

藥用植物(魚腥草)之遺傳多樣性

胡澤寬¹ 張韋琮² 蕭振杰²

1.國立中興大學農藝學系教授

2.國立中興大學農藝學系研究生

摘要

臺灣由於氣候及地理環境複雜，藥用植物資源相當豐富，傳統中藥材大多仰賴野生種。隨著經濟的發展，由於生態環境的破壞及人類的不當利用，造成野生藥用植物物種之遺傳多樣性逐漸喪失。優良品種或基因型的選拔為維持中藥材生產品質最首要之工作，擴大遺傳多樣性是植物育種的基礎，可保留可資利用的豐富種質來源，供給育種者開闢新的栽培品種，發現和提取新藥，為控制疾病提供更多的機會。為了充實臺灣藥用植物的基因庫，種原蒐集、鑑定、保存及利用性評估為值得加速進行的工作。

利用植株性狀及 RAPD 技術分析台灣魚腥草(*Houttuynia cordata* Thunb.) 之遺傳變異，經主成分及分群分析可將 10 個野生族群歸納成三個類群，24 個栽培品系可分成二個類群；野生族群之遺傳變異與地理分布有些關連，野生族群的遺傳變異大於市售栽培品系。就化學成分變異而言，rutin、hyperin、isoquercitrin 及 quercitrin 等類黃酮成分含量在野生族群間及市售栽培品系間有顯著的差異。在育種上，蘇澳族群及口湖品系為值得重視之種質資源。

關鍵字：魚腥草、遺傳多樣性、RAPD、類黃酮

前言

近年來國內外掀起一股生機飲食及養生保健的熱潮，傳統的藥用植物再度受到普遍的重視，行政院國科會及農委會已積極推動中藥草產業發展之相關研究。中藥草生技產業發展過程中，中藥材邁向專業化栽培是中藥草邁向現代化及國際化的必要途徑。在有些已頒布實施的中藥材生產質量管理規範(GAP)中，對藥材種質(germplasm)、栽培管理、採收時期、加工方法及繁殖方式等均有相關規定。其中藥材優良品種(variety)或基因型(genotype)的選拔為最基礎之工作。中藥材品質鑑定時，傳統「道地藥材」的觀念其實也點出了優良種質的重要性。從遺傳育種的角度，選擇合適的馴化個體，並注意保持其特有的遺傳特性，以及選擇合理的雜交育種或基因轉殖技術，開發一些有用基因資源，是值得注意的課題。

台灣地處熱帶及亞熱帶，山地廣大，地形複雜，雨量豐沛，其垂直分佈之氣候具有寒、溫、熱等三帶特性，植物資源相當豐富，其中不乏可資利用之藥用植物。近幾年因工商業的發達、人口的劇增及大量土地開發，使自然生態環境嚴重破壞，導致植物遺傳資源日漸減少；復因民眾缺乏保育觀念，隨意大量採擷，許多藥用作物之野生種及原生種有瀕臨滅絕的危機。台灣原生藥草的研究目前仍然較著重藥效及栽培管理，關於遺傳背景的相關資訊仍相當缺乏，亟待進一步的探討。

遺傳多樣性(genetic diversity)是植物育種的基礎，已有許多研究結果顯示，台灣各地區之環境條件已使許多物種產生遺傳變異(姜，1999；游與曾，1997；龔，1998)。本文將就遺傳多樣性的意義、價值、危機及研究層次等加以敘述，同時以魚腥草為例，說明台灣魚腥草的遺傳分化情形，供將來種源收集、保存及利用之參考。

遺傳多樣性的意義及價值

生物多樣性包含遺傳多樣性、物種多樣性及生態系多樣性三個層次(Hawkes,1983)，遺傳多樣性是生物多樣性的重要組成部分，廣義上遺傳多樣

性是指地球上所有生物攜帶的遺傳訊息之總和，通常談及生態系多樣性或物種多樣性即包含各自的遺傳多樣性。一般所謂的遺傳多樣性主要指種內不同族群間或一個族群內不同個體的遺傳變異之總和。

遺傳訊息儲存在細胞核染色體和細胞器基因組的 DNA 序列中，雖然動、植物都能準確地複製自身的遺傳物質，將遺傳訊息一代一代地遺傳下去，保持遺傳性狀的穩定性。但植物生長在不同的時間與空間中，遭受到自然環境不同的壓力，為適應這些多變的壓力，各地區族群間的外表性狀常呈顯著差異 (Hageman and Fahselt, 1990)。植物族群也常因基因突變、遺傳的偏流 (genetic drift)、繁殖的方式、地理隔離、自然淘汰等因素而產生遺傳變異 (Scheiner and Goodnight, 1984; Mclaughlin, 1986; Hageman and Fahselt, 1990)，因而形成不同的生態型，並使其差異的性狀在後代族群中表現 (Jain and Bradshaw, 1966; Billington *et al.*, 1988)。遺傳訊息的變化，小至一個鹼基對，大至染色體上 DNA 片段的重組、倒置、易位、缺失或轉座，隨著時間的累積成就豐富的遺傳多樣性。

遺傳變異是物種進化的要件，一個物種的遺傳變異性愈大對環境的適應力也愈大，亦即群體內遺傳變異性反應了物種的進化潛力。由保育的角度，物種遺傳多樣性的了解有助於物種瀕危原因的探討及對物種命運的預測，從而制定合理的保護對策。

對育種者而言，遺傳多樣性不但是動植物育種的基礎，同時也為因應未來人類需求的變化，要培育相應的品種時，保留可資利用的豐富種質來源。如開闢新的栽培品種，發現和提取新藥，為控制和治療疾病提供更多的機會。

遺傳多樣性的喪失及保護

臺灣近幾年因工商業的發達、人口的劇增及大量土地開發，原始森林面積不斷的減少，自然生態環境嚴重破壞，野生植物賴以生存的空間越來越少。棲息地的縮小導致種群數量減少及近親交配，最終可能崩潰滅亡。棲息地的片斷化，致使種群間遺傳物質的交流中斷，導致種內不斷近親交配，最終種群遺傳純化，多樣性喪失。復因民眾缺乏保育觀念，隨意大量採擷，許多藥

用植物之野生種及原生種有瀕臨滅絕的危機。空氣及土壤環境的污染也將加速某些物種瀕危的速度。

種內豐富的遺傳多樣性是該物種適應環境變化的物質基礎，一個作物的品種類型愈多愈能抵抗氣候環境變化及病蟲等自然災害。如果爲了順應商業化栽培而開發遺傳基礎狹窄的品種及一味地向單一品種發展，使得早期栽培的地方品種逐漸消失，栽培種的品系及品種多樣性相對減少，而產生遺傳質流失 (genetic erosion)。而由於種群內遺傳多樣性喪失，抵抗自然災害的能力大爲降低，而導致遺傳基礎的脆弱性 (genetic vulnerability) (Harlan, 1976)。通常栽培物種遺傳多樣性的喪失比野生物種的喪失對人類幸福的威脅更大。

爲避免這種遺傳脆弱性的形成，較有效的方法是把不同遺傳背景的優良性狀基因組合到新品種中，不斷的增加新品種的遺傳類型，因此也就必須有足夠的種質資源(張，1997)。雖然人工誘變也可獲得一些優良種質，但畢竟是次要的手段，終究不能與現存的栽培種與野生資源所蘊藏的天然基因庫 (gene pool) 相比。因此對野生種及近緣野生種進行廣泛的收集及研究爲刻不容緩之工作。

遺傳多樣性的研究層面

植物的形態及外表型(phenotype)是遺傳性與環境相互作用的結果，這裡所指的外表型係包括形態和生理生化特徵。外表型的多樣性並不能完全或真實地反應遺傳的多樣性。大量事實證明植物擁有外表型的可塑性(Hageman and Fahselt, 1990)，即同一種基因型在不同環境可發育出不同的形態和生理生化特徵，因此外表型的變異若沒有經過遺傳分析，嚴格地說是不能稱爲遺傳多樣性。如果一個物種或族群的遺傳變異無改變，則爲了適應不同環境的淘汰壓力，因而表現獨特的生育特性，是屬於遺傳本質與環境因素共同影響的結果。若將各族群移種於同一地點，可剔除環境因子的影響，所調查的性狀表現則屬遺傳本質的影響。

研究遺傳多樣性也應著重細胞層次(如染色體的數目、型態及行爲)的核型多樣性，以及分子層次的蛋白質或 DNA 的多樣性(陳，1993)。

台灣魚腥草之遺傳多樣性

魚腥草 (*Houttuynia cordata* Thunb.) 為三白草科，蕺菜屬，多年生草本植物；通常分佈於田埂、路旁及河邊潮濕地方，適應性廣、遍及全台灣，為台灣常用之民間藥用植物之一。全草可供藥用，具有清熱、解毒、消腫、利尿、治水腫、淋病、梅毒、尿道炎、子宮炎等效用；外敷治惡瘡、癬疥、痔瘡及溼疹等 (劉等, 1978)。魚腥草已開發出多元性的產品，顯示魚腥草在保健醫療上佔有一定的重要性。

魚腥草在台灣只有一個物種 (species) (Huang and Cheng, 1978)，在不同環境壓力下所造成的遺傳分化情形尚未被瞭解。因此，本研究室乃以分佈於台灣不同地區的魚腥草族群及市售的魚腥草為對象，探討生育特性及外表性狀之遺傳變異程度；也進一步利用隨機擴增多型性核酸 (random amplified polymorphic DNA, RAPD) 的方法進行分子遺傳歧異度之研究。

一、台灣野生魚腥草農藝性狀之遺傳變異

將 10 個不同地區收集之族群移植至中興大學溫室中種植，以剔除環境的影響。調查株高、葉長、葉寬、葉柄長、節間數、初生枝條、次生枝條、莖葉乾物重及根與走莖乾物重等性狀，利用 Hotelling's T^2 測驗法，進行 10 個族群所調查 9 種性狀平均值向量間之多重比較，由表 1 顯示，除了神岡族群與仁愛族群未達顯著差異外，其餘族群皆達顯著及極顯著差異。顯示台灣 10 個野生魚腥草族群已遺傳分化成不同的生態型。以蘇澳及恆春族群為例 (圖 1)，蘇澳族群的株高、節間數、葉長、葉寬、莖葉乾物重和根及走莖乾物重等性狀之平均值均顯著的低於整體族群之平均值，為 10 個族群中最小者；而恆春族群在株高、節間數、初生枝條數、莖葉乾物重和根及走莖乾物重等性狀之平均值則顯著的高於整體族群之平均值，為 10 個族群中最大者。

將各地魚腥草族群視為一個判別單位，依調查性狀的平均值，計算其歐式距離，由表 2 可得知，族群間最大的距離為 25.033 (復興與蘇澳族群)，而距離最小的為 0.480 (仁愛與神岡族群)，以此距離再利用分群分析

法中的平均值法進行分群歸類，其結果如圖 2 所示，以歐式距離 0.7 切分，可將台灣 10 個不同魚腥草族群分成三個類群，類群 I 為基隆、復興、神岡、仁愛、鹿港、美濃及恆春等七個族群，類群 II 為陽明山、台東等族群，類群 III 為蘇澳族群。就地理位置而言，類群 I 大多採集自臺灣西部地區部。類群 II 台東族群及陽明山族群，均採集自沿海之低海拔山坡地。蘇澳族群為適應宜蘭地區高濕多雨及海風吹襲的氣候環境，進而演化成特有的族群，歸於類群 III。可知台灣不同地區魚腥草族群已受到不同氣候環境及地理分布的影響，而分化形成不同的生態型。

生物性狀之演化，並非一個性狀獨自演化，所以某一性狀之改變，可視為該性狀與其有密切關係的性狀共同受環境淘汰壓力的影響所致 (Falconer, 1981)。為了瞭解生物性狀的演化過程中，其他性狀是否有因為適應環境的淘汰壓力而加速改變或保持不變。而一般相關係數僅能表示兩性狀間個別之關係，在選種上需瞭解多數的目標性狀，因此可利用主成分分析來探討作物性狀間的綜合關係。10 個魚腥草族群之 9 個調查性狀經主成份分析之結果如表 3 所示，特徵值大於 1.0 的主成份共有 2 個，此 2 個主成份的累積變方，佔總變方的 77.77%。

在第一主成份上各性狀成份係數中，除葉柄長及次生枝數為負值外，其餘 7 個性狀的值均為正值，又以株高、節間數、葉長、葉寬的值較大，可視為『植冠性狀』。第 II 主成份上各性狀成分係數中，除葉寬為負值外、其餘 8 個性狀皆為正值，其中又以葉柄長、初生枝數、次生枝數與根及走莖乾物重的值較大，可視為『枝條數及根部性狀』。各性狀在第 III 主成份係數中，以株高、葉柄長、莖葉乾物重、地下部乾物重為正值，其餘性狀皆為負值，可視為『株形重量性狀』。

利用主成份分析來比較族群間的差異，能使各族群各種性狀表現在低維空間中能顯示出最大的差異，先求出各族群在 I、II、III 主成份之得分值，再將其標示於以各主成分為座標軸之圖中。由圖 3 之結果顯示，恆春、鹿港、美濃族群分布於第一象限，為植冠、枝條數及根與走莖乾物重均大且多的類型；基隆、復興、神岡及仁愛族群分布於第二象限，為植冠較大，但枝條數較少及根與走莖乾物重較少的類型；台東及陽明山族群分布於第三象限，為植冠較小而且枝條數少及總乾物重量也

較小的類型；蘇澳族群則分布於第四象限，屬於植冠較小，枝條數多及莖葉乾物較輕的類群。整體而言，蘇澳族群可能因終年多雨高溼及沿海海風的吹襲影響下，已形成植株較矮、葉形較小及總乾物量少的生態型；恆春族群則分化成株型較大，乾物產量高的生態型。魚腥草全株可供藥用，所以就其莖葉乾物重、根及走莖乾物重而言，恆春族群之總乾重顯著高於其他 9 個族群，因此，應是一個最能選出高產的族群。

二、台灣野生魚腥草之分子遺傳變異

作物遺傳變異通常可由型態特徵及 DNA 的層次加以評估；其中型態特徵較為方便且迅速，而以 DNA 層次來進行分析則更能透徹瞭解基因組本身之變異情形，且在各發育時期均可檢測而不受季節環境所限制 (Williams *et al.*, 1990)。本研究利用 Operon Technologies Inc. USA 公司出產之 40 條隨機引子 (OPA-1~20、OPB-1~20) 對 10 個魚腥草族群進行 RAPD 分析。圖 4 為 OPB-12 引子對 10 個不同地區魚腥草族群分析結果，共擴增 6 種條帶產物，其中 480bp 及 780bp 為 10 個族群所共同擁有之條帶，而 450bp、850bp、880bp 及 1000bp 為具有多型性之條帶，可作為標識片段。從 40 條隨機引子中篩選出 14 條具有多型性反應的引子，總共產生 101 種條帶，其中可作為標識片段者有 72(71.28%)種條帶(表 4)。由以上結果顯示，這些引子所產生的 DNA 產物在族群間有特異性。

將 RAPD 分析所產生之 101 個條帶，依條帶出現與否紀錄成 1 與 0 的數值矩陣，再依 Jaccard's 之定義計算出族群間之相似係數。相似係數值越大表示兩者之遺傳變異性越小，反之，相似係數越小表示兩者之遺傳變異越大。由表 5 之結果得知族群間之相似係數介於 0.341 至 0.988 之間，顯示族群間有極大的遺傳變異存在，其中以蘇澳族群與恆春族群之相似係數最小 (0.341)，美濃族群與陽明山族群之相似係數最大 (0.988)。

進一步將 10 個族群間相似係數之數值矩陣進行分群分析，結果示於圖 5。10 個參試族群以相似係數 0.8 可切分為三大類群，第 I 類群包含有基隆、陽明山、美濃、神岡及仁愛等 5 個族群，第 II 類群則包含復興、台東、鹿港、恆春等 4 個族群，而蘇澳族群則單獨獨立成第 III 類群。

蘇澳族群從外表性狀分析及 RAPD 分析結果相同，顯示宜蘭地區特有的氣候環境（終年多雨高濕）已經使蘇澳族群分化成特有的生態型，而西部族群由外表型及 RAPD 分析結果屬於較相似的分化族群。

三、台灣市售及栽培魚腥草之分子遺傳變異

目前市售的魚腥草大多是以人工栽培方式供應。雖然商業化栽培可能導致單一品種化，但市售品系的多樣化也有藥效成分不一致的疑慮，Cheng *et al.* (2000) 利用 RAPD 分析台灣 20 家中藥店市售枸杞之遺傳變異，發現台灣市售可能有兩個不同來源。有鑑於此，爲了瞭解台灣市售魚腥草是否有類似的情形，所以本試驗也蒐集了 24 個魚腥草市售栽培品系進行 RAPD 分析，

結果發現僅 8 條引子具有多型性，有 78.26% 的標識出現多型性。經分群分析(圖 6)，可將 24 個市售栽培品系以相似係數 0.500 切分可區別成爲二個類群，第 I 類群有 21 個品系，包括台東 (1)、雲林水林、羅東、花蓮靜浦、池上、長濱 (1)、東河、太麻里、台東 (2)、長濱 (2)、台東成功、苑裡 (1)、口湖、草屯、新社、豐原、國姓、台北、淡水、台東及芳苑等 21 個栽培品系。第 II 類群包含有埤頭、苑裡 (2) 及永靖等 3 個栽培品系。由分群結果顯示，所蒐得的 24 個品系可能來自 3 個不同的地區。而類群 I 有 17 個品系無法區分，這 17 個品系中有 10 個品系是由花東地區所蒐得，研判這 10 個品系可能是引自於同一地區。雲林、苑裡 (1)、口湖、草屯、新社、豐原及國姓等 7 個品系也有可能與花東的 10 個品系引自於相同的地區或是引自與台東族群親緣關係較相近之復興、鹿港及恆春族群，但真實的來源則有待進一步的考證，無論如何由本實驗結果顯示，不同地區的市售魚腥草也有遺傳變異，但其遺傳變異的確比野生族群小。

四、台灣魚腥草類黃酮含量之遺傳變異

將不同地區收集之 10 個族群及 16 個品系於 2 月初，以 RCBD 法種植在國立中興大學農場，三重複。7 月底收穫一次後宿根栽培，11 月底再收穫一次。收穫材料經乾燥、磨粉後，以 70% 甲醇萃取粗萃物，再經

過濾、乾燥、溶解及定量後，以 HPLC 分析 rutin、hyperin、isoquercitrin 及 quercitrin 等類黃酮成分含量。由表 6 之結果顯示，大部分族群之 rutin 及 hyperin 含量呈秋季高於春季或無顯著差異，isoquercitrin 及 quercitrin 則呈春季高於秋季或無顯著差異。至於各個成分在族群間均呈顯著差異，其中蘇澳及基隆兩個族群有較高之類黃酮成分，恆春族群之類黃酮成分的含量為最低。

另外，分析 16 個市售魚腥草品系的類黃酮成分含量。由表 7 之結果顯示，春秋季之差異，除了口湖品系為春季 > 秋季外，其他品系均無顯著差異。品系間的類黃酮成分含量則有顯著差異，口湖品系的所有類黃酮成分含量在所有品系中均為最高者；芳苑品系的所有類黃酮成分含量在所有品系中均為最低者。

綜合言之，台灣 10 個野生魚腥草族群及市售魚腥草品系的類黃酮成分含量均有顯著的遺傳變異。

參考文獻

1. 陳靈芝。1993。中國的生物多樣性-現狀及保護對策。科學出版社，北京。
2. 張德慈。1997。植物遺傳資源-未來植物生產的關鍵。臺灣農業試驗所，臺中。
3. 姜金龍。1999。台灣野生仙草種內族群間變異之研究。國立中興大學博士論文。
4. 游添榮、曾富生。1997。台灣野生種大豆族群之變異。I. *Glycine formosana*, *G. tabacina* 及 *G. tomentella* 在生育地上植物特性。中華農學會報新 177: 28-40。
5. 龔財立。1998。台灣山藥系統分化之研究。國立中興大學碩士論文。
6. Billington, H. L. A. M. Mortimer, and T. Mcneilly. 1998. Divergence and genetic structure in adjacent grass population. I. Quantitative genetics. *Evolution* 42: 1267-1277.
7. Cheng, K. T., H. C. Chang, H. Huang, and C. T. Lin. 2000 RAPD analysis of *Lycium barbarum* medicine in Taiwan market. *Bot. Bull. Acad. Sin.* 41: 11-14.
8. Falconer, D. S. 1981. Introduction to quantitative genetics. 2nd. ed. Longman,

- London. Gadgil, M., and O. T. Solbrig. 1972. The concept of r-and k-selection: Evidence from wild flowers and some theoretical considerations. *Amer. Nat.* 106(947): 14-31.
9. Hageman, C., and D. Fahselt. 1990. Enzyme electomorph variation in the lichen family Umbilicariaceae : within-stand polymorphism in *umbilicate lichens* of eastern Canada. *Can. J. Bot.* 68: 2636-2643.
10. Harlan, J. R. 1976. Genetic resources in wild relatives of crops. *Crop Sci.* 16: 329-333.
11. Hawkes, J. G. 1983. The diversity of crop plants. Harvard University Press, Cambridge, Massachusetts, USA.
12. Jain, S. W., and A. D. Bradshaw. 1996. Evolutionary divergence among adjacent plant population. I. The evidence and its theoretical analysis. *Heredity* 21 : 407-441.
13. McLaughlin, S. P. 1986. Differentiation among populations of tetraploid *Grindelia camporum* . *Amer. J. Bot.* 73: 1748-1754.
14. Scheiner, S. M. and C. J. Goodnight. 1984. The comparison of phenotypic plasticity and genetic variation in poplations of the grass *Danthonia spicata*. *Euphtica* 38: 845-855.
15. Williams, J. G. K., A. R. Kubel, K. J. Livak, J. A. Rafalaki, and S. V. Tingey. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res.* 18: 6531-6535.

The genetic diversity of *Herba Houttyniae* in Taiwan

Tzer-kuan Hu¹, Wei-chung Chang², Chen-chieh Hsiao²

(1. Professor, 2. Graduate, Department of Agronomy, National Chung-Hsing University, Taiwan)

ABSTRACT

Lots of species of medical plants have found in Taiwan because of the special climate and geographic condition. Most of traditional herb medicine was derived from wild species. The genetic diversity of some herb species has gradually eroded owing to biological destruction and ultra utilization by people. Selection of best variety or genotype is the first step aiming to the good quality of Chinese herb medicine. Enlarging genetic diversity of inter- and intra- species is very important for breeder to preserve some useful germplasms, and then have more opportunities to develop new varieties and search new drugs for controlling disease. In order to enhance the gene pool of herb medicine, collection, identification, conservation and evaluation to genetic resources of herbs would be an urgent task.

The genetic variations of 10 wild populations and 24 cultivated lines of *Houttuynia cordata* Thunb were tested by morphological characters and RAPD markers. The results of principal component analysis (PCA) and Cluster analysis by using UPGMA method showed that 10 populations can be classified as 3 groups, and all the tested lines can be classified as 2 groups, of which, 17 lines was classified as one group. The results also showed that the genetic diversity in wild population based on RAPD genetic similarity was corrected with geographic distribution. The genetic diversity of wild population groups was higher than that of cultivated ones. Considering variation of chemical component, the content of flavonoids involving rutin, hyperin, isoquercitrin and quercitrin had significant difference in populations and lines. In view of breeding, population of Suao and line of Kouhu were the noticeable germplasms.

Key words: *Herba Houttyniae*; genetic diversity; RAPD; flavonoids

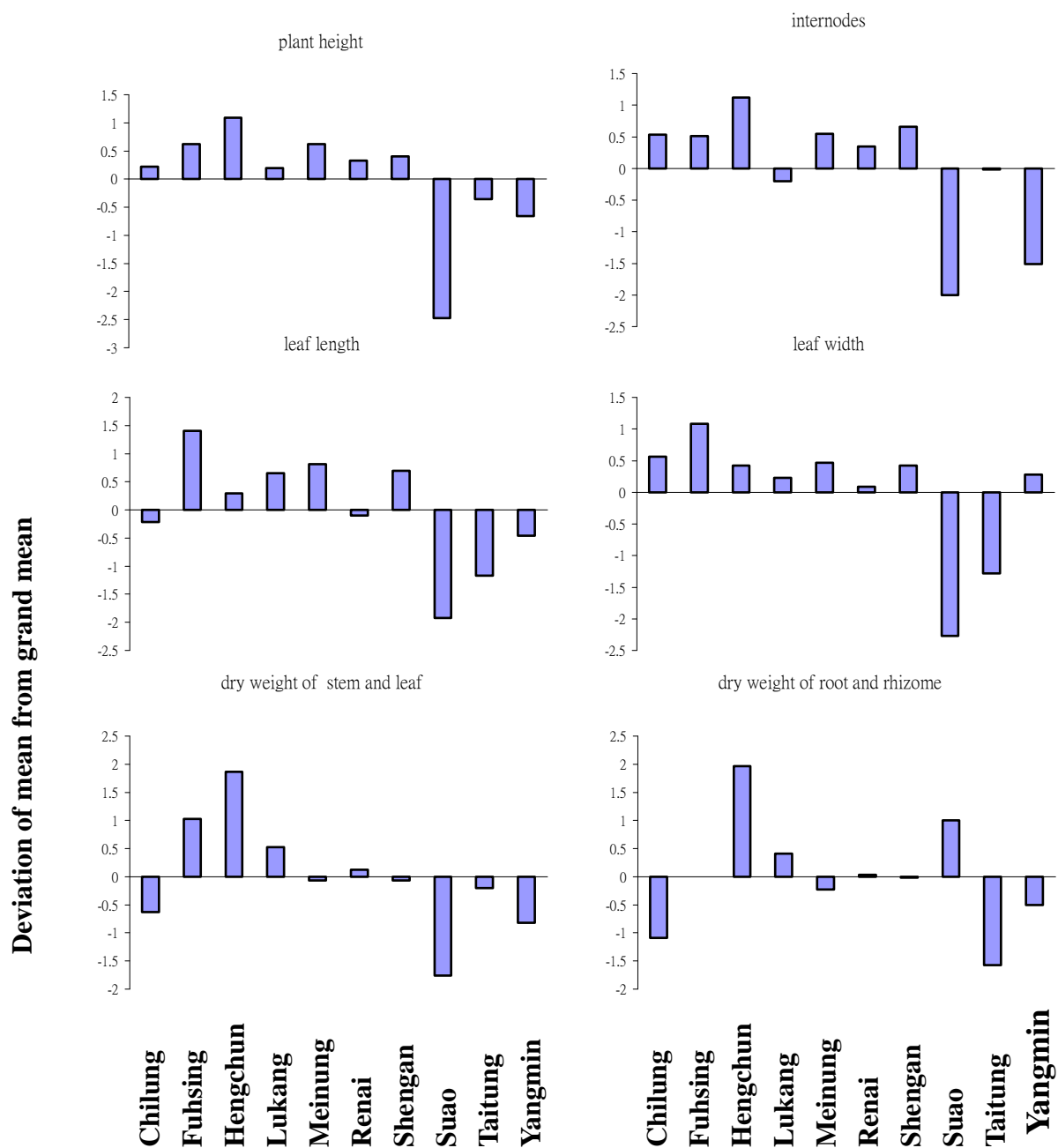


圖 1. 十個魚腥草族群之族群平均及其與總平均之離差

Fig1. Deviation of the mean observation of ten *H. cordata* populations from their grand mean.

表 1. 10 個魚腥草族群 9 種性狀平均向量差異性之 Hotelling's T^2 測驗
 Table1. Hotelling's T^2 statistic of the difference among 9 characters mean vector of ten populations of *H. cordata*

	Chilung	Fuhsing	Hengchun	Lukang	Meinung	Zenai	Shengang	Suao	Taitung
Fuhsing	84.722**								
Hengchun	226.441**	108.099**							
Lukang	115.989**	32.206**	85.353**						
Meinung	140.902**	124.178**	139.427**	81.171**					
Renai	44.433**	33.337**	71.994**	23.305*	80.125**				
Shengang	56.594**	43.979**	119.367**	40.830**	60.060**	18.187			
Suao	911.539**	795.758**	753.441**	517.137**	928.841**	592.206**	917.270**		
Taitung	123.961**	154.081**	240.835**	107.224**	254.648**	113.814**	152.053**	482.244**	
Yangming	112.803**	135.622**	265.482**	88.043**	252.061**	68.270**	157.960**	351.774**	138.929**
$T^2_{(0.05,9,118)} = 18.984$									
$T^2_{(0.01,9,118)} = 24.717$									

表 2. 10 個魚腥草族群之歐氏距離

Table 2. Euclidean distances among 10 population of *H. cordata*

	Chilung	Fuhsing	Hengchun	Lukang	Meinung	Zenai	Shengan	Suao	Taitung
Fuhsing	2.328								
Hengchun	6.354	3.118							
Lukang	3.277	1.311	2.423						
Meinung	3.710	3.951	4.638	2.487					
Zenai	1.201	0.983	2.682	0.777	2.825				
Shengang	1.402	1.327	3.502	0.998	1.530	0.480			
Suao	24.027	25.033	24.089	17.750	24.642	20.050	22.100		
Taitung	3.934	3.574	6.952	2.974	6.570	2.610	4.034	16.558	
Yangming	2.747	4.318	7.711	2.834	6.141	2.460	3.471	12.915	3.736

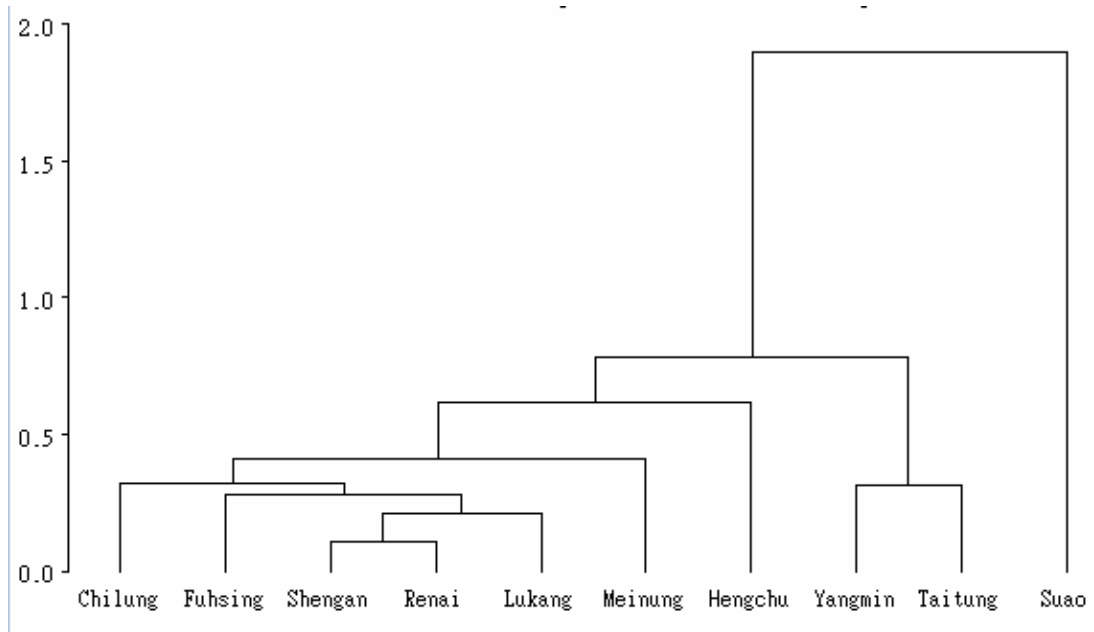


圖 2. 10 個魚腥草族群農藝性狀以平均值法進行分群之樹狀圖

Fig. 2. Dendrogram of 10 *H. cordata* populations in Taiwan from average linkage cluster analysis.

表 3. 魚腥草族群農藝性狀 3 個主成分之固有向量及因子負荷量

Table 3. The structure vectors of the three principal components for 9 characters of *H. cordata*

Principal component	I	II	III
Eigen value	4.5499	2.4496	0.9420
Proportion of variance	0.5056	0.2722	0.1047
Cumulative of variance	0.5056	0.7777	0.8824
Component coefficient of characters			
PH	0.4612	0.0023	0.0278
IN	0.4168	0.0180	-0.0452
LL	0.4297	0.0185	-0.0440
LW	0.4242	-0.1330	-0.0358
PL	-0.3038	0.3777	0.4095
PT	0.0860	0.5621	-0.0593
ST	-0.0029	0.3945	-0.7873
TDW	0.3847	0.2347	0.4225
RDW	0.0305	0.5586	0.1556

PH: plant height

IN: internodes

LL: leaf length

LW: leaf width

PL: petiole length

PT: primary twigs

ST: secondary twigs

TDW: dry weight of stem and leaf

RDW: dry weight of root

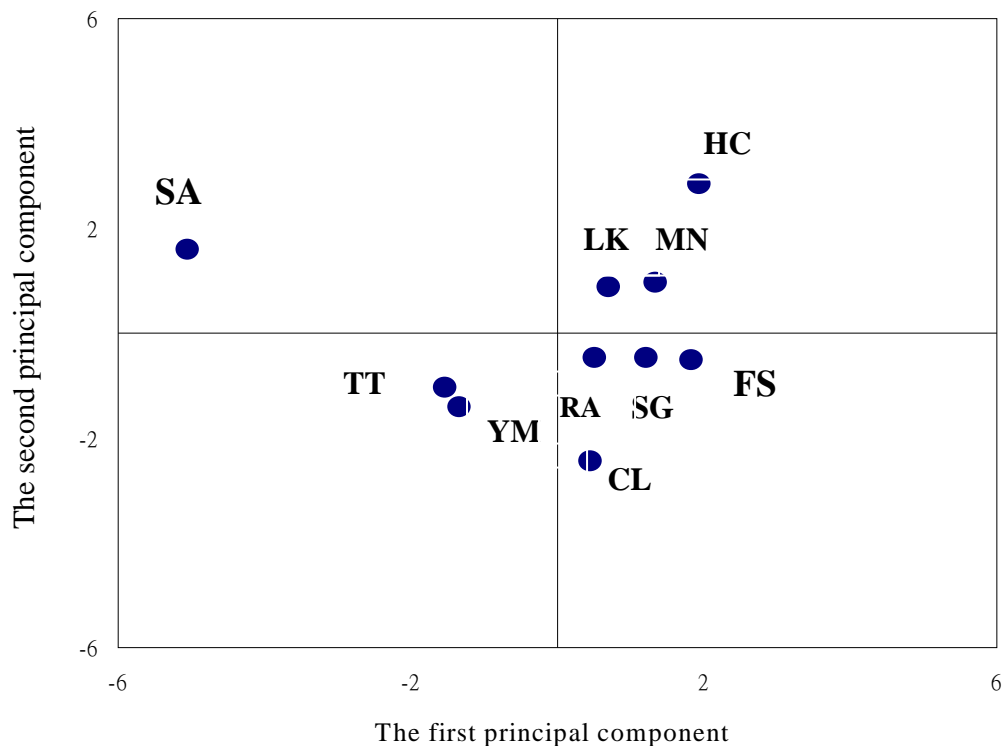


圖 3. 第 1 與第 2 主成分為座標軸的族群散佈圖

Fig. 3. Ten populations of *H. cordata* scattered on the plane defined by the first and second principal components.

CL : Chilung YM : Yangmin FS : Fuhsing SG : Shengan LK : Lukang
RA : Zenai MN : Meinung HC : Hengchun TT : Taitung SA : Suao

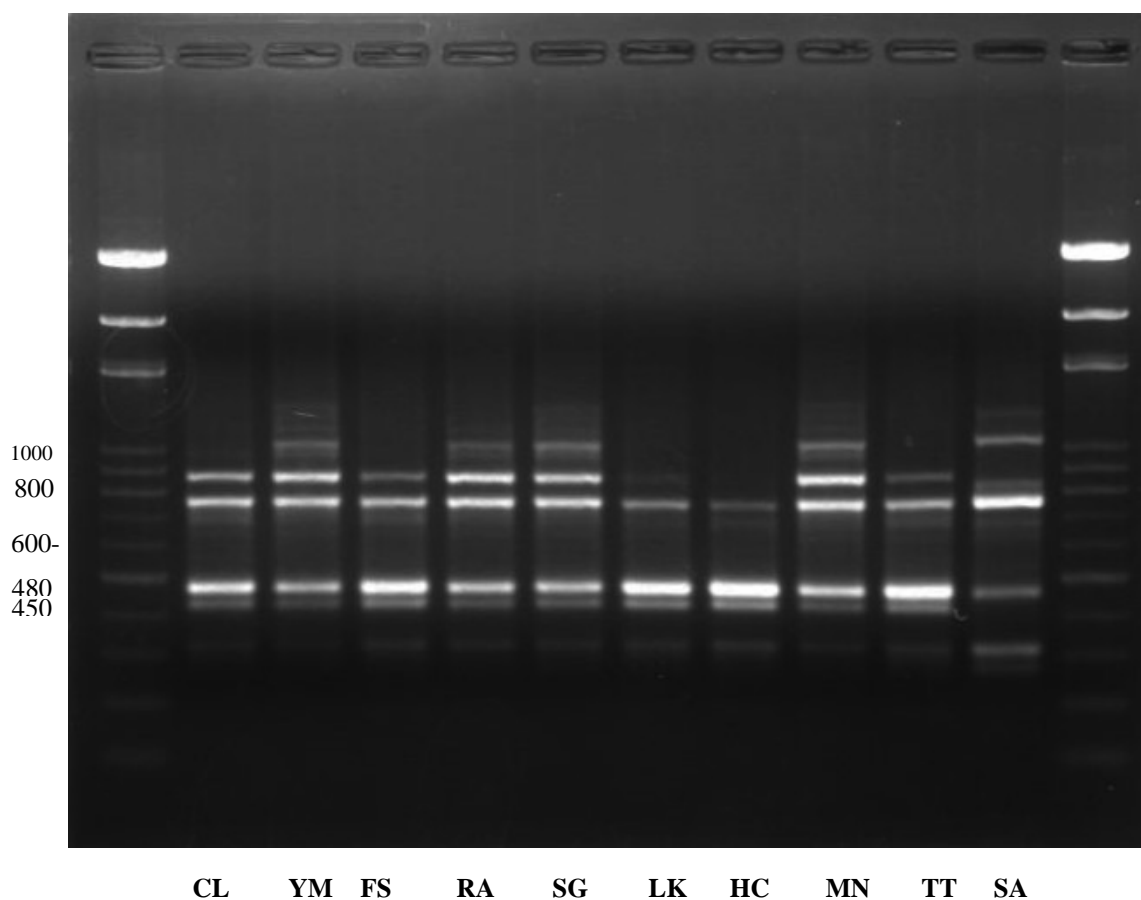


圖 4. 10 個臺灣魚腥草族群由 OPB-12 引子產生的 RAPD 條帶

Fig. 4. RAPD banding profiles of genomic DNA from the ten populations of *H. cordata* in Taiwan using primer OPB-12.

100bp marker (Lane 1), Chilung (Lane 2), Yangmin (Lane 3), Fuhsing (Lane 4), Renai (Lane 5), Shengan (Lane 6), Lukang (Lane 7), Hengchun (Lane 8), Meinung (Lane 9), Taitung (Lane 10), Suao (Lane 11), 100bp marker (Lane 12).

表 4. 利用 14 個隨機引子對 10 個魚腥草族群所增幅之條帶數
Table 4. Total numbers of amplified DNA fragments (bands) and the numbers of polymorphic bands of each primer used in RAPD analysis of *H. cordata*

Operon primers	Total bands ^a
OPA-10	6(5)
OPA-14	11(7)
OPA-16	8(7)
OPA-19	11(10)
OPA-20	6(4)
OPB-02	2(2)
OPB-03	6(2)
OPB-04	10(7)
OPB-05	6(2)
OPB-08	11(8)
OPB-10	6(5)
OPB-11	4(3)
OPB-12	6(4)
OPB-14	8(6)
Total	101(72)

a) Values within the parenthesis indicate the numbers of polymorphic band.

表 5. 10 個魚腥草族群之 Jaccard 遺傳相似係數
Table 5. Jaccard's genetic similarity coefficients among ten population of *H. cordata*

Population	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1 Chilung	1.000									
2 Yangmin	1.000	0.887								
3 Fuhsing	0.770	0.707	1.000							
4 Renai	0.934	0.950	0.744	1.000						
5 Shengan	0.877	0.988	0.699	0.938	1.000					
6 Lukang	0.750	0.667	0.917	0.701	0.659	1.000				
7 Hengchun	0.736	0.654	0.900	0.688	0.646	0.982	1.000			
8 Meinung	0.877	0.988	0.699	0.938	0.976	0.659	0.646	1.000		
9 Taitung	0.767	0.683	0.967	0.718	0.675	0.915	0.898	0.675	1.000	
10 Suao	0.436	0.455	0.378	0.443	0.465	0.352	0.341	0.450	0.386	1.000

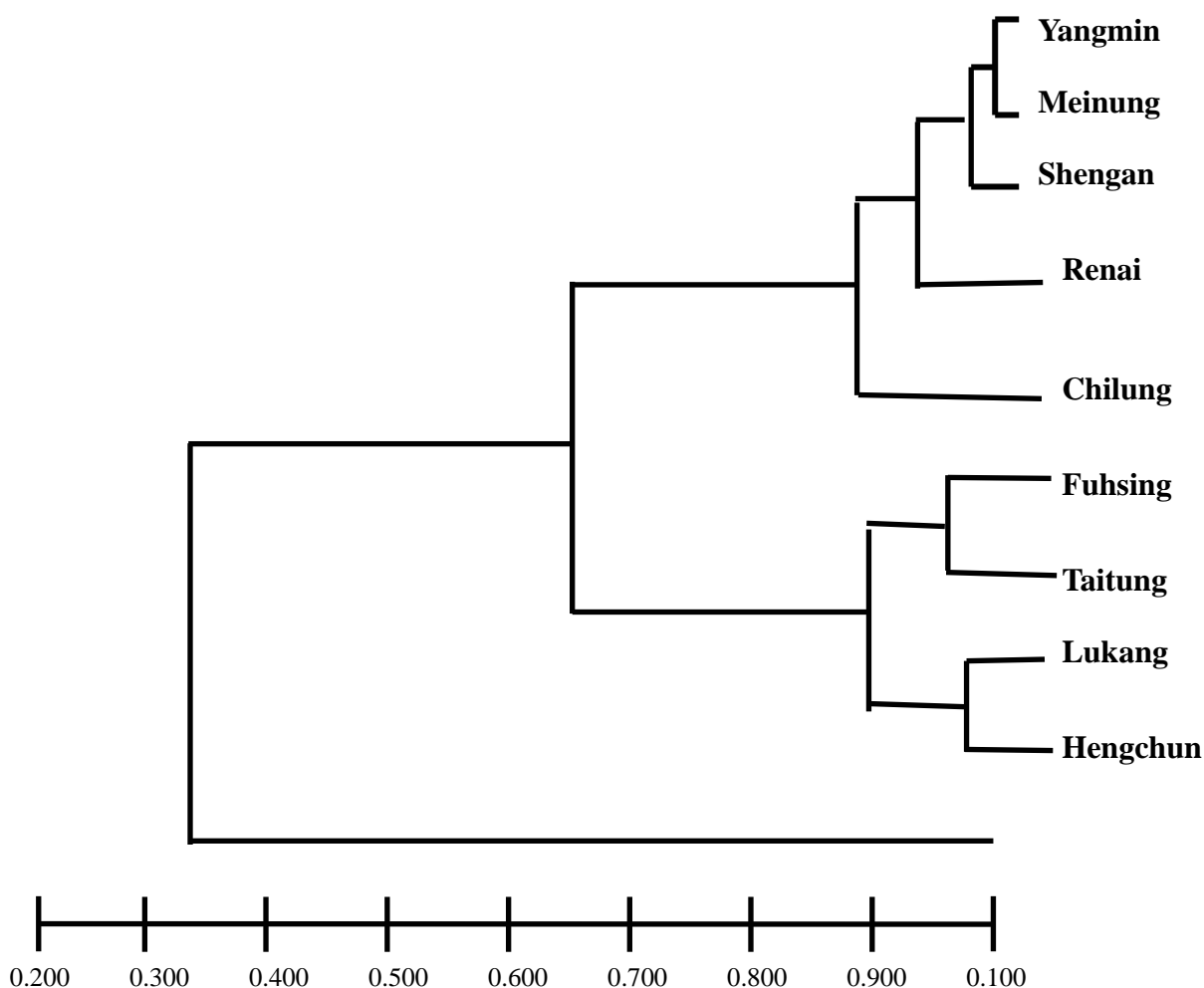


圖 5. 10 個魚腥草族群依 Jaccard 遺傳相似係數進行分群分析之樹狀圖

Fig.5. Dendrogram of ten *H. cordata* populations based on Jaccard's genetic similarity coefficients by using UPGMA method used in RAPD analysis.

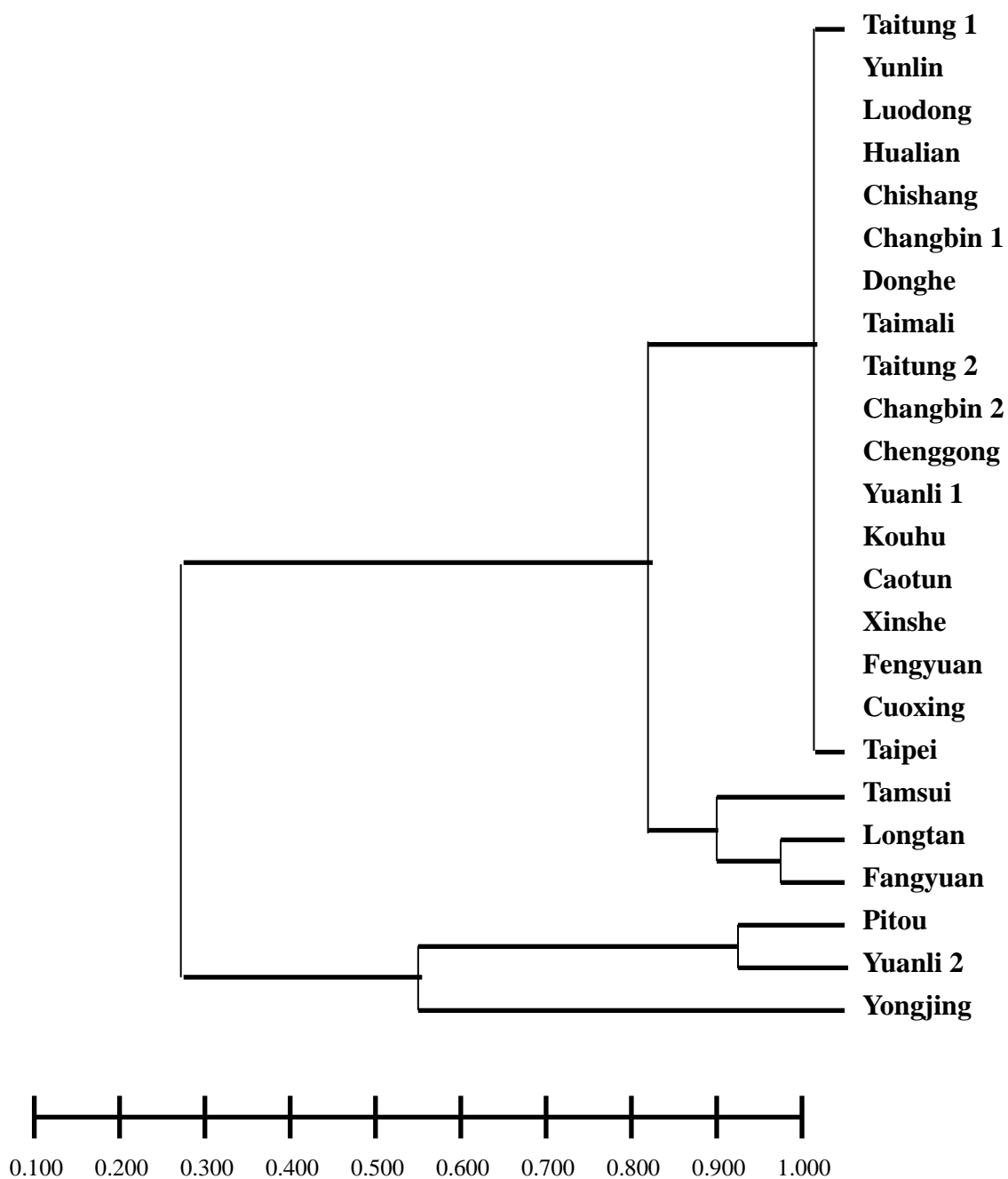


圖 6. 24 個魚腥草品系依 Jaccard 遺傳相似係數進行分群分析之樹狀圖

Fig6. Dendrogram of 24 *Houttuynia cordata* samples based on Jaccard's genetic similarity coefficients by using UPGMA method used in RAPD analysis.

表 6. 魚腥草參試族群在不同生長季節下葉部類黃酮含量之平均值

Table 6. Means of flavonoids of different populations growing in spring and fall

參試族群	Rutin		Hyperin (mg/g)		Isoquercitrin		quercitrin	
	春季	秋季	春季	秋季	春季	秋季	春季	秋季
蘇澳	0.039 ^{b*}	0.071 ^a	0.726 ^b	1.368 ^a	0.715	0.765	4.316	4.983
恆春	0.046	0.034	0.774	0.718	0.511 ^a	0.369 ^b	2.183	1.795
神岡	0.080	0.069	1.254	1.186	0.789 ^a	0.545 ^b	3.346	2.708
復興	0.041 ^b	0.069 ^a	0.896	1.052	0.566	0.573	2.476	2.492
仁愛	0.041 ^b	0.078 ^a	0.642 ^b	1.355 ^a	0.424 ^b	0.696 ^a	2.083 ^b	3.193 ^a
基隆	0.061	0.074	1.222	1.466	0.658	0.663	2.844	3.106
鹿港	0.054	0.052	1.207	0.924	0.630	0.492	3.397 ^a	2.382 ^b
美濃	0.042 ^b	0.077 ^a	0.653 ^b	1.270 ^a	0.468 ^b	0.688 ^a	2.148	2.685
陽明山	0.045	0.045	1.040	0.775	0.608 ^a	0.401 ^b	2.763 ^a	1.774 ^b
族群間LSD	0.013		0.242		0.117		0.448	

*: Means with different letters in the row are significant at 5% level

表 7. 魚腥草參試品系在不同生長季節下葉部類黃酮含量之平均值

Table 7. Means of flavonoids of different lines growing in spring and fall

參試品系	Rutin		Hyperin (mg/g)		Isoquercitrin		quercitrin	
	春季	秋季	春季	秋季	春季	秋季	春季	秋季
淡水	0.046	0.043	0.946	1.026	0.557	0.522	2.474	2.351
龍潭	0.052	0.053	0.939	1.012	0.681	0.569	2.446	2.566
苑裡	0.050	0.045	1.281	1.139	0.729	0.563	3.289	2.624
新社	0.039	0.053	0.799	1.228	0.493	0.577	2.578	2.902
國姓	0.055	0.043	1.282	1.046	0.815	0.575	3.189	2.516
永靖	0.057	0.041	0.994	0.964	0.638	0.427	2.956	2.491
口湖	0.079	0.059	2.072 ^{a*}	1.380 ^b	1.111 ^a	0.686 ^b	4.313 ^a	3.106 ^b
長濱 1	0.060	0.052	1.144	1.331	0.790	0.710	2.993	2.697
東河	0.057	0.051	1.464	1.253	0.797	0.625	3.132	2.545
台東	0.057	0.049	1.237	1.087	0.695	0.568	2.971	2.366
豐原	0.054	0.064	1.197	1.105	0.645	0.485	3.024	2.539
草屯	0.058	0.071	1.182	1.091	0.734	0.568	3.297	2.734
長濱 2	0.059	0.065	1.020	1.037	0.724	0.557	2.936	2.380
芳苑	0.041	0.042	0.837	0.775	0.535	0.376	2.382	1.892
水林	0.050	0.064	1.019	0.974	0.662	0.508	2.821	2.526
埤頭	0.058	0.071	1.193	1.041	0.695	0.469	3.079	2.466
品系間LSD	0.0073		0.191		0.105		0.343	

*: Means with different letters in the row are significant at 5% level