

大蒜遺傳歧異性之研究¹

趙秀滂²、楊藹華³

摘 要

趙秀滂、楊藹華。2005。大蒜遺傳歧異性之研究。台南區農業改良場研究彙報 45：26-38。

本研究主要目的在於分析二十六個台灣大蒜品種(系)之遺傳歧異性，就園藝外表特性表現其相似性係數介於0至0.85之間，經由親緣樹形圖來看，可明顯將二十六個大蒜品種(系)區分為兩大類群；其中第一類群(軟骨蒜)又分為二個亞群，第二類群(硬骨蒜)中之和美番(32)與同類群其他品種系之相似係數差異甚大。另經由 RAPD 結果顯示，引子 OPI03 可產生較明顯之可區分的核酸片段，進一步利用 OPI03-3 為引子進行分子性狀分析，明顯分辨軟骨蒜與硬骨蒜間之差異，軟骨蒜中均能很清楚較硬骨蒜中多一條 800 bp 之條帶。一般人認為西螺白葉種(17)及和美白葉(19)為軟骨蒜品種，但經由親緣樹型圖及 RAPD 分析只能夾到一些約在 900-1800bp 的核酸片段，無法夾到 800 bp 之片段，所以本研究將其歸屬為第二群硬骨蒜類，但實際上這兩品種系是介於硬骨蒜類和軟骨蒜類之間。

關鍵詞：大蒜、遺傳歧異性、RAPD、品種

接受日期：2004 年 10 月 25 日

前 言

大蒜為台灣地區重要經濟蔬菜作物之一，每年栽培面積約在 5,000-7,000 公頃，年產量約 40,000-60,000 公噸(農業統計年報，2002)。根據現代科學家的分析指出，大蒜含有 100 種以上具有療效之成份，且多半為含硫的植化物，其中包括有：蒜素(Allicin)、蒜烯(Ajoene)、增精素(Scordinin)、硫化二丙烯(Diallyl sulfide)及有機鍍、硒元素等；尤其是蒜素被喻為天然的抗生素，除了可用於疾病之預防與治療外，亦被用為製藥原料，所以大蒜可謂是最接近藥品的自然保健食品⁽⁵⁾。一般而言，大蒜在地上部柔嫩時稱為青蒜，花梗稱為蒜苔，地下部由蒜瓣集成成的蒜球稱為蒜頭，全株皆可供作食用⁽³⁾。由於大蒜染色體構造上的不對稱行為，使得大蒜縱使抽苔後亦無法開花結子，因此其繁殖後代為屬於利用蒜瓣繁殖之無性繁殖作物⁽⁴⁾。由於大蒜具有喜好冷涼氣候，不耐炎熱的特性⁽³⁾，因此在台灣屬於越冬栽培的作物，

1.行政院農業委員會台南區農業改良場研究報告第 306 號。

2.台南區農業改良場義竹工作站助理研究員。地址：嘉義縣義竹鄉 624 中平村中庄 84 號

3.台南區農業改良場作物改良課副研究員。地址：台南縣 712 新化鎮牧場 70 號

一般 9 至 10 月間播種，隔年 3 至 4 月間採收，主要種植地區為雲林縣，其次為台南縣。故適合台灣種植的大蒜品種必須是對長日照需求短的品種，以便於梅雨季前採收⁽²⁾，所以台灣栽培的品種以硬骨蒜佔大多數。

大蒜在傳統分類上，通常依據其外表型差異，包括莖葉顏色、排列方式及柔軟程度等，可概分為硬骨蒜和軟骨蒜兩大類。由於軟骨蒜的假莖與葉柔嫩、蒜白較長及可抽苔，因此可用於收穫青蒜、蒜苔及蒜頭，具代表性品種為花蒜，屬晚生品種；而硬骨蒜其植株生育強健、葉色濃綠及葉片寬闊，大多供作收穫蒜頭用，少數供作青蒜用，具代表性品種為大片黑，成面，僅早期有亞洲蔬菜發展中心於 1993 年及顏等人於 1997 年的報導，結果均顯示台灣地區的大蒜熟期較早⁽⁷⁾。相對於大蒜品種的分類研究方品種系彼此之間有很高的相似性，推測來自相近的區域。

然早期的植物分類乃憑藉著地理分布及外表形態為標準，因此在傳統分類上，主要是依據植株外表型來區分品種間差異，但外表型會隨著外在環境或內在的基因變異而改變，因此在分類上會發生難以區分的情況⁽¹⁾。近年來，分子生物科技快速發展，配合分子生物學技術，運用分子標誌(molecular markers)被認為是進行植物遺傳歧異度分析或品種鑑定的良好工具^(9,13)，主要應用方式有同功異構酶(isozyme)、核酸限制酵素片段長度多型性(restriction fragment length polymorphic DNA，簡稱 RFLP)、隨機擴增多形性核酸(random amplified polymorphic DNA，簡稱 RAPD)以及微衛星 DNA(microsatellite DNA)等遺傳標誌，分別由蛋白質及核酸的層次上來分析及鑑定生物個體。但同功異構酶雖已被應用於遺傳歧異度(genetic diversity)及雜交品種鑑定，但受限於同功異構酶種類太少，而 RFLP 準確雖高，但昂貴、耗費人力及使用放射線，最近幾年，以 PCR(polymerase chain reaction)為基礎之分子標誌系統，係利用單一隨機合成的引子，隨機複製 DNA 片段，以產生許多可供鑑識的 DNA 標誌，且對 DNA 質與量的要求不高，具有操作簡便、便宜等優點。應用於生物學的分析，目前已發展應用在核酸指紋分析⁽¹⁶⁾，遺傳圖之建立和種屬間親源關係的區分及品種上之鑑定，目前已經應用在花生⁽¹⁰⁾、小麥⁽¹⁵⁾、水稻⁽¹⁸⁾、木瓜⁽¹⁴⁾等作物上。本研究在探討台灣主要大蒜品種植株之特性，並利用 RAPD 分子標誌技術，了解台灣大蒜品種之遺傳歧異度(genetic diversity)。

材料及方法

供試之二十六個大蒜品種/系，均由台南區農業改良場義竹工作站自臺灣各地收集而來，各品種/系名稱及來源如表 1。大蒜外表性狀之調查將二十六個大蒜品種系種植於台南區農業改良場義竹工作站試驗田間試區，試區採隨機完全區集設計，每品種 3 重複，行株距 21×9 cm，畦長 1.5 m，畦寬 75 cm，小區面積為 1.125 m²。分別於種植後 90 天，依據各個品種系之生長表現，調查其植株外表性狀表現，以評定其莖葉軟硬程度、葉色、葉姿、蒜球顏色及抽苔等特性，蒜球色則於蒜球充分成熟，採收並加以烘乾後再做調查。

外表性狀之調查項目：莖葉軟硬：依植株莖葉外觀挺立或柔軟，分為二級：(1) 硬骨蒜；(2) 軟骨蒜。葉色：依葉片外觀顏色，分為三級：(1) 淺綠；(2) 綠；(3) 濃綠。葉姿：依葉片外觀挺立或柔軟，分為三級：(1) 平伏；(2) 半伏；(3) 直立。蒜球顏色：烘乾後蒜

球外觀顏色，分為四級：(1) 白；(2) 紫；(3) 紫紅；(4) 淺紫紅。抽苔：試區內 90% 以上植株抽苔與否：分為兩級 (1) 不抽苔；(2) 抽苔。鮮重：逢機稱取 10 株，3 重複，平均之，分五級：(1) 不超過 30g；(2) 30g 以上，不超過 35g；(3) 35g 以上，不超過 40g；(4) 40g 以上，不超過 45g；(5) 45g 以上。株高：逢機量取 10 株，3 重複，平均之，分五級：(1) 不超過 55cm；(2) 55cm 以上，不超過 60cm；(3) 60cm 以上，不超過 65cm；(4) 65cm 以上，不超過 70cm；(5) 70cm 以上。蒜白長：取 10 株，3 重複，平均之，分五級：(1) 不超過 8.5cm；(2) 8.5cm 以上，不超過 9.0cm；(3) 9.0cm 以上，不超過 9.5cm；(4) 9.5cm 以上，不超過 10cm；(5) 10cm 以上。綠葉數：取 10 株，3 重複，平均之，分四級：(1) 不超過 6.5；(2) 6.5 以上，不超過 7.0；(3) 7.0 以上，不超過 7.5；(4) 7.5cm 以上。蒜白莖徑：取 10 株，3 重複，平均之，分六級：(1) 不超過 10mm；(2) 10mm 以上，不超過 11mm；(3) 11mm 以上，不超過 12mm；(4) 12mm 以上，不超過 13mm；(5) 13mm 以上，不超過 14mm；(6) 14mm 以上。抗切割力：取 10 株，3 重複，平均之，分五級：(1) 不超過 80 g/cm²；(2) 80 g/cm² 以上，不超過 100 g/cm²；(3) 100 g/cm² 以上，不超過 120 g/cm²；(4) 120 g/cm² 以上，不超過 140 g/cm²；(5) 140 g/cm² 以上。產量：取 10 株，3 重複，平均之，分四級：(1) 不超過 8,000 kg/ha；(2) 8,000 kg/ha 以上，不超過 10,000 kg/ha；(3) 10,000 kg/ha 以上，不超過 12,000 kg/ha；(4) 12,000 kg/ha 以上。

統計分析: 計算調查性狀之平均值，將性狀級數化，分為 1~6 級不等，並以每一參試收集系為運算分類的單位(operational taxonomic unit, 以 OUT 表示)。各收集系之相似係數，其計算方式先根據性狀相同級數之出現與無出現(出現以 1，無出現以 0 表示)記錄之，再依 Jaccard⁽¹⁾ 之定義計算其 Jaccard 相似度，其公式為： $J = a/(a+b+c)$

其中 a：表示 OUT_i 與 OUT_j (i≠j; ij=1,2,⋯,N；其中 N 為參試品系數)同時擁有之相同性狀級數數目。b：表示 OUT_i 擁有而 OUT_j 缺乏之相同性狀級數數目。c：表示 OUT_j 缺乏而 OUT_i 擁有之相同性狀級數數目。再根據計算出之相似係數矩陣，利用 NT-SYS 軟體，以 UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic mean) 的方法進行分群分析 (cluster analysis)，以求出參試收集系間的差異。

RAPD 分子性狀分析: 將二十六個大蒜各品種系的蒜球放置在 5°C 之冷藏庫兩週催芽，待芽體萌動抽出後，每一個品種系取 10-20 個蒜瓣的芽體加以混合後，貯存至 -70°C 直到使用。

DNA 抽取方式主要依萊富生命科技公司之產品 Plant DNAzol reagent，抽取大蒜之 DNA，稱取 0.1g 之大蒜芽體組織，置於研鉢中，以液態氮研磨成粉末，加入 0.3 ml 萃取液，混合均勻後，加入等積之 chloroform 混合，經高速低溫離心以丟棄雜質以萃取 DNA，上清液經 100 % ethanol 濃縮沉澱 DNA，經 TE buffer 溶解後，以 1.2 % agarose gel 檢測品質及定量後貯存 -20°C 備用。以聚合酵素連鎖反應 (polymerase chain reaction, PCR) 反應方式進行 DNA 片段之擴增，PCR 反應以 Perkin Elmer 公司生產之 Gene Amp™ PCR System 9700 型熱循環反應器進行，PCR 反應液總體積為 25 μl，內含 100~250ng 抽取之 Template DNA、1× PCR reaction buffer、2.5mM MgCl₂、0.2mM dNTP、0.1 unit Taq DNA polymerase (Life Technology) 及 0.5 μM 引子。所採用之引子為 OPI03(CAGAAGCCCA)、OPI07(CAGCGACAAG)、OPI13(CTGGGGCTGA)、OPI17(GGTGGTGATG) 及 OPI18 (TGCCCGAGCCT) 等 5 個逢機引子。PCR 擴增條件為 3 個循環之 94°C (2 分鐘)，36°C (1 分鐘)，72°C (2 分鐘)，之後 40 個循環為 94°C (1 分鐘)，36°C (1 分鐘)，72°C (2 分鐘)，最後 1 個循環為 72°C (5 分鐘)，然後保

存在 4°C 中。PCR 擴增完成後吸取 10 μ l 的 PCR 反應物，經 1.2 % agarose gel 檢測，並採用 Bio-Rad Gel Doc2000 影像處理系統分析條帶分子量，並拍照記錄。之後，再將引子 OPI03 分別增加 2 個核苷酸，標定為 OPI03-1 (CAGAAGCCCAGG)、OPI03-2 (CAGAAGCCCACG) 及 OPI03-3 (CAGAAGCCCACC)，進行 DNA 片段之擴增，PCR 條件如上述。

結 果

大蒜之植株性狀變異及特性表現

調查二十六個大蒜品種系之植物人特性表現，如表 1 所示。莖葉軟硬程度方面，除了花蒜早熟種 (1)、西螺白葉種 (17)、和美白葉種 (19)、壯圍新南產 (20)、三星大義 (A) (27)、北蒜 (28)、壯圍公館紅葉 (34)、壯圍新南 (35) 及安南區花蒜 (36) 等九個品種系，屬於軟骨蒜外，其餘品種系皆屬於硬骨蒜。事實上，西螺白葉種 (17)、和美白葉種 (19) 並，不完全屬軟骨蒜，為介於軟、硬骨蒜之中間。葉色方面，除了花蒜早熟種 (1)、壯圍新南產 (20)、三星大義 (A) (27)、北蒜 (28)、壯圍公館紅葉 (34)、壯圍新南 (35) 及安南區花蒜 (36) 等七個品種系，屬於淺綠色外，其餘品種系的葉色介於綠和濃綠之間。葉姿方面，二十六個大蒜品種系全部屬於半伏和直立範圍。蒜球顏色方面，除了和美尖葉 (30)、和美多瓣 (31) 及和美番 (32) 等三個品種系為紫紅色，花蒜早熟種 (1)、壯圍新南產 (20)、三星大義 (A) (27)、壯圍公館紅葉 (34)、壯圍新南 (35) 及安南區花蒜 (36) 等六個品種系為淺紫紅色外，其餘品種系皆為白色。抽苔方面，除了花蒜早熟種 (1)、壯圍新南產 (20)、三星大義 (A) (27)、北蒜 (28)、壯圍公館紅葉 (34)、壯圍新南 (35) 及安南區花蒜 (36) 等七個品種系植株會抽苔外，其餘品種系均表現不抽苔。

二十六個大蒜品種系之園藝性狀及產量，如表 2 所示，在青蒜產量比較方面，劃分為硬骨蒜類中以和美番 (32) 達 13914kg/ha 最高，其次為學甲大片黑 (25) 之 13853kg/ha、埃及 (29)、二片黑 (22)、116 (23) 及和美尖葉 (30) 等品種其產量介於 12018-12752 kg/ha，以 CITC-10 (26) 之 8012kg/ha 最低；軟骨蒜類以壯圍新南產 (20) 之 13555kg/ha 最高，其次為壯圍新南 (35) 之 13455kg/ha 及壯圍公館紅葉 (34) 之 10825 kg/ha，以三星大義 (A) (27) 之 7920kg/ha 最低。硬骨蒜類之鮮重為 26.2~45.5g，軟骨蒜類為 25.9-46.0g；硬骨蒜類之株高為 59.0-75.0cm，軟骨蒜類為 53.0~75.0 cm；硬骨蒜類之蒜白長度為 9.0~10.7 cm，軟骨蒜類為 8.3~10.3 cm；硬骨蒜類之莖徑為 9.11~14.32mm，軟骨蒜類為 10.91~14.95mm；硬骨蒜類之綠葉數為 6.5~8.0 片，軟骨蒜類為 6.3~7.1 片，綜合之，在青蒜品質比較方面，硬骨蒜類之鮮重、株高、蒜白長度、莖徑及綠葉數與軟骨蒜類差異並不太大；抗切割力則明顯以軟骨蒜類 70~128 g/cm² 較為柔軟，品質較硬骨蒜類 71~148 g/cm² 為佳。

依 Jaccard 之定義計算出所收集之大蒜品種系間之相似數，如表 3 所示，其中相似性係數愈大者，表示二者差異愈小，而二十六個收集之大蒜品種系其相似性係數介於 0 與 0.85 之間，其中 0 者為花蒜早熟種 (1) 與和美番 (32)、西港蒲蒜 (11) 與壯圍新南 (35)、鳳山選一號 (12) 與壯圍公館紅葉 (34)、CITC-10 (26) 與壯圍新南產 (20)、學甲大片黑 (25) 與三星大義(A) (27)、三星大義(A) (27) 與和美番 (32)、北蒜 (28) 與和美番 (32)，0.85 者為西螺大片黑 (15) 與西螺二片黑 (16)、(西螺)白葉種 (17) 與和美白葉種 (19)。經由

圖 1 親源樹形圖來看，可明顯地將二十六個收集之大蒜品種（系）分成兩大類群，第一個類群包含了花蒜早熟種（1）、壯圍公館紅葉（34）、三星大義(A)（27）、安南區花蒜（36）、北蒜（28）、壯圍新南產（20）及壯圍新南（35）及等七個品種系；其中又可分成兩個亞群，第一個亞群則包含了花蒜早熟種（1）、壯圍公館紅葉（34）、三星大義(A)（27）、安南區花蒜（36）及北蒜（28）等五個品種系，其中花蒜早熟種（1）與壯圍公館紅葉（34）兩個品種系，相似性係數為 0.73；第二個亞群包含了壯圍新南產（20）及壯圍新南（35）兩個品種系，其相似性係數為 0.73。第二個類群則包含了西港蒲蒜（11）、鳳山選一號（12）等十九個品種系，很明顯的和美番（32）與其他品種系差異甚大，其餘品種系中西螺大片黑（15）與西螺二片黑（16）兩個品種系相似性係數為 0.85，西螺白葉種（17）與和美白葉種（19）兩個品種系相似性係數為 0.85；和美尖葉（30）與和美多瓣（31）兩個品種系相似性係數為 0.73；和美黑葉（18）與 116（23）兩個品種系相似性係數為 0.73，表示這些品種系間未呈明顯的差異現象。

RAPD 分子性狀分析

進行大蒜 RAPD 分子性狀分析，以五個不同序列之引子 OPI03(CAGAAGCCCA)、OPI07(CAGCGACAAG)、OPI13(CTGGGGCTGA)、OPI17(GGTGGTGATG) 及 OPI18(TGCCCAGCCT) 進行 PCR 反應，經過一連串 PCR 擴增反應及 1.2% 的洋菜凝膠電泳解析結果，發現引子 OPI07 無法夾到任何的條帶，而 OPI13、OPI17 及 OPI18 等三個引子所產生的核酸片段較不明顯無法分析，只有引子 OPI03 產生了較明顯之可區分的核酸片段（圖 1），但其中西螺-2（13）、（西螺）白葉種（17）、CITC-10（26）、三星大義(A)（27）及安南區花蒜（36），所夾到之片段條帶並不明顯，其餘所夾到之核酸片段大多分布在 1200 至 1600bp 之間，同時 PCR 產物的核酸片段條帶，表現差異並不明顯。為了更確定是否引子 OPI03 可以當作分辨二十六個大蒜品種系之差異，在引子 OPI03 序列尾端，分別加上 2 個核苷酸 G 或 C，形成 OPI03-1 (CAGAAGCCCAGG)、OPI03-2 (CAGAAGCCCACG) 及 OPI03-3 (CAGAAGCCCACC) 等三個引子，再進行 PCR 擴增反應及 1.2% 的洋菜凝膠電泳解析，結果如圖 2 所示，在引子 OPI03-1 中北蒜（28）、壯圍公館紅葉（34）、及壯圍新南（35）等三個品種系均能在 800bp 左右夾到一條明顯的條帶，而西螺-4（14）、西螺白葉種（17）及三星大義(A)（27）等三個品種系則夾不到任何條帶。在引子 OPI03-2 中可以明顯看出西螺大片黑（15）與西螺二片黑（16）兩個品種系相似性極高。在引子 OPI03-3 則可以明顯看出二片黑（22）與埃及（29）兩個品種相似性極高；而三星大義(A)（27）、北蒜（28）、壯圍公館紅葉（34）、壯圍新南（35）及安南區花蒜（36）等五個品種系，幾乎均可在 850bp 至 1000bp 夾到二條明顯的條帶；西港蒲蒜（11）、鳳山選一號（12）等十九個品種系，則僅夾到一條 900bp 的條帶。此外，二片黑（22）與埃及（29）兩個品種所夾到主要條帶僅在 1650bp 左右，顯示這兩個品種系相似性很高。

討 論

植物族群分布常受不同地區之氣候環境之影響，造成族群間之質、量性狀的顯著差異，致種內遺傳分化，形成不同生態型。植物之數量性狀，對其是否能在環境中生存，有很大的

影響，常因適應某一特定環境，而形成某些特定性狀的生態型，最常用來鑑定植物族群變異之方法，為利用植株外表性狀特徵，經分析後進行判別。

大蒜在傳統分類上依外表型差異及食用特性，而概分為硬骨蒜及軟骨蒜兩大類，而顏等人⁽¹⁸⁾的報導指出台灣地區的大蒜品種係彼此之間有很高的相似性，推測來自相近的區域，然而本試驗中自不同地區所收集之 26 個大蒜品種系，調查植株外表性狀，分析結果，依植株性狀之差異，計算其相似性數為介於 0 至 0.85 之間，顯然族群中存付在很大的歧異度，大致可分為二群，第一群，包括花蒜早熟種(1)、壯圍新南產(20)、三星大義(A)(27)、北蒜(28)、壯圍公館紅葉(34)、壯圍新南(35)安南區花蒜(36)、及及等七個品種系，由分類均為軟骨蒜；其餘屬第二群者有 19 品種，分類上歸屬為硬骨蒜，但若由莖葉軟硬程度分類，其中西螺白葉種(17)、和美白葉種(19)被認為是軟骨蒜；由於大蒜屬於利用蒜瓣的無性繁殖作物(張和余, 1981)，其變異係經由自然變異及人為選拔，一般生產者為了維持大蒜的品質，同一批蒜種種植一段時間後，會進行蒜種的交換，因此台灣地區栽種的大蒜品種(系)種類，常常會有因為栽種地點的不同而有不同名稱的情形發生⁽⁹⁾；而且同一品種(系)的大蒜，會因為不同的氣候及地理條件使然，所生產的蒜球品質亦不盡相同；因此使用外在之形態特徵，包括葉形、葉色、莖葉之軟硬程度、抽苔與否、生長習性、蒜瓣外觀及色澤等特性，不易來做為大蒜分類的依據，實在有必要借助其他的輔助方式進一步的研究。

自從 Mullis⁽¹²⁾提出 PCR 技術後，利用 DNA 層次的分子生物標誌，較傳統之植物性狀更具準確與快速性，已廣泛應用在作物種原、品種間鑑定或植物育種計劃上後裔遺傳之評估。經由 RAPD 分析，以 OPI03-3 為引子進行分子性狀分析，明顯分辨硬骨蒜與軟骨蒜間之差異，軟骨蒜中均能很清楚較硬骨蒜中多一條 800 bp 之條帶，因此依植株莖葉軟硬程度所認為屬軟骨蒜之西螺白葉種(17)及和美白葉(19)兩個品種，其只能夾到一些約在 900-1800bp 的核酸片段，無法夾到 800 bp 之片段，基本上這兩品種系是介於硬骨蒜類和軟骨蒜類之間，所以可能應將其歸屬為第二群硬骨蒜類。此外在引子 OPI03-2 中可以明顯看出西螺大片黑(15)與西螺二片黑(16)兩個品種系相似性極高，可能是同一品種。在引子 OPI03-3 則可以明顯看出二片黑(22)與埃及(29)兩個品種相似性極高，此結果與外表性狀調查相同，顯示這幾個品種系無很大遺傳變異。

表 1. 台灣主要 26 種大蒜栽培種(系)之名稱、來源及型態特性調查

Table 1. Name, source, and morphological characteristics of the 26 garlic varieties/lines

編號 No.	品種(系)名稱 Varieties/strain	來源 Origin	莖葉軟硬程度 Soft & hard neck	葉色 Leaf color	葉姿 Leaf shape	蒜球顏色 Bulb color	抽苔 Bolt
1	花蒜早熟種	Taiwan	2	1	2	4	2
11	西港蒲蒜	Taiwan	1	3	3	1	1
12	鳳山選一號	Taiwan	1	3	3	1	1
13	西螺-2	Taiwan	1	3	2	1	1
14	西螺-4	Taiwan	1	3	2	1	1
15	西螺大片黑	Taiwan	1	3	2	1	1
16	西螺二片黑	Taiwan	1	3	2	1	1
17	西螺白葉種	Taiwan	2(?)	2	2	1	1
18	和美黑葉	Taiwan	1	3	2	1	1
19	和美白葉種	Taiwan	2(?)	2	2	1	1
20	壯圍新南產	Taiwan	2	1	2	4	2
21	鳳山選二號	Taiwan	1	3	2	1	1
22	二片黑	Taiwan	1	3	2	1	1
23	116	Taiwan	1	3	2	1	1
24	A10-2	Taiwan	1	3	2	1	1
25	學甲大片黑	Taiwan	1	3	3	1	1
26	CITC-10	Indonesia	1	3	3	1	1
27	三星大義(A)	Taiwan	2	1	2	4	2
28	北蒜	China	2	1	2	1	2
29	埃及	Egypt	1	3	3	1	1
30	和美尖葉	Taiwan	1	3	3	3	1
31	和美多瓣	Taiwan	1	3	3	3	1
32	和美番	Taiwan	1	3	3	3	1
34	壯圍公館紅葉	Taiwan	2	1	2	4	2
35	壯圍新南	Taiwan	2	1	2	4	2
36	安南區花蒜	Taiwan	2	1	2	4	2

註：莖葉軟硬程度（1.硬骨 2.軟骨），葉色（1.淺綠 2.綠 3.濃綠），葉姿（1.平伏 2.半伏 3.直立），蒜球色（1.白 2.紫 3.紫紅 4.淺紫紅），抽苔（1.不抽苔 2.抽苔），

表 2. 台灣主要 26 種大蒜栽培種(系)之園藝性狀及產量調查表

Table 2. Horticultural characteristics and yield of the 26 garlic varieties/lines

編號 No.	品種(系)名稱 Varieties/strains	鮮重 Fresh weight (g)	株高 Plant height (cm)	蒜白長 Stem height (cm)	綠葉數 Leaf No.	莖徑 Stem diameter (mm)	抗切割力 Shear press value (g/cm ²)	青蒜產量 Green garlic Yield (kg/ha)
1	花蒜早熟種	35.9	66.0	9.0	6.3	13.92	70	10978
11	西港蒲蒜	37.3	65.0	9.7	7.3	12.09	148	11406
12	鳳山選一號	32.1	65.0	9.5	6.5	11.64	106	9550
13	西螺-2	38.6	66.0	9.7	7.0	13.0	118	11804
14	西螺-4	35.0	60.0	9.0	7.0	11.66	113	10703
15	西螺大片黑	37.5	64.0	9.3	7.0	14.32	113	11467
16	西螺二片黑	37.7	65.0	9.3	7.0	12.67	101	11528
17	(西螺)白葉種	36.1	62.0	8.7	7.0	12.03	133	11039
18	和美黑葉	35.4	68.0	9.3	7.3	11.81	101	10825
19	和美白葉種	37.2	71.0	9.0	7.0	12.71	140	11376
20	壯圍新南產	46.0	74.0	9.5	7.1	14.75	83	13555
21	鳳山選二號	31.1	64.0	9.7	6.7	11.94	116	9510
22	二片黑	41.5	66.0	9.0	8.0	13.56	98	12691
23	116	39.7	68.3	9.3	8.0	11.86	115	12140
24	A10-2	38.4	64.0	9.0	7.0	12.07	90	11743
25	學甲大片黑	45.3	69.7	9.7	7.3	12.57	98	13853
26	CITC-10	26.2	59.0	9.7	6.7	9.11	71	8012
27	三星大義(A)	25.9	60.3	8.7	6.3	10.91	108	7920
28	北蒜	26.8	53.0	8.3	6.3	13.34	128	8195
29	埃及	41.7	61.0	9.0	7.3	13.07	128	12752
30	和美尖葉	39.3	64.0	9.0	7.0	12.17	136	12018
31	和美多瓣	35.3	64.0	9.3	7.0	12.38	121	10795
32	和美番	45.5	75.0	10.7	7.0	11.96	100	13914
34	壯圍公館紅葉	35.4	68.0	9.0	6.7	12.59	68	10825
35	壯圍新南	44.0	75.0	9.3	7.0	14.95	81	13455
36	安南區花蒜	32.4	61.0	10.3	6.3	11.53	75	9908

表 3. 台灣主要大蒜栽培品種(系)遺傳相關係數分析表

Table 3. Matrix of genetic similarity coefficient of plant characters among 26 garlic varieties/lines in Taiwan

. Code	1	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	34	35	36
No																										
1	1.00																									
11	0.08	1.00																								
12	0.04	0.36	1.00																							
13	0.18	0.52	0.30	1.00																						
14	0.13	0.30	0.44	0.52	1.00																					
15	0.13	0.44	0.44	0.62	0.52	1.00																				
16	0.13	0.52	0.44	0.73	0.52	0.85	1.00																			
17	0.23	0.36	0.18	0.44	0.36	0.44	0.52	1.00																		
18	0.18	0.44	0.44	0.62	0.52	0.62	0.62	0.30	1.00																	
19	0.23	0.30	0.13	0.44	0.36	0.36	0.44	0.85	0.30	1.00																
20	0.30	0.04	0.04	0.04	0.04	0.13	0.08	0.08	0.13	0.13	1.00															
21	0.04	0.36	0.62	0.52	0.62	0.52	0.52	0.30	0.44	0.23	0.04	1.00														
22	0.18	0.23	0.23	0.36	0.36	0.30	0.30	0.23	0.36	0.23	0.13	0.30	1.00													
23	0.13	0.30	0.44	0.52	0.44	0.52	0.52	0.23	0.73	0.23	0.13	0.44	0.52	1.00												
24	0.18	0.52	0.30	0.62	0.52	0.62	0.73	0.62	0.44	0.52	0.08	0.44	0.44	0.36	1.00											
25	0.04	0.52	0.30	0.44	0.23	0.23	0.30	0.18	0.36	0.18	0.18	0.30	0.44	0.36	0.36	1.00										
26	0.04	0.36	0.36	0.36	0.36	0.30	0.30	0.18	0.23	0.18	0.00	0.44	0.23	0.23	0.30	0.36	1.00									
27	0.44	0.04	0.13	0.08	0.13	0.13	0.13	0.18	0.08	0.13	0.30	0.13	0.08	0.08	0.13	0.00	0.04	1.00								
28	0.36	0.04	0.13	0.08	0.08	0.08	0.08	0.18	0.08	0.18	0.23	0.13	0.13	0.08	0.08	0.04	0.13	0.36	1.00							
29	0.08	0.44	0.36	0.23	0.30	0.30	0.30	0.30	0.30	0.23	0.08	0.30	0.52	0.30	0.36	0.44	0.30	0.08	0.13	1.00						
30	0.08	0.44	0.30	0.36	0.30	0.36	0.44	0.44	0.23	0.36	0.04	0.30	0.30	0.30	0.52	0.36	0.30	0.08	0.04	0.52	1.00					
31	0.08	0.52	0.36	0.44	0.30	0.52	0.62	0.44	0.36	0.36	0.04	0.30	0.18	0.30	0.52	0.30	0.30	0.04	0.04	0.36	0.73	1.00				
32	0.00	0.23	0.30	0.23	0.30	0.23	0.23	0.13	0.23	0.18	0.18	0.30	0.30	0.30	0.30	0.44	0.30	0.00	0.00	0.30	0.44	0.36	1.00			
34	0.73	0.13	0.00	0.30	0.18	0.18	0.23	0.36	0.18	0.36	0.30	0.08	0.13	0.13	0.30	0.08	0.08	0.36	0.23	0.04	0.18	0.18	0.04	1.00		
35	0.30	0.00	0.04	0.08	0.08	0.18	0.13	0.13	0.08	0.18	0.73	0.08	0.18	0.13	0.13	0.08	0.04	0.30	0.23	0.08	0.08	0.08	0.18	0.36	1.00	
36	0.44	0.04	0.23	0.04	0.13	0.08	0.08	0.13	0.08	0.08	0.30	0.23	0.04	0.08	0.08	0.00	0.08	0.44	0.36	0.04	0.04	0.04	0.08	0.36	0.30	1.00

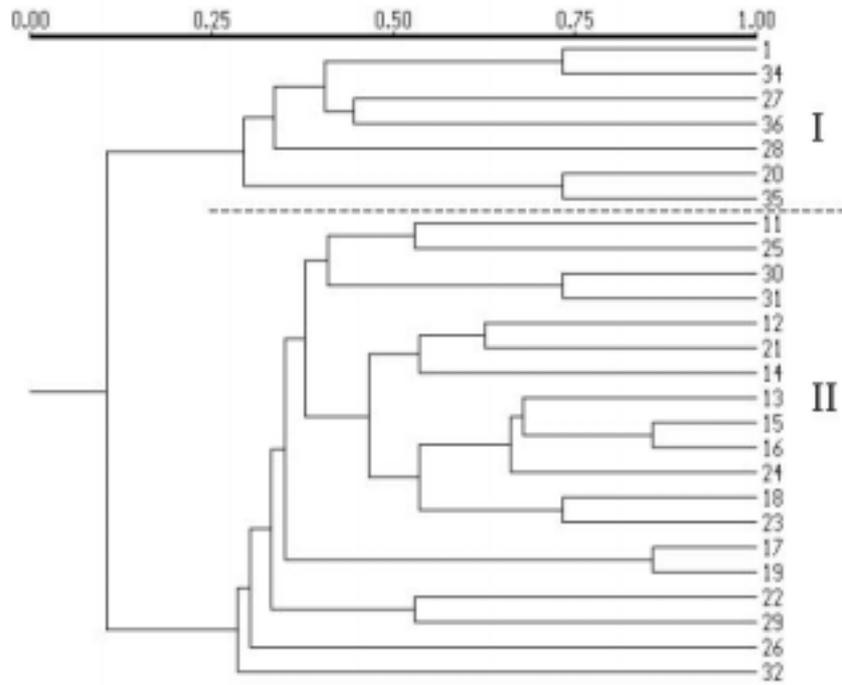


圖.1. 以 UPGMA 方法分析台灣主要大蒜栽培種(系)之樹狀圖

Fig.1. Diagram of the 26 garlic varieties/lines based on Jaccard' s genetic similarity coefficients of plant characters by using UPGMA method.

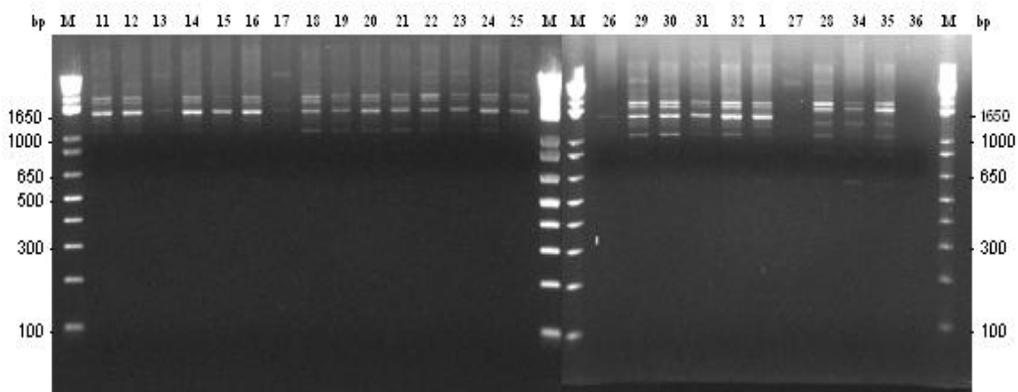


圖 2. 台灣主要栽培大蒜品種之 RAPD 電泳圖譜 (引子 OPI03)

Fig. 2. RAPD patterns of the 26 garlic varieties/lines analyzed with primer OPI03 (CAGAAGCCCA)

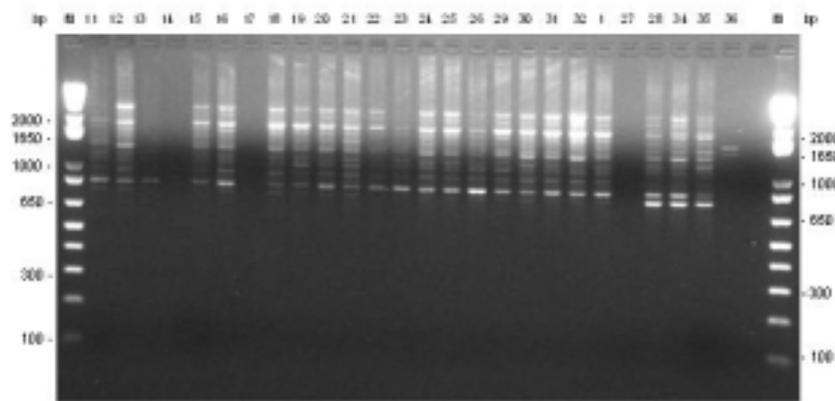
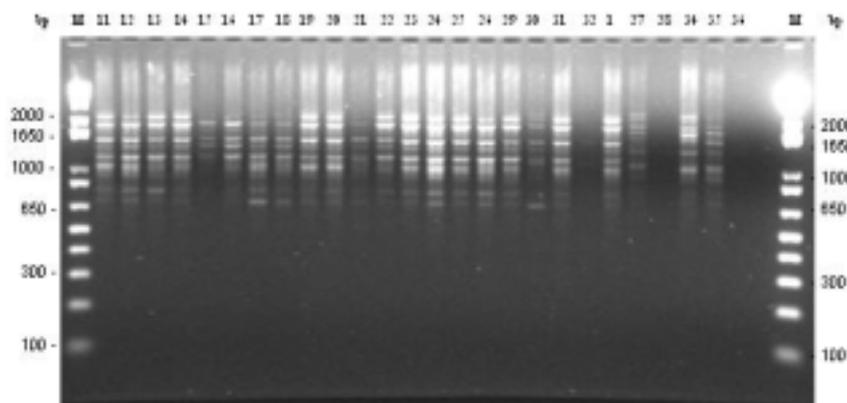
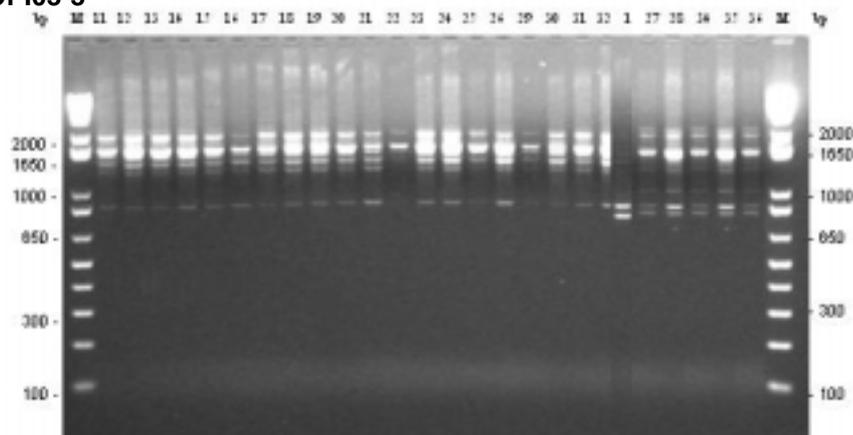
OPI03-1**OPI03-2****OPI03-3**

圖 3. 台灣主要栽培大蒜品種之 RAPD 電泳圖譜 (引子 OPI03-1、OPI03-2 及 OPI03-3)

Fig. 3. RAPD patterns of garlic varieties/lines analyzed with primer OPI03-1、OPI03-2 and OPI03-3.

引用文獻

1. 余永倫. 1995. 利用逢機擴大多形性核酸標誌建立菸草之親源樹形圖. 國立清華大學生命科學研究所碩士論文. p54.
2. 林滄澤. 2000. 大蒜栽培生產技術. 台南區農業改良場技術專刊 89-3(No.101).
3. 黃涵. 1978. 大蒜. 豐年叢書. 莖葉蔬菜. p91-101.
4. 張明聰、余合. 1981. 種蒜與大蒜產量及品質關係之研究. 台南區農業改良場研究彙報 15 :37-42.
5. 趙秀滂. 2002a. 台灣蘆筍及青蒜種原保存及利用. 科學農業 50(3,4): 225-229.
6. 趙秀滂. 2002b. 自然的保健食品-大蒜. 豐年 52(20): 17-21.
7. 趙秀滂. 2002c. 夏季青蒜品種之篩選. 科學農業 50(7,8): 331-336.
8. 顏永福、陳水心、林巧玟、吳旭惠. 1997. 大蒜品種及栽培改良. 八十五年度蔬菜組試驗研究計畫執行成果. p22-30.
9. Andersen, W. R. and D. J. Fairbanks. 1990. Molecular markers: important tools for plant genetic resource characterization. Diversity 6: 51-53.
10. Halward, T., H. T. Stalker, E. Larue, and G. Kochert. 1992. Use of single-primer DNA amplifications in genetic studies of peanut (*Arachis hypogaea* L.). Plant Mol. Biol. 18: 315-325.
11. Jaccard, P. 1908. Novell' s recherch  surely distribution floral. Bull. Soc. Vaud. Sci. Nat. 44: 223-270.
12. Mullis, K. B. and F. A. Faloon. 1987. Specific synthesis of DNA *in vitro* via a polymerase-catalyzed chain reaction. Methed. Enzymol. 155:335-350.
13. Smith, J. S. C. and O. S. Smith. 1992. Fingerprinting crop varieties. Adv. in Agron. 47: 85-140.
14. Stiles, J. I., C. Lemme, S. Sondur, M. B. Morshidi, and R. Manshardt. 1993. Using randomly amplified polymorphic DNA for evaluating genetic relationships among papaya cultivars. Theor. Appl. Genet. 85: 697-701.
15. Vierling, R. A. and H. T. Nguyen. 1992. Use of RAPD markers to determine the genetic diversity of diploid, wheat genotypes. Theor. Appl. Genet. 84: 835-838.
16. Welsh, J. and M. McClelland. 1990. Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. Nucleic Acids Res. 18: 7213-7218.
17. Williams, J. G. K., M. K. Hanafey, J. A. Rafalsk, and S. V. Tingey. 1993. Genetic analysis using random amplified polymorphic DNA markers. Method Enzymol. 218: 704-740.
18. Yu, L. X. and H. T. Nguyen. 1994. Genetic variation detected with RAPD markers among upland and lowland rice cultivars (*Oryza sativa* L.). Theor. Appl. Genet. 87: 668-672.

Genetic Diversity of Garlic (*Allium sativum*)

Varieties/Lines in Taiwan

Hsiu-Fung Chao¹, and Ai-Hua Yang²

Summary

This study was attempted to explore the genetic diversities among 26 varieties/line of garlic (*Allium sativum* L.) obtained in Taiwan. Based on the characteristics of the external morphology, the coefficient of similarity ranged from 0 to 0.85 among the 26 varieties/lines. They also can be divided into two groups depending upon the systemic phylogeny analysis. The first group or soft-neck type, can be divided into two subgroup. The second group is hard-neck type. Big difference in similarity coefficient was observed between Ho-mei-fan (code 32) and any other varieties/lines in this group.

Different fragments of nucleic acid for the two groups can be obtained by the primer OPI03 with RAPD method. When the primer OPI03-3 was used for further analysis, the difference between the two groups of soft and hard-types could easily be obtained.

One more 800bp strip band of nucleic acid fragments was observed in all soft-neck varieties/lines only. The two varieties, Si-lo-pai-yeh (code 17) and Ho-mei-pai-yeh (code 19) were traditionally considered as soft-neck types. However, based on the results of the systemic phylogeny analysis and RAPD tests, no 800bp band of nucleic acid fragments was obtained, most of nucleic acid was between 900 and 1,800 bp. Therefore, they were considered as hard-neck types in this study, and in reality, they were the varieties in-between the two types.

Key words : garlic 、 genetic diversity 、 RAPD 、 *Allium sativum*

-
1. Contribution No.306 from Tainan District Agricultural Research and Extension station.
 2. Assitant scientist, Yichu Branch Station, Tainan District Agricultural Research and Extension Station, COA. Address: 84 Chungchuang, Chungpin Tsun, Yichu 624, Chiayi, Taiwan, ROC.
 3. Associate scientist, Division of crop Improvement, Tainan District Agricultural Research and Extension Station, COA. Address: 70 Muchang Hsinhua, 712, Tainan, Taiwan, ROC.