



財團法人
食品工業發展研究所
Food Industry Research and Development Institute

生物資源保存及研究簡訊

中華民國 109 年 3 月發行

補助單位：經濟部技術處 / 執行單位：財團法人食品工業發展研究所

本期內容

中心新聞

1

◎ 財團法人食品工業發展研究所與長庚醫療財團法人林口長庚紀念醫院簽署合作備忘錄，將共同開展精準微菌治療

◎ 乳酸桿菌屬 (*Lactobacillus*) 菌種學名分類大變革

研發成果

3

◎ 絲狀真菌新資源

◎ 農業微生物資源之探索與應用

◎ 耐高鹽海洋微生物資源之探索 -- 以台灣西南海域為例

◎ 腸道微生物資源之探索與培養體學技術平台

課程訊息

12

◎ 絕對厭氧菌操作研習專班

財團法人食品工業發展研究所與 長庚醫療財團法人林口長庚紀念醫院 簽署合作備忘錄，將共同開展精準微菌治療



本所與長庚醫療財團法人林口長庚紀念醫院（以下簡稱林口長庚醫院）於 2020 年 1 月 20 日假林口長庚醫院簽署合作備忘錄，由本所廖啓成所長與林口長庚醫院程文俊院長代表簽署。本所朱文深主任、陳慶源資深研究員、陳倩琪資深研究員、黃麗娜資深研究員及張有勝所長特別助理，與林口長庚醫院林奏延名譽院長、馮思中副院長、邱正堂教授、邱政洵教授、林恕民主任、陳建彰主任及鄭浩材主任等共同參與簽約儀式。

人體微生物組學 microbiome 興起於 2008 年，在國際間帶動了許多新興公司與產業發展的可能性，台灣在近十年間受到這股

風潮，陸續開展不同的研究計畫，本所在 105 年起也開始建立微生物組產業服務平台，從微菌叢分析到培養體學等專業技術能量提供客製化服務，尤其是難操作的絕對厭氧菌，從分離、培養、鑑定以及長期保存方面，更是受到各界的肯定。不僅如此，益生菌產業也受惠於人體微生物組研究的蓬勃發展，本所在益生菌產業中所扮演的角色，從菌種分離培養鑑定到功效篩選，並積極投入基因體技術應用，在符合國際法規要求下發展菌種鑑定、菌株分型及安全性評估平台，也投入在發酵製程及微膠囊製程等商品化技術，協助本國益生菌產業在產品發展時所需要解決的相

關問題。

長庚醫療體系自衛生福利部醫事司發布特定醫療技術檢查檢驗醫療儀器施行或使用管理辦法（簡稱特管辦法），開展以精準醫學導引微菌叢植入術，治療嚴重或反覆性感染困難梭菌感染之病人，不僅成功率達九成以上，

林口長庚醫院更積極推動臨床與轉譯研究，將深入探討微菌組成或更進一步找尋抗藥基因、微菌叢、宿主微生態與疾病之關聯。

現今科學研究與創新需要跨領域的投入，雙方期待在微菌治療領域中，結合本所產業化的研發技術與林口長庚醫院的臨床轉

譯研究，共同開發微菌生物製劑或益生菌產品，精準用於治療因腸道微生物相失衡造成不同疾病的發生，更期待能在本所持續投入在食品及生物資源領域的產品開發利基上，提供具臨床科學驗證的預防保健產品。（文：生資中心陳倩琪資深研究員）

乳酸桿菌屬 (*Lactobacillus*) 菌種學名分類大變革

乳酸桿菌屬 (*Lactobacillus*) 是 1901 年由 Beijerinck 記述一群具有發酵能力、兼性厭氧、不會產生孢子的革蘭氏陽性桿菌 (Skerman VBD *et al.*, 1980)。截至 2020 年 3 月止，共有 261 個不同菌種被正式發表。乳酸桿菌 (*lactobacilli*) 早期的分類鑑定主要是根據表現型特徵，20 世紀後增加基因型特徵，自 1983 之後則主要以 16S rRNA 基因序列相似度為標準，然而分類地位隸屬於乳酸桿菌科 (*Lactobacillaceae*) 之乳酸桿菌屬，與副乳桿菌屬 (*Paralactobacillus*) 和足球菌屬 (*Pediococcus*) 的菌種以及隸屬於明串珠菌科 (*Leuconostocaceae*) 之明串珠菌屬 (*Leuconostoc*)、酒球菌屬 (*Oenococcus*) 和魏斯氏菌屬 (*Weissella*) 的菌種，仍有許多相近的特性，容易混在一起不易分群。近年來隨著定序技術演進，細菌分類鑑定的黃金標準方法發展成目前的全基因體序列分析 (Chun *et al.*, 2018)。乳酸桿菌屬的相關菌種經由全基因體序列所建構的演化樹可以更加明確解析其類緣關係和分類地位，並與足球菌屬、明串珠菌屬、酒球菌屬和魏斯氏菌屬等相關菌種清楚分群，因此修改乳酸桿菌屬相關菌種的屬名是分類鑑定技術與時俱進的發展趨勢。

2020 年 4 月，乳酸菌分類學專家們於國際原核生物分類系統委員會所管轄的國際分類期刊 (*International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 簡稱 IJSEM) 發表有關乳酸桿菌屬菌種學名分類變更的重大公告 (Zheng *et al.*, 2020)。根據全基因體定序資訊，包括 core genome phylogeny、(conserved) pairwise average amino acid identity、clade-specific signature genes 以及微生物體的生理指標 (physiological criteria) 和生態學，將乳酸桿菌屬重新分類成乳酸桿菌屬、副乳桿菌屬和 23 個新屬 (*Holzapfelia*、*Amylolactobacillus*、*Bombilactobacillus*、*Companilactobacillus*、*Lapidilactobacillus*、*Agrilactobacillus*、*Schleiferilactobacillus*、*Loigolactobacillus*、*Lacticaseibacillus*、*Latilactobacillus*、*Dellagloba*、*Liquorilactobacillus*、*Ligilactobacillus*、*Lactiplantibacillus*、*Furfurilactobacillus*、*Paucilactobacillus*、*Limosilactobacillus*、*Fructilactobacillus*、*Acetilactobacillus*、*Apilactobacillus*、*Levilactobacillus*、*Secundilactobacillus* 和 *Lentilactobacillus*)。當前 261 個菌種只剩 38 個菌種仍然分類在乳酸桿菌屬。提供以下三個查詢網址有助於讀者容易查詢乳酸桿菌屬所有菌種相對應的新學名和其菌種分類資訊：<http://lactobacillus.ualberta.ca/>、<http://lactotax.embl.de/wuyts/lactotax/> 和 <http://lactobacillus.uantwerpen.be>。

IJSEM 刊出後，本所生資中心就國際菌種學名分類之科學研究現況，整理較常使用之乳酸菌學名、更新後新學名、學名縮寫及亞種群，供外界參考使用 (表一)，並將隨時掌握國際相關法規對於乳酸菌學名變革的發展脈動，適時提出專業建議與政府管理部門進行討論，以順應國際科學與法規發展。（文：生資中心王俐婷研究員）

參考文獻

1. Chun *et al.* 2018. *Int J Syst Evol Microbiol.* 68:461–466.
2. Skerman VBD *et al.* 1980. In *J Syst Bacteriol.* 30:225–420.
3. Zheng *et al.* 2020. *Int J Syst Evol Microbiol.* 70:2782–2858.
4. 乳酸桿菌屬菌種新學名查詢網頁：<http://lactobacillus.ualberta.ca/>、<http://lactotax.embl.de/wuyts/lactotax/> 和 <http://lactobacillus.uantwerpen.be>。
(最後查閱日期：2020/05/07)

表一、較常使用之乳酸桿菌屬菌種學名變更對照表

當前學名 Current name	新學名 New name	學名縮寫 Abbreviation
<i>Lactobacillus acidophilus</i>	無變更	<i>L. acidophilus</i>
<i>Lactobacillus brevis</i>	<i>Levilactobacillus brevis</i>	<i>L. brevis</i>
<i>Lactobacillus delbrueckii</i> subsp. <i>bulgaricus</i>	無變更	<i>L. delbrueckii</i> subsp. <i>bulgaricus</i>
<i>Lactobacillus delbrueckii</i> subsp. <i>delbrueckii</i> §	無變更	<i>L. delbrueckii</i> subsp. <i>delbrueckii</i>
<i>Lactobacillus delbrueckii</i> subsp. <i>lactis</i>	無變更	<i>L. delbrueckii</i> subsp. <i>lactis</i>
<i>Lactobacillus casei</i>	<i>Lacticaseibacillus casei</i>	<i>L. casei</i>
<i>Lactobacillus crispatus</i>	無變更	<i>L. crispatus</i>
<i>Lactobacillus fermentum</i>	<i>Limosilactobacillus fermentum</i>	<i>L. fermentum</i>
<i>Lactobacillus gasseri</i>	無變更	<i>L. gasseri</i>
<i>Lactobacillus helveticus</i>	無變更	<i>L. helveticus</i>
<i>Lactobacillus kefir</i>	<i>Lentilactobacillus kefir</i>	<i>L. kefir</i>
<i>Lactobacillus paracasei</i> subsp. <i>paracasei</i> §	<i>Lacticaseibacillus paracasei</i> subsp. <i>paracasei</i>	<i>L. paracasei</i> subsp. <i>paracasei</i>
<i>Lactobacillus plantarum</i> subsp. <i>plantarum</i>	<i>Lactiplantibacillus plantarum</i> subsp. <i>plantarum</i>	<i>L. plantarum</i> subsp. <i>plantarum</i>
<i>Lactobacillus reuteri</i>	<i>Limosilactobacillus reuteri</i>	<i>L. reuteri</i>
<i>Lactobacillus rhamnosus</i>	<i>Lacticaseibacillus rhamnosus</i>	<i>L. rhamnosus</i>
<i>Lactobacillus salivarius</i>	<i>Ligilactobacillus salivarius</i>	<i>L. salivarius</i>
<i>Lactobacillus pentosus</i>	<i>Lactiplantibacillus pentosus</i>	<i>L. pentosus</i>
<i>Lactobacillus johnsonii</i>	無變更	<i>L. johnsonii</i>
<i>Lactobacillus paraplantarum</i>	<i>Lactiplantibacillus paraplantarum</i>	<i>L. paraplantarum</i>

* 表示修改為正確學名；灰底表示修改為乳酸桿菌屬新學名。
§ 表示可區分成亞種。*Lactobacillus delbrueckii* 區分成 6 個亞種 (subspecies) : *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus*、*Lactobacillus delbrueckii* subsp. *delbrueckii*、*Lactobacillus delbrueckii* subsp. *indicus*、*Lactobacillus delbrueckii* subsp. *jakobsenii*、*Lactobacillus delbrueckii* subsp. *lactis*、*Lactobacillus delbrueckii* subsp. *sunkii*。 *Lacticaseibacillus paracasei* 區分成 2 個亞種 : *Lacticaseibacillus paracasei* subsp. *paracasei* 和 *Lacticaseibacillus paracasei* subsp. *tolerans*。

絲狀真菌新資源

生資中心 / 研究員
劉桂郁

真菌種類繁多，目前有 144,000 種以上，廣泛應用於食品、醫藥、化妝品、農業及環保等產業。生資中心持續系統性收集台灣多樣化的真菌，近期公開 198 株，98.5% 為國內相關領域

學者專家研究成果所衍生之本土資源，涵蓋 59 屬 118 種，其中 17 種為 2015 年至 2020 年所發表的新種。菌種類別整理於下列表格，包含腐生真菌 (表一)；植物病原真菌 (表二)；植物內生真

菌、菌蠹蟲共生真菌、真菌寄生菌、菌生真菌、地衣真菌及人體病原真菌 (表三)，各菌株背景資料詳見生資中心生物資源線上目錄 (<https://catalog.bcrc.firdi.org.tw/Welcome>)。生資中心穩定保存本土特色真菌資源之遺傳特性並確保完整的追溯性，透過「生物資源銀行」之產業化服務體系，可望提供國內產學研新穎性的研發素材以及測試比對的工具，支持產業開展創新的產品與商機。

表一、腐生真菌新資源

分離來源	菌種學名 /BCRC 菌號
土壤	<i>Aspergillus brasiliensis</i> 32254; <i>Aspergillus welwitschiae</i> 32255; <i>Coemansia biformis</i> * FU34381^T , 34779; <i>Coemansia pectinata</i> 34299; <i>Coemansia pennisetoides</i> 34300, 34302, 34488; <i>Coemansia umbellata</i> * FU34882^T ; <i>Mortierella verticillata</i> 34593
米、稻穀或種子	<i>Alternaria alternata</i> FU30216; <i>Aspergillus amoenus</i> 32245; <i>Aspergillus flavus</i> FU30219; <i>Aspergillus neoniger</i> 32261; <i>Aspergillus subalbidus</i> 34673; <i>Aspergillus subramaniani</i> 32251; <i>Aspergillus tabacinus</i> 32246; <i>Aspergillus welwitschiae</i> 32260; <i>Colletotrichum karsti</i> FU30222; <i>Corynascus sepedonium</i> FU30218; <i>Fusarium proliferatum</i> FU30224; <i>Nigrospora oryzae</i> FU30221; <i>Pyricularia oryzae</i> FU30217
植物 (山棕、五節芒、水稻植株、羊蹄甲、芒果、番杏、柿、蓮、濱刺草、薑花、蘆葦、蘇鐵等)	<i>Annulohyphoxylon atroroseum</i> FU31219; <i>Annulohyphoxylon</i> cf. <i>stygium</i> FU30250; <i>Arthrimum rasikravindrae</i> FU30239; <i>Cercospora tetragoniae</i> FU31220; <i>Cladosporium tenuissimum</i> FU30256; <i>Diaporthe nelumbonis</i> FU30382; <i>Diaporthe ueckerae</i> FU30240; <i>Dinemasporium spinificis</i> 34948, 34997, FU30118; <i>Dissoconium nelumbonis</i> FU30415; <i>Fereydounia khargensis</i> FU30380; <i>Fissuroma taiwanense</i> * FU30861^T , FU30862; <i>Flabellascoma cycadicola</i> * FU30901^T ; <i>Flabellascoma minimum</i> * FU30902^T , FU30900; <i>Fusarium concentricum</i> FU30226, FU30229; <i>Fusarium fujikuroi</i> FU30225; <i>Fusarium mangiferae</i> FU30227, FU30228; <i>Fusarium metavorans</i> FU30243, FU30244, FU30245; <i>Helicoma chiayiense</i> * FU30842^T ; <i>Helicomycetes geniculatus</i> * FU30849^T ; <i>Helicomycetes torquatus</i> FU30844; <i>Helicoon subglobosum</i> * FU30843^T ; <i>Helicosporium taiwanense</i> * FU30841^T ; <i>Hyphoxylon</i> cf. <i>monticulosum</i> FU30237; <i>Natantispora unipolaris</i> * FU30316^T ; <i>Neostagonospora spinificis</i> * FU30120^T ; <i>Purpureocillium lilacinum</i> 34689; <i>Thysanorea papuana</i> FU30287; <i>Tinhaudeus formosanus</i> * FU30496^T
其他 (胡蘿蔔汁、堆肥、環境等)	<i>Annulohyphoxylon stygium</i> FU30942; <i>Aspergillus pseudodeflectus</i> 32540; <i>Aspergillus terreus</i> 34697; <i>Cladosporium halotolerans</i> FU30267; <i>Exophiala dermatitidis</i> FU30904, FU30905; <i>Thermomyces lanuginosus</i> FU30941; <i>Trichaleurina celebica</i> FU30187; <i>Trichoderma cornu-damae</i> FU31130; <i>Xylaria escharoidea</i> FU30765

*本土資源之新種。

表二、植物病原真菌新資源

分離來源	菌種學名 /BCRC 菌號
小葉欖仁 (<i>Terminalia mantalyi</i>)	<i>Aurifilum marmelostoma</i> FU30571 – FU30575
木瓜 (<i>Carica papaya</i>)	<i>Colletotrichum plurivorum</i> FU31114
太陽麻 (<i>Crotalaria juncea</i>)	<i>Fusarium udum</i> f. sp. <i>crotalariae</i> FU30897, FU30898
有骨消 (<i>Sambucus chinensis</i>)	<i>Pseudocercospora ebulicola</i> FU30262
甘藷	<i>Phomopsis destruens</i> 34608, 34613, 34615
玉蜀黍 (<i>Zea mays</i>)	<i>Fusarium verticillioides</i> FU31195
芒果 (<i>Mangifera indica</i>)	<i>Colletotrichum asianum</i> FU30874, FU31254, FU31255; <i>Colletotrichum fruticola</i> FU31256, FU31257; <i>Colletotrichum scovillei</i> FU31258, FU31259; <i>Colletotrichum siamense</i> FU30875, FU31252, FU31253; <i>Colletotrichum tropicale</i> FU31250, FU31251
枇杷 (<i>Eriobotrya japonica</i>)	<i>Colletotrichum eriobotryae</i> * FU31138^T , FU31139 – FU31141; <i>Colletotrichum nymphaeae</i> FU31193
苦茶 (<i>Camellia oleifera</i>)	<i>Haradamyces foliicola</i> FU31071, FU31072
厚葉石斑木 (<i>Rhaphiolepis umbellata</i>)	<i>Pseudocercospora violamaculans</i> FU30108, FU30121
草莓	<i>Botrytis cinerea</i> FU30948, FU30949; <i>Colletotrichum gloeosporioides</i> FU30946; <i>Fusarium incarnatum</i> FU30947
榕樹 (<i>Ficus microcarpa</i>)	<i>Robillarda sessilis</i> FU31030
綠豆芽	<i>Colletotrichum acutatum</i> 34607
青花菜	<i>Alternaria alternata</i> FU31170
馬蹄金 (<i>Dichondra micrantha</i>)	<i>Sclerotium rolfsii</i> FU30952
蓮	<i>Colletotrichum siamense</i> FU30365; <i>Pseudocercospora nelumbicola</i> * FU30367^T ; <i>Pseudocercospora nymphaeacea</i> FU30002, FU30022

*本土資源之新種。

表三、植物內生真菌、菌蠹蟲共生真菌、真菌寄生菌等新資源

菌種類別	菌種學名 /BCRC 菌號
植物內生真菌	<i>Alpestrisphaeria monodictyoides</i> * FU30818 ^T ; <i>Aspergillus corrugatus</i> FU30495; <i>Aspergillus terreus</i> FU30934; <i>Aureobasidium pullulans</i> species complex FU30440; <i>Curvularia hawaiiensis</i> FU30889; <i>Hortaea werneckii</i> FU30441, FU30545; <i>Nigrospora hainanensis</i> FU30550; <i>Thielavia arenaria</i> FU30436
菌蠹蟲共生真菌 (symbiotic fungi of ambrosia beetles)	<i>Ambrosiella beaver</i> FU30732–FU30741, FU30746–FU30752; <i>Ambrosiella catenulata</i> * FU30745 ^T , FU30756; <i>Ambrosiella grosmaniae</i> FU30754, FU30755; <i>Ambrosiella nakashimae</i> FU30728–FU30731; <i>Ambrosiella roeperi</i> FU30742–FU30744, FU30753
真菌寄生菌	<i>Syncephalis collaris</i> * FU30579, FU30580 ^T ; <i>Syncephalis cornu</i> 34577, 34595; <i>Syncephalis depressa</i> 34619, 34709; <i>Syncephalis intermedia</i> FU30577, FU30578; <i>Syncephalis nodosa</i> 34618; <i>Syncephalis obconica</i> 34804; <i>Syncephalis obliqua</i> 34596, 34750; <i>Syncephalis rapacea</i> 34799; <i>Syncephalis sphaerica</i> 34578; <i>Syncephalis vivipara</i> 34710
菌生真菌 (fungicolous fungi)	<i>Hypomyces semicircularis</i> FU30727; <i>Lecanicillium fungicola</i> FU30940; <i>Sepedonium ampulloporeum</i> FU30454
地衣真菌	<i>Cladonia</i> sp. 34265; <i>Ramalina</i> sp. 34268; <i>Usnea</i> sp. 34267
人體病原真菌	<i>Exophiala oligosperma</i> FU30289

*本土資源之新種。

農業微生物資源之探索與應用

生資中心 / 研究員 / 副研究員
劉桂郁、林宛柔 / 李涵筠

地球的各種環境中，微生物無處不在，數量眾多，是元素循環必不可少的一部分。於生態系中，扮演多重角色，可能對植物、動物和人類有益，也可能有害。多樣性的微生物是一種資源與財富，如果明智地加以利用，可為永續發展做出貢獻。微生物在農業糧食的永續經營與人體健康，扮演重要之角色 (Kuhad, 2012)。以農業糧食的永續經營方面來看，微生物可用來發酵、作為生物肥料、生物農藥或生物除草劑等等，為永續農業之重要基石。

生物資源保存及研究中心 (以下簡稱生資中心) 於 1998 年從建立菌種保存技術和管理制度

開始，一步步建立台灣的本土農業微生物種原庫。除了收集與保存台灣本土之微生物資源外，更加入潛力農業微生物之篩選、開發、利用與親緣關係探討等項目。多年來為台灣保存累計達四千餘株的農業微生物資源，並每年提供給產學研各界研發、生產、利用所需的菌種三百株左右，影響產值達十億以上，是我國農業及生技產業研究開發之堅強後盾。以下將分批介紹目前近幾年收存之菌株與其發展潛力，以利開發與推廣使用。

一、食藥用菇菌類

台灣自 1909 年起，就有香菇椴木栽培之紀錄，發展至今，

已有百年歷史。目前台灣重要的栽培菇類包括洋菇、香菇、木耳、金針菇、杏鮑菇、巴西蘑菇、秀珍菇、鴻喜菇、雪白菇、白精靈、珊瑚菇、猴頭菇、柳松菇等等；常見之藥用菇類則包含靈芝、蛹蟲草、茯苓與牛樟芝等 (陳等人, 2016)。為優化及強化台灣菇菌產業，協助菇農了解生資中心的寄存制度，鼓勵將優良菇菌母種進行長期保存，得以永續經營台灣重要生產菇菌種源，累計完成杏鮑菇、香菇、銀耳、柳松菇、雞腿蘑、金針菇等重要生產菌株的保存，並輔以 DNA 序列資料分析確認菌種的正確性。以香菇為例，公開目錄上有 66 株可供選擇，其中 30 株為台灣分離株。

除了已商用菌株外，生資中心也收存許多採集自山林田野間之野外菌株，可供未來發展新興菇類之栽培利用。羊肚菌子實體類似反芻動物的胃袋，味道細緻，



圖 1、台灣 *Morchella crassipes* 於野外之子實體。

在歐美被認為是珍貴的美食；在出菇季節時，更有愛好者會組成團體，採集野生羊肚菌食用。過去羊肚菌大多為野外摘採，近年戶外栽培羊肚菌技術之進步與發展，使得人工栽培羊肚菌成為近十年之新興菇菌產業。生資中心收存有 *Morchella ambigua*、黑脈羊肚菌 (*M. angusticeps*)、尖頂羊肚菌 (*M. conica*)、*M. costata*、粗柄羊肚菌 (*M. crassipes*)、高羊肚菌 (*M. elata*)、美味羊肚菌 (*M. esculenta*)、*M. rotunda*、*M. vulgaris*、六妹羊肚菌 (*M. sextelata*) 等 10 個菌種共 26 株羊肚菌，可供產官學研各界參考利用。

雞肉絲菇，已知約有 40 種，為一美味的食用菇，但目前無法以人工栽培方式使其出菇。生資中心共收集來自台灣各地約 31 株的雞肉絲菇，包括 *Termitomyces eurhizus* 2 株、*T. albuminosus* 7 株、*T. microcarpus* 2 株、*T. intermedius* 1 株與 *Termitomyces* sp. 15 株等，供產官學研各界研發利用。



圖二、台灣產雞肉絲菇。A-B: *Termitomyces* sp. ; C: *T. intermedius* ; D-E: *T. microcarpus* 。

二、蟲生真菌類

目前世界上約有 90 屬 700 種以上的真菌，能感染昆蟲 (Moorhouse *et al.*, 1992 ; Hajek and St. Leger, 1994 ; Schrank and Vainstein, 2010)。由於真菌可感染之宿主範圍廣，且代謝產物豐富，因此成為生物防治之潛力微生物。*Culicinomyces*、*Metarhizium*、*Coelomomyces* 及 *Lagenidium* 真菌可寄生於蚊子幼蟲或蠅類，引起這類昆蟲之疾病。*Coelomomyces* 為蚊蟲中常見之致病真菌，可破壞幼蟲體內用於發育為成蟲之脂肪體，導致幼蟲死亡，可應用於瘧蚊防治。*Conidiobolus* 感染蚜蟲；*Entomophthora* 寄生在蒼蠅和其他雙翅目昆蟲。這兩類真菌能在數小時內完成感染蟲體之過程，由受感染之蟲體主動傳播孢子。

蟲生真菌中的 *Beauveria*、

Metarhizium 和 *Isaria* 等真菌，可經由發酵工程，大量生產，並有較長的儲存時間，已被用於防治許多農作物的害蟲，如蚜蟲、粉蟲、蝴蝶、白蟻等害蟲。生資中心收存這三個屬的台灣菌株達 20 種 154 株，其中以 *Beauveria bassiana* 28 株、*Metarhizium anisopliae* 11 株、*Isaria cicadae* 21 株為較多之種類、*I. tenuipes* 則有 20 株。*B. bassiana* 為土壤中常見真菌，其宿主包括蚜蟲、螞蟥、蚊子、蝗蟲、蟬、天牛等，藉由接觸感染他們的幼蟲和成蟲。*B. bassiana* 可在 PDA 或 MEA 等人工培養基生長，菌落大多為白色毛絮狀。收存的 28 株 *B. bassiana* 主要分佈在台灣的低、中海拔地區，其宿主包括鞘翅目、雙翅目、膜翅目和鱗翅目之昆蟲。*Isaria catenianulata* 為 2016 年報導的台灣新紀錄種 (Li *et al.*, 2016)，目前已收存 9 株，可以在 PDA 上

培養，25 °C 培養 20 天可以看到直徑約 65 mm 的白色或淡黃色菌落，其宿主包括鞘翅目、雙翅目、膜翅目和鱗翅目之昆蟲。大蟬花 *I. cicadae* 是重要之藥用真菌，具有多樣生理活性，菌絲體可工業化大量生產。同種蟲生真菌之不同菌株，其生理生化特性頗有差異，具有不同之致病性、深具發展潛力與應用性。生資中心收存的大量本土菌株，可供產業應用與發展之測試與篩選利用。

三、木黴菌類

木黴菌 (*Trichoderma*) 生長快速且普遍存在自然界中，除了行腐生外，還能寄生在其他真菌上。許多研究證明這類真菌是最具潛力的植物病害防治真菌。目前已知木黴菌可以拮抗引起萎凋、根腐病、猝倒病等植物病害的立枯絲核菌 (*Rhizoctonia solani*)、腐霉菌 (*Pythium*、*Phytophthora*)、白絹病菌 (*Sclerotium rolfsii*)、镰孢菌 (*Fusarium* spp.)、褐根病菌 (*Phellinus* spp.) 等病原菌。許多小型試驗中，也已驗證木黴菌之防治效果。木黴菌應用於生物防治在國際間已有多項商品上市，例如：AkTRIVator®、Trichosan®、Vitalin®、Promot® 等，是值得重視與開發的微生物 (Verma *et al.*, 2007; Anees *et al.*, 2010)。

台灣蘊藏豐富的木黴菌資源，有利於發展多樣差異化的產品，為切入國際市場的契機。生資中心於 2018 與 2019 年共收集 55 株木黴菌，包括 *Trichoderma afroharzianum*、*T. asperelloides*、*T. breve*、*T. guizhouense*、*T. hamatum*、*T. koningiopsis*、*T. parapiluliferum*、*T. paratroviride*、*T. protrudens*、*T. simmonsii*、*T. simplex*、*T. spirale*、*T. trixiae*、*T.*

viridialbum 與 6 個尚未描述的新種。更進一步評估這些菌株對立枯病菌 (*Rhizoctonia solani*)、灰黴病菌 (*Botrytis cinerea*) 與炭疽病菌 (*Colletotrichum gloeosporioides*) 之拮抗能力，探索他們應用於生物防治之潛力，可做為綠色農業產品研發之基礎。

自然界中，存在著許多微生物，許多皆已被證實具有生物技術與工業應用的潛在價值。然而，僅有少數種類被商業化應用，顯見農業微生物仍是值得探索與深究之領域。生資中心目前針對食藥用菇菌類、蟲生真菌類與木黴菌進行系統性的研究與開發。成果可作為台灣發展綠色農業產品或永續經營農業之基礎，透過具特色之多元菌株開發，將有助於台灣有機農業多元化與精緻化發展，有利於循環經濟、生態平衡、經濟發展及節能減碳等永續農業

目標之達成與國際市場之開拓。

四、參考文獻

1. 陳宗明、呂昀陞、石信德。2016。菇類生技產業研討會專刊。pp. 13-27。
2. Anees, M. *et al.* 2010. Fungal Biol. 114:691-701.
3. Hajek, A. E. and St. Leger, R. J. 1994. Annu. Rev. Entomol. 39:293-322.
4. Kuhad, R.C. 2012. Indian J. Microbiol. 52:309-313.
5. Li, H. Y. *et al.* 2016. Fung. Sci. 31:37-43.
6. Moorhouse, E.R. *et al.* 1992. Biocontrol Sci. Technol. 2:49-58.
7. Schrank, A. and Vainstein, M.H. 2010. Toxicon 56:1267-1274.
8. Verma, M. *et al.* 2007. Biochem. Eng. J. 37:1-20.

耐高鹽海洋微生物資源之探索 -- 以台灣西南海域為例

生資中心 / 研究員 / 副研究員
施朝仁 / 吳琰奇

地球有 70% 的表面被海洋所覆蓋，而微生物又佔海洋總生物量的 90% 以上，它們在地球系統中扮演著許多重要的角色，如海洋中的主要生產者、決定海洋能量和養分的流動、甚至影響全球氣候 (Cavicchioli *et al.*, 2019)。隨著地理位置、洋流、深度與其他生物組成的不同，加上人為活動的影響，海洋有著各種不同的環境，也造就海洋微生物多樣化的棲地，如不同深度的海水（又可分淺海、外海和深海等水域）、

海底底泥、海中其他生物體表或腸道、臟器，以及海中建築體 - 如鑿井台、漁具、漁網等。為因應和陸地環境迥異的物理、化學特性，海洋微生物勢必得發展出與陸源微生物不同的生化代謝途徑，進而產生結構新穎的代謝產物。以 *Pseudomonas* spp. 為例，海洋中 *Pseudomonas* spp. 所生產的生物活性物質，其結構就與陸生來源有極大的差異 (Isnansetyo and Kamei, 2009)。這些豐富且多樣的天然化合物，在產學研界極

具開發潛力(郭, 2012)。

相較於陸域, 海洋屬於高鹽度環境; 海洋微生物為適應胞外高滲透壓環境, 會生產相容質 (compatible solutes), 用以維持細胞膨壓、保護胞內蛋白質等大分子。抗鹽相容質如 glycerol、trehalose 和高鹽細菌生產的 ectoine 等, 其高效保水保濕能力能被應用於發酵工業、食品、化妝美容、製藥與醫療業等領域 (Oren, 2010)。近年新型抗生素的研發能量急遽下降, 各大藥廠基於成本與收益考量, 紛紛縮編抗生素研發團隊, 然而隨著日以劇增的抗藥性菌株產生, 新型抗生素的開發仍是刻不容緩。隨著陸地微生物資源已被充分開發, 海洋微生物的多樣性且未發掘的天然物, 應是新型抗菌物質最豐富的資源庫 (Wiese and Imboff, 2019)。除了新型抗生素研發, 具有細胞毒性的二次代謝物還可用在抗癌藥物的研究上 (Gulder and Moore, 2009)。除此之外, 海洋細菌特有的 proteorhodopsin, 被視為具有成為環保能源的潛力 (Beja *et al.*, 2000)、*Vibrio harveyi* 具有發光的能力, 可作檢測毒性物質的依據 (Czyż *et al.*, 2000)、部分 *Vibrio* 屬的菌種會生產新型的生物性塑膠 poly-beta-hydroxybutyrate (PHB) (Chien *et al.*, 2007)、某些海洋細菌所產的生物表面活性劑, 還可應用在海洋污染物的生物性處理 (如降解海洋中油污、重金屬、phenol 及芳香族等) (Kubicki *et al.*, 2019)。海洋微生物的應用價值有著無窮的潛力。

台灣四面環海, 地處熱帶與亞熱帶交界處, 擁有複雜且豐富的海洋生態系。為了探索這座美麗島嶼周圍的海洋微生物資源,

國立中興大學生命科學系賴美津教授團隊, 於 2010 至 2016 年間, 共搭乘 8 個研究船航次, 前往台灣西南部海域, 收集海洋沉積物、海水及海洋底棲動物樣本, 試圖以培養法分析該海域的海洋微生物。採樣範圍遍及東經 114.4-120.3 度、北緯 10.4-22.5 度, 最遠到達太平島, 距台灣 1600 公里 (圖 1)。八次的航程, 共分離出 900 多株深海細菌分離株, 並以專案寄存於生物資源保存及研究中心。

生資中心執行經濟部 108 年度科技專案計畫 - 生物資源之創新加值與服務優化, 其中一個工作子項為建立耐高鹽海洋微生物培養技術平台。此計畫針對各類耐鹽海洋微生物, 探討最合適培養條件, 建立生資中心專屬培養基, 將樣品中之耐鹽微生物進行分離培養, 並以基質輔助雷射脫附游離飛行時間式質譜儀 (matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight, MALDI-TOF MS) 輔以 16S rDNA 序列分析, 鑑別

耐鹽海洋細菌分離株之菌名, 並建立菌株完整背景資料, 以利未來之開發應用。

此技術平台剛好用以承接賴美津教授團隊的海洋細菌專案寄存。108 年度先分析 599 株可生長於 2.4% NaCl 鹽濃度的耐鹽細菌分離株, 運用 MALDI-TOF MS 分析平台, 快速分群鑑別出 460 株分離株之菌名。無法以 MALDI-TOF MS 鑑別的 139 株分離株, 再以 16S rDNA 序列分析來鑑別其正確菌名。

在分離菌株的過程中, 有時會發生在同個樣品中重覆分離出同一株菌的狀況, 可利用經 MALDI-TOF MS 取得之細菌蛋白質圖譜所建立的樹狀歸群圖, 進行菌株的去重覆, 避免菌株的重覆性過高。故最初分離出的 599 株耐鹽細菌, 經去重覆後共得到 403 株分離株, 包含 68 株海水樣品分離株、333 株海洋沉積物分離株、1 株海底煙囪分離株以及 1 株深海蝦眼睛分離株, 皆已完成菌名之鑑別, 並保存至

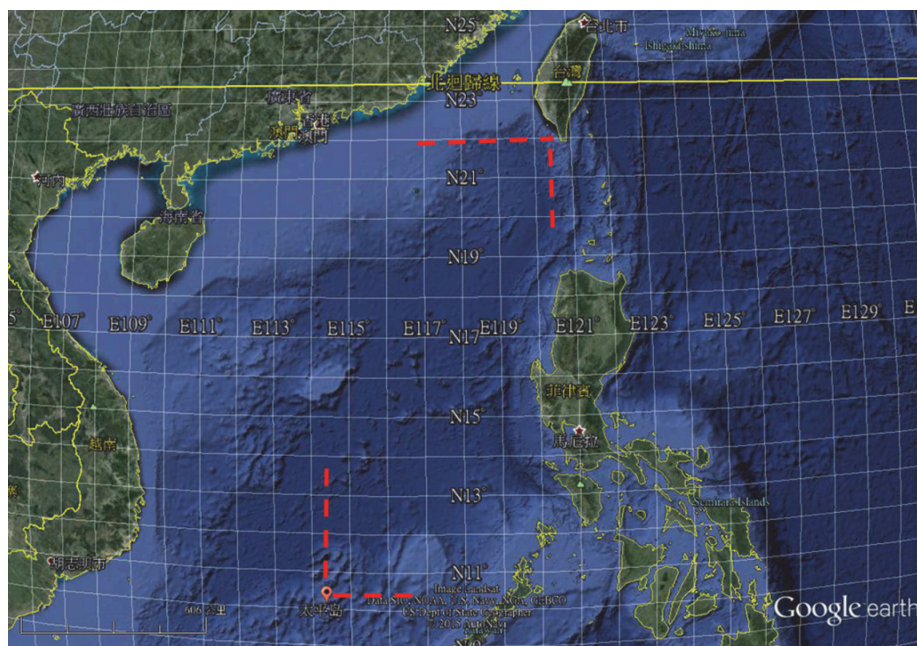


圖 1、賴美津教授團隊於台灣西南海域採樣範圍, 東經 114.4-120.3 度, 北緯 10.4-22.5 度。(由賴美津教授團隊提供)

表一、耐高鹽海洋細菌之菌屬與分離株株數

屬名	分離株株數	屬名	分離株株數
<i>Acinetobacter</i>	4	<i>Micrococcus</i>	11
<i>Alcanivorax</i>	1	<i>Nesterenkonia</i>	1
<i>Alteromonas</i>	14	<i>Nocardioides</i>	4
<i>Bacillus</i>	166	<i>Oceanobacillus</i>	4
<i>Brachybacterium</i>	1	<i>Ochrobactrum</i>	1
<i>Brevibacterium</i>	8	<i>Paenibacillus</i>	2
<i>Caenispirillum</i>	1	<i>Paracoccus</i>	2
<i>Chromohalobacter</i>	1	<i>Pseudoalteromonas</i>	35
<i>Curtobacterium</i>	1	<i>Pseudomonas</i>	13
<i>Deinococcus</i>	1	<i>Pseudooceanicola</i>	1
<i>Dietzia</i>	1	<i>Pseudovibrio</i>	1
<i>Erythrobacter</i>	3	<i>Psychrobacter</i>	1
<i>Exiguobacterium</i>	2	<i>Rheinheimera</i>	1
<i>Fictibacillus</i>	9	<i>Rhodococcus</i>	1
<i>Fulvimarina</i>	1	<i>Roseivivax</i>	1
<i>Gordonia</i>	2	<i>Roseovarius</i>	1
<i>Halobacillus</i>	4	<i>Sagittula</i>	1
<i>Halomonas</i>	24	<i>Salinicola</i>	3
<i>Hyphomonas</i>	1	<i>Salipiger</i>	1
<i>Idiomarina</i>	5	<i>Sphingobium</i>	1
<i>Janibacter</i>	2	<i>Sphingomonas</i>	1
<i>Kocuria</i>	4	<i>Sphingopyxis</i>	1
<i>Leeuwenhoekiella</i>	1	<i>Stakelama</i>	1
<i>Loktanella</i>	1	<i>Staphylococcus</i>	7
<i>Lysinibacillus</i>	1	<i>Stenotrophomonas</i>	3
<i>Macrococcus</i>	1	<i>Sulfitobacter</i>	1
<i>Marinobacter</i>	10	<i>Thalassobacillus</i>	3
<i>Mesorhizobium</i>	1	<i>Tistrella</i>	1
<i>Microbacterium</i>	14	<i>Vibrio</i>	12
<i>Microbulbifer</i>	1	<i>Williamsia</i>	1

生資中心的台灣本土菌株庫房中。鑑別出之菌名共包含 60 個菌屬（表一），其中以 *Bacillus* 屬的 166 株分離株為最多，其次為 *Pseudoalteromonas*、*Halomonas* 等屬。

此批來自台灣西南海域之耐高鹽海洋細菌，可提供予生技製藥廠商或學研單位，進行新型抗生素或天然抗菌化合物的篩選與研發；也可提供醫美產業，篩選相容質高產能菌株，發展高效保濕鎖水美妝保養品。食品產業若有興趣，也可整批篩選可產出特殊風味天然物的菌株，用以開發作為食品添加物。

參考文獻

1. 郭傑民、劉仲康、陳毓昕。2012。海洋微生物天然物。科學發展，479, 18-23。

2. Beja O. *et al.* 2000. Science. 289:1902-1904.

3. Cavicchioli, R. *et al.* 2019. Nat Rev Microbiol. 17, 569–586.

4. Chien CC. *et al.* 2007. J Biotechnol. 132:259-63.

5. Czyż A. *et al.* 2000. Appl Environ Microbiol. 66: 599-605.

6. Gulder TAE and Moore BS. 2009. Curr Opin Microbiol. 12:252-260.

7. Isnansetyo A and Kamei Y. 2009. J Ind Microbiol Biotechnol. 36:1239-1248.

8. Kubicki S. *et al.* 2019. Marine Drugs. 17:408.

9. Oren A. 2010. Environmental Technology, 31:8-9, 825-834.

10. Wiese J. and Imhoff JF. 2019. Drug Dev Res. 80:24–27.

腸道微生物資源之探索與
培養體學技術平台

生資中心 / 研究員 / 副研究員
黃建勳 / 劉忠憲 李艾芸

基於新世代 DNA 定序技術 (next generation sequencing, NGS) 的發展，促使國際上陸續有許多代表性的人體微生物組計畫的推動執行，例如 2008~2012 年間的 Human Microbiome Project (HMP)、2008~2012 年間的 Metagenomics of the Human

Intestinal Tract (MetaHIT)、2013~2016 年間的 integrative Human Microbiome Project (iHMP) 及 2016 年迄今的 National Microbiome Initiative (NMI) 等；微生物組研究由初期的序列資料庫建立，延伸至關聯性分析，並朝向因果關係與其作用機制探討

的層面；然而，不論是執行體外的細胞試驗、體內的動物試驗或人體臨床試驗等功能驗證工作，具備活菌 (live bacteria) 均是最基本的要求，也是未來產業化發展新世代益生菌 (next generation probiotic, NGP)，或是活菌藥物

產品 (live biotherapeutic product, LBP) 不可或缺的關鍵生物材料。

微生物組泛指特定環境中的微生物及其基因體，以人體腸道微生物組 (human gut microbiome) 為例，數量大約是人體總細胞數和基因數的 10 與 150 倍，其中

核心微生物群約有 50~100 種細菌，涵蓋超過 6000 個功能基因組，故被稱為人體的第二基因組。腸道微生物組與人體共生扮演協助消化角色，並透過腸腦軸線 (microbiota-gut-brain axis) 調控神經傳導、內分泌、消化、代謝

表一、自健康人糞便樣本分離出台灣本土腸道厭氧菌

菌門別 (Phylum)	菌種數量	菌種別 (Species)
Verrucomicrobia	1	<i>Akkermansia muciniphila</i> *
Firmicutes	72	<i>Acidaminococcus intestine</i> , <i>Aerococcus vaginalis</i> , <i>Agathobacter rectalis</i> , <i>Anaerofustis stercorihominis</i> , <i>Anaerostipes caccae</i> , <i>Anaerostipes hadrus</i> , <i>Anaerotruncus rubiinfantis</i> , <i>Blautia obeum</i> , <i>Blautia hansenii</i> , <i>Blautia massiliensis</i> , <i>Blautia product</i> , <i>Blautia stercoris</i> , <i>Blautia wexlerae</i> , <i>Clostridium amygdalinum</i> , <i>Clostridium innocuum</i> , <i>Clostridium nexile</i> , <i>Clostridium saccharolyticum</i> , <i>Coprobacillus cateniformis</i> , <i>Coprococcus comes</i> , <i>Dorea longicatena</i> , <i>Dorea massiliensis</i> , <i>Dorea phocaeensis</i> , <i>Dysosmobacter welbionis</i> , <i>Elisenbergiella massiliensis</i> , <i>Enterocloster aldensis</i> , <i>Enterocloster bolteae</i> , <i>Eubacterium hallii</i> , <i>Eubacterium eligens</i> , <i>Eubacterium ramulus</i> , <i>Eubacterium ramulus</i> , <i>Eubacterium ruminantium</i> , <i>Eubacterium ventriosum</i> , <i>Faecalibacillus intestinalis</i> , <i>Faecalitalea cylindroides</i> , <i>Faecalicatena contorta</i> , <i>Faecalicoccus pleomorphus</i> , <i>Flintibacter butyricus</i> , <i>Flavonifractor plautii</i> , <i>Fusicatenibacter saccharivorans</i> , <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> , <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> , <i>Gemmiger formicilis</i> , <i>Gemmiger formicilis</i> , <i>Holdemanella bififormis</i> , <i>Holdemania massiliensis</i> , <i>Hungatella effluvia</i> , <i>Intestinimonas massiliensis</i> , <i>Intestinimonas massiliensis</i> , <i>Longibaculum muris</i> , <i>Lachnoclostridium edouardi</i> , <i>Lachnospira pectinoschiza</i> , <i>Lachnoclostridium phocaeense</i> , <i>Lawsonibacter asaccharolyticus</i> , <i>Massilioclostridium coli</i> , <i>Megamonas funiformis</i> , <i>Megasphaera elsdenii</i> , <i>Murdochiella asaccharolytica</i> , <i>Oscillibacter ruminantium</i> , <i>Peptoniphilus grossensis</i> , <i>Peptostreptococcus russellii</i> , <i>Phocaea massiliensis</i> , <i>Pseudoflavonifractor capillosus</i> , <i>Roseburia faecis</i> , <i>Roseburia hominis</i> , <i>Ruminococcus faecis</i> , <i>Ruminococcus bicirculans</i> , <i>Ruminococcus torques</i> , <i>Ruminococcus lactaris</i> , <i>Ruminococcus gnavus</i> , <i>Sellimonas intestinalis</i> , <i>Veillonella ratti</i> , <i>Neglecta timonensis</i>
Bacteroidetes	35	<i>Alistipes finegoldii</i> , <i>Alistipes ihumii</i> , <i>Alistipes onderdonkii</i> , <i>Alistipes shahii</i> , <i>Alistipes obesi</i> , <i>Bacteroides cellulosilyticus</i> , <i>Bacteroides clarus</i> , <i>Bacteroides coprocola</i> , <i>Bacteroides coagulans</i> , <i>Bacteroides congongensis</i> , <i>Bacteroides dorei</i> , <i>Bacteroides eggerthii</i> , <i>Bacteroides finegoldii</i> , <i>Bacteroides fragilis</i> , <i>Bacteroides fragilis</i> , <i>Bacteroides intestinalis</i> , <i>Bacteroides koreensis</i> , <i>Bacteroides massiliensis</i> , <i>Bacteroides ovatus</i> , <i>Bacteroides plebeius</i> , <i>Bacteroides stercoris</i> , <i>Bacteroides sylersiae</i> , <i>Bacteroides thetaiotaomicron</i> , <i>Bacteroides uniformis</i> , <i>Bacteroides uniformis</i> , <i>Bacteroides vulgatus</i> , <i>Butyricimonas virosa</i> , <i>Odoribacter splanchnicus</i> , <i>Odoribacter splanchnicus</i> , <i>Parabacteroides distasonis</i> , <i>Parabacteroides distasonis</i> , <i>Parabacteroides goldsteinii</i> , <i>Parabacteroides merdae</i> , <i>Prevotella copri</i> , <i>Prevotella copri</i>
Synergistetes	2	<i>Cloacibacillus evryensis</i> , <i>Cloacibacillus porcorum</i> ,
Actinobacteria	10	<i>Bifidobacterium adolescentis</i> , <i>Bifidobacterium bifidum</i> , <i>Bifidobacterium breve</i> , <i>Bifidobacterium longum</i> , <i>Bifidobacterium pseudocatenulatum</i> , <i>Collinsella aerofaciens</i> , <i>Collinsella tanakaei</i> , <i>Eggerthella lenta</i> , <i>Eggerthella timonensis</i> , <i>Parolsenella massiliensis</i>
Proteobacteria	6	<i>Bilophia wadsworthia</i> , <i>Desulfovibrio desulfuricans</i> , <i>Mesosutterella multififormis</i> , <i>Succinatimonas hippie</i> , <i>Sutterella wadsworthensis</i> , <i>Turicimonas muris</i>

* 粗體者為 16S rRNA 基因序列比對最接近的菌種別，但序列相似性小於 98.7%，研判可能為新種

和免疫等作用，因此與全身之各種生理和疾病都有密切關聯。人體腸道微生物約有 300~1000 種細菌，一般約 500 種，大多屬於難培養的絕對厭氧菌，除了常見的乳酸菌或是特定病原菌，絕大部分的腸道菌都無明確的分離培養條件，供作專一性的篩選純化。因此，想要從 NGS-based 菌相分析結果，進行下一步的功能性驗證，極具挑戰性。國內發展腸道微生物組起步晚，目前面臨最大痛點，包括研發關鍵菌源不足、同時欠缺難培養之絕對厭氧菌操作、具指標意義之腸道菌分離，以及高通量菌株身分快速鑑別等技術，造成台灣發展微生物組產業出現很大的瓶頸而急需克服。

基於上述因素，近年食品工業發展研究所生物資源保存及研究中心 (BCRC) 積極發展腸道微生物培養體學平台 (culturomics)，包括絕對厭氧腸道菌分離純化、菌株鑑定、純菌培養和長期保存等關鍵技術之建立及整合，藉以探索腸道菌相 (圖 1)。目前已成功自台灣健康人糞便檢體 (單一受試者) 純化出超過 100 個菌種別 (包括從未被發現的新種)，其中不乏有許多在 HMP 計畫中研究人員極欲分離卻經常純化不出的難培養腸道菌 (HMP most wanted taxa) 或是目前非常熱門的新世代益生菌標的，例如絕對厭氧菌 (strictly anaerobe) *Akkermansia muciniphila* 與 *Faecalibacterium prausnitzii* (圖 2) 等，相關本土腸道菌資源因分離培養保存不易，目前以 BCRC 專案收存方式管理，暫未對外公開提供。BCRC 將持續建立本土腸道菌關鍵研發資源，並透過提供客製化技術服務，協助國內產學研各界加強對腸道微生物組之相關研究，以期

拓展新世代益生菌種之產業開發應用。服務項目如下：

1. 腸道微生物之分離培養操作技術

腸道微生物相複雜多元，除少部分為好氧或兼性厭氧菌之外，大多為難培養絕對厭氧菌，

特性迥異不同，時常需要依照菌株營養需求特性自行配製培養基，而其成分組成均極為複雜，且在配製過程中，需結合除氧設備 (如 Hungate station) 以維持其厭氧性。因此，具備優良厭氧操作技術以製備品質良好的厭氧培養基，並能於厭氧操作箱

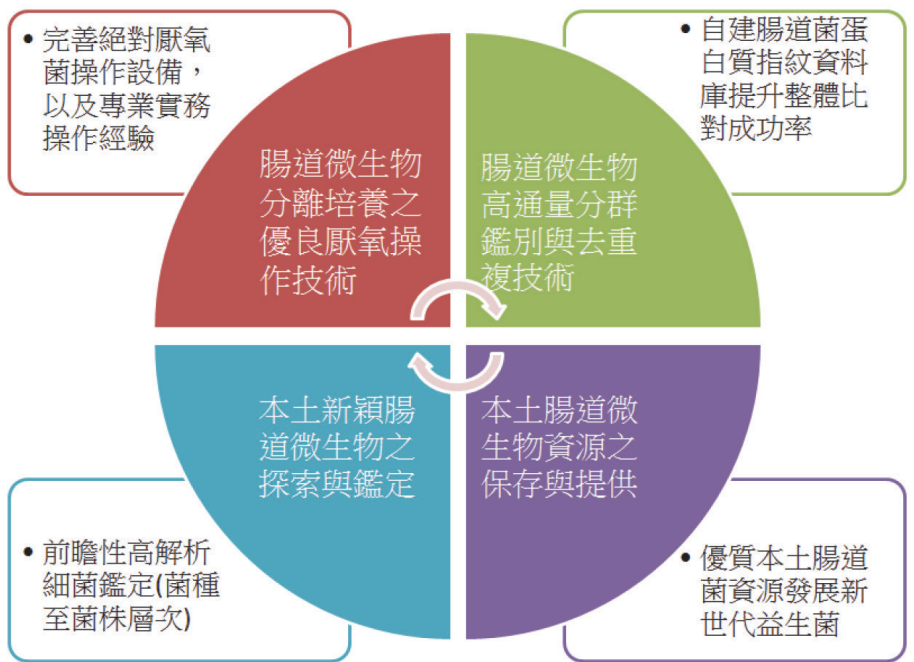


圖 1、腸道微生物培養體學平台之客製化服務要項

Culture media & Sample preparation	Isolation, Purification , Cultivation & Preservation	Species ID, Strain typing & Quantification

圖 2、自台灣健康人糞便樣本分離出絕對厭氧菌 *Faecalibacterium prausnitzii* 之成功案例

中熟練的進行菌種分離純化，對於多樣化的厭氧腸道菌之培養，是十分關鍵的核心技術。除此之外，BCRC 具備實驗小鼠及人體糞便檢體之腸道菌分離培養操作技術，不論是 targeted 或是 non-targeted culturomics approach，都已累積豐富的實務經驗。

2. 腸道指標菌之 qPCR 絕對定量技術

16S rRNA-based NGS 分析是研究腸道微生物相最基本的分析手段，然而測定深度不足（一般最低測到約 10^6 cells），或是序列長度不足只能比對到菌屬的位階（genus-level），造成可解析的訊息受到很大的限制，深切影響最終的判讀。故針對相關指標菌種建立絕對定量檢測技術，輔助及驗證 NGS 數據有其必要性；亦或自糞便檢體純化關鍵指標活菌，若屬於非優勢菌群（subdominant），在進行微生物分離之前，先完成標的菌之菌數定量檢測，則有助於提升分離之成功率。BCRC 已建立腸道相關指標菌種之 qPCR 絕對定量技術，可測定糞便檢體標的菌種之實際菌數（cells/gram）。

3. 腸道微生物之快速鑑別技術

經由培養體學技術平台純化出的大量分離菌株，進一步輔

以 MALDI-TOF MS 進行高通量微生物快速鑑別分析，包括菌株去重複（dereplication）以及學名鑑別，然而 MALDI-TOF 質譜儀（如 Bruker Biotyper 機型）之原廠內建比對資料庫為臨床病原微生物菌種為主，腸道菌比對資料相當不足。BCRC 已完成超過百筆（species-level）之腸道菌質譜資料建置，並持續擴建中。

4. 腸道微生物之學名鑑定與高解析菌株品系分型技術

BCRC 擁有前瞻性的菌種鑑定系統，除了可導入傳統多相分類技術（polyphasic taxonomy），並結合基因體學分析，可提供菌種學名鑑定與高解析菌株品系（strain-level）分型服務，亦可協助

釐清新穎腸道菌（new taxa）之類緣關係，給予正確分類地位，以作為後續新種發表之佐證依據。

5. 台灣本土腸道微生物資源之保存與提供

BCRC 具有完善及 ISO 9001 國際認證的生物資源保存及管理系統，結合運用微生物專業培養技術，不論是好氧、兼性或是絕對厭氧的腸道微生物，都能進行系統性的長期保存，有助於優質腸道菌庫之建立。BCRC 近年來自健康人糞便樣本分離和保存之本土腸道菌特色資源庫（表一），未來規劃將以專案授權方式提供各界研發使用，期能促進資源加值開發，創造生物經濟產業價值。

課程訊息 - 絕對厭氧菌操作研習專班

生資中心將舉辦二天課程的「絕對厭氧菌操作研習專班」，由厭氧菌技術專家授課講解與實場操作示範，協助學員建立對厭氧菌培養與保存技術之基礎認知，並培訓腸道厭氧菌操作之技術能力。優質特訓，名額有限，報名從速！

時間	2020 年 7 月 9 日	2020 年 7 月 10 日
研習要項	➢ 絕對厭氧菌基本特性與培養技術介紹 ➢ 厭氧操作設備介紹 ➢ 厭氧性培養基製備	➢ 絕對厭氧菌繼代培養技術示範與實作 ➢ 絕對厭氧菌保存管製備 ➢ 菌種保存技術示範與實作
名額	每班以 5 人為限（報名截止日：6 月 24 日，滿 3 人即開班）	
費用	30,000 元 / 人（兩人同行，以 9 折價優惠）	

報名請洽詢 生資中心 服務窗口 李小姐

電話：03-5223191 分機 511, E-mail: syl@firdi.org.tw

生物資源保存及研究簡訊 第121期

發行者：財團法人 食品工業發展研究所

發行人：廖啓成所長

主編：陳倩琪

編輯：王俐婷、吳柏宏、許璦文、黃學聰

本著作權依補助契約歸屬財團法人 食品工業發展研究所

地址：新竹市食品路 331 號

電話：(03)5223191-6

傳真：(03)5224171-2

承印：國大打字行

電話：(03)5264220

ISSN：1021-7932

GPN：2009001214

中華郵政新竹誌字第0030號

交寄登記證登記為雜誌交寄

