# 利用地理資訊系統建立基因轉殖與非基因轉殖大豆及玉米檢監測模式之研究

沈翰祖、郭寶錚
種苗改良繁殖場、國立中興大學農藝學系

## 摘要

本研究蒐集國內外核酸定量檢測之量測不確定度(measurement uncertainty, MU)、國內外基因轉殖玉米與大豆花粉飄散與傳統農業共存(coexistence)栽培模式研究成果,建立基因轉殖作物標準化取樣及監測模式並以田間試驗模擬基因轉殖玉米飄散趨勢，建立預測模式。亦配合種苗改良繁殖場利用衛星定位(GPS)調查台灣玉米、大豆栽培區資料，以地理資訊系統(Geographic Information System, GIS)分析是否受到污染，並完成 GIS 規劃報告及 舉辦「基因轉殖作物生物安全座談會」。

關鍵字：基因轉殖作物(GM crop)、地理資訊系統(Geographic Information System, GIS)、共存(Coexistence)

## 前言

根據2010年之ISAAA( International Service for the Acquisition of Agri-biotech Applications）統計資料，全世界種植基因轉殖作物（ Genetically Modified Crops, 簡稱 GM 作物）之面積已達 1 億 4 千 8 百萬公頃，主要栽培之作物依序為大豆、玉米、棉花、油菜。基因轉殖生物及其產品對生態環境與人體健康所可能產生的衝擊，廣泛的受到世界各國關切並重視，並各自訂有基因轉殖生物與其產製品之相關管理法規及相關農產品 建構檢測及監測平台。根據我國植物品種及種苗法與其相關管理法規，有關基因轉殖作物在上市前除須進行生物安全評估外，上市後，產品除須標示外，亦須接受主管機關監控，以維護國內生態環境與消費者之安全。有關基因轉殖作物之進出口管理，現階段將採行境內管理措施，針對較可能進口之基因轉殖作物，包括大豆、玉米、水稻、馬鈴薯、油菜及木瓜等作物，由相關試驗研究單位研發取樣及檢測技術，實際檢測種子或種苗是否為基因轉殖作物，並採取適當管理措施，而建立一套標準化且具公信力之檢測技術與流程，進而取得符合國際標準的檢測實驗室認證，亦是國內所有從事相關工作的實驗室需要努力的方向。有關基因轉殖與非基因轉殖作物之共存(coexistence)體系之研究，國內目前僅位於起步階段，僅有少數學研單位從事實質研究。雖然我國目前尚未有任何基因轉殖作物可合法種植於開放農業區內，但在未來的狀態尚未可

知，因此為及早因應基因轉殖作物釋出後對傳統農業產生可能的衝擊，並維護傳統農業之永續發展，我國農業研究單位宜加速引進並研究相關共存與管理體系所需技術及資訊，以供我國進行相關共存體系規範之前置研究。

## 材料方法

一、 國內外核酸定量檢測之量測不確定度

量測不確定度(measurement uncertainty, MU)是一個與量測結果有關的參數(parameter)，用以描述受測量(measurand)的量測結果中，其分散程度可被合理解釋的部份(ISO., 2005)。由於量測過程的不完善，所得的受測量估計值具有分散性，並以一定的機率分散在某個區間內。所以量測不確定度即為對量測結果品質優劣的一種評估：量測結果愈集中，則其量測品質愈高，亦即量測不確定度的值會愈小。反之，量測結果愈離散，則其量測品質愈差，相對地其量測不確定度之值就愈大。量測不確定度的評估結果亦可提供在目前法規(regulation)的制定下符合性評估(conformity assessment)的參考依據，用以證明產品是否符合技術性法規或標準的程序(ISO., 2004)。

而依照評估策略方向的不同，量測不確定度的評估程序可分為兩種評估策略(approach)：bottom-up 評估策略與 top-down 評估策略。bottom-up 評估策略最早是由國際標準化組織(ISO)於 1995 年所發表之量測不確定度表示方式指引(Guide to the Expression of Uncertainty in Measurement, GUM)中提出，故 bottom-up 評估策略又稱為 ISO GUM 評估策略(ISO GUM approach)。而 bottom-up 評估策略主要是將量測過程中所有的不確定度來源拆解為不同分量，分別估計各個分量的標準不確定度(standard uncertainty)，接著組合所有分量的標準不確定度，並根據有效自由度(effective degrees of freedom)與所需的信賴水準(confidence level)以決定擴充係數(coverage factor)，將組合標準不確定度(combined standard uncertainty)乘上擴充係數即為擴充不確定度(expanded uncertainty)，透過擴充不確定度以表示量測不確定度評估的結果。

雖然，bottom-up 策略已廣泛應用於物理學與度量衡(metrology)領域之量測不確定度評估，但是對於化學分析而言，採用 bottom-up 評估策略則通常會低估化學分析的複雜性，故目前國際間針對化學分析的量測不確定度評估是以 top-down 策略為優先考量。而相較於 bottom-up 評估策略的複雜性，top-down 評估策略為一個較為簡易的方法，其藉由瞭解量測方法的準確性(accuracy)，透過聯合實驗室的方法確效資料(collaborative method validation)、能力試驗資料(proficiency testing)、實驗室內部的方法確效資料(within-laboratory method validation)或是實驗室品質管制(quality control)與品質保證(quality assurance)的資料，直接評估量測方法的量測不確定度。

目前，已有許多研究證實無論是透過 bottom-up 評估策略或 top-down

評估策略，針對同一量測方法所得到的量測不確定度評估結果為一致的(Bergmans et al., 2008; Islam et al., 2008; Marcó et al., 2007; Rodomonte et al., 2006)。所以，透過 top-down 評估策略估算量測不確定度數值時，除了可以與 bottom-up 策略的所估計之數值結果一致外，並也可以節省估算成本與時間。不過，由於 top-down 策略是直接估算分析方法的量測不確定度，不同於 bottom-up 策略組合個別估算的不確定度數值，故若要藉由瞭解各個不確定度因子(uncertainty source)對組合不確定度數值的貢獻(contribution)時，則僅能藉由 bottom-up 策略估算。

雖然國際間已逐漸重視基因改造生物(genetically modified organisms, GMO)之定量方法的量測不確定度評估，但國際間在此方面之研究卻寥寥無幾。目前雖有研究利用因果圖(cause-and-effect diagram)方式列出基因改造生物檢測流程中的所有不確定度來源，但此不確定度來源組成非常複雜，其中包括取樣效應(sampling effects)、DNA 的萃取(DNA extraction)、DNA 定量(DNA quantification)、PCR 的設定(PCR setup)、操作平台的操作(platform operation)、軟體分析(software analysis)、人為的分析(manual analysis of results)及詮釋(user interpretation)等(Burns and Valdivia, 2007)。但目前不甚瞭解這些不確定度因子如何影響最終之定量分析結果，故也不易以 bottom-up 的策略進行評估。所以就目前基因改造生物的即時定量 PCR 定量分析來說，仍以 top-down 的量測不確定度評估策略為主要優先考慮的方法。

目前針對基因改造生物定量方法量測不確定度評估的相關研究中，主要以實驗室例行分析資料(routine analysis data)、品質管制資料(quality control data)、方法確效資料(method validation data)等為基礎，藉由 top-down 評估策略以完成量測不確定度的評估(Macarthur et al., 2010; Trapmann et al., 2009; Žel et al., 2007)。

## 二、 基因轉殖作物共存體系建構之研究

2004 年 4 月歐盟頒佈有關基因轉殖食品及飼料的 1829/2003 規則，提供了歐盟國家推行共存的法律基礎。共存代表農民在傳統、有機及基因轉殖作物生產當中作出選擇的一種能力。共存可藉分隔及 IP (identity preservation)系統及經由追溯(traceability)和標示規定來達成。但大部分的作物均種植在一個開放的環境中並且供應鏈間也很少是分隔的。這也就造成在生產及供應鏈中任何步驟都有可能發生非基因轉殖產品中偶發(adventitious)混入基因轉殖物質的情形。歐盟所接受經核准的基因轉殖物質因偶發或技術上無法避免而存在於非基因轉殖食品及飼料中的比例最多不能超過 0.9%。當任何由基因改造生物組成、包含基因改造生物，或產自於基因改造生物的產品，當超過門檻值時均應標示。

最近，有關花粉流動研究的盛行，也就是希望能找到對異花授粉作物其偶發存在的比例能維持在門檻值以下的方法。

為探討台灣未來如何建構基因轉殖作物共存體系，「基因轉殖作物檢測監測小組」除蒐集國內外基因轉殖玉米與大豆花粉飄散與傳統農業共存栽培模式研究成果，並持續進行基因轉殖作物監測模式及模擬基因轉殖玉米飄散模式之建立。

1. 基因轉殖作物監測模式之建立

(一) 田間作物母群體總數的估計：依栽培密度估算。

(二) 取樣數及取樣點規劃：取樣數依據不同的基因轉殖作物比例(P)、可容忍之抽樣誤差(B)及上述母群體總數(Np)之估計，依據不同信心水準(95%或 99%)，可決定在系統取樣法中之取樣數(n)及系統取樣間隔(K)。。

(三) 利用 3S 技術建立玉米、大豆監測模式：將規劃與實行作物栽培區監測結果之資料建置、空間分析，查詢、編輯及製圖等工作，先以 GIS 軟體、GPS 定位工具及數位影像資訊處理等軟硬體技術，規劃作物栽培區監測結果從空間資料建置、分析、查詢、編輯與製圖之標準作業程序。並發展行動化調查系統輔助監測人員利用智慧型動裝置進行現地調查，並將調查資料儲存於手機中，最後再將資料回傳於主機。另結合網路服務（Web Services）與網際網路地理資訊系統（WebGIS），將智慧型手機調查之結果透過 Web Services 直接回傳之伺服器，透過 WebGIS 可直接展示調查結果，監測小組人員可自 WebGIS 平台下載調查資料進行分析後，再將分析結果上傳之平台進行呈現與資訊發佈。

2. 模擬基因轉殖玉米飄散模式之建立

針對玉米與農業試驗所合作進行田間試驗，以黑糯玉米(模擬基因轉殖品種玉米)做為花粉貢獻親，白糯玉米當做花粉接受親，紀錄開花期時之田間氣象資料，觀察白糯玉米被污染之比例。試驗田區配置：以黑糯玉米為花粉貢獻親（農友品種黑美珍），白糯玉米為花粉接受親（農友品種玉美珍），試驗田區位於霧峰農業試驗所，規模為 0.5 公頃，南北向長 50 公尺、東西向寬 100 公尺的田區，中間田區中央種植花粉貢獻親，面積為長 10 公尺 x 寬 100 公尺，南向與北向部分種植接受親，大小皆為南北向 20 公尺 x 東西向 100 公尺，行株距為 75x3。在 4 月 7 日觀察到玉美珍的始花期，4 月 8 日為玉美珍的吐絲期，4 月 9 日為黑美珍的始花期，並於 5 月 25 日進行田間抽樣。抽樣的方式為在每 5 公尺設一個樣本點，每個樣本點抽樣 3 株玉米，共抽樣 47 行，共 998 個樣本點。因黑糯玉米和白糯玉米有直感效應，在白糯玉米上會呈現黑色硬粒，因此可以觀察接受親收樣果穗上籽粒的顏色和外觀來判定是否發生基因流動的現象(圖 1)。



圖 1. 在白糯玉米上出現的黑色硬粒

調查的方式會去算田區平均每穗總粒數和抽樣點果穗被汙染粒數，平均每穗總粒數為每個樣本點隨機抽取 1 穗果穗，並計算所選之果穗的平均每穗總粒數，用以估計整塊田區平均每穗總粒數；而抽樣點果穗被汙染粒數為收穫各抽樣植株之玉米果穗，觀察接受親果穗上的子粒顏色，假設白玉米果穗上發現有黑色子粒判定為被污染，計算出該果穗上被污染的粒數。在得知平均總粒數和果穗被汙染粒數後就可以推算單一果穗被汙染率，以代表該樣本的汙染率，算式如下：

CP%=每一抽樣點果穗被污染粒數/田區平均每穗粒數

## 結果與討論

一、 基因轉殖作物共存體系建構之研究

(一) 建立基因轉殖玉米及大豆標準化取樣及監測模式

1. 田間作物母群體總數的估計：

玉米行株距：飼料玉米以 75x25 cm，青割玉米以 70x20 cm，普白玉米以 80x30 cm，糯玉米及甜玉米 70-75x25 cm 為主慣用。品種間如株高越高一般株距需放大，每公頃約 55000 株。

大豆與毛豆的慣用行株距為：作畦栽培:一畦兩行，畦寬 90 公分(畦面 60 公分+畦溝 30 公分)，株距 7.5 公分；平畦栽培:行株距 42x7.5 公分。作畦栽培:平均每公頃約 29.6 萬株；平畦栽培:平均每公頃約 31.7 萬株。

2. 取樣數及取樣點規劃：

依據不同的基因轉殖作物比例(P=1%)、可容忍之取樣誤差(B=4%)及上述母群體總數(Np)之估計，依據信心水準(95%)，可決定在系統取樣法中之取樣數(n)及系統取樣間隔(K)。

3. 基因轉殖玉米及大豆標準化取樣模式:

| | 最適取樣時期 | 取樣部位 | 取樣步驟 |
|---|---|---|---|
| 玉米 | 輪生期 | 上位完全展開葉 | 取樣大小計 24 片葉，2 重複，採系統隨機取樣法，先隨機決定任何 1 株為取樣始點進行取樣，每間隔 1 株再取，共取 12 株，所採集之葉片為第 1 重複。<br>隨機決定第 2 重複的取樣始點進行取樣，每間隔 1 株再取，共採集 12 株之葉片為第 2 重複。 |
| 毛豆 | 開花期前 | | |

4. 基因轉殖玉米及大豆標準化監測模式:

玉米及大豆田間監測作業程序

I. 本作業程序之檢查對象為玉米及大豆田。

II. 本作業程序之檢查單位為行政院農業委員會委任之基因轉殖作物檢測機構。

III.檢查作業內容如下：

i. 檢查前之準備工作：

1、檢視植物品種及種苗法等有關執行本檢查作業之法規規定。

2、檢查紀錄表。

3、取樣所需之紀錄簿、拋棄式手套、取樣器（剪刀、刀片或打孔器等）、樣品保存液、置樣瓶、簽字筆、定位儀、膠水等。

4、數位照相機。

ii. 實施現場檢查：

1、 田間監測取樣批次及各批次取樣數之決定：

A、決定田間監測取樣批次：每公頃(含)以下栽培田視為一批次。

B、各批次取樣數：計 24 片葉，2 重複，採系統隨機取樣法，先隨機決定任何 1 株為取樣始點進行取樣，每間隔 1 株再取，共取 12 株，所採集之葉片為第 1 重複。隨機決定第 2 重複的取樣始點進行取樣，每間隔 1 株再取，共採集 12 株之葉片為第 2 重複。

2、 葉片取樣部位及方式：

A、取樣人員應以批次為單位，逐批將所採之總葉片樣品混合裝置於已完成編號之夾鏈袋內。

B、前揭編號方式為：作物英文代碼（大寫）2 碼＋取樣批次編號 2 碼＋檢測單位英文代碼（小寫）2 碼，共計 6 碼（例：台南區農業改良場抽取玉米葉片計 3 批次，其編號為：MA-B1-tn、MA-B2-tn、MA-B3-tn）。作物代碼：MA:玉米、SY:大豆；機構代碼：ts:種苗改良繁殖場、fs:農業試驗所鳳山熱帶園藝試驗分所、tn:

台南區農業改良場、ar:農業試驗所、ty:桃園區農業改良場、hl:花蓮區農業改良場

C、完成以上逐批取樣，每批次均為二重複。

3、 採後樣本處理：

A、置樣瓶編號：以取樣批次為單位，將置樣瓶逐批編號於瓶身，並註明採樣日期及保存效期。置樣瓶編號方式為：作物英文代碼 2 碼＋取樣批次編號 2 碼＋重複編碼 2 碼＋檢測單位英文代碼 2 碼，共計 8 碼。（例：台南區農業改良場抽取玉米葉片計 3 批次，其置樣瓶編號為：MA-B1R1-tn、MA-B1R2-tn；MA-B2R1-tn、MA-B2R2-tn；MA-B3R1-tn、MA-B3R2-tn）。

B、葉片樣品備置：疊置同一批次所取葉片樣品，分別置入明確編號之置樣瓶後，逐瓶盛入保存液，確實封口。樣品備置時，不同批次之取樣器不得重複使用。

4、 填寫檢查紀錄：於檢查紀錄表載明檢查情形後，會同檢查單位及受檢查業者於紀錄表之相關欄列會簽。

5、 樣品檢測：檢測方式依各作物訂定檢測標準作業流程，並經農委會基因轉殖植物審議委員會審議通過。

(二) 基因轉殖玉米與大豆花粉飄散模式與傳統農業之共存栽培模式

1. 玉米花粉飄散(pollen dispersal)模式與傳統農業之共存栽培模式:

花粉散佈是造成基因漂流的主因之一，在農業及生態的領域上，學者花粉飄散距離早先的研究，主要著重在於探討種子生產的純度（Bateman, 1947a, 1947b, 1947c），以及族群遺傳結構上的改變（Dijk, 1987; Smouse*et al.*, 2001; Austerlitz and Smouse, 2001）。在流行病學方面，花粉飄散的研究，大多是針對花粉過敏症發生的預測（Cundill, 1998; Pérez *et al.*,2001）。在實際農業生產上，異交作物的花粉常藉由風力、動物作為媒介，散播到相當遠的距離，在共存管理評估的研究中，基因轉殖作物田區的花粉飄散至鄰近非基因轉殖作物田區所造成的汙染程度，是最為研究者所關心。

早期研究者使用常態分布函數描述風媒授粉植物的花粉密度（Dijk, 1987），在距離花粉來源植株為 $r$ 之處的花粉密度：

$$\psi_r(r) = C \cdot e^{-r^2/2\sigma_p^2} \quad (2\text{-}1)$$

其中 $C$ 為常數，$\sigma_p$ 為花粉飄散估計參數。一般而言，風媒授粉植物的花粉密度，是服從一個尖峰分布（leptokurtic distribution），此分布具有厚尾（fat tail）的特性，大部分的花粉在近距離處落下，而厚尾則描述在遠距離仍有飄散的機率。

文獻中的田間試驗對於異交率的定義不盡相同，可分成兩大類：一是以分子層面（基因）去定量，其中進行分析的樣本又因不同的收

穫目的，區分為全株樣本（如飼料用青貯玉米）或純穀粒用樣本；二是利用花粉直感效應直接觀察受汙染的程度，並計算被污染之穀粒數。以歐盟標示門檻標準為例，根據這些田間試驗大部分結果可推估隔離距離大約 50 公尺內即可達到 0.9%以下，除此之外根據這些田間試驗，基因轉殖與非基因轉殖田區的相對大小也是影響異交率污染的重要因素之一，學者也建議如果單一非基因轉殖田區種植面積達到 5 公頃以上，則甚至可以不用任何隔離距離，基因轉殖汙染率即可達到歐盟標準 0.9%以下。

花粉飄散模式發展至今，陸續有許多學者發展出不同的經驗模式（empirical model），常見的經驗模式如回歸分析、尖峰分布，或一些使用 negative exponential、exponential power 或 inverse power-law 等簡單的模式如下。

| **Reference** | **Expression** | **Type** |
|---|---|---|
| Austerlitz *et al.*, 2004 | $p_e(a;x,y)=\frac{1}{2\pi a^2}\exp\left(-\left(\frac{r}{a}\right)^2\right)$ | Exponential model |
| Austerlitz *et al.*, 2004 | $p_{ep}(a,b;x,y)=\frac{b}{2\pi a^2\Gamma(2/b)}\exp\left(-\left(\frac{r}{a}\right)^b\right)$ | Exponential power |
| Bateman, 1947c | $\frac{F}{1-F}=\frac{ye^{-kD}}{D}$ | Exponential model |
| Della Porta*et al.*, 2008 | $f(x)=ce^{kx}$<br>$f(x)=cx^k$<br>$f(x)=c10^{k\sqrt{x}}$ | Exponential<br>Log/Log<br>Log/square |
| Goggi*et al.*, 2006 | $\lambda_i=e^{(\beta_0+\beta_1 d_i)}+\beta_2 W_i$ | Exponential model |
| Gustafson*et al.*, 2006 | $PMGF=AP+\left(F_{GM}P_0 10^{-\left[\left(0.1*\sqrt{ID}\right)+\left(0.2+\sqrt{(x+BR)}\right)\right]}\right)$ | Exponential + Linear |
| Weeks *et al.*, 2007 | $y=y_0+a\cdot\ln(x)+b\cdot\ln(x)^2$<br>$m=(1-y)\times\left(v/(v+w)\right)$ | Empirical-statistical |

2. 大豆花粉飄散(pollen dispersal)模式與傳統農業之共存栽培模式:

大部分研究結果發現鄰行間大豆的天然異交率小於 0.5%(Caviness, 1966; Chiang and Kiang, 1987; Garber and Odland, 1926; Ray et al., 2003; Woodworth, 1922)，在小於 20 cm 的相近距離時的天然

異交率雖曾有報告高達 6.32%但一般均小於 2% (Chiang and Kiang, 1987; Cutler, 1934; Ray et al., 2003; Weber and Hanson, 1961)。Kikuchi et al. (1993)在日本的試驗顯示鄰行間大豆的天然異交率為 0.06%，相距 14 cm 時為 0.14%，並且種在同穴的大豆其天然異交率為 0.68%。大豆基本上為自交作物，花具有易吸引昆蟲的結構(Erickson and Garment, 1979)，並且大豆花粉生命期較短，所以大豆花粉藉風力而造成異交的機率不大，並且一般藉風力散佈花粉的作物其異交率會隨距離增加而呈指數型遞減，但大豆的異交率卻常會有跳動的情形，所以可能是由於昆蟲散佈花粉。

Weber 及 Fehr (1967) 提到大豆天然異交率取決於距離、基因型、環境及存在的昆蟲，昆蟲族群及活動對天然異交率有很大的影響。

Weber 及 Hanson (1961) 發現在相鄰間的大豆異交率小於 0.5% 在近距離接觸時約為 1% 。但是不同報告間變異很大。Woodworth (1922)發現鄰行間種植大豆其天然異交率約為 0.04% 然而 Ahrent and Caviness (1994)卻發現可達 2.5%。相距 30cm 的大豆異交率也曾高達 4.52%( Gumisiriza and Rubaihayo, 1978)。

Ray *et al*. (2003) 在兩個開花期相同的栽培種觀測到雜交率可高達 6.32 %，使 Mizugut*iet al*. (2010) 評估基因轉殖與野生種大豆之雜交率的試驗中，以調整開花期使兩者之雜交率縮減到最小。雖然只在 AG6702RR 與野生種大豆間得到顯著的結果，其餘四個基因轉殖大豆則是因為樣本數不足，無法進行有效的統計分析，但是仍意味著以調整開花期降低基因轉殖與野生種大豆之雜交率是可行的。此外，也可藉由選擇栽培種之生長習性(無限生長型或有限生長型)降低其雜交率。

Yoshimura *et al*. (2006) 以隔離距離觀察基因轉殖與非基因轉殖大豆的四年試驗中，隔離距離為 10.5 公尺時，皆未獲得雜交種，因此，建議基因轉殖大豆與非基因轉殖大豆共存之隔離距離為 10 公尺。而 Mizugut*ietal*.(2010) 在基因轉殖與野生種大豆隔離距離為 0 公尺時，所獲得之雜交率為 0.097 %，統計分析結果也顯示距離對雜交率有顯著的效果並呈負相關，也就是說，隔離距離拉大會使雜交率再降低。因此，以傳統策略，如調整開花期、設定隔離距離，確實能提供作為解決基因轉殖與非基因轉殖大豆共存的參考。

(三) 模擬基因轉殖玉米飄散模式之建立

整理黑美珍吐絲期的風速和風向如圖 2，和各行的異交率如表 1。可以看到離花粉親 0.75 公尺遠的上風處異交率為 10.12%，但在下風處的異交率受到風向的影響，異交率為 13.15%，隨著離花粉親的距離增加，異交率都有驟降的趨勢，整體而言，在離花粉親 14.24 公尺遠的異交率已經非常低。

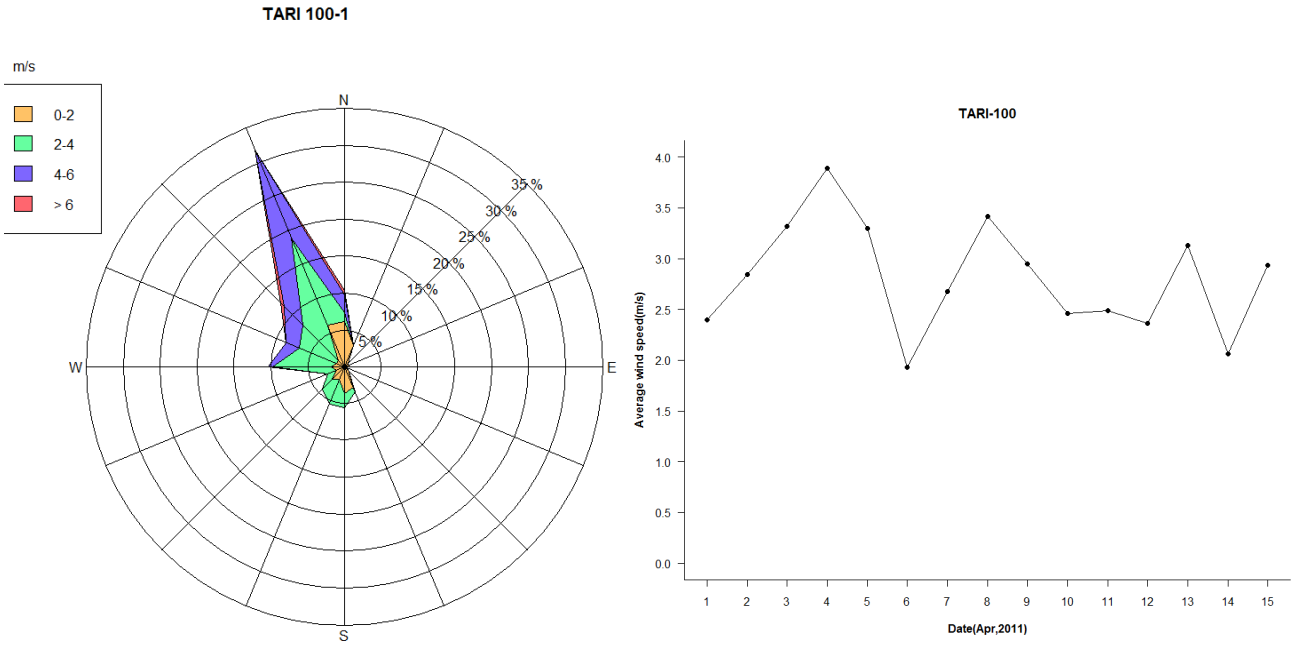



圖 2. 玉美珍吐絲期(4/1-4/15)的風向和風速圖

表 1.各距離(m)下之異交率(%)

| 方位 / 距離 | 全部 | 貢獻親左方 | 貢獻親右方 |
|---|---|---|---|
| 0.75(m) | 11.64±6.553 | 10.12±6.565 | 13.15±6.334 |
| 2.25 | 1.16±1.243 | 1.02±1.452 | 1.30±1.012 |
| 3.75 | 0.59±0.602 | 0.47±0.559 | 0.70±0.634 |
| 5.25 | 0.24±0.286 | 0.31±0.351 | 0.18±0.190 |
| 6.75 | 0.17±0.170 | 0.16±0.156 | 0.18±0.186 |
| 8.25 | 0.10±0.128 | 0.06±0.111 | 0.14±0.133 |
| 9.75 | 0.14±0.180 | 0.12±0.176 | 0.15±0.187 |
| 11.25 | 0.12±0.206 | 0.11±0.150 | 0.12±0.252 |
| 12.75 | 0.10±0.206 | 0.07±0.080 | 0.14±0.277 |
| 14.25 | 0.08±0.159 | 0.08±0.187 | 0.09±0.130 |
| 15.75 | 0.09±0.130 | 0.10±0.149 | 0.09±0.112 |
| 17.25 | 0.09±0.120 | 0.08±0.106 | 0.09±0.120 |
| 18.75 | 0.09±0.110 | | 0.09±0.110 |

過去的研究指出，玉米的異交率和飄散距離間的模式配適可分為 3 種，分別為 exponential function、polynomial function、polynomial 10 power function，把田間資料配適這 3 個模式的結果如表 2，無論是何種模式，$R^2$ 大約等於 0.67，MSE 等於 0.0002，顯示模適配適情況良好，再把配適結果繪製成圖 3，更可以清楚看到回歸線的資料走向的趨勢一致。

表 2. 不同模式配適結果

| model | $R^2$ | MSE |
|---|---|---|
| exponential function | 0.6704 | 0.000262 |
| polynomial function | 0.6797 | 0.000255 |
| polynomial 10 power function | 0.6749 | 0.000259 |

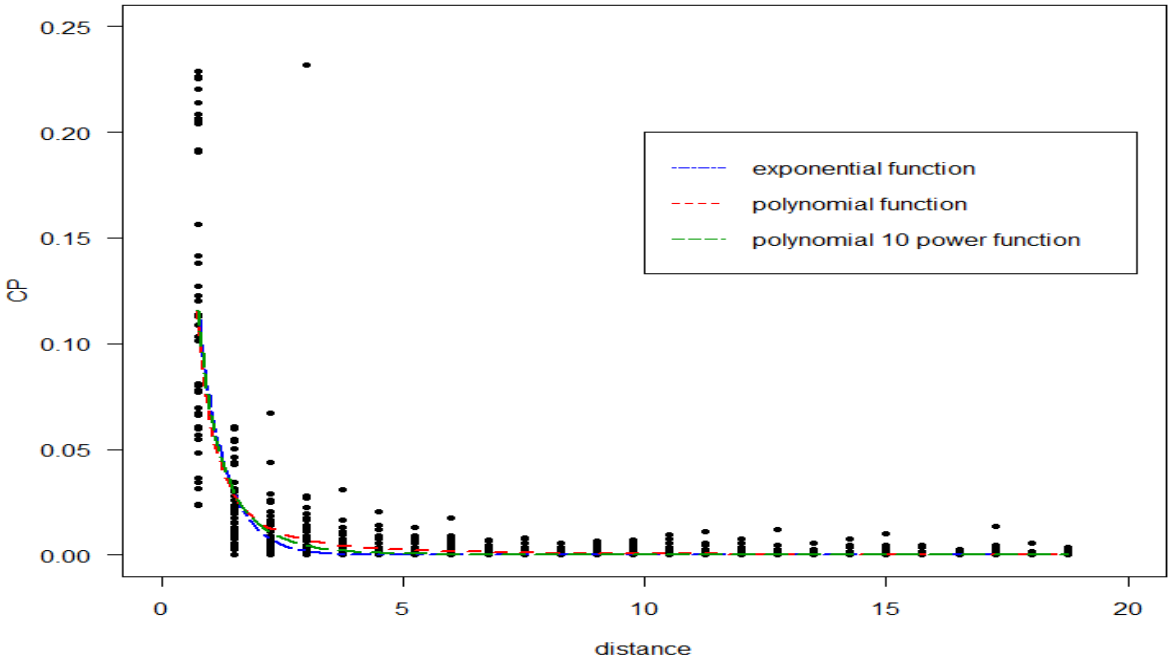



圖 3. 不同模式配適結果

(四) 地理資訊系統規劃案報告

壹、前言

一、背景

依據 2009 年 ISAAA（國際農業生物技術應用推廣協會）的資料，全世界種植基因轉殖作物之面積已達 1 億 3 千 4 百萬公頃（圖 4），基因轉殖生物及其產品對生態環境與人體健康所可能產生的衝擊，已廣泛地受到世界各國關切與重視，並各自訂有基因轉殖生物與其產製品之相關管理法規與相關農產品建構檢測及監測平台。

目前國內地理資訊系統已廣泛應用於防災、製圖、都市計畫、農業資源調查等相關領域。農委會曾利用地理資訊系統建置稻作及敏感作物調查等系統與空間位置進行連結，並經由航照或衛星影像套疊明確表達出地理位置。而國內對於基因轉殖與非基因轉殖作物共存體系之研究僅處於起步階段，尚未有基因轉殖作物種植於開放農業區內。

為及早因應基因轉殖作物釋出後對傳統農業產生可能的衝擊，並維護傳統農業之永續發展，我國農業研究單位宜加速引進並研究相關共存與管理體系所需技術及資訊，以供相關規範之前置研究。

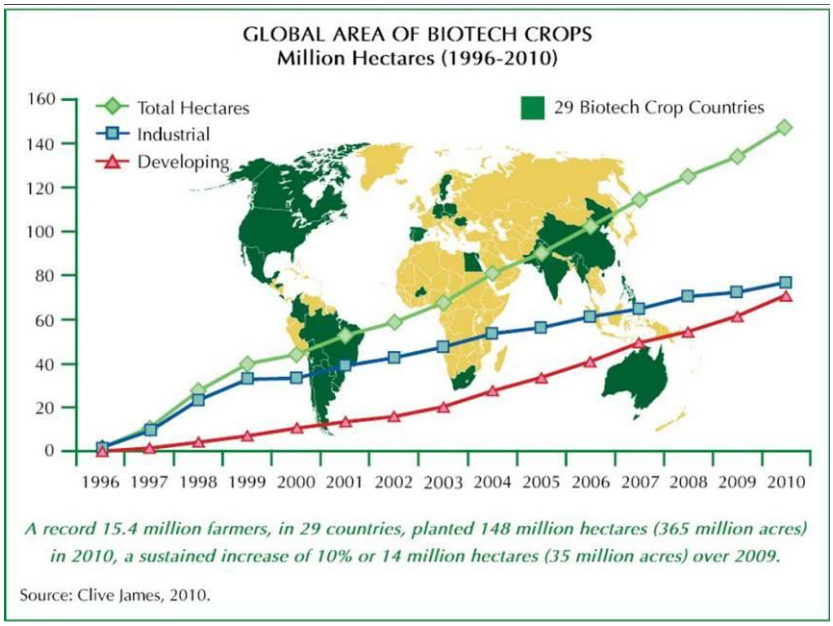



圖 4. 全球基因轉殖作物面積比較表

二、目的

目前國內基因轉殖與非基因轉殖作物之調查與監測機制在尚無相關實際應用的案例，本團隊已針對如何運用地理資訊系統相關技術於基因轉殖與非基因轉殖作物之調查與監測進行規劃。過去傳統的作物調查方式為利用紙本紀錄調查點位座標，再以人工方式輸入電腦，如需要進入地理資訊系統將點位標記於地圖上時，則必須再進行轉檔等操作程序。本團隊為提升農委會種苗改良繁殖場於作物調查之效率與便利性，規劃一套可依循的地理資訊系統導入作物調查與監測作業，透過地理資訊系統的協助，可提升種苗改良場作業人員進行實地調查作業之效率，並客製化地理資訊系統以統一管理各改良場之調查成果，嚴密監控基因轉殖作物之分佈，並結合花粉飄散模式進一步評估非基因轉殖作物受到轉殖作物之影響。

貳、整體規劃

全球定位系統(Global Position System, GPS)、遙感探測(Remote Sensing, RS)與地理資訊系統(Geographic Information System, GIS)合稱為 3S 技術。GPS 扮演的角色為賦予每一項資訊參考的地理座標，記錄各項資訊的空間位置；RS 透過感測器獲取大面積的地面資訊，運用光譜資料進行種植面積的調查、作物生長情況及作物種類分佈等；GIS 在農業的應用上則是結合儲存、查詢、分析平台與展示空間資料的系統，可做為各項研究與決策支援的工具。

GIS 近年來受智慧型手機普及化影響，開始朝向行動化裝置發展。而智慧型手機的優點是輕便、小巧、可移動性強，有著較傳統手機更強大的運算功能，同時可搭載作業系統，且同個人電腦一般可自行安裝或移除應用程式，在無線傳輸方面，大多數都具有紅外和藍芽介面，以保證無線傳輸的便利性，Wi-Fi 連線以及 GPS 全球衛星定位系統也都成為標準的配備。

因此本團隊運用 3S 技術，以服務導向架構為運作機制，發展出一套跨組織資訊整合之基因轉殖作物調查與監測系統，整體架構如圖 5 所示。本團隊以網際網路地理資訊系統平台為基礎，做為智慧型手機上傳的伺服器，而搭載 GPS 之行動裝置所調查的作物資料,可經由無線傳輸技術更新至基因轉殖作物資料庫，可搭配商用 GIS 軟體可進行作物圖資編輯，而平台可依照需求提供主管機關與決策者進行花粉飄散模式分析、資料查詢、圖資展示與製圖等功能。

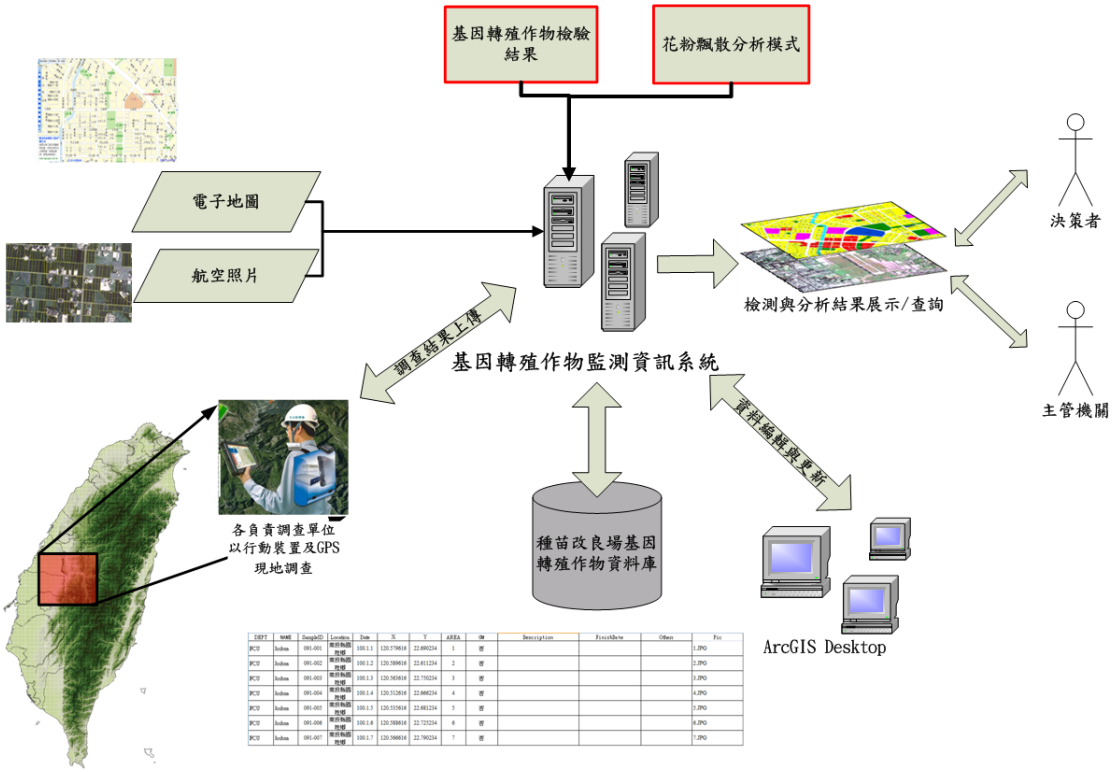



圖 5. 整體架構圖

參、各階段細部規劃

本計畫分四個階段來執行(如圖 6 所示)，以循序漸近的方式，逐步建立臺灣第一個基因轉殖作物監測系統，第一階段以基礎資料建構流程的訂定與資料庫之建置為主，同時搭配地理資訊系統基礎理論訓練，強化空間資料處理與分析能力。第二階段以建構自動化資料處理流程為目標，並結合花粉飄散分析模式與地理資訊系統。第三階段將建立花粉飄散分析模式示範區域，並結合網際網路地理資訊系統，建置基因轉殖作物監測與分析之平台。第四階段目標為建立可實行於全臺的完整基因轉殖作物監測資訊系統，並結合相關法規與行政流程，提升行政效率，建構完整監測體系。各項細部規劃茲分述如下：

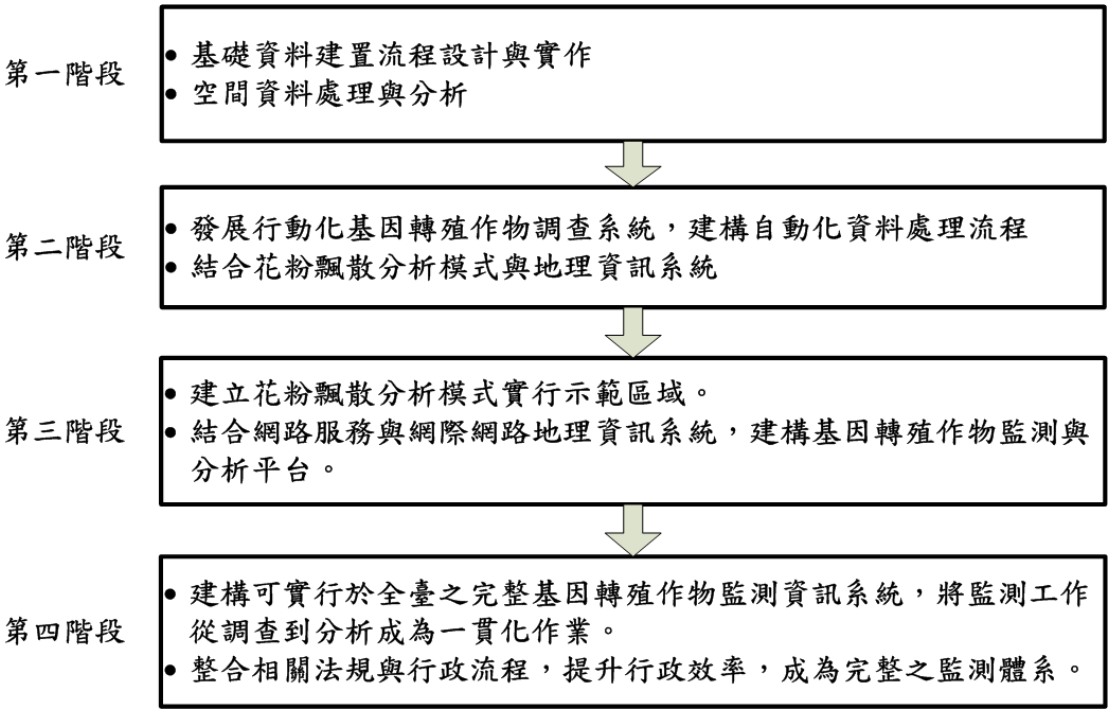



圖 6 計畫發展藍圖

一、第一階段

(一) 目的

第一階段將依據基因轉殖作物調查檢測需求，設計基因轉殖作物監測資料的建置程序、空間分析、查詢、編輯與製圖等工作流程，提升監測人員於作物資料與空間資料處理與分析能力，為後續工作奠定基礎。

(二) 構想與執行方式

首先設計現場作物調查之表格(如表 3 所示)，表中包含調查人員名稱、實際位置、點位名稱、點位坐標、是否有基因轉殖作物與實際照片等項目，提供調查人員記錄。

另再設計一套標準作業程序，將基因轉殖作物調查表格轉換為空間資料庫，以桌上型商用 GIS 套裝軟體 ArcGIS 為主要處理與分析工具，進行影響範圍分析、空間資訊查詢、資料修改編輯與地圖製作等工作，並舉辦教育訓練課程，以利未來監測小組人員進行實際操作，架構如圖 7 所示。

| DEPT | NAME | SampleID | Location | Date | X | Y | AREA | GM | Description | FinishDate | Others | Pic |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| FCU | Joshua | 091-001 | 南投縣國姓鄉 | 100.1.1 | 120.579616 | 22.690234 | 1 | 否 | | | | 1.JPG |
| FCU | Joshua | 091-002 | 南投縣國姓鄉 | 100.1.2 | 120.589616 | 22.611234 | 2 | 否 | | | | 2.JPG |
| FCU | Joshua | 091-003 | 南投縣國姓鄉 | 100.1.3 | 120.563616 | 22.750234 | 3 | 否 | | | | 3.JPG |
| FCU | Joshua | 091-004 | 南投縣國姓鄉 | 100.1.4 | 120.512616 | 22.666234 | 4 | 否 | | | | 4.JPG |
| FCU | Joshua | 091-005 | 南投縣國姓鄉 | 100.1.5 | 120.535616 | 22.681234 | 5 | 否 | | | | 5.JPG |
| FCU | Joshua | 091-006 | 南投縣國姓鄉 | 100.1.6 | 120.588616 | 22.725234 | 6 | 否 | | | | 6.JPG |
| FCU | Joshua | 091-007 | 南投縣國姓鄉 | 100.1.7 | 120.566616 | 22.790234 | 7 | 否 | | | | 7.JPG |

表 3 基因轉殖作物調查表

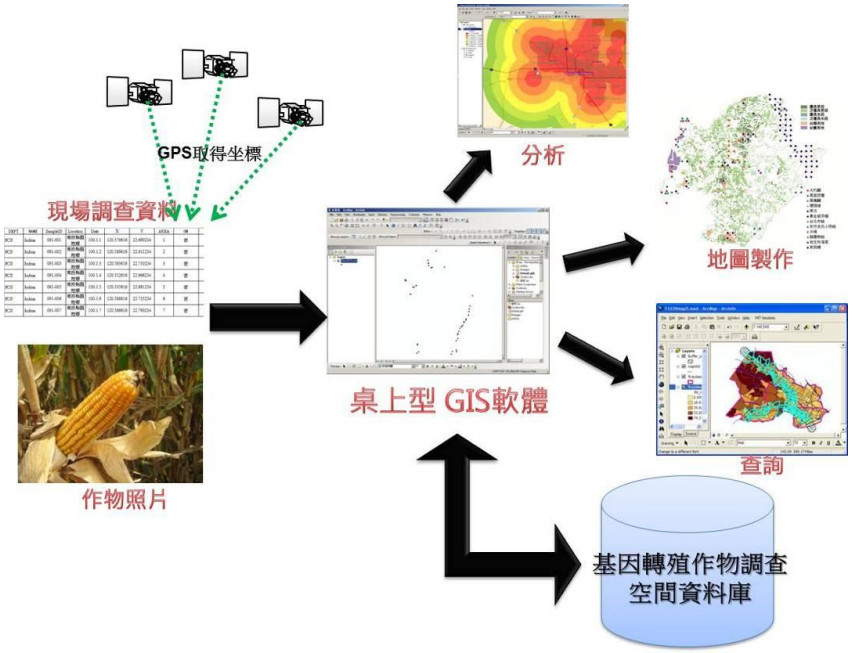



圖 7 第一階段架構圖

(三) 預期成果

1. 完成現場調查表格設計
2. 完成現調資料標準作業程序
3. 辦理地理資訊系統教育訓練，提升監測小組人員空間資料處理與分析能力。

二、第二階段

(一) 目的

第二階段將發展行動化基因轉殖作物調查系統，簡化現地調查至後續分析處理之流程，並結合地理資訊系統與花粉飄散分析模式。

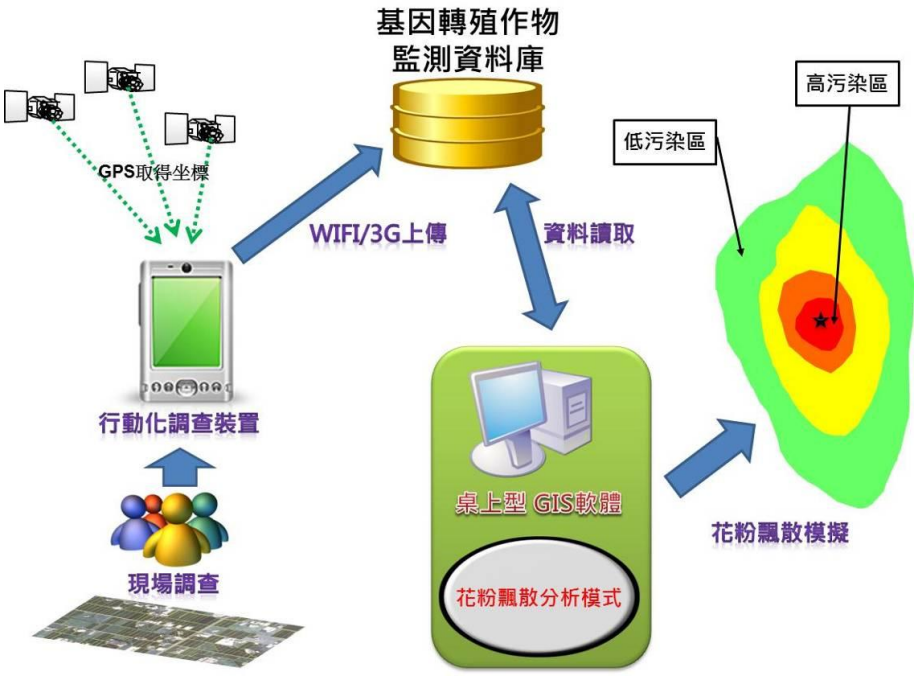



圖 8 行動化基因轉殖作物調查系統架構圖

(二) 構想與執行方式

第二階段架構如圖 8 所示，監測人員利用行動化裝置接收 GPS 訊號獲得空間坐標、相關照片與調查概況，取代過去以紙筆記錄的方式，直接由行動裝置以無線傳輸技術(WIFI 或 3G)匯入基因轉殖作物監測資料庫，即可進行分析與呈現，省去繁鎖的資料輸入程序。基因轉殖作物監測資料庫將採關聯式資料庫方式進行管理，需依據種苗改良場需求，進行資料表設計，設計過程需考量未來需求預留彈性調整空間，並進行整體資料庫正規化，提升資料庫管理效率。另一方面，花粉飄散分析模式將與商用 GIS 軟體進行首次整合，目前國內尚無相關整合案例。整合之目的在於利用 GIS 優勢，展示基因轉殖作物花粉飄散的空間變異性，以最直覺的方式呈現其影響範圍，以利後續分析應用。監測人員透過 GIS 軟體即可進行分析作業與相關研究，最後還須辦理教育訓練課程，協助監測小組人員進行實作。

(三)預期成果

1. 完成手持式行動化調查系統，可於野外現地輸入調查資料，並回傳至基因轉殖作物監測資料庫。

2. 完成基因轉殖作物監測資料庫。

3. 完成商用地理資訊系統與花粉飄散分析模式之整合，可分析出花粉飄散之影響範圍。

三、第三階段

(一) 目的

將建立花粉飄散分析模式示範區域，依實際飄散結果進行模式參數修正。結合網路服務與網際網路地理資訊系統，建構基因轉殖作物監測與分析之平台。

(二)構想與執行方式

參數修正部分，將建立一～二個花粉飄散實驗區域，進行花粉擴散分析模式之監測與實作，再依實際狀況針對花粉飄散模式各項參數進行修正，並評估不同飄散模式之差異，做為後續利用之參考。本階段將延續前一階段成果，建置一套網際網路地理資訊系統(Web-GIS)，透過 WebGIS 使用者可於線上即時進行各項空間資訊查詢、處理與分析，WebGIS 圖資將以種苗改良場所購置之全國電子地圖做為底圖，並可透過網路服務(Web Service)介接農糧署現有航空照片，輔助資料分析與判讀。也可藉由相同方式，介接農糧署主管的稻作空間資訊系統與行動化敏感作物種植面積調查系統，以取得稻作與敏感作物分佈圖資，進行空間資料套疊。花粉飄散模式所需利用的氣象資料，經過主管機關許可後也可即時介接氣象局資料庫，取得溫度、溼度、降水量、日照、風速等相關氣象因子。監測小組人員可自 Web-GIS 下載各項作物資料、花粉飄散分析參數與氣象資料，進行作物花粉飄散影響範圍模擬，最後將結果上傳至平台，由 Web-GIS 平台進行各項資料套疊、分析與共享。同時 Web-GIS 將以帳號控管，使用者需登入後才可存取與分析各項資料，如圖 9 所示。

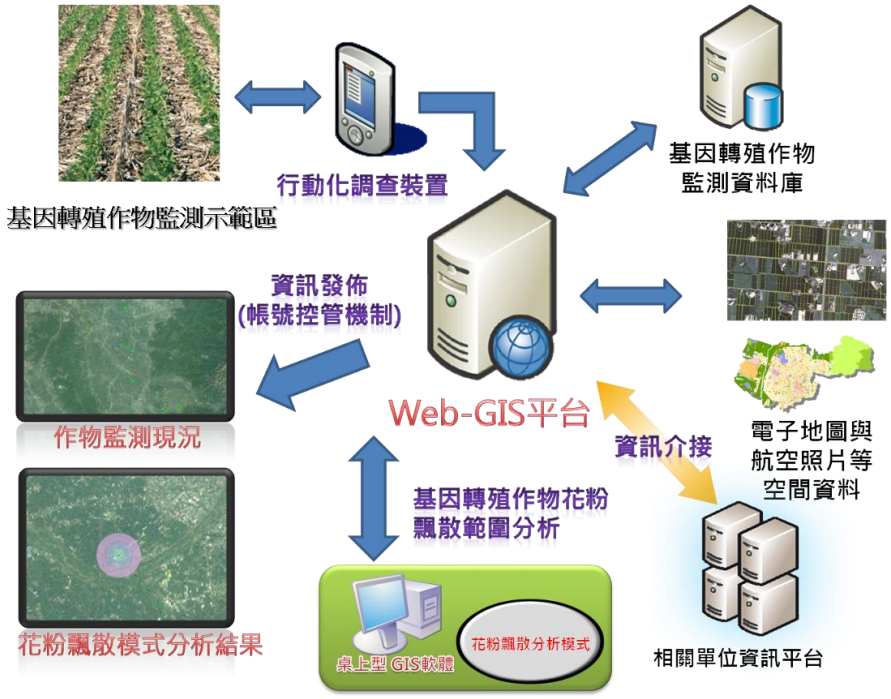



圖 9 第三階段架構圖

(三) 預期成果

1. 於示範區域進行花粉飄散實驗，據此進行參數修正，並分析比較參數修正前後花粉擴散模式之差異性與優劣。

2. 延續前一階段成果擴充功能，完成網際網路地理資訊系統之建置，並以網路服務方式介接相關資料，如農糧署稻作資料與敏感作物資料及中央氣象局天氣觀測資料。

四、第四階段

(一) 目的

本階段將整合前三階段之成果，使監測工作由調查到分析成為一貫化作業，將原本由商業軟體(ArcGIS)分析模式直接移殖到 Web-GIS 上獨立運作，減少對套裝軟體之依賴。於監測系統中整合相關法規與行政流程，提升基因轉殖作物於檢舉、查報、監測、預警與處理等各項業務之效率及應變能力。

(二)構想與執行方式

將原本由以商業軟體為基礎建構之分析模式移殖至 Web-GIS 中，作物監測結果經由手持行動裝置上傳至平台後，監測人員透過該平台直接於線上即可執行分析、查詢、展示、製圖等相關功能，免除使用套裝軟體分析之程序，可獨立運作（如圖 10 所示），降低對商用套裝軟體之依賴，可節省未來於商用套裝軟體更新與升級之費用。本階段將建置可實行全臺的完整基因轉殖作物監測系統，依據種苗改良場之需求，除建置完整的作物監測功能與花粉飄散分析功能外，可同時配合相關的基因轉殖作物管理法規與行政流程，在系統中建置相關管理與決策支援功能，強化各項業務之效率與應變能力，系統建置完成後將定期舉辦教育訓練，發揮系統建置效益。

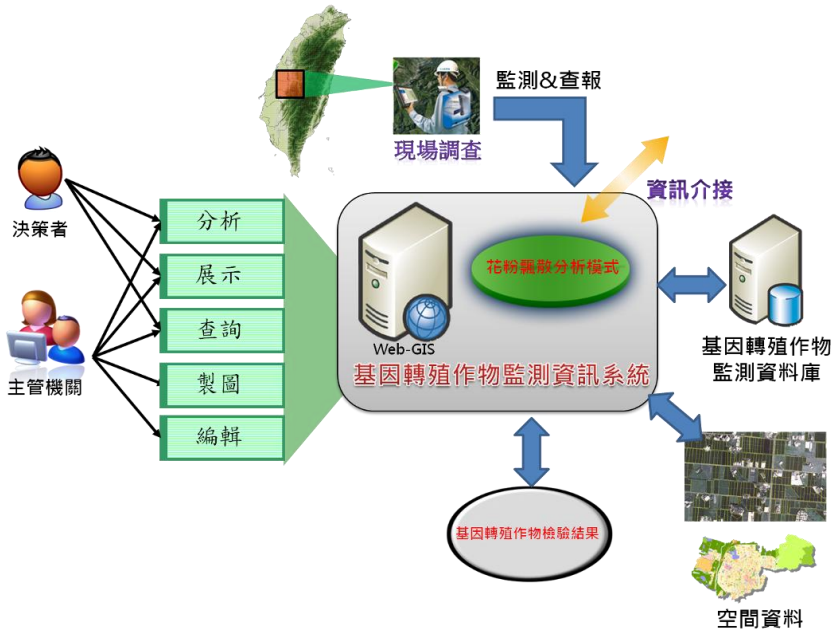



圖 10 第四階段細部規劃圖

(三) 預期成果

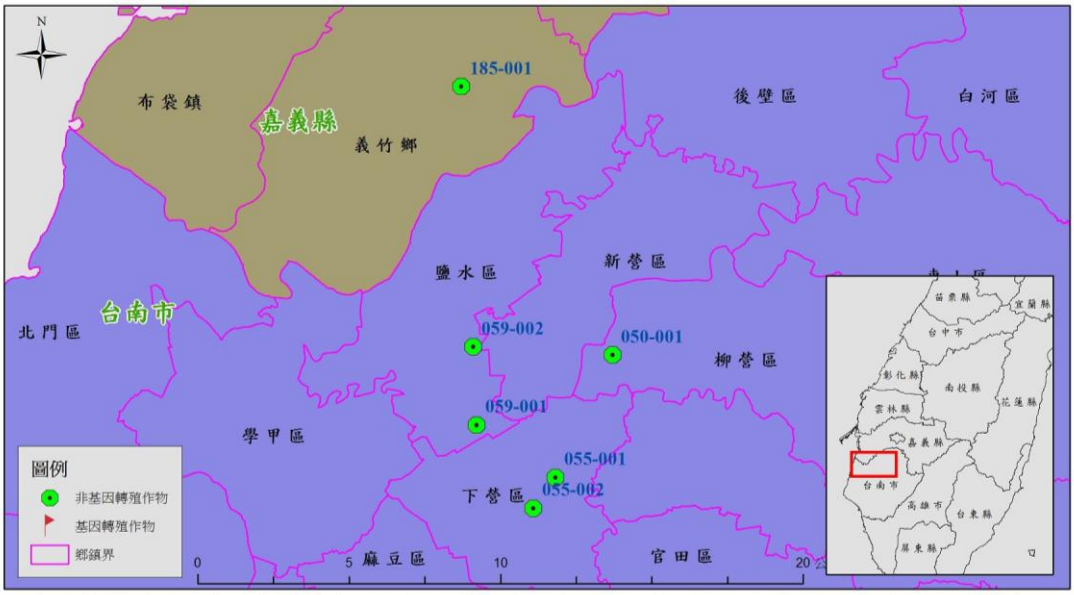
1. 完成 WebGIS 與花粉飄散分析模式之整合，減少對於商用套裝軟體之依賴。

2. 建構出可實行於全臺之完整基因轉殖作物監測資訊系統，決策者與主管機關利用此系統可快速執行分析、展示與查詢基因轉殖作物之影響，做為各項應變與處置之參考。

肆、結論與建議

本團隊依據臺灣目前現況與未來發展之趨勢，以循序漸近的方式分四大階段，規劃出基因轉殖作物監測系統之發展藍圖，該系統整合行動化作物調查系統與花粉飄散分析模式，可套疊電子地圖或航空照片，同時介接農委會敏感作物與稻作資料作為參考，分析模式亦可介接中央氣象局資料庫取得模擬所需參數，後續更整合法規與行政流程做有效的管理。該平台可結合異質系統的資料，減少資料的重複建置並整合各項資源，提供主管機關與業務單位一個完整決策分析平台，明確界定基因轉殖作物可能汙染之區域以利進行各項預警與處理。

(五) 配合種苗改良繁殖場利用衛星定位(GPS)調查台灣玉米、大豆各二(含)個以上栽培區資料




| 作物別 | 期作別 | 調查單位 | 填表人 | 取樣點代號 | 取樣地點 | 取樣日期 | X | Y | 預估栽培面積(h | 檢測結果是否為GM | 檢出GM所佔比例 | 檢測結果完成日期 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 毛豆 | <Null> | 種苗場 | 陳靜欣 | 050-001 | 台南縣柳營 | 100.9.21 | 177702 | 257477 | <Null> | 否 | <Null> | 100.9.30 |
| 毛豆 | <Null> | 種苗場 | 陳靜欣 | 055-001 | 台南縣下營 | 100.9.21 | 175817 | 257073 | <Null> | 否 | <Null> | 100.9.30 |
| 毛豆 | <Null> | 種苗場 | 陳靜欣 | 055-002 | 台南縣下營 | 100.9.21 | 175086 | 256971 | <Null> | 否 | <Null> | 100.9.30 |
| 毛豆 | <Null> | 種苗場 | 陳靜欣 | 059-001 | 台南縣鹽水 | 100.9.21 | 173211 | 257246 | <Null> | 否 | <Null> | 100.9.30 |
| 毛豆 | <Null> | 種苗場 | 陳靜欣 | 059-002 | 台南縣鹽水 | 100.9.21 | 173093 | 257504 | <Null> | 否 | <Null> | 100.9.30 |
| 毛豆 | <Null> | 種苗場 | 陳靜欣 | 185-001 | 嘉義縣義竹 | 100.9.21 | 172701 | 258362 | <Null> | 否 | <Null> | 100.9.30 |

圖 11. 大豆取樣點分布

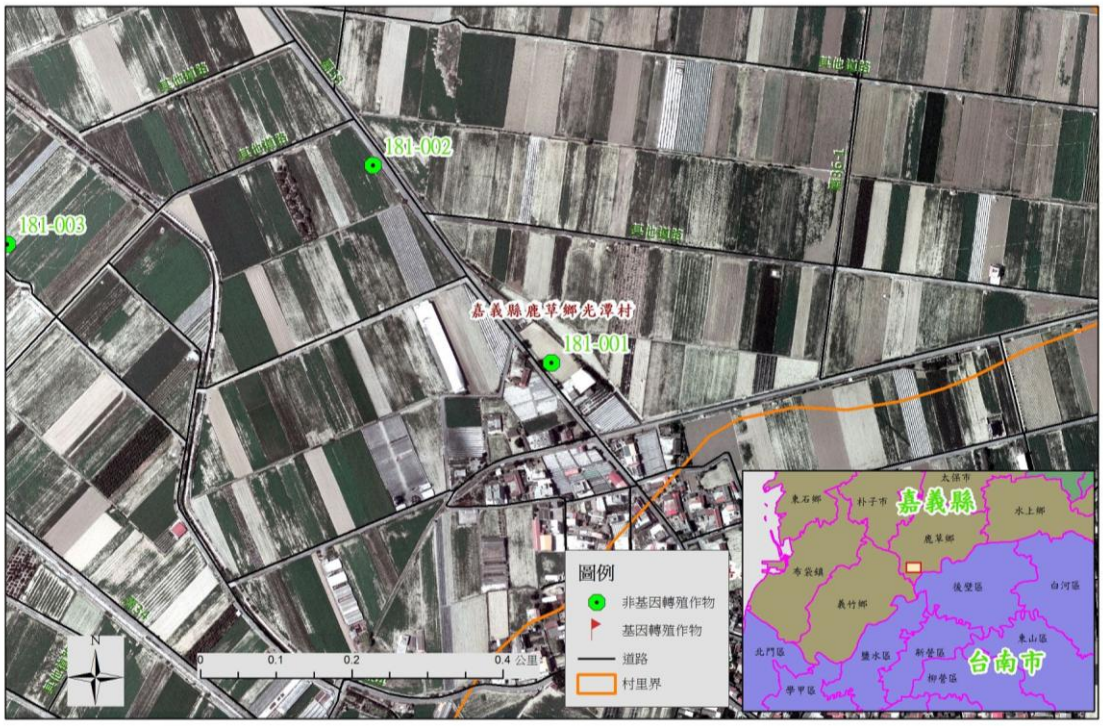



圖 12. 玉米取樣點位圖

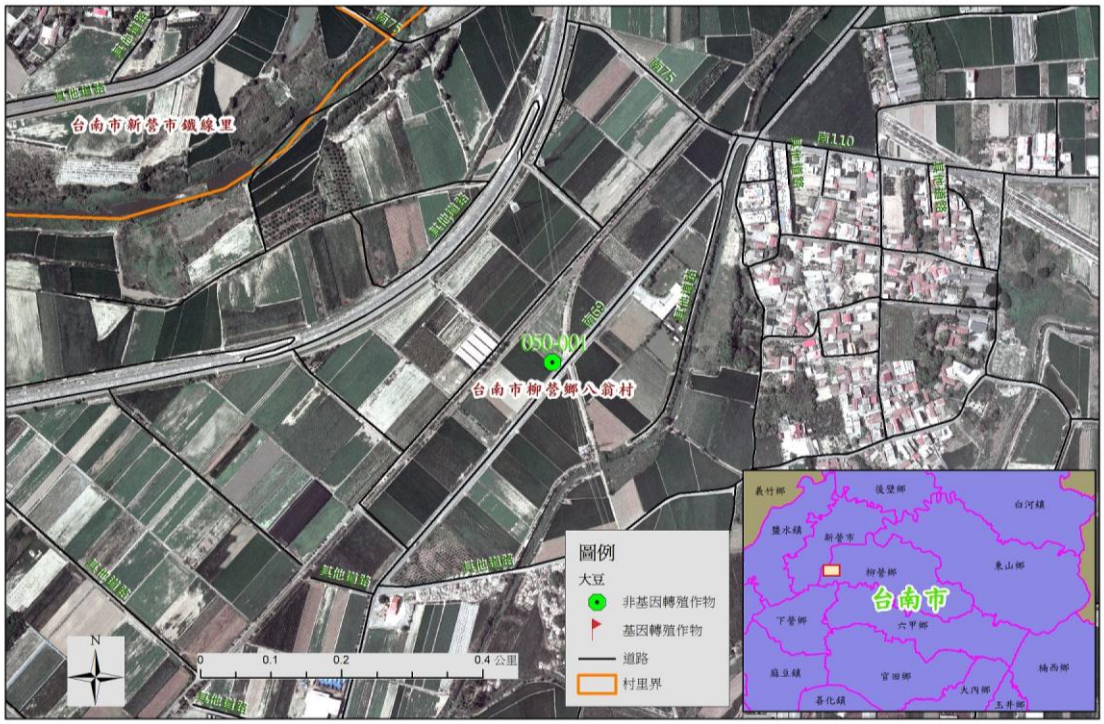
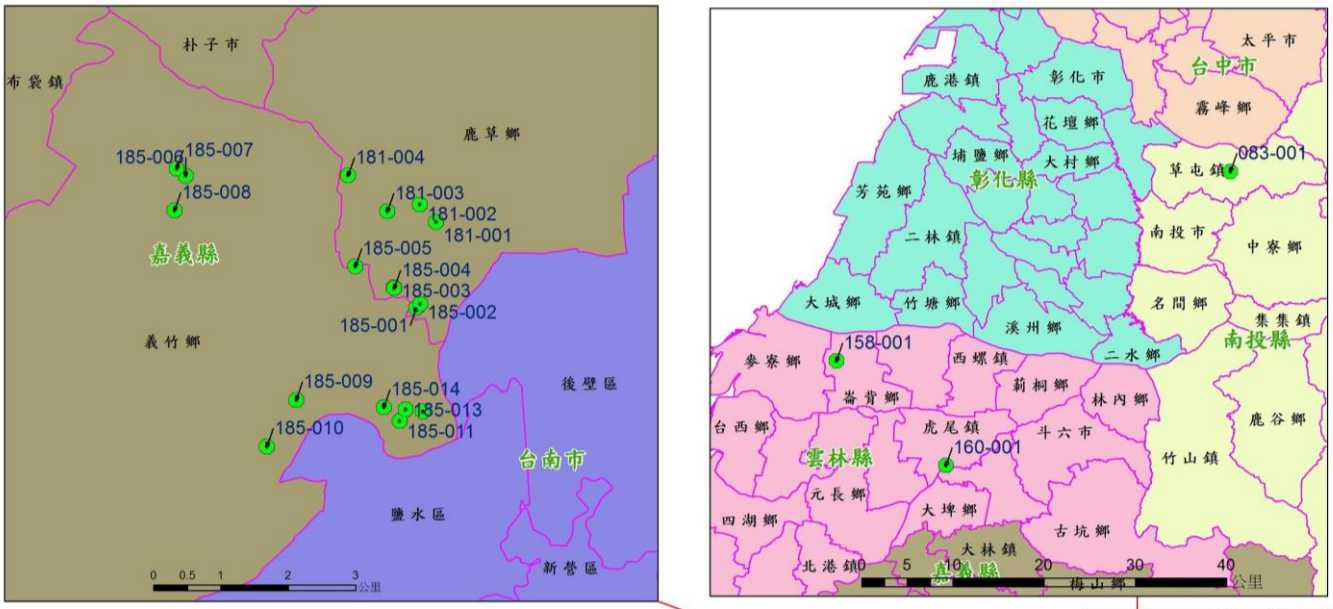



圖 13. 大豆取樣點位圖




| 作物別 | 期作別 | 調查單位 | 填表人 | 取樣點代號 | 取樣地點 | 取樣日期 | X | Y | 檢測結果是否為GM | 檢測結果完成日期 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 玉米 | 春作 | 種苗場 | 陳靜欣 | 160-001 | 雲林縣虎尾鎮 | 100.1.07 | 191495 | 2620780 | 否 | |
| 玉米 | 春作 | 種苗場 | 陳靜欣 | 158-001 | 雲林縣崙背鄉 | 100.1.07 | 179494 | 2632260 | 否 | |
| 玉米 | 春作 | 種苗場 | 陳靜欣 | 083-001 | 南投縣草屯鎮 | 100.1.13 | 222692 | 2653061 | 否 | |
| 玉米 | 春作 | 種苗場 | 陳靜欣 | 185-001 | 嘉義縣義竹鄉 | 100.7.29 | 176437 | 2585210 | 否 | 100.9.28 |
| 玉米 | 春作 | 種苗場 | 陳靜欣 | 185-002 | 嘉義縣義竹鄉 | 100.7.29 | 176494 | 2585270 | 否 | 100.9.28 |
| 玉米 | 春作 | 種苗場 | 陳靜欣 | 185-003 | 嘉義縣義竹鄉 | 100.7.29 | 176103 | 2585513 | 否 | 100.9.28 |
| 玉米 | 春作 | 種苗場 | 陳靜欣 | 185-004 | 嘉義縣義竹鄉 | 100.7.29 | 176111 | 2585501 | 否 | 100.9.28 |
| 玉米 | 春作 | 種苗場 | 陳靜欣 | 185-005 | 嘉義縣義竹鄉 | 100.7.29 | 175531 | 2585824 | 否 | 100.9.28 |
| 玉米 | 春作 | 種苗場 | 陳靜欣 | 185-006 | 嘉義縣義竹鄉 | 100.7.29 | 173010 | 2587173 | 否 | 100.9.28 |
| 玉米 | 春作 | 種苗場 | 陳靜欣 | 185-007 | 嘉義縣義竹鄉 | 100.7.29 | 172880 | 2587281 | 否 | 100.9.28 |
| 玉米 | 春作 | 種苗場 | 陳靜欣 | 185-008 | 嘉義縣義竹鄉 | 100.7.29 | 172845 | 2586657 | 否 | 100.9.28 |
| 玉米 | 春作 | 種苗場 | 陳靜欣 | 185-009 | 嘉義縣義竹鄉 | 100.7.29 | 174654 | 2583843 | 否 | 100.9.28 |
| 玉米 | 春作 | 種苗場 | 陳靜欣 | 185-010 | 嘉義縣義竹鄉 | 100.7.29 | 174219 | 2583151 | 否 | 100.9.28 |
| 玉米 | 春作 | 種苗場 | 陳靜欣 | 185-011 | 嘉義縣義竹鄉 | 100.7.29 | 176190 | 2583531 | 否 | 100.9.28 |
| 玉米 | 春作 | 種苗場 | 陳靜欣 | 185-012 | 嘉義縣義竹鄉 | 100.7.29 | 176536 | 2583669 | 否 | 100.9.28 |
| 玉米 | 春作 | 種苗場 | 陳靜欣 | 185-013 | 嘉義縣義竹鄉 | 100.7.29 | 176277 | 2583701 | 否 | 100.9.28 |
| 玉米 | 春作 | 種苗場 | 陳靜欣 | 185-014 | 嘉義縣義竹鄉 | 100.7.29 | 175954 | 2583732 | 否 | 100.9.28 |
| 玉米 | 春作 | 種苗場 | 陳靜欣 | 181-001 | 嘉義縣鹿草鄉 | 100.7.29 | 176728 | 2586489 | 否 | 100.9.28 |
| 玉米 | 春作 | 種苗場 | 陳靜欣 | 181-002 | 嘉義縣鹿草鄉 | 100.7.29 | 176492 | 2586749 | 否 | 100.9.28 |
| 玉米 | 春作 | 種苗場 | 陳靜欣 | 181-003 | 嘉義縣鹿草鄉 | 100.7.29 | 176009 | 2586645 | 否 | 100.9.28 |
| 玉米 | 春作 | 種苗場 | 陳靜欣 | 181-004 | 嘉義縣鹿草鄉 | 100.7.29 | 175425 | 2587177 | 否 | 100.9.28 |

圖 14.玉米取樣點分布圖

100 年基因轉殖作物監測資料如下:

| 作物 | 縣市 | GPS | 作物 | 縣市 | GPS |
|---|---|---|---|---|---|
| 毛豆 | 屏東縣 | X：200917 Y：2514795 | 水稻 | 台東縣 | X：264812 Y：2536495 |
| | 屏東縣 | X：197969 Y：2512541 | | 台東縣 | X：264402 Y：2542794 |
| | 高雄縣 | X：199121 Y：2526061 | | 台東縣 | X：265184 Y：2544952 |
| | 高雄縣 | X：198991 Y：2527625 | | 台東縣 | X：266478 Y：2548615 |
| 馬鈴薯 | 台中縣 | X：229763 Y：2679972 | | 台東縣 | X：267983 Y：2552955 |
| | 嘉義縣 | X：187547 Y：2609047 | | 台東縣 | X：270604 Y：2555960 |
| | 嘉義縣 | X：187209 Y：2609089 | | 台東縣 | X：271399 Y：2556478 |
| | 雲林縣 | X：196926 Y：2623620 | | 台東縣 | X：272957 Y：2558094 |
| | 雲林縣 | X：197001 Y：2623289 | | 花蓮縣 | X：274819 Y：2562669 |
| | 雲林縣 | X：191422 Y：2620829 | | 花蓮縣 | X：275285 Y：2564255 |
| | 雲林縣 | X：180250 Y：2631077 | | 花蓮縣 | X：278784 Y：2568342 |
| | 雲林縣 | X：178827 Y：2632340 | | 花蓮縣 | X：283012 Y：2580466 |
| 油菜 | 嘉義縣 | X：187606 Y：2609074 | | 花蓮縣 | X：283407 Y：2584982 |
| | 雲林縣 | X：178784 Y：2632363 | | 花蓮縣 | X：284807 Y：2589691 |
| | 台中縣 | X：216301 Y：2660000 | | 花蓮縣 | X：288974 Y：2606401 |
| | 台中縣 | X：217127 Y：2659482 | 玉米 | 雲林縣 | X：193495 Y：2620780 |
| | 台中市 | X：216231 Y：2664570 | | 雲林縣 | X：179494 Y：2632260 |
| | 南投縣 | X：217152 Y：2655902 | | 嘉義縣 | X：181671 Y：2592725 |
| | 南投縣 | X：221060 Y：2652439 | | 南投縣 | X：222692 Y：2653061 |
| | 南投縣 | X：242985 Y：2653545 | | 雲林縣 | 23.679444,120.377631 土庫好收 |
| | 花蓮縣 | X：277921 Y：2566665 | | 雲林縣 | 23.679245,123.374449 土庫好收 |
| | 花蓮縣 | X：278796 Y：2568359 | | 雲林縣 | 23.687959,120.369482 土庫好收 |
| | 花蓮縣 | X：282379 Y：2574839 | | 雲林縣 | 23.656329,120.353937 元茂元長 |
| 水稻 | 台東市 | X：262206 Y：2517468 | | 雲林縣 | 23.658491,120.337575 元茂元長 |
| | 台東市 | X：262716 Y：2515201 | | 雲林縣 | 23.656304,120.335695 元長南天宮 |
| | 台東縣 | X：254503 Y：2510677 | | 雲林縣 | 23.65464,120.340964 元長南天宮 |
| | 台東縣 | X：255823 Y：2515351 | | 雲林縣 | 23.645631,120.324365 元長南天宮 |
| | 台東縣 | X：262253 Y：2532677 | | | |

(六) 基因轉殖作物共存體系建構之研究

100年9月28日於種苗改良繁殖場舉辦「基因轉殖作物生物安全座談會」，邀請國立中興大學農藝系郭寶錚教授講授「花粉飄散模式與基因轉殖作物監測方式之建立」、逢甲大學地理資訊系統研究中心周天穎主任講授「利用GIS進行基因轉殖作物之監測」、農業試驗所生物技術組吳明哲組長講授「如何進行基因轉殖作物生物安全管理與隔離田間試驗」，並進行座談。

## 致謝

感謝農業試驗所謝光照研究員協助玉米花粉飄散試驗之進行。

## 參考文獻

1. Ahrent, D. K.and C. E.Caviness. 1994. Natural cross pollination of twelve soybean cultivars in Arkansas. Crop Sci. 34: 376–378
2. Austerlitz, F. and P. E. Smouse. 2001. Two-generation analysis of pollen flow across a landscape. II. relation between , pollen dispersal and interfemale distance. Genet. 157:851-857.
3. Bateman, A. J. 1947a. Contamination in Seed Crops. I. Insect Pollination. J Genet . 48:257-275.
4. Bateman, A. J. 1947b. Contamination in Seed Crops. II. Wind Pollination. Heredity. 1:235-246.
5. Bateman, A. J. 1947c. Contamination in Seed Crops. III. Relation with isolation distance. Heredity 1:303-336.
6. Beckie, H. J. and L. M. Hall. 2008. Simple to complex: modelling crop pollen-mediated gene flow. Plant Sci. 175: 615-628
7. Bergmans, B., F. Idczak, P. Maetz, J. Nicolas and S. Petitjean. 2008. Setting up a decision rule from estimated uncertainty: emission limit value for PCDD and PCDF incineration plants in Wallonia, Belgium. Accredit. Qual. Assur. 13:639-644.
8. Burns, M. and H. Valdivia. 2007. A procedural approach for the identification of sources of uncertainty associated with GM quantification and real-time quantitative PCR measurements. Eur. Food Res. Technol. 226:7-18.
9. Caviness, C.E. 1966. Estimates of natural cross pollination in Jackson soybeans in Arkansas. Crop Sci. 34: 376−378
10. Chiang, Y. C. andY. T. Kiang. 1987. Geometric position of genotypes, honeybee foraging patterns and outcrossing in soybean, Bot. Bull. Acad. Sinica 28: 1−11
11. Cundill, P. 1998. A study of the transport and deposition of oilseed rape (Brassica napus L.) pollen in east Fife, Scotland.Aerobiologia. 14:5-11.

12. Devos, Y. and M. Demont. 2008. Coexistence in the EU - Return of the Moratorium on GM Crops. Nat. Biotechnol. 26: 1223-1225.
13. Dijk, H. V. 1987. A method for the estimation of gene flow parameters from a population structure caused by restricted gene flow and genetic drift. Theor. Appl. Genet. 73:724-736.
14. Erickson, E.H. andM. B. Garment. 1979. Soya-bean flowers: nectary ultra-structure, nectar guides, and orientation on the flower by foraging honeybees. J. Apic. Res. 18: 3−11
15. Garber, G. J.and T. E. Odland. 1926. Natural crossing in soybean. Am. Soc. Agron. J. 18: 967−970
16. Gumisiriza, G. and P. R.Rubaihayo. 1978. Factors that influence outcrossing in soybean. Acker-und Pflanzenbau (J. Agron Crop Sci.) 147: 129–133
17. Islam, M. D., M. S. Turch and A. Cannavan. 2008. Comparison of methods for the estimation of measurement uncertainty for an analytical method for sulphonamides. Food Addit. Contam. Part A-Chem. 25:1439-1450
18. ISO. 2004. Conformity assessment – Vocabulary and general principles (ISO/IEC 17000:2004). Geneva, Switzerland. ISO.
19. ISO. 2005. General requirements for the competence of testing and calibration laboratories (ISO/IEC 17025:2005). Geneva, Switzerland: ISO.
20. Kikuchi, A.,K. Murata,K.Tabuchiand S, Sakai. 1993. Inheritance of seed embryo color and investigation of degree of natural cross-pollination in soybeans. Breeding Sci. 43 (Suppl. 2): 112
21. Macarthur, R., M. Feinberg and Y. Bertheau. 2010. Construction of measurement uncertainty profiles for quantitative analysis of genetically modified organisms based on interlaboratory validation data. J. AOAC Int. 93:1046-1056.
22. Marcó, A., R. Companyó, R. Rubio, M. Pueyo and E. Vilalta. 2007. Comparision of "bottom-up" and "top-down" strategies for the estimation of the uncertainty in organic elemental analysis. Microchim Acta 159: 387-393.
23. Mizuguti, A., K. Ohigashi, Y. Yoshimura, A. Kaga, Y. Kuroda andK. Matsuo.2010. Hybridization between GM soybean (Glycine max (L.) Merr.)and wild soybean (Glycine sojaSieb. et Zucc.) under field conditions in Japan. Environ. Biosafety Res.9:13-23.
24. Pérez, C. F., J. M. Gardiol and M. M. Paez. 2001.Comparison of intradiurnal variation of airborne pollen in Mar del Plata ( Argentina). PartI. Non-arboreal pollen. Aerobiologia. 17:151-163
25. Ray, J. D., T. C. Kilen,C. A. Abel andR. L. Paris. 2003. Soybean natural cross-pollination rates under field conditions. Environ. Biosafety Res. 2: 133−138

26. Rodomonte, A. L., A. Montinaro and M. Bartolomei. 2006. Uncertainty evaluation in the chloroquine phosphate potentiometric titration: Application of three different approaches. J. Pharm. Biomed. Anal. 42:56-63.
27. Smouse, P. E., R. J. Dyer, R. D. Westfall and V. L. Sork. 2001. Two-generation analysis of pollen flow across a landscape. I. Male gamete heterogeneity among females. Evolution 55:260-271
28. Trapmann, S., M. Burns, H. Broll, R. Macarthur, R.Wood and J. Žel. 2009. Guidance document on measurement uncertainty for GMO testing laboratories (EUR Report 22756 EN/2). Luxembourg , Luxembourg: Official Publications of the European.
29. Weber, C.R. andW. D. Hanson. 1961. Natural hybridization with and without ionizing radiation in soybeans. Crop Sci. 1: 389−392
30. Weber,C.R.andW. R. Fehr. 1967. Effect of hybridization and thermal neutron irradiation on quantitative characters of soybeans. Crop Sci. 7: 78
31. Woodworth, C. M. 1922.The extent of natural cross-pollination in soybeans. J. Amer. Soc. Agron. 14: 278−283
32. Yoshimura, Y., K. Matsuo and K. Yasuda.2006. Gene flow from GMglyphosate-tolerant to conventional soybeans under fieldconditions in Japan. Environ. Biosafety Res.5:169-173.
33. Žel, J., K. Gruden, K. Cankar, D. Štebih and A. Blejec. 2007. Calculation of measurement uncertainty in quantitative analysis of genetically modified organisms using intermediate precision: a practical approach. J. AOAC Int. 90: 582-586.