

大蒜品種蒜胺酸含量、遺傳歧異度與園藝性狀之探討¹

蕭政弘²、張瑞炘³、宋好⁴

摘 要

為探討大蒜品種蒜胺酸含量、遺傳歧異度與園藝性狀之關係，利用分子標誌技術與主成分分析，以東亞地區所收集30個大蒜品種為材料進行試驗，結果顯示不同大蒜品種蒜胺酸含量介於10.6~19.5 mg·g⁻¹ FW。以簡單重複序列間區分子標誌技術(SSR)進行多型性與群集分析，顯示在距離係數0.63時可分為2個群組，區別硬頸與軟頸品種大蒜。由9個園藝性狀特徵進行主成分分析，顯示地上部高度、葉長、葉寬、假莖徑及葉數等5項為主要特徵向量，次要特徵向量為生育日數、蒜球重量及花薹有無，利用群集分析可分為群組 I 主要為硬頸蒜，群組 II 為東南亞品種，群組 III 及 IV 則無法歸納。由ISSR多型性條帶分析及園藝性狀主成分分析所繪製之聚類樹狀圖，顯示高與低蒜胺酸品種落於不同之聚類，說明大蒜遺傳歧異度及園藝性狀相近品種，蒜胺酸含量則未必趨近於相似水平含量。

關鍵詞：品種、多型性分析、大蒜種原、主成分分析、東亞地區

前 言

大蒜屬蔥科(Alliaceae)蔥屬(*Allium*)多年生草本植物，主要作為天然的保健食品及日常生活中的辛香蔬菜。當蒜瓣破碎時，液泡內之蒜胺酸酶(alliinase)快速與細胞質之風味前驅物蒜胺酸(alliin, cysteine sulfoxides)反應，形成大蒜辛辣味物質大蒜素(allicin)，也就是丙烯基硫代硫酸鹽(allyl thiosulfinate)。大蒜素為油狀無色液體，具有臭味，包含70%~80%之硫代硫酸鹽類(thiosulfinates)，為極不穩定之化合物⁽¹⁴⁾，會裂解產生水溶性的S-allyl cysteine (SAC)和S-allyl mercapto cysteine (SAMC)等辛辣物質，目前研究大蒜功效成分，90%以含硫化合物為主，其中85%並聚焦於蒜胺酸⁽²²⁾。

大蒜花粉母細胞在減數分裂時，由於染色體異常分離，致使大蒜無法產生花粉及種子⁽¹³⁾，大蒜栽培皆以蒜瓣進行營養繁殖，且被栽培數千年；惟其雖為無性繁殖，各品種外表性狀表現並不一致⁽¹⁷⁾。大蒜依花梗有無可分為軟頸(soft neck)及硬頸(hard neck)兩類⁽¹⁸⁾；依鱗莖外皮色澤分為白皮蒜及紫皮蒜^(5,6)；依莖葉形態與質地分軟硬骨與大小葉⁽¹⁾。大蒜按生理特點

¹ 行政院農業委員會臺中區農業改良場研究報告第 0888 號。本文為第一作者博士論文之一部分。

² 行政院農業委員會臺中區農業改良場副研究員兼課長。

³ 行政院農業委員會臺中區農業改良場助理研究員。

⁴ 國立中興大學園藝學系教授。

則可分為低溫反應敏感型、溫度反應遲鈍型、溫度反應中間型⁽⁷⁾。但大蒜外表型易受環境影響，近年來隨生物技術快速進展，分子標誌被認為是植物遺傳歧異度分析之良好工具⁽⁹⁾，並已應用於大蒜之遺傳歧異度分析，高等⁽³⁾利用聚丙烯醯胺電泳(Polyacrylamide gel electrophoresis, PAGE)，分離中國大陸三個生態型大蒜，認為生態型不能完全等同於基因型。利用擴增片段長度多型性(Amplified fragment length polymorphism, AFLP)進行大蒜遺傳歧異度分析，可將大蒜區分為軟與硬頸大蒜⁽²⁴⁾。以逢機擴增多型性DNA (Random amplified polymorphic DNA, RAPD)可將大蒜分成2個群組，第1群組包括軟頸之*Ophioscorodon*亞種與野生之*Longicuspis*亞種，此2亞種遺傳相似度高；第2群組為硬頸之*Sativum*亞種，其中Artichoke type品系間遺傳歧異度低，而Silverskin type品系間遺傳之歧異度高⁽⁸⁾。利用簡單重複序列間區分子標誌技術(Inter simple sequence repeat, ISSR)，探討46個大蒜種原的遺傳相關性，在平均相似度0.12時分為三大群，第1群以大片黑系統為主，第2群則包括和美種(硬骨小葉)、花蒜類及南亞品種，所有中國大陸品種群聚於第三群⁽⁴⁾。本研究旨在分析東亞地區大蒜品種蒜胺酸含量，並利用ISSR分子標誌技術與主成分分析，以探討遺傳歧異度與園藝性狀和蒜胺酸含量之關係。

材料與方法

一、植物材料

將收集自東亞地區30個大蒜種原，種植於彰化縣大村鄉臺中區農業改良場內之蔬菜簡易溫室。試驗採介質耕栽培，植槽寬度為45 cm、深度為40 cm、長度為12 m，介質為德國Florabalt®之Florabalt plus PV80/20，試驗排列採隨機完全區集設計(Randomized complete block design, RCBD)，每品種4重複，小區面積為40 cm×45 cm。種植1週後蒜瓣陸續萌芽，種植後依不同生育期施用養液⁽²⁾。蒜株地上部開始黃化後陸續採收，乾燥後貯藏於室內通風處，以作為各項分析之材料。

二、園藝性狀調查：

於種植100天開始進行調查，每小區選取2株，計4重複，每品種共調查8株。調查項目包括：

- (1)地上部高度：將葉片拉直後測量地面至葉尖距離(cm)。
- (2)葉片長度：測量最長葉之葉身基部到葉尖距離(cm)。
- (3)葉片寬度：測量最長葉之葉身基部的寬度(cm)。
- (4)假莖徑：以游標卡尺測量假莖離地約1 cm最寬處(mm)。
- (5)葉數：除初始2片葉不列計外，其餘葉片皆列入計算。
- (6)生育日數：種植到採收所需天數。
- (7)花薹：有明顯抽出花薹者為硬頸，無花薹者為軟頸。
- (8)蒜球採收後進行乾燥，調查項目為單球鮮重(g)及每球蒜瓣數。

三、蒜胺酸測定

選取1~4 g蒜瓣進行分析，先將蒜瓣去膜，再經秤重並記錄後，將完整無破損之蒜瓣直接置入燒杯中，再加入100 mL煮沸純水，以鋁箔紙覆蓋燒杯，經加熱器再煮沸3 min，放涼後以果汁機將蒜瓣均質化。均質液於常溫下以10,000 ×g離心10 min，取上清液以0.45 μm nylon Filter (Millipore Co. U.S.A.)過濾膜去除大分子，濾液稀釋至適當濃度後，以高效能液相層析儀(High Performance Liquid Chromatography, HPLC)分析蒜胺酸含量，使用Agilent系列分離管柱(250-4.6,5μm, Zorbax Tms, U.S.A.)，移動相為水，流速為0.5 mL·min⁻¹，以紫外線偵測器(UV detector, Model L-7400, Hitachi)為檢出器，波長為210 nm。蒜胺酸標準品(ICN biomedical, Germany)，由積分儀(Model D-2500, Hitachi)記錄其停滯時期及積算面積。

四、以ISSR分析品種遺傳歧異度

1. 植株DNA抽取過程採用自動化核酸萃取儀(Smart LabAssist-32，臺灣圓點奈米技術股份有限公司，臺灣)，以及試劑組(TANBead Plant DNA Auto Plate，臺灣圓點奈米技術開發有限公司，臺灣)。分別取30個大蒜品種葉片0.25 g，置於2 mL厚壁試管中，以液態氮快速冷凍，加入鋼珠震盪1分鐘，將葉片磨成粉末後，加入700 μL Lysis buffer，混合均勻後靜置於室溫5分鐘。以8,000 g離心1 min，將上清液注入已預先分注試劑之96孔盤，放入自動化核酸萃取儀，依操作手冊選擇(BIO-W4-AUTO)程式，按下啟動後，等待40 min即可完成DNA萃取。以分光光度計測定DNA濃度，儲存於-20℃中備用，進行聚合酶連鎖反應(Polymerase chain reaction, PCR)再將各樣品稀釋成10 ng·μL⁻¹使用。
2. 以11個ISSR引子進行分析，PCR總反應物體積為25 μL，包括3 μL 10 ng·μL⁻¹ DNA、2 μL 1 μM 引子、5 μL PCR Master Mix Kit (Protech Technology Enterprise Co., Taipei, Taiwan) 及15 μL ddH₂O。PCR反應器為LabCycler (SensoQuest, Germany)，反應條件為94℃、3 min；94℃、30 sec，55℃、60 sec，72℃、90 sec，循環35次；72℃、10 min 完成反應，反應產物暫存於4℃。取10 μL之PCR反應產物DNA，加上2 μL之EZ-VISION™ DNA Dye (AMRESCO, Canada)均勻混合，置於2%瓊脂膠片(Agarose 1, AMRESCO, Canada)，在0.5X TBE buffer中，利用100 V電壓進行電泳分離，電泳完成後將膠片置於UV顯像儀上觀察及照相。

五、統計與分析

1. 試驗資料以COSTAT 6.2統計軟體(CoHort Software, U.S.A.)，經費雪精確機率檢定(Fisher's exact test)後，進行最小顯著差異(Least significant difference, LSD)分析，檢測各處理間是否有顯著差異(P<0.05)。
2. 記錄ISSR條帶，進行資料分析，在相同條帶位置上，有條帶記錄為‘1’，無條帶記錄為‘0’，不易分辨的條帶則不列入計算。將資料輸入NTSYSpc軟體，以Jaccard coefficient 進行兩兩樣本OTUs相似度運算，求得相關矩陣，再以未加權算術平均對群法(unweighted pair-group method with arithmetic means, UPGMA)進行群集分析，繪製樹狀分析圖。並進

行特徵相似性計算，經Dcenter轉換後，求出特徵值與特徵向量，利用投射完成大蒜品種於三度空間分布圖。

3. 園藝性狀之主成分分析，每一品種為一運算分類單位(operational taxonomic unit, OTUs)，數量性狀數據求其平均，質量性狀則以1、9表示該性狀的表現程度，百分比數據則先轉換成角度值，再將所有數據標準化。以NTSYS 2.1 (Applied Biostatistics Inc., NY)進行主成分分析(principal component analysis)及群集分析⁽²³⁾。

結果與討論

30個大蒜品種蒜胺酸含量為10.6~19.5 mg·g⁻¹ FW，CV為16.3% (表一)；蒜胺酸含量分布在10~12 mg·g⁻¹ FW者僅有2個品種，12~14 mg·g⁻¹ FW有9個品種，14~16 mg·g⁻¹ FW最多為15品種，16~18 mg·g⁻¹ FW及18~20mg·g⁻¹ FW皆為2個品種。Lawson (1993)指出蒜胺酸在大蒜中的含量約為8~19 mg·g⁻¹ FW⁽²⁰⁾，Horníčková等研究顯示大蒜於5℃貯藏後，蒜胺酸含量為1.28~20.18 mg·g⁻¹ (15)，與本研究結果相同。將30個品種所分析之蒜球蒜胺酸含量，進行蒜胺酸含量最小顯著差異分析，可依蒜胺酸含量高低加以分群：1.高蒜胺酸品種有‘南蒜’，彭州正‘月早’、‘昆明三瓣蒜’及‘大片黑’。2.低蒜胺酸品種為‘仁東蒜’、‘紅七星’、‘清邁獨蒜’與‘菲律賓當地種’。試驗材料中硬頸與軟頸品種各佔50%，生育日數最短之品種生育142天，最長品種為192天。大蒜以無性繁殖為主，於不同地區長久栽培，已衍生出不同生態型之大蒜品種及重要性狀與生化變異^(10,12)。本研究亦發現不同區域所收集品種確實因長時間之栽培與演化，即便種植於相同之環境條件。在蒜胺酸含量上皆有所不同，Baghalian (2005)等以伊朗國內大蒜材料進行研究，指出以性狀及大蒜素進行生態型分類，其與地理生態型並無相關⁽¹¹⁾，該試驗所收集樣品之緯度介於N28°25'~N37°48'間，也就是分布在緯度9度範圍內，而本研究所用30個品種，則由N35°33'~S7°42'間所收集，也就是樣品分布跨於緯度42度範圍內，品種分布區域大，也使得不同生態型的生化差異性顯現出來。

以11個ISSR引子進行聚合酵素連鎖反應擴增，其中UBC-818引子可將30個品種大致分為4型，分別為24號品種第一型、第二型為16、5、8、18、28、6、10、4、26、30、7、29、22、27號等14個、第三型為25、9、12、11、14、13、2、3、1、15、19、17、20號等13個，以及23號與21號品種組成的第四型(圖一)。本次ISSR分析採用11個引子進行分析，在各品種間共產生121個條帶，其中有103個條帶具多型性，佔總條帶之85.12%，平均每個ISSR引子可產生11個條帶，包含多型性條帶有9.4個(表二)，其中又以UBC834、UBC810、UBC868、UBC818及UBC820等5個引子可產生較多的多型性條帶，這5個引子經PCR共擴增了60個條帶，其中UBC834及UBC820引子所擴增之多型性條帶比例為100% (表二)，可知大蒜仍存在遺傳變異。將103個多型性條以群集分析，在距離係數0.63時可分為2個群組(圖二)，群組I有15個品種，群組II有15個品種，群組I主要品種來源為韓國、臺灣、中國大陸、泰國、越南及菲律賓，來源分布緯度介於N13°80'~N35°54'間，其中有7個分布於N30°~N35°間，N20°~N25°有5個，N13°~N15°有3個，此群組最大特徵為具有明顯且抽出之花薹，以較高緯度品種為主。群組II

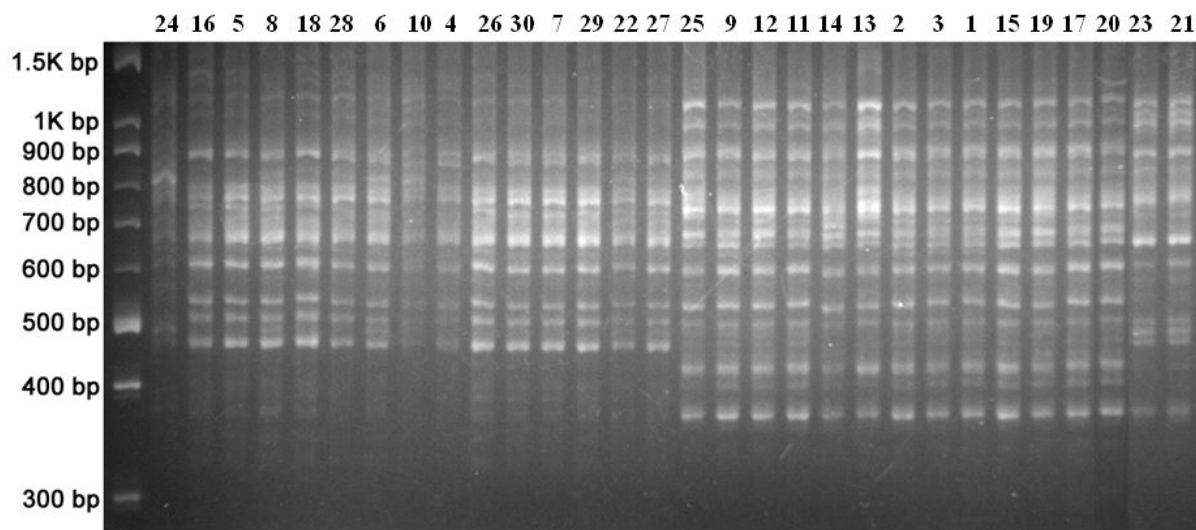
表一、調查 30 個大蒜品種之蒜球性狀及蒜胺酸含量

Table 1. Bulb characteristics and alliin content among 30 galic cultivars

Source	Cultivars	Location	Alliin (mg·g ⁻¹ FW)	Stalk	Growth days after planting
Korea	Hapcheon	N35°33′	13.5 defgh ¹	H ²	192
	Nandao	N35°54′	14.4 cdefg	H	192
	Daejeong	N33°30′	12.8 defgh	S	189
	Jinju stalk	N35°09′	15.2 bcdef	H	192
China	Rendong garlic	N22°38′	12.1 fgh	S	171
	Southern galic	N30°34′	19.5 a	S	182
	Lianzhou aroma	N24°47′	14.1 cdefg	S	167
	Xinfan Feb.early	N30°52′	14.9 bcdef	H	182
	Pengzhou Jan.early	N31°	19.0 a	S	182
	Kungmin 3 cloves	N24°51′	17.1 abc	H	182
	Guzhai garlic	N24°44′	15.4 bcde	S	159
	Pengzhou wener early	N31°	12.6 efgh	H	189
	Jiading No.2	N31°22′	12.7 efgh	H	182
Seven star red	N30°41′	11.4 gh	H	182	
Taiwan	Fangyuan stalk	N23°57′	15.1 bcdef	H	170
	Homei	N24°07′	13.8 defg	S	167
	Iian-white	N24°42′	15.2 bcdef	H	182
	Great black leaf	N23°41′	17.7 ab	S	171
	Yunlin stalk	N23°42′	14.2 cdefg	H	170
Tailand	Kratiem tone Chi.	N15°30′	10.6 h	H	160
	Srisaket	N15°06′	15.4 bcde	H	142
	Kratiem Tai.	N18°80′	15.3 bcde	S	160
Philippines	Local cultivar	N13°80′	12.2 fgh	H	142
	Round clove	N21°18′	14.5 cdef	H	162
Vietnam	Local cultivar	N21°18′	15.8 bcd	S	142
Indonasia	Lumbu Hijau	S7°51′	15.6 bcde	S	169
	Tawanmangu Baru	S7°42′	13.2 defgh	S	151
	Indonasia early	S0°31′	14.7 bcdef	S	167
Myanmar	Local cultivar	N12°30′	14.4 cdefg	S	142
Cambodia	Local cultivar	N21°45′	12.5 efgh	S	167
LSD _{0.05}			3.1		
CV (%)			16.3		

¹ Means within columns followed by the same letters are not significantly different at P<0.05 by Fisher's least significance difference.

² S: soft neck; H: hard neck.

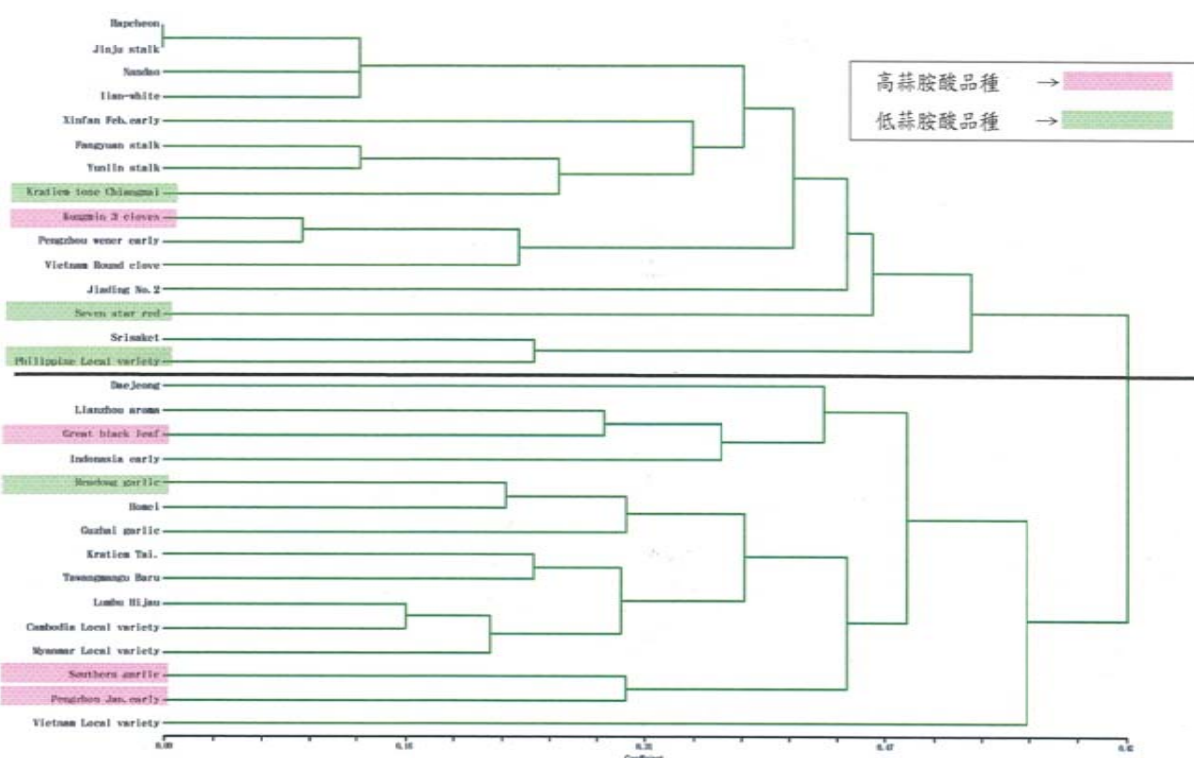


圖一、大蒜 30 個品種以引子 UBC818 進行簡單重複序列間區分子標誌技術分析之分子多型性
Fig. 1. Polymorphism of 30 garlic cultivars with UBC818 ISSR primer by inter-simple sequence repeat.

表二、大蒜 30 個品種以 11 個 ISSR 引子經聚合酶連鎖反應增幅後產生之條帶數
Table 2. The band numbers amplified band by polymerase chain reaction with 11 ISSR primers of 30 garlic cultivars

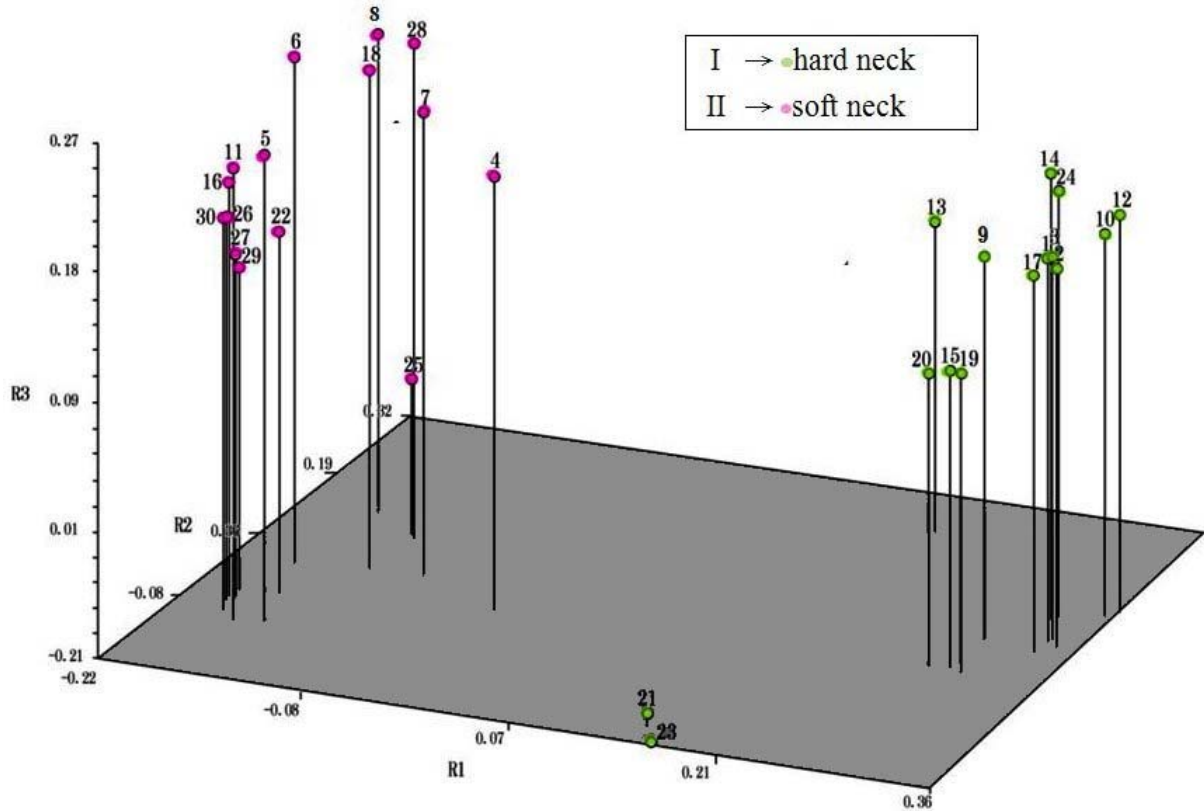
Primer no.	Sequence 5'>3'	Total	Poly-	Mono-
UBC-810	GAG AGA GAG AGA GAG AT	15	13	2
UBC-818	CAC ACA CAC ACA CAC AG	12	10	2
UBC-820	GTG TGT GTG TGT GTG TC	10	10	0
UBC-834	AGA GAG AGA GAG AGA GYT	16	16	0
UBC-835	AGA GAG AGA GAG AGA GYC	11	9	2
UBC-847	CAC ACA CAC ACA CAC ARC	9	8	1
UBC-850	GTG TGT GTG TGT GTG TYC	10	8	2
UBC-864	ATG ATG ATG ATG ATG ATG	11	9	2
UBC-868	GAA GAA GAA GAA GAA GAA	15	11	4
UBC-880	GGA GAG GAG AGG AGA	6	4	2
UBC-881	GGG TGG GGT GGG GTG	6	5	1
Number of total bands		121	103	18
Percentage (%)			85.1	14.9

則來自韓國、臺灣、中國大陸、泰國、柬埔寨、越南、印尼、緬甸，此群組最大特徵為無明顯花薹，來源分布緯度為N33°30'~S7°51'間，其中僅2個分布於N30°~N35°間，N20°~N25°有8個，N12°~N18°有2個，其中並有3個位於S0°31'~S7°51'間(圖一)，以較低緯度品種為主。以主成分分析繪製立體圖(圖三)，30個大蒜品種可分為3個群組，其中以‘四色菊府’及‘菲律賓當地種’與其他大蒜品種之分群明顯不同，而獨立成為一群，而這兩個品種在外形特徵上為硬頸大蒜，有明顯花薹，顯示在群集分析時，此2品種雖為群組I，但與此群其它品種具一定之差異性。透過ISSR多型性條帶分析，可依花薹有無，明顯區分出第I分群為硬頸大蒜及第II分群軟頸大蒜等2大分群，第I分群中僅‘昆明三瓣蒜’為高蒜胺酸品種，多數低蒜胺酸品種‘紅七星’、‘獨蒜’與‘菲律賓當地種’皆落在本分群；第II分群中僅仁東蒜為低蒜胺酸品種，多數高蒜胺酸品種‘南蒜’、‘彭州正月早’及‘大片黑’皆位於本分群，不抽薹的品種比完全抽薹、不完全抽薹的品種含有更高的含硫胺基酸⁽¹⁹⁾。Hughes (2005)等指出硬頸大蒜之蒜胺酸、甲基蒜胺酸(methiin)及總游離胺基酸含量低於軟頸大蒜⁽¹⁶⁾。



圖二、大蒜 30 個品種以 121 個多型性條帶經未加權算術平均對群法之聚類樹狀圖

Fig. 2. Dendrogram of 30 cultivars revealed by unweighted pair-group method with arithmetic means (UPGMA) cluster analysis on the basis of 121 polymorphic bands. Dissimilarity calculated by Euclidean distance coefficient.



1 Hapcheon	11 Guzhai garlic	21 Srisaket
2 Nandao	12 Pengzhou wener early	22 Kratiem Tai.
3 Daejeong	13 Jiading No.2	23 Philippine Local cultivar
4 Jinju stalk	14 Seven star red	24 Vietnam Round clove
5 Rendong garlic	15 Fangyuan stalk	25 Vietnam Local cultivar
6 Southern garlic	16 Homei	26 Lumbu Hijau
7 Lianzhou aroma	17 Iian-white	27 Tawangmangu Baru
8 Xinfan Feb.early	18 Great black leaf	28 Indonasia early
9 Pengzhou Jan.early	19 Yunlin stalk	29 Myanmar Local cultivar
10 Kungmin 3 cloves	20 Kratiem tone Chiangmai	30 Cambodia Local cultivar

圖三、大蒜 30 個品種以 121 個多型性條帶經主成分分析之立體圖

Fig. 3. Ordination of 30 cultivars revealed by principal component analysis on the basis of 121 polymorphic bands.

由 9 個園藝性狀特徵進行主成分分析(表三)，前 3 個主成分分別可解釋的變異量為 40.47%、25.39%及 11.66%，共可解釋 77.52%。第一主成分之各性狀分量，在所有性狀中除花薹有無及蒜瓣數外，皆與主成分呈正相關，其中以地上部高度、葉長、葉寬、假莖徑及葉數等 5 項指標具有較大分量值。第二主成分依各性狀分量顯示花薹有無、葉長、生育日數與蒜球

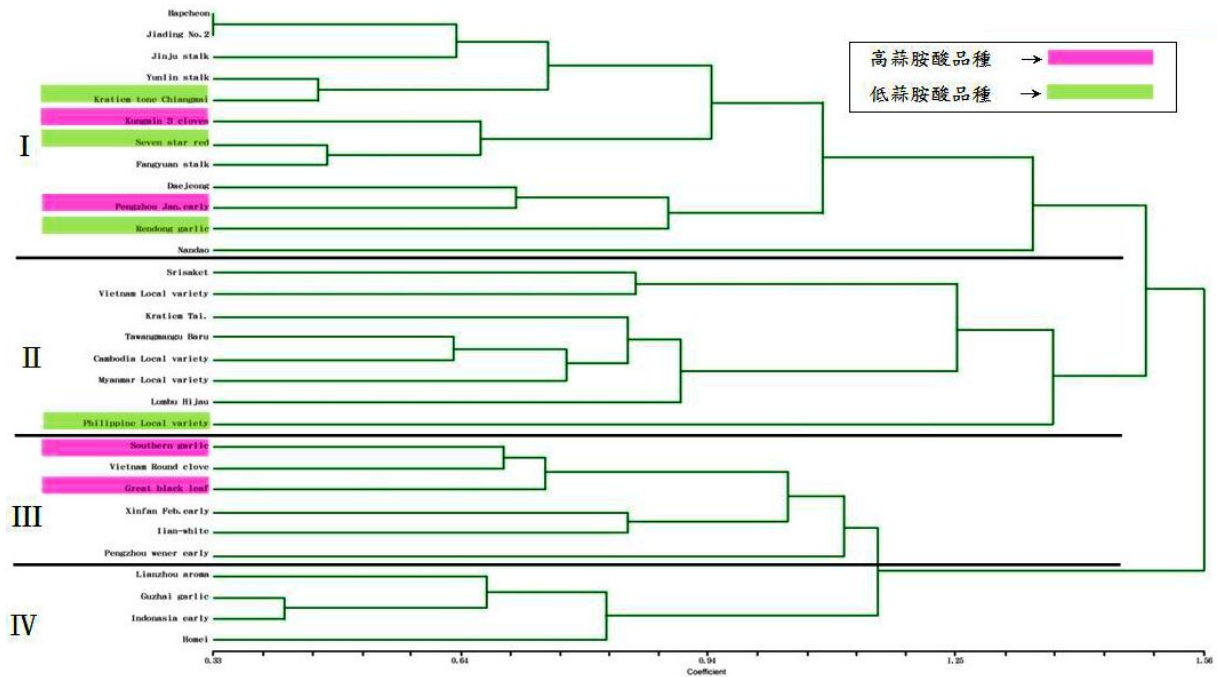
重與本主成分有較大的正相關性，而與葉數及蒜瓣數呈較大之負相關。第三主成分則以花薹有無、葉長及蒜球重為正相關且具有較大分量值，而與葉片寬及生育日數呈負相關。各性狀分量皆以葉長在各主成分中佔有高分量值。由平均對群法進行群集分析所得樹狀圖(圖四)，在距離係數1.56時可分為2大群組，另於距離係數1.50及1.16可再各分2群組，共可分成4個群組，群組I共有12個，主要品種來源為韓國、臺灣及中國大陸，分布緯度為N15°~N35°，此分群品種除‘大靜’、‘彭州正月早’及‘仁東蒜’外，皆具明顯花薹；群組II則有8個品種，皆為東南亞國家之品種，分布緯度為N21°~S 7°；群組III則有6個品種，分布緯度為N21°~N31°，品種來源為臺灣、中國大陸及越南；群組IV僅4個品種，來源為臺灣、中國大陸及印尼，分布緯度為N24°~S0°，以3個主成分繪製之立體圖並無明顯分群(圖五)。另各高及低蒜胺酸品種於各分析方法所落分群並不相同，推測大蒜品種在基因及園藝性狀上各自獨立演化。Paredes (2008)等以65個品種進行分析顯示大蒜基因相似度達94%，可將70%品種歸類為一個主要族群，儘管在園藝性狀特性上並不相同⁽²¹⁾。

透過各國大蒜品種間蒜胺酸含量分析，確認大蒜蒜胺酸含量確實存在差異性，最高與最低含量差異接近1倍，以由ISSR多型性條帶分析及園藝性狀主成分分析所繪製之聚類樹狀圖，顯示高與低蒜胺酸品種落於不同之聚類，說明大蒜之遺傳歧異度及園藝性狀趨近品種，蒜胺酸含量則未必趨近於相似水平含量。

表三、以 9 個園藝性狀分析 30 個大蒜品種之主成分分析特徵值、變異數百分比、累積變異數百分比及特徵向量

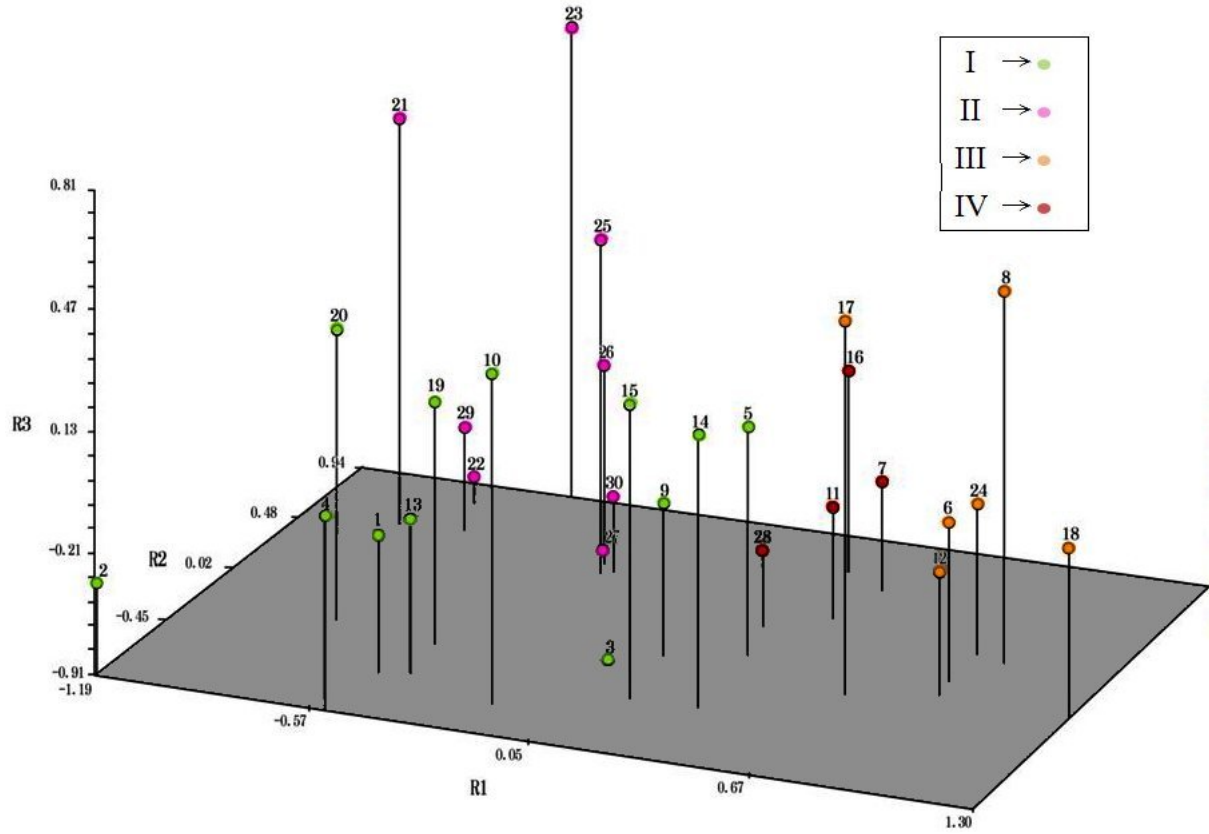
Table 3. The eigenvalue, percentage of variability, percentage of accumulated variability for each of the principal components, and the eigenvector matrix of PCA, in which horticultural characteristics of 30 garlic cultivars were analyzed

	PC1	PC2	PC3
Eigen	13.64	22.29	31.05
Variability (%)	40.47	25.39	11.66
Accumulated variability (%)	40.47	65.86	77.52
stalk	-0.1507	0.3304	0.6462
shoot height	0.4342	-0.1387	0.1883
leaf length	0.4371	0.4120	0.4028
leaf width	0.4645	0.1176	-0.2672
diameter of pseudostem	0.4957	0.0587	-0.1316
leaf number	0.3289	-0.3463	-0.0833
days after planting	0.1384	0.5141	-0.2172
bulb weight	0.0934	0.4832	0.3490
clove number	-0.0113	-0.4846	0.3841



圖四、以 9 個園藝性狀分析 30 個大蒜品種經未加權算術平均對群法之聚類樹狀圖

Fig. 4. Dendrogram of 30 cultivars revealed by unweighted pair-group method with arithmetic means (UPGMA) cluster analysis on the basis of 9 horticultural characteristics and alliin content. Dissimilarity calculated by Euclidean distance coefficient.



1 Hapcheon	11 Guzhai garlic	21 Srisaket
2 Nandao	12 Pengzhou wener early	22 Kratiem Tai.
3 Daejeong	13 Jiading No.2	23 Philippine Local cultivar
4 Jinju stalk	14 Seven star red	24 Vietnam Round clove
5 Rendong garlic	15 Fangyuan stalk	25 Vietnam Local cultivar
6 Southern garlic	16 Homei	26 Lumbu Hijau
7 Lianzhou aroma	17 Iian-white	27 Tawangmangu Baru
8 Xinfan Feb.early	18 Great black leaf	28 Indonasia early
9 Pengzhou Jan.early	19 Yunlin stalk	29 Myanmar Local cultivar
10 Kungmin 3 cloves	20 Kratiem tone Chiangmai	30 Cambodia Local cultivar

圖五、以 9 個園藝性狀進行 30 個大蒜品種主成分分析之立體圖

Fig. 5. Ordination of 30 cultivars revealed by principal component analysis on the basis of 9 horticultural characteristics.

參考文獻

1. 林昭雄 1993 四十年來之臺灣大蒜產業 臺灣蔬菜產業演近四十年專輯 臺灣省農試所專刊30號 p.107-133。
2. 高德錚 1980 本土化蔬菜水耕栽培技術~動態浮耕式水耕系統之開發與利用 臺中區農業改良場特刊26號。
3. 高述民、李鳳蘭、陸嚨一、杜慧芳、越英 2003 中國大蒜(*Allium sativum* L.) 18個品種的酯酶同工酶多態性分析 植物學通報 20(6): 723-729。
4. 許涵鈞、胡凱康、鄧汀欽、顏永福、曹幸之 2008 以ISSR分子標誌探討大蒜品種之遺傳相關性 臺灣園藝 54(4): 265-273。
5. 梅四衛、朱涵珍 2009 大蒜研究進展 中國農學通報 25(8): 154-158。
6. 張本云 1994 大蒜、韭蔥及其野生近緣種 p.751-759 中國作物遺傳資源 中國農業出版社 北京，中國。
7. 樊治成、陸嚨一、杜慧芳 1997 大蒜品種生態型的數量分類研究 植物生態學報 21: 169-174。
8. 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(6): 1102-1104.
9. Andersen, W. R. and D. J. Fairbanks. 1990. Molecular markers: important tools for plant genetic resource characterization. Diversity 6: 51-53.
10. Avato, P., V. Miccolis and F. Tursi. 1998. Agronomic evaluation and essential oil content of garlic (*Allium sativum* L.) ecotypes grown in Southern Italy. Adv. Hort. Sci. 12: 201-201.
11. Baghalian, K., S. A. Ziai, M. R. Naghavi, H. N. Badi and A. Khalighi. 2005. Evaluation of allicin content and botanical trials in Iranian garlic (*Allium Sativum* L.) ecotypes. Sci. Hort. 103: 155-166.
12. Bradley, K. F., M. A. Rieger and G. G. Collins. 1996. Classification of Australian garlic cultivars by DNA fingerprinting. Aust. J. Exp. Agr. 36(5): 613-618.
13. Etho, T. and H. Ogura. 1978. Multivalent chromosomes in garlic, *Allium sativum* L. Memoirs of the Faculty of Agriculture, Kagoshima University. 14: 53-59.
14. Harunobu, A., B. L. Petesch, M. Hiromichi, K. Shigeo and I. Itakura. 2001. Intake of garlic and its bioactive components. J. Nutr. 131: 955-962.
15. Horníčková, J., R. Kubec, J. Velíšek, K. Cejpek, J. Ovesná and H. Stavěliková. 2010. Profiles of S-alk(en)yl cysteine sulfoxides in various garlic genotypes. Czech J. Food Sci. 28: 298-308.
16. Hughes, J., A. Tregova, A. B. Tomsette, M. G. Jones, R. Cosstick and H. A. Collin. 2005. Synthesis of the flavor precursor, alliin, in garlic tissue. Phytochemistry 66(2): 187-194.
17. Janick, J. 1999. Exploitation of heterosis: uniformity and stability. The genetics and exploitation of heterosis in crops. p.319-333.

18. Kamenetsky, R. 2007. Garlic: botany and horticulture. *Hortic. Rev.* 33: 123-172.
19. Králová, J., J. Velíšek, J. Ovesná and H. Stavěliková. 2006. Distribution of sulfur-containing amino acids in fifteen garlic varieties. *Vegetable Crops Research Bulletin* 65: 117-125.
20. Lawson, L. D. 1993. Bioactive organosulfur compounds of garlic and garlic products: Role in reducing blood lipids. In: *Human medical agents from plants*. American Chemical Society, Washington, DC. p.306-330.
21. Paredes, M., V. Becerra and M. I. González. 2008. Low genetic diversity among garlic (*Allium sativum* L.) accessions detected using random amplified polymorphic DNA (RAPD) *Chil. J. Agr. Res.* 68(1): 3-12.
22. Rahman, K. 2003. Garlic and aging: new insights into an old remedy. *Ageing Res. Rev.* 2(1): 39-56.
23. Rolf, F. J. 2000. Ntsys-pc: Numerical taxonomy and multivariate analysis system. Version 2.1. Exeter Software. New York. p.83.
24. 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(4): 559-569.

Differences of the Alliin Contents, Genetic Diversity and Horticultural Characteristics in Garlic (*Allium sativum* L.) Cultivars¹

Cheng-Hong Hsiao², Ray-Shin Chang³ and Yu Song⁴

ABSTRACT

In this study, the molecular markers and principal component analysis were utilized to identify the relationship of alliin contents, genetic diversity and horticultural characteristics among garlic cultivars, and the roles of genetic and horticultural characteristics relative to alliin contents were discussed. The alliin contents of the thirty garlic cultivars collected from Eastern Asia were between 10.6 and 19.5 mg·g⁻¹ FW, However, the alliin content was different among the cultivars. The results of polymorphic analysis by ISSR markers and UPGMA cluster analysis showed that all cultivars could be divided into two clusters that are hardneck and softneck at coefficient 0.63. Principal component analysis by 9 horticultural characteristics showed that the main eigenvalues were shoot height, leaf length, leaf width, diameter of pseudostem and leaf number, the minor eigenvalues are growth periods, bulb weight and existence of stalk. All cultivars are divided into 4 clusters by horticultural characteristics, in which the cluster I contains mainly hardneck cultivars, cluster II was south-east Asian cultivars, cluster III and cluster IV were not able to be classified. The results of principal component analysis by polymorphic ISSR markers and horticultural characteristics were not correlated with alliin contents.

Key words: cultivars, polymorphic analysis, garlic germplasm, principle component analysis, Eastern Asia

¹ Contribution No. 0888 from Taichung DARES, COA. This paper is part of PhD thesis of the first author.

² Head of Crop Improvement Section, Associate Horticulturist of Taichung DARES, COA.

³ Assistant Horticulturist of Taichung DARES, COA.

⁴ Professor, Department of Horticulture, National Chung Hsing University.