

國際種子檢查協會第 31 屆會員大會之種子研討會---國際種子研究學會報告--分子技術在種子檢查的應用 (ISSS collaboration session-cellular and molecular methods and new approaches to seed quality determination)

楊佐琦¹、沈翰祖¹、郭寶錚²、鍾文鑫²、楊雯如³

行政院農業委員會種苗改良繁殖場¹、國立中興大學²、國立臺灣大學³

本主題包含 7 篇論文宣讀及 18 篇海報發表，透過細胞學與利用分子技術分析種子的品質、活性與純度。於分子生物技術應用上，本次 ISTA 國際研討會中所發表之研究內容可分成，種子貯藏時間長短相關基因研究、區別種子不同變種差異研究、偵測 GMO 作物種子、種子活力與純度相關研究、鑑定外來入植物與雜草之研究等；而應用的分子技術包括，QTL 技術、SSR (simple sequence repeat) 分子標示技術、次世代定序(next generation sequencing, NGS) 技術。透過了這些分子技術，能夠更了解種子在性狀表現與遺傳基因之相關性，特別是在 GMO 作物種子的檢測上，生物技術已逐漸成為各種控管 GMO 作物擴散最重要的技術。

在細胞學相關研究方面，主要是透過研究種子細胞內之生理生化變化，了解與種子品質或貯藏期間相關物質的增減，包括與種子活力、種子發芽、貯藏期種子老化等相關酵素或物質的變化。另於與細胞學相關的研究，利用物理方式分析種子的活力、品質、受損及純度，包括照相配合電腦軟體影像分析、X-ray 與 Micro-CT 影像分析、種苗活力影像(seedling vigor imaging system) 分析系統等。上述細胞學的相關論文，特別是有關種子品質影像分析，在人員成本考量下，未來可能成為發展種子檢查的主流。Dr. Valerie Cockerell 介紹在種子傳播之病蟲害整合取樣及分析效應之取樣計畫。在實際種子檢測中可能會有許多影響病蟲害檢出率的挑戰，如：在種子批的不同位置其病蟲害盛行率可能會不同，在種子間病蟲害可能會有小尺度的聚集以及分析病蟲害是否存在的檢測方法並非完備。為了克服這些挑戰，可利用下述方法：

- (1) 改善基本樣本的樣本大小。
- (2) 改善工作樣本的樣本大小。
- (3) 改善分析方法其工作樣本中次樣本的樣本大小。

因此需開發統計模式已應用於可同時估計影響檢測病蟲害是否存在之取樣計畫的能力(power)。歐盟中的 TESTA 計畫探討四種病原是否在蕁苔屬中的種子批中存在。此計畫確定在每一種子批中當病蟲害盛行下其位置內(within-location)及位置間(between-location)變異大小。作者使用模式去估計從種子批中所需的最低樣本數以達到特定病蟲害偵測極限的需求。並且針對每一個特定病蟲害偵測極限，討論影響所需要工作樣本中樣本大小的因子。

在標準發芽試驗中正常苗的計算最多可能要進行 14 天。Dr. Alison Powell 提出了一個可以在 2 天內預測發芽及活力測驗結果的方法。研究中 12 個批次的油菜(OSR)之平均發芽時間(MGT)以人為及自動影像分析所獲得的 RE 值而得，可用來估計發芽試驗中正常苗的百分比。12 個其他物種在早期計算而得的 RE 可估計 MGT ($R^2 \geq 0.9$)及正常苗比例。並且 MGT 以及在早期所計算而得的 RE 用來預測 OSR 在田間的種子活力。9 個 radish 種子批中，MGT 及 RE 兩者可預測正常苗比例，並且此 9 個種子批的 MGT 以及單一 RE 用來預測在田間的種子活力(MGT, $R^2 = 0.92$; RE, $R^2 = 0.88$)。RE 也用來預測 6 個其他物種的田間種子活力。在不同實驗室能重複獲得 OSR 及 radish 的 RE 值，並可藉老化修補理論來解釋在 RE 值間的差異。這些結果說明了在種子檢測中的一些基本觀測值可用來發展出快速及自動種子品質檢測。單獨或多重 RE 值能夠以自動系統或低成本的人工方式而得，並且能被應用在例行的發芽及活力檢測。