

農業部林業及自然保育署
114 年度林業發展計畫執行成果報告書

計畫名稱：石虎保育基因體學與目標個體來源追蹤

英文名稱：Conservation genomics of the Leopard Cat
(*Prionailurus bengalensis euptilurus*) and origin
tracking of target individuals

計畫編號：114 林發-09.3-保-06

全程計畫期間：自 114 年 4 月 1 日至 114 年 12 月 31 日

本年計畫期間：自 114 年 4 月 1 日至 114 年 12 月 31 日

計畫聯絡人：吳立偉

執行機關：東海大學

摘要

臺灣的石虎 (*Prionailurus bengalensis euptilurus*) 主要棲息於淺山地區，其活動範圍與人類活動高度重疊，因此長期受到土地開發與人為獵捕的影響，導致石虎的分布快速縮減，族群續存面臨嚴重威脅。目前石虎的主要分布區域包括苗栗、台中及南投，而近年來有擴張至宜蘭、新竹、彰化、嘉義及台南等地區。目前相關保育行動已有推動保育移置計畫，野外監測資料顯示，部分野放個體已成功於野外繁殖。然而，這些個體的親緣關係仍未獲得系統性的釐清。為追溯族群擴張個體的來源，並釐清野放與野生石虎之間的親緣關係，本研究透過保育基因體學分析，冀望藉由遺傳資訊達成以下目標：(1) 利用全基因體 SNPs 資訊解析石虎族群結構與地理分布的關係；(2) 推估石虎的有效族群大小，並檢視是否發生族群瓶頸事件；(3) 評估石虎族群的近親繁殖程度，以了解族群適存度；(4) 分析野放石虎與野生石虎之間的遺傳關係，並追蹤特定個體的來源。本計畫共取得 46 隻石虎的基因體序列進行分析。族群結構分析結果顯示，目前的石虎整體仍屬於單一族群，但其南北分布 (南投至苗栗) 呈現顯著的距離隔離效應 (isolation by distance, IBD)。透過 SMC++ 與 GONE 的族群歷史推估結果顯示，石虎約於 6000 年前曾歷經瓶頸效應，並且目前的有效族群數量僅約 57 隻。進一步的親緣關係分析顯示，石虎族群存在高度的近親繁殖情形，有高達 91% 的樣本彼此間為三等親以內的親戚關係。雖然石虎「梅子」因 DNA 濃度不足而無法完成定序分析，但同為研究對象的石虎「火龍果」與「小媽媽」之間確認為一等親關係。此外，亦意外發現石虎「紫蘇」與「小屁孩」與「火龍果」、「小媽媽」同樣呈現一等親關係，顯示部分樣本之間具有緊密的親屬關係。透過大量基因體 SNPs 資料的分析結果，使臺灣的石虎族群結構與現況得以更為明確。後續的保育策略應著重於促進族群成長與基因交流，包括改善棲地品質與健全生態廊道，以利石虎族群擴張與基因交流。同時，持續監測石虎族群的遺傳狀況亦相當重要，不僅可評估保育成效，亦能作為後續個體來源鑑定與管理決定的重要科學依據。

關鍵字：追溯來源、親子鑑定、里山環境、過度開發、瀕危物種

Abstract

The Taiwanese leopard cat (*Prionailurus bengalensis euptilurus*) primarily inhabits low-elevation hilly landscapes where its distribution strongly overlaps with human activities. Consequently, land-use development and human-induced mortality have caused a rapid range contraction, placing the species under severe conservation threat. The core distribution currently occurs in Miaoli, Taichung, and Nantou, with recent records indicating expansion into Yilan, Hsinchu, Changhua, Chiayi, and Tainan. Ongoing conservation actions include translocation programs, and field monitoring has documented successful reproduction of released individuals; however, their genetic relationships and population origins remain unclear. Using conservation genomics, we analyzed whole-genome sequence data from 46 individuals to (1) resolve population structure and its geographic pattern, (2) estimate effective population size and demographic history, (3) assess inbreeding levels, and (4) evaluate genetic relationships between released and wild individuals. Population structure analyses indicate a single genetic population exhibiting significant isolation by distance from Nantou to Miaoli. Demographic inference using SMC++ and GONE revealed a severe bottleneck approximately 6,000 years ago and a contemporary effective population size of ~57 individuals. Kinship analyses showed extensive inbreeding, with 91% of individuals related within third-degree kinship. Overall, genome-wide SNP analyses clarify the genetic status of the Taiwanese leopard cat and highlight the urgent need for conservation strategies that promote population growth and gene flow through habitat restoration and functional ecological corridors. Continued genetic monitoring will be essential for evaluating conservation outcomes and informing management decisions.

Keywords: source tracing; parentage analysis; Satoyama landscapes; overdevelopment; endangered species

一、前言

準確的界定物種內的顯著演化單元 (Evolutionary significant units, ESU) 對於保育行動的執行十分重要，除了了解族群是否有結構外，亦可優化投入保育行動的努力及資源。臺灣的石虎 (*Prionailurus bengalensis euptilurus*) 受到土地利用開發以及獵捕等人為因素的影響，其族群生存受到極大威脅 (劉建男、林育秀, 2023)，現今列為瀕臨絕種的野生動物受到法律保護。目前族群主要分布於苗栗、台中、南投和彰化地區，近年新竹、雲林、嘉義和台南亦有零星紀錄，除此，離既有族群較遠的新北和宜蘭亦曾有救傷和野外自動相機紀錄，但其來源尚不明確，推測可能為潛在未發現的族群、私人野放、或者從苗栗、台中及南投等主要族群移動過來的。

受到人為土地資源開發的影響，石虎族群歷經嚴重的族群數量降低事件。Sun et al. (2024) 利用 12 組微衛星體標記及 1 段粒線體 DNA 所進行的族群遺傳分析，顯示石虎族群有明顯的遺傳分化，並且族群的分布受到高速公路以及海拔所影響。目前認為分成苗栗、台中及南投等三個族群，並且指出台中的族群可能為苗栗與南投族群的交匯點，因此顯示出較高的遺傳多樣性。

然而目前所使用的遺傳分析方法可解析的資訊有限，對於追蹤個體的來源則較為困難。隨著分子技術的快速進步，加上石虎已有全基因體定序資訊 (Bredemeyer et al., 2020) 可作為參考序列庫。因此，利用全基因體重定序法 (whole genome resequencing) 可成為解析族群遺傳結構與歷史動態的有效工具 (Stratton, 2008)。此方法能夠獲得大量的單核苷酸多型性資料 (SNPs)，協助解析個體甚至兄弟姊妹之間的譜系關係，更全面地釐清現存的族群結構、遺傳多樣性與基因交流的情形。

此外，生物多樣性研究所自 2020 年起開始進行保育移置 (Conservation Translocation) 計畫。其中 2022 年野放的一隻雌性石虎 (編號 11005061) 經調查記錄，觀察其在野外成功繁殖。且當其子代達到獨立年齡後，該個體的活動範圍發生變化，並且最終離開原本的活動區域，由於項圈電量耗盡，後續無法持續追蹤該個體。然而，在該雌性石虎原活動範圍內，後續監測到兩隻雌性個體的出現 (編號 11301052 與 11312014)。此棲地範圍內的個體是否為該保育移置個體的後代，期望透過基因體資訊進行解答。

二、計畫目的

本計畫的主要目的為利用全基因體重定序資料進行分析，以獲得：

- (一) 建立臺灣的石虎族群基因體層級的遺傳資料，分析其族群結構與地理分布之間的關係。
- (二) 推估石虎族群的有效族群數量，並分析族群的歷史變動查看過族群消長情形。
- (三) 檢測石虎族群的近親繁殖程度。
- (四) 利用已建立的石虎基因體資料庫，檢視樣本 11005061 (梅子)、11206084 (紫蘇)、11301052 (火龍果)、11312014 (小媽媽) 及 11312015 (小屁孩) 之間的親子關係。例如編號 11005061 是否與同一地點的另 2 隻石虎 (編號 11301052 與 11312014) 有親緣關係，以了解保育移置個體是否成功孕育子代且將基因補充至野外。

三、實施方法與步驟

(一) 材料收集

本計畫從農業部生物多樣性研究所之遺傳資料庫共取得 47 隻石虎樣本，其中 10 隻樣本為先前已有重定序資料，其餘為本次計畫進行定序的樣本 (表一)。這些樣本依地點分分別為來自苗栗 (n=11)、台中 (n=10)、彰化 (n=5)、南投 (n=18)、雲林 (n=1) 及嘉義 (n=1) 等地 (圖一)，皆為 2020 年至 2024 年間的路殺個體，組織以肌肉或血液為主。其中彰化、雲林及嘉義地區為少見石虎出沒的地點，藉此調查其地點。另外編號 11005061 (梅子)、11206084 (紫蘇)、11301052 (火龍果)、11312014 (小媽媽) 及 11312015 (小屁孩) 為用於親子鑑定的樣本；另有 11403078 (Gekko) 為 2025 年路殺個體需進行親子鑑定、以及 T4956 為 2025 年查獲遭獵殺但不確定地點個體 (表一)。

(二) DNA 萃取與次世代定序 (NGS)

每個樣本使用 Qiagen Puregene DNA Isolation kit (Gentra Systems, Minnesota, USA) 進行 DNA 萃取，並使用 Qubit dsDNA HS Assay Kit (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA) 檢測 DNA 濃度，確保每個樣本的 DNA 總量超過 200 ng。接著使用 Covaris S220 ultrasonicator (Covaris, Inc., Woburn, MA) 碎裂並使用 NuGEN Ovation Ultralow Library System (NuGEN Technologies, San Carlos, CA) 進行建庫。後送定序公司以 Illumina Novaseq X 平台進行定序。鑒於已發表的石虎基因體大小約為 2.4 Gb (Bredemeyer et al. 2020)，每隻個體的定序深度 (sequence depth) 以 50 倍計算，每隻個體的目標序列量為 120 Gb。

(三) 檢測全基因組變異點與資料處理

NGS 定序產出的原始讀條 (reads) 在 fastp v.0.23.4 (Chen, 2023) 使用預設參數將 adaptor 與低品質的序列區域去除。接著，利用基因體重定序 (resequencing) 方法，使用 BWA-MEM v0.7.17-r1198 (Li, 2013) 將序列回貼至石虎基因體序列 (NCBI Genome accession number: GCA_016509475.2; Bredemeyer et al. 2020)。並使用 SAMtools (Li et al., 2009) 進行排序 (sorting)，並以 GATK (McKenna et al., 2010) 進行比對與 SNPs 偵測。此結果以 MarkDuplicates 標記 PCR 產生的重複片段，接著以 HaplotypeCaller 找出可能具有變異的區域並推定候選 haplotypes，並輸出為 GVCF 格式。另外以 CombineGVCFs 整合所有樣本的 GVCF，再以 GenotypeGVCFs 辨識出 SNPs。所有的 SNPs 以 VariantFiltration 進行品質過濾，過濾參數參考 Yuang et al. (2023) 之設定 ($DP < 161$; $DP > 1453$; $QD < 2.0$; $FS > 60.0$; $MQ < 40.0$; $SOR > 3.0$) 保留符合的 SNPs。以 SelectVariants 匯出通過篩選的 SNPs 以供後續分析。

(四) 遺傳結構分析

為確保使用的 SNPs 符合中性位點，我們使用 Plink v1.9 (Purcell et al., 2007) 將高度連鎖不平衡 (linkage disequilibrium) 的 SNPs 去除，設定參數為 “--indep-pairwise 100 10 0.2”，即將窗口大小設為 100 bp，每次滑動 10 bp，並剔除具有較高 $r^2 > 0.2$ 的 SNPs。篩選後的 SNP 用於系統演化關係重建 (IQ-TREE) 以及族

群遺傳結構分析 (PCA 與 ADMIXTURE)。系統演化關係以 IQ-TREE v2.2.2 (Minh et al., 2020) 進行最大似然法 (Maximum Likelihood) 分析，核苷酸置換模型指定為 GTR+I+G 並執行 1000 次 ultrafast bootstrap 與 SH-aLRT test (Guindon et al., 2010) 以評估親緣關係樹的節點支持度。

族群結構分析使用不同方式進行檢測：檢視樣本之間的整體遺傳分化情形，透過 Plink 進行主成分 (PCA) 分析。計算 PC1 至 PC10 的 eigenvalue 與 eigenvector，以比較樣本之間的遺傳距離差異。此外，使用 Admixture v1.3.0 (Alexander & Lange, 2011; Alexander et al., 2009) 檢測不同假設的祖先族群數量 (number of ancestral population)，推定其最佳分群模式。分析中設定 K 值範圍為 1 到 10，並以交叉驗證誤差 (cross-validation error; CV error) 選定最佳的 K 值。同時估計每個個體在不同群體中的混合比例，以評估族群間的遺傳交流情形。此外，透過採樣地點的地理座標計算個體間的地理距離與遺傳距離進行比較，以檢測台灣石虎族群的遺傳關係是否隨著距離園呈現漸變關係 (Isolation-by-Distance, IBD; Wright, 1943)。IBD 的檢測以 Mantel 檢定進行，使用 R 軟體中 dartR 套件的 gl.ibd() 函數，並設定 999 次排列組合計算統計顯著性 (Gruber et al., 2018; Mijangos et al., 2022)。

(五) 有效族群數量及變動

重建有效族群數量 (effective population size) 的歷史變動情形，有助於評估該物種是否有經歷過瓶頸效應或者創始者效應，以了解現今族群生存上的可能風險。我們利用 SMC++ (Terhorst et al., 2017) 重建長期的族群動態。使用 vcf2smc 將經篩選的 VCF 檔轉換為 SMC++ 所需的 smc 格式，以提供 SNPs 分布與單倍體推估資訊。以 SMC++ 分析設定 20 個節點，估算 100–10,000,000 世代間有效族群量突變率為每個位點每世代 0.86×10^{-8} (Wang et al., 2022)。世代時間則依雌性個體可繁殖年齡設置為 2.5 年一世代。此外，為評估近代的有效族群量變化，我們使用 GONE (Santiago et al., 2020) 進行估算。平均體染色體重組率參考家貓設定為 1.92 cM/Mb (Li et al., 2016)。其他參數使用預設值進行分析。

（六）近親繁殖評估

近親繁殖程度則以 runs of homozygosity (ROH) 進行評估。使用 Plink 辨識每個樣本體染色體內的 ROH 數量及長度，操作設定則參考 Yuang et al. (2023) 對雲豹 *Neofelis nebulosa* 與 *N. diardi* 分析所使用的參數：“--homozyg -homozyg-window-snp 20 --homozygwindow-het 2 -homozyg-density 50 -homozyg-kb 50”。而近親繁殖係數 F_{ROH} 則將 ROH 總長除以體染色體長度獲得。

（七）親屬關係推論

親屬關係 (relatedness; r) 反映任兩個個體在全基因組中的等位基因共享程度，亦即其相較於族群背景等位基因頻率是否表現出更高的相似性 (Speed & Balding 2015)。為了推論台灣石虎個體間的基因親屬關係，我們首先估算每一對個體在特定位點上分別具有 0 (z_0)、1 (z_1) 或 2 (z_2) 個等位基因為同源繼承 (identity-by-descent) 的機率。依據這些等位基因為同源繼承狀態，我們進一步計算 PI_HAT ($z_2 + 0.5 \times z_1$; Manichaikul et al., 2010)，作為兩個體共享等位基因為同源繼承的基因組比例，以此推論親屬關係的等級。依據 Manichaikul et al. (2010) 與 Titus et al. (2022) 所採用的分類標準區分不同親屬程度：雙胞胎 ($r \geq 0.707$)；一等親 ($0.354 \leq r < 0.707$ ，包括親子與非同卵的兄弟姊妹)；二等親 ($0.177 \leq r < 0.354$ ，包括祖父母-孫子女、叔舅／姨甥關係，以及同父異母或同母異父的手足)；三等親 ($0.088 \leq r < 0.177$ ，包括堂表兄弟姊妹、曾祖父母-曾孫子女、隔代旁系親屬與半血緣旁系親屬)；其餘 $r < 0.088$ 者視為無親屬關係或四等親以上。台灣石虎樣本的等位基因為同源繼承機率 (z_0 、 z_1 、 z_2) 與 PI_HAT 係數均以 PLINK 1.9 執行 --genome full 模式進行計算。

四、結果與討論

（一）生物資訊分析與資料處理

共有 36 隻石虎樣本進行 DNA 萃取，另有 10 隻石虎的樣本為先前生物多樣性研究所已分析的樣本資料。樣本編號 11005061 (梅子) 為血液樣本，但樣本無法獲得足夠的 DNA，因此經評估已先去除此一樣本的定序。其餘 36 隻石虎

樣本皆完成定序。綜合先前已定序的 10 隻樣本，共獲得 44,233,261,275 條原始讀條。原始序列資料經 fastp 品質篩選與 BWA-MEM 比對後，大部分讀條成功回貼至石虎參考基因體，平均鹼基品質 (base quality) 為 39.28 ± 0.19 ；平均回貼品質為 59.52 ± 0.61 ；平均定序深度則為 57.71 ± 16.48 倍。基因體覆蓋率以不同深度閾值 ($1\times$ 、 $10\times$ 、 $20\times$ 、 $30\times$) 進行評估。結果顯示， $1\times$ 覆蓋率為 $96.42 \pm 13.79\%$ ， $10\times$ 覆蓋率為 $91.79 \pm 21.19\%$ ， $20\times$ 覆蓋率為 $87.75 \pm 24.34\%$ ， $30\times$ 覆蓋率為 $81.42 \pm 25.40\%$ 。其中，樣本 S08770 (梅香) 的定序深度為 19.89 倍， $1\times$ 覆蓋率卻僅有 5.58% (表二)。評估 S08770 的定序品質不錯且量足，因此和研究團隊討論，得知其雖為追蹤個體，但因死亡時期天氣炎熱且位置曝曬，樣本較不新鮮，個體經推斷死因為犬殺，所萃取的 DNA 大部分為微生物或其它物種的序列。此樣本後續分析仍以回貼方式獲得部分 SNPs 方式，進行親緣關係的分析，但在族群結構、有效族群量等分析要求較完整的資料時則移除此樣本。

46 隻樣本在去除品質與深度不佳的位點後，我們取以體染色體區域為主的 SNPs 總共獲得 14,311,489 個。接著再排除高度連鎖不平衡的位點後，最後留下 167,044 個 SNPs，這個資料我們用於譜系關係的建立。另外，用於族群遺傳結構分析以及親屬關係推定、有效族群量推估及近親繁殖程度的評估分析，我們將 S08770 的樣本排除後，共獲得 11,683,496 個 SNPs。依據資料的設定：基因型完整度至少 95% ($\text{max-missing} = 0.95$) 以及次要等位基因頻率至少出現在 5% 的個體中 ($\text{MAF} \geq 0.05$) 的篩選條件，最後共獲得 6,349,316 個 SNPs。此 SNPs 資料相較於先前以微衛星體進行臺灣石虎的族群遺傳結構分析 (12 個微衛星體標記及一個粒線體序列；Sun et al., 2024) 獲得更多的變異資訊，得以進一步更深入的評估台灣石虎的族群結構與關係，作為後續推動保育行動的科學依據。

(二) 台灣石虎系統演化關係與族群遺傳結構

在不同族群遺傳結構的分析中獲得一致的結果：台灣石虎為同一個族群。無論是 ADMIXTURE、PCA、系統演化樹或 Mantel 分析，皆顯示北部-中部山區與中部至南部平原之間存在連續的空間遺傳結構，其遺傳變異依地理分布呈現連續性變化。在 ADMIXTURE 的分析中，cross-validation 顯示在 $K = 1$ 時具有最低的 CV error (圖二)。儘管如此，在 K 值等於 2-5 時，族群遺傳結構沿著空間分布呈現由苗栗 - 南投山區逐漸過渡至中部與南部平原 (台中、彰化、雲林、嘉義)

的分群模式 (圖三)。而在 PCA 分析中，主成分分析顯示第一主成分 (PC 1) 與第二主成分 (PC 2) 解釋變異量分別為 5.31% 與 3.17%。樣本在前兩主成分上大致呈連續分布，且無明顯分群。此外，第一、二主成分的散布圖中，第三象限可見台中與彰化個體區域個體之間有高遺傳相似性 (圖四)。以 Mantel 檢定顯示遺傳距離與地理距離之間具有顯著正相關 ($r = 0.196, p = 0.031$; 圖五)。

在重建系統演化關係結果中，由於欠缺外群，因此目前的譜系結構以無根樹 (unrooted tree) 呈現 (圖六)。此結果可了解不同個體之間的關係，南投地區樣本在遺傳空間中呈現相對廣泛的分布，而苗栗的個體則較為聚集。親緣關係樹的結果與 PCA 及 ADMIXTURE 分析結果十分相似，於 PCA 分析中橫跨 PC1 的不同位置，也反映在無根樹上與多個地區樣本相鄰。結果顯示南投樣本在遺傳結構上位於中部族群連續梯度的交會位置，並與北側及南側族群皆保持遺傳連結。進一步觀察可見，北側苗栗樣本多彼此相鄰，形成主要分布於山區的遺傳群聚；而台中、彰化、雲林與嘉義等平原地區的樣本則大致聚集於另一側。此結果也先前的 Mantel 分析皆有一致的結果，在樹形圖上的樣本關係也反映在 IBD 的結果。

本研究結果顯示為一個主要的族群與 Sun et al. (2024) 分成三群的結果有所差異。主要是本研究所使用的資料呈現不同地點的個體在基因體資料的檢測下關係相近，雖然圖三的 $K=2$ 時有顯現出兩個分群的關係，然而所分析不同地區的個體之間關係仍然十分相近 (後續親屬關係分析再進一步解釋)，因此我們的結果認為台灣石虎仍屬於同一個族群，尚未有明顯的族群結構分化。整體而言，南投地區的石虎具有較高的遺傳多樣性，可以從 PCA 結果呈現較為分散 (圖四) 及親緣關係的分枝情形 (圖六) 佔據主要的分枝獲得支持。台灣石虎的遺傳變異主要沿地理距離呈現連續分布，而遺傳在地理上的連續變化所造成的空間自相關，可能使連續的遺傳梯度在族群結構分析中被解讀為不同的遺傳族群 (Frantz et al., 2009; Meirmans, 2012)。這樣的現象，在為近親的家族群聚的族群中，若未能進一步評估親屬關係時，族群結構分析可能會放大局部遺傳相似性的群聚結果，導致遺傳群集的辨識結果與整體族群結構不完全一致 (Mangin et al., 2011; Rossiter et al., 2002)，此情形在標記數量有限的微衛星資料中尤為明顯 (Putman and Carbone, 2014)。

(三) 有效族大小及變動與近親繁殖評估

針對 N_e 值在過去歷史時間的變動我們以長期與短期的時空進行分析，以了解台灣石虎過去的族群變動歷程，進而了解現今族群的生存情形。SMC++ 分析係以較長遠的時間來檢視石虎過去的族群變動，其結果顯示台灣石虎的 N_e 值在過去一千萬世代內經歷顯著的瓶頸效應，隨後又逐漸恢復族群數量。石虎的 N_e 值在過去整體維持在相對高的數量，但約在 2,448 世代（約 6,100 年前）達到最小值，當時的 N_e 值約為 3,300。隨後， N_e 開始快速而穩定地成長，在近代回升至約 290,000（圖七）。因長期的族群變動在近期變化失真，最近 200 世代的族群變動情形則 GONE 的分析為主。GONE 的分析資料顯示，在過去 50 - 200 個世代間維持約為 910 ± 40 隻的有效族群量，然而從近 50 世代則持續下降，直至最近 5 個世代的平均值約為 57 ± 6 隻的有效族群量（圖八），族群數量不容樂觀。此外，族群的近親雜交係數 F_{ROH} 約為 0.51 ± 0.06 。與 Yuang et al. (2023) 其他大型貓科相比（圖九），台灣石虎的 F_{ROH} 顯示較其他貓科動物為高。此結果也支持我們目前對於石虎之間的關係與結構分析，認為台灣石虎族群小，為單一族群，目前見到的族群變異，大多為近緣的親戚關係，也因此反應族群小，近親雜交比例高。

(四) 台灣石虎親屬關係推論

所使用的 PI_HAT 推論重建台灣石虎之間的親屬關係（圖十），在 45 隻個體中，除 4 隻個體（S07488、S09092、S09420 與 S8158）外，其餘 41 隻個體皆至少與一隻石虎形成三等親以上的親屬關係（ $PI_HAT \geq 0.0884$ ），顯示研究樣本中多數個體皆屬於廣泛連結的親屬家族網絡，僅有少數個體未被歸入任何親屬家族群集。

進一步依據 PI_HAT 指數區分一至三等親家族並繪製網路圖（圖十一）。共辨識出五個一等親家族群集，分別為南投家族（ $n=4$ ；紫蘇（11206084）、火龍果（11301052）、小屁孩（11312015）與小媽媽（11312014））、彰化—台中家族（ $n=3$ ；S07482、S07969 及 S8715）、新社—卓蘭家族（ $n=2$ ；S07668 及 S8894）、西屯—烏日家族（ $n=2$ ；S08461 及 S08742）及和平區家族（ $n=2$ ；S08858 及 S8763）。將一等親與二等親關係一併納入考量（ $PI_HAT \geq 0.177$ ）時，辨識出 5 個二等親相關的家族群集。其中最大的二等親家族包含 22 個體，分布

涵蓋南投、台中、彰化、雲林及嘉義等地。該家族包含南投家族 (n=4)、彰化—台中家族 (n=3) 及西屯—烏日家族 (n=2)，另包含 11403078 (Gekko)、S07924、S08578、S08744、S08747、S08786、S08788、S08809、S09233、S09419、S8628、S8700 及 S8789。新社—卓蘭家族與 S8696 與 T4956 (採集的不明)，構成由四個體組成的小型二等親家族單元。和平區家族仍維持小型二等親家族單元。另辨識出兩個額外的獨立二等親相關家族群集，分別為埔里—魚池家族 (S08385 與 S7968) 以及後龍—苑裡家族 (S8740 與 S9090)。雖然樣本 11005061 (梅子) 與 S08770 (梅香) 之樣本品質與定序結果不佳，因而無法進行親屬關係推論。然而，本計畫確認 11301052 (火龍果) 與 11312014 (小媽媽) 之間具有一等親關係，且兩者分別與 11206084 (紫蘇) 及 11312015 (小屁孩) 亦呈現一等親關係。此外，分析結果另行辨識出四個具有一等親關係的家族。2025 年路殺個體的 11403078 (Gekko) 顯示與上述南投家族為二等親關係。值得注意的是，新聞樣本 T4956，雖然遭到獵殺地點不明，依據親屬關係推論，在二等親範圍推論為新社—卓蘭家族，顯示該樣本可能與新社—卓蘭地區族群具有密切的親緣關聯，極有可能來自該地區。

我們的結果顯示台灣石虎族群中存在高度的親屬連結，例如苗栗地區可辨識出兩個二等親相關家族，而台中—南投—彰化一帶則形成三個二等親的家族網絡。在此情況下，二等親家族於地理空間中的分布呈現出特定區域的局部聚集現象此一空間化的親屬結構顯示，親屬關係在地理上並非隨機分布，反映其在連續空間背景下，遺傳變異與地理距離之間具有顯著的空間自相關。連續的遺傳梯度與區域性的繁殖群，在族群結構或基因流動分析中，可能被解讀為遺傳群集或交流受限的訊號，而非形成明顯的族群結構。然而，基於親屬關係推論顯示，台灣石虎族群在三等親以內仍保有一定程度的空間連通性與鄰近繁殖結構。未來研究有必要進一步結合地景結構與個體移動資訊，辨識潛在的族群連結廊道，以釐清哪些環境要素有助於維持族群內個體的移動與基因交流。

五、結論

依據 Frankham et al. (2014) 所提出之有效族群量 100/1000 準則，台灣石虎的近代有效族群量為 57 隻左右，從遺傳角度來看，石虎族群正面臨生存風險。加上過往有發生瓶頸事件 (圖七)，族群歷經縮小族群再成長時，族群變異度也

會隨之縮小。而現今石虎族群的近親雜交程度高，可能還伴隨近期族群大幅縮小有關。在 45 隻各地的樣本檢測出來大部分屬於三等親的親戚關係 (91%)，顯示目前已知的石虎分布地點皆有高比例的親戚存在。從遺傳基因體資料顯示目前石虎為一個小族群，雖然不同地點的石虎有地理隔離效應 (例如 IBD)，但是族群沒有明顯的族群結構，顯示石虎的移動能力強，即便分布在不同的縣市的個體，仍可以檢測出相近緣的親屬關係。因此，石虎保育策略的重點應著重於：

- (1) 提升石虎的個體數量，以增加其族群遺傳多樣性。除了提供合適的棲息環境以增加石虎的族群增加策略外，設法減少路殺的情形，以穩定石虎的族群量，適當經營管理與在基因體監測的輔助下，維持其良好的生存棲地環境以增加其族群量，仍能有高機率改善族群遺傳狀況 (Frankham et al., 2014)；
- (2) 雖然石虎檢測為單一族群，但仍然顯現出明顯的距離隔離效應，因此維持不同地理區的生態廊道有助於增加石虎族群擴張的可能性，並且保持不同地區的石虎基因交流通暢。因此在國土生態綠網有關連結破碎棲地的規劃若能落實，具有保護並增進石虎的遺傳多樣性的益處；
- (3) 應持續建立基因體資料庫，作為後續個體來源追蹤與長期遺傳監測資料庫 (Willi et al., 2021; Hemstrom et al., 2022)。雖然本計畫的遺傳資訊顯示大部分樣本屬於親戚關係，但族群間有距離隔離效應仍可以了解特定石虎的來源。此外在親屬關係分析中仍發現少數個體 (S07488、S09092、S09420 與 S8158) 的遺傳差異性較大，說明可能有潛在其它家族或者群體，唯有透過資料的收集與資料庫建立以窺視石虎族群的全貌。

六、參考文獻

劉建男、林育秀 (2023)。2023 年石虎保育行動計畫。行政院農業委員會林務局、行政院農業委員會特有生物研究保育中心，40 頁。

Alexander, D. H., & Lange, K. (2011). Enhancements to the ADMIXTURE algorithm for individual ancestry estimation. *BMC Bioinformatics*, 12(1).
<https://doi.org/10.1186/1471-2105-12-246>

Alexander, D. H., Novembre, J., & Lange, K. (2009). Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Research*, 19(9), 1655–1664.

<https://doi.org/10.1101/gr.094052.109>

- Alhaddad, H., Zhang, C., Rannala, B., & Lyons, L. A. (2016). A glance at recombination hotspots in the domestic cat. *PLOS ONE*, *11*(2), e0148710. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0148710>
- Bredemeyer, K. R., Harris, A. J., Li, G., Zhao, L., Foley, N. M., Roelke-Parker, M., O'Brien, S. J., Lyons, L. A., Warren, W. C., & Murphy, W. J. (2020). Ultracontinuous single haplotype genome assemblies for the domestic cat (*Felis catus*) and Asian leopard cat (*Prionailurus bengalensis*). *Journal of Heredity*, *112*(2), 165–173. <https://doi.org/10.1093/jhered/esaa057>
- Chen, S. (2023). Ultrafast one-pass FASTQ data preprocessing, quality control, and deduplication using fastp. *IMeta*, *2*(2). <https://doi.org/10.1002/imt2.107>
- Clarke, J. G., Smith, A. C., & Cullingham, C. I. (2024). Genetic rescue often leads to higher fitness as a result of increased heterozygosity across animal taxa. *Molecular Ecology*, *33*(19). <https://doi.org/10.1111/mec.17532>
- Frantz, A. C., Cellina, S., Krier, A., Schley, L., & Burke, T. (2009). Using spatial Bayesian methods to determine the genetic structure of a continuously distributed population: clusters or isolation by distance? *Journal of Applied Ecology*, *46*(2), 493–505. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2664.2008.01606.x>
- Gruber, B., Unmack, P. J., Berry, O. F., & Georges, A. (2018). dartr: An r package to facilitate analysis of SNP data generated from reduced representation genome sequencing. *Molecular Ecology Resources*, *18*(3), 691–699. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12745>
- Guindon, S., Dufayard, J.-F., Lefort, V., Anisimova, M., Hordijk, W., & Gascuel, O. (2010). New algorithms and methods to estimate maximum-likelihood phylogenies: Assessing the performance of PhyML 3.0. *Systematic Biology*, *59*(3), 307–321.
- Hemstrom, W., Dauwalter, D., Peacock, M. M., Leasure, D., Wenger, S., Miller, M. R., & Neville, H. (2022). Population genomic monitoring provides insight into

- conservation status but no correlation with demographic estimates of extinction risk in a threatened trout. *Evolutionary Applications*, *15*(9), 1449–1468. <https://doi.org/10.1111/eva.13473>
- Li, H., Handsaker, B., Wysoker, A., Fennell, T., Ruan, J., Homer, N., Marth, G., Abecasis, G., & Durbin, R. (2009). The Sequence Alignment/Map format and SAMtools. *Bioinformatics*, *25*(16), 2078–2079.
- Mangin, B., Siberchicot, A., Nicolas, S., Doligez, A., This, P., & Cierco-Ayrolles, C. (2011). Novel measures of linkage disequilibrium that correct the bias due to population structure and relatedness. *Heredity*, *108*(3), 285–291. <https://doi.org/10.1038/hdy.2011.73>
- Manichaikul, A., Mychaleckyj, J. C., Rich, S. S., Daly, K., Sale, M., & Chen, W.-M. (2010). Robust relationship inference in genome-wide association studies. *Bioinformatics*, *26*(22), 2867–2873. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btq559>
- McKenna, A., Hanna, M., Banks, E., Sivachenko, A., Cibulskis, K., Kernytsky, A., Garimella, K., Altshuler, D., Gabriel, S., Daly, M., & DePristo, M. A. (2010). The Genome Analysis Toolkit: a MapReduce framework for analyzing next-generation DNA sequencing data. *Genome Research*, *20*(9), 1297–1303. <https://doi.org/10.1101/gr.107524.110>
- Meirmans, P. G. (2012). The trouble with isolation by distance. *Molecular Ecology*, *21*(12), 2839–2846. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294x.2012.05578.x>
- Meyermans, R., Gorssen, W., Buys, N., & Janssens, S. (2020). How to study runs of homozygosity using PLINK? A guide for analyzing medium density SNP data in livestock and pet species. *BMC Genomics*, *21*(1). <https://doi.org/10.1186/s12864-020-6463-x>
- Mijangos, J. L., Gruber, B., Berry, O., Pacioni, C., & Georges, A. (2022). *dartR* v2: An accessible genetic analysis platform for conservation, ecology and agriculture. *Methods in Ecology and Evolution*, *13*(10), 2150–2158. <https://doi.org/10.1111/2041-210x.13918>

- Minh, B. Q., Schmidt, H. A., Chernomor, O., Schrempf, D., Woodhams, M. D., von Haeseler, A., & Lanfear, R. (2020). IQ-TREE 2: New models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era. *Molecular Biology and Evolution*, *37*(5), 1530–1534.
- Purcell, S., Neale, B., Todd-Brown, K., Thomas, L., Ferreira, M. A. R., Bender, D., Maller, J., Sklar, P., de Bakker, P. I. W., Daly, M. J., & Sham, P. C. (2007). PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *The American Journal of Human Genetics*, *81*(3), 559–575. <https://doi.org/10.1086/519795>
- Putman, A. I., & Carbone, I. (2014). Challenges in analysis and interpretation of microsatellite data for population genetic studies. *Ecology and Evolution*, *4*(22), 4399–4428. <https://doi.org/10.1002/ece3.1305>
- Rossiter, S. J., Jones, G., Ransome, R. D., & Barratt, E. M. (2002). Relatedness structure and kin-biased foraging in the greater horseshoe bat (*Rhinolophus ferrumequinum*). *Behavioral Ecology and Sociobiology*, *51*(6), 510–518. <https://doi.org/10.1007/s00265-002-0467-1>
- Santiago, E., Novo, I., Pardiñas, A. F., Saura, M., Wang, J., & Caballero, A. (2020). Recent Demographic History Inferred by High-Resolution Analysis of Linkage Disequilibrium. *Mol Biol Evol*, *37*(12), 3642–3653. <https://doi.org/10.1093/molbev/msaa169>
- Schäfer, D., Vincent, H., Fischer, M., & Kempel, A. (2020). The importance of genetic diversity for the translocation of eight threatened plant species into the wild. *Global Ecology and Conservation*, *24*, e01240. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2020.e01240>
- Speed, D., & Balding, D. J. (2014). Relatedness in the post-genomic era: is it still useful? *Nature Reviews Genetics*, *16*(1), 33–44. <https://doi.org/10.1038/nrg3821>
- Stratton, M. (2008). Genome resequencing and genetic variation. *Nature Biotechnology*, *26*(1), 65–66. <https://doi.org/10.1038/nbt0108-65>

- Sun, P.-W., Hsiao, C., Pei, K. J.-C., Lin, Y.-H., Chen, M.-T., Chiang, P.-J., Wang, L., Lu, D.-J., Liao, P.-C., & Ju, Y.-T. (2024). Unraveling the interplay between demography and landscape features in shaping connectivity and diversity: Insights from the leopard cat on a subtropical island. *Landscape Ecology*, 39(5). <https://doi.org/10.1007/s10980-024-01894-0>
- Terhorst, J., Kamm, J. A., & Song, Y. S. (2016). Robust and scalable inference of population history from hundreds of unphased whole genomes. *Nature Genetics*, 49(2), 303–309. <https://doi.org/10.1038/ng.3748>
- Titus, C. L., Bowden, C. F., Smyser, T. J., Webb, S. L., & Beasley, J. C. (2022). Genomic tools reveal complex social organization of an invasive large mammal (*Sus scrofa*). *Biological Invasions*, 24(10), 3199–3216. <https://doi.org/10.1007/s10530-022-02840-4>
- Wang, R. J., Raveendran, M., Harris, R. A., Murphy, W. J., Lyons, L. A., Rogers, J., & Hahn, M. W. (2022). De novo Mutations in Domestic Cat are Consistent with an Effect of Reproductive Longevity on Both the Rate and Spectrum of Mutations. *Molecular Biology and Evolution*, 39(7). <https://doi.org/10.1093/molbev/msac147>
- Willi, Y., Kristensen, T. N., Sgrò, C. M., Weeks, A. R., Ørsted, M., & Hoffmann, A. A. (2021). Conservation genetics as a management tool: The five best-supported paradigms to assist the management of threatened species. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 119(1), e2105076119. <https://doi.org/10.1073/pnas.2105076119>
- Yuan, J., Wang, G., Zhao, L.-J., Kitchener, A. C., Sun, T., Chen, W., Huang, C., Wang, C., Xu, X., Wang, J., Lu, H., Xu, L., Qigao Jiangzuo, Murphy, W. J., Wu, D., & Luo, G. (2023). How genomic insights into the evolutionary history of clouded leopards inform their conservation. *Science Advances*, 9(40). <https://doi.org/10.1126/sciadv.adh9143>

表一、本計畫所使用的台灣石虎樣本之採集資訊。(上傳刪除經緯度資訊)

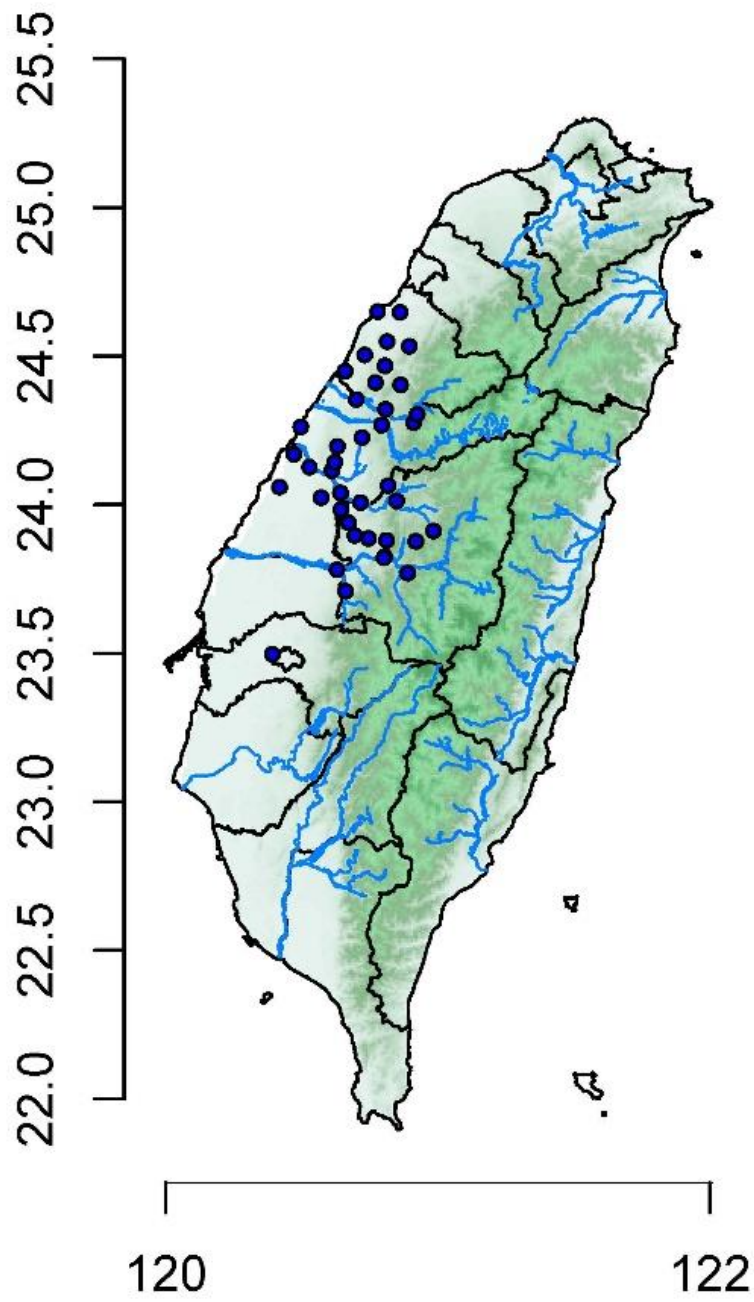
Sample ID	採集/拾獲日期	發現鄉鎮	經度	緯度	性別	組織狀態	備註
11206084	2023/6/16	南投/集集鎮			雄性	血液	紫蘇
11301052	2024/1/29	南投/集集鎮			雌性	血液	火龍果
11312015	2024/12/4	南投/集集鎮			雄性	血液	小屁孩
11403078	2025	南投/集集鎮			雌性	血液	Gekko
11312014	2024/12/4	南投/集集鎮			雌性	血液	小媽媽
S07482	2020/1/13	台中/梧棲區			雄性	肌肉	
S07488	2020/2/14	苗栗/大湖鄉			雄性	肌肉	
S07668	2020/11/9	台中/新社區			雄性	肌肉	
S07726	2021/2/6	南投/國姓鄉			雄性	肌肉	
S07924	2021/11/6	南投/國姓鄉			雌性	肌肉	
S07969	2022/1/3	彰化/伸港鎮			雌性	肌肉	
S08385	2020/12/22	南投/埔里鄉			不詳	肌肉	
S08461	2022/8/26	台中/西屯區			雄性	肌肉	
S08578	2022/9/22	南投/南投市			雄性	肌肉	
S08639	2022/11/9	苗栗/苗栗市			雌性	肌肉	
S08649	2022/12/14	南投/信義鄉			雄性	肌肉	
S08652	2022/12/16	苗栗/造橋鄉			雌性	肌肉	
S08692	2023/3/10	苗栗/銅鑼鄉			雌性	肌肉	
S08742	2023/9/11	台中/烏日區			雄性	肌肉	
S08744	2023/9/18	南投/草屯鎮			雄性	肌肉	
S08747	2023/10/1	台中/烏日區			雌性	肌肉	
S08770	2023/10/20	南投/竹山鎮			雄性	肌肉	梅香
S08786	2023/10/31	雲林/林內鄉			雌性	肌肉	
S08788	2023/11/4	台中/豐原區			雄性	肌肉	
S08809	2024/1/9	彰化/芬園鄉			雌性	肌肉	
S08858	2024/1/26	台中/和平區			雄性	肌肉	
S09092	2024/6/18	台中/南屯區			雄性	肌肉	
S09213	2024/7/13	彰化/花壇鄉			雌性	肌肉	
S09225	2024/8/7	苗栗/三義鄉			雄性	肌肉	
S09233	2024/8/20	南投/中寮鄉			雌性	肌肉	
S09234	2024/8/20	苗栗/公館鄉			雄性	肌肉	
S09419	2024/10/19	南投/中寮鄉				肌肉	
S09420	2024/10/24	彰化/和美鎮			雄性	肌肉	
S7968	2022/1/2	南投/魚池鄉			M	肌肉	
S8158	2022/7/29	南投/集集鎮			M	肌肉	
S8586	2022/9/20	苗栗/通霄鎮			F	肌肉	
S8628	2022/10/5	嘉義/嘉義市			M	肌肉	
S8696	2023/3/18	台中/外埔區			F	肌肉	

Sample ID	採集/拾獲日期	發現鄉鎮	經度	緯度	性別	組織狀態	備註
S8700	2023/4/25	南投/南投市			M	肌肉	
S8715	2023/6/21	彰化/鹿港鄉			M	肌肉	
S8740	2023/8/27	苗栗/後龍鎮			M	肌肉	
S8763	2023/10/16	台中/和平區			M	肌肉	
S8789	2023/11/4	南投/中寮鄉			F	肌肉	
S8894	2024/2/6	苗栗/卓蘭鎮			F	肌肉	
S9090	2024/6/18	苗栗/苑裡鎮			F	肌肉	
11005061	2021/5/22	苗栗/後龍鎮			F	血液	梅子
T4956						肌肉	新聞樣本/地點不明

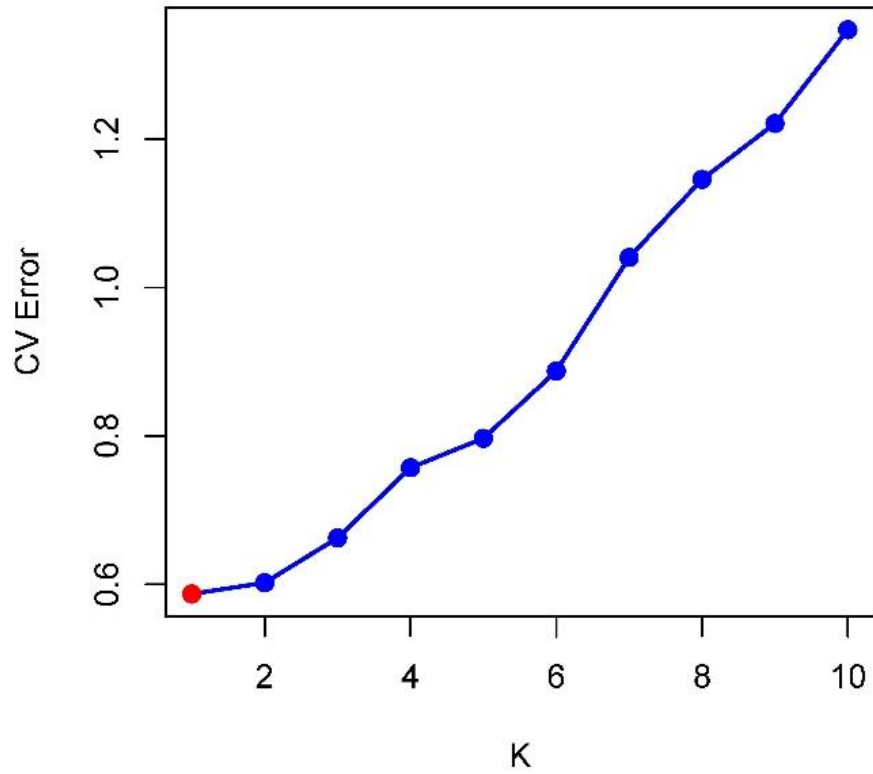
表二、台灣石虎樣本重定序的定序量與比對品質統計表。

Sample ID	Raw total sequences	Reads mapped	Average quality	Average MAPQ	Mean depth	cov_1x	cov_10x	cov_20x	cov_30x
11206084	948697509	948697509	39.3	59.71	58.20	98.87	98.02	96.66	93.44
11301052	763820996	763820996	39.4	59.70	45.80	98.94	98.28	96.76	88.71
11312015	999216864	999216864	39.3	59.72	61.31	98.91	98.22	97.12	94.41
11403078	1314205248	1314205248	39.2	59.71	80.79	98.97	98.41	97.97	97.40
11312014	1080281324	1080281324	39.3	59.72	66.39	98.99	98.48	97.96	97.01
S07482	965109959	965109959	39.3	59.70	59.21	98.93	98.30	96.97	93.44
S07488	798474846	798474846	39.3	59.72	48.93	98.86	98.01	95.79	89.64
S07668	1271304971	1271304971	39.3	59.69	77.79	98.99	98.42	97.82	96.53
S07726	966426047	966426047	39.4	59.69	59.18	98.90	98.26	97.09	94.07
S07924	1133377653	1133377653	39.3	59.72	69.17	98.97	98.39	97.81	96.79
S07969	548552641	548552641	39.4	59.66	33.08	98.80	96.05	82.17	56.17
S08385	870179559	870179559	39.5	59.24	48.04	98.86	98.09	96.14	87.77
S08461	472548631	472548631	39.4	59.69	28.44	98.66	93.84	74.28	43.30
S08578	1369951003	1369951003	39.4	59.59	80.28	98.99	98.09	95.73	90.73
S08639	1179266952	1179266952	39.4	59.71	71.73	98.90	98.24	97.64	96.72
S08649	1129802597	1129802597	39.3	59.65	68.73	98.91	97.67	94.68	88.89
S08652	901168799	901168799	39.3	59.71	55.25	98.91	98.28	97.50	94.79
S08692	763459954	763459954	39.4	59.61	46.08	98.90	97.53	91.58	77.80
S08742	1171006910	1171006910	39.3	59.57	70.30	98.90	97.39	92.89	84.52
S08744	920091744	920091744	39.4	59.69	55.89	98.89	98.15	96.63	92.72
S08747	1323699384	1323699384	39.4	59.70	81.26	98.97	98.50	98.11	97.60
S08770	377725406	377725406	39.6	56.53	19.89	5.58	0.32	0.19	0.14
S08786	934767673	934767673	39.4	59.71	57.38	98.87	98.24	97.48	95.04
S08788	1074536922	1074536922	39.4	59.70	65.87	98.92	98.26	97.32	94.97
S08809	1010467737	1010467737	39.3	59.68	61.81	98.93	98.30	97.58	95.68
S08858	1001284240	1001284240	39.3	59.62	59.98	98.95	97.76	93.56	84.43
S09092	657825427	657825427	39.6	58.21	36.03	93.19	20.70	1.27	0.34
S09213	828207065	828207065	39.5	59.35	36.94	98.16	86.30	66.70	49.46
S09225	1272485351	1272485351	39.4	59.69	75.94	98.95	98.31	97.62	96.11
S09233	821256657	821256657	39.4	59.71	47.59	98.89	98.16	96.90	91.16
S09234	531514496	531514496	39.4	59.71	32.53	98.78	96.90	87.68	59.61
S09419	1551017212	1551017212	39.3	59.71	95.23	99.04	98.60	98.28	97.92
S09420	386734902	386734902	39.5	57.39	20.27	93.07	20.68	1.03	0.17
S7968	976982498	976982498	38.9	59.69	59.32	98.85	97.97	95.80	90.55
S8158	705584113	705584113	39	59.66	41.18	90.93	79.90	65.48	52.03
S8586	1077096446	1077096446	39.1	59.68	65.55	98.85	98.17	96.83	93.11
S8628	1353974500	1353974500	39	59.67	80.77	98.93	98.29	96.95	94.03
S8696	916167024	916167024	38.9	59.70	55.74	98.85	98.05	95.63	88.53

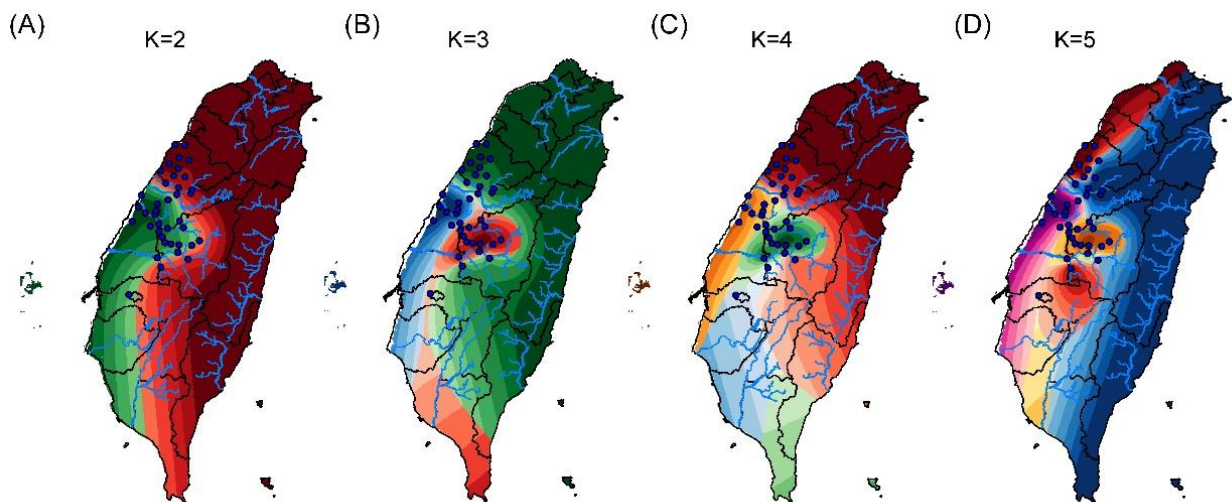
Sample ID	Raw total sequences	Reads mapped	Average quality	Average MAPQ	Mean depth	cov_1x	cov_10x	cov_20x	cov_30x
S8700	948483479	948483479	38.9	59.68	57.69	98.85	97.88	95.25	88.89
S8715	958029598	958029598	39	59.68	58.23	98.74	97.40	93.69	85.95
S8740	1042415158	1042415158	39.1	59.68	63.55	98.79	97.71	95.02	89.30
S8763	1181482228	1181482228	39	59.72	71.86	98.85	98.04	96.31	92.70
S8789	1098957690	1098957690	39	59.70	66.95	98.84	98.17	96.66	92.61
S8894	847864925	847864925	39.1	59.69	51.74	98.82	97.55	92.92	82.43
S9090	939416385	939416385	38.9	59.71	57.09	98.82	97.92	95.13	87.79
T4956	848340552	848340552	39.4	59.74	49.48	98.86	98.03	95.74	89.75



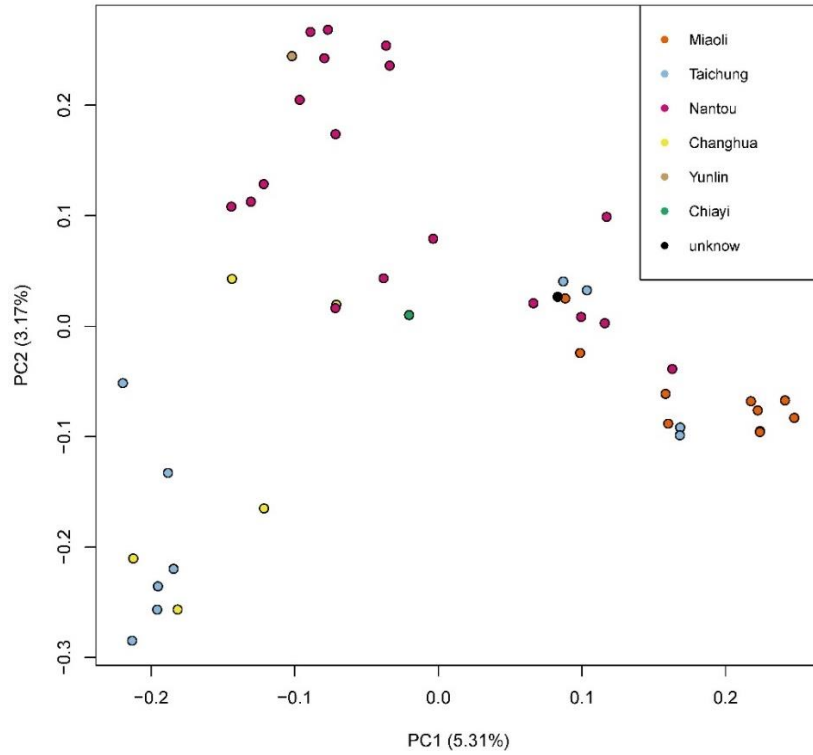
圖一、本計畫所使用的台灣石虎樣本的地理分布位置。藍色圓點為取樣的分布情形。



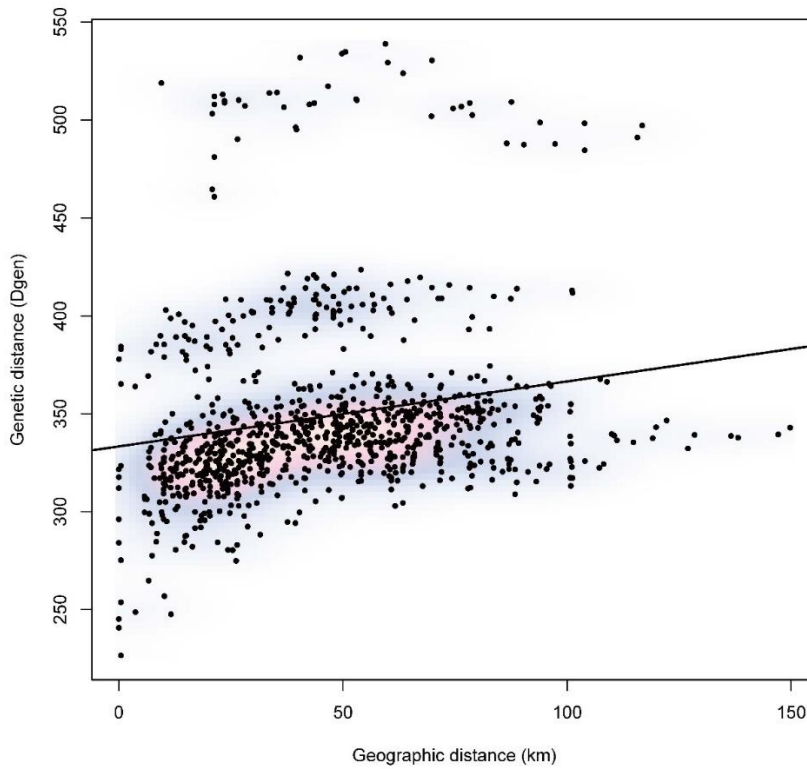
圖二、ADMIXTURE 分析中以交叉驗證 (CV) 錯誤準則評估台灣石虎的最佳遺傳群體數量。紅色圓點為最佳推估值 $K = 1$ 。



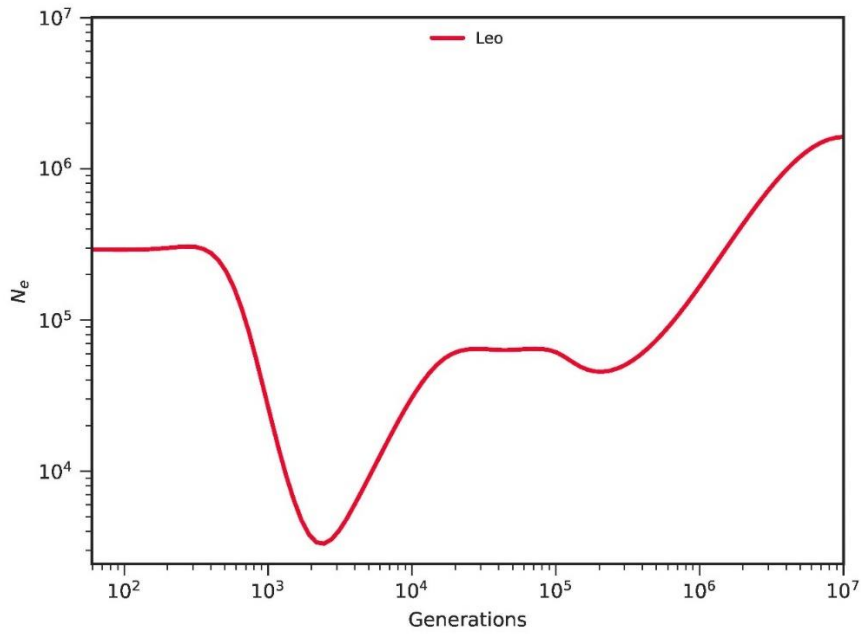
圖三、台灣石虎於 ADMIXTURE 分析中呈現 (A) $K=2$ 、(B) $K=3$ 、(C) $K=4$ 及 (D) $K=5$ 下的遺傳結構。



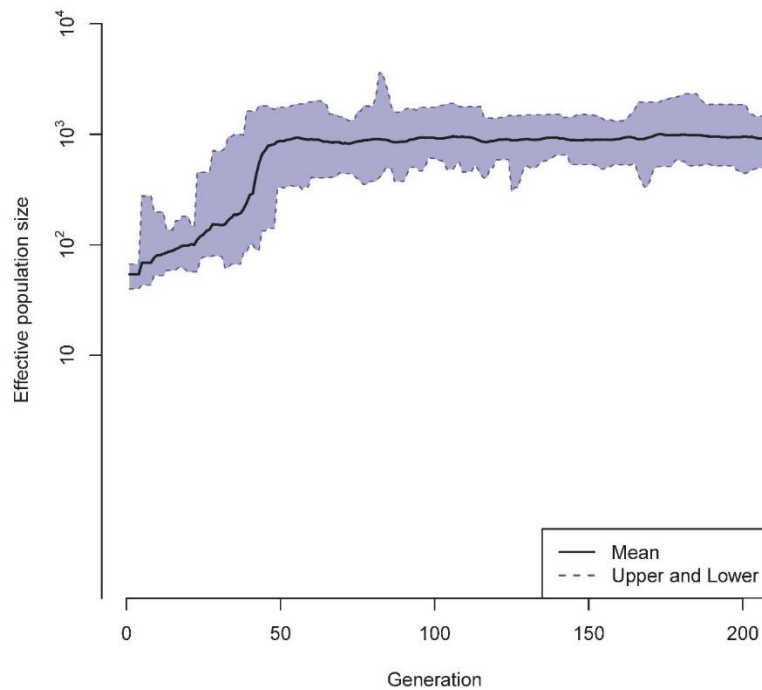
圖四、台灣石虎的主成分分析 (PCA) 圖。第一主成分 (PC1) 與第二主成分 (PC2) 所顯示不同採樣地點的個體之間的遺傳相似性。



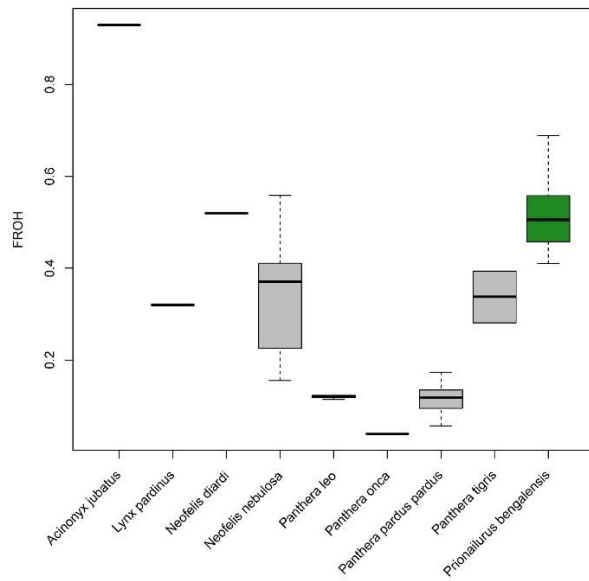
圖五、台灣石虎樣本間地理距離與遺傳距離的相關性分析。



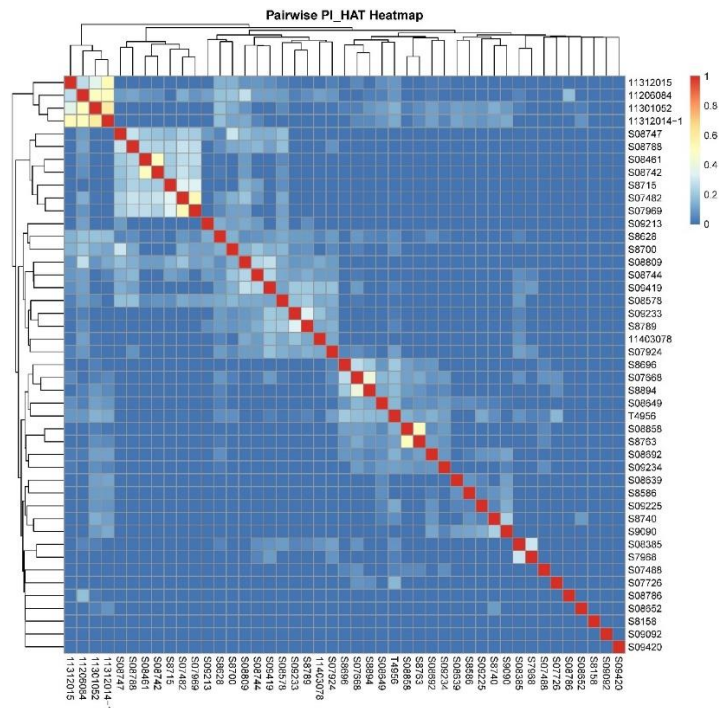
圖七、SMC++ 推估台灣石虎族群的歷史 N_e 值的變化。X 軸為世代數 (generations)，Y 軸為有效族群量。



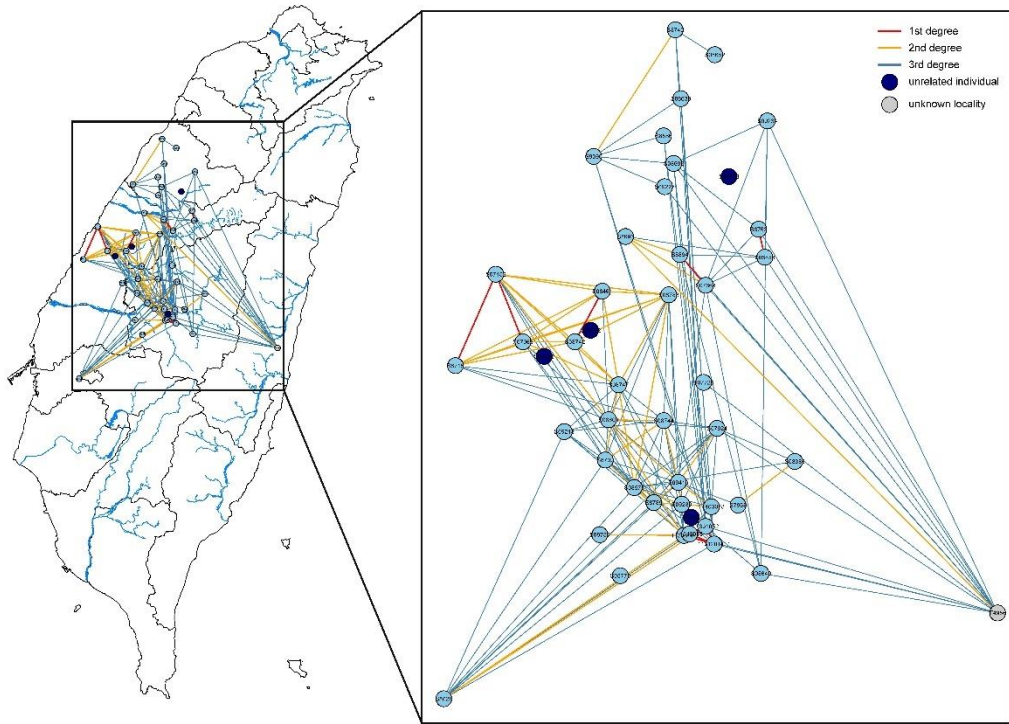
圖八、GONE 推估台灣石虎於近代的有效族群量的變化。X 軸為世代數，Y 軸為推估的 N_e 值。黑線代表平均推估值，藍色陰影區域為 95% 信賴區。



圖九、台灣石虎與大型貓科物種 (Yuang et al., 2023) 的 FROH 比較。數值越高代表近親雜交程度越高。



圖十、台灣石虎樣本兩兩個體間之 PI_HAT 親屬關係熱力圖 (heatmap)。顏色表示不同個體間共享同源繼承等位基因 (identity-by-descent) 的比例，數值由 0 (深藍色，低親屬關係) 至 1 (紅色，高親屬關係)。對角線代表個體與自身之比較 (PI_HAT = 1)。



圖十一、台灣石虎樣本的親屬關係於地理分布的網路圖。節點代表個體，線條表示依 PI_HAT 指數推論之親屬關係，並依親屬等級以不同顏色標示：紅色為一等親、橙色為二等親、藍色為三等親。深藍色節點表示未與其他樣本形成三等親以上親屬關係之個體，灰色節點表示採集地點不明之樣本。