三、種子 (苗) 檢查、檢測及驗證

一 加強基因轉殖植物安全管理 - 基因轉殖植物之檢測

周明燕、曾一航、邱燕欣

根據我國植物品種及種苗法與其相關管理法規，有關基因轉殖作物在上市前除須進行生物安全評估外，上市後，產品除須標示外，亦須接受主管機關監控，以維護國內生態環境與消費者之安全。有關基因轉殖作物之進出口管理，現階段採行邊境管制及境內源頭管理措施，針對可能進口之基因轉殖作物包括大豆、玉米、水稻、馬鈴薯、油菜及木瓜等作物，在進出邊境時採樣偵測，同時針對高風險作物對國內種苗業者進行源頭抽檢，以確保我國作物生產不受基改作物汙染。本年度國內業者及田間監控部分共抽檢 5 縣市、11 家種苗業者，累積採樣木瓜種苗 15 件、玉米種子 10 件，合計 25 件 (表 3-1)。進出口種子監測部分共完成出口木瓜種子 10 件、進口玉米種子 22 件，總計 32 件抽檢樣品 (表 3-2)，皆無檢出目標基改片段，確保我國田間無基因轉殖作物種植及被汙染風險。各小組成員檢測能力維持測試，針對木瓜葉片、木瓜種子、大豆、玉米、馬鈴薯進行盲樣能力試驗，團隊定性檢測結果皆 100% 符合。

表 3-1、114 年度種苗業者基因轉殖作物安全管理抽檢樣品數量統計表

	木瓜苗	玉米種子
苗栗縣	3	
台中市	1	4
南投縣	7	
台南市	1	3
高雄市	3	3
合計	15	10

表 3-2、進出口種子邊境監控抽查樣品統計表

	檢測樣品 (件)	抽檢母體總量 (公斤)	佔進出口比例(%)
出口木瓜種子	10	168.85	7
進口玉米種子	22	81,147	12
進口大豆種子	0	0	0

二 中部地區及進口作物基改檢監測體系優化

曾一航、陳靜欣、張郁菁

本計畫主要目標係在提升我國對於農業生技作物之檢監測量能。在基因改造作物品項定量檢測用 DNA 品質評估標準流程建構部分，已參考歐盟公開技術文件相關內容進行摘要整理，可作為後續基因改造作物品項定量檢測之品管流程依據。在基因改造作物品項檢測方法建立上，已完成基因改造玉米品項（DP-915635-4）之定性 / 定量檢測技術建立，其定性偵測極限可達 0.05%（圖 3-1）。在基因改造品項檢測能力試驗方面，團隊所屬多數實驗室對於玉米及馬鈴薯盲樣之最終檢測正確率為 100%，惟實驗室 B 在部分檢測結果中出現「NPTII 及 PRSV-CP 偽陰性（木瓜葉片）」及「GTS40-3-2 偽陽性（大豆粉末）」，後續將納入團隊工作交流會議討論成因並進行改善。另在 114 年度基因改造作物檢監測作業執行結果中，國內生產田區抽樣檢測數共 64 件（馬鈴薯 24 件、玉米 22 件、大豆 18 件）；國外進口作物（硬質玉米、大豆、棉子）抽樣檢測數則合計 107 件（大豆 69 件、玉米 36 件、棉子 2 件）。

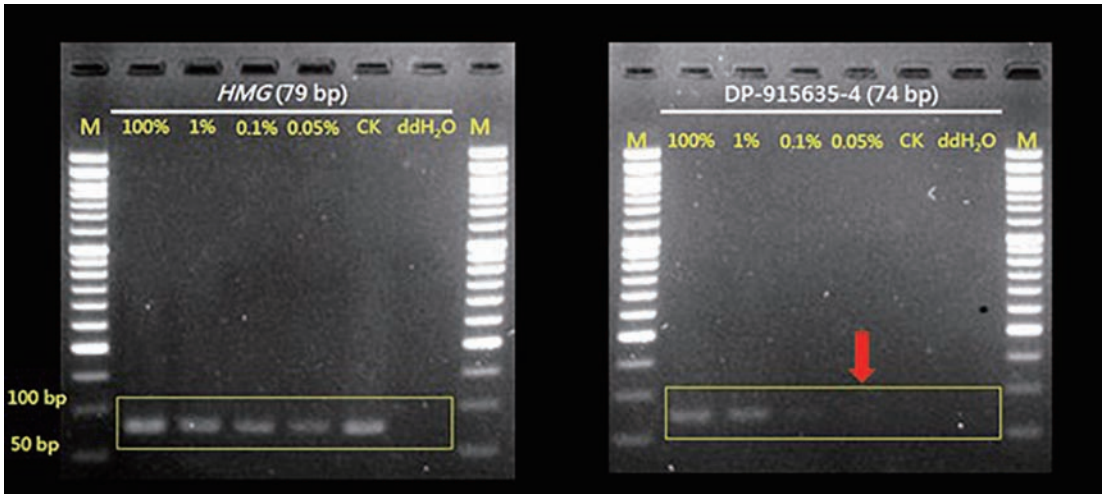


圖 3-1、基因改造玉米品項 (DP-915635-4) 之定性檢測分析結果。圖中「M」為 marker、「ddH_2O」為二次水；(左圖) 依序為不同濃度 (100%、1%、0.1%、0.05%) 之基因改造玉米品項 (DP-915635-4) PCR 擴增產物 (擴增標的：HMG；79 bp)；(右圖) 依序為不同濃度 (100%、1%、0.1%、0.05%) 之基因改造玉米品項 (DP-915635-4) PCR 擴增產物 (擴增標的：DP-915635-4 偵測片段；74 bp)

三 臺灣葡萄重要病毒檢定技術建立

馮雅智、張珈錡、王慧如、邱燕欣

本計畫旨在釐清臺灣葡萄病毒現況、提升檢測效能，並強化無特定病毒種苗生產體系。於 2024–2025 年間，自全臺 4 縣市 7 個主要產區採集 164 件葡萄樣本，結合小分子核酸次世代定序（sRNA-NGS）與分子檢測，完整解析田間病毒相，揭露過去難以察覺之隱匿病毒。結果顯示田間共可檢出 6 種葡萄病毒（GLRaV-1、GLRaV-3、GFkV、GFabV、GGVA、GVE），其中以葡萄雙生 A 病毒（GGVA）最為普遍，主要產區感染率達 70–100%，部分地區亦呈現 GFkV 與 GLRaV-3 高感染情形（表 3-3）。多數產區存在病毒複合感染，部分樣本同時帶有 5 種病毒。與 2004 年調查結果相比，GFabV、GVE 及 GGVA 五種病毒為田間 GLRaV-3、GFkV 新增病毒相，顯示葡萄病毒族群持續變動與演化。另針對 6 種接穗與砧木組培苗進行 sRNA-NGS 分析，確認場外材料分別感染 GFabV 與 GGVA，而本場販售之櫻井、一色、5C 與 8B 葡萄植株皆未檢出病毒（表 3-4）。綜合上述，本計畫已掌握臺灣田間葡萄之病毒相與分布特性，為後續檢測強化與健康種苗管理奠定關鍵基礎。

表 3-3、2024-2025 年臺灣重要葡萄產區病毒感染現況

採樣時間	地點	GVA	GFLV	GLRaV-1	GLRaV-3	GFkV	GFabV	GGVA	GVE	未感染	樣本數
2024	台中新社	0%	0%	0%	15%	30%	50%	70%	5%	0	20
	南投豐丘	0%	0%	0%	86%	62%	5%	86%	29%	1	21
	彰化埔心	0%	0%	0%	6%	24%	4%	77%	12%	5	26
	彰化溪湖	0%	0%	0%	0%	36%	10%	100%	14%	0	11
	彰化大村	0%	0%	6%	19%	25%	0%	75%	13%	4	16
2025	苗栗內灣	0%	0%	0%	32%	100%	39%	96%	14%	0	28
	苗栗卓蘭	0%	0%	5%	20%	60%	20%	90%	10%	2	20

0% 未感染
0-30% 輕度感染
30-50% 中度感染
50-70 % 高度感染
70-100 % 嚴重感染

表 3-4、本場葡萄種苗（櫻井、一色、5C 與 8B）與收集自場外材料（420A 與麝香）之病毒罹染情形

		PCR/RT-PCR		
編號	材料代號	GFabV	GGVA	GVE
1	櫻井	-	-	-
2	420A	+	-	-
3	一色	-	-	-
4	5C	-	-	-
5	5C	-	-	-
6	8B	-	-	-
7	8B	-	-	-
8	麝香1-1	-	+	-
9	麝香	-	+	-

四 植物菌質體檢定及分類技術建立與重要作物種子帶菌之調查

馮雅智、王慧如、邱燕欣

植物菌質體（*Candidatus* Phytoplasma）為重要植物病原，可感染逾千種植物，包含多種果樹與經濟作物，主要透過無性繁殖、寄生性菟絲子及葉蟬、木蝨等媒介昆蟲傳播，常引發花器葉化、矮化、黃化與簇葉等病徵，對農業生產衝擊甚鉅。由於菌質體至今無法純培養，其鑑定與檢測具高度挑戰性，在植物檢疫與防疫需求日益提升下，建立符合國際標準之檢測技術具關鍵意義。本研究建置臺灣兩大主要菌質體群之代表材料，包括第一群（16SrI）日日春葉片黃化病菌質體（PLY）及第二群（16SrII）落花生簇葉病菌質體（PnWB）（圖 3-2）。比較 TANBead 與 taco 兩套核酸萃取系統後，TANBead 於 DNA 純度表現較佳，並可穩定應用於多種疑似寄主。依據國際方法建立 PCR 與半巢式 PCR 流程，共測試 4 對引子對，以 P1A/P7A 及 P1A/16SSr 引子組，可成功增幅兩種菌質體（圖 3-3），經定序與 NCBI 比對，相似度皆高於 99.2%，確實為植物菌質體。本計畫已初步建立符合國際標準的菌質體檢測流程，應用於國內防疫工作及因應未來可能執行之輸出種子檢測。



圖 3-2、2024 年採集自雲林臺西鄉秋作（A）及 2005 年採集自雲林土庫鄉春作（B）之落花生簇葉病菌質體（Peanut witches' broom Phytoplasma）植株；罹病之植株葉片明顯簇葉及小葉、植株矮化、節間縮短等典型病徵（C）；罹病株未能結果或結小果（下處）（D）

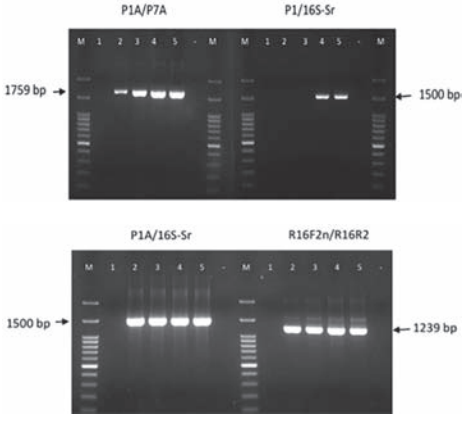


圖 3-3、植物菌質體引子對測試。第一次 PCR 引子對之增幅比較（上圖）；第二次半巢式 PCR 引子對之增幅比較（下圖）。2-3 為日日春葉片黃化病菌質體（PLY, 16SrI）、4-5 為落花生簇葉病菌質體（PnWB, 16SrII）、- 為水對照

五 番茄嫁接用茄砧青枯病抗性研究

周明燕、薛道原、龔美玲、邱燕欣

青枯病 Bacterial wilt（BW），由 *Ralstonia solanacearum species* complex（RSSC）引起，是影響番茄生產的嚴重土壤傳播疾病。目前商用番茄缺乏強抗病品種，育苗場大量使用對青枯病有較高抗性的茄子作為嫁接根砧，維持番茄正常生產。根砧用茄子種子來源部分購自種子商、部分自行留種，近年茄子根砧抗性逐漸弱化趨勢，本研究針對育苗場常用之茄子根砧進行抗病力測試，同時希望透過世代抗性累積篩選出穩定抗性之優良單株，建立繁殖體系，協助產業維持嫁接苗優勢。

1. 茄子根砧抗性穩定性研究

2023 年以分離自茄子病株之青枯病原菌株接種測試嫁接用根砧材料，其中茄子 ”EG195”、”EG203”、”EG219” 及 ”茄砧 302” 罹病率皆低於 15%。針對接種後表現高亢性且健壯之優良單株自交採種，建立繁殖體系。第二代材料 (G2) 於次年持續接種，發現 G2 茄砧材料罹病率大幅降低，顯示茄子抗性疑似可以透過世代累積方式達到抗性堆疊效果。持續收集第三代 (G3) 材料與及第一代 (G1) 材料一起接種，以驗證抗性是否透過世代累積而有較優的抗性。接種後第七日對照之感病材料 ”日本茄” 已經開始出現病徵 (圖 3-4)，到第 21 天已達 100% 發病。採用接種後第 28 日罹病率進行材料間抗病力比較 (圖 3-5)，抗病對照材料茄子 ”勇壯”(F_1 種子) 平均 罹病率 10.67%，抗性表現最優；其次為 EG195-S3 及 EG219-S3，罹病率分別為 13.73%、15.20%。比較 G1 及 G3 的抗性表現，顯示第三代材料罹病率較第一代材料整體降低 17.4%，符合對抗性可以透過世代累積的假設。後續將持續進行 G4 的抗性穩定性及累積性驗證。



圖 3-4、茄砧接種後 7 日，處理組 (下圖) 感病材料 (下圖右) 已經 50% 以上出現病徵，抗病材料 (下圖左) 仍未出現病徵

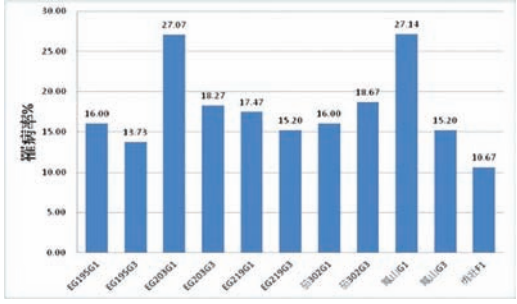


圖 3-5、比較各材料接種後第 28 日罹病率，茄子 ” 勇壯 ”（F1 種子）抗性表現最優；其次為 EG195-S3 及 EG219-S3，整體顯示第三代（G3）材料罹病率普遍低於第一代（G1）材料，符合對抗性可以透過世代累積的假設

2. 茄子青枯病抗病基因關聯位置 SNP 探勘 :

(a) 文獻引子 emb01J19 相關位置 SNP 探勘及 primer 設計：根據前期研究利用文獻 SSR marker emb01J19 (Khapte et al., 2018) 序列可以看到規律之抗感病序列差異，Musa 等人 (2024) 研究指出 emb01J19 標誌偵測抗性基因之 PIC 值為 0.768，顯示該標誌可利用型極高，可作為後續研究標的。以 PCR 產物定序結果的部分片段進行 Blast，找出可能位置在 7:61168501-61170400 範圍內。下載 DNA 序列資訊，在相關位置進行 SNP 探勘，獲得 3 個具潛力 SNP 位點。以前述 3 個 SNP 設計引子組合共計 34 組 primers，經 PCR 測試，結果只有其中一組疑似有多型性 (圖 3-6)，後續將再以較多抗感病 DNA 樣品測試，驗證該組引子組合多型性穩定度。

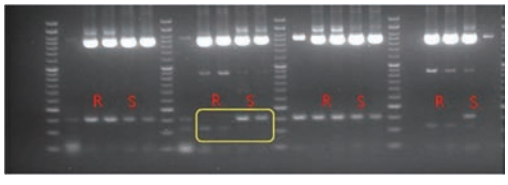


圖 3-6、探勘文獻引子 emb01J19 (Khapte et al., 2018) 相關位置序列資訊，獲得 3 個潛力 SNP，設計引子組合共計 34 組 primers，經 PCR 測試，結果只有其中一組疑似有多型性

(b) 新 SNP 探勘：文獻 SSR 引子 eme05B09 (Khapte et al., 2018) 經 PCR 檢測有多型性，將 PCR 產物解序 (圖四)，擷取非重複序列部分資訊利用 eggplant genome datebase 平台 (https://eggplant.kazusa.or.jp) 進行 BLAST 比序，非重複序列部分與 >Sme2.5_00446.1 的相似度最高，下載 eme05B09 引子增幅序列位置前後約 5000bp 長度作為序列模板，設計 10 組 generic primer，每組約增幅 1500~1800bp 序列長度。送基龍米克斯生技公司合成引子。選擇 PCR 產物條帶清楚且能包含 eme05B09 引子增幅之序列之組合優先解序。generic primer 第 1、3、4、6、8、10 組所增幅之序列範圍最符合要求，預期可解序長度約 4400bp，序列資訊可供後續探勘 SNP。

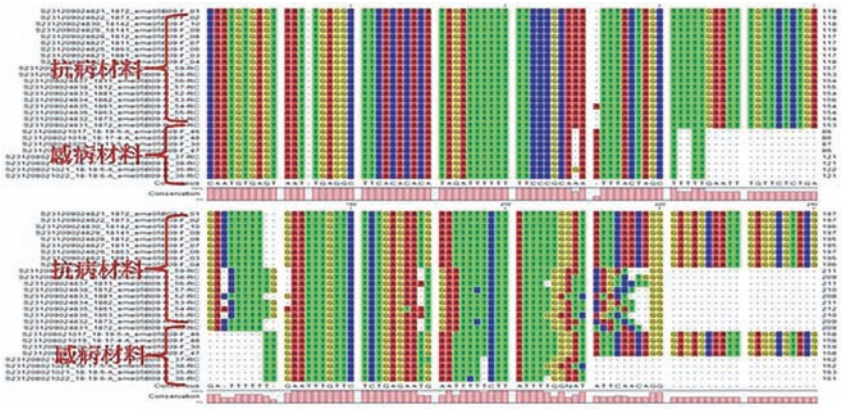


圖 3-7、文獻 SSR 引子 eme05B09 (Khapte et al., 2018) 經 PCR 檢測有多型性，將 PCR 產物解序，擷取非重複序列部分資訊與資料庫比序，與 >Sme2.5_00446.1 序列的相似度最高

六 功能性微生物組對番茄抗病之研究

林如玲、林春菊、洪秀娟、連珮君
薛道原、邱燕欣

近年臺灣南部受高溫乾旱及媒介昆蟲增加影響，番茄病毒病與土傳性病害的發生頻率顯著提升，對生產穩定性造成嚴重衝擊。植物根圈促生微生物（Plant Growth-Promoting Rhizobacteria, PGPR）兼具促進養分吸收與誘導植物抗性之功能，為建構韌性栽培體系的重要生物資源。

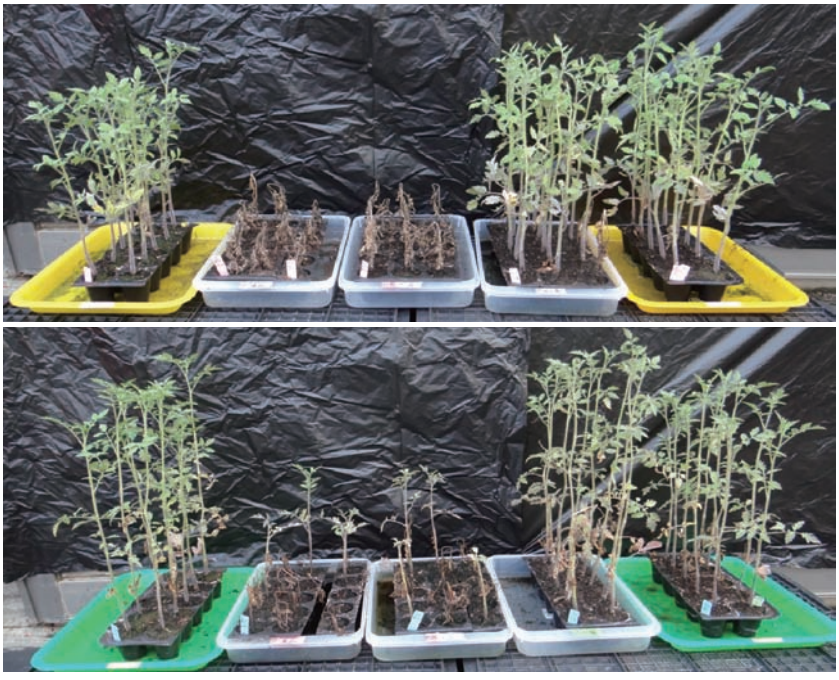
本研究延續前期對茄砧及抗病番茄根圈微生物組成之分析成果，選取具促生與抗病潛力之菌株，進行番茄根系發育與病害抑制效益評估。在根系促生試驗方面 (圖 3-8)，透過穴盤栽培試驗結合 RhiVision Explorer 影像分析平台，量測根尖數、分枝點數、根長與根表面積等關鍵性狀，建立標準化之根系促生評估流程。結果顯示，F 菌株於根尖數、分枝點數及根長等指標上均達顯著水準（$p < 0.05$），顯示其具有效促進根系建構之應用潛力。

在青枯病防治機制分析中，菌體對病原菌之抑制效果明顯高於細胞上清液，顯示抗病作用主要來自菌體直接拮抗、資源競爭或細胞相關抑菌因子。菌株兼容性試驗亦顯示各菌株間未出現明顯拮抗，具備發展複合菌株製劑之可行性。在溫室防治試驗中，預先施用功能性菌株可顯著降低發病率與萎凋率 (圖 3-9)，其中市售液化澱粉芽孢桿菌（*Bacillus amyloliquefaciens*）PMB01 及潛力菌株 A、C、LA7016 表現出穩定之保護效果，顯示潛力菌株適合作為番茄青枯病之預防性管理工具。後續將聚焦於配方設計、施用條件優化及田間應用評估，發展兼具促生與防病功能之複合菌株配方，並配合育苗期浸根、定植前灌注或滴灌施用等方式，評估其於實際生產體系中的應用可行性。



圖 3-8、土壤分離菌株處理對番茄根系生長之影響。（A）未處理對照組（Blank）；（B）潛力菌株 F 菌株處理組

(A) 潛力菌株 A 處理



(B) 市售液化澱粉芽孢桿菌 PMB01 處理

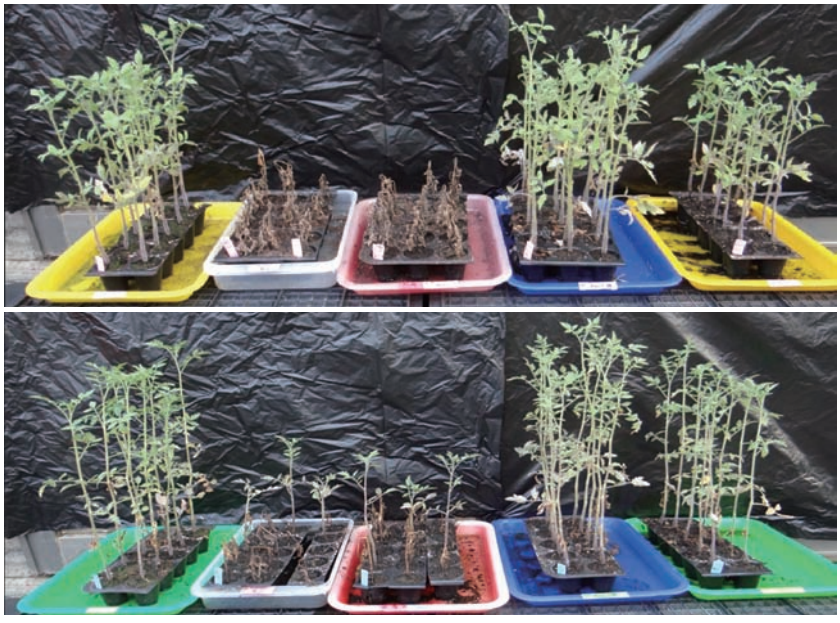


圖 3-9、土壤菌株對番茄青枯病生物防治之接種試驗結果。 (A) 潛力菌株 A 處理組；(B) 市售液化澱粉芽孢桿菌 PMB01 處理組。每組圖片上排為青枯病感病品種 KY301，下排為抗病品種 H7996。各組處理依序由左至右為：空白對照組 (水處理) 、青枯病菌單獨接種組、病菌接種後再施用菌株、菌株預先處理後再接種病菌、菌株單獨處理對照組。

七 絲瓜抗萎凋病及食用玉米之耐旱與其他重要性狀關聯分子標誌的開發與利用

龔美玲、曾一航、張郁菁、詹詩禹
張勝智、蘇士閔

1. 絲瓜抗萎凋病分子標誌開發

本年度成功設計位於第 6 條染色體上的候選 SNP 抗病分子標誌（圖 3-10），然而接種試驗顯示環境溫度會顯著影響絲瓜萎凋病的發病表現，導致該候選標誌的預測準確率偏低。為克服環境變異對 QTL 偵測力的影響，後續將利用留下的 $F_{2:3}$ 品系種子再次進行接種試驗，並將 $F_{2:3}$ 抗病比例作為表型，重新進行 QTL 定位，藉此提高基因定位的偵測力。

2. 食用玉米耐旱及其他重要性狀關聯分子標誌之利用及開發

本年度利用潛在耐旱品種之雜交組合（ZM-00003 x ZM-00004）為基礎材料，進行單株自交世代推進及相關調查分析使用。根據耐旱關聯基因（*dhn1*、*rsp41*）之 SNP 多型性分析結果（表 3-6）顯示，S1 世代參試材料中計有 15 個單株具備潛在耐旱特性；*sh2* 基因 SNP 位點分析結果（表 3-7）則顯示，該分子標誌多型性與自交種穗外觀（皺縮 / 飽滿）間存在高度關聯，惟其關聯性與過去研究呈完全相反之情形，則有待後續觀察釐清。

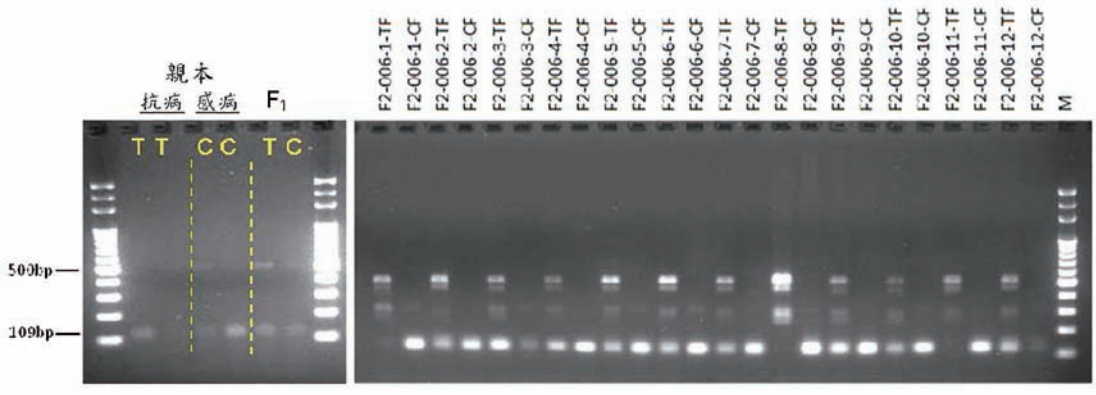
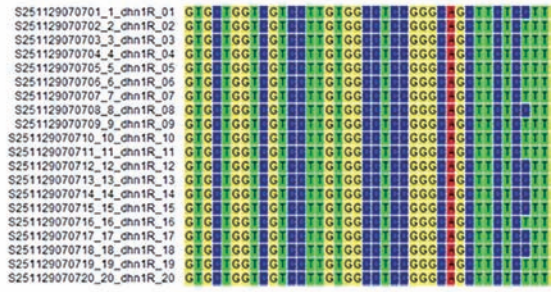


圖 3-10、SNP 對偶基因 [T/C] 專一性引子 PCR 電泳結果，左圖為抗感病親本及 F1 的基因型結果，右圖為 12 株 $F_{2:3}$（編號 006）的基因型結果

S1單株編號	*dhn1* CCAAAG (drought tolerance) CCAAGG (drought sensitive)	*rsp41* CCGG (drought tolerance) CCAG (drought sensitive)
9	A/A	G/G
26	A/A	G/G
33	A/A	G/G
35	A/A	G/G
41	A/A	G/G
46	A/A	G/G
50	A/A	G/G
54	A/A	G/G
61	A/A	G/G
65	A/A	G/G
66	A/A	G/G
67	A/A	G/G
82	A/A	G/G
91	A/A	G/G
93	A/A	G/G

● *dhn1*基因SNP位點



● *rsp41*基因SNP位點

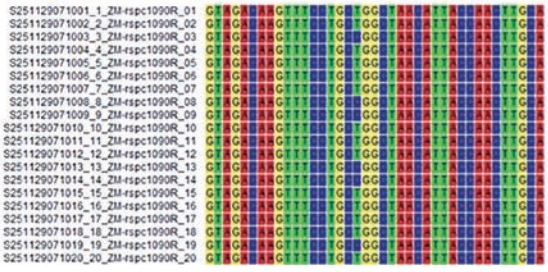


表 3-6、玉米品種雜交組合（ZM-00003 × ZM-00004）之 S1 世代分子標誌（*dhn1, rsp41*）分析結果

S1單株編號	*sh2* C (sweet-corn type) T (waxy-corn type)	S1單株編號	*sh2* C (sweet-corn type) T ((waxy-corn type)	S1單株編號	*sh2* C (sweet-corn type) T ((waxy-corn type)	S1單株編號	*sh2* C (sweet-corn type) T (waxy-corn type)
1	TT	26	TT	51	TT	76	CT
2	TT	27	CT	52	CT	77	CT
3	TT	28	TT	53	TT	78	TT
4	TT	29	TT	54	TT	79	TT
5	TT	30	CT	55	CT	80	TT
6	–	31	–	56	TT	81	TT
7	TT	32	TT	57	CC	82	TT
8	TT	33	TT	58	TT	83	TT
9	TT	34	TT	59	CT	84	CT
10	TT	35	TT	60	TT	85	TT
11	TT	36	CC	61	TT	86	–
12	TT	37	CT	62	TT	87	TT
13	TT	38	TT	63	CC	88	TT
14	CC	39	TT	64	TT	89	CC
15	CC	40	TT	65	TT	90	CT
16	TT	41	TT	66	TT	91	TT
17	TT	42	TT	67	TT	92	TT
18	CT	43	TT	68	CT	93	CC
19	TT	44	TT	69	TT	94	TT
20	TT	45	TT	70	TT	95	TT
21	–	46	TT	71	TT	96	TT
22	TT	47	CT	72	TT	97	TT
23	TT	48	TT	73	CT	98	TT
24	–	49	CT	74	–	99	TT
25	TT	50	TT	75	TT	100	CT

表 3-7、玉米品種雜交組合（ZM-00003 × ZM-00004）之 S1 世代分子標誌（*sh2*）分析結果

八 甜瓜韌性育種分子標誌開發

林如玲、林春菊、洪秀娟、邱燕欣

臺灣氣候高溫潮濕，甜瓜苗期易受白粉病、露菌病及細菌性果斑病等多重病害威脅。近年來極端氣候加劇，育苗風險與防治成本持續攀升。由於甜瓜抗病性屬多基因控制之數量性狀，傳統表型選拔需歷經多世代，且易受環境干擾，限制育種效率。本計畫旨在開發甜瓜抗病與耐候性分子標誌，並結合表型資料，建立分子篩選技術，以提升甜瓜育種之韌性與效率。

本年度聚焦於白粉病抗性標誌之驗證與流程建立，共蒐集 76 個甜瓜品系，並完成其中 25 個已知抗、感病品系之倍增繁殖（圖 3-11），成功建構遺傳背景明確且可重複測試的標準材料群。於分子分析方面，優化 DNA 萃取與 PCR 條件後，選用文獻報導之抗白粉病候選基因（ 如 MELO3C002403、MELO3C002434 及 MELO3C00693）進行 AS-PCR 與 InDel 標誌檢測（圖 3-12）。

電泳結果顯示，多數材料呈現清晰且可重現的條帶型式，能有效揭示材料間的基因型差異，顯示具備分辨甜瓜抗病相關等位基因的能力。部分品系則出現雜合型條帶，顯示現有文獻標誌在應用於多樣性甜瓜種原時，可能受限於材料遺傳背景差異與基因型複雜性。未來將持續推動材料純化、提升基因型解析度，並優化分子標誌設計，以建立適用於多樣性甜瓜種原之精準且穩定的篩選流程。



圖 3-11、甜瓜白粉病抗、感性材料倍增繁殖

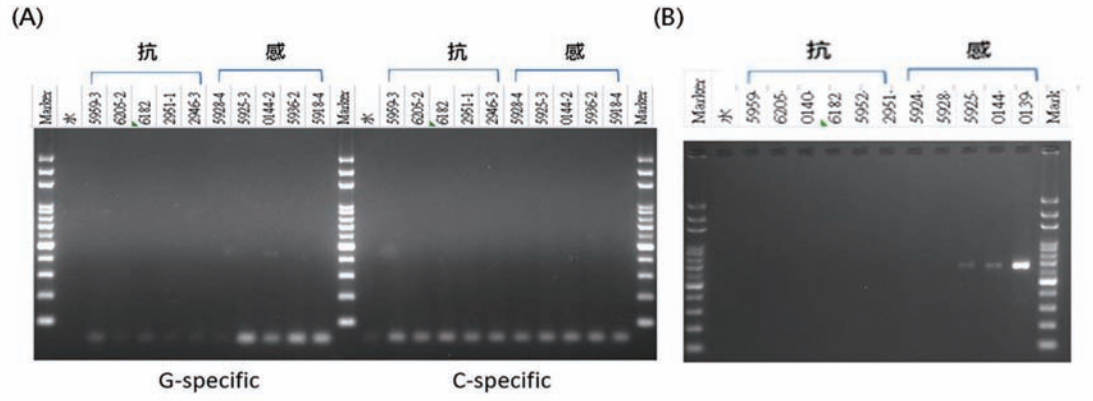


圖 3-12、甜瓜白粉病分子標誌測試。（A）候選基因 MELO3C002434 之 AS-PCR 電泳分析結果；（B）候選基因 MELO3C002403 之 InDel 引子 PCR，顯示不同甜瓜品系間的基因型差異

九 辣椒健康種苗體系建構與創新技術整合研究

劉俊延、林上傑、游宜佳、林祥智
陳錦玄、黃俊樺、巫宜庭

因應農業部推動之「農藥減半」與「永續農業」政策目標，本計畫從三大技術面向建立辣椒生產鏈優化與整合：（1）尋找可行的外源內部對照組，並測試現有的病毒 / 類病毒專一性引子用於檢測流程之可行性，優化辣椒種傳病毒與類病毒之檢測技術；（2）將花藥單倍體培養技術導入辣椒育種流程，縮短育種時程；（3）自土壤篩選具拮抗潛力菌株，開發可應用於辣椒種子處理的生物性滲調（bio-priming）。

1. 在辣椒病毒 / 類病毒檢測方面，針對辣椒常見之 3 種病毒（ToBRFV、ToMV 及 ToMMV）及 3 種類病毒（CLVd、PCFVd 及 PSTVd），導入 BaCV 作為內部控制組（Internal Control）以監測核酸萃取與擴增品質，引子對序列詳見表 3-8。試驗結果顯示，ToBRFV、ToMMV 及 PCFVd 等病原之專一性引子與 BaCV 具相容性，可同時擴增目標片段（圖 3-13）；惟 CLVd 引子對與內控引子間觀測到反應干擾現象，顯示該檢測組合仍需針對引子設計或反應條件進行調整。
2. 辣椒花藥單倍體培養技術開發中，比對花蕾發育大小與花粉粒染色體之間關連，用光學顯微鏡觀察辣椒花粉粒染色情形，當花蕾長度介於 0.3 至 0.4 cm 時，花粉主要處於單核中晚期，此為花藥培養之最適階段（表 3-9）。癒傷組織誘導試驗顯示品種間存在反應差異，「大同」品種於培養 27 天後形成癒傷組織，所需時間短於「朝天椒」品種之 47 天（圖 3-14）。
3. 自土壤篩選具拮抗能力之微生物，針對疫病（Phytophthora blight）與細菌性斑點病（Bacterial spot）進行對峙培養，菌株 JSQ-F5 對疫病菌（Phytophthora sp.）抑制率為 63.44%；菌株 JSQ-F1

對 Xanthomonas vesicatoria 之抑制率為 60.99%；菌株 ZH-B7 與 ZH-B2 對 Xanthomonas spp. 亦產生分別為 14.13 mm 及 11.36-12.66 mm 之抑菌圈。上述篩選之菌株將作為後續開發種子生物性滲調（bio-priming）技術之基礎材料。

表 3-8、引子對列表

目標病原菌	引子名稱	引子序列	片段大小
ToBRFV	CSP1325-F	5′ - CATTTGAAAGTGCATCCGGTTT -3′	100
	CSP1325-R	5′ - GTACCACGTGTGTTTGCAGACA -3′	
ToMMV	CataAT-F	5′ - CAGCATCTGCTTGGTCGATAA-3′	105
	CataAT-R	5′ - GGAACGATCTTAAACTGGAACCT -3′	
CLVd	CLV4F	5′ - GGG GCT CCT GAG ACC GCT CTT G -3′	373
	CLV4R	5′ - GGG GCA ACT CAG ACC GAG C -3′	
PCFVd	PCFV-F8	5′ - CCCGAAGCCCGCTTAGG -3′	86
	6Pospi-R	5′ - TTCAGTTGTTTCCACCGGGTA-3′	
PSTVd	PS-F1	5′ - GTGCCCAGCGGYCGAC -3′	123
	SM-R1	5′ - TAGCCGAAGCGACAGCGC -3′	
BaCV	BaCV-F	5′ - CGATGGGAATTCACTTTCGT-3′	86
	BaCV-R	5′ - AATCCACATCGCACACAAGA-3′	

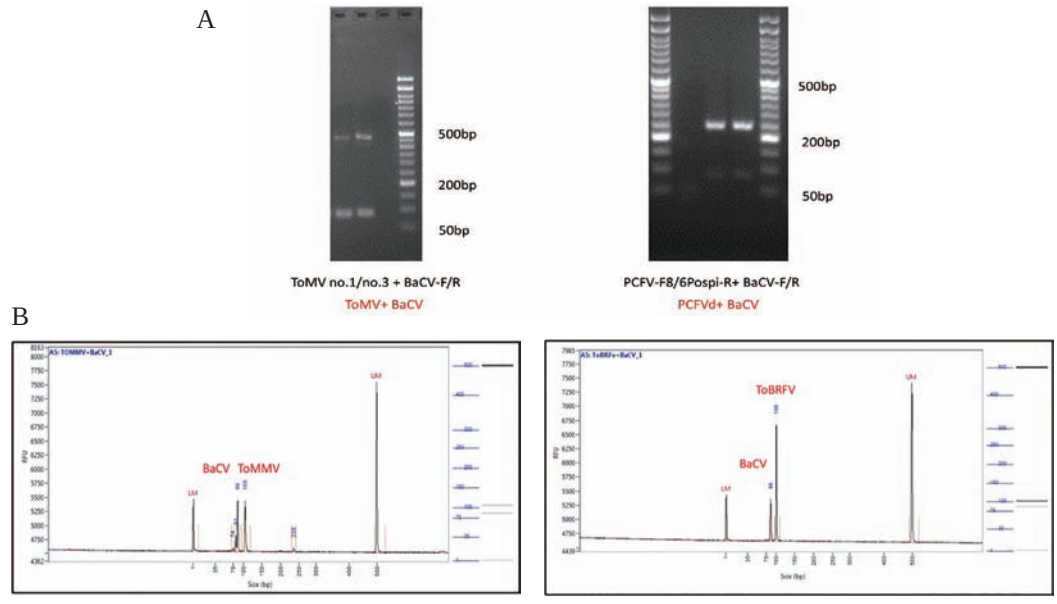


圖 3-13、BaCV 作為內部監控組（Internal Control）檢測 3 種病毒（ToBRFV、ToMV 及 ToMMV）及 3 種類病毒（CLVd、PCFVd 及 PSTVd）之電泳分析結果。A：在水平電泳檢測，利用混合專一性引子對（黑字）可各別增幅出目標病原（紅字）和 BaCV 的目標條帶。B：在毛細電泳檢測，利用 ToMMV + BaCV 混合專一性引子對（左）和 ToBRFV + BaCV 混合專一性引子對（右）可各別增幅出 ToMMV 目標條帶（105 bp）、ToBRFV 目標條帶（100 bp）和 BaCV（86 bp）目標條帶

表 3-9、辣椒品種 ‘大同’ 和 ‘朝天椒’ 花藥花粉粒在花蕾不同發育長度之特徵

發育階段	大　　同	朝　天　椒
Stage 1	四分子期 (10.91%) 單核早中期 (89.09%)	四分子期 (5.41%) 單核早中期 (94.59 %)
Stage 2	單核期中晚期 (65.92%) 雙核早期 (34.08%)	單核期中晚期 (68.79 %) 雙核早期 (31.21 %)
Stage 3	單核期中晚期 (15.57%) 雙核早期 (84.43 %)	單核期中晚期 (15 %) 雙核早期 (63.33 %) 雙核期中晚期 (21.67 %)
Stage 4	雙核早期 (89.06 %) 雙核期中晚期 (10.94 %)	雙核早期 (48.32 %) 雙核期中晚期 (51.68 %)
Stage 5	雙核期中晚期 (100 %)	雙核期中晚期 (100%)

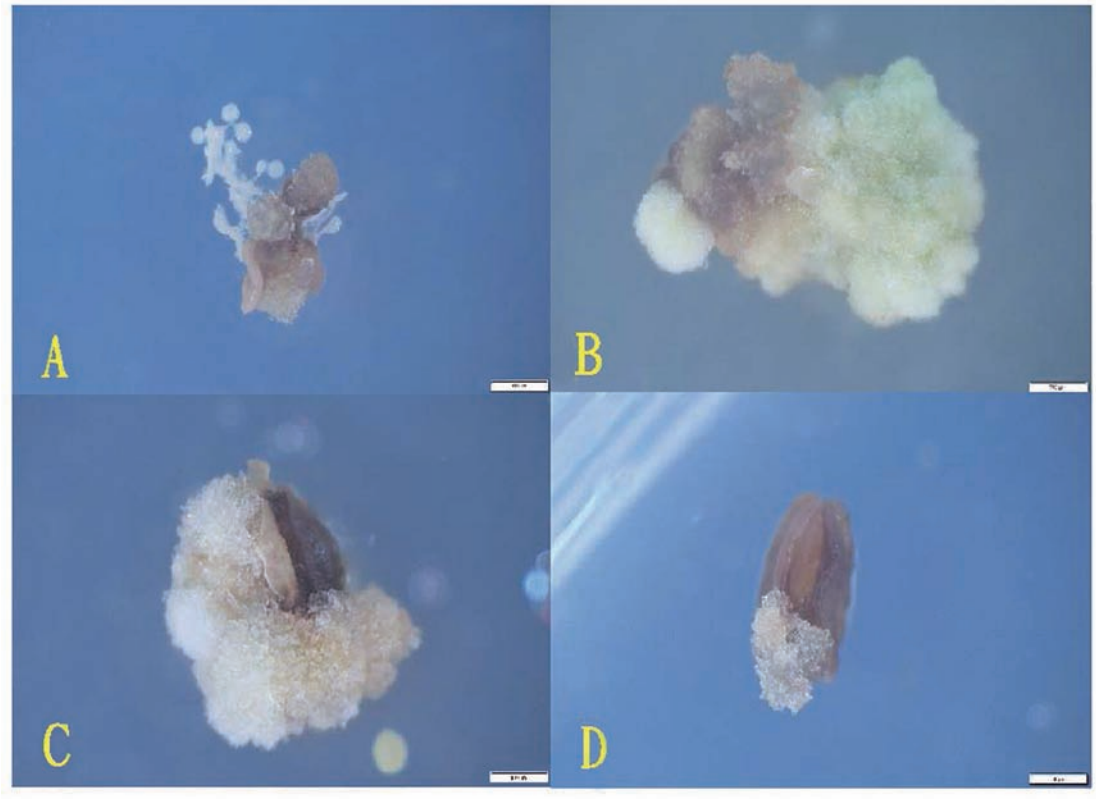


圖 3-14、辣椒品種 ‘大同’ 和 ‘朝天椒’ 花藥在不同組織培養條件下形成癒傷組織。A： ‘大同’ 品種的花藥在添加 1mg/L NAA+0.5mg/L BA 的 MS 培養基 37 天後情形。B： ‘大同’ 品種的花藥在添加 2mg/L NAA+0.5mg/L BA 的 MS 培養基 27 天後情形。C： ‘朝天椒’ 品種的花藥在添加 1mg/L NAA+0.5mg/L BA 的 MS 培養基 47 天後情形。D： ‘朝天椒’ 品種的花藥在添加 2mg/L NAA+0.5mg/L BA 的 MS 培養基 47 天後情形