

## 行政院農業委員會林務局補助計畫執行成果報告

計畫名稱(中文)：前瞻植物生態學：使用傳統及分子技術詮釋物種與生態系的功能研討會

計畫名稱(英文)：Frontier of plant ecology: Traditional and molecular approaches for uniting function of species and ecosystem

計畫編號：106 林發-08.3-保-26

執行時間：2017 年 11 月 24 日

補助單位：行政院農業委員會林務局

執行單位：東海大學熱帶生態與生物多樣性研究中心

## 目錄

研討會目的及預期效益.....	2
研討會大會手冊與摘要集.....	3
研討會當日照片 .....	21

## 研討會目的及預期效益

### 目的

台灣地形起伏甚大，海拔高度的差異，孕育豐富而多樣的生態系。但也因為人為高頻度的墾殖行為，對生態系造成相當大的衝擊。無論是基於國土保安的觀點，或是生物資源保育的立場，或是探究生態系物質循環機制，皆須釐清生態系的機制和架構。分子生物技術的蓬勃發展，已在生物各個領域帶入嶄新的研究視野，如何融入生態系多樣性研究，有賴各項領域的學者交流觀摩，合作提升知識技能。

### 預期效益說明

本項研討會將邀請國內相關學者共同與會。不但介紹當今植物生態的最新研究發展，並且透過實際的技術經驗和相關研究學者交流。期盼得以借鏡學習，融入國內研究題材，嘉惠年輕學子增長技能，激發興趣，爾後能夠相率投入此項具備發展前景的研究領域。近年來我國在生態研究工作上亦有大幅度的成長，透過過去幾處永久樣區的規劃，不但已凝聚完整的研究群架構，更已建立相當的研究成果。此項研討會將可促成生態系多樣性研究的實際合作交流。

### 參加對象

透過和生物學會共同合辦的方式，可望擴大國內相關學者交流。預計全國從事陸域生態學研究人員，各大學生命科學科系大三大四和碩士班學生共約一百五十人。期盼藉此能藉會議的交流達到發揮啟發和傳承的功能。

# 前瞻植物生態學

Frontier of plant ecology

使用傳統和分子技術詮釋物種  
和生態系的功能 研討會

Traditional and molecular approaches for  
uniting function of species and ecosystem

## 大會手冊及演講摘要集

主辦單位：東海大學熱帶生態與生物多樣性研究中心

協辦單位：科技部生命科學研究推動中心、林務局、

中央研究院生物多樣性研究中心、中國生物學會

地點：東海大學茂榜廳

時間：2017年11月24日

Time	Speaker	Title	Moderator
8:45 – 9:30	Registration		
9:30 – 9:40	Opening ceremony		
9:40 – 10:20	周昌弘院士	Frontier of Allelochemicals in Ecosystem Complexity and Its Benefits to Human Well-beings: My half-Century Research	李瓊妮技正
10:20 – 11:20	楊秋忠院士	土壤微生物生態與永續農業	李瓊妮技正
11:20 – 11:40	Group Photo and Break		
11:40 – 12:00	吳俊宗教授	藻類生態與環境指標	林惠真教授
12:00 – 12:20	劉景煌教授	Peroxidase can be a good biochemical marker for biotic and abiotic stress	林惠真教授
12:20 – 13:50	Lunch & 中國生物學會理監事會議		
13:50 – 14:10	江智民教授	First report of C <sub>4</sub> /CAM-Cycling photosynthetic pathway in a leaf-succulent grass, <i>Spinifex littoreus</i> , in coastal regions of Taiwan	林宜靜教授
14:10 – 14:30	郭耀綸教授	臺灣原生樹種的耐陰性及耐旱性	林宜靜教授
14:30 – 14:50	翁仁憲教授	葉綠素螢光在植物生態生理學之應用	林宜靜教授
14:50 – 15:10	張英峯教授	利用蛋白質體學研究白茅族群之變異	洪國祥教授
15:10 – 15:30	李宗徽教授	Bioactive Constituents from a Medicinal Fungus <i>Antrodia cinnamomea</i> – from Traditional to Functional Genomic Approaches	洪國祥教授
15:30 – 15:50	江友中教授	以族群遺傳學來建置瀕危物種的保育策略	洪國祥教授
15:50 – 16:20	Coffee Break		
16:20 – 16:40	黃兆立、蔣鎮宇教授	台灣芒屬植物之親緣地理與根部關聯微生物相研究	賴宜玲教授
16:40 – 17:00	楊棋明研究員	葉綠素的研究：自外太空到分子層次	賴宜玲教授
17:00 – 17:20	陳志輝研究員	臺灣原生 C <sub>4</sub> 模式植物狗尾草( <i>Setaria viridis</i> )之遺傳多樣性	賴宜玲教授
17:20 – 17:40	邱志郁教授	亦俠亦盜——竹林在生態系的角色	賴宜玲教授
17:40 – 18:00	Closing ceremony		

**主辦單位：**

東海大學熱帶生態學與生物多樣性中心

**協辦單位：**

科技部生命科學研究推動中心、林務局、中央研究院生物多樣性研究中心、中國生物學會

**贊助廠商**(依首字筆畫排序)：

有勁生物科技股份有限公司



波仕特生物科技股份有限公司



量子生物科技股份有限公司



## 主講者簡介(依演講先後順序排序)

### 周昌弘講座教授

學歷：美國加州大學博士

現任：中國醫學大學生物多樣性研究中心

研究領域、專長：植物生態學、植物生理學、植物化學生態學

### 楊秋忠講座教授

學歷：美國夏威夷大學農藝及土壤學博士

現任：中興大學土壤環境學系

研究領域、專長：土壤環境生化及微生物、生物肥料、有機質肥料與介質、土壤與植物關係、土壤與環境

### 吳俊宗研究員

學歷：德國歌丁根大學博士

現任：中央研究院生物多樣性研究中心

研究領域、專長：藻類；生態生理；湖沼學；水資源；水質優養化；生物指標

### 劉景煌教授

學歷：加拿大賽蒙費沙大學博士

經歷：東港水試所 助理研究員

國立中山大學生物科學系 副教授、教授、系主任、主任秘書

研究領域、專長：植物分子生理學、植物荷爾蒙

### 江智民教授

學歷：美國俄亥俄大學博士

現任：東海大學生命科學系

研究領域、專長：生態系生態學、植物生理生態學、植物群聚生態學

### 郭耀綸教授

學歷：美國喬治亞大學森林資源博士

現任：屏東科技大學森林學系

研究領域、專長：育林學、森林生態學、林木生態生理學

### 翁仁憲教授

學歷：日本九州大學農學科栽培研究室 博士

經歷：私立中國醫大 生態暨演化生物學研究所 所長

國立中興大學 生命科學系 教授

國立中興大學 植物系 副教授、教授、植物系主任及研究所所長

**張英峯副教授**

學歷：美國加州大學河邊分校博士

現任：臺灣大學植物科學研究所

研究領域、專長：植物蛋白質體學，植物生物化學

**李宗徽教授**

學歷：國立臺灣大學理學博士

現任：國立臺灣大學漁業科學研究所

研究領域、專長：生物代謝體分析技術、二次代謝物 結構解析、微生物天然物、藍綠菌毒素

**江友中教授**

學歷：臺灣師範大學博士

現任：中山大學生命科學系

研究領域、專長：生物地理學、保育生物學、植物遺傳學、族群遺傳學、分子演化學、親緣地理學、保育遺傳學、生物多樣性

**黃兆立助理教授**

學歷：國立成功大學博士

現任：國立成功大學熱帶植物科學研究所

研究領域、專長：植物微生物體學、基因體學、演化生物學

**蔣鎮宇特聘教授**

學歷：美國華盛頓大學博士

現任：成功大學生命科學系

研究領域、專長：親緣地理學、野生種群的演化基因體學、水稻與中國茶的馴化、芒草的生態基因體學、野生擬南芥的種化、柳葉菜科的 Phylogenomics

**楊棋明研究員**

學歷：美國內布拉斯加大學林肯分校博士

現任：中央研究院生物多樣性研究中心

研究領域、專長：植物生物化學

**陳志輝副研究員兼站主任**

現任：農業委員會特有生物研究保育中心

研究領域、專長：禾本科植物分類、植物系統分類及演化、保育生物學

**邱志郁研究員**

學歷：日本筑波大學博士

現任：中央研究院生物多樣性研究中心

研究領域、專長：微生物生態、生物地質化學、森林土壤學



# **Frontier of Allelochemicals in Ecosystem Complexity and Its Benefits to Human Well-beings: My half-Century Research**

Chang-Hung Chou

Academician, Academia Sinica

choumasa@mail.cmu.edu.tw

Allelochemicals released from plants play very important roles in sustainable ecosystem, such as dominance, succession and climax of plant community, biodiversity and crop productivity. Since 1972 the author and his colleagues have conducted numerous studies in elucidating the mechanism of aforementioned subjects. For examples, that mechanism of formation of pure stand of *Rhododendron formosanum*, *Astonia scholaria*, *Acacia confusa*, *Miscanthus floridulus* and *M. transmorrisonensis*, etc. was due to the allelopathic interaction. The responsible compounds are phenolics, flavonoids, terpenoids, and alkaloids. In addition, we also investigated the cause of yield reduction of the second crop of rice plant in Taiwan, indicating that the allelochemicals released during the decomposition of rice residues in soil were through microbial interaction. The phenomenon was designated as autointoxication, in which six phytotoxic phenolics and short chain fatty acids were involved. The autotoxic phenomenon attracted many allelopathic scientists in many countries. Recently, the autointoxication mechanism of *Oryza sativa* was elucidated by an approach of molecular genomics, which turns out to be very interesting for future research. Furthermore, we even found that an allelochemical, (-)-epicatechin, released from the *Rhododendron* was biotransformed into a more phytotoxic active compound, protocatechuic acid, by soil microorganism and finally converted into glycerol as carbon source for soil microorganisms. This unique case will bring more scientists attention to further investigation on the role of microbial enrollment in allelopathic interactions. Our group also conducted experiments in laboratory, greenhouse, and field by applying the allelopathic compounds as naturally occurring herbicides to improve productivity and weed control in agricultural practice, which exhibits to be important for sustainable agriculture and will be beneficial to human wellbeing.

## 土壤微生物生態與永續農業

楊秋忠

國立中興大學土壤環境科學系 特聘講座教授

教育部 終生榮譽 國家講座

中央研究院 院士

植物生長在土壤，土壤的物理、化學及生物性質及其氣候與環境生態將影響植物的健康。土壤微生物是自然界與環境關係最基層的地表生物，近年來全球隨著生物技術的掘起，它們開始廣泛地被應用到農業、工業及環境保護處理上。土壤生物是自然界中推動各種元素循環之基層的生物，扮演土壤環境維持品質的重要角色。農業的土壤受到化學物質耕作管理的衝擊下，產生激烈的環境變動，常見導致許多土壤問題。土壤微生物生態是土壤管理的目標及基礎，亦是減少農業災害的根本，重視土壤微生物生態，才有健康的土壤環境，亦才有健康的人類，是值得全民重視的課題。農業需重視影響作物生產的五大因素，包括氣候、作物、土壤、栽培管理、病蟲害防治等，以達成農業增產及提高品質之目標。現代農業生產隨著人類活動及大量化學肥料及農藥的施用，加速土壤有機質分解及酸化，導致含生態環境惡化、農田地力劣化與病蟲害加劇的問題。環境保護的意識提高及重視未來世代的資源，吾人反思生活與生產方式的問題，因此，永續發展的理念成為人類文明發展的新典範。土壤是植物生長的基地，永續農業的基礎在土壤的保育，然而，無論種植任何作物生產都需要肥料，才能促進生長及發育。肥料有化學肥料、有機質肥料及微生物肥料，不同肥料之施肥重點是要發揮不同肥料之優點及減少發生其缺點。因此，為解決現代農業的多重問題，微生物及有機肥之發展及應用扮演著重要的角色。微生物已證明可減少化學肥料的施用，對土壤之無形保護效益更為可觀。微生物肥料在農委會農糧署已訂立管理法規，微生物已發展成為肥料的品項之一，是指其成分含具有活性微生物應用於作物生產具有提供植物養分或促進養分利用等功效之微生物物品。進年來土壤微生物更發展具有促進作物生長及競爭性與誘導性之降低病蟲害的效益，進而更發現土壤微生物具有促進植物抗旱、抗熱、抗鹽及鐵與硫的吸收，對極端氣候變遷下的農業將有實質的貢獻。

## 藻類生態與環境指標

吳俊宗<sup>1,2</sup> & 林敬舒<sup>2</sup>

<sup>1</sup>:中央研究院生物多樣性研究中心

<sup>2</sup>:國立台灣大學生態與演化生物學研究所

國內在生態學方面的研究起步比歐美國家晚許多，但在 80 年代初，國際掀起長期生態研究的浪潮時，在周昌弘院士積極推動下，國內陸續推出五個陸域長期生態研究站。其中鴛鴦湖長期生態研究站在 1991 年建立，在中央研究院經費支持下，開始研究雲霧帶檜木森林生態系迄今。它包括陸域生態和中海拔湖泊水域生態，藻類即是在湖泊水域生態項目下之一。藻類生態部份除從藻類種類資源開使調查外，並長期收集環境因子和採集沉積底泥等，來分析氣候變遷、環境干擾等對水域生態系的衝擊，從而找出環境變遷的藻類指標。從沉積底泥之矽藻分析中，我們找出過去數千年來的環境酸化以及氣候變化情形。從藻類相分析中，也看出颱風干擾後，湖泊水域生態的快速復建情形。我們也利用元素分析，確定自陸域流入水域之有機物，是造成湖中特定藻種滋長和消長的原因。此外，地處雲霧帶之檜木森林，因終年潮溼的環境使得林中植物常滋長許多附生藻類，我們利用核酸鑑定技術之基因定序，確定檜木森林中至少有八種附生藻類，包括一種藍綠菌(藻)和七種綠藻，而附生於扁柏葉上的有四種綠藻。核酸鑑定技術(16S rDNA 和 18S rDNA)也應用於農地之藻類資源和生態研究，從五種不同類型之農地所採集培養之樣品中，共鑑定出 64 種藻種，分屬於 33 藻屬；發現其中主要的優勢種屬於藍綠菌和矽藻類，綠藻次之；五類農地中，以稻田的藻種最多，甘蔗田最少。分析結果顯示，影響藻類分佈和數量的因子中，以濕度及經營方式最有關係。23S rDNA 核酸鑑定技術也應用於火燄山乾燥環境的土壤藻類生態研究，研究中發現，以綠藻類如 *Bracteacoccus*、*Coccomyxa* 和 *Koliella* 等球狀藻種最優勢，而次優勢則為 *Leptolyngbya* 和 *Microcoleus* 等藍綠菌類。從主因素分析中，發現除土壤溼度外營養鹽、有機物等也有相當程度的影響。藻類是很好的環境變遷指標，在水庫水質發生優養化時藻類相最能顯示其變化，此可用藻種或藻類群落的定量或定性分析來作為指標。國內最好的案例是翡翠水庫，該水庫自蓄水起即建立藻類資料庫和水環境之物理化學參數的資料，持續的資料已超過三十年，此資料不論應用於水庫經營管理或對於長期生態學研究都有很高的價值。國內從事生態研究和生物指標的人材仍很欠缺，並有斷層之虞，亟須各方之努力。

## Peroxidase can be a good biochemical marker for biotic and abiotic stress

Zin-Huang Liu

Cu-treated peanut (*Arachis hypogaea* L.) seedlings showed a significant inhibition in peanut root growth, and a decrease in endogenous indole-3-acetic acid (IAA) content. The decline of IAA content in Cu-treated tissue was accompanied by an increase in the activity of cationic peroxidase (POD) isozyme P8.5, which was correlated with an increase in cationic POD transcripts. Cu might suppress the growth of peanut roots by inducing the synthesis of the cationic POD isozyme that degrades endogenous IAA. The increase in the activity of anionic POD isozyme P3.5 was correlated with the rise in lignin content in Cu-treated roots. We suggest that the increase in anionic POD isozyme P3.5 induced by Cu might be responsible for lignin synthesis in peanut roots, and may also remove excess hydrogen peroxide caused by Cu, thus playing a detoxifying role during Cu treatment. Auxins (IAA, IBA and NAA) effectively promoted rooting in soybean hypocotyls. The activity of anionic peroxidase (POX) (pI 3.7) and cationic POX (pI 8.5) was significantly suppressed by exogenous auxins on day 2 (the inductive phase). Some particular anionic POXs (pI 4.0 and pI 5.3) significantly increased in IBA-treated tissues as compared with the control when the incubation time was prolonged to day 3 and day 4 (the initiation phase). We sequenced 5'-flanking region of pI 8.5 and pI 5.3 POX genes using the PLACE and PlantCARE databases to identify several potential *cis*-regulatory elements. The pI 8.5 POX gene promoter contained two sites that were homologous to sequences commonly found in auxin response elements; motifs ARF/AuxRE and CATATGGMSAUR. During the inductive phase, the activity of pI 8.5 POX was significantly suppressed by the exogenously applied auxins. The pI 8.5 POX gene promoter contained both ARF/AuxRE and CATATGGMSAUR motifs that responded to auxins earlier than the pI 5.3 POX gene. Hence, the pI 8.5 POX gene might belong to primary auxin response genes. The pI 5.3 POX gene, which responded to auxins a day or two later, contained only ARF/AuxRE motif. Moreover, unlike pI 8.5 and pI 3.7 POXs that were suppressed by auxins, the pI 5.3 POX was induced or enhanced by the applied auxins, especially IBA. The pI 5.3 POX might generate H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> which caused the auxin-induced growth at the initiation phase during the formation of adventitious root in soybean hypocotyls. Harpin<sub>pss</sub>, a pathogenic protein encoded by *hrpZ* in the *hrp* gene cluster of *Pseudomonas syringae* pv. *Syringae*, induces the hypersensitive response (HR) in tobacco (*Nicotiana tabacum* L. cv. Xanthi). An increase in peroxidase activity, lignin content and salicylic acid was observed during the HR elicited by harpin. The increase in anionic, moderately anionic and cationic peroxidase isozymes is positively correlated with the HR in tobacco. In addition, the increase of the anionic peroxidase isozyme (pI 3.5) is correlated with a rise of the transcript of the encoding gene.



# First report of C<sub>4</sub>/CAM-Cycling photosynthetic pathway in a leaf-succulent grass, *Spinifex littoreus*, in coastal regions of Taiwan

Che-Ling Ho<sup>a, b\*</sup>, JyhMin Chiang<sup>c</sup>, Teng-Chiu Lin<sup>d</sup>, Craig E. Martin<sup>a</sup>

<sup>a</sup> Department of Ecology and Evolutionary Biology, University of Kansas 66045, USA

<sup>b</sup> Department of Biology, University of Pennsylvania 19104, USA

<sup>c</sup> Department of Life Science, Tunghai University, Taichung 407, Taiwan

<sup>d</sup> Department of Life Science, National Taiwan Normal University, Taipei 106, Taiwan

\* Corresponding author: C.-L. Ho (Email address: che-ling@ku.edu)

*Spinifex littoreus* (Brum. f.) Merr. is a halophytic grass that is distributed on coastal sand dunes in Taiwan (and throughout Southeast Asia), and is the first reported species with succulent leaves in the Poaceae. Because of the causal relationship between tissue succulence and CAM, diel leaf acidity and photosynthetic parameters were measured to determine whether CAM acid fluctuations occur in *S. littoreus* in different coastal regions of Taiwan. Carbon stable isotope values of the leaves averaged -14.247 ( $\pm$  0.158 ‰), and a previous report of Kranz anatomy, as well as C<sub>4</sub> enzyme activity indicate that this grass is a C<sub>4</sub> plant; while diel acidity fluctuations and nighttime stomatal closure found in the current study indicates that CAM-cycling also occurs in *S. littoreus*. Throughout all the C<sub>4</sub> and CAM plant lineages, this rare form of photosynthetic pathway intermediacy (C<sub>4</sub>/CAM-cycling) has only ever been reported in taxon, the genus *Portulaca*. Differences in acid accumulations found here among two years of sampling and six populations along a north-south gradient in Taiwan may be the result of differences in microenvironments and/or genotypic variability among populations. The results of this study comprise the first report of any grass with CAM photosynthesis of any kind. *S. littoreus* may provide an important prospect, in addition to *Portulaca*, as a model for studying the regulation and evolutionary history of C<sub>4</sub> and CAM photosynthesis. In particular, the finding of CAM genes in a halophytic grass might also prove to be of special value for experimental breeding programs for improving drought and salt tolerance in cereal crops.

**Keywords:** acid fluctuations; CO<sub>2</sub> exchange;  $\delta^{13}\text{C}$ ; evolution of photosynthesis; photosynthetic pathways; Poaceae; coastal dunes; populations

# 臺灣原生樹種的耐陰性及耐旱性

郭耀綸

屏東科技大學森林系

在屏東科技大學森林系苗圃栽植三百餘種臺灣原生樹種，供光合作用性狀測定。於2015年已發表180種樹種的光合作用潛力( $A_{max}$ )，並參考樹木學專家意見，將樹種的耐陰性區分為：先驅、陽性、中等耐陰、耐陰、極耐陰等五類樹種，各類樹種的光合潛力依序為 $\geq 26.0$ ,  $25.9\sim 21.0$ ,  $20.9\sim 15.0$ ,  $14.9\sim 12.5$ ,  $<12.5 \mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$ 。可藉由各種樹種的生理量化數據判斷其耐陰性，提供臺灣原生樹種耐陰性的資料庫。經分析發現250種闊葉樹種的光合潛力分別與其光飽和點、光補償點及暗呼吸率間有極顯著正相關。在南仁山森林發現，土壤呼吸釋出的 $\text{CO}_2$ 使地表10 cm的濃度提高40 ppm，可令耐陰樹種樹種小苗淨光合作用率由負值轉為正值，有助其生長與生存。然而，陽性樹種小苗在林下低光條件下，淨光合作用率無法因 $\text{CO}_2$ 濃度提高而受益。林木的耐旱性過去較少被研究。近年來在蓮華池的研究，發現該森林分布在山脊、坡面及溪谷不同生育地的樹種，藉Pressure-Volume curve測得的膨壓喪失點葉部水勢，三者間具顯著差異；分布在山脊的樹種葉部耐旱性顯著最高，溪谷樹種顯著最低。上述結果顯示樹種的耐旱性與其空間分布有顯著相關。在恆春海岸林的研究，發現常綠樹種臺灣海桐的耐旱機制為藉深根性延遲脫水，而紅柴、止宮樹、黃槿則有良好的生理耐旱機制。藉各樹種淨光合作用率降至零的黎明前葉部水勢，可當作判斷不同樹種生理耐旱性的指標。

**關鍵詞：**  $\text{CO}_2$  濃度、光合潛力、耐陰性、耐旱機制、生理耐旱性

## 葉綠素螢光在植物生態生理學之應用

### Application of Chlorophyll Fluorescence in Plant Eco-physiology

翁仁憲

植物生態生理學就是：探討植物對環境反應及適應之生理機制的科學。台灣的面積雖然不大，卻擁有複雜的生物棲地，各種生物為了適應不同的環境，在形態及生理上亦有不同的表現。綠色植物藉由光合作用，利用太陽能將無機物同化成有機物。同化能力會影響植物之生產力，對經濟植物及整個生態系均有深遠的影響。同化能力會受到自然環境條件及植物本身之生態生理特性之影響，但是欲得知在野外自然條件下，植物於不同環境因子下之光合特性，傳統上必須使用複雜且操作繁瑣之儀器，對現場測定而言，是屬相當不容易。最近發展的葉綠素螢光測定具有儀器輕巧，測定簡單、方便、省時、準確性高及非破壞性等優點，可在野外現場大量測定，有利於植物生態生理學之研究及生態監測。本人在過去數年間曾在實驗室及野外進行大量測定，擇其重要者在此報告。



利用蛋白質體學研究白茅族群之變異

**Ecotypic variation between populations of *Imperata cylindrica* revealed by proteomic studies**

張英峯(Ing-Feng Chang)<sup>1,2,3</sup>

<sup>1</sup>: Institute of Plant Biology, National Taiwan University, Taipei, Taiwan

<sup>2</sup>: Department of Life Science, National Taiwan University, Taipei, Taiwan

<sup>3</sup>: Genome and Systems Biology Degree Program, National Taiwan University and Academia Sinica, Taipei, Taiwan

Cogon grass (*Imperata cylindrica* L. Beauv. var. *major*) is a C4 top-ten weed and distributed worldwide. In particular, an ecotype from Chuwei (CW) mangrove forest was found to be salt tolerant. In order to investigate ecotypic variation on the proteome level, *Imperata* leaves harvested from Chuwei and Sarlun (SL as a control site) were subjected to microsomal fractionation followed by membrane shaving using trypsin, and enrichment by columns and mass spectrometry analyses for phosphopeptide identification. The phosphoproteomic analyses yield identification of 20 phosphorylation sites from 16 unique phosphorylated peptides in the microsomal fractions of which 5 are specific to CW ecotype. Three of them belong to photosynthesis proteins of which 2 are C4 enzymes. In addition, a comparative proteomic analysis using 2D-difference in gel electrophoresis (DIGE) coupled with LC-MS was carried out to identify salt-stress responsive leaf proteins in CW ecotype and salt-intolerant SL population. We identified 12 differentially accumulated proteins (DAPs) and 12 DAPs in response to 150 mM salt stress in CW ecotype and SL population respectively. GO enrichment analysis showed that photosynthesis is over-represented. Interestingly, protein accumulation of Mn-SOD3.4 was up-regulated in CW ecotype. By contrast, Cu/Zn-SOD was identified in SL population with almost no change. Taken together, our proteomic studies provide additional evidence of eco-physiological differences in two natural variants of *Imperata cylindrica*.

# **Bioactive Constituents from a Medicinal Fungus *Antrodia cinnamomea* – from Traditional to Functional Genomic Approaches**

Tzong-Huei Lee

Institute of Fisheries Science, National Taiwan University, Taipei 10617, Taiwan

In continuing our previous investigations of bioactive constituents from *Antrodia cinnamomea*, twenty antroquinonol analogues including twelve new compounds were isolated and identified. The cytotoxicity of all antroquinonol analogues was evaluated against A549 and PC3 cancer cell lines. Preliminary structure-activity relationship study showed that the 3-methoxy and 4-hydroxy borne by the cyclohexenone moiety of antroquinonol analogues played crucial roles on the growth inhibition of cancer cells. In the follow-up investigations, the polyketide synthase (PKS) genes of *A. cinnamomea* were characterized, and a gene disruption platform was established via protoplast transformation. Of the PKS genes identified, *pks63787* was selected and disrupted in the monokaryotic wild-type strain f101. The *pks63787* deletion mutant strain not only displayed a reduced red phenotype compared to the wild-type strain but also displayed less 1,1-diphenyl-2-picrylhydrazyl (DPPH) free radical scavenging activity. HPLC analyses showed that the different compounds between wild-type and mutant strains were mainly the C<sub>7</sub> benzenoids, and some of them showed conspicuous coloration. That implied secondary metabolites of *pks63787* accounted for some of the pigments in *A. cinnamomea*. The phylogenetic analysis of KS domain amino acid sequence in the NR-PKS suggested that PKS63787 could be a putative orsellinic acid (OA) synthase. When OA was supplemented in the cultural medium, the mutant strain restored to the same morphology and metabolic profile as those of the wild-type strain. These findings suggested that the C<sub>7</sub> benzenoid constituents and their related derivatives, e.g. antroquinonol analogues, in *A. cinnamomea* are derived from OA through polyketide pathway instead of shikimate pathway.

**Keywords:** *Antrodia cinnamomea*; benzenoid; antroquinonol; pigment; cytotoxicity; meroterpenoid; orsellinic acid; PKS63787

## 以族群遺傳學來建置瀕危物種的保育策略

江友中

國立中山大學生物科學系

臺灣屬於大陸型島嶼，具有 28 種裸子植物，依據 IUCN 瀕危植物評估標準，12 種裸子植物屬於受威脅植物，約佔 40%，例如臺灣穗花杉(*Amentotaxus formosana* Li)、台東蘇鐵(*Cycas taitungensis* C. F. Shen, K. D. Hill, C. H. Tsou & C. J. Chen)和臺灣油杉(*Keteleeria davidiana* var. *formosana* Hayata)，皆為臺灣珍貴稀有之特有物種，面臨的問題則不盡相同。臺灣穗花杉僅分布於南臺灣中央山脈海拔 800 至 1,400 公尺的原始闊葉林中，南北範圍約 40 公里，根據 2012 年「臺灣維管束植物紅皮書初評名錄」，臺灣穗花杉被評定為瀕危物種(EN)，亦為臺灣農業委員會依據「文化資產保存法」所公告之五種自然紀念物，族群個體數量平估約 2 千 5 百株，其狹隘的生育環境特性，造成族群量萎縮或面臨滅絕的嚴重威脅。台東蘇鐵則在 2000 年後面臨外來入侵物種蘇鐵白輪盾介殼蟲的侵入，導致死亡率快速上升，而被評定為瀕危物種(EN)。臺灣油杉野生族群僅分布於台灣南北二地，調查個體數少於 700 單株，野外棲地小苗發現量少，大樹高聳易受雷擊受損或死亡，名列國際保育聯盟瀕危植物紅皮書的瀕危級(EN 級)物種。為了珍稀瀕危植物的保育工作，以族群遺傳方式來評估遺傳多樣性、推估過往族群變動歷史、界分不同遺傳單位、選定不同遺傳單位個體以進行現地或異地保育為則為必要之保育策略。族群遺傳分子標誌多使用共顯性分子標誌之簡單序列重複片段(SSR)為遺傳工具，以族群遺傳變異統計分析和貝氏分派分析，結合樹徑結構和地理資訊資料，界分不同基因型家族的分布及分群關係，建立珍稀瀕危物種的有效管理單位作為就地保育重要個體挑選與異地保存之最大遺傳變異個體挑選。

## 台灣芒屬植物之親緣地理與根部關聯微生物相研究

黃兆立&蔣鎮宇

國立成功大學生命科學系

*Miscanthus* is a commercialized energy crop. *Miscanthus* grasses in Taiwan adapt to various environments, including coastal, volcanic, and alpine habitats. Based on multi-locus analyses, we have found that the genetic backgrounds of Taiwan *Miscanthus* were intermixed due to rampant gene flow across these varieties, while natural selection differentiated the ecotypes growing at various soil types, such as high-salinity or high-sulfur environment. Roots secrete chemical compounds to the surrounding soil called “rhizosphere” and influence the soil microcosm. Soil microorganisms are attracted and colonize the rhizosphere, and even become endophytes that enter the roots. These microbes largely affect the health and growth of the host plants. In addition to ecological route from surrounding rhizosphere, endophytetic bacteria are also acquired via the evolutionary route from the common ancestors. The relative contributions between the two routes nevertheless remain unknown. Here, we investigated the microbial communities associated with *M. sinensis* growing under different stresses using a 16S metagenomics analysis. The endosphere of *M. sinensis* was predominated by Proteobacteria and Actinobacteria, while the rhizosphere microbiome displayed more diverse phyla composition. Higher variation across different habitats was detected in the endosphere in comparison to the rhizosphere. In endosphere, evolutionary and ecological factors contributed almost equally to the bacterial composition, with 43.2% of the comprising bacteria derived from the common ancestors. Nevertheless, the fact that the bacteria colonizing from surrounding soil dominated the root endosphere across *M. sinensis* varieties indicated that soil recruitment of root endophytes also plays a critical role. Interestingly, a negative correlation between altitude and microbial diversity was only detected in the endosphere, implying higher sensitivity of endosphere microbiomes in response to the environmental gradients. In conclusion, endosphere microbiome, which was assembled with the integration of evolutionary and ecological forces, was substantially involved in the adaptation of *M. sinensis*.

## 葉綠素的研究：自外太空到分子層次

楊棋明

中央研究院生物多樣性研究中心

Email: cmyang@gate.sinica.edu.tw

葉綠素是地球含量最多與分佈最廣的天然色素，擔任光合作用的樞紐，主司地球生態系生產者轉換太陽輻射使能為消費者利用的化學能。除位於植物葉片擔任光合作用主要角色外，葉綠素會進入消費者生物體內，此時葉綠素的命運為何？在動物體內有無新的生理功能？另外在生態系中，不論何齡葉片都可能掉落地面泥土中，此時在土壤中的葉綠素的命運又為何？在土壤中的葉綠素是否有生態功能？人造衛星如何監測地球陸地與海洋資源的豐碩或貧瘠？此時植物葉綠素擔任角色的理論與實務為何？生態系的宏觀與微觀變遷是否能夠透過衛星透過監測葉綠素的變化而透析生態系的宏觀與微觀演化。目前已確定葉綠素相關化合物(chlorophyll-related compounds)在人體有抗自由基、抗氧化、抗發炎、抗致突變、抗腫瘤、抗癌、清除黃麴毒素等生理功能；本報告將針對葉綠素的抗氧化與抗發炎提出數據說明。生態系裡，生物體組織於剝離、掉落、死亡、滅絕過程中釋放的眾多生命分子都可能成為其它生物體的碳源(carbon source)，此時含有數十個碳的葉綠素是否可能成為其它生物，尤其是土壤微生物，的碳素營養來源？葉綠素相關化合物如何被土壤微生物分解、吸收、消化與利用？又在土壤微生物分解葉綠素相關化合物過程，出現的各種類中間代謝物是否有植物相剋作用？是否影響生態系土壤質地，進而在生態系中擔任營養物質循環與能量流通的角色？針對此三問題，本報告將提出一些淺見。

**關鍵詞：**葉綠素、抗自由基、抗氧化、抗發炎、生態系、生態功能、碳源、相剋作用

## 臺灣原生 C4 模式植物狗尾草(*Setaria viridis*)之遺傳多樣性

廖顯淳<sup>1</sup>，陳彥縻<sup>2</sup>，謝葦勳<sup>2</sup>，林彥蓉<sup>2</sup>，陳志輝<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>:農委會特有生物研究保育中心

<sup>2</sup>:國立臺灣大學農藝學系

\*:報告人

依據臺灣植物誌第 2 版第 5 卷，臺灣產狗尾草屬 (*Setaria*) 植物共有 9 種，另有 2 個歸化種，南非鴿草 (*Setaria sphacelata*) 及柔毛狗尾草 (*Setaria barbata*) 於 2000 年後發現並報導。基本上從形態不難區分這些種類，除了最近發現的狗尾草及倒刺狗尾草的中間型。與其他 C4 栽培禾草種類如玉米、甘蔗、高粱、芒草、柳枝稷等比較，小米 (*Setaria italica*) 及狗尾草因基因組小 (約 500 Mb)、二倍體、生命週期短，目前已成為進行 C4 光合作用、逆境適應、生質能源研究之新興模式植物。從宜蘭縣、新竹市、嘉義縣、臺東縣、澎湖縣、金門縣以及連江縣，七個縣市蒐集共 11 個狗尾草族群，每個族群個體數介於 8~24 個之間，總計 159 個野生狗尾草樣本，用 SSR 簡單重複序列 (simple sequence repeat, SSR) 分子標誌進行基因型鑑定。研究結果顯示，台灣野生狗尾草仍保有豐富的遺傳變異，族群結構分明，與採集之地理位置間有明顯關聯，但各次族群之遺傳分化程度和其地理位置遠近則無明顯關聯，各次族群呈現高度遺傳分化 ( $F_{ST}$ )。以核基因組之 ITS 序列、葉綠體基因組之 *matK* 序列分析台灣狗尾草種類之親緣關係，大部分種類都可以清楚區分，除了狗尾草、倒刺狗尾草、以及二者之中間型混合形成一個可信度極高的進化枝 (clade)，但三者完全無法區別，顯示狗尾草及倒刺狗尾草之演化關係仍不明確。進一步以 15 個 SSR 簡單重複序列 (simple sequence repeat, SSR) 分子標誌進行狗尾草、倒刺狗尾草、以及二者之中間型共 356 個樣本之基因型鑑定，評估其遺傳歧異度與族群結構，結果顯示三者仍無明確分化之趨勢。綜合 ITS、*matK* 序列，以及 SSR 之結果，仍不足以清楚解析三者之親緣關係，狗尾草及倒刺狗尾草的分類地位仍待釐清，未來將嘗試導入次世代定序技術加以探討。

## 亦俠亦盜——竹林在生態系的角色

邱志郁

中央研究院生物多樣性研究中心

位於臺南左鎮、龍崎、高雄田寮等地，俗稱月世界的惡地。是由泥岩所形成的土壤，呈現高鹽鹼性，不適合植物生長，加上質地黏重，乾旱時堅硬。日據時期此地開始引進種植刺竹林，目前以北向坡造林較為成功；南向坡則因向陽之故，土壤相對乾燥，多半維持裸露之地表。我們針對上述三處樣區，分別於山脊北向坡的刺竹林與南向坡的裸露地採集土壤，分析其中的土壤物理化學性質及微生物活性和生質量，藉以瞭解刺竹林造林對於惡地土壤所造成的影響。刺竹林土壤之微生物生質碳氮量、水溶性有機態碳素量皆顯著增加。土壤微生物生質量佔總有機態碳量的比值，亦是以刺竹林高於裸露地土壤，意味在刺竹林土壤中，微生物能更有效的利用碳源。此外，微生物呼吸量對微生物生質碳量的比值，則是呈現裸露地高於竹林土壤，顯示裸露地土壤中的微生物比刺竹林需要消耗更多能量以維持其族群存活。土壤有機物若依據可被硫酸水解的難易型態區分，土壤中易分解型態及耐分解型態的碳素量，皆是刺竹林高於裸露地，尤其是易分解型態碳素量增加更為明顯。顯示刺竹林的枯枝落葉分解的過程中，可積極貢獻易分解型態的碳素，並累積少量耐分解型態的碳素於土壤中。刺竹林在惡地環境中扮演關鍵的先驅植物，刺竹林所貢獻的有機物，可改善土壤物理化學性質，包括提升土壤保水性、通氣性。也因為增添了土壤孔隙，有助於排水和洗去土壤中的鹽鹼成分。透過土壤性質的具體改善，營造後續植物演替的客觀條件。宏觀而論，刺竹林造林是有效改良惡地土壤的經營策略。台灣中海拔山區孟宗竹林侵入鄰近林地，導致土壤有機物質量日益耗損。孟宗竹林和刺竹林兩者，對於土壤有機物品質和含量變化的影響效果，可謂判若雲泥。其間看似矛盾，道理實則相通——除了孟宗竹林因竹筍經濟價值較高而經常翻動土壤，導致有機質加速分解的因素之外，竹子枝葉易於分解的特性，貢獻於竹林土壤的是以易分解型態為主的有機物，但難以補充耐分解型態的有機物。以致於刺竹在瘠劣地土壤，可明顯累積易分解型態的有機質；但長期而言，單憑竹林的自然繁衍，對於耐分解性有機物的累積效果則難以預期。（若有興趣瞭解竹林，請以作者姓名和「竹林」上網搜尋，即可找到網頁的資料，內容淺顯易懂。）



Quantum Biotechnology, Inc  
量子生物技术有限公司



波仕特生物科技



## 研討會當日照片

### 研討會報到處



### 開場致詞



# 演講會場內影像紀錄



## 周院士致詞



## 大合照



