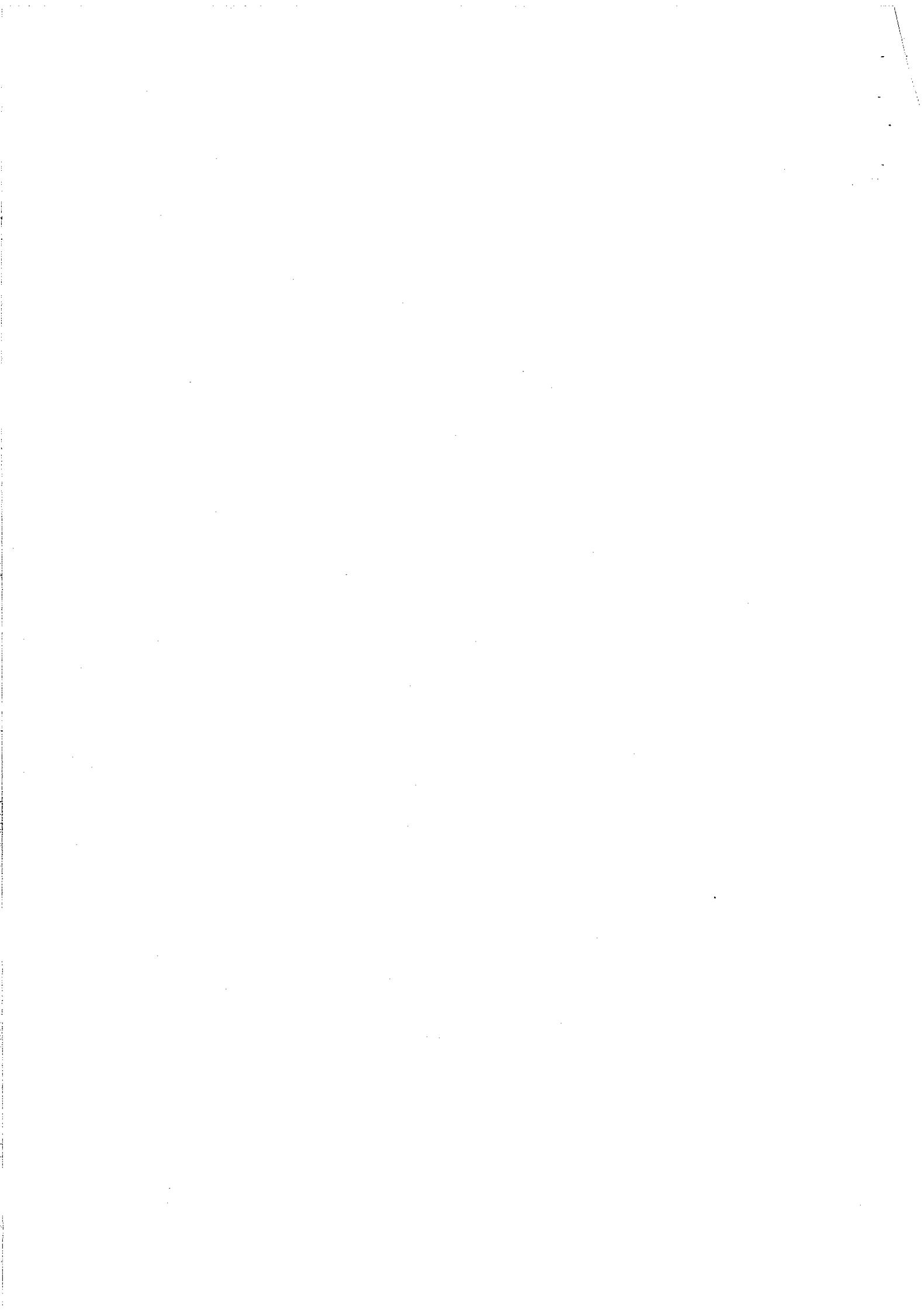


提要表

系統識別號	C10404255					
計畫名稱	因應氣候變遷之國際農業科技交流合作					
報告名稱	生物逆境耐性品系評估與流行菌群資訊收集及應用					
計畫主辦機關	行政院農業委員會農業試驗所					
出國人員	姓名	服務機關	服務單位	職稱	官職等	E-MAIL 信箱
	吳東鴻	行政院農業委員會農業試驗所	作物組	助理研究員	薦任(派)	聯絡人： mslin@tari.gov.tw
	石憲宗	行政院農業委員會農業試驗所	應用動物組	副研究員	薦任(派)	
	陳純葳	行政院農業委員會農業試驗所	植物病理組	聘用人員	聘、雇	
前往地區	菲律賓					
參訪機關	研習活動無安排參訪行程					
出國類別	其他					
出國期間	民國 104 年 10 月 13 日 至 民國 104 年 10 月 17 日					
報告日期	民國 104 年 11 月 19 日					
關鍵詞	白葉枯病，蟲害防治，篩選圃評估，種原利用					
報告書頁數	13 頁					
報告內容摘要	<p>在「因應氣候變遷之國際農業科技交流合作-抗、耐逆境水稻品種之開發」合作計畫下，為了有效因應全球氣候變遷對我國糧食安全及相關產業所造成之衝擊，透過與國際稻米研究所 (IRRI) 及其相關機構密切合作，接軌新興之因應科技，選育適合於臺灣推廣之水稻品種，同時建置穩定抗、耐逆境水稻的外表型評估技術及擴大繁殖稻熱病/白葉枯病菌生理小種 (病原型) 之判別品種及接種評估技術，並擴大雙方水稻抗病育種及調查資料之交流，希望得以提升我國在氣候變遷下之水稻農糧產業之適應力及競爭力。本篇論述針對病害逆境學術交流與研習提出第四階段報告，亦加強交流白葉枯病與蟲害研發近況。在 104 年 10 月 13 日至 16 日間，由農業試驗所 3 位水稻病蟲害及育種專家前往 IRRI 實務訓練心得及建議，以供日後臺灣水稻生物逆境抗性育種之參用。本次研習內容主要交流新台灣品種改良品系的遺傳增進與未來第二期程計畫細節為主，第一期程針對白葉枯病、稻熱病、耐旱與耐鹽等逆境品系的輔助回交選育與田間評估，並與 IRRI 研究人員交流目前我方研究人員在相關領域的研發近況，均是與國際水稻研究趨勢緊密接軌的重要議題，藉由面對面討論上述議題與實務操作，累積我方稻作研發能力，期望降低氣候變遷對稻作生產的危害與衝擊。</p>					
電子全文檔	C10404255_01.pdf					
附件檔						
限閱與否	否					
專責人員姓名	林美伸					
專責人員電話	04-23317202					



出國報告（出國類別：研習）

因應氣候變遷之國際農業科技交流合作 -生物逆境耐性品系評估與流行菌群資訊收 集及應用

服務機關、姓名職稱：

行政院農業委員會農業試驗所石憲宗 (應用動物組) 副研究員

行政院農業委員會農業試驗所吳東鴻 (作物組) 助理研究員

行政院農業委員會農業試驗所陳純葳 (植物病理組) 聘用人員

派赴國家：菲律賓 (國際稻米研究所)

出國期間：中華民國104年10月13至17日

報告日期：中華民國104年11月24日

一、摘要

在「因應氣候變遷之國際農業科技交流合作-抗、耐逆境水稻品種之開發」合作計畫下，為了有效因應全球氣候變遷對我國糧食安全及相關產業所造成之衝擊，透過與國際稻米研究所 (IRRI) 及其相關機構密切合作，接軌新興之因應科技，選育適合於臺灣推廣之水稻品種，同時建置穩定抗、耐逆境水稻的外表型評估技術及擴大繁殖稻熱病/白葉枯病菌生理小種 (病原型) 之判別品種及接種評估技術，並擴大雙方水稻抗病育種及調查資料之交流，希望得以提升我國在氣候變遷下之水稻農糧產業之適應力及競爭力。本篇論述針對病害逆境學術交流與研習提出第四階段報告，亦加強交流白葉枯病與蟲害研發近況。在 104 年 10 月 13 日至 16 日間，由農業試驗所 3 位水稻病蟲害及育種專家前往 IRRI 實務訓練心得及建議，以供日後臺灣水稻生物逆境抗性育種之參用。

本次研習內容主要交流新台灣品種改良品系的遺傳增進與未來第二期程計畫細節為主，第一期程針對白葉枯病、稻熱病、耐旱與耐鹽等逆境品系的輔助回交選育與田間評估，並與 IRRI 研究人員交流目前我方研究人員在相關領域的研發近況，均是與國際水稻研究趨勢緊密接軌的重要議題，藉由面對面討論上述議題與實務操作，累積我方稻作研發能力，期望降低氣候變遷對稻作生產的危害與衝擊。

關鍵字：白葉枯病、蟲害防治、篩選圃評估、種原利用。

目次

一、摘要.....	2
二、目的.....	4
三、參訪行程.....	5
四、參訪內容	
1. 耐性品系選育近況及淺談選育目標	7
2. 白葉枯病菌病原型族群分布之相關研究探討	7
3. IRRI 水稻田之生態工程法	8
五、參訪心得.....	9
六、參訪建議.....	10
七、參訪記錄照片.....	11
八、抗病研習小組英文回饋報告.....	13

二、目的

本計畫依據農委會農業試驗所與國際稻米研究所 (International Rice Research Institute , IRRI) 共同協議合作架構下，制定目標並推動各項合作研究計畫，以有效導入抗、耐逆境基因，並改良臺灣水稻推廣品種，提升我國對於分子輔助育種相關計畫執行能力。

其中由細菌 *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* (*Xoo*) 所引起的白葉枯病是稻作生產的限制因子之一，且隨環境變遷大幅影響水稻病害發生的機率及嚴重程度，病原菌族群組成勢必也隨著逐漸改變。有鑑於此病害的經濟重要性，病害最主要的防治方法之一為種植抗病品種，然回顧目前臺灣育成品系的抗病性普遍不足，為了加強克服上述選育瓶頸，建立分子輔助選育平台堆疊多個抗性基因，彌補過去性狀篩選不易聚合多抗性基因，利用單一遺傳背景判別族群確認有效抗性基因，避免因為地方品種間複雜遺傳背景干擾，採用目前流行菌株進行檢測，貼近當前流行菌株的變遷趨勢，將有助於提升有效抗性。因此藉由國際組織交流培訓我國國際人才有其必要性，並提升我方對於相關計畫的管理執行能力，擴大參與國際計畫的機會。

在「褐飛蝨的評估及調查技術的建置與交流，應對氣候變遷導致蟲害危害的惡化與衝擊」項目，主要目的在於瞭解國際稻米研究所 (IRRI) 推行生態工程 (Ecological Engineering) 體系過程，面對不同氣候條件之農業有害生物管理方法，本年度參訪目標害物包括褐飛蝨 (*Nilarparvatalugens* (Stal)) 與福壽螺 (*Pomaceacanalicularis* (Lamarck))，以作為評估是否有適合管理台灣水稻有害生物的相關技術；另亦蒐集 IRRI 在不同國家推行生態工程法所栽植具有 SNAP 功能的植物種類 (S: shelter plant; N: nectar plant; A: alternative plant; P: pollen plant)，由於此作法在台灣已推行多年，故參訪結果可作為提供我方未來研擬台灣或友邦適地適作之 SNAP 植物。

三、研習行程

日期	日數	時間	議題	地點
13-Oct	去程			
		07:30	桃園國際機場集合完畢	桃園機場
		10:00	登機	長榮 BR271
		12:40	抵達菲律賓（誤點）	馬尼拉機場
		14:50	抵達 IRRI	Swaminathan hall
10月14日				
14-Oct	Day 1	0845h	Overview of current project and next phase	CESD Conf Rm 1 DLU Mali Bldg
		0930h	Breeding products from current project	
		1030h	Discussion on target traits: blast, BLB, salinity, drought	
		1200h	Lunch	IDR
		1330h	Genotyping BC lines using 6K chip	CESD Conf Rm 1 DLU Mali Bldg
		1415h	Visit breeding materials	
		1500-1600h	Group seminar	
10月15日				
15-Oct	Day 2	0830h	Continue on BLB: suitability and stability of R-gene across multiple stress-conditions/strategy to release novel varieties with multiple R genes	CESD Conf Rm 1 DLU Mali Bldg
		0930h	Visit BLB screening	
		1030h	Screening facilities for biotic stresses	greenhouse
		1200h	Lunch	IDR
		1330h	Salinity screening	
		1430h	Visit rainout shelter, drought tolerant materials	
		1600h	Heat tolerance	CESD Conf Rm 1 DLU Mali Bldg

日期	日數	時間	議題	地點
10月16日				
16-Oct	Day 3	0830h	Discussion on MAGIC populations	
		0930h	Discussion BioMAGIC (field harvested already)	PBGB Conf Rm 2, NCBL
		1030h	Visit Genotyping Service Lab	PBGB Conf Rm 2, NCBL
		1200h	Lunch	PBGB Conf Rm 2, NCBL
日期	日數	1330h	Meet with entomologists on pest control	PBGB Conf Rm 2, NCBL
		1430h	open	PBGB Conf Rm 2, NCBL
		15:30h	Wrap up and future work under phase 2	PBGB Conf Rm 2, NCBL
10月17日				
17-Oct	返程		Pick up at 0830h from MSSwaminathan Hall (Mla/Taipei 1250/1500h BR 0272)	
		08:20-	搭車到機場	
		13:10-	登機	長榮 BR272
		16:10-	抵達台灣	桃園機場

四、參訪內容

(一)、耐性品系選育近況及淺談選育目標

在生物逆境改良上先著重於白葉枯病與稻熱病，非生物逆境選育則以耐旱及耐鹽選育為第一階段目標；在稻熱病上分別以 2 個台灣栽培品種與 2 個提供親建立 4 組雜交組合，白葉枯病雜交組合上，以 IRBB66 為 5 種抗性基因之提供親，分別導入至台農 71 號與桃園 3 號中，目前回交後裔已達 BC3F2 世代，在溫室檢定圃中均可穩定呈現抗性；在耐鹽雜交組合上，則分別以 2 個栽培品種與 8 個提供親分別建立 9 種雜交組合，而耐旱雜交組合則僅以台南 11 號為輪迴親，分別以 4 種不同提供親導入 1 至 3 個不同的耐旱數量基因座。

在未來交流上，長期研究目標中，遺傳歧異度的相關試驗上，可首要著重於基因體序列與生物資訊分析的能力平台建構，可有助於 3000 個品種基因組序列應用與分析，並對於品種選拔與計畫執行能力有大幅助益；另外在遺傳資源應用上，可建立多親本多世代(MAGIC)等遺傳族群、使用 Genome editing 創造非基改品系進行功能評估，在性狀評估上，針對耐熱、耐旱等高通量檢定平台，並進一步利用 MAGIC 親本品系在多國家地點評估，尋求高產且穩定的品系，亦建立性狀評估平台，均有助於進行品系在環境與基因型間的交感效應評估。短期上，非生物逆境會持續以耐熱與耐旱為改良目標，在 IRRI 設有良好的耐旱篩選圃，並配合自動遮雨棚系統能在 3 分鐘內完全覆蓋，且每小塊區集中均埋設水分偵測器與大型排水管，可以有效排出田間水分與地下水水泥隔板阻隔，耐熱篩選系統則採單株單盆在抽穗期，分別依序將品系送入攝氏 38 度之生長箱中進行篩檢 2 周，再移出調查稔實率。而生物逆境上，持續針對白葉枯病與稻熱病病害進行深入研究，未來可著重在分子流行病原菌監測平台的建立，利用定序技術與分子標誌針對目前已經歸納的病原型進行基因型分析，建立各病原型專一性檢定技術與 SNP 晶片，加速未來預測的檢定能力，將有助於將流行病原菌的資訊回饋給育種人員，而這些抗病品系未來可以加強探討非生物逆境與生物逆境間的交感效應，尋找優良抗性組合對於氣候變遷的抵禦能力。

(二)、白葉枯病菌病原型族群分布之相關研究探討

本國參訪之植物病理研究人員以水稻白葉枯病菌病原型研究為主題，簡介利用修改於該所使用之判別品系 (IRBB lines) 台灣白葉枯病菌病原型之種類分布初步結果，並以此與 IRRI 人員進行探討，針對目前試驗提供了一些建議：(1) 再重新確認部分菌株在 IR24 上真是呈現 R 反應，此將會影響未來仍否使用 IRBB lines 作為判別品種；(2) *Xa3* 及 *Xa8* 對台灣菌株抗性效力未如想像，可能跟供試水稻株齡未達 65 天有關 (兩基因要在孕穗期才會啟動)；(3) 雖然台灣菌株病原型種類尚未完全確定，但根據試驗結果中提供的抗感性反應，已經可以應用在抗性育種上，並且可知東西部兩地區組成有些不同，未來抗性品種之應用可參考此

些資料，甚至未來隨著供試菌株數量之增加，更可將各縣市之結果進行比較。

接下來更針對分生技術應用於病原型偵測之研究進行討論。IRRI 病理研究人員不太建議使用部分基因 (如 *AvrXa* 基因) 進行 primer 設計以偵測病原型，目前所有對應 *Xa* 基因的 *AvrXa* 基因尚未被全克隆出來，另以現今技術而言，較偏向以全基因體解序方式進行所有白葉枯病菌菌株的比對，一來除可針對當地的病原型種類設計 SNP 晶片，用來快速偵測田間病菌族群變化，二來更可利用解序結果與全世界的菌株進行比較，目前該所正在進行菲律賓各生理小種之菌株的基因解序及 SNP 設計。該所人員建議我們可利用此方式先進行各病原型的菌株解序及分析，或在病原型尚未完全確定前，利用對台灣菌株較具抗性能力的前 3-5 個 *Xa* 基因之抗感反應進行分群，再取代表性菌株解序及分析，有利偵測技術之建立，此部分可與該所進行合作。

(三) IRRI 水稻田之生態工程法

1. 褐飛蟲評估及調查技術

水稻生態系統僅有水稻單一植物，為了追求高產或高品質的生產，經常施用有害生物防治藥劑，其結果卻抑制水稻有害生物之天敵生存，為了避免植物多樣性缺乏與藥劑防治等人類干擾手段所造成的害蟲與天敵失衡問題，IRRI 已在東南亞及中國推行生態工程法，以合理管理水稻有害生物，這當中的重要手段就是在水稻生態系統建立可提供生物防治功能的棲所，並制定合理的藥劑防治方法。

本項工作，由石憲宗副研究員拜訪 IRRI 的作物與環境科學組 (Crop and Environmental Science Division) 的 Dr. Buyung A. R. Hadi，具體參訪內容包括 (1) 在 IRRI 之生態工程法所栽培具有 SNAP 功能的植物種類，係於期作間的休耕期，就開始沿著水稻田四周邊界，開闢長度與寬度各為 30~60 公分左右的植物帶，每一邊界大致分配 2~3 個植物帶 (圖 9)，植物種類必需是符合當地氣候生長的雙子葉開花植物，以營造有利於飛蟲 (褐飛蟲、斑飛蟲等) 與螟蛾(瘤野螟、二化螟等) 類等害蟲天敵生存的環境，增加生物多樣性。以菲律賓為例，推行的植物包括菊科的百日草、萬壽菊、向日葵、波斯菊、昭和草等植物，或豆科的四季豆 (*Phaseolus vulgaris*)；以中國浙江省金華市為例，推行的植物則為胡麻科的芝麻 (*Sesamum indicum*)。以上，在菲國因無鼓勵配套措施，所以農友接受意願並不高；但在中國，因芝麻是具有經濟效益的作物，所以收到不錯的成效。(2) 由於褐飛蟲為東南亞各國共通之水稻重要害蟲，本蟲棲息於稻叢基部，吸食水稻汁液，嚴重危害會造成蟲燒，間接為害包括其蜜露可引發煤煙病，尚可傳播草狀矮化病與皺縮矮化病。因此，本工作優先重點在於瞭解生態工程法體系下，IRRI 如何評估此法對褐飛蟲族群以及生物多樣性之影響，茲將其監控及取樣方法簡列如下 (A) 取樣點：田區每一邊界之內側選擇 2 個定點、邊界外圍各植物帶

設 1 個定點、在園區中心區域逢機取樣 3 點；(B) 取樣方法與取樣量：掃網法，由同一人操作，每一取樣點的掃網次數皆一樣（例如每一取樣點都由同一人進行左右掃網各 3 次）；(C) 取樣頻度：每週調查一次。

2. 福壽螺之防治

IRRI 在生態工程法體系，採行不使用殺螺劑的物理防治法（圖 10）或不同栽培技術，降低福壽螺密度的可行性，前者包括在種植水稻秧苗前，於田區四周掘溝，使之可以聚集螺體，再以手揀除；同時，沿著稻田邊界樹立長度約 60 公分之塑膠布，隔離福壽螺進出稻田。後者，則以 seedling broadcasting 法，分析福壽螺危害水稻產量的程度，Dr. Hadi 提供其實驗室研究員 Dr. Finbarr G. Horgan 於 2014 年發表的兩篇研究報告供參。

五、參訪心得

1. 過去與IRRI交流目標著重於加強對於分子輔助育種程序的管理能力，我們在基因型分析、抗病性檢定流程、我國病原型收集上均累積初步成果，其中在白葉枯病抗病育種上，IRRI 利用 6K SNP 晶片進行基因型分析與背景選拔，所使用的雜交親本都經過菲律賓的常見 10 個病原型菌株檢定確認抗感反應，未來也會收集回交導入系的抗性效果，而台灣主要是使用以膠體分析為基礎的 InDel 標誌為主，進行目標基因型與背景回復率篩選，而我們每個雜交世代均有接種國內主要流行病原型，未來將可以合併雙方的獨立選育結果，探討不同選拔平台的差異性，雙方對於各別主要流行病原型的有效抗性，相同抗性基因在不同品種背景交感上的效應，能聚焦成一個唯一且非常有用的選育報告。
2. 經過與IRRI病理人員針對研究內容進行討論後，可知：(1) 針對白葉枯病菌病原型研究未來需注意之部分，有利研究之進行與文章之撰寫；(2) 未來研究仍可以病原型快速偵測鑑定技術為方向之一；(3) 依對方之經驗，生理小種菌株基因非常穩定相似，只每年發生頻率有變而已。
3. 本次參訪 IRRI 之昆蟲研究，以褐飛蝨評估研究為主。由於 IRRI 目前僅有一位昆蟲研究學者（本次參訪前已得知 IRRI 之昆蟲研究專家已由 Dr. Horgan 換為 Dr. Hadi），研究主軸為生態工法，無法提供可精進我方褐飛蝨相關調查技術之需求 [如調查技術的合作與交流，或以相同技術在台菲進行比較試驗等]。雖然如此，本次交流尚能以生態工法為基礎，討論在生態工法下之褐飛蝨等水稻害蟲及其天敵的調查與鑑定，另我方也相對提出 IRRI 在福壽螺的防治研究討論，以作為我方研擬福壽螺安全防治技術的參考。除此，本次參訪前，已知 Dr. Hadi 實驗室（即 Dr. Horgan 之繼任者）之技術員 Ms. Jo Catingdig，具有鑑定水稻害蟲寄生性天敵至科級與屬級的能力，這部份應可彌補台灣缺乏卵寄生蜂

分類與鑑定專家的研究需求。

六、參訪建議

1. 在IRRI經常設有大型篩檢系統或基因型分析實驗室，採取分工合作的策略，以基因型分析實驗室為例，除了持續建立全基因組次世代定序、設計高通量且高密度SNP分析晶片、自動化核酸萃取系統與流程外，強化本身基因型分析的檢定能量外，可對IRRI各計畫提供收費服務亦能提供IRRI外的研究單位只是收費標準不同，提高本身最高的工作效率。如果國內也建立類似貴重儀器中心，建議在大型設備或平台經費來源，可以採取研究人員提案增取大型研究計畫謀取部分經費，另由首長統籌分配款支援另一半經費，設備的建置與使用狀況可以藉由計劃執行效果進行控管，大型儀器由首長統籌分配款上亦能考量儀器共用性與研究主軸的通盤發展，而在研究助理人員的挹注上，可以採取田間庶務工的編列模式，於各計畫項下編列所需天數支應高階分析人員，若未編列分析人員經費，則在未來分析樣品上會多考量人力成本使得樣品單價提高，而分析耗材則依照各分析系統購買所需的分析晶片與相關藥劑作為樣品單價；而收費標準也可以依照所內、農委會下試驗單位與農委會外均有所差異。但考量目前政府的預算編列與採購法規等限制，並不易發展共同儀器中心的概念，但在規劃高通基因型分析方式時，可多考量可高通量且與醫學篩檢分析能共用的分析平台，能有助於在商業公司中尋求適當援助。
2. 利用 IRRI 提供之判別品系及方式進行台灣白葉枯病菌病原型之種類與分布之試驗已有初步結果，然而如要快速偵測鑑定病原型仍需利用分生技術。IRRI提供並正在進行研究之方式需要相關之儀器設備及經費，本國進行相關研究應與IRRI進行相關合作，除可利用對方已有之經驗與儀器設備完善台灣白葉枯病菌田間快速偵測技術，解序結果亦可做為全球性研究之材料，繼而參與國際研究。
3. 目前 IRRI 在昆蟲研究的人力，僅有一位任職於作物與環境科學組 (Crop and Environmental Science Division) 的 Dr. Buyung A. R. Hadi，其實驗室主要研究為生態工程法對水稻有害生物及其天敵的研究評估，並蒐藏、調查與鑑定水稻有害生物及其天敵，因此配至一位專業技術員 (即Ms. Jo Catingdig)，因此其研究人力及可著墨的研究主題可謂有限；而台灣缺乏水稻等重要作物害蟲之卵寄生性蜂類 (egg parasitoids) (如纓蜂科、小蜂科等) 鑑定專家幾達20年，但可以整合的昆蟲學者相對較多，例如可整合農試所嘉義分所植保系與應用動物組以及其他改良場之專家。以上，倘若台灣日後有需要發展以生態工程法為主的水稻栽培或未來擬投入農業4.0之直播稻研究，前者可與 Dr. Hadi 研究室就

生態工法的重要害蟲與天敵，進行適應不同生物逆境水稻品系（如抗旱、抗鹽、耐熱等）其害蟲與天敵之研究交流，以及進行直播稻田之害蟲與有害動物防治技術的交流，在符合雙方研究人力與專業的基礎上，提出可以解決雙方研究瓶頸的合作研究。

七、參訪照片



圖1.白葉枯病研發進度簡報

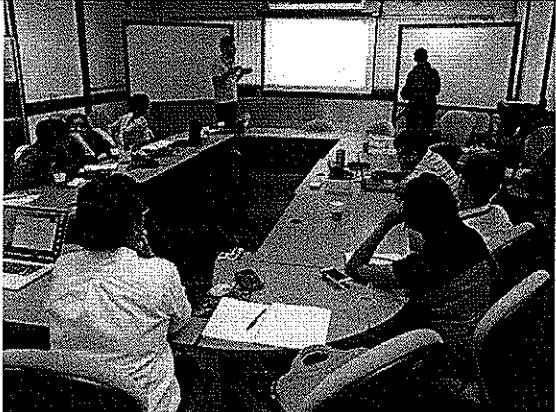


圖2.雙方議題討論



圖3.白葉枯病溫室篩選圃導覽



圖4.輪迴親田間株型導覽



圖5.耐旱遮雨設施與後裔表現導覽



圖6.MAGIC田間導覽

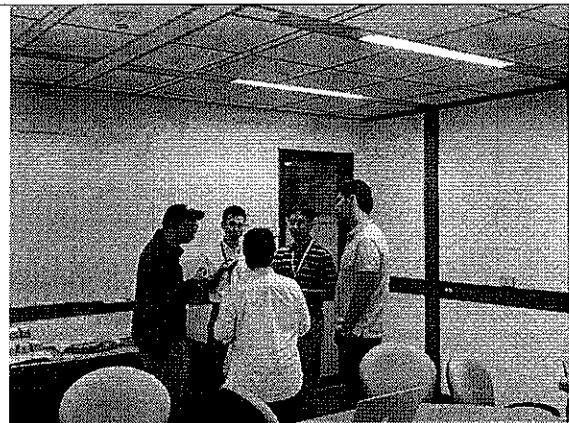


圖7.病害抗病育種議題分享與討論

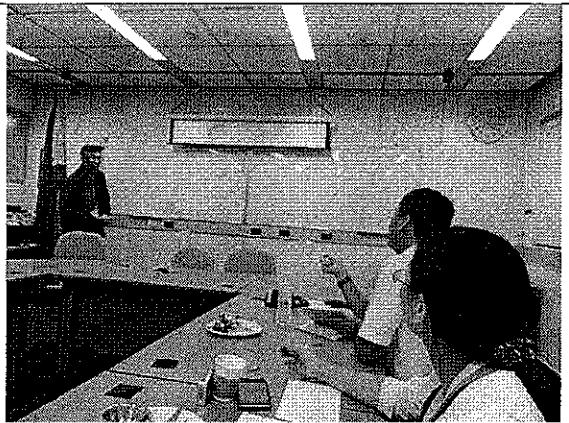


圖8.結論議題與交流

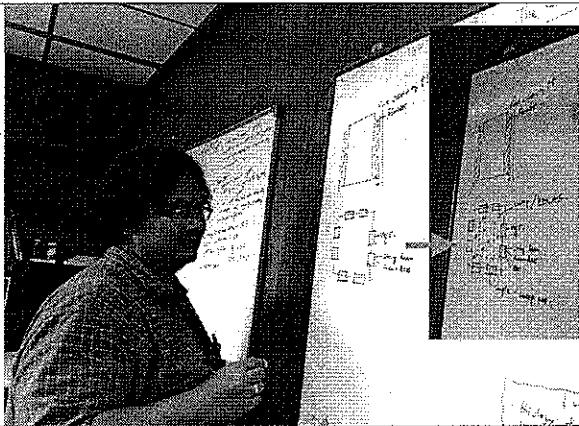


圖9. Dr. Buyuan A. R. Hadi 說明生態工法體系之 SNAP 植物帶與取樣方法。

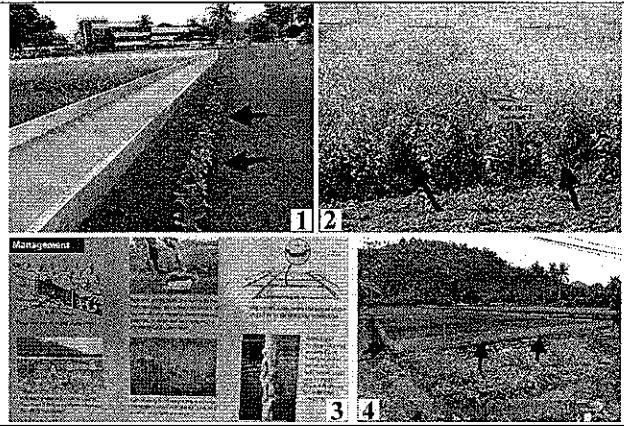


圖10. IRRI 生態工法園區：1-2，水稻田周圍的植物帶 (箭頭所指處之植物)；3-4，福壽螺的防治方法 (箭頭所指處為四周隔離的塑膠布)。

八、抗病研習小組英文回饋報告

Shih, Hsien-Tzung 石憲宗

Associate researcher, Taiwan Agricultural Research Institute

It is a good chance to TARI's rice team to create the taxonomist name list of the world on the egg parasitoid wasps of rice pests; meanwhile, some strategies of sustainable pest management are also available to establish the organic rice industry in Taiwan, e.g. the integrated management of Golden Apple Snail.

Wu, Dong-Hong 吳東鴻

Assistant researcher, Taiwan Agricultural Research Institute

For first phase project, we established the same cross on IRBB66/TNG71 and IRBB66/TY3 through different genotyping platform to improve BB tolerance of Taiwan cultivars, individually. First, we will collect genome sequence of our introgression lines to find out genetic difference between IRRI and Taiwan team through 6K SNP chip assay. Second, we will inoculate all 18 Taiwan pathotypes on TNG71 differential variety to collect basic information.

In second phase, to improve the predict efficiency, so we will design one international BB chip to identify each pathotype, or to look for polymorphism marker based on Taiwan 18 pathotype.

We can respond the epidemic information soon to farmer and breeder than before. In the other object for stress interaction, to study the iteration between BB R-gene by environment will be more and more important in future cultivation. We can use the same introgression lines under Taiwan cultivar background in Taiwan and IRRI. Then we inoculate different epidemic isolates collected from Taiwan and Philippian region on heat, drought and both conductions. We can look for the better combinations with BB R-gene to coping with climate change.

Chen, Chun-Wei 陳純蔚

Assistant researcher, Taiwan Agricultural Research Institute

1. I will check the reaction between IR24 and some Xoo isolates. If IR24 really is resistant against these isolates (some IRBB lines are "S" reaction), maybe we should change the differentials. Or just using 5-6 IRBB lines that include single effective Xa genes against Taiwan's Xoo isolates to be the differentials.
2. I want to know the reaction between the resistant breeding lines (one parent is Taiwan cultivars) from IRRI and the different pathotype groups of the Taiwan Xoo isolates. The result can compare with the resistant breeding lines (the parents are Taiwan cultivars) from TARI. Maybe have different result (The results both should be "R").
3. We should join the research about the international Xoo chip that is useful to monitor the population of Xoo in the field quickly. And we maybe get more information by comparing the Xoo isolates from the different countries.

