

利用總體基因體預測功能鑑識河川污染源

Identification of River Pollution Sources by Using Metagenomic Prediction

林哲雄(C.H, Lin)¹, 李秋萍(C.P, Lee)¹, 楊喜男(H.N, Yang)¹

¹ 行政院環境保護署環境檢驗所

摘要

本研究主要調查急水溪、北港溪、阿公店溪與後龍溪等 4 條河川之水體樣品，另調查急水溪與北港河流域周邊廠商其事業製程水與放流水樣品，以次世代定序 (Next Generation Sequencing, NGS) 技術分析各採樣點水體樣品之菌相組成比例，利用隱性狀態重建進行菌群進化研究 (Phylogenetic Investigation of Communities by Reconstruction of Unobserved States, PICRUSt) 推斷微生物群落的功能性途徑概況。本次採集的水體菌相分析中菌門主要包括變形菌門、擬桿菌門、放線菌門、厚壁菌門、藍菌門... 等 27 項菌門，其中河川與廠商製程水、事業放流水之差異為熱袍菌門、纖維桿菌門、迷蹤菌門與廣古菌門；另分析出共有 298 項菌科及 590 項菌屬，我們結合水質檢測數據(包括 14 項水質指標項目與 152 項化學物質檢測項目、52 項重金屬及 17 項離子檢測結果)與菌屬組成比例進行典型關聯性分析，發現有 61 項菌屬與多重污染源具有中、高度相關性。最後將廠商(包括紙業、食品業、金屬製造加工業、畜牧業、電子業與皮革製品業)水體樣品之總體基因體數據導入 PICRUSt 進行 3 階段功能性途徑預測分析，發現各類別廠商水體之微生物功能性途徑約有 289~328 項，其中在 55 項代謝反應途徑中，各採樣點之比例總和為 24.93~27.05%；另外在 22 項化學物質的降解途徑上，以急水溪鄰近廠商之製程與放流水為例，各項降解化學物質途徑之比例總和在紙業廠商分別為 3.26 與 4.18%，食品業廠商分別為 4.25 與 5.00%，金屬製造加工業廠商分別為 4.95 與 5.40%，畜牧業廠商分別為 2.86 與 2.48%，如以該比例代表水中相對應之污染化學物質組成，可初步輔助預測同家或不同類別廠商其製程與放流水體之污染度。本研究結果顯示，在整個河川流域中各家廠商之事業製程與放流水體都各自發展成其微生物族群之“核心功能性狀”，對於後續之環境鑑識分析上將有相當效益與發展潛力。

關鍵字：次世代定序、隱性狀態重建進行菌群進化研究

Keywords：Next Generation Sequencing、Phylogenetic Investigation of Communities by Reconstruction of Unobserved States