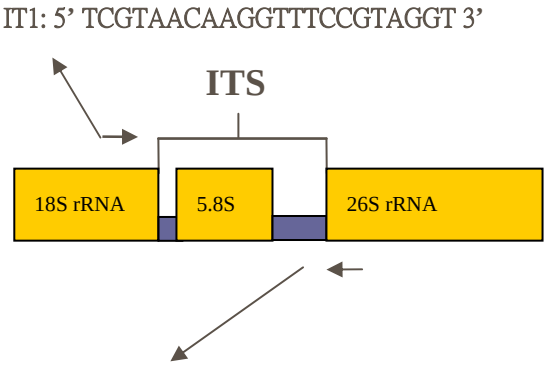
生物技術

台灣原生杜鵑種原 DNA 鑑定

蔡奇助

利用 PCR-amplified sequencing 指紋技術，分析核糖體核酸（rDNA）內轉錄間隔區（ITS），以獲取各杜鵑種原之分子標誌。本研究設計一組核苷酸引子，利用聚合酵素連鎖反應（polymerase chain reaction, PCR），將分屬於 19 種台灣原生杜鵑(*Rhododendron* species)，總計 80 個不同生育地之杜鵑的 5.8S 核糖體核酸（rRNA)基因與內轉錄間隔區（internal transcribed spacer, ITS）選殖。將上述 PCR 產物定序，所有的台灣原生杜鵑內轉錄間隔區（ITS）的長在 642~648 bp 間。將上述所有的序列進行比對與群叢分析，可以完成台灣原生杜鵑的樹狀關係圖(dendrogram)。經由樹狀圖的分析，可將台灣原生杜鵑初步分成 6 群。其中台灣杜鵑、玉山杜鵑、南湖杜鵑、森氏杜鵑、紅星杜鵑為一群；紅毛杜鵑、金毛杜鵑、烏來杜鵑、細葉杜鵑、唐杜鵑、中原氏杜鵑、大屯杜鵑、埔里杜鵑、南澳杜鵑為一群；馬銀花、長卵葉馬銀花為一群；另外，守城滿山紅、西施花、著生杜鵑分別自成一群。本研究所設計之核酸引子能將台灣各原生杜鵑之 ITS 加以選殖，藉由分析 ITS 序列，可獲取有用的分子標誌，供探討杜鵑花屬的微演化(microevolution)及親緣研究上。未來在杜鵑花育種上，亦可供為品種鑑別，及品種保護之應用。

玉山杜鵑