

作物種原與生物多樣性資料之整合與實踐

農試所遺傳生技組 蕭閔建 曾馨儀 林延諭 陳述

一、前言

隨著開放資料與數位治理逐漸成為全球的重要趨勢，生物多樣性相關資料亦朝向標準化、互通與共享的方向發展。然而，現行資料往往分散於不同機關與平台，資料格式、欄位定義與發布方式不一，降低跨域查詢的效率。作物種原作為農業生物多樣性的重要基礎，若能納入更完整的資料治理與整合架構，將更有助於支援農業研究、資源盤點與政策溝通。

2025年9月22日本所正式加入臺灣生物多樣性資訊聯盟 (Taiwan Biodiversity Information Alliance, TBIA)，並完成合作備忘錄 (MOU) 的簽署（圖一）。此次合作象徵本所跨領域合作的新里程碑，透過TBIA之跨機關資料交換與共通查詢架構，可提升本所作物種原資料之可取得性 (accessibility) 與互通性，亦能充實農業生物多樣性之訊息來源，促進跨機關、跨領域之協作與資訊交流。

二、農業中生物多樣性的價值

在生態學中，生物多樣性的提升通常意味著生態系具有更高的韌性，能更有效應對各種威脅。在農業系統中亦是如此，隨著全球氣候變遷日益加劇，農業亟需生物多樣性所提供的調適能力，以應對極端氣候、病蟲害等環境挑戰。農業的永續發展高度依賴生物多樣性，而這種多樣性可從三個層次理解：生態系多樣性、物種多樣性與遺傳多樣性。

(一) 生態系多樣性指的是不同生態環境與土地利用型態的組合，例如森林、農田、水域等生態系交織形成的地景。其中，「里山 (Satoyama)」便是典型案例。里山代表人類在長期農耕、林業與聚落活動下，維持與自然的平衡，使得自然生態與田地共存，創造出豐富的棲地，而人類的傳統農業活動亦是里山願景中生態系的重要組成，進而支撐整體農業之生態韌性。

(二) 物種多樣性是指農業中植物、動物與微生物的共存，確保農業系統能維持生態功能。例如在田間透過多

作　　者：蕭閔建助理研究員
連絡電話：04-23317804

DOI：10.30248/TSQBTARI.202606_(146).0002

樣化栽培，減少單一作物病蟲害的發生，同時也吸引更多昆蟲、鳥類與土壤微生物，這些生物共同構成的完整生態網絡，有助於調節作物病蟲害並促進授粉，從而提升農業系統的整體穩定性。

(三) 遺傳多樣性則指農作物之個體或品系之間的基因差異。相較於栽培種，作物的野生近緣種 (crop wild relatives)或地方種 (landraces) 保留了更豐富的遺傳變異，這些變異可能包括在自然選擇下演化出的抗病性與環境耐受性基因。例如印度的一個傳統稻米品系「Nagina22」 在乾旱條件下表現突出，被廣泛研究並用於改良現代稻米的耐旱性 (Lenka et al., 2011)。作物品系間亦因為各地環境條件及馴化目的不同，而有不同的遺傳多樣性。國家作物種原庫保存之珍貴種原（圖二），正是維繫與強化作物遺傳多樣性之關鍵基石。



圖一、農業試驗所正式加入臺灣生物多樣性資訊聯盟（TBIA）。



圖二、國家作物種原庫展示保種成果。

三、作物種原資訊系統

國家作物種原庫的使命，為系統性永續保存作物遺傳資源，進而延續農業生物多樣性的價值。目前國家作物種原庫保存超過十萬份作物種原，這些來源各異的種原蘊含了豐富的多樣性。若實體材料的保存是種原得以再被利用的基礎，其資訊系統的建置則是種原得以被查找與理解的前提。因此國家作物種原庫除了致力於作物種原蒐集、保存與更新繁殖外，亦長期投入作物種原資料之建置與維護，包含種原基本資料、特性（表型）調查資料與影像資料。相關資料透過作物種原資訊系統 (https://www.npgrc.tari.gov.tw/)（圖三）加以整合。對內支援資料管理與追溯，對外提供種原資訊

DOI：10.30248/TSQBTARI.202606_(146).0002

之查詢，並提供種原分贈申請服務，促進種原於農業研究、品種改良及因應氣候變遷等面向的實際應用，提升作物種原保存與利用的整體效益。

四、臺灣生物多樣性資訊聯盟（Taiwan Biodiversity Information Alliance, TBIA）

如前所述，本所之作物種原資訊系統與其他學研單位、政府機構、民間組織生物多樣性資料庫的資料格式及分享對象各不相同。為解決生物多樣性之資料分散與格式不一的問題，並擴大資料的應用，臺灣生物多樣性資訊聯盟（TBIA）以「資料整合與共享」為核心目標，串聯全臺各大機構，建立生物多樣性資訊合作網絡。

截至2026年4月，TBIA已集結十五個正式會員與一個合作夥伴，形成涵蓋行政、學研、教育與農業的多元合作網絡（https://tbiadata.tw）。TBIA不僅專注於跨單位資料庫的整合，更積極透過多元的活動與社群交流，擴大生物多樣性資訊的影響力與應用。例如辦理「生物開放資料數據松（Data-thon）」，鼓勵參與者利用開放資料進行創新應用，也透過舉辦論壇、工作坊等，促進跨機關的技術交流與合作。



圖三、作物種原資訊系統。

DOI：10.30248/TSQBTARI.202606_(146).0002

在系統功能方面，TBIA的「生物多樣性資料庫共通查詢系統」（圖四）能一站式查詢來自不同單位的生物多樣性資料，並以地圖方式呈現各地區的資料分布，透過方格化設計與顏色深淺，直觀顯示物種出現紀錄的多寡（圖五），也能直接連結至合作夥伴的資料庫，協助使用者快速掌握更全面的相關資訊。此外，該網站也提供唯一識別碼（Archival Resource Key, ARK）服務，以確保資料的永久性和可追溯性。

五、全球趨勢下的作物種原與生物多樣性資料整合

（一）生物多樣性公約與昆明—蒙特婁全球生物多樣性框架

《生物多樣性公約》(Convention on Biological Diversity, CBD) 自1993年生效以來，即以「保育生物多樣性、永續利用其組成，以及公平合理分享遺傳資源所產生之惠益」為三大目標。2022年通過的「昆明—蒙特婁全球生物多樣性框架」(Kunming–Montreal Global Biodiversity Framework, GBF)，更進一步將資料可取得性列為重要基礎。GBF行動目標第21項明確指出，應確保決策者、執行人員和大眾能取得最佳可用資料、資訊與知識，以引導公平有效的生物多樣性治理、整合及參與式管理。

（二）糧食與農業植物遺傳資源國際條約

聯合國糧農組織(Food and Agriculture Organization, FAO) 於2001年通過，並於2004年正式生效之《糧食與農業植物遺傳資源國際條約》(International Treaty on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture, ITPGRFA) 明確指出，植物遺傳資源是糧食安全與永續農業的基礎，並建立多邊取得與利益分享機制（Multilateral System, MLS）。該條約除規範種原取得與利用外，也致力於推動相關資訊的蒐集、管理與公開，以提升全球植物遺傳資源的可用性與透明度。

（三）全球生物多樣性資料基礎建設

在資料治理層面，全球生物多樣性資訊機構 (Global Biodiversity Information Facility, GBIF) 長期推動物種出現資料的標準化與開放共享，並倡議資料應符合可查找、可取得、可互通、以及可再利用原則 (Findable、Accessible、Interoperable、Reusable, FAIR)。此一原則已逐漸成為國際科研與公共資料政策的共同語言。

TBIA所推動的資料標準化、共通查詢、唯一識別碼 (ARK) 與資料整合工具即建立於國際通行之資料交換標準之上，其中包括全球生物多樣性資訊機構 (GBIF) 所採用的 Darwin Core (DwC)資料標準。

（四）從「保存」走向「治理」：國際趨勢下的資料角色轉變

綜合上述國際條約與趨勢可見，作物種原與生物多樣性的資料保存，正逐步從單一機構的「保存與管理」，轉向跨部門、跨尺度的「資料治理與決策支

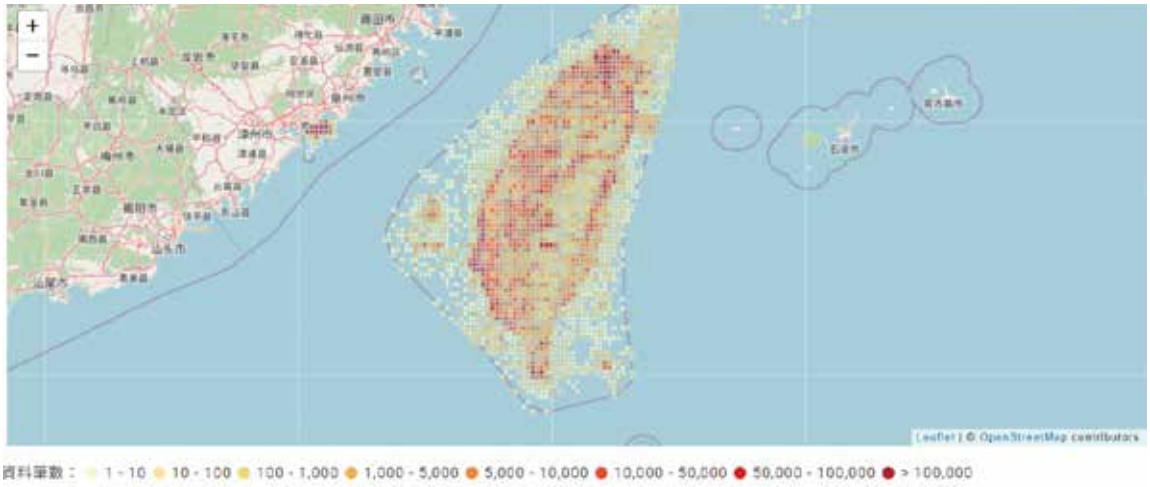
DOI：10.30248/TSQBTARI.202606_(146).0002

援」。資料不僅是科學研究的基礎，也是政策制定、成效評估與社會溝通的重要工具。

在此轉變下，農業試驗所參與TBIA的意義，已不僅是資料共享本身，而是將作物種原正式納入國家生物多樣性治理體系的一環，使農業、生態與文化層面的資料得以相互連結，並回應國際對於永續農業、生物多樣性保育與資料透明化的共同期待。



圖四、TBIA生物多樣性資料庫共通查詢系統(資料來源：TBIA 生物多樣性資訊平台https://tbiadata.tw)。



圖五、TBIA 生物多樣性資料共通查詢系統之方格化地圖(資料來源：TBIA 生物多樣性資訊平台https://tbiadata.tw)。

DOI：10.30248/TSQBTARI.202606_(146).0002

六、TBIA資料整合的實務應用

TBIA整合作物種原、生態調查與博物館藏資料，能發揮互補效益，為不同領域的使用者提供更完整資訊。

對種原保存單位而言，TBIA 可提供具體的地理分布線索，協助種原的「精準蒐集」。例如，研究人員若對某些地區的作物野生近緣種有興趣，可藉由 TBIA 整合的物種出現紀錄，鎖定潛在分布熱點進行種原的蒐集。

對農業育種者而言，資料整合能提供更多種原材料的線索，例如當育種者需要尋找具備特定性狀（如抗病性或耐逆境性）的種原材料時，便可透過 TBIA 同時檢索作物種原資料及野外生態調查紀錄，找出生長在特定環境，如病害好發區或極端環境中仍能存活的族群，幫助育種者快速鎖定具潛力的遺傳資源。

對生態與遺傳學者而言，作物種原庫提供的品系資訊能補足物種內遺傳多樣性的細節。透過TBIA整合各資料庫的物種時空分布數據，學者可比對栽培種與野生近緣種的地理擴散路徑，若進一步結合種原特性、基因體數據與環境因子進行多維度分析，將能更深入地解析作物在氣候變遷或人為選擇壓力下的演化與馴化歷程。

對農民而言，TBIA 資料整合的價值在於將「農田周邊生物」轉化為可支持決策與行銷的科學數據。TBIA 不僅收錄作物資料，更涵蓋了大量的昆蟲、蜘蛛及哺乳類等紀錄。透過比對田間害蟲發生期與周邊天敵物種的時空分布，農民能進一步掌握「生物防治」的時機，例如在特定季節營造植生帶（如保留田埂原生雜草）來吸引特定益蟲棲息，從而減少化學農藥的噴灑頻率與用藥成本。

農民亦能透過查詢當地特有或保育類物種的分布軌跡，以「里山精神」思索農業生產與棲地保育共存的可能性。這正與當前「產業生態化」的國際趨勢相符，例如知名的石虎米、老鷹紅豆、菱角田水雉棲地復育等成功案例。以 TBIA 整合的科學數據作為佐證，農產品能更具信服力地向公眾傳遞保育價值，將田間的生物多樣性轉化為產品競爭力。

此一跨資料庫的連結，正凸顯本所參與 TBIA 的關鍵意義，也展現未來資料整合在科研、育種等應用上的巨大潛力。

七、參考文獻

黃群哲、曾馨儀、陳述。(2023)。國家作物種原庫保種成果及未來展望。技術服務(135)：18–23。https://doi.org/10.30248/TSQBTARI.202309_34(135).0005

Lenka, S. K., Katiyar, A., Chinnusamy, V., & Bansal, K. C. (2011). Comparative analysis of drought-responsive transcriptome in Indica rice genotypes with contrasting drought tolerance. Plant Biotechnol J, 9(3), 315–327. https://doi.org/10.1111/j.1467-7652.2010.00560.x

DOI：10.30248/TSQBTARI.202606_(146).0002