

# 低遺傳多樣性的易危植物濱槐之保育

## Low genetic diversity of the vulnerable *Ormocarpum cochinchinense* (Fabaceae: Papilionoideae) in Taiwan and implications for its conservation

黃啓俊\* 許再文

Chi-Chun Huang\* and Tsai-Wen Hsu

行政院農業委員會特有生物研究保育中心，南投縣集集鎮民生東路 1 號

Endemic Species Research Institute, Jiji, Nantou, Taiwan

\* 通訊作者：cchuang@tesri.gov.tw

\*Corresponding author: cchuang@tesri.gov.tw

### 摘要

濱槐 (*Ormocarpum cochinchinense* (Lour.) Merr.) 為豆科蝶形花亞科濱槐屬植物，在臺灣僅見於基隆和平島、綠島及蘭嶼，已被評為易危 (VU) 等級，為能確立其保育管理單位，本研究利用細胞核 internal transcribed spacer 及葉綠體 *trnH-psbA* 及 *trnL-trnF* 片段探討遺傳結構及分化，研究結果顯示分布在臺灣之濱槐遺傳多樣性極低，推測該物種曾受到基因漂變影響，喪失遺傳多樣性；族群間無分化推測可能與經由海流進行基因交流相關，而族群數量小及自花授粉亦為遺傳多樣性喪失原因之一。保育策略上建議應將 3 個族群視為 1 個管理單位，並以蘭嶼族群優先進行保育規劃，未來應收集種子與種苗進行域外保育，培育之個體可作為原生之景觀植物。

## Abstract

*Ormocarpum cochinchinense* (Lour.) Merr. (Fabaceae: Papilionoideae) has been categorized as a vulnerable species in Taiwan, as its distribution is restricted in Heping Island, Green Island (Lyudao), and Lanyu. To establish a management unit for species conservation, the nuclear internal transcribed spacer, as well as the chloroplast *psbA-trnH* and *trnL-trnF* regions were applied to assess the genetic structure and the level of population differentiation of *O. cochinchinense*. Low genetic diversity was detected in all three populations in Taiwan, suggesting that genetic drift has reduced their genetic variations. No differentiation among populations may be attributable to a high level of gene flow via ocean currents. The loss of genetic diversity may be also related to their small population size and self-fertilization. Three populations of *O. cochinchinense* should be integrated as one management unit. The population of Lanyu should be protected in priority. Seeds and seedlings should be collected for *ex situ* conservation, and those cultivated individuals could be used as native landscape plants.

## 緒言

臺灣為一大陸型島嶼，其島嶼上的物種與鄰近大陸物種親緣相近，因地理隔離使得地理分隔之物種趨向分化，尤其以高山物種最為顯著 (Chiang and Schaal, 2006; Chiang et al., 2006; Huang et al., 2011)，然而對於海濱物種而言，水流為其重要之傳播方式之一，植物繁殖體如枝條、種子或果實等經由水流進行傳播，使得分隔兩地的物

種或族群間產生基因交流 (Harwell and Orth, 2002; Nilsson et al., 2010)，如 Takayama et al., (2006, 2008) 研究分布太平洋及印度洋地區的黃槿 (*Hibiscus tiliaceus* L.) 族群均呈現低度分化；或是海流形成物理障蔽，使得不同側的物種或族群產生分隔，進而降低基因交流，如 Yamamoto et al., (2019) 研究分布西太平洋及印度洋地區的濱豇豆 (*Vigna marina* (Burm.) Merr.) 族群呈現

高度分化，推測因海流方向而產生地理隔離，進而造成族群分化。

物種族群間基因交流主要由花粉及種子傳播能力所影響，進而影響其遺傳結構，若基因交流受到阻礙，分隔的族群將趨向分化，反之若有頻繁之基因交流，即便長距離分隔的族群亦會有相似的遺傳組成 (Kudoh and Whigham, 1997)。被子植物的葉綠體片段主要為母系遺傳與種子傳播相關，而細胞核片段為雙系遺傳，與花粉及種子傳播相關 (Huang et al., 2011; Lee et al., 2018; Mccauley, 1994)，因此結合兩者分子標誌物將可了解花粉及種子傳播對於物種族群結構之影響。

受脅植物常因棲地破壞或過度採集等因素造成族群數量減少，使得基因漂變影響增大，易導致遺傳多樣性喪失，因此在面臨環境變遷下其適存度亦隨之降低，進而導致物種滅絕。受脅物種的保育應確認物種其分類地位及族群遺傳結構，在進行保育計畫時，應針對具高度遺傳多樣性，且為演化顯著單位 (Evolutionary Significant Unit, ESU) (Moritz, 1994, 1999) 的族群

優先管理；相較於演化顯著單位著重在於演化歷史，管理單位 (Management Unit, MU) 則著重於現今的族群動態，侷限的基因交流造就成不同之管理單位 (Funk et al., 2012; Coates et al., 2018)。Wang (2020) 針對受脅特有種四川牡丹 (*Paeonia decomposita* Hand.-Mazz.) 進行遺傳結構分析，顯示其野生族群保有較低之遺傳多樣性，因有較高之基因交流導致族群間低度分化，並確認三個管理單位供後續保育管理；Lee et al., (2018) 評估受脅特有種烏頭屬植物 (*Aconitum austroko-reense* Koidz.) 之遺傳組成，顯示其遺傳多樣性低，且族群間呈現顯著遺傳分化，符合距離隔離模型 (isolation by distance)，推測該物種曾遭遇嚴重之瓶頸效應 (bottleneck effect)，持續的棲地破壞及侷限之傳播能力可能加速該物種滅絕。因此，在進行保育工作之前，除了瞭解物種現況之外，結合遺傳結構研究，並應用於管理策略的擬定上，有助於達成物種保育目標。

豆科濱槐屬植物，大約有 20 種，主要分佈在熱帶非洲，但也分佈在馬

達加斯加、非洲南部、阿拉伯南部到菲律賓、澳大利亞北部和斐濟 (Thulin and Lavin, 2001)，臺灣產濱槐 (*Ormocarpum cochinchinense* (Lour.) Merr.) 1 種，僅見於基隆和平島、綠島及蘭嶼等地，2017 臺灣維管束植物紅皮書名錄中將其列為易危 (VU) 等級 (Editorial Committee of the Red List of Taiwan Plants, 2017)。該物種萃取物具有藥用潛力，可用於抗癌及骨頭修復等 (Kumar et al., 2013; Gnanavel et al., 2017)，Lim et al., (2019) 指出該物種在新加坡已列入 Species Recovery Programme，藉由收集種子及枝條進行復育，並重新種回海岸地區以維持族群數量，唯缺乏族群遺傳結構方面研究。因此，本研究目的如下：

1. 探討分布於臺灣之濱槐葉綠體及細胞核片段遺傳組成差異。
2. 探討遺傳分化及族群遺傳結構。
3. 建立該物種之管理單位，並評估可行之保育策略。

## 材料與方法

### 採樣地點

本研究採樣地點分別為北臺灣的基隆市和平島、台東縣綠島鄉及蘭嶼鄉等地，取新鮮葉片 3-5 片以乾燥劑乾燥後帶回實驗室進行後續實驗。

### DNA 萃取及定序

將乾燥之葉片以 cetyltrimethylammonium bromide (CTAB) 方式 (Doyle and Doyle, 1987)，萃取植物組織中的 genomic DNA。利用細胞核 internal transcribed spacer (nrDNA) (Chiang et al., 2001)、葉綠體 *trnH-psbA* (Shaw et al., 2005) 及葉綠體 *trnL-trnF* (Taberlet et al., 1991) 片段引子以聚合酵素 (Promega, GoTaq® Green Master Mix, USA) 在溫度循環器 (Applied Biosystems, MiniAmp Plus Thermal Cycler, Singapore) 擴增出 DNA，在總體積 50 $\mu$ l 的反應液中加入 25 mL 聚合酵素，濃度 2 $\mu$ M 的引子各 5 $\mu$ l，最後加入 10ng DNA，以無菌水補足 50 $\mu$ l。聚合酵素反應在溫度循環機進行，共進行 30 個循環，每個循環流程為：92°C，45 秒，將 DNA 的雙股變性打

開 (denaturation) : 55°C , 1 分 15 秒 , 使 DNA 與 引子 結 合 (annealing) : 72°C , 1 分 15 秒 , 進 行 DNA 延 伸 反 應 (extension) , 最 後 在 72°C 作 用 10 分 鐘 。 PCR 結 束 後 , 取 5 $\mu$ l 的 PCR 產 物 加 上 1 $\mu$ l 6 倍 的 染 色 溶 液 , 在 1% 瓊 脂 凝 膠 中 以 100 伏 特 電 壓 跑 電 泳 約 30 分 鐘 , 經 過 溴 化 乙 啶 螢 光 染 劑 (BioVision, USA) 處 理 後 , 配 合 所 選 用 的 DNA ladder 當 分 子 大 小 的 標 記 , 並 在 紫 外 線 燈 下 顯 色 及 拍 照 。 選 擇 合 適 之 片 段 送 往 生 技 公 司 以 毛 細 管 自 動 核 酸 定 序 儀 (Applied Biosystems, ABI 3730XL, USA) 進 行 定 序 。

#### 序 列 及 族 群 遺 傳 分 析

將 定 序 完 成 之 序 列 以 Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) X (Kumar et al., 2018) 進 行 比 對 及 排 列 , 比 較 彼 此 間 鹼 基 對 替 換 (transition; 兩 個 嘍 吟 或 嘧 啶 間 的 突 變 , A/G 或 T/C 突 變 ) 及 鹼 基 對 顛 換 (transversion; 嘍 吟 與 嘧 啶 間 的 突 變 , T.C/A.G 突 變 ) 的 發 生 頻 率 及 比 值 , 來 計 算 濱 槐 的 序 列 變 化 。

將 NCBI 資 料 庫 (National Center

for Biotechnology Information; <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) 濱 槐 屬 植 物 及 近 緣 物 種 之 細 胞 核 internal transcribed spacer (nrDNA) 和 葉 綠 體 *trnL-trnF* 片 段 與 本 研 究 之 濱 槐 利 用 RAxML (Kozlov et al., 2019) 程 式 以 Maximum likelihood 方 式 重 建 親 緣 樹 狀 圖 。

以 DnaSP 6 (Rozas et al., 2017) 計 算 族 群 內 及 族 群 間 的 遺 傳 多 樣 性 。 以 單 型 多 樣 性 (haplotype diversity) (Nei and Tajima, 1983) 及 以 核 甘 酸 多 樣 性 (nucleotide diversity) (Jukes and Cantor, 1969) 估 算 族 群 內 的 遺 傳 多 樣 性 。 估 算 族 群 間 的 遺 傳 分 化 , 並 根 據  $F_{ST} = 1 / (1 + 2Nm)$  的 公 式 , 估 計 族 群 間 可 能 的 基 因 交 流 , 其 中 N 中 是 表 示 族 群 中 個 體 的 有 效 族 群 量 , m 表 示 個 體 的 遷 徙 能 力 , 當  $F_{ST}$  值 愈 高 , 族 群 間 的 遺 傳 分 化 程 度 就 愈 大 。

#### 結 果 與 討 論

臺 灣 濱 槐 之 生 育 地 環 境 及 植 株 特 徵 如 圖 1 , 本 研 究 採 集 位 置 如 圖 2 , 採 樣 數 目 分 別 為 和 平 島 6 個 、 綠 島 10 個 和 蘭 嶼 12 個 樣 本 , 共 3 個 族 群 28 個 樣 本 , 利 用 PCR 成 功 增 幅 細 胞 核 in-

ternal transcribed spacer (nrDNA) 及葉綠體 *trnH-psbA* 及 *trnL-trnF* 片段 (表 1)，其序列經比對後長度分別為 642、348 及 991 鹼基對，nrDNA、*trnH-psbA* 及 *trnL-trnF* 片段 GC content 比值分別為 57.3%、30.8% 及 33.3%。

將 NCBI 之濱槐屬植物及本研究之濱槐 nrDNA 片段共 19 個分類群以 Maximum likelihood 方式重建之親緣關係樹 (圖 3)，濱槐與 *O. orientale* (Spreng.) Merr. 最為近緣 (NCBI 編號：AF068159)，World Flora Online 指出 *O. orientale* 為濱槐之同物異名 (WFO, 2022)，確認分布於臺灣之濱槐分類地位。nrDNA 及 *trnH-psbA* 片段在種內均無變異，均僅有一個單型 (haplotype)，核苷酸及單型多樣性均為 0，比較族群間之遺傳多樣性及族群分化指數 (*FST*) 均為 0。*trnL-trnF* 片段在種內具有 2 個單型，核苷酸及單型多樣性分別為 0.00015 及 0.148，比較族群間之遺傳差異，臺灣濱槐族群間分化指數 (*FST*) 為 0 - 0.09 (表 2)；相較於和平島及綠島僅有 1 個單型，蘭嶼族群保有較高之遺傳多樣性。選用具有

變異之 *trnL-trnF* 片段重建臺灣濱槐之親緣樹狀圖 (圖 4)，並以 NCBI 資料庫之 *Dalbergia oliveri* Gamble ex Prain (NCBI 編號：MN823694) 作為外群，結果顯示 3 個族群均聚在一起，僅蘭嶼族群具有變異。

### 遺傳多樣性探討

保育的目的在於維持物種之多樣性，維持其原生棲地及野生族群數量為重要課題之一，然而若棲地破壞及族群數量下降通常會導致物種之遺傳多樣性下降，一旦族群數量過低，近親交配及遺傳漂變將會導致遺傳多樣性降低 (Frankham et al., 2002; Spigler et al., 2017)。因族群小且棲地破碎化導致僅保有較低之遺傳多樣性，在遺傳多樣性喪失的情況下，可能導致物種適存度降低，無法適應環境變遷而滅絕 (Vranckx et al., 2012)。島嶼因地理位置的獨特性，保有較高之物種特有比例，但其物種可能都來自於少量之個體拓殖，這種奠基者效應 (founder effect) 下所移入之物種，通常僅保有較低之遺傳多樣性，因族群數量少且容易近親交配，產生較高之同型合子

比例，較容易累積有害之突變，引起近親衰退 (Hamabata et al., 2019)。濱槐在臺灣的分布侷限於北部基隆市和平島、東部台東縣綠島鄉及蘭嶼鄉，其分布較為狹隘，且野生族群數量相對少，本研究利用分子標誌物評估濱槐之遺傳多樣性，該種在細胞核或葉綠體片段均僅有 1-2 單型，顯示濱槐分布於臺灣之遺傳多樣性極低，推測該物種曾受到基因漂變影響，使得遺傳多樣性喪失，此一現象常見於受脅物種 (Szczecińska et al., 2016; Wang, 2020)。

#### 族群分化及基因交流探討

比較臺灣之濱槐族群，nrDNA 及 *trnH-psbA* 均無變異，*trnL-trnF* 族群間之分化指數為 0- 0.09，顯示族群間無或低度分化，推測可能原因為：(1) 受到基因漂變影響，使得稀有對偶基因喪失，僅留下常見的對偶基因，造成族群間無分化；(2) 基因交流導致族群間無分化，海濱植物傳播通常與海流相關，並進行長距離傳播，使得地理分隔之族群呈現低度分化 (Harwell and Orth, 2002; Nilsson et al., 2010)；臺灣

亦有相似案例，如津田氏大頭竹節蟲 (*Megacrania tsudai* Shiraki)，該物種僅分布於恆春半島及綠島，結果顯示族群全無遺傳變異，推論該物種源自一小族群或少數個體經由海流遷徙至臺灣 (Wu et al., 2012)；臺灣之濱槐族群間在 nrDNA 及葉綠體片段均呈現無或低度分化，代表不論是經由花粉或種子傳播方式，其族群間均有較高基因交流，推測可能與海流相關，即便分隔之族群間可能藉由海流進行長距離傳播，使得族群間無分化。此外，族群內低度分化可能與自花授粉機制有關 (Huang et al., 2019)，黃豬屎豆 (*Crotalaria micans* Link) 與濱槐同為蝶形花亞科 (Papilionoideae) 植物，因其蝶形花的龍骨瓣特徵，在缺少授粉者的狀態下，藉由改變雄蕊及雌蕊相對位置或同時成熟，可自花授粉並產生可孕之種子 (Etcheverry et al., 2003)。推測濱槐因族群數量少，可能缺乏授粉者的協助，該物種偏向以自花授粉方式繁衍，進而造成基因窄化現象。

#### 保育策略建議及未來展望

保育目的在於維護生物多樣性，

確定管理單位為保育重要目標之一，應將具有不同之遺傳組成之族群視為不同之管理單位，本研究利用 nrDNA 及葉綠體片段進行分布於臺灣之濱槐遺傳組成分析，顯示現有三個分隔之族群間並無遺傳分化，在保育策略上建議應將其視為同一管理單位進行規劃，然而蘭嶼較其他兩個族群保有完整的二個葉綠體 *trnL-trnF* 基因型而有較多遺傳多樣性，應列為優先保育及復育之族群。濱槐已列為易危等級植物，後續可比照新加坡模式，收集根藥苗、種子與種苗進行培育，培育之個體可作為原生之景觀植物，優先用於海濱地區造林等。未來應持續收集濱槐樣本，建立種原之遺傳資料庫。

相較於細胞核及葉綠體 DNA 片段，微衛星 DNA (simple sequence repeat; SSR) 與單核苷酸多型性 (Single nucleotide polymorphism; SNP) 等分子指紋 (DNA fingerprinting) 技術提供了幾近中性且代表整個基因體之分子標記，其對偶基因的特性更提供了估算族群中異型基因合子和遺傳變異以及族群間遺傳分化程度的可能；物種

族群遺傳結構受繁殖策略及傳播模式所影響，有關濱槐生殖、種子及花粉傳播方式等仍需更多佐證資料，後續可針對濱槐族群進行微衛星 DNA 與 SNP 篩選、生殖及傳播模式試驗等，並應用於評估族群動態，提供更加完整的生態及遺傳資訊，用以後續修正並提出合適之保育策略。

### 致謝

本研究感謝兩位委員的審查與建議，交通部觀光局東部海岸國家風景區管理處、國家科學及技術委員會及農業委員會科技計畫提供研究經費，特有生物研究保育中心志工協助野外調查，李碧鳳提供和平島材料與圖片，陳奕銘提供蘭嶼材料，郭姿宜同學拍攝花粉。

### 引用文獻

- Chiang, T. Y., and B. A. Schaal. 2006. Phylogeography of plants in Taiwan and the Ryukyu Archipelago. *Taxon* 55:31-41.
- Chiang, T. Y., K. H. Hong, and C. I.

- Peng. 2001. Experimental hybridization reveals biased inheritance of the internal transcribed spacer of the nuclear ribosomal DNA in *Begonia* × *taipeiensis*. *Journal of Plant Research* 114: 343-351.
- Chiang, Y. C., K. H. Hung, B. A. Schaal, X. J. Ge, T. W. Hsu, and T. Y. Chiang. 2006. Contrasting phylogeographical patterns between mainland and island taxa of the *Pinus luchuensis* complex. *Molecular Ecology* 15: 765-779.
- Coates, D. J., M. Byrne, and C. Moritz. 2018. Genetic diversity and conservation units: Dealing with the species-population continuum in the age of genomics. *Frontiers in Ecology and Evolution* 6: 165.
- Doyle, J. J., and J. L. Doyle. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin* 19: 11-15.
- Editorial Committee of the Red List of Taiwan Plants. 2017. The Red List of Vascular Plants of Taiwan, 2017. Endemic Species Research Institute, Forestry Bureau, Council of Agriculture, Executive Yuan and Taiwan Society of Plant Systematics.
- Etcheverry, A. V., J. J. Protomastro, and C. Westerkamp. 2003. Delayed autonomous self-pollination in the colonizer *Crotalaria micans* (Fabaceae: Papilionoideae): Structural and functional aspects. *Plant Systematics and Evolution* 239: 15-28.
- Frankham, R., J. D. Ballou, and D. A. Briscoe. 2002. *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge University Press, Cambridge, pp.
- Funk, W. C., J. K. McKay, P. A. Hohenlohe, and F. W. Allendorf. 2012. Harnessing genomics for delineating conservation units. *Trends in Ecology and Evolution* 27: 489-496.
- Gnanavel, V., V. Palanichamy, and S. M. Roopan. 2017. Biosynthesis and characterization of copper oxide nanoparticles and its anticancer ac-

- tivity on human colon cancer cell lines (HCT-116). *Journal of Photochemistry and Photobiology B: Biology* 171: 133-138.
- Hamabata, T., G. Kinoshita, K. Kurita, P. L. Cao, M. Ito, J. Murata, Y. Komaki, Y. Isagi, and T. Makino. 2019. Endangered island endemic plants have vulnerable genomes. *Communications Biology* 2: 244.
- Harwell, M. C., and R. J. Orth. 2002. Long-distance dispersal potential in a marine macrophyte. *Ecology* 83: 3319-3330.
- Huang, C. C., K. H. Hung, C. C. Hwang, J. C. Huang, H. du Lin, W. K. Wang, P. Y. Wu, T. W. Hsu, and T. Y. Chiang. 2011. Genetic population structure of the alpine species *Rhododendron pseudochrysanthum* sensu lato (Ericaceae) inferred from chloroplast and nuclear DNA. *BMC Evolutionary Biology* 11: 108.
- Huang, R., Q. H. Chu, G. H. Lu, and Y. Q. Wang. 2019. Comparative studies on population genetic structure of two closely related selfing and outcrossing *Zingiber* species in Hainan Island. *Scientific Reports* 9: 17997.
- Jukes, T. H., and C. R. Cantor. 1969. Evolution of protein molecules; pp. 21-132 in H. N. MUNRO (ed.), *Mammalian protein metabolism*. vol. III. Academic Press, New York.
- Kozlov, A. M., D. Darriba, T. Flouri, B. Morel, and A. Stamatakis. 2019. RAxML-NG: A fast, scalable and user-friendly tool for maximum likelihood phylogenetic inference. *Bioinformatics* 35: 4453-4455.
- Kudoh, H. and D. F. Whigham. 1997. Microgeographic genetic structure and gene flow in *Hibiscus moscheutos* (Malvaceae) populations. *American Journal of Botany* 84: 1285.
- Kumar, M. D., K. M. M. John, and S. Karthik. 2013. The bone fracture-healing potential of *Ormocarpum cochinchinense*, methanolic extract on albino wistar rats. *Journal*

- of Herbs, Spices and Medicinal Plants 19: 1-10.
- Kumar, S., G. Stecher, M. Li, C. Knyaz, and K. Tamura. 2018. MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution* 35: 1547-1549.
- Lee, S. R., J. E. Choi, B. Y. Lee, J. N. Yu, and C. E. Lim. 2018. Genetic diversity and structure of an endangered medicinal herb: implications for conservation. *AoB PLANTS* 10: p1021.
- Lim, R. C. J., J. Leong-Škorničková, S. Lindsay, M. A. Niisalo, T. W. Yam, and D. J. Middleton. 2019. Plant conservation in Singapore II: practical implementation; pp. 83-106 in D. J. Middleton, J. Leong-Škorničková, and S. Lindsay (eds.), *Flora of Singapore*. vol. 1.
- Mccauley, D. E. 1994. Contrasting the distribution of chloroplast DNA and allozyme polymorphism among local populations of *Silene alba*: implications for studies of gene flow in plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 91: 8127-8131.
- Moritz, C. 1994. Defining “Evolutionarily Significant Units” for conservation. *Trends in Ecology and Evolution* 9: 373-375.
- Moritz, C. 1999. Conservation units and translocations: Strategies for conserving evolutionary processes. *Hereditas* 130: 217-228.
- Nei, M., and F. Tajima. 1983. Maximum likelihood estimation of the number of nucleotide substitutions from restriction sites data. *Genetics* 105: 207-217.
- Nilsson, C., R. L. Brown, R. Jansson, and D. M. Merritt. 2010. The role of hydrochory in structuring riparian and wetland vegetation. *Biological Reviews* 85: 837-858.
- Rozas, J., A. Ferrer-Mata, J. C. Sanchez-DelBarrio, S. Guirao-Rico, P.

- Librado, S. E. Ramos-Onsins, and A. Sanchez-Gracia. 2017. DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. *Molecular Biology and Evolution* 34: 3299-3302.
- Shaw, J., E. B. Lickey, J. T. Beck, S. B. Farmer, W. Liu, J. Miller, K. C. Siripun, C. T. Winder, E. E. Schilling, and R. L. Small. 2005. The tortoise and the hare II: Relative utility of 21 noncoding chloroplast DNA sequences for phylogenetic analysis. *American Journal of Botany* 92: 142-166.
- Spigler, R. B., K. Theodorou, and S. M. Chang. 2017. Inbreeding depression and drift load in small populations at demographic disequilibrium. *Evolution* 71: 81-94.
- Szczecińska, M., G. Sramko, K. Wołosz, and J. Sawicki. 2016. Genetic diversity and population structure of the rare and endangered plant species *Pulsatilla patens* (L.) Mill in east Central Europe. *PLoS ONE* 11: e0151730.
- Taberlet, P., L. Gielly, G. Pautou, and J. Bouvet. 1991. Universal primers for amplification of three non-coding regions of chloroplast DNA. *Plant Molecular Biology* 17: 1105-1109.
- Takayama, K., T. Kajita, J. Murata, and Y. Tateishi. 2006. Phylogeography and genetic structure of *Hibiscus tiliaceus* - Speciation of a pantropical plant with sea-drifted seeds. *Molecular Ecology* 15: 2871-2881.
- Takayama, K., Y. Tateishi, J. Murata, and T. Kajita. 2008. Gene flow and population subdivision in a pantropical plant with sea-drifted seeds *Hibiscus tiliaceus* and its allied species: Evidence from microsatellite analyses. *Molecular Ecology* 17: 2730-2742.
- Thulin, M., and M. Lavin. 2001. Phylogeny and biogeography of the *Ormocarpum* group (Fabaceae): A new genus *Zygocarpum* from the Horn

- of Africa region. *Systematic Botany* 26: 299-317.
- Vranckx, G., H. Jacquemyn, B. Muys, and O. Honnay. 2012. Meta-analysis of susceptibility of woody plants to loss of genetic diversity through habitat fragmentation. *Conservation Biology* 26: 228-237.
- Wang, S. Q. 2020. Genetic diversity and population structure of the endangered species *Paeonia decomposita* endemic to China and implications for its conservation. *BMC Plant Biology* 20: 510.
- WFO. 2022. *Ormocarpum cochinchinense* (Lour.) Merr. Internet: <http://www.worldfloraonline.org/taxon/wfo-0000186600>.
- Wu, I.-H., Y.-Y. Chen, P.-S. Yang, and Yeh Wen-Bin. 2012. Lack of Genetic Variation Shows the Urgency of Conservation for *Megacrania tsudai* Shiraki (Phasmatodea: Phasmatidae). *Formosan Entomologist* 32: 97-105.
- Yamamoto, T., Y. Tsuda, K. Takayama, R. Nagashima, Y. Tateishi, and T. Kajita. 2019. The presence of a cryptic barrier in the West Pacific Ocean suggests the effect of glacial climate changes on a widespread sea-dispersed plant, *Vigna marina* (Fabaceae). *Ecology and Evolution* 9: 8429-8440.

表 1. 分布於台灣之濱槐採樣資訊及遺傳多樣性。

Table 1. List of sampling locations, nucleotide diversities, and haplotype diversities of the *nrDNA*, *trnH-psbA*, and *trnL-trnF* regions sequences of *Ormocarpum cochinchinense* in Taiwan.

species	location	code	longitude	latitude	sample	nrDNA		<i>trnH-psbA</i>		<i>trnL-trnF</i>	
					size	nucleotide diversity	haplotype diversity	nucleotide diversity	haplotype diversity	nucleotide diversity	haplotype diversity
<i>O. cochinchinense</i>					28	0	0	0	0	0.00015	0.148
	和平島	HP	121.769	25.157	6	0	0	0	0	0	0
	綠島	LD	121.472	22.656	10	0	0	0	0	0	0
	蘭嶼	LY	121.550	22.044	12	0	0	0	0	0.00031	0.303

表 2. 以 *trnL-trnF* 估算濱槐的族群分化指數。HP: 和平島；LD：綠島；LY：蘭嶼。Table 2. Pairwise *F<sub>ST</sub>* between pairs of populations from *trnL-trnF* for *Ormocarpum cochinchinense*. HP: Heping Island; LD: Lyudao; LY: Lanyu.

	HP	LD	LY
HP	-		
LD	0	-	
LY	0.09	0.09	-

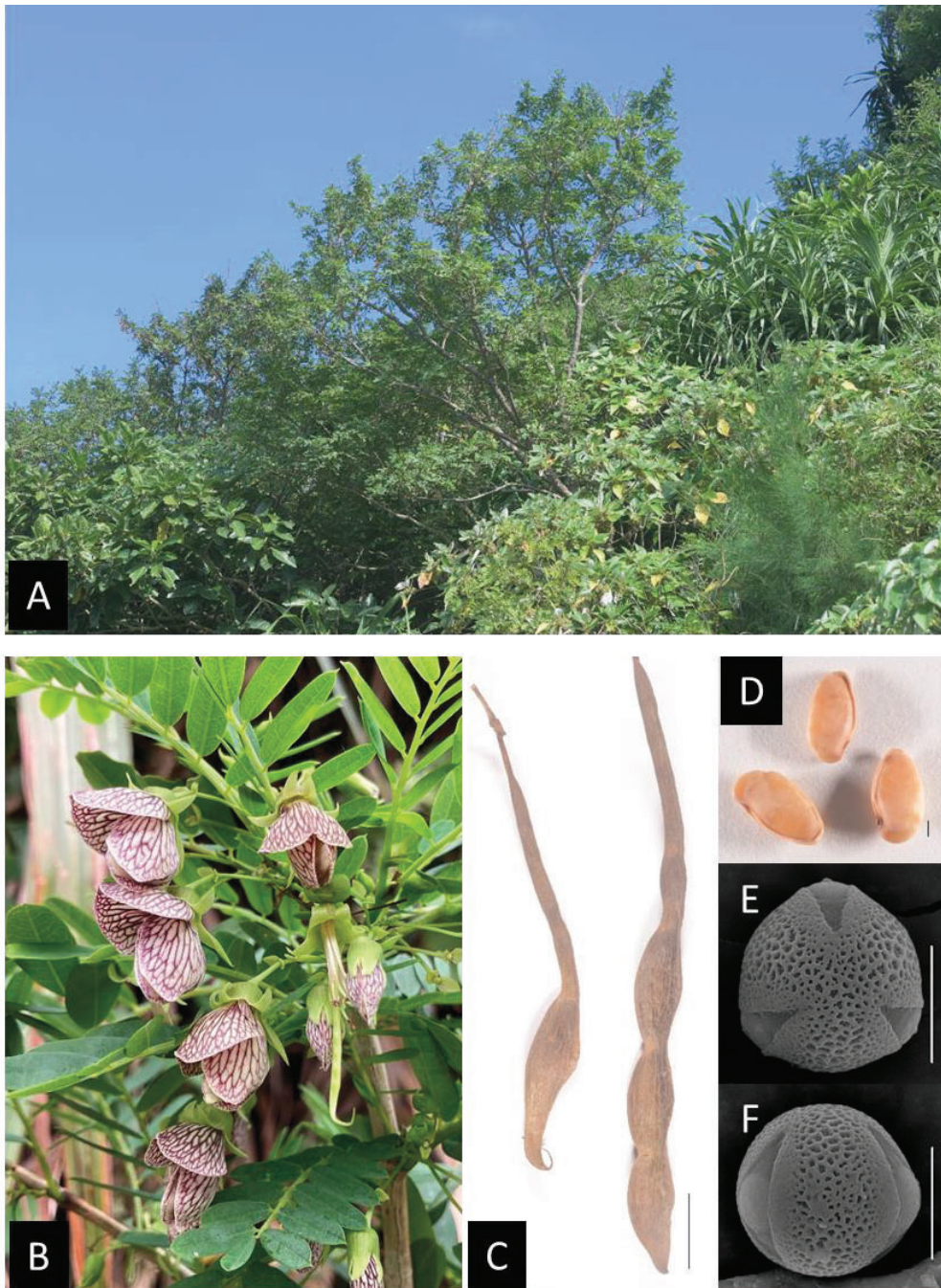


圖 1. 濱槐 A, 生育地 ; B, 花枝 ; C, 果 ; D, 種子 ; E, F, 掃描式電子顯微鏡之花粉 (比例尺 : C = 1 cm, D = 1 mm; E, F = 10  $\mu$ m)。

Fig. 1. *Ormocarpum cochinchinense* (Lour.) Merr. A, habit; B, branch with flower; C, fruits; D, seeds; E, F, SEM photographs of pollen (scale bar: C = 1 cm, D = 1 mm; E, F = 10  $\mu$ m).

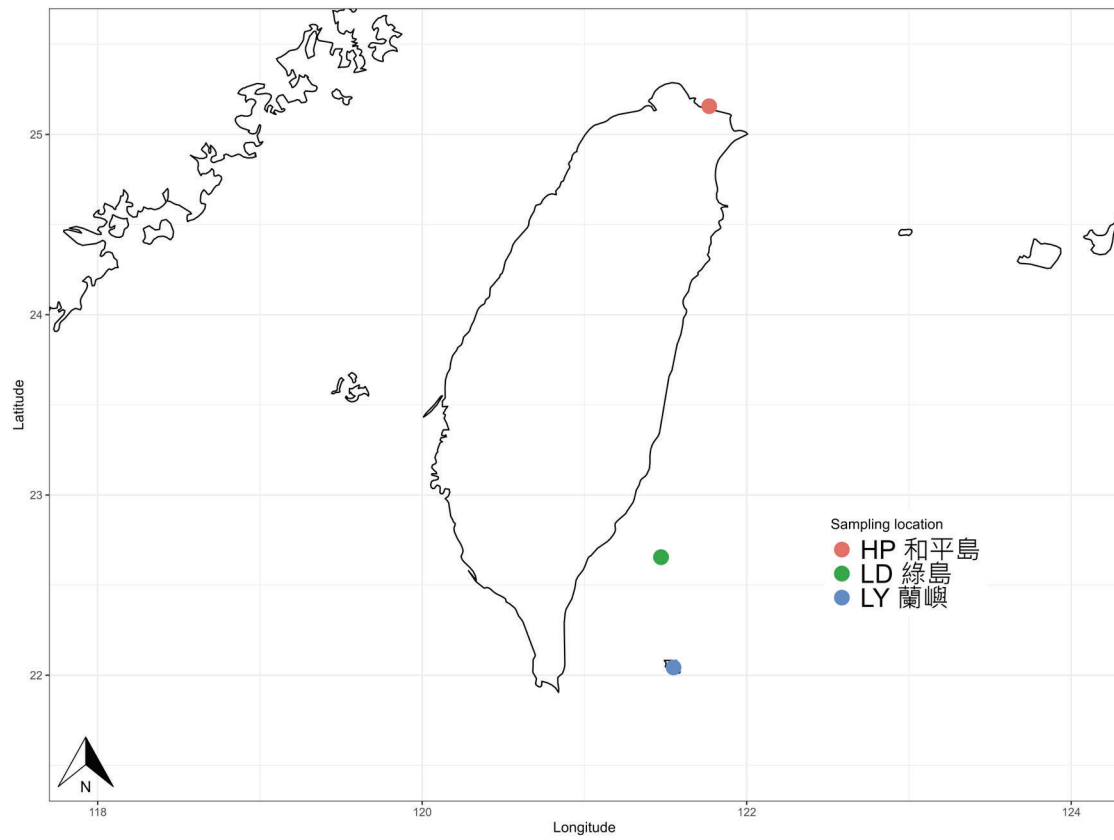


圖 2. 分布於臺灣之濱槐族群採樣位置。

Fig. 2. The sampling locations of *Ormocarpum cochinchinense* in Taiwan.

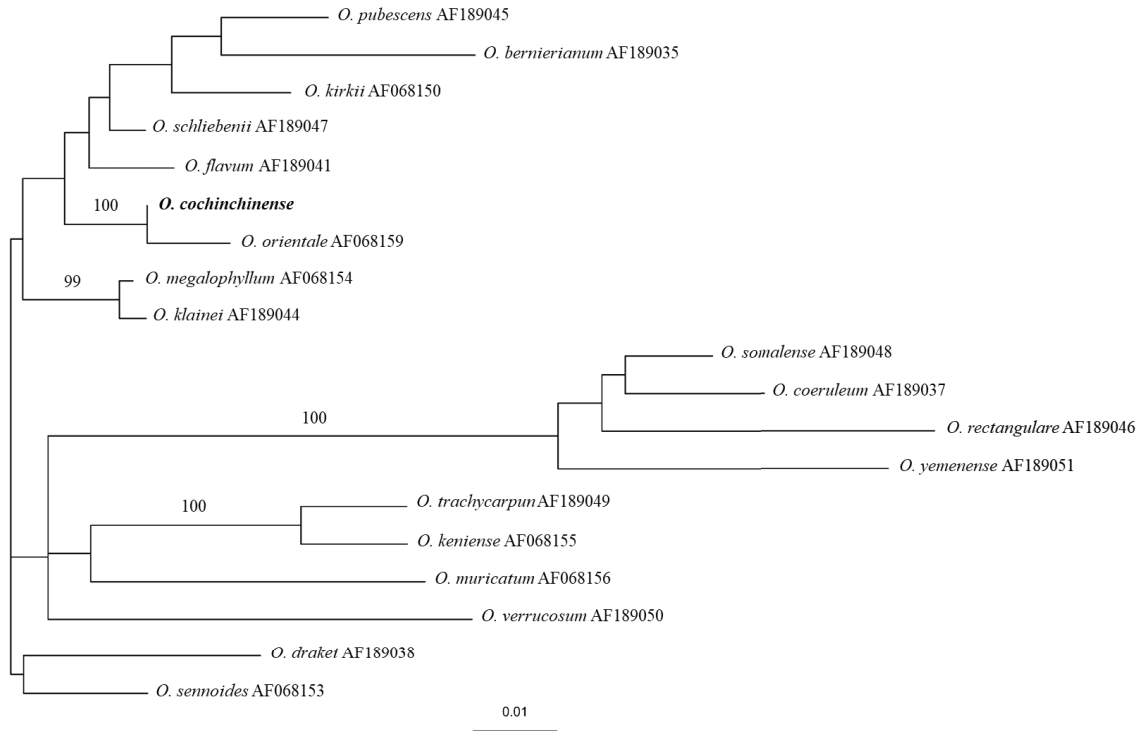


圖 3. 以 Maximum Likelihood 方式重建之濱槐屬植物親緣樹狀圖，分支數字為 bootstrap 值 (>70)，學名後面為 NCBI 資料庫編號。

Fig. 3. The maximum likelihood tree of nrDNA of *Ormocarpum*. Numbers at nodes indicate bootstrap value (>70).



圖 4. 以 Maximum Likelihood 方式重建之濱槐屬植物親緣樹狀圖，以 *Dalbergia oliveri* 為外群。  
HP: 和平島；LD：綠島；LY：蘭嶼。

Fig. 4. The maximum likelihood tree of *trnL-trnF* of *Ormocarpum*. HP: Heping Island; LD: Lyudao; LY: Lanyu.