柒

作物種原



圖7-1. 作物種原資訊系統網站109年度瀏覽人數達23,751人次以上

一 國家作物種原中心營運管理

溫英杰、蕭翌柱、陳述、邱輝龍、魏趨開、曾馨儀、黃群哲

(一) 作物種原資訊系統管理

截止109年12月，本所作物種原資訊系統資料庫內已建置96,947筆種原基本資料，41,320筆特性資料，以及27,455筆影像資料，以上總計作物種原類別有185科、785屬、1,517種。此外，並維護作物種原資訊系統伺服器硬體、系統軟體與相關網路設備正常運作並提昇系統效率，達到全年24小時順利運作無停機之目標。統計作物種原資訊系統網站瀏覽人數已達23,751人次以上 (圖7-1)。辦理作物種原資訊協助查詢之服務案件30件，計提供13種作物7,965筆資料。提供服務的對象包含中央研究院、各大專學校及各農業改良場所等。

(二) 作物種原離體保存及開發利用

針對非種子型態之無性繁殖營養系的種原，其保存方式有田間保存、組織培養離體保存和超低溫保存等3種，目前國家作物種原中心已建立這些保存技術，109年度完成繼代培養的作物，包括馬鈴薯、甘藷 (圖7-2)、臺灣蒲公英、山藥及草莓等18類種原共計5,780份以上，以及83個草莓品系選拔試驗，並且持續進行草莓優良雜交子代 (品系代號：SF4-初) 栽培及產量試驗，以開發新品種。

(三) 作物種子庫維護與管理

對於可在低溫、低濕的環境長期貯藏的小穀粒和蔬菜種子種原材料，依保存目的不同，分別貯藏於長期庫、中期庫及短期庫。109年度持續維持種子庫各項種原儲存於穩定安全的環境，確保種原保存設施正常營運，總計種子庫保存種子種原共99,720份種原，涵蓋76,338個品種 (系)。



圖7-2. 以組織培養離體保存的甘藷種原

(四) 無性繁殖作物種原維護與管理

對於種子無法以低溫低濕環境保存或不產生種子的作物種原，依照其生育特性，設立3個種原保存園，在適地適作的原則下進行各類作物遺傳資源之保存。在無性繁殖種原保存園管理方面：(1) 於望鄉高海拔種原保存園持續保存蘋果等25品種；(2) 東光中海拔保存園保存桃等127品種；(3) 萬豐低海拔種原保存園則保存前述2個地點的種原盆栽約1,040份材料；(4) 隔離檢疫觀察區持續隔離觀察自泰國與越南引進170份與57顆種球的熱帶果樹及觀賞植物種原，3份材料經防檢局同意放行，並保存於嘉義分所；以及 (5) 新增維護材料30份。

(五) 作物種原更新及園藝特性調查

國家作物種原中心已建立良好的保存設施與規範，以及利用各項種原保存技術保存植物遺傳資源，主要任務包括辦理種原蒐集、引進、分贈、交換，並且開發種原保存與鑑定技術等相關業務。109年度已更新繁殖100筆在種子庫中期庫房儲存10年以上之茄子種原材料 (圖7-3)，並進行植株園藝特性調查。



圖7-3. 109年度更新繁殖之茄子種原植株外觀 (上) 及果實 (下)

二 重要蔬果作物核心種原資料庫之建立與應用

林大鈞、王昭月、林思妤

(一) 蔬食大豆迷你核心種原基因體資源開發及應用

財政部關務署統計資料顯示蔬食大豆 (毛豆) 產品外銷長年突破8,500萬美元，堪

稱為「臺灣綠金」。爰此，本所與中興大學團隊合作，以新世代定序建立種原全基因體資料，應用大數據分析串聯基因與表型之關聯，建立表型資料基因型資訊 (SNP、分子標誌等)，利用分子技術快速育種重現特殊表型，保留特殊性狀，生產多樣具競爭性之商業品種。109年度完成：(1) 驗證前期建置蔬食大豆迷你或應用核心收集；(2) 建立與維護蔬食大豆基因型資料庫；(3) 建立與維護大豆目標性狀生物資訊學之整合分析資料庫；(4) 建置快速精準育種平台以驗證迷你或應用核心收集、表型體及基因體資料庫(圖7-4至7-7)。本研究所得成果，除可提供產業去蕪存菁的大豆種原材料與資訊，降低種原的維護成本，提高利用效率外，同時可藉由核心收集材料的建立，有效增加育種的廣度，以面對國際市場的多元需求。

(二) 番椒核心種原與重要性狀分子標誌之開發

本所同時利用分子標誌進行58個具有抗病潛力的番椒 (*Capsicum* spp.) 收集系之辣味、果色基因型以及抗病性連鎖分子標誌分析。依辣味功能性分子標誌分析結果，37個收集系為辣椒 (包含33個*C. annuum*、3個*C. baccatum*、1個*C. frutescens*和1個*C. chinense*)，另4個*C. annuum*收集系為辣椒/甜椒的混合系，其餘15個*C. annuum*收集系為甜椒。果色基因 (*CH2*, *Lcyb*) 的分析結果：14個收集系具*CH2*，其中9個收集系為同質基因型 (homozygous)；另*Lcyb*基因型分成4個haplotypes (A, B, C, D)，其中9個收集系為A型；13個為B型；3個收集系為C型；1個為C、D混雜型；其餘33個收集系為A、B混雜型。9個抗病性連鎖標誌【(1)

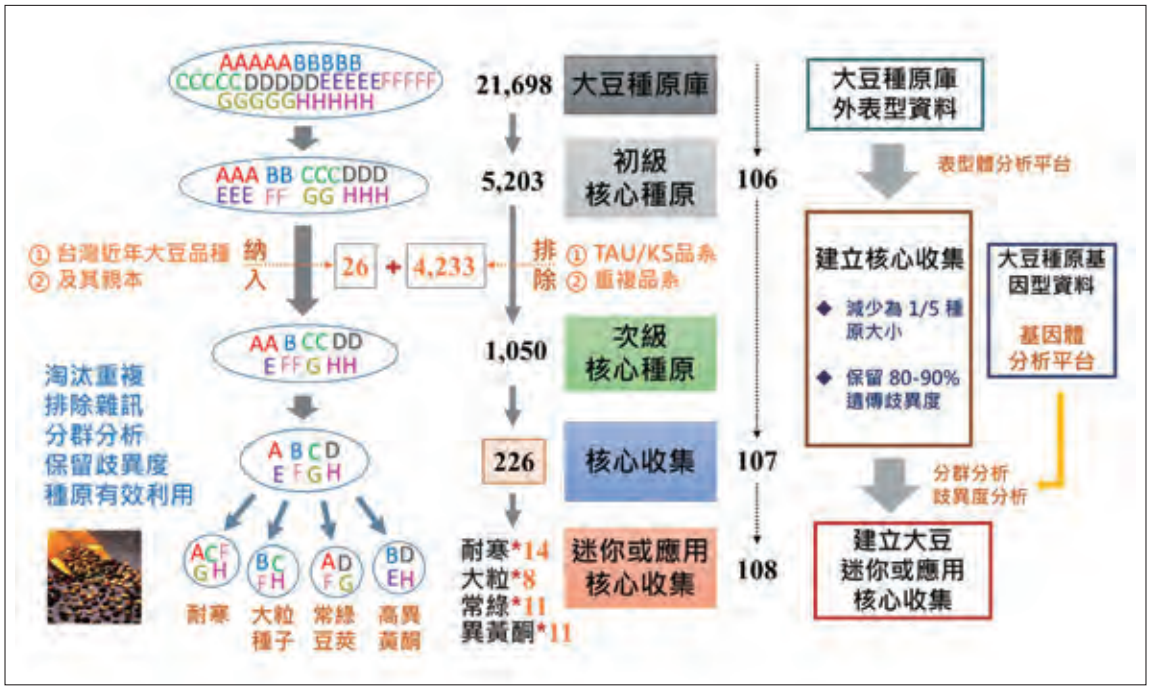


圖7-4. 蔬食大豆應用核心收集之建立流程圖

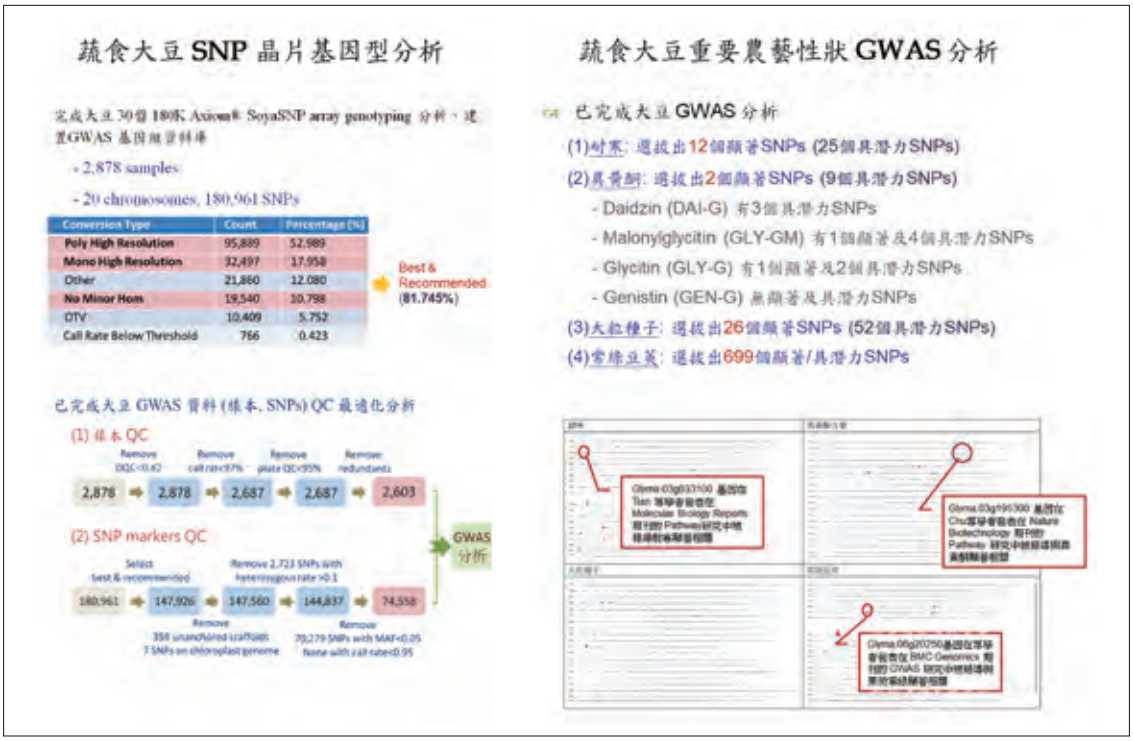


圖7-5. 蔬食大豆基因型資料庫之建立與維護

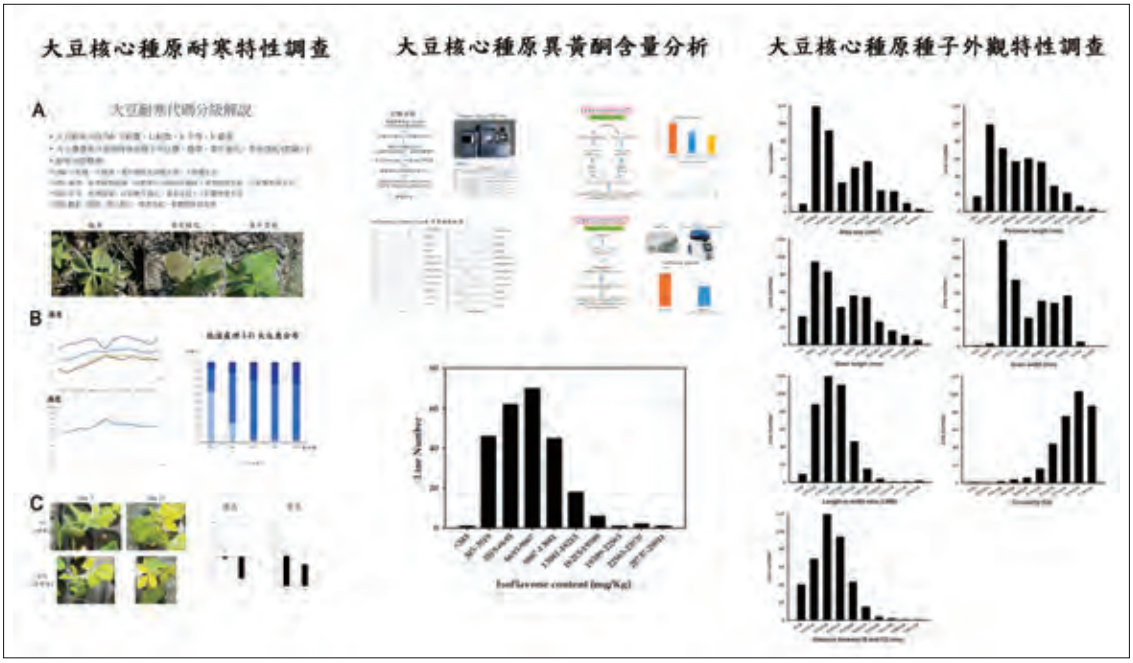


圖7-6. 重要大豆性狀資料庫之建立與維護

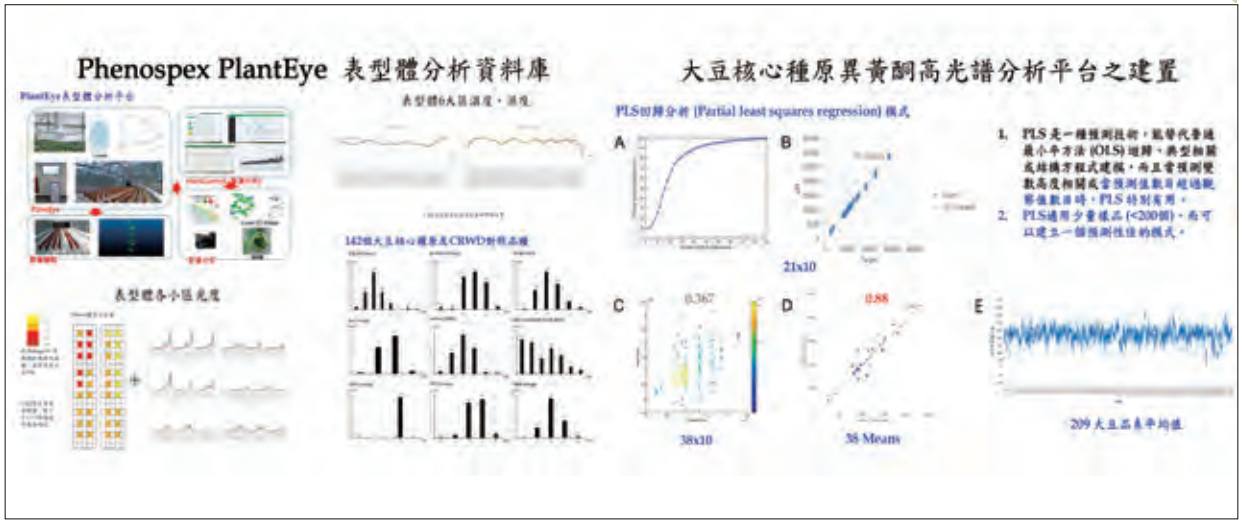


圖7-7. 蔬食大豆核心種原表型體分析技術平台之建立

CMV (Cucumber mosaic virus) resistance *Cmr 1*；(2) Potyvirus (TEV, PVY, PepMoV) resistance *pvr1*；(3) Potyvirus (TEV, TVY, PepMoV) resistance *pvr2*^{1,2,3}；(4) Potyvirus (PVY, PepMoV) resistance *Pvr4*；(5) TMV (Tobamovirus) resistance_*L*^{4}；(6) TSWV_*Sw5* (Tospovirus, Tomato spotted wilt virus) resistance marker SCAC568；(7) Bacterial spot (*Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*) resistance *Bs3*；(8) *Phytophthora capsici* resistance marker OpD04.717；(9) Root-knot namatode resistance *Me1*】分析結果，49個收集系分別具1至6個抗病性基因型。本研究綜合分子標誌分析結果，已篩選出具有多個抗病性及果實多樣性基因型的番椒種原合計22個收集系，可進一步提供純化及育種之利用。

(三) 甜瓜核心種原於白粉病抗性之應用

甜瓜為世界重要高經濟價值作物，近年來面對品種快速更迭及氣候變遷導致的一連串栽培逆境，因此本所建立一系列從種原至育種之完整流程，提升種原利用性並加速育種效率以迅速回應甜瓜市場之所需。本所先前已建立甜瓜核心種原，並針對白粉病抗性基因進行基因體分析及抗性基因驗證，共發現3個白粉病抗性數量基因座，分別位於第2、5及12條染色體。目前已將此3個白粉病抗性基因分別導入2個優良網紋洋香瓜 (紅肉及綠肉) 中，過程中以分子標誌進行前景及重組篩選，降低 80% - 95% 栽培資源，目前已得到6個BC_3F_1族群並已以實際接種確認抗性基因確實導入。預估可於110年度進行田間抗病性驗證並進行基因堆砌，產生具多重白粉病抗性基因網紋洋香瓜品系。