

# 出國報告（出國類別：國際會議）

## 出席第 18 屆國際植物學會議

服務機關：行政院農委會高雄區農業改良場

姓名職稱：蔡奇助副研究員

派赴國家：澳洲墨爾本

出國期間：100 年 7 月 23~30 日

報告日期：100 年 9 月 18 日

## 摘要

第 18 屆國際植物學會議(International Botanical Congress)在澳洲墨爾本舉辦，會議主席為 Judy G. West 博士，研討會進行 7 天，總計來自世界各國將近 2000 位學者參與此盛會，其中台灣有 17 位學者參加，中國大陸有 124 位參加此盛會。內容涵蓋，氣候變遷、上位遺傳、小分子 RNA、訊息傳遞、植物分類、植物生態、植物環境、經濟植物、遺傳、基因組、生物資訊、植物生理、植物生化、植物發育與細胞、植物系統演化及生物多樣性等最新的研究，主要是針對植物基因調控、基因體、上位遺傳與微 RNA(microRNA)方面新的研究方向與技術，收穫甚多。心得與建議包括：次代 DNA 讀序技術(Next Generation DNA Sequencing)在植物學的各領域被大量應用，確實可以提升研究的廣度與深度，未來台灣在這方面的研究應多支持，並且也要鼓勵學子從事生物資訊方面的研究，將有助於次代 DNA 讀序的發展。此外，由於目前臺灣各大專院校都將動物與植物方面的系所進行合併，造成植物方面的科研人才急速萎縮，這是值得省思問題。在科學研究國際化上，相較於中國大陸，臺灣在補助學子或科學人才出國進行長期或短期進修的管道與機會明顯少，加上臺灣被定位為已開發國家，學子也不容易申請到海外獎學金，造成臺灣現今科學研發人才國際化的程度低，因此建議應該要提供更多的管道讓學子或科學研發人才出國，這是臺灣展現國際實力的後盾。

## 目錄

一、目的-----	4
二、行程表及內容-----	5
三、研討會紀要-----	6
四、心得與建議-----	7
五、附件-----	9

## 一、目的

國際植物學會議(International Botanical Congress)每 6 年舉行一次，第 18 屆國際植物學會議在南半球的澳洲墨爾本舉行，是植物學領域相關研究最重要的學術會議。本次的國際植物學會議內容涵蓋氣候變遷、上位遺傳、小分子 RNA、訊息傳遞、植物分類、植物生態、植物環境、經濟植物、遺傳、基因組、生物資訊、植物生理、植物生化、植物發育與細胞、植物系統演化及生物多樣性等，內容從傳統的植物學分類、生態，到小分子 RNA、生物資訊及基因組等新的植物學研究領域，研討內容豐富，具深度與廣度，可提供農業科技相關領域新的研究思維。蝴蝶蘭是目前臺灣最重要的花卉產業，每年產值約 25 億元，台灣在蝴蝶蘭的種原、種苗生產與栽培技術方面居於領先地位，為使臺灣蝴蝶蘭產業能永續發展，近幾年臺灣也投入不少人力與物力從事蝴蝶蘭基因體、基因調控方面的研究。本次出國目的在了解目前國際在植物基因調控、基因體、上位遺傳與微 RNA(microRNA)方面新的研究方向與技術，使之未來能應用於蝴蝶蘭的研究上，以提升臺灣蝴蝶蘭產業的競爭力。

## 二、行程表及研習內容

### 「第 18 屆國際植物學會議」行程內容 *XVIII International Botanical Congress*

23<sup>nd</sup>-30<sup>th</sup> Jul 2011

時間		地點	行程內容	
7 月 23 日	(六)	高雄、香港、澳洲(住宿：墨爾本)	高雄小港機場->香港機場->澳洲墨爾本國際機場	
7 月 24 日	(日)	澳洲墨爾本商業展覽中心 (住宿：墨爾本)	抵達會場及註冊 開幕式及專題演講	
7 月 25 日	(一)		Else Friis 教授專題演講 David Fischhoff 教授專題演講 專題研討~植物種化 專題研討~生物製程限制下的食物安全 一般研討：包含生態、環境、經濟植物、遺傳、基因組、生物資訊、生理、生化、發育與細胞、系統演化及生物多樣性等 10 組	
7 月 26 日	(二)		Gerard Oostermeijer 教授專題演講 Przemyslaw Prusinkiewicz 教授專題演講 專題研討~植物多樣性的過去、現在與未來 專題研討~上位遺傳與小分子 RNA 一般研討：包含生態、環境、經濟植物、遺傳、基因組、生物資訊、生理、生化、發育與細胞、系統演化及生物多樣性等 10 組	
7 月 27 日	(三)		Tetsuya Higashiyama 教授專題演講 Zander Myburg 教授專題演講 專題研討~氣候變遷與適應 專題研討~生殖生物學 自由參觀	
7 月 28 日	(四)		Peter Quail 教授專題演講 Jonathan Wendel 教授專題演講 專題研討~21 世紀植物分類 專題研討~新的訊息分子 一般研討：包含生態、環境、經濟植物、遺傳、基因組、生物資訊、生理、生化、發育與細胞、系統演化及生物多樣性等 10 組	
7 月 29 日	(五)		Mike Crisp 教授專題演講 Chris Somerville 教授專題演講 專題研討~植物多樣性及生態 專題研討~現在生物學在降低蟲害威脅與全球食物安全之角色 一般研討：包含生態、環境、經濟植物、遺傳、基因組、生物資訊、生理、生化、發育與細胞、系統演化及生物多樣性等 10 組	
7 月 30 日	(六)		澳洲、高雄、屏東(住宿：屏東)	澳洲墨爾本國際機場->香港機場->高雄小港機場出關->屏東

### 三、研討會記要

第 18 屆國際植物學會議主席由澳洲國家植物園主席 Judy G. West 博士擔任，來自 73 個國家，總計將近 2000 人參加，其中台灣有 17 位參加，分別來自中央研究院、各大專院校、林試所與筆者。值得一提的是大陸有 124 位參加，可見中國大陸學者現今也相當積極參與國際研討會。此次國際植物學會議所研討的方向包含植物學各個領域，因此參與的人多且研討的內容豐富。每天重要的行程如下：

7 月 24 日報到、開幕式及歡迎酒會。

7 月 25 日首先由 Else Friis 教授進行一場專題演講，題目為「The 'abominable mystery' solved - the origin of flowering plants」，以及 David Fischhoff 教授進行另一場專題演講，題目為「Technological innovations for tomorrow's crops」。隨後進行「植物種化」與「生物製程限制下的食物安全」兩場的專題研討。然後進行包含生態、環境、經濟植物、遺傳、基因組、生物資訊、生理、生化、發育與細胞、系統演化及生物多樣性等 10 組的分組研討。

7月26日首先由 Gerard Oostermeijer 教授進行一場專題演講，題目為「Integrating genetic and ecological data in plant conservation」，以及 Przemyslaw Prusinkiewicz 教授進行另一場專題演講，題目為「Plant modelling」。隨後進行「植物多樣性的過去、現在與未來」與「上位遺傳與小分子RNA」兩場專題研討。然後進行包含生態、環境、經濟植物、遺傳、基因組、生物資訊、生理、生化、發育與細胞、系統演化及生物多樣性等10組的分組研討。

7 月 27 日分別由 Tetsuya Higashiyama 教授進行一場專題演講，題目為「Live cell analysis of plant fertilisation」，以及 Zander Myburg 教授進行另一場專題演講，

題目為「The *Eucalyptus grandis* genome sequence」。隨後進行「氣候變遷與適應」與「生殖生物學」兩場專題研討。下午行程自由參觀，筆者去參觀墨爾本植物園。

7月28日分別由 Peter Quail 教授進行一場專題演講，題目為「Phytochrome photosensory signaling and transcriptional networks」，以及 Jonathan Wendel 教授進行另一場專題演講，題目為「Genes, jeans and genomes: exploring the mysteries of polyploidy in cotton」。隨後進行「21世紀植物分類」與「新的訊息分子」兩場專題研討。然後進行包含生態、環境、經濟植物、遺傳、基因組、生物資訊、生理、生化、發育與細胞、系統演化及生物多樣性等10組的分組研討。

7月29日分別由 Mike Crisp 教授進行一場專題演講，題目為「Evolution of the Australian flora through the last 65 million years」，以及 Chris Somerville 教授進行另一場專題演講，題目為「Cellulose synthesis」。隨後進行「植物多樣性及生態」與「現在生物學在降低蟲害威脅與全球食物安全之角色」專題研討。然後進行包含生態、環境、經濟植物、遺傳、基因組、生物資訊、生理、生化、發育與細胞、系統演化及生物多樣性等10組的分組研討。

#### 四、心得及建議

##### 1. 國際研討會的價值：

本次國際研討會在澳洲墨爾本商業中心舉辦，借用國際商業展覽中心場地舉行，不僅具有氣派的場地與豪華設備，研討會分成好幾個場地同時進行，由於資料充足與標示清楚，每一個與會者皆能依照各自的專長與興趣，參加不同的主題，加上舉辦場地交通方便，所以整體而言即為成功，與會者皆能滿載而歸。

##### 2. 海峽對岸研發人員積極參與國際活動：

中國大陸現在參與國際研討會的相當踴躍，可見中國大陸現在不僅具有很強的經濟實力，在科學研究方面的軟實力也在積極培育，不僅鼓勵出國進修，也鼓勵積極參與國際活動，未來的科學研發將無可限量。由於臺灣已經被認定為已開發國家，所以在海外的留學生較難申請到獎學金，加上目前政府提供海外求學的獎助機會少，使臺灣下一代未來在國際化程度方面堪慮，建議應該多提供國人出國長期或短期進修的機會，以提昇國人的國際視野。

### **3. 次代 DNA 讀序的應用：**

本次會議可以發現在植物學各個領域都廣泛應用次代 DNA 讀序技術 (Next Generation DNA Sequencing)，使研究的廣度與深度都有很明顯的進步，新的分子生物工具確實可以對生物學相關的研究開創一個新的領域。

### **4. 臺灣植物學人才的快速萎縮：**

臺灣各大專院校早期還有許多單獨的植物學系，但隨著生命科學的研究受到重視，很多學校都將動物與植物方面的系所進行合併，由於許多學習動物的學生在進入研究所時可以走向醫學方面的研究，因此選擇以動物領域為專長的學生就相當多，造成植物方面的科研人才急速萎縮。此外，目前很多學校現在都廣設生物科技系，由於太早接觸生物科技的相關學門，卻不重視動物、植物方面的基礎科學，如植物分類學、植物生理學、植物生態學等，容易因為基礎不夠紮實而使研究論文貽笑國際，這是值得省思的問題。



## 五、附件

### 1. 發表論文內容

#### **Molecular phylogeny and biogeography of *Paphiopedilum pfitzer* (Orchidaceae) based on nuclear and plastid DNA**

**Tsai, CC1**, Chiang, YC2, Huang, SC3, Lee, YI4, Chuang, HT1, Chou, CH5

1Kaohsiung District Agricultural Research and Extension Station; 2National Pingtung University of Science and Technology, Taiwan; 3Agricultural Research Institute; 4National Museum of Natural Science; 5Research Center for Biodiversity, China Medical University

#### **Abstract**

The phylogeny and biogeography of the genus *Paphiopedilum* were evaluated using phylogenetic trees derived from analysis of nuclear ribosomal ITS sequences, the plastid *trnL* intron, the *trnL-F* spacer, and the *atpB-rbcL* spacer. This genus was divided into three subgenera: *Parvisepalum*, *Brachypetalum*, and *Paphiopedilum*. Evaluation of these sequences together provides higher resolution and better bootstrap support than examination of any of the sequences individually. Based on the phylogenetic tree derived from the combined data, we demonstrate that each subgenus is monophyletic. Within the subgenus *Paphiopedilum*, five sections including *Coryopedilum*, *Pardalopetalum*, *Cochlopetalum*, *Paphiopedilum*, and *Barbata* are divided. The section *Coryopedilum* was not identified as monophyletic. Instead, it forms a clade with the section *Pardalopetalum*. This result suggests that these two sections could be combined. In addition, it was found that the subgenus *Parvisepalum* also showed a monophyletic character and was located as the basal lineage of this genus. Therefore, we considered the subgenus *Parvisepalum* as the origin group of

genus *Paphiopedilum*. The evolutionary trend of genus *Paphiopedilum* was deduced based on the most parsimonious tree constructed from the combined sequence data. Based on the observed evolutionary trends, it is likely that *Paphiopedilum* species were first developed in southern China and were dispersed into Southeast Asia and the Southeast Asian Archipelagoes. The subgenera *Brachypetalum* and *Paphiopedilum* likely developed after this dispersal event.

### Introduction

*Paphiopedilum* Pfitzer belongs to the orchid subfamily *Cypripedioideae* Lindley. This subfamily includes only five genera: *Cypripedium*, *Mexipedium*, *Paphiopedilum*, *Phragmipedium*, and *Selenipedium*. Of these genera, two (*Mexipedium* and *Selenipedium*) are monotypic genera, a finding supported by ITS sequence analysis. These five genera are distributed in separate and restricted geographical ranges. *Paphiopedilum* is distinguished from genera *Cypripedium* and *Selenipedium* by its conduplicate coriaceous leaves, as opposed to the plicate persistent leaves of the latter two genera. Furthermore, *Paphiopedilum* differs from *Phragmipedium* and *Mexipedium*, as they display imbricate sepal veneration, different chromosome base numbers, and a unilocular ovary. *Paphiopedilum* is a genus of tropical Asiatic origin and its range extends eastward, reaching the Philippines, Southeast Asia, Borneo, and the Malay Archipelago, crossing Wallace's Line into Sulawesi, the Moluccas, New Guinea, and the Solomon Islands. The aim of the present study is to further elucidate the phylogeny of *Paphiopedilum* through analysis of plastid DNA sequence data. This work analyzed the *trnL* intron, the *trnL-F* and *atpB-rbcL* spacers, and the ITS sequences of nuclear ribosomal DNA to improve the phylogenetic characterization of the genus *Paphiopedilum*. In addition, the biogeography of this genus was clarified, based on the phylogenetic tree derived from the molecular evidence.

## Materials and Methods

78 species of the genus *Paphiopedilum* plus two species from the related genus, were adopted for this study. Pictures of two taxa were shown in Fig. 1. Total DNA was extracted from fresh leaves by use of CTAB method. PCR amplification and DNA sequencing were performed based on the recommendations of the manufacturers. Data analysis was completed using the MEGA program of version 4.1. These data were then used to construct a tree using the Neighbor-joining method and Maximum parsimony.

## Results and Discussion

The phylogeny of *Paphiopedilum* were evaluated using phylogenetic trees derived from analysis of nuclear ribosomal ITS sequences, the plastid *trnL* intron, the *trnL*-F spacer, and the *atpB-rbcL* spacer. This genus was divided into three subgenera: *Parvisepalum*, *Brachypetalum*, and *Paphiopedilum*. Evaluation of these sequences together provides higher resolution and better bootstrap support than examination of any of the sequences individually. Based on Neighbor-joining (NJ) (Fig. 2) and maximum parsimony (MP) (Fig. 3) trees derived from the combined data, we demonstrate that each subgenus is monophyletic. Within the subgenus *Paphiopedilum*, five sections including *Coryopedilum*, *Pardalopetalum*, *Cochlopetalum*, *Paphiopedilum*, and *Barbata* are divided. The section *Coryopedilum* was not identified as monophyletic. Instead, it forms a clade with the section *Pardalopetalum*. This result suggests that these two sections could be combined. In addition, it was found that the subgenus *Parvisepalum* also showed a monophyletic character and was located as the basal lineage of this genus (Figs. 2 and 3). Therefore, we considered the

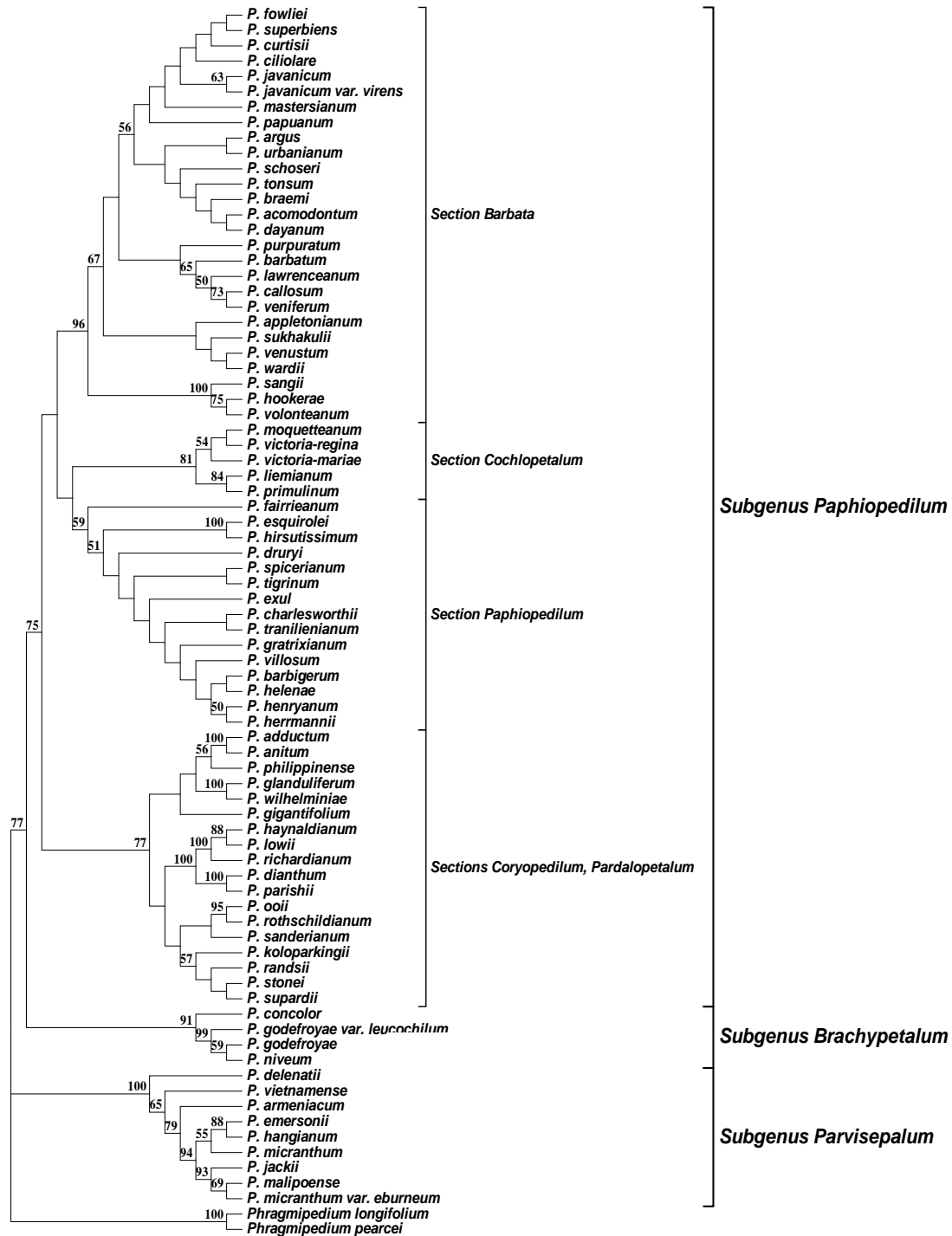
subgenus *Parvisepalum* as the origin group of genus *Paphiopedilum*. The evolutionary trend of genus *Paphiopedilum* was deduced based on the most parsimonious tree constructed from the combined sequence data. Based on the observed evolutionary trends, it is likely that *Paphiopedilum* species were first developed in southern China and were dispersed into Southeast Asia and the Southeast Asian archipelagoes. The subgenera *Brachypetalum* and *Paphiopedilum* likely developed after this dispersal event (Fig. 4).

### References

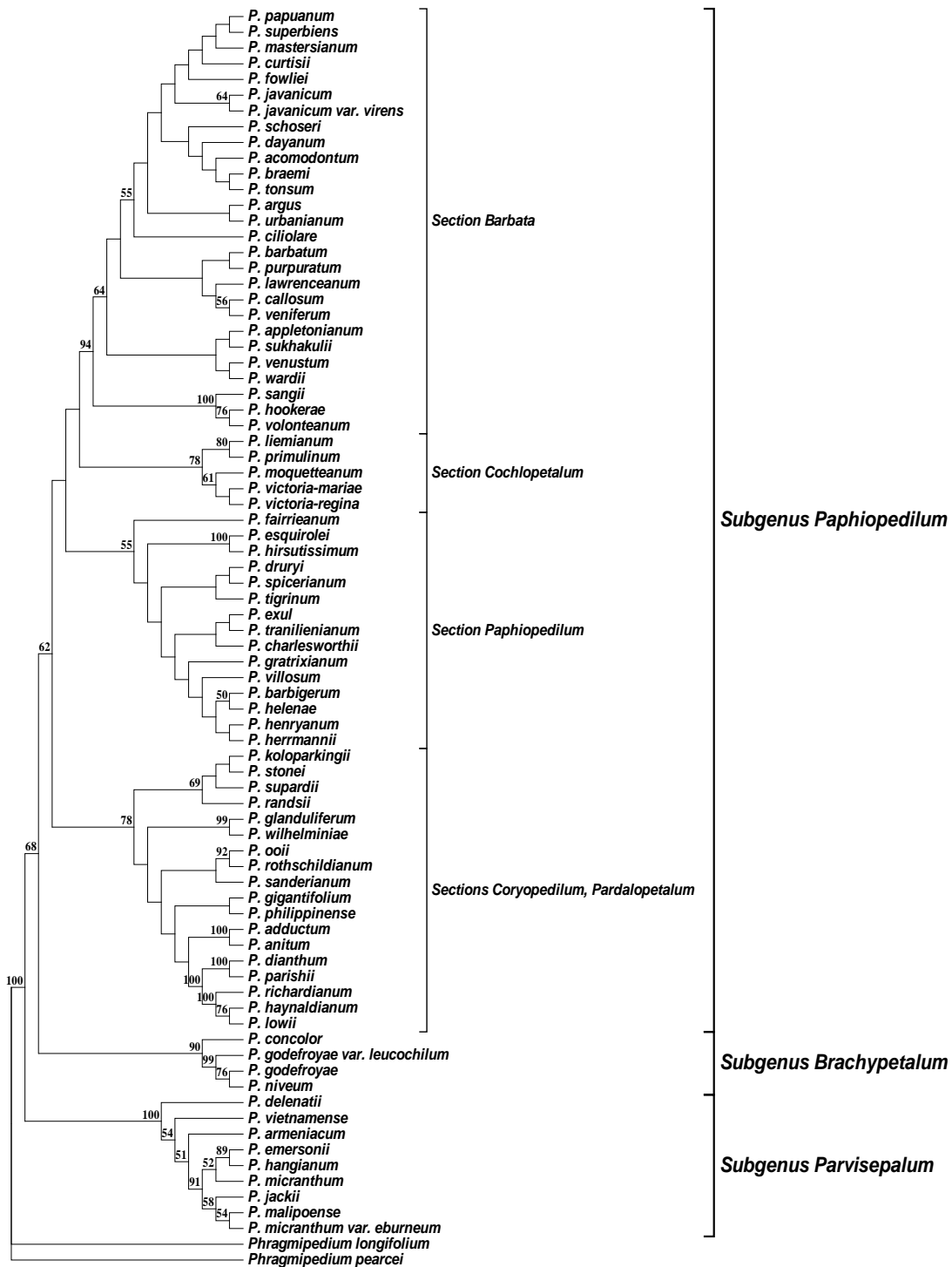
- Albert, V.A., Chase, M.A., 1992. *Mexipedium*: a new genus of slipper orchid (Cypripedioideae: Orchidaceae). *Lindleyana* 7, 172-176.
- Cox, A.V., Pridgeon, A.M., Albert, V.A., Chase, M.W., 1997. Phylogenetics of the slipper orchids (Cypripedioideae: Orchidaceae); Nuclear rDNA sequences. *Plant Syst. Evol.* 208, 197-223.
- Cribb, P., 1998. *The Genus Paphiopedilum*, second edition. Kota Kinabalu, Sabah, Malaysia: Natural History Publications (Borneo) in association with Royal Botanic Gardens, Kew, 427 pp.



**Fig. 1.** Pictures of two *Paphiopedilum*



**Fig. 2.** Neighbor-joining tree resulting from analysis of the combined data matrix (nuclear ribosomal ITS, plastid *trnL* intron, *trnL*-F spacer, and *atpB-rbcL* spacer) from 78 *Paphiopedilum* and 3 outgroup species. Bootstrap values > 50% are shown on each branch.



**Fig. 3.** The strict consensus of all most parsimonious trees resulting from analysis of the combined data matrix (nuclear ribosomal ITS, plastid *trnL* intron, *trnL*-F spacer, and *atpB-rbcL* spacer) from 78 *Paphiopedilum* and two outgroup species. Bootstrap values > 50% are shown on each branch.



**Fig. 4.** The evolutionary trend of the genus *Paphiopedilum*, drawn on the map of geographical distribution, based on the parsimonious phylogenetic tree.



## 2. 本次國際研討會相關照片



第 18 屆國際植物學會議參加盛況



歡迎晚會表演



歡迎晚會表演



澳洲國家植物園主席 Judy G. West 博士擔任本次國際植物學會議的主席



海報展示場景



筆者和與會學者合照



8月26 下午參觀墨爾本植物園



墨爾本植物園內的巨大裸子植物