

## 以RAPD分子標誌探討臺灣大蒜品種及種原之遺傳相關性

Study on Genetic Relationship among Taiwan Garlic Clones by RAPD Markers

許涵鈞<sup>2</sup> 胡凱康<sup>3</sup> 鄧汀欽<sup>4</sup> 曹幸之<sup>3</sup>

by

Han-Chun Hsu<sup>2</sup>, Kae-Kang Hwu<sup>3</sup>, Ting-Chin Deng<sup>4</sup> and Shing-Jy Tsao<sup>3</sup>

關鍵詞：遺傳歧異、遺傳相似性、大蒜品種

Key words: genetic diversity, genetic similarity, garlic cultivars

**摘要：**本研究利用RAPD分子標誌探討由台南區農業改良場義竹工作站所提供之大蒜種原50種(分別來自台灣、大陸、埃及、印度、印尼及菲律賓)；在農試所試驗田區採集之15個台灣地方品種及二個韓國品種的嫩葉樣品；以及台大農藝系所收集之11個大陸品種等，一共80個大蒜品種(系)間的遺傳相關性。同時在台大園藝分場觀察各種原的外表性狀。多數品種為葉姿較直立的硬骨蒜，假莖白色、葉色綠或濃綠、白色鱗莖但可能蒜瓣外皮帶紫色，這些質的性狀並不足以區分各品種。以RAPD的17條引子擴增出清晰、容易判讀且具穩定再現性之標誌共59個，其中23個為對照材料特有，僅36個條帶在大蒜品種(系)間具多型性(polymorphic)，平均每引子可擴增出2.1組多型性標誌。80個大蒜供試品種(系)的遺傳相似度(genetic similarity)介於0.16-1.00。由群叢分析結果將參試品種(系)在平均遺傳相似度0.26分為三大群，第一群群內遺傳相似性高，大部分台灣品種(系)在此群且無法區分，包括有蒜頭用‘大片黑’類及‘和美蒜’；‘新品種黑葉’、‘鳳山選二號’及花蒜種類與宜蘭地區品種(系)皆與‘北蒜’、中國大陸南方蒐集品種(系)在另一群中；大陸北方山東、河南地區品種(系)則與菲律賓、印度等外國品種(系)同在第三大群中。相同地名的品種不一定遺傳相似性高，蒜頭用品種間遺傳相似度高，花蒜類品種間相似性較低，群叢分析結果大致與材料來源及類型或採收目的有相關性。主成分分析獲得之前三個主成分可解釋84%的變異量，品種(系)在前兩個主成分解釋79.6%變異的分佈與群叢分析結果類似。

1. 本文係第一作者碩士論文之一部分，研究期間承蒙農委會農糧署補助研究經費，謹此致謝。This paper is part of the MS thesis of the first author. The financial support of the research [94 AS-1.3.2-F-Z2 (4)] by the Agriculture and Food Agency of COA is greatly appreciated.

2. 宜蘭縣政府農務課技佐。Junior technical specialist, YiLan County Government, YiLan, Taiwan, R.O.C.

3. 國立台灣大學農藝系副教授、園藝系副教授(通訊作者)。Associate professor, Department of Agronomy, and associate professor (corresponding author), Department of Horticulture, National Taiwan University, Taipei, Taiwan, R.O.C.

4. 行政院農業委員會農藝試驗所植病組研究員。Researcher, Plant Pathology Division, Taiwan Agricultural Research Institute, WuFeng, Taichung, Taiwan, R.O.C.

5. 本文於民國九十四年十二月二十七日收到。Date received for publication: Dec. 27, 2005.



## 前言

大蒜(*Allium sativum*)一般採用無性繁殖，除了原產地中亞天山山脈一帶發現的野生近緣種(*A. longicuspis*)具有稔性花粉之外，各地栽培品種皆為不稔性(Etoh, 1979)。由於大蒜栽培歷史久，在世界各地形成許多適應當地氣候的生態型，又因其形態特徵之變異並不像有性繁殖作物那麼多，近年傾向分類成不同的cultivar group (Maaß and Klaas, 1995; Lallemand et al., 1997)。

臺灣的蒜頭栽培品種約有40種之多，有‘蒲蒜’、‘西螺蒜’、‘大片黑’、‘和美蒜’、‘北蒜’及‘花蒜’等，產地以彰化、雲林及台南為主；‘宜蘭白蒜’則為東部特有蒜種(薛, 2000)。顏等(1993)曾以12種外表性狀將30個大蒜品系分成五群，而AVRDC (1993)以RAPD (Random Amplified Polymorphism DNA)分析相同的材料，得到不同的分群結果。由於大蒜種原收集保存，除需較大儲藏空間，且需每年繁殖採收，更易因感染病毒而退化流失。針對台灣現有大蒜種原及栽培品種所涵蓋之遺傳變異及分群，在缺乏親緣資料的情形下，DNA分子標誌訊息有助於了解種原及品種的遺傳關係以及不同栽培地點的品種間遺傳差異。本研究利用RAPD分子標誌探討台灣大蒜種原及栽培品種的遺傳歧異度。

## 材料與方法

### 一、試驗材料

供試材料包括由台南區農業改良場義竹工作站所提供之大蒜種原50種(分別來自台灣32個、大陸2個、埃及及法國各1個、印度2個、印尼7個及菲律賓5個)各兩個蒜球(有些種原只有一個蒜球)；在農試所採集之13個台灣地方品種及二個韓國品種的嫩葉樣品；台大農藝系所收集之11個大陸品種，以及關稅總局扣檢大蒜樣品兩批，一共80種；另外以市售九條蔥、青蔥(*A. fistulosum*)及採自市民農園的韭蔥(*A. ampeloprasum*)各一種作為對照(outgroup)。大蒜各品種的來源及名稱列於表1。

### 二、試驗方法

#### (一)大蒜品種特性調查

種植前兩週先將50個種原之蒜球置入4℃冰箱中以期出芽整齊，移出後將蒜瓣剝下，種植於台灣大學生農學院園藝分場。種植一個月後每品種隨機標定五單株進行品種特性調查。調查項目如下：

1. 總葉數：約五公分長的葉片記為一片葉。
2. 葉片長度：以尺測量，由地面至葉片尖端的距離。
3. 假莖高度：以尺測量，由地面至最高的葉身基部距離。
4. 假莖直徑：以游標尺每個月測量一次離地兩公分處假莖粗。
5. 葉色：以葉綠素計(Chlorophyll meter, SPAD-502, Minolta Co Ltd., Japan)進行測量，每品種測量兩單株之兩片完全展開葉，取四個讀值之平均值，讀值(SPAD)越高表示葉片顏色越濃綠。
6. 二次生長：以肉眼觀察，地上部出現分蘖狀。
7. 管葉：以肉眼觀察，葉片呈現中空管狀，使新葉無法伸長。
8. 葉姿：以肉眼觀察及台南農改場義竹工作站資料輔助，葉片較為挺直與假莖夾角小者為硬骨，葉片柔軟下垂者為軟骨。
9. 抽苔：以肉眼判斷有珠芽及總苞由假莖中抽出時為抽苔。
10. 假莖顏色：以肉眼觀察假莖基部顏色。
11. 成熟期：觀察葉片老化情形，判斷鱗莖成熟期之早晚。
12. 鱗莖顏色：以肉眼觀察，鱗莖皮膜顏色。
13. 鱗莖重量：秤重剛採收之新鮮鱗莖。
14. 鱗莖直徑：以游標尺測量鱗莖最大直徑。



表 1. 參試80個大蒜材料之品種名稱、提供來源、來源國家及RAPD分群結果

Table 1. The cultivar names, donors, sources and RAPD groups of 80 garlic accessions.

品種名稱	國家	RAPD	品種名稱	國家	RAPD
1 鳳山選一號	臺灣	1	42 PHL6153	亞蔬-菲律賓	3
2 鳳山選二號	臺灣	1	43 PHL6154	亞蔬-菲律賓	3
3 新品種黑葉	臺灣	2	44 PHL6164	亞蔬-菲律賓	3
4 學甲大片黑	臺灣	1	45 PHL6168	亞蔬-菲律賓	3
5 大片黑	臺灣	1	46 I Iolos White	亞蔬-菲律賓	3
6 二片黑	臺灣	1	47 Ja 92-383	亞蔬	2
7 西螺大片黑	臺灣	1	48 Top 92-67	亞蔬	1
8 西螺二片黑	臺灣	1	49 埃及	埃及	2
9 西螺-4	臺灣	1	50 Jamaique M	亞蔬-法國	3
10 西螺-2	臺灣	1	51 和美1	臺灣	1
11 (西螺)白葉種	臺灣	1	52 和美2	臺灣	1
12 和美白葉種	臺灣	1	53 和美3	臺灣	1
13 和美番	臺灣	1	54 大片黑1	臺灣	1
14 西港蒲蒜	臺灣	1	55 大片黑	臺灣	1
15 和美尖葉	臺灣	1	56 大片黑白葉	臺灣	1
16 和美多瓣	臺灣	1	57 鳳山選1號	臺灣	2
17 和美黑葉	臺灣	1	58 鳳山98	臺灣	1
18 和美早蒜	臺灣	1	59 鳳山10-2	臺灣	1
19 花蒜	臺灣	1	60 宜蘭白1	臺灣	1
20 花蒜早熟種	臺灣	1	61 宜蘭白2	臺灣	1
21 安南花蒜	臺灣	2	62 花蒜03	臺灣	2
22 花蒜選	臺灣	2	63 金門	金門	2
23 三星大義	臺灣	1	64 韓國1	韓國	1
24 壯圍公館紅葉	臺灣	2	65 韓國2	韓國	3
25 壯圍新南產	臺灣	1	66 雲南4	中國大陸	2
26 員山品種	臺灣	1	67 湖南茶陵2	中國大陸	2
27 嘉義-1	臺灣	1	68 湖南3	中國大陸	2
28 嘉義-2	臺灣	1	69 湖南2	中國大陸	2
29 116	臺灣	1	70 雲南1	中國大陸	2
30 A10-2	臺灣	2	71 山東4	中國大陸	3
31 CITC-10	印尼	1	72 河南2	中國大陸	3
32 CITC-11	印尼	1	73 河南1	中國大陸	3
33 CITC-12	印尼	1	74 山東1	中國大陸	3
34 白蒜	印尼	1	75 山東3	中國大陸	3
35 Lumbu Hi jau	印尼	3	76 山東2	中國大陸	3
36 Laguna Strain	亞蔬-印尼	3	77 910048	中國大陸	3
37 Local landrace	亞蔬-印度	3	78 910025	中國大陸	3
38 Sweta	亞蔬-印度	3	79 宜蘭白蒜珠芽	臺灣	1
39 北蒜	中國大陸	2	80 宜蘭白蒜	臺灣	1
40 南蒜	亞蔬-中國大陸	1	81 韭蔥	臺灣	
41 Ncaltoveros	亞蔬-菲律賓	3	82 蔥	臺灣	

表 2. RAPD 引子序列及條帶數目

Table 2. The primer sequences and fragments amplified in RAPD analysis of garlics.

編號 Primer	序列 Sequence	可擴增條帶 Amplified frsgment no.	多型性條帶數 No. of polymorphic fragments	外群特有 Outgroup specific fragments
A-01	CAGGCCCTTC	9	2	0
B-16	TTGCCCCGGA	8	1	1
C-07	GTCCCGACGA	10	4	3
C-09	CTCACCGTCC	14	1	3
C-12	TGTCATCCCC	14	2	3
C-13	AAGCCTCGTC	15	1	2
D-01	ACCGCGAAGG	14	2	3
E-11	GAGTCTCAGG	15	2	2
E-17	CTACTGCCGT	13	3	2
G-13	CTCTCCGCCA	8	2	2
G-19	GTCAGGGCCA	8	2	0
I-18	TGCCCAGCCT	10	2	1
I-07	CAGCGACAAG	10	1	1
M-17	TCAGTCCGGG	9	4	2
N-01	CTCACGTTGG	10	2	2
AB-04	GGCACGCGTT	110	2	1
AB-18	CTGGCGTGTC	10	3	2
總和 Total		187	36	30

採收時依各品系成熟期分為三次採收。特性調查連續進行兩年，都是十一月中旬種植，次年三至四月採收。

#### (二)植物genomic DNA 萃取及定量

由每大蒜品種隨機取四株之新葉秤取0.2 g，以冷凍真空乾燥機(-50℃、100 mm Hg)乾燥24 小時。將乾燥葉片磨成粉後，依照詹(2002)參考Doyle and Doyle (1990)並略做修改之CTAB方法抽取DNA，儲藏於-20℃冰箱中備用。

#### (三)RAPD分析與電泳

參考Bradley et al. (1996)、Maaß and Klaas (1995)、AL-Zahim et al. (1997)及AVRDC (1993)報告中所選用的Operon 公司共22 個10-mer primers 進行篩選。其中17 個可在供試品種間擴增具多型性PCR 產物(條帶)的引子選用供進行RAPD分析(表2)，每一引子皆至少進行兩次重複試驗以確定條帶之再現性。

PCR 反應總體積為10 µL，內含1µL 2.0 mM MgCl<sub>2</sub>，0.8 µL 0.2 mM dNTP，2 µL 0.4 mM primer，20 ng genomic DNA 及0.6 units Taq polymerase (Biotools, B&M Labs, S.A.)。在Gene Amp TM PCR System 9700 熱循環反應器進行，PCR反應條件為94℃，2 分鐘；94℃、\*46℃、72℃(60、30、90 sec)，循環10 次(每循環一次下降1℃)；94℃、36℃、72℃(30、20、90 sec)，循環34次；72℃ 4 分鐘。

PCR 產物加入2 µL stop dye，以2% NuSiver 3:1 Agarose 膠片進行電泳分析。再以0.5 µg/mL ethidium bromide (EtBr)進行染色15 分鐘，退染後置於UV 燈下觀察並照相紀錄。

#### (四)資料分析



資料分析以 NT-SYS spc 2.01 計算遺傳相似度矩陣 (genetic similarity matrix) 及 UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic mean) 進行群聚 (cluster) 分析，並繪出樹狀圖。遺傳相似度資料以 NT-SYS 進行主成份分析 (principle coordinate analysis)，依前三個主成分以 Sigmaplot 軟體繪出供試品種分佈圖。

## 結 果

### 一、大蒜種原之園藝特性

由義竹工作站所提供的種原，大部分品種(系)在莖葉形態上為硬骨蒜(41個)。連續兩年種植於園藝分場調查其植物特性，第一年因植株生長勢弱而損失兩個品種(系)，第二年因多雨且二次生長造成散瓣蒜嚴重而損失6個品種(系)。第一年將假莖高測量值分成(<10 cm、10-19 cm、20-29 cm、30-39 cm)四個等級、總葉數分成( $\leq 5$ 、6-10、11-15、16-20及>20)五個等級、葉綠素計讀值(40-49、50-59、60-69)、假莖直徑(0-5、6-10、11-15 mm)與葉片長度(20-29 cm、30-39 cm及40-49 cm)各分為三等級。第二年觀察的質性性狀有成熟性(分早、中、晚)、抽苔特性(分完全、不完全及不抽苔)、二次生長(有、無)、管葉(有、無)、假莖顏色(帶紅色條紋或無紅色)、蒜瓣皮膜(白色、紫色)與鱗莖外皮顏色(白或紫)，數量性狀有鱗莖直徑、葉綠素讀值各分為四等級，鱗莖重量則分為六等級( $\leq 9$ 、10-19、20-29、30-39、40-49及 $\geq 50$  g)。

假莖高度介於 $33.2\pm 3.11$  cm- $9.25\pm 3.77$  cm，大多介於10-29 cm，特別矮及比較高的種原各五個；葉片數介於 $26.6\pm 8.73$ - $2.75\pm 0.96$ ，多數種原葉數介於6-10，由於北部生長條件不理想，假莖偏細，直徑最大 $12.41\pm 1.31$  mm；葉綠素計讀值以‘西螺-2’( $67.85\pm 6.72$ )最深，多數種原葉色綠或濃綠，只有5個種原葉色較淺。葉長30 cm 以上者有33個種原。第二年調查結果中葉綠素計讀值普遍較第一年略高(最高達 $86.85\pm 9.35$ )，最淺也有 $57.5\pm 4.09$ ；成熟性依採收天數分為三等級(即113、129、149天)，供試種原中以129天中熟性最多，有20個，只有8個要149天。

蒜苔自假莖完全抽出的有六個，包括‘花蒜早熟種’、‘花蒜’、‘花蒜選’及‘新品種黑葉’等，兩個不抽苔品種(系)，其餘品種(系)蒜苔無法順利抽出假莖，而且在假莖中形成珠芽為不完全抽苔；發生二次生長有12個品種(系)，發生管葉有‘和美早蒜’、‘CITC-10’等四個材料，鱗莖外皮顏色為白色與帶有紫色條紋兩種類型的品種(系)數目相當；蒜瓣皮膜顏色以紫色或略帶紫色條紋為多(28個)；假莖帶有紅色條紋者只有六個，其餘44個為綠色。

### 二、利用RAPD鑑定大蒜種原及品種

為確定多型性標誌之再現性，每組引子皆進行三次重複試驗，選擇其中具穩

定再現性的多型性條帶記錄，所擴增出之條帶選擇亮度及明晰度最明確者。由22條引子中選出具穩定再現性之17條引子共擴增出187組條帶(表2)，所擴增條帶大小分佈於2,000-450bp之間；其中36組在大蒜材料間具多型性，平均每個引子可產生11個片段及2.1個多型性片段，多型性比率為19.25%。另外有23個片段為外群特有(表2)。

五十個大蒜種原間遺傳相似度介於0.156-1.00(資料未顯示)。UPGMA 群聚分析及樹狀圖如圖1所示，各大蒜品種(系)在平均遺傳相似度0.28可分為三大群，國外品種(系)自成一群與台灣品種(系)分開，而台灣品種(系)分為兩群，在第一群含30個大蒜品種(系)，群內相似度0.90，包括和美、西螺等地方品種及農技團由印尼引入之‘CITC-10’、‘CITC-11’、‘CITC-12’，及由印尼收集之‘Top 92-67’、‘Lumbu Hi jau’及‘白蒜’，中國大陸品種(系)‘南蒜’和由埃及市場所購得之大蒜。群中大部分品種(系)間遺傳相似度為1.00，無法區分，僅‘西螺-2’、‘CITC-12’、‘Lumbu Hi jau’、‘三星大義’、‘壯圍新南產’可區分開來；第二群包含一中國大陸軟骨品種(系)‘北蒜’及印尼品種(系)‘Ja 92-383’，其餘七個為台灣



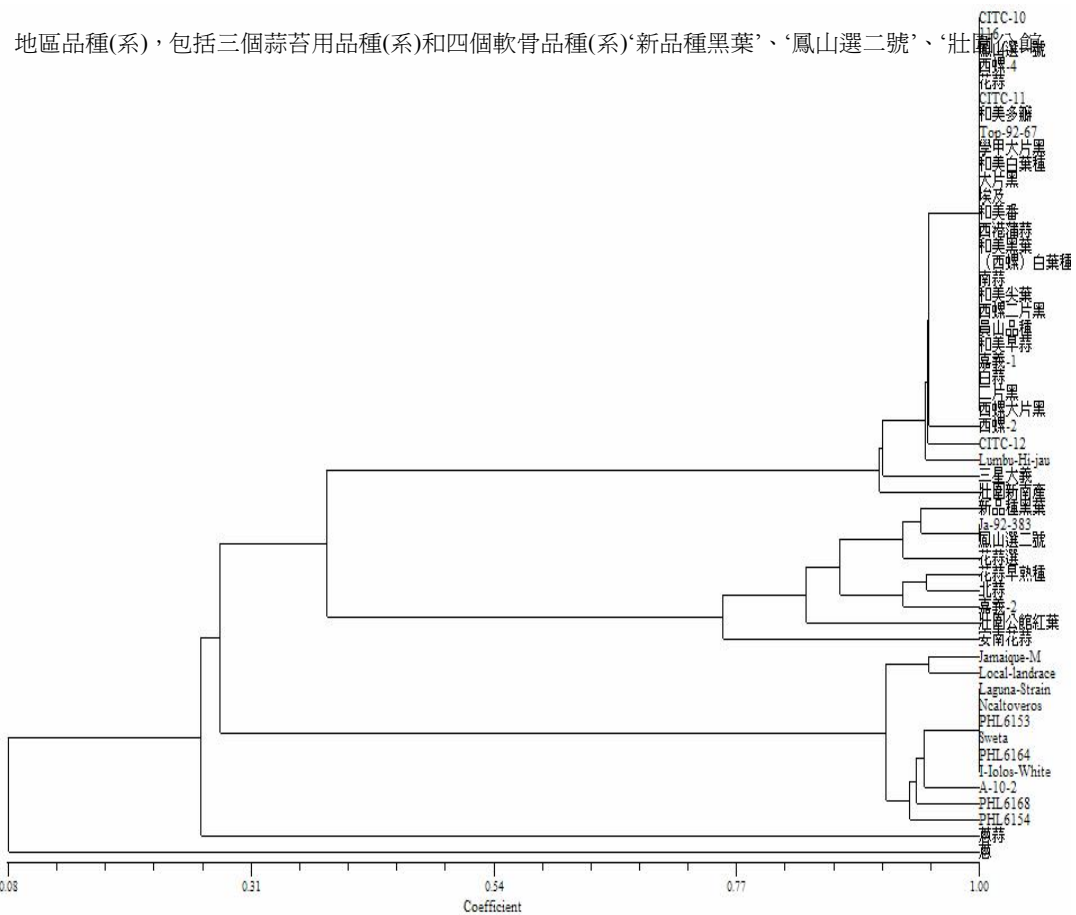


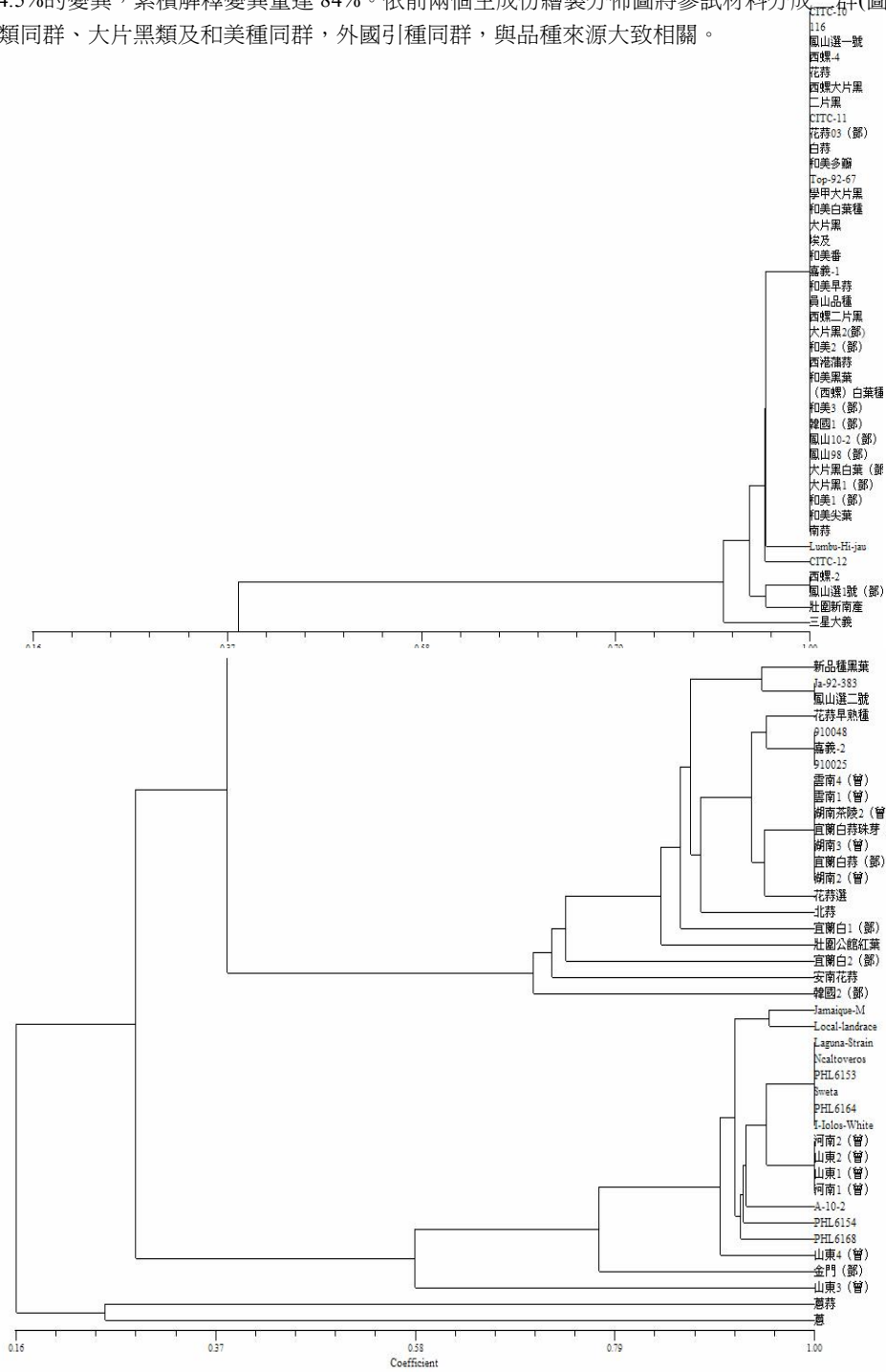
圖 1. 以59個RAPD多型性條帶分析50個大蒜種原之群叢分析樹狀圖

Fig. 1. The UPGMA dendrogram of 50 garlic accessions based on 59 polymorphic RAPD markers.

紅葉’、‘嘉義-2’，群內相似度0.75。第三群11個品種(系)包括一個台灣的品系、七個菲律賓品種(系)、兩個印度地區品種(系)及一個法國品種(系)，假莖具有紅色條紋的六個品種(系)中有五個列於此群。當加入農試所及農藝系所分別蒐集之台灣現行栽培品種(系)及中國大陸品種(系)共30個材料，以相同引子擴增出條帶性狀，再與原先50個種原一共80個大蒜材料共同進行分析，群叢分析結果(圖2)，在平均相似度0.29時仍將大蒜分為三群，中國大陸山東、河南品種分入第三群；雲南、湖南品種分入第二群。第一群中除包含原來30種外，還包含了農試所的十個台灣地區品種(系)及一個由韓國蒐集的品種(系)。群內相似度極高，不同來源之六個‘大片黑’間之相似度為1.00無法區分。第二群包含21個材料，增加‘韓國-2’，雲南、湖南之五個蒐集材料和‘宜蘭白蒜’及其珠芽，另910025、910048與‘嘉義-2’相似度1.00無法區分。第三群增加大陸北方山東、河南六個材料及一個金門地區收集品種(系)。以RAPD分析之結果顯示台灣許多大蒜品種(系)相似度極高，甚至無法區分，但分群結果大致與產地或類型符合。



以所獲得具再現性的多型性條帶進行主成份分析，前三個主成份分別可解釋 46.3%、33.3%及 4.5%的變異，累積解釋變異量達 84%。依前兩個主成份繪製分佈圖將參試材料分成三群(圖 3)，大蒜類同群、大片黑類及和美種同群，外國引種同群，與品種來源大致相關。







Bradley et al. (1996)以RAPD 分析19 種澳洲主要大蒜栽培品種。其中，由不同地區收集品種名同為‘Italian White’的三種材料，在分群結果上遺傳相似度僅0.73，顯示可能為不同種但因外形相似而同名。而‘Taiwanese’與經四年營養系選拔的新品種‘Glenlarge’兩品種在產量及蒜瓣大小性狀上具差異，但遺傳相似度為0.88。Etoh 與 Hong (2000)並以RAPD 分析找到與花粉稔性相關的標誌，為marker-assisted selection跨出一大步。

本研究RAPD分析上選擇清晰呈現的條帶來判斷條帶的有無，避免再現性不足的標誌造成錯誤資訊，平均每引子可得到大蒜品種(系)間多型性條帶數為2.12。所得分群結果在第一群的大部分台灣品種(系)無法區分，可能由於所使用的引子係參考前人應用在歧異度大的大蒜種原研究，引子適用於變種間甚至種間的遺傳差異鑑別，而台灣所用大蒜品種及種原相對歧異度較小，且應屬同一變種內的差異。由分群結果及RAPD電泳條帶顯示大蒜類與蒜頭用大片黑類有明顯差異，同為和美地區各種和美蒜相似度都是1.00，但同為鳳山的選一號、選二號明顯有極大差異，此與鳳山選二號係由軟骨種選出(顏永福，個人諮詢)的說法較吻合。

相同地名的嘉義-1與嘉義-2，也有很大差異，而西螺-2與西螺-4有很高的相似度，西螺-4與其他西螺品種(白葉、大片黑、二片黑)無法區分，彰化栽培的西港蒲蒜與所有和美品種也無法區分。東部地區的品種彼此間差異較大的為三星大義與壯園公館紅葉之間、壯園公館紅葉與員山品種之間，甚至壯園公館紅葉與壯園新南產之間有大差異，但有較大相似度的是三星大義與員山品種以及員山品種與壯園新南產之間。地名相同的大蒜品種可能遺傳相似性大，也可能遺傳關係小，這會增加種原保存及更新的困擾。同屬硬骨種的大片黑、二片黑，不論屬學甲或西螺，其相似度均為1，不能區分。可能與蒜球品種為配合冬季水田裡作，以早生系統為主有關。蒜球多於十月種植，次年三月前採收，必須要適應這種氣候條件與土地經濟利用的限制，而可順利留種的種類大致對溫度、日長的適應性相同。

大蒜類四個品種間除‘花蒜選’與‘花蒜早熟選’有較高遺傳相似度外，彼此相似度不高，此與周等(2004)認為大蒜間具有相當遺傳歧異度結果相同。另外種原中的‘A-10-2’雖來源為台灣，但它的RAPD條帶訊息卻顯示與其他台灣品種有23 個條帶的差異，並且它有10 條與其他台灣品種表現不同的條帶，而在群叢分析中與其他外國品種一起被分在第三群。

加入農試所及台大農藝系曾美倉教授所分別蒐集之台灣現行栽培品種(系)及中國大陸品種(系)共30 個材料一起分析時，除原有的分群仍維持外，中國大陸湖南、雲南品種與台灣花蒜品種、宜蘭品種同在第二群，河南、山東品種(系)與菲律賓、印度品種聚在第三群(圖2)，表示河南、山東品種與台灣大片黑類、和美類與軟骨花蒜類大蒜之遺傳距離較遠，而另外成群。兩個海關扣檢的大蒜樣品‘910025’與‘910048’雖聲稱自不同國家引進，但分析結果不僅分在同一群，且彼此間無法區分，遺傳組成完全相同。

同在第二群的宜蘭白蒜珠芽與宜蘭白蒜不能區分，因為兩者均來自同一田區，理論上珠芽與鱗莖遺傳組成相同。這也顯示分子標誌提供無法由外觀獲得的訊息。兩個韓國品種分別與和美品種及花蒜品種同群，而金門收集品種被分在第三群，應該不是台灣帶過去的品種。

本研究群叢分析結果與型態性狀並無很大關連，但可大致區分出以蒜頭、青蒜為採收目的的種類，兩種採收目的的品種大致與軟骨、硬骨有關，硬骨的蒜頭用品種、早生的和美種同屬一群，青蒜用的宜蘭品種、北蒜另屬一群，雖然群內品種無法區分可能與所用引子有關，仍由分群結果獲知台灣大蒜品種的變異範圍及品種歸屬。



### 參考文獻

1. 周微茂、吳游源、朱明宏. 2004. RAPD 分子標誌應用於台灣軟骨花蒜種原歧異度分析. 作物、環境與生物資訊. 1:163-170.
2. 詹芳華. 2002. 芹菜品種特性與RAPD 標誌. 台大園藝所碩士論文.
3. 顏永福、陳水心、林巧玟、吳旭惠. 1993. 大蒜品種及栽培改良. p. 22-30. 八十二年度蔬菜品種改良及栽培技術改進研究計畫工作成果報告.
4. 薛玲. 2000. 我國加入WTO 蒜頭產業因應策略之研究. 台灣銀行季刊. 51:1-49.
5. Al-Zahim, M., H. J. Newbury, and B. V. Ford-Lloyd. 1997. Classification of genetic variation in garlic (*Allium sativum* L.) revealed by RAPD. HortScience 32:1102-1104.
6. Bradley, K. F., M. A. Rieger, and G. G. Collins. 1996. Classification of Australian garlic cultivars by DNA fingerprinting. Aust. J. Exp. Agric. 36:613-618.
7. Brewster J. L. 1994. Onions and other vegetable Allium. CAB International. Cambridge, UK.
8. Etoh, T. 1979. Variation of chromosome pairings in various clones of garlic, *Allium sativum* L. Mem. Fac. Agr. Kagoshima Univ. 15:63-72.
9. Etoh, T., H. Watanabe, and S. Iwai. 2001. RAPD variation of garlic clones in the center of origin and the westernmost area of distribution. Mem. Fac. Kagoshima Univ. 37:21-27.
10. Ipek, M., A. Ipek, and P. Simon. 2003. Comparison of AFLPs, RAPD markers, and isozymes for diversity assessment of garlic and detection of putative duplicates in germplasm collections. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 128:246-252.
11. Lallemand, J., C. M. Messian, F. Briand, and T. Etoh. 1997. Delimitation of varietal groups in garlic (*Allium sativum* L.) by morphological, physiological biochemical characters. Acta Hort. 433:123-132.
12. Lampasona, S. G., L. Martinez, and J. L. Burba. 2003. Genetic diversity among selected Argentinean garlic clones (*Allium sativum* L.) using AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism). Euphytica 132:115-119.
13. MaaB, H. I. and M. Klaas. 1995. Intraspecific differentiation of garlic (*Allium sativum*) by isozyme and RAPD markers. Theor. Appl. Genet. 91:89-97.
14. Volk, G. M., A. D. Henk, and C. M. Richards. 2004. Genetic diversity among U.S. garlic clones as detected using AFLP methods. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 129:559-569.

### Abstract

RAPD markers were used to analyze the genetic variations of 80 garlic accessions mostly from Taiwan, including 50 collected by Yi-Chu Branch, Tainan DAIS, 17 from TARI and 11 from China. Fifty germplasm accessions with bulbs were planted at horticultural experiment farm of NTU to observe the characteristics of their plants and bulbs. Most germplasms were of bulb type with somewhat erect leaves, pseudo-stem in white color, green to dark green foliage, white bulb scales with some clove outer scale in purple tinge. The morphological differences were not sufficient to distinguish garlic lines. The constructed dendrogram divided all 80 garlic accessions into three groups at the genetic similarity of 0.26. Most Taiwan lines including bulb-use varieties were clustered into the first group with very high genetic similarity. Flower type (scape-use), 'FengShan Sel No. 2' and Yi-Lan landraces were grouped with varieties from Hu-Nan and Yun-Nan of China in the second cluster. Varieties from northern China being different from Taiwan



varieties were clustered together with other foreign varieties of India and the Philippines. Among Taiwan germplasms and lines, those of the same region (have a common name) may not share high similarities. In general bulb use varieties have small genetic difference while flowering types have more genetic variation. In the principle component analysis, the first two components could explain 79.6% of variability and the two-dimension distribution depicts the same results from cluster analysis.

