

出國報告（出國類別：研究）

農委會農業菁英培訓計畫-
研究臺灣雜草型紅米演化起源
以強化田間管理技術

服務機關、姓名職稱：

行政院農業委員會農業試驗所吳東鴻（作物組）助理研究員

派赴國家：美國（農業部戴爾-邦珀斯國家水稻研究中心）

出國期間：中華民國105年7月20日至12月31日

報告日期：中華民國106年01月03日

目次	
一、摘要.....	3
二、研究主題.....	6
三、研究行程.....	7
四、研究內容	
1. 試驗材料與研究方法	8
2. 外觀形態分析	8
3. 遺傳族群結構與其起源	9
4. 遺傳地理分布	10
5. 結論	12
五、具體政策建議.....	12
六、台美研究交流紀要.....	14
七、試驗圖表.....	15
八、交流影像紀錄.....	26

一、摘要

藉由臺美學術交流協議，加強我國與美國農業部之間的農業研究合作及人才交流；國內稻作栽培近年陸續發現雜草型紅米 (Weedy red rice) 的入侵，而紅米具有「極早開始的落粒性」、「深度休眠」、「休眠表現分布廣」、「埋入種子的壽命長」等特徵，將使得雜草型紅米一旦田間建立穩定族群，將難以管理、消除並追蹤其傳播模式。本計畫目標希望透過雙方短期研究了解臺灣紅米在田間的形態趨勢、紅米族群的遺傳多樣性，並確定該類混雜的傳播模式與遺傳起源，藉此擬定田間管理與防除技術。

本試驗同時由桃園區農業改良場、台中區農業改良場與台南區農業改良場一同協助執行形態調查；在形態分析上，發現人為強力汰除田間異型株，使得臺灣雜草型紅米外觀形態在稈稻稻種繁殖圃中，除了紅色穎果外觀外，具有矮株、強落粒性且早熟等雜草特性，且形態趨勢在 3 個試驗地點均較接近稈稻品種，而與過去秈稻地方品種與秈稻栽培品種均差異較大。而遺傳分析結果顯示，臺灣雜草型紅米與美國阿肯色雜草型紅米的遺傳背景均較接近秈稻品種與稈稻品種差異甚遠，並發現部分台灣雜草型紅米品系是屬於秈、稈稻混合型後裔，且超過 93% 以上雜草型紅米後品系的遺傳組成，經 30 組 SSR 標誌均係同質結合體基因型，顯示這些雜草型紅米品系繁殖圃中已存在超過 10 年以上，另在空間分布上，可將本試驗 521 個雜草型紅米品細分成 6 個次族群，並透過各次族群地理分布可見橫跨臺灣東西半部，顯見遠距離稻種 (秧苗) 汙染傳播為其主要擴散模式，而各次族群的可能起源基因型並能與其部分秈稻品種的栽培面積分布相符。本試驗亦整理出各雜草型紅米次族群具鑑別效力之分子標誌組可供稻種純度管理，並依遺傳空間分布可加強已受汙染繁殖圃管理。

在臺灣與美國農部之間，該項目不僅對於雙方雜草型紅米遺傳資訊的交流，有助於提升雙方稻作產業發展競爭力，對於我方的人員交流與培訓作業具有實質效益，能獲得稻種繁殖、遺傳與先進選拔技術上等多元化實務經驗，並衍生討論草擬 107 年台美培訓計畫，促進雙方合作關係更為緊密並發展後續具體合作計畫。

The weedy red rice had become an emerging constraint to Taiwan rice production within past years. The wide range in phenological maturation of weedy red rice including the early onset of shattering, deep dormancy, high diversity in dormancy expression, and longevity of buried seed makes weedy rice very difficult to manage, or eliminate, following its introduction on Taiwan paddy. Through the proposed international collaboration, it aim at facilitating scientific and personnel exchanges between Taiwan and USDA-ARS (Agricultural Research Service, ARS)

on rice research relevant to the prevention of weedy red rice. This collaborative project focuses on the identification of ecological distribution, morphological characters, genetic diversity, spread pattern and ancestral origin of Taiwan weedy rice. Those results will be helpful to establish the effective controlling strategies for mass propagation practice in field. In addition, the other goal will be to study about the introgression of herbicide resistant genes into commercial rice varieties based on marker-assisted selection program including germplasm evaluation, high throughput genotyping approach and development strategy. The breeding and genetic studies will improve selection efficiency and economic value for us on rice production. The project will expand the exchange of genetic information on weedy red rice between Taiwan and USDA-ARS to sustain future breeding efforts. Young local rice researchers will obtain multiple trainings of breeding, genetics, modern marker technologies from USA. These activities sum up will lead to the closely collaboration between Taiwan and USDA-ARS.

關鍵字：雜草型紅米、SSR 標誌、遺傳起源、空間分布。

二、研究主題

雜草型紅米 (Weedy red rice) 是目前國際稻米市場最主要危害因子之一，美、中、澳及東南亞(泰、越)等稻米產銷大國對異型紅米之危害，無不戒慎以對。我國近年由公糧、市售米、甚至外銷米的品質查定資料及各區改良場田間調查結果顯示，異型紅米在農民田間、公糧、市售米、甚至於外銷米中，已呈現嚴重混雜趨勢，在 2014 年稻種三級繁殖純度檢查中，原種圃 (Registered seed field) 有 6% (累計 6 處) 檢出混雜率為 $0.56 \pm 0.96\%$ ，採種圃 (Certified seed field) 則增加至 24% (累計 137 處) 檢出混雜率為 $0.47 \pm 0.55\%$ ，而 2015 年針對 187 個稻米鄉鎮產區進行紅米混雜率調查，發現 43% 的鄉鎮已檢出紅米汙染，檢出田區的平均混雜率達 $0.23 \pm 0.18\%$ ，有些田區混雜率甚或超過 40%，在數年內可見紅米汙染擴散之速，對我國年產值約 400 億元之稻米產業 (含外銷) 將造成嚴重衝擊。根據文獻資料，臺灣發現的異型紅米與國外報導的雜草型紅米極為相似，若未有效防範將對近年風雨飄搖之稻作產業更造成如下之嚴重衝擊：1. 異型紅米混雜嚴重將降低政府收購公糧品質，影響消費者對國產米之信心。2. 市售米因異型紅米之混雜而降低其市場價值，面對即將加入「跨太平洋夥伴協定」 (Trans-Pacific Partnership, TPP)，將更不利於我國稻米產業之國際競爭力。3. 一般異型紅米具有早熟、易脫粒及休眠性等特徵，易與栽培稻競爭而造成田間產量降低及生產成本之提高，損害農民收益。

臺灣於民國 90 年代前曾進行三次大規模田間紅米清除管理計畫，有效控制混雜率於 1% 以下，惟過去 10 餘年田間異型紅米混雜族群又死灰復燃。目前對此新危害之紅米問題的基本瞭解相當有限，亟待解決。而雜草型紅米則在美國稻作產業與相關研究成果成熟，隨著花粉流佈造成紅米族群之歧異度提高，增加紅米田野適應性與對栽培稻之生長競爭力，急需針對我國各稻米產區進行包括生態、遺傳及綜合防治管理之系統性、整合性之研究。藉由美方防除經驗與遺傳分析平台，並與桃園區、台中區與台南區改良場等協助調查，確認我方紅米樣品的形態趨勢、外觀特徵，並在美分析臺灣雜草型紅米遺傳組成，了解國內紅米樣品的遺傳起源與其可能地理散布模式，以此建構雜草型紅米族群的田間防除技術。

三、研究行程

日期	行程及工作內容	地點
105/07/20- 105/07/20	出發 抵達阿肯色州的戴爾-邦珀斯國家水稻研究中心 (Dale Bumpers National Rice Research Center) 辦理辦到手續、進行稻作基因體分析與實務操作	阿肯色州斯圖加特市 (Stuttgart, Arkansas)
105/07/21- 105/12/29	阿肯色州的戴爾邦珀斯國家水稻研究中心 進行稻作基因體分析與田間實務操作	
105/12/30- 105/12/31	阿肯色州的戴爾邦珀斯國家水稻研究中心 完成稻作基因體分析、實務操作與研究結果討論 返台	

四、研究內容

(一)、試驗材料與研究方法

本研究主要涵蓋臺灣雜草型紅米形態調查與其遺傳族群結構，試驗材料包含由 2014 年 134 個稻種繁殖圃（原種、採種圃）所收集的 521 個雜草型紅米品系 (Fig. 1)，並同時自國家種原庫挑出 60 個具有紅米特徵的粳型地方品種，以及 15 個粳稻栽培品種與 2 個秈稻品種，台灣栽培品種清單詳如附件 1，另從不同形態外觀或遺傳分群中挑選 12 個美國雜草型紅米品系探討其遺傳差異，並為增加已知品種之遺傳歧異度作為遺傳起源分析使用，在遺傳分析中增列粳、粳稻 Nipponbare、IR64 等 29 個品種系。

在形態調查上，先將 521 個雜草型紅米品系分配成 3 個次族群 (Sub1: # 1 - # 217, Sub2: # 218 - # 430, and Sub3: # 431 - # 643)，各次族群同時與 17 個栽培品種、60 個地方品種分別在桃園區改良場 (桃園市)、台中區改良場 (彰化縣)與台南區改良場鹿草分場 (嘉義縣) 進行性狀調查，在溫室盆栽中培育所有試驗材料，針對株高、抽穗期、落粒性、芒的有無、粒寬、粒長、長寬比與麩色等主要雜草性狀進行記錄，最後試驗結果以最小顯著差異 (LSD test) 與主成分分析 (Principal component analysis) 進行統計分析。

而遺傳分析，則將 59 個地方品種(系)、10 個粳稻品種、36 個粳稻品種、12 個美國雜草型紅米品系與 521 個臺灣雜草型紅米品系萃取 DNA 後備用，並從過去在美國雜草型紅米品系上具有高鑑別力的 SSR 標誌套組中，挑選出 30 組均勻分散於 12 條染色體上進行遺傳族群結構分析，利用毛細管電泳儀進行 PCR 產物大小判讀，並記錄其基因座同質結合體基因型或異質結合體基因型，將獲得基因型資料統計各類族群遺傳參數 (異質結合體比率、對偶基因數目、遺傳歧異度與自交係數)，並利用 STRUCTURE 軟體進行族群數分析、以 GenAlEx 軟體進行主座標分析(Principal coordinate analysis) 以及 R 套件 TESS3 進行遺傳地理分布分析。

(二)、外觀形態分析

在多種可區別的性狀上，又以抽穗期、株高、落粒性與穎果顏色影響雜草型紅米的競爭能力，在桃園、台中與台南等 3 個地區上，均可發現 3 個雜草型紅米次族群的抽穗期略低於粳稻品種或粳稻品種，也發現 60 個地方品種的抽穗期明顯在台南地區比其他兩個地區要提早許多，而株高則可以發現地方品種在 3 個地區中均比雜草型紅米品系或粳、粳栽培品種顯著高 20 至 30 公分，而落粒性則是栽培品種最低、不足 4%，則 3 個次族群的雜草型紅米品系落粒性均高達 14%，另在穎果顏色上則是雜草型紅米品系屬於深紅色，粳、粳稻栽培品種均係白色影果 (Table 1)。

在穀粒性狀上，以稈稻栽培品種的稻穀寬度最寬，但稻穀長度最短，而秈稻栽培品種的稻穀長、寬則是相反趨勢，雜草型紅米品系與地方品種的表現則介於兩者之間，因此在長寬比上，稈稻粒型屬於圓胖型、秈稻是瘦長型，而雜草型紅米粒型則接近於地方品種均係中間型。

進一步，將穗數、抽穗期、株高、芒長、落粒性、粒寬、粒長、長寬比與穎果顏色等 10 個性狀綜合分析各類材料的形態趨勢 (Fig. 2)，首先在桃園地區的主成份分析結果中，可以發現地方品種 (landrace) 的形態歧異度遠比栽培品種分散許多，並圓滑曲線劃分各類試驗材料的分布區塊，可以發現雜草型紅米品系較貼近稈稻栽培品種，且部分稈稻品種如台南 11 號與台稈糯 3 號則落於兩者重疊區域中，而另外秈稻品種則距離較遠 (Fig. 2a)。類似的形態趨勢也可見於台中地區與台南地區的形態結果，在台中地區試驗結果可見台南 11 號、台稈 9、14 號與台農 71 號坐落於雜草型紅米品系與稈稻栽培品種的重疊區中 (Fig. 2b)，而台南地區試驗結果則是台稈 8 號、台中 192 號與台農 71 號位於重疊區內 (Fig. 2c)，顯示在諸多稈稻稻種繁殖圃中，台灣雜草型紅米品系的形態經由人為強力剔除田間異型株後，使得雜草型紅米的外觀形狀更趨向類似稈稻類型，也可以發現雜草型紅米品系具有矮株、早熟、強落粒等雜草化特性，使得雜草型紅米族群能在多世代下輕易被保留在水田土壤中。

(三)、遺傳族群結構與其起源

本試驗所使用的 30 個 SSR 分子標誌，在台灣雜草型紅米品系、美國雜草型紅米品系、秈稻栽培品種、稈稻栽培品種與地方品種上的鑑別效力，可由各組 SSR 標誌所能偵測對偶基因數目而知，整體試驗材料平均可發現 5.9 個對偶基因，而在台灣雜草型紅米品系中平均可偵測到 3.6 種對偶基因，而 12 個美國雜草型紅米品系亦可偵測到 2.4 種對偶基因，除了台灣稈稻栽培品種的遺傳歧異度較低，平均僅偵測到 2.0 對偶基因，並在 30 個 SSR 標誌中只有 20 個具有多型性，顯示上述 30 個 SSR 標誌在本次雜草型紅米試驗中具有高度鑑別能力 (Table 2)。

在整體台灣雜草型紅米品系中，檢視 521 個品系的遺傳背景，發現高達 487 個品系 (93.5%) 的基因型均屬於同質結合體，僅只有 6% 的品系係屬於異質結合體基因型，整個雜草型紅米族群的自交係數高達 0.867 (0.019)，若以 30 個分子標誌在二倍體上的分離率計算，可推測本試驗大部分雜草型紅米品系已在田間存在許久，污染來源並非主要仰賴近年來花粉雜交所致 (Table 3)。

利用 STRUCTURE 軟體估算上述台灣雜草型紅米品系、美國雜草型紅米品系、秈稻栽培品種、稈稻栽培品種與地方品種的族群結構，因 STRUCTURE 可藉由候選品系基因型估算劃分在各群體間的機率高低，藉此反覆運算可獲得整體試驗材料的最佳族群結構，由次

族群數(K)的總機率值變化趨勢，可發現 K 值為 3 時是轉折點，因此分別回顧 K2 與 K3 的機率分布圖，可知在 K2 時，只要籼、粳兩大類遺傳組成，可知美國雜草型紅米與台灣雜草型紅米的遺傳組成具有遺傳差異，而台灣雜草型紅米品系的遺傳組成與粳稻栽培品種相比之下，則比較偏向籼稻，可以發現部分雜草型紅米品系係籼、粳的混合型後裔，另在 K3 時，更把台灣雜草型紅米品系劃分成另一個單一次族群，目前雖然未有已知品種與該獨立次族群相符合，但可知該次族群具有特定且不同於籼、粳對偶基因 (Fig. 3)。

另以主座標分析 (Principal coordinate analysis) 分析各品系間的遺傳關係，該分析方法係採遺傳距離為基礎，各類族群的分布圖上可知，台灣栽培品種緊密自成一類，而台灣雜草型紅米品系與美國雜草型紅米品系則散布於籼稻品種與粳稻地方品種之中，也可以發現部分分離後裔是座落於籼稻品種與粳稻品種之間，美國雜草型紅米品系的分布區域亦貼近籼稻地方品種，由此可知台灣雜草型紅米族群主要係籼稻遺傳組成的可能性較高 (Fig. 4)。

(四)、遺傳地理分布

利用 R 軟體下的 TESS3 套件進行遺傳地理分析，將所有台灣雜草型紅米品系的地理位置與遺傳親緣同時進行族群結構分析，取得最佳次族群數後，並將所有品系進行分類並把各品系的親緣係數繪製於地理地圖上，藉此分析整體試驗族群的遺傳地理分布。本次試驗結果可將所有雜草型紅米品系劃分成 6 類次群體，其中僅只有最後一類的群體是籼、粳雜交後裔且分散來自不同地區，因此無法在地理地圖上自成一個色塊，在各次群體內的親緣係數變化往往由南部往北部遞減，各群體在地理分布上橫跨由中央山脈阻隔的東、西半部，顯示長距離的稻種汙染或秧苗運輸是本次雜草型紅米品系擴散主因 (Fig. 5)。

進一步探討上述台灣雜草型紅米 6 類次群體的起源基因型，將次群體內的每一品系逐一與本試驗 30 個台灣栽培品種或 60 個地方品種等已知基因型組成比對，挑選出與每一雜草型紅米品系能具最低遺傳距離的候選品種 (Table 4)；在第 1 類雜草型紅米品系中，93 個品系主要分布於從屏東、雲林至桃園等西半部地區，其中有 29 個品系與地方品種 'Wu-Ko' 的遺傳距離僅為 16-20、38 個品系與其遺傳距離亦僅 21-25，而 9 個品系雖與 'Wu-Ko' 的遺傳距離高至 26-35 但仍以 'Wu-Ko' 為其最短遺傳距離，在第 1 類雜草型紅米品系中累計 77 個品系在諸多已知品種中與 Wu-Ko 的遺傳距離最低，整體可達 82.8%，其他候選相似基因型比例則均不足 10%，初步可知 Wu-Ko 與第 1 類品系的遺傳起源關聯性最高。在第 2 類雜草型紅米品系共有 221 個，主要從苗栗分別散佈至桃園、雲林與台東地區，其中共有 139 個品系與地方品種 'D.S. Wied' 的遺傳距離最短，分別 109 個品系具 16-20 個遺傳距離、17 個品系亦僅 21-25 個遺傳距離，整體累計 62.9% 的品系與 D. S. Wied 均具有最低遺傳距離，另有 23.1% (51 個) 品系則與「台中籼 10 號」具有最低遺傳距離，分別有 18、24 與 7 個品系分別與「台中籼 10

號」相距 16-20、21-25 或 26-30 不等遺傳距離，而其他候選基因型僅占整體比例最高只達 6.3%，可知第 2 類雜草型紅米品系的起源基因型與秈稻地方品種 'D. S. Wied' 的關聯性最高。第 3 類雜草型紅米品系雖包含 17 個品系，主要分布於彰化與南投地區，整體次族群中 64.7% (11 個) 品系均以「台中秈糯 2 號」的遺傳組成具最低遺傳距離，且其他候選基因型分類中僅有 3-1 個雜草型紅米品系，由此推測第 3 類雜草型紅米基因型以「台中秈糯 2 號」為潛在起源基因型。

第 4 類雜草型紅米品系涵蓋 50 個品系，主要集中分布於彰化等地區，80% 的品系 (40 個) 均係與「台中秈 10 號」具有最低遺傳距離，甚至累計 20 個品系在 30 個 SSR 基因座中僅只有 2-3 個分子標誌具有多型性，而其他候選基因型則分別具有 2% 至 8% 不等，可以由此推測「台中秈 10 號」栽培品種與第 4 類雜草型紅米品系起源最具關連性，並與其「台中秈 10 號」栽培面積主要分布於彰化地區能相契合；另該類雜草型紅米品系與「台中秈 10 號」存有多型性的分子標誌分別為 RM11 與 RM307，檢索 QTL 資料庫可知在 RM11 基因座附近存有 qLTG-7 (調控種子休眠性) 與 qHd7 (影響抽穗期) 等兩個基因座，而 RM307 標誌附近則發現 RERJ1 基因座與矮性株高相關，顯示上述兩個分子標誌不僅與其休眠性、抽穗期與株高等相關，未來在台中秈 10 號稻種純度管理上可使用此 2 項分子標誌作為純度檢測用。

第 5 類雜草型紅米品系合計 125 個品系，主要分布從花蓮至桃園地區，而 99 個品系占了整體 79.2% 均係與地方品種 'Ling-Ho' 具有最低遺傳距離，其中 59 個品系與 35 個品系與 'Ling-Ho' 的遺傳距離則僅達 21-25 以及 26-30 之間，而其他候選基因型則均低於整體 8% 以下，由此可知 'Ling-Ho' 與該類雜草品系起源基因最具關連性。而第 6 類雜草型紅米品系雖只包含 15 個品系，且分散於各縣市地區，但其遺傳組成的異質結合體比率較高，且與梗稻品種台南 11 號 (8 個)、花蓮 21 號 (2 個) 與台東 30 號 (2 個)、高雄 139 號 (1 個) 與 台梗 14 號 (1 個) 均具最低遺傳距離，此類雜草型紅米品系主要係秈、梗稻的雜交後裔並與梗稻品種具有較高遺傳相似性。

由上述統計結果可知，台灣雜草型紅米品系可細分為 6 種類型，而潛在起源基因型可能分別地方品種 Wo-Ko、D. S. Wied、台中秈糯 2 號、台中秈 10 號、Ling-Ho 與台南 11 號，而秈稻地方品種 Wo-Ko、D. S. Wied 以及 Ling-Ho 的普遍存在年代可追溯至 1945 年以後台灣開始大力推廣梗稻栽培品種，這些地方品種可能較普遍存在於 1945 年以前，而 1979 年後開始釋出秈稻台中秈 10 號，在 2004 年分別命名台中秈糯 2 號與台南 11 號，進一步觀察各類雜草型紅米品系的自交係數 (breeding coefficient) 與其起源基因型釋出或普遍存在的年代，可以發現兩者存有強烈線性關係，在第 1 類與第 5 類雜草型紅米品系的起源基因型分別為地方品種 Wo-Ko 與 Ling-Ho，其自交係數均為 1，顯示該分類內的品系均為同質結合體基因型，

而另 3 類屬於栽培品種的雜草型紅米品系，也可以發現屬於 1979 年開始命名推廣的台中秈 10 號類型之自交係數也遠高於另外 2004 年命名的台中秈糯 2 號與台南 11 號類型族群，其自交係數高達 0.927，顯示這些雜草型紅米品系的起源年代與其相近基因型具有強烈關聯性，且係長久經過天然選拔所產生的現象。

上述 6 個起源基因型分別涵蓋 3 個地方品種 (Wo-Ko、D. S. Wied 與 Ling-Ho) 與 3 個栽培品種 (台中秈糯 2 號、台中秈 10 號與台南 11 號)，其中台南 11 號與台中秈 10 號是稈稻與秈稻主要栽培品種，藉由觀察上述 6 個起源基因型品種在 2016 年第一期作桃園地區、彰化地區或嘉義地區的抽穗期與株高性狀，並將各類雜草品系與其起源基因型相互比較，在三地區中可以發現栽培品種的抽穗期較不受到地區影響，均有相似抽穗日數，然 3 個地方品種則可以明顯發現抽穗期由北往南、隨著桃園地區至台南地區快速縮短，顯見這些地方品種在南部地區的早熟特性更為明顯，也可能因此在水田整地後，因具有種子休眠性使其幼苗可以較晚發芽並配合期早抽穗特性能，與其他品種相互雜交，或有更高機會在一般品種收穫前便已經完全成熟落入土中。而地方品種在三個地區的株高也明顯均比其他 3 個栽培品種高至 20 cm，較高的株高可能增加花粉飄散的優勢，使得產生雜交後裔的機率增加許多，但隨著在稻種繁殖圃中強力去除高株等田間異型株，可以發現現行雜草型紅米品系與高株的起源基因型降低許多，這是人為選拔的主要特徵，也是三級良種繁殖制度發揮去除田間異型株的效益。

(五)、結論

本試驗在綜合桃園、彰化與嘉義等地區的型態調查，分析結果上，發現在稻種繁殖圃上人為強力汰除田間異型株，使得臺灣雜草型紅米外觀形態在稈稻稻種繁殖圃中，除了紅色穎果外觀外，具有矮株、強落粒性且早熟等雜草特性，且形態趨勢在 3 個試驗地點均較接近稈稻品種，而與過去秈稻地方品種與秈稻栽培品種均差異較大。

而遺傳分析結果顯示，臺灣雜草型紅米與美國阿肯色雜草型紅米的遺傳背景均較接近秈稻品種與稈稻品種差異甚遠，且可發現部分台灣雜草型紅米品系是屬於秈稻間雜交後裔或係秈、稈稻混合型後裔；也超過 93% 以上雜草型紅米後品系的遺傳組成，經 30 組 SSR 標誌均係同質結合體基因型，顯示這些雜草型紅米品系繁殖圃中已經過 10 年以上的天然選拔，另在空間分布上，可將本試驗 521 個雜草型紅米品細分成 6 個次族群，並透過各次族群地理分布可見橫跨臺灣東西半部，顯見遠距離稻種 (秧苗) 汙染傳播為其主要擴散模式，而各次族群的可能起源基因型並能與其部分秈稻品種的栽培面積分布相符，會逐漸與該地區主要栽培品種發生遺傳滲入。本試驗亦整理出各雜草型紅米次族群具鑑別效力之分子標誌組可供稻種純度管理，並依遺傳空間分布可加強已受汙染繁殖圃管理與受汙染稻種流向管理，並讓受汙染田區加強輪作並避免作為稻種繁殖。

五、具體政策建議

1. 農業菁英培訓專案計畫培訓研究人員、提升研發素質，其中在國外短期研究類別中補助研究期限以三個月至六個月為原則，然本次實務經驗發現在為期6個月的博士後研究中，為了執行異地研究遠赴他國時，除了需要配合當地水稻半年栽培季節，還需完成基本生活、報到手續與實驗室安全訓練等庶務作業，培訓單位戴爾-邦伯斯國家水稻研究中心 (DBNRRC) 頻頻建議台灣在人才培訓歷程上，從跨國研究團隊整合、試驗規劃、分析調查、數據分析與結果討論，並進行成果論文撰寫發表，應規劃為期1年的訪問研究計畫，完整落實整體人才培訓期程；同時參考鄰近中國、韓國與越南等公務機關派赴DBNRRC的訪問學者均長達1年，並完整完成所有培訓項目，可發現我國培訓期程規劃上略薄弱，未來在人才培訓規劃上建議酌予寬列。
2. 本次人才培訓是台美學術交流中，少數派赴美國農業部轄下稻作專責研究單位進行專題研究，該機構負責稻作種原與相關遺傳育種研究等基礎研發，中心任務並自期研究成果與技術能穩定美國稻作產業的發展基礎。在跨國政府機關間的正式學術交流具有強化雙方實質合作與人員緊密交流，因此105年計畫期滿後，將於106年規劃邀請美方農部研究人員來訪台灣，除了加強雙方互訪交流深度，並提供國內稻作研究人員參與國際合計畫的潛在機會。因此在計畫執行期間也多次協助媒合台、美農業研究機關，規劃106年與107年台美學術合作議案，隨著雙方均日漸重視水資源利用效率相關議題，而我方在稻作乾溼交替栽培模式已有成熟經驗，初步將以該議題作為107年人才交流的主軸，並協助桃園區改良場極力爭取該項合作計畫。
3. 本試驗形態結果顯示台灣雜草型紅米外觀與國內梗稻栽培品種相近，並具有早熟、矮株、強落粒與種子休眠等雜草特性，使得汙染田區的植株或稻種不易由外觀檢出，依據本試驗所得各類雜草型紅米品系與高相似品種之間的多型性標誌，可輔助作為稻種純度與檢測技術的開發依據，加強檢出或鑑別田間雜草型紅米。
4. 近年雜草紅米在國內稻種繁殖圃的混雜率雖僅1%上下，但隨著2014年在原種圃與採種圃檢出件數比例從6%上升至24%，2015年針對187個稻米鄉鎮產區進行紅米混雜率調查，發現43%的鄉鎮已檢出紅米汙染，可見擴散迅速。本試驗分析結果可知，台灣雜草型紅米擴散主要是長距離汙染稻種或秧苗運送所致；因此，對於三級良種繁殖制度中不合格稻種與受汙染田區的整體管理以及落實回饋機制，避免不明稻種作為稻種繁殖用，並對於受汙染田區管制稻種生產與輪作栽培，降低雜草紅米的擴散。
5. 在各類雜草型紅米品系中，均可發現部分標誌與雜草化系狀相關，但各類型雜草型紅米的遺傳組成卻不盡相同，如第4類雜草型紅米品系與「台中秈10號」存有多型性的分子標

誌分別為RM11與RM307，檢索QTL資料庫可知在RM11基因座附近存有qLTG-7 (調控種子休眠性)與 qHd7 (影響抽穗期)等兩個基因座，而RM307標誌附近則發現RERJ1基因座與矮性株高相關，顯示上述兩個分子標誌不僅與其休眠性、抽穗期與株高等相關，但各地區內的雜草型紅米之性狀遺傳相關基礎研究不明，對於預防機制仍無法參考依據，因深入了解各地區台灣雜草型紅米的雜草性狀形成基因，有助預防雜草紅米的遺傳滲入或形成。

六、台美研究交流紀要

1. 參加阿肯色州稻作科技博覽會，觀摩該州主要自交品種與雜交水稻等田間導覽 (08/10)。
2. 農業委員會辦理 105 年台美雙邊農業科技學術交流會談，提供本項雜草紅米合作計畫初步成果 (10/18)。
3. 洽談 106 年台美雙邊水稻人才培訓計畫，初步針對分子輔助育種、水分利用與溫室氣體監控等議題，協助雙方擬定合作共識項目 (10/20)。
4. 在美接待農委會農糧署與米穀公會訪問團，導覽美國高直鏈性澱粉品種特性與栽培現況，並刊登於 Stuttgart 市地方報紙，提高彼此交流成效能見度 (11/4)。
5. 洽談 107 年台美雙邊水稻研究計畫-乾溼交替灌溉模式下耐旱育種與稻熱病監控，積極協助桃園區改良場爭取本項國際學術合作計畫 (11/18)。

七、試驗圖表

Table1. the performance of weedy rice and cultivated rice were evaluated at three locations for 9 traits.

Phenotyping	Materials	Number	PN	HD	PH	AP	PS	BC	GW	GL	GLW
Taoyuan location	<i>indica</i> Landrace	60	19.0 B	127.0 a	145.8 a	0.10 a	0.07 b	3.7 b	2.91 c	7.28 b	2.52 b
	<i>indica</i> Variety	2	12.0 C	120.5 ab	116.0 bc	0.00 a	0.03 b	1.5 c	2.72 c	8.17 a	3.01 a
	<i>japonica</i> Variety	15	14.1 C	118.8 ab	118.5 b	0.00 a	0.03 b	1.5 c	3.35 a	6.79 c	2.03 d
	Weedy rice (#1-217)	191	21.4 A	105.5 b	109.0 c	0.18 a	0.14 a	5.0 a	3.21 b	7.70 a	2.41 c
Taichung location	<i>indica</i> Landrace	58	6.9 B	118.4 a	147.4 a	0.33 a	0.10 b	3.3 b	3.09 c	8.05 b	2.62 b
	<i>indica</i> Variety	2	5.5 Bc	108.5 ab	113.5 b	0.00 b	0.03 c	1.0 c	2.72 d	9.04 a	3.33 a
	<i>japonica</i> Variety	15	4.0 C	108.9 ab	100.3 b	0.00 b	0.05 c	1.0 c	3.53 a	7.32 d	2.08 d
	Weedy rice (#218-430)	194	8.2 A	102.4 b	102.7 b	0.15 b	0.14 a	4.6 a	3.14 b	7.75 c	2.47 c
Tainan location	<i>indica</i> Landrace	52	-	93.8 b	133.6 a	0.13 a	-	3.0 b	2.88 c	7.80 b	2.72 b
	<i>indica</i> Variety	2	-	110.0 a	106.0 bc	0.00 a	-	1.0 c	2.57 d	8.78 a	3.42 a
	<i>japonica</i> Variety	15	-	109.1 a	96.1 c	0.07 a	-	1.0 c	3.33 a	7.34 d	2.21 d
	Weedy rice (#431-643)	167	-	101.0 a	106.5 b	0.11 a	-	3.9 a	2.98 b	7.63 c	2.57 c

PN, panicle number; HD, heading day; PH, plant height; AP, Awn presence; PS, Panicle shattering; BC, bran color; GW, grain width; GL, grain length; GLW, grain length-width ratio.

Table2. the 30 SSR primer pairs used in this study with background information and detected allele number within different materials.

Primer ID	Ch	Position (Mb)	Molecular weight (bp)	Allele number					
				Overall	TWR	UWR	Ind	Lan	Jap
RM495	1	0.2	140-159	4	2	3	2	3	1
RM5	1	24.0	100-115	8	2	4	3	6	2
RM237	1	26.8	116-132	6	3	3	2	4	2
RM431	1	38.9	243-257	7	4	2	2	6	3
RM154	2	1.1	164-198	12	6	3	4	9	3
RM208	2	35.2	163-179	8	6	2	4	8	2
RM22	3	1.5	184-206	10	6	2	3	9	2
RM282	3	12.4	123-135	4	4	3	3	4	1
RM338	3	13.2	178-181	3	1	2	1	2	2
RM307	4	13.0	120-182	12	7	2	3	10	2
RM124	4	34.5	265-271	3	3	3	3	3	1
RM507	5	0.1	255-262	3	2	2	1	3	2
RM161	5	20.7	161-184	6	3	3	2	4	2
RM178	5	24.9	114-120	3	2	2	2	3	1
RM133	6	0.2	226-228	2	2	2	2	2	1
RM454	6	23.3	268-273	3	3	1	1	3	2
RM125	7	5.5	115-134	5	2	2	1	4	2
RM11	7	19.3	120-146	10	4	3	4	9	2
RM118	7	26.6	156-160	3	2	1	1	3	2
RM408	8	0.1	112-129	7	3	2	2	7	1
RM152	8	0.7	131-154	8	6	3	3	5	3
RM284	8	21.0	142-148	4	4	3	1	3	2
RM433	8	25.7	221-229	4	3	3	2	4	1
RM316	9	1.0	164-214	9	5	4	2	5	3
RM215	9	20.8	141-152	6	4	2	3	5	3
RM171	10	18.6	324-348	5	3	1	3	5	1
RM484	10	20.6	292-297	3	2	2	1	3	1
RM202	11	8.9	158-187	12	7	3	2	9	5
RM536	11	9.0	221-245	5	4	3	1	4	4
RM277	12	18.3	113-117	2	2	1	1	2	1
Mean				5.9	3.6	2.4	2.2	4.9	2.0

Table 3. Parameters of genetic diversity in weedy rice and cultivated rice groups based on 30 SSR loci.

Population code	Size	<i>Na</i>	<i>Ne</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>F</i>
TWR	521	3.6 (0.3)	1.3 (0.1)	0.013 (0.001)	0.185 (0.033)	0.867 (0.019)
TWR -Cluster1	(93)	1.7 (0.2)	1.1 (0.1)	0	0.068 (0.024)	1
TWR -Cluster2	(221)	3.0 (0.2)	1.1 (<0.1)	0.008 (0.001)	0.084 (0.017)	0.808 (0.031)
TWR -Cluster3	(17)	2.1 (0.2)	1.4 (0.1)	0.063 (0.018)	0.217 (0.043)	0.689 (0.065)
TWR -Cluster4	(50)	2.1 (0.2)	1.2 (0.1)	0.003 (0.001)	0.150 (0.031)	0.937 (0.040)
TWR -Cluster5	(125)	1.8 (0.2)	1.1 (<0.1)	0	0.074 (0.021)	1
TWR -Cluster6	(15)	2.3 (0.1)	1.7 (0.1)	0.254 (0.027)	0.387 (0.033)	0.300 (0.055)
UWR	12	2.4 (0.1)	1.8 (0.1)	0.046 (0.012)	0.407 (0.039)	0.891 (0.026)
Lan	59	4.9 (0.4)	2.2 (0.2)	0.038 (0.004)	0.463 (0.041)	0.907 (0.010)
Ind	10	2.2 (0.2)	1.6 (0.1)	0.017 (0.007)	0.303 (0.043)	0.946 (0.018)
Jap	36	2.0 (0.2)	1.2 (0.1)	0.021 (0.018)	0.145 (0.033)	0.923 (0.054)
Overall	638	5.9 (0.6)	1.6 (0.1)	0.016 (0.002)	0.309 (0.031)	0.941 (0.007)

Na: number of observed alleles; *Ne*: number of effective alleles; *Ho*: observed heterozygosity; *He*: Nei's unbiased expected heterozygosity; *F*: fixation index (inbreeding coefficient). Numbers in parentheses indicate standard error.

Table 4. The inference origin genotypes of Taiwan weedy rice clusters based on the lowest genetic distance between the weedy rice individual and other cultivated rice controls (cultivars or landrace).

Clus	Similar genotype	Gro	Genetic distance										Total	Freq. (%)
			0-5	6-10	11-15	16-20	21-25	26-30	31-35	36-40	41-45	46-52		
1	Wu-Ko	Lan	0	0	0	29	38	6	3	0	1	1	77	82.8
	D.S.Wied	Lan	0	0	0	0	9	0	0	0	0	0	9	9.7
	Taichung sen 10	Ind	0	0	0	2	0	2	0	0	0	0	4	4.3
	Taichung sen waxy 2	Ind	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1.1
	Teqing	Ind	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1.1
	Yang-Tao (B)	Lan	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1.1
	Subtotal			0	0	0	31	48	9	3	1	1	1	93
2	D.S.Wied	Lan	0	0	0	109	17	10	2	1	0	0	139	62.9
	Taichung sen 10	Ind	0	1	0	18	24	7	0	0	1	1	51	23.1
	Ling-Ho	Lan	0	0	0	0	12	2	0	0	0	0	14	6.3
	Wu-Ko	Lan	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	4	1.8
	Hsin-Chung	Lan	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	2	0.9
	Huang-Se-Ku	Lan	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	2	0.9
	Pai-K'o-Hung-Mi-Ku	Lan	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	2	0.9
	Huang-K'ai-Shien	Lan	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0.5
	Nan-Tzu-Shien	Lan	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0.5
	Taichung sen waxy 2	Ind	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0.5
	Tainung 71	Jap	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0.5
	Taitung 30	Jap	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0.5
	Tong-Yang-Tsao	Lan	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0.5
	Tsao-9-57	Lan	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0.5
Subtotal			0	1	0	129	56	21	5	5	2	4	221	100.0
3	Taichung sen waxy 2	Ind	0	2	4	3	0	1	1	0	0	0	11	64.7
	Huang-Se-Ku	Lan	0	0	0	0	0	0	1	2	0	0	3	17.6
	Che-Chang 9	Lan	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	5.9
	Pai-K'o-P'u-Chan	Lan	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	5.9
	Tsao-Pai	Lan	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	5.9
	Subtotal			0	2	4	3	0	2	2	3	1	1	17
4	Taichung sen 10	Ind	0	20	6	12	1	0	0	1	0	0	40	80.0
	D.S.Wied	Lan	0	0	0	3	1	0	0	0	0	0	4	8.0
	Ling-Ho	Lan	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	2	4.0
	Taichung sen waxy 2	Ind	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	2	4.0
	Pai-K'o-P'u-Chan	Lan	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	2.0
	Wu-Ko	Lan	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	2.0
	Subtotal			0	20	6	16	3	2	2	1	0	0	50
5	Ling-Ho	Lan	0	0	0	0	59	35	5	0	0	0	99	79.2
	Taichung sen 10	Ind	0	0	0	6	1	3	0	0	0	0	10	8.0
	Wu-Ko	Lan	0	0	0	1	3	0	1	0	0	0	5	4.0
	D.S.Wied	Lan	0	0	0	2	1	0	0	0	0	0	3	2.4
	Teqing	Ind	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	2	1.6
	TNGSW 26	Ind	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	2	1.6
	Tsao-9-57	Lan	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	2	1.6
	Pai-K'o-Hung-Mi-Ku	Lan	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0.8
	TCSW2	Ind	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0.8
	Subtotal			0	0	0	11	65	40	9	0	0	0	125
6	Tainan 11	Jap	3	0	0	0	1	2	0	2	0	0	8	53.0
	Hualien 21	Jap	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	2	13.0
	Taitung 30	Jap	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2	13.0
	Kaohsiung 139	Jap	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	7.0
	Taikeng 14	Jap	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	7.0
	Yang-Tao (B)	Lan	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	7.0
	Subtotal			4	1	0	0	1	2	2	5	0	0	15

Clu, Cluster; Gro, Group;

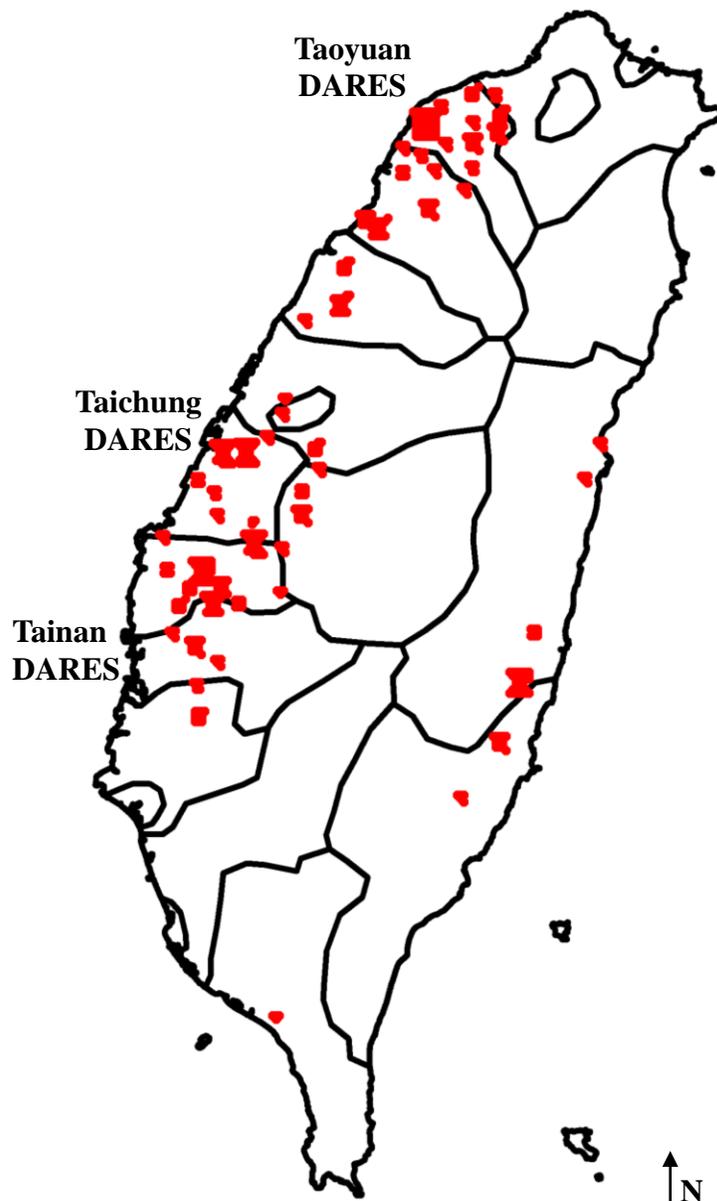


Fig. 1. The collection sites of 643 weedy rice samples were plotted on the geographic map of Taiwan. Red dots indicated collection location of weedy rice individuals. The three station locations of trait evaluation were noted at Taoyuan district agricultural research and extension station (DARES), Taoyuan county, at Taichung DARES, Chunghua county and Tainan DARES, Chiayi county.

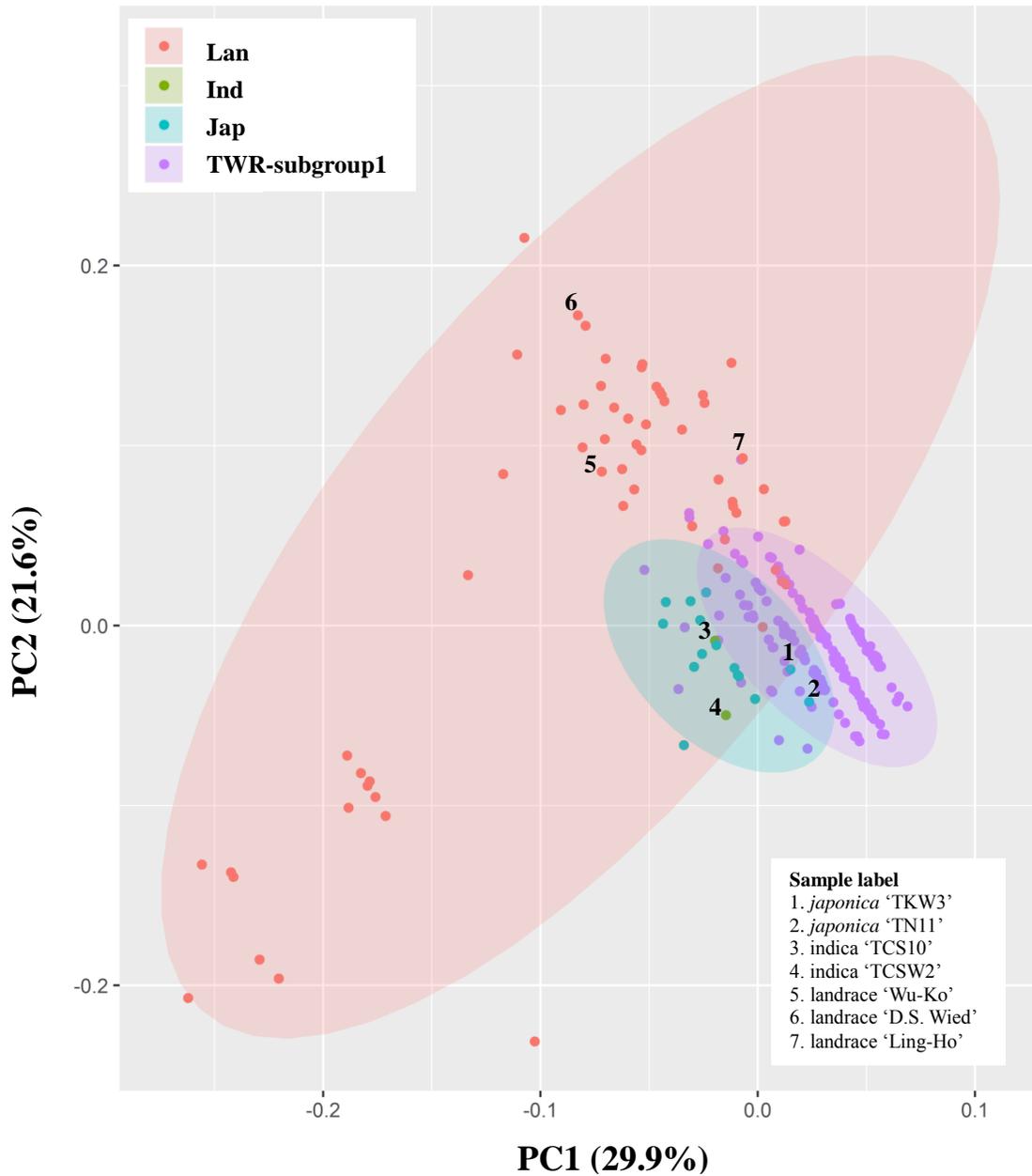


Fig. 2a. The two-dimensional plot of the Principal Component Analysis (PCA) of ten traits collected from Taoyuan location showed the morphological clusters of cultivated rice and weedy rice. The first and second principal coordinates account for 29.9% and 21.6% of total variation, respectively. Lan, *indica* landrace; Ind, Taiwan *indica* cultivars; Jap, Taiwan *japonica* cultivars; TWR-subgroup1, Taiwan weedy rice accessions from #1 to #217.

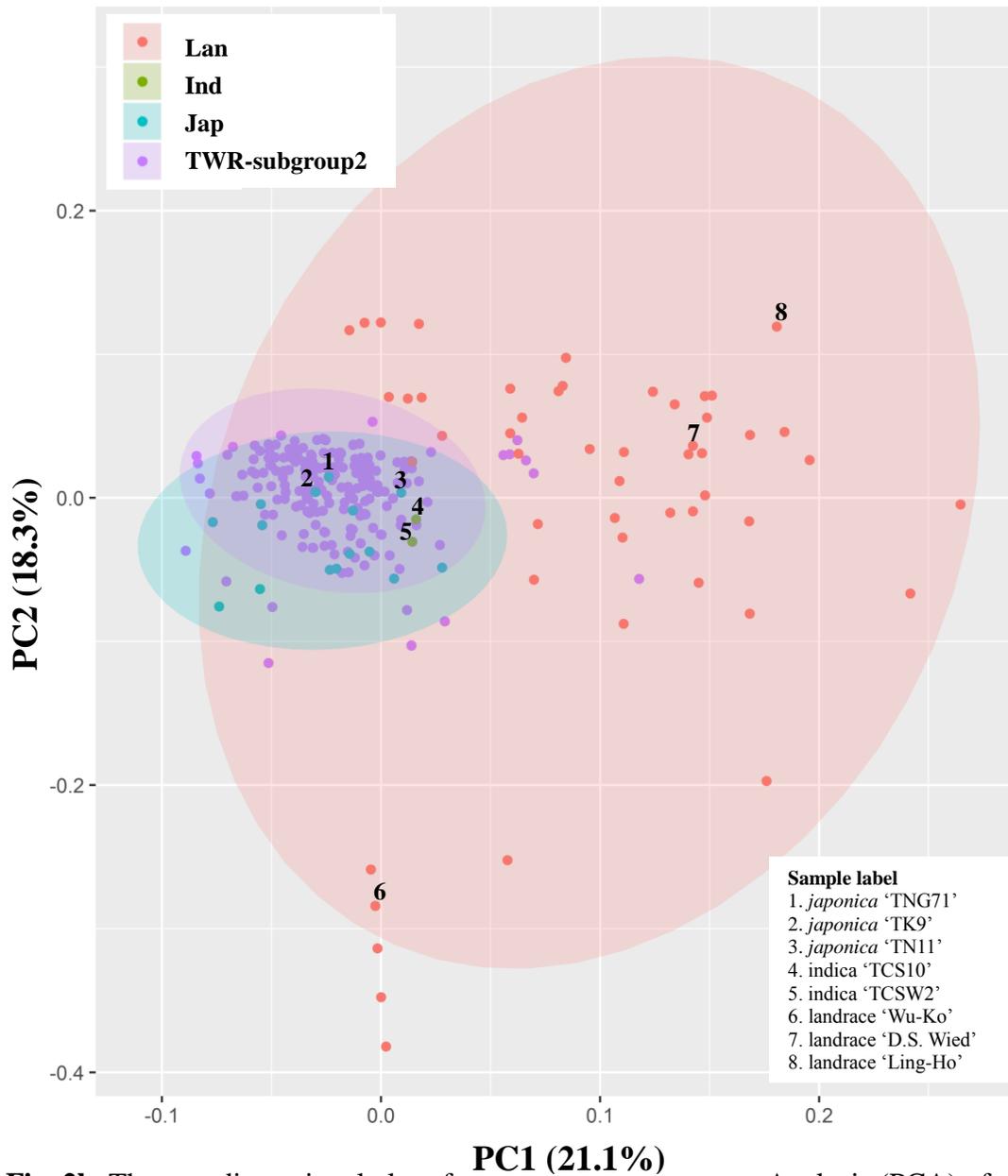


Fig. 2b. The two-dimensional plot of the Principal Component Analysis (PCA) of ten traits collected from Taichung location showed the morphological clusters of cultivated rice and weedy rice. The first and second principal coordinates account for 21.1% and 18.3% of total variation, respectively. Lan, *indica* landrace; Ind, Taiwan *indica* cultivars; Jap, Taiwan *japonica* cultivars; TWR-subgroup2, Taiwan weedy rice accessions from #218 to #430.

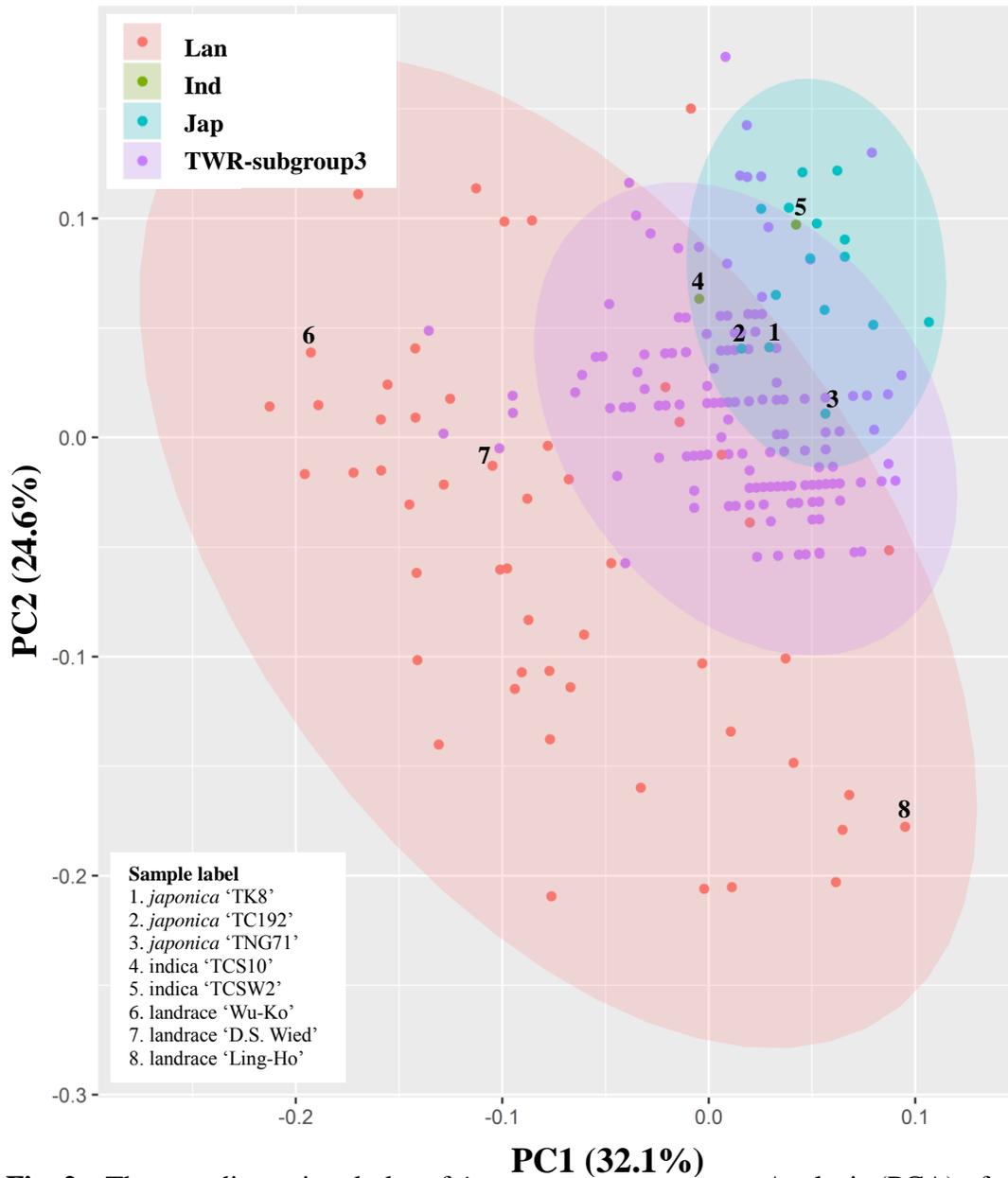


Fig. 2c. The two-dimensional plot of the Principal Component Analysis (PCA) of ten traits collected from Tainan location showed the morphological clusters of cultivated rice and weedy rice. The first and second principal coordinates account for 32.1% and 24.6% of total variation, respectively. Lan, *indica* landrace; Ind, Taiwan *indica* cultivars; Jap, Taiwan *japonica* cultivars; TWR-subgroup2, Taiwan weedy rice accessions from #431 to #643.

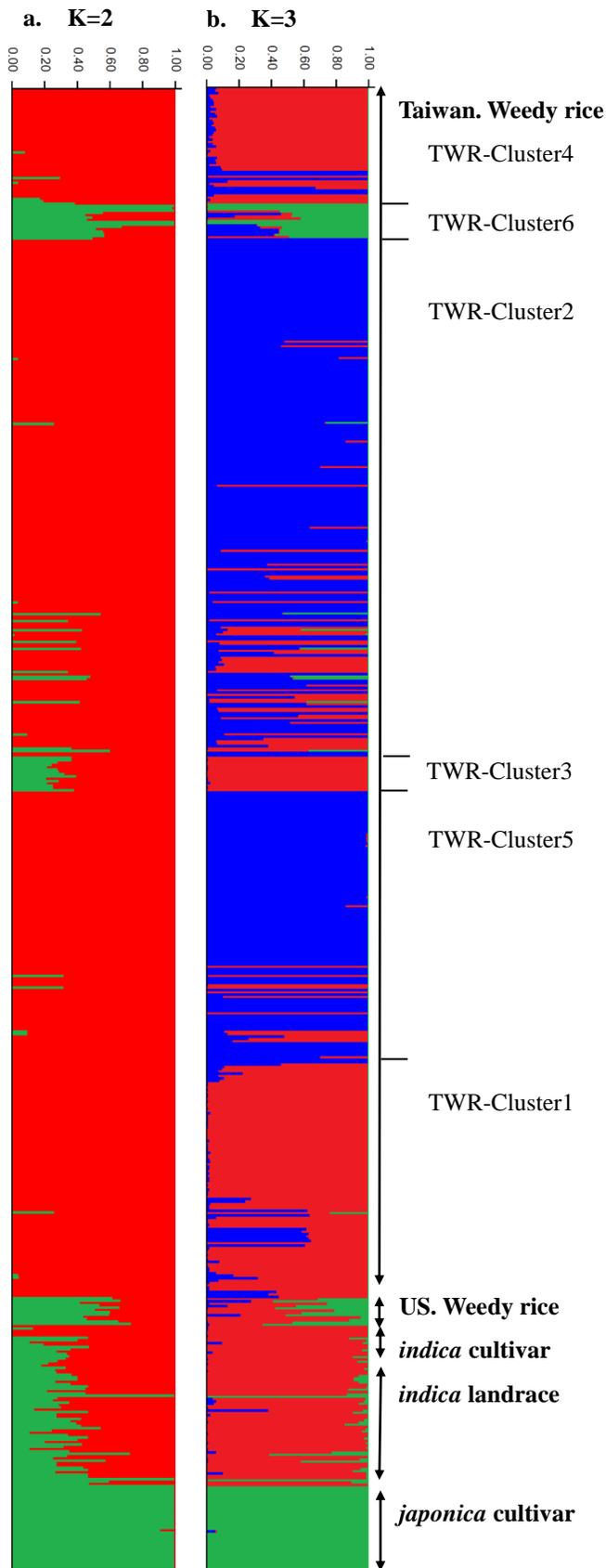


Fig. 3. Bayesian model-based clustering STRUCTURE analysis as inferred at $K = 2$ (a) and $K = 3$ (b) based on SSR data. The genotype of each individual accession is represented by a horizontal line divided into colored segments, the lengths of which indicate the proportions of the genome attributed to the inferred clusters.

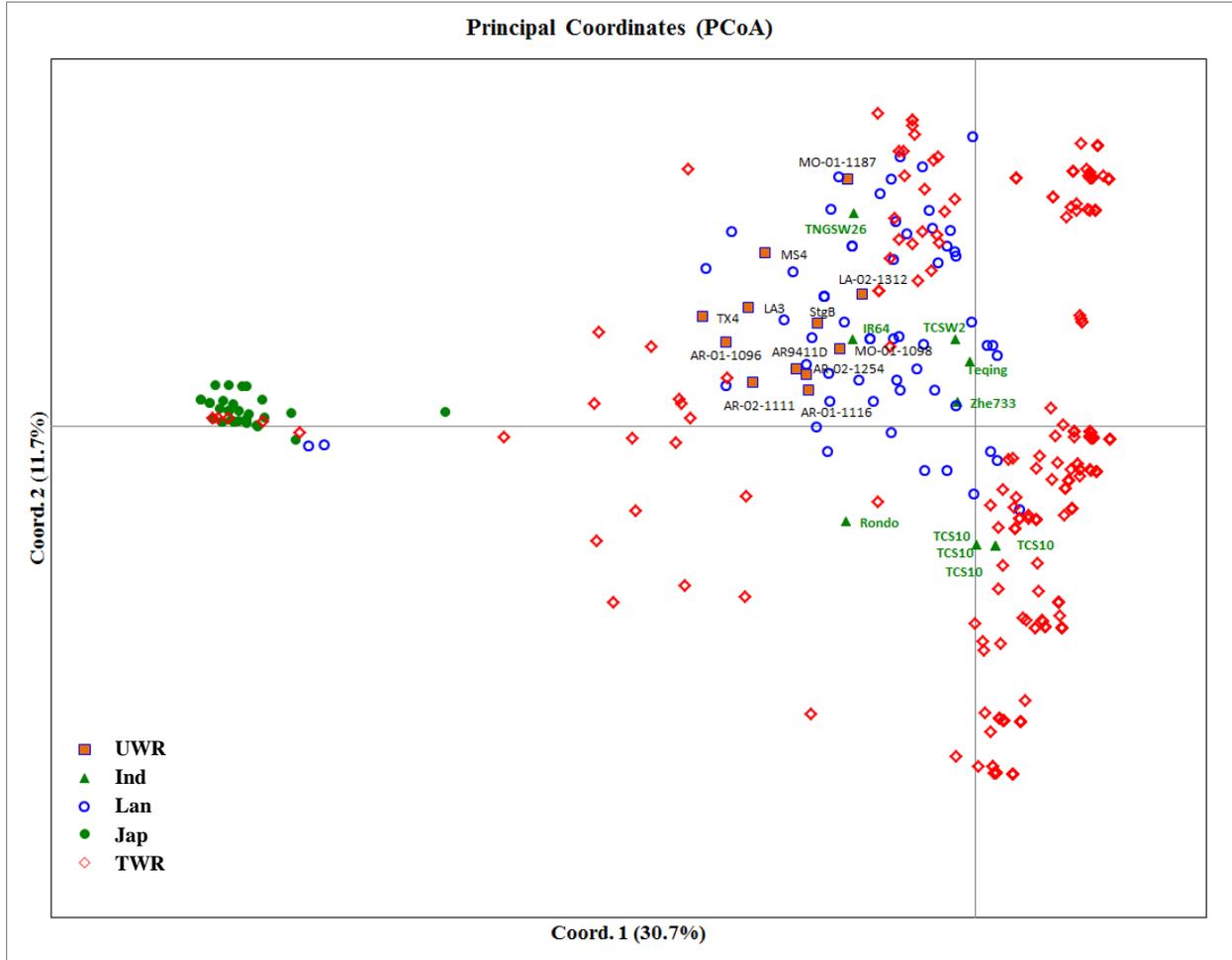


Fig. 4. The two-dimensional plot of the Principal Coordinate Analysis (PCoA) of SSR data showed the clustering of populations of cultivated rice and weedy rice. The first and second principal coordinates account for 30.7% and 11.7% of total variation, respectively. TWR, Taiwan weedy rice from #1 to #643; UWR, US. weedy rice; Lan, *indica* landrace; Ind, *indica* cultivar; Jap, *japonica* cultivar.

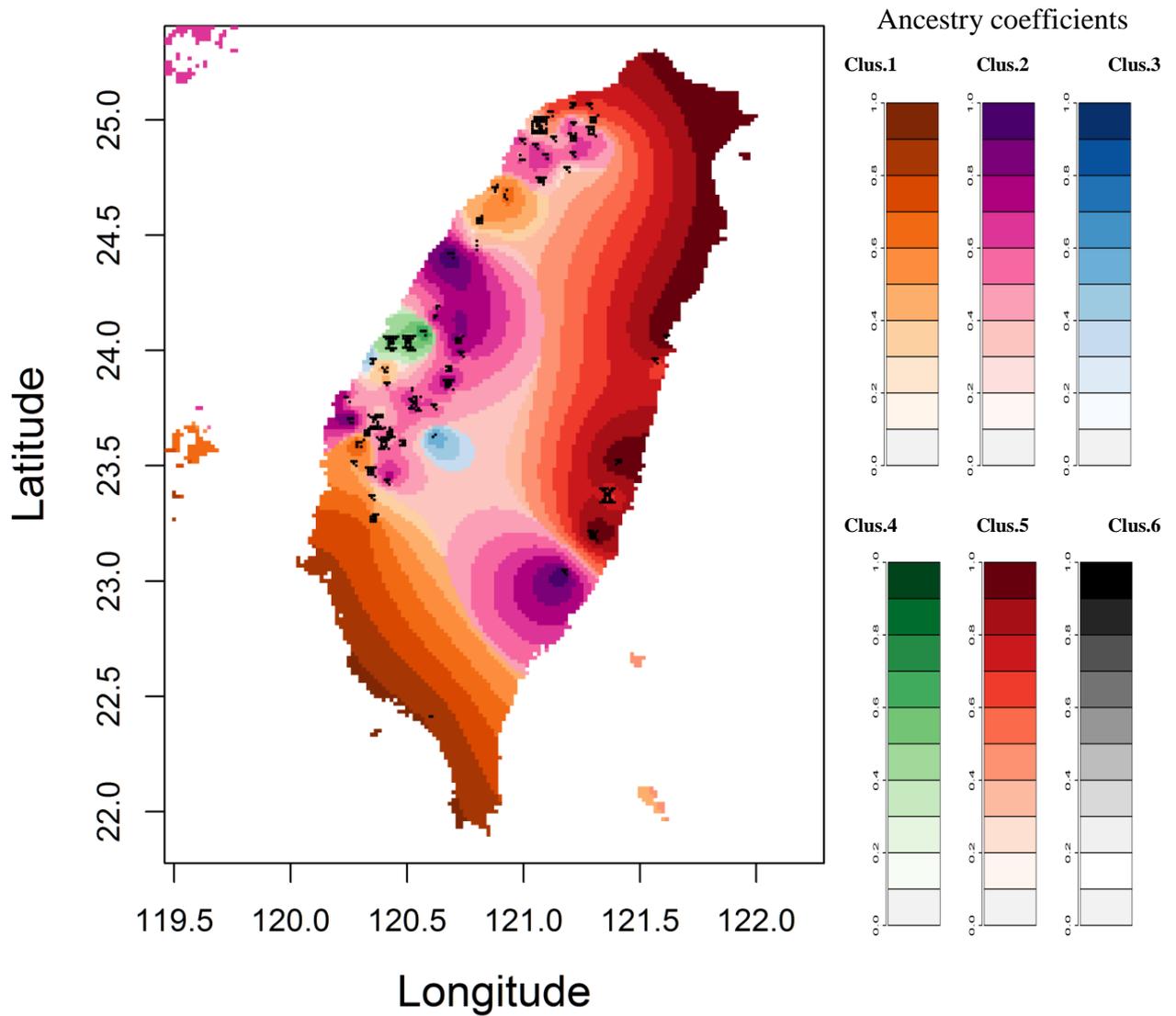


Fig. 5. Dispersal patterns of six Taiwan weedy rice clusters were displayed by the interpolated values of ancestry coefficients on the geographical map. The 6th cluster was few samples and their origin diverse resulting in disappearing the representative color.

八、交流影像紀錄



附圖 1. USDA-ARS/DBNRRC 訪問學者識別證



附圖 2. USDA-ARS/DBNRRC 研究中心建築外觀



附圖 3. 阿肯色州水稻田間觀摩會



附圖 4. 導覽阿肯色州主要水稻栽培品種



附圖 5. 光合作用田間實務實習



附圖 6. 協助光合作用效率測定調查



附圖 7. 收穫時導覽大型碾米公司 Producers 運作概況



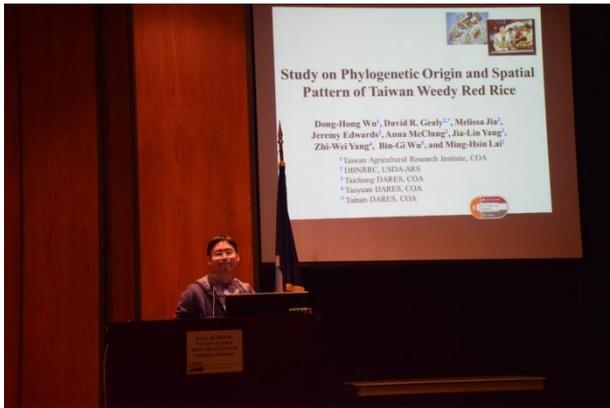
附圖 8. 入倉秤重並同時抽樣進行稻穀品質檢測



附圖 9. 1977 年阿肯色州紅米防治試驗



附圖 10. 本中心重要種原親本之一台灣「低腳烏尖」



附圖 11. 雜草型紅米成果發表簡報



附圖 12. 主持人介紹訪問學者個人學經歷



附圖 13. 在 DBNRRRC 發表本次合作成果



附圖 14. 向 DBNRRRC 整體研究人員闡述成果