

日本及尼泊爾產鵝觀草 (*Agropyron*) 類之 染色體組 (Genome) 之分析

主講人：阪 本 寧 男 (日本國立遺傳研究所)

日 期：民國52年 4 月10日

今天能有機會參加貴系第一次的學術研討會實在很榮幸。謝博士要我在此替大家介紹一點最新的研究工作。因路過此地順道參觀，事先並未準備，且資料亦未帶在手上，故謹以記憶所及和有關自己現在的研究工作，簡單地提出和大家共同討論。

植物界在分類上，可分為界、門、綱、目、科、屬、種。其中，屬 (genus) 為由許多種 (species) 組成，如 species a, species b……等等。各品種有其不同的染色體數，今設其染色體數為 X 則 $2X=2n$ 。花粉和子房內之染色體數均為 n 受精之後便結合成 $2n$ 。生長成熟，經減數分裂後又形成 n 。

水稻染色體數 $X=12$ 其中 *O. sativa* 和 *O. officinalis* 之 $2X$ 均等於 24。*O. latifolia* 之 $2X$ 則為 48。同種內各植物體，由其所含染色體數之不同可分成許多之倍數體。即二元體 (diploid) $2n=2X$ 其 genome 為 AA，四倍體 (tetraploid) 其 $2n=4X$ ，genome 為 AAAA 或 AABB。六倍體 (hexaploid) $2n=6X$ ，……等等。一般染色體組 (genome) 相同者稱同源多元體 (autopolyploid)，染色體組不同者稱異源多元體 (allopolyploid)，前者如 AAAA，後者如 AABB。

小麥 (wheat) 之染色體數 X 有 7、14及21 之三種。此即所謂之一粒系 (ginkorn)，二粒系 (emmer)，普通系 (common wheat)。麵包小麥 (bread wheat) $2n=6X=42$ 即屬普通系。現將其三屬 (genus) 染色體數和染色體組間之簡單關係示如下：

<i>genus</i>	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>c</i>
$2n$	14	28	14
genome 1	AA	AAAA	BB
genome 2	AA	AABB	BB
genome 3	AA	AACC	BB

其 genome 之組合，可利用染色體組分析 (genome analysis) 方法分析出來，即利用 $a \times c$ 雜交，在其後代 F_1 , F_2 觀察 chromosome conjugation 之情形如何。如 $X=7$, $2n=14$ 則其 chromosome conjugation 為 7_{II} 或 14_I 另如 a ($2n=14$) + b ($2n=28$) 其 F_1 chromosome conjugation 情形有 7_{II} (AAAA), 7_I (AA) + 7_I (BB) 或 2_{II} (BBCC)。由此分析結果，得知，BB 可能由 *Agropyron* 屬植物而來，AA 為由一粒野生小麥而來，CC 則來自 *Aegilops* 亦已知 DD 來自 *Ae. squarrosa*。

本人剛完成之研究工作如下：利用 *agropyron* 即麥草 (wheat grass) 為材料。此屬有1000個 species，為多年生植物 (perennial)，現取其中，日本種 5 種 (species) 即 a, b, c, d, e, 及尼泊爾 (Nepal) 二種，即 f, g. 其染色體數和染色體組之關係為；日本種中 a, b, c, 三種 $2n=4X=28$, genome 為 AABB。d, e 二種 $2n=6X=42$, genome 為 AABBDD。尼泊爾種 f, g. 二種， $2n=4X=48$, genome 為 A'A'B'B'。利用這些材料分析結果，發現 a, b, c, 及 e 之一部份，在日本、琉球、臺灣、中國大陸東南沿海地區、印度北部、不丹，尼泊爾等地區發現。而尼泊爾、印度北部、阿富汗、巴基斯坦北部等，發現有 g, e. 兩種。

(記錄：嚴盛添)