

柒 作物種原

一 國家作物種原中心營運管理

陳述、蕭翌柱、邱輝龍、魏趨開、曾馨儀、黃群哲、黃哲倫、陸柏憲、蔡惠文、陳薪喨

(一) 作物種原資訊系統管理

本所作物種原資訊系統資料庫內已建置98,257筆種原基本資料、41,742筆種原特性資料及29,252筆種原影像資料，以上總計作物種原類別有185科、785屬、1,517種。另持續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升系統效率，達到全年24小時順利運作無停機之目標。截至110年底，作物種原資訊系統網站瀏覽人數達20,564人次以上 (圖7-1)。辦理作物種原資訊協助查詢服務案件共計37件，提供30種作物、2,479筆資料，服務對象包括中央研究院、各大專學校、農業改良場所及國內農企業等。



圖7-1. 作物種原資訊系統網站110年瀏覽人數達20,564人次以上

(二) 作物種原離體保存與利用

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，110年持續運用各種繼代培養基離體保存馬鈴薯、甘藷、臺灣蒲公英、山藥、草莓 (圖7-2) 及臺灣金線連等作物種原材料合計328個品種 (系)，繼代培養累計5,578份以上。草莓‘台農1號’ (圖7-3) 經農委會智審會通過非專屬技術授權案並完成公告程序，並於110年10月14日取得植物品種權。

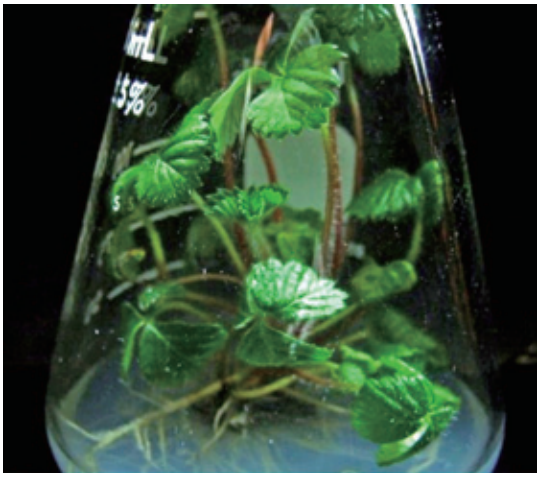


圖7-2. 以組織培養離體保存的草莓種原



圖7-3. 在設施內栽培的新品種草莓‘台農1號’外觀

(三) 作物種子庫維運與管理

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。110年持續維持種子庫101,932份、78,050個品種 (系)，各項種原均貯存於穩定安全的環境，並確保種原保存設施正常營運。

(四) 無性繁殖作物種原保存與管理

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，分別於低、中及高海拔種原保存園，進行各類作物遺傳資源之保存。萬豐低海拔種原保存園保存臺灣原生植物、觀賞植物與常綠果樹260份、630株材料，低需冷量落葉果樹種原則有497份、971株，包含桃、李、梅、柿、櫻花及藍莓等；東光中海拔保存園保存中需冷量落葉果樹種原合計127份、254株，包含桃、李、梅、柿及櫻花等；望鄉高海拔保存園保存高需冷量落葉果樹種原合計5份、25株，包含桃、李、櫻桃、蘋果等。110年完成桃種原性狀調查與影像資料收集共130份及觀賞植物種原性狀調查與影像資料80份。另在本所隔離檢疫觀察區仍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。嘉義農業試驗分所保存熱帶及亞熱帶果樹種原，共有48科118屬近857品種系，另引進新品種10種，增加種原多樣性；評估矮性太平洋榲桲作為觀賞盆栽，其幼年期短，可在2-3年間開花結果，省時好管理，果實可觀果亦可做成蜜餞口感佳；110年共有2,279人次參訪，讓民眾有機會認識更多的稀有果樹及體驗，具有推廣及教育意義。鳳山熱帶園藝試驗分所蒐集保存非經濟果樹種原44科77屬158種，經濟栽培果樹區則蒐集保存臺灣常見果樹12種258品系，新引進並保存無花果品種40種，建立盆植栽培與架設微型氣象站進行設施栽培條件評估。

二 重要蔬果作物初級核心種原資料庫及表型體分析平台之建立

(一) 茄子核心種原之建立

陳述、曾馨儀、陳涵葳、杜元凱

應用高通量次世代定序技術，分析國家作物種原庫保存2,155品種 (系) 的茄子種原收集系之SNP (Single Nucleotide Polymorphism; 單一核苷酸多型性) 基因型，並以基因型資料選出茄子核心種原，以建置SNP基因型資料庫，作為分子輔助育種加速新品種育成。將逐步完成 (1) 茄子次世代基因體文庫技術平台建立；(2) 茄子種原次世代基因體文庫建立；(3) 茄子種原次世代定序資料分析；(4) 茄子種原SNP基因型資料庫建置；(5) 茄子核心種原之建立；(6) 茄子核心種原外表型資料庫建置；(7) 茄子種原之全基因體關聯性分析 (Genome-wide association study, GWAS)。110年已完成茄子次世代基因體文庫技術平台之建立 (圖7-4)，以及茄子種原之基因組DNA萃取與品質檢測、基因體文庫構築與樣品上機定序。

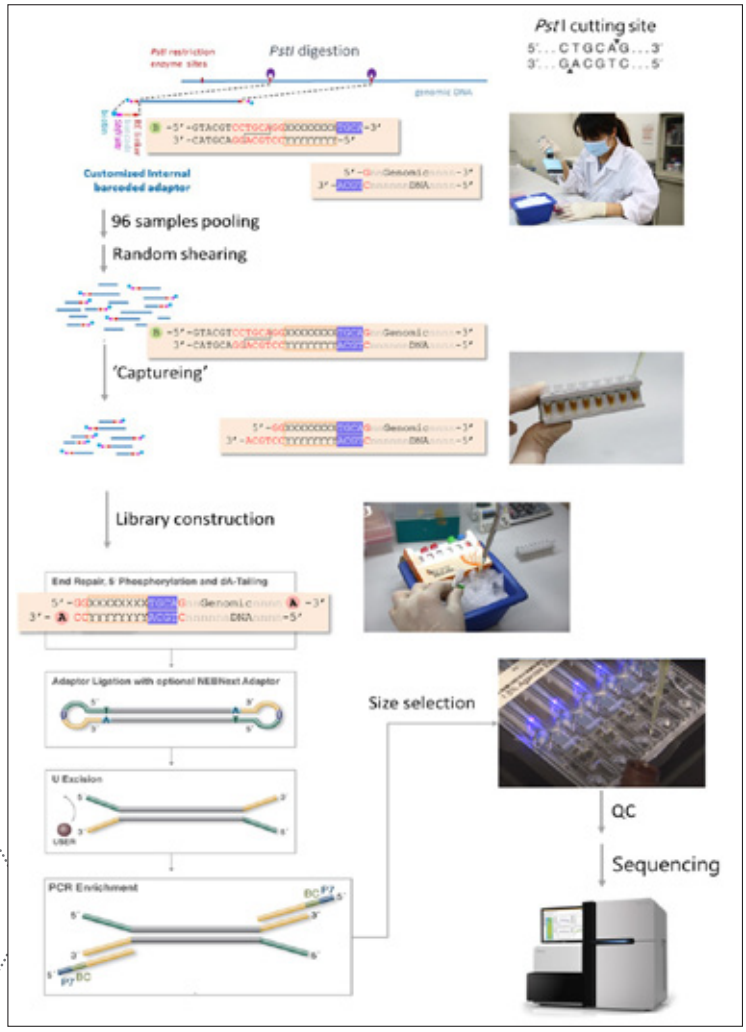


圖7-4. 茄子次世代基因體文庫技術平台之建立

(二) 臺灣番椒核心種原基因體資源及次世代生物技術之開發

林大鈞、王昭月、杜元凱、李承彬、林思妤、王政翔

為強化我國番椒 (*Capsicum* spp.) 種原基盤並提升種原應用價值，本所自世界蔬菜中心引進番椒種原以增加遺傳歧異度，並針對國家種原庫之番椒種原收集系進行遺傳背景及重要性狀等分析，以建立番椒核心種

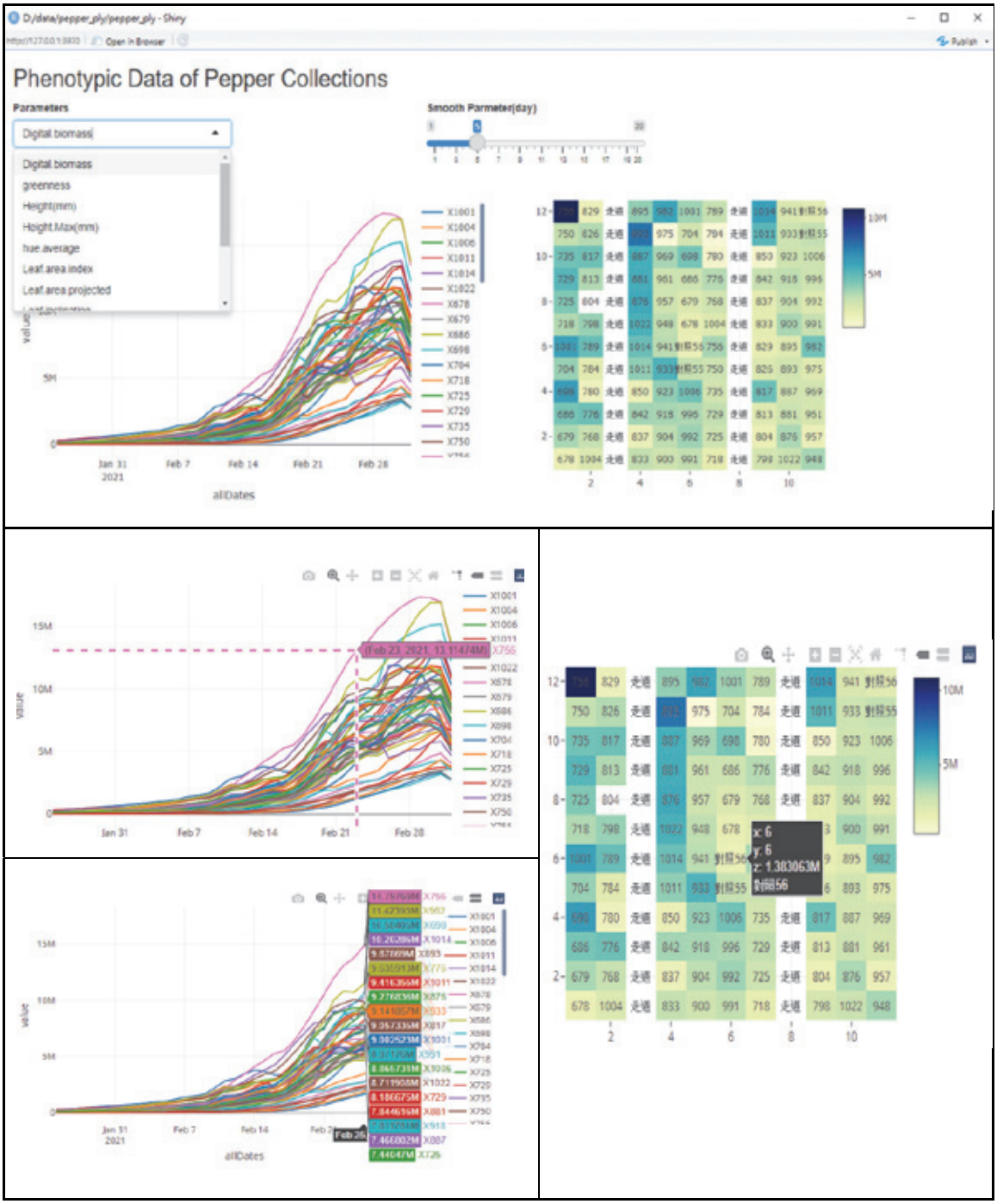


圖7-5. 利用R-shiny開發番椒表型體資料視覺化互動工具

原 (primary core collection)、次世代定序基因資料庫構築平台及表型體分析平台，作為日後全基因組關聯性分析 (GWAS)、或是分子標誌開發的應用基礎。110年完成 (1) 建立包含914個收集系之番椒初級核心種原；(2) 914個收集系的繁殖、種子更新及1,000個DNA樣品之製備；(3) 建立番椒次世代基因型分析平台及相關基因體資料庫；(4) 建置番椒表型體分析平台及相關表型體資料庫 (圖7-5)。這些研究成果將可作為日後番椒種原活化、快速育種平台建立的基礎，以強化我國在番椒育種與相關產業之國際競爭力。

(三) 抗病毒病與高適應性辣椒種原篩選與純化

王昭月、鄭櫻慧、林鳳琪、林大鈞、王政翔

多樣性種原的蒐集、評估與利用有助於提升作物育種效率，本所針對具有高適應性或抗病毒病潛力的84個番椒 (*Capsicum* spp.) 收集系，整合15個園藝性狀調查、抗病性分子標誌基因型與SSR-PCR分析結果，完成S_1族群2 D-PCA (principal components analysis) 結構圖與遺傳相似性之評估。此外並進行病毒病抗性分子標誌分析，病毒接種與果色基因型分析等，藉以篩選出具特色之抗病單株進入S_3以上之世代促進試驗。族群結構分析結果以 *C. annuum* (67個) 和frutescens (3個) 樣品間的遺傳歧異度最高，GS (genetic similarity) 為27.3%。另依據84個辣椒候選收集系的3種病毒病 (PMMoV、PVMV、TSWV) 抗性分析顯示，PMMoV和PVMV的PCR分析結果與病毒接種後ELISA分析結果較相近，符合度約70%。綜合110年3種病毒病接種、分子標誌分析之抗病性表現及夏作性狀採種表現，已由84個S_2株系中篩選出48個相對優 性狀的S_3株系，將進一步作為S_4以上世代促進與病毒病2次接種試驗之利用。

(四) 大豆異黃酮高光譜圖譜分析平台之建置

林大鈞、劉滄棪

本所與中興大學團隊合作，利用寬波段VNIR植物表型體高光譜分析系統，針對大豆花青素近同源系及大豆核心種原等材料，建立高光譜圖譜及異黃酮含量的資料庫，進而利用偏最小二乘迴歸 (PLS迴歸) 機器學習演算法，建立異黃酮含量的預測模型 (圖7-6)。先利用21個花青素近同源系樣品，萃取出210個像素的高光譜圖譜及異黃酮含量真值，進行訓練模型的建立。透過主成分分析所挑選的波段中，發現使用到第40個波段讀值，即可建立95%以上準確度的迴歸模型，且在訓練資料中所建立的預測資料與真值資料間的解釋能力可達0.99；為進一步驗證此模型，另挑選38個花青素近同源系，針對其高光譜圖譜平均值，進行異黃酮含量預測，結果與真值間的解釋能力達0.88 (圖7-7)，顯示此預測模型具有頗高的可信度。這些研究成果可作為非破壞性、即時且可線上預測大豆樣品異黃酮含量分析平台的基礎，供育種選拔或是種原篩選過程中，進行高異黃酮含量之品種 (系) 選拔的利器。

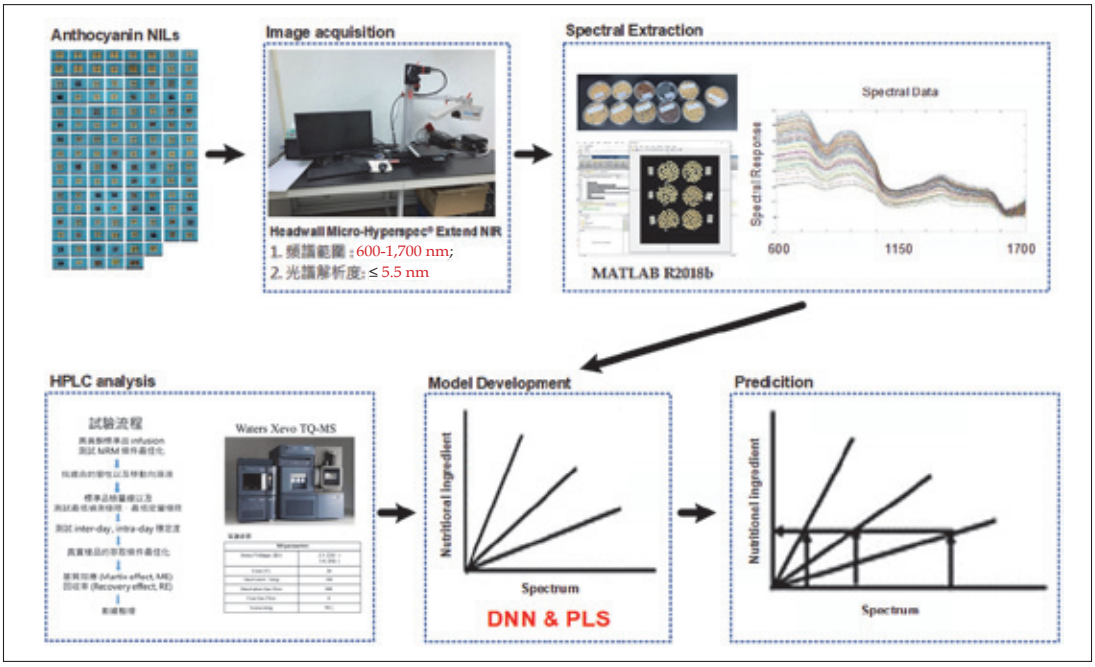


圖7-6. 大豆異黃酮高光譜圖譜分析平台建置之流程

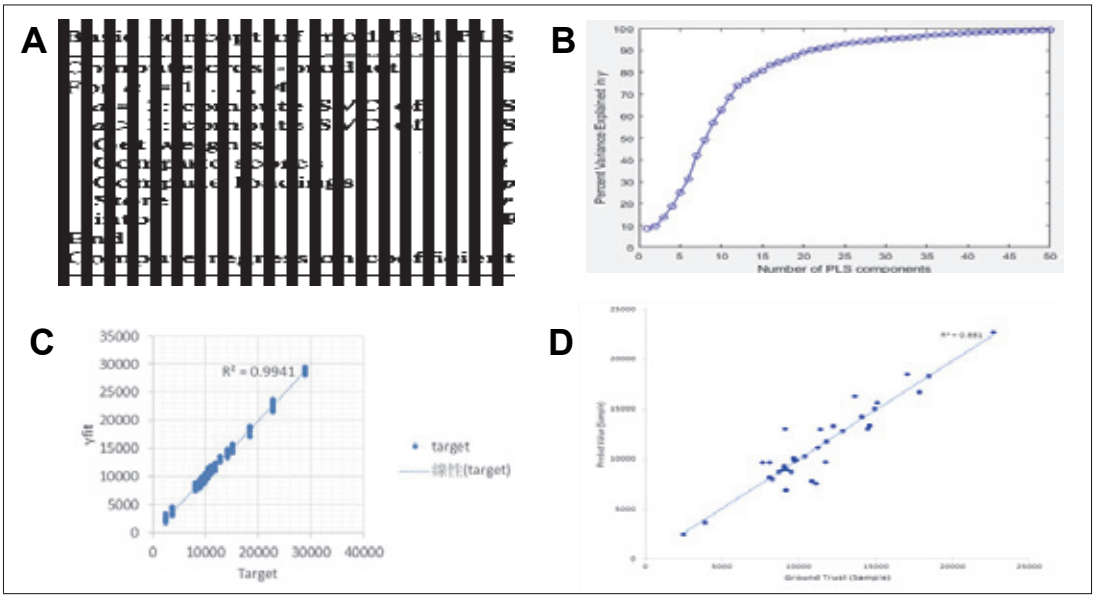


圖7-7. PLS迴歸模式之建立及驗證

(A) PLS迴歸演算法的基本概念 【Jong, S./Chemom. Intell. Lab. Syst. 18 (1993) 251-263】；(B) 不同數量成分建立PLS模型之準確度評估分析；(C) 以21筆大豆樣本進行訓練模型的建立；(D) 利用38筆大豆樣本進行異黃酮預測模式驗證