5</sup>、重信秀治<sup>6</sup>、張典顯<sup>3,7</sup>、張俊哲<sup>1,2,3</sup>  
Yi-min Hsiao<sup>1,7</sup>, Ting-Yu Huang<sup>1,4</sup>, Charles E. Cook<sup>5</sup>, Shuji Shigenobu<sup>6</sup>,  
 Tien-Hsien Chang<sup>3,7</sup>, Chun-che Chang<sup>1,2,3</sup>

<sup>1</sup> 國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

<sup>2</sup> 國立臺灣大學發育生物學與再生醫學研究中心

Research Center for Developmental Biology and Regenerative Medicine, National Taiwan University

<sup>3</sup> 國立臺灣大學基因體與系統生物學位學程

Genome and Systems Biology Degree Program, National Taiwan University

<sup>4</sup> 國立臺灣大學生化科學研究所

Institute of Biochemical Sciences National Taiwan University

<sup>5</sup> EMBL-歐洲生物訊息研究所

EMBL-European Bioinformatics Institute, Wellcome Trust Genome Campus, Hinxton, UK

<sup>6</sup> 日本國基礎科學研究所核心研究中心

NIBB Core Research Facilities, National Institute for Basic Biology, Okazaki, Japan

<sup>7</sup> 臺灣中央研究院基因體研究中心

Genomics Research Center, Academia Sinica, Taipei, Taiwan

The homeotic gene *caudal* (*cad/cdx*) plays a conserved role in posterior patterning in animals. In long-germ insects such as *Drosophila melanogaster* (fly), mutation of maternal and zygotic *cad* causes abnormality in posterior patterning and hindgut formation. In other insects like *Nasonia vitripennis* (wasp, a long-germ insect) and *Gryllus bimaculatus* (cricket, a short-germ insect), knockdown of maternal *cad* inhibits the formation of most posterior segments. It has been clear that the *cad* function in posterior patterning is a conserved function in long- and short-germ insects. We selected to study *cad* gene in the asexual pea aphid *Acyrtosiphon pisum*, aiming to explore how posterior development is processed in such a parthenogenetic and viviparous insect. Our results show that expression of *cad* gene (*Apcad*) could not be identified in germaria, oocytes and embryos prior to gastrulation. Nevertheless, the expression of *Apcad* transcripts is restricted to the posteriormost region of the germ band from gastrulation onward. Similarly, we could not detect the posterior expression of *Apcad* in the sexual oocytes. This suggests that

*cad*-driven posterior development is not conserved during early development in asexual and sexual pea aphids. These indicated that *Apcad* does not paly a conserved role in posterior axis determination during oogenesis and early embryogenesis as observed in other insect models and the molecular hierarchy of the network leading the early posterior formation is reprogrammed in the pea aphid.

Key words: noncanonical, *caudal*, posterior axis, *Acyrtosiphon pisum*

西瓜銀斑病毒於南黃薊馬體內感染與移行路徑  
The infection and translocation of *Watermelon silver mottle virus* in *Thrips palmi*

曾建豪、蔡志偉

Chien-Hao Tseng, Chi-Wei Tsai

國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

西瓜銀斑病毒 (*Watermelon silver mottle virus*, WSMoV) 為布尼亞病毒科 (*Bunyaviridae*)，番茄斑萎病毒屬 (*Tospovirus*) 的病毒，主要感染西瓜及洋香瓜，嚴重影響臺灣瓜類產業。南黃薊馬 (*Thrips palmi*) 為其唯一的病媒昆蟲，以持續性增殖型 (persistent-propagative) 的傳播模式傳播 WSMoV。此病毒不僅藉由南黃薊馬傳播，更感染南黃薊馬體內組織，薊馬也是病毒增殖的寄主。本研究以免疫組織螢光染色 (Immunohistofluorescence staining) 檢測南黃薊馬各發育時期的組織，以了解 WSMoV 感染南黃薊馬的組織及其移行路徑。研究結果指出南黃薊馬的中腸前段最先被 WSMoV 感染，隨後病毒感染中腸的中段及後段。WSMoV 感染南黃薊馬的中腸後，接著感染前腸與唾液腺。卵巢、腦及馬氏管等組織則不受病毒感染。WSMoV 感染南黃薊馬的組織及其移行路徑與番茄斑萎病毒 (*Tomato spotted wilt virus*) 感染西方花薊馬 (*Frankliniella occidentalis*) 之模式相同。藉由此研究能進一步了解南黃薊馬如何獲得及傳播 WSMoV，除了增進我們對此病毒傳播生物學的認識，也提供往後研究植物病毒與病媒昆蟲間相互作用的研究基礎。

關鍵詞 (Key words)：南黃薊馬 (*Thrips palmi*)、西瓜銀斑病毒 (*Watermelon silver mottle virus*)、病毒感染 (virus infection)、持續性增殖型 (persistent-propagative)、移行 (translocation)

E-12

暖化將如何影響本土種蝴蝶 (*Pieris canidia*)、外來入侵種蝴蝶 (*P. rapae*)、  
和兩者在共同寄主植物 (*Rorippa indica*) 上的競爭關係?

How may climate warming affect a native butterfly (*Pieris canidia*), an invasive  
butterfly (*P. rapae*), and their competition on a common host plant (*Rorippa indica*)?

林正鴻、曾子榮、余淑惠、何傳愷

國立臺灣大學生態學與演化生物學研究所

Institute of Ecology and Evolutionary Biology, National Taiwan University

While the impact of climate warming on ecological patterns has been explicitly documented, we know relatively little about the ecological mechanisms through which climate warming affects organisms, populations, and community structure. The goal of this study is to understand the consequence of climate warming for native species, invasive species, and their competition, by examining the impact of experimental warming on various ecological mechanisms (e.g. temperature effects on growth and development). In specific, we studied two competing butterfly species of Taiwan (the native *Pieris canidia* and the invasive *P. rapae*) on their common host plant (*Rorippa indica*) in three environmental chambers (18.5, 21.5, 24.5°C). The chamber at 18.5°C served as control, reflecting the average monthly temperature when both butterflies became abundant in the field; the one at 21.5 or 24.5°C simulated 3 or 6°C warming, respectively. Each chamber included four treatments, allowing us to examine the intra- and inter-specific competition: a) 4 *P. canidia*, b) 2 *P. canidia* and 2 *P. rapae*, c) 4 *P. rapae* larvae on a host plant, and d) a host plant only. The results showed that warming facilitated larval development, consequently reducing the larval period before metamorphosis in both butterflies. *P. canidia*, facing stronger intraspecific than interspecific competition, had a competitive advantage over *P. rapae* in terms of larval development, pupal weight, adult weight, and adult size. However, this advantage (e.g. faster larval development) decreased under warming. This study suggests that the native *P. canidia* is a superior competitor than the invasive *P. rapae* on the native host plant *R. indica*, but this superiority will likely decrease under climate warming.

關鍵詞 (Key words)：氣候暖化 (climate warming)、葶藶 (*Rorippa indica*)、台灣紋白蝶 (*Pieris canidia*)、紋白蝶 (*Pieris rapae*)

## Quantifying the roles of ecology and invasion history in genetic divergence of invasive species

丘明智、蔡幼龍、郭美華

Ming-Chih Chiu, Yu-Lung Tsai, Mei-Hwa Kuo

國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

Biological invasions negatively impact natural environments by threatening native species and communities, and they impact socio-economic systems involving agriculture and public health. Evolution is an important process facilitating invasions. However, in the establishment of an invasive species, the relative importance of adaptation to local environments and invasion history is often unclear. We attempt a novel approach, using Bayesian inference, to estimate the quantitative contributions of ecological adaptation and invasion route on the genetic divergence of an invasive ant. Although both processes make significant contributions, invasion route isolation better explains the genetic divergence than does environmental isolation at least currently. This finding highlights the importance of considering non-ecological factors in studies of the evolutionary causes of genetic divergence. Understanding the roles of invasion history and adaptation could improve the effectiveness of methods designed to limit future invasions. In addition, a framework for understanding invasiveness can be used to explore some of the most interesting and urgent questions in ecology and evolution.

關鍵詞 (Key words) : 環境因子 (environment factor)、遺傳分化 (genetic differentiation)、入侵史 (invasion history)、微衛星 (microsatellite)、入侵紅火蟻 (*Solenopsis invicta*)

氣候暖化對作物產量、害蟲族群、及生物防治效果的影響：  
以大豆—蚜蟲—瓢蟲系統為研究範例

Climate warming effects on crop production, pest population, and  
biocontrol effectiveness: an example from a soybean-aphid-ladybug system

林松樺、曾子榮、何傳愷

Sung Hua Lin, Tzu-Jung Tseng, Chuan-Kai Ho

國立台灣大學生態學與演化生物學研究所

Institute of Ecology and Evolutionary Biology, National Taiwan University

As climate warming has been increasingly reported to affect communities, there is a need to understand its underlying mechanisms in order to help predict the outcome of future warming, which is projected to become more severe than current warming. This study investigated the mechanisms through which warming may affect a tri-trophic community, focusing on warming effects on trophic levels and trophic interactions. In specific, this study examined how experimental warming would affect plants (the soybean *Glycine max*), herbivores (the aphid *Aphis glycines*), predators (the ladybug *Coccinella septempunctata*), and their interactions in three environmental chambers (18.5, 21.5, 24.5°C). The chamber at 18.5 °C served as control, reflecting the average monthly temperature when local farmers grew soybeans in our study region. Each chamber included three treatments, representing systems with different trophic structure: 1) soybeans; 2) soybeans and aphids; 3) soybeans, aphids, and ladybugs. Our results showed that warming impact was trophic-structure dependent: 1) In the system with soybeans only, warming increased developmental rate, reproductive investment (i.g. reproductive/vegetative biomass), and plant productivity. 2) In the system with soybeans and aphids, warming increased the top-down control of plants by herbivores. 3) In the system with soybeans, aphids, and ladybugs, warming increased the top-down control of aphids by ladybugs, yielding a stronger trophic cascade (from predators to plants) and higher soybean production. These results suggest that climate warming will likely affect crop production, pest outbreaks, and biocontrol effectiveness, via warming effects on specific trophic levels and/or trophic interactions.

關鍵詞 (Key words)：氣候變遷 (climate change)、全球暖化 (global warming)、農業 (agricultural)、農業生態學 (agroecology)、三營養階層群集 (tri-trophic community)、由上而下控制 (top-down control)、營養瀑布 (trophic cascade)

台灣東部地區跳蚤立克次體檢測與跳蚤和宿主及棲地的關係  
Detection of *Rickettsia* spp. and host and habitat associations of fleas (Siphonaptera) in eastern Taiwan

郭奇芊<sup>1,2</sup>、黃靖倫<sup>1</sup>、林德恩<sup>3</sup>、王錫杰<sup>1</sup>  
Chi-Chien Kuo<sup>1,2</sup>, Jing-Lun Huang<sup>1</sup>, Te-En Lin<sup>3</sup>, Hsi-Chieh Wang<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 疾病管制局研究檢驗中心

Research and Diagnostic Center, Centers for Disease Control

<sup>2</sup> Department of Wildlife, Fish, and Conservation Biology, University of California, Davis, USA

<sup>3</sup> 特有生物中心動物學組

Department of Zoology, Endemic Species Research Institute

*Rickettsia typhi* and *Rickettsia felis* (Rickettsiales: Rickettsiaceae) are two rickettsiae principally transmitted by fleas, but the detection of either pathogen has rarely been attempted in Taiwan. Of 2048 small mammals trapped in eastern Taiwan, *Apodemus agrarius* Pallas (24.5%) and *Mus caroli* Bonhote (24.4%) (both: Rodentia: Muridae) were the most abundant, and *M. caroli* hosted the highest proportion of fleas (63.9% of 330 fleas). Two flea species were identified: *Stivalius aporus* Jordan and Rothschild (Siphonaptera: Stivaliidae), and *Acropsylla episema* Rothschild (Siphonaptera: Leptopsyllidae). Nested polymerase chain reaction targeting parts of the *ompB* and *gltA* genes showed six fleas to be positive for *Rickettsia* spp. (3.8% of 160 samples), which showed the greatest similarity to *R. felis*, *R. japonica*, *R. conorii* or *R. sp. TwKM01*. *Rickettsia typhi* was not detected in the fleas and *Rickettsia* co-infection did not occur. Both flea species were more abundant during months with lower temperatures and less rainfall, and flea abundance on *M. caroli* was not related to soil hardness, vegetative height, ground cover by litter or by understory layer, or the abundance of *M. caroli*. Our study reveals the potential circulation of *R. felis* and other Rickettsiae in eastern Taiwan, necessitating further surveillance of rickettsial diseases in this region. This is especially important because many novel rickettsioses are emerging worldwide.

關鍵詞 (Key words) : *Rickettsia felis*、*Rickettsia typhi*、跳蚤 (flea)、宿主 (host)

青帶鳳蝶 (*Graphium sarpedon connectens* Fruhstorfer) 形態和生活史  
Morphology and life history of *Graphium sarpedon connectens* Fruhstorfer

洪榆宸<sup>1</sup>、陳素瓊<sup>1</sup>、歐陽盛芝<sup>2</sup>、林怡汝<sup>1</sup>、陳竑任<sup>1</sup>

Yu-Chen Hong<sup>1</sup>, Su-Chiung Chen<sup>1</sup>, Sheng-Chih Ou-Yang<sup>2</sup>, Yi-Ru Lin<sup>1</sup>, Hong-Jen Chen<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 國立宜蘭大學園藝學系

Department of Horticulture, National Ilan University

<sup>2</sup> 國立臺灣博物館典藏管理組

Collection Management Department, National Taiwan Museum

本研究目的探討青帶鳳蝶 (*Graphium sarpedon connectens* Fruhstorfer) (鱗翅目：鳳蝶科) 形態描述和生活史。在網室中採集青帶鳳蝶當日產的卵，置於  $25 \pm 1^\circ\text{C}$ 、 $80 \pm 5\%$  RH 及光週期 14L:10D 生長箱中，以樟樹 (*Cinnamomum comphora*) 葉片單隻飼育幼蟲至羽化為成蝶，每日觀察其形態和生活史之變化。其結果顯示，此種卵為球狀型，光滑具珍珠般色澤；幼蟲期的蟲體顏色隨著齡期的增加由黑褐色轉為翠綠色，蟲體的枝刺 (scolus) 變化也隨著齡期增加而有所改變，至第五齡期於後胸背面出現明顯的黃色橫條；蛹體顏色與黃色稜線搭配如寄主植物葉片。從卵發育至羽化為成蟲平均需  $47.18 \pm 3.16$  日。雖然雌、雄蝶成蟲形態相似，但從卵至成蟲之發育時間雄蝶比雌蝶短 3.65 日，而雌蝶蛹重、翅長、翅寬及成蟲重皆較雄蝶重且大。在產卵行為上，雌蝶產卵偏好於樟樹的葉背和嫩枝條。

關鍵詞 (Key words)：青帶鳳蝶 (*Graphium sarpedon connectens*)、樟樹 (*Cinnamomum comphora*)、形態、生活史

溫度對青帶鳳蝶 (*Graphium sarpedon connectens* Fruhstorfer) 發育之影響  
Effect of temperature on development of *Graphium sarpedon connectens* Fruhstorfer

洪榆宸、陳素瓊、林姿容

Yu-Chen Hong, Su-Chiung Chen, Zih-Rong Lin

國立宜蘭大學園藝學系

Department of Horticulture, National Ilan University

本研究目的探討青帶鳳蝶 (*Graphium sarpedon connectens* Fruhstorfer) (鱗翅目：鳳蝶科) 在不同溫度下對其發育之影響。將室內飼育羽化之青帶鳳蝶成蟲置於網室中，採集當日產的卵，並置於 15、20、25、30 及 35 ± 1°C 生長箱中，以樟樹 (*Cinnamomum comphora*) 葉片單隻飼育幼蟲至羽化為成蝶，調查各蟲期生長發育並記錄。結果顯示在 35°C 下青帶鳳蝶的卵無法存活；幼蟲羽化為成蟲的存活率以 25°C 和 30°C 最高為 90%，而以 15°C 最低為 62%。各蟲期之發育日數都隨著溫度增加而縮短，於 15°C 下各蟲期比 30°C 皆多出 5 倍以上的發育時間，且其發育速率與試驗溫度間呈正相關。青帶鳳蝶之發育臨界低溫，卵期為 13.48°C，一齡至五齡幼蟲分別為 14.02、13.58、13.80、13.23 及 11.13°C，蛹期為 12.38°C，卵至成蟲為 12.69°C；各蟲期之有效積溫，卵期為 38.65 日度，一齡至五齡幼蟲分別為 40.29、34.27、37.71、56.51 及 129.19 日度，蛹期為 186.81 日度，由結果可知，青帶鳳蝶最適合飼養於 25 至 30°C，在宜蘭地區一年大約有 6 至 7 世代。

關鍵詞 (Key words)：青帶鳳蝶 (*Graphium sarpedon connectens* Fruhstorfer)、樟樹 (*Cinnamomum comphora*)、溫度、發育

## 壽山國家自然公園生物相調查-昆蟲

廖士睿、陳鍾瑋、蔡齡瑩、曹暉智、顏聖紘

Shih-Rei Liao, Jong-Wei Tan, Ling-Ying Tsai, Wei-Chih Tsao, Shen-Horn Yen

國立中山大學生物科學系

Department of Biology Sciences, National Sun Yat-sen University

「壽山國家自然公園」目前包含壽山、半屏山、龜山、左營舊城以及旗後山，此區域原屬高雄市政府於民國 86 年所推動成立「高雄市壽山自然公園」，其用意在於保護壽山豐富的生態體系並追求永續發展。然而內政部營建署為保留更多樣完整的生態系、豐富的基因庫及歷史紀念地因而將其提升為「壽山國家自然公園」。本區為獨特的珊瑚礁隆起植被地形，因此在環境教育法通過後，「壽山國家自然公園」內的各項資源更是受高雄市政府所重視並大力推廣民眾教育。為求完整性地呈現本區自然環境資源，本計畫於進行期間以不同方式詳細調查其生物資源，根據 2009 年「壽山國家自然公園資源調查」，當時僅紀錄昆蟲資源共 12 科 44 種，而本計畫目前已紀錄此區域至少有 14 目 167 種昆蟲與內顎動物。包含鱗翅目 53 種、鞘翅目 36 種、半翅目 23 種、雙翅目 16 種、膜翅目 9 種、直翅目 8 種、蜻蛉目 4 種、蜚蠊目 4 種、嚙蟲目 4 種、螳螂目 3 種、纓翅目 2 種、脈翅目 1 種、蚤目 1 種及彈尾目 3 種，其中以鱗翅目、鞘翅目及半翅目所占之物種數為最多。統計半屏山、龜山、壽山以及旗後山昆蟲種數，其種類數量以壽山地區物種多樣性最高 (163 種)，其次為半屏山 (114 種)、龜山 (46 種) 與旗後山 (36 種)。雖然此區之植物相近似墾丁國家公園之高位珊瑚區，但受腹地面積、人類活動干擾、以及濕度影響，使得此區與恆春半島共享之植物種類不一定能支持相同昆蟲群聚的存在。

關鍵詞 (Key words)：壽山國家自然公園 (Shoushan National Nature Park)、環境教育法 (The Environmental Education Act)、內政部 (Ministry of the Interior)、高位珊瑚礁 (reefs mountain)

## 十八羅漢山自然保護區昆蟲相調查研究計畫之第一年成果

廖士睿、陳怡潔、曹暉智、顏聖紘

Shih-Rei Liao, Yi-Jie Chen, Wei-Chih Tsao, Shen-Horn Yen

國立中山大學生物科學系

Department of Biology Sciences, National Sun Yat-sen University

十八羅漢山自然保護區與臨近地區的植被調查研究遠早於動物學調查，而植物學方面的調查在方法的標準化與研究議題上皆較動物來得均質，使得過去研究具有較高的參考價值。然而因針對此區的動物研究稀少，僅有成功大學林進丁等人所進行的兩年調查。該調查計劃自民國八十三年十二月至八十四年五月進行四次調查，經調查結果顯示，本區動物組成有 76 種昆蟲，多數昆蟲為有翅亞綱，其中蝴蝶佔 37 種。然而在前人調查報告中也指出，因調查頻度低、調查方法少，因此無法取得潛息於草叢以及某些夜間活動昆蟲的資訊，而多數日行性昆蟲的調查結果又限於當時較易鑑定的蝴蝶。當時對昆蟲多樣性的格局與物種組成亦未能提出解釋。為瞭解昆蟲相組成，我們擬以 2 年時間進行昆蟲相之普查。本年度擬執行保護區範圍內普查，繼而規劃樣點設置之可行性。根據 2013 年 1 月至 8 月於十八羅漢山自然保留區與鄰近地區四個樣區以五種取樣方法收集植食性昆蟲的結果顯示，此區域至少 4 目 583 種昆蟲，含鱗翅目 15 科 379 種，鞘翅目 103 種，直翅目 15 種，與半翅目 86 種。植食性昆蟲，其中以鱗翅目昆蟲居多，半翅類與鞘翅目昆蟲居次。在取食功能群方面，嚼食者、潛葉者與吸食汁液者為多，蛀食者較少。

關鍵詞 (Key words)：十八羅漢山 (Shihbaluohanshan Forest Reserve)、植食性昆蟲 (phytophagous insects)、屏東林管處 (Pingtung Forest District Office)、潛葉 (leaf miner)

熱帶火蟻與長角黃山蟻間侵略性互動之研究  
Aggressive interactions between *Solenopsis geminata* and *Paratrechina longicornis*

蔡宜修、賴麗娟

Yi-Hsiu Tsai, Li-Chuan Lai

靜宜大學生態人文學系

Department of Ecological Humanities, Providence University

每種生物都有其所屬的棲位，若生活於同一棲位的生物彼此為了生存而爭取環境中的有限資源，便有可能發生侵略性互動行為。熱帶火蟻 (*Solenopsis geminata*) 入侵台灣中南部已三十多年，其適應入侵地的生態環境，因此族群數量增加，而與之同一地區內的其他螞蟻能利用的資源量便相對減少。本研究調查熱帶火蟻發生地周遭其他螞蟻種類，發現長角黃山蟻為熱帶火蟻發生地中的優勢螞蟻物種。在野外利用誘餌觀察螞蟻的招募能力，結果顯示熱帶火蟻最先招募較多的同伴，並且控制較多的誘餌數量。本研究進行熱帶火蟻與長角黃山蟻間侵略性互動關係之探討，在兩物種個體間侵略性互動試驗結果中發現，無論熱帶火蟻作為定居者或入侵者均會主動攻擊長角黃山蟻，而長角黃山蟻多採取迴避行為。試驗進行後 24 小時作為定居者的熱帶火蟻死亡率為 66.7%，當成為入侵者時其死亡率為 64.4%。反之，作為定居者的長角黃山蟻 24 小時後的死亡率為 84.4%，當其成為入侵者時，死亡率則為 77.8%。進一步進行兩物種間的群體互動試驗，發現熱帶火蟻仍然扮演主動攻擊的角色，結果顯示 24 小時後兩物種的死亡率分別是熱帶火蟻 44%，長角黃山蟻 94%。

關鍵詞 (Key words)：熱帶火蟻 (*Solenopsis geminata*)、長角黃山蟻 (*Paratrechina longicornis*)、侵略性互動 (aggressive interactions)、招募 (recruitment)

綠籬作為天敵棲所以增進有機農業上生物防治之效果  
Plant hedge as a habitat of natural enemies to enhance the effect of biological control  
for organic farm pests

林立、楊大吉、倪宇亭  
Li Lin, Ta-Chi Yang, Yu-Ting Ni

花蓮區農業改良場  
Hualien district agricultural research and extension station

種植綠籬植物不但可以增加農田植物多樣性，同時營造有利於天敵昆蟲立足之環境，也可兼具防風及阻隔外來物或產生景觀等附加價值。其中提供天敵棲所可使生物防治的效果具延續性。調查顯示於金露花、馬利筋、竹類、扶桑等綠籬植物上，棲息著草蛉、瓢蟲、螳螂、蜘蛛、黃斑粗喙椿象等多種有益天敵。試驗結果顯示於田區周圍種植綠籬，可有效降低特定害蟲之密度；於白蘿蔔田區周圍種植馬利筋，可吸引瓢蟲前來並有效降低偽菜蚜密度，處理組偽菜蚜的危害度為 34.2%，對照組為 91.1%。種植綠籬可使天敵於作物採收後仍有食物來源及地方棲息，於下一期作提早防治標的害蟲；田區周圍種植馬利筋，第一期作白蘿蔔採收後兩個月種植黃秋葵，結果顯示第二期作初期時，處理組作物上之瓢蟲數量比對照組多了 16%，蚜蟲減少了 61%，試驗證實綠籬可使生物防治效果具持續性。有機農業最佳的害蟲防治技術可藉由環境建構方式增加園區內生物的多樣性，將生物之間的相互關係達到有利於害蟲防治等功能，減少使用外在的防治資材及成本的投入，同時讓地區的農業生態能永續穩定。

關鍵詞 (Key words)：綠籬 (hedge plant)、生物防治 (biological control)、馬利筋 (Milkweed)、天敵 (natural enemies)

藉由參考基因分析來改善小菜蛾轉錄體之功能基因註解及發掘殺蟲劑抗性相關基因  
Improvement of gene annotation in *Plutella xylostella* and discovery of genes related to  
insecticide resistance by functional genomic analysis of a transcriptome with  
reference-based assembly

林祐榆<sup>1</sup>、陳政如<sup>2</sup>、張嘉哲<sup>3</sup>、黃莉欣<sup>4</sup>、陳倩瑜<sup>2,5</sup>、許如君<sup>6</sup>

You-Yu Lin<sup>1</sup>, Mei-Ju May Chen<sup>2</sup>, Chia-Che Chang<sup>3</sup>, Li-Hsin Huang<sup>4</sup>, Chien-Yu Chen<sup>2,5</sup>, Ju-Chun Hsu<sup>6</sup>

<sup>1</sup> 國立台灣大學生醫電子與資訊學研究所

Graduate Institute of Biomedical Electronics and Bioinformatics, National Taiwan University

<sup>2</sup> 國立台灣大學基因體與系統生物學學位學程

Genome and Systems Biology Degree Program, National Taiwan University and Academia Sinica

<sup>3</sup> 國立台灣大學植物醫學碩士學位學程

Master Program for Plant Medicine, National Taiwan University

<sup>4</sup> 行政院農委會農業藥物毒物試驗所 農藥應用組

Pesticide Application Division, Taiwan Agricultural Chemicals and Toxic Substances Research Institute

<sup>5</sup> 國立台灣大學生物產業機電工程學系

Department of Bio-Industrial Mechatronics Engineering, National Taiwan University

<sup>6</sup> 國立台灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

The RNA-seq data was generated by Illumina sequencing using the wild type of *Plutella xylostella*, which was susceptible to insecticides. The raw data contain  $2 \times 80,262,019$  pair-end reads with the length of 90 bases (14,447,263,420 bases in total). The qualified reads (71,957,698 read pairs) were assembled into transcripts by a reference-based assembler, *Cufflinks* (version 2.1.1) incorporated with the mapper, *TopHat* (version 2.0.8), where the genome sequences of *P. xylostella* were reported by You *et al.* (*Nature Genetics*, 2013). Assembled transcripts were aligned against a set of predicted protein sequences, also from You *et al.* (*Nature Genetics*, 2013), using *blastx* (criteria of a match: e-value  $< 10^{-5}$  and identity  $> 90\%$ ). A total of 28,993 transcripts, corresponding to 17,301 *P. xylostella* proteins, were expressed in our RNA sample covering about 96% of the predicted proteins from You *et al.* To see whether our transcriptome data discover additional coding genes, we aligned the assembled transcripts against the predicted protein sequences of silkworm (Xia *et al.*, *Science* 2004) using *blastx* (criteria of a match: e-value  $< 10^{-5}$  and identity  $> 40\%$ ). The results revealed that there are 1,961 potential coding genes that were expressed in our transcriptome but were not reported in the study of You *et al.* This suggested that

the previous annotation of *P. xylostella* might still be incomplete and the current study can improve the quality of the gene annotation for *P. xylostella*. In the end, the assembled sequences were used to identify genes potentially belonging to families related to insecticide metabolism and resistance. A total of 86 P450-, 35 GST-, 29 COE- and 16 ACE-related genes were identified.

關鍵詞 (Key words) : 抗藥性 (insecticide resistance)、次世代定序 (next-generation sequencing)、小菜蛾 (*Plutella xylostella*)、轉錄體 (transcriptome)

蘭嶼羅漢松對橙帶藍尺蠖蛾發育之影響  
 Effect of *Podocarpus costalis* on development of the *Milionia basalis pryeri*  
 Druce Walker

陳仕勛<sup>1</sup>、黃啟鐘<sup>2</sup>、李明仁<sup>1</sup>  
 Shih-Hsun Chen<sup>1</sup>, Chii-Chuang Huang<sup>2</sup>, Ming-Jen Lee<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 國立嘉義大學森林暨自然資源學系  
 Department of Forestry and Natural Resources, National Chiayi University

<sup>2</sup> 國立嘉義大學生物資源學系  
 Department of Biological Resources, National Chiayi University

本研究於野外以掃網法採集橙帶藍尺蠖蛾 (*Milionia basalis pryeri* Druce) 成蟲，置於室內產卵後再進行試驗。在室溫  $28 \pm 1^\circ\text{C}$  下，以蘭嶼羅漢松 (*Podocarpus costalis*) 葉片作單隻飼養結果，顯示卵孵化率為 90%，卵期平均為  $6.41 \pm 1.18$  日。試驗期間出現 6 及 7 齡型幼蟲，其幼蟲發育期分別為 6 齡型幼蟲  $34.33 \pm 4.13$  日、7 齡型幼蟲  $42.00 \pm 8.49$  日、總平均為  $35.24 \pm 5.09$  日。由卵至成蟲羽化期分別為 6 齡型幼蟲  $53.87 \pm 3.50$  日、7 齡型幼蟲  $62.00 \pm 8.49$  日、總平均為  $54.82 \pm 4.75$  日，成蟲羽化率為 40%。比較 6 及 7 齡型幼蟲頭殼寬，於第 5 及第 6 齡幼蟲時達顯著性差異，而其體長及體重於第 4、第 5 及第 6 齡幼蟲時達顯著性差異。該蛾幼蟲之平均頭殼寬必須超過 4.21 mm 的閾值即進入化蛹階段，且幼蟲各齡期與頭殼寬之常用對數間呈正相關，符合戴爾法則。該蛾蛹重、蛹長、蛹寬平均為  $0.63 \pm 0.09$  g、 $24.56 \pm 1.21$  mm、 $7.05 \pm 0.55$  mm，再比較 6 及 7 齡型之蛹重及蛹寬均達顯著性差異。至於 6 及 7 齡型幼蟲及其總平均食葉量分別為  $146.37 \pm 23.19$  cm<sup>2</sup>、 $186.31 \pm 5.49$  cm<sup>2</sup> 及  $151.06 \pm 25.46$  cm<sup>2</sup>，且前述兩型之最末齡幼蟲的食葉量，皆占總食葉量的 78.61% 以上。

關鍵詞 (Key words)：橙帶藍尺蠖蛾 (*Milionia basalis pryeri* Druce)、蘭嶼羅漢松 (*Podocarpus costalis*)、發育 (development)

竹柏對橙帶藍尺蛾發育之影響  
Effect of *Nageia nagi* on development of the *Milionia basalis pryeri* Druce

陳仕勳<sup>1</sup>、黃啟鐘<sup>2</sup>、李明仁<sup>1</sup>  
Shih-Hsun Chen<sup>1</sup>, Chii-Chuang Huang<sup>2</sup>, Ming-Jen Lee<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 國立嘉義大學森林暨自然資源學系  
Department of Forestry and Natural Resources, National Chiayi University

<sup>2</sup> 國立嘉義大學生物資源學系  
Department of Biological Resources, National Chiayi University

本研究於野外以掃網法採集橙帶藍尺蛾 (*Milionia basalis pryeri* Druce) 成蟲，置於室內產卵後再進行試驗。在室溫  $28 \pm 1^\circ\text{C}$  下，以竹柏 (*Nageia nagi*) 葉片作單隻飼養結果，顯示卵孵化率為 98%，卵期平均為  $6.65 \pm 1.35$  日。試驗期間出現 6 及 7 齡型幼蟲，其幼蟲平均發育期分別為 6 齡型為  $32.00 \pm 4.01$  日、7 齡型為  $39.50 \pm 4.95$  日、總平均為  $32.75 \pm 4.59$  日，由卵至成蟲羽化期分別為 6 齡型  $51.89 \pm 4.51$  日、7 齡型  $60.50 \pm 4.95$  日、總平均為  $52.75 \pm 5.159$  日，成蟲羽化率為 48%。比較 6 齡型及 7 齡型幼蟲頭殼寬，於第 3 至第 5 齡幼蟲時達顯著性差異，體長除了第 2 齡幼蟲外，其他各齡期幼蟲均達顯著性差異，而體重於第 4、第 5 及第 6 齡幼蟲時達顯著性差異。該蛾幼蟲之平均頭殼寬必須超過 4.08 mm 的閾值即進入化蛹階段，且幼蟲各齡期與頭殼寬之常用對數間呈正相關，符合戴爾法則。該蛾蛹重、蛹長、蛹寬平均為  $0.66 \pm 0.10$  g、 $24.28 \pm 4.30$  mm、 $7.94 \pm 3.92$  mm。至於 6 及 7 齡型幼蟲及其總平均食葉量分別為  $117.25 \pm 22.60$  cm<sup>2</sup>、 $135.81 \pm 21.30$  cm<sup>2</sup>、 $119.11 \pm 22.66$  cm<sup>2</sup>，且前述兩型之最末齡幼蟲的食葉量，皆占總食葉量的 80.54% 以上。

關鍵詞 (Key words)：橙帶藍尺蛾 (*Milionia basalis pryeri* Druce)、竹柏 (*Nageia nagi*)、發育 (development)

建立以微核酸基因默化機制進行登革防治之基因轉殖埃及斑蚊  
Generation of microRNA-based antiviral transgenic mosquitoes *Aedes aegypti* to  
control Dengue fever

顏沛熙<sup>1</sup>、陳香穎<sup>1</sup>、卓岳<sup>1</sup>、李建全<sup>1</sup>、杜武俊<sup>2</sup>、陳俊宏<sup>1</sup>  
Pei-Shi Yen<sup>1</sup>, Hsiang-Yin Chen<sup>1</sup>, Yueh Cho<sup>1</sup>, Jian-Chiuan Li<sup>1</sup>, Wu-Chun Tu<sup>2</sup>, Chun-Hong Chen<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 國家衛生研究院分子基因與醫學研究所  
Division of Molecular and Genomic Medicine, National Health Research Institutes

<sup>2</sup> 國立中興大學昆蟲學系  
Department of Entomology, National Chung Hsing University

Dengue is the most threatening and fastest spreading mosquito-borne disease of the world, which causes 100 million people infected annually, and more than one-third of the world's population living under the risk of infection. The yellow fever mosquito, *Aedes aegypti* is the principle vector transmitting dengue virus, and the transmission cycle in the wild involves only humans and mosquitoes. Until now, no vaccines and positive treatment are available, and the use of insecticides leads to resistance in mosquito vectors. Therefore, the alternative strategies for mosquito vector control are needed. In this study, using the *mariner* Mos1 transformation system, we generate a transgenic mosquito line which expresses anti-viral microRNAs under the control of *A. aegypti* ubiquitin and carboxypeptidase A promoter. DENV-3 titration of the exposed mosquitoes at day-7 and day-14 shows the transgenic mosquito provides significant antiviral ability. The DENV-3 envelop antigen immunostaining in salivary glands suggests that the transgenic mosquito was poorly supported virus transmission. Transgenic *A. aegypti* might provide a powerful solution to control dengue fever.

關鍵詞 (Key words) : 埃及斑蚊 (*Aedes aegypti*)、基因轉殖蚊 (transgenic mosquito)、登革病毒 (Dengue virus)、微核酸 (micro RNAs)

新鮮蜂花粉的農藥殘留分析  
Pesticide residues in the fresh bee pollens

羅緯<sup>1</sup>、陳易成<sup>1</sup>、陳翠瑤<sup>2</sup>、陳裕文<sup>1</sup>  
Wei Lo<sup>1</sup>, Yi-Cheng Chen<sup>1</sup>, Tsui-Yao Chen<sup>2</sup>, Yue-Wen Chen<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 國立宜蘭大學生物技術與動物科學系  
Department of Biotechnology and Animal Science, National Ilan University

<sup>2</sup> 國立宜蘭大學食品科學系  
Department of Food Science, National Ilan University

為探討台灣的養蜂環境面臨的農藥污染狀況，本研究在全台各主要養蜂地區設置 10-15 個採樣點，於 2012 年 9 至 2013 年 6 月期間，逐月收集西洋蜂 (*Apis mellifera*) 群的新鮮蜂花粉，共收集 136 件樣品，依照衛生署公告之檢測方法進行 251 項農藥殘留檢測。結果顯示，只有 22.1% 樣品未檢出農藥殘留，檢出 1 種農藥殘留的比例為 32.4%，檢出 2-5 種農藥殘留的比例為 35.3%，另有 10.3% 樣品檢出 6 種以上的農藥殘留。所有樣品中共計檢出 57 種農藥，其中以福化利 (47%) 與陶斯松 (45%) 的樣品檢出率最高，貝芬替 (15%) 與加保利 (13%) 次之，其餘農藥的檢出率皆小於 10%。以檢出農藥的殘留濃度而言，福化利的平均濃度達  $0.587 \pm 0.947$  ppm 最高，其最高檢出濃度達 5.490 ppm。福化利為蜂農用以防治蜂蟹蟎的推薦藥劑，可發現普遍殘留於 2012 年 9 月至 2013 年 2 月的花粉樣品，其中 2013 年 1-2 月的樣品檢出率約為 90%；值得注意者，2013 年 3-5 月的樣品皆未檢出福化利，推測這段期間正值採蜜季節，蜂農停止施用福化利，但 2013 年 6 月的樣品則再度檢出福化利。陶斯松源自粉源植物，可發現普遍存在於各採樣月份的花粉樣品。

關鍵詞 (Key words)：西洋蜂 (*Apis mellifera*)、福化利 (fluvalinate)、陶斯松 (chlorpyrifos)、蜂花粉 (bee pollen)

台灣綠蜂膠添加生物材料奈米金之抑菌活性  
The antibacterial activity of Taiwanese green propolis adding gold nanoparticles

丁捷、陳裕文

Chieh Ting, Yue-Wen Chen

國立宜蘭大學生物技術與動物科學系

Department of Biotechnology and Animal Science, National Ilan University

本研究探討台灣綠蜂膠最高等級 (TW-I) 添加生物材料奈米金對於抑制金黃色葡萄球菌 (*Staphylococcus aureus*) 及其亞株與單核細胞增生利斯特菌 (*Listeria monocytogenes*) 是否具有更好的效果，並測定其抗氧化能力選出較佳的配合比例，以供未來大量生產之參考。台灣綠蜂膠以 15  $\mu\text{g/ml}$ 、10  $\mu\text{g/ml}$ 、7.5  $\mu\text{g/ml}$ 、5  $\mu\text{g/ml}$ 、2.5  $\mu\text{g/ml}$  等不同濃度分別添加 10 ppm、5 ppm、2.5 ppm、1 ppm 之奈米金預混於室溫下放置 0、1、2、4、8、12、16、24 小時後進行最小抑菌濃度 (minimum inhibitory concentration, MIC) 之測試。結果顯示在原始無添加奈米金的條件下，台灣綠蜂膠對金黃色葡萄球菌之 MIC 為 7.5  $\mu\text{g/ml}$ ，單核細胞增生利斯特菌之 MIC 為 15  $\mu\text{g/ml}$ 。而添加奈米金處理之蜂膠各個時間點 MIC 均有降低，且對金黃色葡萄球菌效果較為顯著，0 至 8 小時添加不同濃度的奈米金之蜂膠 MIC 可降至約 5  $\mu\text{g/ml}$ 。單核細胞增生利斯特菌則是於添加高濃度奈米金且作用時間較長時 MIC 有較低的濃度。

關鍵詞 (Key words)：台灣綠蜂膠、奈米金 (gold nanoparticles)

國產蜂蜜抑菌能力分析  
The analysis of antibacterial activity of honey from Taiwan

陳容蓉、陳裕文  
Rong-Rong Chen, Yue-Wen Chen

國立宜蘭大學生物技術與動物科學系  
Department of Biotechnology and Animal Science, National Ilan University

近年來因抗生素使用不當，抗藥性細菌的威脅也越加強大，蜂蜜已證實對微生物具有抑制及殺菌效果，此次研究希望藉由檢測蜂蜜樣品對兩種不同菌株的抑菌值，以供未來國產蜂蜜作為醫藥用蜂蜜的潛力評估。本試驗採取法孔洞擴散法 (Agar well diffusion) 測試多種國產蜂蜜 (2013 年評鑑龍眼蜜 10 件、2012 年評鑑龍眼蜜 5 件與其他國產蜂蜜 4 件，共計 19 件) 對金黃色葡萄球菌 (*Staphylococcus aureus*) 和大腸桿菌 (*Escherichia coli*) 的體外抑菌活性，並選用麥蘆卡蜂蜜 (5 件) 與兩種果糖 (市售假蜜主成份) 做為實驗對照組進行探討。結果顯示：除果糖外所有蜂蜜樣本皆對 *S. aureus* 呈現明顯的抑菌活性 ( $P < 0.05$ )，其中以 2013 年評鑑龍眼蜜 (抑菌圈平均為  $24 \pm 4.67$  mm) 效果最佳，2012 年評鑑龍眼蜜 (抑菌圈平均為  $19.4 \pm 0.79$  mm)、麥蘆卡蜂蜜 (抑菌圈平均為  $18.7 \pm 2.84$  mm) 和其他國產蜂蜜 (抑菌圈平均為  $17.6 \pm 3.54$  mm) 次之；在 *E. coli* 方面則是以麥蘆卡蜂蜜 (抑菌圈平均為  $15.9 \pm 5.00$  mm) 與 2013 年評鑑龍眼蜜 (抑菌圈平均為  $15.9 \pm 1.95$  mm) 效果最佳，2012 年評鑑龍眼蜜 (抑菌圈平均為  $12.3 \pm 1.11$  mm) 次之，其他國產蜂蜜 (抑菌圈平均為  $10.5 \pm 2.23$  mm) 再次之，果糖則無顯著抑菌效果。此外，除麥蘆卡蜂蜜外蜂蜜樣本對 *S. aureus* 的抑菌活性普遍高於 *E. coli*。

關鍵詞 (Key words)：蜂蜜 (honey)、孔洞擴散法 (agar well diffusion)、抑菌活性 (antibacterial activity)

嗜菊短頭脊沫蟬 (*Poophilus costalis* (Walker, 1851))  
(半翅目：沫蟬總科：尖胸沫蟬科) 之幾丁質酶表現  
Expression of chitinase gene in the spittlebug *Poophilus costalis* (Walker, 1851)  
(Hemiptera: Cercopoidea: Aphrophoridae)

張淑貞<sup>1,2</sup>、石憲宗<sup>1</sup>、路光暉<sup>2</sup>  
Shu-Chen Chang<sup>1,2</sup>, Hsien-Tzung Shih<sup>1</sup>, Kuang-Hui Lu<sup>2</sup>

<sup>1</sup> 農業試驗所應用動物組

Division of Applied Zoology, Agricultural Research Institute

<sup>2</sup> 國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

沫蟬若蟲具產生泡沫液包覆全身的行為。已知嗜菊短頭脊沫蟬 (*Poophilus costalis* (Walker)) 泡沫液含有幾丁質酶，具抑制真菌作用，並由其馬氏管 (泡沫液主要生成組織) 中，選殖出全長 1809 bp 之幾丁質酶 mRNA，本研究即在進一步確認此幾丁質酶基因在沫蟬馬氏管之表現情形。根據上述幾丁質酶 mRNA 序列，合成 N 端以 Dig 標定之探針，再以此探針與 5 齡若蟲馬氏管進行原位雜合反應 (in situ hybridization)，雜合 42°C 隔夜後可見馬氏管呈現棕色，證實幾丁質酶確實在沫蟬馬氏管上表現。即時定量 PCR (real-time PCR) 分析可見沫蟬 5 齡初期若蟲時，此基因在馬氏管中之表現量高於體壁；而在 5 齡末期若蟲，則是體壁中之表現量高於馬氏管。此等結果顯示此幾丁質酶除參與齡期末期若蟲蛻皮外，在齡期初期若蟲泡沫液分泌量多時，亦可能負有抑菌及保護作用。

關鍵詞 (Key words)：沫蟬 (spittlebug)、幾丁質酶 (chitinase)、馬氏管 (Malpighian tubule)、原位雜合反應 (in situ hybridization)、即時定量 PCR (real-time PCR)

台灣冠網椿象屬 (*Stephaniris* spp.) 分類研究初探 (半翅目: 網椿象科)  
Preliminary study on taxonomy of the *Stephaniris* spp. in Taiwan (Hemiptera: Tingidae)

張哲瑋、張萃嫻

Jue-Wei Chang, Tsui-Ying Chang

國立屏東科技大學植物醫學系

Department of Plant Medicine, National Pingtung University of Science and Technology

台灣的網椿象科 (Hemiptera: Tingidae) 已記錄 27 屬 53 種, 其中以冠網椿象屬 (*Stephaniris*) 14 種為最大屬。本研究擬詳細繪圖及描述台灣地區的冠網椿象並進行修訂。目前已繪圖及描述 5 種冠網椿象, 分別為香蕉冠網椿象 *S. typica*、杜鵑冠網椿象 *S. pyrioides*、防己冠網椿象 *S. subfasciata*、班脊冠網椿象 *S. aperta* 與明脊冠網椿象 *S. esakii* 等。

關鍵詞 (Key words): 台灣 (Taiwan)、冠網椿象屬 (*Stephaniris*)、分類 (Taxonomy)

根據共域性分析推測具「豹斑翅紋」的枝尺蛾、波尺蛾和貓蛺蝶  
是否具有擬態關係

謝至濤<sup>1</sup>、黃嘉龍<sup>2</sup>、顏聖紘<sup>1</sup>

Chih-hao Hsieh<sup>1</sup>, Chia-Lung Huang<sup>2</sup>, Shen-horn Yen<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 國立中山大學生物科學系

Department of Biological Sciences, National Sun Yat-sen University

<sup>2</sup> 國立台灣師範大學生命科學系

Department of Life Science, National Taiwan Normal University

判斷兩個 (或以上) 展示近似視覺訊息的生物是否具有擬態關係必須滿足許多的條件, 例如在時間上必須同步出現、對掠食者來說意謂著相同的警訊、在空間分布上有所重疊、並能因為共同天敵的選汰而互蒙其利。然而在大多數的擬態案例中, 天敵的身份從未被發現, 因此若在缺乏行為學的證據下, 判斷具有近似視覺訊息物種間是否可能具備擬態關係的方法, 首先便是評估其空間分布的共域性。本研究以具「豹斑翅紋」(翅色與身體由黃邊、白底、黑斑) 的尺蛾與蛺蝶為目標, 探究牠們間是否可能具有擬態關係。具備這樣翅色的鱗翅目昆蟲分布於東洋區北部與古北區東部, 並分布於以下分類群: 枝尺蛾亞科 (Ennominae) 之 *Obeidia* 屬群、波尺蛾亞科 (Larentiinae) 之 *Gandaritis pseudolargetaui* 和 *Gandaritis octoscripta*, 閃蛺蝶亞科 (Apaturinae) 之貓蛺蝶 (*Timelaea*) 屬、裳蛾科燈蛾亞科 (Arctiinae) 之 *Caloena takamukui*, 以及鳳蛾科 (Epicopeiidae) 的 *Parabraxas* 屬。除 *Parabraxas* 之外, 其它類群皆可見於台灣。然而因各類群之海拔分布不盡相同, 可能具有毒性之類群數量稀少, 再加上複雜的日夜週期活動, 使得判斷涉入擬態者極具挑戰性。本研究將利用標本館與網路資訊分析相關物種之共域性, 其次再藉由行為學方法檢驗在掠食者認知下這些昆蟲的視覺訊息與警訊相似度。最後再瞭解各物種的活動週期以及體內毒素來源, 作為具有近似視覺訊息卻缺乏活動時間重疊性的物種為何能形成擬態群的假說基礎。

關鍵詞 (Key words): 擬態 (mimicry)、鱗翅目 (Lepidoptera)、警戒色 (aposematism)、化學防禦 (chemical defense)、系統發育 (phylogenetic systematics)

波帶綠刺蛾 (*Parasa undulata*) 種群之分類學回顧與刺蛾取食裸子植物之  
全球首次紀錄

Taxonomic review of the *Parasa undulata* species-group and the first record of  
Limacodidae larva feeding on conifer

吳士緯<sup>1</sup>、張維君<sup>2</sup>、顏聖紘<sup>3</sup>  
Shipher Wu<sup>1</sup>, Wei-Chun Chang<sup>2</sup>, Shen-Horn Yen<sup>3</sup>

<sup>1</sup> 國立台灣大學昆蟲學系  
Department of Entomology, National Taiwan University

<sup>2</sup> 行政院農委會林務局  
Forestry Bureau, Council of Agriculture Executive Yuan

<sup>3</sup> 國立中山大學生物科學系  
Department of Biological Sciences, National Sun Yat-sen University

Although the caterpillars are well-known for the stings and magnificent coloration, the systematics of Limacodidae is historically neglected and chaotic due to the difficulty in matching the larval with adult stages as well as the very conservative and convergent adult morphology. One of the biggest taxonomic problems surrounds a collective group, termed “green limacodid moths”, which harbours at least 90 species placed in either the genus *Parasa* or *Latoia*. According to the most current concept by Holloway (1989), *Parasa* includes the New World and Old World species and is split into 14 “subunits” based on wing patterns and genitalia. The *undulata* group was previously composed of 3 species from China and Taiwan, and characterized only by wing pattern. In the present study, we discovered a new species and report the larval morphology for the first time. A larva was found feeding exclusively on *Picea* (Pinaceae). Based on a phylogenetic analysis of COI fragments (636 bp), the larva’s identity can be attributed to *P. pygmy*. This discovery is also biologically significant because the known host breadth of *Parasa* was polyphagous on various angiosperm plant families. This case, therefore, represents the first record of conifer-feeding behavior in this family as well as the first specialist herbivore in the genus. Meanwhile, the background match between *Picea* leaves and larval colouration is shared with other *Picea*-feeding insects. This phenomenon is worth further investigation in the aspect of convergent evolution of crypsis associated with a particular plant.

關鍵詞 (Key words)：裸子植物取食者 (conifer-feeder)、刺蛾科 (Limacodidae)、雲杉屬 (*Picea*)、  
松科 (Pinaceae)、台灣 (Taiwan)

以形態證據重建鋸眼蝶屬之親緣關係  
Phylogenetic relationships of the genus *Elymnias* Hübner, 1818 (Nymphalidae, Satyrinae)  
based on morphological characters

韋家軒<sup>1</sup>、David J. Lohman<sup>2</sup>、顏聖紘<sup>1</sup>  
Chia-Hsuan Wei<sup>1</sup>, David J. Lohman<sup>2</sup>, Shen-Horn Yen<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 國立中山大學生物科學系  
Department of Biological Sciences, National Sun Yat-sen University  
<sup>2</sup> Department of Biology, City College of New York

The butterfly genus *Elymnias* Hübner, 1818 is one of the most species-rich groups of butterfly Batesian mimics (48 species and 201 subspecies) and is distributed throughout Southeast Asia plus two species in Africa. Different *Elymnias* species vary in color, pattern, and size because different *Elymnias* species frequently mimic dramatically different models. Sexual dimorphism is also common. Despite its potential as a system for studying mimicry, the evolution of wing patterns, and Southeast Asian biogeography, there has been virtually no biological research on *Elymnias*. In the present study, we reconstructed the phylogeny of *Elymnias* based on adult morphology to address several key questions: 1) Have similar mimetic morphotypes evolved convergently, or are they phylogenetically conserved? 2) Has sexually dimorphic mimicry evolved multiple times? 3) Did the *Elymnias* lineage evolve in Africa before dispersing to Southeast Asia, or vice versa? Because of its species richness and extreme interspecific morphological diversity, *Elymnias* promises to be an unparalleled system for the study of wing pattern evolution and the evolution of morphological novelty. Preliminary examination of mimetic patterns in *Elymnias* suggests that there are about ten different types of wing patterns, termed “morphotypes” for the purpose of discussion of mimicry. Some *Elymnias* species show clinal variation in wing patterns, presumably to mimic subtly different models in different locales. This variability, coupled with genitalic uniformity, complicates species delimitation. To add to this confusion, there has never been a systematic revision of *Elymnias*. The present investigation will examine the evolution of wing pattern diversity in *Elymnias* and identify promising sister species pairs for future genetic and developmental studies. In the present study, we extracted twenty characters of adult morphology from 39 species and analyzed using both equal weight (EW) and implied weight (IW) in maximum parsimony analyses. The results show that the relationships are not fully resolved in the consensus tree of EW analysis, but several species-groups were identified although the support values of most nodes are low due to convergence and conservativeness. We hope this pilot study can provide a preliminary framework for future studies, such

as 1) the evolution of morphological novelty in a mimetic system; 2) the role of Southeast Asia's dynamic geography in generating organismal diversity; and 3) the taxonomic limits of widespread *Elymnias* species, while laying the groundwork to develop a new model system for the study of wing pattern evolution and development. such as for comparing to molecular phylogeny, or tracing the history of mimetic patterns.

關鍵詞 (Key words) : 鋸眼蝶屬 (*Elymnias*)、眼蝶亞科 (Satyrinae)、貝氏擬態 (Batesian mimicry)

Using optical properties of wing metallic shine to evaluate the mimicry relationships between *Elymnias hypermnestra* and the sympatric *Euploea* species

Jong-Wei Tan, Shen-Horn Yen

Department of Biological Science, National Sun Yat-sen University

The taxonomy, evolution and chemical ecology of the unpalatable butterfly genus *Euploea* (Nymphalidae, Danainae) have been extensively studied during the last decades because of its significance in driving the evolution of colour-patterns of other insects in the Indo-Pacific. The co-mimics of *Euploea* include various palatable taxa, such as the satyrine genus *Elymnias*. The visual resemblance between co-mimicking *Euploea* and *Elymnias* is not only contributed by wing morphology and behavior, but also the metallic blue shine produced by interactions between the optical properties and microstructures of wing scales. In mimicry biology, it is essential to determine the relationship between co-mimicking species, but it may become challenging when multiple species with similar colouration and chemical defense are sympatric. Apart from assessing the relative palatability, phenology, and sympatry between the potential model and mimic, the accuracy of wing pattern match (visual signal) is one of the most important factors in determining a mimicry relationship. Most case studies of defensive mimicry focus on the visual signals irrelevant with metallic shine, so there is no need to measure the optical properties. In the present study, we attempted to evaluate the similarity of the metallic shine between the Taiwanese *Elymnias hypermnestra* and 3 species of *Euploea* by measuring the reflectance spectra using a spectrophotometer (OceanOptics usb4000). The results show that the reflectance spectra of them were similar and peaked around 500nm with differences in intensity. The intensities of metallic reflection between *Eu. tulliolus* and *El. hypermnestra*, however, were particularly similar. This result suggests that *E. tulliolus* is more likely the model of *El. hypermnestra*, and the size match also supports this interpretation. Predation tests are still necessary in order to confirm whether other *Euploea* species participate in this mimicry complex as “imperfect models”.

Key words: Batesian mimicry, structural colouration, aposematism, visual signal

大礁溪實驗林場不同植群型樹棲性螞蟻群聚結構之探討  
Research of the arboreal ant community structure from different vegetation type in  
Da-Jiou-Shi Experimental Forest

許峰銓<sup>1</sup>、陳子英<sup>2</sup>、林宗岐<sup>1</sup>  
Fung-Chuan Hsu<sup>1</sup>, Tze-Ying Chen<sup>2</sup>, Chung-Chi Lin<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 國立彰化師範大學生物學系  
Department of Biology, National Changhua University of Education  
<sup>2</sup> 國立宜蘭大學森林暨自然資源學系  
Department of Forestry and Natural Resources, National Ilan University

螞蟻的生物量大且物種多樣性高，在陸域生態系中佔有重要地位，適合做為簡單有效的指標生物 (bioindicator)。大礁溪林場近年已進行許多動植物相調查，然而林場內棲息數量和種類頗為豐富的蟻科 (Formicidae) 相關研究則付之闕如。本研究在宜蘭縣的大礁溪實驗林場進行，調查 5 種植群型之優勢樹種上的樹棲性螞蟻群聚組成，每種植群型之優勢樹種各選擇 5 棵樣木於胸高處架設樹幹環形掉落陷阱進行採集，樣區植群型包含台灣烏心石 (*Michelia compressa* var. *formosana*) 人工林、千年桐 (*Aleurites montana*) 次生林、豬母乳 (*Ficus fistulosa*) 次生林、長尾尖葉槲 (*Castanopsis cuspidata* var. *carlesii*) 原始林及澀葉榕 (*Ficus irisana*) 原始林。研究期間自 2012 年 7 月至 2013 年 6 月，每個月調查 1 次，共採獲 1151 隻螞蟻個體 (不含蟻后及雄蟻)，隸屬於 5 亞科 21 屬 39 種，其中以長尾尖葉槲原始林和澀葉榕原始林分布 23 種最多，其次為豬母乳次生林 18 種，千年桐次生林及台灣烏心石人工林都僅採獲 13 種最少。在多樣性指數分析上，Simpson 多樣性指數、Shannon 多樣性指數及均勻度指數最高的為澀葉榕原始林，台灣烏心石人工林最低。原始林和次生林的螞蟻群聚結構並不相同，不同地形及不同演替階段的生育地條件皆影響樹棲性螞蟻物種的分布情形。本研究以樹棲性螞蟻做為指標生物，進行森林環境評估及植群演替分級，提供未來森林生態保育之參考。

關鍵詞 (Key words)：宜蘭縣 (Yilan County)、植群型 (vegetation type)、群聚結構 (community structure)、樹幹環形掉落陷阱 (circle trunk pitfall trap)、指標生物 (bioindicator)

## 臺灣缺蠓體表及體內酵母菌相研究

陳泓瑋、王瑋龍、林宗岐、溫育德、周睿鈺

Hung-Wei Chen, Wei-Lung Wang, Chung-Chi Lin, Yu-Der Wen, Jui-Yu Chou

國立彰化師範大學生物學系

Department of Biology, National Changhua University of Education

近年來，臺灣各地飽受臺灣缺蠓 (*Forcipomyia taiwana*) 危害，中南部地區更為嚴重。臺灣缺蠓又稱為小黑蚊，屬於雙翅目 (Diptera) 缺蠓屬的衛生害蟲，生活史分為卵期、幼蟲期、蛹期及成蟲期四個時期。在生態上小黑蚊雄蟲不吸血，雌蟲需要吸食血液才能繁殖後代。受害者常被飽食血液，患處隨即紅腫，令人奇癢難耐，體質敏感者尚需就醫。為了解決臺灣缺蠓對人類造成的困擾，了解臺灣缺蠓的生物學就顯得非常重要。然而臺灣缺蠓目前被定義為騷擾性昆蟲，對人類是否具有致病性的可能，仍待更多研究確認。此外，由於其成蟲夜晚的棲息處仍屬未知，在防治方面造成困難。因此，本研究目的在於了解臺灣缺蠓體表及體內是否具有酵母菌存在，及其是否為病原酵母菌物種。再者，將臺灣缺蠓體表及體內酵母菌相與棲息環境附近的酵母菌相比較，並由這些資訊了解成蟲夜晚可能的棲息處。本研究於臺灣各地採集不同族群臺灣缺蠓，帶回實驗室分離並培養體表及體內酵母菌後，利用 M13 PCR fingerprinting 方法，辨別形態特徵相似的酵母菌是否為同一物種。接著以 LSU rDNA、ITS 序列以及形態特徵鑑定酵母菌菌種。目前結果顯示臺灣缺蠓體表和體內皆有酵母菌存在，且不只一種酵母菌。本研究報告也將針對這些酵母菌菌種探討其生態意義以及其對人類致病的可能性作進一步討論。

關鍵詞 (Key words)：臺灣缺蠓 (*Forcipomyia taiwana*)、酵母菌 (yeast)、LSU rDNA、ITS 序列

高背木蝨的發聲機制 (半翅目：榕木蝨科)  
The sound production mechanism of *Macrohomotoma gladiata*  
(Hemiptera: Homotomidae)

吳宗澤、楊曼妙  
Zong-Ze Wu, Man-Miao Yang

國立中興大學昆蟲學系  
Department of Entomology, National Chung Hsing University

本研究以高背木蝨 (*Macrohomotoma gladiata*) 為材料，進行翅上的結構破壞以探討木蝨的發音器所在位置。木蝨的聲音具有物種專一性，在求偶過程扮演重要的角色，專一的聲音訊號在生殖行為上具有生殖隔離的機能。本研究旨在探討木蝨的發聲機制，期能瞭解木蝨聲音的演化，以利進一步探討聲音訊息在木蝨物種分化所扮演的角色。綜合木蝨發聲的可能機制，可整理成“鼓膜發聲”、“翅振發聲”、“翅翅摩擦”、“翅胸摩擦”、“翅足摩擦”、“足腹摩擦”與“翅腱骨發聲”等多種假說。其中“翅振發聲假說”與“翅胸摩擦假說”較為學者所接受，“翅腱骨發聲假說”則為此研究過程於許多實驗觀察後所推測的新假說。為測試上述與翅有關的假說，我們進行下列組別的實驗，觀察雌雄的求偶發聲：(1) 切除前翅與後翅、(2) 切除前翅留下翅腱骨、(3) 切除前翅和翅腱骨、(4) 切除後翅、(5) 切除前翅摩擦區與 (6) 不做切除的對照組。實驗結果顯示 (A) 木蝨的發聲方式並非透過翅胸摩擦發聲，(B) 移除前翅翅腱骨的木蝨不具有發聲的能力，(C) 木蝨的前翅在發聲行為扮演相當重要的角色，且發聲與後翅沒有關聯。此外，切除前翅留下翅腱骨與對照組的聲音分貝數小於對照組，因此推測前翅尚具有放大聲音的功能。

關鍵詞 (Key words)：木蝨 (psyllids)、翅腱骨 (axillary sclerites)、發音器 (sound produce organ)、震動訊號 (vibratory signals)

## 紅果蠅孤雌生殖基因的定位

Location of a major gene for parthenogenesis in *Drosophila albomicans*

張家禎、張慧羽

Chia-Chen Chang, Hwei-Yu Chang

國立台灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

Parthenogenesis of several *Drosophila* species was discovered. Most of them are facultative and perform gamete duplication as a major diploidization mechanism after meiosis, and *D. albomicans* is no exception. We performed genetic mapping with *D. albomicans*. Almost all individuals from a parthenogenetic strain, about 75% of F<sub>1</sub> from crossing between a parthenogenetic strain and a sexual strain, and only about 50% of their parthenogenetically produced F<sub>2</sub> could perform parthenogenesis. It suggests that there could be one major locus and a dominant parthenogenesis allele. Therefore, we roughly located the major gene to a chromosome region. Two phenotypes of parthenogenesis were adopted for analysis: capacity and fecundity. Through genotype phenotype correlation, the capacity which means being able to do parthenogenesis is highly associated with 3 markers all located in the B<sub>1</sub> to D<sub>5</sub> region of 2L arm. The fecundity which is the amount of offspring produced by parthenogenesis showed a continuous distribution, and may be influenced by several genes with additive effect. Different inversion arrangements between the strains hindered further mapping for the major gene within this region and recombinant individuals are too limited to find those additive genes. *Drosophila albomicans* population in Japan was hypothesized to be derived from Taiwan population, and flies in Wulai were phylogenetically closest. This is consistent with our finding that a sexual strain collected from Wulai, Taiwan in 1970 was able to perform parthenogenesis. This is the first discovery of parthenogenetic *Drosophila* in Taiwan. The strain was polymorphic for *In(2L)B<sub>1</sub>D<sub>5</sub>*, which may be part of the reason why parthenogenesis can sustain in a sexual strain.

關鍵詞 (Key words) : diploidization mechanism, genetic mapping, inversion

台灣的外來螞蟻與有害螞蟻  
Exotic ants and pest ants in Taiwan

林宗岐  
Chung-Chi Lin

國立彰化師範大學生物學系  
Department of Biology, National Changhua University of Education

目前台灣所發現約 290 多種的螞蟻，分別隸屬於 71 屬、11 亞科，因為台灣特殊的生物地理條件，如屬於高山島嶼、多樣多變氣候、大陸性島嶼、在地史上與其他陸域有多次的陸橋連結等條件，也造就了高達 40% 以上的特有種螞蟻的現象。人類的活動所造成外來物種的衝擊，也直接影響到台灣螞蟻相的結構，在已知分佈於台灣的螞蟻中，可確定有 22 種是外來螞蟻 (exotic ant)，隸屬於 15 屬、4 亞科；這些種類也包括著隨著人類經濟活動攜帶傳播都市環境中，造成危害的流浪種 (tramp species) 與 3 種被列入世界百大有害生物的熱帶大頭家蟻 (*Pheidole megacephala*)、長腳捷山蟻 (*Anoplolepis gracilipes*) 與入侵紅火蟻 (*Solenopsis invicta*)。對於人類生活造成騷擾或經濟作物上造成傷害的螞蟻則被稱為有害螞蟻 (pest ant)，然而有害螞蟻中是包括著外來種類與本土種類。台灣有害螞蟻對於人類的危害層面，可分為農業生態系 (Agroecosystem) 危害與都市生態系 (urban ecosystem) 危害兩個層面。若再細分，農業生態系上可分為直接作物傷害，如會直接危害作物果實的多樣擬大頭家蟻 (*Pheidologeton diversus*)，與間接作物傷害，如會畜養蚜蟲與介殼蟲等作物害蟲的大頭家蟻屬種類 (*Pheidole* spp.)。在都市生態系則有不受歡迎遭擾者、汙染食物、叮咬、危害建築結構與危害電器設備等危害項目，這些包括多種流浪種螞蟻：小黃家蟻 (*Monomorium pharaonis*)、入侵單家蟻 (*M. intrudens*)、狂蟻 (*Paratrechina longicornis*) 與長腳捷山蟻 (*A. gracilipes*)，及近年新入侵的入侵紅火蟻 (*S. invicta*) 與近年來開始於台灣中部地區住家、寺廟與校園危害的疣胸琉璃蟻 (*Dolichoderus thoracicus*)。

關鍵詞 (Key words)：外來螞蟻 (exotic ant)、本土螞蟻 (native ant)、有害螞蟻 (pest ant)、優勢螞蟻 (dominant ant)、台灣 (Taiwan)

台灣熱帶火蟻工蟻體型大小之探討  
Body size of *Solenopsis geminata* workers in Taiwan

李宜玲、蕭宛庭、賴麗娟  
Yi-Ling Lee, Wan-Ting Shiau, Li-Chuan Lai

靜宜大學生態人文學系  
Department of Ecological Humanities, Providence University

熱帶火蟻 (*Solenopsis geminata*) 已入侵台灣三十餘年，目前族群分布於台灣台中以南地區。先前研究指出熱帶火蟻工蟻體型大小與其毒液量呈正相關性，本研究擬比較不同地區熱帶火蟻工蟻體型大小是否具差異，分別於台中、嘉義、台南、高雄及屏東等五個地區各採集三巢，每巢大、中、小體型工蟻各五十隻，分別進行火蟻腹長、胸長、頭長、頭寬及體長之測量，結果發現五個地區大型與小型工蟻體型大小具顯著差異。以體長結果顯示大型工蟻以台中最大，其次為嘉義、屏東、高雄，而以台南最小；各地區中型工蟻體長大小則無差異；小型工蟻體長以屏東最大，其次為嘉義、台中、高雄，而以台南最小。調查結果發現，台南地區大型與小型工蟻體型均屬最小。初步結果顯示熱帶火蟻工蟻體型大小因不同地區而有差異，未來將進一步探討可能影響熱帶火蟻體型大小之因素。

關鍵詞 (Key words): 熱帶火蟻 (*Solenopsis geminata*)、工蟻 (worker)、體型 (body size)、體長 (body length)

台灣熱帶火蟻對種子偏好之研究  
Seed preferences of the tropical fire ant, *Solenopsis geminata*  
(Hymenoptera: Formicidae) in Taiwan

陳佑蒸、賴麗娟  
Yu-Chen Chen, Li-Chuan Lai

靜宜大學生態人文學系  
Department of Ecological Humanities, Providence University

熱帶火蟻 (*Solenopsis geminata*) 入侵台灣中南部多年，常出現在受干擾或破壞的環境。熱帶火蟻具有食種子現象，會收集棲地中多種植物的種子，並將種子搬運回蟻巢；通常火蟻會先取食一部分種子，其餘則堆積在蟻巢內的貯藏室中。本研究選擇台中、雲林、嘉義和台南等四個熱帶火蟻發生地，分別各採集三個蟻巢內部的種子，並鑑定種子種類，以建立熱帶火蟻收集植物種子的相關資料。鑑定結果顯示，熱帶火蟻於四個地區收集的種子中，木本植物僅佔三種，包括構樹、密花白飯樹與萬桃花，其餘皆屬草本植物。台中地區熱帶火蟻所收集的種子，以禾本科的大黍數量居冠；雲林地區主要為大戟科的飛揚草和禾本科的兩耳草、牛筋草；嘉義地區以飛揚草、蕁麻科的霧水葛和禾本科的雙花草為主；台南地區則以荳科的野荳菜和禾本科的龍爪茅、馬唐屬植物數量居多。根據初步結果發現熱帶火蟻較偏好收集禾本科植物的種子，推測熱帶火蟻大量收集並取食禾本科植物種子，可能間接影響禾本科植物的族群數量與分佈。因此，在建立熱帶火蟻收集種子種類資料後，本研究將進一步試驗熱帶火蟻是否偏好收集特定植物種子，以瞭解熱帶火蟻對偏好收集的植物種子是否具潛在影響力；此外，也將針對被堆積於蟻巢內種子進行發芽率檢測與比較。

關鍵詞 (Key words)：熱帶火蟻 (*Solenopsis geminata*)、食種子現象 (dyszoochory)、禾本科 (Poaceae)、種子偏好 (seed preference)

台灣的孤雌產雌螞蟻  
Thelytokous parthenogenesis ants in Taiwan

林宗岐  
Chung- Chi Lin

國立彰化師範大學生物學系  
Department of Biology, National Changhua University of Education

孤雌產雌孤雌生殖 (Arrhenotokous parthenogenesis) 是螞蟻這類膜翅目昆蟲典型單雙套性別決定系統的動物類群普遍的現象，大部分螞蟻種類的雄性個體是由未受精卵發育而成，這由未受精卵發育而成單倍體雄性個體。但少數的螞蟻種類中，未交配的生殖雌性個體（蟻后或生殖工蟻）卻可以產下未受精卵，產生雙倍體的雌性後代，這種生殖現象稱為孤雌產雌孤雌生殖 (Thelytokous parthenogenesis)。在已知的 12000 種螞蟻中，發現有 15 種螞蟻是可以以孤雌產雌 (Thelytoky) 的無性生殖進行繁殖，但種類僅佔目前已知螞蟻的 0.01% 比例上非常稀少，而且這些種類是以不同的生殖模式與機制來進行繁衍。現今已知 15 種孤雌產雌螞蟻中，有 7 個種類分佈於台灣，且分屬於不同的孤雌產雌系統。無蟻后階級的系統：專性工蟻孤雌產雌 (OW) 的畢氏粗角蟻 (*Cerapachys biroï*) 與堅硬雙針家蟻 (*Pristomyrmex pungens*)；另一類具有蟻后階級的系統：專性蟻后孤雌產雌 (OQ) 的節膜瘤顎家蟻 (*Strumigenys membranifera*)、六龜瘤顎蟻 (*Strumigenys liukueiensis*)、羅節瘤顎蟻 (*S. rogeri*)，其中六龜瘤顎蟻與羅節瘤顎蟻是新被發現有孤雌產雌的種類；另外 3 種則以無性蟻后繼承 (AQS, asexual queen succession) 的長腳捷山蟻 (*Anoplolepis gracilipes*)、長角黃山蟻 (*Paratrechina longicornis*) 及愛美網家蟻 (*Vollenhovia emeryi*)。

關鍵詞 (Key words)：孤雌產雌 (thelytokous)、蟻后孤雌產雌 (queen thelytoky)、工蟻孤雌產雌 (worker thelytoky)、無性蟻后繼承 (asexual queen succession)、台灣 (Taiwan)

以微衛星 DNA 探討羅傑瘤顎蟻的孤雌產雌生殖機制  
Use microsatellite DNA to investigate the mechanism of thelytokous parthenogenesis in  
*Strumigenys rogeri*

姚靖軒、詹毓邦、陳俊宏、林宗岐

Ching-Hsuan Yao, Yu-Bang Jhan, Chun-Hong Chen, Chung-Chi Lin

國立彰化師範大學生物學系

Department of Biology, National Changhua University of Education

螞蟻這類膜翅目昆蟲，是典型以單雙套性別決定系統的動物類群。一般雌性個體（蟻后及工蟻）為有性生殖所產出的雙倍體卵發育而成，雄蟻則由未受精的單倍體卵發育而成。但在少數的螞蟻種類中，未交配生殖雌性個體所產下的未受精卵，可發育成雙倍體的雌性後代，這種生殖現象稱為孤雌產雌生殖(Thelytokous parthenogenesis)。全世界孤雌產雌的螞蟻種類約十來多種，橫跨四個螞蟻亞科，當中有許多種類的孤雌產雌類型與機制尚未釐清。本研究以微衛星 DNA 探討目前台灣新發現具孤雌產雌現象之新入侵種螞蟻羅傑瘤顎蟻 (*Strumigenys rogeri*)，此種螞蟻尚無任何有關孤雌產雌文獻發表，其孤雌產雌類型與機制皆有待進一步研究查明。微衛星 DNA (microsatellite DNA) 是廣泛分布於基因組中的短序列連續重複片段，其特性可用於孤雌產雌類型與機制的探討，為目前欲研究瘤顎家蟻孤雌產雌機制的主要方向。由於微衛星 DNA 兩側的序列，在相同或相近物種間是高度保守的，故利用所設計的微衛星引子對瘤顎蟻族群作測試，結果顯示南投及高雄所分佈族群在各微衛星位點上完全一致，推測其族群可能為單一入侵並大量擴散。

關鍵詞 (Key words)：羅傑瘤顎蟻 (*Strumigenys rogeri*)、孤雌產雌 (thelytoky)、微衛星 DNA (microsatellite DNA)

入侵紅火蟻偵測犬實用化  
The use of detection dogs in management of red imported fire ants,  
*Solenopsis invicta* Buren

林暉閔<sup>1</sup>、陳琬婷<sup>2</sup>、陳怡臻<sup>2</sup>、祁偉廉<sup>3</sup>、林宗岐<sup>4</sup>、陳洋元<sup>2</sup>

Hui-Min Lin<sup>1</sup>, Wang-Ting Chen<sup>2</sup>, Yi-Chen Chen<sup>2</sup>, Wei-Lien Chi<sup>3</sup>, Chung-Chi Lin<sup>4</sup>, Yang-Yuan Chen<sup>2</sup>

<sup>1</sup> 蒙斯特農研有限公司

Monsters' Agrotech Inc

<sup>2</sup> 中央研究院物理所

Institute of Physics, Academia Sinica

<sup>3</sup> 國立屏東科技大學工作犬訓練學校

Working Dog Training School, National Pingtung University of Science and Technology

<sup>4</sup> 國立彰化師範大學生物系

Department of Biology, National Changhua University of Education

入侵紅火蟻是一種非常惱人的外來種螞蟻，因遭受其叮咬的部位會紅腫、產生小膿包，並容易引發過敏反應導致身體起紅疹，嚴重者甚至會休克死亡。由於其築巢於地底，故目前主要以灑佈有毒餌劑來防治，監測則以目視有無蟻丘、或以誘餌來判斷有無火蟻出沒。然而，防治過後的蟻丘常因螞蟻活動減弱而縮小，變得難以察覺；誘餌也因該地的火蟻巢密度降低而失去效果。在此情況下，偵測犬可依循紅火蟻的氣味精確地找出殘存的小型火蟻巢，克服上述方法的缺點，進而提昇防治效果；此方法也適合判斷防治效果是否已達解除火蟻檢疫列管的標準。火蟻偵測犬可找到 5~10 隻左右的火蟻，且具有專一性，適應野外的搜尋工作。近二三年已於台北國際花卉博覽會、新北市苗圃、五股交流道綠地執行偵測任務，成功地找出殘存的火蟻巢，使防治成效更趨近申請解除檢疫列管的標準。偵測犬於桃園國際機場中也找出數十個原先沒有發覺的火蟻巢並協助撲滅；其中，檢測機場地下箱涵有無火蟻巢時，以往目視法需時三年，改使用火蟻偵測犬後僅費時一年，顯示偵測犬可以大幅降低防治時間成本。上述成功案例顯示入侵紅火蟻偵測犬可實地執行任務，配合現行防治需求，同時也具有經濟成本效益。

關鍵詞 (Key words)：入侵紅火蟻 (*Solenopsis invicta*)、偵測犬 (detection dog)、目視法 (visual inspection)、誘餌 (bait trap)

探討墾丁國家公園內的白蟻功能多樣性  
 Accessing functional diversity of termites in Kenting National Park

李後鋒<sup>1</sup>、藍艷秋<sup>2</sup>、藤崎郁子<sup>3</sup>、神崎菜摘<sup>4</sup>、李後晶<sup>5</sup>、蘇南耀<sup>6</sup>  
 Hou-Feng Li<sup>1</sup>, Yen-Chiu Lan, Ikuko Fujisaki, Natsumi Kanzaki, How-Jing Lee, Nan-Yao Su

<sup>1</sup> 國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

<sup>2</sup> 康寧大學休閒管理學系

Department of Leisure Management, University of Kang Ning

<sup>3</sup> 美國佛羅里達大學野生動物生態與保育系

Department of Wildlife Ecology and Conservation, University of Florida

<sup>4</sup> 日本森林總合研究所森林病理研究室

Forest Pathology Laboratory, Forestry and Forest Product Research Institute

<sup>5</sup> 國立台灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

<sup>6</sup> 美國佛羅里達大學昆蟲暨線蟲學系

Department of Entomology and Nematology, University of Florida

本研究以巨觀的角度與量化的方法，探討墾丁國家公園棲地多樣性與白蟻多樣性的關聯。墾丁國家公園的陸地區域約 175 平方公里，我們在 137 個地點，一共採集了 672 個白蟻群體樣本，利用形態特徵與分子工具，鑑定樣本分屬於 3 科 10 屬 13 種白蟻。透過地理資訊系統，取得採集地的氣溫、雨量、濕度、海拔高度、離岸距離等資訊，量化並比較每個物種在墾丁國家公園的生態席位，我們發現白蟻科 (Termitidae) 的生態席位顯著大於木白蟻科 (Kalotermitidae) 以及鼻白蟻科 (Rhinotermitidae) 的生態席位。另外透過衛星照片與實地勘查，將地表植被分成八個主要類群，白蟻物種數從季風雨林 (11 種)、混生林 (11 種) 與次生林 (10 種)、下降至海濱植物群落 (7 種) 以及農地 (5 種)，而多樣性最低是在乾燥林 (4 種)、草地 (3 種) 以及裸露地 (2 種)，雖然物種總數在各個植被區差異大，但是在每個植被區內幾乎都有三個白蟻科，且其所含的物種數量相近，我們推論由於各科白蟻的食性與取食策略不同，使得各科在不同的棲地中，都能佔有一席之地，其中木白蟻科透過有翅型分飛，發現環境中新出現的零散木材；鼻白蟻科能透過地下隧道由下而上搜尋樹根與樹幹；白蟻科則是建築地表泥道或地下隧道，連結地面上各類型食物，例如倒木、樹皮、苔蘚、牛糞等。

關鍵詞 (Key words)：生態席位 (ecological niche)、地理資訊系統 (geographic information system)、生物多樣性 (biodiversity)、等翅目 (Isoptera)

臺灣熱帶植物園內白蟻危害調查、監測與防治方式之建立  
Surveying of termite damage pattern, termite monitor and control methods in  
tropical botanical garden of Taiwan

葉信廷<sup>1</sup>、李後鋒<sup>2</sup>、蔡明哲<sup>1,3</sup>、邱俊禕<sup>2</sup>、王亞男<sup>1,3</sup>  
Hsin-Ting Yeh<sup>1</sup>, Hou-Feng Li<sup>2</sup>, Ming- Jer Tsai<sup>1,3</sup>, Chun-I Chiu<sup>2</sup>, Ya-Nan Wang<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup> 國立臺灣大學生物資源暨農學院實驗林管理處  
The Experimental Forest, National Taiwan University

<sup>2</sup> 國立中興大學昆蟲學系  
Department of Entomology, National Chung Hsing University

<sup>3</sup> 國立臺灣大學森林環境暨資源學系  
School of Forestry and Resource Conservation, National Taiwan University

白蟻於自然環境中取食纖維素，能加速生態系統中碳與能量循環，可是長久以來也被視為林木重要的害蟲種類，關於白蟻取食對林木的危害方式與程度，也缺乏系統性調查與量化資料，故本研究於 2012 年針對位於南投縣竹山鎮臺大實驗林管轄之下坪熱帶植物園內的林木做白蟻危害每木調查，結果在 3,252 棵樹上發現 280 棵樹有白蟻危害，危害率為 8.6%；本次調查共發現五種白蟻，其中以白蟻科 (Termitidae) 的臺灣土白蟻 (*Odontotermes formosanus*) 最為普遍，園內約 7.5% 樹木遭其危害；鼻白蟻科 (Rhinotermitidae) 的臺灣家白蟻 (*Coptotermes formosanus*) 與格斯特家白蟻 (*C. gestroi*) 分別佔 < 0.1% 與 0.3% 的危害率；木白蟻科 (Kalotermitidae) 的恆春新白蟻 (*Neotermes koshunensis*) 與截頭堆砂白蟻 (*Cryptotermes domesticus*) 則分別佔 0.8% 與 < 0.1% 的危害率。在 2013 年利用監測木樁與馬氏網調查，再記錄白蟻科之新渡戶歪白蟻 (*Pericapritermes nitobei*) 與鼻白蟻科之黃肢散白蟻 (*Reticulitermes flaviceps*) 2 種，故下坪熱帶植物園中白蟻種類總數達到 3 科 6 屬 7 種。上述種類中，研判僅家白蟻屬 (*Coptotermes* spp.) 種類可能對健康的林木產生較大危害，故本研究對定期監測方法、藥劑選用與施作方式再進一步說明，建立針對單株樹木進行白蟻監測與防治的方法，以提供植物園或樹木標本園等蟲害管理之參考。

關鍵詞 (Key words)：森林害蟲 (forest pest)、等翅目 (Isoptera)、蟲害綜合管理 (integrated pest management, IPM)、入侵物種 (invasive species)

白蟻能量儲存的生理機制在階級間的差異  
Caste related division of energetic reserves in termites

耶利奇卡<sup>1</sup>、李後鋒<sup>2</sup>、薇若妮卡<sup>3</sup>、李後晶<sup>1</sup>

Pavel Jedlička<sup>1</sup>, How-Feng Li<sup>2</sup>, Veronika Steinbauerová<sup>3</sup>, How-Jing Lee<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 國立台灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

<sup>2</sup> 國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

<sup>3</sup> 捷克布拉格生命科學大學森林與木材科學院

Forestry and Wood Science, Czech University of Life Science Prague, Czech Republic

Definition of insect eusociality encompasses presence of morphologically distinct individuals those sacrifice their own reproduction for benefit of whole colony. Whereas the morphological and behavioral differences were studied extensively, division of energetic sources and possible control of their mobilization still remain to be clarified. Therefore, in our study, we chose two phylogenetically distinct termite species occupying different ecological niches – *Coptotermes formosanus* and *Odontotermes formosanus*. The whole body extracts from all the castes (males, females, workers and soldiers) were prepared and contents of proteins, lipids (phospholipids and triglycerides), free carbohydrates and glycogen was determined and compared. Furthermore, in order to uncover possible pathway for mobilization of metabolic reserves, we focused our research on group of adipokinetic hormones (AKHs).

關鍵詞 (Key words)：白蟻 (termite)、階級 (caste)、代謝儲存 (metabolic reserves)、降脂激素 (adipokinetic hormone)

台灣地區木材防蟲防腐處理技術應用現況  
Current application of wood preservation technology in Taiwan

陳克恭<sup>1,2</sup>、林佳慧<sup>2</sup>、王松永<sup>3</sup>  
Ku-Kong Chen<sup>1,2</sup>, Chia-Huei Lin<sup>2</sup>, Song-Yung Wang<sup>3</sup>

<sup>1</sup> 中華木質構造建築協會

Chinese Wood Construction Buildings Association

<sup>2</sup> 台環企業股份有限公司

All Points Enterprise CO., LTD

<sup>3</sup> 國立臺灣大學森林環境暨資源學系

Department of Forestry and Resource Conservation, National Taiwan University

木材為生物性材料，容易受到生物性因子劣化、降解而降低使用壽命，透過防蟲防腐處理可以避免或減少劣化與危害，研究顯示經防腐處理木材使用壽命可延長達 20 年以上或為無處理木材的 5 至 6 倍。台灣地區的木材防蟲防腐處理泛指利用化學防腐藥劑 (wood preservatives) 進行製材或木製品等的常壓或加壓注入處理 (vacuum-pressure treatment)，防腐的效果與材種、藥劑及處理方法等選擇有關。常壓處理如表面塗刷、浸泡或擴散 (diffusion) 等，但藥劑滲透深度 (penetration) 淺，吸收量 (retention) 低，不具長效使用。加壓處理技術如充細胞真空加壓 (full-cell process)、空細胞加壓 (empty-cell process) 等，可使邊材滲透度達 80% 以上及提高藥劑吸收量。經常使用藥劑有油劑性 (oil base) 如處理電杆、枕木等工業用材的雜酚油 (creosote)，而最廣泛使用為水溶劑型 (water base) 如硼酸鹽類、烷基銅銨化合物 (ACQ) 或銅銨化合物 (CuAz) 等，處理材主要為民生建築用材如園林、室外景觀設施的柵欄、涼亭、步道、地板 (decking) 和建築結構材等，充分體現生活水準提高，同時也在古蹟修復工程中應用，確保重要文化資產。由於環境保護、使用安全等意識提高，目前台灣的防腐處理技術也有新發展如利用高溫技術處理的熱處理材 (thermal wood)，或以三聚氰胺進行加壓處理來提高木材尺寸安定性 (dimensional stability)，也有木塑複合材 (wood plastic composition) 導入市場，目的提供消費者更多元、健康、安全與環保兼具的木材用途。

關鍵詞 (Key words)：木材劣化 (wood degradation)、木材防腐處理 (wood preservatives treatment)、防腐藥劑 (wood preservatives)、木材處理技術 (wood treatment techniques)