

# 利用RAPD分子標誌研究臺灣山毛櫸之 族群變異<sup>1</sup>

王亞男<sup>2</sup>、林建良<sup>3</sup>

( 收件日期：民國 91 年 7 月 15 日、接受日期：民國 91 年 11 月 6 日 )

**【摘要】**臺灣山毛櫸 (*Fagus hayatae* Palib. ex Hayata) 是法定珍稀植物之一，目前臺灣地區僅在插天山自然保留區及銅山地區有發現，本實驗以 RAPD 分子標誌技術探討族群的變異性，於 2000 年 9 月間在北插天山取一個樣區，銅山地區則選取三個樣區，每樣區逢機選取 25 株樣本，共 100 株樣本，使用 6 個 10-mer 的人工合成逢機序列引子，共得到 108 條擴增片段，其中 98 條(90.74%) 為多形性片段，10 條(9.26%) 為單形性片段，相似性分析的結果顯示銅山地區的 75 株樣本間的平均相似度為 0.547，北插天山族群的 25 株樣本間則為 0.651，顯示兩族群內的變異頗高。POPGENE 分析則顯示平均族群總變異(*Ht*) 為 0.1951，平均族群內變異(*Hs*) 為 0.1756，平均族群差異性(*Gst*) 為 0.1001，意謂族群間的變異僅佔總變異的 10.01%，主要的變異存在於族群內單株間，族群的分化則不顯著。

**【關鍵詞】**臺灣山毛櫸、逢機擴增多形性 DNA、族群遺傳變異。

## STUDYING THE POPULATION GENETIC VARIATION OF TAIWAN BEECH (*FAGUS HAYATAE*) BY RAPD MARKER

Ya-Nan Wang<sup>1</sup> Chien-Liang Lin<sup>2</sup>

( Received July 15, 2002; Accepted November 6, 2002 )

**【Abstract】** The Taiwan beech (*Fagus hayatae* Palib. ex Hayata), a rare plant in Taiwan, can be found only in Chatienshan Nature Reserve and Tongshan area of North-eastern Taiwan. We studied the population variation by RAPD molecular marker. A total of 100 samples were collected from four plots with 25 samples each during Sept. in 2000. One plot was from Peichatienshan and three plots were from Tongshan. Six arbitrary sequenced 10-mer primers were used in this study and 108 DNA fragments were recorded. Among them, 98 fragments were polymorphic (90.74%) and 10 fragments were monomorphic (9.26%). Average similarity coefficient for 75 samples of Tongshan population and 25 samples of Peichatienshan population were 0.547 and 0.651 respectively, indicating high variation within populations. POPGENE software analysis showed that average total population genetic diversity (*Ht*) was 0.1951, average genetic diversity within population was 0.1756, and *Gst* index was 0.1001, indicating that the major variation existed within population and population genetic differentiation was not significant.

**【Key words】** *Fagus hayatae*, RAPD, population genetic variation.

<sup>1</sup> 本研究為農委會補助計劃 { 編號89科技-1.5-林-66(7)、90農科-1.3.1-林-R1(2) }，謹此致謝。

This project was sponsored by the Council of Agriculture, R.O.C. {(89AST-1.5-FOR-66(7)、90AS-1.3.1-FC-R1(2))}.

<sup>2</sup> 國立台灣大學森林系教授，通訊作者。

Professor, Department of Forestry, National Taiwan University. Corresponding Author.

<sup>3</sup> 國立台灣大學森林系碩士班研究生。

Graduate Student, Department of Forestry, National Taiwan University.

## I、前言

臺灣山毛櫸 (*Fagus hayatae* Palib. ex Hayata) 是冰河時期的孑遺植物，為法定保護的珍稀植物之一，1975年臺灣省林務局為保護北插天山之臺灣山毛櫸，將烏來事業區 41、42 林班劃為北插天山山毛櫸保護區，烏來事業區 43~45、49~53 林班及大溪事業區 13~15、24~26、32、33 林班設置臺灣北部自然保護區（拉拉山自然保護區），1992年3月12日將此二保護區合併，依文化資產保存法公告為插天山自然保留區。

山毛櫸屬 (*Fagus*) 植物在更新世 (Pleistocene) 冰期中曾為臺灣東北部的造林份子，種類不只一種 (Liew and Huang, 1994)，且當時它的分佈極可能達到臺灣中部的北迴歸線附近 (Liew *et al.*, 1994)。但現今臺灣的山毛櫸屬植物僅存臺灣山毛櫸一種，僅分佈在插天山自然保留區及宜蘭銅山一帶的稜線上。依據呂等 (1998) 對插天山自然保留區內的臺灣山毛櫸所做的調查指出，臺灣山毛櫸在該區雖仍極具優勢，但幼苗數量稀少，天然更新能力不強，若未能重視其保育問題，其族群將可能繼續萎縮，而為其他樹種所取代。

在臺灣有關山毛櫸的研究甚少，且多集中於插天山自然保留區的研究，植群調查 (呂等, 1998; 邱, 1996; 邱等, 1998; 歐等, 2000; 謝等, 1987) 及土壤 (林, 1987) 相關的背景資料較為完整，相較之下，銅山地區山毛櫸所擁有的資料就格外地缺乏，目前僅有土壤動物組成及部分土壤理化性質的分析資料 (賀, 2000)，此地區的相關基礎研究也就顯得格外的重要。

RAPD 是 1990 年 Williams 所發展出來的技術，配合 PCR (Polymerase Chain Reaction) 及逢機取樣的概念，利用統計的方式推算出基因所在的相對位置。數年前，RAPD 開始被應用在族群遺傳學的研究上，筆者希望藉由 RAPD 的技術對銅山地區的山毛櫸族群進行遺

傳變異的分析，並與插天山自然保留區的山毛櫸族群進行比較，以瞭解臺灣地區臺灣山毛櫸的遺傳結構。

## II、材料與方法

### (I) 材料

於銅山地區選定三個樣區，每樣區面積約一公頃，分別為銅山-1、銅山-2、銅山-3，於每樣區內逢機採取 25 株樣本，共 75 株樣本，分別編號為 01~25、26~50、51~75，每株樣本任選一小枝條以高枝剪取下，於小枝條上選取約 10 片之健全葉片，盡量選擇幼嫩葉片，置入封口袋中，封口袋上編上號碼，置於冰桶中保存，冰桶則以冷凍塊保持低溫，攜回實驗室後立即置入 -70°C 冰箱中保存，以供實驗之用；北插天山地區選定一個樣區，面積亦約一公頃，於樣區內逢機選取 25 株樣本 (編號 76~100)，取樣及保存方式與銅山樣區相同。

### (II) 方法

1. 秤取冷凍葉片約 0.3 g，以 ddH<sub>2</sub>O 清洗兩次，70% 酒精清洗一次，以液態氮研磨成細粉置入離心管。
2. 加入 500 $\mu$ L 萃取液 [2% (w/v) CTAB; 100mM Tris-HCl, pH 8.0; 20mM EDTA; 1.4M NaCl 0.2%(v/v)  $\beta$ -mercaptoethanol]，震盪混合 5sec，置 65°C 水浴 30min。
3. 以 14,000 rpm 離心 10min，取上清液置入新的微量離心管。
4. 加入等體積的 CI [Chloroform : Isoamyl alcohol=24:1 (v/v)]，充分混合，以 14,000 rpm 離心 10min，取上清液置入新的微量離心管，並重複此步驟一次。
5. 加入等體積冰冷的 isopropanol，-20°C 靜置過夜以析出 DNA。
6. 以 14,000 rpm 離心 10min，倒去上清液，

- 加入 1mL 清洗液 [76% ethanol ( v/v ) ; 10mM ammonium acetate] , 輕輕混合 , 以 14,000 rpm 離心 10min , 倒去上清液 , 倒置於室溫下風乾。
7. 加入 50 $\mu$ L 無菌水回溶 DNA , 再加入 RNase ( 10 $\mu$ g/mL ) 去除其中的 RNA , 稀釋液冷藏於-20 $^{\circ}$ C , 母液則冷藏於-70 $^{\circ}$ C 冰箱備用。
  8. 將 DNA 溶液做 100 $\times$ 稀釋 , 以分光光度計測定 260nm 及 280nm 的吸光值並計算 OD<sub>260</sub>/OD<sub>280</sub> ratio , 超過 1.5 才取用 , 否則該樣本重新萃取。
  9. PCR 反應各項反應物及濃度如下 : 10mM Tris-HCl、2.0mM MgCl<sub>2</sub>、50mM KCl、0.1% Triton X-100、dNTP 各 0.2mM、primer 0.6 $\mu$ M、DNA 20ng、DNA polymerase 1U , 總體積為 25 $\mu$ L ; 反應迴圈設定如下 : 95 $^{\circ}$ C-5min , ( 95 $^{\circ}$ C-1min , 39 $^{\circ}$ C-1min , 72 $^{\circ}$ C-2min ) 35 cycles , 72 $^{\circ}$ C-5min , 4 $^{\circ}$ C直至停止。
  10. 由 operon 購得的引子組 OPW( 01-20 )、OPY ( 01-20 ) 及 pharmacia 購得的引子 1-6 共 46 個 10-mer 引子中進行篩選 , 選擇 6 個電泳色帶強度較強者進行後序實驗。
  11. 以 NuSieve 3:1 agarose 及 0.5 $\times$ TBE buffer 製作 1.5% 的膠體 , 稍冷卻後加入 EtBr 及 loading dye , 以 120 Volt 進行電泳約 70 min , 待第一條 marker 到達距膠體底端約 1 公分即可結束電泳 , 電泳結果以拍立得 667 底片拍照留存。
  12. 以 NTSYS 進行色帶辨識、計算單株間的 Nei's 相似性指數、作 UPGMA 群團分析並利用 POPGENE 估算族群遺傳總變異、基因歧異度、族群內遺傳變異及 G<sub>st</sub> 值。

### III、結果

#### (I) NTSYS 分析結果

拍立得照片之電泳圖譜經掃描成圖形檔後 , 經 NTSYS 電腦分析軟體作條帶辨識 , 共得到 108 條條帶 , 其中 98 條 ( 90.74% ) 為多形性條帶 , 10 條 ( 9.26% ) 為單形性條帶。

NTSYS 分析軟體將辨識出的條帶數位化後存於資料庫中 , 再由資料庫中將資料彙整後作單株間的 Nei's 相似性比較 , 銅山地區的 75 株樣本間的遺傳相似度為 0.36~0.88 , 平均相似度為 0.547 , 北插天山族群 25 株樣本間的遺傳相似度則為 0.47~0.83 , 平均相似度為 0.651。

NTSYS 分析軟體將算出的 Nei's 相似性指數以 UPGMA 作群團分析 , 作出相似性樹形圖 , 銅山地區三個樣區的樣本沒有明顯地分成三群 , 但單就銅山地區的 75 株樣本 ( 01~75 ) 而言 , 以相似度 30% 左右做為分界 , 大略可看出是一大群及一小群 ( 29,30,31,46 ) , 北插天山族群樣本 ( 76~100 ) 除 79 及 89 號樣本外 , 則是相當明顯的一群。

#### (II) POPGENE 分析結果

以 POPGENE 分析臺灣山毛櫸 108 個基因座之 Nei's 基因歧異度 , 基因座的樣區總變異 (*H<sub>t</sub>*) 為 0.0000~0.4940 , 平均樣區總變異 (*H<sub>t</sub>*) 為 0.1951 , 基因座的樣區內變異 (*H<sub>s</sub>*) 為 0.0000~0.4486 , 平均樣區內變異 (*H<sub>s</sub>*) 為 0.1756 , 基因座的族群間差異度 (*G<sub>st</sub>*) 為 0.0000~0.6246 , 平均族群間差異度 (*G<sub>st</sub>*) 為 0.1001。

以 POPGENE 分析樣區間相似度的結果 ( 表 1 ) , 列出臺灣山毛櫸四個取樣樣區間之 Nei's 遺傳相似度及遺傳距離 , 樣區銅山-1 與樣區銅山-2 間的遺傳相似度為 0.9861 , 樣區銅山-2 與樣區銅山-3 間的遺傳相似度為 0.9878 , 樣區銅山-1 與樣區銅山-3 間的遺傳相似度為 0.9894 , 樣區銅山-1、銅山-2、銅山-3 與北插

天山樣區間的遺傳相似度分別為 0.9553、0.9518、0.9659；銅山地區三個取樣區間的遺傳相似度均將近 99%，北插天山族群與銅山地區三樣區的相似度也有 95.18~ 96.59%的水準，但仍較銅山地區三樣區間的相似度稍低。

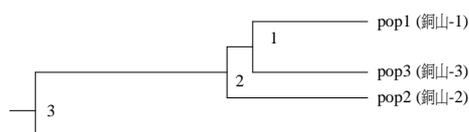
POPGENE 利用算出的臺灣山毛櫸四個取樣區族群間 Nei's 相似性指數作 UPGMA 群團分析所得的樹形圖 (圖 1)，銅山第 1 樣區與銅山第 3 樣區長度最短，長度為 0.53282，其次是銅山第 2 樣區，長度為 0.65750，最遠的則是北插天山樣區，長度為 2.16373。

表 1 臺灣山毛櫸四個取樣區間之 Nei's 遺傳相似度及遺傳距離

Table 1 Nei's genetic similarity and genetic distance between four plots of Taiwan beech

	銅山-1	銅山-2	銅山-3	北插天山
銅山-1	****	0.9861	0.9894	0.9553
銅山-2	0.0140	****	0.9878	0.9518
銅山-3	0.0107	0.0123	****	0.9659
北插天山	0.0458	0.0493	0.0347	****

\* Nei's genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal)



Between	And	Length
3	2	1.50623
2	1	0.12467
1	pop1(銅山-1)	0.53282
1	pop3(銅山-3)	0.53282
2	pop2(銅山-2)	0.65750
3	pop4(北插天山)	2.16373

圖 1 臺灣山毛櫸四個取樣區間之 UPGMA 群團分析圖

Fig. 1 UPGMA cluster analysis between four plots of Taiwan beech

以 POPGENE 分析臺灣山毛櫸北插天山及銅山族群共 100 株樣本、108 個基因座，基因座的族群總變異( $H_t$ )為 0.0000~0.4940，平均族群總變異( $H_t$ )為 0.1974，基因座的族群內變異( $H_s$ )為 0.0000~0.4627，平均族群內變異( $H_s$ )為 0.1804，基因座的族群間差異度( $G_{st}$ )為 0.0000~0.7133，平均族群間差異度( $G_{st}$ )為 0.0862，意謂族群間的變異僅佔總變異的 8.62%，主要的變異存在於族群內單株間，族群的分化則不顯著；分析族群間相似度，顯示出臺灣山毛櫸銅山族群與北插天山族群間之 Nei's 遺傳相似度及遺傳距離分別為 0.9613 及 0.0394 (表 2)。

表 2 臺灣山毛櫸兩族群間之 Nei's 遺傳相似度及遺傳距離

Table 2 Nei's genetic similarity and genetic distance between two Taiwan beech population

	銅山族群	北插天山族群
銅山族群	****	0.9613
北插天山族群	0.0394	****

\* Nei's genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal)

#### IV、討論

本試驗中測得兩族群的族群內平均遺傳相似度分別為 0.547 及 0.651，族群間遺傳距離為 0.0394，平均族群總變異( $H_t$ )為 0.1974，平均族群內變異( $H_s$ )為 0.1804，族群分化度值( $G_{st}$ )為 0.0862。葉 (1996) 利用 RAPD 研究臺灣另一珍稀樹種-臺灣穗花杉的族群遺傳變異，分析大武及茶茶牙賴山兩個族群，測得族群內平均相似度分別為 0.9901 及 0.9894，族群間遺傳距離為 0.0127。族群內平均相似度明顯較臺灣山毛櫸高出許多，遺傳距離也較臺灣山毛櫸小。阿里山與棲蘭山兩臺灣扁柏族群之遺傳變異 (郭, 1998)，族群總變異 0.380，族群內變異 0.338， $G_{st}$  值為 0.1105；阿里山及棲蘭山紅

檜族群的遺傳變異 ( 林, 1998 ), 族群的遺傳變異平均值為 0.261,  $G_{st}$  值為 0.1513, 兩樹種的族群分化均不明顯, 此二者是臺灣重要的樹種, 其族群變異均較臺灣山毛櫸為高, 分化程度也較臺灣山毛櫸族群高。其他樹種的類似研究數據有: 臺灣櫸族群 ( 張, 1995 ), 族群內遺傳變異佔總變異量之 91%, 族群間之遺傳變異量僅佔 9%; 琉球黃楊族群 ( 黃, 2000 ), 平均族群總變異 ( $H_t$ ) 為 0.2830, 平均族群內變異 ( $H_s$ ) 為 0.1796, 族群分化度值 ( $G_{st}$ ) 為 0.3654; 北美花旗松族群 ( Aagaard *et al.*, 1998 ), 平均族群總變異 ( $H_t$ ) 為 0.27, 平均族群內變異 ( $H_s$ ) 為 0.19, 族群分化度值 ( $G_{st}$ ) 為 0.34。由上列幾個樹種資料相較可知, 臺灣山毛櫸族群總變異量及族群內變異量均較上列樹種稍低, 族群分化程度除了臺灣櫸外, 均較其他樹種為低。這可能可由族群的地理分佈上來解釋, 兩族群距離並非十分遙遠, 其間有檜山、三星山、望洋山等, 但高度上均非十分高大, 花粉可能仍有機會相互交流, 而導致遺傳變異及分化程度較低。

對四個樣區進行分析的結果顯示平均樣區總變異為 0.1951, 平均樣區內變異為 0.1756, 平均樣區分化度為 0.1001; 對兩個族群進行分析的結果顯示平均族群總變異為 0.1974, 平均族群內變異為 0.1804, 平均族群分化度為 0.0862。兩次分析間未有明顯的差異, 顯示在銅山三個樣區間的遺傳變異甚低, 在相似度分析中也可看出銅山三樣區間的相似度將近 99%, 另外, 變異主要存在於單株間, 且變異的分佈可能相當均質。

臺灣山毛櫸由於族群數量極少且分佈範圍狹隘, 又加上生長環境遭受破壞, 是以族群正面臨衰退生長之情形 ( 歐等, 2000 )。假設族群間未有基因的交流而處於長期的近交狀態, 遺傳歧異度應逐漸縮小, 但實驗中兩族群仍具有不低的遺傳歧異度, 意謂兩族群間可能存有某種程度的基因交流, 這點需要再進一步加以證實。Aagaard 等 ( 1995 ) 發現花旗松的 RAPD 條帶部分是母系遺傳的, 這導致族群間表現高

度的分化。Latta 及 Mitton ( 1997 ) 利用 allozyme 及 RAPD 研究 limber pine 的 mtDNA 及 cpDNA, 認為族群間的分化主要來自於母系遺傳的粒線體 DNA, 少數來自父系遺傳的葉綠體 DNA, 意謂花粉的飛散是基因流動的主要機制。Demesure 等 ( 1996 ) 以 PCR 分析歐洲山毛櫸的 cpDNA, 發現分析的 85 個族群呈現高度的分化, 但早先學者以 isozyme 分析的結果卻顯示分化程度甚低 ( Comps *et al.*, 1987, 1990; Cuguen *et al.*, 1988 ), 推斷歐洲山毛櫸族群間基因的流動主要是靠花粉的傳播, 種子傳播所對基因流動的作用不高。

在山毛櫸屬植物的分佈上, 以歐洲山毛櫸 (*Fagus sylvatica*) 分佈最廣, 臺灣山毛櫸分佈最狹窄, 山毛櫸屬的研究報告則多集中於 *F. sylvatica*, *F. crenata*, *F. japonica* 等少數幾種, 有關臺灣山毛櫸的研究報告可說是少之又少, 且多是有關採集地點及生態模式的報告, 少數是有關地質的報告, 利用分子工具找尋族群變異或親緣關係的報告僅發現 Kato 等人 ( 2000 ) 利用 RFLP 分析拉拉山自然保護區 15 株樣木的 mtDNA, 報告中指出該地區臺灣山毛櫸族群的遺傳變異相當有限且粒線體組態 ( chondriome type ) 與 *F. crenata* 十分相近, 然報告中並未有數據明確指出該族群究竟有多大的遺傳變異, 另外, mtDNA 序列較為保守, 較不易發生改變 ( Palmer, 1992 ), 用於族群變異的研究上不排除可能有低估的機會發生。

## V、引用文獻

- 呂金誠、歐辰雄、邱清安 ( 1998 ) 插天山自然保留區植群研究 ( 二 ): 台灣山毛櫸之族群組成。中興大學實驗林研究彙刊 2(2): 79-91。
- 林清光 ( 1987 ) 拉拉山自然保護區之土壤。國立臺灣大學農業化學研究所碩士論文。
- 林惠文 ( 1998 ) 應用達機擴增多型性 DNA 分子標記分析紅檜族群之遺傳變異。中國文化大學生物科技研究所碩士論文。

- 邱清安 (1996) 插天山自然保留區植相與植群之研究。國立中興大學森林學研究所碩士論文。
- 邱清安、呂金誠、歐辰雄 (1998) 插天山自然保留區植群之研究。中興大學實驗林研究彙刊 20(1): 57-80。
- 張國楨、姜家華、王亞男 (1996) 台灣樺達機擴大多形性核酸分析之研究。台大實驗林研究報告 10(3): 29-40。
- 黃美玉 (2000) RAPDs 應用於琉球黃楊族群遺傳變異之研究。國立臺灣大學森林學研究所碩士論文。
- 郭怡秀 (1998) 以達機多型性 DNA 分子標記探討台灣扁柏族群之遺傳變異。中國文化大學生物科技研究所碩士論文。
- 賀立行 (2000) 宜蘭銅山地區山毛櫸土壤動物之初步研究。國立臺灣大學森林學研究所碩士論文。
- 葉千萬 (1996) 利用 RAPD 研究台灣穗花杉族群之遺傳變異。國立臺灣大學森林學研究所碩士論文。
- 歐辰雄、呂金誠 (2000) 插天山自然保留區臺灣山毛櫸天然更新與繁殖可行性研究 (II)。農委會林務局保育研究系列 89-5 號。
- 謝長富、湯惟心、林義方、林雲珍、陳尊賢、林光清、張仲光 (1987) 自然保護區生態基準資料庫之建立 (二)。行政院農業委員會 76 年生態研究第 026 號。
- Aagaard, J. E., K. V. Krutovskii and S. H. Strauss (1998) RAPDs and allozymes exhibit similar levels of diversity and differentiation among populations and races of Douglas-fir. *Heredity* 81: 69-78.
- Aagaard, J. E., S. S. Vollmer, F. C. Sorensen and S. H. Strauss (1995) Mitochondrial DNA products among RAPD profiles are frequent and strongly differentiated between races of Douglas-fir. *Mol. Ecol.* 4: 441-447.
- Comps, B., G. Barrière, D. Merzeau and J. Letouzey (1987) La variabilité alloenzymatique des hêtraies dans les sous-domaines médio-et eu-atlantique d'Europe. *Can. J. Forest Res.* 17: 1043-1049.
- Comps, B., B. Thiébaud, L. Paule, D. Merzeau and J. Letouzey (1990) Allozymic variability in beechwoods (*Fagus sylvatica* L.) over central Europe: Spatial differentiation among and within populations. *Heredity* 65: 407-417.
- Cuguen, J., D. Merzeau and B. Thiébaud (1988) Genetic structure of European beech stands (*Fagus sylvatica* L.): F-statistics and importance of mating system characteristics in their evolution. *Heredity* 60: 91-100.
- Demesure, B., B. Comps and R. J. Petit (1996) Chloroplast DNA phylogeography of the common beech (*Fagus sylvatica* L.) in Europe. *Evolution* 50 (6): 2515-2520.
- Kato, S., T. Koike, T. Lei, C.-F. Hsieh, K. Ueda and T. Mikami (2000) Analysis of mitochondrial DNA of an endangered beech species, *Fagus hayatae* Palibin ex Hayata. *New Forests* 19: 109-114.
- Latta, R. G. and J. B. Mitton (1997) A comparison of population differentiation across four classes of gene marker in limber pine (*Pinus flexilis* James). *Genetics* 146: 1153-1163.
- Liew, P.-M. and S.-Y. Huang (1994) Pollen analysis and their paleoclimatic implication in the middle Pleistocene lake deposits of the Ilan district, northeastern Taiwan. *Journal of the Geological Society of China* 37(1): 115-124.
- Liew, P.-M., C. F. Shen and S.-Y. Huang (1994) Middle Pleistocene distribution of the genus *Fagus* Tourn. ex L. (*Fagaceae*) in Taiwan. *Journal of the Geological Society of China* 37(4): 549-560.
- Nei, M. and W.-H. Li (1979) Mathematical model for studying genetic variation in terms

of restriction endonucleases. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 76: 5269-5273.

Palmer, J. D. (1992) Comparison of chloroplast and mitochondrial genome evolution in plants. *In*: R. G. Herrmann, ed., Cell organelles, pp.99-133. Springer-Verlag, Wine,

New York.

Williams, J. G. K., A. R. Kubelik, K. J. Livak, J. A. Rafalski and S. V. Tingey (1990) DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucl. Acids Res. 18: 6531-6535.

