

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 114 年 3 月發行

補助單位：經濟部產業技術司 / 執行單位：財團法人食品工業發展研究所

本期內容

研發成果

1

- ◎ 孕育台灣西南海域的冰與火之歌 - 深海底的新穎甲烷古菌
- ◎ 絲狀真菌新資源
- ◎ 台灣球托黴屬新穎性菌種 - *Gongronella fusoacuminata*
- ◎ 水晶蘭與阿里山水晶蘭的共生夥伴

孕育台灣西南海域的冰與火之歌
- 深海底的新穎甲烷古菌生資中心 / 研究員
施朝仁

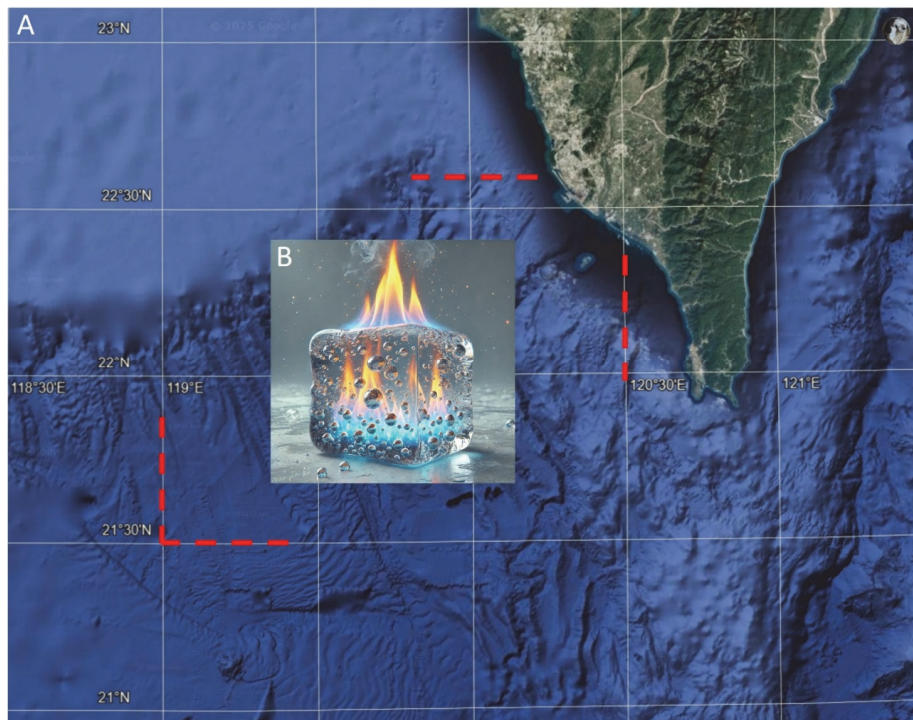
甲烷 (CH_4) 是地球上最重要的溫室氣體之一，對全球碳循環和氣候變遷具有重大影響。甲烷的全球暖化潛勢 (GWP) 遠高於二氧化碳，在相同時間尺度下，其百年內的暖化效應約為 CO_2 的 27.9 倍。因此，理解甲烷的自然來源、儲存機制及微生物參與的代謝過程，對於環境科學與能源研究都至關重要。

天然氣水合物 (Gas Hydrate)，又稱可燃冰，是一種由氣體分子被水分子包圍形成的固態結構，類似於冰。最常見的天然氣水合物就是甲烷水合物 (Methane Hydrate)。這種物質主要存在於高壓低溫的環境，例如深海沉積物和永久凍土層，其中甲烷分子被困在水的晶體結構內，使其處於固態形式。當甲烷水合物受熱分解並與氧氣混合後，甲烷燃燒釋放熱量，導致冰狀的物質出現「燃燒的冰」現象。這種特性使其成為一種潛在的新能源資源，但若開採不當，也存在著相當大的環境風險。

甲烷水合物的形成需要滿足特定條件，包括低溫（通常低於

4°C）和高壓（通常超過 50 大氣壓），這使得它們廣泛分布於大陸邊緣的沉積層中。台灣西南海域位於菲律賓海板塊與歐亞板塊的碰撞帶，因板塊運動與沉積作用的影響，形成了高度活動的海底地質結構。經濟部中央地質調查所成立台灣天然氣水合物研究團隊，自 2004 年起執行長達 12 年的「台灣西南海域新興能源—天然氣水合物資源調查與評估」研究計畫，調查結果顯示，台灣西南海域的海洋沉積物內含大量有機質與甲烷氣體；此外，根據反射震測系統探勘的結果，此區域存在很強海底仿擬反射 (BSR, Bottom Simulating Reflectors) 訊號，顯示這裡可能蘊藏豐富的甲烷水合物，根據碳同位素研究顯示這些甲烷多為生物性來源。

中興大學賴美津教授實驗室於 2008-2011 年間參與上述團隊，透過培養法 (culture-dependent methodology)，探索台灣西南海域甲烷水合物賦存區的甲烷古菌多樣性。四年期間於台灣西南海域（圖一）的變形前緣



圖一、A：賴美津教授團隊於台灣西南海域採樣範圍，北緯 21°30' 至 22°45'，東經 119° 至 120°30'。B：可燃冰示意圖。

區 (deformation front area)、被動大陸邊坡的 KP-9 鑽井區、泥火山群 (submarine mud volcano)、好景海脊 (Good Weather Ridge) 及四方合海脊 (Four-Way Closure Ridge) 等區域採集岩心樣本，以特殊絕對厭氧操作技術，自樣本中分離純化甲烷古菌。截至目前為止共有 9 株新穎甲烷古菌在此區域被分離純化並發表，包括 *Methanoculleus taiwanensis* CYW4^T、*Methanoculleus sediminis* S3Fa^T、*Methanovulcanius yangii* CYW5^T、*Methanooceanicella nereidis* CWC-04^T、*Methanoculleus frigidifontis* FWC-SCC1^T、*Methanoculleus oceani* CWC-02^T、*Methanoculleus methanofontis* FWC-SCC3^T、*Methanoculleus nereidis* YWC-01^T 以及 *Methanobacterium aridiramus* CWC-01^T。本文將針對這 9 株菌的採樣地點與環境條件、生理生化特性及分類地位進行介紹。

Methanoculleus taiwanensis CYW4^T (= BCRC AR10043^T = NBRC 110782^T) 為一株中溫性 (mesophilic)、氫營養型 (hydrogenotrophic) 的甲烷古菌，分離自台灣西南海域「變形前緣區」的深海沉積物。反射震測分析顯示，該區域富含甲烷水合物 (methane hydrates)。菌株 CYW4^T 可利用的甲烷生成基質包括甲酸 (formate) 與 H₂/CO₂，但無法利用乙酸 (acetate)、次級醇 (secondary alcohols)、甲胺 (methylamines)、甲醇 (methanol) 及乙醇 (ethanol)。菌體形態為不具運動能力 (non-motile)、不規則球狀 (irregular cocci)，直徑約 0.6-1.5 μm。其表層蛋白 (S-layer protein) 的分子量為 112 kDa。CYW4^T 的最佳生長條件為 37°C、pH 8.1、氯化鈉 (NaCl) 濃度 0.08 M，此外，乙酸可促進菌株生長。該菌的染色體 DNA 的 G+C 含量為 61 mol%。根據 16S rRNA 基因序列比對顯

示，CYW4^T 與 *Methanoculleus marisnigri* JR1^T 的相似度僅 96.82%，顯示此菌株為一個新物種。綜合形態學、表現型及系統發育特徵，CYW4^T 正式命名為 *Methanoculleus taiwanensis* sp. nov.。

CYW4^T 在進入靜止生長期 (stationary growth phase) 時，菌液的混濁度 (optical density, OD) 會突然下降。此時，在細胞表面及周圍觀察到直徑約 50 nm 的顆粒，這顯示該菌株可能攜帶一種裂解性病毒 (lytic virus)，並且該病毒在靜止期被誘導活化。由於目前已發表的甲烷古菌裂解性病毒數量極少，因此此發現具有重要研究價值 (Weng *et al.*, 2015)。

Methanoculleus sediminis S3Fa^T (= BCRC AR10044^T = DSM 29354^T) 為一株中溫性、氫營養型的甲烷古菌，分離自台灣西南海域、位於大陸坡上方的「海底泥火山 MV4」附近的沉積物中。S3Fa^T 可利用的甲烷生成基質包括甲酸與 H₂/CO₂，但無法利用乙酸、次級醇、甲胺、甲醇或乙醇。菌株不具運動能力、形態呈不規則球狀，直徑約 0.5-1.0 μm。其表層蛋白的分子量為 128 kDa。S3Fa^T 的最佳生長條件為 37°C、pH 7.1、NaCl 濃度 0.17 M。其基因體 DNA 的 G+C 含量為 62.3 mol%。根據 16S rRNA 基因序列比對顯示，S3Fa^T 與 *Methanoculleus marisnigri* JR1^T 的相似度為 99.3%。進一步的基因體相似性分析顯示，基因體間距離分析 (GGDA, genome-to-genome distance analysis) 相似度為 46.3-55.5%。平均核苷酸相似度 (ANI, average nucleotide identity) 為 93.08%。綜合形態學、表現型、系統發育分析及基

因組相似性數據，結果顯示該菌株 S3Fa^T 屬於 *Methanoculleus* 屬的一個新種，因此正式命名為 *Methanoculleus sediminis* sp. nov. (Chen *et al.*, 2015)。

Methanovulcanius yangii CYW5^T (= BCRC AR10048^T = DSM 100756^T = NBRC 111404^T) 為一株中溫性、氫營養型的甲烷古菌，分離自台灣西南海域「海底泥火山 MV5」沉積物活塞取樣柱 (piston core) 的樣本。CYW5^T 的細胞呈不規則球狀，直徑約 0.5-1.0 μm，且容易被 0.01% 十二烷基硫酸鈉 (SDS) 裂解。該菌株可利用甲酸或 H₂/CO₂ 作為產甲烷的代謝基質。其最佳生長條件為 37°C、pH 6.02-7.32、NaCl 濃度 0.043-0.085 M。其基因體 DNA 的 G+C 含量為 56.2 mol%。根據 16S rRNA 基因序列比對顯示，CYW5^T 屬於甲烷微菌科 (Methanomicrobiaceae)，為甲烷微菌目 (Methanomicrobiales) 的一員，與甲烷微菌屬 (*Methanogenium*) 的物種具有較高的親緣關係。其中與 *Methanogenium cariaci* JR1^T 的 16S rRNA 基因序列相似度為 94.9%。進一步的基因體相似性分析顯示，與甲烷微菌科其他成員的平均核苷酸相似度為 74.7-78.5%。平均胺基酸相似度範圍為 49.1-64.9%。雖然 CYW5^T 在形態學與生理特性上與甲烷微菌屬的物種相似，但其基因體 G+C 含量及生長溫度、鹽度與 pH 範圍均有顯著差異。因此，基於表現型、系統發育與基因體數據，CYW5^T 被定義為一個新屬與新種，並正命名為 *Methanovulcanius yangii* gen. nov., sp. nov. (Chien *et al.*, 2023)。

Methanooceanicella nereidis

CWC-04^T (= BCRC AR10050^T = NBRC 113165^T) 為一株中溫性、氫營養型的甲烷古菌，分離自台灣西南海域「KP-9 區域」所採集的重力岩心樣本 (gravity core) 沉積物。CWC-04^T 的細胞形態呈桿狀 (rod-shaped)，長 1.4-2.9 μm，寬 0.5-0.6 μm，單獨存在。該菌株可利用甲酸、H₂/CO₂、2- 丙醇與二氧化碳 (2-propanol/CO₂)、2- 丁醇與二氧化碳 (2-butanol/CO₂) 等基質進行產甲烷作用。CWC-04^T 的最佳生長條件為 42°C、NaCl 濃度 0.17 M、pH 5.35。其基因體 DNA 的 G+C 含量為 46.19 mol%。根據 16S rRNA 基因序列比對顯示，CWC-04^T 隸屬於 *Methanocella* 屬，並與以下已知物種的序列相似度分別為：*Methanocella arvoryzae* MRE50^T (93.7%)、*Methanocella paludicola* SANAE^T (93.0%)、*Methanocella conradii* HZ254^T (91.3%)。在進入晚對數生長期時，菌液的混濁度 (OD) 會急劇下降。此時以電子顯微鏡觀察，可在細胞表面及周圍發現直徑約 150 nm 的類病毒顆粒 (virus-like particles)，顯示 CWC-04^T 可能與前述 CYW4^T 類似，均攜帶有裂解性病毒。基於表現型、系統發育分析與基因體數據，CWC-04^T 被證實為甲烷絲菌科 (Methanocellaceae) 中的新屬與新種，並正式命名為 *Methanooceanicella nereidis* gen. nov., sp. nov. (Zhang *et al.*, 2024)。

Methanoculleus frigidifontis FWC-SCC1^T (= BCRC AR10056^T = NBRC 113993^T) 為一株中溫性、氫營養型的甲烷古菌，分離自台灣西南海域「四方合海脊」冷泉沉積物。細胞形態呈不規則球形，直徑約 0.8-1.2 μm，無運動能力。FWC-SCC1^T 極易被 0.01%

SDS 裂解，具有表層蛋白，分子量約 120 kDa。該菌可利用甲酸、H₂/CO₂ 作為產甲烷作用的基質，無法利用醇類或胺類基質，若添加乙酸則可促進生長。FWC-SCC1^T 最適生長溫度為 15-45°C (最佳 37°C)，pH 5.64-7.98 (最佳 pH 5.64)，NaCl 濃度需低於 1.17 M (最佳 0.085 M)。FWC-SCC1^T 基因體 DNA G+C 含量為 61.2 mol%，16S rRNA 基因序列與 *Methanoculleus taiwanensis* CYW4^T 相似度為 97.4 %。綜合表現型與系統發育特性，FWC-SCC1^T 應被歸類為 *Methanoculleus* 屬底下的新種，正式命名為 *Methanoculleus frigidifontis* sp. nov. (Lai *et al.*, 2024)。

Methanoculleus oceani CWC-02^T (= BCRC AR10055^T = NBRC 113992^T) 為一株中溫性、氫營養型的甲烷古菌，分離自台灣西南海域「好景海脊」的深海沉積物。其細胞形態呈不規則球形，直徑約 0.8-1.0 μm，無運動能力且極易被 0.01% SDS 裂解。該菌可利用甲酸、H₂/CO₂、2- 丙醇 + 二氧化碳 (2-propanol/CO₂)、2- 丁醇 + 二氧化碳 (2-butanol/CO₂) 作為產甲烷作用的基質，無法利用單純乙酸、醇類、異丁醇 + 二氧化碳 (iso-butanol/CO₂) 或胺類基質。CWC-02^T 的生長溫度為 20-45°C (最佳 37°C)，pH 5.78-8.07 (最佳 pH 6.86)，NaCl 濃度需低於 1.2 M (最佳 0.17 M)。CWC-02^T 基因體 DNA G+C 含量為 62.2 mol%，16S rRNA 基因序列與 *Methanoculleus marisnigri* JR1^T 相似度為 98.5 %。綜合表現型與系統發育特性，CWC-02^T 應被歸類為 *Methanoculleus* 屬底下的新種，正式命名為 *Methanoculleus oceani* sp. nov. (Lai *et al.*, 2024)。

Methanoculleus methanifontis FWC-SCC3^T (= BCRC AR10057^T = NBRC 113994^T) 為一株中溫性、氫營養型的甲烷古菌，分離自台灣西南海域「好景海脊」的冷泉沉積物。其細胞形態呈不規則球形，直徑約 1.2-1.8 μm，無運動能力且極易被 0.01% SDS 裂解，具有表層蛋白，分子量約 150 kDa。FWC-SCC3^T 可利用甲酸、H₂/CO₂ 作為產甲烷作用的基質，無法利用醇類或胺類基質。該菌株生長溫度為 20-45°C (最佳 37°C)，pH 6.0-8.2 (最佳 pH 7.0)，NaCl 濃度需低於 1.0 M (最佳 0.085 M)。FWC-SCC3T 基因體 DNA G+C 含量為 61.2 mol%，16S rRNA 基因序列與 *Methanoculleus horonobensis* T10^T 相似度為 98.4 %。綜合表現型與系統發育特性，FWC-SCC3^T 應被歸類為 *Methanoculleus* 屬底下的新種，正式命名為 *Methanoculleus methanifontis* sp. nov. (Lai et al., 2024)。

Methanoculleus nereidis YWC-01^T (= BCRC AR10060^T = NBRC 114597^T) 為一株中溫性、氫營養型的甲烷古菌，分離自台灣西南海域「南好景海脊 (South Good Weather Ridge)」海洋沉積物。其細胞形態呈不規則球形，直徑約 0.8-1.2 μm，無運動能力且極易被 0.01% SDS 裂解，具有表層蛋白，分子量約 106 kDa。YWC-01T 可利用甲酸、H₂/CO₂、2- 丙醇 + 二氧化碳、2- 丁醇 + 二氧化碳作為產甲烷作用的基質，無法利用單純乙酸、醇類、異丁醇 + 二氧化碳 (iso-butanol/CO₂) 或各級胺類等基質。酵母萃取物 (yeast extract) 為其生長所必需，而乙酸則可促進生長。菌株的生長溫度為 15-40°C (最

佳 37°C)，pH 5.5-8.5 (最佳 pH 6.0-6.5)，NaCl 濃度需低於 1.5 M (最佳 0.085 M)。YWC-01^T 基因體 DNA G+C 含量為 61.5 mol%，16S rRNA 基因序列與 *Methanoculleus marisnigri* JR1^T 相似度為 98.4 %。綜合表現型與系統發育特性，YWC-01^T 應被歸類為 *Methanoculleus* 屬底下的新種，正式命名為 *Methanoculleus nereidis* sp. nov. (Lai et al., 2024)。

Methanobacterium aridiramus CWC-01^T (= BCRC AR10053^T = NBRC 113991^T) 為一株中溫性、氫營養型的產甲烷古菌，分離自台灣西南海域「好景海脊」的活塞岩心 (piston core) 採樣所得的沉積物。其細胞形態呈桿狀，寬 0.4-0.5 μm，長 1.0-2.0 μm。CWC-01^T 可利用甲酸、H₂/CO₂ 作為產甲烷作用的基質，無法利用醇類、胺類等基質。該菌株的最佳生長溫度為 37°C、最適 pH 值為 6.3、最合適的 NaCl 濃度則為 0.043 M。胰蛋白胨 (tryptone) 可促進該菌生長，乙酸與酵母萃取物無促進作用。根據 16S rRNA 基因序列比對顯示，CWC-01^T 最接近 *Methanobacterium petrolearium* Mic5c12^T，相似度 96.63%。CWC-01^T 基因體大小為 1.98 Mb，是 *Methanobacterium* 屬中基因體最小的物種，其 DNA G+C 含量為 44.15 mol%。基於表現型、系統發育分析與基因體數據，CWC-01^T 應為 *Methanobacterium* 屬的一個新種，正式命名為 *Methanobacterium aridiramus* sp. nov. (Lee et al., 2025)。

台灣西南海域的產甲烷古菌多樣性研究顯示，深海微生物在全球碳循環與甲烷水合物形成、分解過程中扮演著至關重要的角色。這九株新種產甲烷古菌的發

現不僅擴展了我們對海底極端環境微生物生態系統的理解，也為研究甲烷水合物的穩定性、深海碳循環機制及潛在的氣候影響提供了寶貴資訊。

部分菌株 (如 *Methanoculleus taiwanensis* CYW4^T 與 *Methanooceanicella nereidis* CWC-04^T) 可能攜帶裂解性病毒，這表明海洋沉積環境中的病毒-微生物交互作用可能對甲烷產生與釋放具有重要影響。此外，*Methanobacterium aridiramus* 的極簡基因體也顯示，深海微生物可能經過長期演化，發展出極端適應性的代謝策略。未來可進一步探討：

1. 產甲烷古菌與裂解性病毒的交互作用，是否影響甲烷釋放速率？
2. 不同環境條件下的甲烷代謝調控機制，以評估深海微生物對氣候變遷的潛在影響。
3. 應用於生物能源開發，如利用甲烷古菌進行可再生能源生產。

透過這些研究，我們將能更全面地理解深海微生物生態系統，並評估其在全球變遷與能源開發中的潛在應用。

參考文獻

- Chen, SC. et al. 2015. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 65:2141-2147.
- Chien, HH. et al. 2023. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 73:006164.
- Lai, SJ. et al. 2024. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 74:006477.
- Lee, KY. et al. 2025. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 75:006658.
- Weng, CY. et al. 2015. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 65:1044-1049.
- Zhang, WL. et al. 2024. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 74:006322.

絲狀真菌新資源

生資中心 / 研究員
劉桂郁

真菌種類具有豐富的多樣性，廣泛應用於食品、農業、醫藥、化妝品及環保等產業。生資中心自 2021 至 2024 年公開 568 株真菌，其中 99.5% 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 118 屬 305 種，包含測試菌株 (表一)、生物防治潛力真菌 (表二)、內生真菌 (表三)、植物病原真菌 (表四)、植

物相關真菌 (表五) 以及昆蟲、空氣及土壤真菌 (表六)，菌種相關背景資料詳見生資中心生物資源線上目錄 (<https://catalog.bcrc.firdi.org.tw/>)。生資中心持續系統性收集台灣多樣化的真菌，穩定保存本土資源之遺傳特性及確保完整的追溯性，透過「生物資源銀行」之產業化服務體系，提供國內產學研優質的研發素材與測試比對的工具，支持產業之升級與創新。

表一、測試菌株新資源

測試項目	菌種學名 /BCRC 菌號
防黴試驗： 皮革、塑料、紡織品	<i>Byssochlamys spectabilis</i> 33864

表二、生物防治潛力真菌資源

應用潛力	真菌學名 (菌種株數)
植物病原防治	<i>Trichoderma afroharzianum</i> (5); <i>T. asperelloides</i> (3); <i>T. asperellum</i> (4); <i>T. breve</i> (1); <i>T. harzianum</i> (1); <i>T. pseudoasperelloides</i> (2); <i>T. reesei</i> (1); <i>T. subazureum</i> (1); <i>Trichoderma</i> sp. (23).
昆蟲防治	<i>Akanthomyces araneicola</i> (2); <i>A. waltergamsii</i> (1); <i>Beauveria australis</i> (4); <i>B. bassiana</i> (27); <i>B. brongniartii</i> (1); <i>B. caledonica</i> (1); <i>B. lii</i> (1); <i>B. malawiensis</i> (3); <i>B. pseudobassiana</i> (3); <i>B. scarabaeidicola</i> (6); <i>Clonostachys rogersoniana</i> (2); <i>Cordyceps amoene-rosea</i> (1); <i>Co. blackwelliae</i> (5); <i>Co. cateniannulata</i> (1); <i>Co. cateniobliqua</i> (3); <i>Co. coleopterorum</i> (1); <i>Co. farinosa</i> (5); <i>Co. fumosorosea</i> (3); <i>Co. militaris</i> (1); <i>Co. qingchengensis</i> (1); <i>Co. sandindaengensis</i> (2); <i>Co. tenuipes</i> (6); <i>Isaria cicadae</i> (2); <i>Metarhizium anisopliae</i> (4); <i>M. blattodeae</i> (2); <i>M. brunneum</i> (1); <i>M. koreanum</i> (3); <i>M. owariense</i> (3); <i>M. pemphigi</i> (1); <i>M. pinghaense</i> (2); <i>M. pingshaense</i> (2); <i>M. rileyi</i> (1); <i>M. viridulum</i> (1); <i>Metarhizium</i> sp. (1); <i>Pleurodesmospora acaricola</i> * (1); <i>Polycephalomycetes formosus</i> (1); <i>Po. ramosus</i> (1); <i>Purpureocillium atypicola</i> (1); <i>Pur. lilacinum</i> (5); <i>Samsoniella cardinalis</i> (7); <i>S. coccinellidicola</i> (2); <i>S. hepiali</i> (4); <i>Samsoniella</i> sp. (2); <i>Tolypocladium cylindrosporum</i> (1).

* 本土資源之新種。

表三、內生真菌新資源

分離來源	真菌學名 (菌種株數)
沉香木	<i>Ascobolus</i> sp. (1); <i>Aspergillus sydowii</i> (1); <i>Daldinia eschscholtzii</i> (1); <i>Fusarium falciforme</i> (1); <i>F. solani</i> (3); <i>Hypoxylon investiens</i> (1); <i>Lasiodiplodia theobromae</i> (2); <i>Lentinus squarrosulus</i> (1); <i>Nemania diffusa</i> (1); <i>Penicillium herquei</i> (1); <i>Phaeoacremonium parasiticum</i> (1); <i>Ph. rubrigenum</i> (1); <i>Pseudopithomyces chartarum</i> (1); <i>Xylaria cubensis</i> (1); <i>X. curta</i> (1).
山區植物 (杉木、台灣肖楠、紅檜、白杜鵑、台灣杜鵑等)	<i>Beltraniella portoricensis</i> (1); <i>Cladosporium cladosporioides species complex</i> (1); <i>Colletotrichum schimae</i> (1); <i>Fonsecaea minima</i> (1); <i>Guignardia alliacea</i> (1); <i>Hypomontagnella monticulosa</i> (1); <i>Induratia</i> sp. (1); <i>Kabatina mahoniae</i> (1); <i>Nemania abortiva</i> (1); <i>N. bipapillata</i> (1); <i>N. diffusa</i> (2); <i>Nemania</i> sp. (1); <i>Pezicula neosporulosa</i> (1); <i>Xylaria arbuscula</i> (1); <i>X. cubensis</i> (1); <i>X. intracolorata</i> (1).

表四、植物病原真菌新資源

分離來源	真菌學名 (菌種株數)
葡萄	<i>Colletotrichum tropicale</i> (1); <i>Colletotrichum viniferum</i> (5).
仙草	<i>Cercospora kikuchii</i> (1); <i>Pseudocercospora xiancao</i> * (1); <i>Corynespora cassicola</i> (1).
仙丹花	<i>Diaporthe taiwanensis</i> (1); <i>Pseudopestalotiopsis ixorae</i> (1); <i>Pseudopestalotiopsis taiwanensis</i> (1).
紅龍果	<i>Fusarium dimerum</i> (1); <i>F. oxysporum</i> (4); <i>F. pernambucanum</i> (2); <i>Gilbertella persicaria</i> (2).
草莓	<i>Colletotrichum boninense</i> (1); <i>C. fructicola</i> (1); <i>Colletotrichum miaoliense</i> * (1); <i>C. siamense</i> (1); <i>Gilbertella persicaria</i> (1).
芒果	<i>Colletotrichum asianum</i> (9); <i>C. fructicola</i> (4); <i>C. siamense</i> (4); <i>C. sloanei</i> (1); <i>C. tropicale</i> (1); <i>Neofusicoccum parvum</i> (1).
酪梨	<i>Colletotrichum eriobotryae</i> (1); <i>C. fructicola</i> (3); <i>C. siamense</i> (5); <i>C. tropicale</i> (2); <i>Lasiodiplodia pseudotheobromae</i> (4); <i>L. theobromae</i> (9).
蓮霧	<i>Calonectria</i> sp. (2); <i>Colletotrichum acutatum species complex</i> (6); <i>C. fructicola</i> (2); <i>C. nymphaeae</i> (1); <i>C. siamense</i> (2); <i>C. syzygiicola</i> (1); <i>C. tropicale</i> (2); <i>Lasiodiplodia pseudotheobromae</i> (1).
茶樹	<i>Alloconiothyrium camelliae</i> (1); <i>Amorocoelophoma camelliae</i> (1); <i>Diaporthe apiculata</i> (1); <i>D. hongkongensis</i> (1); <i>D. hsinchuensis</i> (1); <i>D. passiflorae</i> (1); <i>D. perseae</i> (1); <i>D. tulliensis</i> (1); <i>Leucaenicola camelliae</i> (1); <i>L. taiwanensis</i> (1); <i>Neopestalotiopsis</i> sp. (3); <i>Neoshiraia camelliae</i> (1); <i>N. taiwanensis</i> (1); <i>Paraphaeosphaeria camelliae</i> (1); <i>Pestalotiopsis camelliae</i> (1); <i>Pe. trachicarpicola</i> (1); <i>Pe. yanglingensis</i> (1); <i>Pseudopestalotiopsis camelliae-sinensis</i> (1); <i>Ps. chinensis</i> (2); <i>Ps. theae</i> (1).
其他 (水稻、馬鈴薯、向日葵、大豆、木瓜、百香果、梨樹、枸杞、甜椒、印度棗、無花果、油菜、芥藍、蝴蝶蘭等 31 種植物)	<i>Athelia rolfsii</i> (1); <i>Botrytis cinerea</i> (1); <i>Ceratobasidium setariae</i> (1); <i>Cercospora ipomoeae-pedis-caprae</i> (1); <i>Colletotrichum fructicola</i> (1); <i>C. gloeosporioides</i> (1); <i>C. siamense</i> (1); <i>C. theobromicola</i> (1); <i>C. tropicale</i> (1); <i>Diaporthe amygdali species complex</i> (1); <i>D. tulliensis</i> (2); <i>Fusarium equiseti</i> (1); <i>F. nirenbergiae</i> (3); <i>F. oxysporum</i> f. sp. <i>koae</i> (1); <i>F. oxysporum</i> f. sp. <i>rapae</i> (2); <i>F. solani species complex</i> (3); <i>Gilbertella persicaria</i> (1); <i>Gonatophragmium mori</i> (1); <i>Lasiodiplodia theobromae</i> (1); <i>Lasiodiplodia theobromae species complex</i> (1); <i>Leucaenicola osmanthi</i> (1); <i>Macrophomina phaseolina</i> (1); <i>Mycosphaerella heimii</i> (1); <i>Pseudocercospora ampelopsidis</i> (1); <i>P. atromarginalis</i> (1); <i>P. camptothecae</i> (1); <i>P. jamaicensis</i> (1); <i>P. pyricola</i> (1); <i>P. rhoicola</i> (1); <i>Pseudopestalotiopsis camelliae-sinensis</i> (1); <i>Septoria dearnessii</i> (1); <i>Thanatephorus pendulus</i> (1); <i>Thanatephorus</i> sp. (1); <i>Zasmidium strelitziae</i> (1).

* 本土資源之新種。

表五、植物相關真菌新資源

分離來源	真菌學名 (菌種株數)
水稻種子	<i>Achroiostachys aurantisporea</i> (1); <i>Bionectria pseudostriata</i> (1); <i>Chaetomium globosum</i> (1); <i>Ch. undulatum</i> (1); <i>Cladosporium tenuissimum</i> (1); <i>Colletotrichum fructicola</i> (1); <i>C. plurivorum</i> (1); <i>Creosphaeria sassafras</i> (1); <i>Curvularia aerea</i> (1); <i>Cu. beasleyi</i> (2); <i>Cu. dactylocteniacola</i> (2); <i>Cu. geniculata</i> (3); <i>Cu. muehlenbeckia</i> (1); <i>Curvularia</i> sp. (1); <i>Daldinia eschscholtzii</i> (1); <i>Diaporthe arengae</i> (1); <i>Epicoccum sorghinum</i> (1); <i>Fusarium asiaticum</i> (1); <i>F. fujikuroi</i> (1); <i>F. longipes</i> (1); <i>F. oxysporum</i> (1); <i>F. proliferatum</i> (1); <i>F. spinosum</i> (1); <i>F. tanahbumbuense</i> (1); <i>Hypoxydon</i> sp. (2); <i>Lasiodiplodia theobromae</i> (1); <i>Microdochium albescens</i> (3); <i>Mi. fisheri</i> (5); <i>Mi. poae</i> (1); <i>Nigrospora sphaerica</i> (1); <i>Nodulisporium</i> sp. (1); <i>Oedocephalum</i> sp. (1); <i>Nemania</i> sp. (1); <i>Penicillium oxalicum</i> (1); <i>Pestalotiopsis oryzae</i> (1); <i>Phaeosphaeria oryzae</i> (1); <i>Phaeotrichoconis crotalariae</i> (1); <i>Pseudopestalotiopsis</i> cf. <i>myanmarina</i> (1); <i>Pseudopithomyces sacchari</i> (1); <i>Pyrenochaetopsis indica</i> (1); <i>Rhizopus microsporus</i> (1); <i>Setophoma</i> sp. (1); <i>Trichoconiella padwickii</i> (1); <i>Xylaria arbuscula</i> (1); <i>X. badia</i> (1); <i>X. curta</i> (2); <i>X. papulis</i> (1); <i>Xylaria</i> sp. (1).

分離來源	真菌學名 (菌種株數)
枯枝腐葉	<i>Arecophila miscanthi</i> (1); <i>Beltraniella portoricensis</i> (1); <i>Cladosporium cycadicola</i> (1); <i>Clonostachys rosea</i> (2); <i>Fusarium avenaceum species complex</i> (1); <i>F. graminearum</i> (1); <i>F. ipomoeae</i> (1); <i>Gliomastix masseei</i> (1); <i>G. roseogrisea</i> (1); <i>Kwanghwana miscanthi</i> * (1); <i>Lachnum oncospermatum</i> (1); <i>Lachnum sp.</i> (1); <i>Memnoniella pseudodichroa</i> (2); <i>Microscypha sp.</i> (1); <i>Neodeightonia pinangae</i> (1); <i>Neodevriesia sexualis</i> (1); <i>Neorousoella alishanensis</i> (1); <i>Orbilia oligospora</i> (1); <i>Phaeochloridium geniculatum</i> (1); <i>Pseudopestalotiopsis formosana</i> * (1); <i>Stagonospora caricinella</i> (1); <i>Volutella citrinella</i> (2); <i>Xylaria aethiopica</i> * (1); <i>Xylolentia simplex</i> * (2).
木頭	<i>Apophysomyces variabilis</i> (1); <i>Canalisporium kenyense</i> (2); <i>Canalisporium paulopallidum</i> * (1); <i>Ca. pulchrum</i> (1); <i>Exserticlava globosa</i> (1); <i>E. vasiformis</i> (1); <i>Gamsomyces stilboideus</i> (1); <i>Grosmannia bistata</i> (1); <i>Hermatomyces sphaericus</i> (1); <i>Ophiostoma floccosum</i> (1); <i>O. pluriannulatum</i> (3); <i>O. quercus</i> (3); <i>Synnemacrodictys stilboidea</i> (1); <i>Torula gaodangensis</i> (1); <i>Vanakripa oblonga</i> * (1); <i>Vanakripa taiwanensis</i> (1); <i>V. taiwanensis</i> * (1); <i>Wenhsuisporus taiwanensis</i> * (2).
其他植物 (紅豆、咖啡、楓香樹、水稻、台灣二葉松等 43 種植物)	<i>Apiospora malaysiana</i> (1); <i>Arthrimum hydei</i> (1); <i>Aspergillus brunneoviolaceus</i> (1); <i>A. creber</i> (1); <i>A. spinosus</i> (1); <i>A. unguis</i> (1); <i>Bipolaris bicolor</i> (1); <i>Bi. euphorbiae</i> (1); <i>Bi. sorokiniana</i> (1); <i>Ceratobasidium cornigerum</i> (1); <i>Ceratobasidium sp.</i> (3); <i>Cercospora janseana</i> (1); <i>Cer. wedeliicola</i> (1); <i>Colletotrichum camelliae</i> (1); <i>Creosphaeria coffeicola</i> (1); <i>Eremothecium gossypii</i> (1); <i>Fusarium ipomoeae</i> (1); <i>Lasioidiplodia theobromae species complex</i> (1); <i>Moelleriella raciborskii</i> (1); <i>Morchella sextelata</i> (1); <i>Myriodontium keratinophilum</i> (1); <i>Neorousoella alishanensis</i> (1); <i>Paramyrothecium roridum</i> (1); <i>Passalora rhoina</i> (1); <i>Periconia atra</i> (1); <i>Pestalotiopsis trachicarpicola</i> (1); <i>Pezicula ericae</i> (1); <i>Pseudocercospora borreriae</i> (1); <i>P. brachypus</i> (1); <i>P. canavaliigena</i> (1); <i>P. cassiae-fistulae</i> (1); <i>P. chionanthi-retusi</i> (1); <i>P. clematidis</i> (1); <i>P. diospyricola</i> (1); <i>P. eriobotryae</i> (1); <i>P. formosana</i> (1); <i>P. griseola</i> (1); <i>P. jahnii</i> (1); <i>P. lagerstroemiigena</i> (1); <i>P. ligustri</i> (1); <i>P. liquidambaricola</i> (2); <i>P. lythracearum</i> (1); <i>P. ocellata</i> (1); <i>P. osmanthi-asiatici</i> (1); <i>P. oxalidis</i> (1); <i>P. perrottetiae</i> (1); <i>P. pruni-yedoensis</i> (1); <i>P. rhinacanthi</i> (1); <i>P. sapii-sebiferi</i> (1); <i>P. stachyurina</i> (1); <i>P. timorensis</i> (1); <i>P. zanthoxyli</i> (1); <i>Pseudopithomyces sacchari</i> (1); <i>Ramularia anomala</i> (1); <i>Stachybotrys microspora</i> (1); <i>Thanatephorus sp.</i> (3); <i>Waitea circinata</i> var. <i>agrostis</i> (1); <i>Xenoanthostomella cycadis</i> (1).

* 本土資源之新種。

表六、昆蟲、空氣及土壤真菌新資源

分離來源	真菌學名 (菌種株數)
大紅姬緣蝽真菌	<i>Eremothecium gossypii</i> (2)
咖啡果小蠹體表真菌	<i>Albonectria rigidiuscula</i> (1); <i>Fusarium bostrycoides</i> (2); <i>F. cassiae</i> (1); <i>F. concentricum</i> (1); <i>F. diminutum</i> (1); <i>F. lateritium</i> (1); <i>F. macrosporum</i> (1); <i>F. mangiferae</i> (1); <i>F. metavorans</i> (3); <i>F. parceramosum</i> (1); <i>F. pseudocircinatum</i> (2); <i>F. spathulatum</i> (1); <i>F. stilboides</i> (1); <i>F. sulawesiense</i> (1).
空氣真菌	<i>Aspergillus fumigatus</i> (1); <i>Cladosporium cladosporioides species complex</i> (1); <i>Cladosporium sphaerospermum</i> (1); <i>Penicillium steckii</i> (1); <i>Sarocladium terricola</i> (1).
土壤真菌	<i>Arthrobotrys musiformis</i> (1); <i>Ceratobasidium cornigerum</i> (1); <i>Ceratobasidium sp.</i> (5); <i>Waitea circinata</i> var. <i>zeae</i> (1).

台灣球托黴屬新穎性菌種 – *Gongronella fusoacuminata*

生資中心 / 副研究員
魏育慧

一、前言

植物根圈土壤真菌 (rhizosphere fungi) 在植物健康與土壤生態中扮演關鍵的角色，其多樣性與功能一直是微生物生態學研究的重要議題。本文介紹首次發現於台灣的球托黴屬 (*Gongronella*) 真菌新穎性菌種 — *Gongronella fusoacuminata*。我們的研究團隊以 rDNA 的 ITS 與 LSU 序列進行系統發育演化分析，不僅揭示該菌種在系統發育上的獨特地位，同時也呈現該菌與屬內其他菌種的類緣關係。本文亦整理球托黴屬真菌的分類學研究進展並簡述該菌種應用潛力的相關研究。

二、介紹

球托黴屬真菌隸屬於毛黴目，是一類主要分佈於土壤的真菌。陸續有研究證實球托黴屬真菌具有多元的應用潛力。巴氏球托黴 (*G. butleri*) 是球托黴屬的重要成員，已被證明能夠產生大量的幾丁聚醣，是研究商業量產幾丁聚醣的重要菌種之一；且與從蝦蟹殼和魷魚骨板中獲得的幾丁聚醣製備的支架相比，其產生之真菌幾丁聚醣在生物醫學領域展現出優良的應用潛力 (Crognale *et al.*, 2022)。Santos 等人的研究則發現，在小麥麩皮上培養 *G. butleri*，可以獲得一種 β -葡萄糖苷酶，該酶在含有高達 20% 酒精的溶液中也能保持高催化活性，

可被應用於如飲料和生物燃料的生產等高酒精濃度的工業產程。此外，該 β -葡萄糖苷酶在各種 pH 值和溫度下都仍具有活性，更增加其潛在的工業應用價值。此外，使用多種農、工業殘渣作為固態發酵的基質進行測試，培養 *G. butleri*。結果顯示 *G. butleri* 可以利用低成本的農、工業殘渣作為生產澱粉酶的基質，有望大大降低生產成本，使其更具工業應用價值。且其所產生的澱粉酶在 55 °C 時具有最佳活性，而許多工業產程需要在較高溫度下進行，這項特質對工業生產非常有利 (Crognale *et al.*, 2022)。在製藥工業上，球托黴屬真菌在類固醇藥物的生物轉化方面展現出應用潛力，可望協助開發更好的藥物，提高療效同時減少副作用。而在環境保護方面，球托黴屬菌株 WICC F60 明確表現出對低密度聚乙烯塑料的分解能力 (Dailin *et al.*, 2024)；而 *G. eborensis* 菌株能夠耐受高濃度的醃胺類殺菌劑滅達樂 (Metalaxyl)，並將其作為碳源和能量來源進行分解 (Martins *et al.*, 2020)；若能推動其在環境保護和廢棄物處理中的實際應用，將可符合全球減少塑料污染、維護生態平衡的永續目標。球托黴屬的知名菌株 w5，具有植物內生真菌的特質，可以穿透並侵入奇異果的根細胞，並可分泌有機酸來溶解土壤中的磷酸鹽，提高植物的磷吸收效率，促進植物生長，

使株高和根系面積顯著增加。此外，w5 可誘導真菌 *Panus rudis* 和 *Coprinosia cinerea* 產生漆酶及蔗糖水解酶 (Wang *et al.*, 2024)。

球托黴屬真菌由學者 Ribaldi 在 1952 年建立，屬內最初僅有一個菌種 — *G. urceolifera*，該菌形態與 *Absidia* 真菌相似，但可以明顯膨大的囊托及發展未完全的或是退化較小的囊軸來區分。三年後，基於其特徵性的囊托，*Absidia butleri* 被轉入 *Gongronella* 屬，成為 *G. butleri*。同時，模式種 *G. urceolifera* 被確定與 *G. butleri* 同種異名，而歸入 *G. butleri*。後來，新成員 *G. lacrispora* 以其環狀孢子囊柄和水滴形的孢囊孢子為特徵，被描述在此屬中。此後數十年來，該屬菌種數目一直停滯不前，直到 2015 年才再度有新菌種被發現，此後，越來越多個新菌種開始逐漸加入球托黴屬內 (Wei *et al.*, 2024)。

傳統上，球托黴屬菌種主要根據其形態特徵來辨識與分類。然而，物種間高度相似的形態特徵使得分類與鑑定變得複雜。目前，球托黴屬的分類則同時仰賴結合分子系統發育演化分析與傳統形態特徵的整合方法。將分子系統發育學融入真菌分類學中，對於球托黴屬菌種的鑑定和納入越來越多的屬內新菌種具有至關重要的影響 (Wei *et al.*, 2024; Wang *et al.*, 2024)。

rDNA ITS 區域片段已被推薦作為鑑定真菌物種的通用 DNA 條碼，並在多項研究中被證實可有效區分毛黴目菌種。然而，由於 ITS 區域片段在毛黴目菌種存有高度的變異性，使其菌種間的序列比對可能具有挑戰性，也因此不一定能夠準確區分近親菌種。此外，由於毛黴目菌株的基

因組複雜，且其他基因位點的參考序列缺漏等限制，毛黴目的分類研究通常依賴單一基因位點，通常是單獨使用 ITS 基因片段序列或與 LSU 基因片段序列結合使用進行鑑定判別 (Martins *et al.*, 2020)。

球托黴屬菌種的系統發育研究最初是使用 rDNA 的 ITS 區域片段。值得注意的是，Zhang 等學者首次將 ITS 與 LSU 序列結合，以全面評估球托黴屬內菌種的類緣關係。也因為球托黴屬內的許多菌種缺乏其他基因位點的參考序列。因此，目前主要還是利用 ITS 和 LSU 區域的 DNA 序列來對球托黴屬內菌種進行分類鑑定 (Martins *et al.*, 2020)。

根圈土壤是與植物根部相鄰的土壤區域，是多樣且豐富的微生物群落的熱點，對於維持陸生植物的健康及促進土壤生態系統的永續性至關重要。本研究從台灣的松樹與錦葵植株的根圈土壤中分離出三株球托黴屬真菌菌種，利用 ITS 與 LSU 序列來檢

測新發現的球托黴屬菌株的系統發育關係。系統發育分析結果顯示新發現的菌株在球托黴屬中形成一個獨特的亞支系，與 *G. lacrispora* 有相對密切的親緣關係，因此支持將其定義為一個球托黴屬新種。從形態上看，新發現菌種的孢囊孢子呈紡錘形，兩端尖銳，可與其他所有的球托黴屬菌種區別開來。系統發育演化分析與形態特徵均證實這三株菌株可歸類為一個新種，我們將其命名為 *G. fusoacuminata* (Wei *et al.*, 2024)。

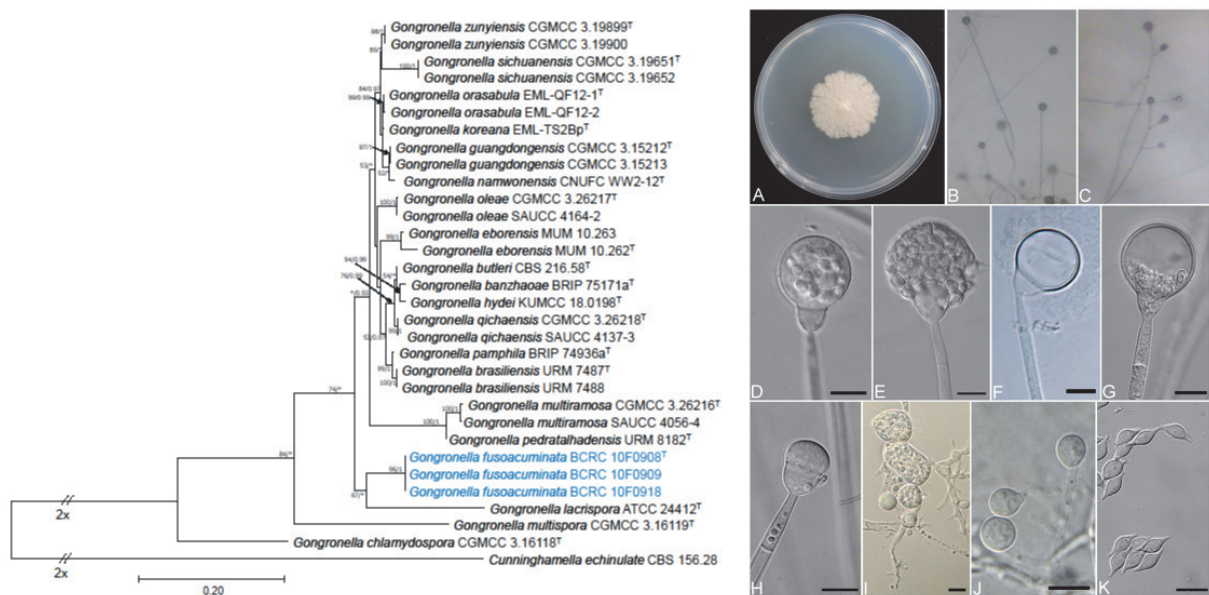
三、*Gongronella fusoacuminata* 類緣分析與形態研究

(一) 系統發育演化分析

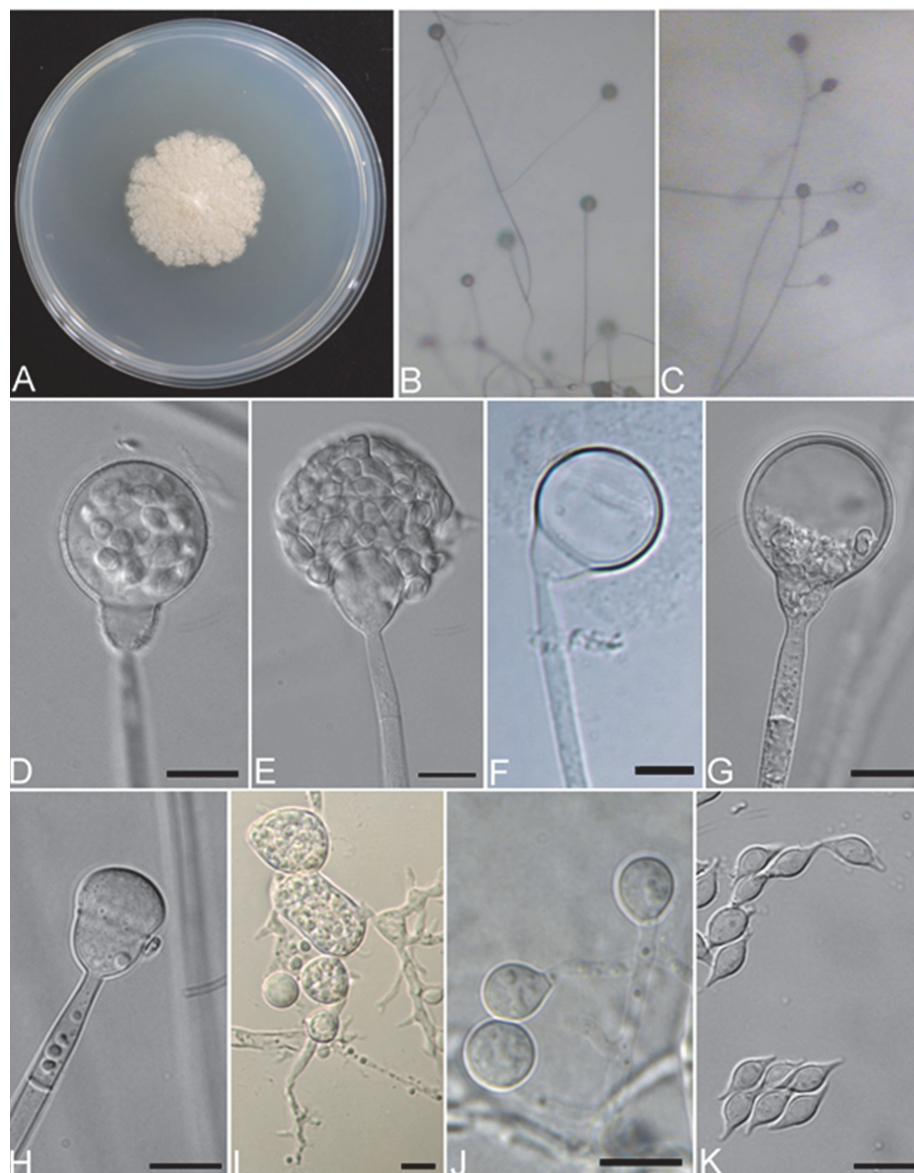
根據 ITS 和 LSU 兩個基因位點的序列數據，推斷新種與其他 *Gongronella* 菌種的系統發育類緣關係。序列矩陣包括 *Gongronella* 新種的三株菌株，以及球托黴屬真菌的 28 株菌，並選擇 *Cunninghamella echinulata* CBS

156.28 為外群進行系統發育比較 (圖一)。

在 ML 樹中，新種 *G. fusoacuminata* 的三個分離株分支以高支援可信度會聚為同一分支。此外，*G. fusoacuminata* 與 *G. lacrispora* 分支則以中等可信度，顯示後者是本分析中最接近 *G. fusoacuminata* 的物種。雖然 ML 與 BI 方法的整體拓模分析結果大致相同。然而，在 BI 分析樹中，*G. fusoacuminata* 並未與 *G. lacrispora* 匯聚在一起，顯示兩種系統發育發生分析方法在此特定節點上缺乏一致性。*G. fusoacuminata* 在遺傳學上與同屬的其他菌種有明顯的差異，因此支持將其歸類為新菌種。在形態上，*G. fusoacuminata* 的特徵是其紡錘形的孢囊孢子，且兩端有尖銳的尖點，而且體積相對較大，這些特徵與該屬內所有其他有形態特徵記錄的菌種不同。而 *G. lacrispora* 的孢囊孢子呈水滴形，其孢子囊所著生的孢子囊柄則呈環狀至圓形排列 (Wei *et al.*, 2024)。



圖一、(左)使用 Maximum Likelihood 分析法，由 ITS 與 LSU rDNA 序列串聯建構之球托黴屬內菌種及台灣球托黴新種 *Gongronella fusoacuminata* 之 Maximum Likelihood 系統發育樹；(右) *G. fusoacuminata* 之形態圖。(Wei *et al.*, 2024)



圖二、*Gongronella fusoacuminata* BCRC 10F0908。A. PDA 上的菌落。B, C. 孢子囊的分枝模式。D, E. 孢子囊。F, G. 不孕孢子囊。H. 中柱。I. 巨細胞。J. 厚壁孢子。K. 孢囊孢子。比例尺 = 10 μm 。照片：A, F, I, J by Y.-H. Wei; B-E, G-H, K by C.-C. Chen.

(二) 形態分類

Gongronella fusoacuminata
Y.-H. Wei & S.-S. Tzean, *sp. nov.*
Mycobank MB856263

詞源：'*fusoacuminata*' 的命名源來自拉丁文 *fusus* (紡錘) 和 *acuminatus* (尖的)，指的是該菌的孢囊孢子呈紡錘形，且兩端有尖銳的尖點。

形態鑑定依據：*G. fusoacuminata* 可藉由其獨特的紡錘形、

兩端尖銳且相對較大的孢囊孢子，來與本屬的其他菌種區分。(圖一)

形態：在 PDA 上，於 25°C 黑暗處放置 7 天，產生直徑達 23–34 mm，邊緣不規則，質地如天鵝絨之白色菌落。孢子囊生長在氣生的菌絲體上，直立或稍彎曲，不分枝或單側分枝。不孕性孢子囊豐富，透明、平滑、球狀。可孕孢子囊透明、球形、壁光滑，成熟後潮解狀釋出孢囊孢子。透

明的孢囊孢子外壁光滑，紡錘形，兩端尖銳。厚壁孢子豐富，外壁平滑透明球狀。巨細胞豐富，透明，常具小油滴；不規則，有時具線狀突起，或球形至近球形。無假根 (Wei *et al.*, 2024)。

四、討論

台灣球托黴屬新菌種 *G. fusoacuminata* 具有相當特殊的分子和形態學特性，從形態特徵與系統演化分析數據均強烈支持將其分類為新種。從形態學上看，*G. fusoacuminata* 在已記錄的球托黴屬菌種中是獨特的，因為它的孢囊孢子呈紡錘形，兩端尖銳，而且孢囊孢子相對較大。雖然目前還沒有 *G. banzhaoae* 的形態資料，但是系統發育演化分析清楚地將 *G. fusoacuminata* 與其區分開來。

目前為止，加入這個新種後，球托黴屬真菌的菌種總數已增加到 26 種 (Wei *et al.*, 2024; Wang *et al.*, 2024)。這項研究發現的成果增進了我們對球托黴屬真菌分類學的瞭解，同時也為根圈土壤生態系統中真菌的物種多樣性提供了寶貴的知識。

五、參考文獻

- Crognale, S. *et al.* 2022. Fermentation 8: 76.
Dailin, DJ. *et al.* 2024. Bioprocessing and Biomass Technology, 3(1):21-25.
Martins, MR. *et al.* 2020. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 70:3475–3482.
Wang, YX. *et al.* 2024. MycoKeys 110:287–317.
Wei, Y.-H. *et al.* 2024. Phytotaxa 678:185-92.

水晶蘭與阿里山水晶蘭的共生夥伴

生資中心 / 研究員 林宛柔

東海大學生命科學系 / 博士候選人 劉人丞

植物是自然界中重要的生產者，普遍被認為是自營生物。這些植物最明顯的共同特徵點在於葉片呈現綠色，這是由於葉綠素的存在。植物通過葉綠體行光合作用，將二氧化碳和水轉化為有機碳源，從而獲取能量促進生長。然而，自然界中並非所有植物以此做為唯一獲取碳源的方式。有一類特殊的植物，它們失去行光合作用的能力，無法自行合成所需碳源，如同人類，需要依賴外部食物來獲取相關養份，這類植物被稱為「異營性植物」。

異營性植物有兩種獲取碳水化合物途徑：一是通過特殊吸器 (haustorium) 直接從寄主植物獲取營養，為寄生性植物，如菟絲子和蛇菰；二是透過與真菌共生，獲得碳源、水分與營養，如蘭花。這類依賴真菌的植物被稱為「真菌異營性植物」 (Mycoheterotrophic plant, MHP) (Leake, 1994)。真菌異營性植物依其生命週期中對菌根菌依賴性之差異，分為初始 (initial)、部分 (partial) 和完全 (full) 三種類群。完全真菌異營性植物從種子萌芽到開花結果的整個生命週期中都需要真菌夥伴，它們與菌根真菌有緊密的共生關係。完全真菌異營性植物分布於南極洲以外的五大洲，約有 17 科 580 種。它們大多偏好生長於潮濕的森林。雖然它們分布廣泛，但想要在野外尋覓它們的蹤跡，實則不易，除非對於它們的生活史有所瞭解。因為大多的

時候，它們隱匿在土壤中，只在特定的時間出土生長，這才有機會讓我們看見它們。

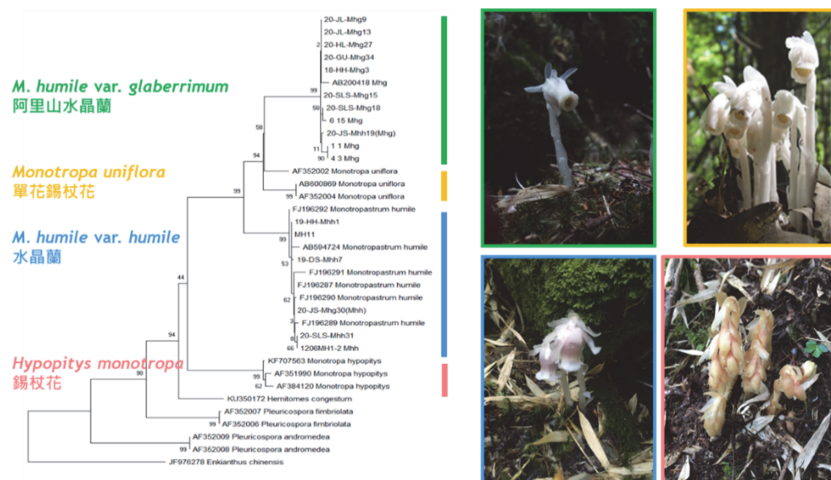
目前有許多種類完全真菌異營性植物的研究表明，它們共生的真菌具有菌屬或菌科之高度專一性，這個現象被認為是真菌異營性植物選擇最佳共生夥伴的結果。菌根真菌與異營性植物長期的依賴共生，形成特異性的共生關係。不同種類的真菌異營性植物，有各自的共生真菌夥伴，有助於避免彼此競爭相同的菌根真菌夥伴。由於兩者間的高度互相依賴，菌根菌的適應性和專一性可能影響真菌異營性植物的多樣化或種化。因此，共生真菌的轉移被視為完全真菌異營性植物種化的重要推手 (Jacquemyn *et al.* 2023)。

杜鵑花科的水晶蘭亞科 (Monotropoideae) 植物分布於北半球，包含 15 個物種，皆為完全真菌異營性植物。水晶蘭亞科中的成員皆與特定菌屬或菌科的真菌共生。例如，*Pityopus californicus* 和錫杖花 (*Hypopitys monotropa*) 與口蘑屬 *Tricholoma* 真菌共生，*Sarcodes sanguinea* 和 *Pterospora andromedea* 與鬚腹菌屬 *Rhizopogon* 真菌共生，單花錫杖花 (*Monotropa uniflora*) 和水晶蘭 (*Monotropastrum humile*) 與紅菇科 Russulaceae 真菌共生。親緣關係相近的水晶蘭亞科植物成員，有相似的共生菌屬或菌科偏好，成員和其共生之外生菌根真菌間具有系統發育一致性，顯

示這些水晶蘭亞科植物的共生真菌選擇是受到植物親緣關係所調控。此外，共生真菌的選擇亦受環境影響，例如分布在北美的錫杖花之共生真菌有別於分布於東亞的錫杖花。這說明水晶蘭亞科植物與其共生真菌之間存在複雜的關係，其共生真菌的選擇受到演化的影響以及環境的調控。

親緣關係相近且共棲的真菌異營性植物是測試它們對真菌夥伴偏好或選擇的理想模型。然而，親緣關係相近的真菌異營性植物鮮少出現於同一環境中。在台灣有水晶蘭 (*Monotropastrum humile* var. *humile*, Mhh) 和阿里山水晶蘭 (*Monotropastrum humile* var. *glaberrimum*, Mhg)，常見於海拔 1,000 至 3,000 公尺的森林。在有水晶蘭的棲地，經常也能見到阿里山水晶蘭。兩者外觀十分相似，莖單一不分枝，直立，高約 7 至 20 公分。花單生於莖頂，白色或粉紅色。葉大多退化成鱗片狀，互生或螺旋排列，花季為 2 至 5 月。

前人報告指出水晶蘭與紅菇科真菌共生，阿里山水晶蘭與革菌科 (Thelephoraceae) 真菌共生。水晶蘭與阿里山水晶蘭分別與不同科的真菌共生，是水晶蘭亞科植物中的例外。共生真菌之轉變可能與阿里山水晶蘭之種化相關。然而，上述報告只建立於一個樣點的兩個植物樣本，可能忽略了共生關係的複雜度。此外，這兩類植物的分類仍存有爭議 (Tsukaya *et al.* 2008)。儘管如此，它們提供了一個很好的模型來測試共棲且親緣相近的真菌異營性植物在共生菌相上的選擇。我們的研究調查在同域與異域下的兩個 *Monotropastrum humile* 分類群共生真菌群落組成 (Liu *et al.* 2024)。



圖一、以 ITS 序列建構之水晶蘭系統發育樹。

在開花季節，從台灣北部至南部收集同域與異域之水晶蘭和阿里山水晶蘭樣本，利用形態鑑定與 ITS 序列鑑定兩種水晶蘭。此外，萃取兩種水晶蘭菌根之 DNA，以真菌專一性引子對增幅共生真菌之 ITS1 區域，透過 Illumina MiSeq 高通量定序平台解序，分析共生真菌多樣性與群落結構。

研究結果顯示水晶蘭與阿里山水晶蘭分別與 13 與 15 屬的真菌共生，二者偏好的優勢菌屬有別，水晶蘭以紅菇屬 (*Russula*) 真菌為優勢共生菌，阿里山水晶蘭則偏好乳菇屬 (*Lactarius*) 真菌 (Liu *et al.* 2024)。此外，我們更比較了各地區阿里山水晶蘭的共生真菌，發現無論是哪一個地區之阿里山水晶蘭根團中，皆以乳菇屬為優勢菌屬 (Liu *et al.* 2024)。而各地區的水晶蘭，皆

以紅菇屬為優勢共生菌屬 (Liu *et al.* 2024)。異域下的兩種水晶蘭的優勢共生菌屬不改變，暗示無論是水晶蘭或阿里山水晶蘭，它們與真菌間共生關係的專一性，可能具有演化上的專一性 (evolutionary specificity)。

此外，我們還發現了一些非紅菇科共生真菌，如 *Sebacina*、*Chloridium*、*Elaphomyces* 和 *Thelephora* (Liu *et al.* 2024)。這些非紅菇科之共生真菌僅在少數之水晶蘭或阿里山水晶蘭樣本中發現，他們不是優勢共生真菌。紅菇科真菌可能在競爭中勝過其他真菌或被宿主優先選擇，佔據優勢，而其他真菌則相反 (Liu *et al.* 2024)。

以優勢的共生真菌來看，在兩種水晶蘭共棲之環境下，水晶蘭與阿里山水晶蘭的優勢真菌種

類完全不同，顯示共存的兩種水晶蘭可能透過與不同真菌夥伴共生，以減少競爭壓力 (Liu *et al.* 2024)。這暗示了不同的真菌異營性植物在同域棲息地中會選擇相異的菌根真菌，以降低生態位重疊 (Gomes *et al.* 2017)。

從建構的水晶蘭亞科的系統發育樹 (圖一) 可以看到阿里山水晶蘭的近緣種為單花錫杖花 (*Monotropa uniflora*)，而非水晶蘭。與 Tsukaya *et al.* (2008) 研究相似，這篇研究提供了強而有力的結果支持將阿里山水晶蘭分類為獨立物種。同域下的水晶蘭與阿里山水晶蘭雖然共享相似的真菌庫，然而它們偏好與不同菌屬之真菌共生。菌根菌提供了這些完全真菌異營性植物整個生活史的營養來源，當菌根菌夥伴轉換時，可能是驅動這類植物種化的原因之一。

參考文獻

- Gomes SI. *et al.* 2017. Ecol. Evol. 7: 3623–3630.
- Jacquemyn H. *et al.* 2023. Nord. J. Bot. e04083.
- Leake JR. 1994. New Phytol. 127:171–216.
- Liu RC. *et al.* 2024. Mycorrhiza 34:283–292.
- Tsukaya H. *et al.* 2008. J. Plant Res. 121:271–278.

生物資源保存及研究簡訊 第141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：吳琰奇、許璦文、黃喬盈、吳明德

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

