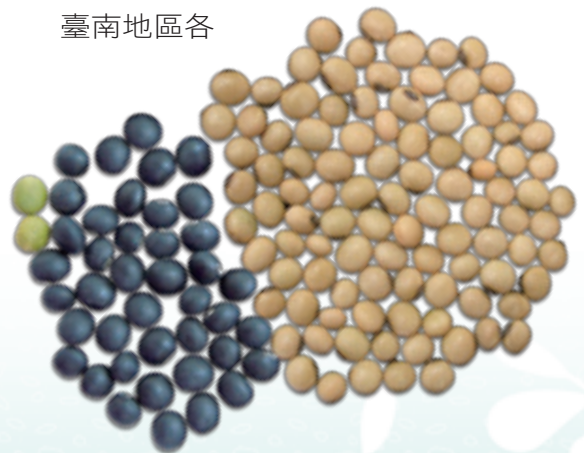




生物技術 研究室

基因轉殖作物檢監測技術之建立

- 一、參加「台美檢驗科技公司之能力測試玉米與大豆」，2014年第一次能力試驗共5個檢體，結果為滿意。
- 二、完成103年度大豆、玉米、木瓜盲樣測試及大豆混和玉米之盲樣測試。
- 三、完成103年度木瓜種苗業者抽樣檢測件數共七件；分別為農友種苗公司 (2件)、盛豐農藥行 (2件) 及榮興苗園 (2件) 及翠亨村園藝 (1件)，分別取樣2管檢體進行基因轉殖木瓜檢測。
- 四、利用衛星定位監測油菜作物，取樣點包括雲林縣虎尾、北港、元長、土庫及臺南市新營區共計13件。
- 五、完成春作19組市售商業品種硬質玉米之基因轉殖檢測，檢測結果均為非基改玉米。
- 六、日本委託之木瓜基因轉殖品系針對三組引子分別為PRSV-SC、CaMV 35SP及Chymopapain，件數28件進行報告分析及撰寫，並將結果當作未來合作之依據。
- 七、配合活化休耕政策，進行大豆契作農戶及專業農民大豆田抽樣檢測，計有嘉義地區各取樣兩個地點，分別為朴子市、東石鄉，共四件，雲林地區各取樣一個地點，分別為蔴桐鄉、東勢鄉、土庫鎮，共三件，臺南地區各



取樣一個地點，分別為善化區、下營區、麻豆區，共三件，高雄地區採集地點為美濃區一件，大寮區兩件，屏東地區採集地點為滿州鄉三件，總共5.7616公頃，並進行大豆基因改造檢測，結果均呈陰性 (非基改大豆作物)。

分子標誌輔助加工用途水稻產量模式之建立與應用

產量是水稻育種重要性狀之一，目前已有許多水稻產量相關性狀基因相繼被選殖並運用於分子標誌輔助選種過程。本研究針對國外已發表之產量相關基因，包含每穗粒數基因 (*IPA1*與*GNa*)、直立穗基因 (*DEP1*) 進行功能性分子標誌設計，並以回交方式將高每穗粒數等位基因 (*ipa1*與*Gn1a*) 與直立穗等位基因 (*dep1*) 導入5個臺灣優良秈梗稻品種當中。於單本植的BC3F3族群中進行相關農藝性狀調查，結果顯示帶有*ipa1*等位基因之臺南13號近同源系相對於臺南13號增加69.0%每穗穀粒數、19.6%株高與11.8%千粒重，但同時也降低了29.6%稔實率與63.4%單株分蘗數；帶有*Gn1a*等位基因之臺南13號近同源系相對於臺南13號增加26.1%每穗穀粒數，其餘性狀與臺南13號相比並無顯著差異；而帶有直粒穗等位基因*dep1*之臺南13號近同源系則呈現直立穗與半矮性株型。本計畫預計於BC3F3:4族群中，以多本植栽種模式評估以上3個等位基因在臺灣氣候條件與水稻遺傳背景中，對臺灣水稻品種的增產效果與應用之可能。

探討花期調節劑對文心蘭花期的調控機制

探討不同環境溫度與花期調節劑對文心蘭花期之影響，以評估花期調節劑施用與環境溫度因子之相關性。根據102年研究結果，在莖部找到參與文心蘭氧化還原代謝有關的monodehydroascobate reductase (MDHAR)，此酵素參與文心蘭抗氧化還原系統，推測花期調節劑調節文心蘭花期的調控機制，可能是改變文心蘭植株體內的氧化還原狀態。針對該基因與抗氧化還原系統中Ascorbate peroxidase (分有cytosolic APX和thylakoid APX 2種) 設計專一性引子，進行文心蘭植株在假球莖、莖的基因表現量分析。文心蘭‘檸檬綠’品種在日夜溫30/25°C之生長箱經花期調節劑處理，處理後cytosolic APX和thylakoid APX在莖部與假球莖的表現量無明顯差異。處理後第3-5天MDHAR在莖部的表現量增加，在假球莖的表現量則無明顯差異。將上述處理之假球莖部位進行維生素C氧化還原狀態含量測定，隨著藥劑處理後的天數增加，處理組的維生素C之還原態含量似乎有逐漸增加的趨勢，可能與維持植株營養生長狀態及延遲花期有關。之後將分析其他溫度環境下，花期調節劑處理與誘導新芽生長過程中的相關基因表現，以評估在不同季節時期進行花期調節劑施用條件的判斷依據。