

蕎麥的遺傳與演化

相對於其他穀類作物，蕎麥被認為是利用價值不高的作物，蕎麥種子的產量低且不穩定，因此只在部分的國家具有經濟價值。但蕎麥在世界上許多國家卻都有進行栽培，主要是因為蕎麥在不良的環境底下可進行栽培，生長期短可快速收穫，且病蟲害少故栽培成本低，近年來因其含有芸香苷等成分，日益受到消費者的重視。

蕎麥為蓼科(Polygonaceae)蕎麥屬(*Fagopyrum*)，主要有2個栽培種，一為普通蕎麥(*F. esculentum* Moench)主要栽培區域為中國、日本、東南亞、東印度、加拿大、美國及歐洲等；另一韃靼蕎麥(*F. tataricum* Gaert.)栽培區域為西伯利亞、中國東北、中國南部、蒙古、印度及南、北韓等。因為韃靼蕎麥具有苦味，又被稱為「苦蕎」，相對於苦蕎，普通蕎麥則被稱為「甜蕎」。蕎麥栽培種為二倍體，染色體數為 $2n=16(x=8)$ ，也有四倍體栽培種($2n=32$)，如「宮崎大粒」即為四倍體之大粒種蕎麥，其係由二倍體蕎麥以秋水仙鹼(colchicine)處理使染色體倍加而育成之品種。除了兩個栽培種外，另外有野生種蕎麥(*F. homotropicum* Ohnishi及*F. cymosum* Meisn)等，蕎麥野生種被視為蕎麥改良的重要遺傳資源。

普通蕎麥的起源與演化

普通蕎麥現在廣泛栽培於世界各地，

早先認為起源於西伯利亞(Siberia)的阿默爾河(Amur River)，然而此說無法完全確定普通蕎麥祖先種的正確起源位置。早期報告顯示，一般認為普通蕎麥及韃靼蕎麥的祖先種為野生常年種蕎麥(*F. cymosum* Meisn)，Kishima等針對普通蕎麥、韃靼蕎麥及野生常年種蕎麥，以6種限制酵素進行葉綠體DNA(ctDNA)偵測分析，發現普通蕎麥與另外兩者的親緣關係較遠，所以排除野生常年種為普通蕎麥的祖先種之假設(圖1)。Ohnishi於中國雲南省發現普通蕎麥野生種，因為其形態與普通蕎麥栽培種非常相似，且可與普通蕎麥栽培種相互雜交，所以將其命名為祖先種蕎麥(*F. esculentum* ssp. *Ancestrale*)。祖先種蕎麥與栽培種蕎麥兩者植物性狀不同的地方，為祖先種蕎麥的種子與花較栽培種小，且種子具有易落粒性及強休眠性等野生種特性；除此之外，其生長期亦比栽培種長，因此推論其為真正的普通蕎麥祖先種。Ohnishi針對其在中國及喜馬拉雅山域等地區所發現並收集的普通蕎麥種原，進行分布地區整理並進行研究，發現除了*F. tataricum* ssp. *potanini*、*F. gracilipes*及*F. cymosum*(4X)外，其餘野生種分布的區域都集中於中國南部的雲南及四川等地區，顯示該區域蕎麥的種原非常豐富，因此Ohnishi認為普通蕎麥的起源為中國雲南省西北地區。

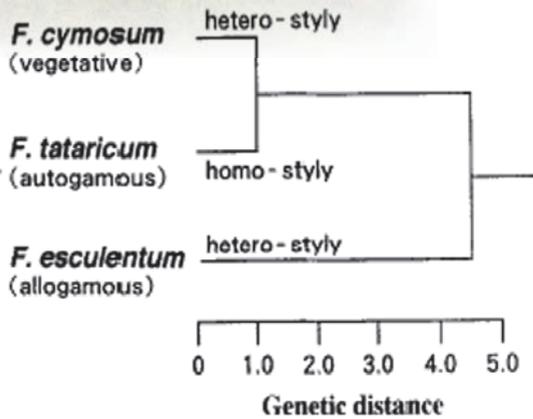


圖1 由限制酶片段分析三種蕎麥的親緣關係。*F. cymosum*:為金蕎麥，*F. tataricum*:為韃靼蕎麥，*F. esculentum*:為普通蕎麥。
(資料來源：Kishima et al., 1995)

普通蕎麥族群的遺傳變異

除了在中國外，在亞洲其他國家如日本、韓國及尼泊爾等都有進行普通蕎麥栽培，因此，Ohnishi針對所收集的中國、日本及韓國等普通蕎麥進行調查，其針對所有收集的蕎麥族群，分析含有12個等位酵素的19個基因座之多型性，發現在各族群的多型性基因座之對偶基因頻度並沒有很大的變化。此外，在利用族群間對偶基因的頻度來建構每對族群的遺傳距離，可發現亞洲各國的蕎麥族群，大部分有著相似的遺傳結構。我們所知普通蕎麥是具有自交不親和性之異交作物，主要為利用昆蟲為媒介交換著花粉，因此其遷移率是非常大的，在村莊或城市中利用花粉的傳播，或是隨著人類的引種或交換種子的行為而傳播到其他國家，因此可推論亞洲地區的蕎麥遺傳族群是相似的原因。但在其中發現日本的蕎麥族群與中國北方的蕎麥族群之間遺傳距離，較日本與中國南方的遺傳距離稍為大一些，普通蕎麥可能由中國南部傳入韓國及日本。

韃靼蕎麥起源與演化

野生韃靼蕎麥 *F. tataricum* ssp. *potanini* Batalin 主要分布於中國南部山區、西藏及巴基斯坦等地方。為探討韃靼蕎麥的起源，Tsuji等利用於四川、雲南、西藏及巴基斯坦等地方所收集的栽培種、野生種及雜草種進行研究，在其研究結果之系統圖中，韃靼蕎麥有3個主要的群集，第一群為所有的栽培地方種以及來自西藏中部及巴基斯坦北部的野生亞種，第二群為雲南西北部的野生亞種，第三群為來自四川及雲南的野生亞種，其中代號32及33的雜草型種屬於第一群，另外代號為34的雜草型種屬於第三群(圖2)。在自然的族群中，來自四川及雲南西北部比西藏中部及巴基斯坦北部的族群有更多的變異，其為利用RAPD標誌來估計多型性條帶，該地區的部分地方種及野生種有特殊的條帶，但栽培種並沒有，所以在雲南西北部及四川地區的韃靼蕎麥的種原歧異度較高，較有可能為韃靼蕎麥的起源地。

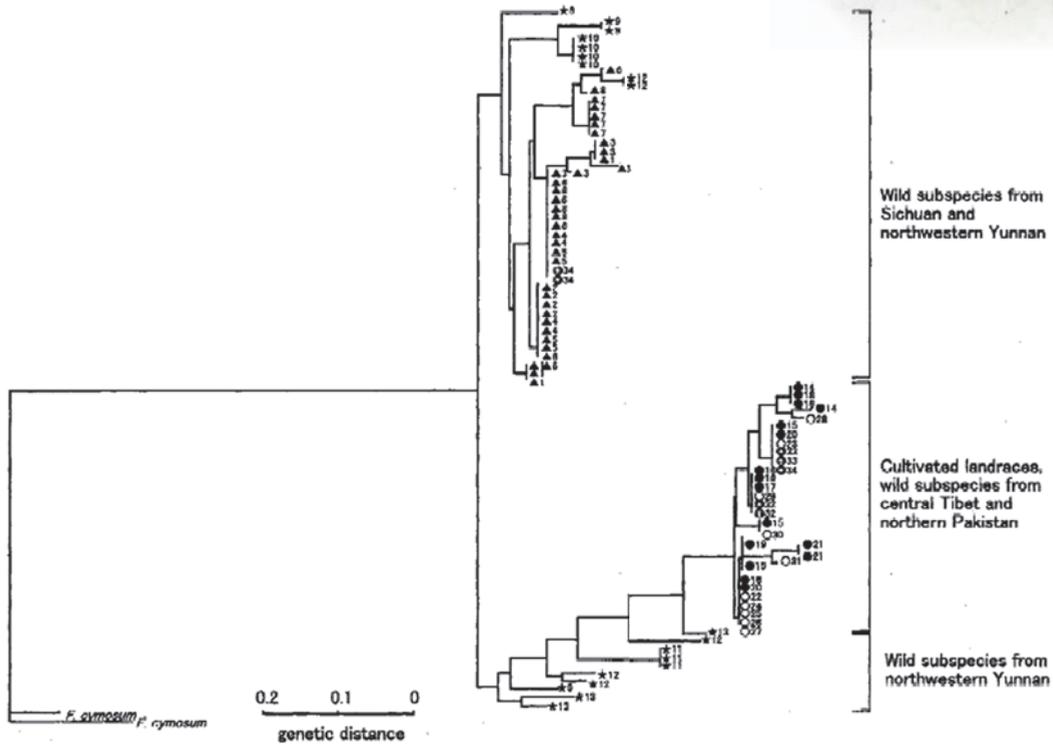


圖2 以RAPD分子標誌分析多個蕎麥種原的親緣關係。
 ○：栽培的地方品種；●：西藏中部和巴基斯坦北部的野生亞種；
 ▲：四川的野生亞種；★：雲南西北部的野生亞種；◎：雜草型。

(資料來源：Tsuji *et al.*, 2000)

結論

中國南部雲南省及四川省等地區發現豐富的蕎麥種原，而且發現了普通蕎麥的祖先種，利用分子標誌技術建立各個種原之間的遺傳距離，了解蕎麥種原之間的歧異度及親緣關係，可確定中國南部地區為普通蕎麥及韃韃蕎麥等蕎麥栽培種的起源中心，並從此處傳播到鄰近地區、其他亞洲國家甚至於全

世界各地。起源中心富含種原資源，利用蕎麥遺傳歧異度的研究，可了解蕎麥的起源、分佈及傳播，並掌握野生種的遺傳特性，這對改良蕎麥品種產量低及不穩定等特性有很大的幫助。