

探尋植物隱藏的另一半： 應用於根系結構研究的幾種非破壞性監測技術

作物改良科 助理研究員 陳嘉雯 分機 240

前言

根系被稱為是「植物隱藏的另一半」，雖不顯眼且難以觀測，但於吸收水分和養分、提供支撐、促進生長及儲存養分等方面扮演著重要角色。瞭解根系結構及空間分布，對於品種改良及提升作物對環境逆境的適應力，至關重要。然而，由於根系隱藏在土壤中，傳統的根系研究方法，例如土壤挖掘和洗根等破壞性監測技術，雖能量化根長及根重等數據，但無法揭露根系在自然土壤中的空間結構和動態變化，難以全面捕捉其真實生長情況。近年來，隨著影像掃描技術的進步，研究人員得以在不破壞植物根系的情況下觀察其生長狀態，其中，X射線電腦斷層掃描(X-ray CT)及核磁共振造影(MRI)等技術為根系研究提供了新的視角和研究工具，透過這些技術能夠在自然土壤條件下適時提供根系結構的詳細數據。

根系結構(Root System Architecture, RSA)在農業研究中的重要性

根系結構是指植物根系在土壤中時間變化、空間排列及其形態，它是影響植物生長與生存的關鍵因素之一，對於植物的水分、養分吸收，以及對環境壓力的適應，發揮著至關重要的作用。根系的深度、分支、直徑及根毛的排列，直接影響植物如何從土壤中獲取資源，並應對乾旱或養分缺乏等不利條件。在全球氣候變化

和農業資源有限的背景下，研究根系結構，對於提升作物產量和對環境的適應性，至關重要。許多研究顯示，不同的根系結構，可以關鍵性影響作物的抗逆性與生產效率。例如深根系可以幫助作物更有效地利用深層土壤中的水分，而淺根系則適合含磷量較低的土壤(Rogers *et al.*, 2016)。通過選擇和培育適合特定土壤和氣候條件的根系架構特徵，以提高作物在逆境中的生存能力。

根系結構非破壞性監測技術

1. X射線電腦斷層掃描(X-ray CT)技術

X-ray CT技術最初應用於醫學領域，後來逐漸被應用於植物及土壤科學中，用以研究根系在自然土壤中的生長動態(Urfan *et al.*, 2022)。其原理是利用X射線穿透不同材料時訊號衰減的差異，並拍攝上百張橫切面影像，再利用電腦演算法重建成3D影像。隨著科技發展，微米級電腦斷層掃描(micro-CT)可獲得更高解析度的影像；利用該技術研究人員可以在不破壞根系的情況下，實現作物生長過程根系發展的可視化與量化，該技術對揭露根系與土壤之間的關係具有極大的潛力。例如曾有學者用該技術研究不同土壤壓實度下小麥根系的反應，在高壓實度土壤中，根系的密度明顯增大，根系的直徑增加，但總根長卻減少(Tracy *et al.*, 2012)。

使用該技術監測根系結構時必須注

表 1.X 射線電腦斷層掃描 (X-ray CT) 與核磁共振成像 (MRI) 技術比較

非破壞性監測技術	原理	適用情境	資料來源
X 射線電腦斷層掃描 (X-ray CT)	基於 X 光衰減的影像技術，可建立橫截面以重建 3D 模型。	使用於監測根系體積較小 (盆徑 <34 mm)，或精確掃描特定範圍，可以得到解析度更高的影像。	(Metzner <i>et al.</i> , 2015)
核磁共振成像 (MRI)	基於原子核的磁矩在強磁場下的磁性來造影。	使用於根系體積較大 (盆徑 > 81 mm)，可以監測到更多的根系。	(Metzner <i>et al.</i> , 2015)

意：(1)為確保土壤及根系能被更有效率的對比出，介質需保持均勻性，故掃描樣品使用單一介質為佳且需過篩；(2)介質含水量會產生較多的雜訊，使根系與土壤產生對比差異較小，故降低含水量是關鍵；(3)掃描過程會產生大量的影像資料，當樣本的體積過大或是要追求更高的解析度，都會增加掃描時間，掃描的樣本數量會被限制；另，因為需分析大量的影像資料，故對於電腦記憶體的需求會有所要求；(4)雖然多項研究顯示，低劑量輻射(<30 Gy)對植物生長或土壤微生物種群沒有影響，但對於高能量X射線輻射的影響，仍需進一步研究(Yang *et al.*, 2020)。

2. 核磁共振造影 (MRI) 技術

MRI技術也是一種非破壞性技術，其原理基於原子核(質子)的磁矩在強磁場下的磁性來造影，由於水分在根系和土壤中的不同分佈，MRI能夠提供根系與土壤背景之間的強對比度，使根系與土壤背景被更有效率的對比出來，故MRI技術在區分不同根系結構方面具有更高的分辨率(Metzner *et al.*, 2015)。然而，這項技術之成本相對昂貴。儘管如此，MRI在作物根系的非破壞性表型研究中，仍然展現出強大的潛力。

此2種技術雖皆可對根系結構進行非破壞性的監測，但兩者建立在不同的物理

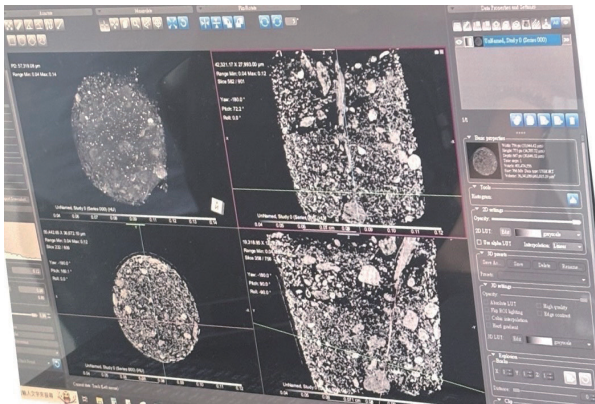
學原理之下，曾有學者為此2種技術對根系結構成像效果進行比較，其結果認為，當需要研究特定根系或是較小的側根時，因為X-ray CT能有更高的解析度，使用X-ray CT會更適合；當需要監測較大體積的根系結構時，因為MRI技術能讓土壤與根系結構的對比度拉大，監測到的根系比例會比使用X-ray CT更高(Metzner *et al.*, 2015)。

非破壞性監測技術在農業研究上的應用

隨著農業勞動力成本上升和勞動力短缺，機械化及自動化移植技術的發展，對於作物規模化生產至關重要。以設施葉菜機械移植為例，在葉菜穴盤苗移植過程中，機械設備的效率和成功率，高度依賴於穴盤苗根系結構的強度和根團的穩定性(圖1)。筆者初步透過栽培條件的設計，營



▲圖 1. 青梗白菜穴盤苗根團穩定度差異。



▲ 圖 2. micro-CT 技術觀測青梗白菜穴盤苗根系結構情形。

造青梗白菜不同根團穩定度的穴盤苗，透過micro-CT技術觀測青梗白菜穴盤苗根團結構，該項技術透過參數的設定，可將根團內介質與根部清楚區分(圖2)。

結論與未來展望

根系結構的非破壞性調查技術，已經成為現代植物科學和農業研究中的關鍵工具。通過如X-ray CT和MRI等調查方法，研究人員能夠更好地理解根系的結構和功能，更為作物育種和生產奠定了基礎(Tracy *et al.*, 2012)。隨著技術的不斷發展，未來研究將能夠更精確地分析根系在不同環境壓力下的生理反應，這對應全球氣候變化以提升作物抗逆性，具有重要意義。

然而，儘管這些技術為根系表型研究提供了許多優勢，但仍然存在一些挑戰，例如成本較高和數據分析的複雜性(Urfan *et al.*, 2022)。未來的研究方向，應包括降低技術成本、提升成像技術的分辨率，以及開發更高效的數據分析工具，從而使這些技術能夠更廣泛地應用於農業生產中。根系表型的研究不僅限於提高單一作物的



▲ 圖 3. micro-CT 技術觀測青梗白菜穴盤苗因介質含水量過高導致分辨率低。

生產力，還將有助於我們理解植物在全球變暖、土壤退化及水資源短缺等環境挑戰下的生存能力，透過深入研究根系的結構及功能，可以為未來的農業發展提供新的思路，並促進作物改良與農業可持續發展的實現。

引用文獻

1. Metzner, R., Eggert, A., D. van Dusschoten, D. Pflugfelder, S. Gerth, U. Schurr, U. Norman and S. Jahnke. 2015. Direct comparison of MRI and X-ray CT technologies for 3D imaging of root systems in soil: potential and challenges for root trait quantification. *Plant methods* 11:1-11.
2. Rogers E. D., D. Monaenkova, M. Mijar, A. Nori, D. I. Goldman, P. N. Benfey. 2016. *ysiology* 171:2028-2040.
3. Tracy, S.R., Black, C.R., Roberts, J.A., McNeill, A., Davidson, R., Tester, M., Samec, M., Korošak, D., Sturrock, C., Mooney, S.J., 2012. Quantifying the effect of soil compaction on three

- varieties of wheat(*Triticum aestivum* L.)using X-ray Micro Computed Tomography(CT). Plant Soil 353, 195-208. <https://doi.org/10.1007/s11104-011-1022-5>.
4. Urfan, M., S. Sharma, H. R. Hakla, P. Rajput, S. Andotra, P. K. Lehana, R. Bhardwaj, M. S. Khan, R. Das, S. Kumar, and S. Pal 2022. Recent trends in root phenomics of plant systems with available methods-discrepancies and consonances. Physiology and Molecular Biology of Plants 28:1311-1321.
 5. Yang, W., H. Feng, X. Zhang, J. Zhang, J. H. Doonan, W. D. Batchelor, L. Xiong, J. Yan. 2020. Crop phenomics and high-throughput phenotyping: past decades, current challenges, and future perspectives. Molecular plant 13(2):187-214.