

台灣西部地區相思樹 (*Acacia confusa*) 族群遺傳變異之研究

劉依依¹ 廖宇賡^{2*} 胡澤寬³

(投稿日期：96年5月14日；接受日期：96年5月30日)

摘要

本研究採集陽明山、新屋、三灣、大肚山、八卦山、梅山、關仔嶺、茂林、恆春等地9個族群，共90株單株。分析其簡單序列重覆區間(Inter simple sequence repeat, ISSR)的差異以研究其族群間遺傳變異及基因交流情形，提供族群資源保育與遺傳研究之參考依據。

測試100個UBC隨機序列引子，選取具有多型性及再現性良好的6個引子進行聚合酶鍊式反應(Polymerase chain reaction, PCR)，獲得74個條帶，多型性條帶有64個(86%)。並經由NTSYS-pc ver. 2.0與POPGENE ver. 1.31套裝軟體分析此ISSR數據。據AMOVA分析所得，受測之族群在遺傳結構上，以族群內變方成分百分比占全部變方成份的83.73%，族群間占16.27%，顯示相思樹的遺傳變異主要存在於族群內。相思樹族群的平均總基因歧異度值(Ht)為0.4512；而族群內(Hs)的平均基因歧異度為0.3666；族群間的平均基因歧異度值(Dst)為0.0846。以POPGENE分析得知基因流傳值(Nm)為2.1664，遺傳結構中的遺傳分化係數(Gst)為0.1875，代表族群間的變異僅占總變異的18.75%。隔離分化檢測表明地理距離和遺傳距離的相關值為正值，呈顯著相關性($r=0.342$, $p=0.027<0.05$)。

關鍵詞：相思樹、遺傳變異、簡單序列重覆區間

¹ 國立嘉義大學林業暨自然資源研究所研究生

² 國立嘉義大學森林暨自然資源學系副教授

³ 國立中興大學農藝系教授

* 通訊作者