

從微生物菌相組成分析環境污染源

Analysis of Environmental Pollution Sources from Bacterial Community

林哲雄(C.H, Lin)¹

¹ 行政院環境保護署環境檢驗所 chehsiung.lin@epa.gov.tw

摘要

微生物是世界上種類與數量最多的生物群，它調節著全球生物化學循環並影響所有生態系統的功能，環境中的微生物常為污染物第一接觸的對象也是對污染物反應最為敏感的族群，當受到污染物刺激後會產生對應現象造成其功能性基因改變；因此，闡明環境中微生物群落的分類和功能差異對於了解生態系統過程中的作用至關重要。

近年來，利用次世代定序(Next Generation Sequencing, NGS)之總體基因體學(Metagenomics)與總體轉錄體學(Metatranscriptomics)開始應用於微生物生態學研究，這些高通量分子工具在研究環境微生物群落取決於正確分析大量生物多樣性、功能和生態系統穩定性數據的能力。本所從 103 年起即投入相當心力，從污染場址的菌相調查與生物復育、優勢菌群的分布組成圖譜、總體轉錄體的表現與來源區域主成分追溯等，逐步發展至土壤、河川湖泊水體與底泥的整體規劃調查研究；相關檢驗分析技術從早期的微生物菌相鑑識，擴展至結合有機與無機化學數據執行關聯性分析，探討微生物菌群變化與環境污染源之相關性，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) 與霰彈槍定序法 (Shotgun sequencing)推斷微生物群落的功能性途徑概況，並結合應用於環境污染度推測。發展至今，我們發現土壤與底泥中微生物群落與污染環境的相互作用，顯示出不同優勢菌群間代謝變異與相對應之特定標的訊號基因與因子，可作為監測受污染環境的生態參數，因此我們亦著手開發以微生物指標表現因子的分子生物與抗體快速篩檢技術。

關鍵字：次世代定序、總體基因體學、總體轉錄體學、隱性狀態重建進行菌群進化研究、霰彈槍定序法

Keywords : Next Generation Sequencing 、 Metagenomics 、 Metatranscriptomics 、 Phylogenetic Investigation of Communities by Reconstruction of Unobserved States 、 Shotgun sequencing

2023 年（第 37 屆）環境分析化學研討會 論文發表人報名表

（表格請直接上網 www.ceas.org.tw 下載填寫）

112 年 3 月 21 日

論文名稱 (中英文必填)	中文：從微生物菌相組成分析環境污染源 英文：Analysis of Environmental Pollution Sources from Bacterial Community				
發表方式	<input checked="" type="checkbox"/> 擬口頭宣讀論文 <input type="checkbox"/> 擬壁報發表論文				
發表人姓名	林哲雄	E - m a i l	chehsiung.lin@epa.gov.tw		
共同作者					
通訊地址	32024 桃園市中壢區民族路 3 段 260 號				
單位	行政院環境保 護署環境檢驗 所第五組	電 話	03-4915818 分機 2505	手 機	0926973571