



郭志鴻

中央研究院植物暨微生物學研究所副研究員

得獎著作：

- ◆ Tean-Hsu Chang, Wen-Sui Lo, Chuan Ku, Ling-Ling Chen, Chih-Horng Kuo*, 2014, “Molecular evolution of the substrate utilization strategies and putative virulence factors in mosquito-associated *Spiroplasma* species”, *Genome Biology and Evolution*, 6, 500-509. DOI: 10.1093/gbe/evu033.
- ◆ Wen-Sui Lo, Gail E. Gasparich, Chih-Horng Kuo*, 2015, “Found and lost: the fates of horizontally acquired genes in arthropod-symbiotic *Spiroplasma*”, *Genome Biology and Evolution*, 7, 2458-2472. DOI: 10.1093/gbe/evv160.
- ◆ Wen-Sui Lo, Ya-Yi Huang, Chih-Horng Kuo*, 2016, “Winding paths to simplicity: genome evolution in facultative insect symbionts”, *FEMS Microbiology Reviews*, 40, 855-874. DOI: 10.1093/femsre/fuw028.

得獎簡評：

郭志鴻博士近年來致力於細菌基因體演化之研究，尤其在昆蟲及植物共生菌方面的成果斐然。其代表著作利用螺旋菌質屬進行系統性分析，藉由比較病原菌與非病原菌的遺傳差異，進而探討致病基因的演化史以及相近物種如何適應不同生態棲位等課題。例如其針對臺灣本土所分離出的病媒蚊共生菌之研究即顯示三個甘油代謝基因與致病性有關，且這些基因在不同物種中可能經歷水平基因轉移

或基因缺失等分子演化事件。在兩篇基因體演化領域的論文外，其代表作亦包含一篇在微生物學領域的頂尖文獻回顧。其中除了整理螺旋菌質屬內各分支的演化史之外，也比較不同昆蟲共生菌在演化趨勢上的異同，進而發展演化模型，展現研究成果的深度與廣度。

得獎人簡歷：

郭志鴻博士自 2010 年起任職於中央研究院植物暨微生物學研究所，過去主要學經歷為：國立臺灣大學植物學學士(1998)，美國愛荷華州立大學遺傳學碩士(2003)，美國喬治亞大學遺傳學博士(2008)，以及美國亞利桑那大學博士後研究(2008-2010)。郭博士的研究領域為細菌基因體演化，尤其專精於共生菌的比較基因體學以及分子演化學分析。近年來其實驗室主要利用柔膜菌綱(Mollicutes)中的物種，例如：黴漿菌(Mycoplasma)、植物菌質體(Phytoplasma)、以及螺旋菌質體(Spiroplasma)等，探討不同細菌物種在與動物或植物宿主發展共生關係的過程中所經歷的演化事件與遺傳改變。其研究成果受到學界肯定，曾於 2013 年榮獲臺灣植物學會新秀獎，並於 2016 年獲聘為國際黴漿菌學學會(International Organization for Mycoplasmaology)理事及唯一亞洲區代表。

得獎著作簡介：

細菌與真核生物宿主的共生關係是推動生物演化相當關鍵的一股力量。對於共生菌如何在不同的角色(例如：片利共生菌、互利共生菌、或是病原菌)之間轉換的過程，演化生物學方面的基礎研究可以為應用科學的發展提供重要的基石。

這次獲獎的三篇著作是我們團隊近年來利用螺旋菌質體為研究材料所產出的系列論文代表作。在這群細菌中，大多數的物種是對昆蟲宿主無顯著影響的片利共生菌，但有少數物種則是重要的動植物病原菌。因此，針對病原菌與非病原菌進行比較基因體學分析有助於了解致病基因的分子演化史。

在第一篇論文(Chang et al. 2014)中，我們比較了由世界各地不同病媒蚊所分離出來的螺旋菌質體物種，結果發現臺灣的 *Spiroplasma taiwanense* 所帶有的致病基因可能是藉由水平基因轉移而從黴漿菌所取得，並非是由其先祖垂直遺傳而來。第二篇論文(Lo et al. 2015)的主角 *Spiroplasma eriocheiris* 是對水產養殖蝦蟹造成威脅的重要病菌，而我們發現其基因體中可能有高達 7% 的基因是藉由水平轉移而取得，並可能對這個物種在從陸生昆蟲宿主轉換到水生甲殼類宿主的演化過程有所助益。這些結果證明了細菌基因體的高度可塑性，也顯示了病原菌與非病原菌在演化上的分界其實遠比想像中模糊。第三篇代表作(Lo et al. 2016)是文獻回顧，內容著重在比較各群昆蟲共生菌在演化趨勢上的異同，建構演化模型以探討細菌在發展共生關係的過程中所經歷的基因體變化，並對相關領域之中有待更深度研究的課題提出建議。

綜合而論，這一系列論文針對一群在世界上分佈廣泛的昆蟲共生菌進行系統性的基因體演化分析。由於這群兼性共生菌介於不需要宿主的環境微生物與無法脫離宿主生存的絕對共生菌之間，可說是處於演化過程中具有關鍵性的過渡時

期，因此這些研究成果有助於更進一步了解細菌如何發展共生關係，也對演化生物學及比較基因體學等相關領域有所貢獻。

得獎感言：

很榮幸可以獲得這個獎項，這是對我們研究團隊的重大肯定。我要感謝實驗室的成員以及我們的合作夥伴，所有的成果都是靠大家不斷的努力而來。此外，中研院的同事以及其他學界的朋友給了我們團隊諸多幫助，讓我們的研究計畫可以順利進行。也感謝中研院及科技部對基礎科學研究的重視，提供了優質的研究環境。最後，我要特別感謝家人對我的支持，讓我可以完全無後顧之憂的投入工作。