

台灣昆蟲學會一〇三年（第三十五屆）年會

論文宣讀摘要

K-1

尼泊爾埋葬蟲的合作行為與生態棲位擴張
Climate-mediated cooperation promotes niche expansion in burying beetles

沈聖峰

Sheng-Feng Shen

中央研究院生物多樣性研究中心

Biodiversity Research Center, Academia Sinica

The ability to form cooperative societies may explain why humans and social insects have come to dominate the earth. Here we examine the ecological consequences of cooperation by quantifying the fitness of cooperative (large groups) and non-cooperative (small groups) phenotypes in burying beetles (*Nicrophorus nepalensis*) along an elevational and temperature gradient. We experimentally created large and small groups along the gradient and manipulated interspecific competition with flies by heating carcasses. We show that cooperative groups performed as thermal generalists with similarly high breeding success at all temperatures and elevations, whereas non-cooperative groups performed as thermal specialists with higher breeding success only at intermediate temperatures and elevations. Studying the ecological consequences of cooperation may not only help us to understand why so many species of social insects have conquered the earth, but also to determine how climate change will affect the success of these and other social species, including our own.

關鍵詞 (Key words): 生態棲位演化 (niche evolution)、氣候變遷 (climate change)、社會演化 (social evolution)

微小核糖核酸在昆蟲病理調控機制的研究
Regulation of insect pathology by microRNA

陳昱瑋¹、趙裕展²、吳岳隆¹

Yu-Wei Chen¹, Yu-Chan Chao², Yueh-Lung Wu¹

¹國立台灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

²中央研究院

Academia Sinica

昆蟲桿狀病毒廣泛的應用在生產具經濟價值的外源蛋白也可用來作為防治害蟲的工具。目前研究最多的為加州苜蓿夜蛾核多角體病毒 (AcMNPV)。AcMNPV 屬於雙股 DNA 病毒，病毒基因組大小為 134 kb，可以轉譯出大約一百五十個蛋白。桿狀病毒生活史中的各種基因的表現，是依照感染後的時間作區分，一般稱為階段性的調控 (temporal regulation)，而其階段性表現依照功能區分可分為，前期轉錄調控蛋白 (transcriptional regulatory proteins) 表現、病毒基因體複製、病毒產生與釋放等幾種不同作用。AcMNPV 可以感染多種鱗翅目的昆蟲細胞，但無法感染家蠶。感染家蠶的桿狀病毒為 BmNPV，該病毒與 AcMNPV 具有極高度基因相似性。先前研究中發現利用核酸干擾技術將家蠶細胞中參與微小核糖核酸 (miRNA) 合成的兩個主要基因 *droscha* 與 *dicer* 抑制後，AcMNPV 便可感染家蠶細胞。顯然 AcMNPV 和 BmNPV 的寄主專一性可能是受到 miRNA 的調控。我們利用 miRNA 生物晶片分析不同的桿狀病毒感染家蠶後 miRNA 的變化。結果發現 AcMNPV 感染家蠶後會誘導 miRNA 抑制昆蟲病毒某些蛋白質表現。在我們的研究中發現昆蟲體內所產生的 miRNA 能調控感染病毒的寄主專一性，這個發現對於了解昆蟲如何對抗病原菌的研究上將有顯著的突破，而在蟲害防治或是運用在蛋白質生產上也具應用價值。

關鍵詞 (Key words)：桿狀病毒 (baculovirus)、微小核糖核酸 (microRNA)、家蠶 (*Bombyx mori*)

不同稻穀品種收穫後之破損因子探討
Factors resulting in broken-kernel of different varieties of stored rough rice

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

台灣稻米栽培品種約 200 種，主要區分為粳稻及秈稻兩大類。現稻米收穫時以濕穀形式收割，再經稻穀烘乾機進行乾燥後才進倉貯藏。在濕穀收割過程或進倉前之烘乾過程，常因稻穀本身生理特性或處理機械之傷害，導致稻穀破損率增加，影響後續之害蟲發生。為了解不同稻穀品種收穫後之濕穀或乾穀之破損原因，本研究調查 103 年度第 1 期之主要栽培品種之乾濕穀，逐一檢查稻穀破損狀況，以釐清其主要破損因子，供農會或碾米廠長期貯藏之參考。經調查回寄之稻穀，分析其破損原因主要可歸類為四大類，包含品種特性、機械破損、害蟲危害及其他等。其中品種特性為飽穗裂開、未成熟粒、發芽粒、穎殼及空殼粒等，機械破損為稻穀穎殼缺損、糙米或白米、碎粒等，害蟲危害含稻穀或白米為害粒，其他因子為混合稻穀、草梗等。在濕穀階段，稻穀破損率以台南 11 號最低，為 4.59%；以台稉 9 號最高，達 41.9%。主要破損因子為飽穗裂開之品種特性所造成，佔 2.03~20.7%；機械破損率約 0.22~0.28%，未發現害蟲為害之破損粒。在乾穀階段，破損率仍以台南 11 號最低為 8%，以台農 71 號最高達 40.3%，主要破損因子仍以飽穗裂開之品種特性所造成，佔 2.7~18.2%，機械破損率較濕穀約提升 4~5 倍，約 1.08~1.69%，害蟲為害率亦提升至 0.06~0.37%。從調查結果顯示，台灣最大宗栽培品種之台南 11 號，其稻穀破損率最低，將能降低害蟲發生，極適合稻穀長期貯藏。

關鍵詞 (Key words)：稻穀品種 (varieties of rough rice)、破損因子 (broken-kernel factors)、台南 11 號 (Tainan 11)、台稉 9 號 (Tai-keng 9)、台農 71 號 (Tainung 67)

食用全脂奶粉乳液對菜豆葉蟥的致死作用
Effects of edible whole milk powder emulsions on the mortality of *Tetranychus kanzawai* Kishida in *Phaseolus vulgaris* L.

李啟陽、姚美吉

Chi-Yang Lee, Me-Chi Yao

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

全脂奶粉含有乳脂肪，多數產品含量接近 28%。奶粉乳液殺蟥主要作用機制與礦物油或植物油相似，是藉由動物性油脂覆蓋蟥體，造成蟥類行動能力降低，無法取食，最後脫水而死。本文試驗資材全脂奶粉符合我國有機農業可用資材，Tween 20 則屬美國農藥佐劑 list 4B，美國有機農業可用，但我國尚未核可。利用上述資材在菜豆上進行神澤氏葉蟥防治試驗，採逢機完全區集設計，4 種處理包含 2.4% 奶粉 + 0.05% Tween 20、4.8% 奶粉 + 0.1% Tween 20、20% 畢達本可濕性粉劑 3,000 倍及自來水，4 重複，間隔 7 天，連續噴藥 2 次，但畢達本僅施藥一次。第 1 次菜豆葉蟥防治田間試驗，施藥前葉蟥數為 517、375、406 及 687 隻。第 2 次施藥後第 7 天防治率 90.6、98.2 及 99.7%。第 2 次施藥後第 14 天防治率 82.2、98.6 及 99.9%。試驗結果顯示 4.8% 奶粉 + 0.1% Tween 20 具有與 20% 畢達本可濕性粉劑 3,000 倍相似防治葉蟥效果。第 2 次菜豆葉蟥防治田間試驗，施藥前葉蟥數為 693、406、899 及 441 隻。第 2 次施藥後第 7 天防治率 81.2、98.2 及 99.6%。第 2 次施藥後第 14 天防治率 75.6、94.5 及 99.9%。試驗結果同樣顯示 4.8% 奶粉 + 0.1% Tween 20 具有與 20% 畢達本可濕性粉劑 3,000 倍相似防治葉蟥效果。由以上 2 次試驗結果顯示連續噴施 4.8% 奶粉 + 0.1% Tween 20 乳液 2 次可控制菜豆葉蟥密度至少 21 天。

關鍵詞 (Key words)：全脂奶粉乳液 (whole milk powder emulsions)、菜豆 (*Phaseolus vulgaris* L.)、神澤氏葉蟥 (*Tetranychus kanzawai* Kishida)

棲地操作對於台灣東部水稻田生態的影響－以吉拉米代和新社部落為例
The effects of habitat manipulation on rice paddy ecosystem of eastern Taiwan –
Cilamitay and Shin-She tribes as example

翁崧夏、林立、陳任芳、游之穎

Sung-Hsia Weng, Li Lin, Jian-Feng Chen, Chih-Ying Yu

行政院農業委員會花蓮區農業改良場

Hualien District Agricultural Research and Extension Station, Council of Agriculture

花蓮區農業改良場積極推動台灣東部有機農業的發展，以花蓮縣富里鄉吉拉米代部落和豐濱鄉新社部落為研究區域，探討不同的農業操作方式對水稻田生態系的影響，並強調棲地操作的功能性。本場於 2013 年 4 月初至 6 月的研究調查發現，有機農法和慣行農法稻田的無脊椎動物群集結構以及多樣性具有明顯的差異性。另於 2013 年 12 月初至隔年 7 月在吉拉米代和新社部落地區的有機水稻田間施行棲地操作的工法，保留原生植物並去除禾本科雜草，另外撒播有益天敵昆蟲棲息及取食的開花植物，其目的在於營造有利於天敵昆蟲立足的環境。本研究於休耕期間調查結果顯示，自然棲地操作處理之田埂上捕食性或寄生性，其科別數和所佔蟲數之比例皆多於未處理田埂；水稻分蘖初期至成熟期亦發現處理田區內所調查之天敵昆蟲比例為 19.0%，高於對照田區的 16.5%，乃水稻成熟期時最為明顯。此外，慣行田區內所調查之飛蟲類和負泥蟲數量明顯多於有機農法田區。更深入及長期的調查仍需要持續進行，以證明環境建構方式足以增加水稻田區內生物的多樣性，有利於植物生長及病蟲害管理，更減少外在的病蟲害資材及成本的投入，藉此達到減少農藥管理的目標。

關鍵詞 (Key words)：棲地操作 (habitat manipulation)、生態工法 (ecological engineering methods)、生物防治 (biological control)、有機農業 (organic cultivation)、水稻田 (paddy field)、指標物種 (indicator species)

混植開花性植物於甘藍田區防治害蟲之研究
Study on biological control in cabbage farm by intermingle with flowering plant

林立、陳任芳、翁崧夏

Li Lin, Jen-Fang Chen, Sung-Hsia Weng

花蓮區農業改良場

Hualien district agricultural research and extension station

本研究在探討一年生開花植物是否具有吸引天敵功能並間接達到防治甘藍害蟲的效果。試驗初期在 20 m 寬的甘藍田區正中央一畦撒播萬壽菊 (金黃色品種) 種子，並同時於其他畦定植甘藍，俟一個半月後萬壽菊開花可明顯以肉眼觀察到大量細扁食蚜蠅 (*Episyrphus balteatus*) 成蟲飛舞，調查在距離萬壽菊 1、5、10 m 處甘藍植株上食蚜蠅幼蟲和蛹密度分別為 13、6.5、8 隻/30 株，蚜蟲危害率分別為 5.9、5.4、8.3%，表示萬壽菊具有吸引食蚜蠅的效果而間接防治甘藍的蚜蟲危害。另外於 30 × 30 m 田區內進行甘藍與芫荽混植處理，在定植甘藍時食在畦上撒播芫荽種子，田區四周則種植多種菊科植物，種植後調查其缺株率以及一個月後調查黃條葉蚤數量，結果顯示混植處理組被地下害蟲危害而造成的缺株率為 6.5%，對照組為 33.8%，且一個月後以粘板調查混植處理的田區內黃條葉蚤密度為 7.9 隻，明顯少於對照組的(僅種植甘藍) 23.7 隻，顯示這樣的混種方式可減少地下害蟲和黃條葉蚤的危害，原因推測為芫荽的氣味對於害蟲有忌避效果。

關鍵詞 (Key words)：甘藍 (cabbage)、棲所營造 (habitat manipulation)、忌避 (repel)、黃條葉蚤 (striped flea beetle)、蚜蟲 (aphid)

都會區荔枝椿象 (*Tessaratoma papillosa*: Hemiptera) 分布與危害
Nuisance and distribution of *Tessaratoma papillosa* (Hemiptera) in the metropolitan
environment

黃基森、何旻遠

Ji-Sen Hwang, Min-Yuan Ho

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, Associate

本研究在臺北都會區進行荔枝椿象 (*Tessaratoma papillosa* Drury) 全面性調查，探討近年來荔枝椿象在都會區之擴散，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。研究時以臺灣地理人文全覽圖進行臺北都會區 (90 平方公里) 調查區之劃定，在 20 個行政區選擇道路、公園或綠地區域以穿越線法及目視法進行寄主植物與荔枝椿象之調查。2014 年調查結果發現，荔枝椿象已擴散危害北部地區的龍眼、臺灣欒樹與無患子等四種寄主植物。臺北市 12 個行政區與新北市 8 個行政區均有荔枝椿象危害，分佈可達海拔 1,000 m 之山區。荔枝椿象具有強的飛翔能力與向高飛之生態習性，且有在寄主植物以外器物產卵行為，包括居家的衣服、棉被、牆壁、窗戶與背包等產卵行為，在高達 15 層樓 (50 m) 也可發其卵塊。居家環境中大量卵塊孵化後，若蟲在居家環境中流竄，造成居家民眾的困擾與恐慌，嚴重影響民眾的生活品質。本研究追蹤 20 位被荔枝椿象臭液觸及之受害者發現，被害部位包括頭部 (眼睛、臉部等)、頸部、胸部、背部與四肢 (手、腳等)，主要症狀包括刺痛、奇癢、紅腫、灼傷狀、過敏、黑色素沉積與肥厚性疤痕 (hypertrophic scar) 等症狀，受害地點包括住家、人行道、工作與休閒運動場所與農田。外來入侵物種-荔枝椿象噴出臭液的危害已脫離農業害蟲之範疇，已成為都市地區新興之公共衛生害蟲，相關單位應協助指導處理或防治，避免居民困擾、恐慌與危害。

關鍵詞 (Key words)：外來入侵種 (Alien invasive species)、荔枝椿象 (*Tessaratoma papillosa*)、臺灣欒樹 (*Koelreuteria elegans*)、龍眼 (*Dimocarpus longan*)

利用不同的施藥間隔來評估荔枝細蛾於黑葉荔枝之防治效果

Evaluation of the efficacy by spraying insecticide at different intervals to control litchi fruit borer (*Conopomorpha sinensis* Bradley) on 'Hak Ip' litchi (*Litchi chinensis* Sonn.)

王泰權¹、張仁育²、黃守宏¹、李淑惠¹、張哲璋²

Tai-Chuan Wang¹, Jen-Yu Chang², Shou-Horng Huang¹, Shu-Hui Li¹, Jer-Way Chang²

¹行政院農業委員會農業試驗所嘉義農業試驗分所植物保護系

Department of Plant Protection, Chaiyi Agricultural Experiment Station, Taiwan Agricultural Research Institute, Council of Agriculture, Executive Yuan

²行政院農業委員會農業試驗所嘉義農業試驗分所園藝系

Department of Horticulture, Chaiyi Agricultural Experiment Station, Taiwan Agricultural Research Institute, Council of Agriculture, Executive Yuan

荔枝細蛾 (*Conopomorpha sinensis* Bradley) 為荔枝果實生育期的重要害蟲，幼蟲蛀食果實蒂部，造成果實品質不良及嚴重的落果。本研究以‘黑葉’荔枝作為試驗品種，以偏雌花盛開當作果實生育期之計算基準，利用芬殺松 (Fenthion) 於花謝後 20 天開始進行施藥，以每隔 10 及 15 天施藥 1 次的方式，形成施藥 5 次之慣行用藥及 4 次之減量用藥，並以噴水 5 次當作不施藥對照組，於每週進行計算樹上果及落果之荔枝細蛾危害率，並比較各處理間產量上的差異。試驗中於偏雌花盛開後第 3 周開始觀察到荔枝細蛾於果實上產卵，產卵率隨著果實的發育而逐漸增加。不同施藥間隔於荔枝細蛾防治效果亦有不同，但於荔枝果實發育初期的危害率皆很低，不施藥對照組於第 8 週至第 11 週之危害率由 38% 快速上升至 82%；減量用藥組與慣行用藥組於第 11 週的危害率分別為 38% 與 15%，彼此間具顯著差異，另外各處理間地上落果中的帶蟲率則無差異。於收穫期測量不同處理的荔枝果樹產量，慣行用藥比減量用藥處理的產量較高，不施藥對照組則幾乎沒有收成。根據上述研究結果顯示延長用藥間隔並未能有效防治荔枝細蛾，觀察本研究所建立之荔枝細蛾入侵模式，未來可建議荔枝幼果期減少施藥，於預測細蛾發生高峰前再進行施藥，以期達到農藥合理且減量施用之目標。

關鍵詞 (Key words)：荔枝細蛾 (*Conopomorpha sinensis*)、藥劑防治 (spraying insecticide)、黑葉荔枝 ('Hak Ip' litchi)

慣行與有機菱角田無脊椎動物相的差異
Difference of Invertebrate Composition between Conventional Farming and Organic Farming Water Caltrop Fields

郭函宜、黃文伯

Han-Yi Guo, 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

本研究探討慣行菱角田與有機菱角田兩種不同的栽培方法之下，菱角植株上無脊椎動物組成的差異。2013年6~11月慣行與有機菱角田每兩星期各隨機採取15株菱角，並帶回研究室把菱角植株上的物種挑出鑑定至種。慣行菱角田其餘時間為整地與稻作，為了解這段期間有機菱角上的無脊椎動物組成，2014年3~6月在有機菱角田每月採集30株菱角進行調查。研究並針對有機菱角植株上的菱角絨螢金花蟲 (*Galerucella nipponensis*) 度冬研究，蟲體先置於27°C，L/D 12/12的生長箱馴化一星期後，置於5, 10, 15, 20°C相同光照條件下，比較可能於底泥、枯枝和乾土處的產卵行為，以找出適用於有機栽培的防治方法。目前調查結果在菱角植株上僅有5種無脊椎動物，慣行與有機菱角植株上皆有台灣類扁蝨 (*Polypylis hemisphaerula*)、圓田螺 (*Cipangopaludina chinensis*)、褐帶紋水螟蛾 (*Parapoynx crisonalis*)、負子蟲 (*Diplonychus esakii*)。而慣行菱角植株上有螞蝗 (*Whitmania pigra*) 有機則無；有機菱角植株上有菱角絨螢金花蟲 (*Galerucella nipponensis*)，而慣行則無。目前調查結果來看，慣行農法 Shannon-Wiener Index 平均為0.2、而有機平均為0.51，兩者無顯著差異 (Wilcoxon-test: $p = 0.109$, $n = 12$)。

關鍵詞 (Key words)：菱角 (*Trapa natans*)、慣行農法 (Conventional farming)、有機農法 (organic farming)、菱角絨螢金花蟲 (*Galerucella nipponensis*)

評估本土分離光桿菌防治入侵紅火蟻之潛力
Evaluation of *Photorhabdus luminescens* (Taiwan isolate) as a potential agent against
invasive fire ant *Solenopsis invicta*

曾鈺芳¹、張雅君²、謝奉家³、楊景程⁴

Yu-Fang Tseng¹, Chin-Cheng Yang², Ya-Chun Chang³, Feng-Chia Hsieh⁴

¹ 國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

² 農委會農業藥物毒物試驗所

Taiwan Agricultural Chemicals and Toxic Substances Research Institute, Council of Agriculture

³ 國立臺灣大學植物病理與微生物學系

Department of Plant Pathology and Microbiology, National Taiwan University

⁴ 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 current control strategy of red imported fire ant (*Solenopsis invicta*) in Taiwan recently has been switched to long term containment, suggesting the urgent need of alternative approach over bait broadcasting, such as biological control. The current study therefore attempted to evaluate entomopathogenic bacterium *Photorhabdus luminescens* (Taiwan isolate) as a microbial control agent against *S. invicta* in Taiwan. Mortality (94% in average) was observed when feeding *S. invicta* with non-filtered bacteria broth under lab conditions, and failure to re-culture the bacterium from cadavers of workers suggests no bacterial proliferation thus bacterium-derived secondary metabolites as a primary cause for the mortality. Workers were then fed with filtered bacteria broth and reached 95~98% mortality in 10 days, indicating its fast-killing property even bacteria were excluded from the broth. Larvae fed with filtered bacterial broth possess shriveled body and were found dead in few days after treatment, suggesting that trophalallaxis may assist in transmitting secondary metabolites among nestmates. Semi-thin section revealed that most of internal tissue structure of brood cadavers were tattered or smashed possibly resulting from apoptosis induced by toxins in secondary metabolites (e.g., Make Caterpillars Floppy Toxin, Mcf). Combining all these results, the present study illustrates the effectiveness of secondary metabolites from *P. luminescens* as a new class of pesticide in controlling fire ants. Future studies should focus on its flexibility and compatibility with other biocontrol agents or with conventional management approaches of fire ants.

Key words: bio-pesticide, *Photorhabdus luminescens*, red imported fire ant, secondary metabolite

台灣紅龍果園有害螞蟻調查及防治管理之研究
Studied of ants investigation and ants control of pitaya in Taiwan

邱一中、黃毓斌

Yi-Chung Chiu, Yu-Bing Huang

農業試驗所應用動物組

Applied Zoology Division, Taiwan Agricultural Research Institute

紅龍果 (Pitaya or dragon fruit, *Hylocerres* spp.) 屬仙人掌科，為我國推廣栽培之新興熱帶果樹，全國栽培面積已達 1200 公頃以上，惟害蟲及防治管理技術資料仍缺乏。本研究係於全國主要紅龍果供果產地，包括宜蘭、新竹、台中、彰化、南投、台南、高雄、屏東、花蓮及澎湖等地，進行紅龍果園危害螞蟻的種類調查，目前鑑定確認的有 11 種，包括 *Solenopsis geminata*, *Pheidologeton diversus*, *Polyrhachis dives*, *Paratrechina longicor*, *Anoplolepis longipes*, *Crematogaster laboriosa*, *Monomorium chinense*, *M. floricola*, *M. intrudens*, *Tetramorium nipponense*, *Technomyrmex albipes*。在螞蟻防治管理上，針對危害較嚴重的熱帶火蟻 (*Solenopsis geminata*) 及多樣擬大頭家蟻 (*Pheidologeton diversus*)，以目前用於農地紅火蟻的防治藥劑，因得克、美賜平及賜諾殺餌劑，以及本所技術移轉用於非農地的美洲豹火蟻餌劑進行室內藥效試驗，結果 4 種餌劑均可在 2 個星期內，達到 100% 的致死率，而以等量砂糖飼育的對照組，最高僅 8% 致死率，顯示餌劑對試驗的 2 種螞蟻具有毒殺的效果。另以美洲豹硼砂及因得克火蟻餌劑進行田間試驗，在施用餌劑約一個月後，試驗區之防治率可達 80% 以上，顯示在田間具有管理螞蟻發生密度的效力。

關鍵詞 (Key words)：紅龍果 (Pitaya, *Hylocerres* spp.)、調查 (investigation)、防治 (control)、螞蟻餌劑 (ant's baits)

格斯特家白蟻在森林地區的活動監測

Monitoring Asian subterranean termite (*Coptotermes gestroi*) colony activity in forest

邱俊禕¹、葉信廷²、蔡明哲^{2,3}、李後鋒¹

Chun-I Chiu¹, Hsin-Ting Yeh², Ming-Jer Tsai^{2,3}, Hou-Feng Li¹

¹ 國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

² 國立臺灣大學生物資源暨農學院實驗林管理處

The Experimental Forest, College of Bio-Resources and Agriculture, National Taiwan University

³ 國立臺灣大學森林環境暨資源學系

School of Forestry and Resource Conservation, National Taiwan University

外來入侵種格斯特家白蟻 (*Coptotermes gestroi* (Wasmann)) 於 2012 年在國立臺灣大學實驗林管理處所轄之下坪熱帶植物園中發現，危害部份活樹之樹幹表面及木質部，自 2013 年一月起，本研究於下坪熱帶植物園中劃設四個樣區，埋設放射松木樁供白蟻取食，透過每月調查木樁的消耗量，監測白蟻取食活動，結果顯示其取食活動高峰集中在六至十月間。後續在 13 根被格斯特家白蟻取食的木樁旁設立地下型監測站，另外選擇數棵被害樹設立地上型監測站，利用標記再捕法搭配中性紅染劑，估算格斯特家白蟻群體大小與領域範圍，結果顯示其群體大小介於 12.7~28.2 萬隻之間，而其群體活動範圍差異大，從侷限於單棵樹上至橫跨 85 m 的範圍皆有。另外利用馬氏網定點監測，在 2013 和 2014 的三月或四月採集到格斯特家白蟻有翅型個體，顯示其在該地已立足多年，且有穩定的族群。在每月取食調查中，發現部分地下監測站中的格斯特家白蟻會被其他螞蟻或白蟻取代，包括長腳捷蟻 (*Anoplolepis gracilipes* (Jerdon))、多樣擬大頭家蟻 (*Pheidologeton diversus* (Jerdon))、熱帶大頭家蟻 (*Pheidole megacephala* (Fabricius)) 以及台灣土白蟻 (*Odontotermes formosanus* (Shiraki))，推測這些物種可能會抑制格斯特家白蟻在該地的取食活動。

關鍵詞 (Key words)：外來入侵種 (invasive species)、搜尋行為 (foraging behavior)、標記再捕法 (mark-release-recapture method)、季節性 (seasonal pattern)

台中市新社區葡萄皮爾斯病潛在媒介昆蟲之寄主植物
Host plants of the potential vectors of Pierce's disease at Hsinshe, Taiwan

石憲宗¹、蘇秋竹²、張哲銘²、溫育德³

Hsien-Tzung Shih¹, Chiou-Chu Su², Che-Ming Chang², Yu-Der Wen³

¹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, Taichung,
Taiwan, ROC

²行政院農業委員會農業藥物毒物試驗所應用化學組

Taiwan Agricultural Chemicals and Toxic Substance Research Institute, Council of Agriculture, Executive
Yuan, Wu-feng, Taichung 413, Taiwan, ROC

³國立彰化師範大學生物學系

Department of Biology, National Changhua University of Education

台中市新社區為台灣優質巨峰葡萄 (*Kyoho grapes*, *Vitis vinifera* L. X *Vitis labruscana* B.) 之重要產地，近年來少數葡萄園受葡萄皮爾斯病 (Pierce's disease, 以下簡稱 PD) (病原為 *Xylella fastidiosa* subsp. *fastidiosa*) 感染，造成果農經濟損失。PD 為典型的蟲媒病害，美洲地區已證實的媒介昆蟲 (confirmed vector)，皆為木質部取食者 (xylem feeders)，包括大葉蟬亞科 (Cicadellinae) 與尖胸沫蟬科 (Aphrophoridae)。本研究於新社罹患 PD 的葡萄園，以掃網法、黃色黏蟲紙及動力吸蟲器 (D-vac) 調查木質部取食者，共計採獲 10 種，包括蟪蛄 (*Platypleura kaempferi* (Fabricius))、一點鏟頭沫蟬 (*Clovio puncta* (Walker))、金毛凸額脊沫蟬 (*Ariptyelus auropilosus* (Matsumura))、曙沫蟬 (*Eoscarta zonalis* (Matsumura))、大青葉蟬 (*Cicadella viridis* (Linnaeus))、白翅褐脈葉蟬 (*Cofana spectra* (Distant))、白邊大葉蟬 (*Kolla paulula* (Walker))、黑尾大葉蟬 (*Bothrogonia ferruginea* (Fabricius))、縱脈斑大葉蟬 (*Anatkina horishana* (Matsumura)) 與 *Xyphon* sp.。自野外採獲的蟲體中，藉由 PCR 分子檢測到 *X. fastidiosa* 分子序列者，包括白邊大葉蟬、黑尾大葉蟬與縱脈斑大葉蟬，確認為潛在媒介昆蟲 (potential vector)，其中白邊大葉蟬與黑尾大葉蟬為罹病園區的優勢昆蟲。本研究對潛在媒介昆蟲寄主植物的定義，係指某種昆蟲可在某種植物至少完成 2 個世代，據此自罹病園採集 23 種植物 (含已確認為葡萄皮爾斯病之病原中間寄主植物)，從事寄主驗證試驗，結果顯示大花咸豐草 (*Bidens pilosa* L. var. *radiata* (Sch. Bip.) J. A. Schmidt) 與鴨跖草 (*Commelina diffusa* Burm f.) 為上述 3 種潛在媒介昆蟲之寄主植物；小花蔓澤蘭 (*Mikania micrantha* Kunth) 與紫花霍香薊 (*Ageratum houstonianum* Mill.) 等 6 種植物，則為白邊大葉蟬的寄主植物；構樹 (*Broussonetia papyrifera* (L.) Vent.) 則為黑尾大葉蟬的寄主植物。

關鍵詞 (Key words)：葡萄皮爾斯病 (Pierce's disease)、木質部取食者 (xylem feeder)、潛在媒介昆蟲 (potential vector)、寄主植物 (host plant)

亞洲柑橘木虱的行為在柑橘黃龍病媒介傳播之研究
Studies of the behavior of Asian citrus psyllid (*Diaphorina citri* Kuwayama)
(Hemiptera: psyllidae) on the vectorship of citrus Huanglongbing pathogen
(*Candidatus Liberibacter asiaticus*)

于品馨¹、洪挺軒²、蕭旭峰³

Pin-Shin Yu¹, Ting-Hsuan Hung², Shih-Feng Shiao³

¹ 國立台灣大學植物醫學碩士學位學程

Master Program for Plant Medicine, National Taiwan University

² 國立台灣大學植物病理與微生物學系

Department of Plant Pathology and Microbiology, National Taiwan University

³ 國立台灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

柑橘黃龍病目前尚無有效化學藥劑可供防治上使用，因此在防治上首重預防。建立健康種苗制度後，此病透過嫁接傳播的途徑已獲得有效控制；但經由亞洲柑橘木虱 (*Diaphorina citri* Kuwayama) 媒介傳播目前仍防不勝防。推究其原因可能是對柑桔木虱本身的特性了解不足。本研究在2014年五月藉由人為釋放柑橘木虱 (共釋放1164隻成蟲) 新進入到一塊原本不具柑橘木虱之柑橘園內 (30.8 × 28 m²)，以估計新入侵的木虱在田區內之擴散情形的特性。結果顯示，新釋放的柑橘木虱成蟲雖然在田間能存活約三週的時間，但擴散範圍在首周之後便不再擴大，第一周擴散平均距離約6~7 m。向外散佈的成蟲會尋找柑橘植株新芽進行產卵，並藉由後代繼續下一次的擴散。本次釋放的柑桔木虱擴散偏向東南方，且與首週的風向一致，但擴散方向性是否可能受對感染黃龍病植株之偏好導致，目前實驗仍在進行中。藉由試驗所得之柑橘木虱田間生態及行為資訊，以期修正現行之監測方式，及未來柑橘黃龍病防治策略擬定之參考依據。

關鍵詞 (Key words)：媒介特性 (vectorship)、擴散 (dispersal)、寄主偏好 (host preference)、亞洲柑橘木虱 (*Diaphorina citri*)

東方果實蠅植物揮發性成分誘餌研發
Development of the plant volatile bait for 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

本研究測試所研發之東方果實蠅植物揮發性成分誘餌 (Plant Volatile Bait, PVB) 對東方果實蠅雌蟲誘殺效果及施用於田間對果實被害程度的影響。於網籠 (5 × 5 × 2 m) 內比較現配及懸掛戶外經 1 週、2 週及 3 週 PVB 對未饑餓懷卵東方果實蠅雌蟲之誘殺效果，試驗結果為 1 日平均誘殺率分別為 85.3%、72.0%、60.3% 及 62.1%。於同規格網籠比較 PVB、蛋白質水解物、賜諾殺濃餌劑、酵母錠、黃色黏板五種資材對未饑餓懷卵東方果實蠅雌蟲誘殺效果，結果 1 日平均誘殺率分別是 81.3%、74.0%、72.9%、50.3% 及 49.5%，顯示 PVB 對懷卵東方果實蠅雌蟲誘殺效果高於現行使用資材。另於網籠內分別懸掛 1、2、3 及 4 個誘引劑測試對懷卵東方果實蠅誘殺效果，結果 1 日平均誘殺率分別是 86.9%、96.0%、94.3% 及 92.9%，懸掛較高密度 PVB 並未明顯提升誘殺效果。於果實剛轉色之枇杷園進行 8 週 PVB、賜諾殺濃餌劑及無處理對照等三區枇杷之果實被害率及被產卵孔數調查。結果於三區 8 週果實平均被害率分別是 5.0%，20.0%，35.0%；40.0%，50.0%，80.0%；40.0%，90.0%，95.0%；10.0%，45.0%，75.0%；35.0%，50.0%，85.0%；50.0%，75.0%，80.0%；60.0%，75.0%，90.0% 及 80.0%，80.0%，100.0%，以 PVB 處理區果實平均被害率最低。於三區 8 週果實平均被產卵孔數分別是 0.05, 0.20, 0.35；0.40, 0.75, 0.85；0.45, 1.40, 1.15；0.10, 0.45, 0.75；0.35, 0.50, 1.00；0.50, 0.85, 1.00；0.65, 0.95, 1.05 及 0.85, 0.90, 1.15，也是以 PVB 區果實平均被產卵孔數最低。上述試驗結果顯示，目前所研發之 PVB 對懷卵雌東方果實蠅具良好誘殺效果，於枇杷園試驗結果顯示使用 PVB 對降低果實被害程度效果優於噴施賜諾殺濃餌劑。但要應用 PVB 於東方果實蠅防治工作，仍需進一步於不同果園進行試驗與改良。

關鍵詞 (Key words)：東方果實蠅 (oriental fruit fly)、植物揮發性成分誘餌 (plant volatile bait)、防治 (control)

水楊酸甲酯吸引益蟲及降低棉蚜族群之研究
Studies on the use of methyl salicylate to attract beneficial insects and reduce cotton
aphid population

董耀仁¹、陳健忠¹、黃紹毅²

Yaw-Jen Dong¹, Chien-Chung Chen¹, Shaw-Yhi Hwang²

¹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

²國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

本研究探討蟲害誘導揮發性物質水楊酸甲酯吸引有益昆蟲及降低小黃瓜上棉蚜族群效果。於農業試驗所柿子園 (1.09 ha) 連續 8 週以黃色黏板 (33 × 28 cm) 搭配水楊酸甲酯調查捕獲之捕食性天敵。試驗結果小瓢蟲 (*Scymnus sp.*)、六條瓢蟲 (*Cheilomenes sexmaculata*) 及小黑花椿 (*Orius sp.*) 為主要捕獲之捕食性天敵，其中小黑花椿於水楊酸甲酯處理組平均每週每黏板所誘得數目為 2.8 隻，顯著高於對照組的 0.5 隻，小瓢蟲及六條瓢蟲於水楊酸甲酯處理組平均每週每黏板所分別誘得 4.0 及 2.3 隻，高於對照組的 3.4 及 2.1 隻，但無顯著差異。於柿子園中亦捕獲其它種瓢蟲、食蚜蠅 (Syrphidae)、綠草蛉 (Chrysopidae) 及褐草蛉 (Hemerobiidae)，惟數量稀少且處理組與對照組間所捕獲之數量亦無顯著差異。於戶外 50 × 50 × 50 cm 網籠中，將小黃瓜盆栽 (品種秀燕，生長至 2 片真葉狀態)，接入 20 隻 2 齡棉蚜，經 8 天後施用水楊酸甲酯處理組平均每株小黃瓜上棉蚜數量為 412.7 隻，而未施用水楊酸甲酯對照組平均每株小黃瓜上棉蚜數量為 478.9 隻，二者間無顯著差異。但同時期於戶外無網籠試驗中，未施用水楊酸甲酯對照組平均每株小黃瓜上棉蚜數量為 45.6 隻，而水楊酸甲酯處理組平均每株小黃瓜上棉蚜數量為 9.6 隻，顯著低於對照組，且二者小黃瓜上棉蚜數量均顯著低於網籠試驗結果。以全株調查方式調查小黃瓜上天敵，結果以小瓢蟲為主要調查到之天敵。於 8 天調查中，水楊酸甲酯處理組平均每株小黃瓜累計所調查到小瓢蟲成蟲數目 5.8 隻，顯著高於對照組的 0.7 隻。綜合上述試驗結果，水楊酸甲酯具有吸引棉蚜天敵並降低小黃瓜上棉蚜族群效果。如何利用水楊酸甲酯等之蟲害誘導揮發性物質於害蟲綜合防治，藉由改變害蟲天敵搜尋行為，進而增強對害蟲生物防治效果，仍需進一步試驗。

關鍵詞 (Key words)：蟲害誘導揮發性物質 (herbivore-induced plant volatiles)、水楊酸甲酯 (methyl salicylate)、棉蚜 (cotton aphid)、捕食者 (predators)、生物防治 (biological control)

台灣假單胞菌對白線斑蚊幼蟲毒性研究
Characterization the insecticidal activity of *Pseudomonas taiwanensis* toward
Aedes albopictus larvae

劉又溪¹、劉嘉睿²、黃榮南^{1,3}

Yo-Hsi Liu¹, Je-Ruei Liu², Rong-Nan Huang^{1,3}

¹ 國立台灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

² 國立台灣大學生物技術研究所及動物科技學系

Institute of Biotechnology and Department of Animal Science and Technology,

National Taiwan University

³ 國立台灣大學植物醫學中心

Research Center for Plant-Medicine, National Taiwan University

本研究分析台灣假單胞菌對白線斑蚊幼蟲毒性；台灣假單胞菌於 LB 培養基培養 20 小時後，取上清液及菌體進行殺蟲活性試驗。結果顯示白線斑蚊幼蟲對台灣假單胞菌上清液相當敏感，而菌體本身則不具殺蟲活性，顯示台灣假單胞菌殺蟲活性物質是一種外分泌性的代謝產物。將二齡白線斑蚊幼蟲飼養於台灣假單胞菌上清液中 2 小時即可造成 80% 的死亡率，處理 4 小時後，全數幼蟲均死亡殆盡。而四齡白線斑蚊幼蟲對台灣假單胞菌上清液則較不敏感，但將四齡白線斑蚊幼蟲飼養於台灣假單胞菌上清液中 16 小時仍可造成 50% 的死亡率。雖然前人已經從台灣假單胞菌選殖出對與果蠅 (*Drosophila*) 有殺蟲活性的基因 *TccC* (J. Agric. Food Chem. 58, 12343-12349 (2010))，但是本研究發現之台灣假單胞菌對白線斑蚊幼蟲之殺蟲活性顯然與 *TccC* 基因是不同的，因為經高溫滅菌 (121°C, 30 min) 後，並不會影響台灣假單胞菌上清液之殺蟲活性。而且將 *TccC* 剔除 (knock out) 後的台灣假單胞菌上清液殺蟲活性反而更高。台灣假單胞菌上清液對埃及斑蚊幼蟲也具相同毒性，但對其它非蚊科 (如蠓科) 昆蟲不具毒性。此一結果顯示台灣假單胞菌上清液對水生之蚊蟲具有專一毒性，具有發展成為水生蚊蟲專一生物殺蟲劑之潛力。

關鍵詞 (Key words)：白線斑蚊 (*Aedes albopictus*)、台灣假單胞菌 (*Pseudomonas taiwanensis*)、菌液上清代謝物 (metabolites of culture supernatants)、生物殺蟲劑 (Bioinsecticide)

六種本土植物葉子精油對臺灣鈹蠓幼蟲之活性影響
Larvicidal activities of leaf essential oils from six indigenous plants on
Forcipomyia taiwana

張伊芸¹、鄭森松²、蔡坤憲^{1,3}

I-Yun Chang¹, Sen-Sung Cheng², Kun-Hsien Tsai^{1,3}

¹ 國立臺灣大學環境衛生研究所

Institute of Environmental Health, National Taiwan University

² 國立臺灣大學實驗林管理處

The Experimental Forest, National Taiwan University

³ 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，於 1913 年發現於臺中後，至今已蔓延全臺。臺灣鈹蠓為吸血性鈹蠓科昆蟲，成蟲於日間活動，個體微小，人類宿主被叮咬時不易察覺，被叮咬處易產生紅腫與癢痛，曾有嚴重急性過敏而住院的案例，嚴重騷擾影響人類生活品質，也打擊臺灣的休閒觀光產業。為避免長期倚賴使用化學藥劑防治臺灣鈹蠓後誘發產生抗藥性，以及對環境和人體健康造成二次傷害，根據文獻記載：天然植物精油的成分具有滅殺病媒蚊幼蟲及趨避成蟲的活性。本研究於野外採集已交配之臺灣鈹蠓族群，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，於培養基質中加入黑心柳杉 (*Cryptomeria japonica*)、土肉桂 (*Cinnamomum osmophloeum*)、過山香 (*Clausena excavate*)、小葉樟 (*Cinnamomum brevipedunculatum*)、白珠樹 (*Gaultheria cumingiana*) 及澳洲茶樹 (*Melaleuca alternifolia*) 等六種本土植物葉子精油，並在二十四小時後進行觀察。試驗結果顯示六種葉子精油均呈現抗臺灣鈹蠓幼蟲活性的現象，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/cm² 可滅活 100%；白珠樹葉子精油及澳洲茶樹葉子精油效果次佳，精油濃度為 31.6 mg/cm² 可滅活 100%；黑心柳杉和小葉樟葉子精油濃度約 31.6~63.2 mg/cm² 可滅活 80% 以上。未來將針對精油主要成分進行實驗室和田間分析，並探討主要植物精油成分應用於滅活臺灣鈹蠓幼蟲及忌避成蟲之效力。

關鍵詞 (Key words)：臺灣鈹蠓 (*Forcipomyia taiwana*)、精油 (essential oils)、毒殺活性 (larvicidal activity)

本土小菜蛾對 11 種殺蟲劑抗藥性之監測
Monitoring of Taiwanese field diamondback moth resistance to 11 types of insecticide

張嘉哲¹、許如君^{1,2}

Chia-Che Chang¹, Ju-Chun Hsu^{1,2}

¹ 國立台灣大學植物醫學碩士學位學程

Master Program for Plant Medicine, National Taiwan University

² 國立台灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

小菜蛾 (*Plutella xylostella* (L.)) 屬鱗翅目昆蟲，目前被認為是最具破壞性的十字花科蔬菜害蟲，全球小菜蛾造成的損失及防治費用高達每年 40~50 億美金。國內小菜蛾防治主要以藥劑防治為主，其登記用藥數量多達 44 種，目前有許多報導指出小菜蛾對許多作用機制不同的殺蟲劑產生抗藥性，造成小菜蛾防治不易。本研究於 2013 至 2014 年，採集九個不同十字花科蔬菜產區的小菜蛾，以施用濃度測試 11 種殺蟲劑，其對脫芬瑞及美文松的致死率最低，賜諾特及汰芬隆的致死率最高，顯示賜諾特及汰芬隆對小菜蛾的防治效果最佳，而小菜蛾對脫芬瑞及美文松已產生高抗藥性。比較不同地區小菜蛾的抗藥性情況，各地區存在差異，其中以宜蘭大同、彰化溪湖、雲林西螺、嘉義太保及台南新市等地區的小菜蛾抗藥性較為嚴重。最後調查彰化溪湖田間小菜蛾於 2012 及 2013 年對 11 種殺蟲劑之感受性，除了賜諾特之外，小菜蛾對其餘 10 種殺蟲劑的致死率皆在一年內有下降的情形，其中小菜蛾對脫芬瑞、氟大滅、美氟綜及美文松的致死率在統計上於一年內顯著降低，顯示田間小菜蛾於短時間內即可降低對殺蟲劑的感受性。

關鍵詞 (Key words)：小菜蛾 (*Plutella xylostella*)、抗性 (resistance)、監測 (monitoring)

小菜蛾對剋安勃抗藥性之研究
Studies on chlorantraniliprole resistance in diamondback moth, *Plutella xylostella*

劉龍賢、楊永裕

Lung-Hsien Liu, Yung-Yu Yang

國立屏東科技大學植物醫學系

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

小菜蛾 (*Plutella xylostella*) 是國內十字花科蔬菜的重要害蟲，目前防治此害蟲的方法仍以噴灑化學藥劑為主，然而研究報告指出小菜蛾已經對許多不同作用機制的殺蟲劑產生抗藥性，因此監控小菜蛾對新推薦藥劑的感受性是非常重要的。剋安勃 (chlorantraniliprole) 是一新作用機制—屬於二醯胺類 (diamides) 的殺蟲劑，此藥自 2009 年在台灣登記上市後廣泛地被農民使用，所以小菜蛾是否對剋安勃產生抗藥性必須密切追蹤。本研究顯示，在田間施用推薦濃度的剋安勃無法有效防治高雄林園地區的小菜蛾，而且由 2013~2014 連續監測的結果顯示其防治率有逐漸下降的趨勢；林園地區小菜蛾的室內生物檢測指出，在飼養三個世代後其對剋安勃的抗性比仍高達 3,037，對阿巴汀的抗性比也達 82.4，也就是小菜蛾對這兩種藥劑具有多重抗性，而在連續 8 世代不接觸藥劑後小菜蛾對剋安勃的抗性比下降至 114。在飼養五個世代後進行協力劑試驗，結果顯示剋安勃分別添加 PBO、TPP 後其協力比仍有 2.18 和 4.29，故推測小菜蛾對剋安勃產生抗藥性與其體內的多功能氧化酶以及酯酶有關。從抗藥性管理的角度來看，由於高雄林園地區的小菜蛾對剋安勃與阿巴汀具高抗性，而且不接觸藥劑後抗性衰退的速率很慢，應建議該地區農民暫時不要施用這兩種藥劑。

關鍵詞 (Key words)：小菜蛾 (*Plutella xylostella*)、抗藥性 (resistance)、剋安勃 (chlorantraniliprole)

亞洲玉米螟 (*Ostrinia furnacalis*) 性費洛蒙之乾式誘蟲器及田間應用效果評估
 Dry traps of Asian corn borer, *Ostrinia furnacalis*, and evaluate the effect of integrated control with its sex pheromone in the corn fields of central Taiwan

洪巧珍¹、王文龍¹、吳昭儀¹、張志弘¹、陳裕儒²、李慧玉¹、張慕瑋¹

Chau-Chin Hung¹, Wen-Lung Wang¹, Chao-Yi Wu¹, Chih-Hung Chang¹, Yu-ru Chen², Hui-Yu Li¹,
 Mu-Wei Chang¹

¹農委會農業藥物毒物試驗所生物藥劑組

Department of Biopesticide, Taiwan Agricultural Chemicals and Toxic Substances Research Institute,
 COA

²農委會農業試驗所作物組

Crop Science Division, Taiwan Agricultural Research Institute, COA

亞洲玉米螟 (*Ostrinia furnacalis*) 為玉米產業的關鍵害蟲。本試驗自 2000 至 2014 年陸續探討其性費洛蒙田間應用技術與評估，已開發其乾式誘蟲器及其田間應用技術。試驗顯示商品化的中改式誘蟲器不適合用來誘捕亞洲玉米螟；一層、二層、三層等上衝式寶特瓶誘蟲器對亞洲玉米螟之誘捕效果，以二層上衝式寶特瓶誘蟲器對亞洲玉米螟之誘捕效果較佳。不同顏色二層上衝式寶特瓶誘蟲器對亞洲玉米螟之誘捕效果，以無色透明者較佳。為開發商品化二層上衝式誘蟲器，先進行手製模型二層上衝式誘蟲器，經測試其誘捕效果較以寶特瓶製的誘蟲器者為佳，其上層加置濕棉球，可提升其誘捕蟲數。根據手製模型二層上衝式誘蟲器製作誘蟲器模具，經試量產的二層上衝式誘蟲器，其誘捕效果與二層上衝式寶特瓶誘蟲器、翼型黏膠式誘蟲器對亞洲玉米螟的誘捕效果沒有差異，誘蟲百分率分別為 44.6、22.1、33.4%。翼形黏膠式誘蟲器設置於玉米本田中其懸掛高度約為 150 cm，於玉米本田周圍者 30~150 cm，離玉米本田約 6 m 處懸掛高度以 30~60 cm 為宜。分析總誘蟲數與誘蟲器之誘蟲數、誘蟲百分率的關係，顯示低密度時，使用翼型黏膠式誘蟲器；高密度時，使用二層上衝式寶特瓶誘蟲器誘捕亞洲玉米螟為宜。於 2012 年 1 月 12 日至該年 12 月 14 日止，以 20 traps /ha 進行大量誘殺，顯示一般可降低亞洲玉米螟族群密度在 10 insects/trap/month 以下，惟在 6、7 月亞洲玉米螟族群密度升高為 13.5、21.5 insects/trap/month。2014 年 1 月 28 日至該年 7 月 17 日增加以 40 traps /ha 進行大量誘殺，降低亞洲玉米螟族群密度均在 10 insects/ trap/ month 以下，費洛蒙處理與藥劑處理田區的植株為害率於 4 月 18 日及 5 月 2 日分別為 6.7、10.5% 及 11.4、26%，顯示利用性費洛蒙大量誘殺綜合防治亞洲玉米螟可降低玉米植株的為害率。

關鍵詞 (Key words): 亞洲玉米螟 (*Ostrinia furnacalis*)、性費洛蒙 (sex pheromone)、誘蟲器 (trap)、大量誘殺 (mass trapping)

中西非洲聖多美與普林西比民主共和國瘧疾防治工作之實習教育
Practicum education of malaria control in the Democratic Republic of Sao Tome and
Principe in West-Central Africa

蕭穗文¹、林佩蓉¹、蔡坤憲^{1,2}

Sui-Wen Hsiao¹, Pei-Rong Lin¹, Kun-Hsien Tsai^{1,2}

¹ 國立臺灣大學公共衛生學系

Department of public health, National Taiwan University

² 國立臺灣大學環境衛生研究所

Institute of Environmental Health, National Taiwan University

瘧疾是非洲地區最嚴重的蚊媒傳染病。為了讓公衛系學生應用課堂知識，透過實務參與了解全球衛生，並評估未來工作面向，本校公衛系每年選送二名學生至中西非聖國實務實習瘧疾防治工作。瘧疾防治工作實習包括：幼蟲防治、室內殘效噴灑、病患追蹤和衛生教育宣導等。蚊蟲幼蟲防治主要使用 VectoBac WG (ITU=200/mg)，顆粒狀的蘇力菌以色列品系 (*Bacillus thuringiensis israelensis*) 做生物性幼蟲防治，施行方式為將蘇力菌投入水中殺死岡比亞瘧蚊 (*Anopheles gambiae sensu stricto*) 幼蟲，具有不易產生抗藥性、高專一性、易於攜帶使用和易於監督等優點。此外，針對特定孳生源施用昆蟲生長調節劑 (Insect growth regulator; IGR)。室內殘效噴灑 (Indoor residual spraying; IRS) 分別使用化學殺蟲劑亞滅寧 (Alphacypermethrin) 和有效成份為氨基甲酸鹽的殺蟲劑 (Bendiocarb; Ficam VC)。根據檢驗室檢驗結果，至村莊找尋瘧疾感染病患，提供治療用藥，並進行指尖採血複驗。消滅貧窮必先消滅瘧疾，透過公共衛生教育的海報宣導和孳生源清除活動，讓民眾在有限的教育資源中認識病媒孳生的源頭，並加強環境衛生管理來促進健康。本實習計畫為公衛系學生生在全球衛生的實際參與，傳染病無國界，需要各個領域的人才一起投入和貢獻，尤其是昆蟲學和熱帶醫學的人才，跨領域相互合作才能達到全球瘧疾根除的目標。

關鍵詞 (Key words)：聖多美與普林西比民主共和國 (Democratic Republic of Sao Tome and Principe)、瘧疾 (malaria)、蘇力菌以色列品系 (*Bacillus thuringiensis israelensis*)、昆蟲生長調節劑 (insect growth regulator)、室內殘效噴灑 (indoor residual spraying)

台灣地區巴貝氏蟲之分子流行病學監測
Molecular epidemiological surveillance of *Babesia* in Taiwan

簡嘉豪、王錫杰

Chia-Hao Chien, 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

人類巴貝氏蟲症 (Human Babesiosis) 的病原體為 *Babesia microti* 與 *B. divergens*，人類主要是經由蜱蟲叮咬或輸血感染，在台灣曾有巴貝氏蟲症的病例報告，但對環境病媒的調查尚未進行，因此本研究利用 18S rRNA gene 作為基因標誌，先了解 Apicomplexa 原蟲在犬蜱、鼠蜱、鼠類脾臟、鼠類血液與野生動物外寄生蜱的盛行率，再用專一性引子檢測 *Babesia* spp. 與 *B. microti* 的盛行率。結果 Apicomplexa 原蟲在犬蜱 (血紅扇頭蜱與豪豬血蜱) 的盛行率為 2.4% (54/2212)，在鼠蜱 (粒形硬蜱、板齒鼠血蜱與鐮形扇頭蜱) 為 9.72% (62/638)，在鼠類脾臟與血液分別為 16.78% (51/304) 與 20% (48/240)，而在野生動物外寄生蜱的盛行率為 11.7% (38/324)。利用 *B. microti* 專一性 PCR 發現不同蜱蟲的陽性率為：粒形硬蜱 0.97% (2/206)、板齒鼠血蜱 0.85% (2/236)、血紅扇頭蜱 0.24% (5/2127)；而鼠類脾臟及血液陽性率分別為 0.33% (1/304) 及 0.83% (2/240)。台灣地區 *B. microti* 蟲株以 18S rRNA gene 定序與世界其他地區蟲株比較，發現多數屬於 US type，少數屬於 Kobe type。調查結果顯示 *B. microti* 在台灣地區犬蜱、鼠蜱與鼠類體內仍帶有病原體，雖陽性率不高，防疫單位仍需注意及防範。

關鍵字 (Key words)：巴貝氏蟲症 (Babesiosis)、田鼠巴貝氏原蟲 (*Babesia microti*)、蜱 (icks)

不同寄主植物對斜紋夜蛾生長及對馬尼拉小繭蜂寄主偏好性之影響
Effect of host plant species on performance of *Spodoptera litura* and
its parasitoid *Snellenius manila*

陳思恩、黃紹毅

Sih-En Chen, Shaw-Yhi Hwang

國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

寄生蜂應用是生物防治方法中的一種，施用者乃透過施放寄生蜂對於目標害蟲進行寄生繁殖，藉以降低以及控制害蟲密度，且寄生蜂會因為要尋找寄主而使搜索範圍擴大，達到大範圍的防治效果。因為天敵的施放使得目標害蟲密度降低，過一段時間後寄生蜂和目標害蟲在田野間達到了平衡，目標害蟲的族群密度便會受到控制。影響寄生蜂搜尋寄主的因子很多，其中寄主棲息地會擁有多重因子，影響寄生蜂搜尋，所以寄生蜂需透過寄主所發出的訊號作為進一步搜尋。除了寄主本身所散發出的化學訊息可以影響寄生蜂搜尋之外，植物也能夠透過寄主取食後所散發的化學物質吸引寄生蜂前來。本試驗的目標為探討馬尼拉小繭蜂 *Snellenius manilae* 對於取食不同寄主植物的斜紋夜蛾 *Spodoptera litura* 的寄主選擇偏好性，並深入探討不同寄主植物影響馬尼拉小繭蜂以及斜紋夜蛾幼蟲的生長表現。寄主植物選擇偏好目前已測試完成兩部分，一為測試斜紋夜蛾雌成蟲對於不同植物的產卵偏好性，以及斜紋夜蛾不同齡期幼蟲的取食偏好性。產卵偏好部分，斜紋夜蛾雌成蟲產卵偏好甘藍；而幼蟲取食偏好部分，一齡、二齡以及三齡幼蟲取食偏好則為番茄。生長表現部分已測試完成斜紋夜蛾幼蟲部分，發現取食甘藍植株的斜紋夜蛾幼蟲生長速率大於取食番茄植株的斜紋夜蛾幼蟲生長速率。

關鍵詞 (Key words)：馬尼拉小繭蜂 (*Snellenius manilae*)、斜紋夜蛾 (*Spodoptera litura*)、甘藍 (*Brassica oleracea*)、番茄 (*Solanum lycopersicum*)、偏好性 (preference)

兩種 Begomoviruses 對菸草粉蝨生活史及取食偏好的影響
Effect of two begomoviruses on the life history and feeding preference of
Bemisia tabaci

吳鑫餘、蔡志偉

Hsin-Yu Wu, Chi-Wei Tsai

國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

Tomato yellow leaf curl disease caused by tomato yellow leaf curl viruses (TYLCVs) is a major threat to tomato industry worldwide. Many studies show TYLCVs have a negative or neutral direct effect on the life history of their vector, *Bemisia tabaci*. The indirect effects of TYLCVs on *B. tabaci* have been well studied, and the results vary from negative, to neutral, and to positive. In addition, TYLCVs alter the feeding preference and behavior of *B. tabaci* when it acquires the viruses. Tomato yellow leaf curl Thailand virus (TYLCTHV) and Tomato leaf curl Taiwan virus (ToLCTWV) are two predominant viruses in tomato fields in Taiwan. In this study, the direct and indirect effects of TYLCTHV and ToLCTWV on the life history and feeding preference of *B. tabaci* were examined. No significant variations between the nonviruliferous and virus-infected adult whiteflies regarding longevity and fecundity were observed. The longevity and fecundity of adult whiteflies did not differ significantly between those fed on the healthy and virus-infected plants, except that whiteflies laid more eggs when they fed on the healthy plants than on the ToLCTWV-infected plants. These results implied that ToLCTWV but not TYLCTHV decreased the fecundity of *B. tabaci*. Feeding preference tests demonstrated nonviruliferous and TYLCTHV-infected whiteflies preferred to feed on the healthy plants. However, ToLCTWV-infected whiteflies did not exhibit a preference between the healthy and ToLCTWV-infected tomato plants. These results implied that ToLCTWV but not TYLCTHV altered the feeding preference of *B. tabaci*. The effect of begomoviruses on the life history and feeding preference of *B. tabaci* may be different among virus species.

關鍵詞 (Key words)：菸草粉蝨 (*Bemisia tabaci*)、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)、生活史 (life history)、取食偏好 (feeding preference)

網室內斜紋夜蛾產卵偏好之研究
Oviposition preference of tobacco budworm, *Spodoptera litura*
(Lepidoptera: Noctuidae) in nethouse

黃春菊¹、李瑞興¹、蕭文鳳²

Chun-Jyu Huang¹, Ruey-Shing Lee¹, Wen-Feng Hsiao²

¹國立嘉義大學農藝系

Department of Agronomy, National Chiayi University

²國立嘉義大學植物醫學系

Department of Plant Medicine, National Chiayi University

本研究探討網室內斜紋夜蛾 (*Spodoptera litura*) 之產卵偏好。首先選定二種不同高度之 32 目網室 ($2 \times 2 \times 1 \text{ m}^3$ 及 $2 \times 2 \times 2 \text{ m}^3$) 對迷你甘藍 (亞蔬品系 BB268)、番茄 (亞蔬耐熱品種 FM TT847) 及萵苣 (桃源半結球, 豐田種苗公司) 三種寄主進行產卵偏好試驗, 三種作物苗期各為 30、28、30 天, 將育好之苗移植到 5 吋瓦盆內, 種植 30 天後各移入上述兩種網籠, 每個網籠內每種作物二盆, 此視之為一重複, 共三重複。每網籠釋放 10 對剛交尾過之斜紋夜蛾成蟲, 於 24 小時後開始記錄卵塊數、卵粒/塊及孵化率, 持續 10 天。孵化率之計算為將葉片上之卵塊帶回實驗室內, 將每個卵塊分別放入內有濕潤濾紙之 9 公分培養皿, 移入 $27 \pm 1^\circ\text{C}$ 的恆溫箱, 每天計數孵出之幼蟲數。結果顯示在 $2 \times 2 \times 2 \text{ m}^3$ 網籠內, 第一季 (5/08~5/18/2004) 迷你甘藍、番茄及萵苣卵塊數依序為 7、0、3, 第二季 (10/01~10/11/2004) 迷你甘藍、番茄及萵苣卵塊數依序為 10、7、3, 第三季 (11/18~11/28) 迷你甘藍、番茄及萵苣卵塊數依序為 8、0、13, 但在網籠上三季可發現之卵塊依序為 10、8、9。就卵粒/塊而言, 第一季迷你甘藍、番茄及萵苣依序為 253.4、0、238.3 卵粒/塊。第二季依序為 232.2、157.6、145.3 卵粒/塊, 第三季依序為 300.9、0、233.13 卵粒/塊。但在網籠上三季依序則為 227.2、276.8 及 202.33 卵粒/塊。孵化率 (%) 第一季迷你甘藍、番茄及萵苣依序為 83.72、0、88.3。第二季依序為 87.07、78.91、69.92, 第三季依序為 86.04、0、85.05。但在網籠上三季孵化率 (%) 依序則為 80.13、79.18 及 74.20。在 $2 \times 2 \times 1 \text{ m}^3$ 網籠內, 第一季 (10/01~10/11/2004) 迷你甘藍、番茄及萵苣卵塊數依序為 3、10、3, 第二季 (11/18~11/28/2004) 迷你甘藍、番茄及萵苣卵塊數依序為 13、3、23, 但在網籠上二季發現卵塊數為 21 及 14。就卵粒/塊而言, 第一季迷你甘藍、番茄及萵苣依序為 302.7、170.9、217 卵粒/塊。第二季依序為 211.85、149.7、257.26 卵粒/塊。但在網籠上二季為 294.19 及 233 卵粒/塊。就孵化率 (%) 而言, 第一季迷你甘藍、番茄及萵苣依序為 87.62、66.32、75.32。第二季依序為 85.17、92.02、90.66。但在網籠上二季依序為 78.69、79.32。上述結果指出斜紋夜蛾成蟲除了在寄主植物上產卵也會在紗網產卵, 防治時宜多加注意。

關鍵詞 (Key words): 斜紋夜蛾 (*Spodoptera litura*)、網室 (nethouse)、產卵偏好 (oviposition preference)

瓜螟 (*Diaphania indica*) 在兩種食物中之發育與繁殖及其羽化、交尾與產卵行為
Development and fecundity of the cucumber moth, *Diaphania indica*, rearing on two
foods and its eclosion, mating, and oviposition behavior

洪巧珍、王文龍、吳昭儀、張志弘、李慧玉、張慕璋

Chau-Chin Hung, Wen-Lung Wang, Chao-Yi Wu, Chih-Hung Chang, Hui-Yu Li, Mu-Wei Chang

農委會農業藥物毒物試驗所 生物藥劑組

Department of Biopesticide, Taiwan Agricultural Chemicals and Toxic Substances Research Institute

於 $25 \pm 1^\circ\text{C}$ ， $70 \pm 5\%$ RH 及 12L:12D 光照週期下，比較瓜螟 (*Diaphania indica*) 在絲瓜葉與南瓜人工飼料中之發育與繁殖。以絲瓜葉飼育之瓜螟其卵期 4.1 日、幼蟲期 13.1 日、蛹期 9.8 日、成蟲壽命 11.9 日。以南瓜人工飼料飼育之瓜螟其卵期 3.2 日、幼蟲期 21.2 日、蛹期 8.1 日、成蟲壽命 12.8 日。以南瓜人工飼料飼育之雌、雄蛹的重量分別為 51.3、54.1 mg，重於以絲瓜葉飼育者 40.7、38.9 mg。以南瓜人工飼料及絲瓜葉飼育瓜螟之卵至幼蟲化蛹的存活率分別為 90.9、94.6%，蛹之羽化率分別為 85.1、83.3%。其繁殖力分別為 280、118.1 eggs/♀。經環境指數 (E.I.) 評估以南瓜人工飼料飼育者之 E.I. 值為 15.13，稍高於以絲瓜葉飼育者 14.30，顯示南瓜人工飼料適合於瓜螟的發育與繁殖。瓜螟成蟲羽化時段主要發生於上半夜，雌蛹於暗後第 1 小時開始羽化，於暗後第 2、3、4 小時羽化率較高，分別為 20.2、40.4、25%。雄蛹於暗後第 2 小時開始羽化，於第 3、4、5 小時羽化率較高，分別為 21.4、41.4、及 24.3%。瓜螟不同日齡交尾率以 1、2 日齡較高，分別為 50、36.7%。瓜螟交尾日週期主要發生於暗期的下半夜。1 日齡瓜螟於暗後於第 6~9 個小時及暗後第 12 個小時交尾；於暗後第 8 個小時達交尾高峰，交尾率為 20.3%。瓜螟雌蟲產卵主要發生於暗期，於黑暗前 3 小時有 2 隻雌蟲開始產卵，佔 18.2%，達總卵數的 0.3%。於亮後 4 小時停止產卵，佔 18.2%，達總卵數的 0.2%。於黑暗後第 1 個小時達產卵高峰，雌蟲產卵比率達 100%，達總卵數的 61.2%，達 68.3 eggs/♀。

關鍵詞 (Key words)：瓜螟 (*Diaphania indica*)、半合成人工飼料 (semi-artificial diet)、羽化、交尾與產卵行為 (behavior of eclosion, mating, and oviposition)

病毒濃度對於菸草粉蝨傳播蕃茄黃化捲葉泰國病毒效能之影響
The effect of virus concentration on the transmission efficiency of
Tomato yellow leaf curl Thailand virus by *Bemisia tabaci*

葉芸嘉、蔡志偉

Yun-Jia Yeh、Chi-Wei Tsai

國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

臺灣氣候潮濕悶熱，常造成番茄在生長過程中遭受病蟲害，進而影響番茄產業。其中番茄黃化捲葉泰國病毒 (Tomato yellow leaf curl Thailand virus, TYLCTHV) 會造成番茄植株矮化、葉片捲曲、黃化等病徵。TYLCTHV 在分類上屬於雙生病毒科 (*Geminiviridae*)、豆類金黃嵌紋病毒屬 (*Begomovirus*)，經由菸草粉蝨 (*Bemisia tabaci*) 以持續性循環型 (persistent-circulative) 的傳播模式傳播。本研究探討 TYLCTHV 濃度對於菸草粉蝨傳播此病毒效能之影響，確定菸草粉蝨傳播 TYLCTHV 的臨界濃度。首先我們以 sucrose gradient 純化 TYLCTHV，定量後稀釋成不同濃度餵食供試粉蝨，再以取食獲得病毒的粉蝨接種健康蕃茄植株，最後以 PCR 檢測植株是否感染 TYLCTHV，求出病毒濃度與傳播效能的關係。初步結果顯示菸草粉蝨吸食高病毒濃度的番茄植株後，其傳播病毒的效能最高；吸食中、低病毒濃度番茄植株的菸草粉蝨，其傳播病毒的效能則沒有顯著差異。可能是因為中、低病毒濃度的番茄植株所含的病毒濃度在病媒傳播上不具顯著性差異。我們將進一步對 TYLCTHV 純化與定量，以進行更精確的試驗。本研究將確定菸草粉蝨傳播 TYLCTHV 的臨界濃度，使我們能藉此制訂有效的病害防治策略，降低此病毒對番茄的危害。

關鍵詞 (Key words)：蕃茄黃化捲葉泰國病毒 (Tomato yellow leaf curl Thailand virus)、豆類金黃嵌紋病毒屬 (*Begomovirus*)、菸草粉蝨 (*Bemisia tabaci*)、病媒傳播 (vector transmission)

半翅目昆蟲蜜露碳水化合物成分對火蟻入侵成功之影響
Effect of carbohydrates in hemipteran honeydew on invasion success of
red imported fire ant (*Solenopsis invicta*)

黃寄綸¹、賀菡芝¹、吳文哲¹、楊景程²

Chi-Lun Huang¹, Han-Chih Ho¹, Wen-Jer Wu¹, Chin-Cheng Yang²

¹國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

²國立臺灣大學植物醫學碩士學位學程

Master Program for Plant Medicine, National Taiwan University

近來許多研究已證實，看似簡單的螞蟻/半翅目昆蟲共生關係中，半翅目昆蟲之蜜露對於螞蟻而言不僅是食物來源，且為影響其拓殖成功的重要因素，尤其於入侵蟻種更為顯著。蜜露為成分複雜之複合醣類，過去研究多直接使用蜜露作為試驗材料，因此影響螞蟻入侵成功之關鍵成分至今仍未明。為初步釐清此議題，本研究以入侵紅火蟻 (*Solenopsis invicta*，簡稱火蟻) 為材料，並供給半翅目昆蟲蜜露中主要八種醣類成分，測試 1) 蜜露中何種醣類最為火蟻偏好，2) 火蟻偏好之醣類是否影響蟻巢成長，3) 受偏好之醣類是否影響火蟻競爭表現。試驗結果顯示，火蟻對蔗糖 (sucrose)、松三糖 (melezitose) 與棉仔糖 (raffinose) 等三種蜜露主要醣類成分具偏好性。額外添加蔗糖之蟻巢較僅餵食正常餌料之蟻巢產生更多幼體，但添加棉仔糖之蟻巢則無此現象。競爭試驗結果顯示，無論種內或種間層級，餵食添加蔗糖餌料的蟻巢競爭優勢明顯高於棉仔糖或僅餵食正常餌料的蟻巢。歸納三項試驗結果，蔗糖可能為促進蟻巢成長及競爭優勢的主要成分，因此，推測環境中穩定蔗糖供應源與火蟻入侵成功有極密切的關連。本研究將持續探討棉仔糖與松三糖對火蟻及其他入侵螞蟻 (ex. 長腳捷山蟻, *Anoplolepis gracilipes*) 族群成長和競爭優勢之影響，期待此研究成果能應用於擬定入侵螞蟻之管理策略。

關鍵詞 (Key words)：碳水化合物 (carbohydrate)、蜜露 (honeydew)、共生關係 (mutualism)、入侵紅火蟻 (*Solenopsis invicta*)

荔枝葉蟎 (*Oligonychus litchii* Lo et Ho) 於番石榴上生活史之探討
Study of the life history of *Oligonychus litchii* Lo et Ho
(Acari: Tetranychidae) on guava

陳明吟¹、陳文華²

Ming-Yin Chen¹, Wen-Hua Chen²

¹行政院農委會高雄區農業改良場

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

²國立屏東科技大學植物醫學系

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

於 20、25 及 30°C 之定溫箱中，以番石榴葉片單隻飼育荔枝葉蟎，並紀錄不同溫度對其生長發育之影響。研究結果顯示，荔枝葉蟎卵於 3 種溫度中以 25°C 孵化率最高，孵化率可達 98%；總發育期以 20°C 最長，約需 26.3 日，而 30°C 僅需 9.1 日最短；在 20、25 及 30°C 下，雄成蟎壽命介於 12.0~23.2 日之間，雌成蟎壽命介於 7.1~33.1 日之間，產卵期可隨溫度升高而縮短，介於 4.5~24.4 日之間；一生總產卵量則以 20°C 未交尾雌成蟎之 28.9 粒為最高；有交尾雌成蟎在 20、25 及 30°C 下其後代雌雄性比 (sex ratio, ♀/♀+♂) 介於 0.75~0.77 之間，顯示後代仍以雌蟎居多；發育臨界低溫於卵、幼蟎、前若蟎、後若蟎及成蟎分別為 14.78、11.73、11.84、15.78 及 14.39°C，卵發育至成蟎之有效積溫為 169.86 日度 (degree days)；經兩性生命表分析求得其族群介量，內在增殖率 (r) 及終極生殖率 (λ) 以 30°C 最高，分別為 0.14 (day^{-1}) 及 1.15 (day^{-1})，20°C 之淨生殖率 (R_0) 達 16.28 (eggs) 為最高，而平均完成世代所需時間 (T) 以 30°C 之 13.64 (days) 為最快。

關鍵詞 (Key words)：荔枝葉蟎 (*Oligonychus litchii*)、生活史 (life history)、溫度 (temperature)、族群介量 (population parameters)

白蟻與螞蟻在樹木腐朽過程中的物種演替
Termites and ants succession along tree decay process

郭致與¹、葉信廷²、蔡明哲^{2,3}、林宗岐⁴、李後鋒¹

Chu-Yu Quo¹, Hsin-Ting Yeh², Ming-Jer Tsai^{2,3}, Chung-Chi Lin⁴, Hou-Feng Li¹

¹ 國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

² 國立臺灣大學生物資源暨農學院實驗林管理處

The Experimental Forest, College of Bio-Resources and Agriculture, National Taiwan University

³ 國立臺灣大學森林環境暨資源學系

School of Forestry and Resource Conservation, National Taiwan University

⁴ 國立彰化師範大學生物學系

Department of Biology, National Changhua University of Education

白蟻被視為森林地區樹木的重要分解者，而螞蟻是白蟻的主要捕食者，為了瞭解白蟻與螞蟻在樹木上的物種多樣性、存在的關聯性與其空間分佈在木材腐朽過程中的演替方式，本研究配合國立臺灣大學實驗林管理處在溪頭營林區進行之除害伐作業，於欲砍伐的柳杉中挑選 50 棵，將樹木自基部以上每 3.6 公尺鋸一段，採集每段樹幹表面與內部的白蟻與螞蟻。其中 20 顆活立木上均無發現白蟻或螞蟻，另外 30 棵枯死立木中，25 棵有白蟻，此外發現白蟻的樹中有 11 棵發現螞蟻，採集到的白蟻有包含鼻白蟻科 (Rhinotermitidae) 的黃肢散白蟻 (*Reticulitermes flaviceps*) 與木白蟻科 (Kalotermitidae) 的赤樹白蟻 (*Glyptotermes satsumensis*) 兩種，而螞蟻包含針蟻亞科 (Ponerinae) 的台灣隱針蟻 (*Cryptopone taivanae*) 和家蟻亞科 (Myrmicina) 的愛默網家蟻 (*Vollenhovia emeryi*) 兩種。卡方分析 (Chi-square test) 結果支持：1. 枯死立木上白蟻及螞蟻出現的機率顯著高於活樹；2. 白蟻出現對螞蟻出現的機率有正面且顯著的影響；3. 白蟻與螞蟻多出現在樹幹 7.2 公尺以下區域。本研究結果支持白蟻在樹木死亡後出現，而螞蟻在白蟻取食木材後出現，推測螞蟻可能藉此獲得食物與棲息空間。

關鍵詞 (Key words)：柳杉 (Japanese cedar)、社會性昆蟲 (social insects)、空間分布 (space distribution)、森林昆蟲學 (forest entomology)

寄主受鐵線蟲感染後發生形態間性的成因：幼年化或雌性化的探討
Morphological intersexuality in host parasitized by horsehair worm:
juvenilization or feminization

邱名鍾、黃旌集、吳文哲、蕭旭峰

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

國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

寄生蟲造成寄主形態變化的現象廣泛存在於各種寄生關係中，然而這些形態變化的成因卻未被深入探討過。間性是受感染的寄主時常發生的形態變化，這種變化出現在寄主具有雌雄二型性的性徵上。錐狀感覺毛的分佈是台灣斧螳 (*Hierodula formosana*) 的性徵之一，一般認為是雄蟲接受性費洛蒙的感覺器官。該感覺毛自觸角特定的起始位置朝尾端生長。此起始位置在雄成蟲羽化時朝觸角基部分布而得以承載較多量的感覺毛，而雌蟲則大致維持著末齡若蟲的形態。然而受台灣索鐵線蟲 (*Chordodes formosanus*) 感染的雄台灣斧螳感覺毛分布的起始點卻因後移而造成形態上的雌性化，雌性則沒有明顯的變化。在現有的假說中，寄生蟲造成的寄主幼年化能解釋雌雄螳螂面對感染產生的不同反應。雌成蟲維持著末齡若蟲的觸角形態，因此幼年化無法在雌蟲觸角上造成可見的變化。但在近期的人工感染中卻發現，寬腹螳螂 (*H. patellifera*) 雌雄成蟲觸角感覺毛分布的起始點雖然在羽化時均向基部移動，受感染的雌蟲卻仍然不因鐵線蟲的寄生有所影響，雄蟲則仍與台灣斧螳一樣出現雌性化的現象。加上受感染的雄蟲腹部背側出現雌蟲特有的三個紅斑，這也無法單純以幼年化做解釋。因此鐵線蟲造成的間性應不單純經由幼年化達成，很可能涉及寄生蟲對昆蟲雌雄二型性分化的調控。

關鍵詞 (Key words)：間性 (intersexuality)、幼年化 (juvenilization)、雌性化 (feminization)、鐵線蟲 (horsehair worm)、螳螂 (mantid)

六龜瘤顎家蟻孤雌生殖週期調查研究
The study of thelytokous parthenogenesis lifecycle of *Strumigenys liukueiensis*

鄭菟庭、林宗岐

Wan-Ting Cheng, Chung-Chi Lin

國立彰化師範大學生物學系

Department of Biology, National Changhua University Education

社會性膜翅目昆蟲是典型以單雙套系統決定性別的動物類群，大部分螞蟻種類的雄性個體由未受精卵發育而成，這種由未受精卵發育成單倍體雄性個體的現象，稱為孤雌產雄生殖 (Arrhrotokous parthenogenesis)。但少數的螞蟻種類中，未交配的雌性個體 (蟻后或生殖工蟻) 卻可以產下雙倍體的雌性後代，這種生殖現象稱為孤雌產雌生殖 (Thelytokous parthenogenesis)。六龜瘤顎家蟻 (*Strumigenys liukueiensis*) 隸屬於蟻科 (Hymenoptera, Formicidae) 的家蟻亞科 (Myrmicinae)、針刺家蟻族 (Dacetini)、瘤顎家蟻屬 (*Strumigenys*)，為臺灣 13 種瘤顎家蟻當中，少數能以孤雌產雌生殖進行繁殖的種類。本研究對其孤雌產雌現象，進行進一步的行為生態觀察。實驗自蟻巢中出現蟻后蛹開始，觀察巢內當季蟻后蛹數量變化、紀錄當季新羽化蟻后數量與頻率。並將新羽化的處女蟻后分巢、與 20 隻原巢的工蟻進行飼養，觀察並記錄處女蟻后脫翅產卵時間、巢中卵數、幼蟲數、蛹數、職蟻數量。結果顯示，六龜瘤顎家蟻處女蟻后在未經交配的情況下，仍可產生雙倍體之職蟻。自羽化後約經兩週產卵，卵平均經 40.8 ± 4.34 天後可產生新的職蟻，此天數不受蟻巢內處女蟻后數量影響。並配合長期實驗室觀察紀錄未產生任何單倍體雄蟻，可初步判定為蟻后專性孤雌生殖，且一年中僅特定季節誕生新蟻后。

關鍵詞 (Key words)：孤雌產雌生殖 (thelytokous parthenogenesis)、六龜瘤顎家蟻 (*Strumigenys liukueiensis*)、處女蟻后 (virgin queen)、生活史 (lifecycle)

個體密度對尼泊爾埋葬蟲雌蟲繁殖策略的影響
The effects of individual density on female reproductive strategy of
Nicrophorus nepalensis Hope (Coleoptera: Silphidae)

陳郁潔、李國民、黃文伯

Yu-Chieh Chen, Guo-Min Lee, Wenbe Hwang

國立台南大學生態科技與技術學系

Department of Ecoscience and Ecotechnology, National University of Tainan

在個體密度升高的情況下，埋葬蟲有呈現少子化，以增加後代競爭力的現象，本研究即探討尼泊爾埋葬蟲 (*Nicrophorus nepalensis* Hope) 在不同個體密度壓力下，親代雌蟲繁殖策略對於子代的影響。實驗檢測「成長密度」、「遭遇密度」及「競爭密度」三種情況：「成長密度」為親代雌蟲在幼蟲成長期的個體密度 (10 隻與 20 隻)；「遭遇密度」為親代雌蟲在無鼠屍狀況下，所處環境的個體密度 (1 隻與 6 隻)；「競爭密度」為雌蟲在鼠屍上所處環境的個體密度 (1 隻、8 隻、16 隻)。在尼泊爾埋葬蟲親代雌蟲經歷不同個體密度下，對其子代影響的實驗中，發現雌蟲在幼蟲期高成長密度與低成長密度下，其子代幼蟲的離巢數量及羽化後的前胸背板寬度皆無顯著性差異 (U-test: $n = 27, p > 0.05$)。親代雌蟲在低成長密度或高成長密度下，不論所處環境遭遇密度的高低，其子代幼蟲離巢數量及羽化後的前胸背板寬度皆無顯著性差異 (U-test: $n = 22, p > 0.05$)。尼泊爾埋葬蟲親代雌蟲在幼蟲期高成長密度下，不論遭遇密度高低，其繁殖成效並無顯著性差異 (χ^2 -test: $p > 0.05$)。目前結果，在生長密度與遭遇密度的實驗中有可能是因為在幼蟲成長的階段並不會對後期成蟲繁殖策略產生影響，也有可能是成長密度或遭遇密度的個體數較低，尚無法顯現環境壓力的差異，可再調高實驗時的個體密度進行比較，而後續的「競爭密度」實驗則檢驗資源存在時，當下的競爭壓力，對雌性繁殖策略是否造成影響。

關鍵詞 (Key words)：埋葬蟲 (burying beetles)、尼泊爾埋葬蟲 (*Nicrophorus nepalensis*)、個體密度 (individual density)、幼蟲調控 (brood regulation)、育雛數 (brood size)、繁殖策略 (reproductive strategy)

棲蘭山環境溫度與親屍性甲蟲群聚差異的關係
Relation of environmental temperature and community differences of
necrophilous beetles in Chilanshan

賴韋翰¹、黃文伯¹、葛兆年²

Lai-Wei Han¹, Wenbe Hwang¹, Chao-Nien Koh²

¹國立台南大學生態科學與技術學系

¹Department of Ecoscience and Ecotechnology, National University of Tainan

²林業試驗所森林保護組

²Department 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天然林及人工林為調查地區，每月各以 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，並於實驗期間每 30 分鐘記錄環境溫度，以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，以及環境溫度變化是否對親屍性甲蟲豐度、豐量及多樣性有所影響。2013 年 1 月至 12 月調查期間主要捕獲的鞘翅目昆蟲為球蕈蟲科、隱翅蟲科、閻魔蟲科、金龜子科、牙蟲科及埋葬蟲科等親屍性物種，共捕獲 6 科 70 種 1772 隻，其中以隱翅蟲科、球蕈蟲科及埋葬蟲科在個體豐量上較佔優勢，而在天然林與人工林間的親屍性甲蟲組成則有 36.81% (Wainstein's Similarity Index, Kw) 的相似性。天然林有較高的植物多樣性，因此捕獲到較多的個體數，但是天然林多為草本及灌木組成的斜坡，在植物生物量熱蓄積能力上，較比不上由檜木和柳杉所組成的人工林，因此調查結果中，天然林的月均溫顯著低於人工林。天然林和人工林在物種豐度、豐量與 Shannon-Wiener 多樣性指數上，以二次多項式分析後，皆與月均溫有顯著性相關，溫度越高，親屍性甲蟲的豐度、豐量與 Shannon-Wiener 多樣性指數就越高，結果顯示出中海拔霧林帶的棲蘭山，其環境溫度顯著影響親屍性甲蟲的群聚結構。

關鍵詞 (Key words)：親屍性甲蟲 (necrophilous beetles)、生物多樣性 (biodiversity)、群聚結構 (community structure)、環境溫度 (environmental temperature)、棲蘭山 (Chilanshan)

哈盆自然保留區親屍性甲蟲物種監測與季節之關係
Species of necrophilous beetles to monitoring associated with season change in
Hapen Nature Reserve

蔡建宏¹、徐芝敏¹、黃文伯²、葛兆年³

Chien-Hung Tsai¹, Minna J. Hsu¹, Wenbe Hwang², Chao-Nien Koh³

¹ 國立中山大學生物科學系

Department of biological Sciences, National Sun Yat-sen University

² 國立臺南大學生態科學與技術學系

Department of Ecoscience and Ecotechnology, National University of Tainan

³ 林業試驗所森林保護組

Department of Forest Protection, Taiwan Forestry Research Institute

本研究目的為延續先前哈盆自然保留區親屍性甲蟲物種生物多樣性與氣候變遷下長期監測的研究，於 2013 年度哈盆自然保留區進行監測季節與棲地差異對於親屍性甲蟲群聚之影響。就前人的研究結果中，本研究以較優勢的 7 科 42 種親屍性甲蟲進行多樣性監測並與先前研究的年度進行比較。研究於 2013 年 1 月至 2013 年 12 月進行，沿哈盆溪選定溪谷林地與溪谷草地棲地類型分別設置 8 個誘餌掉落式陷阱，為比較誘集方法的效果，另於林地相同陷阱樣點設置誘餌懸掛式陷阱進行誘捕。總共捕獲 29 種 2740 隻的目標物種，研究結果顯示在溪谷林地的甲蟲個體數量、物種數量皆高於溪谷草地 (Wilcoxon-test: 物種數 $p = 0.05$, 個體數量 $p < 0.05$)，但 Shannon-Wiener Index 並無顯著差異 (Wilcoxon-test: $p = 0.248$)。誘集方法的不同則造成所捕獲親屍性甲蟲的物種數存有差異，比起誘餌懸掛式陷阱，誘餌掉落式陷阱能有效的捕獲較多種類的親屍性甲蟲 (Wilcoxon-test: $p < 0.05$)。季節的變動下，4 月所捕獲目標物種的個體數量和物種數最多，一共捕獲 21 種 725 隻的目標物種，但在 Shannon-Wiener Index 上則為 11 月最高 (2.20)，1 月為最低 (1.12)。進一步與先前哈盆自然保留區 2001 年、2006 年與 2007 年監測的結果比較，雖然在統計上個體數量並無明顯的差異 (Friedman-test: 溪谷林地 $p = 0.997$, 溪谷草地 $p = 0.636$)，但是溪谷草地親屍性甲蟲的個體數量有下降的趨勢。季節、氣候與棲地的不同明顯的影響親屍性甲蟲的群聚結構，在氣候的影響下溪谷草地的親屍性甲蟲群聚變化更為明顯。

關鍵字 (Key words)：親屍性甲蟲 (necrophilous beetles)、群聚結構 (community structure)、季節變化 (season change)、棲地差異 (habitat differences)、生物多樣性 (biodiversity)

黑側裸蜣螂與直角滌蜣之糞球利用率與結構比較
The comparison of usage and structure of brood balls between *Paragymnopleurus melanarius* and *Onthophagus recticornutus*

曾思萍、黃文伯

Sih Ping Zeng, Wenbe Hwang

國立臺南大學生態科學與技術學系

Department of Ecoscience and Ecotechnology, National University of Tainan

本研究比較推糞型與甬道型糞金龜所製造的糞球，分析兩者糞球利用率、結構與密度，以及比較兩者的保濕能力，釐清不同製造過程及空氣接觸程度對糞球結構之影響。蟲源為採自壽山軍事管制區的推糞型糞金龜—黑側裸蜣螂 (*Paragymnopleurus melanarius*)，以及採自新化畜產試驗所牧場的甬道型糞金龜—直角滌蜣 (*Onthophagus recticornutus*)，以其主要食物資源進行研究，提供黑側裸蜣螂臺灣獼猴 (*Macaca cyclopis*) 糞便，直角滌蜣則為台灣黃牛 (*Bos taurus*) 糞便。在隨機配對下，以兩種糞金龜產出之糞球進行三項實驗：(一) 利用率：將蛹重除以初始糞球重；(二) 結構與密度：比較外部土殼與內部糞球鮮重與乾重之差異，以分析密度與含水量；(三) 保濕能力：新鮮糞球冷凍一天殺卵後，放回室溫自然陰乾，每 24 小時秤重一次，以比較水份完全蒸發所需時間。相較於甬道型糞金龜的糞球埋於地底，推測推糞者所製之糞球保濕能力應較佳，才能應付糞球暴露於空氣中，水分喪失的風險。目前初步結果顯示，在黑側裸蜣螂的糞球結構上，外殼含水率為 $70.32 \pm 3.00\%$ ，內球含水率為 $68.22 \pm 2.23\%$ ，兩者有顯著差異 ($n = 19$, pair-samples t-test: $p < 0.05$)。而黑側裸蜣螂的糞球，完全暴露於空氣下，第四天僅失去 3 成左右的含水量；第九天時，則僅存約 3 成含水量。

關鍵詞 (Key words)：黑側裸蜣螂 (*Paragymnopleurus melanarius*)、直角滌蜣 (*Onthophagus recticornutus*)、利用率 (usage)、糞球結構 (brood ball structure)、保濕能力 (moisture-retaining capacity)

辨識一種高效率的昆蟲桿狀病毒 DNA 複製起點在昆蟲和哺乳動物細胞的功能
Identification of a high efficiency baculovirus DNA replication origin that functions in
insect and mammalian cells

黃聖平¹、吳佩穎¹、羅慧如¹、吳岳隆²、趙裕展¹

Sheng-Ping Huang¹, Carol-P Wu¹, Huei-Ru Lo¹, Yueh-Lung Wu², Yu-Chan Chao¹

¹ 中央研究院分子生物所

Institute of Molecular Biology, Academia Sinica

² 國立台灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

The *p143* gene from *Autographa californica* multinucleocapsid nucleopolyhedrovirus (*AcMNPV*) have been found to increase the expression of luciferase, which is driven by the polyhedrin promoter, in a plasmid with virus co-infection. Further study indicated that this is due to the presence of a replication origin (*ori*) in the coding region of this gene. Transient DNA replication assays showed that a specific fragment of *p143* coding sequence, *p143-3*, underwent a virus-dependent DNA replication in Sf-21 cells. Deletion analysis of the *p143-3* fragment showed that sub-fragment *p143-3.2a* contained the essential sequence of this putative *ori*. Sequence analysis of this region revealed a unique distribution of imperfect palindromes with high AT-content. No sequence homology or similarity between *p143-3.2a* and any other known *oris* were detected, suggesting that it is a novel baculovirus *ori*. Further study showed that *p143-3.2a ori* can replicate more efficiently in the infected Sf-21 cells than baculovirus *homologous regions (hrs)*, the major baculovirus *ori*, or non-*hr oris* during virus replication. Previously, *hr* on its own was unable to replicate in mammalian cells, and for mammalian viral *oris*, viral proteins are generally required for their proper replication in host cells. However, *p143-3.2a ori* was surprisingly found to function as an efficient *ori* in mammalian cells without a need of any viral proteins. We conclude that *p143* contains a unique sequence that can function as an *ori* to enhance gene expression in not only insect but also mammalian cells.

關鍵詞 (Key words) : 昆蟲桿狀病毒 (baculovirus)、加州苜蓿夜蛾核多角體病毒 (*AcMNPV*)、基因 *p143* (*p143*)、複製起點 (replication origin)

建立多重組位與多宿主域之多效桿狀病毒表現系統

Establishment of a novel polycistronic baculovirus expression vector with broadhost range through multiple recombination sites approach

滕昭怡、陳銘祥、吳宗遠

Chao-Yi Teng, Ming-Hsiang Chen, Tzong-Yuan Wu

中原大學生物科技系

Department of Bioscience technology, ChungYuan Christian University

Baculovirus expression vector system (BEVS) has been one of the versatile platforms for the production of recombinant proteins. Combination of multiple promoters or IRES elements were improved methods for expressing multiple genes from a single baculovirus vector, and made it possible to express multiple proteins simultaneously in a single infection. However, current strategies were challenged by the need for construction of large transfer vectors. In this study, we provided an alternative approach to produce multiple proteins from the separated locus within the viral DNA. Thus, we've constructed six AcMNPV transfer vectors with different recombination locus and various fluorescence markers to establish a multiple locus-based polycistronic baculovirus expression vector, named as poly-Ac-Bac. In order to optimize the production of secreted or membrane-bounded proteins, we have also incorporated the translation initiation factor- eIF4E and molecular chaperones Calreticulin and β -synuclein into poly-Ac-Bac system to boost the secreted proteins production. One of the advantages of BEVS is taking insect larvae as economic bioreactor. However, most baculoviruses have much narrower host ranges, which is one of the important limitations on the potentials for its applications. We previously co-infected the AcMNPV and MaviMNPV into Sf21 cells and isolated the hybrid virus (Ac-Mv-bac), which could infect both host cells of AcMNPV and MaviMNPV. To further extend the host range, we have successfully isolated the "ABM" virus, which can replicate in Sf21, Mv532 and BmN cells, by using the same approach. Here, we combined the poly-Ac-Bac approach with the ABM-Bac baculovirus expression system to establish a host range extend, novel polycistronic baculovirus vector system. The expression of H5N1 avian flu virus-like particle (VLP) comprises HA, NA, and M1 proteins in three hosts were investigated by this ABM-Bac vector.

Key words: baculovirus, transfer vector, chaperones, translation initiation factor, hybrid virus

應用蓖麻毒素及東方果實蠅雙性基因發展雌蟲專一性致死系統
Development of female-specific lethal system using the *ricin/Bddsx* hybrid gene in
Bactrocera dorsalis

黃俊諺¹、黃嘉嘉¹、戴淑美²、張誠¹

Chun-Yen Huang¹, Chia-Chia Huang¹, Shu-Mei Dai², Cheng Chang¹

¹ 國立中興大學生物科技發展中心

² 國立中興大學昆蟲學系

東方果實蠅 (*Bactrocera dorsalis* Hendel) 嚴重為害台灣經濟果樹，不僅影響農民收益，也造成國家在外銷出口檢疫上的困擾。由於此蟲的為害以雌蟲為主，在防治上極需發展有效的抑雌系統。東方果實蠅雙性基因在雌雄體內具有差異性 RNA 剪接 (alternative RNA splicing) 模式，結合這個特性及蓖麻毒素 (Ricin) 的對蛋白質合成的抑制活性，業已成功發展出雌蟲專一性致死系統。首先從蓖麻毒素的 3-D 構形選擇適合的重組位置，並完成 *RTA/Bddsx* 雜合基因構築。接著利用體內 RNA 剪接實驗，證實只有 LEGQ 及 FERQ 兩組重組基因可以正確銜接蓖麻毒素基因。為了瞭解修飾後的蓖麻毒素是否仍具有生物活性，先分別使用原核系統表現毒素蛋白，並於體外蛋白質合成實驗中觀測到 Ricin-LEGQ 蛋白保有 71.28% 的抑制力，而 Ricin-FERQ 則保留 58.04% 活性。同時，修飾後的毒素蛋白也會影響正常發育，蟲蛹經注射重組毒素後，發現羽化成功率可下降 8 到 23%。其後再以 *actin-5C* 啟動子驅動 *RTA/Bddsx* 雜合基因，並使用胚胎顯微注射完成體內暫時性表達實驗。在體內直接表現的蓖麻毒素 FERQ 及 LEGQ 的情況下，觀測到存活雌蟲比例分別從期望的 50% 下降至 40.91% 及 35.71%。上述結果證實 *RTA/Bddsx* 系統確實在蟲體內發生作用，並且改變東方果實蠅的性別比例。後續將持續進行蓖麻毒素基因的轉殖研究，期望儘速建立有效的轉殖品系及防治方法，用以控制東方果實蠅的危害。

關鍵詞 (Key words)：東方果實蠅 (*Bactrocera dorsalis* Hendel)、雙性基因 (*double sex gene*)、差異性 RNA 剪接 (alternative RNA splicing)、蓖麻毒素基因 (*ricin toxin A, RTA*)、胚胎顯微注射 (embryonic microinjection)

一個新發現的果蠅基因組穩定基因：無後
Isolation of a novel genome guardian, *wuho*, in *Drosophila melanogaster*

陳易呈¹、伍建宏²、謝道時^{1,2}

I-Cheng Cheng¹, Jianhong Wu², Tao-shih Hsieh^{1,2}

¹ 中央研究院細胞與個體生物學研究所

Institute of Cellular and Organismic Biology, Academia Sinica

² 杜克大學醫學中心生物化學系

Biochemistry Department, Duke University Medical Center

During the generation of *Drosophila topoisomerase* mutants, we isolated a novel mutation affecting the germline cells in both male and female flies. Because the mutant flies possess fertility defects, we thus named the new gene *wuho* (*wh*), meaning no progeny in Chinese. In ovaries and testes, Wuho protein (WH) expresses in nuclei and has a maximal expression in hub cells, the niche of male germline stem cells. In order to probe *wh*'s cellular function, we chose *Drosophila* S2 cells as a model system and depleted WH expression by RNAi technique. Strikingly, knockdown of WH induces DNA damage and apoptosis. Interestingly, DNA damage and cellular apoptosis are the likely basis for sterility in *wh* mutant flies. Using TUNEL (Terminal deoxynucleotidyl transferase dUTP nick end labeling) assay, we found apoptotic death of germ cells in *wh* mutant flies. It suggests that germ cells lacking WH fail to maintain genome stability and bring about apoptosis, therefore, eventually resulting in fertility defects in mutant flies. Not just limited to insects, *wh* is an evolutionarily conserved gene. When we knockdown WH homologs in several mammalian cultured cells, we also observed the occurrence of DNA damage, suggesting a conserved genome guardian role of *wh*.

關鍵詞 (Key words): 果蠅 (*Drosophila melanogaster*)、生殖細胞 (germ cell)、基因體穩定性 (genome stability)、細胞凋亡 (apoptosis)、無後基因 (*wuho*)

眾裡尋它千百度：蚜蟲預成生殖漿之發現與不完全變態昆蟲生殖細胞發育之演化
 Researching hard to identify a preformed germ plasm in the sexual oviparous aphid:
 the first non-canonical case in the Hemimetabola

林季瑋^{1,3}、查爾斯庫克²、三浦徹³、張俊哲¹

Gee-Way Lin^{1,3}, Charles E Cook², Toru Miura³, Chun-Che Chang¹

¹ 國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

² 歐洲生物資訊研究所

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

³ 北海道大學環境科學研究所

Graduate School of Environmental Science, Hokkaido University, Japan

Germline specification in some animals is driven by the maternally inherited germ plasm during early embryogenesis (inheritance mode), whereas in others it is induced by signals from neighboring cells in later embryogenesis (induction mode). In the Metazoa, it has been clear that the induction mode is the more prevalent and ancestral condition. For example, in *Drosophila* and other holometabolous insects such as wasps, germline specification follows the inheritance mode. By contrast, in most hemimetabolous insects like grasshoppers, germ cells are segregated after blastoderm formation via signal induction. The inheritance mode has not been identified at molecular level in the Hemimetabola, but a putative germ plasm has been identified in the mullein thrips *Haplothrips verbasci* using traditional microscopic approaches. This implies that some insects belonging to the superorder Paraneoptera - a sister group to the Holometabola that includes orders Psocoptera, Phthiraptera, Thysanoptera, and Hemiptera - adopt the inheritance mode to specify germ cells. Thus, we aimed to reveal germline specification in the sexual oviparous pea aphid *Acyrtosiphon pisum* by the germline marker *Apvasal*, a *Drosophila vasa* ortholog in the pea aphid. Using an antibody against ApVasa1, we identified a preformed germ plasm in the syncytial blastoderm and later we could trace its specific expression in the primordial germ cells (PGCs). Expression of *Apvasal* mRNA was not restricted to the presumptive germ plasm in uncultured embryos whilst co-localization of *Apvasal* mRNA and ApVasa1 protein could be detected in PGCs later throughout embryogenesis. To our knowledge, this is the first case showing the inheritance mode being adopted by the paraneopteran insects at molecular level. Compared with the induction mode identified in other hemipteran species such as the milkweed bug *Oncopeltus fasciatus*, our study suggests that formation of the preformed germ plasm in the pea aphid is achieved via independent evolution in the Hemiptera.

關鍵詞 (Key words)：豌豆蚜 (*Acyrtosiphon pisum*)、不對稱聚集 (asymmetric localization)、發育可塑性 (developmental plasticity)、生殖細胞特化 (germ cell specification)、Vasa 蛋白 (Vasa protein)

以焦磷酸定序偵測臺灣地區田間東方果實蠅之有機磷抗性基因頻度
Detecting organophosphate resistance gene frequency in Taiwanese field
Bactrocera dorsalis by pyrosequencing

許博凱¹、吳昌昱¹、戴允文¹、黃毓斌²、許如君¹

Po-Kai Hsu¹, Chang-Yu Wu¹, Yun-Wen Dai¹, Yu-Bin Huang², Ju-Chun Hsu¹

¹ 國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

² 行政院農業委員會農業試驗所

Taiwan Agricultural Research Institute, Council of Agriculture, Executive Yuan

東方果實蠅 (oriental fruit flies, *Bactrocera dorsalis*) 為台灣果樹重要害蟲之一，我國目前主要以乃力松 (naled) 混合甲基丁香油 (methyl eugenol) 作為其在田間共同防治及族群密度監測所用之資材。現今臺灣地區田間東方果實蠅對有機磷殺蟲劑包括乃力松，已普遍發展抗藥性，嚴重影響有機磷劑應用於防治及監測上的效益，故定期進行田間東方果實蠅有機磷抗性監測，了解其抗性程度並作為現行防治方法的評估依據是有其必要性。本研究以含毒甲基丁香油配合誘殺器於 2011~2013 年台澎金馬地區 11 個縣市共 23 個鄉鎮收集果實蠅抽取 DNA 樣本，利用焦磷酸定序 (pyrosequencing) 技術，檢測有機磷劑之作用標的乙醯膽鹼酯酶基因上，與有機磷低感受性相關的點突變 I214V、G488S、Q643R 之突變率。結果顯示，台澎金馬地區東方果實蠅點突變 I214V、G488S、Q648R 之突變率平均分別為 68.80%、54.92%、79.66% (標準偏差各為 8.07、14.96、10.83)，以 Q648R 的突變率最高，I214V 次之，G488S 最低。其中台灣中部及南部地區樣本之突變率大部分高於平均，台灣北部則大部分低於平均；離島地區以澎湖縣樣本的點突變頻度最低，金門縣部分地區及連江縣南竿則有 I214V、Q648R 點突變率高於平均的情形。

關鍵詞 (Key words)：東方果實蠅 (*Bactrocera dorsalis*)、有機磷抗性 (organophosphate resistance)、乙醯膽鹼酯酶 (acetylcholinesterase)、焦磷酸定序 (pyrosequencing)

苦茶粕萃取物對台灣銜蠓生長發育之作用
Effect of tea seed pomace (*Camellia* sp.) extract toward the growth of biting midge
(*Forcipomyia taiwana*)

黃祥庭¹、黃榮南^{1,2}

Hsiang-Ting Huang¹, Rong-Nan Huang^{1,2}

¹ 國立台灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

² 國立台灣大學植物醫學中心

Research Center for Plant-Medicine, National Taiwan University

本研究探討苦茶粕萃取物對台灣銜蠓 (*Forcipomyia taiwana*) 幼蟲生長之影響，結果顯示苦茶粕萃取物對台灣銜蠓幼蟲具有致死及干擾後續變態的生物活性。苦茶粕粉末以酒精在特定溫度、時間萃取數次後，萃取物再經去油、過濾、烘乾等製程，得到苦茶粕萃取物。以此萃取物處理台灣銜蠓四日齡幼蟲後，觀察台灣銜蠓幼蟲死亡率、化蛹率及羽化率。試驗結果顯示以 1%、5% 萃取物處理之幼蟲，其死亡率分別為 12.5%、39.5%；而經苦茶粕萃取物處理未死亡之幼蟲，其化蛹率皆有 90% 以上，顯示對於化蛹的變態過程並無影響。然而經 1% 及 5% 萃取物處理後的台灣銜蠓，其羽化率卻僅有 57.6% 及 47.6%，顯示苦茶粕萃取物對於台灣銜蠓蛹期至成蟲之變態有顯著影響；此外，雖然苦茶粕酒精萃取物總茶皂素含量僅有 3%，但其對台灣銜蠓之生長抑制活性與中國長沙生產之高純度茶皂素（純度 90%）之效果相當；因此，本研究之萃取物之殺蟲活性並非全來自茶皂素，後續將會以 Diazinon HP-20 大孔樹脂進一步進行分離純化。綜合而言，苦茶粕萃取物確實對台灣銜蠓具有致死、影響其生長發育之生物活性；苦茶粕為農業廢棄物之再利用，具有發展作為台灣銜蠓綜合防治應用之潛力。

關鍵詞 (Key words)：苦茶粕 (tea seed pomace)、台灣銜蠓 (*Forcipomyia taiwana*)、茶皂素 (tea saponin)

台灣各地區褐飛蝨抗藥性調查與抗藥性遺傳研究
Investigation of insecticide resistance of *Nilaparvata lugens* in Taiwan

湯喬皓、戴淑美

Ciao-Hao Tang, Shu-Mei Dai,

國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

褐飛蝨 (*Nilaparvata lugens* Stål) 為亞洲地區重要水稻害蟲之一，其危害多發生於二期稻作，刺吸水稻除了傳播病毒病外、嚴重時亦會產生「蝨燒」嚴重影響作物生長及收成。因此，瞭解褐飛蝨在台灣各地區危害狀況與抗藥性的發展勢必為後續研究的重要背景資料。研究中採集了潭子、大里、花壇、民雄、柳營、後壁等地之褐飛蝨進行藥劑試驗，台中品系則為實驗室感性品系。與台中品系相比，浸藥法和藥膜法皆顯示大里和潭子地區的褐飛蝨對陶斯松、益達胺、芬普尼有 2~3 倍的抗藥性，其他地區則與台中品系相近。進一步每代利用陶斯松篩選大里地區的褐飛蝨、益達胺與芬普尼分別篩選潭子地區的褐飛蝨，大里篩選品系第三代對陶斯松的抗性維持在 2 倍左右、潭子-益達胺篩選品系第四代對益達胺有 8.64 倍、潭子-芬普尼篩選品系第三代對芬普尼則有 10.32 倍。這些結果顯示褐飛蝨相對容易對芬普尼與益達胺產生抗藥性，對陶斯松的抗藥性發展較慢。這三個篩選品系未來將作為後續抗性遺傳與抗藥性機制研究的使用材料。

關鍵詞 (Key words)：褐飛蝨 (*Nilaparvata lugens* Stål)、抗性 (resistance)、陶斯松 (chlorpyrifos)、益達胺 (imidacloprid)、芬普尼 (fipronil)

台灣地區小菜蛾抗藥性調查與抗性機制研究
Investigation of insecticide resistance of *Plutella xylostella* in Taiwan

方政威、戴淑美

Cheng-Wei Fang, Shu-Mei Dai,

國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

小菜蛾 (*Plutella xylostella*) 為十字花科蔬菜的主要害蟲之一，其生活世代短、族群繁殖快速，在田間會取食蔬菜葉造成孔洞及缺刻，嚴重時更會取食葉片成網狀孔洞，嚴重影響蔬菜賣相及產量。農藥的濫用亦使得小菜蛾對現有防治藥劑產生相當高的抗藥性。為了有效減緩田間小菜蛾抗藥性的增長及危害，有必要長期監測田間小菜蛾的抗藥性發展與抗藥性遺傳與機制等相關研究，以做為抗藥性管理的理論依據。因此，本研究利用圓葉片浸藥法 (Leaf-dip bioassay) 與實驗室持續飼養的 SH_{gg1} 小菜蛾感性品系檢測路竹、古坑、溪湖等田間小菜蛾對數種常用防治藥劑的抗藥性發展情形。試驗結果顯示路竹、溪湖、古坑等田間品系對剋安勃產生了 10.5~17.9 倍的抗藥性，對美文松的抗藥性有 7.6~18.4 倍，對賜諾殺與陶斯松的抗藥性則相對較低，只有 0.8~1.9 及 2.6~3.5 倍。未來將使用剋安勃對溪湖品系持續進行抗藥性篩選，以了解小菜蛾對剋安勃的抗藥性遺傳特性與抗性機制，並檢測其它藥劑與剋安勃間的交互抗性情形。

關鍵詞 (Key words): 小菜蛾 (*Plutella xylostella*)、抗藥性 (resistance)、剋安勃 (chlorantraniliprole)、美文松 (mevinphos)、陶斯松 (chlorpyrifos)、賜諾殺 (spinosad)

穀蠹之尼古丁乙醯膽鹼受器 $\alpha 6$ 亞單位與賜諾殺抗性之相關性
Nicotinic acetylcholine receptor subunit $\alpha 6$ associated with spinosad resistance in
Rhyzopertha dominica

王翰棠、陳美娥

Han-Tang Wang, Mei-Er Chen

國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

穀蠹 (*Rhyzopertha dominica*) 為穀倉中常見之初級害蟲，穀物經穀蠹侵入後易伴隨其他次級害蟲危害而造成嚴重的經濟損失，目前對台灣穀倉所使用之藥劑如有機磷及合成除蟲菊類已逐漸篩選出抗藥性。賜諾殺 (spinosad) 為新興之生物性藥劑，現階段在台灣穀倉尚未以賜諾殺進行穀蠹防治，且有研究顯示具第滅寧抗性之穀蠹仍對賜諾殺敏感。昆蟲賜諾殺抗性產生與其作用標的尼古丁乙醯膽鹼受器 $\alpha 6$ 亞單位 nicotinic acetylcholine receptor (nAChR) subunit $\alpha 6$ 突變有關，本研究即為探討穀蠹賜諾殺抗性產生機制與 nAChR subunit $\alpha 6$ 是否相關。感性穀蠹為採集自彰化伸港穀蠹族群，其 LC_{50} 為 $0.14 \mu\text{g/ml}$ 。利用混拌法對穀蠹混合族群篩選賜諾殺抗性，於每次篩選後測定新的半致死濃度作為下次篩選濃度，經過 5 次篩選後其 LC_{50} 為 $10.3 \mu\text{g/ml}$ ，相較於感性品系已具有約七十倍之抗性。未來將從感性及抗性品系穀蠹選殖出 nAChR subunit $\alpha 6$ (Rd $\alpha 6$) cDNA 全長，以比較其 Rd $\alpha 6$ 序列，另利用 real-time quantitative PCR 比較兩品系 Rd $\alpha 6$ 表現量是否與賜諾殺抗性相關。

關鍵詞 (Key words)：穀蠹 (*Rhyzopertha dominica*)、賜諾殺 (spinosad)、尼古丁乙醯膽鹼受器 $\alpha 6$ 亞單位 (nicotinic acetylcholine receptor subunit $\alpha 6$)、抗藥性 (insecticide resistance)

家蠅乙醯膽鹼酯酶活性及其對陶斯松之感受性

Activities of *Musca domestica* acetylcholinesterases and its susceptibility to chlorpyrifos

張淑貞、高靜華

Shu-Chen Chang, Ching-Hua Kao

農業試驗所應用動物組

Division of Applied Zoology, Taiwan Agricultural Research Institute

針對農作物農藥殘留，農業試驗所應用長期飼養於室內之感性品系家蠅 (*Musca domestica*) 的乙醯膽鹼酯酶推展生化法，可快篩近百種有機磷及氨基甲酸鹽類殺蟲劑。本研究將比較此感性品系家蠅與田間家蠅、東方果實蠅 (*Bactrocera (Bactrocera) dorsalis* (Hendel, 1912))、瓜實蠅 (*Bactrocera (Zeugodacus) cucurbitae* (Coquillett, 1899) 及電鰻 (*Electrophorus electricus*) 之乙醯膽鹼酯酶活性，及其對陶斯松之感受性。首先切取 3 日齡田間及感性品系家蠅雌蠅頭部，及 12 日齡東方果實蠅、瓜實蠅雌蠅頭部，快速萃取乙醯膽鹼酯酶後，可測得其比活性分別為 1.174、0.487、0.392、0.373 $\mu\text{mole}/\text{min}/\text{mg}$ protein，其雄蠅則分別為其雌蠅之 1.61、1.53、1.30、1.04 倍。田間家蠅之乙醯膽鹼酯酶活性明顯高於感性家蠅。由陶斯松對上述乙醯膽鹼酯酶之抑制率，可知田間家蠅對陶斯松之敏感度最低，感性家蠅、東方果實蠅、瓜實蠅之抑制率分別為其 2.69、2.46、1.64 倍。另比較用於生化法之大量萃取純化的感性家蠅乙醯膽鹼酯酶與購入之電鰻乙醯膽鹼酯酶，其比活性分別為 3.2 與 531.1 $\mu\text{mole}/\text{min}/\text{mg}$ protein，電鰻為感性家蠅之 167.9 倍，但陶斯松對感性家蠅乙醯膽鹼酯酶之抑制率卻遠高於電鰻為其 23.1 倍。可見此農試所保有的感性品系家蠅長期於室內飼養，對藥劑極為敏感，用來生產乙醯膽鹼酯酶檢測農作物農藥殘留最為適切，在應用面具獨特價值。

關鍵詞 (Key words)：家蠅 (*Musca domestica*)、乙醯膽鹼酯酶 (acetylcholinesterases)、陶斯松 (chlorpyrifos)

蜜蜂幼蟲期餵食亞致死劑量益達胺對成蟲腦神經連結之影響
Impaired neural connectivity caused by imidacloprid contamination during
the larval stage of honey bees

彭繹梅、楊恩誠

Yi-Chan Peng, En-Cheng Yang

國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

The use of pesticides is targeted on pests; however, the pesticides on the other hand affect pollinators, such as honey bees. Imidacloprid, a common systemic pesticide, acts on the nicotinic acetylcholine receptors and causes hyperexcitation in the nervous system of insects. While foraging, it has been hypothesized that honey bees are likely to bring imidacloprid-contaminated pollens back to the hive and induce the decline of the whole colony. Previous study showed the decrease of honey bees' learning ability after exposing to sublethal dosage of imidacloprid in the larval stage. The learning ability may be related to mushroom bodies, which is responsible for the multisensory integration and are associated with learning, memory and cognitive processing in the insect brain. In the mushroom bodies of honey bee worker, the synaptic connectivity increases with age, and so as the learning ability. We used immunohistochemistry to label the synaptic units in the calyces of honey bee's mushroom bodies to see the sublethal effects of imidacloprid on the neural development. Our results show that the density of synaptic units in the calyces region decreases after feeding with sublethal dosages of imidacloprid. This links the decrease of olfactory learning ability to abnormal neural connectivity, and thus demonstrates the imidacloprid impairs the development of nervous system from the larval stage of honey bees.

關鍵詞 (Key words)：蜜蜂 (honey bees)、益達胺 (imidacloprid)、亞致死劑量 (sublethal dosage)、
蕈狀體 (mushroom bodies)、突觸 (synapses)

東方果實蠅 (*Bactrocera dorsalis*) 雌雄蟲幼蟲脂肪體基因表現比較
Different gene expression of the larval fat body in female and male in
the *Bactrocera dorsalis*

許家銘、陳美娥

Chia-Ming Hsu, Mei-Er Chen

國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

昆蟲脂肪體主要負責儲存養分、提供能量以及代謝物質。在東方果實蠅 (*Bactrocera dorsalis*) 中，幼蟲脂肪體會伴隨幼蟲至羽化成蟲，並在羽化後第二日逐漸崩解，取而代之的是成蟲脂肪體。成蟲脂肪體和幼蟲脂肪體之間的差異在於幼蟲脂肪體含有大量的儲存蛋白受器，成蟲脂肪體則富有卵黃蛋白，推測其功能分別為養分儲存及提供胚胎發育能量。東方果實蠅雌成蟲脂肪體主要功能為合成卵黃蛋白，提供胚胎所需能量，然而相較於同一年紀的雄成蟲脂肪體主要功能則合成解毒酵素、抗微生物胜肽...等，此結果推論雄蟲壽命及存活力在逆境環境下比雌蟲高。上述結果討論成蟲和幼蟲脂肪體之間的比較，以及 8 到 10 日齡成蟲不同性別脂肪體基因表現比較。本實驗目的則欲探討幼蟲脂肪體在剛羽化成蟲階段時，不同性別內的脂肪體是否會有基因表現的差異而影響生理功能。利用 cDNA Subtraction 篩選出雌雄蟲脂肪體各別表現基因，再使用 TA cloning 將基因選殖後定序 cDNA 序列，進一步比對分析。初步結果顯示，雌蟲基因表現多為 angiotensin-converting enzyme, epoxyqueuosine reductase, NADH dehydrogenase... 等。而雄蟲基因表現部分則有 filaggrin-2-like, cytochrome oxidase subunit... 等。未來實驗將設計專一引子利用 Real-time qPCR 的方式確認上述基因於雌雄蟲表現的差異。

關鍵字 (Key words)：東方果實蠅 (*Bactrocera dorsalis*)、脂肪體 (fat body)、cDNA 篩減法 (cDNA subtraction)

快速檢定東方果實蠅胚胎死活之方法
Methods for rapid determination of the viability of embryos of
oriental fruit fly *Bactrocera dorsalis*

陳熾后、路光暉

Yen-Hou Chen, Kuang-Hui Lu

國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

為解決判定經檢疫處理是否能完全殺死寄生水果中之東方果實蠅 (*Bactrocera dorsalis*) 蟲卵，本研究目地即在於尋求可快速判定胚胎死活之方法，提供防檢疫單位使用，以加快水果檢疫查核的速度。利用顯微鏡鏡檢法為方法之一，鏡檢結果顯示經熱處理 (46°C、持續 30 分鐘) 後，胚胎會呈現分離與皺縮成球形等形態，胚胎停止發育；反觀，未經熱處理之胚胎則多數可正常發育與孵化。因此，藉由鏡檢此等胚胎發育之形態標誌，即可判定胚胎之死活。再者，利用生化檢測法亦可快速判別胚胎的死活。利用染劑台盼藍 (trypan blue) 滴染胚胎細胞之結果顯示，未經熱處理胚胎細胞，台盼藍無法進細胞內；反之，熱處理後蟲卵胚胎細胞均呈現深藍色，顯示其細胞已失去細胞膜功能 (即細胞死亡)，導致染劑可自由通透進入細胞。藉此細胞被染色與否，即可以快速判斷胚胎是否存活。另外，實際應用上述方法檢測經檢疫處理後之東方果實蠅、瓜實蠅 (*B. cucurbitae*) 與南瓜實蠅 (*B. tau*) 等蟲卵之結果顯示，未經熱處理蟲卵之胚胎多數可正常發育且生化檢測胚胎細胞也正常，孵化率均達 50% 以上；反觀經熱處理後之蟲卵，100% 呈現胚胎形態異常且可被台盼藍染色，而孵化率則為 0%。

關鍵詞 (Key Words)：檢疫處理 (phytosanitary treatment)、昆蟲胚胎 (insect embryo)、顯微鏡鏡檢 (microscopic examination)、生化檢測 (biochemical assays)、台盼藍 (trypan blue)

關渡紅樹林胡麻斑星天牛翅鞘斑型的多樣性：兼論年度差異
Biodiversity of elytra maculae of *Anoplohora macularia* in GaonDou mangrove forest,
Taipei: with reference on populations of sequential years

馬堪津¹、彭武康²、何鎧光²、徐爾烈²、吳文哲²、葉雲吟³、趙榮台³

CJW Maa¹, WK Peng², KK Ho², EL Hsu², WJ Wu², YY Yeh³, JT Chao³

¹ 中央研究院生物多樣性研究中心

Biodiversity Research Center, Academia Sinica

² 國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

³ 林業試驗所森林保護組

Division of Forestry Protection, Taiwan Forest Research Institute

本調查延續了自 1999 年以來，以至 2013 年在臺北市關渡紅樹林保護區的樣本點及參考點採集的 2,600 多隻胡麻斑星天牛，*Anoplohora macularia* (Thomson) (Cerambycidae: Coleoptera)，及 2014 年相同地區的 2,300 隻星天牛，進行了其族群之翅鞘斑型模式 (Pattern of elytra maculation) 的記錄、統計、分群、分析及比較。以該蟲左右翅鞘背中尾端的四對標準斑型結構：HH 斑以下的四對斑 (Lingafelter and Hoebeke, 2002) 皆具足者，為第壹組參數；以第一對斑消融或變異者為次組參數；以第二對斑消融或變異者為第三組參數；第三或第四對斑，有任何變異者為第四組參數；以四對斑中有兩對以上斑呈消融者為末組參數，共得到 13 項參數。參數的記錄資料以 Excel 檔下載；以多態生物統計軟體程式 (PRIMER 5) 進行統計分析。結果顯示：1. 四對斑具足標準而言：自 1999 年以來，雌蟲及雄蟲皆逐年遞減；雌蟲較快。2. 第一對斑消融率則逐年增加；亦以雌者快。3. 2014 年天牛，翅鞘黑化率：既兩對以上斑的消融率，較 2013 者有明顯的降低。4. 以斑型結構而言，同一年度羽化的棲群內，有分群現象存在，雌蟲明顯。文中也討論環境因子對星天牛族群翅鞘斑型模式多樣性發生的影響。

關鍵詞 (Key words)：胡麻斑星天牛 (*Anoplohora macularia* (Thomson))、翅鞘斑型結構 (patten of elytra maculation)、關渡紅樹林 (GaonGou mangrove Forest)、生物多樣性 (biodiversity)、環境因子 (environmental factors)

長腳捷山蟻於臺灣及沖繩現況與粒線體遺傳結構
Current status and mitochondrial structure of yellow crazy ant (*Anoplolepis gracilipes*)
in Taiwan and Okinawa

賀菡芝¹、吳文哲¹、楊景程²

Han-Chih Ho¹, Wen-Jer Wu¹, Chin-Cheng Yang²

¹國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

²國立臺灣大學植物醫學碩士學位學程

Master Program for Plant Medicine, National Taiwan University

長腳捷山蟻 (*Anoplolepis gracilipes*) 為世界百大入侵種之一，於入侵地中常造成生態衝擊，包括攻擊本土物種、與半翅目昆蟲共生而加速為害植物，嚴重則導致生態系崩解。過去研究多偏重其入侵嚴重性，對其物種發源地少有探討，少數研究認為，雖然長腳捷山蟻原生地主要分布於印度南部、斯里蘭卡及東南亞等熱帶地區，但此蟻於亞熱帶區域 (臺灣和琉球群島) 最早採集記錄可回溯至 19 世紀末期，因此提高該區域為原生地北界之可能性。為初步釐清此議題，本研究分析兩地長腳捷山蟻之粒線體 DNA 單倍型 (mtDNA haplotype)，發現臺灣及沖繩族群僅分別具有五種及四種單倍型，整體多樣性遠低於東南亞族群 (例如，馬來西亞可發現 14 種單倍型)，顯示臺灣及沖繩族群曾歷經瓶頸效應，雖符合入侵族群型式，但也未能排除兩地為物種分布邊緣的可能性。值得注意的是，臺灣族群中最主要之單倍型與前人研究於澳洲聖誕島 (Christmas Island) 所發現的單倍型一致，顯示此蟻對臺灣本土生態之影響值得後續長期追蹤。本研究將持續收集各地樣本，開發更具多型性之遺傳標記，期待描繪完整物種歷史。同時，本研究將進一步測試長腳捷山蟻對半翅目昆蟲蜜露之利用效率，以及與本土螞蟻競爭行為，試圖以共生關係切入解釋此蟻之生態優勢。

關鍵詞 (Key words)：長腳捷山蟻 (*Anoplolepis gracilipes*)、入侵種 (invasive species)、粒線體 DNA 單倍型 (mtDNA haplotype)

Genetic consequences and demographic history of recent invasion of the red imported fire ant (*Solenopsis invicta*)

楊景程¹、曾書萍²、DeWayne Shoemaker³

Chin-Cheng Yang¹, Shu-Ping Tseng², DeWayne Shoemaker³

¹ 國立臺灣大學植物醫學碩士學位學程

Master Program for Plant Medicine, National Taiwan University

² 國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

³ Center for Medical, Agricultural and Veterinary Entomology, ARS, USDA

The red imported fire ant (*Solenopsis invicta*), a highly invasive ant species native to South America, has been introduced into numerous places around the world recently. An earlier study indicated that virtually all recent invasive populations (RIPs) of *S. invicta* have resulted from introductions exclusively originating in USA where this ant is also invasive, and that the introductions into these areas appear to be independent of each other. Such unique invasion patterns represent a rare opportunity to test the generality of various evolutionary hypotheses because each invasion event can be an empirical bio-replication. To illustrate the adaptive potential of this invasive pest ant, this study attempted to understand genetic consequences and demographic history associated with recent invasion of *S. invicta*. We generated microsatellite genotypic data for populations from South America, USA and RIPs, and assayed key population genetic parameters using multiple approaches. Results show that bottleneck effect is profound across all RIPs but merely moderate in USA, which reflects differences in the time *S. invicta* was first reported. The genetic variations of RIPs are, however, comparable to that in USA, suggesting that colonization of *S. invicta* from USA likely involve high propagule pressure. The following simulations and analyses (detection of outlier loci, linkage disequilibrium and number of founders) all produce similar demographic signatures that perfectly confirm the possibility of large founding size of RIPs. We therefore conclude that success of *S. invicta* in the RIPs may have derived from propagule of certain size that maintains adequate genetic variations to avoid detrimental effects, a mechanism extremely crucial for haplodiploid species with single sex determination locus like *S. invicta*. Finally, discovery of the loci consistently identified as outliers may imply that some of them may link to genes undergone adaptive evolution during invasion, thus merited subsequent genetic and functional characterization.

關鍵詞 (Key words)：適應性演化 (adaptive evolution)、瓶頸效應 (bottleneck effect)、遺傳多樣性 (genetic diversity)、微衛星 DNA (microsatellite DNA)、離群基因座 (outlier loci)

台灣冠網椿象屬 (*Stephaniris*) 之分類研究 (半翅目：網椿象科)
Taxonomic study of genus *Stephaniris* in Taiwan (Hemiptera: Tingidae)

張哲瑋、張萃嫻

Chang Jue-Wei, Chang Tsui-Ying

國立屏東科技大學植物醫學系

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

冠網椿象屬 (*Stephaniris*) 為半翅目、網椿象科之昆蟲，其重要分類特徵為前胸背板中央極度向上隆起形成網狀之中央脊起 (median carina)，近前緣處特別膨大形成頭冠 (hood)、前翅前緣圓弧狀，其上具成列細毛。冠網椿象屬可從前胸背板側脊起 (lateral carina) 的有無與側背區之形式分為 *Stephanitis*、*Norba*、*Menodora* 及 *Omplax* 等 4 個亞屬，台灣目前尚無 *Omplax* 的紀錄。本次研究共檢查 14 種冠網椿象，發現其中 2 種新種，1 種新紀錄種，可以雄性生殖器上射精管前端之骨化突起特徵作為種類分類依據。

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

臺灣菊虎科分類初探

The preliminary taxonomic study of Cantharidae (Coleoptera: Elateroidea) in Taiwan

蕭昀、楊平世

Yun Hsiao, Ping-Shih Yang

國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

菊虎科 (Cantharidae) 是一群色彩斑斕的陸生甲蟲，目前全世界已命名種超過 5,000 種，擁有相當高的物種多樣性，尤其是舊北區與東方區，但僅有新北區與舊北區西側的分類學研究較為透徹，其他地區尚有許多種類未被描述。臺灣菊虎科的分類學研究始於二十世紀初，主要由歐洲學者發表了多數的種類，然而至今國內未有專家針對此類群進行分類學研究；另一方面，由於多數種類發表時僅提供雄蟲的交尾器形態作為鑑定特徵，常缺乏雌蟲的形態資訊及鑑定依據，因此本研究整理臺灣已知的菊虎種類，並藉正確的雌雄組合配對資訊，補充各物種雌蟲形態資料，作為未來生物資源利用及其他深入研究之參考。本研究藉由檢視國內外標本館館藏，比對外部形態特徵、雄蟲生殖器與雌蟲第八腹板以進行鑑定，目前透過與亞洲各國學者合作，整理出臺灣菊虎科有 4 個亞科、21 個屬、165 個已知種和 3 個亞種，此外亦完成 *Stenothemus owadai* Okushima & Satô 和 *S. taiwanus* Okushima & Satô 的雌性補充描述。未來將持續檢視各博物館館藏，以期全面完成臺灣所有種類的基礎鑑定資料。

關鍵詞 (Key words)：鞘翅目 (Coleoptera)、菊虎科 (Cantharidae)、基礎分類學 (alpha-taxonomy)、形態學 (morphology)

台灣的象白蟻屬 (蜚蠊目：白蟻科) 分類研究
Taxonomy of Genus *Nasutitermes* (Blattodea: Termitidae) in Taiwan

梁維仁¹、陳亭瑋²、李後鋒¹

Wei-Ren Liang¹, Ting-Wei Chen², Hou-Feng Li¹

¹ 國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

² 國立臺灣師範大學生命科學系

Department of Life Science, National Taiwan Normal University

象白蟻屬為高等白蟻中的重要類群，已知種類有 250 種，佔白蟻科物種數約 12%。本研究透過野外樣本採集、博物館標本檢查、形質測量與分子定序，建立台灣象白蟻屬之鑑定依據。台灣的象白蟻在 20 世紀初發表後，其各階級之形態描述至今仍有不完整之處，其中木下象白蟻僅有有翅型之形態描述，其他階級之形態資訊闕如，故本研究首先以 16S rDNA 序列確認各物種內各階級之連結，結果支持樣本分屬於三個物種，種間差異分別為 3.72%、5.12% 以及 5.34%，再透過檢視全台 294 個群體樣本的外部形態，發現所有樣本皆符合小象白蟻 *Nasutitermes parvonasutus* (Nawa, 1911)、高砂象白蟻 *N. takasagoensis* (Nawa, 1911) 以及木下象白蟻 *N. kinoshitai* (Hozawa, 1915) 的原始文獻描述。由於此三種白蟻的模式產地皆為台灣，我們進而選取台灣各地的樣本，重新描述三種象白蟻的有翅型與兵蟻階級，對形質做主成分分析 (principal component analysis)，結果顯示三種象白蟻形態差異皆顯著，而其中相關性最強、區辨能力最好的特徵為頭寬，另外，木下象白蟻的兵蟻階級可分為大小兩型。分析台灣各地象白蟻標本採集資訊得知，小象白蟻分布於台灣本島各地山區及平地森林，海拔分布自 20~1,339 m，分飛期為五月至八月；高砂象白蟻僅分布於屏東、台東及蘭嶼，海拔分布自 6~575 m，分飛期為五月至十月；木下象白蟻僅分布於桃園及宜蘭山區，海拔分布自 688~1172 m，分飛期為五月至六月。

關鍵詞 (Key words)：重新描述 (redescription)、形質測量 (morphometric)、地理分布 (geographical distribution)、分飛期 (dispersal flight season)

菸草粉蝨次級共生菌之分子檢測與親緣關係
Molecular diagnosis and phylogeny of secondary symbionts of *Bemisia tabaci*

張建成¹、烏世菴²、施瑞霖¹

Jian-Cheng Chang¹, Uthra Gowthaman², Srinivasan Ramasamy¹

¹ 亞蔬-世界蔬菜中心

AVRDC - The World Vegetable Center

² 泰米爾納都農業大學

Tamil Nadu Agricultural University, India

Bacteria commonly form intimate, symbiotic associations with insects, and *Wolbachia* is the most widely distributed secondary symbiont within arthropods. This bacterium is maternally inherited and acts as a reproductive manipulator via cytoplasmic incompatibility, parthenogenesis, and feminization in its host. The silver leaf whitefly, *Bemisia tabaci* Gennadius (Hemiptera: Aleyrodidae), is a host for *Wolbachia*, and is considered the most destructive pest on a wide range of agricultural and horticultural crops due to damages caused by its feeding habits and the begomoviruses it transmits. This study was conducted to detect the occurrence of *Wolbachia*, *Rickettsia*, *Cardinium* and *Hamiltonella*, four genera of secondary symbionts that have been previously identified in *B. tabaci* populations from India, Thailand and Indonesia via 16S rDNA gene sequences. Of the examined 88 *B. tabaci* samples, 68.18% were infected by *Wolbachia*, and double and triple infections were also observed in some of the *B. tabaci* populations. Three major divisions of *Wolbachia* were revealed by phylogenetic analyses derived from neighbor joining and maximum likelihood methods with 16S rDNA and *Wolbachia* cell surface protein (*wsp*) DNA sequences. Qualitative PCR analysis showed that *Wolbachia* infection was not significantly correlated with geographical location of *B. tabaci* populations, nor with the type of host plant of the symbiotic *B. tabaci*. Our results indicate that the 16s rDNA and *wsp* genes can serve as markers for molecular identification of *Wolbachia* strains, and may further help to determine the phylogenetic relationship of the cryptic *B. tabaci* species complex. This study is a significant step forward in our understanding of *Wolbachia*, which may provide a possibility to manage *B. tabaci* through its reproductive alteration capabilities.

關鍵詞 (Key words) : 沃巴赫氏菌 (*Wolbachia*)、共生菌 (symbiont)、菸草粉蝨 (*Bemisia tabaci*)、親緣分析 (phylogenetic analysis)

蓮華池森林動態樣區垂直結構之螞蟻群聚研究 (膜翅目：蟻科)
Research of the ant community in vertical structure of Lienhuachih Forest Dynamics
Plot (Hymenoptera, Formicidae)

許峰銓¹、林宗岐¹、詹毓邦²

Fung-Chuan Hsu¹, Chung-Chi Lin¹, Yu-Pang Chan²

¹ 國立彰化師範大學生物學系

Department of Biology, National Changhua University of Education

² 國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

原始森林長期受到人類活動的威脅導致其面積遽降及破碎化，並衍生出許多生態及環境問題，當今須重視原始林之生物多樣性基礎研究，於環境變化時才能有具參考價值之資料。螞蟻簡單而有效的指標生物 (bioindicator)，國際上已廣泛利用螞蟻調查進行環境監測，但由於國內許多螞蟻種類之基礎生態資料尚未建置完成，因此對於森林監測利用的進展仍十分緩慢。本研究於南投縣魚池鄉之蓮華池森林動態樣區利用設於不同高度之樹幹環形掉落陷阱 (circle trunk pitfall trap)、地面掉落式陷阱 (pitfall trap) 以及落葉袋採集法 (winkler bag)，每兩個月進行一次調查，期望了解原始林垂直結構中活動之螞蟻物種及其分布情形。自 2014 年 2 月至 8 月四次調查共採獲 9 亞科 33 屬 66 種螞蟻，有 29 種僅在樹上發現，另有 21 種僅在地面及落葉袋中採獲。離地 1 公尺的陷阱採獲了最多的 35 種，接著依序為 4 公尺陷阱 (29)、地面掉落陷阱 (22)、落葉袋採集法 (21) 及樹冠層陷阱 (20)。分析結果顯示某些種類的螞蟻其分布數量與樹種、垂直高度等因子具有相關性，在森林中擁有各自的生態棲位 (niche)。另外值得關注的是入侵之瘤胸琉璃蟻 (*Dolichoderus thoracicus*) 其活動範圍從地面遍及至樹冠層，採獲個體更將近總樣本數的一半，對於原始林生態已造成一定之影響。

關鍵詞 (Key words): 群聚結構 (community structure)、樹幹環形掉落陷阱 (circle trunk pitfall trap)、指標生物 (bioindicator)、生態棲位 (niche)、南投縣 (Nantou County)

紅圓翅鍬形蟲複合群之形態變異與親緣關係
Morphological variations and phylogeny of *Neolucanus swinhoei* complex
(Coleoptera: Lucanidae)

蔡正隆、葉文斌

Cheng-Lung Tsai, Wen-Bin Yeh

國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

Stag beetles, *Neolucanus*, distribute in Oriental and Sino-Japanese regions. There are 5 known species involving 4 subspecies have recorded in Taiwan. However, taxonomic debates on those of *Neolucanus swinhoei* Bates, *Neolucanus eugeniae* Bomans, *Neolucanus doro doro* Mizunuma, and *Neolucanus d. horaguchii* Nagai, exclusively in Taiwan, have been ongoing for several decades because of their overlapping morphological characteristics. Several recorded species had also been misidentified due to their morphological variations. Moreover, yet specimens from different ranges could not be definitely referred to these known taxa. We believed that a sympatric or parapatric distribution is possible in these stag beetles which endow limited flight capability and short adult lifespan in two weeks would possibly lead to a local adaption. To clarify their taxonomic status and phylogeny, nine morphological characters and four molecular amplicons were applied. Phylogenetic inferences based on COI+16S rDNA+wingless showed four major lineages that was not consistent with the four known taxa but related to the geographic distribution of one eastern and three western lineages, with the latter consisting of one low-hill and two montane lineages. Intermingled DNA sequences from different populations within each lineage suggested that the hybrid or introgression events might have been occurred in these taxa. Although most morphological characters are variable and undistinguishable, multi-dimensional scaling analysis based on measurable characteristics indeed recognize hill *N. swinhoei* as a cluster distinct from the others. Based on the realities of genetic admixture, shared phylogeographical history and the overlapping characteristics, all of these stag beetles should be regarded as *Neolucanus swinhoei* Bates, 1866.

關鍵詞 (Key words) : 紅圓翅鍬形蟲 (*Neolucanus swinhoei*)、複合種群 (species complex)、親緣關係 (phylogeny)

昆蟲桿狀病毒立即早期蛋白 IE2 的功能與機制研究
Investigate the function and mechanism of baculovirus immediate early protein IE2

魏頌讚^{1,2}、董環²、趙裕展²

Sung-Chan Wei^{1,2}, Hsuan Tung², Yu-Chan Chao²

¹ 國防醫學院生命科學研究所

Graduate Institute of Life Sciences, National Defense Medical Center

² 中央研究院分子生物研究所

Institute of Molecular Biology, Academia Sinica

Baculovirus *Autographa californica* multiple nucleopolyhedrovirus (*AcMNPV*) is an important insect pathogen and has been developed as a useful tool for foreign gene expression in both insect and mammalian cells. Previous studies showed that immediate early protein IE2 of baculovirus has important roles in viral gene expression and DNA replication. However, the mechanism for IE2 functioning remains unclear. Here, we found that IE2 could form specific novel nuclear body (IE2 NB) structure, which co-localize with small ubiquitin like modifier (SUMO) proteins, G-actin, and RNA polymerase II under confocal microscopy for strong transcriptional activation of target genes. Based on the potential ubiquitin ligase activity of IE2 RING domain, we have confirmed the role of the RING ubiquitin ligase activity in the promoter activation and nuclear body formation by IE2. We have also identified that during the expression of IE2, irregular nuclear domain 10 (ND10) nuclear bodies were found in the nuclei, suggesting IE2 might have the ability to disrupt ND10 nuclear body and related intrinsic antiviral responses. To further investigate this disruption and the protein binding activity of IE2, we have identified two putative SUMO interacting motifs (SIMs) on the N-terminal region near RING domain of this protein, which are important for the function of IE2. Mutation of these putative SIMs of IE2 is not only affects its ability for nuclear body formation, but also disrupts the transactivation and SUMOylated protein binding activity of IE2. These results suggest that IE2 might act as a SUMO-targeted ubiquitin ligase (STUbLs) that could overcome cellular SUMO related intrinsic antiviral responses, and in turn enhance viral gene expression.

關鍵詞 (Key words): 昆蟲桿狀病毒 (baculovirus)、立即早期蛋白 IE2 (immediate-early protein IE2)、RING domain E3 ligase、Small Ubiquitin like Modifier (SUMO)

昆蟲與植物的戰爭：6種造林樹種的植食作用
Insect-plant wars: herbivory of six plantation tree species

謝忠諤¹、王亞男¹、葉信廷²

Chung-Yen Hsieh¹, Ya-Nan Wang¹, Hsin-Ting Yeh²

¹國立臺灣大學生物資源暨農學院森林環境暨資源學系

School of Forestry and Resource Conservation, College of Bioresources and Agriculture,
National Taiwan University

²國立臺灣大學生物資源暨農學院實驗林管理處

The Experimental Forest, College of Bioresources and Agriculture, National Taiwan University

昆蟲取食-植物防禦策略的研究，長久以來為生態學及昆蟲、植物演化的重要議題。本研究選擇屏東縣萬隆農場的平地造林地內之印度紫檀 (*Pterocarpus indicus*)、波斯皂莢 (*Cassia fistula*)、水黃皮 (*Pongamia pinnata*)、台灣欒 (*Zelkova serrata*)、無患子 (*Sapindus mukorossii*) 及茄苳 (*Bischofia javanica*) 等 6 種造林樹種，欲瞭解受試造林樹種受植食作用影響之程度，以及林木對於植食作用之反應。本研究先以葉面積損失比率量化 (比擬) 植食作用程度，發現葉面積損失比率在不同月份及樹種間皆有顯著差異，於剛萌發幼葉時較低，而後隨葉片成熟而增加，主要集中於 5~9 月期間，各樹種葉面積損失比率年平均依次為印度紫檀 (11.2%)、茄苳 (7.6%)、波斯皂莢 (6.7%)、水黃皮 (4.9%)、台灣欒 (4.5%) 及無患子 (1.4%)；總合 6 個樹種葉面積損失比率之月平均，求得 2013 年之總植食作用程度年平均值為 5.42%。再分析受植食作用的影響之葉部氮濃度、碳氮比、全酚類化合物濃度及葉片硬度等 4 種葉部特性，發現 4 種葉部特性於不同樹種間皆有顯著差異。本研究由各樹種葉部特性與葉面積損失比率之相關性分析中發現，各受試樹種受植食作用影響之葉部特性皆不相同，顯示不同樹種採取防禦策略不同，推測波斯皂莢採取機械防禦策略，印度紫檀、茄苳及台灣欒採取化學防禦策略，但依本試驗選定的葉部特性無法推測水黃皮與無患子為何種防禦方式。

關鍵詞 (Key words)：平地造林 (plain afforestation)、植食性昆蟲 (phytophagous insect)、植物防禦策略 (plant defense strategy)、森林昆蟲 (forest insect)、植食作用 (herbivory)

番茄受甲基茉莉花酸誘導產生之防禦反應及其對於斜紋夜蛾幼蟲生長表現之影響
Jasmonate-induced defense in tomato and cabbage deter *Spodoptera litura*
(Noctuidae) growth

尤婉緹、黃紹毅

Yuwatida Sripontan, Shaw-Yhi Hwang

國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

Methyl jasmonate (MeJA) could trigger plant-induction defensive responses. However, the induction response may vary among plant species. In this study, we assessed the effects of MeJA and host plant species on plant-induction responses and performance of the subsequent insect herbivore *Spodoptera litura*. Two plant species (cabbage and tomato) were sprayed with MeJA and foliage from different treated plants was fed to a third-instar *S. litura* larvae. In addition, the foliage was also collected during the bioassay to assess the foliar chemistry. The results indicated that the MeJA and plant species application exerted various influences on the foliar nutrient and anti-nutrient compounds, and affected the relative growth rate of *S. litura*. Moreover, the MeJA employed a marked effect on the plant's induction response. In summary, applying MeJA could induce the plant-induction response in various plant species and subsequently deter the insect growth performance.

Key words: methyl jasmonate, trypsin inhibitor, polyphenol oxidase, insect performance

二氧化碳及菌根菌對番茄及斜紋夜蛾生長表現之影響

Effects of elevated CO₂ and vascular arbuscular mycorrhizae fungi on tomato plant and subsequently on *Spodoptera litura* performance

張麗婷、陳瑋婷、黃紹毅

Papitchaya Teawkul, Wei-Ting Chen, Shaw-Yhi Hwang

國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

Elevated CO₂ is altering the interactions between plants and insects and could have crucial implications for food security and natural ecosystems. The elevated CO₂ in the atmosphere could change the relative amount of carbon and nutrients in the plants. These changes are major factors resolving the value of a plant as a food source to herbivorous insects. Past studies on the effects of elevated CO₂ on insect herbivores most focused on perennial tree species and mainly studies were conducted over the temperate regions. Relative little, however, is known about the effects of elevated CO₂ on the subtropical crop plants and subsequently on their insect herbivores. Therefore, this study was investigate the effects of elevated CO₂ and the vesicular arbuscular mycorrhiza (vam) on tomato plants and then on *Spodoptera litura* performance. The results indicated that both CO₂ and vam have various effects on plant's and insect's performance. Interaction was also found between these two factors.

Key words: elevated CO₂, vascular arbuscular mycorrhizae fungi, *Spodoptera litura*, tomato

蜜蜂磁感受能力與日齡的關係
Age-dependent magnetoreception of honey bee

張又文、楊恩誠

Yu-Wen Chang, En-Cheng Yang

國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

The foraging ability of honey bee, *Apis mellifera*, relies on a well-developed compass system. In addition to sun position, sun-linked skylight patterns and landmarks, it has been shown that honey bees are able to navigate based on magnetic field. It is not only when they were stationary but also flying had the ability to detect the earth's magnetic field with intensity as low as 26 nT. Previous studies showed that honey bee could sense the magnetic field through the iron granules in the fat bodies and the trophocytes in the ventral abdomen. However, the magnetoreception of honey bee has not been fully elucidated yet. The mechanism behind sensing the magnetic field is still mysterious. Although there are many behavioral evidences supporting honey bee's ability to sense magnetic field, the physiological evidences is still needed. To further understand honey bee's magnetoreception, honey bees were trained to associate magnetic stimulus with proboscis extension reflex (PER). The foragers performed better than nurse bees. This could be due to the deposition of iron granule in the honey bees, as the iron precipitate along with aging positively. The relationship between magnetoreception ability and iron deposition of honey bee was further investigated to distinguish the bee foragers with better magnetoreception from poor ones. Based on the influence of iron deposition, it is believed that this study will shed light on the physiological ecology of honey bee magnetoreception.

關鍵詞 (Key words)：生物感磁 (biological magnetic sense)、導航機制 (compass mechanism)、磁場 (magnetic field)、口吻延伸反應 (proboscis extension reflex)、蜜蜂 (honey bee)

氣候暖化將如何影響不同海拔的本土種紋白蝶、外來種紋白蝶、及其與
蜜源植物的授粉關係？

How may climate warming affect a native *Pieris* butterfly, an invasive *Pieris* butterfly,
and the pollination of their nectar plants across altitude?

余淑惠、何傳愷

Shu-Hui Yu, Chuan-Kai Ho

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

Pollination is an important ecosystem service because two thirds of plants require this service for successful reproduction. Given that climate warming has reportedly affected the growth and development of organisms, likely leading to mismatches of interacting species across spatial gradients (e.g. altitude or latitude), this study aims to examine 1) how warming may affect the growth and development of pollinators and nectar plants, 2) whether warming will affect the interactions between pollinators and nectar plants, and 3) whether the effects above, if any, will vary across altitude. *Bidens pilosa* var. *radiata*, a notorious invasive plant in Taiwan, has become an important nectar resource for many pollinators, including two common butterflies, the native *Pieris canidia* and invasive *P. rapae*. To understand warming impact on these two butterflies and their nectar plants across altitude, we collected the seeds of *B. pilosa* var. *radiata* and eggs of two *Pieris* species from three sites each at medium (1000 m) and low altitude (100 m). Species from medium or low altitude were each raised in three growth chambers (control temperature, 3°C, and 6°C warming); the control temperature for medium and low altitude was set at 16.8°C and 22.8°C, respectively, based on field data. The results showed that warming reduced the longevity of *P. canidia*, but not *P. rapae*, from either altitude, and facilitated flowering only in medium-altitude plants (earlier flowering and more flowers). As for pollination activity, warming generally increased the frequency and duration of flower visit for each *Pieris* species, with either medium- or low-altitude origin. In summary, warming may differently affect the ecosystem service (a function of pollinator longevity and flower visit) provided by the two *Pieris* pollinators and the response of medium-altitude plants to warming suggests a shift in pollinator-plant interactions across altitude under climate warming.

關鍵詞 (Key words)：氣候暖化 (climate warming)、授粉 (pollination)、海拔 (altitude)

極端洪流對溪流生態系水棲昆蟲群聚結構及次級生產量之影響
Effect of extreme flooding on aquatic insects community structure and
secondary production in stream ecosystem

崔宇辰、丘明智、郭美華

Yu-Chen Tsui, 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。本研究地點大甲溪流域上游於 2004 及 2005 年連續發生過去 50 年來最大之極端洪流事件，因此在桃山西溪、七家灣溪、高山溪及有勝溪共設 5 樣站，並於極端洪流事件前 (2003 年)、極端洪流事件後 (2006 年)，每月每站以舒伯氏水網 (Surber sampler) 採集 6 樣本之水棲昆蟲，攜回實驗室鑑定及量測生物量，再計算出次級生產量。結果顯示極端洪流前後皆可採到 6 目的水棲昆蟲，但受極端洪流負面影響，物種數、個體數及次級生產量皆約下降 50~60%。毛翅目及鞘翅目之次級生產量約下降 85%；蜉蝣目、襉翅目及雙翅目約下降 40%。前一年 (2002, 2005) 及當年 (2003, 2006) 的最大流量對生活史短、棲地適應性高、體型流線或扁平特徵的水棲昆蟲次級生產量為正影響，但對攀附能力較強者之次級生產量則為負影響，對生活史中至少有兩個時期不在溪流內之水棲昆蟲次級生產量則沒有影響。此極端洪流事件對彈性 (resilience) 特徵類群較抗性 (resistance) 特徵類群的衝擊小，前者進而佔較大優勢。

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

過去 20 年臺灣中部地區蝶類群聚組成及改變
Changes of butterfly communities over the past 20 years in central Taiwan

潘學儀¹、朱汶偵²、邱玉娟²、徐翰慈²、方懷聖²、陳一菁¹

Hsueh-Yi Pan¹, Wen-Chen Chu², Yu-Chuan Chiu², Han-Tzu Hsu², Huai-Sheng Fang², I-Ching Chen¹

¹ 成功大學生命科學系

Department of Life Sciences, National Cheng Kung University

² 特有生物研究保育中心

Endemic Species Research Institute (ESRI)

氣候變遷及棲地劣化等人為活動干擾持續改變物種分布及群聚組成，並衝擊生物多樣性。物種會因應氣候暖化而往高海拔、高緯度移動，該現象在溫帶地區已有廣泛報導，熱帶地區缺乏基礎資料，生物反應仍待了解。臺灣為島嶼地形，物種沿海拔遷徙可能是適應氣候變遷的主要方式。本研究探討台灣中部地區蝶類群聚在過去二十年間是否往高海拔移動。特有生物研究保育中心自 1992 年起執行全臺蝶類普查，中部五縣市（苗栗、台中、南投、雲林、嘉義）於 1998 年完成調查；本研究於 2013~2014 年選取其中 26 個樣區進行重覆調查，投入之努力量、月份以及穿越線均比照歷史調查。根據“臺灣氣候變遷推估與資訊平台計劃 (TAIWAN Climate Change Projection & Information Platform, TCCIP)”之氣候資料，1993 至 2014 年中部五縣市溫度已上升 0.15°C。在歷史調查共記錄蝶類 127 種，本次普查增加為 142 種，20 年間增加 35 種，減少 21 種，其中以弄蝶科增加的比例最高（新紀錄種為 15 種，增幅為 300%），灰蝶科次之（新紀錄種為 9 種，增幅為 64%）。觀察物種海拔分布改變，其平均海拔重心往低海拔移動 139 公尺 ($N = 101, t = -3.318; p = 0.001$)，而平均緯度重心則往北移動約 0.19 度，約 19.3 公里 ($N = 47, t = 5.021; p = 0.000008$)。顯示過去二十年，台灣蝶類分布明顯沿緯度往北移動，但沿海拔梯度之分布則不升反降。在 1993~1998 年，物種豐富度沿海拔 (129~2670 m) 呈現峰形曲線，在 2013~2014 年則沿海拔線性遞減，其中低海拔物種豐富度增加，其來源包括中、高海拔物種往下移動，以及低緯度物種往北移動之結果。

關鍵詞 (Key words)：氣候變遷 (climate change)、生物多樣性 (biodiversity)、群聚 (community)

全球入侵長角黃山蟻感染 *Wolbachia* 共生菌之現況
Wolbachia infections in the highly invasive longhorn crazy ant
(*Paratrechina longicornis*)

曾書萍¹、楊景程²、楊恩誠¹

Shu-Ping Tseng¹, Chin-Cheng Yang², En-Cheng Yang¹

¹國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

²國立臺灣大植物醫學碩士學位學程

Master Program for Plant Medicine, National Taiwan University

Wolbachia is a group of maternally inherited, intracellular protobacteria with widespread infection in arthropods. While numerous studies have revealed the effects of *Wolbachia* on biology of their hosts (e.g., manipulation of host reproductive system), potential effects of *Wolbachia* on ants remain largely unclear even though this bacterium is ubiquitously found across ant taxa. In this study, the crazy ant (*Paratrechina longicornis*), an exotic ant with worldwide distribution, was employed as a model system to investigate infection pattern of *Wolbachia* and its possible effects. We screened a total of 309 samples of *P. longicornis* from four continents for the presence of *Wolbachia*, and sequenced *wsp* gene for a subset of the samples. Two *Wolbachia* strains belonging to supergroup A and B were detected, namely WspPLA and WspPLB. We then mapped the infection patterns of two *Wolbachia* strains on the host phylogeny reconstructed with mitochondrial DNA (mtDNA), and discovered a nearly perfect host-bacterium association where 1) WspPLA is only present in one of the two mtDNA clades of *P. longicornis* (mtDNA clade I), 2) WspPLB, however, is found in both mtDNA clade I and II, and 3) 98% ants harboring WspPLB in clade I are co-infected with WspPLA. Further neutrality tests indicate signature of positive selection in mtDNA clade I not clade II, suggesting the possibility of genetic hitchhiking and thus potential fitness advantage of harboring WspPLA or dual infection. Results of the current study represent invaluable baseline information for understanding how *Wolbachia* shapes the genetic structure of its ant host as well as possible benefits of *Wolbachia* infection (e.g., protection of host against virus), and we therefore are generating behavioral and physiological data to resolve such issues.

關鍵詞 (Key words)：長角黃山蟻 (*Paratrechina longicornis*)、沃巴赫氏菌 (*Wolbachia*)

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

李佳容¹、戴淑美¹、張誠²

Chia-Jung Lee¹, Shu-Mei Dai¹, Cheng Chang²

¹國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

²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) 是台灣果樹的主要害蟲之一，其危害嚴重影響水果的品質與產量。由於此蟲飛行能力強，使得危害面積易於擴大，也增加防治上的困難度；因此，深入瞭解東方果實蠅翅的發育與調節機制，設法降低其移動能力，將有助於對此蟲的防治。文獻中指出 *scalloped* (*sd*) 及 *vestigial* (*vg*) 與昆蟲翅的發育有關，本研究針對東方果實蠅的這兩個基因進行研究，來證實它們的發育調控功能。根據 *Henosepilachna vigintioctopunctata* 及 *Harmonia axyridis* 兩種瓢蟲 SD 與 VG 之已知蛋白序列設計簡併式引子 (degenerate primers)，並完成 RT-PCR (reverse transcription-PCR) 來選殖東方果實蠅之 *sd* 與 *vg* cDNA；取得部份序列後，再利用 RACE (rapid amplification of cDNA ends) 技術決定基因全長。經過與黑腹果蠅 (*Drosophila melanogaster*) 之相應序列比對後，發現此二調節因子帶有特有的蛋白功能特徵，顯示在基因結構上與不同昆蟲間具有同源性。此外，利用 Real-time Quantitative PCR 探討在卵至成蟲共十二個發育期間 *sd* 與 *vg* 之 mRNA 相對表現量，結果指出 *sd* 在三日齡蛹期表現達到最高峰；而 *vg* 表現則較遲，直到第七日齡蛹才至高點，這也間接反映出它們的功能與翅的發育相關，以及它們上、下游間的調節關係。最後利用 RNA 干擾 (RNA interference, RNAi) 探討東方果實蠅 SD 與 VG 之生理功能，先分別製作 *sd* 及 *vg* 雙股 RNA (double-strand RNA, dsRNA)，再分別或同時注射入老熟幼蟲與一日齡蛹的腹部末端。經 RNAi 處理後，可觀察到成蟲翅之形態變異及對 *sd* 及 *vg* mRNA 的專一性抑制。綜合上述實驗結果，可以確認此兩蛋白的確參與翅的發育過程，其正常的表現對東方果實蠅的飛行功能極為重要。

關鍵詞 (Keywords): 東方果實蠅 (*Bactrocera dorsalis* Hendel)、*scalloped*、*vestigial*、RNA 干擾 (RNA interference, RNAi)

臺灣缺蠓身上酵母菌多樣性

Yeast diversity associated with *Forcipomyia taiwana* in Taiwan陳泓瑋¹、王瑋龍¹、林宗岐¹、溫育德¹、張尚麟²、周睿鈺¹Hung-Wei Chen¹, Wei-Lung Wang¹, Chung-Chi Lin¹, Yu-Der Wen¹, Shang-Lin Chang², Jui-Yu Chou¹¹ 國立彰化師範大學生物學系

Department of Biology, National Changhua University of Education

² 中央研究院基因體研究中心

Genomics Research Center, Academia Sinica

Forcipomyia taiwana, commonly known as the biting midge, is one of the most annoying blood-sucking midges. Compared with other blood-sucking insects, only the females suck blood from humans and mammals. However, some people may develop a severe reaction to the bite, and these reactions may last for several days to weeks. In recent years, biting midges have spread widely and rapidly and influenced human recreational activities. Currently, biting midges are primarily a nuisance and a major medical concern in Taiwan and Southern China. Therefore, understanding their ecology is crucial. In this study, we collected biting midges from central Taiwan, and characterized the yeast microbiota associated with these biting midges according to large subunit (LSU) of ribosomal DNA sequences. The results revealed numerous yeast species from the unexplored habitat of the surface and interior of *F. taiwana*. In addition, several symbiotic yeast isolates could degrade the carboxymethyl-cellulose and potentially play critical roles in the fitness of biting midges. Most important of all, we discovered five pathogenic yeast species in our study: *Aureobasidium pullulans*, *Cladosporium cladosporioides*, *Pseudozyma aphidis*, *Rhodotorula mucilaginosa*, and *Trichosporon asahii*. These yeasts are emergent opportunistic pathogens that cause infections in immunocompromised individuals. This study provides useful information for future research and the development of treatment strategies for biological control.

關鍵詞 (Key words)：臺灣缺蠓 (*Forcipomyia taiwana*)、致病性酵母菌 (pathogenic yeasts)、酵母菌相 (yeast microbiota)

由昆蟲演化高度保守基因在孤雌胎生豌豆蚜之發育表現探討體軸決定與發育模式之建立

Axis determination and pattern formation in the pea aphid: implications of the expression pattern of conserved developmental genes

蕭逸旻¹、鍾成侑²、呂曉鈴²、查爾斯庫克³、張俊哲^{1,2}

Yi-Min Hsiao¹, Cheng-Yo Chung², Hsiao-Ling Lu², Charles E. Cook³, Chun-Che Chang^{1,2}

¹ 國立臺灣大學生物資源暨農學院生物科技所

Institute of Biotechnology, College of Bioresources and Agriculture, National Taiwan University, Taipei, TWN

² 國立臺灣大學生物資源暨農學院昆蟲學系

Department of Entomology, College of Bioresources and Agriculture, National Taiwan University, Taipei, TWN

³ EMBL-歐洲生物資訊研究所

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

In the parthenogenetic and viviparous pea aphid *Acyrtosiphon pisum*, a temporal series of developing oocytes and embryos are enclosed within the ovarian tubules (ovarioles). Accordingly, developmental distribution of an mRNA during oogenesis and embryogenesis can be detected within an ovariole. In light of the developmental continuity from oogenesis to embryogenesis, we explored whether the anteroposterior (AP) and dorsoventral (DV) axes are preformed in the developing oocytes, as they are in *Drosophila*. Previously we identified anterior localization of *hunchback* (*Aphb*) mRNA in oocytes and early embryos of the asexual pea aphid, suggesting that the breaking of anterior asymmetry in the oocytes leads to the formation of the anterior axis in embryos. Restriction of the *caudal* (*Apcad*) mRNA in the posterior region occurs later during blastulation. However, when and where the DV symmetry breaks during development remains unknown. In this study we cloned and detected the developmental expression of *decapentaplegic* (*Apdpp*) and *short gastrulation* (*Apsog*), both of which play conserved roles for DV patterning in *Drosophila* and several other insect species. We expected to identify the asymmetric distribution of *Apdpp* and *Apsog* mRNAs, assuming they could implicate when and where the DV axis is established in the pea aphid. Asymmetric distribution of mRNAs encoded by the four *Apdpp* genes (*Apdpp1-4*) was not identified in oogenesis and early embryogenesis, whereas expression of *Apsog* could be identified in the ventral region of cellularized embryos. This suggests that *Apdpp1-4* mRNAs do not play a role in dorsal patterning but *Apsog* mRNA is involved in ventral development in aphids. In addition, we also detect the expressions of Hox genes *labial* (*lab*), *proboscipedia* (*pb*), *Deformed* (*Dfd*),

Sex combs reduced (Scr), *Antennapedia (Antp)*, *Ultrabithorax (Ubx)*, *abdominal-A (abdA)*, *Abdominal-B (AbdB)*, expecting to understand the establishment of the body plan from axis determination to pattern formation in the pea aphid.

關鍵詞 (Key words)：豌豆蚜 (pea aphid)、體軸 (body axis)、發育基因 (developmental genes)、不對稱分佈 (asymmetric distribution)、表現型式形成 (pattern formation)

中西非洲聖多美與普林西比民主共和國瘧疾分子流行病學研究
Molecular epidemiological study of malaria in the Democratic Republic of
Sao Tome and Principe in Central-West Africa

許岑竹¹、鄭見福²、曾蓮芬²、連日清²、方啟泰¹、蔡坤憲^{2,3,4}

Tsen-Ju Shiu¹, Chien-Fu Cheng², Lien-Feng Tseng², Jih-Ching Lein², Chi-Tai Fang¹, Kun-Hsien Tsai^{2,3,4}

¹ 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

² 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

³ 國立臺灣大學環境衛生研究所

Institute of Environmental Health, National Taiwan University

⁴ 國立台灣大學全球衛生中心

Global Health Center, National Taiwan University

瘧疾是世界上最重要的蚊媒傳染病，聖多美與普林西比民主共和國（簡稱聖國）在多年防治後，瘧疾盛行率已明顯趨緩。然而，官方仍缺乏有系統的資料證明聖國已達瘧疾清除前期 (Pre-elimination) 的標準。此外，隨著患者免疫條件的改善，瘧原蟲密度持續降低，傳統顯微鏡檢驗易受到低寄生蟲血症或檢驗人員的訓練不足等影響，導致臨床檢驗專一性和靈敏度的降低。本研究整理聖國自西元 2000 年至 2013 年瘧疾流病基礎資料，分析驗證各地區各時期瘧疾控制之變化。結果顯示僅有 Lemba 省和 Principe 自治區達到世界衛生組織訂立瘧疾清除前期標準。利用定量即時聚合酶鏈鎖反應和巢式聚合酶鏈鎖反應方法，本研究發現 461 位鏡檢為瘧疾陰性的發燒病人中，仍有 15 人 (3.3%) 經分生檢驗判定為感染瘧疾。最後，利用瘧原蟲裂殖體表面蛋白第一型 (Merozoite surface protein; MSP1) 和瘧原蟲裂殖體表面蛋白第二型 (MSP2) 基因序列，分析聖國惡性瘧原蟲在不同年代、季節、地區和流行嚴重度的關係。親緣關係分析結果顯示：聖國惡性瘧原蟲流行株大致可分為三大群。本研究結果有助於了解聖國瘧疾流行現況與臨床檢驗的限制，並提供當地瘧疾診斷與未來疫苗發展的重要參考，以幫助聖國及早進入瘧疾清除時期。

關鍵詞 (Key words)：聖多美與普林西比民主共和國 (Democratic Republic of Sao Tome and Principe)、聚合酶鏈鎖反應 (Polymerase chain reaction)、裂殖體表面蛋白 (Merozoite surface protein)

馬鈴薯有機栽培病蟲害之綜合管理
Integrated management of pests for organic cultivation of potato, *Solanum tuberosum*

吳建勳、黃啟鐘

Chien-Hsun Wu, Chi-Chuang Huang

國立嘉義大學生物資源學系

Department of Biological Resources, National Chiayi University

本研究在嘉義實施春秋作馬鈴薯 (*Solanum tuberosum*) 有機栽培，以馬鈴薯克尼伯 (KNB) 及台農 1 號 (TN1) 品種作為試驗植材。試驗區劃分為綜合管理、慣行及對照區。在兩期作的綜合管理區以黃色黏紙誘殺主要害蟲成蟲高峰期及其密度，分別為葉蟬科 3 月下旬及翌年 1 月上旬，達 4,501 及 5,919 隻/30 片；粉蝨科 5 月上旬及 11 月中旬，達 1,189 及 4,832 隻/30 片；薊馬科 4 月中旬及 11 月中旬，達 116 及 1,053 隻/30 片。在春秋作的綜合管理區以兩種夜蛾中改式性費洛蒙誘蟲器，計誘殺斜紋夜蛾成 1,722 與 4,810 隻/2 支及甜菜夜蛾成蟲 253 與 1,055 隻/2 支。在兩期作三處理區的兩個品種塊莖易感染瘡痂病 (*Streptomyces scabies*)，其罹病率達 100%，而晚疫病 (*Phytophthora infestans*) 及青枯病 (*Ralstonia solanacearum*) 則發生輕微，且三處理區皆無顯著差異。在兩期作的綜合管理區以黃色黏紙誘集捕食及寄生性天敵成蟲高峰期及其密度，分別為瓢蟲科 4 月中旬及 12 月上旬，達 87 及 364 隻/30 片，小繭蜂科 3 月下旬及 11 月下旬，達 187 及 318 隻/30 片，姬蜂科 3 月下旬及 12 月下旬，達 33 及 16 隻/30 片，寄生蠅科 3 月下旬及 12 月下旬，達 6 及 94 隻/30 片。在春秋作有機馬鈴薯收穫期測定單株塊莖重，結果顯示以克尼伯品種皆達顯著水準，且以慣行及綜合管理區可獲得最佳的產量。

關鍵詞 (Key words)：馬鈴薯 (*Solanum tuberosum*)、綜合管理 (integrated management)、有機栽培 (organic cultivation)、病蟲害 (pests)

紅豆有機栽培病蟲害之綜合管理

Integrated management of pests for organic cultivation of adzuki bean, *Vigna angularis*

羅權彥、黃啟鐘

Chuan-Yu Lo, Chi-Chuang Huang

國立嘉義大學生物資源學系

Department of Biological Resources, National Chiayi University

本研究在嘉義實施春秋作紅豆 (*Vigna angularis*) 有機栽培, 以高雄 8 號 (KS 8) 及高雄 9 (KS 9) 號品種作為試驗植材。試驗區劃分綜合管理、慣行及對照區。在兩期作的綜合管理區以黃色黏紙誘殺主要害蟲成蟲高峰期及其密度, 分別為葉蟬科 3 月下旬及 12 月中旬, 達 4,538 及 17,011 隻/30 片; 粉蝨科 2 月下旬及 11 月中旬, 達 952 及 2,023 隻/30 片; 薊馬科 4 月中旬及 11 月中旬, 達 220 及 3,843 隻/30 片。在兩期作的綜合管理區以中改式性費洛蒙誘蟲器, 計誘殺斜紋夜蛾成蟲 1,719 與 5,714 隻/2 支及甜菜夜蛾成蟲 185 與 1,221 隻/2 支。在春秋作紅豆播種後 30 天發現根腐病菌 (*Rhizoctonia solani*) 感染幼苗植株, 又柯氏食菌瓢蟲 (*Illeis koebelei*) 幼、成蟲在紅豆葉片上取食白粉病菌 (*Sphaerotheca fuliginea*), 可以降低田間病原菌的蔓延。在兩期作的綜合管理區以黃色黏紙誘集捕食及寄生性天敵成蟲高峰期及其密度, 分別為瓢蟲科 3 月初及 12 月中旬, 達 50 及 379 隻/30 片; 小繭蜂科 3 月下旬及 12 月上旬, 達 230 及 394 隻/30 片; 姬蜂科 3 月下旬, 達 25 隻/30 片; 寄生蠅科 4 月中旬及翌年 1 月初, 達 58 及 43 隻/30 片。在春秋作紅豆收穫期測定莢果數、莢果重及籽粒重, 結果顯示高雄 8 號及 9 號品種皆達顯著水準, 且以春作慣行及綜合管理區可獲得最佳的籽粒產量。

關鍵詞 (Key words): 紅豆 (*Vigna angularis*)、綜合管理 (integrated management)、有機栽培 (organic cultivation)、病蟲害 (pests)

金門地區小型哺乳動物各種體外寄生蟲調查
The surveillance of ectoparasites on small mammals in Kinmen area

吳尹文¹、王錫杰²

Yin-Wen Wu¹, His-Chieh Wang²

¹ 國立金門大學食品科學系

Department of Food Science, National Quemoy University, Taiwan

² 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

鼠類或其體外寄生蟲會直接或間接將疾病傳染至人類。中國大陸與金門因地緣關係交流頻繁，鼠隻可能藉由此管道把疾病攜帶至金門，進而擴散至台灣本島。故本研究利用 2011 年 7-9 月在當地所採集之小型哺乳動物進行體外寄生蟲採集及鑑定。寄主動物共包含 6 種，分別為溝鼠 (*Rattus norvegicus*)，亞洲家鼠 (*Rattus tanezumi*)、小黃腹鼠 (*Rattus losea*)、家鼯鼠 (*Mus musculus*)、赤復松鼠 (*Callosciurus erythraeus*) 及臭鼯 (*Suncus murinus*)，捕獲率為 19.5%，以小黃腹鼠捕獲率佔最高。選取 88 隻之寄生蟲樣本進行型態鑑定，共發現蟎類 (厲蟎及恙蟲)、蜱類、蝨類、及蚤類等 5 種，總侵染率為 96.9% (85/88)。厲蟎及恙蟲之侵染率分別為 78.4% 及 72.7%，其中厲蟎包括毒厲蟎 (*Laelaps echidninus*)、納氏厲蟎 (*Laelaps nuttalli*)、塞氏厲蟎 (*Laelaps sedlaceki*)、鼠顎毛厲蟎 (*Laelaps myonyssognathus*) 及土耳其斯厲蟎 (*Laelaps turkestanicus*)；蜱之侵染率為 56.8%，分別為粒形硬蜱 (*Ixodes granulatus*)、卵形硬蜱 (*Ixodes ovatus*)、鐮型扇頭蜱 (*Rhipicephalus haemophysaloides*) 及血蜱屬 (*Haemaphysalis* spp.) 等 4 種，其中以粒形硬蜱 298 隻數量最多；蝨之侵染率為 48.9%，以太平洋甲脅蝨 (*Hoplopleura pacifica*) 數量最多，其次為棘多板蝨 (*Polyplax spinulosa*)；蚤類之侵染率為 4.5%，分別為優勝病蚤 (*Nosopsyllus nicanus*) 及貓蚤 (*Ctenocephalides felis*)。截至目前為止，以蟎類 (厲蟎及恙蟲) 侵染率最高，由衛生統計可知金門縣恙蟲病盛行率為全國之冠，與本次結果相互呼應，同時可做後續不同時空樣本分析之重點，上述數據也可做為當地鼠類相關疾病傳播預測之依據。

關鍵詞 (Key words)：小型哺乳動物 (small mammals)、體外寄生蟲 (ectoparasites)、金門 (Kinmen)

台灣入侵種長角黃山蟻 (*Paratrechina longicornis*) 中高海拔分佈新紀錄
New distribution records of invasive *Paratrechina longicornis* at
mid-high elevation in Taiwan

翁逸明、楊景程

Yi-Ming Weng, Chin-Cheng Yang

國立臺灣大學植物醫學碩士學位學程

Master Program for Plant Medicine, National Taiwan University

長角黃山蟻 (*Paratrechina longicornis* (Latreille, 1802))，為廣布全球之入侵螞蟻物種，主要分佈範圍介於南北緯 40 度間，美洲及歐洲之溫帶地區也有記錄但相當侷限，且不若熱帶或亞熱帶區域中族群能夠穩定分布。根據前人文獻指出，長角黃山蟻最早於西非發現並命名，亞洲地區最早則出現於印度南部，因此廣泛被學界認為可能是熱帶起源物種。本實驗室長角黃山蟻採集記錄雖大致符合熱帶起源說（多分佈於臺灣平地及低海拔區域），但卻有少數採樣點位於中高海拔山區，包括惠蓀林場、扇平工作站、霧社及奧萬大等地，平均海拔約 964 公尺，顯示長角黃山蟻似乎具備拓殖中高海拔棲地之適應力。本研究目前缺少長期監測資料，因此仍無法確定中高海拔族群是否能克服相對嚴苛之環境因子，但低溫處理試驗結果指出，採自中高海拔之長角黃山蟻對於極限低溫的容忍性較高，顯示此蟻低溫適應的可能性。後續研究將以族群遺傳角度切入，確認此蟻之遺傳結構是否與海拔梯度具相關性，若有，將進一步透過次世代定序及基因譜掃描 (genome scan) 確認溫度適應相關之基因體區域，試圖解析入侵螞蟻環境適性力之可能原因。此研究將是第一個連結溫度適應力與螞蟻入侵性 (invasiveness) 的研究，有助於預測氣候變遷下入侵螞蟻之反應機制。

關鍵詞 (Key words)：氣候變遷 (climate change)、長角黃山蟻 (crazy ants)、海拔適應 (elevation adaption)

溫度對狂蟻食性及覓食行為的影響
Temperature affecteds the diet choice and foraging behavior of
Paratrechina longicornis

楊書旻¹、楊景程²、何傳愷^{1,3}

Shu-Min Yang¹, Chin-Cheng Yang², Chuan-Kai Ho^{1,3}

¹ 國立台灣大學生命科學系

Department of Life Science, National Taiwan University

² 國立台灣大學植物醫學碩士學位學程

Master Program for Plant Medicine, National Taiwan University

³ 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

螞蟻在生態系中扮演重要的角色，而氣候暖化對螞蟻的影響需要被釐清。比如生物所需要的食物成份會隨環境溫度改變，因此暖化可能會改變螞蟻的食性。此外，螞蟻利用費洛蒙去傳遞食物的位置給同類，而高溫會加速費洛蒙的揮發，因此暖化可能會間接影響螞蟻的覓食行為。本實驗探討溫度變化將如何影響狂蟻 (*Paratrechina longicornis*) 的食性以及覓食所耗費的時間，並測試以下假說：1) 狂蟻在高溫下會偏好 carbon rich 的食物 (carbon vs. protein)，因為這類食物是快速的能量來源。2) 在高溫下，狂蟻路徑選擇與找到食物的時間會延長，因為高溫會加速費洛蒙的揮發，減弱螞蟻之間對於食物位置的訊息傳遞。為測試假說，本實驗調控環境溫度 (20.0, 24.5, 26.5, 28.3°C)，記錄狂蟻在各溫度下覓食的偏好性 (carbon vs. protein) 及覓食路徑的選擇與所花費的時間。實驗結果顯示，在 20.0、24.5°C 時，狂蟻偏好 protein rich 的食物；相反地，在 26.5、28.3°C 時，他們偏好 carbon rich 的食物，而覓食偏好性與溫度有顯著的交互作用。實驗結果亦顯示，低溫 (20°C) 下的狂蟻可在較短的時間內找到食物；相反地在高溫 (28.3°C) 下，須花較長的時間找到食物。然而，低溫下的狂蟻族群活動力明顯降低；高溫下，雖覓食效率受限，蟻群的活動力卻相對提高。鑑於結果支持本研究的兩個假說，我們預測氣候的暖化將會改變螞蟻的食性、覓食行為、甚至螞蟻所提供的 ecosystem functions.

關鍵詞 (Key words)：狂蟻 (*Paratrechina longicornis*)、覓食行為 (foraging behavior)、溫度 (Temperature)、費洛蒙 (pheromone)

台灣外來鱗翅目昆蟲之名錄更新
An updated checklist of the alien Lepidoptera insects in Taiwan

廖士睿、陳怡潔、顏聖紘

Shih-Rei Liao, Yi-Jie Chen, Shen-Horn Yen

國立中山大學生物科學系

Department of Biological Sciences, National Sun Yat-sen University

鱗翅目為昆蟲綱的第二大目且為重要的植食性生物，因此在以農林業經營觀點下的有害生物中佔有舉足輕重的地位。近年被發現出現在台灣的原生植物與栽培外來作物（含花卉、景觀樹種、果樹、蔬菜）之鱗翅目昆蟲有增多之趨勢，但至目前為止尚沒有任何研究將這些外來物種的分類地位、分布、取食植物種類與可能的地理來源進行清查。相較於日本與英國皆把外來鱗翅目物種置入本國名錄中，並對值得監測之物種進行持續研究與科學報導，TaiBNET 中僅收錄本土產鱗翅目昆蟲，並未收錄外來種或曾被檢出之外來物種，因此 TaiBNET 之資訊無法反應實際上已存在台灣的外來鱗翅目昆蟲的分類與分布狀況。此外，過去的類似研究未能將因氣候變遷或自然播遷而在台灣拓殖的物種，與因人為因素造成入侵的物種區隔開，使得物種多樣性保育與防治的觀點產生衝撞。本研究室自 2004 年起透過田野調查與標本館的標本檢查已累積許多外來鱗翅目昆蟲之形態與分子資訊，並已建立包含分類、文獻與影像資訊以供未來進行風險評估、防治或移除之參考。目前已紀錄外來種鱗翅目共 18 科 51 屬 88 種，其中可能為自然移入者有 5 科 21 屬 34 種，而顯然因人為因素入侵者有 17 科 32 屬 54 種。在因人為因素而入侵類群中，以捲蛾、螟蛾等多樣性高但分類研究力度低的類群為大宗，也就是說在未來有必要優先進行此類群之研究，以釐清衍生之管理力度與科學研究方向。

關鍵詞 (Key words)：鱗翅目 (Lepidoptera)、外來種 (alien species)、入侵種 (invasive species)、植食性昆蟲 (phytophagous insects)、寄主植物 (host plants)

光週期對大鳳蝶 (*Papilio memnon heronus* (Fruhstorfer)) 發育之影響
Effect of photoperiod on the development of the *Papilio memnon heronus* (Fruhstorfer)

林姿容¹、陳素瓊¹、歐陽盛芝²、邱奕霖¹

Zih-Rong Lin¹, Su-Chiung Chen¹, Sheng-Chih Ou-Yang², Yi-Lin Ciou¹

¹ 國立宜蘭大學園藝學系

Department of Horticulture, National Ilan University

² 國立臺灣博物館研究組

Research Department, National Taiwan Museum

本研究探討光週期對大鳳蝶 (*Papilio memnon heronus* (Fruhstorfer)) 發育之影響。在網室中採集大鳳蝶當日產的卵，置於 $25 \pm 1^\circ\text{C}$ 、 $80 \pm 5\%$ RH 及五種光週期條件 (10L:14D、11L:13D、12L:12D、13L:11D、14L:10D) 之生長箱中，大鳳蝶幼蟲以檸檬 (*Citrus limon*) 葉片，進行單隻飼育至羽化為成蝶。每日調查各蟲期之發育。由結果顯示，大鳳蝶在五種光照處理下各蟲期存活率，其卵孵化率為 88.2~98.1%；幼蟲期存活率以光照 12 hr 較低為 64.8%；蛹期存活率在光照 11 至 14 hr 皆達 90.6%；卵發育至成蟲存活率為 30.4~76.2%，以光照 10 hr 較低只有 30.4%，而在光照 10 hr 和 12 hr 組有滯育蛹出現。幼蟲期和蛹期之發育期，以光照 10 hr 和 14 hr 處理組最短，而卵至成蟲期的發育時間，以光照 10 hr 處理組最短為 41 日較 14 hr 短約 2 日，但此蝶在光照 10 至 14 hr 下，均能完成生活環。幼蟲的頭殼寬度的閾值為 5.44 mm 即進入化蛹階段，而光照 10 hr 和 12 hr 組有滯育蛹出現。由存活率和發育期之結果顯示，大鳳蝶飼養在光照 14 hr 條件下較佳。

關鍵詞 (Key words)：大鳳蝶、光週期、發育

光週期對大白斑蝶 (*Idea leuconoe clara* (Butler)) 發育之影響
Effect of photoperiod on the development of the *Idea leuconoe clara* (Butler)

林姿容、陳素瓊、黃秀真、詹若謙

Zih-Rong Lin, Su-Chiung Chen, Hsin-Jane Huang, Jo-Chian Chan

國立宜蘭大學園藝學系

Department of Horticulture, National Ilan University

本試驗探討光週期對大白斑蝶 (*Idea leuconoe clara* (Butler)) (鱗翅目：蛺蝶科) 發育之影響。在網室中採集大白斑蝶當日產的卵，置於 $25 \pm 1^\circ\text{C}$ 、 $80 \pm 5\%$ RH 及五種光週期條件 (10L:14D、11L:13D、12L:12D、13L:11D、14L:10D) 之生長箱中，大白斑蝶以爬森藤 (*Parsonia laevigata*) 葉片，進行單隻飼育幼蟲至羽化為成蝶，每日調查各蟲期之發育。由結果得知，大白斑蝶在光照 10 至 14 hr 之五組處理下各蟲期存活率，其卵孵化率為 62.0~82.0%；各齡幼蟲期的存活率達 88.7%；幼蟲至羽化成蟲的存活率，以光照 10 至 14 hr 組依次增加，為 35.0~95.0%，以光照 12~14 hr 組較高。幼蟲期和幼蟲至成蟲期的發育時間以光照 14 hr 處理組最短分別為 20.14 日和 37.22。此蝶各蟲期在光照 14 至 10 hr 飼養均能完成生活環。幼蟲的頭殼寬度必須超過 3.97 mm 的閾值即進入化蛹階段。在不同光週期下大白斑蝶之雌雄比經由卡方適合度檢定皆符合 1:1，可知性比不受光週期影響。上述結果顯示，將此蟲飼養於光照 12~14 hr 條件下較佳，此條件與大白斑蝶在臺灣的發生期 4~10 月是相符合。

關鍵詞 (Key words)：大白斑蝶、光週期、發育

台灣缺蠓之卵母細胞發育與轉錄組分析
The oogenesis and transcriptome analysis of *Forcipomyia taiwana*
(Diptera: Ceratopogonidae)

王思捷¹、李憲明²、吳正男³、林春福⁴、林明德¹

Szu-Chieh Wang¹, Hsien-Min Lee², Cheng-Nan Wu³, Chuen-Fu Lin⁴, Ming-Der Lin¹

¹ 慈濟大學分子生物暨人類遺傳學系

Department of Molecular Biology and Human Genetics, Tzu-Chi University

² 中臺科技大學生物科技研究所

Graduate Institute of Biotechnology, Central Taiwan University of Science and Technology

³ 中臺科技大學醫學技術學系

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

⁴ 國立嘉義大學獸醫系

Department of Veterinary Medicine, National Chiayi University

The *Forcipomyia taiwana* (Diptera: Ceratopogonidae), a blood-feeding midge, is widely found in Taiwan and southern China. Bites from the *F. taiwana* cause local itching and swelling and the allergic response can be severe in some individual. The scratching of the site of the bite can lead to sores on the skin. Therefore, the prevalence of *F. taiwana* curtails outdoor activities and causes a significant impact on tourism. Although the life cycle of *F. taiwana* had been studied, little is known about its germ line development. Here, we found that female reproductive system of *F. taiwana* consists a pair of ovaries composed by numerous ovarioles of the meroistic polytrophic type. In the egg chamber, a single nurse cell is connected with the oocyte thorough a ring canal. In the germ line cells, Vasa-positive nuage can be easily recognized around nurse cell nucleus and cytoplasm. Through the NGS analysis, we identified ortholog genes of *F. taiwana* which play maternal effects in axis-determination during *Drosophila* early embryogenesis. We believe the understanding of germ line development of *F. taiwana* could be beneficial for developing an effective pest control strategy in the future.

關鍵詞 (Key words) : 台灣缺蠓 (*Forcipomyia taiwana*)、卵母細胞發育 (oogenesis)、轉錄組 (transcriptome)

非圓型眼紋是否具有威嚇功能？
Can non-circular eyespots deter predator?

蘇昱任、顏聖紘

Yu-Jen Su, Shen-Horn Yen

國立中山大學生物科學系

Department of Biological Sciences, National Sun Yat-Sen University

鱗翅目昆蟲翅面上的眼紋 (Eyespot) 是一種由多個層次的，與背景具有高反差的環形與圓形色塊所組成的斑紋，而這樣的斑紋通常被認為近似脊椎動物掠食者的眼睛。位於翅面中央的眼紋由於數量少、尺寸較大且相對醒目，因此這類眼紋的功能通常被認為乃是驚嚇掠食者以降低被捕食的風險。在驚嚇型眼紋的研究中，由於眼擬態假說 (Eye-mimicry hypothesis) 的緣故，常以圓形的眼紋作為主要研究對象。過去絕大多數的眼紋研究集中於眼蝶 (*Bicyclus*) 與珊瑚礁魚類，對其他類群的操控性研究相對稀少。天蠶蛾翅面上位於翅盤 (Disc) 的位置皆具有在發育上同源的斑紋，雖然新熱帶區物種的大型圓形眼紋經常被認為具有威嚇功能，但在亞洲與非洲的物種不乏許多輪廓改變劇烈，但組成結構改變不大的非圓形眼紋 (Non-circular eyespots)。我們因此對於天蠶蛾的非圓形眼紋究竟是否仍具有驚嚇掠食者的功能感到好奇。我運用人為設計的方式，參考現存天蠶蛾科中，帶有非圓形眼紋物種的翅面斑紋與眼紋尺寸及形狀，繪製圓形眼紋、非圓形眼紋及無眼紋之假餌。將假餌搭配麵包蟲後，展示給馴養的食蟲性鳥類並記錄其捕食狀況。根據理論推論，可能出現的預測結果包含：(1) 非圓形眼紋具有威嚇作用、(2) 非圓形眼紋對於掠食者的捕食行為沒有明顯影響，以及 (3) 非圓形眼紋不具有威嚇作用且容易吸引天敵攻擊。此外眼紋之顯眼程度也可能影響威嚇效果。

關鍵詞 (Key words): 眼紋 (eyespot)、翅盤斑 (discal spot)、天蠶蛾 (*Saturniidae*)、禦敵 (anti-predator)

鳳蛾之分子親緣關係顯示副貝式擬態者之高度形態可塑性
Molecular phylogeny of the Epicopeiidae moths shows extremely high plasticity of
the morphology of a quasi-Batesian mimic

韋家軒、顏聖紘

Chia-Hsuan Wei, Shen-Horn Yen

國立中山大學生物科學系

Department of Biological Sciences, National Sun Yat-Sen University

The correlated evolution of mimetic color patterns between co-mimicking evolutionary lineages has been extensively studied for both Müllerian and Batesian mimicry systems. The existing hypothesis predicts that the Batesian mimic lineage exhibits more frequent character switches to adopt new mimetic phenotype in order to maintain the benefit of resembling various models. In contrary, Müllerian mimic does not switch mimetic characters frequently because speciation of unprofitable model does not usually involve dramatic character switch. This hypothesis, however, has never been tested for the mimic involved in a quasi-Batesian system. Epicopeiidae is a small family containing less than 20 species exhibiting dramatic variation in size, wing shape, wing color pattern, daily activity pattern and larval host plant association. Previously phylogenetic study based on adult morphology suggests an evolutionary trend of body size from small to large, and that different mimetic syndromes (e.g. papilionid-like or pierid-like) support monophyletic status of each genus. Our study based on both mitochondrial and nuclear sequence data, however, contradicts this interpretation of character evolution. First, no evolutionary trends of body size and diurnality are detected. Second, neither the “pierid-” nor the “papilionid-like” genera are monophyletic. Third, *Epicopeia polydora*, the largest member of the family is found to contain two distinct species, of which one is extremely polymorphic and the other is monomorphic. Our study shows the first phylogenetic test of character evolution of a quasi-Batesian mimic group, and supports the prediction that the pattern of character switch of quasi-Batesian mimicry is similar to that of the Batesian system.

關鍵詞 (Key words) : 多態性 (polymorphism)、副貝式擬態 (quasi-Batesian mimicry)、系統發育檢測 (phylogenetic test)、特徵切換 (character switch)、型態可塑性 (morphological plasticity)

雄性器退化與第八腹節骨片特化可能造就螢斑蛾族
(鱗翅目：斑蛾科，螢斑蛾亞科) 之高多樣性

The reduction of male genitalia and specialization of the eighth abdominal sclerites may be the key innovation leading high diversity of Chalcosiini (Lepidoptera, Zygaenidae, Chalcosiinae)

韋家軒、顏聖紘

Chia-Hsuan Wei, Shen-Horn Yen

國立中山大學生物科學系

Department of Biological Sciences, National Sun Yat-Sen University

The morphological diversity of male genitalia is usually considered to be driven by female choice, and both contribute together in maintaining reproductive isolation. The morphological characters of male genitalia, therefore, especially the sclerites responsible for holding and grasping the female abdomen, are of great value in taxonomic identification and phylogenetic reconstruction. Previous studies focus predominantly on the possible lock-and-key relationship between the male and female genitalia and significance of genitalic symmetry of insects. The role of non-genitalic abdominal segment, however, is rarely investigated. Here we report a case of correlated evolution between reduction in male genitalia and specialization of the 8th pre-genital segment in Chalcosiinae. The chalcosiine zygaenid moths constitute one of the most striking groups within the lower-ditrysian Lepidoptera, with highly diverse mimetic patterns, chemical defense systems, scent organs, hostplant utilization and diapause biology, plus a very disjunctive biogeographical pattern. The tribe Chalcosiini harbors the highest species diversity and possess complex modifications in both male genitalia and the 8th abdominal segment. We reconstructed the phylogeny of the entire subfamily by using 3 molecular markers and 255 species in order to answer the following questions: (1) is there any correlated serial modification between specific part of male genitalia and A8? and (2) if genitalic reduction and A8 modification contribute as a key innovation leading to high diversity of Chalcosiini? Phylogenetic analysis using Bayesian inference leads to the following conclusions: (1) reduction initiated from fusion of tergite and uncus, followed by fusion between valve and tegument, reduction of valve, and modification of 8A; (2) the highly speciose clades all have reduced genitalia and modified A8, suggesting this character state plays an important role in speciation

關鍵詞 (Key words)：關鍵性形質 (key innovation)、鎖鑰假說 (lock-and-key hypothesis)、演化速率 (evolutionary rate)、生殖隔離 (reproductive isolation)、關聯性演化 (correlated evolution)

飛蛾資訊分享站－以群眾力量打造的蛾類電子圖鑑

Taiwan moth information center: a web guide book of moths based on data from
the crowd sourcing

施禮正、邱茂銓、林羽皓、陳詒容、沈庭、林旭宏

Li-Cheng Shih, Mau-Chiuan Chiu, Yu-Hao Lin, Chieh-Jung Chen, Ting Shen, Hsu-Hong Lin

特有生物研究保育中心

Endemic Species Research Institute

自 2011 年起設立臉書社團「慕光之城－蛾類世界」，我們以公民參與的方式，藉由「公民提供物種照片與詳細時間地點，專家提供物種辨識結果」的模式蒐集臺灣蛾類的物種出現原始資料並以資料庫加以彙整，據此建立蛾類物種時空分布模式並推廣蛾類科普知識。在累積 3 年多的資料後，結合特有生物研究保育中心自 2005 年以來的調查紀錄，開發了蛾類的查詢網站－飛蛾資訊分享站。本網站包含兩個查詢主軸，分別是網路蛾類電子圖鑑與蛾類時空分布。網路蛾類電子圖鑑使用「C#.NET」開發，以連結到臉書相片的形式呈現，包含了 50 科 1802 種的蛾類，使用者可依科名、屬名、種名和照片提供者等選項進行查詢。蛾類時空分布則是使用由麻省理工學院開發之系統「Exhibit」，讓使用者可自行依需求選擇查詢條件。此網路平臺在未來不斷加入新的資料後，內容將會日漸完整，未來並可發展作為物種長期監測系統。

關鍵詞 (Key words): 公民科學 (citizen science)、公眾授權 (creative commons)、鱗翅目 (Lepidoptera)

水棲螢火蟲之多樣性、譜系與分類
Diversity, phylogeny and classification of aquatic fireflies (Coleoptera: Lampyridae)

鄭明倫¹、吳立偉²、陳亭瑋³、R.J. Villanueva⁴
Ming-Luen Jeng¹, Li-Wei Wu², Ting-Wei Chen³, R.J. Villanueva⁴

¹ 國立自然科學博物館生物學組

Department of Biology, National Museum of Natural Science, Taichung City, Taiwan

² 國立臺灣大學實驗林管理處

The Experimental Forest, National Taiwan University, Chushan Township, Taiwan

³ 國立臺灣師範大學生命科學系

Department of Life Science, National Taiwan Normal University, Taipei City, Taiwan

⁴ 菲律賓達沃市醫學院基金會

Davao Medical School Foundation, Davao City, Mindanao, Republic of the Philippines

菲律賓原無水棲螢火蟲紀錄，本研究在 2012~2014 年於當地發現三類水棲幼蟲，並藉由粒線體 CO1 基因的 DNA 序列相似性比對，成功鑑定出其成蟲。以粒線體 CO1、16S 核糖體基因與 EF1- α 核基因共 2532 鹼基長度的序列重建太平洋亞洲熠螢亞科之分子譜系，所得的貝氏推測譜系 (Bayesian tree) 顯示熠螢亞科可分為四個支持度極高的主要支序，水棲類群分布在其中兩個遠離的支序上：一支序皆為水棲，幼蟲皆具氣管鰓，包含 [源氏螢-久米螢+水棲螢屬] (*Luciola cruciata-owadai* + *Aquatica*) 姊妹群，及 2 個在菲律賓發現的支系；另一支序為 *Luciola substriata* 種群，幼蟲具後氣孔式呼吸系統，其姊妹群可能為陸棲性的 [晦螢屬+鈎尾螢屬] (*Abscondita* + *Pygoluciola*)。兩類水棲螢火蟲支序皆遠離真正的熠螢屬 (*Luciola* s.str.) 所在支序，應自 *Luciola* 屬獨立為不同的屬級分類群，依成蟲、幼蟲形態、分子差異程度與單系群原則，可處理為 5 個屬，包含水螢屬 (*Aquatica*) 與其他 4 個尚待命名發表的屬。

關鍵詞 (Key words)：水棲螢火蟲 (aquatic fireflies)、菲律賓 (Philippines)、分子譜系 (molecular phylogeny)、熠螢亞科 (Luciolineae)、幼蟲 (larvae)

黑腹果蠅之不飽和脂肪酸酶對冷抗逆境所扮演的角色
The cold tolerance roles of fatty acid *desaturases* in *Drosophila melanogaster*

簡一治、蔡佳穎

Chien Yi-Chih, Chia-Ying Tsa

國立彰化師範大學生物系

Department of Biology, National Changhua University of Education

不飽和脂肪酸之生合成透過 *desaturase* 進行去飽和作用 (desaturation)。*desaturase* 在參與不飽和脂肪酸合成是扮演一個重要角色，同時 *desaturase* gene 也廣泛存在生物體中。根據前人研究 *desaturase 1* 會在全身表現，*desaturase 2* 和 *desaturase F* 都在絳細胞 (Oenocyte) 表現，而且 *desaturase 2* gene 在抗冷昏迷是扮演一個舉足輕重角色，可以提高存活率。但 *desaturase 2* 的同源相關基因卻未曾有學者提出對抗冷逆境研究，於是本實驗為了確定 *Desaturase* gene 在冷逆境下的表現，是否影響 *Drosophila melanogaster* 從逆境下甦醒，採取 Cold stress 方法。然而不飽和脂肪酸含量增加可能是 *desaturases* 在一定時間內作用，實驗方法為 UAS-Gal4 system 分別將 *desaturase* gene (*desat1*、*2*、*F*) knock-down (RNAi) 和 Overexpression，並檢測過度表現 *Desaturase 1,2,F* 的果蠅在急速冷逆境環境下，是否可以迅速增加細胞膜不飽和脂肪酸含量，進而增進存活率，另一方面，Knock-down *Desaturase 1,2,F* 的果蠅在急速冷逆境環境下，是否因無法迅速增加細胞膜不飽和脂肪酸含量，進而存活率大降，同時也藉由本實驗探討 *desaturase* gene 表現是否對雌雄有差異，希望更進一步了解 *desaturase* gene 經過冷逆境後在果蠅體內的基因表現量。

關鍵詞 (Key words) : *Drosophila melanogaster*, *desaturase* gene, UAS-GAL4 system, overexpression, RNAi, cold stress

重組病毒蛋白抑制菸草粉蝨傳播番茄黃化捲葉泰國病毒
Recombinant viral proteins inhibit the transmission of *Tomato yellow leaf curl Thailand virus* by *Bemisia tabaci*

曾建豪、張佩芯、胖韻馨、蔡志偉

Chien-Hao Tseng, Pei-Hsin Chang, Yun-Hsin Pang, Chi-Wei Tsai

國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

粉蝨不僅取食植物汁液直接造成農作物的危害，更會間接地經由取食傳播植物病毒。近年來由菸草粉蝨 (*Bemisia tabaci*) 所傳播的番茄黃化捲葉泰國病毒 (*Tomato yellow leaf curl Thailand virus*, TYLCTHV) 於田間造成嚴重的病害，衝擊臺灣番茄產業。TYLCTHV 的分類地位屬於雙生病毒科 (*Geminiviridae*)、豆類金黃嵌紋病毒屬 (*Begomovirus*)。由於植物病毒病害迄今無法以藥劑防治，對於蟲媒植物病害，最有效的防治策略是防止昆蟲傳播植物病原。現行的病媒防治方法主要以施用殺蟲劑來抑制粉蝨族群。然而粉蝨的生活史短且繁殖力強，易使粉蝨產生抗藥性而降低殺蟲劑防治的效果。我們的研究目的是發展新穎的防治工具去抑制菸草粉蝨傳播 TYLCTHV。因為 begomoviruses 必須利用其外鞘蛋白 (coat protein, CP) 與粉蝨中腸的受體 (receptor) 相結合，以順利感染中腸細胞進而成功傳播。因此我們首先以體外合成 (*in vitro* synthesized) 的 TYLCTHV CP 餵食菸草粉蝨，利用免疫螢光分析 (immunofluorescence assay) 確認 CP 與粉蝨中腸的結合程度。然後再讓已餵食 CP 的粉蝨在 TYLCTHV 番茄罹病株上取食以獲取病毒，最後將粉蝨轉移至健康的番茄植株上檢測其傳播效率。研究結果顯示 TYLCTHV CP 會與病毒顆粒競爭於菸草粉蝨中腸的結合位 (binding site)，進而抑制菸草粉蝨傳播 TYLCTHV。這些結果可以確認 TYLCTHV 的 CP 在病媒傳播上的角色，並幫助我們發展新穎的防治工具，降低經由粉蝨媒介之植物病毒病害的傳播。

關鍵詞 (Key words): 菸草粉蝨 (*Bemisia tabaci*)、重組病毒蛋白 (recombinant viral protein)、番茄黃化捲葉泰國病毒 (*Tomato yellow leaf curl Thailand virus*)、病媒傳播 (vector transmission)、免疫螢光分析 (immunofluorescence assay)

果蠅 *hunchback* 同源基因於豌豆蚜之非典型表現及其發育新角色之探討
Non-canonical expression patterns of *Aphb*, a *Drosophila hunchback* ortholog in the pea
aphid *Acyrtosiphon pisum*, implicates its novel roles during development

鍾成侑¹、黃廷宇¹、張俊哲^{1,2,3}

Chen-Yo Chung¹, Ting-Yu Huang¹, Chun-Che Chang^{1,2,3}

¹ 國立臺灣大學生物資源暨農學院昆蟲學系/生物科技研究所

Laboratory for Genetics and Development, Department of Entomology/Institute of Biotechnology,
College of Bioresources and Agriculture, National Taiwan University

² 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

³ 國立臺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

Drosophila hunchback (*hb*) and its orthologs in insects are known to participate anteroposterior (A-P) patterning and neuronal development during embryogenesis. In the parthenogenetic and viviparous pea aphid *Acyrtosiphon pisum*, conserved roles of *hb* were also identified. However, novel expression patterns of *Aphb* in the pea aphid implicated its unique roles for development. First, we detected anterior localization of *Aphb* mRNA in the anterior poles of developing oocytes and embryos prior to blastulation. The expression pattern resembles to that of the *bicoid* (*bcd*) gene in *Drosophila* whilst the pea aphid does not possess a *bcd* homolog in its genome. This suggests that *Aphb*, like *bcd*, is involved in the specification of the anterior axis and that *bcd* is a new invention in dipteran insects like *Drosophila*. Second, we identified germline expression of *Aphb* in the embryos after blastoderm formation. This finding was confirmed by double whole-mount *in situ* hybridization of *Aphb* and *Apvas1* (a germline-specific marker in the pea aphid). Why germ cells require the expression of *Aphb* during embryogenesis in the asexual pea aphid so far remains an open question. Examination of germline development in the pea aphid where *Aphb* is knockdown, we anticipate, will provide the answers.

關鍵詞 (Key words) : 豌豆蚜 (*Acyrtosiphon pisum*)、體軸 (body axis)、生殖細胞 (germ cells)

蚜蟲唾腺基因之發育表現與功能解析

Developmental expression and functional analysis of salivary gland genes in the aphids

呂庭萱、張俊哲

Ting-Hsuan Lu, Chun-Che Chang

國立台灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

以刺吸式口器吸取植物汁液的蚜蟲，其唾腺分泌的唾液不僅用以抵抗植物防禦系統，亦在傳播病原菌上扮演重要的角色。若能明瞭蚜蟲唾腺發育情形，加以抑制唾液合成與分泌，應有機會有效減少蚜蟲對於農作物上的危害。過去研究顯示：以核糖核酸干擾抑制唾腺基因 *C002* 基因表現，發現成蟲吸食功能受阻，由此推測 *C002* 基因與唾腺分泌唾液的調控有關。為進一步瞭解 *C002* 基因能否在胚胎發育當中的唾腺表現，以及唾腺如何形成，我們以全體原位雜合技術 (whole mount *in situ* hybridization) 來偵測 *C002* 基因和另一唾腺基因 *forkhead (fkh)* 的發育表現。目前的結果顯示豌豆蚜 *C002* 反義核糖核酸可標定到晚期胚胎之唾腺組織，*fkh* 之訊號則出現在頭、胸、和腸道某些細胞，其屬性待進一步釐清。

關鍵詞 (Key words)：豌豆蚜 (*Acyrtosiphon pisum*)、*forkhead*、*C002*、唾腺發育 (salivary gland development)

高溫對豌豆蚜 (*Acyrtosiphon pisum*) 生殖和發育的影響
Effects of high temperature on the reproduction and development of
the pea aphid *Acyrtosiphon pisum*

林昇岑¹、張俊哲^{1,2}

Yi-Tsen Lin¹, Chun-Che Chang^{1,2}

¹ 國立臺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

² 國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

昆蟲的生長發育受到許多生物性與非生物性因素影響，溫度為其中一種非生物性因子。根據過去研究顯示，溫度變化對於孤雌生殖胎生豌豆蚜的生存率、生長速率、壽命、子代數目皆有所影響。當環境溫度超過最適溫度 (20°C 至 25°C) 時，豌豆蚜存活率、壽命與子代數下降。溫度超過 30°C 時，存活率約 70%，並且無法產子代。然而，高溫環境下造成豌豆蚜存活率下降與子代數減少的機制和因素目前仍未明。本實驗以孤雌生殖胎生豌豆蚜 (*Acyrtosiphon pisum*) 為實驗物種，利用顯微解剖技術觀察卵室數目的變化與胚胎形態之發育，並運用原位雜合法標定生殖發育基因 *Apvasal* 的表現位置以探討高溫是否會影響基因的表現。實驗結果發現，卵室數目在不同飼養溫度的豌豆蚜中無顯著差異，但 30°C 飼養之豌豆蚜體內有較多成熟胚胎未產出體外。而 30°C 飼養下之豌豆蚜其晚期胚胎的長度小於 20°C 飼養下之豌豆蚜。利用已選殖成功之 *Apvasal* 片段製作核糖核酸探針，進行原位雜合法標定生殖細胞。發現飼養於 20°C、25°C 與 30°C 環境下之豌豆蚜 *Apvasal* mRNA 表現位置並無差異。推論高溫飼養並不會影響 *Apvasal* 在生殖細胞中的表現位置。但飼養於 30°C 之豌豆蚜其 *Apvasal* 訊號強度較飼養於 20°C 之豌豆蚜弱。我們希望透過解析高溫對於 *Apvasal* 的影響，了解高溫造成子代數目減少之原因，並進一步探討其中的分子機制。

關鍵詞 (Key words)：豌豆蚜 (*Acyrtosiphon pisum*)、溫度 (temperature)、生殖細胞 (germ cells)、*Apvasal*

孤雌胎生豌豆蚜生殖細胞在發育過程中之增生以及移動路徑解析
Fate mapping of the asexual viviparous pea aphid embryonic germ cells undergoing
proliferation and migration

陳躍中、張俊哲

Yao-Chung Chen, Chun-Che Chang

國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

昆蟲生殖細胞的增生及移行在黃果蠅中的研究最為透徹，黃果蠅初始生殖細胞特化之後會移行並穿越中腸後端細胞，離開中腸細胞後繼續增生並聚集成左右兩團，最後結合性腺前驅體細胞發育成性腺。半翅目的豌豆蚜 (*Acyrtosiphon pisum*) 的胚胎發育不同於完全變態的昆蟲，在發育末期會經歷胚胎翻轉 (katatrepsis)，過去透過 *vasa* 核糖核酸探針標記孤雌胎生豌豆蚜胚胎發育過程中移行的生殖細胞，並未觀察到生殖細胞會穿越中腸細胞。反之，胚胎翻轉前，一團群聚的生殖細胞位於卵室最前端，但是這群生殖細胞是如何分成左右兩團細胞，過程中是否穿越其他體細胞，最後與體細胞結合形成性腺尚未明瞭。我的研究目標一方面鎖定生殖細胞在發育過程中的增生，我使用 anti-phosphorylated histone H3 標記有絲分裂中期的染色體，標定蚜蟲胚胎發育過程中正在增生的細胞。同時，透過本實驗室先前製備的豌豆蚜生殖細胞專一性抗體 Vasa 雙重免疫染色，可比較分析豌豆蚜生殖細胞及體細胞在胚胎發育不同時期的增生狀況。另一方面針對生殖細胞移行進行研究，我延續使用本實驗先前製備的豌豆蚜生殖細胞專一性核糖核酸探針 *vasa*，捕捉一團群聚胚胎翻轉時期的生殖細胞分成兩團的移行路徑。目前研究結果顯示早期胚胎：生殖原區、多核胚胎到胚帶內陷時期能標記正在有絲分裂的細胞。

關鍵詞 (Key words)：豌豆蚜 (*Acyrtosiphon pisum*)、生殖細胞 (germ cells)、細胞增生 (cell proliferation)、細胞移行 (cell migration)、*vasa*

豌豆蚜蟲專一性胞內共生菌的整合發育
Developmental integration of an obligate intracellular symbiont

呂曉鈴^{1,2,3}、馮紅林^{1,2}、Daniel R. G. Price²、Athula Wikramanayake²、張俊哲³、Alex C. C. Wilson²
Hsiao-Ling Lu^{1,2,3}, Honglin Feng^{1,2}, Daniel R. G. Price², Athula Wikramanayake², Chun-Che Chang³,
Alex C. C. Wilson²

¹ 作者對本文的貢獻度一致

These authors contributed equally

² 邁阿密大學生物學系

Department of Biology, University of Miami

³ 國立台灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

The best-studied model of insect symbiosis is that of the pea aphid, *Acyrtosiphon pisum* and its intracellular bacterial symbiont, *Buchnera aphidicola*. *Buchnera* live in large specialized aphid cells called bacteriocytes that assemble into an organ-like structure called the bacteriome. *Buchnera* is maternally inherited via transovarial transfer. Recent work functionally characterizing and localizing amino acid transporter ApGLNT1 demonstrates that amino acid biosynthesis in the bacteriome is regulated by ApGLNT1 such that import of the metabolic precursor glutamine is inhibited by a metabolic end product, arginine. Notably, this negative feedback loop can shut down all amino acid biosynthesis in the bacteriome. Here we report on our work dissecting the expression and localization of ApGLNT1 through asexual pea aphid embryogenesis. Our results demonstrate that holosymbiont metabolism is regulated by reproductive demand for essential and non-essential amino acids. Accompanied by previous observations of males and soldier morphs of aphids lacking endosymbionts our result suggest that this ancient symbiosis may be costly to its host.

關鍵詞 (Key words): 氨基酸轉運子 (amino acid transport)、蚜蟲 (aphid)、內共生菌 (endosymbiont)

東陞蘇鐵小灰蝶及台東蘇鐵在台灣分佈之預測
Prediction of the distribution of *Chilades pandava peripatria* and *Cycas taitungensis*
(Cycadales: Cycadaceae) in Taiwan (Lepidoptera: Lycaenidae)

莎安娜、黃紹毅

Ana Clariza Samayoa, Shaw-Yhi Hwang

國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

Commonly known as Cycad Blue the Lycaenid *Chilades pandava peripatria* (Horsfield, [1829]) (Lepidoptera: Lycaenidae) is believe to be a threat to the endemic species *Cycas taitungensis* Shen, K.D. Hill (Cycadales: Cycadaceae) in Taiwan. The aim of this study was to determine the distribution of *Ch. pandava peripatria* , and its host *Cycas taitungensis* in Taiwan based on geographical and weather information. Highly suitable habitat conditions are shown through the west coast and at the east coast (Hua-Tung Coast) less favorable conditions for *Ch. pandava peripatria* are in the Central Mountain Ridge (Tawushan Nature Reserve and Chuyun shan Nature Reserve), a slight suitability occur at the Taitung Hungyeh Village Taiwan Cycas Nature Reserve. The search of new *Cy. taitungensis* populations in areas predicted to have high probabilities of occurrence is recommended. Areas with high elevation and low temperatures are not ideal for the development of *Ch. pandava peripatria*. Therefore in order to increase the probability of *Cy. taitungensis* preservation, *ex-situ* conservation in alternative sites should be located in at less suitable areas to *Ch. pandava peripatria*, areas like, east of Nantou, across the Central Mountain Ridge that appear to be less suitable for *Ch. pandava peripatria* might be considered.

Key words: Cycad Blue, *Cycas*, Central Mountain Ridge

台灣腐生性異蚤蠅屬分類研究
Taxonomic study of saprophagous *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，體長介於 1 mm 至 6 mm 間，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、Schmitz 和 Borgmeier 三位學者於 1970 年之前鑑定和描述。直至 2006 年，台灣共紀錄有 13 屬 63 種，其中異蚤蠅就佔 38 種，其中 31 種為台灣特有種。上述三位蚤蠅研究者皆未曾到過台灣，透過其他學者提供的標本進行研究，採集的地點集中在少數地區，模式標本幾乎都保存於國外，其中許多已經損毀，資料不完整。本研究期許能透過採集與鑑定，補足台灣蚤蠅研究的不完整，使用腐敗的豬肝作為陷阱，在台灣各地誘集腐食性的蚤蠅，並分析不同區域種類分布的情況。目前採集的種類，以四個屬為主：*Diplonerva*、*Dohrniphora*、*Megaselia* 和 *Puliciphora*，以異蚤蠅種類最多，有 12 種，其中四種為新紀錄種。部分種類如 *M. scalaris* 和 *M. ochracea* 廣泛分布於台灣本島低海拔各處，有應用在法醫鑑識上的潛力。蚤蠅因為體型小，有些特徵不易觀察和辨認，本研究將各個重要特徵（如：頭、中胸側板、小楯片 and 脛節的剛毛，徑分脈是否有分岔，前緣脈和翅長的比例等等）整理列出，期望能幫助在實務上的鑑定應用。

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

評估引進生物天敵作為臺灣入侵紅火蟻生物防治資材之潛力
Evaluation of imported natural enemies as biocontrol agents against
Solenopsis invicta in Taiwan

李其龍¹、曾鈺芳²、楊景程¹

Chi-Lung Lee¹, Yu-Fang Tseng², Chin-Cheng Yang¹

¹ 國立臺灣大學植物醫學碩士學位學程

Master Program for Plant Medicine, National Taiwan University

² 國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

入侵紅火蟻(以下簡稱火蟻)自2003年底入侵臺灣以來,防治策略以餌劑撒布及獨立蟻丘灌注為主,雖有防治成效,但需要大量人力與高額預算,發展成本較低之防治方式因此成為當前主要研究方向。本研究透過台美合作計畫引進兩火蟻天敵:火蟻三號病毒(*Solenopsis invicta* virus 3, SINV-3)及微孢子蟲(*Kneallhazia solenopsae*),於實驗室內隔離測試染病火蟻之適存值變化及病原寄主專一性。實驗發現,病毒可經由餵食蜂蜜水混拌染病火蟻碎屑於巢間傳播;微孢子蟲則需以染病四齡幼蟲為接種源,方能成功於蟻巢間傳遞。受到病原感染之蟻巢,皆能觀察到適存值降低之現象,包括蟻巢內個體數、蟻后產卵量或巢內工蟻體型明顯偏小(本趨勢僅於感染微孢子蟲蟻巢發現)等。利用上述兩種人工接種方式將病原接入數種蟻巢中,包括長腳捷蟻(*Anoplolepis gracilipes*)、虹琉璃蟻(*Iridomyrmex* sp.)及黑頭慌蟻(*Tapinoma melanocephalum*)等可能和火蟻共域生存之數種蟻進行測試,發現全無染病狀況發生,顯示兩病原在寄主範圍上皆相當專一。未來除了持續進行相關試驗,量化病原對火蟻適存值之影響,並評估兩病原與現行防治計畫之親和性(例如接種成功率、後續偵測信賴度或協力作用),期能挑選較適合用於臺灣火蟻現況之天敵,結合目前防治手段進行整合管理。

關鍵詞 (Key words): 生物防治 (biocontrol)、微孢子蟲 (*Kneallhazia solenopsae*)、入侵紅火蟻 (*Solenopsis invicta*)、火蟻三號病毒 (*Solenopsis invicta* virus 3)

探討螞蟻對監測東方果實蠅密度監測之影響
The presence of ants may bias in monitoring density of oriental fruit fly,
Bactrocera dorsalis (Diptera: Tephritidae)

莊柏遵¹、吳怡慧²、蕭旭峰³、黃榮南³、吳文哲³、楊景程¹

Po-Tsun Chuang¹, Yi-Hui Wu², Shih-Feng Shiao³, Rong-Nan Huang³, Wen-Jer Wu³, Chin-Cheng Yang¹

¹ 國立臺灣大學植物醫學碩士學位學程

Master Program for Plant Medicine, National Taiwan University

² 行政院農業委員會苗栗區農業改良場生物防治分場

Biological Control Branch, Miaoli District Agricultural Research and Extension Station,

Council of Agriculture, Executive Yuan

³ 國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

甲基丁香油誘蟲器常用來監測東方果實蠅之族群密度，為詳實反應田間果實蠅密度，許多研究皆致力於探討誘引效力的相關物化因子，例如懸掛高度或誘引物質改進，但影響果實蠅密度估算之外在生物因子似乎較少受到重視。因此本研究即以此為研究主軸，探討螞蟻存在是否影響果實蠅誘蟲器之誘殺蟲數。本研究於苗栗縣公館鄉南河有機柑橘園中進行果實蠅密度監測，並同時規劃以下試驗：選定六株樣樹，其中三株樣樹目測有懸巢舉尾蟻 (*Crematogaster rogenhoferi*) 蟻巢，另三株樣樹則無。每株樣樹上同時懸掛兩具甲基丁香油長效型誘蟲器 (longer efficiency trap)，其中一誘蟲器之懸掛繩上以黏蟲膠處理，防止螞蟻進入，另一誘蟲器則無 (慣行模式)。監測果實蠅密度為期五週，每週計算一次誘蟲器內果實蠅及螞蟻種類及數量，並進行統計分析。結果發現，於目測有蟻巢之樣樹上，慣行誘蟲器中果實蠅數目低於黏蟲膠處理組別，並可發現大量懸巢舉尾蟻工蟻 (平均 192.2 隻)，反之，黏蟲膠處理組均未發現螞蟻，顯示黏蟲膠能防止螞蟻進入誘蟲器中取食或搬運果實蠅。值得注意的是，於目測無蟻巢之樣樹上，卻無法觀察到相同趨勢，顯示其他影響因子作用於螞蟻-果實蠅-誘蟲器三邊關係，未來將繼續進行長期調查，釐清螞蟻於果實蠅誘殺系統中所扮演之角色。

關鍵詞 (Key words)：螞蟻 (ant)、東方果實蠅誘蟲器 (oriental fruit fly trap)、黏蟲膠 (sticky glue)

臺灣的貓蚤生物學研究
Cat flea biology studies in Taiwan

吳文哲¹、徐孟豪²、徐雅均¹、黃旌集¹、蔡坤憲³

Wen-Jer Wu¹, Meng-Hao Hsu², Ya-Chun Hsu¹, Chin-Gi Huang¹, Kun-Hsien Tsai³

¹ 國立臺灣大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Taiwan University

² 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

³ 國立臺灣大學公共衛生學系

Department of Public Health, National Taiwan University

貓蚤 (*Ctenocephalides felis* (Bouché)) 為家屋環境中最常見的蚤類，本文綜述過去 20 多年來臺灣有關貓蚤的生物學研究成果。1991 年在臺北市的調查顯示，流浪貓狗的貓蚤感染率分別為 82% 及 60.28%；貓蚤之族群數量在 5 月達最高峰，於 12 月達另一高峰，而臺北市跳蚤危害案例數目的消長情形也與之類似。調查貓蚤在貓體上的分佈情形，發現以頭部和頸部區域的數量最多 (45.89%)，四肢和尾巴數量最少 (6.72%)，此現象符合貓的清理行為。適宜貓蚤生長發育的溫濕度分別為 20~30°C 及 53~80% RH，在此溫濕度範圍內，貓蚤從卵至羽化出繭約需 2~3 星期，且其出繭率約 70%。雄蚤必須吸血後才會與已吸血或未吸血的雌蚤交配，而雌蚤必須吸血後才會產卵，未交配的雌蚤吸血後會產下不會孵化的無效卵；雌蚤已被證實能行多次交配，多次交配的雌蚤比單次交配者產下較多的卵量，且能孵化的有效卵數量也較多，這顯示多次交配是有利的策略；而貓蚤幼蟲有同類相食的行為，雌蚤產生大量無效卵的現象可視為特殊形式的親代投資，並可降低被同類捕食的機會。幼蟲的食物主要來自成蚤排出的血便，但僅取食血便約 13%。幼蟲發育為成蟲，若餵食血便和無效卵則高達 90% 發育為成蟲，但僅餵食無效卵則無法完成發育，顯然無效卵能補充血便無法提供之營養給幼蟲。比較市售豬血塊乾製成之豬血塊粉飼養幼蟲之效果優於鴨血塊粉、豬血糕粉及新鮮豬血之乾製粉，其製備幼蟲人工飼料之程序簡單且成本低廉。貓蚤體內共生物已記錄包括細菌、真菌、病毒、立克次體、原生動物及線蟲等約 20 種；2004 年觀察到貓蚤中腸內寄生蟲，經以形態及親緣關係的證據確認其分類地位，訂名為貓蚤簇蟲 (*Steinina ctenocephali* (Ross))，並重新描述其生活環與形態；2006~2008 年調查貓蚤簇蟲在臺北市的感染率為 14.43%，且在貓蚤大發生的月份貓蚤簇蟲感染數量相對較其他月份高，而感染試驗顯示貓蚤簇蟲不具有生物防治貓蚤的潛能，因為簇蟲感染不影響貓蚤存活率與羽化率。貓蚤除叮咬騷擾人畜外，也能傳播斑疹傷寒、貓抓病及作為條蟲的中間宿主；1996 年的研究指出臺北的流浪貓狗的犬條蟲 (*Dipylidium caninum*) 感染率分別為 52.8% 及 32.7%，也有人因誤食感染條蟲的貓蚤而感染的記載。貓蚤立克次體 (*Rickettsia felis*) 為新興的立克次體病原，2008 年首次證實臺灣第一例人類感染案例；據多重引子

聚合酶鏈鎖反應分析結果，戶外貓蚤感染率約為 21.0~25.0%，免疫螢光抗體分析法亦證實伴侶動物貓狗感染貓蚤立克次體之血清盛行率分別為 70.0% 和 28.75%；以上成果確認病媒跳蚤、病原立克次體和動物宿主貓狗，以及人類的感染證據，有助於貓蚤媒介疾病之預防及治療。

關鍵詞 (Key words)：貓蚤 (*Ctenocephalides felis*)、生物學 (biology)、病媒 (vector)、臺灣 (Taiwan)

Multiple phenoloxidases are responsible for parasite melanization, egg chorion melanization and cuticle formation in mosquito *Armigeres subalbatus*

I-Yu Tsao¹, Shih-Ying Chou¹, Shin-Hong Shiao², Chiung-Yin Huang³, Ching-Hsien Lee¹, Chia-Chi Kuo¹, Li-Jun Lin¹, Hsi-Ming Huang¹, Hsin-Ching Tseng¹, Yu-Shan Lin¹, Wei-Chih Chen¹, Chia-Jung Li¹, Kai-Ling Chang¹, Yi-Fan Yang¹, Cheng-Chen Chen¹

¹Department of Microbiology and Immunology, National Yang-Ming University

²Department of Parasitology, College of Medicine, National Taiwan University

³Department of Neurosurgery, Chang Gung Medical Foundation

Phenoloxidase (monophenol, L Dopa:oxidase; EC 1.14.18.1; PO) has long been suggested to be involved in various biochemical processes for the survival of insects, including parasite melanization, egg tanning, wound healing and cuticle sclerotization, etc. In mosquitoes, PO is synthesized as an inactive enzyme called prophenoloxidase (pro-PO) and multiple putative pro-POs have been identified in the genomes of several mosquito species. We also identified eight distinct pro-POs from mosquito *Armigeres subalbatus*, designated As-pro-PO I to VIII. We found the expressions of both As-pro-PO I and V were significantly increased in microfilariae (mf)-inoculated mosquitoes and mf melanization rates were significantly reduced in both As-pro-PO I and V-knockdowned mosquitoes. The expressions of As-pro-PO V and VII were significantly increased in mosquitoes after blood feeding and significantly reduced after oviposition. Both egg chorion melanization rate and egg hatching rate were significantly reduced in As-pro-PO V and VII-knockdowned mosquitoes. The expressions of As-pro-PO III, IV, VI and VIII were fluctuated in pupal stage. Knock down of As-pro-PO III, IV, VI and VIII resulted in the incomplete formation of nascent pupal endocuticle and pharate adult cuticle, i. e. significant fewer cuticular lamellae were deposited and helicoidal patterns of the chitin microfibrils were disorganized. Promoter activity analysis revealed that As-pro-PO I was positive regulated by an immune-related regulatory motif, NF- κ B. As-pro-PO III, IV, VI and VIII were regulated by development-related regulatory motifs, Zeste, NIT2/HNF-3b, Nkx-2 and dorsal, respectively. As-pro-PO VII was regulated by an embryonic-related regulatory motif, CdXA. As-pro-PO V was regulated by both AP-1, an immune-related regulatory motif and CdXA. Phylogenetic analysis revealed that pro-POs with same functions were grouped closely. We also demonstrated that the major biosynthesis pathway of melanin in parasite melanization and egg chorion melanization are dopa oxidation pathway. In conclusion, our results suggest that As-pro-PO I and V are responsible for filarial parasite melanization, and As-pro-PO V and VII participate in egg chorion melanization. As-pro-PO III, IV, VI and VIII involve in cuticle formation in

pupae and adults, a novel PO function. As-pro-PO V plays dual roles in both parasite melanization and egg chorion melanization.

Key words: mosquito, phenoloxidase, parasite melanization, egg chorion melanization, cuticle formation, functional analysis and gene regulation

為何蚊蟲可以扮演蟲媒病毒傳播者的角色?
How can the mosquito become a transmitter of arboviruses?

陳維鈞

長庚大學生物醫學研究所微生物組/公共衛生暨寄生蟲學科

Arboviruses include a large number of members, mostly belonging to the families of Togaviridae, Flaviviridae, and Bunyaviridae. It is now known that a variety of viral infections and their resultant serious diseases in human are caused by arboviruses, including yellow fever, West Nile encephalitis, tick-borne encephalitis, dengue fever, and so forth. Arboviruses are naturally transmitted by arthropods such as ticks, sandflies, biting midges, and particularly mosquitoes. In Taiwan, Japanese encephalitis virus and dengue viruses (DENVs) are the two important arboviruses in relation to human diseases; that usually spread to cause sporadic infections or outbreaks by *Culex tritaeniorhynchus/Culex annulus* and *Aedes aegypti/Aedes albopictus*, respectively. Generally, arboviruses induce apoptosis in mammalian cells but cause only minor damage in mosquito cells. In spite, oxidative stress can be detected in both types of infected cells. Looking at the infection in mosquito cells with DENV, several genes in association with cell fate have been identified from datasets established with expressed sequence tags (ESTs) of C6/36 cells either infected or not by DENV-2. Of them, chaperone proteins such as BiP/GRP78 were validated to be significantly up-regulated at 24 h post-infection (hpi). It suggests that DENV-2 in mosquito cells activates the unfolded protein response (UPR) to cope with endoplasmic reticular stress. Changes in the mitochondrial membrane potential and generation of superoxide provided further evidence that DENV-2 induces oxidative stress in both C6/36 and BHK-21 cells. Significant elevation of glutathione S-transferase (GST) activity was shown in infected C6/36, but not BHK-21, cells, while suppression of GST produced superoxide at 36 hpi and increased the cell death rate at 48 hpi. It suggests that the survival of mosquito cells benefits from the up-regulation of the GST gene. In other word, mosquito cells may protect themselves against viral infection through antioxidant defenses. In addition, a second defense system of anti-apoptotic effect was also shown to play a role in protection of mosquito cells from the infection. This system is eventually regulated by an inhibitor of apoptosis (IAP) that is an upstream regulator of caspases-9 and -3. DENV-infected C6/36 cells with double knockdown of GST and the IAP showed synergistic effect on activation of these two caspases, causing a higher rate of apoptosis (> 20%) than those with knockdown of each single gene (ca. 10%). It further reveals that the IAP acts as a second line of the defense with an additional effect on the survival of mosquito cells with infection. Taken together, virus/cell interactions and hypothetical coevolution that leads to beneficial cellular response during the infection may elucidate how the mosquito becomes a vector of arboviruses in nature.

Key words: arboviruses, cell/virus interactions, disease vector, mosquitoes, virus transmission

台灣地區瘧蚊監測及其傳播疾病風險初評
Anopheles surveillance and the preliminary evaluation of disease risk

鄧華真

衛生福利部疾病管制署研究檢驗及疫苗研製中心

世界衛生組織於 1965 年宣布台灣為瘧疾根除地區，1974 年開始無經蚊蟲傳播之本土病例，直至 2003 年有 2 例經蚊蟲傳播之病例，而自 1999 年後每年境外移入病例介於 11~42 例之間。每年縣市衛生局在矮小瘧蚊 *Anopheles minimus* L. 曾分布之地區，抽樣於有飼養動物及溪流的村莊進行夜間掛燈，調查瘧蚊分布。調查結果顯示中華瘧蚊為優勢種，分布廣，矮小瘧蚊侷限分布於台南、屏東、台東及花蓮，密度不穩定，最高密度可達一晚一個誘蚊燈 206 隻雌蚊。依據 2003 年病例分析之風險，包括境外移入瘧原蟲、高密度之矮小瘧蚊族群、飼養山豬及民眾夜晚外宿庭院。另一次要病媒蚊-中華瘧蚊在台灣分布普遍，且曾於韓國引起間日瘧流行，但因間日瘧不易培養，無法進行實驗室感染試驗，故先進行野外吸血源及蚊蟲基因序列初步風險評估，經利用分生方法鑑定中華瘧蚊吸血源 90 隻，其中豬佔 61.1%、鹿佔 5.6%、羊佔 2.2%、人佔 2.2%、鳥禽類佔 8.9%、無法鑑定佔 20.0%，顯示中華瘧蚊為隨機吸血者。我們分析韓國及台灣中華瘧蚊粒線體 COXII 及 ITS2 基因片段（分別為 640 bp 及 470 bp），大多無法依照其來源區域做分群，可見台灣與韓國中華瘧蚊並無不同，但因中華瘧蚊在野外仍有吸人血（2.2%）的紀錄，故無法排除傳播疾病的風險。

關鍵詞 (Key words)：瘧疾、矮小瘧蚊、中華瘧蚊、吸血源鑑定、基因序列分析

登革熱病媒蚊之防治－新的戰略與戰術
Control of Dengue vector – new tactic and strategy

張念台

國立屏東科技大學植物醫學系

登革熱為由班蚊 (*Aedes* spp.) 媒介病毒所引發的流行病，台灣如同世界上其他登革熱好發地區一樣，近年來疫情有加劇之勢。而南部地區此疾病由流行性 (epidemic) 到多型病毒存在之地方性 (endemic) 之發展趨勢似更令人耽心。抑制登革熱的暴發與蔓延，病媒蚊的防治一直是首要與必要的工作，而十幾年前世界衛生組織即建議遭受登革熱威脅的地區，應利用病媒綜合防治策略進行病媒蚊的管理。病媒綜合管理 (integrated vector management, IVM) 是指單獨或綜合選用病媒管理策略，並將其併入整個防治施行工作中的決策支援系統。病媒管理決策的基礎是病媒與疾病對大眾健康造成風險的評估，也考量社會及環境所受的利益與衝擊。而衛生教育、病媒監測與防治措施則是全面整合運用 IVM 的三個重點。本報告就台灣登革熱發生現況、南部登革熱高風險地區病媒蚊之發生消長、目前登革熱病媒蚊之防治、以及新的整合偵測系統與病媒蚊綜合防治策略等方面加以介紹。除以文獻及實例說明病媒綜合管理之策略與方法，更強調在病媒孳生生態、成本效益、成效指標、因地制宜的考量下，地方權責單位宜重新擬定區域性病媒防治計畫，結合社區資源，綜合運用可行方法來抑制病媒蚊族群，降低登革熱流行病爆發與蔓延之機會。

關鍵詞 (Key words)：登革熱、病媒蚊、整合偵測系統、病媒綜合管理、社區參與

台灣新發生入侵害蟲：板栗瘿蜂 (膜翅目：瘿蜂科) 生物學與蟲害管制
A new invasive pest in Taiwan: the biology and pest management of the chestnut
gallwasp *Dryocosmus kuriphilus* (Hymenoptera: Cynipidae)

唐昌迪、林振睿、楊曼妙

Chang-Ti Tang, Jhen-Ruei Lin, Man-Miao Yang

國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

板栗 (*Castanea mollissima*) 為殼斗科栗屬之植物，是中國大陸原生的重要堅果類果樹，北半球許多國家皆有引種栽培，但也意外引入板栗的重要害蟲板栗瘿蜂 (*Dryocosmus kuriphilus*) (膜翅目：瘿蜂科)，以致成為許多國家的入侵種，並轉移寄主至當地的栗屬植物，危害相關產業。板栗瘿蜂為一年一代、行孤雌生殖之造瘿昆蟲，雌成蟲於五月至七月離瘿，產卵於休眠芽內，一齡幼蟲於 30~40 天後孵化，以此狀態緩慢成長並越冬至隔年春天，逢寄主植物生長發芽之際，才誘發蟲瘿的生長，蟲瘿的發育阻斷枝條的生長，使栗樹無法開花與結果，影響栗實的收成。板栗瘿蜂原產於中國大陸，首先於 1941 年入侵日本，隨後入侵韓國、美國東岸、尼泊爾與歐洲。台灣栽培板栗已有多年的歷史，但板栗瘿蜂的危害至 2012 年才有正式報導，面對此新興蟲害，建立其本土生物學資訊為研擬防治策略的首要工作。本文回顧板栗瘿蜂的入侵史、生物學、防治法的開發與板栗瘿蜂在台灣生物學，提出現階段建議農民採取的田間衛生管理法與相關的可能因應方法。此外，田間調查已發現 5 種小蜂總科之寄生蜂，進一步釐清寄生蜂為外來種或原生種，以及建立寄生蜂分類，對於天敵保育或生物防治媒介之開發，或可提供研擬防治策略的重要參考依據。

關鍵詞 (Key words)：板栗 (*Castanea mollissima*)、板栗瘿蜂 (*Dryocosmus kuriphilus*)、瘿蜂科 (Cynipidae)、入侵種 (invasive species)

桉樹枝癭小蜂在台灣的入侵現況與防治

董景生

行政院農業委員會林業試驗所植物園組

造癭的蠅小蜂科 (Hymenoptera: Eulophidae) 昆蟲近年肆虐歐洲與非洲等大陸的桉樹林，造成重大的經濟損失，台灣於 2010 年首次記錄桉樹枝癭小蜂 *Leptocybe invasa* 感染桉樹，為了解其在台灣的生活史以供後續防治的策略參考，2011 年起於溫室觀察紀錄桉樹枝癭小蜂的形態、生活史、蟲癭發育型態及物候，並於 2012 年監測 4 處野外族群，了解野外的蟲癭物候波動。溫室的觀察發現蟲癭成熟後雄蟲會先羽化，性比約為雌：雄 = 4.2 : 1，每個蟲癭的桉樹枝癭小蜂數量平均為 46.0 ± 27.95 隻。夏季 (5 至 8 月) 桉樹枝癭小蜂產卵至羽化成蟲所需的平均時間為 44.8 ± 9.5 天，秋季 (8 至 11 月) 所需的時間較長為 76.7 ± 10.7 天，配合整年觀察的羽化月份，桉樹枝癭小蜂在台灣約有 6 個世代週期，相較於氣候乾燥的重度感染區以色列有更多的世代，若擴散可能造成更嚴重的危害。野外族群以未施藥的古坑及台北的桉樹感染率最高 (分別為 65.5% 及 59.5%)，全年皆可看見蟲癭，羽化時間僅於 3 月至 11 月，感染率則以 7 月至 11 月為高峰。進行田間藥劑試驗的結果，區分台北、雲林、台南三個實驗場，各以 80 株桉樹苗木進行實驗 (包含兩種藥，各三種濃度)，苗木於受桉樹枝癭小蜂感染後第四周始施藥，監測防治率的結果，若以平均 70% 以上防治率為除蟲的目標，推薦 2% 益達胺粒劑 (Imidacloprid 2% GR) 為苗圃用藥，可於幼蟲期 (12 月~2 月；蟲癭外觀青綠尚未轉紅) 投藥，並持續進行桉樹行道樹的益達胺液劑注射實驗。目前國際上尚在嘗試調查寄生蜂作為天敵防治，惟尚未有成功報導。

關鍵詞 (Key words)：蟲癭、桉樹枝癭小蜂、生活史、藥劑防治

造癭於蓮霧種子部位的新興害蟲－兼含防檢疫問題的米爾頓絨小蜂
 A new pest (*Anselmella miltoni* Girault) inducing galls on the seed part of wax apples -
 problems involving both control and quarantine

楊曼妙¹、林裕哲¹、郭章信²、林幸鈺²、曾獻嫻³

Man-Miao Yang¹, Yu-Che Lin¹, Chang-Hsin Kuo², Sing-Yu Lin², Hsien-Hsien Tseng³

¹ 國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

² 國立嘉義大學植物醫學系

Department of Plant Medicine, National Chiayi University

³ 動植物防疫檢疫局

Bureau of Animal and Plant Health Inspection and Quarantine

近年來台灣農林業屢受外來種造癭害蟲侵擾，此類昆蟲的隱蔽性取食習性，加上爆發式的發生，以及分類與生物學的不足，造成防治的困難。自 2005 年起台灣蓮霧 (*Syzygium samarangense* Merr. & Perry.) 多次被中國大陸檢出帶有米爾頓絨小蜂 (*Anselmella miltoni* Girault)，嚴重影響台灣蓮霧的出口產業。米爾頓絨小蜂為絨小蜂科 (Eulophidae) 之造癭昆蟲，造成赤楠屬 (*Syzygium*) 植物種子部位的膨大變形，雖未直接為害果肉，但成蟲羽化離開時，會在果實表面留下小孔洞，影響果實賣相而造成經濟損失。國際間資訊極端匱乏，以致難以立即提出適當的防治對策，因此建立米爾頓絨小蜂的相關基礎資訊為進行防治之首要工作。透過近年來田間定期監測與觀察，已逐漸釐清蓮霧盛花期至胚仔期，為適合米爾頓絨小蜂產卵的時機，成蟲將卵成串地產在發育中果實內部的胚表面，卵附著區域隨發育開始產生組織變化，進而形成蟲癭。各地採樣顯示米爾頓絨小蜂在台灣地區已廣泛分布，主要發生時期為 5~8 月，但仍會因為各地環境及果園施作情形不同而有差異。由於米爾頓絨小蜂不會造成蓮霧外觀的變異，無法藉由外部檢查確定是否受感染，造成檢疫的困難，目前除積極研發檢測方法，也建議農民於收成時自行移除及銷毀有成蟲之套袋，以降低防檢疫之風險。更完整建立米爾頓絨小蜂的生物學資訊並依其特性擬定防治對策為目前努力的方向，而此案例同時涉及防檢疫問題，也凸顯基礎研究建立的重要性。

關鍵詞 (Key words)：絨小蜂 (Eulophidae)、造癭昆蟲 (gall insect)、赤楠屬 (*Syzygium*)、蓮霧 (*Syzygium samarangense*)、蓮霧生長期 (growth stage of wax apple)、檢疫 (quarantine)

台灣產椽果的外來癭蚧 (雙翅目：癭蚧科)
 Invasive gall midges (Diptera: Cecidomyiidae) associated with mango in Taiwan

石憲宗¹、郝秀花²、楊曼妙³

Hsien-Tzung Shih¹, Hsiou-Hwa Hao², Man-Miao Yang³

¹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,
 Taichung, Taiwan

²行政院農業委員會農業試驗所鳳山熱帶園藝試驗分所植物保護系

Fengshan Tropical Horticultural Experiment Branch, TARI, Fengshan, Kaohsiung, Taiwan

³國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung-Hsing University, Taichung, Taiwan

全球至少有 20 種癭蚧被記錄為椽果害蟲，由於其寄主記錄僅有椽果 (*Mangifera indica* L.)，屬於典型的專食性昆蟲。以上各種癭蚧的分布與椽果原產地有關，例如印度與中國各有 13 種與 2 種分布，肯亞、菲律賓、澳洲、巴貝多與夏威夷各有 1 種。根據其取食習性歸類，絕多數種類之為害部位為葉部 (部份可同時為害嫩莖芽)，統稱為椽果葉部癭蚧 (mango leaf-gall midge)，例如 *Procontarinia* Kieffer & Cecconi 屬之成員共計 15 種，皆以椽果為寄主，其中 13 種僅為害葉部；少數為花器 (部份可同時為害幼果)，統稱為椽果花器癭蚧 (mango blossom gall midge)；僅有一種可取食樹皮內部組織，稱之為椽果樹皮癭蚧 (mango bark midge)。台灣在 2000 年與 2010 年，分別發現椽果癭蚧 (*Procontarinia mangicola* (Shi, 1980)) 與椽果壯鉞普癭蚧 (*Procontarinia robusta* Li, Bu & Zhang, 2003)，如今皆成為椽果的葉部重要害蟲。本文以椽果癭蚧與椽果壯鉞普癭蚧的原產地、生態習性、地理分布現況以及對椽果產業的經濟衝擊現況，作為論文闡述基礎，藉此說明建立外來有害生物的地理分布與生態習性，除可作為研擬外來有害生物進境防範措施的重要基礎資訊之外，一旦外來有害生物入境，也能制敵機先，有效縮短啟動緊急防治機制所需時程。

關鍵詞 (Key words)：椽果 (*Mangifera indica* L.)、椽果癭蚧 (*Procontarinia mangicola*)、椽果壯鉞普癭蚧 (*Procontarinia robusta*)

荔枝椿象在台灣之入侵與防治
The invasion and management of *Tessaratoma papillosa* in Taiwan

張萃嫻、陳文華

Tsui-Ying Chang, Wen-Hua Chen

國立屏東科技大學植物醫學系

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

荔枝椿象 (*Tessaratoma papillosa*) 屬於半翅目、荔枝椿象科 (Hemiptera: Tessaratomidae)，是椿象類昆蟲中體型較大的物種，其寄主植物廣泛，已記錄共 18 科 28 種以上，主要為害荔枝與龍眼。荔枝椿象分布在南亞及東南亞地區，直到 2009 年正式記錄入侵台灣。荔枝椿象會以刺吸式口器吸食寄主幼嫩部位之汁液，導致落花、落果與嫩枝幼果枯萎等情形，族群密度高時更可導致整株植物枯死，據文獻記載，荔枝與龍眼若受荔枝椿象危害，每年平均約減少 20~30% 之產量，嚴重受害可達 70~80%，甚至絕收，對農業影響甚鉅。荔枝椿象受干擾時，會從臭腺噴出具有腐蝕性臭液，造成果實灼傷，降低商品價值，若臭液觸及人體皮膚，會引發劇烈刺痛感、過敏、皮膚紅腫潰爛，若不慎觸及眼睛，則可能造成結膜損傷、角膜潰瘍，嚴重影響視力。持續監測台灣荔枝椿象之分布與族群密度，並適時進行防治，可避免該害蟲因遷移與擴散而對台灣荔枝、龍眼等相關產業造成嚴重影響，而荔枝椿象卵寄生蜂-平腹小蜂之研發與量產，未來預期可有效管理荔枝椿象之族群密度。

關鍵詞 (Key words)：荔枝椿象 (*Tessaratoma papillosa*)、入侵 (invasion)、防治 (management)

台東蘇鐵自然保留區白輪盾蚧之危害監測
Monitoring damage by Cycad Aulacaspis scale (*Aulacaspis yasumatsui*)
in Taitung Cycad Nature Reserve

陳一銘、趙榮台、葉文琪、楊瑞瑜、吳政欣、黃郁真、蕭育婷

Yi-Ming Chen, Jung-Tai Chao, Wen-Chi Yeh, Ruei-Yu Yang, Wen-Hsin Wu, Yu-Cheng Huang,
Yu-Ting Hsiao

行政院農業委員會林業試驗所森林保護組

Division of Forest Protection, Taiwan Forestry Research Institute, Council of Agriculture, Taipei,
Taiwan, ROC

外來的蘇鐵白輪盾蚧 (*Aulacaspis yasumatsui* Takagi) 於 2005 年入侵台東蘇鐵自然保留區。本研究自 2005 年起在保留區內的 5 個地點標定台東蘇鐵 102 株 (含基部樹徑 < 15 cm 之小苗 21 株)、記錄其位置與生長環境 (在遮蔽環境或開闊環境)、測量其樹徑, 每年監測標定蘇鐵的存活狀況; 自 2009 年在保留區設置 1 條樣線, 監測沿線台東蘇鐵的綠葉量及葉片上目視的白輪盾蚧覆蓋情形, 每兩個月取回葉片樣本, 計算葉片上白輪盾蚧的數目及死亡情形; 同時在保留區的蘇鐵上懸掛黃色黏蟲板 (21.5 × 15 cm) 調查飛蟲種類、數量。結果顯示標定的台東蘇鐵在 2006~2010 年的平均年死亡率為 15.5%, 2011~2012 年的年平均死亡率降至 7.2%。標定的蘇鐵至 2010 年已半數死亡, 至 2013 年僅存 36.3%, 且其健康狀況不佳。在遮蔽環境下的台東蘇鐵年死亡率 (84%) 為開闊地年死亡率 (15.2%) 之 5.5 倍。標定的 21 株小苗在白輪盾蚧入侵後第 5 (2010) 年全部死亡, 監測期間未在標定點發現任何新增小苗。相對於正常蘇鐵約 60 葉/株, 受害蘇鐵平均僅有 5.57 ± 1.42 葉/株, 嚴重影響生長。蘇鐵葉片上的目視白輪盾蚧覆蓋率平均為 $34.46 \pm 18.25\%$, 並隨蘇鐵的死亡率下降而減少, 早春新葉初生時期的覆蓋率最低, 夏季最高。自保留區取回的蘇鐵葉片樣本顯示, 白輪盾蚧遭盾蚧寡索跳小蜂 (*Arrhenophagus chionaspidis*) 寄生的平均比例高達 40%, 雄盾蚧的平均被寄生率 (50%) 遠高於雌盾蚧的平均被寄生率 (11%)。黃色黏蟲板平均每次調查可捕獲白輪盾蚧 (含卵、一齡若蟲及雄成蟲) 41.2 隻, 黃頭方頭出尾蟲 (*Cybocephalus flavocapitis*) 74.5 隻, 盾蚧寡索跳小蜂 124.4 隻, 相對於黃頭方頭出尾蟲, 盾蚧寡索跳小蜂更能有效控制保留區的白輪盾蚧。

關鍵詞 (Key words): 台東蘇鐵 (*Cycas taitungensis*)、台東蘇鐵自然保留區 (Taitung Cycad Nature Reserve)、蘇鐵白輪盾蚧 (*Aulacaspis yasumatsui*)、死亡率 (mortality)、盾蚧寡索跳小蜂 (*Arrhenophagus chionaspidis*)

高多樣性類群的研究策略—以金花蟲為例
Strategies of taxonomic studies on speciose groups, with emphasis on leaf beetles
(Coleoptera: Chrysomelidae)

李奇峰

Chi-Feng Lee

農業試驗所應用動物組

Applied Zoology Division, Taiwan Agricultural Research Institute

台灣傳統分類學的研究基礎並不扎實，然而此類研究卻越來越乏人問津，其中最大的因素在於材料的採集相當耗時耗力，很難引起年輕學子的興趣；尤其選擇高多樣性的類群，單單材料的蒐集就耗時數年之久；以鞘翅目的金花蟲為例，已知種達 600 種以上，研究之初即與網路合作組成研究團隊，初期以物種普查為主，研究策略上以研究特殊的物種為主，中期針對小分類群做分類修訂，並觀察到不少類群對寄主植物有專一性，且會因地裡隔離產生異域種化的現象；而無翅的類群皆為夜行性且皆具異域種化的現象；之前的研究已針對高山的金花蟲為何會演化成無翅型提出合理的假說來解釋，然而對熱帶森林的無翅型金花蟲卻無法提出合理的假說，台灣的無翅型金花蟲相當多，至少有 6 個屬具有無翅的種類，且大部分棲息於熱帶森林，將來如能針對這類金花蟲加強採集的密度與強度，應該解開此謎題；金花蟲早期的研究仍以外觀為主，許多分類作為是不正確的，反而增加分類上的混亂，目前的研究發現大多數金花蟲的雄性生殖器外形簡單，診斷特徵相當少，而內囊骨片複雜但可信賴，是很可靠的分類依據，爾後的研究若能加強內囊骨的描述，必能釐清許多分類上的難題。

關鍵詞 (Key words)：無翅型的 (wingless)、異域種化 (allopatric speciation)、夜行性 (nocturnal behavior)、內囊骨片 (endophallic sclerites)

綠弄蝶的分子親緣關係與生物地理研究
Phylogeny and biogeography of the Awlking skippers

金宣安¹、千葉秀幸²、徐瑋峰¹

Hsuan-An Chin¹, Hideyuki Chiba², Yu-Feng Hsu¹

¹ 國立臺灣師範大學生命科學系

Department of Life Science, National Taiwan Normal University

² Bishop Museum, Honolulu, Hawaii, U. S. A.

The geographic region from Southwest China to Wallacea, approximately covering the Oriental and western Australian Region, shows a high degree of biodiversity, with extremely complicated tectonic history involved in its components. It is therefore attractive to biogeographers and evolutionary biologists. Although butterfly diversity in this area is comparatively well-understood, the studies on biogeography in butterflies within and across the region are still scanty. The members of the genus *Choaspes* are distributed across the region and are represented by many endemic taxa, notably in the areas of Sundaland and Wallacea, thus may be an ideal group to explore and understand biogeographic history of this region. A solid phylogenetic framework of the genus is a prerequisite before biogeographic questions may be answered, but so far a reliable phylogeny has yet to be established, with species delimitations within *Choaspes* still disputable. Due to this lack of taxonomic consensus among specialists, the first objective of this research is to reconstruct phylogeny of *Choaspes* by using informative molecular markers such as mitochondrial genes *COI*, *COII*, and nuclear gene *Ef-1a*. After a reliable phylogeny has generated, biogeographic history of the Oriental and western Australian Region region will be explored using *Choaspes* through molecular dating analysis and ancestral area reconstruction. Finally, this study may have potential to clarify whether the similarity of wing patterns among sympatric *Choaspes* species is resulted from convergence evolution.

關鍵詞 (Key words)：分子親緣關係 (molecular phylogeny)、隔離分布 (vicariance)、擴散 (dispersal)、分子鐘 (molecular clock)、綠弄蝶 (*Choaspes*)

紅圓翅鍬形蟲複合群之親緣地理
Phylogeography of *Neolucanus swinhoei* complex (Coleoptera: Lucanidae)

蔡正隆¹、萬霞²、葉文斌¹

Cheng-Lung Tsai¹, Xia Wan², Wen-Bin Yeh¹

¹ 國立中興大學昆蟲學系

Department of Entomology, National Chung Hsing University

² 安徽大學生態學系

Department of Ecology, Anhui University

The mountainous Taiwan island, situated in both subtropical and tropical regions, encompasses the Central Mountain Range (CMR) forming a north–south axis ridge and several para-derivative range were the major driving force of diversification on Taiwanese biota. Another important factor, i.e., Pleistocene climatic fluctuation, was as well proposed to document biota's geo-distribution and differentiation. In Taiwan, three hypotheses elucidating biota's differentiation mechanism have been proposed: (1) A recent colonization/expansion in the last glacial period led little or no divergence in species; (2) Population differentiation accompany with geographical distribution were related to both of glaciations and the CMR isolation effects; (3) Differentiated population was confined in a unit range or a small area, i.e., refugia. *Neolucanus swinhoei* complex with a limited flight capability and two-week adult lifespan, consisting of *N. swinhoei*, *N. eugeniae*, *N. doro doro*, and *N. d. horaguchii*, would be good materials to examine the above-mentioned hypothesis. A divergence estimation based on COI+16S rDNA revealed that these beetles might have originated from Asian mainland and differentiated into western and eastern lineages ca. 1 Mya (million years ago), with the differentiation of the western lineages occurring approximately 0.50-0.75 Mya. Positive relationships were observed between the genetic divergences of 16S rDNA and its F_{ST} values with geographic distance. We found that isolation by mountain ranges and limited flying capability of these beetles as well as populations retreat to and expansion from refugia in response to glaciation cycles have resulted in population differentiation and the current distribution of *N. swinhoei* complex.

關鍵詞 (Key words) : 紅圓翅鍬形蟲 (*Neolucanus swinhoei*)、親緣地理 (phylogeography)、分化時間推估 (divergence estimation)、避難所 (refugia)

菲律賓群島球背象鼻蟲的斑紋演化與拓殖歷史
Evolution of coloration and colonization history of *Pachyrhynchus* weevils
in the Philippine archipelago

曾惠芸^{1,2}、黃文山²、鄭明倫²、Reagan Joseph T. Villanueva³、Olga M. Nuñez⁴、林仲平⁵
Hui-Yun Tseng^{1,2}, Wen-San Huang², Ming-Luen Jeng², Reagan Joseph T. Villanueva³, Olga M. Nuñez⁴,
Chung-Ping Lin⁵

¹ 東海大學生命科學系

Department of Life Science, Tunghai University

² 國立自然科學博物館生物學組

Department of Biology, National Museum of Natural Science

³ D3C Gahol Apartment, Lopez Jaena St., Davao City, 8000 Philippines

⁴ Department of Biological Sciences, Mindanao State University-Iligan Institute of Technology, Tibanga,
Iligan City, Philippines

⁵ 國立臺灣師範大學生命科學系

Department of Life Science, National Taiwan Normal University

The flightless *Pachyrhynchus* weevils have an extremely high endemism thus provides a good opportunity to study their colonization history within the Philippine archipelago and among adjacent islands in the Western Pacific. In this study, 148 weevils from the Yaeyama Islands, Green Island, Orchid Island and the Philippine archipelago were collected from 20 localities. Two mitochondrial and one nuclear genes were used to reconstruct their color evolution and phylogeographic history. The mitochondrial phylogenies revealed that specific common patterns in stripes, circles, and colors appeared repetitively in different lineages, indicating that both convergent evolution and phylogenetic constraint may occur during the geographical radiation of these weevils. The colonization history of species from Yaeyama, Orchid and Green Islands presented a general northward trend and recurring long-distance dispersal events from Batanes and Babuyan Islands. The species delimitation of the weevils from these islands based on morphologies is problematic and deserves further works using all available characteristics.

關鍵詞 (Key words): 趨同 (convergence)、長距離擴散 (long-distance dispersal)、物種界定 (species delimitation)、踏石擴散 (stepping-stone dispersal)

同蝽亞科分子系統發生學與雌性護幼行為的演化 (異翅亞目：同蝽科)
Molecular phylogeny and evolution of maternal care in acanthosomatine bugs
(Heteroptera: Acanthosomatidae)

蔡經甫¹、工藤 慎一²、吉澤 和德¹

Jing-Fu Tsai¹, Shin-ichi Kudo², Kazunori Yoshizawa¹

¹北海道大学農学研究院昆虫体系学研究室

Systematic Entomology, Graduate School of Agriculture, Hokkaido University, Sapporo, Japan

²鳴門教育大学大学院学校教育研究科自然系(理科)

Department of Biology, Naruto University of Education, Naruto, Tokushima, Japan

Heteropterous insects exhibit various subsocial parental care behaviours which are generally classified into paternal and maternal care. The behavior of the female of providing physical protection to her eggs and nymphs usually combined with defense behavior is known as typical maternal care. Other advanced investments, such as progressive provisioning, joint guarding and brooding, and production of trophic eggs for nymphs' food are developed in various groups of Pentatomoidea. In acanthosomatid bugs maternal care was recorded first in *Elasmucha grisea* as early as about 250 years ago. Currently the family contains 3 subfamilies, 56 genera and about 285 species. About 80% of the total species belongs to the subfamily Acanthosomatinae, with a great proportion exhibiting maternal care. Two different strategies of egg protection are found in the subfamily: egg and nymph guarding behavior (typical maternal care) and egg smearing behavior by rubbing each egg against the Pendergrast's organ with hind tarsi. In this study we estimated the phylogenetic relationships within Acanthosomatinae using 28 species representing 6 genera based on five generic markers (mitochondrial 12S and 16S rRNA, COI, and nuclear 18S rRNA and Histone 3 genes). Additional eight species representing the other two subfamilies (Blaudusinae and Ditomotarsinae) of the family were included as outgroups. Our results show that egg and nymph guarding behavior evolved independently at least three times in Acanthosomatinae. Furthermore, the groups showing typical maternal care either lack or only have reduced, probably non-functional Pendergrast's organ. This suggests that guarding behavior is accompanied with a secondary loss of Pendergrast's organ. In summary, our findings suggest that in the family adaptive changes in morphology are required before acquisition of maternal care, and it is hardly reversible (i.e. shift back to egg-smearing) once the Pendergrast's organ had lost.

關鍵詞 (Key words)：同蝽科 (Acanthosomatidae)、分子系統發生學 (molecular phylogeny)、雌性護幼行為 (maternal care)、卵塗抹行為 (egg smearing behaviour)、潘氏器 (Pendergrast's organ)

超常見卻極度複雜：藍紋鋸眼蝶的系統分類、親緣關係與擬態
(鱗翅目：蛺蝶科，眼蝶亞科，鋸眼蝶族)

Very common but extremely complex: the systematics, phylogeny and mimicry of
Elymnias hypermnestra (Lepidoptera: Nymphalidae, Satyrinae, Elyminini)

韋家軒、陳鍾瑋、顏聖紘

Chia-Hsuan Wei, Shen-Horn Yen

國立中山大學生物科學系

Department of Biological Sciences, National Sun Yat-Sen University

The genus *Elymnias* is a little-studied group of mimetic butterflies that vary dramatically in color, pattern, and size because different species frequently mimic dramatically different models. Sexual dimorphism and polymorphism are also common. Among the species, *Elymnias hypermnestra* is the most widely distributed, highly differentiated, most common and economically important for palm agriculture. The female of this species is usually considered to be the excellent mimic of either *Danaus* or *Euploea* and the male is not involved in any mimicry. Unlike other classic cases of female-limited polymorphic mimicry that different female forms can co-occur at one locality, the *Danaus* and *Euploea*-female form of *Elymnias hypermnestra* never occur sympatrically. The geographical distributions of these two female forms are not continuous. We therefore started a research project to answer the following questions using molecular markers and behavioral experiments: (1) Is *Elymnias hypermnestra* a monophyletic species? (2) is this species really palatable? (3) how to interpret the discontinuous distribution of the two mimetic female forms? (4) is the male possibly the imperfect mimic of *Euploea*? (5) which *Euploea* species is the model when multiple similar *Euploea* are sympatric? In the presentation, we would like to address the importance and value of taxonomic work, phylogenetic reconstruction, community ecology and behavioral ecology in answering so many complicated questions derived from a very common species.

關鍵詞 (Key words): 快速種化 (rapid speciation)、貝氏擬態 (Batesian mimicry)、雌雄二型性 (sexual dimorphism)、多態型擬態 (polymorphic mimicry)、眼紋 (eye spots)