

出國報告 (出國類別：研究)

出席第 6 屆水稻註解計畫研習會、第
6 屆稻米遺傳研討會、第 7 屆水稻功
能性基因體學國際研討會報告書

服務機關：行政院農委會台南區農業改良場、農業試驗所

姓名職稱：陳榮坤助理研究員、賴明信副研究員

派赴國家：菲律賓

報告日期：99 年 2 月 1 日

出國期間：98 年 11 月 14 日至 11 月 20 日

摘要

農委會農業試驗所作物組賴明信副研究員以及台南區農業改良場嘉義分場陳榮坤助理研究員出席菲律賓國際水稻研究所（International Rice Research Institute, IRRI）主辦之第6屆水稻註解計畫研習會、第六屆國際水稻遺傳研討會暨第七屆水稻功能性基因體之國際研討會，並分別於會場展示研究海報，期透過本次研討會與來自全球之水稻專家進行經驗交享並學習他國長處，並提升我國優質水稻產業於國際社會的知名度。研討會期間除與各國水稻研究學者經驗交流外，亦參與國際組織 I-OMAP（International Oryza Map Alignment Project）計畫討論，並參訪 IRRI，了解世界各國現今之水稻育種、栽培所面臨問題及其解決之策略與作法，提供我國稻作研究之參考。

目 次

壹、 目的	4
貳、 過程	5
參、 心得及建議	6

壹、 目的

第 6 屆水稻註解計畫研習會(Annotation Project 6 Workshop, RAP6)、第六屆國際水稻遺傳研討會(6th International Rice Genetic Symposium, 6th IRGS)暨第七屆水稻功能性基因體之國際研討會(7th International Symposium on Rice Functional Genomics, 7th ISRFG)菲律賓國際水稻研究所(International Rice Research Institute)機構主辦，是一年一度水稻功能性基因體研究和每五年水稻遺傳研究大型盛會，邀請了亞、歐、美許多著名的研究學者共同參與，參與學者超過 800 人。此次研討會由農委會農業試驗所作物組賴明信副研究員以及台南區農業改良場嘉義分場陳榮坤助理研究員出席，並分別於會場展示研究海報，題目為「以人工雜交方法組合不同轉殖基因於同一優良水稻品系」以及「水稻雜交早期世代食味品質性狀選拔之建立」，期透過本次研討會與來自全球之水稻專家進行經驗交享並學習他國長處，並提升我國優質水稻產業於國際社會的知名度。

貳、 過程

日期	地點	行程內容
11 月 14 日（星期六）	台北至菲律賓馬尼拉	搭乘 13:50 中華航空 CI703 班機，15:55 抵達馬尼拉
11 月 15 日（星期日）	菲律賓馬尼拉	報到，並參加水稻註解計畫講習會(RAP6)
11 月 16 日（星期一）	菲律賓馬尼拉	參加開幕式以及 IRRI 第六屆國際稻米遺傳研討會暨第七屆水稻功能性基因體之國際研討會
11 月 17 日（星期二）	菲律賓馬尼拉	參加 IRRI 第六屆國際稻米遺傳研討會暨第七屆水稻功能性基因體之國際研討會
11 月 18 日（星期三）	菲律賓馬尼拉	參加 IRRI 第六屆國際稻米遺傳研討會暨第七屆水稻功能性基因體之國際研討會
11 月 19 日（星期四）	往返菲律賓馬尼拉與洛斯巴諾斯（Los Banos）	參訪 IRRI
11 月 20 日(星期五)	菲律賓馬尼拉至台北	搭乘 10:45 中華航空 CI702 班機，12:45 抵達台北

參、心得及建議

水稻註解計畫(RAP)係成立於 2003 年，目前由日本主導，其成立宗旨係透過 RAP 相關會議與全球的科學家進行電腦分析以及生物資料管理技術議題經驗交流，從而定義與確認水稻基因組之相關基因功能。RG6 與 ISRFG 係為聯合舉辦，活動主題包括演化基因體學、基因體構造、功能性基因體學、發育基因體學、非生物逆境基因體學、疾病與昆蟲抗性、穀類品質與營養、產量與雜種優勢(heterosis)、育種方法等。此外，會場提供與會者展示最新科技與產品，展示者也可藉此活動平台，提升稻米產業技術與市場交流的機會。

國際水稻遺傳研討會每四到五年由國際水稻研究所(International Rice Research Institute, IRRI)召開。此次會議共有 800 餘位來自世界各地的水稻研究學者參與，除了有 21 位研究學者的主題演講以及兩天下午八個場次的專題演講外，第一天的開幕式乃由泰國的公主以農業生物科技對人類的貢獻為主題致詞，足見此會議受到亞洲甚至全世界的重視。

一、人員交流

本次會議安排在菲律賓馬尼拉舉行，會議前一天搭乘華航班機，傍晚投宿於大會附近之旅館，在此旅程途中和隨行目前任職於中央研究院植物暨微生物所的邢禹依博士、台灣大學農藝系林彥蓉博士、輔仁大學侯藹玲博士針對目前台灣水稻基因體研究之進展與方向互相交流意見，並討論日後之研究方向。第二日前往大會會議場，進行註冊、張貼海報。在此會議的進行議程四天中，與日本

學者 Drs. M. Yano、IRRI 國際水稻研究中心 Drs. H. Leung、D. Brar、M. Thomson 等人進行學術交談，進一步瞭解每個實驗室之目前研究課題與進展。

二、研討會參與內容

此次研討會探討的主題非常的廣，除了六場的 Plenary Sessions 進行 Keynote Speech 外，將近有八場 Concurrent Sessions 之 workshops，依研究的領域於第六屆國際稻米遺傳研討會暨第七屆水稻功能性基因體之國際研討會第一天（11/16）參與兩場之 plenary sessions，分別涵蓋水稻遺傳歧異度、穀類作物之比較基因體學和水稻跳躍子在禾本植物基因體之分佈，以及水稻功能性基因體之研究：以跳躍子活化標定水稻耐逆境和植物營養性狀、水稻 small RNA 之研究和鐵於稻米穀粒之吸收與轉運；第二天（11/17）早上參與兩場之 plenary sessions，分別涵蓋以次世代定序水稻種源探勘基因體歧異度、組蛋白修飾對於水稻 epigenetic 之調控、水稻內生之免疫性、水稻耐浸淹之遺傳與調控機制和吉貝素影響水稻莖桿直徑因而影響產量，下午的 concurrent session 參與演化遺傳學和非生物逆境之演講，以及參與晚上之工作會議討論野生稻之應用及溫帶型梗稻之研究；第三天（11/18）參與兩場之 plenary sessions，分別涵蓋野生稻之有益遺傳資源於水稻育種和基因體研究、水稻雜種優勢與產量之關係、穀類作物之分子育種策略、整合基因體研究於水稻育種之應用、抗稻熱病之分子機制和以基因轉殖策略應用於水稻育種，和下午的 concurrent session 參與稻米品質與營養和水稻育種應用；以及第四天（11/19）參訪國際水稻研究所，參觀實驗田、野生稻栽培區、耐逆境育

種設施與成果等。除此之外，利用空檔之餘閱讀張貼學術海報和瀏覽參展的廠商攤位，有將近 450 幅與水稻相關之研究的海報，研究的議題包羅萬象；而廠商參展最新應用於基因體研究之儀器設備與技術服務，從中瞭解如何將最新的技術可應用於研究中。因此，整個會議的行程非常緊湊、內容充實，在為期四天的會議期間內，增加不少新知。

三、與會心得

本屆會議討論的主軸包含人道主義以及環境變遷在水稻遺傳研究上的思考，因此可以發現有許多的研究致力於耐淹水及耐逆境的控制基因的關聯性或相關品種的育成，另一個研究方向在於野生水稻種原的探討，增加更多的遺傳組成以應對未來多變的環境。因此有許多研究的材料並非栽培品種或常用品系，而是由各地蒐集或由 IRRI 種原庫中收集的野生種。茲將心得綜述如下：

1. 水稻的馴化過程與分類：

在 Plenary Sessions 中，首先由康乃爾大學的 Dr. S. McCouch 探討水稻的馴化過程，在這馴化過程中，抽穗期、成熟期、種籽的脫粒性、休眠、顏色、大小、型態、產量、烹飪品質等農藝性狀扮演重要的角色，在馴化過程中，栽培種水稻之基因池因 bottleneck 的效應而大大降低，她也提及如何從栽培水稻近親的野生水稻增加目前水稻的基因池；並指出了利用 re-sequencing 對目前的水稻栽培種 *Oryza sativa* 進行分析，分析結果顯示 Japonica type 可細分為：溫帶日本型、熱帶日本型和 Aromatic rice 等 3 群；Indica type 則可區分為 Indica 和 Aus 二種類型，

這與利用簡單重複性序列(SSR)分子標誌的分析結果相同。然而，在演講的另一部分中曾提到，日本型與印度型水稻在控制脫粒性這一基因的序列上差異不大。水稻就文獻指出，日本型水稻分部是位在喜馬拉雅山以北、中國南部地區，印度型水稻則是在喜馬拉雅山以南至印度這些地區，就馴化的角度而言，是什麼原因令這二個不同的種對同一個基因有著相似的突變？突變在自然界中是隨機發生，是否有可能出現二個不同的種確帶有著相似的突變結果？還是此一突變出現的時間比日本型跟印度型出現的時間更早？人們先找到了不具脫粒性的植株後，因居住地的不同、生活習慣的不同而逐漸培育出了現今的日本型跟印度型水稻？

2. 將遠源種之有利基因導入現有優良栽培種中：

因長久的育種結果使目前栽培種水稻的基因歧異度大幅下降，為此育種家們希望透過遠源種的利用，將有利的基因置入現有優良栽培種中。但出現了傳統育種上最難以克服的問題－雜交不親和。經 Dr. Dayun Tao 的研究在陸續在 AA genome 稻種的染色體定位出與雜交不親和的有關的 QTLs，希望藉由對這些 QTLs 的研究能對雜交不親和的機制有更進一步的了解，使未來的育種家們能有更廣泛的育種資源可運用在水稻的育種研究上，以因應未來因人口和環境帶來的糧食危機。藉由 Dr.Ryuji Ishikawa 的演講知道了日本在種原的收集和利用上有著長遠的眼光，核心種質收集(Core Collection)的建立是一很浩大的工程，它包含了種原的收集、分類，以及最為繁瑣的工作－種原的維持。透過有系統的收集、研究並加

以分類可為未來的日本學者和育種家們留下珍貴的材料。因在該國收集的種原中包含了現有各種不同基因組的水稻(AA 至 HHJJ)，這些野生種逐漸因人為造成的棲地破壞而消失，但這些野生種或許帶有許多珍貴的基因資源可用於現有的作物改良中。

3. 參與第四屆 I-OMAP Grand Challenge Meeting：

此次研討會行程中，亦參與國際組織 I-OMAP (International Oryza Map Alignment Project,) 計畫，台灣將以次世代定序儀進行亞洲稻一年生祖先 *Oryza Nivara* 之基因體定序，參與的其他會員國成員亦報告其進度。

在全世界栽培廣泛的水稻栽培種以 *Oryza glaberrima* 和 *O. sativa*，前者僅在非洲種植，而後者主要在亞洲和世界其他各地栽培，雖說水稻已經過 9000 年的馴化栽種，優良的栽培種和散佈各地之 landrace 也有數千品系之多，然而此二栽培種同屬於 AA genome，基因池 (gene pool) 仍有限。為了增加水稻遺傳歧異度，將從野生水稻著手，將野生水稻擁有之優良基因，如抗病、抗蟲、高穀粒數目等，導入到栽培種，提高產量和增加抗性減少農藥之使用。目前，美國亞利桑納州立大學附屬的亞利桑納基因體機構 (Arizona Genomic Institute) 的執行長 Dr. Rod A. Wing 進行屬於同 *Oryza* 屬的野生水稻分別屬於其他個基因體 (BB, CC, BBCC, CCDD, EE, FF, GG, JJHH, KK, HHKK 和 GG) 建構細菌人工染色體基因庫以進行大量基因體解序，已從所未有系統的方式瞭解每個基因在演化、生理和生化所扮演的角色，這些結果除了應用在水稻育種上亦可應用於其他的農作育種，

也可以探討在演化過程中基因體大小的差異和 genome organization 的改變。因此邀請各國參與此國際性研究，以次世代定序儀和序列分析，進行許多同為 A genome 之野生稻之基因體定序。並討論未來野生稻基因體定序資料、分子標幟資料等如何增進水稻之研究與育種之應用。台灣亦參與其中，以中研院植物暨微生物研究所邢禹依博士為總主持人、結合台灣大學農藝系林彥蓉博士以及農試所賴明信博士、李長沛博士共同執行此計畫—進行栽培稻（*O. sativa*）一年生祖先 *O. nivara* 之基因體定序、探勘基因、應用於水稻育種。

4. 參訪國際水稻研究所

大會安排參訪國際水稻研究所（IRRI），IRRI 規畫七處不同研究材料主題的區域，由於參訪人數眾多，每一主題僅參觀十五分鐘，並有一位主持人進行解說。其中，IRRI 利用野生稻的雜交，增加水稻品種的生物耐性與抗逆境的能力，最令人印象深刻。*Oryza* 屬中，包含 22 種野生品種、十種基因體組成，這些野生種具有許多重要的 QTLs(例如抗病基因)，藉此來改善栽培種水稻的基因組成。雖然在研究過程中，會遭遇到低雜交率(low crossability)、不稔率提升(increased sterility)及低重組率(reduced recombination)，使基因轉至栽培稻的工作更為困難，但是現今利用先進的細胞培養技術、分子標幟的輔助及對於基因體知識的長足進步，使這些限制可以突破。另外，在 IRRI 亦使用胚培養(embryo rescue)及 genomic in situ hybridization (GISH)來增加基因轉入效率。現今已有許多抗逆境品種釋出，例如 AS996 品種是將 *O. glaberrima* 抗硫酸環境基因成功導入 *O. sativa* 基因中。

未來的 IRRI 研究將會著重於：

- (1) 將抗紋枯病及抗二化螟蟲基因導入栽培水稻中。
- (2) 將 *O. glaberrima* 基因導入 *O. sativa*，使 *O. sativa* 具有抗生物及非生物逆境的能力，特別是針對乾旱、水稻紋枯病的抵抗能力研究。
- (3) 定位出 BPH 及 tungro 的 QTLs，再進一步應用於 MAS 中。
- (4) 發展出染色體片段置換系(CSSLs)群體用於功能性基因體學的研究。
- (5) 使用快中子、 γ 射線、diepoxybutane 或 EMS 造成長片段刪除、小片段刪除、點突變，建立誘變族群。經突變劑處理過的個體，再進行聚合酵素鏈鎖反應(PCR)、微陣列及基因表現分析或 TILLING 技術分析，找出突變的位置，再依照實驗需求，做進一步的個體篩選。

四、建議

自從水稻基因體定序完成後，相關的研究轉項功能性基因體及比較基因體研究，所以國際合作的基因體註解計畫已提出多次更新版本，主要是對於數量基因或 MiRNA 的新發現，並有大規模的逆向遺傳研究以插入突變的技術，解開未知基因的功能之謎。近來更由於新一代定序技術的發展，使得定序得以更加快速並降低成本，因此有許多研究便已定序為基礎，研究稻種的演化與親緣關係，以及建立高密度的分子標記，作為分子育種之基礎。我國稻作育種相關研究人員約僅不超過 50 人，如何藉由國際稻米研究經驗改善我國稻作育種及栽培上的困

境，為稻作人員努力的方向。因此建議國內主管單位應建立並提供國際研究單位的聯繫或合作管道，協助國內稻作研究人員了解世界稻作發展現況。

此外，全球暖化造成的極端氣候和病蟲害加劇，亦為目前稻作研究人員遭遇的重要問題，為了及時因應重大變化，必須加強國際合作，引進國外技術與成果，運用各種方法提高育種效率並縮短育種時程。然而地區性的問題仍然須由當地的研究團隊自行解決，例如台灣稻熱病、白葉枯病等病菌生理小種或其它蟲害，與其它地區、國家不同，無法依賴引進相關種原材料解決國內相關問題，必須藉由國內外新進技術，開發適於台灣地區環境栽培的抗逆境品種。建議主管單位重視極端氣候及病蟲害的基礎、應用研究，在國內病蟲流行學部份尤應加強，整合團隊給予必要支援。