



藜屬種原遺傳歧異度之研究

文 / 圖 黃子芸

前言

臺灣藜 (*Chenopodium formosanum* Koidz.) 俗稱紅藜或赤藜，是臺灣原生種植物，在植物分類上屬莧科 (Amaranthaceae) 藜亞科 (Chenopodioideae) 藜屬，與原住民族傳統文化及歲時祭儀息息相關，為部落重要經濟作物。臺灣藜現有栽培品種多為各部落流傳下來之地方品系，因年代久遠，品系多混雜，且相關之遺傳與育種等研究甚少。本研究將臺灣藜與其他藜屬種原族群結構分析，探討不同地區藜屬種原之遺傳歧異度，供未來育種利用與種原保存策略之參考。

藜屬種原族群結構

本場於臺東縣、花蓮縣及屏東縣等地蒐集之臺灣藜地方品系，經初步性狀調查及純化後之39個種原，及自行政院農業委員會農業試驗所作物種原中心 (National Plant Genetic Resources Center, NPGRC) 申請之 *Chenopodium berlandieri nuttaliae* 種原 PI 568155 及藜麥 (*Chenopodium quinoa* Willd.) 種原 PI478414，共計41個種原為材料，進行族群結構之研究。研究方法以雙限制酶切位點標定法 (double digest Restriction Associated DNA sequencing, ddRAD) 建立定序圖書庫，篩選出1,046個具多型性的

基因座進行族群結構分析，其中種原代號98T011因定序量不足，不納入後續的分析。

結果顯示，臺灣藜種原與取自作物種原中心之藜屬種原 (PI568155、PI478414) 分開呈兩群 (圖1)，第一個次族群包含38個種原，皆為本場保存之臺灣藜種原，其中98T016-1、98T018-1及98T020等3個種原帶有第二個次族群之遺傳背景；第二個次族群包含2個種原，為取自作物種原中心之 PI568155 及 PI478414。

臺灣藜種原族群結構

為釐清臺灣藜之族群結構，排除取自作物種原中心之兩個種原，再進行族群結構分析，結果顯示 (如圖2)，第一個次族群包含1個種原，為蒐集自臺東縣海端鄉的98T020。第二個次族群包含22個種原，其中3個蒐集自花蓮縣吉安鄉 (98T003-1、98T003-2及98T003-3)，1個為蒐集自花蓮縣壽豐鄉的98T004，其餘18個皆蒐集自屏東縣瑪家鄉 (98T013-1、98T013-2、98T013-3、98T014-1、98T014-2、98T014-3、98T015-1、98T015-2、98T015-3、98T016-1、98T016-2、98T016-3、98T017-1、98T017-2、98T017-3、98T018-1、

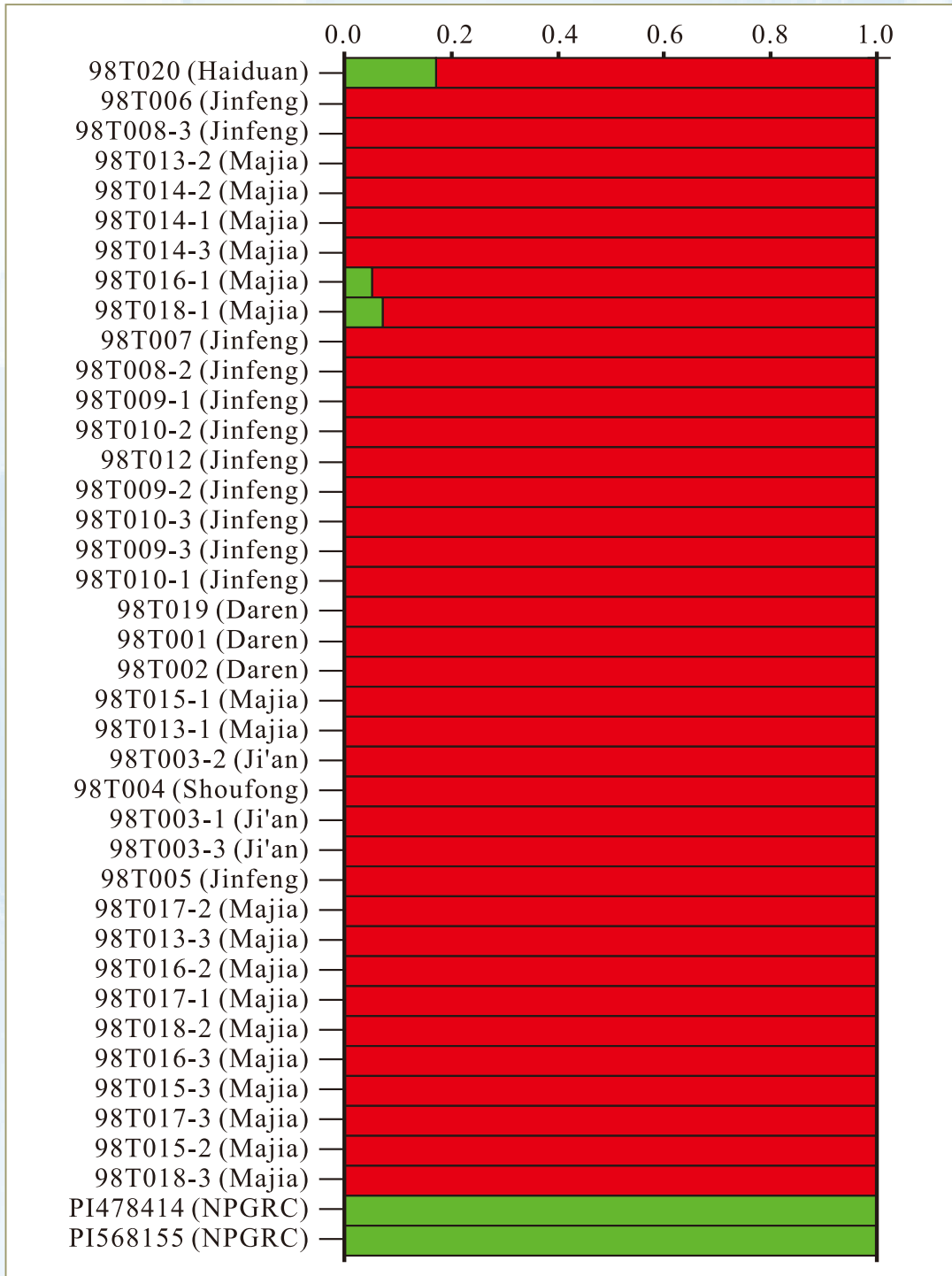


圖1. 40個藜屬種原分群結果。長方形區塊中，與X軸平行之每一橫條代表一個種原，橫條內不同顏色表示不同次族群遺傳背景，紅色代表第一個次族群，綠色代表第二個次族群，X軸為不同次族群遺傳背景比例，範圍為0~1。

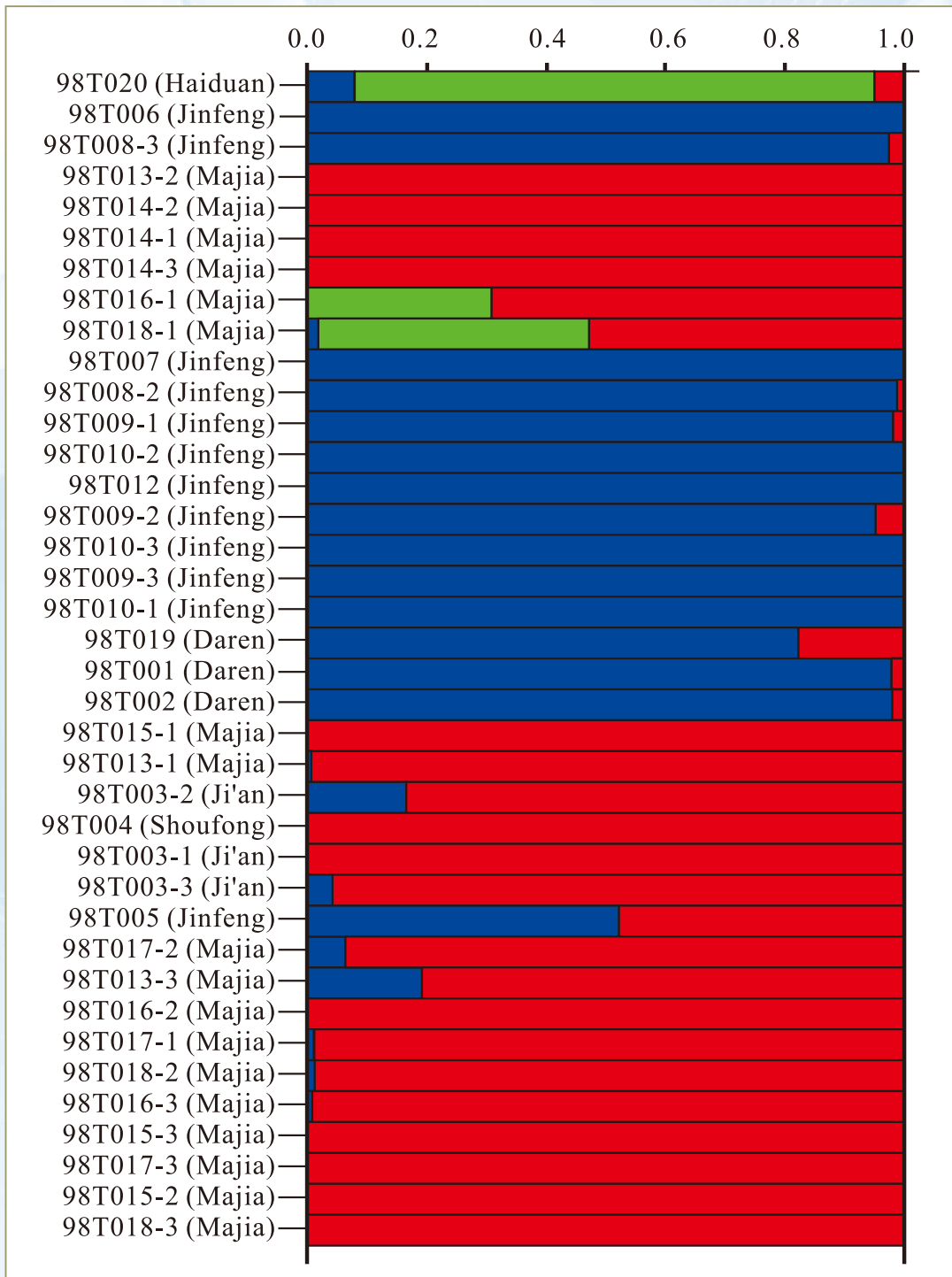


圖2. 臺灣藜種原分群結果。長方形區塊中，與X軸平行之每一橫條代表一個種原，橫條內不同顏色表示不同次族群遺傳背景，綠色代表第一個次族群，紅色代表第二個次族群，藍色代表第三個次族群。X軸為不同次族群遺傳背景比例，範圍為0~1。



98T018-2及98T018-3)。第三個次族群包含15個種原，其中3個蒐集自臺東縣達仁鄉(98T001、98T002及98T019)，12個蒐集自臺東縣金峰鄉(98T005、98T006、98T007、98T008-2、98T008-3、98T009-1、98T009-2、98T009-3、98T010-1、98T010-2、98T010-3及98T012)。

臺灣藜種原可依蒐集地區分為臺東及屏東兩大群。屏東族群中，又可細分出蒐集自花蓮之種原。由本場農藝性狀調查資料，屏東地區種原有晚熟、穗長較長(平均85公分)之特性，花蓮地區種原為早熟，且穗長較短(平均65公分)，兩地區種原之外表型差異明顯，推測花蓮地區種原可能為當地演化之種原，或農民間之種原交換，引種自屏東地區後演化之種原，惟蒐集自花蓮地區之種原樣本數較小，難以明確釐清兩地區之間種原關係。而臺東地區之98T005、屏東地區之98T016-1及98T018-1，為帶有20%以上其他次族群的遺傳背景之混合型個體，推測為選種過程中，種原間自然雜交之結果，其中98T016-1及98T018-1可能為接觸到98T020種原花粉。而蒐集自臺東縣海端鄉之98T020種原，具株型直立、黑色籽實之獨特外表型，遺傳背景亦與其他臺灣藜種原差異較大，另成一群，推測應屬其他藜屬分類。

結語

本研究以39個臺灣藜種原、1個藜

麥種原及1個*C. berlandieri nuttaliae*種原，共41個種原為材料，使用雙限制酶切位點標定法建立定序圖書庫，篩選出1,046個具多型性的基因座供後續族群結構分析。試驗結果中，40個種原明顯可區分為臺灣藜種原及其他藜屬種原兩群，於排除藜麥及*C. berlandieri nuttaliae*後，僅以臺灣藜種原進行分析，才呈現出臺灣藜種原間之差異，顯示藜麥及*C. berlandieri nuttaliae*種原與臺灣藜種原間的遺傳背景差異極大，導致臺灣藜種原間之差異無法顯現。而在臺灣藜種原中，可依蒐集地區分為兩大群，株型直立、黑色籽實之98T020種原的遺傳背景與其他種原差異較大，另成一群，推測應屬其他藜屬分類。本結果有助於了解種原間的親緣關係，監測種原間自然雜交造成的遺傳改變，並可供未來育種利用與種原保存策略之參考。