

國立臺灣大學生命科學院生態學與演化生物學研究所

碩士論文

Institute of Ecology and Evolutionary Biology

College of Life Science

National Taiwan University

Master's Thesis



使用全基因組單核苷酸多型性探討台灣白線斑蚊的地

景基因體學

Landscape genomics of *Aedes albopictus* in Taiwan

using genome-wide SNPs

張永朋

Yung-Peng Chang

指導教授：王弘毅 博士

黃旌集 博士

Advisor: Hurng-Yi Wang, Ph.D.

Chin-Gi Huang, Ph.D.

中華民國 114 年 7 月

July 2025

國立臺灣大學碩士學位論文
口試委員會審定書

使用全基因組單核苷酸多型性探討台灣白線斑蚊的地
景基因體學

Landscape genomics of *Aedes albopictus* in Taiwan
using genome-wide SNPs

本論文係張永朋君(R10B44011)在國立臺灣大學生態學
與演化生物學研究所完成之碩士學位論文，於民國114年7月
24日承下列考試委員審查通過及口試及格，特此證明

口試委員：

國立臺灣大學臨床醫學研究所(指導教授)

王弘毅 博士

王弘毅

國家衛生研究院國家蚊媒傳染病防治研究中心

黃旌集 博士

黃旌集

長榮大學生物系名譽教授

陳錦生 博士

陳錦生

長庚大學公共衛生暨寄生蟲學科名譽教授

陳維鈞 博士

陳維鈞

所長

何傳愷

(簽名)

誌謝



在研究歷程的尾聲，我想向所有曾經在這段旅程中給予我幫助與陪伴的人們，表達我最誠摯的感謝。

首先，衷心感謝我的指導教授王弘毅老師，在研究期間提供悉心且細膩的指導。老師對於每一個分析步驟的嚴謹要求，不僅培養了我在科學研究中的謹慎態度，更讓我深刻理解科學研究誠信與邏輯思考的重要性。老師平時亦關心實驗室成員的生活與情緒，時常鼓勵我們、請大家吃好吃的紓解壓力，並身教言教地傳授我們許多做人的道理，是我在研究與人生道路上深受敬重的良師。

感謝國家衛生研究院黃旌集老師擔任本研究之共同指導老師，提供我關於蚊子生態與行為的寶貴知識，並於研究方向上給予具啟發性的建議。同時，亦誠摯感謝國家衛生研究院國家蚊媒傳染病防治研究中心的同仁們，協助提供本研究所需之樣本。若無這些珍貴樣本，本研究將無從展開。在分析過程中，亭君學姊在GIS 操作與空間資料處理方面提供了許多技術支援，也讓我受益良多。

在實驗室中，特別感謝睿紘學長在分析思路與程式操作上給予我許多幫助，也陪我一起種植物、照顧小動物，成為我在研究之餘的重要慰藉。感謝宇恩學長與冠蓁助理在實驗操作與分生知識上的協助，讓我能順利完成各項實驗工作。奕承學長作為實驗室第一位投入蚊子族群遺傳研究的前輩，不僅在實驗與程式分析上提供許多寶貴經驗，也為我開啟了研究此主題的可能性。感謝吳鈞學長陪我探索實驗室附近的美食，讓忙碌的研究生活增添許多樂趣；感謝宗翰、翊倫與宇晨一同度過撰寫論文的艱辛階段，並在許多新分析方法上提供交流與建議，是我非常珍惜的夥伴。此外，謝謝芷琳、子傑、宥羽、麥德、允芃、Carina、庭恩、毓蓉與敦楷，是你們的陪伴讓這段研究旅程充滿歡笑與溫暖。

謹此感謝口試委員陳錦生老師、陳維鈞老師與黃旌集老師於口試過程中給予的鼓勵與建議，使本研究得以更加完善。我也要特別感謝謝佳宏老師，是他讓我有機會接觸族群遺傳領域，並進一步來到王老師的實驗室展開這段寶貴的學習旅

程。

最後，我很榮幸能在畢業前獲得生命科學院院長獎，這份殊榮的背後，離不開老師和實驗室所有成員在學術與生活上的協助與陪伴。同時，也誠摯感謝我的家人，感謝你們始終如一的關心與在經濟上的支持，使我得以無後顧之憂地專注於研究，順利完成這段學術旅程。



摘要



白線斑蚊 (*Aedes albopictus*) 為全球重要病媒蚊種之一，具高度擴散潛能與生態可塑性，其在台灣的遺傳結構與基因流動模式對疾病傳播風險與防治策略具有關鍵意義。本研究運用雙限制酶切位點關聯 DNA 定序技術 (ddRAD-seq)，結合兩階段系統性採樣設計，針對台灣本島共 416 筆白線斑蚊樣本進行族群遺傳分析，以全面描繪其遺傳組成、親緣關係與環境因子影響。

運用 ddRAD-seq 獲得數萬個高品質單核苷酸多態性 (SNP) 位點，針對台灣白線斑蚊進行族群遺傳結構與基因流動分析。第一階段於南部都市地區密集採樣，第二階段則以 10 平方公里網格於全島範圍內系統性取樣，建立涵蓋多樣棲地的代表性樣本集。分析結果顯示，白線斑蚊整體遺傳多樣性中等，族群間遺傳組成相對均質，未呈現明確地理分化；但在部分樣本中，意外發現與地形高度相關的微弱分化現象，顯示中央山脈與西部都市區間可能潛藏山區族群與平地都市族群之遺傳結構差異。親緣分析亦發現部分近親樣本對相隔數十至百公里，反映該物種具有長距離基因交流潛力，可能受交通或人為因素促進。

遺傳與地理距離相關性分析顯示，地理距離對白線斑蚊遺傳差異的解釋力有限，整體未呈現明顯的距離隔離現象。進一步的空間分析顯示，山區與都市平地族群間存在潛在的基因交流阻力邊界，顯示地形與棲地環境可能對遺傳連通性造成干擾。為進一步探討此現象與環境因子之間的關聯性，本研究分析八項地景與氣候因子對基因流動的影響，結果顯示無單一因子具主導性作用，推測多重環境因子共同調控基因交流模式。另針對山區與都市族群間顯著分化的基因進行功能富集分析，結果顯示相關基因主要涉及神經發育、行為調控與細胞訊號傳導等功能，可能與族群對不同環境條件的適應差異有關。

綜上所述，本研究建立白線斑蚊於台灣之高解析度族群遺傳圖譜，揭示其高度基因流動特性與環境交互作用下的遺傳結構樣態，拓展對其族群動態與演化潛力之理解，亦為病媒生物相關研究與風險評估提供參考依據。

關鍵詞:白線斑蚊、雙切限制酶片段 DNA 定序法、遺傳結構、族群遺傳學、地景
遺傳學、親源分析



ABSTRACT



Aedes albopictus is one of the most important vector mosquito species worldwide, characterized by high dispersal potential and ecological plasticity. Understanding its genetic structure and gene flow patterns is critical for assessing disease transmission risk and informing control strategies. In this study, we applied double-digest restriction-site associated DNA sequencing (ddRAD-seq), combined with a two-phase systematic sampling strategy, to analyze 416 individuals of *Ae. albopictus* collected across Taiwan. Our aim was to comprehensively characterize genetic composition, kinship relationships, and the influence of environmental factors on population genetic variation.

Using ddRAD-seq, we obtained tens of thousands of high-quality single nucleotide polymorphisms (SNPs) for downstream population genomic analyses. The first phase involved intensive sampling in urban areas of southern Taiwan, while the second phase employed a 10 km² grid-based sampling scheme covering a wide range of habitats across the island. Results revealed moderate genetic diversity and largely homogeneous genetic composition across populations, with no strong geographic differentiation. However, subtle genetic structuring associated with elevation was detected, suggesting potential differentiation between mountain and lowland urban populations, possibly influenced by the Central Mountain Range. Kinship analysis identified closely related individuals separated by tens to over one hundred kilometers, implying the potential for long-distance gene flow, possibly facilitated by human transportation.

Analyses of genetic and geographic distances indicated limited isolation by distance, with gene flow exhibiting spatial heterogeneity. Further landscape analyses identified potential gene flow barriers between mountainous and urban lowland

populations, likely shaped by topography and habitat differences. No single environmental factor was found to dominate gene flow dynamics, suggesting a complex interplay of multiple landscape and climatic factors. Functional enrichment analysis of highly differentiated genes between mountain and lowland groups indicated significant associations with neurodevelopment, behavioral regulation, and signal transduction, potentially reflecting local adaptation to contrasting environments.

In summary, this study provides a high-resolution genetic landscape of *Ae. albopictus* populations in Taiwan, revealing extensive gene flow and spatially variable genetic structuring influenced by environmental heterogeneity. These findings offer new insights into the species' population dynamics and have important implications for vector surveillance and disease risk assessment.

Keywords: *Aedes albopictus*, ddRAD-seq, genetic structure, population genetics, landscape genetics, kinship analysis

目次



口試委員會審定書.....	i
誌謝.....	ii
摘要.....	iv
ABSTRACT.....	vi
表次.....	x
圖次.....	xi
附錄.....	xii
第一章 前言.....	1
第二章 材料與方法.....	4
1.研究材料.....	4
2.簡化基因組 (double digest Restriction-site Associated DNA, ddRAD-seq)分 子實驗及序列處理.....	5
2.1DNA 萃取.....	5
2.2 雙限制酶切位點定序法.....	5
2.3 序列處理與遺傳多樣性分析.....	6
3.遺傳結構與族群分析 (Genetic structure and population analysis).....	7
3.1 連鎖不平衡檢測 (Linkage disequilibrium test).....	7
3.2 主成分分析 (principal components analysis, PCA).....	8
3.3 均勻流形逼近及投影 (Uniform Manifold Approximation and Projection, UMAP).....	8
3.4 族群結構分析.....	9
4.親屬關係與地理距離.....	9
5.遺傳距離與地理距離.....	10
6 遺傳交流阻力空間模型分析.....	10
7 環境因子與遺傳結構之關聯性.....	11
8 地景阻力值最佳化分析.....	12
9 基因功能富集分析 (Gene Enrichment Analysis).....	13
第三章 結果.....	16
3.1 ddRAD-seq 定序與資料處理.....	16
3.2 遺傳多樣性分析.....	16
3.3 連鎖不平衡檢測結果.....	18
3.4 第一階段:南部都市密集採樣之族群結構分析 (N = 116).....	19

3.4.1 族群結構.....	19
3.4.2 親屬關係與地理距離.....	19
3.4.3 遺傳距離與地理距離.....	20
3.5 第二階段:全島網格採樣之族群結構分析 (N = 300).....	21
3.5.1 族群結構.....	21
3.5.2 親屬關係與地理距離.....	22
3.5.3 遺傳距離與地理距離.....	23
3.5.4 遺傳交流阻力空間模型分析.....	23
3.5.5 環境因子與遺傳結構之關聯性.....	24
3.5.6 地景阻力值最佳化分析.....	25
3.5.7 基因功能富集分析結果.....	26
第四章 討論.....	28
遺傳多樣性分析與族群結構探討.....	28
遺傳距離與地理距離之區域性關聯比較.....	30
遠距離親屬樣本對與人為擴散之可能機制探討.....	31
適應性變異與功能富集分析.....	32
第五章 結論.....	35
第六章 參考文獻.....	36
表.....	42
圖.....	63
附錄.....	95

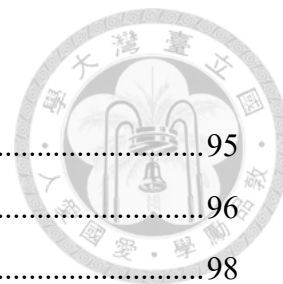
表次

表一、第一階段白線斑蚊樣本之採樣地點與樣本數（都市密集採樣）.....	42
表二、第二階段白線斑蚊樣本之採樣地點與樣本數（全島系統性採樣）.....	43
表三、第一階段 116 筆樣本之序列處理統計摘要.....	44
表四、第二階段 300 筆樣本之序列處理統計摘要.....	44
表五、第一階段 116 筆樣本之變異位點篩選與資料摘要統計.....	45
表六、第二階段 300 筆樣本之變異位點篩選與資料摘要統計.....	45
表七、第一階段 116 隻樣本之族群遺傳多樣性分析.....	46
表八、第二階段 300 隻樣本之族群遺傳多樣性分析.....	47
表九、第一階段樣本之遺傳距離與地理距離相關性檢驗.....	48
表十、第二階段樣本之遺傳距離與地理距離相關性檢驗.....	48
表十一、第二階段樣本之遺傳距離與 19 項生物環境因子之 Mantel 與 Partial Mantel Test 結果.....	49
表十二、BIO 氣候變數（BIO1~BIO19）間之 Pearson 相關係數矩陣.....	50
表十三、各地景變數於 ResistanceGA 單圖層模型之建模結果.....	51
表十四、白線斑蚊山區與平地都市族群間顯著分化基因之 GO: Biological Process 功能富集結果（eggNOG-mapper 分析）.....	52
表十五、白線斑蚊山區與平地都市族群間顯著分化基因之 GO: Biological Process 功能富集結果（Metascape 分析）.....	54

圖次

圖一、第一階段都市密集採樣之樣點分佈圖.....	63
圖二、第二階段系統性網格採樣之樣點分佈圖.....	64
圖三、第一階段 116 筆樣本的基因座 (loci) 數量分布圖.....	65
圖四、第一階段 116 筆樣本的讀取深度 (read depth) 分布圖.....	66
圖五、第二階段 300 筆樣本的基因座 (loci) 數量分布圖.....	67
圖六、第二階段 300 筆樣本的讀取深度 (read depth) 分布圖.....	68
圖七、第一階段 116 筆樣本之連鎖不平衡衰減圖 (LD decay)	69
圖八、第二階段 300 筆樣本之連鎖不平衡衰減圖 (LD decay)	70
圖九、第一階段 116 筆樣本之主成分分析結果 (PC1 vs PC2)	71
圖十、第一階段 116 筆樣本依行政區分類之主成分分析結果 (PC1 vs PC2) ..	72
圖十一、第一階段 116 筆樣本之 UMAP 分析結果 (UMAP1 vs UMAP2)	73
圖十二、第一階段 116 筆樣本之 ADMIXTURE 分析結果 (K=2 至 K=4)	74
圖十三、第一階段樣本分析中，不同採樣時間篩選條件下，白線斑蚊三等親以 內樣本對之地理距離與親緣係數關係圖	75
圖十四、第一階段白線斑蚊樣本間地理距離與遺傳距離之關係圖.....	76
圖十五、第二階段白線斑蚊樣本於臺灣本島之分布與區域劃分圖.....	77
圖十六、第二階段 300 筆樣本之主成分分析結果 (PC1 vs PC2)	78
圖十七、第二階段 300 筆樣本之 UMAP 分析結果 (UMAP1 vs UMAP2)	79
圖十八、第二階段 300 筆樣本之 ADMIXTURE 分析結果 (K=2 至 K=4)	80
圖十九、ADMIXTURE 分析於 K=2 條件下所得之祖源比例與空間分布圖。..	81
圖二十、ADMIXTURE 所識別兩類主要祖源樣本之 PCA 分布圖	82
圖二十一、第二階段樣本分析中，不同採樣時間篩選條件下，白線斑蚊三等親 以內樣本對之地理距離與親緣係數關係圖	83
圖二十二、第二階段白線斑蚊樣本間地理距離與遺傳距離之關係圖.....	84
圖二十三、遺傳交流阻力空間模型分析之殘差分布圖 (RESDISMAPPER)	85
圖二十四、各環境因子之原始地景圖層與最佳化阻力表面.....	86
圖二十五、Biological Process 功能富集結果之網絡視覺化圖.....	94

附錄



附錄表一、第一階段台南市白線斑蚊樣本基本資訊.....	95
附錄表二、第一階段高雄市白線斑蚊樣本基本資訊.....	96
附錄表三、第一階段屏東縣白線斑蚊樣本基本資訊.....	98
附錄表四、第一階段高海拔地區白線斑蚊樣本基本資訊（桃園市復興區與嘉義縣阿里山）	100
附錄表五、第二階段全台網格採樣之白線斑蚊樣本基本資訊（共 300 筆樣本）	101

第一章 前言



白線斑蚊 (*Aedes albopictus*) 為全球關注的重要病媒蚊種之一，可傳播多種對人類健康威脅甚鉅之病毒，包括登革熱 (Dengue fever)、黃熱病 (Yellow Fever)、屈公病 (Chikungunya fever) 及茲卡病毒感染症 (Zika virus infection) 等[1-3]。其原生於東亞與東南亞地區，為典型森林邊緣棲息蚊種，但因高度生態可塑性與廣泛棲地利用能力，在過去數十年間迅速擴散，已於全球各大洲（除南極洲外）建立穩定族群[4]。在台灣，白線斑蚊為原生種，普遍分布於海拔 1,500 公尺以下之地區，遍及都市、郊區、鄉村與低山地區[5]。與之相對，埃及斑蚊 (*Aedes aegypti*) 則為入侵台灣之外來種，目前僅穩定分布於台灣南部地區，主要集中於北回歸線以南的台南、高雄與屏東等縣市，涵蓋都市核心區至郊區與部分鄉村環境。雖然埃及斑蚊在登革熱流行期間通常扮演主要傳播者角色，其繁殖力與疾病傳播能力亦普遍被認為高於白線斑蚊[6]，白線斑蚊因其在全台的廣泛分布，在疾病傳播與監測上亦不可忽視。

從演化生態角度觀之，病媒蚊的族群遺傳結構與基因流動模式，不僅反映棲地適應歷程與遷徙路徑，更可提供防治策略之空間依據。目前國際間已有許多針對白線斑蚊之入侵歷史與遺傳分化的研究[7-11]。然而相較於國際間的大尺度研究，台灣地區針對白線斑蚊的遺傳研究仍相對有限。現有文獻多著重於單一地區樣本之微衛星標記分析，或利用粒線體基因（如 COI、ND5 或 D-loop 區）探討族群親緣與變異[12]。儘管這些研究已提供部分族群結構之初步資訊，但粒線體 DNA 僅反映母系遺傳，無法反映雙親雙源遺傳與完整的基因流動格局。此外，由於樣本數量不足與空間涵蓋範圍有限，仍難以有效捕捉台灣本島地景異質性與棲地破碎化對基因交流可能造成之影響。

值得注意的是，近期一項針對南部三縣市（台南、高雄與屏東）之埃及斑蚊 (*Aedes aegypti*) 族群遺傳研究顯示，即使在地理距離相近的都市區域內，不同行政區間仍呈現顯著的遺傳分化[13]，突顯都市結構與人為邊界對基因流動可能

造成阻隔效應。本研究第一階段亦於南部三縣市進行白線斑蚊樣本之密集採樣，雖採樣位置與前述研究不盡相同，然皆涵蓋都市核心至郊區環境，故可作為比較兩物種族群遺傳格局之參考，進一步評估白線斑蚊是否展現類似的分化模式。

此外，白線斑蚊為台灣原生且廣泛分布之蚊種，亦提供進行大尺度族群遺傳研究的理想條件。前人研究顯示，在其原生地與入侵地進行 Mantel test 時，多數結果顯示白線斑蚊的遺傳距離與地理距離之間的相關性極低或不顯著，顯示其具有高度基因流動與擴散潛能（如新加坡[8]、菲律賓馬尼拉[14]、中國海南與雷州半島[15]、寮國[16]、義大利與瑞士地區[17]）。這些結果突顯白線斑蚊即使面對空間距離或地域隔閡，依然能維持高度遺傳連通性，反映其生物學特性與人為活動共同促進其擴散能力。

然而，儘管多數研究顯示白線斑蚊具有高度基因流動性，遺傳距離與地理距離之間多無顯著相關，仍引發一項關鍵問題：面對如台灣此類地形起伏明顯、棲地組成多樣的環境背景下，該物種是否仍能維持高度連通的遺傳結構？抑或可能在特定區域條件下產生微幅的遺傳分化？考量白線斑蚊為台灣原生且廣泛分布之物種，本研究第二階段設計全島系統性網格採樣，涵蓋不同地理與環境條件，以建構具代表性之族群遺傳資料，並結合地景與氣候因子進行整合分析，以探討其在環境異質性背景下是否展現潛在之區域性適應現象。

在此背景下，導入高解析度的核基因組資料，結合大量樣本與全島尺度的系統性採樣，以解析白線斑蚊的族群遺傳結構與基因流動格局，已成為生態學與病媒防治研究中不可或缺的趨勢。近年來，雙酶切限制性相關 DNA 定序技術（Double-digest restriction site-associated DNA sequencing, ddRAD-seq）因其在成本效益與資料解析度間取得良好平衡，迅速成為非模式物種族群遺傳學研究的核心工具之一[18]。ddRAD-seq 作為 RAD-seq 技術家族的一項優化衍生方法，結合雙酶切與嚴格片段大小篩選機制，可有效減少隨機剪切所造成的樣本間差異，進而降低缺失位點比例並提升資料一致性與重複性，即便面對高度異質性的族群樣

本，仍能維持良好的基因型覆蓋率與遺傳訊號品質[19, 20]。

相較於傳統使用之粒線體標記或微衛星分析，ddRAD-seq 能夠在基因組中廣泛且一致地擷取重複區段，快速獲得數萬筆高可信度的單核苷酸多型性（SNP）資料，並大幅提升遺傳結構與基因流動的解析能力[21, 22]。此外，其酶切位點固定且流程高度標準化，使來自不同族群與地區的樣本資料可直接進行比較，具高度重複性與跨樣本一致性，特別適用於大樣本數據與地景尺度分析[20, 23]。

多項應用實證亦顯示，ddRAD-seq 在揭示物種歷史擴散、棲地隔離影響與環境適應等層面均具有關鍵價值，廣泛應用於植物、魚類、昆蟲與兩棲類等多類群之族群遺傳研究[24-28]。對於白線斑蚊此類具有高度遷移潛能與生態可塑性的病媒物種而言，應用 ddRAD-seq 技術進行大尺度族群遺傳分析，將能有效克服過去研究在解析力與空間涵蓋上的限制。結合本研究兩階段樣本採樣設計，此技術將有助於描繪其在不同環境條件下的遺傳結構與基因流動格局，並進一步釐清地景與氣候因子對族群分化之潛在影響。

本研究建立白線斑蚊具空間解析力之遺傳資料，為病媒監測與精準防疫提供基礎參考，亦有助於釐清其擴散機制、棲地適應與氣候變遷下之傳播風險，作為防治策略調整與優化之依據。

第二章 材料與方法



1. 研究材料

本研究的研究物種為白線斑蚊 (*Ae. albopictus*)，採樣樣本由財團法人國家衛生研究院國家蚊媒傳染病防治研究中心提供，並利用該中心配置的具 GPS 定位之誘卵桶與誘殺桶進行收集。為全面了解台灣境內白線斑蚊之族群結構與遺傳變異，本研究自國衛院所蒐集之八千多筆樣本中挑選出 416 隻樣本，並採兩階段系統性取樣策略，分別涵蓋都市環境與全島範圍。第一階段主要聚焦於都市環境的白線斑蚊族群，藉由密集採樣來描繪都市內的基因流動情形。此階段共選取 116 隻樣本，採樣地點涵蓋台南市、高雄市與屏東縣三個主要城市。其中，台南市選取 26 隻樣本，主要分布於東、中西、新化與左鎮等行政區；高雄市則選取 43 隻樣本，採樣地點包含大寮、鳳山、苓雅、前鎮、左營等行政區；屏東縣則選取 45 隻樣本，分布於屏東市、東港鎮、萬丹鄉與潮州鎮等地。這些樣本的選取有助於呈現台灣主要都市中白線斑蚊的遺傳結構（表一與圖一）。

第二階段則採用更為廣泛且系統性的網格取樣法，以確保涵蓋全島的地理範圍，並反映台灣白線斑蚊族群的整體遺傳變異。研究團隊將台灣本島劃分為 10 平方公里的網格，每個網格內隨機選取 1 隻白線斑蚊樣本，最終選出 300 隻樣本。這些樣本的採集範圍遍及台灣北部、中部、南部與東部，包含基隆市、台北市、新北市、桃園市、新竹縣市、苗栗縣、台中市、南投縣、彰化縣、雲林縣、嘉義縣市、台南市、高雄市、屏東縣、宜蘭縣、花蓮縣與台東縣等地（表二與圖二）。這些樣本不僅代表不同地理環境下的白線斑蚊族群，也提供了深入了解其遺傳變異的基礎。

透過上述兩階段的採樣策略，本研究得以涵蓋台灣主要都市與各地區，為探討白線斑蚊的族群結構與遺傳變異提供了全面且具代表性的樣本。詳細的採樣地點與樣本分布資訊可參見附錄。

2.簡化基因組（double digest Restriction-site Associated DNA, ddRAD-seq）分子實驗及序列處理

2.1DNA 萃取

將採集之樣本使用 QIAGEN DNA 萃取試劑套組（QIAamp® DNA Mini Kit, cat. nos. 51306）進行 DNA 萃取。根據實驗操作手冊，選擇步驟 5a 並加入 4μl RNase A，最終以 25μl 的 Thermo Scientific™無核酸酶水進行回溶。為了評估 DNA 的品質，我們使用凝膠電泳技術進行分析。若電泳結果顯示樣本中有模糊(smear)，表示樣品降解或品質不佳，則該樣本將被淘汰。若該採集點有備用樣本，將重新進行萃取並重複品質檢測，直至獲得品質良好的 DNA，以確保後續實驗的準確性與可靠性。

2.2 雙限制酶切位點定序法

透過 Ddsilico 軟體分析白線斑蚊基因組後[29]，發現使用 NlaIII（5'-CATG-3'）與 MseI（5'-TTAA-3'）[30]這兩種限制酶進行酶切，並獲得讀取序列長度介於 350 至 450 bp 的 117,548 條序列，表現優於其他限制酶組合。因此，本研究選擇此限制酶組合進行實驗。

抽取的 DNA 樣本經由核酸螢光定量儀 Qubit 2.0 定量後，送交國立台灣大學生命科學院科技共同空間（TechComm）進行建庫。實驗步驟依據 Peterson 等人提出的 ddRAD protocol[18]。首先，以 3.0 μL NEB SmartCut Buffer（10X）、0.5 μL NlaIII（5 U，濃度為 10 U/μL）、0.1 μL MseI（5 U，濃度為 50 U/μL）以及 6.4 μL nuclease-free water 配製酵素切割主混合液。將 10 μL 主混合液加入每個含有 200 ng DNA 的樣本中，進行酵素雙切反應。反應條件為 37°C 反應過夜，PCR 熱蓋溫度設定為 50°C。

酵素切割完成後，使用 0.5 至 1 倍體積的 AMPure beads 進行純化，以去除小於 200 bp 與大於 1 kb 的 DNA 片段。純化後的 DNA 以 20 μL Low TE buffer 進行重懸磁珠（resuspend beads），並使用 Qubit HS kit 進行定量。所有樣本依據最低濃度進行濃度標準化，並於 4°C 保存以備後續使用。

接續進行條碼接頭 (bar-coded adapters, BCAs) 連接反應。每個樣本先加入 1 μL SbfI 專屬條碼接頭 (5 μM)，再加入預先配製的連接反應混合液，內容包括 3.0 μL T4 DNA ligase buffer、0.2 μL 高濃度 T4 DNA ligase (2000 U/ μL)，使用劑量為 (400 U)、1.0 μL universal adapter (MseI, 5 μM)，以及 4.8 μL nuclease-free water，總體積為 9.0 μL 。連接反應於 16°C 進行至少 3 小時，亦可選擇過夜進行，PCR 熱蓋溫度維持於 50°C。

完成接頭連接後，將同一批次的樣本集中合併(最多 24 個，每個樣本約 30 μL ，總體積不超過 720 μL)，並使用 0.5 至 1 倍體積 AMPure beads 進行純化，最終以 30 μL Low TE buffer 進行 resuspend beads。

隨後進行 PCR 預檢反應 (pre-check PCR)。每個 20 μL 反應系統包含 10 μL Q5 2X Master Mix、1 μL indexed primer (10 μM)、1 μL common primer (10 μM)、2 μL 接頭連接產物與 6 μL nuclease-free water。PCR 反應條件為: 98°C 30 秒預變性，接續 12 個循環 (98°C 10 秒、60°C 15 秒、72°C 15 秒)，最終延伸 72°C 7 分鐘。PCR 產物經 6% Invitrogen TBE 膠進行電泳，以確認片段分布，並依據鄰近標準品大小切下 350~450 bp 之目標片段。

切膠後的 DNA 片段以 SYBR Gold 染色觀察，並以 AMPure beads 進行純化。最終以 Agilent 2100 Bioanalyzer (搭配 High Sensitivity DNA Kit) 確認片段長度分布與建庫品質。建庫合格後，送交定序機構，採用 Illumina NovaSeq 6000 平台進行 150 bp paired-end read 定序。

2.3 序列處理與遺傳多樣性分析

首先，使用 Stacks v2.65 [31] 中的 process_radtags 處理 RAD-seq (Restriction site Associated DNA Sequencing) 原始數據。透過 --renz_1 NlaIII --renz_2 MseI 指定雙酶切位點，維持 RAD 切點完整性

數據篩選方面，使用參數 -c 去除缺失酶切位點的序列 (reads)，參數 -q 進行滑動視窗 (sliding window) 品質篩選 (視窗大小為序列長度的 15%，Phred 品質

分數低於 10 的序列將被捨棄)，參數-r 恢復可能因定序錯誤誤丟的條碼與酶切位點。為統一序列長度，使用參數--truncate 140 將序列截短至 140 bp，避免長度差異影響後續分析，並設定--score-limit 20 (Phred 品質分數 20) 篩選高品質序列。

接著使用 bwa mem v0.7.17 [32]並設置 (Matching score, -A) 為 1；(Mismatch penalty, -B) 為 7，對回至白線斑蚊參考基因組 (*Ae. albopictus* strain: Foshan, BioProject Accession: PRJNA942918)，BWA-MEM 透過匹配得分(A)和錯配懲罰(B)來影響比對的錯誤率，其預估的序列錯誤率 (sequence error rate) 可透過以下公式計算： $0.75 \times \exp(-\log(4) \times B/A)$ 。當 A=1 且 B=7 時，預測的序列錯誤率約為 0.01109，顯示高比對準確性，確保後續 SNP 檢測的可靠性。比對後，使用 Samtools v1.18 [33]中的 samtools view 轉換為 bam (Binary Alignment/Map) 格式。接著再透過 samtools sort 進行排序，確保比對結果有序排列，以利後續處理。

最後使用 Stacks2 中的 gstacks 進行雙端序列組裝 (paired-end read assembly)、SNP 檢測與基因型推定 (genotyping)，並設定--min-mapq 20 過濾低品質比對。隨後，再以 Stacks2 中的 populations 篩選至少 80%樣本可見 (-R 0.8) 的基因座 (locus)。最終，經計算後產出核苷酸多態性位點 (polymorphic sites)、核苷酸歧異度 (nucleotide diversity, π)、遺傳分化指數 (fixation index, FST) 等遺傳統計資訊，並輸出 VCF (variant call format) [34]格式作為變異位點資料，供後續族群遺傳分析使用。

3.遺傳結構與族群分析 (Genetic structure and population analysis)

3.1 連鎖不平衡檢測 (Linkage disequilibrium test)

在族群遺傳學研究中，為確保標記之間的統計獨立性，許多分析在前處理階段會篩除不符合連鎖平衡 (linkage equilibrium, LE) 的點位，以降低連鎖不平衡對推論的影響[35]。連鎖不平衡 (linkage disequilibrium, LD) 是指群體中兩個或多個基因座 (loci) 的等位基因 (alleles) 間存在非隨機關聯，其成因可能包括遺傳漂變、瓶頸效應與自然選擇歷史因素或選擇事件所導致[36]。若未適當處理，

LD 現象可能對族群結構推斷[35]、親緣關係分析[37]或選擇訊號檢測[36]造成統計上的偏誤。

本研究首先使用 PLINK 1.9 [38]將包含 SNP 數據的 VCF 文件轉換為 PLINK 可讀取的 PED/MAP 格式。接著，使用 `--r2` 參數計算 SNPs 之間的連鎖不平衡，並設定 `--ld-window-r2` 參數為 0 以保留所有 SNP 間配對的 R^2 值，確保完整呈現基因組內的連鎖不平衡分佈。計算結果輸出為 `.ld` 文件，其中記錄了各 SNP 間配對的 R^2 值與基因組位置資訊。隨後，透過 R package “tidyverse” [39] 中的 `dplyr` [40] 函數，使用 `arrange()`、`group_by()` 與 `mutate()` 等函數進行資料排序、分組與 SNP 間在基因組上的實體距離（physical distance）的計算，最後利用 “ggplot2” 繪製連鎖不平衡衰減圖（LD decay），以視覺化 SNPs 之間的連鎖不平衡變化趨勢。

3.2 主成分分析（principal components analysis, PCA）

主成分分析（PCA）是一種統計方法，透過線性轉換降低高維數據的維度，同時保留主要變異資訊[41]。本研究使用先前 Stacks2 populations 產出具有 SNP 數據之 VCF 檔，透過 R package “vcfR” [42] 讀取，並使用 package “poppr” [43] 中的 function `vcfR2genlight` 將數據轉換為 `genlight` object，接著再利用 function `glPca()` 進行 PCA 計算，擷取主要成分作為分析依據。最後透過 R 內建的 `plot()` 函式產生 PCA plot。

3.3 均勻流形逼近及投影（Uniform Manifold Approximation and Projection, UMAP）

均勻流形逼近及投影（UMAP）是一種基於近鄰演算法（k-nearest neighbor）的非線性降維技術，其主要優勢在於能保留數據的局部結構[44]。本研究使用先前 Stacks2 populations 產出具有 SNP 數據之 VCF 檔，透過 R package “vcfR” 讀取，並使用 package “poppr” 中的 function `vcfR2genlight()` 將數據轉換為 `genlight` object，接著再利用 function `glPca()` 進行 PCA 計算，擷取主成分後，以 package “umap” 執行 UMAP 降維。最後透過 package “ggplot2” [45] 繪製 UMAP plot。



3.4 族群結構分析

為了解白線斑蚊在台灣各行政區之間的族群結構，本研究使用 ADMIXTURE v1.3.0 [46] 進行模型式族群分群分析。設定假設的群體數（K 值）範圍為 2 至 7，並對每一個 K 值進行 10 次獨立重複分析，以降低初始參數隨機化可能導致的局部最小值問題。為確保分析之可重現性，所有執行皆設定固定的隨機種子。

ADMIXTURE 採用最大概似估計（maximum likelihood estimation）方法，並透過區塊鬆弛（block relaxation）演算法對遺傳參數進行最佳化推估，進而計算每個樣本在不同潛在遺傳族群中的祖源比例（ancestry proportion）。每一次分析皆進行交叉驗證（cross-validation），並輸出交叉驗證誤差（cross-validation error, CV error）作為模型評估指標。

4. 親屬關係與地理距離

為探討白線斑蚊樣本間的遺傳親緣關係及其與地理距離分布之關聯性，本研究使用 SPAGeDi v1.5 進行親緣關係分析[47]，計算 Loiselle 等人所提出之親屬關係係數（Loiselle's kinship coefficient, k ）[48]。分析所用之基因型資料取自 Stacks v2.65 populations 產生之 VCF 檔案，並透過 VCFtools v0.1.17 對每個變異位點在所有樣本中的平均讀取深度（mean read depth across individuals）進行過濾，僅保留平均深度大於或等於 5 的 SNP 位點（即使用 --min-meanDP 5 參數），以確保納入後續分析的位點具備足夠的定序覆蓋品質。

Loiselle's 親屬係數 k 為一種常用以量化個體間遺傳相關性的指標，在實務應用上通常依據 k 值範圍劃分不同的親緣等級：當 $k > 0.1875$ 時，推定為一級親，如親子或全手足； $0.09375 < k \leq 0.1875$ 為二級親，如祖孫或半手足； $0.046875 < k \leq 0.09375$ 則視為三級親，如表兄弟姊妹；而當 $k \leq 0$ 時，表示樣本間無顯著親緣關係或為非相關個體[17, 49, 50]。



5. 遺傳距離與地理距離

為評估樣本間遺傳距離與地理距離之間的關聯性，本研究以 Euclidean 遺傳距離 (Euclidean genetic distance) 作為遺傳距離指標。遺傳距離使用先前 Stacks2 populations 產出具有 SNP 數據之 VCF 檔，將基因型資料轉換為 allele frequency 矩陣後，使用 R base 中的 function *dist()* 計算樣本間之 Euclidean 遺傳距離，作為遺傳差異之量化依據。

由於先前研究指出樣本間的遺傳距離常與地理距離的自然對數 (Natural logarithm) 呈現線性關係[51-53]，因此本研究將地理距離進行自然對數轉換後進行分析。

分析流程中，使用 R package “ecodist” [54]，首先以 R base 中的 function *lm()* 建立線性模型 (linear model)，以評估遺傳距離與對數轉換後地理距離之間的線性關係。進一步，為檢驗兩者間的整體相關性，使用 function *mantel()* 進行 1,000 次排列 (permutations) 之 Mantel’s correlation test [53]。

6 遺傳交流阻力空間模型分析

為推估空間環境對個體間遺傳交流的相對影響，本研究使用先前 Stacks2 populations 產出具有 SNP 數據之 VCF 檔，並透過自編之 Python 程式轉換為 ResDisMapper 所需之 GENEPOP 格式。轉換過程中，擷取每個樣本之基因型欄 (GT)，並依據 GENEPOP 格式規範，將每個樣本的基因型 (如 0/1) 轉換為六位數編碼 (例如:等位基因 0/1 轉換為 001002)，缺失資料則以 000000 表示。接續使用 R package “ResDisMapper” [55] 分析個體遺傳距離與地理位置之間的關係，進而根據 Isolation by Distance (IBD) 模型殘差，評估各地區對基因擴散的空間異質性阻力。

當中，遺傳距離以 Provesti’s distance [56] 表示 (*Dist_method* = 6)，並採用線性回歸殘差法 (linear regression residuals) 建立 Isolation by Distance (IBD) 模型

(IBD_method = 1)，作為評估地景阻力之基礎。為避免遠距離樣本對模型擬合造成偏差，分析僅納入樣本間距小於 30 公里者 (max.dist = 30000)。接續以 50 × 100 網格解析度 (nrows = 50、ncols = 100) 推估空間阻力格局，並進行 1,000 次隨機重抽樣 (random_rep = 1000) 以建構虛無分布，估計各區域阻力顯著性 (信賴區間設為 95%，conf_intervals = 0.95)。最終以 function *rdm_mapper()* 繪製阻力熱圖，標示統計上顯著高阻力與低阻力區域，作為地景對個體遺傳交流影響的視覺化呈現。

7 環境因子與遺傳結構之關聯性

為評估環境異質性是否與白線斑蚊樣本間之遺傳距離呈現顯著相關性，本研究採用 WorldClim v2.1 平台所提供之 19 項生物環境因子 (BIO1~BIO19) [57]，涵蓋與溫度、降水變異相關之氣候指標，空間解析度為 30 arc-seconds (約 1 公里)，並利用 R package “vegan” [58] 中的 function *vegdist()* 計算樣本間每一環境因子之歐氏距離 (Euclidean distance)，並將所得距離值加入原有樣本對資料表中。該資料表包含依據同一組 SNP 資料所計算之歐氏遺傳距離 (Euclidean genetic distance)，以及樣本間的地理距離 (spatial distance) 等資訊。

隨後，將整合後之樣本對距離資料轉換為對稱距離矩陣 (symmetric distance matrices)，以供後續相關性分析使用。Mantel 與 Partial Mantel test 皆以 R package “vegan” 執行，分別透過 function *mantel()* 與 *mantel.partial()*，並指定相關性評估方法為皮爾森積差相關係數 (Pearson’s product-moment correlation coefficient)，評估氣候距離與遺傳距離間之線性相關性，以及在控制地理距離後之純環境效應。置換次數設為 9,999 (permutations = 9999)，以估算相關係數之統計顯著性。

此外，為探討 19 項環境因子之間是否存在顯著相關性以評估潛在共線性問題，本研究進一步使用 R package “ENMTools” [59] 中的 function *raster.cor.matrix()*，計算各環境因子間的皮爾森相關係數 (Pearson’s correlation)。在環境因子篩選上，當各因子間之相關係數絕對值大於或等於 0.7 時，視為具高度共線性，僅保留其

中之一作為代表因子。後續建模分析將綜合環境因子間相關性結果，以及各環境因子與遺傳距離間 Mantel test 之顯著性，選取具代表性因子作為後續分析使用。



8 地景阻力值最佳化分析

為了評估地景變數對基因流動的貢獻，本研究使用 R package “ResistanceGA” [60]，透過遺傳演算法最佳化地景阻力表面，以建立能有效解釋樣本間遺傳距離的空間模型。本研究共納入八項具有潛在生態與人為意涵之地景變數，分別為：數值地表模型（Digital Surface Model, DSM）、數值高程模型（Digital Elevation Model, DEM）、常態化差異建物指數（Normalized Difference Building Index, NDBI）、常態化差異植被指數（Normalized Difference Vegetation Index, NDVI）、常態化差異水體指數（Normalized Difference Water Index, NDWI）、最小統計區人口密度（Population Density, PDEN）、年均溫（Annual Mean Temperature, bio1）與 1 ~ 3 月（Jan ~ Mar）平均月低溫（Average minimum temperature, tmin_JFM）。

所有變數皆以 1 公里空間解析度之 ASCII raster 格式 (.asc) 表示，並於分析前進行標準化處理。每項地景資料首先針對缺值（NA）依變數特性填入極小值（如最小統計區人口密度）或極大值（如氣候與高程模型），接著針對有效像素值進行 Z-score 標準化轉換後加常數（+5），使其數值均為正，以避免遺傳演算法在搜尋過程中出現錯誤。最終，所有缺值點統一設為常數 50，以避免被納入模型估計。處理後的地景資料組成堆疊圖層（raster stack），作為 function *all_comb()* 的輸入。

在建立阻力模型之前，先以 R package “gdistance” [61] 建立與樣本點對應的遺傳距離，並使用 R package “ResistanceGA” 中 function *gdist.prep()* 輸入樣本點座標（以橫麥卡托圓柱投影 TWD97 投影）與 pairwise 遺傳距離（本研究以 Euclidean genetic distance 計算）。距離模式選擇 “commuteDistance”，是基於電路理論（circuit theory）所建構，將所有可能擴散路徑的阻力總合納入考量 [62, 63]，有別於僅考慮單一路徑之最小成本距離。由於白線斑蚊（*Aedes albopictus*）為擴散性高的飛

行昆蟲，能在都市與自然環境中穿越多樣地景元素，其擴散行為更符合多路徑遷移的假設，故採用此距離模式以提升模型生態的合理性。

阻力表面之優化過程是透過 function `all_comb()` 執行，以單變數搜尋模式進行地景變數之最佳轉換形式與阻抗值配置之評估。此處之「轉換」指對地景變數進行數學函數轉換 (transformation functions)，模擬物種對該變數值的遷移反應模式。ResistanceGA 提供多種生態學上具意涵之轉換形式 (例如基於 Ricker 與 Monomolecular 函數)，用以模擬物種對地景變數的遷移反應模式，以捕捉非線性遷移反應並建立能有效解釋遺傳距離的阻力模型[60]。演算法迭代過程中以 AIC (Akaike Information Criterion) 為模型選擇準則，演算法迭代過程中設定最大迭代次數 `maxiter = 10`，並指定隨機種子 `seed = 123` 以確保結果具可重現性。為避免模型收斂失敗，額外啟用參數 `check.transform = TRUE`，以確保輸入資料皆符合轉換條件。最終將每一變數所產生之最佳轉換後阻力圖層 (resistance surface) 輸出為 ASCII 格式，並產出模型選擇與統計結果摘要，包括各轉換組合對遺傳距離解釋力的評估指標 (如 AIC、 R^2_m 、 R^2_c 等) 及模型穩定性的重抽樣分析結果。

上述地景資料來源如下:數值高程模型 (DEM) 取自 NASA JPL 所釋出的 NASADEM Merged DEM Global 1 arc second V001 (2021)，由 OpenTopography 平台提供 (<https://doi.org/10.5069/G93T9FD9>)；常態化差異植被指數 (NDVI)、常態化差異水體指數 (NDWI) 與常態化差異建物指數 (NDBI) 基於 2024 年 7 月 3 日之 Sentinel-2 Level 2A 衛星影像，經由 Sentinel Hub 平台取得並處理；人口密度資料為 2021 年最小統計區層級資料，取自內政部地理資訊平台 SEGIS (<https://segis.moi.gov.tw/STATCloud/Catalog>)；環境因子 bio1 與 tmin_JFM 則來自 WorldClim v2.1 平台所提供之 Bioclim 資料集 (<https://www.worldclim.org/>)。

9 基因功能富集分析 (Gene Enrichment Analysis)

為探討山區族群與平地都市族群間遺傳分化的潛在功能性差異，本研究首先以 `vcftools --weir-fst-pop` 計算兩族群間所有 SNP 位點之 F_{ST} 值，並對其 p 值進

行 Z-score 標準化與 FDR (false discovery rate) 修正。僅保留 FDR 校正後 p 值 < 0.05 的 SNP，定義為顯著高分化 SNP，共計 708 個。考量候選 SNP 數量與後續基因功能註解的代表性與穩定性，本研究自中篩選出 FST 值前 30% 之高分化 SNP (共 212 個) 作為後續分析標的。

本研究所使用之基因註解檔 (GCF_035046485.1_AalbF5_genomic.gff) 下載自 NCBI RefSeq 資料庫，與 ddRAD-seq reads 比對所使用之參考基因組版本 (*Ae. albopictus* strain: Foshan, BioProject Accession: PRJNA942918) 完全一致。該基因組與註解檔可自 NCBI Datasets 網頁取得 ([Index of /genomes/all/GCF/035/046/485/GCF_035046485.1_AalbF5](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/all/GCF/035/046/485/GCF_035046485.1_AalbF5))，以確保 SNP 座標與基因註解間之對應正確性與一致性。

本研究進一步建構 ddRAD-seq 在基因組上的高可信覆蓋區段，以篩選具代表性之轉錄本。首先合併所有樣本的 BAM 檔案，並使用 samtools view -q 20 篩選比對品質 (MAPQ) ≥ 20 的序列。接續以 bedtools v2.30.0 [64] 中的 genomecov -bga 計算每個鹼基位置的測序深度，並篩選深度 $DP \geq 5$ 的區段，最後以 bedtools merge 合併重疊或相鄰區段，產生 ddRAD-seq 所涵蓋之高可信區域。

隨後使用 AGAT v1.2.1 [65] 中的 agat_sp_keep_longest_isoform.pl 自 .gff 註解檔中保留各基因的最長轉錄本 (longest isoform)，並利用 bedtools intersect 將其與上述 ddRAD 覆蓋區段進行交集，篩選出實際具測序證據之代表性轉錄本。最後以 agat_sp_extract_sequences.pl 從參考基因組中萃取這些轉錄本的胺基酸序列，並輸出為 .aa 格式，作為後續功能註解與比對分析之輸入資料。

考量 SNP 附近可能包含非編碼調控序列或鄰近基因區域可能參與調控作用，本研究將上述 212 個顯著高分化 SNP 所對應之基因組區段向上下游各延伸 10 kb，重新對應至基因註解資料，建立擴充後的候選基因集，共獲得 219 筆白線斑蚊 mRNA。背景基因集亦以相同方式，將全基因組中所有具轉錄本註解之基因進行 ± 10 kb 區段擴展，並據此建立與 GO term 對應關係，以避免功能富集分析時

產生統計偏誤。

候選基因之胺基酸序列經萃取後，提交至 eggNOG-mapper v2.1.12 (<http://eggnog-mapper.embl.de>) 平台，搭配 eggNOG 5 資料庫進行蛋白質功能註解，獲得 GO(Gene Ontology)與 KEGG(Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) 等功能資訊[66]。後續將註解結果匯入 R 環境，使用 R package AnnotationForge [67]中的 function *makeOrgPackage()*，依據 NCBI mRNA ID 與其對應之 GO term 建構自定義的 OrgDb 註解資料庫。

功能富集分析則使用 R package clusterProfiler [68]中的 function *enrichGO()*，搭配上上述自建註解資料庫進行 GO: Biological Process 分類的富集分析，前景基因集為前述 219 筆候選基因，背景基因集為全基因組中具 GO 註解之基因。分析結果經 FDR 校正以篩選顯著富集項目。

為補充非模式物種註解之可能侷限，並比較不同功能註解平台所產生的 GO 富集結果，本研究亦使用 Metascape 平台[69]進行分析。由於 Metascape 僅支援部分模式物種，且不涵蓋白線斑蚊，故本研究將候選基因之蛋白質序列以 BLASTP [70]比對至黑腹果蠅 (*Drosophila melanogaster*) 蛋白質資料庫 (版本: BDGP6.46)，並保留具有顯著相似性者 ($e\text{-value} \leq 1e-5$ ，僅取最佳命中)，共獲得 167 筆同源蛋白。上述結果作為 Metascape 富集分析輸入，進行 GO: Biological Process 分類，作為註解補充與結果比較之參考。

第三章 結果



3.1 ddRAD-seq 定序與資料處理

本研究共分析台灣本島白線斑蚊 (*Ae. albopictus*) 416 個樣本，樣本分屬兩個資料集。第一階段為都市密集採樣，共 220 個樣本分兩次送交定序：第一次為 90 個樣本，總數據量為 102.8 Gb (平均每樣本約 1.14 Gb)；第二次為 130 個樣本，總數據量為 279.09 Gb (平均每樣本約 2.15 Gb)。經品質篩選與初步比對後，最終納入 116 隻樣本進行後續分析。第二階段為全島網格採樣，共 300 個樣本，總數據量為 369.4 Gb (平均每樣本約 1.23 Gb)。整體而言，兩批資料的平均定序量皆超過 1 Gb，顯示樣本具有良好的序列產出品質，有助於後續進行高解析度的基因組比對與遺傳變異分析。

原始定序資料經 Stacks v2.65 的 process_radtags 處理，保留正確率高於 99% 的序列 (phred score > 20)，使用 BWA-MEM v0.7.17 設定參數 -A 1 與 -B 7 比對至白線斑蚊參考基因組 (BioProject: PRJNA942918)，保留錯誤匹配率 (mismatch) 小於 1% 的序列，接著使用 Stacks 的 gstacks 進行序列組裝與基因型推定，並設定 --min-mapq 20 僅保留比對品質 (MAPQ > 20) 之讀序後得到以下結果。

第一階段共取得 3,149,757 個基因座 (loci)，平均基因座長度為 244.4 bp (標準差為 47.6) (表三)。樣本的基因座數量最多 519,648 個基因座，最少 305,609 個 (圖三)，平均一個樣本的基因座數量為 414,906 個 (標準差為 54,628)。平均讀取深度為 8.5 (標準差為 2.1)，最大值為 12.5，最小值為 3.2 (圖四)。

第二階段偵測 4,716,138 個基因座，平均基因座長度為 250.91bp (標準差為 51.2) (表四)。樣本的基因座數量最多 530,261 個基因座，最少 105,006 個 (圖五)，平均一個樣本的基因座數量為 404,913 個 (標準差為 41,403)。平均讀取深度為 4.6 (標準差為 0.9)，最大值為 7.7，最小值為 1.7 (圖六)。

3.2 遺傳多樣性分析

針對兩階段樣本分別進行 Stacks2 的 populations 分析，篩選條件設定為基因座須出現在至少 80% 的樣本中，且最小等位基因數不少於 3。在第一階段都市密集採樣的 116 個樣本中，共檢測到 227,571 個基因座，涵蓋 57,550,024 個位點，平均基因座長度為 98.44 bp (標準差 0.23 bp)，共識別出 1,266,923 個單核苷酸多態性位點 (SNPs)。考量原始資料 SNP 數量龐大，為提升分析效率並降低連鎖不平衡對後續分析的影響，進一步應用 --write-random-snp 參數，自每個基因座中隨機保留一個代表性 SNP。隨後，利用 VCFtools 進行 SNP 層級之定序深度篩選，僅保留每個變異位點於所有樣本中的平均深度大於或等於 5 的變異位點，最終獲得 79,545 個高品質 SNP (表五)。

第二階段全島網格採樣的 300 個樣本中，經相同流程處理，共檢測到 187,348 個基因座，涵蓋 51,823,196 個位點，平均基因座長度為 95.91 bp (標準差 0.26 bp)，共識別 2,956,310 個 SNPs。經資料精簡及深度篩選後，最終保留 40,263 個高品質 SNP (表六)。整體而言，兩階段樣本均經嚴格篩選與精簡，取得足以支撐後續族群遺傳分析之高品質 SNP 資料集。

為呈現各族群完整的遺傳多樣性，本研究另以未經 --write-random-snp 精簡之完整基因座資料進行統計分析。第二階段系統網格採樣共獲得 300 筆樣本，其中新竹市與嘉義市因樣本數分別僅有一筆，為提升統計穩定性與代表性，自資料前處理階段即將其分別併入新竹縣與嘉義縣族群，並於後續所有分析中一併處理。根據完整基因座資料，第一階段南部三縣市密集採樣樣本 (共 116 筆) 之核苷酸多樣性 (nucleotide diversity, π) 介於 0.0044 至 0.00635，對應之有效族群大小 (effective population size, N_e) 推估為 110,000 至 158,750。第二階段樣本之 π 值則介於 0.00364 至 0.00585，推估 N_e 約為 91,000 至 146,250 (表七與表八)。 N_e 的估算依據 [29] 研究所採用之突變率 (每世代每個核苷酸位點為 1×10^{-8})，並以公式 $N_e = \pi / (4\mu)$ 進行換算。

綜合上述，兩階段樣本皆顯示出中等程度的遺傳多樣性與相對穩定的族群規

模，為後續探討白線斑蚊基因流動與地理環境相關性奠定基礎。



3.3 連鎖不平衡檢測結果

為進行連鎖不平衡 (linkage disequilibrium, LD) 檢測，本研究使用未經 Stacks populations 模組中 `--write-random-snp` 參數精簡的 SNP 資料，保留每個基因座內所有變異位點，以完整呈現基因組內的連鎖關係。兩個資料集中用於 LD 分析與後續族群結構分析之 SNP 資料，在位點涵蓋樣本比例與定序深度等品質過濾條件上皆一致，均設定 Stacks populations 參數 `-R 0.8` (基因座須出現在至少 80% 的樣本中)，並透過 VCFtools 對每個變異位點於所有樣本中的平均讀取深度進行過濾，僅保留平均深度大於或等於 5 的位點 (即 `--min-meanDP 5`)，以確保資料品質。

相對用於後續分析之 SNP 資料另加入 stacks populations `--min-mac 3` 參數以篩選次要等位基因數少於 3 的位點，並搭配 `--write-random-snp` 自每個基因座中僅保留一個代表性 SNP，藉此降低可能的連鎖干擾。相較之下此連鎖不平衡檢測僅保留基因座須出現在至少 80% 的樣本中 (`-R 0.8`) 和平均定序深度不低於 5 (`--min-meanDP 5`) 之基本條件，未加設 `--min-mac 3` 和 `--write-random-snp` 參數，目的在保留完整的變異結構，以提升資訊密度並完整呈現基因組內的連鎖關係，進行更精確的 LD decay 評估。

分析結果顯示，兩組樣本皆呈現典型的 LD 衰減 (LD decay) 模式 (圖七：第一階段 116 筆；圖八：第二階段 300 筆)。從散點圖與 GAM 平滑曲線可見，雖然部分短距離 SNP 對 ($< 1\text{ kb}$) 仍存在較高 r^2 值 (最高可超過 0.5)，但整體趨勢顯示 r^2 值隨物理距離快速下降。在兩組資料中，GAM 曲線於距離約 20 kb 處即已降至 $r^2 \approx 0.05$ ，並趨近於 0，顯示白線斑蚊樣本整體 LD 範圍極短，未觀察到長距離連鎖的訊號。

3.4 第一階段:南部都市密集採樣之族群結構分析 (N = 116)

3.4.1 族群結構

本研究針對第一階段所取得之 116 筆都市樣本，選取 79,545 個 SNPs 進行族群結構分析。PCA 結果顯示，第一與第二主成分 (PC1 與 PC2) 分別解釋 1.61% 與 1.50% 的遺傳變異量，整體變異解釋量偏低，顯示樣本間之遺傳差異程度有限。將樣本依縣市層級 (台南市、高雄市、屏東縣、2000m 高山) 進行標示後，於主成分空間中未呈現明確分群或聚集趨勢 (圖九)。進一步依各縣市所轄行政區進行細分，樣本在主成分空間中仍呈現分布混雜，未顯示結構性分布 (圖十)。

為補充 PCA 所呈現之遺傳結構樣態，進一步擷取 PCA 所產生之前五個主成分分數，作為輸入資料進行 UMAP 分析。結果顯示，樣本於由 UMAP1 與 UMAP2 構成之二維投影空間中呈現分布交錯，未觀察到依地理區域聚集之現象，整體樣本間也未顯示明顯分群趨勢 (圖十一)。此分析結果與 PCA 一致，皆顯示本階段都市樣本間缺乏顯著的空間遺傳結構，推測其間可能存在頻繁基因流動，導致族群間遺傳組成相對均質。

進一步以 ADMIXTURE 進行模型式族群推估，分析結果顯示交叉驗證誤差 (cross-validation error) 在 $K=1$ 時最低，為理論上最佳群體數。因 $K=1$ 無法提供有效之族群結構資訊，故僅展示 $K=2$ 至 $K=4$ 之推估結果 (圖十二)。於所有 K 值下，樣本皆呈現多重祖源構成，且不同區域間未觀察到穩定或一致的祖源分布模式，未顯現清晰的族群分化趨勢。上述結果整體顯示，第一階段都市樣本間缺乏顯著的遺傳分化結構，推論其族群間具高度基因流動與遺傳連通性。

3.4.2 親屬關係與地理距離

為進一步探討白線斑蚊樣本間親緣關係與其地理分布之關聯性，本研究針對第一階段所取得之 116 筆都市樣本，使用含 79,545 個 SNPs 的資料集，計算樣本對之 Loiselle's K 親屬關係係數，並依據親緣層級分類結果，比較親屬關係樣本對間之地理距離範圍。在未限制樣本採集時間差的情況下，共檢測出 52 對具三

等親以內之樣本對，其中包含 2 對半手足關係 ($0.09375 < k \leq 0.1875$)，其最遠地理距離達 13.49 公里；以及 50 對表親關係 ($0.046875 < k \leq 0.09375$)，其最遠更可達 73.15 公里 (圖十三)，顯示在南部都會區中，白線斑蚊族群可能具備跨區域遷移能力。

考量白線斑蚊自然條件下之平均壽命約為 2 至 4 週[71, 72]本研究進一步以 30 天作為潛在單一世代內之時間界限，篩選僅具 30 天內採樣差異之樣本對，重新評估其親緣分布與地理距離。在此條件下，共檢測出 14 對具三等親以內之樣本對，其中表親樣本對之最遠地理距離達 15.03 公里 (圖十三)，顯示即便在單一世代內，白線斑蚊亦可能於數公里甚至十公里以上範圍內移動或繁衍。

3.4.3 遺傳距離與地理距離

本研究以 79,545 個高品質 SNP 位點為基礎，並以 Euclidean genetic distance 為遺傳距離，評估樣本間遺傳距離與地理距離之關聯性。Mantel test 結果顯示，在未控制時間差異的情況下，樣本間遺傳距離與地理距離之間呈現低度但顯著之正相關 (mantel $r = 0.0441$, $p = 0.001$)，對應之線性回歸斜率為 -0.1204 (圖十四)。考量樣本採集時間可能對遺傳距離造成干擾，進一步控制樣本對間之時間差異後進行 partial Mantel test，仍觀察到顯著之正相關 (partial mantel $r = 0.0471$, $p = 0.001$) 對應斜率為 -0.0903 (表九)。

為避免具親緣關係樣本對對結果產生之影響，另以 SPAGeDi 計算樣本對間之親屬關係係數 (Loiselle's kinship coefficient)，並依據常用門檻值 ($k > 0.046875$) 排除被識別為具三等親以上親緣關係之樣本對。據此建立排除親緣樣本對後之距離矩陣，並進行相同之 Mantel 與 partial Mantel test。結果顯示，在控制親緣關係後，遺傳距離與地理距離之正相關仍顯著存在 (mantel $r = 0.0437$, $p = 0.001$; partial mantel $r = 0.0468$, $p = 0.001$)，對應斜率分別為 -0.1489 與 -0.1197 (表九)，與未排除親緣關係時結果一致。

整體而言，四組分析皆指出遺傳距離與地理距離間存在弱但穩定且具統計顯

著之正相關，即使在控制時間差異與排除親緣樣本對後仍維持一致，顯示白線斑蚊族群於都市環境中仍保有一定程度之空間基因結構。然而，這些 Mantel r 值皆偏低，對應之線性回歸斜率亦為負且幅度極小，顯示整體關聯性趨勢極為微弱。

3.5 第二階段:全島網格採樣之族群結構分析 (N = 300)

3.5.1 族群結構

本研究針對第二階段所使用之 300 筆樣本，選取 40,263 個 SNP 位點進行族群結構分析。為提升結果呈現清晰度並避免因縣市分類過細導致視覺辨識困難，依據國家發展委員會《臺灣地區綜合開發計劃》所劃分之四大區域進行地區群組標示，分別為北部 (n=71)、中部 (n=78)、南部 (n=98) 及東部 (n=53) (圖十五)，其中僅具單一樣本之新竹市與嘉義市，分別併入新竹縣與嘉義縣所屬區域處理，以利後續群體比較與視覺化分析。

PCA 分析結果顯示，PC1 與 PC2 分別僅解釋 0.91% 與 0.83% 之遺傳變異，顯示樣本間整體遺傳差異程度相對有限。於主成分空間中未見明確分群趨勢，樣本分布廣泛且混雜，亦無明顯地理聚集現象 (圖十六)。

為補充此結果並檢視是否存在潛在遺傳結構，本研究亦以 UMAP 對前五個主成分進行二維投影。結果顯示，樣本於 UMAP 空間中同樣呈現混合分布，缺乏依區域聚集或分群之明顯模式 (圖十七)。綜合 PCA 與 UMAP 結果，皆顯示全島樣本間整體遺傳結構高度混合，未顯現清晰之地理分化。

進一步使用 ADMIXTURE 進行族群推估，以交叉驗證誤差 (cross-validation error, CV error) 作為模型評估依據。結果指出 $K = 1$ 雖具有最低 CV error，但因無法反映祖源結構，故未納入展示； $K = 2$ 為具生物學意義之最佳群體數 (CV error = 0.18888)。 $K = 2$ 至 $K = 4$ 的推估結果顯示，各樣本普遍具有多重祖源組成，地區間亦未呈現穩定之祖源分布模式 (圖十八)。整體而言，ADMIXTURE 結果與 PCA、UMAP 分析相符，皆指出白線斑蚊於台灣本島之遺傳組成相當均質，族群間可能存在頻繁基因流動與高度遺傳連通性。

然而，於 $K = 2$ 模式下，觀察各縣市樣本之祖源比例可發現，南投、高雄、屏東與花東地區具有幾乎完全由藍色祖源 (G2) 構成之樣本比例明顯偏高。由於這些樣本多數採自高海拔山區，本研究進一步將 Q 值接近 1 的樣本個體標示於地圖上，以檢視其空間分布。結果顯示，黃色祖源個體主要分布於西部平原都市區，而藍色祖源個體則集中於中央山脈與鄰近丘陵地區，包括南投、高雄山區、花東縱谷與苗栗丘陵等 (圖十九)。

此外，將此兩類樣本投影回 PCA 空間中，亦可觀察到其大致呈現分群趨勢 (圖二十)。此結果顯示，即使整體族群結構未顯示明確分化，仍可能潛藏與地形環境 (都市平地 vs. 山區丘陵) 相關之微弱遺傳結構。後續將以地景遺傳模型進行驗證與解釋。

3.5.2 親屬關係與地理距離

為進一步探討白線斑蚊樣本間親緣關係與其地理分布之關聯性，本研究針對第二階段所取得之 300 筆全島網格採樣樣本，使用含 40,263 個 SNPs 的資料集，計算樣本對之 Loiselle's K 親屬關係係數，並依據親緣層級分類結果，比較親屬關係樣本對間之地理距離範圍。

在不限制樣本採集時間差異的情況下，共檢測出 83 對具三等親以內親緣關係之樣本對，其中包含 4 對全手足關係 ($k > 0.1875$)，其最遠地理距離達 52.58 公里；6 對半手足關係 ($0.09375 < k \leq 0.1875$)，其最遠地理距離達 142.22 公里；以及 73 對表親關係 ($0.046875 < k \leq 0.09375$)，最遠地理距離甚至可達 (255.04) 公里 (圖二十一)。此結果顯示，白線斑蚊族群間可能存在橫跨數十公里、甚至縣市界線以上之遺傳連通性，反映高潛能之長距離基因交流能力。

延續前述白線斑蚊壽命推估條件以 30 天作為潛在單一世代內基因交流之時間界限，篩選僅具 30 天內採樣差異之樣本對進行分析。在此條件下，共偵測出 30 對具三等親以內之樣本對，其中包含 3 對全手足關係，最遠距離達 52.58 公里與 27 對表親關係，最遠地理距離達 168.33 公里，並未觀察到半手足關係樣本對

(圖二十一)。此結果指出，即便侷限於單一世代內，白線斑蚊仍具備橫跨數十公里進行遺傳交流之潛力，可能反映其成蚊的主動飛行能力或藉由交通工具進行的被動擴散。



3.5.3 遺傳距離與地理距離

本研究進一步針對第二階段所取得之 300 筆全島網格採樣樣本，使用含 40,263 個 SNP 位點之基因型資料，評估樣本間遺傳距離與地理距離之間之關聯性。以 Euclidean genetic distance 為遺傳距離指標，進行 Mantel 與 partial Mantel test 分析。

在未控制樣本採集時間差異的情況下，Mantel test 結果顯示，遺傳距離與地理距離間並無顯著相關性 (mantel $r=0.00136$, $p=0.304$)，對應線性回歸斜率為 0.0912 (圖二十二)。進一步控制樣本對間之時間差異後進行 partial Mantel test，相關性略升 (partial Mantel $r=0.00126$)，但同樣未達統計顯著水準 ($p=0.353$)，對應斜率為 0.1166 (表十)。

為避免具親緣關係樣本對可能對結果產生干擾，進一步以 SPAGeDi 計算樣本對間之親屬關係係數 (Loiselle's kinship coefficient)，並依據常用門檻值 ($k > 0.046875$) 排除具三等親以上親緣關係之樣本對。據此重新建立距離矩陣後進行分析，結果顯示，在排除親緣關係樣本對後，Mantel test 所得之相關性為 $r = -0.00015$ ($p = 0.540$)，對應斜率為 0.0815；控制時間差後之 partial Mantel test 相關性亦極低 (partial Mantel $r = -0.00025$, $p = 0.550$)，對應斜率為 0.1072，皆未達統計顯著水準 (表十)。

整體而言，300 筆樣本之分析未觀察到遺傳距離與地理距離間具一致性或顯著性之正相關，顯示在本研究所涵蓋之全島尺度下，地理距離對白線斑蚊族群遺傳變異之解釋力有限。

3.5.4 遺傳交流阻力空間模型分析

圖中以色階表示各區域樣本間遺傳距離與地理距離之線性回歸殘差 (Residuals of IBD model)，用以反映基因流動相對於距離的異常程度 (圖二十三)。白色區域表示殘差接近零，代表遺傳距離與地理距離關係符合 Isolation by Distance (IBD) 模式之預期；橘色區域代表正殘差，意指實際遺傳距離高於預期，可能存在較高的遺傳交流阻力；反之，灰色至深灰色區域為負殘差，顯示遺傳距離小於預期，可能存在促進基因流動的因子。

整體而言，樣本間遺傳距離與地理距離的關係在空間上呈現高度異質性，僅少數區域殘差接近零，顯示 IBD 模式僅局部適用，而多數區域之基因流動則可能受到其他地景或空間因素影響。

其中最具特色者為西部地區：苗栗至台南間之丘陵與山腳地帶，呈現一條由北至南延伸的高阻力區（橘色帶狀區域），形成都市平地族群（黃色樣本）與山區族群（藍色樣本）之間的遺傳交換鴻溝。此結果不僅與前述 ADMIXTURE K = 2 模式所顯示的兩族群在地圖上的空間分布邊界相呼應（圖十九），亦與其樣本分布所呈現的地理間隙一致，進一步支持此二族群間可能存在地景遺傳隔離。

此外，東部縱谷地區多呈現灰色至深灰色，對應負殘差值，顯示該區樣本間遺傳距離低於地理距離預期，顯示該區族群間遺傳交流相對頻繁，基因流動程度較高。相較之下，中南部中央山脈區域則多為白色區域，表示樣本間遺傳距離與地理距離之關係接近 IBD 模式預期，顯示該地區之遺傳結構主要受距離影響。整體而言，即使台灣白線斑蚊未呈現明顯的地理分化，其基因流動仍受到地形與空間環境異質性的調控，山區與都市平地族群間顯示出微弱但一致的地景遺傳隔離現象。

3.5.5 環境因子與遺傳結構之關聯性

為探討氣候環境異質性與白線斑蚊遺傳結構間之潛在關聯性，本研究使用 Mantel test 與 Partial Mantel test，評估 19 項生物環境因子 (BIO1~BIO19) 與樣本間遺傳距離之相關性。結果顯示，共有 7 個環境因子於兩項檢定中皆與遺傳距

離呈顯著正相關 ($p < 0.05$)，分別為: BIO1 (年均溫)、BIO5 (最暖月最高溫)、BIO6 (最冷月最低溫)、BIO8 (最潮濕季平均溫)、BIO9 (最乾燥季平均溫)、BIO10 (最暖季平均溫) 與 BIO11 (最冷季平均溫) (表十一)。

其中，BIO1 (年均溫) 在 Mantel test ($r = 0.1119, p = 0.0003$) 與 Partial Mantel test ($r = 0.1008, p = 0.0006$) 中皆呈現最高的相關性，顯示樣本間的年均溫差異與其遺傳距離變化密切相關，氣溫梯度可能影響族群間的遺傳結構。另一方面，環境因子間的 Pearson's correlation 結果亦顯示，上述七個因子彼此間高度相關 ($|r| \geq 0.7$) (表十二)，存在明顯共線性。

因此，為避免共線性干擾後續建模分析，並提升解釋力與模型穩定性，最終以 BIO1 (年均溫) 作為代表性氣候因子，入後續地景遺傳建模與阻力值最佳化分析。

3.5.6 地景阻力值最佳化分析

為進一步探討不同環境因子對白線斑蚊基因流動的潛在影響，本研究針對八項具有潛在生態與人為意涵的地景變數進行單圖層地景遺傳建模。分析基於第二階段 300 筆樣本資料，並於結果圖中標示出 ADMIXTURE $K = 2$ 模式下判定之山區族群 (藍點) 與平地都市族群 (黃點) 樣本位置 (圖十九)，以利比較環境阻力格局與族群分布之對應關係。圖中以顏色深淺表示各區域之推估阻力值，顏色越深代表基因流動所受阻力越大，顏色越淺則表示阻力較小，可用以呈現不同地景變數下的潛在遺傳交流障礙空間分布。為提升結果判讀之直觀性，各圖組皆搭配原始環境因子影像 (左) 與 ResistanceGA 最佳化後之阻力圖層 (右)，以利比較地景原始分布與其對基因流動之推估影響。

從 ResistanceGA 建模結果 (表十三) 可見，所有地景變數皆表現出某種程度的空間結構性，但其邊際決定係數 (Marginal R^2) 皆偏低 ($R^2_m < 0.004$)，顯示各變數對遺傳距離的獨立解釋力相當有限，並無單一環境因子具主導性效應。然而，觀察阻力圖層的空間分布格局可發現，不同變數在族群分布邊界地區所呈現

之阻力模式仍具有一致性趨勢。

其中，BIO1（年均溫）、NDWI（常態化差異水體指數）、NDBI（常態化差異建物指數）、PDEN（最小統計區人口密度）與 tmin_JFM（1~3 月平均月低溫）等圖層，在中央山脈、西部丘陵地區以及東部海岸山脈多呈現較高的推估阻力值，與 ADMIXTURE K = 2 結果中族群分化之空間邊界相符。

相對地，NDVI（常態化差異植被指數）、DEM（數值高程模型）與 DSM（數值地表模型）圖層則於相同地區顯示較低阻力值，反映在高海拔或植被覆蓋良好的區域，白線斑蚊可能具備相對較高的擴散能力。此結果指出，不同類型地景條件對基因流動的影響方向與強度並不一致，顯示生態因子與人為干擾對白線斑蚊遺傳結構具有潛在的差異化影響（圖二十四）。

綜合而言，雖然各地景變數對基因流動的獨立解釋力有限，然而其阻力分布格局與族群樣本的空間結構具有一定程度的對應關係，顯示環境異質性可能透過多重路徑與複合效應，共同影響白線斑蚊在台灣本島的基因交流與遺傳分化。

3.5.7 基因功能富集分析結果

本研究針對±10 kb 擴展後的 219 筆候選基因，透過 eggNOG-mapper 執行 GO: Biological Process 功能富集分析，共獲得 39 筆通過 FDR 校正（p.adjust < 0.05）之顯著 GO term 項目。整體而言，這些顯著條目主要顯著於三大功能面向，分別為神經發育與神經元功能、感官與行為調控，以及細胞間訊號傳導調節（表十四）。

在神經相關功能中，顯著條目包含樹突發育（dendrite development，GO:0016358）、神經元辨識（neuron recognition，GO:0008038）、軸突導引調控（regulation of axon guidance，GO:1902667）、負向調控神經元分化（negative regulation of neuron differentiation，GO:0045665）與腦部發育（brain development，GO:0007420）等，顯示候選基因與神經系統形成與發育過程具高度相關性。

在感官與行為功能方面，則顯著於如攻擊行為（aggressive behavior，GO:0002118,）、視覺行為（visual behavior，GO:0007632）與記憶（memory，

GO:0007613)等行為調控與感知處理功能，可能與環境差異導致的適應性行為演化有關。

此外，亦觀察到多項與訊息傳遞及細胞間溝通相關之顯著條目，例如細胞辨識 (cell recognition, GO:0008037)、正向調控蛋白質磷酸化 (positive regulation of protein phosphorylation, GO:0001934) 與突觸間訊號傳遞之調控 (regulation of synaptic signaling, GO:0099177) 等，可能反映候選基因於神經調節與細胞互作層面之潛在適應性角色。

綜合上述結果顯示，白線斑蚊山區與平地都市族群間具有顯著遺傳分化之基因，可能參與神經發育、行為調控與細胞訊號傳遞等生物過程，進一步支持其族群間可能受到不同棲地條件選擇壓力之影響。

為補充非模式物種功能註解之可能侷限，並比較不同註解平台所產生之 GO 富集結果，本研究亦將候選基因之蛋白質序列透過 BLASTP 比對至黑腹果蠅 (*Drosophila melanogaster*) 蛋白質資料庫 (版本: BDGP6.46)，保留具有顯著相似性者 ($e\text{-value} \leq 1e-5$ ，僅取最佳命中)，共獲得 167 筆果蠅同源蛋白。將此基因集輸入 Metascape 平台進行 GO: Biological Process 分類之基因富集分析，結果顯示顯著條目同樣聚焦於神經發育與細胞間調控相關功能，例如神經分化 (neuron differentiation, GO:0030182)、感官器官發育 (sensory organ development, GO:0007423)、細胞黏附 (cell adhesion, GO:0007156)、突觸傳遞調控 (regulation of synaptic transmission, GO:0099177) 與細胞間訊號傳導 (cell-cell signaling, GO:0007267) 等生物過程。這些顯著結果與 eggNOG-mapper 分析所顯示之功能面向高度一致，進一步支持神經功能與細胞互作可能為白線斑蚊山區與平地都市族群間遺傳分化之潛在適應性基礎 (表十五與圖二十五)。

第四章 討論

遺傳多樣性分析與族群結構探討

相較於國外文獻[73]的 293,109 個基因座，本研究第一階段都市樣本共建構 3,149,757 個基因座並保留 79,545 個高品質 SNP；第二階段全島樣本則偵測 4,716,138 個基因座並保留 40,263 個 SNP，基因座數分別為文獻[73]所報導之 10 倍與 16 倍以上。文獻[7, 8, 17]分別保留 3,084、27,037~35,101 與 23,240 個 SNP，皆低於本研究兩階段資料所獲得之變異位點數量。顯示本研究不論在都市密集取樣或全島系統性取樣下，皆獲得相對較高的資料解析度與基因組涵蓋度，可有效支援後續族群結構、親緣關係與地景基因流動建模等遺傳分析的進行。

我們利用含 79,545 個 SNP 的第一階段及含 40,263 個 SNP 的第二階段資料進行 PCA、UMAP 及 ADMIXTURE 分析，結果兩階段皆未見明確的地理分化，族群呈現高度遺傳混合，無論都市取樣或全島系統取樣皆未形成固定的群聚結構。此現象顯示白線斑蚊在台灣低海拔平地及都市區域具有高度的基因流動性與族群連通性，即使於不同縣市與行政區採樣，樣本間亦未表現出顯著的遺傳分化。

相較之下，針對同為斑蚊屬的埃及斑蚊 (*Ae. aegypti*)，有研究針對台灣南部地區進行族群遺傳結構分析，指出台南市與屏東縣東港鎮的族群在 PCA 與 STRUCTURE 分析中均呈現出顯著的遺傳分化[13]。該研究推測，此分化可能源自都市化程度差異與空間隔離所造成的基因流限制，顯示人為景觀在短距離尺度內即可對埃及斑蚊產生明確的族群結構影響。

然而，本研究於相同地理區域所採樣之白線斑蚊樣本中，無論是位於原台南市區，或更偏向郊區的新化與左鎮地區，在 PCA 與 ADMIXTURE 分析中皆未觀察到顯著的族群分化，各行政區間亦無明確遺傳邊界。此結果顯示，相較於埃及斑蚊，白線斑蚊在南部都市與郊區之間具有更高的基因交流程度與族群連通性，可能與其原生於台灣、長期分布於多樣低海拔棲地所建立之穩定族群架構有關。

此外，過去也有研究針對入侵地區進行大範圍族群遺傳結構分析，顯示白線

斑蚊在非原生地區仍可維持高度的遺傳混合狀態。例如，Gloria-Soria 等人[74]針對美國東北地區超過千筆白線斑蚊樣本進行微衛星基因型分析，結果顯示該區族群間缺乏明顯的遺傳分化，呈現高度遺傳同質性。研究團隊推測，此現象可能肇因於白線斑蚊在當地的快速擴張、人為活動所促進之長距離遷徙，以及多次獨立引入所造成的 propagule pressure，使各地族群的基因庫趨於一致，進而削弱地理分化的形成。

同樣地，Sherpa 等人[73]應用 ddRAD-seq 技術建構 1,561 個 genome-wide SNP，針對歐洲地區與法屬留尼旺島的白線斑蚊族群進行系統性分析。結果顯示，多數歐洲樣點間呈現高度的基因混合，僅有阿爾巴尼亞地區（如 ALB-1 與 ALB-2）呈現顯著的遺傳分化，其餘樣點則具有相對一致的遺傳結構。該研究強調，即使在入侵初期階段，白線斑蚊亦可能快速建立動態且區域間不一致的遺傳結構，呈現出與 Iacchei 等人[42]所定義之「chaotic genetic patchiness」相似的現象，即高基因流動背景下族群間缺乏穩定、一致的空間遺傳格局。

綜合本研究與前人針對美國與歐洲等地入侵族群之分析結果，可見無論於原生地（台灣）或非原生地（美國東北、歐洲），白線斑蚊皆展現出高度的基因交流與遺傳同質化現象，族群間缺乏明確而穩定的遺傳分化界線。此現象反映該物種具備極強的擴散潛能與廣泛的環境適應能力，亦可能與人為活動促進之長距離遷徙與反覆引入所導致的 propagule pressure 有關。不僅有助於說明其全球快速擴張的能力，也對於評估傳染病跨區域擴散風險與規劃區域性病媒防治策略具有關鍵意義，特別是在須考量高族群連通性與跨地區基因流動的情境下。

值得注意的是，本研究中 ADMIXTURE 分析於 $K = 2$ 條件下所呈現的族群分化結果，與台灣本島的地形分布相符，山區樣本與平地都市樣本分別對應至不同的遺傳群體。此結果顯示，即使整體族群結構高度混合，若地景環境存在顯著差異，仍可能促進特定區域之遺傳分化。雖然台灣為該物種之原生地，且整體遺傳結構未呈現距離隔離分化（isolation by distance），然而此種在局部尺度出現的

空間異質性，亦呈現與「chaotic genetic patchiness」相似的特徵，突顯即便在高度連通的背景下，族群結構仍可能受限於區域性環境與地景因素而產生局部分化[42]。



遺傳距離與地理距離之區域性關聯比較

本研究顯示，白線斑蚊於台灣南部都市樣本中呈現微弱但穩定的 isolation by distance (IBD) 訊號，即使在控制樣本採集時間與親緣關係後，遺傳距離與地理距離間仍維持低度正相關 (Mantel $r \approx 0.045$, $p = 0.001$)。此結果顯示，白線斑蚊在都市範圍內的基因流動雖整體雖活躍，但仍可能受到地理距離之局部限制。然而，當分析尺度擴大至全台灣本島時，遺傳距離與地理距離間之關聯性即趨近於消失 (Mantel $r \approx 0.001$, $p > 0.3$)，反映該物種在大尺度下之遺傳混合程度極高，地理距離已難以有效解釋其遺傳結構變異。

相似的現象亦可見於其他原生地區研究。Schmidt 等人針對中國廣州市之白線斑蚊進行密集都市採樣分析，儘管偵測到顯著的正相關，但其 Mantel r 僅為 0.062，顯示即便在族群密度極高的原生分布區，IBD 訊號仍極為微弱[7]。此結果與本研究南部都市樣本相近，支持都市化環境中高密度族群與人為活動促進下，基因流動可迅速抹除地理隔離所造成之遺傳結構差異。

在非原生入侵區域，白線斑蚊則展現出更顯著的遺傳同質化趨勢。Vavassori 等人[17]於義大利與瑞士地區進行 ddRAD-seq 分析，觀察到負相關的 IBD 結果 (Mantel $r < 0$, $p > 0.97$)，顯示在該區域中地理距離對遺傳差異毫無解釋力，推測其原因可能為多次入侵與人為運輸造成族群混合。Gloria-Soria 等人[74]針對美國東北部 9 州樣本進行微衛星標記分析，雖涵蓋超過千公里範圍，卻未偵測到明顯的地理分化與 IBD 結果，顯示族群結構亦高度均質。

綜合本研究與相關文獻，白線斑蚊無論位於原生地（台灣、廣州）或入侵地（歐洲、美國），族群普遍缺乏明顯的 IBD 模式，僅在特定都市或區域尺度下觀察到微弱關聯，顯示其基因流動不易受地理距離所限制。此現象反映其具備高度

的擴散潛力與基因交流能力，並可能受益於交通運輸、棲地破碎化，以及都市區域所形成之連續棲地環境，促進族群間的連通性與遺傳同質化。此特性亦構成其全球迅速擴張與病媒傳播風險跨區域擴散的關鍵生態基礎。



遠距離親屬樣本對與人為擴散之可能機制探討

在第二階段全島樣本中，進一步篩選採集時間差在 30 天以內之樣本對後，仍可觀察到 3 對全手足樣本對 (Loiselle's $k > 0.1875$)，顯示即便在單一世代內，白線斑蚊亦可能實現跨區域的遺傳交流。其中兩對樣本具高度代表性：其一來自宜蘭縣五結鄉與新竹縣尖石鄉，地理距離達 52.5 公里，採集時間相隔僅 13 天，分別自水桶中之幼蟲與誘卵桶中之卵所獲得；其二來自宜蘭縣頭城鄉與新北市坪林區，雖為同日採集，距離亦達 19.6 公里，樣本分別來自底盤積水與廢輪胎中之幼蟲。儘管後者具相同採樣日期，仍須注意誘卵桶與積水容器所記錄者多為卵或幼蟲之「收集時間」，不一定反映實際產卵時間，因此兩者之親緣關係亦可能來自時間接近但非同步之繁殖事件。

然而，樣本間於短時間內展現出橫跨數十公里之親緣對應關係，顯然難以以白線斑蚊自然飛行能力合理解釋。多項捉放法 (mark-release-recapture, MRR) 之研究指出，其主動飛行距離多侷限於 1 公里以內。例如，Vavassori 等人在瑞士進行的實驗中，其 90% 飛行範圍 (FR90) 為 826~861 公尺，最大飛行距離也僅為 960~977 公尺[75]；Bellini 等人[76]、Marini 等人[77]與 Le Goff 等人[78]的研究也顯示，其最大飛行距離皆未超過 600 公尺。即使 Maciel-de-Freitas 等人曾觀察到最遠可達 1,000 多公尺[79]，仍遠低於本研究所觀察到的 52.5 公里與 19.6 公里之樣本對間距。

因此，當白線斑蚊樣本於短時間內展現出橫跨數十公里之親緣關係時，除了自然擴散之外，亦應考慮人為媒介所促成之被動遷移機制。雖過去已有研究提出白線斑蚊可能透過汽車等交通工具進行被動擴散的假說，但長期以來缺乏直接證據。直至近年，Eritja 等人[80]首度透過實地調查車輛中成蚊進入情形，並進一步

結合全國通勤流量與蚊子盛行率進行模型建構，提供了白線斑蚊可隨車輛移動至其他地區之直接證據。其推估結果顯示，西班牙境內每日可能發生數萬起車載蚊子事件，且潛在遷移距離可達數百公里。雖該研究未標示個別車輛所載運蚊子之實際最遠距離，但模型顯示巴塞隆納與馬德里之間（車行距離逾 600 公里）等多對省份間，皆可能發生白線斑蚊之車輛轉移事件。

對照本研究所觀察之五結與尖石樣本對（52.5 公里）及頭城與坪林樣本對（19.6 公里），其間距明顯超出白線斑蚊自然擴散能力。在台灣交通網絡高度發達、人車流動頻繁之情境下，兩地間透過車輛轉移蚊卵或成蚊之可能性甚高。進一步而言，這些樣本皆採自誘卵桶、積水容器或廢輪胎等常見都市微棲地，突顯人為環境與交通行為對白線斑蚊基因交流所具之潛在影響。綜合上述，本研究中發現之遠距離親屬樣本對，極可能反映單一代內經由車輛載運所造成之人為擴散事件，與 Eritja 等人提出之實地觀察與模型推估結果相互呼應。

適應性變異與功能富集分析

針對台灣本島山區與平地都市兩大遺傳群體之間的遺傳分化，基因富集分析顯示，顯著差異位點鄰近基因主要涉及神經突起發育（如 dendrite development、regulation of axon guidance）、行為調控（如 aggressive behavior、visual behavior、memory）與細胞間訊息傳遞（如 cell-cell signaling、synaptic signaling）等功能面向。這些生物過程在昆蟲的感知能力、神經調節與環境適應中扮演重要角色，亦可能與族群於不同生態環境下所面臨之選擇壓力有關。

儘管 ddRAD-seq 為非全基因體定序方法，基因富集結果呈現高度功能集中性，特別聚焦於神經發育與行為調控路徑，可能存在與氣候環境相關的適應性演化。本研究進一步結合氣候距離與遺傳結構的相關性分析，發現 BIO1（年均溫）與遺傳距離之間的相關性最高，顯示溫度梯度可能為影響白線斑蚊遺傳結構的重要因素。雖然 ResistanceGA 建模結果指出地形因子（DEM、DSM），且所有變數之邊際解釋力皆偏低（ $R^2_m < 0.004$ ），但地形本身與溫度具有密切物理關聯

(海拔愈高氣溫愈低)，其空間分布亦與遺傳群體邊界大致相符，間接支持溫度作為選擇壓力來源的假說。

與此一致，Carlassara 等人[81]比較義大利與中國兩地白線斑蚊族群在不同發育溫度下之表型差異，發現族群間對溫度的反應存在顯著差異，涵蓋成蟲體型、壽命、繁殖能力、*Wolbachia* 密度與病毒傳播力。該研究顯示，發育期溫度可顯著改變蚊子之生理與感染特性，且效應具有族群專一性，支持本研究中觀察到的潛在選擇壓力與遺傳分化之關聯性。此外，Kramer 等人[82]亦指出，不同地區來源之白線斑蚊展現出不同的寒冷適應能力，高緯度族群表現出更強的冷適應與能量儲存能力，說明氣候環境可促成表型與適應性分化。

進一步地，Marini 等人[83]透過數理模型結合田野資料，評估溫度對白線斑蚊族群動態的影響，發現高溫年份白線斑蚊族群迅速擴張，並與其他蚊種產生季節性替代。研究指出，發育期的溫度梯度會非線性地影響其發育速率與族群密度，進而改變其在自然棲地中的繁殖與擴散潛力。雖未直接探討表型或病毒感受性，此研究仍突顯溫度作為選擇壓力的潛在角色，凸顯溫度作為潛在選擇壓力的生態背景意涵。

綜合上述，本研究觀察到的遺傳分化不僅可能反映地形與氣候造成的空間隔離效應，亦可能與神經發育與行為調控相關基因的適應性變異有關。環境異質性與自然選擇可能共同作用於白線斑蚊的遺傳結構與生理可塑性，進而形塑其在不同棲地中的生存與傳播潛能。

然而，由於本研究採用 ddRAD-seq 為限制性酶切之選擇性定序方法，涵蓋基因組區段有限，且變異位點分布受酶切位點與過濾條件所限，故基因富集結果應視為初步推論。儘管顯著差異位點所對應基因功能集中於神經發育與行為調控等生物過程，未來仍需透過全基因體定序(WGS)或轉錄體分析(transcriptomics)進行驗證。特別是與溫度適應相關之候選基因，建議後續可結合基因表現分析、敲除實驗或行為觀察等功能性研究，以釐清其生物學角色。此類實證將有助於補

足本研究以 SNP 為基礎所揭示之遺傳結構與功能變異間的潛在連結，並深化對非模式物種環境適應機制之理解。



第五章 結論



本研究透過 ddRAD-seq 分析白線斑蚊在台灣之族群遺傳結構與基因流動特徵，結合地景遺傳建模與氣候變數相關性檢定，探討在不同環境下族群間的遺傳關係。整體而言，兩階段樣本（南部都市與全島網格採樣）之族群結構分析結果皆顯示樣本間遺傳組成高度混合，缺乏明顯地域分化。然而網格採樣在 $K=2$ 條件下仍可辨識出兩大祖源成分，分別對應平地都市族群與高海拔山區族群，顯示在高度基因流動背景下仍潛藏微弱的地理結構。親緣分析顯示，具有三等親以內關係之樣本對可跨越數十至兩百公里，且即使限制於 30 天內採集之樣本對，亦觀察到跨距離達 50 公里以上的親緣關係，反映白線斑蚊具備遠距離基因交流能力，可能與主動飛行與人為擴散雙重途徑有關。

進一步以空間遺傳模型推估基因流動阻力分布，發現新竹至高雄間的丘陵山腳帶構成一條連續的高阻力帶，成為都市平原與山區族群間的遺傳交換鴻溝。此結果與山區與平地兩族群之空間分布高度一致，支持兩群體間存在地景隔離現象。環境因子方面，氣候距離與遺傳距離之相關性檢定結果顯示，年均溫（BIO1）與遺傳結構的關聯性最為顯著，為潛在重要的氣候調控因子。功能富集分析亦指出，高分化位點所對應之候選基因顯著集中於神經發育、能量代謝與溫度反應等生物過程，暗示山區族群可能因氣候壓力而產生區域性適應。

總結而言，白線斑蚊雖具高度基因流動性，仍可能在地形與氣候選汰壓力下產生微幅遺傳分化，顯示其具備潛在的區域性適應能力。本研究整合族群遺傳結構分析、地景基因流動建模與基因功能解析，揭示環境異質性對其遺傳結構的潛在影響，相關結果可作為後續白線斑蚊監測佈點規劃與病媒防治策略研擬之參考。

第六章 參考文獻



1. Kraemer, M.U., et al., The global distribution of the arbovirus vectors *Aedes aegypti* and *Ae. albopictus*. *Elife*, 2015. **4**: p. e08347.
2. Weaver, S.C. and M. Lecuit, Chikungunya virus and the global spread of a mosquito-borne disease. *The New England Journal of Medicine*, 2015. **372**(13): p. 1231-9.
3. Bogoch, II, et al., Anticipating the international spread of Zika virus from Brazil. *The Lancet*, 2016. **387**(10016): p. 335-336.
4. Kraemer, M.U.G., et al., Past and future spread of the arbovirus vectors *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*. *Nature Microbiology*, 2019. **4**(5): p. 854-863.
5. 陳易呈等人, 埃及斑蚊及白線斑蚊之生態特性及傳播病毒能力的文獻回顧, *疫情報導*. 2019. p. 172-186.
6. Gloria-Soria, A., et al., Vector Competence of *Aedes albopictus* Populations from the Northeastern United States for Chikungunya, Dengue, and Zika Viruses. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 2020. **104**(3): p. 1123-1130.
7. Schmidt, T.L., et al., Genome-wide SNPs reveal the drivers of gene flow in an urban population of the Asian Tiger Mosquito, *Aedes albopictus*. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 2017. **11**(10): p. e0006009.
8. Yeo, H., et al., Dense residential areas promote gene flow in dengue vector mosquito *Aedes albopictus*. *iScience*, 2023. **26**(9): p. 107577.
9. Schmidt, T.L., et al., Spatial population genomics of a recent mosquito invasion. *Molecular Ecology*, 2021. **30**(5): p. 1174-1189.
10. Kotsakiozi, P., et al., Population genomics of the Asian tiger mosquito, *Aedes albopictus*: insights into the recent worldwide invasion. *Ecology and Evolution*, 2017. **7**(23): p. 10143-10157.
11. Schmidt, T.L., et al., Population genomics of two invasive mosquitoes (*Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*) from the Indo-Pacific. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 2020. **14**(7): p. e0008463.
12. 劉禹含。「白線斑蚊粒線體的基因體學研究」。碩士論文，國立中興大學基因體暨生物資訊學研究所，2017。 <<https://hdl.handle.net/11296/286wft>>
13. Huang, C.G., et al., The Impact of Administrative Districts and Urban Landscape on the Dispersal of *Aedes aegypti* via Genetic Differentiation. *Molecular Ecology*, 2025. **34**(3): p. e17644.
14. Muharromah, A.F., et al., *Fine-scale adaptive divergence and population genetic structure of Aedes aegypti in Metropolitan Manila, Philippines*. *Parasit*

- Vectors, 2024. **17**(1): p. 233.
15. Zhao, M., et al., Genetic diversity of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* from cohabiting fields in Hainan Island and the Leizhou Peninsula, China. *Parasites & Vectors*, 2023. **16**(1): p. 319.
 16. Motoki, M.T., et al., Population genetics of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in its native range in Lao People's Democratic Republic. *Parasites & Vectors*, 2019. **12**(1): p. 477.
 17. Vavassori, L., et al., Multiple introductions and overwintering shape the progressive invasion of *Aedes albopictus* beyond the Alps. *Ecology and Evolution*, 2022. **12**(7): p. e9138.
 18. Peterson, B.K., et al., Double digest RADseq: an inexpensive method for de novo SNP discovery and genotyping in model and non-model species. *PLoS ONE*, 2012. **7**(5): p. e37135.
 19. Aguirre, N., et al., Optimizing ddRADseq in Non-Model Species: A Case Study in *Eucalyptus dunnii* Maiden. *Agronomy*, 2019. **9**(9).
 20. Andrews, K.R., et al., Harnessing the power of RADseq for ecological and evolutionary genomics. *Nature Reviews Genetics*, 2016. **17**(2): p. 81-92.
 21. Catchen, J., et al., Stacks: an analysis tool set for population genomics. *Molecular Ecology*, 2013. **22**(11): p. 3124-40.
 22. McKinney, G.J., et al., Paralogues are revealed by proportion of heterozygotes and deviations in read ratios in genotyping-by-sequencing data from natural populations. *Molecular Ecology Resources*, 2017. **14**(4): p. 656-669.
 23. Fuentes-Pardo, A.P. and D.E. Ruzzante, Whole-genome sequencing approaches for conservation biology: Advantages, limitations and practical recommendations. *Molecular Ecology*, 2017. **26**(20): p. 5369-5406.
 24. Nazareno, A.G., et al., Minimum sample sizes for population genomics: an empirical study from an Amazonian plant species. *Molecular Ecology Resources*, 2017. **17**(6): p. 1136-1147.
 25. Esposito, S., et al., ddRAD sequencing-based genotyping for population structure analysis in cultivated tomato provides new insights into the genomic diversity of Mediterranean 'da serbo' type long shelf-life germplasm. *Horticulture Research*, 2020. **7**: p. 134.
 26. Magris, G., et al., ddRAD-seq reveals the genetic structure and detects signals of selection in Italian brown trout. *Genetics Selection Evolution*, 2022. **54**(1): p. 8.
 27. Ivanov, V., et al., Relevance of ddRADseq method for species and population delimitation of closely related and widely distributed wolf spiders (Araneae, Lycosidae). *Scientific Reports*, 2021. **11**(1): p. 2177.

28. Barratt, C.D., et al., A decision-making framework to maximise the evolutionary potential of populations - Genetic and genomic insights from the common midwife toad (*Alytes obstetricans*) at its range limits. *Heredity (Edinb)*, 2024. **133**(4): p. 249-261.
29. Rašić, G., et al., Genome-wide SNPs lead to strong signals of geographic structure and relatedness patterns in the major arbovirus vector, *Aedes aegypti*. *BMC Genomics*, 2014. **15**(1): p. 275.
30. Bingyan, L., et al., Conserved profiles of digestion by double restriction endonucleases in insect genomes facilitate the design of ddRAD. *Zoological Systematics*, 2018. **43**(4): p. 341-355.
31. Rochette, N.C., A.G. Rivera-Colon, and J.M. Catchen, Stacks 2: Analytical methods for paired-end sequencing improve RADseq-based population genomics. *Molecular Ecology*, 2019. **28**(21): p. 4737-4754.
32. Li, H., Aligning sequence reads, clone sequences and assembly contigs with BWA-MEM. *ArXiv:1303.3997*, 2013.
33. Li, H., et al., The Sequence Alignment/Map format and SAMtools. *Bioinformatics*, 2009. **25**(16): p. 2078-9.
34. Danecek, P., et al., The variant call format and VCFtools. *Bioinformatics*, 2011. **27**(15): p. 2156-8.
35. Pritchard, J.K., M. Stephens, and P. Donnelly, Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics*, 2000. **155**(2): p. 945-959.
36. Slatkin, M., Linkage disequilibrium--understanding the evolutionary past and mapping the medical future. *Nature Reviews Genetics*, 2008. **9**(6): p. 477-85.
37. O'Connell, J., et al., A general approach for haplotype phasing across the full spectrum of relatedness. *PLOS Genetics*, 2014. **10**(4): p. e1004234.
38. Chang, C.C., et al., Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets. *Gigascience*, 2015. **4**: p. 7.
39. Wickham, H., et al., Welcome to the Tidyverse. *Journal of Open Source Software*, 2019. **4**(43).
40. Wickham, H.F., Romain; Henry, Lionel; Müller, Kirill; Vaughan, Davis, dplyr: A Grammar of Data Manipulation [software]. 2025, R package version 1.1.4.
41. Jolliffe, I.T. and J. Cadima, Principal component analysis: a review and recent developments. *Philosophical Transactions: Mathematical, Physical and Engineering Sciences*, 2016. **374**(2065): p. 20150202.
42. Knaus, B.J. and N.J. Grunwald, vcfr: a package to manipulate and visualize variant call format data in R. *Molecular Ecology Resources*, 2017. **17**(1): p. 44-53.
43. Kamvar, Z.N., J.F. Tabima, and N.J. Grunwald, Poppr: an R package for genetic

- analysis of populations with clonal, partially clonal, and/or sexual reproduction. *PeerJ*, 2014. **2**: p. e281.
44. McInnes, L. and J. Healy, UMAP: Uniform Manifold Approximation and Projection for Dimension Reduction. *ArXiv e-prints*, 2018.
 45. Wickham H. ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis. 2nd ed. Cham, Switzerland: Springer International Publishing; 2016. 260 p. (Use R!). Available from: <https://ggplot2.tidyverse.org>
 46. Alexander, D.H., J. Novembre, and K. Lange, Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome research*, 2009. **19**(9): p. 1655-1664.
 47. Hardy, O.J. and X. Vekemans, spagedi: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. *Molecular Ecology Notes*, 2002. **2**(4): p. 618-620.
 48. Loiselle, B.A., et al., Spatial Genetic Structure of a Tropical Understory Shrub, *Psychotria officinalis* (Rubiaceae). *American Journal of Botany*, 1995. **82**(11): p. 1420-1425.
 49. Schmidt, T.L., et al., Fine-scale landscape genomics helps explain the slow spatial spread of *Wolbachia* through the *Aedes aegypti* population in Cairns, Australia. *Heredity*, 2018. **120**(5): p. 386-395.
 50. Iacchei, M., et al., Combined analyses of kinship and FST suggest potential drivers of chaotic genetic patchiness in high gene-flow populations. *Molecular Ecology*, 2013. **22**(13): p. 3476-94.
 51. Rousset, F., Genetic differentiation and estimation of gene flow from F-statistics under isolation by distance. *Genetics*, 1997. **145**(4): p. 1219-28.
 52. Shirk, A.J., E.L. Landguth, and S.A. Cushman, A comparison of individual-based genetic distance metrics for landscape genetics. *Molecular Ecology Resources*, 2017. **17**(6): p. 1308-1317.
 53. Filipovic, I., et al., Using spatial genetics to quantify mosquito dispersal for control programs. *BMC biology*, 2020. **18**(1): p. 104.
 54. Goslee, S.C. and D.L. Urban, The ecodist Package for Dissimilarity-based Analysis of Ecological Data. *Journal of Statistical Software*, 2007. **22**(7): p. 1 - 19.
 55. Tang, Q., T. Fung, and F.E. Rheindt, ResDisMapper: An r package for fine-scale mapping of resistance to dispersal. *Molecular Ecology Resources*, 2020. **20**(3).
 56. Prevosti, A., J. Ocaña, and G. Alonso, Distances between populations of *Drosophila subobscura*, based on chromosome arrangement frequencies. *Theoretical and applied genetics*, 1975. **45**(6): p. 231-41.
 57. Fick, S.E. and R.J. Hijmans, WorldClim 2: new 1-km spatial resolution climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology*, 2017.

- 37(12): p. 4302-4315.
58. Dixon, P., VEGAN, A Package of R Functions for Community Ecology. *Journal of Vegetation Science*, 2003. **14**(6): p. 927-930.
 59. Warren, D.L., et al., ENMTools 1.0: an R package for comparative ecological biogeography. *Ecography*, 2021. **44**(4): p. 504-511.
 60. Peterman, W.E. and S. Jarman, ResistanceGA: An R package for the optimization of resistance surfaces using genetic algorithms. *Methods in Ecology and Evolution*, 2018. **9**(6): p. 1638-1647.
 61. van Etten, J., R Package gdistance: Distances and Routes on Geographical Grids. *Journal of Statistical Software*, 2017. **76**(13) : p. 1-12.
 62. Brad, H.M., ISOLATION BY RESISTANCE. *Evolution*, 2006. **60**(8): p. 1551-1561.
 63. McRae, B.H. and P. Beier, Circuit theory predicts gene flow in plant and animal populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2007. **104**(50): p. 19885-19890.
 64. Quinlan, A.R. and I.M. Hall, BEDTools: a flexible suite of utilities for comparing genomic features. *Bioinformatics*, 2010. **26**(6): p. 841-2.
 65. Dainat, J., AGAT: Another Gff Analysis Toolkit to handle annotations in any GTF/GFF format [software]. 2024, Zenodo.
 66. Huerta-Cepas, J., et al., eggNOG 5.0: a hierarchical, functionally and phylogenetically annotated orthology resource based on 5090 organisms and 2502 viruses. *Nucleic acids research*, 2019. **47**(D1): p. D309-D314.
 67. Carlson M, Pagès H. AnnotationForge: Tools for building SQLite-based annotation data packages [software]. R package version 1.51.0. 2025. Available from: <https://bioconductor.org/packages/AnnotationForge>
 68. Wu, T., et al., clusterProfiler 4.0: A universal enrichment tool for interpreting omics data. *The Innovation*, 2021. **2**(3): p. 100141.
 69. Zhou, Y., et al., Metascape provides a biologist-oriented resource for the analysis of systems-level datasets. *Nature communications*, 2019. **10**(1): p. 1523.
 70. Camacho, C., et al., BLAST+: architecture and applications. *BMC Bioinformatics*, 2009. **10**: p. 421.
 71. Delatte, H., et al., Influence of temperature on immature development, survival, longevity, fecundity, and gonotrophic cycles of *Aedes albopictus*, vector of chikungunya and dengue in the Indian Ocean. *Journal of medical entomology*, 2009. **46**(1): p. 33-41.
 72. Yang, D., et al., Semi-field life-table studies of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in Guangzhou, China. *PLoS One*, 2020. **15**(3): p. e0229829.
 73. Sherpa, S., et al., Genetic diversity and distribution differ between long-

- established and recently introduced populations in the invasive mosquito *Aedes albopictus*. *Infection, genetics and evolution*, 2018. **58**: p. 145-156.
74. Gloria-Soria, A., et al., Population genetics of an invasive mosquito vector, *Aedes albopictus* in the Northeastern USA. *NeoBiota*, 2022. **78**: p. 99-127.
75. Vavassori, L., A. Saddler, and P. Muller, Active dispersal of *Aedes albopictus*: a mark-release-recapture study using self-marking units. *Parasites & vectors*, 2019. **12**(1): p. 583.
76. Bellini, R., et al., Dispersal and survival of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) males in Italian urban areas and significance for sterile insect technique application. *Journal of medical entomology*, 2010. **47**(6): p. 1082-91.
77. Marini, F., et al., Study of *Aedes albopictus* dispersal in Rome, Italy, using sticky traps in mark-release-recapture experiments. *Medical and veterinary entomology*, 2010. **24**(4): p. 361-8.
78. Le Goff, G., et al., Field evaluation of seasonal trends in relative population sizes and dispersal pattern of *Aedes albopictus* males in support of the design of a sterile male release strategy. *Parasites Vectors*, 2019. **12**(1): p. 81.
79. Maciel-de-freitas, R., et al., Movement of Dengue Vectors Between the Human Modified Environment and an Urban Forest in Rio de Janeiro. *Journal of Medical Entomology*, 2006. **43**(6): p. 1112-1120.
80. Eritja, R., et al., Direct Evidence of Adult *Aedes albopictus* Dispersal by Car. *Scientific reports*, 2017. **7**(1): p. 14399.
81. Carlassara, M., et al., Population-specific responses to developmental temperature in the arboviral vector *Aedes albopictus*: Implications for climate change. *Global change biology*, 2024. **30**(3): p. e17226.
82. Kramer, I.M., et al., The ecophysiological plasticity of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* concerning overwintering in cooler ecoregions is driven by local climate and acclimation capacity. *The Science of the total environment*, 2021. **778**: p. 146128.
83. Marini, G., et al., The effect of interspecific competition on the temporal dynamics of *Aedes albopictus* and *Culex pipiens*. *Parasites & vectors*, 2017. **10**(1): p. 102.

表

表一、第一階段白線斑蚊樣本之採樣地點與樣本數（都市密集採樣）

採樣地點	樣本數
台南市東區	4
台南市南區	1
台南市中西區	3
台南市新化區	6
台南市左鎮區	12
高雄市左營區	14
高雄市前鎮區	3
高雄市苓雅區	3
高雄市鳳山區	19
高雄市大寮區	4
屏東縣屏東市	15
屏東縣萬丹鄉	8
屏東縣潮州鎮	8
屏東縣東港鎮	14
桃園市復興區	1
嘉義縣阿里山鄉	1

表二、第二階段白線斑蚊樣本之採樣地點與樣本數（全島系統性採樣）

採樣地點	樣本數
基隆市	2
新北市	26
台北市	4
桃園市	12
新竹市	1
新竹縣	10
苗栗縣	13
台中市	18
南投縣	22
彰化縣	11
雲林縣	14
嘉義市	1
嘉義縣	15
台南市	26
高雄市	27
屏東縣	29
宜蘭縣	16
花蓮縣	26
台東縣	27

表三、第一階段 116 筆樣本之序列處理統計摘要

樣本數	116	
總基因座數	3,149,757	
平均基因座長度	244.4bp	(SD: 47.6)
平均樣本的基因座數	436,677	(SD: 48,792)
樣本的基因座數最大值	519,648	
樣本的基因座數最小值	305,609	
平均讀取深度	8.5	(SD: 2.1)
讀取深度最大值	12.5	
讀取深度最小值	3.2	

表四、第二階段 300 筆樣本之序列處理統計摘要

樣本數	300	
總基因座數	4,716,138	
平均基因座長度	250.9bp	(SD: 51.2)
平均樣本的基因座數	404,913	(SD: 41,334)
樣本的基因座數最大值	530,261	
樣本的基因座數最小值	105,006	
平均讀取深度	4.6	(SD: 0.86)
讀取深度最大值	7.7	
讀取深度最小值	1.7	

表五、第一階段 116 筆樣本之變異位點篩選與資料摘要統計

80%樣本數共有基因座；次要等位基因數 ≥ 3	
基因座數	227,571
位點數	57,550,024
平均基因座長度	98.44 (SD: 0.23)
變異位點數	1,266,923
每個基因座保留 1 個 SNP；平均讀取深度 >5	
變異位點數	79,545

表六、第二階段 300 筆樣本之變異位點篩選與資料摘要統計

80%樣本數共有基因座；次要等位基因數 ≥ 3	
基因座數	187,348
位點數	51,823,196
平均基因座長度	95.91 (SD: 0.26)
變異位點數	2,956,310
每個基因座保留 1 個 SNP；平均讀取深度 >5	
變異位點數	40,263

表七、第一階段 116 隻樣本之族群遺傳多樣性分析

Population	Num Indv	Sites	Private sites	Polymorphic Sites	%Polymorphic Loci	P	Obs_Het	Exp_Het	π	Fis	Ne
台南市新化區	6	22402700	270	393525	1.76	0.9969	0.0042	0.0047	0.0053	0.003	131250
台南市左鎮區	12	22403025	1566	603284	2.69	0.9967	0.0043	0.0052	0.0055	0.004	137750
台南市東區	4	22400784	236	368200	1.64	0.9964	0.0046	0.0052	0.0061	0.003	151500
台南市南區	1	21168212	1	93141	0.44	0.9978	0.0044	0.0022	0.0044	0.000	110000
台南市中西區	3	22376790	100	292270	1.31	0.9965	0.0044	0.0047	0.0058	0.003	146000
高雄市左營區	14	22403025	3025	727738	3.25	0.9962	0.0046	0.0060	0.0063	0.006	156500
高雄市鳳山區	19	22403025	7909	831233	3.71	0.9962	0.0046	0.0061	0.0062	0.007	155750
高雄市苓雅區	3	22376155	52	267813	1.20	0.9969	0.0044	0.0043	0.0054	0.002	135250
高雄市前鎮區	3	22372538	55	238971	1.07	0.9971	0.0041	0.0039	0.0050	0.002	125250
高雄市大寮區	4	22399801	143	358628	1.60	0.9965	0.0046	0.0051	0.0060	0.003	148750
屏東縣屏東市	15	22403025	3661	761353	3.40	0.9961	0.0046	0.0061	0.0064	0.007	158750
屏東縣東港鎮	14	22403025	2989	736156	3.29	0.9962	0.0046	0.0061	0.0063	0.006	157750
屏東縣萬丹鄉	8	22402322	692	553977	2.47	0.9963	0.0046	0.0058	0.0062	0.005	154750
屏東縣潮州鎮	8	22403025	6681	561297	2.51	0.9962	0.0046	0.0059	0.0063	0.005	158000
高山 2000m	2	22208609	87	207927	0.94	0.9969	0.0044	0.0039	0.0054	0.001	134250

Num Indv: 族群中樣本數

Site: 族群中的位點數

Private site: 族群中特有的基因座數

polymorphic sites: 族群中的核苷酸多態性 (SNP)位點

%Polymorphic Loci: 多型基因座比例

P: 每個 SNP 位點上最常見等位基因的平均頻率

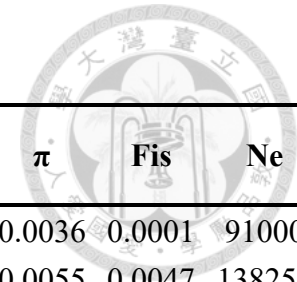
Obs_Het: SNP 位點的異型合子觀測值

Exp_Het: SNP 位點的異型合子期望值

π : 所有位點的核苷酸歧異度

Fis: 近交係數 (inbreeding coefficient)

Ne: 有效族群量 ($\mu = 1 \times 10^{-8}$ per site per generation), 依據 Rašić et al. (2014)



表八、第二階段 300 隻樣本之族群遺傳多樣性分析

Population	Num_Indv	Sites	Private sites	Polymorphic_Sites	%Polymorphic_Loci	P	Obs_Het	Exp_Het	π	Fis	Ne
基隆市	2	17693543	2	99053	0.56	0.9981	0.0036	0.0023	0.0036	0.0001	91000
新北市	26	17968605	1604	933381	5.19	0.9968	0.0048	0.0054	0.0055	0.0047	138250
台北市	4	17961413	38	294277	1.64	0.9968	0.0049	0.0048	0.0057	0.0015	141500
桃園市	12	17968605	305	633501	3.53	0.9967	0.0050	0.0056	0.0058	0.0035	146000
新竹縣市	11	17968605	289	600480	3.34	0.9967	0.0050	0.0056	0.0059	0.0034	146250
苗栗縣	13	17968605	3839	645938	3.59	0.9968	0.0049	0.0054	0.0056	0.0030	140000
台中市	18	17968605	437	774584	4.31	0.9968	0.0048	0.0055	0.0056	0.0041	140750
南投縣	22	17968605	579	843840	4.70	0.9968	0.0047	0.0054	0.0056	0.0047	139500
彰化縣	11	17968605	219	582265	3.24	0.9967	0.0049	0.0054	0.0057	0.0029	142750
雲林縣	14	17968605	384	614323	3.42	0.9970	0.0047	0.0051	0.0053	0.0025	132500
嘉義縣市	16	17968605	354	713265	3.97	0.9968	0.0050	0.0055	0.0057	0.0032	141250
台南市	26	17968605	886	929038	5.17	0.9968	0.0048	0.0055	0.0057	0.0050	141500
高雄市	27	17968605	960	934173	5.20	0.9968	0.0048	0.0054	0.0056	0.0048	139000
屏東縣	29	17968605	1747	976029	5.43	0.9968	0.0048	0.0055	0.0056	0.0050	140250
宜蘭縣	16	17968605	697	724662	4.03	0.9967	0.0048	0.0055	0.0057	0.0042	143250
花蓮縣	26	17968605	1914	900386	5.01	0.9968	0.0047	0.0054	0.0055	0.0052	137750
台東縣	27	17968605	1684	935029	5.20	0.9967	0.0049	0.0056	0.0057	0.0051	142250

Num Indv: 族群中樣本數

Site: 族群中的位點數

Private site: 族群中特有的基因座數

polymorphic sites: 族群中的核苷酸多態性 (SNP)位點

%Polymorphic Loci: 多型基因座比例

P: 每個 SNP 位點上最常見等位基因的平均頻率

Obs_Het: SNP 位點的異型合子觀測值

Exp_Het: SNP 位點的異型合子期望值

π : 所有位點的核苷酸歧異度

Fis: 近交係數 (inbreeding coefficient)

Ne: 有效族群量 ($\mu = 1 \times 10^{-8}$ per site per generation), 依據 Rašić et al. (2014)

表九、第一階段樣本之遺傳距離與地理距離相關性檢驗

Tested Model	Mantel r	p-value	llim.2.5%	ulim.97.5%	Intercept	slope	Kinship filtering
gene~geo	0.0441	0.001	3.81E-02	4.94E-02	139.86	-0.1204	with kinship
	0.0437	0.001	3.76E-02	4.92E-02	140.17	-0.1489	without kinship
gene~geo + timegap	0.0471	0.001	4.10E-02	5.27E-02	139.80	-0.0903	with kinship
	0.0468	0.001	4.04E-02	5.20E-02	140.10	-0.1197	without kinship

gene = 遺傳距離、geo = 地理距離、timegap = 時間差（即天數差）

表十、第二階段樣本之遺傳距離與地理距離相關性檢驗

Tested Model	Mantel r	p-value	llim.2.5%	ulim.97.5%	Intercept	slope	Kinship filtering
gene~geo	0.00136	0.304	-7.01E-04	3.42E-03	70.33	0.0912	with kinship
	-0.00015	0.540	-2.46E-03	1.80E-03	70.44	0.0815	without kinship
gene~geo + timegap	0.00126	0.353	-1.09E-03	3.45E-03	70.26	0.1166	with kinship
	-0.00025	0.550	-2.29E-03	1.84E-03	70.37	0.1072	without kinship

gene = 遺傳距離、geo = 地理距離、timegap = 時間差（即天數差）

表十一、第二階段樣本之遺傳距離與 19 項生物環境因子之 Mantel 與 Partial Mantel Test 結果

Bio	Explain	Mantel test (gene dist bioclim)		Partial Mantel test (gene dist bioclim geo dist)	
		r	p-value	r	p-value
bio1	年均溫	0.099	0.004	0.1	0.006
bio2	平均日溫差	0.006	0.422	0.003	0.448
bio3	等溫性 (日溫差占年溫差比例)	-0.017	0.695	-0.031	0.790
bio4	溫度季節變異性	0.014	0.303	0.01	0.356
bio5	最暖月最高溫	0.067	0.055	0.068	0.047
bio6	最冷月最低溫	0.068	0.033	0.071	0.025
bio7	年溫差	0.022	0.197	0.019	0.225
bio8	最濕季均溫	0.072	0.025	0.071	0.026
bio9	最乾季均溫	0.085	0.013	0.087	0.006
bio10	最暖季均溫	0.079	0.013	0.08	0.023
bio11	最冷季均溫	0.08	0.01	0.089	0.008
bio12	年降水量	-0.035	0.861	-0.036	0.850
bio13	最濕月降水量	-0.025	0.752	-0.028	0.764
bio14	最乾月降水量	-0.089	0.957	-0.105	0.980
bio15	降水季節變異性	-0.023	0.785	-0.046	0.906
bio16	最濕季降水量	-0.032	0.828	-0.034	0.816
bio17	最乾季降水量	-0.079	0.938	-0.096	0.973
bio18	最暖季降水量	-0.038	0.844	-0.042	0.858
bio19	最冷季降水量	-0.083	0.943	-0.113	0.974

gene dist = genetic distance, geo dist = geographic distance。粗體標示為顯著

表十二、BIO 氣候變數 (BIO1~BIO19) 間之 Pearson 相關係數矩陣

	bio1	bio2	bio3	bio4	bio5	bio6	bio7	bio8	bio9	bio10	bio11	bio12	bio13	bio14	bio15	bio16	bio17	bio18	bio19
bio1	1	-0.08	0.04	-0.12	0.68	0.81	-0.15	0.95	0.95	0.82	0.89	-0.44	-0.29	-0.09	0.28	-0.29	-0.13	-0.18	-0.28
bio2	-0.08	1	0.42	0.42	0.31	-0.53	0.67	0.09	-0.11	0.12	-0.29	-0.40	-0.26	-0.61	0.44	-0.22	-0.61	-0.20	-0.48
bio3	0.04	0.42	1	-0.64	-0.38	0.13	-0.39	0.24	-0.05	-0.37	0.30	0.12	0.35	-0.59	0.80	0.42	-0.61	0.60	-0.63
bio4	-0.12	0.42	-0.64	1	0.63	-0.59	0.95	-0.19	-0.06	0.46	-0.56	-0.44	-0.54	0.08	-0.41	-0.57	0.09	-0.75	0.23
bio5	0.68	0.31	-0.38	0.63	1	0.18	0.60	0.59	0.68	0.97	0.27	-0.68	-0.61	-0.08	-0.02	-0.63	-0.12	-0.67	-0.12
bio6	0.81	-0.53	0.13	-0.59	0.18	1	-0.67	0.73	0.76	0.41	0.96	-0.06	0.06	0.07	0.24	0.05	0.03	0.20	-0.17
bio7	-0.15	0.67	-0.39	0.95	0.60	-0.67	1	-0.15	-0.10	0.39	-0.57	-0.47	-0.51	-0.12	-0.21	-0.52	-0.12	-0.66	0.05
bio8	0.95	0.09	0.24	-0.19	0.59	0.73	-0.15	1	0.86	0.72	0.86	-0.44	-0.27	-0.22	0.43	-0.25	-0.26	-0.09	-0.41
bio9	0.95	-0.11	-0.05	-0.06	0.68	0.76	-0.10	0.86	1	0.82	0.82	-0.49	-0.33	-0.09	0.22	-0.35	-0.14	-0.25	-0.25
bio10	0.82	0.12	-0.37	0.46	0.97	0.41	0.39	0.72	0.82	1	0.48	-0.65	-0.57	-0.02	-0.0003	-0.59	-0.06	-0.59	-0.11
bio11	0.89	-0.29	0.30	-0.56	0.27	0.96	-0.57	0.86	0.82	0.48	1	-0.16	0.01	-0.10	0.41	0.01	-0.14	0.19	-0.33
bio12	-0.44	-0.40	0.12	-0.44	-0.68	-0.06	-0.47	-0.44	-0.49	-0.65	-0.16	1	0.90	0.52	-0.23	0.88	0.54	0.77	0.54
bio13	-0.29	-0.26	0.35	-0.54	-0.61	0.06	-0.51	-0.27	-0.33	-0.57	0.01	0.90	1	0.24	0.13	0.99	0.25	0.90	0.23
bio14	-0.09	-0.61	-0.59	0.08	-0.08	0.07	-0.12	-0.22	-0.09	-0.02	-0.10	0.52	0.24	1	-0.83	0.15	0.99	-0.05	0.95
bio15	0.28	0.44	0.80	-0.41	-0.02	0.24	-0.21	0.43	0.22	0.00	0.41	-0.23	0.13	-0.83	1	0.21	-0.85	0.41	-0.89
bio16	-0.29	-0.22	0.42	-0.57	-0.63	0.05	-0.52	-0.25	-0.35	-0.59	0.01	0.88	0.99	0.15	0.21	1	0.16	0.94	0.15
bio17	-0.13	-0.61	-0.61	0.09	-0.12	0.03	-0.12	-0.26	-0.14	-0.06	-0.14	0.54	0.25	0.99	-0.85	0.16	1	-0.03	0.96
bio18	-0.18	-0.20	0.60	-0.75	-0.67	0.20	-0.66	-0.09	-0.25	-0.59	0.19	0.77	0.90	-0.05	0.41	0.94	-0.03	1	-0.09
bio19	-0.28	-0.48	-0.63	0.23	-0.12	-0.17	0.05	-0.41	-0.25	-0.11	-0.33	0.54	0.23	0.95	-0.89	0.15	0.96	-0.09	1

BIO1 = Annual Mean Temperature, BIO2 = Mean Diurnal Range (Mean of monthly (max temp - min temp)), BIO3 = Isothermality (BIO2/BIO7) (×100), BIO4 = Temperature Seasonality (standard deviation ×100), BIO5 = Max Temperature of Warmest Month, BIO6 = Min Temperature of Coldest Month, BIO7 = Temperature Annual Range (BIO5-BIO6), BIO8 = Mean Temperature of Wettest Quarter, BIO9 = Mean Temperature of Driest Quarter, BIO10 = Mean Temperature of Warmest Quarter, BIO11 = Mean Temperature of Coldest Quarter, BIO12 = Annual Precipitation, BIO13 = Precipitation of Wettest Month, BIO14 = Precipitation of Driest Month, BIO15 = Precipitation Seasonality (Coefficient of Variation), BIO16 = Precipitation of Wettest Quarter, BIO17 = Precipitation of Driest Quarter, BIO18 = Precipitation of Warmest Quarter, BIO19 = Precipitation of Coldest Quarter

表十三、各地景變數於 ResistanceGA 單圖層模型之建模結果

Surface	AIC	AICc	R2m	R2c	LL
DEM	97358.44	97358.58	0.0030	0.9282	-48675.22
DSM	97359.37	97359.51	0.0029	0.9281	-48675.69
Bio1	97360.09	97360.23	0.0027	0.9280	-48676.05
tmin_JFM	97360.17	97360.30	0.0027	0.9281	-48676.08
NDWI	97360.89	97361.02	0.0027	0.9280	-48676.44
NDBI	97361.73	97361.86	0.0031	0.9281	-48676.86
NDVI	97362.49	97362.63	0.0028	0.9280	-48677.25
pdeno	97385.35	97385.48	0.0021	0.9283	-48688.67

AIC = Akaike Information Criterion (AIC)

AICc = Corrected Akaike Information Criterion (AICc)

R^2_m = Marginal R-squared

R^2_c = Conditional R-squared

LL = Log-likelihood (LL)

表十四、白線斑蚊山區與平地都市族群間顯著分化基因之 GO: Biological Process 功能富集結果 (eggNOG-mapper 分析)

ONTOLOGY	ID	Description	GeneRatio	BgRatio	pvalue	p.adjust	qvalue
BP	GO:0002118	aggressive behavior	6/127	36/9259	8.22E-06	1.32E-02	1.16E-02
BP	GO:0008038	neuron recognition	11/127	156/9259	9.05E-06	1.32E-02	1.16E-02
BP	GO:0016358	dendrite development	16/127	335/9259	1.28E-05	1.32E-02	1.16E-02
BP	GO:0048841	regulation of axon extension involved in axon guidance	5/127	26/9259	2.34E-05	1.39E-02	1.21E-02
BP	GO:0048638	regulation of developmental growth	19/127	480/9259	2.69E-05	1.39E-02	1.21E-02
BP	GO:1902667	regulation of axon guidance	7/127	66/9259	3.08E-05	1.39E-02	1.21E-02
BP	GO:0008037	cell recognition	11/127	179/9259	3.30E-05	1.39E-02	1.21E-02
BP	GO:0001934	positive regulation of protein phosphorylation	19/127	490/9259	3.58E-05	1.39E-02	1.21E-02
BP	GO:0045665	negative regulation of neuron differentiation	11/127	186/9259	4.70E-05	1.51E-02	1.32E-02
BP	GO:0042471	ear morphogenesis	8/127	96/9259	4.85E-05	1.51E-02	1.32E-02
BP	GO:0043583	ear development	10/127	163/9259	7.73E-05	1.96E-02	1.71E-02
BP	GO:0030335	positive regulation of cell migration	12/127	233/9259	8.11E-05	1.96E-02	1.71E-02
BP	GO:0007626	locomotory behavior	16/127	391/9259	8.36E-05	1.96E-02	1.71E-02
BP	GO:0050920	regulation of chemotaxis	9/127	134/9259	8.92E-05	1.96E-02	1.71E-02
BP	GO:2000147	positive regulation of cell motility	12/127	237/9259	9.55E-05	1.96E-02	1.71E-02
BP	GO:0048813	dendrite morphogenesis	13/127	276/9259	1.01E-04	1.96E-02	1.71E-02
BP	GO:0042472	inner ear morphogenesis	7/127	80/9259	1.07E-04	1.96E-02	1.71E-02
BP	GO:0048839	inner ear development	9/127	142/9259	1.39E-04	2.29E-02	2.00E-02
BP	GO:0040017	positive regulation of locomotion	14/127	325/9259	1.40E-04	2.29E-02	2.00E-02
BP	GO:0099536	synaptic signaling	18/127	500/9259	1.51E-04	2.35E-02	2.05E-02

表十四、白線斑蚊山區與平地都市族群間顯著分化基因之 GO: Biological Process 功能富集結果 (eggNOG-mapper 分析) (續)

ONTOLOGY	ID	Description	GeneRatio	BgRatio	pvalue	p.adjust	qvalue
BP	GO:0042063	gliogenesis	12/127	252/9259	1.70E-04	2.50E-02	2.19E-02
BP	GO:0008347	glial cell migration	6/127	61/9259	1.77E-04	2.50E-02	2.19E-02
BP	GO:0048846	axon extension involved in axon guidance	5/127	41/9259	2.26E-04	2.93E-02	2.56E-02
BP	GO:1902284	neuron projection extension involved in neuron projection guidance	5/127	41/9259	2.26E-04	2.93E-02	2.56E-02
BP	GO:0008542	visual learning	5/127	44/9259	3.17E-04	3.94E-02	3.45E-02
BP	GO:0007268	chemical synaptic transmission	17/127	488/9259	3.45E-04	3.97E-02	3.47E-02
BP	GO:0098916	anterograde trans-synaptic signaling	17/127	488/9259	3.45E-04	3.97E-02	3.47E-02
BP	GO:0099537	trans-synaptic signaling	17/127	491/9259	3.70E-04	4.08E-02	3.56E-02
BP	GO:0007411	axon guidance	15/127	402/9259	3.84E-04	4.08E-02	3.56E-02
BP	GO:0050768	negative regulation of neurogenesis	12/127	276/9259	3.94E-04	4.08E-02	3.56E-02
BP	GO:0030334	regulation of cell migration	15/127	408/9259	4.49E-04	4.50E-02	3.93E-02
BP	GO:0050804	modulation of chemical synaptic transmission	12/127	282/9259	4.78E-04	4.53E-02	3.96E-02
BP	GO:0030516	regulation of axon extension	7/127	102/9259	4.86E-04	4.53E-02	3.96E-02
BP	GO:0099177	regulation of trans-synaptic signaling	12/127	284/9259	5.09E-04	4.53E-02	3.96E-02
BP	GO:0097485	neuron projection guidance	15/127	413/9259	5.11E-04	4.53E-02	3.96E-02
BP	GO:0007611	learning or memory	13/127	329/9259	5.61E-04	4.84E-02	4.23E-02
BP	GO:0007186	G protein-coupled receptor signaling pathway	14/127	375/9259	6.04E-04	4.95E-02	4.33E-02
BP	GO:0001754	eye photoreceptor cell differentiation	11/127	249/9259	6.06E-04	4.95E-02	4.33E-02
CC	GO:0031253	cell projection membrane	13/122	230/8944	1.41E-05	4.21E-03	3.70E-03

表十五、白線斑蚊山區與平地都市族群間顯著分化基因之 GO: Biological Process 功能富集結果 (Metascape 分析)

GroupID	Category	Term	Description	Log (q-value)	InTerm_InList
1_Summary	GO Biological Processes	GO:0030182	neuron differentiation	-3.367	33/-
1_Member	GO Biological Processes	GO:0030182	neuron differentiation	-3.367	28/729
1_Member	GO Biological Processes	GO:0000902	cell morphogenesis	-3.327	22/489
1_Member	GO Biological Processes	GO:0008038	neuron recognition	-3.327	11/117
1_Member	GO Biological Processes	GO:0048699	generation of neurons	-3.327	28/786
1_Member	GO Biological Processes	GO:0008037	cell recognition	-3.327	11/122
1_Member	GO Biological Processes	GO:0048666	neuron development	-2.598	22/578
1_Member	GO Biological Processes	GO:0120039	plasma membrane bounded cell projection morphogenesis	-2.598	18/406
1_Member	GO Biological Processes	GO:0048858	cell projection morphogenesis	-2.598	18/408
1_Member	GO Biological Processes	GO:0120036	plasma membrane bounded cell projection organization	-2.306	23/663
1_Member	GO Biological Processes	GO:0031175	neuron projection development	-2.306	18/435
1_Member	GO Biological Processes	GO:0030030	cell projection organization	-2.247	23/677
1_Member	GO Biological Processes	GO:0048667	cell morphogenesis involved in neuron differentiation	-2.247	17/402
1_Member	GO Biological Processes	GO:0048812	neuron projection morphogenesis	-2.247	17/404
1_Member	GO Biological Processes	GO:0007411	axon guidance	-2.166	13/249
1_Member	GO Biological Processes	GO:0097485	neuron projection guidance	-2.050	13/257
1_Member	GO Biological Processes	GO:0007409	axonogenesis	-1.472	13/306
1_Member	GO Biological Processes	GO:0061564	axon development	-1.314	13/321
1_Member	GO Biological Processes	GO:0016358	dendrite development	-1.051	8/145
1_Member	GO Biological Processes	GO:0048813	dendrite morphogenesis	-0.670	7/136



表十五、白線斑蚊山區與平地都市族群間顯著分化基因之 GO: Biological Process 功能富集結果 (Metascape 分析) (續)

GroupID	Category	Term	Description	Log (q-value)	InTerm_InList
2_Summary	GO Biological Processes	GO:0007423	sensory organ development	-2.019	37/-
2_Member	GO Biological Processes	GO:0007423	sensory organ development	-2.019	19/519
2_Member	GO Biological Processes	GO:0050793	regulation of developmental process	-1.459	21/695
2_Member	GO Biological Processes	GO:0001654	eye development	-1.302	15/418
2_Member	GO Biological Processes	GO:0048880	sensory system development	-1.302	15/418
2_Member	GO Biological Processes	GO:0150063	visual system development	-1.302	15/418
2_Member	GO Biological Processes	GO:0048749	compound eye development	-1.125	14/391
2_Member	GO Biological Processes	GO:0001745	compound eye morphogenesis	-0.984	12/316
2_Member	GO Biological Processes	GO:0048592	eye morphogenesis	-0.880	12/332
2_Member	GO Biological Processes	GO:0090596	sensory organ morphogenesis	-0.880	12/332
2_Member	GO Biological Processes	GO:0051239	regulation of multicellular organismal process	-0.707	17/608
2_Member	GO Biological Processes	GO:0046530	photoreceptor cell differentiation	-0.699	9/214
2_Member	GO Biological Processes	GO:0001751	compound eye photoreceptor cell differentiation	-0.499	8/189
2_Member	GO Biological Processes	GO:0045595	regulation of cell differentiation	-0.499	10/281
2_Member	GO Biological Processes	GO:0001754	eye photoreceptor cell differentiation	-0.455	8/195
2_Member	GO Biological Processes	GO:0007166	cell surface receptor signaling pathway	-0.370	10/302
2_Member	GO Biological Processes	GO:0051093	negative regulation of developmental process	-0.355	8/212
2_Member	GO Biological Processes	GO:0050769	positive regulation of neurogenesis	-0.145	4/68

表十五、白線斑蚊山區與平地都市族群間顯著分化基因之 GO: Biological Process 功能富集結果 (Metascape 分析) (續)

GroupID	Category	Term	Description	Log (q-value)	InTerm_InList
3_Summary	GO Biological Processes	GO:0007156	homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules	-2.016	20/-
3_Member	GO Biological Processes	GO:0007156	homophilic cell adhesion via plasma membrane adhesion molecules	-2.016	6/46
3_Member	GO Biological Processes	GO:0007155	cell adhesion	-1.555	10/178
3_Member	GO Biological Processes	GO:0098609	cell-cell adhesion	-1.525	8/114
3_Member	GO Biological Processes	GO:0098742	cell-cell adhesion via plasma-membrane adhesion molecules	-1.104	6/76
3_Member	GO Biological Processes	GO:0090066	regulation of anatomical structure size	-0.933	10/234
3_Member	GO Biological Processes	GO:0008361	regulation of cell size	-0.576	6/105
3_Member	GO Biological Processes	GO:0016339	calcium-dependent cell-cell adhesion via plasma membrane cell adhesion molecules	-0.455	3/23
3_Member	GO Biological Processes	GO:0030516	regulation of axon extension	-0.442	3/24
3_Member	GO Biological Processes	GO:0061387	regulation of extent of cell growth	-0.442	3/24
3_Member	GO Biological Processes	GO:0032535	regulation of cellular component size	-0.355	7/167
3_Member	GO Biological Processes	GO:0016318	ommatidial rotation	-0.254	3/31
3_Member	GO Biological Processes	GO:0048638	regulation of developmental growth	-0.129	8/244

表十五、白線斑蚊山區與平地都市族群間顯著分化基因之 GO: Biological Process 功能富集結果 (Metascape 分析) (續)

GroupID	Category	Term	Description	Log (q-value)	InTerm_InList
4_Summary	Reactome Gene Sets	R-DME-112315	Transmission across Chemical Synapses	-1.635	19/-
4_Member	Reactome Gene Sets	R-DME-112315	Transmission across Chemical Synapses	-1.635	10/172
4_Member	Reactome Gene Sets	R-DME-112316	Neuronal System	-1.605	11/211
4_Member	GO Biological Processes	GO:0050804	modulation of chemical synaptic transmission	-0.880	8/159
4_Member	GO Biological Processes	GO:0099177	regulation of trans-synaptic signaling	-0.880	8/159
4_Member	KEGG Pathway	dme04080	Neuroactive ligand-receptor interaction - Drosophila melanogaster (fruit fly)	-0.672	5/67
4_Member	GO Biological Processes	GO:1900073	regulation of neuromuscular synaptic transmission	-0.273	3/30
4_Member	Reactome Gene Sets	R-DME-112314	Neurotransmitter receptors and postsynaptic signal transmission	-0.273	5/94
4_Member	GO Biological Processes	GO:0007267	cell-cell signaling	-0.204	9/280
4_Member	GO Biological Processes	GO:0099536	synaptic signaling	-0.156	8/238

表十五、白線斑蚊山區與平地都市族群間顯著分化基因之 GO: Biological Process 功能富集結果 (Metascape 分析) (續)

GroupID	Category	Term	Description	Log (q-value)	InTerm_InList
5_Summary	GO Biological Processes	GO:0009887	animal organ morphogenesis	-1.533	40/-
5_Member	GO Biological Processes	GO:0009887	animal organ morphogenesis	-1.533	23/782
5_Member	GO Biological Processes	GO:0032528	microvillus organization	-1.472	3/8
5_Member	GO Biological Processes	GO:0002165	instar larval or pupal development	-1.266	18/572
5_Member	GO Biological Processes	GO:0009791	post-embryonic development	-0.966	19/672
5_Member	GO Biological Processes	GO:0035220	wing disc development	-0.934	14/417
5_Member	GO Biological Processes	GO:0048800	antennal morphogenesis	-0.880	3/15
5_Member	GO Biological Processes	GO:0008544	epidermis development	-0.707	5/65
5_Member	GO Biological Processes	GO:0009888	tissue development	-0.707	18/664
5_Member	GO Biological Processes	GO:0007455	eye-antennal disc morphogenesis	-0.670	4/40
5_Member	GO Biological Processes	GO:0070593	dendrite self-avoidance	-0.576	3/20
5_Member	GO Biological Processes	GO:0007560	imaginal disc morphogenesis	-0.499	13/430
5_Member	GO Biological Processes	GO:0035317	imaginal disc-derived wing hair organization	-0.452	4/48
5_Member	GO Biological Processes	GO:0007444	imaginal disc development	-0.452	16/603
5_Member	GO Biological Processes	GO:0035315	hair cell differentiation	-0.442	4/49
5_Member	GO Biological Processes	GO:0035316	non-sensory hair organization	-0.442	4/49
5_Member	GO Biological Processes	GO:0035120	post-embryonic appendage morphogenesis	-0.428	11/343
5_Member	GO Biological Processes	GO:0007476	imaginal disc-derived wing morphogenesis	-0.394	10/298
5_Member	GO Biological Processes	GO:0035114	imaginal disc-derived appendage morphogenesis	-0.368	11/353
5_Member	GO Biological Processes	GO:0060429	epithelium development	-0.360	15/571



表十五、白線斑蚊山區與平地都市族群間顯著分化基因之 GO: Biological Process 功能富集結果 (Metascape 分析) (續)

GroupID	Category	Term	Description	Log (q-value)	InTerm_InList
5_Member	GO Biological Processes	GO:0035107	appendage morphogenesis	-0.360	11/355
5_Member	GO Biological Processes	GO:0009913	epidermal cell differentiation	-0.359	4/54
5_Member	GO Biological Processes	GO:0007469	antennal development	-0.359	3/27
5_Member	GO Biological Processes	GO:0048707	instar larval or pupal morphogenesis	-0.355	13/465
5_Member	GO Biological Processes	GO:0048737	imaginal disc-derived appendage development	-0.350	11/360
5_Member	GO Biological Processes	GO:0007472	wing disc morphogenesis	-0.336	10/311
5_Member	GO Biological Processes	GO:0048736	appendage development	-0.332	11/363
5_Member	GO Biological Processes	GO:0009886	post-embryonic animal morphogenesis	-0.273	13/480
5_Member	GO Biological Processes	GO:0007389	pattern specification process	-0.229	14/545
5_Member	GO Biological Processes	GO:0007552	metamorphosis	-0.213	13/492
5_Member	GO Biological Processes	GO:0030855	epithelial cell differentiation	-0.185	10/336
5_Member	GO Biological Processes	GO:0035214	eye-antennal disc development	-0.145	4/68
6_Summary	GO Biological Processes	GO:2000495	regulation of cell proliferation involved in compound eye morphogenesis	-1.472	11/-
6_Member	GO Biological Processes	GO:2000495	regulation of cell proliferation involved in compound eye morphogenesis	-1.472	3/8
6_Member	GO Biological Processes	GO:0048645	animal organ formation	-1.222	5/46
6_Member	GO Biological Processes	GO:0002251	organ or tissue specific immune response	-1.075	3/12
6_Member	GO Biological Processes	GO:0002385	mucosal immune response	-1.075	3/12
6_Member	GO Biological Processes	GO:0042127	regulation of cell population proliferation	-0.258	8/224

表十五、白線斑蚊山區與平地都市族群間顯著分化基因之 GO: Biological Process 功能富集結果 (Metascape 分析) (續)

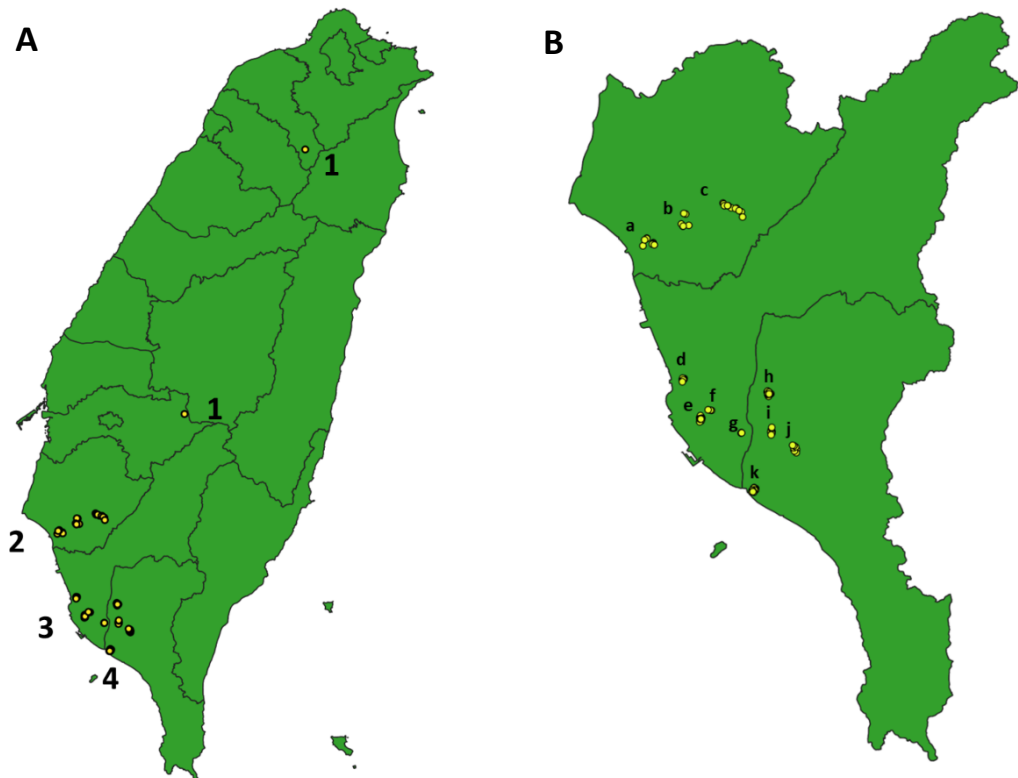
GroupID	Category	Term	Description	Log (q-value)	InTerm_InList
7_Summary	GO Biological Processes	GO:0120035	regulation of plasma membrane bounded cell projection organization	-1.314	20/-
7_Member	GO Biological Processes	GO:0120035	regulation of plasma membrane bounded cell projection organization	-1.314	9/161
7_Member	GO Biological Processes	GO:0031344	regulation of cell projection organization	-1.292	9/165
7_Member	GO Biological Processes	GO:0051128	regulation of cellular component organization	-0.990	20/721
7_Member	GO Biological Processes	GO:0010975	regulation of neuron projection development	-0.892	7/120
7_Member	GO Biological Processes	GO:0050773	regulation of dendrite development	-0.389	4/52
8_Summary	GO Biological Processes	GO:0002118	aggressive behavior	-0.499	3/-
8_Member	GO Biological Processes	GO:0002118	aggressive behavior	-0.499	3/22
9_Summary	Reactome Gene Sets	R-DME-1660662	Glycosphingolipid metabolism	-0.499	3/-
9_Member	Reactome Gene Sets	R-DME-1660662	Glycosphingolipid metabolism	-0.499	3/22
10_Summary	GO Biological Processes	GO:0008354	germ cell migration	-0.499	17/-
10_Member	GO Biological Processes	GO:0008354	germ cell migration	-0.499	4/46
10_Member	GO Biological Processes	GO:0035295	tube development	-0.400	9/249
10_Member	GO Biological Processes	GO:0016477	cell migration	-0.204	9/281
10_Member	GO Biological Processes	GO:0006935	chemotaxis	-0.156	3/35
10_Member	GO Biological Processes	GO:0040011	locomotion	-0.129	6/150
11_Summary	GO Biological Processes	GO:0008039	synaptic target recognition	-0.428	4/-
11_Member	GO Biological Processes	GO:0008039	synaptic target recognition	-0.428	4/50

表十五、白線斑蚊山區與平地都市族群間顯著分化基因之 GO: Biological Process 功能富集結果 (Metascape 分析) (續)

GroupID	Category	Term	Description	Log (q-value)	InTerm_InList
12_Summary	GO Biological Processes	GO:0008202	steroid metabolic process	-0.389	4/-
12_Member	GO Biological Processes	GO:0008202	steroid metabolic process	-0.389	4/52
12_Member	GO Biological Processes	GO:0045455	ecdysteroid metabolic process	-0.204	3/33
13_Summary	GO Biological Processes	GO:0050954	sensory perception of mechanical stimulus	-0.355	14/-
13_Member	GO Biological Processes	GO:0050954	sensory perception of mechanical stimulus	-0.355	5/88
13_Member	GO Biological Processes	GO:0050877	nervous system process	-0.138	14/570
14_Summary	GO Biological Processes	GO:0008344	adult locomotory behavior	-0.298	15/-
14_Member	GO Biological Processes	GO:0008344	adult locomotory behavior	-0.298	5/92
14_Member	GO Biological Processes	GO:0007626	locomotory behavior	-0.204	7/185
14_Member	GO Biological Processes	GO:0007610	behavior	-0.145	15/627
15_Summary	GO Biological Processes	GO:0051253	negative regulation of RNA metabolic process	-0.269	10/-
15_Member	GO Biological Processes	GO:0051253	negative regulation of RNA metabolic process	-0.269	10/321
15_Member	GO Biological Processes	GO:0045934	negative regulation of nucleobase-containing compound metabolic process	-0.145	10/344
16_Summary	GO Biological Processes	GO:0046578	regulation of Ras protein signal transduction	-0.224	3/-
16_Member	GO Biological Processes	GO:0046578	regulation of Ras protein signal transduction	-0.224	3/32
17_Summary	GO Biological Processes	GO:0048646	anatomical structure formation involved in morphogenesis	-0.192	22/-
17_Member	GO Biological Processes	GO:0048646	anatomical structure formation involved in morphogenesis	-0.192	14/555
17_Member	GO Biological Processes	GO:0009790	embryo development	-0.189	14/556

表十五、白線斑蚊山區與平地都市族群間顯著分化基因之 GO: Biological Process 功能富集結果 (Metascape 分析) (續)

GroupID	Category	Term	Description	Log (q-value)	InTerm_InList
18_Summary	GO Biological Processes	GO:0044057	regulation of system process	-0.149	4/-
18_Member	GO Biological Processes	GO:0044057	regulation of system process	-0.149	4/67
19_Summary	GO Biological Processes	GO:0043085	positive regulation of catalytic activity	-0.145	3/-
19_Member	GO Biological Processes	GO:0043085	positive regulation of catalytic activity	-0.145	3/36

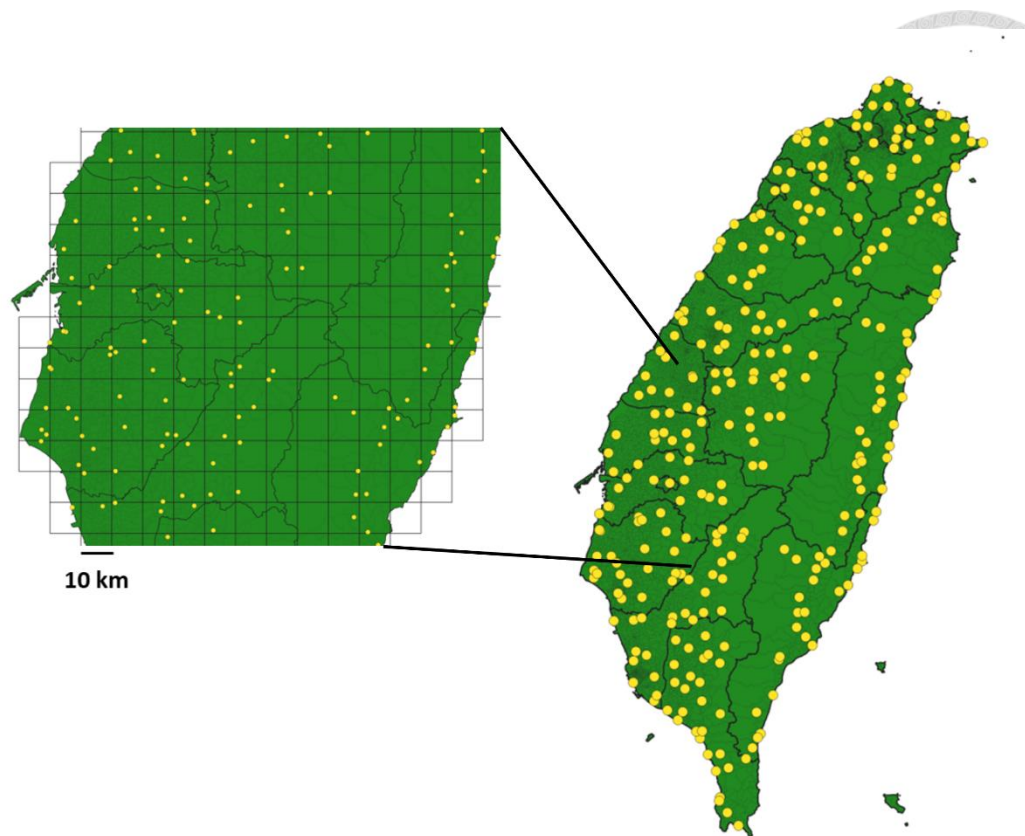


圖一、第一階段都市密集採樣之樣點分佈圖

A：本研究第一階段於四個主要區域進行都市密集採樣，總計取得 116 筆樣本，分佈於高山地區（1）、台南市（2）、高雄市（3）及屏東縣（4）

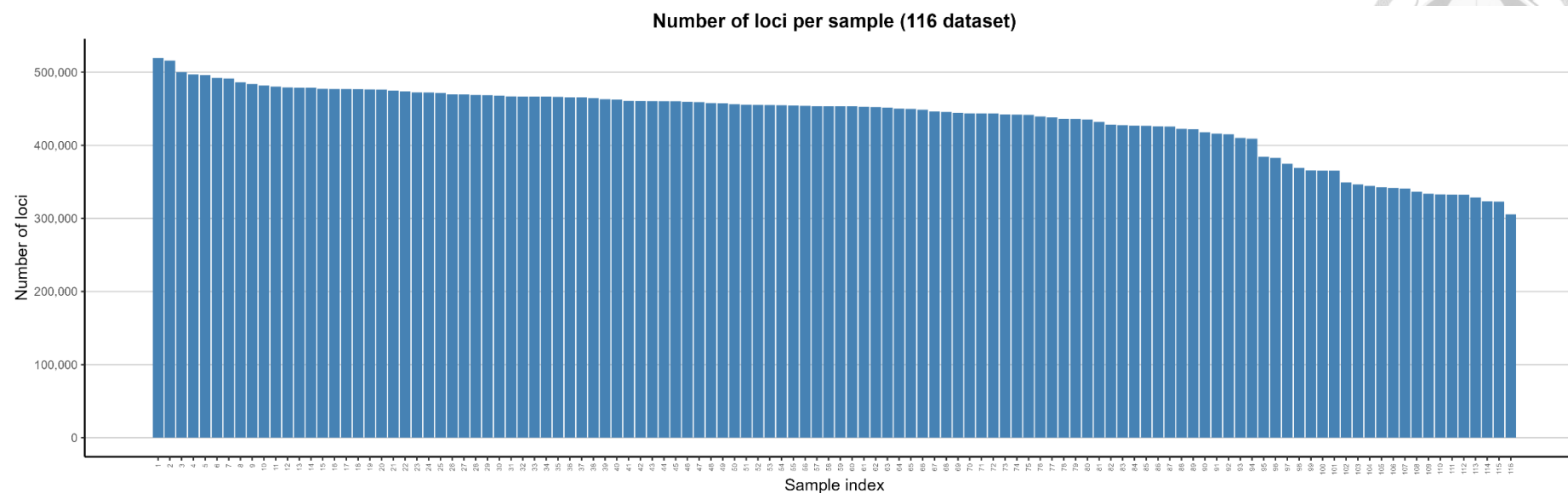
B：南部三縣市共取得 114 筆樣本，後續分析之族群單位以行政區劃分，圖中 A~K 分別代表以下行政區：

a：中西區、南區與東區，b：新化區，c：左鎮區，d：左營區，e：鳳山區、前鎮區與苓雅區，f：鳳山區，g：大寮區，h：屏東市，i：萬丹鄉，j：潮州鎮，k：東港鄉



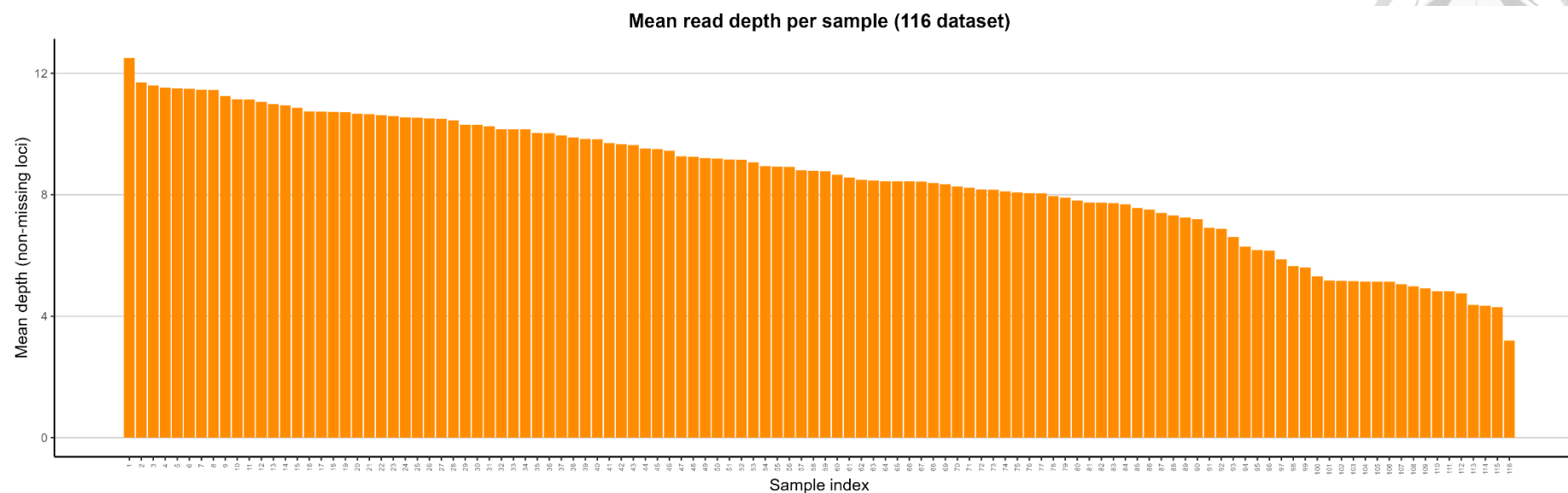
圖二、第二階段系統性網格採樣之樣點分佈圖

本研究第二階段採用 10×10 公里網格進行系統性採樣，覆蓋台灣本島各縣市，總計取得 300 筆樣本。圖中黃色圓點為實際樣點位置，左側放大圖顯示西南部地區之樣點分布與網格劃分細節。比例尺為 10 公里



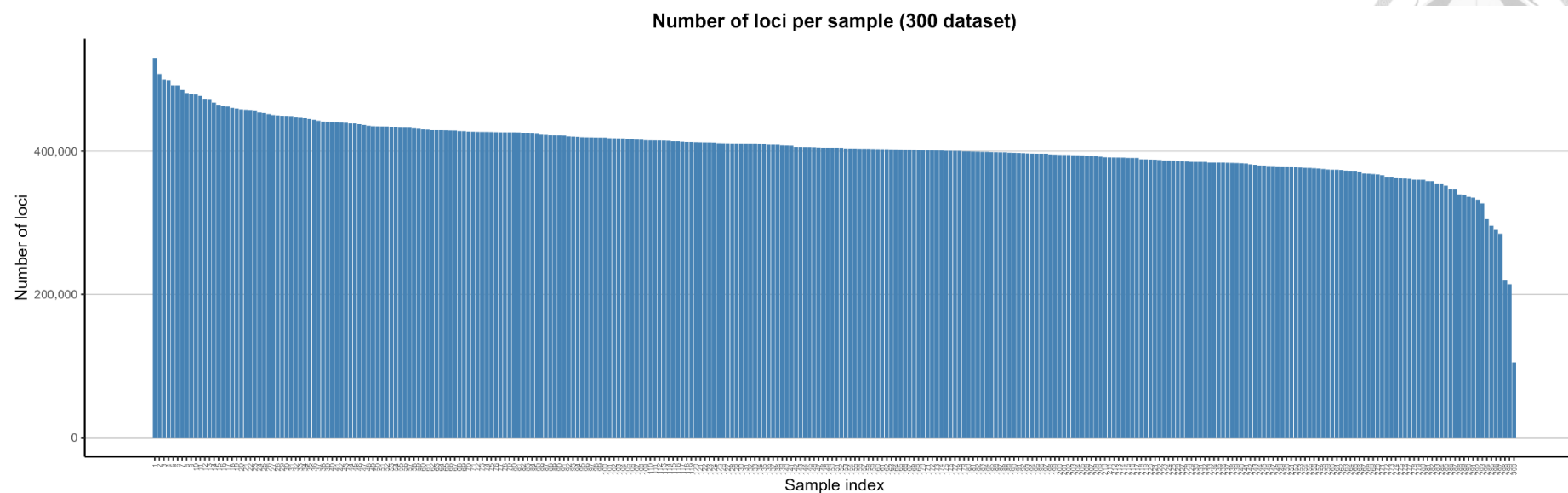
圖三、第一階段 116 筆樣本的基因座 (loci) 數量分布圖

X 軸為各樣本，依基因座數量由多至少排列，共 116 個樣本；Y 軸為各樣本的基因座數



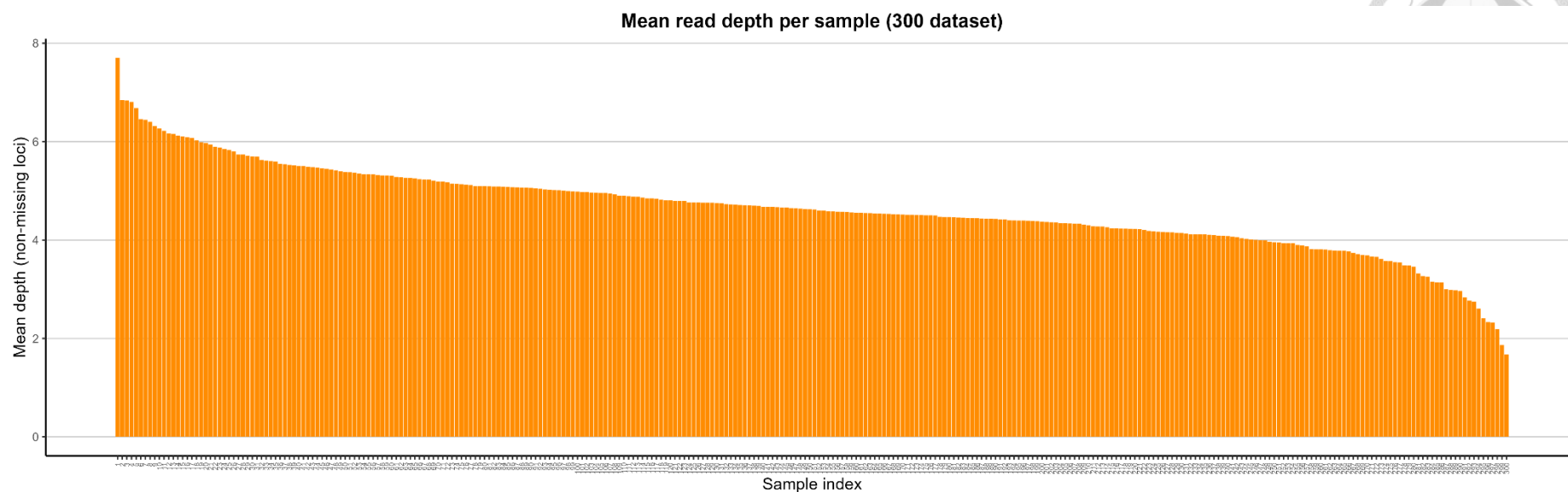
圖四、第一階段 116 筆樣本的讀取深度 (read depth) 分布圖

X 軸為各樣本 (依平均讀取深度由高至低排列), Y 軸為每個樣本在非缺失基因座 (non-missing loci) 上的平均讀取深度。樣本資訊來自 gstacks 輸出



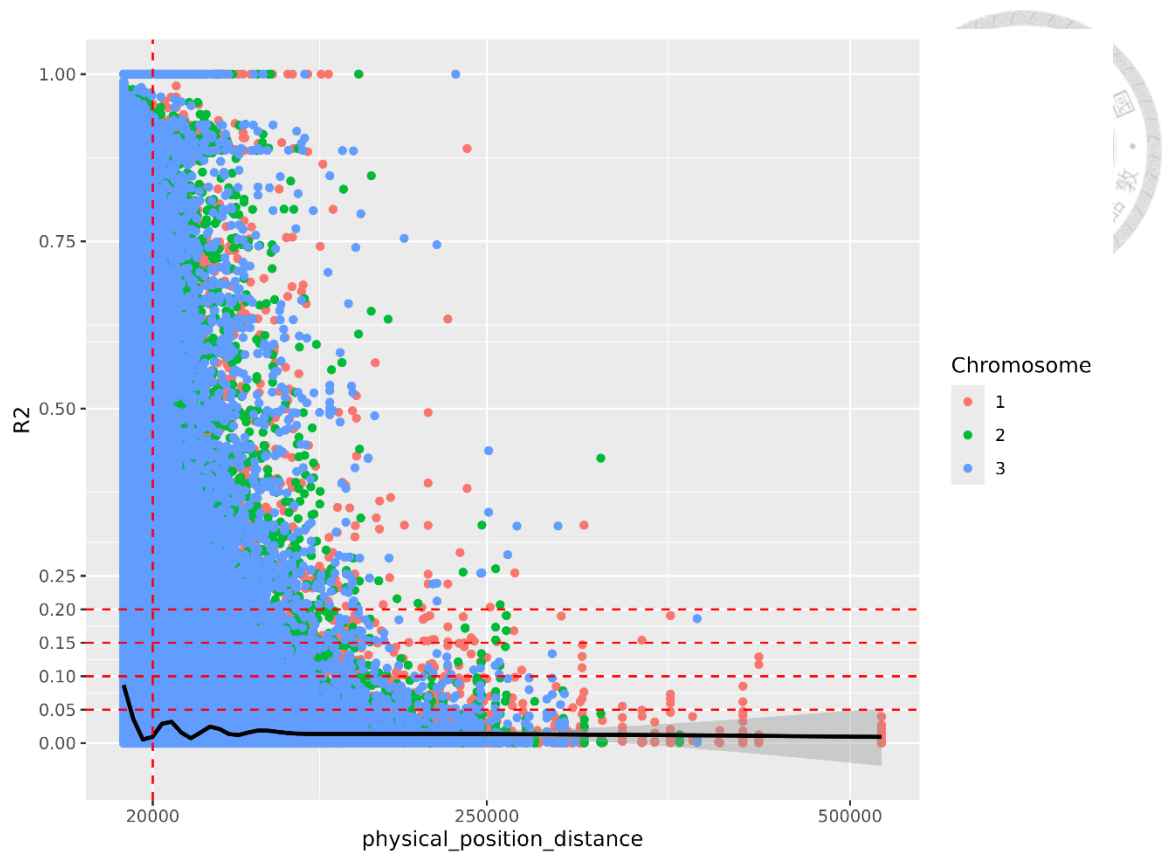
圖五、第二階段 300 筆樣本的基因座 (loci) 數量分布圖

X 軸為各樣本，依基因座數量由多至少排列，共 300 個樣本；Y 軸為各樣本的基因座數



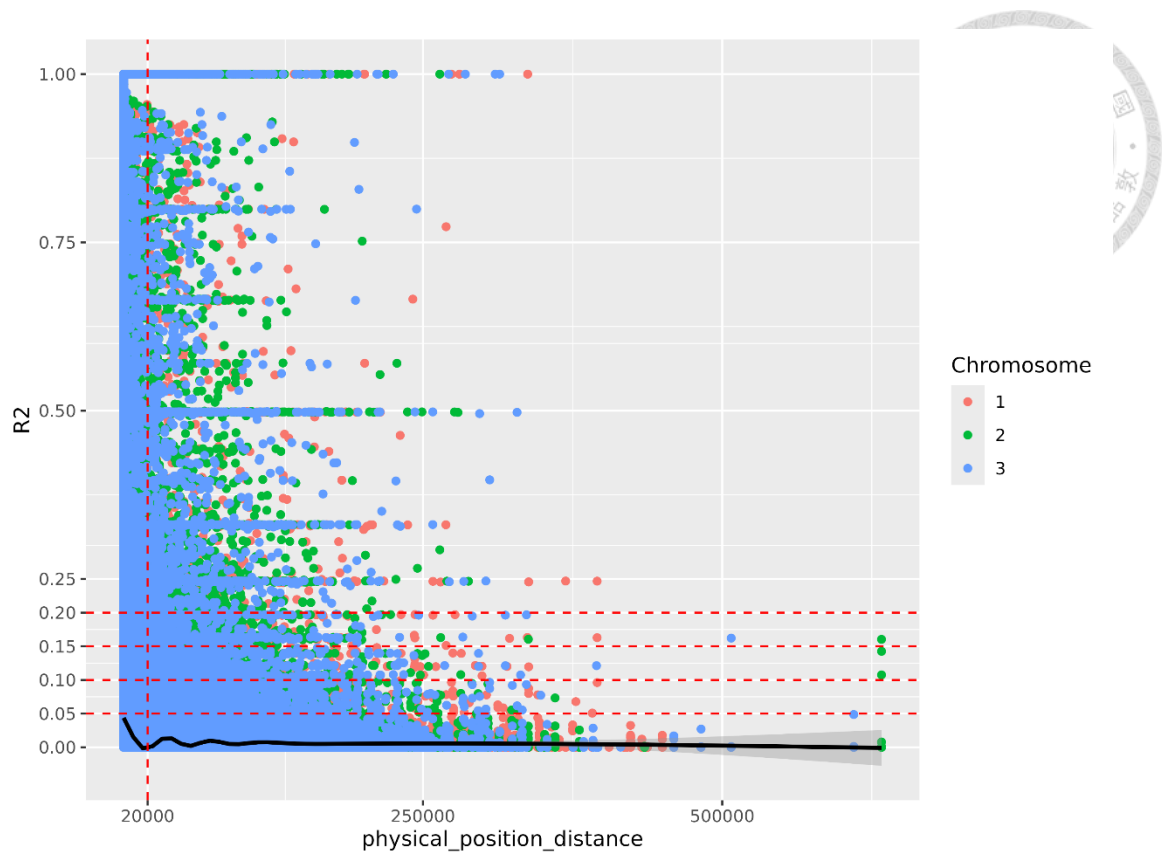
圖六、第二階段 300 筆樣本的讀取深度（read depth）分布圖

X 軸為各樣本（依平均讀取深度由高至低排列），Y 軸為每個樣本在非缺失基因座（non-missing loci）上的平均讀取深度。樣本資訊來自 gstacks 輸出



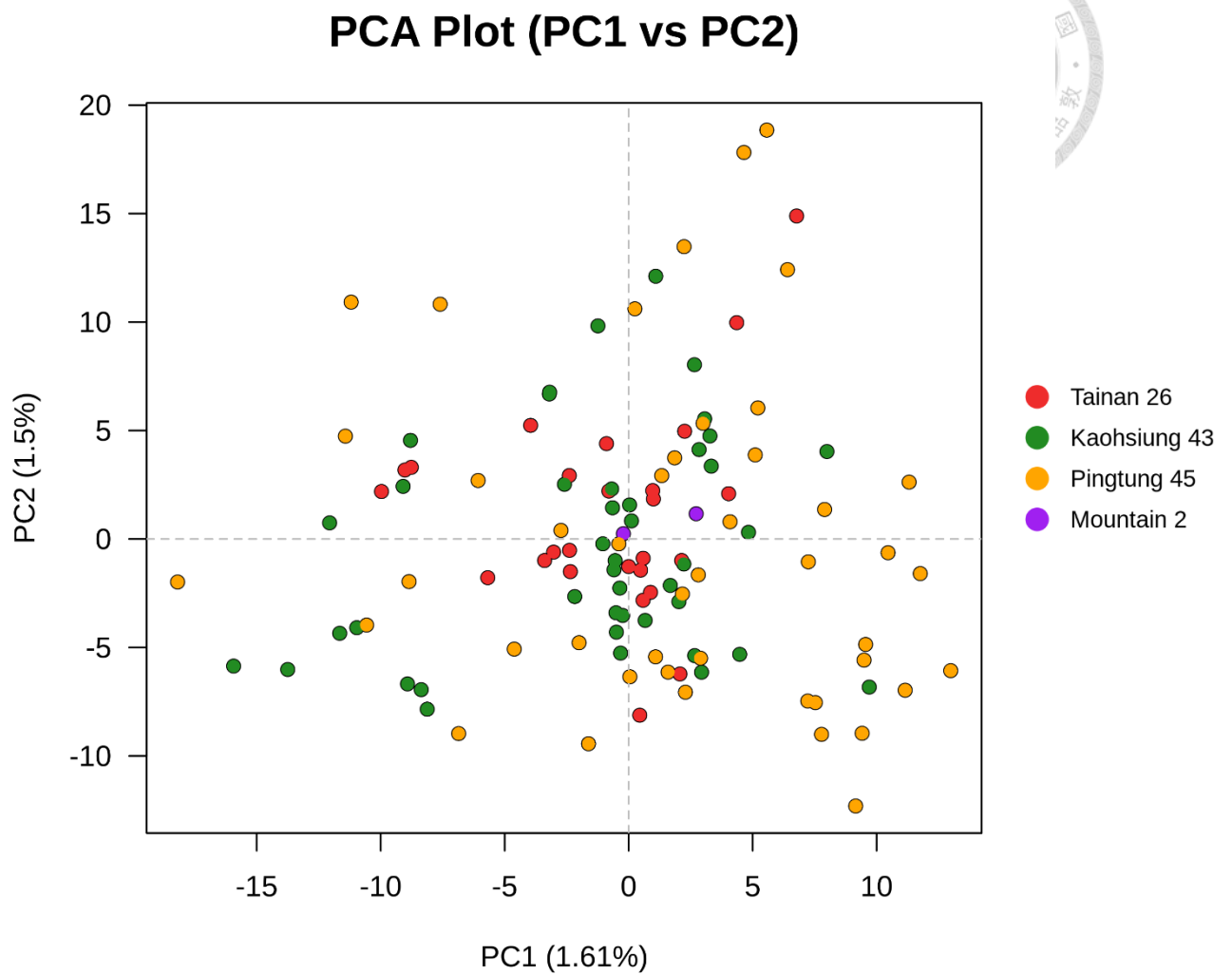
圖七、第一階段 116 筆樣本之連鎖不平衡衰減圖 (LD decay)

圖中每個點表示一對 SNP 之連鎖不平衡程度 (r^2) 與其在基因組上的物理距離 (bp)，不同顏色代表所屬染色體。黑色平滑曲線為基於 GAM 模型擬合之趨勢線，顯示白線斑蚊樣本中 SNP 間距與連鎖不平衡 (r^2) 之間的變化關係



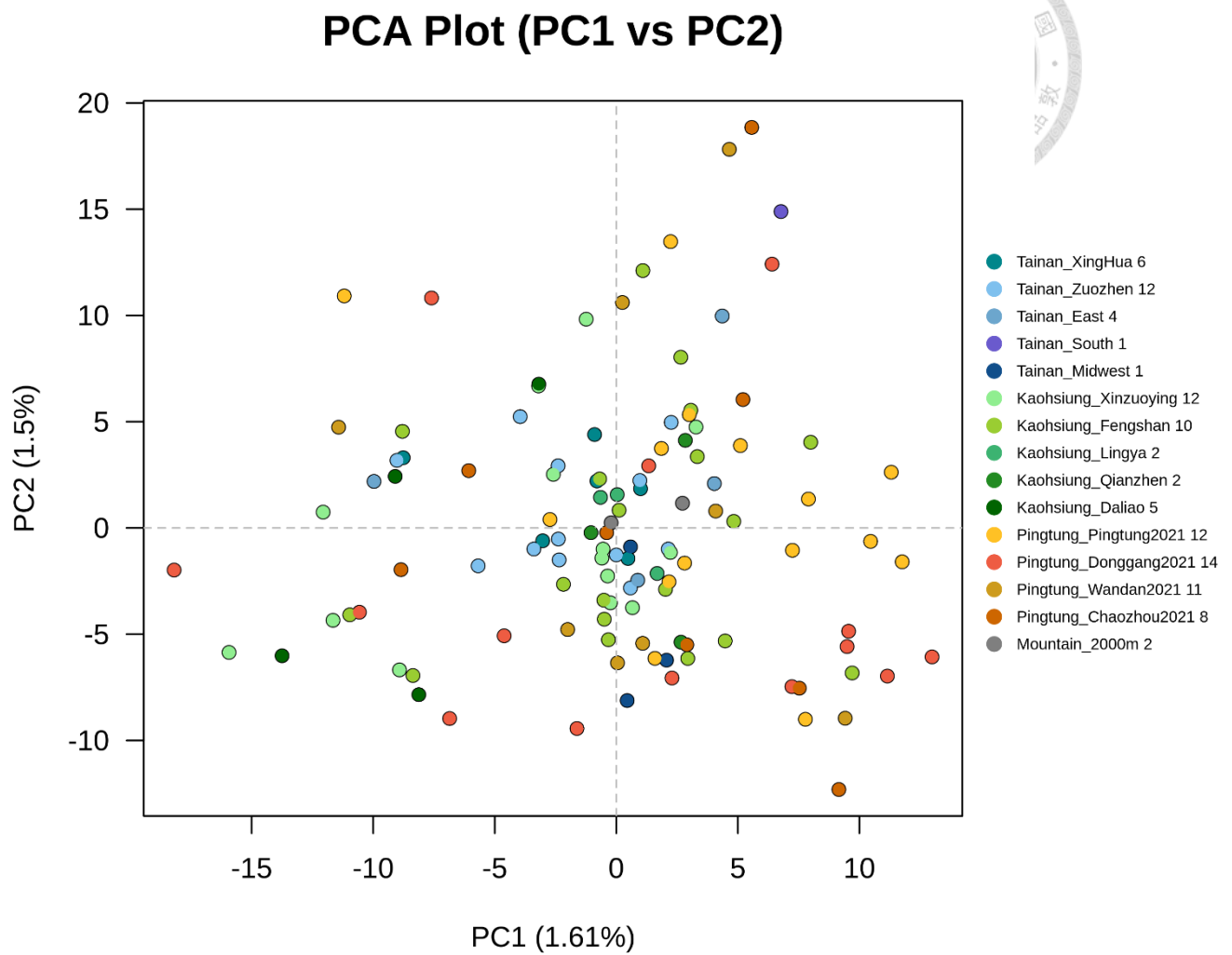
圖八、第二階段 300 筆樣本之連鎖不平衡衰減圖 (LD decay)

圖中每個點表示一對 SNP 之連鎖不平衡程度 (r^2) 與其在基因組上的物理距離 (bp)，不同顏色代表所屬染色體。黑色平滑曲線為基於 GAM 模型擬合之趨勢線，顯示白線斑蚊樣本中 SNP 間距與連鎖不平衡 (r^2) 之間的變化關係

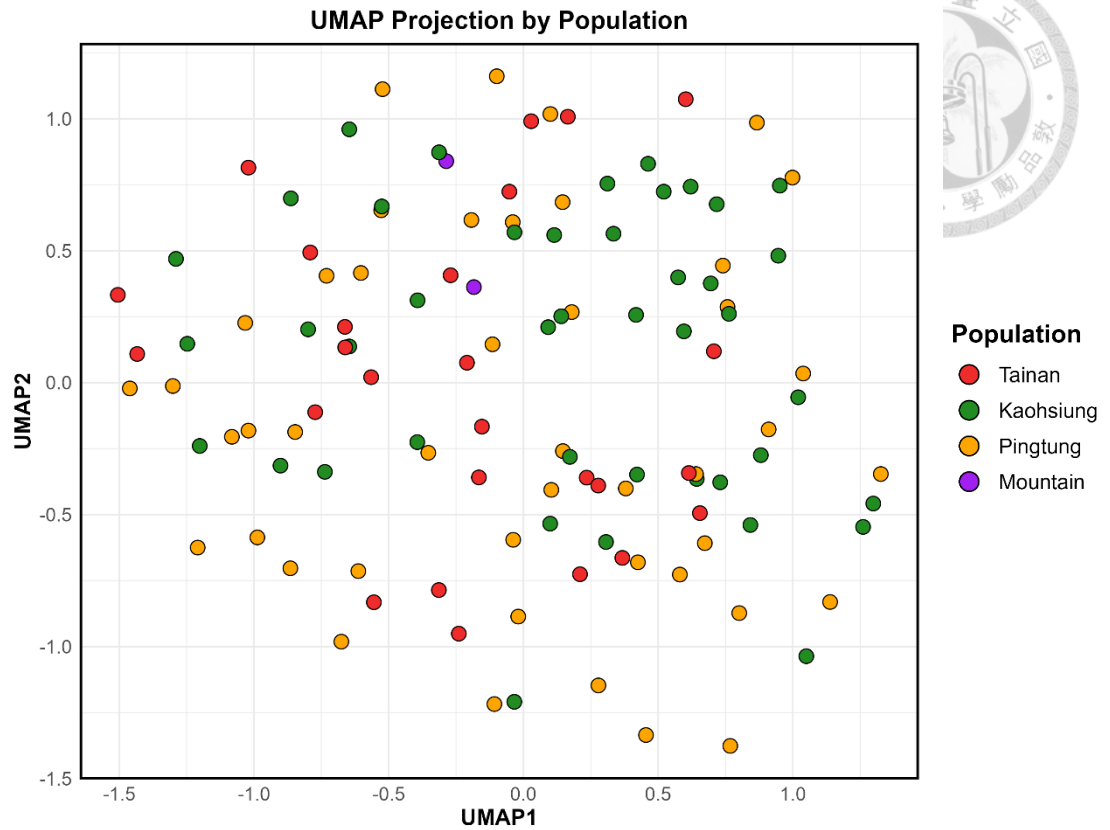


圖九、第一階段 116 筆樣本之主成分分析結果 (PC1 vs PC2)

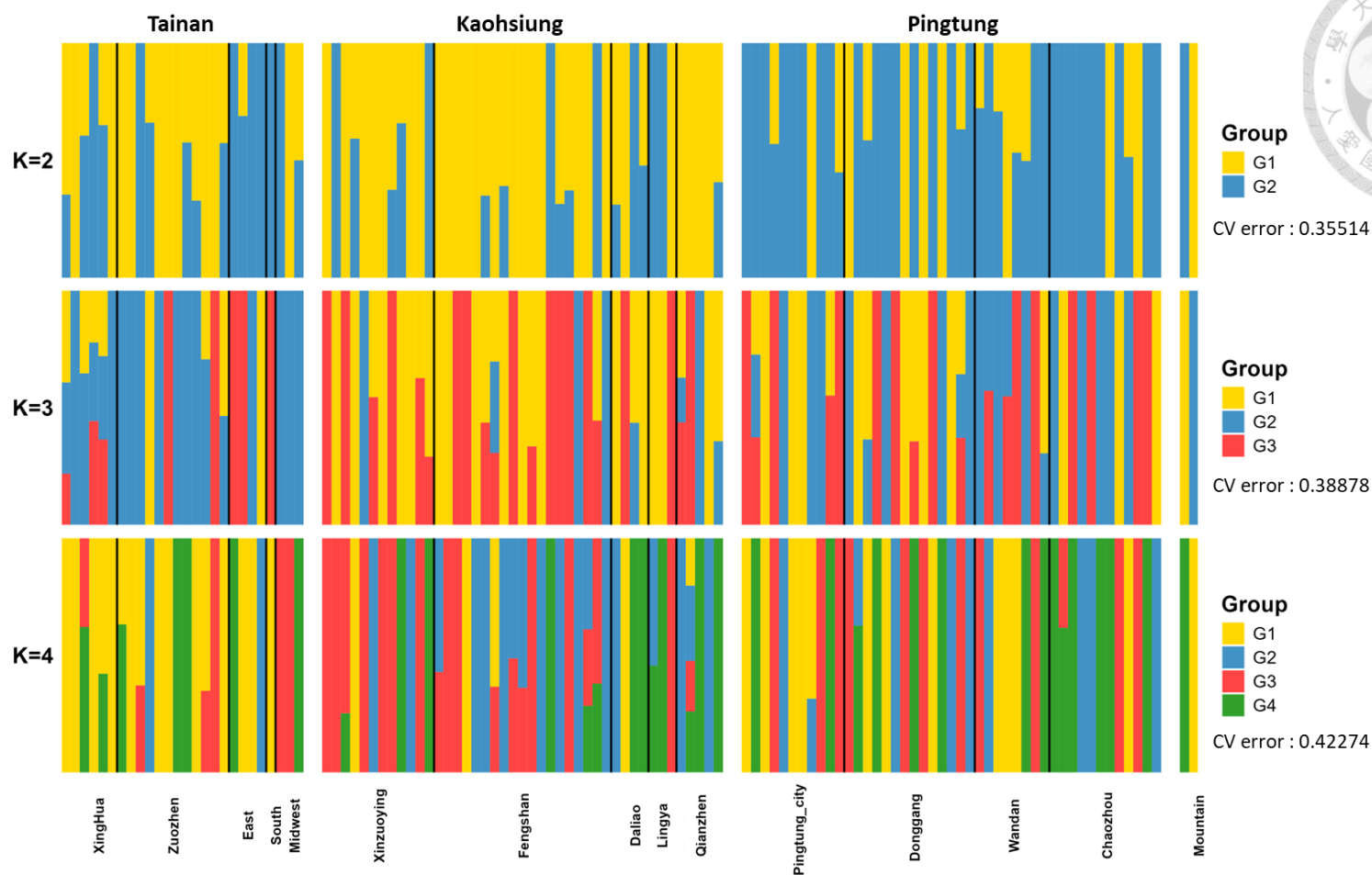
圖中每個點代表一筆樣本，顏色標示其所屬區域：台南市（紅色）、高雄市（綠色）、屏東縣（橘色）與高海拔山區（紫色）。X 軸與 Y 軸分別為第一與第二主成分，解釋遺傳變異量分別為 1.61%與 1.50%



圖十、第一階段 116 筆樣本依行政區分類之主成分分析結果 (PC1 vs PC2)
 圖中每個點代表一筆樣本，顏色與圖例對應其所屬縣市及行政區。X 軸與 Y 軸分別為第一與第二主成分，解釋遺傳變異量分別為 1.61%與 1.50%。樣本在主成分空間中呈現分布混雜，未呈現地理區域上的分群趨勢



圖十一、第一階段 116 筆樣本之 UMAP 分析結果 (UMAP1 vs UMAP2)
圖中每個點代表一筆樣本，依其所屬區域進行著色:台南(紅色)、高雄(綠色)、屏東(橘色)、高山地區(紫色)。樣本於 UMAP 投影空間中未呈現明確聚集，顯示本資料集中樣本間遺傳結構整體混合，無明顯地理分化趨勢

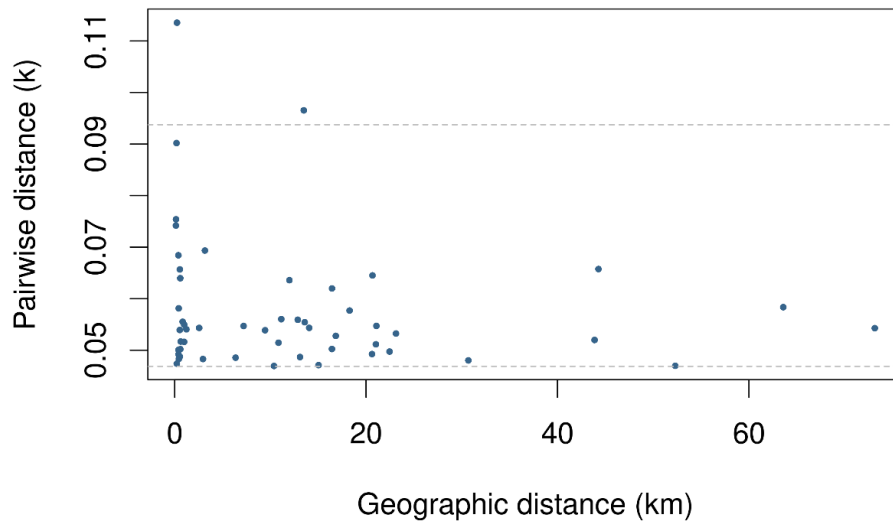


圖十二、第一階段 116 筆樣本之 ADMIXTURE 分析結果 (K = 2 至 K = 4)

圖中每一條垂直條代表一筆樣本，顏色表示該樣本在不同祖源群體 (G1-G4) 中的比例組成。樣本依行政區分群排列。各 K 值下樣本皆呈現多重祖源混合，未顯示明顯的地理分化結構。右側標示各群體顏色及對應 CV error 值

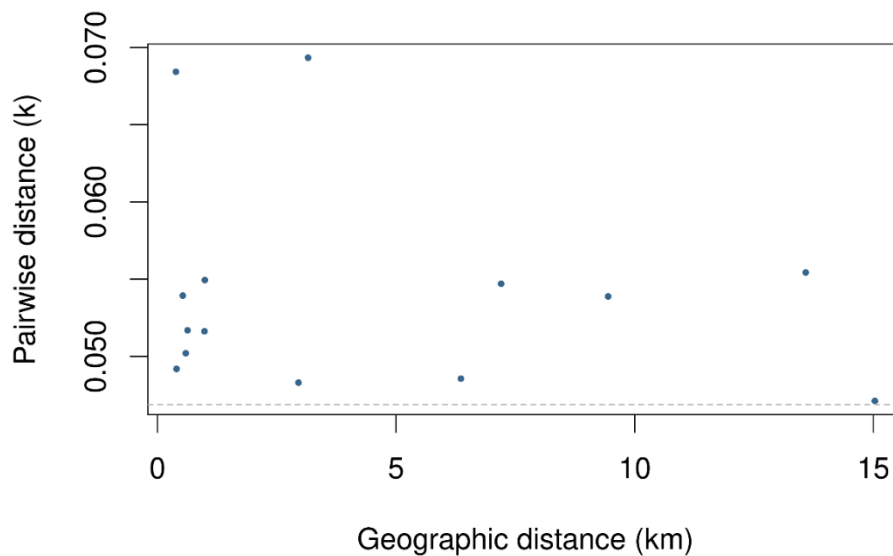


Pairwise distance across geographic distance



Level	Num
Half-sibling	2
Cousin	50

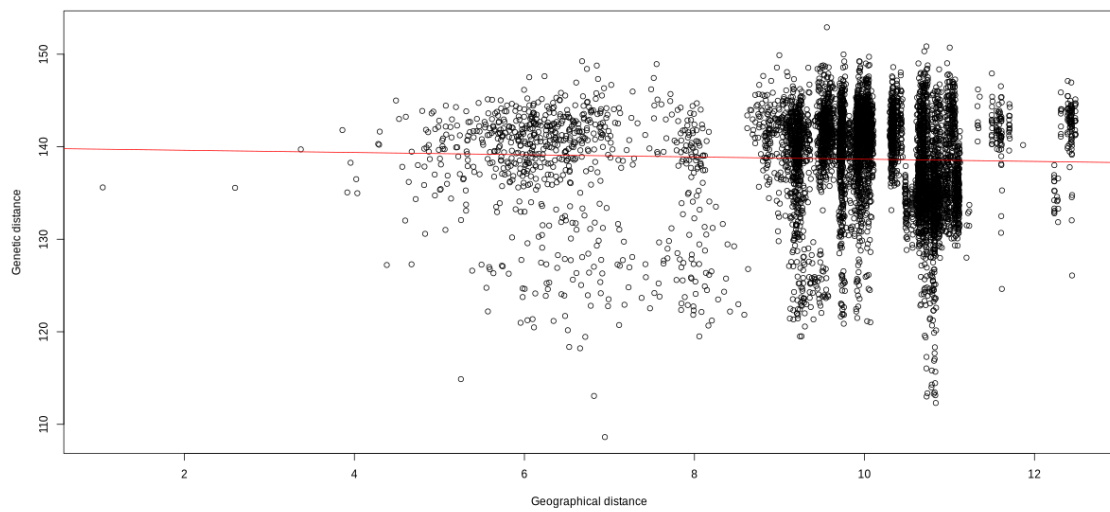
Pairwise distance across geographic distance



Level	Num
Cousin	14

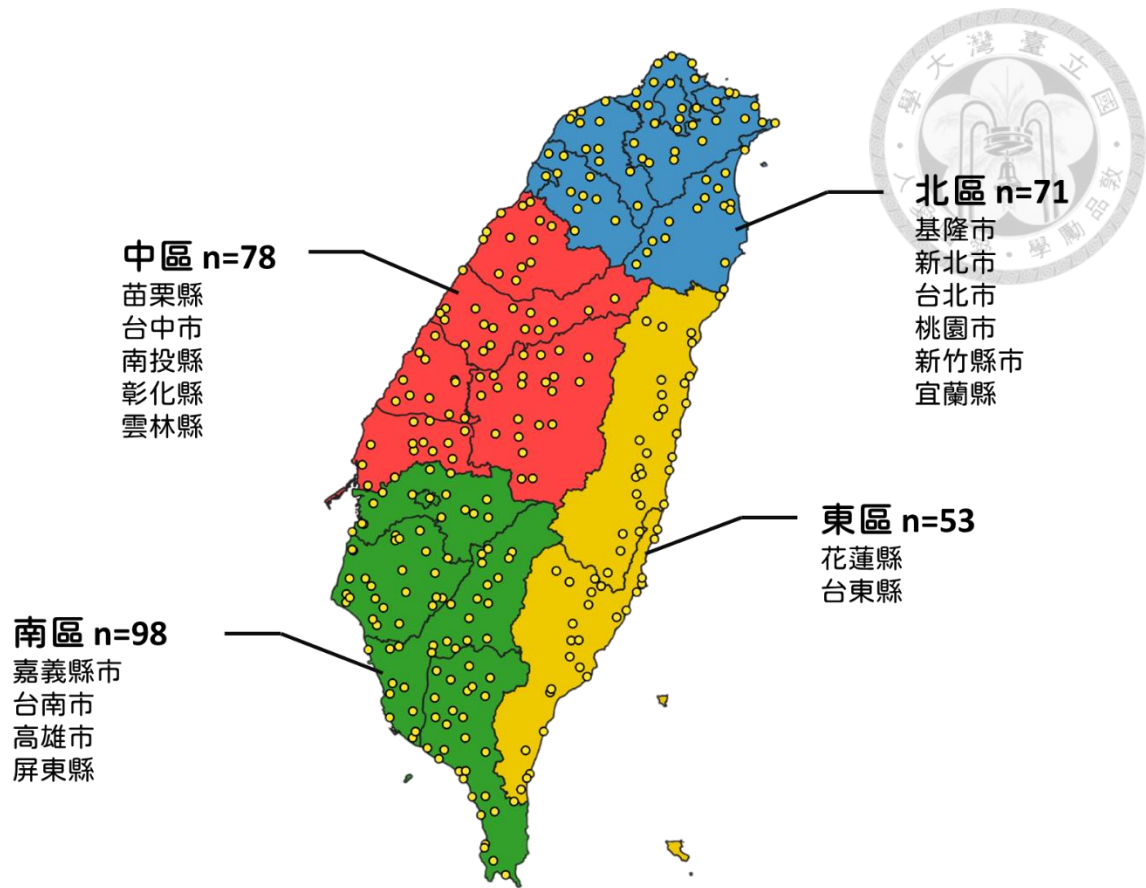
圖十三、第一階段樣本分析中，不同採樣時間篩選條件下，白線斑蚊三等親以內樣本對之地理距離與親緣係數關係圖

上圖顯示未限制樣本對採樣時間差條件下之結果，下圖則僅納入採樣時間差在 30 天以內之樣本對，代表可能屬於單一世代之親屬關係。圖中每一點代表一對具 Loiselle's K 值 > 0.046875 （表親等級以上）之樣本對，X 軸為樣本間地理距離（km），Y 軸為對應之親緣係數 K 值



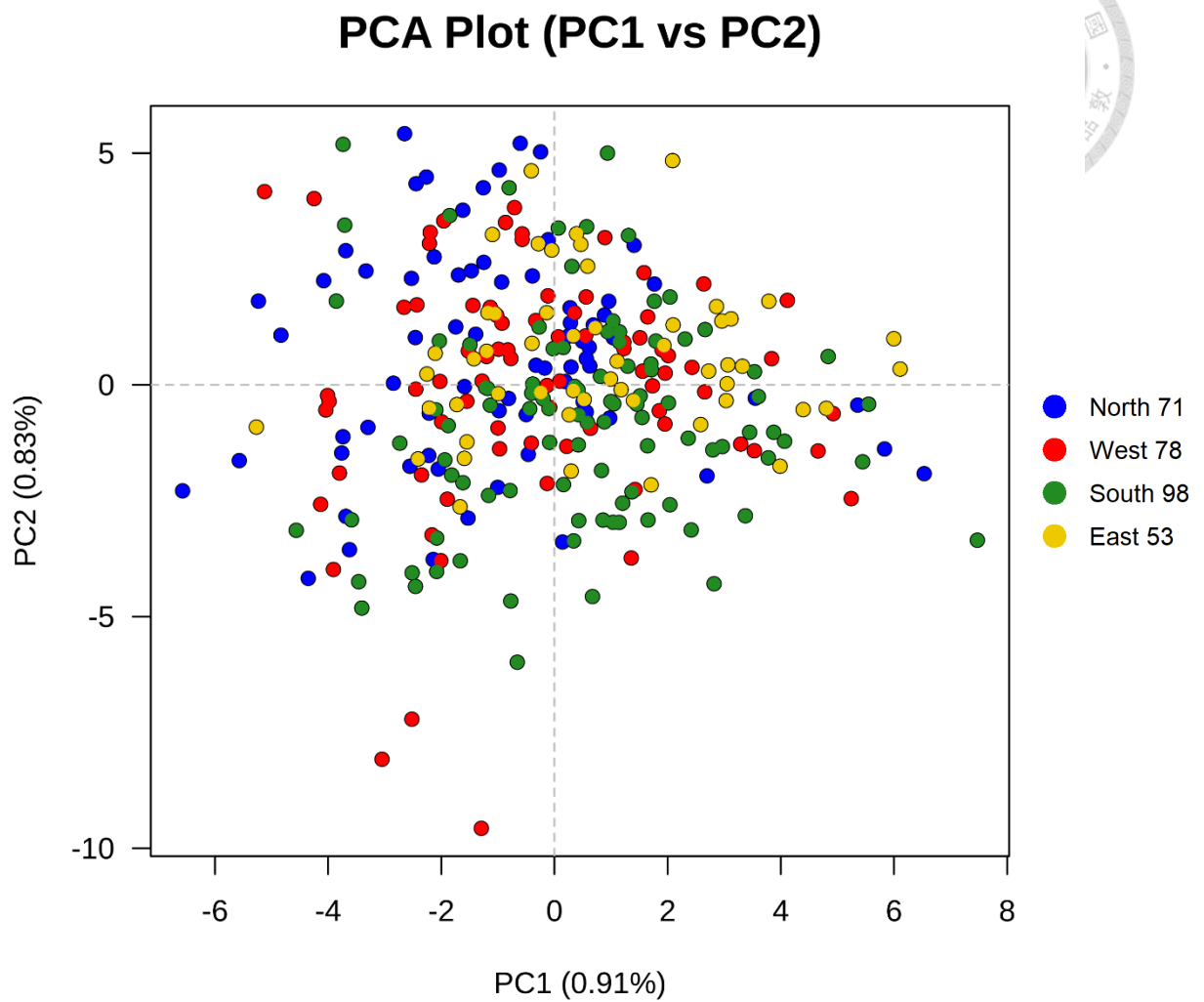
圖十四、第一階段白線斑蚊樣本間地理距離與遺傳距離之關係圖

圖中每一點代表一對樣本間之遺傳與地理距離關係，X 軸為地理距離之自然對數（log-transformed geographical distance），Y 軸為對應之 Euclidean genetic distance。紅色線條表示線性回歸趨勢線。



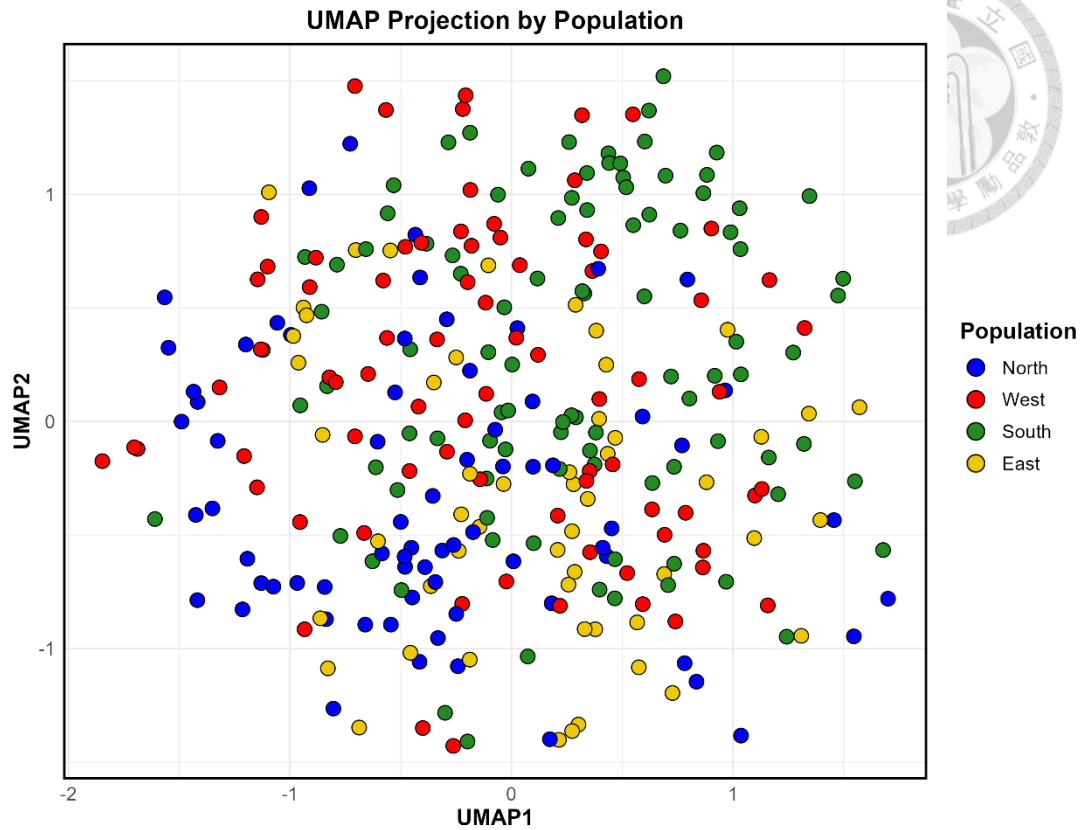
圖十五、第二階段白線斑蚊樣本於臺灣本島之分布與區域劃分圖

本研究針對第二階段所取得之 300 筆樣本，依據國家發展委員會《臺灣地區綜合開發計劃》將臺灣本島劃分為北部（ $n=71$ ）、中部（ $n=78$ ）、南部（ $n=98$ ）及東部（ $n=53$ ）等四大區域，並據以進行群體比較與視覺化分析。地圖中不同顏色代表各區域。區域名稱旁列出所涵蓋之縣市，僅具單一樣本之新竹市與嘉義市分別併入新竹縣與嘉義縣所屬區域處理。

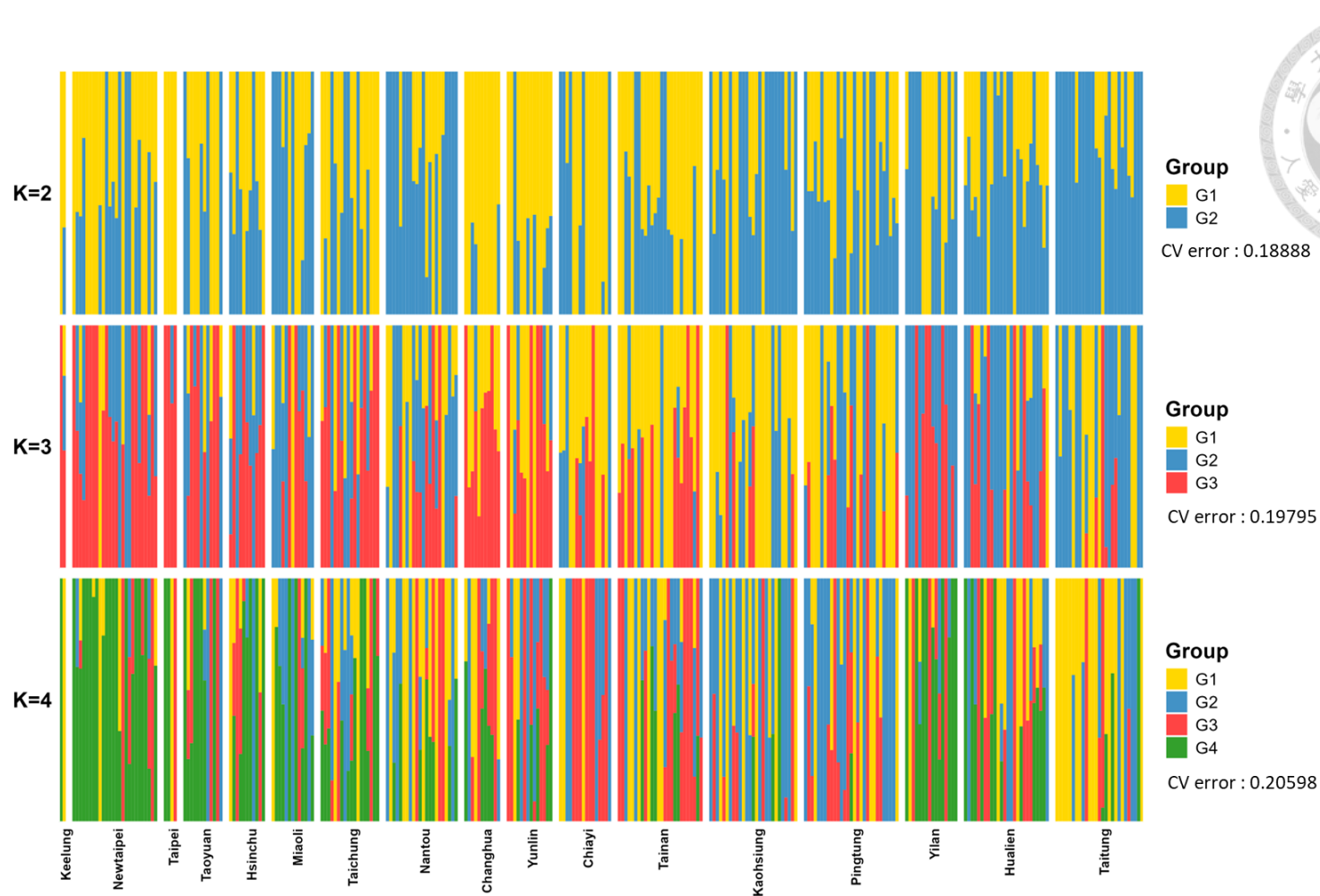


圖十六、第二階段 300 筆樣本之主成分分析結果 (PC1 vs PC2)

圖中每一點代表一筆樣本，顏色依據所屬區域（北部、中部、南部與東部）進行標示。PC1 與 PC2 分別解釋 0.91% 與 0.83% 的遺傳變異。樣本整體分布廣泛且混雜，未呈現明顯聚集或地域分化趨勢。

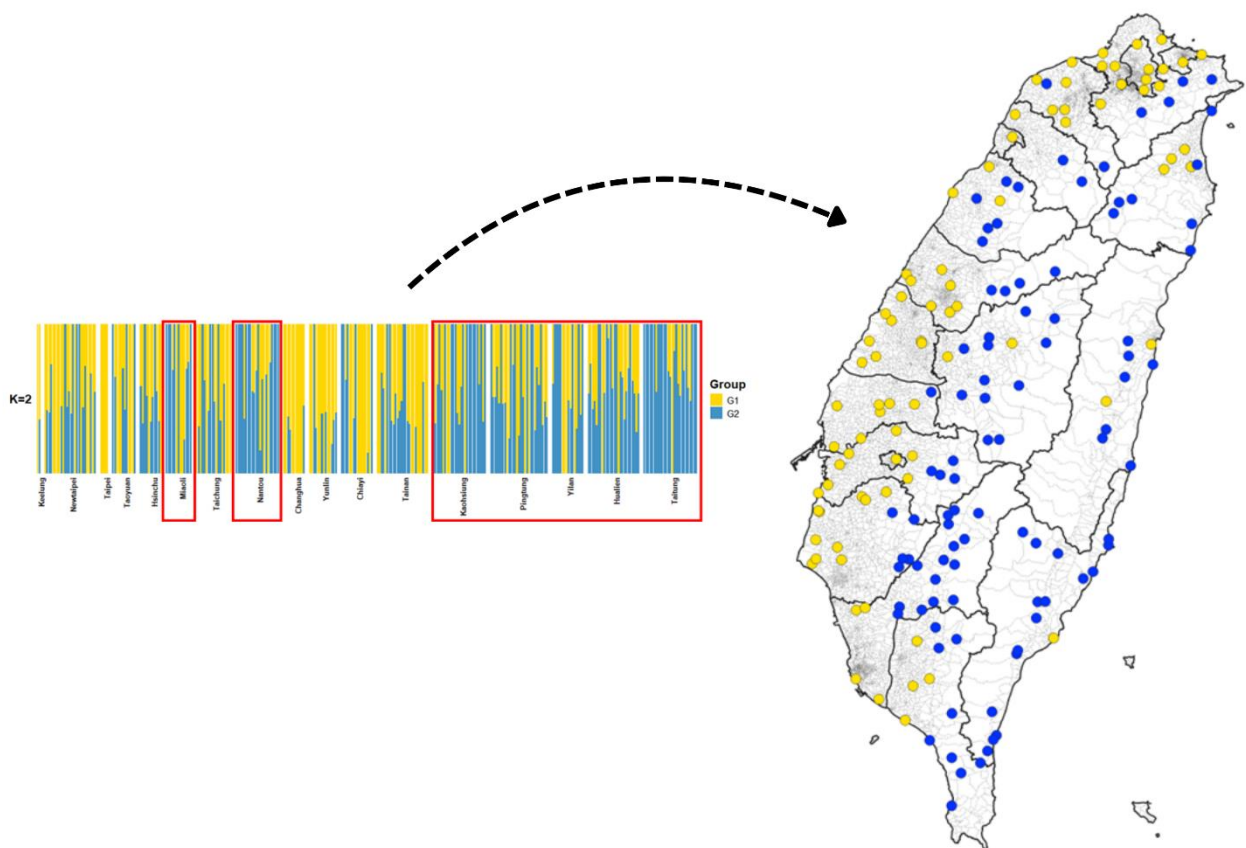


圖十七、第二階段 300 筆樣本之 UMAP 分析結果 (UMAP1 vs UMAP2)
圖中每個點代表一筆樣本，顏色依據所屬區域分類 (北部、中部、南部與東部)。
結果顯示樣本於 UMAP 空間中同樣呈現混合分布，缺乏依區域聚集或分群之明顯模式。

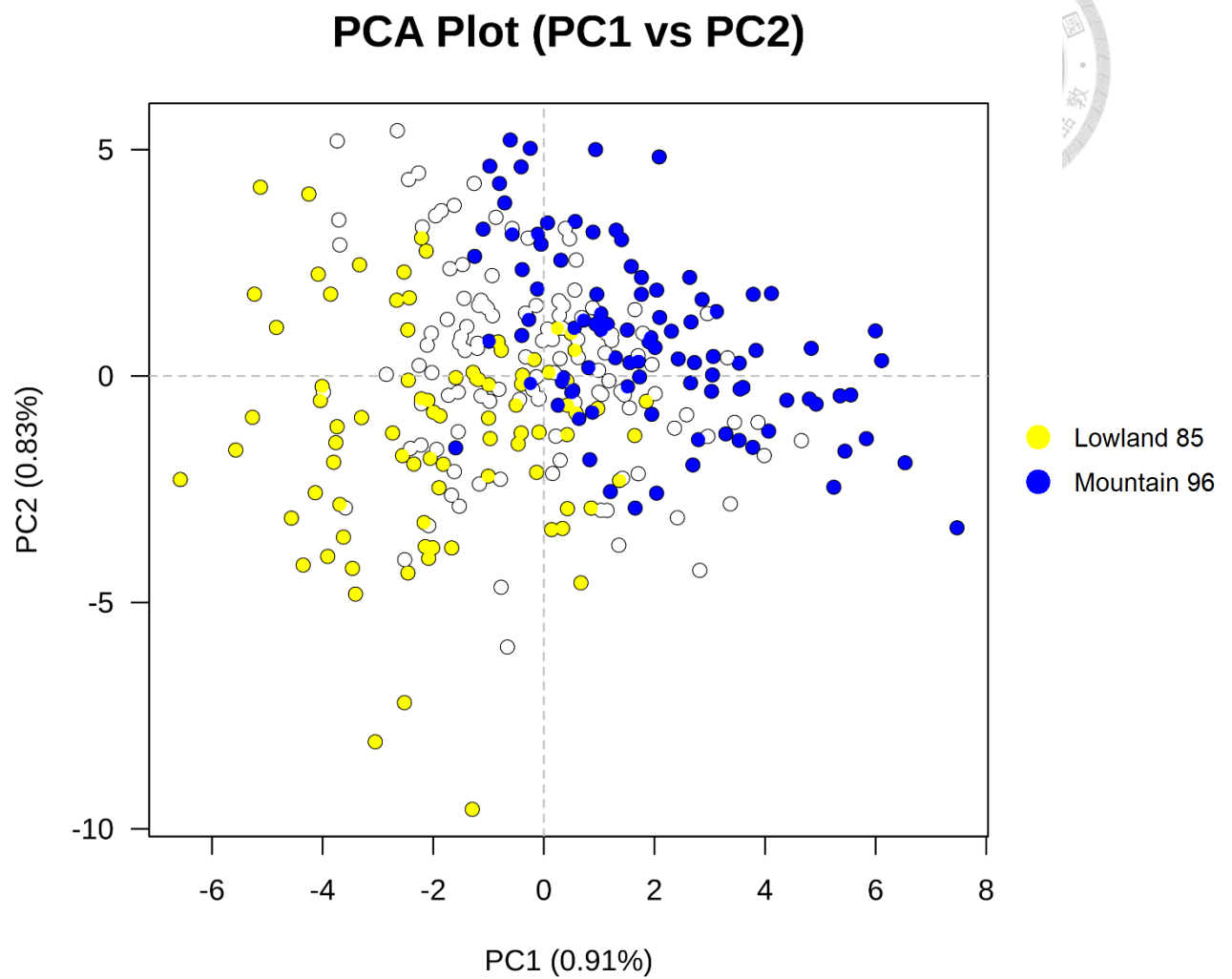


圖十八、第二階段 300 筆樣本之 ADMIXTURE 分析結果 (K = 2 至 K = 4)

圖中每一條垂直條代表一筆樣本，顏色表示該樣本在不同祖源群體 (G1~G4) 中的比例組成。樣本依行政區分群排列。各 K 值下樣本皆呈現多重祖源混合，未顯示明顯的地理分化結構。右側標示各群體顏色及對應 CV error 值



圖十九、ADMIXTURE 分析於 $K=2$ 條件下所得之祖源比例與空間分布圖。
 左側圖為各縣市樣本之祖源比例條狀圖，黃色與藍色分別代表兩個主要祖源群（G1 與 G2），紅框標示 G2 占比明顯偏高之縣市。右側為篩選 Q 值接近 1 (>0.99) 之樣本個體並標示於地圖上，顯示 G1 個體多分布於西部平原都市區，G2 個體則集中於中央山脈、花東縱谷與丘陵地區

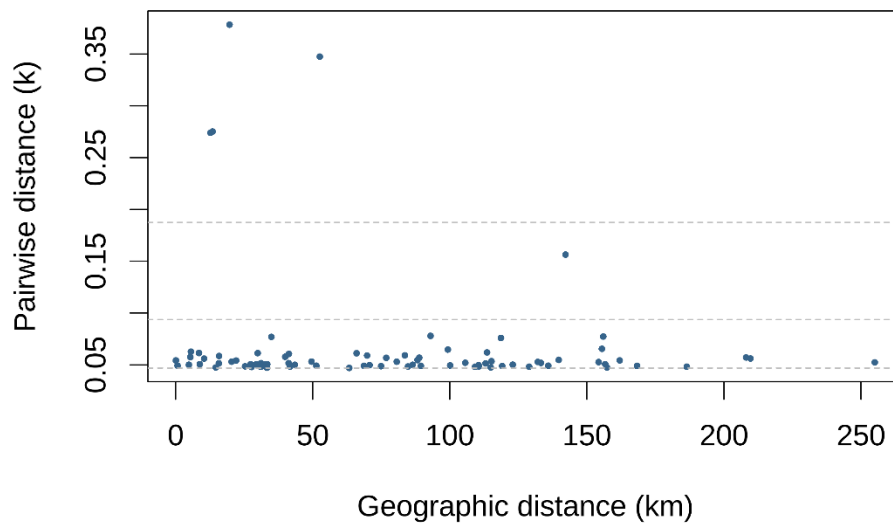


圖二十、ADMIXTURE 所識別兩類主要祖源樣本之 PCA 分布圖

圖中黃色與藍色點分別代表 Q 值接近 1 之 G1 與 G2 個體，白色點則為未分類樣本。結果顯示 G1 與 G2 個體於 PC1 與 PC2 軸上呈現部分分離趨勢，支持存在與地形環境（平地都市 vs.山區丘陵）相關之微弱遺傳結構

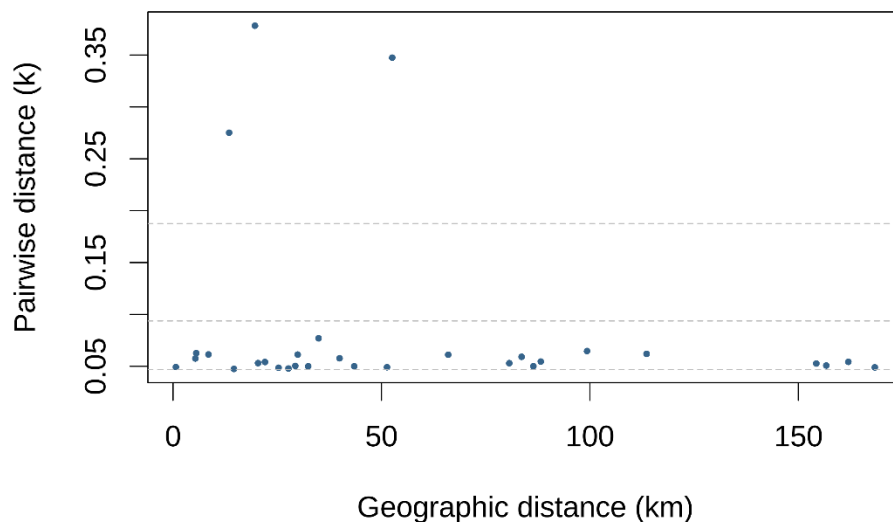


Pairwise distance across geographic distance



Level	Num
Full-sibling	4
Half-sibling	1
Cousin	78

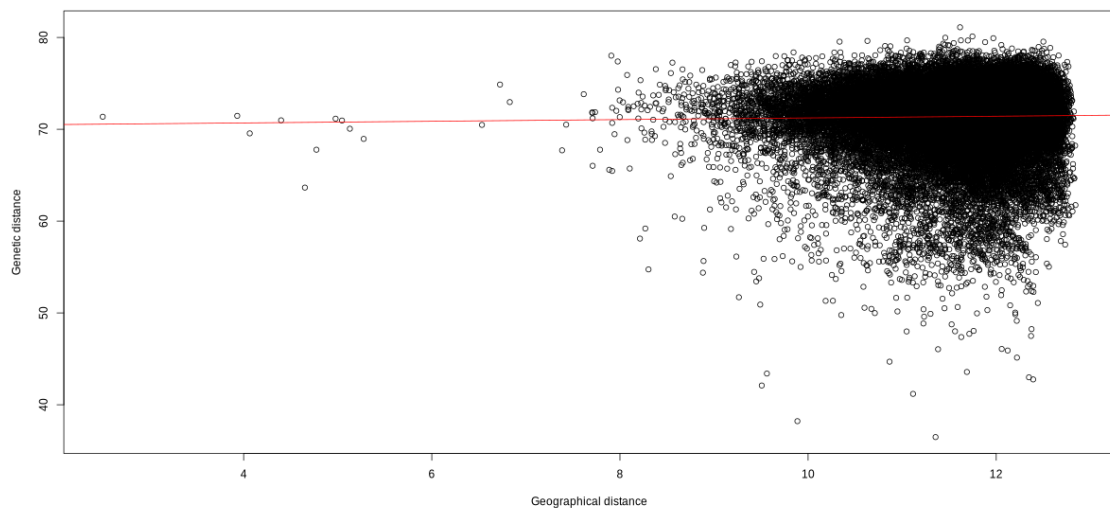
Pairwise distance across geographic distance



Level	Num
Full-sibling	3
Half-sibling	0
Cousin	27

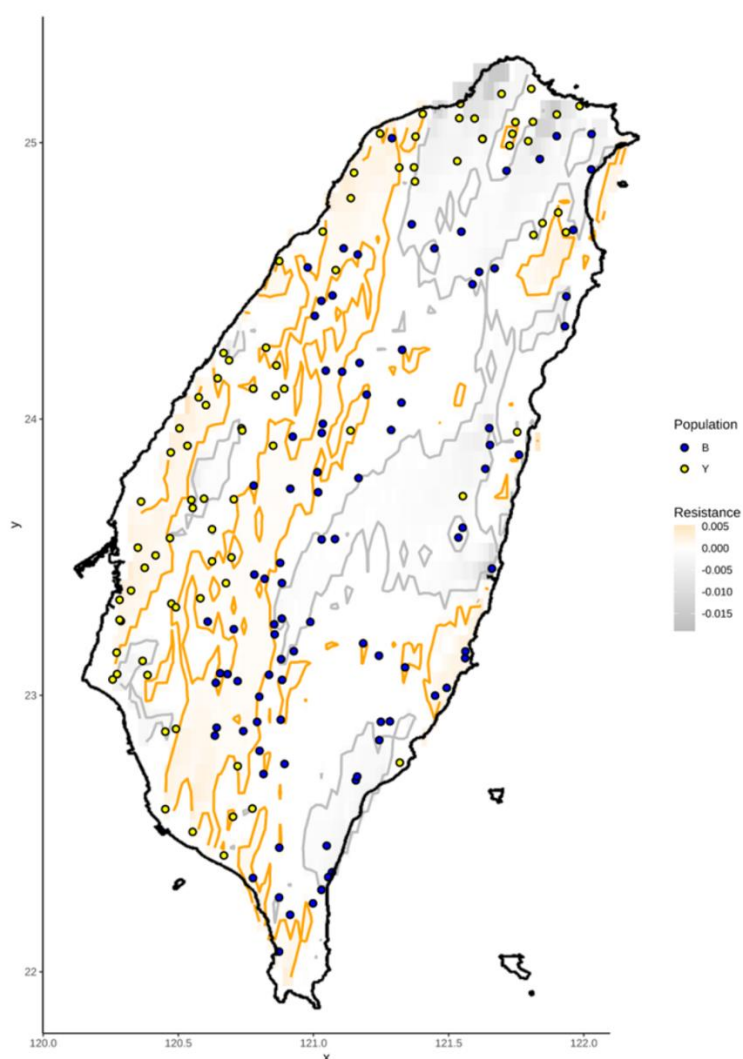
圖二十一、第二階段樣本分析中，不同採樣時間篩選條件下，白線斑蚊三等親以內樣本對之地理距離與親緣係數關係圖

上圖顯示未限制樣本對採樣時間差條件下之結果，下圖則僅納入採樣時間差在 30 天以內之樣本對，代表可能屬於單一世代之親屬關係。圖中每一點代表一對具 Loiselle's K 值 > 0.046875 （表親等級以上）之樣本對，X 軸為樣本間地理距離（km），Y 軸為對應之親緣係數 K 值



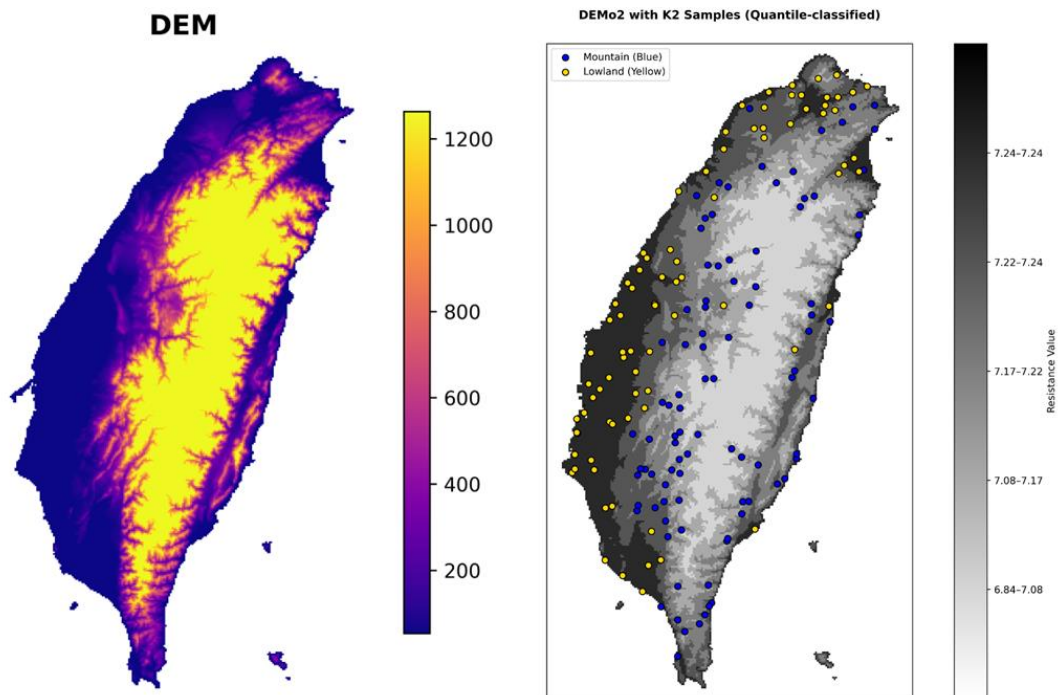
圖二十二、第二階段白線斑蚊樣本間地理距離與遺傳距離之關係圖

圖中每一點代表一對樣本間之遺傳與地理距離關係，X 軸為地理距離之自然對數（log-transformed geographical distance），Y 軸為對應之 Euclidean genetic distance。紅色線條表示線性回歸趨勢線。



圖二十三、遺傳交流阻力空間模型分析之殘差分布圖 (ResDisMapper)

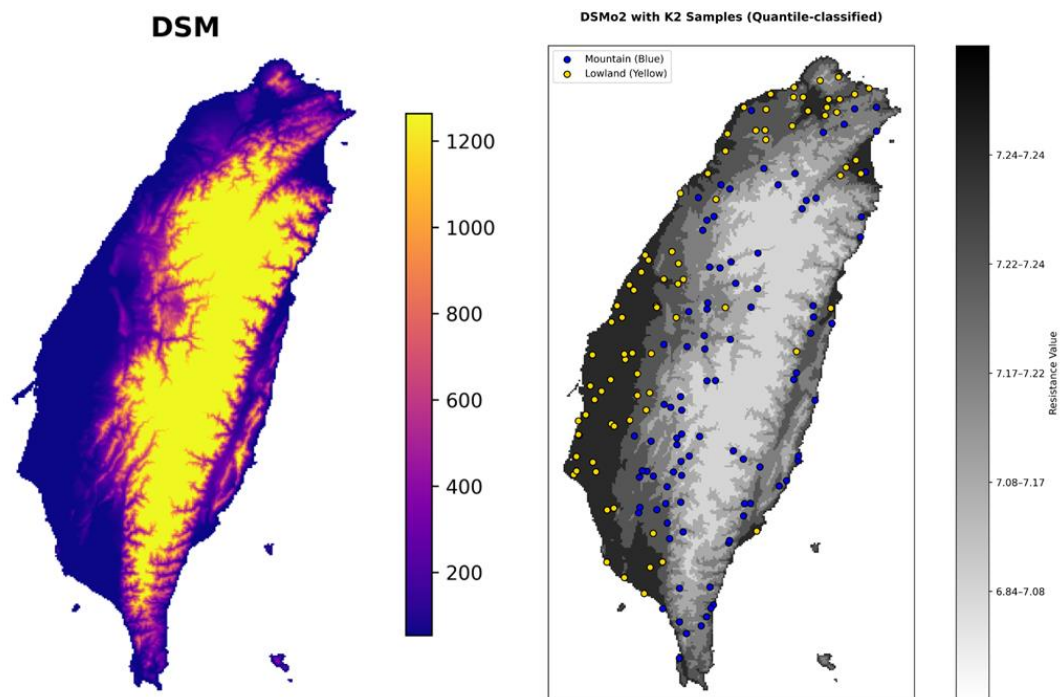
圖中色階表示 IBD 線性回歸之殘差分布，反映各地區樣本間遺傳距離相對於地理距離之異常程度。橘色區域代表遺傳距離大於預期（高阻力），灰色區域則表示遺傳距離小於預期（低阻力）。黃色與藍色樣本分別對應 ADMIXTURE 分析中兩類主要祖源族群，顯示該高阻力區與族群空間分布具一致性（參見圖二十）。



圖二十四、各環境因子之原始地景圖層與最佳化阻力表面

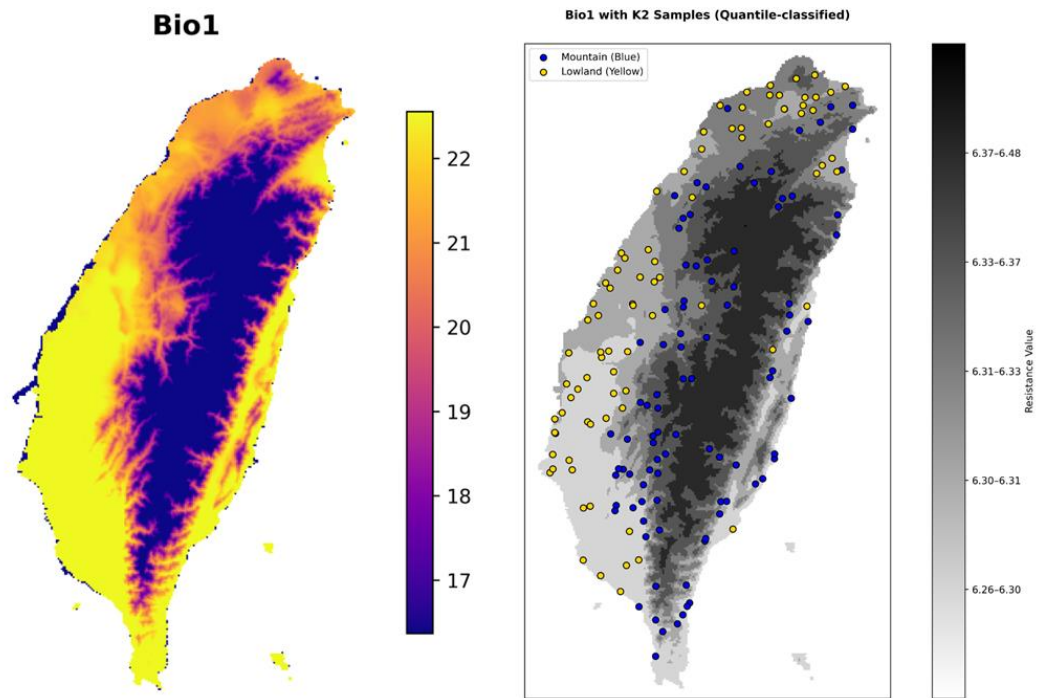
A、數值高程模型 (Digital Elevation Model, DEM) 之原始地景圖層與最佳化阻力表面

左圖為數值高程模型 (DEM) 之原始地景圖層；右圖為透過 ResistanceGA 建模後所產生之最佳化阻力表面。圖中以顏色深淺表示基因流動所受之推估阻力，顏色越深代表阻力越大。黃色與藍色圓點分別標示 ADMIXTURE K=2 模式下判定之平地都市族群與山區族群樣本位置。



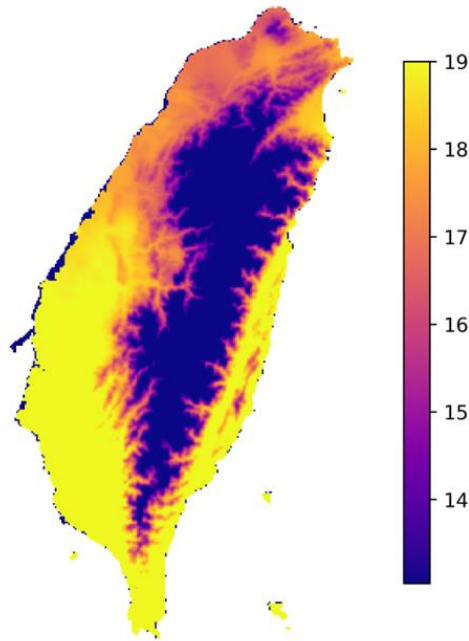
B、數值地表模型 (Digital Surface Model, DSM) 之原始地景圖層與最佳化阻力表面

左圖為數值地表模型 (DSM) 之原始地景圖層；右圖為透過 ResistanceGA 建模後所產生之最佳化阻力表面。圖中以顏色深淺表示基因流動所受之推估阻力，顏色越深代表阻力越大。黃色與藍色圓點分別標示 ADMIXTURE K=2 模式下判定之平地都市族群與山區族群樣本位置。

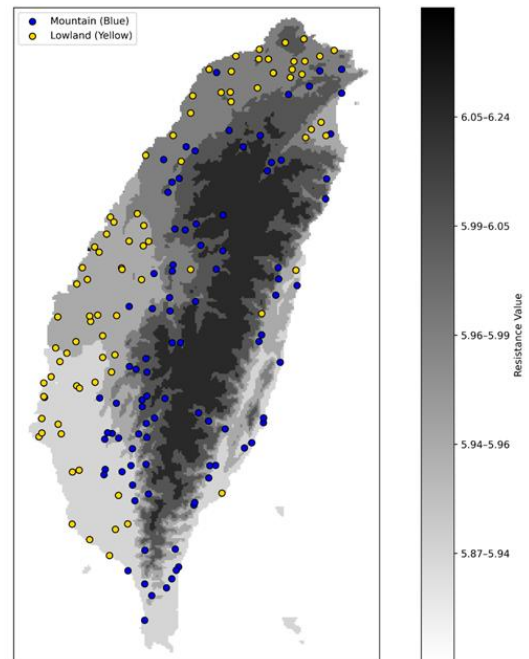


C、年均溫（Annual Mean Temperature, Bio1）之原始地景圖層與最佳化阻力表面
 左圖為年均溫（BIO1）之原始地景圖層；右圖為透過 ResistanceGA 建模後所產生之最佳化阻力表面。圖中以顏色深淺表示基因流動所受之推估阻力，顏色越深代表阻力越大。黃色與藍色圓點分別標示 ADMIXTURE K=2 模式下判定之平地都市族群與山區族群樣本位置。

tmin_JFM (Min Temp)

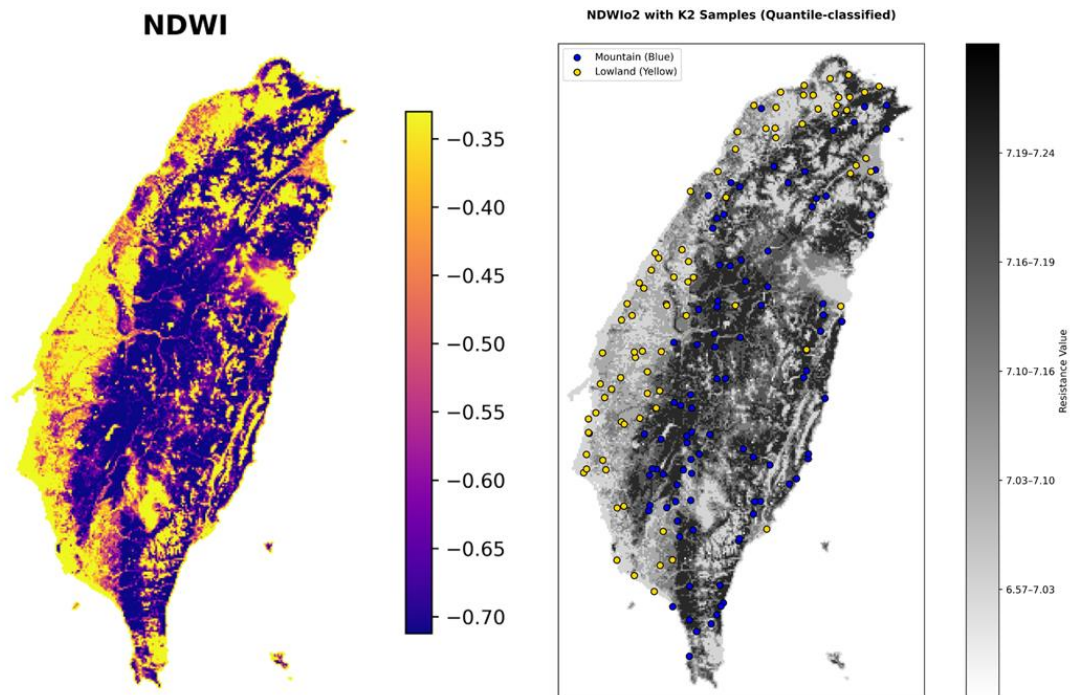


tmin_JFM with K2 Samples (Quantile-classified)



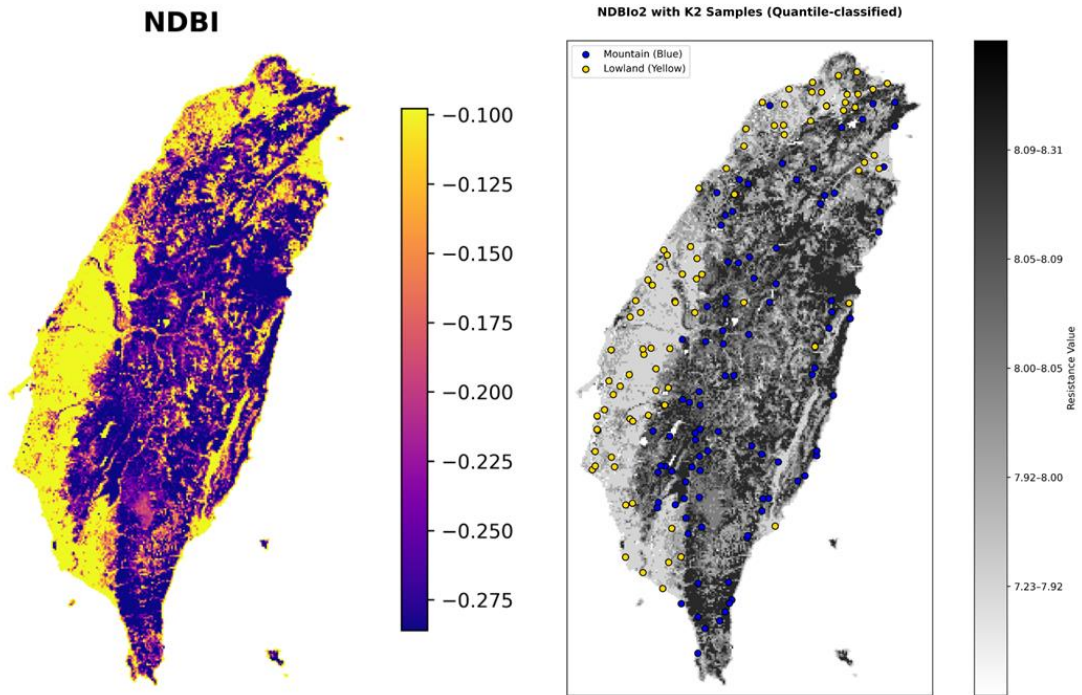
D、1~3 月平均月低溫（Average minimum temperature, tmin_JFM）之原始地景圖層與最佳化阻力表面

左圖為 1~3 月平均月低溫(tmin_JFM)之原始地景圖層；右圖為透過 ResistanceGA 建模後所產生之最佳化阻力表面。圖中以顏色深淺表示基因流動所受之推估阻力，顏色越深代表阻力越大。黃色與藍色圓點分別標示 ADMIXTURE K=2 模式下判定之平地都市族群與山區族群樣本位置。



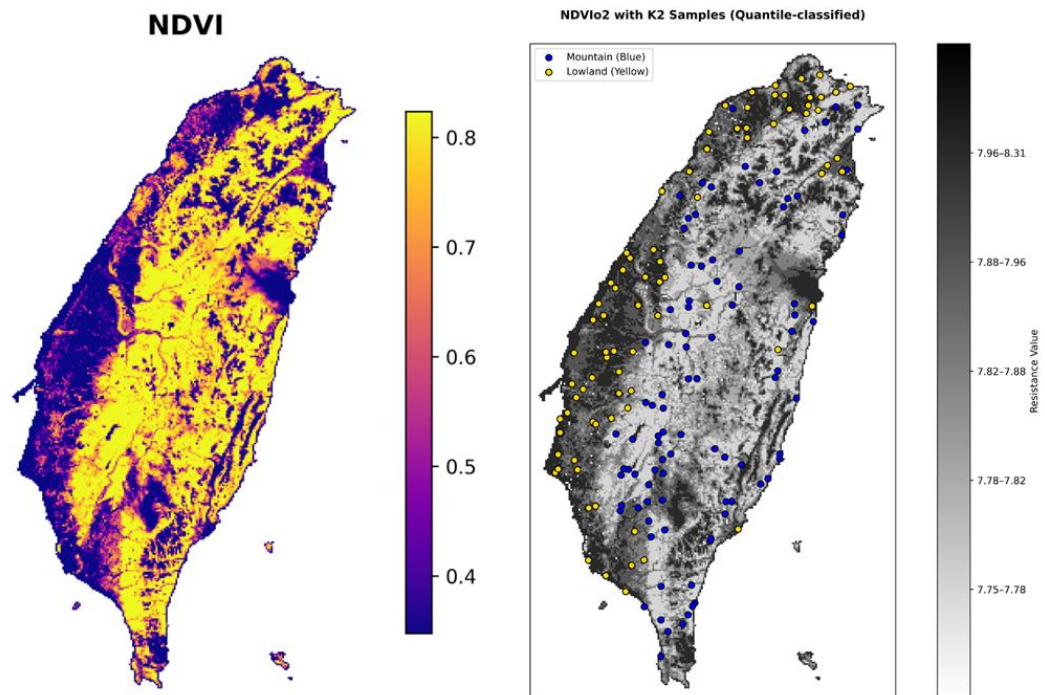
E、常態化差異水體指數 (Normalized Difference Water Index, NDWI) 之原始地景圖層與最佳化阻力表面

左圖為常態化差異水體指數 (NDWI) 之原始地景圖層；右圖為透過 ResistanceGA 建模後所產生之最佳化阻力表面。圖中以顏色深淺表示基因流動所受之推估阻力，顏色越深代表阻力越大。黃色與藍色圓點分別標示 ADMIXTURE K=2 模式下判定之平地都市族群與山區族群樣本位置。



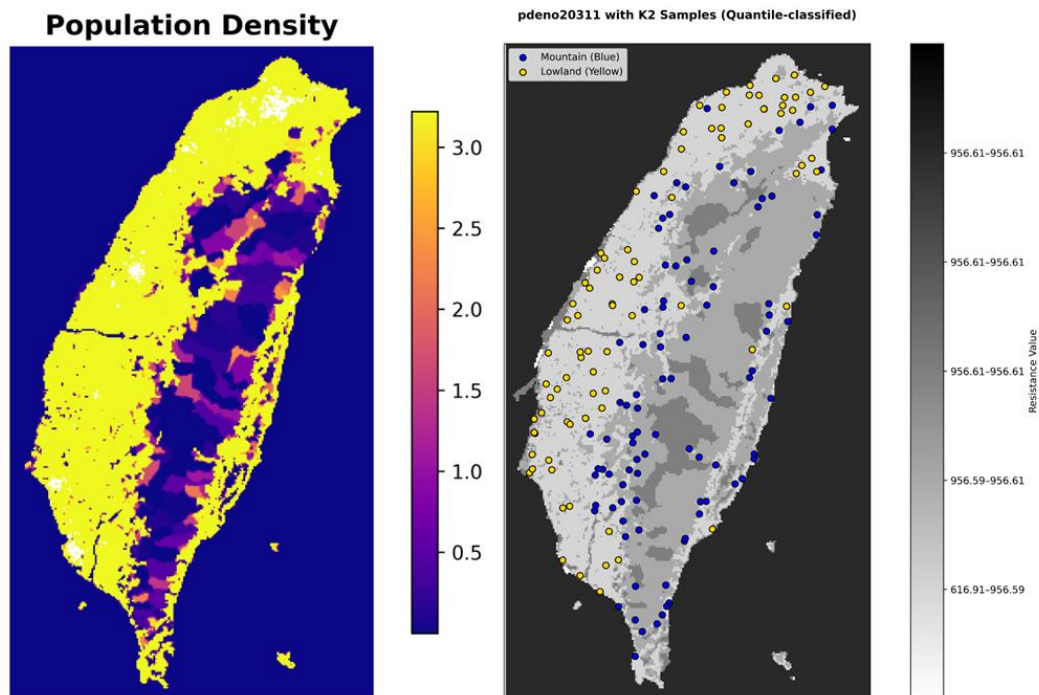
F、常態化差異建物指數（Normalized Difference Building Index, NDBI）之原始地景圖層與最佳化阻力表面

左圖為常態化差異建物指數（NDBI）之原始地景圖層；右圖為透過 ResistanceGA 建模後所產生之最佳化阻力表面。圖中以顏色深淺表示基因流動所受之推估阻力，顏色越深代表阻力越大。黃色與藍色圓點分別標示 ADMIXTURE K=2 模式下判定之平地都市族群與山區族群樣本位置。



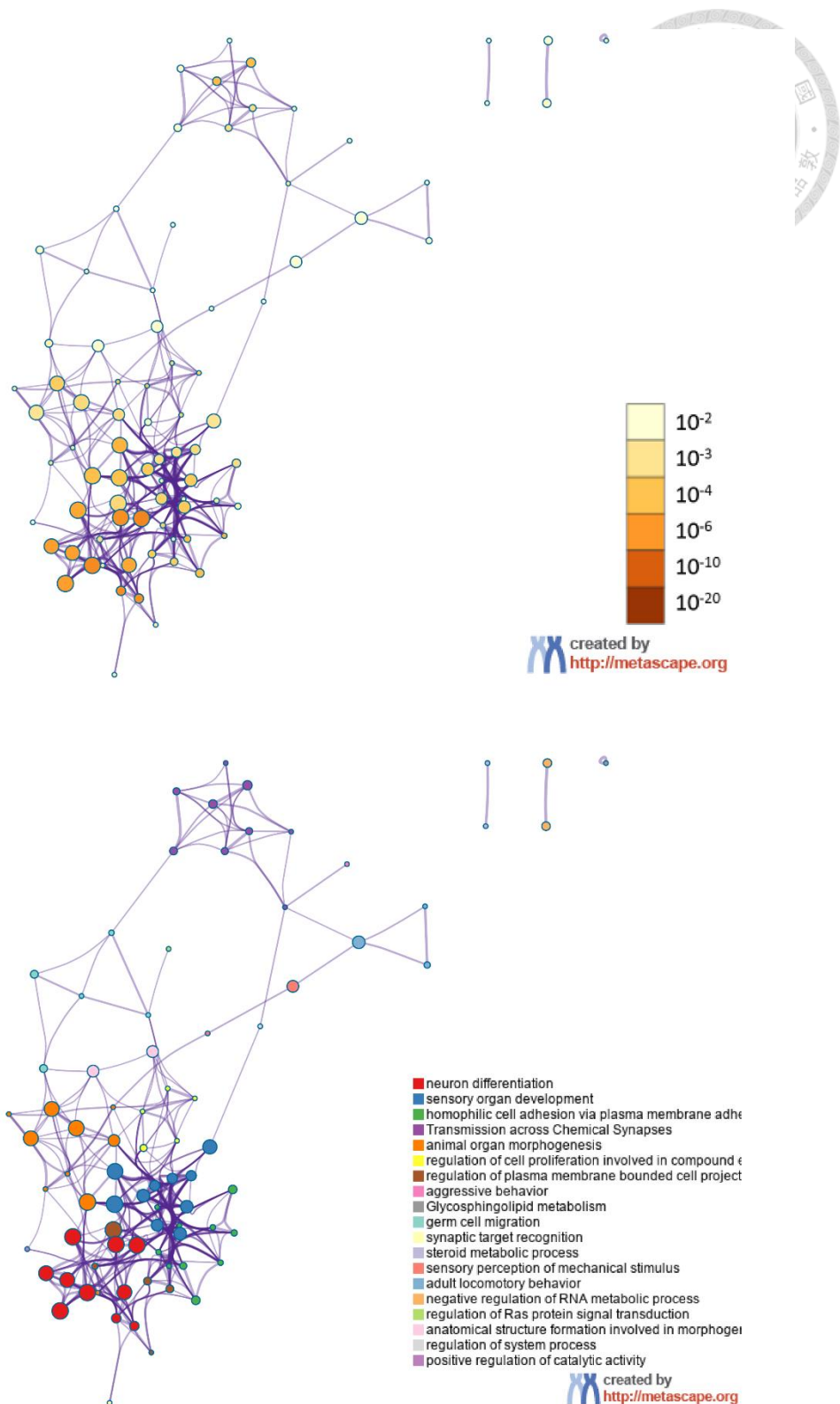
G、常態化差異植被指數 (Normalized Difference Vegetation Index, NDVI) 之原始地景圖層與最佳化阻力表面

左圖為常態化差異植被指數 (NDVI) 之原始地景圖層；右圖為透過 ResistanceGA 建模後所產生之最佳化阻力表面。圖中以顏色深淺表示基因流動所受之推估阻力，顏色越深代表阻力越大。黃色與藍色圓點分別標示 ADMIXTURE K=2 模式下判定之平地都市族群與山區族群樣本位置。



H、最小統計區人口密度（Population Density, PDEN）之原始地景圖層與最佳化阻力表面

左圖為最小統計區人口密度（PDEN）之原始地景圖層；右圖為透過 ResistanceGA 建模後所產生之最佳化阻力表面。圖中以顏色深淺表示基因流動所受之推估阻力，顏色越深代表阻力越大。黃色與藍色圓點分別標示 ADMIXTURE K=2 模式下判定之平地都市族群與山區族群樣本位置。



圖二十五、Biological Process 功能富集結果之網絡視覺化圖

上圖為依據 p 值顯著性 ($-\log_{10}(P)$) 所著色之 GO term 網絡圖；下圖為依據 GO 分類所分群之網絡圖。圖中每個節點代表一個顯著 GO term，節點間邊連線表示富集基因集合間的重疊程度。

附錄

附錄表一、第一階段台南市白線斑蚊樣本基本資訊



Sample ID	County	District	Date	WGS84-X	WGS84-Y
Tainan_city_1	台南市	東區	2020-12-01	120.21	22.98
Tainan_city_2	台南市	東區	2020-10-20	120.21	22.98
Tainan_city_3	台南市	東區	2020-10-20	120.21	22.98
Tainan_city_4	台南市	東區	2020-10-13	120.22	22.98
Tainan_city_5	台南市	南區	2020-12-15	120.19	22.97
Tainan_city_6	台南市	中西區	2020-11-15	120.20	22.99
Tainan_city_7	台南市	中西區	2020-11-15	120.20	22.99
Tainan_city_8	台南市	中西區	2020-11-15	120.19	22.99
XingHua_1	台南市	新化區	2020-06-04	120.29	23.04
XingHua_2	台南市	新化區	2020-06-04	120.28	23.04
XingHua_3	台南市	新化區	2020-07-03	120.30	23.02
XingHua_4	台南市	新化區	2020-06-11	120.28	23.02
XingHua_5	台南市	新化區	2020-06-11	120.28	23.02
XingHua_6	台南市	新化區	2020-06-11	120.28	23.02
Zuozhen_1	台南市	左鎮區	2020-08-27	120.40	23.05
Zuozhen_10	台南市	左鎮區	2020-07-23	120.41	23.05
Zuozhen_11	台南市	左鎮區	2020-07-23	120.41	23.05
Zuozhen_12	台南市	左鎮區	2020-07-17	120.42	23.04
Zuozhen_2	台南市	左鎮區	2020-07-31	120.37	23.06
Zuozhen_3	台南市	左鎮區	2020-07-31	120.37	23.06
Zuozhen_4	台南市	左鎮區	2020-07-31	120.38	23.06
Zuozhen_5	台南市	左鎮區	2020-08-21	120.39	23.05
Zuozhen_6	台南市	左鎮區	2020-08-21	120.38	23.06
Zuozhen_7	台南市	左鎮區	2020-08-21	120.38	23.06
Zuozhen_8	台南市	左鎮區	2020-08-27	120.40	23.05
Zuozhen_9	台南市	左鎮區	2020-08-27	120.40	23.05

附錄表二、第一階段高雄市白線斑蚊樣本基本資訊

Sample ID	County	District	Date	WGS84-X	WGS84-Y
Daliao2021_1	高雄市	大寮區	2021-08-12	120.42	22.58
Daliao2021_2	高雄市	大寮區	2021-07-22	120.42	22.58
Daliao2021_3	高雄市	大寮區	2021-09-23	120.42	22.58
Daliao2021_4	高雄市	大寮區	2021-07-15	120.42	22.58
Fengshan2021_1	高雄市	鳳山區	2021-09-10	120.35	22.63
Fengshan2021_2	高雄市	鳳山區	2021-09-10	120.35	22.63
Fengshan2021_3	高雄市	鳳山區	2021-09-10	120.34	22.63
Fengshan2021_4	高雄市	鳳山區	2021-10-08	120.34	22.63
TRA_factory_side2020_1	高雄市	苓雅區	2020-12-08	120.32	22.62
TRA_factory_side2020_2	高雄市	苓雅區	2020-10-27	120.32	22.61
TRA_factory_side2020_3	高雄市	前鎮區	2020-12-09	120.33	22.61
TRA_factory_side2020_4	高雄市	前鎮區	2020-10-18	120.32	22.60
TRA_factory_side2020_5	高雄市	苓雅區	2020-11-13	120.33	22.61
TRA_factory_side2020_6	高雄市	前鎮區	2020-12-02	120.32	22.60
TRA_factory2019_1	高雄市	鳳山區	2019-05-14	120.33	22.61
TRA_factory2019_2	高雄市	鳳山區	2019-06-11	120.32	22.61
TRA_factory2019_3	高雄市	鳳山區	2019-07-23	120.32	22.61
TRA_factory2019_4	高雄市	鳳山區	2019-07-16	120.32	22.61
TRA_factory2019_5	高雄市	鳳山區	2019-06-04	120.32	22.61
TRA_factory2019_6	高雄市	鳳山區	2019-05-14	120.33	22.61
TRA_factory2019_7	高雄市	鳳山區	2019-06-17	120.33	22.61
TRA_factory2020_1	高雄市	鳳山區	2020-11-24	120.33	22.61
TRA_factory2020_2	高雄市	鳳山區	2020-12-07	120.33	22.61
TRA_factory2020_3	高雄市	鳳山區	2020-11-10	120.32	22.61
TRA_factory2020_4	高雄市	鳳山區	2020-11-10	120.33	22.61
TRA_factory2020_5	高雄市	鳳山區	2020-11-03	120.32	22.61
TRA_factory2020_6	高雄市	鳳山區	2020-11-10	120.32	22.61
TRA_factory2020_7	高雄市	鳳山區	2020-11-20	120.32	22.61
TRA_factory2020_8	高雄市	鳳山區	2020-11-13	120.33	22.61
Xinzuoying2020_1	高雄市	左營區	2020-12-10	120.29	22.69
Xinzuoying2020_2	高雄市	左營區	2020-12-10	120.28	22.69
Xinzuoying2020_3	高雄市	左營區	2020-10-23	120.29	22.69
Xinzuoying2020_4	高雄市	左營區	2020-11-26	120.28	22.69
Xinzuoying2020_5	高雄市	左營區	2020-10-23	120.28	22.69
Xinzuoying2020_6	高雄市	左營區	2020-11-26	120.28	22.69
Xinzuoying2021_1	高雄市	左營區	2021-03-25	120.28	22.69

附錄表二、第一階段高雄市白線斑蚊樣本基本資訊(續)

Sample ID	County	District	Date	WGS84-X	WGS84-Y
Xinzuoying2021_2	高雄市	左營區	2021-03-04	120.29	22.69
Xinzuoying2021_3	高雄市	左營區	2021-02-18	120.28	22.69
Xinzuoying2021_4	高雄市	左營區	2021-06-17	120.28	22.69
Xinzuoying2021_5	高雄市	左營區	2021-03-04	120.28	22.69
Xinzuoying2021_6	高雄市	左營區	2021-09-02	120.28	22.69
Xinzuoying2021_7	高雄市	左營區	2021-02-25	120.28	22.69
Xinzuoying2021_8	高雄市	左營區	2021-02-09	120.28	22.70

附錄表三、第一階段屏東縣白線斑蚊樣本基本資訊

Sample ID	County	District	Date	WGS84-X	WGS84-Y
Chaozhou2021_1	屏東縣	潮州鎮	2021.3.17	120.54	22.55
Chaozhou2021_2	屏東縣	潮州鎮	2021.11.17	120.54	22.55
Chaozhou2021_3	屏東縣	潮州鎮	2021.10.15	120.54	22.54
Chaozhou2021_4	屏東縣	潮州鎮	2021.3.17	120.54	22.54
Chaozhou2021_5	屏東縣	潮州鎮	2021.11.17	120.53	22.55
Chaozhou2021_6	屏東縣	潮州鎮	2021.10.15	120.54	22.55
Chaozhou2021_7	屏東縣	潮州鎮	2021.10.15	120.54	22.54
Chaozhou2021_8	屏東縣	潮州鎮	2021.3.17	120.54	22.55
Donggang2021_1	屏東縣	東港鎮	2021.8.17	120.45	22.46
Donggang2021_2	屏東縣	東港鎮	2021.7.18	120.45	22.46
Donggang2021_3	屏東縣	東港鎮	2021.9.15	120.45	22.46
Donggang2021_4	屏東縣	東港鎮	2021.8.17	120.45	22.47
Donggang2021_5	屏東縣	東港鎮	2021.7.18	120.44	22.46
Donggang2021_6	屏東縣	東港鎮	2021.3.16	120.45	22.46
Donggang2021_7	屏東縣	東港鎮	2021.7.18	120.45	22.46
Donggang2021_8	屏東縣	東港鎮	2021.8.17	120.45	22.46
Donggang2021_9	屏東縣	東港鎮	2021.7.18	120.45	22.46
Donggang2021_10	屏東縣	東港鎮	2021.10.17	120.44	22.46
Donggang2021_11	屏東縣	東港鎮	2021.7.18	120.44	22.46
Donggang2021_12	屏東縣	東港鎮	2021.7.18	120.44	22.46
Donggang2021_13	屏東縣	東港鎮	2021.8.17	120.45	22.46
Donggang2021_14	屏東縣	東港鎮	2021.9.15	120.44	22.46
Pingtung2021_1	屏東縣	屏東市	2021.10.15	120.48	22.67
Pingtung2021_2	屏東縣	屏東市	2021.8.17	120.47	22.67
Pingtung2021_3	屏東縣	屏東市	2021.8.17	120.48	22.67
Pingtung2021_4	屏東縣	屏東市	2021.9.15	120.48	22.67
Pingtung2021_5	屏東縣	屏東市	2021.9.15	120.48	22.66
Pingtung2021_6	屏東縣	屏東市	2021.1.17	120.48	22.66
Pingtung2021_7	屏東縣	屏東市	2021.7.18	120.48	22.66
Pingtung2021_8	屏東縣	屏東市	2021.9.15	120.48	22.66
Pingtung2021_9	屏東縣	屏東市	2021.9.15	120.48	22.67
Pingtung2021_10	屏東縣	屏東市	2021.9.15	120.48	22.67
Pingtung2021_11	屏東縣	屏東市	2021.8.17	120.48	22.66
Pingtung2021_12	屏東縣	屏東市	2021.9.15	120.48	22.66
Pingtung2021_13	屏東縣	屏東市	2021.9.15	120.48	22.66
Pingtung2021_14	屏東縣	屏東市	2021.9.15	120.48	22.66

附錄表三、第一階段屏東縣白線斑蚊樣本基本資訊(續)

Sample ID	County	District	Date	WGS84-X	WGS84-Y
Pingtung2021_15	屏東縣	屏東市	2021.7.18	120.48	22.66
Wandan2021_1	屏東縣	萬丹鄉	2021.10.15	120.49	22.58
Wandan2021_2	屏東縣	萬丹鄉	2021.10.15	120.48	22.58
Wandan2021_3	屏東縣	萬丹鄉	2021.10.15	120.48	22.59
Wandan2021_4	屏東縣	萬丹鄉	2021.10.15	120.48	22.58
Wandan2021_5	屏東縣	萬丹鄉	2021.11.17	120.49	22.58
Wandan2021_6	屏東縣	萬丹鄉	2021.10.15	120.48	22.58
Wandan2021_7	屏東縣	萬丹鄉	2021.10.15	120.49	22.59
Wandan2021_8	屏東縣	萬丹鄉	2021.10.15	120.49	22.59

附錄表四、第一階段高海拔地區白線斑蚊樣本基本資訊（桃園市復興區與嘉義縣阿里山）

Sample ID	County	District	Date	WGS84-X	WGS84-Y
2000m_1	桃園市	復興區	2022-04-28	121.38	24.67
2000m_2	嘉義縣	阿里山鄉	2022-05-17	120.80	23.50

附錄表五、第二階段全台網格採樣之白線斑蚊樣本基本資訊(共 300 筆樣本)

Sample ID	County	District	Date	WGS84-X	WGS84-Y
Jhongjheng1	基隆市	中正區	2022-04-01	121.79	25.13
Nuannuan1	基隆市	暖暖區	2022-04-15	121.73	25.10
Beitou1	臺北市	北投區	2022-07-15	121.53	25.17
Neihu16	臺北市	內湖區	2022-07-05	121.58	25.07
Wunshan1	臺北市	文山區	2022-07-13	121.56	24.98
XinYi4	臺北市	信義區	2022-12-29	121.57	25.03
Bali1	新北市	八里區	2022-07-01	121.38	25.14
Banciao1	新北市	板橋區	2022-09-07	121.46	25.01
Banciao2	新北市	板橋區	2022-11-23	121.46	25.01
Banciao3	新北市	板橋區	2022-07-12	121.46	25.01
Banciao4	新北市	板橋區	2022-07-19	121.46	25.01
Danshuei1	新北市	淡水區	2022-04-15	121.45	25.18
Gongliao1	新北市	貢寮區	2022-04-15	121.91	25.08
Gongliao2	新北市	貢寮區	2022-04-29	122.00	25.01
Gongliao3	新北市	貢寮區	2022-04-29	121.94	25.01
Jinshan1	新北市	金山區	2022-04-15	121.63	25.25
Linkou1	新北市	林口區	2022-06-14	121.37	25.08
Pinglin1	新北市	坪林區	2022-05-06	121.67	24.94
Pingsi1	新北市	平溪區	2022-05-06	121.73	25.02
Rueifang1	新北市	瑞芳區	2022-04-15	121.82	25.13
Sanjhih1	新北市	三芝區	2022-04-01	121.47	25.25
Sansia1	新北市	三峽區	2022-06-14	121.36	24.93
Sansia2	新北市	三峽區	2022-06-21	121.40	24.87
Sansia3	新北市	三峽區	2022-06-14	121.43	24.85
Shenkeng1	新北市	深坑區	2022-07-12	121.63	25.00
Shihmen1	新北市	石門區	2022-04-01	121.54	25.28
Shuangsi1	新北市	雙溪區	2022-04-29	121.86	25.03
Sijhih1	新北市	汐止區	2022-07-12	121.65	25.07
Sindian1	新北市	新店區	2022-05-06	121.55	24.89
Wanli1	新北市	萬里區	2022-04-15	121.64	25.19
Wugu1	新北市	五股區	2022-07-08	121.43	25.08
Wulai1	新北市	烏來區	2022-04-29	121.54	24.86
Dayuan1	桃園市	大園區	2022-06-14	121.21	25.02
Dayuan2	桃園市	大園區	2022-06-21	121.24	25.10
Fusing1	桃園市	復興區	2022-04-28	121.38	24.67
Fusing3	桃園市	復興區	2022-06-15	121.35	24.81

附錄表五、第二階段全台網格採樣之白線斑蚊樣本基本資訊(共 300 筆樣本)(續)

Sample ID	County	District	Date	WGS84-X	WGS84-Y
Fusing4	桃園市	復興區	2022-10-04	121.38	24.67
Guanyin1	桃園市	觀音區	2022-06-07	121.09	25.05
Guanyin2	桃園市	觀音區	2022-06-21	121.13	25.06
Guanyin3	桃園市	觀音區	2022-06-21	121.12	25.01
Guanyin4	桃園市	觀音區	2022-06-14	121.08	25.03
Longtan1	桃園市	龍潭區	2022-06-08	121.21	24.86
Pingjhen1	桃園市	平鎮區	2022-06-08	121.20	24.91
Yangmei1	桃園市	楊梅區	2022-06-15	121.15	24.91
HsinchuEast1	新竹市	東區	2022-07-06	120.97	24.79
Guansi1	新竹縣	關西鎮	2022-07-06	121.17	24.79
Hengshan1	新竹縣	橫山鄉	2022-07-12	121.14	24.71
Hukou1	新竹縣	湖口鄉	2022-06-15	121.05	24.88
Jhubei1	新竹縣	竹北市	2022-07-06	121.02	24.81
Jhudong1	新竹縣	竹東鎮	2022-07-12	121.11	24.66
Jhudong2	新竹縣	竹東鎮	2022-06-29	121.08	24.73
Jianshih1	新竹縣	尖石鄉	2022-07-12	121.28	24.61
Jianshih2	新竹縣	尖石鄉	2022-07-12	121.20	24.70
Sinfong1	新竹縣	新豐鄉	2022-06-15	120.98	24.89
Wufong1	新竹縣	五峰鄉	2022-07-13	121.10	24.57
Datong1	宜蘭縣	大同鄉	2022-04-28	121.52	24.61
Datong2	宜蘭縣	大同鄉	2022-10-04	121.45	24.53
Datong3	宜蘭縣	大同鄉	2022-10-12	121.42	24.48
Datong4	宜蘭縣	大同鄉	2022-09-27	121.37	24.43
Datong5	宜蘭縣	大同鄉	2022-10-13	121.50	24.54
Dongshantown1	宜蘭縣	冬山鄉	2022-07-12	121.79	24.66
Jiaosi1	宜蘭縣	礁溪鄉	2022-07-06	121.77	24.81
Luodong1	宜蘭縣	羅東鎮	2022-07-05	121.77	24.67
Nanao1	宜蘭縣	南澳鄉	2022-09-29	121.77	24.44
Nanao2	宜蘭縣	南澳鄉	2022-10-06	121.76	24.33
Sansing1	宜蘭縣	三星鄉	2022-07-05	121.65	24.66
Toucheng1	宜蘭縣	頭城鎮	2022-05-06	121.86	24.90
Wujie1	宜蘭縣	五結鄉	2022-06-29	121.79	24.68
Yilan1	宜蘭縣	宜蘭市	2022-07-13	121.74	24.74
Yilan2	宜蘭縣	宜蘭市	2022-07-06	121.69	24.78
Yuanshan1	宜蘭縣	員山鄉	2022-04-28	121.68	24.70
Dahu1	苗栗縣	大湖鄉	2022-06-07	120.86	24.42

附錄表五、第二階段全台網格採樣之白線斑蚊樣本基本資訊(共 300 筆樣本)(續)

Sample ID	County	District	Date	WGS84-X	WGS84-Y
Dahu2	苗栗縣	大湖鄉	2022-06-21	120.84	24.37
Houlong1	苗栗縣	後龍鎮	2022-06-14	120.77	24.64
Jhunan1	苗栗縣	竹南鎮	2022-06-22	120.87	24.67
MiaoliCity1	苗栗縣	苗栗市	2022-06-08	120.81	24.54
Nanjhuang2	苗栗縣	南庄鄉	2022-06-14	121.00	24.59
Sanwan1	苗栗縣	三灣鄉	2022-06-15	120.94	24.61
Sanyi1	苗栗縣	三義鎮	2022-06-21	120.76	24.40
Shihtan1	苗栗縣	獅潭鄉	2022-06-21	120.91	24.53
Taian1	苗栗縣	泰安鄉	2022-06-14	120.90	24.44
Tongsiao1	苗栗縣	通霄鎮	2022-06-08	120.71	24.57
Tongsiao2	苗栗縣	通霄鎮	2022-08-23	120.69	24.54
Toufen1	苗栗縣	頭份鎮	2022-06-08	120.90	24.69
Beitun1	臺中市	北屯區	2022-08-17	120.74	24.17
Dajia1	臺中市	大甲區	2022-08-23	120.60	24.41
Dali1	臺中市	大里區	2022-08-24	120.69	24.08
Dongshihdist1	臺中市	東勢區	2022-08-16	120.82	24.25
Heping1	臺中市	和平區	2022-08-16	120.88	24.17
Heping2	臺中市	和平區	2022-08-30	120.9	24.24
Heping3	臺中市	和平區	2022-08-30	120.94	24.17
Heping4	臺中市	和平區	2022-08-23	121.00	24.20
Heping6	臺中市	和平區	2022-08-31	121.16	24.25
Heping7	臺中市	和平區	2022-08-30	121.28	24.29
Longjing1	臺中市	龍井區	2022-08-23	120.52	24.21
Shengangdist1	臺中市	神岡區	2022-08-30	120.66	24.25
Taiping1	臺中市	太平區	2022-08-24	120.72	24.10
Tanzih1	臺中市	潭子區	2022-08-31	120.70	24.19
Wuci1	臺中市	梧棲區	2022-08-16	120.52	24.25
Wuci2	臺中市	梧棲區	2022-08-30	120.50	24.23
Wurih1	臺中市	烏日區	2022-09-06	120.61	24.10
Wurih2	臺中市	烏日區	2023-01-05	120.61	24.10
Dacheng1	彰化縣	大城鄉	2022-06-21	120.30	23.87
Erlin1	彰化縣	二林鎮	2022-06-07	120.37	23.90
Ershuei1	彰化縣	二水鄉	2022-05-24	120.61	23.81
Fangyuan1	彰化縣	芳苑鄉	2022-06-14	120.34	23.96
Lugang1	彰化縣	鹿港鎮	2022-06-14	120.43	24.05
Lugang2	彰化縣	鹿港鎮	2022-06-14	120.41	24.07

附錄表五、第二階段全台網格採樣之白線斑蚊樣本基本資訊(共 300 筆樣本)(續)

Sample ID	County	District	Date	WGS84-X	WGS84-Y
Pitou1	彰化縣	埤頭鄉	2022-06-21	120.45	23.89
Shengangtown1	彰化縣	伸港鄉	2022-06-14	120.48	24.14
Sijhou1	彰化縣	溪州鄉	2022-05-24	120.54	23.82
Yuanlin1	彰化縣	員林市	2022-06-07	120.57	23.96
Yuanlin2	彰化縣	員林市	2022-06-14	120.57	23.95
Caotun1	南投縣	草屯鎮	2022-06-22	120.74	23.98
Caotun2	南投縣	草屯鎮	2022-06-07	120.68	23.97
Guosing1	南投縣	國姓鄉	2022-06-15	120.87	23.98
Guosing2	南投縣	國姓鄉	2022-09-13	120.87	24.06
Guosing3	南投縣	國姓鄉	2022-06-15	120.86	23.94
Jhongliao1	南投縣	中寮鄉	2022-06-22	120.76	23.93
Lugu1	南投縣	鹿谷鄉	2022-08-30	120.75	23.74
Nantou1	南投縣	南投市	2022-06-15	120.68	23.90
Puli1	南投縣	埔里鎮	2022-05-24	121.01	23.98
Puli2	南投縣	埔里鎮	2022-10-26	121.00	23.92
Puli3	南投縣	埔里鎮	2022-10-19	120.97	23.95
Renai1	南投縣	仁愛鄉	2022-09-22	121.03	24.08
Renai2	南投縣	仁愛鄉	2022-09-13	120.95	24.06
Renai3	南投縣	仁愛鄉	2022-10-04	121.16	24.05
Renai4	南投縣	仁愛鄉	2022-11-24	121.12	23.95
Shueili1	南投縣	水里鄉	2022-05-10	120.85	23.73
Shueili2	南投縣	水里鄉	2022-08-02	120.85	23.80
Sinyi1	南投縣	信義鄉	2022-05-17	120.86	23.56
Sinyi2	南投縣	信義鄉	2022-11-02	120.94	23.78
Sinyi3	南投縣	信義鄉	2022-05-17	120.87	23.66
Sinyi4	南投縣	信義鄉	2022-10-26	121.00	23.78
Sinyi5	南投縣	信義鄉	2022-05-17	120.91	23.56
Beigang1	雲林縣	北港鎮	2022-10-04	120.30	23.56
Beigang2	雲林縣	北港鎮	2022-07-05	120.30	23.56
Douliou1	雲林縣	斗六市	2022-06-21	120.54	23.70
Dounan1	雲林縣	斗南鎮	2022-06-07	120.47	23.67
Erlun1	雲林縣	二崙鄉	2022-05-24	120.38	23.79
Gukeng1	雲林縣	古坑鄉	2022-06-07	120.56	23.64
Huwei1	雲林縣	虎尾鎮	2022-06-07	120.38	23.70
Huwei2	雲林縣	虎尾鎮	2022-06-14	120.43	23.71
Kouhu1	雲林縣	口湖鄉	2022-06-14	120.16	23.61

附錄表五、第二階段全台網格採樣之白線斑蚊樣本基本資訊(共 300 筆樣本)(續)

Sample ID	County	District	Date	WGS84-X	WGS84-Y
Kouhu2	雲林縣	口湖鄉	2022-07-05	120.18	23.53
Linnei1	雲林縣	林內鄉	2022-05-24	120.61	23.75
Siluo1	雲林縣	西螺鎮	2022-05-24	120.46	23.79
Taisi1	雲林縣	臺西鄉	2022-06-07	120.19	23.70
Tuku1	雲林縣	土庫鎮	2022-06-21	120.39	23.67
ChiayiEast1	嘉義市	東區	2022-07-05	120.46	23.48
Alishan1	嘉義縣	阿里山鄉	2022-05-25	120.72	23.40
Alishan2	嘉義縣	阿里山鄉	2022-09-29	120.71	23.47
Budai1	嘉義縣	布袋鎮	2022-11-15	120.16	23.37
Budai2	嘉義縣	布袋鎮	2022-07-12	120.11	23.34
Budai3	嘉義縣	布袋鎮	2022-07-05	120.16	23.37
Dalin1	嘉義縣	大林鎮	2022-06-14	120.46	23.60
Dapu2	嘉義縣	大埔鄉	2022-08-02	120.54	23.23
Dongshihtown1	嘉義縣	東石鄉	2022-11-01	120.21	23.46
Fanlu1	嘉義縣	番路鄉	2022-07-20	120.65	23.42
Fanlu2	嘉義縣	番路鄉	2022-05-11	120.61	23.43
Jhongpu1	嘉義縣	中埔鄉	2022-07-12	120.51	23.40
Jhuci1	嘉義縣	竹崎鄉	2022-06-14	120.53	23.49
Lioujiao1	嘉義縣	六腳鄉	2022-07-05	120.25	23.50
Meishan2	嘉義縣	梅山鄉	2022-06-14	120.55	23.58
Taibao1	嘉義縣	太保市	2022-07-05	120.38	23.49
Annan1	臺南市	安南區	2022-05-24	120.22	23.07
Annan2	臺南市	安南區	2022-09-13	120.11	23.07
Annan3	臺南市	安南區	2022-07-05	120.09	23.05
Annan4	臺南市	安南區	2022-09-13	120.11	23.07
Baihe1	臺南市	白河區	2022-10-12	121.38	23.34
Baihe2	臺南市	白河區	2022-07-05	120.41	23.35
Beimen1	臺南市	北門區	2022-07-05	120.12	23.26
Beimen2	臺南市	北門區	2022-06-28	120.11	23.27
Cigu1	臺南市	七股區	2022-09-20	120.10	23.15
Cigu2	臺南市	七股區	2022-07-05	120.09	23.08
Dongshandist1	臺南市	東山區	2022-07-26	120.44	23.26
Guanmiao1	臺南市	關廟區	2022-11-15	120.32	22.97
Guantian1	臺南市	官田區	2022-05-17	120.34	23.18
Jiali1	臺南市	佳里區	2022-07-12	120.17	23.15
Nanhua1	臺南市	南化區	2022-09-13	120.51	23.07

附錄表五、第二階段全台網格採樣之白線斑蚊樣本基本資訊(共 300 筆樣本)(續)

Sample ID	County	District	Date	WGS84-X	WGS84-Y
Nanhua2	臺南市	南化區	2022-07-26	120.49	23.07
Nanhua3	臺南市	南化區	2022-07-26	120.47	23.04
Nansi1	臺南市	楠西區	2022-08-02	120.48	23.17
Shanshang1	臺南市	山上區	2022-09-13	120.35	23.09
Sigang1	臺南市	西港區	2022-07-12	120.20	23.12
Sinying1	臺南市	新營區	2022-07-26	120.31	23.33
Sinying2	臺南市	新營區	2022-08-02	120.30	23.31
Sinying3	臺南市	新營區	2022-10-12	120.32	23.31
TainanEast1	臺南市	東區	2022-05-17	120.23	22.96
TainanEast2	臺南市	東區	2022-05-24	120.21	22.98
Yongkang1	臺南市	永康區	2022-05-24	120.25	23.03
Alian1	高雄市	阿蓮區	2022-08-23	120.32	22.87
Cijin1	高雄市	旗津區	2022-09-28	120.28	22.58
Cishan1	高雄市	旗山區	2022-08-23	120.47	22.88
Cishan2	高雄市	旗山區	2022-08-23	120.47	22.85
Daliao5	高雄市	大寮區	2022-10-05	120.39	22.61
Jiading1	高雄市	茄萣區	2022-08-16	120.19	22.86
Jiasian1	高雄市	甲仙區	2022-07-19	120.55	23.05
Linyuan1	高雄市	林園區	2022-10-05	120.39	22.50
Linyuan2	高雄市	林園區	2022-10-05	120.40	22.52
Liouguei1	高雄市	六龜區	2022-04-26	120.63	22.99
Liouguei2	高雄市	六龜區	2022-04-26	120.67	23.07
Liouguei3	高雄市	六龜區	2022-04-19	120.62	22.90
Lujhu1	高雄市	路竹區	2022-08-23	120.28	22.86
Maolin1	高雄市	茂林區	2022-11-16	120.71	22.91
Meinong1	高雄市	美濃區	2022-04-19	120.57	22.86
Meinong2	高雄市	美濃區	2022-08-23	120.53	22.89
Namasia1	高雄市	那瑪夏區	2022-07-19	120.69	23.21
Namasia2	高雄市	那瑪夏區	2022-07-26	120.69	23.25
Namasia3	高雄市	那瑪夏區	2022-08-02	120.72	23.27
Nanzih1	高雄市	楠梓區	2022-10-13	120.30	22.72
Renwu1	高雄市	仁武區	2022-10-05	120.35	22.70
Taoyuan1	高雄市	桃源區	2022-11-09	120.72	23.05
Taoyuan2	高雄市	桃園區	2022-04-19	120.82	23.26
Taoyuan3	高雄市	桃源區	2022-04-26	120.76	23.15
Taoyuan4	高雄市	桃源區	2022-04-26	120.71	23.12

附錄表五、第二階段全台網格採樣之白線斑蚊樣本基本資訊(共 300 筆樣本)(續)

Sample ID	County	District	Date	WGS84-X	WGS84-Y
Taoyuan5	高雄市	桃園區	2022-04-12	120.81	23.23
Zuoying1	高雄市	左營區	2022-10-13	120.28	22.68
Chaozhou9	屏東縣	潮州鎮	2022-05-26	120.53	22.55
Checheng1	屏東縣	車城鄉	2022-05-11	120.71	22.07
Checheng2	屏東縣	車城鄉	2022-05-18	120.70	22.05
Chunrih1	屏東縣	春日鄉	2022-07-07	120.71	22.44
Chunrih2	屏東縣	春日鄉	2022-06-30	120.62	22.36
Donggang15	屏東縣	東港鎮	2022-05-26	120.45	22.46
Fangliao1	屏東縣	枋寮鄉	2022-05-26	120.59	22.36
Fangshan1	屏東縣	枋山鄉	2022-07-07	120.65	22.26
Fangshan2	屏東縣	枋山鄉	2022-06-16	120.69	22.18
Fangshan3	屏東縣	枋山鄉	2022-05-26	120.61	22.33
Hengchun1	屏東縣	恆春鎮	2022-05-18	120.79	21.94
Hengchun2	屏東縣	恆春鎮	2022-05-18	120.74	22.00
Laiyi1	屏東縣	來義鄉	2022-07-07	120.62	22.50
Ligang1	屏東縣	里港鄉	2022-08-25	120.49	22.77
Linbian1	屏東縣	林邊鄉	2022-05-26	120.50	22.41
Linbian2	屏東縣	林邊鄉	2022-06-09	120.52	22.45
Majia1	屏東縣	瑪家鄉	2022-09-15	120.70	22.67
Neipu1	屏東縣	內埔鄉	2022-08-25	120.63	22.69
Neipu2	屏東縣	內埔鄉	2022-05-19	120.56	22.61
Pingtung1	屏東縣	屏東市	2022-05-26	120.48	22.66
Sandimen1	屏東縣	三地門鄉	2022-07-28	120.63	22.79
Sandimen2	屏東縣	三地門鄉	2022-08-25	120.65	22.71
Shihzih1	屏東縣	獅子鄉	2022-06-16	120.75	22.20
Shihzih2	屏東縣	獅子鄉	2022-06-23	120.83	22.24
Shihzih3	屏東縣	獅子鄉	2022-07-07	120.71	22.26
Wandan9	屏東縣	萬丹鄉	2022-05-26	120.49	22.58
Wanluan1	屏東縣	萬巒鄉	2022-11-24	120.61	22.58
Wutai1	屏東縣	霧台鄉	2022-07-28	120.73	22.75
Yanpu1	屏東縣	鹽埔鄉	2022-05-26	120.55	22.74
Fengbin1	花蓮縣	豐濱鄉	2022-09-14	121.49	23.45
Fengbin2	花蓮縣	豐濱鄉	2022-09-14	121.52	23.59
Fengbin3	花蓮縣	豐濱鄉	2022-09-22	121.53	23.65
Fuli1	花蓮縣	富里鄉	2022-11-02	121.24	23.17
Fuli2	花蓮縣	富里鄉	2022-11-02	121.30	23.26

附錄表五、第二階段全台網格採樣之白線斑蚊樣本基本資訊(共 300 筆樣本)(續)

Sample ID	County	District	Date	WGS84-X	WGS84-Y
Guangfu1	花蓮縣	光復鄉	2022-09-13	121.38	23.60
Guangfu2	花蓮縣	光復鄉	2022-09-13	121.42	23.66
Hualien1	花蓮縣	花蓮市	2022-09-14	121.61	23.98
Jian1	花蓮縣	吉安鄉	2022-09-08	121.59	23.95
Rueisuei1	花蓮縣	瑞穗鄉	2022-09-13	121.37	23.50
Rueisuei2	花蓮縣	瑞穗鄉	2022-09-21	121.37	23.57
Rueisuei3	花蓮縣	瑞穗鄉	2022-09-13	121.40	23.58
Shoufong1	花蓮縣	壽豐鄉	2022-09-14	121.55	23.74
Shoufong2	花蓮縣	壽豐鄉	2022-09-22	121.59	23.87
Shoufong3	花蓮縣	壽豐鄉	2022-09-22	121.47	23.81
Shoufong4	花蓮縣	壽豐鄉	2022-09-07	121.49	23.84
Sioulin1	花蓮縣	秀林鄉	2022-11-02	121.62	24.15
Sioulin2	花蓮縣	秀林鄉	2022-09-14	121.49	23.90
Sioulin3	花蓮縣	秀林鄉	2022-11-03	121.42	24.20
Sioulin4	花蓮縣	秀林鄉	2022-11-02	121.74	24.30
Sioulin5	花蓮縣	秀林鄉	2022-09-22	121.48	23.96
Sioulin6	花蓮縣	秀林鄉	2022-10-19	121.62	24.11
Sioulin7	花蓮縣	秀林鄉	2022-10-27	121.49	24.18
Wanrong1	花蓮縣	萬榮鄉	2022-09-22	121.39	23.72
Yuli1	花蓮縣	玉里鎮	2022-09-06	121.39	23.45
Yuli2	花蓮縣	玉里鎮	2022-09-21	121.31	23.33
Beinan1	臺東縣	卑南鄉	2022-11-01	121.08	22.83
Beinan2	臺東縣	卑南鄉	2022-11-04	120.99	22.69
Beinan3	臺東縣	卑南鄉	2022-11-03	120.99	22.70
Changbin1	臺東縣	長濱鄉	2022-09-14	121.45	23.31
Changbin2	臺東縣	長濱鄉	2022-09-22	121.46	23.35
Chenggong1	臺東縣	成功鎮	2022-09-21	121.39	23.13
Chenggong2	臺東縣	成功鎮	2022-09-21	121.40	23.15
Chenggong3	臺東縣	成功鎮	2022-09-21	121.37	23.10
Chenggong4	臺東縣	成功鎮	2022-09-21	121.33	23.02
Chihshang1	臺東縣	池上鄉	2022-11-02	121.21	23.12
Daren1	臺東縣	達仁鄉	2022-06-16	120.86	22.29
Daren2	臺東縣	達仁鄉	2022-06-23	120.88	22.45
Dawu1	臺東縣	大武鄉	2022-06-16	120.90	22.35
Dawu2	臺東縣	大武鄉	2022-06-09	120.89	22.34
Donghe1	臺東縣	東河鄉	2022-09-13	121.28	22.99

附錄表五、第二階段全台網格採樣之白線斑蚊樣本基本資訊(共 300 筆樣本)(續)

Sample ID	County	District	Date	WGS84-X	WGS84-Y
Guanshan1	臺東縣	關山鎮	2022-07-27	121.16	23.04
Haiduan1	臺東縣	海端鄉	2022-08-03	121.17	23.09
Haiduan2	臺東縣	海端鄉	2022-07-27	121.02	23.18
Haiduan3	臺東縣	海端鄉	2022-11-02	121.19	23.15
Haiduan4	臺東縣	海端鄉	2022-12-14	121.07	23.14
Haiduan5	臺東縣	海端鄉	2022-08-03	121.07	23.14
Luye1	臺東縣	鹿野鄉	2022-10-18	121.12	22.90
Taimali1	臺東縣	太麻里鄉	2022-11-04	120.96	22.53
Taitung1	臺東縣	臺東市	2022-11-23	121.15	22.75
Taitung2	臺東縣	臺東市	2022-11-24	121.12	22.79
Yanping1	臺東縣	延平鄉	2022-10-18	121.08	22.90
Yanping2	臺東縣	延平鄉	2022-10-25	121.09	22.97