

生物科技系大學部 104 學年生技專題製作資料整理組

利用 ISSR 技術探討三種中草藥之遺傳歧異度

資料整理學生：陳易廷、傅群雯

指導老師：高毓瑩老師

本篇報告蒐集以分子標誌法中的簡單重複序列間標誌 (intersimplesequence repeat, ISSR)和等位基因特異性之聚合酶鏈鎖反應(allele-specific polymerase chain reaction, AS-PCR)來作為中草藥基原遺傳多樣性與真偽鑑別的相關文獻。在遺傳多樣性中，使用了 ISSR 引子進行 PCR 試驗後，利用分子變方分析 (AMOVA)，分析阿里山十大功勞的族群間變方為 29% ( $p < 0.001$ )，族群內變方為 71% ( $p < 0.001$ )，而在青脆枝當中族群間的變方 27% ( $p < 0.001$ )，各地區之族群內變方成分 73% ( $p < 0.001$ )。顯示其主要遺傳變異來自於各地區族群內。就族群的遺傳變異矩陣與地理距離及海拔間所進行相關性測驗 (Mantel test) 之結果，並無顯著差異。而在真偽鑑定上，三種蒲公英屬基原與五種偽品基原分別使用了 ISSR 和 AS-PCR 鑑定。利用 ISSR 引子，經一次 PCR 增幅，即可分別產生 2-6 條不同長度核酸的電泳圖譜；5 種偽品基原 5.8S rRNA-ITS 序列之異同，設計 AS-PCR 的特異性引子，可增幅 4 種不同核酸片段，5 種偽品基原則否。上述兩種方法都具有鑑別蒲公英及偽品基原之功效。此研究所探討之藥材全株均可入藥，因藥效卓越而在民間醫療保健上有多種用途，引發人類的過度採集或亂遭砍伐。利用遺傳基原鑑定出不同品種之植物體，加以保護不同種原，才可使傳統草藥資源永續利用。

文獻來源：

1. 袁秋英、林李昌、林志鍵。蒲公英基原真偽之快速鑑定方法-Allele-specific PCR 及 ISSR 標誌利用 ISSR。《作物、環境與生物資訊》。2009;6:183-191。
2. 何坤益、李武林、呂福原。利用 ISSR 分子標誌探討阿里山十大功勞族群遺傳多樣性。《林業研究季刊》。2007;29(3):27-40。
3. Abdul Kareem VK, Rajasekharan PE, Mini S, Vasantha Kumar T. Genetic diversity and structure of the threatened anti-cancerous plant *Nothapodytes nimmoniana* as revealed by ISSR analysis. *Plant Genet Resour-C*. 2011;9(4):506-514.