



藜麥 遺傳歧異度

文獻回顧與探討

文 / 圖 黃子芸

前言

藜麥(*Chenopodium quinoa* Willd.)，俗稱印地安麥、奎藜、灰米，原產於南美洲安地斯山脈地區，已有數千年的栽培歷史，栽培範圍從北緯20度至南緯40度，沿海地區至海拔4,000公尺，適應性廣泛。藜麥為異質四元體($2n=4x=36$)，為常異交作物，雜交率5-25%，主要產地為玻利維亞、秘魯及厄瓜多，在美國、歐洲及印度等國家，則為貧瘠土地之替代作物。其穀粒有良好的碳水化合物、脂質及蛋白質含量組成，蛋白質含量較其他主要穀物高，介於7.5%~22.1% (Tapia et al., 1979)。

的的喀喀湖(玻利維亞及秘魯交界區域)被認為是藜麥的起源中心(Christensen et al., 2007)，對於世界各地藜麥收集系(accession)的遺傳歧異度與族群結構已有許多研究(Wilson, 1988b; Mason et al., 2005; Christensen et

al., 2007; Fuentes et al., 2009; Tartara et al., 2012)，透過評估收集系的遺傳歧異度，可協助監測收集系間自然或人為(如：天然雜交、品種混雜)造成的遺傳改變、建立核心種原、瞭解種原間的親緣關係，有助於擬定種原保存策略或作為育種材料利用。藜麥依其植物性狀及起源環境，可分為5個主要生態系統：Valley(分布於哥倫比亞、厄瓜多及秘魯)、Altiplano(分布於秘魯北邊高原及玻利維亞)、Salares(分布於鹽沼或玻利維亞南邊高原、智利及阿根廷一帶)、Coastal(沿海地區及智利中南部)及



圖1. 藜麥植株



Yunga(分布於玻利維亞)。5個生態系統之雨量、氣溫及海拔各不相同，環境差異極大，因而衍生出適應各個環境之不同性狀的藜麥。其研究方法從一開始的外表型判別，到後來廣泛使用的分子標誌，應用於藜麥之分子標誌方法包含隨機增幅多型性DNA(Random amplified polymorphic DNA, RAPD)、簡單重複序列(Simple sequence repeat, SSR)、增幅片段長度多型性(Amplified fragment length polymorphism, AFLP)及單一核苷酸差異多型性(Single nucleotide polymorphism, SNP)等，其中SSR分子標誌因廣泛存在於生物DNA序列中，並具有穩定性高、共顯性遺傳等優點，能提供較多的資訊量，應用較為廣泛。本文彙整3篇運用SSR分子標誌之藜麥文獻(Christensen et al., 2007; Fuentes et al., 2009; Tartara et al., 2012)，探討其分析方法、評估指標及遺傳歧異度，提供同屬藜科作物的臺灣藜未來試驗研究之參考。

分子標誌資訊量之評估

遺傳歧異度常以異質結合率(heterozygosity)及對偶基因數目為參數，可作為評估分子標誌提供資訊的多寡。Christensen等人(2007)自美國農業部及國際馬鈴薯中心取得150個分布於秘魯、玻利維亞、厄瓜多、阿根廷及智利等地之藜麥收集系，DNA採樣方式以每收集系3單株混合備製，以36個SSR分子

標誌進行遺傳歧異度分析，找到420個對偶基因，收集系之對偶基因數目介於3至27個，平均為12個，異質結合率介於0.45~0.92，平均為0.75。Fuentes等人(2009)以智利高原地區及海岸地區蒐集之種原為材料，分別取得28個及31個收集系，共計59個藜麥收集系。DNA採樣方式亦以每收集系3單株混合備製，以20個SSR分子標誌進行分析，找到150個對偶基因，收集系之對偶基因數目介於2至20個，平均為7.5個，異質結合率介於0.07~0.9，平均為0.65。Tartara等人(2012)以阿根廷西北部蒐集之35個收集系為材料，每收集系各採樣10單株備製DNA，以22個SSR分子標誌進行分析，找到354個對偶基因，收集系之對偶基因數目介於6至29個，平均為16個，異質結合率介於0.58~0.93，平均為0.82(表1)。

依照Ott(1992)的說法，異質結合率大於0.1，分子標誌即具有多型性；大於0.7時為高度多型性分子標誌；Christensen等人及Tartara等人使用之分子標誌皆具有高度多型性，而異質結合率及對偶基因數目之大小可能與使用的收集系數目、收集系來源、分子標誌類型數目及試驗方法(如：DNA取樣數目、電泳方式)等有關。一般來說，試驗材料的遺傳歧異度越廣，包含的基因型越多，異質結合率及對偶基因數目越高；使用不同的分子標誌，也會有些許的差異，具共顯性遺傳較顯性遺傳的分子標



表1. 藜麥相關文獻材料方法與結果比較

| | Christensen et al. (2007) | Fuentes et al. (2009) | Tartara et al.(2012) |
|------------|---------------------------|-----------------------|----------------------|
| 收集系數目 | 150 | 59 | 35 |
| 分子標誌數目 | 36 | 20 | 22 |
| DNA備製之採樣方法 | 3單株混合 | 3單株混合 | 10單株 |
| 對偶基因數目 | 420 | 150 | 354 |
| 平均對偶基因數目 | 12 | 7.5 | 16 |

誌能提供更多的資訊。文獻指出，篩選異質結合率較高的分子標誌，有助於參數的提升；在DNA取樣數目方面，每收集系採樣數目越多，涵蓋的遺傳背景較大，得到的資訊量也越多，而使用解析度較高的電泳方式，能區別大小差異不大的片段，得到更多的資訊量。由統整3篇文獻的試驗材料及方法顯示，採用150個收集系數目及36個分子標誌的試驗，得到了最多的對偶基因數目，但其平均對偶基因數目反而較採用35個收集系數目及22個分子標誌的試驗低，推測是由於DNA備製之採樣方法不同造成之結果。再由單向因子來看，3篇文獻中皆採用了相同的分子標誌共7個，其所得到的平均對偶基因數目分別為20.1、11.1及15.3；而第1及第3篇文獻共用的收集系計有4個，其結果所得到的對偶基因數目分別為162及254個，由此更能看出採樣數目對參數大小的影響。

親緣分析

集群分析(cluster analysis)及主成分分析(principal component analysis)為遺

傳歧異度常用之分析方法，用來探討收集系間之分群關係。集群分析是以不同的集群演算法將n個對象逐步融合成為單一的群，並以樹狀圖表示各群之間的距離，3篇文獻中皆使用非加權平均法UPGMA(Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean)，其為常用的演算法之一。主成分分析能降低龐大的樣本組成的資料矩陣之維度，並保留數據對變異數貢獻最大的特徵值，選擇貢獻度最大的特徵向量作為第一維度，第二貢獻度的作為第二維度，藉此得到樣本分布於平面座標的關係圖，以觀察樣本之間的相關性。兩者相比，集群分析是將遺傳距離圖像化來表示收集系之親緣關係，資訊量較完整；主成分分析則是去除解釋力較小的部分，著重於前解釋力最佳的兩至三個成分，加強相對關係之呈現。

3篇文獻中皆使用了集群分析或主成分分析來觀察收集系間的親緣關係，依Christensen 等人(2007)之研究，大致將150個收集系依地區分為高原及海岸兩

群，高原地區的主要包含源於秘魯、玻利維亞、厄瓜多及阿根廷等地之收集系，高原區可再粗略分為北部高原(秘魯、厄瓜多)及南部高原(玻利維亞、阿根廷)兩群，其中部分秘魯與玻利維亞之收集系有交錯分布之情況，推斷可能為兩國交界處地理環境相近之緣故；海岸地區則以智利收集系為主。Fuentes等人(2009)以智利高原地區及海岸地區之59個收集系為材料，可依地區分為兩群。另外，原本預期高原地區收集系因源自鄰近玻利維亞區域，應較海岸地區收集系有較高的遺傳歧異度，惟結果卻與之相悖，推斷可能為高原地區地理封閉或商

業生產導致栽培品種趨於單一。Tartara等人(2012)僅以阿根廷西北部收集系為材料，代表性雖稍嫌不足，但該區域分布於安地斯山脈最南端，有研究上之重要性。此區域之種原具有高遺傳歧異度，可依西部至東部之四個不同地理生態區分為四群，其遺傳歧異度則依西部向東部遞減，推斷為西部環境較為多樣且極端之緣故。特有對偶基因(private allele)是僅於某收集系中才能偵測到的對偶基因，在分布於西部之收集系較東部能發現更多的特有對偶基因，可能與作物為適應極端環境有關。

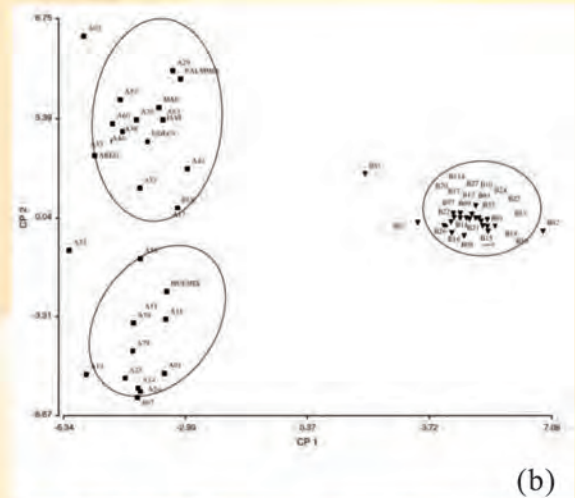
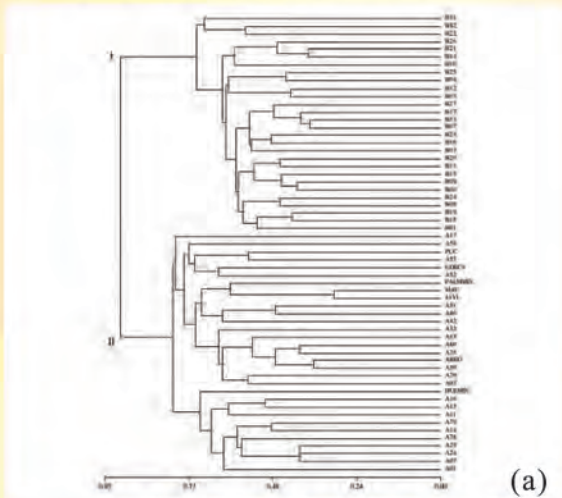


圖2. 智利59個藜麥種原(a)集群分析支序圖及(b)主成分分析圖(Fuentes et al., 2009)

結語

收集系數目、取樣大小、起源、分子標誌種類與數目等，皆會影響遺傳歧異度參數結果。而收集系的繁殖系統、起源環境、天然雜交、當地耕種習慣亦為影響歧異度的重要因子。藉由評估遺

傳歧異度，可幫助監控地區種原遺傳歧異度之變化、釐清種原間之遺傳特性，或發掘不同特性的收集系，可做為因應未來極端氣候變異區域性選種及育種親本選擇之依據。