

行政院國家科學委員會專題研究計畫成果報告

計畫名稱：(一)形態測量學於潛蠅科昆蟲系統分類之應用(二)台灣產花天牛亞科之研究(2/2)

(1)Morphometric applications on systematic studies of Agromyzidae (Diptera) (2)Taxonomy of Lepturinae from Taiwan (2/2)

計畫編號：NSC89-2313-B-002-218

執行期限：89年8月1日至90年7月31日

主持人：吳文哲 國立台灣大學昆蟲學系

一、中文摘要

(一) 形態測量學於潛蠅科昆蟲系統分類之應用

傳統分類部份持續整理台灣地區名錄，蒐集台灣產潛蠅科種類並重新描述及提供較為詳盡之特徵繪圖；並持續去年之研究以相對扭曲(Relative warp)定序法或聚類分析以潛蠅翅脈為主作系統學或進化學等相關推論。本年度主要以分析潛蠅科系統學關係為主要工作內容；初步完成包括潛蠅亞科及植潛蠅亞科之系統發育關係樹形圖。潛蠅亞科之屬間親緣關係一般較為穩定，確立了 *Agromyza* 及 *Japanagromyza* 兩屬在亞科中之特異地位，亦說明了此群相對為此亞科中一比較不同的進化路徑。而植潛蠅亞科則並不如潛蠅亞科所具有之科內高一一致性。許多較長的分支都分布於樹型末端之分類群，顯示有不少高度特化的屬在進化過程中產生。植潛蠅亞科其範圍及界定的分類適切性值得再作考量。研究中分別以內群及外群作分析比較可以比較清楚瞭解科或亞科內之屬間關係；並將各樹形圖與先前完成之各個形態學或形態測量學假說相互對照討論。結果顯示潛蠅科高階分類仍存在許多的疑點；特別如亞科及屬群的界定等。而結果中幾乎沒有一個特徵轉變能完整表達樹型圖的資訊，這種情況除了代表此科之複雜進化路徑外，也說明分類上使用多重特徵的必要性。

(二) 台灣產花天牛亞科之研究

完成台灣花天牛亞科之分類體系：包括新種之發表、屬級之檢討及名錄之重新校訂。台灣花天牛亞科之分布及成蟲食性之確認。推論中國西南(四川、雲南、貴州)可能為另一姬花天牛地理分布中心，台灣的姬花天牛的祖先極有可能發源於此。物種間親緣關係(phylogeny)的探討是當代分類學領域中的熱門課題，不同物種間協同進化(coevolution)機制亦為進化生物學者(evolutionary biologist)所關切的現象，生物地理學(biogeography)更為系統分類學(systematics)及進化生物學共同重視的問題，而如何善用本土昆蟲資源，進行系統生物學(systematic biology)的相關研究更是當務之急。花天牛亞科的特性正符合以其為材料從事系統生物學之各項重要研究。

關鍵詞：形態測量學，系統分類學，潛蠅科，雙翅目，花天牛亞科，天牛科，鞘翅目。

Abstract

1. Morphometric applications on systematic studies of Agromyzidae (Diptera)

In traditional taxonomic aspect, we continue collecting Taiwanese agromyzid species, re-describing them and providing character illustrations in greater detail. In morphometric aspect, we continue using relative warp data of wing venation in ordination and cluster analysis for systematic and evolutionary inferences. In this year, we focus mainly on the studies of phylogeny

of Agromyzidae. The preliminary results show the inter-genera relationships in those reconstructed phylogenetic trees. Among them, the genera within subfamily Agromyzinae stably present their relationships; and we ensured the unique and special status of genus *Agromyza* and *Japanagromyza*; this also indicated that this special genus group probably have much more different evolutionary pathway compared with other groups in this subfamily. In contrast to the stable inter-genera relationships, subfamily Phytomyzinae presents the more complex results. Some branches with more character changed happened on the terminal ends of the trees. This indicates that some highly specialized genera just evolved recently. According to the preliminary results, we proposed that the reevaluation of taxonomic divisions and their adequacy of subfamily Phytomyzinae are needed. In our studies, both ingroup and outgroup comparisons are included to analyze and to clarify the inter-genera relationships. Furthermore, all of the phylogenetic relationships were compared with our previous evolutionary hypothesis based on traditional or morphometric data. However, there still have lots of questions unresolved, especially the divisions and their boundaries in higher categories, even for the status of subfamilies or genus groups. We also found no single character can truthfully reflect the information appeared on the trees. This implied using multi-characters in taxonomic applications is necessary.

2. Taxonomy of Lepturinae from Taiwan

The traditional taxonomy of Lepturinae in our work including the revisions, the checklist, and the descriptions of new species and new records; meanwhile, the geographic distribution and their possible visiting plants are also noted. We thought the southwest China is the most possible distribution origin of the genus *Pidonia*; and combination of the knowledge of the biogeography and the food plant in Taiwan will help us to explore the origin of

Taiwanese Lepturinae. Recently, the mechanisms of coevolution, biogeography and evolutionary biology are more and more important and frequently emphasized for the taxonomic workers, especially in discussing the problems of phylogeny. We believe the Lepturinae can be treated as a significant material for such researches.

Keywords: Morphometrics, Systematics, Agromyzidae, Diptera, Lepturinae, Cerambycidae, Coleoptera.

二、緣由與目的

(一) 潛蠅科幾何形態測量學之系統分類應用

本研究室曾在國科會計畫支持下以台灣地區之斑潛蠅屬及潛蠅科之系統分類及形態進化等為題從事專題研究，並發表部份新種及新記錄種(Shiao and Wu, 1989a, 1995a, 1996, 1998, 1999b, 2000; Shiao *et al.*, 1991)，並針對形態學及系統學於國內外學術會議發表相關研究成果(Shiao and Wu, 1989b; Shiao *et al.*, 1993; Shiao *et al.*, 1994; Shiao and Wu, 1995b, c)。近年來更加強形態測量學研究之軟硬體充實，並已專文介紹近代形態測量的發展與應用(蕭及吳, 1998; Shiao and Wu, 1999a; Shiao, 2000)。潛蠅科的傳統分類目前已有充足的文獻資料可考，然而形態學及系統學的部份卻仍極為欠缺。早期的分類應用以外部形態為主，後來並大量使用生殖器特徵；雖有學者曾加入包括幼蟲、蛹及雌蟲生殖器形態特徵，但研究的內容多半不夠完整。另外亦有學者應用電子顯微鏡的超微形態特徵作為分類輔助，然仍僅限於應用於少數害蟲種類之區辨上。至於系統學部份則更為貧乏，甚至屬間關係至今仍無法完全釐清。再者雙翅目昆蟲由於遺傳進化對果蠅的研究而衍生出許多分子層次與表型(Phenotype)層次的諸多討論，如以翅脈研究為對象的進化議題已使得對雙翅目其它類群分類進化及形態分析瞭解的迫切性更為提高；所以形態的精確定量在將來亦不失成為填補分子進化與形態進化間鴻溝的

一種選擇。因此本計畫擬採新近發展完成之形態測量方法，重新檢驗上述資料，並針對其與進化學、系統學方法相互配合，提出討論並解決方法與實際應用的問題。

(二) 台灣產花天牛亞科之研究

花天牛亞科(Lepturinae)屬於天牛科，多為小型的種類，一般體型不超過 2 公分，大部分種類為日行性，且成蟲具訪花之行為。一般認為花天牛訪花的目的，因羽化初期之成蟲生殖器官未臻成熟，故需取食高營養之花粉刺激生殖器官之成熟。幼蟲已知皆取食枯木或朽木，尚未發現蛀食活木者。絕大多數的花天牛僅能發現於未受破壞或破壞較少之原生林及植被較複雜之次生林中，從平地至高山皆可見其蹤跡。本亞科昆蟲因不曾發現為害任何經濟樹種，在台灣並未被學者所重視，但有不少的外籍學者仍持續進行本亞科之研究，並認為花天牛在森林生態系中有著重要的地位，其幼蟲不但為森林中枯朽木的分解者外，成蟲更可能是被子植物重要的授粉昆蟲。關於花天牛的起源，王(1986)認為花天牛亞科與天牛亞科的親緣關係最密切，從紐西蘭的沒有花天牛分布，推論花天牛於三疊紀到侏儸紀之間分歧出來。第三紀時由於溫暖濕潤的氣候，被子植物繁榮，花天牛與被子植物間共同進化，多歧的花天牛即顯花植物繁榮後的適應輻射(adaptive radiation)結果(大林等, 1992)。台灣花天牛的生物地理方面，大部分為古北區及東洋區因素(林, 1985)。姬花天牛屬(*Pidonia*)在日本已發現的種類達 40 種，因此窪木(1987)認為日本為姬花天牛的分布中心，但台灣目前已記錄了 32 種，且種類持續增加中，因此台灣也是姬花天牛的另一分布中心。Holzschuh (1991a, 1991b, 1992)曾發表多種產於四川及雲南的姬花天牛。本計畫研究人員曾數度於中國西南地區採獲大量的姬花天牛標本，並認為中國西南(四川、雲南、貴州)可能為另一姬花天牛地理分布中心。綜合台灣被子植物的生物地理及花天牛的生物地理，將有助於瞭解台灣花天牛之起源。

三、研究方法與進行步驟

(一) 潛蠅科幾何形態測量學之系統分類應用

本研究以潛蠅亞科 6 屬及植潛蠅亞科 14 屬為分類單元(Taxa)，分別選取 48 個形態及生態特徵(Character)各別錄取其特徵狀態(Character states)；基本上這 20 屬已幾乎涵蓋了潛蠅科之所有變異，至於其餘一些種類數極少的屬，多半仍處於分類地位未甚明確的地位，並不宜在目前直接納入分析中。選取的 48 個特徵是目前潛蠅傳統分類系統中比較常被用來區辨類群的依據，分別包括頭部、胸部、腹部、幼蟲、蛹及生態資料等；特徵說明及錄取方法包括次序性、非次序性、雙態及多態之特徵狀態。

上述之特徵錄取後，將此 48(Cha.) × 20(Taxa)之資料距陣以“Nexus”檔案格式存取，此種格式為目前“MacClade”及“PAUP”程式之共同格式(Maddison *et al.*, 1997)；本分析採用 MacClade 3.07 版(Maddison and Maddison, 1997)及 PAUP 3.1.1 版(Swofford, 1993)交互使用，主要以“PAUP”作搜尋最儉約樹 (Most parsimonious trees) 以“MacClade”分析特徵進化 (Character evolution)等目的。相關分析之說明如下：

(1) 特徵狀態(Character states)極性(Polarity)及變化次序(Orders)：

主要採取雙態(Binary)及多態(Multistates)兩類，用以涵蓋特徵之變化範圍。至於極性的決定則是比較具爭議的問題；到目前為止，絕大多數的潛蠅特徵狀態孰為原始、孰為進化並無定論，使用上亦極難判定，因此本文皆採用非極性(Unpolarized)的錄取方式。變化次序的決定則依經驗法則，將數量性改變視為有次序性的(Ordered)，將顏色及存在與否的特徵歸為無次序性的(Unordered)；實際上將數量改變，如毛列數量，以次序性錄取是比較合理的作法；表示從“1 至 3”必須經過“2”這個階段；至於顏色的改變則一般並不適宜主觀地判定其次序，這些不同的方法會直接影響到樹長(Tree length)的估算。本分

析中共使用了3類特徵轉變(Transformation series)：包括非次序性雙態(Unordered binary)、非次序性非極性多態(Unordered and unpolarized multistates)及次序性非極性多態(Ordered and unpolarized multistates)等。

(2)多狀態並存於一分類群之處理：

多狀態並存的情況可以有2種情況：一是特徵狀態不明時；一是多態型(Polymorphism)的狀況。本文中同屬內同一特徵不同種類之多狀態應視為多態型處理；以多態型之分支長度加以計算。

(3)遺漏資料(Missing data)之處理：

遺漏資料通常可分為未知狀態或不適用兩種情況，本文所使用的遺漏資料處理以未知狀態為準，以反映實際狀態無法確定的情況，與無法適用的作法不同。

(4)多分歧(Polytomy)之處理：

Maddison and Maddison (1997)曾提出有關3個或以上分類群無法區分之多分歧處理方法，可以分為硬性或軟性多分歧(Hard or soft polytomy)；分別表示多新種化(Multiple speciation)及未確定(Uncertainties)的2種計算分支長度的方法；本文採取多新種化的計算方式用以表達屬內之多態性。

(5)儉約法則(Parsimony)及系統樹之最佳化(Tree optimization)

次序性特徵主以Wagner儉約法則(Wagner parsimony) (Farris, 1970)，非次序性特徵則以Fitch儉約法則(Fitch parsimony) (Fitch, 1971)計算各分支之變化步驟總數。搜尋方法採“窮盡搜尋法”(Exhaustive search)及“Branch-and-bound”等2種；窮盡搜尋法雖可以保證找到一或多個最短距離樹；然一般所需計算時間較長。

(6)系統樹之相關統計值及比較：

系統樹分析結果後之各數值通常可以用來描述此樹型圖，並作為不同樹間的相互比較依據，主要包括以下數項：

(i)樹長(Tree length)：根據上述不同類別特徵之計算所得所有分支特徵狀態轉變數之總合，用來作為何者是最儉約樹之評估；通常分析中可能獲得一甚至多個相同樹長之同等儉約樹(Equally parsimonious trees)。

(ii)一致性指數(Consistency index) (簡稱CI值)：

$$CI = \frac{m}{s}$$

m為最小可能樹長，s為本系統樹之樹長；此值乃表示某一樹型(Topology)與原始資料的相容程度，當接近完全相容時(即幾乎沒有非同源(Homoplasy)情形存在時)，此值將會接近1。

(iii)保留性指數(Retention index) (簡稱RI值)：

$$RI = G-s / G-m$$

其中G表最壞情況下的樹長(即完全沒有區分的多分歧樹(Bush))，s及m同CI值之求法；此值基本上是表達目前的樹型圖與可能出現理想的樹型圖間長度的比例，可以用來說明兩者“共有裔徵”(Synapomorphy)的差異程度(比例)。

(iv)校正一致性指數(Rescaled consistency index) (簡稱RC值)：

$$RC = CI \times RI$$

RC值的應用主要為了消除過份膨脹的CI值；CI值僅考慮原始資料的特性，然實際上原始資料中有許多所謂的“子孫獨有型質”(Autapomorphies)，往往造成真實情況下，可能出現的樹型(Topology)數量減少(在同樣的情況下，會將最短樹長高估)；另外較大的資料通常傾向於造成較低的CI值，所以將CI與RI相乘所得之RC值，可以用來改善這些問題。

(7)多個同等儉約樹的處理：

以公同樹(Consensus tree)法則，歸納此多個同等儉約樹；本文採用多數公決法(Majority rule) (Margush and McMorris, 1981)，找尋各樹型中多數(即>50%)穩定的分支(Clades)作為最終樹之取決標準，並計算其公同指數(Consensus indices)。

(8)特徵於系統樹上分布之最佳化：系統樹上各節點(nodes)上之特徵狀態估算

(或稱為 HTU 之估算)；目前比較常用的有 2 個假說：加速進化(ACCTRAN)及延遲進化 (DELTRAN)；加速進化假定 (Accelerates the evolutionary transformation of a character)(簡稱 ACCTRAN)主要將系統樹上的“不確定性”(即將非同源(Homoplasy)歸成返祖(Reversal)所得)；相反地,延遲進化(Delays the transformation of a character)(簡稱 DELTRAN)則將其視為平行進化(parallelism)的結果。這兩種方式都是用來解決當有所謂同等儉約情況時,如何決定系統樹節間的特徵狀態。本文同時採取此兩種方式分別求算,並加以比較;對於返祖或平行進化不給予任何先設。最後將所有及選取特徵之樹型圖以“MacClade”繪出;其中節點(Nodes)與節間(Inter-nodes)之特徵狀態表示,採用此軟體之表示法(Maddison and Maddison, 1997)。

(二)台灣產花天牛亞科之研究

- (1) 檢視開花植物,以網套捕:在春、夏季時,檢視山野開花中之植物,以 7.2 m 長之捕蟲網將花套住抖動,使其上訪花之天牛掉落網中。
 - (2) 目視飛行中之個體:在行進中,見到正在飛行疑似天牛的個體即刻予以網捕,部分花天牛飛行時酷似膜翅目之昆蟲,故飛行時疑為膜翅目昆蟲之個體也予以網捕。
 - (3) 在稜線風口處等待:許多花天牛具有隨著氣流飛越稜線的習性,在稜線的風口處等待飛越稜線的個體,此種方法採得的種類及數量皆不多,但種類常異於花上採得的個體。
 - (4) 巡視枯木、倒木:在枯木或倒木間巡視,有時可發現在木上產卵之雌蟲或前來求偶之雄蟲。
 - (5) 採集木中幼蟲飼育:將確定有幼蟲或疑似有幼蟲取食之倒木、枯木,最好於原地或類似氣候條件之處以飼養箱圈養,定期檢查是否有羽化之成蟲。
 - (6) 夜間燈光採集:使用水銀燈、日光燈及黑燈管等照明燈具進行誘集夜行且具趨光性之花天牛。
- (7) 叩網及掃網:在日本有極少數取食植物嫩葉之花天牛,可以叩網或掃網的方式採集,但目前在臺灣尚未有以此二種方法採得花天牛的記錄。
 - (8) 化學誘引法:使用 Eugenol, Benzyl Acetate, Methyl Benzoate 及 Linalool 等化學藥誘引劑誘集食葉性或訪花性的昆蟲有一定的效果。在日本進行實驗亦證明了對姬花天牛良好的誘集效果。

四、結果與討論

(一) 潛蠅科幾何形態測量學之系統分類應用

(1) 潛蠅亞科之系統學討論:

無論單獨分析此亞科(圖一)或以植潛蠅亞科之 *Phytobia* 屬為外群分析(圖二)所得的結果穩定出現 *Hexomyza*、*Tropicomyia*、*Melanagromyza* 及 *Ophiomyia* 此一屬群之系統近緣關係;此結果表明 *Agromyza* 及 *Japanagromyza* 在亞科中之特異地位;且圖二中代表此兩屬之分支最長,亦說明此群相對為一比較不同的進化路徑。另外, *Melanagromyza* 及 *Ophiomyia* 兩屬的關連是分析中較為穩定的配對,然與雄蟲外生殖器形態假說並不一致;與翅脈資料互相對照,可以初步認定此亞科內形態高度的一致性,所以在實際分類應用上亞科中各屬不易區分的情況勢必較難加以克服。

(2) 植潛蠅亞科之系統學討論:

加入外群比較與否所顯示之兩植潛蠅亞科系統樹(圖三及圖四)表現出極大的差異;這種現象反映出此亞科內高歧異的現況。與潛蠅亞科互相比較,顯然此亞科並不如潛蠅亞科所具有之科內高一一致性。許多較長的分支都分布於樹型末端之分類群,顯示有不少高度特化的屬在進化過程中產生。植潛蠅亞科其範圍及界定的分類適切性值得再作考量。然而以 *Agromyza* 為外群所構建的系統樹,似乎與雄蟲外生殖器或幼蟲咽喉骨資料之結果有較高的相容性。

(3) 若指定 *Phytobia* 屬之特徵狀態為原始性

狀，可得整個科（20 個屬）之系統關係圖（圖五）；此系統樹明顯出現一無法解析之多分歧集團（共包含 6 個植潛蠅亞科的屬）；值得注意的是，此圖同樣亦出現類似兩亞科平行進化的趨勢（*Agromyza*、*Tropicomyia*（潛蠅亞科）與 *Calycomyza*、*Cerodontha* 及 *Metopomyza*（植潛蠅亞科））。再次顯示潛蠅科高階分類仍存在許多的疑點；特別如亞科及屬群的界定等。

(4) 將選取的形態特徵於系統樹中標出，用以說明各別特徵的形態進化情況；但結果中幾乎沒有一個特徵轉變能完整表達樹型圖的資訊，這種情況除了代表此科之複雜進化路徑外，也說明分類上使用多重特徵的必要性。

（二）台灣產花天牛亞科之研究

詳細整理台灣花天牛亞科名錄（110 種及 15 未描述種，一新記錄屬）及食性和訪花植物記錄，其中取食地衣及樹液的食性頗為特殊，歷來相關的花天牛食性研究報告未曾記錄，具此特別食性的花天牛在本亞科中屬於較原始的類群。Chou *et al.* (1998) 曾描述 2 種產於臺灣高海拔地區的姬花天牛，其後陸續在不同的高海山區亦發現數種未描述種，顯示高海拔地區應該仍有為數不少的種類尚待發現。一般學者認為臺灣姬花天牛的由來，乃自中國大陸東北經由朝鮮半島及日本列島的南北向生物傳播通道而來(Hayashi, 1968, 1969, 1971, 1972; Kuboki, 1981)，近年來由於中國大陸四川、雲南及越南北部種類的發現(Saito, 1995; Kuboki, 2001)，及研究人員在貴州、廣西等地亦證實了姬花天牛的分佈，種種證據顯示臺灣姬花天牛源自中國大陸東北的推論是不太合理的，臺灣姬花天牛祖先極有可能來自中國大陸西南方，經由貴州、廣西、福建等路徑傳播而來，即 Shen(1997)所提的東西向生物傳播通道。

四、計畫成果自評

潛蠅科昆蟲種類繁多，傳統分類學描述及記錄的工作並非短時間內可以完備，目前雖已初步建立屬級親緣關係，然常態與持續的進行採集、標本檢查與分析有其絕

對的必要性，我們無法排除在更詳盡種類研究後系統關係更動的可能性。本研究在形態與鑑別方面的研究，在應用實務上將來可直接用在解決害蟲防治上區辨近似種的問題。在幾何形態測量學之開發應用方面，本研究已針對傳統形態部份將成果直接在應用層次上獲得初步的實踐。然而，關於形態測量學之理論及方法；自我評估對此新領域的基礎開發及研究上仍嫌不足，對其與系統學之配合研究方面離完整建立仍有一段距離；不管在理論與實用層面將來應嘗試持續與數學、統計或其他生物學領域等跨學門之國內外學者作更密切的合作。

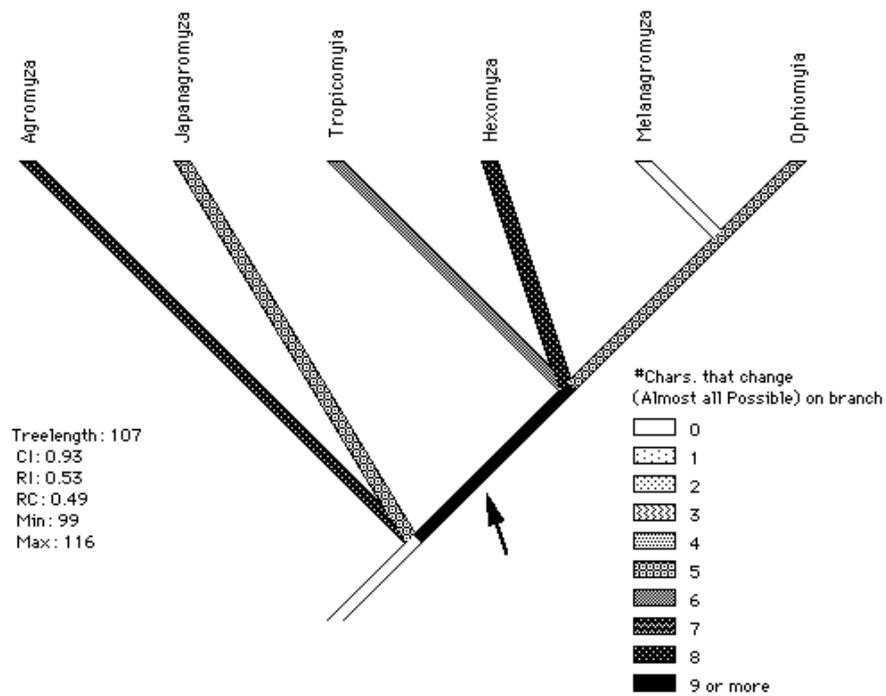
台灣產花天牛亞科之形態分類研究已累積了相當的基礎與經驗，文獻與材料相當豐富；將來以傳統分類為主，輔以顯微構造之利用；如果長期累積資料及經驗，定可逐步深入探討其類緣關係、地理分布及進化過程。往後將朝向多元的方向發展，尋找更多分類特徵的資料來分析天牛科的類緣關係，以期重建合理完整的分類系統。姬花天牛的動物地理學也因為鄰近地區種類的陸續發現，將可建立較以往為合理的散佈

五、主要參考文獻

- 大林延夫、佐藤正孝、小島圭三 編。1992。日本產 檢索圖說。東海大學出版會，東京。696 頁。
- 王喬。1986。天牛科的起源探討。西南農業大學學報 27: 52-58。
- 林匡夫。1985。台灣 生物地理概說。關西自然科學 35: 5-6。
- 周文一。1995。台灣姬花天牛屬之分類。台大植物病蟲害學研究所碩士論文。218 頁。
- 周文一。1997。臺灣的花天牛亞科(鞘翅目：天牛科)。中國昆蟲學會第六次全國代表大會暨學術討論會論文摘要集：95。
- 周文一。1998。認識臺灣的天牛。臺灣博

- 物 57 : 48-60。
- 蕭旭峰、吳文哲。1998。生物形狀的科學：淺談幾何形態測量學之發展與應用。科學月刊 29(8): 624-633。
- Chou, W. I., T. C. Hsu, and P. S. Yang. 1998. Studies on the Cerambycidae of Taiwan and adjacent regions I. Two new lepturine species of the genus *Pidonia* Mulsant (Coleoptera, Cerambycidae) from central Taiwan. *Elytra* 26: 433-443.
- Farris, J. S. 1970. Methods of computing Wagner trees. *Syst. Zool.* 19: 83-92.
- Fitch, W. M. 1971. Toward defining the course of evolution: minimum change for a specific tree topology. *Syst. Zool.* 20: 406-416.
- Hayashi, M. 1968. A monographic study of the lepturine genus *Pidonia* Mulsant (1863) with special reference to the ecological distribution and phylogenetical relation. *Bull. Saka Jonan Women's Jr. Coll.* 3: 1-61, 10 Pls.
- Hayashi, M. 1969. A monographic study of the lepturine genus *Pidonia* Mulsant (1863) with special reference to the ecological distribution and phylogenetical relation. Part II. *Bull. Saka Jonan Women's Jr. Coll.* 4: 69-111.
- Hayashi, M. 1971. A monographic study of the lepturine genus *Pidonia* Mulsant (1863) with special reference to the ecological distribution and phylogenetical relation. Part III. *Bull. Saka Jonan Women's Jr. Coll.* 6: 53-92, 17 Pls.
- Hayashi, M. 1972. A monographic study of the lepturine genus *Pidonia* Mulsant (1863) with special reference to the ecological distribution and phylogenetical relation. Part IV. *Bull. Saka Jonan Women's Jr. Coll.* 7: 57-94.
- Holzschuh, C. 1991a. 33 neue Bockkäfer aus der palaearktischen und orientalischen region (Coleoptera, Cerambycidae). *Forstl. Bundesversuchsanst. Ber., Wien* 51: 5-34.
- Holzschuh, C. 1991b. 63 neue Bockkäfer aus Asien, vorwiegend aus China, Thailand und Vietnam (Coleoptera, Cerambycidae). *Forstl. Bundesversuchsanst. Ber., Wien* 69: 5-63.
- Holzschuh, C. 1992. 57 neue Bockkäfer aus Asien, vorwiegend aus China, Thailand und Vietnam (Coleoptera, Cerambycidae). *Forstl. Bundesversuchsanst. Ber., Wien* 69: 5-63.
- Kuboki, M. 1981. Study on the lepturine genus *Pidonia* Mulsant. *Kontyû* 49: 525-541.
- Kuboki, M. 2001. Notes on three species of *Pidonia* (Coleoptera: Cerambycidae) from Vietnam, with descriptions of two new species. *Spec. Publ. Japan Coleopt. Soc. Osaka.* 1: 157-162.
- Maddison, D. R., D. L. Swofford, and W. P. Maddison. 1997. Nexus: an extensible file format for systematic information. *Syst. Biol.* 46(4): 590-621.
- Maddison, W. P., and D. R. Maddison. 1997. *MacClade: Analysis of phylogeny and character evolution, version 3.07.* Sinauer, Sunderland, Massachusetts.
- Margush, T., and F. R. McMorris. 1981. Consensus n-trees. *Bull. Math. Biol.* 43: 239-244.
- Saito, A. 1995. Cerambycid beetles (Coleoptera, Cerambycidae) from North Vietnam. *Elytra* 23: 159-165.
- Shen, C. F. 1997. The biogeography of Taiwan: 2. Some preliminary thoughts and studies. *Ann. Taiwan. Mus.* 40: 361-450 (in Chinese).
- Shiao, S. F. 2000. Notes on the theory and methods of superimposition morphometrics. *Chinese Bioscience* 43: 61-67 (in Chinese).
- Shiao, S. F., and W. J. Wu. 1989a. Four new records of *Liriomyza* leaf-miners (Diptera: Agromyzidae) from Taiwan. *J. Taiwan Mus.* 42: 15-23.
- Shiao, S. F., and W. J. Wu. 1989b. Taxonomic studies on *Liriomyza* leaf-miner pests from Taiwan. *Chinese J. Entomol.* 9: 302. (Abstract, 1989

- Entomological Society of the Republic of China, Annual meeting) (in Chinese)
- Shiao, S. F., and W. J. Wu. 1995a. A new *Liriomyza* species from Taiwan (Diptera: Agromyzidae). Pan-Pacific Entomol. 71: 161-168.
- Shiao, S. F., and W. J. Wu. 1995b. Reconstructing the phylogeny of agromyzid genera (Diptera) by morphometric analysis on larval pharyngeal sclerites. (Abstract, 1995 Entomological Society of America, Annual meeting, Las Vegas, Nevada)
- Shiao, S. F., and W. J. Wu. 1995c. Morphological evolution in Agromyzidae (Diptera). Chinese J. Entomol. 15: 371. (Abstract, 1995 Entomological Society of the Republic of China, Annual meeting) (in Chinese)
- Shiao, S. F., and W. J. Wu. 1996. Four new agromyzid species from Taiwan (Diptera: Agromyzidae). Trans. Am. Entomol. Soc. 122: 213-226.
- Shiao, S. F., and W. J. Wu. 1998. Ecology and control of the vegetable leafminer (*Liriomyza sativae*) (Diptera: Agromyzidae). Sci. Agric. 46(9, 10): 312-318 (in Chinese).
- Shiao, S. F., and W. J. Wu. 1999a. On applications of thin-plate spline methods in geometric morphometrics to cladistic studies. Proc. Symp. Insect Syst. Evol.: 155-173 (in Chinese).
- Shiao, S. F., and W. J. Wu. 1999b. Supplements to the species of Agromyzinae (Diptera: Agromyzidae) from Taiwan, with notes on three new records. Chinese J. Entomol. 19(4): 343-364.
- Shiao, S. F., and W. J. Wu. 2000. *Liriomyza huidobrensis* (Blanchard), a newly invaded pest species of economic importance (Diptera: Agromyzidae). Plant Protection Bulletin (Taiwan, R.O.C.) 42: 249-254.
- Shiao, S. F., F. J. Lin, and W. J. Wu. 1991. Redescription of four *Liriomyza* species (Diptera: Agromyzidae) from Taiwan. Chinese J. Entomol. 11: 65-74.
- Shiao, S. F., F. J. Lin, and W. J. Wu. 1993. Wing morphometrics and evolutionary hypothesis on *Liriomyza* species of Taiwan (Diptera: Agromyzidae). Chinese J. Entomol. 14(1): 132. (Abstract, 1993 Entomological Society of the Republic of China, Annual meeting) (in Chinese)
- Shiao, S. F., F. J. Lin, and W. J. Wu. 1994. Evaluation of morphological characters on *Liriomyza* species (Diptera: Agromyzidae) from Taiwan. (Abstracts, 3rd Internat. Congr. Dipterology, Guelph, Canada, 1994)
- Swofford, D. L. 1993. PAUP: Phylogenetic analysis using parsimony, version 3.1.1. Illinois Natural History Survey, Champaign.



圖一、潛蠅亞科(Agromyzinae)系統樹。箭頭所指表此亞科中特徵之較大轉變處；本圖為

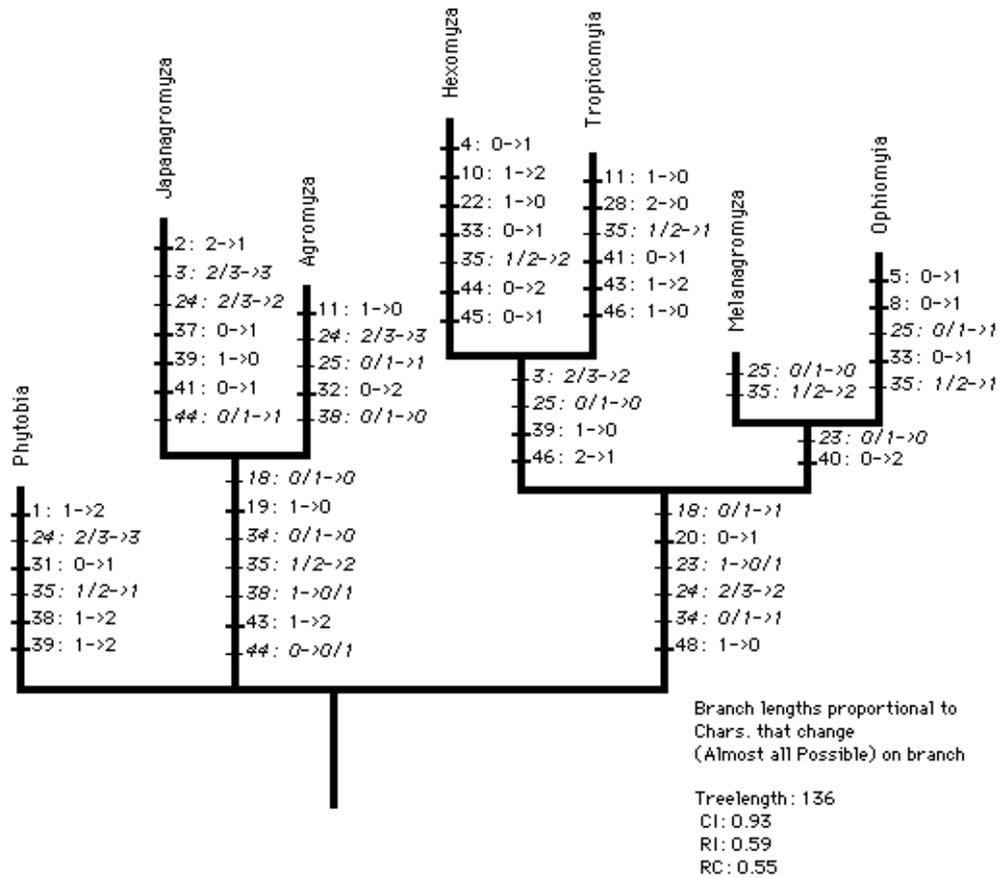
2 同等儉約樹之多數公決共同樹，主要公決樹指數為：

Mickevich's Consensus Index = 0.5

Schuh-Farris levels sum = 0.7

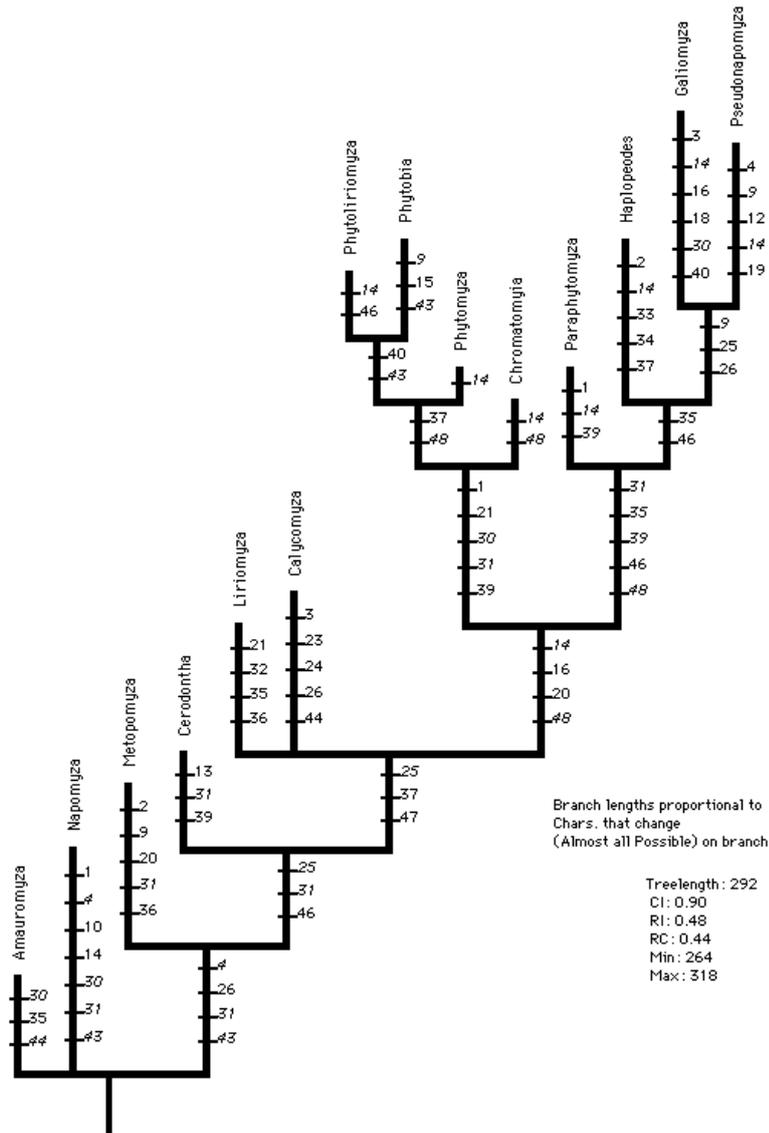
Rohlf's CI(1) = 0.667

Fig. 1. Phylogenetic tree of Agromyzinae. Arrow shows the branch with most character changes. This is the consensus tree from two equally parsimonious trees.



圖二、以 *Phytobia* 屬為外群重新構建所得最儉約之潛蠅亞科系統樹。各分支長度反映特徵變化的多寡，並標明各分支上之特徵編號及特徵狀態改變。

Fig. 2. The phylogenetic tree of Agromyzinae which reconstructed by using outgroup of genus *Phytobia*. Branch lengths represent the amount of character changes, and the numbers and states of changing characters are noted on each branch.



圖三、植潛蠅亞科(Phytomyzinae)系統樹。各分支上的數字表變化狀態之特徵編號；本

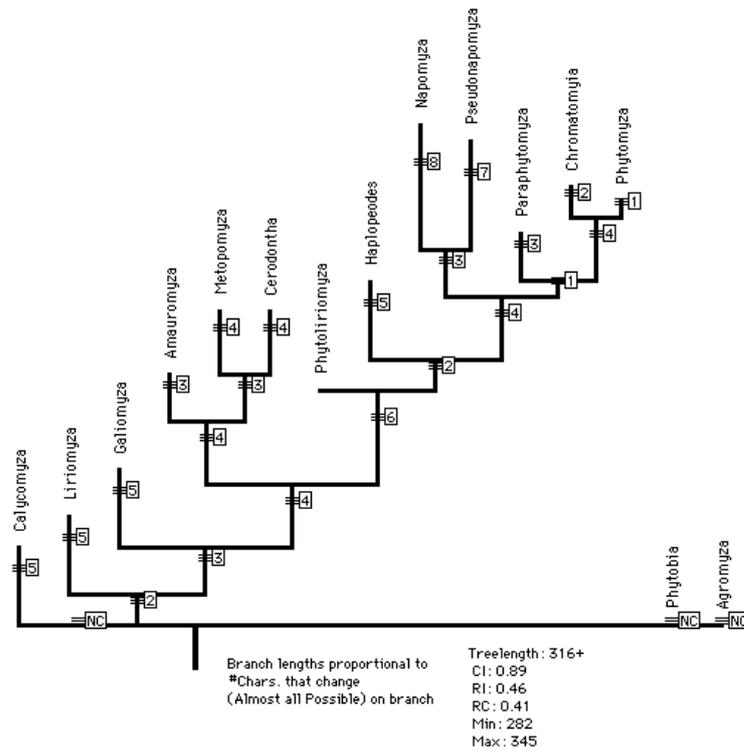
圖為 19 個同等儉約樹多數公決法所得之公同樹；主要公同樹指數為：

Mickevich's Consensus Index = 0.639

Schuh-Farris levels sum = 0.748

Rohlf's CI(1) = 0.860。

Fig. 3. Phylogenetic tree of Phytomyzinae. The number of changing characters are noted on each branch. This is the consensus tree from 19 equally parsimonious trees.



圖四、以 *Agromyza* 屬為外群重新構建植潛蠅亞科系統樹。各分支方格內數字表轉變之

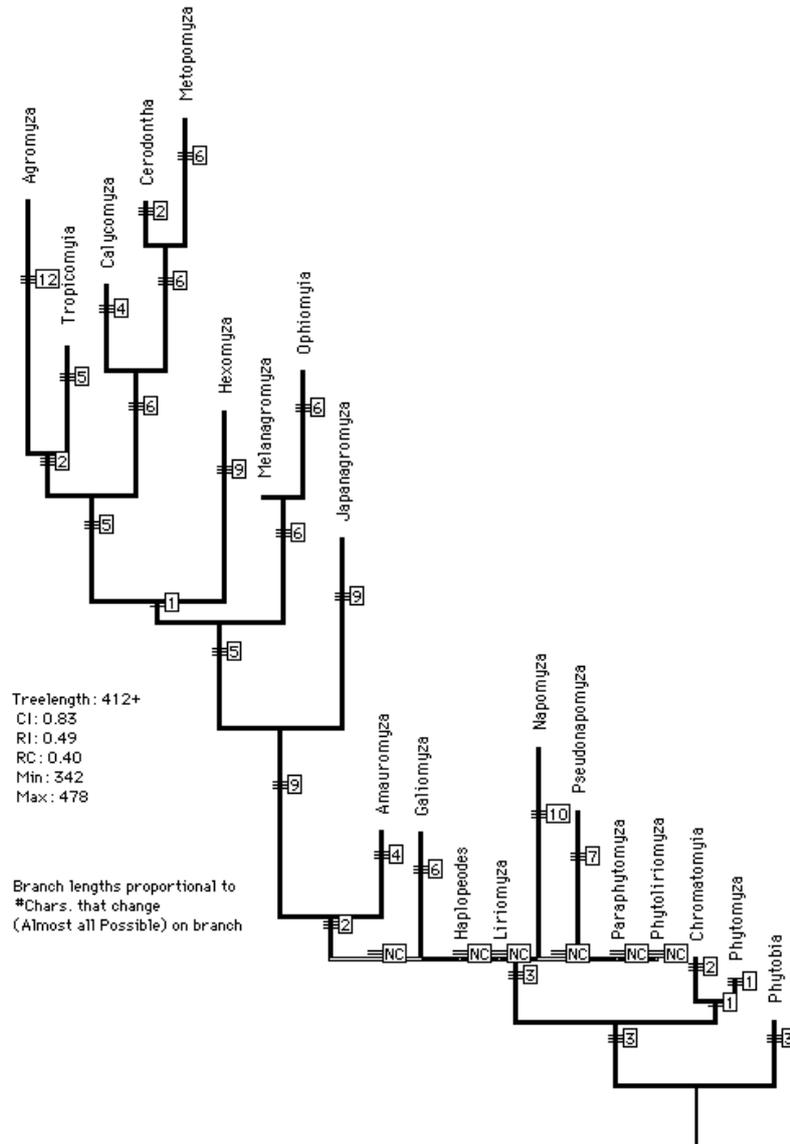
特徵數量；本圖為多數公決法所得之公同樹，主要公同樹指數為：

Mickevich's Consensus Index = 0.762

Schuh-Farris levels sum = 0.821

Rohlf's CI(1) = 1.000。

Fig. 4. The phylogenetic tree of Phytomyzinae which reconstructed by using outgroup of genus *Agromyza*. Numbers in squares indicate how many characters were changed in that branch.



圖五、指定 *Phytobia* 屬為祖先型所構建之潛蠅科 20 屬之系統樹。各分支方格內數字表轉變之特徵數量；本圖之公同樹指數分別為：

Mickevich's Consensus Index = 0.617

Schuh-Farris levels sum = 0.344

Rohlf's CI(1) = 0.550。

Fig. 5. The phylogenetic tree of Agromyzidae which was reconstructed by using outgroup of genus *Phytobia*. Numbers in squares indicate how many characters were changed in that branch.