

# 薑科作物遺傳歧異度之分析

謝凱勛<sup>1</sup> 林素汝<sup>2</sup> 吳永培<sup>3,\*</sup>

## 摘要

謝凱勛、林素汝、吳永培。2014。薑科作物遺傳歧異度之分析。台灣農業研究 63(3):235–248。

薑黃 (Turmeric)，學名 *Curcuma longa* L.，為薑科薑黃屬植物，在工業與香料上是重要的經濟作物。本試驗以 19 個薑科作物及高雄市旗山區收集之 20 個薑黃收集系為材料，探討薑科植物及薑黃收集系間之遺傳變異性與親緣關係，其中以簡單序列重複區間 (ISSR) 分子標誌探討 19 個台灣薑科作物親緣關係時，發現 19 個薑科作物之遺傳相似性介於 0.1–0.985 之間。以 ISSR 資料經主作標 (PCoA) 分析法之三維立體圖，可將 19 個薑科劃分成 6 個類群，類群的分布結果顯示可用 ISSR 解析薑科作物之親緣關係，並可據此有效建立台灣薑科作物的生態庫與遺傳基因池。又在 19 個薑科分析中，6 個不同來源之薑黃材料之 ISSR 分子標誌存在一定程度之變異，故進一步以高雄旗山區薑黃進行 ISSR 分子標誌分析。根據分析結果，旗山區薑黃遺傳相似性介於 0.797–0.986，利用主座標分析 (PCoA) 圖可將 20 個薑黃收集系分成 4 類群，並以 CNY12 與其他收集系的相似性最低。本研究結果顯示，台灣薑黃作物可能因為受到環境壓力與人為選拔，造成 DNA 分子層次存在相當程度之變異。

**關鍵詞：**薑黃、遺傳歧異度、簡單序列重複區間 (ISSR)。

## 前言

薑黃 (*Curcuma longa* L.) 為薑科薑黃屬之根莖植物，原產於亞洲南部的熱帶性草本植物，在食品工業及醫藥上是相當重要的作物。在食品工業中，其廣泛應用於罐裝飲料生產、烘培產品、乳製品、冰淇淋、酸奶、黃色蛋糕、柳橙汁、餅乾、爆米花的顏色、糖果、蛋糕糖衣、麥片、醬汁、明膠與咖哩粉等多項。在亞洲國家中，薑黃常用於食品添加劑、防腐劑與著色劑等 (Antunes & Araujo 2000; Cecilio-Filho *et al.* 2000)。此外，薑黃在醫藥應用上以薑黃素 (curcumin) 最受重視，係一個重要的色素化合物，可作為人體免疫缺陷 Human Immunodeficiency Virus Type 1 (HIV-1) integrase 的抑制劑 (Mazumder *et al.* 1995)。薑黃又含有數個單萜與倍半萜化合物，

如 zingiberene、ar-turmerone 及 turmerone 等 (Apisariyakul *et al.* 1995)，主要活性為驅風、抗脹氣、抗真菌與抗血小板劑 (Lee 2006)，可用於膽道疾病、厭食、咳嗽、糖尿病的傷口、肝臟疾病、風濕病與鼻竇炎等疾病治療 (Ammon *et al.* 1992)。

薑黃於南亞與東南亞，甚至中國、澳大利亞及南太平洋都有發現，尤以泰國、印度的多樣性最高，各區域中至少有 40 種存在，其次為緬甸、孟加拉、印尼及越南。薑黃為染色體組三元體的異交作物 ( $2n = 3x = 63$ )，可利用地下根莖進行無性繁殖 (Sasikumar 2005)。在大多情況下不易以雜交方式進行遺傳改良，因此薑黃育種工作主要為種原引進與營養系之選拔 (Ravindran 2007)。雖然薑黃遺傳育種上的改良先決條件主要為種原收集與鑑定，但相關

投稿日期：2014 年 7 月 10 日；接受日期：2014 年 8 月 15 日。

\* 通訊作者：wuypei@dns.caes.gov.tw

<sup>1</sup> 國立屏東科技大學農園生產系研究生。台灣 屏東縣。

<sup>2</sup> 國立屏東科技大學農園生產系助理教授。台灣 屏東縣。

<sup>3</sup> 農委會農業試驗所嘉義農業試驗分所農藝系副研究員。台灣 嘉義市。

研究報告甚少，大多數研究侷限以外表性狀表現進行基原鑑定 (Chaudhary *et al.* 2006)。然利用外表性狀之種原鑑定，由於可使用之形態特性有限，且形態數據與品質性狀如 curcumin、oleoresin、essential oil 等含量，易因不同環境影響致使性狀表現出現差異，很容易造成誤判現象。因此，利用 DNA 分子標誌取代外表性狀之基原鑑定，不但減少種原鑑定上的錯誤，更能降低薑科作物同物異名的現象。尤其在根莖作物種原的保存上，可因減少重複收集的數量，提高了無性繁殖庫的管理與效率。

近年來薑黃因保健及香料上之應用效益而受重視，其商業生產利用性大幅提升，因此利用有效率且準確之 DNA 分子標誌的基原鑑定技術，將攸關薑黃產業的發展。而分子標誌具有精準及快速的特性，可有效鑑定種原之分子遺傳變異，且鑑定結果不受環境影響。未來於薑黃品種、育種選拔及原生種的保存上，透過分子標誌之輔助，將可迅速提升種原之遺傳訊息及鑑定的準確性，確立可利用之薑黃種原及育種選拔親本。分子標誌為分子層次差異之遺傳標誌，其原理是利用一個基因、遺傳元素、DNA 片段或染色體片段等，來標記或追蹤其他基因、特性或個體 (Lin 2011)。依分子標誌種類，可區分為 RAPD (random amplified polymorphic DNA)、AFLP (amplification-fragment length polymorphism)、ISSR (inter simple sequence repeats)、SSR (simple sequence repeat) 及 SNP (single nucleotide polymorphism) 等。不同於形態與生化標記，分子標誌不易受環境變動影響，可準確的表達出植物物種間之遺傳多樣性程度 (Cheng & Huang 2009; Thimmappaiah *et al.* 2009)。

台灣地處熱帶與亞熱帶氣候區，十分適合薑黃的生長與栽培，因此薑黃在台灣各地區皆有零星的栽培。且由於各地海拔、氣候變化、生育地環境差異及農民自行留種栽培等，經此長期之栽培繁殖過程，可能已造成薑黃產生遺傳變異。但截至目前為止，並未有確切證據可茲證明，故造成國產薑黃在親本選擇、育種及分類上均存在一定程度的困擾。薑黃已成為世界重要的香料及保健作物，在印度更是主要出

口香料作物之一，具有相當高的產業潛力，值得台灣進一步開發與利用。

目前薑黃在台灣尚未有經濟栽培品種的命名與推廣，進行台灣薑黃遺傳變異之研究，結果將可提供未來台灣發展薑黃之重要基礎。本試驗收集台灣 19 個薑科作物，以 ISSR 分子標誌技術分析其遺傳上有無發生變異。並利用選育自 500 個高雄市旗山區蒐集之 20 個自然生長薑黃收集系為基礎材料，探討 20 個優良的收集系在 ISSR 分子標誌的分子層次上是否已有變異存在，從而建立 19 個薑科植物及 20 個收集系之分子遺傳資訊與親緣關係。本試驗資料將可釐清台灣薑科植物與旗山區薑黃的遺傳變異性，提供台灣薑科作物之種原鑑定、原生種及分離族群之遺傳變異等相關訊息，並可作為未來優化薑黃育種時之重要基礎。

## 材料與方法

### 19 個薑科植物

從台灣各地實地採集 19 個薑科植物之根莖，其根莖採集以單芽方式單株繁殖，合計蒐集了 30 個薑黃根莖芽體，並栽種於行政院農委會農業試驗所嘉義分所試驗田。待地上部成長至穩定狀態時，採集單株新鮮之幼葉進行 ISSR 分子標誌試驗，19 個薑科植物如表 1 所示。

### 高雄市旗山區薑黃收集系

本試驗材料以 2009 年自高雄市旗山區蒐集所得之 500 個薑黃根莖芽體為基礎，第一年每一薑黃根莖先進行單芽繁殖成單株，其後以目視方式選拔 100 個根莖體積較大者供下一年度繼續營養繁殖選拔。經二年選拔之後，共選出 20 個收集系，作為產量試驗及 ISSR 分子標誌分析用材料。

### ISSR 分子標誌分析

**DNA 萃取：**採用 Li *et al.* (1995) 所發表的方法加以修改。將新鮮薑黃葉片進行冷凍乾燥處理後，剪取約 3 cm 葉片放入 1.5 mL 的防爆離心管中，加入 2 顆小鋼珠，置於組織研磨機中粉碎離心管中薑黃葉片。粉碎後將鋼珠取

表 1. 19 個薑科植物之材料採樣地點。

Table 1. Sampling sites of 19 Zingiberaceae plants.

Number	Scientific name	Chinese name	Location
1	<i>Curcuma longa</i>	屏東薑黃	Pingtung
2	<i>Curcuma longa</i>	台東薑黃	Taitung
3	<i>Curcuma longa</i>	名間薑黃	Nantou
4	<i>Curcuma longa</i>	東山薑黃	Tainan
5	<i>Curcuma longa</i>	嘉義薑黃	Chiayi
6	<i>Curcuma phaeocaulis</i>	嘉義荖朮	Chiayi
7	<i>Curcuma phaeocaulis</i>	屏東荖朮	Pingtung
8	<i>Curcuma phaeocaulis</i>	嘉義青薑 1	Chiayi
9	<i>Curcuma phaeocaulis</i>	嘉義青薑 2	Chiayi
10	<i>Zingiberzerumbet</i>	球薑	Chiayi
11	<i>Alpiniaofficinarum</i>	屏東南薑	Pingtung
12	<i>Alpiniaofficinarum</i>	台東南薑	Taitung
13	<i>Alpiniashimadae</i>	島田氏月桃	Chiayi
14	<i>Alpiniaspeciosa cv. Variegata</i>	斑葉月桃	Chiayi
15	<i>Zingiberofficinale Roscoe.</i>	竹薑	Chiayi
16	<i>Curcuma longa</i>	關仔嶺薑黃	Tainan
17	<i>Curcuma longa</i>	琉球薑黃	Chiayi
18	<i>Zingiberpurpureum Roscoe.</i>	紫薑	Chiayi
19	<i>Alpiniazerumbet</i>	大葉月桃	Chiayi

出，加入 300  $\mu\text{L}$  的 DNA 萃取緩衝液 (100 mM Tri-HCl, pH 9.0; 40 mM EDTA-2Na, pH 8.0; 20% SDS)，震盪均勻混合後，加入 150  $\mu\text{L}$  Benzyl Chloride，震盪數秒。置於 50°C 水浴鍋 15 min，加入 150  $\mu\text{L}$  的 3 M NaOAc, pH 5.2，置於 4°C 下離心 21,380 $\times$ g 15 min。取上清液於另一個新的離心管中，加入 800  $\mu\text{L}$  的異丙醇，置於 4°C 下離心 21,380 $\times$ g 10 min。除去液體，留下沉澱的 DNA，加入 500  $\mu\text{L}$  的 70% 乙醇洗鹽，除去液體風乾，再以 100  $\mu\text{L}$  TE 緩衝液 (1 M Tris-HCl, pH 8; 0.5 M EDTA, pH 8.0) 回溶 DNA，於 4°C 冰箱保存使用。

**ISSR 分子標誌來源、PCR 及電泳分析：**ISSR 引子使用加拿大哥倫比亞大學 (UBC801-900; University of British Columbia, Vancouver, British Columbia, Canada) 所設計之 100 組引子，參考 Zietkiewicz *et al.* (1994) 的方法，PCR 反應溶液總體積為 9  $\mu\text{L}$ ，分別為 10 ng  $\mu\text{L}^{-1}$  DNA、3.2  $\mu\text{L}$  H<sub>2</sub>O、5 mL *Taq* polymerase [150 mM Tris-HCl (pH 8.0)、1.5 mM MgCl<sub>2</sub>、

1% (w/v) 0.4 mM dNTPs]，於核酸增殖系統循環器 (sensoquest labcycler 96, Germany) 進行擴增。DNA 前期變性溫度為 94°C 5 min，變性溫度 94°C 1 min，引子鏈合溫度 50°C 1 min，延展溫度 72°C 1 min，重複變性至延展順序 35 次，最後再以 72°C 5 min 將未完成延展 DNA 完成，最後結束在 20°C。PCR 擴增之 DNA 產物以 1.5% SFR (Amresco®, USA) 的洋菜膠，並添加追蹤染劑 (DNA loading dye 2  $\mu\text{L mL}^{-1}$ ) 與 100 bp DNA ladder (Gibco BRL)，利用高速電泳系統 MD-120 (Biokeystone, USA)，在 150 V 持續 25 min 下進行電泳分析。完成的電泳膠片置膠體影像分析系統 (UV-tvausillumina) 做顯影紀錄。

### 資料分析

PCR 擴增後條帶出現有無以 0 與 1 表示，並計算所擴增出條帶總數與多型性條帶數。將所擴增出條帶以 Popgenever 1.31 (Yeh *et al.* 1997) 軟體計算族群間的相關遺傳資料，且

假設符合 Hardy-Weinberg equilibrium，來計算 Nei (1973) 遺傳歧異度指數 (H)： $1 - \sum_{i=1}^N p_i^2$ ， $p_i$  為第  $i$  個等位基因頻率與 Shannon's 訊息指數 (I) (Shannon & Wiener 1963)， $I = -\sum P_i \log_2 P_i$ ， $I$  為表現型多樣性指數， $P_i$  為第  $i$  個等位基因頻率。

主座標分析 (Principal coordinate analysis; PCoA) 以 NTSYS-pc ver 2.0 所計算出之樣本間 Dice (1945) 相似度矩陣，進行 PCoA，以解釋變異比率最大的 3 個主成分作為主要座標軸，並繪製 2 維平面圖與 3 維立體圖，藉以了解收集系間於 3 維空間上的分布關係。

## 結果

### 薑科作物之遺傳歧異度

薑科作物多型性 ISSR 引子之篩選：本試驗使用加拿大哥倫比亞大學所設計之 100 個引子進行 ISSR 分子標誌分析，並從中選取擴增效果佳、條帶亮度強、具多型性與再現性佳的引子，結果共選定 13 個 ISSR-UBC 分子標誌，包括 UBC808、UBC809、UBC811、UBC817、UBC826、UBC828、UBC835、UBC836、UBC842、UBC847、UBC861、

UBC868 與 UBC884 等。其中，UBC808 可擴增 19 條條帶為最高，其次為 UBC817 擴增 18 條條帶，而 UBC842 僅擴增 1 條條帶為最少。13 個引子用於 19 個薑科植物分析，共計擴增 152 條之 DNA 片段，其中 152 條條帶在 19 個薑科植物間均呈現多型性，各引子擴增具多型性條帶數目分別為 19、13、17、18、16、6、10、14、1、14、5、8 與 11。整體多型性百分比為 100%，顯示本次所選擇 13 個引子用於 19 個薑科植物分類上具有不錯的效果 (表 2)。

薑科作物之遺傳歧異度與 Shannon's 訊息指數分析：族群 P1 所包含的 19 個薑科作物 DNA 經 ISSR 標誌引子擴增後，產物再經電泳分析擴增條帶多型性之情形，據此資料進一步計算出收集系間的遺傳資訊，並將自交率指數 (Fis) 設定為 0，計算遺傳歧異度與訊息指數。經分析結果如表 3 所示，在族群 P1 薑科作物間可觀察到的等位基因數 (Na) 為 2.00，有效等位基因數 (Ne) 約為 1.61。在遺傳歧異度 (H) 中，其經軟體分析結果為 0.3582，Shannon 訊息指數為 0.5346。

薑科作物之親緣關係：薑科作物之親緣關係如表 4 所示，19 個薑科植物之遺傳相似性介於 0.1–0.985，由遺傳相似性之分布範圍十

表 2. 19 個薑科植物多型性 ISSR 引子之條帶擴增數、多型性條帶數量、多型性百分比與產物大小。

Table 2. The number of total amplified bands, polymorphic amplified bands, percentage of polymorphism and product size for 19 plants of Zingiberaceae by 13 ISSR polymorphic primers.

Primer	Total no. of amplified bands	No. of polymorphic bands	Percentage of polymorphic bands (%)	Product size (bp)
UBC808	19	19	100	300–2000
UBC809	13	13	100	250–1700
UBC811	17	17	100	380–1900
UBC817	18	18	100	280–1600
UBC826	16	16	100	380–1800
UBC828	6	6	100	550–1600
UBC835	10	10	100	300–2000
UBC836	14	14	100	380–1600
UBC842	1	1	100	1200
UBC847	14	14	100	300–2000
UBC861	5	5	100	550–1400
UBC868	8	8	100	300–1400
UBC884	11	11	100	300–1100
Total	152	152	100	

表 3. 兩個薑科族群透過 ISSR 條帶分析之遺傳多樣性。

Table 3. The genetic diversities through ISSR analysis among 2 populations of *Curcuma longa*.

Population	Na <sup>2</sup>	Ne	H	I
P1 (Zingiberaceae)	2.0000 ± 0.0000	1.6137 ± 0.2900	0.3582 ± 0.1254	0.5346 ± 0.1491
P2 (CNY)	1.5205 ± 0.5030	1.3595 ± 0.4015	0.2026 ± 0.2145	0.2960 ± 0.3057

<sup>2</sup> Na: Observed number of alleles, Ne: Effective number of alleles, H: gene diversity, I: Shannon's information index.

分寬廣來看，19 個薑科植物間有相似性極高者，亦有差異相當大者。其中，以薑黃屬中之屏東薑黃、台東薑黃、名間薑黃、東山薑黃與嘉義薑黃間相似性較高，其遺傳相似性介於 0.819–0.977，並以屏東薑黃與台東薑黃間之相似性最高，而琉球薑黃與其它 6 種薑黃間之遺傳相似度介於 0.283–0.327，顯示琉球薑黃與台灣的薑黃間之遺傳組成差異相當大。至於檢視薑黃与其它薑科作物間之親緣關係，結果可知薑黃與紫薑關係最近，其次為島田氏月桃，莪述、青薑、斑葉月桃、大葉月桃，而與台東南薑、屏東南薑、球薑及竹薑間之遺傳關係最遠；而在南薑分析中，結果顯示與球薑間之遺傳相似度最高，達 0.985；而與屏東薑黃間之遺傳關係最遠，相似度僅 0.1 而已，而与其它薑科間之遺傳相似度則介於 0.321–0.488；在月桃的分析中，除琉球薑黃與 3 種月桃間之遺傳相似度介於 0.294–0.349 外，其中以島田氏月桃和薑黃關係較相近，遺傳相似度介於 0.752–0.839，而其餘 2 種月桃與薑黃間之遺傳相似度僅介於 0.423–0.5，顯示月桃內有相當程度之分化，致使其與薑黃間之遺傳相似度高低差異頗大；至於莪述、青薑等、紫薑等與薑黃間之遺傳相似度亦較高，其次為球薑和南薑，而與月桃和竹薑間之親緣關係稍遠。在 19 種薑科作物遺傳相似度分析中其中最特別的為琉球薑黃，雖然其名稱為薑黃但與台灣各地所收集之薑黃相似度卻相對較低。

薑科作物 ISSR 多型性之主座標 (PCoA) 分析：以 19 個薑科植物為材料，藉由 13 組 ISSR 分子標誌分析後，所得數據計算出各薑科作物間的相似度矩陣，再進行主座標分析。PCoA 結果，第一維度 (Dim-1) 可以解釋 27.06% 變異程度，第二維度可以解釋 19.97% 變異程度，第三維度可以解釋 12.0% 變異程度，三維座標

共解釋 59.04% 的變異程度；由圖 1 可以發現 19 個薑科植物散佈於圖的各位置。

第一維度於 -0.06 可將 19 個薑科植物分成兩群，又以第二維度於 -0.03 時，可將 19 個薑科植物再細分，故此從圖 1A 可以得知，19 個薑科植物可以分成 3 大群，第 1 群由屏東南薑、球薑、竹薑、斑葉月桃、大葉月桃、台東南薑與琉球薑黃組成，在此群中，屏東南薑與球薑距離較近；第 2 群由關仔嶺薑黃、紫薑、島田氏月桃、名間薑黃、嘉義薑黃、屏東薑黃、台東薑黃與東山薑黃組成，在此群中又以名間薑黃、嘉義薑黃、屏東薑黃、台東薑黃與東山薑黃距離較近；第 3 群由嘉義莪朮、屏東莪朮、嘉義青薑 1 與嘉義青薑 2 組成，在此群中，屏東莪朮、嘉義青薑 1 與嘉義青薑 2 距離相當近。

在三維立體圖之圖 1B 結果可以發現 19 個薑科植物分群，約介於 -0.53 至 0.50 間，與二維圖的結果相同，在第三軸 (Dim-3) 0.50 時，球薑與屏東南薑位於相同的高度；屏東莪朮、嘉義青薑 1 與嘉義青薑 2 等 3 者的高度也是相同；島田氏月桃、關仔嶺薑黃與紫薑的高度相同；名間薑黃、嘉義薑黃、屏東薑黃、台東薑黃與東山薑黃的高度也是相同。與大部分薑科植物高度相差最遠的為大葉月桃，位在 Dim-0.53。

由第三軸的數值可以得知，19 個薑科均位於不同的水平面上，但從二維可發現，19 個薑科能夠明顯的分成 3 群，由結果又可以得知，大葉月桃與其他薑科差異較大。

### 薑黃收集系之遺傳歧異度

薑黃收集系 ISSR 分子標誌多型性：利用 100 個 ISSR 引子於薑黃收集系進行篩選，從中篩選擴增效果佳、條帶亮度強，具多型性且再現性佳之引子，結果共篩選出 11 組 ISSR-UBC 分子標誌，包括 UBC807、UBC808、

表 4. 19 個薑科植物 ISSR 基因型的相似性係數。  
Table 4. Dice coefficients of similarity based on ISSR data among 19 Zingiberaceae plants.

Item <sup>z</sup>	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	
1	-																			
2	0.977	-																		
3	0.962	0.985	-																	
4	0.969	0.961	0.947	-																
5	0.953	0.961	0.977	0.969	-															
6	0.650	0.645	0.634	0.650	0.633	-														
7	0.545	0.541	0.531	0.564	0.545	0.804	-													
8	0.600	0.595	0.585	0.600	0.583	0.929	0.843	-												
9	0.600	0.595	0.585	0.600	0.583	0.929	0.863	0.982	-											
10	0.391	0.388	0.412	0.375	0.391	0.417	0.327	0.400	0.417	-										
11	0.100	0.397	0.421	0.385	0.400	0.41	0.321	0.393	0.410	0.985	-									
12	0.375	0.372	0.365	0.375	0.375	0.404	0.34	0.365	0.365	0.411	0.421	-								
13	0.784	0.778	0.797	0.752	0.784	0.564	0.523	0.547	0.564	0.480	0.488	0.349	-							
14	0.459	0.473	0.482	0.477	0.495	0.396	0.374	0.376	0.376	0.477	0.468	0.387	0.509	-						
15	0.379	0.393	0.387	0.362	0.362	0.370	0.184	0.333	0.333	0.448	0.458	0.380	0.319	0.412	-					
16	0.819	0.813	0.831	0.787	0.819	0.588	0.514	0.555	0.555	0.472	0.481	0.36	0.839	0.500	0.383	-				
17	0.286	0.283	0.296	0.286	0.305	0.371	0.322	0.351	0.351	0.381	0.374	0.315	0.294	0.349	0.344	0.327	-			
18	0.882	0.859	0.877	0.850	0.866	0.605	0.514	0.555	0.555	0.441	0.450	0.342	0.893	0.481	0.365	0.937	0.288	-		
19	0.423	0.438	0.430	0.442	0.442	0.396	0.302	0.313	0.333	0.308	0.321	0.455	0.416	0.518	0.348	0.427	0.296	0.408	-	

<sup>z</sup>The number of materials is the same as in Table 1.

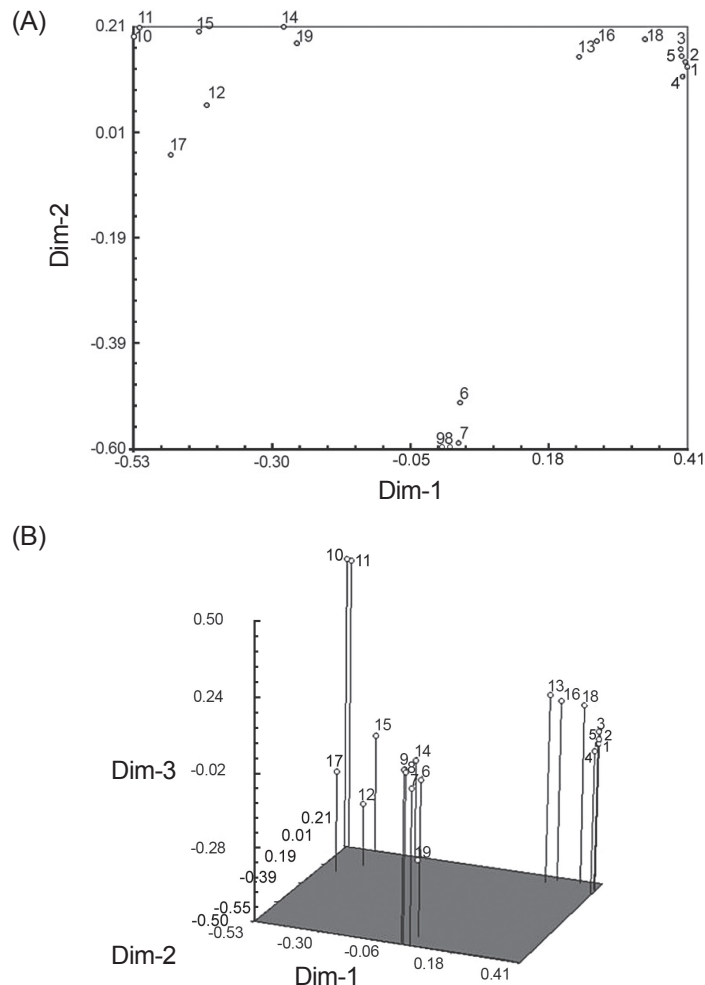


圖 1. 19 個薑科植物之 ISSR 資料的主座標分析圖。

**Fig. 1.** The principal coordinates analysis map based on ISSR data for 19 Zingiberaceae plants. The number of materials are same as in Table 1.

UBC810、UBC825、UBC826、UBC835、UBC836、UBC841、UBC847、UBC861及 UBC880 等，11 組引子分別擴增出 3、11、8、5、8、4、6、9、5、7、8 條條帶。其中，以 UBC808 擴增出 11 條條帶最高，而 UBC807 擴增 3 條條帶最少。11 個引子用於 20 個收集系分析，共擴增出 74 條 DNA 片段，其中有 36 條條帶在 20 個收集系間呈現多型性，具多型性引子中各擴增條帶數目分別為 2、1、7、4、1、1、5、5、2、3、5。以 UBC810 可擴增出 7 個多型性條帶最高，而 UBC808、UBC826 及 UBC835 僅可擴增出 1 個條帶最

少，整體而言多型性條帶所占百分比為 49 % (表 5)。

薑黃收集系遺傳歧異度與 Shannon's 訊息指數分析：族群 P2 所包含的 20 個收集系 DNA 經 ISSR 標誌引子擴增後，以其擴增出條帶，記錄出現的多型性，計算出收集系間的遺傳資料 (Yeh *et al.* 1997)，將自交率指數設定為 0，計算遺傳歧異度與訊息指數。經分析結果如表 3，在族群 P2 的薑黃收集系間可觀察到的等位基因數為 1.52，有效等位基因數約為 1.36。在遺傳歧異度中，其經軟體分析結果為 0.20，Shannon 訊息指數為 0.29。

表 5. 20 個薑黃收集系 ISSR 多型性引子序列之條帶擴增數、多型性條帶數量、多型性百分比與產物大小。

**Table 5.** The number of total amplified bands, polymorphic amplified bands, percentage of polymorphism and product size for 20 collections of *Curcuma longa* L. by analysis of 11 ISSR polymorphic primers.

Primer	Total no. of bands	No. of polymorphic bands	Percentage of polymorphic bands (%)	Product size (bp)
UBC807	3	2	67	350-1200
UBC808	11	1	9	350-1500
UBC810	8	7	88	400-1800
UBC825	5	4	80	480-1500
UBC826	8	1	13	390-1700
UBC835	4	1	25	300-1300
UBC836	6	5	83	500-1000
UBC841	9	5	56	290-1900
UBC847	5	2	40	300-1600
UBC861	7	3	43	500-1600
UBC880	8	5	63	310-1300
Total	74	36	49	

薑黃收集系遺傳相似性分析：20 個薑黃收集系之遺傳相似性介於 0.797-0.986，除收集系 CNY12 與 CNY6 的相似度 0.797 外，其餘大部分收集系間之相似性在 0.8 以上。在 20 個收集系中，其中收集系間遺傳相似性介於 0.0-0.85 者有 15 個，介於 0.851-0.90 者有 37 個，而介於 0.901-0.95 者有 101 個，而相似性在 0.95 以上者則有 36 個 (表 6)。由遺傳相似性分析可知大部份薑黃收集系均十分相近，其中相似性在 0.90 以上者約 137 個，顯示旗山區薑黃收集系間之親緣關係十分密切；這些收集系中除了 CNY6 與 CNY3 間相似性較低外 (0.843)，以 CNY12 與 CNY6、CNY8、CNY17、CNY2、CNY7、CNY11、CNY1、CNY15、CNY14、CNY9、CNY19、CNY20、CNY5、CNY13、CNY18 等的相似性較低，相似性分別為 0.797、0.807、0.81、0.826、0.826、0.826、0.828、0.829、0.831、0.843、0.843、0.845、0.847、0.85、0.85、0.85，是親緣關係較遠者。至於相似性較高者如收集系 CNY13 與 CNY2、CNY9、CNY14 與 CNY2、CNY18 與 CNY7、CNY18 與 CNY9、CNY15 與 CNY13、CNY18 與 CNY16 間的遺傳相似度數值均為 0.978；而 CNY15 與 CNY9 間的相似性為 0.986，是所有收集系間遺傳相似性最高者，顯示親緣關係

最為相近。

薑黃收集系 ISSR 多型性資料之主座標 (PCoA) 分析：以 20 個薑黃收集系為材料，藉由 ISSR 分子標誌分析後，所得數據計算出各收集系間的相似度矩陣，再進行 PCoA 分析。PCoA 結果顯示，第一主成分可以解釋 24.68% 變異程度，第二主成分可以解釋 12.97% 變異程度，第三主成分可以解釋 9.83% 變異程度，三個主成分共解釋 47.47% 的變異程度。

在三個主成分所繪製之二維立體圖中，其第一維度於 -0.1420 劃分 20 個收集系，20 個收集系顯然較為分散，但是在第一維度約等於 0.01 與第二維度約等於 0.066 可劃分出 1 群，為 CNY04、CNY11、CNY02、CNY09、CNY08、CNY06、CNY13、CNY01、CNY14、CNY15、CNY07 與 CNY18。其中在第一維度約等於 0.13 上，CNY08 與 CNY06 最近，其次為 CNY15 與 CNY07，2 者為 2 個更小 1 群。在第一維度約等於 -0.01 與第二維度約等於 -0.12 上，有 CNY16、CNY19、CNY17 與 CNY20 為 1 群。CNY03、CNT10、CNY12 與 CNY05，不屬於這 2 群中，較分散於圖中，並以 CNY12 與其他收集系的相對距離較遠 (圖 2A)。

在三維立體圖結果可以發現 20 個收集系分群，介於第三維度約等於 0.14 至 -0.42 間，

表 6. 20 個薑黃收集系之 ISSR 基因型的相似性係數。  
 Table 6. Dice coefficients of similarity based on ISSR showing the relationship between 20 *Curcuma longa* L. collected lines.

	CNY01	CNY02	CNY03	CNY04	CNY05	CNY06	CNY07	CNY08	CNY09	CNY10	CNY11	CNY12	CNY13	CNY14	CNY15	CNY16	CNY17	CNY18	CNY19	CNY20	
CNY01	-																				
CNY02	0.947	-																			
CNY03	0.891	0.887	-																		
CNY04	0.946	0.955	0.900	-																	
CNY05	0.928	0.938	0.931	0.921	-																
CNY06	0.908	0.933	0.843	0.916	0.882	-															
CNY07	0.947	0.957	0.887	0.940	0.938	0.933	-														
CNY08	0.931	0.941	0.869	0.924	0.906	0.917	0.971	-													
CNY09	0.932	0.957	0.887	0.940	0.923	0.933	0.971	0.971	-												
CNY10	0.896	0.923	0.897	0.905	0.918	0.866	0.892	0.891	0.923	-											
CNY11	0.932	0.971	0.871	0.955	0.908	0.919	0.957	0.956	0.971	0.923	-										
CNY12	0.828	0.826	0.897	0.855	0.850	0.797	0.826	0.807	0.843	0.867	0.826	-									
CNY13	0.955	0.978	0.894	0.962	0.946	0.940	0.964	0.948	0.978	0.930	0.964	0.850	-								
CNY14	0.938	0.978	0.876	0.947	0.929	0.924	0.948	0.932	0.948	0.913	0.948	0.831	0.970	-							
CNY15	0.933	0.957	0.873	0.941	0.924	0.949	0.971	0.957	0.986	0.909	0.957	0.829	0.978	0.949	-						
CNY16	0.929	0.955	0.881	0.922	0.935	0.899	0.939	0.923	0.939	0.903	0.924	0.852	0.962	0.961	0.940	-					
CNY17	0.906	0.917	0.857	0.899	0.912	0.892	0.947	0.916	0.932	0.880	0.917	0.810	0.924	0.923	0.948	0.945	-				
CNY18	0.924	0.949	0.878	0.932	0.930	0.925	0.978	0.948	0.978	0.899	0.949	0.850	0.971	0.955	0.978	0.947	0.955	-			
CNY19	0.922	0.932	0.891	0.899	0.928	0.908	0.947	0.916	0.932	0.912	0.902	0.845	0.939	0.938	0.948	0.945	0.953	0.955	-		
CNY20	0.927	0.906	0.860	0.887	0.900	0.880	0.906	0.889	0.906	0.883	0.891	0.847	0.929	0.912	0.908	0.934	0.911	0.913	0.911	-	

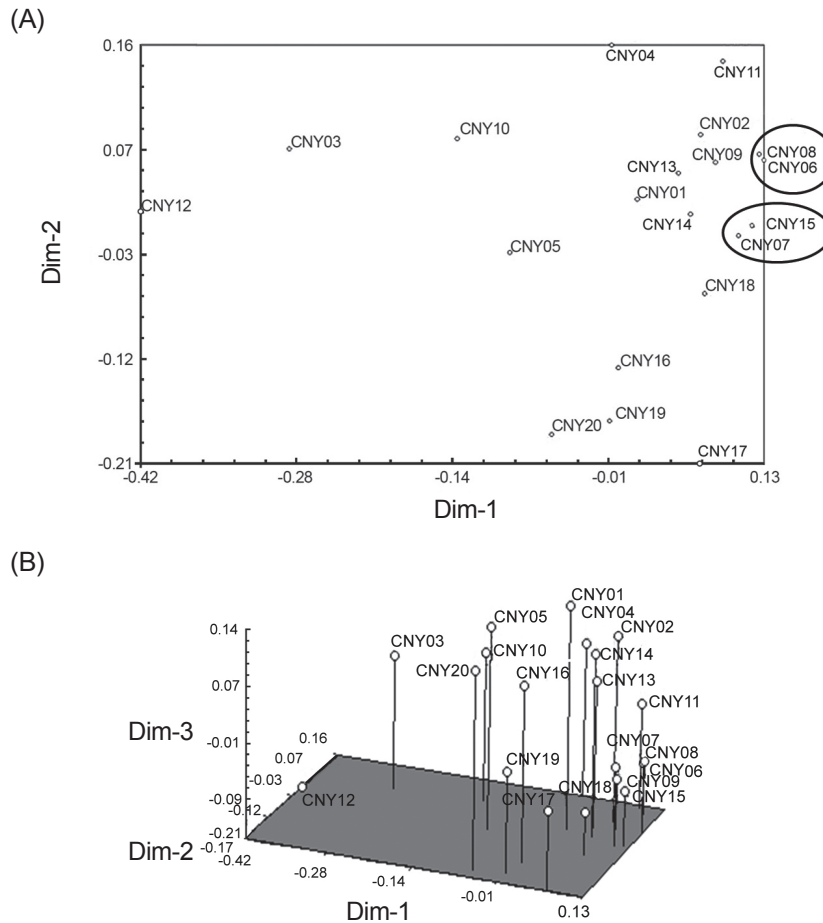


圖 2. 20 個薑黃收集系之 ISSR 資料的主座標分析圖。(A) 二維圖；(B) 三維立體圖。

**Fig. 2.** Principal coordinates analysis map for ISSR markers of 20 *Curcuma longa* L. collected lines. (A) Two-dimension; (B) Three-dimension.

大部分收集系之高度差不多，但在 CNY12、CNY19、CNY11、CNY09、CNY17、CNY18、CNY07、CNY08、CNY06 與 CNY15 高度較其他收集系低，又以 CNY12 最低。CNY06 與 CNY08 兩個收集系間較接近。由第三座標軸的數值可以得知，20 個收集系之間的高度，均位於不同的水平面上，顯示 20 個收集系中存在著隱藏的變異，又以 CNY12 與其他收集系差異較大，其餘的收集系之分布則較為集中，可以約分成 4 群，即 CNY16、CNY17、CNY19 與 CNY20 為 1 群；CNY01、CNY02、CNY04、CNY14、CNY13、CNY11、CNY18、CNY06、

CNY08、CNY09、CNY15 與 CNY07 為 1 群；CNY03、CNY05 與 CNY10 為 1 群；而 CNY12 則單獨 1 群（圖 2B）。

## 討論

基因遺傳歧異度值越高，其調查的物種就會越豐富。19 個薑科植物之遺傳歧異度值為 0.358，Shannon's information index 為 0.535，顯示 19 個薑科植物之基因歧異度相當高，其原因係 19 個薑科植物在科分類之下尚有屬及種，因屬及種下之各植物間差異甚大，故在遺傳歧異度上差異相當大是可預期之結果，此乃造成本次分析結果的遺傳歧異度及 Shannon's

information index 值有較高的表現值。而由圖 1 之主成分三維立體圖得知 13 個 ISSR 分子標誌之分析已將薑科各屬間區分開，顯示可藉由 ISSR 分子標誌解析薑科作物之遺傳相似性，從而了解其親緣關係之遠近。

在所蒐集的台灣 19 個薑科作物的分析中，其中如屏東薑黃、台東薑黃、名間薑黃、東山薑黃、關仔嶺薑黃與琉球薑黃，在 ISSR 分子標誌親緣鑑定的分析中，其中以琉球薑黃與台灣各地區之薑黃相似性最低。推測其原因，可能是琉球薑黃為琉球當地農民自行篩選出之地方種，其選出之薑黃係經琉球環境、氣候及人為選拔之影響，由於琉球環境影響的因子與台灣地區不同，且人為選拔方式可能也與台灣不同，其也有可能為不同物種，故與台灣薑黃的相似度僅 0.32 (表 4) 是可理解之結果。

在 19 個薑科親緣分析結果中，由表 4 中發現台東薑黃與名間薑黃相似性高達 0.98，此在主座標分析圖 (圖 1) 中亦同樣明顯可見，兩者的距離極近且高度也相同。可以推斷，此二者為差異極小之薑黃，可能是農民以相同種原薑黃在台東與名間地區栽培散布所致。而嘉義青薑 1 及嘉義青薑 2 則為在嘉義不同地區所蒐集之青薑，試驗結果亦發現兩者間之遺傳相似性相當高，故此推測兩者亦為來源相近且相似度高的青薑族群。在月桃部分，島田氏月桃、斑葉月桃與大葉月桃等三種月桃的分析中，雖三者均為月桃屬，然三者之外表性狀差異相當大。此次試驗結果亦證明三者的遺傳相似性確實不高，其中以島田氏月桃與另外二者遺傳相似度最低，而斑葉月桃與大葉月桃的相似度較島田氏月桃高。又試驗結果另顯示屏東薑與琉球薑間之相似性較台東南薑高，可能原因係屏東薑與台東南薑間發生了變異或分化，故造成屏東薑與台東南薑間之相似度反較之屏東薑及琉球薑間相似度低的結果。

由 19 個薑科作物 ISSR 分子標誌分析結果得知，5 個台灣薑黃種間存在遺傳變異，顯示雖薑黃主要以營養繁殖為主，然經台灣地區多年的栽培與繁殖，其在 DNA 層次上已有遺傳變異存在。此由高雄市旗山區 20 個薑黃收集系之 ISSR 分子標誌分析結果證明，確實存在

相當的遺傳變異。由於旗山區薑黃存在相當之遺傳變異，未來吾人當可利用台灣薑黃族群進行純化及選拔，藉此選育適合台灣栽培利用之薑黃新品種。

在 20 個薑黃收集系中已有 11 個引子表現出多型性，11 個引子所擴增之多型性條帶亦有 36 條，這些多型性分子標幟應已足供釐清 20 個薑黃收集系間遺傳距離利用，而 11 個 ISSR 引子中，UBC810、UBC825 與 UBC836 的多型性百分比分別高達 88%、80% 與 83%，顯示未來可利用這 3 個引子區分或判別薑黃品種間之差異性，未來可於薑黃品種間親緣鑑定或品種判別上利用。又 Gutierrez *et al.* (2005) 報告指出 ISSR 於整個基因組分布廣泛且豐富，較其他遺傳標誌有更高比率的多型性存在，而 Varshney *et al.* (2002) 亦指出 ISSR 分子標誌在基因組中特定的側翼序列微衛星位點，保留屬間甚至整個相關屬間、種內與不同種間之序列，印證本次試驗發現 3 個引子可於薑黃收集系種間之種原鑑定或遺傳相似度上探討利用之結論。

Cheng (2003) 應用 ISSR 探討玉山杜鵑 (*Rhododendron pseudochrysanthum* Hayata) 之族群遺傳變異研究，Nei's 基因歧異度為 0.3371；Ho *et al.* (2007) 以 ISSR 分子標誌探討阿里山十大功勞 (*Mahonia oiwakensis* Hayata) 族群遺傳多樣性，族群的 Nei's 基因歧異度 0.3762，在台灣裸子植物之刺柏 (*Juniperus formosana* Hayata) 基因歧異度 (Tsai 2004) 及唐杜鵑 (*Rhododendron simsii* Planch) 族群基因歧異度為 0.3423 (Chen 2005)；Ju & Wing (2008) 使用 ISSR 分子標誌檢測台灣鄰近地區的樟樹族群遺傳結構，台灣地區樟樹的基因的遺傳歧異度介於 0.068–0.208。這些相關研究結果顯示，由於台灣地區因環境存在一定壓力，致使所存在之物種發生了一定程度的族群分化。台灣薑科作物間遺傳歧異已達 0.3582，且旗山區薑黃收集系之遺傳歧異度亦達 0.2026，顯示台灣薑科或薑黃族群亦因環境存在壓力，使得這些長久在野地生長繁殖之薑科及薑黃，因受到當地環境壓力影響，結果因累積並產生一定程度之遺傳變異，故造成族群內已有分化的現象存在。Hamrick *et al.* (1992)

利用 isozyme 分析木本植物的數據進行統計，顯示蟲媒花異交植物之 Nei's 基因歧異度值平均為 0.211，特有種到廣泛分佈種之 Nei's 基因歧異度值為 0.078–0.257。He (2013) 利用 ISSR 分子標誌進行澎湖香菇 (*Glossogyne tenuifolia* Cass.) 族群間之比較，12 個族群中之 Beiliao 與 Fenggui 地區香菇族群遺傳歧異度為 0.215 及 0.204。由此得知，薑黃雖然為無性繁殖作物，但旗山地區薑黃的遺傳歧異度與異交作物相近，可見旗山區薑黃具有高度的遺傳變異。

在 Shannon's information index 中，當指數數值為 0 時，表示只有單一族群存在，本次測定結果為薑科作物為 0.5346 (表 3)，旗山區薑黃為 0.296 (表 6)，結果顯示台灣薑科作物與旗山區薑黃之 Shannon 訊息指數值均相當高，顯示在台灣薑科作物與旗山區薑黃可能受地理環境壓力之關係，因此可能有超過 1 個以上的薑科與薑黃族群存在。尤其對照 Ju & Wing (2008) 及 He (2013) 使用 ISSR 分子標誌檢測樟樹及澎湖香菇族群遺傳結構試驗結果，其中大陸樟樹的 Shannon's information index 平均為 0.313，台灣地區為 0.326；而在 12 個香菇族群中，Beiliao 與 Fenggui 之遺傳歧異度為 0.215 及 0.204，相較於本試驗 Shannon's information index 數值，顯示台灣薑科作物與旗山區薑黃 Shannon's information index 接近或高於大陸地區樟樹族群及澎湖香菇族群的分析結果。因此，可以推測台灣地區與旗山區的環境變化因子較大，致使台灣薑科作物及旗山區薑黃之 Shannon's information index 數值相對較高，故不論台灣薑科作物或旗山區薑黃應均存在 1 個以上的分離族群。

旗山區薑黃 Dice 的相似性分析結果介於 0.797–0.986，而數值越接近則相似性就越高，其中以 CNY12 與 CNY06 為 0.797。可見兩收集系之薑黃遺傳上差異最大，即可能在遺傳上較不相似，尤其 CNY12 與其他收集系之相似度均相對較低，顯示可能係遺傳發生變異或是環境的壓力造成 CNY12 與其他收集系相似度較低。CNY15 與 CNY09 相似度最高，對照於 PCR 擴增的條帶，在所有條帶中，兩收集

系僅 1 個條帶呈現不同，故可將此條帶開發做為薑黃收集系的專一分子標誌，應用於薑黃品種之鑑定。而就旗山地區薑黃之主座標分析圖來看，旗山區薑黃可大致區分成 4 個類群 (圖 2)，其中 CNY12 與其他薑黃距離較遠，推測 CNY12 可能自不同地區所繁殖的薑黃或雜交植株，最後種植在旗山地區，所以造成相似性與主標分析和其他收集系薑黃相似性較低。在圖 2 中，CNY09 與 CNY15 兩者相似性最高，也就是其遺傳歧異度低，可能是在個體上有發生遺傳變異，或在 ISSR 分子標誌誤判，而造成相似度高。

本試驗結果可以發現，相同物種種植於不同地區，經過不同環境選拔壓力下，其 DNA 分子層次會出現差異，而由於 DNA 分子標誌不會受環境影響，因此不會造成分類上的錯誤。據此，未來國內薑科種保存及品種鑑定時，應可利用本試驗分子標誌分析結果，減少以外表性狀誤判種原或重複收集種原之錯誤，更可利用薑黃 ISSR 分析結果，針對台灣地區薑黃進行收集系或品種進行鑑別利用。尤其本試驗證明台灣地區薑黃在分子層次上已有存在相當之遺傳變異，在有遺傳變異育種純化與選拔方有效益的前提下，未來吾人可針對此一高經濟價值的作物，進行相關經濟性狀之評估，諸如根莖產量、類薑黃素 (curcumin)、總酚、抗氧化力及清除自由基能力等特性，找出產量佳且活性成分高之薑黃收集系進行經濟栽培，最後再透過分子標誌技術協助優良收集系或新品種純度的維持，奠定及擴大台灣薑黃商業生產的利基。

## 引用文獻

- Ammon, H. P. T., M. I. Anazodo, H. Safayhi, B. N. Dhanwan, and R. C. Srimal. 1992. Curcumin: A potent inhibitor of leukotriene B<sub>4</sub> formation in rat peritoneal polymorphonuclear neutrophils (PMNL). *Planta Med.* 58:226.
- Antunes, L. M. G. and M. C. P. Araujo. 2000. Mutagenicidade e antimutagenicidade dos principais corantes para alimentos. *Rev. Nutr.* 13:81–88.
- Apisariyakul, A., N. Vanittanakorn, and D. Buddhasuk. 1995. Antifungal activity of turmeric oil extracted

- from *Curcuma longa* L. (Zingiberaceae). J. Ethnopharmacol. 49:163–169.
- Cecilio-Filho, A. B., R. J. Souza, L. T. Braz, and M. Tavares. 2000. *Curcuma*: Planta medicinal, condimentar e de outros usos potenciais. Cienc. Rural. 30:171–175.
- Chaudhary, A. S., S. K. Sacham, and R. L. Singh. 2006. Studies on varietal performance of turmeric (*Curcuma longa* L.). Indian J. Crop Sci. 1:189–190.
- Chen, Y. J. 2005. Genetic Variation of *Rhododendron simsii* Based on ISSR. Master thesis. Department of Life Sciences, National Chung Hsing University. Taichung. 90 pp. (in Chinese with English abstract)
- Cheng, C. W. 2003. Genetic Variation of *Rhododendron pseudochrysanthum* Based on ISSR Markers. Master thesis. Department of Life Sciences, National Chung Hsing University. Taichung. 76 pp. (in Chinese with English abstract)
- Cheng, Z. and H. Huang. 2009. SSR fingerprinting Chinese peach cultivars and landraces (*Prunus persica*) and analysis of their genetic relationships. Sci. Hort. 120:188–193.
- Dice, L. R. 1945. Measures of the amount of ecologic association between species. Ecol. 26:297–302.
- Gutierrez, M. V., M. C. Vaz Patto, T. Huguet, J. I. Cubero, M. T. Moreno, and A. M. Torres. 2005. Cross-species amplification of *Medicago truncatula* microsatellites across three major pulse crops. Theor. Appl. Genet. 110:1210–1217.
- Hamrick, J. L., M. J. W. Godt, and S. L. Sherman-Broyles. 1992. Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species. New Forest. 6:95–124.
- He, M. J. 2013. Studies on Population Variation of *Glossogyne tenuifolia* (Labill.) Cass. in Penghu. Master thesis. Graduate Institute of Plant Industry, National Pingtung University of Science and Technology. Pingtung. 227 pp. (in Chinese with English abstract)
- Ho, K. Y., W. L. Lee, and F. Y. Lu. 2007. Genetic diversity among the populations of *Mahonia oiwakensis* Hayata (Berberidaceae) using ISSR markers in Taiwan. Quart. J. For. Res. 29:27–40. (in Chinese with English abstract)
- Ju, L. P. and Y. N. Wang. 2008. Genetic variation of *Cinnamomum camphora* populations of Taiwan and surrounding areas. Quart. J. Chinese For. 41:437–447. (in Chinese with English abstract)
- Lee, H. S. 2006. Antiplatelet property of *Curcuma longa* L. rhizome derived ar-turmerone. Bioresour. Technol. 97:1372–1376.
- Li, Z., S. R. M. Pinson, J. W. Stansel, and W. D. Park. 1995. Identification of quantitative trait loci (QTLs) for heading date and plant height in cultivated rice (*Oryza sativa* L.). Theor. Appl. Genet. 91:374–381.
- Lin, S. F. 2001. Applications of molecular markers in plant breeding. p.21–30. in: Proceeding of Biotechnology Applications on Agriculture. January 14–15, 2001. Taipei, Taiwan ROC. Published by Agricultural Exhibition Hall, NTU., Taipei.
- Mazumder, A., K. Raghavan, J. Weinstein, K. W. Kohn, and Y. Pommier. 1995. Inhibition of human immunodeficiency virus type-1 integrase by curcumin. Biochem. Pharmacol. 49:1165–1170.
- Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. Proc. Nat. Acad. Sci. USA 70:3321–3323.
- Ravindran, P. N. 2007. Turmeric-The golden spice of life. p.1–15. in: Turmeric the Genus Curcuma. (Ravindran, P. N., K. N. Babu, and K. Sivaraman, eds.) CRC Press. Boca Raton. 504 pp.
- Sasikumar, B. 2005. Genetic resources of *Curcuma*: Diversity, characterization and utilization. Plant Genet. Res. 3:230–251.
- Shannon, C. E. and W. Wiener. 1963. The Mathematical Theory of Communication. University of Illinois Press. Urbana. 177 pp.
- Thimmappaiah, W. G., D. S. Santhosh, and G. S. Melwyn. 2009. Assessment of genetic diversity in cashew germplasm using RAPD and ISSR markers. Sci. Hort. 120:411–417.
- Tsai, Y. C. 2004. Genetic Variation of *Juniperus formosana* Hayata Based on ISSR Markers. Master thesis. Department of Life Sciences, National Chung Hsing University. Taichung. 63 pp. (in Chinese with English abstract)
- Varshney, R. K., T. Thiel, N. Stein, P. Langridge, and A. Graner. 2002. In silico analysis on frequency and distribution of microsatellites in ESTs of some cereal species. Cell. Mol. Biol. Lett. 7:537–546.
- Yeh, F. C., R. C. Yang, T. B. J. Boyle, Z. H. Ye, and J. X. Mao. 1997. Popgene, the User-friendly Shareware for Population Genetic Analysis. Molecular Biology and Biotechnology Centre. University of Alberta. Canada. 997 pp.
- Zietkiewicz, E., A. Rafalski, and D. Labuda. 1994. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. Genomics 20:176–183.

# Genetic Diversity of Zingiberaceae Crop

Kai-Hsun Hsieh<sup>1</sup>, Su-Ju Lin<sup>2</sup>, and Yong-Pei Wu<sup>3,\*</sup>

## Abstract

Hsieh, K. H., S. J. Lin, and Y. P. Wu. 2014. Genetic diversity of Zingiberaceae crop. *J. Taiwan Agric. Res.* 63(3):235–248.

Turmeric (*Curcuma longa* L.) is a member of ginger family, Zingiberaceae, and has become an important economic crop for industrial uses and spice production. In this study, a total of 19 ginger species and 20 turmeric collected lines which were gathered from Cishan area, Kaohsiung, Taiwan, were subjected to assess the genetic diversity and phylogenetic relationship by using inter-simple sequence repeats (ISSR) markers. For the 19 ginger species, the genetic similarity was ranged from 0.1–0.985, and six distinct groups were clustered by the results of the principal co-ordinates analysis (PCoA) and dendrogram. For the 20 turmeric lines, the genetic similarity was ranged from 0.797 to 0.986, and four distinct groups were clustered by the results of PCoA and dendrogram. Moreover, six of the 19 ginger species exhibited some genetic diversity revealed by ISSR markers. Among these 20 collected lines, CNY12 was exhibited phylogenetically far-related to the other collected lines. The genetic relationships of Zingiberaceae plants constructed herein offered an effective establishment of an agro-climate and a gene pool library of *C. longa* L. in Taiwan. Despite exposure to environmental stresses and artificial selection for a long time, the vegetative propagation of Taiwanese turmeric existed genetic diversity at DNA molecular level.

**Key words:** *Curcuma longa* L. (turmeric), Genetic diversity, Inter-simple sequence repeat (ISSR).

---

Received: July 10, 2014; Accepted: August 15, 2014.

\* Corresponding author, e-mail: wuypei@dns.caes.gov.tw

<sup>1</sup> Graduate student, Department of Plant Industry, National Pingtung University of Science & Technology, Pingtung, Taiwan, ROC.

<sup>2</sup> Assistant Professor, Department of Plant Industry, National Pingtung University of Science & Technology, Pingtung, Taiwan, ROC.

<sup>3</sup> Associate Research Fellow, Department of Agronomy, Chiayi Agricultural Experiment Station, Taiwan Agricultural Research Institute, Chiayi, Taiwan, ROC.