

空氣品質

利用全長 16S 基因定序技術進行空氣中微生物菌群之比較分析 Comparative analysis of airborne microbial communities by Full-Length 16S amplicon sequencing

謝育倫(Y.L, Hsieh)¹，侯采均(C.J, Hou)¹，黃裕文(Y.W, Huang)¹，楊子瑩(T.Y, Yang)²，張耿峻(K.L, Chang)^{3*}

¹ 國立中山大學環境工程研究所碩士班研究生

² 國立中山大學環境工程研究所研究助理

³ 國立中山大學環境工程研究所副教授

Email : klchang@mail.nsysu.edu.tw

摘要

隨著全球對空氣污染議題的日益重視，大氣中的顆粒物 (Particulate Matter, PM) 被認為是對全球氣候變化影響甚鉅的複雜污染物。這些顆粒物不僅化學組成有害，且所攜帶的微生物可能危害人體健康並引發多種疾病。為此，定期監測空氣中的臭氧(O₃)、細懸浮微粒 (PM_{2.5})、懸浮微粒 (PM₁₀)、一氧化碳 (CO)、二氧化硫 (SO₂) 以及二氧化氮 (NO₂) 等污染物的濃度至關重要，而生物氣膠的含量也被納入監測範疇。本研究選取東沙環礁國家公園、澎湖及高雄等三個地區作為研究地點，這些地區在人口密度、人為活動和產業發展上存在顯著差異。研究方法利用高流量生物氣膠採樣器與全長 16S 基因定序技術，分析這些地區大氣顆粒物中微生物的菌群結構與分佈。通過在不同地點進行樣本採集，我們深入探討了這些因素對東沙島、澎湖及高雄地區大氣中微生物群落分佈的影響。結果顯示各地的大氣顆粒物中均有特有的微生物菌群存在。例如，在澎湖發現了 *Neochroococcus gongqingensis* 和 *Pradoshia eiseniae*，在高雄則識別出 *Gloeocapsopsis crepidinum*, *Hymenobacter rutilus*，而在東沙島則發現了 *Sphingomonas paucimobilis*, *Dapisostemon apicaliramis*, *Dulcicalothrix necridiformans V13*。值得注意的是，澎湖地區的 *Pradoshia eiseniae* 可能導致該地區 Firmicutes 和 Bacteroidota 相對豐度較高，而高雄地區的 *Sphingomonas paucimobilis* 則可能增加動植物持久感染的風險。此外，本研究還利用 HYSPLIT 模式模擬氣團傳輸路徑，推測各地微生物群落可能受到來自大陸氣團所帶來的影響。這些發現不僅提供了環境保護和人類健康方面的重要見解，也有助於了解人類活動對微生物群落的影響及其潛在風險。

關鍵詞：全長16S基因定序、大氣顆粒物、HYSPLIT模式、微生物

Keywords : Full-Length 16S amplicon sequencing, Atmospheric particulate matter, HYSPLIT Model, Microorganisms