國立臺灣師範大學生命科學系碩士論文

以交尾器抱器幾何形態、幼生期戴爾法則與分子證據探討小眉眼蝶族群間之分化

Using Geometric Morphometry in Gentalia, Dyar's rule in Larvae, and molecular evidence Investigate the Diversity of *Mycalesis mineus* among populations

研 究 生：黃黎

Li Huang

指導教授：徐堉峰 博士

Yu-Feng Hsu

中 華 民 國 一零八 年 六 月

目錄

目錄……i

附表目次……...ii

附圖目次……..iii

中文摘要……..iv

Abstract…….....vi

緒論……...…1

研究目的……4

材料與方法……5

結果與討論……9

參考文獻……..12

附表……..15

附圖……..21

附表目次

表一、小眉眼蝶各飼養編號採集點資料……15

表二、小眉眼蝶各飼養編號幼生戴爾常數列表……..16

表三、小眉眼蝶採卵用雌蝶與解剖交尾器用雄蝶採集座標……..17

表四、小眉眼蝶各產地卵徑的變方分析與特奇公正顯著差異分析結果……..18

表五、小眉眼蝶各產地終齡幼蟲體長的變方分析與成對分析表…..18

表六、小眉眼蝶採集地點與幼生期數據迴歸分析結果表……..19

表七、小眉眼蝶各大地點族群間之遺傳差異……..20

附圖目次

圖一、小眉眼蝶卵徑測量示意圖……..…21

圖二、小眉眼蝶幼蟲頭殼寬測量示意圖……..…21

圖三、小眉眼蝶幼蟲體長測量示意圖…….....22

圖四、小眉眼蝶交尾器抱器點位示意圖……..22

圖五、小眉眼蝶交尾器抱器幾何形態群集分析(cluster analysis)結果圖……..23

圖六、小眉眼蝶交尾器抱器點位主成分之顯著性測試圖……..…23

圖七、對五個小眉眼蝶族群之交尾器抱器二十五個地標點進行主成分分析後所得結果圖……..……24

圖八、使用最大或然法(ML)做出的小眉眼蝶親緣關係樹……24

中文摘要

眉眼蝶亞族(Subtribe Mycalesina)為鱗翅目(Lepidoptera)蛺蝶科(Nymphalidae)眼蝶亞科(Satyrinae)下被認為是蝴蝶中適應輻射最可觀的一群，也是舊熱帶區分布最廣最多樣的一群蝴蝶。其中眉眼蝶屬(*Mycalesis*)共 90 種，主要分布於東洋區與澳洲區，少部分物種分布至古北區，是該亞族的大屬，其中小眉眼蝶(*Mycalesis mineus* (Linnaeus, 1758))所屬的小眉眼蝶種群(*mineus*-group)就佔了 19 種。除了曲斑眉眼蝶(*Mycalesis perseus* (Fabricius, 1775))與小眉眼蝶外，都是分布相對侷限的的種類。本種群中許多種的分布重疊且外觀相似，加上其成蟲多樣的季節型翅紋變化，導致難以正確辨識，其幼生期形態則在終齡以前不易分辨。此外，雄蝶的交尾器抱器形態也多變異，同種的雄蟲的抱器形狀在個體間常有出入。在觀察研究室累積多年的樣本後，發現臺灣本島產與金門島上產的小眉眼蝶(相當於臺灣島與大陸地區的族群)在交尾器抱器形態上有可見的差異。本研究將以小眉眼蝶為主要研究對象，收集幼生期基本數據以及計算其戴爾常數、測量臺灣本島、大陸地區以及其他亞洲國家產的小眉眼蝶雄蟲交尾器抱器的幾何形態，並進行分析，再輔以粒線體 DNA 的 *cox1* 基因序列的遺傳差異檢測並建立親緣關係樹，以探討小眉眼蝶臺灣本島族群跟大陸地區與其他東洋區國家的族群間是否在這些

方面出現顯著差異，並探討小眉眼蝶各地族群交尾器抱器形態的分化。結果顯示，幼生期基本資料中的卵徑、以及使用頭殼寬計算出的戴爾常數在不同大地點間有顯著差異，而交尾器抱器幾何形態則沒有出現明顯分群。在 *cox1* 基因遺傳變異度分析部分，發現泰國產的樣本分別與與臺灣跟金門的樣本都有 4%的差距，臺灣與金門的個樣本之間的變異度則只有 0~1%的差距，最大或然法(ML)建立的親緣關係樹也支持這一結果。因此臺灣跟金門的小眉眼蝶族群仍視為同物種，而泰國產的族群建議在未來進一步研究後，將其視為異於小眉眼蝶的物種，並提升至種級階層。

關鍵字：幾何形態學、戴爾法則、系統分類、小眉眼蝶

Abstracts

Subtribe Mycalesina in Nyphalidae, Lepidoptera is considered to be one of the most spectacular evolutionary radiations of butterflies in the world. And arguably the most cosmopolitan and abundant group of butterflies restricted to the old world tropics. There are 90 *Mycalesis* species are distributed in the Oriental, Australian, and part of the Palearctic, and 19 of 90 species are belong to *mineus* species group. Most of them are comparatively endemism, only *perseus* and *mineus* distributed wide. Most of the species in this species group are overlapping distribution and their adults looks very similar, the seasonal change of eyespot pattern let the species identification more difficult. The appearance larva also difficult to identify until final-stage. Furthermore, the male adult's gentalia's valva's shape are vary even between same species' males. After observed the specimens accumulated for many years in lab, had found visible difference between Taiwan's and Kinmen's *mineus* specimens in gentalia's valva. This research will collect and use egg and larva stage data and use Dyar's rule and calculate larva's Dyar's constant, geometric morphometry methods to measure and analysis the *mineus* from different place male gentalia's valva's value of geometric morphometry, calculate the p-distance between mitochondria DNA sequence's data (*cox1*) from different place and construct phylogenetic tree, establish the preliminary study on whether or not there is a significant difference in these aspects between different mineus-group in Taiwan and those in the mainland of China and other Oriental countries. The results showed that the egg diameter in the basic data of the young period and the Dyar constant calculated using the width of the head shell were significantly different between different large locations, while the geometric pattern of the mating fixture did not show obvious clustering. In the analysis of the genetic variability of the cox1 gene, it was found that the samples produced in Thailand were 4% different from the samples from Taiwan and Kinmen, and the variation between Taiwan and Kinmen was only 0 to 1%. The kinship tree established by the Maximum Likehood (ML) also supports this result. Therefore, Taiwan's and Kinmen's *Mycalesis mineus* population is still regarded as the same species, while the population in Thailand suggest that after further research in the future, they will be regarded as species different from the eyebrows and raised to the species level.

Keywords: Geometric morphometry、Dyar's rule、systematics、*Mycalesis mineus*

一、 緒論

小眉眼蝶(*Mycalesis mineus*(Linnaeus, 1758))是廣布於東洋區的蛺蝶科(Nyphalidae)眼蝶亞科(Satyrinae)眉眼蝶亞族(Subtribe Mycalesina)眉眼蝶屬(Mycaleiss)的物種之一，以多種禾本科為食(徐，2013)，其所屬種群(mineus-group)目前共有 19 種(Uemura, 1985)。在臺灣，眉眼蝶屬有 7 種，分為 4 個種群(Uemura, 1984)，而屬於小眉眼蝶種群(mineus-group)的種類一共有 3 種，分別為小眉眼蝶、切翅眉眼蝶(*Mycalesis zonata*)，以及曲斑眉眼蝶(*Mycalesis perseus*)。除小眉眼蝶與曲斑眉眼蝶(*Mycalesis perseus*)外，同種群中大多數物種的分布都較侷限(Uemura, 1985)。本種群中大部分物種間的斑紋極為相似，有時難以於野外用肉眼分辨不同種類，加上眼紋等翅紋明顯的季節性變化，讓分辨種間差異變得更加困難(Uemura, 1985)。

在過去學者們的分群處理中，Moore(1880)將 *Mycalesis* 屬分成 22 個「type」，然而這時只是以成蟲的特徵進行粗分，而且還沒有去掉同物異名的結果。接著，Evans(1932)把該屬印度產的物種被分成 5 群，後來 Talbot(1947)收集更多該屬的物種並將其分為 7 群，其後，Aoki et al.(1982)則分為 5 群，這三次的分群則是進行了較為詳盡的方法，以上分群均以成蟲的形態為主要依據。本論文的研究對象小眉眼蝶(*Mycalesis mineus*)一直都作為分群的代表種，被分到一

起的種類形態也大同小異。在 Aduse-Poku 等人(2015)於近期的分子研究中，過去跟 *Mycalesis* Hübner, 1818 歸為一類的 *Cupala* Moore, 1878 與經常被合併的 *Mydosama* Moore, 1880 兩個屬被分別獨立出來，但並沒有影響到小眉眼蝶的屬級分類。

戴爾法則(Dyar’s rule)是發源自 Dyar(1890)首先提出的概念，指出在連續的幼蟲齡期中，體軀各部位的增長(例如頭殼寬度)將成一幾何級數排列，而不同物種會有特定的常數，因此要從外觀相似的幼生期中將不同物種分出便成為可能。後來，Schmidt 等人於 1977 年將其發展成一個指數成長方程式，而這一指數方程式在兩邊取自然對數後便能轉換成一條線性方程式，最後將同一飼養編號幼蟲的齡期以及該齡期的對應體長測量值代入此一線性方程式後，便能得到常數 A 與戴爾常數 B。

眉眼蝶屬的雄蝶的交尾器抱器形態多變異，不只是不同種的雄蟲的抱器形狀相異，就算是同種雄蝶，交尾器抱器的形狀也可看出形狀上有些微不同(Uemura, 1985)。經過觀察研究室累積多年的樣本後，發現臺灣本島產與金門島上產的小眉眼蝶(相當於臺灣島與大陸地區的族群)在交尾器抱器形態上已有差異（徐，未發表），而其他地方產的雄蟲交尾器抱器也出現了肉眼可見的差異。部分有鱗翅目

交尾器形態描述的論文中，除了會放入傳統方法測量數值的比較(可直接測量或量化的部位，如交尾器抱器或陽莖器上的上的突起數、抱器或陽莖器的的近端與遠端或者最寬處的線性距離等等)，也會使用能測量分析交尾器不規則幾何形態的軟體的數據（Mutanen & Kaitala 2006; Mutanen, Kaitala, and Monkkonen, 2006; Dapporto, 2008;Tóth bv & Varga, 2011）。

本研究在幼生期數據部分使用 3 個產地，雄蝶交尾器抱器部分使用 6 個產地的小眉眼蝶樣本，這些地區的族群在過去的研究雖均被歸為同一種(Frustorfer, 1908; Evans, 1920)，成蟲的外觀也相差無幾，但分子層面的親緣關係仍有待探討。過往的分生研究主要著重於屬級以上的親緣關係(Brakefield et al., 2010; Aduse-Poku et al., 2015; Aduse-Poku et al., 2016)，不過近年種級的研究也開始出現(Goonesekera et al., 2019; Morlor et al., 2018)。Hebert et al. (2003)認為，粒線體基因 *cox1* 片段的遺傳變異度超過 3%時，可視為不同物種，但也會出現不能單以此標準為依據的情況 (Braby et al., 2012; Hsu et al., 2019)。

二、研究目標

本研究擬從三個部分著手：

(1)將小眉眼蝶於臺灣地區以及鄰近地區族群的卵徑、終齡幼蟲最大體長與頭殼與體長戴爾常數分別進行變方分析(ANOVA)、特奇公式顯著差異分析(HSD)與邏輯迴歸分析(Logistic Regression Analysis)，檢視這些數據是否因為地點影響，因而產生顯著差異。

(2)對小眉眼蝶於各產地雄蝶交尾器抱器進行幾何形態分析，寄望能藉由分析結果，判斷小眉眼蝶是否在雄蝶交尾器抱器幾何形態方面，有出現明顯的地域分化。

(3)使用分生技術對各產地的小眉眼蝶的粒線體基因 *cox1* 進行比對，檢測樣本間的變異度，探討不同產地間的小眉眼蝶族群的親緣關係。

三、研究材料與方法

(1)小眉眼蝶幼生期數據的邏輯回歸分析

於小眉眼蝶出現的地區以網捕法為主吊網腐果陷阱為輔採集雌蝶（臺灣產 n=8, 金門產 n=3, 泰國產 n=1，12 個採集編號與採集點詳見表一），置於已經放入李氏禾（*Leersia hexandra*）的大型飼養箱（長×寬×高×=37 cm×23 cm×25 cm〔含上蓋〕）使其產卵，在雌蝶產卵期間每天檢查並將當天產的卵採下，使用游標尺測量卵徑卵高後，集中放置（所有雌蝶所生的卵總和 n=454）。等待幼蟲孵出後，一律移至小型塑膠飼養盒（長×寬×高×=82mm×58mm×32mm）中以禾本科求米草（*Oplismenus undulatifolius*）飼養，每隔一到兩天更換新食物，並於每次幼蟲蛻皮前的眠期測量體長(終齡幼蟲則是每日測量到變成前蛹，取量測到的最大體長)，並將蛻皮後留下的頭殼收好，依齡期分類，留作之後測量頭殼寬用，最後各齡期體長與頭殼寬皆用於計算戴爾常數（每隻雌蟲所生的幼蟲體長與頭殼寬的測量數據會各算出一組兩個戴爾常數，詳見表二；卵徑、頭殼寬與體長測量示意圖詳見圖一、二、三）。

戴爾常數部分，將各齡期的體長與頭殼寬數值分別取自然對數(Ln)，並以取對數後的測量值為 Y 值、齡期為 X 值，於 Excel 2013

中可得散布圖以及數據點位的趨勢線的斜率，其斜率利用公式轉換後可得戴爾常數。

以下為計算戴爾常數的指數成長方程式：

Y(某齡期的體軀長)=A(常數)×B(戴爾常數 X(齡期)

以及兩邊取自然對數後得到的線性方程式：

lnY=lnA+xlnB

在收集完數據後，將卵徑以及終齡幼蟲體長以 JMP6 進行變方分析(ANOVA)與特奇公正顯著差異分析(HSD)進行檢測(產地 n=3，以臺灣(TW)、金門(K)與泰國普吉島(P)之間進行比較，卵徑與終齡幼蟲最大體長 n=324)。得出結果後，再將先前計算出來的體長與頭殼的戴爾常數與前面用來分析比較的 2 個變數（卵徑以及終齡幼蟲體長）加入邏輯回歸分析(logistic regression analysis)，檢測在不同產地間有顯著差異的變數。

(2)小眉眼蝶雄蝶交尾器抱器幾何形態分析。

將臺灣(n=17)、金門(n=19)、廣西(n=2)、雲南(n=1)、海南島(n=2)與普吉島(n=4)採集的小眉眼蝶的雄蝶製成乾燥標本後，用鑷子拆下腹部放入試管中，加入水與氫氧化鈉隔水加熱，直到腹部脂肪

溶解後，於解剖顯微鏡下取出生殖器並刮除其上沾附的鱗片與非必要組織，於純酒精中保存。之後，將處理過的雄性生殖器置於解剖顯微鏡下，用鑷子取下抱器(左抱器 n=45)並拍照，將相片於 tpsDig2 軟體中取抱器的地標點位共 25 個(示意圖詳見圖四)，將點上座標點位的圖片另存成 TPS 檔，再將這些檔案以 PAST 軟體進行地標點特徵值的轉換處理後，使用群集分析(cluster analysis)將樣本合併，以得到群聚樹，以判斷分群與各群間的相似度。再使用主成分分析(Principal Component analysis, PCA)，判斷交尾器抱器分群的主成分(Jackson, 1993)，與量化小眉眼蝶各族群間雄蝶交尾器抱器的形態差異，以及其他小眉眼蝶物種的交尾器抱器的分群。

用於前兩部分的樣本的採樣點詳見表三

(3)小眉眼蝶遺傳差異檢測與親緣關係建構

粒線體 DNA *cox1* 序列是常被用來為鱗翅目昆蟲親緣關係分析的依據之一，本研究選用該片段進行分析，使用 Purgene DNA Isolation kit(Gentra Systems, Minnesota USA)萃取 DNA。取得 DNA 樣本後，參照 Caterino & Sperling(1999)以及 Kandul et al.(2004)所發表的 DNA 進行 PCR 增幅，並以電泳來確認萃取出的 DNA 與 PCR 產物的濃度與狀況，再將 PCR 產物進行定序以獲得序列。將各組序

列資料使用 Sequencher 4.10.1 進行整理與拼接(GeneCode, Boston, USA)後，放入 MEGA6.0 以 MUSCLE 運算法排列序列，用以計算不同地區族群間的遺傳差距(p-distance)(Tamura et al.,2013)，並轉換檔案以備後續分析使用。

本研究使用的 *cox1* 片段總長為 941bp，一律以 Partitionfinder v1.1.0(Lanfear et al., 2012)搜尋基因與密碼子最佳的 partition scheme 以及其 substitution model。親緣關係建構共取用臺灣、金門、普吉島 3 個地點共 10 隻樣本，並使用最大或然法分析(Maximum Likehood, ML)建構親緣關係樹。該分析使用 raxmlGUI v 1.5(Silvestro, 2012)介面下的 RAxML v 8.2.x(Stamatakis, 2014)建構 ML 樹，依據密碼子設定 partition scheme，substitution model 則設定為 GTRGAMMAI。樹的搜尋演算法採用 ML+through algorithm，並進行 boostrap 檢測，重複取樣 500 次以得到節點的支持度，演算執行十次後以多數決原則(Magority rule)決定共識樹。

四、結果與討論

幼生期數據邏輯回歸分析

使用卵徑以及終齡幼蟲體長的數據進行變方分析(ANOVA)與特奇公正顯著差異分析(HSD)的檢測後發現，大地點間的卵徑以及終齡幼蟲體長有十分顯著的差異(表三與表四)。而進一步使用邏輯迴歸分析後顯示，受到大地點影響最顯著 ($p<0.05$)的變數是頭殼戴爾常數與卵徑(表五)，而且這兩個變數各自獨立沒有交互作用。

在一系列變方分析(ANOVA)與特奇公正顯著差異分析(HSD)的結果中，不同大地點採集的小眉眼蝶雌蟲於同樣採卵空間生下的卵的卵徑，以及在同樣飼養條件下長成的終齡幼蟲的最大體長，不同大地點間皆有著顯著差異。以卵徑來看，金門的族群最大，普吉島的族群最小，到了終齡幼蟲最大體長結果卻是相反，而臺灣族群始終居中，這部分尚無法解釋。至於加入戴爾常數後的邏輯迴歸分析結果，只有卵徑與頭殼戴爾常數出現顯著差異 ($p<0.0001$)。推測是這兩項變數容易因為大地點的不同，在族群間產生顯著差異。

雄蝶交尾器抱器幾何形態分析

根據從小眉眼蝶交尾器抱器 45 個樣本的群集分析(cluster analysis)結果，發現各產地的樣本幾乎全都互相混雜在一起，沒有出

現明顯分群(圖五)。而主成分分析(PCA)部分的結果，有顯著影響的主成分只有前兩個(圖六)，當分別以主成分 1 與主成分 2 為 X 軸與 Y 軸時(圖七)，發現各個採集點的樣本分布的範圍與群集分析結果類似，幾乎全部重疊在一起，沒有分群。

從交尾器抱器的地標點位使用分析軟體後得出的結果來看，五個族群間並沒有出現顯著差異，可能是因為這五個產地的小眉眼蝶雄蝶交尾器抱器並沒有在幾何形態上有顯著不同，也可能是使用的地標點位不夠多或不夠準確，未來可能需要在後續的研究使用其他的分析軟體進行嘗試，或是加入更多不同產地的樣本進行分析。

小眉眼蝶遺傳差異檢測與親緣關係建構

以粒線體 DNA 遺傳差異度部分來看(表七)，普吉島產的兩個樣本與臺灣還有金門產的個別樣本間的遺傳差異都是 4%，而臺灣各地的樣本（包含金門）彼此之間的遺傳差異度則是在 0~1%之間。以粒線體 DNA 序列建立的最大或然法(ML)親緣關係樹上(圖八)，臺灣與金門的小眉眼蝶族群被視為同一支系，而普吉島的小眉眼蝶族群在過去的文獻中被歸為跟臺灣產族群為同一亞種(Frustorfer, 1908; Evans, 1920)，卻在該親緣關係樹被分在另一支系。

從粒線體 DNA 序列遺傳變異度分析結果來看，由於過往的研究認為，兩個樣本遺傳差距超過 3%時，可視為兩個不同物種(Hebert et al., 2003:)，而普吉島的小眉眼蝶的遺傳差異度與臺灣以及金門的族群都已經相差超過 3%，因此有機會被獨立出來，成為一個獨立物種，金門與臺灣島的族群之間因為遺傳變異度遠低於 3%，仍視為同一物種，而從最大或然法(ML)所建構的親緣關係樹來看，亦支持臺灣與金門的樣本與泰國的樣本屬於不同支系(lineage)。未來的研究有需要加入更多各產地的小眉眼蝶樣本，以及增加分析用的 DNA 序列片段，進一步釐清小眉眼蝶這一物種於各產地間的遺傳差異度，以及建構親緣關係樹後的分群狀況。

五、參考文獻

徐堉峰. 2013. 臺灣蝴蝶圖鑑 下 蛺蝶. 晨星出版社 355-357.

植村 好延. 1985. タイ・マレー産マルバヒトツメジャノメ種群の同定ガイド. ジャーナル 123:2-8, 9.

Arnold CY. 1959. The determination and significance of the base temperature in a Linear heat unit system. Proceeding of the American Society for Horticultural Science 74:430-445.

Aoki T, Yamaguchi S, Uemura Y. 1982. Vol.III. Satyridae, Amathusiidae and Libytheidae. Butterflies of the South East Asian Islands 3 Tokyo: PlapacTsukada E.

Braby MF, Eastwood R, Murray N. 2012. The subspecies concept in butterflies: has its application in taxonomy and conservation biology outlived its usefulness?. Biological Journal of the Linnean Society 106: 699-716,

Brakefield PM. 2010. Radiations of Mycalesine Butterflies and Opening Up Their Exploration of Morphospace. The American Naturalist 176: 77-87

Chiang HC. 1985. Insects and their environment. In: Pfadt RE, ed. Fundamentals of pplied Entomology. New York: Macmillan, 128-161.

Dapporto L. 2008. Geometric morphometrics reveal male genitalia differences in the Lasiommata megera/paramegaera complex (Lepidoptera, Nymphalidae) and the lack of a predicted hybridization area in the Tuscan Archipelago. Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research 46(3):224–230

Dyar HG. 1890 The number of molts of lepidopterous larvae. Psyche;a journal of entomology 5:420-422

Evans WH. 1932. A note on the species of the genus Mycalesis (Lepidoptera [Satyridae]) occurring within the Indian limits. Journal of the Bombay Natural History Society 27(2):354-362

Frustorfer H. 1908. Neue indo-australische Mycalesis und Besprechung verwandter Formen. Verhandlungen der Zoologisch-Botanischen Gesellschaft in Wien 58(4/5):153(note)

Goonesekera K, Lee LM P, Poorten VD G, Ranawaka GR. 2019. The phylogenetic history of the old world butterfly subtribe Mycalesina extended: the Mycalesis (Lepidoptera: Nymphalidae) of Sri Lanka. Journal of Asia-Pacific Entomology 22:121-133

Higley LG, Pedigo LP,Ostile KR. 1986. DEGDAY: Aprogram for calculating degree-days, and assumptions behind the degree-day approach. Environmental Entomology 15:999-1016

Hsu YF, Xue GX, Lin RJ, Huang L. 2019. Resurrection of Caltoris ranrunna (Sonan) from synonymy as a skipper endemic to Taiwan based on COI barcode and morphology. Zootaxa 4555(1):056-066

K. Aduse-Poku, Brattstrom O, Kodandaramaiah U, Lees DC, Brakefield PM, Wahlberg N. Systematics and historical biogeography of the old world butterfly subtribe Mycalesina(Lepidoptera: Nymphalidae: Satyrinae). BMC Evolutionary Biology 15:167

Morlor S, Pinkaew N, Boonrotpong S. 2018. Genetic variation in Mineus group of Mycalesis (Nymphalidae: Satyrinae) in peninsular Thailand: inferred from mitochondrial and nuclear genes. Songklanakarin Journal of Science and Technology 41(3):631-640

Mutanen M and Kaitala A. Genital variation in a dimorphic moth Selenia tetralunaria(Lepidoptera, Geometridae). Biological Journal of the Linnean Society 87:297–307

Mutanen M, Kaitala A, and Mönkkönen M. Genital variation within and between three closely related Euxoa moth species: testing the lock-and-key hypothesis. Journal of Zoology 268:109–119

Jackson DA. 1993. Stopping rules in principal components analysis: a comparison of heuristical and statistical approaches. Ecology 74:2204-2214

Moore F. 1880. On the Asiatic Lepidoptera referred to the genus *Mycalesis*; with descriptions of new genera and species group (Lepidoptera, Nymphalidae). Transactions of the Entomological Society of London. 1880 (4):155-177

Talbot G. 1947. The Fauna of British India, including Ceylon and Burma: Volume 2. Taylor & Francis 110-166

Toth JP, Varga. Z. 2011. Inter- and intraspecific variation in the gentalia of the 'Melitaea phoebe group'(Lepidoptera, Nymphalidae). Zoologischer Anzeiger 250:258-268.

Uemura Y. 1984. A synonymic list of the Formosan species of the genus *Mycalesis* Hübner (Lepidoptera:Satyridae). Transactions of the Shikoku Entomological Society. 16(4):45-51.

表一、小眉眼蝶各飼養編號採集點資料

飼養編號	大地點(代號)	小地點(代號)	海拔
15L19	臺灣(TW)	彰化(CH)	180m
15L20	臺灣(TW)	彰化(CH)	180m
16C35	臺灣(TW)	彰化(CH)	180m
16C36	臺灣(TW)	雲林(YL)	145m
15A43	臺灣(TW)	嘉義(CY)	95m
16M3	臺灣(TW)	嘉義(CY)	95m
16K26	臺灣(TW)	台南(TN)	50m
16L22	臺灣(TW)	台南(TN)	50m
14K62	金門(K)	金門(KM)	175m
15H33	金門(K)	金門(KM)	175m
16L20	金門(K)	金門(KM)	175m
16H92	泰國普吉島(P)	泰國普吉島(TPK)	60m

表二、小眉眼蝶各飼養編號幼生戴爾常數列表

飼養編號	戴爾常數(體長)	戴爾常數(頭殼)	樣本數(n)
15L19	1.540951372	1.430322581	20
15L20	1.515582722	1.437204633	28
16C35	1.602556233	1.443253586	61
16C36	1.508325356	1.441090329	67
15A43	1.479345855	1.413402616	3
16M3	1.503356087	1.415241234	24
16K26	1.518161404	1.421055634	47
16L22	1.535874614	1.425325202	54
14K62	1.486463784	1.451068236	53
15H33	1.553328426	1.441811054	4
16L20	1.560022119	1.451503622	16
16H92	1.599194396	1.474029784	70

備註:樣本數 n 以活到一齡轉二齡眠期的幼蟲個體數為主

表三、小眉眼蝶採卵用雌蝶與解剖交尾器用雄蝶採集座標

雌蝶	採樣產地座標	雄蝶
V	彰化(N:24.000201, E:120.601917)	V
V	雲林(N:23.691811, E:120.623290)	V
V	嘉義(N:23.474420, E:120.489376)	V
V	臺南(N:23.016140, E:120.348127)	V
V	金門(N:24.456934, E:118.396644)	V
X	廣西(N:24.916005, E:110.305670)	V
X	廣西(N:23.900727, E:106.638861)	V
X	雲南(N:24.000201, E:120.601917)	V
V*	海南島(N:18.377812, E:120.601917)	V
V	普吉島(N:24.000201, E:120.601917)	V

*:因為此樣區只有四隻幼蟲活到化蛹，因此不放入分析。

表四、小眉眼蝶各產地卵徑的變方分析與特奇公正顯著差異分析結果

Source	Degree of freedom(df)	Sum of squares(SS)	Mean of squares(MS)	F ratio	Prob>F
Place	2	0.1644690	0.082235	27.4697	P<0.0001*
Error	321	0.9609593	0.002994		
C. Total	323	1.1254293			

小眉眼蝶卵徑 HSD 結果

K	A		1.0737899
TW		B	1.0125652
P		C	0.9889456

表五、小眉眼蝶各產地終齡幼蟲體長的變方分析與成對分析表

Source	Degree of freedom(df)	Sum of squares(SS)	Mean of squares(MS)	F ratio	Prob>F
大地點	2	444.1063	222.053	46.9788	P<0.0001*
Error	321	1517.2610	4.727		
C. Total	323	1961.3673			

小眉眼蝶終齡幼蟲體長 HSD 結果

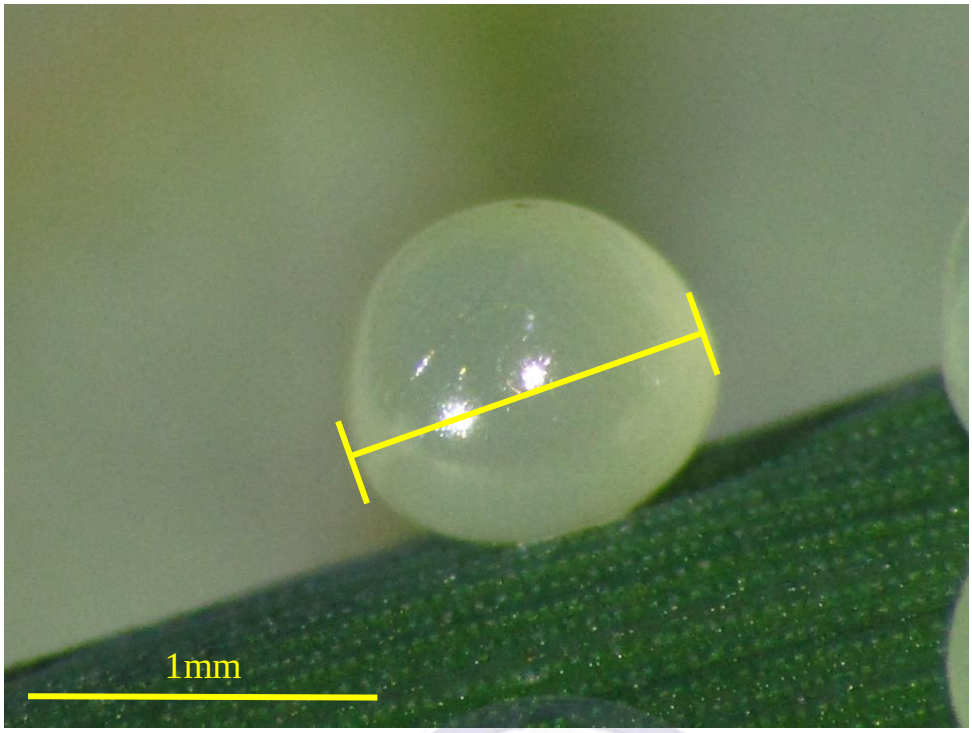
P	A		34.927018
TW		B	32.833420
K		C	30.488056

表六、小眉眼蝶採集地點與幼生期數據迴歸分析結果表

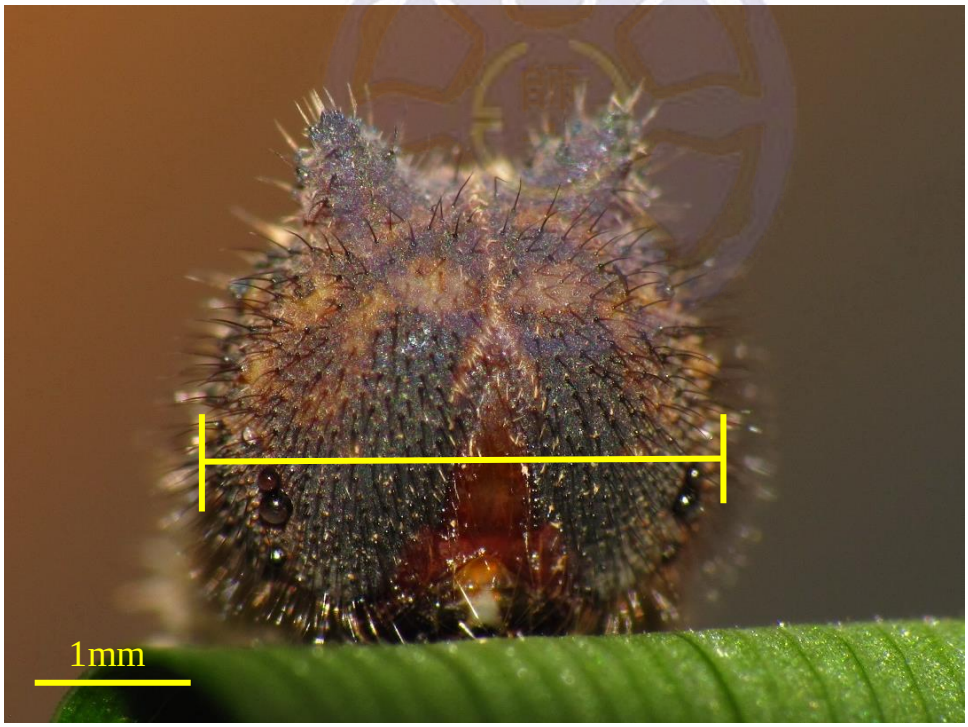
Y 變數	X 變數	χ^2	p
產地	常數	16.67	<0.0001*
	頭殼戴爾常數	15.94	<0.0001*
	卵徑	6.96	0.0083

表七、小眉眼蝶各大地點族群間之遺傳差異(between group mean distance)(黑字：臺灣；藍字：金門；紅字：泰國)

	YF160180	YF160181	YF160182	YF160179	YF160178	YF160183	YF160184	YF160177	YF160191	YF160192
YF160180_cox-J-1530										
YF160181_cox-J-1530	0.01									
YF160182_cox-J-1530	0.01	0.00								
YF160179_cox-J-1530	0.00	0.00	0.00							
YF160178_cox-J-1530	0.00	0.01	0.01	0.00						
YF160183_cox-J-1530	0.04	0.04	0.04	0.04	0.04					
YF160184_cox-J-1530	0.04	0.04	0.04	0.04	0.04	0.00				
YF160177_cox-J-1530	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01	0.04	0.04			
YF160191_cox-J-1530	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01	0.04	0.04	0.00		
YF160192_cox-J-1530	0.01	0.00	0.00	0.00	0.01	0.04	0.04	0.00	0.00	

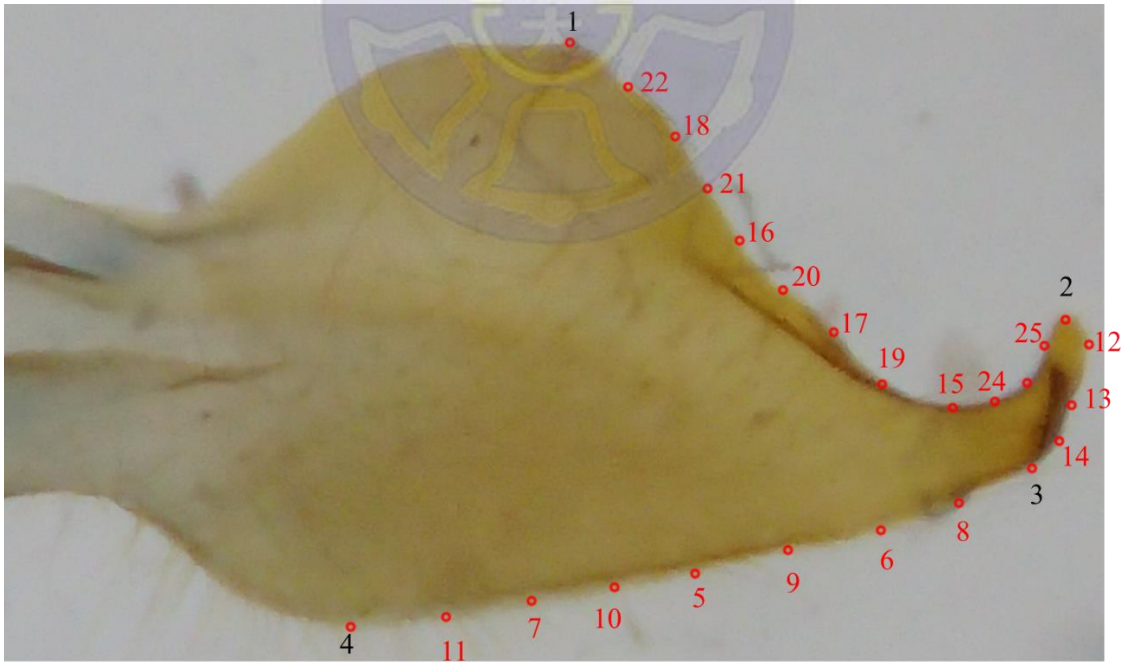


圖一、小眉眼蝶卵徑測量示意圖

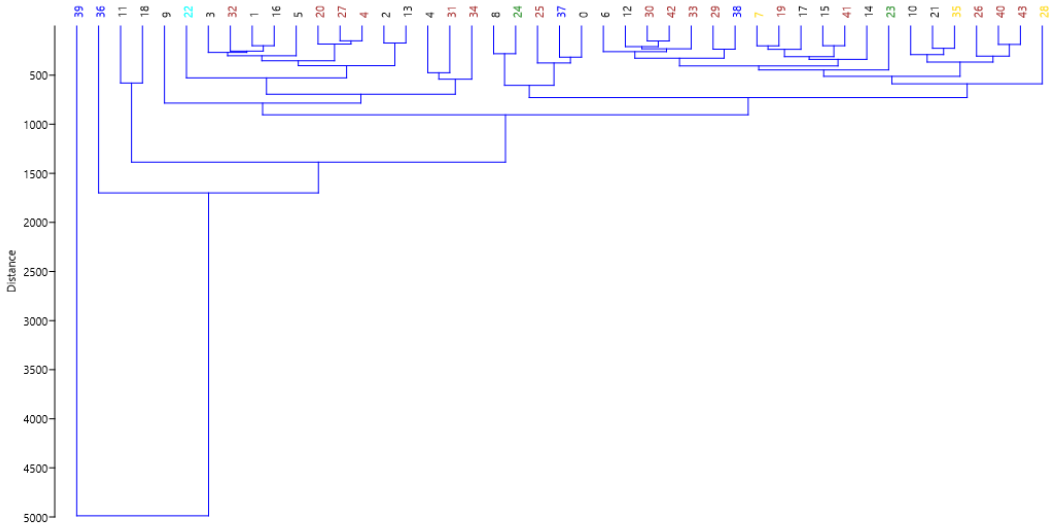


圖二、小眉眼蝶幼蟲頭殼寬測量示意圖

圖三、小眉眼蝶幼蟲體長測量示意圖

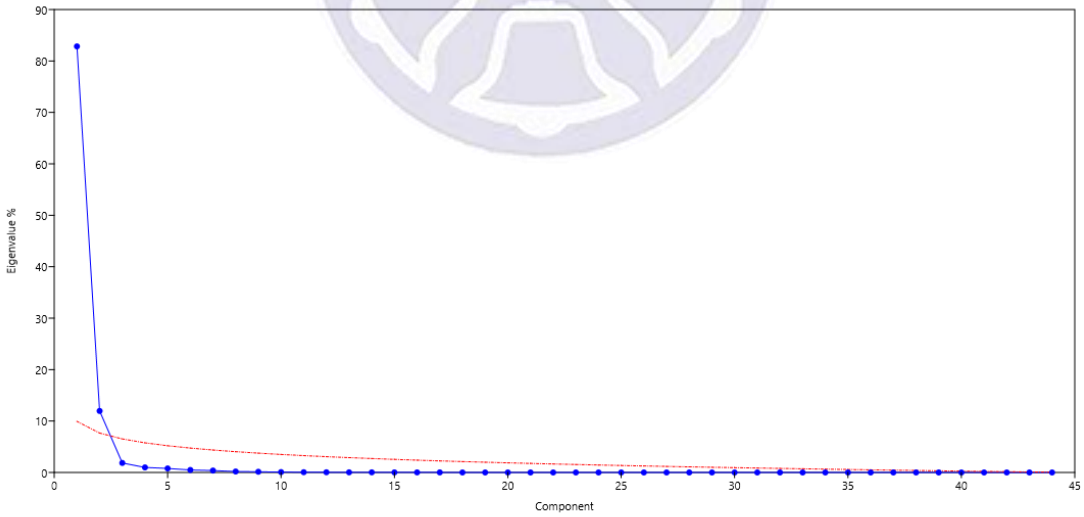


圖四、小眉眼蝶交尾器抱器點位示意圖(Black bar=1mm)

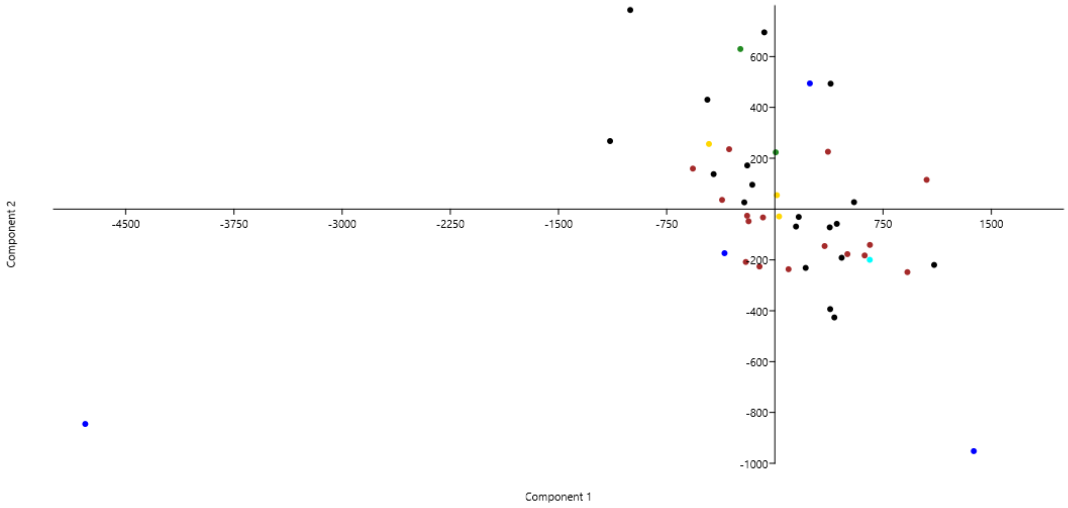


圖五、小眉眼蝶交尾器抱器幾何形態群集分析(cluster analysis)結果圖(n=45)

黑:金門
金:中國內陸(雲南、廣西)
深藍:泰國普吉島
棕:臺灣島
綠:海南島

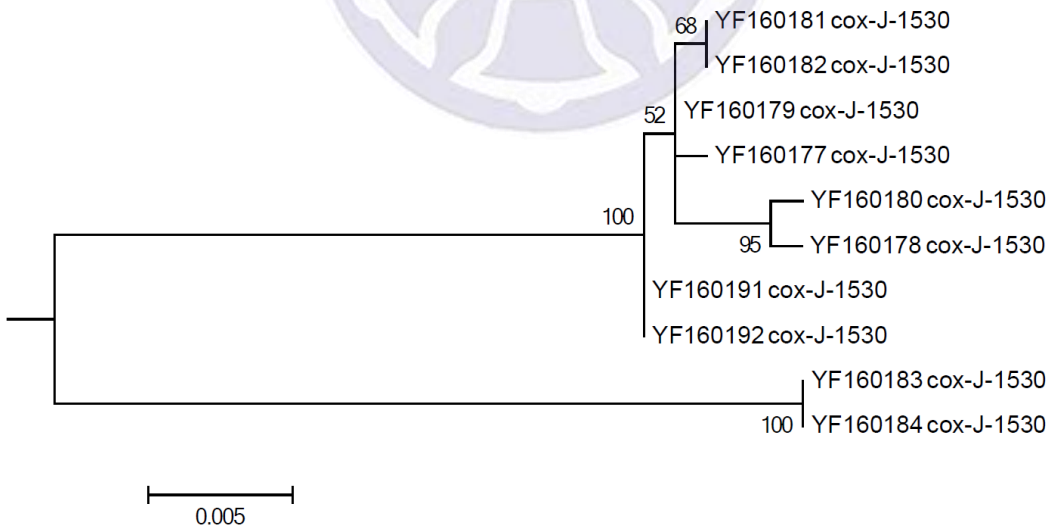


圖六、小眉眼蝶交尾器抱器點位主成分之顯著性測試圖。根據Jackson(1993)，有顯著影響的主成分僅有紅色虛線上方的前兩個主成分。



圖七、對五個小眉眼蝶族群之交尾器抱器二十五個地標點進行主成分分析後所得結果圖(n=45)，橫軸為主成分一，縱軸為主成分二。

黑:金門
金:中國內陸(雲南、廣西)
深藍:泰國普吉島
棕:臺灣島
綠:海南島



圖八、使用最大或然法(ML)做出的小眉眼蝶親緣關係樹(YF160191-192：金門；YF160177-182：臺灣；YF160183-184：泰國普吉島)