

歐洲作物(田)雜草生物防治成果及研究展望

歐洲雜草生物防治計畫為「歐洲科技研究組合」支援之重要整合型計畫，簡稱 COST-816。此計畫是在 1994 至 1999 年間，對歐洲 5 種重要雜草進行研究，其主要成果如下：(1) 分離 250 菌系之 *Ascochyta caulina*，利用此病原菌、菌產植物毒素 (phytotoxin) 或以病原菌混合低劑量除草劑防治灰藜 (*Chenopodium album*)；(2) 利用銹病菌 *Puccinia lagenophorae* 使歐洲黃苑 (*Senecio vulgaris*) 罹病，以減低此菊科雜草之競爭力，此研究已進行初步田間測試；(3) 玉米田可施用 *Stagonaspora convolvuli* 防治牽牛花類 (*Convolvulus*) 雜草；另外發現如先以覆地植物壓制雜草後，再施用病菌之效果更好，此研究可發展為綜合管理的方法之一；(4) 完成以 *Alternaria alternata* 及 *Trematophoma lignicola* 兩種病菌防治莧科雜草 (*Amaranthus* spp.) 之研究，對病菌施用方法、感染植株之測定及記錄取食此類雜草之植食性昆蟲反應皆有說明；(5) 分離取得多菌系的鐮刀菌 (*Fusarium*)，以液體發酵生產含菌絲體片段之接種源，新研發之劑型在冷藏儲存一年後，仍可感染雜草列當 (*Orobanche*)。

目前這 5 種生物防治法雖未達實用階段，但已確認為可行之防治法。未來研究將循兩途徑發展：一是以技術為重，強調選用單一而破壞力強之菌系，並改進防治效果及寄主專一性；另一則是以生態為重，運用及管理本土性的天敵，使之廣為散佈，以防治雜草。

(蔣慕琰 摘譯自 Weed Research 40: 83-98)

美國將設立全國生態觀測網

美國國家科學基金會(National Science Foundation, NSF)日前宣佈，將斥資 1 億美元在美國各地設立 10 個生態觀測站，並將之連結成一個全國生態觀測網(National Ecological Observatory Network, NEON)，提供生態體系的即時畫面，記錄生物多樣性與氣候的資料，並跟基因組、土壤化學特性、水文方面的資料整合，讓研究人員在為生態環境把脈時參考。

NSF 預計以後每個觀測站每年將需要 100 萬美元以維持正常運作，計畫初期先成立 3 個，中期增加 4 個，末期再設立 3 個。另外也有學者建議 NSF 除了設立新觀測站外，也應將現有的一些生態研究中心納入，譬如 24 個原就隸屬於 NSF 的長期生態研究中心(Long-Term Ecological Research, LTER)，還有美國地質調查所及林務局的調查所。

(傅振焜 摘譯自 2000, March 16 之 Nature (404) : 216)

稻基因密碼有重大科技突破

孟山都公司於今年四月四日宣佈，該公司在解譯『稻基因密碼』上有重大科技突破，此項工作是由華盛頓大學 Dr. Leroy Hood 領導的實驗室進行的，是運用分子科技詳盡的描述稻基因組之定序數據，目前稻基因組定序之解碼進度已達"工作草圖(working draft)"階段。該公司認為，此項成果將可加速開發更營養、更高產之稻品種，亦將有助益於其它主要農作物如玉米、小麥品種的開發。

據該公司宣稱，此項成果已提供給有十個會員國的國際稻基因組定序計畫(International Rice Genome Sequencing Project 簡稱 IRGSP)參考。此為私人企業將大量基因組資料提供給全球分享之創舉，國際團隊使用此項定序數據將可加速整套稻基因組之解譯。此外，該公司也將提供相關定序數據予其他的研究者參考使用，且不收取任何費用。

(農業試驗所 郭益全 摘譯自孟山都公司網站新聞中心新聞稿)

基因轉殖作物有可能造成遺傳或生態危機

在今年 2 月 25 日出版的 Science 第 1399 頁當中, J. P. R. .Martinez-Soriano 與 D. S. Leal-Klevezas 認為「將基因轉殖玉蜀黍作物引進墨西哥, 並不會對該地造成遺傳上或生態上的危機, 應該不需要擔心」, 但有些農藝學家則有不同的看法, 他們認為: 1. 在墨西哥仍存有數種大芻草(teosinte)亞種, 這些植物是玉蜀黍的遠親, 因此一旦有基因轉殖玉蜀黍存在, 它與大芻草發生基因相互轉移是有可能的; 而且某些科學家顧慮這種基因移轉可能會產生些新的頑強雜草品種, 譬如在以色列就發現高粱的基因可傳入強生草(Johnson grass)當中, 如果基因轉殖高粱作物含有抗嘉磷塞(glyphosate)農藥基因, 那麼這基因就有可能傳入強生草, 而造成具抗農藥的雜草, 同樣的情況也可能在玉蜀黍上。2. 由於農民一向熱中於混種不同的品種以產生新雜交種, 所以如果因而將基因轉殖玉蜀黍的新基因帶入雜交品系, 以後將很難保證能完全去除。因此建議目前的科學知識仍不足以完全確認基因轉殖作物的安全性, 所以應保留危機感, 以免因疏忽或意外而造成災難。

(傅振焜 摘譯自 2000, March 17 之 Science (287) : 1927-1928)

基因轉殖作物有可能造成遺傳或生態危機

在今年 2 月 25 日出版的 Science 第 1399 頁當中, J. P. R. .Martinez-Soriano 與 D. S. Leal-Klevezas 認為「將基因轉殖玉蜀黍作物引進墨西哥, 並不會對該地造成遺傳上或生態上的危機, 應該不需要擔心」, 但有些農藝學家則有不同的看法, 他們認為: 1. 在墨西哥仍存有數種大芻草(teosinte)亞種, 這些植物是玉蜀黍的遠親, 因此一旦有基因轉殖玉蜀黍存在, 它與大芻草發生基因相互轉移是有可能的; 而且某些科學家顧慮這種基因移轉可能會產生些新的頑強雜草品種, 譬如在以色列就發現高粱的基因可傳入強生草(Johnson grass)當中, 如果基因轉殖高粱作物含有抗嘉磷塞(glyphosate)農藥基因, 那麼這基因就有可能傳入強生草, 而造成具抗農藥的雜草, 同樣的情況也可能在玉蜀黍上。2. 由於農民一向熱中於混種不同的品種以產生新雜交種, 所以如果因而將基因轉殖玉蜀黍的新基因帶入雜交品系, 以後將很難保證能完全去除。因此建議目前的科學知識仍不足以完全確認基因轉殖作物的安全性, 所以應保留危機感, 以免因疏忽或意外而造成災難。

(傅振焜 摘譯自 2000, March 17 之 Science (287) : 1927-1928)

紐西蘭賀氏矮海豚對船及泳客的反應

紐西蘭的賞鯨豚業遊客量是世界各國之冠，因此很適合研究觀光衝擊對鯨豚之影響。本研究即是在 1996 年 1 月至 4 月、1996 年 12 月至 1997 年 3 月，以經緯儀在南島東南角的海豚灣（Porpoise Bay）追蹤賀氏矮海豚 61 天（計 251 小時），來觀察賀氏矮海豚對船及泳客的反應。

在全程觀察中，海豚伴隨泳客（在 200 公尺以內）的時間佔 11.2%，與船隻在一起的時段佔 12.4%，且海豚皆無移棲的表現。此外，可能因海豚很容易避開泳客，所以海豚對他們僅有微弱的不顯著反應。然而，海豚對賞豚船的反應比較強烈，以經緯儀兩次測點連線法分別對海豚及船隻定位，再計算夾角，經由相對導向性分析（Analyses of relative orientation）顯示海豚在接觸初期 50 分鐘內會有趨向船隻的傾向，隨著接觸時間加長，其興趣減低，接觸 70 分鐘後，海豚變得主動避開船隻，或沒有特定方向之遊蕩，因而先前的趨向行為顯著的較預期者為低；而群體分散（Group Dispersion）分析則顯示，當海灣中有船時，海豚會顯著地聚集成群。

賀氏矮海豚是種僅出沒於紐西蘭沿岸且洄游範圍小的生物，對觀光干擾可能較為敏感，因此其生態行為反應似可供賞鯨豚業者在實際作業時，或政府在規定賞鯨豚業的作業安全距離時參考。

（周蓮香 摘譯自 1999 July 之 Marine Mammal Science 15(3):738-750）

生物多樣性—歐洲有機農業的目標

台灣大學園藝系 鄭正勇

1. 前言

有機農業是嘗試在健康的環境條件下生產健康的食物，而一個健康的環境則是其中須存有豐富的物種，因此近年來有不少關於有機農業對生物多樣性影響之研究被提出(Youngberg et al., 1984; Isart and Llerena, 1996)。此外在歐盟有關“有機、永續農業之景觀和自然生產能力”會議所研擬的“有關景觀品質的整合表”中，生物多樣性也被列為重要目標(van Mansvelt, 1997)，將不同層次的生物多樣性—種類、生物小區和景觀—細分並且作為有機農場生物環境的評定指標。以下我們將討論歐洲有機農場的景觀如何支持生物多樣性的發展，尤其強調將種類多樣性整合到農業經營裡，以及它是否可能成為將來有機農業的目標等問題。

2. 景觀與農業—歷史回顧

數百年來，農業除為人類生產食物之外，同時也具有高度“景觀和自然生產能力”(van Mansvelt and Stobbelaar, 1995)。早期中歐地區的植生主要是森林，當樹林開始被清除時，人為所致的植生豐富化和植生區隔過程於焉開始(Pott and Hueppe, 1991)。清除樹林後之土地有許多不同的利用方法，主要是引入農耕，因而經由農耕所引起的動植物種類就逐漸增加(Hueppe, 1990)。經過數百年後，天然景觀變成耕作的(農村的)景觀，並容許更多的生物種類存活。農地景觀被區分為花園、石牆、牲畜養殖；圍繞著村莊的部分則被發展成可耕地、果園、草地和樹籬。

土層淺薄的石灰質牧草地經放牧綿羊之後，出現了地中海型植物種類，如蘭花類。不同牧草地管理方法也產生很大的歧異度，如每年刈割一次的草地植生相就異於刈割二次、三次者，因而形成很多具有代表性的植物群落。

在農田裡，繼穀類之後，則出現源於地中海和中東地區的雜草種類，這些‘耕地植物’中只有一小部分真正被農民認定為是有問題的雜草。在耕地上，不同雜草種類所形成的不同群落，不止是因為不同土壤型態，同時也常是由於耕犁時間不同—秋天或春天—而造成的(van Elsen, 1994a)。另外使用廐肥也會增加景觀中植物的多樣性(van Elsen, 1994b)。甚至於可引起環境問題的其他農業形式，也都對生物多樣性的強化有所助益(cf. Makowski and Buderath, 1983)。其理由之一是由於當時缺乏機械工具，人類無法摧毀自然的樣相所致(Falter, 1992)。另外不同地區的人有不同的習俗、傳統服飾、方言、村莊的構造、農宅的型式(Ellenberg, 1990)，因而不同的農耕方式也影響從自然景觀發展而來的耕作景觀。

直到農業產業化開始之後，基於人們的需要，自然景觀被大幅改變。一方面，在土壤肥沃、面積較大、作物種類較少的景觀中遺留較小的空間給野生動植物，當灌木被移走、池塘水被排乾、農地經常的噴施化學藥劑之餘，只有極少的動植物能逃過一劫；另一方面，在土壤貧瘠的地區，農業則被放棄。在這種狀況下，許多依賴農業土地利用才得以衍生的種類在數年內就消失無蹤。例如，在肥沃黃土上生長，種類豐富的耕地植物衰減至只剩少數的問題雜草；

至於淺石灰岩地土壤則因廢耕計畫而被放棄耕作，這些農地變成一年生耕地植物最後的保護所，等一年生雜草消失後，多年生植物就代之而起(van Elsen and Guenther, 1992)。類似的情形也在牧草地上發生，由於使用礦物肥料和過早刈割的結果，植物種類減少，然而刈割或放牧卻使牧草地因為低產值而被放棄，於是灌木和樹林代之而起，許多庇護動物和植物的生物小區則消失無影。

過去的農業發展趨勢容許從自然景觀發展成為鑲嵌拼圖式的中歐耕作景觀；而今日的農業則剛好相反。在德國，現代農業被認為是引起植物種類減少的主要原因。分析 Korneck and Sukopp 1988 的紅色名單中所列絕種、消失中和瀕臨絕種野生植物種類，發現農業必須為從 711 減少至 513 種類的事實負責。在所有瀕臨絕種植物中，有 10.8 %是耕地植物，此外 15 種所謂的“雜草”已經滅絕(=已滅絕植物種類的 25 %)。

3. 有機農業對耕地植物的影響

所以在歐洲有一群農民，試著不用人工合成肥料和農藥，從事較寬廣的作物輪作制度，即從慣行農法轉換成有機農法。以下就來看看有機農業對於生物多樣性的影響，尤其是對於耕地植物多樣性的影響究竟如何？

3.1. 有機農地上雜草相

過去已有多位研究者從自然保育觀點調查有機農業對雜草相的影響。研究報告顯示，替代性農業對耕地上和牧草地上的雜草種類多樣性有正面的影響(Meisel, 1978,1979)。Callauch (1981)比較有機農場上的雜草種類為相鄰對照區的二至三倍。Hampl 和 Herrmann (1987)在德國巴伐利亞州、Ries (1988)在盧森堡、Frichen (1988)在德國西北部、Wolff-Straub (1989)在低萊茵河平原、Plakolm (1989)在奧國、Hald 和 Reddersen (1990)在丹麥等地區的研究也都有相似的結果。在土壤肥沃地區，有機與慣行栽培農地上的植物種類數目相差可至十倍(Heinken, 1990)。

另一方面，也有研究顯示從慣行轉換至有機栽培法對於生物多樣性的影響並不大，這可能是因為轉換前使用機器除草和長期使用除草劑所致(Albrecht and Mattheis, 1996)。van Elsen (1989)比較生物動態農法與慣行農法栽培之農田，發現在生物動態農田邊緣之野生植物種類之中間數為 25(平均 25.5)，而慣行農田者為 16(平均 15.8)；在農田中央，生物動態農田之雜草數目為 18(平均 19.5)，而慣行農田中者為 2(平均 3.2)。在調查的 17 塊農田裡，野草種類數目範圍為 9-46 種(生物動態農田邊緣)對 2-25 種(慣行農田邊緣)；在農田中央則分別為 7-30 種(生物動態)與 0-11 種(慣行)。

種類頻譜分析結果顯示，在農田邊緣生長之耕地植物，通常會出現具有代表性的族群，這些種類也會生長在慣行農田邊緣，只是頻率較低，而且常常是單獨出現。在生物動態農田裡，農田邊緣所生長的種類也會在田中央被發現；然而在慣行農田中央幾乎未曾發現具有代表性的種類。在廣闊的田間條件下，有機農田邊緣與中央所具有的植物相越來越相似(Hofmeister, 1992; van Elsen, 1994a)。

另有研究發現在有機農地邊緣有較多的多年生植物種類，如酸模屬(*Rumex*)，可能是由於在輪作中栽培多年生飼料作物而產生的結果。另外還有一些瀕臨滅絕的種類，如雪輪屬(*Silene noctiflora*)、矢車菊屬(*Centaurea cyanus*)、菊屬(*Chrysanthemum segetum*)等也偶而會被發現在生物動態農田裡，但從未被發現在慣行農田裡。

3.2. 有機農業操作方法對雜草相的影響

表一所列係將德國低萊茵河平原上為時六年之研究數據和在黑森及杜林根地區所作之尚未發表的數據綜合，描述有機農場中不同農業操作方法對雜草相的影響。

表一．有機農場中不同農業操作方法對雜草相的影響

農業操作方法	影響
轉換期間	
停止化學除草	明顯的發生具有抗除草劑的問題雜草
停止礦物元素肥料施用	嗜氮植物如蓬子菜屬植物(<i>Galium aparine</i>)等逐漸消失；豆科植物增加，特別是蠶豆屬(<i>Vicia spp.</i>)
機械除草	生命週期長的冬季一年生植物減少；生命週期短的夏季一年生植物增加，造成穩定的危險及貧瘠的雜草植生。
冬季穀類混作	天氣因子造成雜草因大量遮光而無法生長
種植多年生田間飼料作物	生命週期長的一年生植物無法生長；多年生種類，如酸模屬植物(<i>Rumex crispus</i> , <i>R. obtusifolius</i>)增加；下次耕犁後雜草問題減少
採收後即將殘株翻犁	較晚開花的雜草種類如 <i>Kickxia spp.</i> 及水蘇屬(<i>Stachys arvensis</i>)等減少
利用自家種子	可能散播其他栽培種或野生植物的種子
畜糞堆肥	延續田間嗜氮作物，特別是藜科植物(<i>Chenopodiaceae</i>)
經常使用農機	增加出現於壓實土壤上的植物

轉換成有機農業會導致雜草植生相的改變。停止使用除草劑後，嗜氮植物如蓬子菜屬植物(*Galium aparine*)可能大量發生，通常伴隨著需求高硝酸鹽的種類減少及豆科植物的增加（特別是蠶豆屬(*Vicia spp.*)），而且可能造成問題雜草 (Eisele, 1996)。當有機栽培之行株距以 18 公分代替慣行的 13-14 公分行距時，植株因受光量增加而有較佳的生長。

另外在作物輪作期間，田間的雜草植生也會變動。整合六年的調查結果，顯示大部分一年生雜草種類主要發生於冬季作物田，如 *Apera spica-venti* 及虎尾花屬(*Veronica hederifolia*)；而遏藍菜屬(*Thlaspi arvense*)、*Fallopia convolvulus* 及藜屬(*Chenopodium album*)等種類則發生於夏季作物田；後者還顯示雜草的成長方式常因萌芽的時間不同而異的範例。

在有機農場中，常用三葉草屬(*Trifolium*)、黑麥草屬(*Lolium*)及苜蓿屬(*Medicago spp.*)與穀

類一起混植，以抑制雜草生長，當主作物採收後，混植之牧草及豆科植物還可作為田間飼料作物或綠肥作物。在此期間，外來的野生種類，如蒲公英屬(*Taraxacum officinale*)、毛茛屬(*Ranunculus repens*)、車前屬(*Plantago major*)有增加，但一年生雜草種類會特別減少，如繁縷屬(*Stellaria media*)及虎尾花屬(*Veronica persica*)。另外飼料作物田裡的雜草植生與穀類或根作物田的雜草植生也不同，許多夏季生長的一年生植物只能保持在營養生長狀態，某些種類，例如蓼屬植物(*Polygonum aviculare*)在下半年幾乎少有發現。

在生長有機穀類的田裡，通常在冬季採收後即將殘株耕犁入土，這造成一些較晚開花的耕地植物種類，如 *Kickxia spp.* 及水蘇屬(*Stachys arvensis*)等種類的繁殖發生問題。另外來年如使用由該農場收集的種子播種時，可能會傳播某些雜草種類。同樣的，畜糞堆肥也能造成某些雜草種類的傳播。其他如黍草屬(*Poa annua*)及車前屬(*Plantago major*)之傳播，則可能是因為經常使用重型機器壓實土壤而引起的。

3.3 增進有機農場中耕地植物多樣性的方法

為達成歐盟所提出「保護、促進及發展多樣性植生」的目標，有機農業的目標也需要重新整合。往這個方向發展的第一步，就是必須將耕地植物視為有益昆蟲的寄主和食物，甚至對雜草也有正面的影響(Ruppert, 1993; Lys et al., 1994; Raskin, 1994)。表二所列即為增進有機農田裡野生植物種類多樣性的方法。

表二. 增進有機農田裡野生植物種類多樣性的方法

方法	目標
耕地邊緣減少機械除草且停止混作	增加在冬季穀類農地中生長之稀有一年生雜草
若稀有的雜草為較晚開花的種類時，應停止採收後立即將殘株耕犁入土	確保較晚開花的雜草種類如 <i>Kickxia spp.</i> 及水蘇屬(<i>Stachys arvensis</i>)等殘株能殘活下來
以結構組成區分農地，如樹籬、田埂；減少農地面積	創立種類豐富的耕地邊緣生物小區；增加單位面積中不同處理的數目

4. 整合有機耕地中之生物多樣性

許多有機農民都曾注意到貧瘠景觀與病蟲害的發生有關係，多項科學研究也顯示，灌木叢、水池、雜草帶、落葉、有花的草地對生物生長的重要性，所以愈來愈多有機農民嘗試藉著種植灌木或興建水池以豐富農地的生物相(Lampkin, 1990; Altieri et al., 1996; Stopes and Woodward, 1996)。研究顯示每一農場至少應有 5 %面積作為野生生物自然棲息地的作法，可作為遂行上述工作的標準和準則。

農地景觀裡包含眾多的生物小區是有機農業中一項重要的評估依據，但它同時也會造成區隔的危險。雖然有機農場對自然與生物多樣性有益，但在一個包含有 5 %農地作為任其自然發展的「生物小區」及 95 %密集生產區有機農場裡，其實並無太大的空間讓野生植物及昆蟲生存(cf. Mahn, 1993; Roesler and Weins, 1997)。在有機牧草地裡的動、植物境遇與在上述的耕地裡的植物是相類似的。

因此為符合自然保育運動的現代目標，利用景觀元素組成支持生物多樣性的發展，可被視為是從區隔至生物多樣性整合過程的初期階段(見表三)。在德國，自然保育運動由分離至整合過程顯示同樣的有趣發展(Roesler and Schmidt, 1995)；雖然早期自然保育的主要目標僅為保存單一種類及生物小區，但至今其目標已改變為創造生物小區網。未來則需求將過去所達成的生物多樣性成果作一整合的永續性處理。

表三.從區隔到整合—自然保育運動和有機農業之發展比較

自然保育運動	有機農業
1.保育種類	1.農法轉換
2.保育生物小區	2.保育耕地與生物多樣性並行 利用景觀組成要素作為有益生物之棲息地
3.創造生物小區網 歷史性生物多樣性永續處理 發展農地景觀，而非僅限於恢復舊觀	3.整合階段 將生物多樣性整合至耕地中 導引整體性之農地景觀發展

van Mansvelt 1997 所提出的標準表是將生物多樣性整合於有機農業內，並利用這些標準來評估在不同生物多樣性層面下的有機農場。此舉可能改變農民的觀點，並協助他們以新的眼光來面對所擁有的特殊農場景觀價值和其組成要素。如果整合成功，而且農場景觀發展目標較諸生物小區的發展更為可行時，則將自然保育運動和有機農業二者視為伙伴併行發展的理想有可能成為事實。

(本文參考自 Agriculture Ecosystems & Environment 77 (2000): 101-109)

精準農業之農田變異管理簡介

行政院農業委員會農業試驗所 楊純明

壹、前言

人類經過一段長期實際耕作加上經驗累積與技術改良，為求其操作便利性及省時省力考量，對於同一塊農田多採用一致性(uniform)的耕犁、施肥、播種與病蟲害管理等農場作業，也因此忽略了天然和人為連續性處理引起農田各定點的時空變異。經年累月下來，遂造成諸如土壤營養元素不均衡、酸鹼值改變、人造化學品殘毒累積、及化學毒物滲流與排放等土壤與環境問題，且由於土質日益劣化而不利於農作生產(楊，2000)。自二十世紀末起環保意識與農業永續理念抬頭，精準農業作法亦因運而起，並迅速、廣泛的受到世界各地重視，而逐漸形成較為完整的理論與作業系統。

精準農業(precision agriculture, PA)係一新興現代化農業應用科技，希望對於農田之土壤與農作物施予最妥適管理，提供同步提升作物生產、品質及環境保護機會以達到永續精準管理農業系統之目的 (Pierce and Nowak, 1999)。雖然精準農業體系之發展歷史迄今僅約二十年，其瞭解與解決農田(土壤與農作物)時空變異的想法和作法則融合了多元學術領域與技術，將資訊(information)、科技(technology)、及經營管理(management)等三項因子彙融成一體(楊，2000)，形成包容特定農田管理與決策支援系統(site-specific management & decision support system)、遙測與監視系統(remote sensing and spatial monitoring system)、差異性農機作業系統(differential action system)、及農場經營管理系統(farm management system)等四種統合型科技在內的一複雜農耕作業體系。

由於各地發展精準農業的歷程並不相同，各以不同的認知定義出各樣的名詞，如精準農耕(precision farming, PF)、特定地點農耕(site-specific farming, SSF)、處方農耕(prescription farming, PF)、變異率應用技術(variable rate application technology, VRAT)等均散見於文獻中。究竟何謂精準農業呢？顧名思義乃指對於農田各定點之土壤與農作物施予最適切處置的農耕作法，中心思想就是管理農田的空間變異(spatial variability)、時間變異(temporal variability)及預期變異(predictive variability)等三大類。農田的空間變異可以由橫跨農田的土壤與作物之差異分佈實際呈現，時間變異能夠從生育進展及歷年表現之差距評估高低，

而預期變異則可由預定值(predicted value)與實測值(actual value)間比較區分出歧異層級。惟各地農田狀況與遭遇問題不一，因此各方依其操作目的研發滿足獨特需求的作業系統，複雜度與困難度各具特色。

貳、精準農業內涵

固然所欲解決的問題或不相同，精準農業的內涵(或稱作業程序)則大同小異，依循類似的準則。首先是**觀測**特定農田狀態，也就是觀察和調查農作物與土壤的變異情形；其二是**評估**環境對農作物的衝擊，包括氣象、土壤、天然與人為災害(逆境)等造成的正、負面影響；其三是**判斷**農田整體表現，綜合現狀觀測及決策支援系統剖析做出對農作物與土壤的診斷結果；其四是**提出因應對策**，針對農田各定點做出及時而有效的對應處理措施與策略。上述作為均以配合各定點作物與土壤的實際需求及兼顧環保平衡為原則，而以維持穩定的農作物生產、高品質收穫物及農田永續經營為主要目的。

對於實施精準農業的特定農田，通常會需要一些前置作業以求取較佳管理作業結果。首要步驟是收集與建立該農田(地)的基本資料庫，如進行播種前的土壤取樣，以獲取該農田土壤肥力之空間分佈圖及其他土壤特性資料，俾利基肥施用和後續追肥參考。又如收集分析該農田前期甚至於歷年產量空間分佈資料亦頗具意義，不僅提供該農田之生產潛力與變異區間，更說明了當地農田肥力與環境變異對產量的可能影響。此外，預先規劃農作物與土壤即時資訊的觀測方法也十分重要，栽植期間作物與土壤的觀測可使生產者瞭解作物生長及土壤肥力之時空變化趨勢，收穫時作物產量與土壤的觀測則解釋了農作物生產的因果關係，並描繪出環境的交感效應。而當加上精準農業的管理後，則展示了差異性處理的最終成效，呈現栽植期間和收穫時的效率與效能。

實施精準農業預期至少具有六種可能成效(單一或多種)，如(1)提高產量與品質、(2)供給各相關資訊而改進作物與土壤之經營管理決策、(3)改善農藥與肥料施用效率而減輕資材及費用的支出、(4)提供更準確的農場管理紀錄、(5)降低環境污染、及(6)增加整體農耕效益。實施精準農業並不以追求最大產量為主要目標，而係在不惡化環境前提下經由減少非必要資材(源)投入、降低環境污染及穩定生產與品質來獲取最高整體農耕(作)效益，潛藏農業永續的宏遠價值觀。

參、實施步驟－農田之變異管理

由上述闡述可知精準農業就是要管理農田的空間變異、時間變異及預期變異，所以其基本實施對象與步驟，包括有農作物性狀變異及土壤變異之觀測、判斷與調控，以下將介紹如何精準管理相關變異。

一、農作物特性與變異管理

農作物特性之時空變異源自於生育進展、環境改變、天然災害及人為處理等因素，可經由外觀物理徵狀及產量等性狀變化觀測比較之。舉例言，吾人可由植被覆蓋比例獲得農作物生長的時空變異；當某項病害發生時，可從葉片或莖稈外觀顏色、斑點等的有無及多寡顯示危害程度與範圍的時空變化。針對這些性狀之空間分佈，吾人將可給予及時的差異性處理，排除農田各定點之限制因子。

農作物特性之觀測與追蹤以遙測方式為佳，提供即時而全面的生長狀況，成為當時判斷及處理之依據，可靠性與準確度均較佳。人為目測及取樣調查是不適用於精準農業的，因為它無法獲得大片農地的真實景況及空間變異分佈，也無以符合精準管理的時效要求。惟遙測技術多係採用相對比較方式來區別變異種類和等級高低，必須先建立各種性狀之基礎曲線才能據以區分與比較差異。然而不同逆境或災害對不同作物各有特定的影響，性狀表現自然有別，因此必須建立完整且豐富的資料庫，並將資料模式化及系統化以為應用。

以採用集團栽培而言，臺灣地區農場規模至多在幾十公頃範圍內，以光譜遙測管理農作物之空間變異較合適。通常係利用紫外光至熱紅外光波段之光輻射來鑑別農作物之生長狀況(態)，例如葉綠素含量的高低可由植被反射光譜中的藍光及紅光波段的高吸收和綠光的高反射共同區分，而老化的葉片因葉綠素的崩解在黃綠光、紅光、近紅外光及中紅外光波段均將反射高於正常葉片(Guyot, 1990)；缺氮則增強可見光的反射而降低近紅外光的反射(Thomas and Oerther, 1972; Blackmer et al., 1996)；葉片水分含量在中紅外光波段(1300-2500 nm)由於1450、1950 及 2500 nm 波長之高吸收而呈現兩個反射高峰，缺水時將因膨壓下降而反射增加(Thomas et al., 1971)。吾人可由光譜遙測結果比對資料庫做出判斷與因應決策，若能加上現場觀測與取樣的佐助，更能精準管理各定點變異。

二、土壤特性與變異管理

影響農作物生產之土壤特性可簡分成物理性與化學性兩類，前者如土壤水分、土壤孔隙度、土壤質地(粘土、粉土及砂土比例)等，後者如土壤營養元素含量、有機質含量、酸鹼值等。傳統上是利用土壤取樣再進行物理或化學分析，所以調查土壤特性相當耗時費力，花費成本亦高，通常農民無法負擔昂貴的精密土壤分析。

因此適當的土壤取樣技術為精準農業土壤變異管理的第一步，使用的方法如混合取樣法(composite sampling)、基標取樣法(benchmark sampling)、方格化取樣法(grid sampling)、及地景導向取樣法(landscape directed sampling)等，皆是仰賴人工或機械方式採取土壤樣本進行土壤分析，再利用地理統計技術(geostatistics technique)或地理資訊系統(geographic information system, GIS)觀察與解析土壤肥力變異情形，進而探討影響產量的重要土壤因子，合理解釋土壤效應或擬定土壤變異管理策略，達到維持良好作物生長及環境品質的目的(McBratney and Pringle, 1999; Wendroth et al., 1999; 林等, 2000)。舉例言之，農田土壤生產潛力之空間分佈圖及土壤之農作物可利用營養元素之空間分佈圖，可利用於各定點施用特定量之肥料與有機質來調節土壤肥力，而預知產量及分佈。如此先瞭解農田之肥力空間分佈再追蹤肥力之時空變異，非但可以最佳化該農田之經濟效益，並可將土壤營養元素流失及過量施肥之可能性降至最低。使用者應視狀況選用及彈性調整土壤取樣法，以符合當地特殊條件，並降低土壤變異監測成本。

其次配合遙測方法，則可大大減低土壤取樣分析所需耗費之龐大經費，且以即時之現場資訊供作第一手處理，如電磁波遙測技術可利用於土層、質地及電導度之偵測，而光譜遙測技術則可檢測土壤有機質與氮素含量。

肆、結語

精準農業在臺灣仍處於啟蒙階段，如何善用結合資訊科技及遙測科技之精準農業，以立足於二十一世紀，是臺灣農業必須思考與面對的課題。事實上唯有以前瞻性的眼光毅然決然走在主流的精準農業趨勢中，才能順勢掌握轉型升級的契機開創出農業的第二春，擔當維繫民眾穩定糧食供應的重責大任。

（因期刊篇幅有限，本文僅節錄刊載重點，如欲參考全文詳細資料，請至網頁
<http://www.asic.gov.tw/download/index.html>/ 下載。 ）

基因表現連續分析法 (SAGE) 及其在植物研究之應用

農業試驗所 王強生 廖仁盟

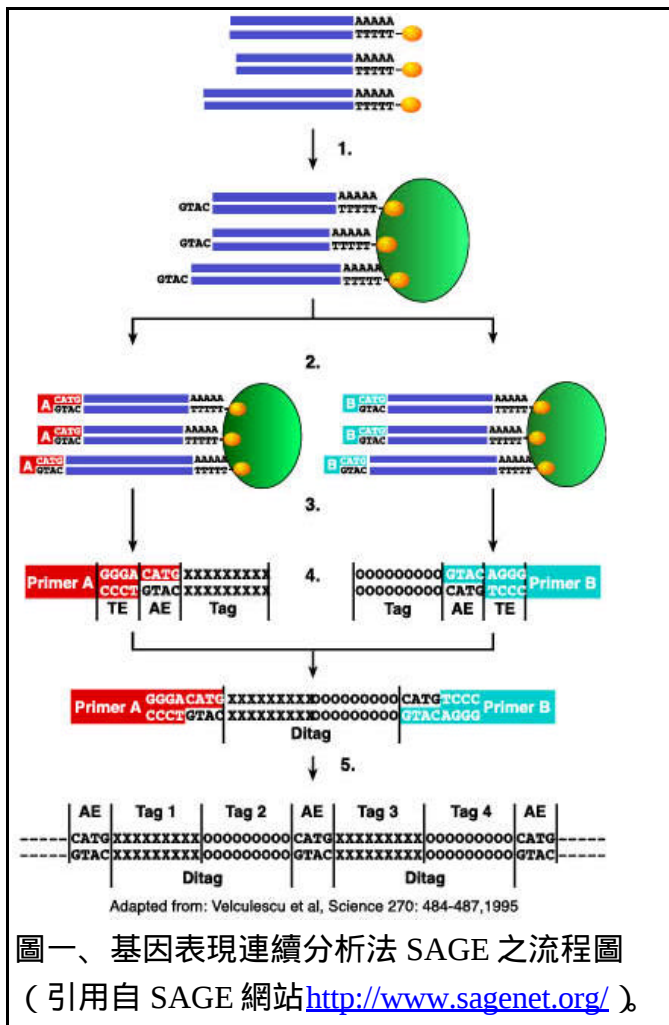
近來由於人類、阿拉伯芥及水稻等各物種基因組計畫之快速發展，基因序列之資訊正以史無前例的速度迅速累積中。然而人類對於基因功能之瞭解程度卻遠遠落後。科學家長久以來便對差異性的基因頗感興趣，一直希望能依據差異選殖基因(cloning by difference)，但是礙於技術層面，往往未能如願。這些年隨著分子生物學的進展及技術層面的提昇，選殖具有差異性的基因已經不再是夢想。

傳統上應用於分析基因表現的技術有：北方轉漬、RNA 點轉漬及 RT-PCR 方法，但每次僅能針對有限基因進行評估分析。其他如：扣除雜交法(subtractive hybridization)、比較 EST 分析法(comparative EST analysis)是用來偵測基因表現組群(profiles)的變化。而基因差異篩選法(differential screening)及基因差異展示法(differential display, DD)則應用於鑑定二個具有差異表現的樣品基因並予分離。然而，這些方法並無法大規模有效、準確的偵測基因差異表現，每次僅能分析有限數目之轉錄訊息，更無法提供基因表現量的資料。此外，這些方法一般也僅能偵測大量表現的 mRNA。

最近，由 Velculescu 等人(1995)所發展的「基因表現連續分析法」(serial analysis of gene expression, SAGE)可以準確的在同一時間內針對數千個基因進行基因表現量的分析，因此 SAGE 已成為一研究後基因組階段(post-genomic era)基因表現的有力工具。茲將 SAGE 法之原理簡介如下：

此法乃利用 *Nla* III 限制酵素，將最靠近 cDNA 3' 端切位的一個 9-11 個鹼基對的短片段 DNA (即標記)，利用連續的 Linker-Ligations 及限制酵素切割的方法擷取，進而利用 PCR 擴增標記並予選殖、定序，而每一標記在序列出現頻度可直接反應每一 mRNA 在組織中表現量的多寡(abundance)。如果標記可自轉錄訊息中細微位置萃取而得，則 9 個鹼基對所包含的訊息(4⁹)已遠較植物中所有基因數為多。據估計，阿拉伯芥中約有 15,000 – 33,000 個基因，因此可以確定每一個植物基因均可有一獨特的 SAGE 標記來區分。

SAGE 分析法之操作步驟(見圖一)：



一、Total RNA 萃取及 mRNA 純化

1. 利用 phenol/chloroform 法 (或其他方法) 進行 total RNA 的萃取，欲進行 SAGE 所需的 total RNA 最少需 1 mg (假設 mRNA 的含量為 5 %) 以上。

2. 採用由 Dynal® Co. 所生產之 Dynabeads® Oligo (dT)₂₅ 試劑組並依照使用手冊進行 polyA RNA 的分離，待定量後，取 5 µg polyA RNA 進行第一股 cDNA 的合成。

3. 在微量離心管中依序加入 first stranded buffer、dNTP mixture、biotinylated oligo dT primer 與 5 µg polyA RNA，於 65 °C 水浴器中 10 分鐘以打

開 RNA 的二級結構，置於冰上 3 分鐘，加入 MMLV reverse transcriptase 於 37 °C 進行第一股 cDNA 的合成。

4. 將步驟 3 的雙股 cDNA:RNA 以 RNase H 及 DNA polymerase I 進行第二股 cDNA 的合成，合成的雙股 cDNA 經定量後取適當量進行限制酵素切割。

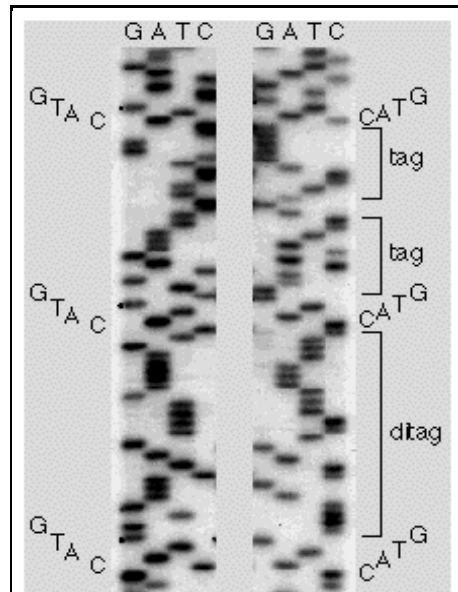
二、基因表現連續分析法

1. 使用可能於 cDNA 中切位(CATG)較多的限制酵素(frequent cut enzyme, 如 *Nla* III)(即 AE)進行切割，切割後的 cDNA 以 streptavidin beads 回收具有 polyA 的 3'端 cDNA。
2. 將回收之 cDNA 分成二部分，分別接上特殊的 Linker A 及 Linker B (此 linker 上均具有 Type IIS 的限制酵素切位)，回收之後分別再以 Type IIS 限制酵素(如 *Fok* I)(TE)切割。
3. 切割完成之 cDNA 以 Klenow fragment 將末端補齊(fill in)為齊平端(blunt

end), 經過 phenol/chloroform 萃取與酒精沉澱後, 將二管 cDNA 集中成一管進行 ligation。

4. 粘接完成的 cDNA 以 phenol/chloroform 萃取與經酒精沉澱後再以第一次使用的限制酵素切割(如 *Nla* III), 經切割後的 cDNA 上則具有雙標記(ditag), 片段大小為 26-30 個鹼基(bases)。
5. 由於具有雙標記的 cDNA 片段太小, 難以進行選殖, 故將上述的 cDNA 進行黏接作用, 完成後進行片段分離 (size fractionation), 回收大於 200 個鹼基的片段, 此時片段內含有多個雙標記。
6. 將回收的片段選殖至載體上並進行轉形作用, 挑選含有選殖片段的殖系進行定序反應(見圖二)後, 利用 SAGE 軟體進行序列分析, 找出基因表現的標記, 並利

用 BLAST analysis 程式蒐尋基因庫。SAGE 標記之序列經基因庫比對後可能有三種結果: a.為已知基因, 即相匹配(match); b.與已知 ESTs (expressed sequence tags)或不知名的 mRNA 相似; c.目前為一未經確認功能的 mRNA。



圖二、經 SAGE 分析產生的單標記及雙標記產物之 DNA 定序分析

(引用自 SAGE 網站

<http://www.sagenet.org/>)

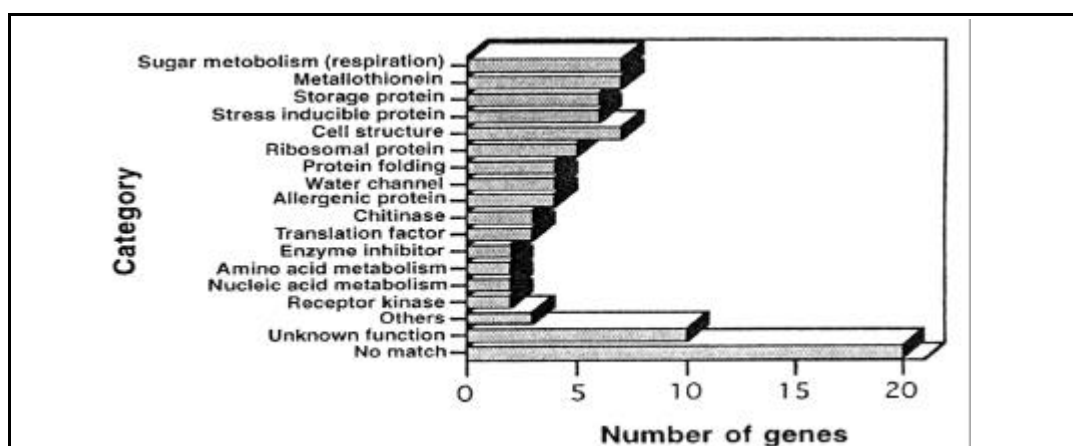
目前 SAGE 分析法已成功的應用於鑑定酵母菌轉錄群組 (transcript profiling), 及區分人類正常細胞與癌細胞的差異轉錄訊息。從比較癌細胞與 p53 誘導的細胞老死(apoptosis)結果顯示, SAGE 分析法能極有效的解析受轉錄因子調控的連續遺傳步驟。以下僅以 Matsumura 等(1999)利用 SAGE 技術研究水稻幼苗基因表現為例, 說明 SAGE 在植物基因表現分析之應用情形及其可能展望:

自從 SAGE 技術發展以來, 絕大部分集中於人類與動物方面的研究, 將此技術成功應用於植物上者, 首推 Matsumura 等(1999)的試驗, 嘗試利用此一新技術建立水稻幼苗基因表現的組群(profile)。他們自發芽後五天的白化水稻幼苗萃取 RNA、轉換成雙股 cDNA, 利用 SAGE 的分析技術, 得到 10,122 個標記, 其中 5,593 個標記出現的次數超過一次以上, 最後總共得到 5,921 個不同的標記。然後將這些標記利用 SAGE 軟體依照其出現次數做一排列, 並進行資料庫的比對, 發現表現量大(出現次數多)的前 100 個標記中, 80 %與已知的水稻 cDNA

或 EST 序列的相似度很高，此情況與在人類和酵母菌的 SAGE 分析結果相符。而進一步分析這 100 個大量表現的標記發現，其和許多的家管基因(housekeeping genes)，如參與醣類、核酸及胺基酸代謝的基因，具有很高的相似度，推測這些基因的表現是維持植物細胞生命力與個體生長所不可或缺。除此之外，在此高表現量基因中尚有一群與受逆境誘導的基因具有高相似度，而目前對於這些基因的功能仍然未知，值得進一步研究。

另外作者亦評估將 SAGE 技術用於選殖具差異性表現基因的可行性：利用經過缺氧處理(anaerobic treatment)一天的水稻與未處理的水稻當對照，進行 SAGE 分析；在缺氧處理的水稻上獲得 2,094 個標記，經分析後得到 1,496 個不同的標記；而未處理的對照，則得到 2,205 個標記，二處理經過比較後，得到 1,551 個差異的標記。將兩者的標記相互比較發現，絕大部分的標記表現量(於整個族群出現次數的比例)並無差異。而在 24 個具有差異表現的標記中，8 個基因係缺氧逆境所誘導的，而有 6 個基因在缺氧逆境下表現量會受到抑制。值得注意的是，水稻利用 SAGE 方法所篩選的基因有極大部分(10%)是功能未知的基因，或可能為新的基因(20%)(即在資料庫中找不到相似序列)(見圖三)。所以如能利用這些標記選殖相對的基因並加以研究，應可能解開植物抗缺氧逆境的機制。

從這些結果可知，將 SAGE 技術應用於植物上，可獲得許多未知的基因表現資訊，如能將這些基因予以選殖並進行功能分析，將有助於我們對植物基因表現與基因功能的瞭解。



圖三、利用 SAGE 技術分析水稻幼苗基因轉錄組群所得 100 個高度表現基因及其可能功能與頻度分佈圖。

另外為了加快基因選殖的腳步，作者捨棄傳統 SAGE 的做法，利用 RACE (rapid amplified cDNA end)技術，即利用此 9-13 個鹼基標記的序列當引子，配

合載體本身具有的序列引子(如 M13 forward 及 T7 promoter)，以整個基因庫的噬菌體 DNA 當模板，進行 PCR 擴增，進而選殖此產物而得到全長 cDNA，取代以 9-13 個鹼基的標記當探針進行基因庫篩選，這使我們更容易選殖到基因，也省去篩選基因庫的煩瑣步驟。

SAGE 分析法之優點：1.可同時分析所有的轉錄訊息，不需事先篩選任何已知資料。2.可針對已知及未知基因提供基因表現質與量的資訊。3.最適合用於探討或選殖二具差異的基因表現處理(如無氧或有氧處理)或材料(如正常細胞與癌細胞)之差異表現基因。

SAGE 分析法最主要的缺點是，必須使用大量的 mRNA (2.5-5 μ g)進行試驗。這對偵測少量或微量樣品的基因表現是一極大的限制。其次，SAGE 分析過程所需繁瑣的純化步驟都會造成大量 mRNA 樣品的流失。MicroSAGE 法(Datson et al., 1999)即是針對 SAGE 的缺點改良而成的，其所有反應均在同一試管內進行，並以有限的 PCR 循環擴增足夠的雙標記(ditag)基因轉錄產物。因此，利用改良的 MicroSAGE 分析法使對於微量組織或特定組織之基因表現分析成為可行。

總之 SAGE 技術不僅可應用於動物，在植物上的應用亦將越來越多，隨著許多模式植物基因組分析的快速進展，建立各種不同環境、組織差異表現基因的資料庫已刻不容緩，研究基因表現使我們得知基因的功能，才能進一步利用基因。SAGE 技術提供了一快速的分析方法，有助於表現基因資料庫的快速建立。今後，將基因組序列資料庫與表現基因資料庫相配合，我們才能更加瞭解基因，更能發揮並利用基因的功能。

參考文獻：

1. **Datson, N. A., van der Perk-de Jong, J., van der Berg, M. P., de Kloet, E. R., and Vreugdenhil, E.** 1999. MicroSAGE: a modified procedure for serial analysis of gene expression in limited amounts of tissue. *Nucl. Acid. Res.* 27: 1300-1307.
2. **Matsumura, H., Nirasawa, S., and Terauchi, R.** 1999. Transcript profiling in rice (*Oryza sativa* L.) seedlings using serial analysis of gene expression (SAGE). *Plant J.* 20: 719-726.
3. **Velculescu, V. E., Zhang, L., Vogelstein, B., and Kinzler, K. W.** 1995. Serial

analysis of gene expression. Science 270: 484-487.

4. **Zhang, L., Zhou, W., Velculescu, V. E., Kern, S. E., Hruban, R. H., Hamilton, S. R., Vogelstein, Kinzler, K. W.** 1997. Gene expression profiles in normal and cancer cells. Science 276:1268-1272.
5. **SAGE 網站** :<http://www.sagenet.org/> ,可免費取得操作手冊及分析軟體 SAGE 分析試劑組在 Genzyme Molecular Oncology (GMO)公司已有商品可購買 , 此外另有利用 PCR 技術結合 SAGE 所發展的快速基因表現分析法 RAGE (rapid analysis of gene expression)。

國際農業研討會與展覽

即將在 89 年 7 ~ 8 月舉行之國際農學研討會有數百個，以下擇列 32 個，供讀者參考。如欲參加這些會議，其大綱資料或報名表皆可經由<http://www.agnic.org/mtg/2000.html>連結查詢，而台灣地區的研討會則可直接以電話連繫。

序號	日期	地點	會議名稱
1.	7 月 1-5 日	瑞典	3rd International Conference on Molecular Biology and Physiology of Water and Solute Transport, July 1-5, Göteborg, Sweden
2.	7 月 2-6 日	瑞典	14th International Congress on Animal Reproduction (ICAR 2000), July 2-6, Stockholm, Sweden
3.	7 月 3-5 日	英國	European Pesticide Residue Workshop: Pesticides in Food and Drink, July 3-5, York, England, UK
4.	7 月 7-9 日	德國	Urban Agriculture and Horticulture: The Linkage with Urban Planning, July 7-9, Berlin, Germany
5.	7 月 8-13 日	加拿大	6th International Symposium on the Biosafety of Genetically Modified Organisms, July 8-13, Saskatoon, Saskatchewan, Canada
6.	7 月 10-12 日	荷蘭	International Conference: Modelling and Control in Agriculture, Horticulture and Post-Harvest Processing, July 10-12, Wageningen, The Netherlands
7.	7 月 15-19 日	加拿大	Agri-Food 2000, July 15-19, Winnipeg, Manitoba, Canada
8.	7 月 15-22 日	澳洲	Genetics in Aquaculture VII, July 15-22, Townsville, Queensland, Australia
9.	7 月 16-19 日	美國	5th International Conference on Precision Agriculture and Other Precision Resources Management, July 16-19, Bloomington, Minnesota, USA
10.	7 月 20-23 日	美國	3rd International Conference on Recirculating Aquaculture, July 20-23, Roanoke, Virginia, USA
11.	7 月 21 日	法國	ESVCP 2000: Annual Scientific Meeting of the European Society of Veterinary Clinical Pathology, July 21, Toulouse, France
12.	7 月 22-26 日	美國	International Society for Animal Genetics (ISAG) Conference 2000, July 22-26, Minneapolis, Minnesota, USA
13.	7 月 23-26 日	美國	ASHS-2000: Building a Bright Future for Horticulture, July 23-26, Orlando, Florida, USA
14.	7 月 24-28 日	美國	American Dairy Science Association - American Society of Animal Science Joint Meeting and Northeast Section July 24-28, Baltimore, Maryland, USA
15.	7 月 30 日-8 月 3 日	以色列	8th International Congress of the European Association of Veterinary Pharmacology and Toxicology (EAVPT), July 30-August 3, Jerusalem, Israel
16.	8 月	台灣	農村發展規劃國際學術研討會, 89/08, 連絡電話 : (02) 23631892 台灣大學韓選棠教授
17.	8 月	台灣	鮪魷類資源與漁業現況研討會, 89/08, 連絡電話 : (02) 23636040 轉 406 台灣大學許建宗教授

序 號	日期	地點	會議名稱
18.	8 月 1-5 日	台灣	第三屆國際林學研究組織聯盟東北亞森林保護研討會，89/08/1-5，國立嘉義大學及 IUFRO 中華民國分會主辦，連絡電話：(05) 2717475
19.	8 月 7-11 日	俄國	2nd International Conference on Bioinformatics of Genome Regulation and Structure (BGRS'2000), August 7-11, Novosibirsk, Russia
20.	8 月 12-15 日	中國大陸	International Conference on Animal Science and Veterinary Medicine Towards the 21st Century, August 12-15, Beijing, China
21.	8 月 15-21 日	中國大陸	International Conference on Forest Ecosystems: Ecology, Conservation and Sustainable Management, August 15-21, Chengdu (Sizuan), China
22.	8 月 16-18 日	台灣	第二屆國際土石流災害防治研討會，89/08/16-18，連絡電話：(02) 23655405 台灣大學土木系劉格非教授
23.	8 月 17-18 日	台灣	中美森林生態系經營研討會，89/08/17-18，連絡電話：(02) 23615754 林業試驗所
24.	8 月 17-20 日	台灣	第三屆國際絲核菌 (Rhizoctonia) 研討會，89/08/17-20，中興大學生命科學院 402 台中市國光路 250 號，連絡電話：(04) 2840370
25.	8 月 17-22 日	德國	3rd International Crop Science Congress 2000, August 17-22, Hamburg, Germany
26.	8 月 20-23 日	美國	ISMB 2000: 8th International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology, August 20-23, San Diego, California, USA
27.	8 月 20-25 日	加拿大	21st World's Poultry Congress, August 20-25, Montreal, Quebec, Canada
28.	8 月 21-24 日	荷蘭	EAAP - 2000: 51st Annual Meeting of the European Association for Animal Production, August 21-24, The Hague, The Netherlands
29.	8 月 24-26 日	丹麥	EUR-SAFE 2000: 2nd Congress of the European Society on Agricultural and Food Ethics, August 24-26, Copenhagen, Denmark
30.	8 月 24-26 日	義大利	4th International Conference on the Economics of Agricultural Biotechnology, August 24-26, Ravello, Italy
31.	8 月 28 日-9 月 2 日	希臘	28th International Congress of Zoology: The New Panorama of Animal Evolution, August 28-September 2, Athens, Greece
32.	8 月 30 日-9 月 1 日	法國	EUCARPIA Section - Biometrics in Plant Breeding 11th Meeting: Quantitative Genetics and Breeding Methods, August 30-September 1, Paris, France

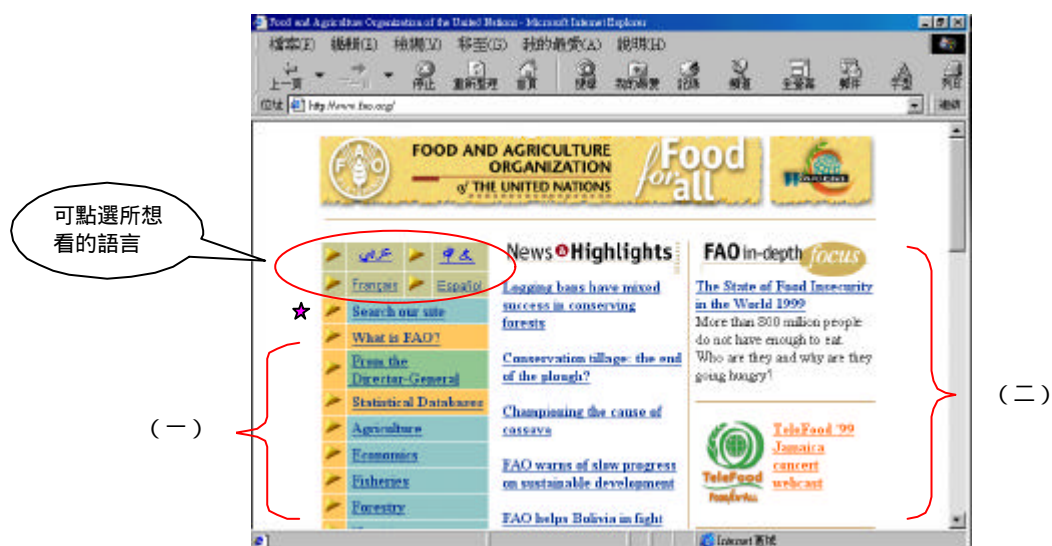
聯合國糧農組織（FAO）網站導覽



網址：http://www.fao.org/

聯合國糧農組織（FAO）是世界各國協商全球農業、糧食問題與相關技術的場所，資訊冗多且須快速傳遞，因此該組織早已運用電腦科技、網路技術來處理交換資訊，所以它所建置的資料庫、索引典及網站內容都十分豐富，對全球的農業研究人員而言，是一個擁有即時、開放與多元資訊的寶庫，值得一探，下面就讓我們一起來瀏覽 FAO 網站。

首先透過 IE 或 Netscape 瀏覽器連上網址後，其首頁即顯示如下圖，讀者可發現除有豐富的內涵外，本網站最大的特色是，它的內容可以 5 種不同的語言(即英文、法文、西班牙文、阿拉伯文、簡體中文)呈現，讀者可自行挑選一種自己最熟悉的語言點選，就可用特定的語言來瀏覽，相當方便。可惜的是，它採用的中文是簡體中文，而不是我們習慣的繁體中文。



由此首頁，我們可連結到許多資訊，現分述如下：

- (一) 在首頁的左邊，列有 FAO 簡介、農林漁牧等 10 個部門工作內容、行事曆、人事需求、出版品目錄及新聞稿等項目，點選後即可進入閱覽，如果讀者想查詢各部門最近的業務內容、近期內預定舉行之會議資料、有那些出版品、有何工作機會---等，在此皆有詳實的資訊。同時在各部門的網頁中，除其業務介紹外，尚有相關的農業科技消息，如農業部（Agriculture Department）網頁中即列有新增的網路資源、生物技術、植物保護、收穫

後處理等專題報導，甚至各國農學專家人才資料亦有表列可查；又如漁業處（Fisheries Department）網頁中則有述評、年度統計資料、資料庫（如 DIAS 魚類品種資料庫，提供學名、科名、分佈、生物學、相關出版品、圖片等資料）、專門術語介紹等。

- (二) 在首頁的右邊，有 FAO 的焦點透析，提供 1999 年全球糧食不足調查報告，且伴有圖片、統計圖表的輔助說明；另外還有 1999 年在牙買加舉行的「人皆有食」公益音樂會實況錄音，可連線欣賞。
- (三) 在首頁的中央，則列有近期新聞重點，如討論伐木法規如何與森林保育議題雙贏並存、保育性耕作、永續發展進展緩慢的危機等。另外 FAO 也將一些世界各地的農業照片公開（如 PhotoFile），以及一些 FAO 製作的農業統計圖表（如 FactFile）供各界下載。
- (四) 如點選首頁之網站檢索（Search our site）項目，即圖中畫有之處，可進入 FAO 提供的 20 個資料庫，以下先介紹其中的 5 個，讀者可依個人需求選擇使用，如：AGRIS/CARIS：提供世界各國農業相關的文獻資料與 1975 年以來發展中國家之農業研究計劃；FAOSTAT：提供統計圖表之線上檢索，可指定國家別、作物種類、畜產種類、產量、年代、生產面積等來分別查詢；AGROVOC 索引典：提供農業詞彙之層級查詢，含廣義字(broader term)、狹義字(narrower term)、相關字(relative term)等，具英、法、西 3 種語文版本供選擇；Mediabase：提供 FAO's Photo Library 的影像資料；GPPIS：提供有全球的植物、害蟲資訊等。
- (五) 此網站還提供農業、糧食相關之 103 個電子討論群，點選網頁中的「EMail Conferences」項目，即可看到各個討論群之簡介，如 1.ACTiLL-L：討論保育性耕作問題；2.Biotech-L：討論糧食與農業的生物技術應用；3.Dairy-Outlook-L：提供電子版乳業簡訊；4.FishTech-L：針對熱帶魚類之捕獲後處理、品質及產品發展討論等；有興趣者可利用 EMail 訂閱。
- (六) 同時 FAO 也蒐集有一些特殊的議題資料，如 2000-2015 年 FAO 各會員國發展策略綱要，或烏拉圭回合談判及農業上的協定（包括有相關的詞彙解釋、即將開會的內容、時間、地點、相關之協議內容等），或全球監測（Global Watch）的一些議題皆可透過本網頁瀏覽，對農業決策人員而言，極有參考價值。此外如欲查詢其他聯合國相關機構，可點選「Other UN organizations」項目，轉連結至其他網站。