

第五章 總結

本論文以葉綠體基因組中的 *trnL* intron 及 *trnL-trnF* IGS 等兩個基因位建立植物 DNA 資料庫以應用於植物之種屬鑑定。本資料庫包含台灣地區常見植物 79 科 206 屬 264 種共 365 個檢體。經序列分析後並未發現不同屬間或科間於此二基因位中具有相同的序列型，除了少數屬別以外幾乎可經由此二基因位之序列多型及長度多型鑑別至種的階層，經由盲樣測試之結果也發現只要本資料庫已登錄之種屬經搜尋比對後均能鑑別其正確的種別，顯示此二基因位所建立之植物 DNA 資料庫若能持續擴充應可應用於植物種屬之鑑別，並可提升植物鑑識於犯罪偵查上之價值。

於鬼針草遺傳多樣性之研究中，本論文以上述於 cpDNA 之兩個基因位及 ITS1、5.8S 及 ITS2 等三個 nrDNA 的基因位之序列分析探討本種於各階層（三個變種間、變種內、族群間及族群內等）之遺傳多樣性及基因交流。由序列分析之結果發現 nrDNA 之鹼基變異程度及遺傳多樣性均遠高於 cpDNA 者，至於族群內及變種內之遺傳分化程度 (F_{ST}) 則呈現相同的趨勢即大花咸豐草 < 小白花鬼針 < 白花鬼針。由基因交流值之分析顯示白花鬼針與小白花鬼針間已出現明顯的雜交現象，至於較晚歸化的大花咸豐草與此二變種間的雜交現象則可能尚不明顯。AMOVA 分析之結果顯示鬼針草其遺傳變異的主要貢獻

為族群內個體間的變異。本系統之 *trnL* intron、ITS1、5.8S 及 ITS2 等四個基因位之序列分析均可有效的鑑別鬼針舅及鬼針草兩種間之差異，至於鬼針草之 161 個樣品中以此五個基因位所構成之 84 種單倍型（haplotypes）的組合發現大花咸豐草之 34 種單倍型中有 33 種單倍型為其特有的型別，幾乎可鑑別此外來變種與小白花及白花鬼針等兩個變種間之差異。雖然經由此五個基因位之序列分析目前無法達到個化的目的，但此 84 種單倍型有將近 60% 的型別只出現單一樣品，顯示本種於個體間仍具有極大的變異，若能再配合其他多型性較高之基因位的分析所組合而成之單倍型應可達到個化的目標。

根據本研究所建構之系統實際應用於大麻種子之種屬鑑定的案例報告，則顯示以葉綠體基因組之 *trnL* -*trnF* IGS 及細胞核核糖體 DNA 之 ITS1 等二基因位之 DNA 序列可成功的進行大麻種子之種屬鑑定，除了證明本系統為大麻種子進行種屬鑑定之有效方法之外，也顯示本論文所採用的這些基因位在刑事鑑識上應具有進行植物種屬鑑定之應用價值。