

利用 ISSR 分子標誌分析毛豆品種（系）間之遺傳歧異度

紀佩姍¹ 周國隆² 李瑞興³ 侯新龍^{4*}

（投稿日期：97 年 11 月 24 日；接受日期：97 年 12 月 16 日）

摘要

本研究是以高雄區農業改良場毛豆育種上常用之親本及重要育成品種（系）共 80 個為材料，利用簡單序列間重複（inter-simple sequence repeat, ISSR）標誌進行遺傳歧異度分析，以提升育種效率及培育更優良品種。由 ISSR 試驗結果顯示，100 個引子中可篩選出具有多型性條帶之引子 7 個，分別為 UBC-818、UBC-835、UBC-840、UBC-868、UBC-873、UBC-878、UBC-891，佔 7%，以 2 個重複鹽基序列為主，其中又以具有 ISSR 3'-anchored 的 primer 之擴增效果較佳。7 個引子在 80 個毛豆品種（系）中共可擴增出 60 個 DNA 條帶，具多型性 DNA 條帶則有 52 條。其中以 UBC 868 擴增出 16 個 DNA 條帶為最多，且於電泳膠片上 900 bp 處有一明顯的多型性條帶，此 DNA 條帶除了來自中國的 Kuo China 品系外，可視為常出現在黑色種皮毛豆中。利用 UPGMA 經集群分析結果，以遺傳距離係數 0.41 為分群依據，大致上可將黑色種皮毛豆與其他顏色種皮毛豆加以區分。

關鍵詞:毛豆、ISSR 分子標誌、遺傳歧異度

¹ 國立嘉義大學農藝學系研究所碩士班研究生

² 行政院農業委員會高雄區農業改良場副研究員

³ 稻江科技暨管理學院教授

⁴ 國立嘉義大學農藝學系助理教授

* 通訊作者 E-mail: slho@mail.ncyu.edu.tw