

出國報告(出國類別:國際會議)

參加 2012 年日本微生物生態學會大會
心得報告

服務機關:中興大學生命科學系

姓名職稱: 賴美津教授

派赴國家: 日本

出國期間: 2012 年 9 月 18 日至 22 日

報告日期: 2012 年 12 月 20 日

摘要

日本在全球微生物生態領域一直與歐美競強，在重金屬與化學毒害對環境影響應是領先，近年在極端環境微生物生態與海洋微生物生態也與歐美競合，表現傑出。日本微生物生態學會會議已有28屆的歷史，也是國際微生物生態學會的分支，四年前和韓國微生物學會聯合建立日韓微生物生態聯合學會。台灣於2010年九月，在海洋大學劉秀美教授的努力下成立台灣微生物生態學會，申請人亦擔任學會理事。今年9月19日至22日參與日本微生物生態學會在日本愛知縣豐橋市豐橋技術科學大學，所舉行的第28屆日本微生物生態學會大會(The 28th Annual Meeting of the Japanese Society of Microbial Ecology)會議，除帶領實驗室研究生參與國際會議學習並發表研究成果之外，亦應邀擔任壁報論文評審，更重要的是與劉秀美會長等數位國內微生物生態專家一起，與日韓簽約成立台日韓微生物生態學會聯合會議，明年此會議將在台灣召開。

目次

壹、	出國目的.....	4
貳、	參加會議過程.....	5
參、	心得及建議.....	7
肆、	附錄---會議中發表之演講論文摘要.....	8

壹、出國目的

微生物和醫藥疾病、食物、衛生、生物技術、能源、乃至地球的碳、氮、硫、鐵循環與氣候變遷都扮演著主要的角色。隨著都市化與氣候變遷，近年來新興病毒與細菌在全球人類、畜養動物、農業作物都造成嚴重影響，重金屬與化學毒害也侵犯整個地球；因此了解微生物生態，與之共存，維護生物多樣性，並應用微生物的特色在醫藥健康、食物、去除毒害物、能源與生技等方面，才能提高人類生活的品質。也因此近年微生物生態領域在全球受到相當的重視，相關的期刊增加很多，且影響係數迅速攀升。

日本的微生物界對生態領域一直很重視，在微生物應用於重金屬與化學毒害領域表現傑出，近年在極端環境微生物生態與海洋微生物生態領域，也投下非常巨額的資本與歐美競合，研發與應用成果都相當傑出。台灣的微生物學研究，主要在臨床醫學上，包括人類、畜牧、養殖魚蝦與植物上，其它基礎、應用及生態領域的微生物學研究，如孤兒領域，不受重視。日本微生物生態學會會議已有28屆的歷史，也是國際微生物生態學會(International Society of Microbial Ecology, ISME)的分支，且在四年前和韓國微生物學會聯合建立日韓微生物生態聯合學會。因此這次會議的正式名稱為「第28屆日本微生物生態學會大會JSME-2012暨第4屆日韓國際微生物生態學會大會JK-ISME2012」。

有鑑於國際微生物生態領域的蓬勃發展，國內雖環保生態意識高漲，但對微生物生態一環，絲毫都不重視，相關研究人員也缺乏平台發聲及與國際接軌。國內從事微生物生態的學者，在海洋大學劉秀美教授的提議與努力下，2010年九月下成立台灣微生物生態學會，由劉秀美教授擔任會長，申請人亦擔任學會理事。今年參與日本微生物生態學會會議，除帶領實驗室研究生參與國際會議學習並發表研究成果之外，亦應邀擔任壁報論文評審，更重要的是與劉秀美會長等數位國內微生物生態專家一起，與日韓簽約成立台日韓微生物生態學會聯合會議，並爭取到明年此會議將在台灣召開。

貳、參加會議過程

第28屆日本微生物生態學會大會9月19-22日於日本愛知縣的豐橋技術科學大學舉行，大會主席為Akira Hiraishi教授。會前我們台灣微生物生態學學會 (TSME) 的會員已為參與日本與韓國成立台日韓微生物生態學會聯合會議，並爭取到明年此會議將在台灣召開有相當多的討論，並與日韓兩方有相當多的聯絡與討論。同時劉秀美會長與理監事如中大黃雪莉、輔大呂誌翼、東吳張碧芬、成大吳哲宏及申請人中興賴美津實驗室都積極參與，台灣參與的人員約有25位。大會執行祕書Jun Murase 並邀請申請人與呂誌翼教授共同擔任日韓壁報的審查。

申請人賴美津於9月18日中午與實驗室三位碩士生翁杰愷、陳政宇、沈仕勛與一位剛畢業的博士吳舒堯一起自桃園中正機場搭機，下午四點抵達名古屋機場再轉搭電車到名古屋住宿，隔天搭再搭電車到豐橋市參與會議。此次會議約500人參與，其中台灣與韓國的研究人員約占 1/7。演講近90場次，壁報論文200篇。主要主題涵括Microbes and sustainable agriculture(微生物與永續農業), Electron flow in microbial communities(微生物群落之電子流), Bioremediation technology of environmental pollution control(生物修護與環境污染控制), Metagenomic approach to studying soil environmental change(總基因體研究應用於土壤環境改變), Geomicrobiology of metal(金屬與地質微生物), Control of microbial ecosystem in wastewater treatment(應用微生物生態系調節於廢水處理), Microbial community Function and nitrogen dynamics(微生物群落功能與氮素動態), Eco-systems biology(生物生態系統), Current bioinformatics(最近生物資訊學發展), Cultivation-driven discovery of novel microbial functions and phylogeny(以培養活菌株為主的探索新微生物功能與系統演化), Symbiosis(共生), Infection ecology in aquatic ecosystem(水生生態系的感染生態學), Environmental change and its affect on microbial ecosystems(環境變遷對微生物生態系的影響), Microbial nanotechnology and nanomaterials(微生物奈米技術與奈米材料)等。最後是目前

在美國任教的劉文佐教授特別演講，主題是「 Omics-based approaches to the study of methanogenic syntrophy for terephthalate degradation 」。報告主題含括當前全球環境的問題與微生物生態學能幫助了解與解決的方法等。

在會議期間申請人賴美津主要參與的演講議題主要是與目前實驗室相關的主題如Cultivation-driven discovery of novel microbial functions and phylogeny(以培養活菌株為主的探索新微生物功能與系統演化), Geomicrobiology of metal(金屬與地質微生物), Microbial community Function and nitrogen dynamics(微生物群落功能與氮素動態), Current bioinformatics(最近生物資訊學發展)與 Environmental change and its affect on microbial ecosystems(環境變遷對微生物生態系的影響)，了解日韓兩國學者在這些領域的最新研究成果。

此次會議約有200篇的壁報論文，分兩天展示。大會原規畫由申請人賴美津與呂誌翼教授共同擔任日韓壁報的審查，但數量太龐大約190份以上，申請人賴美津與呂誌翼教授即使都不予會也無法看完，所以協商會議秘書另再請日本方面的老師協助，才順利完成。因此在9/20-21的壁報展示其間，申請人賴美津除了聆聽演講之外，早出晚歸大部分時間在閱讀壁報論文，與壁報論文報告者討論及審查評分。

台灣微生物生態學會的老師們與日本微生物生態學會理事長與理監事及韓國的微生物學會理事長與理監事們，於9/21 中午的business meeting討論聯合會議的細項事宜，順利的與日本微生物生態學會和韓國的微生物學會簽署成立台日韓微生物生態學會聯合會議，並爭取到於2013會議在台灣台北舉行。

申請人賴美津實驗室在此會議共發表兩篇壁報論文，題目與摘要如附錄所列。由吳舒堯博士報告的論文是以分子親緣探討，台灣西南外海甲烷水合物蘊藏潛力區深海岩心底泥的細菌與太古生物(Archaea)群落架構與功能。碩士生吳杰愷的論文報告自台灣西南外海甲烷水合物蘊藏潛力區的深海岩心底泥所純化的甲烷太古生物。

叁、心得及建議

參與與會議過程中，有幾項心得與建議略述於下：

在會議的演講中，較值得注意的是Cultivation-driven discovery of novel microbial functions and phylogeny與野外取樣技術探討，這相較傳統的主題，反而聽眾擠爆會場；聽眾視能將難純化培養且費功夫的菌培養出來，視為英雄，給予滿滿的喝采。在臺灣，這種計畫與研究卻不獲支持，且少有學生願意參與；大部分微生物與生技的老師與學生，較喜歡在冷氣房內用電腦敲出預測的故事。對環境生態的探討，走到野外取樣，培養出活的純的菌株，應是必需的訓練。

申請人實驗室有一位碩士生與一位剛畢業的博士生在會議中報告壁報論文。碩士生沒有申請到國科會補助，剛畢業的博士生依教育部與國科會的規定，不能申請出國經費補助，因此我只好自掏腰包替學生付機票錢。其它參與老師的學生也多是自費。我們的教育機構在補助年輕人參與國內外會議與競賽上，規矩多經費少，如何能培養國際觀與視野？

日韓微生物生態學會聯合會議相當重視學生間的交流，會前一年就要求台灣方面選出一位學生代表，與日韓的學生代表及會議間連繫。台灣方面由申請人實驗室吳舒堯擔任，會議期間並有專屬學生的party，壁報區寬敞，並有許多桌椅可讓學生們有更多的機會與空間認識與討論。

在台灣國內辦的國際會議常見僅三五位國際人士，其於均為國內研究人員、老師或學生。常發生國際人士以英文演講之後，隨後上台的國內研究人員便改以中文報告佐以英文投影片。這次在日本參加的會議，部分的演講也發生類似的情形，感覺上並不友善，會後和會議主席與執行秘書也向我們致歉。

會議前收到一份以日文為主的邀請函，邀請參加午餐討論會，主題是討論日本女性科學研究人員的生涯發展。會議期間因忙於壁報論文審查、聆聽演講與討論合作事宜並未參與該午餐討論會。但在與大會主席談話時才知道，日本女性科研人才是已開發國家中最低的，此現象在台日韓三國微生物生態學會的business meeting上很明顯，台灣的5位代表有4位女仕，韓國3位代表有1位女仕，

主辦國日本的代表則全為男士。日本科學界意識到這個問題的嚴重性，特別提出來討論，希望藉由重視此問題與支持研究單位的性別平權等措施，來提高女性在科學領域發展的機會。

肆、附錄-會議中發表之演講論文摘要

1.

Archaeal community in the potential gas hydrate bearing sediment at offshore SW

Taiwan

Sue-Yao Wu, Chuan-Chuan Hung, Shu-Jung Lai, Jiun-Yan Ding and Mei-Chin Lai*

Department of Life Sciences, National Chung Hsing University, Taichung, Taiwan

The deep sub-seafloor biosphere is among the least-understood habitats on Earth, even though the huge microbial biomass plays a potentially important role in long-term controls of global biogeochemical cycles. The research team from Taiwan, supported by the Central Geological Survey (CGS), has been demonstrated at SW offshore Taiwan that indicated this area are potential gas hydrate region. In this study, the composition of the Archaeal community was determined by 16S rRNA phylogenetic analysis of clone libraries derived from DNA extracted from sediment samples obtained by piston cores from Marion Dufresne 178 cruise. The phylotype analysis of all core sediments from both passive and active continental margin represented similar phylotype groups, such as MBG-D, ANME, SAGMEG, DSAG, MGI and MCG, as reported in cold seep, hot vent and gas hydrate habitats undersea. Among them, DSAGs are dominant which represented the archaeal community structure of the gas hydrate bearing sediments, and contained sulfate reducing archaea (SRA) and ammonia oxidizing archaea (AOA). MGI phylotype are almost

belongs as AOA which 96-97 % similarity of 16S rRNA gene with *Nitrosopumilus* sp. in our clone libraries. These microbial communities at the potential gas hydrate zones are useful databases to understand of microbial diversity, contribution and the effects of microbial activities.

2.

Isolation and Characterization of Methanoarchaea in Potential Methane Hydrate Bearing Sediment from SW offshore of Taiwan

Mei-Fei Chen, Chieh-Yin Weng[#], Sue-Yao Wu and Mei-Chin Lai *

Department of Life Sciences, National Chung Hsing University, Taichung, Taiwan

ABSTRACT

The potential methane hydrate investigation from SW offshore of Taiwan revealed that high methane concentration was contributed from methanogen. To further explore the diversity of methanogen involve in methane hydrate and deep sea environment, we isolated methanogens from deep core sediments of Tainan Ridge, KP-9 region, 96 Mud Volcano groups, Good Weather Ridge, Fangliao Canyon and Deformation Front off the offshore southwestern of Taiwan. Methanogen enrichments were performed anaerobically at both minimal and rich methanogen basal medium with formate, acetate and methanol as substrate for methanogenesis, respectively. After serial sub-transfers with vancomycin to inhibit the bacterial growth and anaerobic roll-tube technology were performed to obtain the single colony for pure culture isolation. Methanogenic strain S3Fa was enriched from core sediment sample at 96 Mud Volcano groups. Strain S3Fa was nonmotile and highly irregular coccids and use formate as a catabolilic substrate but not acetate, methanol, 2-propanol, iso-butanol or trimethylamine. Acetate was not required or stimulated

the growth of strain S3Fa. Yeast extract and tryptone were not required but increased the growth rate. The cells were neutrophilic (pH 5.61 to 7.53) and mesophilic, with a maximum specific growth rate of 0.046 h^{-1} at $37 \text{ }^{\circ}\text{C}$. And strain S3Fa grew in a wide range of salinities, from 0.1 to 1.37 M NaCl. The 16S rRNA based phylogenetic analysis indicated that it is most closely related to *Methanoculleus marisnigri* and *Methanoculleus submarinus* (99 % sequence similarity). However the optimal temperature of growth was different indicated that S3Fa may belong a new species. Also the partial purified strain from Tainan Ridge (core 8), 96 Mud Volcano groups (96J, S1 and S3), KP-9 region (core1 and core19), Fangliao Canyon (B1-2) and Deformation Front (19A and 20B) analysis of the 16S rDNA gene sequence revealed that these culture are phylogenetically related with *Methanosarcina mazei* (99 %), *Methanogenium marinum* (98 %), *Methanosarcina lacustris* (98 %), *Methanofollis liminatans* (95 %), *Methanogenium cariaci* (95 %), *Methanogenium frigidum* (95 %), *Methonoculleus marisnigri* (97 %) and *Methanosarcina barkeri* (99 %). Investigation in these methanogenic archaea should gain insight in understanding the life under the deep sea.